

Caracterização molecular 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

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 20 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 196 indivíduos foi amostrado e o número de indivíduos por população variou de um a doze. Da caracterização molecular, conduzida com vinte e três marcadores microssatélites, obteve-se um PIC médio de 0,60, variando de 0,01 a 0,92, número de alelos/marcador médio foi de 9,4 variando de 2 a 23. Foram identificados 206 alelos, dos quais 70 foram privados e apenas um encontrado em uma das populações. A diversidade gênica variou entre as populações com valores de 0,04 a 0,37, com média de 0,22. A distância genética média de Rogers modificado por Wright entre todas as 20 populações foi de 0,63. 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. A partir das estatísticas de F de Wright foi possível identificar uma alta diferenciação entre as populações coletadas ($F_{st} = 0,60$) visto que se trata de populações coletadas em locais diferentes. O valor de F_{it} foi de 0,83 e o índice de fixação (F_{is}) médio entre as populações foi de 0,57. 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 reúne 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.

¹ Bióloga, estudante de graduação, Biotecnologia, Embrapa, thalitamarra1@gmail.com

² Engenheira de Alimentos, pesquisador, Biotecnologia, tereza@cnpaf.embrapa.br

³ Bióloga, pesquisador, Biotecnologia, rosanavb@cnpaf.embrapa.br

⁴ Engenheiro Agrônomo, pesquisador, Biotecnologia, phrangel@cnpaf.embrapa.br

⁵ Engenheiro Agrônomo, pesquisador, Biotecnologia, cbrondani@ibest.com.br