

DIVERSIDADE GENÉTICA DE UMA POPULAÇÃO NATURAL DE *BAGASSA GUIANENSIS* AUBL.-TATAJUBA ESPÉCIE MADEIREIRA TROPICAL

Silva, MB^{1,2}; Azevedo, VCR²; Silva, VP²; Kanashiro, M³; Ciampi, AY²

¹Universidade Federal do Pará-Bragança Pa. ²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, CENARGEN, Brasília. ³Embrapa Amazônia Oriental.

marivana@ufpa.br

Palavras-chave: SSR, manejo florestal, microssatélites

Bagassa guianensis Aubl. (Moraceae) é uma espécie arbórea, dióica, tropical, de grande importância na indústria madeireira. A compreensão dos processos ecológicos e genéticos em um ecossistema florestal possibilitará avaliar as implicações das práticas de exploração da espécie em populações naturais, orientando assim medidas mais adequadas para o seu manejo. Para tanto, dados genéticos com estimativas da diversidade genética, de parentesco e de fluxo gênico deverão ser avaliados com o uso de marcadores moleculares como microssatélites. Este marcador também conhecido por seqüências simples repetidas (Simple Sequence Repeats – SSR) apresenta uma série de vantagens como: ampla e uniforme distribuição em genomas de eucariotos, altamente variáveis, multialélicos e co-dominante, portanto, com alto conteúdo informativo genético. Os SSRs para Tatajuba desenvolvidos na Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia no Laboratório de Genética Vegetal foram utilizados numa análise preliminar de 33 adultos reprodutivos (DAP>20cm) e 2 famílias com 25 e 27 descendentes. A genotipagem com 12 locos SSRs com resolução em prata no gel de poliacrilamida desnaturante, evidenciou uma média de 5.6 alelos/locos e diversidade genética de 60%. Os resultados da análise dos 52 descendentes, indivíduos de uma outra geração, não mostraram diferenças significativas (Alelos/loco = 4,3 e H_e = 0,59) quanto a diversidade genética. A genotipagem de todos os indivíduos adultos e juvenis, totalizando 96 indivíduos de uma população natural da espécie que ocorre em 500 hectares de área manejada na Floresta Nacional do Tapajós (Belterra, Pa.) vem sendo realizada, com 12 locos SSRs marcados com fluorescência em sistema *multiplex* com detecção por Laser do seqüenciador automático de DNA (ABI 377). A mesma estratégia de *primer tail* otimizado em eucalipto por Missiaglia & Grattapaglia vem sendo utilizada para essa análise, o que vem reduzir muito o custo com síntese de oligos marcados com 3 diferentes fluorocromos. Este é um dos estudos que estão sendo gerados no âmbito do projeto *Conservação Genética em Florestas Manejadas na Amazônia Brasileira – Dendrogene*, coordenado pela Embrapa Amazônia Oriental/DFID, o qual objetiva principalmente avaliar os impactos da exploração madeireira na biodiversidade florestal, visando o uso sustentável da floresta

(apoio: Embrapa Amazônia Oriental/DFID/IBAMA).