

## Relações filogenéticas das espécies brasileiras do gênero *Oryza*

Ludivina Lima Rodrigues<sup>1</sup>, Rejane Ribeiro de Souza<sup>2</sup>, Aluana Gonçalves de Abreu<sup>3</sup>, Paulo Hideo Nakano Rangel<sup>4</sup>

O gênero *Oryza* é composto por 23 espécies distribuídas na Ásia, América do Sul, América Central, África, e Austrália, organizados em 10 grupos genômicos, sendo 6 diploides (AA, BB, CC, EE, FF e GG) e 4 tetraploides (BBCC, CCDD, HHJJ e HHKK) (Vaughan et al., 2003). O Brasil é um dos poucos países do mundo que ainda dispõem de populações de arroz silvestre em condições naturais, isoladas de cultivos comerciais e, portanto, sem a introgressão de alelos da espécie cultivada (Rangel et al., 2006). 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. A Embrapa vem utilizando esta espécie em um programa de pré-melhoramento, com o objetivo de incorporar seus genes em linhagens/cultivares elites, que serão usadas na ampliação da base genética das populações do melhoramento de arroz. 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. O objetivo desse trabalho foi 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 bp (Soltis et al., 1998), que já foi utilizado em estudos de filogenia do gênero *Oryza* (Ge et al., 1999 e 2002). Foram utilizados 14 acessos do Banco Ativo de Germoplasma (BAG): 2 de *O. sativa*, 5 de *O. glumaepatula*, 1 de *O. grandiglumis*, 5 de *O. alta* e 1 de *O. latifolia*. A extração de DNA e a amplificação de um fragmento do gene matK foram realizados no laboratório de biotecnologia da Embrapa Arroz e Feijão, segundo os protocolos descrito em Ge et al. (1999). O produto amplificado (~420 pares de bases) foi diluído e submetido à eletroforese capilar em um analisador automático ABI 3500 XL (Applied Biosystems). As sequências foram editadas, alinhadas e recortadas no programa BioEdit, versão 7.0.5.2 (Hall, 1999), juntamente com as sequências de matK de outras 14 espécies obtidas no GenBank. O programa MEGA, versão 6.06 (Tamura et al., 2013) foi utilizado para a seleção do modelo de evolução molecular (Tamura, 1992) e a construção da árvore pelo método da máxima verossimilhança, com 1000 reamostragens bootstrap. As espécies brasileiras do grupo CCDD se agruparam com as duas espécies do grupo CC, *O. rhizomatis* e *O. officinalis*. Todas as espécies de genoma AA formaram um único grupo, dividido em dois ramos. Em um, agruparam-se os acessos de *O. glumaepatula* coletados nos estados de 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 (Dally & Second, 1990; Oliveira, 2002; Lee et al., 2014). Na próxima etapa desta pesquisa, para explorar as relações filogenéticas da espécie *O. glumaepatula* no grupo AA, serão incluídos acessos de *O. glumaepatula* de outras localidades e será amplificado um fragmento maior do gene matK.

<sup>1</sup> Estudante de graduação em Agronomia da Universidade Federal de Goiás, bolsista PIBIC/CNPq da Embrapa Arroz e Feijão, Goiânia, GO, ludivina\_rodrigues@hotmail.com

<sup>2</sup> Estudante de graduação em Ciências Biológicas da UNI-Anhanguera - Centro Universitário de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, reribeiro@hotmail.com

<sup>3</sup> Bióloga, Dra. em Recursos Genéticos Vegetais, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, aluana.abreu@embrapa.br

<sup>4</sup> Engenheiro agrônomo, Dr. em Melhoramento Genético de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, paulo.hideo@embrapa.br