

PONTIFÍCIA UNIVERSIDADE CATÓLICA DE GOIÁS
ESCOLA DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS E BIOLÓGICAS
CURSO DE CIÊNCIAS BIOLÓGICAS - BACHARELADO

PHILIP ARTHUR MOREHEAD

**DNA BARCODING EM FUNGOS: UMA ABORDAGEM
CIENCIOMÉTRICA**

GOIÂNIA

2020

PHILIP ARTHUR MOREHEAD

**DNA BARCODING EM FUNGOS: UMA ABORDAGEM
CIENCIOMÉTRICA**

Monografia apresentada à Escola de Ciências Agrárias e Biológicas (ECAB) da Pontifícia Universidade de Goiás como requisito parcial para obtenção do Título de Bacharel no curso de Ciências Biológicas.

Orientadora: Dra. Mariana Pires de Campos Telles

Co-Orientador: Rhewter Nunes

GOIÂNIA

2020

Dedicatória

Dedico esta monografia a meus pais, cujo amor e apoio duradouros me transformaram na pessoa que sou hoje, e cujo exemplo me inspira a sempre tentar fazer do mundo um lugar melhor.

Agradecimentos

Agradeço à minha orientadora Mariana Pires de Campos Telles e ao meu co-orientador Rhewter Nunes pelo incentivo e apoio.

Ao meu querido amigo Samuel Dias Oliveira pela amizade e generosa ajuda.

Aos ilustres professores da Pontifícia Universidade Católica de Goiás por terem transmitido a mim seu vasto conhecimento e sabedoria nesses últimos anos.

Epígrafe

“Nada na vida deve ser temido, apenas compreendido. Agora é a hora de compreender mais, para que tenhamos menos.”

-Marie Curie

Resumo

O presente estudo teve por objetivo utilizar uma abordagem cienciométrica para realizar uma caracterização quantitativa e qualitativa da produção científica sobre o uso da técnica de *barcoding* e *metabarcoding* para identificação de espécies de fungos. A caracterização quantitativa se deu a partir de um levantamento da quantidade de artigos publicados, estimação da taxa de crescimento das publicações ao longo dos anos e averiguação da tendência temporal dos estudos correlacionados com *barcoding* e fungos. Qualitativamente, foi indicado os principais periódicos que publicam sobre *barcoding* em fungos, verificado os principais países com maior número de publicações, destacado a dinâmica colaborativa entre os mesmos e averiguadas as redes de co-ocorrência de temas relacionadas. A partir dos dados obtidos foi possível verificar um número crescente de publicações nos últimos 19 anos. Os periódicos mais relevantes para publicação de artigos nessa área são Applied Soil Ecology, PLOS ONE, Mycologia e Fungal Ecology. Os países europeus e norte-americanos são os principais que publicam sobre o tema. A alta taxa de colaboração internacional está fortemente associada a países europeus, enquanto os países asiáticos, norte-americanos e sul-americanos apresentam baixa taxa de colaboração internacional.

Palavras-chave: fungos, DNA barcoding, metabarcoding

Abstract

The present study aims to use a scientometric approach to carry out a quantitative and qualitative characterization of scientific production on the use of the barcoding and metabarcoding technique to identify fungal species. The quantitative characterization was based on a survey of the number of published articles, estimation of the growth rate of publications over the years and verification of the temporal trend of studies correlated with barcoding and fungi. Qualitatively, the main journals that publish on barcoding in fungi were indicated, the main countries with the largest number of publications were found, the collaborative dynamic among countries was described, and the co-occurrence networks of key themes were ascertained. From the data obtained it was possible to verify an increasing number of publications in the last 19 years. The most relevant journals for publishing articles in this area are Applied Soil Ecology, PLOS ONE, Mycologia and Fungal Ecology. European and North American countries are the main publishers on the subject. The high rate of international collaboration is strongly associated with European countries, while Asian, North American and South American countries have a low rate of international collaboration.

Keywords: fungi, DNA barcoding, metabarcoding

Lista de Figuras

Figura 1: Produção científica anual sobre <i>barcoding</i> e <i>metabarcoding</i> de fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.....	08
Figura 2: Média de citações totais de artigos sobre <i>barcoding</i> e <i>metabarcoding</i> de fungos por ano entre 2001 e 5 de novembro de 2020.....	09
Figura 3: Fontes de publicação com o maior número de documentos publicados sobre <i>barcoding</i> e <i>metabarcoding</i> de fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.....	10
Figura 4: Fontes com o maior número de documentos citados sobre <i>barcoding</i> e <i>metabarcoding</i> de fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.....	11
Figura 5: : Número de publicações anuais sobre <i>barcoding</i> e <i>metabarcoding</i> de fungos da <i>Frontiers in Microbiology</i> , <i>Fungal Ecology</i> , <i>Mycologia</i> , <i>PLOS ONE</i> , <i>Molecular Ecology</i> , <i>Studies in Mycology</i> , <i>Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi</i> e <i>Fungal Biology</i> entre 2001 e 5 de novembro de 2020.....	12
Figura 6: Número cumulativo de publicações sobre <i>barcoding</i> e <i>metabarcoding</i> de fungos da <i>Frontiers in Microbiology</i> , <i>Fungal Ecology</i> , <i>Mycologia</i> , <i>PLOS ONE</i> , <i>Molecular Ecology</i> , <i>Studies in Mycology</i> , <i>Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi</i> e <i>Fungal Biology</i> entre 2001 e 5 de novembro de 2020.....	13
Figura 7: Fontes centrais do tema de <i>barcoding</i> e <i>metabarcoding</i> em fungos determinadas pela Lei de Bradford entre 2001 e 5 de novembro de 2020.....	14
Figura 8: Índice-h das fontes de maior impacto sobre o tema de <i>barcoding</i> e <i>metabarcoding</i> em fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.....	15
Figura 9 Autores com o maior número de publicações sobre o tema de <i>barcoding</i> e <i>metabarcoding</i> de fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.....	16
Figura 10: Número de publicações e citações anuais de autores sobre <i>barcoding</i> e <i>metabarcoding</i> de fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.....	17
Figura 11: : Índice-h dos autores de maior impacto sobre o tema de <i>barcoding</i> e <i>metabarcoding</i> em fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.....	18
Figura 12: : Artigos sobre <i>barcoding</i> e <i>metabarcoding</i> de fungos com o maior número de citações globais entre 2001 e 5 de novembro de 2020.....	18
Figura 13: : Produção científica sobre <i>barcoding</i> e <i>metabarcoding</i> de fungos por país entre 2001 e 5 de novembro de 2020.....	19
Figura 14: Número de documentos sobre <i>barcoding</i> e <i>metabarcoding</i> de fungos correspondendo ao país dos autores, diferenciando entre publicações envolvendo múltiplos países (alaranjado) e publicações de país único (verde) entre 2001 e 5 de novembro de 2020.....	20

Figura 15: Países com maior número de citações de documentos sobre <i>barcoding</i> e <i>metabarcoding</i> de fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.....	21
Figura 16: : Instituições afiliadas com maior número de publicações sobre o tema de <i>barcoding</i> e <i>metabarcoding</i> de fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.....	22
Figura 17: Mapa da rede de co-ocorrência da palavra-chave “microbiome” em relação às 50 palavras-chave mais usadas pelos autores sobre o tema de <i>barcoding</i> e <i>metabarcoding</i> de fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.....	23
Figura 18: Mapa da rede de co-ocorrência da palavra-chave “cryptic species” em relação às 50 palavras-chave mais usadas pelos autores sobre o tema de <i>barcoding</i> e <i>metabarcoding</i> de fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.....	24
Figura 19: Mapa da rede de co-ocorrência da palavra-chave “community ecology” em relação às 50 palavras-chave mais usadas pelos autores sobre o tema de <i>barcoding</i> e <i>metabarcoding</i> de fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.....	25

Lista de Tabelas

Tabela 1: Informações gerais sobre a lista final de documentos gerados da busca sobre *barcoding* ou *metabarcoding* em fungos na plataforma Scopus.....07

SUMÁRIO

1.INTRODUÇÃO.....	01
2.OBJETIVOS.....	05
2.1.Objetivos Gerais.....	05
2.2.Objetivos Específicos.....	05
3.METODOLOGIA.....	06
4.RESULTADOS & DISCUSSÃO.....	07
5.CONCLUSÃO.....	26
6.REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	27

1. INTRODUÇÃO

O reino Fungi é composto por organismos eucarióticos quimioheterotróficos com membranas celulares espessas compostas de quitina. Seus membros desempenham papéis cruciais na reciclagem de nutrientes, proteção ambiental, saúde animal e vegetal e no bem estar humano. Portanto, a identificação expedita e correta de espécimes fúngicos ao nível específico é essencial para as áreas de conservação, monitoramento ecológico, prevenção e controle de patógenos e saúde pública (XU, 2016)

Comparados a plantas e animais, os fungos são geralmente considerados simples. Porém, eles apresentam uma grande diversidade morfológica, ecológica e de ciclos de vida (AINSWORTH et al., 2008). Morfologicamente, fungos variam de leveduras microscópicas unicelulares a mofos filamentosos e cogumelos multicelulares macroscópicos. Ecologicamente, eles ocupam todos os nichos do mundo podendo ser encontrados do fundo do mar a estratosfera, do equador aos polos e de florestas tropicais a desertos. Fungos reproduzem tanto sexuadamente quanto assexuadamente com uma grande variedade de estruturas e produzem esporos que conseguem sobreviver estresses ambientais extremos e se dispersarem a longas distâncias (ALEXOPOULOS et al., 1996).

A grande variabilidade de tamanhos, formas e cultivabilidade de fungos significa que os desafios no estudo da diversidade fúngica se sobrepõem a muitos daqueles enfrentados por pesquisadores de outras áreas. Por exemplo, pesquisadores de leveduras utilizam padrões e enfrentam desafios semelhantes aos dos bacteriologistas para obter culturas viáveis para descrever novas espécies (KURTZMAN et al., 2011).

Pesquisadores de fungos macroscópicos geralmente documentam espécies utilizando a frutificação (cogumelo) dessecada, portanto enfrentam desafios comparáveis aos dos botânicos (SINGER, 1986). Os variados critérios que têm sido utilizados por diferentes taxonomistas para descrever espécies dificulta a comparação taxonômica entre diferentes táxons de fungos (ALEXOPOULOS et al. 1996). Tem sido difícil o desenvolvimento de um sistema eficiente de reconhecimento de espécies adequado para todos os fungos (XU, 2016).

O DNA *barcoding* é uma ferramenta poderosa para a identificação de espécimes que poderia eventualmente ser aplicada para identificar e reconhecer todos os fungos. A premissa do DNA *barcoding* é que uma sequência individual pode ser usada para identificar um organismo a nível de espécie através da comparação dessa sequência com uma biblioteca de referência dessas seções de DNA. Essa técnica é análoga à maneira em que um escaneador de supermercado usa um código de barras para identificar um item em seu estoque em relação ao banco de dados de referência. Esses "códigos de barras" genéticos são usados para identificar espécies desconhecidas, catalogar o maior número possível de táxons e determinar os limites de espécies através da comparação com a taxonomia tradicional.

A técnica de DNA *barcoding* usa sequências curtas de DNA para a identificação de táxons individuais a nível específico, porém o *metabarcoding* consegue fazer a identificação simultânea de conjuntos de indivíduos por meio de high-throughput sequencing (TABERLET et al., 2012). Portanto, o *metabarcoding* consegue fornecer uma plataforma universal para a identificação de potencialmente todos os grupos filogenéticos que existem dentro de determinado ecossistema, incluindo espécies cuja identificação pela taxonomia tradicional seja atualmente impossível (BREHM et al., 2016). Por meio do *metabarcoding* pode-se observar a ocorrência de sequências de DNA dentro de uma matriz ambiental, porém a técnica ele não consegue discriminar entre organismos vivos intactos e mortos. (BUSH et al., 2019).

Em 2012, o International Fungal Barcoding Consortium recomendou que as regiões ITS do RNA ribossomal nuclear fossem usadas como o *barcode* principal para fungos (SCHOCH et al., 2012). Uma das vantagens do uso da região ITS como código de barras é que cada genoma haplóide contém múltiplas cópias do cluster do gene rRNA repetidas em tândem, possibilitando a amplificação do gene ITS a partir de amostras pequenas (STIELOW et al., 2005). O rápido aumento no número de estudos de *barcoding* de fungos beneficiou-se da disponibilidade de tecnologias acessíveis de sequenciamento de DNA em muitas partes do mundo. Esses estudos revelaram uma tremenda diversidade fúngica não descrita em um amplo espectro de nichos ecológicos (GRANTHAM et al., 2015).

Apesar desse progresso, muito continua sendo desconhecido. Por exemplo, apenas cerca de 100.000 das 740.000 – 6 milhões de espécies fúngicas estimadas já foram descritas (TAYLOR et al., 2014). Entre as espécies de fungos descritas, cerca

de 50% ainda não possuem informações de sequência de DNA em bancos de dados públicos. Entre aqueles com DNA sequenciado, um número significativo de espécies foi representado por apenas uma cepa ou espécime, portanto faltam dados sobre variações de nucleotídeos para comparações intraespecíficas e interespecíficas (XU, 2016).

Informações sobre essas variações são críticas para distinguir espécies relacionadas. Além disso, comparações de sequências de DNA entre espécies existentes demonstraram que muitos caracteres fenotípicos tradicionalmente usados em fungos não necessariamente predizem o parentesco filogenético (DETTMAN et al. 2001). Por exemplo, não é incomum encontrar múltiplas espécies definidas morfológicamente que possuem as mesmas sequências de DNA na região ITS. Algumas das ambiguidades baseadas em métodos não moleculares foram causadas pela diversidade morfológica associada a diferentes estágios de desenvolvimento do mesmo fungo (O'DONNELL, 2000).

Em contrapartida, várias espécies crípticas são frequentemente descobertas em espécies únicas previamente descritas (HAGEN et al., 2015). Além do mais, o número de taxonomistas tradicionais está em declínio globalmente (DREW, 2011). Consequentemente, no futuro, a grande maioria da diversidade fúngica poderá ser avaliada somente pela comparação de sequências de DNA, ao invés de culturas vivas e espécimes físicos (HIBBETT, 2016). Assim, a identificação e reconhecimento de espécies baseados em DNA *barcoding* oferecem uma abordagem atraente a partir do qual se pode explorar a vasta diversidade de fungos.

No futuro, a grande maioria da diversidade fúngica poderá ser avaliada somente pela comparação de sequências de DNA, ao invés de culturas vivas e espécimes físicos (HIBBETT, 2016). Assim, a identificação e reconhecimento de espécies baseados em DNA *barcoding* oferecem uma abordagem importante a partir do qual se pode explorar a vasta diversidade de fungos. Atualmente, há um grande volume de produção científica sobre o assunto de DNA *barcoding* em fungos, portanto é importante ter uma caracterização quantitativa e qualitativa dessa produção para averiguar tendências e revelar lacunas no conhecimento.

A técnica de DNA *barcoding* tem sido usado com muito sucesso em fungos para variados fins, porém o escopo, as tendências, as dinâmicas e as lacunas de conhecimento nesse campo científico são pouco conhecidos e, portanto, não estão

descritas ou quantificadas. A caracterização quantitativa que este estudo visa estabelecer dá-se a partir do levantamento da quantidade de artigos publicados para a identificação molecular por meio de *barcoding* em fungos e da estimação da taxa de crescimento das publicações ao longo dos anos. Também será averiguado a tendência temporal dos estudos micológicos correlacionados com DNA *barcoding* e *metabarcoding* e fungos e os principais periódicos que publicam sobre *barcoding* em fungos serão indicados e quantificados. Para a caracterização quantitativa, será verificado quais os países que publicam sobre *barcoding* em fungos e a dinâmica colaborativa entre eles, destacando as colaborações entre os grupos. Também serão averiguadas as redes de co-ocorrência de temas presentes.

2.OBJETIVOS

2.1 OBJETIVO GERAL

O objetivo geral do trabalho foi utilizar uma abordagem cienciométrica para realizar uma caracterização da produção científica sobre o uso da técnica de *barcoding* e *metabarcoding* para a identificação de espécies de fungos.

2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Levantar a quantidade de artigos publicados sobre a identificação molecular por meio de *barcoding* e *metabarcoding* em fungos;
- Estimar a taxa de crescimento das publicações sobre *barcoding* e *metabarcoding* em fungos ao longo dos anos;
- Constatar a tendência temporal dos estudos micológicos correlacionados com *barcoding* e *metabarcoding* e fungos;
- Quantificar e indicar os principais periódicos que publicam sobre *barcoding* e *metabarcoding* em fungos;
- Verificar quais os principais países que publicaram sobre *barcoding* e *metabarcoding* em fungos;
- Conhecer a dinâmica colaborativa entre os países que trabalham com *barcoding* e *metabarcoding* em fungos, assim como destacar as colaborações entre os grupos;
- Avaliar as redes de co-ocorrência de temas relacionados.

3.METODOLOGIA

O estudo foi realizado a partir da busca no banco de dados da *Scopus*. Foram selecionados artigos relacionados ao tema *barcoding* e *metabarcoding* em fungos, utilizando as seguintes palavras-chave: *(fungi OR fungus OR fungal) AND (barcode OR barcoding OR metabarcode OR metabarcoding)*.

O período para a realização da busca foi definido a partir da data da primeira publicação em 2001 (na *Scopus*) até o dia 5 de novembro de 2020. A busca se restringiu quanto ao tipo de documento, selecionando somente artigos originais, porém não se restringiu quanto a idioma.

Após a realização da busca na base de dados, foi realizada a leitura dos resumos e/ou do artigo completo para confirmar se estavam dentro do contexto do tema da pesquisa. Foram descartados todos os documentos que não se tratavam do assunto de *barcoding* ou *metabarcoding* em fungos. Assim, a segunda seleção resultou numa lista de documentos cujos metadados foram salvos em um arquivo .bib. Em seguida, para as análises cienciométricas dos metadados, foi utilizada a plataforma *Bibliometrix*, juntamente com a interface *Biblioshiny*.

As figuras foram geradas a partir da interface *Biblioshiny* e do Microsoft Excel. Para as figuras da rede de co-ocorrência, as 50 palavras-chave mais utilizadas pelos autores foram selecionadas e foi gerado uma visualização das interligações entre palavras. Foram escolhidas 4 dessas palavras-chave para visualizar e descrevem em maior detalhe. Os parâmetros usados para gerar essas visualizações foram:

Field: Author's Keywords;

Network and Layout: Fruchterman & Reingold;

Normalization: jaccard;

Clustering Algorithm: Edge Betweenness e

Number of Nodes: 50.

4.RESULTADOS & DISCUSSÃO

A produção científica sobre DNA *barcoding* e *metabarcoding* em fungos que foi encontrada no banco de dados da *Scopus* entre 2001 e 5 de novembro de 2020 foi quantitativamente mais significativa do que esperado. Mais de 5.800 autores produziram e publicaram 1.165 artigos num espaço de tempo de 19 anos oriundos de 339 fontes (Tabela 1). O número de autores envolvidos nessas 1.165 publicações foi igual a 5.809. Os artigos têm em média 27,58 citações e 4,99 autores. Doze (12) artigos têm autor único enquanto o restante (1.153) tem múltiplos autores. O índice de colaboração é igual a 5,03 (Tabela 1).

Tabela 1: Informações gerais sobre a lista final de documentos gerados da busca sobre *barcoding* ou *metabarcoding* em fungos na plataforma *Scopus*.

<i>Descrição</i>	<i>Resultados</i>
<i>Documentos</i>	1.165
<i>Fontes</i>	339
<i>Palavras-chave Plus</i>	6.217
<i>Palavras-chave do autor</i>	3.065
<i>Período</i>	2001-2020
<i>Média de citações por documento</i>	27,58
<i>Autores</i>	5.809
<i>Documentos de autoria única</i>	12
<i>Documentos de autoria múltipla</i>	1.153
<i>Documentos por autor</i>	0,201
<i>Autores por documento</i>	4,99
<i>Co-autores por documento</i>	7,8
<i>Índice de colaboração</i>	5,03
<i>Tipos de documento</i>	Artigos originais

Inicialmente publicava-se pouco sobre o tema. Em 2002 e 2003 nenhum artigo foi publicado (Figura 1). No entanto, a taxa de crescimento média anual do número de publicações tem sido relativamente alta em torno de 36,65%. O maior índice de crescimento ocorreu entre 2019 (168 documentos publicados) e 5 de novembro de 2020 (202 documentos publicados) (Figura 1). Isso é devido ao fato do DNA *barcoding* ser um ferramenta bastante eficiente e cada vez mais acessível. A sua utilidade na identificação de espécies pode ser usada para variados fins. Além disso, a biodiversidade fúngica tem aplicações e relevância em muitas áreas de pesquisa desde biotecnologia à conservação à agricultura (XU, 2016).

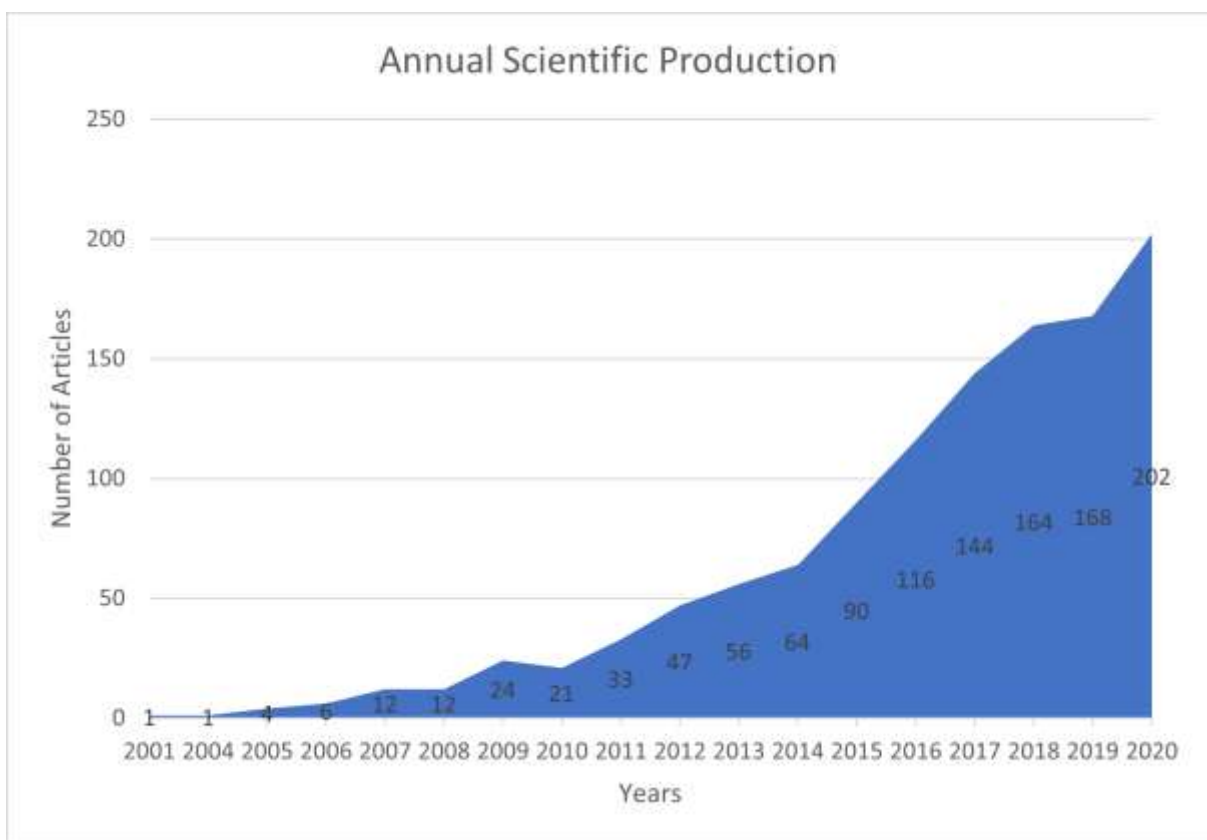


Figura 1: Produção científica anual sobre *barcoding* e *metabarcoding* de fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.

A média de citações de artigos por ano apresentou dois picos, sendo um em 2004 (com 14,9 citações) e um em 2012 (com 17,2 citações) (Figura 2). Isso indica que nesse conjunto de documentos, um ou mais artigos publicados em 2012 estão reunindo, em média, o maior número de citações totais por ano (Figura 2).

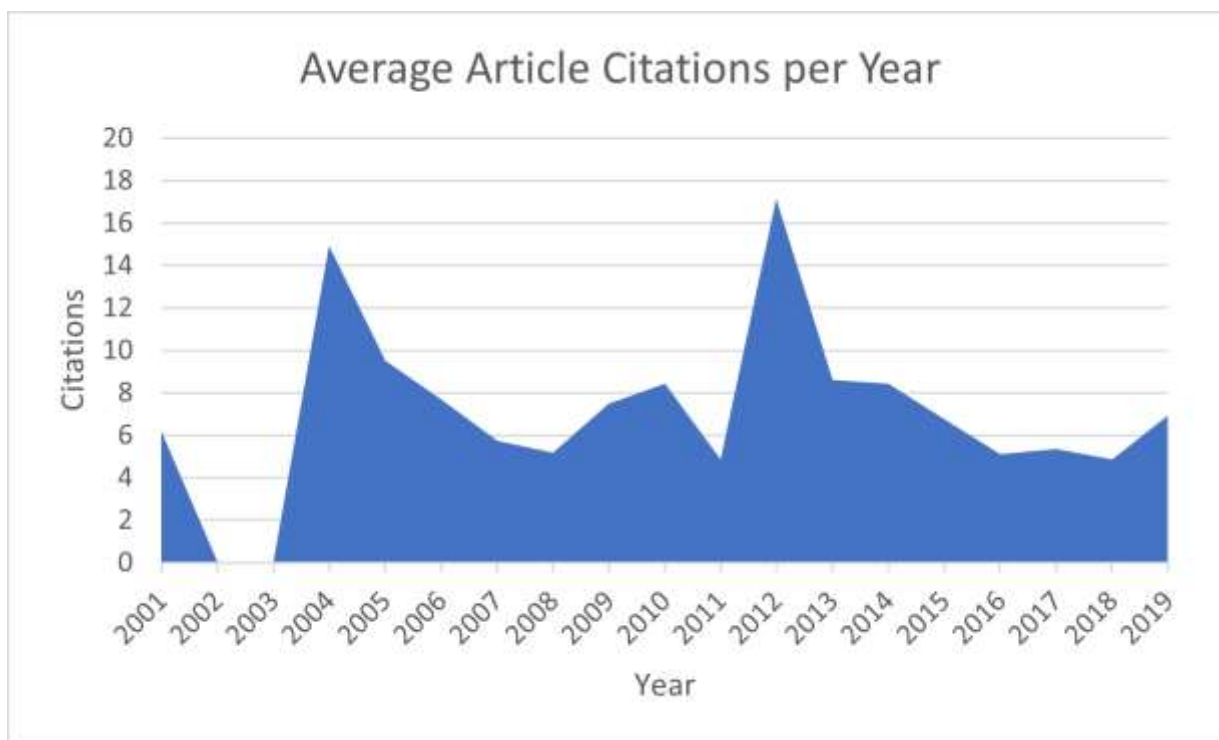


Figura 2: Média de citações totais de artigos sobre *barcoding* e *metabarcoding* de fungos por ano entre 2001 e 5 de novembro de 2020.

A relevância de uma fonte é determinada pelo número de documentos publicados sobre um determinado tema. O periódico científico *Applied Soil Ecology* é a fonte mais relevante da pesquisa seguida pelo *PLOS ONE* (Figura 3). Esse resultado pode ser devido a alguns fatores específicos às revistas. *Applied Soil Ecology* é uma fonte de artigos cujo enfoque é as relações que as comunidades de solos têm com a sustentabilidade e produtividade dos mesmos. Isso inclui processos como a ciclagem de nutrientes e também a manutenção das funções do solo, impactos antrópicos e controle de pragas e doenças através da biotecnologia (ASCHER-JENULL *et al.*, 2020). Fungos têm um papel de summa importância em todos os processos do solo e a maioria de sua diversidade pode ser encontrada lá (TAYLOR *et al.*, 2014). Além de ser uma revista que publica pesquisas primárias, a *PLOS ONE* é uma publicação completamente online que não se restringe quanto à área científica. A *PLOS ONE* também não exclui artigos em razão da falta de suposta importância ou aderência a um campo científico específico, verificando somente o vigor dos experimentos e análises de dados a serem publicados (MACCALLUM, 2006). Por esses motivos, o número de artigos publicados são mais altos no *Applied Soil Ecology* e *PLOS ONE* explicando assim a relevância dessas fontes.

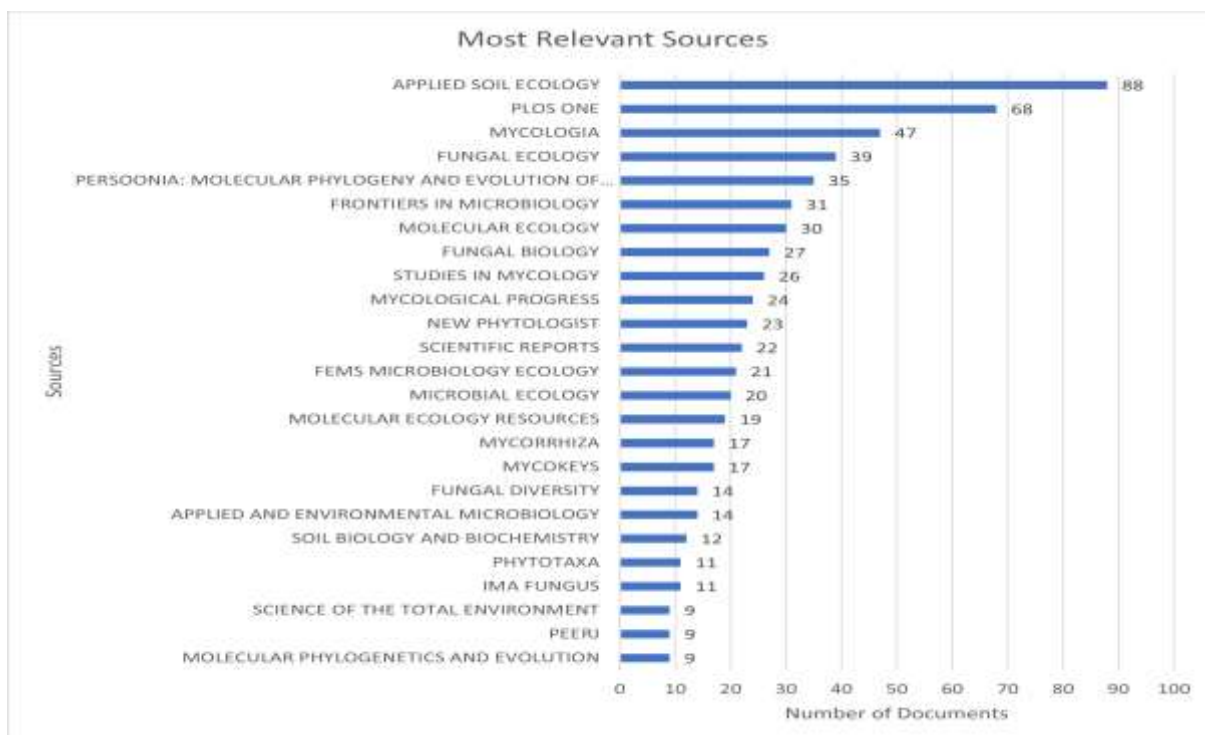


Figura 3: Fontes de publicação com o maior número de documentos publicados sobre *barcoding* e *metabarcoding* de fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.

Todo trabalho científico baseia-se em trabalhos prévios e os artigos sobre *barcoding* e *metabarcoding* de fungos não são exceção. Neste caso, a grande maioria das citações são oriundas de periódicos científicos. Os artigos selecionados do presente trabalho citaram 2.270 documentos publicados em *New Phytologist*, seguido por *Fungal Diversity*, *Mycologia* e *Molecular Ecology* com 2.150, 1.966 e 1.561 documentos respectivamente (Figura 4). O *New Phytologist* abrange todos os aspectos da botânica e publica sobre diversos temas, como ecofisiologia, interações planta-solo, genômica fúngica e filogenética, onde a técnica de DNA *barcoding* em fungos tem ampla aplicabilidade (HETHERINGTON, [entre 1999 e 2020]). O *Fungal Diversity* publica artigos abrangendo todas as facetas do campo da micologia. Suas publicações abrangem os temas de biodiversidade e filogenia sistemática e molecular e é o único periódico no mundo dedicado exclusivamente à diversidade de fungos (YANG, [2020]). O periódico *Mycologia* publica sobre todos os aspectos da micologia. Essas fontes são as mais citadas provavelmente porque elas abrangem uma multiplicidade elevada de temas que podem ser citados por maior número de pesquisadores.

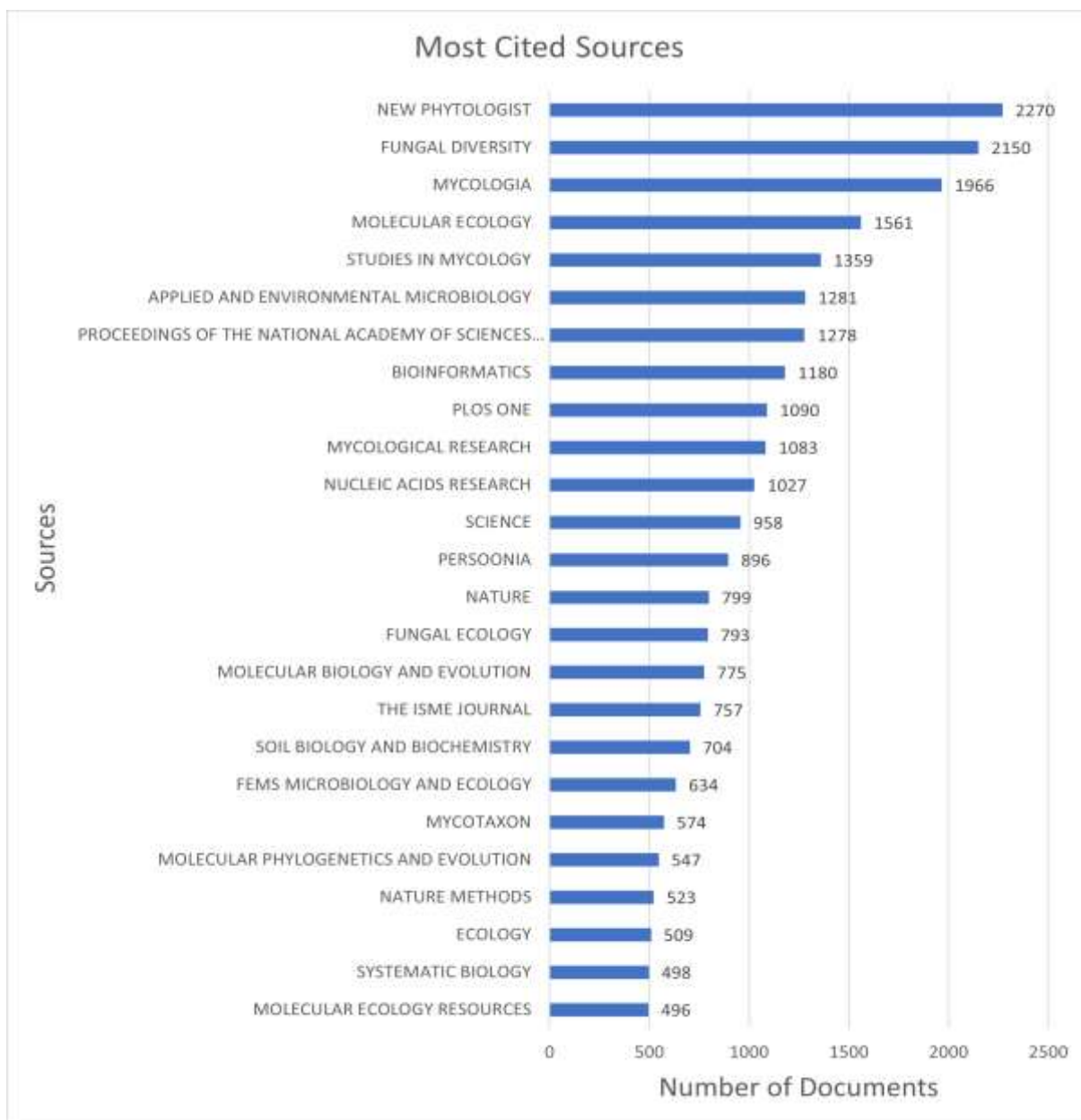


Figura 4: Fontes com o maior número de documentos citados sobre *barcoding* e *metabarcoding* de fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.

Quando se analisa as tendências temporais das publicações sobre o tema de *barcoding* e *metabarcoding* em fungos, percebe-se que atualmente algumas fontes estão em declínio enquanto outras estão aumentando seu número de publicações anuais (Figura 5). As oito fontes com maior número de publicações por ano sobre *barcoding* e *metabarcoding* em fungos, são: *Frontiers in Microbiology*, *Fungal Ecology*, *Mycologia*, *PLOS ONE*, *Molecular Ecology*, *Studies in Mycology*, *Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi* e *Fungal Biology*. Os periódicos *PLOS ONE*, *Fungal Biology* e *Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi* tiveram seu auge

em número de publicações sobre o tema entre 2015 e 2017 e subsequentemente o seu número de publicações tem diminuído com o tempo. Em contrapartida, *Frontiers in Microbiology*, *Fungal Ecology*, *Mycologia* e *Molecular Ecology* apresentam uma tendência crescente de número de publicações, com *Frontiers in Microbiology* publicando mais sobre o tema do que todas as outras (Figura 5). Uma possível explicação para essas tendências é que, com o aumento na acessibilidade das técnicas de *metabarcoding* e *next-generation sequencing*, há um aumento no número de artigos publicados de viés ecológico e de comunidades. O presente trabalho não oferece uma explicação concreta pelo declínio no número de artigos publicados pela *PLOS ONE*, *Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi* e *Fungal Biology*.

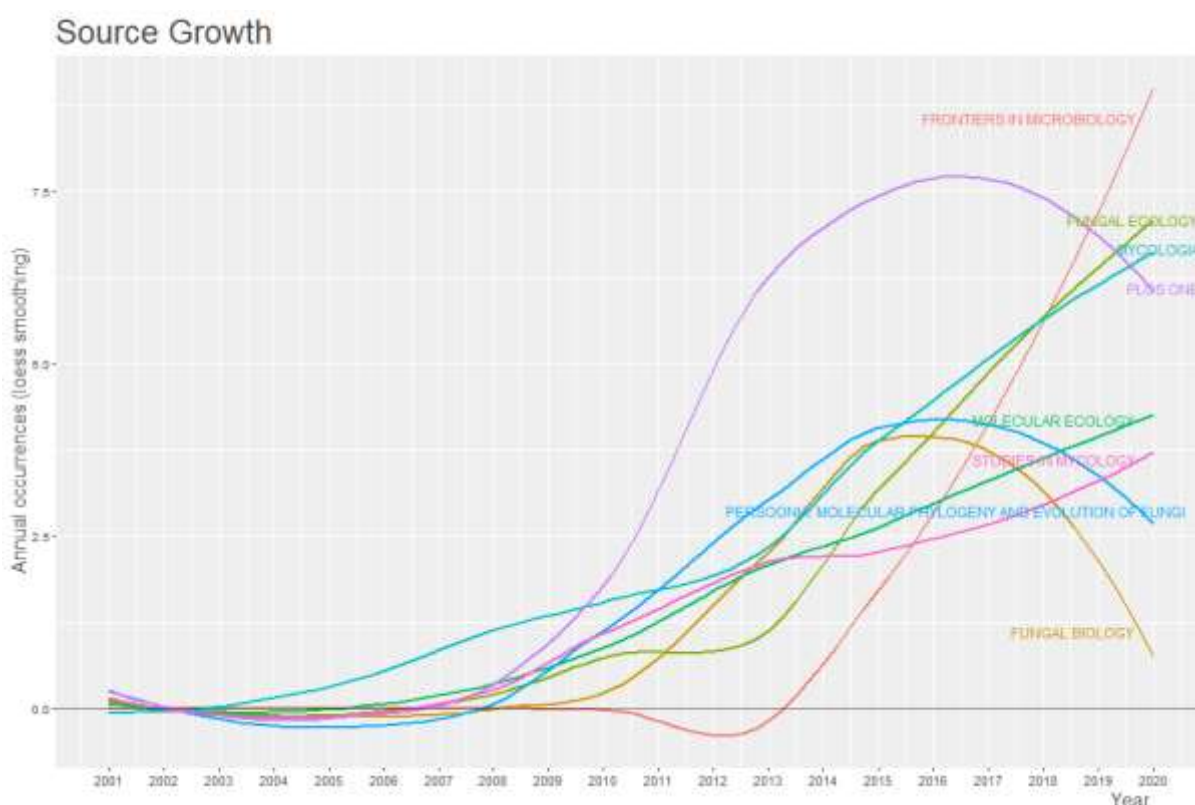


Figura 5: Número de publicações anuais sobre *barcoding* e *metabarcoding* de fungos da *Frontiers in Microbiology*, *Fungal Ecology*, *Mycologia*, *PLOS ONE*, *Molecular Ecology*, *Studies in Mycology*, *Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi* e *Fungal Biology* entre 2001 e 5 de novembro de 2020.

Quando se trata do número de publicações cumulativas sobre *barcoding* e *metabarcoding* de fungos, percebe-se que a *PLOS ONE*, apesar de ter um número decrescente de publicações anuais (Figura 5), mesmo assim tem o maior número de

publicações totais, seguida por *Mycologia*, *Fungal Biology*, *Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, *Fungal Biology*, *Molecular Ecology*, *Frontiers in Microbiology* e *Studies in Mycology* (Figura 6).

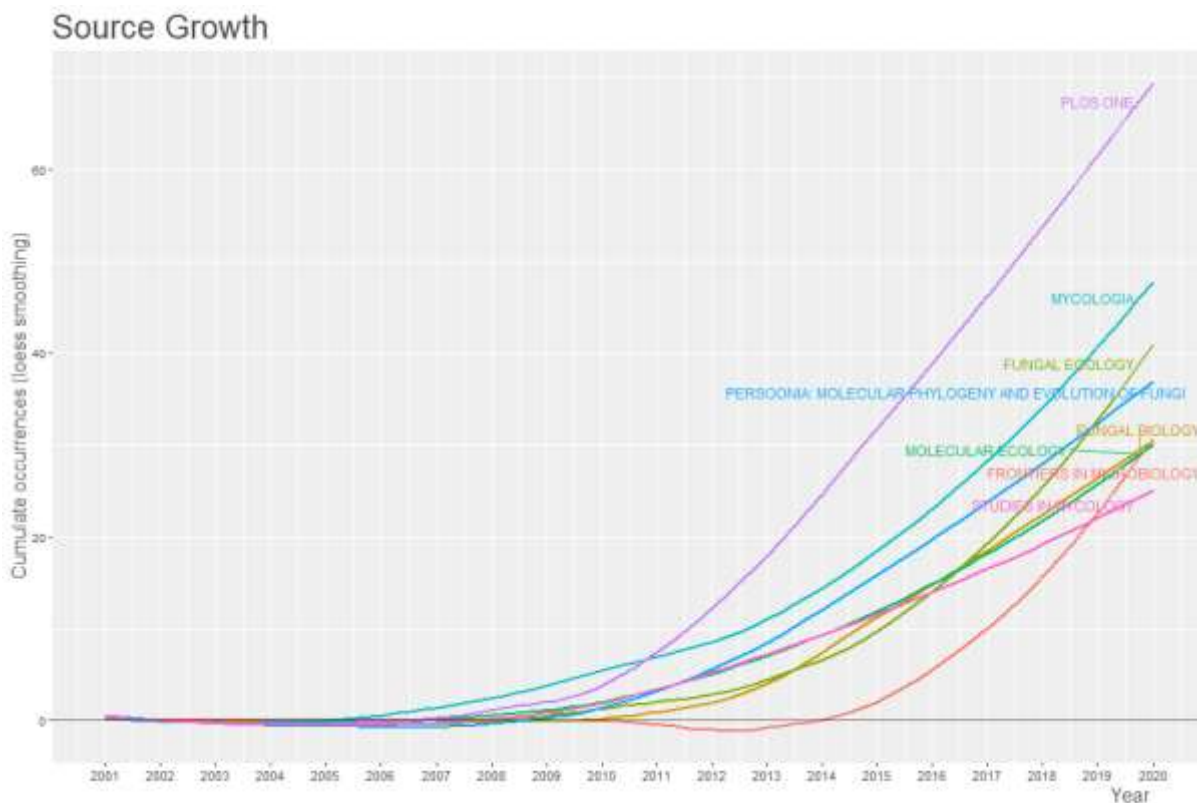


Figura 6: Número cumulativo de publicações sobre *barcoding* e *metabarcoding* de fungos da *Frontiers in Microbiology*, *Fungal Ecology*, *Mycologia*, *PLOS ONE*, *Molecular Ecology*, *Studies in Mycology*, *Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi* e *Fungal Biology* entre 2001 e 5 de novembro de 2020.

A Lei de Bradford foi desenvolvida como uma ferramenta para averiguar a produção de periódicos. Ela descreve a conexão entre periódicos de forma quantitativa onde os periódicos são organizados em ordem decrescente de produtividade e divididos em zonas iguais. O número de periódicos é distribuído no núcleo e zonas sucessivas na proporção de $1: n: n^2$, onde n é o multiplicador (GOURIKEREMATH *et al.*, 2017). Analisando os dados, pode-se identificar as doze fontes centrais do tema de *barcoding* e *metabarcoding* de fungos por meio da Lei de Bradford. Neste caso, as fontes centrais são os periódicos *PLOS ONE*, *Mycologia*, *Fungal Ecology*, *Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi*, *Frontiers in Microbiology*, *Molecular Ecology*, *Fungal Biology*, *Studies in Mycology*, *Mycological*

Progress, New Phytologist, Scientific Reports e FEMS Microbiology Ecology (Figura 7).

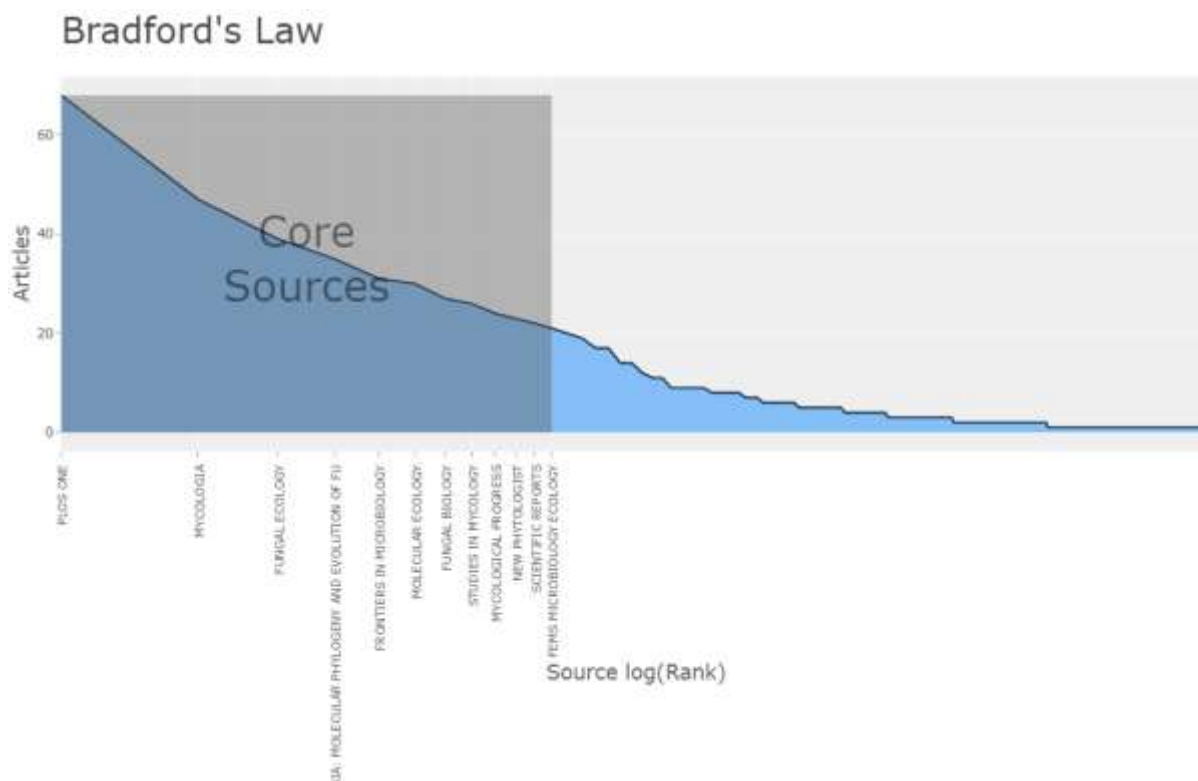


Figura 7: Fontes centrais do tema de *barcoding* e *metabarcoding* em fungos determinadas pela Lei de Bradford entre 2001 e 5 de novembro de 2020.

O impacto das fontes foi determinado usando o índice-h. Para artigos, h é definido como sendo o número de artigos publicados pelo periódico que foram citados pelo menos h vezes num período de tempo determinado (EVALUATING, 2020). Neste caso, o período de tempo foi definido como o número de anos desde a primeira publicação até a mais recente. O *Personia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi* tem o maior impacto com um índice-h de 26. Isso significa que esta fonte publicou 26 artigos sobre *barcoding* e *metabarcoding* de fungos que foram citados pelo menos 26 vezes entre 2001 e 5 de novembro de 2020 (Figura 8).

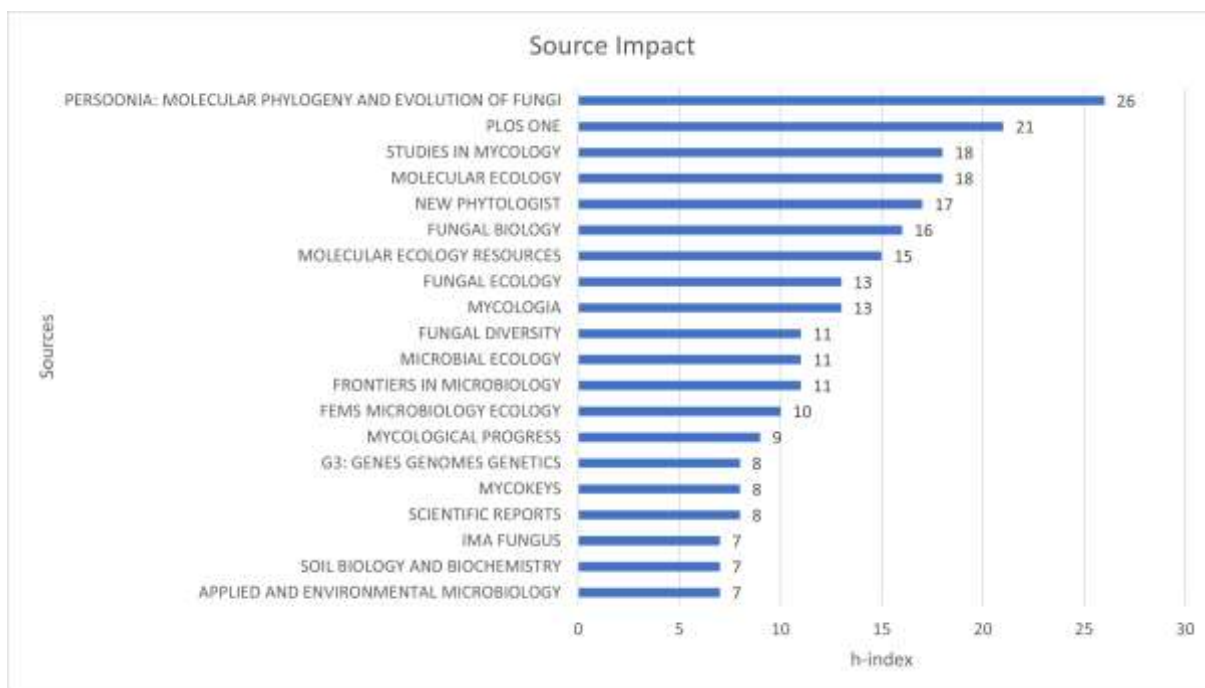


Figura 8: Índice-h das fontes de maior impacto sobre o tema de *barcoding* e *metabarcoding* em fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.

A relevância de um autor é determinada pela quantidade de publicações sobre um determinado tema. Os Drs. Pedro Willem Crous, Johannes Z. Groenenwald, Mike Wingfield, Keith A Seifert e Leho Tedersoo são os autores mais relevantes quando se trata do tema de DNA *barcoding* e *metabarcoding* de fungos, tendo 162 artigos publicados entre eles (Figura 9). O Dr. Crous e Dr. Groenenwald estão afiliados ao Westerdijk Fungal Biodiversity Institute nos Países Baixos, o Dr. Wingfield à Universidade de Pretoria na África do Sul, Dr. Seifert a instituições canadenses e Dr. Tedersoo à Universidade de Tartu na Estônia. Por esses dados, está bem aparente o tamanho da relevância que pesquisadores da Holanda têm quando se trata de DNA *barcoding* e *metabarcoding* em fungos.

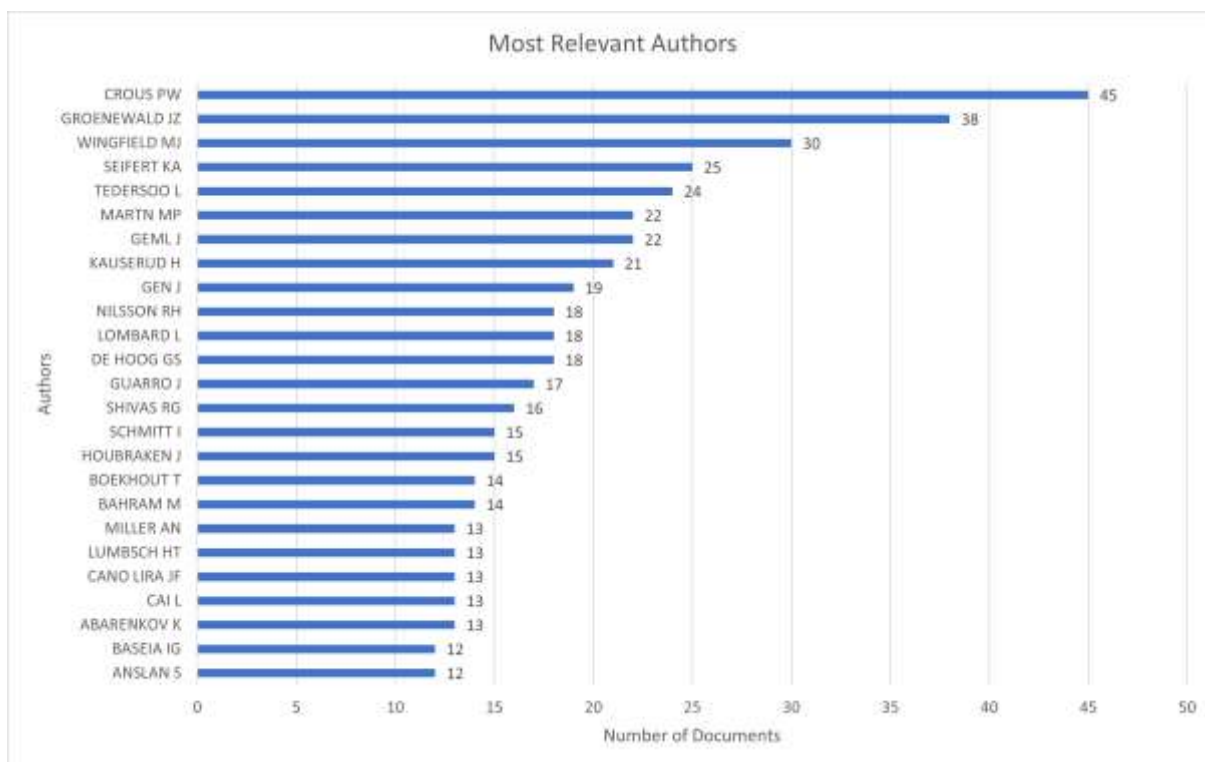


Figura 9: Autores com o maior número de publicações sobre o tema de *barcoding* e *metabarcoding* de fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.

É possível verificar que alguns autores publicaram sobre *barcoding* e *metabarcoding* de fungos durante muitos anos, enquanto outros autores realizam publicações esporádicas sobre o tema (Figura 10). O tamanho do círculo na figura é proporcional ao número de documentos publicados pelo autor naquele ano e a intensidade da cor do círculo é proporcional ao número total de citações por ano. Os autores Crous, P.W., Seifert K.A., e de Hoog, G.S. publicaram artigos sobre *barcoding* e *metabarcoding* de fungos desde 2005, ou seja, por mais tempo que qualquer outro autor. O Crous P.W., de Hoog G.S., e Tedersoo, L publicaram o maior número de artigos em um ano (sete) em 2016, 2016 e 2018 respectivamente. Percebe-se na Figura 10 que o ano de 2012 teve um maior índice de citações de documentos. Isso se deve ao artigo *Nuclear ribosomal internal transcribed space (ITS) region as a universal DNA barcode marker for fungi*, publicado em 2012 e escrito por 12 autores presentes na Figura 10. Esse artigo foi citado 2.434 vezes com uma média de 270,44 citações por ano (Figura 12).

Top-Authors' Production over the T

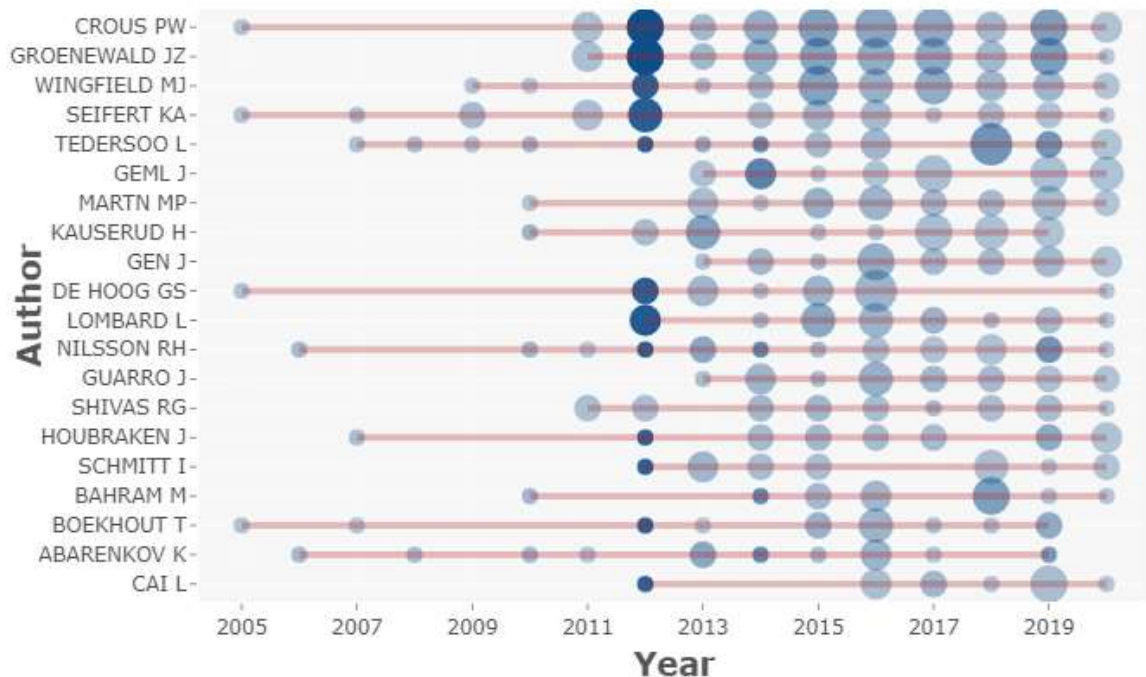


Figura 10: Número de publicações e citações anuais de autores sobre *barcoding* e *metabarcoding* de fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.

O impacto e produtividade de um autor podem ser medidos usando o índice-h. O índice-h para autores é calculado na maneira em que h seja o número de artigos publicados por um autor que fossem citados pelo menos h vezes (EVALUATING, 2020). Crous P.W., Groenewald J.Z. e Wingfield M.J. têm o maior impacto (Figura 11). Isso significa que Crous P.W. publicou 32 artigos sobre *barcoding* ou *metabarcoding* de fungos que foram citados pelo menos 32 vezes. Para Groenewald J.Z. esse número é 30 e para Wingfield M.J. esse número é 23.

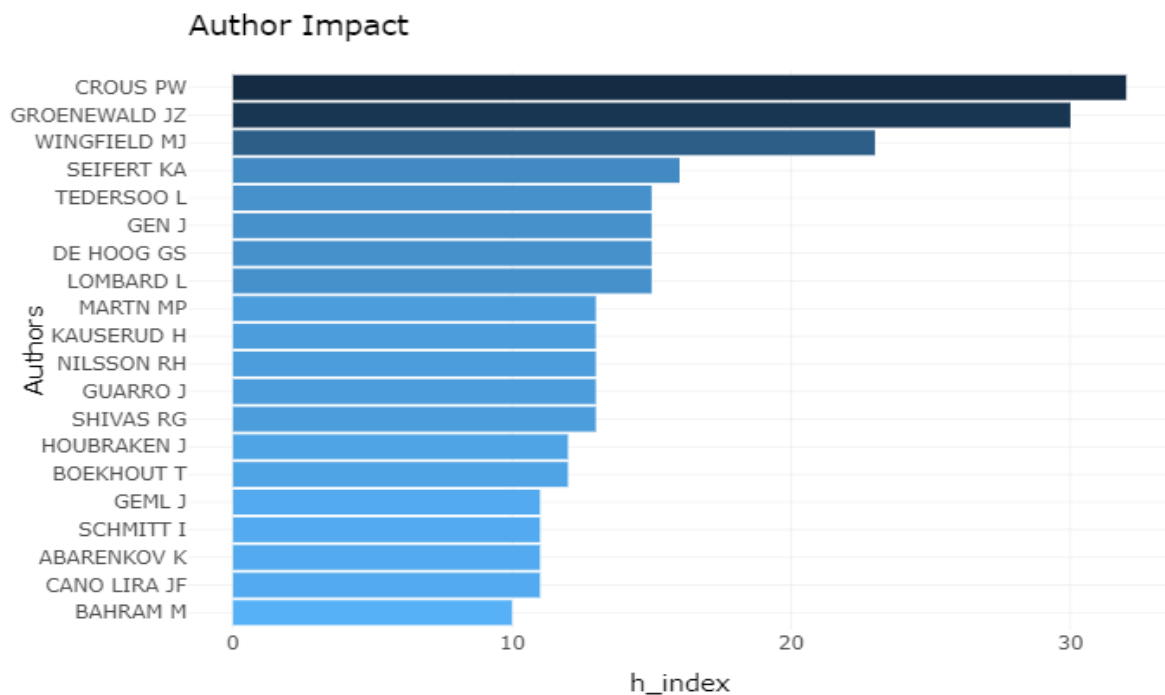


Figura 11: Índice-h dos autores de maior impacto sobre o tema de *barcoding* e *metabarcoding* em fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.

O artigo publicado por Schoch, C.L em 2012 é o documento mais citado sobre o tema de *barcoding* e *metabarcoding* de fungos com 2.434 citações globais. Este valor é mais que o dobro do segundo artigo mais citado de Tedersoo L, publicado em 2014 e que apresenta 1.121 citações (Figura 12).

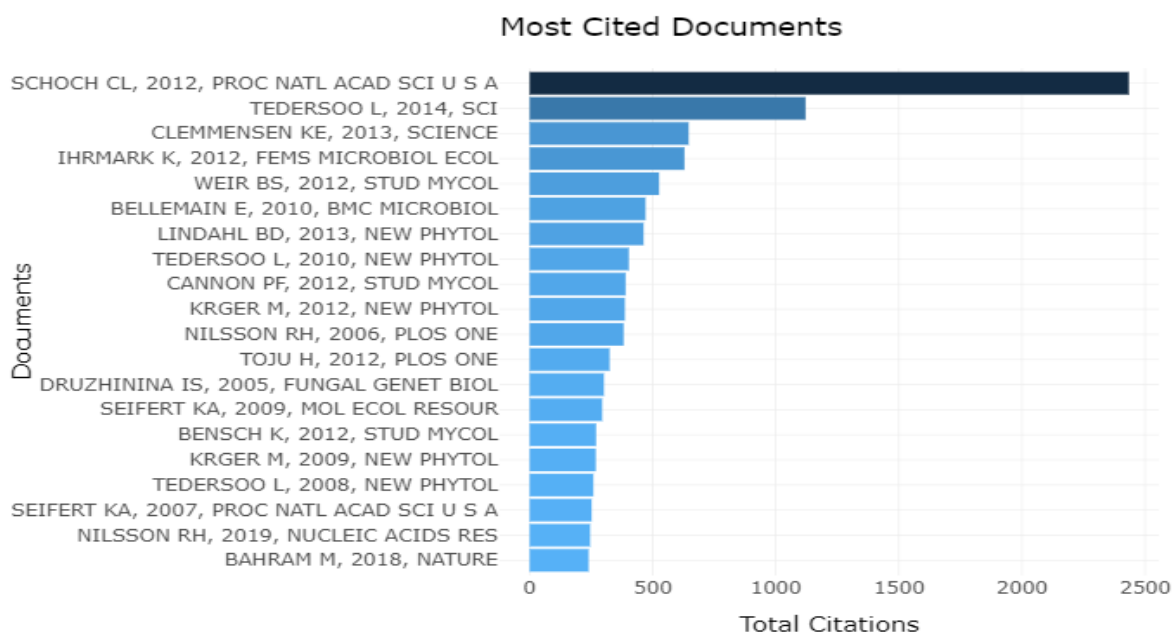


Figura 12: Artigos sobre *barcoding* e *metabarcoding* de fungos com o maior número de citações globais entre 2001 e 5 de novembro de 2020.

A Figura 13 apresenta um mapa do mundo indicando o número de documentos sobre *barcoding* e *metabarcoding* de fungos publicados por país. A intensidade da cor é proporcional ao número de publicações.

Country Scientific Production

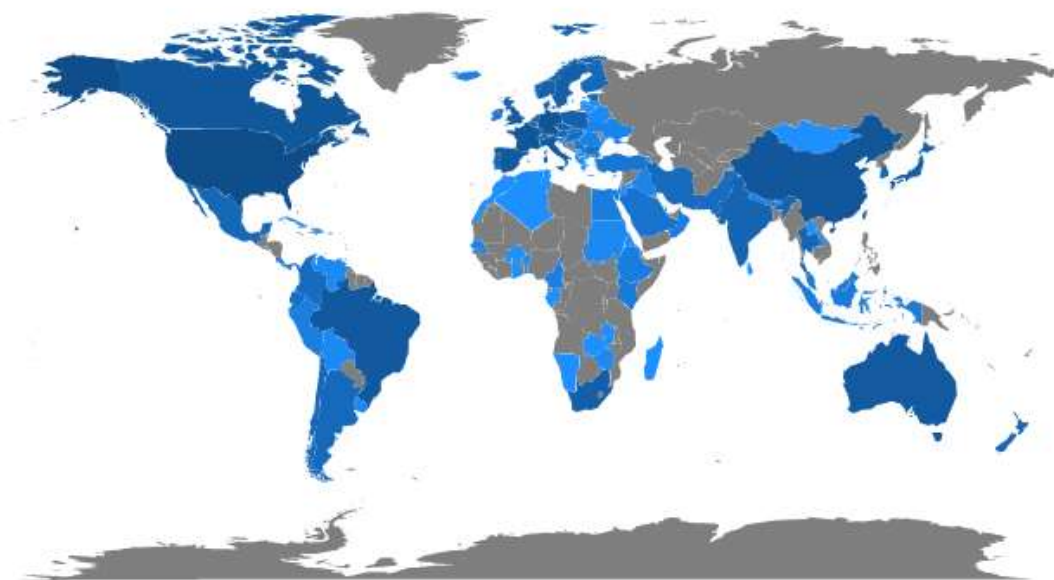


Figura 13: Produção científica sobre *barcoding* e *metabarcoding* de fungos por país entre 2001 e 5 de novembro de 2020.

A taxa de colaboração internacional entre os autores de diversos países é abordada na Figura 14. Dos 20 países que mais publicam sobre DNA *barcoding* de fungos, 11 apresentam alto nível de colaboração intencional e 9 apresentam baixo nível de colaboração internacional – baixa colaboração sendo definida como menos da metade das publicações sendo fruto de uma colaboração com autores de outro país. Pode-se interpretar que a Alemanha, os Países Baixos, a França, a Itália, a Espanha, a Noruega, a Áustria, a Suécia, a Austrália, a Dinamarca e a Estônia apresentam um alto nível de colaboração internacional. Todos os países com alto índice de colaboração internacional estão localizados na Europe exceto a Australia. Os únicos países europeus que apresentam um baixo índice colaborativo são o Reino Unido e a Polônia. Os autores das Américas e da Ásia colaboram com autores estrangeiros menos de 50% de suas publicações sobre *barcoding* e *metabarcoding* de fungos. Os EUA, Alemanha e os Países Baixos são os países com o maior número

de publicações sobre *barcoding* e *metabarcoding* de fungos (Figura 14). O Brasil está em décimo lugar.

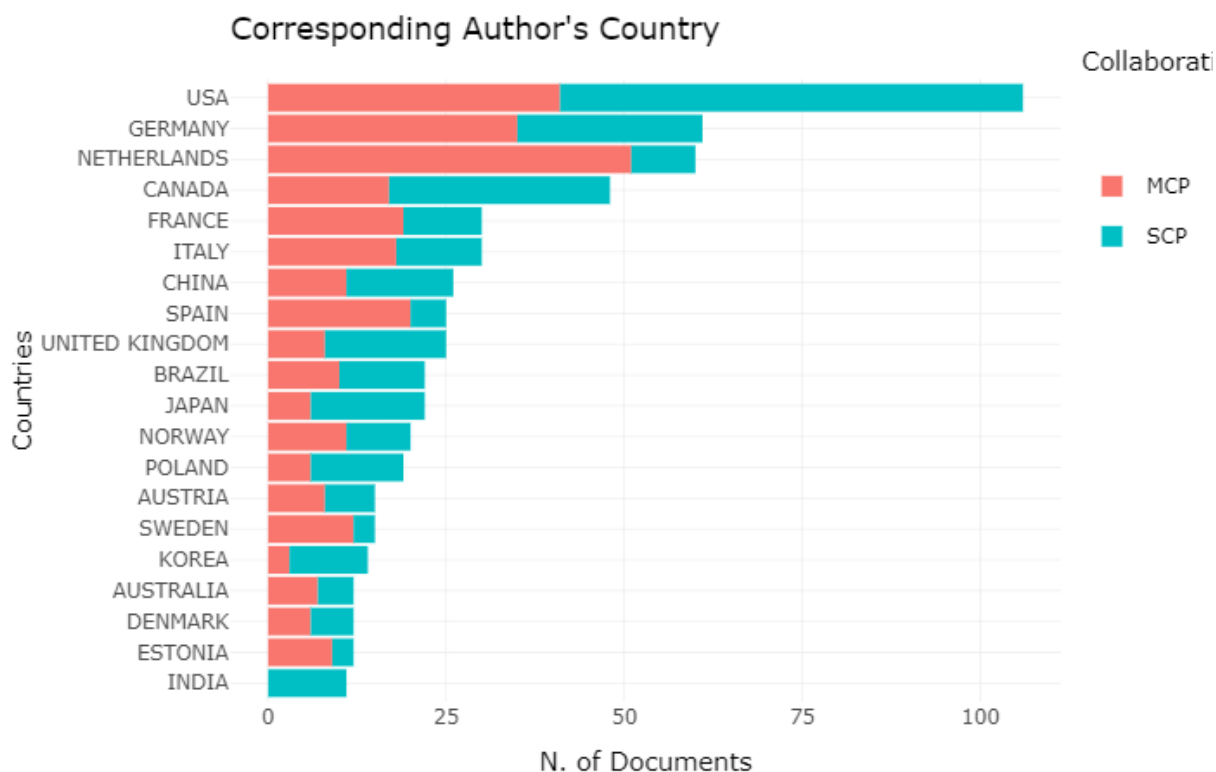


Figura 14: Número de documentos sobre *barcoding* e *metabarcoding* de fungos correspondendo ao país dos autores, diferenciando entre publicações envolvendo múltiplos países (alaranjado) e publicações de país único (verde) entre 2001 e 5 de novembro de 2020. MCP – *multiple country publications*; SCP – *single country publications*.

Em número de citações, os EUA está em primeiro lugar com quase o dobro do número de citações de documentos dos Países Baixos, que está em segundo lugar. O Brasil está em décimo sétimo lugar com 212 citações (Figura 15). Esse resultado está em linha com os outros resultados. Os EUA têm o maior número de citações porque é o país com o maior número absoluto de publicações. . A mesma conclusão pode ser tirada para os Países Baixos e a Alemanha. No entanto, o grande número de citações vindo da Estônia e da Suécia não pode ser explicado pelo número absoluto de publicações desses países, mas sim pela maior relevância dos autores.

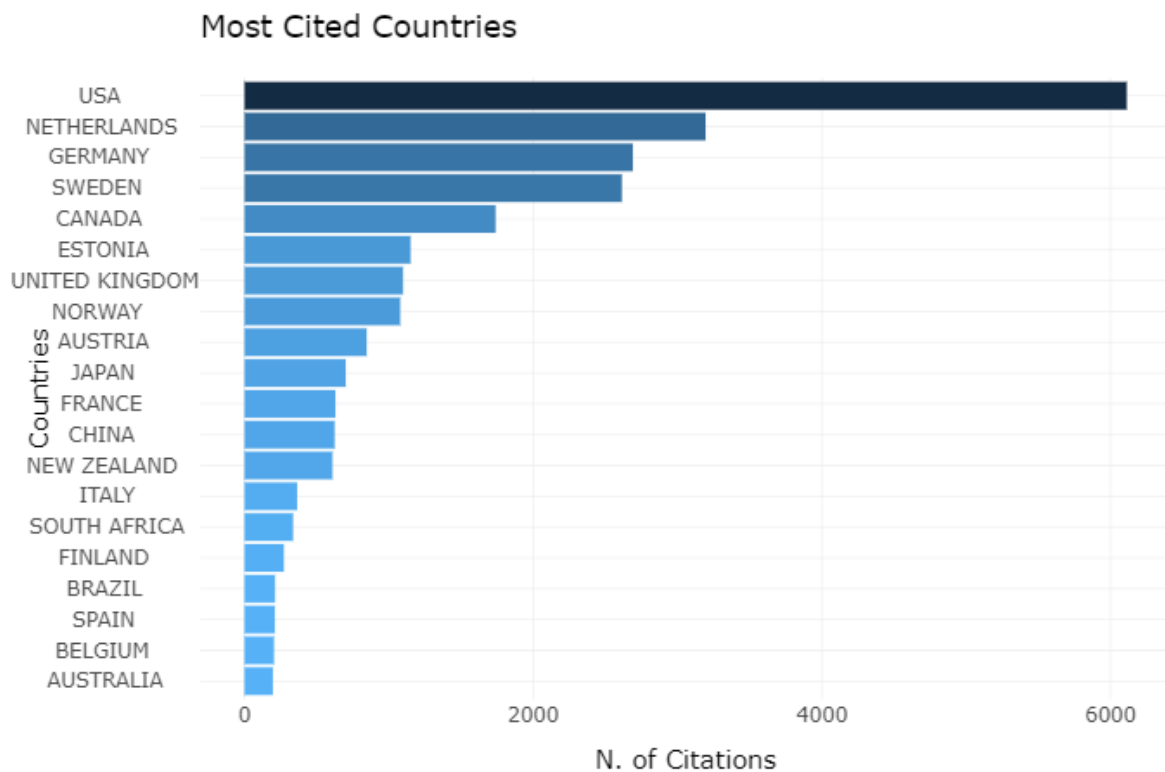


Figura 15: Países com maior número de citações de documentos sobre *barcoding* e *metabarcoding* de fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.

Da mesma forma que é possível medir a relevância de autores, pode-se medir a relevância de instituições pelo número de publicações afiliados a elas. Todas as publicações desta lista estão afiliadas a uma instituição de ensino e/ou pesquisa. A grande maioria das instituições afiliadas mais relevantes são universidades. Das 20 instituições mais relevante ao tema de DNA barcoding e metabarcoding de fungos, 11 estão localizados na Europa, 5 na América do Norte, 2 na América do Sul, 1 na África e 1 na Ásia. A Universidade de Pretoria na África do Sul é a instituição mais relevante, seguida pela Universidade de Tartu, na Estônia, a CBS-Knaw Fungal Biodiversity Center nos Países Baixos e a Universidade de Oslo na Noruega (Figura 16). Os EUA e os Países Baixos são os países com o maior número de instituições relevantes (quatro). Duas instituições brasileiras, ambas na região nordeste, estão entre as 20 mais relevantes.

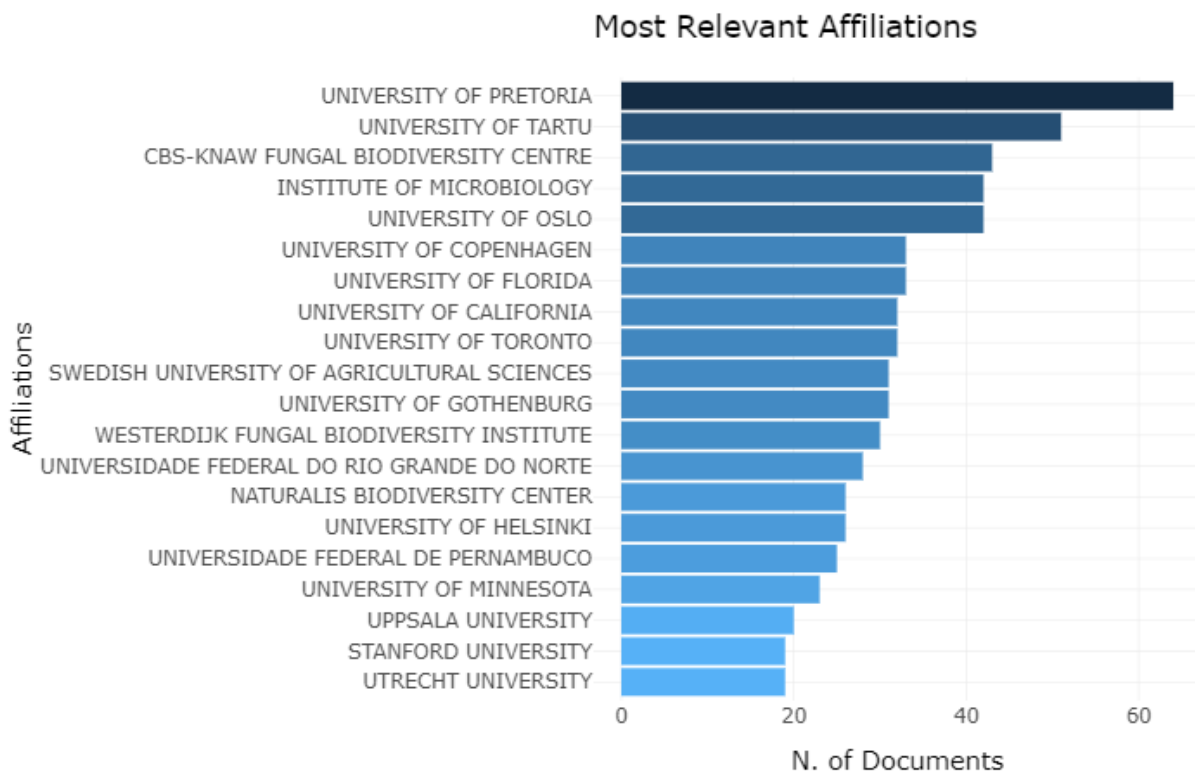


Figura 16: Instituições afiliadas com maior número de publicações sobre o tema de *barcoding* e *metabarcoding* de fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.

Redes de co-ocorrência mostram as maneiras em que certas palavras significativas estão relacionadas. A Figura 17 mostra a rede de co-ocorrência da palavra-chave “microbiome”. Percebe-se que a palavra-chave e, portanto, o tema “microbioma” está ligada a duas áreas bem distintas – a de metabarcoding e a da metagenômica. Isso é interessante, pois são duas maneiras diferentes de abordar e descrever um microbioma. O metabarcoding é uma técnica que resolve problemas taxonômicos e é usado para determinar quais espécies estão presentes numa amostra (DNA..., 2020). Por outro lado, a metagenômica é mais abrangente e se interessa também pelo que um organismo faz. A metagenômica tende a sequenciar mais regiões do genoma com o intuito de identificar funções de genes, além de identificá-los (HEALY et al., 1995).

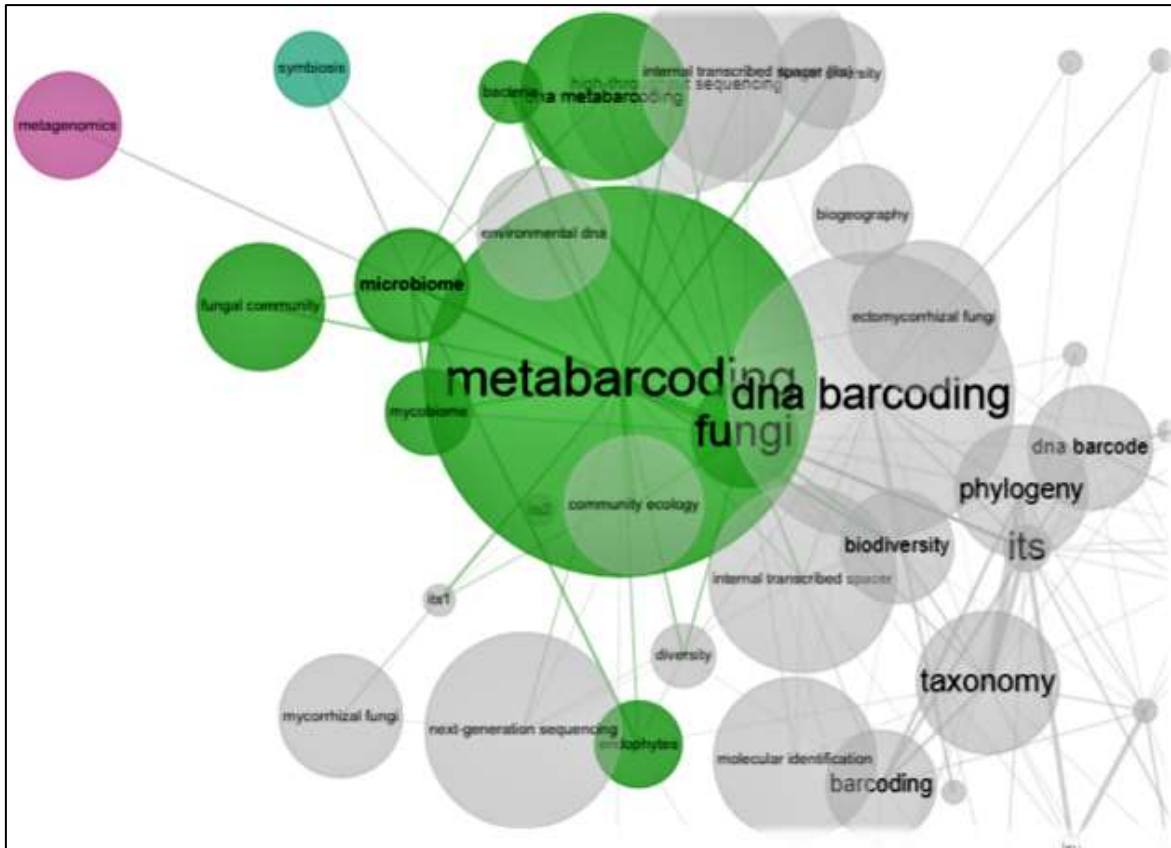


Figura 17: Mapa da rede de co-ocorrência da palavra-chave “microbiome” em relação às 50 palavras-chave mais usadas pelos autores sobre o tema de *barcoding* e *metabarcoding* de fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.

Na Figura 18 foi destacada a palavra-chave “cryptic species”. Espécies crípticas são espécies cuja identificação através da morfologia é impossível. Isso é um fenômeno muito comum em fungos (HIBBET, 2016). Essa palavra-chave tem co- 42 ocorrência com “species delimitation” e “taxonomy”. Isso faz sentido, pois uma das metas principais metas da taxonomia é a delimitação de espécies. Percebe-se também que espécies crípticas está associada a técnica de DNA barcoding e não metabarcoding.

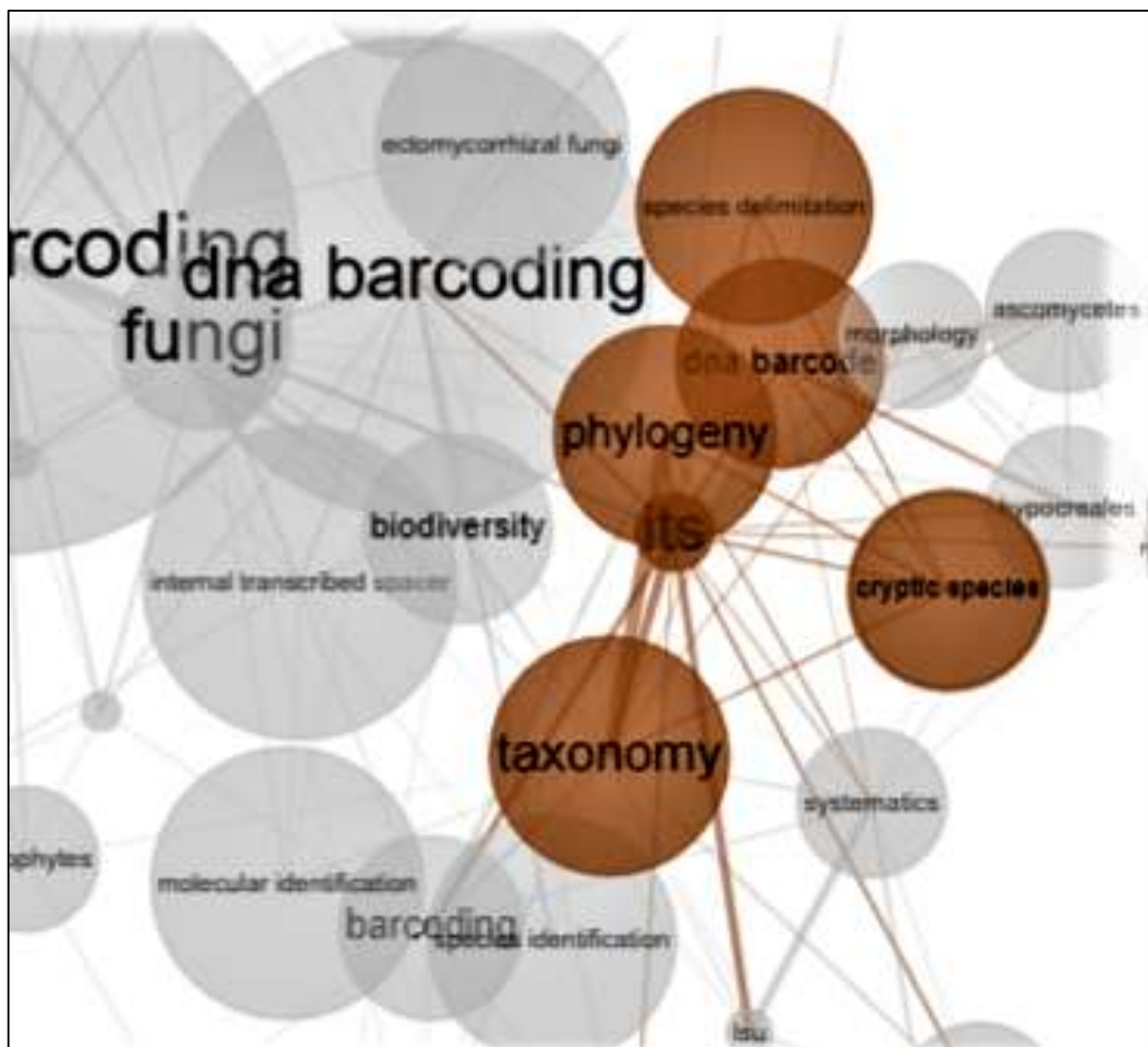


Figura 18: Mapa da rede de co-ocorrência da palavra-chave “cryptic species” em relação às 50 palavras-chave mais usadas pelos autores sobre o tema de *barcoding* e *metabarcoding* de fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.

Por outro lado, a palavra-chave “community ecology” tem uma forte co-ocorrência com metabarcoding, pois essa técnica seria mais adequada para determinar a composição de uma comunidade ecológica (Figura 19)

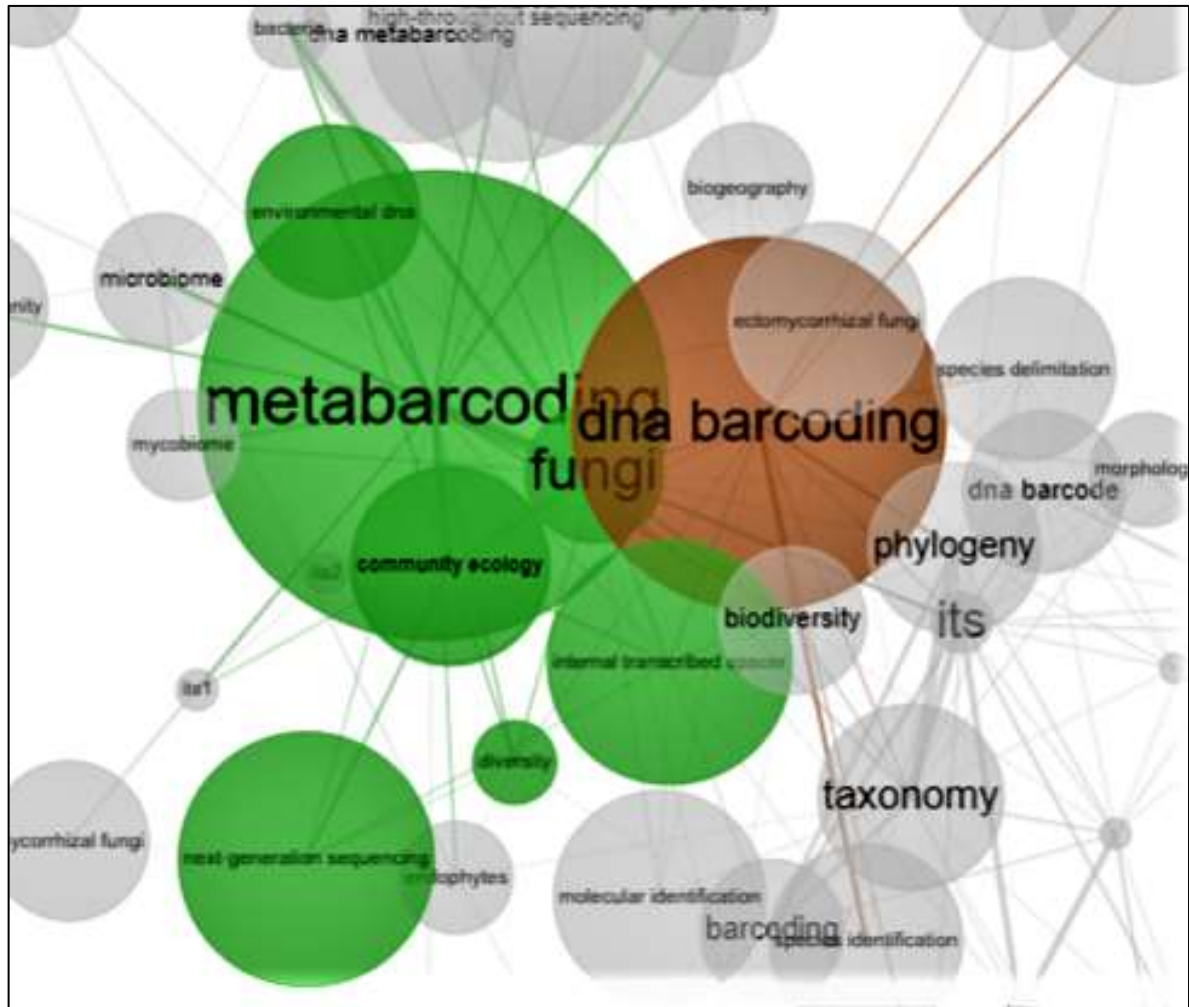


Figura 19: Mapa da rede de co-ocorrência da palavra-chave “community ecology” em relação às 50 palavras-chave mais usadas pelos autores sobre o tema de *barcoding* e *metabarcoding* de fungos entre 2001 e 5 de novembro de 2020.

5.CONCLUSÃO

- A partir dos dados obtidos foi possível verificar um no número crescente de publicações nos últimos 19 anos sobre *barcoding* e *metabarcoding* de fungos;
- Os periódicos mais relevantes para publicação de artigos nessa área são *Applied Soil Ecology*, *PLOS ONE*, *Mycologia* e *Fungal Ecology*;
- Os países do noroeste europeu e norte-americanos são os principais que publicam sobre o tema;
- A alta taxa de colaboração internacional está fortemente associada a países europeus, enquanto os países asiáticos, norte-americanos e sul-americanos apresentam baixa taxa de colaboração internacional;

6.REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AINSWORTH, G.C. *et al.* **Ainsworth and Bisby's Dictionary of the Fungi**. Wallingford, UK: CAB International, 2008.

ALEXOPOULOS, C.J.; MIMS, C.W.; BLACKWELL, M.M. **Introductory Mycology**. New York, U.S.A: Wiley and Sons, 1996.

ARIA, M.; CUCCURULLO, C. **bibliometrix: Uma ferramenta R para análise abrangente de mapeamento científico**. *Journal of Informetrics*, v.11, n.4, p. 959-975, Elsevier. 2017.

ASCHER-JENULL, Judith et al. **Applied Soil Ecology**. [S. l.]: Elsevier, 2020. Disponível em: <https://www.journals.elsevier.com/applied-soil-ecology>. Acesso em: 13 nov. 2020.

BLACK, P.E. Bradford's law. 17. ed. [S. l.]: **Dictionary of Algorithms and Data Structures**, 17 dez. 2004. Disponível em: <https://www.nist.gov/dads/HTML/bradforwardsLaw.html>. Acesso em: 13 nov. 2020.

BREHM, G.; HERBERT, P.D.N.; COLWELL, R.K.; ADAMS, M.O.; BODNER, F.; FRIEDEMANN, K. Turning up the heat on a hotspot: DNA barcodes reveal 80% more species of geometrid moths along an andean elevational gradient. **PLOS ONE**, [s. l.], v. 11, 2016.

BUSH, A.; SOLLMANN, R.; WILTING, A.; BOHMANN, K.; COLE, B.; BALZTER, H. Connecting earth observation to high-throughput biodiversity data. **Nature Ecology & Evolution**, [s. l.], v. 1, ed. 0176, 2017.

DETTMAN, J.R.; HARBINSKI, F.M.; TAYLOR, J.W. Ascospore morphology is a poor predictor of phylogenetic relationships of Neurospora and Gelasinospora. **Fungal Genetics and Biology** [S. l.], v. 34, p. 49-61, 2001.

DNA Barcoding: A Tool for Specimen Identification and Species Discovery. [S. l.]: **International Barcode of Life**, 2020. Disponível em: <https://ibol.org/about/dna-barcoding/>. Acesso em: 13 nov. 2020.

DREW, L.W. Are we losing the science of taxonomy?. **BioScience**, [S. l.], v. 61, p. 942-946, 2011.

EVALUATING Information Sources: Impact Factors and Citation Counts. Califórnia: **University of Southern California**, 7 abr. 2020. Disponível em: <https://libguides.usc.edu/evaluate/impact>. Acesso em: 13 nov. 2020.

GOURIKEREMATH, Gouri N; HIREMATH, Rudramuni; KUMBAR , B.D.; HADAGALI, Gururaj S. Application of Bradford's law of Scattering to the Literature of Microbiology in India. **Library Philosophy and Practice**, Lincoln, Nebraska, n. 1546, p. 1-19, jul. 2017. Disponível em: <http://digitalcommons.unl.edu/libphilprac/1546>. Acesso em: 13 nov. 2020.

GRANTHAM, N.S *et al.* Fungi identify the geographic origin of dust samples. **PLoS ONE**, [S. l.], v. 10, n. 4, 2015.

HAGEN, F. *et al.* Recognition of seven species in the *Cryptococcus gattii*/*Cryptococcus neoformans* species complex. **Fungal Genetics and Biology**, [S. l.], v. 78, p. 16-48, 2015.

HEALY, F.G. *et al.* Direct isolation of functional genes encoding celulasas from the microbial consortia in a thermophilic anaerobic digester maintained on lignocellulase. **Applied Microbiology and Biotechnology**, [s. l.], v. 43, ed. 4, p. 667-674, 1995. DOI 10.1007/BF00164771. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007%2FBF00164771>. Acesso em: 13 nov. 2020.

HETHERINGTON, Alistair M. *New Phytologist: Aims and Scope*. [S. l.]: **New Phytologist Foundation**, [entre 1999 e 2020]. Disponível em: <https://nph.onlinelibrary.wiley.com/hub/journal/14698137/aims-and-scope/read-full-aims-and-scope>. Acesso em: 13 nov. 2020.

HIBBETT, D. The invisible dimension of fungal diversity. **Science** [S. l.], v. 351, p. 1150-1151, 2016.

KURTZMAN, C.P.; FELL, J.W.; BOEKHOUT, T. **The Yeasts, a Taxonomic Study**. Amsterdam: Elsevier, 2011.

MACCALLUM, C.J. ONE for All: The Next Step for PLOS. *PLOS Biology* [401], v. 4, p. 11, 2006.

O'DONNELL, K. Molecular phylogeny of the *Nectria haematococca*-*Fusarium solani* species complex. **Mycologia**, [S. l.], v. 92, p. 919-938, 2000.

SCHOCH, C.L. *et al.* Nuclear ribosomal internal transcribed spacer (ITS) region as a universal DNA barcode marker for Fungi. **Proceedings of the National Academy of Sciences** [S. l.], ed. 109, p. 6241-6246, 2012.

SINGER, R. **The Agaricales in Modern Taxonomy**. 4. ed. Koenigstein, Germany: Koeltz Scientific Books, 1986.

STIELOW, J.B. *et al.* On fungus, which genes?: Development and assessment of universal primers for potential secondary fungal DNA barcodes. **Persoonia: Molecular Phylogeny and Evolution of Fungi**, [S. l.], ed. 35, p. 242-263, 2015.

TABERLET, P.; COISSAC, E.; HAJIBABAEI, M.; REISENBERG, L.H. Environmental DNA. **Molecular Ecology**, [s. l.], v. 21, p. 1789-1793, 2012.

TAYLOR, D.L. *et al.* A first comprehensive census of fungi in soil reveals both hyperdiversity and fine-scale niche partitioning. **Ecological Monographs**, [S. l.], v. 84, n. 1, p. 3-20, 2014.

YANG, Zhuliang. Fungal Diversity: Aims and Scope. [S. l.]: **Springer**, [2020]. Disponível em: <https://www.springer.com/journal/13225/aims-and-scope>. Acesso em: 13 nov. 2020.

XU, Jianping. Fungal DNA barcoding. **Genome**, [S. l.], ano 2016, v. 932, p. 913-932, 9 ago. 2016.