

Expressão de genes homólogos de *Arabidopsis* em arroz relacionados ao aumento do potencial produtivo

João Augusto Vieira de Oliveira¹, Fernanda Raquel Martins Abreu², Wendell Jacinto Pereira³, Ricardo Diógenes Dias Silveira⁴, João Antônio Mendonça⁵, Rosana Pereira Vianello⁶, Claudio Brondani⁷

O arroz (*Oryza sativa*) é considerado uma das principais fontes de alimento para a população mundial. No Brasil, o consumo per capita de arroz é de aproximadamente 108g por dia, o que representa 14% dos carboidratos, 10% das proteínas e 0,8% dos lipídios presentes nas refeições diárias de cada brasileiro. O aumento da população mundial projeta a necessidade de aumentar, para o ano de 2030, 40% a produção mundial de arroz atual. Com base nisso, o objetivo desse trabalho foi quantificar a expressão de genes de arroz homólogos de *Arabidopsis* previamente relacionados ao aumento do potencial produtivo (RUBIRICE, RUBICORN, AVP1, DA1 e TOR) por meio da análise de PCR quantitativo (qPCR). Os genótipos estudados nesse estudo foram BRSMG Curinga, Primavera e Douradão, os quais foram avaliados em um ensaio em casa de vegetação, cultivados sob dois níveis de fertilidade do solo (alta e baixa), em esquema fatorial, no delineamento inteiramente casualizado e com duas repetições. Foram realizadas coletas de material vegetal (folha) nos estádios vegetativo e reprodutivo, o qual foi utilizado para o isolamento de RNA total e posterior síntese de cDNA. Ao final do ciclo foi realizada a colheita dos grãos para obtenção da produtividade de cada tratamento. A análise de variância e teste de médias (Tukey $p < 0,05$) dos dados de produtividade foram realizados pelo programa SAS. O cDNA foi quantificado em aparelho Qubit[®] e em seguida submetido a qPCR no aparelho 7500 Real-Time PCR (Applied Biosystems) para avaliação da expressão dos cinco genes estudados nesse trabalho. Atualmente está sendo realizada a análise da expressão dos genes no programa DataAssist[™] (Applied Biosystems). Posteriormente os valores de média e teste de comparação de médias (Tukey) serão realizados no programa STATISTICA v.7, à exceção de RUBICORN, cuja análise já foi concluída. Plantas cultivadas em alta fertilidade os três genótipos apresentaram alto nível de expressão de RUBICORN em relação a cada genótipo cultivado em baixa fertilidade. Adicionalmente, plantas cultivadas em baixa fertilidade apresentaram caracteres componentes da produtividade (média de grãos por planta, peso de 100 grãos, número de perfilhos, % de grãos cheios e número de panículas por planta) significativamente inferiores às plantas cultivadas em alta fertilidade. A redução da expressão de RUBICORN, que é uma enzima diretamente envolvida na fotossíntese, em baixa fertilidade, foi provavelmente resultante da baixa disponibilidade de nutrientes, o que certamente limitou a taxa fotossintética, reduzindo o desenvolvimento da planta e conseqüentemente a produtividade dos genótipos avaliados nesse tratamento. Com base nos resultados obtidos é possível inferir que a regulação da expressão de RUBICORN é dependente da concentração de nutrientes no solo em plantas de arroz. Uma hipótese a ser avaliada é se o desenvolvimento de plantas de arroz geneticamente modificadas para a superexpressão desses genes, em particular para Rubicorn, poderá resultar em plantas que aumentem seu potencial produtivo quando cultivadas em solo com alta fertilidade, ou que mantenham seu potencial produtivo mesmo quando cultivadas em baixo nível de fertilidade do solo.

¹ Estudante de pós-graduação (mestrado) em Ciências Biológicas da Universidade Federal de Goiás, augusto.joao@outlook.com

² Estudante de pós-graduação (doutorado) em Ciências Biológicas da Universidade Federal de Goiás, fernanda_rma@hotmail.com

³ Estudante de pós-graduação (mestrado) em Ciências Biológicas da Universidade Federal de Goiás, wendell.j.p@hotmail.com

⁴ Biólogo, Doutor em Ciências Biológicas, professor do Instituto Federal Goiano, Urutaí, GO, ricardo.silveira@ifgoiano.edu.br

⁵ Biólogo, Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas, técnico da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, joao.mendonca@embrapa.br

⁶ Bióloga, Doutora em Ciências Biológicas, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rosana.vianello@embrapa.br

⁷ Engenheiro agrônomo, doutor em Ciências Biológicas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, claudio.brondani@embrapa.br