

ESTRUTURA GENÉTICA DE POPULAÇÕES DE MOGNO (*Swietenia macrophylla*: Meliaceae) NA AMAZÔNIA BRASILEIRA BASEADA EM SISTEMAS MULTIPLEX DE MARCADORES MICROSATELITES

M.R. LEMES¹ (mlemes@inpa.gov.br); R.P.V. BRONDANI²; D. GRATTAPAGLIA²

¹INPA; ²Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

O mogno (*Swietenia macrophylla*) é a espécie madeireira de maior valor comercial na região Neotropical. Nos últimos anos, o status de conservação da espécie tem sido objeto de grande preocupação devido à super-exploração. Apesar de sua importância, nenhuma informação existe em relação à extensão e distribuição da variação genética em populações naturais de mogno. Nós estamos interessados em entender os padrões de estrutura genética, sistema de cruzamento e fluxo gênico em *S. macrophylla*. Neste estudo apresentamos os resultados referentes ao desenvolvimento e caracterização de marcadores microssatélites e a análise da estrutura genética de 7 populações de *S. macrophylla* na Amazônia brasileira. As condições de PCR e detecção de fluorescência foram otimizadas para 10 locos microssatélites em sistemas multiplex. Os produtos amplificados foram detectados através de eletroforese em gel de poliacrilamida 5% em sequenciador de DNA ABI Prism 377. O número de alelos observados por loco variou de 14 a 26 sendo a média de 18.2. A heterozigosidade média observada foi de 0.71 e a heterozigosidade média esperada foi de 0.74. O coeficiente de endogamia $F_{IS} = 0.04$ (I.C a 95% - 0.0002 a 0.086) não diferiu significativamente de zero sugerindo sistema reprodutivo predominantemente alógamo. O coeficiente de diferenciação genética $F_{ST} = 0.13$ (I.C a 95% 0.08 a 0.19) observado foi relativamente alto quando comparado a outras espécies de árvores tropicais. Uma análise da variância molecular (AMOVA) utilizando 68 marcadores dominantes RAPD em 2 das 7 populações amostradas mostrou congruência com os dados de marcadores codominantes microssatélites para os mesmos indivíduos. A maior parte da variação genética (75%) observada está contida dentro de populações. Os resultados sugerem a existência de significativa estruturação da variação genética ao longo da distribuição geográfica de *S. macrophylla*. Tais parâmetros devem ser considerados na proposição de estratégias para conservação deste valioso recurso.

Palavras-chave: Mogno, Caracterização, DNA

Fontes financiadoras: PADCT/CNPq, WWF, Fundação Margaret Mee