

UNIVERSIDADE FEDERAL DO RIO GRANDE DO SUL

Instituto de Biociências

Departamento de Genética

**Novas perspectivas na análise da dieta de duas espécies de *Ctenomys* (Rodentia,
Ctenomyidae) da planície costeira do Sul do Brasil**

Laura Moretti Heidtmann

Orientador – Dr. Thales Renato Ochotorena de Freitas

Co-orientadora – Msc Carla Martins Lopes

Trabalho apresentado como requisito para
obtenção do grau de Bacharel no curso de
Ciências Biológicas

Porto Alegre 2011

INSTITUIÇÕES E FONTES FINANCIADORAS:

O presente trabalho foi desenvolvido no Departamento de Genética, Laboratório de Citogenética e Evolução da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (UFRGS) e contou com a colaboração financeira de:

- Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq);
- Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES);
- Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio Grande do Sul (FAPERGS);

*Aos meus amados pais, Patrícia e Henrique,
por terem priorizado sempre pela minha
educação mesmo sabendo que para isso
teríamos que ficar tão longe.*

"A compaixão pelos animais está intimamente ligada a bondade de caráter, e pode ser seguramente afirmado que quem é cruel com os animais não pode ser um bom homem."

(Arthur Schopenhauer)

"Não há diferenças fundamentais entre o homem e os animais nas suas faculdades mentais. Os animais, como os homens, demonstram sentir: prazer, dor, felicidade e sofrimento"

(Charles Darwin)

AGRADECIMENTOS:

Este trabalho encerra meus quatro anos e meio de graduação. Neste tempo muitas pessoas contribuíram para meu crescimento pessoal e profissional. Espero poder aqui expressar o quão grata eu sou a estas pessoas.

Ao meu orientador Thales R. O. de Freitas, pela oportunidade de estágio, pela confiança e por todo apoio dado mesmo quando as coisas não deram tão certo. E principalmente pelo convívio maravilhoso nesses três anos de trabalho juntos.

À Carla Martins Lopes pela co-orientação, por toda a paciência que teve comigo e por todo o ensinamento. Muito obrigada por tudo.

Aos meus colegas do Laboratório de Citogenética e Evolução: Paula, Camila, Simone, Tatinski, Darli, Lívia, Jorge, Samara, Dalila, Ana, Claiton, Gis, Paty, Diego, Mayara, Fabrício, Grazi, Leonardo, Bruno, Dani, pelo convívio e pela parceria em todas as horas. Pelos cafés, pelos chás-de-panela, pelos chás-de-frauda, pelos barzinhos, mas principalmente por terem tornado meus dias mais alegres.

Gostaria de agradecer em especial à Paula e à Camila que me deram muita força e auxílio nos momentos mais difíceis. Muito obrigada gurias pela amizade, pelas risadas, pelos ensinamentos e pelas contribuições que enriqueceram este trabalho.

Ao Jorge pelas sugestões e por tornar a convivência no laboratório muito mais divertida.

À Simone, por ser uma pessoa maravilhosa e por ter me apresentado o Instituto Curicaca, onde realizei o meu Estágio Supervisionado, foi uma experiência muito boa, e espero poder continuar contribuindo com o Instituto.

À Camila, à Carla, à Paty, ao Bruno e ao Pedro por toda ajuda nas coletas de campo realizadas neste trabalho.

Ao Pedro, meu amigo de muito tempo, que teve papel crucial neste trabalho. Muito obrigada pela calma, pela paciência e pelas palavras amigas. Espero que a nossa amizade dure muitos anos ainda.

À Professora Loreta Brandão de Freitas, à Priscilla Zamberlan e à Caroline Turchetto pelos ensinamentos e auxílios no mundo das plantas.

Ao Luciano por todo o auxílio no laboratório e pelo bom humor de sempre.

À Lucinha por sempre cuidar de todas as papeladas para gente e por estar sempre disposta a ajudar.

Aos meus amigos de graduação, que gostaria de ter convivido mais tempo ainda, Naiara, Janíra, Sophie, Marcelo, Claudinho, Paulo, Backinho, Ronaldo e Mari, obrigada por tudo.

À Universidade Federal do Rio Grande do Sul pelo ensino de qualidade que oferece e principalmente pelo currículo do curso que proporciona ao aluno escolher e optar por uma série de cadeiras eletivas e alternativas. Estas cadeiras fizeram toda a diferença na minha formação. Aos professores por todo o ensino e dedicação, cada um contribuiu de alguma maneira para meu crescimento profissional e pessoal. Gostaria de agradecer em especial ao Márcio, ao Aldo, à Luciane, à Loreta, à Flávia por serem excelentes professores, mas também pelo tratamento mais humano.

À PIBIC/CNPq pela bolsa de iniciação científica.

Aos meus pais, Patrícia e Henrique e a minha irmã, Bárbara, muito obrigada por todo o amor, o carinho e por compartilharem comigo cada riso e cada lágrima, mesmo estando longe. Ao meu pai e a minha mãe por todo o esforço em me proporcionarem um ensino de qualidade sempre. Amo muito vocês, e sinto muita saudade sempre.

Ao meu melhor amigo, ao meu companheiro desde o início desta caminhada e o amor da minha vida Marcus. Muito obrigada por fazer os meus dias mais felizes, por me dar força, por ser meu porto seguro e por me tornar uma pessoa melhor a cada dia.

**Este trabalho está formatado nas normas de submissão para a Revista Brasileira de
Biociências.**

**Novas perspectivas na análise da dieta de duas espécies de *Ctenomys* (Rodentia,
Ctenomyidae) da planície costeira do Sul do Brasil**

Laura Moretti Heidtmann^{1*}; Pedro Joel Silva da Silva Filho²; Carla Martins Lopes¹ e Thales
Renato Ochotorena de Freitas¹

Perspectivas na análise da dieta de herbívoros

¹ Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Departamento de Genética, Av. Bento Gonçalves 9500, prédio 43323 Bairro Agronomia, 91501-970, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil.

² Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Departamento de Botânica, Av. Bento Gonçalves 9500, prédio 43433 Bairro Agronomia, 91501-970, Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil.

* Autor para contato. e-mail: laurinhmh@hotmail.com

Instituições Financiadoras: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico (CNPq), Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio Grande do Sul (FAPERGS), Programa de Pós-graduação em Genética e Biologia Molecular (PPGBM).

RESUMO: *Ctenomys flamarioni* e *C. minutus* são roedores herbívoros de hábito fossorial, que habitam a planície costeira do sul do Brasil, e possuem uma pequena região de simpatria no estado do Rio Grande do Sul. Pouco se sabe a respeito da dieta dos ctenomídeos, sendo comumente sugerido que estes se alimentam de folhas e raízes de gramíneas. Marcadores moleculares de DNA cloroplastidial vêm sendo amplamente aplicados em estudos envolvendo a análise da composição da dieta de herbívoros, principalmente o íntron *trnL* (UAA), o qual possui uma pequena região conhecida como alça P6, altamente variável e flanqueada por regiões conservadas, permitindo assim a amplificação e identificação de material degradado. O objetivo principal deste trabalho é organizar uma base de dados de sequências do íntron *trnL* (UAA) de plantas amostradas ao redor das tocas de *C. flamarioni* e *C. minutus* e testar o poder de resolução taxonômica da alça P6. Foram selecionados três pontos de coleta; Tramandaí, Torres e Praia do Barco, onde ocorrem respectivamente, *C. flamarioni*, *C. minutus* e as duas espécies em simpatria. Para amplificar o íntron *trnL* (UAA) foram utilizados os primers *c* e *d*. Das 91 plantas coletadas foram geradas 73 sequências, totalizando 43 haplótipos, distribuídos em 43 espécies e 41 gêneros. Através do BLAST gerado para cada haplótipo e das árvores filogenéticas constatamos a validade do íntron *trnL* (UAA) como DNA *barcoding* de plantas. As análises da alça P6 do íntron *trnL* (UAA) demonstraram que esta região apresenta grande potencial na identificação de material degradado e análise da dieta de herbívoros.

Palavras-chave: roedores herbívoros, simpatria, DNA cloroplastidial, íntron *trnL* (UAA).

ABSTRACT: (New perspectives in diet analysis of two species of *Ctenomys* (Rodentia, Ctenomyidae) in the coastal plain of southern Brazil). *Ctenomys flamarioni* and *C. minutus* are herbivorous rodents with fossorial habit, which inhabit the southern Brazilian coastal plain, and have a small area of sympatry in the state of Rio Grande do Sul. Little is known about the diet composition of ctenomyids and it is commonly suggested that they feed on leaves and roots of grasses. Through the development of molecular markers of chloroplast DNA, such as *trnL* (UAA) intron, it has been possible to assess more accurately the diet of herbivores. This intron has a small region known as P6 loop that has been used in the identification of degraded material and proved to be effective in the analysis of the diet of herbivores. The main objective of this work is to organize a database of sequences of *trnL* (UAA) intron of the plants found around the burrows of *C. flamarioni* and *C. minutus* and to test the taxonomic resolution power of the P6 loop. We selected three sampling sites, Tramandaí, Torres and Praia do Barco where occurs respectively *C. flamarioni*, *C. minutus* and these two species in sympatry. To amplify the *trnL* (UAA) intron we used the primers *c* and *d*. Of the 91 plants collected, were generated 73 sequences, totalizing 43 haplotypes distributed among 43 species and 41 different genera of plants. Through the BLAST carried by each haplotype and by the phylogenetic trees reconstructions we were able to verify the validity of the *trnL* (UAA) intron as DNA barcoding of plants. The analyses performed with the P6 loop demonstrated a good taxonomic resolution demonstrating that this region has great potential to identify degraded material and also to analyze the diet of herbivores.

Key words: herbivorous rodents, sympatry, chloroplast DNA, *trnL* (UAA) intron.

INTRODUÇÃO:

O gênero *Ctenomys* possui cerca de 60 espécies, compreende roedores herbívoros de hábito subterrâneo, que se encontram amplamente distribuídos desde a Terra do Fogo, na Argentina, até o sul da Bolívia e do Peru, e desde o nível do mar até mais de 4.000 metros de altitude nos Andes peruanos, ocupando grande parte da América do Sul (Reig *et al* 1990, Lacey *et al* 2000).

Ctenomys flamarioni e *C. minutus*, alvos de estudo deste trabalho, ocorrem na planície costeira do sul do Brasil (Freitas 1995). *Ctenomys flamarioni* se distribui desde Arroio Teixeira no litoral norte do estado do Rio Grande do Sul (RS) até a desembocadura do Arroio Chuí no sul do RS, habitando exclusivamente a primeira linha de dunas, que é o sistema deposicional mais recente da planície costeira (Freitas 1995, Fernández-Stolz 2007). *Ctenomys minutus* se distribui desde o Farol de Santa Marta no sul do estado de Santa Catarina até o município de São José do Norte no sul do estado do Rio Grande do Sul. Do Farol de Santa Marta até as proximidades de Xangri-lá essa espécie habita preferencialmente a primeira linha de dunas e de Xangri-lá até o limite sul de sua distribuição passa a habitar exclusivamente a segunda linha de dunas (Fig. 1) (Freitas 1995, Marinho & Freitas 2006). Entre Capão da Canoa e Xangri-lá há uma pequena região de simpatria entre essas duas espécies (Freitas 1995). Além do fato de estas espécies serem simpátricas, o que não é comum para o gênero, através de observações de campo nossa equipe pode constatar que quando estas duas espécies ocorrem separadamente ambas apresentam coloração de fezes marrom e quando estas ocorrem em simpatria *Ctenomys minutus* mantém a coloração marrom e *C. flamarioni* passa a apresentar coloração de fezes esverdeada.

Os ctenomídeos são altamente dependentes dos recursos que os cercam, dentre eles a comida. Alimentam-se basicamente de folhas e raízes de gramíneas, são generalistas na

maioria dos casos e têm grande influência sobre as comunidades de plantas das regiões que habitam (Nevo 1979, Altuna *et al* 1998, Borrel *et al* 1998, Busch *et al* 2000).

Existem poucos estudos analisando a composição da dieta dos ctenomídeos e nenhum trabalho foi realizado com espécies brasileiras (Comparatore *et al* 1995, del Valle *et al* 2001, Rosi *et al* 2003, Martino *et al* 2007, del Valle & Mañanes 2008, Albanese *et al* 2010). A maioria dos estudos desenvolvidos até o momento utilizou a técnica de análise micro-histológica da epiderme foliar dos itens consumidos (Comparatore *et al* 1995, del Valle *et al* 2001, Albanese *et al* 2010). Esta técnica é comumente aplicada na análise da composição da dieta de herbívoros, porém, apesar de tradicional é bastante trabalhosa e requer grande experiência do observador, muitas vezes gerando resultados inespecíficos e não replicáveis (Soininen *et al* 2010).

Uma abordagem recentemente desenvolvida é baseada no uso de marcadores moleculares e no conceito de DNA *barcoding*, sendo que regiões do DNA das espécies que foram ingeridas podem ser amplificadas, sequenciadas e comparadas com sequências provenientes de um banco de dados a fim de acessar a composição das dietas (Valentini *et al* 2009, Jurado-Riveira *et al* 2009, Soininen *et al* 2009). Estudos recentes aplicaram esta metodologia utilizando amostras frescas de fezes, conteúdos estomacais, regurgitos e até mesmo coprólitos (Poinar *et al* 1998, Hofreiter *et al* 2000, Poinar *et al* 2001, Jarman *et al* 2004, Deagle *et al* 2005, Deagle *et al* 2007, Bradley *et al* 2007), podendo inclusive ser utilizada quando a análise da dieta não pode ser deduzida pela observação direta dos hábitos alimentares, a exemplo de animais aquáticos, como os pinguins-de-crista (*Eudyptes chrysolophus*; Deagle *et al* 2007).

Duas estratégias podem ser utilizadas em análises da composição de dietas por meio de ferramentas moleculares: através do uso de *primers* grupo-específicos ou universais (Valentini *et al* 2008). Em geral, empregar marcadores grupo-específicos requer o

conhecimento *a priori* da dieta do animal, já marcadores universais não necessitam conhecimento prévio a respeito dos itens ingeridos (Valentini *et al* 2008). Uma abordagem universal para análise da dieta de herbívoros foi desenvolvida recentemente baseada no íntron *trnL* (UAA) do DNA cloroplastidial (Taberlet *et al* 2007). Este marcador tem sido sugerido como DNA *barcoding* de plantas e vem sendo aplicado na reconstrução de filogenias de espécies de plantas proximamente relacionadas (Taberlet *et al* 2007). Este íntron possui uma região curta de aproximadamente 100 pares de base (pb), conhecida como alça P6, bastante variável e flanqueada por regiões conservadas (Taberlet *et al* 2007). Esta região vem sendo utilizada na identificação de material vegetal degradado, mostrando-se bastante eficaz na identificação de plantas consumidas por diferentes espécies de herbívoros como mamíferos, aves, moluscos e insetos (Taberlet *et al* 2007, Valentini *et al* 2009, Jurado-Riveira *et al* 2009, Soinenen *et al* 2009).

Soinenen *et al.* (2009) compararam as técnicas de análise micro-histológica e análise molecular utilizando a alça P6 do íntron *trnL* (UAA), em duas espécies diferentes de roedores herbívoros. Os resultados obtidos através dos dados moleculares dos itens consumidos apresentaram melhor resolução taxonômica comparados à análise micro-histológica, ainda que a amplificação da alça P6 não permita identificar todos os itens ingeridos em nível de espécie. Valentini *et al.* (2009) sugerem que uma boa base de dados de sequências pode permitir a identificação de pelo menos 50% das amostras até o nível de espécie, e 90% em nível de gênero. Neste estudo os autores indicam que a porcentagem de identificação dos itens consumidos é muito mais baixa quando as sequências obtidas são comparadas com banco de dados públicos, como GenBank, do que quando comparadas com um banco de dados do local.

Considerando o pouco conhecimento a respeito da dieta das espécies de ctenomídeos do sul do Brasil, a necessidade emergente de investigação do efeito da simpatria entre

Ctenomys minutus e *C. flamarioni* e a disponibilidade de ferramentas moleculares com alto poder de resolução, os objetivos deste trabalho são: (i). Organizar uma base de dados de sequências do íntron *trnL* (UAA) das plantas encontradas ao redor das tocas de *C. minutus* e *C. flamarioni*, para que futuramente essa base de dados seja utilizada na qualificação de suas dietas; (ii). Testar a eficácia do íntron *trnL* (UAA) como DNA *barcoding* de plantas (iii). Testar o poder de resolução taxonômica da alça P6 deste íntron.

MATERIAL E MÉTODOS:

Foram coletadas 91 plantas em três pontos amostrais: Tramandaí (n=34), Torres (n=25) e Praia do Barco (n=32), onde ocorrem, respectivamente, *Ctenomys flamarioni*, *C. minutus* e as duas espécies em simpatria (Fig. 1).

As diferentes espécies de plantas foram amostradas seguindo o método expedito por caminhamento que consiste em três etapas: reconhecimento dos tipos de vegetação (fitofisionomias) da área a ser amostrada, caminhadas aleatórias ao longo de uma ou mais linhas imaginárias (transectos) e elaboração da lista das espécies encontradas (Filgueiras *et al* 1994). Os espécimes de plantas foram prensados, identificados taxonomicamente e depositados no Herbário da Universidade Federal do Rio Grande do Sul (Tab. 1). Amostras de tecido vegetal foram armazenadas em sílica gel para posterior extração de DNA.

As plantas foram pulverizadas com nitrogênio líquido e o DNA total foi extraído com CTAB (Brometo de Cetil Trimetil Amônio) conforme a metodologia descrita por Roy *et al.* (1992). Para cada extração foram utilizados 30 mg de tecido vegetal pulverizado, 600 µl de tampão de extração (100 mM TRIS-HCL; 1,4 M NaCl; 20 mM EDTA; 2% CTAB; 0,5% β-mercaptoetanol; 2% PVP 40), 60 µl de β-mercaptoetanol (100%) e 6 µl de proteinase K (10mg/ml). As amostras foram incubadas a 65°C por 30 minutos. Após este procedimento segue-se com a emulsão em 600 µl de fenol-clorofórmio (1:1) e centrifugação por 15 minutos

a 13000 rpm. O volume de sobrenadante recolhido foi quantificado e precipitado através da adição de um volume de isopropanol e 1/10 do volume de acetato de sódio 3M, e armazenado por 24 horas a -18°C. Após a precipitação as amostras foram centrifugadas por 20 minutos com descarte do sobrenadante. Os *pellets* foram lavados com 200 µl de etanol 70%, secados á temperatura ambiente por 20 minutos e eluídos em 200 µl de TE 1X (TRIS-HCl 10 mM; EDTA 1 mM) e tratados com a adição de 2 µl de RNase (10mg/ml).

Os produtos da extração foram verificados em eletroforese horizontal em gel de agarose 1% e corados com brometo de etídeo. O gel foi visualizado em transiluminador de luz ultravioleta e as amostras positivas foram quantificadas pelo NanoDrop®.

O íntron *trnL* (UAA) foi amplificado através da reação em cadeia da polimerase (PCR) utilizando os *primers* c (5'-CGAAATCGGTAGACGCTACG-3') e d (5'-GGGGATAGAGGGACTTGAAC-3') descritos por Taberlet *et al.* (1991), seguindo as condições estabelecidas pelo autor com algumas modificações (10ng de DNA foram submetidos a 35 ciclos de amplificação, 94°C por 1 minuto, 48-50°C por 1 minuto, 72°C por 2 minutos).

Os produtos da PCR foram visualizados em eletroforese horizontal da mesma forma que os produtos da extração. As amostras foram purificadas com enzimas Exonuclease I (EXO) e Fosfatase Alcalina de Camarão (SAP; GE Healthcare, EUA). Para 6 µl do produto de PCR foi adicionado, 0,05 µl de EXO, 0,25 µl de SAP e 0,7 µl de água ultra-pura, totalizando 7 µl, sendo estes incubados a 37°C por 30 minutos e posteriormente a 80°C por 15 minutos.

Após a purificação as amostras foram sequenciadas com sequenciador ABI 377® (Applied Biosystems Inc.) pela empresa Macrogen, utilizando os *primers* c e d.

Os eletroferogramas foram visualizados através do programa Chromas Lite 2.01 (Technelysium Pty Ltd®) e as sequências foram editadas manualmente e alinhadas utilizando

a ferramenta Clustal X implementada no programa MEGA 5.0 (Tamura *et al* 2011). A identificação dos haplótipos foi realizada através do programa DnaSP v. 5 (Librado & Rozas 2009).

Cada sequência de plantas do íntron *trnL* (UAA) foi comparada com o banco de dados GenBank utilizando o algoritmo BLASTn e os parâmetros de busca padrão (Altschul *et al* 1990). As sequências foram ordenadas por máxima identidade, sendo este o parâmetro utilizado para verificar o poder de resolução taxonômica deste íntron.

Para a construção de árvores filogenéticas foram selecionadas as famílias nas quais obtivemos mais de uma espécie sequenciada. Em média foram selecionadas 70 sequências do GenBank para cada família, sendo estas obtidas através do BLAST das sequências do nosso banco de dados ou através da ferramenta de busca de sequências (Material Suplementar, Tabelas S1 a S8). Para cada uma destas famílias foi gerada uma árvore filogenética de inferência Bayesiana implementada no programa MrBayes3.1 (Huelsenbeck & Ronquist 2001). Os modelos evolutivos foram determinados independentemente para cada grupo de sequências aplicando o Critério de Informação Akaike (AIC) estimado pelo programa MrModeltest v.2 (Nylander 2004). As árvores geradas foram visualizadas no programa FigTree (Rambaut 2006-2009).

RESULTADOS E DISCUSSÃO:

De acordo com a identificação taxonômica verificou-se que as 91 plantas coletadas pertencem a 20 famílias diferentes (Tab. 1) com predomínio de Poaceae, Asteraceae e Cyperaceae, devido aos locais de coleta serem caracterizados pela vegetação de “restinga” (Brasil 1986, Rambo 2005). Das 91 plantas coletadas foram geradas 73 sequências, a família com maior representatividade de sequências foi Poaceae seguida da família Asteraceae como é possível ver na Figura 2.

A maioria das plantas para as quais não se obteve sucesso na amplificação e no sequenciamento do DNA pertence à família Cyperaceae. Alguns fatores podem ter influência sobre este resultado, como por exemplo, a utilização do caule como tecido vegetal para extração do DNA, ao contrário das demais plantas onde utilizamos folhas, além disso, a quantidade de sílica que as espécies desta família apresentam pode ter agido como inibidora durante a amplificação. Futuras investigações sobre os fatores que influenciam na dificuldade de amplificação do DNA desta família botânica são necessárias, considerando que este táxon é amplamente distribuído pelo mundo, porém poucas sequências do íntron *trnL* (UAA) encontram-se depositadas no GenBank.

As sequências do íntron *trnL* (UAA) do nosso banco de dados se apresentaram bastante variáveis com relação ao comprimento variando entre 386 a 590 pb, com média igual a 496,3 pb. No total foram obtidos 43 haplótipos, distribuídos entre 43 espécies, compreendendo 41 gêneros distintos. *Gamochaeta subfalcata* (Cabrera) Cabrera apresentou o mesmo haplótipo que *Gamochaeta americana* (Mill.) Wedd., e *Setaria parviflora* (Poir.) Kerguelen apresentou dois haplótipos distintos, os demais haplótipos correspondem cada um a uma espécie diferente.

Setaria parviflora apresentou dois haplótipos distintos devido a substituição de 2 pb. Esta espécie parece apresentar um certo polimorfismo para o íntron *trnL* (UAA), já que a sequência de *Setaria parviflora* adquirida do GenBank (GU561493.1) também apresentou diferenças em 3 pb (uma deleção e duas substituições).

Por meio do BLAST gerado com as sequências do íntron *trnL* (UAA) das plantas que já haviam sido identificadas taxonomicamente o GenBank reclassificou corretamente mais de 75% das plantas em nível de gênero (Fig. 3: A). A cobertura da consulta variou de 91-100% e a máxima identidade variou de 93-100%. As espécies que pertenciam a famílias com poucas sequências no GenBank foram as que apresentaram menores resoluções taxonômicas, já as

espécies que possuíam sequências depositadas no GenBank ou que pertenciam a famílias botânicas bem representadas nesta base de dados foram as que apresentaram melhores reclassificações.

As árvores filogenéticas geradas para cada uma das famílias (Fig. 4: A-H) posicionaram as nossas sequências em clados de diferentes níveis hierárquicos, com alto suporte estatístico. Dependendo da família botânica, nós inferimos associações das sequências alvo ao clado da espécie correspondente (Ex.: *Setaria parviflora* - árvore F, *Bacopa monnieri* – árvore E...) e ao clado do seu gênero correspondente (Ex.: *Chenopodium retusum* – árvore A; *Panicum racemosum* - árvore F...). Algumas sequências foram posicionadas em níveis hierárquicos superiores a gênero, devido a pouca disponibilidade de sequências no GenBank (Ex.: *Noticastrum calvatum* – árvore B).

Os dados gerados reforçam a relevância deste íntron como DNA *barcoding* de plantas, porém, assim como Ferri *et al.* (2009) pudemos observar que quanto maior o número de sequências disponíveis deste íntron no GenBank ou em outras bases de dados, melhores são as resoluções taxonômicas alcançadas.

Cyperaceae, como será discutido posteriormente, parece não apresentar bons resultados taxonômicos para este marcador (Fig. 4: D). Nas demais árvores a maioria das espécies de mesmo gênero agruparam. Acreditamos que algumas espécies do mesmo gênero não agruparam, pois as sequências disponíveis no GenBank podem apresentar erros de identificação da amostra ou problemas taxonômicos (Valentini *et al* 2008).

Atualmente, através de análises filogenéticas, diversas espécies de plantas vêm sendo realocadas em diferentes gêneros, e esta pode ser uma das razões dos erros de agrupamento observados. Sugerimos que as sequências depositadas em banco de dados públicos descrevam a metodologia de classificação taxonômica utilizada ou o autor que descreveu a espécie. Com esta medida acreditamos que os resultados obtidos seriam mais confiáveis.

As 73 sequências que geramos do íntron *trnL* (UAA), foram utilizadas também para verificar a eficiência da alça P6. Das 43 espécies sequenciadas, 39 haplótipos foram identificados analisando-se somente este fragmento curto que variou de 68-141 pb, com média igual a 88,8 pb.

Gamochoaeta subfalcata apresentou o mesmo haplótipo que *Gamochoaeta americana* o que já havia sido constatado com toda a sequência do íntron *trnL* (UAA). Apresentaram mesmo haplótipo também *Setaria parviflora* e *Panicum racemosum* (P. Beauv.) Spreng., ambas pertencentes à família Poaceae, *Baccharis gnaphalioides* Spreng. e *Conyza blakei* (Cabrera) Cabrera da família Asteraceae, e *Imperata brasiliensis* Trin. da família Poaceae com duas espécies da família Cyperaceae *Kyllinga vaginata* Lam. e *Pycreus polystachyos* (Rottb.) P. Beauv.. As demais espécies apresentaram cada uma um haplótipo distinto.

Kyllinga vaginata e *Pycreus polystachyos* da família Cyperaceae que apresentaram mesmo haplótipo que *Imperata brasiliensis* da família Poaceae, foram duas espécies que por meio do BLAST de todo o íntron já havia apresentado máxima identidade com o gênero *Miscanthus* da família Poaceae. Para descartar a hipótese de erro na identificação essas plantas foram reclassificadas por outros dois especialistas e ambos obtiveram o mesmo resultado. A suposição mais provável é que estes gêneros não possam ser distinguidos através de taxonomia molecular com o uso deste marcador, isto é possível verificar através da filogenia bayesiana, onde estes gêneros não formam um clado monofilético (Fig. 4: D).

Através do BLAST gerado com as sequências da alça P6, mais de 30% das sequências foram identificadas em nível de gênero e cerca de 90% em nível de família (Fig. 3: B).

Apesar da alça P6 ter apresentado resolução taxonômica menor do que a do íntron *trnL* (UAA), esta região parece ser bastante promissora para a análise da dieta de herbívoros. Principalmente devido a suas características, como ser flanqueada por regiões conservadas, possuir alta variedade interespecífica, baixa variabilidade intra-específica e ser curta o

suficiente para permitir a amplificação de material degradado. Porém, melhores resoluções taxonômicas podem ser alcançadas utilizando-se a alça P6 do íntron *trnL* (UAA) quanto mais abrangente e completo for o banco de dados disponível das sequências e das plantas que ocorrem no hábitat do animal que se deseja estudar (Valentini *et al* 2009).

A base de dados gerada neste trabalho será de grande auxílio para futuras pesquisas utilizando o íntron *trnL* (UAA), aplicáveis, dentre outros aspectos, em estudos envolvendo análise da composição da dieta de herbívoros e/ou em análises filogeográficas/filogenéticas de espécies vegetais que ocorrem na região.

AGRADECIMENTOS:

Ao laboratório de Citogenética e Evolução da Universidade Federal do Rio Grande do Sul e todos os seus integrantes por todo auxílio prestado durante este estudo. Ao Projeto tuco-tuco e Organização não-governamental Mamíferos RS. Às instituições financiadoras deste projeto: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico (CNPq), Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio Grande do Sul (FAPERGS), Programa de Pós-graduação em Genética e Biologia Molecular (PPGGBM). À Camila S. Castilho e Paula Angélica Roratto por todas as sugestões que enriqueceram este trabalho.

REFERÊNCIAS:

ALBANESE, S., RODRÍGUEZ, D., DACAR, M.A. & OJEDA, R.A. 2010. Use of resources by the subterranean rodent *Ctenomys mendocinus* (Rodentia, Ctenomyidae), in the lowland Monte desert, Argentina. *Journal of Arid Environments*, 74: 458–463.

ALTSCHUL, S. F., GISH, W., MILLER, W., MYERS, E.W. & LIPMAN, D. J. 1990 Basic local alignment search tool. *Journal of Molecular Biology*, 215: 403–410.

- ALTUNA, C. A., BACIGALUPE, L. D. & CORTE, S. 1998. Food handling and feces reingestion in *Ctenomys pearsoni* (Rodentia Ctenomyidae). *Acta Theriologica*, 43: 433–437.
- BORREL, N., CAMPOS, C.M., GIANNONI, S.M. & BORGHI, A. 1998. Effects of herbivorous rodents (cavies and tuco-tucos) on a shrub community in the monte desert Argentina. *Journal of Arid Environments*, 39: 33-37.
- BRADLEY, B.J., STILLER, M., DORAN-SHEEHY, D.M., HARRIS, T., CHAPMAN, C.A., VIGILANT, L. & POINAR, H. 2007. Plant DNA sequences from feces: potential means for assessing diets of wild primates. *American Journal of Primatology*, 69: 699-705.
- BRASIL. 1986. Departamento Nacional da Produção Mineral. PROJETO RADAMBRASIL. Folhas SH.22/SH21/SI21. Porto Alegre/Uruguaiana/Lagoa Mirim. Rio de Janeiro, (Levantamento de Recursos Naturais, 33).
- BUSCH, C., ANTINUCHI, C. D., DEL VALLE, J. C., KITTLEIN, M. J., MALIZIA, A. I., VASALLO, A.I. & ZENUTO, R.R. 2000. Population ecology of subterranean rodents. In: LACEY, E.A., PATTON, J.L. & CAMERON, G.N. (eds.). *Life Underground: The Biology of Subterranean Rodents*. Chicago, Illinois: The University of Chicago Press, 183–226.
- COMPARATORE, V. M., CID, M. S. & BUSCH, C. 1995. Dietary preferences of two sympatric subterranean rodent populations in Argentina. *Revista Chilena de Historia Natural*, 68: 197–206.
- DEAGLE, B.E., GALES, N.J., EVANS, K., JARMAN, S.N., ROBINSON, S., TREBILCO, R. & HINDELL, M.A. 2007. Studying seabird diet through genetic analysis of feces: a case study on Macaroni Penguins (*Eudyptes chrysolophus*). *PLoS ONE*, 9(2): e831.
- DEAGLE, B.E., JARMAN, S.N., PEMBERTON, D. & GALES, N.J. 2005. Genetic screening for prey in the gut contents from a giant squid (*Architeuthis* sp.). *Journal of Heredity*, 96: 417-423.

- DEL VALLE, J.C. & MAÑANES A.A.L. 2008. Digestive strategies in the South American subterranean rodent *Ctenomys talarum*. *Comparative Biochemistry and Physiology, Part A*, 150: 387-394.
- DEL VALLE, J.C., LOHFELT, M.I., COMPARATORE, V.M., CID, M.S. & BUSCH, C. 2001. Feeding selectivity and food preference of *Ctenomys talarum* (tuco-tuco). *Zeitschrift für Säugetierkunde*, 66: 165–173.
- FERNÁNDEZ-STOLZ, G. P. 2007. *Estudos evolutivos, filogeográficos e de conservação em uma espécie endêmica do ecossistema de dunas costeiras do sul do Brasil, Ctenomys flamarioni (Rodentia - Ctenomyidae), através de marcadores moleculares microssatélites e DNA mitocondrial*. 193 f. Tese (Doutorado em Genética e Biologia Molecular) - Instituto de Biociências. Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2007.
- FERRI, G., ALÚ, M. & CORRADINI, B. 2009. Forensic botany: species identification of botanical trace using a multigene barcoding approach. *International Journal of Legal Medicine*, 123(5): 395-401.
- FILGUEIRAS, T.S., NOGUEIRA, P.E., BROCHADO, A.L. & GUALA II, G.F. 1994. Caminhamento: um método expedito para levantamentos florísticos qualitativos. *Cadernos de Geociências*, 12: 39-43.
- FREITAS, T. R. O. 1995. Geographic distribution and conservation of four species of the genus *Ctenomys* in southern Brazil. *Studies of Neotropical Fauna & Environment*, 30(1): 1-7.
- HOFREITER, M., POINAR, H.N., SPAULDING, W.G., BAUER, K., MARTIN, P.S., POSSNERT, G. & PÄÄBO, S. 2000. A molecular analysis of ground sloth diet through the last glaciation. *Molecular Ecology*, 9: 1975-1984.
- HUELSENBECK, J. P. & RONQUIST, F. 2001. MRBAYES: Bayesian inference of phylogenetic trees. *Bioinformatics*, 17:754-755.

- JARMAN, S.N., DEAGLE, B.E. & GALES, N.J. 2004. Group-specific polymerase chain reaction for DNA-based analysis of species diversity and identity in dietary samples. *Molecular Ecology*, 13: 1313-1322.
- JURADO-RIVEIRA, J.A., VOGLER, A.P., REID, C. A. M., PETITPIERRE, E. & ZURITA-GÓMEZ, J. 2009. DNA barcoding insect-host plant associations. *Proceedings of the Royal Society*, 276(1657): 639-648.
- LACEY, E. A. 2000. Spatial and social systems of subterranean rodents. In: LACEY, E., PATTON, J. & CAMERON, G. (Eds.). *Life underground: the biology of subterranean rodents*. Chicago, Illinois: University of Chicago Press. 449p.
- LIBRADO, P. & ROZAS, J. 2009. DnaSP v5: A software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25: 1451-1452.
- MARINHO, J. R. & FREITAS, T. R. O. 2006. Population structure of *Ctenomys minutus* (Rodentia, Ctenomyidae) on the coastal plain of Rio Grande do Sul, Brazil. *Acta Theriologica*, 51(1): 53-59.
- MARTINO, N. S., ZENUTO, R. R. & BUSCH C. 2007. Nutritional responses to different diet quality in the subterranean rodent *Ctenomys talarum* (tuco-tucos). *Comparative Biochemistry and Physiology, Part A*, 147: 974-982.
- NEVO, E. 1979. Adaptive convergence and divergence of subterranean mammals. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 10: 269-308.
- NYLANDER, J. 2004. MrModeltest v2. Evolutionary Biology Center, Uppsala University. Disponível em: < <http://www.abc.se/~nylander/mrmodeltest2/mrmodeltest2.html>>. Acesso em: 07 nov. 2011.
- POINAR, H.N., HOFREITER, M., SPAULDING, W.G., MARTIN, P.S., STANKIEWICZ, B.A., BLAND, H., EVERSLED, R.P., POSSNERT, G. & PAABO, S. 1998. Molecular

coproscopy: Dung and diet of the extinct ground sloth *Nothrotheriops shastensis*. *Science*, 281: 402-406.

POINAR, H.N., KUCH, M., SOBOLIK, K.D., BARNES I., STANKIEWICZ, A.B., KUDER, T., SPAULDING, W.G., BRYANT, V.M., COOPER, A. & PÄÄBO, S. 2001. A molecular analysis of dietary diversity for three archaic Native Americans. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 98: 4317-4322.

RAMBAUT, A. 2006-2009. FigTree v1.3.1 2006-2009. Institute of Evolutionary Biology University of Edinburgh. Disponível em: <<http://tree.bio.ed.ac.uk/>>. Acesso em: 07 nov. 2011.

RAMBO, B. 2005. A fisionomia do Rio Grande do Sul. 3ª ed. São Leopoldo:UNISINOS, 473p.

REIG, O. A. 1990. An overview of evolution, systematic, population, biology and molecular biology in *Ctenomys*. In: NEVO E. & REIG O. A. (Eds.). *Biology of Subterranean Mammals at the Organismal and Molecular Levels*. New York: Allan R. Liss. p.71-96.

ROSI, M. I., CONA, M. I., VIDELA, F., PUIG, S., MONGE, S. A. & ROIG V. G. 2003. Diet Selection by the Fossorial Rodent *Ctenomys mendocinus* Inhabiting an Environment with Low Food Availability (Mendoza, Argentina). *Studies on Neotropical Fauna and Environment*, 38(3): 159-166.

ROY A., FRASCARIA N., MACKAY J. & BOUSQUET J. 1992. Segregating random amplified polymorphic DNAs (RAPDs) in *Betula alleghaniensis*. *Theoretical and Applied Genetics* 85: 173–180.

SOININEN, E.M., VALENTINI, A., COISSAC, E., MIQUEL, C., GIELLY, L., BROCHMANN, C., BRYSTING, A.K., SONSTEBØ, J.H., IMS, R.A., YOCCOZ, N.G. & TABERLET, P. 2009. Analysing diet of small herbivores: the efficiency of DNA barcoding

coupled with high-throughput pyrosequencing for deciphering the composition of complex plant mixtures. *Frontiers in Zoology*, 6:16.

TABERLET, P., COISSAC, E., POMPANON, F., GIELLY, L., MIQUEL, C., VALENTINI, A., VERMAT, T., CORTIER, G., BROCHMANN, C. & WILLERSLEV, E. 2007. Power and limitations of the chloroplast *trnL* (UAA) intron for plant DNA barcoding. *Nucleic Acids Research*, 35:e14.

TABERLET, P., GIELLY, L., PAUTOU, G. & BOUVET, J. 1991. Universal primers for amplification of 3 noncoding regions of chloroplast DNA. *Plant Molecular Biology*, 17: 1105-1109.

TAMURA, K., PETERSON, D., PETERSON, N., STECHER, G., NEI, M. & KUMAR, S. 2011. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Molecular Biology and Evolution* 28: 2731-2739.

VALENTINI, A., MIQUEL, C., NAWAZ, M.A., BELLEMAIN, E., COISSAC, E., POMPANON, F., GIELLY, L., CRUAUD, C., NASCETTI, G., WINCKER, P., SWENSON, J.E. & TABERLET, P. 2009. New perspectives in diet analysis based on DNA barcoding and parallel pyrosequencing: the *trnL* approach. *Molecular Ecology Resources*, 24: 110-117.

VALENTINI, A., POMPANON, F. & TABERLET, P. 2008. DNA barcoding for ecologists. *Trends in Ecology & Evolution*, 24(2): 110-117.

Lista das legendas das figuras:

Figura 1: Distribuição geográfica de *Ctenomys flamarioni* e *C. minutus* e pontos amostrais.

TA- Tramandaí; PB- Praia do Barco e TO- Torres.

Figura 2: Número de sequências obtidas em cada ponto amostral distribuídas em suas respectivas famílias.

Figura 3: (A) Resoluções taxonômicas obtidas pelo BLAST das sequências completas do íntron *trnL* (UAA). (B) O critério de resolução foi baseado na máxima identidade entre as sequências.

Figura 4- Árvores filogenéticas Bayesianas de sequências do íntron *trnL* (UAA) de oito famílias. Destacadas em vermelho sequências geradas neste estudo. H_: haplótipo ao qual a sequência pertence. A: Amaranthaceae; B: Asteraceae; C: Caryophyllaceae; D: Cyperaceae; E: Plantaginaceae; F: Poaceae; G: Solanaceae e H: Verbenaceae.

Lista das figuras:

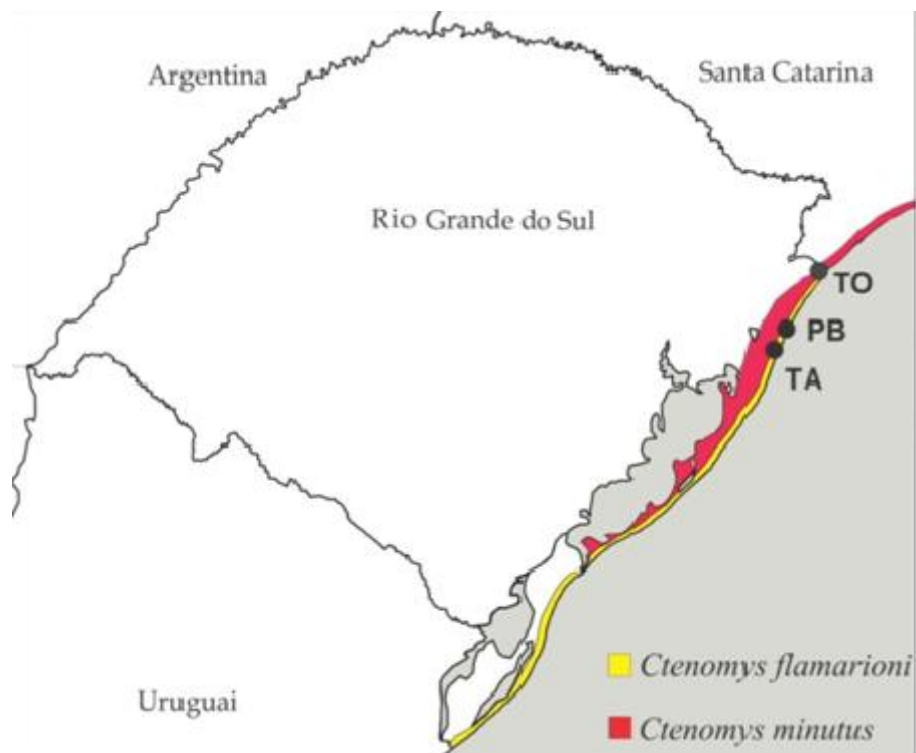


Figura 1: Distribuição geográfica de *Ctenomys flamarioni* e *C. minutus* e pontos amostrais. TA- Tramandaí; PB- Praia do Barco e TO- Torres.

Tabela 1 – Lista de espécies coletadas. Amostras não sequenciadas estão destacadas em negrito. NI: número de identificação; ICN: número de herbário (UFRGS).

NI	Espécie	Família	Local	ICN	Coletor (com número)	Data
P82	<i>Carpobrotus edulis</i> (L.) N.E. Br.	Aizoaceae	RS, Tramandai	169753	Silva Filho, P.J.S. & Heidmann, L.M.1318	17/12/2011
P122	<i>Blutaparion portulacoides</i> (St.-Hil.) Mears	Amaranthaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169725	Silva Filho, P.J.S. & Heidmann, L.M.1290	21/05/2011
P77	<i>Blutaparion portulacoides</i> (St.-Hil.) Mears	Amaranthaceae	RS, Tramandai	169726	Silva Filho, P.J.S. & Heidmann, L.M.1291	17/12/2011
P70	<i>Chenopodium retusum</i> (Moq.) Moq.	Amaranthaceae	RS, Tramandai	169754	Silva Filho, P.J.S. & Heidmann, L.M.1319	17/12/2011
P85	<i>Cyclosperrnum leptophyllum</i> var. <i>latisectum</i> (Urb.) Constance	Apiaceae	RS, Tramandai	169766	Silva Filho, P.J.S. & Heidmann, L.M.1331	17/12/2011
P106	<i>Centella asiatica</i> (L.) Urb.	Apiaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169769	Silva Filho, P.J.S. & Heidmann, L.M.1334	21/05/2011
P147	<i>Centella asiatica</i> (L.) Urb.	Apiaceae	RS, Torres, Parque Itapeva	169770	Silva Filho, P.J.S. & Heidmann, L.M.1335	22/05/2011
P141	<i>Oxyptalum tomentosum</i> Wight ex Hook. & Arn.	Apocynaceae	RS, Torres, Parque Itapeva	169735	Silva Filho, P.J.S. & Heidmann, L.M.1300	22/05/2011
P69	<i>Hydrocotyle bonariensis</i> Lam.	Araliaceae	RS, Tramandai	169727	Silva Filho, P.J.S. & Heidmann, L.M.1292	17/12/2011
P118	<i>Hydrocotyle bonariensis</i> Lam.	Araliaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169764	Silva Filho, P.J.S. & Heidmann, L.M.1329	21/05/2011
P146	<i>Hydrocotyle bonariensis</i> Lam.	Araliaceae	RS, Torres, Parque Itapeva	169765	Silva Filho, P.J.S. & Heidmann, L.M.1330	22/05/2011
P72	<i>Gamochaeta subfalcata</i> (Cabrera) Cabrera	Asteraceae	RS, Tramandai	169736	Silva Filho, P.J.S. & Heidmann, L.M.1301	17/12/2011
P65	<i>Noticastrum calvatum</i> (Baker) Cuatrec.	Asteraceae	RS, Tramandai	169737	Silva Filho, P.J.S. & Heidmann, L.M.1302	17/12/2011
P94	<i>Noticastrum calvatum</i> (Baker) Cuatrec.	Asteraceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169738	Silva Filho, P.J.S. & Heidmann, L.M.1303	21/05/2011
P132	<i>Conyza blakei</i> (Cabrera) Cabrera	Asteraceae	RS, Torres, Parque Itapeva	169739	Silva Filho, P.J.S. & Heidmann, L.M.1304	22/05/2011
P115	<i>Conyza blakei</i> (Cabrera) Cabrera	Asteraceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169740	Silva Filho, P.J.S. & Heidmann, L.M.1305	21/05/2011
P63	<i>Senecio ceratophylloides</i> Griseb.	Asteraceae	RS, Tramandai	169741	Silva Filho, P.J.S. & Heidmann, L.M.1306	17/12/2011
P128	<i>Senecio ceratophylloides</i> Griseb.	Asteraceae	RS, Torres, Parque Itapeva	169742	Silva Filho, P.J.S. & Heidmann, L.M.1307	22/05/2011
P105	<i>Senecio ceratophylloides</i> Griseb.	Asteraceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169743	Silva Filho, P.J.S. & Heidmann, L.M.1308	21/05/2011
P62	<i>Gamochaeta americana</i> (Mill.) Wedd.	Asteraceae	RS, Tramandai	169748	Silva Filho, P.J.S. & Heidmann, L.M.1313	17/12/2011
P117	<i>Gamochaeta americana</i> (Mill.) Wedd.	Asteraceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169749	Silva Filho, P.J.S. & Heidmann, L.M.1314	21/05/2011
P121	<i>Gamochaeta americana</i> (Mill.) Wedd.	Asteraceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169750	Silva Filho, P.J.S. & Heidmann, L.M.1315	21/05/2011

NI	Espécie	Família	Local	ICN	Coletor (com número)	Data
P126	<i>Gamocheeta americana</i> (Mill.) Wedd.	Asteraceae	RS, Torres, Parque Itapeva	169751	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1316	22/05/2011
P136	<i>Gamocheeta americana</i> (Mill.) Wedd.	Asteraceae	RS, Torres, Parque Itapeva	169752	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1317	22/05/2011
P95	<i>Baccharis gnaphalioides</i> Spreng.	Asteraceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169756	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1321	21/05/2011
P127	<i>Baccharis gnaphalioides</i> Spreng.	Asteraceae	RS, Torres, Parque Itapeva	169757	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1322	22/05/2011
P137	<i>Baccharis spicata</i> (Lam.) Baill.	Asteraceae	RS, Torres, Parque Itapeva	169758	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1323	22/05/2011
P61	<i>Acanthospermum australe</i> (Loefl.) Kuntze	Asteraceae	RS, Tramandai	169759	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1324	17/12/2011
P133	<i>Varronia curassavica</i> Jacq.	Boraginaceae	RS, Torres, Parque Itapeva	169771	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1336	22/05/2011
P96	<i>Varronia curassavica</i> Jacq.	Boraginaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169772	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1337	21/05/2011
P75	<i>Acicarpa procumbens</i> Less.	Calyceraceae	RS, Tramandai	169760	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1325	17/12/2011
P92	<i>Polycarpon tetraphyllum</i> (L.) L.	Caryophyllaceae	RS, Tramandai	169755	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1320	17/12/2011
P88	<i>Cardionema ramosissima</i> (Weinm.) A. Nelson & J.F. Macbr.	Caryophyllaceae	RS, Tramandai	169774	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1339	17/12/2011
P97	<i>Cardionema ramosissima</i> (Weinm.) A. Nelson & J.F. Macbr.	Caryophyllaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169775	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1340	21/05/2011
P113	<i>Pycnus polystachyos</i> (Rottb.) P. Beauv.	Cyperaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169712	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1277	21/05/2011
P139	<i>Pycnus polystachyos</i> (Rottb.) P. Beauv.	Cyperaceae	RS, Torres, Parque Itapeva	169713	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1278	22/05/2011
P108	<i>Kyllinga vaginata</i> Lam.	Cyperaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169714	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1279	21/05/2011
P135	<i>Kyllinga vaginata</i> Lam.	Cyperaceae	RS, Torres, Parque Itapeva	169715	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1280	22/05/2011
P110	<i>Cyperus odoratus</i> L.	Cyperaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169716	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1281	21/05/2011
P86	<i>Cyperus enterianus</i> var. <i>parvicapitulatus</i> Kük.	Cyperaceae	RS, Tramandai	169717	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1282	17/12/2011
P67	<i>Cyperus aggregatus</i> (Willd.) Endl.	Cyperaceae	RS, Tramandai	169718	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1283	17/12/2011
P100	<i>Cyperus aggregatus</i> (Willd.) Endl.	Cyperaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169719	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1284	21/05/2011
P140	<i>Androtrichum trigynum</i> (Spreng.) H. Pfeiff.	Cyperaceae	RS, Torres, Parque Itapeva	169720	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1285	22/05/2011
P76	<i>Androtrichum trigynum</i> (Spreng.) H. Pfeiff.	Cyperaceae	RS, Tramandai	169721	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1286	17/12/2011
P120	<i>Androtrichum trigynum</i> (Spreng.) H. Pfeiff.	Cyperaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169722	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1287	21/05/2011

NI	Espécie	Família	Local	ICN	Coletor (com número)	Data
P124	<i>Desmodium incanum</i> DC.	Fabaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169778	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1343	21/05/2011
P73	<i>Desmodium incanum</i> DC.	Fabaceae	RS, Tramandai	169779	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1344	17/12/2011
P111	<i>Juncus kraussii</i> Hochst.	Juncaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169747	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1312	21/05/2011
P87	<i>Oenothera parodiana</i> Munz	Onagraceae	RS, Tramandai	169776	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1341	17/12/2011
P134	<i>Oenothera parodiana</i> Munz	Onagraceae	RS, Torres, Parque Itapeva	169777	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1342	22/05/2011
P130	<i>Pelexia bonariensis</i> (Lindl.) Schltr.	Orchidaceae	RS, Torres, Parque Itapeva	169768	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1333	22/05/2011
P104	<i>Plantago tomentosa</i> Lam.	Plantaginaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169723	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1288	21/05/2011
P74	<i>Plantago tomentosa</i> Lam.	Plantaginaceae	RS, Tramandai	169724	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1289	17/12/2011
P80	<i>Bacopa monnieri</i> (L.) Wettst	Plantaginaceae	RS, Tramandai	169762	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1327	17/12/2011
P93	<i>Eragrostis trichocolea</i> Hack. & Arechav.	Poaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169689	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1254	21/05/2011
P125	<i>Eragrostis trichocolea</i> Hack. & Arechav.	Poaceae	RS, Torres, Parque Itapeva	169690	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1255	22/05/2011
P83	<i>Eragrostis trichocolea</i> Hack. & Arechav.	Poaceae	RS, Tramandai	169691	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1256	17/12/2011
P64	<i>Digitaria eriantha</i> Steud.	Poaceae	RS, Tramandai	169692	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1257	17/12/2011
P119	<i>Andropogon arenarius</i> Hack.	Poaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169693	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1258	21/05/2011
P138	<i>Andropogon arenarius</i> Hack.	Poaceae	RS, Torres, Parque Itapeva	169694	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1259	22/05/2011
P90	<i>Andropogon arenarius</i> Hack.	Poaceae	RS, Tramandai	169695	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1260	17/12/2011
P107	<i>Schizachyrium microstachyum</i> (Desv. ex Ham.) Roseng., B.R. Arrill. & Izag	Poaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169696	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1261	21/05/2011
P144	<i>Schizachyrium microstachyum</i> (Desv. ex Ham.) Roseng., B.R. Arrill. & Izag	Poaceae	RS, Torres, Parque Itapeva	169697	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1262	22/05/2011
P101	<i>Setaria parviflora</i> (Poir.) Kerguelén	Poaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169698	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1263	21/05/2011
P89	<i>Setaria parviflora</i> (Poir.) Kerguelén	Poaceae	RS, Tramandai	169699	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1264	17/12/2011
P78	<i>Spartina densiflora</i> Brongn.	Poaceae	RS, Tramandai	169700	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1265	17/12/2011
P60	<i>Cenchrus echinatus</i> L.	Poaceae	RS, Tramandai	169701	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1266	17/12/2011
P145	<i>Cenchrus echinatus</i> L.	Poaceae	RS, Torres, Parque Itapeva	169702	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1267	22/05/2011

NI	Espécie	Família	Local	ICN	Coletor (com número)	Data
P114	<i>Cenchrus echinatus</i> L.	Poaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169703	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1268	21/05/2011
P149	<i>Imperata brasiliensis</i> Trin.	Poaceae	RS, Torres, Parque Iapeva	169704	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1269	22/05/2011
P99	<i>Imperata brasiliensis</i> Trin.	Poaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169705	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1270	21/05/2011
P143	<i>Paspalum arenarium</i> Schrad.	Poaceae	RS, Torres, Parque Iapeva	169706	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1271	22/05/2011
P103	<i>Paspalum arenarium</i> Schrad.	Poaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169707	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1272	21/05/2011
P79	<i>Panicum racemosum</i> (P. Beauv.) Spreng.	Poaceae	RS, Tramandai	169708	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1273	17/12/2011
P129	<i>Panicum racemosum</i> (P. Beauv.) Spreng.	Poaceae	RS, Torres, Parque Iapeva	169709	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1274	22/05/2011
P123	<i>Panicum racemosum</i> (P. Beauv.) Spreng.	Poaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169710	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1275	21/05/2011
P91	<i>Paspalum nicorae</i> Parodi	Poaceae	RS, Tramandai	169711	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1276	17/12/2011
P148	<i>Gymnopogon legrandii</i> Roseng., B.R. Arriill. & Izag.	Poaceae	RS, Torres, Parque Iapeva	169728	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1293	22/05/2011
P116	<i>Gymnopogon legrandii</i> Roseng., B.R. Arriill. & Izag.	Poaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169729	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1294	21/05/2011
P98	<i>Chascolyrum erectum</i> (Lam.) Desv.	Poaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169763	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1328	21/05/2011
P142	<i>Polygala cyparissias</i> A. St.-Hil. & Moq.	Polygalaceae	RS, Torres, Parque Iapeva	169744	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1309	22/05/2011
P71	<i>Polygala cyparissias</i> A. St.-Hil. & Moq.	Polygalaceae	RS, Tramandai	169745	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1310	17/12/2011
P112	<i>Polygala cyparissias</i> A. St.-Hil. & Moq.	Polygalaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169746	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1311	21/05/2011
P66	<i>Richardia brasiliensis</i> (Spermacoce)	Rubiaceae	RS, Tramandai	169773	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1338	17/12/2011
P81	<i>Solanum americanum</i> Mill.	Solanaceae	RS, Tramandai	169761	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1326	17/12/2011
P68	<i>Petunia integrifolia</i> (Hook.) Schinz & Thell.	Solanaceae	RS, Tramandai	169767	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1332	17/12/2011
P109	<i>Phyla canescens</i> (Kunth) Greene	Verbenaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169730	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1295	21/05/2011
P84	<i>Phyla canescens</i> (Kunth) Greene	Verbenaceae	RS, Tramandai	169731	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1296	17/12/2011
P131	<i>Glandularia selloi</i> (Spreng.) Tronc.	Verbenaceae	RS, Torres, Parque Iapeva	169732	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1297	22/05/2011
P59	<i>Glandularia selloi</i> (Spreng.) Tronc.	Verbenaceae	RS, Tramandai	169733	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1298	17/12/2011
P102	<i>Glandularia selloi</i> (Spreng.) Tronc.	Verbenaceae	RS, Capão da Canoa, Praia do Barco	169734	Silva Filho, P.J.S. & Heidtmann, L.M.1299	21/05/2011

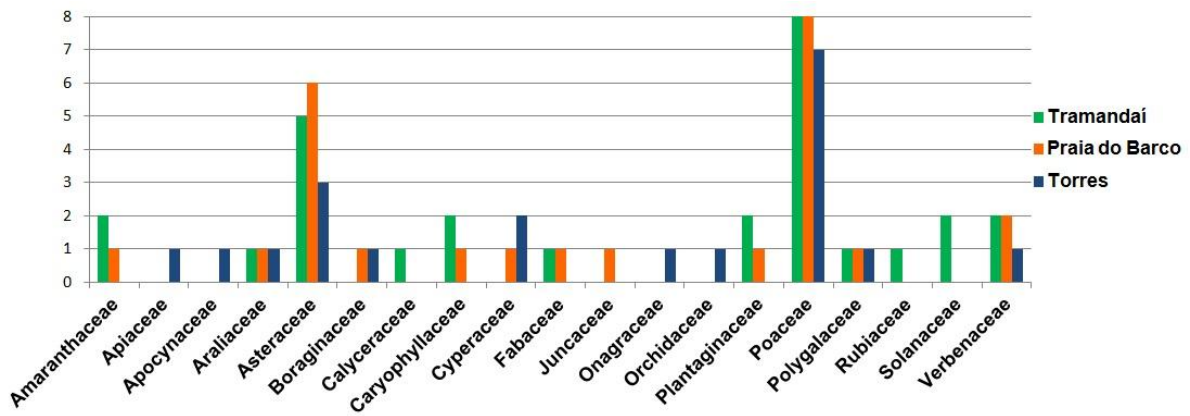


Figura 2: Número de seqüências obtidas em cada ponto amostral distribuídas em suas respectivas famílias.

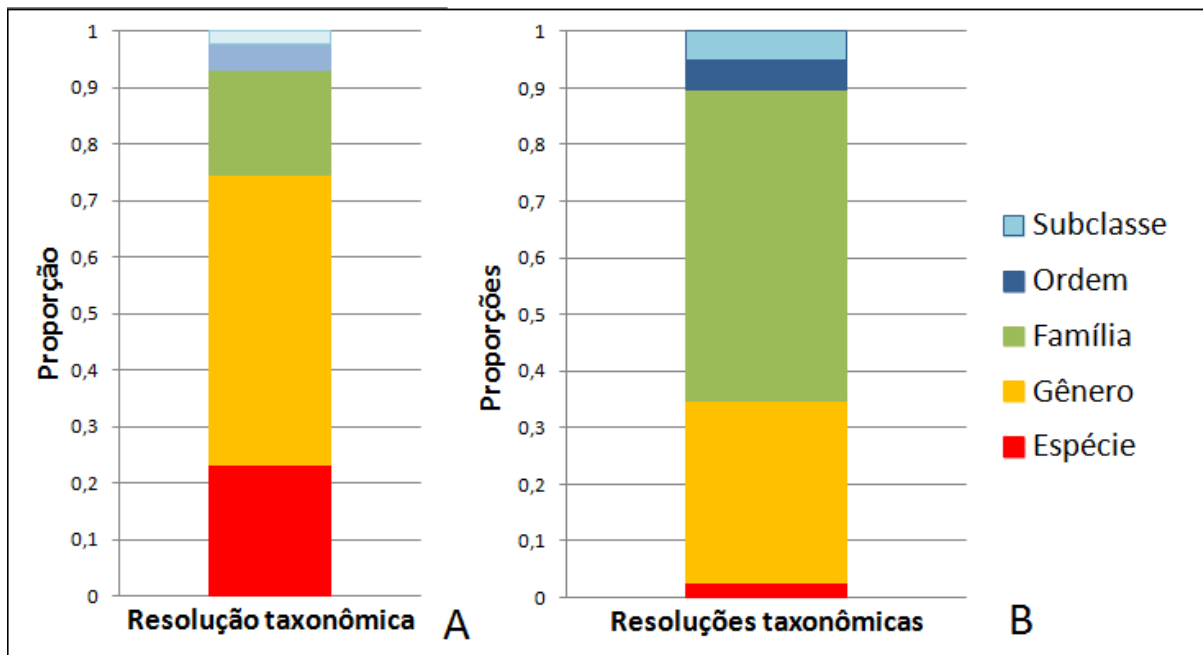
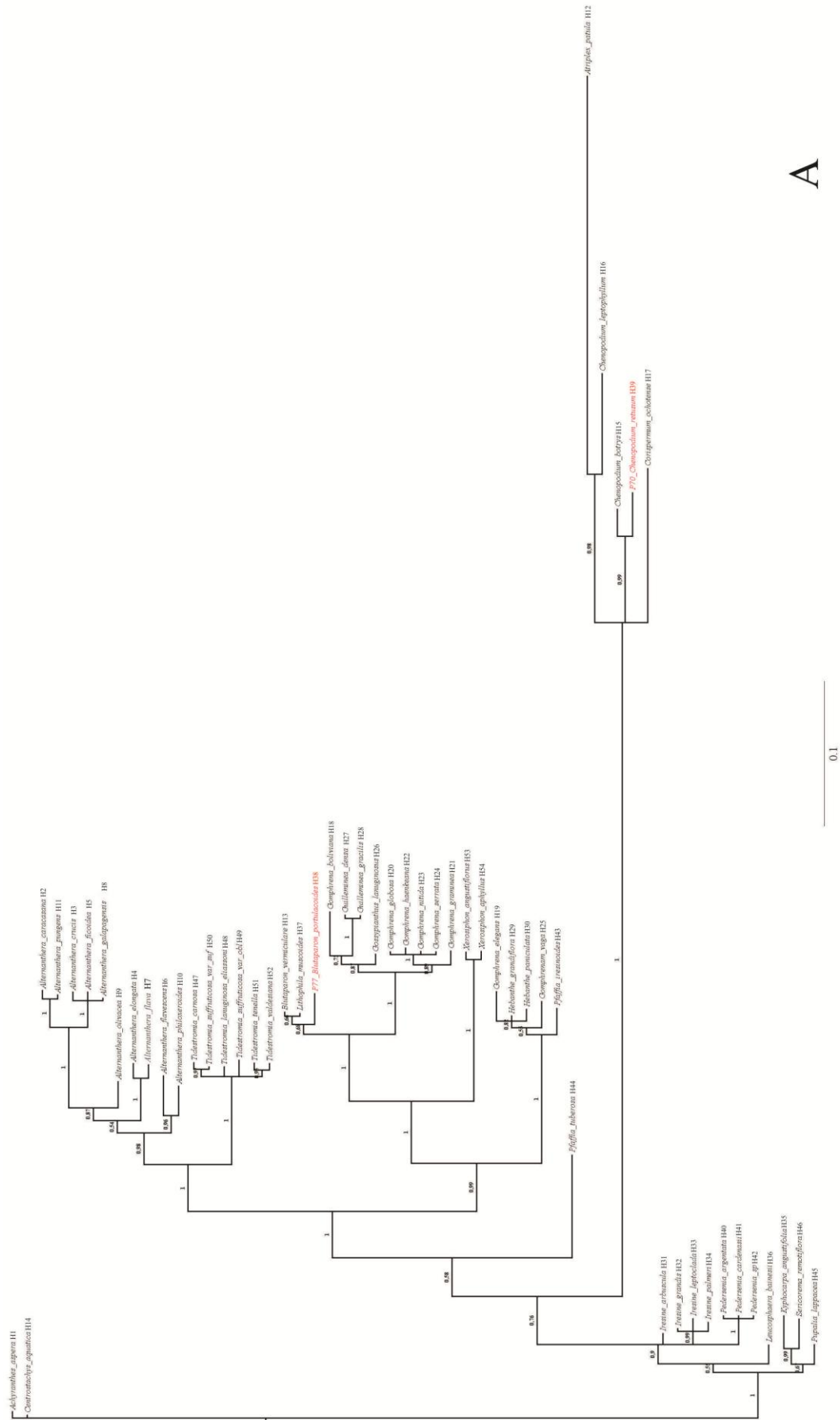
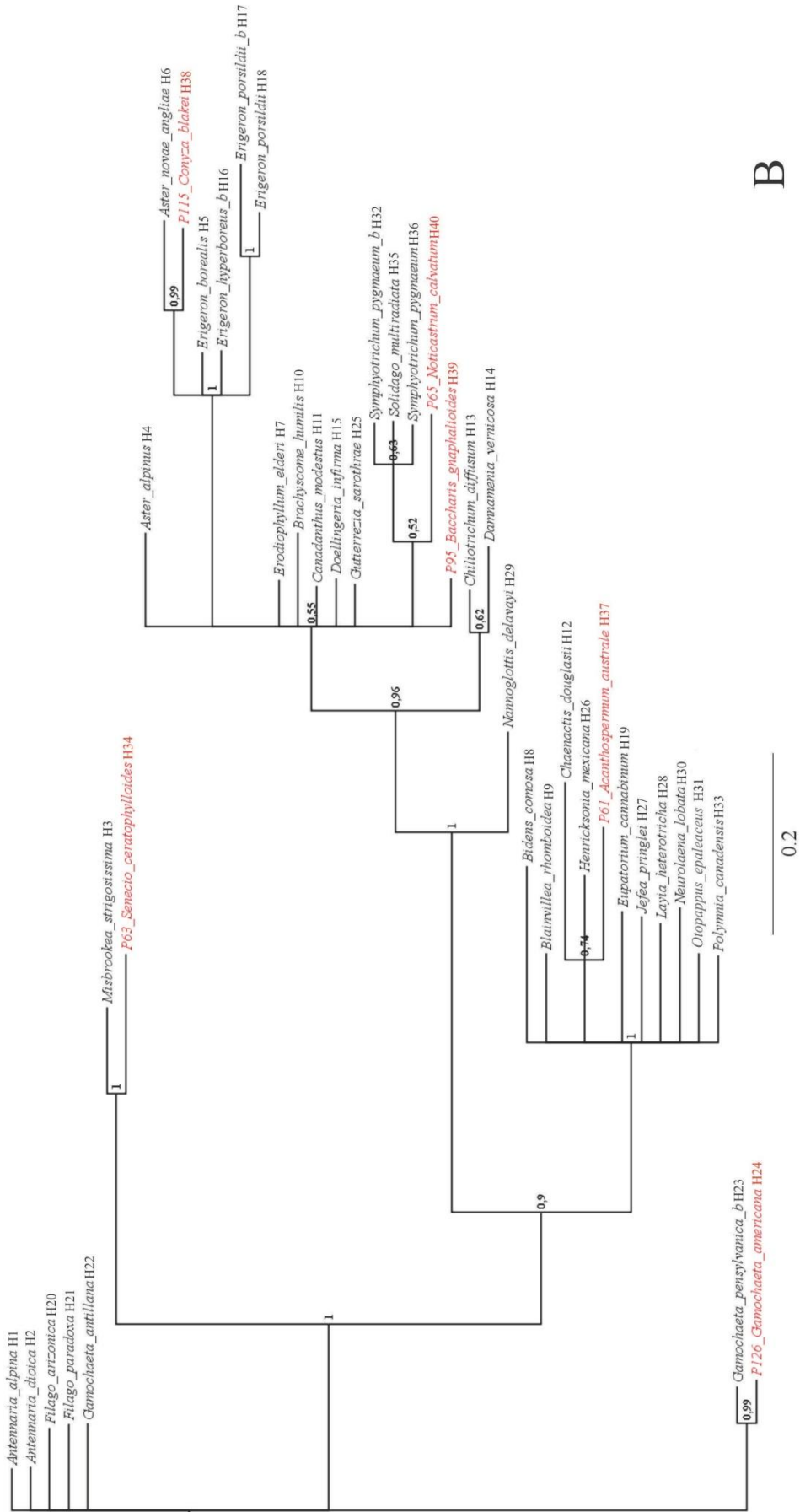
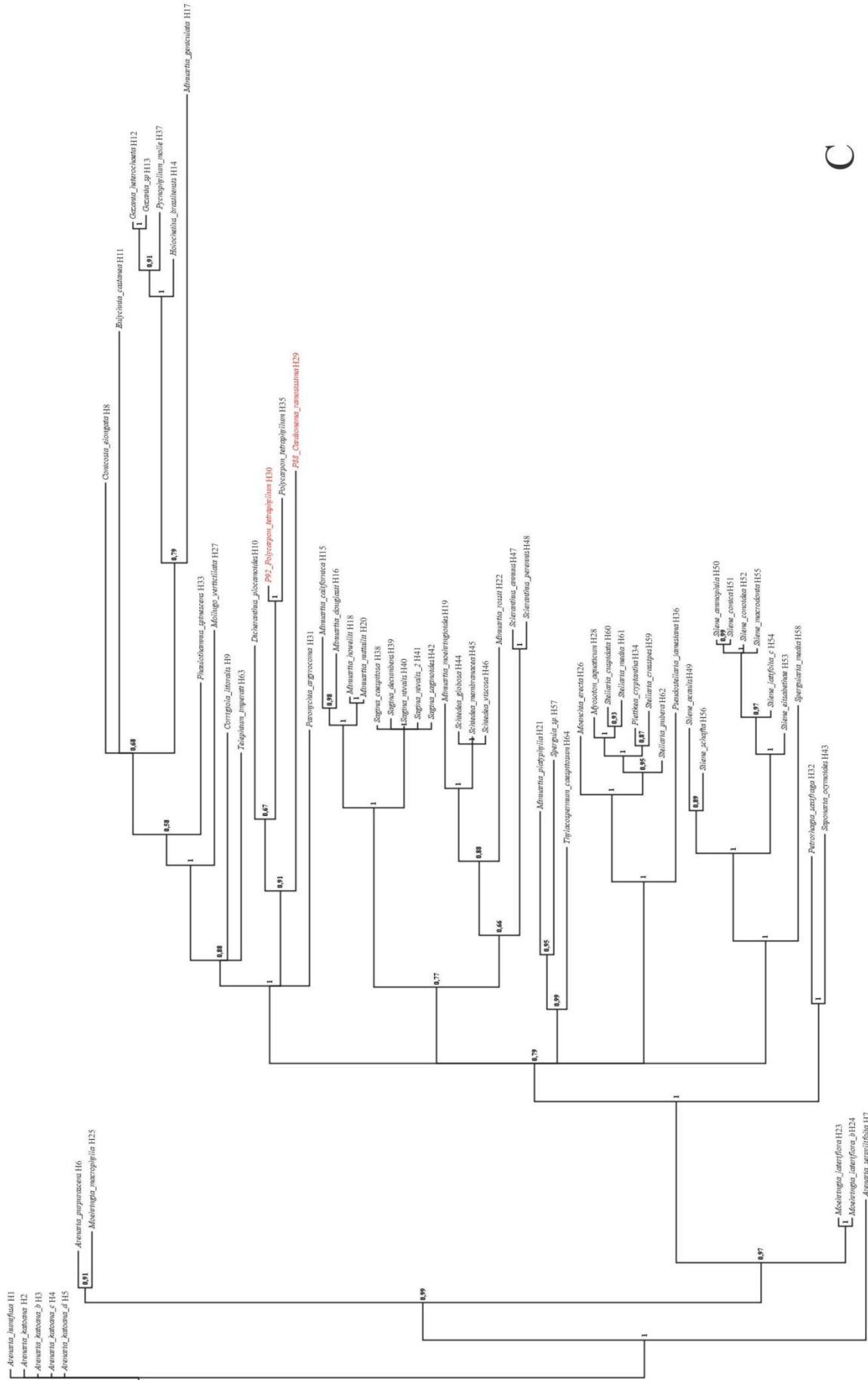


Figura 3: (A) Resoluções taxonômicas obtidas pelo BLAST das seqüências completas do íntron *trnL* (UAA). (B) Resoluções taxonômicas obtidas pelo BLAST das seqüências da alça P6 do íntron *trnL* (UAA). O critério de resolução foi baseado na máxima identidade entre as seqüências.

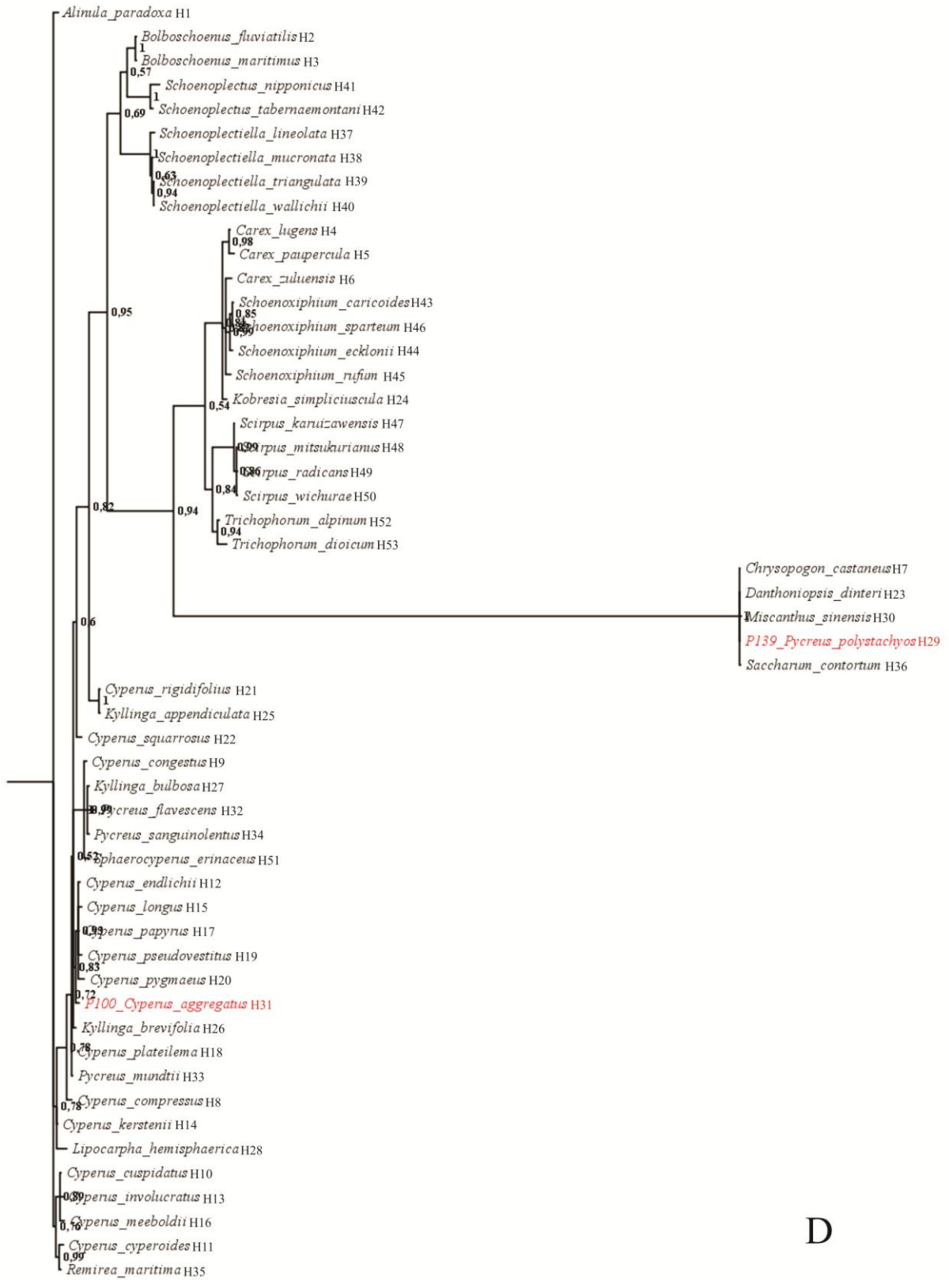




B



C

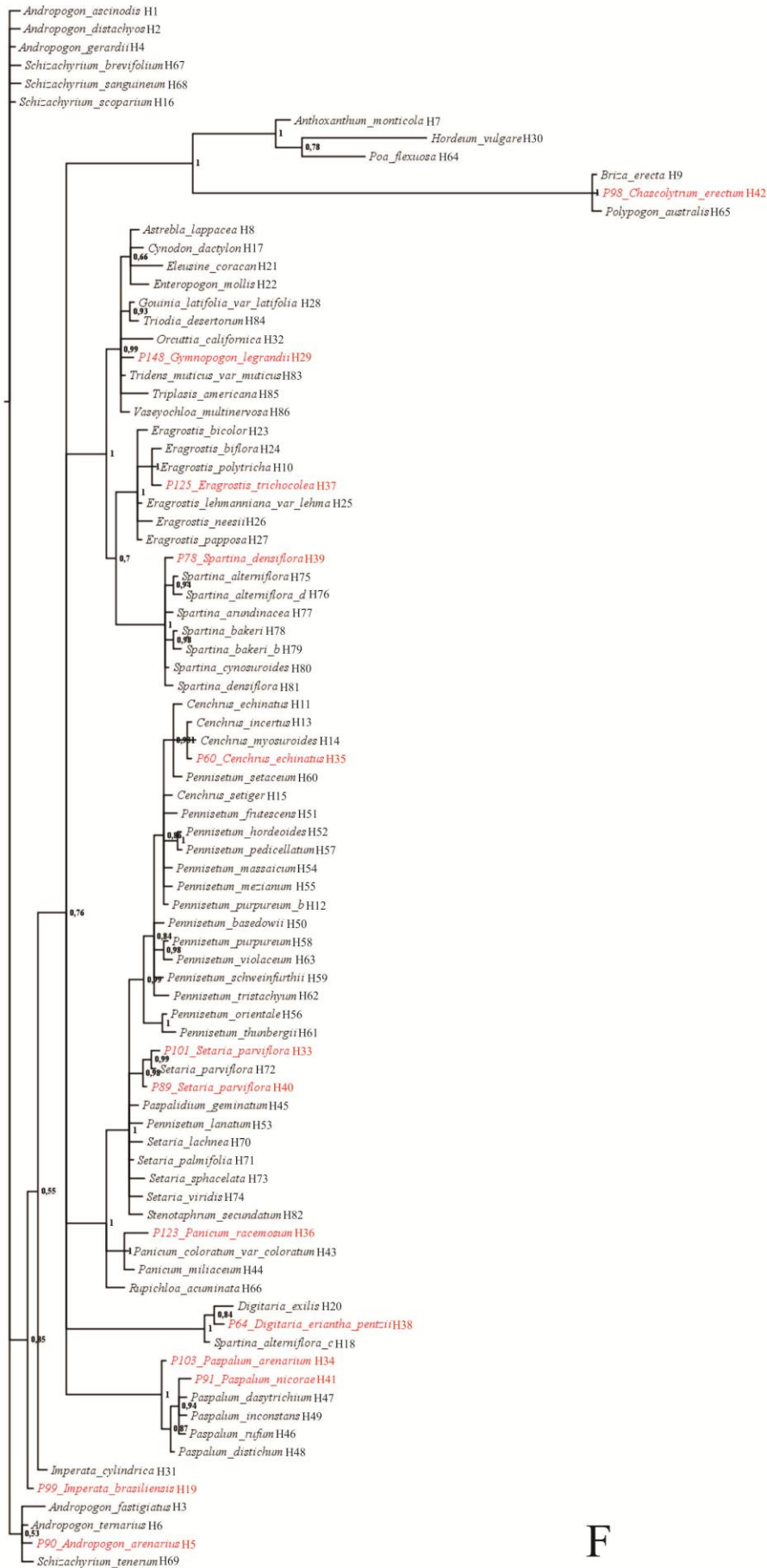


D



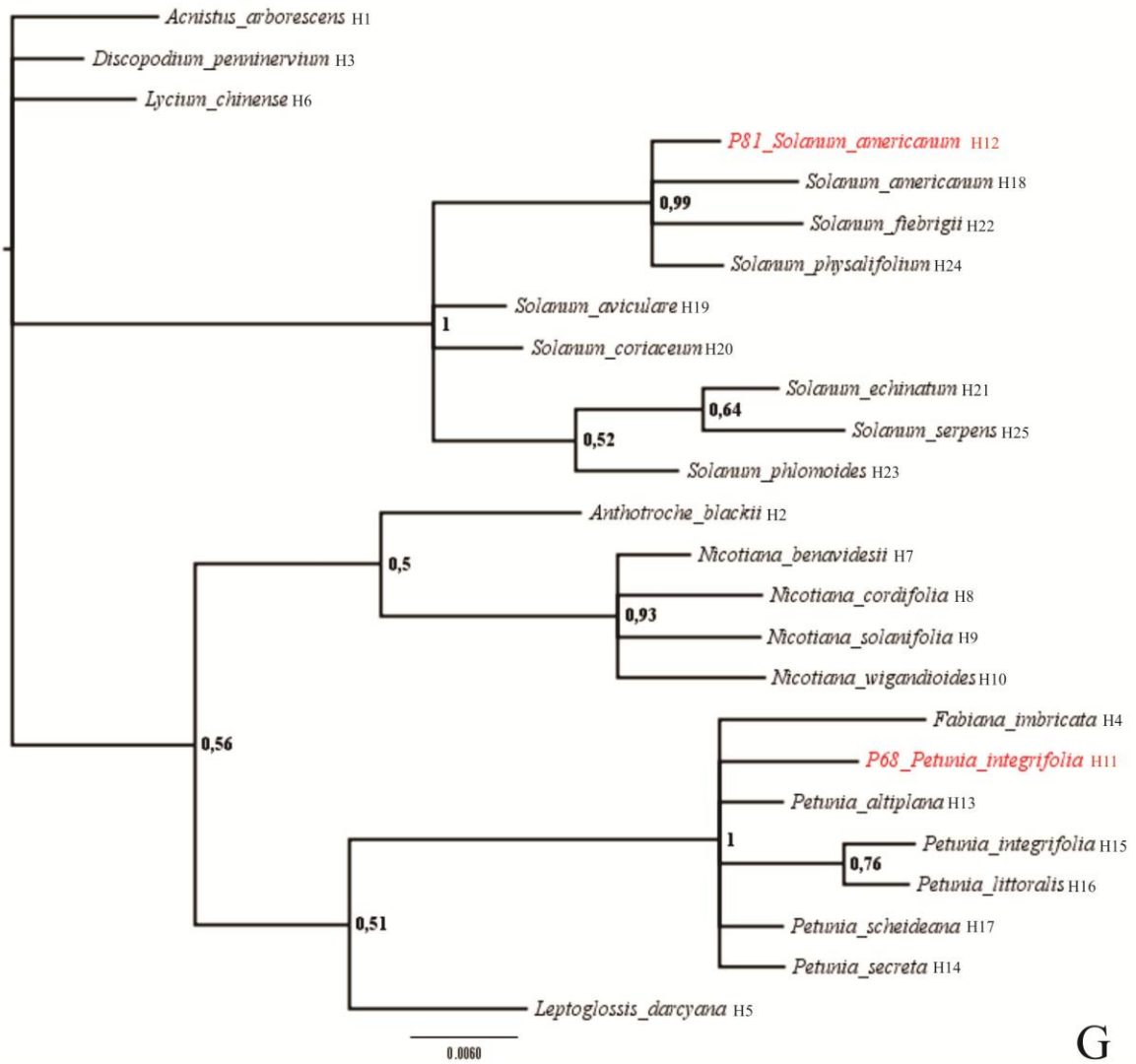
0.03

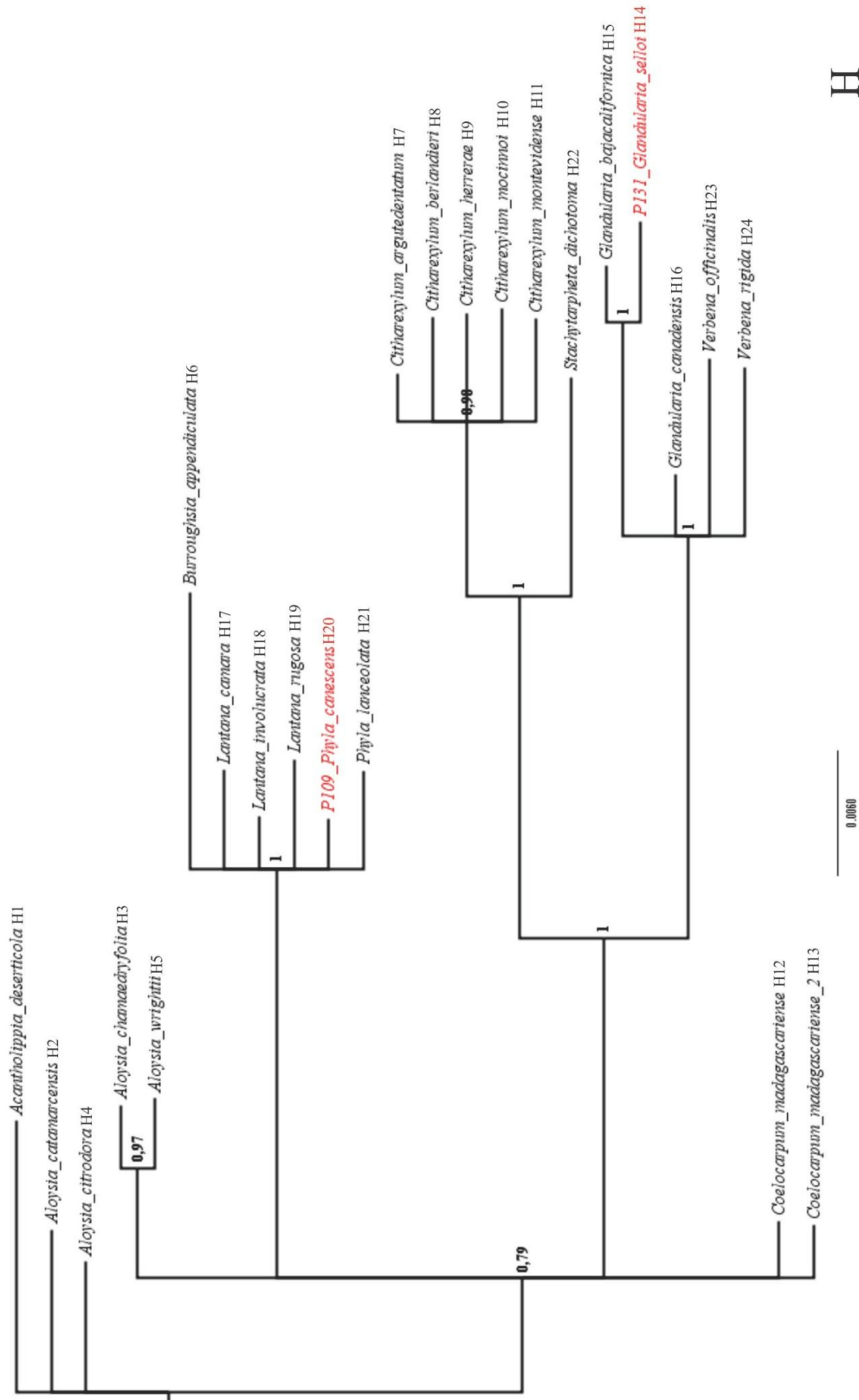
E



F

0.4





H

Figura 4- Árvores filogenéticas Bayesianas de seqüências do íntron trnL (UAA) de oito famílias. Destacadas em vermelho seqüências geradas neste estudo. H_: haplótipo ao qual a seqüência pertence. A: Amaranthaceae; B: Asteraceae; C: Caryophyllaceae; D: Cyperaceae; E: Plantaginaceae; F: Poaceae; G: Solanaceae e H: Verbenaceae.

Descrição de documentos adicionais:

Tabela S1 – Haplótipos utilizados para a reconstrução da árvore filogenética Bayesiana da família Amaranthaceae. Em negrito estão destacadas as sequências geradas neste estudo.

Tabela S2- Haplótipos utilizados para a reconstrução da árvore filogenética Bayesiana da família Asteraceae. Em negrito estão destacadas as sequências geradas neste estudo.

Tabela S3- Haplótipos utilizados para a reconstrução da árvore filogenética Bayesiana da família Caryophyllaceae. Em negrito estão destacadas as sequências geradas neste estudo.

Tabela S4 - Haplótipos utilizados para a reconstrução da árvore filogenética Bayesiana da família Cyperaceae. Em negrito estão destacadas as sequências geradas neste estudo. Os haplótipos 23, 29 e 30 possuem espécies da família Poaceae.

Tabela S5- Haplótipos utilizados para a reconstrução da árvore filogenética Bayesiana da família Plantaginaceae. Em negrito estão destacadas as sequências geradas neste estudo.

Tabela S6- Haplótipos utilizados para a reconstrução da árvore filogenética Bayesiana da família Poaceae. Em negrito estão destacadas as sequências geradas neste estudo.

Tabela S7- Haplótipos utilizados para a reconstrução da árvore filogenética Bayesiana da família Solanaceae. Em negrito estão destacadas as sequências geradas neste estudo.

Tabela S8 – Haplótipos utilizados para a reconstrução da árvore filogenética Bayesiana da família Verbenaceae. Em negrito estão destacadas as sequências geradas neste estudo.

Tabela S1- Haplótipos utilizados para a reconstrução da árvore filogenética Bayesiana da família Amaranthaceae. Em negrito estão destacadas as sequências geradas neste estudo.

Haplótipo	Espécie	Código de Acesso GenBank
H1	<i>Achyranthes aspera</i>	EF688734.1
H2	<i>Alternanthera caracasana</i>	EF688733.1
H3	<i>Alternanthera crucis</i>	EF688735.1
H4	<i>Alternanthera elongata</i>	EF688736.1
H5	<i>Alternanthera ficoidea</i>	EF688747.1
H6	<i>Alternanthera flavescens</i>	EF688738.1
H7	<i>Alternanthera flava</i>	EF688737.1
H8	<i>Alternanthera galapagensis</i>	EF688739.1
H9	<i>Alternanthera olivacea</i>	EF688744.1
H10	<i>Alternanthera philoxeroides</i>	EF688745.1
H11	<i>Alternanthera pungens</i>	EF688746.1
H12	<i>Atriplex patula</i>	DQ499379.1
H13	<i>Blutaparon vermiculare</i>	EF688748.1
H14	<i>Centrostachys aquatica</i>	EF676097.1
H15	<i>Chenopodium botrys</i>	DQ499383.1
H16	<i>Chenopodium leptophyllum</i>	HM590267.1
H17	<i>Corispermum ochotense</i>	GQ244821.1
H18	<i>Gomphrena boliviana</i>	EF688754.1
H19	<i>Gomphrena elegans</i>	EF688755.1
H20	<i>Gomphrena globosa</i>	EF688758.1
H21	<i>Gomphrena graminea</i>	EF688757.1
H22	<i>Gomphrena haenkeana</i>	EF688759.1
H23	<i>Gomphrena nitida</i>	EF688761.1
H24	<i>Gomphrena serrata</i>	EF688763.1
H25	<i>Gomphrenam vaga</i>	EF688766.1
H26	<i>Gossypianthus lanuginosus</i>	EF688762.1
H27	<i>Guilleminea densa</i>	EF688764.1
H28	<i>Guilleminea gracilis</i>	EF688765.1
H29	<i>Hebanthe grandiflora</i>	EF676098.1
H30	<i>Hebanthe paniculata</i>	EF688768.1
H31	<i>Iresine arbuscula</i>	EF688769.1
H32	<i>Iresine grandis</i>	EF688772.1
H33	<i>Iresine leptoclada</i>	EF688774.1
H34	<i>Iresine palmeri</i>	EF688775.1
H35	<i>Kyphocarpa angustifolia</i>	EF688778.1
H36	<i>Leucosphaera bainesii</i>	EF688779.1
H37	<i>Lithophila muscoides</i>	EF688780.1
H38	P122 <i>Blutaparon portulacoides</i> P77 <i>Blutaparon portulacoides</i>	
H39	P70 <i>Chenopodium retusum</i>	
H40	<i>Pedersenianthus argentata</i>	EF688781.1
H41	<i>Pedersenianthus cardenasii</i>	EF688782.1
H42	<i>Pedersenianthus sp.</i>	EF688783.1
H43	<i>Pfaffia iresinoides</i>	EF676099.1
H44	<i>Pfaffia tuberosa</i>	EF688786.1
H45	<i>Pupalia lappacea</i>	EF688787.1
H46	<i>Sericorema remotiflora</i>	EF688788.1

H47	<i>Tidestromia carnos</i>	EF688789.1
H48	<i>Tidestromia lanuginosa eliassoniana</i>	EF688790.1
H49	<i>Tidestromia lanuginosa lanuginosa</i>	EF688791.1
	<i>Tidestromia suffruticosa var oblongifolia</i>	EF688793.1
H50	<i>Tidestromia suffruticosa var suffruticosa</i>	EF688794.1
H51	<i>Tidestromia tenella</i>	EF688795.1
H52	<i>Tidestromia valdesiana</i>	EF688796.1
H53	<i>Xerosiphon angustiflorus</i>	EF688798.1
H54	<i>Xerosiphon aphyllus</i>	EF676100.1

Tabela S2- Haplótipos utilizados para a reconstrução da árvore filogenética Bayesiana da família Asteraceae. Em negrito estão destacadas as sequências geradas neste estudo.

Haplótipo	Espécie	Código de Acesso GenBank
H1	<i>Antennaria alpina</i>	GQ244573.1
	<i>Antennaria friesiana b</i>	GQ244574.1
	<i>Antennaria microphylla b</i>	GQ984186.1
	<i>Antennaria monocephala b</i>	GQ244575.1
	<i>Antennaria rosea</i>	GQ244576.1
	<i>Antennaria villifera</i>	GQ244577.1
H2	<i>Antennaria dioica</i>	FN645790.1
	<i>Antennaria friesiana</i>	DQ860516.1
	<i>Antennaria microphylla</i>	HM360517.1
	<i>Antennaria monocephala</i>	DQ860517.1
	<i>Chionolaena lavandulifolia</i>	AY143593.1
	<i>Diaperia prolifera</i>	FN645798.1
H3	<i>Misbrookea strigosisissima</i>	EF538108.1
	<i>Werneria caespitosa</i>	GU818104.1
H4	<i>Aster alpines</i>	GQ244620.1
H5	<i>Aster falconeri</i>	EU326040.1
	<i>Erigeron borealis</i>	GQ244932.1
	<i>Erigeron compositus</i>	GQ244933.1
	<i>Erigeron humilis</i>	GQ244935.1
	<i>Erigeron hyperboreus</i>	GQ244937.1
	<i>Erigeron koraginensis</i>	GQ244938.1
	<i>Erigeron purpuratus</i>	GQ244941.1
	<i>Erigeron uniflorus var eriocephalus</i>	GQ244934.1
	<i>Erigeron uniflorus</i>	GQ244942.1
H6	<i>Aster novae-angliae</i>	U82018.1
H7	<i>Erodiophyllum elderi</i>	AY143599.1
	<i>Olearia tomentosa</i>	AF452505.1
H8	<i>Bidens comosa</i>	EU047835.1
H9	<i>Blainvillea rhomboidea</i>	AY297668.1
H10	<i>Brachyscome humilis</i>	HQ439867.1
H11	<i>Canadanthus modestus</i>	GU480725.1
	<i>Herrickia kingii var. barnebyana</i>	GU480711.1
H12	<i>Chaenactis douglasii</i>	GU817985.1
H13	<i>Chiliotrichum diffusum</i>	HQ439872.1
H14	<i>Damnomenia vernicosa</i>	HQ439874.1
	<i>Olearia angustifolia</i>	HQ439879.1
	<i>Olearia chathamica</i>	HQ439880.1
	<i>Olearia colensoi</i>	HQ439883.1
H15	<i>Doellingeria infirma</i>	GU480727.1
H16	<i>Erigeron hyperboreus b</i>	GQ244937.1
H17	<i>Erigeron porsildii b</i>	GQ244939.1

H18	<i>Erigeron porsildii</i>	GQ244940.1
H19	<i>Eupatorium cannabinum</i>	AB217695.1
H20	<i>Filago arizonica</i>	FN645807.1
	<i>Filago californica</i>	FN645808.1
	<i>Logfia clementei</i>	FN645801.1
	<i>Logfia minima</i>	FN645803.1
H21	<i>Filago paradoxa</i>	FN645797.1
	<i>Stylocline griffithii</i>	FN645796.1
H22	<i>Gamochaeta antillana</i>	FN645793.1
H23	<i>Gamochaeta pensylvanica b</i>	EU385070.1
H24	<i>Gamochaeta coarctata</i>	HM364533.1
	P62 Gamochaeta americana	
	P117 Gamochaeta americana	
	P121 Gamochaeta americana	
	P126 Gamochaeta americana	
	P72 Gamochaeta subfalcata	
H25	<i>Gutierrezia sarothrae</i>	HM590298.1
H26	<i>Henricksonia mexicana</i>	EU047878.1
H27	<i>Jefea pringlei</i>	AY297672.1
H28	<i>Layia heterotricha</i>	AY216071.1
H29	<i>Nannoglottis delavayi</i>	AY017159.1
	<i>Nannoglottis macrocarpa</i>	AY017158.1
H30	<i>Neurolaena lobata</i>	GU818039.1
H31	<i>Otopappus epaleaceus</i>	AY297673.1
H32	<i>Symphyotrichum pygmaeum b</i>	GU480721.1
	<i>Symphyotrichum novae angliae b</i>	GU817970.1
	<i>Symphyotrichum yukonense</i>	GU480720.1
	<i>Symphyotrichum elliotii</i>	GU480719.1
H33	<i>Polymnia canadensis</i>	GU818051.1
H34	<i>Senecio brasiliensis</i>	GU818061.1
	<i>Senecio flaccidus var flaccidus</i>	GU818066.1
	<i>Senecio gramineus</i>	GU818068.1
	<i>Senecio hispidissimus</i>	GU818071.1
	<i>Senecio mairertianus</i>	EF538128.2
	<i>Senecio niveoaurus</i>	GU818078.1
	<i>Senecio oreophyton</i>	GU818079.1
	<i>Senecio polygaloides</i>	GU818082.1
	<i>Senecio prenanthoides</i>	GU818083.1
	<i>Senecio vulgaris</i>	HQ439900.1
	P63 Senecio ceratophylloides	
	P105 Senecio ceratophylloides	
	P128 Senecio ceratophylloides	
H35	<i>Solidago multiradiata</i>	GQ984193.1
H36	<i>Symphyotrichum pygmaeum</i>	GQ245578.1
H37	P61 Acanthospermum australe	
H38	P115 Conyza blakei	
H39	P95 Baccharis gnaphalioides	
	P127 Baccharis gnaphalioides	
H40	P65 Noticastrum calvatum	
	P94 Noticastrum calvatum	

Tabela S3- Haplótipos utilizados para a reconstrução da árvore filogenética Bayesiana da família Caryophyllaceae. Em negrito estão destacadas as sequências geradas neste estudo.

Haplótipo	Espécie	Código de Acesso GenBank
H1	<i>Arenaria humifusa</i>	GQ244598.1
H2	<i>Arenaria katoana</i>	AB433191.1
H3	<i>Arenaria katoana b</i>	AB433189.1
H4	<i>Arenaria katoana c</i>	AB433193.1
H5	<i>Arenaria katoana d</i>	AB433188.1
H6	<i>Arenaria purpurascens</i>	FJ404970.1
H7	<i>Arenaria serpyllifolia</i>	FJ404972.1
H8	<i>Conicosia elongata</i>	AJ558067.1
H9	<i>Corrigiola litoralis</i>	FJ404979.1
H10	<i>Dicheranthus plocamoides</i>	FJ404982.1
H11	<i>Eulychnia castanea</i>	DQ099938.1
H12	<i>Gazania heterochaeta</i>	EF556463.1
	<i>Gazania jurineifolia jurineifolia</i>	EF556465.1
	<i>Gazania jurineifolia jurineifolia 2</i>	EF556464.1
	<i>Gazania jurineifolia scabra</i>	EF556467.1
	<i>Gazania lichtensteinii</i>	EU527276.1
	<i>Gazania lichtensteinii 2</i>	EF556477.1
	<i>Gazania rigida</i>	EU527280.1
	<i>Gazania schenckii</i>	EF556494.1
	<i>Gazania tenuifolia</i>	EF556497.1
	<i>Gazania tenuifolia b</i>	AY504802.1
H13	<i>Gazania sp.</i>	AY504800.1
H14	<i>Holocheilus brasiliensis</i>	EF530293.1
H15	<i>Minuartia californica</i>	FJ404991.1
H16	<i>Minuartia douglasii</i>	FJ404992.1
H17	<i>Minuartia geniculata</i>	FJ404993.1
H18	<i>Minuartia howellii</i>	FJ404994.1
H19	<i>Minuartia moehringioides</i>	FJ404995.1
H20	<i>Minuartia nuttallii</i>	FJ404996.1
H21	<i>Minuartia platyphylla</i>	FJ404997.1
H22	<i>Minuartia rossii</i>	FJ404998.1
H23	<i>Moehringia lateriflora</i>	FJ405000.1
H24	<i>Moehringia lateriflora b</i>	GQ245135.1
H25	<i>Moehringia macrophylla</i>	FJ405001.1
H26	<i>Moenchia erecta</i>	FJ405002.1
H27	<i>Mollugo verticillata</i>	FJ405003.1
H28	<i>Myosoton aquaticum</i>	FJ405004.1
H29	P88 <i>Cardionema ramosissima</i>	
H30	P92 <i>Polycarpon tetraphyllum</i>	
H31	<i>Paronychia argyrocoma</i>	FJ405005.1
H32	<i>Petrorhagia saxifraga</i>	FJ405006.1
H33	<i>Phaulothamnus spinescens</i>	FJ405007.1
H34	<i>Plettkea cryptantha</i>	FJ405008.1
H35	<i>Polycarpon tetraphyllum</i>	FJ405009.1
H36	<i>Pseudostellaria jamesiana</i>	FJ405010.1
H37	<i>Pycnophyllum molle</i>	FJ405011.1
H38	<i>Sagina caespitosa</i>	GQ245420.1
H39	<i>Sagina decumbens</i>	FJ405012.1

H40	<i>Sagina nivalis</i> <i>Sagina nivalis</i> 3	GQ245421.1 DQ860607.1
H41	<i>Sagina nivalis</i> 2	GQ245422.1
H42	<i>Sagina saginoides</i>	GQ245423.1
H43	<i>Saponaria ocymoides</i>	FJ405013.1
H44	<i>Schiedea globosa</i>	FJ405014.1
H45	<i>Schiedea membranacea</i>	FJ405015.1
H46	<i>Schiedea viscosa</i>	FJ405016.1
H47	<i>Scleranthus annuus</i>	FJ405017.1
H48	<i>Scleranthus perennis</i>	FJ405019.1
H49	<i>Silene acaulis</i>	FJ405020.1
H50	<i>Silene ammophila</i>	FN821321.1
H51	<i>Silene conica</i>	EU221624.1
H52	<i>Silene conoidea</i>	FN821324.1
H53	<i>Silene elisabethae</i>	FN821335.1
H54	<i>Silene latifolia</i> c	FN821355.1
H55	<i>Silene macrodonta</i>	FN821359.1
H56	<i>Silene schafta</i>	FJ405021.1
H57	<i>Spergula</i> sp.	FJ405022.1
H58	<i>Spergularia media</i>	FJ405023.1
H59	<i>Stellaria crassipes</i>	FJ405024.1
H60	<i>Stellaria cuspidata</i>	FJ405025.1
H61	<i>Stellaria media</i>	FJ405026.1
H62	<i>Stellaria pubera</i>	FJ405027.1
H63	<i>Telephium imperati</i>	FJ405028.1
H64	<i>Thylacospermum caespitosum</i>	FJ405029.1

Tabela S4 - Haplótipos utilizados para a reconstrução da árvore filogenética Bayesiana da família Cyperaceae. Em negrito estão destacadas as sequências geradas neste estudo. Os haplótipos 23, 29 e 30 possuem espécies da família Poaceae.

Haplótipo	Espécie	Código de Acesso GenBank
H1	<i>Alinula paradoxa</i>	AJ295756.1
H2	<i>Bolboschoenus fluviatilis</i>	JF313190.1
H3	<i>Bolboschoenus maritimus</i> <i>Bolboschoenus planiculmis</i>	JF313191.1 JF313192.1
H4	<i>Carex lugens</i>	GQ244717.1
H5	<i>Carex paupercula</i>	GQ244738.1
H6	<i>Carex zuluensis</i>	EU288525.1
H7	<i>Chrysopogon castaneus</i>	GQ867659.1
H8	<i>Cyperus compressus</i>	AF449555.1
H9	<i>Cyperus congestus</i>	AF449556.1
H10	<i>Cyperus cuspidatus</i>	AF449557.1
H11	<i>Cyperus cyperoides</i>	AF449558.1
H12	<i>Cyperus endlichii</i>	AF449559.1
H13	<i>Cyperus involucratus</i>	AJ295758.1
H14	<i>Cyperus kerstenii</i>	AY040597.1
H15	<i>Cyperus longus</i>	AY040598.1
H16	<i>Cyperus meeboldii</i>	AF449560.1
H17	<i>Cyperus papyrus</i>	AJ295759.1
H18	<i>Cyperus plateilema</i>	AF449561.1

H19	<i>Cyperus pseudovestitus</i>	AF449562.1
H20	<i>Cyperus pygmaeus</i>	AJ295760.1
H21	<i>Cyperus rigidifolius</i>	AY040600.1
H22	<i>Cyperus squarrosus</i>	AF285071.1
H23	<i>Danthoniopsis dinteri</i> <i>Imperata cylindrica</i>	GQ869931.1 GQ870004.1
H24	<i>Kobresia simpliciuscula</i>	DQ860567.1
H25	<i>Kyllinga appendiculata</i>	AJ295761.1
H26	<i>Kyllinga brevifolia</i>	AF449564.1
H27	<i>Kyllinga bulbosa</i>	AY040601.1
H28	<i>Lipocarpa hemisphaerica</i>	AF449565.1
H29	<i>Miscanthus oligostachyus</i> <i>Miscanthus oligostachyus b</i> <i>Miscanthus sinensis c</i> <i>Miscanthus sinensis d</i> <i>Miscanthus sinensis e</i> <i>Miscanthus sinensis f. gracillimus</i> <i>Miscanthus sinensis f. variegatus</i> <i>Miscanthus sinensis var. purpurascens</i> <i>Miscanthus sp.</i> P135 <i>Kyllinga vaginata</i> P139 <i>Pycreus polystachyos</i>	AY116249.1 HQ822051.1 AJ426573.1 AJ426572.1 EU434104.1 HQ822050.1 HQ822045.1 HQ822046.1 AY116243.1
H30	<i>Miscanthus sinensis</i> <i>Miscanthus sinensis var. chejuensis</i> <i>Miscanthus sinensis var. keumunensis</i> <i>Miscanthus sinensis var. nakaianus</i> <i>Miscanthus transmorrisonensis</i>	HQ822044.1 HQ822049.1 HQ822048.1 HQ822047.1 AY116250.1
H31	P100 <i>Cyperus aggregatus</i>	
H32	<i>Pycreus flavescens</i> <i>Pycreus nuerensis</i>	AJ295763.1 AY040603.1
H33	<i>Pycreus mundtii</i>	AF449566.1
H34	<i>Pycreus sanguinolentus</i>	AF449567.1
H35	<i>Remirea marítima</i>	AY040604.1
H36	<i>Saccharum contortum</i> <i>Saccharum officinarum</i>	AY116256.1 AY116253.1
H37	<i>Schoenoplectiella lineolata</i>	JF313199.1
H38	<i>Schoenoplectiella mucronata</i>	JF313200.1
H39	<i>Schoenoplectiella triangulata</i>	JF313201.1
H40	<i>Schoenoplectiella wallichii</i>	JF313203.1
H41	<i>Schoenoplectus nipponicus</i>	JF313209.1
H42	<i>Schoenoplectus tabernaemontani</i> <i>Schoenoplectus triqueter</i>	JF313210.1 JF313211.1
H43	<i>Schoenoxiphium caricoides</i>	EU288534.1
H44	<i>Schoenoxiphium ecklonii</i>	EU288535.1
H45	<i>Schoenoxiphium rufum</i>	EU288537.1
H46	<i>Schoenoxiphium sparteum</i>	EU288539.1
H47	<i>Scirpus karuizawensis</i>	JF313204.1
H48	<i>Scirpus mitsukurianus</i>	JF313205.1
H49	<i>Scirpus radicans</i> <i>Scirpus sylvaticus var. maximowiczii</i>	JF313206.1 JF313207.1
H50	<i>Scirpus wichurae</i>	JF313208.1
H51	<i>Sphaerocyperus erinaceus</i>	AJ295764.1
H52	<i>Trichophorum alpinum</i>	JF313212.1
H53	<i>Trichophorum dioicum</i>	JF313213.1

Tabela S5- Haplótipos utilizados para a reconstrução da árvore filogenética Bayesiana da família Plantaginaceae. Em negrito estão destacadas as sequências geradas neste estudo.

Haplótipo	Espécie	Código de Acesso GenBank
H1	P74 <i>Plantago tomentosa</i>	
	P104 <i>Plantago tomentosa</i>	
	<i>Plantago australis</i>	AY101929.1
	<i>Plantago trinitatis</i>	AY101926.1
	<i>Plantago tomentosa</i>	AY101927.1
H2	P80 <i>Bacopa monnieri</i>	
H3	<i>Bacopa monnieri</i>	AY492170.1
H4	<i>Bacopa eisenii</i>	EF467888.1
H5	<i>Bacopa repens</i>	EF467887.1
H6	<i>Digitalis cariensis trojana</i>	AY591316.1
	<i>Digitalis lanata lanata</i>	AY591319.1
	<i>Digitalis lanata leucophaea</i>	AY591318.1
	<i>Digitalis obscura laciniata</i>	AY591308.1
	<i>Digitalis obscura obscura</i>	AY591307.1
	<i>Digitalis obscura</i>	AF486418.1
H7	<i>Digitalis davisiana</i>	AY591301.1
	<i>Digitalis lutea lutea</i>	AY591300.1
H8	<i>Hippuris vulgaris 2</i>	AY492178.1
H9	<i>Hippuris vulgaris</i>	GQ245027.1
	<i>Hippuris tetraphylla</i>	GQ245026.1
H10	<i>Isoplexis sceptrum</i>	AY591302.1
H11	<i>Lagotis glauca</i>	GQ245064.1
H12	<i>Lagotis angustibracteata</i>	AF486416.1
H13	<i>Lagotis brevituba</i>	EU233626.1
H14	<i>Lagotis stolonifera</i>	AF486415.1
H15	<i>Littorella uniflora</i>	FN794064.1
H16	<i>Plantago debilis</i>	AY101922.1
	<i>Plantago raoulii</i>	AY101923.1
H17	<i>Plantago major</i>	GQ245263.1
H18	<i>Plantago stauntonii</i>	AY101925.1
H19	<i>Picrorhiza kurrooa</i>	AF486414.1
H20	<i>Plantago albicans</i>	AY101958.1
H21	<i>Plantago asiatica</i>	AY101918.1
H22	<i>Plantago brutia</i>	EU931037.1
H23	<i>Plantago cornuti</i>	AY101915.1
H24	<i>Plantago erecta</i>	AY101962.1
H25	<i>Plantago hookeriana</i>	AY101965.1
H26	<i>Plantago mauritanica</i>	AY101943.1
H27	<i>Plantago media 2</i>	EU931043.1
H28	<i>Plantago media</i>	AY101920.1
H29	<i>Plantago myosuroides</i>	AY101928.1
H30	<i>Plantago palmata</i>	AY101916.1
H31	<i>Plantago reniformis</i>	AY101914.1
H32	<i>Plantago rígida</i>	AY101931.1
H33	<i>Plantago rugelii</i>	AY101919.1
H34	<i>Plantago sarcophylla</i>	AY101946.1
	<i>Plantago squarrosa</i>	AY101947.1
H35	<i>Plantago spathulata</i>	AY101924.1
H36	<i>Plantago patagonica</i>	AY101964.1

H37	<i>Plantago webbii</i>	AY101941.1
H38	<i>Plantago uniglumis</i>	AY101930.1
H39	<i>Russelia equisetiformis</i>	AY492190.1
H40	<i>Veronicastrum axillare</i>	EU233624.1
H41	<i>Veronicastrum liukuense</i>	AF486413.1
H42	<i>Veronicastrum stenostachyum</i>	AF513354.1
H43	<i>Wulfenia carinthiaca</i>	AF486409.1
	<i>Wulfenia orientalis</i>	AF486410.1

Tabela S6- Haplótipos utilizados para a reconstrução da árvore filogenética Bayesiana da família Poaceae. Em negrito estão destacadas as sequências geradas neste estudo.

Haplótipo	Espécie	Código de Acesso GenBank
H1	<i>Andropogon ascinodis</i>	GQ869958.1
H2	<i>Andropogon distachyos</i>	DQ004951.1
H3	<i>Andropogon fastigiatus</i>	DQ004976.1
H4	<i>Andropogon gerardii</i>	AY116263.1
H5	<i>Andropogon glomeratus</i>	DQ004953.1
	P119 <i>Andropogon arenarius</i>	
	P138 <i>Andropogon arenarius</i>	
	P90 <i>Andropogon arenarius</i>	
H6	<i>Andropogon ternarius</i>	DQ004954.1
H7	<i>Anthoxanthum monticola</i>	GQ244579.1
H8	<i>Astrebla lappacea</i>	AY576672.1
H9	<i>Briza erecta</i>	EU395893.1
	<i>Briza lamarckiana</i>	EU395899.1
	<i>Briza parodiana</i>	EU395905.1
	<i>Briza poimorpha</i>	EU395871.1
	<i>Briza poimorpha b</i>	EU395872.1
	<i>Briza scabra</i>	EU395908.1
	<i>Briza subaristata</i>	EU395900.1
	<i>Briza subaristata b</i>	EU395880.1
	<i>Erianthecium bulbosum</i>	EU395894.1
H10	<i>Bromus catharticus</i>	EU395890.1
	<i>Eragrostis airoides</i>	GU990405.1
	<i>Eragrostis intermedia</i>	GU990392.1
	<i>Eragrostis lugens</i>	GU990387.1
	<i>Eragrostis macilentia</i>	GU990389.1
	<i>Eragrostis polytricha</i>	GU990379.1
H11	<i>Cenchrus brownii</i>	EU940005.1
	<i>Cenchrus echinatus</i>	EU940007.1
H12	<i>Cenchrus ciliaris</i>	EU940006.1
	<i>Pennisetum purpureum b</i>	EU939999.1
H13	<i>Cenchrus incertus</i>	EU940008.1
H14	<i>Cenchrus myosuroides</i>	EU940009.1
H15	<i>Cenchrus setiger</i>	EU940011.1
H16	<i>Coix lacryma jobi</i>	EF137580.1
	<i>Schizachyrium neomexicanum</i>	DQ004992.1
	<i>Schizachyrium scoparium</i>	DQ004994.1
	<i>Schizachyrium scoparium b</i>	EF137584.1
H17	<i>Cynodon dactylon</i>	EF156685.1
H18	<i>Cynodon dactylon b</i>	EU056300.1
	<i>Digitaria sanguinalis</i>	GQ869951.1
	<i>Digitaria sanguinalis b</i>	AY116268.1
	<i>Spartina alterniflora c</i>	EU056306.1

H19	<i>Danthoniopsis dinteri</i>	GQ869931.1
	<i>Imperata cylindrica b</i>	GQ870004.1
	<i>Miscanthus oligostachyus</i>	AY116249.1
	<i>Miscanthus oligostachyus b</i>	HQ822051.1
	<i>Miscanthus sinensis</i>	AJ426571.1
	<i>Miscanthus sinensis b</i>	EU434104.1
	<i>Miscanthus sinensis c</i>	GQ870006.1
	<i>Miscanthus sinensis f gracillimus</i>	HQ822050.1
	<i>Miscanthus sinensis f variegatus</i>	HQ822045.1
	<i>Miscanthus sinensis var purpurascens</i>	HQ822046.1
	<i>Miscanthus sp.</i>	AY116243.1
	P149 Imperata brasiliensis	
	P99 Imperata brasiliensis	
H20	<i>Digitaria exilis</i>	JF705773.1
H21	<i>Eleusine coracana</i>	AJ489464.1
H22	<i>Enteropogon mollis</i>	EF156694.1
H23	<i>Eragrostis bicolor</i>	GU990399.1
H24	<i>Eragrostis biflora</i>	DQ655879.1
	<i>Eragrostis mexicana</i>	GU990385.1
	<i>Eragrostis mexicana virescens</i>	EF137565.1
	<i>Eragrostis minor</i>	GU990384.1
H25	<i>Eragrostis lehmanniana var lehmanniana</i>	DQ655875.1
H26	<i>Eragrostis neesii</i>	GU990400.1
H27	<i>Eragrostis papposa</i>	GU990395.1
	<i>Pogonarthria squarrosa</i>	EF156724.1
H28	<i>Gouinia latifolia var latifolia</i>	EF156702.1
H29	<i>Gymnopogon ambiguus</i>	EF156703.1
	P116 Gymnopogon legrandii	
	P148 Gymnopogon legrandii	
H30	<i>Hordeum vulgare</i>	AF280795.1
H31	<i>Imperata cylindrica</i>	AY116262.1
H32	<i>Orcuttia californica</i>	EF156721.1
H33	P101 Setaria parviflora	
H34	P103 Paspalum arenararium	
	P143 Paspalum arenararium	
H35	P114 Cenchrus echinatus	
	P145 Cenchrus echinatus	
	P60 Cenchrus echinatus	
H36	P123 Panicum racemosum	
	P129 Panicum racemosum	
	P79 Panicum racemosum	
	<i>Panicum amarum var amarulum</i>	AY142715.1
	<i>Panicum virgatum</i>	EU434102.1
H37	P125 Eragrostis trichocolea	
	P83 Eragrostis trichocolea	
H38	P64 Digitaria eriantha pentzii	
H39	P78 Spartina densiflora	
H40	P89 Setaria parviflora	
H41	P91 Paspalum nicorae	
H42	P98 Chascolytrum erectum	
H43	<i>Panicum coloratum var coloratum</i>	AY142722.1
H44	<i>Panicum hirticaule var hirticaule</i>	DQ172307.1
	<i>Panicum miliaceum</i>	AY142735.1
	<i>Panicum miliaceum b</i>	AY142736.1
	<i>Urochloa venosa</i>	GU594582.1

H45	<i>Paspalidium geminatum</i>	EU939981.1
H46	<i>Paspalum arundinaceum</i>	EU871121.1
	<i>Paspalum coryphaeum</i>	EU871145.1
	<i>Paspalum coryphaeum b</i>	EU871141.1
	<i>Paspalum dilatatum</i>	EF137583.1
	<i>Paspalum durifolium</i>	EU871140.1
	<i>Paspalum quadrifarium</i>	EU871131.1
	<i>Paspalum quadrifarium b</i>	EU871128.1
	<i>Paspalum quarinii</i>	EU871132.1
	<i>Paspalum rufum</i>	EU871126.1
H47	<i>Paspalum dasytrichium</i>	EU871117.1
H48	<i>Paspalum distichum</i>	EU871100.1
H49	<i>Paspalum inconstans</i>	EU871123.1
H50	<i>Pennisetum basedowii</i>	GU561495.1
H51	<i>Pennisetum frutescens</i>	EU939990.1
H52	<i>Pennisetum hordeoides</i>	GU561499.1
	<i>Pennisetum polystachion</i>	EU939997.1
H53	<i>Pennisetum lanatum</i>	EU939992.1
H54	<i>Pennisetum massaicum</i>	GU561501.1
H55	<i>Pennisetum mezianum</i>	GU561502.1
H56	<i>Pennisetum orientale</i>	GU561503.1
H57	<i>Pennisetum pedicellatum</i>	GU561504.1
H58	<i>Pennisetum purpureum</i>	EU939998.1
H59	<i>Pennisetum schweinfurthii</i>	GU561506.1
H60	<i>Pennisetum setaceum</i>	EU940000.1
H61	<i>Pennisetum thunbergii</i>	GU561507.1
H62	<i>Pennisetum tristachyum</i>	EU940002.1
H63	<i>Pennisetum violaceum</i>	GU561509.1
H64	<i>Poa flexuosa</i>	Y18510.1
	<i>Poa jemtlandica</i>	Y18509.1
H65	<i>Polypogon australis</i>	FJ394582.1
H66	<i>Rupichloa acuminata</i>	GU561490.1
H67	<i>Schizachyrium brevifolium</i>	GQ869961.1
H68	<i>Schizachyrium sanguineum</i>	GQ869962.1
H69	<i>Schizachyrium tenerum</i>	DQ004997.1
	<i>Schizachyrium tenerum b</i>	DQ004998.1
H70	<i>Setaria lachnea</i>	EU939984.1
H71	<i>Setaria palmifolia</i>	GU561492.1
H72	<i>Setaria parviflora</i>	GU561493.1
H73	<i>Setaria sphacelata</i>	GU561494.1
H74	<i>Setaria viridis</i>	EF137585.1
H75	<i>Spartina alterniflora</i>	AJ489462.1
	<i>Spartina alterniflora b</i>	DQ486850.1
H76	<i>Spartina alterniflora d</i>	AJ489463.1
H77	<i>Spartina arundinacea</i>	EU056303.1
H78	<i>Spartina bakeri</i>	EU056304.1
	<i>Spartina patens</i>	EU056302.1
	<i>Spartina patens b</i>	AJ488529.1
	<i>Spartina patens c</i>	AJ488528.1
	<i>Spartina pectinata</i>	EF137568.1
	<i>Spartina pectinata b</i>	EF156731.1
	<i>Spartina pectinata c</i>	EU056305.1
	<i>Spartina pectinata d</i>	AJ488532.1
	<i>Spartina pectinata e</i>	AJ488531.1

	<i>Spartina versicolor</i>	AJ488534.1
H79	<i>Spartina bakeri b</i>	AJ488536.1
H80	<i>Spartina cynosuroides</i> <i>Spartina spartinae</i>	AJ488535.1 AJ488533.1
H81	<i>Spartina densiflora</i>	AJ488537.1
H82	<i>Stenotaphrum secundatum</i>	EU939985.1
H83	<i>Tridens muticus var muticus</i>	EF156740.1
H84	<i>Triodia desertorum</i>	EF156741.1
H85	<i>Triplasis americana</i>	EF156742.1
H86	<i>Vaseyochloa multinervosa</i> <i>Vaseyochloa multinervosa b</i>	AY576675.1 EF156746.1

Tabela S7- Haplótipos utilizados para a reconstrução da árvore filogenética Bayesiana da família Solanaceae. Em negrito estão destacadas as sequências geradas neste estudo.

Haplótipo	Espécie	Código de Acesso GenBank
H1	<i>Acnistus arborescens</i>	EU580954.1
	<i>Eriolarynx lorentzii</i>	EU580990.1
	<i>Iochroma australe</i>	EU580999.1
H2	<i>Anthotroche blackii</i>	AY098678.1
	<i>Anthotroche pannosa</i>	AY098680.1
	<i>Anthotroche walcotti</i>	AY098681.1
H3	<i>Discopodium penninervium</i>	EU580986.1
	<i>Exodeconus miersii</i>	EU580991.1
	<i>Iochroma fuchsoides</i>	EU581001.1
	<i>Iochroma umbellatum</i>	EU581002.1
	<i>Saracha punctata</i>	EU581053.1
	<i>Schultesianthus leucanthus</i>	EU581055.1
	<i>Witheringia macrantha</i>	EU581071.1
	<i>Witheringia meiantha</i>	EU581072.1
	<i>Witheringia mexicana</i>	EU581073.1
<i>Witheringia solanacea</i>	EU581074.1	
H4	<i>Fabiana imbricata</i>	EU580992.1
H5	<i>Leptoglossis darcyana</i>	EU581012.1
H6	<i>Lycium chinense</i>	DQ124576.1
	<i>Lycium ferocissimum</i>	FJ189720.1
	<i>Lycium pallidum</i>	DQ124596.1
	<i>Lycium puberulum</i>	DQ124599.1
	<i>Lycium pumilum</i>	FJ189722.1
	<i>Lycium tenue</i>	FJ189724.1
H7	<i>Nicotiana benavidesii</i>	AJ577402.1
	<i>Nicotiana glutinosa</i>	AJ577404.1
	<i>Nicotiana raimondii</i>	AJ577408.1
H8	<i>Nicotiana cordifolia</i>	AJ577430.1
H9	<i>Nicotiana solanifolia</i>	AJ577433.1
H10	<i>Nicotiana wigandoides</i>	AJ577411.1
H11	P68 <i>Petunia integrifolia</i>	
H12	P81 <i>Solanum americanum</i>	
	<i>Solanum ptychanthum</i>	DQ180454.1
H13	<i>Petunia altiplana</i>	AY772839.1
	<i>Petunia axillaris</i>	AY098702.1
	<i>Petunia axillaris c</i>	AJ577447.1
	<i>Petunia mantiqueirensis</i>	AY772841.1
H14	<i>Petunia axillaris b</i>	AY772844.1

	<i>Petunia exserta</i>	AY772843.1
	<i>Petunia secreta</i>	AY772845.1
H15	<i>Petunia integrifolia</i>	AY772835.1
H16	<i>Petunia littoralis</i>	AY772837.1
H17	<i>Petunia scheideana</i>	AY772840.1
H18	<i>Solanum americanum</i>	GU323358.1
	<i>Solanum nigrum</i>	GU323357.1
H19	<i>Solanum aviculare</i>	HM006853.1
	<i>Solanum aviculare b</i>	HM006836.1
	<i>Solanum aviculare c</i>	HM006854.1
	<i>Solanum caesium</i>	HM006843.1
	<i>Solanum laciniatum</i>	HM006852.1
	<i>Solanum laciniatum b</i>	HM006851.1
	<i>Solanum laciniatum c</i>	HM006835.1
	<i>Solanum linearifolium</i>	HM006850.1
	<i>Solanum linearifolium b</i>	HM006849.1
	<i>Solanum linearifolium c</i>	HM006833.1
	<i>Solanum symonii</i>	HM006838.1
	<i>Solanum tuberosum</i>	HM006842.1
	<i>Solanum tuberosum b</i>	DQ131549.1
	<i>Solanum vescum</i>	HM006848.1
<i>Solanum vescum b</i>	HM006847.1	
<i>Solanum vescum c</i>	HM006832.1	
H20	<i>Solanum coriaceum</i>	GU591010.1
	<i>Solanum urticans</i>	GU591051.1
H21	<i>Solanum echinatum</i>	GQ163505.1
H22	<i>Solanum fiebrigii</i>	DQ180447.1
H23	<i>Solanum phlomoides</i>	GQ163551.1
H24	<i>Solanum physalifolium</i>	AY727207.1
H25	<i>Solanum serpens</i>	GQ163560.1

Tabela S8 – Haplótipos utilizados para a reconstrução da árvore filogenética Bayesiana da família Verbenaceae. Em negrito estão destacadas as seqüências geradas neste estudo.

Haplótipo	Espécie	Código de Acesso Genbank
H1	<i>Acantholippia deserticola</i>	HM216585.1
	<i>Acantholippia salsoloides</i>	HM216586.1
H2	<i>Aloysia catamarcensis</i>	HM216587.1
H3	<i>Aloysia chamaedryfolia</i>	HM216588.1
	<i>Aloysia gratissima</i>	HM216592.1
	<i>Aloysia pulchra</i>	HM216593.1
H4	<i>Aloysia citrodora</i>	HM216590.1
H5	<i>Aloysia wrightii</i>	HM216594.1
H6	<i>Burroughsia appendiculata</i>	HM216601.1
	<i>Burroughsia appendiculata 2</i>	HM216600.1
H7	<i>Citharexylum argutedentatum</i>	HM216607.1
	<i>Citharexylum argutedentatum 2</i>	HM216608.1
	<i>Citharexylum ligustrinum</i>	HM216614.1
H8	<i>Citharexylum berlandieri</i>	HM216609.1
H9	<i>Citharexylum herrerae</i>	HM216612.1
H10	<i>Citharexylum mocinnoi</i>	HM216615.1
H11	<i>Citharexylum montevidense</i>	HM216616.1
H12	<i>Coelocarpum madagascariense</i>	HM216618.1
H13	<i>Coelocarpum madagascariense 2</i>	HM216617.1
	<i>Coelocarpum swinglei</i>	HM216619.1

H14	<i>Glandularia araucana</i> <i>Glandularia aristigera</i> <i>Glandularia aurantiaca</i> <i>Glandularia cheitmaniana</i> <i>Glandularia flava</i> <i>Glandularia mendocina</i> <i>Glandularia microphylla</i> <i>Glandularia parodii</i> <i>Glandularia santiaguensis</i> <i>Glandularia scrobiculata</i> <i>Glandularia tenera</i> P102 <i>Glandularia selloi</i> P131 <i>Glandularia selloi</i> P59 <i>Glandularia selloi</i>	EF571555.1 EF571557.1 EF571554.1 FJ867530.1 EF571553.1 EF571551.1 EF571552.1 EF571550.1 FJ867529.1 FJ867531.1 EF571556.1
H15	<i>Glandularia bajacalifornica</i> <i>Glandularia chiricahensis</i> <i>Glandularia gooddingii</i> var. <i>gooddingii</i> <i>Glandularia pumila</i> <i>Glandularia teucrifolia</i>	EF571548.1 EF571546.1 EF571547.1 EF571545.1 EF571549.1
H16	<i>Glandularia canadensis</i> <i>Glandularia delticola</i> <i>Glandularia gooddingii</i> var. <i>nepetifolia</i> <i>Glandularia guaranitica</i> <i>Glandularia incisa</i> <i>Glandularia subincana</i> <i>Glandularia tampensis</i> <i>Glandularia verecunda</i> <i>Verbena litoralis</i>	EF571544.1 EF571541.1 EF571540.1 EF571538.1 EF571537.1 EF571539.1 EF571542.1 EF571543.1 HM216677.1
H17	<i>Lantana camara</i>	AF231884.1
H18	<i>Lantana involucrata</i>	HM216635.1
H19	<i>Lantana rugosa</i>	HM216637.1
H20	<i>Lantana trifolia</i> <i>Lippia glandulosa</i> <i>Lippia hermannioides</i> <i>Lippia integrifolia</i> <i>Lippia javanica</i> <i>Lippia lupulina</i> <i>Lippia rehmannii</i> <i>Lippia rosella</i> <i>Lippia rotundifolia</i> <i>Lippia rubella</i> <i>Lippia sidoides</i> <i>Lippia turbinata</i> P109 <i>Phyla canescens</i> P84 <i>Phyla canescens</i> <i>Phyla canescens</i> <i>Phyla dulcis</i> <i>Phyla incisa</i> <i>Phyla nodiflora</i> <i>Phyla reptans</i>	HM216639.1 AY945832.1 AY945833.1 HM216643.1 HM216644.1 AY945834.1 HM216645.1 AY945839.1 AY945836.1 AY945837.1 AY945838.1 HM216647.1 HM216656.1 HM216642.1 HM216658.1 FN794070.1 HM216660.1
H21	<i>Phyla lanceolata</i>	HM216659.1
H22	<i>Stachytarpheta dichotoma</i> <i>Stachytarpheta mutabilis</i>	AJ299259.1 HM216673.1
H23	<i>Verbena officinalis</i>	AF231885.1
H24	<i>Verbena rigida</i>	FN794077.1

