

RESUMO

As plantas aquáticas têm recebido maior atenção nos últimos anos, principalmente no que diz respeito a estudos relativos à manipulação de DNA. Inquietação sobre a rota evolutiva que norteou a transição dos vegetais para o ambiente aquático e posteriormente para o marinho. Nesse sentido, aqui utilizamos uma abordagem evolutiva para compreender como o cariótipo foi modelado ao longo do tempo num contexto filogenético, assim como entender as principais modificações que o genoma plastidial de seagrasses sofreu em detrimento a sua irradiação no ambiente marinho. Para reconstrução do número cromossômico ancestral foi feita uma reconstrução filogenética por Inferência Bayesiana utilizando os marcadores ITS1-5.8S-ITS2, *matK* e *rbcL* com 46 espécies de angiospermas marinhas. Para a inferência do número cromossômico ancestral foi utilizado o ChromEvol e a datação pelo software BEAST. Para análise genômica utilizamos genomas publicados em banco de dados públicos e o analisamos utilizando o GenSeq para anotação do genoma, OGDRAW para desenhar o mapa do genoma plastidial, IRscope para definir os limites das regiões de contração e expansão e o Mauve para alinhamento genômico total para inferir relações de sintenia e colinearidade. Nossa inferência filogenética mostrou que as cinco famílias investigadas formaram quatro clados, não sendo suportada a separação entre Cymodoceaceae e Ruppiaceae ($pp = 0.8$). A reconstrução do número cromossômico ancestral indicou $n = 10$ como número ancestral na base das angiospermas marinhas, número mantido em 18 espécies ($\pm 39\%$ das espécies) distribuídas em 3 das 4 famílias, exceto em Hydrocharitaceae. Os principais eventos que conduziram a evolução do cariótipo das angiospermas marinhas foram fusão e duplicação, sendo a primeira a com maior contribuição e a mais frequente nos ramos internos da filogenia. O maior número de espécies derivadas de disploidia, quando comparadas com espécies derivadas de duplicação, pode ser consequência da dificuldade de estabilização de neopoliploides. O genoma plastidial da linhagem freshwater se assemelha ao genoma dos outros grupos vegetais, contudo, verificamos que as seagrasses apresentam plastoma maior do que as freshwaters — e também outras plantas terrestres —, maior número de genes duplicados nas IRs e SSC vestigial, contendo no caso de *Enhalus* apenas um gene (*psaC*). As seagrasses não possuem nenhum gene exclusivo, contudo, quatro genes foram perdidos (*infA*, *ndhF*, *accD* e *psf1*). A perda de genes, relatada em estudos anteriormente e confirmada neste estudo, sugere que o genoma das seagrasses sofreu um processo de limpeza gênica e potencial intensificação da eficiência de algumas rotas metabólicas apoiadas por um maior número de cópias gênicas duplicadas na IR.

Palavras-chave: Poliploidia, Disploidia, Evolução cariotípica, *in silico*, Plastoma.

ABSTRACT

Aquatic plants have received increased attention in recent years, especially in relation to studies of DNA manipulation. Concern about the evolutionary route that guided the transition from plants to the aquatic environment and later to the marine environment. In this sense, here we use an evolutionary approach to understand how the karyotype was modeled over time in a phylogenetic context, as well as to understand the main changes that the plastid genome of seagrasses underwent to the detriment of its irradiation in the marine environment. In order to reconstruct the ancestral chromosome number, a phylogenetic reconstruction was performed by Bayesian Inference, using the markers ITS1-5.8S-ITS2, matK and rbcL with 46 species of marine angiosperms. For the inference of the ancestral chromosome number, ChromEvol was used and the dating by the BEAST software. For genomic analysis we used genomes published in public databases and analyzed them using GenSeq for genome annotation, OGDRAW to draw the plastid genome map, IRscope to define the boundaries of contraction and expansion regions and Mauve for total genomic alignment to infer synteny and collinearity relationships. Our phylogenetic inference showed that the five families investigated formed four clades, not being supported the separation between Cymodoceaceae and Ruppiaceae ($pp = 0.8$). The reconstruction of the ancestral chromosome number indicated $n = 10$ as the ancestral number at the base of seagrasses, a number maintained in 18 species ($\pm 39\%$ of species) distributed in 3 of the 4 families, except in Hydrocharitaceae. The main events that led to the evolution of the seagrasses karyotype were fusion and duplication, the former being the one with the greatest contribution and the most frequent in the internal branches of the phylogeny. The greater number of dysploid-derived species, when compared to duplication-derived species, may be a consequence of the difficulty in stabilizing neopolyploids. The plastid genome of the freshwater lineage is similar to the genome of other plant groups, however, we found that seagrasses have a larger plastome than freshwaters — and also other land plants —, a greater number of duplicated genes in IRs and vestigial SSC, containing in this case of *Enhalus* only one gene (psaC). Seagrasses do not have any unique genes, however, four genes were lost (infA, ndhF, accD and psf1). The loss of genes, reported in previous studies and confirmed in this study, suggests that the seagrasses genome underwent a process of gene cleaning and potential enhancement of the efficiency of some metabolic pathways supported by a greater number of duplicated gene copies in the IR.

Keywords: Polyploidy, Dysploidy, Karyotypic evolution, in silico, Plastome.