

Genética e Melhoramento de Plantas

Análise da variabilidade genética cloroplastidial em *Cenchrus ciliaris* com base no gene *rbcL*⁽¹⁾

Maria Gabriele Teixeira Almeida⁽²⁾, Vitor Aquino de Sousa⁽³⁾, Fábio Mendonça Diniz⁽⁴⁾

⁽¹⁾ Trabalho realizado com apoio financeiro do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq) e Embrapa. ⁽²⁾ Bolsista PIBIC/CNPq, Embrapa Caprinos e Ovinos, Sobral, CE. ⁽³⁾ Estudante de graduação em Zootecnia, Universidade Estadual Vale do Acaraú, Sobral, CE. ⁽⁴⁾ Pesquisador, Embrapa Caprinos e Ovinos, Sobral, CE.

Resumo - O capim-buffel (*Cenchrus ciliaris*) é uma gramínea forrageira amplamente utilizada em regiões semiáridas, destacando-se pela resistência à seca, qualidade nutricional e alta digestibilidade. Adaptado a solos e climas adversos, tem sido alvo de programas de melhoramento genético que incorporam ferramentas moleculares, como marcadores de DNA. Entre estes, o DNA cloroplastidial (cpDNA), especialmente o gene *rbcL*, é relevante por reunir regiões conservadas e variáveis, permitindo estudos de sistemática, filogenia e diversidade genética. Este estudo teve como objetivo avaliar a variabilidade genética cloroplastidial entre três genótipos de *C. ciliaris* (CPATSA – D7F, ARIDUS – C7F e BAG117 – B7F) por meio da amplificação e sequenciamento do gene *rbcL*, analisando polimorfismos, inserções/deleções e identidade nucleotídica. O DNA foi extraído de sementes, o gene amplificado por PCR e as sequências alinhadas para estimar distância genética, diversidade nucleotídica (π), diversidade haplotípica (Hd), número de sítios polimórficos (S) e variação genética via análise por janela deslizante. A relação filogenética foi inferida pelo método de máxima verossimilhança (ML) com suporte de *bootstrap*. Os resultados indicaram menor distância genética entre B7F e D7F ($p = 0,0174$), enquanto C7F apresentou maior divergência ($p \approx 0,09$), evidenciando pelo menos duas linhagens maternas distintas. A diversidade haplotípica foi máxima (Hd = 1) e a diversidade nucleotídica moderada a alta ($\pi = 0,064$), com 45 sítios polimórficos detectados. A análise por janela deslizante revelou maior variabilidade nas extremidades da sequência e maior conservação na região central, sugerindo potencial para o desenvolvimento de novos marcadores moleculares. A árvore filogenética corroborou a proximidade entre B7F e D7F e o isolamento genético de C7F, padrão comum em espécies amplamente distribuídas, onde barreiras ao fluxo gênico ou introdução de material de diferentes origens mantêm a diferenciação. Conclui-se que o gene *rbcL* é eficiente para detectar variabilidade genética cloroplastidial no capim-buffel, subsidiando estratégias de conservação e melhoramento genético, essenciais para a sustentabilidade da produção animal no Semiárido.

Termos para indexação: marcadores moleculares, melhoramento genético vegetal, regiões semiáridas.