

DINÂMICA FOTOSSINTÉTICA E EXPRESSÃO DE GENES DO FOTOSSISTEMA II EM PLANTAS DE ARROZ EM RESPOSTA A MEMÓRIA DO ESTRESSE

LUIZ OTÁVIO VERGARA DE VERGARA¹; PRISCILA ARIANE AULER²; KÉZIA
APARECIDA GUIDORIZI²; MARCELO NOGUEIRA DO AMARAL²; CRISTINI
MILECH²; EUGENIA JACIRA BOLACEL BRAGA³

¹Universidade Federal de Pelotas – luizvergara84@gmail.com

²Universidade Federal de Pelotas, PPGFV- Programa de Pós-Graduação em Fisiologia Vegetal –
pri_auler@hotmail.com; kezia_guidorizi@hotmail.com; theoamaral@hotmail.com;
crismilech.cm@gmail.com

³Universidade Federal de Pelotas – jacirabraga@hotmail.com

1. INTRODUÇÃO

O Brasil figura entre os dez principais produtores mundiais de arroz, com mais de dois milhões de hectares cultivados e mais de 11 milhões de toneladas ao ano (CONAB, 2017). Além disso, há dois grandes ecossistemas para o cultivo do arroz, denominados de várzeas, em que se cultiva o arroz com irrigação por inundação controlada, e de terras altas, que considera o cultivo em sequeiro, isto é, dependente de precipitações pluviais.

Em condições de déficit hídrico, grandes mudanças ocorrem nas plantas, resultando na diminuição da produtividade. Alterações na abertura do poro estomático regulam a eficiência do uso da água da planta, definida como ganho de carbono pela fotossíntese por água transpirada, influenciando diretamente na produtividade (DALOSO et al., 2017). Uma das primeiras respostas das plantas ao déficit hídrico é o fechamento estomático, limitando as trocas gasosas, reduzindo a fotossíntese e a transpiração.

Todavia, os efeitos da restrição hídrica podem variar dependendo de muitos fatores, e da ocorrência de eventos prévios de déficit hídrico que podem deixar um efeito residual (*priming* ou memória), influenciando o desempenho futuro da planta quando submetida a condições similares (FLETA-SORIANO; MUNNÉ-BOSCH 2016). *Imprint* ou memória de estresse pode ser definida como modificações estruturais, genéticas e bioquímicas que ocorrem como consequência da exposição anterior ao estresse e que tornam as plantas, geralmente, mais resistentes para as futuras exposições (BRUCE et al., 2007).

Desse modo, o objetivo deste trabalho foi observar se o estresse hídrico em diferentes momentos do ciclo, de forma combinada ou não, irá afetar parâmetros fisiológicos como fotossíntese, condutância estomática e uso eficiente da água assim como a expressão de genes pertencentes ao fotossistemas II, em genótipos oriundos de diferentes sistemas de cultivo BRS Querência (irrigado) e AN Cambará (sequeiro).

2. METODOLOGIA

Sementes de arroz de dois genótipos - BRS Querência e AN Cambará - foram germinadas e após sete dias as plântulas foram transferidas para vasos e mantidas em casa de vegetação até o estádio V5, a partir do qual foram irrigadas conforme tratamento. O déficit hídrico foi aplicado no estádio vegetativo (V5) e/ou no estádio reprodutivo no período que antecede a floração. Os tratamentos foram da seguinte maneira: C: controle - plantas mantidas em condições ótimas de

irrigação durante todo o período; PTv+R: Pré-tratamento com déficit hídrico no estádio vegetativo e no estádio reprodutivo; PTv: Pré-tratamento com déficit hídrico no estádio vegetativo e em condições ideais no estádio reprodutivo; NPT: Plantas não pré-tratadas no estádio vegetativo e com déficit hídrico no reprodutivo.

Quando as plantas atingiram os estádios determinados para o déficit hídrico, foi realizada a suspensão da irrigação nos vasos pertencentes aos tratamentos, até atingir 10% de umidade do solo e mantida nessa condição por sete dias. A umidade do solo foi controlada, com o equipamento TDR EC (*Decagon Devices®*). Após este período, as plantas que estavam sob déficit hídrico foram rehidratadas e mantidas na capacidade de campo até atingirem o estádio reprodutivo onde o procedimento foi repetido nos vasos contendo os tratamentos correspondentes. As coletas foram realizadas, no estádio reprodutivo, no sétimo dia de estresse das plantas.

O experimento foi conduzido em delineamento inteiramente ao acaso, com cinco repetições em um esquema fatorial 2x4 (dois genótipos x quatro combinações de estresse (C, PTv+R, PTv e NPT).

Os parâmetros fisiológicos foram observados com o analisador de gases por radiação intravermelha (IRGA), modelo Li-6400.

Foram desenhados *primers* que codificam subunidades de proteínas (D1 e D2) localizadas no centro de reação do fotossistema II (*PsbD*, *PsbD2* e *PsbDA*) utilizando as sequências depositadas no banco de dados *RAP-DB* e o programa *PerlPrimer v.1.1.21*. O RNA total foi extraído e a síntese de cDNA feita de acordo com o descrito por Auler et al. (2017). Como normalizador interno das reações de RT-qPCR utilizou-se o gene *UBC-E2*. A quantificação relativa da expressão de cada gene foi obtida conforme descrito por LIVIAK; SCHMITTGEN (2001).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Em relação à fotossíntese, tanto em BRS Querência como AN Cambará os menores valores foram nos tratamentos PTv+R (1,95 e 0,28) e NPT (3,09 e 0,74) respectivamente (Figura 1a). Para a condutância estomática os menores valores também foram em PTv+R e NPT em ambos os genótipos, sendo que eles não diferiram em nenhum dos tratamentos (Figura 1b). Para a variável uso eficiente da água (UEA), no genótipo BRS Querência, o tratamento PTv+R teve o menor valor entre todos os tratamentos podendo ser devido ao pré-tratamento não ter sido eficiente (THELIER; LÜTTGE, 2012).

Sabe-se que a condutância estomática diminui em condições de seca para evitar que o potencial hídrico da folha diminua de níveis considerados críticos para a estabilidade do sistema de transporte de água na planta, fato observado nos genótipos em estudo.

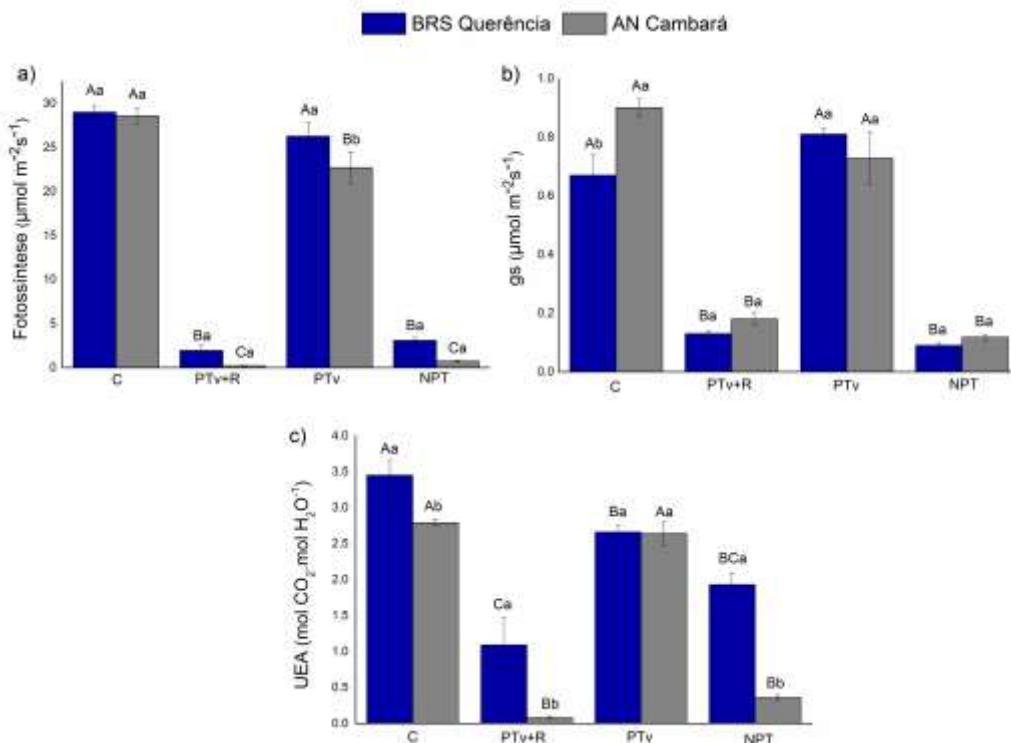


Figura 1- Parâmetros fisiológicos de fotossíntese, condutância estomática (gs) e uso eficiente da água (UEA) em cultivares de arroz - BRS Querência e AN Cambará, após sete dias de déficit hídrico (10% de umidade do solo). Letras maiúsculas comparam tratamentos dentro de um mesmo genótipo enquanto letras minúsculas comparam genótipos nos tratamentos. Tukey a 5% de probabilidade de erro.

Em BRS Querência, os genes *PsbD* e *PsbDA* tiveram suas menores expressões em PTv+R, 0,37 e 0,35, respectivamente. Em AN Cambará, o menor valor de expressão para o gene *PsbDA* foi em NPT (0,58) enquanto que para *PsbD* não houve diferença estatística na expressão deste gene em nenhum dos tratamentos (Figura 2a e 2c).

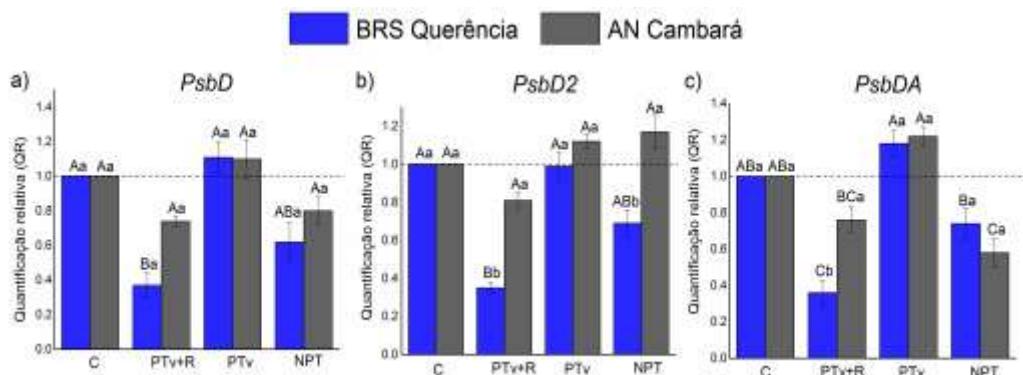


Figura 2- Expressão dos genes que codificam proteínas do centro de reação do fotossistema II (*PsbD*, *PsbD2* e *PsbDA*) em cultivares de arroz - BRS Querência e AN Cambará, após sete dias sob déficit hídrico (10% de umidade do solo). Letras maiúsculas comparam tratamentos dentro de um mesmo genótipo enquanto letras minúsculas comparam genótipos nos tratamentos. Tukey a 5% de probabilidade de erro.

Para o gene *PsbD2*, os genótipos diferiram nos tratamentos PTv+R e NPT. Em BRS Querência, o menor valor de expressão foi em PTv+R (0,35) seguido de (0,69) em NPT. Para AN Cambará, os valores de expressão para este gene foram estatisticamente iguais em todos os tratamentos (Figura 2b). Reduções na expressão desses genes foram observadas em condições de seca, resultando no decréscimo no conteúdo de clorofilas a e b e inibição da atividade do fotossistema II (DUAN et al., 2006). Além disso, a redução na expressão pode estar sendo influenciada pelo pré-tratamento e com isso um aumento mais lento na síntese da proteína D1 como forma de economia de energia caso um estresse futuro possa ocorrer (AULER et al., 2017).

4. CONCLUSÕES

O genótipo de várzea – BRS Querência apresenta uma resposta de memória do estresse mais evidente na expressão dos genes do fotossistema II quando comparado ao genótipo de sequeiro, podendo ser usado para identificar marcadores que possam auxiliar na maior tolerância ao estresse hídrico assim como num maior entendimento das respostas fisiológicas advindas do estresse recorrente.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AULER, P. A.; DO AMARAL, M. N.; RODRIGUES, G. D. S.; BENITEZ, L. C.; DA MAIA, L. C.; SOUZA, G. M.; BRAGA, E. J. B. Molecular responses to recurrent drought in two contrasting rice genotypes. **Planta**, Germany, 246(5), p. 899-914, 2017.

BRUCE, T. J. A.; MATTHES, M. C.; NAPIER, J. A.; PICKETT, J. A. Stressful “memories” of plants: Evidence and possible mechanisms. **Plant Science**, v. 173, n. 6, p. 603–608, 2007.

CONAB - Companhia Nacional de Abastecimento. Disponível em <http://www.conab.gov.br/>. Acesso em 15 de setembro de 2017.

DALOSO, D.; MEDEIROS, D.; DOS ANJOS, L.; YOSHIDA, T.; ARAÚJO, W. L.; FERNIE AR. Metabolism within the specialized guard cells of plants. **New Phytology**, Bristol, v.216, p.1018–1033, 2017.

FLETA-SORIANO, E.; MUNNÉ-BOSCH, S. Stress memory and the inevitable effects of drought: a physiological perspective. **Frontiers in Plant Science**, Melbourne, v.7, p.143, 2016.

THELLIER, M.; LÜTTGE U. Plant memory: a tentative model. **Plant Biology**, Netherlands, v.15, p. 1–12, 2013.

DUAN, H. G.; YUAN, S; LIU, W. J.; XI, D. H.; QING, D. H.; LIANG, H. G.; LIN, H. H. Effects of exogenous spermidine on photosystem II of wheat seedlings under water stress. **Journal of Integrative Plant Biology**, China, v.48 (8), p.920–927, 2006.