

Resumen

El género *Scalesia* es endémico de las islas Galápagos y está conformado por 15 especies distribuidas en once islas del archipiélago. El proceso de radiación evolutiva ha sido poco estudiado a un nivel genómico, ya que Fernández-Mazuecos *et al.* (2020) fueron los primeros en presentar la filogenia del genoma nuclear de *Scalesia*, para comprender la evolución del género. Varios autores han resaltado la hibridación interespecífica en *Scalesia* a nivel del ADN nuclear, entendiendo a estos eventos como determinantes dentro del proceso de especiación. La presente investigación tuvo como objetivo determinar la filogenia del genoma del cloroplasto del género *Scalesia* para estudiar la hibridación entre sus especies, siendo el primer estudio que involucra el genoma del cloroplasto de *Scalesia*. En primer lugar, se ensamblaron un total de 335 secuencias genómicas utilizando el software *Novoplasty v4.2* promediando un tamaño de 130.891 pb. Luego, se diagramó la filogenia utilizando el programa IQ-TREE v2.1.3 y se construyó la red de haplotipos del genoma del cloroplasto. La topología obtenida se comparó con la filogenia del ADN nuclear para analizar los eventos de hibridación dentro del género y se encontraron marcadas incongruencias entre ambas topologías, por lo tanto, se pudo inferir en que las especies *S. affinis*, *S. baurii*, *S. crockeri*, *S. divisa*, *S. pedunculata*, y *S. retroflexa*, que mostraron un comportamiento polifilético, evidenciaron eventos de hibridación en el genoma del cloroplasto. Sin embargo, se deben realizar estudios más profundos para comprobar que las incongruencias encontradas, son en efecto hibridación y no clasificación de linaje incompleto (ILS).

Palabras clave: género *Scalesia*, evolución, hibridación, filogenia, genoma del cloroplasto.

Abstract

The *Scalesia* genus is endemic to the Galapagos Islands and includes 15 species distributed on eleven archipelago islands. The evolutionary radiation process has been shortly studied at a genomic level since Fernández-Mazuecos *et al.* (2020) were the first to present the phylogeny of the *Scalesia* nuclear genome, to understand the evolution of the genus. Several authors have highlighted interspecific hybridization in *Scalesia* at the nuclear DNA level, understanding these events as determinants within the speciation process. This research aimed to determine the phylogeny of the *Scalesia* genus chloroplast genome to study hybridization between its species, being the first study involving the *Scalesia* chloroplast genome. First, we assembled 335 genomic sequences using Novoplasty v4.2 software, averaging 130,891 bp in size. Then, we diagrammed the phylogeny using the IQ-TREE v2.1.3 program and constructed the chloroplast genome's haplotype network. Finally, we compared the topology obtained with the nuclear DNA phylogeny to analyze the hybridization events within the genus, and we found significant inconsistencies between both topologies. Therefore, we could infer that the species *S. affinis*, *S. baurii*, *S. crockeri*, *S. divisa*, *S. pedunculata*, and *S. retroflexa*, which showed a polyphyletic behavior, evidenced hybridization events in the chloroplast genome. However, further studies must be conducted to verify that the inconsistencies found are hybridization and not incomplete lineage sorting (ILS).

Key words: *Scalesia* genus, evolution, hybridization, phylogeny, chloroplast genome.