

# Expressão diferencial em genótipos contrastantes de *Oryza sativa* L. para a tolerância a seca

Rabello, AR<sup>1</sup>; Boiteux, MENF<sup>2</sup>; Rangel, PHN<sup>3</sup>; Guimarães, CM<sup>3</sup>; da Silva, FR<sup>4</sup>; Ferreira, ME<sup>4</sup>; Mehta, A<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Universidade de Brasília; <sup>2</sup>Embrapa Hortaliças; <sup>3</sup>Embrapa Arroz e Feijão; <sup>4</sup>Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia  
amehta@cenargen.embrapa.br

**Palavras-chave:** tolerância à seca, *Oryza sativa*, genômica funcional

A diversidade genética em arroz (*Oryza sativa* L.) inclui genótipos com produtividade significativamente diferente sob condições de estresse. Essa diversidade genética existente no germoplasma de arroz é a base para o desenvolvimento de cultivares melhor adaptadas às condições de restrição hídrica. O objetivo desse trabalho foi encontrar no sistema radicular e na parte aérea de genótipos de arroz, genes que são expressos em condição de estresse hídrico e estudar o seu papel no controle genético da tolerância à seca. Para isso foi realizado um ensaio biológico de estresse hídrico em 15 genótipos de arroz. Em seguida, estes foram analisados e caracterizados quanto à tolerância à seca. As variedades Prata ligeiro (tolerante) e IRAT 20 (suscetível) foram selecionadas para a construção de bibliotecas subtrativas de cDNA a partir de amostras biológicas de raiz e parte aérea dos dois genótipos. Para cada variedade, cDNAs de plantas não estressadas foram empregados na subtração de cDNAs de plantas estressadas. A análise das bibliotecas de raiz revelou um total de 461 seqüências. Análises *in silico* mostraram que estas 461 seqüências correspondem a 156 transcritos com expressão diferencial, onde 71 foram expressos apenas em IRAT 20 e 85 apenas em Prata ligeiro. A biblioteca de parte aérea apresentou um total de 1.050 seqüências, correspondendo a 474 transcritos exclusivos da variedade tolerante (Prata ligeiro). Entre os genes reportados unicamente na raiz da variedade tolerante encontram-se ubiquinonas, açúcares do metabolismo de carboidratos e elementos ligados ao metabolismo fotossintético, já os genes encontrados na parte aérea dessa variedade são, em grande parte, de funções desconhecidas. Alguns genes foram expressos em ambos os tecidos e apenas na variedade tolerante, como é o caso de transportadores de cálcio e aquaporinas. Estes genes estão envolvidos com a regulação do potencial osmótico das células. Os transportadores de cálcio participam de vias de sinalização do estresse. De um modo geral esses genes identificados estão ligados a uma resposta adaptativa a uma condição de restrição hídrica promovendo a sinalização da condição restritiva, tolerância da célula à desidratação, regulação da expressão gênica e metabolização de compostos degradados pelo estresse. O desenvolvimento de genótipos capazes de tolerar períodos de déficit hídrico e usar mais eficientemente a água disponível sem que a produtividade seja prejudicada, torna-se relevante diante de condições ambientais tão adversas enfrentadas atualmente pela agricultura.

Apoio financeiro: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia.