

Avaliação do sistema radicular de genótipos de milho em solução nutritiva sob baixo e alto fósforo¹

**Luiz Paulo Terra Hipólito², Mateus Gonçalves de Abreu³, Belkiss Cristina França⁴
Silva Oliveira, Carlos Alexandre Gomes Ribeiro⁵, Maria Marta Pastina⁶, Sylvia
Morais de Sousa⁶**

¹Trabalho financiado pelo CNPq, Fapemig, Embrapa, GCP.

²Estudante do Curso de Biologia da UNIFEMM, Bolsista PIBIC do Convênio FAPEMIG – Embrapa

³Estudante do Curso de Biologia da UNIFEMM, Estagiário – Embrapa

⁴Bolsista DTI C CNPq

⁵Estudante de doutorado da Universidade Federal de Viçosa

⁶Pesquisadora da Embrapa Milho e Sorgo

Introdução

O milho é considerado uma das mais importantes e antigas culturas agrícolas, sendo um produto utilizado para nutrição humana e alimentação animal. O milho também tem sua finalidade na extração do biodiesel, utilizado em grande escala principalmente nos Estados Unidos (SALLA, et al., 2010). O Brasil é o terceiro maior produtor mundial do milho, ficando atrás de apenas dos Estados Unidos e da China, representando cerca de 80% de toda a produção de grãos do país (CONAB, 2014).

O fósforo (P) é um dos nutrientes minerais mais importantes para o crescimento e desenvolvimento das plantas, sendo o segundo mineral que mais limita a produção de grãos, depois do nitrogênio (ALVES, 2005). Modificações na arquitetura do sistema radicular são particularmente importantes para aumentar a absorção de P nas plantas por causa da baixa mobilidade desse nutriente no solo (ZHU et al., 2005). As principais modificações radiculares que visam aumentar a aquisição de P são: formação de raízes adventícias, menor diâmetro radicular, formação de raízes superficiais e raízes laterais mais dispersas (LYNCH, 2007). O objetivo deste trabalho foi caracterizar genótipos de milho da coleção da Embrapa Milho e Sorgo quanto às características do sistema radicular relacionadas com a eficiência na aquisição de P.

Material e Métodos

Foram utilizadas 182 linhagens de milho da coleção da Embrapa Milho e Sorgo.

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 et al. (1987), modificada em câmara de crescimento sob condições controladas (SOUSA et al., 2012). Foram utilizadas duas doses de P, 2,5 μM e 250 μM , como tratamentos de baixo e alto P, respectivamente.

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 (Regent Systems, Quebec, Canadá), 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 (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.

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

Resultados e Discussão

O milho tem naturalmente uma grande diversidade genética que pode ser explorada na forma de coleções ou painéis. Esses painéis 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. 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 com maior do que 2 mm, peso seco da raiz, peso seco

da parte aérea e peso seco total (Tabela 1)). Todas as características analisadas apresentaram diferenças significativas ($p < 0,05$) nos dois ambientes (Tabela 1). Os genótipos sob baixo P apresentaram menores valores para todas as características do que em alto P (Tabela 1), indicando que as raízes 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). Foi observada herdabilidade e coeficiente de variação experimental médio para as características analisadas (Tabela 1). O coeficiente de variação foi mais baixo e a herdabilidade foi mais alta no tratamento de baixo P. O coeficiente de variação e a herdabilidade foram semelhantes ao reportado para características radiculares de linhagens (SOUSA et al., 2012) e linhagens recombinantes endogâmicas (NEGRI et al., 2012; MENDES et al., 2013) de milho crescidas em solução nutritiva sob baixo P.

Tabela 1. Média, coeficiente de variação (CV), herdabilidade (h^2) e nível de significância do teste F (F) das características fenotípicas avaliadas em solução nutritiva sob baixo e alto P.

Características	CONJUNTA				BAIXO P				ALTO P			
	Média	CV	h^2	F	Média	CV	h^2	F	Média	CV	h^2	F
Comprimento total (cm)	189.7	23.62	79.47***		165.34	22.73	70.66***		212.6	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)	0.6	10.01	70.82***		0.59	9.11	67.34***		0.6	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	35.3	57.52***		0.05	33.24	64.64***	
Peso seco total (g)	0.07	31.31	67.14***		0.06	23.6	68.78***		0.08	33.61	53.73***	

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

Nas Figuras 1 e 2 estão representadas as correlações fenotípicas 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, 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 finas também apresentaram alta correlação. O peso seco total, que no caso das plântulas é a produção final, apresentou correlação significativa, em alto e baixo P, com comprimento e área de superfície total e

de raízes finas (Figura 1 e 2). Estes resultados indicaram que quanto maior o sistema radicular, maior a produção vegetal. 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; ALVES et al., 2002; ZHU et al., 2005a; MANSKE et al., 2000; LIAO et al., 2004) e estes resultados reforçam que o deslocamento de fotoassimilados para o crescimento radicular é uma estratégia eficaz para aumentar a absorção de nutrientes.

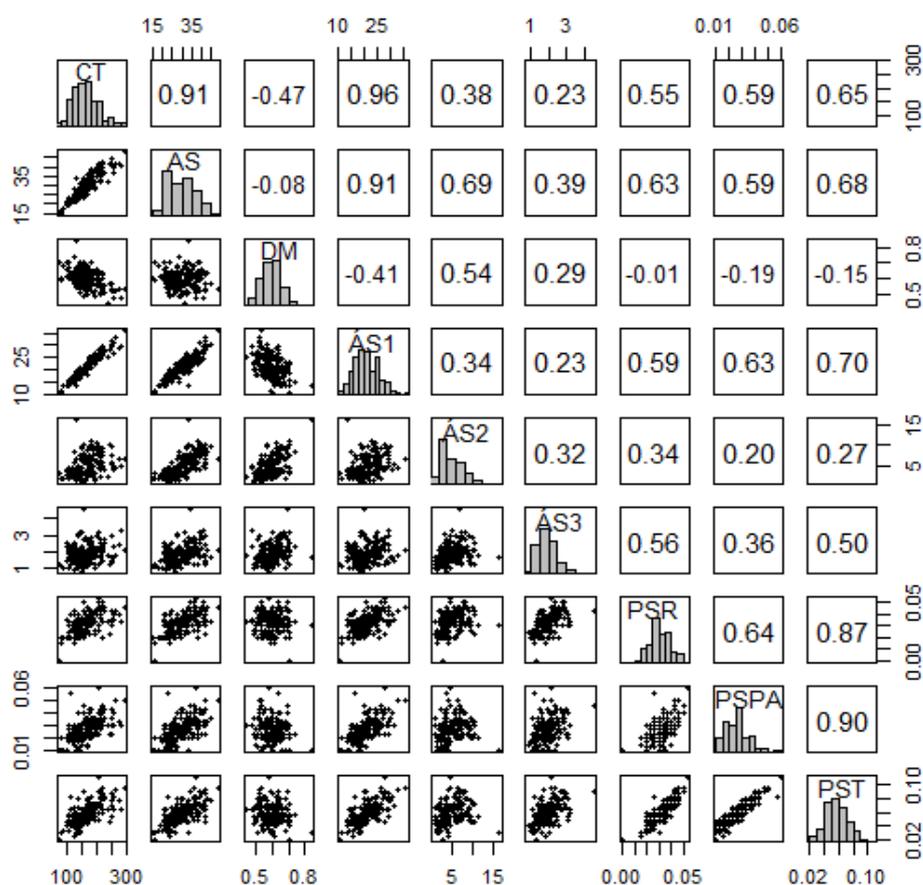


Figura 1. Coeficiente de correlação fenotípica de Pearson (r), histograma e gráfico de dispersão das características avaliadas em solução nutritiva sob baixo P. CT: comprimento radicular total (cm), AS: área de superfície radicular total (cm^2), DM: diâmetro radicular médio (mm), AS1: área de superfície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

Os gráficos de distribuição de frequências das características analisadas nos ambientes de baixo e alto P estão apresentados nas Figuras 1 e 2. Observou-se, para todas as características, menor número de genótipos com valores extremos. Esses resultados indicam que as características avaliadas apresentaram padrão de distribuição normal, como seria esperado para características de herança quantitativa. O

comprimento total variou de 63,0 a 515,5 cm, sendo que em baixo P os genótipos apresentaram menor comprimento radicular (Figura 1 e 2 e Tabela 1). O diâmetro variou de 0,37 a 0,97 mm, sendo as maiores médias observadas em alto P (Figura 1 e 2 e Tabela 1). A área de superfície total variou de 12,14 a 81,40 cm² e a área de superfície de raízes 0-1 mm apresentou variação de 9,01 a 61,05, de raízes 1-2 mm de 0,49 a 23,49 e de raízes >2 mm de 0,20 a 6,21 cm² (Figura 1 e 2 e Tabela 1). O peso seco total variou de 0,01 a 0,35 g, peso seco da raiz variou 0,01 a 0,31 g e peso seco da parte aérea variou de 0,01 a 0,13 g, sendo que todas essas características tiveram maiores valores sob alto P (Figura 1 e 2 e Tabela 1). Através das análises de frequência foi possível observar genótipos contrastantes para a morfologia radicular e peso seco. Os resultados obtidos nesse trabalho mostraram que a coleção de linhagens da Embrapa Milho e Sorgo é diversa e pode ser utilizada para mapeamento associativo.

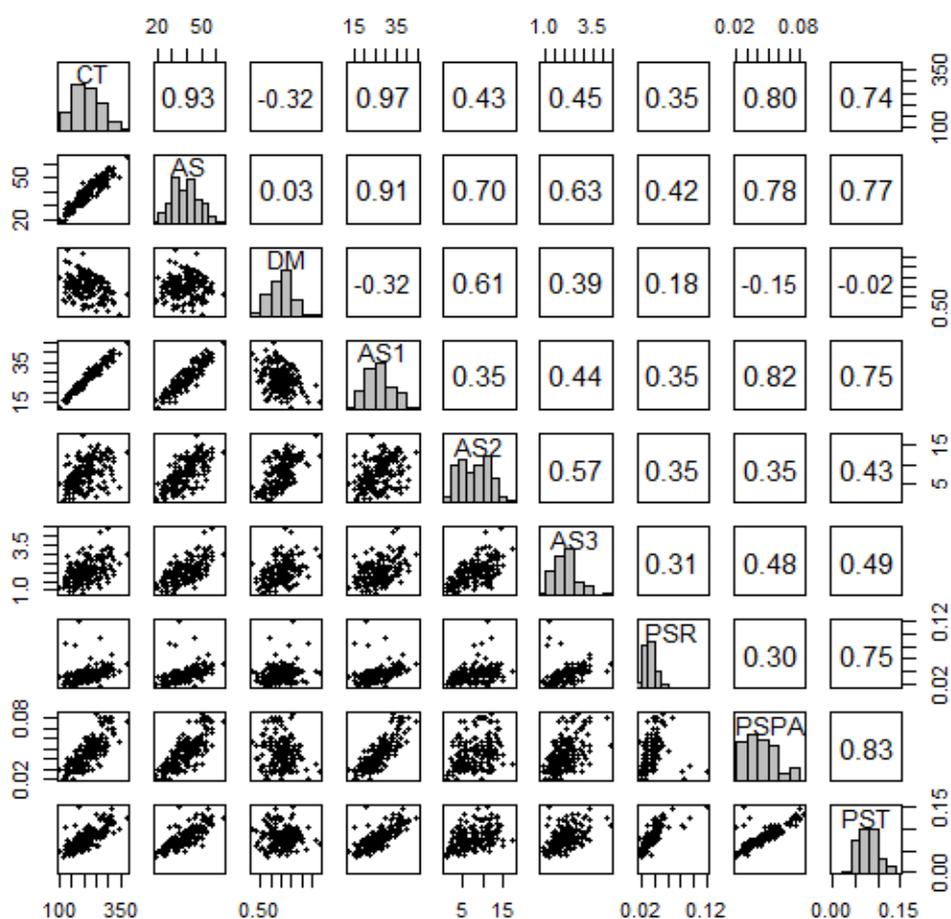


Figura 2. Coeficiente de correlação fenotípica de Pearson (r), histograma e gráfico de dispersão das características avaliadas em solução nutritiva sob alto P. CT: comprimento radicular total (cm), AS: área de superfície radicular total (cm²), DM: diâmetro radicular médio (mm), AS1: área de superfície 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 entre >2 mm (cm²), PSR: peso seco raiz (g), PSPA: peso seco parte aérea (g), PST: peso seco total (g).

Conclusão

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

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

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

Referências

ALVES, V. M. C. Mechanisms of plant adaptations to low phosphorus conditions. In: WORKSHOP, 2005, Brasília, DF. **Advances in improving acid soil adaptation of tropical crops and forages, and management of acid soil**. Cali: CIAT, 2005. p. 3-4. Disponível em: <http://webapp.ciat.cgiar.org/forrajes/pdf/acid_soils_brazil_workshop_abstracts_05.pdf>. Acesso em: 20 maio 2010.

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, n. 1, p. 85-92, jan./abr. 2002.

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.

CONAB. **Companhia Nacional de Abastecimento**. Brasília, 2014. Disponível em: <<http://www.conab.gov.br/index.php>>. Acesso em: 17 fev. 2014.

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. Roots of the second green revolution. **Australian Journal of Botany**, Victoria, v. 55, p. 493-512, 2007.

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. 221, p. 189-204, 2000.

MENDES, F. F.; NEGRI, B. F.; SOUSA, S. M. de; GUIMARAES, L. J. M.; PARENTONI, S. N.; MAGALHAES, J. V. de; GUIMARAES, 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. 31 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 85).

NEGRI, B. F.; AZEVEDO, G. C.; MATOS, F. M.; GUIMARAES, 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. 22 p. (Embrapa Milho e Sorgo. Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento, 50).

PAYNE, R.; WELHAM, S.; HARDING, S. **A guide to REML in GenStat**. Beijing: VSN International, 2008.

R CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2013. Disponível em: <<http://www.lsw.uni-heidelberg.de/users/christlieb/teaching/UKStaSS10/R-refman.pdf>>. Acesso em: 18 out. 2013.

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, p. 2017-2022, 2010.

SOUSA, S. M. de; 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.

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.

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.