

Líquens parmelioides (*Parmeliaceae*) do extremo sul da Mata Atlântica: a diversidade revelada em uma análise integrativa

Mestranda: Andressa Silva Rodrigues

Orientadora: Dra. Aline Pedroso Lorenz

Coorientadora: Dra. Luciana da Silva Canêz

Campo Grande, MS

2019

Líquens parmelioides (*Parmeliaceae*) do extremo sul da Mata Atlântica: a diversidade revelada em uma análise integrativa

Dissertação apresentada como um dos requisitos para obtenção do grau de Mestre em Biologia Vegetal junto ao Instituto de Biociências da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul

Agradecimentos

Assim como os propágulos dos líquens que levam consigo um pedacinho de cada componente do talo, esse trabalho é um propágulo formado por cada pessoa aqui mencionada. Espero que ele voe longe e represente cada um de nós...

Agradeço à Capes pela concessão da bolsa de mestrado, pois ela foi fundamental para a minha formação profissional, e minha permanência em Campo Grande, MS. Ao Programa de Pós-graduação em Biologia Vegetal da Universidade Federal de Mato Grosso do Sul (UFMS) por todo aporte durante o processo seletivo do curso, bem como durante esses dois anos de estudo.

Agradeço a minha orientadora, Dr^a Aline Pedroso Lorenz por ter aceitado me orientar, por todo ensinamento de biologia molecular e genética, pela paciência e amizade durante esses anos. Aline, saibas que tenho grande admiração pela excelente profissional que és, e espero um dia poder “herdar” um pouco do teu talento.

À minha coorientadora, Dr^a Luciana da Silva Canêz. Lu, obrigada por toda a confiança e por todas as aprendizagens de taxonomia. Obrigada por ter me apresentado o encantador “mundo dos líquens” em Agosto/2013, ainda lá no extremo sul do Rio Grande do Sul. Tua paixão pela liquenologia e profissionalismo com certeza não me fizeram desistir de estudar os líquens durante os anos que ficamos longe.

Agradeço ao Dr. Adriano Afonso Spielmann por toda ajuda com as identificações e dúvidas, principalmente com *Parmotrema*. Obrigada pela generosidade em compartilhar conhecimentos, bibliografias, incentivos e sugestões para que sempre façamos nosso trabalho da melhor maneira possível. Aliás, Adriano e Luciana, também agradeço por todos os churrascos, pizzas e momentos descontraídos passados na casa de vocês. Esses momentos sempre aquecem o coração daqueles que estão longe da família.

Agradeço aos meus colegas e amigos de laboratório Thiago D. Barbosa e Jean M. Torres. Guris, muito obrigada por toda ajuda, pelas bibliografias concedidas, pelas parcerias de campo, de trabalho e pelos cafés diários. Tenham certeza que meus dias durante esses dois anos foram muito mais felizes por poder compartilhar eles com vocês.

Ao meu amigo Dr. Weg Fava, uma das melhores pessoas que já conheci na vida. Muito obrigada por todas as aprendizagens, por toda ajuda nos momentos de dificuldade no laboratório, pela ajuda com os programas, por todo apoio e incentivo durante o mestrado. Saiba que palavras nunca serão suficientes para poder te agradecer.

À minha colega e amiga liquenóloga Dr^a Natália Mossmann Koch. Nati, obrigada pela ajuda que me prestasse antes mesmo de chegar a Campo Grande. Obrigada por todo incentivo, principalmente em momentos difíceis durante esses dois anos. Tenho grande admiração pela pessoa fantástica que és, uma profissional exemplar, que transborda amor pelos líquens. Obrigada pela amizade, parceria, ajuda, e aprendizagem na ecologia dos líquens.

Obrigada ao meu colega liquenólogo Dr. Marcos J. Kitaura pelo exemplo de profissionalismo, pela ajuda no laboratório e pelos ensinamentos. Obrigada também à Dr^a Priscila Costa por toda paciência em me ajudar sempre que precisei ou apresentei alguma dúvida com as análises genéticas, e obrigada por toda a contribuição na correção da minha dissertação.

Obrigada a turma do LEBio (Laboratório de Ecologia e Biologia Evolutiva) em especial à MSc. Josiane Theodoro e à Dr^a Mayara Scur por toda a ajuda durante o meu trabalho de mestrado. Mayara, obrigada por aceitar ser banca da minha defesa, e pelas contribuições feitas na minha dissertação.

À Dr^a Neli Honda por todo auxílio durante as análises químicas dos líquens. A senhora é sem dúvida uma pessoa sensacional e uma profissional excelente. Obrigada pela ajuda sempre que precisei, pela disponibilidade de tempo e materiais durante as cromatografias de camada delgada, pelos cafés maravilhosos, enfim, por toda aprendizagem fundamental para a minha formação enquanto liquenóloga.

À minha família um obrigado mais do que especial. Pai e mãe obrigada por todos os sacrifícios feitos para que eu sempre pudesse estudar e correr atrás dos meus sonhos. Obrigada pelo apoio e amor incondicional. Obrigada à minha irmã Vanessa Rodrigues por sempre acreditar em mim, mesmo nos momentos em que eu não acreditava. Obrigada por todo amor e incentivo. Saibam que esse título é tanto meu, quanto de vocês.

Aos meus tios Cleusa e Odemur por todo apoio. Tio e Pai obrigado por me levarem nos locais de coleta, e pela paciência em ficar esperando por horas até que eu terminasse as coletas.

Obrigada pela ajuda financeira durante as viagens de coletas. Vocês foram fundamentais para o desenvolvimento desse estudo. Família, amo vocês mais do que tudo.

Com carinho,

Andressa S. Rodrigues

Resumo

A identificação e a concepção da diversidade de fungos liquenizados têm sido modificadas nas últimas décadas, principalmente com a evolução das técnicas de biologia molecular e de bioinformática. Nesse sentido, o DNA *barcoding* tem ganhado destaque na área de identificação de fungos liquenizados por ser uma técnica de fácil execução em laboratório, todavia trazendo como primeiro desafio a montagem de um banco de sequências de referência para sua utilização. Com relação a fungos liquenizados, *Parmeliaceae*, maior família desse grupo de organismos, possui uma enorme diversidade no estado do Rio Grande do Sul. Neste Estado, dentre os diferentes tipos de vegetações presentes, encontram-se grandes áreas de restingas ao longo de toda a faixa litorânea. Esse tipo de vegetação pertence ao bioma Mata Atlântica e é considerado um *hotspot* de biodiversidade. A partir disso, esse trabalho visa realizar uma abordagem integrativa, ou seja, utilizar dados taxonômicos (baseados em características morfológicas e químicas diagnósticas) e genéticas (monofilia e distâncias genéticas) para discriminar as espécies de líquens parmelioides nas restingas do extremo sul do Brasil. Espécimes selecionados após a identificação passaram pelos processos de extração de DNA, amplificação e sequenciamento da região ITS (DNA *barcode* universal dos fungos). Análises filogenéticas foram realizadas com sequências de DNA geradas neste estudo e sequências obtidas no GenBank. Como resultado, 286 espécimes foram examinados e 86 sequências de ITS foram geradas, sendo representadas nesse estudo por 45 espécies finais baseadas nos resultados de ambas as análises. Entre as espécies inicialmente identificadas, apenas 17 possuíam sequências disponíveis no GenBank. Destas, seis foram consideradas coespecíficas com as sequências de referência, oito agruparam com sequências da mesma espécie, porém apresentaram divergência superior ao padrão intraespecífico, duas agruparam como mesma espécie, enquanto uma não agrupou com a sequência referência. A partir das 45 espécies finais, foram encontradas 13 novas espécies e 16 novos registros de sequências para o GenBank de espécies já conhecidas, representando um acréscimo de 60% da diversidade de líquens parmelioides nas restingas do extremo sul do Brasil. Desta forma, este trabalho demonstra o quanto a diversidade de fungos liquenizados no Brasil ainda é pouco conhecida, além de reforçar a necessidade para o aumento da aplicação de análises integrativas para se desvendar a real diversidade de espécies.

Palavras-chaves: ITS, filogenia, taxonomia, divergência, delimitação específica.

Abstract

The identification and conception of the diversity of lichenized fungi has been modified in the last decades, mainly with the evolution of the techniques of molecular biology and bioinformatics. In this sense, DNA barcoding has gained prominence in the area of lichenized fungi identification because it is a technique that is easy to perform in the laboratory, however bringing as a first challenge the assembly of a database of reference sequences for its use. In relation to lichenized fungi, *Parmeliaceae*, the largest family of this group of organisms, has a high diversity in the state of Rio Grande do Sul. In this state, among the different types of vegetation present, large areas of coastal vegetation (restingas) are found along the entire coastal strip. This type of vegetation belongs to the Atlantic Forest biome and is considered a biodiversity hotspot. From this, this work aims at an integrative approach, that is, to use taxonomic data (based on morphological and chemical diagnostic characteristics) and genetic (monophyly and genetic distances) to discriminate the parmelioid lichen species in the restingas of the extreme south of Brazil. Specimens selected after identification underwent the processes of DNA extraction, amplification and sequencing of the ITS (universal barcode DNA of fungi) region. Phylogenetic analyzes were performed with DNA sequences generated in this study and sequences obtained from GenBank. As a result, 286 specimens were examined and 86 ITS sequences were generated, represented in this study by 45 final species based on the results of both analyzes. Among the species initially identified, only 17 had sequences available from GenBank. Of these, six were considered to be co-specific with the reference sequences, eight grouped with sequences of the same species, but presented divergence higher than the intraspecific pattern, two grouped as the same species, while one did not cluster with the reference sequence. From the 45 final species, we found 13 new species and 16 new sequence records for GenBank of known species, representing a 60% increase in the diversity of parmelioid lichens in the restingas of the extreme south of Brazil. Thus, this work demonstrates how much the diversity of lichenized fungi in Brazil is still little known, besides reinforcing the need to increase the application of integrative analyzes to unravel the real diversity of species.

Keywords: ITS, phylogeny, taxonomy, divergence, specific delimitation.

Sumário

Introdução	1
<i>Parmeliaceae</i> : diversidade, breve histórico e filogenia	1
DNA <i>barcode</i> : uma ferramenta para a identificação de espécies	5
Diversidade de fungos liquenizados nas restingas brasileiras	8
Objetivo	12
Material e Métodos	13
Área de estudo.....	13
Estudos taxonômicos: coleta, triagem e identificação dos espécimes	15
Identificação com o DNA <i>Barcoding</i>	19
Extração de DNA, amplificação e sequenciamento.....	19
Montagem e alinhamento das sequências	20
Análises filogenéticas	20
Cálculo das distâncias genéticas	21
Análise dos dados	22
Resultados	23
Análises morfológicas, químicas e genéticas.....	23
Sequências de ITS: restingas do extremo sul do sul do Brasil x dados do GenBank .	51
Divergências entre os diferentes conjuntos de dados	52
Novas espécies	53
Descrições taxonômicas das espécies novas.....	55
Nova combinação de espécie	59
Discussão	62
Referências	65
Materiais Suplementares	77
Referências citadas nas Tabelas S2 e S3	113

Introdução

***Parmeliaceae*: diversidade, breve histórico e filogenia**

Os fungos liquenizados, popularmente chamados de líquens, são associações simbióticas entre fungos e algas verdes e/ou cianobactérias (Spribille *et al.*, 2016). A diversidade desse grupo atualmente conhecida é de aproximadamente 115 famílias, 995 gêneros e mais de 19.000 espécies (Lücking *et al.*, 2017), sendo *Parmeliaceae* a maior família, contando com 77 gêneros e aproximadamente 2.700 espécies (Lücking *et al.*, 2017). Com base na abordagem evolutiva temporal, ou seja, considerando o tempo de diversificação dos clados como critério para delimitar os níveis taxonômicos, *Parmeliaceae* é dividida em duas subfamílias: *Protoparmelioideae*, incluindo os gêneros *Protoparmelia* M. Choisy e *Maronina* Hafellner & R.W. Rogers, enquanto os demais gêneros da família estão inclusos na subfamília *Parmelioideae* (Divakar *et al.*, 2017).

Do ponto de vista taxonômico, *Parmeliaceae* foi circunscrita por Eschweiler (1824), englobando seis gêneros, dos quais apenas *Parmelia* Ach. e *Cornicularia* (Schreb.) Hoffm. se mantêm atualmente na família. Os demais, entretanto, foram segregados em outras famílias, como *Collema* Weber ex F.H. Wigg. em *Collemataceae*, *Hagenia* Eschw. sinonimizado dentro de gêneros de *Physciaceae* e *Caliciaceae*, *Lecanora* Ach. em *Lecanoraceae* e *Sticta* (Schreb.) Ach. na família *Lobariaceae* (Thell *et al.* 2012; Lücking *et al.*, 2017).

O gênero *Parmelia* englobou grande parte da diversidade de gêneros atuais, visto que a descrição para o gênero feita por Acharius (1803) foi baseada em características muito amplas, como características baseadas na posição e a forma dos apotécios, podendo incluir desta forma, inúmeras espécies e gêneros de diferentes famílias. Além de *Parmelia*, Acharius contribuiu com mais três gêneros ainda presentes na família – *Alectoria* Ach. (*in* Luyken, 1809), *Cetraria* Ach. (1803) e *Evernia* Ach. (1810).

No Brasil, o gênero *Parmelia* recebeu grande contribuição dos estudos de Vainio (1890). Nesse trabalho, três seções foram separadas: *Amphigymnia*, *Hypotrachyna* e *Xanthoparmelia*. Outro pesquisador importante para o conhecimento das espécies brasileiras do gênero foi Lynge (1914), o qual estudou vários espécimes de

Parmelia coletadas por Malme durante duas expedições Regnellianas, realizadas no Brasil, e em países como Argentina, Uruguai e Paraguai (Baptista, 1996).

Entre as inúmeras contribuições de diversos liquenólogos para o conhecimento de *Parmeliaceae*, as colaborações taxonômicas para a família feita por Mason E. Hale colaboraram significativamente para o conhecimento de *Parmeliaceae*. Desde os anos 60 descreveu vários gêneros, diversas espécies, além da escrita de monografias de diversos gêneros da família (1965, 1975a, 1975b, 1976a e 1976b, 1990) (Canêz, 2005; Crespo *et al.* 2011).

Ao longo do tempo, outros pesquisadores também contribuíram para o conhecimento da diversidade da família, tais como Motyka (1936), Galloway (1985), Elix & Hale (1987), Kurokawa (1991a), Sipman (1992), Elix (1993), Louwhoff & Elix (1999), Hawksworth (2004). Para o Brasil tivemos as contribuições de Osório *et al.* (1980), Marcelli (1993), Fleig (1997), Eliasaro & Adler (2000), Benatti (2005), Jungbluth (2006), Canêz (2007), Spielmann (2009), entre tantos outros.

No final do século XX, os estudos moleculares com fungos liquenizados começaram a ganhar destaque na comunidade científica, especialmente com *Parmeliaceae*. Crespo & Cubero (1998) foram os pioneiros na utilização das análises filogenéticas para a família. Nesse trabalho, utilizando a região ITS (*internal transcribed spacers*) foi possível confirmar que os muitos gêneros segregados por Hale, realmente formavam táxons distintos.

Nos anos seguintes outros trabalhos com a família contribuíram para o conhecimento sobre as relações entre os táxons. Trabalhos moleculares expandiram a visão sobre as características taxonômicas utilizadas para a delimitação de gêneros e espécies. Como exemplo, podemos destacar *Xanthoparmelia* (Vain.) Hale, gênero que atualmente engloba outros gêneros até então identificados como diferentes por apresentar morfologia, química e ecologia distintas entre si, como *Almbornia* Essl., *Chondropsis* Nyl. ex Cromb., *Karoowia* Hale, *Namakwa* Hale, *Neofuscelia* Essl., *Paraparmelia* Elix & J. Johnst., *Omphalodiella* Henssen, *Placoparmelia* Henssen, *Xanthomaculina* Hale (Blanco *et al.* 2004; Leavitt *et al.*, 2018).

Outro exemplo é o gênero *Pamotrema*, que atualmente agrupa os gêneros *Concamerella* W. Culb & C. Culb., *Canomaculina* Elix & Hale, *Rimelia* Hale & Fletcher e *Rimeliella* Kurok. (Blanco *et al.*, 2005). De maneira similar, análises

filogenéticas baseadas em sequências de DNA agruparam gêneros anteriormente conhecidos como *Cetrariastrum* Sipman, *Everniastrum* Hale ex Sipman e *Parmelinopsis* Elix & Hale dentro do gênero *Hypotrachyna* (Vain.) Hale (Divakar *et al.*, 2013). Seguindo a mesma linha de pesquisa, também *Relicinopsis* Elix & Verdon foi reconhecido como subgênero de *Relicina* (Hale & Kurok.) Hale (Kirika *et al.* 2017).

Ainda de acordo com estudos filogenéticos, *Parmeliaceae* é dividida em sete clados e um grupo com relações incertas, sendo eles: usneoide, hipogmnióide, alectoroide, letrárioide, psiloparmelióide, cetrárioide e parmelióide (Figura 1) (Thell *et al.*, 2012; Pizarro *et al.*, 2018).

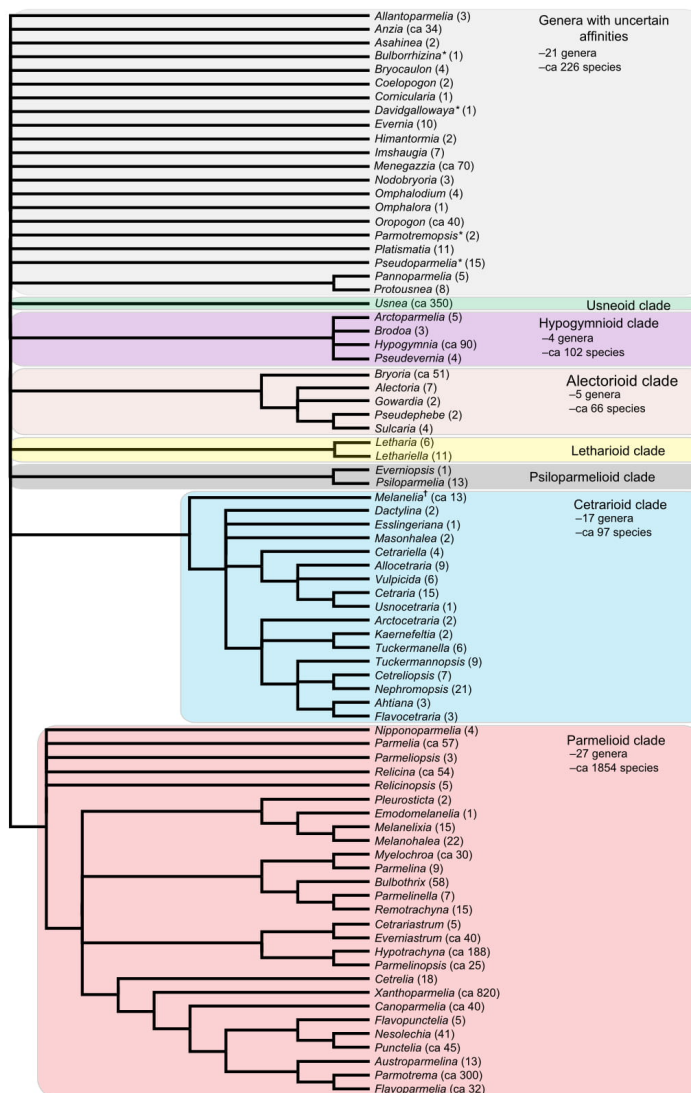


Figura 1. Representação filogenética dos clados pertencentes à *Parmeliaceae*: Gêneros com afinidades incertas, clado usneóide, clado hipogmnióide, clado alectoroide, clado letrárioide, clado psiloparmelióide, clado cetrárioide e clado parmelióide (reproduzido a partir de Thell *et al.*, 2012). O número entre parênteses ao lado de cada gênero corresponde ao número de espécies conhecidas até o ano de estudo.

Entre os clados de *Parmeliaceae*, aquele com maior diversidade é o clado parmelióide (Pizarro *et al.*, 2018). Dados mais recentes incluem 25 gêneros pertencentes ao clado parmelióide (Divakar *et al.*, 2017), não sendo utilizado nas análises de dados representantes do gênero *Pleurosticta* Petr., gênero que Crespo *et al.* (2010) inclui dentro do clado *Melanohalea*, somando assim 26 gêneros. Desta forma, abaixo estão descritos os clados incluídos dentro do clado parmelióide segundo Crespo *et al.* (2010), contando o acréscimo do clado *Montanelia* de acordo com Divakar *et al.* (2012); Leavitt *et al.* (2014); Divakar *et al.* (2017). Também estão descritos os gêneros filogeneticamente mais próximos pertencentes a cada clado com atualizações dos mesmos de acordo com trabalhos posteriores ao de Crespo *et al.* (2010):

- **Clado *Parmotrema*:** *Austroparmelia* A. Crespo, Divakar & Elix, *Canoparmelia* Elix & Hale, *Flavoparmelia* Hale, *Flavopunctelia* (Krog) Hale, *Parmotrema* A. Massal. (incluindo *crespoa* como subgênero, proposto por Kirika *et al.*, 2016) e *Punctelia* Krog (*Nesolechia* como sinônimo de *Punctelia*, segundo Divakar *et al.*, 2017).
- **Clado *Xanthoparmelia*:** *Xanthoparmelia*.
- **Clado *Cetrelia*:** *Cetrelia* W.L. Culb. & C.F. Culb.
- **Clado *Parmelina*:** *Bulbothrix* Hale, *Parmelinella* Elix & Hale, *Myelochroa* (Asahina) Elix & Hale, *Parmelina* Hale e *Remototrachyna* Divakar & A. Crespo.
- **Clado *Hypotrachyna*:** *Hypotrachyna* (englobando *Cetrariastrum*, *Everniastrum* e *Parmelinopsis* como subgêneros, segundo Divakar *et al.*, 2013).
- **Clado *Parmeliopsis*:** *Parmeliopsis* (Nyl. ex Stizenb.) Nyl.
- **Clado *Nipponoparmelia*:** *Nipponoparmelia* (Kurok.) K.H. Moon, Y. Ohmura & Kashiw.
- **Clado *Parmelia*:** *Parmelia*, *Notoparmelia* A. Crespo, Ferencova & Divakar (Ferencova *et al.*, 2014) *Relicina* (Hale & Kurok.) Hale (contendo *Relicinopsis* subgênero de *Relicina* segundo Kirika *et al.*, 2017) e *Pseudoparmelia* Lynge (Buaruang *et al.*, 2015; Divakar *et al.*, 2017).
- **Clado *Melanohalea*:** *Austromelanelixia* Divakar, A. Crespo & Lumbsch (Divakar *et al.* 2017), *Emodomelanelia* Divakar & A. Crespo, *Melanelixia* O. Blanco, A. Crespo, Divakar, Essl., D. Hawksw. & Lumbsch, *Melanohalea* O. Blanco, A. Crespo, Divakar, Essl., D. Hawksw. & Lumbsch e *Pleurosticta*.

- **Clado *Montanelia*:** *Montanelia* Divakar, A. Crespo, Wedin & Essl. (Divakar *et al.*, 2012; Leavitt *et al.*, 2014; Divakar *et al.*, 2017).

DNA *barcode*: uma ferramenta para a identificação de espécies

Um termo comumente usado na comunidade científica, porém com diferentes concepções, são os conceitos de espécie e delimitação de espécie. Desta forma, neste estudo seguiremos a definição proposta por De Queiroz (2007), compreendendo que membros da mesma espécie devem compartilhar um ancestral comum mais recente do que quando comparados com membros de outras espécies. Ao mesmo passo que delimitação de espécie são critérios utilizados que fornecem evidências da separação dessas linhagens em espécie distintas (De Queiroz, 2007).

As técnicas e abordagens para a identificação de espécies de fungos liquenizados têm evoluído continuamente ao longo do tempo (Crespo *et al.* 2011). Com os avanços da biologia molecular e da bioinformática, surge no início dos anos 2000 a proposta da utilização de uma região curta (cerca de 500-800pb) e específica do DNA para a identificação específica dos seres vivos, técnica denominada de DNA *barcoding* (Hebert *et al.*, 2003; Hebert & Gregory, 2005). Para fungos e fungos liquenizados o marcador universal (DNA *Barcode*) corresponde aos espaçadores intergênicos ITS1 e ITS2, denominados como Espaçadores Internos Transcritos do DNA ribossomal nuclear (ITS), já que suas taxas evolutivas são adequadas para a delimitação de um percentual considerável espécies (Schoch *et al.* 2012).

Nesse sentido, o estudo pioneiro utilizando a abordagem *barcoding* para discriminação de fungos liquenizados em um contexto florístico foi de Kelly *et al.* (2011). Trabalho realizado no Reino Unido, região com uma longa história de estudos liquenológicos. Nesse estudo, os autores obtiveram taxas de identificações corretas de aproximadamente 96% das espécies encontradas. Semelhante, na Groelândia o DNA *barcoding* identificou as 13 espécies de *Parmeliae* marrons conhecidas para a área, apresentando 100% de sucesso (Leavitt *et al.* 2014). Por outro lado, em Camarões (África), país onde a diversidade de líquens é pouco conhecida, a abordagem de DNA *barcoding* utilizando como referência sequências disponíveis no GenBank foi eficiente apenas para nove das 38 espécies encontradas. Equivalendo a 15,5% de sucesso para a identificação das espécies (Orock *et al.* 2012).

Diante do cenário retratado por Orock *et al.*, (2012), no qual fica evidente que a falta de banco de dados ITS é igualmente proporcional ao sucesso do DNA *barcoding*, critérios de delimitação de espécies são fundamentais para a confirmação das espécies encontradas em locais com baixo conhecimento da flora liquênica. Nesse sentido, a abordagem integrativa busca vincular diferentes tipos de dados e métodos quanto forem possíveis com o intuito de obter maior resolução e confiabilidade nos dados gerados (Fujia *et al.*, 2012; Leavitt *et al.*, 2015a; Alors *et al.*, 2016). Trabalhos com fungos liquenizados utilizando abordagens integrativas são comumente utilizados principalmente para a melhor compreensão da diversidade de espécies ou em grupos de espécies ainda pouco esclarecidos (caso de complexos ou espécies crípticas), sendo esses normalmente baseados em dados taxonômicos clássicos (morfológico, anatômico e químico) e genéticos (Miadlikowska & Lutzoni, 2000; Sérusiaux *et al.*, 2009; Alors *et al.*, 2016).

As análises de sequências de DNA *barcoding* incluem normalmente testes de monofilia e cálculos dos valores de distâncias genéticas como principais ferramentas para a delimitação das espécies (Puillandre *et al.* 2012; Del-Prado *et al.*, 2010; Leavitt *et al.*, 2014). Entre os fungos liquenizados, a família *Parmeliaceae* é a mais estudada sob este ponto de vista (Del-Prado *et al.*, 2010; Leavitt *et al.*, 2014).

A delimitação de espécies utilizando valores de distâncias genéticas ocorre quando essas convertem em valores as diferenças nucleotídicas entre as sequências (Nilsson *et al.* 2008). Desta forma, os valores encontrados podem ficar dentro da variação intraespecífica, valores de distância esperados para membros da mesma espécie, ou interespecífica, distâncias entre espécies distintas (Nilsson *et al.* 2008; Meyer & Paulay, 2005). Tendo delimitado os valores intraespecíficos e interespecífico é possível identificar o chamado *barcode gap*. Este corresponde ao intervalo entre as variações intraespecífica e interespecífica, sendo fundamental para classificar o valor encontrado dentro de uma variação ou outra (Meyer & Paulay, 2005). Caso contrário, as distâncias tornam-se sobrepostas, dificultando a utilização das distâncias genéticas para a delimitação de espécies (Meyer & Paulay, 2005).

Para *Parmeliaceae*, utilizando linhagens monofiléticas correspondentes a sete gêneros, tais como *Flavoparmelia*, *Melanelixia*, *Parmelia*, *Parmelina*, *Parmotrema*, *Punctelia* e *Xanthoparmelia* o valor limiar das distâncias intra e interespecíficas encontrado foi de 0,015 a 0,017 substituições/sítio (Del-Prado *et al.*, 2010). O *barcode*

gap é encontrado em praticamente todos os gêneros do estudo pertencentes a esta família, com exceção de *Xanthoparmelia*, no qual as distâncias intraespecíficas mostraram-se sobrepostas as interespecíficas (Del-Prado *et al.*, 2010).

Diante disso, considerando o conceito filogenético de espécie, a utilização de ferramentas moleculares tem se mostrado fundamental para a distinção dos táxons, auxiliando assim na melhor resolução da diversidade dos fungos liquenizados, principalmente nos casos de espécies crípticas, complexos ou com grande plasticidade fenotípica (Crespo & Pérez Ortega, 2009; Crespo & Lumbsch, 2010; Divakar *et al.* 2010, Pino-Bodas *et al.* 2011; Leavitt *et al.* 2016).

Diversidade de fungos liquenizados nas restingas brasileiras

Pertencentes ao domínio da Mata Atlântica (Figura 2) e localizadas ao longo da linha costeira do Brasil (Marcuzzo *et al.*, 1998), as restingas são depósitos arenosos produzidos pelo processo de sedimentação. Nesses ambientes, concentra-se grande diversidade biológica, que sofre influência marinha e fluviomarinha (CONAMA, 2002).

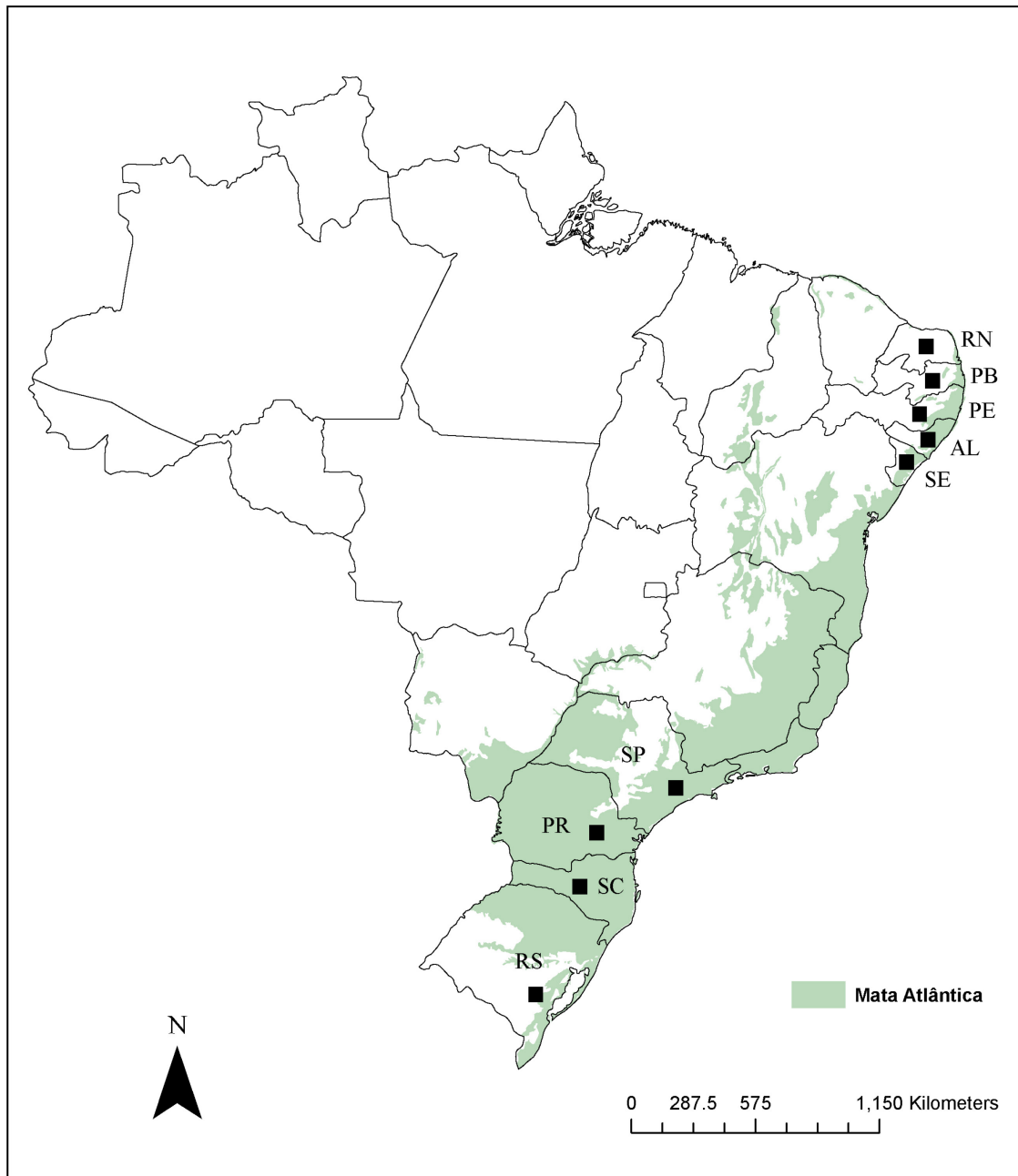


Figura 2. Mapa do Brasil com os limites atuais do domínio Mata Atlântica. Dados obtidos por Muylaert *et al.*, 2018. Os quadrados pretos representam os estados brasileiros com estudos de fungos liquenizados em restingas (Tabela 1).

No estado do Rio Grande do Sul são encontradas as maiores restingas do Brasil, concentrando-se entre a Lagoa dos Patos, a Lagoa Mirim e o Oceano Atlântico (Waechter, 1985), correspondendo geomorfologicamente à Planície Costeira (Delaney, 1962). Esta é encontrada entre as latitudes 29°S e 34°S, entre os municípios de Torres e Chuí, compreendendo uma faixa praticamente contínua ao longo de 620 Km (Tomazelli *et al.*, 2000).

A Planície Costeira (PC) é uma formação recente cujos depósitos mais antigos datam do período Quaternário (Rambo, 1954). Variações do nível do mar, associadas aos ciclos glaciais e interglaciais, resultaram na formação da PC (Weschenfelder *et al.*, 2010) por meio de dois tipos de processos deposicionais de sedimentos arenosos: um Sistema Depositional de Leques Aluviais e quatro Sistemas Depositionais Laguna-Barreira (Figura 3), formados ao longo dos últimos 400 mil anos (Vilwock & Tomazelli 1995).

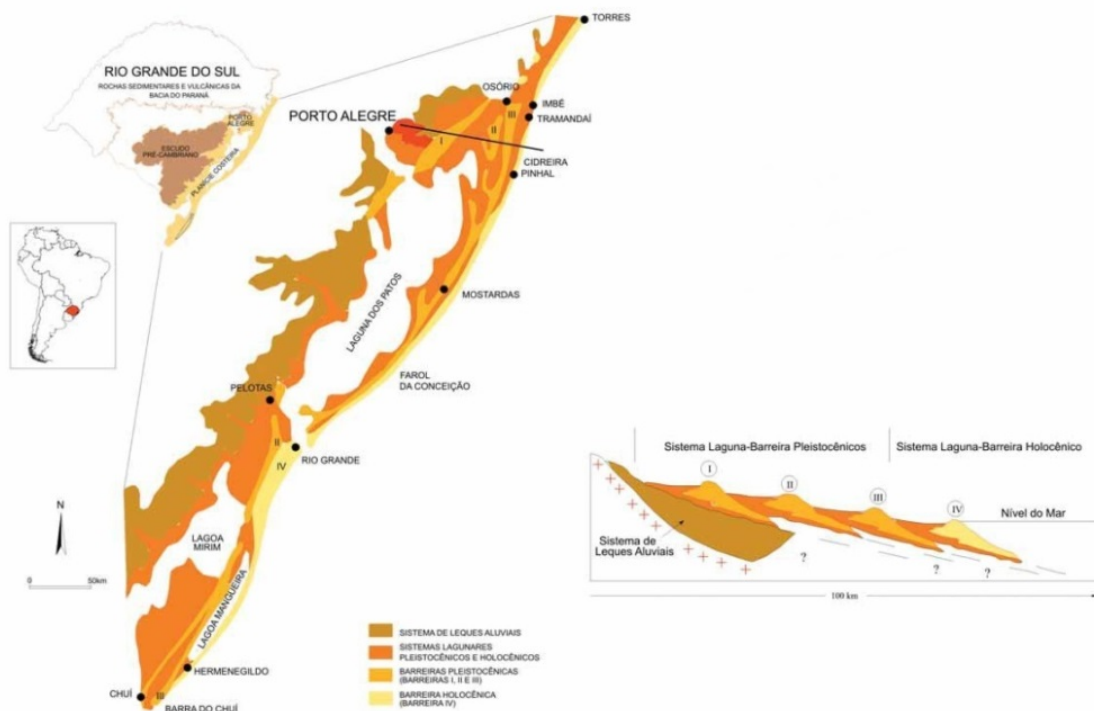


Figura 3. Estrutura geológica da Planície Costeira do Rio Grande do Sul (retirado de Villwock & Tomazelli, 2007).

A vegetação encontrada em áreas de restingas encontra-se disposta em mosaicos nas praias, dunas, cordões arenosos e depressões, podendo ocorrer diversos estágios sucessionais, como estratos herbáceo, arbustivo ou arbóreo (CONAMA, 2002).

No contexto da composição e diversidade liquênica, a vegetação de restinga do Brasil apresenta grande riqueza (Marcelli, 1998). Embora não exista um *checklist* das espécies de fungos liquenizados encontrados nessas formações, alguns trabalhos pontuais indicam a diversidade dos fungos liquenizados nas restingas brasileiras, como ilustrados na Figura 2 e Tabela 1.

Tabela 1. Estudos sobre a diversidade de fungos liquenizados realizados nas restingas do Brasil. Na coluna “Família” foi indicado como “Diversas*” aqueles trabalhos cujo número de famílias ultrapassava duas.

Trabalho	Estado	Família	Nº spp
Benatti (2005)	São Paulo	<i>Parmeliaceae</i>	66
	Rio Grande do Norte (RN)		
Cáceres (2007) e Cáceres <i>et al.</i> (2008)	Pernambuco (PE) Alagoas (AL) Sergipe (SE)	Diversas*	334
Dal-Forno & Eliasaro (2009)	Paraná (PR)	<i>Graphidaceae</i>	4
Fleig (1988)	Rio Grande do Sul (RS)	Diversas*	64
Gumboski & Eliasaro (2012)	Paraná (PR) e Santa Catarina (SC)	<i>Cladoniaceae</i>	11
Lima <i>et al.</i> (2016)	Paraíba (PB)	<i>Graphidaceae</i>	3
Marcelli (1990)	São Paulo (SP)	Diversas*	159
Martins & Marcelli (2011)	Rio Grande do Sul (RS)	Diversas*	126

Spp.: espécies.

Diante dos trabalhos realizados nas restingas brasileiras, a diversidade de *Parmeliaceae* nesses ambientes ainda permanece obscura devido à escassez de trabalhos (Tabela 1). São Paulo é o estado que possui maior número de dados sobre *Parmeliaceae* nesse ambiente, sendo este conhecimento oriundo dos trabalhos de Marcelli (1990) e Benatti (2005).

Enquanto isso, os estudos desenvolvidos nos estados da região nordeste tiveram como enfoque líquens com formas de crescimento crostosas e microfoliosas, não englobando representantes de *Parmeliaceae* (Cáceres, 2007; Cáceres *et al.*, 2008; Lima *et al.*, 2016). O mesmo também ocorreu nos estudos em restingas dos estados do Paraná com fungos liquenizados crostoso pertencentes à *Graphidaceae* (Dal-Forno & Eliasaro, 2009) e Santa Catarina com líquens dimórficos da família *Cladoniaceae* (Gumboski & Eliasaro, 2012). Já no Rio Grande do Sul, em um levantamento florístico feito nos ambientes de restinga da Estação Ecológica do Taim foram encontradas 64 espécies de líquens, sendo 16 delas pertencentes à *Parmeliaceae* (Fleig, 1988). Em Viamão, também no RS, entre as 126 espécies encontradas, 56 pertenciam a essa família (Martins & Marcelli, 2011).

A partir disso, levando em consideração da diversidade de *Parmeliaceae* no Brasil, sendo essa ainda pouco representativa no domínio mata atlântica, baseado no *déficit* de escassos trabalhos com a família nesses ambientes, associado aos poucos trabalhos que utilizam abordagens integrativas com a taxonomia e a biologia molecular para a identificação das espécies, esse trabalho buscou gerar dados que poderão ser utilizados nas mais variadas áreas de pesquisa, como a biogeografia, ecologia, química, taxonomia etc. Além disso, esse estudo também será o pioneiro no país a utilizar o DNA *barcoding* para a identificação dos táxons e geração de um banco de dados com espécimes de fungos liquenizados.

Objetivo

Avaliar a diversidade de espécies pertencentes a *Parmeliaceae* (clado Parmelioide) das restingas do extremo sul do Brasil através de um estudo integrativo entre a identificação taxonômica e o DNA *barcoding*.

Objetivos Específicos

- Utilizar características morfológicas e químicas diagnósticas para a distinção das espécies de *Parmeliaceae* (clado parmelioides) presente em áreas de restingas;
- Analisar as sequências da região ITS (DNA *barcode* universal de fungos) para auxiliar na delimitação específica;
- Os resultados serão baseados nos critérios morfológicos e/ou químicos diagnósticos e genéticos (monofilia e distâncias genéticas).

Material e Métodos

Área de estudo

A área de estudo está localizada no extremo sul do Brasil, no estado do Rio Grande do Sul. Expedições para coletas foram realizadas entre os anos de 2017 e 2018, em seis localidades (Figura 5), englobando os municípios de Pelotas, Rio Grande e Chuí. Imagens dos locais das coletas, bem como alguns espécimes do clado parmelióide estão ilustrados na Figura 6.

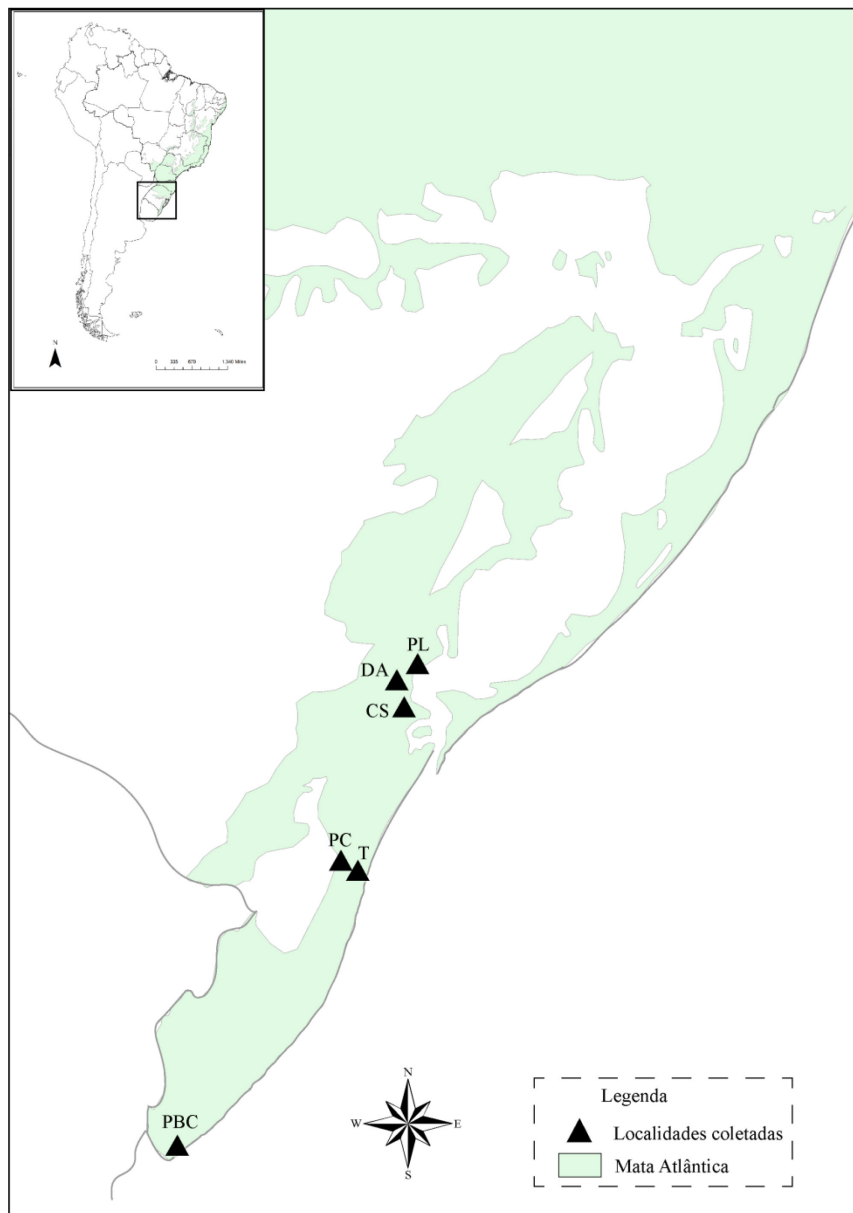


Figura 5. Mapa com os pontos de coletas. **Leg.:** Praia do Laranjal (PL); Dunas Las Acácias (DA); Capão Seco (CS); Praia da Capilha (PC); Estação Ecológica do Taim (T); Praia Barra do Chuí (PBC).

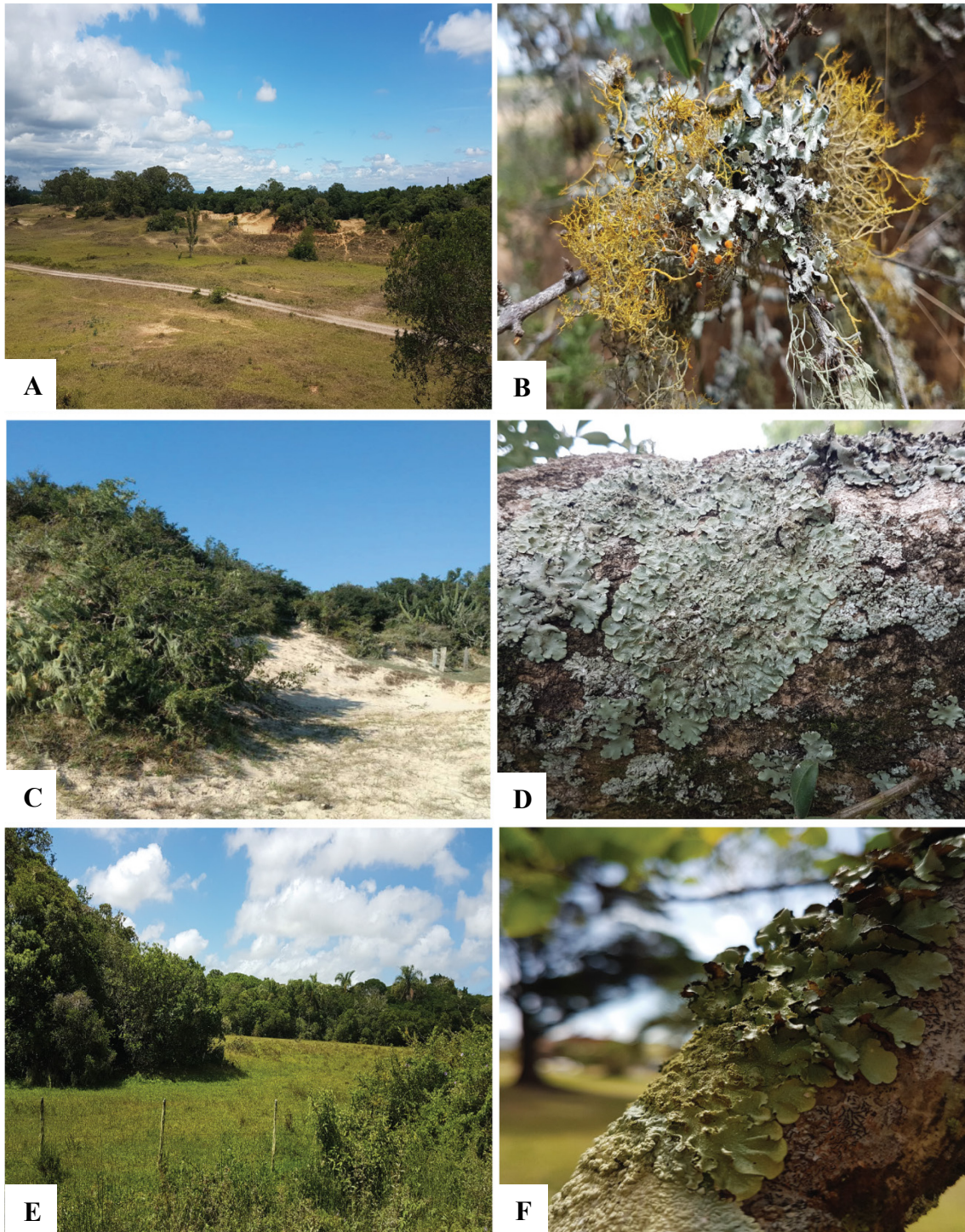


Figura 6. Fotos de algumas localidades onde foram feitas as coletas de fungos liquenizados. **A.** Capão Seco (município de Rio Grande). **B.** Espécimes de *Parmotrema* e *Teloschistes*. **C.** Praia da Capilha (município de Rio Grande). **D.** Espécime de *Punctelia*. **E.** Estação Ecológica do Taim (município de Rio Grande). **F.** Representantes de *Parmotrema*, *Punctelia* e *Dirinaria*.

Estudos taxonômicos: coleta, triagem e identificação dos espécimes

Nos locais das coletas os fungos liquenizados foram retirados de seus substratos por meio da utilização de faca e martelo. Após esse procedimento, cada amostra foi colocada em um pacote de papel com informações sobre o seu hábitat, local (incluindo as coordenadas geográficas por meio do uso de GPS), incluindo também a data da coleta e do número de coletor. Além das amostras coletadas, 40 espécimes pertencentes ao clado parmelióide foram emprestados pelo Herbário Universidade do Rio Grande (HURG).

Após a coleta dos espécimes, no laboratório, as amostras foram secas naturalmente, ou seja, os pacotes ficaram abertos cerca de cinco dias para a evaporação da umidade do talo. Posteriormente as amostras foram triadas e limpas, utilizando para isso pincéis, pinças e agulhas histológicas, retirando restos de substratos ou outros organismos associados. Seguindo a limpeza, os espécimes foram condicionados no *freezer* por cerca de 10 dias para a eliminação de possíveis artrópodes que pudessem danificar as amostras.

A identificação taxonômica dos espécimes foi baseada em caracteres diagnósticos de cada espécie de acordo com as bibliografias utilizadas dentro de cada gênero (Tabela 3), levando em consideração características de tamanho, formato, coloração, presença e/ou ausência de estruturas como: lobos, lóbulos, lacínias, lacínulas, rizinas, sorédios, isídios, pústulas, máculas, apotécios, além de estruturas anatômicas como ascósporos e picnídios.

Durante a identificação foi utilizado o método de *spot tests* para a verificação de algumas substâncias de valor taxonômico (Orange *et al.* 2001). Os reagentes químicos utilizados para o procedimento de *spot tests* foram hidróxido de potássio (teste K), hipoclorito de sódio (teste C) e parafenilendiamina (teste P). Para a confirmação dos componentes químicos existentes no talo, foram feitas análises de todos os espécimes, utilizando o método de Cromatografia de Camada Delgada (CCD) (Orange *et al.*, 2001; Orange *et al.*, 2010) e eluentes específicos (Tabela 3).

Tabela 3. Descrição dos caracteres diagnósticos morfológicos, bem como os eluentes utilizados para a verificação dos compostos químicos das espécies pertencentes aos gêneros de fungos liquenizados estudados de *Parmeliaceae*.

Gênero	Caracteres utilizados para a identificação	Referências	Cromatografia de Camada Delgada (CCD)
<i>Bulbothrix</i>	Presença/ausência de propágulos vegetativos; Coloração da superfície inferior; <i>Spot tests</i> no córtex superior e medula (K, C, KC e P); exposição do talo a luz UV.	Hale (1974 e 1976a), Elix (1994a), Jungbluth <i>et al.</i> (2008), Bungartz <i>et al.</i> (2013), Benatti (2014b), Benatti (2015) e Michlig & Benatti (2015)	Eluente C (tolueno e ácido acético, proporção 85:15 v/v)
<i>Canoparmelia</i>	Presença/ausência de propágulos vegetativos; tipo de propágulos e ontogenia dos mesmos; <i>Spot tests</i> no córtex superior e medula (K, C, KC e P); UV;	Elix <i>et al.</i> (1986), Elix (1994b), Eliasaro (2001), Nash III, & Elix (2002a), Spielmann & Marcelli (2008), Canêz & Marcelli (2009), Michlig.(2014) e Benatti <i>et al.</i> (2017)	Eluente B (N-hexano/ Éter etílico/ Ácido fórmico 5:4:1 v/v/v)
<i>Flavoparmelia</i>	Presença/ausência de propágulos vegetativos; tipo de propágulos; forma e tamanho de conídios; tamanho de esporos; <i>spot tests</i> no córtex superior e medula (K, C, KC e P); UV	Hale (1976b), Hale (1986), Elix & Johnston (1988), Elix (1993), Eliasaro (2001), Nash III, & Elix (2002b)	Eluente contendo Tuloeno/Acetato de etila/Ácido acético com proporção de 6:4:1v/v/v
<i>Hypotrachyna</i>	Presença/ausência de propágulos vegetativos; tipo de propágulos; forma e tamanho de conídios; tamanho de esporos; <i>spot tests</i> no córtex superior e medula (K, C, KC e P); UV	Hale (1975a), Swinscow & Krog (1988), Adler (1992), Marcelli (1993), Marcelli & Ribeiro (2002), Sipmann <i>et al.</i> (2005) e Benatti (2012)	Eluente C

Continuação da Tabela 3.

Gênero	Caracteres utilizados para a identificação	Referências	Cromatografia de Camada Delgada (CCD)
<i>Parmelinella</i>	Coloração da medula; presença/ausência de cílios; Presença/ausência de propágulos vegetativos; tipo de propágulos; forma e tamanho de conídios; tamanho de esporos; <i>spot tests</i> no córtex superior e medula (K, C, KC e P); UV	Hale (1976c), Marcelli (1993), Eliasaro & Adler (2000) e Benatti (2014a)	Eluente contendo Tuloeno/Acetato de etila/Ácido acético com proporção de 6:4:1v/v/v e eluente C.
<i>Parmotrema</i>	Coloração da medula; presença/ausência de cílios; zona das margens dos lobos rizada/errizada; presença/ausência de máculas; Presença/ausência de propágulos vegetativos; tipo de propágulos; forma e tamanho de conídios; tamanho de esporos; <i>spot tests</i> no córtex superior, medula e cílios (K, C, KC e P); UV	Hale (1959), Hale (1960), Hale (1965), Swinscow & Krog (1988), Kurokawa (1991b), Fleig (1985, 1997, 1999), Louwhoff & Elix (1999), Moon <i>et al.</i> (2001), Eliasaro & Donha (2003), Marcelli <i>et al.</i> (2007), Benatti & Marcelli (2008, 2009a, 2009b, 2010), Spielmann (2009), Spielmann & Marcelli (2009), Marcelli & Benatti (2011), Hawksworth (2011), Lendemer & Hawksworth (2012) e Ahn & Moon (2016).	Eluente contendo Tuloeno/Acetato de etila/Ácido acético, proporção de 6:4:1v/v/v; eluente contendo Éter etílico/Ácido acético, proporção de 100:1 v/v (ideal para separar os ácidos girofórico e lecanórico); eluente A; eluente B; eluente C
<i>Punctelia</i>	Presença/ausência de propágulos vegetativos; tipo e ontogenia do propágulo; forma e tamanho de conídios; tamanho de esporos; <i>spot tests</i> no córtex superior e medula (K, C, KC e P); UV	Swinscow & Krog (1988), Canêz (2009), Marcelli <i>et al.</i> (2009) e Canêz & Marcelli (2010)	Eluente contendo Éter etílico/Ácido acético, proporção de 100:1 v/v; eluente B (espécies com ácido graxo)

Continuação da Tabela 3.

Gênero	Caracteres utilizados para a identificação	Referências	Cromatografia de Camada Delgada (CCD)
<i>Relicina</i>	Presença/ausência de propágulos vegetativos; forma e tamanho de conídios; tamanho de esporos; <i>spot tests</i> ; UV	Hale (1975b) e Fleig (1985)	Eluente contendo Tuloeno/Acetato de etila/Ácido acético, proporção de 6:4:1v/v/v
<i>Xanthoparmelia</i>	Presença/ausência de propágulos vegetativos; tipo de propágulo; forma e tamanho de conídios; <i>spot tests</i> no córtex superior e medula (K, C, KC e P); UV	Hale (1990), Nahh III <i>et al.</i> (1995), Elix & Johnston (1988) e Elix (1999)	Eluente contendo Tuloeno/Acetato de etila/Ácido acético, proporção de 6:4:1v/v/v e eluente C.

Identificação com o DNA *Barcoding*

Para as análises genéticas, devido a limitações financeiras, três espécimes de cada espécie identificada foram separados para o procedimento de extração de DNA, enquanto para os processos de amplificação por reação em cadeia da polimerase (PCR) e sequenciamento, dois desses foram escolhidos. As informações detalhadas dos espécimes analisados geneticamente, contendo localidade e outras informações estão descritas na Tabela S1 do Material suplementar.

Para execução das análises filogenéticas foram utilizadas sequências referências da região ITS provenientes do GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>). Para a montagem do banco de dados das sequências referências foi gerado uma planilha de dados com as sequências oriundas do GenBank (Tabela S2, Material Suplementar). Entre as sequências disponíveis, incluímos em nossas análises apenas aquelas procedentes de trabalhos já publicados, e também que fossem mais completas possíveis (mínima utilizada com 340pb) (Tabela S3, Material Suplementar).

Extração de DNA, amplificação e sequenciamento

Para a extração do DNA genômico das amostras selecionadas foi retirado um pequeno fragmento do talo liquênico. Nesse procedimento, foi tomado o cuidado de não retirar pedaços de outros espécimes crescendo próximo e de não utilizar áreas visivelmente contaminadas por outros fungos e/ou degradadas. Para a remoção ou diminuição da concentração dos metabólitos secundários dos espécimes, buscando produzir uma extração mais limpa, os espécimes foram colocados em acetona P.A. (utilizando uma quantidade até cobrir o fragmento do talo) por cerca de 20 antes da extração do DNA. Posteriormente, as amostras secaram naturalmente até a evaporação completa da acetona. Para o processo de extração foi utilizado o Kit *Wizard® Genomic DNA Purification* (Promega), seguindo o protocolo do fabricante.

A região dos espaçadores internos transcritos do DNA ribossomal nuclear (ITS) foi obtida por meio da amplificação por PCR utilizando os primers ITS1F (Gardes & Bruns, 1993) e ITS4 (White *et al.*, 1990). As reações para a amplificação continham Buffer (1x), dNTPs (2mM), primer ITS1F (2mM), primer ITS4 (2mM), MgCl₂ (25mM), TAQ DNA polimerase e DNA genômico total ou diluído 10x. As condições de amplificação foram: desnaturação inicial por 2 minutos a 95°C, 30 ciclos de

desnaturação a 95°C por 30 segundos, anelamento entre 52° e 56°C durante 30 segundos, extensão a 72° por 1 minuto e 10 segundos e extensão final a 72°C durante 5 minutos no termociclador Mastercycler® Gradient. Os produtos finais da amplificação foram visualizados em gel de agarose 1% corados com GelRed®. Os procedimentos de purificação enzimática e de sequenciamento pelo método de Sanger foram realizados pela empresa Macrogen (Coréia do Sul).

Montagem e alinhamento das sequências

Por meio da ferramenta BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) foram realizadas comparações iniciais entre as sequências obtidas neste estudo e aquelas já depositadas no GenBank com o objetivo de identificar possíveis contaminações. As análises moleculares foram feitas através do programa Geneious® 9.1.6 (Kearse et al 2012). Os alinhamentos foram realizados por gênero, utilizando-se para isso o pacote MAFFT v7 (Katho *et al.* 2002). Para os alinhamentos foram utilizados os parâmetros indicados para o cálculo das distâncias genéticas: algoritmo G-INS-i, 1PAM/K=2 *scoring matrix*, 1.53 *gap penalty*, 0.1 *offset value* e demais parâmetros *default* (Katho *et al.* 2002; Leavitt *et al.*, 2014; Leavitt *et al.*, 2015b).

Para eliminar possíveis homoplasias e aumentar a confiança da matriz de dados utilizados nas análises filogenéticas foi utilizado o programa *online* GBlocks 0.91b (Castresana 2000; Talavera & Castresana 2007). Estas análises foram feitas no modo *less stringent*, selecionando-se as seguintes opções: *Allow smaller final blocks*, *Allow gap positions within the final blocks* e *Allow less strict flanking positions* (http://molevol.cmima.csic.es/castresana/Gblocks_server.html).

Análises filogenéticas

Para verificar a posição filogenética dos espécimes avaliados neste estudo, foram construídas árvores filogenéticas por meio de Inferência Bayesiana (B/MCMC) e Máxima Verossimilhança (ML). Para estas análises, escolhemos como grupos externos espécies de gêneros que fossem proximamente relacionados com cada gênero estudado, buscando essas informações em artigo filogenético da família de Crespo *et al.* (2010).

A análise bayesiana foi gerada por meio do programa MrBayes 3.2.6 (Huelsenbeck & Ronquist, 2001). Para a verificação do melhor modelo de substituição nucleotídica utilizamos o programa JModelTest 2.1.7 (Darriba *et al.*, 2012), utilizando o critério de informação Akaike – AIC (Akaike, 1974). As análises bayesianas foram

feitas com Markov Chain Monte Carlo (MCMC) entre um a três milhões de gerações, amostradas a cada 1.000 gerações, com um *burn-in* de 10%. Para a verificação da convergência das cadeias da análise bayesiana foi utilizado o programa Tracer 1.7 (Rambaut *et al.*, 2018), considerando o tamanho da amostragem (ESS) ≥ 200 , caso algum parâmetro ficasse abaixo desse valor o número de gerações foi aumentado.

As árvores filogenéticas baseadas em máxima verossimilhança foram construídas com o uso do programa RAxML v8 (Stamatakis, 2014) com o modelo “GTRGAMMA”, o qual inclui um parâmetro para taxas de heterogeneidade entre os sítios, porém não inclui a estimativa de sítios invariáveis (Stamatakis 2006; Stamatakis *et al.* 2008). Para calcular os valores de suporte dos ramos foram geradas 1.000 réplicas de *bootstrap*. Os agrupamentos gerados nas inferências filogenéticas foram considerados suportados quando os valores de probabilidade posterior (PP) das análises bayesianas $\geq 0,95$ e os valores de *bootstrap* das análises de máxima verossimilhança ≥ 70 (Kelly *et al.*, 2011).

Cálculo das distâncias genéticas

Matrizes de distâncias genéticas foram geradas a partir do programa PAUP* 4.0 (Swofford, 2002), utilizando distâncias por meio de ML (máxima verossimilhança). Essas distâncias foram calculadas tanto para avaliar a distribuição das variações intraespecíficas, aquelas encontradas entre espécimes da mesma espécie, quanto das variações interespecíficas, ou seja, entre espécies diferentes.

A partir de apenas espécies recuperadas como monofiléticas nas inferências filogenéticas as matrizes foram calculadas com base nos valores médios com o desvio padrão, além das variações mínima e máxima das distâncias entre as sequências obtidas neste trabalho e as sequências mais proximamente relacionadas a elas. Estes cálculos foram feitos para cada gênero considerando o *barcode gap* estimado para membros da família *Parmeliaceae*: valores abaixo de 0,015 substituições/sítio (s/s) foram considerados como variação intraespecífica e acima de 0,017 s/s como variação interespecífica (Del-Prado *et al.*, 2010).

Análise dos dados

Os resultados foram analisados a partir de ambos os métodos de delimitação de espécie (morfologia/química e genética). Na presença de conflito de dados, ou seja, situação em que os resultados morfológicos e genéticos mostraram-se incongruentes, sendo dessa forma necessário aumentar o número de amostras, acrescentar mais marcadores e/ou necessite de uma revisão taxonômica mais detalhada do táxon, nesses casos foi mantido o nome existente da espécie anteriormente identificada, ou a mesma foi designada como sp., sendo indicado a necessidade de estudos mais detalhados.

Espécies novas para a ciência somente foram aceitas quando preencheram os três critérios de delimitação de espécie, ou seja, quando apresentaram diferenças morfológicas e/ou químicas, ao mesmo tempo que mostraram serem linhagens monofiléticas e exibiram distâncias genéticas dentro da variação interespecífica quando foram comparadas as espécies mais próximas.

Resultados

Análises morfológicas, químicas e genéticas

Foram coletados 246 espécimes pertencentes ao clado parmelióide nas seis localidades amostradas nas restingas do extremo sul do Brasil. Esses espécimes serão posteriormente depositados no herbário CGMS. Além disso, foram examinados 40 espécimes emprestados pelo Herbário Universidade do Rio Grande (HURG), totalizando 286 espécimes estudados.

As características diagnósticas morfológicas e químicas dos espécimes analisados levaram a identificação de 48 espécies de *Parmeliaceae*. No entanto, as análises moleculares foram realizadas com 47 espécies reconhecidas por caracteres morfológicos e químicos, enquanto a espécie identificada como *Parmotrema sancti-angeli*, material oriundo do HURG, coletado no ano de 2013 não foi utilizado nas análises moleculares por não haver material fresco. Para espécies com mais de um espécime foram geradas duas sequências ITS de cada, enquanto que em espécies com um único exemplar, apenas este foi sequenciado (Tabela S1, Material Suplementar).

As análises das sequências de ITS, baseadas na posição filogenética e na divergência genética, discriminaram 41 espécies. Todavia com base em algumas divergências morfológicas e genéticas descritas a seguir, consideraremos nesse trabalho 45 espécies pertencentes a nove gêneros: *Bulbothrix* (4), *Canoparmelia* (3), *Flavoparmelia* (2), *Hypotrachyna* (3), *Parmelinella* (2), *Parmotrema* s.l (23), *Punctelia* (6), *Relicina* (1) e *Xanthoparmelia* (1).

Entre as espécies encontradas nas restingas do extremo sul do Brasil, *Parmotrema* s.l. e *Punctelia* foram os gêneros com maiores números de representantes nas restingas. *Parmotrema* contendo 23 espécies, sendo destas sete novas, enquanto *Punctelia* foi representada por seis espécies. Os principais resultados baseados nos caracteres morfológicos, químicos e genéticos dos espécimes examinados estão resumidos na Tabela 4.

Tabela 4. Principais características diagnósticas morfológicas e químicas das espécies de *Parmeliaceae* identificadas, assim como os resultados das análises genéticas. Espécies novas estão abreviadas como “sp. nov.”, enquanto a nova combinação de espécie está indicada como “comb. nov.”.

Espécie	Morfologia/Química (caracteres diagnósticos)	Genética (monofilia e distâncias genéticas)	Local da espécie tipo	Distribuição geográfica
<i>Bulbothrix bulbillosa</i> Benatti, Spielmann & Bungartz	Isídios laminais ornamentados com bulbos ciliares; ácido girofórico medular.	Identificação confirmada. Primeiras sequências desta espécie depositada no GenBank.	Equador: Galápagos	América do Sul (Bungartz <i>et al.</i> , 2013; Benatti <i>et al.</i> , 2015)
<i>Bulbothrix ventricosa</i> (Hale & Kurokawa) Hale	Isídios laminais sem ornamentação; ácido norstíctico medular.	Identificação confirmada. Primeiras sequências desta espécie depositada no GenBank.	República Dominicana	Ásia, África, América central e América do Sul (Benatti, 2010)
<i>Bulbothrix</i> sp. 1	Isídios laminais não ornamentados. Diferentemente dos espécimes de <i>B. ventricosa</i> que tem ácido norstíctico, não foram detectados compostos químicos medulares.	Não discriminada de <i>B. ventricosa</i> .		
<i>Bulbothrix</i> sp. 2	Espécime morfológicamente e quimicamente semelhante a <i>Bulbothrix</i> sp.1.	Com base nos critérios de monofilia e distâncias genéticas o espécime <i>Bulbothrix</i> sp.2 é uma espécie diferente tanto de <i>B. ventricosa</i> , quanto de <i>Bulbothrix</i> sp.1. Necessita de uma revisão morfológica mais detalhada, além de mais sequências da espécie.		
<i>Canoparmelia caroliniana</i> (Nylander) Elix & Hale	Isídios laminais; ácidos perlatólico e glomeliférico medulares.	Identificação confirmada	E.U.A: Carolina do Sul	África, Américas, Ásia, Europa e Oceania (Spielmann & Marcelli, 2008; Michlig, 2014;)

Continuação da Tabela 4.

Espécie	Morfologia/Química (caracteres diagnósticos)	Genética (monofilia e distâncias genéticas)	Local da espécie tipo	Distribuição geográfica
<i>Canoparmelia globosa</i> Rodrigues, Canêz & Lorenz (sp. nov.)	Pústulas laminais não soredioides; ácido divaricático e nordivaricático como química medular.	Identificação confirmada.	Brasil: Rio Grande do Sul	África, América do Norte, América do Sul e Ásia.
<i>Canoparmelia texana</i> (Tuckerman) Elix & Hale	Sorédios laminais; ácidos divaricático e nordivaricático como componentes medulares.	Identificação confirmada	E.U.A: Texas	África, Américas, Ásia, Europa e Oceania (Spielmann & Marcelli, 2008; Michlig, 2014;)
<i>Flavoparmelia exornata</i> (Zahlbruckner) Hale	Sem propágulos vegetativos; ácido protocetrário como componente medular principal. Diferentemente, <i>Flavoparmelia papillosa</i> apresenta isídios.	Não discriminada de <i>F. papillosa</i> (HM010936, Uruguai). Primeiras sequências desta espécie depositada no GenBank.	Uruguai: Departamento de Canelones	América do Sul (Hale, 1976; Canêz, 2005)
<i>Flavoparmelia soledians</i> (Nyl.) Hale	Sorédios laminais; ácido úsnico cortical e ácido salazínico medular.	Diferente das linhagens de <i>F. soledians</i> da Europa (local do tipo) e da África. Agrupa com duas sequências da África do Sul, identificadas como <i>Flavoparmelia</i> aff. <i>soledians</i> .	Espanha	África, América do Sul, Europa e Oceania (Hale, 1976)

Continuação da Tabela 4.

Espécie	Morfologia/Química (caracteres diagnósticos)	Genética (monofilia e distâncias genéticas)	Local da espécie tipo	Distribuição geográfica
<i>Hypotrachyna livida</i> (Taylor) Hale	Ausência de propágulos vegetativos; química medular do complexos livídico e colensoico	Identificação confirmada	E.U.A: Louisiana	Ásia, América do Norte e América do Sul (Sipman <i>et al.</i> , 2005; Spielmann & Marcelli, 2008)
<i>Hypotrachyna minarum</i> (Vain.) Krog & Swinscow	Isídios laminais, cílios nas margens dos lobos; ácido girofórico como componente medular.	Identificação confirmada.	Brasil: Minas Gerais	África, Américas, Ásia, Europa e Oceania (Benatti, 2012)
<i>Hypotrachyna spumosa</i> (Asahina) Krog & Swinscow	Pústulas laminais a marginais e cílios escassos nas margens dos lobos; ácido girofórico e um composto desconhecido que reage UV+ branco azulado em Cromatografia de Camada Delegada.	Identificação confirmada. Primeira sequência desta espécie depositada no GenBank.	Japão: Província Musashi	África, América do Norte, América do Sul, Ásia e Oceania (Benatti, 2012)
<i>Parmelinella lindmanii</i> (Lynge) Rodrigues, Canêz & Lorenz, Comb. nov.	Medula amarela, isídios laminais, cílios nas axilas dos lobos, ácido secalônico como composto químico medular.	Identificação confirmada.	Brasil: Rio Grande do Sul	América do Norte e América do Sul (Spielmann & Marcelli, 2008)

Continuação da Tabela 4.

Espécie	Morfologia/Química (caracteres diagnósticos)	Genética (monofilia e distâncias genéticas)	Local da espécie tipo	Distribuição geográfica
<i>Parmelinella salacinifera</i> (Hale) Marcelli & Benatti	Isídios laminais, apotécios com anitécio isidiado, cílios escassos e restritos às axilas dos lobos, coloração do córtex inferior variando de marrom claro a escuro; ácido salazínico e consalazínico como química medular.	Identificação confirmada. Primeira sequência desta espécie depositada no GenBank.	E.U.A: Flórida	Américas e Ásia (Benatti, 2014).
<i>Parmotrema austrosinense</i> (Zahlbruckner) Hale	Sorédios marginais lineares, ausência de cílios nas margens dos lobos; ácido lecanórico como constituinte químico medular.	Pertencem ao grupo de <i>P. austrosinense</i> , porém pelo critério de distância, há duas espécies diferentes. Necessita revisão morfológica e número maior de espécimes.	China	África, Américas, Ásia, Europa e Oceania (Spielmann & Marcellii, 2009).
<i>Parmotrema carneopruinatum</i> (Zahlbr.) D. Hawksw.	Sorédios, lobos com largura entre 1-2,5 mm; complexo stictico como componente medular.	Não discriminada de <i>Parmotrema crozalsianum</i>	Brasil: Rio de Janeiro	África, Américas e Europa (Canêz, 2005)
<i>Parmotrema commensuratum</i> (Hale) Hale	Sorais de submarginais, marginais a apicais nas lacínulas, cílios esparsos; norlobaridona e loxodina como química medular. Difere de <i>Parmotrema reticulatum</i> principalmente pela química medular, o qual possui ácido salazínico e consalazínico.	Primeiras sequências desta espécie depositadas no GenBank. Pertencem a uma linhagem com espécimes identificados como <i>P. reticulatum</i> , <i>P. cetratum</i> (Ach.) Hale, e <i>P. homotomum</i> (Nyl.) Hale. Grupo necessita revisão.	México: Veracruz	África, América do Norte e América do Sul (Spielmann & Marcellii, 2009)

Continuação da Tabela 4.

Espécie	Morfologia/Química (caracteres diagnósticos)	Genética (monofilia e distâncias genéticas)	Local da espécie tipo	Distribuição geográfica
<i>Parmotrema</i> aff. <i>clavuliferum</i> (Räsänen) Streimann	Difere das características esperadas de <i>P. clavuliferum</i> por apresentar lacínulas muito curtas com sorédios no ápice das mesmas, enquanto em <i>P. clavuliferum</i> as lacínulas são longas, semelhante a clavas.	Pertencem a uma linhagem com espécimes identificados como <i>P. reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy e <i>P. clavuliferum</i> . Grupo necessita revisão morfológica e de mais marcadores para elucidar as relações filogenéticas e distâncias entre os clados.	Taiti	América do Norte, América do Sul, Ásia, Europa e Oceania (Spielmann, 2009; Divakar <i>et al.</i> , 2005)
<i>Parmotrema crozalsianum</i> (B. de Lesd. ex Harm.) D. Hawksw.	Sorédios, lobos com largura entre 2-5 mm; complexo stictico como componente medular.	Não discriminada de <i>Parmotrema carneopruinatum</i>	França: Hérault	África, América do Norte, América do Sul, Ásia, Europa e Oceania (Spielmann & Marcellii, 2008)
<i>Parmotrema eciliatum</i> (Nylander) Hale	Ausência de propágulos vegetativos, cílios nas margens dos lobos, apotécios submarginais; ácido stictico como componente medular segundo Hale (1965). Nos espécimes estudados, além de ácido stictico foi encontrado constictico e criptostictico.	Primeiras sequências desta espécie depositadas no GenBank. Usando as distâncias propostas para a família, os três espécimes pertencem a mesma espécie, porém não foi encontrado suporte confiável na sustentação do clado.	México: Veracruz	África, Américas, Ásia e Oceania (Spielmann & Marcellii, 2009)

Continuação da Tabela 4.

Espécie	Morfologia/Química (caracteres diagnósticos)	Genética (monofilia e distâncias genéticas)	Local da espécie tipo	Distribuição geográfica
<i>Parmotrema eliasaroanum</i> Benatti, Marcelli & Elix	Presença de lacínulas desenvolvidas a partir das margens dos lobos, cílios marginais; ácidos stíctico, metil stíctico, constíctico, criptostíctico e peristíctico como componentes medulares encontrados pelas técnicas de CCD/CLAP (Benatti & Marcelli, 2010). No espécime do estudo, foram encontrados apenas ácidos stíctico, constíctico e criptostíctico utilizando CCD.	Identificação confirmada. Primeiras sequências desta espécie depositadas no GenBank.	Brasil: São Paulo	América do Sul
<i>Parmotrema eitenii</i> Marcelli & Benatti	Isídios aglomerados que arrebatam em sorédios, ausência de cílios; ácido lecanórico como química medular.	Identificação confirmada. Primeiras sequências desta espécie depositadas no GenBank.	Brasil: São Paulo	América do Sul
<i>Parmotrema haitiense</i> (Hale) Hale	Isídios laminais, normalmente ornamentados com cílios nos ápices dos mesmos, cílios abundantes nas margens dos lobos; norlobaridona e loxodina como química medular.	Grupo irmão de um clado com sequências identificadas como <i>Parmotrema subtinctorum</i> (Zahlbr.) Hale e <i>Parmotrema haitiense</i> (AY581055 da Austrália). Pelo critério de distância, os três espécimes pertencem a uma espécie diferente. Necessita revisão para verificar se é uma espécie nova.	Jamaica	Américas e Oceania (Fleig, 1997; Blanco <i>et al.</i> , 2004)

Continuação da Tabela 4.

Espécie	Morfologia/Química (caracteres diagnósticos)	Genética (monofilia e distâncias genéticas)	Local da espécie tipo	Distribuição geográfica
<i>Parmotrema homotomum</i> (Nylander.) Hale	<p>Não possui propágulos vegetativos; norlobaridona e loxodina como componentes medulares. Diferentemente das espécies sorediadas como <i>P. reticulatum</i> e <i>P. commensuratum</i>, que possuem químicas medulares contendo ácido salazínico e consalazínico, e norlobaridona e loxodina, respectivamente.</p>	<p>Primeiras sequências desta espécie depositadas no GenBank. Pertence a uma linhagem com espécimes identificados como <i>P. reticulatum</i>, <i>P. cetratum</i> e <i>P. commensuratum</i>. Grupo necessita revisão.</p>	Brasil: Rio de Janeiro	América do Sul (Spielmann & Marcellii, 2009)
<i>Parmotrema madilynae</i> A. Fletcher	<p>Apresenta pústulas de marginais a laminais, cílios nas margens dos lobos; ácido protocetrário como componente medular.</p>	<p>Identificação confirmada. Primeiras sequências desta espécie depositadas no GenBank.</p>	Brasil: São Paulo	América do Sul e Ásia (Benatti & Marcelli, 2011)
<i>Parmotrema permutatum</i> (Stirton) Hale	<p>Medula concolor (medula superior branca e inferior amarela), presença de cílios nas margens dos lobos e sorais marginais nos lobos ou apicais nas lacínulas; ácido girofórico medular.</p>	<p>Identificação confirmada. Primeiras sequências desta espécie depositadas no GenBank.</p>	Austrália	África, Américas, Ásia e Oceania (Benatti & Marcelli, 2009)
<i>Parmotrema pilosum</i> (Stizenberger) Krog & Swinscow	<p>Sorais globulares que se desenvolvem nas margens laterais dos lobos, tornando-se submarginais e laminais, cílios abundantes nas margens dos lobos; ausência de compostos químicos medulares.</p>	<p>Os dois espécimes sequenciados pertencem a mesma espécie, diferentes da sequência de <i>P. pilosum</i> (AY581056) do Uruguai, formam um clado irmão da mesma.</p>	África do Sul	África e América do Sul (Canêz, 2005)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	<p>Sorais de submarginais a marginais, cílios; ácido salazínico e consalazínico na medula.</p>	<p>Pertencem a uma linhagem com espécimes identificados como <i>P. commensuratum</i>, <i>P. cetratum</i> e <i>P. homotomum</i>. Grupo necessita revisão.</p>	Irlanda	Pantemperada e pantropical (Benatti & Marcelli, 2008)

Continuação da Tabela 4.

Espécie	Morfologia/Química (caracteres diagnósticos)	Genética (monofilia e distâncias genéticas)	Local da espécie tipo	Distribuição geográfica
<i>Parmotrema riograndensis</i> Rodrigues, Lorenz & Canêz (sp. nov.)	Diferentemente de <i>P. praesorediosum</i> que tem sorédios lineares contínuos, os espécimes de <i>Parmotrema riograndensis</i> apresentam sorédios no ápice de lacínulas ou de projeções das margens dos lobos; ácido praesorediósico na medula, ácido protopraesorediósico não foi detectado.	Grupo irmão de um espécime de <i>P. praesorediosum</i> (Nyl.) Hale (KF129451) da Índia, a identificação como uma espécie nova também foi corroborada pelas distâncias genéticas.		
<i>Parmotrema sancti-angeli</i> (Lynge) Hale	Sorais lineares contínuos a interrompidos nas margens dos lobos, conídios sublageniformes; ácido girofórico como componente medular.	Não foram geradas sequências devido a ausência de amostras frescas.	Brasil: Rio Grande do Sul	África, Américas, Ásia e Oceania (Spielmann & Marcelli, 2009)
<i>Parmotrema</i> sp.1 (sp.nv.)	De acordo com as chaves de identificação a espécie mais próxima é <i>Parmotrema cetratum</i> . Entretanto, a principal característica distinta é a presença de densas lacínulas, não encontradas em <i>P. cetratum</i> .	Filogeneticamente o espécime ficou próximo ao grupo de espécies de <i>Parmotrema</i> com ácido salazínico e consalazínico medular. Porém, não agrupou com nenhuma outra espécie conhecida.		
<i>Parmotrema</i> sp.2 (sp.nv.)	Espécie inicialmente identificada como <i>P. cetratum</i> . Ainda apresenta um padrão de máculas distintas.	Agrupou com uma sequência identificada como <i>P. cetratum</i> (AY251449, Uruguai). Entretanto, ambas ficaram muito distantes das demais sequências da espécie.		

Continuação da Tabela 4.

Espécie	Morfologia/Química (caracteres diagnósticos)	Genética (monofilia e distâncias genéticas)	Local da espécie tipo	Distribuição geográfica
<i>Parmotrema</i> sp.3 (sp. nov.)	Sorédios marginais lineares a capitados, cílios escassos e esparsos nas margens dos lobos, picnídios filiformes; ácido girofórico medular.	Identificação confirmada.		
<i>Parmotrema</i> sp.4 (sp. nov.)	Devido a presença de sorédios lineares marginais, ausência de cílios, e ácido praesorediósico na medula, os espécimes foram identificados como <i>P. praesorediosum</i> . Porém, diferentemente do que foi descrito por David <i>et al.</i> (1990), não foi detectado ácido protopraesorediósico.	Os dois espécimes sequenciados pertencem a mesma espécie. Porém, apesar de serem próximos das sequências disponíveis de <i>P. praesorediosum</i> do GenBank (KY929427, Argentina e KF129451, Índia), pelo critério de distância pertencem a uma espécie diferente.		
<i>Parmotrema</i> sp.5 AR498 (sp. nov.)	Devido a reação de <i>Spot test</i> K+ amarelo alaranjado na medula, presença de cílios nas margens dos lobos, além de sorédios foi identificada como <i>Parmotrema perlatum</i> . Entretanto, como química medular no espécime foi encontrado além de ácido stictico previsto para a espécie (Hale, 1965), também constístico e traços de criptostictico.	Pertence a um grupo diferente do principal clado de <i>Parmotrema perlatum</i> (Huds.) M. Choisy. Desta forma, com base na monofilia e distâncias, o espécime é uma espécie nova, mostrando-se como grupo irmão de <i>P. internexum</i> (Nyl.) Hale ex DePriest & B.W. Hale.		
<i>Parmotrema</i> sp.6 AR641 (sp. nov.)	Mesmas características encontradas no espécime <i>Parmotrema</i> sp.5	Mostrou ser um grupo distinto do clado <i>Parmotrema perlatum</i> , agrupando com a sequência <i>Parmotrema</i> aff. <i>perlatum</i> da Espanha (HM017027) e grupo irmão de <i>P. internexum</i> / <i>Parmotrema</i> sp. 2		

Continuação da Tabela 4.

Espécie	Morfologia/Química (caracteres diagnósticos)	Genética (monofilia e distâncias genéticas)	Local da espécie tipo	Distribuição geográfica
<i>Parmotrema subrugatum</i> (Krempelhuber) Hale	Ausência de propágulos vegetativos, reação dos cílios marginais (K-), conídios unciformes; ácido alectorênico e α -colatólico como química medular.	Primeiras sequências desta espécie depositadas no GenBank. Os quatro espécimes formam um clado, porém um deles (AR277) mostra-se como um espécime irmão dos demais. Possivelmente existam linhagens distintas sob o mesmo nome.	Brasil: Rio de Janeiro	África, Américas, Ásia e Oceania (Marcelli & Benatti, 2011).
<i>Parmotrema tinctorum</i> (Despreaux ex Nylander) Hale	Presença de isídios laminais, ausência de cílios; ácido lecanórico como química medular.	O clado formado pelas sequências apresentou os valores intraespecíficos (0,0000 - 0,0249 s/s) acima daqueles esperados para a família. Sendo possível a existência de mais de uma espécie ou um possível complexo de espécies. Necessita revisão.	Espanha: Ilhas Canárias	África, Américas, Ásia, Europa e Oceania (Spielmann & Marcelli, 2009)
<i>Punctelia borrerina</i> (Nylander) Krog	Ausência de propágulos vegetativos, superfície inferior preta, conídios filiformes; ácidos graxos desconhecidos na medula. Espécimes coletados próximo ao local do tipo.	Primeiras sequências desta espécie depositadas no GenBank. Monofilia e distâncias confirmaram como espécie.	Brasil: Rio Grande do Sul	
<i>Punctelia riograndensis</i> (Lynge) Krog	Ausência de propágulos vegetativos, superfície inferior preta, conídios unciformes; ácidos graxos medulares desconhecidos.	Primeiras sequências desta espécie depositadas no GenBank. Monofilia distância corroboram para uma espécie distinta. Apresentou-se como grupo irmão de <i>Punctelia microsticta</i> (Müll. Arg.) Krog.	Brasil: Rio Grande do Sul	África e América do Sul (Canêz, 2005)

Continuação da Tabela 4.

Espécie	Morfologia/Química (caracteres diagnósticos)	Genética (monofilia e distâncias genéticas)	Local da espécie tipo	Distribuição geográfica
<i>Punctelia</i> sp.1	Presença de filídios nas margens dos lobos, superfície inferior preta, conídios unciformes; ácido girofórico medular.			
<i>Punctelia</i> sp.2	Presença de filídios que se desenvolvem a partir de estruturas isidioides, superfície inferior preta, conídios unciformes; ácido girofórico medular.	Espécies próximas a <i>Punctelia subpraesignis</i> (Nyl.) Krog (AY267010 da Argentina), porém pertencem a um clado com baixo valor de suporte cujas relações internas não são definidas. Os espécimes com diferentes tipos de propágulos vegetativos não foram discriminado. As mesmas serão tratadas como uma única espécie.		
<i>Punctelia</i> sp.3	Nessa espécie os filídios são desenvolvidos a partir de estruturas soredioides, superfície inferior preta, conídios unciformes; ácido girofórico medular.			
<i>Punctelia</i> sp.4	Presença de filídios laminais, superfície inferior preta, conídios unciformes; ácido girofórico medular.			

Continuação da Tabela 4.

Espécie	Morfologia/Química (caracteres diagnósticos)	Genética (monofilia e distâncias genéticas)	Local da espécie tipo	Distribuição geográfica
<i>Punctelia</i> sp.5	Filídios desenvolvidos principalmente na margem das pseudocifelas, deixando as mesmas com aspecto de cratera, superfície inferior preta, conídios unciformes; ácido girofórico medular.	Mesma espécie que <i>Punctelia</i> sp.1, sp.2, sp.3 e sp.4.		
<i>Punctelia</i> sp.6 (sp. nov.)	Espécie reconhecida por apresentar estruturas isidioides, superfície inferior preta, conídios unciformes; ácido girofórico medular.	Essa espécie filogeneticamente é próxima as demais do clado, mas mostrou-se como uma linhagem distinta. As distâncias genéticas também corroboram para a mesma ser uma espécie diferente.		
<i>Punctelia</i> sp.7 (sp. nov.)	Apresenta sorédios a sorédios filidiformes, superfície inferior preta; ácido girofórico medular.	Espécie tão próxima do clado com filídios, quanto de <i>Punctelia borreri</i> (Sm.) Krog. Distâncias confirmam como espécie distinta.		
<i>Punctelia</i> sp.8 (sp. nov.)	Apresenta densas lacínulas, superfície inferior branca, conídios unciformes; ácido lecanórico como componente químico medular.	Sequência AR156 próxima a <i>Punctelia missouriensis</i> G. Wilh. & Ladd (GU384892 do E.U.A.). As duas sequências da espécie mostraram-se distintas entre si. Necessário aumentar o número de amostras para verificar quantas espécies existem.		

Continuação da Tabela 4.

Espécie	Morfologia/Química (caracteres diagnósticos)	Genética (monofilia e distâncias genéticas)	Local da espécie tipo	Distribuição geográfica
<i>Relicina subabstrusa</i> (Gyelnik) Hale	Ausência de propágulos vegetativos, conídios bifusiformes; ácido úsnico cortical e ácido norstíctico medular.	Não agrupou com a sequência disponível no GenBank (KM657282, Tailândia). Porém, como o espécime tipo é do Brasil, provavelmente a nossa sequência seja a primeira sequência desta espécie depositada no GenBank.	Brasil: Mato Grosso	América do Sul, Ásia e Oceania (Hale, 1975)
<i>Xanthoparmelia</i> sp. (sp. nov.)	Apresenta isídios, superfície inferior marrom clara, conídios bifusiformes; ácido stíctico, constíctico, norstíctico e outra química desconhecida que migra um pouco menos do que o ácido norstíctico.	Filogeneticamente o espécime mostrou-se próxima a sequência de <i>Xanthoparmelia neopropaguloides</i> Hale (GU992334 de Cuba), porém as distâncias corroboram a morfologia de que se trata de uma espécie nova.		

O estudo produziu 86 sequências da região ITS, as quais foram comparadas a 493 sequências oriundas do GenBank (Tabela S3, material suplementar), usando como critério de seleção sequências produzidas por artigos já publicados e com a região ITS mais completas possível (menor sequência utilizada >340 pares de base). Foram analisadas todas as sequências que atenderam a estes critérios com exceção dos gêneros *Parmotrema*, *Punctelia* e *Xanthoparmelia*. Estes gêneros apresentam uma grande diversidade de espécies e centenas de sequências ITS disponíveis no GenBank uma análise filogenética preliminar foi realizada com as sequências selecionadas inicialmente. Sendo utilizadas assim apenas sequências de espécies filogeneticamente próximas as espécies encontradas nas restingas. Além de permitir um melhor detalhamento dos resultados, esta medida procurou evitar a análise de alinhamentos com excessiva variação e, portanto, maior probabilidade de sítios homoplásicos.

Os conjuntos das análises moleculares resultaram em alinhamentos construídos separadamente para cada gênero variando entre 460 e 500 pares de bases. Devido à identificação de três gêneros pertencentes ao clado *Parmelina* (*Bulbothrix*, *Myelochroa* e *Parmelinella*), além das relações ainda pouco esclarecidas entre os gêneros *Bulbothrix* e *Parmelinella* as análises para a verificação da posição filogenética das espécies pertencentes a esses gêneros foram feitas a partir do clado *Parmelina*.

Os resultados obtidos no critério de monofilia entre as espécies identificadas estão representados por árvores de inferências bayesianas, já que não foram encontradas incongruências entre as topologias das árvores bayesianas e de máxima verossimilhança (Figuras 7 a 14). Nas árvores estão encontrados os suportes dos ramos obtidos quando ambas as análises obtiveram os valores estabelecidos, ou seja, probabilidade posterior $\geq 0,95$ e *bootstrap* ≥ 70 .

Após a verificação do relacionamento filogenético das sequências de ITS geradas neste estudo, os valores das distâncias genéticas utilizadas foram baseados nos valores mínimos e máximos obtidos com o *barcoding gap* de *Parmeliaceae* (Del-Prado *et al.*, 2010). Assim, os agrupamentos das espécies identificadas utilizando as distâncias genéticas também estão representados nas Figuras 7 a 14.

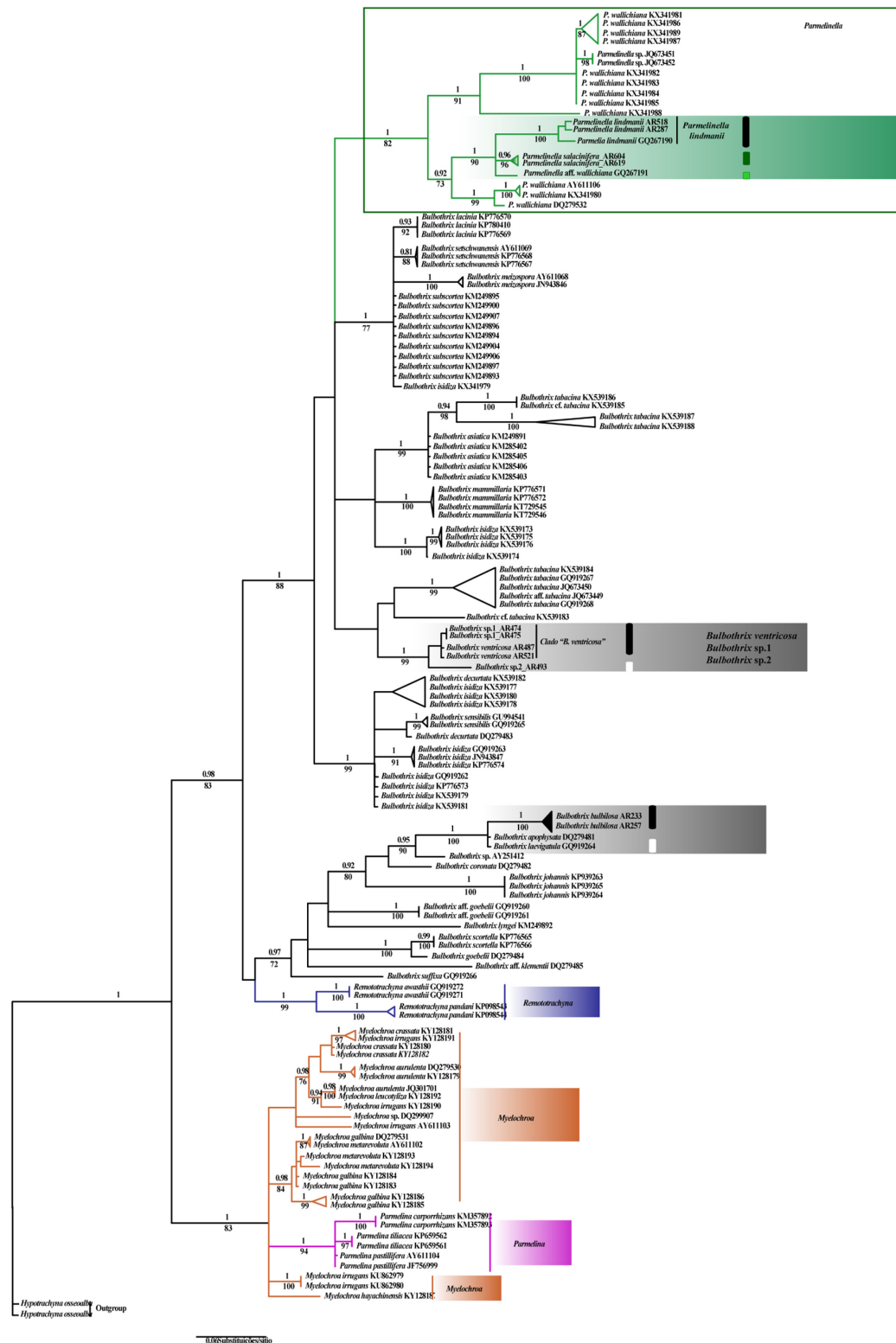


Figura 7. Inferência filogenética (*maximum clade credibility tree*) baseada nas sequências da região ITS dos gêneros *Bulbothrix* e *Parmelinella*. Os agrupamentos suportados tanto na inferência bayesiana (probabilidade posterior $\geq 0,95$, valor acima do ramo) como na análise de máxima verossimilhança (*bootstrap* ≥ 70 , valor abaixo do ramo) estão indicados na Figura. Sequências identificadas com **AR** são aquelas geradas pelo estudo. As barras ao lado do nome das espécies, quando da mesma cor, indicam que as distâncias genéticas entre as sequências estão dentro da variação intraespecífica calculada para a família *Parmeliaceae* ($< 0,015$ s/s).

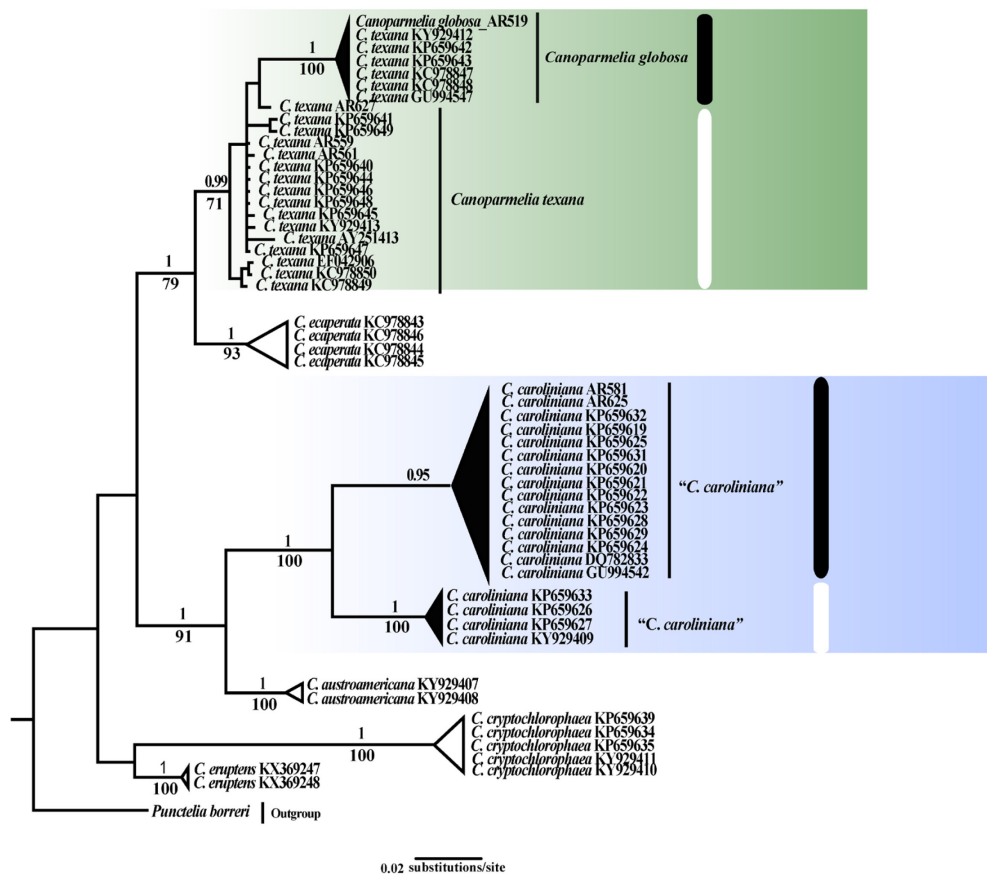


Figura 8. Inferência filogenética (*maximum clade credibility tree*) baseada nas sequências da região ITS do gênero *Canoparmelia* s.s. Os agrupamentos suportados tanto na inferência bayesiana (probabilidade posterior $\geq 0,95$, valor acima do ramo) como na análise de máxima verossimilhança (*bootstrap* ≥ 70 , valor abaixo do ramo) estão indicados na Figura. Sequências identificadas como **AR** são aquelas geradas pelo estudo. As barras ao lado do nome das espécies, quando da mesma cor, indicam que as distâncias genéticas entre as sequências estão dentro da variação intraespecífica calculada para a família *Parmeliaceae* ($< 0,015$ s/s).

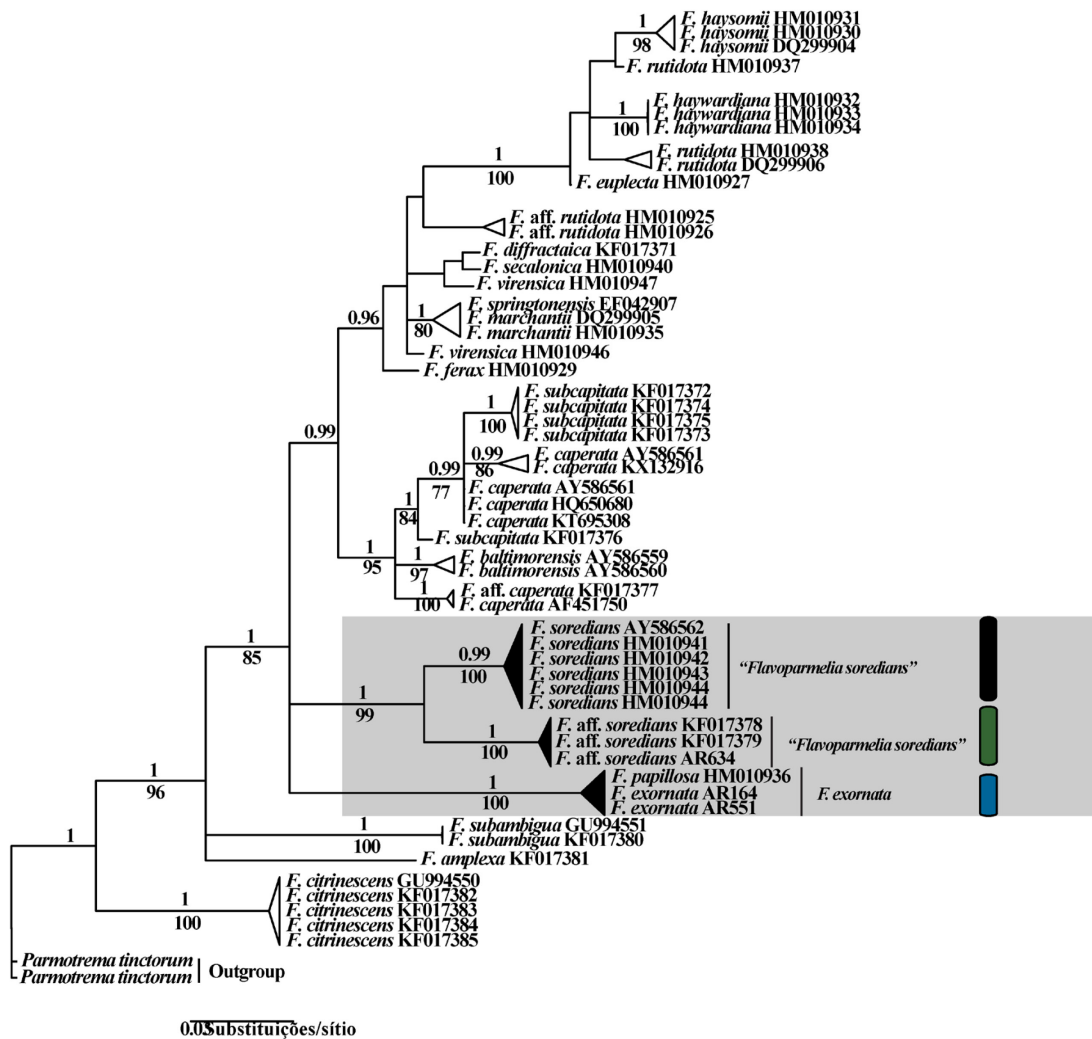


Figura 9. Inferência filogenética (*maximum clade credibility tree*) baseada nas sequências da região ITS no gênero *Flavoparmelia*. Os agrupamentos suportados tanto na inferência bayesiana (probabilidade posterior $\geq 0,95$, valor acima do ramo) como na análise de máxima verossimilhança (*bootstrap* ≥ 70 , valor abaixo do ramo) estão indicados na Figura. Sequências identificadas como **AR** são aquelas geradas pelo estudo. As barras ao lado do nome das espécies, quando da mesma cor, indicam que as distâncias genéticas entre as sequências estão dentro da variação intraespecífica calculada para a família *Parmeliaceae* (< 0.015 s/s).

Figura 11. Inferência filogenética (*maximum clade credibility tree*) baseada nas sequências da região ITS no gênero *Parmotrema* s.l. Os agrupamentos suportados na inferência bayesiana (probabilidade posterior $\geq 0,95$) estão indicados na Figura. Sequências identificadas como **AR** são aquelas geradas pelo estudo. As barras ao lado do nome das espécies, quando da mesma cor, indicam que as distâncias genéticas entre as sequências estão dentro da variação intraespecífica calculada para a família *Parmeliaceae* ($< 0,015$ s/s).

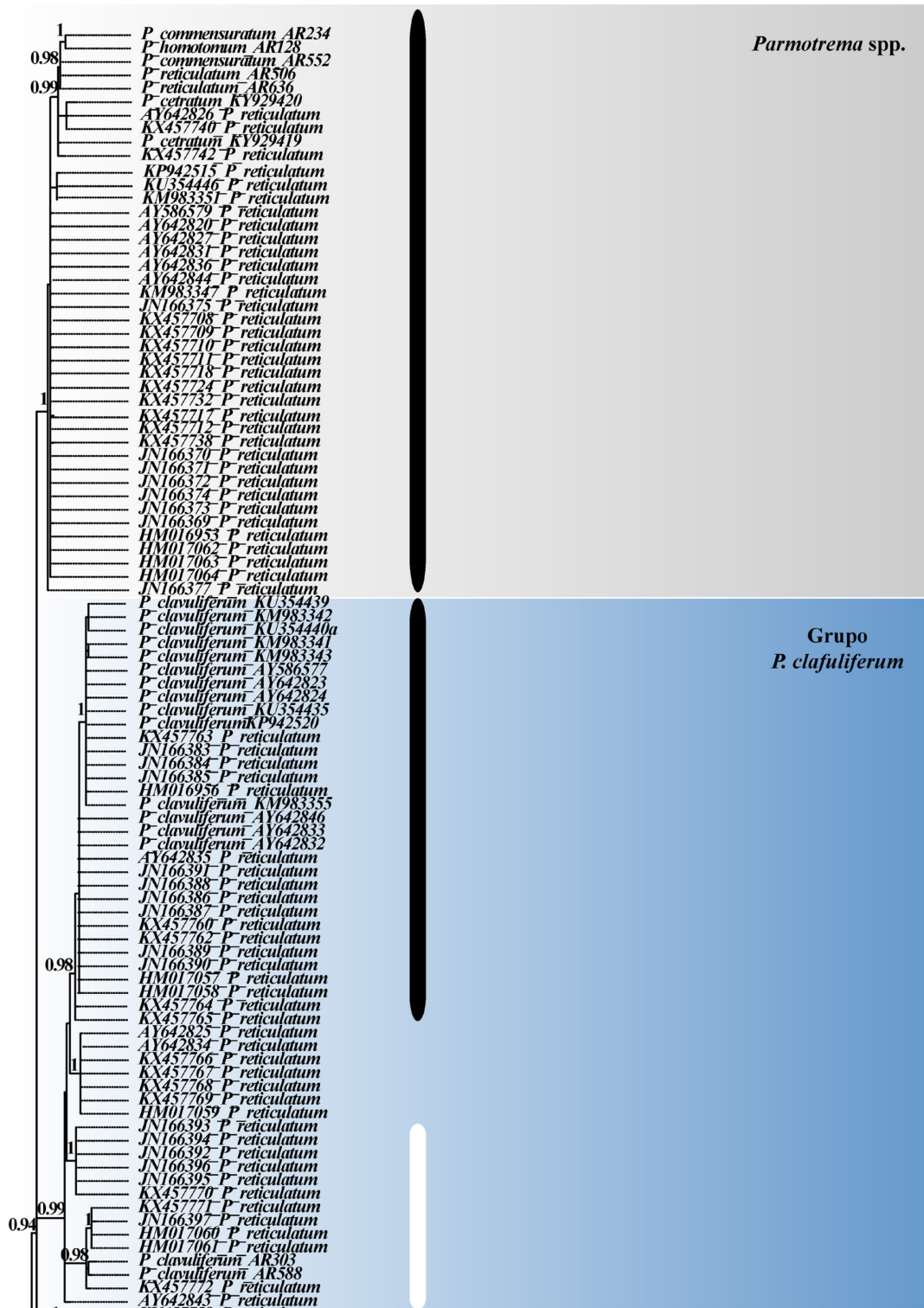


Figura 11.1. Inferência filogenética (*maximum clade credibility tree*) baseada nas sequências da região ITS no gênero *Parmotrema* s.l. Os agrupamentos suportados na inferência bayesiana (probabilidade posterior $\geq 0,95$) estão indicados na Figura. Sequências identificadas como **AR** são aquelas geradas pelo estudo. As barras ao lado do nome das espécies, quando da mesma cor, indicam que as distâncias genéticas entre as sequências estão dentro da variação intraespecífica calculada para a família *Parmeliaceae* ($< 0,015$ s/s).

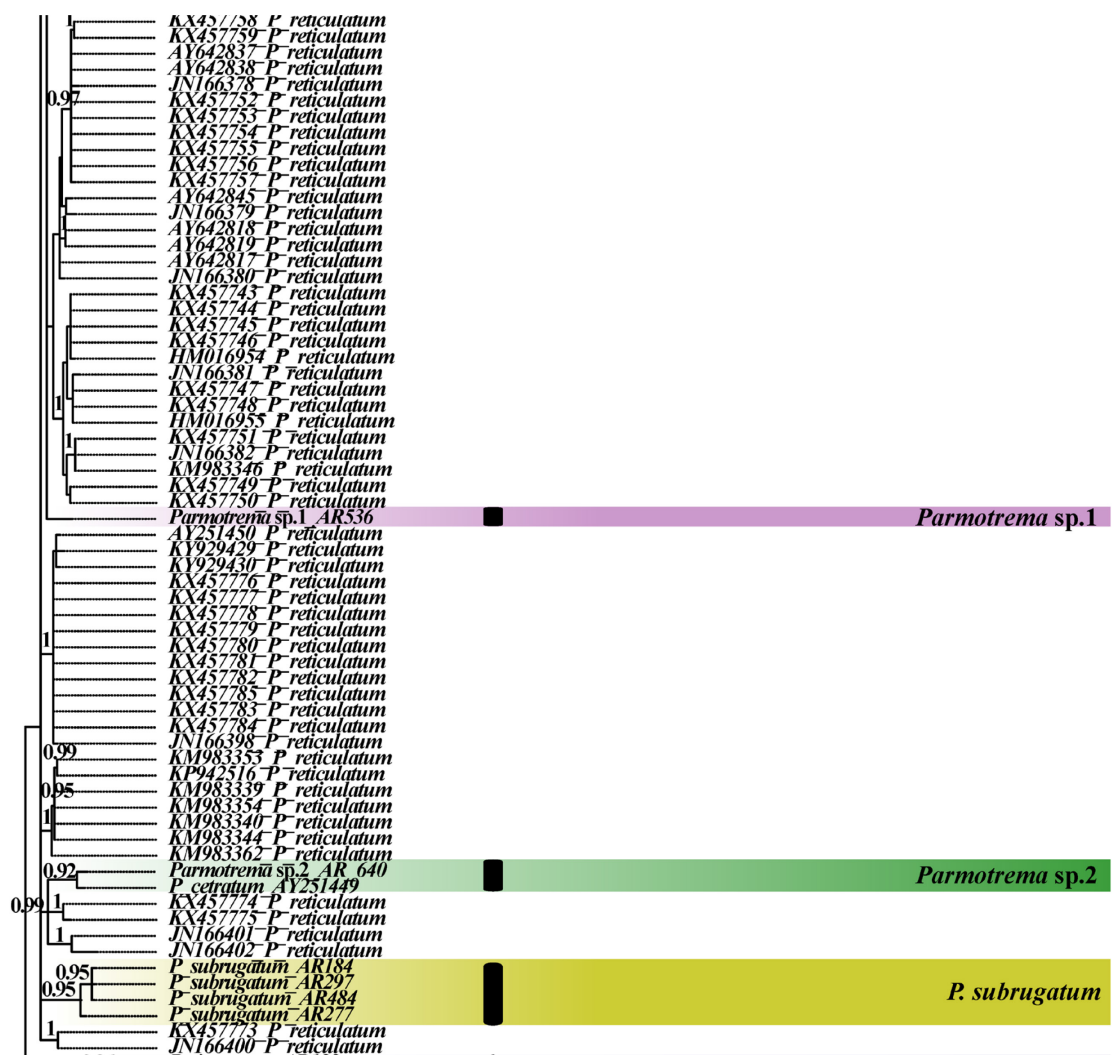


Figura 11.2. Inferência filogenética (*maximum clade credibility tree*) baseada nas sequências da região ITS no gênero *Parmotrema* s.l. Os agrupamentos suportados na inferência bayesiana (probabilidade posterior $\geq 0,95$) estão indicados na imagem. Sequências identificadas como **AR** são aquelas geradas pelo estudo. As barras ao lado do nome das espécies, quando da mesma cor, indicam que as distâncias genéticas entre as sequências estão dentro da variação intraespecífica calculada para a família *Parmeliaceae* ($< 0,015$ s/s).

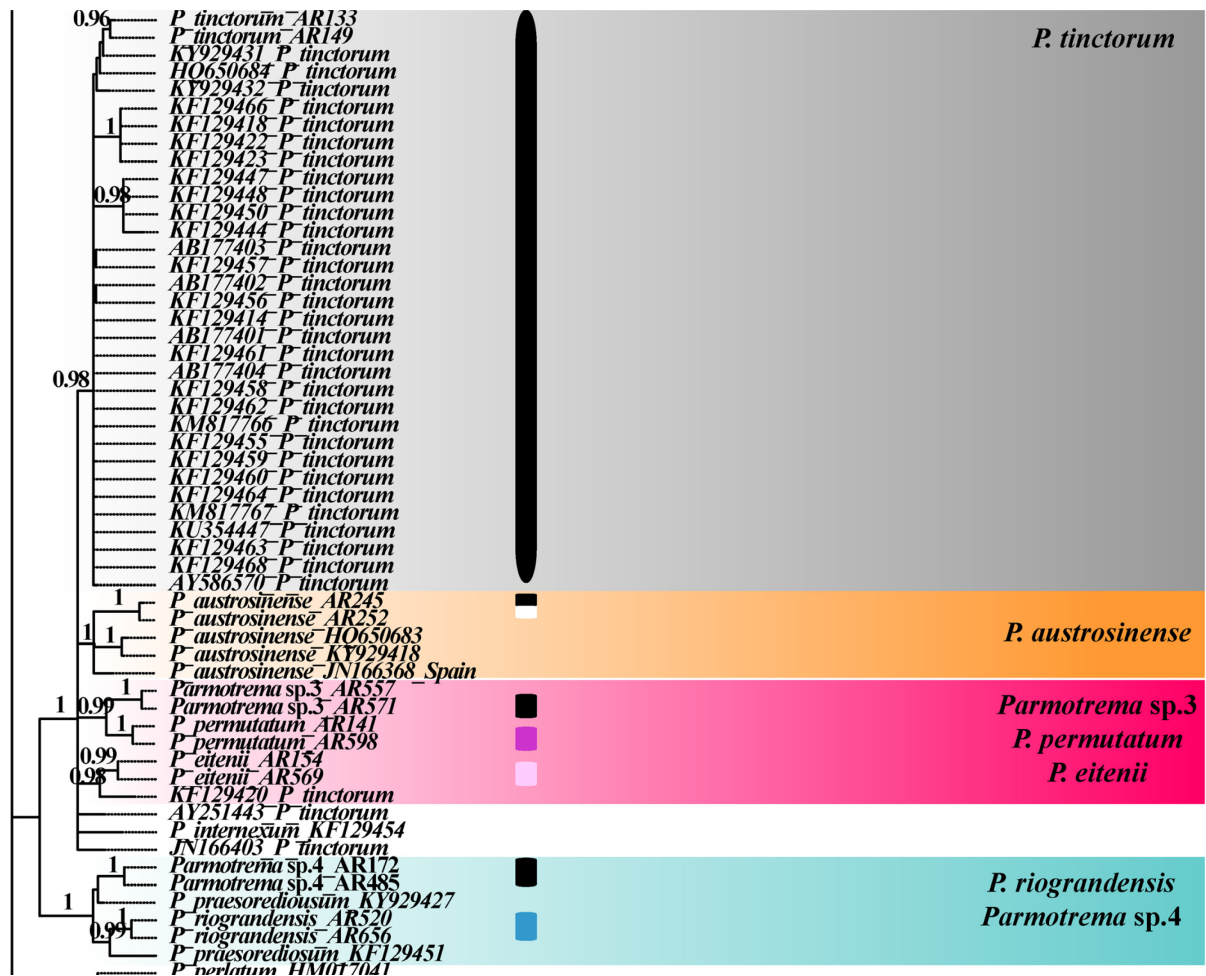


Figura 11.3. Inferência filogenética (*maximum clade credibility tree*) baseada nas sequências da região ITS no gênero *Parmotrema* s.l. Os agrupamentos suportados na inferência bayesiana (probabilidade posterior $\geq 0,95$) estão indicados na Figura. Sequências identificadas como **AR** são aquelas geradas pelo estudo. As barras ao lado do nome das espécies, quando da mesma cor, indicam que as distâncias genéticas entre as sequências estão dentro da variação intraespecífica calculada para a família *Parmeliaceae* ($< 0,015$ s/s).

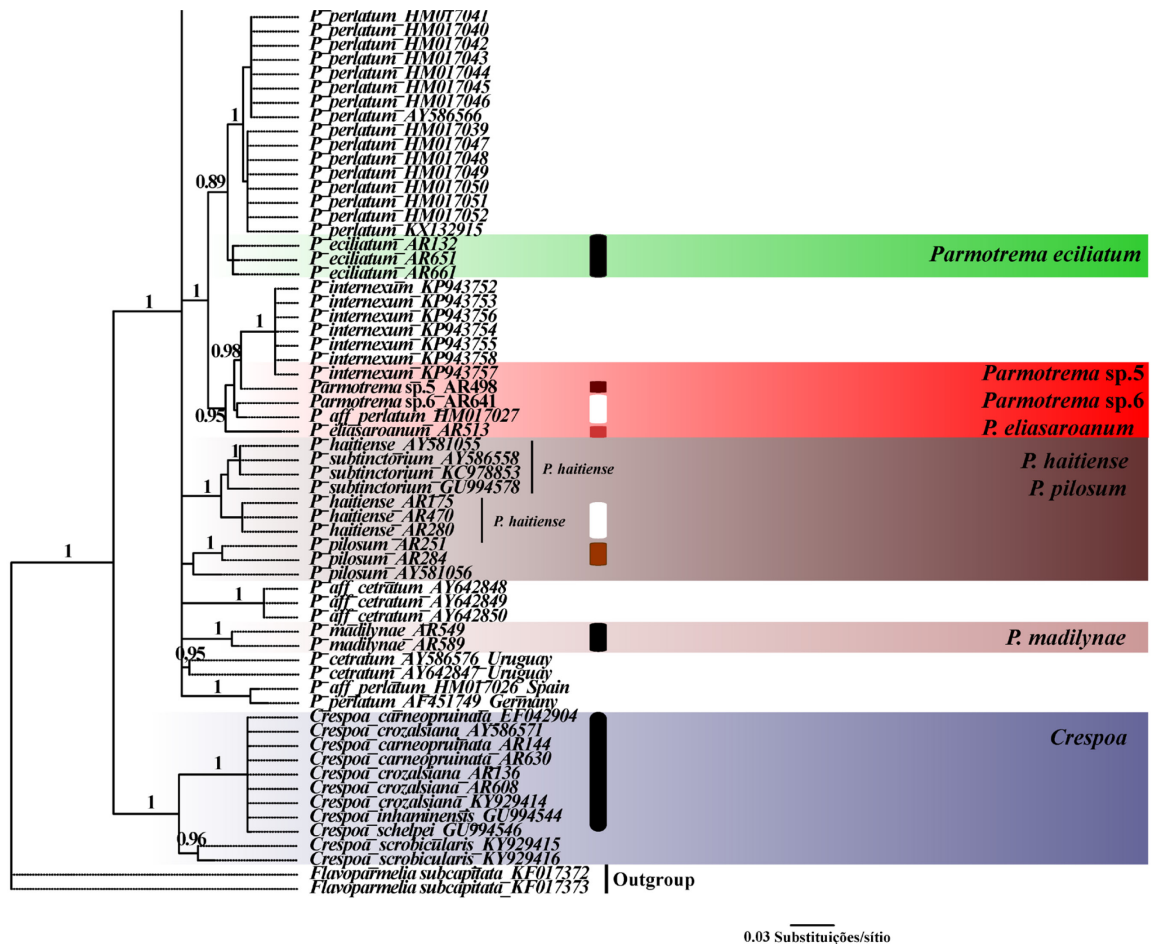


Figura 11.4. Inferência filogenética (*maximum clade credibility tree*) baseada nas sequências da região ITS no gênero *Parmotrema* s.l. Os agrupamentos suportados na inferência bayesiana (probabilidade posterior $\geq 0,95$) estão indicados na Figura. Sequências identificadas como **AR** são aquelas geradas pelo estudo. As barras ao lado do nome das espécies, quando da mesma cor, indicam que as distâncias genéticas entre as sequências estão dentro da variação intraespecífica calculada para a família *Parmeliaceae* ($< 0,015$ s/s).

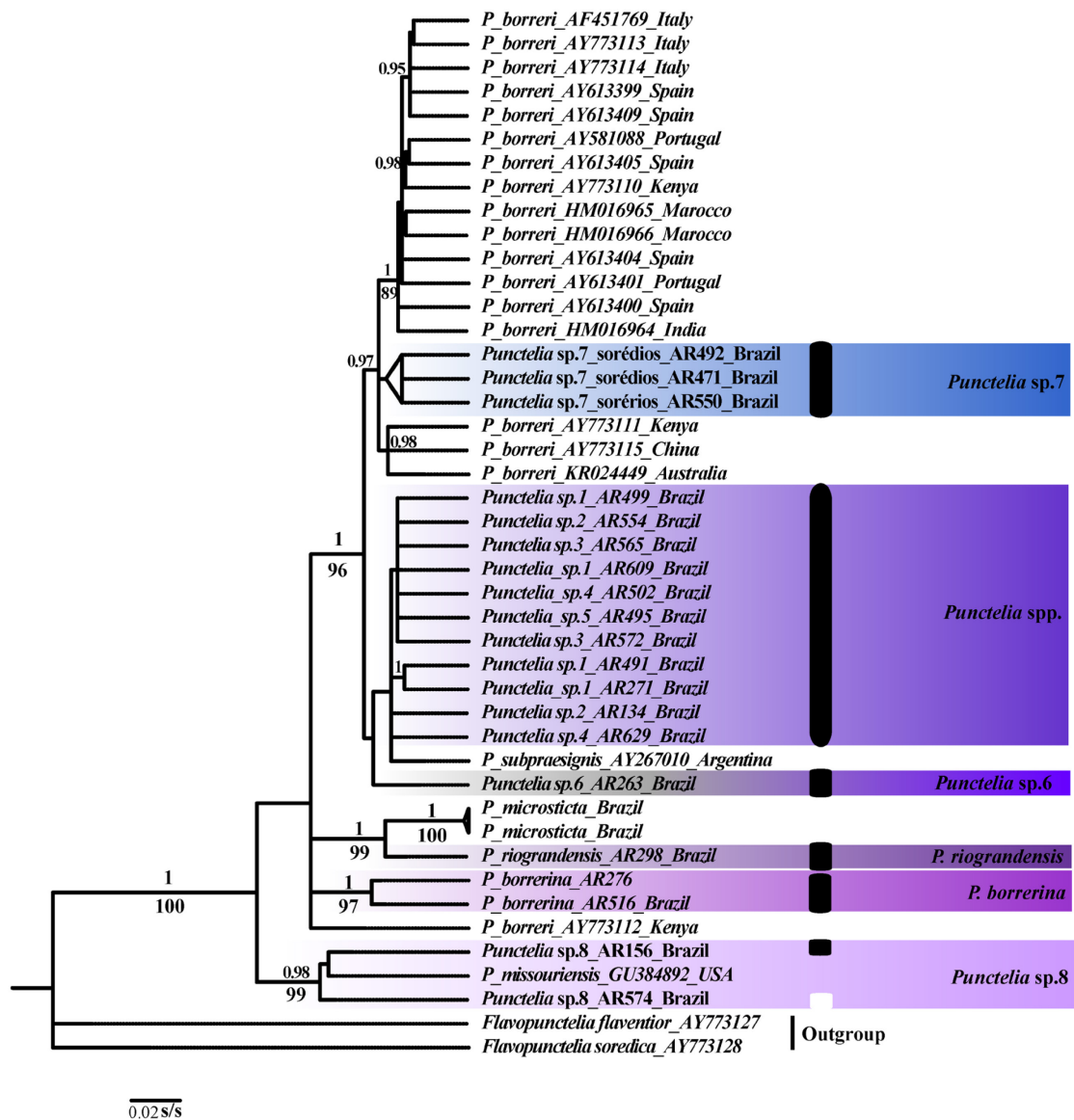


Figura 12. Inferência filogenética (*maximum clade credibility tree*) baseada nas sequências da região ITS no gênero *Punctelia*. Os agrupamentos suportados tanto na inferência bayesiana (probabilidade posterior $\geq 0,95$) como na análise de máxima verossimilhança (*bootstrap* ≥ 70) estão indicados na Figura. Sequências identificadas como AR são aquelas geradas pelo estudo. As barras ao lado do nome das espécies, quando da mesma cor, indicam que as distâncias genéticas entre as sequências estão dentro da variação intraespecífica calculada para a família *Parmeliaceae* ($< 0,015$ s/s).

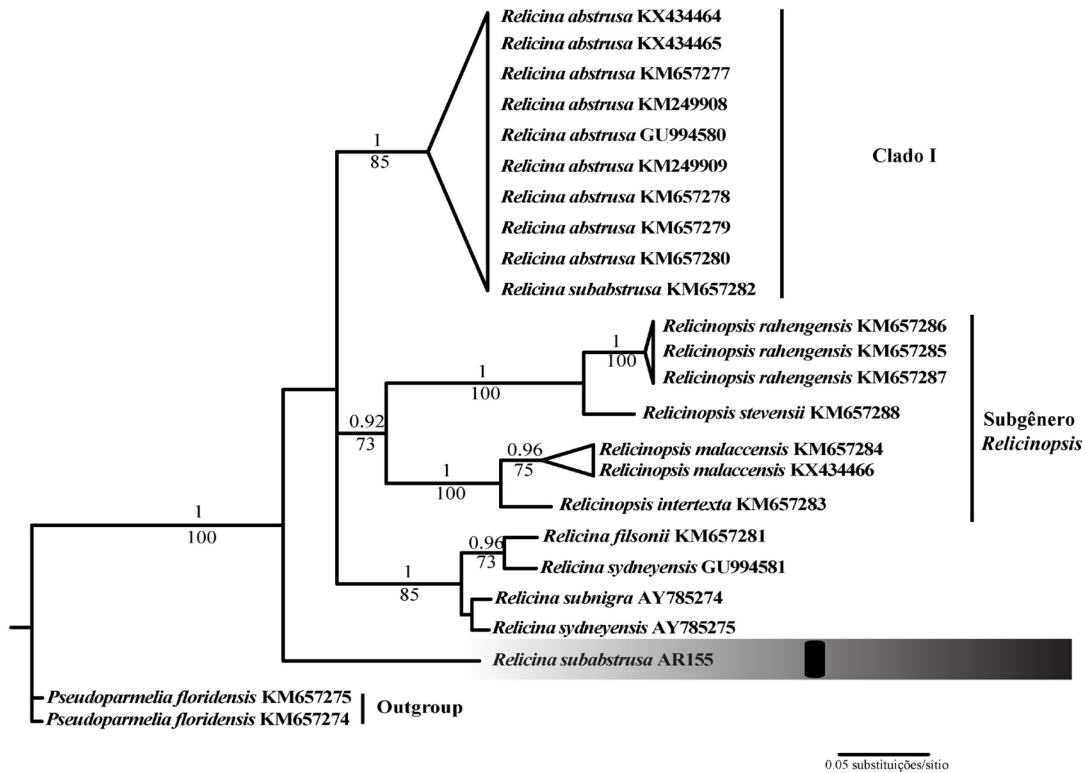


Figura 13. Inferência filogenética (*maximum clade credibility tree*) baseada nas sequências da região ITS no gênero *Relicina* s.l. Os agrupamentos suportados tanto na inferência bayesiana (probabilidade posterior $\geq 0,95$, valor acima do ramo) como na análise de máxima verossimilhança (*bootstrap* ≥ 70 , valor abaixo do ramo) estão indicados na Figura. Sequências identificadas como **AR** são aquelas geradas pelo estudo. As barras ao lado do nome das espécies, quando da mesma cor, indicam que as distâncias genéticas entre as sequências estão dentro da variação intraespecífica calculada para a família *Parmeliaceae* ($< 0,015$ s/s).

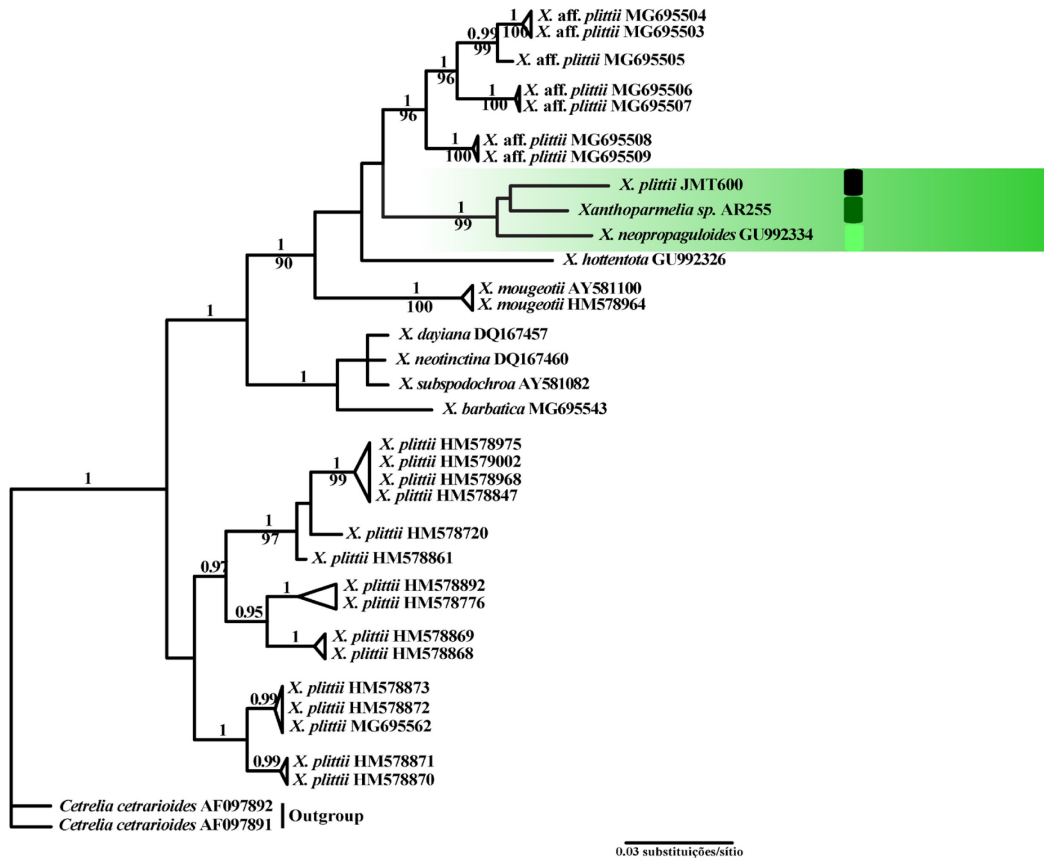


Figura 14 Inferência filogenética (*maximum clade credibility tree*) baseada nas sequências da região ITS no gênero *Xanthoparmelia*. Os agrupamentos suportados tanto na inferência bayesiana (probabilidade posterior ≥ 0.95 , valor acima do ramo) como na análise de máxima verossimilhança (*bootstrap* ≥ 70 , valor abaixo do ramo) estão indicados na Figura. Sequências identificadas como **AR** são aquelas geradas pelo estudo. As barras ao lado do nome das espécies, quando da mesma cor, indicam que as distâncias genéticas entre as sequências estão dentro da variação intraespecífica calculada para a família *Parmeliaceae* ($< 0,015$ s/s).

Sequências de ITS: restingas do extremo sul do sul do Brasil x dados do GenBank

De acordo com as 47 espécies inicialmente identificadas baseadas nas características morfológicas e químicas diagnósticas, apenas 17 delas possuíam sequências de referência disponíveis no GenBank. Essas 17 sequências referências corresponderam a 251 sequências, dentre as quais apenas 19 sequências eram oriundas da América do Sul (cerca de 7% do total), enquanto duas espécies, representadas por duas sequências possuíam procedência do Brasil, representando 0,8% das sequências referências.

As comparações feitas com as 17 espécies da restinga que tinham sequências de referência indicaram que apenas seis delas (42%) corresponderam a mesma espécie das sequências disponíveis no GenBank: *Canoparmelia texana*, *C. caroliniana*, *Hypotrachyna livida*, *H. minarum*, *Parmelinella lindmanii* e *Parmotrema tinctorum*. Oito espécies mostraram-se como linhagens distintas dentro do mesmo grupo das sequências identificadas com o mesmo nome no GenBank: *Flavoparmelia soledians*, *Parmotrema austrosinense*, *P. clavuliferum*, *P. haitiense*, *P. pilosum*, *P. praesorediosum*, *P. reticulatum* e *Relicina subabstrusa* (Figuras 9, 11.1, 11.3, 11.4 e 13). Além de formarem linhagens distintas, os espécimes das restingas do extremo sul do Brasil apresentaram alta divergência genética em relação as sequências do GenBank (superior a 0,016 s/s) sendo, portanto, considerados como pertencentes a espécies próximas, porém diferentes.

Os espécimes identificados como *Parmotrema perlatum* geneticamente mostraram-se próximas das sequências da espécie provenientes de outros trabalhos, porém não pertencem ao mesmo clado (Figura 11.4). Além disso, o posicionamento não monofilético e dados de distância apontam como as duas sequências sendo espécies distintas entre si. Já *Parmotrema carneopruinatum* e *P. crozalsianum*, mostraram-se como sendo pertencentes à mesma espécie com suas respectivas sequências referências, de acordo com os dados filogenéticos e as distâncias genéticas (Figura 11.4).

Divergências entre os diferentes conjuntos de dados

Entre os dados analisados, algumas divergências foram encontradas entre as espécies identificadas e as sequências referências, bem como discordâncias em nível de gênero ou subgênero. As espécies de *Parmotrema carneopruinatum* e *P. crozalsianum* formaram juntamente com as sequências do GenBank identificadas como *P. carneopruinatum* (EF042904 da Costa Rica), *P. crozalsianum* (AY586571 da Espanha e KY929414 da Argentina), *P. schelpie* (Hale) D.Hawksw. (GU994546 do Quênia) e *P. inhaminensis* (C. W. Dodge) D. Hawksw. (GU994544 do Quênia) uma única espécie. Além da monofilia, os valores mínimo e máximo encontrados nas distâncias genéticas foram entre 0 e 0,004 s/s, dentro da variação intraespecífica esperada.

O mesmo foi observado para cinco espécies diferentes no gênero *Punctelia*, identificadas com base na variação da distribuição e ontogenia dos propágulos vegetativos: *Punctelia* sp.1, *Punctelia* sp.2, *Punctelia* sp.3, *Punctelia* sp.4 e *Punctelia* sp. 5 (Figura 16). Essas espécies não foram geneticamente distinguidas com as sequências de ITS obtidas (Figura 12). Além de estarem no mesmo clado, as distâncias genéticas entre elas variaram de 0 - 0,014 s/s, abaixo do considerado variação intraespecífica, tanto para o gênero (mínimo 0,038 s/s), como para a família, abaixo de 0,015 s/s (Del-Prado *et al.*, 2010).

Além disso, espécies diferenciadas principalmente pelos componentes químicos medulares, tais como *Parmotrema commensuratum* (norlobaridona e loxodina), *P. homotomum* (norlobaridona e loxodina) e *P. reticulatum* (ácido salazínico e consalazínico) formaram um único clado fortemente suportado (Figura 11.1), e com distâncias intraespecíficas de 0 – 0,015 s/s. Situação semelhante ocorreu com as espécies *Bulbothrix ventricosa* (ácido norstíctico), *Bulbothrix* sp.1 (ausência de química medular em CCD) e *Bulbothrix* sp.2 (ausência de química medular em CCD). *Bulbothrix ventricosa* e *Bulbothrix* sp.1 formaram um agrupamento coespecífico (Figura 7), com distâncias entre as espécies de 0 – 0,002 s/s, dentro da variação intraespecífica. Já a espécie *Bulbothrix* sp.2 ficou como um grupo irmão do clado de *B. ventricosa* e *Bulbothrix* sp.1, além de mostrar distâncias genéticas mínimas de 0,054 s/s do grupo irmão.

A discordância em nível genérico ocorreu com as sequências dos espécimes identificados morfologicamente como *Myelochroa lindmanii*. De acordo com a posição

filogenética, as sequências de *M. lindmanii* ficaram posicionadas dentro do clado do gênero *Parmelinella* (Figura 7). A partir disso, nosso estudo propõe uma nova combinação de gênero para essa espécie, descrita ao final dos resultados. No mesmo sentido, *Hypotrachyna spumosa*, espécie tratada como pertencente ao subgênero *Parmelinopsis*, formou um clado a parte de todos os subgêneros de *Hypotrachyna*, indicando a possível existência de um novo subgênero dentro do gênero (Figura 10).

Novas espécies

Os diferentes conjuntos de dados avaliados neste estudo de forma integrativa (com identificação taxonômica e DNA *barcoding*) revelaram 13 novas espécies para a ciência, cerca de 30% da diversidade dos líquens parmelioides das restingas do extremo sul da Mata Atlântica. Dessas, duas serão descritas no presente estudo: *Canoparmelia globosa* A.S. Rodrigues, Canêz & Lorenz e *Parmotrema riograndensis* A.S. Rodrigues, Lorenz & Canêz.

Morfologicamente *Canoparmelia globosa* é caracterizada por apresentar pústulas na superfície superior do talo, além de possuir ácido divaricático e nordivaricático como compostos químicos medulares. Filogeneticamente *Canoparmelia globosa* é próxima à espécie *C. texana*. Porém, tanto pelo critério da monofilia (Figura 8), quanto pelo elevado valores de distâncias genéticas, entre 0,0435 e 0,0551 s/s (mínimo e máximo), estes estão claramente dentro da variação interespecífica proposta para a família (acima de 0,017 s/s). Corroborando assim para que a espécie de *C. globosa* seja considerada uma espécie distinta de *C. texana*.

A espécie *Parmotrema riograndensis* é reconhecida por apresentar sorais capitados e amontoados no ápice de lacínulas ou curtas projeções marginais dos lobos, além de apresentar como componente químico medular apenas ácido praesorediósico. *Parmotrema riograndensis* foi reconhecida como uma espécie diferente de *Parmotrema praesorediosum*, espécie morfologicamente e quimicamente mais próxima. Os dados foram corroborados pela monofilia (Figura 11.3), assim como pela distância genética mínima de 0,026 s/s da sua espécie mais próxima, *P. praesorediosum* (KY929427 da Argentina).

As outras onze espécies novas identificadas (*Parmotrema* sp.1, *Parmotrema* sp.2, *Parmotrema* sp.3, *Parmotrema* sp.4, *Parmotrema* sp.5, *Parmotrema* sp.6, *Punctelia* sp.1 (correspondendo aos espécimes com variações de filídios: *Punctelia* sp.1,

Punctelia sp.2, *Punctelia* sp.3, *Punctelia* sp.4, e *Punctelia* sp.5), *Punctelia* sp. 6, *Punctelia* sp.7, *Punctelia* sp.8 e *Xanthoparmelia* sp.) serão descritas e publicadas futuramente. Maiores informações quanto as características morfológicas, nomes anteriormente identificados segundo as bibliografias utilizadas, além da química estão descritos na Tabela 4, enquanto os resultados genéticos estão ilustrados nas Figuras 11.3, 11.4, 12 e 14.

Dentro das espécies discriminadas, 16 novos registros de espécies já conhecidas serão depositadas no GenBank (incluindo *Parmotrema homotomun* e *P. commensuratum*). Somando esses dados com as 13 novas espécies, esse estudo obteve um acréscimo acima de 60% das espécies de líquens parmelioides encontrada na porção final da Mata Atlântica brasileira.

Descrições taxonômicas das espécies novas

Canoparmelia globosa A.S. Rodrigues, Canêz & Lorenz, sp. nov.

Fig. 15

Diagnosis: *Canoparmelia globosa* is similar to *Canoparmelia texana*, differentiating by the presence of pustules and through DNA barcoding.

Holótipo: Brasil, Estado do Rio Grande do Sul, Município de Rio Grande, Distrito de Povo Novo, Localidade de Capão Seco, coordenadas geográficas 31°51'25,8"S 52°16'3,9"W, 18m de altitude. Vegetação de restinga, encontrado em ramo de arbusto na borda de mata, leg. A.S. Rodrigues 519, 15.I.2018 (CGMS, isótipos: XXXX).

Mycobank: XXXX

Código de acesso do GenBank: XXXX

Talo verde acinzentado, corticícola, lobado, frouxamente adnado, com 4 cm de extensão. **Lobos** irregularmente ramificados, contíguos, 1,5 – 4,5 mm de largura, ápice redondo, margem crenada. **Superfície superior** lisa a levemente rugosa, passando a rachada na região central do talo; máculas presentes, fracas, puntiformes e restritas a região submarginal; **cílios** ausentes; **lacínulas** ausentes; **sorais** e **isídios** ausentes; **pústulas** presentes, capitadas, laminais e não rompendo em sorédios; **pseudocifelas** ausentes. **Medula** branca, pigmento K+ púrpura ausente. **Superfície inferior** preta, lisa e lustrosa; margem dos lobos de marrom a castanho, opaca a levemente lustrosa em alguns pontos, nua, limite atenuado, lisa, passando a venada em alguns lobos, papilada; **Rizinas** simples, pretas com ápice branco na região marginal a totalmente pretas no centro, 0,1-0,6 × 0,03-0,07 mm, abundantes, homoganeamente distribuídas. **Apotécios** ausentes. **Picnídios** ausentes.

Teste de coloração: Córtex superior K+ amarelo; medula K-, C-, KC+ rosado, P-, UV+ branco azulado.

Substâncias químicas de importância taxonômica (CCD): Atranorina, ácido divaricático e nordivaricático.

Comentário – *Canoparmelia globosa* é caracterizada por apresentar pústulas como principais estruturas reprodutivas, além de possuir como componentes químicos medular ácido divaricático e nordivaricático (reação UV+ branco azulado na medula).

Canoparmelia globosa é estreitamente relacionada a *Canoparmelia texana*, tanto morfológicamente, quanto filogeneticamente. Nos espécimes identificados como *C. texana* foram encontrados sorédios como principais estruturas de reprodução, além de ácido divaricático e nordivarictico como componente medular.

Filogeneticamente *Canoparmelia globosa* é uma linhagem independente de *Canoparmelia texana*, corroboranda pelos dados de monofilia e distâncias genéticas. *C. globosa* forma um grupo monofilético com sequências do GenBank oriundas da Argentina (KY929412), Estados Unidos (KP659642 e KP659643), China (KC978847 e KC978848) e Quênia (GU994547), todas pertencentes a mesma espécie. Embora os dados genéticos corroborem com esses espécimes sendo pertencentes a *C. globosa* os mesmos não foram revisados morfológicamente. Assim, conforme os resultados obtidos a espécie *C. globosa*, possivelmente apresenta ampla distribuição geográfica.

Parmotrema riograndensis A.S. Rodrigues, Lorenz & Canêz, **sp. nov.**

Fig. 15

Diagnosis: Similar to *Parmotrema praesorediosum*, differing by the pattern of soralia development, the medullary chemical composition and in DNA barcoding.

Holótipo: Brasil, Estado do Rio Grande do Sul, Município de Rio Grande, Distrito de Povo Novo, Localidade de Capão Seco, vegetação de restinga, coordenadas geográficas 31°51'25,8"S 52°16'3,9"W, 18m de altitude, encontrado em ramo de arbusto na borda de mata, A.S. Rodrigues 656, 15.I.2018 (CGMS, isótipos: XXXX).

Mycobank: XXXX

Código de acesso do Genbank: XXXX

Talo verde acinzentado, corticícola, lobado, frouxamente adnado, com 10 cm de extensão. **Lobos** irregularmente ramificados, contíguos, 2.5-9 mm de largura, ápice redondo, margem inteira a levemente crenada, passando a ascendente. **Superfície superior** lisa a levemente rugosa na região central; **máculas** ausentes; **cílios** ausentes; **lacínulas** presentes, ou projeções marginais dos lobos semelhantes a lacínulas, simples, curtas, eretas 0,2-0,8 × 0,1-0,25 mm; **sorais** lineares contínuos a interrompido nas margens dos lobos jovens, em forma de crescente nas regiões marginais contínuas, passando a capitados e amontoados nos ápices das lacínulas ou projeções dos lobos na região central do talo, sorédios granulares; **isídios** ausentes; **pústulas** ausentes; **Pseudocifelas** ausentes. Medula branca, pigmento K⁺ púrpura ausente. **Superfície inferior** preta, fortemente venada a pregueada; lustrosa a opaca em algumas regiões, margem dos lobos castanha a variegada de branco, opaca a levemente lustrosa, nua, limite atenuado, lisa a venada em alguns lobos; **rizinas** geralmente simples, pretas, 0,1-0,3 × 0,02-0,04 mm, escassas e restritas a algumas áreas centrais do talo, crescendo no ápice das veias ou pregas. **Apotécios** ausentes. **Picnídios** ausentes.

Teste de coloração: Córtex superior K⁺ amarelo; medula K⁻, C⁻, KC⁻, P⁻, UV⁻.

Substâncias químicas de importância taxonômica (CCD): Atranorina e ácido praesorediósico (baixas concentrações).

Comentários - *Parmotrema riograndensis* é caracterizado por apresentar sorais capitados e amontoados no ápice de lacínulas ou curtas projeções marginais dos lobos,

principalmente na região central do talo. Além disso, apresenta como componente químico medular apenas ácido praesorediósico.

Morfologicamente e quimicamente, as espécies mais próximas de *P. riograndensis* são *P. praesorediosum* e *P. mordenii*. Na Tabela 5 estão sintetizadas as características dessas e de outras espécies semelhantes a *P. riograndensis*.

Tabela 5. Espécies morfologicamente e/ou quimicamente semelhantes a *Parmotrema riograndensis*.

Espécies	Química	Estrutura reprodutiva	Hábito	Bibliografia
<i>P. praesorediosum</i> (Nyl.) Hale	Atranorina e ácido caperático	Sorais lineares nas margens dos lobos em forma crescente	Corticícola ou saxícola	Hale 1965
<i>P. soredioaliphaticum</i> Estrabou & Adler	Atranorina, traços de atranorina e ácidos graxos desconhecidos	Dáctilos rompendo em sorédios	Saxícola	Estrabou & Adler 1998
<i>P. dactylosum</i> Fleig	Atranorina, ácido caperático e ácidos alifáticos desconhecidos	Dáctilos marginais a laminais rompendo em sorédios	Saxícola	Fleig 1999
<i>P. mordenii</i> (Hale) Hale	Atranorina, atranorina, ácido caperático e talvez ácido protolisquerínico	Sorais lineares a orbiculares nas margens dos lobos	Saxícola	Hale (1971)

A composição dos componentes químicos medulares em *P. praesorediosum* varia de acordo com a literatura, principalmente em publicações mais antigas, como Hale (1965; 1971), que descreve ácido caperático e protolisquerínico como química encontrada na espécie. Todavia, David *et al.*, (1990) descrevem dois principais ácidos graxos presentes em *P. praesorediosum*, ácido praesorediósico e protopraesorediósico. Desta forma, nossa compreensão quanto aos componentes químicos encontrados na espécie seguirão esses últimos autores.

Na espécie *P. riograndensis* não foi encontrado ácido protopraesorediósico em cromatografia de camada delgada. Foi possível verificar apenas a presença de ácido praesorediósico, ainda que este estivesse presente em baixas concentrações nas amostras, sendo difícil sua observação na placa de CCD.

Nova combinação de espécie

Parmelinella lindmanii (Lynge) A.S. Rodrigues, Lorenz & Canêz, **Comb. nov.**

Fig. 15

Basiônimo: *Parmelia lindmanii* Lynge, Arkiv för Botanik 13 (13): 74.

Tipo: Brasil, Rio Grande do Sul, Porto Alegre, *ad corticem Cerei*. 25/IX/1892 Malmé 450 (lectótipo: S) *fide* Lynge (1914) e Hale (1976).

Código de acesso do GenBank: XXXX

Comentário: *Parmelinella lindmanii* é caracterizada pela coloração medular amarela, presença de isídios laminais, presença de cílios, sendo estes normalmente restritos as axilas dos lobos, conídios bifusiformes, além da presença de ácido secalônico medular.

De acordo com as características diagnósticas, *P. lindmanii* foi identificada inicialmente como sendo pertencente ao gênero *Myelochroa*, devido principalmente a coloração amarela da medula e pela presença de ácido secalônico como componente químico medular (Elix *et al.*, 1987). Na descrição do gênero também é relatada a existência de pigmentos laranja na medula, originados possivelmente do ácido secalônico A (Elix *et al.*, 1987), entretanto tal característica não foi encontrada nos espécimes da espécie estudada. Os resultados obtidos pela cromatografia de camada delgada dos espécimes do estudo indicaram a existência de ácido secalônico, no entanto, não foi possível identificar qual tipo do ácido estava presente nos espécimes, sendo necessário utilizar técnicas mais sensíveis a detecção dos compostos químicos para confirmar.

Com base nos resultados genéticos, *Myelochroa lindmanii* apareceu agrupada com outras espécies do gênero *Parmelinella* (Figura 7). Este resultado já havia sido indicado por Eliasaro *et al.* (2010), porém a combinação da espécie dentro do gênero *Parmelinella* não foi proposta no trabalho desses autores. Portanto, como nossos dados corroboram os dados de Eliasaro *et al.* (2010), assim como utilizamos amostras oriundas do estado brasileiro da espécie tipo, reforçando assim a proposta de tal combinação.

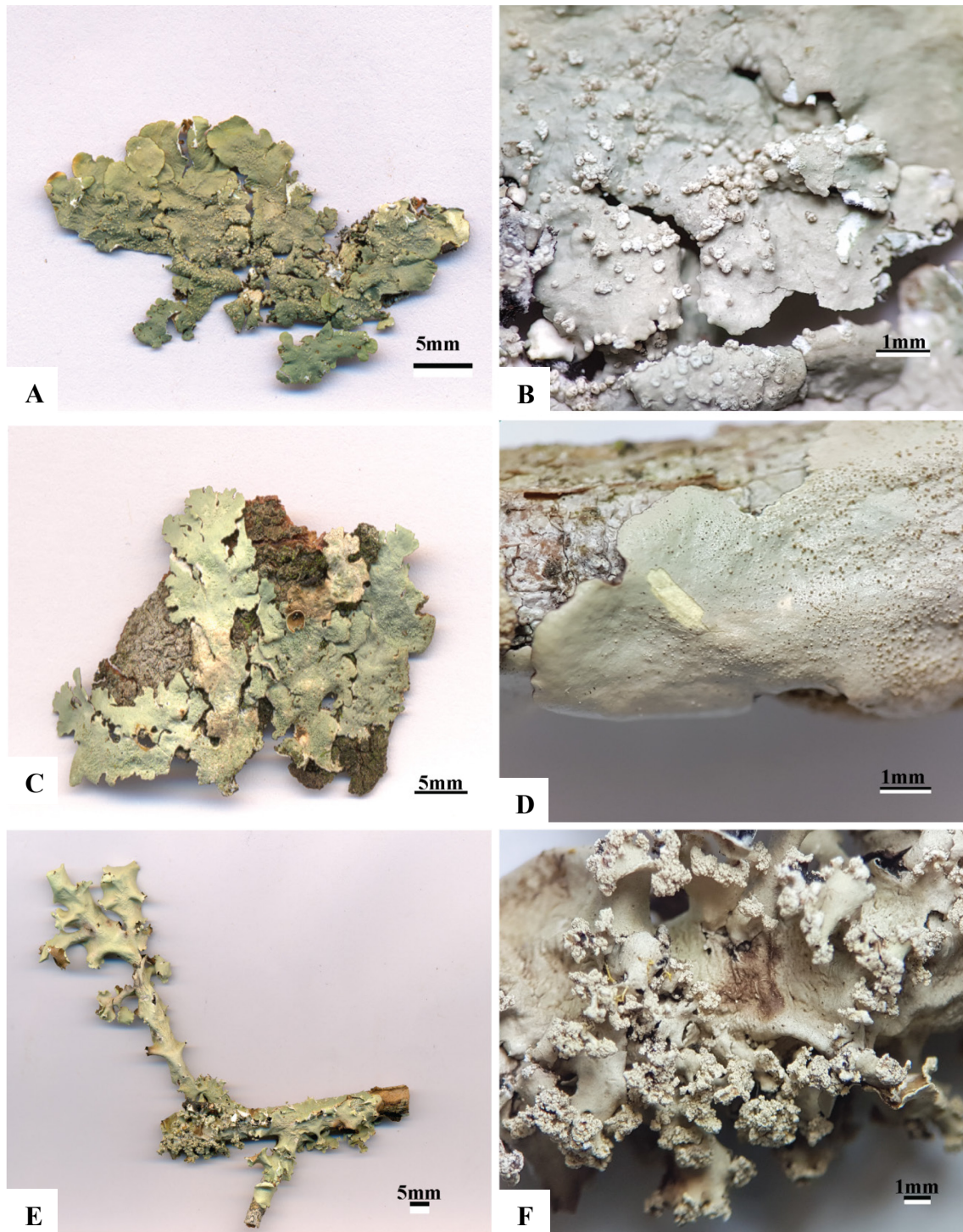


Figura 15. Imagens das espécies novas e da nova combinação. **A.** Talo de *Canoparmelia globosa* A.S. Rodrigues, Canêz & Lorenz (**sp. nov.**). **B.** Destalhes das pústulas encontradas em *Canoparmelia globosa*. **C.** *Parmelinella lindmanii* A.S. Rodrigues, Canêz e Lorenz (**comb. nov.**). **D.** Detalhe da coloração medular amarela e cílios curtos nas axilas dos lobos de *Parmelinella lindmanii*. **E.** Talo de *Parmotrema riograndensis* A.S. Rodrigues, Lorenz & Canêz (**sp. nov.**). **F.** Detalhe dos sorais capitados e aglomerados no ápice de lacínulas ou projeções dos lobos de *Parmotrema riograndensis*.

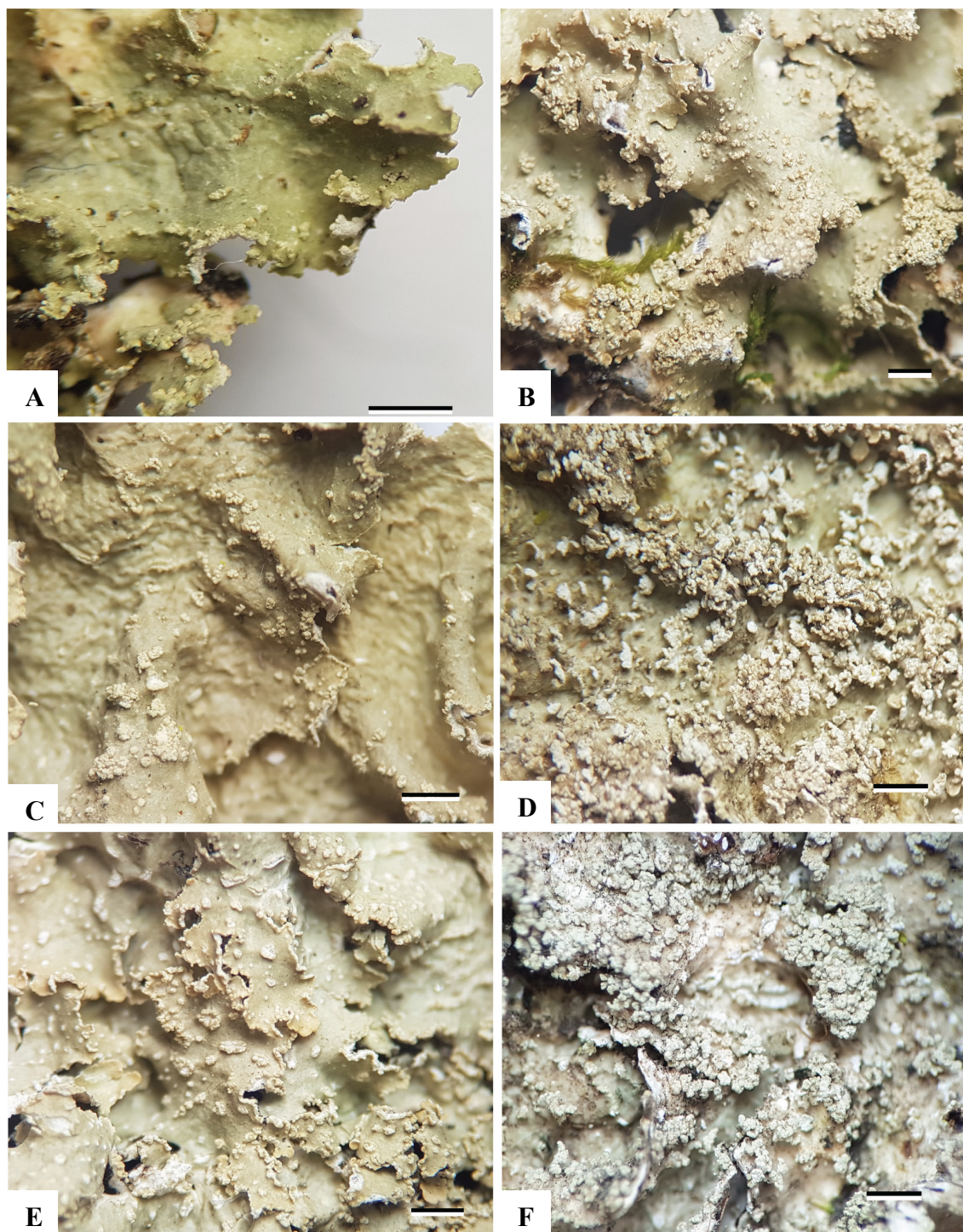


Figura 16. Imagens das variações morfológicas dos propágulos vegetativos encontrados em *Punctelia*. **A.** *Punctelia* sp.1 com filídios marginais. **B.** *Punctelia* sp.2 filídios desenvolvidos de estruturas isidióides. **C.** *Punctelia* sp.3 filídios desenvolvidos de estruturas soredioides. **D.** *Punctelia* sp.4 filídios grandes e laminais. **E.** *Punctelia* sp.5 filídios desenvolvidos principalmente nas margens das pseudocifelas. **F.** *Punctelia* sp.7 (sp. nov.) filogeneticamente tão próxima do clado que agrupou as demais espécies anteriormente mencionadas, quanto de *Punctelia borrieri*. Apresenta sorédios grosseiros como propágulo vegetativo. Escala de 1mm.

Discussão

Estudos florísticos associados a uma ferramenta molecular como DNA *barcoding*, nunca foram realizados no Brasil, fazendo do atual um trabalho pioneiro. Estudos florísticos pontuais com *Parmeliaceae* em áreas de restingas no Rio Grande do Sul destacam a diversidade da família, representando 25% das espécies encontradas por Fleig (1988) e 44% das espécies identificadas por Martins & Marcelli (2011).

A escassez de estudos moleculares de fungos liquenizados no Brasil refletiu em poucas sequências referências no GenBank, sendo que apenas 17 espécies estavam representadas daquelas 47 spp. inicialmente identificadas, representando 30% das espécies identificadas no presente estudo. Destas sequências do GenBank utilizadas, apenas 7% eram oriundas da América do Sul, enquanto 0,8% do Brasil. Esse déficit ilustra o principal limitante para a utilização e a taxa de sucesso da abordagem *barcoding*, ou seja, a falta de um banco de dados local e confiável para a sua utilização durante a discriminação das espécies. Tal limitante é corroborado por trabalhos que obtiveram uma alta taxa de sucesso utilizando a abordagem *barcoding* na existência de um banco de dados acurado, tais como Kelly *et al.* (2011) e Leavitt *et al.* (2014), diferentemente dos dados obtidos por Orock *et al.* (2012), em lugares onde o conhecimento da flora liquênica é ainda pouco conhecido.

Diante desse cenário, para a utilização da abordagem *barcoding* em locais sem banco de dados, ou com poucas sequências disponíveis da diversidade de fungos liquenizada local a utilização de métodos de delimitação específica faz-se fundamental para a identificação dos táxons. Desta forma, dois critérios para a discriminação específica foram utilizados, sendo eles a monofilia das linhagens e as distâncias genéticas de *Parmeliaceae* (Dal-Prado *et al.*, 2010; Leavitt *et al.* 2014).

Assim, das 17 espécies com referências no GenBank, seis espécies mostraram-se coespecíficas das suas sequências referências, embora *Hypotrachyna minarum*, *Parmelinella lindmanii* e *Parmotrema tinctorum* tenham apresentado distâncias intraespecíficas máximas acima do esperado para família (maior do que 0,015 s/s), os agrupamentos formados mostraram ser coespecíficos. Todavia pode haver a existência de mais linhagens se o número de espécimes estudados for aumentado (Figuras 7, 8, 10 e 11.3). Enquanto oito espécies, comumente consideradas amplamente distribuídas, apresentaram diferentes linhagens. Tal situação frequentemente reflete pelo menos três

situações: possíveis espécies crípticas, espécies erroneamente identificadas ou podem representar “boas espécies” que necessitam de revisão morfológica.

A existência de diversas espécies ou linhagens crípticas é comumente relatada para *Parmeliaceae* (Crespo & Pérez Ortega, 2009; Crespo & Lumbsch, 2010; Leavitt *et al.* 2016). Além disso, a utilização de sequências oriundas de bancos de dados públicos podem causar possíveis erros nas análises dos dados, já que existem muitas sequências incompletas, com muitos sítios ambíguos ou erroneamente identificadas depositadas no GenBank (Harris, 2003; Nilsson *et al.*, 2006; Wilson, 2011).

Assim como podem refletir “boas espécies” sob o nome de espécies com distribuição geográfica muito ampla, por vezes sendo diferenciada a partir de estudos taxonômicos (morfológicos, químicos e anatômicos) e moleculares mais detalhados (Lumbsch & Leavitt, 2011). Nesta última situação, nesse estudo foi encontrado pelo menos sete espécies sob o nome de espécies amplamente conhecidas, como *Canoparmelia globosa*, espécie próxima a *C. texana*; *Parmotrema riograndensis* e *Parmotrema* sp.4, espécimes próximos a *P. praesorediosum*; *Parmotrema* sp.1 e *Parmotrema* sp.2, para os quais, seguindo a literatura, se chegaria em *P. cetratum*; e *Parmotrema* sp.5 e *Parmotrema* sp.6, apresentando a identificação mais próxima a *P. perlatum*.

Dentro do gênero *Parmotrema*, alguns grupos necessitam de uma revisão morfológica e genética, como *Parmotrema clavuliferum*. Há pelo menos duas linhagens distintas, mas as relações entre elas não puderam ser esclarecidas utilizando apenas um marcador molecular (ITS). Equanto nas espécies que apresentaram convergência de dados morfológicos e genéticos, como *Parmotrema carneopruinatum*, *P. crozalsianum*, *P. commensuratum*, *P. homotomum* e *P. reticulatum* em *Parmotrema* s.l e *Bulbothrix ventricosa*, *Bulbothrix* sp.1 e *Bulbothrix* sp.2 em *Bulbothrix*, continuaram sendo tratadas como espécies distintas baseadas nas características morfológicas e/ou químicas. Devido à utilização de apenas um marcador (ITS), bem como poucos espécimes nas análises moleculares, decidimos mantermos essas espécies com o nome já conhecido ou como sp., pois estudos mais detalhados serão necessários para a confirmação dos resultados obtidos quanto a essas espécies.

Embora o gênero *Punctelia* tenha apresentado grande diversidade, algumas espécies mostraram resultados genéticos conflitantes com a morfologia. A identificação

morfológica inicial encontrou pelo menos cinco espécies diferentes de acordo com a distribuição e ontogenia dos propágulos vegetativos (*Punctelia* sp.1, *Punctelia* sp.2, *Punctelia* sp.3, *Punctelia* sp.4 e *Punctelia* sp.5). Todavia, as análises genéticas com base em ITS demonstraram que essas espécies pertencem a um único táxon, próximas a *Punctelia subpraesignis*, espécie totalmente sem propágulo (AY267010, Argentina). Além disso, a espécie *Punctelia* sp. 8 mostrou relação próxima com *P. missouriensis*, mas as distâncias genéticas indicam que as duas sequências da espécie são distintas entre si. Assim, nossos dados sugerem que espécies com propágulos do gênero podem ser politípicas, algo já relatado para algumas espécies de *Punctelia* (Adler, 1997; Canêz, 2009).

A falta de banco de dados da diversidade de espécies de fungos liquenizados na área de estudo refletiu o registro de sequências ITS no GenBank de 16 espécies já conhecidas, 13 espécies novas (30%) para a ciência, além de uma nova combinação de espécie dentro do gênero *Parmelinella*, entre as 45 espécies discriminadas. Ressalta-se o fato de que, a partir desse estudo, o banco de dados de líquens parmelioides brasileiros obteve um acréscimo de 86 sequências de ITS, as quais estarão disponíveis no GenBank após a publicação do artigo oriundo desse estudo.

Os resultados encontrados no estudo representam uma fração territorial pequena, levando em conta o grande tamanho e a diversidade de biomas encontrados no Brasil. Deste modo, esses dados ilustram a necessidade em investimentos nos estudos moleculares e taxonômicos para real compreensão da diversidade de fungos liquenizados no país.

Referências

- Acharius E. 1803.** Methodus qua omnes detectos lichenes secundum organa carpomorpha ad genera, species et varietates redigere atque observationibus illustrare tentavit (Methodus Lichenum). Cum tab. aen. Stockholm.
- Acharius E. 1810.** Lichenographia Universalis. Cum tab. aen. color. Göttingen. 689 p.
- Adler MT, Elix JA. 1992.** New records of *Hypotrachyna* and *Parmelinopsis* Lichens (Ascomycotina, *Parmeliaceae*) from North-West and Central Argentina. Mycotaxon 43: 283-288.
- Adler MT. 1997.** Polymorphism of vegetative propagules in *Punctelia punctilla* (*Parmeliaceae*, Lecanorales) and delimitation of the species. Mycotaxon 63: 57-70.
- Ahn C, Moon KH. 2016.** *Parmotrema clavuliferum* and *P. reticulatum* are independent species. Journal of Species Research 5(2): 254-260.
- Akaike H. 1974.** A new look at the statistical model identification. IEEE Transactions on Automatic Control 19: 716–723.
- Alors D, Lumbsch HT, Divakar PK, Leavitt SD, Crespo A. 2016.** An integrative approach for understanding diversity in the *Punctelia rudecta* species complex (*Parmeliaceae*, Ascomycota). PLoS One 11(2): e0146537.
- Baptista LRM. 1996.** Gustaf Malme e a Flora do Rio Grande do Sul. Ciência & Ambiente 13: 99–104.
- Benatti MN. 2005.** Os gêneros *Canomaculina*, *Parmotrema* e *Rimelia* (*Parmeliaceae*, Ascomycetes) no litoral centro-sul do Estado de São Paulo. Dissertação de mestrado, Instituto de Botânica da Secretaria de Estado do Meio Ambiente, São Paulo.
- Benatti MN, Marcelli MP. 2008.** Espécies de *Parmotrema* (*Parmeliaceae*, Ascomycetes liquenizados) com máculas reticulares do litoral centro-sul do Estado de São Paulo, Brasil. Hoehnea 35(1): 75-90.
- Benatti MN, Marcelli MP. 2009a.** Espécies de *Parmotrema* (*Parmeliaceae*, Ascomycetes liquenizados) com medula pigmentada do litoral centro-sul do Estado de São Paulo. Hoehnea 36(4): 597-612.
- Benatti MN, Marcelli MP. 2009b.** Espécies de *Parmotrema* (*Parmeliaceae*, Ascomycota) do litoral centro-sul do Estado de São Paulo, Brasil. I. Grupos químicos girofórico e lecanórico. Acta Botanica Brasilica 23(4): 1013-1026.
- Benatti MN, Marcelli MP, Elix JA. 2010.** Two new species of the *Parmotrema subrugatum* group from the coast of São Paulo State, southeastern Brazil. Mycotaxon 112(1): 377-388.
- Benatti MN. 2012.** A worldwide key for the genus *Parmelinopsis* Elix & Hale (*Parmeliaceae*; Lichenized Ascomycetes). Opuscula Philolichenum 11: 304-312.
- Benatti MN. 2014a.** An update on the genus *Parmelinella* Elix & Hale (*Parmeliaceae*, lichenized ascomycetes). Mycosphere 5 (6): 770–789.

- Benatti MN. 2014b.** A review of the genus *Bulbothrix* Hale: the isidiate, lacinulate, soreciate and pustulate species with medullary gyrophoric, lecanoric and lobaric acids, together with a world key for the genus. *Opuscula Philolichenum* 13: 122-154.
- Benatti MN, Käffer MI, Martins SM, Bittencourt A. 2015.** *Bulbothrix bulbillosa*, a presumed Galapagos endemic, is common in Rio Grande do Sul State, Brazil (*Parmeliaceae*, lichenized Ascomycota). *Cryptogamie Mycologie* 36(1): 109-114.
- Benatti MN, Martins SA, Vos C, Holt E. 2017.** *Canoparmelia pustulifera*, a new species of *Parmeliaceae* containing perlatolic acid from Southern Brazil. *Iheringia. Série Botânica* 72(2): 283-286.
- Blanco O, Crespo A, Divakar PK, Elix JA, Lumbsch HT. 2005.** Molecular phylogeny of parmotremoid lichens (Ascomycota, *Parmeliaceae*). *Mycologia* 97(1): 150-159.
- Blanco O, Crespo A, Elix JA, Hawksworth DL, Lumbsch TH. 2004.** A molecular phylogeny and a new classification of parmelioid lichens containing *Xanthoparmelia*-type lichenan (Ascomycota: Lecanorales). *Taxon* 53(4): 959-975.
- Bungartz F, Benatti MN, Spielmann AA. 2013.** The genus *Bulbothrix* (*Parmeliaceae*, Lecanoromycetes) in the Galapagos Islands: a case study of superficially similar, but overlooked macrolichens. *The Bryologist* 358-372.
- Cáceres MES. 2007.** Corticolous crustose and microfoliose lichens of northeastern Brazil. *Libri Botanic*, v. 22, p. 158.
- Cáceres MES, Lücking R, Rambold G. 2008.** Corticolous microlichens in northeastern Brazil: habitat differentiation between coastal Mata Atlântica, Caatinga and Brejos de Altitude. *The Bryologist* 98-117.
- Canêz LS. 2005.** A família *Parmeliaceae* na localidade de Fazenda da Estrela, município de Vacaria, Rio Grande do Sul, Brasil. 303p. Dissertação de Mestrado, Instituto de Botânica da Secretaria de Estado do MeioAmbiente, São Paulo.
- Canêz LS, Marcelli MP. 2007.** Two new species of *Punctelia* (*Parmeliaceae*) from southern Brazil. *Mycotaxon* 99: 211-216.
- Canêz LS, Marcelli MP, Elix JA. 2009.** New Brazilian species of *Canoparmelia* with medullary olivetoric, anziaic, and sekikaic complexes. *Mycotaxon* 110(1): 465-472.
- Canêz LS. 2009.** Estudos taxonômicos em *Punctelia* (*Parmeliaceae*, Ascomycetes Liquenizados). Tese de doutorado, Instituto de Botânica da Secretaria do Meio Ambiente, São Paulo.
- Canêz LS, Marcelli MP. 2010.** The *Punctelia* microsticta-group (*Parmeliaceae*). *The Bryologist* 13(4): 728-738.
- Castresana J. 2000.** Selection of conserved blocks from multiple alignments for their use in phylogenetic analysis. *Molecular biology and evolution* 17(4): 540-552.

CONAMA. 2002. Conselho Nacional do Meio Ambiente. Resolução nº 303 de 20 de março de 2002, Publicada no DOU no 90, de 13 de maio de 2002, Seção 1, p.68.

Crespo A, Cubero OF. 1998. A molecular approach to the circumscription and evaluation of some genera segregated from *Parmelia* s. lat. *The Lichenologist* 30(4-5): 369-380.

Crespo A, Divakar PK, Hawksworth DL. 2011. Generic concepts in parmelioid lichens, and the phylogenetic value of characters used in their circumscription. *The Lichenologist* 43(6):511-535.

Crespo A, et al. 2010. Phylogenetic generic classification of parmelioid lichens (*Parmeliaceae*, Ascomycota) based on molecular, morphological and chemical evidence. *Taxon* 59(6): 1735-1753.

Crespo A, Lumbsch HT. 2010. Cryptic species in lichen-forming fungi. *IMA fungus* 1(2): 167-170.

Crespo A, Pérez-Ortega S. 2009. Cryptic species and species pairs in lichens: a discussion on the relationship between molecular phylogenies and morphological characters. *Anales del Jardín Botánico de Madrid* 66S1: 71-81.

Dal-Forno M, Eliasaro S. 2009. Four new species of *Graphis* (Ostropales: *Graphidaceae*) from Brazil. *The Lichenologist* 42: 77-81

Darriba D, Taboada GL, Doallo R, Posada D. 2012. JModelTest 2: more models, new heuristics and parallel computing. *Nature methods* 9(8): 772.

David F, Elix JA, Samsudin MWB. 1990. Two new aliphatic acids from the lichen *Parmotrema praesorediosum*. *Australian Journal of Chemistry* 43(7): 1297-1300.

De Queiroz K. 2007. Species concepts and species delimitation. *Systematic biology* 56(6): 879-886.

Delaney PJV. 1962. Fisiografia e Geologia de Superfície da Planície Costeira do Rio Grande do Sul. Tese do Doutorado, Universidade de São Paulo, São Paulo.

Del-Prado R, Cubas P, Lumbsch HT, Divakar PK, Blanco O, De Paz GA, Molina MC, Crespo A. 2010. Genetic distances within and among species in monophyletic lineages of *Parmeliaceae* (Ascomycota) as a tool for taxon delimitation. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 56(1): 125-133.

Divakar PK, Del-Prado R, Lumbsch HT, Wedin M, Esslinger TL, Leavitt SD, Crespo A. 2012. Diversification of the newly recognized lichen-forming fungal lineage *Montanelia* (*Parmeliaceae*, Ascomycota) and its relation to key geological and climatic events. *American Journal of Botany* 99(12): 2014-2026.

Divakar PK, Crespo A, Nunez-Zapata J, Flakus A, Sipman HJ, Elix JA, Lumbsch HT. 2013. A molecular perspective on generic concepts in the *Hypotrachyna* clade (*Parmeliaceae*, Ascomycota). *Phytotaxa* 132(1): 21-38.

- Divakar PK, Crespo A, Kraichak E, Leavitt SD, Singh G, Schmitt I, Lumbsch HT. 2017.** Using a temporal phylogenetic method to harmonize family-and genus-level classification in the largest clade of lichen-forming fungi. *Fungal Diversity* 84(1): 101-117.
- Eliasaro S, Adler MT. 2000.** The species of *Canomaculina*, *Myelochroa*, *Parmelinella*, and *Parmelinopsis* (*Parmeliaceae*, lichenized Ascomycotina) from the Segundo Planalto in the state of Paraná, Brazil. *Acta botanica brasílica* 14: 141-149.
- Eliasaro S. 2001.** Estudio taxonomico y florístico sobre las *Parmeliaceae* sensu stricto (Ascomycota Liqueñizados) del Segundo Planalto del Estado de Paraná, Brasil. Buenos Aires. Tese de doutorado, Universidad de Buenos Aires, Buenos Aires.
- Eliasaro S, Donha C. 2003.** The genera *Canomaculina* and *Parmotrema* (*Parmeliaceae*, Lichenized Ascomycota) in Curitiba, Paraná State, Brazil. *Revista Brasileira de Botânica* 26: 239-247.
- Eliasaro S, Cruz LM, Iacomini M, Pedrosa Oliveira F, Cordeiro MCL. 2010.** Phylogenetic relationship of *Parmelia lindmanii* (*Parmeliaceae*) inferred by analysis of its nuITS rDNA sequence. *The Lichenologist* 42(4): 423-428.
- Elix JA, Johnston J, Verdon D. 1986.** *Canoparmelia*, *Paraparmelia* and *Relicinopsis*, three new genera in the *Parmeliaceae* (lichenized Ascomycotina). *Mycotaxon* 27: 271-282.
- Elix JA, Hale ME. 1987.** *Canomaculina*, *Myelochroa*, *Parmelinella*, *Parmelinopsis* and *Parmotremopsis*, five new genera in the *Parmeliaceae* (Lichenized Ascomycotina). *Mycotaxon* 29:233-244.
- Elix JA, Johnston J. 1988.** New species in the Lichen family *Parmeliaceae* (Ascomycotina) from the Southern Hemisphere. *Mycotaxon* 31: 491-510.
- Elix JA, Johnston J. 1988.** Further new species of *Relicina* and *Xanthoparmelia* (lichenized Ascomycotina) from the Southern Hemisphere. *Mycotaxon* 33: 353-364.
- Elix JA. 1993.** New species in the lichen family *Parmeliaceae* (Ascomycotina) from Australia. *Mycotaxon* 40(7): 101-129;
- Elix JA. 1993.** Progress in the generic delimitation of *Parmelia sensu lato* (Lichens, Ascomycotina: *Parmeliaceae*) and a synoptic key to the *Parmeliaceae*. *The Bryologist* 96:359-383.
- Elix JA. 1994a.** *Bulbothrix*. *Flora of Australia* 55: 13-19.
- Elix JA. 1994b.** *Canoparmelia*. *Flora of Australia* 55: 21-31
- Elix JA. 1999.** New species of *Xanthoparmelia* (lichenized Ascomycotina, *Parmeliaceae*) from South Africa. *Mycotaxon* 73: 51-61.
- Eschweiler F G. 1824.** *Systema lichenum, genera exhibens rite distincta, pluribus novis.* *Adaucta*:19.

- Estrabou C, Adler MT. 1998.** Two new species of *Parmotrema* (*Parmeliaceae* sensu stricto, lichenized Ascomycotina) from Argentina. *Mycotaxon* 66: 131-136.
- Ferencova Z, Cubas P, Divakar PK, Molina MC, Crespo A. 2014.** *Notoparmelia*, a new genus of *Parmeliaceae* (Ascomycota) based on overlooked reproductive anatomical features, phylogeny and distribution pattern. *The Lichenologist* 46(1): 51-67.
- Fujita MK, Leaché AD, Burbrink FT, McGuire JA, Moritz C. 2012.** Coalescent-based species delimitation in an integrative taxonomy. *Trends in ecology & evolution* 27(9): 480-488.
- Fleig M. 1985.** Estudo preliminar da família *Parmeliaceae* (Líquens) no Rio Grande do Sul, Brasil. *Comunicações do Museu de Ciências da PUC/RS, série Botânica* 35: 79-91.
- Fleig M. 1988.** Líquens da Estação Ecológica do Taim, Rio Grande, RS, Brasil. *Napaea* 6: 9-16.
- Fleig M. 1997.** Os gêneros *Parmotrema*, *Rimelia* e *Rimeliella* (Líchenes Ascomycotina, *Parmeliaceae*) no Rio Grande do Sul, Brasil. São Paulo, 250p. Tese doutorado, Universidade de São Paulo, São Paulo.
- Fleig M. 1999.** New species in the lichen genus *Parmotrema* (*Parmeliaceae* Ascomycotina) from southern Brazil. *Mycotaxon* 71: 199-206.
- Galloway DJ. 1985.** Flora of New Zealand, Lichens. Government Printer: Wellington. 662p
- Gumboski E, Eliasaro S. 2012.** Espécies de *Cladonia* P. Browne (*Cladoniaceae*, Ascomycota) do Supergrupo *Cladonia* em restingas e costões rochosos dos Estados do Paraná e de Santa Catarina, Brasil. *Hoehnea* 39(2): 315-337.
- Hale ME. 1959.** New or interesting Parmelias from North and Tropical America. *The Bryologist* 62: 123-132.
- Hale ME. 1960.** A revision of the South American species of *Parmelia* determined by Lynge. *Contributions from the United States National Herbarium* 36: 1-41.
- Hale ME. 1965.** A monograph of *Parmelia* subgenus *Amphigymnia*. *Contributions from the United States National Herbarium* 36: 193-358.
- Hale ME. 1971.** Morden-Smithsonian expedition to Dominica: the lichens (*Parmeliaceae*). *Smithsonian Contributions to Botany*, nº4, 27p.
- Hale ME. 1974.** *Bulbothrix*, *Parmelina*, *Relicina*, and *Xanthoparmelia*, four new genus in the *Parmeliaceae*. *Phytologia* 28 (5): 479-490.
- Hale ME. 1975a.** A revision of the lichen genus *Hypotrachyna* (*Parmeliaceae*) in Tropical America. *Smithsonian Contributions to Botany* 25: 1-73.
- Hale ME. 1975b.** A monograph of the lichen genus *Relicina* (*Parmeliaceae*). *Smithsonian Contributions to Botany* 26: 1-32.

- Hale M.E. 1976a.** A monograph of the lichen genus *Bulbothrix* Hale (*Parmeliaceae*). Smithsonian Contributions to Botany, n 32, p. 33.
- Hale ME. 1976b.** A monograph of the lichen genus *Pseudoparmelia* Lynge (*Parmeliaceae*). Smithsonian Contributions to Botany 31: 1-62.
- Hale ME. 1976c.** A monograph of the lichen genus *Parmelina* Hale (*Parmeliaceae*). Smithsonian Contributions to Botany 33: 1-60.
- Hale ME. 1986.** *Flavoparmelia*, a new genus in the lichen family *Parmeliaceae* (Ascomycotina). Mycotaxon 25: 603-605.
- Hale ME. 1990.** A Synopsis of the Lichen Genus *Xanthoparmelia* (Vainio) Hale (Ascomycotina, *Parmeliaceae*). Smithsonian Contributions to Botany 74: 1-250.
- Harris DJ. 2003.** Can you bank on GenBank?. Trends in ecology & evolution 18(7): 317-319.
- Hawksworth DL. 2004.** Rediscovery of the original material of Osbeck's Lichen chinensis and the re-establishment of the name *Parmotrema perlatum*. Herzogia 17:37-44.
- Hawksworth DL. 2011.** *Parmotrema* subgen. *Crespoa* subgen. nov. for the *Canoparmelia crozalsiana* clade. The Lichenologist 43(6): 647-648.
- Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL, Waard JR. 2003.** Biological identifications through DNA barcodes. The Royal Society 270: 313-321.
- Hebert PDN, Gregory TR. 2005.** The promise of DNA *barcoding* for taxonomy. Systematic biology 54(5): 852-859.
- Huelsenbeck JP, Ronquist F. 2001.** MRBAYES: Bayesian inference of phylogenetic trees. Bioinformatics 17(8): 754-755.
- Jungbluth P, Marcelli MP, Elix JA. 2008.** Five new species of *Bulbothrix* (*Parmeliaceae*) from cerrado vegetation in São Paulo State, Brazil. Mycotaxon, 104: 51-64.
- Jungbluth P. 2006.** A família *Parmeliaceae* (Fungos Liquenizados) em Cerrados do estado de São Paulo. Dissertação de Mestrado, Instituto de Botânica da Secretaria de Estado do Meio Ambiente, São Paulo.
- Katoh K, Misawa K, Kuma KI, Miyata T. 2002.** MAFFT: a novel method for rapid multiple sequence alignment based on fast Fourier transform. Nucleic acids research 30(14): 3059-3066.
- Kearse M, Moir R, Wilson A, Stones-Havas S, Cheung M, Sturrock S, Buxton S, Cooper A, Markowitz S, Duran C, Thierer T, Ashton B, Meintjes P, Drummond A. 2012.** Geneious Basic: an integrated and extendable desktop software platform for the organization and analysis of sequence data. Bioinformatics 28(12): 1647-1649.

- Kelly LJ, Hollingsworth PM, Coppins BJ, Ellis CJ, Harrold P, Tosh J. 2011.** DNA *Barcoding* of lichenized fungi demonstrates high identification success in a floristic context. *New Phytologist* 191: 288–300.
- Kirika PM, Divakar PK, Crespo A, Leavitt SD, Mugambi G, Gatheri GW, Lumbsch HT. 2016.** Polyphyly of the genus *Canoparmelia*—uncovering incongruences between phenotype-based classification and molecular phylogeny within lichenized Ascomycota (*Parmeliaceae*). *Phytotaxa* 289(1): 36-48.
- Kirika PM, Divakar PK, Leavitt SD, Buaruang K, Crespo A, Mugambi Gatheri GW, Lumbsch HT. 2017.** The genus *Relicinopsis* is nested within *Relicina* (*Parmeliaceae*, Ascomycota). *The Lichenologist* 49(3): 189-197.
- Kurokawa S. 1991a.** Japanese Species and Genera of the *Parmeliaceae*. *The Journal of Japanese Botany* 66: 152-159.
- Kurokawa S. 1991b.** *Rimeliella*, a new lichen genus related to *Rimelia* of the *Parmeliaceae*. *Annals of the Tsukuba Botanical Garden* 10: 1-14.
- Leavitt SD, Esslinger TL, Hansen ES, Divakar PK, Crespo A, Loomis BF, Lumbsch HT. 2014.** DNA *barcoding* of brown *Parmeliae* (*Parmeliaceae*) species: a molecular approach for accurate specimen identification, emphasizing species in Greenland. *Organisms Diversity & Evolution* 14(1): 11-20.
- Leavitt SD, Moreau CS, Lumbsch HT. 2015a.** The dynamic discipline of species delimitation: progress toward effectively recognizing species boundaries in natural populations. In *Recent advances in lichenology*. Springer, New Delhi, 11-44 pp.
- Leavitt SD, Divakar PK, Ohmura Y, Wang LS, Esslinger TL, Lumbsch HT. 2015b.** Who's getting around? Assessing species diversity and phylogeography in the widely distributed lichen-forming fungal genus *Montanelia* (*Parmeliaceae*, Ascomycota). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 90: 85-96.
- Leavitt SD, Esslinger TL, Divakar PK, Crespo A, Lumbsch HT. 2016.** Hidden diversity before our eyes: Delimiting and describing cryptic lichen-forming fungal species in camouflage lichens (*Parmeliaceae*, Ascomycota). *Fungal Biology* 120(11): 1374-1391.
- Leavitt SD, Kirika PM, Amo de Paz G, Huang JP, Hur JS, Elix JA, Grewe F, Divakar PK & Lumbsch HT. 2018.** Assessing phylogeny and historical biogeography of the largest genus of lichen-forming fungi, *Xanthoparmelia* (*Parmeliaceae*, Ascomycota). *The Lichenologist* 50(3): 299-312.
- Lendemer JC, Hodkinson BP. 2012.** Recognition of the *Parmelia crozalsiana* group as the genus *Crespoa*. *North American Fungi* 7: 1-5.
- Lima EL, Lücking R, Cáceres MES. 2016.** Three new species of *Graphidaceae* (Ostropales, Ascomycota) from Atlantic Forest in Northeast Brazil. *Phytotaxa* 278: 163-170.

- Louwhoff SHJJ, Elix JA. 1999.** *Parmotrema* and allied genera in Papua New Guinea. *Bibliotheca Lichenologica* 73:1-152.
- Lücking R, Hodkinson BP, Leavitt SD. 2017.** The 2016 classification of lichenized fungi in the Ascomycota and Basidiomycota—Approaching one thousand genera. *The Bryologist* 119(4): 361-416.
- Lutzoni FM. 1997.** Phylogeny of lichen- and non-lichen-forming omphalinoid mushrooms and the utility of testing for combinability among multiple data sets. *Systematic Biology* 46(3): 373-406.
- Luyken JA. 1809.** Tentamen Historiae Lichenum in genere, cui accedunt primae lineae distributionis novae. Göttingae. p. 1-102.
- Lynge B. 1914.** Die Flechten der ersten Regnellschen Expedition. Die Gattungen *Pseudoparmelia* gen. nov. und *Parmelia* Ach. - *Arkiv för Botanik* Ark. Bot. 13: 1-172.
- Marcelli MP. 1993.** Pequenas *Parmelia* s.l. (liquens: ascomycotina) ciliadas dos Cerrados brasileiros. *Acta Botanica Brasilica* 7(2): 25-70.
- Marcelli MP, Benatti MN. 2011.** Espécies de *Parmotrema* (*Parmeliaceae*, Ascomycota) do litoral centro-sul do Estado de São Paulo V. Grupo químico alectorônico. *Revista Brasileira de Botânica* 34: 261-283.
- Marcelli MP, Jungbluth P, Benatti MN, Spielmann AA, Canêz LS, Cunha IPR, Martins MFN. 2007.** Some new species and combinations of Brazilian lichenized fungi. *Bibliotheca lichenologica* 96: 209-227.
- Marcelli MP, Jungbluth P, Elix JA. 2009.** Four new species of *Punctelia* from São Paulo State, Brazil. *Mycotaxon* 109(1): 49-61.
- Marcelli MP, Ribeiro CH. 2002.** Twenty-one new species of *Parmeliaceae* (lichenized fungi) from southeastern Brazil. *Mitteilungen aus dem Institut für Allgemeine Botanik Hamburg* 30-32: 125-155.
- Marcelli MP. 1990.** Liquens das Restingas e Manguezais da Ilha do Cardoso. I. In *Anais do II Simpósio de Ecossistemas da Costa Sul e Sudoeste Brasileira: Estrutura, Função e Manejo*. Aciesp, São Paulo, V. 3, p. 382 – 392.
- Marcelli MP. 1998.** Diversidade dos fungos liquenizados no Estado de São Paulo: um diagnóstico. In *Biodiversidade do Estado de São Paulo, Brasil: síntese do conhecimento ao final do século XX* (CEM Bicudo, Shepherd GJ, eds.). São Paulo, p. 25-35.
- Marcuzzo S, Pagel S, Chiappetti MIS. 1998.** A reserva da biosfera da Mata Atlântica no Rio Grande do Sul: Situação atual, ações e perspectivas. In *Série Estado e Regiões da RBMA* (JPO Costa, CF Lino, JL Albuquerque eds.). Cetesb, São Paulo, p. 7-55.
- Martins SMA, Marcelli MP. 2011.** Specific distribution of lichens on *Dodonaea viscosa* L. in the resting area of Itapuã State Park in Southern Brazil. *Hoehnea* 38: 397-411.

- Meyer CP, Paulay G. 2005.** DNA *barcoding*: error rates based on comprehensive sampling. PLOS Biology 3(12): 2229-2238.
- Miadlikowska J, Lutzoni F. 2000.** Phylogenetic revision of the genus *Peltigera* (lichen-forming Ascomycota) based on morphological, chemical, and large subunit nuclear ribosomal DNA data. International Journal of Plant Sciences 161(6):925-958.
- Michlig A, Benatti MN. 2015.** Revision of the genus *Bulbothrix* (*Parmeliaceae*, lichenized Ascomycota) in NE Argentina, with a key to the species. Cryptogamie Mycologie 36(2): 177-192.
- Michlig A. 2014.** *Canoparmelia* y *Crespoa* (*Parmeliaceae*, Ascomycota) en el nordeste de Argentina: *Canoparmelia caroliniana* y *C. cryptochlorophaea* nuevas citas para Argentina. Boletín de la Sociedad Argentina de Botánica 49(2): 161-172.
- Moon KH, Kurokawa S, Kashiwadani H. 2001.** The genus *Rimelia* (Lichens) from Hawaiian Island. The Journal of Japanese Botany 76: 321-328.
- Motyka J. 1936.** Lichenum generis *Usnea* studium monographicum. Pars systematica. Leopoli. Editio et proprietates auctoris, v. 1, p. 304.
- Muylaert RL, Vancine MH, Bernardo R, Oshima JEF, Sobral-Souza T, Tonetti VR, Niebuhr BB, Ribeiro MC. 2018.** Uma nota sobre os limites territoriais da Mata Atlântica. Oecologia Australis 22(3): 302-311.
- Nash III TH, Elix JA. 2002a.** *Canoparmelia*. In: Lichen Flora of the greater Sonoran Desert Region (Nash III, T.H., Ryan, B.D., Gries, C. & Bungartz, F. eds.). V. 1, p. 122-125.
- Nash III TH, Elix JA. 2002b.** *Flavoparmelia*. In: Lichen Flora of the greater Sonoran Desert Region (Nash III, T.H., Ryan, B.D., Gries, C. & Bungartz, F. eds.). V.1, p. 194-196.
- Nash III TH, Gries C, Elix JA. 1995.** A revision of the lichen genus *Xanthoparmelia* in South America. Bibliotheca Lichenologica 56: 1-157.
- Nilsson RH, Kristiansson E, Ryberg M, Hallenberg N, Larsson KH. 2008.** Intraspecific ITS variability in the kingdom fungi as expressed in the international sequence databases and ITS implications for molecular species identification. Evolutionary Bioinformatics 4 193-201.
- Nilsson RH, Ryberg M, Kristiansson E, Abarenkov K, Larsson K-H, Kõljalg U. 2006.** Taxonomic Reliability of DNA Sequences in Public Sequence Databases: A Fungal Perspective. PLoS ONE 1(1): e59.
- Nimer E. 1989.** Climatologia do Brasil. IBGE, Rio de Janeiro, p. 421.
- Orange A, James PW, White FJ. 2001.** Microchemical methods for the identification of lichens. British Lichen Society, p.101.
- Orange A, James PW, White FJ. 2010.** Microchemical methods for the identification of lichens. British Lichen Society, v2, p.102.

- Orock EA, Leavitt SD, Fonge BA, Clair LLS, Lumbsch HT. 2012.** DNA-based identification of lichen-forming fungi: can publicly available sequence databases aid in lichen diversity inventories of Mount Cameroon (West Africa)?. *The Lichenologist* 44(6): 833-839.
- Osorio HS, Aguiar LW, Zanette VC. 1980.** Contribution to the Lichen Flora of Brazil VII. Lichens from Montenegro and Triunfo, Rio Grande do Sul State. *Comunicaciones Botánicas del Museo de Historia Natural de Montevideo*, nº 62 vol.
- Pino-Bodas R, Burgaz AR, Martín MP, Lumbsch HT. 2011.** Phenotypical plasticity and homoplasmy complicate species delimitation in the *Cladonia gracilis* group (*Cladoniaceae*, Ascomycota). *Organisms Diversity & Evolution* 11(5): 343-355.
- Pizarro D, Divakar PK, Grewe F, Leavitt SD, Huang JP, Dal Grande F, Lumbsch HT. 2018.** Phylogenomic analysis of 2556 single-copy protein-coding genes resolves most evolutionary relationships for the major clades in the most diverse group of lichen-forming fungi. *Fungal Diversity* 92(1):31-41.
- Puillandre N, Lambert A, Brouillet S, Achaz G. 2012.** ABGD, Automatic Barcode Gap Discovery for primary species delimitation. *Molecular ecology* 21(8): 1864-1877.
- Rambaut A, Drummond AJ, Xie D, Baele G, Suchard MA. 2018.** Posterior summarisation in Bayesian phylogenetics using Tracer 1.7. *Syst. Biol.* 67(5):901-904.
- Rambo B. 1954.** A Fisionomia do Rio Grande do Sul: ensaio de monografia natura. 3th ed., Unisinos, São Paulo.
- Sérusiaux E, Goffinet B, Miadlikowska J, Vitikainen O. 2009.** Taxonomy, phylogeny and biogeography of the lichen genus *Peltigera* in Papua New Guinea. *Fungal Diversity* 38:185-224.
- Schoch CL, Seifert KA, Huhndorf S, Robert V, Spouge JL, Levesque CA, Chen W, Fungal *Barcoding* Consortium. 2012.** Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. *PNAS* 109: 6241–6246.
- Sipman H, Van Aubel RJMT. 1992.** New *Parmeliaceae* (Lichenes) from the Guianas and surroundings. *Mycotaxon* 44(1):1-12.
- Sipman HJ, Elix JA, Nash III TH. 2005.** *Hypotrachyna* (*Parmeliaceae*, lichenized fungi). In: *Flora Neotropical Monograph XX*. The Organization for Flora Neotropica, The New York Botanical Garden, New York, p. 1-176.
- Spielmann AA, Marcelli MP. 2008.** *Parmeliaceae* (Ascomycota liquenizados) nos barrancos e peraus da encosta da Serra Geral, Vale do Rio Pardo, Rio Grande do Sul, Brasil. II. Gêneros *Canoparmelia*, *Hypotrachyna*, *Myelochroa*, *Parmelinopsis* e *Relicina*. *Iheringia. Série Botânica*. 63(1): 159-169.
- Spielmann AA, Marcelli MP. 2009.** *Parmotrema* s.l. (*Parmeliaceae*, lichenized Ascomycota) from Serra Geral slopes in central Rio Grande do Sul State, Brazil. *Hoehnea* 36: 551-595.

- Spielmann AA. 2009.** Estudos taxonômicos em *Parmotrema* s.l. (*Parmeliaceae*, Ascomycota liquenizados) com ácido salazínico. Tese de doutorado, Instituto de Botânica da Secretaria de Estado do Meio Ambiente, São Paulo.
- Spribille T, Tuovinen V, Resl P, Vanderpool D, Wolinski H, Aime MC, Schneider K, Stabentheiner E, Toome-Heller M, Thor G, Mayrhofer H, Johannesson H, McCutcheon JP. 2016.** Basidiomycete yeasts in the cortex of ascomycete macrolichens. *Science* 353(6298): 488-492.
- Stamatakis A. 2006.** RAxML-VI-HPC: maximum likelihood-based phylogenetic analyses with thousands of taxa and mixed models. *Bioinformatics* 22: 2688–2690.
- Stamatakis A, Hoover P, Rougemont J. 2008.** A rapid bootstrap algorithm for the RAxML Web Servers. *Systematic Biology* 57: 758–771.
- Stamatakis A. 2014.** RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies. *Bioinformatics* 30(9): 1312-1313.
- Swinscow TDV, Krog H. 1988.** Macrolichens of East Africa. British Museum (Natural History), London, 390 p.
- Swofford DL. 2002.** PAUP*. Phylogenetic Analysis Using Parsimony (*and Other Methods) Version 4. Sinauer Associates, Massachusetts.
- Talavera G, Castresana J. 2007.** Improvement of phylogenies after removing divergent and ambiguously aligned blocks from protein sequence alignments. *Systematic biology* 56(4): 564-577.
- Thell A, Crespo A, Divakar PK, Kärnefelt I, Leavitt SD, Lumbsch HT, Seaward MR. 2012.** A review of the lichen family *Parmeliaceae*—history, phylogeny and current taxonomy. *Nordic Journal of Botany* 30(6):641-664.
- Tomazelli LJ, Dillenburg SR, Villwock JA. 2000.** Late Quaternary Geological History of Rio Grande do Sul Coastal Plain, Southern Brazil. *Revista Brasileira de Geociências* 30: 474-476.
- Vainio EA. 1890.** Étude sur la classification naturelle et la morphologie des Lichens du Brésil. Pars prima. *Acta Societatis pro Fauna et Flora Fennica* 7 (1): 1-247.
- Villwock JA, Tomazelli L.J. 2007.** Planície Costeira do Rio Grande do Sul: gênese e paisagem atual. Regiões da Lagoa do Casamento e dos Butiazais de Tapes, Planície Costeira do Rio Grande do Sul. Brasília. Ministério do Meio Ambiente, p. 20-33.
- Villwock JA, Tomazelli LJ. 1995.** Geologia costeira do Rio Grande do Sul. In *Notas técnicas* (BA Dehnhardt, CE Barros, FA Bachi, NLS Gruber eds.). CECO, Porto Alegre, v.8, p.19-38.
- Waechter JL. 1985.** Aspectos ecológicos da vegetação de restinga no Rio Grande do Sul, Brasil. *Iheringia Série Botânica* 33: 49-68.

Weschenfelder J, Corrêa ICS, Aliotta S, Baitelli R. 2010. Paleo channels related to late quaternary sea-level changes in southern Brazil. *Brazilian Journal of Oceanography* 58:35-44.

White TJ, Bruns TD, Lee S, Taylor J. 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. In *PCR Protocols - A Guide to Methods and Applications* (Innis MA, Gelfand DH, Sninsky JJ, White TW, eds.). San Diego, CA, USA: Academic Press, Inc., p. 315-322.

Wilson JJ. 2011. Taxonomy and DNA sequence databases: A perfect match?. *Terrestrial Arthropod Reviews*, 4(3), 221-236.

Materiais Suplementares

Tabela S1. Informações sobre as sequências ITS produzidas no estudo.

Tabela S2. Modelo da planilha utilizada para montar o banco de dados das sequências referências oriundas do GenBank

Tabela S3. Informações sobre as sequências referências do GenBank.

Tabela S1. Informações sobre os espécimes de restingas do extremo sul do Brasil que foram geradas sequências ITS nesse estudo. Na coluna localidade estão descritos o município e a localidade de cada espécime.

Espécie	Localidade	Coordenadas Geográficas	Coletor	Nº GenBank
<i>Bulbothrix bulbilosa</i>	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'40,8"S 52°34'58,1"W	A.S. Rodrigues	257
<i>Bulbothrix bulbilosa</i>	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'40,6"S 52°34'57,3"W	A.S. Rodrigues	233
<i>Bulbothrix</i> sp.1	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'39,4"S 52°34'58,4"W	A.S. Rodrigues	474
<i>Bulbothrix</i> sp.1	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'39,4"S 52°34'58,4"W	A.S. Rodrigues	475
<i>Bulbothrix</i> sp.2	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'39,4"S 52°34'58,4"W	A.S. Rodrigues	493
<i>Bulbothrix ventricosa</i>	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'39,4"S 52°34'58,4"W	A.S. Rodrigues	487
<i>Bulbothrix ventricosa</i>	Rio Grande: Capão Seco	31°51'25,8"S 52°16,3'3,9"W	A.S. Rodrigues	521
<i>Canoparmelia caroliniana</i>	Rio Grande: Estação Ecológica do Taim	32°33'11,5"S 52°30'21,4"W	A.S. Rodrigues	581
<i>Canoparmelia caroliniana</i>	Chuí: Praia Barra do Chuí	33°44'19,2"S 53°22'9,8"W	A.S. Rodrigues	625
<i>Canoparmelia globosa</i>	Rio Grande: Capão Seco	31°51'25,4"S 52°16'15,9"W	A.S. Rodrigues	519
<i>Canoparmelia texana</i>	Rio Grande: Capão Seco	31°51'25,4"S 52°16'15,9"W	A.S. Rodrigues	559
<i>Canoparmelia texana</i>	Rio Grande: Capão Seco	31°51'21,5"S 52°16,3'12,3"W	A.S. Rodrigues	561
<i>Canoparmelia texana</i>	Chuí: Praia Barra do Chuí	33°44'19,2"S 53°22'9,8"W	A.S. Rodrigues	627

Continuação da Tabela S1.

Espécie	Localidade	Coordenadas Geográficas	Coletor	Nº GenBank
<i>Flavoparmelia exornata</i>	Pelotas: Dunas Las Acácias	31°46'18,3"S 52° 15'27,9"W	A.S. Rodrigues 164	
<i>Flavoparmelia exornata</i>	Rio Grande: Capão Seco	31°51'25,8"S 52°16,3'3,9"W	A.S. Rodrigues 551	
<i>Flavoparmelia soledians</i>	Chuí: Praia Barra do Chuí	33°44'19,2"S 53°22'9,8"W	A.S. Rodrigues 634	
<i>Hypotrachyna livida</i>	Pelotas: Dunas Las Acácias	31°46'18,3"S 52° 15'27,9"W	A.S. Rodrigues 162	
<i>Hypotrachyna livida</i>	Pelotas: Dunas Las Acácias	31°46'18,3"S 52° 15'27,9"W	A.S. Rodrigues 163	
<i>Hypotrachyna minarum</i>	Rio Grande: Estação Ecológica do Taim	32°33'11,5"S 52°30'21,4"W	A.S. Rodrigues 594	
<i>Hypotrachyna minarum</i>	Rio Grande: Estação Ecológica do Taim	32°33'11,5"S 52°30'21,4"W	A.S. Rodrigues 614	
<i>Hypotrachyna spumosa</i>	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'40,6"S 52°34'57,3"W	A.S. Rodrigues 240	
<i>Hypotrachyna spumosa</i>	Rio Grande: Estação Ecológica do Taim	32°33'11,5"S 52°30'21,4"W	A.S. Rodrigues 606	
<i>Parmelinella lindmanii</i>	Pelotas: Dunas Las Acácias	31°46'18,3"S 52° 15'27,9"W	A.S. Rodrigues 287	
<i>Parmelinella lindmanii</i>	Rio Grande: Capão Seco	31°51'25,8"S 52°16,3'3,9"W	A.S. Rodrigues 518	
<i>Parmelinella salacinifera</i>	Rio Grande: Estação Ecológica do Taim	32°33'11,5"S 52°30'21,4"W	A.S. Rodrigues 604	
<i>Parmelinella salacinifera</i>	Rio Grande: Estação Ecológica do Taim	32°33'11,5"S 52°30'21,4"W	A.S. Rodrigues 619	

Continuação da Tabela S1

Espécie	Localidade	Coordenadas Geográficas	Coletor	Nº GenBank
<i>Parmotrema</i> aff. <i>clavuliferum</i>	Pelotas: Dunas Las Acácias	31°46'18,3"S 52° 15'27,9"W	A.S. Rodrigues 303	
<i>Parmotrema</i> aff. <i>clavuliferum</i>	Rio Grande: Estação Ecológica do Taim	32°33'11,5"S 52°30'21,4"W	A.S. Rodrigues 588	
<i>Parmotrema austrosinense</i>	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'42"S 52°34'57,7"W	A.S. Rodrigues 245	
<i>Parmotrema austrosinense</i>	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'40,8"S 52°34'58,1"W	A.S. Rodrigues 252	
<i>Parmotrema commensuratum</i>	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'42,6"S 52°34'56,8"W	A.S. Rodrigues 234	
<i>Parmotrema commensuratum</i>	Rio Grande: Capão Seco	31°51'25,4"S 52°16'15,9"W	A.S. Rodrigues 552	
<i>Parmotrema eciliatum</i>	Pelotas: Praia do Laranjal	31°42'44"S 52°10'28"W	A.S. Rodrigues 132	
<i>Parmotrema eciliatum</i>	Chuí: Praia Barra do Chuí	33°44'19,2"S 53°22'9,8"W	A.S. Rodrigues 651	
<i>Parmotrema eciliatum</i>	Chuí: Praia Barra do Chuí	33°44'19,2"S 53°22'9,8"W	A.S. Rodrigues 661	
<i>Parmotrema eitenii</i>	Pelotas: Dunas Las Acácias	31°46'18,3"S 52° 15'27,9"W	A.S. Rodrigues 154	
<i>Parmotrema eitenii</i>	Rio Grande: Capão Seco	31°51'21,5"S 52°16,3'12,3"W	A.S. Rodrigues 569	
<i>Parmotrema eliasaroanum</i>	Rio Grande: Capão Seco	31°51'25,4"S 52°16'15,9"W	A.S. Rodrigues 513	
<i>Parmotrema haitiense</i>	Pelotas: Dunas Las Acácias	31°46'18,3"S 52° 15'27,9"W	A.S. Rodrigues 175	
<i>Parmotrema haitiense</i>	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'42,6"S 52°34'56,8"W	A.S. Rodrigues 280	

Continuação Tabela S1.

Espécie	Localidade	Coordenadas Geográficas	Coletor	Nº GenBank
<i>Parmotrema haitiense</i>	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'39,4"S 52°34'58,4"W	A.S. Rodrigues 470	
<i>Parmotrema homotomun</i>	Pelotas: Praia do Laranjal	31°42'44"S 52°10'28"W	A.S. Rodrigues 128	
<i>Parmotrema madilynae</i>	Rio Grande: Capão Seco	31°51'25,4"S 52°16'15,9"W	A.S. Rodrigues 549	
<i>Parmotrema madilynae</i>	Rio Grande: Estação Ecológica do Taim	32°33'11,5"S 52°30'21,4"W	A.S. Rodrigues 589	
<i>Parmotrema permutatum</i>	Pelotas: Dunas Las Acácias	31°46'18,3"S 52° 15'27,9"W	A.S. Rodrigues 141	
<i>Parmotrema permutatum</i>	Rio Grande: Estação Ecológica do Taim	32°33'11,5"S 52°30'21,4"W	A.S. Rodrigues 598	
<i>Parmotrema pilosum</i>	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'42,6"S 52°34'56,8"W	A.S. Rodrigues 251	
<i>Parmotrema pilosum</i>	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'42,6"S 52°34'56,8"W	A.S. Rodrigues 284	
<i>Parmotrema reticulatum</i>	Rio Grande: Capão Seco	31°51'25,8"S 52°16,3'3,9"W	A.S. Rodrigues 506	
<i>Parmotrema reticulatum</i>	Chuí: Praia Barra do Chuí	33°44'19,2"S 53°22'9,8"W	A.S. Rodrigues 636	
<i>Parmotrema riograndensis</i>	Rio Grande: Capão Seco	31°51'25,8"S 52°16,3'3,9"W	A.S. Rodrigues 520	
<i>Parmotrema riograndensis</i>	Rio Grande: Capão Seco	31°51'25,8"S 52°16,3'3,9"W	A.S. Rodrigues 656	
<i>Parmotrema</i> sp.1	Rio Grande: Capão Seco	31°51'25,8"S 52°16,3'3,9"W	A.S. Rodrigues 536	
<i>Parmotrema</i> sp.2	Rio Grande: Capão Seco	33°44'19,2"S 53°22'9,8"W	A.S. Rodrigues 640	

Continuação Tabela S1.

Espécie	Localidade	Coordenadas Geográficas	Coletor	Nº GenBank
<i>Parmotrema</i> sp.3	Rio Grande: Capão Seco	31°51'21,5"S 52°16,3'12,3"W	A.S. Rodrigues 557	
<i>Parmotrema</i> sp.3	Rio Grande: Capão Seco	31°51'21,5"S 52°16,3'12,3"W	A.S. Rodrigues 571	
<i>Parmotrema</i> sp.4	Pelotas: Dunas Las Acácias	31°46'18,3"S 52° 15'27,9"W	A.S. Rodrigues 172	
<i>Parmotrema</i> sp.4	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'39,4"S 52°34'58,4"W	A.S. Rodrigues 485	
<i>Parmotrema</i> sp.5	Rio Grande: Capão Seco	31°51'21,5"S 52°16,3'12,3"W	A.S. Rodrigues 498	
<i>Parmotrema</i> sp.6	Chuí: Praia Barra do Chuí	33°44'19,2"S 53°22'9,8"W	A.S. Rodrigues 641	
<i>Parmotrema subrugatum</i>	Pelotas: Dunas Las Acácias	31°46'18,3"S 52° 15'27,9"W	A.S. Rodrigues 184	
<i>Parmotrema subrugatum</i>	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'43,8"S 52°34'56,5"W	A.S. Rodrigues 277	
<i>Parmotrema subrugatum</i>	Pelotas: Dunas Las Acácias	31°45'33"S 52°15'4,1"W	A.S. Rodrigues 297	
<i>Parmotrema subrugatum</i>	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'39,4"S 52°34'58,4"W	A.S. Rodrigues 484	
<i>Parmotrema tinctorum</i>	Pelotas: Praia do Laranjal	31°42'44"S 52°10'28"W	A.S. Rodrigues 133	
<i>Parmotrema tinctorum</i>	Pelotas: Dunas Las Acácias	31°46'18,3"S 52° 15'27,9"W	A.S. Rodrigues 149	
<i>Punctelia borrerina</i>	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'43,8"S 52°34'56,5"W	A.S. Rodrigues 276	
<i>Punctelia borrerina</i>	Rio Grande: Capão Seco	31°51'25,8"S 52°16,3'3,9"W	A.S. Rodrigues 516	

Continuação Tabela S1.

Espécie	Localidade	Coordenadas Geográficas	Coletor	Nº GenBank
<i>Punctelia riograndensis</i>	Pelotas: Dunas Las Acácias	31°46'13"S 52°15'21,8"W	A.S. Rodrigues 298	
<i>Punctelia</i> sp.1	Rio Grande: Capão Seco	31°51'25,8"S 52°16,3'3,9"W	A.S. Rodrigues 499	
<i>Punctelia</i> sp.1	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'39,4"S 52°34'58,4"W	A.S. Rodrigues 491	
<i>Punctelia</i> sp.1	Rio Grande: Estação Ecológica do Taim	32°33'11,5"S 52°30'21,4"W	A.S. Rodrigues 609	
<i>Punctelia</i> sp.1	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'40,8"S 52°34'58,1"W	A.S. Rodrigues 271	
<i>Punctelia</i> sp.2	Rio Grande: Capão Seco	31°51'25,4"S 52°16'15,9"W	A.S. Rodrigues 554	
<i>Punctelia</i> sp.2	Pelotas: Dunas Las Acácias	31°46'18,3"S 52° 15'27,9"W	A.S. Rodrigues 134	
<i>Punctelia</i> sp.3	Rio Grande: Capão Seco	31°51'25,4"S 52°16'15,9"W	A.S. Rodrigues 565	
<i>Punctelia</i> sp.3	Rio Grande: Capão Seco	31°51'21,5"S 52°16,3'12,3"W	A.S. Rodrigues 572	
<i>Punctelia</i> sp.4	Rio Grande: Capão Seco	31°51'25,8"S 52°16,3'3,9"W	A.S. Rodrigues 502	
<i>Punctelia</i> sp.4	Chuí: Praia Barra do Chuí	33°44'19,2"S 53°22'9,8"W	A.S. Rodrigues 629	
<i>Punctelia</i> sp.5	Rio Grande: Estação Ecológica do Taim	32°33'11,5"S 52°30'21,4"W	A.S. Rodrigues 495	
<i>Punctelia</i> sp.6	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'42,6"S 52°34'56,8"W	A.S. Rodrigues 263	
<i>Punctelia</i> sp.7	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'39,4"S 52°34'58,4"W	A.S. Rodrigues 492	
<i>Punctelia</i> sp.7	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'39,4"S 52°34'58,4"W	A.S. Rodrigues 471	

Continuação da Tabela S1.

Espécie	Localidade	Coordenadas Geográficas	Coletor	Nº GenBank
<i>Punctelia</i> sp.7	Rio Grande: Capão Seco	31°51'25,4"S 52°16'15,9"W	A.S. Rodrigues	550
<i>Punctelia</i> sp.8	Pelotas: Dunas Las Acácias	31°46'18,3"S 52° 15'27,9"W	A.S. Rodrigues	156
<i>Punctelia</i> sp.8	Rio Grande: Estação Ecológica do Taim	32°33'11,5"S 52°30'21,4"W	A.S. Rodrigues	574
<i>Relicina subastrusa</i>	Pelotas: Dunas Las Acácias	31°46'18,3"S 52° 15'27,9"W	A.S. Rodrigues	155
<i>Xanthoparmelia</i> sp.	Rio Grande: Praia da Capilha	32°30'40,8"S 52°34'58,1"W	A.S. Rodrigues	255

Tabela S2. Modelo da planilha utilizada para montar o banco de dados das sequências referências oriundas do GenBank. As planilhas foram elaboradas por gênero, enquanto cada espécie foi organizada em abas distintas.

Gênero	Epíteto	Autor	Local do tipo	Código GenBank	Voucher	Referência	pb.	Local do espécime	OBS
<i>Parmotrema</i>	<i>cetratum</i>	(Ach.) Hale	USA: Pennsylvania	KY929420	Michlig 2682	Michlig <i>et al.</i> , 2017	497	Argentina: Corrientes	
<i>Parmotrema</i>	<i>cetratum</i>	(Ach.) Hale	USA: Pennsylvania	KY929419	Michlig 2586	Michlig <i>et al.</i> , 2017	497	Argentina: Corrientes	
<i>Parmotrema</i>	<i>cetratum</i>	(Ach.) Hale	USA: Pennsylvania	AY586576	H.S. Osorio 9424	Blanco <i>et al.</i> , 2005	520	Uruguay	
<i>Parmotrema</i>	<i>cetratum</i>	(Ach.) Hale	USA: Pennsylvania	AY642847	H.S. Osorio 9425	Divakar <i>et al.</i> , 2005	520	Uruguay: Maldonado	

Tabela S3. Informações sobre as sequências referências do GenBank utilizadas no estudo.

Espécie	Local	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Bulbothrix apophysata</i> (Hale & Kurokawa) Hale	Costa Rica	492	F 16650b	DQ279481	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Bulbothrix asiatica</i> Y. Y. Zhang & Li S. Wang	China: Prov. Yunnan	593	14-44427	KM285406	Zhang <i>et al.</i> (2014)
<i>Bulbothrix asiatica</i> Y. Y. Zhang & Li S. Wang	China: Prov. Yunnan	595	14-4450	KM285405	Zhang <i>et al.</i> (2014)
<i>Bulbothrix asiatica</i> Y. Y. Zhang & Li S. Wang	China: Prov. Yunnan	606	14-44427	KM285403	Zhang <i>et al.</i> (2014)
<i>Bulbothrix asiatica</i> Y. Y. Zhang & Li S. Wang	China: Prov. Yunnan	595	14-44407	KM285402	Zhang <i>et al.</i> (2014)
<i>Bulbothrix asiatica</i> Y. Y. Zhang & Li S. Wang	Camboja: Mondul Kiri	540	12-37239	KM249891	Zhang <i>et al.</i> (2014)
<i>Bulbothrix coronata</i> (Fée) Hale	África do Sul	481	MAF 13987	DQ279482	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Bulbothrix decurtata</i> (Kurokawa) Hale	Quênia: Prov. da Costa	467	Kirika 4489	KX539182	Kirika <i>et al.</i> (2017a)
<i>Bulbothrix decurtata</i> (Kurokawa) Hale	África do Sul	457	MAF 13988	DQ279483	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Bulbothrix goebelii</i> (Zenker) Hale	África do Sul:	473	MAF 13985	DQ279484	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Bulbothrix</i> aff. <i>goebelii</i> (Zenker) Hale	Fiji	419	F:Lumbsch 19809g	GQ919261	Divakar <i>et al.</i> (2010)
<i>Bulbothrix</i> aff. <i>goebelii</i> (Zenker) Hale	Fiji	441	F:Lumbsch 19817e	GQ919260	Divakar <i>et al.</i> (2010)
<i>Bulbothrix isidiza</i> (Nylander) Hale	Quênia: Vale do Rift	473	Kirika 3214	KX539181	Kirika <i>et al.</i> (2017a)
<i>Bulbothrix isidiza</i> (Nylander) Hale	Quênia: Prov. Central.	467	Kirika 4363C	KX539180	Kirika <i>et al.</i> (2017a)
<i>Bulbothrix isidiza</i> (Nylander) Hale	Quênia: Prov. Central	473	Kirika 4364	KX539179	Kirika <i>et al.</i> (2017a)
<i>Bulbothrix isidiza</i> (Nylander) Hale	Quênia: Prov. Central	450	Kirika 4363B	KX539178	Kirika <i>et al.</i> (2017a)
<i>Bulbothrix isidiza</i> (Nylander) Hale	Quênia: Vale do Rift	458	Kirika, Mugambi & Lumbsch, 2829	KX539177	Kirika <i>et al.</i> (2017a)
<i>Bulbothrix isidiza</i> (Nylander) Hale	Quênia	479	Kirika & Lumbsch 3974	KX539176	Kirika <i>et al.</i> (2017a)
<i>Bulbothrix isidiza</i> (Nylander) Hale	Quênia	470	Kirika, Malombe & Matheka 3695	KX539175	Kirika <i>et al.</i> (2017a)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Local	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Bulbothrix isidiza</i> (Nylander) Hale	Quênia	475	Kirika & Lumbsch 4823	KX539174	Kirika <i>et al.</i> (2017a)
<i>Bulbothrix isidiza</i> (Nylander) Hale	Quênia	464	Kirika & Lumbsch 3869	KX539173	Kirika <i>et al.</i> (2017a)
<i>Bulbothrix isidiza</i> (Nylander) Hale	Índia: Siquim	455	Divakar s/n	KX341979	Kirika <i>et al.</i> (2017a)
<i>Bulbothrix isidiza</i> (Nylander) Hale	China: Prov. Yunnan	519	KUN 13-39821	KP776574	Zhang <i>et al.</i> (2016)
<i>Bulbothrix isidiza</i> (Nylander) Hale	China: Prov. Yunnan	497	KUN 12-33001	KP776573	Zhang <i>et al.</i> (2016)
<i>Bulbothrix isidiza</i> (Nylander) Hale	Madagascar	390	BR 12878	GQ919263	Divakar <i>et al.</i> (2010)
<i>Bulbothrix isidiza</i> (Nylander) Hale	República do Congo	478	MAF-Lich 15511	GQ919262	Divakar <i>et al.</i> (2010)
<i>Bulbothrix isidiza</i> (Nylander) Hale	Madagascar	390	Personal:Tino Ruibal:Damien Ertz 12878	JN943847	Schoch <i>et al.</i> (2012)
<i>Bulbothrix johannis</i> D. M. Masson, Benatti & Sérus.	Reunião	484	LG S3348	KP939265	Masson <i>et al.</i> (2015)
<i>Bulbothrix johannis</i> D. M. Masson, Benatti & Sérus.	Reunião	484	LG S3347	KP939264	Masson <i>et al.</i> (2015)
<i>Bulbothrix johannis</i> D. M. Masson, Benatti & Sérus.	Reunião	484	LG S3251	KP939263	Masson <i>et al.</i> (2015)
<i>Bulbothrix</i> aff. <i>klementii</i> Hale	Costa Rica	488	F 15170a	DQ279485	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Bulbothrix lacinia</i> Y. Y. Zhang & Li S. Wang	China: Prov. Yunnan	578	KUN 13-41296	KP780410	Zhang <i>et al.</i> (2016)
<i>Bulbothrix lacinia</i> Y. Y. Zhang & Li S. Wang	China: Prov. Yunnan	498	KUN 13-41301	KP776570	Zhang <i>et al.</i> (2016)
<i>Bulbothrix lacinia</i> Y. Y. Zhang & Li S. Wang	China: Prov. Yunnan	717	13-40794	KP776569	Zhang <i>et al.</i> (2016)
<i>Bulbothrix laevigatula</i> (Nylander) Hale	Costa Rica	425	F: Lücking 15045b	GQ919264	Divakar <i>et al.</i> (2010)
<i>Bulbothrix lyngei</i> Benatti & Marcelli	Camboja	525	12-37404	KM249892	Zhang <i>et al.</i> (2014)
<i>Bulbothrix mammillaria</i> Y. Y. Zhang & Li S. Wang	China: Prov. Yunnan	602	KUN 13-40814	KT729546	Zhang <i>et al.</i> (2016)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Local	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Bulbothrix mammillaria</i> Y. Y. Zhang & Li S. Wang	China: Prov. Yunnan	602	KUN 14-43407	KT729545	Zhang <i>et al.</i> (2016)
<i>Bulbothrix mammillaria</i> Y. Y. Zhang & Li S. Wang	China: Prov. Yunnan	538	KUN 13-41171	KP776572	Zhang <i>et al.</i> (2016)
<i>Bulbothrix mammillaria</i> Y. Y. Zhang & Li S. Wang	China: Prov. Yunnan	593	KUN 14-44233	KP776571	Zhang <i>et al.</i> (2016)
<i>Bulbothrix meizospora</i> (Nylander) Hale	Índia	488	Personal:Tino Ruibal:GPGC 02 000786	JN943846	Schoch <i>et al.</i> (2012)
<i>Bulbothrix meizospora</i> (Nylander) Hale	Índia	469	GPGC 02-000786	AY611068	Blanco <i>et al.</i> (2004a)
<i>Bulbothrix scortella</i> (Nylander) Hale	China: Prov. Yunnan	600	KUN 14-44442	KP776566	Zhang <i>et al.</i> (2016)
<i>Bulbothrix scortella</i> (Nylander) Hale	China: Prov. Yunnan		KUN 14-44441	KP776565	Zhang <i>et al.</i> (2016)
<i>Bulbothrix sensibilis</i> (Steiner & Zahlbruckner) Hale	Ruanda	495	BR 11025	GQ919265	Divakar <i>et al.</i> (2010)
<i>Bulbothrix sensibilis</i> (Steiner & Zahlbruckner) Hale	Ruanda	461	Ertz 11025	GU994541	Crespo <i>et al.</i> (2010)
<i>Bulbothrix setschwanensis</i> (Zahlbruckner) Hale	China: Prov. Yunnan	518	KUN 13-39866	KP776568	Zhang <i>et al.</i> (2016)
<i>Bulbothrix setschwanensis</i> (Zahlbruckner) Hale	China: Prov. Yunnan	529	KUN 13-41167	KP776567	Zhang <i>et al.</i> (2016)
<i>Bulbothrix setschwanensis</i> (Zahlbruckner) Hale	China: Prov. Yunnan	468	MAF 10212	AY611069	Zhang <i>et al.</i> (2016)
<i>Bulbothrix subscortea</i> (Asahina) Marcelli & Benatti	China: Prov. Yunnan	528	12-37673	KM249907	Zhang <i>et al.</i> (2014)
<i>Bulbothrix subscortea</i> (Asahina) Marcelli & Benatti	China: Prov. Yunnan	517	12-34247	KM249906	Zhang <i>et al.</i> (2014)
<i>Bulbothrix subscortea</i> (Asahina) Marcelli & Benatti	China: Prov. Yunnan	526	13-40368	KM249904	Zhang <i>et al.</i> (2014)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Local	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Bulbothrix subscortea</i> (Asahina) Marcelli & Benatti	China: Prov. Yunnan	527	12-34463	KM249900	Zhang <i>et al.</i> (2014)
<i>Bulbothrix subscortea</i> (Asahina) Marcelli & Benatti	China: Prov. Yunnan	525	13-40779	KM249898	Zhang <i>et al.</i> (2014)
<i>Bulbothrix subscortea</i> (Asahina) Marcelli & Benatti	Camboja: Prov. Mondul Kiri	529	12-37270	KM249897	Zhang <i>et al.</i> (2014)
<i>Bulbothrix subscortea</i> (Asahina) Marcelli & Benatti	Camboja: Prov. Koh Kong	527	12-37569	KM249896	Zhang <i>et al.</i> (2014)
<i>Bulbothrix subscortea</i> (Asahina) Marcelli & Benatti	Camboja: Prov. Kampot.	530	12-37479	KM249895	Zhang <i>et al.</i> (2014)
<i>Bulbothrix subscortea</i> (Asahina) Marcelli & Benatti	Camboja: Prov. Mondul Kiri	527	12-37246	KM249894	Zhang <i>et al.</i> (2014)
<i>Bulbothrix subscortea</i> (Asahina) Marcelli & Benatti	Camboja: Prov. Kampot	514	12-37461	KM249893	Zhang <i>et al.</i> (2014)
<i>Bulbothrix suffixa</i> (Stirton) Hale	Madagascar	444	BR 12889	GQ919266	Divakar <i>et al.</i> (2010)
<i>Bulbothrix tabacina</i> (Montagne & Bosch) Hale	Tailândia	415	RAMK27990	KX539188	Kirika <i>et al.</i> (2017a)
<i>Bulbothrix tabacina</i> (Montagne & Bosch) Hale	Tailândia	336	RAMK27991	KX539187	Kirika <i>et al.</i> (2017a)
<i>Bulbothrix tabacina</i> (Montagne & Bosch) Hale	Brasil	480	MNB3188	KX539186	Kirika <i>et al.</i> (2017a)
<i>Bulbothrix tabacina</i> (Montagne & Bosch) Hale	Quênia	440	Kirika, Malombe & Matheka 3704	KX539184	Kirika <i>et al.</i> (2017a)
<i>Bulbothrix tabacina</i> (Montagne & Bosch) Hale	Camarões	413	BRY C56006	JQ673450	Orock <i>et al.</i> (2012)
<i>Bulbothrix tabacina</i> (Montagne & Bosch) Hale	Quênia	409	MAF-Lich16112	GQ919268	Divakar <i>et al.</i> (2010)
<i>Bulbothrix tabacina</i> (Montagne & Bosch) Hale	Rep. do Congo	494	MAF-Lich 16111	GQ919267	Divakar <i>et al.</i> (2010)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Local	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Bulbothrix tabacina</i> (Montagne & Bosch) Hale	Brasil	479	MNB3177	KX539185	Kirika <i>et al.</i> (2017a)
<i>Bulbothrix tabacina</i> (Montagne & Bosch) Hale	Quênia	477	Kirika & Lumbsch 4822	KX539183	Kirika <i>et al.</i> (2017a)
<i>Bulbothrix tabacina</i> (Montagne & Bosch) Hale	Camarões	469	BRY C56043	JQ673449	Orock <i>et al.</i> (2012)
<i>Bulbothrix</i> sp.1	África do Sul	429	Veldrif, T. Feuerer & A. Thell 63069 (HBG), DNA1263 (HBG, LD)	AY251412	Thell <i>et al.</i> (2004)
<i>Canoparmelia austroamericana</i> Adler	Argentina: Chaco	490	Michlig 2301	KY929408	Michlig <i>et al.</i> (2017)
<i>Canoparmelia austroamericana</i> Adler	Argentina: Chaco	490	Michlig 2309	KY929407	Michlig <i>et al.</i> (2017)
<i>Canoparmelia caroliniana</i> (Nyl.) Elix & Hale	Argentina: Misiones	490	Michlig 2770	KY929409	Michlig <i>et al.</i> (2017)
<i>Canoparmelia caroliniana</i> (Nyl.) Elix & Hale	E.U.A: Tennessee	574	Lendemmer 29478	KP659633	Lendemmer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia caroliniana</i> (Nyl.) Elix & Hale	U.S.A.: Carolina do Norte	583	Lendemmer 33132	KP659632	Lendemmer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia caroliniana</i> (Nyl.) Elix & Hale	E.U.A: Alabama	579	Tripp 1259	KP659631	Lendemmer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia caroliniana</i> (Nyl.) Elix & Hale	U.S.A.: Arkansas	573	Lendemmer 26346	KP659629	Lendemmer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia caroliniana</i> (Nyl.) Elix & Hale	U.S.A.: Arkansas	573	Lendemmer 26078	KP659628	Lendemmer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia caroliniana</i> (Nyl.) Elix & Hale	U.S.A.: Carolina do Norte	574	Tripp 1478	KP659627	Lendemmer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia caroliniana</i> (Nyl.) Elix & Hale	U.S.A.: Tennessee	574	Tripp 2638	KP659626	Lendemmer & Ruiz (2015)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Local	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Canoparmelia caroliniana</i> (Nyl.) Elix & Hale	U.S.A.: Tennessee	572	Tripp 2682	KP659625	Lendemer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia caroliniana</i> (Nyl.) Elix & Hale	U.S.A.: Delaware	574	Lendemer 33772	KP659624	Lendemer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia caroliniana</i> (Nyl.) Elix & Hale	U.S.A.: Delaware	573	Lendemer 33737	KP659623	Lendemer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia caroliniana</i> (Nyl.) Elix & Hale	U.S.A.: Maryland	573	Lendemer 33944	KP659622	Lendemer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia caroliniana</i> (Nyl.) Elix & Hale	U.S.A.: Maryland	573	Lendemer 33616	KP659621	Lendemer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia caroliniana</i> (Nyl.) Elix & Hale	U.S.A: Maryland	573	Lendemer 33871	KP659620	Lendemer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia caroliniana</i> (Nyl.) Elix & Hale	U.S.A: Maryland	572	Lendemer 33871	KP659619	Lendemer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia caroliniana</i> (Nyl.) Elix & Hale	E.U.A	619	UNC 1000A	GU994542	Crespo <i>et al.</i> (2010)
<i>Canoparmelia caroliniana</i> (Nyl.) Elix & Hale	-	493		DQ782833	James <i>et al.</i> (2006)
<i>Canoparmelia caroliniana</i> (Nyl.) Elix & Hale	Quênia	453	Kirika, 3389	KX369244	Kirika <i>et al.</i> (2016a)
<i>Canoparmelia caroliniana</i> (Nyl.) Elix & Hale	Quênia	453	Kirika, 3419	KX369243	Kirika <i>et al.</i> (2016a)
<i>Canoparmelia concrescens</i> (Vain.) Elix & Hale	Quênia	506	MAF-Lich 15547	GU994543	Crespo <i>et al.</i> (2010)
<i>Canoparmleia cryptochlorophaea</i> (Hale) Elix & Hale	Argentina: Misiones	495	Michlig 2827	KY929411	Michlig <i>et al.</i> (2017)
<i>Canoparmleia cryptochlorophaea</i> (Hale) Elix & Hale	Argentina: Misiones	495	Michlig 2839	KY929410	Michlig <i>et al.</i> (2017)
<i>Canoparmleia cryptochlorophaea</i> (Hale) Elix & Hale	E.U.A : Georgia	549	Kranthi 175	KP659639	Lendemer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmleia cryptochlorophaea</i> (Hale) Elix & Hale	E.U.A: Carolina do Sul	574	Lendemer 41059	KP659638	Lendemer & Ruiz (2015)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Local	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Canoparmelia cryptochlorophaea</i> (Hale) Elix & Hale	E.U.A: Carolina do Sul	574	Lendemmer 40853	KP659637	Lendemmer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia cryptochlorophaea</i> (Hale) Elix & Hale	E.U.A: Carolina do Sul	574	Lendemmer 40247	KP659636	Lendemmer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia cryptochlorophaea</i> (Hale) Elix & Hale	E.U.A: Carolina do Sul	574	Lendemmer 40909	KP659635	Lendemmer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia cryptochlorophaea</i> (Hale) Elix & Hale	E.U.A: Carolina do Sul	574	Lendemmer 41069	KP659634	Lendemmer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia ecaperata</i> (Müll. Arg.) Elix & Hale	China	461	12-34474	KC978846	Liu <i>et al.</i> (2014)
<i>Canoparmelia ecaperata</i> (Müll. Arg.) Elix & Hale	China	463	12-33611	KC978845	Liu <i>et al.</i> (2014)
<i>Canoparmelia ecaperata</i> (Müll. Arg.) Elix & Hale	China	461	12-33440	KC978844	Liu <i>et al.</i> (2014)
<i>Canoparmelia ecaperata</i> (Müll. Arg.) Elix & Hale	China	461	10-31934	KC978843	Liu <i>et al.</i> (2014)
<i>Canoparmelia ecaperata</i> (Müll. Arg.) Elix & Hale	Quênia	453	Kirika, Malombe & Matheka 3692	KX369246	Kirika <i>et al.</i> (2016a)
<i>Canoparmelia epileuca</i> (Hale) Elix & Hale	Quênia	452	Kirika & Lumbsch 3866	KX369251	Kirika <i>et al.</i> (2016a)
<i>Canoparmelia epileuca</i> (Hale) Elix & Hale	Quênia	448	Kirika & Lumbsch 3871	KX369250	Kirika <i>et al.</i> (2016a)
<i>Canoparmelia eruptens</i> (Kurok.) Elix & Hale	África do Sul	453	Kirika 4483	KX369248	Kirika <i>et al.</i> (2016a)
<i>Canoparmelia eruptens</i> (Kurok.) Elix & Hale	África do Sul	453	Kirika, Mugambi & Lumbsch 2405	KX369247	Kirika <i>et al.</i> (2016a)
<i>Canoparmelia texana</i> (Tuck.) Elix & Hale	Argentina: Misiones	491	Michlig 2747	KY929413	Michlig <i>et al.</i> (2017)
<i>Canoparmelia texana</i> (Tuck.) Elix & Hale	Argentina: Misiones	491	Michlig 2713	KY929412	Michlig <i>et al.</i> (2017)
<i>Canoparmelia texana</i> (Tuck.) Elix & Hale	E.U.A: Maryland	576	Lendemmer 33917	KP659649	Lendemmer & Ruiz (2015)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Local	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Canoparmelia texana</i> (Tuck.) Elix & Hale	E.U.A: Georgia	576	Harris 55948	KP659648	Lendemer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia texana</i> (Tuck.) Elix & Hale	E.U.A: Georgia	576	Lendemer 22186	KP659647	Lendemer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia texana</i> (Tuck.) Elix & Hale	E.U.A: Delaware	581	Lendemer 33742	KP659646	Lendemer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia texana</i> (Tuck.) Elix & Hale	E.U.A: Arkansas	585	Lendemer 26214	KP659645	Lendemer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia texana</i> (Tuck.) Elix & Hale	E.U.A: Virginia	581	Lendemer 31463	KP659644	Lendemer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia texana</i> (Tuck.) Elix & Hale	E.U.A: Tennessee	544	Lendemer 29616	KP659643	Lendemer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia texana</i> (Tuck.) Elix & Hale	E.U.A: Tennessee	580	Lendemer 29616	KP659642	Lendemer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia texana</i> (Tuck.) Elix & Hale	E.U.A: North Carolina	578	Lendemer 30676	KP659641	Lendemer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia texana</i> (Tuck.) Elix & Hale	E.U.A: Alabama	582	Tripp 1310	KP659640	Lendemer & Ruiz (2015)
<i>Canoparmelia texana</i> (Tuck.) Elix & Hale	China	463	12-37810	KC978850	Liu <i>et al.</i> (2014)
<i>Canoparmelia texana</i> (Tuck.) Elix & Hale	China	464	12-37805	KC978849	Liu <i>et al.</i> (2014)
<i>Canoparmelia texana</i> (Tuck.) Elix & Hale	China	464	12-37665	KC978848	Liu <i>et al.</i> (2014)
<i>Canoparmelia texana</i> (Tuck.) Elix & Hale	China	464	12-37655	KC978847	Liu <i>et al.</i> (2014)
<i>Canoparmelia texana</i> (Tuck.) Elix & Hale	Quênia	505	MAF-Lich 15548	GU994547	Crespo <i>et al.</i> (2010)
<i>Canoparmelia texana</i> (Tuck.) Elix & Hale	India: Uttaranchal	501	GPGC 02-000637 H. S. Osorio 9522	EF042906	Crespo <i>et al.</i> (2007)
<i>Canoparmelia texana</i> (Tuck.) Elix & Hale	Uruguai: Canelones	480	(HBG), DNA1263 (HBG, LD)	AY251413	Thell <i>et al.</i> (2004)
<i>Crespoa carneopruiata</i> (Zahlbr.) Lendemer & Hodkinson	Costa Rica: Sarchí	508	F Lucking 15171a	EF042904	Crespo <i>et al.</i> (2007)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Local	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Crespoa crozalsiana</i> (B. de Lesdain ex Harm.) Lendemer & Hodkinson	Argentina: Misiones	495	Michlig 2801	KY929414	Michlig <i>et al.</i> (2017)
<i>Crespoa crozalsiana</i> (B. de Lesdain ex Harm.) Lendemer & Hodkinson	Espanha	508	MAF 7658	AY586571	Blanco <i>et al.</i> (2005)
<i>Crespoa inhaminensis</i> (C.W. Dodge) Lendemer & Hodkinson	Quênia	509	MAF-Lich 15545	GU994544	Crespo <i>et al.</i> (2010)
<i>Crespoa schelpei</i> (Hale) Lendemer & Hodkinson	Quênia	483	MAF-Lich15546	GU994546	Crespo <i>et al.</i> (2010)
<i>Crespoa scrobicularis</i> (Kremp.) Benatti & Lendemer	Argentina: Misiones	496	Michlig 2783	KY929416	Michlig <i>et al.</i> (2017)
<i>Crespoa scrobicularis</i> (Kremp.) Benatti & Lendemer	Argentina: Misiones	496	Michlig 2722	KY929415	Michlig <i>et al.</i> (2017)
<i>Flavoparmelia amplexa</i> (Stirt.) Hale	África do Sul	515	MAF-Lich 17571	KF017381	Del-Prado <i>et al.</i> (2013)
<i>Flavoparmelia baltimorensis</i> (Gyeln. & Fóriss) Hale	E.U.A: Baltimore	507	MAF 10174	AY586560	Blanco <i>et al.</i> (2005)
<i>Flavoparmelia baltimorensis</i> (Gyeln. & Fóriss) Hale	E.U.A: Baltimore	507	MAF 7660	AY586559	Blanco <i>et al.</i> (2005)
<i>Flavoparmelia caperata</i> (L.) Hale	Suíça: Zurique	1176	-	KX132916	Mark <i>et al.</i> (2016)
<i>Flavoparmelia caperata</i> (L.) Hale	Canadá: Ontário	549	BIOUG24047-C07	KT695308	Telfer <i>et al.</i> (2015)
<i>Flavoparmelia caperata</i> (L.) Hale	Espanha: Teruel	507	MAF 6045	AY581059	Blanco <i>et al.</i> (2004b)
<i>Flavoparmelia caperata</i> (L.) Hale	-	536	-	HQ650680	Schmull <i>et al.</i> (2011)
<i>Flavoparmelia caperata</i> (L.) Hale	China	507	MAF 10175	AY586561	Blanco <i>et al.</i> (2004b)
<i>Flavoparmelia caperata</i> (L.) Hale	Estônia: Tartumaa	500	-	AF451750	Thell <i>et al.</i> (2002)
<i>Flavoparmelia aff. caperata</i> (L.) Hale	África do Sul	512	MAF-Lich 17572	KF017377	Del-Prado <i>et al.</i> (2013)
<i>Flavoparmelia citrinescens</i> (Gyelnik) O. Blanco, A. Crespo & Elix	Chile	455	MAF-Lich 17757	KF017385	Del-Prado <i>et al.</i> (2013)
<i>Flavoparmelia citrinescens</i> (Gyelnik) O. Blanco, A. Crespo & Elix	Argentina: Bariloche	508	Herb-Blanco 159	KF017383	Del-Prado <i>et al.</i> (2013)
<i>Flavoparmelia citrinescens</i> (Gyelnik) O. Blanco, A. Crespo & Elix	Chile	508	MAF-Lich 17570	KF017384	Del-Prado <i>et al.</i> (2013)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Local	Tam. seqüência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Flavoparmelia citrinescens</i> (Gyelnik) O. Blanco, A. Crespo & Elix	Argentina: Bariloche	508	Herb-Blanco 160	KF017382	Del-Prado <i>et al.</i> (2013)
<i>Flavoparmelia citrinescens</i> (Gyelnik) O. Blanco, A. Crespo & Elix	Argentina	510	MAF-Lich 15521	GU994550	Crespo <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia diffractaica</i> Elix & J. Johnst.	Austrália	519	MAF-Lich 15379	KF017371	Del-Prado <i>et al.</i> (2013)
<i>Flavoparmelia euplecta</i> (Stirt.) Hale	Austrália	462	MAF-Lich 16437	HM010928	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia euplecta</i> (Stirt.) Hale	Austrália	462	MAF-Lich 15375	HM010927	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia ferax</i> (Müll. Arg.) Hale	Austrália	461	MAF-Lich 15366	HM010929	Crespo <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia haysomii</i> (C.W. Dodge) Hale	Nova Zelândia	462	MAF-Lich 16423	HM010931	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia haysomii</i> (C.W. Dodge) Hale	Austrália	427	MAF-Lich 10496	HM010930	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia haysomii</i> (C.W. Dodge) Hale	Austrália	509	Elix 42637	DQ299904	Gutierrez <i>et al.</i> (2007)
<i>Flavoparmelia haywardiana</i> Elix & J. Johnst.	Nova Zelândia	461	MAF-Lich 16425	HM010934	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia haywardiana</i> Elix & J. Johnst.	Nova Zelândia	461	MAF-Lich 16425	HM010933	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia haywardiana</i> Elix & J. Johnst.	Nova Zelândia	461	MAF-Lich 15370	HM010932	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia marchantii</i> Elix, O. Blanco & A. Crespo	Austrália	462	MAF-Lich 16438	HM010935	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia marchantii</i> Elix, O. Blanco & A. Crespo	Austrália	508	MAF-LICH 10492	DQ299905	Gutierrez <i>et al.</i> (2007)
<i>Flavoparmelia papillosa</i> (Lynge ex Gyeln.) Hale	Uruguai	461	Osorio 9721	HM010936	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia rutidota</i> (Hook. f. & Taylor) Hale	Austrália	462	MAF-Lich 16436	HM010939	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia rutidota</i> (Hook. f. & Taylor) Hale	Austrália	462	MAF-Lich 15380	HM010938	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia rutidota</i> (Hook. f. & Taylor) Hale	Austrália	462	MAF-Lich 15377	HM010937	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia rutidota</i> (Hook. f. & Taylor) Hale	Austrália	509	Elix 42638	DQ299906	Gutierrez <i>et al.</i> (2007)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Local	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Flavoparmelia</i> aff. <i>rutidota</i> (Hook. f. & Taylor) Hale	Austrália	462	MAF-Lich 15367	HM010925	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia</i> aff. <i>rutidota</i> (Hook. f. & Taylor) Hale	Austrália	462	MAF-Lich 15371	HM010926	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia secalonica</i> Elix & J. Johnst.	Austrália	462	MAF-Lich 15368	HM010940	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia soledians</i> (Nyl.) Hale	Espanha	502	MAF 10176	AY586562	Blanco <i>et al.</i> (2005)
<i>Flavoparmelia soledians</i> (Nyl.) Hale	Quênia	462	MAF-Lich 16411	HM010945	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia soledians</i> (Nyl.) Hale	África do Sul	462	MAF-Lich 16419	HM010944	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia soledians</i> (Nyl.) Hale	Espanha	462	MAF-Lich 16433	HM010943	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia soledians</i> (Nyl.) Hale	Portugal	462	MAF-Lich 16422	HM010942	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia soledians</i> (Nyl.) Hale	Austrália	462	MAF-Lich 10497	HM010941	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia</i> aff. <i>soledians</i> (Nyl.) Hale	África do Sul	473	MAF-Lich 17573	KF017379	Del-Prado <i>et al.</i> (2013)
<i>Flavoparmelia</i> aff. <i>soledians</i> (Nyl.) Hale	África do Sul	473	MAF-Lich 17574	KF017378	Del-Prado <i>et al.</i> (2013)
<i>Flavoparmelia springtonensis</i> (Elix) Hale	Austrália	508	MAF-Lich 14271	EF042907	Crespo <i>et al.</i> (2007)
<i>Flavoparmelia subambigua</i> (Hale) Blanco, A. Crespo & Elix	Argentina	507	MAF-Lich 17575	KF017380	Del-Prado <i>et al.</i> (2013)
<i>Flavoparmelia subambigua</i> (Hale) Blanco, A. Crespo & Elix	Argentina	509	MAF-Lich 15520	GU994551	Crespo <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia subcapitata</i> (Nyl. ex Hasse) Hale ex DePriest & B.W. Hale	E.U.A: Califórnia	516	MAF-Lich 17579	KF017376	Del-Prado <i>et al.</i> (2013)
<i>Flavoparmelia subcapitata</i> (Nyl. ex Hasse) Hale ex DePriest & B.W. Hale	E.U.A: Califórnia	512	MAF-Lich 17578	KF017375	Del-Prado <i>et al.</i> (2013)
<i>Flavoparmelia subcapitata</i> (Nyl. ex Hasse) Hale ex DePriest & B.W. Hale	E.U.A: Califórnia	512	Herb-Blanco 161	KF017374	Del-Prado <i>et al.</i> (2013)
<i>Flavoparmelia subcapitata</i> (Nyl. ex Hasse) Hale ex DePriest & B.W. Hale	E.U.A: Califórnia	578	MAF-Lich 17577	KF017373	Del-Prado <i>et al.</i> (2013)
<i>Flavoparmelia subcapitata</i> (Nyl. ex Hasse) Hale ex DePriest & B.W. Hale	E.U.A: Califórnia	512	MAF-Lich 17576	KF017372	Del-Prado <i>et al.</i> (2013)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Local	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Flavoparmelia virensica</i> Elix, O.Blanco & A.Crespo	Austrália	462	MAF-Lich 16439	HM010947	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Flavoparmelia virensica</i> Elix, O.Blanco & A.Crespo	Austrália	462	MAF-Lich 15378	HM010946	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Cetrariastrum andense</i> Kärnefelt	Peru	503	MAF-Lich 15620	GQ919269	Divakar <i>et al.</i> (2010)
<i>Cetrariastrum dubitans</i> Sipman	Peru	503	MAF-Lich 15621	GQ919270	Divakar <i>et al.</i> (2010)
<i>Everniastrum cirrhatum</i> (Fr.) Hale ex Sipman	Costa Rica: San Jose	499	Trest 149	AY611070	Blanco <i>et al.</i> (2004a)
<i>Everniastrum cirrhatum</i> (Fr.) Hale ex Sipman	Peru	500	MAF 13976	DQ279487	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Everniastrum lipidiferum</i> (Hale & M. Wirth) Hale ex Sipman	Peru	502	MAF 13966	DQ279488	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Everniastrum nepalense</i> (Taylor) Hale ex Sipman	Índia: Uttaranchal	499	GPGC 02-000924	AY611071	Blanco <i>et al.</i> (2004a)
<i>Everniastrum rhizodendroideum</i> (J.C. Wei & Y.M. Jiang) Sipman	China	494	ABL 55665	DQ279489	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Everniastrum sorocheilum</i> (Vain.) Hale ex Sipman	China	495	MAF 10375	DQ279490	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Everniastrum vexans</i> (Zahlbr. ex W.L. Culb. & C.F. Culb.) Hale ex Sipman	China	494	ABL 56597	DQ279491	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna</i> aff. <i>immaculata</i>	China	508	MAF 10413	DQ279505	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna afrorevoluta</i> (Krog & Swinscow) Krog & Swinscow	Rep. Checa	657	Czech Republic, hb. ROK 184	MG356340	Šoun <i>et al.</i> (2017)
<i>Hypotrachyna afrorevoluta</i> (Krog & Swinscow) Krog & Swinscow	Taiwan	751	S1_12_CTX4	KU862987	Greenwood <i>et al.</i> (2016)
<i>Hypotrachyna afrorevoluta</i> (Krog & Swinscow) Krog & Swinscow	Taiwan	866	D3_22_CTX1	KU862986	Greenwood <i>et al.</i> (2016)
<i>Hypotrachyna afrorevoluta</i> (Krog & Swinscow) Krog & Swinscow	Índia: Sikkim do Norte	504	MAF 13970	DQ279534	Divakar <i>et al.</i> (2006)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Local	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Hypotrachyna afrorevoluta</i> (Krog & Swinscow) Krog & Swinscow	Índia: Sikkim do Norte	503	MAF 13967	DQ279533	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna afrorevoluta</i> (Krog & Swinscow) Krog & Swinscow	Espanha: Ilhas Canárias	503	MAF 10409	DQ279529	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna andensis</i> Hale	Bolívia	497	KRAM-L Flakus & Rodriguez 16907	KF380886	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna aspera</i> C.H. Ribeiro & Marcelli	Bolívia: Aniceto Arce	498	KRAM-L Flakus 18931	KF380885	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna bogotensis</i> (Vain.) Hale	Peru	508	MAF-Lich DNA 2199	KF380887	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna bogotensis</i> (Vain.) Hale	Bolívia	522	KRAM-L Flakus & Rodriguez 17762	KF380888	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna bogotensis</i> (Vain.) Hale	Chile	523	MAF-Lich DNA 2254	KF380889	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna booralensis</i> Elix	Austrália: Queensland	510	MAF 13969	DQ279493	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna britannica</i> (D. Hawksw. & P. James) Coppins	Irlanda: Kerry	507	MAF-Lich 15415	GQ919273	Divakar <i>et al.</i> (2010)
<i>Hypotrachyna caraccensis</i> (Taylor) Hale	Bolívia	463	KRAM-L Flakus & Rodriguez 17192	KF380890	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna chlorina</i> (Müll. Arg.) Hale	Equador	452	BGO 0148626	KF380891	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna chlorina</i> (Müll. Arg.) Hale	Bolívia	522	KRAM-L Flakus & Rodriguez 17120	KF380892	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna cryptochlora</i> (Vain.) D. Hawksw. & A. Crespo	Rep. Dominicana	495	MAF 10398	DQ279535	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna dactylifera</i> (Vain.) Hale	Bolívia: Aniceto Arce	468	KRAM-L Flakus 18584	KF380893	Divakar <i>et al.</i> (2013)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Local	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Hypotrachyna dactylifera</i> (Vain.) Hale	Uruguai: Canelones	489	H. S. Osorio 9518 (HBG), DNA1261 (HBG, LD)	AY251422	Thell <i>et al.</i> (2004)
<i>Hypotrachyna dentella</i> (Hale & Kurok.) Hale	Bolívia	479	KRAM-L Flakus 18757	KF380894	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna dentella</i> (Hale & Kurok.) Hale	Bolívia	512	KRAM-L Flakus 18528/1	KF380895	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna endochlora</i> (Leight.) Hale	Escócia	503	MAF 10178	AY611072	Blanco <i>et al.</i> (2004a)
<i>Hypotrachyna endochlora</i> (Leight.) Hale	Espanha	493	MAF 10379	DQ279496	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna endochlora</i> (Leight.) Hale	Bolívia	452	KRAM-L Flakus & Quisbert 19892	KF380896	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna endochlora</i> (Leight.) Hale	Bolívia	487	KRAM-L Flakus 18577	KF380897	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna fissicarpa</i> (Kurok.) Hale	África do Sul	494	MAF 13991	DQ279501	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna Halei</i> Sipman, Elix & T.H. Nash	Bolívia	474	KRAM-L Flakus & Rodriguez 16897	KF380898	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna Halei</i> Sipman, Elix & T.H. Nash	Bolívia	367	KRAM-L Flakus & Rodriguez 16331	KF380899	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna horrescens</i> (Taylor) Krog & Swinscow	Espanha: Pontevedra	495	MAF 10400	DQ279537	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna horrescens</i> (Taylor) Krog & Swinscow	Espanha: Ilhas Canárias	495	MAF 10399	DQ279536	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna horrescens</i> (Taylor) Krog & Swinscow	Espanha: La Coruña	506	MAF 9913	AY581085	Blanco <i>et al.</i> (2004b)
<i>Hypotrachyna imbricatula</i> (Zahlbr.) Hale	Costa Rica	494	MAF 10382	DQ279502	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna imbricatula</i> (Zahlbr.) Hale	África do Sul	504	MAF 13990	DQ279503	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna imbricatula</i> (Zahlbr.) Hale	Bolívia	525	KRAM-L Flakus & Rodriguez 17234	KF380900	Divakar <i>et al.</i> (2013)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Local	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Hypotrachyna imbricatula</i> (Zahlbr.) Hale	Brasil	523	SP Benatti & Cintra 3159	KF380901	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna immaculata</i> (Kurok.) Hale	China: Prov. Yunnan	473	MAF 10383	DQ279504	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna immaculata</i> (Kurok.) Hale	Austrália	503	MAF 7462	AY611073	Blanco <i>et al.</i> (2004a)
<i>Hypotrachyna intercalanda</i> (Vain.) Hale	Brasil: São Paulo	520	SP Benatti & Cintra 3209	KF380902	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna laevigata</i> (Sm.) Hale	Escócia	506	MAF 10177	AY611074	Blanco <i>et al.</i> (2004a)
<i>Hypotrachyna laevigata</i> (Sm.) Hale	Bolívia	506	KRAM-L Flakus & Rodriguez 16952	KF380903	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna livida</i> (Taylor) Hale	Bolívia: Aniceto Arce	519	KRAM-L Flakus & Quisbert 19785	KF380906	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna livida</i> (Taylor) Hale	Bolívia: Aniceto Arce	520	KRAM-L Flakus 18756	KF380905	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna livida</i> (Taylor) Hale	Brasil: São Paulo	520	Benatti & Cintra 3211	KF380904	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna livida</i> (Taylor) Hale	Argentina: Salta	503	MAF-Lich 15519	GQ919282	Divakar <i>et al.</i> (2010)
<i>Hypotrachyna longiloba</i> (H. Magn.) C.W. Sm.	Peru	463	MAF-Lich DNA 2198	KF380907	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna longiloba</i> (H. Magn.) C.W. Sm.	Bolívia	505	KRAM-L Flakus & Rodriguez 16333	KF380908	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna microblasta</i> (Vain.) Hale	Bolívia	470	KRAM-L Flakus & Rodriguez 16970	KF380909	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna minarum</i> Krog & Swinscow	Austrália: Queensland	494	MAF 13968	DQ279539	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna minarum</i> Krog & Swinscow	Espanha: Ilhas Canárias	496	MAF 10401	DQ279538	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna minarum</i> Krog & Swinscow	Espanha: Cádiz	504	MAF 7639	AY581086	Blanco <i>et al.</i> (2004b)
<i>Hypotrachyna minarum</i> Krog & Swinscow	China: Prov. Yunnan	504	MAF 10220	AY611110	Blanco <i>et al.</i> (2004a)
<i>Hypotrachyna neodamaziana</i> (Elix & J. Johnst.) Divakar, A. Crespo, Sipman, Elix & Lumbsch,	Austrália	504	MAF 10182	AY611107	Blanco <i>et al.</i> (2004a)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Local	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Hypotrachyna neodissecta</i> (Hale) Hale	África do Sul	505	MAF 13986	DQ279510	
<i>Hypotrachyna osseoalba</i> (Vain.) Y.S. Park & Hale	Índia	515	MAF-Lich 15608	GQ919279	Divakar <i>et al.</i> (2010)
<i>Hypotrachyna osseoalba</i> (Vain.) Y.S. Park & Hale	China: Prov. Yunnan	494	MAF 10390	DQ279512	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna osseoalba</i> (Vain.) Y.S. Park & Hale	China: Prov. Yunnan	494	MAF 10389	DQ279511	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna partita</i> Hale	Bolívia	472	KRAM-L Flakus & Rodriguez 17699	KF380910	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna physcioides</i> (Nyl.) Hale	China	494	MAF 10391	DQ279513	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna physcioides</i> (Nyl.) Hale	Bolívia	498	KRAM-L Flakus & Rodriguez 16860	KF380911	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna pluriformis</i> (Nyl.) Hale	Bolivia: Aniceto Arce	522	KRAM-L Flakus & Quisbert 19784	KF380912	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna Polydactyla</i> (Krog & Swinscow) T.H. Nash	Quênia	526	MAF-Lich 15518	GQ919283	Divakar <i>et al.</i> (2010)
<i>Hypotrachyna prolongata</i> (Kurok.) Hale	Bolívia	449	KRAM-L Flakus & Rodriguez 17011	KF380913	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna pseudosinuosa</i> (Asahina) Hale	China: Prov. Yunnan	495	MAF 10392	DQ279516	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna pseudosinuosa</i> (Asahina) Hale	China: Prov. Yunnan	495	MAF 10393	DQ279517	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna pulvinata</i> (Fée) Hale	México	490	ASU Nash III 46756	KF380914	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna reducens</i> (Nyl.) Hale	Costa Rica	502	F 15450	DQ279520	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna revoluta</i> (Flörke) Hale	Rep. Checa	578	Czech Republic, hb. ROK 182	MG356341	Šoun <i>et al.</i> (2017)
<i>Hypotrachyna revoluta</i> (Flörke) Hale	África do Sul.	505	MAF 13989	DQ279523	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna revoluta</i> (Flörke) Hale	Espanha: Pontevedra	496	MAF 10395	DQ279522	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna revoluta</i> (Flörke) Hale	China: Prov. Yunnan	493	MAF 10394	DQ279521	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna revoluta</i> (Flörke) Hale	Espanha: Vizcaya	506	MAF 6047	AY611075	Blanco <i>et al.</i> 2004a

Continuação Tabela S3.

Espécie	Local	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Hypotrachyna revoluta</i> (Flörke) Hale	Alemanha: Bavaria	474	Feurerer & Thell s. n. (HBG)	AF451745	Thell <i>et al.</i> (2002)
<i>Hypotrachyna rockii</i> (Zahlbr.) Hale	Peru	499	MAF 13965	DQ279524	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna rockii</i> (Zahlbr.) Hale	Bolívia	503	KRAM-L Flakus & Rodriguez 16446/4	KF380915	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna showmanii</i> Hale	E.U.A: Pennsylvania	473	NY 01080325	KF380916	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna showmanii</i> Hale	E.U.A: Pennsylvania	506	MAF-Lich 15618	GQ919287	Divakar <i>et al.</i> (2010)
<i>Hypotrachyna sinuosa</i> (Sm.) Hale	Escócia	501	MAF 10179	AY611076	Blanco <i>et al.</i> (2004a)
<i>Hypotrachyna steyermarkii</i> (Hale) Hale	Bolívia	486	KRAM-L Flakus & Rodriguez 19701	KF380917	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna steyermarkii</i> (Hale) Hale	Bolívia	491	KRAM-L Flakus & Rodriguez 16864	KF380918	Divakar <i>et al.</i> (2013)
<i>Hypotrachyna subfatiscens</i> (Kurok.) Swinscow & Krog	Austrália	504	MAF 6878	AY611108	Blanco <i>et al.</i> (2004a)
<i>Hypotrachyna subfatiscens</i> (Kurok.) Swinscow & Krog	China: Prov. Yunnan	495	MAF 10380	DQ279498	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Hypotrachyna taylorensis</i> (M.E. Mitch.) Hale	Reino Unido	506	MAF 9921	AY581061	Blanco <i>et al.</i> (2004a)
<i>Myelochroa aurulenta</i> (Tuck.) Elix & Hale	Canadá	573	F. Lutzoni & J. Miadlikowska 07.02.03-3 (DUKE)	JQ301701	Gaya <i>et al.</i> (2012)
<i>Myelochroa aurulenta</i> (Tuck.) Elix & Hale	Madagascar	597	BR-Lich 7268-90	KY128179	Nuñez Zapata <i>et al.</i> (2017)
<i>Myelochroa aurulenta</i> (Tuck.) Elix & Hale	Índia: Sikkim do Norte	496	MAF 13992	DQ279530	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Myelochroa crassata</i> (Hale) Elix & Hale	Japão: Ibaraki	574	MAF-Lich 19987	KY128182	Nuñez Zapata <i>et al.</i> (2017)
<i>Myelochroa crassata</i> (Hale) Elix & Hale	Japão: Honshu	592	MAF-Lich 17781	KY128181	Nuñez Zapata <i>et al.</i> (2017)
<i>Myelochroa crassata</i> (Hale) Elix & Hale	Japão: Saitama	599	MAF-Lich 17779	KY128180	Nuñez Zapata <i>et al.</i> (2017)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Local	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Myelochroa galbina</i> (Ach.) Elix & Hale	Japão: Saitama	537	MAF-Lich 19990	KY128186	Nuñez Zapata <i>et al.</i> (2017)
<i>Myelochroa galbina</i> (Ach.) Elix & Hale	Japão: Honshu	535	MAF-Lich 19989	KY128185	Nuñez Zapata <i>et al.</i> (2017)
<i>Myelochroa galbina</i> (Ach.) Elix & Hale	Japão: Honshu	776	MAF-Lich 19988	KY128184	Nuñez Zapata <i>et al.</i> (2017)
<i>Myelochroa galbina</i> (Ach.) Elix & Hale	Japão: Honshu	745	MAF-Lich 17782	KY128183	Nuñez Zapata <i>et al.</i> (2017)
<i>Myelochroa galbina</i> (Ach.) Elix & Hale	China: Yunnan	479	MAF 10414	DQ279531	Nuñez Zapata <i>et al.</i> (2017)
<i>Myelochroa hayachinensis</i> (Kurok.) Elix & Hale	Japão: Saitama	564	MAF-Lich 19991	KY128187	Nuñez Zapata <i>et al.</i> (2017)
<i>Myelochroa irrugans</i> (Nyl.) Elix & Hale	Japão: Honshu	801	MAF-Lich 17786	KY128190	Nuñez Zapata <i>et al.</i> (2017)
<i>Myelochroa irrugans</i> (Nyl.) Elix & Hale	Japão: Saitama	752	MAF-Lich 19992	KY128191	Nuñez Zapata <i>et al.</i> (2017)
<i>Myelochroa irrugans</i> (Nyl.) Elix & Hale	Taiwan	687	S1_11_MYI5	KU862980	Greenwood <i>et a.</i> (2016)
<i>Myelochroa irrugans</i> (Nyl.) Elix & Hale	Taiwan	817	C5_12_MYI1	KU862979	Greenwood <i>et a.</i> (2016)
<i>Myelochroa irrugans</i> (Nyl.) Elix & Hale	China: Prov. Yunnan	473	MAF 10207	AY611103	Blanco <i>et al.</i> (2004a)
<i>Myelochroa leucotylica</i> (Nyl.) Elix & Hale	Japão: Saitama	590	MAF-Lich 17783	KY128192	Nuñez Zapata <i>et al.</i> (2017)
<i>Myelochroa metarevoluta</i> (Asahina) Elix & Hale	Japão: Saitama	471	MAF-Lich 19996	KY128194	Nuñez Zapata <i>et al.</i> (2017)
<i>Myelochroa metarevoluta</i> (Asahina) Elix & Hale	Japão: Ibaraki	715	MAF-Lich 19993	KY128193	Nuñez Zapata <i>et al.</i> (2017)
<i>Myelochroa metarevoluta</i> (Asahina) Elix & Hale	China: Prov. Yunnan	503	MAF 10208	AY611102	Blanco <i>et al.</i> (2004a)
<i>Myelochroa</i> sp1	China: Prov. Yunnan	497	MAF-LICH 10491	DQ299907	Gutierrez <i>et al.</i> (2007)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Local	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Parmelina carporrhizans</i> (Taylor) Poelt & Vezda		576	MAF-Lich 19191	KM357892	Alors <i>et al.</i> (2014)
<i>Parmelina carporrhizans</i> (Taylor) Poelt & Vezda		576	MAF-Lich 19192	KM357893	Alors <i>et al.</i> (2014)
<i>Parmelina pastillifera</i> (Harm.) Hale	Espanha: Cadiz	503	MAF 6058	AY611104	Blanco <i>et al.</i> (2004a)
<i>Parmelina pastillifera</i> (Harm.) Hale	Espanha	467	MAF-Lich 16472	JF756999	Núñez-Zapata <i>et al.</i> (2011)
<i>Parmelina tiliacea</i> (Hoffm.) Hale	Irã	506	MAF:Lich 19381	KP659562	Núñez-Zapata <i>et al.</i> (2015)
<i>Parmelina tiliacea</i> (Hoffm.) Hale	Irã	506	MAF:Lich 19380	KP659561	Núñez-Zapata <i>et al.</i> (2015)
<i>Parmelinella wallichiana</i> (Taylor) Elix & Hale	Quênia	452	Kirika & Lumbsch 4033	KX341988	Kirika <i>et al.</i> (2016b)
<i>Parmelinella wallichiana</i> (Taylor) Elix & Hale	Quênia	455	Kirika 4280	KX341989	Kirika <i>et al.</i> (2016b)
<i>Parmelinella wallichiana</i> (Taylor) Elix & Hale	Quênia: Vale Rift	455	Kirika Mugambi & Lumbsch 2974	KX341987	Kirika <i>et al.</i> (2016b)
<i>Parmelinella wallichiana</i> (Taylor) Elix & Hale	Quênia: Vale Rift	455	Kirika 3334	KX341986	Kirika <i>et al.</i> (2016b)
<i>Parmelinella wallichiana</i> (Taylor) Elix & Hale	Quênia	375	Kirika, Malombe & Matheka 3703	KX341985	Kirika <i>et al.</i> (2016b)
<i>Parmelinella wallichiana</i> (Taylor) Elix & Hale	Quênia	455	Kirika 3487	KX341984	Kirika <i>et al.</i> (2016b)
<i>Parmelinella wallichiana</i> (Taylor) Elix & Hale	Quênia	455	Kirika & Lumbsch 4715	KX341983	Kirika <i>et al.</i> (2016b)
<i>Parmelinella wallichiana</i> (Taylor) Elix & Hale	Quênia	455	Kirika & Lumbsch 4678	KX341982	Kirika <i>et al.</i> (2016b)
<i>Parmelinella wallichiana</i> (Taylor) Elix & Hale	Índia	453	Lumbsch <i>et al.</i>	KX341981	Kirika <i>et al.</i> (2016b)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Local	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Parmelinella wallichiana</i> (Taylor) Elix & Hale	Índia: Uttaranchal	450	Divakar s/n	KX341980	Kirika <i>et al.</i> (2016b)
<i>Parmelinella wallichiana</i> (Taylor) Elix & Hale	China: Prov. Yunnan	443	MAF 10411	DQ279532	Divakar <i>et al.</i> (2006)
<i>Parmelinella wallichiana</i> (Taylor) Elix & Hale	Índia: Sikkim	452	LWG 20-77171	AY611106	Blanco <i>et al.</i> (2004a)
<i>Parmelinella aff. wallichiana</i> (Taylor) Elix & Hale	Brasil: Paraná	512	S. Eliasaro 3132	GQ267191	Eliasaro <i>et al.</i> (2010)
<i>Parmelinella</i> sp.1	Camerões: Ekona	348	BRY C56001	JQ673451	Orock <i>et al.</i> (2012)
<i>Parmelinella</i> sp.2	Camerões: Buea	348	BRY C56009	JQ673452	Orock <i>et al.</i> (2012)
<i>Parmotrema austrosinense</i> (Zahlbr.) Hale	Argentina: Corrientes	495	Michlig 2671	KY929418	Michlig <i>et al.</i> (2017)
<i>Parmotrema austrosinense</i> (Zahlbr.) Hale	Espanha: Ilhas Canárias	566	MAF-Lich 16907	JN166368	Del-Prado <i>et al.</i> (2011)
<i>Parmotrema austrosinense</i> (Zahlbr.) Hale	-	579		HQ650683	Schmull <i>et al.</i> (2011)
<i>Parmotrema cetratum</i> (Ach.) Hale	Argentina: Corrientes	497	Michlig 2682	KY929420	Michlig <i>et al.</i> (2017)
<i>Parmotrema cetratum</i> (Ach.) Hale	Argentina: Corrientes	497	Michlig 2586	KY929419	Michlig <i>et al.</i> (2017)
<i>Parmotrema cetratum</i> (Ach.) Hale	Uruguai	520	H.S. Osorio 9424	AY586576	Blanco <i>et al.</i> (2005)
<i>Parmotrema cetratum</i> (Ach.) Hale	Uruguai: Maldonado	520	H.S. Osorio 9425	AY642847	Divakar <i>et al.</i> (2005)
<i>Parmotrema cetratum</i> (Ach.) Hale	Uruguai: Canelones	488	H. S. Osorio 9521 (HBG), DNA1258 (HBG, LD)	AY251449	Thell <i>et al.</i> (2004)
<i>Parmotrema aff. cetratum</i> (Ach.) Hale	Costa Rica: Puntarenas	534	Lucking 15096 (F)	AY642849	Divakar <i>et al.</i> (2005)
<i>Parmotrema aff. cetratum</i> (Ach.) Hale	Costa Rica: Puntarenas	534	Lucking 15116A (F)	AY642850	Divakar <i>et al.</i> (2005)
<i>Parmotrema aff. cetratum</i> (Ach.) Hale	Costa Rica: Puntarenas	534	Lucking 15593A (F)	AY642848	Divakar <i>et al.</i> (2005)
<i>Parmotrema clavuliferum</i> (Räs.) Streimann	Coréia do Sul	889	K.H. Moon 13447	KM983342	Ahn & Moon (2016)
<i>Parmotrema clavuliferum</i> (Räs.) Streimann	Coréia do Sul	889	K.H. Moon 13450	KU354440	Ahn & Moon (2016)
<i>Parmotrema clavuliferum</i> (Räs.) Streimann	Coréia do Sul	847	K.H. Moon 13428	KU354439	Ahn & Moon (2016)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Origem	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Parmotrema clavuliferum</i> (Räs.) Streimann	Coréia do Sul	871	K.H. Moon 13443	KM983341	Ahn & Moon (2016)
<i>Parmotrema clavuliferum</i> (Räs.) Streimann	Coréia do Sul	843	K.H. Moon 13448	KM983343	Ahn & Moon (2016)
<i>Parmotrema clavuliferum</i> (Räs.) Streimann	China	520	MAF 10164	AY586577	Divakar <i>et al.</i> (2005)
<i>Parmotrema clavuliferum</i> (Räs.) Streimann	China: Prov. Yunnan	519	MAF 10262	AY642823	Divakar <i>et al.</i> (2005)
<i>Parmotrema clavuliferum</i> (Räs.) Streimann	China: Prov. Yunnan	518	MAF 10263	AY642824	Divakar <i>et al.</i> (2005)
<i>Parmotrema clavuliferum</i> (Räs.) Streimann	Coréia do Sul	839	K.H. Moon 13026	KU354435	Ahn & Moon (2016)
<i>Parmotrema clavuliferum</i> (Räs.) Streimann	Japão	868	K.H. Moon 14835	KP942520	Ahn & Moon (2016)
<i>Parmotrema clavuliferum</i> (Räs.) Streimann	Coréia do Sul	958	K.H. Moon 13818	KM983355	Ahn & Moon (2016)
<i>Parmotrema clavuliferum</i> (Räs.) Streimann	Espanha: Pontevedra	519	MAF 10283	AY642846	Divakar <i>et al.</i> (2005)
<i>Parmotrema clavuliferum</i> (Räs.) Streimann	Espanha: Pontevedra	519	MAF 10282	AY642833	Divakar <i>et al.</i> (2005)
<i>Parmotrema clavuliferum</i> (Räs.) Streimann	Espanha: Ilha Cies	519	MAF 10285	AY642832	Divakar <i>et al.</i> (2005)
<i>Parmotrema haitiense</i> (Hale) Hale	Austrália	533	MAF 7657	AY581055	Blanco <i>et al.</i> (2004b)
<i>Parmotrema internexum</i> (Nyl.) Hale ex DePriest & B.W. Hale	E.UA: Carolina do Norte	593	Lendemmer 35104 (NY)	KP943752	Lendemmer (2015)
<i>Parmotrema internexum</i> (Nyl.) Hale ex DePriest & B.W. Hale	E.UA: Carolina do Norte	593	Lendemmer 35092B (NY)	KP943756	Lendemmer (2015)
<i>Parmotrema internexum</i> (Nyl.) Hale ex DePriest & B.W. Hale	E.UA: Carolina do Norte	593	Lendemmer 35138 (NY)	KP943754	Lendemmer (2015)
<i>Parmotrema internexum</i> (Nyl.) Hale ex DePriest & B.W. Hale	E.UA: Carolina do Norte	592	Lendemmer 36640 (NY)	KP943758	Lendemmer (2015)
<i>Parmotrema perlatum</i> (Huds.) M. Choisy	Suíça	610		KX132915	Mark <i>et al.</i> (2016)
<i>Parmotrema perlatum</i> (Huds.) M. Choisy	Portugal	527	MAF 6965	AY586566	Blanco <i>et al.</i> (2005)
<i>Parmotrema perlatum</i> (Huds.) M. Choisy	Alemanha: Bavaria	523	Germany, Bavaria, Feuerer & Thell s. n. (HBG)	AF451749	Thell <i>et al.</i> (2002)
<i>Parmotrema perlatum</i> (Huds.) M. Choisy	Espanha	464	MAF-Lich 16162	HM017052	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Parmotrema perlatum</i> (Huds.) M. Choisy	Espanha	464	MAF-Lich 16166	HM017051	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Parmotrema perlatum</i> (Huds.) M. Choisy	Espanha	464	MAF-Lich 16168	HM017050	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Parmotrema perlatum</i> (Huds.) M. Choisy	Espanha	464	MAF-Lich 16172	HM017049	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Origem	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Parmotrema perlatum</i> (Huds.) M. Choisy	Espanha	464	MAF-Lich 16186	HM017048	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Parmotrema perlatum</i> (Huds.) M. Choisy	Espanha	464	MAF-Lich 16122	HM017047	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Parmotrema perlatum</i> (Huds.) M. Choisy	Marrocos	463	MAF-Lich 16146	HM017046	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Parmotrema perlatum</i> (Huds.) M. Choisy	Marrocos	463	MAF-Lich 16145	HM017045	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Parmotrema perlatum</i> (Huds.) M. Choisy	Marrocos	463	MAF-Lich 16203	HM017044	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Parmotrema perlatum</i> (Huds.) M. Choisy	Espanha	463	MAF-Lich 16187	HM017043	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Parmotrema perlatum</i> (Huds.) M. Choisy	Espanha	463	MAF-Lich 16173	HM017042	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Parmotrema perlatum</i> (Huds.) M. Choisy	Turquia	463	MAF-Lich 16192	HM017041	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Parmotrema perlatum</i> (Huds.) M. Choisy	Espanha	463	MAF-Lich 16179	HM017040	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Parmotrema perlatum</i> (Huds.) M. Choisy	Espanha	464	MAF-Lich 16191	HM017039	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Parmotrema perlatum</i> (Huds.) M. Choisy	Espanha	464	MAF-Lich 16171	HM017027	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Parmotrema perlatum</i> (Huds.) M. Choisy	Espanha	462	MAF-Lich 16190	HM017026	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Parmotrema pilosum</i> (Stizenb.) Krog & Swinscow	Uruguai	527	MAF 7656	AY581056	Blanco <i>et al.</i> (2004b)
<i>Parmotrema praesorediosum</i> (Nyl.) Hale	Índia	523	MAF-Lich 18161	KF129451	Roca-Valiente <i>et al.</i> (2013)
<i>Parmotrema praesorediosum</i> (Nyl.) Hale	Argentina: Corrientes	494	Michlig 2678	KY929427	Michlig <i>et al.</i> (2017)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Portugal	456	MAF-Lich 20573	KX457740	Del-Prado <i>et al.</i> (2016)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Portugal	426	MAF-Lich 20578	KX457741	Del-Prado <i>et al.</i> (2016)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Portugal: Santarem	519	MAF 10273	AY642826	Divakar <i>et al.</i> (2005)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Peru	457	MAF-Lich 20590	KX457742	Del-Prado <i>et al.</i> (2016)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Espanha: Ilhas Canárias	469	MAF-Lich 16901	JN166370	Del-Prado <i>et al.</i> (2011)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Espanha: Ilhas Canárias	456	MAF-Lich 16957	KX457710	Del-Prado <i>et al.</i> (2016)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Espanha: Ilhas Canárias	439	MAF-Lich 16960	KX457712	Del-Prado <i>et al.</i> (2016)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Espanha: Malaga	519	MAF 10291	AY642820	Divakar <i>et al.</i> (2005)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Marrocos	465	MAF-Lich 16143	HM016953	Del-Prado <i>et al.</i> 2010
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Japão	456	MAF-Lich 20589	KX457763	Del-Prado <i>et al.</i> (2016)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Ilhas Fiji	414	MAF-Lich 16897	JN166383	Del-Prado <i>et al.</i> (2011)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Japão: Tsukuba	423	MAF-Lich 16895	JN166384	Del-Prado <i>et al.</i> (2011)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Origem	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Japão: Tsukuba	422	MAF-Lich 16894	JN166385	Del-Prado <i>et al.</i> (2011)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Quênia	463	MAF-Lich 16121	HM016956	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Espanha: Ilhas Canárias	466	MAF-Lich 16899	JN166388	Del-Prado <i>et al.</i> (2011)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Portugal	455	MAF-Lich 17003	KX457762	Del-Prado <i>et al.</i> (2016)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Espanha: Ilhas Canárias	434	MAF-Lich 16903	JN166389	Del-Prado <i>et al.</i> (2011)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Espanha: Ilhas Canárias	429	MAF-Lich 16896	JN166390	Del-Prado <i>et al.</i> (2011)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Portugal: Evora	519	MAF 10280	AY642835	Divakar <i>et al.</i> (2005)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Espanha: Ilhas Canárias	520	MAF-Lich 16921	JN166391	Del-Prado <i>et al.</i> (2011)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Espanha: Ilhas Baleares	552	MAF-Lich 16911	JN166386	Del-Prado <i>et al.</i> (2011)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Marrocos	464	MAF-Lich 16150	HM017057	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Portugal	457	MAF-Lich 20574	KX457766	Del-Prado <i>et al.</i> (2016)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Portugal	457	MAF-Lich 20582	KX457769	Del-Prado <i>et al.</i> (2016)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Espanha: Ilhas Canárias	520	MAF 10267	AY642825	Divakar <i>et al.</i> (2005)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Espanha: Ilhas Canárias	520	MAF 10268	AY642834	Divakar <i>et al.</i> (2005)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Espanha	464	MAF-Lich 16184	HM017059	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Portugal	456	MAF-Lich 20571	KX457771	Del-Prado <i>et al.</i> (2016)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Espanha: Ilhas Canárias	432	MAF-Lich 16902	JN166397	Del-Prado <i>et al.</i> (2011)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Espanha	462	MAF-Lich 10264	HM017060	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Espanha	462	MAF-Lich 10266	HM017061	Del-Prado <i>et al.</i> (2010)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Portugal	456	MAF-Lich 20569	KX457772	Del-Prado <i>et al.</i> (2016)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	França: Bretanha	466	MAF-Lich 16926	JN166393	Del-Prado <i>et al.</i> (2011)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Espanha: Ilhas Canárias	485	MAF-Lich 16919	JN166394	Del-Prado <i>et al.</i> (2011)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Espanha: Ilhas Canárias	456	MAF-Lich 16963	KX457770	Del-Prado <i>et al.</i> (2016)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Espanha: Ilhas Canárias	538	MAF-Lich 16924	JN166392	Del-Prado <i>et al.</i> (2011)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Índia: Tamil Nadu	413	MAF-Lich 16915	JN166379	Del-Prado <i>et al.</i> (2011)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Índia: Tamil Nadu	413	MAF-Lich 16916	JN166380	Del-Prado <i>et al.</i> (2011)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Espanha: Ilhas Canárias	467	MAF-Lich 16923	JN166381	Del-Prado <i>et al.</i> (2011)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Austrália	455	MAF-Lich 20583	KX457774	Del-Prado <i>et al.</i> (2016)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Austrália	455	MAF-Lich 20586	KX457775	Del-Prado <i>et al.</i> (2016)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Origem	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Chile: Terra do Fogo	559	MAF-Lich 16891	JN166401	Del-Prado <i>et al.</i> (2011)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Chile: Terra do Fogo	524	MAF-Lich 16892	JN166402	Del-Prado <i>et al.</i> (2011)
<i>Parmotrema reticulatum</i> (Taylor) M. Choisy	Espanha: Ilhas Canárias	474	MAF-Lich 16905	JN166400	Del-Prado <i>et al.</i> (2011)
<i>Parmotrema subtinctorum</i> (Zahlbr.) Hale	China	470	12-35202	KC978853	Liu <i>et al.</i> (2014)
<i>Parmotrema subtinctorum</i> (Zahlbr.) Hale	Nova Zelândia	526	OTA 60613	GU994578	Crespo <i>et al.</i> (2010)
<i>Parmotrema subtinctorum</i> (Zahlbr.) Hale	Índia	532	GPGC 02-000696	AY586558	Blanco <i>et al.</i> (2005)
<i>Parmotrema tinctorum</i> (Despr. ex Nyl.) Hale	Argentina: Misiones	494	Michlig 2746	KY929431	Michlig <i>et al.</i> (2017)
<i>Parmotrema tinctorum</i> (Despr. ex Nyl.) Hale	-	584	-	HQ650684	Schmull <i>et al.</i> (2011)
<i>Parmotrema tinctorum</i> (Despr. ex Nyl.) Hale	Argentina: Misiones	494	Michlig 2746	KY929432	Michlig <i>et al.</i> (2017)
<i>Parmotrema tinctorum</i> (Despr. ex Nyl.) Hale	Índia		TNS-L 121478	KF129466	Roca-Valiente <i>et al.</i> (2013)
<i>Parmotrema tinctorum</i> (Despr. ex Nyl.) Hale	Nepal: Região Central	593	MAF-Lich 18166	KF129418	Roca-Valiente <i>et al.</i> (2013)
<i>Parmotrema tinctorum</i> (Despr. ex Nyl.) Hale	Índia: Chamoli	442	MAF-Lich 18170	KF129422	Roca-Valiente <i>et al.</i> (2013)
<i>Parmotrema tinctorum</i> (Despr. ex Nyl.) Hale	Índia: Chamoli	443	MAF-Lich 18171	KF129423	Roca-Valiente <i>et al.</i> (2013)
<i>Parmotrema tinctorum</i> (Despr. ex Nyl.) Hale	Moçambique: Ilha da Inhaca	625	MAF-Lich 18193	KF129447	Roca-Valiente <i>et al.</i> (2013)
<i>Parmotrema tinctorum</i> (Despr. ex Nyl.) Hale	Moçambique: Ilha da Inhaca	629	MAF-Lich 18194	KF129448	Roca-Valiente <i>et al.</i> (2013)
<i>Parmotrema tinctorum</i> (Despr. ex Nyl.) Hale	Moçambique: Ilha da Inhaca	612	MAF-Lich 18196	KF129450	Roca-Valiente <i>et al.</i> (2013)
<i>Parmotrema tinctorum</i> (Despr. ex Nyl.) Hale	India: Yelagiri		MAF-Lich 18192	KF129444	Roca-Valiente <i>et al.</i> (2013)
<i>Parmotrema tinctorum</i> (Despr. ex Nyl.) Hale	Japão:Shizuoka	617	Y.Ohmura 5371	AB177403	Roca-Valiente <i>et al.</i> (2013)
<i>Parmotrema tinctorum</i> (Despr. ex Nyl.) Hale	-	637	-	KF129456	Roca-Valiente <i>et al.</i> (2013)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Local	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Parmotrema tinctorum</i> (Despr. ex Nyl.) Hale	Japão:Shizuoka	620	Y.Ohmura 5357C	AB177402	Roca-Valiente <i>et al.</i> (2013)
<i>Parmotrema tinctorum</i> (Despr. ex Nyl.) Hale	-	637	-	KF129457	Roca-Valiente <i>et al.</i> (2013)
<i>Parmotrema tinctorum</i> (Despr. ex Nyl.) Hale	Japão: Monte Tsukuba	482	MAF-Lich 18163	KF129414	Roca-Valiente <i>et al.</i> (2013)
<i>Parmotrema tinctorum</i> (Despr. ex Nyl.) Hale	Japão:Shizuoka	603	Y.Ohmura 5375A	AB177401	Ohmura <i>et al.</i> (2006)
<i>Parmotrema tinctorum</i> (Despr. ex Nyl.) Hale	-	637	-	KF129455	Roca-Valiente <i>et al.</i> (2013)
<i>Parmotrema tinctorum</i> (Despr. ex Nyl.) Hale	Austrália	532	MAF 10163	AY586570	Blanco <i>et al.</i> (2005)
<i>Relicina abstrusa</i> (Vainio) Hale	Quênia: Prov. Da Costa	468	Kirika & Lumbsch 4032	KX434465	Kirika <i>et al.</i> (2017b)
<i>Relicina abstrusa</i> (Vainio) Hale	Quênia: Prov. Da Costa	457	Kirika 4506	KX434464	Kirika <i>et al.</i> (2017b)
<i>Relicina abstrusa</i> (Vainio) Hale	Camboja: Prov. Kampot	562	12 C37535	KM249909	Zhang <i>et al.</i> (2014)
<i>Relicina abstrusa</i> (Vainio) Hale	Camboja: Prov. Kampot	563	12 C37482	KM249908	Zhang <i>et al.</i> (2014)
<i>Relicina abstrusa</i> (Vainio) Hale	Tailândia	472	3195Th	KM657280	Buaruang <i>et al.</i> (2015)
<i>Relicina abstrusa</i> (Vainio) Hale	Tailândia	436	3194Th	KM657279	Buaruang <i>et al.</i> (2015)
<i>Relicina abstrusa</i> (Vainio) Hale	Tailândia	429	Lumbsch 19756g (F)	KM657278	Buaruang <i>et al.</i> (2015)
<i>Relicina abstrusa</i> (Vainio) Hale	Tailândia	424	Lumbsch 19754f (F)	KM657277	Buaruang <i>et al.</i> (2015)
<i>Relicina abstrusa</i> (Vainio) Hale	Austrália	519	Elix 37426	GU994580	Crespo <i>et al.</i> (2010)
<i>Relicina filsonii</i> Elix & Johnston	Austrália	428	Elix 37267 (CANB)	KM657281	Buaruang <i>et al.</i> (2015)
<i>Relicina subabstrusa</i> (Gyelnik) Hale	Tailândia	438	3193Th	KM657282	Buaruang <i>et al.</i> (2015)
<i>Relicina subnigra</i> Elix & J. Johnst.	Austrália	513	MAF 10184	AY785274	Blanco <i>et al.</i> (2006)
<i>Relicina sydneyensis</i> (Gyeln.) Hale	Austrália	507	Lumbsch 19179a (F)	GU994581	Crespo <i>et al.</i> (2010)
<i>Relicina sydneyensis</i> (Gyeln.) Hale	Austrália	513	MAF 10183	AY785275	Blanco <i>et al.</i> (2006)
<i>Relicinopsis intertexta</i> (Mont. & Bosch) Elix & Verdon	Thailândia	443	Lumbsch 19756g (F)	KM657283	Buaruang <i>et al.</i> (2015)
<i>Relicinopsis malaccensis</i> (Nyl.) Elix & Verdon	Quênia: Prov. da Costa	480	Kirika 4499	KX434466	Kirika <i>et al.</i> (2017b)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Local	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Relicinopsis malaccensis</i> (Nyl.) Elix & Verdon	Thailand	436	Lumbsch 19752a (F)	KM657284	Buaruang <i>et al.</i> (2015)
<i>Relicinopsis rahengensis</i> (Vain.) Elix & Verdon	Tailândia	489	3171Th	KM657287	Buaruang <i>et al.</i> (2015)
<i>Relicinopsis rahengensis</i> (Vain.) Elix & Verdon	Tailândia	489	3170Th	KM657286	Buaruang <i>et al.</i> (2015)
<i>Relicinopsis rahengensis</i> (Vain.) Elix & Verdon	Tailândia	489	3169Th	KM657285	Buaruang <i>et al.</i> (2015)
<i>Relicinopsis stevensii</i> Elix & J. Johnst.	Austrália	419	37835 (CANB)	KM657288	Buaruang <i>et al.</i> (2015)
<i>Xanthoparmelia</i> aff. <i>plittii</i> (Gyeln.) Hale	Quênia	586	Kirika 3876illumina (F)	MG695506	Leavitt <i>et al.</i> (2018)
<i>Xanthoparmelia</i> aff. <i>plittii</i> (Gyeln.) Hale	Quênia	350	Kirika 3820sanger (F)	MG695505	Leavitt <i>et al.</i> (2018)
<i>Xanthoparmelia</i> aff. <i>plittii</i> (Gyeln.) Hale	Quênia	591	Kirika 3820 illumina(F)	MG695504	Leavitt <i>et al.</i> (2018)
<i>Xanthoparmelia</i> aff. <i>plittii</i> (Gyeln.) Hale	Quênia	562	Kirika 4859 (F)	MG695503	Leavitt <i>et al.</i> (2018)
<i>Xanthoparmelia</i> aff. <i>plittii</i> (Gyeln.) Hale	Quênia	559	Kirika 3876 sanger(F)	MG695507	Leavitt <i>et al.</i> (2018)
<i>Xanthoparmelia</i> aff. <i>plittii</i> (Gyeln.) Hale	Quênia	591	Kirika 2442 illumina(F)	MG695508	Leavitt <i>et al.</i> (2018)
<i>Xanthoparmelia</i> aff. <i>plittii</i> (Gyeln.) Hale	Quênia	564	Kirika 2442 sanger(F)	MG695509	Leavitt <i>et al.</i> (2018)
<i>Xanthoparmelia barbatica</i> (Elix) Egan	Austrália	589	Elix 46158 (F)	MG695543	Leavitt <i>et al.</i> (2018)
<i>Xanthoparmelia dayiana</i> (Elix & P.M. Armstr.) Elix & J. Johnst.	Austrália	495	Elix 32010 (HBG); DNA#1664	DQ167457	Thell <i>et al.</i> (2006)
<i>Xanthoparmelia hottentotta</i> (Ach.) A. Thell, Feuerer, Elix & Kärnefelt	África do Sul	565	MAF-Lich 16216	GU992326	Amo de Paz <i>et al.</i> (2010)
<i>Xanthoparmelia mougeotii</i> (Schaer.) Hale	Espanha	498	MAF 9916	AY581100	Blanco <i>et al.</i> (2004b)
<i>Xanthoparmelia mougeotii</i> (Schaer.) Hale	E.U.A	524	BRY 55569	HM578964	Leavitt <i>et al.</i> (2011)

Continuação Tabela S3.

Espécie	Local	Tam. sequência (pb)	Voucher	Nº GenBank	Referência
<i>Xanthoparmelia neopropaguloides</i> Hale	Cuba	513	MAF-Lich 16226	GU992334	Amo de Paz <i>et al.</i> (2010)
<i>Xanthoparmelia neotinctina</i> (Elix) Elix & J. Johnst.	Austrália	494	Elix 31907 (HBG); DNA#1661	DQ167460	Thell <i>et al.</i> (2006)
<i>Xanthoparmelia plittii</i> (Gyeln.) Hale	E.U.A	523	BRY 55522	HM578975	Leavitt <i>et al.</i> (2011)
<i>Xanthoparmelia plittii</i> (Gyeln.) Hale	E.U.A	522	BRY 55549	HM579002	Leavitt <i>et al.</i> (2011)
<i>Xanthoparmelia plittii</i> (Gyeln.) Hale	E.U.A	522	BRY 55515	HM578968	Leavitt <i>et al.</i> (2011)
<i>Xanthoparmelia plittii</i> (Gyeln.) Hale	E.U.A	525	BRY 55440	HM578892	Leavitt <i>et al.</i> (2011)
<i>Xanthoparmelia plittii</i> (Gyeln.) Hale	E.U.A	527	BRY 55423	HM578873	Leavitt <i>et al.</i> (2011)
<i>Xanthoparmelia plittii</i> (Gyeln.) Hale	E.U.A	527	BRY 55422	HM578872	Leavitt <i>et al.</i> (2011)
<i>Xanthoparmelia plittii</i> (Gyeln.) Hale	E.U.A	525	BRY 55421	HM578871	Leavitt <i>et al.</i> (2011)
<i>Xanthoparmelia plittii</i> (Gyeln.) Hale	E.U.A	525	BRY 55420	HM578870	Leavitt <i>et al.</i> (2011)
<i>Xanthoparmelia plittii</i> (Gyeln.) Hale	E.U.A	524	BRY 55419	HM578869	Leavitt <i>et al.</i> (2011)
<i>Xanthoparmelia plittii</i> (Gyeln.) Hale	E.U.A	524	BRY 55418	HM578868	Leavitt <i>et al.</i> (2011)
<i>Xanthoparmelia plittii</i> (Gyeln.) Hale	E.U.A	524	BRY 55411	HM578861	Leavitt <i>et al.</i> (2011)
<i>Xanthoparmelia plittii</i> (Gyeln.) Hale	E.U.A	521	BRY 55397	HM578847	Leavitt <i>et al.</i> (2011)
<i>Xanthoparmelia plittii</i> (Gyeln.) Hale	E.U.A	526	BRY 55324	HM578776	Leavitt <i>et al.</i> (2011)
<i>Xanthoparmelia plittii</i> (Gyeln.) Hale	E.U.A	500	BRY 55266	HM578720	Leavitt <i>et al.</i> (2011)
<i>Xanthoparmelia plittii</i> (Gyeln.) Hale	E.U.A: Carolina do Norte	592	55422 (BRY-C)	MG695562	Leavitt <i>et al.</i> (2018)
<i>Xanthoparmelia subspodochroa</i> (Elix & J. Johnst.) Elix	Austrália	501	MAF 7463	AY581082	Blanco <i>et al.</i> (2004b)

Referências citadas nas Tabelas S2 e S3

- Ahn C, Moon KH. 2016.** *Parmotrema clavuliferum* and *P. reticulatum* are independent species. *Journal of Species Research* 5(2): 254-260.
- Alors D, Dal Grande F, Schmitt I, Kraichak E, Lumbsch HT, Crespo A, Divakar PK. 2014.** Characterization of fungus-specific microsatellite markers in the lichen-forming fungus *Parmelina carporrhizans* (*Parmeliaceae*). *Applications in plant sciences*, 2(12), 1400081.
- Amo de Paz G, Lumbsch HT, Cubas P, Elix '1JA, Crespo A. 2010.** The genus *Karooia* (*Parmeliaceae*, Ascomycota) includes unrelated clades nested within *Xanthoparmelia*. *Australian Systematic Botany* 23(3): 173-184.
- Blanco O, Crespo A, Divakar PK, Esslinger TL, Hawksworth DL, Lumbsch HT. 2004a.** *Melanelixia* and *Melanohalea*, two new genera segregated from *Melanelia* (*Parmeliaceae*) based on molecular and morphological data. *Mycological research* 108(8): 873-884.
- Blanco O, Crespo, A., Elix, J. A., Hawksworth, D. L., & Thorsten Lumbsch, H. 2004b.** A molecular phylogeny and a new classification of parmelioid lichens containing *Xanthoparmelia*-type lichenan (Ascomycota: Lecanorales). *Taxon*, 53(4), 959-975.
- Blanco O, Crespo A, Divakar PK, Elix JA, & Lumbsch HT. 2005.** Molecular phylogeny of parmotremoid lichens (Ascomycota, *Parmeliaceae*). *Mycologia* 97(1): 150-159.
- Blanco O, Crespo A, Ree RH, Lumbsch HT. 2006.** Major clades of parmelioid lichens (*Parmeliaceae*, Ascomycota) and the evolution of their morphological and chemical diversity. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 39(1): 52-69.
- Buaruang K, Scharnagl K, Divakar P, Leavitt SD, Crespo A, Manoch, L, Lücking R, Lumbsch HT. 2015.** Molecular data support *Pseudoparmelia* as a distinct lineage related to *Relicina* and *Relicinopsis* (Ascomycota, Lecanorales). *The Lichenologist* 47(1): 43-49.
- Crespo A et al. 2007.** Testing morphology-based hypotheses of phylogenetic relationships in *Parmeliaceae* (Ascomycota) using three ribosomal markers and the nuclear RPB1 gene. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 44(2), 812-824.
- Crespo A et al. 2010.** Phylogenetic generic classification of parmelioid lichens (*Parmeliaceae*, Ascomycota) based on molecular, morphological and chemical evidence. *Taxon* 59(6): 1735-1753.
- Del-Prado R et al. 2010.** Genetic distances within and among species in monophyletic lineages of *Parmeliaceae* (Ascomycota) as a tool for taxon delimitation. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 56(1): 125-133.

- Del-Prado R, Divakar PK, Crespo A. 2011.** Using genetic distances in addition to ITS molecular phylogeny to identify potential species in the *Parmotrema reticulatum* complex: a case study. *The Lichenologist* 43(6): 569-583.
- Del-Prado R, Blanco O, Lumbsch HT, Divakar PK, Elix J, Molina MC, Crespo A. 2013.** Molecular phylogeny and historical biogeography of the lichen-forming fungal genus *Flavoparmelia* (Ascomycota: *Parmeliaceae*). *Taxon* 62(5): 928-939.
- Del-Prado R, Divakar PK, Lumbsch HT, Crespo AM. 2016.** Hidden genetic diversity in an asexually reproducing lichen forming fungal group. *PloS one* 11(8): e0161031.
- Divakar PK, Blanco O, Hawksworth DL, Crespo A. 2005.** Molecular phylogenetic studies on the *Parmotrema reticulatum* (syn. *Rimelia reticulata*) complex, including the confirmation of *P. pseudoreticulatum* as a distinct species. *The Lichenologist* 37(1): 55-65.
- Divakar PK, Crespo A, Blanco O, Lumbsch HT. 2006.** Phylogenetic significance of morphological characters in the tropical *Hypotrachyna* clade of parmelioid lichens (*Parmeliaceae*, Ascomycota). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 40(2): 448-458.
- Divakar PK, Lumbsch HT, Ferencova Z, Del-Prado R, Crespo A. 2010.** *Remototrachyna*, a newly recognized tropical lineage of lichens in the *Hypotrachyna* clade (*Parmeliaceae*, Ascomycota), originated in the Indian subcontinent. *American Journal of Botany* 97(4): 579-590.
- Divakar PK, Crespo A, Nunez-Zapata J, Flakus A, Sipman HJ, Elix JA, Lumbsch HT. 2013.** A molecular perspective on generic concepts in the *Hypotrachyna* clade (*Parmeliaceae*, Ascomycota). *Phytotaxa* 132(1): 21-38.
- Eliasaro S, Cruz LM, Iacomini M, de Oliveira Pedrosa F, Cordeiro LM. 2010.** Phylogenetic relationship of *Parmelia lindmanii* (*Parmeliaceae*) inferred by analysis of its nuITS rDNA sequence. *The Lichenologist* 42(4): 423-428.
- Gaya E et al. 2012.** Implementing a cumulative supermatrix approach for a comprehensive phylogenetic study of the Teloschistales (Pezizomycotina, Ascomycota). *Molecular Phylogenetics and Evolution* 63(2): 374-387.
- Greenwood S, Chen JC, Chen CT, Jump AS. 2016.** Community change and species richness reductions in rapidly advancing tree lines. *Journal of biogeography* 43(11): 2274-2284.
- Gutierrez G, Blanco O, Divakar PK, Lumbsch HT, Crespo A. 2007.** Patterns of group I intron presence in nuclear SSU rDNA of the lichen family *Parmeliaceae*. *Journal of Molecular Evolution* 64(2): 181-195.
- James TY et al. 2006.** Reconstructing the early evolution of Fungi using a six-gene phylogeny. *Nature* 443(7113): 818-822.
- Kirika PM et al. 2016b.** Phylogenetic studies uncover a predominantly African lineage in a widely distributed lichen-forming fungal species. *MycKeys* 14: 1-16.

- Kirika PM, Divakar PK, Crespo A, Leavitt SD, Mugambi G, Gatheri GW, Lumbsch HT. 2016a.** Polyphyly of the genus *Canoparmelia*—uncovering incongruences between phenotype-based classification and molecular phylogeny within lichenized Ascomycota (*Parmeliaceae*). *Phytotaxa* 289(1): 36-48.
- Kirika PM et al. 2017a.** Molecular phylogenetic studies unmask overlooked diversity in the tropical lichenized fungal genus *Bulbothrix* s.l. (*Parmeliaceae*, Ascomycota). *Botanical Journal of the Linnean Society* 184(3): 387-399.
- Kirika PM et al. 2017b.** The genus *Relicinopsis* is nested within *Relicina* (*Parmeliaceae*, Ascomycota). *The Lichenologist* 49(3): 189-197.
- Leavitt SD, Johnson L, St Clair LL. 2011.** Species delimitation and evolution in morphologically and chemically diverse communities of the lichen-forming genus *Xanthoparmelia* (*Parmeliaceae*, Ascomycota) in western North America. *American Journal of Botany* 98(2): 175-188.
- Leavitt SD et al. 2018.** Assessing phylogeny and historical biogeography of the largest genus of lichen-forming fungi, *Xanthoparmelia* (*Parmeliaceae*, Ascomycota). *The Lichenologist* 50(3): 299-312.
- Lendemer JC, Ruiz AM. 2015.** Molecular data confirm morphological variability in the widespread foliose lichen *Canoparmelia carolinana* (*Parmeliaceae*). *Castanea* 80(1): 29-36.
- Lendemer JC. 2015.** *Parmotrema internexum* (Lecanorales: *Parmeliaceae*): an overlooked macrolichen in southeastern North America highlights the value of basic biodiversity research. *The Bryologist* 118(2): 130-144.
- Liu D, Wang XY, Li JW, Qian ZG, Wang LS. 2014.** Contributions to the lichen flora of the Hengduan Mountains, China (6): revisional study of the genus *Canoparmelia* (Lichenized Ascomycota, *Parmeliaceae*). *Plant Diversity and Resources* 36(6): 781-787.
- Mark K, Cornejo C, Keller C, Flück D, Scheidegger C. 2016.** *Barcoding* lichen-forming fungi using 454 pyrosequencing is challenged by artifactual and biological sequence variation. *Genome* 59(9): 685-704.
- Masson D, Benatti MN, Sérusiaux E. 2015.** The description of a new species reveals underestimated diversity in the lichen genus *Bulbothrix* (*Parmeliaceae*) in Africa. *The Lichenologist* 47(5): 323-334.
- Michlig A, Moreno EM, Solís Neffa VG. 2017.** Phylogenetic analyses support the recent placement of *Canoparmelia scrobicularis* into *Crespoa* (*Parmeliaceae*, lichenized Ascomycota). *Nova Hedwigia* 105(3-4): 529-537.
- Nunez-Zapata J, Divakar PK, Ruth DP, Cubas P, Hawksworth DL, Crespo A. 2011.** Conundrums in species concepts: the discovery of a new cryptic species segregated from *Parmelina tiliacea* (Ascomycota: *Parmeliaceae*). *The Lichenologist* 43(6): 603-616.

- Núñez-Zapata J, Cubas P, Hawksworth DL, Crespo A. 2015.** Biogeography and genetic structure in populations of a widespread lichen (*Parmelina tiliacea*, *Parmeliaceae*, Ascomycota). *PloS one* 10(5): e0126981.
- Núñez-Zapata J, Alors D, Cubas P, Divakar PK, Leavitt SD, Lumbsch HT, Crespo A. 2017.** Understanding disjunct distribution patterns in lichen-forming fungi: insights from *Parmelina* (*Parmeliaceae*: Ascomycota). *Botanical Journal of the Linnean Society* 184(2): 238-253.
- Ohmura Y, Kawachi M, Kasai F, Watanabe MM, Takeshita S. 2006.** Genetic combinations of symbionts in a vegetatively reproducing lichen, *Parmotrema tinctorum*, based on ITS rDNA sequences. *The Bryologist* 109(1): 43-59.
- Orock EA, Leavitt SD, Fonge BA, Clair LLS, Lumbsch HT. 2012.** DNA-based identification of lichen-forming fungi: can publicly available sequence databases aid in lichen diversity inventories of Mount Cameroon (West Africa)?. *The Lichenologist* 44(6): 833-839.
- Roca-Valiente B, Divakar PK, Ohmura Y, Hawksworth DL, Crespo A. 2013.** Molecular phylogeny supports the recognition of the two morphospecies *Parmotrema pseudotinctorum* and *P. tinctorum* (*Parmeliaceae*, Ascomycota). *Vieraea*, 41, 333-348.
- Schmull M et al. 2011.** Phylogenetic affiliations of members of the heterogeneous lichen-forming fungi of the genus *Lecidea* sensu Zahlbruckner (Lecanoromycetes, Ascomycota). *Mycologia* 103(5): 983-1003.
- Schoch CL, Seifert KA, Huhndorf S, Robert V, Spouge JL, Levesque CA, Chen W, Fungal *Barcoding* Consortium. 2012.** Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. *PNAS* 109: 6241–6246
- Šoun J, Bouda F, Kocourková J, Malíček J, Palice Z, Peksa O, Svoboda D, Vondrák J. 2017.** Interesting records of lichens of the family *Parmeliaceae* in the Czech Republic. *Bryonora* 60.
- Telfer AC et al. 2015.** Biodiversity inventories in high gear: DNA *barcoding* facilitates a rapid biotic survey of a temperate nature reserve. *Biodiversity data journal* (3): e6313.
- Thell A, Feuerer T, Elix JA, Kärnefelt I. 2006.** A contribution to the phylogeny and taxonomy of *Xanthoparmelia* (Ascomycota, *Parmeliaceae*). *The Journal of the Hattori Botanical Laboratory* 100: 797-807.
- Thell A, Feuerer T, Kärnefelt I, Myllys L, Stenroos S. 2004.** Monophyletic groups within the *Parmeliaceae* identified by ITS rDNA, β -tubulin and GAPDH sequences. *Mycological Progress* 3(4): 297-314.
- Thell A, Stenroos S, Feuerer T, Kärnefelt I, Myllys L, Hyvönen J. 2002.** Phylogeny of cetrarioid lichens (*Parmeliaceae*) inferred from ITS and β -tubulin sequences, morphology, anatomy and secondary chemistry. *Mycological Progress* 1(4): 335-354.

Zhang YY, Wang XY, Liu D, Li JW, Shi HX, Ye X, Wang LS. 2014. *Bulbothrix asiatica* sp. nov., and other new records of *Parmeliaceae* with bulbate cilia from Cambodia. *The Bryologist* 379-385.

Zhang YY, Wang XY, Dong L, Shi HX, Xin YE, Yang MX, Wang LS. 2016. The genus *Bulbothrix* (*Parmeliaceae*) in China. *The Lichenologist* 48(2): 121-133.