



Resumo

ESTIMATIVA DE DIVERSIDADE GENÉTICA DE CEDRO (MELIACEAE), UMA ESPÉCIE AMEAÇADA

Autores:

Patrícia Sanae Sujii (1), Ana Yamaguishi Ciampi (2)

Filiação:

1. Universidade de Brasília, Brasília, DF, Brasil, 2. Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia, Brasília, DF, Brasil

Palavras Chave:

Cedrela fissilis, genética de populações, SSR

Resumo:

O cedro, *Cedrela fissilis* Vell. (Meliaceae), é utilizado para marcenaria, construção e reflorestamento heterogêneo de áreas degradadas. É classificado como espécie ameaçada, com alto risco de extinção pela IUCN (Red List of Threatened Species) devido ao alto nível de exploração e à degradação das áreas de ocorrência (florestas semidecídua e pluvial Atlântica). Estudos genéticos de populações ameaçadas são importantes para o planejamento de estratégias de conservação que proporcionem maior viabilidade da espécie. Marcadores SSR (Simple Sequence Repeats) são vantajosos para esse fim, pois possuem elevado conteúdo de informações de polimorfismo, apresentam expressão co-dominante e multialélica, além de serem muito frequentes e distribuídos ao acaso em genomas eucariotos. O estudo teve como objetivo gerar informações de diversidade genética a fim de fornecer subsídios para a conservação e a reintrodução de *C. fissilis*. Fragmentos de DNA de oito famílias (um adulto e 11 indivíduos da progênie de meio-irmãos) de uma população foram amplificados via PCR (Polymerase Chain Reaction) utilizando três iniciadores microssatélites desenvolvidos para a espécie. A genotipagem dos fragmentos foi feita utilizando seqüenciador automático e os programas GeneScan e Genotyper. A partir dos dados gerados, foram calculados: Heterozigosidade esperada (H_e) e observada (H_o), número de alelos polimórficos por loco (A_p) e índice de fixação (f). Os três iniciadores utilizados permitiram a amplificação de quatro locos, com A_p variando entre quatro e 10, $H_e=0,67$, $H_o=0,68$, $f=-0,02$. Esses resultados evidenciam a potência dos marcadores nas investigações de estimativa de fluxo gênico, paternidade e diversidade genética. Estudos com outros dois iniciadores estão sendo desenvolvidos visando obter pelo menos cinco locos para avaliar quatro populações, estabelecer sua estrutura populacional e diversidade genética para subsidiar estratégias de conservação e recuperação áreas degradadas.