

Avaliação da expressão de genes candidatos para tolerância à deficiência hídrica em arroz de terras altas na plataforma de fenotipagem SITIS

Fabianna Ferreira dos Santos¹, Anna Cristina Lanna², Claudio Brondani³, João Antônio Mendonça⁴, Paula Arielle Mendes Ribeiro Valdisser⁵, Rosana Pereira Vianello⁶

O arroz de terras altas (*Oryza sativa* L.) é uma alternativa agrícola com menor demanda hídrica que o arroz irrigado, cultivado com lâmina de água. O objetivo deste estudo foi avaliar 25 genótipos de arroz de terras altas, cultivados em dois ambientes contrastantes de água no solo (com e sem deficiência hídrica), quanto ao parâmetro de produtividade e à expressão diferencial de 22 genes previamente identificados como responsivos em condições de deficiência hídrica. O delineamento experimental na SITIS foi látice 5x5 com doze repetições (colunas de solo por genótipo), sendo seis colunas destinadas ao tratamento controle e seis colunas destinadas ao tratamento com deficiência hídrica, para cada um dos 25 genótipos. Ao término do ciclo da cultura foram realizadas as avaliações dos componentes de produção (número de grãos cheios, número de espiguetas estéreis e massa de 100 grãos) e produtividade. Quanto ao parâmetro de produtividade avaliado, observou-se um forte contraste entre os genótipos, com redução de produtividade variando de 7,7% a 90,8% nas variedades cultivadas sob estresse, em relação às respectivas variedades cultivadas com irrigação normal. Os valores médios de produtividade (g/coluna) variaram de 44 a 170 no tratamento irrigado, e de 4 a 86 na condição de deficiência hídrica. Dentre os 25 genótipos avaliados, sete apresentaram redução de produtividade maior que 50% e foram categorizados como sensíveis, 17 mantiveram uma redução menor do que 50% e foram considerados tolerantes à deficiência hídrica. Dos 24 genótipos avaliados, nove destacaram-se como produtivos no tratamento controle e sob deficiência hídrica. Os 25 genótipos variaram quanto à produtividade na presença da deficiência hídrica, sendo passíveis de serem explorados em nível genético quanto à expressão diferencial de genes candidatos potencialmente relacionados com a tolerância à deficiência hídrica. Para a análise molecular de expressão gênica foram selecionados 12 genótipos, com maior contraste quanto a tolerância à deficiência hídrica, avaliados em quatro épocas distintas durante a aplicação da restrição hídrica, 24 horas após o corte de irrigação no estágio de desenvolvimento R1 (diferenciação da panícula); após cinco dias sem irrigação; no estágio R5 (enchimento do grão); após dez dias com reposição de 50% da água evapotranspirada pelas plantas do tratamento controle; e 48 horas após o restabelecimento da irrigação, no estágio R8 (maturação fisiológica). Os resultados da extração do RNA total revelaram padrões de qualidade e quantidades adequados para as análises de expressão gênica. Os valores médios para as razões de absorvância 260 nm/280 nm foram de 2,050; 2,059; 1,995 e 2,023 e 260 nm/230 nm de 1,765; 1,404; 1,357 e 1,398 (primeira a quarta coletas, respectivamente), indicando uma ligeira redução da pureza das amostras quando submetidas a períodos mais prolongados de deficiência hídrica. As médias da concentração final das amostras foram 581, 303, 402 e 400 ng/ μ l (primeira a quarta coletas, respectivamente), indicando uma redução no período da segunda coleta, em que a restrição hídrica permaneceu por cinco dias. A análise de expressão gênica diferencial dos 22 genes nos 12 genótipos de arroz de terras altas está sendo conduzida na plataforma Biomark™ (Fluidigm) para posterior determinação dos perfis com expressão diferencial. Os resultados darão subsídios para ampliar o conhecimento dos mecanismos genéticos responsivos nas condições de deficiência hídrica e, conseqüentemente, identificar os genes mais responsivos na presença de déficit hídrico para o desenvolvimento de marcadores para seleção assistida, aumentando com isso, a eficiência no melhoramento genético de arroz de terras altas.

¹ Mestranda do Programa de Pós-Graduação em Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, fabianna_bio@hotmail.com

² Química, doutora em Ciências Agrárias, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, anna.lanna@embrapa.br

³ Engenheiro-agrônomo, doutor em Biologia Molecular, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, claudio.brondani@embrapa.br

⁴ Biólogo, mestre em Genética e Melhoramento de Plantas, técnico da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, joao.mendonca@embrapa.br

⁵ Farmacêutica, mestre em Genética e Biologia Molecular, analista da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, paula.valdisser@embrapa.br

⁶ Bióloga, doutora em Genética Molecular Vegetal, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, rosana.vianello@embrapa.br