Bromeliaceae é uma das maiores famílias de plantas tropicais tipicamente americanas possuindo cerca de 3.140 espécies conhecidas, as quais ocorrem do sul dos Estados Unidos até o Chile e Argentina. O Brasil possui quase 50% das espécies já descritas. A coleta predatória de bromélias e a perda de habitat tem contribuído para o aumento de espécies vulneráveis na família. Nesse sentido, os esforços para o reconhecimento dos taxa tanto em nível genérico quanto específico são de fundamental importância para implementar ações conservacionistas. A diferenciação do tamanho do genoma é um dos mais importantes processos evolutivos em plantas. Um grande número de estudos tem documentado diferenças significativas no conteúdo de DNA associadas com evolução em diferentes níveis taxonômicos. Apesar da relevância, dados de tamanho de genoma em Bromeliaceae são ainda escassos, especialmente para espécies nativas do Brasil, havendo um pouco mais de 100 espécies com valor C determinado. O presente estudo objetiva estimar o conteúdo de DNA de espécies de bromélias ocorrentes na Mata Atlântica, a fim de incrementar a base de dados para a família e avaliar as variações de tamanho de genoma intra e inter genéricas. Análises de citometria de fluxo foram realizadas em amostras foliares de 39 espécies coletadas diretamente da natureza ou de coleções. Aproximadamente 20mg de folhas frescas foram maceradas em tampão LB01. O tecido macerado foi filtrado e corado com iodeto de propídeo. Pelo menos 10.000 núcleos foram analisados por amostra através do citômetro FACSCalibur . O presente trabalho resultou na estimativa de tamanho de genoma de 39 espécies pertencentes a 14 gêneros de três subfamílias. Trinta e seis destas tiveram seu valor C determinado pela primeira vez. O valor médio para as espécies analisadas foi de 2C=1,26 pg, valor este próximo ao de 2C=1,18pg descrito para Bromeliaceae. Conforme esperado, as espécies apresentaram um tamanho de genoma pequeno. A maior parte dos gêneros apresentou valores 1C em torno de 0,6pg, com os maiores valores em *Bromelia* e *Dyckia* (1C=0,90pg) e os menores em *Bilbergia* (1C=0,48pg). Estudos citogenéticos são raros nesta família. Somente 10% das espécies apresentam algum registro de análises cromossômicas, com a maioria possuindo 2n=2x=50. Dentre as espécies aqui investigadas, apenas 10 tem o número cromossômico estimado, sendo todas diplóides, à exceção de *Bromelia antiacantha* que é tetraplóide. A poliploidia nessa espécie justifica seu valor C mais elevado (1C=0,90pg). Embora não haja determinação de número cromossômico para espécies de *Dyckia*, estudos moleculares sugerem que estas sejam diplóides. Assim, o alto valor C não poderia ser atribuído a eventos de poliploidia. Neste caso, outros fenômenos estariam envolvidos no aumento do genoma, como por exemplo, a ação de elementos transponíveis. A determinação do número cromossômico em Bromeliaceae é difícil e trabalhosa, principalmente pelo pequeno tamanho dos cromossomos. Contudo, a constância no número e no tamanho cromossômico dentro da família permite que através do valor C seja inferido o número cromossômico, sendo este um método rápido e confiável. Os dados obtidos, juntamente com aqueles da literatura, possibilitarão avaliar aspectos relativos à evolução do tamanho genoma em Bromeliaceae.