

FILOGENÔMICA EM AGARICALES

Jadson José Souza de Oliveira

Programa de Pós-Graduação em Botânica (DIBOT) e Coordenação de Biodiversidade (COBIO), Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia (INPA), Manaus, AM, Brasil.

Email para correspondência: oliveira.j.j.s.86@gmail.com

Agaricales, proposta por Underwood em 1899, passou por progressivas mudanças até culminar em dois importantes sistemas: 1) Kühner em 1980; e 2) Singer em 1986. Kühner considerava a ordem num senso mais restrito, ao lado de Boletales, Pluteales, Russulales, e Tricholomatales dentro da classe Hymenomyces enquanto Singer propôs Agaricales num conceito mais amplo que engloba todas estas ordens, e sendo dividida em três subordens: Agaricineae, Boletineae e Russulineae. Com estudos filogenéticos em 2002 por Binder e Hibbett, usando os marcadores nLSU, nSSU, mtLSU e mtSSU, estas três subordens formaram grupos monofiléticos com suporte, sendo elevadas ao nível de ordem, onde Agaricineae se tornou Agaricales no senso atualmente aceito. No mesmo ano, num estudo usando nLSU de amostragem abrangente de Agaricales, Moncalvo e col. encontraram 117 clados provocando uma importante revisão e transformações das famílias de acordo com Singer. Em 2006, Matheny e col. encontraram seis grandes clados com suporte dentro da ordem numa análise multilocus (rpb1, rpb1-intron2, rpb2, 18S, 25S e 5.8S). Todos estes estudos utilizaram como base a tecnologia Sanger na obtenção de sequências de DNA. Num estudo filogenômico em 2016 em Agaricales, Dentinger e col. usaram de 27 a 208 genes homólogos putativos derivados de genomas de 39 táxons. Os genomas que foram sequenciados no estudo foram obtidos a partir de material de herbário. As análises geraram árvores com alta resolução e forte suporte dos clados, estes similares aos grandes clados de Matheny e col. Tais clados serviram para propor sete subordens: Agaricineae, Hygrophorineae, Marasmiineae, Pleurotineae, Pluteineae, Schizophylinae e Tricholomatineae. Num estudo publicado neste ano, Varga e col. produziram uma megafilogenia usando nLSU, rpb2, e ef1- α tendo como backbone uma árvore filogenética de alta resolução e suportes estatísticos a partir de 650 genes preditos de 104 genomas. Pela grande diversidade de espécies e formas de basidioma, Agaricales foi bem enfatizada. Esses são apenas dois exemplos de alguns estudos. Técnicas de Next Generation Sequencing como Whole Genome Sequencing, Exon Target Sequencing, Transcriptome sequencing, etc., têm sido desenvolvidas e ficam cada vez mais acessíveis em termos de custo/benefício. Neste contexto, esta palestra tem como objetivo ampliar perspectivas de avanço em futuros projetos em Agaricales no Brasil incluindo estudos filogenéticos com uso marcadores em escala genômica.

Palavras-chave: Agaricomycetes, Sistemática, Next Generation Sequencing

Apoio financeiro: CNPq e CAPES.