

**ESTRESSE SALINO EM MILHO-PIPOCA: SELEÇÃO PRECOCE DE GENÓTIPOS
TOLERANTES VIA ANÁLISE INTEGRADA DE CARACTERES FÍSICOS E
FISIOLÓGICOS DE SEMENTES E PLÂNTULAS**

JOSÉ DANIEL GOMES ANDRADE

**UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE DARCY RIBEIRO
CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
FEVEREIRO – 2026**

ESTRESSE SALINO EM MILHO-PIPOCA: SELEÇÃO PRECOCE DE GENÓTIPOS
TOLERANTES VIA ANÁLISE INTEGRADA DE CARACTERES FÍSICOS E
FISIOLÓGICOS DE SEMENTES E PLÂNTULAS

JOSÉ DANIEL GOMES ANDRADE

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

Orientador: Prof. Dr. Henrique Duarte Vieira

Coorientadora: Dr^a. Rosenilda de Souza

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ

FEVEREIRO – 2026

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

A553

Andrade, José Daniel Gomes.

ESTRESSE SALINO EM MILHO-PIPOCA : SELEÇÃO PRECOCE DE GENÓTIPOS TOLERANTES VIA ANÁLISE INTEGRADA DE CARACTERES FÍSICOS E FISIOLÓGICOS DE SEMENTES E PLÂNTULAS / José Daniel Gomes Andrade. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2026.

105 f. : il.

Bibliografia: 76 - 93.

Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2026.
Orientador: Henrique Duarte Vieira.

1. *Zea mays* L. var. everta. 2. Salinidade. 3. Análise dialélica. 4. Fenotipagem digital. 5. Pigmentos vegetais. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 630


ESTRESSE SALINO EM MILHO-PIPOCA: SELEÇÃO PRECOCE DE GENÓTIPOS
TOLERANTES VIA ANÁLISE INTEGRADA DE CARACTERES FÍSICOS E
FISIOLÓGICOS DE SEMENTES E PLÂNTULAS

JOSÉ DANIEL GOMES ANDRADE


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

Aprovada em 23 de fevereiro de 2026.


Comissão Examinadora:

Documento assinado digitalmente
 **ALEXANDRE PIO VIANA**
Data: 04/05/2026 09:17:10-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>


Alexandre Pio Viana (D. Sc., Produção Vegetal) – UENF

Documento assinado digitalmente
 **ANTONIO TEIXEIRA DO AMARAL JUNIOR**
Data: 11/05/2026 10:39:13-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Antônio Teixeira do Amaral Júnior (D. Sc., Genética e Melhoramento) – UENF

Documento assinado digitalmente
 **ROSENILDA DE SOUZA**
Data: 05/05/2026 06:40:35-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Rosenilda de Souza (D. Sc., Ciências) – CPDI Serrano – INCAPER

Documento assinado digitalmente
 **HENRIQUE DUARTE VIEIRA**
Data: 04/05/2026 08:53:41-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Henrique Duarte Vieira (D. Sc., Produção Vegetal) – UENF

Orientador

Dedico

À minha mãe, Mariza, e à minha irmã, Dayanne, cujo amor e apoio incondicional me conduziram a lugares que eu jamais alcançaria sozinho.

“Rejeição é redirecionamento.”

AGRADECIMENTOS

À minha mãe e irmã, que através de muito apoio e luta, além de um grande anseio por uma educação de qualidade e um futuro melhor, sempre foram meu maior incentivo;

Ao meu querido orientador, professor Henrique, que confiou na minha capacidade e no meu trabalho e me ensinou tanto durante esse mestrado. Obrigado por todo o apoio, conselhos, risadas e claro, pelos cafezinhos;

À minha coorientadora e amiga, Rosenilda, pelo suporte imprescindível na realização desse trabalho. Fico muito honrado por ter uma participação nesse lindo trabalho que você começou;

Ao professor Alexandre por todos os ensinamentos e pela ajuda com a estatística deste trabalho;

A todos os membros do LFIT 113, em especial à Amanda, Laura, Letícia e Fernanda pelo companheirismo do dia a dia;

Ao Programa de Pós-Graduação em Produção Vegetal pelo suporte à realização deste mestrado;

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro por me acolher por tantos anos;

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq pelo fomento que possibilitou a realização deste trabalho.

SUMÁRIO

RESUMO	vi
ABSTRACT	viii
1. INTRODUÇÃO	1
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	3
2.1 MILHO-PIPOCA.....	3
2.1.1 Origem e evolução.....	3
2.1.2 Classificação botânica e características da espécie.....	3
2.1.3 Produção e importância econômica.....	4
2.2 SALINIDADE.....	5
2.2.1 Salinidade nos solos.....	5
2.2.2 Estresse salino em plantas.....	5
2.2.3 Efeitos da salinidade sobre a germinação das sementes e o desenvolvimento de plântulas.....	6
2.2.4 Respostas fisiológicas do milho-pipoca à salinidade.....	7
2.3 BASES GENÉTICAS.....	9
2.3.1 Cruzamentos dialélicos.....	9
2.3.2 Capacidades Geral (CGC) e Específica (CEC) de combinação.....	10
2.3.3 Interação genótipos x ambientes.....	10
2.4 PIGMENTOS VEGETAIS E O ESTRESSE SALINO.....	12
3. TRABALHOS	13
Artigo 1: Seleção precoce de genótipos de milho-pipoca tolerantes ao estresse salino via estimativas genéticas e avaliação do desempenho de sementes e plântulas.....	13

Artigo 2: Estresse salino e a expressão de pigmentos: entendendo mecanismos de resposta para identificar genótipos tolerantes.....	49
4. CONCLUSÕES.....	74
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	76

RESUMO

ANDRADE, JOSÉ DANIEL GOMES; M. Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; fevereiro de 2026; Estresse salino em milho-pipoca: seleção precoce de genótipos tolerantes via análise integrada de caracteres físicos e fisiológicos de sementes e plântulas; Orientador: Prof. D. Sc. Henrique Duarte Vieira; Coorientadora: D. Sc. Rosenilda de Souza.

O estresse salino representa um desafio para a agricultura mundial, impactando severamente a produtividade de culturas sensíveis como o milho-pipoca (*Zea mays* L. var. *everta*). Diante desse cenário, a identificação e o desenvolvimento de genótipos tolerantes à salinidade são cruciais para a sustentabilidade da produção. Este trabalho, composto por dois estudos complementares, teve como objetivo investigar os mecanismos genéticos e respostas fisiológicas ao estresse salino em linhagens e híbridos de milho-pipoca, visando a seleção precoce de genótipos superiores. No primeiro estudo, sementes de sete linhagens endogâmicas oriundas do banco de germoplasma da UENF e de 42 híbridos obtidos por meio de cruzamentos dialélicos entre essas mesmas linhagens foram semeadas em rolos de papel “germitest” embebidos em duas concentrações de cloreto de sódio (NaCl) (sem estresse – 0 mM e com estresse – 100 mM). Estas foram então acondicionadas em câmaras germinadoras para testes de germinação com duração, condições de temperatura e fotoperíodo controladas de acordo com as Regras de Análises de Sementes. O experimento foi conduzido em delineamento experimental, em blocos inteiramente casualizados, com quatro repetições de 25 sementes. Ao final dos testes, foram avaliadas doze características, sendo elas: Índice de Velocidade de Germinação (IVG), Germinação (GER), Plântulas anormais (PA), Massa Seca da Parte Aérea (MSPA) e das Raízes (MSRA), Largura da Parte Aérea (LPA) e da Raiz (LRA), Comprimento da Parte Aérea (CPA), da Raiz (CRA) e Comprimento Total (CT), Área (ÁREA) e Número de Ramificações (NRA). A análise de variância individual indicou diferenças significativas entre os tratamentos para todas as características avaliadas, enquanto a análise de variância conjunta mostrou diferenças significativas para o efeito de genótipo. GER, PA e LRA não apresentaram diferenças significativas para o efeito da condição salina. A interação genótipos × condição salina apresentou diferenças estatísticas para todas as características. A análise dialélica revelou a

predominância de efeitos gênicos não-aditivos para a maioria das características avaliadas, sugerindo que a expressão da heterose por meio da obtenção de híbridos é a estratégia mais promissora para o desenvolvimento de híbridos tolerantes. As linhagens L472, L684 e L381 foram identificadas como genitores superiores devido à sua alta capacidade geral de combinação em ambiente salino, enquanto o híbrido L690 × L472 destacou-se concomitantemente com as maiores estimativas de capacidade específica de combinação e melhores médias nas características avaliadas. O segundo estudo buscou compreender os mecanismos de resposta ao estresse salino por meio da avaliação da expressão de pigmentos nos mesmos 49 genótipos. Utilizando a fenotipagem digital e a análise colorimétrica CIELab, observou-se que a manutenção de clorofila sob estresse salino é um potencial marcador de tolerância, com genótipos como L472 e alguns de seus híbridos apresentando os maiores índices de tolerância. Em contraste, o acúmulo de antocianinas foi associado à sensibilidade ao estresse, refletindo um mecanismo de resposta a danos oxidativos. A alta herdabilidade das características cromáticas em ambas as condições salinas confirma a eficácia da seleção baseada em marcadores visuais sob condições de laboratório. Em conjunto, os resultados demonstraram que a seleção precoce de genótipos de milho-pipoca tolerantes à salinidade é uma abordagem eficaz, e a hibridação constitui uma das principais estratégias para incorporar essa tolerância em novas cultivares. Da mesma forma, a fenotipagem digital associada à análise colorimétrica de pigmentos foliares emerge como uma ferramenta eficiente para acelerar a identificação de genótipos superiores, contribuindo significativamente para o melhoramento genético e para a sustentabilidade da cultura em áreas afetadas pelo acúmulo de sais no solo.

Palavras-chave: *Zea mays* L. var. everta, salinidade, análise dialélica, fenotipagem digital, pigmentos vegetais, clorofila, antocianina.

ABSTRACT

ANDRADE, JOSÉ DANIEL GOMES; M. Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; february 2026; Salt stress in popcorn: early selection of tolerant genotypes through integrated analysis of seed and seedling physical and physiological traits; Adviser: Prof. D. Sc. Henrique Duarte Vieira; Co-Adviser: D. Sc. Rosenilda de Souza.

Salt stress represents a challenge for global agriculture, severely impacting the productivity of sensitive crops such as popcorn (*Zea mays* L. var. *everta*). Given this scenario, the identification and development of salt-tolerant genotypes are crucial for the sustainability of production. This work, composed of two complementary studies, aimed to investigate the genetic mechanisms and physiological responses to salt stress in popcorn lines and hybrids, aiming at the early selection of superior genotypes. In the first study, seeds from 7 inbred lines originating from the UENF germplasm bank and 42 hybrids obtained through diallel crosses between these same lines were sown in rolls of "germitest" paper soaked in two concentrations of sodium chloride (NaCl) (without stress – 0mM and with stress – 100mM). These seeds were then placed in germination chambers for germination tests with controlled duration, temperature, and photoperiod conditions according to the Rules for Seed Analysis. The experiment was conducted using a completely randomized block design with four replicates of 25 seeds. At the end of the tests, twelve characteristics were evaluated: Germination Speed Index (GSI), Germination (GER), Abnormal Seedlings (AS), Shoot Dry Mass (SDM) and Root Dry Mass (RDM), Shoot Width (SW) and Root Width (RWL), Shoot Length (SWL), Root Length (RWL) and Total Length (TL), Area (AREA), and Number of Branches (NBR). Individual analysis of variance indicated significant differences between treatments for all evaluated characteristics, while joint analysis of variance showed significant differences for the genotype effect. GER, AS, and RWL did not show significant differences for the saline condition effect. The interaction between genotypes and saline conditions showed statistically significant differences for all traits. Diallel analysis revealed the predominance of non-additive gene effects for most of the evaluated traits, suggesting that heterosis expression through hybridization is the most promising strategy for developing tolerant hybrids. The L472, L684, and L381 lines were identified as superior parents due to their high overall combining ability in a saline

environment, while the L690 × L472 hybrid stood out concomitantly with the highest estimates of specific combining ability and the best averages in the evaluated traits. The second study sought to understand the mechanisms of response to saline stress through the evaluation of pigment expression in the same 49 genotypes. Using digital phenotyping and CIELab colorimetric analysis, it was observed that the maintenance of chlorophyll under saline stress is a potential marker of tolerance, with genotypes such as L472 and some of its hybrids showing the highest tolerance indices. In contrast, the accumulation of anthocyanins was associated with stress sensitivity, reflecting a response mechanism to oxidative damage. The high heritability of chromatic characteristics in both saline conditions confirms the effectiveness of selection based on visual markers under laboratory conditions. Taken together, the results demonstrated that early selection of salinity-tolerant popcorn genotypes is an effective approach, and hybridization constitutes one of the main strategies for incorporating this tolerance into new cultivars. Similarly, digital phenotyping associated with colorimetric analysis of leaf pigments emerges as an efficient tool to accelerate the identification of superior genotypes, contributing significantly to genetic improvement and crop sustainability in areas affected by salt accumulation in the soil.

Keywords: *Zea mays* L. var. *everta*, salinity, diallel analysis, digital phenotyping, plant pigments, chlorophyll, anthocyanin.

1. INTRODUÇÃO

O milho-pipoca (*Zea mays* L. var. *everta*) é um tipo especial de milho de significativo consumo global, valorizado por seu sabor característico e versatilidade de preparo (Freitas Júnior et al., 2009, Teixeira et al., 2013, Kamphorst et al., 2021). Contudo, a expansão de sua cultura no Brasil enfrenta desafios consideráveis, notadamente a carência de cultivares aprimoradas que aliem alta produtividade e qualidade, bem como a ausência de genótipos adaptados a condições de estresse bióticos ou abióticos.

Entre os estresses abióticos, a salinidade do solo emerge como um fator limitante crítico para a produção agrícola global, afetando mais de 424 milhões de hectares de terras cultiváveis na camada superficial e 833 milhões de hectares nas subsuperfícies, conforme estimativas do Mapa Global de Solos Afetados pelo Sal (FAO, 2021). Para o milho-pipoca, classificado como glicófita e metabolicamente sensível à salinidade (Fortmeier e Schubert, 1995), este estresse acarreta reduções acentuadas no vigor e no desenvolvimento das plântulas, particularmente em estádios iniciais. Os impactos incluem a dificuldade na embebição de sementes e na mobilização de reservas, toxicidade iônica que pode desnaturar proteínas e danificar membranas (Catão et al., 2020, Oliveira et al., 2020), acúmulo excessivo de íons Na^+ , produção de espécies reativas de oxigênio (ERO) com danos oxidativos severos (Islam et al., 2024, He et al., 2025), e redução do potencial osmótico, prejudicando a assimilação de minerais e inibindo a fotossíntese (Karimi et al., 2005, Hu et al., 2007, Omoto et al., 2012, Qu et al., 2012, Farooq et al., 2015).

A tolerância à salinidade é uma característica complexa e variável entre genótipos, exigindo estratégias de avaliação e seleção específicas para o desenvolvimento de plantas adaptadas. As plantas, para sobreviverem a essas condições, empregam uma série de mecanismos fisiológicos, como ajuste osmótico, homeostase iônica e proteção do aparato fotossintético, sendo o fortalecimento do sistema antioxidante particularmente relevante, frequentemente evidenciado pelo acúmulo de pigmentos vermelhos (Dabravolski e Isayenkov, 2023). As antocianinas, metabólitos secundários da classe dos flavonoides, são induzidas por fatores ambientais e seu acúmulo é uma estratégia adaptativa chave em resposta à salinidade

(Cheruth et al., 2016, Analuddin, 2019, Al Sammarraie et al., 2020, Duan et al., 2023), sendo consideradas um critério de seleção para genótipos tolerantes (Eryilmaz, 2006).

Neste contexto, a avaliação em estádios iniciais do desenvolvimento vegetal destaca-se como uma estratégia eficiente para a identificação precoce de genótipos com potencial de tolerância. O desenvolvimento de híbridos, aliado à análise dialélica (Griffing, 1956), constitui uma ferramenta poderosa para desvendar os mecanismos genéticos subjacentes à expressão de características quantitativas, permitindo estimar parâmetros genéticos como efeitos aditivos e não-aditivos (Vencovsky e Barriga, 1992, Hallauer et al., 2010, Cruz et al., 2014, Paterlini et al., 2020) e identificar genitores com alta capacidade de combinação, otimizando o desenvolvimento de cultivares mais adaptadas e produtivas (Fehr, 1987, Oliboni et al., 2013, Simões et al., 2014).

Diante da urgência em desenvolver cultivares de milho-pipoca tolerantes ao estresse salino, esta dissertação integra dois estudos que abordam a questão sob perspectivas genética e fisiológica. O primeiro estudo avaliou os efeitos do estresse salino em estádios iniciais, estimou parâmetros genéticos e identificou genótipos superiores para programas de melhoramento, focando nas capacidades combinatórias e na natureza da interação genótipos \times condições salinas. O segundo estudo buscou entender os mecanismos de resposta por meio da expressão de pigmentos foliares, utilizando a fenotipagem digital e a análise colorimétrica CIELab para identificar indicadores de tolerância. Em conjunto, esses trabalhos forneceram uma base sólida para a seleção precoce e o melhoramento genético do milho-pipoca em ambientes salinos, contribuindo para a sustentabilidade da cultura.

2. REVISÃO DE LITERATURA

2.1 MILHO-PIPOCA

2.1.1 Origem e evolução

O milho-pipoca (*Zea mays* L. var. *everta*) é um tipo especial de milho originário do sul do México e da América Central. Essa hipótese é amplamente aceita, uma vez que uma grande variabilidade dessa espécie e de outras, incluindo o ancestral comum do milho, teosinto (*Zea* spp.), ocorre nessa região (Doebly, 1990).

A origem e a domesticação do milho-pipoca confundem-se com a de outros tipos de milho conhecidos. Todavia, registros arqueológicos de milho-pipoca de cerca de 6.000 AP sugerem que populações indígenas daquela época já consumiam o milho na forma de pipoca (Grobman et al., 2012). Além disso, dados apontam que a prática de aquecer e estourar o milho era mais frequente entre tribos indígenas das Américas Central e do Sul do que das tribos da América do Norte (Gomes e Gama et al., 1990).

Uma das hipóteses sobre o processo evolutivo do milho-pipoca afirma que ele se originou do teosinto (*Zea mexicana*) por seleção direta antrópica (Gomes e Gama et al., 1990). Acredita-se que a descoberta da pipoca tenha sido acidental, quando sementes de teosinto, ao caírem no fogo, teriam estourado, liberando o amido em forma de pipoca (Orozco, 2003).

No Brasil, o cultivo e o uso de milho-pipoca já existiam antes da colonização. Na história do germoplasma de milho no país, Brieger et al. (1958) relataram que as tribos indígenas Guaranis cultivavam milho-pipoca.

2.1.2 Classificação botânica e características da espécie

O milho-pipoca (*Zea mays* L. var. *everta*) é membro da família Poaceae, subfamília Panicoideae, tribo Maydeae, do gênero *Zea* e da espécie *Zea mays* L. Esta cultura é majoritariamente alógama, o que significa que a fecundação acontece através do cruzamento entre diferentes membros de uma população (Paterniani e Campos, 2005).

Comparativamente ao milho comum, o milho-pipoca apresenta plantas mais baixas e com maior prolificidade, grãos menores e mais duros, e sementes com menor vigor. Contudo, a principal distinção reside na sua habilidade de se expandir. Ao aquecer os grãos a cerca de 170 °C, a umidade presente nas vesículas de ar se

expande, exercendo pressão sobre o pericarpo até que este se desprenda, dando origem à pipoca (Zinsly e Machado, 1978, Spies, 2017).

O coeficiente de expansão do milho-pipoca é afetado por várias características físicas do grão, incluindo a espessura do pericarpo e possíveis danos mecânicos ao pericarpo e ao endosperma, que podem ocorrer em decorrência de manejo inadequado desde a colheita até o armazenamento, além de danos provocados por insetos. As propriedades químicas, além das características físicas, têm um papel crucial na capacidade de expansão, influenciando o arranjo dos grânulos de amido (farináceo ou vítreo), a quantidade de água e a composição química da amilose do endosperma (Freire, 2015).

2.1.3 Produção e importância econômica

O milho-pipoca é um tipo especial de milho, de sabor característico e grande versatilidade no preparo, sendo um alimento popular e consumido em larga escala no Brasil, principalmente em momentos de lazer (Freitas Júnior et al., 2009, Teixeira et al., 2013, Kamphorst et al., 2021).

A produção de milho-pipoca tem atraído a atenção de pesquisadores devido ao seu potencial, tanto na tecnologia de produção, que inclui o desenvolvimento de variedades e híbridos aprimorados, quanto na indústria do processamento (Vilarinho et al., 2008).

A importância econômica do milho-pipoca no Brasil é inegável e reflete-se em projeções de crescimento substancial para a próxima década. Conforme as Projeções do Agronegócio Brasileiro 2018/19 a 2028/29, elaboradas pelo Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento (MAPA), o cereal deve apresentar crescimento anual significativo, impulsionado principalmente pela expansão da segunda safra, que nos últimos dez anos já demonstrou um aumento de 125% em área plantada e 188% em volume produzido. A demanda por milho-pipoca, tanto interna quanto externa, também apresenta perspectivas positivas, com projeções que indicam sua consolidação como um dos principais produtos do agronegócio brasileiro, contribuindo para o fortalecimento da economia nacional (Kist et al., 2019).

2.2 SALINIDADE

2.2.1 Salinidade nos solos

Solos que possuem excesso de sais solúveis ou sódio trocável na região das raízes são conhecidos como solos salinos (Munns, 2002). Os solos afetados por sais abrangem uma ampla variedade de solos, incluindo os classificados como salinos, sódicos ou salino-sódicos, com algumas outras subdivisões baseadas na natureza dos sais presentes. Algumas das principais características dos solos salinos são a alta condutividade elétrica e a alta concentração de sais solúveis, que acarretam forte restrição à capacidade das plantas em absorver água por osmose e diminuição expressiva do crescimento e desenvolvimento (FAO, 2021).

Informações do GSASmap - Mapa Global dos Solos Afetados pelo Sal (FAO, 2021) apontam que a salinização do solo é um fenômeno global de grande magnitude, impactando mais de 424 milhões de hectares na camada superficial (0-30 cm) e 833 milhões de hectares na subsuperfície (30-100 cm) dos solos. Alguns fatores, como a escassez de precipitações e a elevada evapotranspiração, aliadas à reduzida capacidade de drenagem dos solos, dificultam a eliminação de sais das camadas mais superficiais (Farooq et al., 2015).

A localização geográfica dos solos afetados por sais indica uma correlação significativa com áreas de clima árido e semiárido, com predominância de desertos e estepes, que abrigam, respectivamente, 37% e 27% dos solos afetados pelo sal mundialmente (FAO, 2021). Apesar de existir uma percepção geral de que a salinização acontece exclusivamente em áreas áridas e semiáridas, todas as outras regiões climáticas estão sujeitas a este problema (Rengasamy, 2006).

Um relatório técnico publicado pela FAO, em 2021, apresentou dados provenientes de 118 nações e indicou que mais de 4,4% do solo superficial e 8,7% do subsolo da superfície terrestre total são impactados por sais, destacando a relevância deste problema para a sustentabilidade do planeta e a segurança alimentar.

2.2.2 Estresse salino em plantas

A salinidade é um estresse abiótico que impacta significativamente a produção em várias regiões e que constitui um sério risco para a segurança alimentar global (Farooq et al., 2015). Esse problema é intensificado por práticas agrícolas inadequadas, especialmente na agricultura irrigada (Catão et al., 2020).

Durante seu ciclo de vida, as plantas estão sujeitas a vários estresses, tanto bióticos quanto abióticos. A reação de cada espécie a esses estresses varia de acordo com a natureza e a fonte do estresse. Atualmente, os estresses hídrico e salino são os que mais afetam a cultura do milho, constituindo os principais fatores que restringem sua produção (Zahra et al., 2020).

A salinidade exerce um efeito deletério sobre o desenvolvimento das plantas, manifestando-se através de diversos mecanismos fisiológicos. Conforme apontado por Munns e Termaat (1986), o estresse salino induz um déficit hídrico nas plantas, além de provocar toxidez por íons e desequilíbrios nutricionais. Esses efeitos prejudicam processos vitais como a síntese de proteínas, o metabolismo de lipídios e a fotossíntese, comprometendo o crescimento e o desenvolvimento vegetal. Estudos como os de Oliveira et al. (2020), Dikobe et al. (2021), Hu et al. (2022) e Sinthumule et al. (2022) corroboram essa afirmação, evidenciando a redução da superfície foliar, da expansão foliar, da biomassa, da altura da planta, do número de folhas, do comprimento de raízes e do volume de raízes em resposta ao aumento da salinidade.

Dadas as circunstâncias, é fundamental avaliar como diferentes genótipos de milho-pipoca respondem às condições de salinidade para que sejam desenvolvidas cultivares mais produtivas, resistentes e adaptadas a essas condições.

2.2.3 Efeitos da salinidade sobre germinação de sementes e desenvolvimento de plântulas

A salinidade do solo representa um dos maiores desafios para a agricultura, afetando significativamente a germinação de sementes e o crescimento inicial das plantas. O acúmulo de sais na camada mais superficial do solo, associado à diminuição da capacidade de drenagem, reduz o potencial hídrico e eleva a toxicidade iônica, afetando a absorção de água pelas sementes e o metabolismo celular (Farooq et al., 2015, Aflaki et al., 2017), causando atraso na germinação e intensificação da variabilidade entre as plântulas, principalmente nas fases iniciais do processo de desenvolvimento (Goldsworthy, 1996, Farooq et al., 2015). Essa sensibilidade é devida ao desequilíbrio osmótico, que dificulta a absorção de água, e à toxicidade de íons, como sódio e cloreto, que podem comprometer a integridade da membrana celular e a atividade das enzimas (Munns et al., 2006).

Os estudos de Souza et al. (2010) e Deuner et al. (2011) evidenciam os impactos da salinidade sobre a germinação e o desenvolvimento inicial de diferentes

culturas. Souza et al. (2010), ao avaliarem o pinhão-mansão, constataram que a salinidade promoveu redução no crescimento das plântulas e atraso na germinação, indicando a sensibilidade dessa espécie ao estresse salino. Por outro lado, Deuner et al. (2011) observaram que a germinação de quatro genótipos de feijão-miúdo não foi afetada por concentrações de NaCl de até 100 mM, sugerindo uma maior tolerância inicial à salinidade. No entanto, o desenvolvimento das plântulas foi comprometido em concentrações salinas mais elevadas, corroborando os resultados de Souza et al. (2010). Esses achados demonstram que a salinidade pode afetar diferentes fases do desenvolvimento vegetal, sendo a germinação e o crescimento inicial as mais sensíveis, e que a resposta à salinidade varia entre espécies e genótipos.

No caso do milho-pipoca, a exposição ao estresse salino resulta em uma diminuição considerável do vigor das sementes e do desenvolvimento das plântulas e de vários indicadores fisiológicos e bioquímicos (Oliveira et al., 2020, Souza et al., 2026). A fase de germinação é particularmente vulnerável, com a redução do potencial hídrico dificultando a embebição das sementes e a mobilização de reservas, enquanto a toxicidade iônica pode levar à desnaturação de proteínas e quebra de membranas (Catão et al., 2020). Conseqüentemente, a produção de plantas vigorosas é prejudicada, impactando diretamente a produtividade das culturas em regiões salinas (Khajeh-Hosseini et al., 2003).

Visando mitigar os efeitos deletérios da salinidade, pesquisas têm se concentrado em estratégias alternativas, como a fertilização orgânica e a utilização de bactérias benéficas. A fertilização orgânica, que emprega esterco e biofertilizantes, demonstra potencial para melhorar as propriedades físicas e químicas do solo, além de reduzir a dependência de fertilizantes sintéticos e aumentar a produtividade. Paralelamente, estudos como o de Yang et al. (2009) indicam que bactérias benéficas podem atenuar os danos causados pela salinidade ao promover o crescimento radicular, a fotossíntese e a acumulação de compostos osmoprotetores, como a prolina, conferindo maior tolerância ao estresse salino.

2.2.4 Respostas fisiológicas do milho-pipoca à salinidade

Grande parte das principais culturas, incluindo o milho-pipoca, é classificada como glicófitas, cujos processos metabólicos vitais são sensíveis à salinidade (Aflaki et al., 2017). A resposta do milho-pipoca à salinidade está associada ao aumento do acúmulo de íons Na⁺ nas folhas (Fortmeier e Schubert, 1995) e ao dano oxidativo nas

células vegetais, resultando em produção excessiva de espécies reativas de oxigênio (EROs) (Azevedo Neto et al., 2006).

A elevada concentração de sal reduz o potencial osmótico, dificultando a absorção de água e gerando toxicidade iônica devido ao acúmulo de íons de sódio, que não são eficientemente armazenados nos vacúolos celulares (Zahra et al., 2020). Geifus et al. (2010) constataram que níveis elevados de sal (100 mM NaCl) podem causar inibição significativa do crescimento das raízes e parte aérea, além de alterar a morfologia e o perfil proteico das plantas, resultando em decréscimos de mais de 20% e 50% nas raízes e brotações, respectivamente.

Fenômenos como a redução na assimilação de minerais essenciais como potássio, cálcio e nitrogênio, bem como o comprometimento do transporte de cálcio para as folhas em desenvolvimento são os principais desequilíbrios nutricionais que impactam o desenvolvimento e a estabilidade das membranas celulares em plantas acometidas pelo estresse salino (Karimi et al., 2005, Turan et al., 2010, Hu et al., 2007).

Além disso, a salinidade também inibe a fotossíntese, reduzindo a abertura estomática, a atividade enzimática e os níveis de pigmentos fotossintéticos como clorofilas e carotenoides, fundamentais para a captação de energia solar (Omoto et al., 2012, Qu et al., 2012 apud Farooq et al., 2015). O bloqueio na fixação de carbono e a redução da absorção de CO₂ comprometem significativamente o rendimento fotossintético (El Sayed, 2011). Entretanto, as plantas de milho-pipoca apresentam estratégias adaptativas complexas para tolerar ambientes salinos, incluindo regulação estomática, ajuste osmótico, ativação de sistemas antioxidantes e eliminação de íons tóxicos. O acúmulo de osmólitos, como açúcares, prolina e glicina-betaína, contribui para a osmorregulação, permitindo a absorção de água mesmo sob salinidade elevada (Serraj e Sinclair, 2002, Farooq et al., 2015).

Ademais, a exclusão ativa de sódio do citoplasma e sua compartimentação em vacúolos, mediada por antiportadores de hidrogênio/sódio no tonoplasto, ajudam a manter a homeostase iônica e a reduzir danos por toxicidade (Azevedo Neto et al., 2004). A redistribuição de íons nocivos para tecidos menos sensíveis também contribui para a adaptação ao estresse salino.

Assim como alterações no perfil hormonal, o aumento do ácido abscísico e a redução de auxinas auxiliam na regulação do fechamento estomático, minimizando a perda de água e melhorando a resistência ao sal (Schubert, 2009, Farooq et al., 2015).

Algumas respostas antioxidantes, que incluem enzimas como catalase e glutathione-S-transferase, são fundamentais para mitigar os danos causados pelas EROs geradas pelo estresse salino (Rios-Gonzalez et al., 2002).

A regulação de genes associados à defesa antioxidante é essencial para a adaptação das plantas ao estresse salino, indicando que o milho-pipoca possui mecanismos genéticos e proteômicos para lidar com condições adversas (Zörb et al., 2004). Contudo, a habilidade de adaptação a ambientes salinos extremos é limitada, impactando o crescimento e o rendimento das plantas.

2.3 BASES GENÉTICAS

2.3.1 Cruzamentos dialélicos

O termo dialélico é utilizado para expressar um conjunto de híbridos, resultante do cruzamento de um grupo de genitores (Cruz, 2014). Esquemas de cruzamentos dialélicos podem ser utilizados tanto para o cruzamento de linhagens puras quanto para o cruzamento de variedades de base genética ampla.

Os cruzamentos dialélicos e suas posteriores análises fornecem uma ampla gama de informações para o melhorista, desde a identificação de genitores com alta capacidade de combinação até a compreensão da arquitetura genética de características quantitativas (Cruz et al., 2014). Essa estratégia experimental permite estimar a importância relativa de efeitos genéticos aditivos, relacionados à capacidade geral de combinação, e não-aditivos, relacionados à capacidade específica de combinação, em diferentes condições ambientais, auxiliando na seleção de genitores e no desenvolvimento de cultivares mais adaptadas e produtivas (Tekrony e Egli, 1991, Hallauer et al., 2010, Paterlini et al., 2020).

Sabe-se que a análise dialélica possibilita estimar importantes parâmetros genéticos, tais como os efeitos aditivos e não aditivos, cruciais tomada de decisões em programas de melhoramento genético. Essa abordagem também permite classificar grupos heteróticos, reconhecer seus respectivos efeitos e selecionar linhagens com alta capacidade combinatória. Dessa forma, o emprego de delineamentos dialélicos confere maior eficiência e precisão ao processo de obtenção de híbridos (Daronch et al., 2014, Riyanto et al., 2025).

2.3.2 Capacidades Geral (CGC) e Específica (CEC) de combinação

A capacidade geral de combinação (CGC) de um genitor, estimada a partir do desempenho de suas progênes híbridas, reflete sua capacidade de transmitir características desejáveis à prole. Valores de CGC elevados, sejam positivos ou negativos, indicam que o genitor em questão se destaca significativamente dos demais, apresentando um desempenho superior ou inferior, respectivamente. Por outro lado, valores de CGC próximos de zero sugerem que o genitor não se diferencia significativamente da média dos demais genitores envolvidos no cruzamento dialélico (Cruz et al., 2014).

Genitores com estimativas de CGC significativamente positivas ou negativas são considerados de grande interesse para programas de melhoramento. Aqueles com CGC positiva são promissores para aumentar o valor de uma determinada característica na progênie, enquanto os com CGC negativa podem ser utilizados para reduzir a expressão dessa mesma característica (Oliveira et al., 2004).

A capacidade específica de combinação (CEC) refere-se ao comportamento de uma combinação específica, que pode desviar do comportamento esperado com base na CGC. A CEC quantifica os efeitos não aditivos, como dominância e epistasia, que influenciam o desempenho de um cruzamento. Para obter híbridos superiores, é desejável identificar combinações que apresentem alta CEC e envolvam pelo menos um genitor com elevada capacidade geral de combinação (CGC). Essa combinação de efeitos aumenta o potencial de heterose e permite explorar ao máximo o vigor híbrido (Aguiar et al., 2004, Bordallo et al., 2005).

2.3.3 Interação genótipos x ambientes

No contexto agrícola, o ambiente pode ser entendido como o conjunto de elementos externos que atuam sobre as plantas, influenciando seu crescimento e produtividade. Esses elementos englobam condições edafoclimáticas, práticas de cultivo e a existência de organismos vivos que interagem com a planta (Borém et al., 2013).

Um dos principais objetivos do melhoramento de plantas é identificar genótipos e populações que possuam elevada produtividade e excelente adaptação a variados ambientes. Contudo, a seleção enfrenta desafios devido à interação entre genótipos e ambientes ($G \times A$), que leva a variações no rendimento dos genótipos em diferentes contextos ambientais (Bueno et al., 2006).

A característica fenotípica de uma planta resulta da interação entre seu genótipo, o meio ambiente e a interação entre ambos ($F = G + A + GA$). A interação entre genótipos e ambientes ($G \times A$) acontece quando a resposta de um genótipo a variados ambientes difere da resposta de outro genótipo aos mesmos ambientes, diminuindo a correlação entre genótipo e fenótipo. Esta interação constitui um desafio considerável para os programas de melhoramento, particularmente quando existe uma grande diversidade genética entre os genótipos e os ambientes. Diante desse cenário, o desenvolvimento de estratégias para lidar com a interação $G \times A$ é fundamental para o sucesso dos programas de melhoramento (Bueno et al., 2006).

A interação entre genótipos e ambientes é uma ocorrência frequente em pesquisas de avaliação de cultivares. Ramalho et al. (1993) apresentam três tipos comuns de interações: (i) inexistência de interação, na qual as cultivares reagem de maneira semelhante aos diferentes ambientes (ii) interação simples, marcada por variações na intensidade da resposta das cultivares aos ambientes, porém sem inversão na classificação; e (iii) interação complexa, na qual a classificação das cultivares se altera entre os ambientes. A presença de interações complexas dificulta a seleção de cultivares com capacidade de adaptação ampla, demandando recomendações específicas para cada ambiente. Entender esses padrões é crucial para a tomada de decisões em programas de melhoramento e para a recomendação de cultivares adaptáveis a diversas áreas geográficas (Bueno et al., 2006).

Nos estudos que envolvem vários genótipos e diferentes ambientes, a interação complexa indica a necessidade de desenvolver cultivares com adaptações específicas para cada ambiente. Esta particularidade pode restringir a recomendação de cultivares com grande adaptabilidade e elevada produtividade. Assim, a escolha de cultivares deve ser realizada com cautela, levando em conta as particularidades de cada ambiente e as estratégias para reduzir os impactos da interação ($G \times A$) (Bueno et al., 2006).

No contexto do desenvolvimento de cultivares para adaptação a condições de estresse, como por exemplo para condições de salinidade, faz-se necessário avaliar a resposta dos genótipos e os efeitos da interação para fins de seleção. Souza et al. (2026), em estudos de tolerância de milho-pipoca ao estresse salino, afirmam que para condições de salinidade faz-se necessário conduzir a seleção em ambientes específicos de estresse, vista a detecção de interação significativa entre genótipos e as diferentes condições de salinidade.

2.4 PIGMENTOS VEGETAIS E O ESTRESSE SALINO

A presença dos pigmentos vegetais ultrapassa a função estética, sendo fundamental para a regulação fisiológica e para as estratégias de sobrevivência das plantas sob situações de estresse. As antocianinas, por exemplo, são reconhecidas como agentes protetores cruciais (Naing e Kim, 2021, Kaur et al., 2023), atuando na plasticidade adaptativa vegetal frente a variações do ambiente (Mackon et al., 2021, Mansour, 2023). Essa capacidade de adaptação reside, em grande parte, no fortalecimento do sistema antioxidante que ocorre quando esses compostos se acumulam em resposta a estímulos de estresse (Dabravolski e Isayenkov, 2023).

Como potentes antioxidantes, as antocianinas desempenham várias funções: neutralizam espécies reativas de oxigênio (EROs), participam da sinalização celular, protegem o aparato fotossintético, auxiliam no equilíbrio osmótico e ainda são capazes de retardar a senescência foliar (Al-Sammarraie et al., 2020, Kaur et al., 2023, Duan et al., 2023). Por outro lado, as clorofilas, embora sejam os pigmentos mais abundantes e essenciais para a conversão de energia, apresentam uma instabilidade química que as torna vulneráveis (Von Elbe, 2000, Schoefs, 2002). Sob condições de estresse severo, como a salinidade, a integridade dos cloroplastos é ameaçada pela toxicidade iônica e pelo desequilíbrio osmótico. Esse cenário desencadeia danos oxidativos que comprometem a homeostase entre a síntese e a degradação desses pigmentos, resultando em um declínio acentuado na eficiência fotossintética das plantas (Hammami et al., 2024).

3. TRABALHOS

Artigo 1: Seleção precoce de genótipos de milho-pipoca tolerantes ao estresse salino via estimativas genéticas e avaliação do desempenho de sementes e plântulas¹

RESUMO

A salinidade do solo representa um desafio crescente para a agricultura global, limitando a produtividade de culturas sensíveis como o milho-pipoca (*Zea mays* L. var. *everta*) e a seleção precoce de genótipos tolerantes é uma estratégia crucial para o desenvolvimento de estratégias mitigatórias dos impactos deste estresse abiótico. Este estudo teve como objetivo avaliar os efeitos do estresse salino em estádios iniciais de desenvolvimento de genótipos de milho-pipoca, estimar parâmetros genéticos e identificar genótipos superiores para programas de melhoramento. Para isso, 49 genótipos, incluindo sete linhagens endogâmicas e seus 42 híbridos de um dialelo completo, foram avaliados sob duas condições: sem estresse salino (0 mM de cloreto de sódio – NaCl) e com estresse salino (100 mM de NaCl). Foram analisadas doze características relacionadas à germinação de sementes e ao desenvolvimento de plântulas. Os resultados revelaram ampla variabilidade genética entre os genótipos e um impacto negativo significativo do estresse salino na maioria das características. A análise dialélica indicou a predominância de efeitos gênicos não-aditivos para a maioria das variáveis, sugerindo que a exploração da heterose por meio da obtenção de híbridos é a estratégia mais promissora para o desenvolvimento de cultivares tolerantes. As linhagens L472, L381 e L684 destacaram-se pela alta capacidade geral de combinação (CGC) em ambiente salino, sendo identificadas como genitores de elite. O híbrido L690 x L472 exibiu alta capacidade específica de combinação em mais características e obteve médias satisfatórias nas características avaliadas e por isso demonstrou ser promissor para a tolerância ao estresse. A seleção precoce é uma abordagem eficaz para identificar genótipos de milho-pipoca tolerantes à salinidade, e a hibridação constitui uma via satisfatória para incorporar essa tolerância em novas cultivares, contribuindo para a sustentabilidade da cultura em áreas afetadas por sais.

¹ Artigo a ser submetido.

Palavras-chave: *Zea mays* L. var. *everta*, salinidade, análise dialéctica, fenotipagem digital.

ABSTRACT

Soil salinity represents a growing challenge for global agriculture, limiting the productivity of sensitive crops such as popcorn (*Zea mays* L. var. *everta*), and early selection of tolerant genotypes is a crucial strategy for developing mitigation strategies for the impacts of this abiotic stress. This study aimed to evaluate the effects of saline stress on early developmental stages of popcorn genotypes, estimate genetic parameters, and identify superior genotypes for breeding programs. To this end, 49 genotypes, including seven inbred lines and their 42 one-diallel hybrids, were evaluated under two conditions: non stressed (0 mM sodium chloride – NaCl) and salt stressed (100 mM NaCl). Twelve traits related to seed germination and seedling development were analyzed. The results revealed wide genetic variability among the genotypes and a significant negative impact of saline stress on most traits. Diallel analysis indicated the predominance of non-additive gene effects for most variables, suggesting that exploiting heterosis through hybridization is the most promising strategy for developing tolerant cultivars. The L472, L381, and L684 lines stood out for their high general combining ability (GCA) in a saline environment, being identified as elite parents. The L690 x L472 hybrid exhibited high specific combining ability in more traits and obtained satisfactory averages in the evaluated traits, thus proving promising for stress tolerance. Early selection is an effective approach to identify salinity-tolerant popcorn genotypes, and hybridization constitutes a satisfactory way to incorporate this tolerance into new cultivars, contributing to the sustainability of the crop in salt-affected areas.

Keywords: *Zea mays* L. var. *everta*, salinity, diallel analysis, digital phenotyping.

INTRODUÇÃO

O milho-pipoca (*Zea mays* L. var. *everta*) é um tipo de milho especial amplamente consumido devido ao seu sabor característico e versatilidade no preparo (Kamphorst et al., 2021). Popular em momentos de lazer, seu consumo é significativo em escala mundial (Teixeira et al., 2013, Freitas Júnior et al., 2009). No entanto, a expansão da cultura do milho-pipoca no Brasil encontra limitações expressivas, principalmente relacionadas à escassez de cultivares melhoradas, com alta produtividade e qualidade, além da ausência de genótipos adaptados às condições de estresse, tanto bióticos quanto abióticos, dentre elas a salinidade.

A salinidade é um estresse abiótico limitante para a cultura do milho-pipoca, especialmente em áreas irrigadas onde se empregam práticas inadequadas ou ineficientes (Farooq et al., 2015, Catão et al., 2020). Este problema é evidenciado pelo Mapa Global de Solos Afetados pelo Sal (FAO, 2021), que estima que, globalmente, mais de 424 milhões de hectares da camada superficial (0-30 cm) e 833 milhões de hectares da subsuperfície (30-100 cm) são salinizados, gerando impacto direto na segurança alimentar e na sustentabilidade dos sistemas agrícolas.

As plantas enfrentam estresses durante seu ciclo de vida, com respostas variáveis de acordo com a natureza do estresse (Zahra et al., 2020). Classificado como glicófita, o milho-pipoca é uma espécie metabolicamente sensível à salinidade (Fortmeier e Schubert, 1995) e, por isso, apresenta redução acentuada no vigor e no desenvolvimento das plântulas, especialmente em estádios iniciais. Durante o processo de germinação, a redução do potencial hídrico dificulta a embebição das sementes e a mobilização de reservas, enquanto a toxicidade iônica pode desnaturar proteínas e danificar membranas (Catão et al., 2020, Oliveira et al., 2020).

Ainda se observa um acúmulo excessivo de íons Na^+ nas folhas e a produção de espécies reativas de oxigênio (EROs) que provocam danos oxidativos às membranas celulares e macromoléculas (Islam et al., 2024, He et al., 2025), bem como redução no potencial osmótico, que prejudica a assimilação de minerais essenciais e inibe a fotossíntese (Balasubramaniam et al., 2023, Lu e Fricke, 2023).

A tolerância à salinidade varia entre espécies e também entre os diferentes genótipos de uma mesma espécie, exigindo estratégias de avaliação e seleção específicas para a obtenção de genótipos adaptados a essa condição de estresse. Portanto, a avaliação em estádios iniciais do desenvolvimento da planta se destaca

como uma estratégia eficiente, pois permite a identificação precoce de genótipos com potencial de tolerância ao estresse.

Neste contexto, o desenvolvimento de híbridos tem sido uma estratégia fundamental no melhoramento de plantas, visando explorar o fenômeno da heterose. A análise dialélica, por sua vez, emerge como uma ferramenta poderosa para elucidar os mecanismos genéticos subjacentes à expressão de características quantitativas em híbridos. Ao cruzar diversos genitores e analisar a performance de suas progênes, os melhoristas podem estimar parâmetros genéticos como efeitos aditivos e não-aditivos (Rohman et al., 2024), identificar grupos heteróticos e selecionar linhagens e híbridos com alta capacidade de combinação (Simões et al., 2014).

A sinergia entre a criação de híbridos e a análise dialélica permite uma compreensão mais profunda da herança genética de características de interesse, como produtividade e tolerância a estresses, otimizando o desenvolvimento de cultivares mais adaptadas e produtivas (Guimarães et al., 2023). Adicionalmente, a análise dialélica auxilia na identificação de genitores com alta capacidade de combinação, otimizando o processo de desenvolvimento de novos híbridos e tornando-o mais eficiente e preciso (Liu et al., 2024).

Neste sentido, este estudo teve como objetivos: i) avaliar o efeito do estresse salino na germinação de sementes e no desenvolvimento de plântulas de milho-pipoca; ii) estimar as capacidades combinatórias, geral e específica, de linhagens e híbridos de milho-pipoca sob diferentes condições salinas; iii) estimar os efeitos gênicos aditivos e de dominância envolvidos na resposta ao estresse salino; iv) avaliar os efeitos da interação genótipos x condições salinas, bem como sua natureza; e v) identificar genótipos tolerantes ao estresse salino.

MATERIAIS E MÉTODOS

Material vegetal

O material vegetal foi constituído por 49 genótipos de milho-pipoca, sendo sete linhagens endogâmicas oriundas do Banco de Germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) e 42 híbridos resultantes dos cruzamentos entre essas linhagens. As linhagens foram previamente classificadas como tolerantes ou sensíveis ao estresse salino na fase inicial de desenvolvimento por Souza et al. (2026), a partir de um ensaio contendo 31 linhagens endogâmicas. Houve simetria alélica durante a pré-seleção dos genitores.

Os híbridos F₁ foram obtidos a partir do cruzamento entre as sete linhagens (L472, L684, L217, L263, L381, L213 e L690), seguindo o esquema de dialelo completo.

Tabela 1. Identificação e informações sobre geração, país de origem, procedência, adaptação climática, cor das sementes e ciclo das sete linhagens endogâmicas. UEM, Universidade Estadual de Maringá; IAC, Instituto Agrônomo de Campinas; CIMMYT,

ID	Pedigree	Instituição doadora/Origem	Adaptação climática	Tolerância à salinidade	Cor da semente	Ciclo
L472	SE 013	UEM/Brasil	Tropical	Tolerante	Amarelo	Tardio
L684	UENF 14	UENF/Brasil	Tropical	Tolerante	Amarelo	Precoce
L217	IAC 125	IAC/Brasil	Tropical	Sensível	Amarelo claro	Precoce
L263	PARA 172	CIMMYT/Paraguai	Temperado	Tolerante	Amarelo claro	Tardio
L381	SAM	USA/EUA	Temperado	Tolerante	Amarelo alaranjado	Precoce
L213	IAC 125	IAC/Brasil	Tropical	Sensível	Amarelo	SI
L690	UENF 14	UENF/Brasil	Tropical	Sensível	Amarelo claro	Precoce

Centro Internacional de Melhoramento de Milho e Trigo (México); USA, United States of America; UENF, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Fonte: Kurosama et al. (2018), Santos et al. (2021), Torres et al. (2022).

Tabela 2. Relação dos híbridos obtidos através dos cruzamentos dialélicos e a procedência dos genitores quanto à tolerância ao estresse salino.

Híbrido	Procedência	Híbrido	Procedência
L472 x L684	Tolerante x Tolerante	L263 x L381	Tolerante x Tolerante
L472 x L217	Tolerante x Sensível	L263 x L213	Tolerante x Sensível
L472 x L263	Tolerante x Tolerante	L263 x L690	Tolerante x Sensível
L472 x L381	Tolerante x Tolerante	L381 x L472	Tolerante x Tolerante
L472 x L213	Tolerante x Sensível	L381 x L684	Tolerante x Tolerante
L472 x L690	Tolerante x Sensível	L381 x L217	Tolerante x Sensível
L684 x L472	Tolerante x Tolerante	L381 x L263	Tolerante x Tolerante
L684 x L217	Tolerante x Sensível	L381 x L213	Tolerante x Sensível
L684 x L263	Tolerante x Tolerante	L381 x L690	Tolerante x Sensível
L684 x L381	Tolerante x Tolerante	L213 x L472	Sensível x Tolerante
L684 x L213	Tolerante x Sensível	L213 x L684	Sensível x Tolerante
L684 x L690	Tolerante x Sensível	L213 x L217	Sensível x Sensível
L217 x L472	Sensível x Tolerante	L213 x L263	Sensível x Tolerante
L217 x L684	Sensível x Tolerante	L213 x L381	Sensível x Tolerante
L217 x L263	Sensível x Tolerante	L213 x L690	Sensível x Sensível
L217 x L381	Sensível x Tolerante	L690 x L472	Sensível x Tolerante
L217 x L213	Sensível x Sensível	L690 x L684	Sensível x Tolerante
L217 x L690	Sensível x Sensível	L690 x L217	Sensível x Sensível
L263 x L472	Tolerante x Tolerante	L690 x L263	Sensível x Tolerante
L263 x L684	Tolerante x Tolerante	L690 x L381	Sensível x Tolerante
L263 x L217	Tolerante x Sensível	L690 x L213	Sensível x Sensível

Condução do experimento

As sementes dos 49 genótipos de milho-pipoca foram submetidas a duas condições salinas (CS), isto é, sem estresse salino (SE) e com estresse salino (ES). Na condição sem estresse salino, umedeceu-se o substrato (papel germiteste) com água deionizada pura (condutividade elétrica de 0,2847 dS m⁻¹ a 25 °C) na proporção de 2,5 vezes o peso do papel. Na condição de estresse salino o substrato foi umedecido com água deionizada com adição de cloreto de sódio sem iodo (NaCl) na concentração de 100,00 mM (condutividade elétrica de 9,3 dS m⁻¹ a 25 °C).

Em ambas as condições, os rolos de papel foram acondicionados em sacos de polietileno transparente e levados para câmaras germinadoras com temperaturas

reguladas no intervalo de 20-30 °C e com fotoperíodo ajustado para 8 horas de luz por dia e 16 horas de escuro por dia. A manutenção da umidade dos substratos foi verificada diariamente durante todo o período dos testes e, conforme necessário, foi adicionada água deionizada pura em ambas as condições salinas.

Os experimentos foram conduzidos em delineamento experimental de blocos casualizados, com quatro repetições compostas por 25 sementes cada, e foram realizados no Laboratório de Fitotecnia – Setor de Produção e Tecnologia de Sementes da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (LFIT/UENF).

Características avaliadas

Os 49 genótipos foram avaliados quanto a caracteres fisiológicos das sementes, bem como a caracteres físicos e fisiológicos das plântulas, conforme estabelecido pelas Regras de Análises de Sementes – RAS (Brasil, 2025).

A contabilização de plântulas normais, germinação (GER) e anormais (PA) foi realizada no sétimo dia após a implantação do teste e os resultados foram apresentados em porcentagem (Brasil, 2025).

O índice de velocidade de germinação (IVG) foi determinado pela fórmula proposta por Maguire (1962), após contagem diária do número de sementes com, no mínimo, 0,4 cm de radícula.

A fenotipagem digital das plântulas foi realizada com o auxílio do equipamento GroundEye®. Foram avaliadas dez plântulas por repetição. As plântulas foram dispostas na bandeja acrílica para a captura das imagens e por meio do sistema de análise de imagens, o software gerou planilhas com os resultados das características relacionadas à geometria da parte aérea e raiz das plântulas. Foram avaliadas a área da plântula (AREA), a largura da parte aérea (LPA) e da raiz (LRA), o número de ramificações (NRA), o comprimento da parte aérea (CPA) e da raiz (CRA) e o comprimento total da plântula (CT).

Para determinar a massa da matéria seca da parte aérea (MSPA) e da raiz (MSRA), as dez plântulas utilizadas na fenotipagem por imagem foram colocadas separadamente (parte aérea e raiz) em envelopes de papel “kraft” e levadas a uma estufa de circulação forçada de ar, a 65 °C constantes por 72 h. Após o processo de secagem, as amostras foram colocadas para resfriar em um dessecador e então pesadas em uma balança com precisão de 0,0001 g. Os resultados foram expressos em mg plântula⁻¹.

Análises estatísticas

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância individual e conjunta, e as variáveis que apresentaram diferenças significativas entre os tratamentos, ao nível de significância de 1% de probabilidade ($p \leq 0,01$) pelo teste F, foram submetidas ao teste de agrupamento de médias de Scott-Knott ao mesmo nível de significância.

As análises dos dados foram realizadas por meio do software Genes (Cruz, 2016) considerando os efeitos de genótipos e ambientes como fixos. Foi adotado o modelo estatístico $Y_{ijk} = \mu + G_i + B_j + E_{ij}$ para análise individual, onde Y_{ijk} = observação referente ao i-ésimo efeito de genótipo no j-ésimo bloco na k-ésima condição salina; μ = constante geral; G_i = efeito do i-ésimo genótipo (NID, 0, σ^2_G) ($i = 1, 2, \dots, 49$); B_j = efeito do j-ésimo bloco (NID, 0, σ^2_b) ($j=1, 2$); E_{ij} = erro aleatório (NID, 0, σ^2); e $Y_{ijk} = \mu + G_i + B/CS_{jk} + CS_j + GCS_{ij} + E_{ijk}$ para a análise conjunta, em que Y_{ijk} = observação referente ao i-ésimo efeito de genótipo na j-ésima repetição na k-ésima condição salina; μ = constante geral; G_i = efeito do i-ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, 49$); B/CS_{jk} = efeito do k-ésimo bloco (NID, 0, σ^2_b) dentro da j-ésima condição salina ($k = 1, 2, 3, 4$); CS_j = efeito da j-ésima condição salina ($j = 1, 2$); GCS_{ij} = efeito da interação do i-ésimo genótipo com a j-ésima condição salina; E_{ijk} = erro aleatório (NID, 0, σ^2).

As análises dos efeitos dos tratamentos para a capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação foram realizadas considerando o esquema dialélico completo, de acordo com a metodologia proposta por Griffing (1956). A análise dialélica individual, por condição salina, seguiu o modelo estatístico $Y_{ij} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + r_{ij} + e_{ij}$ em que Y_{ij} = valor médio da combinação híbrida ($i \neq j$) ou do genitor ($i = j$); μ = média geral; g_i e g_j = efeito da capacidade geral de combinação do i-ésimo ou j-ésimo genitor ($i, j = 1, 2, \dots, 7$); s_{ij} = efeito da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre os genitores de ordem i e j; r_{ij} = efeito recíproco que mede as diferenças proporcionadas pelo genitor i ou j quando utilizado como genitor macho ou genitor fêmea no cruzamento ij; e_{ij} = erro experimental médio (NID, 0, σ^2_G) associado à observação de ordem ij.

Já a análise dialélica conjunta seguiu o modelo estatístico dado por $Y_{ijkl} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + CS_z + CS_{giz} + CS_{gjz} + CS_{sijz} + b_{k(z)} + e_{ijkz}$, onde Y_{ijkl} = valor médio da

combinação híbrida ($i \neq j$) ou do genitor ($i = j$); μ = média geral dos tratamentos; g_i e g_j = efeito da capacidade geral de combinação do i -ésimo ou j -ésimo genitor ($i, j = 1, 2, \dots, 7$); s_{ij} = efeito da capacidade específica de combinação para os cruzamentos entre os genitores de ordem i e j ; CS_z = efeito da condição salina (1, 2); CS_{giz} e CS_{gjz} = efeitos da interação da capacidade geral de combinação dos genitores i e j com a z -ésima condição salina; CS_{sijz} = efeitos da interação da capacidade específica de combinação dos genitores i e j com a z -ésima condição salina; $b_{k(z)}$ = efeito de blocos (NID, 0, σ^2_b) dentro das condições salinas; e_{ijkz} = erro experimental médio associado à observação de ordem $ijkz$ (NID, 0, σ^2).

O pacote “GGEbiplotGui” (R Core Team, 2025), do Software R, foi utilizado para gerar os gráficos que identificaram os melhores genótipos para cada característica avaliada (“qual ganhou onde/o quê”), bem como os gráficos que identificaram as características mais discriminativas e representativas (“discriminabilidade/representatividade”). Os demais gráficos foram também gerados pelo Software R, através do pacote “GGPlot” (R Core Team, 2025).

RESULTADOS

Variabilidade genética e o desenvolvimento inicial de sementes e plântulas sob condições salinas contrastantes

A análise individual indicou que, para as duas condições salinas em estudo, houve diferenças significativas ($p \leq 0,01$) no teste F, entre os tratamentos para todas as doze características avaliadas (Tabela 3).

No ambiente sem estresse salino (SE – 0 mM NaCl), os valores de coeficientes de variação experimental (CVe) variaram de 4,12% a 125,33% (Tabela 3), com valores classificados como baixos para a maior parte das características, com exceção de NRA e PA, que apresentaram valores classificados, respectivamente, como alto e muito alto.

Já no ambiente com estresse salino (ES – 100 mM NaCl), foram encontrados valores de CVe variando de 4,31% a 72,20% (Tabela 3), com valores classificados como baixos para a maioria das características. NRA e PA foram novamente as exceções, apresentando valores muito altos. O ranqueamento foi feito de acordo com

a classificação proposta inicialmente por Pimentel (1985) e revisada por Scapim (1995). Estes autores ressaltam que os valores observados para C_{Ve} devem ser interpretados considerando não apenas a magnitude numérica da variação encontrada, mas também a natureza da característica avaliada, visto que valores considerados altos podem, na verdade, refletir a heterogeneidade intrínseca à característica.

Na análise conjunta, todas as características apresentaram diferenças significativas ($p \leq 0,01$) para o efeito de genótipo. Para o efeito de condição salina, as características germinação, plântulas anormais e largura da parte aérea foram as únicas que não diferiram estatisticamente. A interação genótipos \times condição salina apresentou diferenças estatísticas significativas ($p \leq 0,01$) para todas as características (Tabela 3).

Uma análise comparativa das médias relativas dos genótipos no ambiente sem estresse e com estresse salino evidenciou perdas acentuadas na grande maioria das características. As médias de características fisiológicas relacionadas às sementes variaram entre 10,35 e 8,91 para IVG, 96,18 e 91,61 para germinação e 2,65 e 7,10 para plântulas anormais. As perdas estimadas foram de 13,94% e 4,70% para IVG e germinação, respectivamente, enquanto houve um aumento de 62,64% para plântulas anormais (Figura 1).

Número de ramificações, área e comprimento total foram as características físicas das plântulas que apresentaram maiores perdas. A variação entre suas médias foi, respectivamente, de 38,20 e 16,94; 4,03 e 2,04 e; 16,92 e 8,34 e as perdas relativas foram de 65,32%, 50,60% e 44,28%, respectivamente (Figura 1).

Estimativas das capacidades combinatórias e a natureza dos efeitos gênicos sob diferentes condições salinas

Dentre as características relacionadas à germinação das sementes, IVG apresentou estimativas dos componentes de variabilidade associados à capacidade geral de combinação ($CGC - \Phi_g$), à capacidade específica de combinação ($CEC - \Phi_e$) e ao efeito recíproco ($RC - \Phi_{rc}$) com diferenças estatisticamente significativas em ambas as condições salinas (Tabela 4). Germinação apresentou significância para CEC e RC no ambiente sem estresse salino e, no ambiente com estresse salino, apresentou significância apenas para CGC e CEC. Plântulas anormais apresentaram

estimativas significativas para CGC e CEC no ambiente sem estresse. Essa observação se repetiu no ambiente afetado pelo estresse salino.

Os efeitos aditivos (Φ_g) tiveram maior influência na variabilidade expressa no IVG analisado no ambiente sem estresse salino. Já sob efeito do estresse salino, observou-se maior influência de efeitos não-aditivos (Φ_e). GER e PA tiveram maior influência de efeitos não-aditivos (Φ_e).

LPA foi a única característica relacionada à parte aérea das plântulas que apresentou diferenças significativas para CGC, CEC e RC em ambas as condições salinas (Tabela 4). MSPA apresentou significância para CEC e RC sob condições ideais de crescimento e significância para CGC, CEC e RC sob estresse salino. O mesmo se repetiu para CPA. No ambiente sem estresse, observou-se que os efeitos não-aditivos (Φ_e) tiveram maior influência sob as três características (Figura 2). Já no ambiente com estresse salino, LPA passou a ter maior influência de efeitos aditivos (Φ_g), enquanto MSPA e CPA mostraram maior influência dos efeitos não-aditivos (Φ_e) (Figura 2).

Das características relacionadas às raízes das plântulas, MSRA, NRA e CRA apresentaram diferenças significativas para CGC, CEC e RC em ambas as condições salinas (Tabela 4). LRA apresentou valores significativos para CEC e RC na condição sem estresse salino e valores significativos para os três componentes sob estresse salino. No ambiente sem estresse, MSRA e LRA foram mais influenciadas por efeitos aditivos (Φ_g), enquanto CRA e NRA sofreram maior influência dos efeitos não-aditivos (Φ_e) (Figura 2). Analisadas sob efeito do estresse salino, verificou-se que MSRA, LRA e CRA permaneceram sob maior influência dos efeitos não aditivos (Φ_e), enquanto NRA apresentou estimativas equivalentes para os dois componentes (Figura 2).

Para ÁREA e CT, houve significância de CGC, CEC e RC em ambas as condições salinas e maior influência de efeitos não-aditivos (Φ_e) sob ambas as condições salinas (Figura 2).

A análise dialélica indicou que todas as características apresentaram valores altamente significativos ($p \leq 0,01$) para o efeito dos cruzamentos recíprocos em ambas as condições salinas. Dentre elas, IVG, MSRA, NRA, CPA e CRA apresentaram valores positivos e negativos, indicando que pode haver certa vantagem ou desvantagem no cruzamento quando o genitor i é usado como fêmea. GER, PA, MSPA, LPA, LRA, ÁREA e CT apresentaram, além das estimativas positivas e

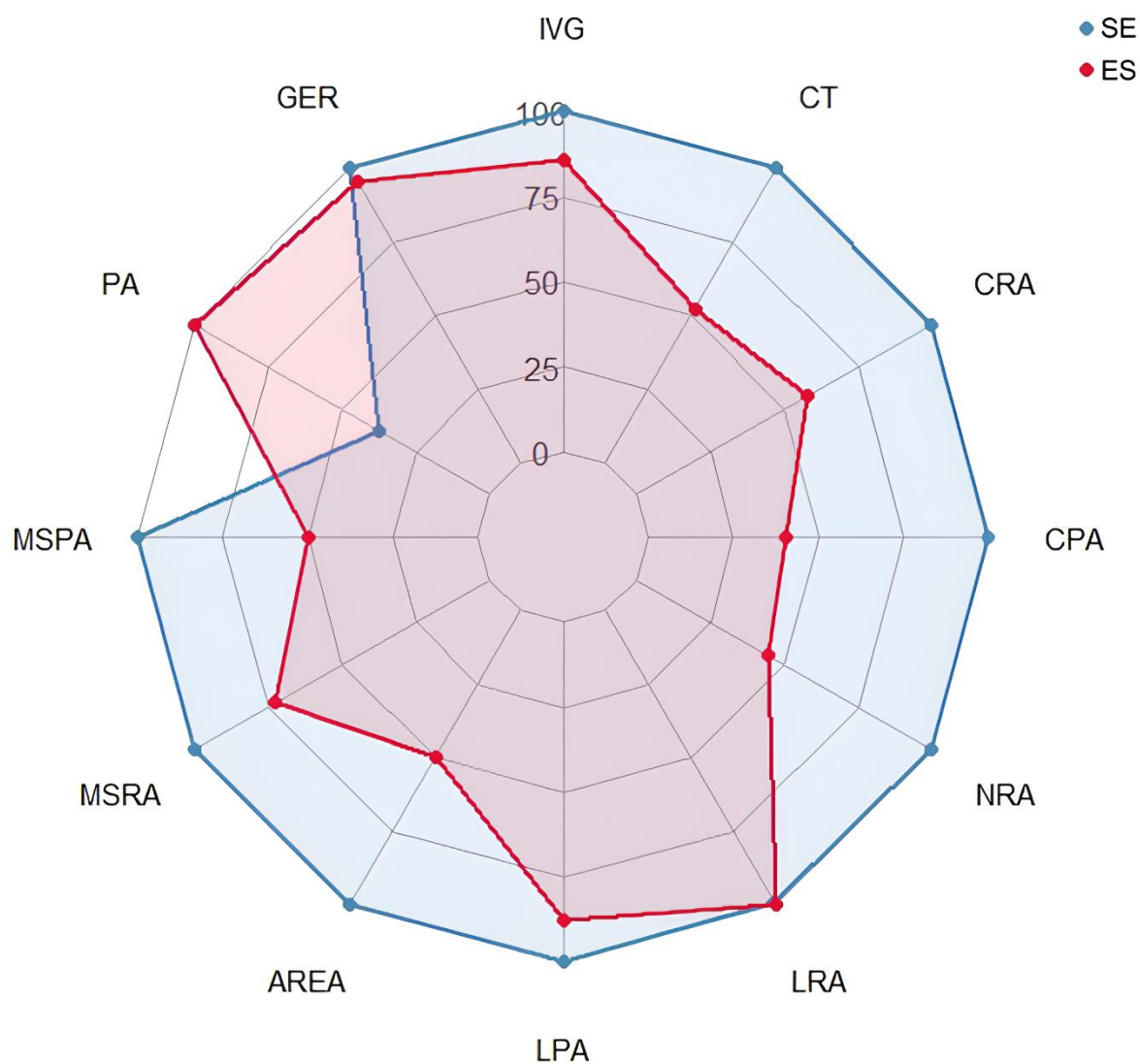


Figura 1: Percentual de perdas relativas às médias de características relacionadas à germinação, à parte aérea e à raiz das plântulas de sete linhagens e 42 híbridos de milho-pipoca submetidos a duas condições salinas: sem estresse (SE) e com estresse salino (ES). IVG, índice de velocidade de germinação; GER, porcentagem de germinação (%); PA, porcentagem de plântulas anormais (%); MSPA, massa seca da parte aérea (mg/plântula^{-1}); MSRA, massa seca da raiz (mg/plântula^{-1}); ÁREA, área da plântula (cm^2); LPA, média da largura da parte aérea (cm); LRA, média da largura da raiz (cm); NRA, número de ramificações; CPA, comprimento da parte aérea (cm); CRA, comprimento da raiz (cm); CT, comprimento total (cm).

Tabela 3. Resumo da análise de variância, médias gerais e coeficientes de variação experimental (CVe) de características relacionadas à germinação, à parte aérea e à raiz das plântulas de sete linhagens e 42 híbridos de milho-pipoca submetido a duas condições salinas: sem estresse (SE) e com estresse salino (ES).

FV	SE					ES					Conjunta		
	QMG	QMR	Teste F	X	CVe	QMG	QMR	Teste F	X	CVe	G	CS	GxCS
IVG	3,95	0,266	**	10,35	4,99	2,41	0,152	**	8,91	4,39	**	**	**
GER	50,29	15,735	**	96,18	4,12	135,15	32,462	**	91,67	6,22	**	ns	**
PA	34,11	11,064	**	2,65	125,33	121,01	26,309	**	7,10	72,20	**	ns	**
MSPA	17,36	2,151	**	13,39	10,96	7,03	0,619	**	6,70	11,74	**	**	**
MSRA	35,09	1,614	**	18,73	6,78	21,46	3,101	**	13,59	12,96	**	**	**
AREA	3,42	0,176	**	4,03	10,39	0,79	0,037	**	1,99	9,67	**	**	**
LPA	0,0011	0,0002	**	0,24	6,74	0,0007	0,00008	**	0,21	4,31	**	**	**
LRA	0,0001	0,00004	**	0,10	7,00	0,00011	0,00004	**	0,10	7,15	**	ns	**
NRA	586,81	69,850	**	38,20	21,88	111,40	15,072	**	16,94	22,91	**	**	**
CPA	2,15	0,255	**	5,29	9,56	0,63	0,087	**	2,13	13,82	**	**	**
CRA	21,98	1,441	**	11,63	10,32	6,12	0,386	**	6,75	9,21	**	**	**
CT	26,72	2,131	**	16,92	8,63	8,57	0,565	**	8,88	8,47	**	**	**

FV, fonte de variação; SE, ambiente sem estresse salino; ES, ambiente com estresse salino; QMG, quadrado médio do genótipo; QMR, quadrado médio do resíduo; \bar{X} , média; CVe, coeficiente de variação experimental; G, genótipo; SC, condição salina; GxCS, interação genótipos x condição salina; IVG, índice de velocidade de germinação; GER, porcentagem de germinação (%); PA, porcentagem de plântulas anormais (%); MSPA, massa seca da parte aérea (mg/plântula⁻¹); MSRA, massa seca da raiz (mg/plântula⁻¹); ÁREA, área da plântula (cm²); LPA, média da largura da parte aérea (cm); LRA, média da largura da raiz (cm); NRA, número de ramificações; CPA, comprimento da parte aérea (cm); CRA, comprimento da raiz (cm); CT, comprimento total (cm). Efeito quadrático médio representado por ns e **, quando não significativo e significativo em $p \leq 0,01$, respectivamente, pelo teste F.

negativas, valores iguais a zero que indicaram ausência do efeito recíproco no cruzamento.

Capacidade geral de combinação das linhagens sob diferentes condições salinas

Para CGC das características relacionadas à germinação das sementes, destacaram-se os genitores L472, L684, L263, L381 e L690. Para IVG, os genitores L472 (0,3910 sob SE e 0,2892 sob ES), L684 (0,4803 sob SE e 0,5569 sob ES) e L263 (0,392 sob SE e 0,2194 sob ES) foram aqueles que apresentaram valores positivos de CGC (Figura 3). Para germinação, os genitores L472 (1,0316 sob SE e 3,6079 sob ES) e L381 (1,3887 sob SE e 2,9471 sob ES) tiveram efeitos de CGC positivos em ambas as condições salinas.

A linhagem L690 se destacou negativamente com o pior desempenho para plântulas anormais. Ela registrou as estimativas mais elevadas em ambos os ambientes, atingindo 5,06 sob estresse salino. Este valor expressivamente positivo indica uma forte contribuição para o aumento da ocorrência de plântulas anormais, tornando-a um genitor desfavorável à eliminação desta característica. Por outro lado, a linhagem L472 se destaca positivamente por apresentar estimativa de CGC negativa para plântulas anormais sob estresse salino, evidenciando sua capacidade de diminuir o aparecimento dessa anormalidade.

Nas características relacionadas à morfologia da parte aérea, destacaram-se os genitores L472, L217 e L263. Enquanto os genitores L472 (1,1704 sob SE e 0,8573 sob ES) e L263 (0,6721 sob SE e 0,6752 sob ES) apresentaram valores positivos de CGC em ambas as condições salinas para massa seca da parte aérea, os genitores L472 (0,726 sob SE e 0,3053 sob ES) e L217 (0,1077 sob SE e 0,0326 sob ES) se destacaram com valores positivos para comprimento da parte aérea (Figura 3).

As linhagens L472, L217, L263 e L381 foram aquelas que se destacaram para as características relacionadas à morfologia das raízes. Foram observados valores positivos de CGC nos genitores L472 (1,4153 sob SE e 1,6165 sob ES) e L381 (0,7599 sob SE e 1,0147 sob ES) para massa seca da raiz, L472 (0,0028 sob SE e 0,0013 sob ES) para LRA, L472 (0,4600 sob SE e 0,4439 sob ES), L217 (1,7366 sob SE e 0,5351 sob ES) e L263 (0,7145 sob SE e 0,4971 sob ES) para comprimento da raiz e L472 (9,3525 sob SE e 5,2821 sob ES) e L381 (1,5239 sob SE e 1,9625 sob ES) para

Tabela 4. Estimativas dos quadrados médios (QM) da análise de variância individual e dos componentes quadráticos associados a capacidade geral de combinação (CGC) de sete linhagens e específica de combinação (CEC) de 42 híbridos para caracteres físicos e fisiológicos de sementes de milho-pipoca submetido a duas condições salinas: sem estresse salino (SE) e com estresse salino (ES).

FV	SE							ES						
	CGC		CEC		Recíproco		Resíduo	CGC		CEC		Recíproco		Resíduo
	Φ_g	QM	Φ_e	QM	Φ_{rc}	QM	-	Φ_g	QM	Φ_e	QM	Φ_{rc}	QM	-
IVG	0,27	**	0,05	**	0,44	**	0,27	0,14	**	0,10	**	0,25	**	0,15
G	1,31	ns	5,08	**	1,55	ns	15,74	8,28	**	9,50	**	2,12	ns	32,46
PA	0,63	ns	3,65	**	1,24	*	11,06	7,35	**	8,38	**	2,95	*	26,31
MSPA	0,42	ns	2,11	**	1,13	**	2,15	0,27	**	0,48	**	0,75	**	0,62
MSRA	1,13	*	4,54	**	2,21	**	1,61	0,92	**	2,17	**	0,98	**	3,10
ÁREA	0,16	**	0,34	**	0,22	**	0,18	0,04	**	0,07	**	0,06	**	0,04
LPA	0,00006	**	0,00007	**	0,00006	**	0,003	0,00005	**	0,00003	**	0,00005	**	0,00008
LRA	0,000004	ns	0,00002	**	0,00001	**	0,00004	0,00001	*	0,00001	**	0,00001	**	0,00005
NRA	21,02	*	58,27	**	40,26	**	69,85	6,36	**	6,35	**	7,68	**	15,07
CPA	0,001	ns	0,28	**	0,22	**	0,26	0,02	*	0,05	**	0,06	**	0,09
CRA	0,82	*	2,88	**	0,99	**	1,44	0,35	**	0,52	**	0,35	**	0,39
CT	0,94	*	3,70	**	0,99	**	2,13	0,42	**	0,84	**	0,51	**	0,57

FV, fonte de variação; QM, quadrado médio; IVG, índice de velocidade de germinação; GER, porcentagem de germinação (%); PA, porcentagem de plântulas anormais (%); MSPA, massa seca da parte aérea (mg/plântula⁻¹); MSRA, massa seca da raiz (mg/plântula⁻¹); ÁREA, área da plântula (cm²); LPA, média da largura da parte aérea (cm); LRA, média da largura da raiz (cm); NRA, número de ramificações; CPA, comprimento da parte aérea (cm); CRA, comprimento da raiz (cm); CT, comprimento total (cm); Φ_g , componente quadrático da capacidade geral de combinação; Φ_e , componente quadrático da capacidade específica de combinação; Φ_{rc} , componente quadrático do efeito recíproco. Efeito quadrático médio representado por ns e **, quando não significativo e significativo em $p \leq 0,01$, respectivamente, pelo teste F.

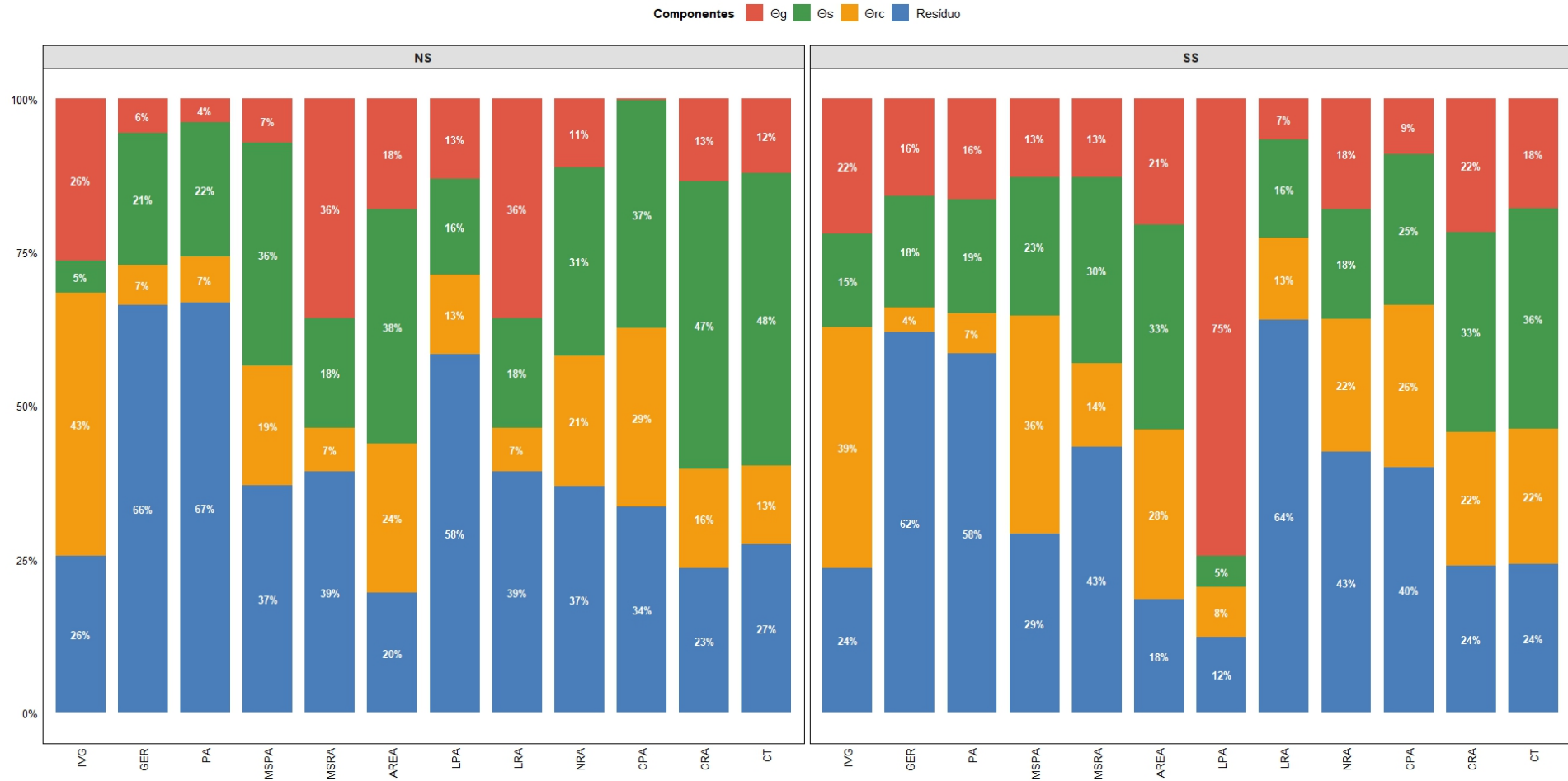


Figura 2. Contribuição relativa dos componentes da variabilidade de características relacionadas à germinação, à parte aérea e à raiz das plântulas de 42 híbridos de milho-pipoca submetidos a duas condições salinas: sem estresse salino (SE) e com estresse salino (ES). IVG, índice de velocidade de germinação; GER, porcentagem de germinação (%); PA, porcentagem de plântulas anormais (%); MSPA, massa seca da parte aérea (mg/plântula-1); MSRA, massa seca da raiz (mg/plântula-1); ÁREA, área da plântula (cm²); LPA, média da largura da parte aérea (cm); LRA, média da largura da raiz (cm); NRA, número de ramificações; CPA, comprimento da parte aérea (cm); CRA, comprimento da raiz (cm); CT, comprimento total (cm); Φ_g , componente quadrático da capacidade geral de combinação; Φ_s , componente quadrático da capacidade específica de combinação; Φ_{rc} , componente quadrático do efeito recíproco.

número de ramificações (Figura 3). Para largura da raiz, não houve genitores que apresentaram valores positivos em ambas as condições salinas, mas destacaram-se L472 (0,0103) e L217 (0,0096) no ambiente sem estresse e L263 (0,0101) sob efeito do estresse salino.

Para área, os genitores L472 (0,6979 sob SE e 0,3605 sob ES) e L217 (0,5621 sob SE e 0,1305 sob ES) destacaram-se com estimativas positivas de CGC, enquanto, para comprimento total, se destacaram os genitores L472 (0,8332 sob SE e 0,7498 sob ES) e L217 (1,8441 sob SE e 0,5676 sob ES) (Figura 3).

De maneira geral, o genitor L472 foi o que apresentou valores positivos em mais características, evidenciando seu destaque com valores positivos em onze das doze características avaliadas.

Capacidade específica de combinação de híbridos de milho-pipoca sob diferentes condições salinas

Nas características referentes à germinação das sementes, o híbrido L217 × L690 se destacou para germinação, enquanto os híbridos L381 × L684, L263 × L684, L690 × L684, L690 × L217 e L381 × L263 se destacaram para IVG nas duas condições salinas (Figura 4). Os híbridos L472 × L684, L213 × L217 e L381 × L472 apresentaram as maiores estimativas de plântulas anormais em ambas as condições salinas.

Avaliando apenas a CEC em ambiente salino, destacaram-se, com as maiores estimativas, os híbridos L381 × L684, L263 × L684, L690 × L684, L472 × L217 e L690 × L213 para IVG; L690 × L263, L263 × L213, L472 × L690, L217 × L381 e L217 × L690 para germinação (Figura 4). Além disso, os híbridos L217 × L263, L217 × L213, L472 × L213 e L263 × L690 apresentaram as maiores estimativas para plântulas anormais quando analisados no ambiente salino.

Para as características relacionadas à morfologia da parte aérea das plântulas, se mantiveram com as maiores estimativas de CEC em ambas as condições salinas os híbridos L263 × L472, L690 × L472 e L381 × L472 para massa seca da parte aérea e L690 × L472, L472 × L381 e L472 × L690 para comprimento da parte aérea (Figura 4).

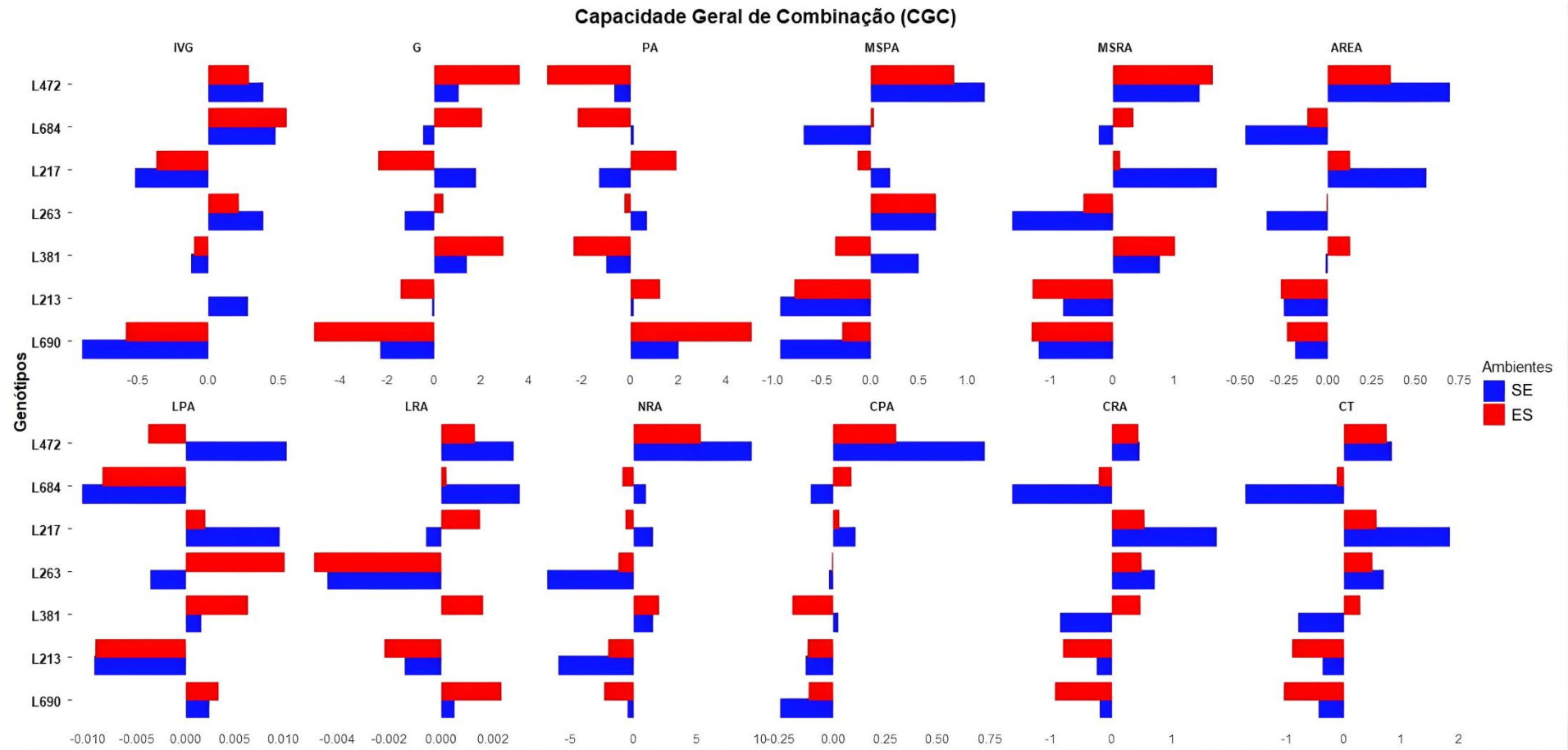


Figura 3. Estimativas da capacidade geral de combinação (CGC) de características relacionadas à germinação, à parte aérea e à raiz das plântulas de sete linhagens de milho-pipoca submetidas a duas condições salinas: sem estresse salino (SE) e com estresse salino (ES). IVG, índice de velocidade de germinação; GER, porcentagem de germinação (%); PA, porcentagem de plântulas anormais (%); MSPA, massa seca da parte aérea (mg/plântula^{-1}); MSRA, massa seca da raiz (mg/plântula^{-1}); ÁREA, área da plântula (cm^2); LPA, média da largura da parte aérea (cm); LRA, média da largura da raiz (cm); NRA, número de ramificações; CPA, comprimento da parte aérea (cm); CRA, comprimento da raiz (cm); CT, comprimento total (cm).

Não foram encontradas estimativas simultaneamente mais altas em ambas as condições salinas para a característica largura da parte aérea. Sob o ambiente de estresse salino, destacaram-se os híbridos L684 x L472, L690 x L213, L472 x L381, L690 x L472 e L381 x L690 para massa seca da parte aérea; os híbridos L213 x L217, L381 x L217, e L263 x L217 para largura da parte aérea; e os híbridos L690 x L472, L263 x L472, L217 x L472, L690 x L684 e L472 x L381 para comprimento da parte aérea (Figura 4).

Das características que se referem à morfologia das raízes das plântulas, sobressaíram-se com as maiores estimativas de CEC em ambas as condições salinas, os híbridos L684 x L472, L690 x L213, L690 x L472 e L263 x L217 para massa seca da raiz; os híbridos L690 x L472 e L690 x L684 para largura da raiz; os híbridos L684 x L472, L684 x L217, L690 x L217 e L472 x L690 para comprimento da raiz; e L690 x L684, L690 x L217, L213 x L217, L472 x L690 e L381 x L217 para número de ramificações (Figura 4). Quando observados apenas sob estresse salino, destacam-se os híbridos L684 x L472, L690 x L213, L472 x L381, L690 x L472 e L381 x L690 para massa seca da raiz; os híbridos L684 x L213, L690 x L472, L381 x L217 e L213 x L217 para largura da raiz; os híbridos L684 x L472, L381 x L217, L263 x L472, L684 x L217 e L213 x L217 para comprimento da raiz; e L690 x L472, L690 x L684, L690 x L217, L217 x L684 e L217 x L472 para número de ramificações (Figura 4).

Para área, destacaram-se de forma concomitante, com as maiores estimativas de CEC para os dois ambientes, os híbridos L690 x L217, L213 x L217, L684 x L472, L690 x L472 e L263 x L217 (Figura 4). Para esta característica, aqueles que obtiveram as maiores estimativas no ambiente salino foram os híbridos L690 x L217, L213 x L217, L381 x L217, L684 x L472 e L472 x L381. Para comprimento total, verificou-se que os híbridos L684 x L472, L684 x L217, L690 x L217, L690 x L472 e L472 x L690 foram os genótipos que obtiveram as maiores estimativas de CEC nos dois ambientes e também no ambiente salino de maneira individual (Figura 4).

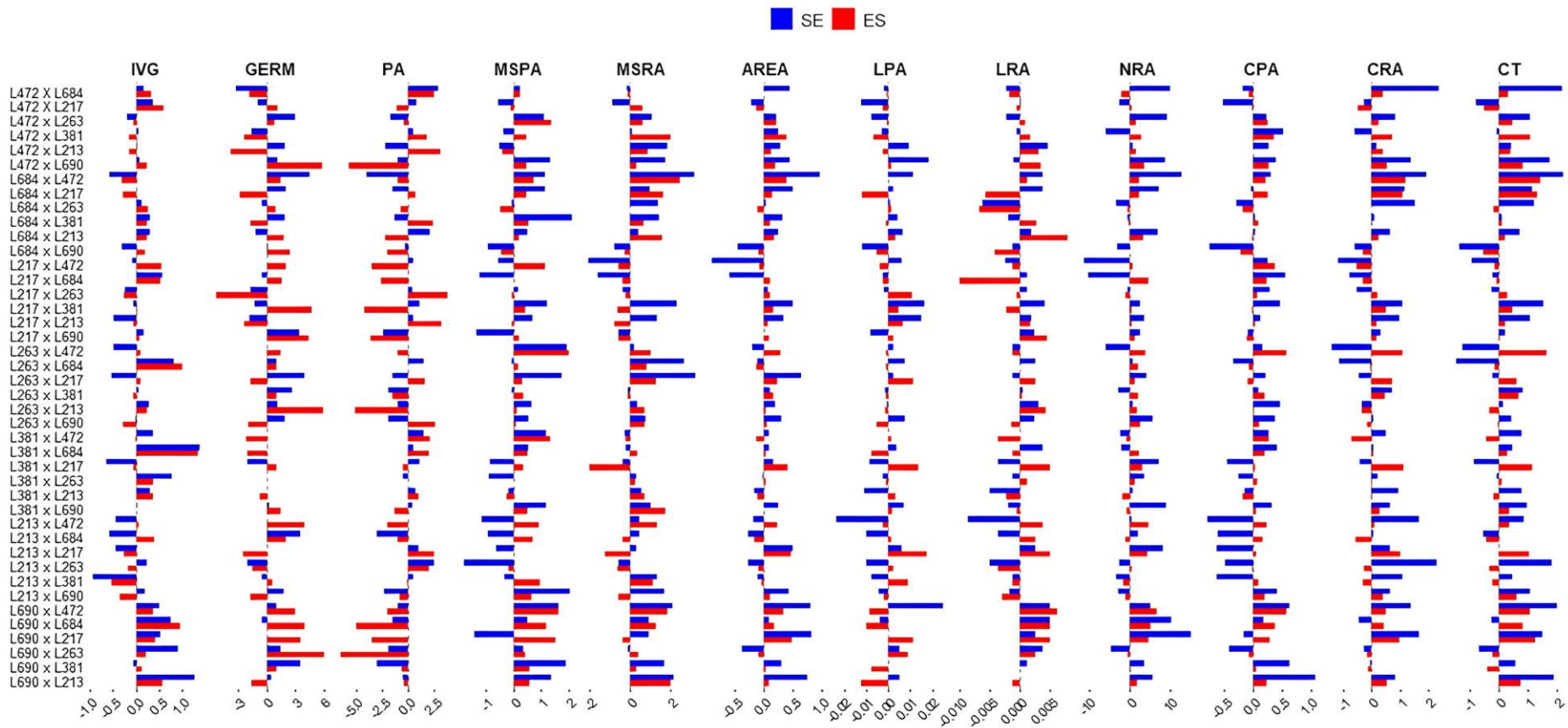


Figura 4. Estimativas da capacidade específica de combinação (CEC) de características relacionadas à germinação, à parte aérea e à raiz das plântulas de 42 híbridos de milho-pipoca submetidos a duas condições salinas: sem estresse salino (SE) e com estresse salino (ES). IVG, índice de velocidade de germinação; GER, porcentagem de germinação (%); PA, porcentagem de plântulas anormais (%); MSPA, massa seca da parte aérea (mg/plântula^{-1}); MSRA, massa seca da raiz (mg/plântula^{-1}); ÁREA, área da plântula (cm^2); LPA, média da largura da parte aérea (cm); LRA, média da largura da raiz (cm); NRA, número de ramificações; CPA, comprimento da parte aérea (cm); CRA, comprimento da raiz (cm); CT, comprimento total (cm).

Análise multivariada – GGE Biplot

Para ambas as condições salinas, verificou-se que os dois componentes principais apresentaram valores superiores a 60%, sendo de 61,91% no ambiente sem estresse salino e 65,45% no ambiente com estresse salino (Figura 5).

Foram formados seis grupos para o ambiente controle (Figura 5). O primeiro grupo foi composto pela característica plântulas anormais, e nele se destacaram os genitores L690 (G49) e L263 (G25). Os híbridos L217 x L213 (G20) e L263 x L472 (G22) se destacaram no segundo grupo, que foi composto pelas características comprimento da raiz e comprimento total. Já no terceiro grupo, formado pelas características massa seca da parte aérea, massa seca da raiz, número de ramificações, largura da parte aérea e área, destacou-se, com as maiores estimativas, o híbrido L472x L690 (G7). No quarto grupo, onde se encontram as características germinação e comprimento da parte aérea, o híbrido L213 x L472 (G36) se destacou com a maior estimativa. O quinto grupo, onde encontra-se a características IVG, o híbrido L684 x L381 (G12) obteve a estimativa que se destacou. Já no sexto grupo, composto pela característica largura da raiz, observa-se o destaque do genitor L684 (G9), com as maiores estimativas.

Sob o efeito do estresse salino, a análise multivariada revelou a formação de sete grupos distintos (Figura 5). O primeiro grupo foi formado pelas características comprimento da raiz, área e comprimento total e nele o híbrido L472 x L263 foi o de melhor desempenho (G4). No segundo grupo, composto por massa seca da parte aérea, número de ramificações, massa seca da raiz e comprimento da parte aérea, mostraram-se superiores os híbridos L472 x L263 (G4) e L472 x L690 (G7). O terceiro grupo foi composto por largura da raiz, e nele se sobressaíram os híbridos L217 x L472 (G15) e L263 x L381 (G26). Já no quarto grupo, que contém a característica germinação, nota-se o destaque do híbrido L472 x L217 (G3). Para o quinto grupo, formado pela característica IVG, observa-se que o híbrido L684 x L690 (G14) foi superior. O genitor L690 (G49) exibiu desempenho superior no sexto grupo e continua como o genótipo com maior nível de plântulas anormais. Por último, o híbrido L217 x L263 (G18) se destaca para largura da parte aérea no sétimo grupo.

Qual ganhou onde/O quê

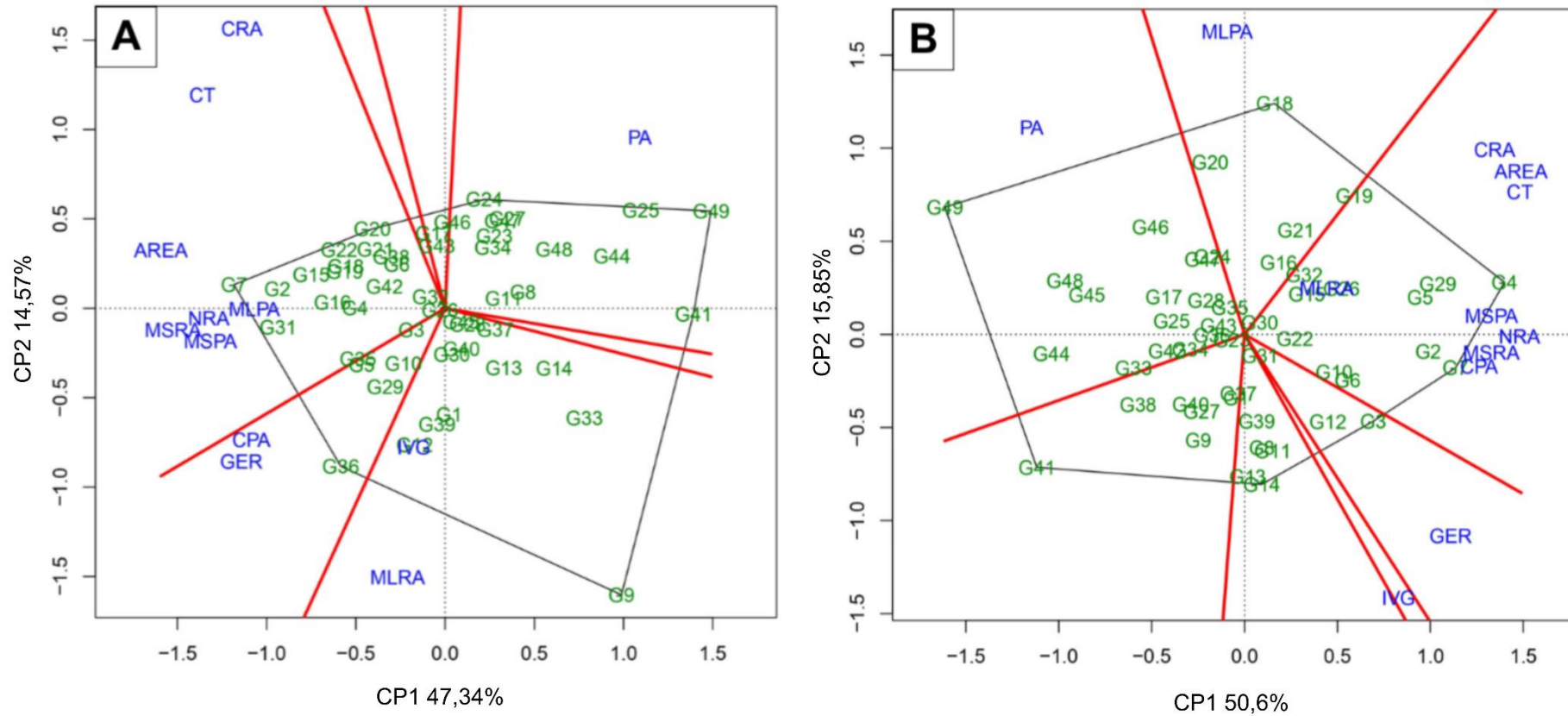


Figura 5. Diagrama Biplot “qual ganhou onde/o quê” do ambiente sem estresse salino (A) e com estresse salino (B). IVG, índice de velocidade de germinação; GER, porcentagem de germinação; PA, porcentagem de plântulas anormais; MSPA, massa seca da parte aérea; MSRA, massa seca da raiz; ÁREA, área da plântula; LPA, média da largura da parte aérea; LRA, média da largura da raiz; NRA, número de ramificações; CPA, comprimento da parte aérea; CRA, comprimento da raiz; CT, comprimento total.

Capacidade discriminativa/Representatividade

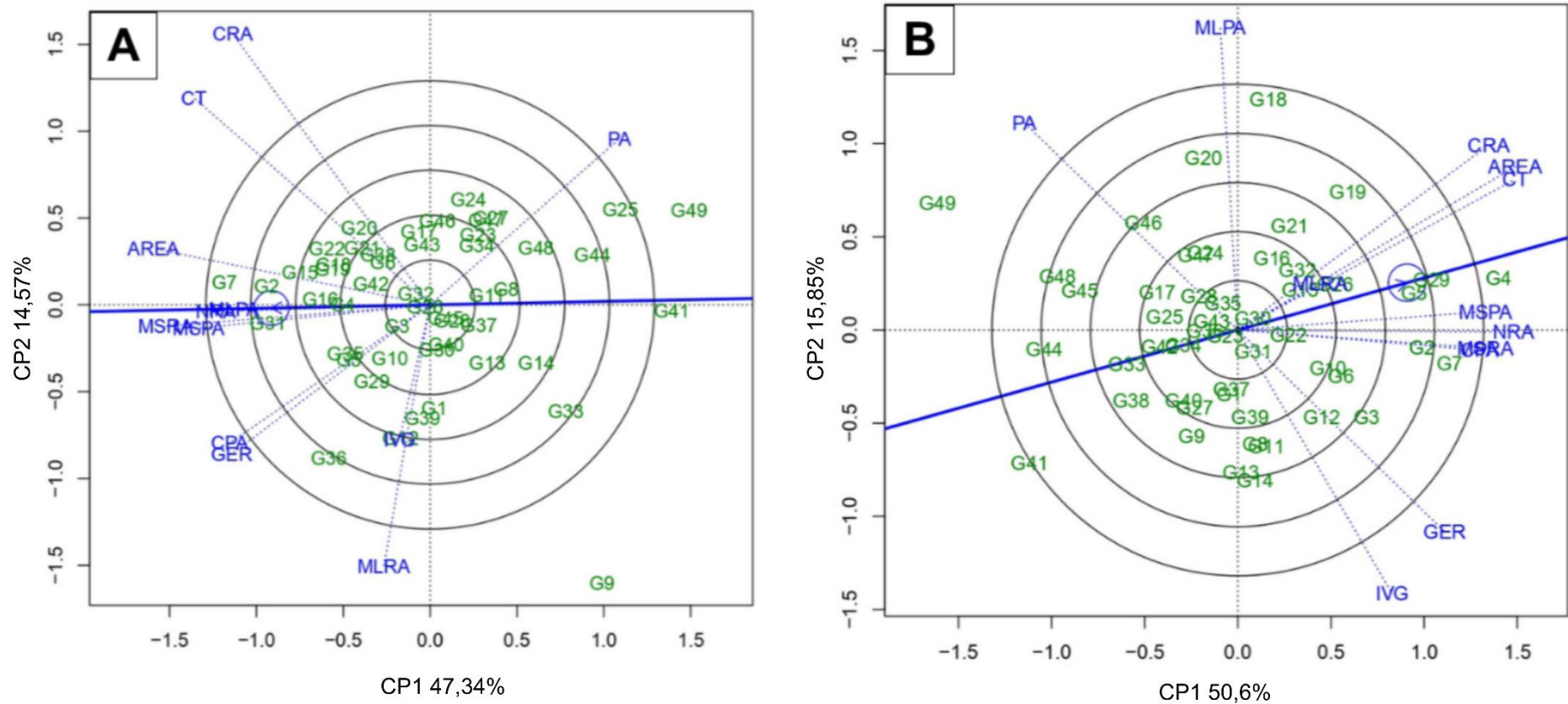


Figura 6. Diagrama Biplot “discriminabilidade/representatividade” do ambiente sem estresse salino (A) e com estresse salino (B). IVG, índice de velocidade de germinação; GER, porcentagem de germinação; PA, porcentagem de plântulas anormais; MSPA, massa seca da parte aérea; MSRA, massa seca da raiz; ÁREA, área da plântula; LPA, média da largura da parte aérea; LRA, média da largura da raiz; NRA, número de ramificações; CPA, comprimento da parte aérea; CRA, comprimento da raiz; CT, comprimento total.

De acordo com a capacidade discriminatória e de representatividade dos gráficos, é possível indicar quais características melhor refletem as diferenças genóticas e quais são mais representativas do comportamento médio dos genótipos (Figura 6). Assim como observado no diagrama “qual ganhou onde/o quê”, os principais componentes apresentaram valores superiores a 60%. 61,91% para o ambiente controle e 66,45% para o estresse salino.

No ambiente sem estresse salino, as características massa seca da raiz, massa seca da parte aérea, largura da parte aérea, número de ramificações e área apresentaram simultaneamente longos vetores e alta proximidade com o eixo ambiental médio (Figura 6). Elas expressam o equilíbrio ideal entre alta discriminação e alta representatividade, sendo, portanto, as mais indicadas para seleção dos genótipos superiores em condições ideais de crescimento.

Já sob estresse salino (Figura 6), massa seca da parte aérea, número de ramificações, massa seca da raiz, comprimento da parte aérea e comprimento total demonstraram vetores de maior magnitude, aliados à alta proximidade com o eixo ambiental médio e, por isso, são as mais indicadas para seleção de genótipos superiores sob estresse salino.

DISCUSSÃO

Variabilidade genética e o desenvolvimento inicial de sementes e plântulas sob condições salinas contrastantes

Dadas as características relacionadas à germinação das sementes, o estresse salino aplicado ao experimento foi suficiente para diferenciar os ambientes em estudo para a característica IVG. Mohammad et al. (2014), estudando o impacto do estresse salino nos índices de germinação, verificaram que a velocidade de germinação de sementes de genótipos de milho foi 12,95% menor quando afetadas pela salinidade. De forma análoga, e refletindo o componente hídrico do estresse salino, Carvalho et al. (2023) perceberam uma diminuição de 15,34% no IVG de plântulas submetidas ao estresse hídrico. Neste estudo, houve uma diminuição de 14,01% para IVG e 4,70% para germinação. Quando em situação de estresse salino, a germinação das sementes pode ser prejudicada, tanto osmoticamente, pela redução na absorção de água, quanto ionicamente, pela formação de íons Na^+ e Cl^- (Beyaz e

Daí, 2022), que induzem danos oxidativos às membranas celulares e macromoléculas (Islam et al., 2024, He et al., 2025).

De forma contrária, a condição salina aplicada não foi suficiente para diferenciar estatisticamente o ambiente sem estresse salino do ambiente com estresse salino para as características germinação e plântulas anormais, embora tenha sido verificada uma tendência de redução de 4,70% na germinação e aumento de 62,64% no aparecimento de plântulas anormais.

Conus et al. (2009) observaram que cultivares de milho possuem um nível de tolerância ao estresse salino significativamente menor durante a fase de germinação, em comparação aos estádios de crescimento subsequentes. Ademais, estudos como o de Guedes et al. (2011) apontaram aumento na porcentagem de ocorrência de plântulas anormais em situações de estresse salino. Isso sugere que esse comportamento está ligado à interferência do estresse salino em processos cruciais de divisão e crescimento celular, bem como ao comprometimento da disponibilização eficiente de reservas metabólicas essenciais à germinação (Mayer e Poljakoff-Mayber, 1989).

Para as características inerentes à fisiologia da parte aérea das plântulas, verificou-se que a condição salina aplicada foi suficiente para diferenciar o ambiente sem estresse salino do ambiente com estresse salino. Foram observadas reduções de 49,96% para massa seca da parte aérea, 12,50% para largura da parte aérea e 79,90% para comprimento da parte aérea, valores consideráveis que evidenciam o efeito deletério do estresse salino. Cruz et al. (2019), ao avaliarem o crescimento inicial de milho-pipoca sob estresse salino, verificaram que o comprimento da parte aérea das plântulas tratadas com 100 mM de NaCl, a mesma concentração salina utilizada neste trabalho, foi 34,62% menor do que aquelas do tratamento sem estresse salino. Chartzoulakis e Klapaki (2000) afirmam que estes efeitos negativos são observados em decorrência da redução da expansão celular e foliar, bem como da redução da sua superfície.

Com exceção da característica largura da raiz, o estresse salino aplicado demonstrou afetar significativamente as características massa seca da raiz, número de ramificações e comprimento da raiz, que são relacionadas à fisiologia das raízes das plântulas. Cruz et al. (2019) e Carvalho et al. (2023) observaram uma diminuição de 15,64% e 17,60%, respectivamente, no comprimento das raízes de plântulas de milho-pipoca. Corroborando com os resultados aqui observados, Souza et al. (2014)

verificaram que plântulas de milho-pipoca apresentaram perdas de até 39,4% na massa seca das raízes quando estressadas pelo sal. O sistema radicular atua como o principal sensor da deficiência hídrica causada pelo sal no solo, desencadeando respostas fisiológicas em diversas vias metabólicas da planta (Rahnama et al., 2011). Dessa forma, a redução observada nos valores das características radiculares pode ser atribuída ao fenômeno de afinamento da raiz. Esta modificação morfológica, considerada uma resposta adaptativa (Sharp et al., 2004), ocorre como resultado da restrição na taxa de expansão lateral das células do córtex.

Assim como a redução de outras variáveis, a diminuição da relação parte aérea/raiz se manifestou como uma resposta estratégica do sistema radicular ao estresse. Sob o déficit hídrico causado pelo ambiente salino, a planta prioriza o investimento de biomassa para intensificar o desenvolvimento radicular em detrimento do crescimento foliar (Ribeiro, 2021). Este desvio adaptativo diminuiu a relação parte aérea/raiz principalmente devido ao alongamento das raízes, que é crucial para o aprofundamento do sistema radicular, permitindo maior exploração de volume de solo e a subsequente absorção de água, mecanismo essencial para a manutenção da turgescência e da pressão osmótica celular (Lisar et al., 2012, Abreu, 2016).

Estimativas das capacidades combinatórias e a natureza dos efeitos gênicos sob diferentes condições salinas

A eficiência de seleção depende, dentre outros fatores, de uma boa compreensão do modo de ação gênica das características avaliadas (Hallauer et al., 2010). Ao quantificar a ação dos genes, verificou-se que a variação genética para a maioria das características em estudo é controlada predominantemente por efeitos não-aditivos (Φ_e). Esta constatação é fundamental, pois, visto que o efeito da heterose é amplamente conhecido por sua capacidade de promover aumentos expressivos em crescimento, produção de biomassa e produtividade (Ahmadzadeh et al., 2004, Araus et al., 2010, Doná et al., 2011), recomenda-se a obtenção de híbridos como forma de seleção e exploração da heterose e maximização da complementação alélica entre os genitores.

Quanto à importância relativa dos componentes quadráticos, observou-se uma mudança no modo de expressão gênica predominante em resposta ao estresse. Enquanto algumas características mantiveram o domínio dos efeitos de dominância (CEC), variáveis como largura da parte aérea e número de ramificações apresentaram

uma inversão na relevância dos componentes, evidenciando que o estresse salino modificou a contribuição dos efeitos aditivos e não-aditivos no desempenho dos híbridos.

Lima et al. (2019) e Bispo et al. (2023), ao avaliarem genótipos de milho-pipoca submetidos ao estresse hídrico, sugeriram que essa mudança ocorreu em decorrência da diminuição no número de genes expressos sob condições de estresse e da limitação do potencial genético dos genótipos.

Além disso, a análise do efeito recíproco em cruzamentos dialélicos é fundamental para obter conclusões precisas sobre a influência de genes extracromossômicos na herança de uma característica (Cruz et al., 2014). Esse efeito se manifesta quando os resultados de um cruzamento (A × B) diferem de seu recíproco (B × A), e sua base biológica está associada tanto a genes de organelas, como mitocôndrias e cloroplastos, quanto a efeitos maternos, que são mediados por genes nucleares do genitor fêmea (Cruz et al., 2014).

Embora a contribuição das interações núcleo-citoplasmáticas para a heterose seja frequentemente relatada como secundária (Zhang et al., 2016), sua relevância na expressão fenotípica de certas características em híbridos F₁ é bem documentada. Por exemplo, esses efeitos influenciam características complexas como a produtividade e seus componentes (Yao et al., 2013, Fan et al., 2014), o vigor de sementes de milho (Santos et al., 2017) e a resistência à contaminação por patógenos como *Aspergillus flavus* (Zhang et al., 1997). Do ponto de vista prático do melhoramento genético, a escolha correta do parental feminino pode ser decisiva. Um exemplo disso é a recomendação de priorizar a linhagem de maior taxa fotossintética como genitora materna para maximizar o potencial produtivo de híbridos (Khamporst et al., 2021). Embora essa estratégia tenha sido proposta para ambientes com restrição hídrica, sua lógica é aplicável ao estresse salino, uma vez que ambos são estresses abióticos que impõem um forte componente de estresse osmótico, afetando diretamente o balanço hídrico e a eficiência fotossintética da planta.

Capacidades combinatórias sob condições salinas contrastantes

Os genitores avaliados nesse estudo foram precocemente selecionados para tolerância ao estresse salino. L472, L217 e L381 foram aqueles que se destacaram no ambiente sem estresse salino, com as maiores estimativas de CGC para, respectivamente, doze, oito e seis das características avaliadas. Já no ambiente com

estresse salino, notou-se destaque dos genitores L472, L381 e L684 para nove, oito e seis das maiores estimativas de CGC.

A importância da seleção de genótipos com alta CGC é amplamente discutida na literatura, já que estes genótipos têm maior capacidade de transmitir alelos favoráveis. Sang et al. (2022) indicam que a seleção de genitores com alta CGC é fundamental para a obtenção de híbridos superiores. Desta forma, os genitores mencionados podem ser recomendados para a obtenção de híbridos como forma de mitigação dos efeitos do estresse salino.

Destacaram-se, no ambiente sem estresse salino, com as maiores estimativas de CEC os híbridos L684 x L472, L472 x L690, L690 x L472, L217 x L381 e L690 x L381. Já no ambiente com estresse salino, os híbridos L690 x L217, L690 x L472, L690 x L684, L472 x L690, L684 x L213, L263 x L472, L381 x L217, L213 x L472 e L213 x L217 se destacaram com as maiores estimativas de CEC. O híbrido L690 x L217 foi o que se sobressaiu, com as maiores estimativas de CEC em 10 das 12 características avaliadas, e é oriundo de duas linhagens previamente classificadas por Souza et al. (2026) como suscetíveis ao estresse salino.

Kamphorst et al. (2021) obtiveram resultados satisfatórios ao cruzarem linhagens consideradas ineficientes para o uso da água, graças ao efeito da heterose. Além disso, Sang et al. (2022) afirmam que um bom desempenho do híbrido pode ser alcançado desde que uma das linhagens genitoras apresente tolerância ao estresse ou um alto efeito de CGC.

Análise multivariada – GGE Biplot

Referente ao diagrama “qual ganhou onde/o quê”, Grigolo et al. (2018) apontam que o número de grupos formados em uma análise multivariada está diretamente relacionado à variabilidade observada. Portanto, o aumento de grupos observado entre o ambiente sem estresse e o ambiente estressado indica que o estresse acentuou as variações entre os genótipos, fazendo com que os genótipos que antes tinham respostas semelhantes passem a se comportar de forma distinta.

Esta afirmação fica nítida quando se observa, por exemplo, os genótipos que se destacaram para a expressão de plântulas anormais. No ambiente sem estresse salino, percebe-se o destaque das linhagens L690 (G49) e L263 (G25). Já no ambiente com estresse salino, apenas a linhagem L690 (G49) manteve o destaque. De forma semelhante, o híbrido L381 x L217 (G31) se destacava para largura da parte

aérea no ambiente sem estresse salino, mas foi substituído pelo híbrido L217 × L263 (G18) no ambiente com estresse salino.

Em contrapartida, Yan e Kang (2002) mencionam que uma mudança do eixo ambiental médio atesta que não existe um “ambiente médio” universal que represente as duas condições em estudo. Isso reforça a importância de analisar os ambientes separadamente, pois as variáveis e genótipos podem se comportar de forma diferente.

A observação e avaliação da expressão e comportamento das características relacionadas à germinação das sementes e ao desenvolvimento da parte aérea e da raiz das plântulas é imprescindível e determinante para indicar genótipos tolerantes ao estresse salino.

CONCLUSÃO

Por meio das análises de variância e da análise dialélica, constatou-se que o grupo de genótipos estudado apresentou ampla variabilidade genética.

O estresse salino provocou perdas significativas no desenvolvimento inicial das plântulas e aumentou o aparecimento de plântulas anormais, evidenciando o efeito deletério do estresse salino. A interação genótipo × condição salina foi significativa para a maioria das características avaliadas, destacando a necessidade de seleção em ambientes de estresse.

Os resultados evidenciaram a preponderância dos efeitos de dominância (Φ_e) sobre os efeitos aditivos (Φ_g) para a maioria das características.

Os genitores L472, L381 e L684 manifestaram alta capacidade geral de combinação (CGC) sob condições de estresse salino, qualificando-os como genitores de elite. Já os híbridos L690 × L217, L690 × L684, L472 × L690, L690 × L472, L381 × L472 e L263 × L472 apresentaram as maiores estimativas de capacidade específica de combinação (CEC) quando avaliados no ambiente salino.

O híbrido L690 × L217 se destacou com as maiores estimativas de CEC em 10 das 12 características avaliadas, mostrando ser um genótipo promissor para tolerância ao estresse.

Por fim, conclui-se que a seleção precoce visando à obtenção de genótipos superiores para a tolerância ao estresse salino em milho-pipoca é factível e eficaz, especialmente se feita por meio da utilização de híbridos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Abreu, V. M. d. (2016) Análise dialélica e estratégias para a seleção de genótipos de milho submetidos ao estresse hídrico nas fases de germinação e emergência de plântulas. Doutorado em Agronomia/Fitotecnia – Universidade Federal de Lavras – UFLA, Lavras – MG, 139p.

Ahmadzadeh, A., Lee, E. A., Tollenaar, M. (2004) Heterosis for Leaf CO₂ Exchange Rate during the Grain-Filling Period in Maize. *Crop Science*, 44(6):2095–2100. DOI: doi.org/10.2135/cropsci2004.2095.

Araus, J. L., Sánchez, C. Cabrera-Bosquet, L. (2010) Is heterosis in maize mediated through better water use? *New Phytologist*, 187(2):392–406. DOI: doi.org/10.1111/j.1469-8137.2010.03276.x.

Balasubramaniam, T., Shen, G., Esmaeili, N., Zhang, H. (2023) Plants Response Mechanisms to Salinity Stress. *Plants*, 12(12):2253. DOI: doi.org/10.3390/plants12122253.

Beyaz, R., Dai, X. (2022) Salinity Tolerance of Different Silage Hybrids Maize Cultivars. *Ziraat Mühendisliği*, (376):88-96. DOI: doi.org/10.33724/zm.1168053.

Bispo, R. B., Amaral Júnior, A. T. d., Kamphorst, S. H., Lima, V. J. d., Pena, G. F., Santos, T. d. O., Leite, J. T., Viana, F. N., Santos Júnior, D. R. d., Lamêgo, D. L., Oliveira, U. A. d., Ribeiro, R. M., Pereira, T. N. S., Khan, S. (2023) Assessing Combining Abilities of Popcorn Inbred Lines for Agronomic and Root Traits under Contrasting Water Conditions: Towards Developing Drought-Tolerant Genotypes. *Stresses*, 3(3):586–604. DOI: doi.org/10.3390/stresses3030041.

Brasil (2025) Regras Para Análise de Sementes; Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, Secretaria de Defesa Agropecuária: Brasília, DF, Brasil.

Carvalho, C. M., Khan, S., Amaral Júnior, A. T. d., Lima, V. J. d., Silva, J. G. d. S., Fuly, L. M. C., Leite, J. T., Santos Júnior, D. R. d., Viana, F. N., Souza, R. d., Vieira,

H. D., Kamphorst, S. H. (2023) Early selection for drought tolerance in popcorn based on gene effects estimated in seedlings. *Frontiers in Plant Science*, 14:1-12. DOI: doi.org/10.3389/fpls.2023.1203972.

Catão, H. C. R. M., Caixeta, F., Lopes, A. M., Nery-Silva, F. A., Sá Júnior, A. d.. (2020) Antioxidant activity and physiological performance of popcorn seed after saline stress and analysis of seedling images. *Ciência E Agrotecnologia*, 44:e005020, 1-9. DOI: doi.org/10.1590/1413-7054202044005020.

Chartzoulakis, K., Klapaki, G. (2000) Response of two greenhouse pepper hybrids to NaCl salinity during different growth stages. *Scientia Horticulturae*, 86(3):247–260. DOI: [doi.org/10.1016/s0304-4238\(00\)00151-5](https://doi.org/10.1016/s0304-4238(00)00151-5).

Conus, L. A., Cardoso, P. C., Venturoso, L. d. R., Scalon, S. d. P. Q. (2009) Germinação de sementes e vigor de plântulas de milho submetidas ao estresse salino induzido por diferentes sais. *Revista Brasileira de Sementes*, 31(4):67–74. DOI: doi.org/10.1590/s0101-31222009000400008.

Cruz, C. D., Carneiro, P. C. S., Regazzi, A. J. (2014) Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético (3rd ed., Vol. 2, p. 668). Editora UFV.

Cruz, R. M. S. d., Jesus, R. A. d., Souza, M. P. F. d., Cagnini, C., Sabec, G. Z., Savoldi, T. L., Souza, S. G. H. d. (2019) Crescimento inicial e resposta estomática de milho pipoca sob estresse salino. *Colloquium Agrariae*, 15(1):15–26. DOI: doi.org/0.5747/ca.2019.v15.n1.a266.

Doná, S., Paterniani, M. E. A. G. Z., Gallo, P. B., Duarte, A. P. (2011) Heterose e seus componentes em híbridos de populações F₂ de milho. *Bragantia*, 70(4):767–774. DOI: doi.org/10.1590/s0006-87052011000400006.

Fan, X. M., Zhang, Y. D., Yao, W. H., Bi, Y. Q., Liu, L., Chen, H. M., Kang, M. S. (2014). Reciprocal Diallel Crosses Impact Combining Ability, Variance Estimation, and Heterotic Group Classification. *Crop Science*, 54(1):89–97. DOI: doi.org/10.2135/cropsci2013.06.0393.

FAO (2021) Global map of salt-affected soils. Food and Agriculture Organization of the United Nations, 20.

Farooq, M., Hussain, M., Wakeel, A., Siddique, K. H. M. (2015) Salt stress in maize: effects, resistance mechanisms, and management. A review. *Agronomy for Sustainable Development*, 35(2):461–481. DOI: doi.org/10.1007/s13593-015-0287-0.

Freitas Júnior, S. P., Amaral Júnior, A. T., Rangel, R. M., Viana, A. P. (2009) Genetic gains in popcorn by full-sib recurrent selection. *Cropps Breeding and Applied Biotechnology*, 9(1):1–7. DOI: doi.org/10.12702/1984-7033.v09n01a01.

Gonçalves, L. S. A., Freitas Júnior, S. d. P., Amaral Júnior, A. T. d., Scapim, C. A., Rodrigues, R., Marinho, C. D., Pagliosa, E. S. (2014) Estimating combining ability in popcorn lines using multivariate analysis. *Chilean Journal of Agricultural Research*, 74(1):10–15. DOI: doi.org/10.4067/s0718-58392014000100002.

Grigolo, S., Fioreze, A. C. d. C. L., Denardi, S., Vacari, J. (2018) Implicações da análise univariada e multivariada na dissimilaridade de acessos de feijão comum. *Revista de Ciências Agroveterinárias*, 17(3):351–360. DOI: doi.org/10.5965/223811711732018351.

Guedes, R. S., Alves, E. U., Galindo, E. A., Barrozo, L. M. (2011) Estresse salino e temperaturas na germinação e vigor de sementes de *Chorisia glaziovii* O. Kuntze. *Revista Brasileira de Sementes*, 33(2):279–288. DOI: doi.org/10.1590/s0101-31222011000200010.

Hallauer, A. R., Carena, M. J., Miranda Filho, J. B. (2010) Quantitative Genetics in Maize Breeding. In Springer eBooks. Springer Nature. DOI: doi.org/10.1007/978-1-4419-0766-0.

He, X., Zhu, J., Gong, X., Zhang, D., Li, Y., Zhang, X., Zhao, X., Zhou, C. (2025) Advances in deciphering the mechanisms of salt tolerance in Maize. *Plant Signaling & Behavior*, 20(1):1-15. DOI: doi.org/10.1080/15592324.2025.2479513.

Islam, M. S., Islam, R., Hasan, K., Hafeez, G., Chowdhury, K., Praminik, M. H., Iqbal, M. A., Erman, M., Barutcular, C., Konuşkan, Ö., Dubey, A., Kumar, A., Sabagh, A. E. (2024) Salinity Stress in Maize: Consequences, Tolerance Mechanisms, and Management Strategies. *OBM Genetics*, 08(02):1–41. DOI: doi.org/10.21926/obm.genet.2402232.

Kamphorst, S. H., Amaral Junior, A. T. d., de Lima, V. J., Carena, M. J., Azeredo, V. C., Mafra, G. S., Santos, P. H. A. D., Leite, J. T., Schmitt, K. F. M., d. Santos Junior, D. R., Bispo, R. B., Santos, T. d. O., Oliveira, U. A. d., Pereira, J. L., Lamêgo, D. L., Carvalho, C. M., Gomes, L. P., Silva, J. G. d. S., Campostrini, E. (2021) Driving Sustainable Popcorn Breeding for Drought Tolerance in Brazil. *Frontiers in Plant Science*, 12:1-20. DOI: doi.org/10.3389/fpls.2021.732285.

Lima, V. J. d., Amaral Júnior, A. T. d., Kamphorst, S. H., Bispo, R. B., Leite, J. T., Santos, T. d. O., Schmitt, K. F. M., Chaves, M. M., Oliveira, U. A. d., Santos, P. H. A. D., Gonçalves, G. M. B., Khan, S., Guimarães, L. J. M. (2019) Combined Dominance and Additive Gene Effects in Trait Inheritance of Drought-Stressed and Full Irrigated Popcorn. *Agronomy*, 9(12):782–782. DOI: doi.org/10.3390/agronomy9120782.

Lu, Y., Fricke, W. (2023) Salt Stress—Regulation of Root Water Uptake in a Whole-Plant and Diurnal Context. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(9):8070. DOI: doi.org/10.3390/ijms24098070.

Maguire, J. D. (1962) Speed of germination: Aid in selection and evaluation for seedling emergence and vigor. *Crop Sci.* 2, 176-177. DOI: doi.org/10.2135/cropsci1962.0011183X000200020033x.

Mohammad, M., Jun, Z., Guoying, W. (2014) Impact of salinity stress on seed germination indices of maize (*Zea mays* L.) genotypes. *Kragujevac Journal of Science*, 36:155–166. DOI: doi.org/10.5937/kgjsci1436155m.

Oliveira, H., Nascimento, R. d., Costa Santos Nascimento, E., d. Lima, R. F., Bezerra, V. d. C. (2020) Emergence and growth of maize submitted to inoculant doses

associated with saline water irrigation. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 50:1-8. DOI: doi.org/10.1590/1983-40632020v5066102.

R Core Team (2025). R: integrated development for R.

Rahnama, A., Munns, R., Poustini, K., Watt, M. (2011) A screening method to identify genetic variation in root growth response to a salinity gradient. *Journal of Experimental Botany*, 62(1):69–77. DOI: doi.org/10.1093/jxb/erq359.

Ribeiro, M. P. (2021) Avaliação de linhagens de milho pipoca para a tolerância à seca em fase de germinação das sementes e crescimento inicial de plântulas. Mestrado em Genética e Melhoramento – Universidade Federal de Viçosa – UFV, Viçosa – MG, 85p. DOI: doi.org/10.47328/ufvbbt.2021.126.

Rohman, Md. M., Begum, S., Mohi-Ud-Din, M. (2024) A 7×7 diallel cross for developing high-yielding and saline-tolerant barley (*Hordeum vulgare* L.). *Heliyon*, 10(14), e34278. DOI: doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e34278.

S. Lisar, S. Y., Motafakkerzad, R., M., M., M. Rahm, I. M. (2012) Water Stress in Plants: Causes, Effects and Responses. *Water Stress*. DOI: doi.org/10.5772/39363.

Sang, Z., Zhang, Z., Yang, Y., Li, Z., Liu, X., Xu, Y., Li, W. (2022) Heterosis and heterotic patterns of maize germplasm revealed by a multiple-hybrid population under well-watered and drought-stressed conditions. *Journal of Integrative Agriculture*, 21(9):2477–2491. DOI: doi.org/10.1016/j.jia.2022.07.006.

Santos, J. F., Dirk, L. M. A., Downie, A. B., Sanches, M. F. G., Vieira, R. D. (2017) Reciprocal effect of parental lines on the physiological potential and seed composition of corn hybrid seeds. *Seed Science Research*, 27(3):206–216. DOI: doi.org/10.1017/s0960258517000095.

Sharp, R. E. (2004) Root growth maintenance during water deficits: physiology to functional genomics. *Journal of Experimental Botany*, 55(407):2343–2351. DOI: doi.org/10.1093/jxb/erh276.

Souza, M. W. de Li., Cunha, R. C. d., Costa, P. A. d. A., Moura, I. N. B. M. d., Bezerra, F. M. S., Lima, L. A., Pereira, L. A. F., Oliveira, F. d. A. de. (2014) Desenvolvimento inicial de milho doce e milho pipoca sob estresse salino. *Agropecuária Científica no Semiárido*, 10(3):65–72. DOI: doi.org/10.30969/acsa.v10i3.553.

Souza, R. d., Vieira, H. D., Kamphorst, S. H., Lima, V. J. de, Azeredo, E. P., Amaral Junior, A. T. d. (2026) Early Selection of Popcorn Lines for Tolerance to Salt Stress. *Stresses*, 6(1):9. DOI: doi.org/10.3390/stresses6010009.

Teixeira, A., Simões, L., d., S., Candido, L. S., Cassio Vittorazzi, Pena, G. F., Ribeiro, R. M., Silva, Pereira, M. G., Scapim, C. A., Viana, A. P., Francisco, G. (2013) UENF 14: a new popcorn cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 13(3):218–220. DOI: doi.org/10.1590/s1984-70332013000300013.

Yan, W., Kang, M. S. (2002). *GGE Biplot Analysis*. CRC Press.

Yao, W. H., Zhang, Y. D., Kang, M. S., Chen, H. M., Liu, L., Yu, L. J., Fan, X. M. (2013) Diallel Analysis Models: A Comparison of Certain Genetic Statistics. *Crop Science*, 53(4):1481–1490. DOI: doi.org/10.2135/cropsci2013.01.0027.

Zahra, N., Raza, Z. A., Mahmood, S., Zahra, N., Raza, Z. A., Mahmood, S. (2020) Effect of Salinity Stress on Various Growth and Physiological Attributes of Two Contrasting Maize Genotypes. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 63:1-10. DOI: doi.org/10.1590/1678-4324-2020200072.

Zhang, Y. D., Fan, X., Yao, W., Piepho, H., Kang, M. S. (2016) Diallel Analysis of Four Maize Traits and a Modified Heterosis Hypothesis. *Crop Science*, 56(3):1115–1126. DOI: doi.org/10.2135/cropsci2015.10.0643.

Zhang, Y., Kang, M. S., Magari, R. (1997) Genetics of resistance to kernel infection by *Aspergillus flavus* in maize. *Plant Breeding*, 116(2):146–152. DOI: doi.org/10.1111/j.1439-0523.1997.tb02169.x.

Artigo 2: Estresse salino e a expressão de pigmentos: entendendo mecanismos de resposta para identificar genótipos tolerantes²

RESUMO

O estresse salino representa um dos principais desafios para a produção agrícola global, afetando mais de 424 milhões de hectares de terras cultiváveis. O milho-pipoca é uma espécie sensível à salinidade, demandando o desenvolvimento de genótipos tolerantes. Este trabalho avaliou a expressão de pigmentos foliares como resposta ao estresse salino em 49 genótipos de milho-pipoca (sete linhagens endogâmicas e 42 híbridos F₁). As sementes foram submetidas a duas condições: sem estresse salino (SE – 0 mM de NaCl) e com estresse salino (ES – 100 mM de NaCl). Foram avaliadas características cromáticas por meio do sistema CIELab, além de características fisiológicas e morfológicas das plântulas. Os resultados indicaram que a manutenção de elevados níveis de clorofila sob estresse salino é um potencial indicador de tolerância, com genótipos como L472 e alguns de seus híbridos apresentando os maiores índices de tolerância ao estresse. Em contraste, genótipos sensíveis exibiram acúmulo intenso de antocianinas, cuja interpretação como mecanismo de tolerância é ambígua e, no presente estudo, também refletiu uma resposta a danos oxidativos. A alta herdabilidade das características cromáticas em ambas as condições salinas demonstra que a seleção baseada em marcadores visuais é eficaz e previsível. A fenotipagem digital associada à análise colorimétrica CIELab constitui uma ferramenta objetiva para a identificação de genótipos tolerantes, acelerando programas de melhoramento genético para desenvolvimento de cultivares adaptadas a ambientes salinos.

Palavras-chave: *Zea mays* L. var. *everta*, salinidade, pigmentos foliares, fenotipagem digital, CIELab.

² Artigo a ser submetido.

ABSTRACT

Salt stress represents one of the main challenges for global agricultural production, affecting more than 424 million hectares of arable land. Popcorn is a species sensitive to salinity, demanding the development of tolerant genotypes. This work evaluated the expression of leaf pigments as a response to salt stress in 49 popcorn genotypes (seven inbred lines and 42 F₁ hybrids). Seeds were subjected to two conditions: non stressed (NS – 0 mM NaCl) and salt stress (SS) of 100 mM NaCl. Chromatic characteristics were evaluated using the CIELab system, in addition to physiological and morphological characteristics of the seedlings. The results indicated that maintaining high chlorophyll levels under salt stress is a potential indicator of tolerance, with genotypes such as L472 and some of its hybrids showing the highest tolerance indices to stress. In contrast, sensitive genotypes exhibited intense anthocyanin accumulation, the interpretation of which as a tolerance mechanism is ambiguous and, in the present study, also reflected a response to oxidative damage. The high heritability of chromatic characteristics in both saline conditions demonstrates that selection based on visual markers is effective and predictable. Digital phenotyping associated with CIELab colorimetric analysis constitutes an objective tool for identifying tolerant genotypes, accelerating genetic improvement programs for the development of cultivars adapted to saline environments.

Keywords: *Zea mays* L. var. *everta*, salinity, leaf pigments, digital phenotyping, CIELab.

INTRODUÇÃO

A crescente demanda por maior eficiência nos programas de melhoramento genético vegetal tem evidenciado uma assimetria preocupante: enquanto as tecnologias genômicas avançaram de forma expressiva nas últimas décadas, as metodologias de avaliação fenotípica não acompanharam o mesmo ritmo de desenvolvimento. Essa disparidade, amplamente reconhecida na literatura como "gargalo de fenotipagem" (*phenotyping bottleneck*), representa um dos principais entraves ao progresso do ganho genético, uma vez que compromete a precisão dos modelos estatísticos utilizados em programas de melhoramento (Abera Desta e Ortiz, 2014, Santos e Yassitepe, 2014, Araus et al., 2018).

Nesse contexto, a fenotipagem digital tem emergido como uma alternativa promissora para superar essas limitações, viabilizando a captura de dados fenotípicos com maior precisão e em larga escala (Araus et al., 2018). Essa abordagem possibilita análises quantitativas tanto da estrutura quanto da função das plantas, fornecendo subsídios essenciais para a identificação e seleção de características de interesse agrônomo (Fiorani e Schurr, 2013). Entre as metodologias disponíveis, destaca-se o processamento digital de imagens, que se vale de técnicas de visão computacional para a extração de informações relevantes (Gunasekaram, 2000), com resultados reproduzíveis em diferentes estratégias de melhoramento (Meyering et al., 2025). Essa abordagem envolve o desenvolvimento de algoritmos especializados e a análise de imagens bidimensionais (2D) e tridimensionais (3D), podendo ainda ser integrada a sistemas baseados em diferentes espectros eletromagnéticos e tecnologias de imageamento, como luz visível, infravermelho, raios X e sistemas magnéticos (Pandey et al., 2013).

A aplicabilidade da fenotipagem digital tem sido amplamente demonstrada em culturas de relevância econômica. Em trigo, estudos relataram sua utilização na estimativa de altura de plantas e rendimento (Swain et al., 2010), bem como na determinação de atributos biofísicos e bioquímicos, como teor de clorofila, nitrogênio foliar e biomassa (Makanza et al., 2018). Resultados semelhantes foram obtidos em milho e arroz (Buchailot et al., 2019). Mais recentemente, imagens obtidas por Veículos Aéreos Não Tripulados (VANTs) foram empregadas com sucesso na estimativa da data de maturação em soja e da altura de plantas de trigo (Volpato et al., 2021), evidenciando o potencial dessa tecnologia para aplicações em campo em larga escala.

Entre as características fenotípicas passíveis de avaliação por meio dessas ferramentas, destacam-se os pigmentos foliares, cuja expressão pode ser capturada e quantificada com base em análises colorimétricas de imagens digitais. Essa perspectiva é particularmente relevante no estudo de estresses abióticos, como a salinidade, uma vez que as respostas pigmentares constituem indicadores sensíveis das alterações fisiológicas desencadeadas por essa condição.

A tolerância à salinidade é uma característica complexa que varia não apenas entre espécies, mas também entre genótipos de uma mesma espécie, exigindo o desenvolvimento de estratégias de avaliação e seleção específicas para a obtenção de plantas adaptadas a essa condição. Para garantir sua sobrevivência, as plantas empregam uma combinação de mecanismos fisiológicos, incluindo, principalmente, o ajuste osmótico, a homeostase iônica e a proteção do aparato fotossintético. O fortalecimento do sistema antioxidante é peça central nessa resposta adaptativa, sendo o acúmulo de pigmentos vermelhos um de seus componentes mais representativos (Dabravolski e Isayenkov, 2023).

Tais pigmentos pertencem à classe dos flavonoides, metabólitos secundários que desempenham papel fundamental na adaptação das plantas frente às variações ambientais. Entre eles encontram-se as antocianinas, pigmentos hidrossolúveis responsáveis por uma ampla gama de colorações que vão do rosa ao azul (Mackon et al., 2021, Mansour, 2023). Embora as antocianinas atuem de forma sistêmica e diversificada em resposta ao estresse salino, sua importância biológica e seu potencial como indicadores fenotípicos em programas de melhoramento ainda carecem de maior exploração (Bhatt et al., 2022).

A biossíntese de antocianinas é normalmente induzida por fatores ambientais, e um crescente corpo de evidências confirma que seu acúmulo constitui uma estratégia adaptativa relevante em resposta à salinidade (Cheruth et al., 2016, Al-Sammarraie et al., 2020, Duan et al., 2023). Esses compostos destacam-se como potentes antioxidantes, capazes de sequestrar espécies reativas de oxigênio (EROs), mediar cascatas de sinalização, proteger o aparato fotossintético, retardar a senescência foliar e contribuir para a homeostase osmótica (Al-Sammarraie et al., 2020, Kaur et al., 2023, Duan et al., 2023). Em razão dessas propriedades, a percepção do acúmulo de antocianinas já é considerada um critério de seleção para genótipos tolerantes ao estresse salino (Eryilmaz, 2006).

Diante do exposto, este estudo teve como objetivos: i) avaliar o efeito do estresse salino sobre a germinação de sementes e o desenvolvimento de plântulas de milho-pipoca; ii) avaliar a resposta fisiológica e a expressão de pigmentos foliares em genótipos de milho-pipoca submetidos ao estresse salino; iii) quantificar as alterações nas coordenadas colorimétricas (CIELab A e B) em plântulas de milho-pipoca sob condições salinas contrastantes; e iv) identificar genótipos superiores quanto à tolerância ao estresse salino.

MATERIAL E MÉTODOS

Material vegetal

O material vegetal foi constituído por 49 genótipos de milho-pipoca, sendo sete linhagens endogâmicas (Tabela 1) oriundas do Banco de Germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (UENF) e 42 híbridos (Tabela 2) resultantes do cruzamento entre essas linhagens. As linhagens foram previamente classificadas como tolerantes ou sensíveis ao estresse salino na fase inicial de desenvolvimento por Souza et al. (no prelo), a partir de um ensaio contendo 31 linhagens endogâmicas.

Os híbridos F₁ foram obtidos a partir do cruzamento entre as sete linhagens (L472, L684, L217, L263, L381, L213 e L690), seguindo o esquema de dialelo completo.

Tabela 1. Identificação e informações sobre geração, país de origem, procedência, adaptação climática, cor das sementes e ciclo das sete linhagens endogâmicas.

ID	Pedigree	Instituição doadora/Origem	Adaptação climática	Tolerância à salinidade	Cor da semente	Ciclo
L472	SE 013	UEM/Brasil	Tropical	Tolerante	Amarelo	Tardio
L684	UENF 14	UENF/Brasil	Tropical	Tolerante	Amarelo	Precoce
L217	IAC 125	IAC/Brasil	Tropical	Sensível	Amarelo claro	Precoce
L263	PARA 172	CIMMYT/Paraguai	Temperado	Tolerante	Amarelo claro	Tardio
L381	SAM	USA/EUA	Temperado	Tolerante	Amarelo alaranjado	Precoce
L213	IAC 125	IAC/Brasil	Tropical	Sensível	Amarelo	SI
L690	UENF 14	UENF/Brasil	Tropical	Sensível	Amarelo claro	Precoce

Tabela 2. Relação dos híbridos obtidos através dos cruzamentos dialélicos e a procedência dos genitores quanto à tolerância ao estresse salino.

Híbrido	Procedência	Híbrido	Procedência
L472 x L684	Tolerante x Tolerante	L263 x L381	Tolerante x Tolerante
L472 x L217	Tolerante x Sensível	L263 x L213	Tolerante x Sensível
L472 x L263	Tolerante x Tolerante	L263 x L690	Tolerante x Sensível
L472 x L381	Tolerante x Tolerante	L381 x L472	Tolerante x Tolerante
L472 x L213	Tolerante x Sensível	L381 x L684	Tolerante x Tolerante
L472 x L690	Tolerante x Sensível	L381 x L217	Tolerante x Sensível
L684 x L472	Tolerante x Tolerante	L381 x L263	Tolerante x Tolerante
L684 x L217	Tolerante x Sensível	L381 x L213	Tolerante x Sensível
L684 x L263	Tolerante x Tolerante	L381 x L690	Tolerante x Sensível
L684 x L381	Tolerante x Tolerante	L213 x L472	Sensível x Tolerante
L684 x L213	Tolerante x Sensível	L213 x L684	Sensível x Tolerante
L684 x L690	Tolerante x Sensível	L213 x L217	Sensível x Sensível
L217 x L472	Sensível x Tolerante	L213 x L263	Sensível x Tolerante
L217 x L684	Sensível x Tolerante	L213 x L381	Sensível x Tolerante
L217 x L263	Sensível x Tolerante	L213 x L690	Sensível x Sensível
L217 x L381	Sensível x Tolerante	L690 x L472	Sensível x Tolerante
L217 x L213	Sensível x Sensível	L690 x L684	Sensível x Tolerante
L217 x L690	Sensível x Sensível	L690 x L217	Sensível x Sensível
L263 x L472	Tolerante x Tolerante	L690 x L263	Sensível x Tolerante
L263 x L684	Tolerante x Tolerante	L690 x L381	Sensível x Tolerante
L263 x L217	Tolerante x Sensível	L690 x L213	Sensível x Sensível

Condução do experimento

As sementes dos 49 genótipos de milho-pipoca foram submetidas a duas condições salinas (CS), isto é, sem estresse salino (SE) e com estresse salino (ES). Na condição sem estresse salino, umedeceu-se o substrato (papel germiteste) com água deionizada pura (condutividade elétrica de 0,2847 dS m⁻¹ a 25 °C) na proporção de 2,5 vezes o peso do papel. Na condição de estresse salino o substrato foi umedecido com água deionizada com adição de cloreto de sódio sem iodo (NaCl) na concentração de 100,00 mM (condutividade elétrica de 9,3 dS m⁻¹ a 25 °C).

Em ambas as condições, os rolos de papel foram acondicionados em sacos de polietileno transparente e levados para câmaras germinadoras com temperaturas

reguladas no intervalo de 20-30 °C e com fotoperíodo ajustado para 8 horas de luz por dia e 16 horas de escuro dia. A manutenção da umidade dos substratos foi verificada diariamente durante todo o período dos testes e, conforme necessário, foi adicionada água deionizada pura em ambas as condições salinas.

Os experimentos foram conduzidos em delineamento experimental de blocos casualizados, com quatro repetições compostas por 25 sementes cada, e foram realizados no Laboratório de Fitotecnia – Setor de Produção e Tecnologia de Sementes da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro (LFIT/UENF).

Características avaliadas

Os 49 genótipos foram avaliados quanto a caracteres fisiológicos das sementes, bem como a caracteres físicos e fisiológicos das plântulas, conforme estabelecido pelas Regras de Análises de Sementes – RAS (Brasil, 2025).

A contabilização de plântulas normais, germinação (GER) e anormais (PA) foi realizada no sétimo dia após a implantação do teste, e os resultados foram apresentados em porcentagem (Brasil, 2025).

O índice de velocidade de germinação (IVG) foi determinado pela fórmula proposta por Maguire (1962), após contagem diária do número de sementes com, no mínimo, 0,4 cm de radícula.

A fenotipagem digital das plântulas foi realizada com o auxílio do equipamento GroundEye®. Foram avaliadas dez plântulas por repetição. As plântulas foram dispostas na bandeja acrílica para a captura das imagens e, por meio do sistema de análise de imagens, o software gerou planilhas com os resultados das características relacionadas à geometria da parte aérea e raiz das plântulas.

Das características físicas e fisiológicas das plântulas, foram avaliadas a área da plântula (AREA), largura da parte aérea (LPA) e da raiz (LRA), número de ramificações (NRA), comprimento da parte aérea (CPA) e da raiz (CRA) e comprimento total da plântula (CT).

Fenotipagem digital

As características colorimétricas foram avaliadas por meio da escala de cor CIELab A e CIELab B. A quantificação da cor para estimar a expressão de pigmentos foi realizada utilizando o sistema de cores CIELab, um padrão internacional desenvolvido pela *Commission Internationale de l'Éclairage* (CIE), em 1976 (Flavier et

al., 2022). Este modelo foi concebido para ser perceptualmente uniforme, o que significa que as distâncias numéricas entre pontos no espaço de cor correspondem aproximadamente às diferenças de cor percebidas pelo olho humano, tornando-o uma ferramenta robusta para análises objetivas. O sistema descreve cada cor em um espaço tridimensional com as coordenadas L^* , A^* e B^* .

As coordenadas de cromaticidade, A^* e B^* , representam eixos opostos de cor: o eixo A^* varia do verde (valores negativos) ao vermelho (valores positivos), enquanto o eixo B^* varia do azul (valores negativos) ao amarelo (valores positivos) (Durmus, 2020). A coordenada L^* representa a luminosidade, mas não foi utilizada neste trabalho.

Para determinar a massa da matéria seca da parte aérea (MSPA) e da raiz (MSRA), as dez plântulas utilizadas na fenotipagem por imagem foram colocadas separadamente (parte aérea e raiz) em envelopes de papel "kraft" e levadas a uma estufa de circulação forçada de ar, a 65 °C constantes por 72 h. Após o processo de secagem, as amostras foram colocadas para resfriar em um dessecador e então pesadas em uma balança com precisão de 0,0001 g. Os resultados foram expressos em mg plântula⁻¹.

Índice de tolerância ao estresse salino

O índice de tolerância ao estresse salino (ITES) foi obtido ao utilizar a metodologia proposta por Fernandez (1992). A equação adotada foi $ITES = (Y_c \times Y_s) / (Y_c)^2$, onde ITES = índice de tolerância ao estresse salino); Y_c = valor avaliado no ambiente sem estresse salino; Y_s = valor avaliado no ambiente com estresse salino. Para esse cálculo foram utilizadas as estimativas de dez características que, apresentaram declínio na média sob efeito do estresse salino. Os índices de tolerância variam de 0,0 a 1,0, nos quais valores próximos a 1,0 denotam maior tolerância ao estresse salino, enquanto aqueles próximos a 0,0 indicam menor tolerância.

Análises estatísticas

Os dados obtidos foram submetidos à análise de variância individual e conjunta, e as variáveis que apresentaram diferenças significativas entre os tratamentos, ao nível de significância de 1% de probabilidade ($p \leq 0,01$) pelo teste F,

foram submetidas ao teste de agrupamento de médias de Scott-Knott ao mesmo nível de significância.

As análises dos dados foram realizadas por meio do software Genes (Cruz, 2016), adotando o modelo estatístico $Y_{ijk} = \mu + G_i + B_j + E_{ij}$ para análise individual, onde Y_{ijk} = observação referente ao i -ésimo efeito de genótipo na j -ésima repetição na k -ésima condição salina; μ = média geral constante; G_i = efeito do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, 49$); B_j = efeito do j -ésimo bloco ($j=1, 2$); E_{ij} = erro aleatório; e $Y_{ijk} = \mu + G_i + B/CS_{jk} + CS_j + GCS_{ij} + E_{ijk}$ para a análise conjunta, em que Y_{ijk} = observação referente ao i -ésimo efeito de genótipo na j -ésima repetição na k -ésima condição salina; μ = média geral constante; G_i = efeito do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, 49$); B/CS_{jk} = efeito do k -ésimo bloco dentro da j -ésima condição salina ($k = 1, 2, 3, 4$); CS_j = efeito da j -ésima condição salina ($j = 1, 2$); GCS_{ij} = efeito da interação do i -ésimo genótipo com a j -ésima condição salina; E_{ijk} = erro aleatório.

Os gráficos foram gerados pelo Software R, através dos pacotes “GGPlot2”, “tidyr” e “dplyr” (R Core Team, 2025).

RESULTADOS

As análises de variância individuais de CIELab A e B indicaram que houve diferenças significativas ($p \leq 0,01$), no teste F, entre as duas condições salinas para as duas características avaliadas (Tabela 3).

No ambiente sem estresse salino, as variâncias genotípicas (σ^2g) e ambiental (σ^2e) de CIELab A foram, respectivamente, de 87,19% e 12,81%, enquanto a média foi -0,62 (Tabela 3). A herdabilidade média (h^2) foi de 87,19%. Já sob influência do estresse salino, percebemos uma alteração na média, que subiu para 0,70. As variâncias permaneceram semelhantes, com valor de 88,50% para σ^2g e 11,50% para σ^2e , enquanto h^2 foi de 88,50% (Tabela 3).

Para CIELab B, σ^2g e σ^2e foram de 4,74 e 1,45, respectivamente, no ambiente sem estresse salino e de 5,30 e 1,31, respectivamente, no ambiente com estresse salino (Tabela 3). A herdabilidade média foi de 76,58% em SE e 80,13% em ES. Embora a expressão média da característica tenha permanecido praticamente constante nos dois ambientes, com 17,06 no ambiente sem estresse salino e 17,05

no ambiente com estresse (Tabela 3), observou-se que alguns genótipos tiveram suas médias alteradas quando o estresse salino foi aplicado.

A análise conjunta de CIELab A indicou que houve valores estatisticamente significativos ($p \leq 0,01$) para efeitos de genótipos e de condições salinas, bem como para sua interação. Já em CIELab B, apenas o efeito de ambiente não foi significativo (Tabela 3).

Para o índice de tolerância ao estresse salino (ITES) foram encontrados valores que variaram de 0,55 a 0,83. Os híbridos mais tolerantes foram obtidos quando um genitor classificado como resistente foi utilizado como fêmea (Figura 1).

O agrupamento de médias de CIELab A mostrou que, de maneira geral, houve uma tendência de aumento na expressão de pigmentos vermelhos nos genótipos quando avaliados sob influência do estresse salino, uma vez que os valores dessa característica aumentaram, em média, 1,31 (Figuras 2 e 3). Entretanto, o genitor L472 e os híbridos L472 × L263, L381 × L472, L472 × L381 e L690 × L472 mantiveram maior expressão de pigmentos verdes mesmo sendo expostos ao estresse salino (Figuras 2 e 3).

Esses genótipos, que obtiveram algumas das maiores estimativas do ITES (0,64 para L472; 0,75 para L472 × L263; 0,73 para L381 × L472; 0,70 para L472 × L381 e 0,61 para L690 × L472), apresentaram, conseqüentemente, os menores ganhos em CIELab A (0,705 para L472; 0,645 para L472 × L263; 0,348 para L381 × L472 e 0,850 para L472 × L381) (Figura 2).

Por outro lado, analisando o acúmulo de pigmentos expresso por CIELab B, não houve percepção de pigmentos azuis. A média da expressão de pigmentos amarelos foi estatisticamente igual em ambas as condições salinas, embora tenha-se observado um leve aumento na estimativa da maioria dos genótipos. O genitor L217 e os híbridos L217 × L213 e L217 × L690 foram exceções, pois diminuíram as suas médias de expressão de pigmentos amarelos (Figura 4).

Em contraste com os genótipos mais tolerantes, esses genótipos apresentaram algumas das menores estimativas do ITES (0,59 para L217; 0,60 para L217 × L213 e 0,65 para L217 × L690) e, concomitantemente, exibiram alguns dos ganhos mais expressivos de pigmentação vermelha (2,208 para L217 × L690; 1,720 para L217 × L213 e 1,470 para L217) (Figura 5).

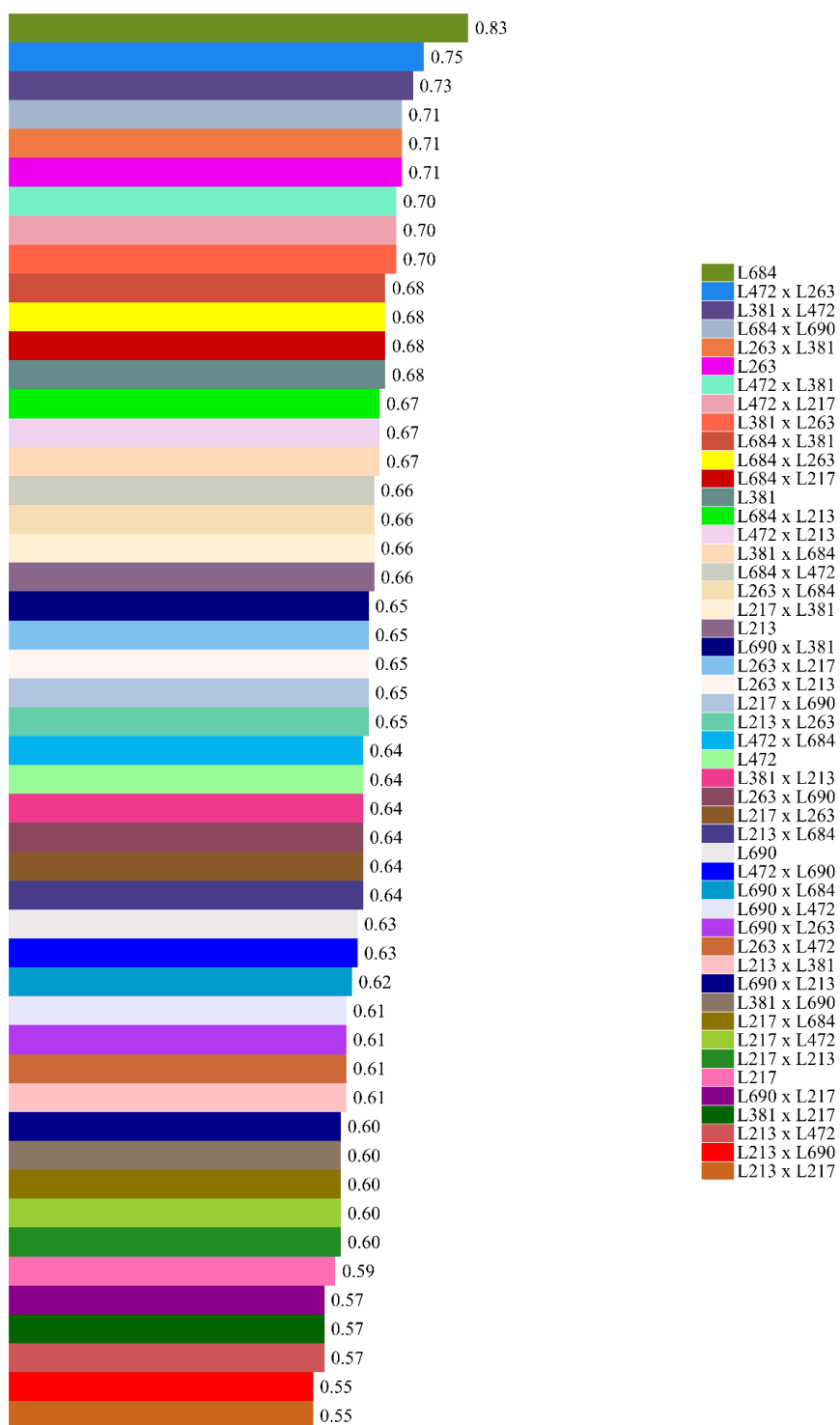


Figura 1. Índice de tolerância ao estresse salino de 7 linhagens e 42 híbridos de milho-pipoca (*Zea mays* L. var. everta) calculado a partir da avaliação de dez características físicas e fisiológicas de sementes e plântulas.

Tabela 3. Resumo da análise de variância e parâmetros genéticos e ambientais de características relacionadas à expressão de pigmentos do espectro verde – vermelho (CIELab A) e azul – amarelo (CIELab B) em plântulas de sete linhagens e 42 híbridos de milho-pipoca (*Zea mays* L. var. everta) submetidos a duas condições salinas (CS): sem estresse (0mM NaCl) e com estresse salino (100mM NaCl).

Característica	Sem Estresse							Estresse Salino							Análise Conjunta		
	QMG	QMR	Teste F	\bar{X}	σ_g^2	σ_e^2	$h^2(\%)$	QMG	QMR	Teste F	\bar{X}	σ_g^2	σ_e^2	$h^2(\%)$	G	CS	G x CS
CIELab A	1,30	0,17	**	-0,62	0,28	0,04	87,19	0,95	0,11	**	0,69	0,21	0,03	88,50	**	**	**
CIELab B	24,75	5,80	**	17,06	4,74	1,45	76,58	26,46	5,26	**	17,05	5,30	1,31	80,13	**	ns	**

QMG, quadrado médio do genótipo; QMR, quadrado médio do resíduo; \bar{X} , média; σ_g^2 , variância genotípica; σ_e^2 , variância ambiental; h^2 (%), herdabilidade; G, genótipo; CS, condição salina; G x CS, interação genótipo x condição salina.

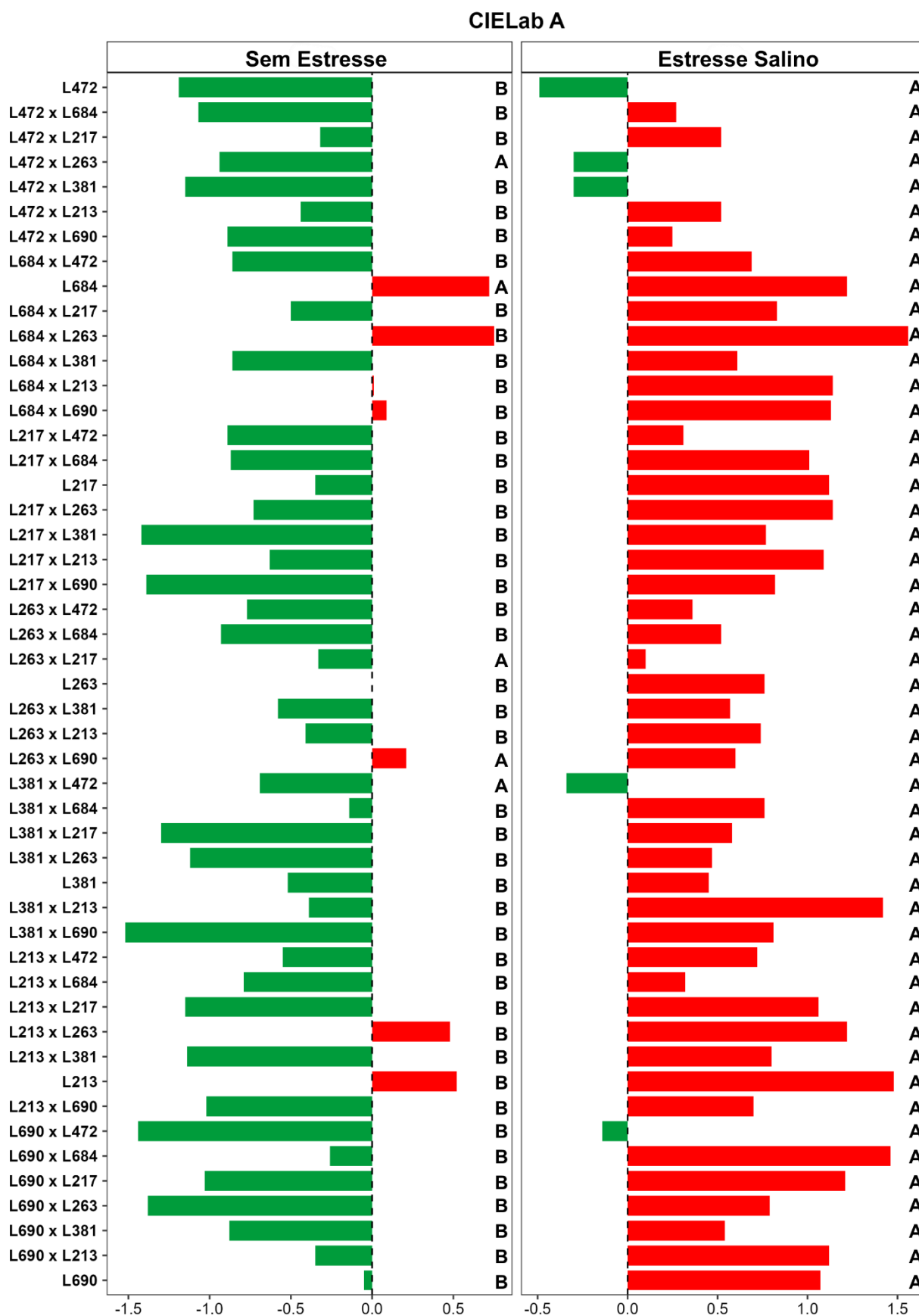


Figura 2. Estimativas de médias de CIELab A e predominância de pigmentação do espectro verde – vermelho de sete linhagens e 42 híbridos de milho-pipoca (*Zea mays* L. var. everta) submetidos a duas condições salinas: sem estresse e com estresse salino.

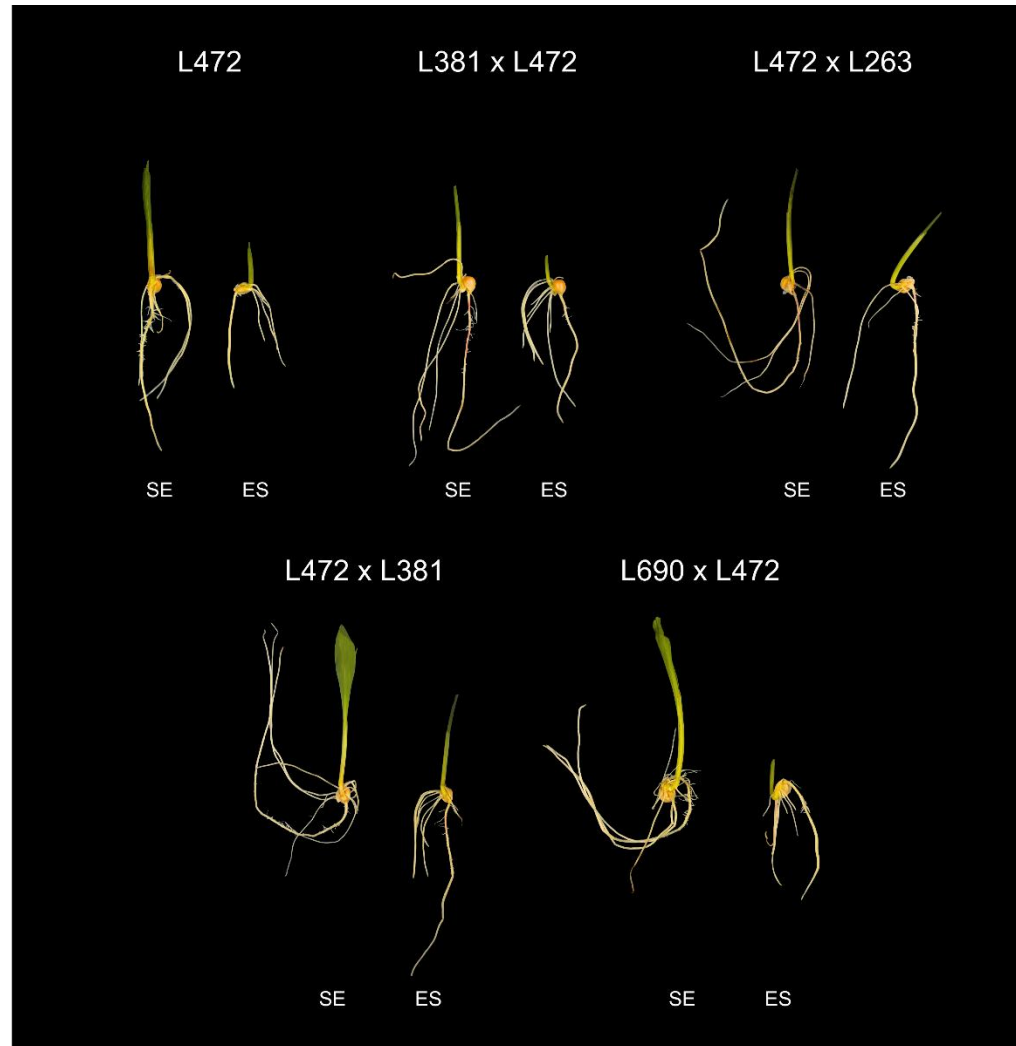


Figura 3. Aspecto visual e predominância na expressão de pigmentos verdes (valores negativos de CIELab A) em genótipos de milho-pipoca (*Zea mays* L. var. *everta*) submetidos a duas condições salinas: sem estresse e com estresse salino. Imagem oriunda da fenotipagem digital realizada pelo equipamento GroundEye®.

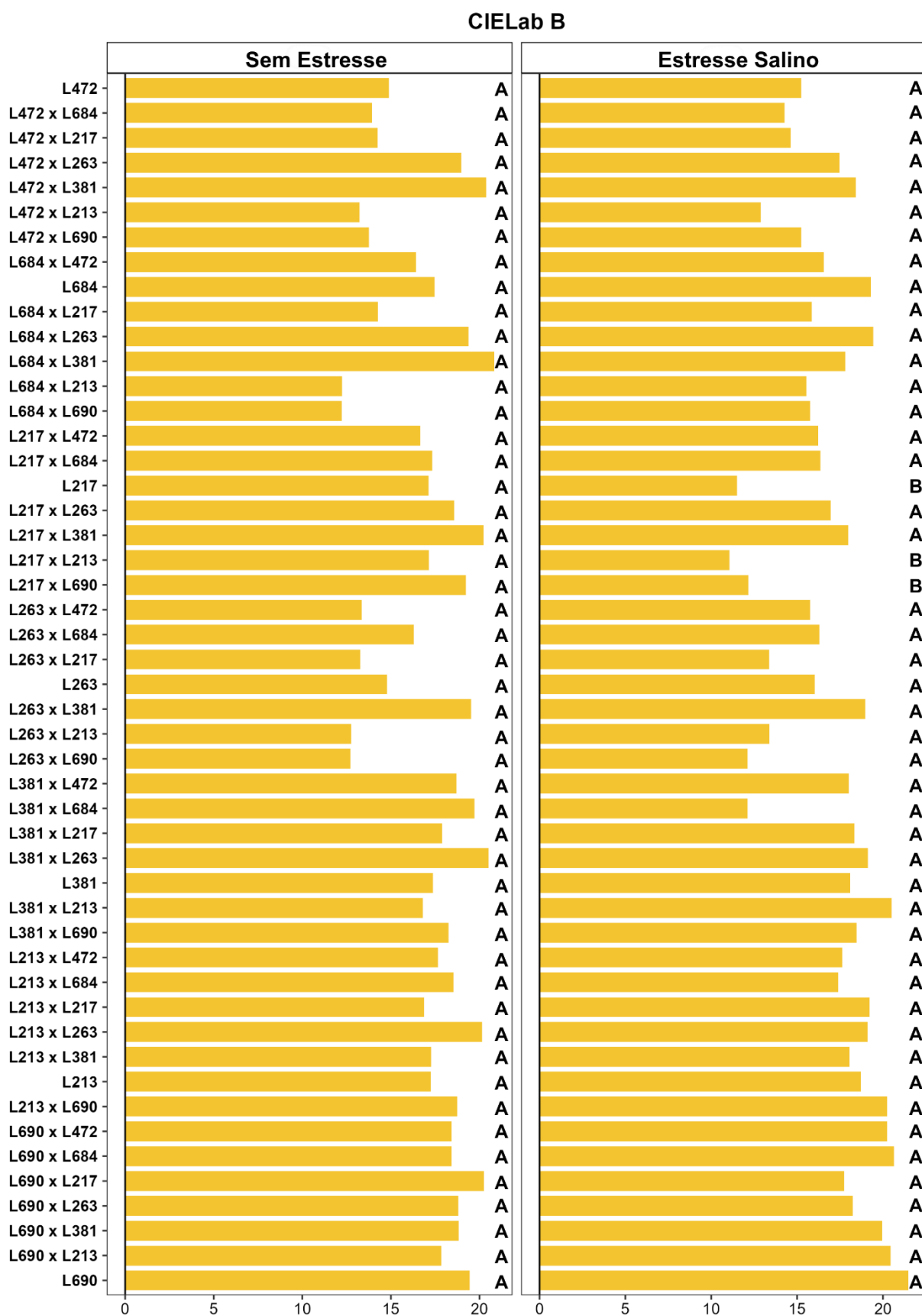


Figura 4. Estimativas de médias de CIELab B e predominância de pigmentação do espectro azul – amarelo de sete linhagens e 42 híbridos de milho-pipoca (*Zea mays* L. var. everta) submetidos a duas condições salinas: sem estresse e com estresse salino.



Figura 5. Aspecto visual e predominância na expressão de pigmentos vermelhos (valores positivos de CIELab A) em genótipos de milho-pipoca (*Zea mays* L. var. *everta*) submetidos a duas condições salina: sem estresse e com estresse salino. Imagem oriunda da fenotipagem digital realizada pelo equipamento GroundEye®.

DISCUSSÃO

O sistema CIELab é amplamente empregado na fisiologia vegetal como um método não destrutivo para a quantificação objetiva de pigmentos foliares e de frutos. O parâmetro A^* é frequentemente correlacionado com o conteúdo de clorofilas — valores mais negativos indicam maior teor de pigmentos verdes — e antocianinas, nas quais valores positivos indicam pigmentação avermelhada. O parâmetro B^* , por sua vez, está associado à presença de carotenoides e xantofilas, sendo que valores mais positivos indicam maior predominância de pigmentos amarelos (Gitelson e Solovchenko, 2018). A utilização deste sistema permite monitorar alterações fisiológicas, como maturação, senescência e respostas a estresses bióticos e abióticos, de forma precisa e não invasiva (Liew et al., 2008, Ang e Lew, 2022).

O estresse salino aplicado no presente trabalho foi suficiente para diferenciar os ambientes em estudo para CIELab A, confirmando a variabilidade genética existente entre os genótipos testados e evidenciando as alterações significativas causadas pelo estresse salino nas médias da característica. Os resultados observados em CIELab B indicam que o estresse salino aplicado ocasionou uma interação genótipos x condição salina do tipo complexa, uma vez que o ranqueamento de alguns genótipos foi alterado no que diz respeito à expressão dos pigmentos.

Neste estudo, as estimativas de variância genotípica e ambiental, bem como os valores médios de herdabilidade apresentaram magnitudes semelhantes nos dois ambientes avaliados, indicando que o estresse não foi capaz de reduzir a expressão da variabilidade nem aumentou desproporcionalmente o ruído experimental. A seleção de características com alta herdabilidade permite ganhos rápidos e previsíveis em gerações precoces (Vieira et al., 2025). Como apontado por Muhammad et al. (2015), ambientes estressados podem manter a proporção de variância genética em relação à ambiental, o que possibilita uma seleção de genótipos eficaz em ambos os ambientes (Talabi et al., 2017).

As antocianinas desempenham um importante papel de neutralização das espécies reativas de oxigênio (EROs), e são amplamente citadas como compostos protetores (Naing e Kim, 2021, Kaur et al., 2023), já que estresses abióticos induzem a produção de antocianinas (Naing e Kim, 2021) como uma estratégia para mitigar esse dano já em curso, ajudando na osmorregulação e na limpeza do excesso de EROs (Dabravolski e Isayenkov, 2023). Dessa forma, folhas ricas nesses pigmentos

podem exibir capacidade superior de neutralizar as EROs (Gould et al., 2002, Landi et al., 2015, Xu et al., 2017).

A ligação entre estresse e acúmulo de antocianinas é reforçada por pesquisas sobre salinidade. Eryilmaz (2006) relatou que o aumento das concentrações de sal induziu uma produção mais intensa de antocianinas em plantas de tomate e repolho roxo. Da mesma forma, Wahid e Ghazanfar (2006) documentaram a síntese de antocianinas como uma resposta adaptativa ao estresse salino em variedades de cana-de-açúcar, enquanto Mbarki et al. (2018) verificaram que genótipos de trigo com altos níveis de antocianinas mostraram-se capazes de manter uma maior produção de biomassa quando submetidos ao estresse salino.

Entretanto, o acúmulo de antocianinas sob situações de estresse apresenta interpretações ambíguas que exigem uma avaliação minuciosa, isso porque altos níveis desse pigmento também podem indicar uma maior suscetibilidade ao estresse em questão. Shoeva e Khlestkina (2018), ao avaliarem plantas de trigo acometidas pelo estresse osmótico causado pela presença de metais pesados, perceberam que a linhagem mais sensível foi a que mais produziu antocianinas. Esse foi um sinal de estresse severo e pode ser associado aos resultados aqui observados para os genótipos L217, L217 × L213 e L217 × L690, que apresentaram as menores estimativas do ITES e alguns dos maiores acúmulos de antocianinas.

Assim como a biossíntese de clorofila pode aumentar em condições de estresse salino moderado (Shah et al., 2017), situações de estresse severo, por outro lado, causam um declínio do pigmento em plantas mais sensíveis devido aos danos oxidativos e fotossintéticos (Hammami et al., 2024). A toxicidade iônica e o estresse osmótico decorrentes da salinidade podem comprometer a integridade estrutural dos cloroplastos, desestabilizando a homeostase metabólica entre a biossíntese e a degradação dos pigmentos fotossintéticos. Esse desequilíbrio resulta em um declínio progressivo na concentração de clorofila foliar, prejudicando a capacidade de absorção luminosa e a eficiência fotoquímica da planta.

Wang et al. (2023) avaliaram genótipos de *Sesuvium portulacastrum* submetidos ao estresse salino e corroboraram essa informação ao perceberem que, assim como os genótipos mais sensíveis avaliados nesse estudo, os teores de clorofila diminuíram à medida que a concentração salina aumentava. De forma análoga, Nóbrega et al., (2020) relataram uma diminuição de 24% nas estimativas de clorofila total de plantas de *Mesosphaerum suaveolens* (L.) acometidas pelo estresse.

Por outro lado, Paulus et al. (2010) e Dabravolski e Isayenkov (2023) atestam que genótipos capazes de manter os níveis de clorofila mais elevados podem ser apontados como mais tolerantes ao estresse salino, graças a presença de mecanismos de proteção que conferem maior eficiência do aparato fotossintético. Nesse sentido, Nounjan e Theerakulpisut (2021) afirmam que, de maneira geral, genótipos de plantas tolerantes ao sal exibem uma menor diminuição ou uma melhor retenção de clorofila em comparação com os genótipos sensíveis. Garriga et al. (2014), ao avaliarem genótipos de morango chileno (*Fragaria chiloensis*) submetidos ao estresse salino, verificaram que genótipos tolerantes foram capazes de manter os níveis de clorofila, enquanto os genótipos sensíveis diminuíram os níveis de clorofila e tiveram suas respostas fotossintéticas prejudicadas. Estes estudos corroboram os resultados aqui encontrados para os genótipos L472, L381 x L472, L472 x L263, L472 x L381 e L690 x L472, que apresentaram boa manutenção dos níveis do conteúdo de clorofila e algumas das maiores estimativas do ITES. Portanto, a maior expressão de pigmentos verdes nos genótipos tolerantes de milho-pipoca é um forte indicativo de sua superior capacidade de manter a homeostase fisiológica e a saúde metabólica sob estresse.

CONCLUSÃO

Os resultados demonstram que a expressão de pigmentos foliares é um possível indicador para a discriminação de genótipos de milho-pipoca quanto à sua tolerância ao estresse salino.

A manutenção de elevados níveis de clorofila sob influência do estresse salino é um potencial indicador de genótipos tolerantes. Em contraste, a produção intensificada de antocianinas sob estresse salino caracterizou genótipos sensíveis.

A fenotipagem digital associada à análise colorimétrica CIELab constitui uma alternativa objetiva para a seleção de genótipos tolerantes ao estresse salino em milho-pipoca.

Os resultados aqui encontrados podem contribuir para o screening de linhagens em programas de melhoramento genético do milho-pipoca e para a seleção de genótipos superiores.

É importante destacar que, por se tratar de um estudo conduzido em ambiente controlado, esses resultados devem ser interpretados como uma etapa inicial de

triagem. A validação subsequente em condições de cultivo a campo é essencial para garantir que a expressão desses pigmentos mantenha sua eficácia preditiva diante das inúmeras variações edafoclimáticas encontradas no campo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Abera Desta, Z., Ortiz, R. (2014) Genomic selection: genome-wide prediction in plant improvement. *Trends in Plant Science*, 19(9):592–601. DOI: doi.org/10.1016/j.tplants.2014.05.006.

Al-Sammarraie, O. N., Alsharafa, K. Y., Al-limoun, M. O., Khleifat, K. M., Al-Sarayreh, S. A., Al-Shuneigat, J. M., Kalaji, H. M. (2020) Effect of various abiotic stressors on some biochemical indices of *Lepidium sativum* plants. *Scientific Reports*, 10(1). DOI: doi.org/10.1038/s41598-020-78330-1.

Ang, M. C.-Y., Lew, T. T. S. (2022) Non-destructive Technologies for Plant Health Diagnosis. *Frontiers in Plant Science*, 13:1-9. DOI: doi.org/10.3389/fpls.2022.884454.

Araus, J. L., Kefauver, S. C., Zaman-Allah, M., Olsen, M. S., Cairns, J. E. (2018) Translating High-Throughput Phenotyping into Genetic Gain. *Trends in Plant Science*, 23(5):451–466. DOI: doi.org/10.1016/j.tplants.2018.02.001.

Bhatt, U., Shah, G., Soni, V. (2022) Therapeutic, Protective and Industrial Significances of Anthocyanins: a Review. *Avicenna J. Med. Biochem.*, 10:82–93. DOI: doi.org/10.34172/ajmb.2338.

Brasil (2025) Regras Para Análise de Sementes; Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, Secretaria de Defesa Agropecuária: Brasília, DF, Brasil.

Buchailot, Ma. L., Gracia-Romero, A., Vergara-Diaz, O., Zaman-Allah, M. A., Tarekegne, A., Cairns, J. E., Prasanna, B. M., Araus, J. L., Kefauver, S. C. (2019) Evaluating Maize Genotype Performance under Low Nitrogen Conditions Using RGB UAV Phenotyping Techniques. *Sensors*, 19(8):1815. DOI:

doi.org/10.3390/s19081815.

Cheruth, A. J., Ramadhan, K. I. M., Kurup, S. S. (2016) Calcium supplementation ameliorates salinity stress in *Lactuca sativa* plants. *Journal of Applied Horticulture*, 18(02):138–140. DOI: doi.org/10.37855/jah.2016.v18i02.24.

Dabravolski, S. A., Isayenkov, S. V. (2023) The Role of Anthocyanins in Plant Tolerance to Drought and Salt Stresses. *Plants*, 12(13):2558. DOI: doi.org/10.3390/plants12132558.

Duan, H., Tiika, R. J., Tian, F., Lu, Y., Zhang, Q., Hu, Y., Cui, G., Yang, H. (2023) Metabolomics analysis unveils important changes involved in the salt tolerance of *Salicornia europaea*. *Frontiers in Plant Science*, 13:1-14. DOI: doi.org/10.3389/fpls.2022.1097076.

Durmus, D. (2020) CIELAB color space boundaries under theoretical spectra and 99 test color samples. *Color Res Appl*, 45, 796–802. DOI: doi.org/10.1002/col.22521.

Eryilmaz, F. (2006) The Relationships between Salt Stress and Anthocyanin Content in Higher Plants. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 20(1):47–52. DOI: doi.org/10.1080/13102818.2006.10817303.

Fiorani, F., Schurr, U. (2013) Future Scenarios for Plant Phenotyping. *Annual Review of Plant Biology*, 64(1):267–291. DOI: doi.org/10.1146/annurev-arplant-050312-120137.

Flavier, K., McLellan, J., Botoy, T., Waterman, K. C. (2022) Accelerated shelf life modeling of appearance change in drug products using ASAPprime®. *Pharmaceutical Development and Technology*, 27(6), 740–748. DOI: doi.org/10.1080/10837450.2022.2112223.

Garriga, M., Retamales, jorge B., Romero-Bravo, S., Caligari, P. D. S., Lobos, G. A. (2014) Chlorophyll, anthocyanin, and gas exchange changes assessed by spectroradiometry in *Fragaria chiloensis* under salt stress. *Journal of Integrative Plant*

Biology, 56(5):505–515. DOI: doi.org/10.1111/jipb.12193.

Gitelson, A. A., Solovchenko, A. (2018) Non-invasive quantification of foliar pigments: Possibilities and limitations of reflectance- and absorbance-based approaches. *Journal of Photochemistry and Photobiology B-Biology*, 178:537–544. DOI: doi.org/10.1016/j.jphotobiol.2017.11.023.

Gould, K. S., McKelvie, J., Markham, K. R. (2002) Do anthocyanins function as antioxidants in leaves? Imaging of H₂O₂ in red and green leaves after mechanical injury. *Plant, Cell & Environment*, 25(10):1261–1269. DOI: doi.org/10.1046/j.1365-3040.2002.00905.x.

Hammami, Z., Tounsi-Hammami, S., Nhamo, N., Rezgui, S., Trifa, Y. (2024) The efficiency of chlorophyll fluorescence as a selection criterion for salinity and climate aridity tolerance in barley genotypes. *Frontiers in Plant Science*, 15:1-17. DOI: doi.org/10.3389/fpls.2024.1324388.

Kaur, S., Tiwari, V., Kumari, A., Chaudhary, E., Sharma, A., Ali, U., Garg, M. (2023) Protective and defensive role of anthocyanins under plant abiotic and biotic stresses: An emerging application in sustainable agriculture. *Journal of Biotechnology*, 361:12–29. DOI: doi.org/10.1016/j.jbiotec.2022.11.009.

Landi, M., Tattini, M., Gould, K. S. (2015) Multiple functional roles of anthocyanins in plant-environment interactions. *Environmental and Experimental Botany*, 119:4–17. DOI: doi.org/10.1016/j.envexpbot.2015.05.012.

Liew, O., Chong, P., Li, B., Asundi, A. (2008) Signature Optical Cues: Emerging Technologies for Monitoring Plant Health. *Sensors*, 8(5):3205–3239. DOI: doi.org/10.3390/s8053205.

Mackon, E., Mackon, G. C. J. D. E., Ma, Y., Haneef Kashif, M., Ali, N., Usman, B., Liu, P. (2021) Recent Insights into Anthocyanin Pigmentation, Synthesis, Trafficking, and Regulatory Mechanisms in Rice (*Oryza sativa* L.) Caryopsis. *Biomolecules*, 11(3):394. DOI: doi.org/10.3390/biom11030394.

Maguire, J. D. (1962) Speed of germination: Aid in selection and evaluation for seedling emergence and vigor. *Crop Sci.* 2, 176-177. DOI: doi.org/10.2135/cropsci1962.0011183X000200020033x.

Makanza, R., Zaman-Allah, M., Cairns, J., Magorokosho, C., Tarekegne, A., Olsen, M., Prasanna, B. (2018) High-Throughput Phenotyping of Canopy Cover and Senescence in Maize Field Trials Using Aerial Digital Canopy Imaging. *Remote Sensing*, 10(2):330. DOI: doi.org/10.3390/rs10020330.

Mansour, M. M. F. (2023) Anthocyanins: Biotechnological targets for enhancing crop tolerance to salinity stress. *Scientia Horticulturae*, 319:112182. DOI: doi.org/10.1016/j.scienta.2023.112182.

Mbarki, S., Sytar, O., Zivcak, M., Abdelly, C., Cerda, A., Brestic, M. (2018) Anthocyanins of Coloured Wheat Genotypes in Specific Response to Salt Stress. *Molecules*, 23(1518):1–15. DOI: doi.org/10.3390/molecules23071518.

Meyering, B., Barriball, S., Schlautman, B. (2025) Deep learning driven, image-based phenotyping of seed processing efficiency in sainfoin (*Onobrychis viciifolia*). *Frontiers in Plant Science*, 16:1-19. DOI: doi.org/10.3389/fpls.2025.1655350.

Muhammad, R. W., Qayyum, A., Hamza, A., Ahmad, M. Q., Naseer, N. S., Liaqat, S., Ahmad, B., Malik, W., Noor, E. (2015) Analysis of genetic traits for drought tolerance in maize. *Genetics and Molecular Research*, 14(4):13545–13565. DOI: doi.org/10.4238/2015.october.28.15.

Naing, A. H., Kim, C. K. (2021) Abiotic stress-induced anthocyanins in plants: Their role in tolerance to abiotic stresses. *Physiologia Plantarum*, 172:1711-1723. DOI: doi.org/10.1111/ppl.13373.

Nóbrega, J. S., Bruno, R. d. L. A., Figueiredo, F. R. A., Silva, T. I. d., Fátima, R. T. d., Ribeiro, J. E. d. S., Ferreira, J. T. A., Nascimento, R. G. d. S. (2020) Acúmulo de biomassa e pigmentos fotossintéticos em plantas de *Mesosphaerum suaveolens* (L.)

Kuntze sob estresse salino e doses de ácido salicílico. *Research, Society and Development*, 9(5), e121953286–e121953286. DOI: doi.org/10.33448/rsd-v9i5.3286.

Nounjan, N., Theerakulpisut, P. (2021) Physiological evaluation for salt tolerance in green and purple leaf color rice cultivars at seedling stage. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 27(12):2819–2832. DOI: doi.org/10.1007/s12298-021-01114-y.

Pandey, P., Chaudhary, P., Waldhwa, G. (2013) Image analysis techniques in agriculture. *International Journal of Engineering and Technology*, 5(2):127–133.

Paulus, D., Dourado Neto, D., Frizzone, J. A., Soares, T. M. (2010) Produção e indicadores fisiológicos de alface sob hidroponia com água salina. *Horticultura Brasileira*, 28:29–35.

Santos, T. T., Yassitepe, J. E. d. C. T. (2014) Fenotipagem de plantas em larga escala: um novo campo de aplicação para a visão computacional na agricultura. *Embrapa*, 5: 85–100. <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/1010708>.

Shah, S. H., Houborg, R., MacCabe, M. F. (2017) Response of Chlorophyll, Carotenoid and SPAD-502 Measurement to Salinity and Nutrient Stress in Wheat (*Triticum aestivum* L.). *Agronomy*, 7(3):61. DOI: doi.org/10.3390/agronomy7030061.

Shoeva, O. Y., Khlestkina, E. K. (2018) Anthocyanins participate in the protection of wheat seedlings against cadmium stress. *Cereal Research Communications*, 46(2):242–252. DOI: doi.org/10.1556/0806.45.2017.070.

Sundaram Gunasekaran. (2000) *Nondestructive Food Evaluation*. CRC Press.

Swain, K. C., Thomson, S. J., Jayasuriya, H. P. W. (2010) Adoption of an Unmanned Helicopter for Low-Altitude Remote Sensing to Estimate Yield and Total Biomass of a Rice Crop. *Transactions of the ASABE*, 53(1):21–27. DOI: doi.org/10.13031/2013.29493.

Talabi, A. O., Badu-Apraku, B., Fakorede, M. A. B. (2017) Genetic Variances and

Relationship among Traits of an Early Maturing Maize Population under Drought-stress and Low Nitrogen Environments. *Crop Science*, 57(2):681–692. DOI: doi.org/10.2135/cropsci2016.03.0177.

Vieira, R. A., Paula, A. Fritsche-Neto, R. (2025) Optimizing the selection of quantitative traits in plant breeding using simulation. *Frontiers in Plant Science*, 16:1-19. DOI: doi.org/10.3389/fpls.2025.1495662.

Volpato, L., Pinto, F., González-Pérez, L., Thompson, I. G., Borém, A., Reynolds, M., Gérard, B., Molero, G., Rodrigues, F. A. (2021) High Throughput Field Phenotyping for Plant Height Using UAV-Based RGB Imagery in Wheat Breeding Lines: Feasibility and Validation. *Frontiers in Plant Science*, 12:1-19. DOI: doi.org/10.3389/fpls.2021.591587.

Wahid, A., Ghazanfar, A. (2006) Possible involvement of some secondary metabolites in salt tolerance of sugarcane. *Journal of Plant Physiology*, 163(7):723–730. DOI: doi.org/10.1016/j.jplph.2005.07.007.

Wang, Y., Ma, W., Fu, H., Li, L., Ruan, X., Zhang, X. (2023) Effects of Salinity Stress on Growth and Physiological Parameters and Related Gene Expression in Different Ecotypes of *Sesuvium portulacastrum* on Hainan Island. *Genes*, 14(7):1336. DOI: doi.org/10.3390/genes14071336.

Xu, Z., Mahmood, K., Rothstein, S. J. (2017) ROS Induces Anthocyanin Production Via Late Biosynthetic Genes and Anthocyanin Deficiency Confers the Hypersensitivity to ROS-Generating Stresses in Arabidopsis. *Plant Cell Physiology*, 58(8):1364–1377. DOI: doi.org/10.1093/pcp/pcx073.

CONCLUSÕES

Os dois estudos apresentados fornecem uma compreensão abrangente dos mecanismos genéticos e fisiológicos ligados à tolerância ao estresse salino em genótipos de milho-pipoca (*Zea mays* L. var. *everta*). A integração dos resultados de ambos os trabalhos revela estratégias eficazes para o melhoramento genético da cultura em ambientes salinos.

O primeiro estudo demonstrou a existência de ampla variabilidade genética entre os 49 genótipos avaliados, com o estresse salino impactando negativamente a maioria das características de germinação e desenvolvimento inicial de plântulas. A análise dialélica foi fundamental para elucidar a predominância de efeitos gênicos não-aditivos, indicando que a exploração da heterose por meio da hibridação é a via mais promissora para o desenvolvimento de cultivares tolerantes. A identificação de linhagens como L472, L381 e L684 com alta Capacidade Geral de Combinação (CGC) e do híbrido L690 x L217 com alta Capacidade Específica de Combinação (CEC) sob condições salinas, ressalta o potencial desses materiais como genitores de elite em programas de melhoramento.

Complementarmente, o segundo estudo aprofundou a análise dos mecanismos de resposta fisiológica, focando na expressão de pigmentos foliares como bioindicadores de tolerância. A fenotipagem digital, utilizando a análise colorimétrica CIELab, revelou que a manutenção de níveis elevados de clorofila sob estresse salino é um indicador robusto de tolerância. Genótipos como L472 e seus híbridos, que demonstraram alta tolerância no primeiro estudo, consistentemente exibiram essa característica fisiológica. Em contrapartida, o acúmulo de antocianinas foi associado à sensibilidade ao estresse, funcionando como uma resposta reativa a danos oxidativos. A alta herdabilidade das características cromáticas em ambas as condições salinas valida a utilização desses marcadores visuais como ferramentas eficientes e não-destrutivas para a seleção precoce.

Desta forma, a pesquisa conjunta estabelece que a seleção precoce de genótipos de milho-pipoca tolerantes à salinidade é viável e eficaz, e que a hibridação é uma estratégia central para incorporar essa tolerância. A combinação da análise genética de capacidades combinatórias com a fenotipagem digital de pigmentos foliares oferece uma abordagem poderosa e integrada para acelerar o melhoramento genético. Esses resultados, além de contribuírem para o avanço do conhecimento

sobre a fisiologia e genética do milho-pipoca em condições de estresse, também fornecem ferramentas práticas para o desenvolvimento de cultivares mais tolerantes, essenciais para garantir a segurança alimentar e a sustentabilidade agrícola em regiões afetadas pela salinidade.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abera Desta, Z., Ortiz, R. (2014) Genomic selection: genome-wide prediction in plant improvement. *Trends in Plant Science*, 19(9):592–601. DOI: doi.org/10.1016/j.tplants.2014.05.006.
- Abreu, V. M. d. (2016) Análise dialélica e estratégias para a seleção de genótipos de milho submetidos ao estresse hídrico nas fases de germinação e emergência de plântulas. Doutorado em Agronomia/Fitotecnia – Universidade Federal de Lavras – UFLA, Lavras – MG, 139p.
- Aflaki, F., Sedghi, M., Pazuki, A., Pessarakli, M. (2017) Investigation of seed germination indices for early selection of salinity tolerant genotypes: a case study in wheat. *Emirates Journal of Food and Agriculture*, 29(3):222–222. DOI: doi.org/10.9755/ejfa.2016-12-1940.
- Aguiar, C. G. d., Scapim, C. A., Pinto, R. J. B., Amaral Júnior, A. T. d., Silvério, L., Andrade, C. A. d. B. (2004) Análise dialélica de linhagens de milho na safrinha. *Ciência Rural*, 34(6):1731–1737. DOI: doi.org/10.1590/s0103-84782004000600010.
- Ahmadzadeh, A., Lee, E. A., Tollenaar, M. (2004) Heterosis for Leaf CO₂ Exchange Rate during the Grain-Filling Period in Maize. *Crop Science*, 44(6):2095–2100. DOI: doi.org/10.2135/cropsci2004.2095.
- Al-Sammarraie, O. N., Alsharafa, K. Y., Al-limoun, M. O., Khleifat, K. M., Al-Sarayreh, S. A., Al-Shuneigat, J. M., Kalaji, H. M. (2020) Effect of various abiotic stressors on some biochemical indices of *Lepidium sativum* plants. *Scientific Reports*, 10(1). DOI: doi.org/10.1038/s41598-020-78330-1.
- Ang, M. C.-Y., Lew, T. T. S. (2022) Non-destructive Technologies for Plant Health Diagnosis. *Frontiers in Plant Science*, 13:1-9. DOI: doi.org/10.3389/fpls.2022.884454.
- Araus, J. L., Kefauver, S. C., Zaman-Allah, M., Olsen, M. S., Cairns, J. E. (2018) Translating High-Throughput Phenotyping into Genetic Gain. *Trends in Plant Science*,

23(5):451–466. DOI: doi.org/10.1016/j.tplants.2018.02.001.

Araus, J. L., Sánchez, C. Cabrera-Bosquet, L. (2010) Is heterosis in maize mediated through better water use? *New Phytologist*, 187(2):392–406. DOI: doi.org/10.1111/j.1469-8137.2010.03276.x.

Azevedo Neto, A. D. d., Prisco, J. T., Enéas-Filho, J., Abreu, C. E. B. de, Gomes-Filho, E. (2006) Effect of salt stress on antioxidative enzymes and lipid peroxidation in leaves and roots of salt-tolerant and salt-sensitive maize genotypes. *Environmental and Experimental Botany*, 56(1):87–94. DOI: doi.org/10.1016/j.envexpbot.2005.01.008.

Azevedo Neto, A. D. d., Prisco, J. T., Enéas-Filho, J., Lacerda, C. F. de, Silva, J. V., Costa, P. H. A. d., Gomes-Filho, E. (2004) Effects of salt stress on plant growth, stomatal response and solute accumulation of different maize genotypes. *Brazilian Journal of Plant Physiology*, 16(1):31–38. DOI: doi.org/10.1590/S1677-04202004000100005.

Balasubramaniam, T., Shen, G., Esmaeili, N., Zhang, H. (2023) Plants Response Mechanisms to Salinity Stress. *Plants*, 12(12):2253. DOI: doi.org/10.3390/plants12122253.

Beyaz, R., Dai, X. (2022) Salinity Tolerance of Different Silage Hybrids Maize Cultivars. *Ziraat Mühendisliği*, (376):88-96. DOI: doi.org/10.33724/zm.1168053.

Bhatt, U., Shah, G., Soni, V. (2022) Therapeutic, Protective and Industrial Significances of Anthocyanins: a Review. *Avicenna J. Med. Biochem.*, 10:82–93. DOI: doi.org/10.34172/ajmb.2338.

Bispo, R. B., Amaral Júnior, A. T. d., Kamphorst, S. H., Lima, V. J. d., Pena, G. F., Santos, T. d. O., Leite, J. T., Viana, F. N., Santos Júnior, D. R. d., Lamêgo, D. L., Oliveira, U. A. d., Ribeiro, R. M., Pereira, T. N. S., Khan, S. (2023) Assessing Combining Abilities of Popcorn Inbred Lines for Agronomic and Root Traits under Contrasting Water Conditions: Towards Developing Drought-Tolerant Genotypes. *Stresses*, 3(3):586–604. DOI: doi.org/10.3390/stresses3030041.

Bordallo, P., Pereira, M., Teixeira do Amaral Júnior, A., Gabriel, A. P. (2005) Análise dialéctica de génotipos de milho doce e comum para caracteres agronômicos e proteína total. *Horticultura Brasileira*, 23(1):123–127. DOI: doi.org/10.1590/s0102-05362005000100026.

Borém, A., Miranda, G. V. (2013) *Melhoramento de plantas* (6ª ed.). Viçosa Ufv.

Brasil (2025) *Regras Para Análise de Sementes*; Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento, Secretaria de Defesa Agropecuária: Brasília, DF, Brasil.

Brieger, F. G., Gurgel, J. T. A., Paterniani, E., Blumenschein, A., Alleoni, M. R. (1958) *Races of Maize in Brazil and Other Eastern South American Countries*. National Academies.

Buchailot, Ma. L., Gracia-Romero, A., Vergara-Diaz, O., Zaman-Allah, M. A., Tarekegne, A., Cairns, J. E., Prasanna, B. M., Araus, J. L., Kefauver, S. C. (2019) Evaluating Maize Genotype Performance under Low Nitrogen Conditions Using RGB UAV Phenotyping Techniques. *Sensors*, 19(8):1815. DOI: doi.org/10.3390/s19081815.

Carvalho, C. M., Khan, S., Amaral Júnior, A. T. d., Lima, V. J. d., Silva, J. G. d. S., Fuly, L. M. C., Leite, J. T., Santos Júnior, D. R. d., Viana, F. N., Souza, R. d., Vieira, H. D., Kamphorst, S. H. (2023) Early selection for drought tolerance in popcorn based on gene effects estimated in seedlings. *Frontiers in Plant Science*, 14:1-12. DOI: doi.org/10.3389/fpls.2023.1203972.

Catão, H. C. R. M., Caixeta, F., Lopes, A. M., Nery-Silva, F. A., Sá Júnior, A. d. (2020) Antioxidant activity and physiological performance of popcorn seed after saline stress and analysis of seedling images. *Ciência E Agrotecnologia*, 44:e005020, 1-9. DOI: doi.org/10.1590/1413-7054202044005020.

Chartzoulakis, K., Klapaki, G. (2000) Response of two greenhouse pepper hybrids to NaCl salinity during different growth stages. *Scientia Horticulturae*, 86(3):247–260.

DOI: [doi.org/10.1016/s0304-4238\(00\)00151-5](https://doi.org/10.1016/s0304-4238(00)00151-5).

Cheruth, A. J., Ramadhan, K. I. M., Kurup, S. S. (2016) Calcium supplementation ameliorates salinity stress in *Lactuca sativa* plants. *Journal of Applied Horticulture*, 18(02):138–140. DOI: doi.org/10.37855/jah.2016.v18i02.24.

Conus, L. A., Cardoso, P. C., Venturoso, L. dos R., Scalon, S. de P. Q. (2009) Germinação de sementes e vigor de plântulas de milho submetidas ao estresse salino induzido por diferentes sais. *Revista Brasileira de Sementes*, 31(4):67–74. DOI: doi.org/10.1590/s0101-31222009000400008.

Cruz, C. D., Carneiro, P. C. S., Regazzi, A. J. (2014) Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético (3rd ed., Vol. 2, p. 668). Editora UFV.

Cruz, R. M. S. d., Jesus, R. A. d., Souza, M. P. F. d., Cagnini, C., Sabec, G. Z., Savoldi, T. L., Souza, S. G. H. d. (2019) Crescimento inicial e resposta estomática de milho pipoca sob estresse salino. *Colloquium Agrariae*, 15(1):15–26. DOI: doi.org/0.5747/ca.2019.v15.n1.a266.

Dabravolski, S. A., Isayenkov, S. V. (2023) The Role of Anthocyanins in Plant Tolerance to Drought and Salt Stresses. *Plants*, 12(13):2558. DOI: doi.org/10.3390/plants12132558.

Daronch, D. J., Peluzio, J. M., Afférri, F. S., Nascimento, M. O. do. (2014) Capacidade combinatória de cultivares de soja em F₂, sob condições e cerrado tocantinense. *Biosci. J.*, 30(2):688–695.

Deuner, C., Maia, M. de S., Deuner, S., Almeida, A. S., Meneghello, G. E. (2011) Viabilidade e atividade antioxidante de sementes de genótipos de feijão-miúdo submetidos ao estresse salino. *Revista Brasileira de Sementes*, 33(4):711–720. DOI: doi.org/10.1590/s0101-31222011000400013.

Dikobe, T. B., Mashile, B., Sinthumule, R. R., Ruzvidzo, O. (2021) Distinct Morpho-Physiological Responses of Maize to Salinity Stress. *American Journal of Plant*

Sciences, 12(6):946–959. DOI: doi.org/10.4236/ajps.2021.126064.

Doebley, J. (1990) Molecular Evidence and the Evolution of Maize. *Economic Botany*, 44(3):6–27. DOI: doi.org/10.1007/bf02860472.

Doná, S., Paterniani, M. E. A. G. Z., Gallo, P. B., Duarte, A. P. (2011) Heterose e seus componentes em híbridos de populações F₂ de milho. *Bragantia*, 70(4):767–774. DOI: doi.org/10.1590/s0006-87052011000400006.

Duan, H., Tiika, R. J., Tian, F., Lu, Y., Zhang, Q., Hu, Y., Cui, G., Yang, H. (2023) Metabolomics analysis unveils important changes involved in the salt tolerance of *Salicornia europaea*. *Frontiers in Plant Science*, 13:1-14. DOI: doi.org/10.3389/fpls.2022.1097076.

Durmus, D. (2020) CIELAB color space boundaries under theoretical spectra and 99 test color samples. *Color Res Appl*, 45, 796–802. DOI: doi.org/10.1002/col.22521.

El Sayed, H., El Sayed, A. (2011) Influence of salinity stress on growth parameters, photosynthetic activity and cytological studies of *Zea mays*, L. plant using hydrogel polymer. *Agriculture and Biology Journal of North America*, 2(6):907–920. DOI: doi.org/10.5251/abjna.2011.2.6.907.920.

Eryilmaz, F. (2006) The Relationships between Salt Stress and Anthocyanin Content in Higher Plants. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 20(1):47–52. DOI: doi.org/10.1080/13102818.2006.10817303.

Fan, X. M., Zhang, Y. D., Yao, W. H., Bi, Y. Q., Liu, L., Chen, H. M., Kang, M. S. (2014). Reciprocal Diallel Crosses Impact Combining Ability, Variance Estimation, and Heterotic Group Classification. *Crop Science*, 54(1):89–97. DOI: doi.org/10.2135/cropsci2013.06.0393.

FAO (2021) Global map of salt-affected soils. Food and Agriculture Organization of the United Nations, 20.

Farooq, M., Hussain, M., Wakeel, A., Siddique, K. H. M. (2015) Salt stress in maize: effects, resistance mechanisms, and management. A review. *Agronomy for Sustainable Development*, 35(2):461–481. DOI: doi.org/10.1007/s13593-015-0287-0.

Fehr, W. R. (1987) Principles of cultivar development (p. 1–536). Iowa State University.

Fiorani, F., Schurr, U. (2013) Future Scenarios for Plant Phenotyping. *Annual Review of Plant Biology*, 64(1):267–291. DOI: doi.org/10.1146/annurev-arplant-050312-120137.

Flavier, K., McLellan, J., Botoy, T., Waterman, K. C. (2022) Accelerated shelf life modeling of appearance change in drug products using ASAPprime®. *Pharmaceutical Development and Technology*, 27(6), 740–748. DOI: doi.org/10.1080/10837450.2022.2112223.

Fortmeier, R., Schubert, S. (1995). Salt tolerance of maize (*Zea mays* L.): the role of sodium exclusion. *Plant, Cell and Environment*, 18(9):1041–1047. DOI: doi.org/10.1111/j.1365-3040.1995.tb00615.x.

Freire, A. I. (2015) Avaliação da capacidade de expansão de milho-pipoca pelas técnicas de espectrometria no infravermelho próximo, composição química e microscopia eletrônica. Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas – Universidade Federal de Lavras – UFLA, Lavras – MG, p. 53.

Freitas Júnior, S. P., Amaral Júnior, A. T. d., Rangel, R. M., Viana, A. P. (2009) Genetic gains in popcorn by full-sib recurrent selection. *Cropps Breeding and Applied Biotechnology*, 9(1):1–7. DOI: doi.org/10.12702/1984-7033.v09n01a01.

Garriga, M., Retamales, Jorge B., Romero-Bravo, S., Caligari, P. D. S., Lobos, G. A. (2014) Chlorophyll, anthocyanin, and gas exchange changes assessed by spectroradiometry in *Fragaria chiloensis* under salt stress. *Journal of Integrative Plant Biology*, 56(5):505–515. DOI: doi.org/10.1111/jipb.12193.

Geilfus, C.-M., Zörb, C., Mühling, K. H. (2010) Salt stress differentially affects growth-

mediating β -expansins in resistant and sensitive maize (*Zea mays* L.). *Plant Physiology and Biochemistry*, 48(12):993–998. DOI: doi.org/10.1016/j.plaphy.2010.09.011.

Gitelson, A. A., Solovchenko, A. (2018) Non-invasive quantification of foliar pigments: Possibilities and limitations of reflectance- and absorbance-based approaches. *Journal of Photochemistry and Photobiology B-Biology*, 178:537–544. DOI: doi.org/10.1016/j.jphotobiol.2017.11.023.

Gomes e Gama, E. E., Magnavaca, R., Baptista da Silva, J., Aguiar Sans, L. M., Afonso Viana, P., Netto Parentoni, S., Patto Pacheco, C. A., Correa, L. A., Tavares Fernandes, F. (1990). Milho Pipoca. In *Inf. Agropec.* (p. 8–12).

Gonçalves, L. S. A., Freitas Júnior, S. d. P., Amaral Júnior, A. T. d., Scapim, C. A., Rodrigues, R., Marinho, C. D., Pagliosa, E. S. (2014) Estimating combining ability in popcorn lines using multivariate analysis. *Chilean Journal of Agricultural Research*, 74(1):10–15. DOI: doi.org/10.4067/s0718-58392014000100002.

Gould, K. S., McKelvie, J., Markham, K. R. (2002) Do anthocyanins function as antioxidants in leaves? Imaging of H₂O₂ in red and green leaves after mechanical injury. *Plant, Cell & Environment*, 25(10):1261–1269. DOI: doi.org/10.1046/j.1365-3040.2002.00905.x.

Griffing, B. (1956) Concept of General and Specific Combining Ability in Relation to Diallel Crossing Systems. *Australian Journal of Biological Sciences*, 9(4):463. DOI: doi.org/10.1071/bi9560463.

Grigolo, S., Fioreze, A. C. d. C. L., Denardi, S., Vacari, J. (2018) Implicações da análise univariada e multivariada na dissimilaridade de acessos de feijão comum. *Revista de Ciências Agroveterinárias*, 17(3):351–360. DOI: doi.org/10.5965/223811711732018351.

Grobman, A., Bonavia, D., Dillehay, T. D., Piperno, D. R., Iriarte, J., Holst, I. (2012) Pre-ceramic maize from Paredones and Huaca Prieta, Peru. *Proceedings of the*

National Academy of Sciences, 109(5):1755–1759. DOI: doi.org/10.1073/pnas.1120270109.

Guedes, R. S., Alves, E. U., Galindo, E. A., Barrozo, L. M. (2011) Estresse salino e temperaturas na germinação e vigor de sementes de *Chorisia glaziovii* O. Kuntze. *Revista Brasileira de Sementes*, 33(2):279–288. DOI: doi.org/10.1590/s0101-31222011000200010.

Hallauer, A. R., Carena, M. J., Miranda Filho, J. B. (2010) Quantitative Genetics in Maize Breeding. In Springer eBooks. Springer Nature. DOI: doi.org/10.1007/978-1-4419-0766-0.

Hammami, Z., Tounsi-Hammami, S., Nhamo, N., Rezgui, S., Trifa, Y. (2024) The efficiency of chlorophyll fluorescence as a selection criterion for salinity and climate aridity tolerance in barley genotypes. *Frontiers in Plant Science*, 15:1-17. DOI: doi.org/10.3389/fpls.2024.1324388.

He, X., Zhu, J., Gong, X., Zhang, D., Li, Y., Zhang, X., Zhao, X., Zhou, C. (2025) Advances in deciphering the mechanisms of salt tolerance in Maize. *Plant Signaling & Behavior*, 20(1):1-15. DOI: doi.org/10.1080/15592324.2025.2479513.

Hu, D., Li, R., Dong, S., Zhang, J., Zhao, B., Ren, B., Ren, H., Yao, H., Wang, Z., Liu, P. (2022). Maize (*Zea mays* L.) responses to salt stress in terms of root anatomy, respiration and antioxidative enzyme activity. *BMC Plant Biology*, 22(602):1-17. DOI: doi.org/10.1186/s12870-022-03972-4.

Hu, Y., Burucs, Z., Von Tucher, S., Schmidhalter, U. (2007) Short-term effects of drought and salinity on mineral nutrient distribution along growing leaves of maize seedlings. *Science Direct*, 60(2):268–275. DOI: doi.org/10.1016/j.envexpbot.2006.11.003.

Islam, M. S., Islam, R., Hasan, K., Hafeez, G., Chowdhury, K., Praminik, M. H., Iqbal, M. A., Erman, M., Barutcular, C., Konuşkan, Ö., Dubey, A., Kumar, A., Sabagh, A. E. (2024) Salinity Stress in Maize: Consequences, Tolerance Mechanisms, and

Management Strategies. OBM Genetics, 08(02):1–41. DOI: doi.org/10.21926/obm.genet.2402232.

Kamphorst, S. H., d. Amaral Junior, A. T., d. Lima, V. J., Carena, M. J., Azeredo, V. C., Mafra, G. S., Santos, P. H. A. D., Leite, J. T., Schmitt, K. F. M., d. Santos Junior, D. R., Bispo, R. B., Santos, T. d. O., Oliveira, U. A. d., Pereira, J. L., Lamêgo, D. L., Carvalho, C. M., Gomes, L. P., Silva, J. G. de S., Campostrini, E. (2021) Driving Sustainable Popcorn Breeding for Drought Tolerance in Brazil. *Frontiers in Plant Science*, 12:1-20. DOI: doi.org/10.3389/fpls.2021.732285.

Karimi, G., Ghorbanli, M., Heidari, H., Nejad, R. A., Assareh, M. H. (2005) The effects of NaCl on growth, water relations, osmolytes and ion content in *Kochia prostrata*. *Biologia Plantarum*, 49(2):301–304. DOI: doi.org/10.1007/s10535-005-1304-y.

Kaur, S., Tiwari, V., Kumari, A., Chaudhary, E., Sharma, A., Ali, U., Garg, M. (2023) Protective and defensive role of anthocyanins under plant abiotic and biotic stresses: An emerging application in sustainable agriculture. *Journal of Biotechnology*, 361:12–29. DOI: doi.org/10.1016/j.jbiotec.2022.11.009.

Khajeh-Hosseini, M., Powell, A. A., Bingham, I. J. (2003) The interaction between salinity stress and seed vigour during germination of soyabean seeds. *Seed Science and Technology*, 31(3):715–725. DOI: doi.org/10.15258/sst.2003.31.3.20.

Kist, B. B. (2019) Anuário brasileiro do milho 2019. *Gazeta*, 72.

Landi, M., Tattini, M., Gould, K. S. (2015) Multiple functional roles of anthocyanins in plant-environment interactions. *Environmental and Experimental Botany*, 119:4–17. DOI: doi.org/10.1016/j.envexpbot.2015.05.012.

Liew, O., Chong, P., Li, B., Asundi, A. (2008) Signature Optical Cues: Emerging Technologies for Monitoring Plant Health. *Sensors*, 8(5):3205–3239. DOI: doi.org/10.3390/s8053205.

Lima, V. J. de, Amaral Júnior, A. T. d., Kamphorst, S. H., Bispo, R. B., Leite, J. T.,

Santos, T. d. O., Schmitt, K. F. M., Chaves, M. M., Oliveira, U. A. d., Santos, P. H. A. D., Gonçalves, G. M. B., Khan, S., Guimarães, L. J. M. (2019) Combined Dominance and Additive Gene Effects in Trait Inheritance of Drought-Stressed and Full Irrigated Popcorn. *Agronomy*, 9(12):782–782. DOI: doi.org/10.3390/agronomy9120782.

Lisar, S. Y.S., Motafakkerazad, R., M., M., M. Rahm, I. M. (2012) Water Stress in Plants: Causes, Effects and Responses. *Water Stress*. DOI: doi.org/10.5772/39363.

Lu, Y., Fricke, W. (2023) Salt Stress—Regulation of Root Water Uptake in a Whole-Plant and Diurnal Context. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(9):8070. DOI: doi.org/10.3390/ijms24098070.

Mackon, E., Mackon, G. C. J. D. E., Ma, Y., Haneef Kashif, M., Ali, N., Usman, B., Liu, P. (2021) Recent Insights into Anthocyanin Pigmentation, Synthesis, Trafficking, and Regulatory Mechanisms in Rice (*Oryza sativa* L.) Caryopsis. *Biomolecules*, 11(3):394. DOI: doi.org/10.3390/biom11030394.

Maguire, J. D. (1962) Speed of germination: Aid in selection and evaluation for seedling emergence and vigor. *Crop Sci.* 2, 176-177. DOI: doi.org/10.2135/cropsci1962.0011183X000200020033x.

Makanza, R., Zaman-Allah, M., Cairns, J., Magorokosho, C., Tarekegne, A., Olsen, M., Prasanna, B. (2018) High-Throughput Phenotyping of Canopy Cover and Senescence in Maize Field Trials Using Aerial Digital Canopy Imaging. *Remote Sensing*, 10(2):330. DOI: doi.org/10.3390/rs10020330.

Mansour, M. M. F. (2023) Anthocyanins: Biotechnological targets for enhancing crop tolerance to salinity stress. *Scientia Horticulturae*, 319:112182. DOI: doi.org/10.1016/j.scienta.2023.112182.

Mbarki, S., Sytar, O., Zivcak, M., Abdelly, C., Cerda, A., Brestic, M. (2018) Anthocyanins of Coloured Wheat Genotypes in Specific Response to Salt Stress. *Molecules*, 23(1518):1–15. DOI: doi.org/10.3390/molecules23071518.

Meyering, B., Barriball, S., Schlautman, B. (2025) Deep learning driven, image-based phenotyping of seed processing efficiency in sainfoin (*Onobrychis viciifolia*). *Frontiers in Plant Science*, 16:1-19. DOI: doi.org/10.3389/fpls.2025.1655350.

Mohammad, M., Jun, Z., Guoying, W. (2014) Impact of salinity stress on seed germination indices of maize (*Zea mays* L.) genotypes. *Kragujevac Journal of Science*, 36:155–166. DOI: doi.org/10.5937/kjjsoci1436155m.

Muhammad, R. W., Qayyum, A., Hamza, A., Ahmad, M. Q., Naseer, N. S., Liaqat, S., Ahmad, B., Malik, W., Noor, E. (2015) Analysis of genetic traits for drought tolerance in maize. *Genetics and Molecular Research*, 14(4):13545–13565. DOI: doi.org/10.4238/2015.october.28.15.

Munns, R. (2002) Comparative physiology of salt and water stress. *Plant, Cell and Environment*, 25(2):239–250. DOI: doi.org/10.1046/j.0016-8025.2001.00808.x.

Munns, R., James, R. A., Läuchli, A. (2006) Approaches to increasing the salt tolerance of wheat and other cereals. *Journal of Experimental Botany*, 57(5):1025–1043. DOI: doi.org/10.1093/jxb/erj100.

Munns, R., Termaat, A. (1986) Whole-Plant Responses to Salinity. *Functional Plant Biology*, 13(1):143. DOI: doi.org/10.1071/pp9860143.

Naing, A. H., Kim, C. K. (2021) Abiotic stress-induced anthocyanins in plants: Their role in tolerance to abiotic stresses. *Physiologia Plantarum*, 172:1711-1723. DOI: doi.org/10.1111/ppl.13373.

Nóbrega, J. S., Bruno, R. d. L. A., Figueiredo, F. R. A., Silva, T. I. d., Fátima, R. T. d., Ribeiro, J. E. d. S., Ferreira, J. T. A., Nascimento, R. G. d. S. (2020) Acúmulo de biomassa e pigmentos fotossintéticos em plantas de *Mesosphaerum suaveolens* (L.) Kuntze sob estresse salino e doses de ácido salicílico. *Research, Society and Development*, 9(5), e121953286–e121953286. DOI: doi.org/10.33448/rsd-v9i5.3286.

Nounjan, N., Theerakulpisut, P. (2021) Physiological evaluation for salt tolerance in

green and purple leaf color rice cultivars at seedling stage. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 27(12):2819–2832. DOI: doi.org/10.1007/s12298-021-01114-y.

Oliboni, R., Ventura Faria, M., Neumann, M., Vilela Resende, J. T., Mendes Battistelli, G., Gallo Tegoni, R., Falkemback Oliboni, D. (2013) Análise dialélica na avaliação do potencial de híbridos de milho para a geração de populações-base para obtenção de linhagens. *Semina. Ciências Agrárias*, 34(1):7–18. DOI: doi.org/10.5433/1679-0359.2013v34n1p7.

Oliveira, H., d. Nascimento, R., Costa Santos Nascimento, E., d. Lima, R. F., Vailan de Castro Bezerra, C. (2020) Emergence and growth of maize submitted to inoculant doses associated with saline water irrigation. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 50:1-8. DOI: doi.org/10.1590/1983-40632020v5066102.

Oliveira, J., Chaves, L. J., Batista, J. D., Brasil, E. M., Ferreira Júnior, L. T., K. d. O. (2004) Teor de proteína no grão em populações de milho de alta qualidade proteica e seus cruzamentos. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 34: 7.

Omoto, E., Taniguchi, M., Miyake, H. (2012) Adaptation responses in C4 photosynthesis of maize under salinity. *Journal of Plant Physiology*, 169(5):469–477. DOI: doi.org/10.1016/j.jplph.2011.11.009.

Orozco, A. M. (2005) Centli-maíz: prehistoria e historia, diversidad, potencial, origen genético y geográfico (2nd ed., p. 210). Colegio de Postgraduados.

Pandey, P., Chaudhary, P., Waldhwa, G. (2013) Image analysis techniques in agriculture. *International Journal of Engineering and Technology*, 5(2):127–133.

Paterlini, E., Barth Pinto, R. J., Alberto Scarpim, C., Ary Rizzardi, D., Bengosi Bertagna, F. A., Amaral Júnior, A. T. d. (2020) Diallel analysis of popcorn populations for yield, popping expansion and resistance to fall armyworm. *Revista Ceres*, 67(4):288–295. DOI: doi.org/10.1590/0034-737x202067040006.

Paterniani, E., Campos, M. S. (2005) Melhoramento do milho. In *Melhoramento de*

Espécies Cultivadas (p. 491–552). UFV.

Paulus, D., Dourado Neto, D., Frizzone, J. A., Soares, T. M. (2010) Produção e indicadores fisiológicos de alface sob hidroponia com água salina. *Horticultura Brasileira*, 28:29–35.

Qu, C., Liu, C., Gong, X., Li, C., Hong, M., Wang, L., Hong, F. (2012) Impairment of maize seedling photosynthesis caused by a combination of potassium deficiency and salt stress. *Environmental and Experimental Botany*, 75:134–141. DOI: doi.org/10.1016/j.envexpbot.2011.08.019.

R Core Team (2025). R: integrated development for R.

Rahnama, A., Munns, R., Poustini, K., Watt, M. (2011) A screening method to identify genetic variation in root growth response to a salinity gradient. *Journal of Experimental Botany*, 62(1):69–77. DOI: doi.org/10.1093/jxb/erq359.

Rengasamy, P. (2006) World salinization with emphasis on Australia. *Journal of Experimental Botany*, 57(5):1017–1023. DOI: doi.org/10.1093/jxb/erj108.

Ribeiro, M. P. (2021) Avaliação de linhagens de milho pipoca para a tolerância à seca em fase de germinação das sementes e crescimento inicial de plântulas. DOI: doi.org/10.47328/ufvbbt.2021.126.

Rios-Gonzalez, K., Erdei, L., Lips, S. Herman. (2002) The activity of antioxidant enzymes in maize and sunflower seedlings as affected by salinity and different nitrogen sources. *Plant Science*, 162(6):923–930. DOI: [doi.org/10.1016/s0168-9452\(02\)00040-7](https://doi.org/10.1016/s0168-9452(02)00040-7).

Riyanto, A., Mohamad, A., Suprayogi, S., Haryanto, T. A. D. (2025) Half Diallel Analysis for Grain Yield and Maturity Duration of Rice (*Oryza sativa* L.) using Hayman and Griffing Method. *Indian Journal of Agricultural Research*, 59(9):1338-1344. DOI: doi.org/10.18805/ijare.af-939.

Rohman, Md. M., Begum, S., Mohi-Ud-Din, M. (2024) A 7×7 diallel cross for developing high-yielding and saline-tolerant barley (*Hordeum vulgare* L.). *Heliyon*, 10(14), e34278. DOI: doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e34278.

Spies, M. R. N. (2017) Coeficiente de expansão e biometria em grãos de milho-pipoca de origens diferentes. Graduação em Agronomia – Universidade de Brasília – UnB – Brasília – DF, 28p.

Sang, Z., Zhang, Z., Yang, Y., Li, Z., Liu, X., Xu, Y., Li, W. (2022) Heterosis and heterotic patterns of maize germplasm revealed by a multiple-hybrid population under well-watered and drought-stressed conditions. *Journal of Integrative Agriculture*, 21(9):2477–2491. DOI: doi.org/10.1016/j.jia.2022.07.006.

Santos, J. F., Dirk, L. M. A., Downie, A. B., Sanches, M. F. G., Vieira, R. D. (2017) Reciprocal effect of parental lines on the physiological potential and seed composition of corn hybrid seeds. *Seed Science Research*, 27(3):206–216. DOI: doi.org/10.1017/s0960258517000095.

Santos, T. T., Yassitepe, J. E. d. C. T. (2014) Fenotipagem de plantas em larga escala: um novo campo de aplicação para a visão computacional na agricultura. *Embrapa*, 5:85–100. <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/handle/doc/1010708>.

Serraj, R., Sinclair, T. R. (2002) Osmolyte accumulation: can it really help increase crop yield under drought conditions? *Plant, Cell and Environment*, 25(2):333–341. DOI: doi.org/10.1046/j.1365-3040.2002.00754.x.

Shah, S. H., Houborg, R., MacCabe, M. F. (2017) Response of Chlorophyll, Carotenoid and SPAD-502 Measurement to Salinity and Nutrient Stress in Wheat (*Triticum aestivum* L.). *Agronomy*, 7(3):61. DOI: doi.org/10.3390/agronomy7030061.

Sharp, R. E. (2004) Root growth maintenance during water deficits: physiology to functional genomics. *Journal of Experimental Botany*, 55(407):2343–2351. DOI: doi.org/10.1093/jxb/erh276.

Shoeva, O. Y., Khlestkina, E. K. (2018) Anthocyanins participate in the protection of wheat seedlings against cadmium stress. *Cereal Research Communications*, 46(2):242–252. DOI: doi.org/10.1556/0806.45.2017.070.

Sinthumule, R. R., Ruzvidzo, O., Dikobe, T. B. (2022) Elucidation of the morpho-physiological traits of maize (*Zea mays* L.) under salt stress. *Journal of Experimental Biology and Agricultural Sciences*, 10(6):1441–1452. DOI: doi.org/10.18006/2022.10(6).1441.1452.

Souza, M. W. d. Li., Cunha, R. C. d., Costa, P. A. d. A., Moura, I. N. B. M. d., Bezerra, F. M. S., Lima, L. A., Pereira, L. A. F., Oliveira, F. d. A. de. (2014) Desenvolvimento inicial de milho doce e milho pipoca sob estresse salino. *Agropecuária Científica no Semiárido*, 10(3):65–72. DOI: doi.org/10.30969/acsa.v10i3.553.

Souza, R. d., Vieira, H. D., Kamphorst, S. H., Lima, V. J. d., Azeredo, E. P., Amaral Júnior, A. T. d.. (2026) Early Selection of Popcorn Lines for Tolerance to Salt Stress. *Stresses*, 6(1):9. DOI: doi.org/10.3390/stresses6010009.

Souza, Y. A., Pereira, A. L., Santos, F., Reis, R. C. R., Viana, R., Delmondez, R., Dantas, B. F. (2010) Efeito da salinidade na germinação de sementes e no crescimento inicial de mudas de pinhão-mansão. *Revista Brasileira de Sementes*, 32(2):83–92. DOI: doi.org/10.1590/s0101-31222010000200010.

Sundaram Gunasekaran. (2000) *Nondestructive Food Evaluation*. CRC Press.

Swain, K. C., Thomson, S. J., Jayasuriya, H. P. W. (2010) Adoption of an Unmanned Helicopter for Low-Altitude Remote Sensing to Estimate Yield and Total Biomass of a Rice Crop. *Transactions of the ASABE*, 53(1):21–27. DOI: doi.org/10.13031/2013.29493.

Talabi, A. O., Badu-Apraku, B., Fakorede, M. A. B. (2017) Genetic Variances and Relationship among Traits of an Early Maturing Maize Population under Drought-stress and Low Nitrogen Environments. *Crop Science*, 57(2):681–692. DOI: doi.org/10.2135/cropsci2016.03.0177.

Teixeira, A., Simões, L., d., S., Candido, L. S., Cassio Vittorazzi, Pena, G. F., Ribeiro, R. M., Silva, Pereira, M. G., Scapim, C. A., Viana, A. P., Francisco, G. (2013) UENF 14: a new popcorn cultivar. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 13(3):218–220. DOI: doi.org/10.1590/s1984-70332013000300013.

TeKrony, D. M., Egli, D. B. (1991) Relationship of Seed Vigor to Crop Yield: A Review. *Crop Science*, 31(3):816–822. DOI: doi.org/10.2135/cropsci1991.0011183x0031000300054x.

Turan, M. A., Awad, H., Taban, N., Taban, S. (2010) Effect of salt stress on growth and ion distribution and accumulation in shoot and root of maize plant, *African Journal of Agricultural Research*, 5(7):584–588. DOI: doi.org/10.5897/ajar09.677.

Vencovsky, R., Barriga, P. (1992) *Genética biométrica no fitomelhoramento* (p. 496). Sociedade Brasileira de Genética.

Vieira, R. A., Paula, A. Fritsche-Neto, R. (2025) Optimizing the selection of quantitative traits in plant breeding using simulation. *Frontiers in Plant Science*, 16:1-19. DOI: doi.org/10.3389/fpls.2025.1495662.

Vilarinho, A. A., Viana, J. M. S., Câmara, T. M. M., Santos, J. F. d. (2008) Seleção de progênies endogâmicas S₁ e S₂ em um programa de melhoramento intrapopulacional de milho pipoca. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 24:1419. DOI: doi.org/10.4025/actasciagron.v24i0.2393.

Volpato, L., Pinto, F., González-Pérez, L., Thompson, I. G., Borém, A., Reynolds, M., Gérard, B., Molero, G., Rodrigues, F. A. (2021) High Throughput Field Phenotyping for Plant Height Using UAV-Based RGB Imagery in Wheat Breeding Lines: Feasibility and Validation. *Frontiers in Plant Science*, 12:1-19. DOI: doi.org/10.3389/fpls.2021.591587.

Von Elbe, J. H. (2000) Colorantes. *Química de Los Alimentos*, 2:782–799.

Wahid, A., Ghazanfar, A. (2006) Possible involvement of some secondary metabolites in salt tolerance of sugarcane. *Journal of Plant Physiology*, 163(7):723–730. DOI: doi.org/10.1016/j.jplph.2005.07.007.

Wang, Y., Ma, W., Fu, H., Li, L., Ruan, X., Zhang, X. (2023) Effects of Salinity Stress on Growth and Physiological Parameters and Related Gene Expression in Different Ecotypes of *Sesuvium portulacastrum* on Hainan Island. *Genes*, 14(7):1336. DOI: doi.org/10.3390/genes14071336.

Xu, Z., Mahmood, K., Rothstein, S. J. (2017) ROS Induces Anthocyanin Production Via Late Biosynthetic Genes and Anthocyanin Deficiency Confers the Hypersensitivity to ROS-Generating Stresses in Arabidopsis. *Plant Cell Physiology*, 58(8):1364–1377. DOI: doi.org/10.1093/pcp/pcx073.

Yan, W., Kang, M. S. (2002). *GGE Biplot Analysis*. CRC Press.

Yang, J., Kloepper, J. W., Ryu, C.-M. (2009) Rhizosphere bacteria help plants tolerate abiotic stress. *Trends in Plant Science*, 14(1):1–4. DOI: doi.org/10.1016/j.tplants.2008.10.004.

Yao, W. H., Zhang, Y. D., Kang, M. S., Chen, H. M., Liu, L., Yu, L. J., Fan, X. M. (2013) Diallel Analysis Models: A Comparison of Certain Genetic Statistics. *Crop Science*, 53(4):1481–1490. DOI: doi.org/10.2135/cropsci2013.01.0027.

Zahra, N., Raza, Z. A., Mahmood, S., Zahra, N., Raza, Z. A., Mahmood, S. (2020) Effect of Salinity Stress on Various Growth and Physiological Attributes of Two Contrasting Maize Genotypes. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 63:1-10. DOI: doi.org/10.1590/1678-4324-2020200072.

Zhang, Y. D., Fan, X., Yao, W., Piepho, H., Kang, M. S. (2016) Diallel Analysis of Four Maize Traits and a Modified Heterosis Hypothesis. *Crop Science*, 56(3):1115–1126. DOI: doi.org/10.2135/cropsci2015.10.0643.

Zhang, Y., Kang, M. S., Magari, R. (1997) Genetics of resistance to kernel infection by

Aspergillus flavus in maize. *Plant Breeding*, 116(2):146–152. DOI: doi.org/10.1111/j.1439-0523.1997.tb02169.x.

Zörb, C., Schmitt, S., Neeb, A., Karl, S., Linder, M., Schubert, S. (2004) The biochemical reaction of maize (*Zea mays* L.) to salt stress is characterized by a mitigation of symptoms and not by a specific adaptation. *Plant Science*, 167(1):91–100. DOI: doi.org/10.1016/j.plantsci.2004.03.004.