

VARIABILIDADE GENÉTICA PARA COMPRIMENTO DE RAIZ EM ARROZ CULTIVADO SOB DÉFICIT HÍDRICO

ANTÔNIO DE AZEVEDO PERLEBERG¹; MICHEL CAVALHEIRO DA SILVEIRA²;
GABRIEL BRANDÃO DAS CHAGAS³; RODRIGO PAGEL MACHADO⁴;
CÉLANET FILS-AIMÉ⁵; CAMILA PEGORARO⁶

¹Universidade Federal de Pelotas – azevedoperleberg@gmail.com

²Universidade Federal de Pelotas – michelcavalheirodasilveira@gmail.com

³Universidade Federal de Pelotas – gpbchagas2015@gmail.com

⁴Universidade Federal de Pelotas – r.p.machado1998@hotmail.com

⁵Universidade Federal de Pelotas – fcelanet@gmail.com

⁶Universidade Federal de Pelotas – pegorarocamilanp@gmail.com

1. INTRODUÇÃO

O arroz (*Oryza sativa* L.) é uma das principais culturas alimentares do mundo, responsável por disponibilizar energia e nutrientes vitais para grande parte da população mundial (SARMA et al., 2023). A produção de arroz é desafiada pelas mudanças climáticas e pelo crescimento populacional. As mudanças climáticas alteram a ocorrência das chuvas, impactando a produtividade das culturas e ameçando a segurança alimentar. O Sul e o Sudeste Asiático, a África Subsariana e a América Latina são regiões que sofrem estes efeitos (KUMAR et al., 2024).

O arroz é uma cultura mais sensível à seca, e pode ser afetado por esse estresse em diferentes estádios de desenvolvimento. O déficit hídrico terminal é causado pela escassez de água às plantas, podendo levá-la à morte. Já o déficit hídrico intermitente promove interrupções no crescimento das plantas durante períodos de escassez de água, que ocorrem esporadicamente ou em intervalos regulares, e normalmente não é letal. A seca impacta 45% da área da cultura de arroz no mundo (CHENGQI et al., 2024). Esse estresse pode prejudicar o crescimento das plantas e reduzir o rendimento, além de levar à diminuição do valor nutricional dos grãos de arroz (FENG et al., 2023).

No Rio Grande do Sul, principal estado produtor de arroz do Brasil (CONAB, 2024) o arroz é cultivado pelo sistema irrigado por inundação. No entanto, em anos com atuação do evento La Niña, como nas safras 2021/2022 e 2022/2023, em algumas regiões houve falta de água para irrigação devido às secas prolongadas (TEJEDA et al., 2024). Além disso, em outras regiões do País, onde ocorre cultivo de arroz de sequeiro, episódios de seca são frequentes (HEINEMANN et al., 2015). Dessa forma, desenvolver genótipos tolerantes à seca é fundamental para mitigar os efeitos desse estresse.

O sucesso de um programa de melhoramento genético depende da variabilidade genética e da herdabilidade das características de interesse. Genótipos com arquitetura genética distinta podem ser utilizados em áreas com escassez de água ou empregados em blocos de cruzamento para obtenção de cultivares tolerantes ao déficit hídrico. Portanto, a avaliação da diversidade genética é importante para estabelecer relações entre os diferentes genótipos (GABALLAH et al., 2021).

O comprimento da raiz é uma das variáveis mais usadas para avaliar tolerância à seca em arroz. Raízes com diâmetro pequeno e mais compridas aumentam a área de contato com a umidade, possibilitando explorar maior área de solo em busca de água (KIM et al., 2020).

O objetivo desse estudo foi investigar a variabilidade genética para comprimento de raiz em plantas de arroz crescidas sob déficit hídrico no início do estádio vegetativo e identificar genótipos com raízes mais longas sob essa condição.

2. METODOLOGIA

Foram avaliados 177 genótipos de arroz (*Oryza sativa* L.) cultivados sob déficit hídrico em estádio vegetativo inicial. O experimento foi conduzido em sala de crescimento, com iluminação artificial (fotoperíodo de 16h) e temperatura controlada ($25 \pm 3^{\circ}\text{C}$). Plantas de cada genótipo foram cultivadas em recipientes plásticos com capacidade para 700 mL. Foi utilizado substrato MECPLANT, com composição de casca de pinus, vermiculita e macronutrientes, com corretor de acidez.

O solo recebeu irrigação desde a semeadura até a emergência e posteriormente as plantas permaneceram sem irrigação por 20 dias, quando foi realizada a avaliação. Foram instalados tensiômetros analógicos (Hidrosense, modelo HID38) a uma profundidade de 0,10m para monitorar a umidade do solo. A tensão do solo atingiu -50 kPa no décimo dia sem irrigação. Foi utilizado o delineamento experimental em blocos casualizados, com três repetições, constituído por um recipiente com cinco plantas.

As plantas foram removidas do solo e o comprimento da raiz (CR) foi medido por meio de régua graduada. Os dados obtidos foram testados quanto à distribuição e, uma vez verificada a normalidade dos resíduos, foi realizada análise de variância (ANOVA). Posteriormente, as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott ($p<0,05$). Todas as análises foram realizadas no software R (R CORE TEAM, 2023).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

O genótipo influenciou o comprimento das raízes (CR) em plantas de arroz cultivadas sob déficit hídrico. Com base nessa variável, os genótipos foram separados em seis grupos. O genótipo 102, que apresenta o maior CR (33,95 cm), ficou isolado. Dois genótipos (130 e 149) integram o grupo 'b', com CR de ~ 28 cm. No grupo 'c' estão três genótipos (23, 110, 151), com CR variando de 23 cm a 24 cm. O maior grupo é o 'd', com 92 genótipos que apresentam CR de 16,99 cm a 21,93 cm. O grupo 'e', formado por 54 genótipos que possuem raízes de 13,69 cm a 16,53 cm, é segundo maior grupo. O grupo 'f' contém 21 genótipos, cujo CR varia de 11,53 cm a 13,47 cm. Por fim, o grupo 'g' é composto por 4 genótipos, com os menores valores de CL, variando de 6,76 cm a 10,27 cm (Tabela 1).

Tabela 1. Agrupamento de médias para comprimento de raiz em 177 genótipos de arroz cultivados sob déficit hídrico no início do estádio vegetativo. UFPel, Capão do Leão, RS, Brazil, 2024.

Grupos	Genótipos					
A	102					
B	130	149				
C	153	110	23			
	16	136	51	76	8	1
D	59	154	151	38	135	137
	60	128	20	81	93	155

	165	126	157	106	169	46
	27	138	58	129	148	158
	105	11	99	67	150	103
	173	37	143	144	161	174
	134	141	140	55	84	131
	85	97	96	132	164	123
	147	119	83	109	125	80
	156	108	122	57	172	3
	162	145	107	177	44	98
	21	77	91	121	104	82
	13	32	2	68	79	40
	62	43	175	41	92	100
	95	124				
E	36	65	69	159	26	9
	29	146	152	4	127	19
	176	7	90	74	61	167
	73	75	33	94	52	34
	17	118	142	101	117	166
	112	163	22	115	35	56
	86	47	139	49	25	53
	50	30	160	28	31	171
F	12	168	18	15	48	5
	66	120	87	133	64	71
	88	14	116	42	89	63
	114	39	111	10	6	70
G	170	24	45			
G	72	78	113	54		

*Genótipos agrupados na mesma letra não diferem entre si pelo teste de Scott & Knott ($p<0,05$).

A variabilidade genética é oriunda da presença de alelos distintos do mesmo gene em diferentes indivíduos dentro de uma espécie. Estudos de variabilidade genética auxiliam na identificação de genitores para blocos de cruzamento (VERMA et al., 2019). A raiz é o primeiro órgão que percebe o déficit hídrico (KIM et al., 2020), e a ocorrência de comprimentos de raiz distintos (Tabela 1), indica diferentes níveis de tolerância e presença de variabilidade genética, mesmo que reduzida. Os melhoristas de arroz podem utilizar essa variabilidade para desenvolver novos genótipos. A presença de variabilidade genética para tolerância ao déficit hídrico e para parâmetros de raízes também foi observada por Verma et al. (2019), que analisaram uma coleção de germoplasma do Norte da Índia, com 114 genótipos de arroz. Diferentes estudos tem discutido a drástica redução da variabilidade e a ocorrência de erosão genética em arroz (HU et al., 2019), evidenciando a importância da conservação da variabilidade dessa espécie.

O déficit hídrico pode modificar o crescimento, a arquitetura e a permeabilidade da parede celular (hidráulica) das raízes, afetando a sua função. O alongamento das raízes sob déficit hídrico é consequência da elevação da concentração de ácido abscísico (ABA). De maneira geral, os genótipos de arroz que têm raízes mais longas e abundantes sob restrição hídrica são mais os

tolerântes (BHANDARI et al., 2023). Dessa forma, os genótipos que mostraram maiores valores de CR (Tabela 1) tendem a ter um efeito benéfico no enfrentamento do déficit hídrico, pois possibilitam o alcance da água no solo em profundidade camadas.

4. CONCLUSÕES

Os genótipos de arroz avaliados apresentam variabilidade genética para comprimento de raiz e tolerância ao déficit hídrico no início do estádio vegetativo. Os genótipos que mostraram raízes mais longas podem ser inseridos em blocos de cruzamento visando maior tolerância à restrição hídrica nos estádios iniciais.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- BHANDARI, U.; GAJUREL, A.; KHADKA, B.; THAPA, I.; CHAND, I.; BHATTA, D.; POUDEL, A.; PANDEY, M.; SHRESTHA, S.; SHRESTHA, J. Morpho-physiological and biochemical response of rice (*Oryza sativa* L.) to drought stress: A review. **Heliyon**, v. 9, n. 3, 2023.
- CHENGQI, Z.; YUXUAN, Y.; YAFAN, H.; JIFENG, Y.; ZHICHENG, S. Drought-Tolerant Rice at Molecular Breeding Eras: An Emerging Reality. **Rice Science**, v. 31, n.2, p. 179-189, 2023.
- FENG, B.; XIONG, J.; TAO, L. How Rice Plants Response to Abiotic Stresses. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 24, n. 16, p. 12806, 2023.
- HEINEMANN, A.B.; BARRIOS-PEREZ, C.; RAMIREZ-VILLEGAS, J.; ARANGO-LONDOÑO, D.; BONILLA-FINDJI, O.; MEDEIROS, J.C.; JARVIS, A. Variation and impact of drought-stress patterns across upland rice target population of environments in Brazil. **Journal of Experimental Botany**, v. 66, n. 12, p.3625-3638, 2015.
- HU, X.; CUI, Y.; DONG, G.; FENG, A.; WANG, D.; ZHAO, C.; ZHANG, Y.; HU, J.; ZENG, D.; GUO, L.; QIAN, Q. Using CRISPR-Cas9 to generate semi-dwarf rice lines in elite landraces. **Scientific Reports**, v. 9, n. 1, p.19096, 2019.
- KIM, Y.; CHUNG, Y.S.; LEE, E.; TRIPATHI, P.; HEO, S.; KIM, K.H. Root Response to Drought Stress in Rice (*Oryza sativa* L.). **International Journal of Molecular Science**, v. 21, n. 4, p.1513, 2020.
- KUMAR, K.P.; PUSHPAM, R.; MANONMANI, S.; RAVEENDRAN, M.; SANTHIYA, S.; SENTHIL, A. Enhancing stress resilience in rice (*Oryza sativa* L.) through profiling early-stage morpho-physiological and molecular responses to multiple abiotic stress tolerance. **Frontiers in Plant Science**, v. 15, p. 1342441, 2024.
- R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. 2023. Disponível em: <<https://www.R-project.org/>>.
- SARMA, B.; KASHTOH, H.; LAMA TAMANG, T.; BHATTACHARYYA, P.N.; MOHANTA, Y.K.; BAEK, K.-H. Abiotic Stress in Rice: Visiting the Physiological Response and Its Tolerance Mechanisms. **Plants**, v. 12, p. 3948, 2023.
- TEJEDA, L.H.C.; JOSEPH, R.; VENSKE, E.; LUZ, V.K.; CHACÓN-ORTIZ, A.E.; MAGALHÃES JÚNIOR, A.M.; MAIA, L.C.; COSTA DE OLIVEIRA, A.; PEGORARO, C. Assessment of mutant rice genotypes on growth cycle length and response to reduced water availability. **Scientia Agricola**, v. 81, p. e20220272, 2024.
- VERMA, H.; BORAH, J.L.; SARMA, R.N. Variability Assessment for Root and Drought Tolerance Traits and Genetic Diversity Analysis of Rice Germplasm using SSR Markers. **Scientific Reports**, v. 9, p. 16513, 2019.