



JOCILENE DOS SANTOS PEREIRA

**GENETIC BREEDING AND MANAGEMENT FOR BIOTIC
AND ABIOTIC STRESSES IN RICE**

LAVRAS-MG

2025

JOCILENE DOS SANTOS PEREIRA

**GENETIC BREEDING AND MANAGEMENT FOR BIOTIC AND ABIOTIC
STRESSES IN RICE**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Doutora.

Profa. Dra. Flávia Barbosa Silva Botelho
Orientadora

Profa. Dra. Heloisa Oliveira
Co-orientadora

Profa. Dra. Camila Primieri Nicolli
Co-orientadora

LAVRAS-MG

2025

**Ficha Catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração
de Ficha Catalográfica da Biblioteca Universitária da UFLA, com
dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).**

Pereira, Jocilene.

Genetic breeding and management for biotic and abiotic stresses in rice / Jocilene
Pereira. - 2025.
99 p. : il.

Orientadora: Flávia Botelho
Coorientadora: Heloisa Oliveira
Coorientadora: Camila Nicolli

Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Lavras, 2025.
Bibliografia.

1. Oryza sativa. 2. déficit hídrico. 3. Cercospora janseana. 4. fungicida. I.
Botelho, Flávia. II. Oliveira, Heloisa. III. Nicolli, Camila. IV. Universidade Federal
de Lavras. V. Título.

JOCILENE DOS SANTOS PEREIRA


**MELHORAMENTO GENÉTICO E MANEJO PARA ESTRESSES BIÓTICOS E
ABIÓTICOS NO ARROZ**

**GENETIC BREEDING AND MANAGEMENT FOR BIOTIC AND ABIOTIC
STRESSES IN RICE**

Tese apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, área de concentração em Genética e Melhoramento de Plantas, para a obtenção do título de Doutora.

APROVADA em 25 de abril de 2025.

Dra. Flávia Barbosa Silva Botelho	UFLA
Dr. Welison Andrade Pereira	UFLA
Dra. Heloisa Oliveira dos Santos	UFLA
Dra. Camila Primieri Nicolli	UARK
Dr. Wilson Vicente Souza Pereira	UFPI

Documento assinado digitalmente
 **FLAVIA BARBOSA SILVA BOTELHO**
Data: 31/07/2025 17:49:18-0300
Verifique em <https://validar.iti.gov.br>

Dr (a) Flavia Barbosa Silva Botelho
Orientadora

Profª. Dra. Heloisa Oliveira
Co-orientadora

Profª. Dra. Camila Primieri Nicolli
Co-orientadora

LAVRAS-MG

2025

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus por ter me conduzido sempre pelos melhores caminhos e por todo direcionamento e propósitos que me trouxeram a esta conquista. Hoje entendo que tudo aconteceu da maneira que deveria ser, para que eu chegasse exatamente no meu lugar.

A minha família por todo apoio, especialmente meus pais José Valter, Ivanilda, minha irmã, Inês e minha tia Dulce.

A Universidade Federal de Lavras e ao programa de pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, por permitir o processo formativo de excelência e todos os docentes que contribuíram para minha formação.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

O presente trabalho foi realizado com apoio do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Fundação de Amparo à Pesquisa de Minas Gerais (FAPEMIG).

Agradeço à minha orientadora, Dra. Flávia Botelho por todo apoio, amizade, incentivo e exemplo desde a primeira conversa antes mesmo do processo seletivo. Aqui gostaria de expressar toda a minha admiração pelo exemplo de profissional e ser humano que és. Obrigada por acreditar e me proporcionar as melhores oportunidades, tornando este processo formativo uma experiência de excelência, repleta de realizações, um sonho concretizado.

Ao grupo MelhorArroz por toda experiência vivida, contribuições para o desenvolvimento do meu trabalho, boas companhias, amigades, comemorações, trabalho em equipe, aprendizado e muito mais. Aqui tive a oportunidade de amadurecer ainda mais como pessoa e profissional e tive experiências e momentos memoráveis. Agradeço especialmente ao Gerald por toda parceria e amizade durante nossa atuação na gestão de pessoas do grupo. A Gleice e a Ana Júlia que do MelhorArroz se tornaram grandes amigas que levarei para além do profissional. Agradeço imensamente pela amizade e companheirismo.

A Dra. Yasmin Berchembrock pela parceria durante o período no MelhorArroz. Agradeço pelas contribuições ao projeto, amizade, colaborações e ensinamentos.

Aos técnicos e colegas do Setor de Grandes Culturas da UFLA pela solicitude e apoio durante as safras que trabalhamos na condução dos experimentos no grupo MelhorArroz.

A pesquisadora da EPAMIG Dra. Janine Guedes por toda contribuição, apoio e exemplo de prestatividade e bondade.

Ao Laboratório Central de Pesquisa em Sementes (LCPS) da UFLA pela disponibilização da estrutura e contribuições para o desenvolvimento da pesquisa. Agradeço aos técnicos e colegas deste laboratório por toda ajuda e apoio em importantes etapas do meu projeto.

A minha co-orientadora Dra. Heloisa, pelas sugestões, parceria e contribuições no desenvolvimento desta pesquisa.

A University of Arkansas, Division of Agriculture-EUA, a Dra. Camila Nicolli e o grupo Rice Crope Care pela oportunidade de intercâmbio e todo apoio concedido nesta importante etapa durante o meu doutorado, concretizando mais um sonho realizado. Uma experiência enriquecedora e memorável.

Aos amigos Danilo e Maria Angélica que ingressaram comigo na turma 2021.1 e desde o início, no EAD sempre se fizeram presentes, nos diversos momentos de estudos, realizações, dificuldades, comemorações, distrações e muito mais. O nosso “Grupo de estudos UFLA”, criado para trocar ideias no EAD e que se tornou de assuntos diversos, sempre existirá. Aqui expresso a minha gratidão e os melhores desejos de sucesso para vocês.

Aos amigos que pude conviver e conhecer durante o curso e tive a oportunidade de compartilhar bons momentos. Especialmente Carlos Henrique, Luís Carlos e José Maurílio. Agradeço por todos os momentos compartilhados e por tornarem esta jornada ainda mais memorável.

A todos os colegas do curso de Pós-graduação em Genética e Melhoramento de Plantas que em algum momento me ajudaram e contribuíram para este processo de alguma forma, agradeço.

A todos os propósitos e pessoas que de alguma maneira favoreceram e/ou contribuíram para a consolidação deste sonho. Minha imensa e indescritível gratidão.

O Nordeste é meu abrigo, mesmo longe, é meu chão. Se por outros cantos sigo, a cada volta um abraço recebido.

O Nordeste é minha história, minha cultura, meu valor. Carrego comigo a memória, de um povo forte e sonhador.

Se o mundo é meu destino, minha alma é nordestina. Em todo canto onde estou, do Nordeste sempre sou.

Ao meu povo dedico tudo, todo saber, tudo vivido. O Nordeste é meu abrigo, meu eterno referido.

(Autora)

RESUMO GERAL

O arroz (*Oryza sativa* L) é um dos cereais mais cultivados no mundo, representando uma importante fonte de alimento. Pode ser cultivado em sistema de terras altas e inundado e ambos os sistemas enfrentam desafios, relacionados às adversidades ambientais que limitam a produção da cultura, dentre estes a seca e a ocorrência de doenças são recorrentes. Assim, objetivou-se estudar estratégias para o enfrentamento de estresses biótico e abiótico na cultura do arroz. Foram conduzidos dois trabalhos, sendo o primeiro focado em analisar linhagens de arroz de terras altas submetidas ao déficit hídrico simulado em condições de laboratório e casa de vegetação para seleção de materiais tolerantes. O segundo projeto, visou analisar a interação da resistência genética com a aplicação de fungicida no controle da cercosporiose em arroz. Os experimentos referentes ao déficit hídrico foram conduzidos na Universidade Federal de Lavras, localizada em Lavras- MG, Brasil, testando linhagens de arroz de terras altas, juntamente com testemunhas referencias de tolerância e sensibilidade. Em laboratório foram feitas simulações da seca utilizando o polímero PEG 6000 e em casa de vegetação as medidas da capacidade de campo (CA). Avaliações nos estágios de germinação, desenvolvimento de plântulas e durante todo o ciclo da planta foram conduzidas. O comprimento de raiz e parte aérea foram obtidos. No experimento em casa de vegetação foram avaliados caracteres agrônômicos, fisiológicos e bioquímicos. Os experimentos referentes ao estudo de estresse biótico na cultura do arroz, concentrou-se na avaliação dos sintomas causados por *Cercospora janseana* e foi desenvolvido em estações da University of Arkansas Division of Agriculture, no estado do Arkansas-EUA. Três cultivares com perfil de resistência e suscetibilidade distintos foram avaliadas, juntamente com aplicação do fungicida propiconazol em diferentes momentos no ciclo da planta. Avaliação dos sintomas da doença e a produtividade de grãos foram obtidas como variáveis resposta. Todos estes dados foram avaliados estatisticamente no software R. Os resultados revelam que as metodologias de simulação do déficit hídrico em laboratório e casa de vegetação favorecem a seleção das linhagens que apresentaram desenvolvimento superior indicando a capacidade de tolerância à seca no arroz de terras altas, como a presença de raízes mais robustas e profundas e menores porcentagem de esterilidade dos grãos. Assim, foram identificadas linhagens potenciais para o enfrentamento dos desafios relacionados ao déficit hídrico no arroz de terras altas. No caso das avaliações para o patógeno *C. janseana* no arroz foi constatado apenas sintomas no perfilho das plantas. Variações entre as cultivares foram detectadas em relação a incidência do patógeno e ocorrência de sintomas. O fungicida propiconazol se mostrou eficiente na redução dos sintomas e consequentemente gerou ganho em produtividade de grãos. Apesar da necessidade de mais estudos estes dados sobre cercospora no arroz apontam lacunas interessantes e trazem informações preliminares e pertinentes sobre esta doença reemergente nos EUA e pouco estudada, de modo geral. Conclui-se que as estratégias analisadas para o enfrentamento de estresses bióticos e abióticos na cultura do arroz na presente tese revelam importantes ganhos para mitigar os efeitos destes desafios na produção da cultura.

Palavras-chave: *Oryza sativa*; déficit hídrico; *Cercospora janseana*, fungicida.

ABSTRACT

Rice (*Oryza sativa* L.) is one of the most widely cultivated cereal crops in the world, representing a major food source. It can be grown under upland and flooded systems, both of which face challenges related to environmental stressors that limit crop production. Among these, drought and the occurrence of diseases are common. This study aimed to investigate strategies for addressing both biotic and abiotic stresses in rice cultivation. Two studies were conducted. The first focused on evaluating upland rice lines subjected to simulated drought stress under laboratory and greenhouse conditions, with the goal of selecting tolerance lines. The second project addressed biotic stress, to analyze the interaction between genetic resistance and fungicide application in the control of *Cercospora* in rice. The drought stress experiments were carried out at the Federal University of Lavras (UFLA), located in Lavras, Minas Gerais, Brazil. Upland rice lines were tested alongside reference checks for drought tolerance and sensitivity. In the laboratory, drought conditions were simulated using the PEG 6000 polymer, while field capacity measurements were taken in the greenhouse. Assessments were made at both seedling and full-cycle stages. Laboratory evaluations focused on root and shoot length, whereas agronomic, physiological, and biochemical traits were assessed in the greenhouse experiment. The biotic stress study was conducted at research stations of the University of Arkansas Division of Agriculture, in the state of Arkansas, USA. This part of the research focused on symptoms caused by *Cercospora janseana*. Three cultivars with contrasting resistance and susceptibility profiles were evaluated under different propiconazole application timings during the crop cycle. Disease symptoms and grain yield were recorded as response variables. All data were statistically analyzed using R software. The results demonstrated that both laboratory and greenhouse drought simulation methodologies favor the identification of genotypes lines with superior development, indicating a capacity for drought tolerance in upland rice. Selected lines exhibited traits such as deeper, more robust root systems and lower spikelet sterility. These findings allowed the identification of potential drought-tolerant genotypes for upland rice cultivation. Regarding *C. janseana* infection, symptoms were restricted to the plant tillers. Differences among cultivars were observed in terms of disease incidence and symptom expression. Propiconazole proved effective in reducing disease symptoms, which was associated with increased grain yield. Although further studies are needed, these findings offer valuable preliminary insights into narrow brown leaf spot—a reemerging and understudied disease in the U.S. In conclusion, the strategies explored in this thesis to manage biotic and abiotic stress in rice have shown significant potential for mitigating the negative impacts of these challenges on crop productivity.

Keywords: *Oryza sativa*; drought stress; *Cercospora janseana*; fungicide.

INDICADORES DE IMPACTO

O arroz (*Oryza sativa* L.) é uma espécie amplamente utilizada na alimentação humana em diversos países, constituindo um alimento-base na mesa da população e contribuindo para a segurança alimentar, sobretudo nos países em desenvolvimento. A presente tese fornece alternativas para o enfrentamento dos principais fatores ambientais que limitam e impactam negativamente a produção de arroz, sendo estes a ocorrência de estresses bióticos e abióticos. As doenças e o déficit hídrico são capazes de reduzir a produção e afetar a qualidade do arroz e, conseqüentemente, podem comprometer a segurança alimentar. O sistema de cultivo mais afetado pela seca, terras altas, é destaque por atender às demandas atuais de sustentabilidade, contribuindo para a alimentação sem grandes impactos ao meio ambiente. O emprego do melhoramento genético no enfrentamento dessas adversidades ambientais caracteriza-se por usar estratégias que exploram a variabilidade genética existente na espécie para a obtenção de cultivares mais bem adaptadas aos diversos ambientes. Assim, é possível otimizar a produção do arroz explorando a constituição genética das plantas, o que se caracteriza como uma prática eficiente, sustentável e de baixo custo para os produtores. Além disso, o manejo adequado assegura a durabilidade e efetividade da tecnologia. Assim, os impactos deste trabalho estão alinhados às áreas temáticas da Política Nacional de Extensão, sobretudo aos grandes focos de política social relacionados ao meio ambiente, saúde, tecnologia e produção, por contribuir para a manutenção da alimentação de qualidade com práticas agrícolas mais sustentáveis. O trabalho está alinhado aos Objetivos de Desenvolvimento Sustentável (ODS) da Organização das Nações Unidas (ONU), como Fome Zero e Agricultura Sustentável, por propor o desenvolvimento de cultivares capazes de manter a produção do arroz em sistema sustentável e em condições adversas, assegurando uma importante fonte de alimento para a população; Saúde e Bem-Estar, promovendo a manutenção e expansão de um alimento rico em nutrientes fundamentais para o desenvolvimento humano; Trabalho Decente e Crescimento Econômico, por meio da expansão do cultivo de arroz em cenários diversos, atendendo às demandas de pequenos e grandes produtores; Indústria, Inovação e Infraestrutura, a partir de resultados que subsidiam o desenvolvimento de novas cultivares de arroz visando o fortalecimento e os benefícios aos produtores e à cadeia produtiva do arroz; Redução das Desigualdades, por impactar na dignidade alimentar; Cidades e Comunidades Sustentáveis, por contribuir para a expansão da agricultura de modo sustentável; Consumo e Produção Responsáveis, buscando alternativas de manejo que produzam mais com baixo impacto ao meio ambiente; Ação Contra a Mudança Global do Clima, por propor o desenvolvimento de cultivares melhor adaptadas a condições de seca e assegurar a produção do arroz; e Vida Terrestre, por contribuir para um uso mais equilibrado dos recursos naturais, ajudando na manutenção da biodiversidade.

IMPACT INDICATORS

Rice (*Oryza sativa* L.) is a widely cultivated species and a major component of human diets in many countries, serving as a staple food and contributing significantly to food security, especially in developing nations. This dissertation provides alternatives to address the main environmental factors that limit and negatively impact rice production, specifically the occurrence of biotic and abiotic stresses. Diseases and water deficit can substantially reduce yield and compromise grain quality, thereby posing a threat to food security. The production system most affected by drought, known as upland rice, stands out for meeting current sustainability demands, contributing to food security without causing major environmental impacts. The use of plant breeding to overcome these environmental challenges is characterized by strategies that exploit the existing genetic variability within the species to develop cultivars better adapted to diverse environments. In this way, rice production can be optimized by leveraging the genetic makeup of the plants, representing an efficient, sustainable, and low-cost approach for farmers. Furthermore, proper crop management ensures the durability and effectiveness of these technologies. Therefore, the impacts of this work are aligned with the thematic areas of the National Extension Policy, particularly with key social policy goals related to the environment, health, technology, and food production, by contributing to the maintenance of high-quality food through more sustainable agricultural practices. This research aligns with the United Nations (UN) Sustainable Development Goals (SDGs), such as Zero Hunger and Sustainable Agriculture, by proposing the development of cultivars capable of maintaining rice production under sustainable systems and adverse conditions, ensuring a vital food source for the population; Good Health and Well-Being, by promoting the maintenance and expansion of a nutrient-rich food essential for human development; Decent Work and Economic Growth, by expanding rice cultivation across diverse production scenarios, addressing the needs of both smallholder and large-scale producers; Industry, Innovation, and Infrastructure, through results that support the development of new rice cultivars, strengthening the rice production chain and benefiting producers; Reduced Inequalities, by contributing to food dignity; Sustainable Cities and Communities, by fostering the expansion of sustainable agricultural practices; Responsible Consumption and Production, by seeking management alternatives that increase productivity while minimizing environmental impact; Climate Action, by promoting the development of cultivars better adapted to drought conditions, thus ensuring rice production under climate stress; and Life on Land, by contributing to a more balanced use of natural resources and supporting biodiversity conservation.

SUMÁRIO

PRIMEIRA PARTE.....	13
1. INTRODUÇÃO GERAL.....	14
2. REFERENCIAL TEÓRICO.....	15
2.1 Importância e Cultivo do arroz (<i>Oryza sativa</i> L.) no mundo.....	15
2.2 Estresses abióticos na cultura do arroz.....	17
2.2.1 Impactos do déficit hídrico na espécie <i>O. sativa</i>.....	18
2.2.2 Melhoramento genético para tolerância ao déficit hídrico.....	19
2.3 Estresses bióticos na cultura do arroz.....	21
2.3.1 Controle de doenças fúngicas no arroz.....	24
2.3.2 Sintomatologia e perdas econômicas pelo fungo <i>C. janseana</i> no arroz.....	26
REFERÊNCIAS.....	29
SEGUNDA PARTE-ARTIGOS.....	37
ARTIGO 1–FENOTIPAGEM EM LINHAGENS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS PARA TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO.....	38
ARTICLE 2– INTEGRATING HOST GENETIC RESISTANCE AND FUNGICIDE TO CONTROL <i>Cercospora janseana</i> IN RICE.....	76
TERCEIRA PARTE.....	98
CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	99

PRIMEIRA PARTE

1. INTRODUÇÃO GERAL

O arroz (*Oryza sativa* L.) é uma importante fonte de alimento, presente na dieta de grande parte da população mundial, com crescente demanda e expansão em diversos países, pela contribuição nutricional e facilidade de adaptação aos diferentes ambientes (Bin Rahman & Zhang, 2023). Como sistema de cultivo, o arroz pode ser produzido em áreas inundadas e terras altas. O arroz inundado é cultivado em solos alagados, onde a cultura recebe água por meio de irrigação ou margens de rios. No sistema de terras altas, também conhecido como sequeiro, a demanda hídrica é suprida pela água da chuva ou irrigação suplementar, com ausência de lâmina d'água no solo (Gairola et al., 2024). Ambos os sistemas apresentam particularidades de manejo e adequações para as áreas onde são empregados e contribuem para a produção mundial do arroz.

Fora do continente asiático os maiores produtores de arroz são Brasil e Estados Unidos e em ambos os países, o sistema de cultivo predominante é o inundado. Entretanto, no Brasil, o arroz de terras altas vem expandindo em termos de produção e representando uma importante alternativa que exige menores custos de investimento e contribui para a sustentabilidade agrícola (Geja & Maphosa, 2023; Merang et al., 2020). De modo geral estes sistemas de cultivo enfrentam desafios ambientais que impactam na produtividade de grãos da cultura. No sistema de terras altas podemos destacar problemas relacionados à disponibilidade hídrica, sobretudo em regiões que apresentam escassez e irregularidades de chuvas durante o ano. Além disso a ocorrência de doenças fúngicas é um problema comum em ambos os sistemas de cultivo (Da Mata et al., 2023; Lanna et al., 2020). O déficit hídrico pode gerar perdas de até 90 % na produtividade de grãos do arroz, conforme a severidade do estresse. Isso ocorre, porque a seca ocasiona a esterilidade das espiguetas que impacta diretamente na produtividade da cultura (Chen & Wang, 2023; Guimarães et al., 2013). No caso das doenças fúngicas, as perdas podem variar de 25 a 69%, conforme o patógeno e suscetibilidade da cultivar utilizada (Ahamad & Khan, 2023). Nos EUA a reemergência do fungo *Cercospora janseana* tem gerado perdas de até 40% da produtividade nos principais estados produtores (Soura et al., 2020). Dessa forma, existe a necessidade de empregar estratégias para a manutenção da produção de arroz em cenários de adversidades ambientais que incluem estresses bióticos e abióticos (Kumar et al., 2021; Van Nguyen & Ferrero, 2006). Assim, o desenvolvimento de estratégias para controlar e/ou mitigar estes desafios representam impacto direto na produção mundial de arroz.

O emprego das estratégias de melhoramento genético é essencial para reduzir os impactos causados pelos estresses bióticos e abióticos na cultura do arroz. Assim, o desenvolvimento de cultivares tolerantes e ou resistentes é uma estratégia amplamente empregada para manter a produção em condições de estresse (Ali et al., 2021; Ansari et al., 2015). Além do melhoramento genético, estratégias de manejo podem contribuir para a melhor performance das plantas de arroz submetidas aos ambientes adversos.

Para que estas estratégias sejam eficazes é importante otimizar as etapas de seleção e desenvolvimento de cultivares, bem como entender o manejo ideal para o alcance de produtividade satisfatória (Sabouri et al., 2022). No caso de estresses abióticos a seleção de genótipos em campo é onerosa e complexa em função dos fatores ambientais dificilmente controláveis. Já para os fatores bióticos, como doenças, requerem um manejo integrado eficaz, incluindo a resistência genética da planta, uso de fungicidas e adequações do sistema de cultivo para evitar problemas como a quebra de resistência (Zhang et al., 2022; Mutiga et al., 2021). Dessa forma, o desenvolvimento de estratégias para otimizar a seleção de genótipos em condição de déficit hídrico, bem como o manejo de doenças, são fundamentais para a manutenção da produção sustentável do arroz em ambos os sistemas de cultivo (terras altas e inundados). Assim, o presente trabalho teve como objetivo geral estudar estratégias para o enfrentamento de estresses biótico e abiótico na cultura do arroz.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Importância e Cultivo do arroz (*Oryza sativa* L.) no mundo

O arroz (*Oryza sativa* L.) é mundialmente considerado uma das culturas de maior importância na alimentação humana, tendo uma representatividade no suprimento energético que pode variar de 20% a 70% considerando o continente e região. Assim, o arroz é uma cultura que impacta diretamente na segurança alimentar, estabilidade social e crescimento econômico (Bin Rahman & Zhang, 2023). Os maiores produtores de arroz do mundo estão concentrados no continente asiático, onde destacam-se a China, Índia e Indonésia. Fora da Ásia os maiores produtores desta cultura estão localizados nas Américas sendo estes Brasil e Estados Unidos respectivamente (FAOSTAT, 2024).

O arroz pode ser produzido em dois diferentes sistemas de cultivo: o inundado e terras altas, também conhecido como sequeiro. No sistema inundado o arroz é cultivado com uma lâmina d'água no solo que pode ser fornecida por várzeas de rios ou sistemas de irrigação. Por

outro lado, no sistema de terras altas a demanda hídrica é suprida apenas pelas águas da chuva ou irrigação suplementar, não havendo a inundação do solo (Gairola et al., 2024). O sistema inundado é predominante nos diversos países produtores, sobretudo pela natureza da espécie *O. sativa* que é considerada semiaquática (Bouman et al., 2007). Adicionalmente, o sistema de terras altas vem ganhando destaque por atender às novas demandas de sustentabilidade ambiental e apresentar capacidade de inserção em diferentes regiões com solos e climas mais adversos, bem como limitações de recursos (Geja & Maphosa, 2023; Merang et al., 2020). É importante destacar que ambos os sistemas são cruciais para a cadeia produtiva mundial do arroz.

No Brasil a produção de arroz é concentrada principalmente no sul do país, onde predomina o sistema inundado. A produção no sistema de terras altas é concentrada em outros estados como Goiás, Minas Gerais e Mato Grosso. De acordo com a Companhia Nacional de Abastecimento (CONAB) as estimativas para a safra 2024/25 indicam um aumento de área, para ambos os sistemas de cultivo. Assim, a área de arroz inundado é estimada em 1.389 mil hectares, com aumento de 8,3%, comparada à safra anterior. Já as estimativas para o arroz de terras altas, indicam um importante aumento na área cultivada de 17,4% em relação à safra de 2023/24. No passado, o arroz inundado no sul do Brasil foi amplamente cultivado no sistema de monocultura, o que acarretou elevada ocorrência de daninhas aliado a custos de produção mais altos, o que levou à introdução da soja no sistema de produção de terras baixas (Ribas et al., 2021). Assim, o aumento na produção do arroz de terras altas representa um importante passo para assegurar a produtividade do arroz no Brasil.

Os Estados Unidos, considerado segundo maior produtor de arroz fora do continente asiático, apresenta a predominância do cultivo inundado. A produção concentra-se nos estados Arkansas, Mississippi, Missouri, Louisiana e Texas (USDA, 2024). Diferentemente do Brasil, que apresenta uma demanda por grãos longo-finos nos EUA, a produção é destinada a grãos longos, médios e curtos. Sendo a produção de grãos longos responsável por cerca de 75% da produção. A maior parte deste arroz produzido é destinado à exportação, consolidando os EUA como o quinto maior exportador de arroz do mundo (McBride et al., 2018).

De modo geral, a produção mundial de arroz vem se expandindo em diferentes continentes. Entretanto, os diversos fatores ambientais, sobretudo em cenários de mudanças climáticas geram implicações e desafios para a cadeia produtiva deste importante grão que está na base alimentar de milhares de pessoas (Prasad et al., 2017)

2.2 Estresses abióticos na cultura do arroz

O estresse abiótico é definido como fatores físicos e químicos que podem gerar limitações para o desenvolvimento e produção de várias espécies vegetais cultivadas em todo o mundo (Halford et al., 2015). No arroz, uma série de fatores abióticos podem comprometer a produtividade e desenvolvimento da cultura, dentre estes, podemos citar a salinidade, temperaturas, estresse por metais pesados e o déficit hídrico. Estes fatores geram diferentes respostas e modificações bioquímicas, fisiológicas e morfológicas na planta (Akram et al., 2019).

A salinidade pode impactar negativamente o arroz, principalmente na emergência e períodos iniciais do desenvolvimento da planta, afetando assim, o rendimento da cultura (Zhang et al., 2022). O estresse térmico, pode ser causado por temperaturas baixas e elevadas. O arroz apresenta alta sensibilidade ao calor que pode causar danos irreversíveis em diferentes estágios do desenvolvimento da planta (Xu et al., 2021). No caso das baixas temperaturas, Garcia et al., 2024 constatou que entre 12 e 17°C além de comprometer o desempenho geral da planta, ocorre 100% de esterilidade dos grãos. Em relação ao estresse por metais pesados, estudos têm demonstrado correlação entre a toxicidade causada por estes metais e a redução da produtividade do arroz (Kaur et al., 2021).

O déficit hídrico é decorrente sobretudo de irregularidades nas chuvas e pode comprometer o desenvolvimento do arroz em diferentes estágios da planta (Kumar et al., 2019). Em função das mudanças climáticas que vem acometendo o planeta nos últimos anos a seca e as elevadas temperaturas têm sido os principais estresses abióticos que afetam o arroz gerando grandes impactos negativos por comprometer o crescimento, morfologia, aspectos biológicos, bioquímicos e fisiológicos da planta, o que tem limitado a produção principalmente em regiões que utilizam o sistema de terras altas (Kant et al., 2024; Da Mata et al., 2023; Rabara et al., 202; Lanna et al., 2020).

O arroz de terras altas é o principal acometido pelo déficit hídrico, pois na maioria das propriedades produtoras, sobretudo, pequenos agricultores, a água utilizada para o cultivo é apenas proveniente da chuva. Além disso, trata-se de uma planta naturalmente adaptada ao ambiente aquático e o desenvolvimento no ambiente sem inundações do solo gera algumas limitações que podem comprometer o desenvolvimento e a produtividade da planta. Assim, o arroz apresenta algumas características que o torna uma das espécies mais sensíveis à seca,

como a presença de sistema radicular pequeno e rápido fechamento dos estômatos (Ji et al., 2012).

2.2.1 Impactos do déficit hídrico na espécie *O. sativa*

O estresse hídrico pode ser leve, moderado ou severo e a resposta da planta aos diferentes níveis de estresse também podem apresentar variações. Como consequência, o déficit hídrico afeta o crescimento e desenvolvimento da planta de arroz, que pode ter seu ciclo paralisado ou retardado, sendo a maior demanda de água durante a fase reprodutiva (Ahmad et al., 2022; Salleh et al., 2022). Quando a restrição hídrica ocorre após a semeadura, os principais impactos observados são atrasos na germinação e redução no crescimento das plântulas. A umidade e temperatura do solo são essenciais para a efetividade da germinação das sementes. Assim, a ausência ou limitação de água no solo leva a alteração do metabolismo da célula, diminuindo a produção de ATP e a respiração celular, gerando atrasos e anormalidades na germinação das sementes de arroz em condições de seca (Panda et al., 2021; Shirazi et al., 2019).

Na fase vegetativa do arroz o déficit hídrico gera principalmente diminuição no crescimento das folhas, sobretudo devido à redução do potencial hídrico da célula que compromete o volume e desenvolvimento celular ocasionando reduções da área foliar, menor número de estômatos e deficiências no sistema de condução. Além disso, o enrolamento e senescência das folhas podem ser observados (Zhu et al., 2020). O estágio reprodutivo é considerado de maior sensibilidade à seca e gera grandes impactos econômicos por ser determinante para a produção final. A falta de água anterior ao florescimento, pode levar a elevada porcentagem de esterilidade das espiguetas, devido à ausência da umidade necessária para que o grão de pólen fecunde a oosfera. Assim, na ausência de fecundação o enchimento dos grãos não ocorre, o que implica diretamente no peso e rendimento final da cultura (Zampieri et al., 2023; Salleh et al., 2022; Kumar et al., 2020). Além disso, a falta de água também compromete a estruturação das moléculas de amido e amilopectina no endosperma, ocasionando o gessamento dos grãos, caracterizado pela ocorrência de opacidade no interior do grão, formando uma mancha branca (Yang et al., 2019). Esta característica é prejudicial a comercialização do arroz, porque é visualmente indesejada pelo consumidor e compromete a qualidade industrial por deixar o grão fragilizado favorecendo a quebra durante o beneficiamento e gerando a redução do rendimento de grãos inteiros que é o produto mais lucrativo para o produtor e indústria (Patindol et al., 2015).

De modo geral muitos mecanismos da planta de arroz são afetados pela deficiência hídrica, sobretudo a taxa fotossintética que é reduzida, bem como a taxa de transpiração, condutância estomática, eficiência do uso da água, concentrações de CO₂, conteúdo relativo de água e índice de estabilidade da membrana (Qiao et al., 2024). Alterações bioquímicas também são observadas, como o aumento na produção de espécies reativas de oxigênio (ROS) gerando maiores níveis de malondialdeído (MDA). Assim, a elevação de ROS ocasiona danos celulares como a peroxidação lipídica, desnaturação de proteínas, alterações no DNA, dentre outros danos oxidativos que comprometem o funcionamento celular (Kaur et al., 2021; Mishra e Panda, 2017).

Considerando todos os impactos que o déficit hídrico gera no desempenho e produção da planta de arroz, estratégias de manejo e melhoramento genético precisam ser adotadas para manter a produtividade desta importante cultura em cenários de mudanças climáticas. Dentre estas alternativas podemos citar a adaptação do período de cultivo e uso de cultivares precoces visando a fuga dos veranicos e o emprego de genótipos que apresentam capacidade de tolerantes à seca. Este último, tem se mostrado uma estratégia eficaz, para manter a produção nos locais que apresentam irregularidades nas chuvas e/ou limitações de recursos hídricos. Assim, os melhoristas de plantas vêm trabalhando na seleção de germoplasmas mais bem adaptados à condição de seca para o desenvolvimento de cultivares tolerantes. Isso colabora para garantir a produção do arroz em diversas regiões que são acometidas por veranicos, sem agregar custos de produção para os agricultores (Sakran et al., 2022; Gaballah et al., 2020; Ahmad et al., 2020; Salsinha et al., 2020).

2.2.2 Melhoramento genético para tolerância ao déficit hídrico

A tolerância à seca é a capacidade apresentada pelas plantas de desenvolver mecanismos e adaptações para sobreviver em condições de déficit hídrico (Oladosu et al., 2019). De modo geral, as plantas apresentam diferentes mecanismos que conferem esta tolerância, envolvendo uma série de fatores fisiológicos, morfológicos, bioquímicos e genéticos. Esta característica é poligênica, apresenta baixa herdabilidade e elevada interação com o ambiente, sendo o nível de estresse também um fator determinante na resposta da planta (Umezawa et al., 2006). Assim, compreender os mecanismos envolvidos na tolerância à seca em plantas é essencial para os programas de melhoramento genético que empregam esforços na identificação e desenvolvimento de cultivares mais tolerantes e adaptadas a locais que enfrentam a escassez de água (Rasheed et al., 2020; Kumar et al., 2014).

Uma das principais características consideradas na seleção de genótipos de arroz tolerantes à seca é a porcentagem de esterilidade dos grãos avaliada na colheita. Uma porcentagem de esterilidade mais baixa, indica a capacidade da planta de manter uma produtividade significativa mesmo em condições adversas. Além disso, nas últimas décadas, o melhoramento convencional tem considerado também outros parâmetros como os fisiológicos, que podem ser mensurados em diferentes estágios no ciclo da planta (Oladosu et al., 2019; Khan et al., 2020).

Um dos mecanismos envolvidos na tolerância à seca incluem a regulação de fitormônios como ácido abscísico (ABA), etileno e citoquinina. Na resposta à seca os níveis de ABA aumentam nos tecidos da planta de arroz, desencadeando mecanismos de tolerância. Assim, uma das primeiras reações promovidas pelo ABA é o fechamento dos estômatos para reduzir a perda de água. Entretanto, a redução na transpiração também restringe a captação de CO₂, afetando a fotossíntese (Zhu et al., 2020). Como resposta ao aumento do ABA são desencadeados a ação de enzimas e proteínas que fornecem proteção celular, permitindo que a célula sobreviva ao estresse. Além disso, o etileno age na regulação da quantidade de clorofila o que auxilia na captação de luz e assegura a fotossíntese em condições de restrição hídrica. A citoquinina é reduzida gerando a diminuição do crescimento da parte aérea. Assim, em condições de seca, as plantas de arroz têm uma maior proporção raiz-parte aérea, o que está relacionado à aumento do ABA e redução dos níveis de citoquinina (Qiao et al., 2024; Agurla et al., 2018). Além disso, alguns parâmetros bioquímicos também são cruciais na caracterização de genótipos que apresentam capacidade de tolerância. Como resposta a elevação de ROS, ocorre a ação de enzimas antioxidantes que apresentam a capacidade de mitigar os danos oxidativos causados por estas moléculas (Melandri et al., 2020). Enzimas como SOD, CAT e a peroxidase (POD) são importantes para eliminar as ROS e proteger as estruturas celulares. Assim, genótipos de arroz que possuem maiores atividades destas enzimas em condições de seca são indicativos de tolerância (Jarín et al., 2024; Panda et al., 2021).

De modo geral o melhoramento genético convencional para tolerância à seca tem gerado valiosas contribuições no desenvolvimento de novas cultivares e possui seu embasamento na variabilidade genética existente em germoplasmas de arroz e estratégias de triagem e seleção eficientes. A combinação dos métodos convencionais e novas ferramentas emergentes podem gerar um ganho genético significativo para diferentes características quantitativas. Assim, a integração de áreas como biometria, bioquímica, biotecnologia e bioinformática são potenciais na exploração de recursos genéticos disponíveis para a cultura (Anilkumar et al., 2023).

Recentemente o uso de ferramentas biométricas tem contribuído para a fenotipagem das variáveis relacionadas a tolerância à seca nos programas de melhoramento de arroz. A fenotipagem de alto rendimento por meio de análises de imagens permitem analisar diferentes características morfofisiológicas como o desenvolvimento de plântulas, altura de plantas, tamanho de área foliar, coloração, estrutura de raiz e biomassa. Existem diferentes tipos de imagens, como RGB (Red, Green, Blue), multiespectral, hiperespectral, dentre outras que auxiliam na fenotipagem precisa, favorecendo a melhor compreensão do comportamento da planta em ambiente de seca (Anilkumar et al., 2023; Kim et al., 2020).

No arroz de terras altas, muitos estudos têm sido desenvolvidos realizando seleções com base em observações fenotípicas, análises bioquímicas e moleculares contribuindo para a assertividade do melhorista e auxiliando nos desafios relacionados a condução de experimentos em campo (Manickavelu et al., 2006; Ji et al., 2012). Estudos conduzidos por Tripathy e Maharana, 2024 desenvolveram linhagens de arroz de terras altas duplo haploides com características de tolerância e maior rendimento de grãos em condições de seca. A seleção das melhores linhagens duplo haploides foi conduzida com base em simulação de déficit hídrico e fenotipagem em casa de vegetação e auxiliada por marcadores moleculares do tipo SSR (*Simple Sequence Repeated*). Dessa forma, pode-se contatar que a biotecnologia tem proporcionado importantes contribuições por meio de informações sobre genes e fatores de transcrição relacionados ao fenótipo de tolerância.

2.3 Estresses bióticos na cultura do arroz

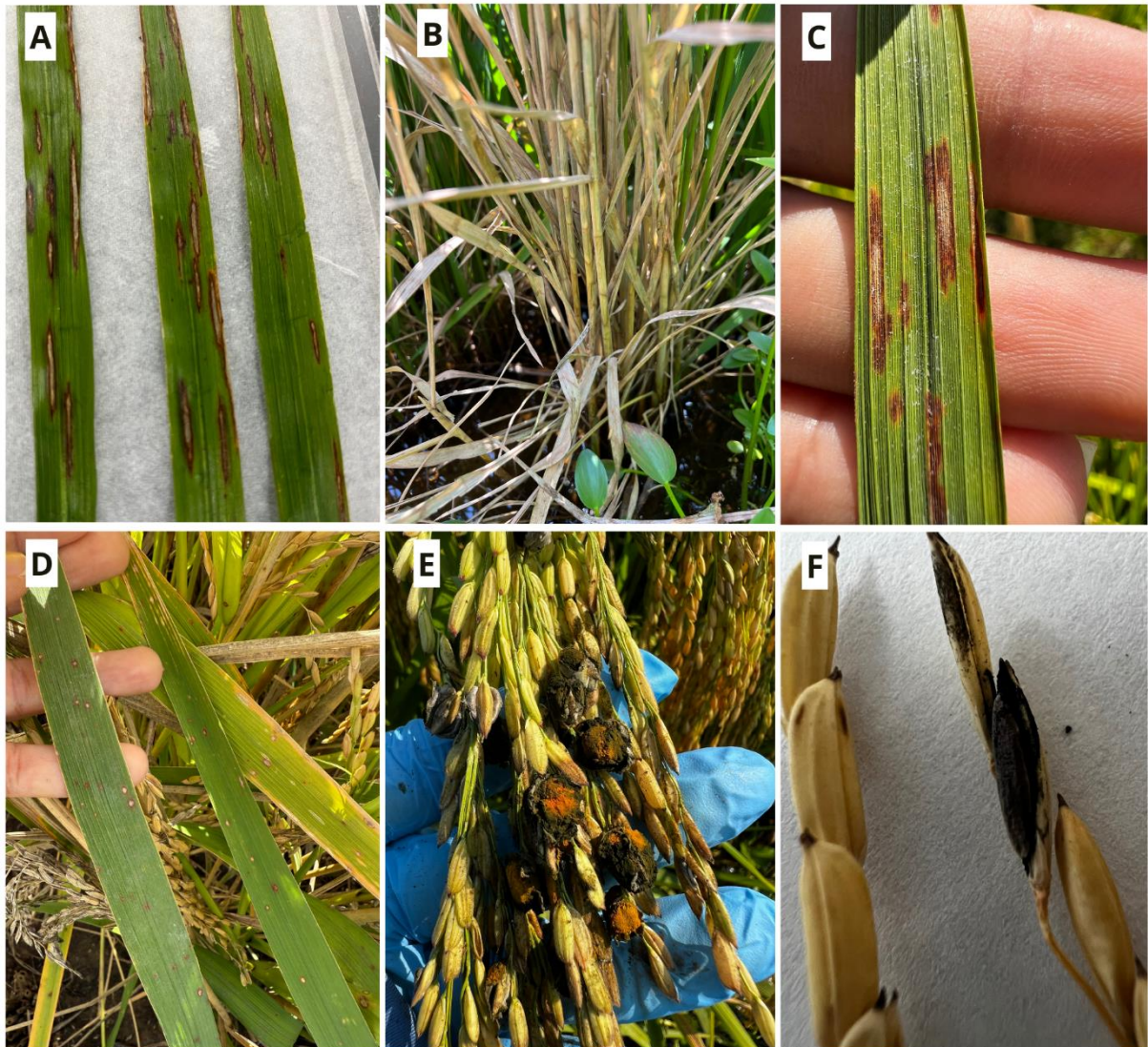
O estresse biótico na planta é caracterizado como danos causados por organismos vivos, são exemplos patógenos, insetos-praga e parasitas (Gull et al., 2019). No arroz os patógenos e insetos-praga são responsáveis por significativas reduções na produtividade e qualidade dos grãos e as doenças têm uma grande contribuição para estas perdas. De modo geral, o arroz pode ser acometido por fungos, bactérias, vírus e nematoides (Wang et al., 2022; Nayak et al., 2021; Asibi et al., 2019; Nalley et al., 2016). Entretanto, as doenças fúngicas são mais comumente relatadas como causadoras de danos à cultura e os fatores como temperatura, umidade e excesso de nutrientes podem contribuir para o desenvolvimento destas doenças (Shamim et al., 2024).

Dentre as principais doenças fúngicas que acometem o arroz podemos citar a brusone que é causada pelo fungo *Pyricularia oryzae* e pode afetar diferentes estruturas da planta. Nas folhas as lesões são caracterizadas como manchas marrons-alaranjado em forma de losango com o centro acinzentado (Figura 1A) e no pescoço da panícula é possível observar necrose dos

tecidos e conseqüentemente a morte da panícula, este sintoma caracteriza a brusone de pescoço (Neupane & Bhusal, 2021; Shahriar et al., 2020). Outra importante doença na cultura do arroz é causada pelo fungo *Rhizoctonia solani*, conhecida como queima da bainha e caracterizada por manchas de coloração branco-acinzentada com bordas marrons que ocorre nas bainhas e avançam para os colmos e folhas podendo ocasionar a morte parcial ou total dos tecidos (Figura 1B) (Singh et al., 2016). Além destas, a mancha-parda também é comumente encontrada em plantações de arroz e tem como patógeno causador *Bipolaris oryzae*, os sintomas são evidentes nas folhas como manchas arredondadas, com bordas marrom-avermelhado e centros branco-acinzentado (Figura 1D). Este patógeno também pode causar sintomas de manchas nos grãos (Sunder et al., 2014). Outro patógeno que também afeta os grãos é o fungo *Ustilaginoidea virens* causador da doença conhecida como falso-carvão que é pouco frequente no Brasil. Entretanto, em outros países produtores de arroz, como os EUA esta doença apresenta importante impacto na produção. Os sintomas do falso-carvão são observados apenas nos grãos, que ficam recobertos por uma massa de esporos, inicialmente com coloração verde, que se tornam amarelos e no final pretos (Figura 1E) (Guo et al., 2012; Atia, 2004). Adicionalmente, a doença causada por *Tilletia barclayana* também afeta apenas os grãos, sendo conhecida como carvão do grão ou carie do arroz. Neste caso os grãos no interior da casca são consumidos por uma massa de esporos na coloração preta, tornando-se quebradiços, ou totalmente substituídos pelos esporos (Figura 1F) (Khanal et al., 2023).

A figura 1 apresenta sintomas característicos das doenças causadas por fungos, frequentemente encontradas no arroz, considerando um cenário mundial.

Figura 1—Sintomas causados pelas principais doenças fúngicas que acometem a cultura do arroz.



Legenda: A. Brusone nas folhas (*Pyricularia oryzae*). B. Queima das bainhas (*Rhizoctonia solani*). C. Mancha estreita (*Cercospora janseana*). D. Mancha parda (*Bipolaris oryzae*). E. Falso carvão (*Ustilaginoidea virens*). F. Carvão do grão ou carie do arroz (*Tilletia barclayana*).

Fonte: da autora (2024)

Como doença reemergente, de grande impacto e pouco estudada na cultura do arroz, podemos citar a mancha estreita causada por *Cercospora janseana* (Biswas, 2006). Os relatos descritos na literatura incluem ocorrências esporádicas, com sintomas foliares. Entretanto, estudos recentes têm relatado o ressurgimento da doença em países produtores de arroz e ocorrência dos sintomas em diferentes estruturas da planta como folhas, perfilhos e panículas (Gu et al., 2023; Wamishe et al., 2013). Os sintomas foliares são caracterizados como manchas alongadas e estreitas de coloração marrom-avermelhado e centros branco-acinzentados. Estas manchas acompanham as extremidades das nervuras da folha (Figura 1C). No perfilho as manchas de coloração marrom, apresentam-se em formato de rede, com tamanhos variados. No

caso das panículas é possível observar a necrose dos tecidos na região do colar (Nicolli et al. (2025). Todos os impactos de cada um destes sintomas ainda não são totalmente conhecidos, o que gera preocupações para a cadeia produtiva do arroz nos locais de ocorrência desta doença. De modo geral, o cenário de limitações e perdas causado por *C. janseana* e outros patógenos presentes no arroz, tem alertado sobre a necessidade do constante manejo e emprego de estratégias para o controle destas doenças, bem como a mitigação de danos.

2.3.1 Controle de doenças fúngicas no arroz

As principais estratégias para o controle de doenças fúngicas no arroz incluem o uso de cultivares que apresentam genes de resistência e aplicação de fungicidas. Estas ferramentas podem ser empregadas individualmente ou de forma conjunta, considerando fatores como incidência do patógeno, severidade da doença e nível de resistência da cultivar (Tuli et al., 2017; Gianessi, 2014; Delteil et al., 2010; Li et al., 2019).

O uso de cultivares resistentes à diferentes doenças no arroz também é amplamente empregado em diversos países e assegura a produtividade em cenários de ocorrência de patógenos, sem adicionar custos ao produtor e danos ao meio ambiente (Fahad, et al., 2014; Zhu et al., 2000). A resistência genética da planta é conferida pela presença de genes *R* que interagem com genes *AVR* do patógeno, conforme a teoria designada por Flor (1956). Assim, os programas de melhoramento genético atuam de modo a identificar estes genes e desenvolver cultivares produtivas, resistentes as principais doenças que acometem o arroz. Dessa forma, avanços têm sido observados no emprego de ferramentas do melhoramento clássico e biologia molecular para a identificação de novas fontes de resistência e direcionamentos de cruzamentos estratégicos que visam a obtenção destas cultivares resistentes a doenças como a brusone (Hernández-Soto et al., 2021). Além disso, cultivares moderadamente resistentes a *C. janseana* tem sido alvo de estudos em associação com aplicações de fungicidas, visando controlar a doença de forma eficaz (Iqbal et al., 2023).

O uso de fungicidas é amplamente empregado em diversas culturas agronomicamente importantes, sendo fundamental conhecer a classificação e adequado uso destes químicos. Assim, os fungicidas são classificados pelo comitê internacional Fungicide Resistance Action Committee (FRAC) conforme o modo de ação, no qual podemos citar os inibidores externos da quinona (QoI), inibidores da desmetilação do esterol (DMIs), inibidores de succinato desidrogenase (SDHIs) e aqueles que atuam na interferência da mitose (Hermann & Stenzel, 2019; Hirooka, & Ishii, 2013; Young et al., 2012). No arroz o uso de fungicidas é uma prática

necessária para o controle de determinadas doenças. Assim, diversas moléculas químicas são recomendadas para a cultura e possuem diferentes mecanismos para inibir o desenvolvimento de fungos específicos (Tuli et al., 2017) (Tabela 1). Entretanto, o emprego destas moléculas requer alguns cuidados para evitar o uso indiscriminado e possíveis problemas, como a resistência a fungicidas. Dessa forma, é importante considerar a dose recomendada pelos fabricantes, bem como proceder as aplicações em momentos estratégicos (Zubrod et al., 2019).

Tabela 1– Fungicidas recomendados para a cultura do arroz nos Estados Unidos e respectivas dosagens e ingredientes ativos.

Fungicida	Recomendação (mL/ha)	Ingrediente ativo
Quadris	621 a 914	Azoxistrobina
Stratego	1169 a 1389	Trifloxistrobina + Propiconazol
GEM	278 a 344	Trifloxistrobina
Quilt Xcel	1023 a 1973	Azoxistrobina + Propiconazol
Elegia	2338,6	flutolanil
Amistar Top	730,8 a 1.096,2	Azoxistrobina + Difenconazol
Tilt 3.6 EC	438,5 e 730,8	Propiconazol
Frontier	226,55 a 343,48	Trifloxistrobina

Fonte: Hardke (2025)

Testes realizados em campo têm empregado a combinação de fungicidas como fluopiram + tebuconazol para o controle de brusone, evidenciando a eficácia da combinação de moléculas. Além disso, os autores recomendam a aplicação em dois momentos distintos para o melhor controle desta doença (Kongcharoen et al., 2020). Em relação a assertividade do momento de aplicação estudos têm sido conduzidos principalmente considerando a doença causada por *C. janseana* que geralmente apresenta sintomas evidentes mais tardiamente. A falta de comprovação sobre o período de latência do fungo *Cercospora janseana*, torna o controle por meio de fungicidas, mais desafiador, pois a aplicação tardia pode não eliminar o patógeno já desenvolvido e aplicações precoces, na ausência do fungo podem reduzir a eficácia do produto e maximizar os danos ao meio ambiente (Iqbal et al., 2023). Atualmente o fungicida propiconazol (Tilt®) tem sido recomendado para o controle desta doença no arroz (Uppala & Zhou, 2019). Este fungicida é um inibidor da desmetilação do esterol (DMI), também conhecidos como triazol, que atuam inibindo a síntese do ergosterol, componente primordial da membrana celular dos fungos (Kumar et al., 2021). A aplicação em momento e quantidades corretas reduz custos e riscos ambientais. Considerando que o uso indiscriminado de fungicidas pode gerar o desenvolvimento de raças patogênicas resistentes as moléculas químicas, o

emprego e/ou integração de métodos de controle não químicos contribuem para amenizar estes impactos (Islam et al., 2024; Jorgensen et al., 2014).

A integração da resistência genética do hospedeiro e fungicidas proporciona múltiplos benefícios econômicos e ambientais para o manejo e controle de doenças em plantas, incluindo o arroz (Chen, 2014). A presença de cultivares altamente resistentes a uma determinada doença pode assegurar o controle do patógeno, principalmente em condições de baixa a moderada incidência. Entretanto, condições de alta pressão do patógeno e ocorrência de diferentes raças pode levar a necessidade de aplicação do fungicida, que nestes casos de integração pode ser reduzida a aplicação única e até mesmo a dose mínima de controle. Por outro lado, o emprego de cultivares suscetíveis requerem um uso mais intensivo de fungicidas, por vezes com doses máximas para atingirem a adequada produtividade em cenário de ocorrência da doença (Jorgensen et al., 2017; Wegulo, et al., 2011). Assim, a integração da resistência genética e fungicidas, pode reduzir a necessidade de doses maiores, bem como o número de aplicações destes fungicidas, o que representa uma importante contribuição para a redução de custos do produtor, impactos ao meio ambiente e assegura o controle de doenças fúngicas de forma eficiente (Jorgensen et al., 2017).

2.3.2 Sintomatologia e perdas econômicas pelo fungo *C. janseana* no arroz

A ocorrência da doença conhecida como mancha estreita, no arroz é relatada em diversos países produtores no mundo, incluindo o Brasil e Estados Unidos. Ao longo dos anos foram observadas epidemias esporádicas, o que levou esta doença a ser considerada como de baixo impacto para a cultura (Wamische et al., 2013). Entretanto, nos últimos anos, o fungo *Cercospora janseana* tem sido reconhecido como um problema reemergente em países produtores de arroz, causando perdas de até 40%, ou até superiores, dependendo das condições ambientais e da suscetibilidade das cultivares (Soura et al., 2020). Os sintomas observados nas folhas podem variar conforme o ambiente, maturidade e resistência da planta, de modo que em variedades com a presença do gene de resistência, as lesões são menores e escuras e nas suscetíveis observa-se lesões mais largas e de coloração mais clara (Searight, 2022) (Figura 2A). Além das folhas, os sintomas também comprometem outras estruturas da planta como perfilho e panículas (Figura 2B e C), sugerindo novas nomenclaturas que atualmente existem apenas no inglês, são estas *Cercospora Net Blotch* (sintomas no perfilho), *Cercospora Panicle Blight* (sintomas na panícula) (Nicolli et al., 2025). De modo geral, as informações sobre os impactos de *Cercospora* no arroz são limitadas e a maioria dos estudos referem-se aos sintomas

observados nas folhas. Assim, pouco se sabe sobre os impactos dos sintomas em cada estrutura da planta, bem como, a ocorrência conjunta.

Figura 2—Sintomas causados pelo fungo *C. janseana* em diferentes estruturas da planta de arroz.



Legenda: A. Sintoma foliar. B. Sintoma no perfilho. C. Sintoma na panícula.

Fonte: da autora (2024)

Embora existam fontes de resistência disponíveis para *Cercospora* no arroz, como CLL16, ProGold M3, RT 7521 FP (Hardke et al., 2025) muitos materiais cultivados pelos produtores não apresentam informações sobre resistência a este patógeno. Atualmente, os estudos se concentraram na compreensão das melhores estratégias de manejo e formas de isolar o patógeno para desenvolver pesquisas mais aprofundadas e entender melhor o processo de infecção no arroz (Iqbal et al., 2023; André et al., 2020). O crescimento do fungo *C. janseana* em meios de cultura é lento e pode levar de 20 a 30 dias para tomar a placa de Petri. Assim, a purificação das colônias é onerosa com possibilidade de contaminação por outros fungos, que dificulta as pesquisas na cultura do arroz (Uppala et al., 2019).

O ciclo da doença mancha estreita no arroz ainda se baseia no ciclo descrito para doenças causadas por *Cercospora* em culturas como milho e soja. Assim, o ciclo de desenvolvimento começa com a presença de fontes do inóculo, que geralmente são restos culturais de safras anteriores. Os esporos são facilmente dispersados pelo vento, e ao entrar em contato com as plantas saudáveis ocorre o processo de desenvolvimento que passa por um período de latência e pode durar cerca de 30 dias da infecção até a manifestação dos sintomas (Searight et al., 2022).

Estudos conduzidos por Iqbal et al., 2022, avaliaram dez genótipos de arroz plantados em dois momentos distintos durante a safra (precoce e tardio) para encontrar fontes de resistência em associação ao momento ideal de cultivo, visando o controle dos sintomas foliares sem custos elevados. Os resultados evidenciam que o arroz plantado tardiamente apresentou maior incidência do patógeno e as variações na temperatura impactou mais na severidade da doença do que a umidade e precipitação. Esta avaliação também permitiu uma nova classificação de resistência e suscetibilidade para as dez cultivares avaliadas. Assim, é fundamental considerar os níveis de resistência genética, épocas de semeadura e condições climáticas no manejo integrado para controle de *Cercospora* no arroz. Além disso, o uso de fungicidas como o propiconazol tem sido estudado e recomendado para o controle da mancha estreita no arroz, demonstrando resultados satisfatórios e sugerindo potencial de uso no manejo integrado para controle desta doença (Iqbal et al., 2023; Uppala & Zhou, 2019).

REFERÊNCIAS

- AGURLA, S.; GAHIR, S.; MUNEMASA, S.; MURATA, Y.; RAGHAVENDRA, A. S. Mechanism of stomatal closure in plants exposed to drought and cold stress. *In: IWAYA-INOUE, M.; SAKURAI, M.; UEMURA, M. (eds). Survival strategies in extreme cold and desiccation*. Advances in Experimental Medicine and Biology, v. 1081. Singapore: Springer, 2018. p. 211-230. Disponível em: https://doi.org/10.1007/978-981-13-1244-1_12. Acesso em: 21 jun. 2024.
- AHAMAD, F.; KHAN, M. R. Incidence of sheath blight in irrigated rice and associated yield losses in Northern India. **Plant Disease**, v. 107, n. 10, p. 2907-2915, 2023. DOI:10.1094/PDIS-12-22-2905-RE
- AHMAD, H. et al. Impact of pre-anthesis drought stress on physiology, yield-related traits, and drought-responsive genes in green super rice. **Frontiers in Genetics**, v. 13, p. 832542, 2022. DOI: 10.3389/fgene.2022.832542.
- AHMAD, M. S.; WU, B.; WANG, H.; KANG, D. Field screening of rice germplasm (*Oryza sativa* L. ssp. japonica) based on days to flowering for drought escape. **Plants**, v. 9, n. 5, p. 609, 2020. DOI: 10.3390/plants9050609.
- AKRAM, R. et al. Plant growth and morphological changes in rice under abiotic stress. *In: M., FUJITA, M.; NAHAR, K.; BIWAS, J.K. (eds) Advances in Rice Research for Abiotic Stress Tolerance*, Woodhead Publishing: Shaxton, UK, 2019; pp. 69–85. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/B9780128143322000046>. Acesso em: 09 jul. 2024.
- ALAFARI, H. A. et al. Integrated analysis of yield response and early stage biochemical, molecular, and gene expression profiles of pre-breeding rice lines under water deficit stress. **Scientific Reports**, v. 14, n. 1, p. 17855, 2024. DOI: 10.1038/s41598-024-60863-4.
- ALI, J.; ANUMALLA, M.; MURUGAIYAN, V.; LI, Z. Green Super Rice (GSR) traits: Breeding and genetics for multiple biotic and abiotic stress tolerance in rice. *In: ALI, J.; WANI, S.H. Rice Improvement: Physiological, Molecular Breeding and Genetic Perspectives*, p. 59-97. Cham: Springer International Publishing, 2021. Disponível em: https://doi.org/10.1007/978-3-030-66530-2_3. Acesso em: 10 jul. 2024.
- ANDRÉ, G. L.; HERVÉ, S. B.; KADIDIA, K.; CHRISTOPHE, G.; FARID, B. M. A. Evaluation of *Cercospora oryzae* Miyake under natural pressure conditions. **Journal of Applied Biosciences**, v. 151, n. 1, p. 15530-15539, 2020.
- ANILKUMAR, C. et al. Conventional and contemporary approaches for drought tolerance rice breeding: **Progress and prospects**. **Plant Breeding**, v. 142, n. 4, p. 418-438, 2023. DOI: 10.1111/pbr.13119.
- ANSARI, M. U. R.; SHAHEEN, T.; BUKHARI, S.; HUSNAIN, T. Genetic improvement of rice for biotic and abiotic stress tolerance. **Turkish Journal of Botany**, v. 39, n. 6, p. 911-919, 2015.
- ASIBI, A. E.; CHAI, Q.; COULTER, J. A. Rice blast: A disease with implications for global food security. **Agronomy**, v. 9, n. 8, p. 451, 2019. DOI: 10.3390/agronomy9080451.
- ATIA, M. M. M. Rice false smut (*Ustilaginoidea virens*) in Egypt. *Zeitschrift für Pflanzenkrankheiten und Pflanzenschutz/Journal of Plant Diseases and Protection*, p. 71-82, 2004.

BIN RAHMAN, A. R.; ZHANG, J. Trends in rice research: 2030 and beyond. **Food and Energy Security**, v. 12, n. 2, p. e390, 2023. DOI: 10.1002/fes3.390.

BISWAS, A. Narrow Brown Leaf Spot disease of rice: A review. **Journal of Mycopathological Research**, 2006.

BOUMAN, B. A.; HUMPHREYS, E.; TUONG, T. P.; BARKER, R. Rice and water. **Advances in Agronomy**, v. 92, p. 187-237, 2007. DOI: 10.1016/S0065-2113(04)92004-4.

CHEN, X. M. Integration of cultivar resistance and fungicide application for control of wheat stripe rust. **Canadian Journal of Plant Pathology**, v. 36, n. 3, p. 311-326, 2014. DOI: 10.1080/07060661.2014.924560.

CHINNUSAMY, V.; ZHU, J.; ZHU, J. K. Cold stress regulation of gene expression in plants. **Trends in Plant Science**, v. 12, p. 444-451, 2007.

CHEN, H.; WANG, S. Compound dry and wet extremes lead to an increased risk of rice yield loss. **Geophysical Research Letters**, v. 50, n. 24, p. e2023GL105817, 2023. DOI:10.1029/2023GL105817

COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO - CONAB. Acompanhamento da safra brasileira - grãos: 2º levantamento, novembro 2024 – safra 2024/25. Brasília: CONAB, 2024. Disponível em: <https://www.conab.gov.br/info-agro/safra/safra/graos/boletim-da-safra-degraos>. Acesso em: 12 dez. 2024.

DA MATA, C. R. et al. Physiological and yield responses of contrasting upland rice genotypes towards induced drought. **Physiology and Molecular Biology of Plants**, v. 29, n. 2, p. 305-317, 2023. DOI: 10.1007/s12298-023-01287-8.

DELTEIL, A.; ZHANG, J.; LESSARD, P.; MOREL, J. B. Potential candidate genes for improving rice disease resistance. **Rice**, v. 3, n. 1, p. 56-71, 2010. DOI: 10.1007/s12284-009-9035-x.

FAHAD, S. et al. Disease resistance in rice and the role of molecular breeding in protecting rice crops against diseases. **Biotechnology Letters**, v. 36, p. 1407-1420, 2014. DOI: 10.1007/s10529-014-1510-9.

FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS - (FAO). FAOSTAT Database. 2024. Disponível em: < <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>>. Acesso em: 04 nov. 2024.

FLOR, H. H. Current status of the gene-for-gene concept. **Annual Review of Phytopathology**, v. 9, n. 1, p. 275-296, 1971.

FLORIS, M.; MAHGOUB, H.; LANET, E.; ROBAGLIA, C.; MENAND, B. Post transcriptional regulation of gene expression in plants during abiotic stress. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 10, p. 3168-3185, 2009. DOI: 10.3390/ijms10073168.

GABALLAH, M. M. et al. Genetic diversity of selected rice genotypes under water stress conditions. **Plants**, v. 10, n. 1, p. 27, 2020. DOI: 10.3390/plants10010027.

GAIROLA, A. et al. Upland Rice: A Water-Efficient Rice Production System in India. **Biotica Research Today**, v. 6, n. 1, p. 46-50, 2024. DOI :10.54083/BioResToday/6.1.2024/46-50

GARCIA, D. A. et al. Performance of elite upland rice lines at low temperatures. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 59, e03605, 2024. DOI: 10.1590/S1678-3921.

- GEJA, C. M.; MAPHOSA, M. Upland rice: A new high potential non-traditional cash crop for Africa. **African Journal of Food, Agriculture, Nutrition and Development**, v. 23, n. 9, p. 24507-24522, 2023. DOI: 10.18697/ajfand.124.23140.
- GIANESSI, L. Importance of pesticides for growing wheat in Sub-Saharan Africa. **International Pesticide Benefits Case Study**, p. 104, 2014.
- GU, C. et al. Assessing narrow brown leaf spot severity and fungicide efficacy in rice using low altitude UAV imaging. **Ecological Informatics**, v. 77, p. 102208, 2023. DOI: 10.1016/j.ecoinf.2023.102208.
- GUIMARÃES, C. M. et al. Tolerance of upland rice genotypes to water deficit. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 17, p. 805-810, 2013. DOI:10.1590/S1415-43662013000800001
- GULL, A.; LONE, A. A.; WANI, N. U. I. Biotic and abiotic stresses in plants. **Abiotic and Biotic Stress in Plants**, v. 7, p. 1-9, 2019.
- GUO, X. et al. Progress in the study of false smut disease in rice. **Journal of Agricultural Science and Technology**, v. 2, n. 11A, p. 1211, 2012.
- HALFORD, N. G. et al. Effects of abiotic stress and crop management on cereal composition: implications for food quality and safety. **Journal of Experimental Botany**, v. 66, p. 1145-1156, 2015. DOI: 10.1093/jxb/eru473.
- HARDKE, J. et al. Rice management guide. Ed. University of Arkansas System, Little Rock, AR, USA, 2025, p.36.
- HERMANN, D.; STENZEL, K. FRAC mode-of-action classification and resistance risk of fungicides. In: **Modern Crop Protection Compounds**, v. 2, p. 589-608, 2019. DOI: 10.1002/9783527699261.ch14.
- HERNÁNDEZ-SOTO, A. et al. Rice breeding in the new era: Comparison of useful agronomic traits. **Current Plant Biology**, v. 27, p. 100211, 2021. DOI: 10.1016/j.cpb.2021.100211.
- HIROOKA, T.; ISHII, H. Chemical control of plant diseases. **Journal of General Plant Pathology**, v. 79, p. 390-401, 2013. DOI: 10.1007/s10327-013-0470-6.
- IQBAL, M. et al. Response of rice varieties against the infection of *Cercospora oryzae* Miyake under controlled environmental conditions. **Journal of Agricultural Research**, v. 60, n. 3, 2022.
- IQBAL, M. et al. Effects of fungicide application timings and genetic resistance of rice varieties on the reduction of percent severity of narrow brown leaf spot disease. **Pakistan Journal of Agricultural Sciences**, v. 60, n. 3, 2023. DOI:10.21162/PAKJAS/23.209
- ISLAM, T. et al. Resistance mechanisms of plant pathogenic fungi to fungicide, environmental impacts of fungicides, and sustainable solutions. **Plants**, v. 13, n. 19, p. 2737, 2024. DOI: 10.3390/plants13192737.
- JARIN, A. S. et al. Drought stress tolerance in rice: Physiological and biochemical insights. **International Journal of Plant Biology**, v. 15, n. 3, p. 692-718, 2024. DOI: 10.3390/ijpb15030051.

- Ji, K. et al. Drought-responsive mechanisms in rice genotypes with contrasting dry tolerance during reproductive stage. **Journal of Plant Physiology**, v. 169, n. 4, p. 336-344, 2012. DOI: 10.1016/j.jplph.2011.10.010.
- JORGENSEN, L. N. et al. IPM strategies and their dilemmas including an introduction to www.eurowheat.org. **Journal of Integrative Agriculture**, v. 13, n. 2, p. 265-281, 2014. DOI: 10.1016/S2095-3119(13)60646-2.
- JORGENSEN, L. N. et al. Targeting fungicide inputs according to need. **Annual Review of Phytopathology**, v. 55, n. 1, p. 181-203, 2017. DOI: 10.1146/annurev-phyto-080516-035357.
- KANT, K. et al. Effects of water deficit stress at the tillering stage of direct seeded rice (*Oryza sativa* L.). **International Journal of Plant & Soil Science**, v. 36, n.1, p. 1-9, 2024. DOI:10.9734/ijpss/2024/v36i14322
- KAUR, H.; KOHLI, S. K.; KHANNA, K.; BHARDWAJ, R. Scrutinizing the impact of water deficit in plants: Transcriptional regulation, signaling, photosynthetic efficacy, and management. **Physiologia Plantarum**, v. 172, n. 2, p. 935-962, 2021. DOI:10.1111/ppl.13389
- KAUR, R. et al. Heavy metal stress in rice: Uptake, transport, signaling, and tolerance mechanisms. **Physiologia plantarum**, v. 173, n. 1, p. 430-448, 2021. DOI:10.1111/ppl.13491
- KHAN, M. I. R. et al. Improving drought tolerance in rice: Ensuring food security through multi-dimensional approaches. **Physiologia Plantarum**, v.172, n.2, p.645–668, 2020. DOI:10.1111/ppl.13223
- KHANAL, S.; GAIRE, S. P.; ZHOU, X. G. Kernel Smut and False smut: The old-emerging diseases of rice-A review. **Phytopathology**, v.113, n.6, p.931-944, 2023. DOI:10.1094/PHYTO-06-22-0226-RVW
- KIM, S.L. et al. High-throughput phenotyping platform for analyzing drought tolerance in rice. **Planta**, v.252, n.3, p.38, 2020. DOI:10.1007/s00425-020-03436-9
- KONGCHAROEN, N.; KAEWSALONG, N.; DETHOUP, T. (2020). Efficacy of fungicides in controlling rice blast and dirty panicle diseases in Thailand. **Scientific Reports**, v.10, n.1, p.16233. DOI:10.1038/s41598-020-73222-w
- KUMAR, A. et al. Breeding high-yielding drought-tolerant rice: genetic variations and conventional and molecular approaches. **Journal of experimental botany**, v.65, n.21, p.6265-6278, 2014. DOI:10.1093/jxb/eru363
- KUMAR, A. et al. Effects of water deficit stress on agronomic and physiological responses of rice and greenhouse gas emission from rice soil under elevated atmospheric CO₂. **Science of the Total Environment**, v.650, p.2032-2050, 2019. DOI:10.1016/j.scitotenv.2018.09.332
- KUMAR, S. et al. Anatomical, agro-morphological and physiological changes in rice under cumulative and stage specific drought conditions prevailed in eastern region of India. **Field Crops Research**, v.245, p.107658, 2020. DOI:10.1016/j.fcr.2019.107658
- KUMAR, N. et al. Challenges and opportunities in productivity and sustainability of rice cultivation system: a critical review in Indian perspective. **Cereal Research Communications**, v.50, p.573-601, 2021. DOI:10.1007/s42976-021-00214-5.

- KUMAR, R. et al. Characterization of the molecular mechanisms of resistance against DMI fungicides in *Cercospora beticola* populations from the Czech Republic. **Journal of Fungi**, v. 7, n. 12, p. 1062, 2021. DOI:10.3390/jof7121062
- LANNA, A. C. et al. Upland rice: phenotypic diversity for drought tolerance. **Scientia Agricola**, v.78, n.5, p.e20190338, 2020. DOI:10.1590/1678-992X-2019-0338
- LI, W.; CHERN, M.; YIN, J.; WANG, J.; CHEN, X. Recent advances in broad-spectrum resistance to the rice blast disease. **Current opinion in plant biology**, v. 50, p. 114-120, 2019.
- MANICKAVELU, A.; NADARAJAN, N.; GANESH, S.K.; GNANAMALAR, R.P.; BABU, R.C. Drought tolerance in rice: morphological and molecular genetic consideration. **Plant Growth Regul.** v.50, p.121-138, 2006. DOI:10.1007/s10725-006-9109-3
- MCBRIDE, W. D.; RASZAP-SKORBIANSKY, S.; CHILDS, N. US rice production in the new millennium: Changes in structure, practices, and costs. **Economic Research Service, Economic Research Bulletin**, v.202, p.1-62, 2018. DOI:10.2139/ssrn.3304604
- MELANDRI, G. et al. Biomarkers for grain yield stability in rice under drought stress. **Journal of Experimental Botany**, v.71, n.2, p.669-683, 2020. DOI:10.1093/jxb/erz221
- MERANG, O.P.; LAHJIE, A.M.; YUSUF, S.; RUSLIM, Y. Productivity of three varieties of local upland rice on swidden agriculture field in Setulang village, North Kalimantan, Indonesia. **Biodiversitas Journal of Biological Diversity**, v.21, n.1, 2020. DOI:10.13057/biodiv/d210108
- MISHRA, S. S.; PANDA, D. Leaf traits and antioxidant defense for drought tolerance during early growth stage in some popular traditional rice landraces from Koraput, India. **Rice Science**, v.24, n.4, p.207-217, 2017. DOI:10.1016/j.rsci.2017.04.001
- MUTIGA, S. K. et al. Integrated strategies for durable rice blast resistance in sub-Saharan Africa. **Plant Disease**, v.105, n.10, p.2749-2770, 2021. DOI:10.1094/PDIS-03-21-0593-FE
- NALLEY, L.; TSIBOE, F.; DURAND-MORAT, A.; SHEW, A.; THOMA, G. Economic and environmental impact of rice blast pathogen (*Magnaporthe oryzae*) alleviation in the United States. **PloS one**, v.11, n.12, p.e0167295, 2016. DOI:10.1371/journal.pone.0167295
- NAYAK, S.; SAMANTA, S.; SENGUPTA, C.; SWAIN, S. S. Rice crop loss due to major pathogens and the potential of endophytic microbes for their control and management. **Journal of Applied Biology and Biotechnology**, v.9, n.5, p.166-175, 2021. DOI:10.7324/JABB.2021.9523
- NEUPANE, N.; BHUSAL, K. A review of blast disease of rice in Nepal. **J. Plant Pathol. Microbiol**, v.11, n.528, p.10-35248, 2021. DOI:10.35248/2157-7471.20.12.528
- NICOLLI, C.; PEREIRA, J. S.; PEDROZO, R. *Cercospora* diseases in rice. Stuttgart: University of Arkansas System, 2025. Disponível em: <https://www.uaex.uada.edu>. Acesso em: 24 de janeiro de 2025.
- OLADOSU, Y. et al. Drought resistance in rice from conventional to molecular breeding: A review. **International Journal of Molecular Sciences**, v.20, n.14, p.3519, 2019. DOI:10.3390/ijms20143519

- PANDA, D.; MISHRA, S. S.; BEHERA, P. K. Drought tolerance in rice: focus on recent mechanisms and approaches. **Rice science**, v.28, n.2, p.119-132, 2021. DOI:10.1016/j.rsci.2021.01.002
- PATINDOL, J. A.; SIEBENMORGEN, T. J.; WANG, Y. J. Impact of environmental factors on rice starch structure: A review. **Starch-Starke**, v.67, n.1-2, p.42-54, 2015. DOI:10.1002/star.201400174
- PRASAD, R.; SHIVAY, Y.S.; KUMAR D. Current Status, Challenges, and Opportunities in Rice Production. In: CHAUHAN, B.; JABRAN, K.; MAHAJAN, G. (eds) **Rice Production Worldwide**. Springer, 2017. Disponível em: https://link.springer.com/chapter/10.1007/978-3-319-47516-5_1. Acesso em: 09 de jul. de 2024.
- QIAO, M.; HONG, C.; JIAO, Y.; HOU, S.; GAO, H. Impacts of drought on photosynthesis in major food crops and the related mechanisms of plant responses to drought. **Plants**, v.13, n.13, p.1808, 2024. DOI:10.3390/plants13131808
- RABARA, R. C. et al. Coping with inclement weather conditions due to high temperature and water deficit in rice: An insight from genetic and biochemical perspectives. **Physiologia plantarum**, v.172, n.2, p.487-504, 2021. DOI:10.1111/ppl.13272
- RASHEED, A. et al. A critical review on the improvement of drought stress tolerance in rice (*Oryza sativa* L.). **Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca**, v.48, n.4, p.1756-1788, 2020. DOI:10.15835/nbha48412128
- RIBAS, G. G. et al. Assessing yield and economic impact of introducing soybean to the lowland rice system in southern Brazil. **Agricultural Systems**, v.188, p.103036, 2021. DOI:10.1016/j.agsy.2020.103036
- SABOURI, A. et al. Screening of rice drought-tolerant lines by introducing a new composite selection index and competitive with multivariate methods. **Scientific reports**, v.12, n.1, p.2163, 2022. DOI:10.1038/s41598-022-06123-9
- SAKRAN, R. M. et al. Molecular genetic diversity and combining ability for some physiological and agronomic traits in rice under well-watered and water-deficit conditions. **Plants**, v.11, n.5, p.702, 2022. DOI:10.3390/plants11050702
- SALLEH, M. S. et al. Drought-induced changes in the flowering capacity, anthesis quality and seed set in rice (*Oryza sativa* L.). **Tropical Life Sciences Research**, v.33, n.2, p.239, 2022. DOI:10.21315/tlsr2022.33.2.11
- SALSINHA, Y. C. F.; INDRADEWA, D.; PURWESTRI, Y. A.; RACHMAWATI, D. Selection of drought-tolerant local rice cultivars from East Nusa Tenggara, Indonesia during vegetative stage. **Biodiversitas Journal of Biological Diversity**, v.21, n.1, p.170-178, 2020. DOI:10.13057/biodiv/d210122
- SEARIGHT, J. Population Genomic Characterization of *Cercospora Janseana* on Rice in the Southern United States. 2022. Dissertação de Mestrado -Agricultural & Mechanical College, Louisiana State University, Louisiana, 2022.
- SHAHRIAR, S.A. et al. Rice blast disease. **Annual Research & Review in Biology**, v.35, n.1, p.50-64, 2020. DOI:10.9734/arrb/2020/v35i130180
- SHAMIM, M. et al. Economical and environmental impact of rice fungal diseases on global food security. In: SRIVASTAVA, D. (org.). **Fungal diseases of rice and their management**.

New York: Apple Academic Press, 2024. p.1-30. Disponível em:

<https://www.taylorfrancis.com/chapters/edit/10.1201/9781003332169-1>. Acesso em: 04 ago. 2024.

SHIRAZI, M.; KHAN, M.; ARIF, M. Effects of peg induced water stress on growth and physiological responses of rice genotypes at seedling stage. **Pak. J. Bot.**, v.51, n.6, p.2013-2021, 2019. DOI:10.30848/PJB2019-6(13)

SINGH, R.; SUNDER, S.; KUMAR, P. Sheath blight of rice: current status and perspectives. **Indian Phytopathol**, v.69, n.4, p.340-351, 2016.

SOURA, H. B. et al. Study of the effect of *Cercospora oryzae* Miyake on the quality of rice grains and the development of tarnish. **International Journal of Biological and Chemical Sciences**, v.14, n.2, p.440-51, 2020. DOI: 10.4314/ijbcs.v14i2.11

SUNDER, S.; SINGH, R. A. M.; AGARWAL, R. Brown spot of rice: an overview. **Indian Phytopathol**, v.67, n.3, p.201-215, 2014.

TANG, Y. et al. Overexpression of a MYB family gene, OsMYB6, increases drought and salinity stress tolerance in transgenic rice. **Frontiers in Plant Science**, v.10, p.168, 2019. DOI:10.3389/fpls.2019.00168

TRIPATHY, S. K.; MAHARANA, M. Doubled haploid breeding-a potential strategy for development of high yielding drought tolerant genotypes in Upland rice. **Journal of Crop Science and Biotechnology**, v.27, p.525–533, 2024. DOI:10.1007/s12892-024-00248-1

TULI F.U. et al. Efficacy of selected fungicides in controlling foliar diseases of rice (*Oryza sativa* L.). **Journal of Plant Sciences**, v.5, n.6, p.185-90, 2017. DOI:10.11648/j.jps.20170506.13

UMEZAWA, T. et al. Engineering drought tolerance in plants: discovering and tailoring genes to unlock the future. **Current opinion in biotechnology**, v.17, n.2, p.113-122, 2006. DOI:10.1016/j.copbio.2006.02.002

UPPALA, S.; ZHOU, X. G. Optimum timing of propiconazole to manage narrow brown leaf spot in the main and ratoon rice crops in Texas. **Crop Protection**, v.124, p.104854, 2019. DOI:10.1016/j.cropro.2019.104854

WAMISHE, Y.; CARTWRIGHT, R.; LEE, F. Management of rice diseases. *In*: Hardke, J.T. **Compendium of Rice Diseases and Pests**, Ed.; University of Arkansas Cooperative Extension Service: Little Rock, AR, USA, 2013; pp. 123–223.

WANG, F. B. et al. OsMas1, a novel maspardin protein gene, confers tolerance to salt and drought stresses by regulating ABA signaling in rice. **Journal of Integrative Agriculture**, v.22, n.2, p.341-359, 2023. DOI:10.1016/j.jia.2022.08.077

WANG, P. et al. A review of vector-borne rice viruses. **Viruses**, v.14, n.10, p.2258, 2022. DOI:10.3390/v14102258

WEGULO, S. N. et al. Effects of integrating cultivar resistance and fungicide application on Fusarium head blight and deoxynivalenol in winter wheat. **Plant disease**, v.95, n.5, p.554-560, 2011. DOI:10.1094/PDIS-07-10-0495

WEI, S. et al. A transcriptional regulator that boosts grain yields and shortens the growth duration of rice. **Science**, v.377, n.6604, p.eabi8455, 2022. DOI :10.1126/science.abi8455

- VAN NGUYEN, N.; FERRERO, A. Meeting the challenges of global rice production. **Paddy and Water Environment**, v.4, p.1-9, 2006. DOI:10.1007/s10333-005-0031-5
- XU, Y.; CHU, C.; YAO, S. The impact of high-temperature stress on rice: Challenges and solutions. **The Crop Journal**, v.9, n.5, p.963-976, 2021. DOI:10.1016/j.cj.2021.02.011
- YANG, X. et al. The different influences of drought stress at the flowering stage on rice physiological traits, grain yield, and quality. **Scientific reports**, v.9, n.1, p.3742, 2019. DOI:10.1038/s41598-019-40161-0
- YOUNG, D. H.; UEYAMA, I.; KURAHASHI, Y. Fungicides acting on mitosis and cell division. **Modern crop protection compounds**, p.739-748, 2012. DOI:10.1002/9783527644179.ch18
- ZAMPIERI, E. et al. rice responses to water limiting conditions: improving stress management by exploiting genetics and physiological processes. **Agriculture**, v.13, n.2, p.464, 2023. DOI:10.3390/agriculture13020464
- ZHANG, R. et al. (2022). Study on the effect of salt stress on yield and grain quality among different rice varieties. **Frontiers in plant science**, v.13, p.918460, 2022. DOI:10.3389/fpls.2022.918460
- ZHANG, Y. et al. Selection of suitable reference genes for quantitative real-time PCR gene expression analysis in *Salix matsudana* under different abiotic stresses. **Scientific Reports**. v.7, p.40290, 2017. DOI:10.1038/srep40290
- ZHANG, H. F.; ISLAM, T.; LIU, W. D. Integrated pest management programme for cereal blast fungus *Magnaporthe oryzae*. **Journal of Integrative Agriculture**, 21(12), 3420-3433, 2022. DOI:10.1016/j.jia.2022.08.056
- ZHU, J.K. Salt and drought stress signal transduction in plants. **Annual Review of Plant Biology**. v.53, p.247-273, 2002. DOI:10.1146/annurev.arplant.53.091401.143329
- ZHU, R. et al. Cumulative effects of drought–flood abrupt alternation on the photosynthetic characteristics of rice. **Environmental and Experimental Botany**, v.169, p.103901, 2020. DOI:10.1016/j.envexpbot.2019.103901
- ZHU, Y., et al. Genetic diversity and disease control in rice. **Nature**, v.406, n.6797, p.718-722, 2000. DOI:10.1038/35021046
- ZUBROD, J. P. et al. Fungicides: an overlooked pesticide class? **Environmental science & technology**, v.53, n.7, p.3347-3365, 2019. DOI:10.1021/acs.est.8b04392

SEGUNDA PARTE-ARTIGOS

ARTIGO 1–FENOTIPAGEM EM LINHAGENS DE ARROZ DE TERRAS ALTAS PARA TOLERÂNCIA AO DÉFICIT HÍDRICO

Artigo redigido conforme as normas do periódico Environmental and Experimental Botany
(VERSÃO PRELIMINAR)

Resumo

Um dos principais desafios para o cultivo do arroz (*Oryza sativa* L.) no sistema de terras altas é o déficit hídrico. O desenvolvimento de cultivares tolerantes é uma estratégia para a manutenção do arroz em regiões acometidas pela seca. Este trabalho visou analisar linhagens de arroz de terras altas submetidas ao déficit hídrico simulado para seleção de genótipos tolerantes. Foram testadas em laboratório 21 linhagens e 3 testemunhas em controle (água, 0,0Mpa) e déficit hídrico (PEG 6000, -0,9 MPa) em DIC com 4 repetições. As sementes foram dispostas para germinar em papel Germitest® umedecido com as devidas soluções. A germinação foi contabilizada aos 7 e 14 dias após a semeadura (DAS) e imagens registradas aos 3, 5, 7, 9 e 11 DAS. No software Imaje-J medimos o comprimento da raiz (CPR), parte aérea (CPA) e calculamos a razão CRP/CPA. Seis linhagens contrastantes foram avançadas para avaliação em casa de vegetação compondo um fatorial com três condições hídricas em DBC, com 4 repetições. Conforme a capacidade campo (CA) as condições hídricas foram: controle a 100% da CA e déficits hídrico a 60% e 45% da CA. O estresse foi induzido na fase reprodutiva por um período de 15 dias e as plantas foram avaliadas para caracteres agronômicos, fisiológicos e bioquímicos. Todos os dados foram submetidos a análises estatísticas no software R. A simulação do déficit hídrico com PEG 6000 gerou atrasos na germinação, desuniformidade e anormalidades. Conforme as análises de imagem o melhor desempenho ocorreu nas linhagens L02, L08 e L09. A simulação em casa de vegetação mostra dados condizentes com o laboratório, indicando potencial da linhagem L2 para tolerância ao déficit hídrico. A maioria das características agronômicas e todas as fisiológicas foram alteradas nas condições de déficit hídrico. Por outro lado, poucas diferenças foram observadas nas análises bioquímicas. A linhagem L2 apresentou um desempenho superior, por possuir a menor esterilidade. Os resultados revelam a presença de linhagens potenciais para exploração em programas de melhoramento de arroz de terras altas que visam o desenvolvimento de cultivares tolerantes à seca.

Palavras-chave: germinação; *Oryza sativa*; análise de imagem; simulação de seca.

1. Introdução

O arroz (*Oryza sativa* L.) cultivado no sistema de terras altas tem desempenhado um importante papel na cadeia produtiva no Brasil. A demanda de água neste sistema de cultivo pode ser suprida pela água da chuva e/ou irrigação suplementar, por meio do emprego de pivôs (Gairola et al., 2024; Babu et al., 2021). No entanto, em regiões que apresentam irregularidades hídricas, a produtividade de grãos pode ser severamente afetada, principalmente, se a deficiência hídrica ocorrer na fase reprodutiva, ocasionando a esterilização das espiguetas (Salleh et al., 2022). Além disso, a restrição de água neste momento afeta a deposição das moléculas de amido gerando o gessamento dos grãos (Yang et al., 2019). Assim, considerando as consequências negativas do déficit hídrico, é fundamental o desenvolvimento de estratégias que visem mitigar estas perdas, como o desenvolvimento de linhagens tolerantes ao déficit hídrico por meio do melhoramento genético (Cabuslay et al., 2002; Xia et al., 2012).

A fenotipagem de plantas submetidas ao déficit hídrico é uma das principais ferramentas de seleção dos genótipos com perfil de tolerância à seca. Além disso, aspectos fisiológicos, bioquímicos e moleculares também tem fornecido contribuições para o entendimento desta característica complexa (Oladosu et al., 2019). Para proceder estas análises e realizar a seleção dos melhores genótipos é preciso submetê-los à condição de seca. Entretanto, a implementação de experimentos em campo é desafiadora devido aos diversos fatores ambientais dificilmente controláveis, como o período e intensidade do estresse, tornando o processo oneroso e por vezes limitado, sobretudo quando trabalha-se com muitos genótipos (Negin & Moshelion, 2016). O emprego de ferramentas auxiliares que permitem simulações do déficit hídrico em laboratório e casa de vegetação podem otimizar a seleção destes genótipos em termos de tempo e número de materiais destinados para avaliação em campo (Karanjit et al., 2024; Silveira et al., 2024). As simulações do estresse hídrico podem ser conduzidas utilizando reagentes que dificultam a absorção de água ou o cultivo em vasos, com restrição hídrica. Metodologias deste tipo vêm sendo empregadas em diferentes culturas de importância agrônômica, como milho, feijão e soja (Pinho et al., 2024; Abreu et al., 2019; Marques et al., 2019).

O polietilenoglicol 6000 é um reagente que dificulta a absorção de água pelas estruturas da planta e tem sido utilizado para simular o déficit hídrico em laboratório, gerando resultados consistentes que sugerem a possibilidade de seleção prévia a partir destas simulações (Pinho et al., 2024). Além disso, em casa de vegetação as simulações podem ser conduzidas conforme a capacidade de campo, permitindo avaliar as respostas das plantas ao déficit hídrico durante todo o ciclo de desenvolvimento (Nascimento et al., 2021). A partir, destas simulações diferentes

estratégias de fenotipagem podem ser empregadas. Além disso, análises de proteínas associadas a tolerância à seca e expressão de genes podem gerar um direcionamento embasado, para uma triagem previa ao campo, otimizando tempo e recursos para os melhoristas. Assim, o presente trabalho teve como objetivo analisar linhagens de arroz de terras altas submetidas ao déficit hídrico simulado em condições de laboratório e casa de vegetação para seleção de materiais promissores no arroz de terras altas em condições de seca.

2. Material e Métodos

2.1 Material vegetal

Para o desenvolvimento desta pesquisa foram utilizadas sementes de 21 linhagens e três cultivares, oriundas da Embrapa Arroz e Feijão (Anexo 1). As cultivares, Douradão, BRS Esmeralda e BRS Soberana foram consideradas testemunhas, sendo classificadas em tolerante, moderadamente tolerante e sensível à seca, respectivamente, segundo os autores Heinemann et al. (2019) e Guimaraes et al. (2016). Todas as etapas conduzidas para o desenvolvimento do presente trabalho, encontram-se resumidas no Anexo 2.

2.2 Simulação de déficit hídrico com Polietilenoglicol 6000 (PEG 6000)

O experimento foi conduzido no Laboratório Central de Pesquisa em Sementes (LCPS) do Departamento de Agricultura (DAG) da Universidade Federal de Lavras (UFLA). Assim, as sementes foram desinfetadas com solução comercial de hipoclorito (2%) por 3 a 5 minutos e enxaguadas em água destilada. Após a desinfecção das sementes foram montados em laboratório dois experimentos, o primeiro destinado ao teste de germinação e o segundo para fenotipagem de plântulas por análise de imagens.

Ambos os experimentos foram montados em duas condições, controle, utilizando água destilada (0,0 Mpa) e déficit hídrico induzido por PEG 6000 em concentração para -0,9Mpa. Este potencial osmótico foi definido de acordo com os resultados obtidos por Ribeiro, em 2022. O volume da solução foi calculado conforme descrição do potencial osmótico em função da concentração de PEG 6000 proposto por Villela et al. (1991). O delineamento experimental foi o Inteiramente Casualizado (DIC) com quatro repetições de 25 e 30 sementes para o teste de germinação e fenotipagem respectivamente, constituindo um fatorial com 24 linhagens, duas condições hídricas e diferentes dias de avaliação. As sementes foram dispostas em uma folha de papel Germitest® e sobrepostas com mais uma folha, ambas umedecidas com as soluções determinadas para cada condição, em quantidade equivalente a 2,5 vezes o peso seco do papel.

Os rolos foram acondicionados e colocados em germinador do tipo Mangelsdorf em temperatura de 25°C.

As avaliações da germinação foram realizadas ao sétimo e décimo quarto dias após a semeadura, conforme os critérios estabelecidos nas Regras para Análise de Sementes - RAS (BRASIL, 2009). Assim, na primeira contagem da germinação (PCG) foi verificado o número total de sementes germinadas, expressando os resultados em porcentagem de germinação (PG). Na segunda contagem de germinação (SCG) foi feita uma classificação em plântulas normais (apresentam sistema radicular, parte aérea e coleótilo), anormais (partes faltantes) e mortas. Os resultados foram expressos em porcentagem de plântulas normais (PPN).

Para as avaliações de fenotipagem por análise de imagem, as capturas foram realizadas aos 3, 5, 7, 9 e 11 dias após a semeadura (DAS). O sistema de captura utilizado foi montado com uma câmera fotográfica do tipo digital (pixel count: 24,2 MP). Assim, foram retiradas aleatoriamente sub-amostras contendo cinco plântulas de cada tratamento, dispostas na estrutura de captura e fotografadas. Após este procedimento as cinco plântulas utilizadas para registro das imagens foram descartadas, sendo retiradas novas sub-amostras aleatórias de plântulas a cada dia de captura.

As imagens capturadas foram inseridas no software Imaje-J para tratamento e obtenção das medidas das estruturas das plântulas. Assim, foram determinados o comprimento da raiz primária (CRP) e parte aérea (CPA) e a razão do comprimento da raiz pelo comprimento da parte aérea (CR/CPA).

Todos os dados foram tabulados e submetidos às análises estatísticas utilizando modelos lineares generalizados (GLM). As médias dentro de cada fonte de variação foram comparadas utilizando o Tukey a 5% de significância no ambiente R Studio (versão 4.1.1).

2.3 Simulação de déficit hídrico em casa de vegetação

O material vegetal foi selecionado conforme avaliações prévias por análise de imagens em plântulas submetidas ao déficit hídrico simulado com PEG 600 em laboratório. Dessa forma, foram avaliadas quatro linhagens, L2 e L8 consideradas tolerantes e L1 e L6 consideradas sensíveis e duas cultivares testemunhas (Douradão e BRS Soberana).

O experimento foi elaborado em delineamento em blocos casualizados com quatro repetições, em fatorial do tipo 6x3, constituído de seis linhagens avaliadas em três condições, estabelecidas conforme a capacidade de campo (CA): Controle (C1), déficit hídrico a 60% da

CA (C2) e déficit hídrico a 45% da CA (C3), totalizando 72 parcelas constituídas individualmente por um vaso contendo uma planta.

As linhagens foram semeadas em vaso contendo 3000 gramas da mistura de 70% substrato (vermiculita), 30% terra de barranco e 10% areia. A capacidade de campo (CA) foi determinada conforme a metodologia proposta por Almeida et al., (2016). O estresse foi induzido aos 80 dias após a semeadura, momento em que as plantas estavam iniciando o estágio reprodutivo. O estresse foi mantido em 60% e 45% da CA durante 15 dias. Após este período de estresse, as plantas foram reidratadas recebendo água para 100% da CA.

2.3.1 Avaliações de caracteres agronômicos e fisiológicos

As plantas foram avaliadas quanto o número de dias para o florescimento (NDFL), altura (ALT), número de perfilhos (NP) e número de panículas (NPA). Após a colheita foram realizadas avaliações de porcentagem de esterilidade ($EST = \text{número de grãos vazios} / \text{total de grãos} \times 100$), massa fresca aérea (MFA), massa fresca da raiz (MFR), porcentagem de massa seca aérea (PMSA) e porcentagem de massa seca da raiz (PMSR) obtidos por meio de coleta e peso das estruturas frescas em balança de precisão, posteriormente colocada em estufa de ventilação forçada a 66°C por 72 horas, sendo realizada nova pesagem do material, após retirada da estufa.

As avaliações de caracteres fisiológicos foram conduzidas no 15º dia de estresse utilizando o equipamento Analisador de Gás por Infravermelho (IRGA) para mensurar a taxa de assimilação líquida de CO₂ (A), concentração de CO₂ subestomático (C_i), condutância estomática (G_s), transpiração (E) e eficiência do uso da água (A/E).

Todos os dados foram tabulados e submetidos as análises de variâncias e teste de agrupamento de médias Tukey utilizando o pacote *ExpDes.pt* (Ferreira et al., 2014) no software R (versão 4.1.1).

2.3.2 Análise de enzimas e metabolitos

Foram coletadas amostras de folhas das plantas de arroz submetidas as três condições hídricas em casa de vegetação. As coletas ocorreram anterior ao estresse, no perfilhamento (estádio V8), 5 dias após o estresse (estádio R2), no 15º dia de estresse (estádios R3/R4) e 14 dias após a reidratação (estádios R5/R6). Na primeira coleta foi removida amostragem da segunda folha do colmo principal e nas demais coletas, da folha bandeira. As amostras foram

envolvidas em folhas de alumínio, depositadas em nitrogênio líquido e armazenadas em temperatura de -80°C .

As análises foram realizadas utilizando duas repetições do experimento e os quatro momentos de coleta, compondo um fatorial ($6 \times 3 \times 4$) com 6 linhagens, 3 condições hídricas e 4 momentos de coleta. Além disso, cada parcela foi feita em triplicata. Assim, foram maceradas de 20 a 100 mg das folhas em nitrogênio líquido com 5mg de polivinilpolipirrolidona (PVPP) e adição de tampão conforme a molécula extraída. Assim, as enzimas antioxidantes foram extraídas conforme o protocolo descrito por Biemelt; Keetman; Albrecht, (1998). A atividade da superóxido dismutase (SOD) foi determinada de acordo com Giannopolitis e Ries, 1977 que verifica a capacidade de inibição da redução fotoquímica do tetrazolio nitroazul (NBT). A atividade da catalase (CAT), foi mensurada de acordo com Havir & Mchale (1987), realizando leituras no espectrofotômetro conforme o decréscimo dos valores em absorbância de 240nm, a cada 15 segundos, por 3 minutos. Para a atividade da ascorbato peroxidase (APX) foram montadas as placas contendo 9 μL de extrato das folhas e solução tampão aquecido em banho-maria com temperatura de 30°C . A atividade de APX foi verificada em espectrofotômetro, considerando a redução da absorbância do ascorbato ($\epsilon = 2,8 \text{ mM}^{-1} \text{ cm}^{-1}$) a 290 nm a cada 15 segundos durante 3 minutos (Nakano & Asada, 1981).

Para a extração do H_2O_2 e malondialdeído (MDA) após a maceração das folhas o tampão adicionado foi composto de 1,5 mL de ácido tricloroacético a 0,1% (TCA-0,1%). A centrifugação ocorreu a 12000 rpm por 15 minutos, a 4°C e o sobrenadante coletado. Assim, o H_2O_2 foi quantificado a partir de 45 μL do extrato da folha com adição de 45 μL do tampão fosfato de potássio (10mM à pH 7,0) e 90 μL de iodeto de potássio (1M). A leitura ocorreu em espectrofotômetro a 390nm conforme Velikova, Yordanov & Edreva, 2000. No caso do MDA utilizou-se 125 μL do extrato das folhas com 250 μL do meio de reação de ácido tiobarbitúrico 0,5% (TBA) e ácido tricloroacético 10% (TCA). Esta mistura foi aquecida em banho-maria a 95°C por 30 minutos e imediatamente resfriada em gelo. A leitura foi realizada em absorbância de 535nm e a 600nm tendo a concentração do MDA calculada conforme o coeficiente de extinção de $155 \text{ mM}^{-1} \text{ cm}^{-1}$.

Para ajustar a normalidade dos resíduos e proceder análises de variância seguidas do teste de Tukey foram utilizados os pacotes *bestNormalize* (Peterson, 2021) e *ExpDes.pt* (Ferreira et al., 2014), respectivamente, no software R (versão 4.1.1).

3. Resultados

3.1 Germinação de plântulas de arroz de terras altas em diferentes condições hídricas

O resultado da análise de deviance (ANODEV) para 21 linhagens e três cultivares de arroz de terras altas avaliadas em duas condições hídricas (controle a 0,0 Mpa e déficit a -0,9Mpa) revela diferenças significativas na primeira e segunda contagem (Anexo 3). Entretanto, a interação linhagem x condição hídrica foi significativa apenas na primeira contagem, a qual o desdobramento pode ser visualizado na figura 1.

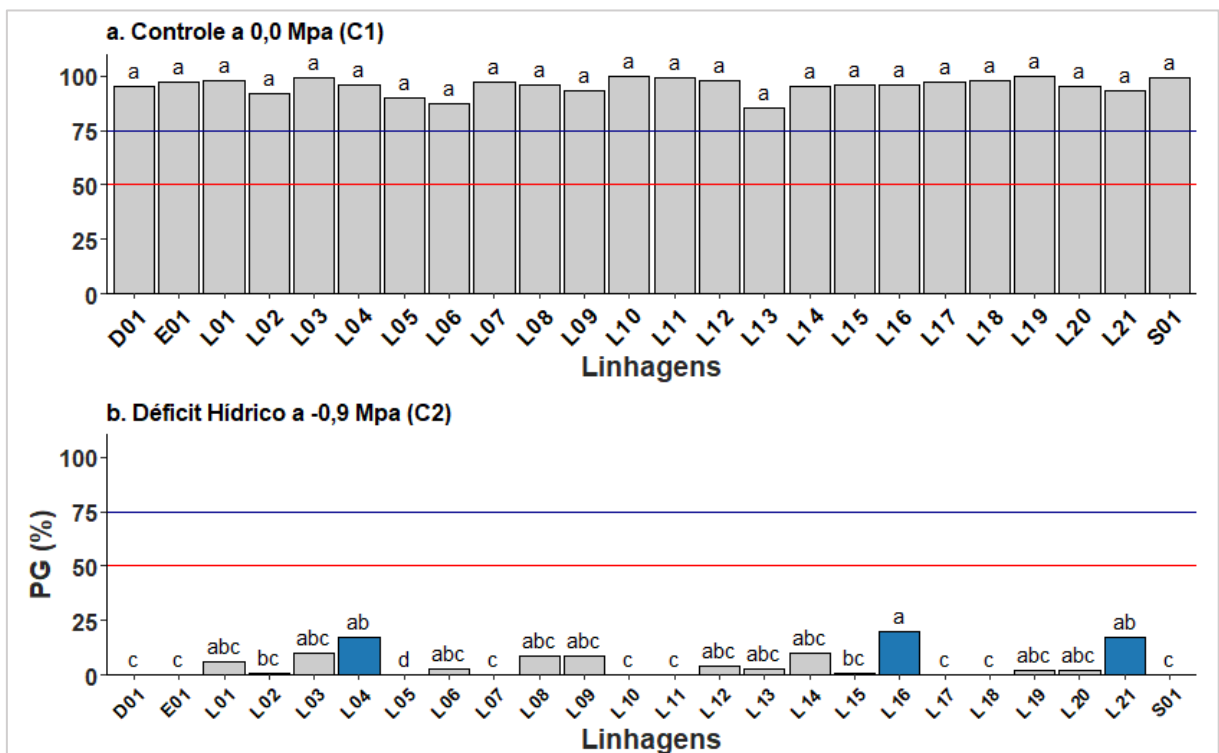


Figura 1: Porcentagem de germinação de acordo com (a) a condição hídrica de controle e (b) de déficit hídrico. Médias seguidas por letras minúsculas distintas nas barras diferem estatisticamente entre si pelo teste de Tukey ao nível de 5% de probabilidade.

3.2. Fenotipagem por análise de imagem para tolerância ao déficit hídrico

O resultado da ANODEV para as 21 linhagens e três cultivares de arroz de terras altas em condição controle (0,0 Mpa) e déficit hídrico (-0,9Mpa) evidencia diferenças significativas para os fatores analisados e interações (Anexo 4). Assim, o desenvolvimento da parte aérea aumenta de forma contínua e linear na condição controle. Por outro lado, em déficit hídrico as médias de CPA mantem-se próximo de zero ao longo dos dias, com germinação nula aos 3, 5 e 7 DAS, iniciando o desenvolvimento apenas aos 9 DAS (Figura 2a). No caso da raiz, em condição controle o desenvolvimento ocorre aos 3 DAS, com aumento expressivo ao longo dos

dias. Entretanto, na condição de déficit hídrico a raiz começa a crescer aos 5 DAS (Figura 2b). A razão CRP/CRA tende a diminuir ao longo dos dias na condição controle. No caso do déficit hídrico esta razão apresenta um aumento aos 11 DAS (Figura 2c).

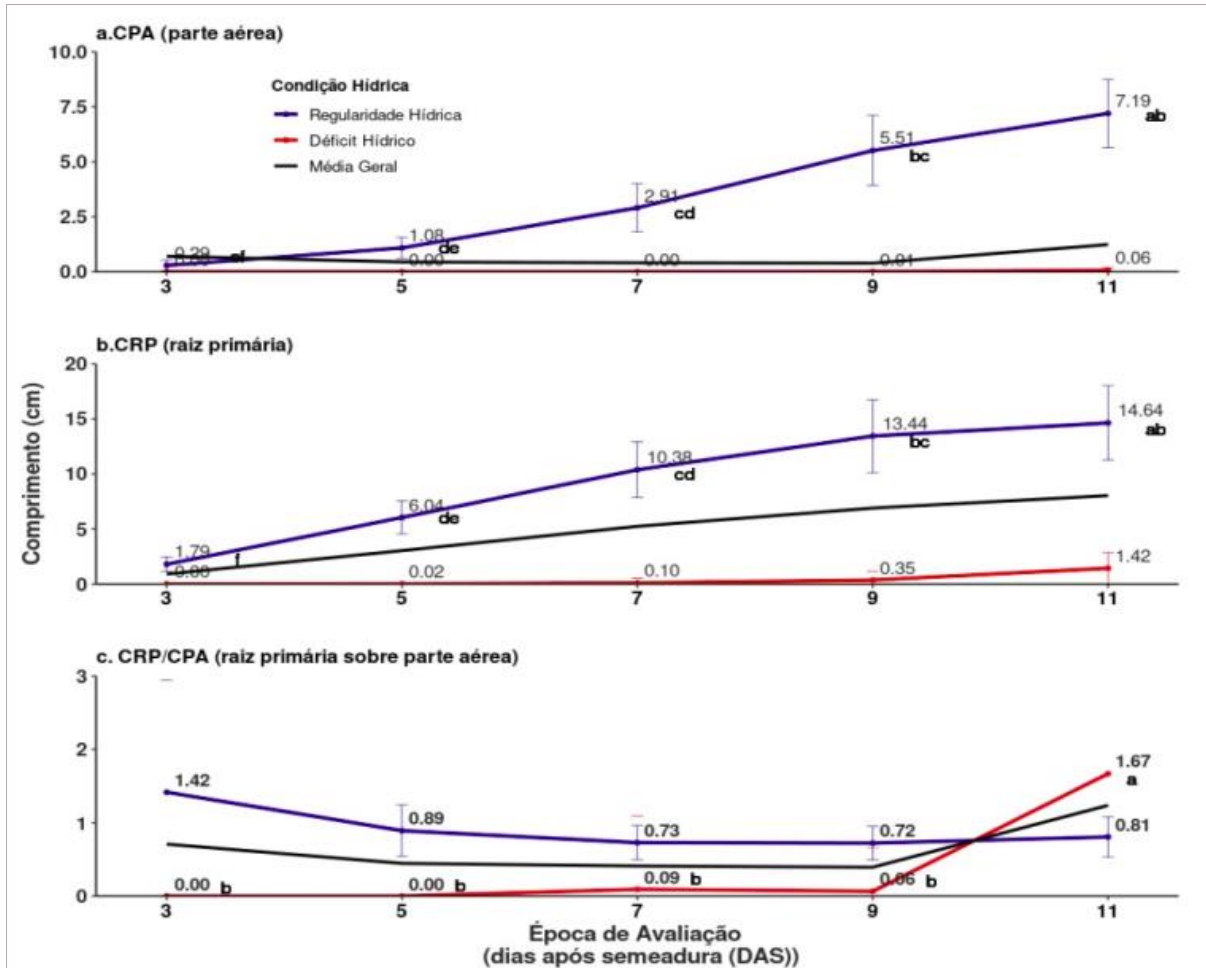


Figura 2: Comparação do comprimento da parte aérea (CPA, cm) (a.), da raiz primária (CRP, cm) (b.) e da razão entre o comprimento da raiz primária e a parte aérea (CRP/CPA) (c.) ao longo dos dias de registro de imagens para avaliação. Médias seguidas por letras minúsculas distintas diferem estatisticamente entre si pelo teste de Tukey ao nível de 5% de probabilidade.

As interações entre linhagem e condições hídricas para CRA foi significativa. Entretanto, não houve diferenças estatísticas entre as linhagens dentro de cada condição.

O desdobramento da interação para o comprimento da raiz primária (CRP), mostra que, na condição de déficit hídrico as linhagens apresentam perfil distinto, sendo os maiores CRP observados em L02, L08 e L09 (Figura 3b).

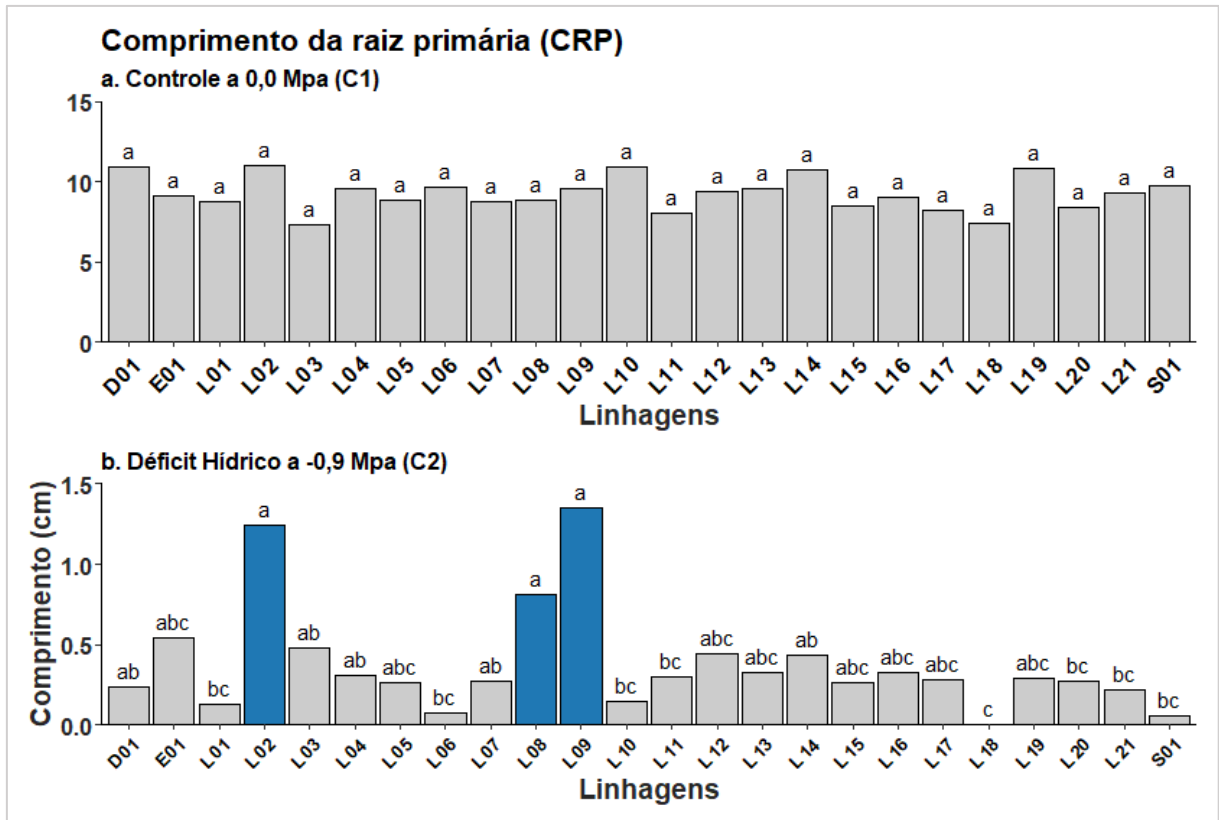


Figura 3: Comparação do comprimento da raiz primária (CRP, cm) de acordo com (a) a condição hídrica de controle e (b) de déficit hídrico. Médias seguidas por letras minúsculas distintas nas barras diferem estatisticamente entre si pelo teste de Tukey ao nível de 5% de probabilidade.

A variável razão CRP/CPA apresentou variação apenas no déficit hídrico, no qual a maior razão foi constatada nos genótipos BRS Esmeralda e L17 (Figura 4b).

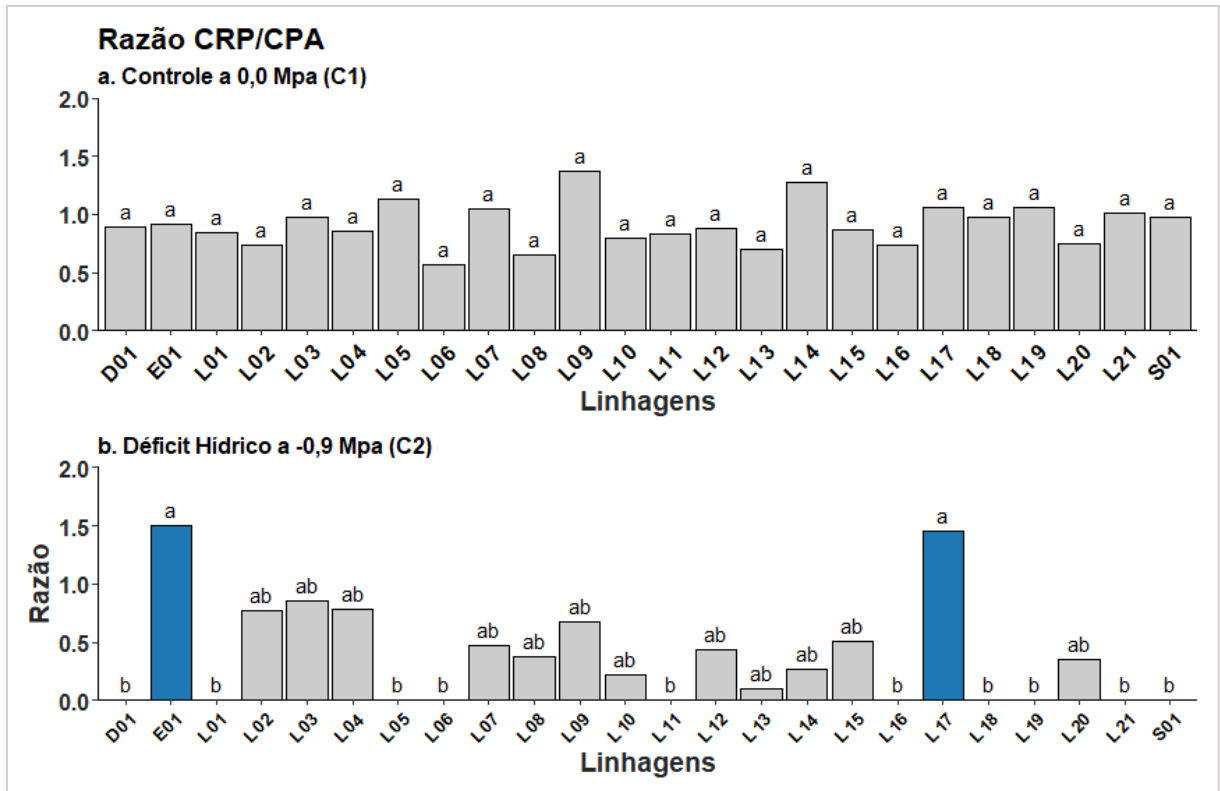


Figura 4: Comparação da razão entre o comprimento da raiz primária e a parte aérea (CRP/CPA, cm) de acordo com (a) a condição hídrica controle (C1) e (b) de déficit hídrico (C2). Médias seguidas por letras minúsculas distintas nas barras diferem estatisticamente entre si pelo teste de Tukey ao nível de 5% de probabilidade.

Diferenças no perfil de tolerância à seca foram identificadas por meio da análise de imagem, principalmente aos 11 DAS. O desenvolvimento de linhagens contrastantes que apresentaram capacidade de tolerância, como L02 e L08 e Douradão e aquelas que se mostraram sensíveis ao déficit hídrico, como a L01 e L06 e BRS Soberana pode ser visualizado na Figura 5.

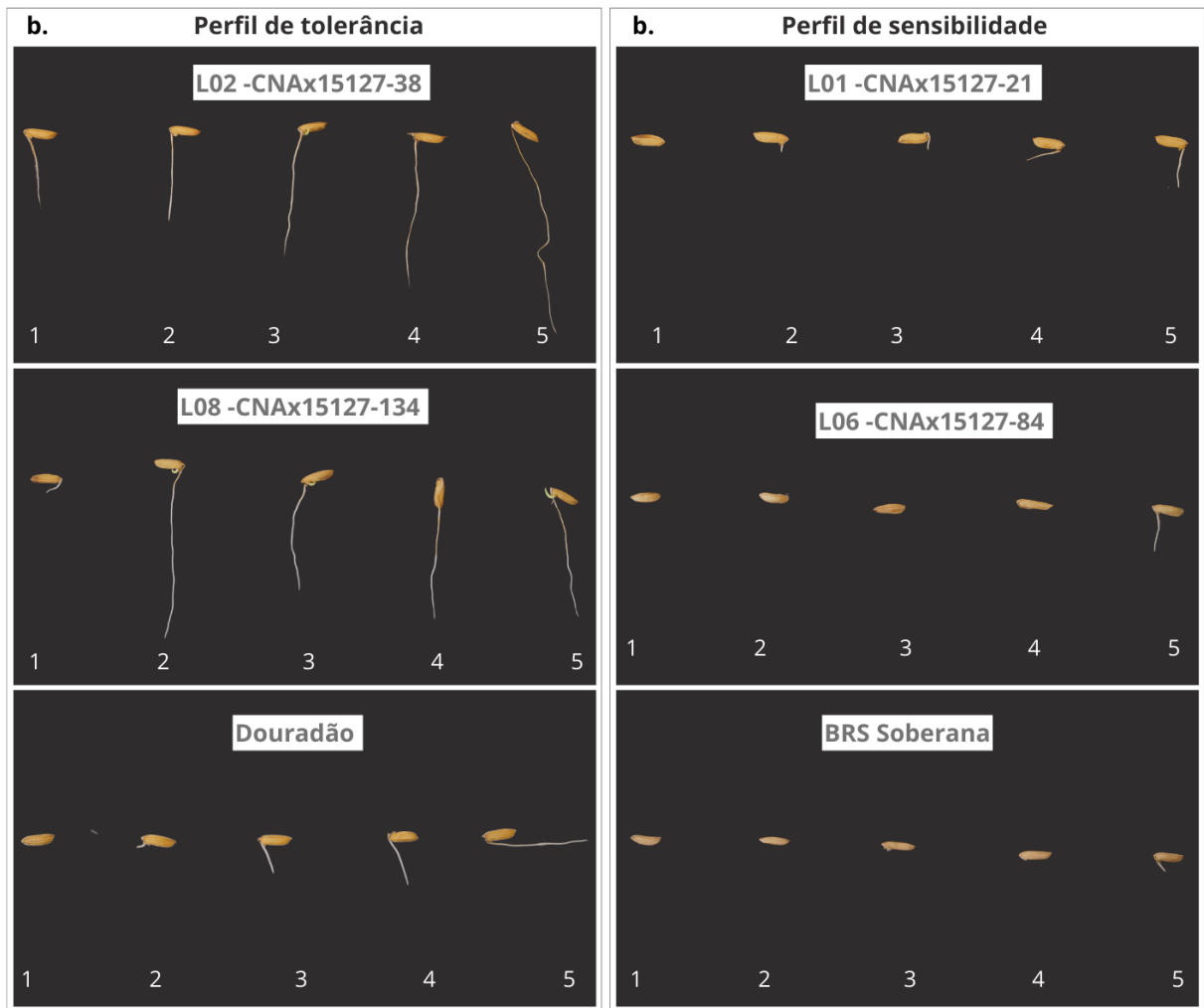


Figura 5. Desempenho de linhagens de arroz de terras altas contrastantes quanto ao desenvolvimento em capturas de imagens aos 11 DAS, em condição de estresse hídrico simulado por PEG 600 a $-0,9\text{Mpa}$. a) Linhagens que apresentaram maior desenvolvimento, com perfil de tolerância ao déficit hídrico comparada ao controle tolerante, Douradão. b) Linhagens que apresentam menor desenvolvimento, com perfil de sensibilidade ao déficit hídrico comparada ao controle sensível BDS Soberana.

3.3 Avaliação de linhagens submetidas ao déficit hídrico em casa de vegetação

O resumo da análise de variância para as características agrônômicas avaliadas no experimento em casa de vegetação encontra-se no Anexo 5. Para o fator linhagem observa-se diferenças significativas a 10% de probabilidade em todas as variáveis agrônômicas, exceto PMSA e PMSR. No caso do fator condições hídricas apenas NPA e PMSR não apresentam diferenças significativas. Já a interação foi significativa para as variáveis ALT, NP, NPA e EST. Os caracteres fisiológicos avaliados no presente trabalho apresentam os resultados da ANOVA

disposto no anexo 6. Apenas as condições hídricas são significativamente distintas em todas as variáveis fisiológicas. As interações apresentam significância para A, Ci e A/E.

Os efeitos principais do fator linhagem nas variáveis que não apresentaram interações significativas mostra-se distintos pelo teste de Tukey para as variáveis NDFL, MFA, MFR (Figura 6).

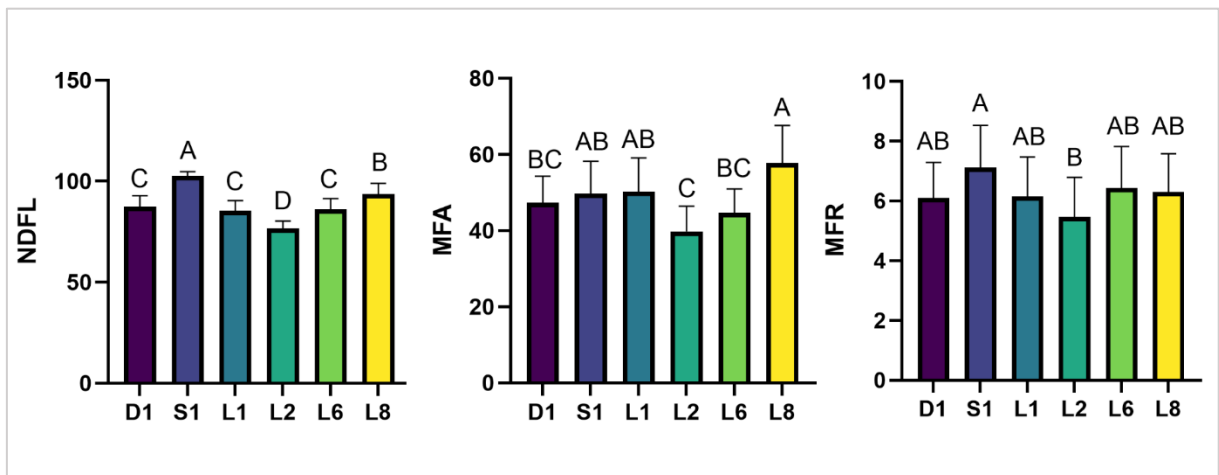


Figura 6: Teste de médias dos efeitos principais para o fator linhagem, constatado nas características número de dias para o florescimento (NDFL), massa fresca da raiz (MFR), massa fresca aérea (MFA). As médias seguidas pela mesma letra na barra não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Tukey a 10% de probabilidade.

A cultivar BRS Soberana (S01) mostrou-se a mais tardia entre todas as linhagens avaliadas, com uma média de 102 dias, seguida da linhagem L08 que apresentou média de 93 dias, sendo a L02 a mais precoce, com ciclo médio de 76 dias. Em relação à altura a BRS Soberana apresentou a menor média (80,5 cm), sendo as mais altas a L02 e L08. Para MFA a maior média foi observada na L08 que é estatisticamente semelhante ao controle sensível BRS Soberana e L01. Por outro lado, a L02 apresentou a menor média e semelhança estatística com o controle tolerante Douradão. A massa fresca da raiz (MFR) foi superior na BRS Soberana e inferior na L02.

Considerando os efeitos principais para o fator condições hídricas, nas variáveis que não apresentaram interação significativa observa-se conforme o teste de Tukey que o NDFL foi maior em ambas as condições com estresse (C2 e C3). Além disso, o porte da planta também é reduzido nestas condições. A MFA foi distinta entre as condições C1 e C3, sendo observado o mesmo resultado para PMSA, de modo que em C1 são observadas maiores médias e em C3 uma redução. No caso da MFR a condição controle (C1) distinguiu-se de ambas as condições

com estresse (C2 e C3) apresentado média inferior. Assim, constata-se um aumento da MFR em condições hídricas a 60 e 45 % da CA. Para os caracteres fisiológicos ocorre uma redução de E e Gs em ambas as condições com estresse diferindo da condição controle e apresentando médias expressivamente inferiores.

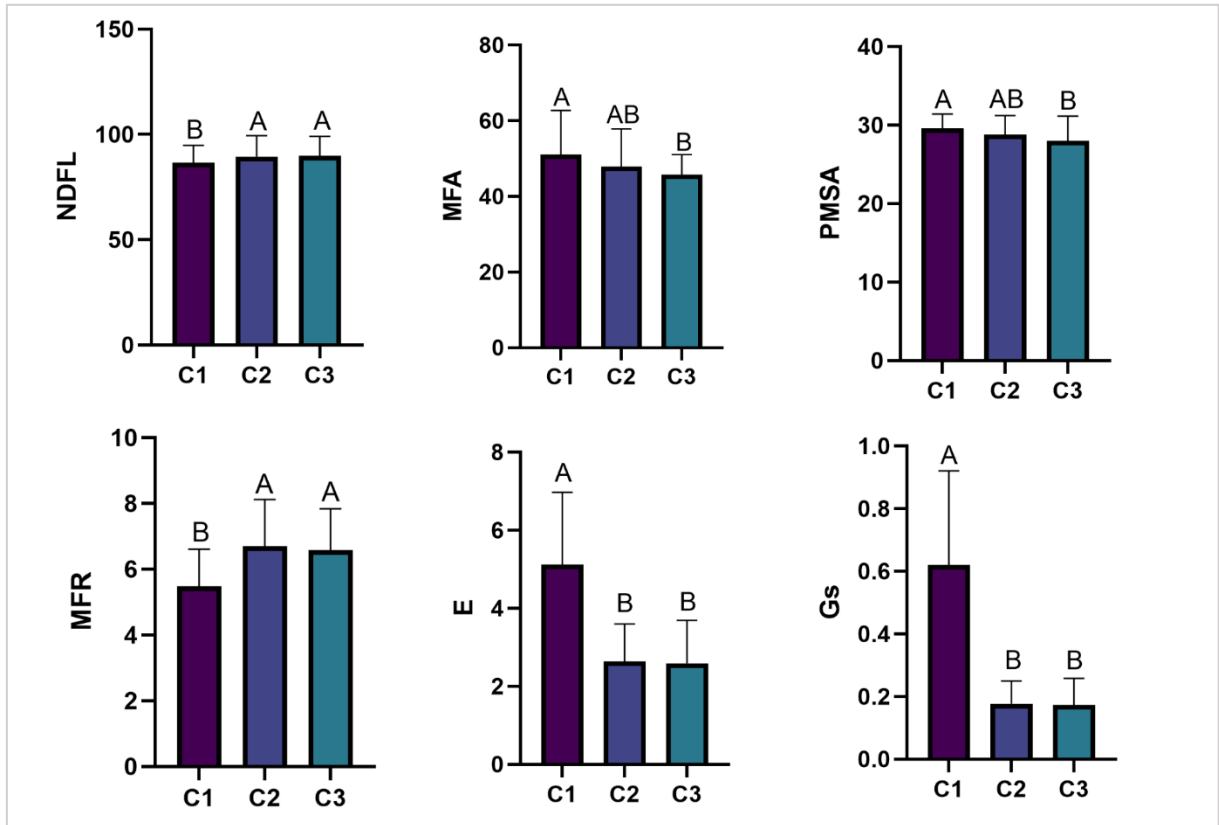


Figura 7: Agrupamento de médias dos efeitos principais para o fator condições hídricas constatado nas características número de dias para o florescimento (NDFL), massa fresca da raiz (MFR), massa fresca aérea (MFA) e porcentagem de massa seca aérea (PMSA), transpiração (E) e condutância estomática (Gs). As médias seguidas pela mesma letra na barra não diferem estatisticamente entre si pelo teste de Tukey a 10% de probabilidade.

O desdobramento da interação para as variáveis agrônômicas ALT, NP, NPA e EST permitiu verificar que a altura das linhagens apresentou maior variação na condição C1 e C2. Assim, em C1 as linhagens L02 e L08 foram estatisticamente semelhantes com as maiores médias de altura, a Soberana apresentou o menor porte diferindo de todas. Em C2 a linhagem L02 difere apenas de L06 e S01. No caso da condição C3 todas as linhagens, exceto Soberana (menor média) foram estatisticamente iguais (Tabela 1).

O número de perfílos (NP) na C1 apresentou semelhança entre S01, L01 e L06, que tiveram as maiores médias. No caso da C2 apenas S01 diferiu, com a maior média e na condição

C3 houve uma maior variação. Assim, a S01 e L02 apresentam maior número de perfilhos, diferentemente de D01. O número de panículas (NPA) variou apenas nas condições C1 e C3, sendo maior em S01 e L02.

Para esterilidade é possível observar uma variação entre as linhagens na condição controle e na C2. Com estresse a 60% da CA a menor esterilidade foi observada em L02, que apresenta semelhança estatística com Douradão e L06, diferindo de todas as demais. Por outro lado, com estresse a 45% da CA todas as linhagens avaliadas apresentaram medias semelhantes de esterilidade, conforme o teste de Tukey.

Tabela 1: Desdobramento da interação linhagens x condições hídricas para as características agrônômicas: altura (ALT), número de perfilhos (NP), número de panículas (NPA) e esterilidade (EST) em condições controle (C1), déficit hídrico a 60% da CA (C2) e déficit hídrico a 45% da CA (C3).

Linhagem	ALT			NP			NPA			EST (%)		
	C1	C2	C3	C1	C2	C3	C1	C2	C3	C1	C2	C3
D01	98.25 ^B	93.00 ^{AB}	83.75 ^A	5.25 ^B	5.5 ^B	5.75 ^C	4.75 ^C	5.25 ^A	4.5 ^B	27.96 ^B	52.83 ^{AB}	58.07 ^A
S01	80.50 ^C	68.75 ^C	67.25 ^B	8.25 ^A	9.25 ^A	9.25 ^A	8.00 ^A	6.75 ^A	8.00 ^A	44.73 ^A	70.96 ^A	65.62 ^A
L01	96.50 ^B	96.25 ^{AB}	92.00 ^A	7.75 ^A	6.25 ^B	6.25 ^{BC}	6.00 ^{BC}	5.75 ^A	5.25 ^B	46.52 ^A	65.26 ^A	67.66 ^A
L02	107.50 ^{AB}	103.75 ^A	91.25 ^A	5.00 ^B	6.25 ^B	8.25 ^{AB}	5.00 ^C	6.00 ^A	6.25 ^{AB}	21.60 ^B	37.03 ^B	52.78 ^A
L06	101.50 ^B	91.75 ^B	93.25 ^A	6.75 ^{AB}	6.5 ^B	7.00 ^{BC}	7.00 ^{AB}	5.25 ^A	6.00 ^B	29.68 ^{AB}	47.57 ^{AB}	64.56 ^A
L08	114.50 ^A	100.00 ^{AB}	92.5 ^A	5.00 ^B	6.00 ^B	6.25 ^{BC}	4.75 ^C	5.25 ^A	4.75 ^B	24.23 ^B	59.73 ^A	68.64 ^A
Médias	99.79	92.25	86.67	6.33	6.62	7.12	5.92	5.71	5.79	32.45	55.56	62.89

Médias que compartilham a mesma letra na coluna não diferem estatisticamente pelo teste de Tukey à 10% de probabilidade.

O desdobramento das interações para as características fisiológicas A, C_i e A/E, mostra que na condição controle (C1) existe uma variação entre as linhagens para a assimilação de CO_2 que foi maior nas linhagens L1, L2 e L6. Em C2, a maior taxa é observada em L8 que difere apenas de L1, que neste caso apresentou a menor média de assimilação. Com estresse a 45% da CA (C3) a linhagem L01, mantém-se com a menor média, diferindo apenas de S01, que apresentou a maior média de assimilação nesta condição. Já a concentração de CO_2 subestomático (C_i) apresentou variação apenas em condição controle. A eficiência do uso da água (A/E) foi variável entre as linhagens apenas em C1 e C2. Assim, em C2 a maior A/E foi observada na linhagem L8, que difere estatisticamente apenas de S01, L01 e L6 (Tabela 2).

Tabela 2: Desdobramento da interação linhagens x condições hídricas para as características fisiológicas: assimilação líquida de CO₂ (A), concentração de CO₂ subestomático (Ci) e eficiência do uso da água (A/E), em condições de regularidade hídrica (C1), déficit hídrico a 60% da CA (C2) e déficit hídrico a 45% da CA (C3).

Linhagem	A			Ci			A/E		
	C1	C2	C3	C1	C2	C3	C1	C2	C3
D01	20.75 ^{AB}	1.73 ^{AB}	1.45 ^{AB}	284.34 ^{ABC}	358.65 ^A	365.85 ^A	4.63 ^{AB}	1.07 ^{AB}	0.88 ^A
S01	16.31 ^B	1.65 ^{AB}	2.38 ^A	324.78 ^A	373.25 ^A	367.36 ^A	3.01 ^B	0.57 ^B	0.66 ^A
L1	25.33 ^A	1.01 ^B	1.39 ^B	276.24 ^{BC}	380.42 ^A	373.07 ^A	6.11 ^A	0.33 ^B	0.39 ^A
L2	25.93 ^A	1.56 ^{AB}	1.39 ^{AB}	253.92 ^C	369.91 ^A	375.04 ^A	6.81 ^A	0.71 ^{AB}	0.70 ^A
L6	31.69 ^A	1.86 ^{AB}	2.20 ^{AB}	295.60 ^{AB}	372.82 ^A	368.66 ^A	4.93 ^{AB}	0.66 ^B	0.77 ^A
L8	20.17 ^{AB}	2.86 ^A	1.22 ^{AB}	286.01 ^{ABC}	342.49 ^A	376.08 ^A	4.59 ^{AB}	1.58 ^A	0.49 ^A
Médias	1.37	0.43	0.40	286.81	366.26	371.01	0.76	0.24	0.21

Médias que compartilham a mesma letra na coluna não diferem estatisticamente pelo teste de Tukey à 10% de probabilidade.

3.4 Avaliação de enzimas e metabolitos em linhagens submetidas ao déficit hídrico

O resumo da análise de variância para a quantificação de APX, CAT, SOD, MDA e H₂O₂ em linhagens de arroz de terras altas submetidas a diferentes condições hídricas em casa de vegetação encontra-se no Anexo 7. Diferenças significativas ocorrem apenas para o fator coleta em todas as enzimas e metabolitos quantificados. A interação linhagens x coletas e condições hídricas x coletas foi significativa na quantificação de MDA.

As médias dos efeitos principais para o fator coletas podem ser visualizadas na tabela 3. As enzimas APX e CAT apresentam uma redução na coleta B. Por outro lado, para a SOD, a menor quantificação ocorreu na coleta A. Já o MDA foi superior na coleta B e D e o H₂O₂ apresenta aumento no auge do estresse (coleta C).

Tabela 03: Comparação de médias dos efeitos principais para o fator coleta, constatado nas enzimas e metabolitos APX, CAT, SOD, MDA e H₂O₂.

Variáveis	Coletas			
	Coleta A	Coleta B	Coleta C	Coleta D
APX (nmol ASA g ⁻¹ MF min ⁻¹)	87.075 ^A	71.297 ^B	84.357 ^A	87.866 ^A
CAT (min ⁻¹ g ⁻¹ MF)	95.858 ^A	86.704 ^B	95.136 ^A	95.169 ^A
SOD (min ⁻¹ g ⁻¹ MF)	10.867 ^C	34.942 ^A	24.056 ^B	31.051 ^{AB}
MDA (g ⁻¹ MF)	0.765 ^B	1.997 ^A	0.639 ^B	1.183 ^{AB}
H ₂ O ₂ (mg ⁻¹ MF)	0.665 ^B	0.774 ^B	1.003 ^A	0.873 ^{AB}

Médias que compartilham a mesma letra na linha não diferem estatisticamente pelo teste de Tukey à 10% de probabilidade.

O desdobramento da interação linhagem x coletas para o malondialdeído (MDA) indica variação apenas nas coletas realizadas durante o estresse aos 5 (Coleta B) e 15 (Coleta C) dias. Na coleta B, a linhagem L08 apresentou o maior teor de MDA e os menores teores foram observados em L1 e L6. Na coleta C a linhagem L02 apresentou a maior média e a menor quantidade foi contatada em L1 (Tabela 4).

Tabela 4: Desdobramento da interação linhagens x coleta para a quantificação do malondialdeído (MDA) em folhas de arroz coletadas no perfilhamento (Coleta A), 5 dias após o estresse (Coleta B), 15º dia de estresse (Coleta C) e 14 dias após a reidratação (Coleta D).

Linhagens	MDA			
	Coleta A	Coleta B	Coleta C	Coleta D
D01	-0,048 ^A	-0,186 ^{AB}	0,325 ^{AB}	-0,119 ^A
S01	-0,649 ^A	-0,164 ^{AB}	0,171 ^{AB}	-0,296 ^A
L01	-0,119 ^A	-0,969 ^B	-0,307 ^B	0,437 ^A
L02	-0,573 ^A	-0,125 ^{AB}	1,351 ^A	0,177 ^A
L06	-0,190 ^A	-0,904 ^B	0,124 ^{AB}	0,265 ^A
L08	-0,524 ^A	0,959 ^A	0,682 ^{AB}	0,686 ^A
Média	-0,351	-0,231	0,390	0,254

Médias que compartilham a mesma letra na coluna não diferem estatisticamente pelo teste de Tukey à 10% de probabilidade

A comparação de médias pelo teste Tukey para o desdobramento da interação condição hídrica x coleta revela variações do teor de MDA em relação a condição hídrica apenas nas coletas realizadas aos 5 (Coleta B) e 15(Coleta C) dias após o estresse. Assim, observa-se que na coleta B, as plantas em condição controle e 60% da CA apresentam maiores teores de MDA. Por outro lado, na coleta C, as plantas em condição de estresse a 45% da CA apresentam maior teor desta molécula.

Tabela 5: Desdobramento da interação condição hídrica x coleta para a quantificação do malondialdeído (MDA) em linhagens submetidas a condição de regularidade hídrica (C1), e déficits hídrico a 60 (C2) e 45% (C3) da CA, com material coletado no perfilhamento (Coleta A), 5 dias após o estresse (Coleta B), 15º dia de estresse (Coleta C) e 14 dias após a reidratação (Coleta D).

Condições hídricas	MDA			
	Coleta A	Coleta B	Coleta C	Coleta D
C1	-0,403 ^A	0,060 ^A	-0,026 ^B	0,213 ^A
C2	-0,326 ^A	0,018 ^A	0,498 ^{AB}	0,396 ^A
C3	-0,323 ^A	-0,774 ^B	0,701 ^A	-0,035 ^A
Média	-0,351	-0,232	0,391	0,191

Médias que compartilham a mesma letra na coluna não diferem estatisticamente pelo teste de Tukey à 10% de probabilidade

4. Discussão

O arroz é uma espécie muito sensível ao déficit hídrico nas fases de germinação e estabelecimento de plântulas (Panda et al., 2021). Assim, as sementes submetidas a condição de restrição hídrica podem ter o processo de germinação severamente comprometido (Majid et al., 2020). De acordo com as simulações em laboratório, conduzidas no presente trabalho observa-se na condição de déficit hídrico simulado por PEG 6000 a -0,9 Mpa atraso ou inibição da germinação porque o PEG 6000 é um polímero solúvel, impenetrável nas células que gera a redução do potencial osmótico no meio e conseqüentemente a diminuição do potencial hídrico. Assim, a solução de PEG torna o potencial hídrico do meio mais negativo que o interior da semente, criando um gradiente que dificulta a absorção da água (Mahpara et al., 2022). A diferença entre o potencial hídrico da semente e ambiente externo faz com que ocorra o processo de embebição. Dessa forma, em condições de potencial hídrico reduzido o tempo de ajuste do potencial osmótico interno da semente é prolongado o que dificulta o estabelecimento do estande. Além disso, um potencial osmótico do meio muito negativo pode inibir totalmente a germinação das sementes e comprometer a atividade de enzimas que atuam neste processo (Queiroz et al., 2019; Billah et al., 2021).

A inibição total e reduções de 40 a 98% da germinação visualizadas nas linhagens de arroz testadas são condizentes com respostas que ocorrem em campo, na condição de seca. Além disso, estudos que conduziram simulação do déficit hídrico com PEG, em outras espécies,

tem obtido resultados satisfatórios que contribuem para a seleção em programas de melhoramento genético (Pinho et al., 2024; Sousa et al., 2023).

Os mecanismos de germinação da semente são influenciados por fatores ambientais e genéticos, de modo que existe uma variabilidade na capacidade de adaptação dos genótipos para a realização do processo de embebição e mecanismos bioquímicos, em condição de potencial osmótico reduzido no meio. De modo geral, a eficiência metabólica pode assegurar vantagens em condições de seca. Assim, as diferenças na quantidade de amido e outros nutrientes armazenados e a capacidade do genótipo de utilizar estas reservas de forma mais eficaz também podem influenciar na emergência e estabelecimento (Queiroz et al., 2019). Assim, os genótipos que apresentam a capacidade de realizar estas reações em condição limitada de água pode ser indicativo de tolerância à seca, com possibilidade de estabelecer estande em ambiente adverso (Oguz et al., 2022; Bapela et al., 2022).

O sistema de captura de imagens e obtenção de medidas utilizados no presente trabalho permitiu verificar as diferenças entre linhagens de arroz de terras altas para tolerância ao déficit hídrico, com base nos desenvolvimentos das principais estruturas das plântulas (raiz e parte aérea). A captura realizada em cinco dias distintos fornece inferências em relação a otimização de tempo da fenotipagem por análise de imagem. O sistema da RAS Brasil (2009) para o arroz recomenda que as avaliações de germinação e desenvolvimento de plântulas sejam conduzidas aos 7 e 14 dias após a semeadura. Entretanto, visando a otimização da seleção, a redução do número de dias para avaliação, também é uma estratégia interessante para a cultura do arroz. Assim, verifica-se que na condição de déficit hídrico a -0,9 Mpa os registros feitos aos 11 DAS fornece melhor visualização do desenvolvimento das plântulas. Proceder a seleção das linhagens em avaliações anteriores aos 11 DAS pode comprometer a assertividade, considerando o comum atraso na germinação e maior tempo requerido para os ajustes osmóticos que determina o processo de embebição. Além disso, este atraso pode ser uma estratégia de fuga para a sobrevivência de determinados genótipos (Rahim et al., 2020).

A capacidade de tolerância à seca tem implicações no desenvolvimento do sistema radicular, de modo que raízes mais espessas e profundas são capazes de otimizar a absorção da água disponível no solo e manter a hidratação dos tecidos por meio de ajustes osmóticos (Panda et al., 2021). Além disso, a razão raiz/parte aérea permite inferir sobre a alocação de biomassa entre as raízes e a parte aérea da planta e conseqüentemente a eficiência na captação de água. Uma razão raiz/parte aérea maior indica que o genótipo investe mais no desenvolvimento de raiz, o que pode sugerir melhor adaptação ao estresse por seca (Kou et al., 2022). Assim, a

fenotipagem que permite mensurar este sistema radicular e parte aérea de forma rápida e assertiva contribui na seleção de genótipos potenciais para tolerância ao déficit hídrico. Neste estudo, de modo geral, ao se comparar as duas condições hídricas avaliadas em laboratório, há uma redução de todo o desenvolvimento da plântula, incluindo o sistema radicular, na condição de estresse. Entretanto, é possível visualizar variabilidade entre as linhagens, permitindo a seleção daquelas que possuem melhor desenvolvimento na condição de estresse.

As linhagens L02, L08 e L09 apresentaram a raiz principal mais desenvolvida em déficit hídrico, sugerindo eficiência na captação de água. Portanto, estas linhagens são consideradas potenciais para avanço em triagens e seleção para tolerância à seca. Diferentemente destas linhagens, a L01, L06 e L18 apresentaram as menores medidas de raiz de forma semelhante ao controle sensível, BRS Soberana. Isto sugere que estas linhagens podem apresentar uma maior sensibilidade e dificuldade de desenvolvimento em ambientes de escassez hídrica. Estes resultados representam um importante avanço na triagem de materiais para a seleção de linhagens tolerantes, considerando que a fenotipagem para tolerância ao déficit hídrico em campo se torna complexa e onerosa devido a heterogeneidade ambiental, que dificulta o controle das condições do ambiente e nível de estresse (Hein et al., 2021). Além disso, o tempo e custo requerido para estas avaliações são maiores e as simulações em laboratório podem ser conduzidas de forma mais rápida e independente da época ao longo dos anos. Adicionalmente, para avaliar os impactos do déficit hídrico na fase reprodutiva, que é crucial para o enchimento de grãos em arroz, as simulações em casa de vegetação constituem uma segunda etapa na triagem. As linhagens mais contrastantes conforme a fenotipagem por análise de imagens foram avançadas para avaliações em casa de vegetação, o que permitiu verificar os efeitos da restrição hídrica ocorrente na fase reprodutiva da planta, bem como, comparar estes dados com os obtidos em laboratório, tornando a caracterização mais robusta.

Uma das principais variáveis a ser considerada é a porcentagem de esterilidade (EST), porque esta é a consequência mais grave da seca quando ocorre na fase reprodutiva. A linhagem L02 que foi caracterizada na simulação em laboratório com um bom desempenho no desenvolvimento de plântulas apresentou a menor porcentagem de esterilidade. As diferenças observadas entre as condições hídricas revelam que o estresse a 60% da CA, já desencadeia resposta distinta em relação ao controle, gerando consequências como aumento no NDFL, EST, MFR, redução de ALT e alterações em todas as características fisiológicas. As reduções na massa aérea e altura das plantas em condição de seca ocorre devido o potencial hídrico reduzido que compromete o fluxo entre as células do xilema e afeta o desenvolvimento celular,

diminuindo a parte aérea a área foliar. Além disso, o aumento do ácido abscísico reduz a divisão e expansão celular nos tecidos da parte aérea e direciona os assimilados a raiz. Dessa forma, normalmente quando ocorre a falta de água no solo o arroz pausa ou desacelera o crescimento (Zhu et al., 2020; Upadhyaya & Panda, 2019). Por outro lado, o aumento na massa fresca da raiz em condições de estresse, ocorre porque a maior concentração de ácido abscísico sinaliza a ativação de genes que atuam no desenvolvimento do sistema radicular, o que leva a expansão da raiz, a fim de otimizar a captação da água no solo. Esta constitui uma das principais respostas à seca nas plantas e os genótipos de arroz que apresentam um sistema radicular robusto e profundo possuem melhor tolerância à seca (Mishra et al., 2019, Tiwari et al., 2021). Assim no arroz a morfologia das raízes são cruciais para o crescimento e desenvolvimento da planta, bem como a produtividade em ambientes que apresentam irregularidades hídrica (Tiwari et al., 2021), por esse motivo a seleção em laboratório foi conduzida considerando principalmente o desenvolvimento da raiz.

Além da baixa esterilidade, o ciclo mais precoce contatado na L2 é importante para a fuga dos períodos de veranico (Zampieri, et al., 2023). A 45% da CA a esterilidade de L02 aumenta, assemelhando-se as demais linhagens avaliadas. Assim, podemos afirmar que esta linhagem é responsiva ao nível do estresse. A linhagem L08, que apresentou um bom potencial de germinação e desenvolvimento de plântulas nas simulações de laboratório, quando avaliada em estresse induzido na fase reprodutiva apresenta porcentagem de esterilidade semelhante ao controle sensível.

A elevada sensibilidade do arroz ao déficit hídrico ocorre principalmente devido à natureza da espécie que é considerada semiaquática (Ouyang et al., 2021). Assim, mesmo linhagens já conhecidas como tolerantes, como o caso do controle Douradão em condições mais severas de seca terão sua produtividade comprometida, com aumentos na porcentagem de esterilidade dos grãos. A 60% da CA foi possível distinguir o desempenho produtivo destas linhagens, mas o aumento do estresse faz com que todas as linhagens tenham a produtividade comprometida.

No caso da linhagem L01, os dados também condizem com a seleção conduzida com base na simulação em laboratório. Assim, esta linhagem não deve ser recomendada para avaliações em campo visando a tolerância ao déficit hídrico. Adicionalmente, a linhagem L06 apesar de apresentar um desempenho inferior no estabelecimento e desenvolvimento de plântulas, conforme os dados de simulação com PEG 6000, as avaliações em casa de vegetação indicaram médias de esterilidade intermediárias. Isso indica que a depender da fase que o

estresse ocorre, esta linhagem pode ter uma boa produtividade de grãos, entretanto a obtenção de cultivares que apresenta estratégias de tolerância nos diferentes estágios do ciclo, podem ser mais interessante para os programas de melhoramento, considerado que os estágios de germinação e desenvolvimento de plântulas são determinantes para o estabelecimento de estande inicial, evitando perdas de produtividade final, sobretudo nos atuais cenários de mudanças climáticas que podem ocasionar restrições hídricas em diferentes fases durante o ciclo das plantas de arroz (Oladosu et al., 2019; Mishra et al., 2019).

Os caracteres fisiológicos também são determinantes na avaliação dos efeitos do déficit hídrico em plantas e as trocas gasosas permitem inferir sobre estes impactos no mecanismo fotossintético (Silva et al., 2013). O fechamento estomático é uma das primeiras respostas das plantas ao déficit hídrico e as alterações na taxa fotossintética líquida (A), condutância estomática (G_s), concentração de CO_2 subestomático (C_i), transpiração (E) e eficiência do uso da água (A/E) são influenciadas pelo genótipo e severidade do estresse (Lavergne et al., 2020). Assim, em determinados níveis de estresse o fechamento e abertura dos estômatos pode ser controlado pelo potencial hídrico das folhas, sem reduções expressivas dos fatores relacionados a fotossíntese. Já no caso do estresse mais prolongado é comum ocorrer uma diminuição da A , G_s e E . No entanto, o C_i , apresenta uma tendência diferente, aumentando em condição de seca prolongada, porque os danos no aparato fotossintético impedem a fixação do CO_2 , gerando um acúmulo interno deste CO_2 (Wu et al., 2022). Dessa forma, podemos afirmar que no arroz, o estresse a 60 e 45% da CA são capazes de gerar danos ao aparato fotossintético, porque observa-se redução expressiva de A , G_s e E e aumento C_i . O comportamento das linhagens em relação a A , conforme o desdobramento da interação revela que curiosamente as linhagens caracterizadas como sensíveis em laboratório e a testemunha BRS Soberana apresentam um pequeno aumento na taxa fotossintética líquida, da condição de 60 para 45% da CA, enquanto aquelas com perfil de tolerância apresentam redução proporcional ao aumento do estresse.

A eficiência do uso da água (A/E) representa a biomassa que a planta produz por unidade de água perdida. Em determinadas condições de seca a A/E pode apresentar um aumento porque a planta reduz a transpiração, mas mantém a fotossíntese em níveis superiores a transpiração. Entretanto, em caso de seca mais prolongada e severa o comprometimento da fotossíntese gera a queda da A/E e isso tem implicação direta no crescimento e produtividade da planta (Kaur et al., 2021). O estresse a 60% da CA permitiu visualizar distinção em relação a A/E nas linhagens de arroz de terras altas, de modo que os maiores valores são observados nas linhagens que se destacaram na avaliação em laboratório com potencial de tolerância (D01, L02 e L08).

Entretanto, em L08 a expressiva redução da A/E na condição de estresse a 45% da CA indica ser uma linhagem altamente responsiva ao nível do estresse.

Conforme as observações de esterilidade e eficiência do uso da água, o déficit hídrico a 45% da CA mostra-se como uma severidade na qual linhagens caracterizadas como tolerantes e sensíveis apresentam o mesmo comportamento. Assim, na condição de estresse a 60% da CA, maiores variações são observadas entre as linhagens, favorecendo uma seleção. No entanto, outros fatores também podem ser considerados para entender o comportamento destas linhagens ao nível do estresse, como análises bioquímicas e moleculares que permitem compreender a ação de genes, proteínas e metabolitos envolvidos na sinalização da resposta à seca.

Em condições de regularidade hídrica e atividade normal, as plantas produzem espécies reativas de oxigênio (ROS), como exemplo o peróxido de hidrogênio (H_2O_2) que atua como sinalizador em baixas concentrações. Ou seja, em condições normais essa produção ocorre de forma equilibrada e benéfica (Waszczak et al., 2018). Entretanto, estresses como o déficit hídrico gera aumento na produção de ROS e o acúmulo do H_2O_2 nas células pode causar danos oxidativos a proteínas, lipídios e ácidos nucleicos (Hasanuzzaman et al., 2020; Raja et al., 2017). No entanto, na célula existe um sistema de defesa composto por antioxidantes enzimáticos e não enzimáticos. Os antioxidantes enzimáticos incluem enzimas como superóxido dismutase (SOD), catalase (CAT), ascorbato peroxidase (APX). Assim, a ação destas enzimas antioxidantes ocorre em plantas submetidas ao estresse hídrico e está relacionada à tolerância e ao nível de estresse, porque promovem mecanismos que ajudam a planta a sobreviver. Por exemplo, a SOD atua removendo o íon superóxido das moléculas de ROS e a CAT apresenta a capacidade de converter H_2O_2 em H_2O e O_2 . Além disso, o malondialdeído (MDA) é um subproduto da peroxidação lipídica que ocorre quando os ROS causam danos aos lipídios da célula e o MDA quando liberado atua como um indicador do estresse oxidativo (Hasanuzzaman et al., 2018). Assim, as análises bioquímicas destas moléculas em linhagens de arroz de terras altas são importantes para entender os efeitos do déficit hídrico nas células.

No presente trabalho as diferenças entre os níveis destas moléculas foram mais bem observadas ao comparar as diferentes coletas, realizadas ao longo do experimento para as análises bioquímicas. As interações, significativas para MDA permitem entender melhor o comportamento dentro de cada condição hídrica e linhagem. Assim, de fato a concentração do MDA aumenta nas coletas realizadas durante o estresse, evidenciando a influência da seca no

estresse oxidativo. Entretanto, a relação da quantidade de MDA com a tolerância e sensibilidade ao estresse por seca, pode ser complexa de modo que se a linhagem de arroz apresenta capacidade de equilibrar o teor de ROS e enzimas antioxidantes, os efeitos oxidativos não serão comprometedores. Além disso, os ROS podem atuar como sinalizador e induzir a produção de antioxidantes (Fujita & Hasanuzzaman, 2022; Hasanuzzaman et al., 2020).

Conforme os resultados observados nas avaliações de germinação, fenotipagem de plântulas, estudos de caracteres agrônômicos e fisiológicos, bem como análises bioquímicas constatou-se tendências semelhantes de comportamento das linhagens. De modo que, linhagens avaliadas em estágio de germinação e desenvolvimento de plantas que apresentaram desempenho semelhante ao controle tolerante Douradão ou a referência de sensibilidade BRS Soberana, seguem a tendência de superior ou inferior desempenho em condição de seca simulada em casa de vegetação. No entanto, é importante destacar que a presente pesquisa fornece informações importantes sobre a simulação do estresse utilizando o PEG 6000, sugerindo otimização de tempo e recursos. Além de trazer, informações primordiais sobre o impacto dos estresses a 65 e 45% da CA, comparado a condição controle, nos fatores agrônômicos, fisiológicos e consequentemente bioquímicos de linhagens de arroz de terras altas.

5. Conclusão

A simulação do déficit hídrico utilizando o polímero PEG 6000, bem como a indução de seca em casa de vegetação permitiram verificar a variabilidade existente entre as linhagens avaliadas e proceder seleções para avanço em triagem, visando a tolerância ao déficit hídrico.

A linhagem L2 (CNAx15127-38) mostrou-se promissora para exploração em programas de melhoramento visando tolerância à seca porque apresenta menor porcentagem de esterilidade de grãos e outras características associadas a melhor adaptação à seca, podendo contribuir para assegurar a produtividade do arroz de terras altas em cenários de irregularidades hídrica.

6.Referências

ABREU, V. M., PINHO, É.V.D. R.V., MENDES-RESENDE, M. P., BALESTRE, M., LIMA, A. C., SANTOS, H. O., & VON PINHO, R. G. Combining ability and heterosis of maize genotypes under water stress during seed germination and seedling emergence. **Crop Science**, v. 59, n. 1, p. 33-43, 2019. <https://doi.org/10.2135/cropsci2018.03.0161>

BABU, S. et al. Integrated Farming Systems: Climate-Resilient Sustainable Food Production System in the Indian Himalayan Region. In: Venkatramanan, V.; Shah, S.; Prasad, R. (eds). **Exploring Synergies and Trade-offs between Climate Change and the Sustainable Development Goals**. Singapore: Springer, 2021.

BAPELA, T.; SHIMELIS, H.; TSILO, T. J. & MATHEW, I. Genetic improvement of wheat for drought tolerance: Progress, challenges and opportunities. **Plants**, v. 11, n. 10, p. 1331, 2022. <https://doi.org/10.3390/plants11101331>

BILLAH, M. et al. Progressive genomic approaches to explore drought-and salt-induced oxidative stress responses in plants under changing climate. **Plants**, v. 10, n. 9, p. 1910, 2021. <https://doi.org/10.3390/plants10091910>

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Regras para análise de sementes. Secretaria de Defesa Agropecuária. –Brasília: Mapa/ACS, 399 p. 2009.

CABUSLAY, G. S.; ITO, O.; ALEJAR, A. A. Physiological evaluation of responses of rice (*Oryza sativa* L.) to water deficit. **Plant Science**, v. 163, p. 815-827, 2002. [https://doi.org/10.1016/S0168-9452\(02\)00217-0](https://doi.org/10.1016/S0168-9452(02)00217-0)

FERREIRA, E. B.; CAVALCANTI, P. P.; NOGUEIRA, D. A. ExpDes: an R package for ANOVA and experimentais designs. **Applied Mathematics**, v.5, n.19, p.2952, 2014. <https://doi.org/10.4236/am.2014.519280>

FUJITA, M. & HASANUZZAMAN, M. Approaches to enhancing antioxidant defense in plants. **Antioxidants**, v. 11, n. 5, p. 925, 2022. <https://doi.org/10.3390/antiox11050925>

HASANUZZAMAN, M. et al. Reactive oxygen species and antioxidant defense in plants under abiotic stress: Revisiting the crucial role of a universal defense regulator. **Antioxidants**, v. 9, n. 8, p. 681, 2020. <https://doi.org/10.3390/antiox9080681>

HASANUZZAMAN, M.; MAHMUD, J.A.; ANEE, T.I.; NAHAR, K.; ISLAM, M.T. Drought stress tolerance in wheat: Omics approaches in understanding and enhancing antioxidant defense. In **Abiotic Stress-Mediated Sensing and Signaling in Plants: An Omics Perspective**; ZARGAR, S.M.; ZARGAR, M.Y.; Eds.; Springer: Singapore, 2018; pp. 267–307.

HEIN, N. T., CIAMPITTI, I. A., JAGADISH, S. K. Bottlenecks and opportunities in field-based high-throughput phenotyping for heat and drought stress. **Journal of Experimental Botany**, v. 72, n. 14, p. 5102-5116, 2021. <https://doi.org/10.1093/jxb/erab021>

GAIROLA, A. et al. Upland Rice: A Water-Efficient Rice Production System in India. **Biotica Research Today**, v. 6, n. 1, p. 46-50, 2024. <https://doi.org/10.54083/BioResToday/6.1.2024/46-50>

KARANJIT, R.; KHAKURAL, A.; KANDEL, B. P. In vitro screening of rice landraces for increased drought tolerance at early growth stages using Polyethylene glycol (PEG 6000). **Journal of Agriculture and Natural Resources**, v. 7, n. 1, p. 92-105, 2024. <https://doi.org/10.3126/janr.v7i1.73208>

KAUR, H.; KOHLI, S. K.; KHANNA, K.; & BHARDWAJ, R. Scrutinizing the impact of water deficit in plants: Transcriptional regulation, signaling, photosynthetic efficacy, and management. **Physiologia Plantarum**, v. 172, n. 2, p. 935-962, 2021. <https://doi.org/10.1111/ppl.13389>

KOU, X.; HAN, W.; KANG, J. Responses of root system architecture to water stress at multiple levels: A meta-analysis of trials under controlled conditions. **Frontiers in Plant Science**, v. 13, p. 1085409, 2022. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.1085409>

LAVERGNE, A. et al. Impacts of soil water stress on the acclimated stomatal limitation of photosynthesis: Insights from stable carbon isotope data. **Global Change Biology**, v. 26, n. 12, p. 7158-7172, 2020. <https://doi.org/10.1111/gcb.15364>

MAHPARA, S. et al. The impact of PEG-induced drought stress on seed germination and seedling growth of different bread wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes. **PloS One**, v. 17, n. 2, p. e0262937, 2022. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0262937>

MAJID, A. et al. Effect of polyethylene glycol (PEG) induced drought stress on seed germination of Lentil (*Lens culinaris*) genotypes of Kashmir valley. **SKUAST Journal of Research**, v. 22, n. 2, p. 36-40, 2020.

MARQUES, E. R.; ASSIS, J. G. R.; BUSTAMANTE, F. O.; ANDRADE, D. B.; CARVALHO, M. L. M.; LOPES, C. A. Distinção de espécies e estádios de maturação de sementes de *Comanthera* spp. por análise de imagem e citometria de fluxo. **Revista de Ciências Agrárias**, v. 42, n. 1, p. 11-20, 2019. <https://doi.org/10.19084/RCA18160>

MISHRA, S. S., BEHERA, P. K., & PANDA, D. Genotypic variability for drought tolerance-related morpho-physiological traits among indigenous rice landraces of Jeypore tract of Odisha, India. **Journal of Crop Improvement**, v. 33, n. 2, p. 254-278, 2019. <https://doi.org/10.1080/15427528.2019.1579138>

NASCIMENTO, H. R. et al. A new methodological approach for simulating water deficit in soybean genotypes. **Journal of Agronomy and Crop Science**, v. 207, n. 6, p. 946-955, 2021. <https://doi.org/10.1111/jac.12543>

NEGIN, B.; MOSHELION, M. The advantages of functional phenotyping in pre-field screening for drought-tolerant crops. **Functional Plant Biology**, v. 44, n. 1, p. 107-118, 2016. <https://doi.org/10.1071/FP16156>

OGUZ, M. C. et al. Drought stress tolerance in plants: Interplay of molecular, biochemical and physiological responses in important development stages. **Physiologia**, v. 2, n. 4, p. 180-197, 2022. <https://doi.org/10.3390/physiologia2040015>

OLADOSU, Y. et al. Drought resistance in rice from conventional to molecular breeding: A review. **International Journal of Molecular Sciences**, v.20, n.14, p.3519, 2019. <https://doi.org/10.3390/ijms20143519>

OLADOSU, Y. et al. Drought resistance in rice from conventional to molecular breeding: a review. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 20, n. 14, 3519, 2019. <https://doi.org/10.3390/ijms20143519>

OUYANG, W. et al. Do shoot anatomical characteristics allow rice to grow well under water deficit? **Journal of Agronomy and Crop Science**, v. 208, n. 6, p. 763-776, 2021. <https://doi.org/10.1111/jac.12509>

PANDA, D.; MISHRA, S. S.; BEHERA, P. K. Drought tolerance in rice: focus on recent mechanisms and approaches. **Rice science**, v.28, n.2, p.119-132, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.rsci.2021.01.002>

PETERSON, R. A. Finding optimal normalizing transformations via bestNormalize. **R Journal**, v.13, n.1, p.310 2021. <https://doi.org/10.32614/RJ-2021-041>

PINHO, I. V. V., Souza, J. C. D., Vasconcellos, R. C. D. C., Vaz-Tostes, D. P., Vilela, D. R., & Pereira, W. V. S. Germination under stress simulation and image analysis as tools for water

deficit phenotyping of maize. **Journal of Seed Science**, v. 46, p. e202446011, 2024. <https://doi.org/10.1590/2317-1545v46282636>

QUEIROZ, M.S. et al. Drought Stresses on Seed Germination and Early Growth of Maize and Sorghum. **Journal of Agricultural Science**, v. 11, n. 2, p. 310-318, 2019. <https://doi.org/10.5539/jas.v11n2p310>

RAHIM, D. et al. In vitro assessment of kurdish rice genotypes in response to PEG-induced drought stress. **Applied Sciences**, v. 10, n. 13, 4471, 2020. <https://doi.org/10.3390/app10134471>

RAJA, V. MAJEED, U.; KANG, H.; ANDRABI, K. I.; & JOHN, R. Abiotic stress: Interplay between ROS, hormones and MAPKs. **Environmental and Experimental Botany**, v. 137, p. 142-157, 2017. <https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2017.02.010>

SALLEH, M. S. et al. Drought-induced changes in the flowering capacity, anthesis quality and seed set in rice (*Oryza sativa* L.). **Tropical Life Sciences Research**, v.33, n.2, p.239, 2022. <https://doi.org/10.21315/tlsr2022.33.2.11>

SILVA, A. R. A. et al. Trocas gasosas em plantas de girassol submetidas à deficiência hídrica em diferentes estádios fenológicos. **Revista Ciência Agronômica**, v. 44, p. 86-93, 2013. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902013000100011>

SILVEIRA, I. C. et al. Genetic diversity and responses of soybean genotypes to water deficit induced by PEG 60001. **Revista Ceres**, v. 71, p. e71038, 2024. <https://doi.org/10.1590/0034-737X2024710038>

SOUSA, L. I. S. et al. Does silicon attenuate PEG 6000-induced water deficit in germination and growth initial the seedlings corn. **Brazilian Journal of Biology**, v. 83, p. e265991, 2023. <https://doi.org/10.1590/1519-6984.265991>

TIWARI, P. et al. Root system architecture, physiological analysis and dynamic transcriptomics unravel the drought-responsive traits in rice genotypes. **Ecotoxicology and Environmental Safety**, v. 207, p. 111252, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.ecoenv.2020.111252>

UPADHYAYA, H., PANDA, S. K. Drought stress responses and its management in rice. In: Hasanuzzaman, M.; Fujita, M.; Nahar, K.; Biswas, J. K. *Advances in Rice Research for Abiotic Stress Tolerance*. UK: Elsevier, p. 177-200, 2019.

WASZCZAK, C.; CARMODY, M.; KANGASJÄRVI, J. Reactive oxygen species in plant signaling. **Annual review of plant biology**, v. 69, n. 1, p. 209-236, 2018. <https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-042817-040322>

WU, J. et al. Physiology of plant responses to water stress and related genes: A review. **Forests**, v. 13, n. 2, p. 324, 2022. <https://doi.org/10.3390/f13020324>

XIA, K. et al. OsTIR1 and OsAFB2 downregulation via OsmiR393 overexpression leads to more tillers, early flowering and less tolerance to salt and drought in rice. **PLoS ONE**, v. 7, p. 1-10, 2012. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0030039>

YANG, X. et al. The different influences of drought stress at the flowering stage on rice physiological traits, grain yield, and quality. **Scientific reports**, v.9, n.1, p.3742, 2019. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-40161-0>

ZAMPIERI, E. et al. Rice Responses to Water Limiting Conditions: Improving Stress Management by Exploiting Genetics and Physiological Processes. **Agriculture**, v.13, n.2, p.464, 2023. DOI:10.3390/agriculture13020464

Zhu, R., Wu, F. Y., Zhou, S., Hu, T., Huang, J., Gao, Y. Cumulative effects of drought-flood abrupt alternation on the photosynthetic characteristics of rice. **Environmental and Experimental Botany**, v. 169, 103901, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2019.103901>

Anexo 1: Relação das linhagens e cultivares utilizadas para simulação de déficit hídrico em laboratório utilizando Polietilenoglicol 6000.

Código da linhagem	*ID da Linhagem	Origem
D01	Douradão	EPAMIG/EMBRAPA
E01	BRS Esmeralda	EMBRAPA
S01	BRS Soberana	EMBRAPA
L1	CNAx15127-21	EMBRAPA
L2	CNAx15127-38	EMBRAPA
L3	CNAx15127-49	EMBRAPA
L4	CNAx15127-70	EMBRAPA
L5	CNAx15127-73	EMBRAPA
L6	CNAx15127-84	EMBRAPA
L7	CNAx15127-98	EMBRAPA
L8	CNAx15127-134	EMBRAPA
L9	CNAx15127-139	EMBRAPA
L10	CNAx15127-144	EMBRAPA
L11	CNAx15127-153	EMBRAPA
L12	CNAx15127-171	EMBRAPA
L13	CNAx15127-177	EMBRAPA
L14	CNAx15127-179	EMBRAPA
L15	CNAx15127-181	EMBRAPA
L16	CNAx15127-185	EMBRAPA
L17	CNAx15127-206	EMBRAPA
L18	CNAx15127-218	EMBRAPA
L19	CNAx15127-221	EMBRAPA
L20	CNAx15127-226	EMBRAPA
L21	CNAx15127-234	EMBRAPA

*ID = Identificação

Anexo 2: Sequência de etapas dos experimentos conduzidos para caracterização das linhagens quanto a tolerância ao déficit hídrico.



Anexo 3: Resumo da Análise de Deviance (ANODEV) para 21 linhagens e três cultivares de arroz avaliadas em duas condições hídricas com contagens de germinação realizadas ao 7º (primeira contagem-PCG) e 14º (Segunda contagem SCG) dias após a semeadura.

Fonte de variação	Desviance		
	GL	PCG	SCG
Linhagem	23	211,52 ^{ns}	122,01*
Cond. hídrica	1	15,40*	18,23*
Lin. x Cond.	23	7,82*	15,70 ^{ns}
Total	47	-	-
CV (%)	-	40,39	37,96

Anexo 4: Resumo da Análise de Deviance (ANODEV) para 21 linhagens e três cultivares de arroz avaliadas em duas condições hídricas em diferentes dias após a semeadura quanto ao comprimento da raiz primária (CRP, cm) e parte aérea (CPA, cm) e a razão CRP/CPA.

Fonte de variação	Desviance			
	GL	CPA	CRP	CRP/CPA
Linhagem	1	44,07*	81,7*	110,60*
Cond. hídrica	4	2727,16*	6101,9*	145,43*
Contagem	23	1369,39*	1967,8*	171,75*
Lin x cond.	4	7,87*	205,6*	419,71*
Lin x cond	23	13,25*	125,6*	235,33*
Cond. x cont	92	54,58*	55,9*	153,47*
Lin x cond x cont	92	6,18	83,7*	64,62*
Total	239	-	-	-
CV (%)		17,97	11,68	88,45

Anexo 5: Resumo da análise de variância para as características agronômicas avaliadas. Número de dias para o florescimento (NDFL), altura de planta (ALT), número de perfilhos (NP), número de panículas (NPA), Esterilidade (EST), massa fresca da raiz (MFR), porcentagem de massa seca da raiz (PMSR), massa fresca aérea (MFA) e porcentagem de massa seca aérea (PMSA) de linhagens arroz de terras altas.

Fonte de variação	Quadrado médio									
	GL	NDFL	ALT	NP	NPA	EST	MFR	PMSR	MFA	PMSA
Bloco	5	114,67*	22,40 ^{ns}	2,463 ^{ns}	2,167*	0,008 ^{ns}	3,766*	225,2*	69,8 ^{ns}	16,47*
Linhagem	5	916,64*	1425,94*	17,522*	11,989*	0,092*	3,477*	38,7 ^{ns}	435,22*	6,832 ^{ns}
Cond. hídrica	2	77,10*	1041,25*	3,847*	0,264 ^{ns}	0,656*	10,772*	52,95 ^{ns}	174,85*	16,425*
Linhagem x Cond. hídrica	10	19,41 ^{ns}	62,13*	2,697*	1,631*	0,021*	1,739 ^{ns}	58,73 ^{ns}	86,27 ^{ns}	5,050 ^{ns}
Resíduo	51	14,51	35,48	1,403	0,902	121,3	1,281	63,8	54,2	8,538
Total	71	-	-	-	-	-	-	-	-	-
CV	-	4,3	6,41	17,7	16,36	6,52	18,1	24,81	15,25	8,5

*significativo pelo teste F à 10% de probabilidade; ns: não significativo pelo teste F à 10% de probabilidade.

Anexo 6: Resumo da análise de variância para as características fisiológicas avaliadas. Assimilação líquida de CO₂ (A), concentração de CO₂ subestomático (Ci), condutância estomática (Gs), transpiração (E) e eficiência do uso da água (A/E).

Fonte de variação	Quadrado médio					
	GL	A	Ci	Gs	E	E/A
Bloco	5	0,046*	539,67 ^{ns}	0,139*	9,627*	0,006 ^{ns}
Linhagem	5	0,027 ^{ns}	841,4 ^{ns}	0,052 ^{ns}	3,119 ^{ns}	0,023 ^{ns}
Cond. hídrica	2	7,325*	53690*	1,581*	50,179*	2,286*
Linhagem x Cond. hídrica	10	0,041*	1075*	0,032 ^{ns}	1,210 ^{ns}	0,029*
Resíduo	51	0,011	470,25	0,027	1,394	0,010
Total	71	-	-	-	-	-
CV	-	14,58	6,36	51,13	34,28	24,36

*significativo pelo teste F à 10% de probabilidade; ns: não significativo pelo teste F à 10% de probabilidade.

Anexo 7: Resumo da análise de variância para a quantificação de APX, CAT, SOD, MDA e H₂O₂ avaliadas em linhagens de arroz de terras altas submetidas a diferentes condições hídricas.

Fonte de variação	Quadrado médio					
	GL	APX	CAT	SOD	MDA	H ₂ O ₂
Bloco	1	7,400*	11,200*	4307,91*	19,474*	16,502*
Linhagem	5	0,639	0,369	168,99	1,872*	0,262
Cond. hídrica	2	0,563	0,355	91,081	0,832	0,587
Coleta	3	10,048*	13,605*	3208,24*	2,684*	11,058*
Linhagem x Cond. hídrica	10	0,481	0,889	305,539	0,748	0,713
Linhagem x Coleta	15	0,706	0,597	111,363	1,390*	0,346
Cond. Hídrica x Coleta	6	0,766	0,168	74,104	1,365*	0,182
Lin. x Cond hídrica x coleta	30	0,639	0,577	201,363	0,691	0,623
Resíduo	70	0,881	0,742	300,091	0,674	0,839
Total	141	-	-	-	-	-
CV		1,19	6,16	68,66	9,59	-2,06

ARTICLE 2—INTEGRATING HOST GENETIC RESISTANCE AND FUNGICIDE TO CONTROL *Cercospora janseana* IN RICE

Article to be submitted to the journal: Tropical Plant Pathology

(PRELIMINARY VERSION)

Abstract

The fungus *Cercospora janseana* poses a significant threat to rice crops, causing symptoms on different plant structures. Recently, *Cercospora* has re-emerged as a problem in Arkansas, USA, with increasing reports of its symptoms. The present study aimed to analyze the integration of genetic resistance and fungicide application to control *Cercospora* in rice. The experiment was conducted in a factorial design using cultivars PVL03, CLL19 and RT7521FP, with two treatment conditions: untreated and fungicide propiconazole (Tilt®) applied at early, mid and late boot stages. Two sites in Arkansas were used in this study. The experimental layout followed a randomized complete block design with four replications. Fungicide applications were conducted at a rate of 730.20 mL/ha. Natural infection by pathogens occurred, and symptoms were assessed by sampling 50 plants per plot, counting symptomatic plants in the plot, and determining grain yield after harvest. Statistical analyses, including analysis of variance, Tukey test, and statistical analysis were performed using R software. CNB was the only symptom observed in both test fields. Significant differences were found among cultivars, with RT7521FP exhibiting the highest incidence and symptom severity. However, this cultivar was able to maintain good yield levels. The fungicide propiconazole effectively reduced symptoms, consequently increasing grain yield. The timing of fungicide application showed significant differences in only two variables. Overall, incidence was low, which may hinder the detection of interactions between factors that allow inferences about the integration of genetic resistance and fungicide application. Pearson correlation analysis revealed a strong correlation between incidence and the number of lesions. This study provides valuable insights into the occurrence and impact of CNB in rice cultivars widely grown in Arkansas. Further research under different pathogen incidence scenarios is needed to improve inferences regarding the integration of host resistance and propiconazole application.

Keywords: Cultivars, management, *Oryza sativa*, propiconazole, spray time.

1. Introduction

Rice (*Oryza sativa* L.) is an economically important crop in the United States, with production primarily concentrated in southern states (Childs et al., 2020). However, challenges related to disease occurrence, particularly fungal diseases, have led to losses and limitations in rice production (Singh et al. 2017). The fungus *Cercospora janseana* is the causal agent of Cercospora in rice. This pathogen is capable of infecting different plant structures, leading us to rename the Narrow Brown Leaf Spot (NBLS) according to the plant part infected. In leaves, it is called Narrow Brown Leaf Spot (NBLS); in tillers, it is identified as Cercospora Net Blotch (CNB); and in panicles, it is known as Cercospora Panicle Blight (CNP). In the United States, this pathogen has reemerged in recent years, with occurrences reported in key rice-producing states such as Arkansas, Louisiana, Texas, Missouri, and Mississippi (Soura et al., 2020). In Arkansas, there is limited information on the individual impacts of these symptoms on rice yield, as this disease was not previously a concern for the state. Studies conducted in various regions of the world have indicated grain yield losses of over 40%, depending on the pathogen's incidence (Mani, 2015).

Among existing control methods, the use of resistant cultivars and the fungicide propiconazole (e.g., Tilt) have been the most employed over the years (Uppala & Zhou, 2018; Uppala & Zhou, 2019). However, the use of fungicides must be applied conscientiously to prevent environmental damage, increased production costs, and the development of pathogen resistance. As an alternative for effective and sustainable management, integrating chemical and non-chemical methods can be a promising strategy. Thus, combining host genetic resistance with fungicide application may reduce the need for sequential sprays and eliminate the necessity for maximum doses (Islam et al., 2024; Jorgensen et al., 2017). However, uncertainties remain regarding the effectiveness of these management strategies, especially since this pathogen remains asymptomatic within the plant following infection, the symptoms becoming visible approximately 30 days post-infection (Wamishe et al., 2013). The uncertainty regarding the precise timing of infection complicates determining the optimal schedule for fungicide application, which is generally influenced by disease progression. Thus, an application performed late, after the development and establishment of the pathogen, may not provide effective control. (Searight, 2022). Furthermore, many cultivars widely used by farmers have not yet been characterized as genetic resistance to the fungus *C. janseana*.

Environmental and genetic factors can influence disease establishment and control, such as the resistance or susceptibility of the cultivar, planting time, inoculum sources in the

cultivated area, and climatic conditions favorable to the fungus (Iqbal et al., 2022; Groth, 2013). Given the demand for more information and the increasing reports of pathogen occurrence in major rice-producing states in the U.S., particularly in Arkansas, it is crucial to develop new strategies to control *Cercospora* in rice. Thus, our objective was to evaluate the integration of host genetic resistance and propiconazole fungicide application for the control of *Cercospora* in rice.

2. Material and Methods

The experiments were conducted during the 2024 growing season in fields located in the state of Arkansas at the Rice Research and Extension Center (RREC) in Stuttgart, Pine Tree Research Station (PTRS) in Colt. The cultivars used were PVL03, CLL19, and RT7521FP, shown at densities of 83.30, 80.42, and 26.35 kg/ha (74.38, 71.83, and 23.52 lbs/ac), respectively. Table 1 provides additional information on the characterization of the materials used, regarding resistance and susceptibility according to Hardke et al., 2024 considering foliar symptoms. The experimental plots measured 8.36 m² (6 ft by 15 ft) and were arranged in a randomized complete block design with four replications and applications of the fungicide propiconazole (Tilt®) at the following growth stages: early boot (2-inch panicle length), mid-boot (4-inch panicle length), and late boot (greater than 5-inch panicle length). A treatment with no fungicide was added as non-sprayed control (untreated). Thus, the experiment comprised a factorial design with three cultivars, two application conditions (untreated and propiconazole), three environments, and three application timings. The sowing dates were April 18th for the Stuttgart environment and April 23rd for the Colt environment. After emergence, the plants were maintained in the field and received the recommended cultural practices for rice.

Table 1: List of rice cultivars used in the experiment and their prior classification for resistance to *Cercospora*.

Cultivar	Genetic	Characterization	Technology	Origin
PVL03	Line	Susceptible	Provisia	LSU
CLL19	Line	Susceptible	Clearfield	LSU
RT7521FP	Hybrid	Moderately Resistant	Full-Page	RiceTec

The applications of propiconazole fungicide were conducted at the defined growth stages on 70, 80 and 85 days after sowing, respectively, using a recommended dilution of 730.20

mL/ha (10 fl oz/acre). Applications in the Stuttgart environment were performed using a MudMaster Sprayer, while in the Colt, a CO₂ pressurized sprayer equipped with a boom of three nozzles spaced was used. The untreated condition was left without fungicide application for comparison purposes.

Approximately 120 days after sowing, the incidence and severity of *Cercospora* were visually assessed. A sample of 50 plants was collected from the field, and the following data were recorded the number of symptomatic plants, lesion counts per plant, and lesion size measurements (Figure 1). From this data the following variables were calculated:

$$\text{Incidence (INC)} = \frac{\text{Total number of infected plants}}{50} \times 100$$

$$\text{Average lesion size (ALS)} = \frac{\sum \text{lesion size measurements}}{\text{Total number of infected plants}}$$

$$\text{Number of lesion (NL)} = \sum \text{lesion counted per plant}$$

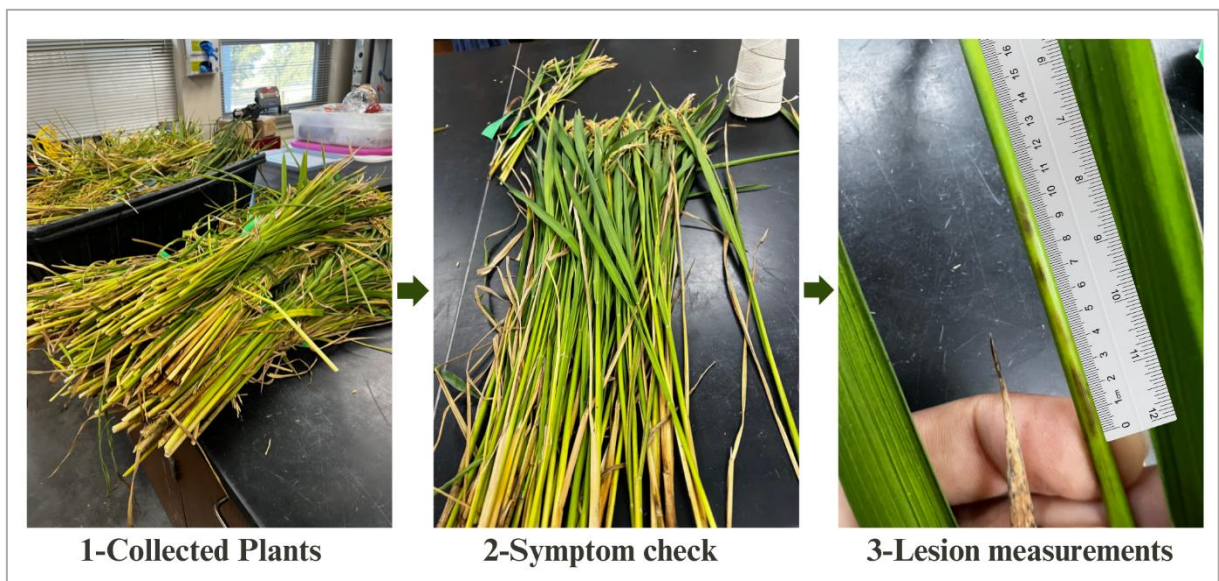


Figure 1: Summary of procedures for verifying and evaluating symptoms caused by *C. janseana* in rice.

Additionally, to determine the best assessment strategy, the total number of infected plants displaying sheath symptoms within the plot was visually counted. This evaluation was repeated 134 days after sowing to analyze disease progression. Thus, we have the variables Count of Infected Plants in the Plot, denominated as CIPP1 and CIPP2 to represent early and late counts. At grain maturity and adequate moisture content, the plots were harvested using a combine harvester, and grain yield was estimated in bu/ac and converted to kg/ha.

All data collected were subjected to statistical analyses using Generalized Linear Models (GLM) in the R software (version 4.1.1), including mean comparison by Tukey's test and correlation analyses.

3. Results

Based on the visual evaluations conducted in the Stuttgart and Colt fields for the identification and analysis of symptoms caused by *C. janseana*, only the symptom affecting the tillers (CNB) was observed (Figure 2). The characteristics of this symptom include the presence of narrow, elongated lesions on the plant tillers, exhibiting a uniform bronze-brown coloration. The other symptoms affecting the leaves (NBL) and panicles (CNP) were not detected in both fields. Therefore, all results described in this study refer to the CNB symptom, and overall, the incidence of the pathogen was low.



Figure 2: Symptom of Cercospora Net Blotch (CNB) caused by *C. janseana* observed in visual evaluations conducted in the Stuttgart and Colt environments in the state of Arkansas.

The deviance Analysis (ANODEV) results indicate significant differences at a 10% probability level according to the F test (Table 2). Thus, for the cultivar factor, differences were observed among PVL03, CLL19, and RT7521FP for all evaluated variables. Regarding the fungicide factor, only ALS did not show significant differences. On the other hand, for spray time, only NL and CIPP1 were significantly different. Regarding interactions, significant effects were observed for the cultivar x fungicide interaction on ALS, CIPP1, and CIPP2.

Significant effects were also detected for the fungicide x spray time interaction on NL and CIPP1. However, for the cultivar x fungicide x spray time interaction, no significant differences were found according to the ANODEV results.

Table 2: Summary of the deviance analysis (ANODEV) using GLM for variables Incidence (INC), Average lesion size (ALS), Number of lesion (NL), First and Second Count of Infected Plants in the Plot (CIPP1 and CIPP2) and grain yield.

SV	Partial Deviance						
	DF	INC	ALS	NL	CIPP1	CIPP2	Yield (kg/ha)
Block	3	101.22 ^{ns}	1.63 ^{ns}	26.58*	3.53 ^{ns}	38.14*	26632*
Cultivar	2	1430.69*	7.5029*	116.549*	770.69*	88.671*	76150 *
Fungicide	1	67.17*	0.0125 ^{ns}	13.580*	25.93*	14.280*	2245 *
Spray time	2	50.87 ^{ns}	3.3398 ^{ns}	4.696*	8.17*	3.646 ^{ns}	785 ^{ns}
Cultivar x Fungicide	2	33.09 ^{ns}	10.3658*	1.190 ^{ns}	19.80*	19.093*	2299 ^{ns}
Cultivar x Spray time	4	25.28 ^{ns}	0.8204 ^{ns}	2.738 ^{ns}	5.84 ^{ns}	2.036 ^{ns}	549 ^{ns}
Fungicide x Spray time	2	50.87 ^{ns}	3.3398 ^{ns}	5.560*	11.63*	3.931 ^{ns}	785 ^{ns}
Cultivar x Fung. x Spray time	4	25.28 ^{ns}	0.8204 ^{ns}	2.989 ^{ns}	7.21 ^{ns}	1.901 ^{ns}	549 ^{ns}
CV		53.85	63.55	15.55	10.21	5.46	17.24

* Significant by the F test at a 10% probability level; ns: not significant by the F test at a 10% probability level.

The comparison of averages by Tukey's test for the main effects of cultivars revealed the distinct for all evaluated variables (Figure 3). It was observed that the highest disease incidence occurred in the cultivar RT7521FP, which exhibited the highest averages. Conversely, PVL03 had the lowest incidence among the three evaluated cultivars. These two cultivars also showed divergence for ALS, and in the case of NL, a pattern consistent with the incidence data was observed, where RT7521FP had the highest number of lesions, followed by CLL19 and PVL03, respectively. The field counts of symptomatic plants (CPPI1 and CPPI2) confirmed a higher occurrence of symptoms in the later assessment, and in both counts, cultivars were grouped following the same pattern, with higher numbers in RT7521FP and lower numbers in PVL03. Overall, RT7521FP was the most affected by CNB symptoms, while PVL03 exhibited the least severe symptoms. However, regarding grain yield, these cultivars also showed divergence, with RT7521FP being more productive, whereas PVL03 had the lowest grain yield.

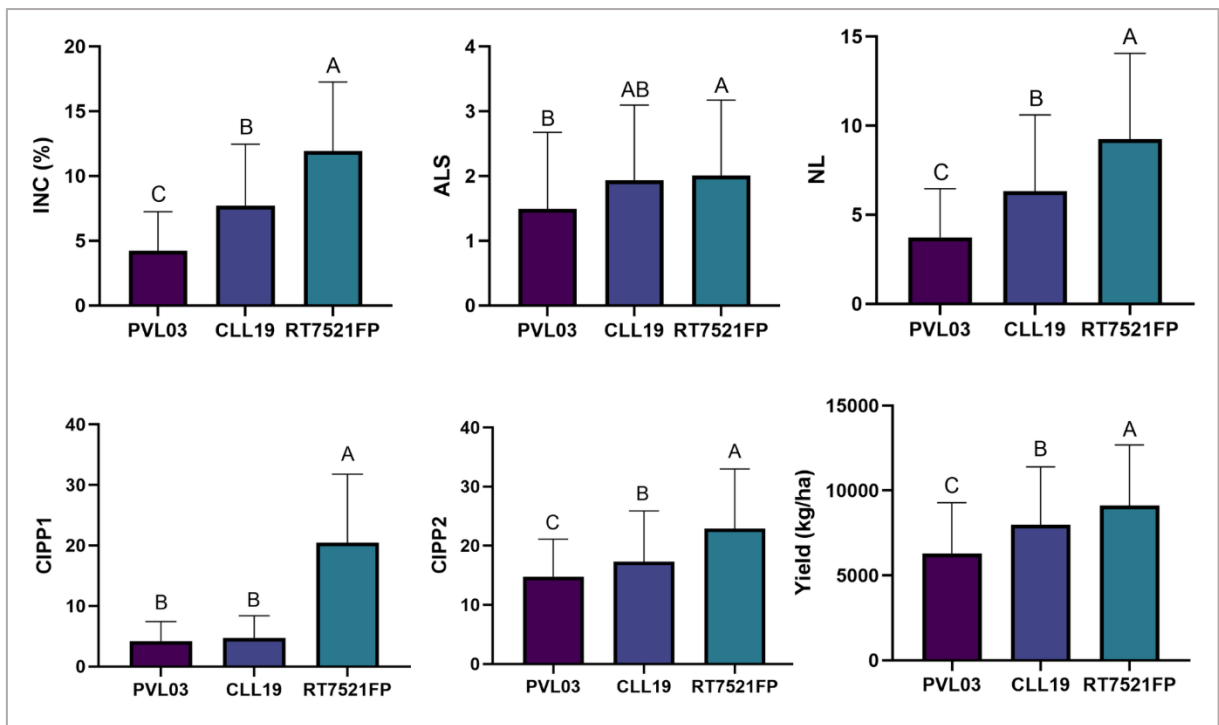


Figure 3: Comparison of average by Tukey's test at a 10% probability level, considering the main effects of the cultivar factor on the variables Incidence (INC), Average Lesion Size (ALS), Number of Lesions (NL), First and Second Count of Infected Plants in the Plot (CIPP1 and CIPP2), and Grain Yield. Bars followed by the same letter do not differ significantly from each other.

The comparison of averages for the fungicide factor, considering the application of propiconazole and the untreated condition, highlights the effect of the fungicide in reducing symptoms and consequently increasing grain yield (Figure 4). Distinct were showed for INC, with lower averages in treatments with propiconazole. For ALS, no significant differences were observed, as both conditions were similarly by Tukey's test. The number of lesions (NL) was also reduced in the fungicide treatment, with a lower average compared to the untreated condition. The plot-based counts (CIPP1 and CIPP2) showed similar results in both assessments, with lower means in the propiconazole treatment. On the other hand, grain yield was higher in the fungicide treatment compared to the untreated condition.

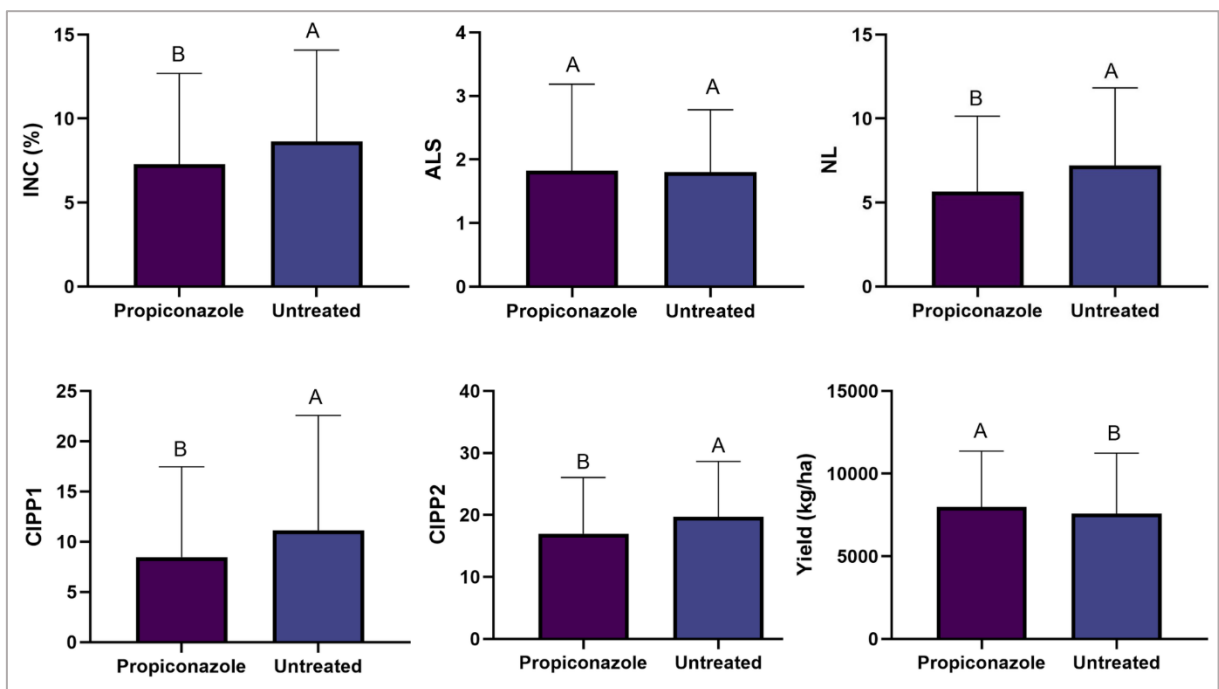


Figure 4: Comparison of average by Tukey's test at a 10% probability level, considering the main effects of the fungicide factor on the variables Incidence (INC), Average Lesion Size (ALS), Number of Lesions (NL), First and Second Count of Infected Plants in the Plot (CIPP1 and CIPP2), and Grain Yield. Bars followed by the same letter do not differ significantly from each other.

The results of the comparison of average for the spray time factor reveal the occurrence of similar means for the variables INC, ALS, CIPP2, and grain yield. In the case of the NL variable, the late boot stage showed the highest averages, and the early and mid-boot stages forming the lowest means. On the other hand, for CPPI1, the highest means was observed of early and mid-boot stages, while the lowest mean was observed in the late boot stage (Figure 5).

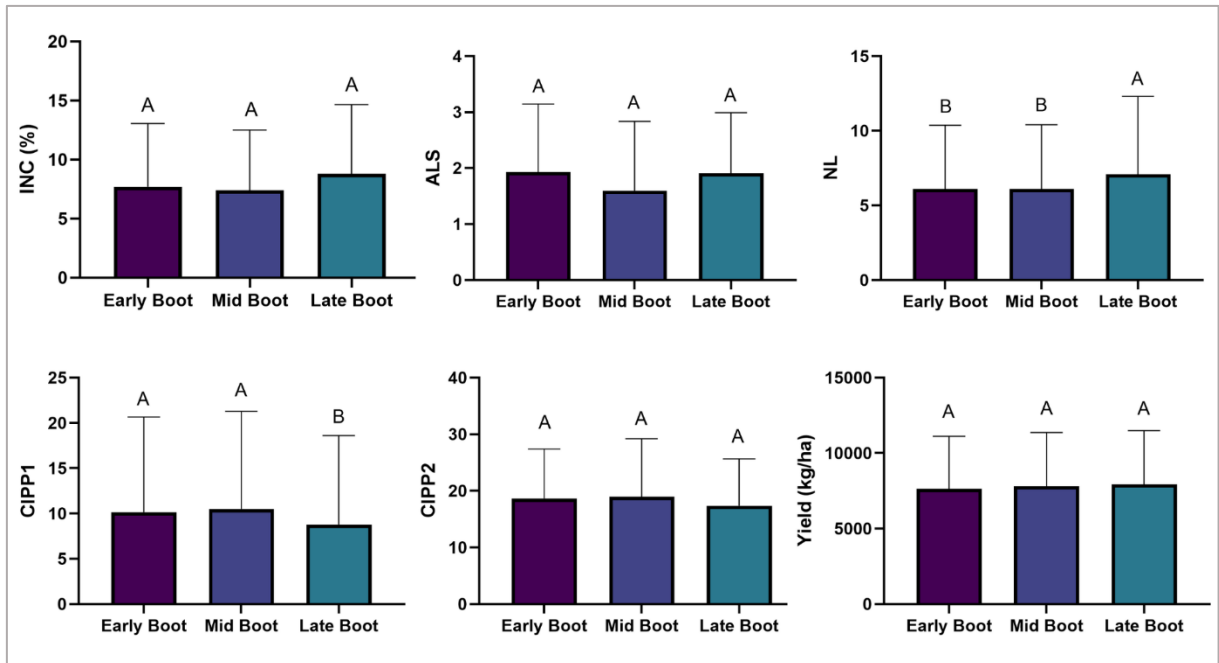


Figure 5: Comparison of average by Tukey's test at a 10% probability level, considering the main effects for the spray time factor on the variables Incidence (INC), Average Lesion Size (ALS), Number of Lesions (NL), First and Second Count of Infected Plants in the Plot (CIPP1 and CIPP2), and Grain Yield. Bars followed by the same letter do not differ significantly from each other.

The breakdown of the cultivar x fungicide interaction allowed for the evaluation of comparison of average for each cultivar considering the fungicides propiconazole (prop) and untreated (unt) for the variables ALS, CIPP1, and CIPP2 (Table 3). For the ALS variable, it can be observed that the cultivars are classified differently under the propiconazole condition, with significant differences between the cultivars PVL03 and RT7521FP, which showed the lowest and highest averages, respectively. On the other hand, under untreated conditions, the means did not show statistical differences. The data for CIPP1, all cultivars differed when propiconazole was applied, while under the untreated condition PVL03 and CLL19 showed the lowest means. For CIPP2 under the propiconazole-treated condition, the cultivar CLL19 and RT7521FP are similar, comprising the highest means. In the untreated condition, the highest mean was observed only in RT7521FP, which differed statistically from PVL03 and CLL19.

Table 3: Breakdown of the cultivar x fungicide interaction for the variables Average Lesion Size (ALS), First and Second Count of Infected Plants in the Plot (CIPP1 and CIPP2).

Cultivar	ALS		CIPP1		CIPP2	
	Prop	Unt	Prop	Unt	Prop	Unt
PVL03	1.40 ^B	1.58 ^A	3.29 ^C	5.12 ^B	12.83 ^B	16.75 ^B
CLL19	1.67 ^{AB}	2.19 ^A	5.37 ^B	4.12 ^B	18.17 ^A	16.37 ^B
RT 7521 FP	2.38 ^A	1.63 ^A	16.75 ^A	24.12 ^A	19.92 ^A	25.87 ^A
Means	1.82	1.8	8.47	11.12	16.97	19.66

Means sharing the same letter within a column do not differ statistically according to Tukey's test at a 10% probability level.

The interaction effect graphics allow for the observation of cultivar behavior in relation to the fungicide (Figure 6). For ALS, the results for PVL03 and CLL19 reveal reductions in lesion size under the propiconazole condition. On the other hand, the cultivar RT7521FP shows lower means under the untreated condition (Figure 6A). In the plot counts (Figure 6B and C), similar grouping trends are observed, with a higher number of infected plants in the late count. Thus, the application of propiconazole reduces the number of infected plants in both counts (early and late) for PVL03 and RT7521FP, while for the cultivar CLL19, the means remain similar under both conditions (propiconazole and untreated).

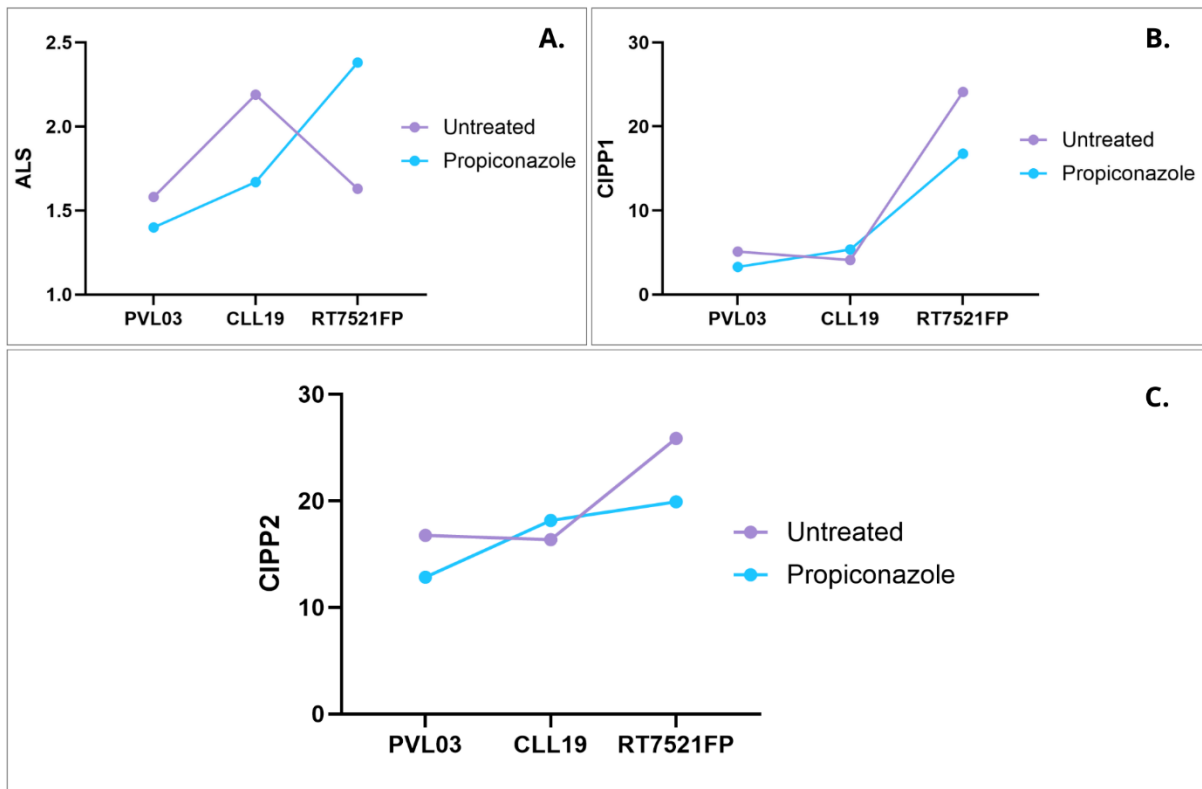


Figure 6: Cultivar x fungicide interaction for variables evaluated in a field experiment. A. Behavior of averages for the variable Average Lesion Size (ALS). B. Behavior of averages for the variable First Count of Infected Plants in the Plot (CIPP1). C. Behavior of averages for the variable Second Count of Infected Plants in the Plot (CIPP2).

The breakdowns of the fungicide x spray time interactions can be visualized in Table 4. Thus, it is possible to observe that under the propiconazole condition, applications performed at the early and mid-boot stages reduced the number of lesions on the evaluated plants, resulting in a similar average of these two timings according to Tukey's test. The highest average was observed for the application at the late boot stage. On the other hand, for the variable CIPP1, the data suggest that the application at the late boot stage differs statistically from the others, showing the lowest mean, according to Tukey's test. Under the untreated condition, for both variables, the means were higher than those under the propiconazole-treated condition and were similar to each other.

Table 4: Breakdown of the fungicide x spray time interaction for the variables Number of Lesions (NL) and First Count of Infected Plants in the Plot (CIPP1).

Spray time	NL		CIPP1	
	Propiconazole	Untreated	Propiconazole	Untreated
Early Boot	5.00 ^B	7.21 ^A	9.17 ^A	11.12 ^A
Mid Boot	5.00 ^B	7.21 ^A	9.83 ^A	11.12 ^A
Late Boot	6.96 ^A	7.20 ^A	6.42 ^B	11.12 ^A
Means	5.65	7.21	8.47	11.12

Means sharing the same letter within a column do not differ statistically according to Tukey's test at a 10% probability level.

The interaction effect graphic for fungicide x spray time allow for inferences about the ideal timings for the application of the fungicide propiconazole compared to the untreated condition (Figure 7). Overall, it is evident that the use of propiconazole at all three spray timings reduces symptoms, as can be observed when compared to the untreated condition for both variables. However, it is noted that reductions in the number of lesions are more effective when applications are made at the early and mid-boot stages (Figure 7A). In the case of CIPP1, this reduction occurs when the application is made at the late boot stage (Figure 7B).

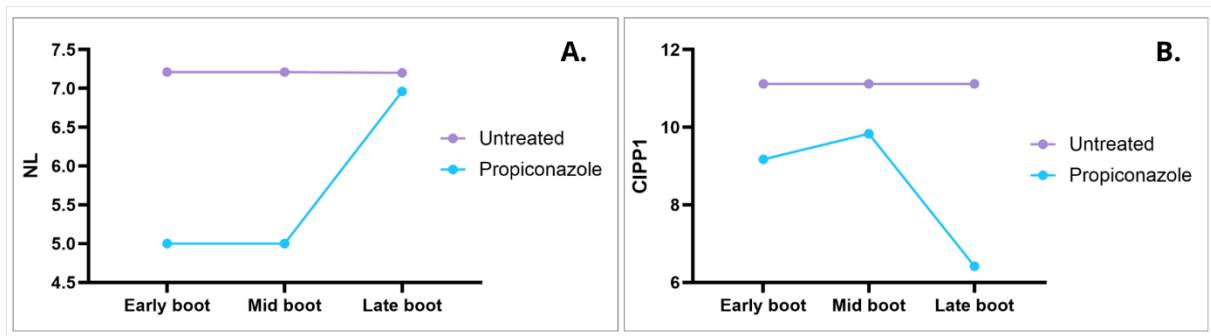


Figure 7: Fungicide x spray time interaction for variables evaluated in a field experiment. A. Behavior of means for the variable Number of Lesions (NL). B. Behavior of means for the variable First Count of Infected Plants in the Plot (CIPP1).

The determination of the ideal timing for fungicide application in each cultivar is inferred from the breakdown of the cultivar x fungicide x spray time interaction, which in the present study did not show significance. However, considering the scarcity of data on *Cercospora*, the visualization of the means comparing fungicide applications at the previously determined timings (early, mid, and late boot) and the untreated condition allows for the

identification of small variations that, although not significant, may suggest important and noteworthy trends for future studies (Figure 8).

For INC in cultivars PVL03 and RT7521FP, there is a trend of reduction in applications made at the early and mid-boot stages, while for CLL19, this reduction is observed only at the early boot stage (Figure 8A). For the ALS variable, these reductions occur only at the mid boot stage in all cultivars, with inconsistency observed in RT7521FP compared to the untreated condition (Figure 8B). However, lesion size alone may not be a reliable indicator of disease severity, as the number of lesions also plays a role. For NL, cultivars PVL03 and RT7521FP showed reductions at the early and mid-boot stages, while CLL19 only showed reductions in applications made at the early boot stage (Figure 8C). CIPP1 and CIPP2 followed similar trends, with reductions at the mid and late boot stages for PVL03, early and late boot stages for CLL19, and only at the late boot stage for RT7521FP (Figure 8D and E). The averages for yield showed small variations, but it is possible to observe that in the cultivar most affected by symptoms, yield at all spray timings was higher than in the untreated condition (Figure 8F).

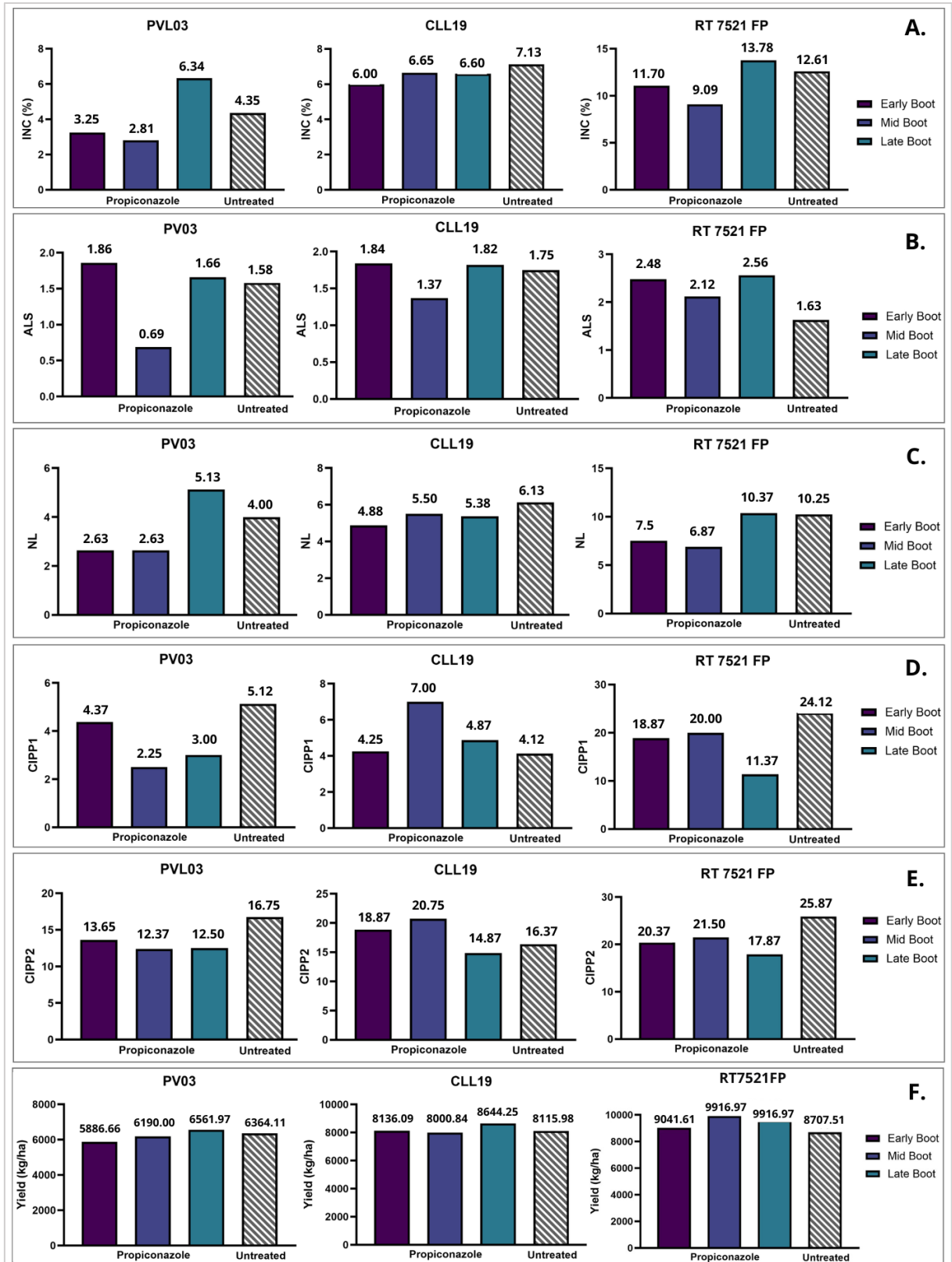


Figure 8: Trends of Averages observed for the evaluated cultivars at each spray timing, comparing propiconazole applications and the untreated condition. A. Incidence (INC). B. Average Lesion Size (ALS). C. Number of Lesions (NL). D. First Count of Infected Plants in the Plot (CIPP1). E. Second Count of Infected Plants in the Plot (CIPP2). F. Grain yield.

The Pearson correlation data indicates weak positive correlations among most of the variables studied. However, incidence and the number of lesions show a strong positive correlation. Additionally, the second strongest positive correlation is observed between CIPP1 and CIPP2. The only negative correlation was found between CIPP2 and Yield, which, being close to zero, is considered weak and negative.

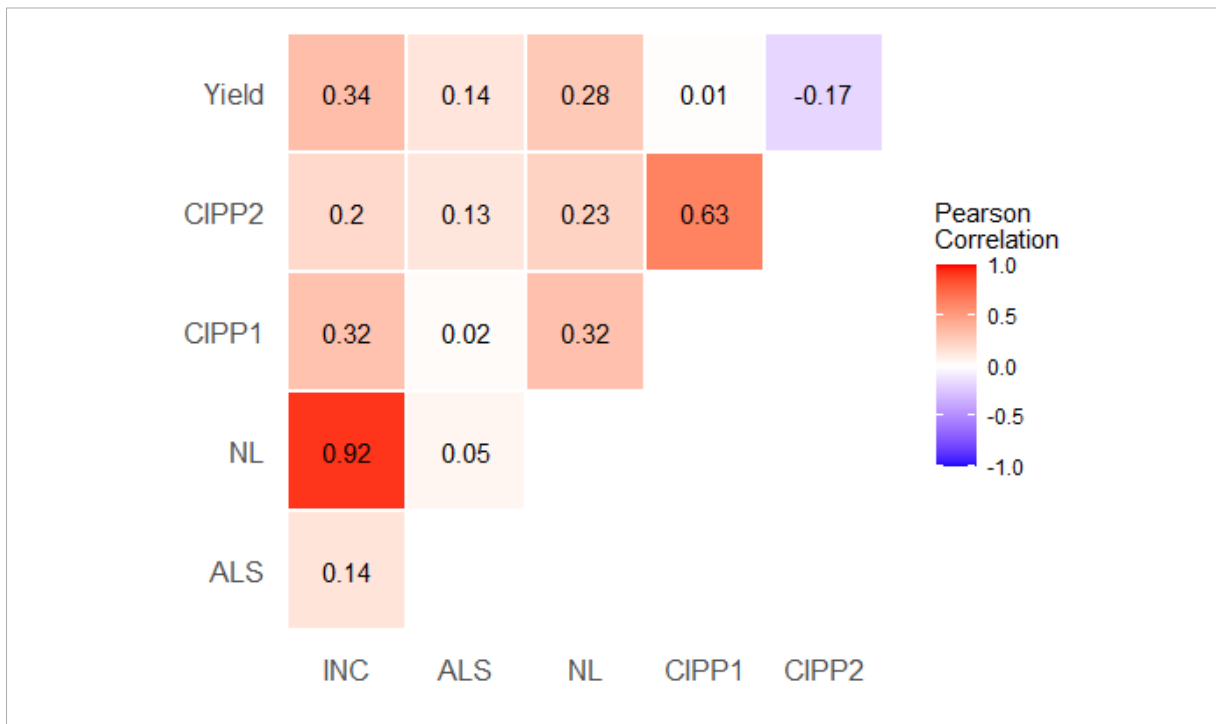


Figure 9: Pearson correlation among the evaluated variables regarding the occurrence and impacts of *C. janseana* in rice cultivars.

4. Discussion

The symptoms caused by *C. janseana* observed in the fields evaluated in the present study are consistent with descriptions found in the literature, which highlight the occurrence of brown, elongated, and net-like lesions on tillers (Groth & Hollier, 2010; Nicolli, 2025). This confirms the occurrence of Cercospora leaf blight (CNB) in the state of Arkansas. However, the effects of this symptom on the plant are not yet well understood, and reports in the literature are scarce.

The results observed in this study allow for inferences about the symptoms found, revealing that the method used for evaluation could generate consistent information on the integration of genetic resistance and fungicide application. Furthermore, the evaluations conducted at different timings through the visualization and counting of symptomatic plants in

the plot revealed a higher number of infected plants in the late evaluations, suggesting that this may be a more appropriate time to analyze the symptoms caused by *Cercospora* in rice. This is particularly relevant considering that this pathogen has a latent period and may express symptoms later (Searight, 2022). This characteristic is common in the *Cercospora* genus, which in other crops, such as soybeans, is responsible for a disease known as late cycle disease (Fernandes et al., 2024).

According to the symptom evaluation, our results indicate that the cultivar RT7521FP was the most affected by CNB. However, the yield data contrasts with the symptom data, as this cultivar showed high grain yield (Figure 3). This suggests that, despite the greater presence of symptoms, RT7521FP can maintain satisfactory grain yield levels, which may indicate disease tolerance. Plant tolerance to pathogens is characterized by the ability to maintain productive potential in scenarios where disease symptoms are present (Pagán & García-Arenal, 2020). Comparisons with other cultivars must consider genetic effects, as RT7521FP is a hybrid, which may influence its genetic capacity for grain yield, especially when compared to inbred such as PVL03 and CLL19. Studies conducted by Xu et al. (2021) indicate that rice hybrids are more grain yield than inbred, even under similar nutrient management conditions. Additionally, comparisons between hybrid and inbred rice suggest greater resistance to *C. janseana* and *Rhizoctonia solani* in hybrid cultivars (Shi et al., 2021), highlighting their potential for integration with fungicides. All these factors are relevant when comparing cultivars and assessing the economic damage caused by the disease.

The average data visualized in Figure 8, although not statistically significant, suggest that the reduction in symptoms caused by the fungicide had a positive impact on the yield of each cultivar. Thus, although RT7521FP remained productive despite showing more symptoms, its average yield was higher in the propiconazole treatment compared to the untreated condition, with an increase ranging from 334.1 to 1209.46 kg/ha, which could represent a significant difference in large-scale production scenarios. This reveals the potential of integrating host resistance and fungicide application, as a single application of propiconazole was sufficient to reduce symptoms and consequently increase yield in the studied cultivars, particularly the hybrid RT7521FP, which was previously classified as moderately resistant to foliar symptoms and here shows indications of tolerance. However, for a more accurate identification of the resistance potential of cultivars RT7521FP, PVL03, and CLL19, as well as a better understanding of the economic damage caused by the disease, further studies under different pathogen incidence scenarios are necessary.

Overall, it is evident that the application of propiconazole reduces CNB symptoms in rice and consequently leads to yield gains (Figure 4). Although there is no consolidated information on how CNB affects grain yield in rice, a comparison with the untreated condition reveals that this symptom impacts crop productivity, and these damages are mitigated by the application of propiconazole. The cultivar x fungicide interactions show a reduction in the number of infected plants in cultivars PVL03 and RT7521FP when treated with propiconazole (Figure 6). Our results are consistent with previous data demonstrating the potential of propiconazole in reducing *C. janseana* infection (Iqbal et al., 2023; Uppala & Zhou, 2019; Mani et al., 2016). However, all these studies only identified foliar symptoms (NBS). Thus, the present work provides pioneering preliminary information on the potential impacts of CNB and the effects of integrating genetic resistance and propiconazole fungicide in controlling this disease. Therefore, our results provide important insights for the management of *Cercospora* in rice and highlight emerging gaps for future research, such as the need for studies and selections considering symptoms caused in different plant structures.

Regarding the evaluated spray timings, the results suggest that under conditions of low pathogen incidence, applications of propiconazole at early, mid, and late boot stages do not show distinguishable effects in reducing disease symptoms for most of the analyzed variables (Figure 5). Studies conducted by Uppala & Zhou (2019) indicate differences between spray timings for the fungicide propiconazole in controlling *C. janseana* in rice. However, the authors used a longer interval between applications, which were performed at the boot and heading stages. In our experiment, all applications of propiconazole were performed during the boot stage. The differences between early, mid, and late boot were not significant under low incidence conditions, but the comparison with the untreated condition reveals that these applications during the boot stage are effective in reducing symptoms, as the fungicide effect was significant. It is worth noting that the applications were made at different timings within the boot stage (early, mid, and late) but not sequentially. In other words, a single application of propiconazole during the boot stage, regardless of whether it was early, mid, or late, was sufficient to observe the fungicide's effect on disease control, which represents an important contribution to low-cost and environmentally friendly management. Studies by Mani et al. (2016) report similar findings when evaluating the effects of propiconazole applied at panicle initiation, early, and late boot stages, with results indicating that a single application at panicle initiation or early boot was more effective in controlling *C. janseana* in rice fields sown in April. An important next step is to understand whether there are differences between early, mid,

and late boot stages under high pathogen incidence scenarios, which require further research. Such studies are necessary for effective management of *C. janseana* in rice, preventing the indiscriminate use of fungicides.

The integration of genetic resistance and fungicide application is an economically and ecologically advantageous strategy, allowing for less intensive use of fungicides, which reduces costs and environmental harm in the control of fungal diseases (Jorgensen et al., 2017). The effect of this integration is visualized through the cultivar x fungicide interaction, which was significant for the variables ALS, CIPP1, and CIPP2. This interaction reveals that the cultivar PVL03, which showed fewer symptoms, experiences a further reduction in symptoms when treated with propiconazole. This behavior is similar for other cultivars. However, RT7521FP shows a divergence from this trend for ALS. It is important to note that lesion size may not be a highly representative variable of disease severity, as the number of lesions must also be considered. The correlation results highlight the importance of considering the number of lesions, which is strongly correlated with incidence. Overall, Pearson correlation can help understand the behavior of the studied variables in analyzing the occurrence and impacts of *C. janseana* in rice. However, the low incidence of the pathogen likely hinders the detection of significant correlations (Janse et al., 2021).

The plot counts followed similar trends, with a reduction in the number of infected plants in cultivars PVL03 and RT7521FP when treated with propiconazole. Thus, it is evident that the integration of these two crucial tools for disease management generates benefits for the control of *C. janseana* in rice. A single application of propiconazole was sufficient to reduce symptomatic plants in these cultivars. On the other hand, CLL19 showed similar numbers of infected plants under both fungicide-treated and untreated conditions, suggesting that this cultivar may have a susceptibility profile that requires sequential fungicide applications to achieve greater symptom reduction. In general, cultivars with a higher susceptibility profile require more intensive fungicide use to reduce symptoms and maintain yield (Wegulo et al., 2011). Therefore, the integration of cultivars PVL03 and, especially, RT7521FP appears to be more effective for the sustainable and efficient management of *C. janseana* in rice.

5. Conclusion

The use of the fungicide propiconazole at different timings during the boot stage in cultivars PVL03, CLL19, and RT7521FP allowed for inferences about the integrating of host resistance and fungicide application, indicating that cultivars PVL03 and RT7521FP, when

combined with propiconazole, can contribute to mitigating the damage caused by *C. janseana* in rice. However, it is important to direct evaluations and selections of resistant materials by considering all symptoms caused by *C. janseana* in rice, as well as to better understand the impacts of these symptoms on the plant and the resistance profiles of the evaluated cultivars.

The ideal timing for propiconazole application in each cultivar requires further studies under higher incidence scenarios to verify the effects of applications at early, mid, and late boot stages. However, it was concluded that a single application of the fungicide during the boot stage was sufficient to reduce the disease under low incidence conditions.

The data obtained here can support further research aimed at effective management of *Cercospora* in rice and reducing the damage caused by this disease.

6. References

- Childs N, Raszap SS, McBride WD (2020) US Rice production changed significantly in the new millennium but remained profitable. *Amber Waves: The Economics of Food, Farming, Natural Resources, and Rural America*.
- Fernandes AFD, Stilgenbauer S, Stammler G, Brahm L, Tiedemann, A. (2024). Identification of *Cercospora* species associated with the late cycle disease complex of soybean in Brazil.
- Groth D, Hollier C Narrow brown leaf spot of rice: *Cercospora janseana* (Racib.) O. Const *C. oryzae* Miyake. Baton Rouge: Louisiana State University Agricultural Center, 2010. (Pub. 3105). Available at: <http://www.lsuagcenter.com>. Accessed on: January 24, 2025.
- Groth D (2013) Why *Cercospora*, blast and bacterial panicle blight are more severe some years. *Rice Diseases Newsletter*, v. 1.
- Iqbal M, Javed N, Shahid M, Ali S, Arshad M (2022). Effect of sowing times and rice varietal resistance on the severity of narrow brown leaf spot disease in relation to environmental conditions. *International Journal of Phytopathology*, 11:215-225.
- Iqbal M, Javed N, Shahid M, Ali, S, Arshad M (2023). Effects of fungicide application timings and genetic resistance of rice varieties on the reduction of percent severity of narrow brown leaf spot disease. *Pakistan Journal of Agricultural Sciences*, 60.

- Islam T, Danishuddin, Tamanna NT, Matin MN, Barai HR, Haque MA. (2024). Resistance mechanisms of plant pathogenic fungi to fungicide, environmental impacts of fungicides, and sustainable solutions. *Plants*, 13:2737.
- Janse R J, Hoekstra T, Jager K J, Zoccali C, Tripepi G, Dekker FW, Van Diepen M (2021). Conducting correlation analysis: important limitations and pitfalls. *Clinical Kidney Journal*, 14:2332-2337.
- Jørgensen LN, Van den Bosch F, Oliver RP, Heick TM, Paveley ND (2017). Targeting fungicide inputs according to need. *Annual review of phytopathology*, 55:181-203.
- Mani KK. Study of factors affecting growth and development of narrow brown leaf spot of rice caused by *Cercospora janseana* (racib.) o. Const. Ph.D. Thesis, Louisiana State University and Agricultural and Mechanical College, Louisiana, 2015.
- Mani KK, Hollier CA, Groth DE (2016) Effect of planting date, fungicide timing and cultivar susceptibility on severity of narrow brown leaf spot and yield of rice. **Crop Protection**, 90:186-190.
- Nicolli C, Pereira JS, Pedrozo R (2025) *Cercospora* diseases in rice. Stuttgart: University of Arkansas System, 2025. Available at: <https://www.uaex.uada.edu>. Accessed on: January 24, 2025.
- Pagán I, García-Arenal F (2020) Tolerance of plants to pathogens: a unifying view. *Annual review of phytopathology* 58:77-96.
- Searight J (2022) Population Genomic Characterization of *Cercospora janseana* on Rice in the Southern United States. Master's thesis-Agricultural & Mechanical College, Louisiana State University, Louisiana.
- Shi J, Zhou XG, Yan Z, Tabien R E, Wilson LT, Wang L (2021). Hybrid rice outperforms inbred rice in resistance to sheath blight and narrow brown leaf spot. *Plant Disease*, 105:2981-2989.
- Singh V, Zhou S, Ganie Z, Valverde B, Avila L, Marchesan E, Merotto A, Zorrilla G, Burgos N, Norsworthy J, Bagavathiannan M (2017). Rice production in the Americas. *Rice production worldwide*, 137-168.
- Soura HB, Gnancadja-Andre SL, Zandjanakou-Tachin M, Gandonou C, Baba-Moussa FA (2020). Etude de l'effet de *Cercospora oryzae* Miyake sur la qualite des grains du riz et le

developpement de la ternissure. *International Journal of Biological and Chemical Sciences*, 14:440-451.

Uppala S, Zhou XG. (2019) Optimum timing of propiconazole to manage narrow brown leaf spot in the main and ratoon rice crops in Texas. *Crop Protection* 124:104854.

Wamishé Y, Cartwright R, Lee F (2013) Management of rice diseases. *In: Hardke, J.T. Compendium of Rice Diseases and Pests*, Ed.; University of Arkansas Cooperative Extension Service: Little Rock, AR, USA, pp123–223.

Hardke J, Chlapecka J, Barber T, Bateman N, Drescher G, Hamilton M, Henry C, Mazzanti R, Nicolli C, Norsworthy J, Roberts T, Scott B (2024). *Rice Management Guide*, Arkansas: University of Arkansas System Division of Agriculture, 2024. Available at: <https://www.uaex.uada.edu/search/default.aspx?ousearchq=+management+guide+2024&prox=page&sufs=2&order=r&rorder=500&rprox=750&rdfreq=250&rwfreq=750&rlead=750&rdepth=62>. Accessed on Feb. 5, 2025.

Wegulo SN, Bockus WW, Nopsa JH, De Wolf ED, Eskridge KM, Peiris KH, Dowell FE, (2011). Effects of integrating cultivar resistance and fungicide application on *Fusarium* head blight and deoxynivalenol in winter wheat. *Plant disease* 95:554-560.

Xu L, Yuan S, Wang X, Yu X, Peng S. (2021). High yields of hybrid rice do not require more nitrogen fertilizer than inbred rice: A meta-analysis. *Food and Energy Security* 10:341-350.

TERCEIRA PARTE

CONSIDERAÇÕES FINAIS

As estratégias analisadas para o enfrentamento de estresses bióticos e abióticos na cultura do arroz na presente tese revelam importantes ganhos para mitigar os efeitos destes desafios na produção da cultura em sistemas de terras altas e inundado. Estes resultados contribuem para o melhor entendimento da resposta de diferentes genótipos a estes estresses, bem como a compreensão do manejo adequado e sustentável, favorecendo a manutenção da produtividade do arroz em cenários de adversidades ambientais.

A avaliação e estudo de genótipos com potencial de tolerância ou resistência a estresses abióticos e bióticos representam uma importante ferramenta para o enfrentamento dos desafios ambientais que limitam a produção do arroz. Estes estudos podem ser subsidiados por diferentes ferramentas de fenotipagem em campo e ambientes simulados. Além disso, outras áreas como a biotecnologia e bioquímica podem fornecer dados primordiais para a compreensão dos mecanismos de tolerância ou resistência. Estes genótipos associados as estratégias de manejo geram ganhos valiosos para a manutenção e expansão da produção de arroz no mundo.