

*Euterpe edulis* Mart. (Arecaceae) é uma palmeira endêmica do bioma de Mata Atlântica, que ocorre ao longo da costa brasileira entre os estados do Rio Grande do Norte até o Rio Grande do Sul. Embora seja uma espécie comum, conhecida popularmente como palmito-juçara, ela se encontra ameaçada de extinção devido à fragmentação do seu habitat, assim como à exploração ilegal para a produção de palmito, alimento de alto valor comercial. Estudos recentes sobre a origem e evolução desse bioma sugerem a hipótese de que algumas áreas da Mata Atlântica podem ter servido como refúgios durante os períodos glaciais do Pleistoceno. O presente trabalho tem como objetivo estudar a filogeografia de *E. edulis* baseando-se no polimorfismo de regiões do DNA de cloroplasto e do DNA nuclear para avaliar se há evidências, para essa espécie, da importância de refúgios da Mata Atlântica, além de caracterizar a variabilidade genética de populações naturais a fim de gerar novas propostas de conservação. Estão sendo analisados cinco indivíduos para 13 populações que ocorrem desde a Bahia até o Paraná. As sequências dos marcadores sendo analisados foram amplificadas através da técnica de PCR (“Polimerase Chain Reaction”), em termocicladores automáticos e foram utilizados “primers” e protocolos específicos descritos na literatura para cada um dos marcadores. As reações de PCR foram verificadas através de eletroforese horizontal em gel de agarose 1%, corado com brometo de etídeo, e os produtos de PCR foram purificados com enzimas ExoI/SAP, para remover moléculas de primers e dNTPs não incorporadas durante a reação de amplificação. As sequências foram comparadas no pacote Phred/Phrap/Consed, e serão analisadas através de métodos filogenéticos bayesianos e de redes de haplótipos e também através de estatísticas gerais de genética de populações (como estatísticas-F e testes de neutralidade) nos programas Beast, Network e Arlequin, respectivamente. Até o momento, os espaçadores plastidiais psbA/trnH, trnLE/trnLF e trnS/trnFM foram sequenciados para quatro indivíduos de quatro populações (SP, PR, ES e BA). Foram encontradas: uma substituição no marcador trnLF para o indivíduo de São Paulo, uma micro-inversão nos marcadores psbA/trnH no indivíduo da Bahia e inserções no indivíduo do Paraná, assim como uma substituição no indivíduo do Espírito Santo para os marcadores trnS/trnFM. Os resultados preliminares sugerem que essas regiões podem ser informativas para caracterizar a variação genética dessa espécie em nível geográfico. A incorporação de marcadores nucleares, cuja taxa evolutiva é mais rápida do que a de marcadores plastidiais, e o aumento do número de indivíduos analisados, ambas em andamento, permitirão uma melhor caracterização da história evolutiva dessa espécie.