

**INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E
TECNOLOGIA GOIANO - CAMPUS RIO VERDE
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIODIVERSIDADE E
CONSERVAÇÃO**

**O uso de caracteres ecológicos e reprodutivos como preditores
para os níveis de diversidade genética em plantas: abordagem
cienciométrica e meta-analítica**

Autora: Yasmin Giovanna Santos Carvalho
Orientadora: Prof^a. Dr^a. Luciana Cristina Vitorino

RIO VERDE – GO
Novembro – 2018

**INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E
TECNOLOGIA GOIANO - CAMPUS RIO VERDE
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIODIVERSIDADE E
CONSERVAÇÃO**

**O uso de caracteres ecológicos e reprodutivos como preditores
para os níveis de diversidade genética em plantas: abordagem
cienciométrica e meta-analítica**

Autora: Yasmin Giovanna Santos Carvalho
Orientadora: Prof^a. Dr^a. Luciana Cristina Vitorino

Dissertação apresentada, como parte das exigências para obtenção do título de MESTRE EM BIODIVERSIDADE E CONSERVAÇÃO, no Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Conservação do Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano – Campus Rio Verde – Área de Concentração: Ecologia e Conservação.

RIO VERDE – GO
Novembro – 2018

Sistema desenvolvido pelo ICMC/USP
Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP)
Sistema Integrado de Bibliotecas - Instituto Federal Goiano

C331u	Carvalho, Yasmin Giovanna Santos O USO DE CARACTERES ECOLÓGICOS E REPRODUTIVOS COMO PREDITORES PARA OS NÍVEIS DE DIVERSIDADE GENÉTICA EM PLANTAS: ABORDAGEM CIENCIOMÉTRICA E META-ANALÍTICA / Yasmin Giovanna Santos Carvalho; orientadora Luciana Cristina Vitorino. -- Rio Verde, 2018. 86 p. Dissertação (Mestrado em Biodiversidade e Conservação) -- Instituto Federal Goiano, Campus Rio Verde, 2018. 1. Caracteres ecológicos. 2. Caracteres reprodutivos. 3. Cienciometria. 4. Meta-análise. 5. Diversidade genética. I. Vitorino, Luciana Cristina , orient. II. Título.
-------	--

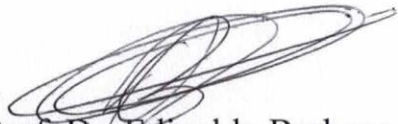
**INSTITUTO FEDERAL DE EDUCAÇÃO, CIÊNCIA E TECNOLOGIA
GOIANO – CAMPUS RIO VERDE
DIRETORIA DE PÓS-GRADUAÇÃO, PESQUISA E INOVAÇÃO
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIODIVERSIDADE E
CONSERVAÇÃO**


**O USO DE CARACTERES ECOLÓGICOS E
REPRODUTIVOS COMO PREDITORES PARA OS NÍVEIS
DE DIVERSIDADE GENÉTICA EM PLANTAS:
ABORDAGEM CIENCIOMÉTRICA E META-ANALÍTICA**

Autora: Yasmin Giovanna Santos Carvalho
Orientadora: Luciana Cristina Vitorino

TITULAÇÃO: Mestre em Biodiversidade e Conservação – Área de
concentração Conservação dos Recursos Naturais.

APROVADA em 28 de março de 2018.


Prof. Dr. Edivaldo Barbosa de
Almeida Júnior
Avaliador externo
Secretaria Municipal de Educação e
Esporte - Goiânia


Profª. Drª. Gisele Cristina de Oliveira
Menino
Avaliadora interna
IF Goiano / Rio Verde


Profª. Drª. Luciana Cristina Vitorino
Presidente da banca
IF Goiano / Rio Verde

DEDICO ESTE TRABALHO:

Primeiramente a minha mãe, que sempre esteve ao meu lado dando força, carinho, solidariedade. A minha família e amigos que puderam me acompanhar. E aos professores que contribuíram que hoje este trabalho fosse possível.

AGRADECIMENTOS

A minha mãe Marilda Sousa dos Santos e aos meus avós José Sebastião dos Santos (*in memoriam*) e Selva Sousa dos Santos que me inseriram no caminho correto, ao meu tio Luiz Carlos Ramos dos Santos que me instruiu em diversos momentos. A toda família por em algum momento ter contribuído para meu crescimento. Aos amigos que me fizeram rir mesmo quando havia preocupação.

A Professora Dra. Luciana Cristina Vitorino, minha orientadora, meu agradecimento todo especial, por seu profissionalismo, paciência e pela oportunidade de me deixar compartilhar de seus conhecimentos. A Layara Alexandre Bessa pela amizade e incentivos feitos ao longo deste trabalho. Ao Ueric José Borges de Souza e ao Lucas Lacerda Caldas Zanini Jardim por todas as orientações acerca do trabalho.

Ao Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Conservação (PPGBio) do IF Goiano – Campus Rio Verde e, especialmente, ao Laboratório de Microbiologia Agrícola pela confiança e oportunidades concedidas para minha formação, convivência respeitosa e contribuição profissional.

Em especial ao graduando em Engenharia Ambiental, Luiz Felipe Brito Soares por ter me acompanhado durante o mestrado. A graduanda em Engenharia Ambiental Bárbara Gonçalves Cruvinel, a graduanda em Agronomia Isabelle Guimarães de Oliveira e a graduanda em Licenciatura em Ciências Biológicas Tainara de Sousa

Antunes pelos momentos de descontração. Assim como aos alunos do curso Técnico em Biotecnologia Isaac Silva dos Santos e Gabriel Lopes Martins por todos os momentos compartilhados.

A primeira turma do Programa de Pós-Graduação em Biodiversidade e Conservação do IF Goiano – Campus Rio Verde, pelo apoio, momentos difíceis e divertidos que passamos.

A todos aqueles que direta ou indiretamente contribuíram para a realização deste trabalho.

MUITO OBRIGADA!

BIOGRAFIA DA AUTORA

Yasmin Giovanna Santos Carvalho, natural de Rio Verde – GO, filha de José Carlos de Carvalho e Marilda Sousa dos Santos. Sua formação profissional iniciou em 2011, no curso de Licenciatura em Ciências Biológicas pelo Instituto Federal Goiano - Campus Rio Verde. Em 2016, Mestrado em Biodiversidade e Conservação no IF Goiano – Campus Rio Verde.

ÍNDICE

	Página
ÍNDICE DE FIGURAS	xi
ÍNDICE DE TABELAS	xii
LISTA DE SÍMBOLOS, SIGLAS, ABREVIACÕES E UNIDADES	xiii
RESUMO	xiv
ABSTRACT	xv
1. INTRODUÇÃO GERAL	01
1. 1. Diversidade Genética	02
1. 2. Marcadores Moleculares de Organelas	02
1. 3. Medidas de Diversidade Genética	03
1.4 Caracteres Ecológicos de Plantas	04
1.5 Caracteres Reprodutivos de Plantas	04
2. OBJETIVO GERAL	05
3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	06
4. CAPÍTULO I	11
Análise cienciométrica dos estudos de diversidade genética que utilizam cpDNA e suas implicações para a conservação de plantas	11
RESUMO	12
ABSTRACT	13
4.1. INTRODUÇÃO	14
4.2. MATERIAL E MÉTODOS	15
4.3. RESULTADOS	16
4.4. DISCUSSÃO	26
4.5. CONCLUSÃO	30
4.6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	30
5. CAPÍTULO II	49
A relação filogenética e traços da história de vida influenciam a diversidade genética estimada para populações de angiospermas	49
RESUMO	50
ABSTRACT	51
5.1. INTRODUÇÃO	52
5. 2. MATERIAL E MÉTODOS	53
5. 3. RESULTADOS	55
5.4 DISCUSSÃO	67
5.5. CONCLUSÃO	68
5.6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	68
6. CONSIDERAÇÕES FINAIS	71

ÍNDICE DE FIGURAS

		Página
CAPÍTULO I - Análise cienciométrica dos estudos de diversidade genética que utilizam cpDNA e suas implicações para a conservação de plantas		
Figura 1.	Diagrama mostrando as etapas ocorridas entre a obtenção dos artigos potenciais através das bases de dados e a seleção de artigos contendo estimativas de diversidade genética obtidas por meio da utilização de marcadores cloroplastidiais	17
Figura 2.	Variação temporal no número total de publicações entre 1965 e outubro de 2017 que utilizaram cpDNA (a). Variação temporal no número de publicações utilizadas no estudo entre 1996 e outubro de 2017 que utilizaram cpDNA para obtenção de estimativas de diversidade genética (b). Resíduos entre o número total de publicações e o ano de publicação entre 1965 e outubro de 2017 que utilizaram cpDNA (c). Resíduos entre o número de publicações utilizadas no estudo e o ano de publicação (d)	18
Figura 3.	Número de Publicações contendo estimativas de diversidade genética obtidas por meio da utilização de marcadores moleculares cloroplastidiais, de acordo com a nacionalidade do autor de contato (a). Número de publicações contendo estimativas de diversidade genética obtidas por meio da utilização de marcadores moleculares cloroplastidiais, de acordo com a área de enfoque geográfico (b).	19
Figura 4.	Teste de Tukey entre a Nacionalidade do Autor de Contato e o Fator de Impacto dos Periódicos contendo estimativas de diversidade genética obtidas por meio da utilização de marcadores moleculares cloroplastidiais	20
Figura 5.	Periódicos com maior número de publicações contendo estimativas de diversidade genéticas obtidas por meio da utilização de marcadores moleculares cloroplastidiais (a). Diversidade de Revistas (Índice de Shannon) (b).	21
Figura 6.	Número de citações por publicação avaliada, contendo estimativas de diversidade genéticas obtidas por meio da utilização de marcadores moleculares cloroplastidiais.	22
Figura 7.	Variação temporal do número de publicações das famílias mais representativas nos últimos 21 anos.	23
Figura 8.	Espaço de ordenação da Análise de Componentes Principais (PCA) construída com os dados das famílias botânicas mais representativas registradas nas publicações contendo estimativas	25

	de diversidade genética obtidas por meio da utilização de marcadores moleculares cloroplastidiais (a) e ano de publicação das famílias botânicas mais representativas registradas (b).	
Figura 9.	Forma de crescimento das espécies registradas nas publicações contendo estimativas de diversidade genética obtidas por meio da utilização de marcadores moleculares cloroplastidiais.	27
Figura 10.	Variação temporal das categorias da IUCN para as espécies encontradas nos últimos 21 anos.	28
CAPÍTULO II - A relação filogenética e traços da história de vida influenciam a diversidade genética estimada para populações de angiospermas		
Figura 1.	Diagrama mostrando as etapas ocorridas entre a obtenção dos artigos potenciais através das bases de dados e a seleção de artigos contendo estimativas de diversidade genética obtida por meio da utilização de marcadores cloroplastidiais	57
Figura 2.	Super - árvore filogenética das plantas incluídas nas análises obtidas no <i>Phylomatic</i> usando a árvore mestre interna <i>Phylomatic tree R20160415</i>	58
Figura 3.	Distribuição geográfica da diversidade genética de populações de espécies de angiospermas de ocorrência no continente americano. Dados mostrados para espécies avaliadas em mais de um trabalho contendo estimativas de diversidade obtidas por meio da utilização de marcadores cloroplastidiais.	60
Figura 4.	Distribuição geográfica da diversidade genética de populações de espécies de angiospermas de ocorrência no continente asiático. Dados mostrados para espécies avaliadas em mais de um trabalho contendo estimativas de diversidade obtidas por meio da utilização de marcadores cloroplastidiais	62

ÍNDICE DE TABELAS

CAPÍTULO I - Análise cienciométrica dos estudos de diversidade genética que utilizam cpDNA e suas implicações para a conservação de plantas

Tabela S1. Espécies registradas em publicações contendo estimativas de diversidade genéticas obtidas por meio da utilização de marcadores moleculares cloroplastidiais.	36
--	----

CAPÍTULO II - A relação filogenética e traços da história de vida influenciam a diversidade genética estimada para populações de angiospermas

Tabela 1. Médias para estimativas de diversidade genética observadas em espécies de angiospermas em relação a atributos ecológicos e reprodutivos. Médias registradas em trabalhos que estimaram diversidade genética por meio da utilização de marcadores cloroplastidiais.	63
Tabela 2. Importância relativa dos preditores incluídos no modelo de melhor ajuste para uma abordagem Filogenética de Eigenvector Map para diferentes índices de diversidade genética obtidos para populações de espécies de angiospermas, por meio da utilização de marcadores cloroplastidiais.	65
Tabela 3. Importância relativa dos preditores incluídos no modelo de melhor ajuste para uma abordagem Filogenética de Eigenvector Map para diferentes índices de diversidade genética obtidos para populações de espécies de angiospermas, por meio da utilização de marcadores cloroplastidiais.	66

LISTA DE SÍMBOLOS, SIGLAS, ABREVIACÕES E UNIDADES

cpDNA	DNA cloroplastidial
mtDNA	DNA mitocondrial
RFLP	<i>Restriction Fragment Length Polymorphisms</i>
AFLP	<i>Amplified Fragment Length Polymorphism</i>
PCR	Reação em Cadeia da Polimerase
SNP	<i>Single Nucleotide Polymorphisms</i>
RAPD	<i>Randomly Amplified Polymorphic DNA</i>
IUCN	<i>International Union for Conservation of Nature</i>
DD	Deficiente de dados
NE	Não avaliada
LC	Pouco preocupante
NT	Quase ameaça
VU	Vulnerável
EN	Em perigo
CR	Em perigo crítico

RESUMO

CARVALHO, YASMIN GIOVANNA SANTOS. Instituto Federal Goiano – Campus Rio Verde – GO, Novembro de 2018. **O uso de caracteres ecológicos e reprodutivos como preditores para os níveis de diversidade genética em plantas: abordagem cienciométrica e meta-analítica.** Luciana Cristina Vitorino – Orientadora.

Os marcadores cloroplastidiais são uma classe de gene extremamente conservada e de herança uniparental sendo de grande valia para melhor estudar e compreender processos ecológicos e evolutivos atuando nas populações. Além disso, fornece dados sobre diversos parâmetros, entre eles a diversidade genética (número de haplótipos, diversidade haplotípica, diversidade nucleotídica, FST). Dessa forma foram utilizadas uma abordagem cienciométrica e uma meta-analítica buscando avaliar a utilização de marcadores cloroplastidiais em publicações que obtiveram estimativas de diversidade genética, as famílias botânicas mais estudadas e suas espécies, bem como sua forma de vida a classificação na IUCN. Além de analisar e os padrões de diferenciação em plantas abordando caracteres ecológicos e reprodutivos juntamente com a filogenética. Os artigos utilizados foram encontrados em diferentes bases de dados entre os anos de 1996 e março de 2018. Para a cienciométrica foram registradas 614 espécies distribuídas em 134 famílias, a maior parte das espécies estudadas são classificadas como NE pela IUCN, demonstrando déficit de estudos para espécies em categorias (LC, NT, VU, EN, CR) com algum grau de ameaça. Os resultados observados demonstram um crescimento da área e melhor compreensão da distribuição de publicações ao redor do globo. Para a meta análise foram registradas 507 espécies de angiospermas distribuídas em 118 famílias e a filogenética foi a preditora que mais exerceu influência sobre a diversidade genética.

Palavras-chave: Caracteres ecológicos, caracteres reprodutivos, cienciométrica, cpDNA, diversidade genética, meta-análise.

ABSTRACT

CARVALHO, YASMIN GIOVANNA SANTOS. Instituto Federal Goiano – Campus Rio Verde – GO, Novembro de 2018. The use of ecological and reproductive character sequences as indicators for genes in plant genetics: scientiometric and meta-analytic approach. Luciana Cristina Vitorino – Orientadora.

Chloroplastid markers are a class of extremely conserved gene and uniparental inheritance being of great value to better study and understand ecological and evolutionary processes acting in the populations. In addition, it provides data on several parameters, including genetic diversity (number of haplotypes, haplotype diversity, nucleotide diversity, FST). In this way, a scientific and meta-analytic approach was used to evaluate the use of chloroplastid markers in publications that obtained estimates of genetic diversity, the most studied botanical families and their species, as well as their way of life, the IUCN classification. In addition to analyzing and patterns of differentiation in plants addressing ecological and reproductive traits along with phylogenetics. The articles used were found in different databases between 1996 and March 2018. For the scientometry 612 species distributed in 134 families were registered, most of the species studied are classified as NE by the IUCN, showing a shortage of studies for species in categories (LC, NT, VU, EN, CR) with some degree of threat. The results show a growing area and a better understanding of the distribution of publications around the globe. For the meta analysis, 507 angiosperm species distributed in 118 families were registered and phylogenetics was the most influential predictor of genetic diversity.

Keywords: Ecological characters, reproductive traits, scientometry, cpDNA, genetic diversity, meta-analysis.

1. INTRODUÇÃO GERAL

A degradação ambiental tem sido um dos fatores da queda global de biodiversidade, isso ocorre por criar divisões em ambientes naturais fazendo com que o ambiente original passe a ter vários fragmentos menores e mais isolados devido as barreiras criadas por ação antrópica (HADDAD et al., 2015; HANSKI, 2015; LOURENÇO et al., 2017). Além disso a nova matriz de paisagem formada interfere nos processos ecológicos de plantas e animais (MOLLER et al., 2010; HERRERA et al., 2011). O ambiente possui grande influência no modo de vida das espécies, determinando a ocorrência e a abundância de acordo com suas características (LACOUSER, 2009). Por outro lado, a combinação de características ambientais cria microambientes, podendo formar verdadeiras barreiras (GRAM & SORK, 2001), que podem interferir no fluxo gênico das populações (PAZ et al., 2015). Barreiras ambientais podem interferir de forma negativa em espécies especialistas, porém, muitas vezes não influenciam significativamente espécies generalistas (MILLER et al., 2015), mesmo que de forma geral a fragmentação dos habitats seja considerada um fator determinante para a diminuição da variação genética (LEIMU et al., 2006).

Relacionando-se ao ambiente em que as espécies se encontram está a diversidade genética, uma ferramenta bastante utilizada em estudos de filogeografia. Essa sendo definida como uma nova disciplina que lida com arranjos espaciais de linhagens genéticas (AVISE, 2009), tal termo utilizado pela primeira vez por Avise et al. (1987) ganhou espaço por unir, ou ser uma ponte como o próprio autor coloca, a sistemática e a genética, além de outros campos. Teve sua base em estudos anteriores feitos com DNA mitocondrial (mtDNA) que começou a ser utilizado para determinar de forma precisa a ligação entre seus ancestrais, pois é transmitido apenas pelo parental materno possuindo dessa forma uma taxa de recombinação bem menor do que DNA transmitido de forma bi parental (NEIGEL & AVISE, 1986; AVISE, 2009).

A filogeografia foi inicialmente foi utilizada para examinar a geografia da linhagem de genes em uma ou mais espécies, porem com o passar dos anos a aproximação estatística permitiu que alguns parâmetros fossem utilizados para medir parâmetros para medir a história demográfica de algumas populações assim como o processo microevolutivo (COLLEVATTI et al., 2012).

1.1. – Diversidade Genética

A diversidade genética que pode ser separada em dois tipos, a primeira neutra, sendo uma ferramenta importante para a determinação da biodiversidade definida como qualquer medida que quantifica a variedade genética em uma população (HOLDEREGGER et al., 2006; HUGHES et al., 2008), de modo a refletir um balanço mutacional e a perda de variação genética em uma população finita (LEFFLER et al., 2012). E a segunda, mais difícil de estimar, trata-se da variação genética seletiva (HOLDEREGGER et al., 2006). O primeiro tipo, aqui utilizado, tem sua definição, de forma simplificada, como sendo qualquer medida de variação genética em uma população ou espécie (RAO & HODGKIN, 2002; HOLDEREGGER et al., 2006). Assim, maneiras de distinguir genótipos tornaram-se de extrema importância, pois marcadores genéticos viabilizam a informação de variação alélica (SCHLÖTTERER, 2004).

1.2. – Marcadores Moleculares de Organelas

Entre os marcadores moleculares conhecidos ainda podemos encontrar aqueles que são frequentemente utilizados em estudos filogenéticos e filogeográficos, entre eles temos DNA mitocondrial (mtDNA), DNA cloroplastidial (cpDNA) e DNA nuclear (nrDNA).

O marcador mais popular das últimas três décadas utilizado em animais é mtDNA sendo utilizado no campo da diversidade molecular, sua popularidade se deve principalmente pelo fato de ser uni parental transferido maternalmente e ser extremamente conservada por possuir uma taxa evolutiva lenta (GALTIER et al., 2009). Em plantas o mtDNA não é tão utilizado em estudos de filogeografia devido a sua alta taxa de reorganização, seu tamanho e sua complexidade (AGARWAL et al., 2008; HARTL & CLARK, 2010).

Assim como ocorre no mtDNA, marcadores cpDNA são transmitidos de forma uni parental e sua taxa evolutiva é lenta, sendo altamente conservados e ideais para medidas filogenéticas (OUBORG et al., 1999; HOLDEREGGER et al., 2006; HAZARIKA et al., 2014). O cpDNA tem permitido observar rotas históricas de mudanças e rotas de recolonização de um gene, permitindo observar a diversidade genética dentro de uma população e entre populações (BAI et al., 2010).

Ao contrário do mtDNA e do cpDNA, o DNA nuclear (nrDNA) possui transmissão bi parental. A sequência de nrDNA mais utilizada em estudos de diversidade genética é o espaçador interno transcrito (ITS), uma sequência extremamente conservada (BALDWIN et al., 1995; AGUILAR et al., 1999).

Atualmente há uma tendência na utilização conjunta de cpDNA e nrDNA (ITS) em estudos voltados para a filogeografia (HUANG et al., 2011; LEE et al., 2012; WANG et al., 2013).

1. 3. – Medidas de Diversidade Genética

A utilização de marcadores moleculares em organelas a atenção dentro da filogeografia tem se voltado para os haplótipos (alelos de locus ligados ao genoma de organelas) devido ao seu nível de conservação (TERRAB et al., 2006; HICKERSON et al., 2010). A partir da marcação dos haplótipos é possível determinar o número de haplótipos (k) verificando a diferença entre as sequências de cpDNA ou nrDNA encontradas, sendo também possível determinar também a diversidade haplotípica (h) a partir do número de haplótipos diferentes na população. É o equivalente à heterozigosidade média esperada de Nei (NEI, 1987).

Além disso, é possível inferir a diversidade nucleotídica (π) utilizando as diferenças par a par entre o haplótipos de indivíduos ou populações, determinando uma média das diferenças encontradas (HAMILTON, 2009). A diversidade nucleotídica (π) é o índice molecular, que representa o número médio de diferenças entre todos os pares de haplótipos na amostra (TAJIMA, 1993). Com esses dados torna-se possível estimar a estruturação populacional (F_{st}) que está diretamente relacionado à variação na frequência alélica (quando utilizado DNA de organelas considera-se a frequência haplotípica) entre as populações (HOLSINGER & WEIR, 2009), em outras palavras, o F_{st} mede a proporção da variação genética entre indivíduos amostrados de todos os demes ou locais em que a população se encontra (TEMPLETON, 2006) e avalia se a variação encontrada dentro da população é maior que a variação encontrada entre as populações. Caso a variação esteja localizada apenas dentro de um deme, não sendo esta compartilhada entre os demes, consideramos que as populações comparadas encontram-se estruturadas.

1. 4. – Caracteres Ecológicos de Plantas

A lista vermelha da International Union Conservation of Nature (IUCN) foi criada com o intuito de chamar a atenção para a necessidade de ações efetivas buscando a conservação daquelas espécies que possuem um maior risco de extinção, informando ao governo e a sociedade que medidas devem ser adotadas para a preservação da biodiversidade conhecida (PERES et al., 2011; KEITH et al., 2013). Os critérios de classificação utilizados pela IUCN foram aprimorados desde sua criação até os dias atuais, sendo necessário um conjunto de dados para a categorização (RODRIGUES et al., 2006). O banco de dados da IUCN se tornou uma ferramenta de extrema importância para a determinação da ameaça sofrida por determinadas espécies e quais fatores contribuem para isso.

A Terra possui uma grande biodiversidade, só sendo possível devido aos diferentes biomas existentes e aos diferentes tipos de climas que os sobrepõe. Olson et al. (2001) determinaram a existência de 14 biomas em todo o planeta, com 34 possíveis classes de clima segundo Kottek et al. (2000), formando inúmeras características ambientais. Dessa forma é eminente a variação das formações vegetais, e com isso, a forma de vida das espécies vegetais se modificam (ACKERLY, 2003). Sendo ainda possível verificar diferentes formas de vida entre as espécies vegetais. Gonçalves & Lorenzi (2011), por exemplo, traz 19 formas de vida diferentes; dentre elas erva, cipó, árvore, arbusto, fanerófitas, caméfitas, hemicriptófitas, criptófitas, geófitas, helófitas, hidrófitas, terófitas, epífitas, hemiepífitas (primárias ou secundárias), hemiparasitas, parasitas, saprófitas.

1. 5. – Caracteres Reprodutivos de Plantas

As plantas são qualificadas de acordo com diferentes fatores, um deles é quanto ao seu ciclo de vida podendo ser anual (curto) ou perene (longo). Plantas anuais são caracterizadas por possuírem crescimento rápido e máxima aquisição de recursos, sua folha possui traços que auxiliam na máxima aquisição de carbono (ROUMET et al., 2005). Já plantas perenes são caracterizadas por possuírem crescimento lento e máxima aquisição de recursos para conservação, sua folha possui traços de defesa e persistência (ROUMET et al., 2005).

Entre as formas em que as plantas são classificadas está aquela ligada a sexualidade, podendo classifica-las de acordo com as flores. Podendo ser classificada como hermafrodita, monóica e dióica. Sendo Hermafrodita aquela espécie que possui flores com ambas as funções sexuais, monoica a espécie que possui flores com as funções sexuais separadas, e dióica são aquelas que possuem a função sexual separada entre os indivíduos da espécie (CHARLESWORTH, 2002). Na reprodução de espécies vegetais superiores a flor possui extrema importância, pois está diretamente envolvida em várias etapas deste processo um exemplo é a recepção do grão de pólen pelo estigma, além de sua importância ao atrair polinizadores (RECH et al., 2014).

Estudos ecológicos são importantes para determinar relações históricas entre as espécies, além de fornecer dados para a conservação de espécies conhecidas. Dessa forma é importante estudar, além das espécies vegetais, os diferentes métodos e vetores de polinização associados as plantas (RECH et al., 2014), entres eles os mais conhecidos e mais presente em diferentes espécies vegetais são as abelhas (GRERSSLER et al., 2006). Entretanto, sabe-se que existem várias outras formas de polinização, sendo insetos os principais polinizadores, além de mamíferos, aves e fatores abióticos como o vento e a água (GONÇALVES & LORENZI, 2011; RECH et al., 2014).

2. OBJETIVO GERAL

Avaliar se características ecológicas e reprodutivas de plantas podem ser utilizadas como proxys para diversidade genética.

3. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ACKERLY, D. D. Community assembly, niche conservatism, and adaptive evolution in changing environments. **International Journal of Plant Sciences**, v. 164, n. S3, p. S165-S184, 2003.
- AGARWAL, M.; SHRIVASTAVA, N.; PADH, H. Advances in molecular marker techniques and their applications in plant sciences. **Plant Cell Reports**, v. 27, n. 4, p. 617-631, 2008.
- AGUILAR, J. F.; ROSSELLÓ, J. A.; NIETO FELINER, G. Nuclear ribosomal DNA (nrDNA) concerted evolution in natural and artificial hybrids of *Armeria* (Plumbaginaceae). **Molecular Ecology**, v. 8, n. 8, p. 1341-1346, 1999.
- AVISE, J. C.; ARNOLD, J.; BALL, R. M.; BERMINGHAM, E.; LAMB, T.; NEIGEL, J. E.; REEB, C. A.; SAUNDERS, N. C. Intraspecific phylogeography: the mitochondrial DNA bridge between population genetics and systematics. **Annual Review of Ecology and Systematics**, v. 18, n. 1, p. 489-522, 1987.
- AVISE, J. C. Phylogeography: retrospect and prospect. **Journal of Biogeography**, v. 36, n. 1, p. 3-15, 2009.
- BAI, W.-N.; LIAO, W.-J.; ZHANG, D.-Y. Nuclear and chloroplast DNA phylogeography reveal two refuge areas with asymmetrical gene flow in a temperate walnut tree from East Asia. **New Phytologist**, v. 188, n. 3, p. 892-901, 2010.
- BALDWIN, B. G.; SANDERSON, M. J.; PORTER, J. M.; WOJCIECJOWSKI, M. F.; CAMPBELL, C. S.; DONOGHUE, M. J. The ITS region of nuclear ribosomal DNA: a valuable source of evidence on angiosperm phylogeny. **Annals of the Missouri Botanical Garden**, v. 82, n. 2, p. 247-277, 1995.
- CHARLESWORTH, D. Plant sex determination and sex chromosomes. **Heredity**, v. 88, n. 2, p. 94-101, 2002.
- COLLEVATTI, R. G.; TERRIBILE, L. C.; LIMA-RIBEIRO, M. S.; NABOUT, J. C., OLIVEIRA, G.; RANGEL, T. F.; RABELO, S. G.; DINIZ-FILHO, J. A. A coupled phylogeographical and species distribution modelling approach recovers the demographical history of a Neotropical seasonally dry forest tree species. **Molecular Ecology**, v. 21, n. 23, p. 5845-5863, 2012.
- GALTIER, N.; NABHOLZ, B.; GLÉMIN, S.; HURST, G. D. D. Mitochondrial DNA as a marker of molecular diversity: a reappraisal. **Molecular Ecology**, v. 18, n. 22, p. 4541-4550, 2009.

- GRAM, W. K.; SORK, V. L. Association between environmental and genetic heterogeneity in forest tree populations. **Ecology**. v. 82, n. 7, p. 2012-2021, 2001.
- GRESSLER, E.; PIZO, M. A.; MORELATTO, P. C. Polinização e dispersão de sementes em Myrtaceae do Brasil. **Revista Brasileira de Botânica**, v. 29, n. 4, p. 509-530, 2006.
- GONÇALVES, E. C.; LORENZI, H. Morfologia Vegetal: organografia e dicionário ilustrado de morfologia das plantas vasculares. 2. ed, São Paulo: Instituto Plantarum de Estudos da Flora, 2011.
- HADDAD, N. M.; BRUDVIG, L. A.; CLOBERT, J.; DAVIES, K. F.; GONZALEZ, A.; HAMILTON, M. B. Population genetics. Jhon Wiley & Sons, 2009.
- HANSKI, Ilkka. Habitat fragmentation and species richness. **Journal of Biogeography**, v. 42, n. 5, p. 989-993, 2015.
- HARTL, D. L.; CLARK, A. G. Princípios de Genética de Populações. Porto Alegre: Artmed Editora. 4ª edição. 2010. 659 p.
- HOLDEREGGER, R.; KAMM, U.; GUGERLI, F. Adaptive vs neutral genetic diversity: implications for landscape genetics. **Landscape Ecology**, v. 21, n. 6, p.797-807, 2006.
- HOLSINGER, K. E.; WEIR, B. S. Genetics in geographically structured populations: defining, estimating and interpreting FST. **Nature Reviews Genetics**, v. 10, p. 639-650, 2009.
- HOLT, R. D.; LOVEJOY, T. E.; SEXTON, J. O.; AUSTIN, M. P.; COLLINS, C. D.; COOK, W. M.; DAMSCHEN, E. I.; EWERS, R. M.; FOSTER, B. L.; JENKINS, C. N.; KING, A. J; LAURANCE, W. F.; LEVEY, D. J.; MARGULES, C. R.; MELBOURNE, B. A.; NICHOLLS, A. O.; ORROCK, J. L.; SONG, D. X.; TOWNSHEND, J. R. Habitat fragmentation and its lasting impact on Earth's ecosystems. **Science Advances**, v. 1, n. 2, p. e1500052, 2015.
- HUANG, C.-C.; HUNG, K.-H.; HWANG, C.-C.; HUANG, J.-C.; LIN, H.-D.; WANG, W.-K.; WU, P.-Y.; HSU, T.-W.; CHIANG, T.-Y. Genetic population structure of the alpine species *Rhododendron pseudochrysanthum* sensu lato (Ericaceae) inferred from chloroplast and nuclear DNA. **BMC Evolutionary Biology**, v. 11, n. 1, 2011.
- HUGHES, A.; INOUE, B. D.; JOHNSON, M. T.; UNDERWOOD, N.; VELLEND, M. Ecological consequences of genetic diversity. **Ecology Letters**. v. 11, n. 6, p. 609-623, 2008.

- KEITH, D. A.; RODRÍGUEZ, J. P.; RODRÍGUEZ-CLARK, K. M.; NICHOLSON, E.; AAPALA, K.; ALONSO, A.; ASMUSSEN, M.; BACHMAN, S.; BASSET, A.; BARROW, E. G.; BENSON, J. S.; BISHOP, M. J.; BONIFACIO, R.; BROOKS, T. M.; BURGMAN, T. M.; COMER, P.; COMÍN, F. A.; ESSL, F.; FABER-LANGENDOEN, D.; FAIRWEATHER, P. G.; HOLDAWAY, R. J.; JENNINGS, M.; KINGSFORD, R. T.; LESTER, R. E.; NALLY, R. M.; MCCARTHY, M. A.; MOAT, J.; OLIVEIRA-MIRANDA, M. A.; BENSON, J. S.; ZAMBRANO-MARTÍNEZ, S. Scientific foundations for an IUCN Red List of Ecosystems. **PLOS One**, v. 8, n. 5, p. e62111, 2013.
- KOOTEK, M.; GRIESES, J.; BECK, C.; RUDOLF, B.; RUBEL, F. World Map of the Köppen-Geiger climate classification updated. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 15, n. 3, p. 259-263, 2006.
- LACOURSE, T. Environmental change controls postglacial forest dynamics through interspecific differences in life-history traits. **Ecology**, v. 90, n. 8, p. 2149-2160, 2009.
- LEFFLER, E. M.; BULLAUGHEY, K.; MATUTE, D. R.; MEYER, W. K.; SÉGUREL, L.; VENKAT, A.; ANDOLFATTO, P.; PRZEWORSKI, M. Revisiting an old riddle: what determines genetic diversity levels within species? **Plos Biology**, v. 10, n. 9, e1001388, 2012.
- LEE, C. S.; YEAU, S. H.; LEE, N. S. Taxonomic Status and Genetic Variation of Korean Endemic Plants, *Eranthis byunsanensis* and *Eranthis pungdoensis* (Ranunculaceae) based on nrDNA ITS and cpDNA Sequences. **Journal of Plant Biology**, v. 55, n. 2, p. 165-177, 2012.
- LEIMU, R.; MUTIKAINEN, P.; KORICHEVA, J.; FISCHER, M. How general are positive relationships between plant population size, fitness and genetic variation? **Journal of Ecology**, v. 94, p. 942-952, 2006.
- LOURENÇO, A.; ÁLVAREZ, D.; WANG, I. J.; VELO-ANTÓN, G. Trapped within the city: integrating demography, time since isolation and population-specific traits to assess the genetic effects of urbanization. **Molecular Ecology**, v. 26, n. 6, p. 1498-1514, 2017.
- MILLER, J. E. D.; DAMSCHEN, E. I.; HARRISON, S. P.; GRACE, J. B. Landscape structure affects specialists but not generalists in naturally fragmented grasslands. **Ecology**, v. 96, n. 12, p. 3323-3331, 2015.
- MOLLER, A. P.; SOLER, J. J.; VIVALDI, M. M. Spatial heterogeneity in distribution and ecology of Western Palearctic birds. **Ecology**, v. 91, n. 9, p. 2769-2782, 2010.

- MULLIS, K.; FALOONA, F.; SCHARF, S.; SAIKI, R. K.; HORN, G. T.; ERLICH, H. Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction. In: Cold Spring Harbor symposia on quantitative biology. Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1986. p. 263-273.
- NEI, M. Molecular Evolutionary Genetics. Columbia University Press, NY, USA, 1987.
- NEIGEL, J. E.; AVISE, J. C. Phylogenetic relationships of mitochondrial DNA under various demographic models of speciation. **Evolutionary Processes and Theory**, p. 515-534, 1986.
- OLSON, D. M., DINERSTEIN, E., WIKRAMANAYAKE, E. D., BURGESS, N. D., POWELL, G. V., UNDERWOOD, E. C., D'AMICO, J. A.; ITOUA, I.; STRAND, H. E.; MORRISON, J. C.; LOUCKS, C. J.; ALLNUTT, T. F.; RICKETTS, T. H.; KURA, Y.; LAMOREUX, J. F.; WETTENGEL, W. W.; HEDAP, P.; KASSEM, K. R. Terrestrial Ecoregions of the World: A New Map of Life on Earth. *BioScience*, v. 51, n. 11, p. 933-938, 2001.
- OUBORG, N. J.; PIQUOT, Y.; VAN GROENENDAEL, J. M. Population genetics, molecular markers and the study of dispersal in plants. **Journal of Ecology**, v. 87, n. 4, p. 551-568, 1999.
- PAZ, A.; IBÁÑEZ, R.; LIPS, K. R.; CRAWFORD, A. J. Testing the role of ecology and life history in structuring genetic variation across a landscape: a trait-based phylogeographic approach. **Molecular Ecology**. v. 24, n. 14, p. 3723-3737, 2015.
- PERES, M. B.; VERCILLO, U. E.; DIAS, B. F. D. Avaliação do Estado de Conservação da Fauna Brasileira e a Lista de Espécies Ameaçadas: o que significa, qual sua importância, como fazer? **Biodiversidade Brasileira**, n. 1, p. 45-28, 2011.
- RAO, V. R.; HODGKIN, T. Genetic diversity and conservation and utilization of plant genetic resources. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture**. v. 68, n. 1, p.1-19, 2002.
- RECH, A. R.; AGOSTINI, K.; OLIVEIRA, P. E.; MACHADO, I. C. Biologia da Polinização. Projecto Cultural, 2014.
- RODRIGUES, A. S. L.; PILIGRIM, J. D.; LAMOREUX, J. F.; HOFFMANN, M.; BROOKS, T. M. The value of the IUCN Red List for conservation. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 21, n. 2, p. 71-76, 2006.
- ROUMET, C.; URCELAY, C.; DIAZ, S. Suites of root traits differ between annual and perennial species growing in the field. **New Phytologist**, v. 170, n. 2, p. 357-368, 2006.
- TAJIMA, F.; Measurement of DNA polymorphism. In: Mechanisms of Molecular Evolution. Introduction to Molecular Paleopopulation Biology, Edited by TAKAHATA,

N.; CLARCK, A. G., Tokyo, Sunderland, MA: Japan Scientific Societies Press, Sinauer Associates, Inc., 37-59, 1993.

TEMPLETON, A. R. Population genetics and microevolutionary theory. John Wiley & Sons, 2006.

WANG, M.; ZHAO, H. X.; WANG, L.; WANG, T.; YANG, R. W.; WANG, X. L.; ZHOU, Y.H.; DING, C.B.; ZHANG, L. Potential use of DNA barcoding for the identification of *Salvia* based on cpDNA and nrDNA sequences. **Gene**, v. 528, n. 2, p. 206-215, 2013.

4. CAPÍTULO I

Análise cienciométrica dos estudos de diversidade genética que utilizam cpDNA e suas implicações para a conservação de plantas

Análise cienciométrica dos estudos de diversidade genética que utilizam cpDNA e suas implicações para a conservação de plantas

(Normas de acordo com a revista Current Science)

RESUMO: Os marcadores cloroplastidiais são uma classe de gene extremamente conservada e de herança uniparental sendo de grande valia para melhor estudar e compreender processos ecológicos e evolutivos atuando nas populações. Além disso, fornece dados sobre diversos parâmetros, entre eles a diversidade genética (número de haplótipos, diversidade haplotípica, diversidade nucleotídica, FST). Levando em consideração tais aspectos, este trabalho utilizou-se de uma abordagem cienciométrica em diferentes bases de dados, buscando avaliar a utilização de marcadores cloroplastidiais em publicações que obtiveram estimativas de diversidade genética, as famílias botânicas mais estudadas e suas espécies, bem como sua forma de vida e classificação na IUCN. Foram encontradas 383 publicações, entre os anos de 1996 e março de 2018, com um crescimento linear no número de publicações. O periódico *Molecular Ecology* apresentou o maior número de publicações. A maioria dos trabalhos encontrados foi desenvolvido na Ásia. Foram registradas 612 espécies distribuídas em 134 famílias, a maior parte das espécies estudadas são classificadas como NE pela IUCN, demonstrando déficit de estudos para espécies em categorias (LC, NT, VU, EN, CR) com algum grau de ameaça. Os resultados observados demonstram um crescimento da área e melhor compreensão da distribuição de publicações ao redor do globo.

Palavras-chave: Cienciométrica, cpDNA, Diversidade genética.

Scientometric analysis of genetic diversity studies using cpDNA and its implications for plant conservation

(Standards according to Current Science magazine Current Science)

ABSTRACT: Chloroplastid markers are a class of extremely conserved gene and uniparental inheritance being of great value to better study and understand ecological and evolutionary processes acting in the populations. In addition, it provides data on several parameters, including genetic diversity (number of haplotypes, haplotype diversity, nucleotide diversity, FST). Taking into account these aspects, this work was based on a scientometric approach in different databases, seeking to evaluate the use of chloroplastid markers in publications that obtained estimates of genetic diversity, the most studied botanical families and their species, as well as their form classification in IUCN. A total of 383 publications were found between 1996 and March 2018, with a linear growth in the number of publications. The journal Molecular Ecology presented the largest number of publications. Most of the work found was developed in Asia. A total of 612 species distributed in 134 families were registered. Most of the species studied were classified as NE by the IUCN, showing a lack of studies for species in categories (LC, NT, VU, EN, CR) with some degree of threat. The results show a growing area and a better understanding of the distribution of publications around the globe.

Key words: Scientometry, cpDNA, Genetic diversity.

4. 1. INTRODUÇÃO

A diversidade genética pode ser definida como qualquer medida que quantifica a variabilidade genética em uma população, refletindo balanço mutacional e perda de variação genética^{1,2}. A utilização de índices de diversidade genética para avaliar populações e espécies tem crescido nos últimos anos, o que se deve principalmente ao desenvolvimento e utilização de novos marcadores moleculares³. Com isso, a diversidade genética e suas métricas (número de haplótipos, diversidade haplotípica, diversidade nucleotídica, FST), têm se tornando importantes em vários campos como filogenética, filogeografia, ecologia molecular, ecologia genética, genética geográfica e genética da paisagem⁴.

A filogeografia é uma disciplina que lida com arranjos espaciais de linhagens genéticas⁵, e possui relação com diferentes áreas do conhecimento como a sistemática e a genética. Seu início foi marcado pela utilização do DNA mitocondrial (mtDNA) como um marcador molecular de organela uniparental, o qual passou a ser usado para definir de forma precisa a ligação entre ancestrais⁶, principalmente em espécies de animais. Contudo, para espécies de plantas, os marcadores de DNA cloroplastidial (cpDNA) têm sido a classe preferencial para os estudos filogeográficos.

O cpDNA é uma classe de gene extremamente conservada utilizada como ferramenta para determinar origem e eventos de domesticação de plantas. Isso ocorre porque este DNA possui herança apenas maternal na maioria das angiospermas, além de baixo índice mutacional e raras taxas de recombinação^{7,8,9}. Essa classe de marcador varia a cerca de 120 a 217 kb, e tem sido usada para elucidar padrões históricos e obter estimativas de diversidade genética, propiciando ainda a inferência de mudanças históricas em sua área de desenvolvimento, assim como rotas de recolonização, podendo ainda fornecer informações complementares sobre diversificação e fluxo gênico^{10,11,12} em diferentes espécies, sejam elas com potencial medicinal¹³, endêmicas¹⁴ com potencial comercial¹¹ e outras.

Apesar da importância do uso dessa classe de marcadores na obtenção das estimativas de diversidade genética em estudos filogeográficos, raros são os estudos voltados para a avaliação do número de publicações e o crescimento dessa área ao longo dos anos¹⁵. Dessa forma, a utilização de métodos cienciométricos, pode fornecer informações valiosas sobre o desenvolvimento da pesquisa a respeito dessa temática,

além de evidenciar propensões de crescimento ao longo dos anos, e contribuições de determinados grupos para o seu progresso.

A cienciometria estuda os aspectos quantitativos da ciência e produção científica e tem por objetivo identificar e analisar as informações contidas nas publicações, disponíveis em bases de dados (e.g: Scopus, Web of Science, PubMed e Google Scholar), e apresenta vasta aplicação em diferentes áreas do conhecimento. Essa métrica da informação tem sido usada para avaliar tendências no número de publicações sobre determinado assunto¹⁶ ou determinadas áreas do conhecimento¹⁵, lacunas em biomas¹⁷, tendências de autoria simples e grupal¹⁸, colaboração internacional¹⁹ entre outros.

Dessa forma, o presente trabalho teve como objetivo realizar uma análise cienciométrica dos estudos que historicamente utilizaram marcadores cloroplastidiais para obter estimativas de diversidade genética, avaliando a tendência temporal destes estudos. Este trabalho buscou ainda, identificar aspectos botânicos contidos nos trabalhos publicados nessa área, como espécies e família botânica mais estudada, bem como o hábito de vida e classificação na *International Union for Conservation of Nature* (IUCN)²⁰ das principais espécies estudadas.

4.2. MATERIAL E MÉTODOS

Para avaliar as tendências de publicações foram conduzidas buscas utilizando três bases de dados (Web of Science, Scopus e Pubmed), com as seguintes palavras-chaves: [cpDNA* AND genetic diversity*]; [chloroplastidial DNA* AND genetic diversity*]. A busca ficou limitada apenas por tópicos e ocorreu até o final do mês de março do ano de 2018.

Do resultado da busca foram excluídos artigos que não utilizavam cpDNA (cpDNA apenas citado), artigos em que o acesso não foi possível, artigos em que o organismo estudado não era planta (animais, microrganismos, algas), artigos com marcadores moleculares ligados ao cpDNA que não eram de sequência [Microsatélite, *Restriction Fragment Length Polymorphisms* (RFLP), *Randomly Amplified Polymorphic DNA* (RAPD), *Amplified Fragment Length Polymorphism* (AFLP), *Single Nucleotide Polymorphisms* (SNP), PCR-RFLP], artigos sem estimativas de diversidade genética (número de haplótipos, diversidade haplotípica, diversidade nucleotídica, FST), artigos de desenvolvimento de softwares e/ou técnicas, artigos com

desenvolvimento ou estudo de proteínas, e artigos que utilizaram o cpDNA para outros fins.

Dos artigos que estavam de acordo com os critérios de seleção, foram obtidas as seguintes informações: (i) ano de publicação do artigo; (ii) periódico em que o artigo foi publicado; (iii) fator de impacto do periódico encontrado no *Journal of Citation Reports* (JCR); (iv) número de citações do artigo de acordo com o Web of Science; (v) nacionalidade do autor de contato; (vi) área geográfica de enfoque do estudo; (vii) espécie estudada; (viii) família botânica da espécie estudada. Para as espécies estudadas, foi pesquisado nos artigos e no banco de dados da IUCN (<http://www.iucnredlist.org/>) a (viii) forma de crescimento (alga, arbórea, arbusto, cacto, conífera, epífita, erva, gramínea, musgo, palmeira, pinheiro, subarbusto, videira) e (ix) classificação de ameaça segundo a IUCN (DD – Deficiente de dados; NE – Não avaliada; LC – Pouco preocupante; NT – Quase ameaça; VU – Vulnerável; EN – Em perigo; CR – Criticamente em perigo).

O efeito da tendência geral de aumento no número de artigos foi removido com o número de artigos obtidos em cada ano dividido pelo número total de artigos encontrados na base de dados do Thomson-ISI e esse valor foi multiplicado por 1.000.000 e para visualizar o crescimento quantitativo dos trabalhos foram obtidos os resíduos da regressão linear simples: número de trabalhos por ano contra o tempo.

A diversidade de revistas foi estimada usando o índice de diversidade de Shannon-Wiener [$H' = -\sum p_i * \ln p_i$], ($p_i = n_i/N$), p_i sendo a abundância relativa de revistas, n_i o número de revistas em um intervalo de tempo e N o número total de revistas. Foram utilizadas as variáveis nacionalidade do autor de contato e fator de impacto do periódico encontrado na JCR para determinar se ocorreu diferença significativa entre as médias obtidas para fatores de impacto das diferentes nacionalidades por meio do teste de Tukey. O teste foi feito para todas as nacionalidades encontradas e para as nacionalidades com maior número de publicações. Tais as análises foram realizadas utilizando o pacote estatístico R²¹. As correlações múltiplas foram feitas utilizando o software STATISTICA 7.0²². E a Análise de Componentes Principais (PCA) foi feita utilizando o PAST²³.

4.3. RESULTADOS

Foi encontrado um total de 4177 artigos nas três bases de dados, sendo que destes, apenas 385 estavam de acordo com os critérios estabelecidos para serem

utilizados no estudo (Figura 1). O primeiro trabalho encontrado foi publicado no ano de 1996²⁴ trabalhando com as espécies *Aquilegia chrysantha* e *Aquilegia longissima*, utilizando a região *trnL-trnF*.

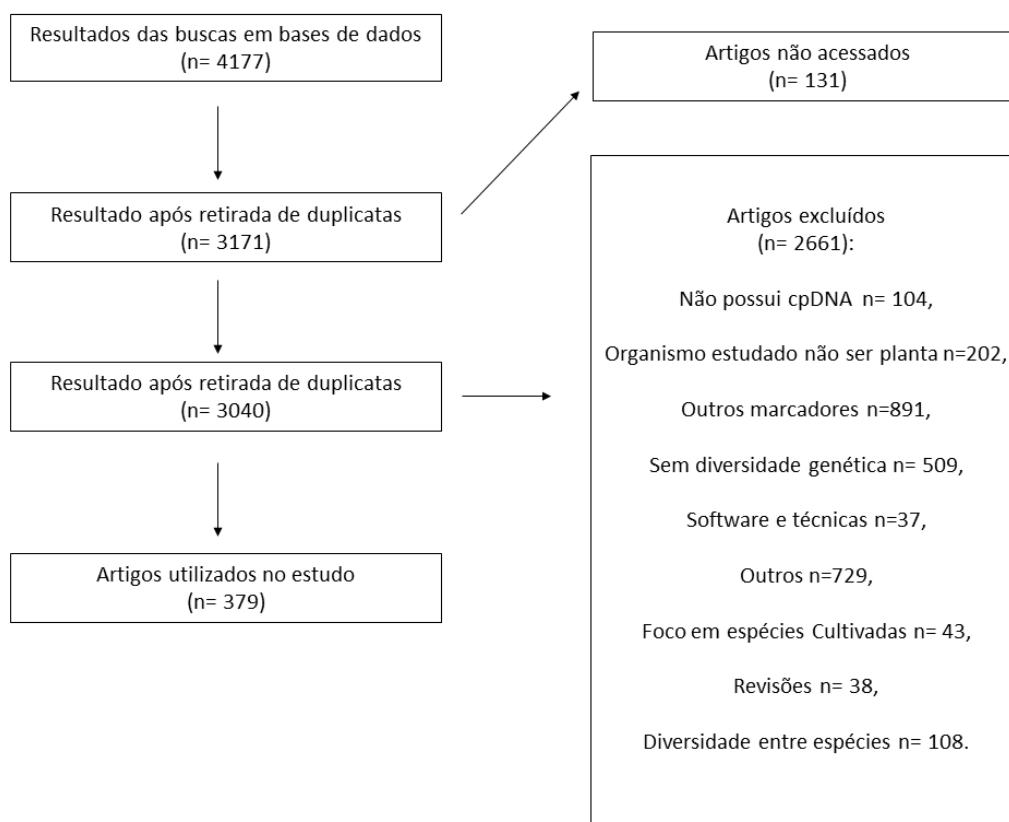


Figura 1. Diagrama mostrando as etapas ocorridas entre a obtenção dos artigos potenciais através das bases de dados e a seleção de artigos contendo estimativas de diversidade genética obtidas por meio da utilização de marcadores cloroplastidiais.

Foi possível observar um aumento ao longo dos anos no número de publicações envolvendo o uso de marcadores cpDNA para análises de diversidade genética, comprovado pelo ajuste de um modelo de regressão exponencial ($R = 0,91$; $p < 0,0001$; Figura 2a). Esse aumento ocorreu principalmente após a década de 80, sendo possível observar que durante as décadas de 60 e 70, o número de publicações/número total de publicações* 10^6 encontra-se abaixo de cinco por ano, sendo o número de 20 publicações por ano somente alcançado após a década de 90. Quando analisados apenas aquelas publicações que continham estimativas de diversidade genética também pode ser observado um aumento gradual por ano ($R = 0,97$; $P < 0,0001$; Figura 2b). O ajuste do modelo linear para ambos os modelos foi comprovado pelo comportamento dos resíduos que mostraram um padrão aleatório de distribuição (Figuras 2c e 2d).

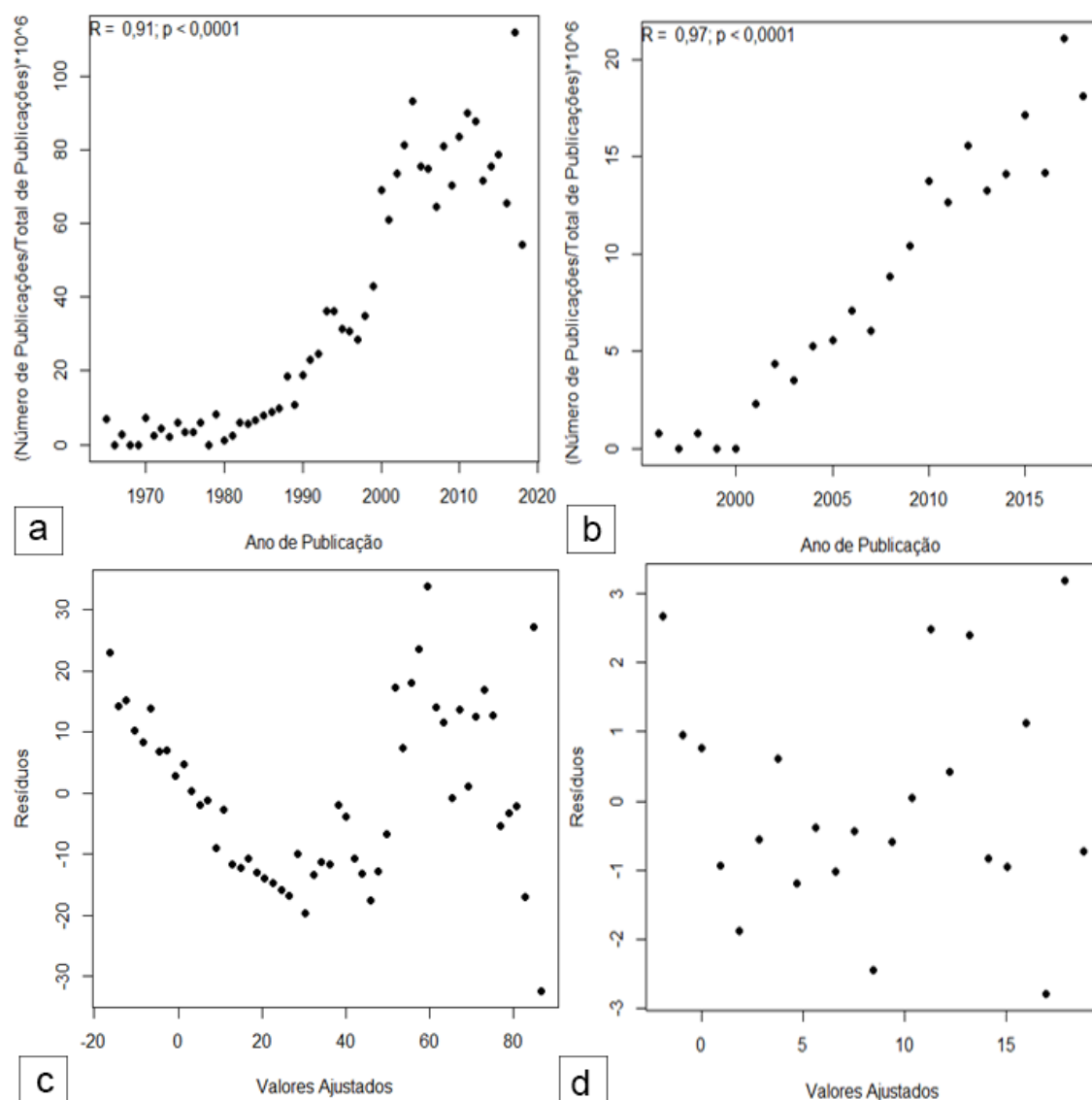


Figura 2. Variação temporal no número total de publicações entre 1965 e março de 2018 que utilizaram cpDNA (a). Variação temporal no número de publicações utilizadas no estudo entre 1996 e março de 2018 que utilizaram cpDNA para obtenção de estimativas de diversidade genética (b). Resíduos entre o número total de publicações e o ano de publicação entre 1965 e março de 2018 que utilizaram cpDNA (c). Resíduos entre o número de publicações utilizadas no estudo e o ano de publicação (d).

Ao analisar a nacionalidade do autor de contato foi possível observar que o maior número de publicações, ou seja, 150 são de origem chinesa (Figura 3a). Estes valores foram seguidos pelo Japão e Estados Unidos da América (USA) com 37 e 35 publicações respectivamente. Juntos estes três países possuem 57,3 % do total de publicações para esse campo científico. Ao se tratar da área geográfica em que o estudo foi conduzido, é possível concluir que não apenas os estudos de autores de contato chineses, mas também estudos de autores de contato de outras nacionalidades são

focados na área geográfica da China (Figura 3b), seguida pelo Japão que possui 48 trabalhos com enfoque em sua área geográfica. Para publicações com autores de contato com nacionalidade na China e no Japão, foi possível observar um grande e comum foco em estudos dentro da área geográfica do continente Asiático.

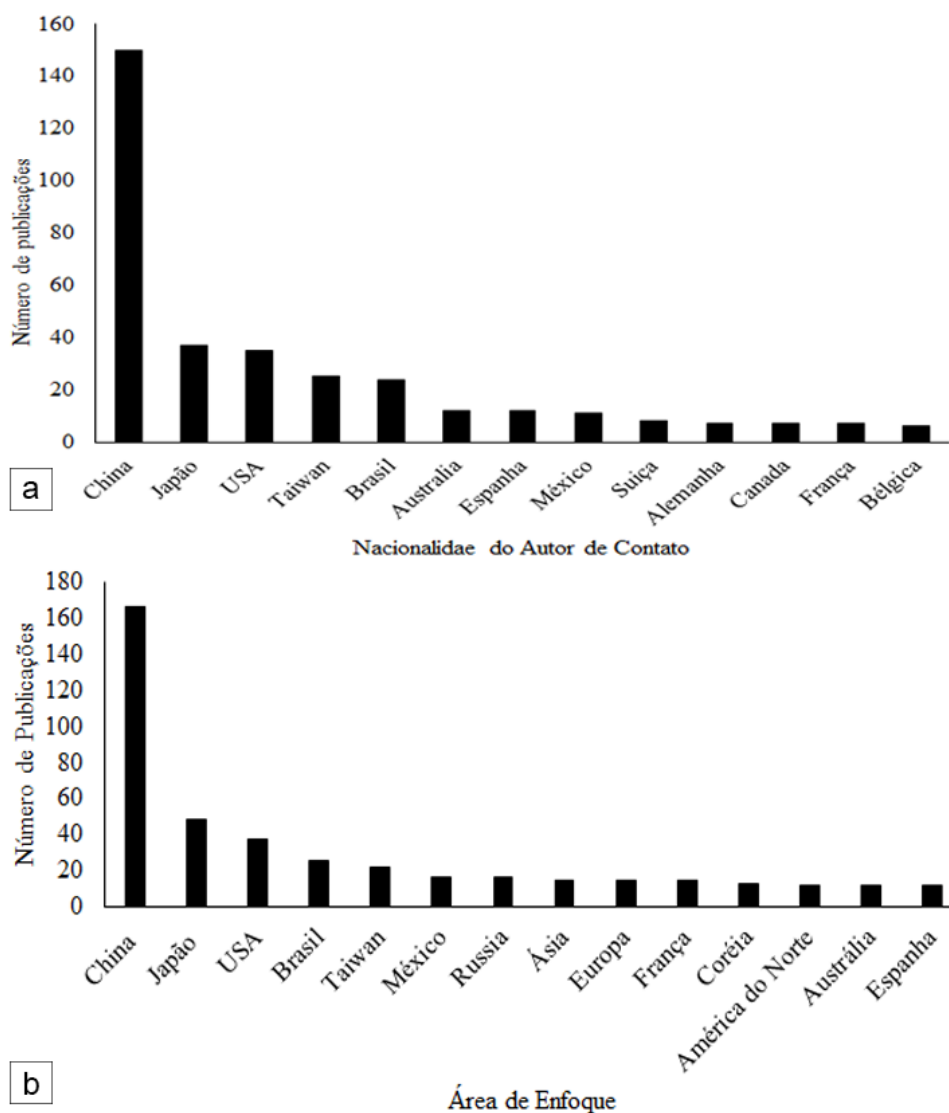


Figura 3. Número de Publicações contendo estimativas de diversidade genética obtidas por meio da utilização de marcadores moleculares cloroplastidiais, de acordo com a nacionalidade do autor de contato (a). Número de publicações contendo estimativas de diversidade genética obtidas por meio da utilização de marcadores moleculares cloroplastidiais, de acordo com a área de enfoque geográfico (b).

As médias de fator de impacto se diferenciaram significativamente ($p < 0,0001$) entre as nacionalidades de autor de contato. Diferença significativa também foi encontrada ($p < 0,001$) analisando-se os países com maior número de publicações (Figura 4). Entre os países com maior número de publicações o que apresentou maior

média de fator de impacto foi a Alemanha (5,24), seguido da Suíça (5,12), Taiwan (4,17), USA (4,04), Austrália (3,90), Espanha (3,80), Brasil (3,64), México (3,16), China (3,07) e Japão (2,70). Contudo, a significância dos dados se deve à diferença entre as médias de fator de impacto apenas de Taiwan e Japão, Japão e Alemanha.

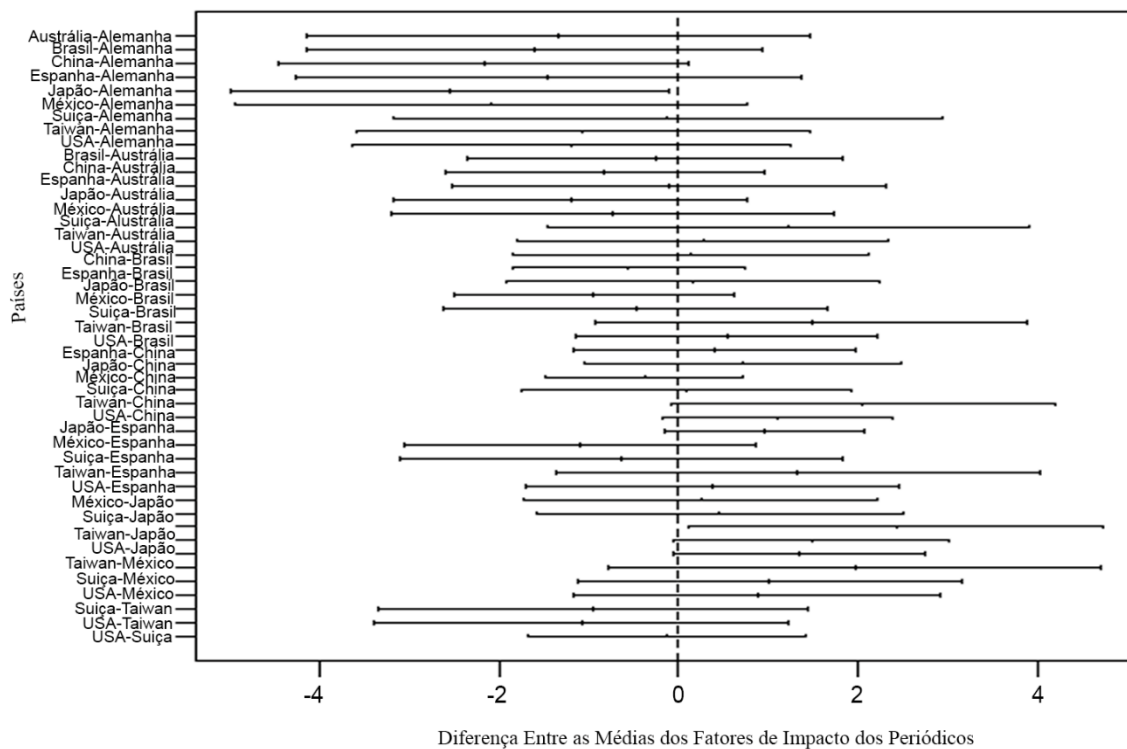


Figura 4. Teste de Tukey entre a Nacionalidade do Autor de Contato e o Fator de Impacto dos Periódicos contendo estimativas de diversidade genética obtidas por meio da utilização de marcadores moleculares cloroplastidiais.

As publicações avaliadas estão distribuídas em 72 periódicos diferentes. Dentre os periódicos, 34 apresentam apenas uma publicação e 21 apresentam número superior ou igual a cinco, totalizando 310 publicações e correspondendo a 80,94% do total de publicações. Entre os periódicos destaca-se a *Molecular Ecology* com 54 trabalhos publicados (14,1% do total de publicações) (Figura 5a), sendo o primeiro trabalho publicado em 2001. Este periódico é seguido pela *Plos One* com 32 publicações (8,35% do total de publicações), sendo as duas primeiras publicações do ano de 2011, aumentando no ano seguinte, para seis. Além disso, foi possível observar aumento significativo ao longo dos anos da diversidade de revistas com publicações envolvendo

o uso de marcadores cpDNA para análises de diversidade genética ($R = 0,96$; $P < 0,0001$; Figura 5b).

Considerando as bases de dados em que as publicações foram encontradas, 83 publicações (21,73%) estavam indexadas nas três bases de dados, a maior parte das publicações estava indexada apenas na base de dados Pubmed (132 publicações ou 34,55%) e 89 publicações (23,30%) estavam indexadas tanto na base de dados da Web of Science quanto na Scopus.

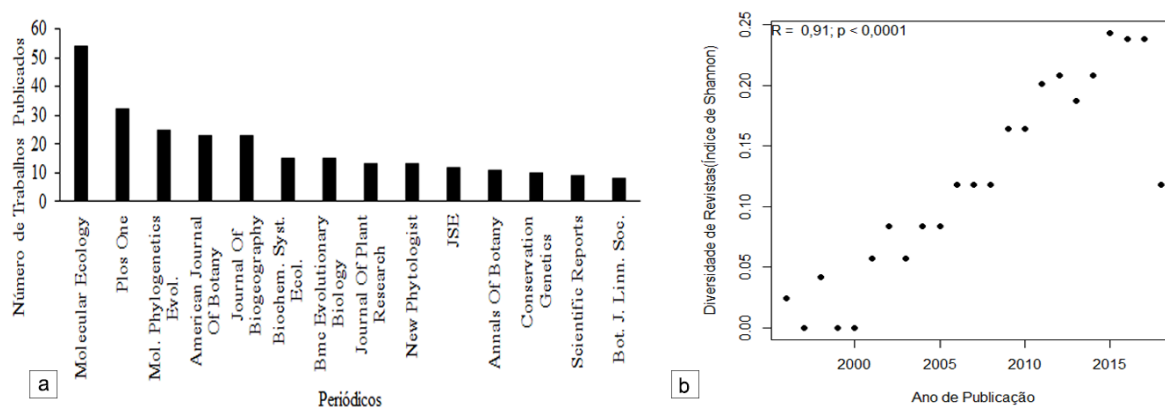


Figura 5. Periódicos com maior número de publicações contendo estimativas de diversidade genéticas obtidas por meio da utilização de marcadores moleculares cloroplastidiais (a). Diversidade de Revistas (Índice de Shannon) (b).

Em relação ao número de citações por publicação, foi possível identificar que 2,61% dos artigos possuem mais de 100 citações (Figura 6), enquanto 20,10% não possuem nenhuma citação. Entre os artigos mais citados é possível observarm artigos de 2006²⁵ com 162 citações, de 2009²⁶ com 161, de 2005²⁷ com 157 e outro de 2006²⁸ com 147. Apesar desses artigos possuírem mais de oito anos de publicação não foi possível verificar qualquer relação significativa entre o tempo de publicação e o número de citações.

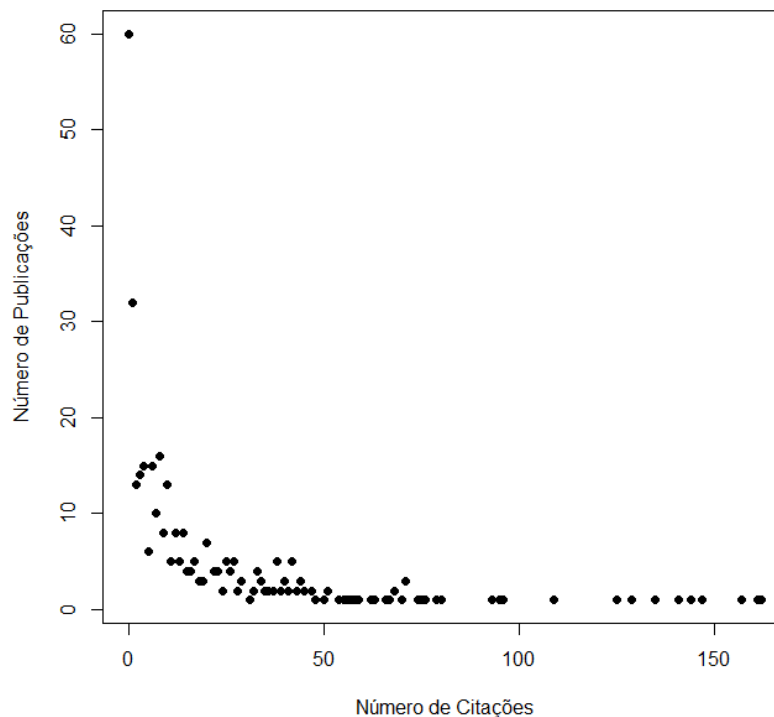


Figura 6. Número de citações por publicação avaliada, contendo estimativas de diversidade genéticas obtidas por meio da utilização de marcadores moleculares cloroplastidiais.

Foram registrados dados para 612 espécies, distribuídas em 134 famílias botânicas, presentes de cinco grupos (alga, briófitas, pteridófitas, gimnospermas e angiospermas) (Tabela S1). Entre as famílias a *Asteraceae* ($R=0,77406$, $p=0,001$) foi a mais presente em publicações (Figura 7a), sendo possível observá-la em 23 estudos, seguida da *Pinaceae* ($R=0,34701$, $p=0,027$) e da *Rosaceae* ($R=0,66913$, $p=0,001$), presentes em 19 publicações cada. Sete das famílias mais representativas apresentaram relação significativa entre o ano e o número de publicações, sendo perceptível um aumento após o ano 2000 da quantidade de famílias registradas nas publicações. Foi observado que apenas 41 espécies (7,25%) são encontradas em mais de uma publicação, destacando-se as espécies *Carpinus laxiflora* (*Betulaceae*), *Euonymus oxyphyllus* (*Celastraceae*), e *Pseudotsuga menziesii* (*Pinaceae*), que foram encontradas em três publicações cada.

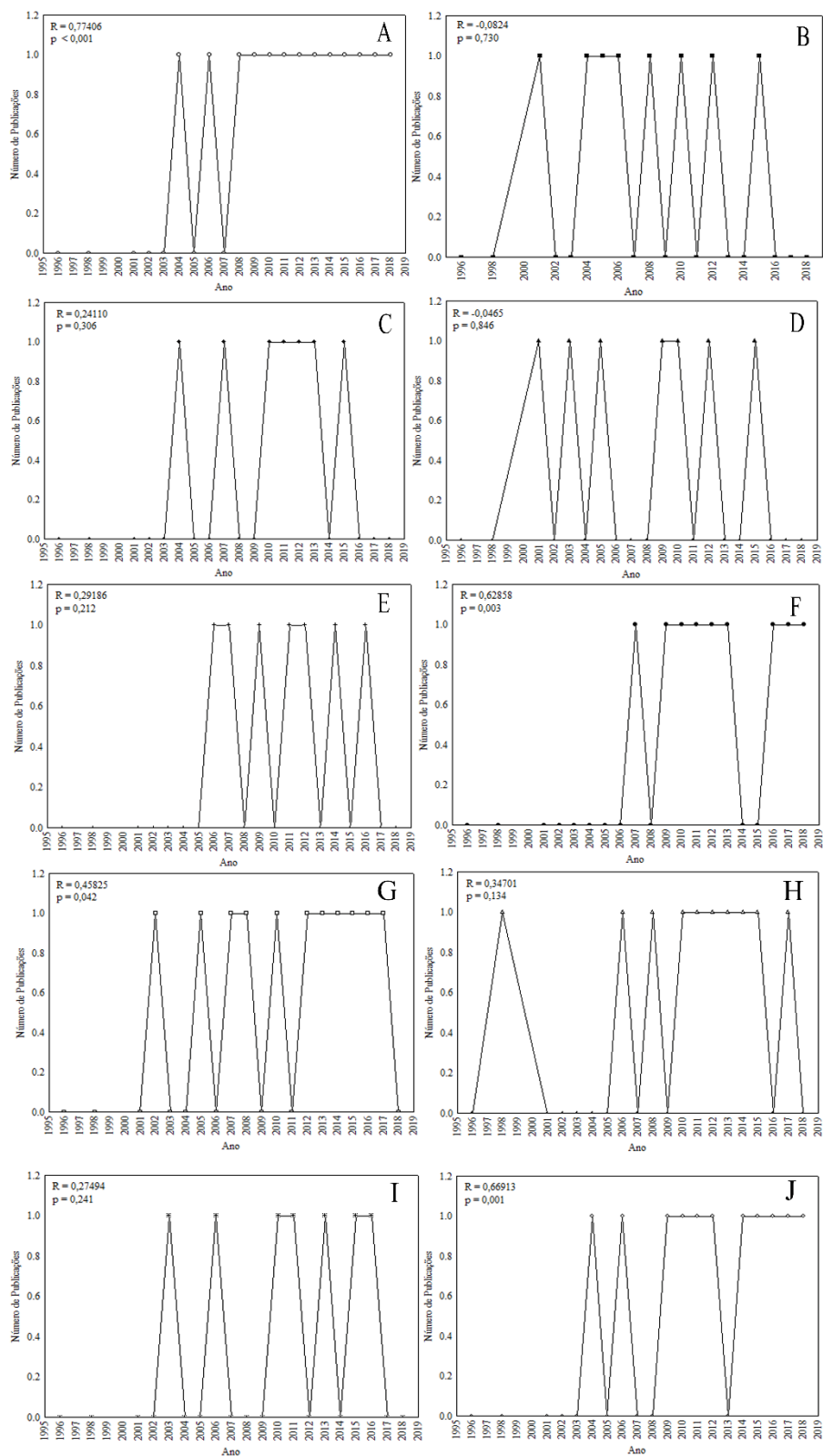


Figura 7. Variação temporal do número de publicações das famílias mais representativas nos últimos 21 anos. A) Asteraceae; B) Brasicaceae; C) Caryophyllaceae; D) Cupressaceae; E) Ericaceae; F) Fabaceae; G) Fagaceae; H) Pinaceae; I) Poaceae; J) Rosaceae.

Entre as famílias mais representativas encontradas foi possível observar por meio da Análise de Componentes Principais (PCA) que famílias como a *Asteraceae* e *Pinaceae* são responsáveis pela maior parte da variação encontrada, podendo ser agrupadas (Figura 8a). O mesmo pode ser observado para os anos 2011, 2012, 2013, e 2016 (Figura 8b) que podem ser agrupados demonstrando que em tais anos as famílias foram avaliadas de forma semelhante.

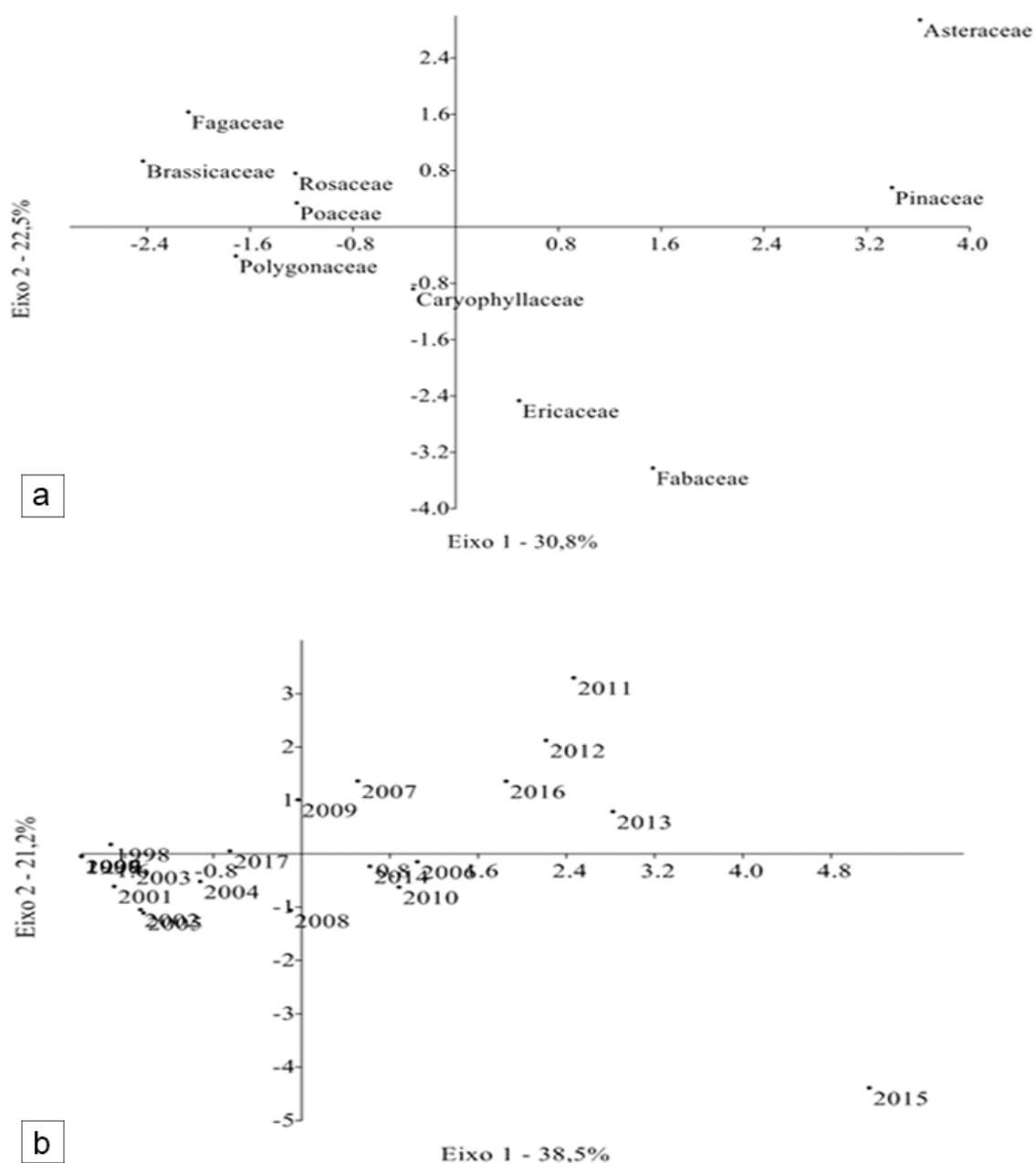


Figura 8. Espaço de ordenação da Análise de Componentes Principais (PCA) construída com os dados das famílias botânicas mais representativas registradas nas publicações contendo estimativas de diversidade genética obtidas por meio da utilização de marcadores moleculares cloroplastidiais (a) e ano de publicação das famílias botânicas mais representativas registradas (b).

A maior parte das espécies encontradas apresentam forma de vida do tipo herbácea (ervas, 213 espécies ou 35,8% do total), possuindo registro em quase todos os anos desde 2001, não sendo registradas apenas em 2002 e 2003. A família com maior número de espécies herbáceas foi a *Asteraceae* (22 espécies), seguida da família *Brassicaceae* (19 espécies) e *Solanaceae* (13 espécies). A segunda forma de vida em número de registros foi a forma arbórea (27,9%), registrada em todos os anos desde 1998. A família com maior número de espécies arbóreas registradas foi a *Pineaceae* (32 espécies), essa família tem sua constituição apenas de espécies arbóreas (LIN et al., 2010). Em sequência a família *Fagaceae* (20 espécies) que também possui em sua constituição apenas espécies arbóreas²⁹. E a família *Rosaceae* (18 espécies) que possui várias formas de crescimento incluindo a arbórea e arbustiva³⁰, e para o último foram registradas 11 espécies. Tal forma de crescimento não possui registro apenas nos anos de 1998, 2001 e 2004 (Figura 9) ficando em terceiro com número de espécies registradas (21,5%). A família com maior número de espécies nessa forma de crescimento foi *Polygonaceae* (16 espécies) esta família possui diferentes forma de crescimento entre suas espécies³¹. Em segundo temos a família *Rosaceae* e em terceiro a família *Ephedraceae* (10 espécies) constituída em sua maioria de *Gnetófitas*, possuindo também forma de crescimento arbustivo³².

Foi encontrada apenas uma alga da espécie *Mazzaella laminarioides* (*Gigartinaceae*) em 2012 e cinco representantes das Briófitas (*Ceratodon purpureus*, *Pyrrhobryum mnioides*, *Radula lindenbergiana*, *Sphagnum fimbriatum*, *Sphagnum squarrosum*) distribuídos em quatro famílias (*Ditrichaceae*, *Rhizogoniaceae*, *Radulaceae*, *Sphagnaceae*) presentes na forma de musgo.

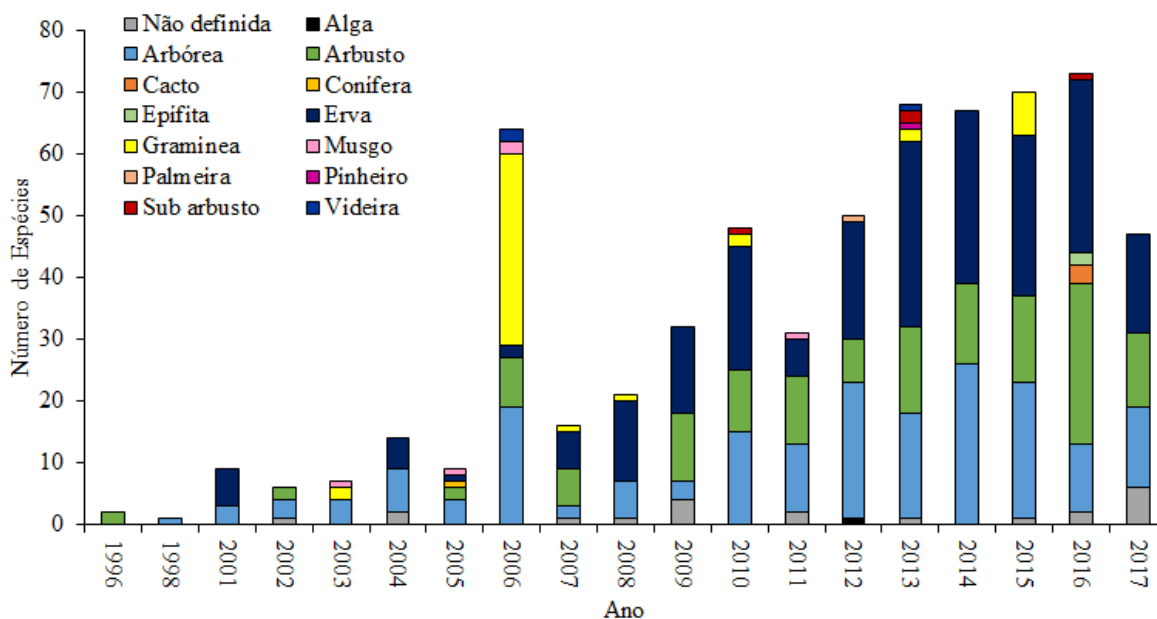


Figura 9. Forma de crescimento das espécies registradas nas publicações contendo estimativas de diversidade genética obtidas por meio da utilização de marcadores moleculares cloroplastidiais.

As 595 espécies registradas nas publicações são classificadas de acordo com sete categorias da IUCN (Figura 10), sendo a grande maioria classificada como Não Avaliada (NE). Também é possível observar em 2006 um grande aumento no número de espécies classificadas como Pouco Preocupante (LC), com queda em 2007 e aumento nos anos seguintes. Estudos com espécies classificadas como Quase Ameaçada (NT), Vulnerável (VU) e Em Perigo (EN) tem crescido desde 2009. Apenas a espécie *Picea neoveitchii* (*Pinaceae*), registrada em 2013, estava classificada como Criticamente em Perigo (CR). Espécies Deficientes de Dados (DD) tiveram pouca menção, com maior registro em 2006. As categorias VU ($R = 0,716$, $p = 0,0006$) e NE ($R = 0,895$, $p = 0,0000002$) apresentaram relação significativa entre o ano e as espécies estudadas.

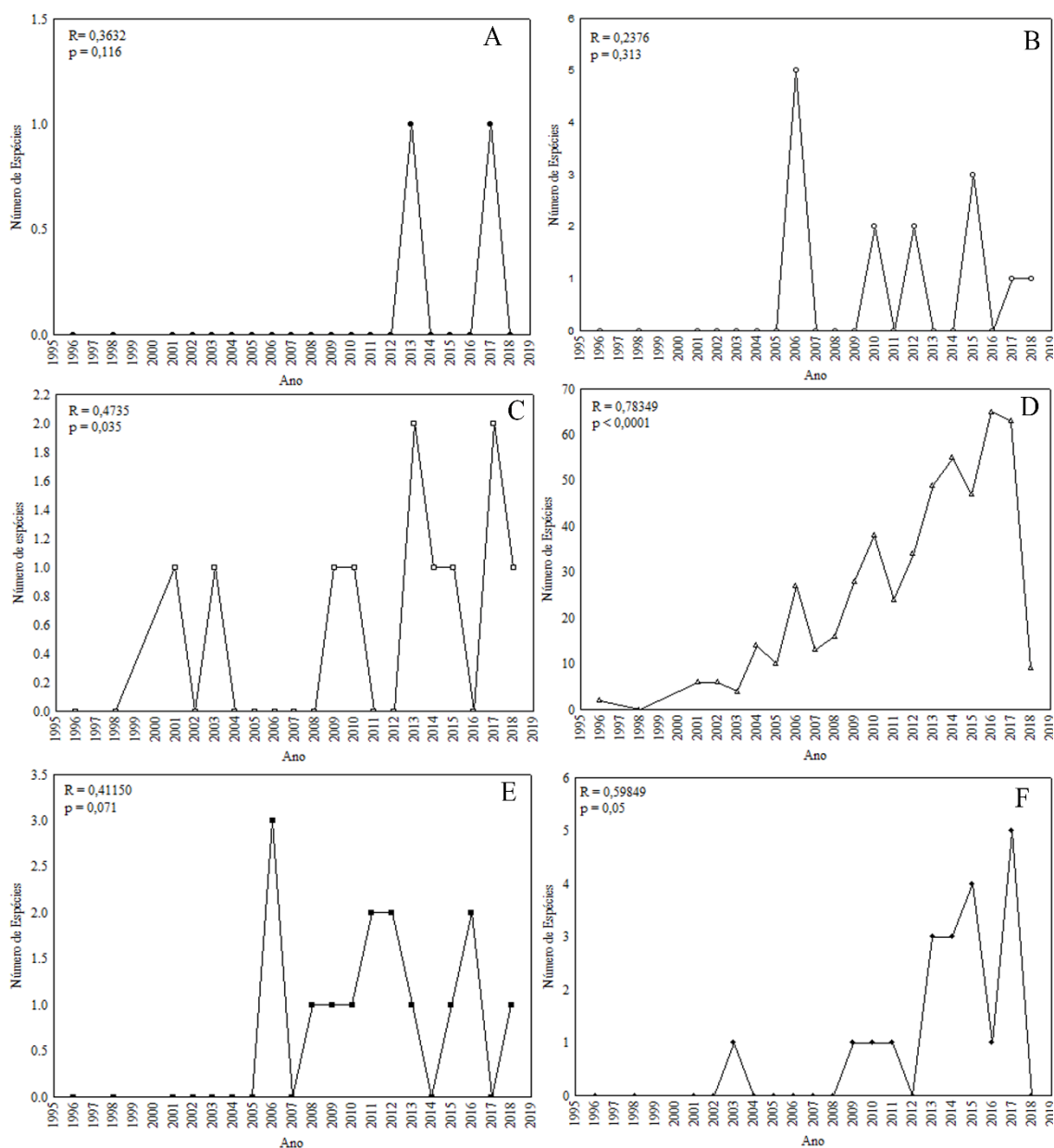


Figura 10. Variação temporal das categorias da IUCN para as espécies encontradas nos últimos 21 anos. A) CR; B) DD; C) EN; D) NE; E) NT; F) VU,

4.4. DISCUSSÃO

Foi observado um aumento exponencial no número total de publicações a partir de 1987 (Figura 2a), o que pode estar diretamente relacionado com o desenvolvimento da técnica de reação em cadeia da polimerase (PCR)³³. No entanto, um crescimento pronunciado ocorreu a partir de 1992, o que se deve principalmente ao desenvolvimento e popularização de primers universais para cpDNA³⁴ em que houve a divulgação de seis

primers (*trnT*, *trnL-trnL-trnF*) para serem utilizados em estudos de genética de populações e evolução de plantas.

Publicações contendo dados de diversidade genética obtidos com a utilização destes marcadores só apareceram a partir de 1996 (Figura 2b), o que pode ser explicado pelo desenvolvimento de novos *primers* em 1991. Em 1995³⁵ foram divulgados nove *primers* (*trnH-trnK*, *trnK-trnK*, *trnC-trnD*, *trnD-trnT*, *psbC-trnS*, *trnS-trnfM*, *psaA-trnS*, *trnS-trnT*, *trnM-rbcL*) e em 1997³⁶ com a divulgação de sete *primers* (*trnK2-trnQr*, *trnQ-trnRr*, *rpoC1-trnCr*, *trnT-psbCr*, *trnfM-psaAr*, *trnF-trnVr*, *trnV-rbcLr*). Em 2005³⁷ testaram 21 *primers* para sequências não codificantes de cpDNA (*trnD-trnT*, *rpoB-trnC*, *trnS-trnG*, *trnS-trnfM*, *trnT-trnL*, *rpS16*, *rpL16*, *ycf6-psbM*, *trnG*, *psbM-trnD*, *trnC-ycf6*, *5'rpS12-rpL20*, *trnH-psbA*, *matK-5'trnK*, *rpS4-trnT*, *trnL-trnF*, *trnL*, *3'trnK-matK*, *psbB-psbH*, *psbA-3'trnK*, *trnS-rpS4*) que associados a novas tecnologias desenvolvidas a partir de 2005, como o sequenciamento de nova geração (NGS), permitiu grandes avanços dos estudos que utilizam sequências de DNA, como os estudos de filogeografia e filogenia^{38,39}. A difusão dos *primers* influenciou no número de famílias registradas (Figura 7), sendo perceptível principalmente após o ano de 2005, demonstrando que a difusão da técnica de sequenciamento pode também ter influenciado a diversidade de família registradas nas publicações contendo estimativas de diversidade genética obtidas por meio da utilização de marcadores moleculares cloroplastidiais.

A China obteve destaque em publicações voltadas para a diversidade genética utilizando marcadores de cpDNA (Figura 3a). Tal fato pode ser explicado pelo quadro de investimentos apresentado por este país. Em 1998, o Ministro de Ciência e Tecnologia da China e vários governantes locais estabeleceram várias instituições privadas voltadas para o estudo de genomas, como por exemplo, *The Beijing Institute of Genomics* (BGI) e *The Chinese Academy of Sciences*. A China se tornou, portanto, uma grande potência na área de sequenciamento, e desde o início do século XXI as pesquisas na área da genética têm crescido consideravelmente neste país⁴⁰. Em 2010 a BGI se tornou líder global no sequenciamento de DNA, colaborando com pesquisadores de todo o globo e em 2016 aumentou a velocidade de sequenciamento ao mesmo tempo em que diminuiu os valores para tal⁴¹. Entre 2006 e 2010, a China foi o segundo país com maior número de artigos publicados em diferentes áreas do conhecimento⁴², ou seja, nossos dados mostram que os estudos de diversidade genética que utilizam marcadores

cloroplastidiais seguem a tendência geral de aumento no número de publicações chinesas.

A China também possui o maior número de publicações voltadas para a diversidade genética utilizando marcadores de cpDNA, com enfoque em sua área geográfica (Figura 3b), isso pode estar relacionado ao fato de que as primeiras pesquisas para a área de genética neste país, ocorreram com espécies de animais endêmicas que possuíam importância econômica como *Bombyx mori*, conhecido como bicho da seda⁴³. Mais recentemente os trabalhos têm se atentado a espécies ameaçadas de extinção como o panda gigante (*Ailuropoda melanoleura*)⁴⁴. Acrescido a isso, a China possui *um hotspot* nas áreas montanhosas de seu território, o que aumenta a taxa local de endemismo⁴⁵, o mesmo ocorre no Japão, ou seja, grande número de espécies endêmicas no território, associado a um amplo crescimento tecnológico. Essas associações de fatores podem estimular a pesquisa local, aumentando o enfoque dos pesquisadores em sua própria área geográfica.

Os periódicos com maior número de publicações voltadas para a diversidade genética utilizando marcadores de cpDNA pertencem, em maioria, à área de Biologia Molecular (Figura 5a), outros periódicos são voltados para a área da evolução, botânica e conservação, o que demonstra não apenas a ampla utilização de dados de diversidade genética, mas também a diversidade de revistas (Figura 5b) em que se pode encontrar tais dados. Ao contrário do que ocorre nos periódicos, entre as bases de dados, a maior parte das publicações foi encontrada na base de dados da PubMed, isso ocorre porque, apesar de ser mais voltada para a área médica e biomédica, essa base possui muitos dados moleculares e as palavras-chave utilizadas são mais abrangentes, captando dessa forma, uma maior quantidade de publicações⁴⁶.

As citações compreendem uma forma de se medir a influência de uma publicação, entretanto, pode não haver diferença em número de citações para artigos antigos e recentes. É possível que a área temática seja um fator importante ao se determinar o tempo de influência de um estudo. Em áreas como a Taxonomia e Sistemática, por exemplo, que acumulam informações a passos mais lentos, estudos antigos podem continuar sendo citados por um longo tempo. Neste estudo, não foi encontrada relação entre a idade do artigo e o número de citações do mesmo, sendo possível que artigos recentes não tenham sido ainda ‘descobertos’ no meio científico, podendo acontecer o mesmo com artigos mais antigos⁴⁷.

Entre as famílias mais representativas em publicações voltadas para a diversidade genética utilizando marcadores de cpDNA, observa-se o maior número de publicações principalmente para as famílias *Asteraceae* (Figura 7), *Pineaceae* e *Rosaceae*. De fato, por possuírem muitas espécies com importância comercial e medicinal e por isso, estudos filogeográficos e filogenéticos tem sido mais frequente com essas famílias.

O mesmo fato que levou ao aumento do número de publicações para as famílias *Pineaceae* e *Rosaceae* também influenciou no número de espécies registradas para essas famílias. Além disso, a família *Poaceae* que tem o maior número de espécies registradas em publicações voltadas para a diversidade genética utilizando marcadores de cpDNA, é a família mais conhecida e estudada entre as angiospermas, por possuir grande importância econômica e ecológica⁴⁸. As espécies registradas para essas famílias possuem diferentes forma de crescimentos, com destaque para erva, arbórea e arbusto que obtiveram respectivamente o maior número de registros (Figura 9), sendo que as famílias de destaque para cada forma de crescimento possuem grande importância econômica e medicinal^{49,50,51}, o que pode vir a influenciar na espécie estudada, assim como sua forma de crescimento.

Ao serem classificadas de acordo com a IUCN (Figura 10) foi possível observar que para as espécies registradas, ao contrário do que se era esperado, o maior número de classificações foi encontrado na categoria Não Avaliadas (NE) apontando falta de estudos para as espécies já categorizadas pela IUCN, principalmente espécies com risco de extinção. O principal déficit está na quantidade de espécies categorizadas pela IUCN, que até 2015 não passavam de 19738 espécies⁵², o que influencia para que muitas espécies estejam categorizadas como DD ou NE por exemplo. Dessa forma é possível perceber que mesmo com o aumento de publicações voltadas para a diversidade genética muitas espécies não foram avaliadas pela IUCN, permanecendo muitas vezes categorizadas como não avaliadas ou deficiente de dados.

Torna-se então perceptível uma carência de estudos contendo estimativas de diversidade genética obtida por meio da utilização de marcadores moleculares cloroplastidiais principalmente para espécies categorizadas como Em Perigo (EN) e Em Perigo Crítico (CR) pela IUCN. E para espécies categorizadas como Pouco Preocupante (LC), Quase Ameaçada (NT) e Vulnerável (VU), mesmo que apresentem aumento no número de publicações ainda possuem carência.

4.5. CONCLUSÃO

Publicações contendo estimativas de diversidade genética obtidas por meio da utilização de marcadores moleculares cloroplastidiais tiveram um aumento crescente e significativo, sendo em grande maioria realizadas por autores de nacionalidade chinesa, tendo como enfoque o continente Asiático. Entretanto estudos focando espécies classificadas em uma das categorias da IUCN ainda são minoria, assim como estudos de diferentes autores com a mesma espécie. Plantas herbáceas foram o foco da maior parte dos estudos avaliados. Tais fatos representam um gargalo, podendo também ser visto como uma oportunidade de estudo para pesquisadores em volta do globo.

4.6. REFERÊNCIAS

1. HUGHES, A., INOUE, B. D., JOHNSON, M. T., UNDERWOOD, N., VELLEND, M. Ecological consequences of genetic diversity. *Ecol. Lett.* 2008, **11**(6), 609-623.
2. LEFFLER, E. M., BULLAUGHEY, K., MATUTE, D. R., MEYER, W. K., SÉGUREL, L., VENKAT, A., ANDOLFATTO, P., PRZEWORSKI, M. Revisiting an old riddle: what determines genetic diversity levels within species? *PLOS Biol.*, 2012, **10**(9), e1001388.
3. SCHULMAN, A. H. Molecular markers to assess genetic diversity. *Euphytica*, 2007, **158**(3), 313-321.
4. DINIZ-FILHO, J. A. F., TELLES, M. P. C., BONATTO, S. L., EIZIRIK, E., FREITAS, T. R. O., MARCO JUNIOR, P., SANTOS, F. R., SOLE-CAVA, A., SOARES, T. N. Mapping the evolutionary twilight zone: molecular markers, populations and geography. *J. Biogeogr.*, 2008, **35**(5), 753-763.
5. AVISE, J. C. Phylogeography: retrospect and prospect. *J. Biogeogr.*, 2009, **36**(1), 3-15.
6. AVISE, J. C. *Molecular markers, natural history and evolution*. Springer Science & Business Media, 2012.
7. GAO, Y., YIN, S., YANG, H., WU, L., YAN, Y. Genetic diversity and phylogenetic relationships of seven *Amorphophallus* species in southwestern China revealed by chloroplast DNA sequences. *Mitochondrial DNA*, 2017, 1-8.
8. RESENDE-MOREIRA, L. C., VASCONCELOS, P. N., SOUTO, A. P., MENEZES, A. P. A., LEMOS-FILHO, J. P., LOVATO, M. B. East-west

- divergence in central Brazilian Cerrado revealed by cpDNA sequences of a bird-dispersed tree species. *Biochem. Syst. Ecol.*, 2017, **70**, 247-253.
9. ZHAO, X. L., GAO, X. F., ZHU, Z. M., GAO, Y. D., XU, B. The demographic response of a deciduous shrub (the *Indigofera bungeana* complex, Fabaceae) to the Pleistocene climate changes in East Asia. *Sci. Rep.*, 2017, **7**(1), 697.
 10. HARTL, D. L., CLARK, A. G. *Princípios de Genética de Populações*. Porto Alegre: Artmed Editora. 4ª edição. 2010.
 11. GUO, W., NG, W. L., WU, H., LI, W., ZHANG, L., QIAO, S., YANG, X., SHI, X., HUANG, Y. Chloroplast phylogeography of a widely distributed mangrove species, *Excoecaria agallocha*, in the Indo-West Pacific region. *Hydrobiologia*, 2017, **807**(1), 333-347.
 12. ZHAO, X. L., GAO, X. F., ZHU, Z. M., GAO, Y. D., XU, B. The demographic response of a deciduous shrub (the *Indigofera bungeana* complex, Fabaceae) to the Pleistocene climate changes in East Asia. *Sci. Rep.*, 2017, **7**(1), 697
 13. WEI, S., YANG, W., WANG, X., HOU, Y. High genetic diversity in an endangered medicinal plant, *Saussurea involucrata* (*Saussurea*, Asteraceae), in western Tianshan Mountains, China. *Conserv. Genet.*, 2017, **18**(6), 1435-1447.
 14. FENG, X., LIU, J., CHIANG, Y. C., GONG, X. Investigating the genetic diversity, population differentiation and population dynamics of *Cycas segmentifida* (Cycadaceae) endemic to Southwest China by multiple molecular markers. *Front. Plant. Sci.*, 2017, **8**, 839.
 15. SOUZA, U. J. B. D., TELLES, M. P. D. C., DINIZ-FILHO, J. A. F. Tendências da literatura científica sobre genética de populações de plantas do Cerrado. *Hoehnea*, 2016, **43**(3), 461-477.
 16. KONUR, O. The scientometric evaluation of the research on the algae and bioenergy. *Appl Energy*, 2011, **88**(10), 3532-3540.
 17. BORGES, P. P., OLIVEIRA, K. A. F. A., MACHADO, K. B., VAZ, Ú. L., CUNHA, H. F., NABOUT, J. C. Trends and gaps of the scientific literature on the Cerrado biome: A scientometric analysis. *Neotrop. Biol. Conserv.*, 2014, **10**(1), 2-8.
 18. NABOUT, J. C., PARREIRA, M. R., TERESA, F. B., CARNEIRO, F. M., CUNHA, H. F., SOUZA ONDEI, L., CARAMORI, S. S., SOARES, T. N. Publish (in a group) or perish (alone): the trend from single-to multi-authorship in biological papers. *Scientometrics*, 2014, **102**(1), 357-364.

19. ELANGO, B., RAJENDRAN, P., BORNMANN, L. A scientometric analysis of international collaboration and growth of literature at the macro level. *Malays J. Libr. Inf. Sc.*, 2017, **20**(2).
20. The IUCN Red List of Threatened Species. Version 2017-3. <http://www.iucnredlist.org>. (December 2017).
21. R: A LANGUAGE AND ENVIRONMENT FOR STATISTICAL COMPUTING. R FOUNDATION FOR STATISTICAL COMPUTING, VIENNA, AUSTRIA. URL <https://www.R-project.org/>. R Core Team, 2017.
22. STATSOFT, INC. Statistica (data analysis software system), version 7. 2007. www.statsoft.com (December 2017).
23. HAMMER, Ø. PAST: PAleontological STatistics software package, v3. 06. 2016.
24. STRAND, A. E., MILLIGAN, B. G., PRUITT, C. M. Are populations islands? Analysis of chloroplast DNA variation in *Aquilegia*. *Evolution*, 1996, **50**(5), 1822-1829.
25. JAKOB, S. S., BLATTNER, F. R. A chloroplast genealogy of *Hordeum* (*Poaceae*): long-term persisting haplotypes, incomplete lineage sorting, regional extinction, and the consequences for phylogenetic inference. *Mol. Biol. Evol.*, 2006, **23**(8), 1602-1612.
26. WANG, L., ABBOTT, R. J., ZHENG, W. E. I., CHEN, P., WANG, Y., LIU, J. History and evolution of alpine plants endemic to the Qinghai-Tibetan Plateau: *Aconitum gymnantrum* (*Ranunculaceae*). *Mol. Ecol.*, 2009, **18**(4), 709-721.
27. ZHANG, Q., CHIANG, T. Y., GEORGE, M., LIU, J. Q., ABBOTT, R. J. Phylogeography of the Qinghai-Tibetan Plateau endemic *Juniperus przewalskii* (*Cupressaceae*) inferred from chloroplast DNA sequence variation. *Mol. Ecol.*, 2005, **14**(11), 3513-3524.
28. ANDERSON, L. L., HU, F. S., NELSON, D. M., PETIT, R. J., PAIGE, K. N. Ice-age endurance: DNA evidence of a white spruce refugium in Alaska. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.*, 2006, **103**(33), 12447-12450.
29. KREMER, A., ABBOTT, A. G., CARLSON, J. E., MANOS, P. S., PLOMION, C., SISCO, P., STATON, M. E., UENO, S., VENDRAMIN, G. G. Genomics of Fagaceae. *Tree Genet. Genomes*, 2012, **8**(3), 583-610.
30. POTTER, D., GAO, F., BORTIRI, P. E., OH, S. H., BAGGETT, S. Phylogenetic relationships in *Rosaceae* inferred from chloroplast *matK* and *trnL-trnF* nucleotide sequence data. *Plant Syst. Evol.*, 2002, **231**(1-4), 77-89.

31. SANCHEZ, A., SCHUSTER, T. M., KRON, K. A. A large-scale phylogeny of Polygonaceae based on molecular data. *IJPS*, 2009, **170**(8), 1044-1055
32. WANG, X., ZHENG, S. L. Whole fossil plants of *Ephedra* and their implications on the morphology, ecology and evolution of *Ephedraceae* (*Gnetales*). *Sci. Bull.*, 2010, **55**(15), 1511-1519.
33. MULLIS, K., FALOONA, F., SCHARF, S., SAIKI, R. K., HORN, G. T., ERLICH, H. Specific enzymatic amplification of DNA in vitro: the polymerase chain reaction. In: Cold Spring Harbor symposia on quantitative biology. Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1986, **51**, pp. 263-273.
34. TARBELET, P., GIELLY, L., BOUVET, J. Universal primers for amplification of three noncoding regions of chloroplast DNA. *Plant. Mol. Biol.*, 1991, **17**(5), 1105-1109.
35. DEMESURE, B., SODZI, N., PETIT, R. J. A set of universal primers for amplification of polymorphic non-coding regions of mitochondrial and chloroplast DNA in plants. *Mol. Ecol.*, 1995, **4**(1), 129-134.
36. DUMOLIN-LAPEGUE, S., PEMONGE, M.-H., PETIT, R. J. An enlarged set of consensus primers for the study of organelle DNA in plants. *Mol. Ecol.*, 1997, **6**(4), 393-397.
37. SHAW, J., LICKEY, E. B., BECK, J. T., FARMER, S. B., LIU, W., MILLER, J., SIRIPUN, K. C., WINDER, C. T., SCHILLING, E. E., SMALL, R. L. The tortoise and the hare II: relative utility of 21 noncoding chloroplast DNA sequences for phylogenetic analysis. *Am. J. Bot.*, 2005, **92**(1), 142-166.
38. MARDIS, E. R. The impact of next-generation sequencing technology on genetics. *Trends. Genet.*, 2008, **24**(3), 133-141.
39. SHENDURE, J., JI, H. Next-generation DNA sequencing. *Nat. Biotechnol.*, 2008, **26**(10), 1135.
40. WU, J., XIAO, J., ZHANG, R., YU, J. DNA sequencing leads to genomics progress in China. *Science China Life Sciences*, 2011, **54**(3), 290-292.
41. CYRANOSKI, D. The Sequencing Superpower. *Nature*, 2016, **534**, 23.
42. ALMEIDA, E. C. E. de, GUIMARÃES, J. A. Brazil's growing production of scientific articles—how are we doing with review articles and other qualitative indicators? *Scientometrics*, 2013, **97**(2), 287-315.
43. XIA, Q., et al. A draft sequence for the genome of the domesticated silkworm (*Bombyx mori*). *Science*, 2004, **306**(5703), 1937-1940.

44. LI, R., et al. The sequence and *de novo* assembly of the giant panda genome. *Nature*, 2010, **463**(7279), 311.
45. BELLARD, C., LECLERC, C., LEROY, B., BAKKENES, M., VELOZ, S., THUILLER, W., COURCHAMP, F. Vulnerability of biodiversity hotspots to global change. *Glob. Ecol. Biogeogr.*, 2014, **23**(12), 1376-1386.
46. FALAGAS, M. E., PITSOUNI, E. I., MALIETZIS, G. A., PAPPAS, G. Comparison of PubMed, Scopus, Web of Science, and Google Scholar: strengths and weaknesses. *FASEB J.*, 2008, **22**(2), 338-342.
47. WANG, J. Citation time window choice for research impact evaluation. *Scientometrics*, 2013, **94**(3), 851-872
48. NAKAMURA, A. T., LONGHI-WAGNER, H. M., SCATENA, V. L. Desenvolvimento de óvulo, fruto e semente de espécies de *Poaceae* (*Poales*). *Rev. Bras. Bot.*, 2009, pp. 165-176.
49. FAN, P., TERRIER, L., HAY, A. E., MARSTON, A., HOSTETTMANN, K. Antioxidant and enzyme inhibition activities and chemical profiles of *Polygonum sachalinensis* F. Schmidt ex Maxim (*Polygonaceae*). *Fitoterapia*, 2010, **81**(2), 124-131.
50. GAO, T., YAO, H., SONG, J., ZHU, Y., LIU, C., CHEN, S. Evaluating the feasibility of using candidate DNA barcodes in discriminating species of the large *Asteraceae* family. *BMC Evol. Biol.*, 2010, **10**(1), 324.
51. TUMEN, I., HAFIZOGLU, H., KILIC, A., DÖNMEZ, I. E., SIVRIKAYA, H., REUNANEN, M. Yields and constituents of essential oil from cones of *Pinaceae* spp. natively grown in Turkey. *Molecules*, 2010, **15**(8), 5797-5806.
52. BRUMMITT, N. A., et al. Green plants in the red: A baseline global assessment for the IUCN sampled Red List Index for plants. *PLOS One*, 2015, **10**(8), e0135152.

Tabela S1. Espécies registradas em publicações contendo estimativas de diversidade genéticas obtidas por meio da utilização de marcadores moleculares cloroplastidiais.

Grupo	Família	Espécie
Algae	<i>Gigartinaceae</i>	<i>Mazzaella laminarioides</i>
Angiospermae	<i>Acanthaceae</i>	<i>Avicennia germinans</i>
Angiospermae	<i>Acanthaceae</i>	<i>Hygrophila pogonocalyx</i>
Angiospermae	<i>Actinidiaceae</i>	<i>Actinidia polygama</i>
Angiospermae	<i>Adoxaceae</i>	<i>Viburnum furcatum</i>
Angiospermae	<i>Agavaceae</i>	<i>Camassia quamash</i>
Angiospermae	<i>Alismataceae</i>	<i>Sagittaria potamogetifolia</i>
Angiospermae	<i>Alismataceae</i>	<i>Sagittaria trifolia</i>
Angiospermae	<i>Alliaceae</i>	<i>Allium przewalskianum</i>
Angiospermae	<i>Alliaceae</i>	<i>Allium wallichii</i>
Angiospermae	<i>Altingiaceae</i>	<i>Liquidambar styraciflua</i>
Angiospermae	<i>Amaranthaceae</i>	<i>Achyranthes bidentata</i>
Angiospermae	<i>Amaryllidaceae</i>	<i>Acis nicaeensis</i>
Angiospermae	<i>Amaryllidaceae</i>	<i>Narcissus triandrus</i>
Angiospermae	<i>Anacardiaceae</i>	<i>Cotinus coggygria</i>
Angiospermae	<i>Anacardiaceae</i>	<i>Schinus terebinthifolius</i>
Angiospermae	<i>Apiaceae</i>	<i>Angelica nitida</i>
Angiospermae	<i>Apiaceae</i>	<i>Bupleurum longiradiatum</i> var. <i>longiradiatum</i>
Angiospermae	<i>Apiaceae</i>	<i>Bupleurum longiradiatum</i> var. <i>porphyranthum</i>
Angiospermae	<i>Apiaceae</i>	<i>Libanotis buchtormensis</i>
Angiospermae	<i>Apiaceae</i>	<i>Notopterygium forbesii</i>
Angiospermae	<i>Apocynaceae</i>	<i>Lagochilus bungei</i>
Angiospermae	<i>Apocynaceae</i>	<i>Lagochilus diacanthophyllus</i>
Angiospermae	<i>Apocynaceae</i>	<i>Lagochilus grandiflorus</i>
Angiospermae	<i>Apocynaceae</i>	<i>Lagochilus hirtus</i>
Angiospermae	<i>Apocynaceae</i>	<i>Lagochilus ilicifolius</i>
Angiospermae	<i>Apocynaceae</i>	<i>Lagochilus kaschgaricus</i>
Angiospermae	<i>Apocynaceae</i>	<i>Lagochilus lanatonodus</i>
Angiospermae	<i>Apocynaceae</i>	<i>Lagochilus macrodontus</i>
Angiospermae	<i>Apocynaceae</i>	<i>Lagochilus platyacanthus</i>
Angiospermae	<i>Apocynaceae</i>	<i>Lagochilus xinjiangensis</i>
Angiospermae	<i>Araceae</i>	<i>Amorphophallus kachinensis</i>
Angiospermae	<i>Araceae</i>	<i>Amorphophallus konjac</i>
Angiospermae	<i>Araceae</i>	<i>Amorphophallus krausei</i>
Angiospermae	<i>Araceae</i>	<i>Amorphophallus paeoniifolius</i>
Angiospermae	<i>Araceae</i>	<i>Amorphophallus xiei</i>
Angiospermae	<i>Araceae</i>	<i>Amorphophallus yuloensis</i>
Angiospermae	<i>Araceae</i>	<i>Amorphophallus yunnanensis</i>

Angiospermae	<i>Araliaceae</i>	<i>Eleutherococcus senticosus</i>
Angiospermae	<i>Araliaceae</i>	<i>Fatsia japonica</i>
Angiospermae	<i>Araliaceae</i>	<i>Fatsia oligocarpella</i>
Angiospermae	<i>Araliaceae</i>	<i>Fatsia polycarpa</i>
Angiospermae	<i>Araliaceae</i>	<i>Kalopanax septemlobus</i>
Angiospermae	<i>Araliaceae</i>	<i>Eleutherococcus sessiliflorus</i>
Angiospermae	<i>Aristolochiaceae</i>	<i>Aristolochia kaempferi</i>
Angiospermae	<i>Aristolochiaceae</i>	<i>Saruma henryi</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Artemisia halodendron</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Centaurea borjae</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Centaurea diffusa</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Centaurea stoebe micranthos</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Chrysanthemum indicum</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Encelia farinosa</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Helenium virginicum</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Hexinia polydichotoma</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Hieracium pilosella</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Jurinea pinnata</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Leucomeris decora</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Ligularia cymbulifera</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Ligularia hodgsonii</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Ligularia tongolensis</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Linnaea borealis</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Lychnophora ericoides</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Nouelia insignis</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Opisthopappu taihangensis</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Opisthopappus longilobus</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Saussurea involucrata</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Senecio rodriguezii</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Solidago arenicola</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Solidago gigantea</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Solidago kralii</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Solidago plumosa</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Solidago simplex spp randii</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Solidago simplex spp simplex</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Solidago spathulata</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Townsendia hookeri</i>
Angiospermae	<i>Asteraceae</i>	<i>Youngia japonica</i>
Angiospermae	<i>Berberidaceae</i>	<i>Berberis trifoliolata</i>
Angiospermae	<i>Berberidaceae</i>	<i>Dysosma versipellis</i>
Angiospermae	<i>Berberidaceae</i>	<i>Sinopodophyllum hexandrum</i>
Angiospermae	<i>Betulaceae</i>	<i>Alnus incana</i>
Angiospermae	<i>Betulaceae</i>	<i>Alnus sieboldiana</i>
Angiospermae	<i>Betulaceae</i>	<i>Carpinus japonica</i>

Angiospermae	<i>Betulaceae</i>	<i>Carpinus laxiflora</i>
Angiospermae	<i>Betulaceae</i>	<i>Carpinus tschonoskii</i>
Angiospermae	<i>Betulaceae</i>	<i>Ostryopsis davidiana</i>
Angiospermae	<i>Betulaceae</i>	<i>Ostryopsis intermedia</i>
Angiospermae	<i>Betulaceae</i>	<i>Ostryopsis nobilis</i>
Angiospermae	<i>Bignoniaceae</i>	<i>Incarvillea sinensis</i>
Angiospermae	<i>Bignoniaceae</i>	<i>Tabebuia rosealba</i>
Angiospermae	<i>Bignoniaceae</i>	<i>Tabebuia serratifolia</i>
Angiospermae	<i>Boraginaceae</i>	<i>Chionocharis hookeri</i>
Angiospermae	<i>Boraginaceae</i>	<i>Echium vulgare</i>
Angiospermae	<i>Boraginaceae</i>	<i>Omphalodes littoralis</i> subsp. <i>gallaecica</i>
Angiospermae	<i>Boraginaceae</i>	<i>Echium plantagineum</i>
Angiospermae	<i>Brassicaceae</i>	<i>Arabidopsis arenosa</i> spp <i>arenosa</i>
Angiospermae	<i>Brassicaceae</i>	<i>Arabidopsis arenosa</i> spp <i>borbasii</i>
Angiospermae	<i>Brassicaceae</i>	<i>Arabidopsis carpatica</i>
Angiospermae	<i>Brassicaceae</i>	<i>Arabidopsis lyrata</i>
Angiospermae	<i>Brassicaceae</i>	<i>Arabidopsis neglecta</i>
Angiospermae	<i>Brassicaceae</i>	<i>Arabidopsis petrogena</i>
Angiospermae	<i>Brassicaceae</i>	<i>Arabidopsis thaliana</i>
Angiospermae	<i>Brassicaceae</i>	<i>Arabis</i> × <i>divaricarpa</i>
Angiospermae	<i>Brassicaceae</i>	<i>Arabis alpina</i>
Angiospermae	<i>Brassicaceae</i>	<i>Arabis beckwithii</i>
Angiospermae	<i>Brassicaceae</i>	<i>Arabis drummondii</i>
Angiospermae	<i>Brassicaceae</i>	<i>Arabis fecunda</i>
Angiospermae	<i>Brassicaceae</i>	<i>Arabis fendleri</i>
Angiospermae	<i>Brassicaceae</i>	<i>Arabis holboellii</i>
Angiospermae	<i>Brassicaceae</i>	<i>Arabis lyallii</i>
Angiospermae	<i>Brassicaceae</i>	<i>Cardamine constancei</i>
Angiospermae	<i>Brassicaceae</i>	<i>Cardamine nipponica</i>
Angiospermae	<i>Brassicaceae</i>	<i>Eutrema salsugineum</i>
Angiospermae	<i>Brassicaceae</i>	<i>Raphanus sativus</i> var. <i>raphanistroides</i>
Angiospermae	<i>Brassicaceae</i>	<i>Thlaspi arvense</i>
Angiospermae	<i>Bromeliaceae</i>	<i>Aechmea calyculata</i>
Angiospermae	<i>Bromeliaceae</i>	<i>Catopsis nutans</i>
Angiospermae	<i>Burseraceae</i>	<i>Santiria trimera</i>
Angiospermae	<i>Cactaceae</i>	<i>Cephalocereus columna-trajani</i>
Angiospermae	<i>Cactaceae</i>	<i>Pilosocereus arrabidaei</i>
Angiospermae	<i>Cactaceae</i>	<i>Pilosocereus catingicola</i> subsp. <i>catingicola</i>
Angiospermae	<i>Cactaceae</i>	<i>Pilosocereus catingicola</i> subsp. <i>salvadorensis</i>
Angiospermae	<i>Cactaceae</i>	<i>Rhipsalis baccifera</i>
Angiospermae	<i>Calycanthaceae</i>	<i>Chimonanthus praecox</i>

Angiospermae	<i>Campanulaceae</i>	<i>Canarina canariensis</i>
Angiospermae	<i>Campanulaceae</i>	<i>Edraianthus graminifolius</i>
Angiospermae	<i>Campanulaceae</i>	<i>Lobelia rynchopetalum</i>
Angiospermae	<i>Cannabaceae</i>	<i>Trema dielsiana</i>
Angiospermae	<i>Capparaceae</i>	<i>Capparis spinosa</i>
Angiospermae	<i>Caryocaraceae</i>	<i>Caryocar brasiliense</i>
Angiospermae	<i>Caryophyllaceae</i>	<i>Arenaria provincialis</i>
Angiospermae	<i>Caryophyllaceae</i>	<i>Gymnocarpos przewalskii</i>
Angiospermae	<i>Caryophyllaceae</i>	<i>Psammosilene tunicoides</i>
Angiospermae	<i>Caryophyllaceae</i>	<i>Silene acaulis</i>
Angiospermae	<i>Caryophyllaceae</i>	<i>Silene latifolia</i>
Angiospermae	<i>Caryophyllaceae</i>	<i>Silene nutans</i>
Angiospermae	<i>Caryophyllaceae</i>	<i>Silene otites</i>
Angiospermae	<i>Caryophyllaceae</i>	<i>Silene patula</i>
Angiospermae	<i>Caryophyllaceae</i>	<i>Silene vulgaris</i>
Angiospermae	<i>Celastraceae</i>	<i>Euonymus oxyphyllus</i>
Angiospermae	<i>Cistaceae</i>	<i>Cistus creticus</i>
Angiospermae	<i>Cistaceae</i>	<i>Cistus monspeliensis</i>
Angiospermae	<i>Combretaceae</i>	<i>Terminalia catappa</i>
Angiospermae	<i>Combretaceae</i>	<i>Terminalia franchetii</i>
Angiospermae	<i>Crassulaceae</i>	<i>Rhodiola alsia</i>
Angiospermae	<i>Crassulaceae</i>	<i>Rhodiola chrysanthemifolia</i>
Angiospermae	<i>Crassulaceae</i>	<i>Rhodiola dumulosa</i>
Angiospermae	<i>Crassulaceae</i>	<i>Rhodiola kirilowii</i>
Angiospermae	<i>Crassulaceae</i>	<i>Sedum lanceolatum</i>
Angiospermae	<i>Cunoniaceae</i>	<i>Eucryphia cordifolia</i>
Angiospermae	<i>Cupressaceae</i>	<i>Juniperus blancoi</i>
Angiospermae	<i>Cyperaceae</i>	<i>Carex conica</i>
Angiospermae	<i>Cyperaceae</i>	<i>Carex curvula ssp. curvula</i>
Angiospermae	<i>Diapensiaceae</i>	<i>Pyxidantha barbulata</i>
Angiospermae	<i>Diapensiaceae</i>	<i>Pyxidantha brevifolia</i>
Angiospermae	<i>Dioscoreaceae</i>	<i>Dioscorea humilis</i>
Angiospermae	<i>Dioscoreaceae</i>	<i>Tacca chantrieri</i>
Angiospermae	<i>Dipterocarpaceae</i>	<i>Neobalanocarpus heimii</i>
Angiospermae	<i>Elaeagnaceae</i>	<i>Hippophaë rhamnoides</i>
Angiospermae	<i>Elaeagnaceae</i>	<i>Hippophae tibetana</i>
Angiospermae	<i>Elaeocarpaceae</i>	<i>Elaeocarpus sylvestris</i> <i>var. ellipticus</i>
Angiospermae	<i>Ericaceae</i>	<i>Arbutus unedo</i>
Angiospermae	<i>Ericaceae</i>	<i>Arctericia nana</i>
Angiospermae	<i>Ericaceae</i>	<i>Chamaedaphne calyculata</i>
Angiospermae	<i>Ericaceae</i>	<i>Erica arborea</i>
Angiospermae	<i>Ericaceae</i>	<i>Erica scoparia</i>
Angiospermae	<i>Ericaceae</i>	<i>Loiseleuria procumbens</i>
Angiospermae	<i>Ericaceae</i>	<i>Phyllodoce nipponica</i>

Angiospermae	<i>Ericaceae</i>	<i>Rhododendron hyperythrum</i>
Angiospermae	<i>Ericaceae</i>	<i>Rhododendron delavayi</i> var. <i>delavayi</i>
Angiospermae	<i>Ericaceae</i>	<i>Rhododendron formosanum</i>
Angiospermae	<i>Ericaceae</i>	<i>Rhododendron morii</i>
Angiospermae	<i>Ericaceae</i>	<i>Rhododendron pseudochrysanthum</i>
Angiospermae	<i>Ericaceae</i>	<i>Rhododendron rubropunctatum</i>
Angiospermae	<i>Euphorbiaceae</i>	<i>Mercurialis corsica</i>
Angiospermae	<i>Euphorbiaceae</i>	<i>Sapium japonicum</i>
Angiospermae	<i>Eupteleaceae</i>	<i>Euptelea pleiosperma</i>
Angiospermae	<i>Eupteleaceae</i>	<i>Euptelea polyandra</i>
Angiospermae	<i>Fabaceae</i>	<i>Acacia ancistrocarpa</i>
Angiospermae	<i>Fabaceae</i>	<i>Acacia atkinsiana</i>
Angiospermae	<i>Fabaceae</i>	<i>Dalbergia miscolobium</i>
Angiospermae	<i>Fabaceae</i>	<i>Dalbergia nigra</i>
Angiospermae	<i>Fabaceae</i>	<i>Hymenaea courbaril</i> var. <i>stilbocarpa</i>
Angiospermae	<i>Fabaceae</i>	<i>Hymenaea stigonocarpa</i>
Angiospermae	<i>Fabaceae</i>	<i>Indigofera amblyantha</i>
Angiospermae	<i>Fabaceae</i>	<i>Indigofera bungeana</i>
Angiospermae	<i>Fabaceae</i>	<i>Indigofera ramulosissima</i>
Angiospermae	<i>Fabaceae</i>	<i>Indigofera silvestrii</i>
Angiospermae	<i>Fabaceae</i>	<i>Lathyrus japonicus</i>
Angiospermae	<i>Fabaceae</i>	<i>Lespedeza buergeri</i>
Angiospermae	<i>Fabaceae</i>	<i>Oxytropis chankaensis</i>
Angiospermae	<i>Fabaceae</i>	<i>Plathymenia reticulata</i>
Angiospermae	<i>Fabaceae</i>	<i>Schizolobium parahyba</i>
Angiospermae	<i>Fagaceae</i>	<i>Castanopsis carlesii</i>
Angiospermae	<i>Fabaceae</i>	<i>Astragalus edulis</i>
Angiospermae	<i>Fagaceae</i>	<i>Castanopsis eyrei</i>
Angiospermae	<i>Fagaceae</i>	<i>Cyclobalanopsis glauca</i>
Angiospermae	<i>Fagaceae</i>	<i>Fagus crenata</i>
Angiospermae	<i>Fagaceae</i>	<i>Nothofagus antarctica</i>
Angiospermae	<i>Fagaceae</i>	<i>Nothofagus betuloides</i>
Angiospermae	<i>Fagaceae</i>	<i>Nothofagus dombeyi</i>
Angiospermae	<i>Fagaceae</i>	<i>Nothofagus nitida</i>
Angiospermae	<i>Fagaceae</i>	<i>Nothofagus pumilio</i>
Angiospermae	<i>Fagaceae</i>	<i>Quercus aquifolioides</i>
Angiospermae	<i>Fagaceae</i>	<i>Quercus arbutifolia</i>
Angiospermae	<i>Fagaceae</i>	<i>Quercus geminata</i>
Angiospermae	<i>Fagaceae</i>	<i>Quercus gilva</i>
Angiospermae	<i>Fagaceae</i>	<i>Quercus glauca</i>
Angiospermae	<i>Fagaceae</i>	<i>Quercus mongolia</i> var. <i>crispula</i>
Angiospermae	<i>Fagaceae</i>	<i>Quercus mongolica</i>

Angiospermae	<i>Fagaceae</i>	<i>Quercus oleoides</i>
Angiospermae	<i>Fagaceae</i>	<i>Quercus sagraeana</i>
Angiospermae	<i>Fagaceae</i>	<i>Quercus variabilis</i>
Angiospermae	<i>Fagaceae</i>	<i>Quercus virginiana</i>
Angiospermae	<i>Fouquieriaceae</i>	<i>Fouquieria shrevei</i>
Angiospermae	<i>Fumariaceae</i>	<i>Corydalis tomentella</i>
Angiospermae	<i>Gentianaceae</i>	<i>Gentiana acaulis</i>
Angiospermae	<i>Gentianaceae</i>	<i>Gentiana alpina</i>
Angiospermae	<i>Gentianaceae</i>	<i>Gentiana angustifolia</i>
Angiospermae	<i>Gentianaceae</i>	<i>Gentiana clusii</i>
Angiospermae	<i>Gentianaceae</i>	<i>Gentiana dinarica</i>
Angiospermae	<i>Gentianaceae</i>	<i>Gentiana ligustica</i>
Angiospermae	<i>Gentianaceae</i>	<i>Gentiana occidentalis</i>
Angiospermae	<i>Gentianaceae</i>	<i>Gentiana straminea</i>
Angiospermae	<i>Gentianaceae</i>	<i>Metagentiana striata</i>
Angiospermae	<i>Gentianaceae</i>	<i>Sabatia kennedyana</i>
Angiospermae	<i>Gesneriaceae</i>	<i>Moussonia deppeana</i>
Angiospermae	<i>Gesneriaceae</i>	<i>Primulina alutacea</i>
Angiospermae	<i>Gesneriaceae</i>	<i>Primulina eburnea</i>
Angiospermae	<i>Gesneriaceae</i>	<i>Primulina lutea</i>
Angiospermae	<i>Gesneriaceae</i>	<i>Primulina orthandra</i>
Angiospermae	<i>Gesneriaceae</i>	<i>Primulina xiziae</i>
Angiospermae	<i>Grossulariaceae</i>	<i>Ribes meyeri</i>
Angiospermae	<i>Hemerocallidaceae</i>	<i>Stypandra glauca</i>
Angiospermae	<i>Hemerocallidaceae</i>	<i>Stypandra jamesii</i>
Angiospermae	<i>Hippocastanaceae</i>	<i>Aesculus turbinata</i>
Angiospermae	<i>Hydrangeaceae</i>	<i>Schizophragma hydrangeoides</i>
Angiospermae	<i>Hydrocharitaceae</i>	<i>Hydrilla verticillata</i>
Angiospermae	<i>Iridaceae</i>	<i>Iris humilis</i>
Angiospermae	<i>Iridaceae</i>	<i>Iris mandshurica</i>
Angiospermae	<i>Iridaceae</i>	<i>Iris missouriensis</i>
Angiospermae	<i>Iridaceae</i>	<i>Iris vorobievii</i>
Angiospermae	<i>Juglandaceae</i>	<i>Juglans ailantifolia</i>
Angiospermae	<i>Juglandaceae</i>	<i>Juglans cathayensis</i>
Angiospermae	<i>Juglandaceae</i>	<i>Juglans mandshurica</i>
Angiospermae	<i>Juglandaceae</i>	<i>Juglans mandshurica</i>
Angiospermae	<i>Lamiaceae</i>	<i>Eriophyton wallichii</i>
Angiospermae	<i>Lamiaceae</i>	<i>Hosta albomarginata</i>
Angiospermae	<i>Lamiaceae</i>	<i>Hosta sieboldiana</i>
Angiospermae	<i>Lamiaceae</i>	<i>Scutellaria baicalensis</i>
Angiospermae	<i>Lamiaceae</i>	<i>Scutellaria indica</i>
Angiospermae	<i>Lamiaceae</i>	<i>Scutellaria playfairii</i>
Angiospermae	<i>Lamiaceae</i>	<i>Scutellaria taiwanensis</i>
Angiospermae	<i>Lamiaceae</i>	<i>Scutellaria tashiroi</i>
Angiospermae	<i>Lardizabalaceae</i>	<i>Sargentodoxa cuneata</i>

Angiospermae	<i>Lauraceae</i>	<i>Cinnamomum kanehirae</i>
Angiospermae	<i>Lauraceae</i>	<i>Lindera obtusiloba</i>
Angiospermae	<i>Lauraceae</i>	<i>Lindera obtusiloba</i>
Angiospermae	<i>Lauraceae</i>	<i>Lindera triloba</i>
Angiospermae	<i>Lauraceae</i>	<i>Machilus kusanoi</i>
Angiospermae	<i>Lauraceae</i>	<i>Machilus thunbergii</i>
Angiospermae	<i>Lauraceae</i>	<i>Neolitsea sericea</i>
Angiospermae	<i>Liliaceae</i>	<i>Cardiocrinum cathayanum</i>
Angiospermae	<i>Liliaceae</i>	<i>Cardiocrinum cordatum</i>
Angiospermae	<i>Liliaceae</i>	<i>Cardiocrinum giganteum</i>
Angiospermae	<i>Liliaceae</i>	<i>Cardiocrinum giganteum var. yunnanense</i>
Angiospermae	<i>Linaceae</i>	<i>Linum flavum</i>
Angiospermae	<i>Loranthaceae</i>	<i>Psittacanthus schiedeanus</i>
Angiospermae	<i>Magnoliaceae</i>	<i>Magnolia hypoleuca</i>
Angiospermae	<i>Magnoliaceae</i>	<i>Magnolia obovata</i>
Angiospermae	<i>Magnoliaceae</i>	<i>Michelia yunnanensis</i>
Angiospermae	<i>Malpighiaceae</i>	<i>Byrsonima coccolobifolia</i>
Angiospermae	<i>Malvaceae</i>	<i>Hibiscus glaber</i>
Angiospermae	<i>Malvaceae</i>	<i>Hibiscus hamabo</i>
Angiospermae	<i>Malvaceae</i>	<i>Hibiscus tiliaceus</i>
Angiospermae	<i>Malvaceae</i>	<i>Theobroma cacao</i>
Angiospermae	<i>Marantaceae</i>	<i>Haumania danckelmaniana</i>
Angiospermae	<i>Marantaceae</i>	<i>Haumania liebrechtsiana</i>
Angiospermae	<i>Melanthiaceae</i>	<i>Veratrum album oxysepalum</i>
Angiospermae	<i>Melanthiaceae</i>	<i>Veratrum stamineum</i>
Angiospermae	<i>Melanthiaceae</i>	<i>Zigadenus venenosus</i>
Angiospermae	<i>Meliaceae</i>	<i>Cedrela odorata</i>
Angiospermae	<i>Meliaceae</i>	<i>Khaya senegalensis</i>
Angiospermae	<i>Meliaceae</i>	<i>Munronia delavayi</i>
Angiospermae	<i>Menispermaceae</i>	<i>Chasmanthera dependens</i>
Angiospermae	<i>Moraceae</i>	<i>Broussonetia papyrifera</i>
Angiospermae	<i>Moraceae</i>	<i>Ficus hirta</i>
Angiospermae	<i>Myrtaceae</i>	<i>Eucalyptus cordata</i>
Angiospermae	<i>Myrtaceae</i>	<i>Eucalyptus grandis</i>
Angiospermae	<i>Myrtaceae</i>	<i>Eugenia dysenterica</i>
Angiospermae	<i>Myrtaceae</i>	<i>Kunzea pulchella</i>
Angiospermae	<i>Myrtaceae</i>	<i>Melaleuca argentea</i>
Angiospermae	<i>Myrtaceae</i>	<i>Melaleuca fluviatilis</i>
Angiospermae	<i>Nepenthaceae</i>	<i>Nepenthes vieillardii</i>
Angiospermae	<i>Nyssaceae</i>	<i>Davidia involucrata</i>
Angiospermae	<i>Oleaceae</i>	<i>Forsythia suspensa</i>
Angiospermae	<i>Oleaceae</i>	<i>Olea europaea guanchica</i>
Angiospermae	<i>Onagraceae</i>	<i>Ludwigia arcuata</i>
Angiospermae	<i>Onagraceae</i>	<i>Ludwigia brevipes</i>

Angiospermae	<i>Onagraceae</i>	<i>Ludwigia palustris</i>
Angiospermae	<i>Onagraceae</i>	<i>Ludwigia repens</i>
Angiospermae	<i>Onagraceae</i>	<i>Ludwigia spathulata</i>
Angiospermae	<i>Orchidaceae</i>	<i>Dactylorhiza cordigera</i>
Angiospermae	<i>Orchidaceae</i>	<i>Dactylorhiza incarnata</i> var. <i>incarnata</i>
Angiospermae	<i>Orchidaceae</i>	<i>Dactylorhiza maculata</i> ssp. <i>Fuchsii</i>
Angiospermae	<i>Orchidaceae</i>	<i>Dactylorhiza maculata</i> ssp. <i>Maculata</i>
Angiospermae	<i>Orchidaceae</i>	<i>Malaxis monophyllos</i>
Angiospermae	<i>Orchidaceae</i>	<i>Vexillabium yakushimense</i>
Angiospermae	<i>Orchidaceae</i>	<i>Dendrobium moniliforme</i>
Angiospermae	<i>Orchidaceae</i>	<i>Epipactis atrorubens</i>
Angiospermae	<i>Orobanchaceae</i>	<i>Pedicularis kansuensis</i>
Angiospermae	<i>Orobanchaceae</i>	<i>Pedicularis longiflora</i>
Angiospermae	<i>Orobanchaceae</i>	<i>Rhinanthus angustifolius</i>
Angiospermae	<i>Paeoniaceae</i>	<i>Paeonia jishanensis</i>
Angiospermae	<i>Paeoniaceae</i>	<i>Paeonia rockii</i>
Angiospermae	<i>Paeoniaceae</i>	<i>Paeonia yananensis</i>
Angiospermae	<i>Papaveraceae</i>	<i>Meconopsis cambrica</i>
Angiospermae	<i>Papaveraceae</i>	<i>Meconopsis integrifolia</i>
Angiospermae	<i>Plantaginaceae</i>	<i>Hippuris vulgaris</i>
Angiospermae	<i>Plantaginaceae</i>	<i>Linaria elegans</i>
Angiospermae	<i>Plantaginaceae</i>	<i>Synthyris canbyi</i>
Angiospermae	<i>Plantaginaceae</i>	<i>Synthyris dissecta</i>
Angiospermae	<i>Plantaginaceae</i>	<i>Synthyris lanuginosa</i>
Angiospermae	<i>Plumbaginaceae</i>	<i>Armeria pungens</i>
Angiospermae	<i>Plumbaginaceae</i>	<i>Limonium binervosum</i>
Angiospermae	<i>Plumbaginaceae</i>	<i>Limonium dodartii</i>
Angiospermae	<i>Plumbaginaceae</i>	<i>Limonium lanceolatum</i>
Angiospermae	<i>Plumbaginaceae</i>	<i>Limonium multiflorum</i>
Angiospermae	<i>Plumbaginaceae</i>	<i>Limonium nydeggeri</i>
Angiospermae	<i>Plumbaginaceae</i>	<i>Limonium ovalifolium</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Spartina alterniflora</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Aegilops geniculata</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum arizonicum</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum bogdanii</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum brachyantherum</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum brevisubulatum</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum bulbosum</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum capense</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum chilense</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum comosum</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum cordobense</i>

Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum depressum</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum erectifolium</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum euclaston</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum flexuosum</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum fuegianum</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum guatemalense</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum intercedens</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum jubatum</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum lechleri</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum marinum</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum murinum</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum muticum</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum parodii</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum patagonicum</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum procerum</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum pubiflorum</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum pusillum</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum roshevitzii</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum secalinum</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum stenostachys</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum tetraploidum</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Hordeum vulgare</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Miscanthus condensatus</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Miscanthus sinensis</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Miscanthus sinensis ssp. condensatus</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Oryza nivara</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Oryza rufipogon</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Phragmites australis</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Uniola paniculata</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Zizania aquatica</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Zizania latifolia</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Zizania palustris</i>
Angiospermae	<i>Poaceae</i>	<i>Zizania texana</i>
Angiospermae	<i>Podostemaceae</i>	<i>Cladopus doianus</i>
Angiospermae	<i>Podostemaceae</i>	<i>Hydrobryum japonicum</i>
Angiospermae	<i>Podostemaceae</i>	<i>Podostemum ceratophyllum</i>
Angiospermae	<i>Polygonaceae</i>	<i>Atraphaxis bracteata</i>
Angiospermae	<i>Polygonaceae</i>	<i>Atraphaxis canescens</i>
Angiospermae	<i>Polygonaceae</i>	<i>Atraphaxis compacta</i>
Angiospermae	<i>Polygonaceae</i>	<i>Atraphaxis decipiens</i>
Angiospermae	<i>Polygonaceae</i>	<i>Atraphaxis frutescens</i>
Angiospermae	<i>Polygonaceae</i>	<i>Atraphaxis jrtyschensis</i>
Angiospermae	<i>Polygonaceae</i>	<i>Atraphaxis laetevirem</i>
Angiospermae	<i>Polygonaceae</i>	<i>Atraphaxis manshurica</i>

Angiospermae	<i>Polygonaceae</i>	<i>Atraphaxis pungens</i>
Angiospermae	<i>Polygonaceae</i>	<i>Atraphaxis pyrifolia</i>
Angiospermae	<i>Polygonaceae</i>	<i>Atraphaxis spinosa</i>
Angiospermae	<i>Polygonaceae</i>	<i>Bistorta vivipara</i>
Angiospermae	<i>Polygonaceae</i>	<i>Calligonum calliphysa</i>
Angiospermae	<i>Polygonaceae</i>	<i>Oxyria digyna</i>
Angiospermae	<i>Polygonaceae</i>	<i>Oxyria sinensis</i>
Angiospermae	<i>Polygonaceae</i>	<i>Polygonum cuspidatum</i> var. <i>terminalis</i>
Angiospermae	<i>Polygonaceae</i>	<i>Rheum tanguticum</i>
Angiospermae	<i>Polygonaceae</i>	<i>Eriogonum arborescens</i>
Angiospermae	<i>Polygonaceae</i>	<i>Eriogonum fasciculatum</i>
Angiospermae	<i>Polygonaceae</i>	<i>Eriogonum giganteum</i>
Angiospermae	<i>Potamogetonaceae</i>	<i>Stuckenia fliformis</i>
Angiospermae	<i>Potamogetonaceae</i>	<i>Stuckenia pectinata</i>
Angiospermae	<i>Primulaceae</i>	<i>Primula ovalifolia</i>
Angiospermae	<i>Primulaceae</i>	<i>Primula secundiflora</i>
Angiospermae	<i>Proteaceae</i>	<i>Grevillea renwickiana</i>
Angiospermae	<i>Ranunculaceae</i>	<i>Aquilegia chrysantha</i>
Angiospermae	<i>Ranunculaceae</i>	<i>Aquilegia longissima</i>
Angiospermae	<i>Ranunculaceae</i>	<i>Clematis sibirica</i>
Angiospermae	<i>Ranunculaceae</i>	<i>Clematis songorica</i>
Angiospermae	<i>Ranunculaceae</i>	<i>Paraquilegia microphylla</i>
Angiospermae	<i>Ranunculaceae</i>	<i>Ranunculus cortusifolius</i>
Angiospermae	<i>Ranunculaceae</i>	<i>Ranunculus kuepferi</i>
Angiospermae	<i>Ranunculaceae</i>	<i>Thalictrum squamiferum</i>
Angiospermae	<i>Rhizophoraceae</i>	<i>Kandelia candel</i>
Angiospermae	<i>Rhizophoraceae</i>	<i>Rhizophora mangle</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Crataegus douglasii</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Crataegus suksdorfii</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Photinia villosa</i> var. <i>laevis</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Potentilla crantzii</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Potentilla fruticosa</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Potentilla glabra</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Prunus grayana</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Prunus lannesiana</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Prunus pseudocerasus</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Prunus zippeliana</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Pyrus betulaefolia</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Pyrus calleryana</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Pyrus dimorphophylla</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Pyrus fauriei</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Pyrus hondoensis</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Pyrus koehnei</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Pyrus pashia</i>

Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Pyrus pseudopashia</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Pyrus x hopeiensis</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Pyrus x phaeocarpa</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Pyrus x serrulata</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Pyrus xerophila</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Pyrus x bretschnideri</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Rosa sericea</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Rosa soulieana</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Rubus crataegifolius</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Rubus takesimensis</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Sibiraea angustata</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Sibiraea laevigata</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Taihangia rupestris</i>
Angiospermae	<i>Rosaceae</i>	<i>Padus grayana</i>
Angiospermae	<i>Rubiaceae</i>	<i>Carapichea ipecacuanha</i>
Angiospermae	<i>Rubiaceae</i>	<i>Dunnia sinensis</i>
Angiospermae	<i>Rubiaceae</i>	<i>Ophiorrhiza japonica</i>
Angiospermae	<i>Rubiaceae</i>	<i>Palicourea padifolia</i>
Angiospermae	<i>Rubiaceae</i>	<i>Trailliaedoxa gracilis</i>
Angiospermae	<i>Ruppiaceae</i>	<i>Ruppia cirrhosa</i>
Angiospermae	<i>Ruscaceae</i>	<i>Dracaena cambodiana</i>
Angiospermae	<i>Rutaceae</i>	<i>Zanthoxylum bungeanum</i>
Angiospermae	<i>Rutaceae</i>	<i>Zanthoxylum armatum</i>
Angiospermae	<i>Rutaceae</i>	<i>Zanthoxylum piperitum</i>
Angiospermae	<i>Salicaceae</i>	<i>Populus balsamifera</i>
Angiospermae	<i>Salicaceae</i>	<i>Populus davidiana</i>
Angiospermae	<i>Salicaceae</i>	<i>Populus tremula</i>
Angiospermae	<i>Salicaceae</i>	<i>Populus tremuloides</i>
Angiospermae	<i>Salicaceae</i>	<i>Salix melanopsis</i>
Angiospermae	<i>Santalaceae</i>	<i>Viscum album abietis</i>
Angiospermae	<i>Santalaceae</i>	<i>Viscum album album</i>
Angiospermae	<i>Santalaceae</i>	<i>Viscum album austriacum</i>
Angiospermae	<i>Sapindaceae</i>	<i>Acer japonicum</i>
Angiospermae	<i>Sapindaceae</i>	<i>Acer micranthum</i>
Angiospermae	<i>Sapindaceae</i>	<i>Acer rubrum</i>
Angiospermae	<i>Sapindaceae</i>	<i>Acer saccharinum</i>
Angiospermae	<i>Sapindaceae</i>	<i>Eurycorymbus cavaleriei</i>
Angiospermae	<i>Sarraceniaceae</i>	<i>Sarracenia alabamensis</i>
Angiospermae	<i>Sarraceniaceae</i>	<i>Sarracenia jonesii</i>
Angiospermae	<i>Sarraceniaceae</i>	<i>Sarracenia oreophila</i>
Angiospermae	<i>Saxifragaceae</i>	<i>Saxifraga banmaensis</i>
Angiospermae	<i>Saxifragaceae</i>	<i>Saxifraga pasumensis</i>
Angiospermae	<i>Saxifragaceae</i>	<i>Saxifraga umbellulata</i>
Angiospermae	<i>Scrophulariaceae</i>	<i>Buddleja crispa</i>
Angiospermae	<i>Scrophulariaceae</i>	<i>Monttea aphylla</i>

Angiospermae	<i>Simaroubaceae</i>	<i>Ailanthus altissima</i>
Angiospermae	<i>Solanaceae</i>	<i>Calibrachoa heterophylla</i>
Angiospermae	<i>Solanaceae</i>	<i>Petunia interior</i>
Angiospermae	<i>Solanaceae</i>	<i>Petunia altiplana</i>
Angiospermae	<i>Solanaceae</i>	<i>Petunia axillaris</i>
Angiospermae	<i>Solanaceae</i>	<i>Petunia bonjardinensis</i>
Angiospermae	<i>Solanaceae</i>	<i>Petunia exserta</i>
Angiospermae	<i>Solanaceae</i>	<i>Petunia guarapuavensis</i>
Angiospermae	<i>Solanaceae</i>	<i>Petunia hybrida</i>
Angiospermae	<i>Solanaceae</i>	<i>Petunia inflata</i>
Angiospermae	<i>Solanaceae</i>	<i>Petunia integrifolia</i>
Angiospermae	<i>Solanaceae</i>	<i>Petunia mantiqueirensis</i>
Angiospermae	<i>Solanaceae</i>	<i>Petunia reitzii</i>
Angiospermae	<i>Solanaceae</i>	<i>Petunia saxicola</i>
Angiospermae	<i>Solanaceae</i>	<i>Petunia scheideana</i>
Angiospermae	<i>Staphyleaceae</i>	<i>Tapiscia sinensis</i>
Angiospermae	<i>Styracaceae</i>	<i>Styrax japonicus</i>
Angiospermae	<i>Styracaceae</i>	<i>Styrax obassia</i>
Angiospermae	<i>Tamaricaceae</i>	<i>Reaumuria soongarica</i>
Angiospermae	<i>Theaceae</i>	<i>Camellia taliensis</i>
Angiospermae	<i>Thymelaeaceae</i>	<i>Daphne kiusiana</i>
Angiospermae	<i>Thymelaeaceae</i>	<i>Stellera chamaejasme</i>
Angiospermae	<i>Trochodendraceae</i>	<i>Trochodendron aralioides</i>
Angiospermae	<i>Typhaceae</i>	<i>Typha angustifolia</i>
Angiospermae	<i>Typhaceae</i>	<i>Typha latifolia</i>
Angiospermae	<i>Typhaceae</i>	<i>Typha laxmannii</i>
Angiospermae	<i>Typhaceae</i>	<i>Typha orientalis</i>
Angiospermae	<i>Ulmaceae</i>	<i>Ulmus lamellosa</i>
Angiospermae	<i>Velloziaceae</i>	<i>Vellozia albiflora</i>
Angiospermae	<i>Velloziaceae</i>	<i>Vellozia geotegens</i>
Angiospermae	<i>Velloziaceae</i>	<i>Vellozia hirsuta</i>
Angiospermae	<i>Verbenaceae</i>	<i>Recordia reitzii</i>
Angiospermae	<i>Vitaceae</i>	<i>Tetrastigma hemsleyanum</i>
Angiospermae	<i>Winteraceae</i>	<i>Tasmannia lanceolata</i>
Angiospermae	<i>Zingiberaceae</i>	<i>Alpinia japonica</i>
Angiospermae	<i>Zygophyllaceae</i>	<i>Tetraena mongolica</i>
Angiospermae	<i>Zygophyllaceae</i>	<i>Zygophyllum xanthoxylon</i>
Bryophyta	<i>Ditrichaceae</i>	<i>Ceratodon purpureus</i>
Bryophyta	<i>Rhizogoniaceae</i>	<i>Pyrrhobryum mnioides</i>
Bryophyta	<i>Radulaceae</i>	<i>Radula lindenbergiana</i>
Bryophyta	<i>Sphagnaceae</i>	<i>Sphagnum fimbriatum</i>
Gimnospermae	<i>Cephalotaxaceae</i>	<i>Cephalotaxus oliveri</i>

Gimnospermae	<i>Cupressaceae</i>	<i>Cunninghamia konishii</i>
Gimnospermae	<i>Cupressaceae</i>	<i>Cunninghamia lanceolata</i>
Gimnospermae	<i>Cupressaceae</i>	<i>Juniperus microsperma</i>
Gimnospermae	<i>Cupressaceae</i>	<i>Juniperus przewalskii</i>
Gimnospermae	<i>Cupressaceae</i>	<i>Juniperus sabina</i>
Gimnospermae	<i>Cupressaceae</i>	<i>Juniperus semiglobosa</i>
Gimnospermae	<i>Cupressaceae</i>	<i>Juniperus tibetica</i>
Gimnospermae	<i>Cupressaceae</i>	<i>Microbiota decussata</i>
Gimnospermae	<i>Cupressaceae</i>	<i>Cupressus austrotibetica</i>
Gimnospermae	<i>Cupressaceae</i>	<i>Cupressus cashmeriana</i>
Gimnospermae	<i>Cupressaceae</i>	<i>Cupressus chengiana</i>
Gimnospermae	<i>Cupressaceae</i>	<i>Cupressus duclouxiana</i>
Gimnospermae	<i>Cupressaceae</i>	<i>Cupressus funebris</i>
Gimnospermae	<i>Cupressaceae</i>	<i>Cupressus gigantea</i>
Gimnospermae	<i>Cupressaceae</i>	<i>Cupressus jiangeensis</i>
Gimnospermae	<i>Cupressaceae</i>	<i>Cupressus torulosa</i>
Gimnospermae	<i>Cycadaceae</i>	<i>Cycas dolichophylla</i>
Gimnospermae	<i>Cycadaceae</i>	<i>Cycas guizhouensis</i>
Gimnospermae	<i>Cycadaceae</i>	<i>Cycas multipinnata</i>
Gimnospermae	<i>Cycadaceae</i>	<i>Cycas revoluta</i>
Gimnospermae	<i>Cycadaceae</i>	<i>Cycas segmentifida</i>
Gimnospermae	<i>Cycadaceae</i>	<i>Cycas taitungensis</i>
Gimnospermae	<i>Ephedraceae</i>	<i>Ephedra distachya</i>
Gimnospermae	<i>Ephedraceae</i>	<i>Ephedra equisetina</i>
Gimnospermae	<i>Ephedraceae</i>	<i>Ephedra gerardiana</i>
Gimnospermae	<i>Ephedraceae</i>	<i>Ephedra intermedia</i>
Gimnospermae	<i>Ephedraceae</i>	<i>Ephedra intermedia var. tibetica</i>
Gimnospermae	<i>Ephedraceae</i>	<i>Ephedra likiangensis</i>
Gimnospermae	<i>Ephedraceae</i>	<i>Ephedra minuta</i>
Gimnospermae	<i>Ephedraceae</i>	<i>Ephedra przewalskii</i>
Gimnospermae	<i>Ephedraceae</i>	<i>Ephedra regeliana</i>
Gimnospermae	<i>Ephedraceae</i>	<i>Ephedra saxatilis var. mairei</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Abies chensiensis</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Abies fabri</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Abies forrestii</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Abies holophylla</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Abies nephrolepis</i>

Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Abies recurvata</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Abies delavayi</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Abies georgei</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Abies squamata</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Picea abies</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Picea glauca</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Picea likiangensis</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Picea morrisonicola</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Picea neoveitchii</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Picea schrenkiana</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Picea smithiana</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Picea wilsonii</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Pinus ayacahuite</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Pinus balfouriana</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Pinus densiflora</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Pinus flexilis</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Pinus hwangshanensis</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Pinus koraiensis</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Pinus luchuensis</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Pinus luchuensis spp hwangshanensis</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Pinus luchuensis spp taiwanensis</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Pinus massoniana</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Pinus strobiformis</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Pinus sylvestris var. mongolica</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Pinus tabulaeformis</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Pinus takahasii</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Pseudotsuga menziesii</i>
Gimnospermae	<i>Pinaceae</i>	<i>Larix sibirica</i>
Gimnospermae	<i>Podocarpaceae</i>	<i>Lagarostrobos franklinii</i>
Gimnospermae	<i>Podocarpaceae</i>	<i>Podocarpus parlatorei</i>
Gimnospermae	<i>Taxaceae</i>	<i>Taxus wallichiana</i>
Gimnospermae	<i>Zamiaceae</i>	<i>Dioon sonorese</i>
Pteridophyta	<i>Aspleniaceae</i>	<i>Asplenium ceterach</i>
Pteridophyta	<i>Aspleniaceae</i>	<i>Asplenium fontanum subsp. fontanum</i>
Pteridophyta	<i>Aspleniaceae</i>	<i>Asplenium hookerianum</i>
Pteridophyta	<i>Aspleniaceae</i>	<i>Asplenium petrarcae subsp. bivalens</i>
Pteridophyta	<i>Cyatheaceae</i>	<i>Alsophila spinulosa</i>
Pteridophyta	<i>Cyatheaceae</i>	<i>Sphaeropteris brunoniana</i>
Pteridophyta	<i>Dryopteridaceae</i>	<i>Arachniodes aristata</i>
Pteridophyta	<i>Dryopteridaceae</i>	<i>Arachniodes sporadosora</i>
Pteridophyta	<i>Isoetaceae</i>	<i>Isoetes hypsophila</i>
Pteridophyta	<i>Polypodiaceae</i>	<i>Lepisorus clathratus</i>

5. CAPÍTULO 2

A relação filogenética e traços da história de vida influenciam a diversidade genética estimada para populações de angiospermas

A relação filogenética afeta a diversidade genética estimada para populações de angiospermas

(Normas de acordo com a revista Current Science)

RESUMO: Os marcadores cloroplastidiais são uma classe de gene extremamente conservada e de herança uniparental sendo de grande valia para melhor estudar e compreender processos ecológicos e evolutivos atuando nas populações. Além disso, fornece dados sobre diversos parâmetros, entre eles a diversidade genética (número de haplótipos, diversidade haplotípica, diversidade nucleotídica, FST). Com isso em mente foi utilizada uma abordagem meta-analítica de forma a diversidade genética e os padrões de diferenciação em plantas abordando caracteres ecológicos e reprodutivos. Foi utilizado o MPSEM de forma a determinar o efeito exercido por cada preditora: forma de vida (arbórea, arbusto, erva, gramínea, subarbusto, videira, palmeira, epífita), habitat (especialista ou não especialista), distribuição (ampla ou restrita), classificação de ameaça segundo a IUCN (DD; NE; LC; NT; VU; EN; CR), ciclo de vida (perene ou curto), flores (monoica ou dioica), modo de polinização (anemofilia e entomofilia) e filogenética na diversidade genética (número de haplótipos (k), diversidade haplotípica (h), diversidade nucleotídica (π) e Fst). Foram utilizados 309 artigos entre os anos de 1996 e outubro de 2017. A filogenética foi a preditora que mais exerceu influência sobre a diversidade genética.

Palavras-chave: Caracteres ecológicos, caracteres reprodutivos, cpDNA, diversidade genética.

The phylogenetic relationship affects the estimated genetic diversity for populations of angiosperms

(Standards according to Current Science magazine Current Science)

ABSTRACT: Chloroplastid markers are a class of extremely conserved gene and uniparental inheritance being of great value to better study and understand ecological and evolutionary processes acting in the populations. In addition, it provides data on several parameters, including genetic diversity (number of haplotypes, haplotype diversity, nucleotide diversity, FST). With this in mind a meta-analytical approach was used to form genetic diversity and patterns of differentiation in plants addressing ecological and reproductive traits. MPSEM was used to determine the effect of each predictor: life form (tree, shrub, grass, grass, sub-shrub, vine, palm, epiphyte), habitat (specialist or non-specialist), life cycle (perennial or short), flowers (monoecious or dioecious), mode of pollination (anemophilia and entomophilia), and phylogenetic behavior in IUCN (DD, NE, LC, NT, VU; genetic diversity (number of haplotypes (k), haplotype diversity (h), nucleotide diversity (π) and Fst). A total of 309 articles were used between 1996 and October 2017. Phylogenetics was the most influential predictor of genetic diversity.

Keywords: Ecological characters, reproductive traits, cpDNA, genetic diversity.

5.1. INTRODUÇÃO

A manutenção de uma população depende de diferentes fatores, como o ambiente, a dispersão e fluxo de genes¹. Sendo que o ambiente exerce forte influência sobre o modo de vida das espécies, determinando a ocorrência e a abundância em função de suas características². Por isso, o surgimento de fragmentos vegetacionais, seja de forma natural ou por ação antrópica, constitui um risco para as populações, pois cria ambientes isolados e barreiras que interferem no fluxo gênico e dispersão das espécies. O isolamento criado é um fator determinante para o aumento da influência da deriva sobre populações e diminuição da variação genética geral^{3,4,5}.

É neste contexto atual de fragmentação, que a diversidade genética, definida como sendo qualquer medida de variação genética em uma população ou espécie, seja entre indivíduos ou entre populações; ou ainda como o balanço entre o aparecimento e desaparecimento de variação genética^{6,7}, se apresenta como uma ótima ferramenta para se avaliar o status de conservação das espécies, visto que diminuições na diversidade genética, segundo Evans & Sheldon⁶ estão diretamente ligadas a decréscimos no tamanho efetivo populacional. Dessa forma, o risco de extinção é maior em populações reduzidas, ou mais estruturadas, já que estas estão mais sujeitas aos efeitos da deriva. A diminuição do tamanho efetivo populacional já foi relacionada a reduções da diversidade genética em diferentes grupos taxonômicos^{8,9,10}.

A diversidade genética em plantas é geralmente estimada utilizando marcadores moleculares baseados em organelas devido ao seu modo uniparental de transmissão, entre estes marcadores os mais comumente utilizados para plantas estão presentes no DNA cloroplastidial (cpDNA). Possuindo herança apenas maternal na maioria das angiospermas o cpDNA tem se mostrado uma poderosa ferramenta para estudos filogenéticos, além de ser utilizado em estudos de filogeografia de populações¹¹.

Anteriormente, Evans & Sheldon⁶ observaram que em populações de aves, alguns fatores ecológicos como o tamanho corporal e o risco de extinção das espécies influenciam nos valores de diversidade genética, da mesma forma que caracteres reprodutivos como o tamanho das ninhadas, interferem diretamente na persistência da população e no tamanho populacional. Para espécies de plantas, o sistema de reprodução tem se mostrado mais consistente como preditor de diversidade genética¹², pois espécies alogâmicas possuem maior diversidade do que espécies autogâmicas¹³ embora outros fatores, como a distribuição geográfica, formas de crescimento (arborea, arbusto, erva, gramínea, subarbusto, videira, palmeira, epífita) e tipo de polinizador

(anemofilia, quiropterofilia e entomofilia)^{14,15}. Além destes fatores a filogenética pode ser uma preditora de traços evolutivos¹⁶, e conseqüentemente, ter relação com a diversidade genética¹², já que estes traços, que constituem a história evolutiva das espécies, como taxa de endogamia, acasalamento preferencial, efeito fundador, taxas de fluxo gênico e outros, podem determinar os níveis de diversidade estimados em populações.

Apesar destes estudos avaliarem a influência de determinados traços da história de vida de plantas sobre a diversidade genética, na maioria dos casos, a explicação para as perdas de diversidade genética se concentraram em reduções no tamanho efetivo populacional provocado por fragmentação de habitats, desastres ambientais que levam a bottlenecks ou migração seguida de efeito fundador, existindo, portanto, um verdadeiro gargalo informacional, acerca da real influência que caracteres ecológicos ou reprodutivos possam exercer sobre as taxas de diversidade genética, ou mesmo sobre a distribuição da diversidade amostrada em populações de angiospermas. De forma geral, espécies relacionadas tendem a se assemelhar mais do que as espécies escolhidas aleatoriamente de uma árvore filogenética isso ocorre como consequência da evolução do caráter estocástico ao longo de uma filogenia¹⁵. Nossa hipótese é que a relação filogenética entre espécies, bem como caracteres ecológicos como forma de vida ou endemismo, ou ainda aspectos reprodutivos, como tipo de flor (monoica ou dioica) ou tipo de polinizador pudessem ser utilizados como *proxy* para se inferir os níveis de variação genética dentro das populações de angiospermas. Como dados acerca destes caracteres são mais facilmente obtidos do que dados moleculares, estes poderiam ser utilizados como prerrogativas para se determinar o status de conservação de espécies de angiospermas.

5.2. MATERIAL E MÉTODOS

A fim de analisar o efeito de traços da história de vida de espécies vegetais sobre os índices de diversidade genética estimados, foram conduzidas buscas por publicações utilizando três bases de dados (Web of Science, Scopus e Pubmed), com as seguintes palavras-chaves: [cpDNA* AND genetic diversity*]; [chloroplastidial DNA*AND genetic diversity*]. A busca ficou limitada apenas por tópicos e ocorreu até o final do mês de outubro de 2017.

No processamento dos resultados de busca, foram excluídos artigos que não utilizavam cpDNA (cpDNA apenas citado), artigos em que o acesso não foi possível,

artigos em que o organismo estudado não era planta (animais, microrganismos, algas), artigos com marcadores moleculares ligados ao cpDNA que não eram de sequência [Microsatélite, *Restriction Fragment Length Polymorphisms* (RFLP), *Randomly Amplified Polymorphic DNA* (RAPD), *Amplified Fragment Length Polymorphism* (AFLP), *Single Nucleotide Polymorphisms* (SNP), PCR-RFLP], artigos sem estimativas de diversidade genética (número de haplótipos (k), diversidade haplotípica (h), diversidade nucleotídica (π) e F_{st}), artigos de desenvolvimento de softwares e/ou técnicas, artigos com desenvolvimento ou estudo de proteínas, e artigos que utilizaram o cpDNA para outros fins. Além disso, foram considerados apenas artigos que avaliaram espécies pertencentes ao grupo das Angiospermas.

Dos artigos que estavam de acordo com os critérios de seleção, foram obtidas as seguintes informações: (i) nome científico da espécie; (ii) número de indivíduos analisados (N); (iii) k ; (iv) h ; (v) π e (vi) F_{st} . Além disso, foram obtidos dados relativos à ecologia e reprodução das espécies a partir das publicações originais, e quando não disponíveis, estes foram compilados a partir de publicações da área botânica, dados da IUCN para espécies classificadas, além disso, foram feitas buscas em bancos de dados como o speciesLink (<http://splink.cria.org.br/>) e GBIF (<https://www.gbif.org/>). Os caracteres avaliados foram: (vii) forma de vida (arbórea, arbusto, erva, gramínea, subarbusto, videira, palmeira, epífita), (viii) habitat (especialista ou não especialista) sendo consideradas especialistas de habitat, espécies que crescem em apenas um tipo específico de substrato e não especialistas de habitat, aquelas que podem crescer em mais de um tipo de substrato; (ix) distribuição (ampla ou restrita), sendo consideradas espécies de distribuição ampla aquelas encontradas em mais de um continente e de distribuição restrita, aquelas encontradas em apenas um; (x) classificação de ameaça segundo a IUCN (DD – Deficiente de dados; NE – Não avaliada; LC – Pouco preocupante; NT – Quase ameaça; VU – Vulnerável; EN – Em perigo; CR – Criticamente em perigo); (xi) ciclo de vida (perene ou curto); (xii) flores (monoica ou dioica) e (xiii) modo de polinização (anemofilia e entomofilia). O termo entomofilia foi utilizado para polinização exercida por quaisquer insetos, incluindo besouros, borboletas e mariposas, para os quais já existem respectivamente, os termos cantarofilia, psicofilia e falenofilia. Já o termo anemofilia foi utilizado para polinização exercida pelo vento. Nós também incorporamos a filogenética como uma possível preditora para os traços evolutivos observados.

Os dados de diversidade haplótípica (h) foram transformados em logaritmo seguindo a metodologia de Willoughby¹⁷, onde:

$$L = \left(\frac{h}{1-h} \right)$$

Os dados de diversidade nucleotídica (π) foram submetidos a raiz quadrada e os dados de F_{st} transformados em módulo de logaritmo natural.

Para avaliar o efeito do sinal filogenético e deste combinado às outras variáveis preditoras, na obtenção dos traços evolutivos observados, nós obtivemos a hipótese filogenética de referência das espécies incluídas nas análises. Como hipótese filogenética, foi utilizada uma árvore mestre *Phyloomatic tree R20160415* presente na plataforma *Phyloomatic*¹⁸ disponível por meio do pacote estatístico R¹⁹. Por não possuímos a informação do comprimento dos ramos, todos os comprimentos receberam o valor de um. As análises foram realizadas utilizando-se o pacote MPSEM versão 3.4.3, implementado no R, em que se utiliza a modelagem filogenética para prever traços evolutivos, usando a filogenética como um fator explicativo²⁰.

5.3. RESULTADOS

Foi encontrado um total de 4039 artigos nas três bases de dados consultadas, sendo que destes, apenas 309 estavam de acordo com os critérios estabelecidos para serem utilizados no estudo (Figura 1).

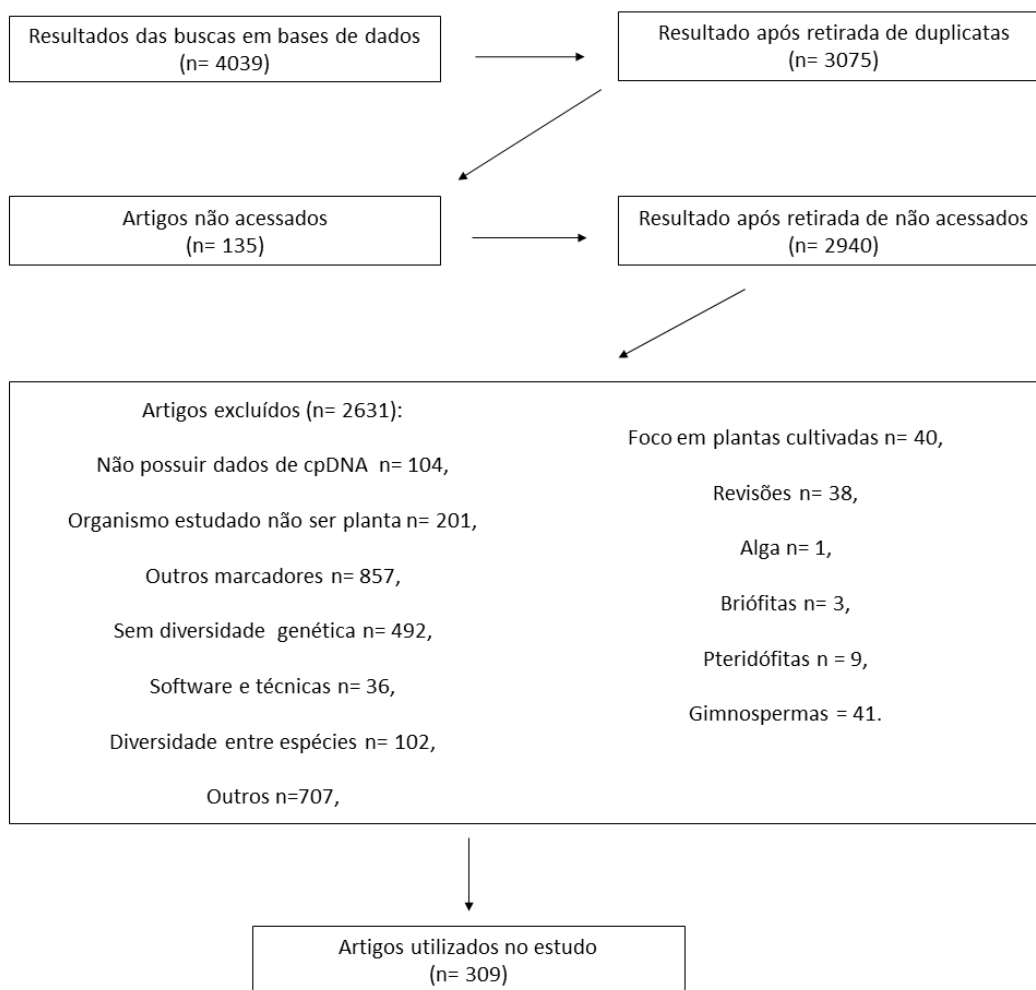


Figura 1. Diagrama mostrando as etapas ocorridas entre a obtenção dos artigos potenciais através das bases de dados e a seleção de artigos contendo estimativas de diversidade genética obtida por meio da utilização de marcadores cloroplastidiais.

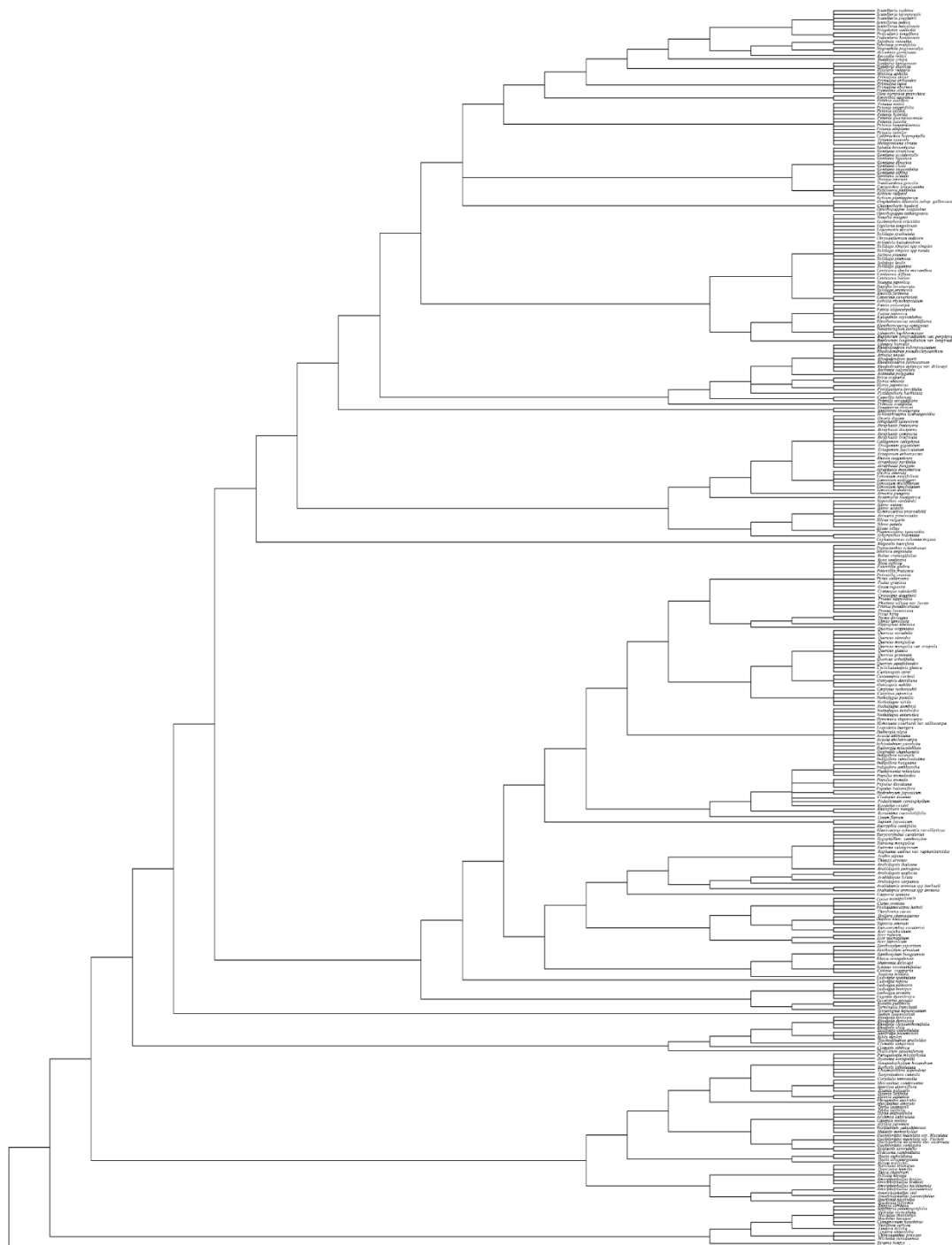


Figura 2. Super - árvore filogenética das plantas incluídas nas análises obtidas no *Phyloimatic* usando a árvore mestre interna *Phyloimatic tree R20160415*.

Através dessas publicações, foram obtidos registros de 507 espécies de angiospermas distribuídas em 118 famílias. Entre estas, 32 foram registradas em mais de uma publicação, com a espécie *Carpinus laxiflora* sendo a única registrada em três publicações. Três espécies com mais de um registro ocorrem na América do Norte, uma ocorre ao sul da América do Sul (Figura 3), e vinte e oito das espécies (Figura 4)

ocorrem no continente asiático. Foram observadas diferenças entre os dados de diversidade amostrados para uma mesma espécie, *Acer rubrum* (ACRU) na região centro atlântica do dos Estados Unidos da América (USA) valores para k (11) e h (0,528) enquanto o estudo mais central apresenta valores para k (19) e F_{st} (0,874). Para *Phragmites australis* (PHLI) a ocorrência na região centro atlântica do dos USA possui apenas k (5) enquanto seu registro no México possui dados para k (18), h (0,466), π ($0,327 \times 10^{-3}$) e F_{st} (0,35466). *Liquidambar styraciflua* (LIST) possui apenas dados para k em ambos os registros, apresentando 4 haplótipos no registro que ocorre na divisa dos USA com o México e 29 haplótipos no registro do México. E para com *Nothofagus pumilio* o registro que ocorre na divisa entre Argentina e Paraguai possui dados para k (14), h (0,6908) e π ($0,615 \times 10^{-3}$) enquanto o registro na divisa entre o sul do Brasil, Paraguai e Argentina possui dados para k (14) e h (0,86).

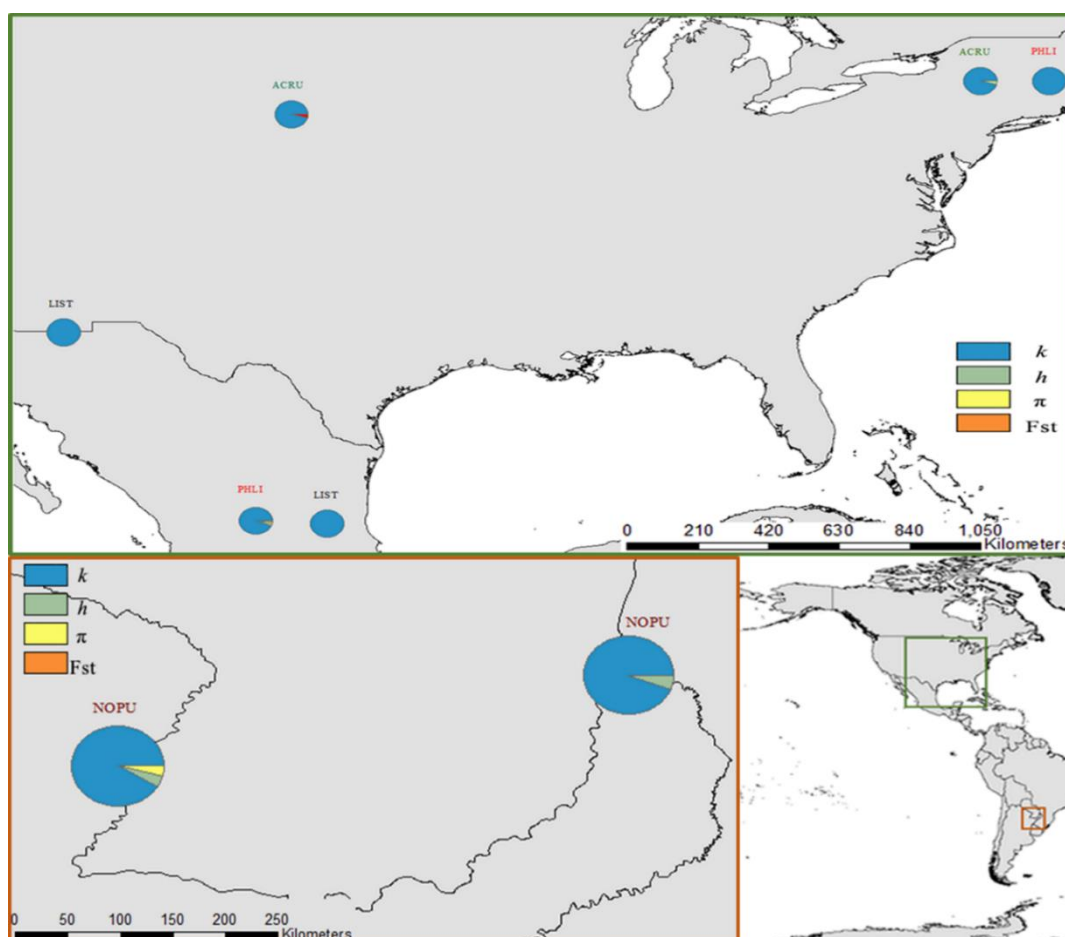


Figura 3. Distribuição geográfica da diversidade genética de populações de espécies de angiospermas de ocorrência no continente americano. Dados mostrados para espécies avaliadas em mais de um trabalho contendo estimativas de diversidade obtidas por meio da utilização de marcadores cloroplastidiais. ACRU – *Acer rubrum*; LIST - *Liquidambar styraciflua*; NOPU – *Nothofagus pumilio*; PHLI – *Phragmites australis*; k : Número de haplótipos; h : Diversidade haplotípica; π : Diversidade nucleotídica ($\times 10^3$); F_{st} .

Entre as espécies registradas na Ásia apenas duas possuem dados idênticos nas diferentes publicações, a primeira *Dunnia sinensis* (DUSI) possui dados para k (7), h (0,69), π ($2,2 \times 10^{-3}$) e Fst (0,566) e sua localização também é bem próxima na Província de Guandong (China), a segunda espécie *Ficus hirta* (FIHI) localizada no leste da Ásia possui dados para k (12) e h (0,229). *Atraphaxis frutescens* (ATFR) registrada no noroeste da China possui em um estudo dados para k (10), h (0,858), π ($7,6 \times 10^{-3}$) e Fst (0,936) e para o outro estudo k (8) e h (0,836). Outra espécie também registrada no noroeste da China é a *Capparis spinosa* (CASP) que possui em um registro dados para k (24), h (0,892), π ($3,7 \times 10^{-3}$) e Fst (0,85) enquanto para o outro registro apresenta dados para k (14), h (0,838) e π ($4,4 \times 10^{-3}$). Para a região do Planalto do Tibete (China) houve registro de quatro espécies, entre elas a *Potentilla fruticosa* (PROFU) que em um registro apresenta dados para k (9) e h (0,551), e em outro apresenta dados para k (2) e π ($0,5 \times 10^{-3}$). A espécie *Sibiraea angustata* (SIAN) apresenta dados para k (21) e π ($0,4 \times 10^{-3}$) e para k (8) e Fst (0,842).

A espécie *Ostryopsis davidiana* (OSDA) possui registro no Planalto do Tibete (China) com dados para k (8), h (0,836) e π ($1,8 \times 10^{-3}$) e no norte da China com dados para k (8) e Fst (0,971). *Rheum tanguticum* (RHETA) possui registro no Planalto do Tibete (China) com dados para k (4), h (0,632) e Fst (0,700) e no centro da China com dados para k (15), h (0,172), π ($0,44 \times 10^{-3}$) e Fst (0,829). Para *Pyrus calleryana* (PYNA) registrada na China (Província de Zhejiang) apresenta em um dos registros apenas dados para k (1), e no outro apresenta dados para k (10), h (0,719) e π (1×10^{-3}). *Leucomeris decora* (LEDE) possui ambos os registros na China (Províncias de Yunnan e Sichuan) em um deles possui dados para k (2), h (0,473), π ($0,5 \times 10^{-3}$) e Fst (0,907) e no outro para k (2), h (0,468), π (1×10^{-3}).

Também registrada na China (Províncias de Yunnan e Sichuan) está a espécie *Ligularia tongolensis* (LITO) com dados para k (6), já seu registro na China central possui dados para k (12), h (0,814), π ($1,7 \times 10^{-3}$) e Fst (0,597). Com registro nestas mesmas localidades está a espécie *Nouelia insignis* (NOIN) e na China (Províncias de Yunnan e Sichuan) possui dados para k (4), h (0,32), π ($0,3 \times 10^{-3}$) e Fst (0,896) e na China central possui dados para k (11) e π ($3,9 \times 10^{-3}$). Na China central também a registro da espécie *Forsythia suspensa* (FOSU) com dados para k (13), h (0,6) e π ($1,5 \times 10^{-3}$) e na Província de Henan (China) com dados também para k (6), h (0,806) e π ($1,8 \times 10^{-3}$).

No leste asiático temos o registro da espécie *Neolitsea sericea* (NEOSE) com dados para k (9), h (0,761) e π ($6,2 \times 10^{-3}$) em um registro, e no outro possui dados para k (9) e h (0,39). Ainda no leste asiático a espécie *Quercus variabilis* possui em um registro dados para k (26) e em outro para k (26) e Fst (0,825). A espécie *Lindera obtusiloba* (LIOB) possui registro no leste asiático com dados para k (39), h (0,83) e π ($1,6 \times 10^{-3}$) e no Japão dados para k (6) e π ($2,8 \times 10^{-3}$). *Miscanthus sinensis* (MISI) ocorrendo também no leste asiático com dados para k (8) e no Japão dados para k (9), h (0,40) e π ($0,6 \times 10^{-3}$). Ocorrendo em Taiwan temos a espécie *Rhododendron pseudochrysanthum* (RHOPS) que em um registro possui dados para k (3), h (0,31), π ($0,2 \times 10^{-3}$) e Fst (0,223) e no outro para k (36) e h (0,87).

No Japão temos o registro da espécie *Carpinus japonica* (CAJA) com dados em um registro para k (2) e π ($0,8 \times 10^{-3}$) e no outro apenas para k (3). Para *Carpinus laxiflora* (CALA) com registro no Japão possui em um registro dados para k (2) e π ($2,2 \times 10^{-3}$), outro para k (8), h (0,67), π ($3,8 \times 10^{-3}$) e Fst (0,839) e no último apenas k (5). A espécie *Carpinus tschonoskii* (CATS) registrada no Japão possui dados para k (3) e π ($0,3 \times 10^{-3}$), e em outro registro no mesmo local dados para k (6). Os dois registros para *Fagus crenata* (FACR) no Japão possuem apenas dados para k (13 e 7). *Magnolia obovata* (MAOB) registrada no Japão possui dados para k (4) e π ($1,3 \times 10^{-3}$), e em outro registro no mesmo local dados para k (9). E a espécie *Padus grayana* (PAGRA) possui registro no Japão com dados para k (20), h (0,84), π ($4,1 \times 10^{-3}$) e Fst (0,63), e em outro registro no mesmo local dados para k (14).

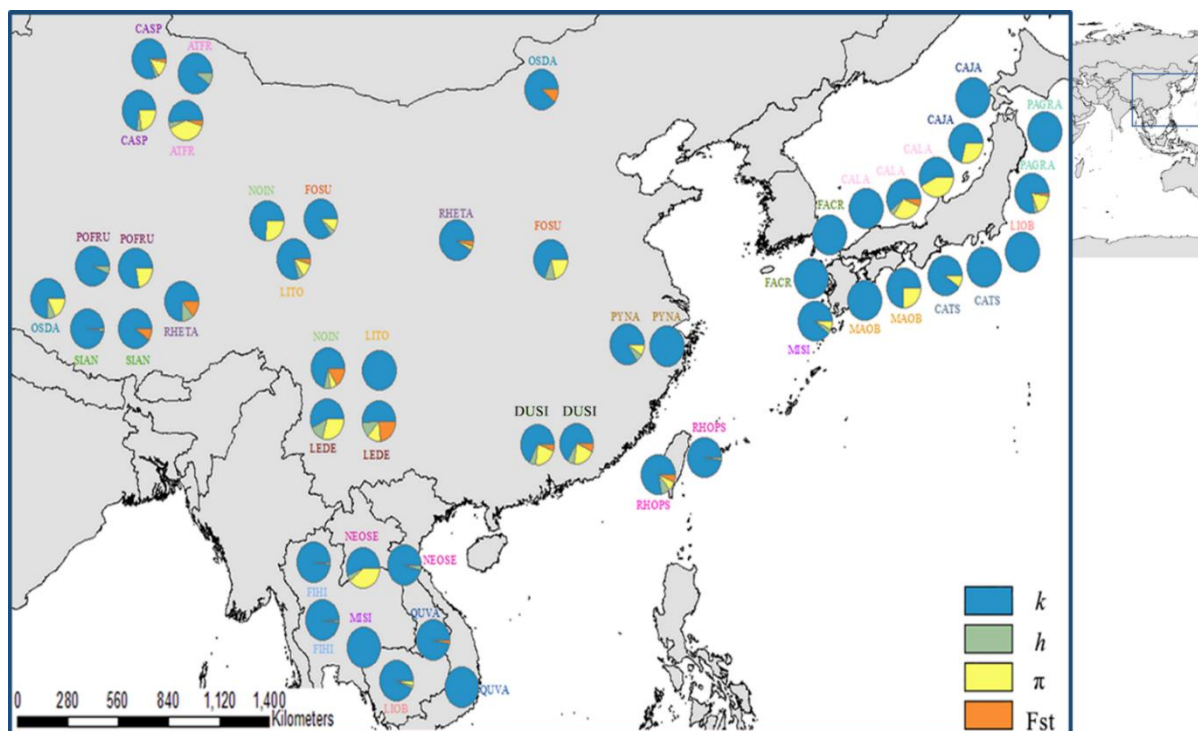


Figura 4. Distribuição geográfica da diversidade genética de populações de espécies de angiospermas de ocorrência no continente asiático. Dados mostrados para espécies avaliadas em mais de um trabalho contendo estimativas de diversidade obtidas por meio da utilização de marcadores cloroplastidiais . **ATFR** – *Atraphaxis frutescens*; **CASP** – *Capparis spinosa*; **CAJA** – *Carpinus japonica*; **CALA** – *Carpinus laxiflora*; **CATS**- *Carpinus tschonoskii*; **DUSI** – *Dunnia sinensis*; **FACR** – *Fagus crenata*; **FIHI** – *Ficus hirta*; **FOSU** - *Forsythia suspensa*; **LEDE** – *Leucomeris decora*; **LITO** – *Ligularia tongolensis*; **LIQB** - *Lindera obtusiloba*; **MAOB** – *Magnolia obovata*; **MISI** – *Miscanthus sinensis*; **NEOSE** – *Neolitsea sericea*; **NOIN** – *Nouelia insignis*; **OSDA** – *Ostryopsis davidiana*; **PAGRA** – *Padus grayana*; **POFRU** – *Potentilla fruticosa*; **PYNA** – *Pyrus calleryana*; **QUVA** – *Quercus variabilis*; **RHETA** - *Rheum tanguticum*; **RHOPS** – *Rhododendron pseudochrysanthum*; **SIAN** – *Sibiraea angustata*. *k*: Número de haplótipos; *h*: Diversidade haplotípica; π : Diversidade nucleotídica ($\times 10^3$); *Fst*.

Caracterizando as formas de vida das espécies registradas, a de maior destaque foi erva (212 espécies, 41,82% do total), seguida de arbórea (118, 23,27%), arbustos (112, 22,09%), gramíneas (47, 9,27%), subarbustos (quatro, 0,78%) e videira (três, 0,59%). Apenas uma espécie de palmeira foi registrada. Em relação ao habitat das espécies, a maior parte foi caracterizada como especialista (315 espécies, 62,13% do total), seguida de não especialista (180, 35,50 %) e outras não tiveram classificação (12, 2,37%). Para a distribuição, foram registradas 275 de espécies (54,24% do total) com distribuição ampla, 227 (44,77% do total) com distribuição restrita e cinco espécies (0,99%) sem classificação. Para as categorias da IUCN, espécies não avaliadas (NE) foram a maioria (414 espécies, 81,66% do total), seguidas da categoria pouco

preocupante (LC) (67, 13,21%), vulnerável (VU) e quase ameaçada (NT) com o mesmo percentual de espécies (oito, 1,58%), deficiente de dados (DD) (sete, 1,38%) e em perigo (EN) (três, 0,59%).

Quanto aos caracteres reprodutivos, espécies com ciclo perene (246 espécies, 48,52% do total) foram mais registradas que espécies de ciclo curto (40, 7,89%), embora não tenha sido possível classificar um grande percentual das espécies (221, 43,59%) para essa característica. Em relação ao tipo de flor, foram registradas espécies dioicas (18 espécies, 3,55% do total) e monoicas (65, 12,82%), e para a grande maioria não foram encontrados dados de classificação (424, 83,63%). Para o tipo de polinizador, observou-se que para a grande maioria das espécies, estes dados ainda não se encontram disponíveis (426 espécies, 84,02% do total), mas foram obtidos registros de espécies polinizadas por insetos (56, 11,05%), pelo vento (24, 4,73%) e pela água (uma, 0,20% do total).

Tabela 1. Médias para estimativas de diversidade genética observadas em espécies de angiospermas em relação a atributos ecológicos e reprodutivos. Médias registradas em trabalhos que estimaram diversidade genética por meio da utilização de marcadores cloroplastidiais.

Caráter ecológico		<i>k</i>	<i>h</i>	π	Fst
Forma de Vida	Arbórea	12,975±0,095	0,586±0,002	0,002	0,579±0,002
	Arbusto	14,780±0,140	0,571±0,002		0,558±0,003
	Epífita	20±1,826	0,483±0,023	0,002±0,001	-
	Erva	13,027±0,071	0,603±0,001	0,002	0,670±0,002
	Gramínea	15,571±0,381	0,321±0,007	0,005	0,576±0,007
	Subarbusto	11,750±0,678	0,591±0,03	0,103±0,013	-
	Videira	2,0	-	0,001	-
Habitat	Especialista	13,376±0,072	0,599±0,001	0,008	0,638±0,001
	Não especialista	12,613±0,041	0,582±0,001	0,007	0,603±0,001
Distribuição	Ampla	11,865±0,059	0,553±0,002	0,003	0,544±0,002

	Restrita	14,988±0,089	0,610±0,002	0,009	0,677±0,005
IUCN	DD	6,0±0,401	0,436±0,04	0,001	-
	EN	8,5±0,296	0,309±0,021	-	-
	LC	13,525±0,181	0,495±0,003	0,002	0,516±0,003
	NE	13,5±0,404	0,413±0,015	0,003	-
	NT	13,506±0,057	0,604±0,001	0,007	0,636±0,001
	VU	13,286±0,188	0,546±0,01	0,001	-
Caráter reprodutivo		<i>k</i>	<i>h</i>	π	Fst
Ciclo de vida	Curto	14,360±0,114	0,685±0,003	0,003	0,555±0,004
	Perene	13,779±0,072	0,573±0,002	0,005	0,636±0,002
Tipo de flores	Dióica	12,429±0,186	0,526±0,004	0,001	0,487±0,007
	Monóica	14,5±0,109	0,580±0,003	0,003	0,621±0,003
Tipo de polinizador	Inseto	13,325±0,106	0,572±0,003	0,002	0,568±0,003
	Vento	10,357±0,101	0,481±0,004	0,032±0,002	0,543±0,005

DD: Deficiente de Dados; EN: Em Perigo; LC: Pouco Preocupante; NE: Não Avaliado; NT: Quase Ameaçada; VU: Vulnerável. *k*: Número de haplótipos; *h*: Diversidade haplótipica; π : Diversidade nucleotídica.

No geral, a relação filogenética entre as espécies funcionou como uma ótima preditora para os índices de diversidade genética, tendo maior efeito sobre π ($r^2 = 0,913$) (Tabela 2), quando relacionada a caracteres ecológicos. Quando relacionada a caracteres reprodutivos, a Filogenética influenciou mais sobre a variável *k* ($r^2 = 0,913$) (Tabela 3).

Entre os caracteres ecológicos (Tabela 2) o que exerce maior influência sobre a diversidade haplótipica é a forma de vida ($r^2=0,086$), seguida de distribuição ($r^2=0,57$). Para diversidade nucleotídica, categorias da IUCN ($r^2=0,048$) exercem a maior influência, seguida da interação entre distribuição, categoria da IUCN ($r^2=0,045$) e forma de vida ($r^2=0,022$). Os valores de Fst são mais influenciados pela interação entre os caracteres forma de vida, distribuição, IUCN e Filogenética ($r^2=0,083$), seguido da interação entre forma de vida, habitat, distribuição e IUCN ($r^2=0,062$).

Tabela 2. Importância relativa dos preditores incluídos no modelo de melhor ajuste para uma abordagem Filogenética de Eigenvector Map para diferentes índices de diversidade genética obtidos para populações de espécies de angiospermas, por meio da utilização de marcadores cloroplastidiais.

	<i>k</i>	<i>p</i>	<i>h</i>	<i>p</i>	π	<i>p</i>	Fst	<i>p</i>
Dist	0,015	0,025	4×10^{-7}	0,990	2×10^{-4}	0,789	0,037	0,058
Phylo	0,829	2×10^{-16}	0,799	2×10^{-16}	0,877	2×10^{-16}	0,600	4×10^{-8}
FV	0,015	0,781	0,022	0,650	0,020	0,728	0,064	0,293
Habi	3×10^{-5}	0,994	0,004	0,587	0,007	0,373	0,069	0,035
IUCN	0,006	0,841	0,011	0,674	0,011	0,703	0,011	0,784
Dist e Phylo	0,832	2×10^{-16}	0,826	2×10^{-16}	0,881	2×10^{-16}	0,616	2×10^{-8}
FV e Dist	0,028	0,445	0,022	0,743	0,020	0,805	0,127	0,052
Habi e Dist	0,020	0,092	0,004	0,7564	0,008	0,558	0,115	0,010
Dist e IUCN	0,023	0,283	0,012	0,783	0,012	0,790	0,043	0,389
FV e Phylo	0,878	2×10^{-16}	0,861	2×10^{-16}	0,899	2×10^{-16}	0,668	1×10^{-8}
Habi e Phylo	0,858	2×10^{-16}	0,807	2×10^{-16}	0,880	2×10^{-16}	0,651	3×10^{-9}
Habi e IUCN	0,006	0,955	0,017	0,714	0,019	0,658	0,085	0,145
IUCN e Phylo	0,838	2×10^{-16}	0,803	2×10^{-16}	0,918	2×10^{-16}	0,655	6×10^{-9}
FV e IUCN	0,020	0,921	0,034	0,767	0,031	0,829	0,072	0,556
FV e Habi	0,015	0,901	0,027	0,710	0,030	0,630	0,132	0,076
Dist e IUCN e Phylo	0,866	2×10^{-16}	0,811	2×10^{-16}	0,924	2×10^{-16}	0,714	1×10^{-10}
Dist e IUCN e FV	0,003	0,667	0,034	0,827	0,032	0,870	0,132	0,175
Habi e Dist e Phylo	0,863	2×10^{-16}	0,083	2×10^{-16}	0,886	2×10^{-16}	0,710	3×10^{-11}
Habi e Dist e IUCN	0,028	0,339	0,018	0,775	0,019	0,753	0,123	0,062
IUCN e Phylo e FV	0,894	2×10^{-16}	0,864	2×10^{-16}	0,942	2×10^{-16}	0,695	1×10^{-8}
IUCN e Phylo e Habi	0,866	2×10^{-16}	0,811	2×10^{-16}	0,924	2×10^{-16}	0,714	1×10^{-10}
FV e Habi e Dist	0,030	0,546	0,027	0,780	0,031	0,697	0,214	0,005
Phylo e FV e Dist	0,883	2×10^{-16}	0,899	2×10^{-16}	0,901	2×10^{-16}	0,696	2×10^{-9}
FV e Habi e Phylo	0,907	2×10^{-16}	0,870	2×10^{-16}	0,904	2×10^{-16}	0,717	7×10^{-10}
FV e Habi e IUCN	0,021	0,968	0,040	0,785	0,043	0,746	0,142	0,188
Dist e IUCN e Habi e Phylo	0,872	2×10^{-16}	0,845	2×10^{-16}	0,934	2×10^{-16}	0,746	1×10^{-11}
FV e Dist e Habi e Phylo	0,920	2×10^{-16}	0,923	2×10^{-16}	0,908	2×10^{-16}	0,781	0,023
FV e Dist e IUCN e	0,901	2×10^{-16}	0,906	2×10^{-16}	0,945	2×10^{-16}	0,709	1×10^{-8}

Phylo								
FV e Habi e Dist e IUCN	0,038	0,731	0,040	0,826	0,043	0,799	0,221	1×10^{-12}
FV e IUCN e Habi e Phylo	0,921	2×10^{-16}	0,873	2×10^{-16}	0,948	2×10^{-16}	0,750	3×10^{-10}
Dist e IUCN e Habi e Phylo e FV	0,936	2×10^{-16}	0,931	2×10^{-16}	0,956	2×10^{-16}	0,789	9×10^{-12}
Resíduo	0,063		0,069		0,043		0,059	

FV: Forma de Vida; Dist: Distribuição; Phylo: Filogenética; Habi: Habitat; k : Número e haplótipos; h : Diversidade haplótipica; π : Diversidade nucleotídica; p : probabilidade de significância.

Entre os caracteres reprodutivos avaliados (Tabela 3), a relação filogenética entre as espécies também foi o que mais influenciou os índices de diversidade considerados ($r^2 = 0,926$). As variáveis h e k , também foram influenciadas, embora que de forma mais fraca, pelo tipo de polinizador ($r^2 = 0,158$ e $r^2 = 0,104$, respectivamente) e tipo de flor ($r^2 = 0,102$ e $r^2 = 0,118$, respectivamente). Para a diversidade nucleotídica a maior influência, com exceção da filogenética, é exercida na interação entre ciclo de vida, tipo de flor e filogenética ($r^2 = 0,01$) e pelo tipo de polinizador ($r^2 = 0,01$). Para F_{st} o que preditor que exerce maior influência é o ciclo de vida ($r^2 = 0,045$) seguido do tipo de polinizador ($r^2 = 0,012$).

Tabela 3. Importância relativa dos preditores incluídos no modelo de melhor ajuste para uma abordagem Filogenética de Eigenvector Map para diferentes índices de diversidade genética obtidos para populações de espécies de angiospermas, por meio da utilização de marcadores cloroplastidiais.

	k	p	h	p	π	p	F_{st}	p
CV	0,001	0,777	0,03	0,324	0,002	0,736	0,015	0,483
F	0,001	0,814	0,09	0,046	1×10^{-4}	0,986	0,002	0,895
P	0,003	0,785	5×10^{-4}	0,852	0,003	0,665	0,003	0,830
Phylo	0,829	2×10^{-16}	0,690	1×10^{-4}	0,904	2×10^{-16}	0,868	7×10^{-15}
CV e F	0,002	0,950	0,112	0,122	0,002	0,942	0,017	0,796
CV e Phylo	0,830	2×10^{-16}	0,703	2×10^{-4}	0,913	2×10^{-16}	0,899	2×10^{-16}
CV e P	0,006	0,858	0,036	0,688	0,006	0,781	0,024	0,677
F e Phylo	0,832	2×10^{-16}	0,762	9×10^{-6}	0,905	2×10^{-16}	0,874	2×10^{-14}
F e P	0,009	0,686	0,099	0,171	0,003	0,908	0,012	0,887
P e Phylo	0,833	2×10^{-16}	0,769	5×10^{-6}	0,914	2×10^{-16}	0,875	1×10^{-14}
CV e F e P	0,011	0,834	0,119	0,266	0,007	0,935	0,029	0,840
CV e F e Phylo	0,832	2×10^{-16}	0,769	2×10^{-5}	0,914	2×10^{-16}	0,913	2×10^{-16}
CV e P e Phylo	0,834	2×10^{-16}	0,810	1×10^{-6}	0,922	2×10^{-16}	0,916	2×10^{-16}
F e P e Phylo	0,834	2×10^{-16}	0,900	5×10^{-11}	0,915	2×10^{-16}	0,881	6×10^{-14}

CV e F e P e Phylo	0,835	2×10^{-16}	0,928	3×10^{-12}	0,924	2×10^{-16}	0,925	2×10^{-16}
Resíduo	0,063		0,072		0,075		0,074	

CV: Ciclo de Vida; F: Flores; P: Polinizador; Phylo: Filogenética; k : Número de haplótipos; h : Diversidade haplótipica; π : Diversidade nucleotídica; p : probabilidade de significância.

5.4. DISCUSSÃO

Nossos dados mostram que a relação filogenética entre as espécies pode determinar os níveis de diversidade genética das mesmas, corroborando com a ideia de que espécies mais aparentadas compartilham índices parecidos de diversidade, tal fato é evidenciado pela inercia filogenética que pode ser definida como: uma característica que é compartilhada entre espécies relacionadas²¹, ou seja, espécies próximas tendem a ter características semelhantes, dessa forma os índices de diversidade se assemelham.

As médias observadas para os índices de diversidade considerados (k , h , π , Fst) foram maiores para alguns caracteres com maior restrição para adaptação. Espécies com distribuição restrita apresentaram maiores médias de diversidade, para todas as variáveis resposta analisadas, do que espécies com distribuição ampla (Tabela 1), o mesmo aconteceu em habitat, em que especialistas apresentara maior média do que não especialistas para todos as variáveis resposta analisadas. Porém ao contrário do resultado obtido, espécies que possuem com menos restrições para adaptação, sejam elas para habitat ou distribuição, tendem a possuir maior diversidade genética, pois estas espécies que possuem menor restrição têm maior propensão a se adaptar a mutações múltiplas do que aquelas espécies com restrição de área, por exemplo²².

Para as categorias da IUCN, foi possível verificar que três das quatro medidas de diversidade analisadas (h , π , Fst) têm sua maior média em categorias com algum risco de extinção (NT), estes dados são contrários aos apresentados por estudos como os de Spielman⁸ e Willoughby¹⁷. Estes demonstraram que o aumento do risco de extinção acarreta perdas de diversidade genética. Os índices de diversidade genética observados para espécies que apresentam forma de vida de menor porte (gramínea, subarbusto, arbusto, epífita) foram as maiores. Estes dados estão em acordo com o encontrado por Ballesteros-Mejia¹⁵ em estudo com espécies de plantas neotropicais em que as formas de vida arbustiva e herbácea apresentaram maior diversidade genética do que forma de vida arbórea para h , π e Fst.

Nossos resultados são importantes para demonstrar que a semelhança filogenética entre as espécies deve ser levada em consideração quando comparamos índices de diversidade genética entre espécies, entretanto, nosso trabalho poderia ter sido mais robusto se mais informações sobre caracteres ecológicos e reprodutivos para espécies vegetais, estivessem disponíveis na literatura.

Além da grande influência da filogenética sobre os índices de diversidade genética (Tabela 2 e Tabela 3) foi possível verificar que caracteres reprodutivos exercem maior influência sobre k e h enquanto caracteres ecológicos exercem maior influência sobre π e F_{st} . Entretanto estudos com foco em caracteres reprodutivos e ecológicos de planta que atualmente se mostram escassos, se façam necessários para que no futuro estudos contendo diversidade genética utilizando cpDNA com foco nestes caracteres não mantenham o gargalo científico atual. Além de fornecer uma rede ou base de dados de fácil acesso a tais dados, o que atualmente ainda é restrito principalmente para espécies endêmicas. E que no futuro possam esclarecer de fato a relação entre a diversidade genética e caracteres ecológicos e reprodutivos incluindo os mesmos caracteres aqui utilizados e outros mais.

5.5 CONCLUSÃO

Muitas espécies de angiospermas foram avaliadas, no decorrer do tempo, por meio da utilização de marcadores moleculares cloroplastidiais, no entanto, estudos que trazem estimativas de diversidade genética por meio da utilização destes marcadores ainda são raros. Nós avaliamos a influência da relação filogenética entre as espécies, bem como a influência de fatores ecológicos e reprodutivos sobre os índices de diversidade obtidos para populações de angiospermas e concluímos que a filogenia é o fator que mais afeta estes índices.

5.6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. MILANESI, P.; HOLDEREGGER, R.; BOLLMANN, K.; GUGERLI, F.; ZELLWEGGER, F. Three-dimensional habitat structure and landscape genetics: a step forward in estimating functional connectivity. **Ecology**, v. 98, n. 2, p. 393-402, 2017.
2. LACOURSE, T. Environmental change controls postglacial forest dynamics through interspecific differences in life-history traits. **Ecology**. v. 90, n. 8, p. 2149-2160, 2009.

3. LEIMU, R.; FISCHER, M. A Meta-Analysis of Local Adaptation in Plants. **Plos One**, v. 3, n. 12, p. e4010, 2008.
4. PAZ, A.; IBÁÑEZ, R.; LIPS, K. R.; CRAWFORD, A. J. Testing the role of ecology and life history in structuring genetic variation across a landscape: a trait-based phylogeographic approach. **Molecular Ecology**. v. 24, n. 14, p. 3723-3737, 2015.
5. LOURENÇO, A.; ÁLVAREZ, D.; WANG, I. J.; VELO-ANTÓN, G. Trapped within the city: integrating demography, time since isolation and population specific traits to assess the genetic effects of urbanization. **Molecular Ecology**, v. 26, n. 6, p. 1498-1514, 2017.
6. EVANS, S. R.; SHELDON, B. C. Interspecific patterns of genetic diversity in birds: correlations with extinction risk. **Conservation Biology**. v. 22, n. 4, p. 1016-1025, 2008.
7. ELLEGREN, H.; GALTIER, N. Determinants of genetic diversity. **Nature Reviews Genetics**, v. 17, p. 422-433, 2016.
8. SPIELMAN, D.; BROOK, B. W.; FRANKHAM, R. Most species are not driven to extinction before genetic factors impact them. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America (PNAS)**. v. 101, n. 42, p. 15261-15264, 2004.
9. HENSEN, I; WESCHE, K. Relationships between population size, genetic diversity and fitness components in the rare plant *Dictamnus albus* in Central Germany. **Biodiversity and Conservation**, v. 15, n. 7, p. 2249- 2261, 2006.
10. HAGUE, M. T.; ROUTMAN, E. J. Does population size affect genetic diversity? A test with sympatric lizard species. **Heredity**, v. 116, n. 1, p. 92-98, 2016.
11. MONDINI, L.; NOORANI, A.; PAGNOTTA, M. A. Assessing plant genetic diversity by molecular tools. **Diversity**, v. 1, n. 1, p. 19-35, 2009.
12. DUMINIL, J.; HARDY, O. J.; PETIT, R. J. Plant traits correlated with generation time directly affect inbreeding depression and mating system and indirectly genetic structure. **BMC Evolutionary Biology**, v. 9, n. 1, p. 177, 2009.
13. GLÉMIN, S.; BAZIN, E.; CHARLESWORTH, D. Impact of mating systems on patterns of sequence polymorphism in flowering plants. **Proceedings of the Royal Society of London B: Biological Sciences**, v. 273, n. 1604, p. 3011-3019, 2006.

14. AGUILAR, R.; QUESADA, M.; ASHWORTH, L.; HERRERIAS-DIEGO, Y. V. O. N. N. E.; LOBO, J. Genetic consequences of habitat fragmentation in plant populations: susceptible signals in plant traits and methodological approaches. **Molecular Ecology**, v. 17, n. 24, p. 5177-5188, 2008.
15. BALLESTEROS-MEJIA, L.; LIMA, N. E.; LIMA-RIBEIRO, M. S.; COLLEVATTI, R. G. Pollination mode and mating system explain patterns in genetic differentiation in neotropical plants. **PloS One**, v. 11, n. 7, p. e0158660, 2016.
16. GUÉNARD, G.; LEGENDRE, P.; PERES- NETO, P. Phylogenetic eigenvector maps: a framework to model and predict species traits. **Methods in Ecology and Evolution**, v. 4, n. 12, p. 1120-1131, 2013.
17. WILLOUGHBY, J. R., SUNDARAM, M., WIJAYAWARDENA, B. K., KIMBLE, S. J., JI, Y., FERNANDEZ, N. B., ANTONIDES, J. D.; LAMB, M. C.; MARRA, N. J.; DEWOODY, J. A. The reduction of genetic diversity in threatened vertebrates and new recommendations regarding IUCN conservation rankings. **Biological Conservation**, v. 191, p. 495-503, 2015.
18. GASTAUER, M.; MEIRA-NETO, J. A. A. Updated angiosperm family tree for analyzing phylogenetic diversity and community structure. **Acta Botanica Brasílica**, v. 31, n. 2, p. 191-198, 2017.
19. R: A LANGUAGE AND ENVIRONMENT FOR STATISTICAL COMPUTING. R FOUNDATION FOR STATISTICAL COMPUTING, VIENNA, AUSTRIA. URL <https://www.R-project.org/>. R Core Team, 2017.
20. GUÉNARD, G. A phylogenetic modelling tutorial using Phylogenetic Eigenvector Maps (PEM) as implemented in R package MPSEM (0:3-2). Disponível em: <<https://cran.r-project.org/web/packages/MPSEM/vignettes/MPSEM.pdf>>. Acesso em: 15 de novembro de 2017.
21. BLOMBERG, S. P.; GARLAND JÚNIOR, T. Tempo and mode in evolution: phylogenetic inertia, adaptation and comparative methods. **Journal of Evolutionary Biology**, v. 15, n. 6, p. 899-910, 2002.
22. LEFFLER, E. M.; BULLAUGHEY, K.; MATUTE, D. R.; MEYER, W. K.; SEGUREL, L.; VENKAT, A.; ANDOLFATTO, P.; PRZEWORSKI, M. Revisiting an old riddle: what determines genetic diversity levels within species?. **Plos Biology**, v. 10, n. 9, p. e1001388, 2012.

6. CONCLUSÃO GERAL

Concluimos que o número de publicações e de espécies contendo estimativas de diversidade genética obtidas por meio da utilização de marcadores moleculares cloroplastidiais tiveram um aumento crescente e significativo, no decorrer do tempo. E a maior parte das publicações são de autores de nacionalidade chinesa e tem foco no continente asiático. Encontramos também que a filogenia é o fator que mais afeta os índices de diversidade genética.

Entretanto existe um gargalo científico para estudos espécies classificadas em uma das categorias da IUCN ainda são minoria, estudos de diferentes autores com a mesma espécie, estudos que trazem estimativas de diversidade genética por meio da utilização destes marcadores e estudos com características ecológicas e reprodutivas de plantas, tais fatos podem ser vistos como oportunidades de estudo para pesquisadores em volta do globo.