

**CARACTERIZAÇÃO DE MARCADORES MICROSSATÉLITES (SSRS) E
DIVERSIDADE GENÉTICA EM POPULAÇÕES DE *SCHIZOLOBIUM
PARAHYBA* E *AMAZONICUM***

Fernanda da Cruz¹, Andreia Carina Turchetto-Zolet^{1,2}, Marcia Margis-Pinheiro^{1,2} e Rogério Margis^{1,2} (orient.)

¹Centro de Biotecnologia, Universidade Federal do Rio Grande do Sul; ²Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular, UFRGS; fernandacruz86@hotmail.com; rogerio.margis@ufrgs.br.

Schizolobium (Fabaceae-Caesalpinioideae) encontra-se amplamente distribuído em Florestas tropicais e divide-se em duas espécies: *Schizolobium parahyba*, que ocorre na Mata Atlântica, desde o estado de Santa Catarina até a Bahia e *S. amazonicum*, que ocorre na Floresta Amazônica e América Central. Apresentam importância econômica (extração de madeira) e ecológica (estabelecimento de sucessão de espécies nativas). O conhecimento do padrão de distribuição da diversidade genética, fluxo gênico e filogeografia das espécies que compõe um ecossistema, permitem a compreensão da dinâmica e dos processos envolvidos na manutenção da biodiversidade, possibilitando a conservação e o manejo dos recursos genéticos existentes. Nesse contexto, o uso de marcadores moleculares, como os microssatélites (SSRs), tem sido de extrema importância. Este estudo visa caracterizar marcadores SSRs para *Schizolobium parahyba* e *S. amazonicum* e estudar a diversidade genética em populações destas espécies. Os dados moleculares serão utilizados para realizar estudos de modelagem de simulação através do software ECOgene. Amostras de câmbio foram coletadas de plantas em 18 populações nos diferentes locais de ocorrência: Mata Atlântica (Santa Catarina até a Bahia), na Mata Amazônica (Mato Grosso, Amazonas e Colômbia) e em Florestas tropicais do Equador, Costa Rica e Honduras. Reações de PCR foram efetuadas com quatro combinações de primers para microssatélites (Sch7, Sch8, Sch28 e Sch66), previamente desenvolvidos para indivíduos de *Schizolobium*. O polimorfismo das amostras foi detectado em sequenciador MEGABACE usando o padrão de tamanho ROX. A análise da diversidade genética foi realizada usando o software Arlequin e a análise baiesiana foi feita no structure. Os quatro loci analisados foram polimórficos, sendo que nove alelos foram identificados para o locus Sch7; vinte alelos para o locus Sch8; seis alelos para o locus Sch28 e treze para o locus Sch66. A análise Baiesiana revelou quatro principais grupos, sendo dois na Mata Atlântica, um na Amazônia e outro na América Central. Os dados moleculares serão utilizados para realizar estudos de modelagem de simulação em um fragmento de Mata Atlântica em Santa Catarina (Porto Belo). Para isso, será utilizado o software ECOgene que foi desenvolvido para analisar os impactos antrópicos ao sistema genético de espécies arbóreas florestais. Os avanços em genética alertam para a importância de considerar a biodiversidade em seus elementos básicos para garantir o seu futuro, assegurando, assim, o uso de material adaptado, que maximize a produção, sem destruir a diversidade genética dos ecossistemas.

(Apoio: CNPq)