



# XIII CONGRESSO BRASILEIRO DE ARROZ IRRIGADO

12 A 15 DE AGOSTO 2025 | PELOTAS-RS

## VARIABILIDADE FENOTÍPOCA E REGULAÇÃO DO DEGRANE EM GENÓTIPOS DE ARROZ E ARROZ-DANINHO COM DIFERENTES BASES GENÉTICAS

Guilherme M. Turra<sup>1</sup>; Othon D. dos Santos<sup>2</sup>; Filipi M. Machado<sup>2</sup>; Fernanda P. Marques<sup>2</sup>; Aldo Merotto Jr.<sup>3</sup>

Palavras-chave: *Oryza sativa, indica, aus, debulha, arroz-vermelho.*

### Introdução

O degrane é uma característica adaptativa de invasibilidade do arroz-daninho (*Oryza spp.*) que proporciona o incremento do banco de sementes em detrimento da retirada da lavoura no momento da colheita do arroz cultivado. Essa característica pode ser considerada como a mais importante para a co-evolução do arroz-daninho em conjunto com o arroz cultivado (Di Vittori *et al.*, 2019). Apesar de ser uma característica comum a todas as populações de arroz-daninho, o nível de degrane apresenta variabilidade. Além disso, o caráter degrane é governado por diversos genes e difere entre as subespécies de arroz *O. sativa* ssp. *indica* e *O. sativa* ssp. *japonica* e entre diferentes populações de arroz-daninho (Thurber *et al.*, 2013) e varia também em relação ao estágio de desenvolvimento e a parte da inflorescência (Li; Caicedo, 2025). Aproximadamente, 12 genes têm sido relacionados ao degrane de arroz com base em estudos com os diferentes tipos de arroz *indica* e *japonica* (Yu; Kellogg, 2024). No entanto, inexistem comparações da importância destes genes nos mesmos genótipos, principalmente em arroz-daninho. O conhecimento da importância relativa desses genes na regulação do degrane em populações de arroz-daninho pode permitir a definição de estratégias específicas para mitigação desse problema. Por esse motivo, os objetivos desse trabalho foram avaliar a variabilidade fenotípica e a regulação de genes relacionados com o degrane em diferentes momentos do desenvolvimento de genótipos de arroz e arroz-daninho com bases genéticas distintas.

### Material e Métodos

Genótipos de arroz-aninho pertencentes aos subgrupos *indica* (907 e 130), *aus* (AV60 e AV04) e híbridos *indica* × *aus* (AV182 e 150) foram fenotipicamente avaliados quanto ao degrane por meio da medição da resistência à tração de ruptura (RTR) aos 1, 5, 10, 15, 20 e 30 dias após a extrusão (DAE) da panícula (Turra *et al.*, 2023). A classificação dos subgrupos genéticos seguiu trabalhos anteriores (Qiu *et al.*, 2020). As cultivares IRGA 424RI (*indica*), Kasalath (*aus*) e Nipponbare (*japonica*) foram utilizadas como controles. Para as análises moleculares, tecidos de espiguetas (estágio In7) e pedicelos (estágio In9) (Ikeda; Sunohara; Nagato, 2004) foram coletados e imediatamente congelados em nitrogênio líquido e utilizados para extração de RNA (RNAzol, Sigma-Aldrich). A síntese de cDNA foi realizada com transcriptase reversa MMLV (Invitrogen). Os primers para os genes candidatos (Turra *et al.*, 2023) foram desenhados utilizando o Primer3Plus. A RT-qPCR foi conduzida em QuantStudio 3 sob protocolo padrão. Cada tratamento teve três repetições biológicas e técnicas. A expressão relativa foi calculada pelo método  $\Delta\Delta Ct$ , normalizada para o gene *actin1*, e comparada com a cultivar Nipponbare utilizando o teste *t* ( $p \leq 0,05$ ). Os gráficos foram produzidos no R utilizando o pacote *ggplot2*.

<sup>1</sup> Aluno de doutorado, UFRGS, turragm@gmail.com

<sup>2</sup> Aluno de graduação, UFRGS, othondiasdossantos@outlook.com, filipimesqmach@gmail.com, pintomarquesfernanda@gmail.com

<sup>3</sup> Professor, UFRGS, merotto@ufrgs.br

# XIII CONGRESSO BRASILEIRO DE ARROZ IRRIGADO

12 A 15 DE AGOSTO 2025 | PELOTAS-RS

## Resultados e Discussão

Os valores de RTR variaram entre 10 e 300 gf, atingindo o pico entre 5 e 10 DAA e caindo para seus níveis mais baixos aos 30 DAA (Figura 1). O pico de RTR, observado aos 5 ou 10 DAA, pode ser atribuído à significação incompleta da zona de abscisão aos 1 DAA. Aos 30 DAA, os genótipos de arroz daninho 130 (*indica*) e 150 (híbrido) mantiveram valores de RTR acima de 50 gf (Figuras 1A e D), sugerindo um fenótipo com degrane moderado. Em contraste, os genótipos 907 (*indica*), AV60 (*aus*), AV04 (*aus*) e AV182 (híbrido) apresentaram valores de RTR abaixo de 25 gf (Figuras 1B, E, G e H), indicando um fenótipo de alto degrane. Entre as cultivares, Kasalath (*aus*), IRGA 424RI (*indica*) e Nipponbare (*japonica*) apresentaram valores de RTR de 33, 83 e 205 gf, respectivamente, aos 30 DAA (Figuras 1C, F e I), sendo assim classificadas como de alto, moderado e baixo degrane.

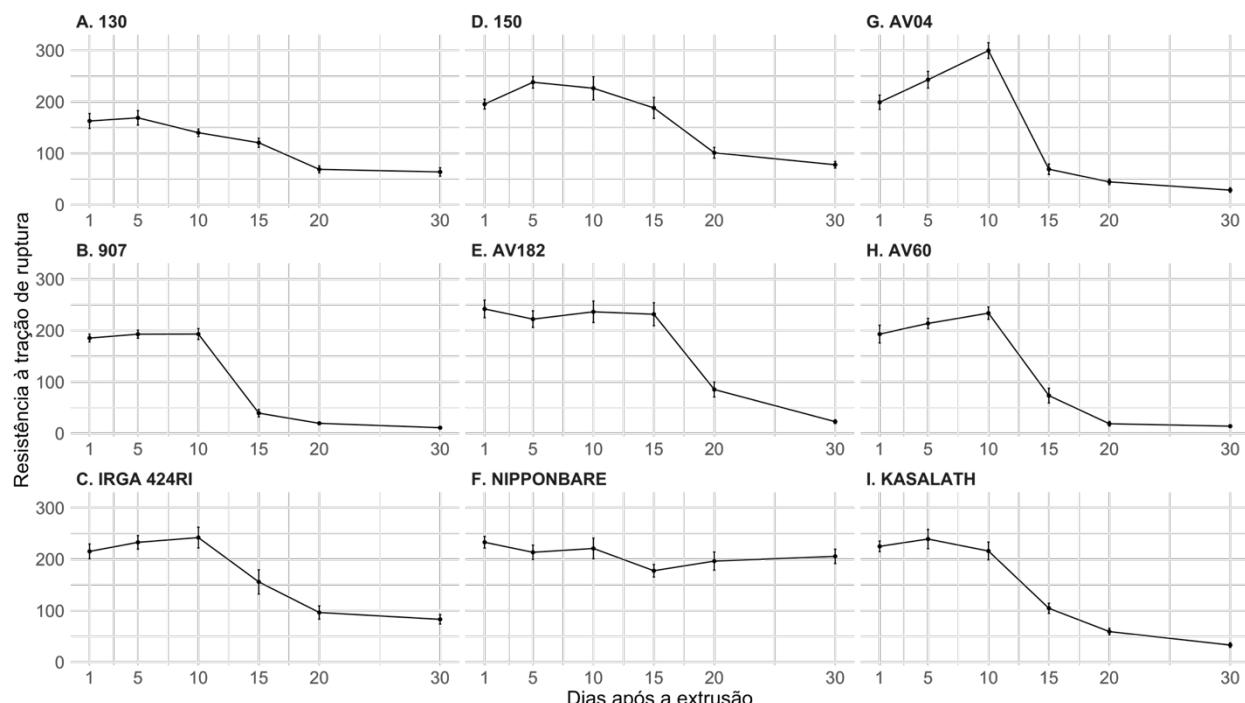


Figura 1. Resistência à tração de ruptura (g) 30 dias após a extração da panícula em genótipos de arroz-daninho *indica* 130 (A) e 907 (B); híbridos 150 (D) e AV182 (E); aus AV04 (G) e AV60 (H); cultivares de arroz *indica* IRGA 424RI (C), *japonica* Nipponbare (F) e aus Kasalath (I).

As diferenças de expressão gênica entre os genótipos de *Oryza* foram mais evidentes no estádio In7 (Figuras 2A, C, E, G, I, K, M, O, Q, S, U e W) do que no In9 (Figuras 2B, D, F, H, J, L, N, P, R, T, V e X). No In7, genes relacionados à formação da camada de abscisão, como *OSH15*, *OsSh1*, *SH4*, *SH5*, *SHAT1* e *SSH1*, apresentaram expressão correlacionada aos fenótipos de degrane observados (Figura 1), em concordância com estudos anteriores que destacam o papel desses genes nos estágios iniciais do desenvolvimento (Li; Caicedo, 2025). O genótipo de arroz-daninho AV60, com alto degrane, mostrou expressão 4 a 11 vezes superior para quase todos os genes analisados, exceto *OsXTH8*. De forma semelhante, AV182 também apresentou expressão aumentada, exceto para *qSH1* e *OsXTH8*. A expressão de *qSH1* manteve-se constante entre os genótipos de arroz-daninho analisados neste estudo, o que é esperado devido ao seu efeito restrito ao grupo *japonica* (Zhang et al., 2009).

# XIII CONGRESSO BRASILEIRO DE ARROZ IRRIGADO

12 A 15 DE AGOSTO 2025 | PELOTAS-RS

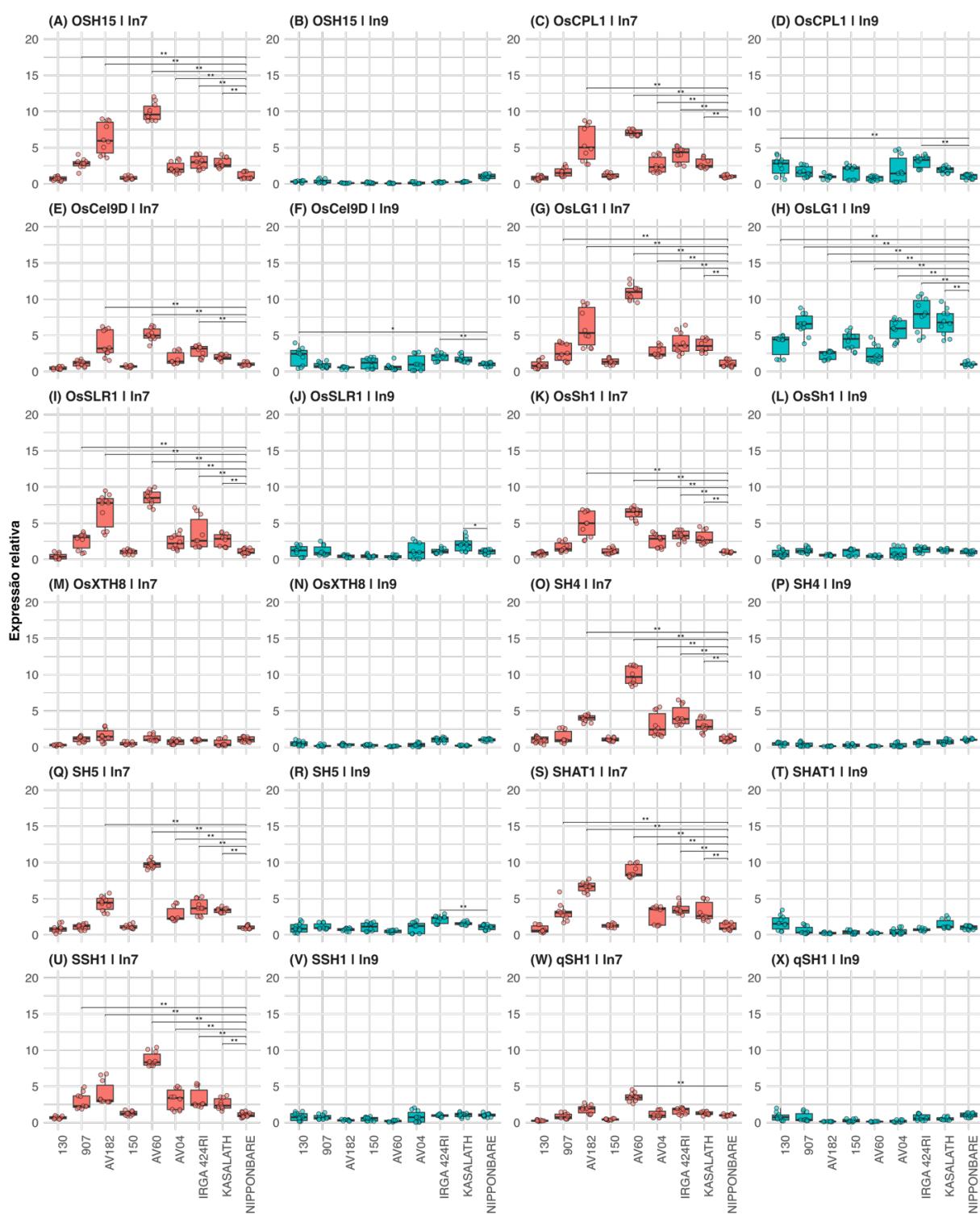


Figura 2. Expressão relativa de genes relacionados com o degrane no estádio de diferenciação da panícula (In7, vermelho) e no florescimento (In9, azul). A cultivar de arroz Nipponbare foi usada como referência. \* média diferente estatisticamente de acordo com o teste t a 5% de probabilidade. \*\* média diferente estatisticamente de acordo com o teste t a 1% de probabilidade.



# XIII CONGRESSO BRASILEIRO DE ARROZ IRRIGADO

12 A 15 DE AGOSTO 2025 | PELOTAS-RS

As cultivares IRGA 424RI e Kasalath mostraram aumento moderado (1,2 a 4,3 vezes) na expressão dos genes no In7, compatível com a maior capacidade de degrane desses genótipos em comparação com o tipo *japonica*. Os genótipos daninhos 130 e 150, com degrane moderado, não diferiram de Nipponbare no In7, mas 130 exibiu maior expressão de *OsCe19D* no In9. Esse gene foi associado à redução da abscisão quando expresso tardivamente (Nunes et al., 2014). No In9, a expressão de genes como *OSH15*, *OsSh1*, *SH4*, *SHAT1*, *SSH1* e *qSH1* permaneceu estável entre os genótipos. O gene *OsXTH8* não apresentou variação em nenhum estádio de desenvolvimento. Em genótipos daninhos com alto degrane, *OSH15*, *OsSh1*, *SHAT1* e *SH4* apresentaram expressão pelo menos cinco vezes maior do que em Nipponbare, destacando-se como potenciais alvos para silenciamento gênico.

## Conclusões

O degrane em genótipos de arroz-daninho brasileiros é regulado principalmente em estágios iniciais do desenvolvimento e está associado à superexpressão de genes-chave como *OSH15*, *OsSh1*, *SHAT1* e *SH4*. Estes genes são candidatos para estudos de silenciamento visando a diminuição da ocorrência do degrane de arroz-daninho presente em lavouras do Brasil. A base genética *aus*, até pouco tempo desconsiderada em relação a ocorrência no Brasil, parece estar mais relacionada com altos níveis de degrane em arroz-daninho do que o efeito do tipo *indica*.

## Agradecimentos

À CAPES pela bolsa de doutorado a GMT e ao CNPq pela bolsa Pq a AMJ.

## Referências

- DI VITTORI, Valerio et al. Convergent Evolution of the Seed Shattering Trait. **Genes**, v. 10, n. 1, p. 68, jan. 2019.
- IKEDA, K.; SUNOHARA, H.; NAGATO, Y. Developmental Course of Inflorescence and Spikelet in Rice. **Breeding Science**, v. 54, n. 2, p. 147–156, 2004.
- LI, Xiang; CAICEDO, Ana L. Comparative tissue-specific transcriptomics reveals the regulatory control of convergent seed shattering in independently evolved weedy rice lineages. **The Plant Journal**, v. 121, n. 6, p. e70083, 2025.
- NUNES, A. L.; DELATORRE, C. A.; MEROTTO JR, A. Gene expression related to seed shattering and the cell wall in cultivated and weedy rice. **Plant Biology**, v. 16, n. 5, p. 888–896, 2014.
- QIU, J. et al. Diverse genetic mechanisms underlie worldwide convergent rice feralization. **Genome Biology**, London, v. 21, n. 1, p. 70, 2020.
- THURBER, Carrie S. et al. Similar traits, different genes? Examining convergent evolution in related weedy rice populations. **Molecular Ecology**, v. 22, n. 3, p. 685–698, 2013.
- TURRA, G. M. et al. Experimental methods for phenotypic and molecular analyses of seed shattering in cultivated and weedy rice. **Advances in Weed Science**, v. 41, 2023.
- YU, Yunqing; KELLOGG, Elizabeth A. Multifaceted mechanisms controlling grain disarticulation in the Poaceae. **Current Opinion in Plant Biology**, v. 81, p. 102564, 1 out. 2024.
- ZHANG, L.-B. et al. Selection on grain shattering genes and rates of rice domestication. **The New Phytologist**, v. 184, n. 3, p. 708–720, 2009.