



Serviço Público Federal
Universidade Federal do Pará
Campus Universitário de Altamira
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIODIVERSIDADE E CONSERVAÇÃO

PPGBC
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM
BIODIVERSIDADE E CONSERVAÇÃO

Maiara dos Santos Rodrigues

LACUNAS E TENDÊNCIAS EM ESTUDOS DE DIVERSIDADE GENÉTICA DE ESPÉCIES AMAZÔNICAS

Orientador: Profa. Dra. Raírys Cravo Herrera

Coorientador: Profa. Dra. Magali Gonçalves Garcia

ALTAMIRA – PA

MAIO – 2022

UNIVERSIDADE FEDERAL DO PARÁ
CAMPUS ALTAMIRA
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM BIODIVERSIDADE DE CONSERVAÇÃO

Maiara dos Santos Rodrigues

**LACUNAS E TENDÊNCIAS EM ESTUDOS DE DIVERSIDADE
GENÉTICA DE ESPÉCIES AMAZÔNICAS**

Orientadora: Profa. Dra. Raírys Cravo Herrera

Coorientadora: Profa. Dra. Magali Gonçalves Garcia

Dissertação apresentada à Universidade Federal do Pará, como parte das exigências do Programa de Pós-graduação em Biodiversidade e Conservação para obtenção do título de Mestre em Biodiversidade e Conservação.

ALTAMIRA - PA
MAIO – 2022

Dados Internacionais de Catalogação na Publicação (CIP) de acordo com ISBD
Sistema de Bibliotecas da Universidade Federal do Pará
Gerada automaticamente pelo módulo Ficat, mediante os dados fornecidos pelo(a) autor(a)

R696l Rodrigues, Maiara dos Santos.
Lacunas e tendências em estudos de diversidade genética de
espécies amazônicas / Maiara dos Santos Rodrigues. — 2022.
45 f. : il. color.

Orientador(a): Prof^ª. Dra. Raírys Cravo Herrera
Coorientação: Prof^ª. Dra. Magali Gonçalves Garcia
Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal do Pará,
Campus Universitário de Altamira, Programa de Pós-Graduação
em Biodiversidade e Conservação, Altamira, 2022.

1. Amazônia. 2. Cienciometria. 3. Diversidade Genética. I.
Título.

CDD 576.5



ATA DE DEFESA DE MESTRADO

Aos 30 dias do mês de maio, do ano de 2022, às 09:00 horas, via remoto no *Googlemeet*, ocorreu a sessão pública de defesa da Dissertação de Mestrado em Biodiversidade e Conservação da mestrand **Maiara dos Santos Rodrigues dos Santos**, intitulada "**LACUNAS E TENDÊNCIAS EM ESTUDOS DE DIVERSIDADE GENÉTICA DE ESPÉCIES AMAZÔNICAS**", para obtenção do Grau de Mestre em Biodiversidade e Conservação. Estiveram presentes: a mestrand, a orientadora Profa. Dra. Rairys Cravo Herrera, e coorientadora Profa. Dra. Magali Gonçalves Garcia a banca examinadora, composta pelas Professoras: (I) **Luciana Cristina Vitorino**; (II) **Christina Cleo Vinson Williams**; (III) **Karina Dias da Silva** e demais convidados. Aberta a sessão, a orientadora, que conduziu os trabalhos, passou a palavra para a discente para a apresentação pública de seu trabalho. Em seguida, a orientadora passou a palavra a primeira examinadora para arguição da discente, que teve igual período para defesa. O mesmo aconteceu com as demais examinadoras. Ao término da arguição das examinadoras, a orientadora agradeceu aos comentários e sugestões dos membros da banca. Outra sala foi aberta para a deliberação sobre a aprovação da candidata pela banca examinadora. A comissão concedeu o parecer **APROVADA** à candidata. Nada mais havendo a tratar, a orientadora lavrou a presente ata que segue assinada pelas examinadoras.

Altamira-PA, 30/maio/2022



Documento assinado digitalmente
RAIRYS CRAVO HERRERA
Data: 01/06/2022 07:33:41-0300
Verifique em <https://verificador.iti.br>

Rairys Cravo Herrera
Orientadora

Luciana Cristina Vitorino
Membro da Banca Examinadora

Christina Cleo Vinson Williams
Membro da Banca Examinadora

Karina Dias da Silva
Membro da Banca Examinadora

À minha família, e aos amigos.

*Aos que me ajudaram a levantar nos momentos que caí e
estenderam a mão para que eu continuasse de pé.*

DEDICO

“Liberdade é viver o próprio sonho”.

Agradecimentos

Aos meus pais, Maria Clenis e José Carlos por serem a minha base, por sempre me apoiarem nos estudos e nas buscas dos meus sonhos. Sem vocês dois eu não estaria aqui e não teria chegado onde cheguei. Espero um dia poder retribuir da forma que vocês merecem, vocês são os melhores exemplos de vida que eu poderia ter, são minhas maiores inspirações. Aos meus irmãos Maysa, Maianny e Rodrigo, por serem os melhores que eu poderia ter, por me ajudarem nos momentos que eu achava que não ia conseguir, o amor de vocês me deu forças nesses momentos tão difíceis.

À minha coorientadora Magali Gonçalves Garcia, por estar comigo desde a graduação e por novamente ter me auxiliado com paciência e dedicação. Agradeço por ser essa pessoa magnífica que me ensinou coisas que ultrapassam o meio acadêmico. Com você eu aprendi o tipo de profissional e ser humano que quero ser. Gratidão eterna por todos os momentos de muita aprendizagem, alegria e descontração que tive ao seu lado. Você sem dúvidas é uma pessoa que admiro demais e que sempre irei me inspirar.

Ao Francinei Vulcão, por sempre me apoiar e me incentivar. Obrigada por estar ao meu lado nos momentos bons e ruins, nos momentos não tão bons você sempre me ajudou, tornando bem mais fáceis de serem enfrentados. Sem dúvidas ter você ao meu lado nessa caminhada fez eu ver os grandes obstáculos pequenos.

À minha orientadora, Raírys Cravo Herrea, pela orientação, paciência e por todo o conhecimento que me proporcionou ao longo do mestrado. À Universidade Federal do Pará e ao Programa de Pós-graduação em Biodiversidade e Conservação, seu corpo docente e administrativo por terem tornado possível a minha formação e por oportunizarem experiências e aprendizagens durante todo o mestrado.

À pessoa que eu mais devo agradecimentos, a pessoa que precisou desaprender um monte de coisas que achava ser verdades absolutas e ao mesmo tempo teve que aprender muitas outras coisas novas, o que incluiu confiar mais em si mesmo. À pessoa que aprendeu ser generosa consigo mesma, e que fez o melhor que pode no momento em que se encontrava, eu.

Agradeço a todos que de forma direta ou indiretamente fizeram parte desse processo, gratidão.

Sumário

Resumo Geral	9
Introdução Geral	10
Objetivos Gerais	14
Literatura Citada	15
TITULO DO ARTIGO 01	22

Resumo Geral

A diversidade genética tem papel prioritário na conservação das espécies vegetais, esses estudos auxiliam na criação de estratégias eficazes para a compreensão e a manutenção da diversidade da espécie. Um levantamento dos trabalhos já realizados sobre diversidade genética de espécies vegetais da Amazônia, através de uma cienciométrica, também pode auxiliar na conservação das populações nativas, pois pode fornecer subsídios aos pesquisadores em suas tomadas de decisões. Portanto, foi realizada uma análise cienciométrica sobre diversidade genética intraespecífica de espécies vegetais nativas da Amazônia. Para obtenção dos dados foi realizado um levantamento bibliográfico nas Bases de dados *Web of science* e *Scopus*, a pesquisa foi limitada apenas por tópicos em um intervalo de tempo de 1990 a 2020. Com os resultados foi possível observar um total de 432 publicações. Os Marcadores moleculares foram os mais frequentemente utilizados para acessar a diversidade genética, sendo empregados em 222 publicações (89,15%), seguido dos marcadores morfológicos em 22 publicações (8,83%), os marcadores bioquímicos foram usados em 9 publicações (3,61%) e o menos utilizados foram os modelos de simulações, sendo encontrados em apenas 2 publicações (0,80%), ambos utilizaram o modelo de simulação Ecogene. As demais variáveis foram analisadas apenas com os trabalhos que utilizaram marcadores moleculares para acessar a diversidade genética. O ano de 2008 apresentou uma maior tendência no número de publicações se comparado ao número total de artigos publicadas no ISI, seguido do ano de 2003. Os artigos encontrados estão distribuídos em 72 periódicos diferentes. No levantamento realizado, 74 espécies foram analisadas, um resultado pouco expressivo se levarmos em consideração a grande biodiversidade vegetal existente na Amazônia. As espécies estão distribuídas em 36 famílias botânicas, a família estudada em um maior número de artigos foi a Malvaceae, em 44 publicações (19,81%), seguido das famílias Euphorbiaceae, em 34 publicações (15,31%). O número de trabalhos encontrados estudando as diferentes famílias, não representam a variedade de espécies analisadas dentro delas, pois a família que teve o maior número de espécies estudadas foi a Arecaceae, com 16 espécies (21,62%), seguido das famílias Fabaceae, com 11 espécies (14,86%). A análise de diversidade genética com *Theobroma cacao* foi realizada em 35 publicações (15,76%), sendo a espécie mais estudada, seguido de *Manihot esculenta*, na qual foi analisada em 23 publicações (10,36%), ambas são espécies com grande importâncias econômicas no mundo todo, fator que põe em risco a conservação dessas espécies, trazendo a necessidade de conhecê-las melhor e encontrar variedades mais promissoras, contribuindo para o aumento da necessidade de pesquisas nas diferentes áreas, sobretudo de diversidade genética. Consequentemente, ocorre um maior investimento nas pesquisas com espécies que são mais importantes economicamente. O marcador mais usado foi o microsatélite em 122 publicações (54,95%), sendo mais aplicado a partir do início do século XXI, em mais da metade dos trabalhos. Isso pode estar relacionado com o alto custo que o marcador molecular SSR possuía, no entanto, uma vez obtido os primers informativos para uma espécie, os custos e as necessidades de mão de obra são diminuídas de forma significativa. Além do mais, provavelmente esses fatores possuem relação com o crescimento dos investimentos em desenvolvimento científico e financiamento de pesquisas. Os estudos que tinham por finalidade geral fornecer subsídios para a conservação da espécie estudada, foram os mais encontrados, em 99 publicações (44,59%), um fator bem importante, pois diante a crescente no uso de espécies vegetais ao longo dos anos, os estudos de diversidade genética se tornam mais necessários, principalmente na busca da conservação de espécies.

Introdução Geral

A floresta Amazônica é a maior floresta tropical megadiversa do mundo (SOUZA et al., 2021; NOBRE et al., 2016), representando 40% das florestas tropicais remanescentes do planeta (HUBBELL et al., 2008). A biodiversidade vegetal deste bioma é abundante, contendo mais de 14 mil espécies conhecidas (CARDOSO et al., 2017). Ela exerce um papel muito importante na regulação dos padrões climáticos locais e regionais, tendo uma forte atuação contra as mudanças climáticas de todo o planeta (ELLWANGER et al., 2020; NOBRE et al., 2016). Além de que, muitas de suas espécies trazem diferentes benefícios para a vida humana, por meio de interações indiretas ou diretas, sendo fonte de matéria-prima para as mais diversas indústrias (ELLWANGER et al., 2020).

Apesar de toda a sua biodiversidade (SOUZA et al., 2021) e importância, a região amazônica encontra-se em grande risco (MARENCO et al., 2018), pois muitas das suas espécies vegetais estão correndo o perigo de serem extintas devido a diversas atividades antrópicas que resultam na degradação do ambiente (PIMM; RAVEN, 2017; TER STEEGE et al., 2013). Dentre as principais causas da degradação florestal e perda de diversidade na Amazônia está a exploração madeireira desordenada, a criação de pastagens, aberturas de estradas, queimadas e mineração (SOLAR et al., 2016). Essas atividades podem resultar no isolamento de populações vegetais, na redução da diversidade genética e, conseqüentemente, na diminuição das suas capacidades adaptativas, fatores que contribuem para extinção de espécies (BARLOW et al., 2016).

Somente na floresta Amazônica existem 126 espécies de plantas que estão ameaçadas de extinção, sendo a metade delas endêmicas da região (BRASIL, 2020, MARTINELLI & MORAES 2013). Além destas já conhecidas, muitas outras espécies vegetais podem estar correndo risco de extinção sem nem mesmo terem sido descritas e catalogadas, pois o bioma amazônico é pouco conhecido floristicamente (CARDOSO et al., 2017; HOPKINS, 2007). Essas espécies desconhecidas, podem não sobreviver por tempo suficiente até serem estudadas (PIMM; RAVEN, 2017), mediante as grandes pressões ambientais.

Essa incerteza sobre a riqueza e diversidade acaba comprometendo mais ainda a sua conservação (STEEGE et al., 2015), pois se torna complexo planejar o uso sustentável de sua biota, dificultando o entendimento sobre os padrões, processos evolutivos

e ecológicos que impulsionam a sua biodiversidade (BAKER et al., 2017). Existem estudos que auxiliam a evitar a perda das espécies já descritas, como os de diversidade genética (HUBBELL et al., 2008), pois a diversidade genética é um dos três principais pilares que sustentam a biodiversidade (DEWOODY et al., 2021). Na realização desse tipo de estudo é realizada a análise e quantificação da amplitude da variabilidade genética dentro e entre as populações (HUGHES et al., 2008), essa variabilidade é formada pelas diferenças nas sequências de DNA dos indivíduos avaliados (ELLEGRÉN; GALTIER, 2016).

Os estudos de diversidade genética se tornaram uma prática recorrente após o início da manipulação do DNA em laboratório, com isso, a partir de 1980, os marcadores moleculares passaram a ser utilizados nas análises de DNA das mais diversas espécies (ZOLET et al., 2017). O avanço no campo da biologia molecular facilitou o desenvolvimento de uma série desses marcadores (GROVER; SHARMA, 2016). Ferramentas na que têm auxiliado em diversos estudos genéticos com populações vegetais nativas da Amazônia, como *Theobroma speciosum* Willd. (DARDENGO et al., 2016), *Bertholletia excelsa* Bonpl. (BALDONI et al., 2020), *Astrocaryum aculeatum* (RAMOS et al., 2016) e *Vouacapoua americana* Abul. (DUTECH; JOLY; JARNE, 2004; DUTECH et al., 2003).

Através das análises de diversidade genética pode ser realizada a mensuração do potencial adaptativo das espécies em caso de mudanças do ambiente (CARROLL et al., 2014; WERNBERG et al., 2018), saber se as estruturas, funções, integridade e capacidade de resiliência das populações estão apoiadas pelas suas informações genéticas (RAFFARD et al., 2019). Sendo possível também a realização de melhoramentos de plantas e animais, aumentando a produtividade e a resiliência no caso das produções agrícolas, e de diferentes áreas que dependem da biodiversidade (HOBAN et al., 2021; HOUSTON et al., 2020), proporcionando para a sociedade múltiplos benefícios.

A consideração da diversidade genética na conservação da biodiversidade não é mais uma novidade, sendo fortemente justificada teoricamente e apoiada por anos de pesquisas (DEWOODY et al., 2021; HOBAN et al., 2020). Um levantamento dos trabalhos já realizados sobre a diversidade genética de espécies vegetais nativas da Amazônia através de uma análise cienciométrica também pode auxiliar nos processos de conservação das populações de plantas. Devido a cienciométrica utilizar de métodos ma-

temáticos para quantificar e revelar os dados dos processos de desenvolvimento da pesquisa científica (MINGERS; LEYDESDORFF, 2015) e assim, auxiliar os pesquisadores de diferentes áreas nas suas tomadas de decisões (ZAGO & DE MOURA, 2018)

Nas últimas décadas houve um avanço no número de produções científicas, isso consequentemente, resulta em uma grande quantidade de informações disponíveis em diferentes plataformas, formatos e meios (FORTUNATO et al., 2018). Essas informações acumuladas ao longo de décadas precisam ser avaliadas e mensuradas para qualquer área da ciência (TEIXEIRA; MEGID NETO, 2006), para compreender-se o estado que aquele campo científico se encontra e, assim, auxiliar no desenvolvimento da ciência.

A metodologia cienciométrica é uma ótima ferramenta para compreender o estado sobre uma área, pois ela oferece um resumo geral de um campo específico da ciência durante um determinado período (ZEB et al., 2021). Por meio dessas informações novos caminhos podem ser traçados (PARRA et al., 2019), podendo fornecer fundamentos para a tomada de decisões por pesquisadores (QIU et al., 2017) e, assim, orientar os caminhos na ciência (EGGHE, 2005) e, consequentemente, da sociedade.

Para a realização de uma cienciométrica é indispensável a estruturação dos métodos, das áreas a serem estudadas e das abordagens a serem realizadas. Para isso, é necessário a utilização de Indicadores Cienciométricos, esses indicadores precisam ser levantados previamente e são os elementos principais que orientarão as quantificações, mensurações e análises a serem realizadas (XU et al., 2021). É a partir desses indicadores que são extraídas as informações que levam aos resultados que podem contribuir em programas de pesquisas, nas políticas de modo geral, ou seja, na ciência (PARRA et al., 2019).

Atualmente essa métrica de mensurar informações tem sido aplicada em diversos campos científicos (ZEB et al., 2021). Na área da genética existem cienciométricas avaliando as informações sobre os polimorfismos genéticos (BARBOSA et al., 2018), analisando o estado dos estudos de associação de genoma (MILLS; RAHAL, 2019), realizando levantamento de pesquisas e parcerias em estudos utilizando marcadores moleculares (DE BEM OLIVEIRA et al., 2019) e avaliando as lacunas em diversidade genética de plantas do cerrado (SOUZA et al., 2016), dentre outros.

Souza, Telles e Diniz-Filho (2016), realizaram uma cienciométrica sobre as tendências da literatura científica relacionadas com genética de populações de plantas do Cerrado, com os resultados os autores identificaram que há poucos estudos com espécies do Cerrado em relação a sua riqueza. Um outro exemplo de trabalho que relaciona cienciométrica com diversidade genética é o de Carvalho et al (2019), que realizaram uma

análise cienciométrica para reunir evidências sobre as recentes tendências no uso de sequências de cpDNA como marcadores na diversidade genética em plantas. Alguns dos resultados sugeriram que a grande maioria das espécies para as quais existem dados de diversidade genética com base em sequências de cpDNA foram publicados principalmente por pesquisadores chineses e com plantas que ocorrem na China e que estão na categoria de não analisadas pela União Internacional para a Conservação da Natureza (IUCN).

Através desses estudos, diversos fatores foram implicados, que auxiliam no entendimento sobre o estado das áreas estudadas (ZAGO & DE MOURA, 2018). A realização de uma análise cienciométrica sobre a diversidade genética de espécies vegetais nativas da Amazônia também pode levar a diversas implicações. Por meio desse levantamento será possível identificar quais as famílias botânicas das espécies já descritas estão sendo mais e menos estudadas, quais são as tendências de publicações, em qual área da Amazônia essas pesquisas estão ocorrendo e quais são as metodologias mais utilizadas, auxiliando os pesquisadores nas suas tomadas de decisões (ZAGO & DE MOURA, 2018).

Portanto, com essa cienciométrica será possível identificar quais são as tendências e lacunas dos estudos de diversidade genética que realmente estão necessitando serem preenchidas para auxiliar de modo mais efetivo na conservação da Amazônia. Mediante o valor essencial que a sua biodiversidade vegetal tem para o planeta (ELLWANGER et al., 2020; NOBRE et al., 2016) e a importância que os estudos de diversidade genética possuem para a conservação das espécies (DEWOODY et al., 2021), a utilização de alternativas que auxiliem no direcionamento para a conservação se faz de suma importância, pois devido às pressões ambientais, para algumas espécies, esses podem ser os seus últimos dias na natureza (PIMM; RAVEN, 2017).

Objetivo Geral

Realizar uma análise cienciométrica sobre diversidade genética intraespecífica de espécies vegetais nativas da Amazônia.

Objetivos Específicos

- Mensurar a frequência da publicação de artigos ao longo dos anos.
- Identificar as principais revistas científicas que abordam a temática diversidade genética de plantas amazônicas.
- Identificar quais as famílias e espécies de plantas amazônicas possuem mais estudos sobre diversidade genética.
- Avaliar quais as metodologias mais utilizadas para acessar a diversidade genética de plantas amazônicas.
- Identificar as áreas geográficas mais acessadas para amostragem populacional nestes estudos.
- Detectar quais são as principais instituições publicando trabalhos sobre diversidade genética de espécies vegetais amazônicas.
- Categorizar as principais finalidades desses estudos.

Literatura Citada

ALISOLTANI, Arghavan; EBRAHIMI, Shekoufeh; AZARIAN, Sahar; HEMATYAR, Mahsa; SHIRAN, Behrouz; JAHANBAZI, Hassan; FALLAHI, Hossein; MOUSAVI-FARD, Sadegh; RAFIEI, Fariba. Parallel consideration of SSRs and differentially expressed genes under abiotic stress for targeted development of functional markers in almond and related *Prunus* species. **Scientia Horticulturae**, [S. l.], v. 198, 2016. DOI: 10.1016/j.scienta.2015.10.020.

BAKER, Timothy R. et al. **Maximising Synergy among Tropical Plant Systematists, Ecologists, and Evolutionary Biologists** *Trends in Ecology and Evolution*, 2017. DOI: 10.1016/j.tree.2017.01.007.

BAKER, William J.; DRANSFIELD, John. **Beyond Genera Palmarum: progress and prospects in palm systematics** *Botanical Journal of the Linnean Society*, 2016. DOI: 10.1111/boj.12401.

BALDONI, Aisy Botega et al. Genetic diversity of Brazil nut tree (*Bertholletia excelsa* Bonpl.) in southern Brazilian Amazon. **Forest Ecology and Management**, [S. l.], v. 458, 2020. DOI: 10.1016/j.foreco.2019.117795.

BARBOSA, A. M.; DE SILVA, K. S. F.; LAGARES, M. H.; RODRIGUES, D. A.; MARTINS, J. V. M.; DA COSTA, I. R.; MOURA, K. K. V. O. Scientometric analysis: Five years of genetic polymorphisms. **Genetics and Molecular Research**, [S. l.], v. 17, n. 2, 2018. DOI: 10.4238/gmr16039913.

BARLOW, Jos et al. Anthropogenic disturbance in tropical forests can double biodiversity loss from deforestation. **Nature**, [S. l.], v. 535, n. 7610, 2016. DOI: 10.1038/nature18326.

BHANU, A. Nishant. Assessment of Genetic Diversity in Crop Plants - An Overview. **Advances in Plants & Agriculture Research**, [S. l.], v. 7, n. 3, 2017. DOI: 10.15406/apar.2017.07.00255.

BULTE, Erwin; VAN KOOTEN, G. C. Economic science, endangered species, and biodiversity loss. **Conservation Biology**, [S. l.], v. 14, n. 1, 2000. DOI: 10.1046/j.1523-1739.2000.98390.x.

CARDOSO, Domingos et al. Amazon plant diversity revealed by a taxonomically verified species list. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, [S. l.], v. 114, n. 40, 2017. DOI: 10.1073/pnas.1706756114.

CARROLL, Scott P.; JØRGENSEN, Peter Søggaard; KINNISON, Michael T.; BERGSTROM, Carl T.; DENISON, R. Ford; GLUCKMAN, Peter; SMITH, Thomas B.; STRAUSS, Sharon Y.; TABASHNIK, Bruce E. **Applying evolutionary biology to address global challenges** *Science*, 2014. DOI: 10.1126/science.1245993.

CARVALHO, Yasmin G. S.; VITORINO, Luciana C.; DE SOUZA, Ueric J. B.; BESSA, Layara A. Recent trends in research on the genetic diversity of plants: Implications for conservation. **Diversity**, [S. l.], v. 11, n. 4, 2019. DOI: 10.3390/d11040062.

CEBALLOS, Gerardo; EHRLICH, Paul R.; DIRZO, Rodolfo. Biological annihilation via the ongoing sixth mass extinction signaled by vertebrate population losses and declines. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, [S. l.], v. 114, n. 30, 2017. DOI: 10.1073/pnas.1704949114.

CHESNOKOV, Yu V.; KOSOLAPOV, V. M.; SAVCHENKO, I. V. Morphological Genetic Markers in Plants. **Russian Journal of Genetics**, [S. l.], v. 56, n. 12, 2020. DOI: 10.1134/S1022795420120042.

DARDENGO, Juliana De Freitas Encinas; ROSSI, Ana Aparecida Bandini; SILVA, Bruna Mezzalira Da; SILVA, Ivone Vieira Da; SILVA, Carolina Joana Da; SEBBENN, Alexandre Magno. Diversity and spatial genetic structure of a natural population of *Theobroma speciosum* (Malvaceae) in the Brazilian Amazon. **Revista de Biología Tropical**, [S. l.], v. 64, n. 3, 2016. DOI: 10.15517/rbt.v64i3.21461.

DE BEM OLIVEIRA, Ivone; NUNES, Rhewter; MATTIELLO, Lucia; BARROS-RIBEIRO, Stela; DE SOUZA, Isabela Pavanelli; COELHO, Alexandre Siqueira Guedes; COLLEVATTI, Rosane Garcia. Research and partnership in studies of sugarcane using molecular markers: a scientometric approach. **Scientometrics**, [S. l.], v. 119, n. 1, 2019. DOI: 10.1007/s11192-019-03047-6.

DEGEN, Bernd; GREGORIUS, H. R.; SCHOLZ, F. ECO-GENE , a Model for Simulation Studies on the Spatial and. **Silvae Genetica**, [S. l.], v. 45, n. 5–6, 1996.
DEL POZO, Diego Gutiérrez; MARTÍN-GÓMEZ, José Javier; TOCINO, Ángel; CERVANTES, Emilio. **Seed geometry in the arecaceae Horticulturae**, 2020. DOI: 10.3390/horticulturae6040064.

DEWOODY, J. Andrew; HARDER, Avril M.; MATHUR, Samarth; WILLOUGHBY, Janna R. **The long-standing significance of genetic diversity in conservation Molecular Ecology**, 2021. DOI: 10.1111/mec.16051.

DUTECH, C.; JOLY, H. I.; JARNE, P. Gene flow, historical population dynamics and genetic diversity within French Guianan populations of a rainforest tree species, *Vouacapoua americana*. **Heredity**, [S. l.], v. 92, n. 2, 2004. DOI: 10.1038/sj.hdy.6800384.
DUTECH, Cyril; MAGGIA, Laurent; TARDY, Christophe; JOLY, Hélène I.; JARNE, Philippe. Tracking a genetic signal of extinction-recolonization events in a neotropical tree species: *Vouacapoua americana* Aublet in French Guiana. **Evolution**, [S. l.], v. 57, n. 12, 2003. DOI: 10.1111/j.0014-3820.2003.tb01517.x.

EAGLES, H. A.; BARIANA, H. S.; OGBONNAYA, F. C.; REBETZKE, G. J.; HOLLAMBY, G. J.; HENRY, R. J.; HENSCHKE, P. H.; CARTER, M. Implementation of markers in Australian wheat breeding. **Australian Journal of Agricultural Research**, [S. l.], v. 52, n. 11–12, 2001. DOI: 10.1071/ar01067.

EGGHE, L. **Expansion of the field of informetrics: Origins and consequences Information Processing and Management**, 2005. DOI: 10.1016/j.ipm.2005.03.011.

ELLEGREN, Hans; GALTIER, Nicolas. **Determinants of genetic diversity Nature**

Reviews Genetics, 2016. DOI: 10.1038/nrg.2016.58.

ELLWANGER, Joel Henrique et al. Beyond diversity loss and climate change: Impacts of Amazon deforestation on infectious diseases and public health. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, [*S. l.*], v. 92, n. 1, 2020. DOI: 10.1590/0001-3765202020191375.

ESCUADERO, M.; VARGAS, P.; ARENS, P.; OUBORG, N. J.; LUCEÑO, M. The east-west-north colonization history of the Mediterranean and Europe by the coastal plant *Carex extensa* (Cyperaceae). **Molecular Ecology**, [*S. l.*], v. 19, n. 2, 2010. DOI: 10.1111/j.1365-294X.2009.04449.x.

FORTUNATO, Santo et al. **Science of science**Science, 2018. DOI: 10.1126/science.aao0185.

GREIG-SMITH, P.; CORNER, E. J. H. The Natural History of Palms. **The Journal of Ecology**, [*S. l.*], v. 56, n. 1, 1968. DOI: 10.2307/2258081.

GROVER, Atul; SHARMA, P. C. **Development and use of molecular markers: Past and present**Critical Reviews in Biotechnology, 2016. DOI: 10.3109/07388551.2014.959891.

GUPTA, P. K.; VARSHNEY, R. K. The development and use of microsatellite markers for genetic analysis and plant breeding with emphasis on bread wheat. **Euphytica**, [*S. l.*], v. 113, n. 3, 2000. DOI: 10.1023/A:1003910819967.

HANSEN, M. C. et al. High-resolution global maps of 21st-century forest cover change. **Science**, [*S. l.*], v. 342, n. 6160, 2013. DOI: 10.1126/science.1244693.

HOBAN, Sean et al. An analysis of genetic diversity actions, indicators and targets in 114 National Reports to the Convention on Biological Diversity. **bioRxiv**, [*S. l.*], 2020.

HOBAN, Sean et al. Genetic diversity is considered important but interpreted narrowly in country reports to the Convention on Biological Diversity: Current actions and indicators are insufficient. **Biological Conservation**, [*S. l.*], v. 261, 2021. DOI: 10.1016/j.biocon.2021.109233.

HOKANSON, S. C.; SZEWC-MCFADDEN, A. K.; LAMBOY, W. F.; MCFERSON, J. R. Microsatellite (SSR) markers reveal genetic identities, genetic diversity and relationships in a *Malus x domestica* borkh. core subset collection. **Theoretical and Applied Genetics**, [*S. l.*], v. 97, n. 5–6, 1998. DOI: 10.1007/s001220050943.

HOPKINS, Michael J. G. Modelling the known and unknown plant biodiversity of the Amazon Basin. *In: JOURNAL OF BIOGEOGRAPHY 2007*, **Anais [...]**. [s.l.: s.n.] DOI: 10.1111/j.1365-2699.2007.01737.x.

HOUSTON, Ross D. et al. **Harnessing genomics to fast-track genetic improvement in aquaculture**Nature Reviews Genetics, 2020. DOI: 10.1038/s41576-020-0227-y.

HUBBELL, Stephen P.; HE, Fangliang; CONDIT, Richard; BORDA-DE-ÁGUA, Luís; KELLNER, James; TER STEEGE, Hans. How many tree species are there in the Amazon

and how many of them will go extinct? **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, [S. l.], v. 105, n. SUPPL. 1, 2008. DOI: 10.1073/pnas.0801915105.

HUGHES, A. Randall; INOUYE, Brian D.; JOHNSON, Marc T. J.; UNDERWOOD, Nora; VELLEND, Mark. **Ecological consequences of genetic diversity***Ecology Letters*, 2008. DOI: 10.1111/j.1461-0248.2008.01179.x.

KALIA, Rajwant K.; RAI, Manoj K.; KALIA, Sanjay; SINGH, Rohtas; DHAWAN, A. K. **Microsatellite markers: An overview of the recent progress in plants***Euphytica*, 2011. DOI: 10.1007/s10681-010-0286-9.

KERSEY, Paul Julian. **Plant genome sequences: past, present, future***Current Opinion in Plant Biology*, 2019. DOI: 10.1016/j.pbi.2018.11.001.

LERIDON, Henri. World population outlook: Explosion or implosion? **Population & Societies**, [S. l.], v. 573, n. 1, 2020.

LITT, M.; LUTY, J. A. A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. **American Journal of Human Genetics**, [S. l.], v. 44, n. 3, 1989.

MANCUSO, Aline Castello Branco; CASTRO, Stela Maria de Jesus; GUIMARÃES, Luciano Santos Pinto; LEOTTI, Vanessa Bielefeldt; HIRAKATA, Vânia Naomi; CAMEY, Suzi Alves. Estatística descritiva: perguntas que você sempre quis fazer, mas nunca teve coragem. **Clinical & Biomedical Research**, [S. l.], v. 38, n. 4, 2018. DOI: 10.4322/2357-9730.89242.

MARENGO, Jose A.; SOUZA, Carlos M.; THONICKE, Kirsten; BURTON, Chantelle; HALLADAY, Kate; BETTS, Richard A.; ALVES, Lincoln M.; SOARES, Wagner R. **Changes in Climate and Land Use Over the Amazon Region: Current and Future Variability and Trends***Frontiers in Earth Science*, 2018. DOI: 10.3389/feart.2018.00228.

MCCALLUM, Emily J.; ANJANAPPA, Ravi B.; GRUISSEM, Wilhelm. **Tackling agriculturally relevant diseases in the staple crop cassava (Manihot esculenta)***Current Opinion in Plant Biology*, 2017. DOI: 10.1016/j.pbi.2017.04.008.

MCMANUS, Concepta; BAETA NEVES, Abilio Afonso; MARANHÃO, Andrea Queiroz; SOUZA FILHO, Antonio Gomes; SANTANA, Jaime Martins. International collaboration in Brazilian science: financing and impact. **Scientometrics**, [S. l.], v. 125, n. 3, 2020. DOI: 10.1007/s11192-020-03728-7.

MILLS, Melinda C.; RAHAL, Charles. **A scientometric review of genome-wide association studies***Communications Biology*, 2019. DOI: 10.1038/s42003-018-0261-x. MINGERS, John; LEYDESDORFF, Loet. **A review of theory and practice in scientometrics***European Journal of Operational Research*, 2015. DOI: 10.1016/j.ejor.2015.04.002.

MONDINI, Linda; NOORANI, Arshiya; PAGNOTTA, Mario A. **Assessing plant**

genetic diversity by molecular toolsDiversity, 2009. DOI: 10.3390/d1010019.

MONTÚFAR, Rommel. **Palmas Ecuatorianas: Biología y Uso Sostenible**. [s.l.: s.n.].
N'GORAN, J. A. K.; LAURENT, V.; RISTERUCCI, A. M.; LANAUD, C. Comparative genetic diversity studies of *Theobroma cacao* L. Using RFLP and RAPD markers. **Heredity**, [S. l.], v. 73, n. 6, 1994. DOI: 10.1038/hdy.1994.166.

NOBRE, Carlos A.; SAMPAIO, Gilvan; BORMA, Laura S.; CASTILLA-RUBIO, Juan Carlos; SILVA, José S.; CARDOSO, Manoel. Land-use and climate change risks in the amazon and the need of a novel sustainable development paradigm. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, [S. l.], v. 113, n. 39, 2016. DOI: 10.1073/pnas.1605516113.

PIMM, Stuart L.; RAVEN, Peter H. **The Fate of the World's Plants**Trends in Ecology and Evolution, 2017. DOI: 10.1016/j.tree.2017.02.014.

QIU, Junping; ZHAO, Rongying; YANG, Siluo; DONG, Ke. **Informetrics: Theory, methods and applications**. [s.l.: s.n.]. DOI: 10.1007/978-981-10-4032-0.

R CORE TEAM. **R: A language and environment for statistical computing**.R Foundation for Statistical Computing, 2019.

RAFFARD, Allan; SANTOUL, Frédéric; CUCHEROUSSET, Julien; BLANCHET, Simon. The community and ecosystem consequences of intraspecific diversity: a meta-analysis. **Biological Reviews**, [S. l.], v. 94, n. 2, 2019. DOI: 10.1111/brv.12472.

RAJAB, Yasmin Abou; LEUSCHNER, Christoph; BARUS, Henry; TJOA, Aiyen; HERTEL, Dietrich. Cacao cultivation under diverse shade tree cover allows high carbon storage and sequestration without yield losses. **PLoS ONE**, [S. l.], v. 11, n. 2, 2016. DOI: 10.1371/journal.pone.0149949.

RAMOS, Santiago Linorio Ferreyra; DEQUIGIOVANNI, Gabriel; SEBBENN, Alexandre Magno; LOPES, Maria Teresa Gomes; KAGEYAMA, Paulo Yoshio; DE MACÊDO, Jeferson Luis Vasconcelos; KIRST, Matias; VEASEY, Elizabeth Ann. Spatial genetic structure, genetic diversity and pollen dispersal in a harvested population of *Astrocaryum aculeatum* in the Brazilian Amazon. **BMC Genetics**, [S. l.], v. 17, n. 1, 2016. DOI: 10.1186/s12863-016-0371-8.

ROCHA, Selma Silva; LONDE, Luciana Cardoso Nogueira; PIMENTA, Samy; CARDOSO, Maurício Mendes; GONÇALVES, Nívio Poubel; GOMES, Wellington Silva; CALAES, Jéssica Guerra. Congruence between morphological and molecular markers for genetic diversity analysis applied to forage palm genotypes propagated via bioreactors. **Industrial Crops and Products**, [S. l.], v. 147, 2020. DOI: 10.1016/j.indcrop.2020.112230.

SAKAMOTO, Wataru; TAKAMI, Tsuneaki. **Chloroplast DNA dynamics: Copy number, quality control and degradation**Plant and Cell Physiology, 2018. DOI: 10.1093/pcp/pcy084.

SEBBENN, Alexandre M. et al. Modelling the long-term impacts of selective logging on

genetic diversity and demographic structure of four tropical tree species in the Amazon forest. **Forest Ecology and Management**, [S. l.], v. 254, n. 2, 2008. DOI: 10.1016/j.foreco.2007.08.009.

SENTHILVEL, S.; SHAIK, Mobeen; ANJANI, K.; SHAW, Ranjan K.; KUMARI, Poornima; SARADA, C.; KIRAN, B. Usha. Genetic variability and population structure in a collection of inbred lines derived from a core germplasm of castor. **Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology**, [S. l.], v. 26, n. 1, 2017. DOI: 10.1007/s13562-016-0356-8.

SERENO, Maria L.; ALBUQUERQUE, Paulo S. B.; VENCOSKY, Roland; FIGUEIRA, Antonio. Genetic diversity and natural population structure of cacao (*Theobroma cacao* L.) from the Brazilian Amazon evaluated by microsatellite markers. **Conservation Genetics**, [S. l.], v. 7, n. 1, 2006. DOI: 10.1007/s10592-005-7568-0.

SOLAR, Ricardo Ribeiro de Castro; BARLOW, Jos; ANDERSEN, Alan N.; SCHOEREDER, José H.; BERENQUER, Erika; FERREIRA, Joice N.; GARDNER, Toby Alan. Biodiversity consequences of land-use change and forest disturbance in the Amazon: A multi-scale assessment using ant communities. **Biological Conservation**, [S. l.], v. 197, 2016. DOI: 10.1016/j.biocon.2016.03.005.

SOUZA, Felipe F. C. et al. Influence of seasonality on the aerosol microbiome of the Amazon rainforest. **Science of the Total Environment**, [S. l.], v. 760, 2021. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2020.144092.

SOUZA, U. J. B. TELLES, M. P. C. DINIZ-FILHO, J. A. F. Trends in the scientific literature on population genetics of plants from Cerrado. *Hoehnea*, **2016**, 43, 461-477.

STEEGE, Hans Ter et al. Estimating the global conservation status of more than 15,000 Amazonian tree species. **Science Advances**, [S. l.], v. 1, n. 10, 2015. DOI: 10.1126/sciadv.1500936.

TER STEEGE, Hans et al. Hyperdominance in the Amazonian tree flora. **Science**, [S. l.], v. 342, n. 6156, 2013. DOI: 10.1126/science.1243092.

TESKE, Doreen; PETERS, Alina; MÖLLERS, Alexander; FISCHER, Markus. **Genomic Profiling: The Strengths and Limitations of Chloroplast Genome-Based Plant Variety Authentication** *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2020. DOI: 10.1021/acs.jafc.0c03001.

TONDOH, Jérôme Ebagnerin; KOUAMÉ, François N. guessa.; MARTINEZ GUÉI, Arnauth; SEY, Blandine; WOWO KONÉ, Armand; GNESSOUGOU, Noël. Ecological changes induced by full-sun cocoa farming in Côte d'Ivoire. **Global Ecology and Conservation**, [S. l.], v. 3, 2015. DOI: 10.1016/j.gecco.2015.02.007.

VAAST, Philippe; SOMARRIBA, Eduardo. **Trade-offs between crop intensification and ecosystem services: the role of agroforestry in cocoa cultivation** *Agroforestry Systems*, 2014. DOI: 10.1007/s10457-014-9762-x.

VÁSQUEZ, Zulma S.; DE CARVALHO NETO, Dão P.; PEREIRA, Gilberto V. M.;

VANDENBERGHE, Luciana P. S.; DE OLIVEIRA, Priscilla Z.; TIBURCIO, Patrick B.; ROGEZ, Hervé L. G.; GÓES NETO, Aristóteles; SOCCOL, Carlos R. **Biotechnological approaches for cocoa waste management: A review** *Waste Management*, 2019. DOI: 10.1016/j.wasman.2019.04.030.

WEBER, J. L.; MAY, P. E. Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase chain reaction. **American Journal of Human Genetics**, [S. l.], v. 44, n. 3, 1989.

WERNBERG, Thomas; COLEMAN, Melinda A.; BENNETT, Scott; THOMSEN, Mads S.; TUYA, Fernando; KELAHER, Brendan P. Genetic diversity and kelp forest vulnerability to climatic stress. **Scientific Reports**, [S. l.], v. 8, n. 1, 2018. DOI: 10.1038/s41598-018-20009-9.

WINTER, P.; KAHL, G. **Molecular marker technologies for plant improvement** *World Journal of Microbiology & Biotechnology*, 1995. DOI: 10.1007/BF00364619.

WOODELL, S. R. J.; PETERS, R. H. A Critique for Ecology. **The Journal of Ecology**, [S. l.], v. 80, n. 2, 1992. DOI: 10.2307/2261026.

XU, Haiyun; WINNINK, Jos; YUE, Zenghui; ZHANG, Huiling; PANG, Hongshen. Multidimensional Scientometric indicators for the detection of emerging research topics. **Technological Forecasting and Social Change**, [S. l.], v. 163, 2021. DOI: 10.1016/j.techfore.2020.120490.

ZEB, Aurang; LIU, Weitao; WU, Jiani; LIAN, Jiapan; LIAN, Yuhang. **Knowledge domain and emerging trends in nanoparticles and plants interaction research: A scientometric analysis** *NanoImpact*, 2021. DOI: 10.1016/j.impact.2020.100278.

ZHU, Junwen; LIU, Weishu. A tale of two databases: the use of Web of Science and Scopus in academic papers. **Scientometrics**, [S. l.], v. 123, n. 1, 2020. DOI: 10.1007/s11192-020-03387-8.

ZOLET, A. C. T.; TURCHETTO, C.; ZANELLA, C. M.; PASSAIA, G. **Marcadores moleculares na era genômica: metodologias e aplicações**. 2017.

ZAGO, L. de M. S.; DE MOURA, M. E. P. Vinte e dois anos de pesquisa sobre plantas medicinais: uma análise cienciométrica. **Tecnia**, v. 3, n. 1, p. 157-173, 2018.

Este capítulo está formatado nas normas da revista *Diversity*, disponível em:

<https://www.mdpi.com/journal/diversity/instructions#preparation>

Artigo

**LACUNAS E TENDÊNCIAS EM ESTUDOS DE DIVERSIDADE GENÉTICA
DE ESPÉCIES AMAZÔNICAS**

1

2 Article

3 Lacunas E Tendências Em Estudos De Diversidade Genética De 4 Espécies Amazônicas

5 **Maiara Rodrigues¹, Magali Garcia² and Raírys Herrera^{3*}**6 ¹ Universidade Federal do Pará, Programa de pós-graduação em Biodiversidade
7 e Conservação; maiarard.bio@gmail.com8 ² Universidade Federal do Pará; mgarcia.bio@gmail.com9 ³ Universidade Federal do Pará; rairys@ufpa.br

10 * Correspondence: maiarard.bio@gmail.com; +55(93)992053633

11 **Resumo:** A diversidade genética tem uma forte contribuição na conservação das espé-
12 cías vegetais, esses estudos auxiliam na criação de estratégias eficazes, priorizando a
13 manutenção da diversidade. Um levantamento dos trabalhos realizados sobre diversi-
14 dade genética de espécies vegetais da Amazônia, através de uma cienciométrica também
15 pode auxiliar nos processos de conservação das populações nativas, auxiliando os pesqui-
16 sadores nas suas tomadas de decisões. Portanto, foi realizada uma análise cienciométrica
17 sobre diversidade genética intraespecífica de espécies vegetais da Amazônia. Foi reali-
18 zado um levantamento bibliográfico no Portal de Periódicos Capes, nas bases de dados
19 *Web of Science* e *Scopus*. O ano de 2008 apresentou uma maior tendência no número de
20 publicações sobre diversidade genética de espécies amazônicas. Os Marcadores molecu-
21 lares foram os mais utilizados, sendo o microssatélite o mais aplicado. O periódico *Gene-*
22 *tics and Molecular Research* apresentou o maior número de publicações encontradas. A fa-
23 mília estudada em um maior número de artigos foi a Malvaceae e a que teve o maior nú-
24 mero de espécies estudadas foi a Arecaceae. O *Theobroma cacao* foi a espécie mais estudada,
25 seguido de *Manihot esculenta*. O *T. cacao* foi a espécie estudada que teve uma maior quan-
26 tidade de diferentes populações coletadas pelo mundo. Os estudos que tinham por finali-
27 dade geral fornecer subsídios para a conservação da espécie estudada, foram os mais en-
28 contrados entre os artigos.

29

30 **Palavras-chave:** Amazônia; cienciométrica; diversidade genética.

31

32 1. Introdução

33 A floresta Amazônica é a maior floresta tropical megadiversa do mundo [1,2]. Apesar
34 de toda a sua biodiversidade [1], a região amazônica se encontra em risco [3], pois muitas
35 das suas espécies vegetais estão correndo o perigo de serem extintas devido a diversas
36 atividades antrópicas que resultam na degradação do ambiente [4,5], incluindo espécies
37 que nem mesmo foram descritas e catalogadas, pois o bioma amazônico é pouco conhe-
38 cido floristicamente [6,7].

39 Conhecer a magnitude e a distribuição da biodiversidade é essencial para a conser-
40 vação e, neste contexto, os estudos sobre a diversidade genética são fundamentais [8], pois
41 a diversidade genética é um dos três principais pilares da biodiversidade [9]. Os estudos
42 de diversidade genética tornaram uma prática recorrente após o início da manipulação do
43 DNA em laboratório, com isso, a partir de 1980, os marcadores moleculares passaram a
44 ser utilizados nas análises de DNA das mais diversas espécies [10]. O avanço no campo
45 da biologia molecular facilitou o desenvolvimento de uma série de marcadores [11] que
46 têm auxiliado em diversos estudos genéticos com populações vegetais nativas da Amazô-
47 nia, como *Theobroma speciosum* Willd. [12], *Bertholletia excelsa* Bonpl. [13], *Astrocaryum acu-*
48 *leatum* [14] e *Vouacapoua americana* Abul. [15,16].

49 A consideração da diversidade genética na conservação da biodiversidade não é mais
50 uma novidade, sendo fortemente justificada teoricamente e apoiada por anos de pesquisas
51 [9,17]. Relacionar essa área da ciência com uma cienciometria, através de um levanta-
52 mento dos trabalhos realizados sobre a diversidade genética de espécies vegetais nativas
53 da Amazônia pode auxiliar nos processos de conservação das populações de plantas.

54 Devido a cienciometria ser um ramo da ciência que usa de métodos matemáticos para
55 quantificar e revelar o processo de desenvolvimento da pesquisa científica [18], e apre-
56 senta vasta aplicação em diferentes áreas do conhecimento. Podendo fornecer fundamen-
57 tos para a tomada de decisões por pesquisadores [19] e, assim, orientando os caminhos na
58 ciência [20].

59 Carvalho et al. (2019) realizaram uma análise cienciométrica para reunir evidências
60 sobre as recentes tendências no uso de sequências de cpDNA como marcadores na diver-
61 sidade genética em plantas. Os resultados sugeriram que a grande maioria das espécies
62 para as quais existem dados de diversidade genética com base em sequências de cpDNA
63 foram publicados principalmente por pesquisadores chineses e com plantas que ocorrem
64 na China e que estão na categoria de não analisadas pela União Internacional para a Con-
65 servação da Natureza (IUCN). Através desse estudo diversos fatores foram implicados,
66 que auxiliam no entendimento sobre o estado da área estudada.

67 A realização de uma análise cienciométrica sobre a diversidade genética de espécies
68 vegetais nativas da Amazônia também pode levar a diversas implicações, tornando pos-
69 sível identificar quais são as tendências e lacunas dos estudos de diversidade genética que
70 realmente estão necessitando serem preenchidas para auxiliar de modo mais efetivo na
71 conservação da Amazônia. Mediante o valor essencial que a sua biodiversidade vegetal
72 tem para o planeta [2,21] e a importância que os estudos de diversidade genética possuem
73 para a conservação das espécies [9], a utilização de alternativas que auxiliem no direcio-
74 namento para a conservação se faz de suma importância, pois devido as pressões ambi-
75 entais, para algumas espécies, esses podem ser os seus últimos dias na natureza [4].

76 Diante dessas considerações, realizamos uma análise cienciométrica sobre diversi-
77 dade genética intraespecífica de espécies vegetais da Amazônia, mensuramos a frequência
78 de artigos publicados ao longo dos anos, identificamos as principais revistas científicas
79 que abordam a temática diversidade genética de plantas amazônicas, identificamos quais
80 as famílias e espécies de plantas amazônicas possuem mais estudos sobre diversidade ge-
81 nética, identificamos quais as instituições mais publicam sobre a temática. Avaliamos
82 quais as metodologias mais utilizadas para acessar a diversidade genética de plantas ama-
83 zônicas, categorizamos as principais finalidades dos estudos e identificamos de quais
84 áreas geográficas as populações são mais amostradas nos estudos.

85 2. Materiais e métodos

86 Para obtenção dos dados foi realizado um levantamento bibliográfico no Portal de
87 Periódicos da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - CAPES
88 do Brasil, utilizando as bases de dados *Web of Science* ([www-webofscience.ez3.periodi-
89 cos.capes.gov.br](http://www-webofscience.ez3.periodicos.capes.gov.br)) e *Scopus* (www-scopus.ez3.periodicos.capes.gov.br), empregando as se-
90 guintes palavras-chave: ["genetic diversity*" AND plants* AND Amazon*]. A pesquisa
91 foi limitada apenas por tópicos em um intervalo de tempo de 1990 a 2020. *Web of Science* e
92 *Scopus* foram as bases de dados utilizadas, devido serem as maiores fontes de dados cien-
93 tíficos e as mais abrangentes do mundo [22].

94 Foram incluídos na pesquisa apenas artigos que utilizaram espécies nativas da Ama-
95 zônia para análise de diversidade genética intraespecífica e/ou buscou estratégias meto-
96 dológicas para a melhor realização dessa análise. Artigos descritivos, de revisão, artigos
97 em que o organismo estudado não era planta (animais, microrganismos, algas), que estu-
98 daram espécies não nativas da Amazônia e que retratavam apenas análises genéticas in-
99 terespecífica foram excluídos.

100 Em cada um dos artigos selecionados, foram compiladas as seguintes informações:
101 (i) ano de publicação, (ii) periódico, (iii) área de amostragem da população estudada, (iv)
102

103 espécie estudada, (v) família botânica estudada, (vi) metodologia utilizada, (vii) marcador
104 molecular utilizado, (viii) tipo de DNA acessado, (ix) finalidade do estudo e (x) Instituição
105 de filiação do primeiro autor. Os trabalhos encontrados tiveram uma ampla variedade de
106 finalidades, essas finalidades foram contabilizadas e categorizadas: Fornecimento de sub-
107 sídios para a conservação, fornecimento de subsídios para o melhoramento, compreensão
108 da história evolutiva, produção de estratégias metodológicas, caracterização de banco de
109 germoplasma e outras.

110 Foram considerados com finalidade de fornecer subsídios para a conservação arti-
111 gos que realizaram o estudo na busca de estratégias de conservação para o melhor manejo
112 da espécie, artigos que buscaram compreender o impacto na diversidade genética de ati-
113 vidades que degradam o ambiente, na busca do desenvolvimento de estratégias de con-
114 servação e outros. Os categorizados com a finalidade de melhoramento, foram os artigos
115 na qual o estudo foi realizado para servir de subsídios em programa de melhoramento,
116 artigos que integraram informações agrônômicas e moleculares para auxiliar na busca por
117 variedades mais promissoras e outros.

118 Os classificados com a finalidade de compreensão da história evolutiva foram os tra-
119 balhos que buscaram entender a origem, distribuição, taxonomia da espécie e etc... Os
120 classificados com a finalidade de estratégias metodológicas foram artigos que fizeram a
121 produção de marcadores, quiseram testar os resultados das análises com diferentes tipos
122 de marcadores moleculares e etc... Os classificados com a finalidade de caracterização de
123 banco de germoplasma foram artigos que realizaram análises na busca de eliminar dupli-
124 catas e erros contidos nos bancos de germoplasmas. Artigos com outras finalidades foram
125 classificados em "outras", esses artigos tratavam de testes da confiabilidade de etnoclas-
126 sificações, de testes dos efeitos de fatores ambientais naturais, de diferentes tipos de solos
127 na diversidade genética e para melhor entender a amplitude da toxicidade de uma espé-
128 cie, para evitar intoxicações.

129 Os dados compilados foram analisados através da estatística descritiva [23], utili-
130 zando a distribuição de frequência para agrupar os dados. A análise de conteúdo foi uti-
131 lizada sempre que necessário descrever informações relacionadas a temática. Para avaliar
132 a tendência no número de publicações ao longo dos anos, o número de artigos obtidos em
133 cada ano foi dividido pelo número total de artigos encontrados na base de dados do Tho-
134 mson-ISI e esse valor foi multiplicado por 10^6 [24], removendo assim o efeito da tendência
135 geral de aumento no número de publicações científicas [25]. Foi realizada uma Correlação
136 de *Spearman* para avaliar se houve aumento no número de artigos ao longo dos anos, uti-
137 lizando o programa estatístico R [26].

138 3. Resultados

139 A busca na base de dados *Web of Science* resultou em 418 artigos e na *Scopus* o resul-
140 tado foi de 72 artigos. Somando 490 publicações encontradas no total, destes, 58 se repeti-
141 ram, sendo contabilizados duas vezes (duplicatas), uma das cópias foi excluídas, totali-
142 zando 432 publicações (Figura 1). Dos 432 artigos, apenas 249 (57,63%) se enquadravam
143 nos critérios de inclusão previamente estabelecidos, 183 (42,36%) foram excluídos (Figura
144 1).
145

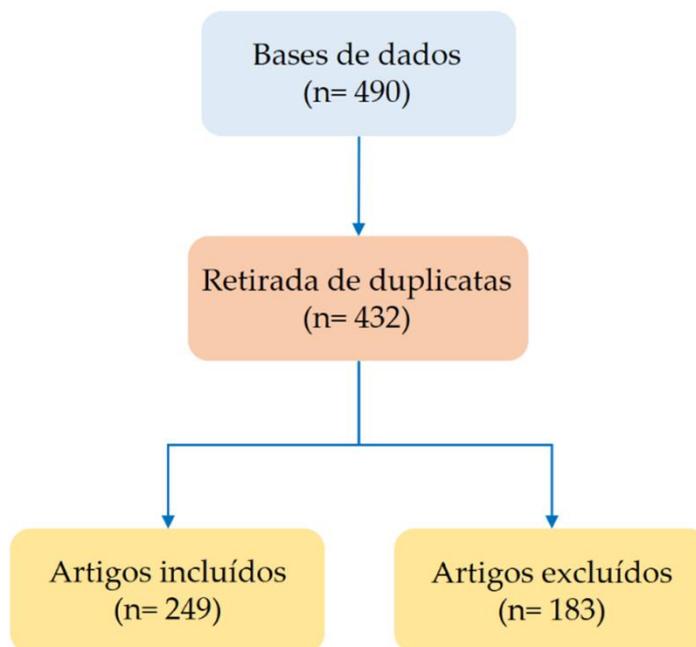


Figura 1. Diagrama contendo os resultados das pesquisas nas bases de dados *Web of Science* e *Scopus* e os valores dos artigos excluídos e incluídos na análise cienciométrica sobre os estudos de diversidade genética com espécies nativas da Amazônia.

Os artigos excluídos foram categorizados: 38 artigos (20,76%) a espécie utilizada não era nativa da Amazônia, 8 artigos (4,37%) não foram possíveis de acesso, 9 artigos (4,91%) tratavam exclusivamente de análises interespecíficas, 37 artigos (20,21%) não tratavam de diversidade genética, em 73 artigos (39,89%) a análise de diversidade genética foi realizada com organismos que não eram plantas, 8 artigos (4,37%) eram de revisão e 8 artigos (4,37%) tratavam de outros assuntos distintos.

Dentre os artigos excluídos, os trabalhos que realizaram análises de diversidade genética com organismos que não eram plantas, foram os mais encontrados (73 ou 39,89%). Destes, mais da metade dos artigos (48 ou 65,75%) tratavam da diversidade genética de microrganismos (bactérias, fungos e vírus) associados a plantas (diazotróficos ou fitopatógenos). Os restantes tratavam de análises com animais, protozoários, bactérias, vírus e fungos sem associação com plantas.

Os artigos utilizados no estudo (249 publicações) se enquadraram nos critérios de inclusão, ou seja, utilizaram espécies nativas da Amazônia para análise de diversidade genética intraespecífica e/ou buscou estratégias metodológicas para a melhor realização dessa análise. Portanto, as análises a seguir, seguiram apenas com os artigos inclusos no estudo.

A análise da diversidade genética pode ser realizada por meio de marcadores morfológicos, bioquímicos, moleculares [27] e através de modelos matemáticos que simulam estruturas genéticas [28]. Os Marcadores moleculares foram os mais frequentemente utilizados para acessar a diversidade genética, sendo empregados em 222 publicações (89,15%), seguido dos marcadores morfológicos em 22 publicações (8,83%), os marcadores bioquímicos em 8 publicações (3,61%) e os modelos de simulações, encontrados em apenas duas publicações (0,80%) (Figura 2). Adicionalmente, foram encontradas seis publicações onde mais de uma metodologia foi utilizada para acessar a diversidade genética: três artigos usaram marcadores moleculares e bioquímicos e três utilizaram marcadores moleculares e morfológicos.

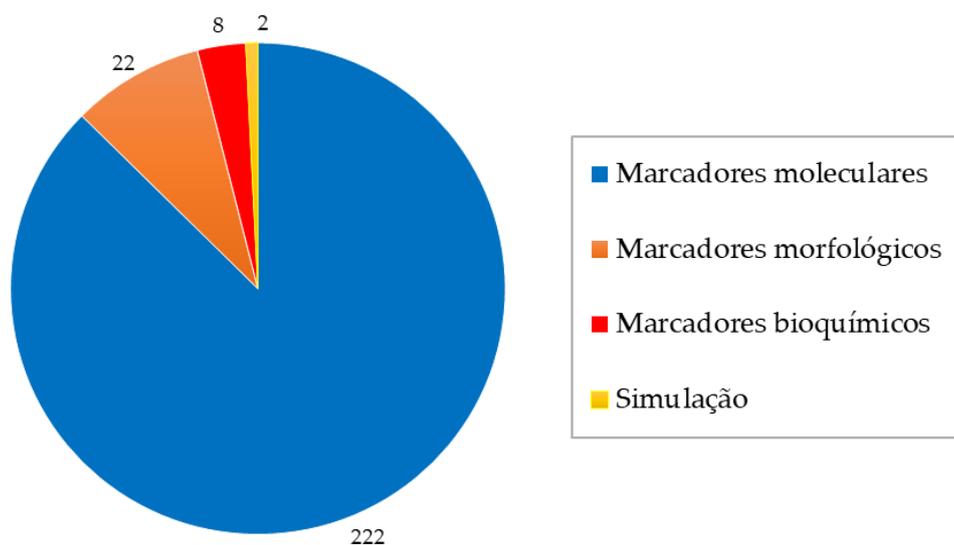
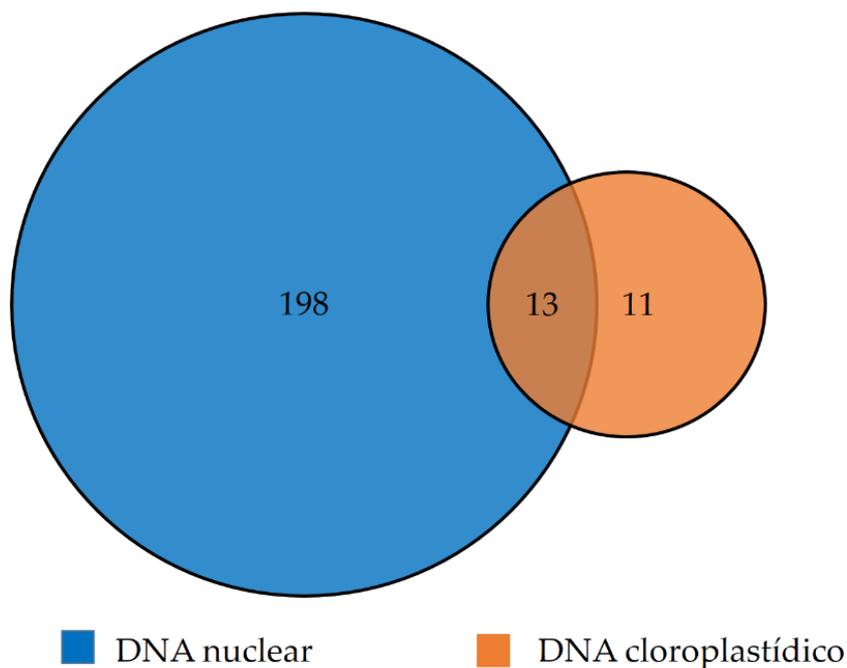


Figura 2. Numero de publicações utilizando as diferentes metodologias para acessar a diversidade genética intraespecífica de espécies nativas da Amazônia.

174
175
176
177
178
179
180
181

Para a realização da análise de diversidade genética é necessário acessar o DNA dos indivíduos, nas células vegetais o material genético pode ser encontrado no núcleo, cloroplasto e mitocôndria [29]. Dentre os trabalhos encontrados, os tipos de DNA acessados foram os nucleares e os cloroplastídicos (Figura 3). O DNA nuclear foi o mais estudado, sendo analisado em 211 publicações (95,04% do total de artigos) e o DNA cloroplastídico foi acessado em 24 publicações (10,81%) (Figura 3). Em 13 publicações foram acessados os dois tipos de DNA (Figura 3).



182
183
184

Figura 3. Número de publicações que utilizaram DNA nuclear e cloroplastídico para acessar a diversidade genética intraespecífica de espécies nativas da Amazônia.

O primeiro trabalho encontrado, com a autoria de Warren (1993) [30], utiliza um marcador bioquímico para avaliar variações isoenzimáticas em *Theobroma cacao* (Figura 4). Os marcadores morfológicos foram utilizados pela primeira vez um pouco mais tarde, em 1997 e os modelos de simulações foram utilizados em apenas duas publicações (2006 e 2015), todas elas utilizando o software Ecogene para construção do modelo de simulado (Figura 4). O primeiro trabalho encontrado utilizando marcador molecular foi o de N'Goran (1994) [31], com a realização da análise da diversidade genética de *Theobroma cacao* L. revelada através de sondas cDNA. Nos anos de 1990, 1991, 1992, 1993, 1995, 1996 e 1997 nenhum artigo foi encontrado (Figura 4). A partir do ano de 2000 (século XXI), em todos os anos foram encontrados trabalhos utilizando marcadores moleculares. Em 2017 os maiores números de publicações foram encontrados, sendo 25 artigos (11,26% do total de artigos), seguido de 2015 com 17 (7,65% do total de artigos) e 2008 com 16 (7,20% do total de artigos) (Figura 4).

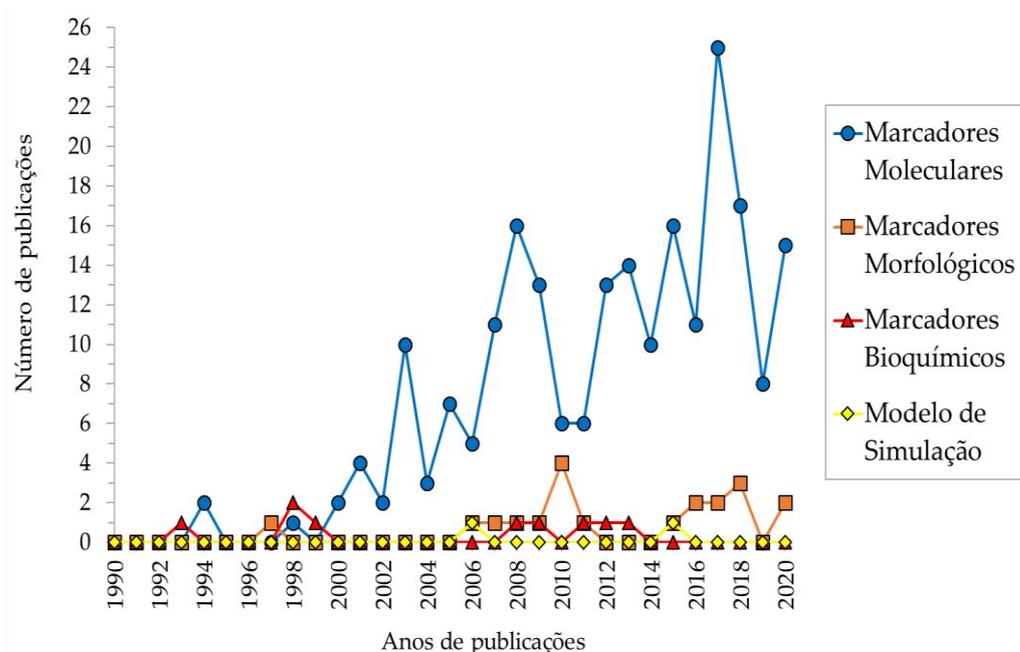


Figura 4. Número de publicações anuais utilizando diferentes metodologias para acessar a diversidade genética intraespecífica de espécies nativas da Amazônia.

As análises a seguir, são referentes apenas aos artigos que usaram marcadores moleculares para acessar a diversidade genética. Portanto, sempre que for descrito a porcentagem dos valores em relação ao número total de artigos, estará sendo referido aos 222 trabalhos realizados com marcadores moleculares.

Após a remoção da tendência geral de aumento no número de artigos, foi observado que a quantidade de trabalhos na área de diversidade genética intraespecífica de espécies vegetais nativas da Amazônia tendeu a aumentar com o passar dos anos (Figura 5). O Coeficiente de Correlação de Spearman mostrou que há uma correlação significativa positiva e moderada entre as variáveis ($\rho = 0,67$, $P < 0,01$). O ano de 2008 apresentou uma maior tendência no número de publicações se comparado ao número total de artigos publicadas no ISI (Figura 5), seguido do ano de 2003.

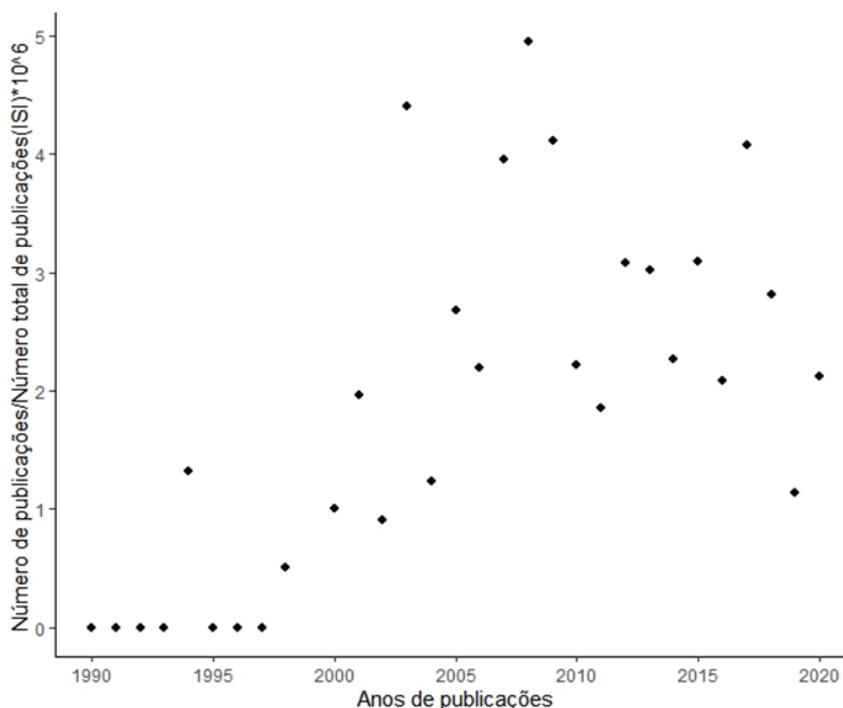


Figura 5. Correlação de *Spearman* avaliando se o número de publicações que realizaram análise de diversidade genética intraespecífica com espécies nativas da Amazônia após a remoção do efeito de tendência geral aumentou ao longo dos anos.

212
213
214
215
216
217
218
219
220

Os artigos encontrados estão distribuídos em 72 periódicos diferentes. Destes, 34 continham apenas 1 artigo. Em 13 periódicos, o número de artigos publicados foi igual ou superior a cinco, totalizando 114 publicações, correspondendo a 51,35% do total de artigos. O periódico *Genetics and Molecular Research* apresentou o maior número de publicações encontradas, com 21 trabalhos (9,45% do total de artigos), seguido das revistas *Genetic Resources and Crop Evolution*, com 13 artigos (5,85% do total de artigos), *Tree Genetics & Genomes*, com 11 (4,95% do total de artigos) e *Plos One* com também 11 publicações (4,95% do total de artigos) (Figura 6).

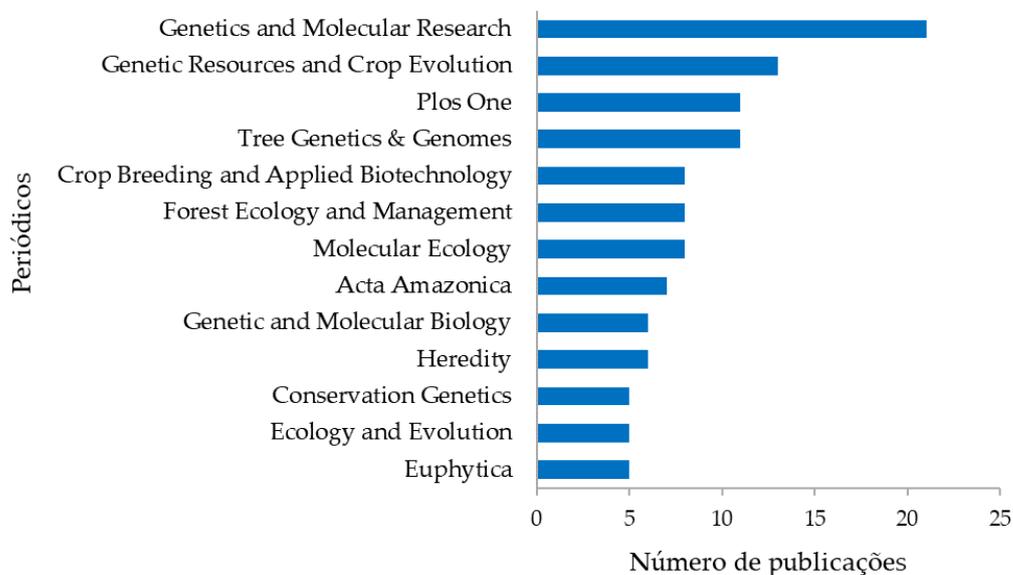


Figura 6. Periódicos que tiveram cinco ou mais publicações de artigos que realizaram análise de diversidade genética intraespecífica com espécies nativas da Amazônia nos anos de 1990 a 2020.

221

Os primeiros autores dos artigos encontrados estavam filiados a 96 instituições de 26 países diferentes. Em sete publicações não foi possível identificar a instituição de filiação do primeiro autor. O Brasil foi o país que apresentou o maior número de instituições diferentes realizando trabalhos de diversidade genética de espécies vegetais nativas da Amazônia, seguido dos Estados Unidos e França. Das 96 instituições, 83 tinham menos de três artigos e em 13 instituições tinham quatro ou mais artigos (Figura 7).

As Instituições que apresentaram quatro ou mais artigos, estão representadas na figura 7, sendo nove Instituições brasileiras, duas francesas, uma theca e uma estaduniense. As 13 instituições que apresentaram um maior número de artigos são de caráter público, incluindo instituições de ensino superior (sendo as mais numerosas), empresas e órgãos públicos que executam políticas relacionadas a agricultura e áreas afins. As instituições brasileiras apresentaram um maior número de artigos relacionadas a elas, se comparado aos demais países (Figura 7). A Universidade de São Paulo foi a instituição que apresentou o maior número de publicações (14 ou 6,30% do total de artigos), seguido do Instituto Nacional de Pesquisas Amazônicas e da Universidade Estado do Mato Grosso, ambos apresentaram 13 publicações (5,85% do total de artigos) (Figura 7).

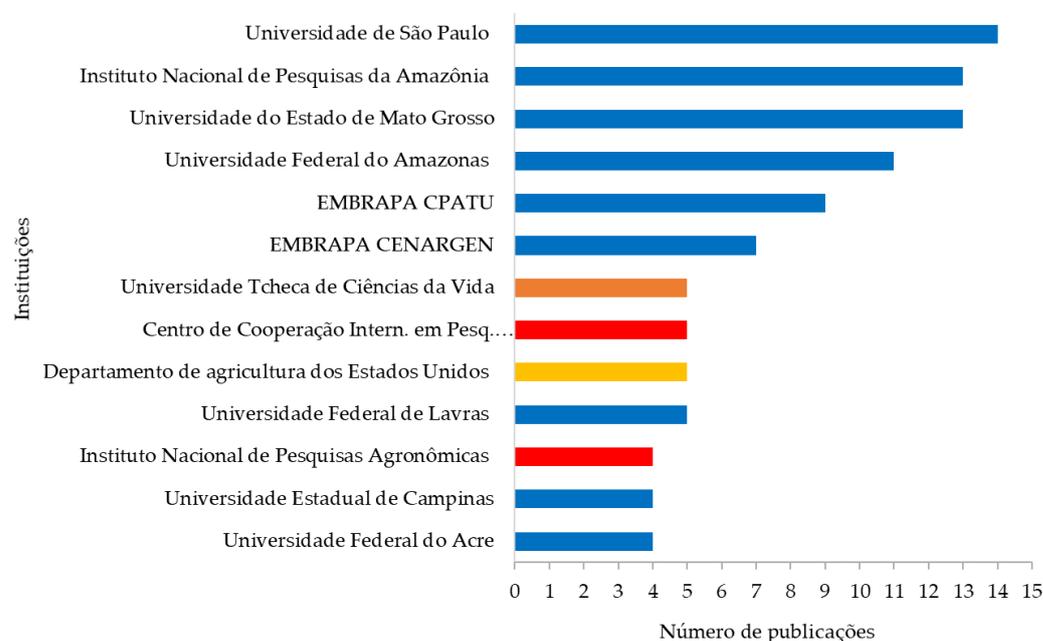


Figura 7. Instituições de filiação dos primeiros autores das publicações sobre diversidade genética de espécies nativas da Amazônia que apresentaram quatro ou mais artigos.

Dentro do número total de artigos, foram encontrados dados para 74 espécies distribuídas em 36 famílias botânicas. A maioria dos trabalhos apresentam dados para apenas uma espécie e uma família, somente 11 desses trabalhos realizaram suas análises com duas ou mais espécies nativas da Amazônia e apenas 6 realizaram suas análises com duas ou mais famílias. A família estudada em um maior número de artigos foi a Malvaceae, em 44 publicações (19,81% do total de artigos), seguido das famílias Euphorbiaceae, em 34 publicações (15,31% do total de artigos), Arecaceae, em 29 publicações (13,06% do total de artigos) e Fabaceae, em 23 publicações (10,36% do total de artigos) (Figura 8). Das 36 famílias, 16 (44,44%) foram estudadas em quatro ou mais trabalhos (Figura 8), e 16 (44,44%) foram estudadas apenas uma única vez. O número de trabalhos encontrados estudando as diferentes famílias, não representam a variedade de espécies analisadas dentro delas. A família que teve o maior número de espécies estudadas foi a Arecaceae, com 16 espécies (21,62%), seguido das famílias Fabaceae, com 11 espécies (14,86%) (Figura 8). Em 16 famílias (44,44%), apenas 1 espécie foi analisada, e somente 9 famílias (25%) tiveram quatro ou mais espécies estudadas (Figura 8).

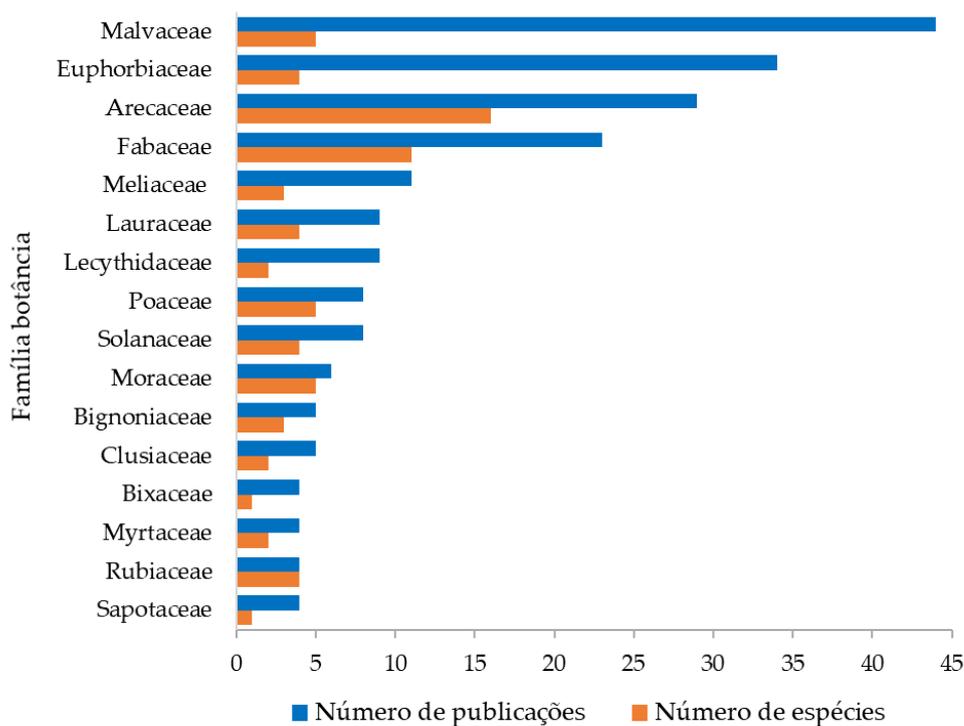
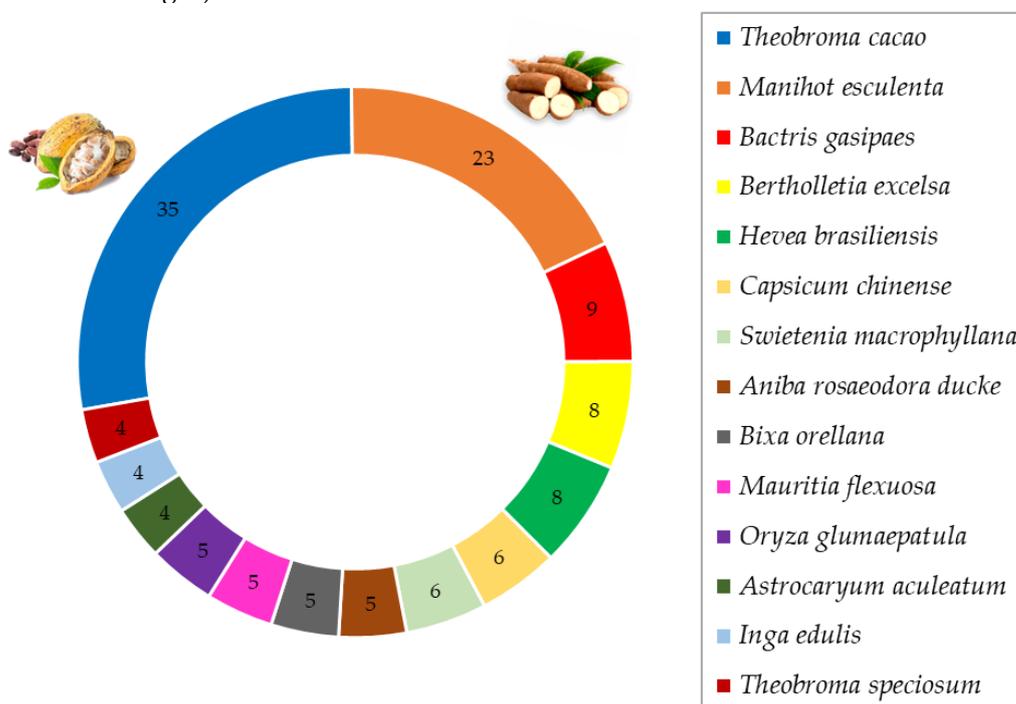


Figura 8. Famílias botânicas que tiveram espécies analisadas em quatro ou mais artigos de diversidade genética intraespecífica com espécies nativas da Amazônia e os respectivos números de publicações e espécies estudadas.

Entre as 74 espécies estudadas, somente 14 (18,91%) foram representadas quatro ou mais vezes nos conjuntos de dados (Figura 9). Enquanto 55 espécies (74,32%) foram estudadas apenas uma única vez. A análise de diversidade genética com *Theobroma cacao* foi realizada em 35 publicações (15,76% do total de artigos) (Figura 9), sendo a espécie mais estudada, seguido de *Manihot esculenta*, na qual foi analisada em 23 publicações (10,36% do total de artigos).



254
255
256
257
258
259
260

Figura 9. Espécies nativas da Amazônia que tiveram a diversidade genética intraespecífica analisada em quatro ou mais artigos e os respectivos números de publicações.

Foi realizado um levantamento de quais áreas geográficas (países) as espécies estudadas em seis artigos ou mais foram coletadas (Figura 10). Vale ressaltar que em 32 artigos as informações das áreas geográficas onde as espécimes foram amostradas eram muito amplas, não sendo possível classificá-las. Em 11 trabalhos foram amostradas populações de mais de uma região e em muitos trabalhos foram utilizados acessos de bancos de germoplasmas. Portanto, os dados levantados sobre as áreas geográficas das populações amostradas não estão em paralelo ao número de publicações encontradas para cada espécie, devido as variáveis citadas anteriormente. Com o levantamento realizado, foi possível notar que o *T. cacao* foi a espécie estudada que teve o maior número de diferentes populações coletadas pelo mundo (29 países), seguido da *S. macrophyllana* (8 países) (Figura 10). A *B. excelsa* e a *C. chinense* foram as espécies amostradas no menor número de países (2 países), sendo que a *C. chinense* foi coletada apenas na América do Sul (Figura 10).

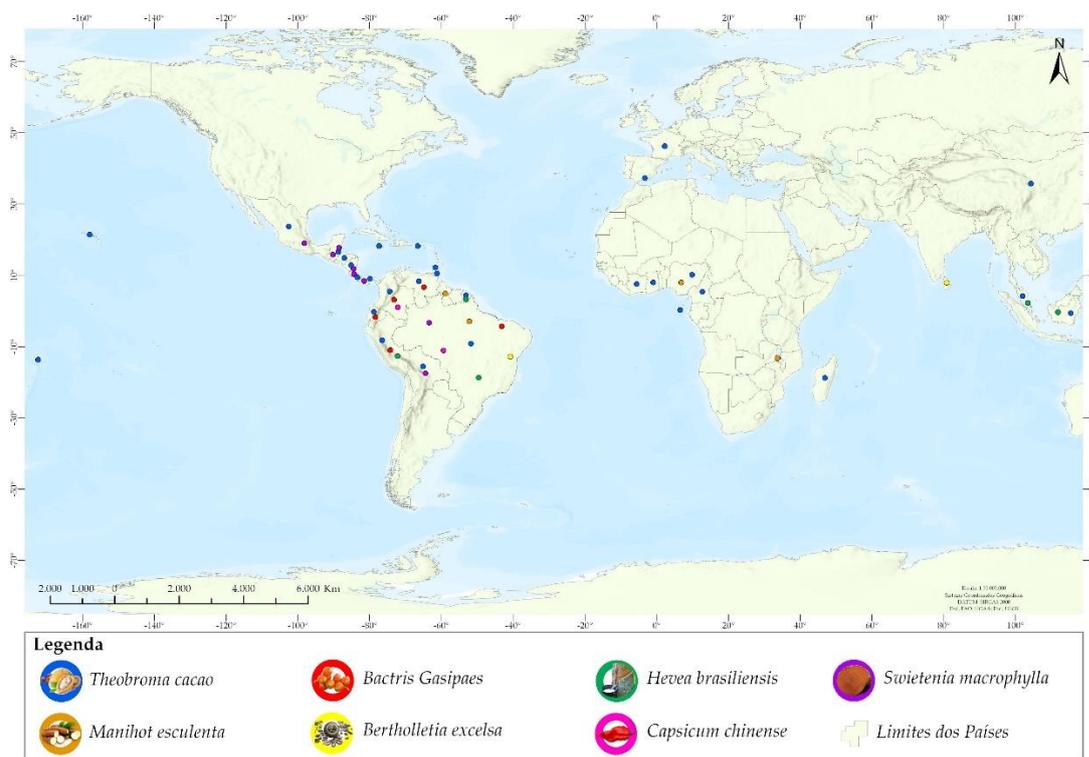


Figura 10. Áreas de amostragens das populações das espécies que foram estudadas seis ou mais vezes nos estudos de diversidade genética de espécies nativas da Amazônia.

Em relação ao número de populações coletadas em diferentes áreas geográficas, resolvemos apresentar apenas as realizadas na América do sul, por ser a área onde se encontra a floresta Amazônica (Figura 11). Devido ao tamanho territorial do Brasil, foram sinalizadas quantas espécies foram coletadas por estados e nos demais países foram apresentadas a quantidade de espécies coletadas no país como um todo (Figura 11). *T. cacao* e *B. gasipaes* quando considerado apenas os dados da América do Sul, foram mais coletadas no Peru, se comparado aos demais países. Todas as outras espécies foram mais amostradas no Brasil (Figura 11). No Brasil a *M. esculenta* foi mais coletada no estado do Amazonas (7), a *B. excelsa* no estado do Mato Grosso (4), *H. brasiliensis* no estado de Rondônia (5) e a *S. macrophylla* no estado do Pará (2).



Figura 11. Número de populações das espécies vegetais analisadas em estudos de diversidade genética com espécies nativas da Amazônia que foram estudadas em seis artigos ou mais coletadas em diferentes áreas da América do Sul.

287
288
289
290
291
292
293
294
295
296
297
298
299
300
301
302
303
304
305
306
307
308
309

Foram encontradas publicações utilizando diferentes tipos de marcadores moleculares (Figura 12), sendo eles os marcadores de sequência simples de repetições (microsatélites ou SSR), marcadores de repetições de sequência inter simples (ISSR), marcadores de polimorfismos de nucleotídeo único (SNP), marcadores de polimorfismo de comprimento de fragmento de repetição (RFLP), marcadores de polimorfismo de comprimento de fragmento amplificado (AFLP), marcadores de DNA polimórfico amplificado aleatoriamente (RAPD), marcadores de polimorfismo amplificado inter-retrotransposon (IRAP), marcadores de microsatélite amplificado aleatório (RAM) e por fim, marcadores de polimorfismo amplificado relacionado à sequência (SRAP).

Em 14 artigos mais de um marcador molecular foi utilizado simultaneamente, os mesmos foram incluídos nas análises. O marcador mais usado foi o microsatélite, em 122 publicações (54,95% do total de artigos), seguido do marcador SNP, em 35 publicações (15,76% do total de artigos (Figura 12). Os marcadores IRAP, RAM e SRAP foram os menos utilizados, cada um foi empregado em apenas um artigo (Figura 12).

Trabalhos utilizando marcadores microsatélites foram encontrados a partir do ano de 2001, sendo mais utilizados no ano de 2019, em 16 trabalhos, seguido do ano de 2015, em 10 trabalhos (Figura 12). Os SNP, foram mais empregados nos anos de 2014, 2019 e 2020, em 4 trabalhos a cada ano (Figura 12). Marcadores RAPD, foram mais aplicados em 2008, em 4 artigos (Figura 12). Os marcadores RAM e IRAP foram utilizados apenas uma única vez, no ano de 2015, e os marcadores SRAP foi utilizado também uma única vez, no ano de 2020 (Figura 12).

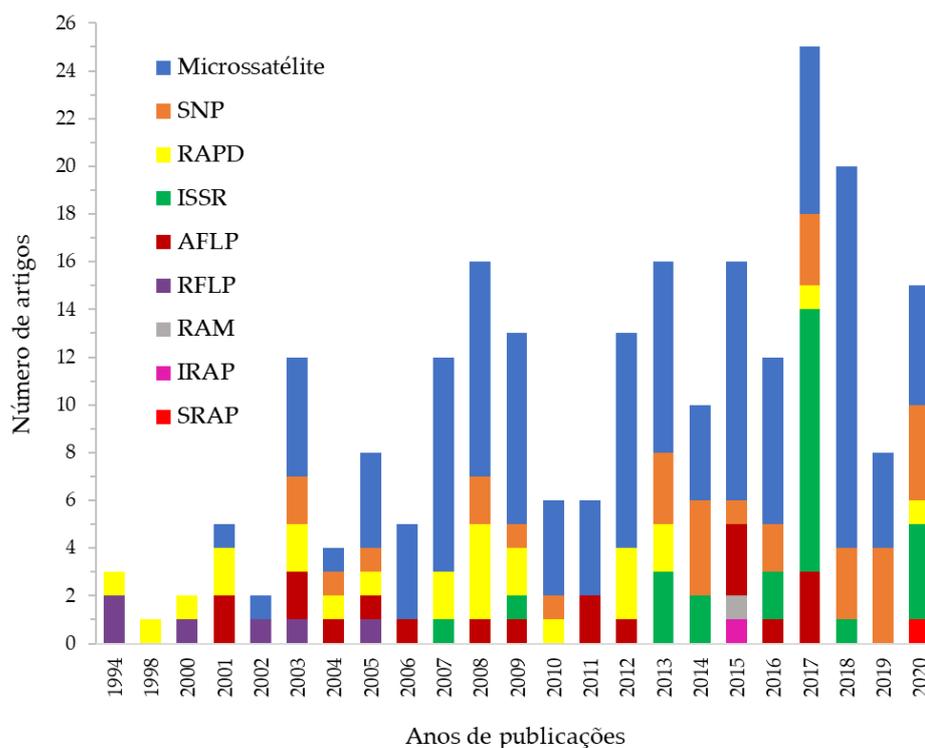


Figura 12. Número de publicações em que cada marcador molecular foi utilizado para acessar a diversidade genética intraespecífica de espécies nativas da Amazônia ao longo dos anos.

310
311
312
313
314
315
316
317
318
319
320
321
322
323
324
325
326
327
328
329
330
331
332
333
334
335
336
337
338

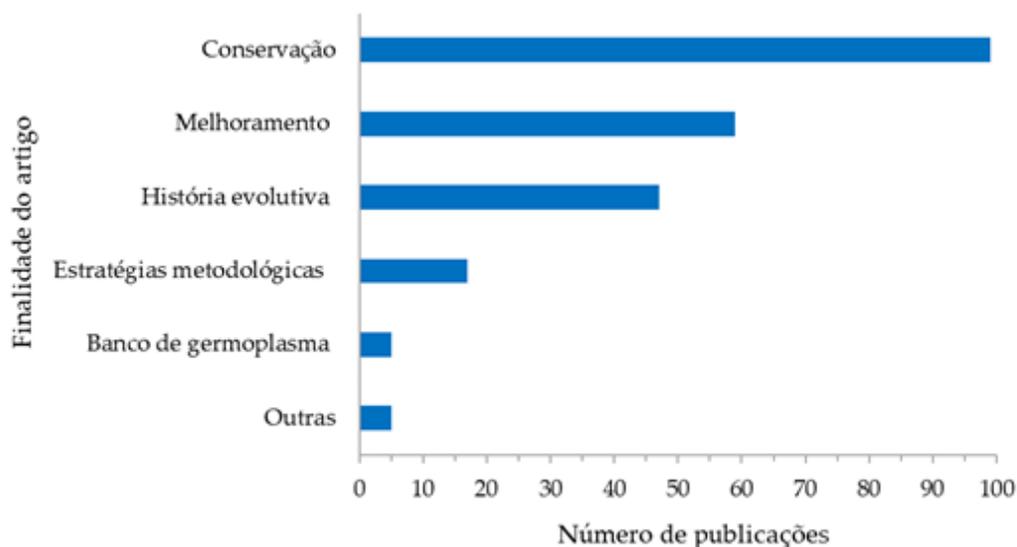
Os trabalhos encontrados tiveram uma ampla variedade de finalidades, essas finalidades foram contabilizadas e categorizadas de modo geral, de acordo com o que estava descrito nos objetivos e conclusões do artigo. As finalidades dos estudos foram categorizadas em: Fornecimento de subsídios para a conservação, fornecimento de subsídios para o melhoramento, compreensão da história evolutiva, produção de estratégias metodológicas, caracterização de banco de germoplasma e outras (Figura 13). Nove artigos tiveram mais de uma finalidade explícita nos objetivos do estudo.

Foram considerados com finalidade de fornecer subsídios para a conservação artigos que realizaram o estudo na busca de estratégias de conservação para o melhor manejo da espécie, artigos que buscaram compreender o impacto na diversidade genética de atividades que degradam o ambiente, na busca do desenvolvimento de estratégias de conservação, e etc... Os categorizados com a finalidade de melhoramento, foram os artigos na qual o estudo foi realizado para servir de subsídios em programa de melhoramento, artigos que integraram informações agrônômicas e moleculares para auxiliar na busca por variedades mais promissoras e etc....

Os classificados com a finalidade de compreensão da história evolutiva foram os trabalhos que buscaram entender a origem, distribuição, taxonomia da espécie e etc... Os classificados com a finalidade de estratégias metodológicas, foram artigos que fizeram a produção de marcadores, quiseram testar os resultados das análises com diferentes tipos de marcadores moleculares e etc... Os classificados com a finalidade de caracterização de banco de germoplasma, foram artigos que realizaram análises na busca de eliminar duplicatas e erros contidos nos bancos de germoplasmas. Artigos com outras finalidades foram classificados em "outras", esses artigos tratavam de testes da confiabilidade de etno-classificações, de testes dos efeitos de fatores ambientais naturais, de diferentes tipos de solos na diversidade genética e para melhor entender a amplitude da toxicidade de uma espécie, para evitar intoxicações.

Os estudos que tinham por finalidade geral fornecer subsídios para a conservação da espécie estudada, foram os mais encontrados, em 99 publicações (44,59% do total de arti-

339 gos) (Figura 13). Seguido dos que tinham por finalidade fornecer subsídios para o melho-
340 ramento, sendo encontrados em 59 publicações, (26,57% do total de artigos) (Figura 13).
341 Quarenta e sete artigos tinham por finalidade a compreensão da história evolutiva da es-
342 pécie, correspondendo a 21,17% do total de artigos (Figura 13). Os que tinham a intuição
343 de produzir estratégias metodológicas mais eficazes, correspondiam a 17 publicações
344 (7,65% do total de artigos) (Figura 13), e por fim cinco publicações (2,25% do total de arti-
345 gos) tinham outras finalidades (Figura 13).



346 **Figura 13.** Número de publicações que analisaram a diversidade genética intraespecífica de espécies nativas
347 da Amazônia e as respectivas finalidades dos artigos.

348 4. Discussão

349 Os metabólitos secundários foram as primeiras moléculas a serem usadas como mar-
350 cador bioquímico, porém, fatores como instabilidade e limitação a disponibilidade res-
351 tringiu seu uso [11]. Marcadores enzimáticos ganharam importância como marcador bio-
352 químico por um curto período antes da disponibilidade de marcadores de DNA [10,11].
353 As principais limitações para marcadores bioquímicos enzimáticos é o pequeno número
354 de loci no genoma e o fato de que nem todas as enzimas estão ativas ou presentes em
355 todos os tecidos ou órgãos da planta [32], além de serem afetados por várias metodologias
356 de extração e diferentes estágios de crescimento da planta [33]. Acreditamos que essas
357 desvantagens contribuíram para que esse tipo de marcador não tenha sido utilizado em
358 artigos levantados a partir do ano de 2013.

359 Os primeiros marcadores a serem usados nas análises genéticas foram os morfológi-
360 cos, devido serem mais fáceis de usar e estarem mais disponíveis [32]. Eles são a base do
361 melhoramento genético convencional, onde determinadas características são selecionadas
362 nos genitores para a realização de cruzamentos [10]. Porém, os marcadores morfológicos
363 possuem algumas desvantagens como o fato deles não serem suficientemente polimórfi-
364 cos [11], estarem sujeitos a influência de fatores ambientais, depender do estágio de de-
365 senvolvimento da planta, do órgão ou tecido em que se encontram [34,35]. Acreditamos
366 que por terem uma facilidade no seu uso e baixo custo, trabalhos utilizam esses marcado-
367 res nos estudos genéticos atuais e não foi o mais utilizado devido a sua principal desvan-
368 tagem de ter uma forte influência ambiental.

369 Nos dados que levantamos é fácil perceber que até o ano de 1999 marcadores bioquí-
370 micos e morfológicos eram os mais utilizados, depois deste período os moleculares assu-
371 miram a liderança. Em contraste com as demais metodologias, os marcadores moleculares
372 podem ser usados em qualquer estágio de desenvolvimento e em qualquer órgão e tecido
373

374 de uma determinada planta [32]. São co-dominantes, distribuídos de maneira uniforme
375 por todo o genoma, altamente reprodutível e com capacidade de detectar níveis mais ele-
376 vados de polimorfismos [33]. Por esses motivos são bastante valorizados nos campos de
377 pesquisa sobre genética [11]. Acreditamos que por esses fatores os marcadores molecula-
378 res foram os mais utilizados nos trabalhos a partir do início do século XXI, juntamente
379 com o aumento ao acesso as tecnologias.

380 A crescente moderada no número de publicações sobre diversidade genética de espé-
381 cies nativas da Amazônia ao longo dos anos de 1990 a 2020 pode estar relacionada a
382 diversos fatores. Apesar do primeiro trabalho encontrado ter sido no ano de 1994, um
383 aumento maior no número de publicações foi notado apenas no início do século XXI, pro-
384 vavelmente devido ao maior investimento público à ciência, tecnologia e inovação nos
385 países da América Latina a partir do início dos anos 2000 [36,37].

386 Um número muito baixo de trabalhos foram encontrados na década de 1990. O Brasil,
387 país que possui a maior parte da Amazônia em seus territórios, passava por um momento
388 de fragilidade na gestão de Ciência e Tecnologia (C&T) do seu governo federal nessa dé-
389 cada, momento no qual o seu Ministério da Ciência e Tecnologia deixou de existir e foi
390 recriado mais de uma vez [38]. A ciência na América Latina aumentou bastante a partir
391 do início do século XXI, houve um crescimento na participação dos países latino-america-
392 nos nas produções científicas do mundo todo, havendo também um crescimento no nú-
393 mero de Doutorados nas áreas de ciência, engenharia e ciências naturais [39], o que deve
394 ter influenciado no aumento de trabalhos de diversidade genética.

395 Um outro fator que certamente foi crucial no aumento de trabalhos foi a entrada do
396 sequenciador automatico ABI 377 em 1998, sendo possível fazer sequenciamento de DNA
397 com marcadores como os microssatélites de forma automática. O sequenciamento auto-
398 matizado se tornou mais viável para uso em pesquisas pois muitas amostras podem ser
399 carregadas ao mesmo tempo, isso reduz os custos para operação, permitindo que os pes-
400 quisadores atinjam seus objetivos de pesquisa mais rapidamente, mesmo com orçamen-
401 tos limitados [40].

402 Acreditamos também que a crescente nos estudos de diversidade genética esteja as-
403 sociada com o aumento no consumo de espécies economicamente importantes, devido ao
404 crescimento no número da população mundial [41]. E o fato da floresta amazônica está
405 enfrentando intensos problemas ambientais nas últimas décadas [42], colocando em risco
406 a sua grande biodiversidade [43], e que uma ampla proporção dessa diversidade é desco-
407 nhecida e mal caracterizada [7], o que fez a atenção de diversos pesquisadores se voltarem
408 ao bioma.

409 Todos esses fatores citados a cima, em relação ao crescente no número de artigos ao
410 longo dos anos, tornam mais necessários estudos de diversidade genética, tanto na busca
411 de conservação de espécies, quanto na busca de variedades mais promissoras. Essas ques-
412 tões possivelmente refletiram também nas finalidades dos estudos encontrados, pois os
413 trabalhos que tinham por finalidade a conservação de espécies foram mais frequentes,
414 seguido dos que tinham a finalidade de melhoramento.

415 As instituições brasileiras apresentaram um maior número de artigos relacionadas a
416 elas, se comparado aos demais países. A Universidade de São Paulo (USP) foi a instituição
417 que apresentou o maior número de publicações, seguido do Instituto Nacional de Pesqui-
418 sas Amazônicas (INPA) e da Universidade do Estado do Mato Grosso (UNEMAT). Apesar
419 da USP se encontrar em um estado Brasileiro que não contém região Amazônica [44], ela
420 apresentou o maior número de publicações sobre estudos de diversidade genética de espé-
421 cies nativas da Amazônia.

422 A USP é considerada a instituição mais produtiva do Brasil, em termos de números
423 de artigos publicados [45], para os estudos de diversidade genética com espécies da Ama-
424 zônia não foi diferente. A universidade é localizada no estado de São Paulo, o estado con-
425 siderado mais rico e o que publica mais da metade das pesquisas brasileiras. Esse sucesso
426 científico é atribuído à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado de São Paulo (FAPESP).

No ano de 2013 a FAPESP investiu US\$ 512 milhões, mais do que muitos países da América Latina, já o Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), no ano de 2014 tinha de orçamento disponível para o país inteiro cerca de US\$ 650 milhões para pesquisa, ciência e inovação [46]. Com maior recurso financeiro é possível ter melhores estruturas e mãos de obra mais qualificadas, facilitando a produção científica [47].

O INPA é o instituto brasileiro voltado para pesquisas Amazônicas, foi a segunda instituição que mais publicou artigos. O instituto tem como sua principal finalidade pesquisar e fornecer conhecimento científico sobre a Região Amazônica [48] e começou a se destacar nos estudos de diversidade genética de espécies Amazônicas a partir do ano de 2007. A UNEMAT é uma instituição de um estado que contém parte do bioma amazônico [44], e acreditamos que o número de trabalhos publicados sobre a diversidade genética de espécies vegetais nativas da Amazônia tem relação com um grupo de pesquisa estabelecido na área, atuando na região, se destacando a partir do ano de 2016.

O Brasil que foi o país com mais intuições estudando a diversidade genética de espécies amazônicas ainda enfrenta desigualdades em suas diferentes regiões, as divergências econômicas refletem no desenvolvimento de algumas regiões e conseqüentemente na sua produção científica [46], o que foi perceptível em nossos dados. Acreditamos que para aumentar o número de espécies amazônicas sendo estudadas é necessário que mais recursos sejam direcionados para as instituições de regiões que possuem território amazônico, para que ocorra a construção de conhecimentos e apontamentos próprios da Amazônia, feitos por pesquisadores amazônicos.

Os artigos encontrados estavam distribuídos em 72 revistas distintas, um número baixo levando em consideração o total de periódicos disponíveis no banco de dados (ISI) que é de mais de 20.000. Entretanto, a revista *Genetics and Molecular Research* (GMR) teve o maior número de publicações encontradas na nossa pesquisa. O mesmo resultado foi obtido no trabalho de Souza et al. (2016) [49], onde realizaram uma análise cienciométrica sobre as tendências da literatura científica sobre genética de populações de plantas do Cerrado e esse periódico também foi o que teve um maior número de artigos, com 21 publicações. GMR publica pesquisas em genética e biologia molecular, com ênfase em estudos de amplo interesse que fornecem uma visão significativa sobre um processo ou processos biológicos, porém, é um periódico de baixo fator de impacto (0.583).

O estabelecimento de parcerias internacionais podem auxiliar no aumento das produções científicas que auxiliarão na conservação das plantas amazônicas. O projeto Dendrogene é um bom exemplo do quanto essas parcerias são importantes, financiado pelo Departamento para o Desenvolvimento Internacional do Governo Britânico (DFID), desde 2000 o projeto desenvolve estudos e ferramentas que auxiliam no uso sustentável de espécies arbóreas da Amazônia [50]. Diversos cientistas, técnicos, estudantes e produtores se dedicam a diferentes atividades, sendo uma delas os estudos de reprodução e genética de árvores. Através do projeto Dendrogene foram formadas mãos de obra mais qualificadas [50]. Com a contribuição de pessoas com maior qualificação, as pesquisas realizadas com espécies vegetais da Amazônia podem ser mais facilmente publicadas em revistas de alto fator de impacto, alcançando um maior público.

A família Arecaceae apesar de não ter sido a estudada em um maior número de artigos, foi a que apresentou uma maior variedade de espécies analisadas. Isso pode ter ocorrido devido a maior riqueza de espécies de palmeiras estar associada a climas quentes e úmidos [51], como o da floresta Amazônica. Além de ser uma família grande com cerca de 2.600 espécies agrupadas em 181 gêneros [52], possui muitas espécies com importância econômica em diferentes aplicações [53]. Nos trópicos muitas comunidades dependem das palmeiras para sobreviver [54], como o *Astrocaryum aculeatum* (Tucumã), *Bactris gasipaes* (Pupunha) e *Mauritia flexuosa* (Buriti), espécies que estão entre as mais analisadas nas publicações encontradas.

As famílias estudadas encontradas em um maior número de artigos foram a Malvaceae, em 19,81%, seguida de Euphorbiaceae, em 15,31%, apesar disso, ambas estão longe de serem as famílias mais abundantes em número de espécies. O grupo Malvaceae possui

apenas cerca de 50 gêneros e 239 espécies nativas da Amazônia [55], e Euphorbiaceae, possui cerca de 311 espécies, ocupando o 10º lugar em termos de abundância no número de espécies oriundas da Amazônia [7].

Nos trabalhos com a Malvaceae, apenas cinco espécies foram estudadas, todas do gênero *Theobroma*. Dentre essas espécies, a mais analisada foi o *Theobroma cacao* (Cacau), correspondendo a 15,76% do número total de artigos. Nas publicações com Euphorbiaceae, apenas quatro espécies foram analisadas de quatro gêneros diferentes. *Manihot esculenta* (Mandioca) que faz parte dessa família, foi a segunda espécie mais avaliada, correspondendo a 10,36% do total de artigos, *Hevea brasiliensis* também pertencente a família, foi a quarta espécie mais estudada (5,92%).

Apenas 72 espécies foram analisadas nos trabalhos encontrados, um resultado pouco expressivo se levarmos em consideração a grande biodiversidade vegetal existente na Amazônia [43] e ao número de trabalhos encontrados, havendo uma diversidade pequena de espécies estudadas. Dentro do total de artigos, em 26,12% das publicações as análises foram realizadas com apenas as duas espécies *T. cacao* e *M. esculenta*. Esse resultado possivelmente tem forte relação com o fato de ambas possuírem altos valores culturais na região Amazônia e grandes valores econômicos em todo o mundo [56,57].

A espécie *T. cacao* possui uma imensa importância econômica [57], por ser a matéria-prima do chocolate e seus derivados, produtos nos quais são amplamente consumidos e apreciados em todo o mundo [58]. Na década passada existia uma procura global crescente de cacau e foi estimado que na próxima década, a produção e os preços mundiais do cacau irão aumentar de 10% a 25% [59]. Para atender à essa crescente demanda, os sistemas de produção foram expandidos e intensificados, ambos os processos estão diretamente relacionados com desmatamento e diminuição de biodiversidade [60–62].

M. esculenta é o alimento básico para mais de 750 milhões de pessoas que habitam regiões tropicais e subtropicais [63]. Há Evidências de que a *M. esculenta* foi domesticada há cerca de 10.000 anos por populações indígenas na margem sul da bacia amazônica [64], sendo criada uma forte relação cultural até os dias atuais com essas populações. Atualmente ela também vem sendo utilizada para alimentação animal e seu amido para fins industriais [65]. Sua importância vem aumentando rapidamente devido ao rápido crescimento populacional e ao forte aumento do uso dessa cultura pela indústria do amido [66].

Todos os fatos citados acima em relação as importâncias e os amplos usos de *T. cacao* e *M. esculenta*, põe em risco a conservação dessas espécies, trazendo a necessidade de conhecê-las melhor e encontrar variedades mais promissoras [67]. Esses fatores contribuem para o aumento da necessidade de pesquisas nas diferentes áreas, sobretudo de diversidade genética. Consequentemente, ocorre um maior investimento nas pesquisas com espécies que são mais importantes economicamente [68]. Acreditamos que esses são os motivos pelos quais existem uma alta porcentagem de estudos realizados com apenas essas duas espécies, e certamente, também são os motivos que resultou na amplitude de países (26) onde populações de *T. cacao* foram coletadas para terem suas diversidades genéticas analisadas.

A floresta Amazônica ocupa quase metade do território brasileiro e cerca de 60% da floresta fica dentro do Brasil [59]. Mesmo contendo mais da metade da floresta em território brasileiro [59], quando vistos os números de amostragens na América do Sul, o *T. cacao* e a *B. gasipaes* foram mais coletados no Peru. Em contra partida, as demais espécies foram mais coletadas no Brasil, a *M. esculenta* foi mais coletada no estado do Amazonas, a *B. excelsa* no estado do Mato Grosso, *H. brasiliensis* no estado de Rondônia e a *S. macrophylla* no estado do Pará. Provavelmente esses resultados possuem relação com a quantidade de floresta amazônica no território brasileiro e pelo fato de que a maioria dos estudos foram realizados por instituições brasileiras.

No presente estudo foi possível observar que o marcador molecular microssatélite foi o mais utilizado, em 54,95% do total de artigos, também sendo o marcador que teve um maior aumento no seu uso ao longo dos anos. Isso se deve principalmente pelos mar-

534 cadores microssatélites serem adequados e importantes na genética vegetal, uniforme-
535 mente distribuídos por todo genoma, abundantes, multialélicos, altamente polimórficos,
536 codominantes e de natureza multialélica [69,70], sendo amplamente utilizados em mapea-
537 mentos genéticos [71,72]. Devido as sequencias de DNA que flaqueiam os microssatélites
538 serem geralmente conservadas dentro de uma mesma espécie ou entre espécies de gêne-
539 ros da mesma família [73], os marcadores microssatélites podem ser usados para detectar
540 diversidade em espécies relacionadas ou entre espécies de gêneros correlatos [74,75].
541 Acreditamos que por esses motivos os marcadores microssatélites foram os mais utiliza-
542 dos.

543 Apesar dos marcadores moleculares microssatélites terem o maior aumento do seu
544 uso ao longo dos anos a partir do início do século XXI, o seu surgimento ocorreu bem
545 antes [76,77], mesmo com suas diversas vantagens o seu uso foi pequeno ao longo da dé-
546 cada de 1990 se comparado com as décadas posteriores. Isso pode estar relacionado com
547 o alto custo que o marcador molecular microssatélite possuía, se for considerada todas as
548 etapas do seu desenvolvimento, a técnica tem um alto custo e intensa mão de obra, no
549 entanto, uma vez obtido os primers informativos para uma espécie, os custos e as neces-
550 sidades de mão de obra são diminuídas de forma significativa [78]. Além do mais, prova-
551 velmente esses fatores possuem relação com o crescimento dos investimentos em desen-
552 volvimento científico e financiamento de pesquisas [36]. Possivelmente esses são os moti-
553 vos pelos quais os marcadores microssatélites tiveram o maior uso ao longo dos anos a
554 partir do início do século XXI.

555 O DNA nuclear foram predominantemente o mais estudado, em 95,04% do total de
556 artigos, o DNA cloroplastídico (CpDNA) foi acessado em apenas 10,81% do total de arti-
557 gos. Acreditamos que cpDNA foi menos analisado devido ser pequeno o conhecimento
558 sobre a utilidade de todo o genoma do cloroplasto para a diferenciação intraespecífica em
559 geral, pois o genoma cloroplastídico não traz informações genéticas da história evolutiva
560 dos dois genitores, como o DNA nuclear [79]. Por esse motivo, o uso de cpDNA estão mais
561 relacionados com pesquisas em diversidade genética interespecífica, trabalhos esses que
562 não foram analisados em nosso levantamento. Além do mais, o cpDNA tem na maioria
563 das vezes apenas herança materna, não fazendo recombinação gênica, assim, são pouco
564 adequados na diferenciação genética de cultivares modernas, pois muitas vezes essas cul-
565 tivares são muito próximas geneticamente [80].
566

567 5. Conclusões

568 Considerando a biodiversidade da floresta amazônica, tem muito a ser conhecido
569 sobre a diversidade genética de espécies vegetais nativas deste bioma. Há também uma
570 pequena diversidade de famílias e espécies estudadas se comparado tanto com a biodi-
571 versidade existente, quanto ao número de trabalhos já realizados, sendo muitos produzi-
572 dos com as mesmas espécies que possuem alto valor econômico, como o *T. cacao* e *M.*
573 *esculenta*. Apesar destes fatores, está ocorrendo um aumento moderado no número de pu-
574 blicações nessa área de estudo ao longo dos anos e que existem tendências norteando essa
575 área de estudo, como o uso de marcadores moleculares microssatélites, que estão sendo
576 de longe os mais empregado nas publicações, trabalhos esses que estão sendo produzidos
577 principalmente por instituições brasileiras.

578 References

- 579 1. Souza, F.F.C.; Mathai, P.P.; Pauliquevis, T.; Balsanelli, E.; Pedrosa, F.O.; Souza, E.M.; Baura, V.A.; Monteiro, R.A.;
580 Cruz, L.M.; Souza, R.A.F.; et al. Influence of seasonality on the aerosol microbiome of the Amazon rainforest. *Sci.*
581

582 *Total Environ.* **2021**, *760*, doi:10.1016/j.scitotenv.2020.144092.

583 2. Nobre, C.A.; Sampaio, G.; Borma, L.S.; Castilla-Rubio, J.C.; Silva, J.S.; Cardoso, M. Land-use and climate change
584 risks in the amazon and the need of a novel sustainable development paradigm. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.*
585 **2016**, *113*, doi:10.1073/pnas.1605516113.

586 3. Marengo, J.A.; Souza, C.M.; Thonicke, K.; Burton, C.; Halladay, K.; Betts, R.A.; Alves, L.M.; Soares, W.R. Changes
587 in Climate and Land Use Over the Amazon Region: Current and Future Variability and Trends. *Front. Earth Sci.*
588 2018, *6*.

589 4. Pimm, S.L.; Raven, P.H. The Fate of the World's Plants. *Trends Ecol. Evol.* 2017, *32*.

590 5. Ter Steege, H.; Pitman, N.C.A.; Sabatier, D.; Baraloto, C.; Salomão, R.P.; Guevara, J.E.; Phillips, O.L.; Castilho, C.
591 V.; Magnusson, W.E.; Molino, J.F.; et al. Hyperdominance in the Amazonian tree flora. *Science (80-.)*. **2013**, *342*,
592 doi:10.1126/science.1243092.

593 6. Hopkins, M.J.G. Modelling the known and unknown plant biodiversity of the Amazon Basin. In Proceedings of
594 the Journal of Biogeography; 2007; Vol. 34.

595 7. Cardoso, D.; Särkinen, T.; Alexander, S.; Amorim, A.M.; Bittrich, V.; Celis, M.; Daly, D.C.; Fiaschi, P.; Funk, V.A.;
596 Giacomini, L.L.; et al. Amazon plant diversity revealed by a taxonomically verified species list. *Proc. Natl. Acad.*
597 *Sci. U. S. A.* **2017**, *114*, doi:10.1073/pnas.1706756114.

598 8. Hughes, A.R.; Inouye, B.D.; Johnson, M.T.J.; Underwood, N.; Vellend, M. Ecological consequences of genetic
599 diversity. *Ecol. Lett.* 2008, *11*.

600 9. DeWoody, J.A.; Harder, A.M.; Mathur, S.; Willoughby, J.R. The long-standing significance of genetic diversity
601 in conservation. *Mol. Ecol.* 2021, *30*.

602 10. ZOLET, A. C. T. TURCHETTO, C.; ZANELLA, C. M. PASSAIA, G. Marcadores moleculares na era genômica:
603 metodologias e aplicações. **2017**.

604 11. Grover, A.; Sharma, P.C. Development and use of molecular markers: Past and present. *Crit. Rev. Biotechnol.* 2016,
605 *36*.

606 12. Dardengo, J.D.F.E.; Rossi, A.A.B.; Silva, B.M. da; Silva, I.V. da; Silva, C.J. da; Sebbenn, A.M. Diversity and spatial
607 genetic structure of a natural population of *Theobroma speciosum* (Malvaceae) in the Brazilian Amazon. *Rev.*
608 *Biol. Trop.* **2016**, *64*, doi:10.15517/rbt.v64i3.21461.

609 13. Baldoni, A.B.; Ribeiro Teodoro, L.P.; Eduardo Teodoro, P.; Tonini, H.; Dessaune Tardin, F.; Alves Botin, A.;
610 Hoogerheide, E.S.S.; de Carvalho Campos Botelho, S.; Lulu, J.; de Farias Neto, A.L.; et al. Genetic diversity of
611 Brazil nut tree (*Bertholletia excelsa* Bonpl.) in southern Brazilian Amazon. *For. Ecol. Manage.* **2020**, *458*,
612 doi:10.1016/j.foreco.2019.117795.

613 14. Ramos, S.L.F.; Dequigiovanni, G.; Sebbenn, A.M.; Lopes, M.T.G.; Kageyama, P.Y.; de Macêdo, J.L.V.; Kirst, M.;
614 Veasey, E.A. Spatial genetic structure, genetic diversity and pollen dispersal in a harvested population of

Astrocaryum aculeatum in the Brazilian Amazon. *BMC Genet.* **2016**, *17*, doi:10.1186/s12863-016-0371-8.

15. Dutech, C.; Maggia, L.; Tardy, C.; Joly, H.I.; Jarne, P. Tracking a genetic signal of extinction-recolonization events in a neotropical tree species: Vouacapoua americana aublet in French Guiana. *Evolution (N. Y.)*. **2003**, *57*, doi:10.1111/j.0014-3820.2003.tb01517.x.

16. Dutech, C.; Joly, H.I.; Jarne, P. Gene flow, historical population dynamics and genetic diversity within French Guianan populations of a rainforest tree species, Vouacapoua americana. *Heredity (Edinb.)*. **2004**, *92*, doi:10.1038/sj.hdy.6800384.

17. Hoban, S.; Campbell, C.; da Silva, J.; Ekblom, R.; Funk, W.C.; Garner, B.; Godoy, J.A.; Kershaw, F.; MacDonald, A.; Mergeay, J.; et al. An analysis of genetic diversity actions, indicators and targets in 114 National Reports to the Convention on Biological Diversity. *bioRxiv* **2020**.

18. Mingers, J.; Leydesdorff, L. A review of theory and practice in scientometrics. *Eur. J. Oper. Res.* **2015**, *246*.

19. Qiu, J.; Zhao, R.; Yang, S.; Dong, K. *Informetrics: Theory, methods and applications*; 2017;

20. Egghe, L. Expansion of the field of informetrics: Origins and consequences. *Inf. Process. Manag.* **2005**, *41*.

21. Ellwanger, J.H.; Kulmann-Leal, B.; Kaminski, V.L.; Valverde-Villegas, J.M.; DA VEIGA, A.B.G.; Spilki, F.R.; Fearnside, P.M.; Caesar, L.; Giatti, L.L.; Wallau, G.L.; et al. Beyond diversity loss and climate change: Impacts of Amazon deforestation on infectious diseases and public health. *An. Acad. Bras. Cienc.* **2020**, *92*, doi:10.1590/0001-3765202020191375.

22. Zhu, J.; Liu, W. A tale of two databases: the use of Web of Science and Scopus in academic papers. *Scientometrics* **2020**, *123*, doi:10.1007/s11192-020-03387-8.

23. Mancuso, A.C.B.; Castro, S.M. de J.; Guimarães, L.S.P.; Leotti, V.B.; Hirakata, V.N.; Camey, S.A. Estatística descritiva: perguntas que você sempre quis fazer, mas nunca teve coragem. *Clin. Biomed. Res.* **2018**, *38*, doi:10.4322/2357-9730.89242.

24. Carvalho, Y.G.S.; Vitorino, L.C.; de Souza, U.J.B.; Bessa, L.A. Recent trends in research on the genetic diversity of plants: Implications for conservation. *Diversity* **2019**, *11*, doi:10.3390/d11040062.

25. Woodell, S.R.J.; Peters, R.H. A Critique for Ecology. *J. Ecol.* **1992**, *80*, doi:10.2307/2261026.

26. R Core Team R: A language and environment for statistical computing. *R Found. Stat. Comput.* **2019**.

27. Rocha, S.S.; Londe, L.C.N.; Pimenta, S.; Cardoso, M.M.; Gonçalves, N.P.; Gomes, W.S.; Calaes, J.G. Congruence between morphological and molecular markers for genetic diversity analysis applied to forage palm genotypes propagated via bioreactors. *Ind. Crops Prod.* **2020**, *147*, doi:10.1016/j.indcrop.2020.112230.

28. Degen, B.; Gregorius, H.R.; Scholz, F. ECO-GENE , a Model for Simulation Studies on the Spatial and. *Silvae Genet.* **1996**, *45*.

- 646 29. Sakamoto, W.; Takami, T. Chloroplast DNA dynamics: Copy number, quality control and degradation. *Plant*
647 *Cell Physiol.* 2018, *59*.
- 648 30. Warren, J.M. Isozyme variation in a number of populations of *Theobroma cacao* L. obtained through various
649 sampling regimes. *Euphytica* **1993**, *72*, doi:10.1007/BF00023780.
- 650 31. N’Goran, J.A.K.; Laurent, V.; Risterucci, A.M.; Lanaud, C. Comparative genetic diversity studies of *Theobroma*
651 *cacao* L. Using RFLP and RAPD markers. *Heredity (Edinb)*. **1994**, *73*, doi:10.1038/hdy.1994.166.
- 652 32. Chesnokov, Y. V.; Kosolapov, V.M.; Savchenko, I. V. Morphological Genetic Markers in Plants. *Russ. J. Genet.*
653 **2020**, *56*, doi:10.1134/S1022795420120042.
- 654 33. Mondini, L.; Noorani, A.; Pagnotta, M.A. Assessing plant genetic diversity by molecular tools. *Diversity* 2009, *1*.
- 655 34. Winter, P.; Kahl, G. Molecular marker technologies for plant improvement. *World J. Microbiol. Biotechnol.* 1995,
656 *11*.
- 657 35. Eagles, H.A.; Bariana, H.S.; Ogonnaya, F.C.; Rebetzke, G.J.; Hollamby, G.J.; Henry, R.J.; Henschke, P.H.; Carter,
658 M. Implementation of markers in Australian wheat breeding. *Aust. J. Agric. Res.* **2001**, *52*, doi:10.1071/ar01067.
- 659 36. Dutrénit, G.; Natera, J.M.; Puchet Anyul, M.; Vera-Cruz, A.O. Development profiles and accumulation of
660 technological capabilities in Latin America. *Technol. Forecast. Soc. Change* **2019**, *145*,
661 doi:10.1016/j.techfore.2018.03.026.
- 662 37. Confraria, H.; Vargas, F. Scientific systems in Latin America: performance, networks, and collaborations with
663 industry. *J. Technol. Transf.* **2019**, *44*, doi:10.1007/s10961-017-9631-7.
- 664 38. Francisco Carlos Teixeira da Silva, José Luciano de Mattos Dias, Sergio Machado Rezende, Waldimir Pirró e
665 Longo & Maria Sylvia Derenusson, L.F. *A FINEP no século XXI*; 2011;
- 666 39. Hermes-Lima, M.; Santos, N.C.F.; Alencastro, A.C.R.; Ferreira, S.T. Whither Latin America? Trends and
667 challenges of science in Latin America. In Proceedings of the IUBMB Life; 2007; Vol. 59.
- 668 40. Leung, Y.F.; Oi-Sin Tam, P.; Baum, L.; Chan, W.M.; Lam, D.S.C.; Pang, C.P. Cost savings using automated DNA
669 sequencing. *Biotechniques* 2000, *29*.
- 670 41. Leridon, H. World population outlook: Explosion or implosion? *Popul. Soc.* **2020**, *573*.
- 671 42. de Area Leão Pereira, E.J.; de Santana Ribeiro, L.C.; da Silva Freitas, L.F.; de Barros Pereira, H.B. Brazilian policy
672 and agribusiness damage the Amazon rainforest. *Land use policy* **2020**, *92*, doi:10.1016/j.landusepol.2020.104491.
- 673 43. Hansen, M.C.; Potapov, P. V.; Moore, R.; Hancher, M.; Turubanova, S.A.; Tyukavina, A.; Thau, D.; Stehman, S.
674 V.; Goetz, S.J.; Loveland, T.R.; et al. High-resolution global maps of 21st-century forest cover change. *Science*
675 *(80-.)*. **2013**, *342*, doi:10.1126/science.1244693.
- 676 44. IBGE Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística Available online:

677 <https://www.ibge.gov.br/geociencias/cartas-e-mapas/mapas-regionais/15819-amazonia-legal.html?=&t=acesso->
678 [ao-produto](https://www.ibge.gov.br/geociencias/cartas-e-mapas/mapas-regionais/15819-amazonia-legal.html?=&t=acesso-) (accessed on Mar 20, 2022).

679 45. McManus, C.; Baeta Neves, A.A.; Maranhão, A.Q.; Souza Filho, A.G.; Santana, J.M. International collaboration
680 in Brazilian science: financing and impact. *Scientometrics* **2020**, *125*, doi:10.1007/s11192-020-03728-7.

681 46. Catanzaro, M.; Miranda, G.; Palmer, L.; Bajak, A. South American science: Big players. *Nature* **2014**, *510*.

682 47. Göransson, B.; Maharajh, R.; Schmoch, U. New activities of universities in transfer and extension: Multiple
683 requirements and manifold solutions. *Sci. Public Policy* **2009**, *36*, doi:10.3152/030234209X406863.

684 48. SANTOS, G.M. dos O Inpa no contexto amazônico. **2020**, 15–27.

685 49. SOUZA, U. J. B. TELLES, M. P. C. DINIZ-FILHO, J.A.F. Trends in the scientific literature on population genetics
686 of plants from Cerrado. *Hoehnea*, **2016**, *43*, 461–477.

687 50. Kanashiro, M.; Thompson, I.S.; Yared, J.A.G.; Loveless, M.D.; Coventry, P.; Martins-da-Silva, R.C.V.; Degen, B.;
688 Amaral, W. Improving conservation values of managed forests: The Dendrogene Project in the Brazilian Amazon.
689 *Unasylva* **2002**, *53*.

690 51. Greig-Smith, P.; Corner, E.J.H. The Natural History of Palms. *J. Ecol.* **1968**, *56*, doi:10.2307/2258081.

691 52. Baker, W.J.; Dransfield, J. Beyond Genera Palmarum: progress and prospects in palm systematics. *Bot. J. Linn.*
692 *Soc.* **2016**, *182*.

693 53. Del Pozo, D.G.; Martín-Gómez, J.J.; Tocino, Á.; Cervantes, E. Seed geometry in the arecaceae. *Horticulturae* **2020**,
694 *6*.

695 54. Montúfar, R. *Palmas Ecuatorianas: Biología y Uso Sostenible*; 2013;

696 55. Martinelli G. Moraes M. A. Brazilian Flora Red List.

697 56. VERNIER, P. N'Zué, B., & Zakhia-Rozis, N. Cassava, between between food culture and agro-industrial sector.
698 **2018**.

699 57. Sereno, M.L.; Albuquerque, P.S.B.; Vencovsky, R.; Figueira, A. Genetic diversity and natural population
700 structure of cacao (*Theobroma cacao* L.) from the Brazilian Amazon evaluated by microsatellite markers. *Conserv.*
701 *Genet.* **2006**, *7*, doi:10.1007/s10592-005-7568-0.

702 58. Vásquez, Z.S.; de Carvalho Neto, D.P.; Pereira, G.V.M.; Vandenberghe, L.P.S.; de Oliveira, P.Z.; Tiburcio, P.B.;
703 Rogez, H.L.G.; Góes Neto, A.; Soccol, C.R. Biotechnological approaches for cocoa waste management: A review.
704 *Waste Manag.* **2019**, *90*.

705 59. ICCO The world cocoa economy: current status, challenges and prospects; presentation at Multi-year expert
706 meeting on commodities and development.

- 707 60. Rajab, Y.A.; Leuschner, C.; Barus, H.; Tjoa, A.; Hertel, D. Cacao cultivation under diverse shade tree cover allows
708 high carbon storage and sequestration without yield losses. *PLoS One* **2016**, *11*, doi:10.1371/journal.pone.0149949.
- 709 61. Vaast, P.; Somarriba, E. Trade-offs between crop intensification and ecosystem services: the role of agroforestry
710 in cocoa cultivation. *Agrofor. Syst.* **2014**, *88*.
- 711 62. Tondoh, J.E.; Kouamé, F.N. guessa.; Martinez Guéi, A.; Sey, B.; Wowo Koné, A.; Gnessougou, N. Ecological
712 changes induced by full-sun cocoa farming in Côte d'Ivoire. *Glob. Ecol. Conserv.* **2015**, *3*,
713 doi:10.1016/j.gecco.2015.02.007.
- 714 63. Lentini, Z.; González, Á.; Tabares, E.; Buitrago, M.E.; Wêdzony, M. Studies on Gynogenesis Induction in Cassava
715 (*Manihot esculenta* Crantz) Unpollinated Ovule Culture. *Front. Plant Sci.* **2020**, *11*, doi:10.3389/fpls.2020.00365.
- 716 64. Wooding, S.P.; Payahua, C.N. Ethnobotanical Diversity of Cassava (*Manihot esculenta* Crantz) in the Peruvian
717 Amazon. *Diversity* **2022**, *14*, doi:10.3390/d14040252.
- 718 65. McCallum, E.J.; Anjanappa, R.B.; Gruissem, W. Tackling agriculturally relevant diseases in the staple crop
719 cassava (*Manihot esculenta*). *Curr. Opin. Plant Biol.* **2017**, *38*.
- 720 66. Ceballos, G.; Ehrlich, P.R.; Dirzo, R. Biological annihilation via the ongoing sixth mass extinction signaled by
721 vertebrate population losses and declines. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* **2017**, *114*, doi:10.1073/pnas.1704949114.
- 722 67. Bhanu, A.N. Assessment of Genetic Diversity in Crop Plants - An Overview. *Adv. Plants Agric. Res.* **2017**, *7*,
723 doi:10.15406/apar.2017.07.00255.
- 724 68. Bulte, E.; Van Kooten, G.C. Economic science, endangered species, and biodiversity loss. *Conserv. Biol.* **2000**, *14*,
725 doi:10.1046/j.1523-1739.2000.98390.x.
- 726 69. Escudero, M.; Vargas, P.; Arens, P.; Ouborg, N.J.; Luceño, M. The east-west-north colonization history of the
727 Mediterranean and Europe by the coastal plant *Carex extensa* (Cyperaceae). *Mol. Ecol.* **2010**, *19*,
728 doi:10.1111/j.1365-294X.2009.04449.x.
- 729 70. Hokanson, S.C.; Szewc-McFadden, A.K.; Lamboy, W.F.; McFerson, J.R. Microsatellite (SSR) markers reveal
730 genetic identities, genetic diversity and relationships in a *Malus x domestica* borkh. core subset collection. *Theor.*
731 *Appl. Genet.* **1998**, *97*, doi:10.1007/s001220050943.
- 732 71. Senthilvel, S.; Shaik, M.; Anjani, K.; Shaw, R.K.; Kumari, P.; Sarada, C.; Kiran, B.U. Genetic variability and
733 population structure in a collection of inbred lines derived from a core germplasm of castor. *J. Plant Biochem.*
734 *Biotechnol.* **2017**, *26*, doi:10.1007/s13562-016-0356-8.
- 735 72. Gupta, P.K.; Varshney, R.K. The development and use of microsatellite markers for genetic analysis and plant
736 breeding with emphasis on bread wheat. *Euphytica* **2000**, *113*, doi:10.1023/A:1003910819967.
- 737 73. Oliveira, E.J.; Pádua, J.G.; Zucchi, M.I.; Vencovsky, R.; Vieira, M.L.C. Origin, evolution and genome distribution
738 of microsatellites. *Genet. Mol. Biol.* **2006**, *29*.

- 739 74. Alisoltani, A.; Ebrahimi, S.; Azarian, S.; Hematyar, M.; Shiran, B.; Jahanbazi, H.; Fallahi, H.; Mousavi-Fard, S.;
740 Rafiei, F. Parallel consideration of SSRs and differentially expressed genes under abiotic stress for targeted
741 development of functional markers in almond and related *Prunus* species. *Sci. Hortic. (Amsterdam)*. **2016**, *198*,
742 doi:10.1016/j.scienta.2015.10.020.
- 743 75. Kalia, R.K.; Rai, M.K.; Kalia, S.; Singh, R.; Dhawan, A.K. Microsatellite markers: An overview of the recent
744 progress in plants. *Euphytica* 2011, *177*.
- 745 76. Litt, M.; Luty, J.A. A hypervariable microsatellite revealed by in vitro amplification of a dinucleotide repeat
746 within the cardiac muscle actin gene. *Am. J. Hum. Genet.* **1989**, *44*.
- 747 77. Weber, J.L.; May, P.E. Abundant class of human DNA polymorphisms which can be typed using the polymerase
748 chain reaction. *Am. J. Hum. Genet.* **1989**, *44*.
- 749 78. BUSO, G. S. CIAMPI, A. Y. MORETZSOHN, M. D. C. AMARAL, Z.D.S.; BRONDANI, R. V. Marcadores
750 microssatélites em espécies vegetais. *Biotechnol. Ciência e Desenvol.* **2003**, *7*, 46–50.
- 751 79. Kersey, P.J. Plant genome sequences: past, present, future. *Curr. Opin. Plant Biol.* 2019, *48*.
- 752 80. Teske, D.; Peters, A.; Möllers, A.; Fischer, M. Genomic Profiling: The Strengths and Limitations of Chloroplast
753 Genome-Based Plant Variety Authentication. *J. Agric. Food Chem.* 2020, *68*.