

ANÁLISE FILOGENÉTICA DO GÊNERO *ORYZA* COM ÊNFASE NAS ESPÉCIES BRASILEIRAS

Ludivina L. Rodrigues¹; Rejane R. Souza²; Aluana G. Abreu³; Paulo Hideo N. Rangel⁴

¹ Estudante de graduação em Agronomia, UFG, Goiânia, GO, Brasil, ludivina_rodrigues@hotmail.com.

² Estudante de graduação em Ciências Biológicas, UNI-Anhanguera, Goiânia, GO, Brasil, reriibeiro@hotmail.com.

³ Dr^a em Genética e Biologia Molecular, Embrapa, Stº Antônio de Goiás, GO, Brasil, aluana.abreu@embrapa.br.

⁴ Dr em Melhoramento Genético de Plantas, Embrapa, Stº Antônio de Goiás, GO, Brasil, paulo.hideo@embrapa.br.

O gênero *Oryza* é composto por aproximadamente 23 espécies distribuídas na Ásia, América do Sul, América Central, África, e Austrália, organizados em 10 grupos genômicos, sendo seis diploides (AA, BB, CC, EE, FF e GG) e quatro tetraploides (BBCC, CCDD, HHJJ e HHKK). Ainda são dispostas no Brasil populações de arroz silvestre em condições naturais, isoladas de cultivos comerciais e, portanto, sem a introgressão de alelos da espécie cultivada. As espécies brasileiras silvestres de *Oryza* são *O. alta*, *O. grandiglumis* e *O. latifolia*, com genoma CCDD (2n=48), e *O. glumaepatula* com genoma AA (2n=24). Destas espécies, *O. glumaepatula* por ser autógama, diploide e possuir genoma semelhante ao da espécie mais cultivada (*O. sativa*), é a que tem maior potencial de uso no melhoramento genético. Há poucos estudos genéticos sobre as espécies brasileiras de arroz e algumas questões ainda não foram esclarecidas, como a posição de *O. glumaepatula* dentro do grupo AA. Esse trabalho teve o objetivo de inferir as relações filogenéticas das espécies brasileiras do gênero *Oryza*, analisando sequências do gene cloroplastidial maturase K (matK). O matK é um gene de cerca de 1500 pares de bases (pb), que já foi utilizado em estudos de filogenia do gênero *Oryza*. Para execução do trabalho foram utilizados 12 acessos do Banco Ativo de Germoplasma de Arroz da Embrapa: cinco de *O. glumaepatula*, um de *O. grandiglumis*, um de *O. latifolia* e cinco de *O. alta*. A extração de DNA foi feita pelo método CTAB 2%. O fragmento amplificado foi sequenciado em um ABI 3500 XL (Applied Biosystems). As sequências foram editadas, alinhadas e recortadas juntamente com as sequências de matK de outras espécies obtidas no GenBank. A seleção do modelo de evolução molecular e a construção da árvore foram feitos pelo método da máxima verossimilhança, com 1000 reamostragens bootstrap. Foram obtidos fragmentos de 1340 pb para todos os acessos com exceção de *O. latifolia*, cujo fragmento foi de apenas 420 pb e não foi incluído nas análises. As espécies *O. grandiglumis* e *O. alta* se agruparam com *O. rhizomatis* e *O. officinalis* do grupo CC, e *O. eichingeri* do grupo BBCC. Isso sugere que o parental materno dessas espécies, que são do grupo CCDD, é uma espécie do grupo CC, como já observado em outros trabalhos. Ainda não foi encontrado nenhum representante do grupo DD. Um acesso de *O. alta* coletado no estado do Amazonas se agrupou com os representantes de *O. grandiglumis* e a sequência de *O. alta* do GenBank, e o outro se agrupou com os três do Tocantins. Todas as espécies de genoma AA formaram um único grupo, dividido em dois ramos. Em um, agruparam-se os acessos de *O. glumaepatula* coletados em Amazonas e Goiás e as espécies *O. glaberrima* e *O. nivara*. No outro ramo, ficaram os acessos de *O. glumaepatula* de Mato Grosso do Sul, Tocantins e Roraima e as demais espécies do grupo AA, *O. sativa*, *O. barthii*, *O. longistaminata* e *O. rufipogon*. Esta diversidade de sequências cloroplastidiais em *O. glumaepatula* já foi observada em outros trabalhos e pode ser um indício da origem polifilética dessa espécie.