

RESUMO

Cucurbitaceae Juss., Tetramelaceae Airy Shaw, Datisceae Dumort e Begoniaceae C. Agardh estão posicionadas na ordem Cucurbitales Juss. ex Bercht. & J. Presl e foram intimamente relacionadas por caracteres morfológicos, mas, filogeneticamente formaram um clado não suportado e com topologias conflitantes. Do ponto de vista citogenético, CTDB é um grupo muito diverso com números cromossômicos variando de $2n = 14$ a $2n = 156$, sendo um modelo ideal para estudos de evolução cariotípica. Através da concatenação de números cromossômicos haplóides com uma filogenia plastidial robusta, foi possível estimar os números cromossômicos ancestrais haplóides (HACN) nos táxons de CTDB, bem como as alterações cromossômicas numéricas que os sucederam. A topologia inferida (C (T (D (B)))) é congruente com sinapomorfias morfológicas e os HACNs corroboram os relacionamentos internos. A análise de reconstrução dos números ancestrais sugeriu $n = 11$ para CTDB com distintos HACNs para cada família do clado: Cucurbitaceae e Datisceae ($n = 11$), Begoniaceae ($n = 13$) e Tetramelaceae ($n = 23$). Os principais eventos citogenéticos encontrados foram as disploidias descendentes. Os números cromossômicos mais altos em Begoniaceae podem ser explicados pela presença de poliploidias tanto nos nós internos quanto nos ramos terminais. As diversificações das tribos de Cucurbitaceae, por outro lado, foram acompanhadas por disploidias, enquanto as poliploidias foram mais efetivas em especiações terminais. Embora citogeneticamente estáveis, distintos mecanismos levaram à evolução cariotípica de Tetramelaceae e Datisceae, sendo a última moldada apenas por disploidias e a primeira, por poliploidia e disploidias. Aqui, mostramos que as regiões plastidiais são úteis para a resolução de divergências profundas e como os números cromossômicos ajudam a entender as relações filogenéticas.

Palavras-chave: árvore filogenética, cariótipo, Cucurbitales, evolução.

ABSTRACT

Cucurbitaceae Juss., Tetramelaceae Airy Shaw, Datisceae Dumort and Begoniaceae C. Agardh are placed in the order Cucurbitales Juss. ex Bercht. & J. Presl and were closely related by morphological characters, but phylogenetically constituted an unsupported clade with conflicting topologies. Cytogenetically, CTDB is a very diverse group with chromosome numbers ranging from $2n = 14$ to $2n = 156$, making it an ideal model for studies of karyotypic evolution. Through the concatenation of haploid chromosome numbers with a robust plastid phylogeny, it was possible to estimate the ancestral haploid chromosome numbers (HACN) in CTDB taxa, as well as the chromosome number changes that followed them. The inferred topology (C (T (D (B)))) is congruent with morphological synapomorphies and the HACNs corroborate the internal relationships. Reconstruction analysis of ancestral numbers suggested $n = 11$ for CTDB with distinct HACNs for each clade family: Cucurbitaceae and Datisceae ($n = 11$), Begoniaceae ($n = 13$) and Tetramelaceae ($n = 23$). The main events inferred were the descending dysploidy. The higher chromosome numbers in Begoniaceae can be explained by the presence of polyploidy in both internal nodes and terminal branches. The diversifications of Cucurbitaceae tribes, on the other hand, were followed by dysploidy, while polyploidies were more effective in terminal speciation. Although cytogenetically stable, distinct mechanisms led to the karyotypic evolution of Tetramelaceae and Datisceae, the latter being shaped only by dysploidy and the first, by polyploidy and dysploidy. Here, we show that plastidial regions are useful for resolving deep divergences and how chromosome numbers help to understand phylogenetic relationships.

Keywords: Cucurbitales, evolution, karyotype, phylogenetic tree.