

Filogenia molecular y tendencias evolutivas en *Deprea* (Solanaceae)

Deanna, R.^{1,2}

Scaldeferro, M.A.¹

Barboza, G.E.^{1,2}

Carrizo García, C.¹

¹ Instituto Multidisciplinario de Biología Vegetal (IMBIV, UNC-CONICET)

² Facultad de Ciencias Químicas (UNC). rociodeanna@gmail.com

Deprea Raf. y *Larnax* Miers fueron géneros controversiales en cuanto a su circunscripción y posición en la tribu Physalideae (Solanaceae). Análisis filogenéticos moleculares indican que estos géneros solo forman un clado monofilético cuando son combinados. Con el objeto de analizar relaciones infra- y supragénicas para *Deprea*, se realizaron análisis filogenéticos mediante los criterios de Máxima Parsimonia e Inferencia Bayesiana basados en secuencias de ITS, *waxy* y *psbA-trnH*, incluyendo el 83% de sus especies. Asimismo, con el objetivo de analizar tendencias evolutivas, se reconstruyeron los estados ancestrales de caracteres morfológicos, citogenéticos y de áreas de distribución. Las hipótesis filogenéticas soportan la monofilia de *Deprea* según su actual circunscripción; el clado pertenecería a Withaninae, tribu Physalideae. Se determinaron tendencias evolutivas referidas a indumento, consistencia foliar, cantidad de flores, androceo, forma y coloración de la baya, cáliz fructífero, cantidad de heterocromatina y sitios de ADNr 5S. La reconstrucción de estados de caracteres mostró que el ancestro de *Deprea* tendría indumento pubescente, anteras no mucronadas y cáliz fructífero adpreso que rodea completamente al fruto. El centro de origen de *Deprea* se encontraría en los Andes del noroeste sudamericano, mientras que dos eventos paralelos de diversificación se habrían producido desde la zona de Amotape-Huancabamba (Perú), área biogeográfica compleja de mayor riqueza del género.