

# SISTEMÁTICA DE GLOMEROMYCOTA: UMA FILOGENIA COMPREENSÍVEL OU UM CATÁLOGO DE NOMES?

Sidney Luiz Stürmer

Departamento de Ciências Naturais, Universidade Regional de Blumenau, Cx.P. 1507.

89.012-900 – Blumenau – SC, sturmer@furb.br

Os fungos micorrízicos arbusculares (FMAs – Filo Glomeromycota) são componentes ubíquos dos ecossistemas terrestres onde desempenham diferentes serviços ambientais. Estudos comparativos destes fungos para compreender suas relações ecológicas, história de vida e aspectos fisiológicos e genéticos devem ser concebidos com base numa classificação filogenética compreensível que reflita padrões e processos evolutivos naturais. No entanto, na última década, novos táxons, em todos os níveis da hierárquica taxonômica, tem sido propostos, gerando dificuldades operacionais e desestabilizando a classificação, além de criar confusão para os pesquisadores que não trabalham diretamente com sistemática. Novos nomes de táxons são válidos se publicados seguindo as normas do Código Internacional de Nomenclatura de Plantas, Algas e Fungos, mas não garante que o táxon proposto seja monofilético e delimitado por sinapormorfias. Nesta palestra apresentarei as duas propostas de classificação vigentes, explorando as limitações das mesmas e discutindo possíveis mecanismos que geram conflitos entre filogenias baseadas em caracteres moleculares e morfológicos. Inicialmente, alguns conceitos de Sistemática e Nomenclatura serão apresentados. Um breve histórico da classificação dos FMAs será apresentada culminando nas duas propostas competidoras vigentes. Uma destas classificações é caracterizada pela proliferação de táxons em todos os níveis da hierarquia taxonômica enquanto que a outra é resultante de um consenso entre sistematistas baseado na análise minuciosa de evidências moleculares. Após, serão feitas considerações sobre algumas ordens, famílias e gêneros recentemente propostos, apresentando os pontos críticos e que culminaram na proliferação de táxons dentro da classificação do Filo Glomeromycota. Entre estes pontos podemos citar: a) ausência de critério de categorização para grupos monofiléticos, os quais devem ser consistentes dentro e entre os clados de uma filogenia, b) ênfase em caracteres que não são informativos filogeneticamente, c) ausência de testes de homologia, d) ausência de estudos intraespecíficos para determinar a estabilidade de alguns estados de caracteres, e) uso de sequências parciais dos genes ribossomais e providas de bancos públicos, f) uso de duas regiões gênicas distintas para propor gêneros, g) uso de esporos coletados do campo para análises moleculares, e h) uso de caracteres convergentes para definir táxons. Na sequência, serão discutidos alguns processos que podem ter levado aos padrões observados e a divergência nas filogenias baseadas em caracteres fenotípicos e genéticos. Será explorada a ideia de que os núcleos dentro do micélio dos FMAs representam o verdadeiro indivíduo nestes organismos e os mesmos se comportam como populações. Considerando a reprodução assexuada dos FMAs, pequenas variações nos nucleotídeos podem se fixar rapidamente de forma que o fenótipo observado pode representar um grupo separado. Estudos com um mutante de *Dentiscutata heterogama* e ausência de estrutura de clado em *Claroideoglossum claroideum* e *C. luteum* serão usados como exemplos. O sistema de classificação dos FMAs e a proposta de novos táxons devem abranger estudos de biologia comparativa e evolução para que tenhamos uma filogenia compreensível e que possa prover uma arcabouço teórico para outros estudos, ao invés de uma lista de táxons sem conexão com grupos monofiléticos.

Palavras-chave: Micorrizas, classificação, filogenia, biologia molecular,

Apoio financeiro: CNPq, FAPESC