

FILOGEOGRAFIA E ESTRUTURA POPULACIONAL DE PETUNIA SCHEIDEANA (SOLANACEAE). Raquel Athayde Kriedt, Aline P Lorenz-Lemke, João R Stehmann, Sandro L Bonatto, Francisco M Salzano, Loreta Brandao de Freitas (orient.) (UFRGS).

O gênero *Petunia* Juss. (Solanaceae) apresenta 12 espécies exclusivamente sul-americanas, a maioria encontrada no sul e sudeste do Brasil. *Petunia scheideana* é característica da zona ecotonal entre floresta com araucária e campos de altitude das regiões centro-norte de Santa Catarina (SC) e sudeste do Paraná (PR). Populações localizadas em regiões geográficas distintas foram descritas como espécies diferentes, *P. scheideana* e *Petunia guarapuavensis*. A revisão taxonômica do gênero não detectou diferenças morfológicas significativas entre elas, sendo sinonimizadas de acordo com a descrição mais antiga. Para contribuir com a delimitação taxonômica, analisamos seqüências de dois espaçadores intergênicos plastidiais em 58 indivíduos de 12 populações de SC e do PR. O DNA foi amplificado por PCR com *primers* específicos para os espaçadores *trnH-psbA* e *trnS-trnG*. Os produtos de PCR foram seqüenciados em equipamento *MegaBace* 1000, e as seqüências obtidas alinhadas com o programa *GeneDoc*. Os haplótipos foram determinados com o *DnaSP* e suas relações filogenéticas inferidas pelo *Network*. A distribuição da variabilidade genética intra e interespecífica foi avaliada com *Arlequin*. Considerando os dois marcadores foi obtido um alinhamento de 1065 pb no qual foram encontradas sete substituições nucleotídicas e quatro indels, delimitando nove haplótipos. O *network* mostrou uma estruturação espacial no relacionamento entre os haplótipos, sendo o mais diferenciado aquele encontrado nas populações da região onde *P. scheideana* foi descrita. Esta região está a cerca de 200 km das populações descritas como *P. guarapuavensis*, encontrando-se em diferente formação montanhosa. Portanto, não pudemos determinar se a diferenciação entre os haplótipos é devida à distância ou se são espécies distintas. A análise da variância molecular revelou baixo fluxo gênico interpopulacional ($F_{ST}=0.98$), provavelmente resultante da baixa capacidade de dispersão de sementes desta espécie.