



## XXXVI CONGRESSO PAULISTA DE FITOPATOLOGIA

Instituto Biológico - São Paulo, SP - 19 a 21 de Fevereiro de 2013

VÍRUS SÃO MAIS DO QUE "SIMPLESMENTE" SEQUÊNCIAS - OU NÃO ?

### AVANÇOS RECENTES NA TAXONOMIA DE VÍRUS DE PLANTAS

Franciso Murilo Zerbini.

Dep. de Fitopatologia, Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 36570-000.

E-mail: zerbini@ufv.br

As primeiras tentativas de organizar os vírus em grupos, nas décadas de 1920 e 1930, foram baseadas em propriedades biológicas como gama de hospedeiros e transmissão por vetores. Embora obviamente limitadas pelas tecnologias da época, essas tentativas foram mais bem sucedidas do que se poderia supor, uma vez que vírus com propriedades biológicas semelhantes são, em muitos casos, de fato relacionados. Entretanto, um sistema de classificação baseado exclusivamente nessas propriedades apresentará falhas relevantes. Por exemplo, vírus transmitidos por afídeos incluem potyvírus, rhabdovírus, nanovírus e caulimovírus. Cada um desses grupos inclui vírus com genoma composto por diferentes tipos de ácidos nucleicos e com morfologia de partícula distinta. Ao longo do século XX, conforme as informações disponíveis sobre os vírus tornaram-se mais detalhadas, a taxonomia passou a incorporar características morfológicas e sorológicas. Essas últimas, principalmente, já refletiam o relacionamento genético, uma vez que se baseavam indiretamente na sequência de aminoácidos de proteínas estruturais. A partir da década de 1980, e de forma mais marcante no século XXI, a disponibilidade de sequências do genoma completo de praticamente todos os vírus (e a facilidade com que a sequência de novos vírus pode ser obtida) tem levado a uma taxonomia cada vez mais baseada em comparações de sequências e filogenia. Graças ao uso desse tipo de informação a taxonomia de vírus é, atualmente, mais organizada, precisa e estável em comparação com a taxonomia dos demais organismos (p.ex., os micologistas ainda classificam como espécies distintas as formas perfeita e imperfeita do mesmo fungo). Apesar do sucesso da genética molecular em resolver diversos problemas taxonômicos, muitos virologistas (e a grande maioria dos não virologistas) consideram exagerada a ênfase nesse tipo de informação. É frequente ouvir-se a afirmação de que "vírus são mais do que simplesmente sequências de ácidos nucleicos". Mesmo dentro do Comitê Internacional de Taxonomia de Vírus (ICTV), ainda não existe um consenso a respeito do uso desse tipo de informação. Por exemplo, há mais de três anos que nenhuma nova espécie do gênero *Begomovirus* é reconhecida oficialmente, pois a maioria dessas supostas novas espécies foi descrita exclusivamente com base em comparações de sequência e filogenia. Esta apresentação pretende provocar uma reflexão a respeito dos rumos que a taxonomia de vírus (e dos demais organismos) deverá tomar nas próximas décadas. É correto enfatizar cada vez mais a sequência do genoma em detrimento de características biológicas ? Um vírus pode ser descrito e classificado exclusivamente com base na sequência de nucleotídeos de seu genoma, sem que nenhuma propriedade biológica tenha sido determinada ? Considerando-se os avanços enormes na obtenção de sequências e a disponibilidade de ferramentas de análise cada vez mais poderosas, quais seriam as consequências de uma taxonomia baseada exclusivamente em informações moleculares ?