

ANDREIA SCHUSTER

**DIVERSIDADE ENTRE LINHAGENS DE MILHO TROPICAL QUANTO A
CARACTERÍSTICAS DE RAIZ E PARTE AÉREA EM CONDIÇÕES
CONTRASTANTES DE FÓSFORO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2017

**Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa**

T

S395d
2017 Schuster, Andreia, 1992-
Diversidade entre linhagens de milho tropical quanto a
características de raiz e parte aérea em condições contratantes de
fósforo / Andreia Schuster. – Viçosa, MG, 2017.
vii, 41f. : il. ; 29 cm.

Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.
Dissertação (mestrado) - Universidade Federal de Viçosa.
Referências bibliográficas: f.38-41.

1. *Zea mays* L.. 2. Utilização de fósforo. 3. Aquisição de
fósforo. 4. Estresse abiótico. I. Universidade Federal de Viçosa.
Departamento de Fitotecnia. Programa de Pós-graduação em
Genética e Melhoramento. II. Título.

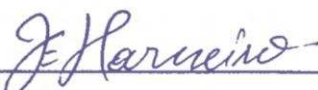
CDD 22. ed. 633.15

ANDREIA SCHUSTER

**DIVERSIDADE ENTRE LINHAGENS DE MILHO TROPICAL QUANTO A
CARACTERÍSTICAS DE RAIZ E PARTE AÉREA EM CONDIÇÕES
CONTRASTANTES DE FÓSFORO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Magister Scientiae*.

APROVADA: 25 de julho de 2017.


José Eustáquio de Souza Carneiro


Pedro Crescêncio Souza Carneiro


Rogério Faria Vieira


Rodrigo Oliveira de Lima
(Orientador)

AGRADECIMENTOS

Agradeço à Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento pela oportunidade da realização do curso e pela contribuição em minha formação profissional e pessoal.

Ao CNPq pelo suporte financeiro para realização deste trabalho.

Ao professor Rodrigo Oliveira de Lima, pela orientação.

Aos membros da banca, José Eustáquio de Souza Carneiro, Pedro Crescêncio Souza Carneiro e Rogério Faria Vieira pelas contribuições.

A todos os professores que contribuíram para a minha formação até o presente momento.

Aos colegas e amigos do Programa Milho, pelo auxílio na condução dos experimentos.

Aos colegas e amigos da Universidade Federal de Viçosa e Universidade Federal de Santa Maria, pelo incentivo.

Aos meus pais Wilson José Schuster e Marlene Griebeler Schuster e minha irmã Aline Schuster, pelo apoio e incentivo.

SUMÁRIO

LISTA DE TABELAS	iv
RESUMO.....	vi
ABSTRACT	vii
1. Introdução	1
2. Material e Métodos	5
2.1 Material Genético.....	5
2.2 Caracterização e Avaliação das Linhagens	5
2.3 Análises Estatísticas	7
3. Resultados e Discussão	9
3.1 Amplitude e média de valores genotípicos	9
3.2 Estimativas de componentes quadráticos e coeficiente de determinação genotípico	14
3.3 Correlações entre caracteres.....	18
3.4 Análise de trilha entre caracteres	23
3.5 Diversidade genética	26
3.6 Seleção de linhagens para caracteres de raiz	31
4. Conclusões.....	37
5. Referências Bibliográficas	38

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 Valores mínimos, médios e máximos, coeficiente de variação (CV%) e índice de tolerância ao baixo fósforo (ITBP) para os caracteres dias até V6 (V6, dias), altura de planta (AP, cm), crescimento diário (CD, cm), diâmetro de colmo (DC, mm), massa de parte aérea seca (MPAS, mg), massa de raiz seca (MRS, mg), massa total seca (MTS, mg), razão massa de raiz/parte aérea (RS/PAS), comprimento de raiz lateral (CRL, cm), comprimento de raiz total (CRT, cm), área superficial de raiz total (ASRT, cm²), volume de raiz total (VRT, cm³), diâmetro médio de raiz (DMR, mm) e densidade do tecido radicular (DTR, mg cm⁻³) avaliados em 151 linhagens endogâmicas de milho tropical em condições de baixo e alto P 13

Tabela 2 Estimativas dos componentes quadráticos e coeficiente de determinação genotípico com base em média de linhagens para os caracteres dias até V6 (V6, dias), altura de planta (AP, cm), crescimento diário (CD, cm dia⁻¹), diâmetro de colmo (DC, cm), massa de parte aérea seca (MPAS, mg), massa de raiz seca (MRS, mg), massa total seca (MTS, mg), razão massa de raiz/parte aérea (RS/PAS), comprimento de raiz lateral (CRL, cm), comprimento de raiz total (CRT, cm), área superficial de raiz total (ASRT, cm²), volume de raiz total (VRT, cm³), diâmetro médio de raiz (DMR, mm) e densidade do tecido radicular (DTR, mg cm⁻³) avaliados em 151 linhagens endogâmicas de milho tropical em condições de alto e baixo P 17

Tabela 3 Estimativas de correlações entre ambientes e correlações genéticas entre as médias dos caracteres dias até V6 (V6, dias), altura de planta (AP, cm), crescimento diário (CD, cm dia⁻¹), diâmetro de colmo (DC, mm), massa de parte aérea seca (MPAS, mg), massa de raiz seca (MRS, mg), massa total seca (MTS, mg), razão massa de raiz/parte aérea (RS/PAS), comprimento de raiz lateral (CRL, cm), comprimento de raiz total (CRT, cm), área superficial de raiz total (ASRT, cm²), volume de raiz total (VRT, cm³), diâmetro médio de raiz (DMR, mm) e densidade do tecido radicular (DTR, mg cm⁻³) avaliados em 151 linhagens endogâmicas de milho tropical em condições de alto e baixo P 22

Tabela 4 Análise de trilha com base nas estimativas de correlação genética para o caractere principal massa de comprimento de raiz total (CRT, cm), diâmetro médio de raiz (DMR, mm), diâmetro do colmo (DC, mm), crescimento diário (CD, cm dia⁻¹) e

massa de raiz seca (MRS, mg) avaliados em 151 linhagens endogâmicas de milho tropical em condições de baixo e alto P25

Tabela 5 Agrupamento pelo método de Tocher com base nas distâncias de Mahalanobis usando os caracteres comprimento de raiz total (CRT, cm), diâmetro médio de raiz (DMR, mm), diâmetro do colmo (DC, mm), crescimento diário (CD, cm dia⁻¹), massa de parte aérea seca (MPAS, mg) e massa de raiz seca (MRS, mg) avaliados em 151 linhagens endogâmicas de milho tropical na condição de baixo P29

Tabela 6 Agrupamento pelo método de Tocher com base nas distâncias de Mahalanobis usando os caracteres comprimento de raiz total (CRT, cm), diâmetro médio de raiz (DMR, mm), diâmetro do colmo (DC, mm), crescimento diário (CD, cm dia⁻¹), massa de parte aérea seca (MPAS, mg) e massa de raiz seca (MRS, mg) avaliados em 151 linhagens endogâmicas de milho tropical na condição de alto P30

Tabela 7 Estimativas de ganhos para os caracteres dias até V6 (V6, dias), altura de planta (AP, cm), crescimento diário (CD, cm dia⁻¹), diâmetro de colmo (DC, mm), massa de parte aérea seca (MPAS, mg), massa de raiz seca (MRS, mg), massa total seca (MTS, mg), razão massa de raiz/parte aérea (RS/PAS), comprimento de raiz lateral (CRL, cm), comprimento de raiz total (CRT, cm), área superficial de raiz total (ASRT, cm²), volume de raiz total (VRT, cm³), diâmetro médio de raiz (DMR, mm) e densidade do tecido radicular (DTR, mg cm⁻³) baseado na seleção pelo índice de tolerância ao baixo P (ITBP) utilizando os caracteres CRT, MRS e CD para 151 linhagens endogâmicas de milho tropical em condições de baixo e alto P35

Tabela 8 Estimativas de ganhos diretos e indiretos na seleção com base em múltiplos caracteres para dias até V6 (V6, dias), altura de planta (AP, cm), crescimento diário (CD, cm dia⁻¹), diâmetro de colmo (DC, mm), massa de parte aérea seca (MPAS, mg), massa de raiz seca (MRS, mg), massa total seca (MTS, mg), razão massa de raiz/parte aérea (RS/PAS), comprimento de raiz lateral (CRL, cm), comprimento de raiz total (CRT, cm), área superficial de raiz total (ASRT, cm²), volume de raiz total (VRT, cm³), diâmetro médio de raiz (DMR, mm) e densidade do tecido radicular (DTR, mg cm⁻³) para 151 linhagens endogâmicas de milho tropical em condições de baixo e alto P36

RESUMO

SCHUSTER, Andreia, M.Sc., Universidade Federal de Viçosa, julho de 2017. **Diversidade entre linhagens de milho tropical quanto a características de raiz e parte aérea em condições contrastantes de fósforo.** Orientador: Rodrigo Oliveira de Lima.

O milho representa cerca de 40% da produção total de grão do Brasil. Boa parte desta produção é obtida em solos com baixa fertilidade natural, o que exige aplicações de adubações fosfatadas para garantir produtividade satisfatória. O uso de plantas mais eficientes no uso de fósforo é uma estratégia importante a ser utilizada. Sistemas radiculares bem desenvolvidos e estruturados são determinantes para a eficiência no uso de P. O objetivo deste estudo foi avaliar 151 linhagens endogâmicas de milho tropical e caracterizar para morfologia de raiz e parte aérea em estágio de plântula. Dois experimentos foram conduzidos em casa de vegetação no delineamento blocos casualizado com três repetições, em condição de alto e baixo fósforo. No estágio de seis folhas expandidas os seguintes caracteres foram avaliados: dias até V6, altura de planta, crescimento diário, diâmetro de colmo, massa de parte aérea, raiz e total, razão massa de raiz/parte aérea, comprimento de raiz lateral e total, área superficial e volume de raiz total, diâmetro médio de raízes e densidade do tecido radicular. Para a análise de diversidade foi utilizada a distância generalizada de Mahalanobis e agrupamento de Tocher. Foram estimadas as correlações genéticas e realizada uma análise de trilha onde a massa de parte aérea foi desdobrada em efeitos diretos e indiretos. O efeito de linhagens e da interação linhagens x doses de fósforo foram significativas ($P < 0,01$) para todos os caracteres. Houve predomínio da interação de natureza complexa. A análise de diversidade agrupou as linhagens em 28 e 18 grupos nos ambientes de baixo e alto fósforo, respectivamente. As linhagens superiores foram identificadas e foram obtidos os ganhos com a seleção. O índice de tolerância ao baixo fósforo permitiu ganhos de seleção para o ambiente de baixo fósforo e o índice de seleção proposto permitiu ganhos para os dois ambientes.

ABSTRACT

SCHUSTER, Andreia, M.Sc., Federal University of Viçosa, July, 2017. **Diversity among tropical maize inbred lines regarding root and aerial part traits in contrasting phosphorus conditions.** Advisor: Rodrigo Oliveira de Lima.

Maize accounts for about 40% of total grain production in Brazil. The majority of this production is obtained in soils with low natural fertility and high levels of clays, which retain phosphorus. The use of more efficient plants in acquisition and use of phosphorus is an important strategy to be utilized. Well developed and structured root systems are determining for phosphorous use efficiency. The objective of this study was to evaluate 151 inbred lines of tropical maize and characterize the root and aerial part morphology at the seedling stage. Two experiments were performed in a greenhouse using the randomized blocks design with three replicates with high and low phosphorus condition. The following traits were evaluated at the six-leaf stage: days until V6 stage, plant height, daily growth, stem diameter, dry matter of aerial part, root and total, root/aerial part ratio, lateral and total root length, root surface area and total root volume, mean root diameter, and root tissue density. The generalized distance of Mahalanobis and grouping of Tocher were used for the analysis of diversity. Genetic correlations were estimated and a path analysis was performed, where the dry matter of aerial part was unfolded in direct and indirect effects. The effect of inbred lines and inbred lines x doses of phosphorus interaction were significant ($P < 0,01$) for all traits. The complex nature interaction was predominant. Diversity analysis grouped the inbred lines respectively into 28 and 18 groups in low and high phosphorus environments. The superior inbred lines were identified and the selection gains were obtained. The low phosphorus tolerance index allowed selection gains for the low phosphorus environment and the proposed selection index allowed gains for both environments.

1. Introdução

O milho é uma excelente fonte energética e é utilizado na alimentação humana e de animais, além de servir na fabricação de diversos produtos, tais como etanol, xaropes, cervejas, etc. Ele é o cereal produzido em maior volume no mundo. As estimativas mundiais de produção, na safra 2016/2017, são de 1,03 bilhões de grãos, em uma área plantada de 179,9 milhões de hectares, com produtividade média de 5,75 toneladas por hectare (USDA, 2017). O Brasil destaca-se como terceiro maior produtor mundial de milho. Na safra 2015/2016 a produção brasileira foi de 66,53 milhões de toneladas em uma área plantada de 15,92 milhões de hectares (CONAB, 2017b). Para a safra 2016/2017 estima-se uma produção de 96,03 milhões de toneladas em uma área de 17,39 milhões de hectares, com produtividade média de 5,52 toneladas por hectare (CONAB, 2017a). A produção de milho na safra 2016/2017 deve atingir produção recorde no país, devido principalmente às condições climáticas favoráveis e uso de tecnologia. Porém, quando comparadas a produtividade de milho brasileira de 5,52 toneladas por hectares com a produtividade de milho dos Estados Unidos de 11,01 toneladas por hectare, é possível observar que existe um potencial produtivo grande a ser explorado. O uso de adubações em doses inferiores às necessidades da cultura, as intemperes climáticas e a falta de irrigação, a baixa adaptabilidade dos genótipos utilizados e a baixa fertilidade dos solos brasileiros contribuem para a baixa produtividade de grãos de milho no país (MANZATTO, 2002).

Os solos brasileiros, em sua maioria, apresentam baixos níveis de P (NOVAIS e SMYTH, 1999; ROCHA et al., 2008; LYNCH, 2011). O fósforo (P) é o nutriente responsável pela armazenagem de energia para as células, através das ligações de fosfatos, dos compostos ADP (adenosina difosfato) e ATP (adenosina trifosfato). Além disso, o P faz parte de compostos nas células, como fosfolipídios, fosfato-açúcares, nucleotídeos e intermediários na respiração celular e fotossíntese (TAIZ e ZEIGER, 2004; ZHANG et al., 2014; JIANG et al., 2017). Ele é o terceiro nutriente mais extraído pela cultura do milho, e entre 80 a 90% do P extraído pela planta de milho é exportado pelos grãos (COELHO e FRANÇA, 2006). Estima-se que para cada tonelada de grãos de milho produzidos são extraídos 4 kg de P (COELHO e FRANÇA, 2006). Além de elevar os custos as fertilizações fosfatadas em excesso podem causar prejuízos ambientais tais como a eutrofização das águas dos rios, o

que causa o aumento de proliferação de microrganismos e redução do teor de oxigênio com consequente morte de peixes (NOVAIS e SMYTH, 1999). Ademais, aproximadamente 70% da biomassa produzida no planeta está sob solos com baixa disponibilidade de P, o que gera uma limitação no crescimento das plantas (LYNCH, 2011). Mais da metade da produção agrícola mundial está em solos com baixa disponibilidade de P.

Os mecanismos de resposta à deficiência de P no milho são aumento no número e comprimento de raízes laterais e pelos radiculares, e aumento na razão massa de raiz/parte aérea (ZHANG et al., 2014). Os sintomas de deficiência de P são redução no crescimento da parte aérea com atraso na floração e maturação, caules delgados, folhas malformadas com manchas necróticas e arroxeadas devido a produção de antocianinas, morte prematura das folhas mais velhas e aumento da relação massa de raiz/parte aérea (TAIZ e ZEIGER, 2004; LYNCH, 2011; BAYUELO-JIMÉNEZ e OCHOA-CADAVID, 2014).

Dentre as estratégias para mitigar o uso excessivo de P em regiões com problemas de eutrofização das águas e melhorar a produtividade em solos tropicais, que são muito intemperizados e pobres em P, pode-se destacar o desenvolvimento de genótipos mais eficientes no uso de P como alternativa viável para o equilíbrio entre produtividades elevadas e menor uso de adubos fosfatados. Os sistemas radiculares eficientes, além de contribuir para a adaptação das plantas, reduzem os impactos ambientais por perdas de P nos sistemas agrícolas, aumentam os ganhos na produção e contribuem para um sistema produtivo sustentável (BAYUELO-JIMÉNEZ et al., 2011; LYNCH, 2011). A plasticidade radicular e a morfologia radicular têm papel relevante para a absorção dos nutrientes (MAGALHÃES et al., 2011; BAYUELO-JIMÉNEZ et al., 2011).

Plantas com maior eficiência no uso de P representam uma estratégia para desenvolver sistemas agrícolas sustentáveis. O melhoramento genético pode contribuir para desenvolvimento de genótipos adaptados e produtivos em solos com deficiência de P, como por exemplo, dos solos da Ásia, África e América Latina. O desenvolvimento desses ainda contribui para a segurança alimentar nessas regiões de países pobres e em desenvolvimento. Tendo em vista o alto custo da exploração das reservas de P, essas regiões normalmente utilizam quantidades sub ótimas de fosfatos na produção agrícola (PARENTONI e JÚNIOR, 2008; WANG et al., 2010;

LYNCH, 2011). Zhang et al. (2015) avaliaram 826 acessos de milho tropical e temperado para a tolerância a baixo P. Os autores encontraram alta correlação entre tolerância ao baixo P e o desempenho agrônomo. Em outro trabalho, Parentoni e Souza Jr (2008) avaliaram 28 genótipos de milho contrastantes quanto à eficiência no uso de P em alto e baixo P para determinar a importância da aquisição e utilização interna na eficiência no uso de P. Eles encontraram que a eficiência de aquisição de P foi três vezes mais importante que a eficiência na utilização interna, em condição normal de P, e cerca de duas vezes em ambiente com baixo P. Assim, a eficiência no uso do P pode ser explicada principalmente pela eficiência em aquisição de P na cultura do milho. A eficiência de aquisição se deve principalmente à morfologia e arquitetura radicular e produção de exsudatos radiculares que atuam sobre o P ligado aos colóides do solo e associação com fungos micorrízicos (WANG et al., 2010; LI, et al., 2016). Li et al. (2016) descrevem que as modificações arquitetônicas no sistema radicular são importantes para melhorar a aquisição dos nutrientes. Segundo Ramaekers et al. (2010), há três estratégias importantes para aumentar a eficiência de aquisição de P nas plantas cultivadas: o desenvolvimento de plantas transgênicas; uso de práticas agrícolas para aumentar o crescimento de plantas em solos de P baixos como a inoculação de rizobactérias promotoras do crescimento de plantas e micorrizas; e o desenvolvimento de plantas melhoradas assistida por métodos moleculares para tolerância aos solos P baixos, que possibilita obter plantas adaptadas a condições de baixa disponibilidade de P.

Vários estudos têm relacionado caracteres de morfologia e arquitetura de raiz com maior aquisição de P em milho. Lynch (2011) destaca que a variação no comprimento de raiz lateral contribui para maior aquisição de P, principalmente em solos pobres em P. Zhang et al. (2014) avaliaram 456 linhagens endogâmicas de milho para caracteres de morfologia de raiz em condições de alta e baixa disponibilidade de P. Com base na avaliação de caracteres de raiz, eles identificaram linhagens de milho mais tolerantes e adaptadas à deficiência de P. Essas apresentaram maior comprimento de raízes laterais e área superficial de raízes, redução no diâmetro médio de raízes, aumento na razão massa raiz/parte aérea. Segundo esses autores, o comprimento de raiz lateral é um caractere muito importante na seleção de linhagens de milho mais tolerantes ao baixo P no solo.

Jiang et al. (2017) avaliaram duas linhagens de milho: uma suscetível e outra tolerante à deficiência de P. Segundo os autores, as linhagens responderam a deficiência de P com aumento do comprimento, da área superficial e do volume do sistema radicular. A linhagem tolerante ainda teve resposta de maior transcrição de genes favoráveis a adaptação que a linhagem suscetível. Em outro trabalho, Wu et al. (2016) encontraram maior densidade de raízes laterais em regiões intermediárias do sistema radicular em híbridos de milho avaliados a campo. O aumento de raízes laterais e pelos radiculares são respostas observadas em plantas de milho cultivadas em solos com restrição de P (LI et al., 2016). O aumento do crescimento das raízes laterais foi vantajoso em relação custo benefício em condições de restrição de P no solo na cultura do milho (ZHU e LYNCH, 2004).

Trabalhos realizados com linhagens endogâmicas de milho (ZHU e LYNCH, 2004) e populações nativas de milho no México (BAYELO-JIMÉNEZ et al., 2011) mostraram que as principais respostas dos genótipos de milho eficientes à deficiência de P são: maior comprimento de raiz lateral, redução no diâmetro médio das raízes, aumento da taxa de crescimento relativo da planta com aumento da massa de parte aérea e raiz, aumento da aquisição de P e redução na taxa de respiração das raízes com menor gasto de carbono pela planta. Mundim et al. (2013) avaliaram um conjunto de 23 linhagens de milho pipoca para identificar linhagens eficientes e ineficientes em baixo P. Nos estádios iniciais, a eficiência de aquisição foi importante para a eficiência de uso de P e pode ser usada como critério de seleção, tendo em vista o alto efeito direto da eficiência de aquisição na eficiência do uso em alto e baixo P.

Para se obter sucesso no programa de melhoramento, é importante a caracterização fenotípica e genotípica do material genético do banco de germoplasma pelo melhorista (GARCIA et al., 2015). Diante do exposto, estudos de caracterização do germoplasma disponível ao melhorista para caracteres de raiz em condições de estresse de P torna-se ferramenta importante, uma vez que a compreensão da morfologia, profundidade e distribuição de raízes afetam a capacidade de absorção de nutrientes do sistema radicular. Assim, os objetivos deste trabalho foram: (i) caracterizar 151 linhagens de milho para caracteres de morfologia de raiz e parte aérea em condições contrastantes de fósforo; (ii) quantificar a variabilidade genotípica para caracteres de morfologia de raiz em

linhagens de milho e a interação linhagens x doses de fósforo; (iii) estimar as correlações genéticas entre os caracteres avaliados; (iv) agrupar as linhagens com base na diversidade genética em condições contrastantes de fósforo; e (v) selecionar as linhagens promissoras para adaptação em condições de baixo fósforo e orientar o planejamento do programa de melhoramento.

2. Material e Métodos

2.1 Material Genético

Foram utilizadas 151 linhagens endogâmicas de milho tropical oriundas do Banco Ativo de Germoplasma do Programa Milho®, Programa de Melhoramento de Milho da Universidade Federal de Viçosa, Departamento de Fitotecnia. Estas linhagens foram extraídas de diferentes fontes de germoplasma como híbridos comerciais, sintéticos, populações melhoradas e variedades de polinização aberta.

2.2 Caracterização e Avaliação das Linhagens

Dois experimentos foram conduzidos em casa de vegetação, localizada no Campo Experimental Diogo Alves de Mello, pertencente ao Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa (latitude 20°46'S; longitude 42°52'W; 640 metros de altitude), no período de novembro de 2016 a março de 2017. Um experimento foi conduzindo com dose normal de P (alto P) e o outro sem aplicação de P nas plantas (baixo P). O delineamento utilizado foi blocos ao acaso com três repetições casualizadas no tempo. Cada unidade experimental foi constituída de uma planta em um tubo de PVC com as seguintes dimensões: 0,10 m de diâmetro, 0,50 m de altura e volume de 3,9 dm³. Cada tubo foi preenchido com o substrato areia lavada. A semeadura foi realizada nos dias 10/11/2016, 19/12/2016 e 26/01/2017, com três sementes por tubo para garantir uma planta por parcela. O desbaste foi realizado sete dias após a semeadura deixando-se uma planta por parcela. A partir do oitavo dia após a semeadura, as plântulas foram fertirrigadas com 0,2 L de solução nutritiva em dias alternados, por um período de 30 dias. Nos dias em que não foi fornecida solução nutritiva, as plantas foram irrigadas com água deionizada, mantendo-se a umidade próxima da capacidade de campo. Foi utilizada solução nutritiva adaptada à descrita por Zhang et al. (2014). A solução com P foi constituída de: (em mmol L⁻¹) 4,0 Ca(NO₃)₂, 6,0 KNO₃, 2,0 MgSO₄, 1,5 NH₄H₂PO₄ e

(em $\mu\text{mol L}^{-1}$) 46 H_3BO_3 , 7,8 MnSO_4 , 0,32 CuSO_4 , 0,76 ZnSO_4 , 0,016 $(\text{NH}_4)_6\text{Mo}_7\text{O}_{24}$, e 100 Fe-EDTA. A solução nutritiva que foi fornecida ao experimento de baixo P não conteve N $\text{H}_4\text{H}_2\text{PO}_4$ e tinha 0,75 mmol L^{-1} NH_4NO_3 , ou seja, o experimento de baixo P não teve nenhum aporte de P nem no substrato nem via solução nutritiva. A concentração de nitrogênio no experimento de baixo P foi corrigida pelo fato da fonte de P usada no experimento de alto P também conter nitrogênio.

As plantas foram coletadas no estágio vegetativo de seis folhas completamente desenvolvidas (V6). No momento da coleta das plântulas, as raízes foram separadas da parte aérea, as plântulas foram cortadas ao nível do solo, a parte aérea de cada parcela foi acondicionada em sacos de papel identificados e colocada em estufa de circulação forçada de ar a 70°C por 72 horas. A parte radicular foi lavada e acondicionada em solução de 25% de álcool e, posteriormente, avaliadas utilizando-se o software WinRHIZO Pro 2007a, acoplado ao scanner EpsonXL 1000 equipado com luz adicional (TPU), com base nos procedimentos sugeridos por Bouma et al. (2000). Conforme estabelecido por Trachsel et al. (2009), fragmentos com diâmetro inferior a 0,5 mm foram considerados raízes laterais e fragmentos com diâmetro superior a 0,5 mm foram considerados raízes axiais. A soma do comprimento de raiz lateral e axial resultou no comprimento total de raízes. Após a avaliação do sistema radicular, as raízes foram levadas para secagem em estufa a 70°C por 72 horas, e obteve-se a massa de raízes seca. Além da massa da parte aérea e raízes secas, também foi calculada a massa total seca e razão massa raiz/parte aérea e a densidade de tecido radicular. A densidade do tecido radicular foi obtida pela razão entre a massa de raízes secas pelo volume total de raízes (BIROUSTE et al., 2014; LYNCH e HO, 2005).

Os seguintes caracteres foram avaliados: dias da semeadura até o estágio V6 (V6, dia), altura de planta (AP, cm), diâmetro do colmo (DC, mm), crescimento diário (CD, cm dia^{-1}), massa da parte aérea seca (MPAS, mg), massa de raiz seca (MRS, mg), massa total seca (MTS, mg), razão massa de raiz/parte aérea (RS/PAS, mg mg^{-1}), comprimento de raiz lateral (CRL, cm), comprimento total de raiz total (CRT, cm), área superficial de raiz total (ASRT, cm^2), volume de raiz total (VRT, cm^3), diâmetro médio de raiz (DMR, mm), e densidade de tecido radicular (DTR, mg cm^{-3}).

2.3 Análises Estatísticas

As análises de variância foram realizadas com auxílio do Software Genes (CRUZ, 2013). Para a análise conjunta dos experimentos foi adotado o seguinte modelo estatístico: $y_{ijk} = \mu + g_i + a_j + ga_{ij} + b/a_{jk} + \varepsilon_{ijk}$, em que: y_{ijk} é o valor da variável resposta referente à observação na linhagem i , no ambiente j (nível de P) e bloco k ; μ é a média geral, g_i é o efeito de linhagem, a_j é o efeito de ambiente (nível de P), ga_{ij} é o efeito da interação entre linhagens e doses de P, b/a_{kj} é o efeito do bloco k dentro do ambiente j e ε_{ijk} é o efeito do erro aleatório associado à observação y_{ijk} . Os efeitos de linhagens, doses de P e linhagens x doses de P considerados fixos e a significância foi testada pelo teste F da anova. Os efeitos de bloco foram considerados aleatórios. Os coeficientes de correlação genotípicos entre os caracteres avaliados em condição de alto e baixo P foram estimados e testados a 5% de probabilidade pelo teste t. Os coeficientes de correlação de Spearman foram obtidos entre os experimentos alto e baixo P, para cada caractere avaliado.

Com intuito de identificar caracteres com efeito direto sobre massa de parte aérea seca, as estimativas de correlações entre caracteres de morfologia de raiz e parte aérea foram desdobradas em efeitos diretos e indiretos por meio de análise de trilha (Wright, 1921). As matrizes de correlação genotípica foram usadas para realização da análise de trilha. O diagnóstico de multicolinearidade foi realizado na matriz de correlação genotípica dos caracteres explicativos com intuito de identificar a existência de relações lineares entre linhas ou colunas dessa matriz (CRUZ e CARNEIRO, 2003). Devido à colinearidade severa detectada, baseada na classificação proposta por Montgomery e Peck (2001), foi realizado o descarte de caracteres a fim de eliminar a multicolinearidade para se tornar possível a realização das análises estatísticas de trilha e de diversidade genética. Os critérios utilizados para o descarte dos caracteres foram: o critério proposto por Jolliffe (1972, 1973) e Mardia et al. (1979) que orienta o descarte de variáveis com maior autovetores nos menores autovalores da matriz de correlação genética, ou seja, recomenda o descarte da variável com maior autovetor em cada autovalor menor que 0,7. Este critério quantifica a contribuição relativa dos caracteres para diversidade genética e orienta a escolha dos caracteres que mais contribuem para a diversidade genética, onde os caracteres de maior peso nos últimos autovalores são descartados. Os mesmos caracteres foram eliminados nos dois experimentos, para possibilitar a

comparação dos agrupamentos nos ambientes estudados, oriundos das análises de diversidade genética.

Para estimar a diversidade genética entre linhagens de milho tropical nos ambientes de alto e baixo P, foi estimada a distância generalizada de Mahalanobis (1936) (D^2), e as linhagens foram agrupadas pelo método de otimização de Tocher (CRUZ et al., 2012; CRUZ et al., 2011). Este método de agrupamento garante que a média das medidas intragrupo seja menor que as distâncias médias intergrupos.

O interesse maior dos programas de melhoramento é a seleção de genótipos superiores e obtenção de ganhos e progressos genéticos. Assim foi adotado um índice de tolerância ao baixo P (ITBP) proposto por Zhang et al. (2014), no qual é considerado os caracteres com maior contribuição para a variabilidade genotípica. O índice é obtido pela razão entre as médias de cada caractere em ambiente de baixo P pela média do caractere em ambiente de alto P. A média das razões é o ITBP, em que genótipos com valores de $ITBP < 0,75$ são considerados ineficientes para ambientes com baixo P, genótipos com valores $0,75 < ITBP < 0,90$ são moderadamente tolerantes a baixos níveis de P e genótipos com $ITBP > 0,90$ são considerados tolerantes ao baixo P. Os caracteres de maior importância foram definidos entre os caracteres utilizados para as estimativas de diversidade genética e a importância relativa foi estimada pelo Software Genes com base na distância generalizada de Mahalanobis e variáveis canônicas (CRUZ, 2013).

Os métodos de seleção permitem ganhos para um número restrito de variáveis. Porém, o objetivo do melhoramento genético em determinadas circunstâncias é obter ganhos com seleção para o maior número de caracteres possíveis, visando também à manutenção da variabilidade genotípica no banco de germoplasma. Um dos objetivos da avaliação de linhagens é a seleção de genótipos promissores para a realização de dialelos. A seleção de genótipos com maior número de caracteres favoráveis é uma estratégia viável para o sucesso do programa de melhoramento. O melhoramento para condições de estresse abiótico está relacionado diretamente com a avaliação do sistema radicular das plantas. Mas o grande número de caracteres avaliados dificulta a seleção por metodologias tradicionais. Assim, foi proposto um índice de seleção baseado em múltiplos caracteres para possibilitar o ganho de seleção para vários caracteres. Os caracteres considerados no índice proposto tem o mesmo peso. Sendo atribuído o

valor 1 quando a média do genótipo é superior a média do caractere, quando se deseja aumentar o valor do caractere, ou quando a média do genótipo for menor que a média quando se deseja reduzir o valor do caractere. Quando as condições acima não são atendidas é atribuído valor zero. A soma dos valores dos caracteres para cada genótipo é o índice proposto, ou seja, o número de caracteres favoráveis. A seleção é realizada com base nos maiores valores obtidos pelo índice. Para obtenção do índice proposto os caracteres obtidos pela razão de outros caracteres não são considerados. Os dados foram padronizados para não haver efeito de escala.

As estimativas de ganhos de seleção (GS) foram obtidos para o ITBP e o índice de seleção proposto através do diferencial de seleção e coeficiente de determinação genotípico, em que o ganho $GS = DS \times H^2$, em que GS é o ganho com a seleção, H^2 é o coeficiente de determinação genotípico, e DS é o diferencial de seleção obtido por $DS = \bar{X}_S - \bar{X}_0$, em que $\bar{X}_S$ é a média dos genótipos selecionados para o caractere e $\bar{X}_0$ é a média geral do caractere. O ganho de seleção em percentagem é obtido por $GS\% = \frac{100 \times GS}{\bar{X}_0}$. Os ganhos pela seleção indireta, pela seleção no ambiente de alto P e resposta no ambiente de baixo P e vice-versa. O GS indireto é obtido por $GS_{j(i)} = DS_{j(i)} \times H_j^2$, em que $GS_{j(i)}$ é o ganho de seleção indireto obtido no ambiente j, com base nos genótipos selecionados no ambiente i, $DS_{j(i)}$ é o diferencial de seleção para o ambiente j com base nos genótipos selecionados no ambiente i, $DS_{j(i)} = \bar{X}_{Sj} - \bar{X}_{0j}$, e H_j^2 é o coeficiente de determinação genotípico do ambiente j. O $GS\%_{j(i)}$ é obtido por $GS\%_{j(i)} = \frac{100 \times GS_{j(i)}}{\bar{X}_{0j}}$ (CRUZ, 2005; CRUZ et al., 2012).

3. Resultados e Discussão

3.1 Amplitude e média de valores genotípicos

Os coeficientes de variação (CV%) obtidos variaram de 3,96% (DV6) a 21,04% (CRL) no ambiente de alto P e de 4,65% (DV6) a 21,79% (CRL) no ambiente de baixo P (Tabela 1). Esses estão em acordo, dentro de uma faixa geral, com outros trabalhos da literatura para avaliação de caracteres dessa natureza em condições de estresse de P (ZHANG et al., 2015; ZHANG et al., 2014; MUNDIM et al., 2013; KUMAR et al., 2012; ROCHA et al., 2008). A fonte de variação linhagens e

interação linhagens x doses de P foram significativas ($P<0,01$) nos experimentos de alto e baixo P e na análise conjunta. A fonte de variação doses de P na análise conjunta foi significativa ($P<0,01$) para os caracteres avaliados, com exceção do DMR ($P<0,05$).

Em relação aos valores fenotípicos máximos e mínimos observados, no experimento de baixo P a maior amplitude de variação foi observada no caractere CRL (1863%), seguida pelos caracteres CRT (633%), CD (567%) e VRT (554%). Essa variação mostra que a resposta diferenciada das linhagens ao estresse de P, provavelmente se deve a presença e expressão diferenciada de genes responsáveis pelo crescimento de raízes, em especial de raízes com menor diâmetro. No experimento de alto P a maior variação na amplitude das médias foi observada para os caracteres MRS (3050%), VRT (1757%), ASRT (1309%), MTS (1173%) e CRL (1107%) (Tabela1). Esses valores permitem observar a grande variabilidade existente principalmente nos caracteres radiculares, como a MRS. Altas amplitudes de valores fenotípicos favorecem a seleção de genótipos e possibilita aumentar o ganho com a seleção. Em condições de estresse abiótico, como baixo P, a amplitude dos valores fenotípicos mostram também a diferença de adaptabilidade dos genótipos e ainda representa a diversidade genética que existe entre as linhagens sendo de interesse para a exploração de genótipos com adaptação a condições de deficiência nutricional, em especial para o P. Parentoni e Junior (2008) em trabalho com avaliação de 28 genótipos de milho tropical descrevem a importância do aumento da área superficial e volume de raízes para o aumento da aquisição de P em ambientes com baixas disponibilidades do elemento. Em outro trabalho realizado por Li et al. (2007) explicam que o aumento da área de superfície absorptiva da raiz, no número e comprimento médio das raízes laterais, volume radicular, comprimento total da raiz, expandiram a área de contato superfície-solo radicular e exploraram um volume maior do solo, o que foi significativo para a aquisição do P devido à baixa mobilidade do P no solo.

Em relação as médias dos caracteres, houve aumento na média para a maioria dos caracteres avaliados na condição de alto P. A MPAS teve aumento médio de 156% em alto P, tendo em vista que um dos principais sintomas de deficiência de P é a redução no crescimento e desenvolvimento da parte aérea das plantas. Houve também incremento significativo para os caracteres CD (125%), MTS

(117%) e DC (94%) no experimento de alto P quando comparado com o baixo P. Assim é possível verificar que os caracteres que mais tiveram suas médias reduzidas pelo estresse de P foram os relacionados com a parte aérea. Consequentemente, isso refletiu, em redução no desenvolvimento e crescimento da planta com pode ser observado pelo aumento no número de dias para atingir o estágio V6 no experimento de baixo P. O número de dias para atingir o estágio V6 foi maior no ambiente de baixo P, isso indica que a falta de P gera redução no crescimento vegetativo, e a planta necessita mais tempo para completar cada estágio. Assim o estresse de P causa atraso no desenvolvimento de forma que cerca de 50% das plantas em ambiente de baixo P não atingiram o estágio V6 enquanto que todas as plantas em ambiente com P atingiram o estágio V6 antes do término do experimento. Lynch (2011) explica que a resposta ao estresse por P nas plantas anuais é o atraso na floração e maturação. No trabalho realizado por Bayuelo-Jiménez (2011), foi demonstrado que a maturação retardada é uma adaptação positiva à baixa disponibilidade de P nas plantas anuais, uma vez que uma estação de crescimento prolongada aumentaria a aquisição de P permitindo o crescimento contínuo da raiz e estendendo o período em que as raízes existentes adquirem P. Zhang et al. (2014) encontraram resultados semelhantes em avaliação realizada em 456 acessos de milho temperado e tropical para caracteres radiculares na fase de plântula em condições normais e sem P. Eles relataram que, em condições de baixa disponibilidade de P, houve aumento na razão entre massa de raiz e parte aérea e redução no comprimento de raiz lateral e total, área superficial e volume bem como massa de raiz, parte aérea e total da planta.

Bayuelo-Jimenez et al. (2011) avaliaram 242 acessos de milho de origem da região de Purhepecha no México em condições a campo, e os resultados mostram que os genótipos eficientes em condições de baixa disponibilidade de P aumentaram os pesos secos da raiz e da parte aérea e a relação raiz/parte aérea, e que os acessos que foram P eficientes mantiveram uma razão mais alta da massa de raiz/parte aérea em baixo P. Os acessos eficientes tiveram maior alocação da biomassa às raízes do que acessos ineficientes e, logo, o enraizamento lateral aumentou em estresse de P. Além disso, a RS/PAS teve média superior em baixo P, o que indica que maior percentual dos fotoassimilados foram destinados para a

parte radicular no experimento de baixo P, e esta é uma resposta fisiológica das plantas a falta de P (TAIZ e ZEIGER, 2004).

O ITBP mede a razão entre as médias dos caracteres em baixo P e alto P, e valores maiores que um indicam que a média dos caracteres é maior em baixo P e valores menores que 1 média superior em alto P. O índice de tolerância ao baixo P (ITBP) da MRS foi maior que o da MPAS, ou seja, o déficit de P causou redução maior na média da MPAS do que na MRS, e em média, os genótipos destinaram mais carbono e energia no estabelecimento do sistema radicular em detrimento do crescimento da parte aérea, o que é um caractere importante para a adaptação dos genótipos em condições de deficiência de P, pelo aumento do volume de solo explorado com aumento do número e massa de raízes.

O aumento do CRL representa uma adaptação para aumento da aquisição de nutrientes, em especial o P, tendo em vista que as raízes de menor diâmetro contribuem mais para o aumento do volume de solo explorado e são responsáveis pela interceptação e aquisição da maior parte dos nutrientes (ZHU e LYNCH, 2004; ZHU et al., 2006; LI et al., 2007; LYNCH, 2011). O DMR está associado diretamente com o CRL, em que o aumento do comprimento de raízes finas leva a redução no diâmetro médio. Os resultados obtidos mostram a redução no DMR no ambiente de baixo P. Lynch e Ho (2005), Coelho et al. (2006) e Rocha et al. (2008) relataram a formação de grandes espaços aéreos ou aerênquimas no sistema radicular como adaptação anatômica radicular ao estresse de baixo P, ou seja, os espaços aéreos contribuem para a redução na densidade do tecido radicular. A presença de aerênquima contribui para um menor gasto energético com o desenvolvimento do sistema radicular em condições de baixa disponibilidade de P em milho. Assim, menor valor de DTR indica genótipos com maior adaptação ao baixo P e reduzido gasto metabólico no desenvolvimento de raízes e sua taxa de respiração.

O ITBP mostra que os caracteres que apresentam maior redução na média em baixo P foram MPAS (0,39), CD (0,44) e DC (0,52). Os caracteres radiculares apresentaram valores de ITBP semelhantes CRT, CRL e MRS (0,68), ASRT (0,62) e VRT (0,57). Os valores do ITBP próximos para os caracteres radiculares podem levar a conclusão que as respostas encontradas podem ter ocorrido pela expressão de genes que controlam esses caracteres, o que indica que a pleiotropia e a ligação gênica podem ser explicações para os resultados.

Tabela 1 Valores mínimos, médios e máximos, coeficiente de variação (CV%) e índice de tolerância ao baixo fósforo (ITBP) para os caracteres dias até V6 (V6, dias), altura de planta (AP, cm), crescimento diário (CD, cm), diâmetro de colmo (DC, mm), massa de parte aérea seca (MPAS, mg), massa de raiz seca (MRS, mg), massa total seca (MTS, mg), razão massa de raiz/parte aérea (RS/PAS), comprimento de raiz lateral (CRL, cm), comprimento de raiz total (CRT, cm), área superficial de raiz total (ASRT, cm²), volume de raiz total (VRT, cm³), diâmetro médio de raiz (DMR, mm) e densidade do tecido radicular (DTR, mg cm⁻³) avaliados em 151 linhagens endogâmicas de milho tropical em condições de baixo e alto P

Caractere	Baixo fósforo				Alto fósforo				ITBP ^{1/}
	Mín.	Média	Máx.	CV(%)	Mín.	Média	Máx.	CV(%)	
V6	25	36,25	38	4,65	20	25,78	33	3,96	1,41
AP	3,30	10,99	19,40	13,20	8,50	18,09	30,20	8,49	0,61
CD	0,09	0,31	0,6	14,96	0,35	0,70	1,04	8,21	0,44
DC	2,15	4,49	6,55	12,81	4,10	8,70	13,7	8,23	0,52
MPAS	200	665,48	1160	17,79	400	1701,13	4450	17,96	0,39
MRS	140	358,99	670	16,67	40	525,17	1260	18,64	0,68
MTS	340	1024,48	1780	16,52	440	2226,29	5600	16,53	0,46
RS/PAS	0,27	0,55	1,11	12,29	0,06	0,32	0,63	15,93	1,72
CRL	135,65	1048,99	2662,69	21,79	242,85	1533,24	2930,56	21,04	0,68
CRT	471,16	1569,73	3454,13	18,16	446,76	2297,37	4690,85	17,55	0,68
ASRT	100,16	266,30	479,60	16,03	67,62	426,40	952,89	14,14	0,62
VRT	1,12	3,65	7,32	17,29	0,81	6,38	15,04	16,01	0,57
DMR	0,37	0,55	0,86	7,70	0,37	0,59	0,80	8,78	0,93
DTR	69,65	99,29	150,54	8,50	16,40	82,83	152,14	12,18	1,20

^{1/} ITBP = $\frac{\overline{BP}}{\overline{AP}}$, onde $\overline{BP}$ e $\overline{AP}$ são as médias fenotípicas nos ambientes de baixo e alto P, respectivamente.

3.2 Estimativas de componentes quadráticos e coeficiente de determinação genotípico

Para o sucesso do melhoramento de plantas é importante a existência de variabilidade genotípica do material estudado. As linhagens avaliadas apresentaram variabilidade genotípica, o que favorece a prática de seleção e obtenção de ganhos genéticos. O efeito de linhagens foi significativo ($P<0,01$) para todos os caracteres estudados na análise conjunta e para as análises individuais nos experimentos de alto e baixo P (Tabela 2). O efeito dos níveis de P também foi significativo ($P<0,01$) para os caracteres estudados com exceção do caractere DMR ($P<0,05$). A interação entre os dois níveis de P x linhagens teve efeito significativo ($P<0,01$) o que pode repercutir na expressão diferencial dos genes nos ambientes avaliados (CRUZ et al., 2012). A interação genótipo x ambiente é composta por uma parte simples, causada pela diferença de variabilidade entre os genótipos nos ambientes, e complexa, causada pela falta de correlação entre os genótipos (CRUZ et al., 2012). A interação de natureza complexa causa maiores problemas no melhoramento e exige, estratégias de seleção direcionadas para cada ambiente. As linhagens avaliadas apresentaram interação de natureza predominantemente complexa, ou seja, há alteração no ordenamento dos genótipos nos ambientes de alto e baixo P. Assim, as análises de diversidade genética e a seleção de linhagens superiores foram realizadas em cada ambiente. As estimativas dos componentes quadráticos para a análise conjunta foram significativa ($P<0,01$) mesmo com a interação linhagens x ambientes significativa ($P<0,01$) para todos os caracteres. Levando-se em conta o fato da interação consumir parte da variabilidade genotípica na análise conjunta, a alta significância do componente quadrático indica que o painel de linhagens estudado tem muita variabilidade genotípica e potencial para fins de melhoramento para o estresse abiótico por baixo P (BAYUELO-JIMENEZ et al., 2011; LYNCH, 2011).

As estimativas de coeficiente de determinação genotípico em nível de média das linhagens foram superiores a 50%. No ambiente de baixo P, os coeficientes foram de alta magnitude ($>70\%$), e no ambiente de alto P, com exceção de CRL, DMR e DTR, os demais caracteres apresentaram estimativas de coeficiente de determinação genotípico de alta magnitude. Altas estimativas de coeficiente de determinação genotípico ($\hat{H}^2$) contribuem para o aumento dos ganhos por seleção,

pois é fator de ponderação do diferencial de seleção para obter o ganho de seleção. Os ($\hat{H}^2$) no ambiente de alto P foram maiores que no ambiente de baixo P, com exceção dos caracteres RS/PAS, CRL, CRT, DMR e DTR, estes resultados corroboram com os obtidos por Zhang et al. (2014) avaliando linhagens endogâmicas de milho, por Mundim et al. (2013) em estudos conduzido com 23 linhagens de milho pipoca em condições de alto e baixos níveis de P, e por Kumar et al. (2012) avaliando um painel de 74 linhagens de milho em estádios de 6, 10 e 14 dias para vários caracteres de raiz.

Condições adversas, como a deficiência nutricional, podem refletir em maior variância ambiental, ou seja, as estimativas do ($\hat{H}^2$) tendem a apresentar estimativas superiores em condições ótimas de desenvolvimento das plantas, pois condições de estresse causam o aumento dos efeitos residuais, o que inflaciona o denominador da herdabilidade e, conseqüentemente, reduz as magnitudes de suas estimativas (GRIFFITHS et al., 2013). Outros fatores podem interferir nas estimativas do coeficiente de determinação genotípico, como: a expressão de genes com efeitos aditivos ou de dominância, em que os valores devido aos desvios de dominância não são herdáveis; os efeitos epistáticos, onde um alelo atua sobre a expressão de outros genes; e efeitos de interação genótipos x ambientes, pois o modelo simples para os valores fenotípicos resulta da soma dos valores genéticos e ambientais. Assim a existência de componente de interação significativo alteram as estimativas de herdabilidade (GRIFFITHS et al., 2013; BORÉM e MIRANDA, 2013). Além disso, a unidade de seleção considerada também altera a estimativa do ($\hat{H}^2$).

Altas estimativas de coeficiente de determinação genotípico estão relacionadas a altas correlações entre os valores fenotípicos e genotípicos, de forma que as diferenças obtidas entre genótipos traduz a verdadeira diferença genética, o que gera segurança e sucesso na seleção dos genótipos superiores. Caracteres importantes para a adaptação em condições de baixo P como MRS, RS/PAS e VRT apresentaram ($\hat{H}^2$) acima de 80% no ambiente de baixo P. Esses resultados, aliados com a variabilidade genotípica apresentada pelas linhagens, possibilitam ganhos com a seleção para caracteres importantes para adaptação aos ambientes de baixo P.

A acurácia seletiva (AC) é uma medida da avaliação da qualidade dos experimentos, e se baseia na magnitude da variação residual, número de repetições

e da proporção entre as variações de natureza genética e residual associadas aos caracteres avaliados (RESENDE e DUARTE, 2007). Esses autores classificam os valores de AC, onde valores acima de 0,90 são considerados muito alta e são associados a valores de teste F acima de 5. Valores entre 0,70 e 0,90 são considerados altos. Os valores de AC obtidos nos experimentos são classificados como altos e muito altos, o que mostra a alta precisão experimental. Além disso, a alta acurácia na predição dos valores genéticos favorece ganhos na seleção.

Tabela 2 Estimativas dos componentes quadráticos e coeficiente de determinação genotípico com base em média de linhagens para os caracteres dias até V6 (V6, dias), altura de planta (AP, cm), crescimento diário (CD, cm dia⁻¹), diâmetro de colmo (DC, cm), massa de parte aérea seca (MPAS, mg), massa de raiz seca (MRS, mg), massa total seca (MTS, mg), razão massa de raiz/parte aérea (RS/PAS), comprimento de raiz lateral (CRL, cm), comprimento de raiz total (CRT, cm), área superficial de raiz total (ASRT, cm²), volume de raiz total (VRT, cm³), diâmetro médio de raiz (DMR, mm) e densidade do tecido radicular (DTR, mg cm⁻³) avaliados em 151 linhagens endogâmicas de milho tropical em condições de alto e baixo P

Caractere	Baixo fósforo			Alto fósforo			Análise conjunta					
	$\phi_g^{1/}$	$\hat{H}^2$	AC ^{2/}	ϕ_g	$\hat{H}^2$	AC	ϕ_a	ϕ_g	ϕ_{ga}	%IC ^{3/}	$\hat{H}^2$	AC
V6	3,76**	0,80	0,89	3,03**	0,90	0,95	54,42**	3,10**	0,58**	51,78	90,54	0,95
AP	2,78**	0,80	0,89	8,26**	0,91	0,96	24,94**	4,14**	2,76**	58,05	91,76	0,96
CD	0,003**	0,80	0,89	0,01**	0,88	0,94	0,08**	0,004**	0,003**	63,88	89,62	0,95
DC	0,31**	0,74	0,86	1,35**	0,89	0,94	8,79**	0,50**	0,67**	70,58	87,65	0,94
MPAS	19300,59**	0,81	0,90	283211,61**	0,90	0,95	531813,09**	91175,33**	120161,54**	32,33	91,06	0,95
MRS	6216,40**	0,84	0,92	20260,95**	0,86	0,93	13555,57**	8723,30**	9030,75**	65,98	88,83	0,94
MTS	38787,19**	0,80	0,90	438747,29**	0,91	0,95	715785,58**	143859,88**	189814,74**	39,48	91,32	0,96
RS/PAS	0,01**	0,88	0,94	0,002**	0,73	0,85	0,03**	0,005**	0,003**	43,61	89,35	0,95
CRL	60534,27**	0,78	0,88	70002,99**	0,67	0,82	115366,05**	52011,39**	26514,48**	74,15	79,97	0,89
CRT	92465,34**	0,77	0,88	165269,69**	0,75	0,87	261287,39**	96824,34**	64086,33**	71,90	82,65	0,91
ASRT	2386,86**	0,80	0,89	8259,85**	0,87	0,93	12665,89**	3754,85**	3137,00**	59,56	89,19	0,94
VRT	0,60**	0,82	0,91	2,79**	0,89	0,94	3,67**	1,18**	1,02**	49,98	90,79	0,95
DMR	0,002**	0,81	0,90	0,002**	0,67	0,82	0,001*	0,002**	0,0006**	67,87	83,31	0,91
DTR	93,85**	0,80	0,89	40,90**	0,55	0,74	130,67**	56,08**	22,58**	68,90	79,56	0,89

^{1/} ϕ_g : estimativa do componente quadrático genotípico; ϕ_a : estimativa do componente quadrático de ambientes; ϕ_{ga} : estimativa do componente quadrático da interação linhagens x níveis de fósforo; $\hat{H}^2$: estimativa do coeficiente de determinação genotípico a nível de média de linhagens; ^{2/} AC: acurácia no processo de seleção; ^{3/} percentual complexa da interação; ** e *, significativo a 1% e a 5% de probabilidade, respectivamente, pelo teste F.

3.3 Correlações entre caracteres

As estimativas de correlação de Spearman, entre o desempenho médio das linhagens nos ambientes alto e baixo P para os caracteres foram significativas ($P < 0,01$), positivas e variaram de fraca a forte magnitude (Tabela 3, diagonal). O caractere V6 apresentou estimativa de correlação forte (0,73) entre os dois ambientes, isso indica que o ordenamento das linhagens em termos de ciclo precoce a tardio é pouco alterado com os diferentes níveis de P, ou seja, as doses de P não alterou o ciclo das linhagens. Os caracteres CD, DC, MPAS, MRS, MTS e ASRT e VRT apresentaram correlação fraca entre os ambientes alto e baixo P, ou seja, houve mudança no ordenamento das médias das linhagens e o desempenho das linhagens para esses caracteres foi diferente nos ambiente de alto e baixo P. As correlações entre os ambientes foram moderadas para os caracteres AP, RS/PAS, CRL, CRT, DMR e DTR. Estimativas de correlações de magnitude fraca a moderada mostram o comportamento diferencial dos genótipos frente aos dois distintos ambientes e o efeito dos níveis de P foi suficiente para reduzir as correlações entre ambientes, ou seja, alterar o ordenamento das linhagens nos ambientes. Caracteres de morfologia radicular são de natureza quantitativa, ou seja, sofrem maior influência ambiental e apresentam correlações menores que caracteres qualitativos (CRUZ, 2012; GRIFFITHS et al., 2013).

As correlações de Pearson, entre os caracteres, são causa da associação linear no comportamento dos genótipos nos dois ambientes, podem ser geradas pela pleiotropia ou ligação gênica. Uma provável explicação para as correlações fracas é a expressão de genes diferentes, além de maior ou menor expressão dos genes em cada ambiente. Além da expressão gênica, o número de genes e a natureza dos caracteres podem influenciar as correlações entre os ambientes. As correlações entre os caracteres avaliados em cada um dos ambientes são importantes para identificar associações lineares entre caracteres morfológicos de raiz e parte aérea. Avaliações do sistema radicular são trabalhosas e inviáveis em grande escala, principalmente, em nível de campo. Apesar dos resultados das avaliações em ambientes protegidos, em alguns casos, não serem iguais as obtidas em campo, é uma forma eficiente e bastante utilizada para avaliar grande número de genótipos. A associação linear de alta magnitude entre caracteres de raiz e parte aérea facilita a avaliação dos caracteres de raiz de maneira indireta, pois os

caracteres de parte aérea são de mais fácil mensuração e, dessa forma, possibilita a avaliação de maior número de genótipos. Além disso, a mensuração de alguns caracteres é de natureza não destrutiva da planta, como o DC e AP. A seleção indireta é possível quando as correlações ou associações lineares de causas genéticas entre os caracteres e a herdabilidade ou coeficiente de determinação genotípico dos caracteres são altos. Essas correlações genéticas podem ter duas causas principais, a ligação gênica, que é uma causa temporária e passível de ser quebrada pela recombinação ou crossing over, e a pleiotropia, que é uma causa permanente de correlação devido a expressão de um gene influenciar mais de um caractere (CRUZ et al., 2012). Correlações genéticas positivas, significativas ($P < 0,01$) e de magnitude muito forte foram observadas entre o VRT com MRS e ASRT, entre ASRT com MRS e CRT, e entre CRT e CRL em condição de alto P (Tabela 3). Essas associações genéticas entre caracteres radiculares de magnitude muito alta podem ser resultado de ligação gênica ou pleiotropia. As correlações entre caracteres de parte aérea e raízes foram significativas ($P < 0,01$) e de forte magnitude entre DC com MRS, ASRT e VRT e entre MPAS com MRS, CRT, ASRT e VRT. Essas associações podem ser usadas para a prática de seleção indireta com objetivo de obter linhagens com sistema radicular mais adaptado as condições de baixo P. Além disso, os caracteres de parte aérea são de mais fácil mensuração, e no caso do DC ainda serve como uma medida indireta de resistência ao acamamento de plantas. No milho, o acamamento de plantas aumenta as perdas e dificulta a colheita mecanizada, e está associada ao DC, sendo que a seleção de genótipos com maior DC reduz este problema (SANGOI et al., 2002; KAPPES et al., 2011). As estimativas de coeficiente de determinação genotípico para MPAS e DC foram altas e, assim, DC tem potencial para a seleção indireta de caracteres de raiz. A razão RS/PAS apresentou correlação muito fraca com os caracteres de raiz e correlação negativa, significativa ($P < 0,01$) e de magnitude moderada com os caracteres de parte aérea V6, AP, CD e MPAS. Zhang et al. (2014) também encontraram estimativas de correlação baixas ou não significativas para a razão RS/PAS em ambientes com e sem aplicação de P.

No ambiente de baixo P, apresentaram tendência de estimativas de menor valor e magnitude (Tabela 3). Essa redução se deve ao estresse causado pela drástica redução do P disponível as plantas. O melhoramento genético selecionou

genótipos responsivos a ambientes favoráveis por um longo período e assim, parte dos genes favoráveis à adaptação podem ter sido perdidos, mas podem ser encontrados em bancos de germoplasma bem como em acessos de milho criolos ou locais (LYNCH, 2011). O estresse causado pela deficiência nutricional gera a expressão diferenciada de genes na tentativa de reduzir o impacto da falta de P e explorar maior volume de solo para aquisição do P necessário pela planta. Condições de estresse nutricional podem alterar a expressão dos genes pelas plantas gerando novas combinações gênicas expressas, além de maior ou menor expressão de determinados genes, assim, através da síntese de novas proteínas e enzimas ou da alteração da quantidade destas, são produzidas as substâncias necessárias para a adaptação da planta, o que pode alterar as distâncias entre genes que são expressos e o número de caracteres influenciados por um mesmo gene, causando alterações nas correlações genéticas. Assim, era esperado que as correlações na condição de baixo P seriam menores que em alto P. Entre os caracteres radiculares que apresentaram correlação genética, positiva, significativa ($P < 0,01$) e de magnitude muito forte foram VRT com ASRT e também CRL com CRT. A MRS apresentou correlação forte com MST, ASRT e VRT, e a ASRT com CRT e CRL. Apesar das estimativas em baixo P apresentarem menor valor que em alto P, existe ainda uma associação linear importante entre os caracteres de raízes. Sendo essas correlações positivas a seleção em um destes caracteres leva a ganhos indiretos para os demais, tendo em vista que o aumento destes contribui para a adaptabilidade dos genótipos nestes ambientes de baixa disponibilidade de P. Uma das adaptações que mais contribui para a aquisição de P é o aumento do comprimento de raízes laterais (ZHU e LYNCH, 2004; BYELO-JIMÉNEZ et al., 2011; LI et al., 2016; WU et al., 2016).

No experimento em baixo P, a correlação entre CRT e DMR foi negativo e de magnitude moderada, esses resultados confirmam a hipótese que sob estresse ocorre o aumento de raízes de menor diâmetro e como consequência a redução no diâmetro médio das raízes (Tabela 3). Esse resultado revela a resposta de adaptação das linhagens avaliadas na condição de baixo P, e o potencial de uso destas para melhoramento genético para as condições de baixa disponibilidade de P. O crescimento diário é um caractere que mede o incremento de altura da planta por dia e apresentou correlação positiva e muito forte com a AP e correlação

negativa e moderada com V6. Isso leva a conclusão que os genótipos mais precoces apresentaram maior adaptação ao baixo P, ou seja, maior CD. A AP apresentou correlação muito alta com CD e muito fraca com V6, ou seja, as plantas com maior altura correspondem a maior crescimento diário. As correlações entre caracteres de parte aérea e radicular encontradas positivas, significativas ($P<0,01$) e moderadas foram entre DC com MRS, CRT, ASRT e VRT e entre MPAS com MRS, ASRT e VRT. Assim reforça a importância dos caracteres DC e MPAS para a seleção indireta para caracteres radiculares, tanto em ambientes de alto e baixo P. Zhang et al. (2015) em trabalho realizado com avaliação de 826 acessos de milho tropical e temperado de diversas regiões do mundo, avaliando em condições de alto e baixo P disponível a campo, com avaliações aos 23, 53 e 63 dias após semeadura avaliou a altura de plantas, e apresentaram correlações baixas em ambiente com P normal, e médias em baixo P na avaliação aos 23 dias, as correlações tenderam a reduzir com o passar do tempo, tendo em vista o aumento da complexidade das relações bioquímicas e fisiológicas que ocorrem nas plantas. Zhang et al. (2014) em trabalho realizado com avaliação de linhagens de milho com e sem aplicação de P obteve correlações positivas, significativas ($P<0,01$) e de magnitude média entre MPAS com CRT, ASRT e VRT. Em trabalho realizado por Mundim et al. (2013) os caracteres MPAS, MRS e MTS tiveram alta correlação com CRT, ASRT e VRT em ambiente com baixa disponibilidade de P, e em ambiente com alta disponibilidade de P os caracteres ASRT e VRT tiveram alta correlação com MPAS, MRS e MTS.

Tabela 3 Estimativas de correlações entre ambientes e correlações genéticas entre as médias dos caracteres dias até V6 (V6, dias), altura de planta (AP, cm), crescimento diário (CD, cm dia⁻¹), diâmetro de colmo (DC, mm), massa de parte aérea seca (MPAS, mg), massa de raiz seca (MRS, mg), massa total seca (MTS, mg), razão massa de raiz/parte aérea (RS/PAS), comprimento de raiz lateral (CRL, cm), comprimento de raiz total (CRT, cm), área superficial de raiz total (ASRT, cm²), volume de raiz total (VRT, cm³), diâmetro médio de raiz (DMR, mm) e densidade do tecido radicular (DTR, mg cm⁻³) avaliados em 151 linhagens endogâmicas de milho tropical em condições de alto e baixo P

Caractere	V6	AP	CD	DC	MPAS	MRS	MTS	RS/PAS	CRL	CRT	ASRT	VRT	DMR	DTR
V6	0,73** ^{1/}	0,62**	0,24**	0,78**	0,84**	0,73**	0,84**	-0,42**	0,38**	0,49**	0,60**	0,65**	0,62**	0,34**
AP	-0,16*	0,43**	0,91**	0,51**	0,74**	0,52**	0,70**	-0,60**	0,48**	0,50**	0,50**	0,47**	0,25**	0,20**
CD	-0,51**	0,93**	0,35**	0,22**	0,47**	0,25**	0,43**	-0,53**	0,38**	0,36**	0,30**	0,24**	-0,002 ^{ns}	0,05 ^{ns}
DC	-0,13 ^{ns}	0,27**	0,26**	0,22**	0,82**	0,82**	0,84**	-0,23**	0,62**	0,69**	0,75**	0,75**	0,58**	0,29**
MPAS	0,001 ^{ns}	0,45**	0,37**	0,81**	0,36**	0,89**	0,99**	-0,44**	0,68**	0,77**	0,83**	0,83**	0,59**	0,30**
MRS	-0,02 ^{ns}	0,03 ^{ns}	0,01 ^{ns}	0,64**	0,61**	0,25**	0,93**	-0,01 ^{ns}	0,68**	0,81**	0,92**	0,95**	0,76**	0,28**
MTS	-0,01 ^{ns}	0,33**	0,27**	0,83**	0,95**	0,83**	0,32**	-0,35**	0,70**	0,79**	0,87**	0,87**	0,64**	0,30**
RS/PAS	0,01 ^{ns}	-0,49**	-0,44**	-0,21**	-0,43**	0,44**	-0,12 ^{ns}	0,51**	-0,17*	-0,13 ^{ns}	-0,06 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	0,16*	-0,004 ^{ns}
CRL	-0,30**	0,18*	0,26**	0,35**	0,31**	0,48**	0,41**	0,17*	0,45**	0,97**	0,86**	0,73**	0,17*	-0,07 ^{ns}
CRT	-0,27**	0,18*	0,24**	0,40**	0,37**	0,60**	0,50**	0,24**	0,97**	0,40**	0,96**	0,87**	0,39**	-0,11 ^{ns}
ASRT	-0,17*	0,12 ^{ns}	0,14 ^{ns}	0,50**	0,49**	0,83**	0,67**	0,37**	0,78**	0,89**	0,37**	0,98**	0,63**	-0,06 ^{ns}
VRT	-0,03 ^{ns}	0,04 ^{ns}	0,02 ^{ns}	0,50**	0,50**	0,88**	0,71**	0,42**	0,44**	0,62**	0,91**	0,39**	0,77**	0,02 ^{ns}
DMR	0,25**	-0,17*	-0,25**	0,14 ^{ns}	0,19*	0,39**	0,29**	0,23**	-0,53**	-0,35**	0,10 ^{ns}	0,50**	0,52**	-0,09 ^{ns}
DTR	0,05 ^{ns}	-0,01 ^{ns}	-0,03 ^{ns}	0,35**	0,25**	0,28**	0,29**	0,08 ^{ns}	0,09 ^{ns}	0,001 ^{ns}	-0,12 ^{ns}	-0,19*	-0,21**	0,45**

^{1/}** e * significativo a 1% e a 5% de probabilidade, respectivamente, e ^{ns} não significativo, pelo teste t; Acima da diagonal – estimativas de correlações genéticas entre os caracteres no nível alto P; Abaixo da diagonal – estimativas de correlações genéticas entre os caracteres no nível baixo P; Diagonal – estimativas de correlações de Spearman entre ambientes alto e baixo P.

3.4 Análise de trilha entre caracteres

Para escolha dos caracteres para a análise de trilha levou-se em conta o critério de Jolliffe (1972, 1973) e Mardia et al. (1979), deixando as mesmas variáveis em alto e baixo P para fins de comparação dos ambientes, de forma que a matriz de correlação genética entre os caracteres não apresentou multicolinearidade. As estimativas de efeitos diretos e indiretos foram obtidas para os caracteres explicativos CRT, DMR, DC, CD e MRS sobre a variável principal MPAS (Tabela 4).

No ambiente de baixo P, o maior efeito direto foi o DC sobre MPAS (0,637) de magnitude moderada (Tabela 4). O DC ainda foi importante nos efeitos indiretos via MRS (0,41) sobre a MPAS. Os caracteres CRT, DMR, MRS apresentaram efeito direto muito fraco sobre a MPAS (efeito direto $<0,20$), ou seja, os genes que controlam esses caracteres, possivelmente tenham ação independente. Os caracteres de raiz em geral não apresentaram efeito direto elevado sobre a MPAS no ambiente de baixo P, podendo ser devido a respostas fisiológicas e morfológicas que a planta apresenta em condição de baixo P (CRUZ et al., 2011). O aumento percentual dos fotoassimilados para os tecidos radiculares e a consequente redução nos tecidos da parte aérea podem reduzir as estimativas de causa e efeito entre o crescimento radicular e de parte aérea quando comparados as condições de nutrição ótimas para as plantas. Além disso, as plantas utilizam de mecanismos para redução do impacto da deficiência nutricional, com o aumento na produção de ácidos orgânicos e enzimas de atividade fosfatase, incluindo mudanças no metabolismo de carboidratos, dando preferencia a rotas metabólicas de menor demanda de P (FRITSCHÉ-NETO e BORÉM, 2011). O coeficiente de determinação foi de 0,72 e o efeito residual foi de 0,53. O efeito residual pode ser devido a falta de caracteres que ajudem a explicar o caractere principal ou também pode ter sido causado pelo estresse muito forte pela não aplicação de P as plantas.

No ambiente de alto P, a MRS teve o maior efeito direto forte (0,71) sobre a MPAS, e os efeitos indiretos moderados via CRT (0,57), DMR (0,54) e DC (0,58) (Tabela 4). Avaliações de caracteres radiculares são trabalhosas e onerosas, e o uso de seleção indireta é importante para facilitar o andamento dos programas de melhoramento. Altos efeitos diretos de caracteres de parte aérea a radicular são importantes para a prática da seleção indireta, pois a avaliação dos caracteres de parte aérea são facilitados e permitem avaliar maior número de genótipos. Assim, a

mensuração da MPAS pode ser usada como critério de seleção indireto de genótipo para ganhos na MRS. O CRT teve forte correlação genética com a MPAS, porém não teve efeito direto sobre a mesma, mas apresentou efeito indireto importante via o caractere MRS. Como a MRS tem ainda correlação genética alta com os caracteres CRT, ASRT e VRT (Tabela 3) podem se obter ganhos e melhoria no sistema radicular, tendo em vista que esses caracteres são importantes para o estabelecimento de um sistema radicular maior e eficiente na exploração dos recursos do solo. O DC e CD apresentaram fraco efeito direto com MPAS. A MRS ainda teve efeito importante por contribuir para as correlações de maneira indireta entre MPAS com DMR e DC. O coeficiente de determinação foi 0,89 e os efeitos residuais 0,34. Hajabbasi e Schumacher (1994) em trabalho realizado com avaliação de dois genótipos de milho, com alta e baixa plasticidade radicular, com três doses de P no solo (0, 45 e 300 mg kg⁻¹) em avaliações nos seis primeiros estádios vegetativos demonstraram que a adição de P diminuiu o tempo para atingir um determinado estágio de crescimento e aumentou a taxa de crescimento relativo das raízes em maior grau no genótipo com maior plasticidade, e o efeito do P no peso de parte aérea e na área superficial de raízes nos estádios V4 a V6 pareciam estar relacionados aos efeitos de P no desenvolvimento e taxas de crescimento relativo durante o período de crescimento V1-V3. Assim, a MPAS é importante para a avaliação e seleção precoce de genótipos de milho, estando correlacionada aos caracteres radiculares a ao desenvolvimento nos estádios iniciais da planta.

Tabela 4 Análise de trilha com base nas estimativas de correlação genética para o caractere principal massa de comprimento de raiz total (CRT, cm), diâmetro médio de raiz (DMR, mm), diâmetro do colmo (DC, mm), crescimento diário (CD, cm dia⁻¹) e massa de raiz seca (MRS, mg) avaliados em 151 linhagens endogâmicas de milho tropical em condições de baixo e alto P

Caractere	Efeitos	Baixo Fósforo	Alto Fósforo
CRT	Direto sobre MPAS	-0,010	-0,032
	Indireto via DMR	-0,031	-0,033
	Indireto via DC	0,256	0,180
	Indireto via CD	0,054	0,087
	Indireto via MRS	-0,101	0,570
	Total	0,371	0,773
DMR	Direto sobre MPAS	0,087	-0,085
	Indireto via CRT	0,004	-0,012
	Indireto via DC	0,090	0,152
	Indireto via CD	-0,056	-0,000
	Indireto via MRS	0,066	0,538
	Total	0,191	0,593
DC	Direto sobre MPAS	0,637	0,261
	Indireto via CRT	-0,004	-0,022
	Indireto via DMR	0,012	-0,049
	Indireto via CD	0,060	0,054
	Indireto via MRS	0,107	0,579
	Total	0,812	0,823
CD	Direto sobre MPAS	0,225	0,242
	Indireto via CTR	-0,002	-0,011
	Indireto via DMR	-0,022	0,000
	Indireto via DC	0,168	0,058
	Indireto via MRS	0,002	0,179
	Total	0,372	0,468
MRS	Direto sobre MPAS	0,168	0,708
	Indireto via CTR	-0,006	-0,025
	Indireto via DMR	0,034	-0,064
	Indireto via DC	0,406	0,214
	Indireto via CD	0,003	0,061
	Total	0,606	0,893
Coeficiente de determinação		0,716	0,885
Efeito da variável residual		0,533	0,338

3.5 Diversidade genética

Análise de diversidade genética foi realizada em cada ambiente, pois o efeito da interação linhagens x doses de P foi significativa e a parte complexa foi predominante. A distância generalizada de Mahalanobis foi estimada para os mesmos caracteres selecionados na análise de trilha, tendo em vista a existência de multicolinearidade severa na matriz de correlações genéticas entre os caracteres avaliados. Assim, houve descarte de alguns caracteres conforme critérios de Jolliffe (1972, 1973) e Mardia et al. (1979) que leva em consideração o descarte de variáveis com estimativas de maiores autovetores nos menores autovalores menores que 0,7. Os caracteres escolhidos foram CRT, DMR, DC, CD, MPAS e MRS, em condição de alto e baixo P para fins de comparação (Tabelas 5 e 6). O método de agrupamento adotado foi de Tocher.

No ambiente de baixo P as 151 linhagens foram agrupadas em 28 grupos de diversidade, e no ambiente de alto P as linhagens formaram 18 grupos de diversidade. No ambiente de baixo P, os maiores grupos foram: grupo 1 com 57 linhagens e o grupo 4 com 15 linhagens (tabela 5). A ocorrência de agrupamentos onde o primeiro grupo concentra grande número de genótipos se deve principalmente a um genótipo com grande dissimilaridade com o restante dos genótipos, o que eleva o critério α para agrupamento e os genótipos mais similares são agrupados em um grupo maior. O valor de α é 11,315 e foi usado como critério de acréscimo médio máximo aceito para inclusão de linhagens aos grupos. As linhagens com menores distâncias foram VML023 e VML064 (0,223), VML018 e VML107 (0,608), VML026 e VML064 (0,704) e VML026 e VML023 (0,719). As maiores distâncias foram encontradas entre as linhagens VML052 e VML133 (125,977), VML136 e VML152 (123,859), VML047 e VML052 (116,922) e VML009 e VML052 (116,238).

No ambiente de alto P, os maiores grupos formados foram: grupo 1 com 82 linhagens e grupo 2 com 19 linhagens (Tabela 6). O valor de α foi de 14,229 e foi adotado como critério para inclusão de linhagens aos grupos de diversidade. As menores distâncias encontradas foram entre VML027 e VML117 (0,266), VML026 e VML043 (0,426), VML030 e VML094 (0,499) e VML150 e VML094 (0,501). As linhagens com maior distância são VML002 e VML140 (139,653), VML002 e VML144 (139,260), VML125 e VML144 (132,144) e VML140 e VML158 (127,834).

Estudos de herança de caracteres são importantes para elucidar o controle genético dos caracteres. A avaliação de populações segregantes advindas de cruzamento de pais contrastantes ou divergentes geneticamente é importante para a compreensão da natureza de herança dos caracteres. Assim, identificar genótipos contrastantes permite posteriores estudos de herança e melhor compreensão dos mecanismos de tolerância a estresses abióticos. Os estudos de diversidade genética permitem identificar genótipos e grupos de genótipos contrastantes úteis a estudos de herança e no caso da exploração de híbridos, permite identificar combinações híbridas promissoras de parentais contrastantes. Assim, exploração dos desvios devido a dominância em espécies alógamas com o milho é baseada na divergência genética dos progenitores. Desvios ocorrem quando os alelos de um dado loco gênico são diferentes e apresentam um efeito complementar positivo em favor do caractere de interesse. Logo quanto maior o número de loci com alelos divergentes que apresentam desvios de dominância favorável, maior o potencial para a exploração de híbridos das linhagens. Esse fenômeno é conhecido com heterose, que é a superioridade da média de uma progênie em relação a média dos pais. A magnitude da heterose está diretamente ligada com a divergência genética e complementariedade dos alelos dos pais, sendo que a manifestação de heterose ocorre quando há desvios de dominância e diversidade genética e alélica nos pais, simultaneamente (FALCONER e MACKAY, 1996; HALLAUER e MIRANDA, 1988).

Foi realizada a avaliação da importância relativa dos caracteres para a diversidade genética das linhagens de milho pelo método de Singh (1981) baseado na distância generalizada de Mahalanobis (D^2) e agrupamento pelo método de otimização de Tocher. No ambiente de alto P, a importância dos caracteres foram: CRT (12,95%), DMR (11,27%), DC (18,90%), CD (25,78%), MPAS (22,56%) e MRS (8,55%). O CD e MPAS foram os caracteres que mais contribuíram para a diversidade entre as linhagens, indicando a importância do crescimento de parte aérea para a diversidade. O DC, que é um caractere importante para a mensuração da susceptibilidade de acamamento, apresentou relevante para a importância da variabilidade genotípica das linhagens, em que quanto maior a variabilidade, maior será a possibilidade de seleção de genótipos com maior DC visando reduzir o acamamento de plantas. O acamamento de plantas é um problema para a produção

comercial de milho, pois na colheita mecanizada as plantas acamadas não são colhidas e representam perdas na produção.

No ambiente de baixo P, a importância relativa dos caracteres para a diversidade CRT (11,64%), DMR (16,85%), DC (9,11%), CD (17,30%), MPAS (19,88%) e MRS (25,23%). Na condição de restrição de P o caractere que mais contribuiu para a diversidade genética foi a MRS, como esperado, as respostas das plantas em condições de deficiência de P investem maior parte dos fotoassimilados em estruturas radiculares como a MRS, além de apresentaram variabilidade genotípica para esse caractere. A MPAS também apresentou importância relativa relevante. Aliar genótipos eficientes em desenvolver sistema radicular e parte aérea em um programa de melhoramento pode-se obter genótipos recombinantes e que apresentem os caracteres favoráveis, que é o objetivo do melhoramento de plantas para condições de estresse abiótico.

O teste de Mantel (CRUZ et al., 2011) entre as matrizes de dissimilaridade para os ambientes alto e baixo P apresentou uma correlação significativa ($P < 0,01$) de 0,267, apesar de ser significativa, ou seja, haver correlação entre os valores dos ambientes a magnitude dessa correlação é fraca. Uma correlação fraca entre as matrizes de dissimilaridade leva a inferir que o comportamento dos genótipos é diferente nos ambientes, e a expressão diferencial dos genes é uma possível explicação para essa correlação.

Tabela 5 Agrupamento pelo método de Tocher com base nas distâncias de Mahalanobis usando os caracteres comprimento de raiz total (CRT, cm), diâmetro médio de raiz (DMR, mm), diâmetro do colmo (DC, mm), crescimento diário (CD, cm dia⁻¹), massa de parte aérea seca (MPAS, mg) e massa de raiz seca (MRS, mg) avaliados em 151 linhagens endogâmicas de milho tropical na condição de baixo P

Grupo	Linhagens							
1	VML023	VML064	VML026	VML107	VML018	VML184	VML150	VML102
	VML039	VML065	VML095	VML011	VML164	VML173	VML056	VML110
	VML043	VML066	VML020	VML027	VML080	VML068	VML008	VML093
	VML157	VML097	VML022	VML091	VML034	VML096	VML116	VML154
	VML104	VML129	VML012	VML083	VML138	VML143	VML171	VML134
	VML111	VML044	VML140	VML183	VML127	VML094	VML132	VML010
	VML156	VML128	VML069	VML122	VML031	VML113	VML016	VML174
	VML148							
2	VML067	VML162	VML051	VML025	VML006	VML081	VML084	VML017
	VML015	VML088	VML089	VML161				
3	VML117	VML147	VML070	VML168	VML120	VML074	VML028	VML146
	VML005	VML158						
4	VML021	VML073	VML049	VML063	VML092	VML178	VML041	VML099
	VML180	VML085	VML100	VML159	VML139	VML090	VML145	
5	VML007	VML151	VML137					
6	VML003	VML144	VML001	VML032	VML036			
7	VML075	VML131	VML047	VML119	VML133	VML106		
8	VML004	VML030	VML076	VML121	VML059	VML087	VML118	VML112
	VML165							
9	VML055	VML141	VML175					
10	VML048	VML086	VML124	VML002				
11	VML160	VML176	VML024	VML058	VML042			
12	VML123	VML126	VML155					
13	VML009	VML046						
14	VML053	VML057						
15	VML152	VML153						
16	VML052							
17	VML170							
18	VML179							
19	VML130							
20	VML033							
21	VML040							
22	VML054							
23	VML188							
24	VML050							
25	VML114							
26	VML061							
27	VML125							
28	VML136							

Tabela 6 Agrupamento pelo método de Tocher com base nas distâncias de Mahalanobis usando os caracteres comprimento de raiz total (CRT, cm), diâmetro médio de raiz (DMR, mm), diâmetro do colmo (DC, mm), crescimento diário (CD, cm dia⁻¹), massa de parte aérea seca (MPAS, mg) e massa de raiz seca (MRS, mg) avaliados em 151 linhagens endogâmicas de milho tropical na condição de alto P

Grupo	Linhagens							
1	VML027	VML117	VML011	VML010	VML023	VML073	VML139	VML085
	VML093	VML146	VML070	VML162	VML107	VML143	VML095	VML067
	VML116	VML063	VML058	VML094	VML150	VML112	VML059	VML151
	VML021	VML092	VML004	VML030	VML099	VML128	VML041	VML132
	VML122	VML005	VML026	VML049	VML064	VML180	VML120	VML148
	VML145	VML043	VML018	VML065	VML044	VML097	VML048	VML165
	VML053	VML160	VML129	VML164	VML087	VML174	VML179	VML156
	VML057	VML157	VML121	VML050	VML047	VML036	VML114	VML110
	VML012	VML168	VML068	VML066	VML081	VML042	VML170	VML075
	VML088	VML001	VML056	VML034	VML119	VML184	VML111	VML096
	VML028	VML138						
2	VML104	VML175	VML003	VML076	VML141	VML055	VML089	VML031
	VML147	VML113	VML155	VML161	VML025	VML061	VML032	VML051
	VML183	VML130	VML074					
3	VML069	VML153	VML152	VML158	VML083	VML086		
4	VML017	VML024	VML008	VML046	VML176	VML173	VML106	VML123
	VML102							
5	VML052	VML188	VML100	VML006	VML126	VML016		
6	VML015	VML178	VML154	VML033	VML134			
7	VML084	VML133	VML080	VML124	VML091			
8	VML009	VML159	VML171	VML137	VML007			
9	VML040	VML127	VML020					
10	VML022	VML054						
11	VML039	VML090						
12	VML136							
13	VML118							
14	VML125							
15	VML131							
16	VML140							
17	VML144							
18	VML002							

3.6 Seleção de linhagens para caracteres de raiz

A seleção das linhagens superiores com potencial para melhoramento para caracteres de adaptação em condições de alto e baixo P foi realizada com base nos índices: tolerância ao baixo P (ITBP) e índice de seleção proposto neste trabalho. Os ganhos de seleção foram obtidos para o ITBP e o índice de seleção proposto, através das estimativas de herdabilidade e diferencial de seleção.

O ITBP foi obtido pela razão entre as médias dos caracteres nos ambientes de baixo e alto P. Conforme critério descrito por Zhang et al. (2014), genótipos com valores de ITBP abaixo de 0,75 foram classificados como ineficientes em ambiente de baixo P, valores entre 0,75 e 0,90 foram considerados moderadamente tolerantes e valores acima de 0,90 foram considerados tolerantes ao baixo P. Para calcular o ITBP, os caracteres selecionados foram CRT, MRS e CD, devido a importância destes caracteres para a diversidade genética e adaptação ao baixo P. As linhagens consideradas tolerantes aos baixos níveis de P foram: VML002, VML158, VML137, VML152, VML036, VML153, VML130 e VML121 (Tabela 7). As linhagens moderadamente tolerantes foram: VML001, VML119, VML133, VML174, VML088, VML074, VML009, VML047, VML069, VML148, VML041, VML003, VML064, VML136, VML030, VML020, VML179, VML128 e VML183. Considerando o ITBP, as 10 linhagens que apresentaram maior sensibilidade ao baixo P são: VML051, VML010, VML090, VML015, VML006, VML117, VML134, VML067, VML021 e VML104. Dialelos podem ser realizados entre os genótipos P eficientes e os genótipos que apresentaram a maior sensibilidade com objetivo de estudo de herança dos caracteres que controlam a absorção e utilização interna do P. Os dialelos parciais, nestes casos, são mais adequados, pois o objetivo é cruzar dois grupos de genótipos para estudos genéticos posteriores, para elucidação dos controles genéticos dos caracteres envolvidos e da avaliação da segregação que ocorre quando são cruzados pais contrastantes para os caracteres de eficiência em condições de baixo P. Outra possibilidade é a realização de dialelos entre os genótipos tolerantes a condição de baixo P com as linhagens que apresentam maior desempenho agrônômico a campo. Assim a obtenção das populações segregantes e dos híbridos possibilitariam ganhos para caracteres avaliados a campo e também para caracteres de tolerância ao baixo P.

O critério do índice de tolerância é a superioridade da média dos caracteres em condição de baixo P em relação a condição de alto P (Tabela 7). Assim, são esperados ganhos de seleção superiores no ambiente de baixo P e ganhos menores e até negativos para o ambiente de alto P. Para o ITBP que considerou os caracteres CRT, MRS e CD foram observados ganhos para as linhagens tolerantes de 12,55%, 23,56% e -4,83%, respectivamente. Tendo em vista o baixo número de linhagens selecionadas como tolerantes, implicando em uma intensidade de seleção muito alta (5,3%), não permitiu ganho para os três caracteres simultaneamente. Já quando são consideradas as linhagens tolerantes e medianamente tolerantes na seleção, representando uma intensidade de seleção de 17,9%, houve ganhos de 8,87%, 10,69% e 10,16%, para CRT, MRS e CD, respectivamente. Assim, a recombinação das linhagens selecionadas como tolerante e moderadamente tolerantes pode gerar ganho de seleção para os três caracteres de maior importância para a adaptação a condições de baixa disponibilidade de P, sendo as linhagens avaliadas adequadas para a prática do melhoramento. A resposta no ambiente alto P, como esperado apresentou ganhos negativos para os caracteres considerados, uma vez que o ITPB explora os maiores valores para os caracteres de baixo P, relacionados a menores valores em condição de alto P.

Com o objetivo de obter ganhos e praticar a seleção em maior número de caracteres possíveis, foram estimados os ganhos com base no pelo índice proposto (já descrito no presente trabalho) (Tabela 8). Os caracteres considerados neste índice foram CRT, ASRT, DMR, VRT, CRL, DC, AP, MPAS, MRS e MTS. Os caracteres V6 e RS/PAS e DTR, os quais foram desconsiderados na seleção das linhagens, mas considerados para as estimativas de ganhos. Os caracteres RS/PAS e DTR não foram considerados no índice porque foram obtidos pela razão de outros caracteres, e o caractere V6 não foi considerado pois a seleção não considerou a precocidade das linhagens, mas este caractere está incluso no CD. Para obtenção dos ganhos foi considerado como objetivo a redução dos caracteres V6, DMR e DTR e o aumento dos demais caracteres. Foi atribuído o valor 1 para cada caractere que apresentou média favorável, ou seja, maior que a média geral para caracteres que se deseja aumentar e menor que a média geral para caracteres que se deseja reduzir, e nos casos contrários, onde a condição não foi atendida, foi atribuído o valor zero para o caractere. Realizada a soma para cada genótipo, as linhagens com

maior soma ou maior número de caracteres favoráveis foram selecionados nos ambientes de baixo e alto P. O controle parental utilizado foi igual a 1. Foi adotada a intensidade de seleção de 15%. Assim as linhagens selecionadas em condição de baixo P foram: VML001, VML003, VML023, VML027, VML030, VML032, VML036, VML042, VML46, VML064, VML068, VML076, VML80, VML113, VML114, VML119, VML121, VML140, VML144, VML155, VML174, VML176, e VML183, e no ambiente de alto P foram: VML004, VML006, VML011, VML016, VML022, VML027, VML032, VML033, VML034, VML054, VML066, VML068, VML076, VML085, VML097, VML106, VML117, VML134, VML138, VML140, VML144, VML154 e VML173. Seis linhagens foram selecionadas nos dois ambientes, o que indica que essas apresentam adaptabilidade geral, quando tem comportamento responsivo as condições ambientais favoráveis e mantém média favorável para a maioria dos caracteres em condições ambientais desfavoráveis. Essas linhagens tem importância para o melhoramento uma vez que além de serem fontes de tolerância em ambientes de baixo P apresentam bom desempenho em condições favoráveis, sendo que o cruzamento entre estas ou destas com o grupo de linhagens tolerantes ao baixo P selecionadas pelo ITBP pode contribuir de forma satisfatória para o desenvolvimento de genótipos adaptados a condições desfavoráveis. Além disso, a recombinação das linhagens, selecionadas pelo ITBP e as linhagens selecionadas pelo índice proposto tanto para ambiente de alto e baixo P, poderia ser utilizada para desenvolver variedades de polinização aberta ou híbridos com objetivo de disponibilizar genótipos adaptados aos produtores que fazem uso de baixa tecnologia e adubações em pequenas quantidades.

Os ganhos obtidos pelo índice de seleção proposto são apresentados na tabela 8. Foi possível obter ganhos diretos positivos para os caracteres nos dois ambientes, com exceção dos caracteres V6, RS/PAS e DMR no alto P e da DTR para ambiente de baixo P. A resposta indireta do ambiente em alto P pela seleção no ambiente de baixo P, permitiu ganhos para os caracteres com exceção do caractere DMR. A resposta indireta no ambiente de baixo P permitiu ganhos para os caracteres com exceção de V6 e RS/PAS. Na seleção direta no ambiente de alto P os maiores ganhos foram nos caracteres MPAS, MRS, MST, CRL, CRT, ASRT e VRT superiores a 20%. Em ambiente de baixo P, os ganhos diretos maiores foram em ASRT e VRT superiores a 20%. A seleção indireta permitiu ganhos tanto para a

o ambiente de alto e baixo P. Para ambos ambientes a seleção direta e indireta permitiu ganhos para caracteres importantes para a adaptação em ambientes de restrição nutricional, como aumento da MRS e como consequência aumento do CRT, ASRT e VRT. As linhagens VML001, VML003, VML030, VML036, VML064, VML119, VML121, VML174 e VML183 foram selecionadas tanto pelo ITBP como tolerantes ou moderadamente tolerantes ao baixo P e também selecionadas pelo índice proposto no ambiente de baixo P.

O índice proposto neste trabalho possibilita ganhos em vários caracteres simultaneamente, podendo assim contribuir nas estratégias de condução dos programas de melhoramento, com ser utilizado como ferramenta na prática de seleção recorrente, onde populações podem ser formadas pelos genótipos mais tolerantes à ambientes de baixo P, e após vários ciclos de recombinações dos alelos e seleção podem continuar obtendo ganhos para vários caracteres importantes para a adaptação a condições de baixo P. Além disso, proporciona combinação das linhagens com caracteres de adaptação que podem ser usadas para a obtenção de híbridos ou populações.

Tabela 7 Estimativas de ganhos para os caracteres dias até V6 (V6, dias), altura de planta (AP, cm), crescimento diário (CD, cm dia⁻¹), diâmetro de colmo (DC, mm), massa de parte aérea seca (MPAS, mg), massa de raiz seca (MRS, mg), massa total seca (MTS, mg), razão massa de raiz/parte aérea (RS/PAS), comprimento de raiz lateral (CRL, cm), comprimento de raiz total (CRT, cm), área superficial de raiz total (ASRT, cm²), volume de raiz total (VRT, cm³), diâmetro médio de raiz (DMR, mm) e densidade do tecido radicular (DTR, mg cm⁻³) baseado na seleção pelo índice de tolerância ao baixo P (ITBP) utilizando os caracteres CRT, MRS e CD para 151 linhagens endogâmicas de milho tropical em condições de baixo e alto P

	V6	AP	CD	DC	MPAS	MRS	MTS	RS/PAS	CRL	CRT	ASRT	VRT	DMR	DTR
$\bar{X}_0$	36,254	10,993	0,306	4,495	665,486	358,996	1024,481	0,555	1048,989	1569,730	266,299	3,647	0,547	99,286
$\bar{X}_S$	31,583	12,254	0,396	4,888	679,167	338,333	1017,500	0,506	1296,111	1824,548	278,128	3,408	0,489	99,877
DS	4,671	1,261	0,090	0,393	13,681	-20,662	-6,981	-0,049	247,122	254,817	11,829	-0,239	0,059	-0,591
h ²	0,798	0,799	0,799	0,740	0,805	0,839	0,803	0,876	0,777	0,773	0,797	0,819	0,808	0,798
GS	3,728	1,007	0,072	0,291	11,014	-17,333	-5,603	-0,043	191,908	197,057	9,429	-0,196	0,047	-0,472
GS% ^{1/}	10,284	9,163	23,556	6,469	1,655	-4,828	-0,547	-7,738	18,295	12,554	3,541	-5,362	8,652	-0,475
$\bar{X}_S$	33,704	11,485	0,347	4,788	694,444	402,469	1096,914	0,592	1196,150	1749,699	290,466	3,902	0,536	103,625
DS	2,550	0,492	0,041	0,294	28,959	43,474	72,432	0,038	147,162	179,969	24,167	0,255	0,012	-4,339
GS	2,036	0,393	0,033	0,217	23,313	36,469	58,129	0,033	114,281	139,174	19,264	0,209	0,010	-3,464
GS% ^{2/}	5,615	3,576	10,692	4,835	3,503	10,159	5,674	5,929	10,894	8,866	7,234	5,732	1,736	-3,489
$\bar{X}_0$	25,784	18,085	0,700	8,697	1701,126	525,166	2226,291	0,319	1533,238	2297,368	426,402	6,377	0,593	82,833
$\bar{X}_S$	23,000	14,908	0,648	6,633	902,917	281,667	1184,583	0,302	1126,652	1615,020	266,622	3,543	0,517	80,166
DS	2,784	-3,177	-0,052	-2,064	-798,209	-243,499	-1041,708	-0,017	-406,586	-682,348	-159,780	-2,834	0,075	2,667
h ²	0,897	0,913	0,881	0,888	0,901	0,864	0,907	0,729	0,669	0,753	0,872	0,889	0,669	0,547
GS	2,497	-2,901	-0,046	-1,833	-719,182	-210,323	-944,499	-0,013	-271,875	-513,860	-139,330	-2,520	0,050	1,458
GS% ^{3/}	9,685	-16,041	-6,592	-21,075	-42,277	-40,049	-42,425	-3,936	-17,732	-22,367	-32,676	-39,517	8,475	1,760
$\bar{X}_S$	23,963	15,662	0,654	7,402	1157,778	375,556	1533,333	0,327	1225,814	1808,051	321,396	4,621	0,569	81,957
DS	1,821	-2,424	-0,046	-1,296	-543,348	-149,610	-692,958	0,008	-307,423	-489,318	-105,006	-1,756	0,024	0,876
GS	1,633	-2,213	-0,041	-1,151	-489,553	-129,226	-628,293	0,006	-205,567	-368,493	-91,566	-1,561	0,016	0,479
GS% ^{4/}	6,335	-12,237	-5,827	-13,228	-28,778	-24,607	-28,222	1,896	-13,407	-16,040	-21,474	-24,482	2,671	0,578

^{1/} Ganho no ambiente de baixo P com linhagens selecionadas tolerantes; ^{2/} Ganho no ambiente de baixo P com linhagens selecionadas tolerantes e moderadamente tolerantes; ^{3/} Ganho no ambiente de alto P com linhagens selecionadas tolerantes; ^{4/} Ganho no ambiente de alto P com linhagens selecionadas tolerantes e moderadamente tolerantes.

Tabela 8 Estimativas de ganhos diretos e indiretos na seleção com base em múltiplos caracteres para dias até V6 (V6, dias), altura de planta (AP, cm), crescimento diário (CD, cm dia⁻¹), diâmetro de colmo (DC, mm), massa de parte aérea seca (MPAS, mg), massa de raiz seca (MRS, mg), massa total seca (MTS, mg), razão massa de raiz/parte aérea (RS/PAS), comprimento de raiz lateral (CRL, cm), comprimento de raiz total (CRT, cm), área superficial de raiz total (ASRT, cm²), volume de raiz total (VRT, cm³), diâmetro médio de raiz (DMR, mm) e densidade do tecido radicular (DTR, mg cm⁻³) para 151 linhagens endogâmicas de milho tropical em condições de baixo e alto P

Sel ^{1/}	Res ^{2/}		V6	AP	CD	DC	MPAS	MRS	MST	RS/PAS	CRL	CRT	ASRT	VRT	DMR	DTR
BP ^{3/}	BP	$\bar{X}_0$	36,254	10,993	0,306	4,495	665,486	358,996	1024,481	0,555	1048,989	1569,730	266,299	3,647	0,547	99,286
		$\bar{X}_S$	35,348	12,458	0,355	5,022	776,957	441,304	1218,261	0,576	1320,366	1937,811	328,330	4,474	0,544	99,756
		DS	0,906	1,465	0,049	0,527	111,471	82,309	193,780	0,021	271,377	368,080	62,031	0,827	0,003	-0,470
		h ²	0,798	0,799	0,799	0,740	0,805	0,839	0,803	0,876	0,777	0,773	0,797	0,819	0,808	0,798
		GS	0,813	1,338	0,043	0,468	100,435	71,095	175,697	0,015	181,463	277,193	54,092	0,736	0,002	-0,257
		GS%	2,242	12,169	14,031	10,413	15,092	19,804	17,150	2,769	17,299	17,659	20,312	20,174	0,379	-0,259
AP ^{4/}	BP	$\bar{X}_S$	37,159	11,926	0,322	4,636	722,029	389,710	1111,739	0,548	1177,142	1755,530	296,079	4,016	0,542	97,504
		DS	-0,906	0,933	0,017	0,141	56,543	30,715	87,258	-0,007	128,153	185,799	29,781	0,369	0,005	1,782
		GS	-0,723	0,745	0,013	0,104	45,519	25,766	70,027	-0,006	99,520	143,683	23,739	0,302	0,004	1,422
		GS%	-1,994	6,780	4,312	2,319	6,840	7,177	6,835	-1,137	9,487	9,153	8,914	8,288	0,744	1,432
AP	AP	$\bar{X}_0$	25,784	18,085	0,700	8,697	1701,126	525,166	2226,291	0,319	1533,238	2297,368	426,402	6,377	0,593	82,833
		$\bar{X}_S$	27,159	21,235	0,783	10,027	2368,406	691,739	3060,145	0,299	1931,851	2921,376	554,285	8,445	0,606	82,721
		DS	-1,376	3,149	0,083	1,329	667,280	166,574	833,854	-0,020	398,613	624,008	127,883	2,069	-0,014	0,112
		h ²	0,897	0,913	0,881	0,888	0,901	0,864	0,907	0,729	0,669	0,753	0,872	0,889	0,669	0,547
		GS	-1,098	2,515	0,066	0,984	537,182	139,734	669,191	-0,018	309,550	482,561	101,939	1,695	-0,011	0,089
		GS%	-4,259	13,908	9,434	11,314	31,578	26,608	30,059	-5,511	20,189	21,005	23,907	26,587	-1,862	0,108
BP	AP	$\bar{X}_S$	25,091	18,626	0,740	8,847	1749,242	558,333	2307,576	0,328	1706,217	2538,692	469,664	6,983	0,587	80,767
		DS	0,693	0,540	0,039	0,150	48,117	33,168	81,284	0,009	172,980	241,324	43,262	0,606	-0,006	2,065
		GS	0,621	0,493	0,035	0,133	43,353	28,649	73,699	0,007	115,668	181,735	37,725	0,539	-0,004	1,129
		GS%	2,410	2,728	4,953	1,526	2,548	5,455	3,310	2,068	7,544	7,911	8,847	8,453	-0,647	1,363

^{1/} ambiente de seleção; ^{2/} ambiente de resposta; ^{3/} BP: ambiente de baixo P; ^{4/} AP: ambiente de alto P.

4. Conclusões

O painel de linhagens de milho tropical avaliado apresentou variabilidade genotípica e potencial para uso no programa de melhoramento genético. As correlações genéticas no ambiente de alto P foram forte entre DC com MRS, ASRT e VRT e entre MPAS com MRS, CRT, ASRT e VRT. No ambiente de baixo P as correlações genéticas foram de magnitude moderadas entre DC com MRS, CRT, ASRT e VRT e entre MPAS com MRS, ASRT e VRT. A análise de trilha mostrou efeitos diretos entre DC e MPAS no ambiente de baixo P e entre MRS com MPAS em ambiente de alto P.

O estudo da diversidade genética permitiu o agrupamento das linhagens em vários grupos e isso demonstra que há variabilidade genotípica presente no painel de linhagem avaliado. O ITBP permitiu ganhos de seleção para o ambiente de baixo P e permitiu selecionar genótipos com tolerância ao baixo P, além de identificar as linhagens mais sensíveis ao baixo P. O índice proposto permitiu ganhos diretos e indiretos para ambos ambientes para caracteres importantes para a adaptação em ambientes de baixo P, como aumento da MRS e como consequência aumento do CRT, ASRT e VRT. As linhagens VML001, VML003, VML030, VML036, VML064, VML119, VML121, VML174 e VML183 foram selecionadas tanto pelo ITBP como tolerantes ou moderadamente tolerantes e também selecionadas pelo índice proposto no ambiente de baixo P. As informações obtidas para o painel de linhagens podem ser usadas para orientação na sequência do programa de melhoramento genético para condições de estresse abiótico do Programa Milho como obtenção de populações tolerantes ao baixo P, híbridos e variedades de polinização aberta.

5. Referências Bibliográficas

BAYUELO-JIMENEZ, J. S.; GALLARDO-VALDEZ, M.; PEREZ-DECELIS, V. A.; MAGDALENO-ARMAS, L.; OCHOA, I.; LYNCH, J. P. Genotypic variation for root traits of maize (*Zea mays* L.) from the Purhepecha Plateau under contrasting phosphorus availability. *Field Crops Research*, v.121, p.350-362, 2011.

BAYUELO-JIMENEZ, J. S.; OCHOA-CADAVID, I. Phosphorus acquisition and internal utilization efficiency among maize landraces from the central Mexican highlands. *Field Crops Research*, v.156, p.123-134, 2014.

BIROUSTE, M.; ZAMORA-LEDEZMA, E.; BOSSARD, C.; PÉREZ-RAMOS, I. M.; ROUMET, C. Measurement of fine root tissue density: a comparison of three methods reveals the potential of root dry matter content. *Plant Soil*, v.374, p.299-313, 2014.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. Melhoria de Plantas. Viçosa, MG: Ed. UFV, 6 ed., 523 p., 2013.

BOUMA, T. J.; NIELSON, K. L.; KOUTSTAAL, B. A. S. Sample preparation and scanning protocol for computerized analysis of root length and diameter. *Plant and Soil*, v.218, p.185-196, 2000.

COELHO, G. T. da C. P.; SOUZA, I. R. P. de; CARNEIRO, N. P.; SCHAFFERT, R. E.; BRANDAO, R. L.; ALVES, V. M. C.; PAIVA, L. V.; CARNEIRO, A. A. Formação de aerênquima em raízes de milho sob estresse de fósforo. *Revista Brasileira de Milho e Sorgo*, v.5, n.3, p.443-449, 2006.

COELHO, A. M.; FRANÇA, G. D. Nutrição e adubação do milho. 2006. Disponível em: <http://xa.yimg.com/kq/groups/35137484/1237253435/name/nutricao_adubacao_milho.pdf>. Acesso em 11 de junho de 2017.

CONAB (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO). Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17_07_12_11_17_01_boletim_gaos_julho_2017.pdf>. Acesso em 12 de julho de 2017a.

CONAB (COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO). Disponível em: <http://www.conab.gov.br/OlalaCMS/uploads/arquivos/17_08_10_15_17_28_milhototalseriehist.xls>. Acesso em 10 de julho de 2017b.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2 ed. Viçosa: Editora UFV, 579p., 2003.

CRUZ, C. D.; Princípios de genética quantitativa. 1 ed., Viçosa: Editora UFV, 394p., 2005.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética. Visconde do Rio Branco: Suprema, 620 p., 2011.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. v.1, 4 ed., Viçosa, MG: Ed. UFV, 514 p., 2012.

CRUZ, C. D. GENES – A software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum*, v.35, n.3, p.271-276, 2013.

FALCONER, D. S.; MACKAY, T. F. C. Introduction to Quantitative Genetics. 4 ed. Harlow: Longman Green, 464 p., 1996.

FRITSCHÉ-NETO, R.; BORÉM, A. Melhoramento de plantas para condições de estresse abióticos. Visconde do Rio Branco: Suprema, 250 p., 2011.

GARCIA, A. P.; MOTES, C. M.; SCHEIBLE, W. R.; CHEN, R.; BLANCAFLOR, E. B.; MONTEROS, M. J. Root traits phenotyping strategies for plant improvement. *Plants*, v.4, p.334-355, 2015.

GRIFFITHS, A. J. F.; WESSLER, S. R.; CARROLL, S. B.; DOEBLEY, J. Introdução a genética. Rio de Janeiro: Ed. Guanabara Koogan, 10 ed., 2013.

HAJABBASI, M. A.; SCHUMACHER, T. E. Phosphorus effects on root growth and development in two maize genotypes. *Plant Soil*, v.158, p.39–46, 1994.

HALLAUER, A. R.; MIRANDA, J. B. Quantitative genetics in maize breeding. Ames: Iowa State University Press, 663 p., 1988.

JIANG, H.; ZHANG, J.; HAN, Z.; YANG, J.; GE, C.; WU, Q. Revealing new insights into different phosphorus-starving responses between two maize (*Zea mays*) inbred lines by transcriptomic and proteomic studies. *Scientific Reports*, v.7, 44294, 2017.

JOLLIFFE, I. T. Discarding variables in a principal component analysis; I. Artificial data. *Appl. Stat.*, Série C, London, v.21, p.160-173, 1972.

JOLLIFFE, I. T. Discarding variables in a principal component analysis; II. Real data. *Appl. Stat.*, Série C, London, v.22, p.21-31, 1973.

KAPPES, C.; ANDRADE, J. A. C.; ARF, O.; OLIVEIRA, A. C.; ARF, M. V.; FERREIRA, J. P. Desempenho de híbridos de milho em diferentes arranjos espaciais de plantas. *Bragantia*, v.70, n.2, 2011.

KUMAR, B.; ABDEL-GHANI, A. H.; REYES-MATAMOROS, J.; HOCHHOLDINGER, F.; LUBBERSTEDT, T. Genotypic variation for root architecture traits in seedlings of maize (*Zea mays* L.) inbred lines. *Plant Breeding*, v.131, p.465-478, 2012.

LI, K.; XU, Z.; ZHANG, K.; YANG, A.; ZHANG, J. Efficient production and characterization for maize inbred lines with low-phosphorus tolerance. *Plant Science*, v.172, p.255-264, 2007.

LI, X. X.; ZENG, R. S.; LIAO, H. Improving crop nutrient efficiency through root architecture modifications. *Journal of Integrative Plant Biology*, v.58, p.193-202, 2016.

LYNCH, J. P.; HO, M. D. Rhizoeconomics: carbon costs of phosphorus acquisition. *Plant and Soil*, The Hague, v.269, n.1-2, p.45-56, 2005.

LYNCH, J. P. Root Phenotypes for Enhanced Soil Exploration and Phosphorus Acquisition: Tools for Future Crops. *Plant Physiology*, v.156, p.1041-1049, 2011.

MAGALHÃES, P. C.; SOUZA T.C.; CANTÃO, F. R. O. Early evaluation of root morphology of maize genotypes under phosphorus efficiency. *Plant Soil and Environment*, v.57, p.135-138, 2011.

MAHALANOBIS, P. C. On the generalized distance in statistics. *Proceedings of the National Institute of Sciences of India*, New Delhi, v.2, p.49-55, 1936.

MANZATTO, C. V.; FREITAS JUNIOR, E.; PERES, J. R. R. Uso agrícola dos solos brasileiros. Rio de Janeiro: Embrapa Solos, 174 p., 2002.

MARDIA, K. V.; KENT, J. T.; BIBBY, J. M. Multivariate analysis. London: Academic Press, 521p., 1979.

MONTGOMERY, D.C.; PECK, E. A. Introduction to linear regression analysis. New York, J. Wiley, 504p., 1981.

MUNDIM, G. B.; VIANA, J. M. S.; MAIA, C. Early evaluation of popcorn inbred lines for phosphorus use efficiency. *Plant Breeding*, v.132, p.613-619, 2013.

NOVAIS, R. F.; SMYTH, T. J. Fósforo em solo e planta em condições tropicais. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG (Brasil). Departamento de Solos, 1999.

PARENTONI, S. N.; JUNIOR, C. L. S. Phosphorus acquisition and internal utilization efficiency in tropical maize genotypes. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.43 n.7, p.893-901, 2008.

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

RESENDE, M. D. V.; DUARTE, J. B. Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, v.37, n.3, p.182-194, 2007.

ROCHA, M.C.; MIRANDA, G. V.; SOARES, M. O.; CANTÃO, F. R. O.; SILVA, L. A.; RODRIGUES, F.; MAGALHÃES, P. C.; TARDIN, F. D.; RODRIGUES, J. A. S.; VASCONCELOS, M. J. V.; SCHAFFERT, R. E. Caracterização da morfologia radicular de linhagens de sorgo contrastantes para eficiência do uso de fósforo. In: CONGRESSO NACIONAL DE MILHO E SORGO, Londrina, Resumos; ABMS, 2008. Disponível em: <<http://www.alice.cnptia.embrapa.br/bitstream/doc/491250/1/Caracterizacaomorfologia.pdf>>. Acesso em 28 de maio de 2017.

SANGOI, L.; ALMEIDA, M. L.; GRACIETTI, M. A.; BIANCHET, P.; HORN, D. Sustentabilidade do colmo em híbridos de milho de diferentes épocas de cultivo em função da densidade de plantas. *Revista de Ciências Agroveterinárias*, n.1, v.2, 2002.

SINGH, Y. P.; KUMAR, A.; CHAUHAN, B. P. S. Genetic divergence in pearl millet. *The Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, v.41, n.1, p.186-190, 1981.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. Fisiologia Vegetal. Trad. Santarém E. R. et al. 3 ed. Porto Alegre: Artmed, 2004.

TRACHSEL, S.; MESSMER, R.; STAMP, P.; HUND, A. Mapping of QTLs for lateral and axile root growth of tropical maize. *Theoretical Applied Genetics*, v.119, p.1413-1424, 2009.

USDA (UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE). Disponível em: <<https://www.ers.usda.gov/webdocs/DataFiles/51280/BL-2017-SU-All-2014-2026.xlsx?v=42824>>. Acesso em 27 de maio de 2017.

WANG, X.; SHEN, J.; LIAO, H. Acquisition or utilization, which is more critical for enhancing phosphorus efficiency in modern crops? *Plant Science*, v.179, p.302-306, 2010.

WRIGHT, S. Correlation and causation. *Journal of Agricultural Research*, v.20, p.557-585, 1921.

WU, Q.; PAGES, L.; WU, J. Relationships between root diameter, root length and root branching along lateral roots in adult, field-grown maize. *Annals of Botany*, v.117, p.379-390, 2016.

ZHANG, L.; LI, J.; RONG, T.; GAO, S.; WU, F.; XU, J.; LI, M.; CAO, M.; WANG, J.; HU, E.; LIU, E.; LIU, Y.; LU, T. Large-scale screening maize germplasm for low-phosphorus tolerance using multiple selection criteria. *Euphytica*, v.197, p.435-446, 2014.

ZHANG, H.; XU, R.; XIE, C.; HUANG, C.; LIAO, H.; XU, Y.; WANG, J.; LI, W. Large-scale evaluation of maize germplasm for low-phosphorus tolerance. *Polos one*, v.10, n.5, p.e0124212, 2015.

ZHU, J.; LYNCH, J. P. The contribution of lateral rooting to phosphorus acquisition efficiency in maize (*Zea mays* L.) seedlings. *Functional Plant Biology*, v.31, p.949-958, 2004.

ZHU, J., MICKELSON, S., KAEPLER, S., LYNCH, J. P. Detection of quantitative trait loci for seminal root traits in maize (*Zea mays* L.) seedlings grown under differential phosphorus levels. *Theoretical and Applied Genetics*, v.113, p.1-10, 2006.