

# PHYLOGENOMICS & SYSTEMATICS IN BRAZIL

IAPT EARLY CAREER INVESTIGATOR SYMPOSIUM



November 2<sup>nd</sup> 2023 | Belém - BRAZIL

# PHYLOGENOMICS & SYSTEMATICS IN BRAZIL

EARLY CAREER INVESTIGATOR SYMPOSIUM



November 2<sup>nd</sup> 2023 | Belém - BRAZIL

## A note from IAPT president & past president

The International Association for Plant Taxonomy (IAPT) supports scientific research and scholarship in the field of systematics, including the taxonomy and evolution of plants, fungi, and algae. The IAPT is pleased to join the Sociedade Botânica do Brasil (SBB) at their LXXIII Congresso Nacional de Botânica (CNBot) in Belém. After several years of disruptions due to the Covid-19 pandemic, it is exciting to return to in-person conferences, especially in Brazil, where botany is so strong and vibrant.

At this conference, the IAPT is hosting the symposium entitled “Phylogenomics & Systematics in Brazil.” This symposium is part of the “IAPT Early Career Investigator Symposium” series that began at the XII Latin American Botanical Congress in Quito (Ecuador) back in 2018. This symposium series aims to highlight the work of young botanists, mycologists, and phycologists who are conducting groundbreaking research on important topics in our field. Each year the symposium is presented as part of the program of botanical conferences worldwide, covering a variety of cutting-edge themes in our field.

Welcome to the IAPT Early Career Investigator Symposium!



**Lúcia G. Lohmann**  
President of IAPT



**Patrick Herendeen**  
Past President of IAPT

---

Cover photo  
*Behold the majestic Mount Roraima, where the sun sets on a world of botanical wonder (photo: Pedro Lage Viana).*

## A note from the organizers

We are thrilled to organize the second “IAPT Early Career Investigator Symposium” during the 73° Congresso Brasileiro de Botânica (CNBot) to be held in the Amazonian city of Belém, Pará, Brazil. This year’s symposium showcases the diverse and innovative research in phylogenomics and systematics conducted by young Brazilian scientists currently working in national and international institutions, as well as by PhD students who were former IAPT grant recipients. Plant systematics studies, based on high-throughput sequencing, are advancing rapidly in Brazil, and we hope that this symposium will inspire the next generation of young scientists. Talks will feature phylogenetic and evolutionary advances across all major clades of the plant tree of life. The symposium brings together researchers from diverse backgrounds and career stages and will hopefully foster collaborations that transcend geographical and disciplinary boundaries. We are dedicated to creating an inclusive and supportive environment that encourages networking, allowing participants to share their expertise and establish long-lasting collaborations. Join us in the culturally and biodiversity rich city of Belém to see new botanical discoveries by our talented early-career Brazilian scientists and learn about the latest advances in plant phylogenomics and systematics.



**Domingos Cardoso**

Jardim Botânico do Rio de Janeiro  
Universidade Federal da Bahia



**Flávia Fonseca Pezzini**

Royal Botanic Garden Edinburgh

# Contents

<b>Phylogenomic approach to resolving taxonomically challenging clades of red alge (Rodophyta)</b> Goia Lyra .....	7
<b>Advances in systematics of Chrysobalanaceae using phylogenomics</b> Renata Asprino .....	11
<b>Coming out of the cave: Shedding light on neglected genera in Clusiaceae</b> Lucas Cardoso Marinho .....	15
<b>From <i>Polygala</i> to <i>Asemeia</i>: Recent advances and perspectives in Polygalaceae studies</b> Michelle Mota.....	19
<b>Systematics, biogeography and floral evolution in Dialioideae (Leguminosae)</b> Marcos José de Acevedo Falcão.....	23
<b>Phylogenomic use of low copy nuclear markers from genome skimming data: An example with Melastomataceae</b> Marcelo Reginato.....	27
<b>Taxonomy and phylogeny of Maripeae (Convolvulaceae):A predominantly Amazonian tribe</b> Mayara Pastore.....	31
<b>Advances in the study of Brazilian Vernoniaceae (Asteraceae)</b> Carolina Siniscalchi.....	35
<b>An ecosystem level study for understanding and conserving the Neotropical Campos Rupestres</b> Cássia Bitencourt.....	39
<b>Completing the angiosperm tree of life</b> Alexandre R. Zuntini.....	43



**PHYLOGENOMIC APPROACH TO RESOLVING  
TAXONOMICALLY CHALLENGING CLADES OF  
RED ALGAE (RODOPHYTA)**

Goia Lyra

# Phylogenomic approach to resolving taxonomically challenging clades of red algae (Rodophyta)

Goia de Mattos Lyra

Depto. de Biologia Vegetal (DBV), Instituto de Biologia Roberto Alcântara Gomes (IBRAG), Universidade do Estado do Rio de Janeiro (UERJ), R. São Francisco Xavier, 524, PHLC, Maracanã, 20550-013, Rio de Janeiro, Brazil

[goialyra@gmail.com](mailto:goialyra@gmail.com)

**Key words:** genomics, integrative taxonomy, organellar genomes, phylogeny.

Red algae (Rhodophyta) constitute a highly diverse clade that is globally distributed across various aquatic and even terrestrial environments. In coastal regions, they have great ecological importance, providing food and shelter for many other species and forming reef structures and rhodolith banks. Many species of red algae hold significant economic importance due to their applications in food and pharmaceutical industries, mainly because they are sources of phycocolloids. Despite the economic and ecological relevance of this clade, our knowledge of its evolutionary history remains limited. For example, studies focused on local floras have revealed that species diversity is frequently underestimated, especially in the tropics. Furthermore, despite extensive efforts in phylogenetic research, involving both large sampling and multigene data, the relationships among the main red algae subphylum

and order lineages have not been clarified. In this lecture, recent advances in red algae systematics will be discussed in the light of phylogenomics and integrative taxonomy. In particular, two case studies will be presented involving taxonomically challenging clades that include species of great economic importance: Gracilariales and Gigartinales. In both cases, phylogenies based on organellar genomes and nuclear genes were produced from historical herbarium samples, as well as newly collected specimens from the Brazilian coast. By incorporating analyses of trait evolution, gene synteny, and divergence time novel taxonomic schemes have emerged that are consistent with the evolutionary history of the clades. These revised classifications are further supported by morphological or molecular synapomorphies, including gene losses, inversions, and Indels.

# Abordagem filogenômica para resolução de grupos taxonomicamente desafiadores de algas vermelhas (Rodophyta)

Goia de Mattos Lyra

Depto. de Biologia Vegetal (DBV), Instituto de Biologia Roberto Alcântara Gomes (IBRAG), Universidade do Estado do Rio de Janeiro (UERJ), R. São Francisco Xavier, 524, PHLC, Maracanã, 20550-013, Rio de Janeiro, Brazil

[goialyra@gmail.com](mailto:goialyra@gmail.com)

**Palavras-chave:** filogenia, genomas organelares, genômica, taxonomia integrativa.

As algas vermelhas (Rhodophyta) constituem um clado altamente diverso, distribuído globalmente por vários ambientes aquáticos, e até mesmo terrestres. Em regiões costeiras, têm grande importância ecológica, constituindo alimento e refúgio para uma diversidade de outras espécies e formando estruturas recifais e bancos de rodólitos. Muitas espécies de algas vermelhas apresentam importância econômica, sendo utilizadas nas indústrias alimentícia e farmacêutica, principalmente por serem fontes de ficocolóides. Apesar de sua relevância econômica e ecológica, o conhecimento acerca da história evolutiva deste clado é incipiente, e estudos de floras locais têm revelado que a diversidade de espécies é subestimada, principalmente nos trópicos. Além disso, os esforços filogenéticos disponíveis, ainda que baseados em ampla amostragem e dados multigênicos, não esclareceram as relações entre as linhagens principais (subfilos e ordens). Nesta palestra,

serão discutidos os recentes avanços na sistemática de algas vermelhas à luz da filogenômica e taxonomia integrativa. Em especial, serão apresentados dois estudos de caso envolvendo clados taxonomicamente desafiadores que incluem espécies de grande importância econômica: Gracilariales e Gigartinales. Em ambos os casos, foram incluídas amostras históricas de herbário, bem como espécimes atuais provenientes da costa brasileira. Dados morfológicos, incluindo análise de evolução de caracteres, investigações de sintenia gênica e de tempo de divergência foram aliadas às filogenias baseadas em genomas organelares e genes nucleares. Tais dados resultaram na proposição de novos esquemas taxonômicos coerentes com a história evolutiva dos clados. Estas classificações revisadas são também sustentadas por sinapomorfias morfológicas ou moleculares, incluindo perdas e inversões gênicas, além de indels.



## Goia Lyra

Depto. de Biologia Vegetal (DBV), Instituto de Biologia Roberto Alcântara Gomes (IBRAG), Universidade do Estado do Rio de Janeiro (UERJ), R. São Francisco Xavier, 524, PHLC, Maracanã, 20550-013, Rio de Janeiro, Brazil

[goialyra@gmail.com](mailto:goialyra@gmail.com)




My scientific interest is focused on marine macroalgae, which I have been studying through field research, herbarium material, laboratory techniques and computational biology. Specifically, I am currently dedicated to phylogenomics of red algae, contributing to better understanding deep phylogenetic relationships in this ancient clade. As a teacher, I try to encourage reflection on the nature of science, the basis of scientific knowledge and its relationship with our culture and society.

---

### Cover photo

*Sandstone reef at Stella Maris beach, Salvador, Bahia, covered by banks of marine macroalgae (photo: images collection of the Marine Algae Laboratory/UFBA).*



**ADVANCES IN SYSTEMATICS OF  
CHRYSOBALANACEAE  
USING PHYLOGENOMICS**

Renata Asprino

# Advances in systematics of Chrysobalanaceae using phylogenomics

Renata Asprino

Universidade Estadual de Feira de Santana, Programa de Pós-Graduação em Botânica, Av. Transnordestina s/n, 44036-900, Feira de Santana, Bahia, Brazil

[renata.asprino@hotmail.com](mailto:renata.asprino@hotmail.com)

**Key words:** herbariomics, high-throughput sequencing, molecular systematics, Neotropics, Paleotropics.

Phylogenetic investigations of the pantropical flowering plant clade Chrysobalanaceae in the last decades have led to great changes in its generic delimitation. Recent phylogenomic investigations including all 27 currently recognized genera were used to investigate the diversification and biogeography of Chrysobalanaceae. However, they have largely focused on Neotropical species and included less than one third of the 545 currently recognized species in the family. The generic limits of many genera remain largely untested, including some of the largest genera of Chrysobalanaceae like *Hirtella* and *Moquilea*, and relationships among the most recently diverging lineages in the family remain unresolved. This study aimed at clarifying relationships within Chrysobalanaceae based on a densely sampled phylogenomic investigation, using mostly herbarium specimens. We used nearly complete plastid genomes from ~350 species of Chrysobalanaceae to infer the phylogeny of the family using maximum likelihood inference. This

talk presents preliminary results of the ongoing phylogenomic investigation of Chrysobalanaceae and addresses how our findings pave the way for more focused evolutionary and biogeographic investigations of this fascinating clade.

# Avanços na sistemática de Chrysobalanaceae utilizando filogenômica

Renata Asprino

Universidade Estadual de Feira de Santana, Programa de Pós-Graduação em Botânica, Av. Transnordestina s/n, 44036-900, Feira de Santana, Bahia, Brazil

[renata.asprino@hotmail.com](mailto:renata.asprino@hotmail.com)

**Palavras-chave:** “herbariômica”, Neotrópico, Paleotrópico, sequenciamento de alto desempenho, sistemática molecular.

Nas últimas décadas, estudos filogenéticos sobre o clado de angiospermas pantropical Chrysobalanaceae levaram a grandes mudanças em sua delimitação genérica. Estudos filogenômicos recentes, incluindo todos os 27 gêneros atualmente reconhecidos, foram usados como base para investigar a diversificação e biogeografia de Chrysobalanaceae, mas tiveram como foco principal as espécies neotropicais, e incluíram menos de um terço das 545 espécies atualmente aceitas na família. Além disso, os limites genéricos de diversos gêneros não foram testados até então, incluindo alguns dos maiores gêneros de Chrysobalanaceae, como *Hirtella* e *Moquilea*, e as relações entre as linhagens mais recentes na família permanecem não resolvidas. Este estudo teve como objetivo esclarecer as relações filogenéticas entre as linhagens de Chrysobalanaceae, com base em uma abordagem filogenômica e ampla amostragem de táxons, utilizando majoritariamente espécimes de herbário. Foram obtidas sequências

de genoma plastidial de aproximadamente 350 espécies de Chrysobalanaceae, que foram utilizadas para reconstruir a filogenia da família através de máxima verossimilhança. Esta palestra apresenta os resultados preliminares dos estudos filogenômicos de Chrysobalanaceae em andamento e discute como os dados obtidos abrem caminho para investigações mais detalhadas sobre aspectos evolutivos e biogeográficos deste fascinante clado.

## Renata Asprino

Universidade Estadual de Feira de Santana,  
Programa de Pós-Graduação em Botânica,  
Av. Transnordestina s/n, 44036-900, Feira  
de Santana, Bahia, Brazil

[renata.asprino@hotmail.com](mailto:renata.asprino@hotmail.com)




I'm a Ph.D. student in Botany at Universidade Estadual de Feira de Santana and I'm interested in applying phylogenomic methods to investigate systematics and evolutionary history of flowering plant clades, focusing on Chrysobalanaceae. Part of my Ph.D. project was developed as a visiting researcher at the lab of Prof. Charles Davis at Harvard University, USA, where I performed lab work and phylogenomic analyses. I also obtained a MSc degree from Universidade Estadual de Feira de Santana, when I studied taxonomy and morphology of the genus *Hirtella*.

---

### Cover photo

*Hirtella paniculata* Sw., a representative of the largest genus of Chrysobalanaceae, *Hirtella*, whose taxonomic boundaries have remained largely untested in phylogenetic studies (photo: Rafael G. Barbosa-Silva).



**COMING OUT OF THE CAVE:  
SHEDDING LIGHT ON NEGLECTED GENERA  
IN CLUSIACEAE**

Lucas Cardoso Marinho

# Coming out of the cave: Shedding light on neglected genera in Clusiaceae

Lucas Cardoso Marinho

Universidade Federal do Maranhão, Departamento de Biologia, Av. dos Portugueses 1966, Bacanga, 65080-805, São Luís, Maranhão, Brazil

[lc.marinho@ufma.br](mailto:lc.marinho@ufma.br)

**Key words:** clusioid clade, Malpighiales, phylogenomics, plastome, *Tovomita*.

Clusiaceae has a pantropical distribution and its almost 800 species are distributed in 15 genera. Over the years, *Clusia* and *Garcinia*, the two largest genera of the family, have received more attention in publications and, until recently, little was known about the other genera. Most of these genera are concentrated in the Neotropical rainforests. They are large trees, usually dioecious and with small flowers, characteristics that make their investigation even more challenging. Since 2013 I have invested efforts in knowing *Tovomita* (tribe Clusieae), the third-largest genus of the family. For this, I have used different approaches from palinomorphy to phylogenomics, which has also generated relevant information for its satellite genera: *Chrysochalmys*, *Dystovomita*, *Tovomitopsis* and, the recently described, *Arawakia*. There is still much to be resolved in Clusieae, but another direction also seems challenging to me: the investigation focusing on

the Symphonieae tribe, which has seven neo and paleotropical genera whose circumscription and biogeography have never been fully assessed.

# Saindo da caverna: Trazendo à luz gêneros negligenciados em Clusiaceae

Lucas Cardoso Marinho

Universidade Federal do Maranhão, Departamento de Biologia, Av. dos Portugueses 1966, Bacanga, 65080-805, São Luís, Maranhão, Brazil

[lc.marinho@ufma.br](mailto:lc.marinho@ufma.br)

**Palavras-chave:** clado clusioide, filogenômica, Malpighiales, plastoma, *Tovomita*.

Clusiaceae possui distribuição pantropical e suas quase 800 espécies estão distribuídas em 15 gêneros. Ao longo dos anos, *Clusia* e *Garcinia*, os dois maiores gêneros da família, têm recebido mais destaque e, até pouco tempo atrás, pouco se sabia sobre os demais gêneros. A maior parte destes gêneros se concentram em áreas de floresta ombrófila da região neotropical. São árvores de grande porte, normalmente dioicas e com flores pequenas, características que tornam essa investigação ainda mais desafiadora. Desde 2013 eu tenho investido esforços em conhecer *Tovomita* (tribo Clusieae), o terceiro maior gênero da família. Para isso tenho empregado diferentes abordagens desde palinomorfolgia até filogenômica, o que tem gerado informações relevantes também para os seus gêneros satélites: *Chrysochlamys*, *Dystovomita*, *Tovomitopsis* e, o recentemente descrito, *Arawakia*. Ainda há muito a ser resolvido em Clusieae, mas outra direção também me parece desafiadora: a investigação

com foco na tribo Symphonieae, que possui sete gêneros neo e paleotropicals, que nunca tiveram sua circunscrição e biogeografia estudadas.



## Lucas Cardoso Marinho

Universidade Federal do Maranhão, Departamento de Biologia, Av. dos Portugueses 1966, Bacanga, 65080-805, São Luís, Maranhão, Brazil

[lc.marinho@ufma.br](mailto:lc.marinho@ufma.br)



My research interests include Malpighiales systematics, scientific dissemination, and taxonomy of Amazonian groups. I pursue these interests as Professor at Maranhão Federal University, where I teach Systematics of Spermatophytes, and Scientific Illustration. At this moment I have been interested in knowing the flora of Maranhão state, an ecotone region between the Brazilian Amazon and Cerrado, and shedding light on some genera of Clusiaceae using different approaches, from micromorphology to phylogenomics.

---

### Cover photo

*A small staminate flower of *Tovomita glazioviana* Engl., a species endemic to the Brazilian Atlantic Forest (photo: Lucas Marinho).*

A close-up photograph of a flowering plant with several purple flowers and buds on a green stem. The background is solid black, making the colors of the plant stand out. The flowers have a distinct two-lobed structure, with a central yellow-green area. The buds are green and purple.

**FROM *POLYGALA* TO *ASEMEIA*:  
RECENT ADVANCES AND PERSPECTIVES IN  
POLYGALACEAE STUDIES**

Michelle Mota

# From *Polygala* to *Asemeia*: Recent advances and perspectives in Polygalaceae studies

Michelle Mota

Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Algas e Plantas, Universidade Federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Biológicas, Trindade, 88040-900, Florianópolis, SC, Brazil

[mcamota@outlook.com](mailto:mcamota@outlook.com)

**Key words:** *Asemeia*, Cerrado, Polygalaceae, taxonomy, phylogeny.

Polygalaceae has 27 genera and about 1,200 species, distributed over almost the entire Earth's surface, except for certain desert or frozen regions of the planet. The family is considered monophyletic and belongs to the order Fabales. This family is divided into four tribes, Carpolobieae, Diclidanthereae, Xanthophylleae, and Polygaleae. The Polygaleae is monophyletic and has flowers that resemble the papilionaceous flowers of legumes. However, in Polygalaceae the keel is formed by a single petal and the wings are petaloid sepals, while in Fabaceae the keel is generally formed by the fusion of two petals and the wings are lateral petals. In addition to its peculiar floral architecture, the tribe Polygaleae can be characterized by the trimerous corollas (eventually presenting 2 rudimentary petals). One of the genera of the tribe, *Asemeia*, is currently comprised of 36 species distributed throughout the Americas, from the United

States to Argentina. In the last 4 years, I have reviewed the taxonomy and phylogeny of the genus. In this lecture, I will present the recent studies and projects under development with Polygalaceae, with emphasis on *Asemeia*, and the prospects for future studies with the family.

# De *Polygala* a *Asemeia*: Avanços recentes e perspectivas nos estudos em Polygalaceae

Michelle Mota

Programa de Pós-Graduação em Biologia de Fungos, Algas e Plantas, Universidade Federal de Santa Catarina, Centro de Ciências Biológicas, Trindade, 88040-900, Florianópolis, SC, Brazil

[mcamota@outlook.com](mailto:mcamota@outlook.com)

**Palavras-chave:** *Asemeia*, Cerrado, Polygalaceae, taxonomia, filogenia.

Polygalaceae possui 27 gêneros e cerca de 1.200 espécies, distribuídas por quase toda a superfície terrestre, com exceção de certas regiões desérticas ou geladas do planeta. A família é considerada monofilética e pertence à ordem Fabales. Esta família é dividida em quatro tribos, Carpolobieae, Diclidanthereae, Xanthophylleae e Polygaleae. A tribo Polygaleae é monofilética e possui flores que lembram as flores papilionáceas das leguminosas. Porém, em Polygalaceae a carena é formada por uma única pétala e as alas são sépalas petalóides (sépalas internas), enquanto em Fabaceae a quilha é formada geralmente pela fusão de 2 pétalas e o as alas são pétalas laterais. Além da arquitetura floral peculiar, a tribo Polygaleae pode ser caracterizada pelas corolas trímeras (apresentando eventualmente 2 pétalas rudimentares). Um dos gêneros da tribo, *Asemeia*, é atualmente composto por 36 espécies distribuídas pelas Américas, dos Estados Unidos à Argentina. Nos últimos 4 anos revisei a

taxonomia e filogenia do gênero. Nesta palestra apresentarei os recentes estudos e projetos em desenvolvimento com Polygalaceae, com ênfase em *Asemeia*, e as perspectivas de estudos futuros com a família.

## Michelle Mota

Programa de Pós-Graduação em Biologia  
de Fungos, Algas e Plantas, Universidade  
Federal de Santa Catarina, Centro de  
Ciências Biológicas, Trindade, 88040-900,  
Florianópolis, SC, Brazil

[mcamota@outlook.com](mailto:mcamota@outlook.com)



My journey in Botany began with studying the family Lamiaceae during my undergraduate studies. In my Master's degree, I conducted a taxonomic review of *Bredemeyera* (Polygalaceae) while participating in an ongoing project to delimit the genera of Polygalaceae with Dr. José Floriano Barêa Pastore. Currently, I am working on the taxonomy of the genus *Asemeia* for my Ph.D., which has also involved learning modern molecular techniques at the Jodrell Lab in Kew Gardens (UK) for inferring a robust phylogeny of the genus. This project was also supported by the "IAPT Research Grant". My research interests lie in the morphology, taxonomy, and evolution of Polygalaceae species, including the delimitation of genera and understanding patterns of biodiversity in the family.

---

### Cover photo

*Asemeia coracoralinae* M.Mota & J.F.B.Pastore is a newly discovered species endemic to Serra Dourada in the city of Goiás, located in the state of Goiás. The epithet is named in honor of the poet Cora Coralina, who was born in the city of Goiás (photo: Arthur de Souza Soares).



**SYSTEMATICS, BIOGEOGRAPHY AND FLORAL  
EVOLUTION IN DIALIOIDEAE (LEGUMINOSAE)**

Marcus J.A. Falcão

# Systematics, biogeography and floral evolution in Dialioideae (Leguminosae)

Marcus J.A. Falcão<sup>1</sup>, Juliana V. Paulino<sup>1,2</sup>, Leandro C. Pederneiras<sup>1</sup>, Benjamin M. Torke<sup>3</sup> & Vidal F. Mansano<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instituto de Pesquisas Jardim Botânico do Rio de Janeiro, Escola Nacional de Botânica Tropical, Rio de Janeiro, RJ, Brazil

<sup>2</sup> Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ), Departamento de Produtos Naturais e Alimentos, Faculdade de Farmácia, Rio de Janeiro, RJ, Brazil

<sup>3</sup> The New York Botanical Garden, Institute of Systematic Botany, New York, NY, USA

[jrfalcao2010@hotmail.com](mailto:jrfalcao2010@hotmail.com)

**Key words:** Fabaceae, floral ontogeny, phylogeny, taxonomy.

In this talk, I will present an overview of several of our studies on Dialioideae, one of the six subfamilies of legumes (Leguminosae). It is a pantropical clade with 17 genera and 83 species that stands out for its position at the evolutionary tree of legumes, its unique floral morphology, and by containing many species of food, timber, medicinal, cultural, and ecological importance, in addition to numerous endangered taxa, some critically. The flowers in several Dialioideae genera can reach extreme reduction levels, making ontogenetic studies of flowers an interesting tool for evolutionary analysis. We produced ontogenetic series for the genera *Apuleia*, *Martiodendron*, and *Dicorynia* and a morphological and ontogenetic review of all 17 genera of Dialioideae, proposing several potential synapomorphies and evolutionary pathways. By gathering an extensive morphological database and the thus far most complete phylogenetic tree

for the clade, we were able to develop a comprehensive character evolution work, the first for this subfamily. Such phylogeny is also accompanied by the first biogeographical study produced for Dialioideae, thus expanding the knowledge of the clade's evolutionary history. Regarding taxonomy and nomenclature, our recent studies have revealed a great diversity for the Neotropical genera of Dialioideae, with nine additional taxa described in *Apuleia*, *Dialium*, *Dicorynia*, *Martiodendron*, and *Poeppigia*. Such taxonomic studies were based on the collections of worldwide herbaria and several expeditions through many regions of South America in search of the rarest and most unknown taxa of Dialioideae, unraveling its diversity, and thus supporting its conservation.

# Sistemática, biogeografia e evolução floral em Dialioideae (Leguminosae)

Marcus J.A. Falcão<sup>1</sup>, Juliana V. Paulino<sup>1,2</sup>, Leandro C. Pederneiras<sup>1</sup>, Benjamin M. Torke<sup>3</sup> & Vidal F. Mansano<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Instituto de Pesquisas Jardim Botânico do Rio de Janeiro, Escola Nacional de Botânica Tropical, Rio de Janeiro, RJ, Brazil

<sup>2</sup> Universidade Federal do Rio de Janeiro (UFRJ), Departamento de Produtos Naturais e Alimentos, Faculdade de Farmácia, Rio de Janeiro, RJ, Brazil

<sup>3</sup> The New York Botanical Garden, Institute of Systematic Botany, New York, NY, USA

[jrfalcao2010@hotmail.com](mailto:jrfalcao2010@hotmail.com)

**Palavras-chave:** Fabaceae, filogenia, ontogenia floral, taxonomia.

Nesta palestra, apresentarei uma visão geral de vários de nossos estudos em Dialioideae, uma das seis subfamílias de leguminosas (Leguminosae). Este é um clado pantropical com 17 gêneros e 83 espécies, que se destaca pela sua posição na árvore evolutiva das leguminosas, sua morfologia floral única e por conter inúmeras espécies com importância alimentar, madeireira, medicinal, cultural e ecológica, além de diversos táxons ameaçados, alguns criticamente. As flores de diversos gêneros de Dialioideae podem apresentar níveis extremos de redução, o que faz dos estudos de ontogenia floral uma ferramenta interessante para análises evolutivas. Nós produzimos as séries ontogenéticas para os gêneros *Apuleia*, *Martiodendron* e *Dicorynia*, e uma revisão morfológica e ontogenética para todos os 17 gêneros de Dialioideae, propondo diversas potenciais sinapomorfias e caminhos evolutivos, assim formando uma extensa base de dados morfológicos que, junto de

nosso estudo filogenético, o mais completo já produzido até agora para o grupo, possibilitou o desenvolvimento de um extenso trabalho de evolução de caracteres, inédito para esta subfamília. Esta filogenia está acompanhada pelo primeiro estudo biogeográfico em Dialioideae, assim expandindo o conhecimento da história evolutiva do clado. Com relação à taxonomia e nomenclatura, nossos estudos recentes revelaram uma grande diversidade nos gêneros neotropicais de Dialioideae, com nove táxons adicionais descritos em *Apuleia*, *Dialium*, *Dicorynia*, *Martiodendron* e *Poeppigia*. Tais estudos taxonômicos foram baseados nas coleções de diversos herbários de todo o mundo e em expedições para várias regiões da América do Sul, a procura dos mais raros e menos conhecidos táxons de Dialioideae, desvendando sua diversidade e assim suportando sua conservação.



## Marcus J.A. Falcão

Instituto de Pesquisas Jardim Botânico do  
Rio de Janeiro, Escola Nacional de Botânica  
Tropical, Rio de Janeiro, RJ, Brazil

*jrfalcao2010@hotmail.com*

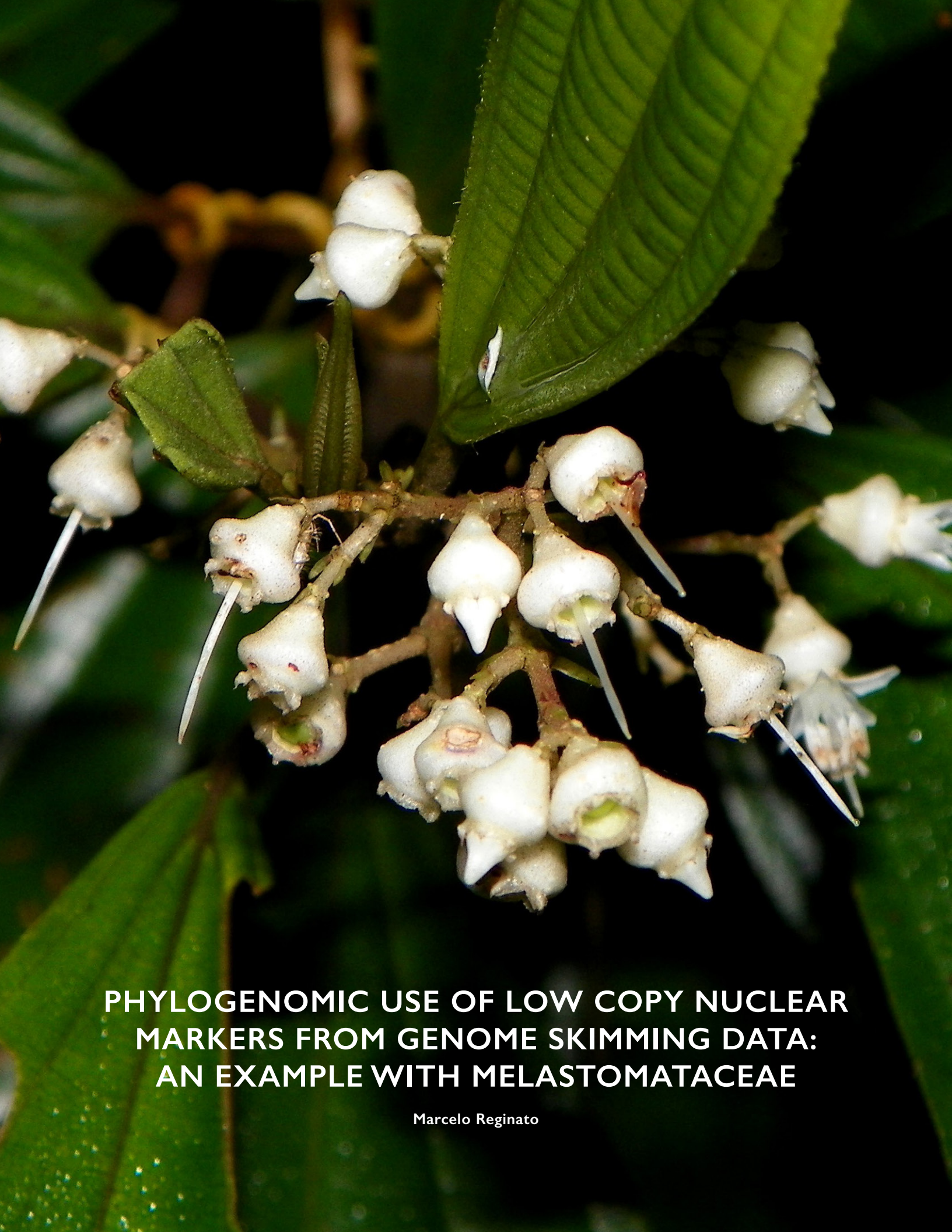


I have been studying legumes (Leguminosae), the third largest family of flowering plants, since the beginning of my degree in Biology at the Federal University of Rio de Janeiro in 2013. My first research project focused on the taxonomy of the genus *Dialium*, trying to answer whether its diversity in the Neotropical region had been underestimated; my studies resulted in the description of three new species. Later, during my M.Sc. and Ph.D. in Botany at the Botanical Garden of Rio de Janeiro, I expanded these studies: first to the taxonomy of the other five Neotropical genera related to *Dialium* in the subfamily Dialioideae; and later to the systematics, biogeography, and floral ontogeny of all 17 genera of this subfamily, in order to better understand their diversity, phylogenetic relationships, and evolution through the history of life on Earth. I am currently part of two collaborative initiatives that unite hundreds of botanists worldwide: The Flora e Funga do Brasil project and the Legume Phylogeny Working Group, which is focused on classifying the legume family. I also work as a scientific illustrator, drawing different species of plants and animals.

---

### Cover photo

A rare specimen of *Martiodendron elatum* var. *elatum*, a tree more than 40 m tall in the rainforests of the Tapajós River, Pará, Brazil. This taxon had not been found in the region for about 60 years until our recent expeditions to this little known area of the Amazon (photo: Marcus Falcão).



**PHYLOGENOMIC USE OF LOW COPY NUCLEAR  
MARKERS FROM GENOME SKIMMING DATA:  
AN EXAMPLE WITH MELASTOMATACEAE**

Marcelo Reginato

# Phylogenomic use of low copy nuclear markers from genome skimming data: An example with Melastomataceae

Marcelo Reginato<sup>1</sup> & Fabián A. Michelangeli<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Botânica, Instituto de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, RS, 91509900, Porto Alegre, Brazil

<sup>2</sup> Institute of Systematic Botany, The New York Botanical Garden, Bronx, NY 10458–5126, USA

[mreginato@ufrgs.br](mailto:mreginato@ufrgs.br)

**Key words:** bioinformatics, high-throughput sequencing, phylogenetics, systematics.

*Genome skimming* is a popular method in plant phylogenomics that does not include a biased enrichment step, relying on random shallow sequencing of total genomic DNA. From these data the plastome is usually readily assembled and constitutes the bulk of phylogenetic information generated in these studies. Despite a few attempts to use *genome skims* to recover low copy nuclear loci for direct phylogenetic use, such endeavor remains largely neglected. Causes might include the trade-off between libraries with few reads and species with large genomes (i.e., rendering a high percentage of missing data caused by low coverage). Here, genome skims of Melastomataceae are used as an example to demonstrate the strengths and limitations of this approach. Critical aspects of assembling low copy nuclear markers from *genome skims* are discussed. A special attention is given to recalcitrant relationships, where putative drivers are investigated.

# Uso filogenômico de marcadores nucleares de dados de genome skimming: Um exemplo com Melastomataceae

Marcelo Reginato<sup>1</sup> & Fabián A. Michelangeli<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Botânica, Instituto de Biociências, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, RS, 91509900, Porto Alegre, Brazil

<sup>2</sup> Institute of Systematic Botany, The New York Botanical Garden, Bronx, NY 10458–5126, USA

[mreginato@ufrgs.br](mailto:mreginato@ufrgs.br)

**Palavras-chave:** bioinformática, sequenciamento de alto desempenho, filogenética, sistemática.

*Genome skimming* é um método popular na filogenômica de plantas que não inclui uma etapa de enriquecimento enviesado, dependendo do sequenciamento superficial aleatório do DNA genômico total. A partir desses dados, o plastoma é geralmente facilmente montado e constitui a maior parte das informações filogenéticas geradas nesses estudos. Apesar de algumas tentativas de usar genome skims para recuperar loci nucleares de baixa cópia para uso filogenético direto, essa tarefa ainda é amplamente negligenciado. As causas podem incluir a relação entre bibliotecas com poucas sequências e espécies com genomas grandes (i.e., resultando em um alto percentual de dados ausentes causados por baixa cobertura). Aqui, *genome skims* de Melastomataceae são usados como exemplo para demonstrar as vantagens e limitações desse método. Aspectos críticos da montagem de marcadores nucleares de baixa cópia a partir dos *genome skims* são

discutidos. Uma atenção especial é dada às relações recalcitrantes, onde possíveis causas são investigadas.

## Marcelo Reginato

Departamento de Botânica, Instituto de  
Biotecnologia, Universidade Federal do Rio  
Grande do Sul, RS, 91509900,  
Porto Alegre, Brazil

[mreginato@ufrgs.br](mailto:mreginato@ufrgs.br)

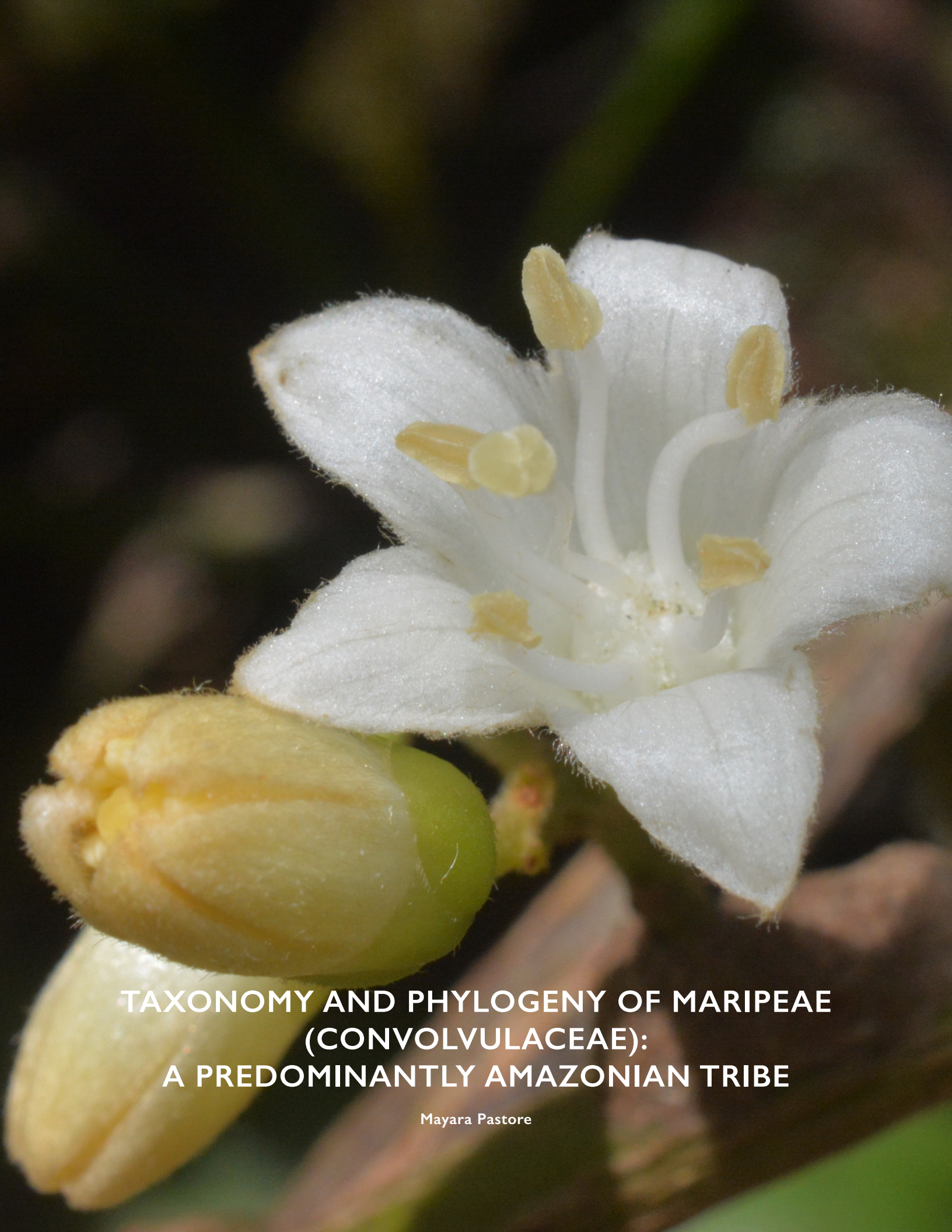


I'm a professor at the Botany Department in the Universidade Federal do Rio Grande do Sul (Brazil). I've completed my undergrad and Master's studies in the Universidade Federal do Paraná (Brazil) and obtained my Ph.D. in the City University of New York (USA). I have been working with many aspects of systematics, biogeography and evolution of plants, with a special focus on the Melastomataceae family. I'm also an enthusiast of developing and making popular bioinformatics tools for taxonomists.

---

### Cover photo

Branch with inflorescences of the narrowly distributed *Leandra vesiculosa* Cogn. (Melastomataceae)  
(photo: Marcelo Reginato).

A close-up photograph of a white, five-petaled flower with yellow stamens and a greenish-yellow bud. The flower is the central focus, with its petals and stamens clearly visible. The background is dark and out of focus, highlighting the flower's details. The text is overlaid on the bottom portion of the image.

**TAXONOMY AND PHYLOGENY OF MARIPEAE  
(CONVOLVULACEAE):  
A PREDOMINANTLY AMAZONIAN TRIBE**

Mayara Pastore

# Taxonomy and phylogeny of Maripeae (Convolvulaceae): A predominantly Amazonian tribe

Mayara Pastore

Museu Paraense Emílio Goeldi, Belém, Pará, Brazil

[pastoremay@gmail.com](mailto:pastoremay@gmail.com)

**Key words:** Amazon, *Dicranostyles*, lianas, *Maripa*, systematics.

Although lianas, and Amazonian flora in general, greatly contribute to the world's biodiversity, their evolutionary history and taxonomic diversity are still largely understudied. Convolvulaceae is a predominantly tropical family of climbers, which includes the tribe Maripeae, exclusively composed of lianas (woody climbing) found in the tropical forests of the Americas. This tribe includes the genera *Dicranostyles* Benth. and *Maripa* Aubl., comprising about 40 species distributed throughout the Amazon, with three species reaching the forests of Central America up to Costa Rica, one species expanding to southern Mexico, and only one species in the Brazilian Cerrado biome. This talk presents an overview of the systematics of Convolvulaceae, with a focus on the diversity of Maripeae, including seven recently discovered new species, taxonomic novelties, and a molecular phylogeny based on six plastid and one nuclear DNA regions. The phylogeny indicates that the tribe

Maripeae is monophyletic, the genus *Lysiostyles* is nested within the *Dicranostyles*, and the monophyly of *Maripa* is confirmed, excluding *M. rugosa* Ducke which appears as sister of *Dicranostyles*. A more comprehensive phylogeny of related tribes is crucial to elucidate the still unresolved evolutionary relationships of the Dicranostyloideae clade. No species of this tribe has been previously evaluated for a Red List, therefore the conservation status of the species is informally presented.

# Taxonomia e filogenia de Maripeae (Convolvulaceae): Uma tribo predominantemente amazônica

Mayara Pastore

Museu Paraense Emílio Goeldi, Belém, Pará, Brasil

[pastoremay@gmail.com](mailto:pastoremay@gmail.com)

**Palavras-chave:** Amazônia, *Dicranostyles*, lianas, *Maripa*, sistemática.

Embora as lianas e a flora amazônica em geral contribuam muito para a biodiversidade global, sua história evolutiva e diversidade taxonômica ainda são pouco estudadas. Convolvulaceae é uma família predominantemente de trepadeiras tropicais, incluindo a tribo Maripeae, composta exclusivamente por lianas (trepadeiras lenhosas) encontradas nas florestas tropicais das Américas. Esta tribo inclui os gêneros *Dicranostyles* Benth. e *Maripa* Aubl., compreendendo cerca de 40 espécies distribuídas por toda a Amazônia, com apenas três espécies atingindo as florestas da América Central até a Costa Rica, uma espécie expandindo até o sul do México, e uma única espécie no bioma Cerrado do Brasil. Esta palestra apresenta uma visão geral da sistemática de Convolvulaceae, com foco na diversidade de Maripeae, incluindo sete novas espécies descobertas, novidades taxonômicas e uma filogenia molecular baseada em seis regiões do DNA plastidial e uma do nuclear. A filogenia

indica que a tribo Maripeae é monofilética, o gênero *Lysiostyles* aparece aninhado em *Dicranostyles*, e o monofiletismo de *Maripa* é confirmado, excluindo *M. rugosa* Ducke que é irmã de *Dicranostyles*. Uma filogenia mais abrangente com as tribos relacionadas é crucial para elucidar as relações evolutivas ainda incertas do clado Dicranostyloideae. Nenhuma espécie desta tribo foi previamente avaliada para uma Lista Vermelha, portanto o status de conservação das espécies é apresentado informalmente.



## Mayara Pastore

Museu Paraense Emílio Goeldi,  
Belém, Pará, Brazil

[pastoremay@gmail.com](mailto:pastoremay@gmail.com)



Mayara has been working on the taxonomy of Convolvulaceae since 2012, starting with the genus *Jacquemontia*, and improving the understanding of the major Brazilian genera over those years. Since 2016, she has been studying the Amazonian flora, especially the tribe Maripeae, which consists of lianas from forest areas in Tropical America. She prepared monographs for Convolvulaceae and other small families for the Flora of the Carajás project, as well as conservation assessments for all angiosperms species from the cangas of the Serra dos Carajás, Pará state, Brazil.

Mayara obtained her MSc in plant biodiversity from the Instituto de Botânica in São Paulo, Brazil, and her Ph.D. in Tropical Botany from the Museu Paraense Emílio Goeldi and the Universidade Federal Rural da Amazônia in Belém, Brazil. Her current interest is on neotropical lianas, with a focus on the systematics of Convolvulaceae in order to contribute to the expansion of botanical research and conservation in the Amazon.

---

**Cover photo**

*Flower and buds of Maripa rugosa Ducke.*  
(Photo: Mayara Pastore)



**ADVANCES IN THE STUDY OF BRAZILIAN  
VERNONIEAE (ASTERACEAE)**

Carolina Siniscalchi

# Advances in the study of Brazilian Vernonieae (Asteraceae)

Carolina Siniscalchi

Mississippi State University Libraries, 395 Hardy Rd, Mississippi State, MS 39762, USA

[carol.siniscalchi@gmail.com](mailto:carol.siniscalchi@gmail.com)

**Key words:** diversification, hybridization, phylogenomics, target capture, traits.

Vernonieae, an Asteraceae tribe of about 1500 species, has Brazil as one of its centers of diversity. The taxonomy of the tribe has been complicated by the split of the mega-genus *Vernonia* into several monotypic and small genera. Achieving a thorough sampling of this diverse tribe is challenging, but phylogenetics and phylogenomics studies in the last decade have reshaped our understanding of subtribal and generic relationships. Although our knowledge of the backbone of the tribe is still a work in progress, target capture sequencing techniques have improved our understanding of relationships within and among subtribes. However, the inclusion of hundreds of nuclear genes in phylogenies also revealed that processes like hybridization can be a driving force of diversification in some subtribes, such as Lychnophorinae, impacting how we think about species delimitation in the group. Finally, better sampled and supported phylogenies

have opened the possibility of studying macroevolutionary questions in the group, such as how environmental factors have shaped diversification and how certain traits have affected speciation.

# Avanços no estudo das Vernonieae (Asteraceae) brasileiras

Carolina Siniscalchi

Mississippi State University Libraries, 395 Hardy Rd, Mississippi State, MS 39762, USA

[carol.siniscalchi@gmail.com](mailto:carol.siniscalchi@gmail.com)

**Palavras-chave:** características, diversificação, filogenômica, hibridização, target capture.

Vernonieae, uma tribo em Asteraceae contendo cerca de 1500 espécies, tem o Brasil como um de seus centros de diversidade. A taxonomia da tribo foi complicada pela divisão do megagênero *Vernonia* em vários gêneros monotípicos ou contendo poucas espécies. Conseguir uma amostragem ampla dessa tribo diversa é um desafio, mas estudos filogenéticos e filogenômicos na última década moldaram um novo entendimento das relações subtribais e genéricas. Embora nosso conhecimento da espinha dorsal da tribo ainda seja um trabalho em andamento, técnicas de sequenciamento de target capture melhoraram o nosso conhecimento das relações entre e dentro das subtribos. No entanto, a inclusão de centenas de genes nucleares em filogenias revelou que processos como hibridização podem ser uma força motriz da diversificação em algumas subtribos, como Lychnophorinae, o que também pode impactar em como pensamos

sobre a delimitação de espécies no grupo. Por fim, filogenias com melhor amostragem e suporte estatístico abriram a possibilidade de estudar questões macroevolutivas no grupo, como o papel que fatores ambientais tiveram na diversificação ou como certas características afetam a especiação.

## Carolina Siniscalchi

Mississippi State University Libraries, 395  
Hardy Rd, Mississippi State, MS 39762, USA

*carol.siniscalchi@gmail.com*



I am a plant systematist with a strong background in phylogenetics, macroevolution and biodiversity science. My research uses an interdisciplinary approach, integrating phylogenomics, herbarium-based data, and large morphological and environmental datasets to ask questions about the evolutionary drivers of today's plant biodiversity. Most of my work in Asteraceae phylogenomics, and in the tribe Vernonieae specifically, has focused on untangling hard-to-resolve evolutionary relationships in the face of hybridization and whole-genome duplications. More recently, I have broadened my focus to include research questions related to how environmental factors and morphological traits affect diversification in plants, not only in the Asteraceae, but also in the nitrogen fixing clade of Angiosperms.

---

### Cover photo

*Proteopsis hermogenesii* Loeuille, Semir & Pirani, a striking species of subtribe Lychnophorinae (Vernonieae, Asteraceae) endemic to a microregion of the Brazilian Cerrado. The species shows the typical purple flowers of the tribe, as well as secondary heads, a common trait of Brazilian Vernonieae (photo: Carolina Siniscalchi).

A landscape photograph showing a rocky mountain slope in the foreground. The slope is covered with various green plants and several clusters of bright purple flowers. In the background, a wide, green valley stretches out, leading to a range of rugged, grey mountains under a hazy, overcast sky. The overall scene is a natural, high-altitude environment.

**AN ECOSYSTEM LEVEL STUDY FOR  
UNDERSTANDING AND CONSERVING THE  
NEOTROPICAL CAMPOS RUPESTRES**

Cássia Bitencourt

# An ecosystem level study for understanding and conserving the Neotropical Campos Rupestres

Cássia Bitencourt

Royal Botanic Gardens, Kew, TW9 3AE, Surrey, United Kingdom

[ca.biten@gmail.com](mailto:ca.biten@gmail.com)

**Key words:** rocky ecosystems, biodiversity genomics, old landscape genomics, traits.

Ideally, biodiversity conservation should focus on individual biological entities such as species and incorporate ecological interactions, functional traits, and evolutionary history. Failure to consider these aspects could result in scientists and policymakers overlooking essential features of particular biodiversity. Recent studies that include evolutionary history in identifying conservation priorities have shown that putatively important areas might differ from those suggested by traditional approaches that primarily consider distribution ranges and species diversity. Here, we combine different facets of biodiversity in genome-scale analyses to develop an ecosystem-level approach aimed at informing practical future conservation actions in the rich flora of the Campos Rupestres. So, in this symposium, I will be talking about this fantastic topic.

# Um estudo em nível de ecossistema para entender e conservar os Campos Rupestres Neotropicais

Cássia Bitencourt

Royal Botanic Gardens, Kew, TW9 3AE, Surrey, United Kingdom

[ca.biten@gmail.com](mailto:ca.biten@gmail.com)

**Palavras-chave:** afloramentos, genômica de biodiversidade, genômica de paisagens antigas, características funcionais.

Idealmente, a conservação da biodiversidade deve se concentrar em entidades biológicas individuais, como espécies, e incorporar interações ecológicas, características funcionais e história evolutiva. A não consideração desses aspectos pode resultar em cientistas e formuladores de políticas negligenciando características essenciais de uma biodiversidade específica. Estudos recentes que incluem a história evolutiva na identificação de prioridades de conservação mostraram que áreas supostamente importantes podem diferir daquelas sugeridas por abordagens tradicionais que consideram principalmente distribuição e diversidade de espécies. Aqui, combinamos diferentes facetas da biodiversidade em análises em escala genômica para desenvolver uma abordagem em nível de ecossistema destinada a informar futuras ações práticas de conservação na rica flora dos Campos Rupestres. Então, neste simpósio, irei falar sobre este tema fantástico.



## Cássia Bitencourt

Royal Botanic Gardens, Kew, TW9 3AE,  
Surrey, United Kingdom

[ca.biten@gmail.com](mailto:ca.biten@gmail.com)



I am The Royal Society Newton International Fellow at Royal Botanic Gardens Kew in the UK. My research relies on data production and analysis within various disciplines, including taxonomy, modelling, and biogeography of the family Apocynaceae (order Gentianales). Recently, I've been using a phylogenomic approach to address two main topics: [1] Biogeography, trait evolution and environment-relationships within the Apocynaceae (Gentianales), aiming to understand the main processes driving the evolution of this group (particularly Asclepiadoideae, which includes plants such as milkweeds and *Stapelia*) in global ecosystems and the interplay between traits and environment, as well as their influence in diversification rates. [2] Conservation, and landscape evolution of flowering plants within rocky outcrops, where I've been using phylogenomic data to improve the resolution of molecular phylogenies to understand the evolution of species inhabiting outcrops in Old and Stable Landscapes (OSLs).

---

### Cover photo

PSerra da Lapa, Minas Gerais - Brazil - This is a common landscape of Campos Rupestres which houses thousands of narrow endemics. Species of lineages well diversified there such as *Minaria* (Apocynaceae), *Calliandra* (Leguminosae), *Comanthera* (Eriocaulaceae), *Stachytarpheta* (Verbenaceae), *Vellozia* (Velloziaceae) and *Dyckia* (Bromeliaceae) are threatened due many factors such as mining activities and plantations. Let's talk about it (photo: Domingos Cardoso).



# COMPLETING THE ANGIOSPERM TREE OF LIFE

Alexandre R. Zuntini

# Completing the angiosperm tree of life

Alexandre R. Zuntini & the PAFTOL Project team

Royal Botanic Gardens, Kew, TW9 3AE, Surrey, United Kingdom

[a.zuntini@kew.org](mailto:a.zuntini@kew.org)

**Key words:** Angiosperms353, classification, diversification, phylogenomics.

Angiosperms represent the major group of land plants, with more than 300,000 species distributed in almost every ecosystem. They have a pivot role in Earth's biodiversity, from shaping biomes to influencing the diversification of different animal groups. However, despite their importance, much of their evolutionary history remains poorly known. Either due to uneven representation of taxa or for relying mostly on few loci (like the prevalence of plastid-based works), the complexity of angiosperms evolution is not entirely captured. Here we reconstruct the phylogenetic tree of angiosperms using 353 nuclear loci. Sampling nearly 8,000 genera (58%), we include for the first time all orders and families in a nuclear phylogenomic framework, allowing us to evaluate current classification system. We also calibrated this phylogenetic tree with more than 200 fossils and used this dated framework to study the diversification of angiosperms.

With such a robust dataset, both in taxonomic and genomic coverage, we highlight the potential of nuclear data to unveil their intricate history. Consequently, the relationship among major groups is here clarified, making this a cornerstone for the angiosperm tree of life.

# Completando a árvore da vida das Angiospermas

Alexandre R. Zuntini & the PAFTOL Project team

Royal Botanic Gardens, Kew, TW9 3AE, Surrey, United Kingdom

[a.zuntini@kew.org](mailto:a.zuntini@kew.org)

**Palavras-chave:** Angiosperms353, classificação, diversificação, filogenômica.

As Angiospermas representam o maior grupo de plantas terrestres, com mais de 300.000 espécies distribuídas em quase todos os ecossistemas. As Angiospermas têm um papel central na diversidade global, seja moldando biomas bem como influenciando a diversificação de diferentes grupos de animais. Entretanto, apesar de sua grande importância, muito de sua história evolutiva permanece pouco estudada. Tanto pela representação desigual de taxa, como também por basear-se em poucos marcadores (como a prevalência de trabalhos baseados em dados de plastídio), a complexidade na evolução das angiospermas não é completamente capturada. Aqui nós reconstruímos a filogenia de Angiospermas usando 353 loci nucleares. Com quase 8.000 gêneros amostrados (58%), nós incluímos pela primeira vez todas as ordens e famílias em um estudo filogenômico nuclear, o que nos permite avaliar o atual sistema de classificação. Nós também calibramos esta

árvore filogenética com mais de 200 fósseis e usamos este panorama datado para estudar a diversificação de Angiospermas. Com este robusto conjunto de dados, com ampla cobertura taxonômica e genômica, nós destacamos o potencial de dados nucleares para elucidar a sua intricada história. Consequentemente, a relação entre os grandes grupos é revelada, fazendo deste trabalho uma pedra fundamental para a árvore da vida de Angiospermas.

## Alexandre R. Zuntini

Royal Botanic Gardens, Kew, TW9 3AE,  
Surrey, United Kingdom

[a.zuntini@kew.org](mailto:a.zuntini@kew.org)



I'm a taxonomist from my heart and a geek by vocation, so I enjoy playing with theories, techniques and coding to study the evolution of plants. In a multidisciplinary approach, combining classic taxonomy and systematics to molecular biology, genetics, and bioinformatics, I try to understand plant species under different perspectives to answer who they are and what their history is. I've been studying plants since college in Brazil, where I also acquired my PhD, working with the genus *Bignonia* (Bignoniaceae). Currently I'm a Research Fellow at Royal Botanic Gardens, Kew, working on the evolution and systematics of Lamiales and angiosperms as a whole, among other things.

---

### Cover photo

*Bignonia binata* Thunb. is a great example of the importance of integrative studies to explore biodiversity. By combining micro- and macromorphological characters, with ecological, geographical and phylogenetic data, two independent lineages can now be recognised (photo: Alexandre Zuntini).

