

VARIABILIDADE GENÉTICA PARA TOLERÂNCIA À SALINIDADE EM MUTANTES DE ARROZ NO INÍCIO DO ESTÁDIO VEGETATIVO

AGUIAR AFONSO MARIANO¹; GABRIEL BRANDÃO DAS CHAGAS²; CELANÉT FILS-AIMÉ³; VALÉRIA OLIVEIRA NIZZOLI⁴, VIVIANE KOPP DA LUZ⁵; CAMILA PEGORARO⁶

¹Universidade Federal de Pelotas - aguiarafonsomariano488@gmail.com

²Universidade Federal de Pelotas – gbchagas2015@gmail.com

³Universidade Federal de Pelotas – chairez93@hotmail.com

⁴Universidade Federal de Pelotas – fcelanet@gmail.com

⁵Universidade Federal de Pelotas – vivianekp2023@gmail.com

⁶Universidade Federal de Pelotas – pegorarocamilanp@gmail.com

1. INTRODUÇÃO

O rápido crescimento populacional, que deve chegar a 10 bilhões até 2050, exigirá um grande aumento na produção de alimentos (GALANAKIS, 2024). O arroz (*Oryza sativa* L.) é fundamental para atender essa demanda, já que fornece 20% das calorias consumidas por mais da metade da população mundial (ALI; NAEEM; AHMED, 2024). No entanto, estresses abióticos, como seca e salinidade, ameaçam a produção de arroz. Isso pode dificultar ainda mais o abastecimento alimentar global no futuro (CABUSORA, 2024).

O arroz é mais sensível à salinidade nas fases inicial de crescimento e reprodutiva. Esse estresse provoca redução do crescimento, da formação de perfilhos e da produção de panículas (XU et al., 2024; CABUSORA, 2024). Genótipos sensíveis acumulam mais sódio (Na⁺), prejudicando a fotossíntese e reduzindo o rendimento. Em contrapartida, genótipos tolerantes conseguem excluir mais Na⁺ e mantêm níveis mais altos de clorofila, preservando a fotossíntese e o crescimento (XU et al., 2024; MANOHARA et al., 2024). Assim, o desenvolvimento de cultivares produtivas e tolerantes à salinidade é uma prioridade nos programas de melhoramento genético do arroz.

O arroz apresenta uma base genética limitada, o que dificulta o desenvolvimento de cultivares mais produtivas e tolerantes (WANG et al., 2024). Para superar essa limitação, a indução de mutações tem se mostrado uma estratégia eficaz, ampliando a variabilidade genética e permitindo a criação de mutantes com características desejáveis, como maior produtividade e tolerância a estresses abióticos, tornando o melhoramento do arroz mais eficiente e contribuindo para a segurança alimentar global (ALI; SURYAKANT, 2024).

A indução de mutações pode ser realizada com a aplicação de mutagênicos físicos, como raios gama e raios-X, ou químicos, como etilmetanossulfonato e gás mostarda (BHAT; HAKEEM, 2023). A radiação ionizante gama é amplamente usada para desenvolver cultivares de arroz mais tolerantes à salinidade. Esse agente mutagênico remove elétrons dos átomos, gerando radicais livres que alteram o DNA, promovendo mutações valiosas para criar variedades de arroz mais tolerantes à salinidade, melhorando a produtividade em solos salinos (BHAT; HAKEEM, 2023; RIVIELLO-FLORES et al., 2022). Neste sentido, o objetivo do trabalho foi verificar a variabilidade genética em genótipos mutantes de arroz nas gerações M₅ e M₆ para tolerância ao estresse salino no estágio vegetativo inicial.

2. METODOLOGIA

Os mutantes de arroz utilizados no estudo derivam da cultivar BRS Pampeira, tratada com radiação gama (^{60}Co) nas doses de 250 e 300Gy. As gerações M₁ a M₄ foram conduzidas conforme descrito em TEJEDA et al. (2024). A partir dessa população, uma coleção de 100 mutantes e as cultivares testemunhas BRS Pampeira (sensível à salinidade) e BRS Bojuru (tolerante à salinidade) foram avaliadas quanto à tolerância ao estresse salino no estágio vegetativo, nas gerações M₅ e M₆. O experimento foi realizado em casa de vegetação na Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel, Capão do Leão-RS, utilizando delineamento com testemunhas intercalares e três repetições. A semeadura foi feita em bandejas, com 15 sementes por linha, sendo cada linha correspondente a um genótipo. As testemunhas foram semeadas aleatoriamente, aparecendo mais de três vezes por bloco. O manejo seguiu as recomendações técnicas para o cultivo de arroz no sul do Brasil (SOSBAI, 2018).

No estágio V₂ (COUNCE et al., 2000), as plantas receberam adubação com ureia (46% N) e irrigação por lâmina d'água. Posteriormente, quando 50% delas estavam entre os estádios V₂ e V₃, a água de irrigação foi substituída por solução de NaCl a 120 mM. Após sete dias de estresse salino foram realizadas avaliações morfológicas, selecionando-se aleatoriamente cinco plantas por repetição para cada genótipo. Os parâmetros analisados incluíram comprimento da parte aérea e da raiz, além da massa seca dessas estruturas. O comprimento foi medido com régua graduada e os valores expressos em centímetros (cm), enquanto a massa seca foi determinada após secagem em estufa a $\pm 62^\circ\text{C}$ por 72 horas, com os valores expressos em gramas (g).

Para estimativa da variabilidade genética entre os genótipos mutantes de arroz foi utilizada a distância Euclidiana como medida de dissimilaridade, seguida de agrupamento pelo método *Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages* (UPGMA) (SOKAL, R. R.; MICHENER, C. D., 1958). O número de grupos foi determinado com base nos critérios de Mojena (MOJENA, 1977), adotando a fórmula: ponto corte = média + (K * DP), no qual K é igual a 1,25 e DV é desvio padrão (MILLIGAN; COOPER, 1985). As análises foram realizadas no software Orange (DEMSAR et al., 2013).

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise de agrupamento utilizando o método UPGMA, com base na distância Euclidiana, identificou cinco grupos de genótipos na geração M₅ e quatro grupos na geração M₆ (Figura 1). Na geração M₅, os grupos 4 e 6 incluem apenas um genótipo cada: M34 e M41, respectivamente. O grupo 2 contém 15 genótipos e a cultivar BRS Pampeira, enquanto o grupo 1 abrange 19 genótipos e a cultivar tolerante BRS Bojuru. Na geração M₆, observa-se um padrão de agrupamento distinto, onde os genótipos M7 e M67 estão alocados nos grupos 4 e 5, respectivamente; o grupo 3 é composto por 13 mutantes e a testemunha tolerante BRS Bojuru, enquanto o grupo 1 apresenta 71 mutantes e a cultivar BRS Pampeira.

Genótipos agrupados com a BRS Pampeira indicam que a mutação pode não ter influenciado a tolerância à salinidade, sugerindo que as mutações ocorreram em regiões do genoma não relacionadas ao estresse salino (CHEN et al., 2023). Por outro lado, genótipos agrupados com a BRS Bojuru sugerem que a mutação causou alterações que conferem características associadas à tolerância ao estresse. Isso indica que a indução de mutação pode ter ocorrido em genes

essenciais para a tolerância, envolvidos na modulação da homeostase iônica e na defesa antioxidante. Assim, mutações em genes-chave podem melhorar a capacidade das plantas de se adaptar a condições adversas, como a salinidade (RAZA et al., 2023). No entanto, os mutantes não mantiveram o mesmo comportamento em ambas as gerações. A complexidade do estresse salino, poligênica, e a variabilidade gerada pela radiação gama reforçam a necessidade de métodos mais sofisticados na seleção de mutantes promissores (SARADADEVI et al., 2021).

Os genótipos distantes das testemunhas sugerem que a indução de mutações introduziu variações não ligadas à salinidade, ampliando a base genética, essencial para o desenvolvimento de variedades de arroz mais resilientes (RAGHUVANSHI et al., 2021). Esses agrupamentos revelam a variabilidade genética induzida por mutações para tolerância à salinidade, fundamental para o melhoramento de plantas e a seleção de genótipos superiores (TREVISANI et al., 2018).

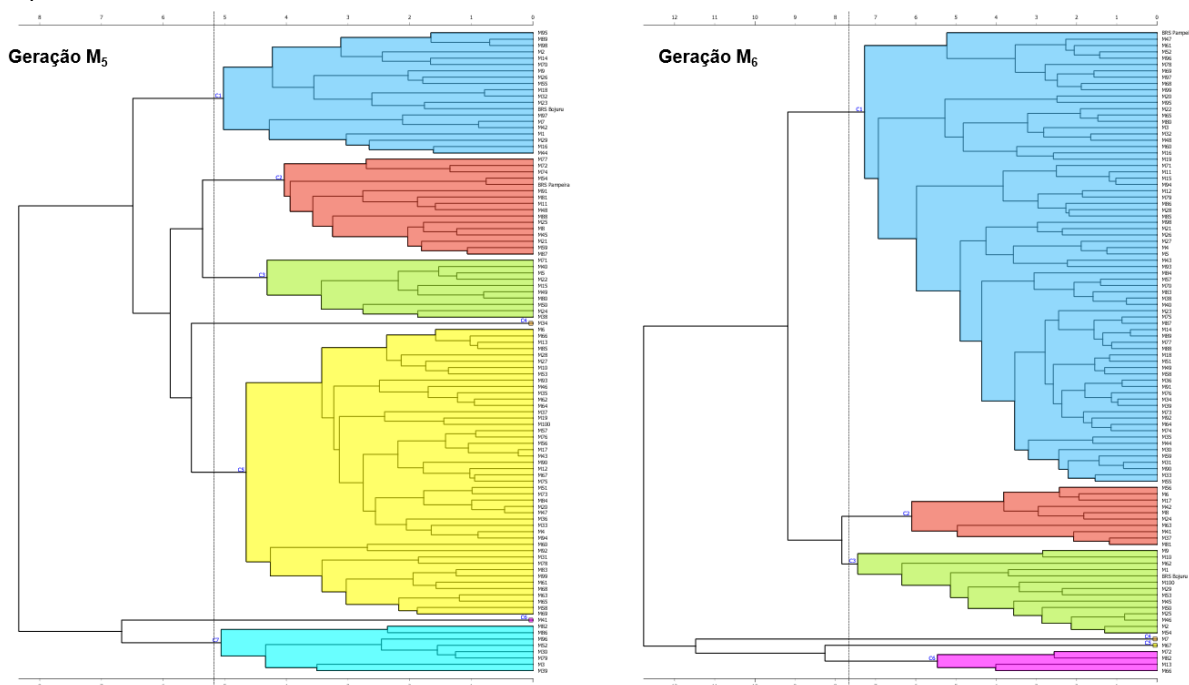


Figura 1. Agrupamento pelo método UPGMA a partir de distância Euclidiana de 100 genótipos de arroz mutantes (geração M₅ e M₆) e as cultivares BRS Pampeira e BRS Bojuru cultivadas sob estresse salino (NaCl 120mM).

4. CONCLUSÕES

A indução de mutação por radiação gama gerou variabilidade genética para tolerância à salinidade em arroz no início do estágio vegetativo, evidenciando a importância dessa ferramenta no desenvolvimento de linhagens tolerantes a esse estresse.

5. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALI, S.; SURYAKANT, T. N. Mutation Breeding and Its Importance in Modern Plant Breeding: A Review. **Journal of Experimental Agriculture International**, v. 46, n. 7, p. 264–275, 2024.

- ALI, Z.; NAEEM, M.; AHMED, H. G. M.-D. Determination of Salinity Tolerance in Pigmented Rice Genotypes at Seedling Stage. **Journal of Crop Health**, v. 76, n. 1, p. 297–308, 2024.
- BHAT, T. A.; HAKEEM, K. R. (Ed.). **Biotechnologies and Genetics in Plant Mutation Breeding: Volume 1: Mutagenesis and Crop Improvement**. Boca Raton: CRC Press, 2023.
- CABUSORA, C. C. Developing climate-resilient crops: adaptation to abiotic stress-affected areas. **Technology in Agronomy**, v. 4, n. 1, p. 0–0, 2024.
- CHEN, L. et al. Current trends and insights on EMS mutagenesis application to studies on plant abiotic stress tolerance and development. **Frontiers in Plant Science**, v. 13, 2023.
- COUNCE, P. A.; KEISLING, T. C.; MITCHELL, A. J. Uniform, Objective, and Adaptive System for Expressing Rice Development. **Crop Science**, v. 40, n. 2, p. 436-443, 2000.
- CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 35, n. 3, 2013.
- DEMSAR J, et al. (2013) **Orange: Data Mining Toolbox in Python**, Journal of Machine Learning Research 2349–2353. Acessado em: 20 jun. 2024. Online. Disponível em: <https://orangedatamining.com/citation/>
- GALANAKIS, C. M. The Future of Food. **Foods**, v. 13, n. 4, p. 506, 2024.
- MANOHARA, K. K. et al. Genetic Analysis of a Recombinant Inbred Line Population Derived from Salt-Tolerant Rice Landrace Korgut under Coastal **Ecology. Agricultural Research**, 2024.
- MILLIGAN GW and COOPER MC. 1985. An examination of procedures for determining the number of clusters in a data set. **Psychometrika** 50: 159-179.
- MOJENA R. 1977. Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. **The Computer Journal** 20: 359-363.
- RAGHUVANSHI, R. et al. Unlocking Allelic Diversity for Sustainable Development of Salinity Stress Tolerance in Rice. **Current Genomics**, v. 22, n. 6, p. 393–403, 2021.
- RAZA, A. et al. Smart reprogramming of plants against salinity stress using modern biotechnological tools. **Critical Reviews in Biotechnology**, v. 43, n. 7, p. 1035–1062, 2023.
- TEJEDA, L. H. C. et al. Assessment of mutant rice genotypes on growth cycle length and response to reduced water availability. **Scientia Agricola**, Piracicaba, v. 81, p. e20220272, 2023.
- SARADADEVI, G. P. et al. Genetic, Epigenetic, Genomic and Microbial Approaches to Enhance Salt Tolerance of Plants: A Comprehensive Review. **Biology**, v. 10, n. 12, p. 1255, 2021.
- SOKAL, Robert R.; MICHENER, Charles D. A statistical method for evaluating systematic relationships. University of Kansas Science Bulletin, v. 38, n. 22, p. 1409-1438, 1958.
- SOSBAI. Arroz Irrigado - **Recomendações técnicas da pesquisa para o Sul do Brasil. XXIX Reunião Técnica da Cultura do Arroz Irrigado**, p. 205, 2018.
- TREVISANI, N. et al. Mutation induction as a strategy to overcome the restricted genetic base in Physalis. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 40, n. 3, 2018.
- WANG, Z. et al. Genetic Diversity Analysis of Red Beet Germplasm Resources Using CEAP Molecular Markers. **Sugar Tech**, 2024.
- XU, Y et al. Effects of Salt Stress on Physiological and Agronomic Traits of Rice Genotypes with Contrasting Salt Tolerance. **Plants**, v. 13, n. 8, p. 1157, 2024.