

**FILOGEOGRAFIA E HISTÓRIA EVOLUTIVA DE *SCHIZOLOBIUM*
(FABACEAE, CAESALPINIOIDEAE) BASEADO EM MARCADORES
PLASTIDIAIS**

Nicole Moreira Veto^{1,2}, Andreia Carina Turchetto Zolet^{1,3}, Fernanda Cruz¹, Fabiano Salgueiro⁴, Marcia Pinheiro Margis³ e Rogerio Margis^{1,3} (orient.)

¹Centro de Biotecnologia, UFRGS; ²Universidade do Vale do Rio dos Sinos – UNISINOS;

³Programa de Pós-Graduação em Genética e Biologia Molecular, UFRGS;

⁴Departamento de Genética, UFRRJ; nicoleveto@yahoo.com; rogerio.margis@ufrgs.br.

As florestas Atlântica e Amazônica estão entre as maiores e mais diversas florestas tropicais do mundo, com muitas de suas espécies apresentando distribuição disjunta. O estudo genético molecular dessas espécies é particularmente interessante, pois podem fornecer informações sobre o relacionamento histórico entre as diferentes regiões geográficas. *Schizolobium* (Fabaceae-Caesalpinioideae) é um gênero amplamente distribuído em florestas Neotropicais úmidas, com distribuição disjunta entre as florestas Atlântica e Amazônica, podendo representar um modelo de estudo genético nesses biomas. Além disso, apresenta rápido crescimento sendo bastante utilizado em projetos de reflorestamento. Análises filogeográficas podem fornecer informações valiosas sobre a história evolutiva das espécies, além de auxiliar no campo da taxonomia e conservação. O presente estudo tem como objetivo utilizar marcadores plastidiais para descrever a estrutura filogeográfica de *Schizolobium* e identificar a distribuição geográfica de linhagens genealógicas, a fim de compreender os processos que resultaram em seu padrão genético atual. Para isso, amostras de indivíduos de *Schizolobium* foram coletadas de 19 populações de cinco países, em diferentes áreas geográficas de ocorrência e de ambas as variedades. O DNA foi amplificado usando iniciadores universais correspondentes a fragmentos dos espaçadores intergênicos *psbA-trnH* e *trnL-trnF* e do gene *matK*. Os fragmentos foram seqüenciados e as seqüências alinhadas no ClustalW. As relações filogenéticas entre os haplótipos foram inferidos com o software Network 4.2.0.1, utilizando o método de median-joining. Os tamanhos dos espaçadores *psbA-trnH* e *trnL-trnF* foram de 362-416 e 448-449 pb, respectivamente e o gene *matK* apresentou um tamanho de 1500 pb. As três regiões apresentaram polimorfismos entre os indivíduos de *Schizolobium* e 21 haplótipos foram encontrados na combinação das três regiões plastidiais. A estrutura genética espacial encontrada mostrou que os grupos detectados foram consistentes com a localização geográfica das populações e a existência de barreiras provocando o seu isolamento. Os padrões filogeográficos e a elevada diferenciação genética entre as populações fornecem importantes informações para compreender os padrões de evolução de espécies disjuntas.

(Apoio: CNPq)