

Caracterização de populações de *O. glumaepatula* nativas de Tocantins e Roraima por marcadores SSR

Rosa, TM^{1,2}; Borba, TCO²; Brondani, RPV²; Rangel, PHN²; Brondani, C²

¹ Instituto de Ciências Biológicas, Universidade Federal de Goiás

² Laboratório de Biotecnologia, Embrapa Arroz e Feijão
Thalitamara1@gmail.com

Palavras-chave: *Oryza glumaepatula*, variabilidade genética, marcadores SSR, recursos genéticos.

No Brasil são encontradas quatro espécies silvestres de arroz, e dentre estas somente *Oryza glumaepatula* (genoma AA) é capaz de produzir descendentes férteis em cruzamento com o arroz cultivado (*O. sativa*). A maioria das populações de *O. glumaepatula* encontra-se em áreas isoladas, e são uma fonte potencial de genes úteis para o melhoramento do arroz. O objetivo deste trabalho foi o de caracterizar a diversidade genética de populações de *O. glumaepatula* através de marcadores microssatélites. As 19 populações de *O. glumaepatula* foram obtidas de coletas realizadas nos Estados de Roraima (oito), no ano de 2005, e Tocantins (onze), no ano de 2006. Um total de 180 indivíduos foi amostrado e o número de indivíduos por população variou de um a doze. Da caracterização molecular, conduzida com seis marcadores microssatélites, obteve-se um PIC médio de 0,67, variando de 0,48 a 0,91, número de alelos/marcador médio de 11,3, variando de 4 a 24. Foram identificados 68 alelos, dos quais 32 foram encontrados em um único indivíduo. A diversidade gênica variou entre as populações com valores de zero a 0,52, com média de 0,24. A distância genética média de Rogers modificado por Wright entre todas as 19 populações foi de 0,67. Foi possível identificar a formação de dois grupos distintos a partir da Análise Fatorial de correspondência, e a subdivisão encontrada foi compatível com os locais de coleta, porém não foi encontrada evidência de estruturação populacional. A partir das estatísticas de F de Wright foi possível identificar uma alta diferenciação entre as populações coletadas ($F_{st} = 0,62$). O valor de F_{it} foi de 0,72 e o índice de fixação (F_{is}) médio entre as populações foi de 0,25. A caracterização molecular das populações de *O. glumaepatula* permitiu avaliar detalhadamente o nível da variabilidade genética existente entre diferentes pontos de coleta, em duas Unidades de Federação que ainda não haviam sido estudadas até o momento. Os dados obtidos neste trabalho hoje fazem parte de um banco de dados que reúnem mais de 200 populações brasileiras de *Oryza sp.*, correspondendo a um acervo de grande importância para conservação destas espécies silvestres, e como fonte de variabilidade genética para o arroz cultivado.