

## CONTEÚDO DE ABA E ABA-GE EM DOIS GENÓTIPOS DE ARROZ SUBMETIDOS A DÉFICIT HÍDRICO RECORRENTE

KATHARINA ROJAHN WICKBOLDT<sup>1</sup>; PRISCILA ARIANE AULER<sup>2</sup>; ROSANE  
LOPES CRIZEL<sup>3</sup>; CRISTINI MILECH<sup>2</sup>; TATIANA ROSSATTO<sup>2</sup>; EUGENIA  
JACIRA BOLACEL BRAGA<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Graduanda de agronomia, bolsista PIBIC – [katharinawickboldt@gmail.com](mailto:katharinawickboldt@gmail.com)

<sup>2</sup>Doutoranda do PPG em Fisiologia Vegetal, bolsista CAPES

<sup>3</sup>Doutoranda do PPG em Ciência e Tecnologia de Alimentos - UFPEL

<sup>4</sup>Professor Associado IV do Dep<sup>o</sup> de Botânica/IB- UFPEL – [jacirabraga@hotmail.com](mailto:jacirabraga@hotmail.com)

### 1. INTRODUÇÃO

Uma das culturas mais importantes no ponto de vista econômico e social é o arroz (*Oryza sativa* L.) pois é consumido e cultivado em todos os continentes e é estratégico no combate a fome. Sabe-se que a lâmina de água nas lavouras, além de proteger a cultura das plantas invasoras, evita que a cultura passe por períodos de déficit hídrico. No entanto, na busca por uma agricultura mais sustentável, espera-se diminuir o consumo de água pela agricultura e com isso as plantas necessitam estar adaptadas a solos com menor disponibilidade hídrica para que não ocorram perdas na produtividade. Para isso, as genótipos devem ser mais tolerantes a períodos com pouca água disponível. A exposição prévia pode preparar uma planta contra um estresse futuro promovendo um estado de aclimação que pode persistir até uma exposição subsequente. Desta forma, é amplamente aceito que as plantas têm a capacidade para o que pode ser descrito como memória (CRISP et al., 2016).

O fitohormônio ácido abscísico (ABA) sinaliza diversos eventos celulares incluindo o fechamento estomático, limitando a perda de água através da transpiração (FUJITA et al., 2011). O catabolismo do ABA ocorre por hidroxilação formando os ácidos phaseico (PA) e dihidrophaseico (DPA) ou pode ser conjugado com glicose formando ABA glicosil-éster (ABA-GE) (HIRAI et al., 2000). Dessa forma, o conteúdo endógeno desse hormônio na planta é determinado por suas taxas de síntese, catabolismo e transporte (ZHOU et al., 2004).

Sabendo-se que um dos principais hormônios envolvidos no processo é o ácido abscísico (ABA), o objetivo desse estudo foi avaliar se o pré-tratamento com estresse hídrico no estágio vegetativo combinado ao estresse hídrico no reprodutivo, altera o conteúdo de ABA e seu conjugado ABA-GE em genótipos de várzea e de sequeiro.

### 2. METODOLOGIA

Sementes de dois genótipos, BRS Querência (várzea) e AN Cambará (sequeiro), foram germinadas em BOD e transferidas para vasos contendo solo coletado do campo e irrigadas diariamente até a capacidade de vaso ( $\pm 40\%$ ) em casa de vegetação. No estágio vegetativo V5 as plantas de cada genótipo foram divididas em dois grupos. No primeiro, as plantas não foram submetidas a pré-tratamento e no segundo grupo as plantas foram submetidas a pré-tratamento de déficit hídrico, ou seja, a irrigação foi suspensa até que a umidade do solo atingisse 10%, onde permaneceram por sete dias. Após esse período os vasos foram rehidratados no mesmo nível dos vasos controle (capacidade de vaso -

40%) e mantidos nessa condição até a reaplicação do estresse, no estágio reprodutivo. Em vista disso, foram designadas quatro condições experimentais: C: capacidade de vaso durante todo ciclo, sendo o controle; PT<sub>v</sub>: pré-tratamento no vegetativo e sem déficit hídrico no reprodutivo; PT<sub>v</sub>+R: pré-tratamento no vegetativo e subsequente déficit hídrico no reprodutivo; NPT: sem pré-tratamento no vegetativo e com déficit hídrico no reprodutivo.

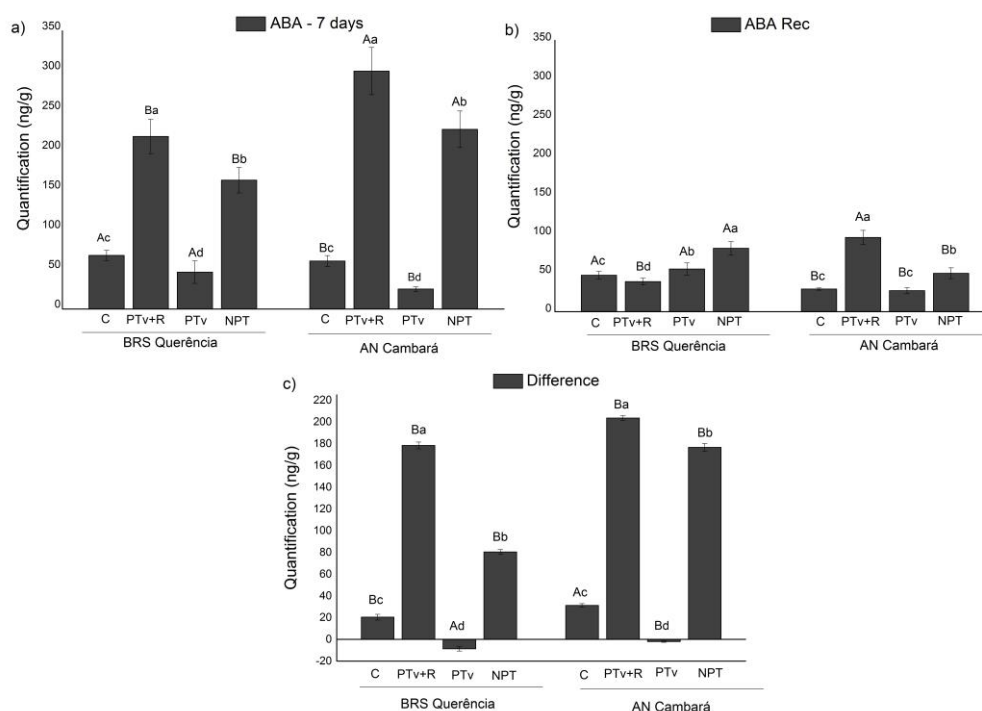
Após realizadas as coletas de todas as condições experimentais, no estágio reprodutivo, as plantas foram rehidratadas e mantidas em capacidade de vaso por 24h (recuperação), onde procedeu-se nova coleta.

A quantificação de ABA e ABA-GE foi realizada em um cromatógrafo líquido (UFLC, Shimadzu, Japão) acoplado a espectrômetro de massas de alta resolução do tipo quadrupolo-tempo de voo (Maxis Impact, Bruker Daltonics, Bremen, Alemanha).

O delineamento experimental foi completamente casualizado (DIC) em esquema fatorial 2 x 4, sendo dois genótipos e quatro condições experimentais e três repetições biológicas. Os dados foram submetidos à análise de variância ( $P \leq 0,05$ ) e as médias foram comparadas pelo teste de Tukey a 5 % de probabilidade, utilizando o software estatístico SAS v.9.3 (SAS Institute Inc., Cary, NC).

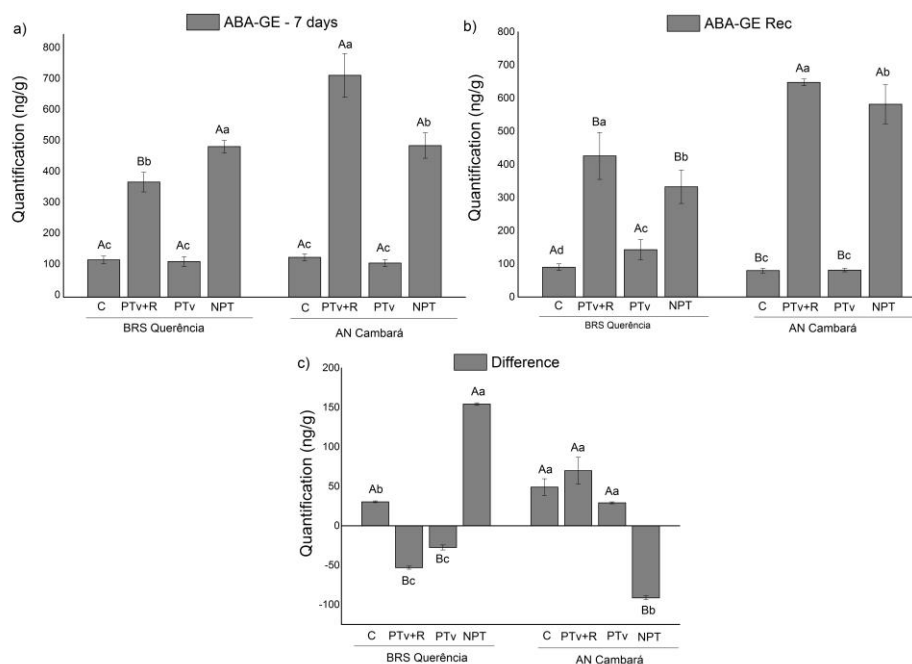
### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Em relação ao conteúdo de ABA, em ambos os genótipos, foi maior no tratamento PT<sub>v</sub>+R, sendo 299,3 ng/g em AN Cambará e 217,1 ng/g em BRS Querência. Em quantidades menores, o mesmo padrão ocorreu em NPT, sendo 226,14 ng/g em AN Cambará e 162,14 em BRS Querência (Figura 1).



**Figura 1-** Conteúdo de ABA em dois genótipos de arroz, BRS Querência e AN Cambará, submetidos ao déficit hídrico recorrente após sete dias de estresse (a) e após 24h de recuperação (b) e a diferença entre as médias dos sete dias e da recuperação (c). Médias  $\pm$  SE (n= 3) seguidas por letras maiúsculas comparam genótipos em um mesmo tratamento e minúsculas comparam tratamentos em um mesmo genótipo ( $P \leq 0.05$ , Tukey's test).

Para ABA-GE os genótipos diferiram em PTv+R, sendo que AN Cambará apresentou o maior valor. Em BRS Querência, o maior valor de ABA-GE foi no tratamento NPT (487,04 ng/g) seguido por PTv+R (372,26 ng/g). No de sequeiro foi o oposto, o maior valor foi observado no tratamento PTv+R (717,57 ng/g), seguido por NPT (490,5 ng/g) (Figura 2). Após 24h de recuperação, os genótipos diferiram entre si em todos os tratamentos, tanto para ABA como para ABA-GE.



**Figura 2-** Quantificação de ABA-GE em dois genótipos de arroz, BRS Querência e AN Cambará, submetidos ao déficit hídrico recorrente após sete dias de estresse (a) e após 24h de recuperação (b) e a diferença entre as médias dos sete dias e da recuperação (c). Médias  $\pm$  SE (n= 3) seguidas por letras maiúsculas comparam genótipos em um mesmo tratamento e minúsculas comparam tratamentos em um mesmo genótipo ( $P \leq 0.05$ , Tukey's test).

Com o objetivo de observar o quanto aumentou ou diminuiu a concentração desses metabólitos após 24h de recuperação, fez-se um cálculo com as médias de cada tratamento aos sete dias de déficit hídrico menos suas respectivas médias após 24h de recuperação. Sendo assim, foi possível observar que ambos os genótipos tiveram maior quantidade de ABA aos sete dias de estresse e que essa quantidade diminuiu na recuperação, sendo que em AN Cambará os valores foram superiores, ou seja, houve uma redução mais acentuada desse metabólito, principalmente em PTv+R (203,60). De forma contrária, para ABA-GE em BRS Querência a quantidade desse metabólito aumentou após 24 de rehidratação nos tratamentos PTv+R (-53,10) e PTv (-27,41) enquanto que em NPT a quantidade diminuiu em relação aos sete dias (154,27). Em AN Cambará observou-se o contrário, ou seja, o ABA-GE em NPT aumentou em relação aos sete dias após 24 h de recuperação (-91,35) (Figura 1c e Figura 2c).

Observou-se que no genótipo BRS Querência, nas plantas que passaram por estresse recorrente (PTv+R), após 24h de recuperação houve uma diminuição acentuada na concentração de ABA foliar e aumento na concentração de ABA-GE, indicando a possibilidade de que uma parte do ABA foi conjugado como forma de reserva para possíveis eventos futuros de estresse (Figura 1c e Figura 2c).

A conversão de ABA-GE em ABA através das  $\beta$ -glicosidasas há muito tem sido sugerida como um meio de aumentar dinamicamente os níveis de ABA da folha e da seiva dos vasos condutores em resposta ao aumento do estresse (DIETZ et al., 2000), sendo uma reserva direta para momentos de necessidade, sem que ocorra a biossíntese *de novo* da molécula.

#### 4. CONCLUSÕES

Com base nos resultados obtidos acreditamos que no genótipo de sequeiro as moléculas de ABA e ABA-GE apresentam uma maior mobilidade quando as plantas são submetidas a estresse recorrente auxiliando na comunicação/sinalização entre diferentes órgãos, podendo ser uma resposta de memória do vegetal e conferir maior adaptabilidade em momentos de déficit hídrico.

#### 5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

CRISP, P. A. et al. Reconsidering plant memory: Intersections between stress recovery, RNA turnover, and epigenetics. **Science Advances**, v. 2, n. 2, p. e1501340–e1501340, 2016.

DIETZ, K. J. et al. Extracellular beta-glucosidase activity in barley involved in the hydrolysis of ABA glucose conjugate in leaves. **Journal of experimental botany**, v. 51, n. 346, p. 937–944, 2000.

FUJITA, M. et al. Cortical microtubules optimize cell-wall crystallinity to drive unidirectional growth in Arabidopsis. **Plant Journal**, v. 66, n. 6, p. 915–928, 2011.  
GOLLDACK, D. et al. Tolerance to drought and salt stress in plants: Unraveling the signaling networks. **Frontiers in Plant Science**, v. 5, n. April, p. 1–10, 2014.

HIRAI, N. et al. **Biosynthesis of Absciscic Acid by the Non-mevalonate Pathway in Plants, and by the Mevalonate Pathway in Fungi Bioscience, Biotechnology, and Biochemistry**, 2000. Disponível em: <http://www.tandfonline.com/doi/full/10.1271/bbb.64.1448>

LEE, K. H. et al. Activation of Glucosidase via Stress-Induced Polymerization Rapidly Increases Active Pools of Absciscic Acid. **Cell**, v. 126, n. 6, p. 1109–1120, 2006.

MERILO, E. et al. Absciscic acid transport and homeostasis in the context of stomatal regulation. **Molecular Plant**, v. 8, n. 9, p. 1321–1333, 2015.

XU, Z. Y.; KIM, D. H.; HWANG, I. ABA homeostasis and signaling involving multiple subcellular compartments and multiple receptors. **Plant Cell Reports**, v. 32, n. 6, p. 807–813, 2013.

ZHOU, R. et al. A New Absciscic Acid Catabolic Pathway 1. v. 134, p. 361–369, 2004.