

## Filogenia das espécies silvestres brasileiras de arroz (*Oryza ssp.*) através do gene cloroplastidial *matK*

Ludivina Lima Rodrigues<sup>1</sup>, Aluana Gonçalves de Abreu<sup>2</sup>, Paulo Hideo Nakano Range<sup>3</sup>

O Brasil é um dos poucos países do mundo que ainda dispõe de populações de arroz silvestre em condições naturais. São elas: *Oryza alta*, *O. grandiglumis* e *O. latifolia*, com genoma CCDD, e *O. glumaepatula* com genoma AA. As espécies *O. latifolia* e *O. glumaepatula* já foram importante fonte de alimentação de índios Guató, localizados nas margens do rio Paraguai. Para as demais espécies silvestres, não foram encontrados relatos de uso na alimentação humana. Contudo, as quatro espécies contribuem para a alimentação da fauna local de seus respectivos biomas de origem. O arroz silvestre é considerado um produto de sabor agradável, com teor de vitaminas e proteínas elevado. A maioria dos trabalhos realizados com espécies silvestres de arroz envolvem aspectos genéticos, com o propósito de selecionar genes que possam melhorar a espécie cultivada. Há poucos estudos filogenéticos sobre as espécies brasileiras de arroz e algumas questões ainda não foram esclarecidas no contexto geral, como a posição de *O. glumaepatula* dentro do grupo AA. Pensando nisso, este trabalho teve o objetivo de inferir as relações filogenéticas das espécies brasileiras do gênero *Oryza*, utilizando indivíduos oriundos de coletas nativas, por meio de análises de sequências do gene cloroplastidial maturase K (*matK*). Esse gene possui cerca de 1500 bp e já foi utilizado em estudos anteriores de filogenia do gênero *Oryza*. Para execução da pesquisa foram utilizados treze acessos do Banco Ativo de Germoplasma (BAG): quatro de *O. alta*, dois de *O. latifolia*, cinco de *O. glumaepatula* e dois de *O. grandiglumis*. A extração de DNA desses acessos foi realizada pelo método CTAB 2% e pelo Kit de extração de DNA Invisorb® Spin Plant Mini Kit (STRATEC Biomedical AG). 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 vinte e três espécies representativas do gênero *Oryza*, 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, não sendo incluído nas análises. De acordo com a árvore filogenética construída, foi observado que 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 existem relatos sobre representantes do grupo DD. Todas as espécies de genoma AA formaram um único grupo, dividido em dois ramos. Em um, agruparam-se os acessos de *O. glumaepatula* coletados no Amazonas e Goiás com as espécies *O. glaberrima* e *O. nivara*, sendo essas espécies de origem africana. No outro ramo ficaram os acessos de *O. glumaepatula* de Mato Grosso do Sul, Tocantins e Roraima com as demais espécies do grupo AA, *O. sativa*, *O. barthii*, *O. longistaminata* e *O. rufipogon*, espécies de origem asiática. Esse resultado confirma a diversidade de sequências cloroplastidiais em *O. glumaepatula*, podendo ser um indicio da origem polifilética dessa espécie. Contudo, este trabalho diverge dos demais trabalhos, pois foi utilizado um maior número de indivíduos brasileiros, mostrando que esse comportamento não acontece apenas entre indivíduos de diferentes países, mas também dentro das populações brasileiras. Para elucidar melhor a origem das espécies silvestres brasileiras devem ser realizadas novas análises com as amostras usadas no trabalho com um gene nuclear, para que se tenham mais informações da origem dessas espécies. Além disso, devem ser incorporados mais acessos da espécie *O. glumaepatula*, para melhor esclarecer essa diversidade de sequências cloroplastidiais dentro do grupo AA. Apesar do levantamento dessas novas questões, este trabalho contribuiu para esclarecimento de algumas lacunas, anteriormente levantadas pela comunidade acadêmica, sobre a origem das espécies silvestres de arroz. Com essa abordagem temos informações relevantes que podem vir a contribuir em etapas iniciais de projetos de melhoramento, com o intuito de desenvolver populações com potencial agrônomo com caracteres como produção, hábito de crescimento, resistência a pragas, entre outras.

<sup>1</sup> Engenheira-agrônoma, mestranda em Genética e Melhoramento de Plantas da Universidade Federal de Goiás, estagiária da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, ludivina\_rodrigues@hotmail.com

<sup>2</sup> Bióloga, doutora em Genética e Biologia Molecular, pesquisadora da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, aluana.abreu@embrapa.br

<sup>3</sup> Engenheiro-agrônomo, doutor em Genética e Melhoramento de Plantas, pesquisador da Embrapa Arroz e Feijão, Santo Antônio de Goiás, GO, paulo.hideo@embrapa.br