

VARIABILIDADE GENÉTICA EM ACESSOS DE ARROZ UTILIZADOS NO BRASIL

Camila Pegoraro; Latóia Eduarda Maltzahn; Antonio de Azevedo Perleberg³; Luca Loreto Cyriaco⁴; Leticia Tonelli Bombo⁵; Luciano Carlos da Maia⁶; Antonio Costa de Oliveira⁷

Palavras-chave: genotipagem, marcadores moleculares, *Oryza sativa* L., SNPs

INTRODUÇÃO

O cultivo de arroz (*Oryza sativa* L.) ocupa 11% das terras agrícolas e responde por 21% das calorias ingeridas no mundo. A adoção de cultivares de alto rendimento, assim como o uso intensivo de insumos agrícolas e investimentos em irrigação são responsáveis pelo aumento constante do rendimento do arroz desde a Revolução Verde. No entanto, projeções demonstram que o consumo global de arroz vai aumentar de 480 milhões de toneladas em 2014 para quase 550 milhões de toneladas em 2030 devido ao aumento da população e do crescimento econômico em países em desenvolvimento. Para que essa demanda possa ser alcançada, alguns fatores devem ser considerados. Primeiro, em algumas regiões produtoras de arroz, o aumento do rendimento desacelerou até atingir um platô. Segundo, o cultivo causa impacto negativo no ambiente devido ao uso intensivo de água, fertilizantes e pesticidas, além do potencial aumento na emissão de gases de efeito estufa. Adicionalmente, o custo de produção é bastante elevado (YUAN et al. 2021). Terceiro, as alterações na frequência e intensidade das precipitações e o aumento da temperatura, ocasionados pelas mudanças climáticas, podem causar a redução do rendimento do arroz em muitas regiões do mundo (KHAIRULBAHRI et al. 2021). O aumento da temperatura também tem impacto sobre plantas daninhas, insetos praga e doenças (SKENDŽIĆ et al. 2021).

Para enfrentar os desafios globais que afetam a segurança alimentar, a sustentabilidade e a adaptação às mudanças climáticas, os melhoristas de plantas usam a variabilidade genética disponível para desenvolver cultivares superiores. A variação genética, mesmo entre genótipos da mesma espécie, é consequência do genoma ser dinâmico e lábil evolutivamente, resultando em mudanças genéticas e epigenéticas. A variabilidade genética pode ser identificada através de análises na sequência de DNA de indivíduos, e a sua incorporação a partir de várias fontes condiciona o sucesso do melhoramento de plantas (SWARUP et al. 2020). Estudos de variabilidade genética são fundamentais para direcionar programas de melhoramento e estratégias de seleção, assim como, estabelecer estratégias adequadas de conservação e gestão de germoplasma (ALHUSAIN e HAFEZ 2018).

Diferentes estudos para estimar a variabilidade genética usando marcadores moleculares já foram conduzidos em arroz. No entanto, com acessos utilizados no Brasil poucos estudos são reportados, como o de Venske et al. (2019), o qual utilizou marcadores SNPs (polimorfismo de nucleotídeo único, do inglês *single nucleotide polymorphisms*) em 94 acessos. Nesse sentido, o objetivo deste estudo foi ampliar a coleção de acessos genotipada por Venske et al. (2019) e reanalisar a variabilidade genética. Para isso foram adicionados mais 94 acessos de arroz utilizados no Brasil.

MATERIAL E MÉTODOS

Neste estudo foi analisada uma coleção com 188 acessos de arroz (*Oryza sativa* L.) utilizados no Brasil, genotipados em duas etapas. Em ambas, o DNA foi extraído de folhas de plântulas, usando o protocolo CTAB (brometo de hexadeciltrimetilamônio) (DOYLE e DOYLE 1990). A quantidade, a qualidade e a integridade do DNA foi verificada em espectrofotômetro (NanoVue™ Plus Spectrophotometer) e eletroforese em gel de agarose. Posteriormente, as amostras foram enviadas para o Laboratório de Serviços de Genotipagem do Instituto Internacional de Investigação do Arroz (IRRI), nas Filipinas. A genotipagem foi feita com 7098 marcadores SNP, utilizando a plataforma 7K *Infinium SNP* (Illumina®) (THOMSON et al. 2017).

Os dados obtidos foram submetidos à filtragem usando o programa TASSEL V. 5.2.41 (BRADBURY et al. 2007). Foram mantidos acessos que apresentavam leitura para no mínimo 80% dos SNPs (*missing data* < 20%). Permaneceram na análise marcadores SNPs que estavam presentes em no mínimo 80% dos acessos (*missing data* < 20%) e com frequência alélica maior que 5% (*minor allele frequency* > 5%) e menor que 95% (*major allele frequency* < 95%). Após o procedimento de filtragem, os dados foram submetidos à análise de componentes principais (PCA) utilizando o programa R (R CORE TEAM 2020).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Após a filtragem foram mantidos os 188 acessos de arroz e 5187 marcadores SNPs. Os dados foram submetidos à análise de componentes principais, e os dois primeiros componentes explicaram 54% da variação. Quando o primeiro componente é considerado, verifica-se que os acessos foram divididos em dois grupos principais. De maneira geral, a maioria dos acessos do tipo *japonica* foi alocada em um grupo, enquanto que a maior parte dos genótipos do tipo *indica* se localiza no outro grupo (Figura 1). Essa tendência de agrupamento em relação à subespécie é similar ao encontrado por Venske et al. (2019), que analisaram metade dos acessos dessa coleção.

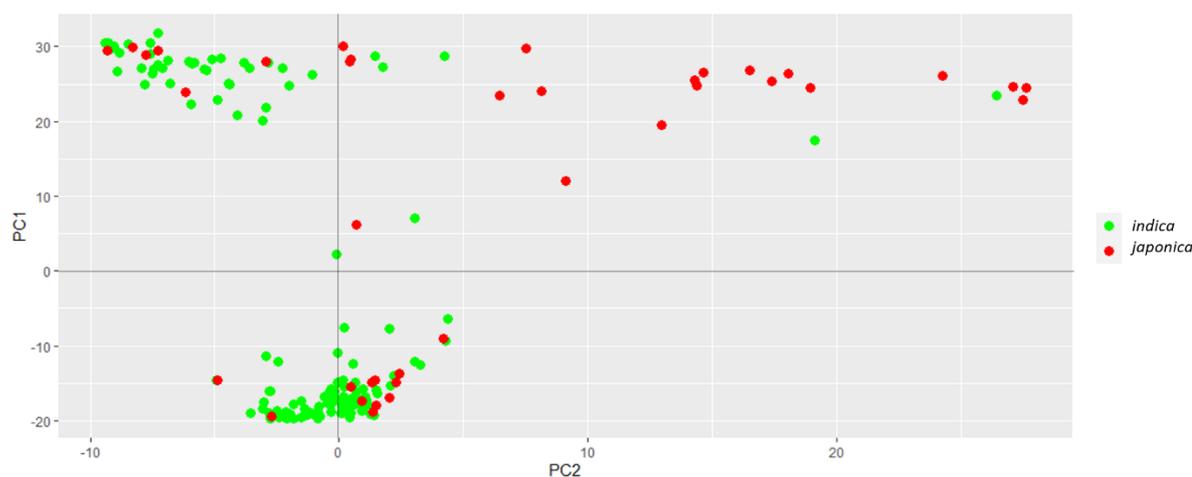


Figura 1. Análise de componentes principais de 5187 marcadores SNPs em 188 genótipos de arroz. O componente 1 (PC1) explica 50% da variação, e o componente 2 (PC2) explica 4%. Genótipos em verde e vermelho pertencem às subespécies *indica* e *japonica*, respectivamente.

Geralmente o cruzamento entre genótipos das subespécies *indica* e *japonica* resulta em híbridos estéreis. No entanto, alguns genitores apresentam maior compatibilidade, e podem resultar em progênie superiores (TORRES e GERALDI, 2007). Por isso, sugere-se que acessos do tipo *indica* e *japonica* alocados no mesmo grupo (Figura 1) apresentem em sua genealogia genitores de ambas subespécies.

Vários acessos da subespécie *indica* ficaram muito próximos, apontando para ocorrência de variabilidade genética estreita entre os genótipos. Esse estreitamento da variabilidade pode ser explicado pelo fato que a maioria das cultivares utilizadas no Brasil são da subespécie *indica* (STRECK et al. 2018), e devido a preferência dos consumidores, os programas de melhoramento utilizam genitores com características semelhantes, e aplicam forte pressão de seleção para fenótipos específicos, como grão longo, fino e com alto teor de amilose. Por outro lado, os acessos da subespécie *japonica* estão bastante dispersos no gráfico, indicando maior variabilidade genética dentro dessa subespécie.

Os acessos não foram agrupados quanto ao sistema de cultivo, visto que ambos os grupos apresentam genótipos de sequeiro e irrigado. Ainda, os genótipos estrangeiros ficaram próximos dos genótipos brasileiros.

CONCLUSÃO

Na coleção estudada os acessos de arroz tendem a se agrupar de acordo com a subespécie, e de maneira geral os acessos da subespécie *indica* apresentam base genética estreita.

AGRADECIMENTOS

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), à Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio Grande do Sul (FAPERGS) pelo auxílio financeiro e concessão de bolsas de estudo.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ALHUSAIN, L.; HAFEZ, A.M. Nonparametric approaches for population structure analysis. *Human Genomics*. v. 12, n. 25. 2018.

BRADBURY, P.J.; ZHANG, Z.; KROON, D.E.; CASSTEVENSON, T.M.; RAMDOSS, Y.; BUCKLER, E.S. TASSEL: software for association mapping of complex traits in diverse samples. *Bioinformatics*. v. 23(19), p. 2633-2635. 2007.

DOYLE, J.J.; DOYLE J.L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*. v.12, p.13-15. 1990.

KHAIRULBAHRI, M. Analyzing the impacts of climate change on rice supply in West Nusa Tenggara, Indonesia. *Heliyon*. v. 7(12), n. e08515. 2021.

R CORE TEAM. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <https://www.R-project.org/>. 2020.

SKENDŽIĆ, S.; ZOVKO, M.; ŽIVKOVIĆ, I.P.; LEŠIĆ, V.; LEMIĆ, D. The Impact of Climate Change on Agricultural Insect Pests. *Insects*. v. 12, n. 440. 2021.

SWARUP, S.; CARGILL, E.J.; CROSBY, K.; FLAGEL, L.; KNISKERN, J.; GLENN, K.C. Genetic diversity is indispensable for plant breeding to improve crops. *Crop Science*. v. 61, p. 839-852. 2021.

STRECK, E.A.; MAGALHAES JR., A.M.; AGUIAR, G.A.; FACCHINELLO, P.K.H.; FAGUNDES, P.R.R.; FRANCO, D.F.; NARDINO, M.; COSTA DE OLIVEIRA, A. Genetic Progress in 45 Years of Irrigated Rice Breeding in Southern Brazil. *Crop Science*. v. 58, p. 1094-1105. 2018.

THOMSON, M.L.; SINGH, N.; DWIYANTI, M.S.; WANG, D.R.; WRIGHT, M.H.; PE-REZ, F.A.; DECLERCK, G.; CHIN, J.H.; MALITIC-LAYAOEN, G.A.; JUANILLAS, V.M.; DILLA-ERMITA, C.J.; MAULEON, R.; KRETZSCHMAR, T.; MCCOUCH, S.R. Largescale deployment of a rice 6 K SNP array for genetics and breeding applications. *Rice*. v.10, n.40. 2017.

TORRES, E.A.; GERALDI, I.O. Partial diallel analysis of agronomic characters in rice (*Oryza sativa* L.). *Genetics and Molecular Biology*. v.30(3), p. 605-613. 2007

VENSKE, E.; STAFEN, C.F.; DE OLIVEIRA, V.F.; DA MAIA, L.C.; DE MAGALHÃES JR., A.M.; MCNALLY, K.L.; COSTA DE OLIVEIRA, A.; PEGORARO, C. Genetic diversity, linkage disequilibrium, and population structure in a panel of Brazilian rice accessions. *Journal of Applied Genetics*. v. 60(1), p. 27-31. 2019.

YUAN, S.; LINQUIST, B.A.; WILSON, L.T.; Cassman, K.G.; Stuart, A.M.; Pede, V.; Miro, B.; Saito, K.; Agustiani, N.; Aristya, V.E.; Krisnadi, L.Y.; Zanon, A.J.; Heinemann, A.B.; Carracelas, G.; Subash, N.; Brahmanand, P.S.; Li, T.; Peng, S.; Grassini, P. Sustainable intensification for a larger global rice bowl. *Nature Communication*. v. 12, n. 7163. 2021.

