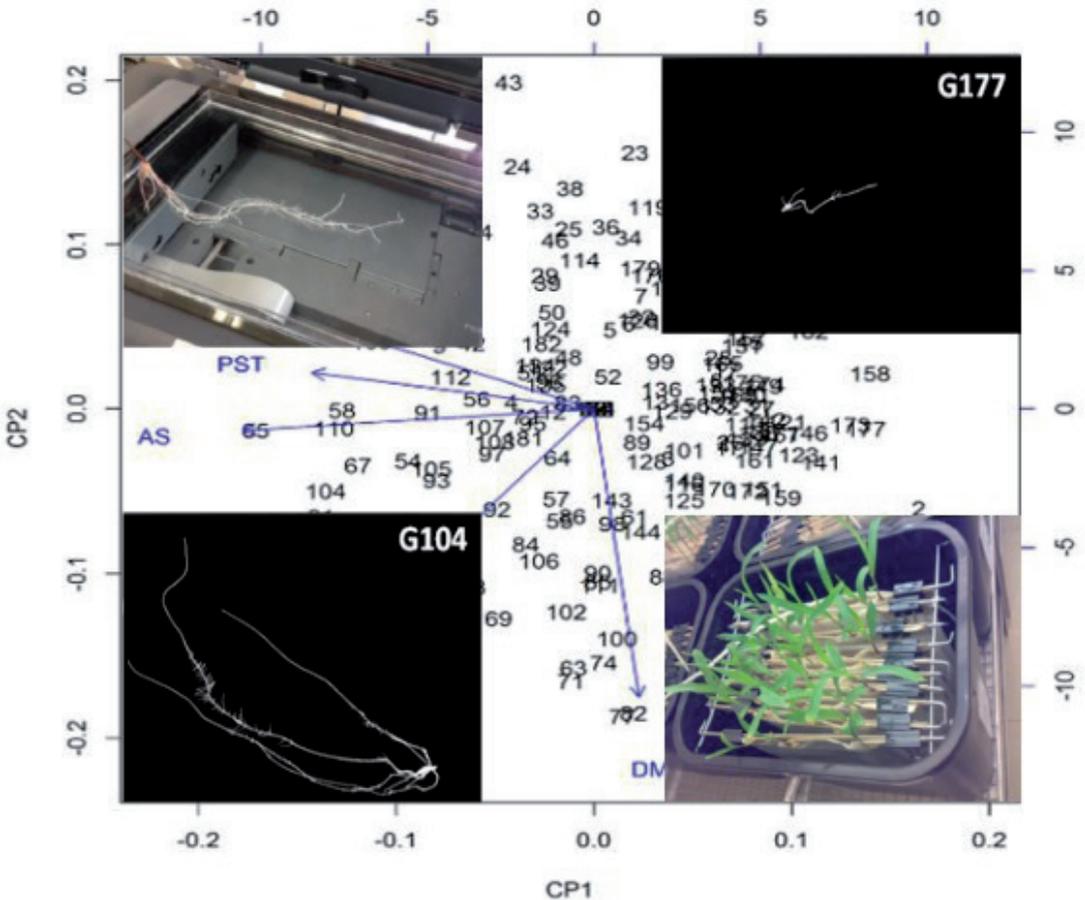


Caracterização do Sistema Radicular de Linhagens de Milho em Solução Nutritiva sob Baixo e Alto Fósforo



ISSN 1679-0154
Dezembro, 2014

**Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária
Embrapa Milho e Sorgo
Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento**

Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento 108

Caracterização do Sistema Radicular de Linhagens de Milho em Solução Nutritiva sob Baixo e Alto Fósforo

Luiz Paulo Terra Hipólito
Mateus Gonçalves Abreu
Carlos Alexandre Gomes Ribeiro
Cláudia Teixeira Guimarães
Maria Marta Pastina
Sylvia Morais de Sousa

Embrapa Milho e Sorgo
Sete Lagoas, MG
2014

Exemplares desta publicação podem ser adquiridos na:

Embrapa Milho e Sorgo

Rod. MG 424 Km 45

Caixa Postal 151

CEP 35701-970 Sete Lagoas, MG

Fone: (31) 3027-1100

Fax: (31) 3027-1188

Home page: www.cnpms.embrapa.br

E-mail: cnpms.sac@embrapa.br

Comitê de Publicações da Unidade

Presidente: Sidney Netto Parentoni

Secretário-Executivo: Elena Charlotte Landau

Membros: Antonio Claudio da Silva Barros, Dagma Dionísia da Silva, Maria Marta Pastina, Monica Matoso Campanha, Paulo Eduardo de Aquino Ribeiro e Rosângela Lacerda de Castro

Revisão de texto: Antonio Claudio da Silva Barros

Normalização bibliográfica: Rosângela Lacerda de Castro

Tratamento de ilustrações: Tânia Mara Assunção Barbosa

Editoração eletrônica: Tânia Mara Assunção Barbosa

Foto(s) da capa: Sylvia Moraes de Sousa

1ª edição

1ª impressão (2014): on line

Todos os direitos reservados

A reprodução não-autorizada desta publicação, no todo ou em parte, constitui violação dos direitos autorais (Lei no 9.610).

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Embrapa Milho e Sorgo**

Caracterização do sistema radicular de linhagens de milho em solução nutritiva sob baixo e alto fósforo / Luiz Paulo Terra Hipólito ... [et al.]. -- Sete Lagoas : Embrapa Milho e Sorgo, 2014.

28 p. : il. -- (Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento / Embrapa Milho e Sorgo, ISSN 1679-0154;108).

1. *Zea mays*. 2. Genótipo. 3. Raiz. 4. Morfologia radicular. I. Hipólito, Luiz Paulo Terra. II. Série.

CDD 633.15 (21. ed.)

© Embrapa 2014

Sumário

Resumo	4
Abstract	6
Introdução	7
Material e Métodos	10
Resultados e Discussão	12
Conclusões	21
Agradecimentos	21
Referências	21

Caracterização do Sistema Radicular de Linhagens de Milho em Solução Nutritiva sob Baixo e Alto Fósforo

Luiz Paulo Terra Hipólito¹

Mateus Gonçalves Abreu²

Carlos Alexandre Gomes Ribeiro³

Cláudia Teixeira Guimarães⁴

Maria Marta Pastina⁵

Sylvia Moraes de Sousa⁶

Resumo

O fósforo (P) é um dos nutrientes minerais mais importantes para o crescimento e desenvolvimento das plantas. Modificações na arquitetura do sistema radicular são particularmente importantes para aumentar a absorção de P nas plantas em razão da baixa mobilidade desse nutriente no solo. Uma abordagem promissora para superar a deficiência de P em solos tropicais é explorar a diversidade da morfologia radicular. O objetivo deste trabalho foi caracterizar genótipos da coleção de milho da Embrapa Milho e Sorgo quanto às características do sistema radicular relacionadas com a eficiência na aquisição de P. Assim, 182 linhagens de milho foram avaliadas em um

¹Graduando em Ciências Biológicas, Centro Universitário de Sete Lagoas – UNIFEMM, lpthipolito@yahoo.com.br

²Graduando em Ciências Biológicas, Centro Universitário de Sete Lagoas – UNIFEMM, teugoncalves2011@hotmail.com

³Doutorando em Genética, Universidade Federal de Viçosa, UFV, carlosbiotec@yahoo.com.br

⁴Engenheira Agrônoma, Ph.D., Pesquisadora em Genética da Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, claudia.guimaraes@embrapa.br

⁵Engenheira Agrônoma, Ph.D., Pesquisadora em Genética e Melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, marta.pastina@embrapa.br

⁶Bióloga, Ph.D., Pesquisadora em Biologia Molecular da Embrapa Milho e Sorgo, Sete Lagoas, MG, sylvia.sousa@embrapa.br

sistema de pastas em solução nutritiva em duas doses de P, 2,5 μM (baixo P) e 250 μM (alto P) sob condições controladas. O sistema radicular foi escaneado após 13 dias do transplante e as imagens obtidas foram analisadas com o auxílio do software WinRHIZO, sendo avaliadas as características de morfologia radicular: comprimento total (cm), diâmetro médio (mm), área de superfície total (cm^2), área de superfície de raízes com diâmetro entre 0-1, 1-2, >2 mm (cm^2) peso seco da raiz e parte aérea. Alta herdabilidade e baixo coeficiente de variação foram observados para a maior parte das características analisadas em ambas as condições, exceto para área de superfície de raízes com diâmetro entre 1-2 mm e peso seco da raiz. Houve diferença significativa entre genótipos, e também entre níveis de P, considerando todas as características analisadas. Os genótipos sob baixo P apresentaram menores valores para todas as características, em relação aos submetidos a alto P. O diâmetro médio apresentou correlação negativa com a maioria das características radiculares avaliadas. Todas as características, com exceção do diâmetro médio, apresentaram correlação entre si e com o peso seco total, sugerindo que há uma vantagem em aumentar o volume radicular para se aumentar a biomassa da parte aérea. Através da análise de componentes principais foi possível observar genótipos contrastantes para a morfologia radicular e peso seco. Os resultados obtidos nesse trabalho mostraram que o conjunto de linhagens de milho da Embrapa Milho e Sorgo apresenta diversidade quanto as características analisadas e que os resultados fenotípicos poderão ser usados para a descoberta de regiões genômicas/genes de morfologia radicular relacionados com a eficiência da aquisição de P em milho.

Palavras-chave: Diversidade, painel, P, morfologia, raiz, *Zea mays*.

Characterization of Maize Inbred Lines Root System in Nutrient Solution Under Low and High Phosphorus

Luiz Paulo Terra Hipólito¹

Mateus Gonçalves Abreu²

Carlos Alexandre Gomes Ribeiro³

Cláudia Teixeira Guimarães⁴

Maria Marta Pastina⁵

Sylvia Morais de Sousa⁶

Abstract

Phosphorus (P) is one of the most important nutrients for plant growth and development. Changes in root morphology are particularly important to increase P uptake in plants due to low mobility of this nutrient in the soil. One promising approach to help overcoming P deficiency in tropical soils is to explore the diversity in root morphology. This study aimed to analyze root traits from maize genotypes from Embrapa Maize and Sorghum collection that could be involved in P acquisition efficiency. Thus, 182 inbred lines were analysed in a paper pouch system with nutrient solution with two doses of P, 2.5 mM (low P) and 250 mM (high P) under a controlled environment. After 13 days of treatment the root system was scanned and images were analyzed with the software WhinRHIZO in order to evaluate root traits: total length (cm), average diameter (mm), total surface area (cm²), surface area of roots with diameter between 0-1, 1-2, >2 mm (cm²) and root and shoot dry weight. High heritability and low coefficient of variation were detected for the majority of the analyzed traits in both conditions, except for root surface

area with diameter between 1-2 mm and root dry weight. There was a significant difference among genotypes, and also among levels of P, considering all traits. Interactions between genotype and P concentration were significant for total root surface area and root dry weight. Overall, genotypes under low P condition presented lower values for all traits compared to those grown under high P condition. Root average diameter showed a significant negative correlation with most of the root traits that were evaluated. All root traits, except for root diameter, presented high phenotypic correlations with each other and with total dry weight, suggesting a proportional advantage of increasing shoot dry mass by the enhancement on root dry mass. It was possible to observe contrasting genotypes concerning root morphology traits and dry weight performing principal component analysis. We concluded that the set of maize lines of Embrapa Maize and Sorghum presented morphological diversity concerning all analyzed traits and these phenotypic results could be used in the discovery of root morphology related genomic regions/genes that are involved on P acquisition efficiency in maize.

Keywords: Diversity, panel, phenotyping, morphology, P, root, *Zea mays*.

Introdução

O milho é um dos mais importantes cereais para alimentação humana, ficando atrás apenas do arroz e do trigo, sendo uma das principais fontes de alimentação animal (FAO, 2014). Além disso, o milho vem sendo utilizado como biocombustível, principalmente nos Estados Unidos, como fonte de energia renovável para atender a crescente demanda por combustíveis

(Salla, et al., 2010). O Brasil é o terceiro maior produtor mundial de milho, com produção de 71 milhões de toneladas, ficando atrás apenas dos Estados Unidos, com 274 milhões de toneladas produzidas, e da China, com 206 milhões de toneladas produzidas (FAO, 2014).

Um dos maiores obstáculos para o aumento da produção de grãos é a deficiência de fósforo (P) nos solos tropicais. Neste tipo de solo, grande parte do P é fixado na fração argila dele, limitando a sua disponibilidade para o desenvolvimento das plantas. Apesar de uma grande quantidade de fertilizantes fosfatados serem utilizados nos sistemas agrícolas de alta produtividade, apenas 5% é efetivamente adquirido pelas plantas. Por outro lado, uma boa parte dos agricultores familiares não tem acesso a esses fertilizantes, sendo que a produção de grãos, e conseqüentemente a segurança alimentar, fica comprometida (LYNCH; BROWN, 2012). Além disso, o P é considerado um recurso não renovável e as suas reservas poderão esgotar em 2030, caso a exploração para fabricação de fertilizantes fosfatados continue no mesmo patamar ou aumente (VANCE; CHIOU, 2011).

O P é um dos nutrientes minerais mais importantes para o crescimento e desenvolvimento das plantas. Ele compreende cerca de 0,2% do peso seco da planta, o que pode variar de acordo com o estágio de desenvolvimento, órgão e espécie analisada (SCHACHTMAN et al., 1998). O P desempenha um papel chave como componente de moléculas como ácidos nucleicos, ATP, fosfolipídeos, dentre outros. Diversos processos celulares que dependem de energia, como fotossíntese, estoque de energia e metabolismo de carboidrato não funcionam sem P (Usuda; Shimogawara, 1992; Raghothama, 1999; Hammond

et al., 2004; Raghothama; Karthikeyan, 2005). A falta de fósforo nas plantas se inicia com uma miríade de respostas transcricionais, bioquímicas e respostas fisiológicas que servem para aumentar a habilidade da planta de adquirir P do solo e aumentar a eficiência com a qual a planta utiliza P internamente (Hammond; White, 2008; Lynch, 2011). É provável que as plantas possam detectar tanto o status da quantidade de P total, aumentando a eficiência do uso de P internamente, quanto variações locais de P, permitindo a proliferação de raízes para caminhos ricos em P (Forde; Lorenzo, 2001; Williamson et al., 2001; Amtmann et al., 2006). Plantas que adquirem P de forma mais eficiente apresentam maior razão raiz: parte aérea, menor diâmetro radicular, um maior número de raízes adventícias, raízes mais superficiais e raízes laterais mais dispersas (Lynch, 2011; Karthikeyan et al., 2007; RAMAEKERS et al., 2010).

Informações detalhadas sobre os genótipos e em especial sobre o sistema radicular são indispensáveis para o planejamento de sistemas de manejo que visem à otimização da produtividade agrícola. Uma alternativa para aumentar a produtividade em solos de baixa fertilidade e reduzir o uso de fertilizantes é explorar a variabilidade genética de painéis de diversidade, para gerar cultivares mais eficientes na aquisição de P. O mapeamento associativo explora a diversidade genética através da identificação de polimorfismos que se correlacionam com a variação fenotípica em populações diversas, que podem ser coleções de germoplasma ou genótipos-elite de programas de melhoramento genético (Gebhardt et al., 2004; Mackay; Powell, 2007). Por meio da exploração do desequilíbrio de ligação, ou seja, da associação não aleatória de alelos entre dois ou mais locos (Lewontin, 1964), é possível identificar variantes responsáveis por características complexas, como

a eficiência na aquisição de P. Recentemente, por meio dessa abordagem, foram identificados homólogos do gene *Pstol1* de arroz em sorgo (Hufnagel et al., 2014). O *Pstol1* é uma quinase responsável por aumentar a área de superfície radicular, a aquisição de P e a produção de grãos em arroz (Gamuyao et al., 2012) e em sorgo (Hufnagel et al., 2014). Abordagem semelhante pode ser usada para identificar genes relacionados com a eficiência no uso de P em milho, uma vez que a genética associativa vem sendo utilizada para identificar genes relacionados à altura de plantas (Peiffer et al., 2014), composição de sementes (Cook et al., 2012), arquitetura foliar (Tian et al., 2011), e resistência a doença da queima das folhas de milho (Kump et al., 2011), dentre outros.

Dentro desse contexto, esse trabalho teve como objetivo avaliar genótipos de milho da coleção da Embrapa Milho e Sorgo quanto às características relacionadas ao sistema radicular relacionadas com a eficiência na aquisição de P.

Material e Métodos

Materiais Genéticos

Foram utilizadas 182 linhagens de milho pertencentes ao Banco de Germoplasma e Programa de Melhoramento da Embrapa Milho e Sorgo.

Caracterização Morfológica do Sistema Radicular

As sementes de milho foram desinfetadas com hipoclorito de sódio 0,5% (v/v) por 5 minutos, lavadas com água deionizada e germinadas em papel de germinação em câmara de

crescimento. Sementes de cada uma das linhagens de milho foram germinadas por quatro dias. Posteriormente, para eliminação do efeito da reserva de nutrientes das sementes, o endosperma foi retirado e as plântulas foram crescidas em pastas de arquivo forradas com papel de germinação em solução nutritiva de Magnavaca modificada (pH 5,65) (Magnava et al., 1987), com 2,5 e 250 μM de P, como tratamentos de baixo e alto P, respectivamente (Sousa et al., 2012). Os experimentos foram realizados em câmara de crescimento com temperatura diurna média de 27 ± 3 °C, noturna de 20 ± 3 °C e fotoperíodo de 12 horas, sob aeração contínua. A solução nutritiva, em contato com aproximadamente 3 cm das pastas, foi trocada a cada três dias (Sousa et al., 2012). O delineamento experimental foi em blocos casualizados com três repetições, contendo três plantas por repetição, para cada tratamento. O sistema radicular foi escaneado após 13 dias do transplante e as imagens obtidas foram analisadas com o auxílio do software WinRHIZO v. 4.0 (http://www.regent.qc.ca/assets/winrhizo_about.html), sendo quantificadas as características de morfologia radicular: comprimento total (cm), diâmetro médio (mm), área de superfície total (cm^2), área de superfície de raízes finas com diâmetro entre 0 e 1, 1 e 2 e >2 mm (cm^2) (Sousa et al., 2012).

A parte aérea e as raízes das plântulas foram separadas e secas a 65 °C até peso constante e foi obtido o peso seco total.

Análises Estatísticas

Primeiramente, foi realizada uma análise de modelos mistos, utilizando o programa GenStat (Payne et al., 2008), para a obtenção dos componentes de variância genética e residual, considerando os dados individuais de cada experimento, baixo

e alto P, e os dados conjuntos, e também as médias genotípicas ajustadas. A partir dos componentes de variância foram obtidas as estimativas de herdabilidade para os caracteres avaliados. Em seguida, foi realizada uma análise da correlação entre as características utilizando o pacote *psych* do programa estatístico R (R Core Team, 2013).

A Análise de Componentes Principais (ACP) foi feita para as 182 linhagens utilizando o programa R usando o pacote *psych* (R Core Team, 2013), com base em todas as características analisadas.

Resultados e Discussão

As coleções ou painéis de milho que apresentam diversidade genética podem ser utilizados para mapeamento associativo com o objetivo de identificar genes responsáveis por variações quantitativas que controlam características complexas (Yan et al., 2011), como a eficiência na aquisição de fósforo. Um dos primeiros passos para que um painel seja utilizado é caracterizá-lo fenotipicamente. Com esse objetivo, 182 genótipos da Embrapa Milho e Sorgo foram caracterizados quanto ao sistema radicular e peso seco em solução nutritiva sob baixo e alto P. Os genótipos apresentaram diferenças significativas ($p < 0,05$) para as nove características analisadas, comprimento total, área de superfície total, diâmetro médio, área de superfície de raízes com 0-1 mm, área de superfície de raízes com 1-2 mm, área de superfície de raízes maior do que 2 mm, peso seco da raiz, peso seco da parte aérea e peso seco total (Tabela 1). O efeito de P foi significativo para todas as características analisadas (Tabela 1), ou seja, os genótipos sob baixo P apresentaram menores valores para todas as características, indicando que as raízes e

parte aérea se desenvolveram menos sob condições de baixo P. Além disso, foi observada interação significativa ($P < 0,05$) genótipo x ambiente apenas para área de superfície total e peso seco da raiz, indicando que os genótipos se comportaram de maneira diferente para essas características sob baixo e alto P (dados não mostrados). Em geral, os resultados no tratamento com baixo P apresentaram menor coeficiente de variação, exceto para peso seco e parte aérea. Além disso, a herdabilidade foi mais alta no tratamento de baixo P, exceto para área de superfície 0-1 e peso seco parte aérea (Tabela 1). O coeficiente de variação e a herdabilidade foram semelhantes ao reportado para características radiculares de linhagens (Sousa et al., 2012; Magalhães et al., 2013) e linhagens recombinantes endogâmicas (Negri et al., 2012; Mendes et al., 2013) de milho avaliadas em solução nutritiva sob baixo P.

As correlações entre as características sob baixo e alto P foi média, com valores entre 0,5 e 0,66 (dados não mostrados). Nas Figuras 1A e 1B estão representadas as correlações entre as características avaliadas, para os ambientes de baixo e alto P. O diâmetro médio apresentou correlação negativa com o comprimento e área de superfície total, em baixo P, que foram altamente correlacionados entre si tanto para baixo quanto para alto P. A área de superfície total e a área de superfície de raízes com diâmetro entre 0-1 e 1-2 mm também apresentaram alta correlação tanto no baixo e alto P. O peso seco total, que no caso das plântulas é a produção final, apresentou correlação positiva, em alto e baixo P, com comprimento e área de superfície total e de área de superfície de raízes com diâmetro entre 0-1 mm (Figura 1A e 1B). Estes resultados indicaram que quanto maior o sistema radicular, maior a produção de massa seca. O aumento do sistema radicular sob condições

de deficiência de P tem sido reportado em diversas espécies (BONSER et al., 1996; LIAO et al., 2001, 2004; ALVES et al., 2002; ZHU et al., 2005; Manske et al., 2000) e estes resultados reforçam que o deslocamento de fotoassimilados para o crescimento radicular é uma estratégia eficaz para aumentar a absorção de nutrientes.

Tabela 1. Média, coeficiente de variação (CV), herdabilidade (h^2) e nível de significância do teste de Wald para efeito dos genótipos, para todas as características fenotípicas avaliadas em solução nutritiva sob baixo e alto P.

Características	CONJUNTA				BAIXO P				ALTO P			
	Média	CV	h^2	Wald	Média	CV	h^2	F	Média	CV	h^2	Wald
Comprimento total (cm)	189,70	23,62	79,47	***	165,34	22,73	70,66	***	212,60	23,85	70,62	***
Área de superfície total (cm ²)	34,73	21,49	75,83	***	30,01	18,14	74,57	***	39,17	22,85	67,76	***
Diâmetro médio (mm)	0,60	10,01	70,82	***	0,59	9,11	67,34	***	0,60	10,93	49,44	***
Área de superfície 0-1 mm (cm ²)	24,08	21,44	78,89	***	21,15	20,05	67,73	***	26,85	21,96	69,4	***
Área de superfície 1-2 mm (cm ²)	6,51	60,97	56,07	***	4,97	47,72	65,32	***	7,96	63,17	34,51	***
Área de superfície >2 mm (cm ²)	1,97	30,95	80,62	***	1,89	27,08	68,52	***	2,04	33,66	56,38	***
Peso seco raiz (g)	0,03	43,42	44,62	***	0,03	22,52	69,76	***	0,04	54,26	23,52	**
Peso seco parte aérea (g)	0,04	34,75	66,12	***	0,03	35,00	57,52	***	0,05	33,24	64,64	***
Peso seco total (g)	0,07	31,31	67,14	***	0,06	23,60	68,78	***	0,08	33,61	53,73	***

Significância: ** $p < 0,05$, *** $p < 0,01$.

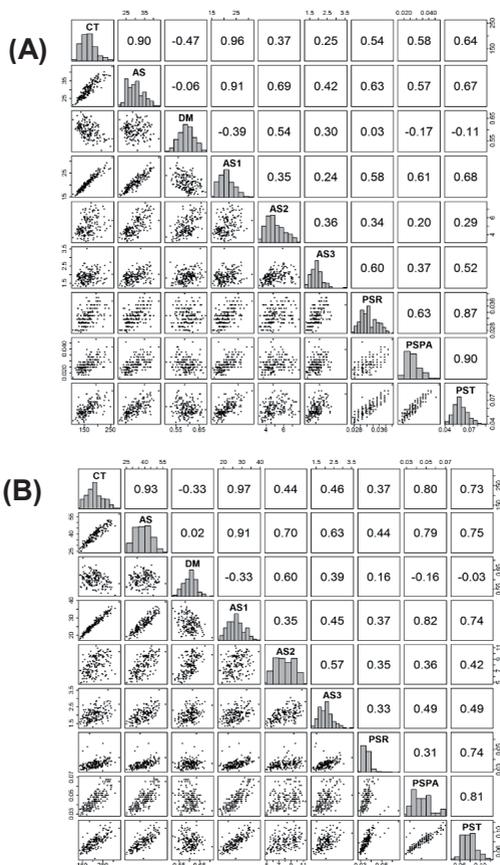


Figura 1. Coeficiente de correlação genotípica de Pearson (r), histograma e gráfico de dispersão das características avaliadas em solução nutritiva sob baixo **(A)** e alto **(B)** P. CT: comprimento radicular total (cm), AS: área de superfície radicular total (cm²), DM: diâmetro radicular médio (mm), AS1: área de superfície de raízes finas com diâmetro entre 0-1 mm (cm²), AS2: área de superfície de raízes finas com diâmetro entre 1-2 mm (cm²), AS3: área de superfície de raízes finas com diâmetro >2 mm (cm²), PSR: peso seco raiz (g), PSPA: peso seco parte aérea (g), PST: peso seco total (g).

Os histogramas para as características analisadas nos ambientes de baixo e alto P estão apresentados na diagonal das Figuras 1A e 1B. Observou-se que, para todas as características, um menor número de genótipos com valores extremos, com exceção de peso seco da raiz. Esses resultados indicam que as características avaliadas apresentaram padrão de distribuição normal, como seria esperado para características de herança quantitativa. Considerando a distribuição em baixo e alto P, as médias genóticas para comprimento total variaram de 106,5 a 327,4 cm, sendo que em baixo P os genótipos apresentaram menor comprimento radicular (Figura 1). O diâmetro variou de 0,50 a 0,71 mm, sendo as maiores médias observadas em alto P (Figura 1). A área de superfície total variou de 21,37 a 57,28 cm² e a área de superfície de raízes 0-1 mm apresentou variação de 15,49 a 39,19, de raízes 1-2 mm de 3,25 a 11,32 e de raízes >2 mm de 1,30 a 3,51 cm² (Figura 1). O peso seco total variou de 0,04 a 0,12 g, peso seco da raiz variou 0,03 a 0,66 g e peso seco da parte aérea variou de 0,02 a 0,07 g, sendo que todas essas características tiveram maiores valores sob alto P (Figura 1). Com base nos histogramas, foi possível observar genótipos contrastantes para a morfologia radicular e peso seco.

A análise de componentes principais (ACP) foi realizada com cinco das nove características medidas, comprimento total, área de superfície, diâmetro médio, área de superfície de raízes finas com diâmetro entre 1-2 mm e peso seco total, conforme descrito por Sousa et al. (2012). O primeiro componente principal (CP1) no tratamento de baixo P explicou 56,7% da variação genotípica, enquanto o segundo componente (CP2) explicou 31,6% da variação (Tabela 2). O CP1 apresentou autovetores negativos para todas as características analisadas, exceto para o diâmetro médio, que teve um valor baixo (0,07)

(Tabela 2). Enquanto CP2 obteve autovetores positivos para comprimento total radicular e peso seco total (Tabela 2). O primeiro componente principal CP1 no tratamento de alto P, explicou 60,3% da variação genotípica, enquanto o segundo componente (CP2), explicou 30,4% da variação (Tabela 2). CP1 teve coeficientes de autovetores negativos para todas as características analisadas, tendo valor baixo para diâmetro médio (-0,04) (Tabela 2). Enquanto CP2 apresentou autovetores positivos para comprimento radicular, área de superfície e peso seco total (Tabela 2).

Tabela 2. Autovetores, autovalores e variância acumulada do primeiro e segundo Componente Principal (CP).

Variáveis	Baixo P		Alto P	
	CP1	CP2	CP1	CP2
Comprimento total (cm)	-0,54	0,27	-0,52	0,31
Área de superfície total (cm ²)	-0,58	-0,06	-0,56	0,03
Diâmetro médio (mm)	0,07	-0,77	-0,04	-0,79
Área de superfície 1-2 mm (cm ²)	-0,38	-0,57	-0,42	-0,51
Peso seco total (g)	-0,47	0,10	-0,48	0,13
Variância acumulada (%)	56,7	88,3	60,3	90,7

Os quadrantes no gráfico da ACP (Figura 2) permitiram a separação dos genótipos em grupos e alguns genótipos foram identificados quanto aos fenótipos contrastantes (Figura 3). Os genótipos 177 e 151 apresentaram altos valores para CP1 (Figura 2). O genótipo 23 apresentou valores intermediários e os genótipos 120 e 104 apresentaram valores baixos para CP1, que é composto por todas as características, com exceção do diâmetro médio. Já o genótipo 23 apresentou maior valor

para CP2, os genótipos 120, 104, 177 e 151 mostraram valores intermediários e o genótipo 82 apresentou valor baixo para CP2, que é composto principalmente por diâmetro médio e área de superfície de raízes com diâmetro entre 1 e 2 mm.

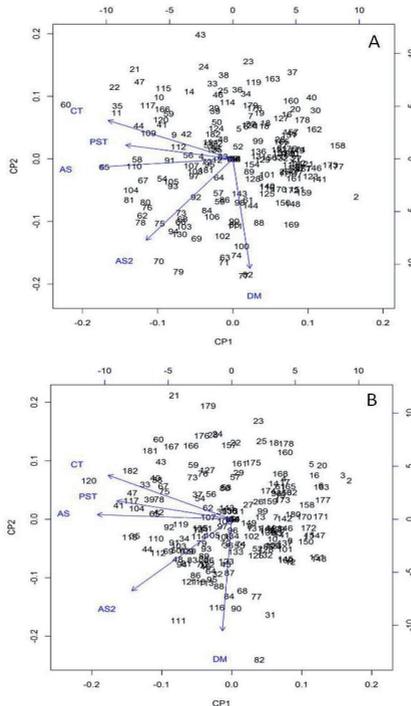


Figura 2. Componentes Principais (CP) para as características das raízes (comprimento total - CT, área de superfície - AS, diâmetro médio - DM, área de superfície de raízes com diâmetro entre 1 e 2 mm – AS2) e peso seco total – PST em baixo (A) e alto (B) P. Os números representam os 182 genótipos da coleção de milho da Embrapa Milho e Sorgo. As setas indicam a contribuição das características para o cálculo de cada CP. A escala dos valores CPs foi redimensionada para representação gráfica.

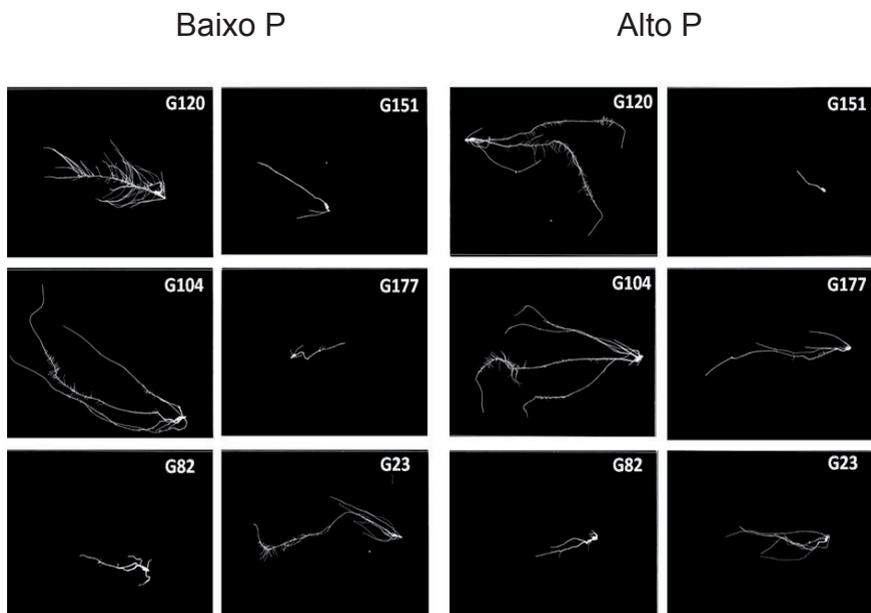


Figura 3. Imagens das raízes dos genótipos (G120, G151, G104, G177, G82, G23) da coleção de milho da Embrapa Milho e Sorgo crescidos em solução nutritiva de Magnavaca sob baixo (esquerda) e alto (direita) P (2,5 e 250 μ M) 13 dias após transplântio.

Através das análises do histograma e de componentes principais foi possível observar genótipos contrastantes para a morfologia radicular e peso seco. Não foram observadas diferenças na posição dos genótipos nos diferentes quadrantes do gráfico de ACP considerando os dois ambientes analisados, ou seja, os genótipos com maior ou menor sistema radicular similares em alto e baixo P, corroborando com as análises de correlação. A separação do gráfico em quadrantes poderá ser utilizada na seleção de genótipos contrastantes. As plantas mais eficientes na aquisição de P tendem a ter maior comprimento e volume radicular, raízes mais finas, raízes mais rasas e mais

dispersas, aumentando assim a área de exploração (revisado por RAMAEKERS et al., 2010), portanto, como os autovetores para essas características foram negativos elas estariam no quadrante superior esquerdo (Figura 2). No entanto, é importante lembrar, que as raízes têm um custo metabólico significativo para as plantas que deve ser considerado para a seleção de um determinado tipo de sistema radicular (Lynch; Brown, 2012).

A habilidade das plantas em buscar e adquirir nutrientes determina o seu sucesso competitivo na natureza e produtividade em campo (GIEHL; WIREN, 2014), porém, a elevada absorção de P pode criar zonas de depleção na rizosfera, forçando as plantas a adotarem estratégias para aumentar a aquisição fora dessa zona (GIEHL; WIREN, 2014). Além disso, o uso de fertilizantes não garante a sua disponibilidade, uma vez que grande parte do P é prontamente adsorvido na fração argila do solo, formando complexos com Al^{3+} , Fe^{3+} e Ca^{2+} (TINKER; NYE, 2000), sendo portanto a limitação de P maior pela indisponibilidade do que pela ausência deste macronutriente. As modificações na morfologia e arquitetura radicular são importantes para aumentar a área de forrageamento e adquirir nutrientes a um custo metabólico mínimo (LYNCH; BROWN, 2012), sendo que a utilização dessas características em programas de melhoramento será facilitada quando houver um melhor entendimento da genética, fisiologia e regulação dessas características. Os dados obtidos neste trabalho e no trabalho feito por Magalhães et al. (2013) poderão ajudar na compreensão desse cenário e poderão ser utilizados para estudos de mapeamento associativo, visando a identificação de genes relacionados com a eficiência na aquisição de P.

Conclusões

Foram identificadas linhagens com sistema radicular contrastantes utilizando a metodologia em pasta com solução nutritiva.

Um maior comprimento/área de superfície radicular resultou no aumento de biomassa das plantas.

A coleção da Embrapa Milho e Sorgo apresentou diversidade quanto ao sistema radicular.

Agradecimentos

Os autores agradecem a Gislene Rodrigues Braga Cristeli, pela ajuda na montagem dos experimentos em câmara de crescimento, e também a Fapemig, CNPq, Embrapa e GCP pelo apoio financeiro.

Referências

ALVES, V. M. C.; PARENTONI, S. N.; VASCONCELLOS, C. A.; PITTA, G. V. E.; FRANÇA, C. C. M. Cinética de absorção de fósforo e crescimento do sistema radicular de genótipos de milho contrastantes para eficiência a fósforo. **Revista Brasileira de Milho e Sorgo**, Sete Lagoas, v. 1, p. 85-92, 2002.

AMTMANN, A.; HAMMOND, J. P.; ARMENGAUD, P.; WHITE, P. J. Nutrient sensing and signaling in plants: potassium and phosphorus. **Advances in Botanical Research**, New York, v. 43, p. 209-256, 2006.

BONSER, A. M.; LYNCH, J.; SNAPP, S. Effect of phosphorus deficiency on growth angle of basal roots in *Phaseolus vulgaris*. **New Phytologist**, Oxford, v. 132, p. 281-288, 1996.

CHIOU, T. J.; BUSH, D. R. Sucrose is a signal molecule in assimilate partitioning. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, Washington, v. 95, p. 4784-4788, 1998.

COOK, J. P.; McMULLEN, M. D.; HOLLAND, J. B.; TIAN, F.; BRADBURY, P.; IBARRA, J. R.; BUCKLER, E. S.; GARCIA, S. A. F. Genetic architecture of maize kernel composition in the nested association mapping and inbred association panels. **Plant Physiology**, Bethesda, v. 158, p. 824-834, 2012.

FAO. **Statistical Database**. Disponível em: <<http://apps.fao.org/>>. Acesso em: 28 out. 2014.

FORDE, B.; LORENZO, H. The nutritional control of root development. **Plant and Soil**, The Hague, v. 232, p. 51-68, 2001.

GAMUYAO, R.; CHIN, J. H.; TANAKA, J. P.; PESARESI, P.; CATAUSAN, S.; DALID, C.; LOEDIN, I. S.; MENDOZA, E. M. T.; WISSUWA, M.; HEUR, S. The protein kinase Pstoll from traditional rice confers tolerance of phosphorus deficiency. **Nature**, Washington, v. 488, p. 535-541, 2012.

GEBHARDT, C.; BALLVORA, A.; WALKEMEIER, B.; OBERHAGEMANN, P.; SCHULER, K. Assessing genetic potential in germplasm collections of crop plants by marker-trait association: a case study for potatoes with quantitative variation of resistance to late blight and maturity type. **Molecular Breeding**, Westport, v. 13, p. 93-102, 2004.

GIEHL, R. F. H.; WIREN, N. V. Root nutrient foraging. **Plant Physiology**, Bethesda, v. 166, p. 509-517, 2014.

HAMMOND, J. P.; BENNETT, M. J.; BOWEN, H. C.; BROADLEY, M. R.; EASTWOOD, D. C.; MAY, S. T.; RAHN, C.; SWARUP, R.; WOOLAWAY, K. E.; WHITE, P. J. Changes in gene expression in *Arabidopsis* shoots during phosphate starvation and the potential for developing smart plants. **Plant Physiology**, Bethesda, v. 132, p. 578-596, 2003.

HAMMOND, J. P.; BROADLEY, M. R.; WHITE, P. J. Genetic responses to phosphorus deficiency. **Annual Botany**, London, v. 94, p. 323-332, 2004.

HAMMOND, J. P.; WHITE, P. J. Sucrose transport in the phloem: integrating root responses to phosphorus starvation. **Journal of Experimental Botany**, London, v. 59, p. 93-109, 2008.

HUFNAGEL, B.; SOUSA, S. M. de; ASSIS, L.; GUIMARAES, C. T.; LEISER, W.; AZEVEDO, G. C.; NEGRI, B.; LARSON, B. G.; SHAFF, J. E.; PASTINA, M. M.; BARROS, B. A.; WELTZIEN, E.; RATTUNDE, H. F. W.; VIANA, J. H.; CLARK, R. T.; FALCÃO, A.; GAZAFFI, R.; GARCIA, A. A. F.; SCHAFFERT, R. E.; KOCHIAN, L. V.; MAGALHÃES, J. V. Duplicate and Conquer: multiple homologs of phosphorus-starvation tolerance¹ Enhance Phosphorus Acquisition and Sorghum Performance on Low-Phosphorus Soils. **Plant Physiology**, Bethesda, v. 166, p. 659-677, 2014.

KARTHIKEYAN, A. S.; VARADARAJAN, D. K.; JAIN, A.; HELD, M. A.; CARPITA, N. C.; RAGHOTHAMA, K. G. Phosphate starvation

responses are mediated by sugar signaling in Arabidopsis. **Planta**, Berlin, v. 225, p. 907-918, 2007.

KUMP, K. L.; BRADBURY, P. J.; WISSER, R. J.; BUCKLER, E. S.; BELCHER, A. R.; OROPEZA-ROSAS, M. A.; ZWONITZER, J. C.; KRESOVICH, S.; McMULLEN, M. D.; WARE, D.; BALINT-KURTI, P. J.; HOLLAND, J. B. Genome-wide association study of quantitative resistance to southern leaf blight in the maize nested association mapping population. **Nature Genetics**, New York, v. 43, p. 163-168, 2011.

LEWONTIN, R. C. The interaction of selection and linkage. I. General considerations; heterotic models. **Genetics**, Austin, v. 49, p. 49-67, 1964.

LIAO, H.; RUBIO, G.; YAN, X. L.; CAO, A. Q.; BROWN, K. M.; LYNCH, J. P. Effect of phosphorus availability on basal root shallowness in common bean. **Plant and Soil**, The Hague, v. 232, p. 69-79, 2001.

LIAO, H.; YAN, X. L.; RUBIO, G.; BEEBE, S. E.; BLAIR, M. W.; LYNCH, J. P. Genetic mapping of basal root gravitropism and phosphorus acquisition efficiency in common bean. **Functional Plant Biology**, Victoria, v. 31, p. 959-970, 2004.

LYNCH, J. P. Root phenes for enhanced soil exploration and phosphorus acquisition: tools for future crops. **Plant Physiology**, Bethesda, v. 156, p. 1041-1049, 2011.

LYNCH, J. P.; BROWN, K. M. New roots for agriculture: exploiting the root phenome. **Philosophical Transaction**, London, v. 367, p.1598-1604, 2012.

MA, Z.; BIELENBERG, D. G.; BROWN, K. M.; LYNCH, J. P. Regulation of root hair density by phosphorus availability in *Arabidopsis thaliana*. **Plant, Cell and Environment**, Oxford, v. 24, p. 459-467, 2001.

MACKAY, I.; POWELL, W. Methods for linkage disequilibrium mapping in crops. **Trends in Plant Science**, v. 12, p. 57-63, 2007.

MAGALHÃES, K. S.; NEGRI, B. F.; SOUSA, S. M. de. **Análise morfológica do sistema radicular do painel de diversidade de milho da Embrapa Milho e Sorgo**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2013. 32 p. il. (Embrapa Milho e Sorgo. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 64).

MAGNAVACA, R.; GARDNER, C. O.; CLARK, R. B. Evaluation of maize inbred lines for aluminum tolerance in nutrient solution. In: GABELMAN, H. W.; LONGHMAN, B. C. (Ed.). **Genetic aspects of plant mineral nutrition**. Dordrecht: Martinus Nijhoff Publishers, 1987. p. 255-265.

MANSKE, G. G. B.; ORTIZ-MONASTERIO, J. I.; VAN GINKEL, M.; GONZALEZ R. M.; RAJARAM, S.; MOLINA, E.; VLEK, P. L. G. Traits associated with improved P-uptake efficiency in CIMMYT's semidwarf spring bread wheat grown on an acid andisol in Mexico. **Plant and Soil**, The Hague, v. 125, p. 113-119, 2002.

MENDES, F. F.; NEGRI, B. F.; SOUSA, S. M. de; GUIMARÃES, L. J. M.; PARENTONI, S. N.; MAGALHÃES, J. V.; GUIMARÃES, C. T. **Morfologia do sistema radicular em solução nutritiva e eficiência no uso de P em híbridos testcrosses de milho**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2013. (Embrapa Milho e Sorgo. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 85).

NEGRI, B. F.; AZEVEDO, G. C.; MATOS, F. M.; GUIMARÃES, C. T.; SOUSA, S. M. de. **Morfologia do sistema radicular de linhagens recombinantes endogâmicas de milho sob baixo nível de fósforo**. Sete Lagoas: Embrapa Milho e Sorgo, 2012. (Embrapa Milho e Sorgo. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 50).

PAYNE, A.; STORBACKA, K.; FROW, P. **Managing the co-creation of value, working paper**. Cranfield: Cranfield School of Management, 2008.

PEIFFER, J. A.; ROMAY, M. C.; GORE, M. A.; GARCIA, S. A. F.; ZHANG, Z.; MILLARD, M. J.; GARDNER, C. A. C.; McMULLEN, M. D.; HOLLAND, J. B.; BRADBURY, P. J.; BUCKLER, E. The genetic architecture of maize height, **Genetics**, Austin, v. 196, p. 1337-1356, 2014.

R CORETEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2013. Disponível em: <<http://www.R-project.org/>>. Acesso em: 3 mar. 2014.

RAGHOTHAMA, K. G. Phosphate acquisition. **Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology**, Palo Alto, v. 50, p. 665-693, 1999.

RAGHOTHAMA, K. G.; KARTHIKEYAN, A. S. Phosphate acquisition. **Plant and Soil**, The Hague, v. 274, p. 37-49, 2005.

RAMAEKERS, L.; REMANS, R.; RAO, I. M.; BLAIR, M. W.; VANDERLEYDEN, J. Strategies for improving phosphorus acquisition efficiency of crop plants. **Field Crops Research**, Amsterdam, v. 117, p. 169-176, 2010.

SALLA, D. A.; FURLANETO, F. P. B.; CABELLO, C.; KANTHACK, R. A. D. Estudo energético da produção de biocombustível a partir do milho. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 40, n. 9, p. 2017-2022, 2010.

SCHACHTMAN, D. P.; REID, T. J.; AYLING, S. M. Phosphorus uptake by plants: from soil to cell. **Plant Physiology**, Bethesda, v. 116, p. 447-453, 1998.

SOUSA, S. M.; CLARK, R. T.; MENDES, F. F.; OLIVEIRA, A. C.; VASCONCELOS, M. J. V.; PARENTONI, S. N.; KOCHIAN, L. V.; GUIMARÃES, C. T.; MAGALHÃES, J. V. A role for root morphology and related candidate genes in P acquisition efficiency in maize. **Functional Plant Biology**, Victoria, v. 39, p. 925-935, 2012.

TIAN, F.; BRADBURY, P. J.; BROWN, P. J.; HUNG, H.; SUN, Q.; FLINT-GARCIA, S.; ROCHEFORD, T. R.; MCMULLEN, M. D.; HOLLAND, J. B.; BUCKLER, E. S. Genome-wide association study of leaf architecture in the maize nested association mapping population. **Nature Genetics**, New York, v. 43, p. 159-162, 2011.

TINKER, P. B.; NYE, P. H. **Solute movement in the rhizosphere**. Oxford: Blackwell Scientific, 2000.

USUDA, H.; SHIMOGAWARA, K. Phosphate deficiency in maize. **Plant Physiology**, Bethesda, v. 99, p. 1680-1685, 1992.

VANCE, C. P.; UHDE-STONE, C.; ALLAN, D. L. Phosphorus acquisition and use: critical adaptations by plants for securing a

nonrenewable resource. **New Phytologist**, Oxford, v. 157, p. 423-447, 2003.

VANCE, C. P.; CHIOU, T. J. Phosphorus focus editorial. **Plant Physiology**, Bethesda, v. 156, n. 3, p. 987-988, 2011.

WILLIAMSON, L. C.; RIBRIOUX, S. P. C. P.; FITTER, A. H.; LEYSER, H. M. O. Phosphate availability regulates root system architecture in Arabidopsis. **Plant Physiology**, Bethesda, v. 126, p. 875-882, 2001.

WHITE, P. J.; BROADLEY, M. R.; GREENWOOD, D. J.; HAMMOND, J. P. **Genetic modifications to improve phosphorus acquisition by roots**. New York: International Fertiliser Society, 2005. (Proceedings, 568).

YAN, J.; WARBURTON, M.; CROUCH, J. Association mapping for enhancing maize (*Zea mays* L.) genetic improvement. **Crop Science**, Madison, v. 51, p. 433-449, 2011.

ZHU, J. M.; KAEPLER, S.; LYNCH, J. Topsoil foraging and phosphorus acquisition efficiency in maize. **Functional Plant Biology**, Victoria, v. 32, p. 749-762, 2005.

