

Classificação e nomenclatura botânica

uma introdução –

*Marc S.M. Sosef
Jérôme Degreef
Henry Engledow
Pierre Meerts*



Classificação e nomenclatura botânica

uma introdução –

*Marc S.M. Sosef
Jérôme Degreef
Henry Engledow
Pierre Meerts*



Meise Botanic Garden

por Marc S.M. Sosef¹, Jérôme Degreef^{1,2}, Henry Engledow¹ & Pierre Meerts³

¹ Meise Botanic Garden, Nieuwelaan 38, B-1860 Meise, Belgium

² Service Général de l'Enseignement supérieur et de la Recherche scientifique, Fédération Wallonie-Bruxelles, Rue A. Lavallée 1, B-1080 Brussels, Belgium

³ Herbarium et bibliothèque de botanique africaine, Université Libre de Bruxelles, Av. F.D. Roosevelt 50, CP 265, B-1050 Brussels, Belgium

Copyright © 2021 Meise Botanic Garden, Nieuwelaan 38, 1860 Meise, Bélgica.
Impresso na Bélgica por: Drukkerij Bulckens.

Versão Portuguesa (PT):

Ana Rita Giraldes Simões (Royal Botanic Gardens, Kew)

Esta publicação é publicada e distribuída em Open Access sob a licença internacional Creative Commons Attribution 4.0 (CC-BY 4.0), que permite o seu uso, e reprodução por qualquer meio, desde que o trabalho original seja devidamente citado. Um ficheiro PDF desta publicação pode ser encomendado, sem custos (envie um e-mail para webshop@plantentuinmeise.be), ou descarregado da webshop do Meise Botanic Garden em <http://shopbotanicgarden.weezbe.com>.

DOI: 10.5281/zenodo.4452605

CIP Royal Library Albert I, Brussels

Classificação e nomenclatura botânica, uma introdução. Marc S.M. Sosef, Jérôme Degreef, Henry Engledow & Pierre Meerts - Meise, Meise Botanic Garden, 2020. - 72 p.; ill.; 22 x 15 cm.

ISBN 9789492663283

Tema: Botânica

D/2021/0325/002



Conteúdo

Introdução	5
1. A história da classificação	9
1.1 De Teofrasto à Idade Média	11
1.2 Renascimento, período pré-Lineano	13
1.3 Lineu e os Lineanos	17
1.4 Pensamento evolutivo integra a teoria da classificação	18
1.5 Fenética, cladística e filogenética	20
1.6 Grupos naturais, monofilia, parafilia e polifilia	22
2. Conceitos de espécie	26
2.1 O que é uma espécie?	27
2.2 Especiação	28
2.3 Taxa infra-específicos	30
3. Regras da nomenclatura botânica	32
3.1 ICN; o livro da lei	33
3.2 Do Reino à subforma, categorias obrigatórias	34
3.3 O conceito de tipo	35
3.4 Publicação válida e efectiva	35
3.5 Tipos	36
3.6 Nomes de autor; novos taxa, novas combinações	39
3.7 Nomes aceites e sinónimos: a regra da prioridade	40
3.8 Híbridos	42
3.9 Plantas cultivadas	42
4. A Arte da identificação	44
4.1 Chaves de identificação	45
4.2 Chaves multi-entrada	49
4.3 DNA barcoding	51
4.4 Identificação de espécimes de herbário	52

5. A arte de preparar uma revisão taxonómica	54
A. Nomes de taxa e estudo bibliográfico	56
B. Observações em herbário	59
C. Bases de dados	60
D. Observações geográficas e ecológicas	61
E. Decisões taxonómicas e nomenclaturais	63
F. Preparar descrições de taxa, tratamentos, ilustrações e chaves	64
G. Produzir o manuscrito e publicar	67
Referências	69

Introdução



Biologia é a ciência que explora o mundo vivo à nossa volta. Para comunicar as maravilhas da Natureza, são necessários nomes que descrevam a variedade de formas que encontramos. Esta Natureza incrivelmente diversa pode ser representada através de uma estrutura hierárquica onde são utilizados nomes para representar grupos de organismos em diferentes níveis. A classificação e atribuição de nomes a organismos é uma ferramenta essencial para a comunicação científica. Esta ferramenta constitui a base sobre a qual a investigação biológica se baseia e essa disciplina chama-se **taxonomia**. Os taxonomistas exploram, descrevem, nomeiam e classificam todos os organismos vivos da Terra.

Classificar e nomear correctamente os organismos é crucial para um vasto leque de campos da investigação biológica. Esse enquadramento é também essencial para abordar o uso e gestão sustentáveis da biodiversidade e sua conservação, incluindo o seu contexto legal. Este livro oferece uma visão geral dos elementos mais importantes dos processos de classificação e nomenclatura das plantas e fungos, nesse ramo investigativo chamado **Taxonomia Botânica**. Nós iremos começar com uma visão histórica dessa disciplina. Apesar de não lidarmos exaustivamente com os métodos de reconstrução dos mecanismos evolutivos (filogenética), nós providenciamos o contexto histórico do seu desenvolvimento e alguns elementos que influenciam directamente as decisões taxonómicas. O objectivo deste livro é fornecer uma introdução e um guia prático a este campo da investigação. Como tal, ele pode ser utilizado tanto por aqueles que tenham um interesse específico na classificação e nomenclatura, como pelos que ensinam esta disciplina em instituições de ensino médio e superior:

Apesar desta informação ser de âmbito geral, muitos exemplos são extraídos da diversidade de plantas e fungos de África Tropical. Cada capítulo é seguido de uma visão geral da literatura e recursos digitais (online) relacionados com os tópicos abordados, que não são de forma alguma exaustivos e focam também na taxonomia de plantas e fungos de África.

Os autores esperam que esta publicação contribua para a capacitação de especialistas em taxonomia. Este livro é produzido em Inglês, Francês, Neerlandês, Espanhol, Português e Indonésio, e será disponibilizado gratuitamente (sob uma licença CC-BY) a escolas secundárias e universidades (tanto a professores como alunos), cortesia do Jardim Botânico de Meise (Plantentuin Meise), Bélgica.



**A história da
classificação**





THEOPHRASTVS

Qualquer estudo biológico começa com a simples questão “O que é isto?”. Quer diga respeito ao gestor de uma reserva natural que precisa de saber que espécies crescem dentro dos limites do parque para concretizar um plano de gestão; um primatólogo que estuda a dieta de chimpanzés; ou um melhorador de plantas que estuda de perto os parentes selvagens de uma batata na procura de um gene resistente a uma doença; todos precisam de saber identificar e nomear o seu material de estudo. De preferência, estes nomes devem ser utilizados uniformemente e serem aceites no mundo inteiro.

A necessidade de um sistema uniforme para o mundo vivo já havia sido reconhecida pelos Antigos Gregos e Romanos. Nomes foram atribuídos a “entidades”, a que agora chamamos de “espécies”, que tinham características morfológicas e usos específicos. Algumas delas produziam, por exemplo, frutos comestíveis, ou uma tinta amarela, outros tinham propriedades medicinais, ou eram úteis para construir instrumentos musicais, etc.

Neste capítulo (em grande parte baseado em Magnin-Gonze 2009 e Rouhan & Gaudeul 2014), nós destacamos as principais fases históricas no desenvolvimento da classificação e nomenclatura botânicas. O nome deste campo da ciência foi cunhado pela primeira vez em 1813 pelo botânico suíço Augustin Pyramus De Candolle (1778–1841) no seu livro *Théorie élémentaire de la Botanique*. Ele criou o neologismo “taxonomia” pela combinação das palavras gregas *ταξις* (ordem) e *νόμος* (lei, regra).

1.1 De Teofrasto à Idade Média

Mesmo antes da invenção da linguagem escrita, há c. 5600 anos atrás, é provável que uma classificação botânica oral já existisse. Inicialmente, nomes e organismos não eram colocados num sistema hierárquico, visto que as plantas eram nomeadas de acordo com os seus usos, como comida, remédios, venenos ou matérias-primas (Raven 2004).

Os Gregos provavelmente não consideravam as plantas somente úteis como também belas; os murais de Knossos (1900 AC) não só continham plantas úteis como cevada, figos e azeitonas, como também narcisos, rosas e lírios. O Grego Teofrasto (372–287 AC; figura 1), sucessor do grande filósofo Aristóteles, é especialmente bem conhecido como o primeiro verdadeiro botânico. Interessado em atribuir nomes a plantas e descobrir uma ordem para a diversidade vegetal, ele foi o primeiro a desenvolver uma visão global, filosófica, das plantas. Ele destacou algumas das mais importantes questões que mais tarde viriam a definir a taxonomia, tais como “O que temos aqui?”

◀ *Figura 1. Estátua de Teofrasto no Jardim Botânico de Palermo, Itália.*

ou “Como é que distinguimos estas duas coisas?”. Além disso, ele foi o primeiro a discutir as relações entre espécies de plantas e a sugerir formas pelas quais agrupá-las. Teofrasto descreveu cerca de 500 plantas - provavelmente representando todas as plantas conhecidas naquela época - e classificou-



◁ Figura 2.
Plinius, "o Ancião".



▽ Figura 3.
Dioscórides.

as como árvores, arbustos, sub-arbustos, e ervas. Ele também fez a distinção entre plantas com e sem flor; árvores decíduas ou perenes, e entre plantas aquáticas ou terrestres. Apesar de 80% das plantas incluídas nos seus trabalhos serem cultivadas, ele apercebeu-se que "a maioria das entidades selvagens não têm nomes, e pouco sabemos sobre elas", destacando a necessidade de reconhecer, descrever e atribuir um nome às plantas crescendo em ambiente selvagem (Pavord 2005). Ele logo descartou as suas classes de árvores, arbustos, subarbustos e ervas, em favor da morfologia floral, que era mais apropriada para agrupar plantas em grupos mais naturais. Teofrasto estava muito à frente do seu tempo, de tal forma que as suas ideias e conceitos botânicos se perderam na Europa durante muitos séculos. Os seus trabalhos sobreviveram na Pérsia e Arábia, e foram traduzidos para o Grego e Latim quando redescobertos

na Europa do sec. XV. Durante esta Idade das Trevas para a botânica, tal como para muitas outras ciências naturais na Europa, o romano Plinius, "o Ancião" (23–79 DC; figura 2) e o grego Dioscórides (~40–90 DC; figura 3) foram duas importantes figuras. Apesar de não terem melhorado o conhecimento e métodos existentes para a descrição, nomenclatura, ou classificação de plantas, eles compilaram o conhecimento disponível e os seus trabalhos escritos foram conhecidos e amplamente utilizados. Por muitos séculos, o *Naturalis Historia* de Plinius, e o *De Materia Medica* de Dioscórides (figura 4), foram a única fonte de informação sobre plantas por toda a Europa, e os seus trabalhos foram repetidamente copiados. "Herbalistas" tentaram ligar as plantas que encontravam em França ou Bretanha àquelas descritas para o Mediterrâneo por Plinius e Dioscórides, e não é difícil imaginarmos os problemas que encontraram. Durante a Idade Média, quase nenhum conhecimento foi adicionado a estes antigos trabalhos.

1.2 Renascimento, período Pré-Lineano

O Renascimento (fim do sec. XIV ao sec. XVII) marcou uma nova era para a ciência. Europeus exploravam e descobriam a América, África, Ásia e Austrália, trazendo de volta muitas plantas desconhecidas para a Europa. Estas foram primeiramente mantidas num número crescente de jardins, tendo o primeiro sido criado no início do séc. XVI em Itália. A princípio, estes eram chamados jardins medicinais; mais tarde, quando o interesse se deslocou na direção do estudo das plantas propriamente ditas e não nas suas propriedades úteis, eles transformaram-se nos jardins botânicos que nós conhecemos hoje.

▼ Figure 4. Página de *Materia Medica de Dioscórides, mostrando Cassia fistula.*

Além disso, com a invenção da imprensa (1450-1455), a informação passou a ser mais facilmente compartilhada e difundida, impulsionando as trocas e discussões de conhecimento científico.





Vierte Kreutter
buech

Darinn vil schöne vnd kramb

de Kreutter durch den Hochgeleerten Herrn Leonhart Raimvolffen der Artzney Doctor vnd der Stat Augspurg bestellten Medicum gar fleißig eingeleget vnd außgemacht worden. Welche er nit allam in diemont vmb Nissa vnd in der Prouincia vmb Karfilia sonder auch in Syria an dem berge Libano vnd Antilibano auch durch Arabiam neben den fließ Cyptrate in Balbara P. Syria Armenia Mesopotamia vnd andern orten in seinen mit Gottes hilffselb nachten dreyßigen Jahren mit großer mühe arbeit geschriben hat vnd dinsten

bestimmen hat dauon Kraut in sein an Krautbuch so in dem dach außgangen ist meldung thuet.

Welchen nach der geburt

in dem Schamaden Jhesu Christi
M. D. LXXIII.
L. XXIII. vns
L. XXV. Jar.

ACAD

LXXIII

As pessoas tornaram-se curiosas sobre o mundo que as rodeava. Cerca de 1530, no jardim botânico de Pisa, o italiano Luca Ghini (1490-1556) inventou o método revolucionário de preservar plantas por secagem e prensagem, para que pudessem ser estudadas em qualquer altura do ano. Os espécimes botânicos resultantes eram guardados em livros conhecidos como *hortus siccus* (jardim seco); mais tarde, o termo *herbarium* foi adoptado, e tornaram-se bens valiosos, só possível de serem adquiridos pelos mais ricos (Ghorbanie et al. 2018; figura 5).

A este período sucedeu a era dos grandes herbais da Europa Ocidental, ou seja, livros descrevendo as plantas e os seus usos. Estes trabalhos não foram mais produzidos apenas em Latim (a língua científica daquela época), mas também em línguas comuns como alemão, inglês, holandês e francês. Isto difundiu a informação botânica para um público ainda mais amplo. Deste período, os herbais de Dodoneus (*Cruydeboek*, 1554; figura 6), Fuchs (*New Kreüterbuch*, 1543) e Gerard (*Herball, or Generall Historie of Plantes*, 1597) são os mais famosos. Desenvolvidos na arte levaram a numerosas ilustrações botânicas. Estas eram muito superiores às copiadas ao longo do tempo dos livros de Dioscórides e Plinius, a partir das quais dificilmente já se conseguia sequer deduzir quais as espécies ilustradas.

◁ Figura 5. Rosto do herbário de Rauwolf 1573-1575, guardado no Naturalis Biodiversity Center, Leiden.

▽ Figure 6. Dodoneus e duas páginas do seu famoso herbal (*Cruydeboek*) impresso em 1554.





Um estudante de Ghini, Andrea Cesalpino (1519–1603), foi o primeiro a discutir o trabalho de Teofrasto desde os Gregos Antigos. Ele apontou que as plantas podiam ser classificadas de uma forma mais natural e racional. No seu trabalho *De Plantis Libri XVI* (1583), ele descreveu 1500 plantas, que ele

◁ *Figura 7.*
Carolus Linnaeus.

△ *Figura 8. Sistema Sexual de Linnaeus para classificação de plantas.*

organizou em 32 grupos incluindo as Umbelliferae e Compositae. A ciência de nomear plantas rapidamente se desenvolveu e, em geral, os nomes das plantas incluíam uma combinação de várias características. Por exemplo, a flor-de-maracujá (*Passiflora edulis*) era chamada de *Flos passionis major* ("grande flor-da-paixão"). Contudo, com o rápido aumento de número de espécies que chegava do mundo inteiro, mais características eram necessárias para distinguir uma espécie da outra, resultando em nomes cada vez mais longos. Num primeiro catálogo do Hortus Botanicus em Leiden (Países Baixos), fundado em 1592, a mesma *Passiflora* era chamada de *Cucumis Flos Passionis dictus triphyllus flore roseo clavato* (Pepino ou Flor-da-paixão, três folhas, flor rosa e clavada; a última característica possivelmente referindo-se à forma dos estiletos). Em suma, o nome da planta servia, também, como sumário diagnóstico. A ciência botânica lentamente se diversificou da ciência médica para um estudo mais amplo da crescente riqueza de plantas que chegavam à Europa de todas as partes do mundo. Em 1623, o suíço Gaspard Bauhin publicou o seu *Pinax theatri botanici* descrevendo não menos do que 5640 plantas diferentes, tanto espécies selvagens como formas cultivares. Mais tarde, o botânico britânico John Ray publicou o seu trabalho de três volumes *Historia plantarum species* (1686, 1688, 1704), contendo mais de 17000 "espécies" diferentes (ele também descreveu um número muito elevado de cultivares, monstruosidades e outras formas). Este trabalho inovador foi o primeiro a distinguir Monocotiledóneas de Dicotiledóneas e a usar uma chave dicotômica baseada em texto para identificar plantas. Em 1694, o

francês Joseph Pitton de Tournefort desenvolveu o conceito de géneros, o que contribuiu marcadamente para uma melhor estruturação da classificação.

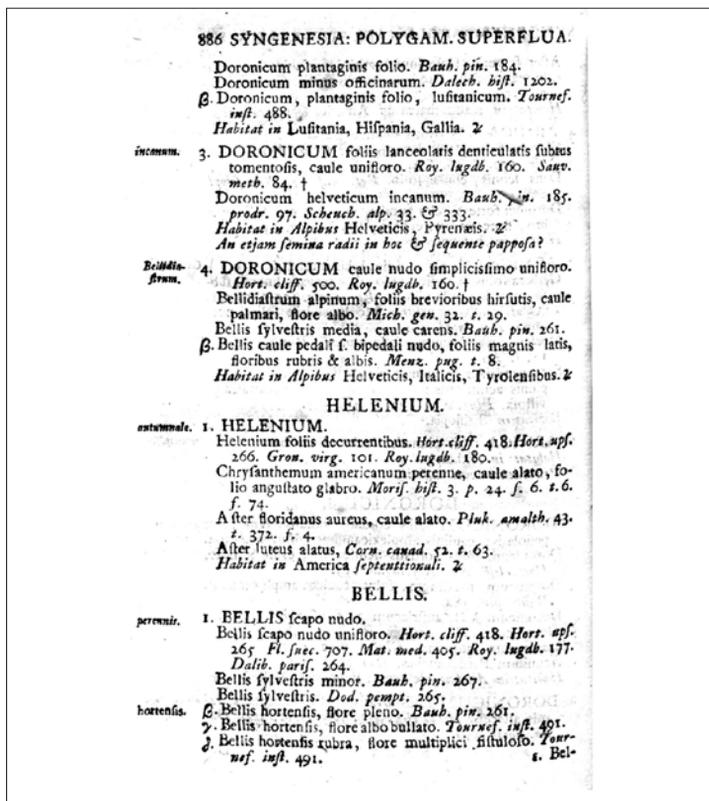
1.3 Lineu e os Lineanos

Na primeira metade do sec. XVIII, o brilhante jovem botânico sueco, Carl von Linné (figura 7) - Linnaeus em latim ou Lineu em português - trouxe ordem onde havia caos. Enquanto trabalhava na Holanda, conheceu professores famosos como Hermann Boerhaave, Adriaan van Royen e Johannes Burmann, com quem discutiu várias das suas novas ideias.

Primeiro, ele criou um sistema claro de classificação de plantas com base no número de estames e estiletos em cada flor e chamou-o de "sistema sexual" (figura 8). Ele reconheceu cinco níveis

▼ *Figura 9. Página do famoso Species plantarum de Linnaeus, mostrando os seus nomes comuns na margem.*

taxonómicos: a variedade, a espécie, o género, a ordem (\pm igual à nossa actual "família") e a classe. Esse sistema simples, embora tivesse algumas falhas, funcionou notavelmente bem na criação de estrutura.



Em seguida, ele sugeriu dissociar o nome de uma planta da sua descrição. No seu famoso *Species plantarum*, publicado em 1753, ele escreveu o que chamou de 'nomes triviais': uma única palavra, na margem de cada tratamento de espécie (figura 9), que, precedida pelo nome do género, formaria um nome de espécie composto por apenas duas palavras. Foi o início da nomenclatura binomial (duas palavras) que ainda hoje usamos: um sistema em que um nome de espécie é composto pelo nome do género, seguido por uma palavra que indica a espécie, chamada epíteto. Rapidamente outros botânicos se deram conta da simplicidade e genialidade deste novo sistema de nomes, e passaram a adoptá-lo no seu próprio trabalho. Logo após o sucesso de seu *Species plantarum*, Lineu, sendo também um zoólogo, introduziu o mesmo sistema para animais na sua famosa obra *Systema naturae* (1758).

Lineu viajou para a Inglaterra para conhecer Sir Hans Sloane e Johann Jacob Dillenius - ambos, a princípio, cépticos sobre as suas novas ideias de nomenclatura e classificação, mas acabando por se render a elas ao fim de alguns anos. Em Paris, ele conheceu Bernard de Jussieu, que publicaria junto com seu sobrinho Antoine Laurent de Jussieu o seu *Genera plantarum*. Nesse trabalho, eles declararam que uma espécie, género ou qualquer outra classe na classificação hierárquica, a que agora chamamos de *taxon* (*taxa* no plural), deve agrupar plantas que mostrem constância de caracteres dentro do *taxon* fornecido, em oposição à variabilidade de caracteres observada entre os **taxa**. Como nem todos os caracteres são úteis no mesmo nível da classificação, este princípio de subordinação levou a uma hierarquia de caracteres: nas classificações de plantas, os caracteres que exibem alta variabilidade devem receber menos peso do que os mais conservados.

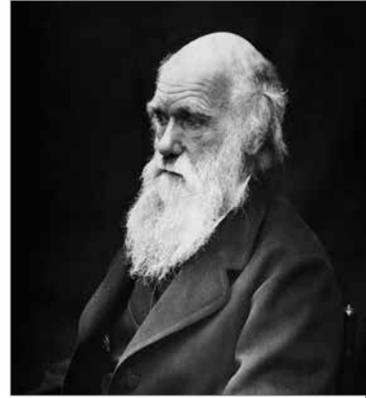
Nesse período, a classificação e o estudo da natureza também tiveram uma implicação religiosa. Os biólogos eram vistos como cientistas estudando os seres vivos que Deus criou e colocou na Terra. Lineu, na sua Introdução da obra *Species Plantarum*, escreveu: "Em sua onisciência onipotente, Deus criou o teatro de todos os seres vivos na terra, e é nossa tarefa divina explorar essa grande criação, servida a nós como guloseimas saborosas, ainda que sejamos dela indignos, e reconheceremos Sua mão nela "[traduzido livremente do latim]. Podemos imaginar que, nesse contexto, a introdução da nova ideia de Darwin de que as espécies não foram criadas por Deus Todo-Poderoso, mas que evoluíram de outras por um período muito longo, teve um tremendo impacto na sociedade em geral.

1.4 Pensamento evolutivo integra a teoria da classificação

No início do século XIX, novas questões surgiram na mente dos taxonomistas. Eles não estavam apenas interessados em nomear, descrever e classificar organismos, mas também na origem da diversidade observada. Em 1809, em seu *Philosophie zoologique*, o zoólogo Jean-Baptiste de Lamarck propôs uma teoria em que as espécies poderiam evoluir e mudar ao longo do tempo.

Levou mais 50 anos até Charles Darwin (1809-1882; figura 10) publicar a sua famosa "teoria da evolução" e "sobrevivência do mais apto" em *A Origem das*

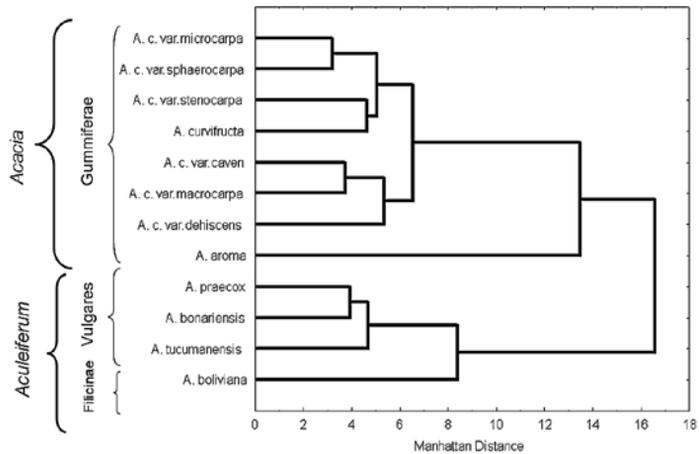
▷ Figura 10.
Charles Darwin.



Espécies (1859). Independentemente, Alfred Russel Wallace (1823-1913) já havia chegado à mesma conclusão enquanto trabalhava na Ásia. [De facto, a teoria já fora publicada em 1858, em um artigo de autoria de Darwin e Wallace no *Journal of the Proceedings of the Linnean Society: Zoology*.] Darwin introduziu o conceito central de descendência com modificação, que mais tarde recebeu amplo apoio e é ainda hoje aceite de forma geral. O conceito de evolução teve um grande impacto no desenvolvimento da teoria que está por trás da classificação da natureza, a ciência da taxonomia. Os biólogos entenderam que, como a história da vida é única, a única classificação que é natural é a que reflecte essa única árvore da vida, a **filogenia**. A última palavra neste tema não foi cunhada por Darwin, mas por Ernst Haeckel (1834-1919), em 1866, em *Generelle Morphologie der Organismen*. Darwin previu que “as nossas classificações serão, tanto quanto possível, genealogias” (Darwin 1859, p. 486). Essa nova teoria também implicava que caracteres úteis à taxonomia são aqueles herdados de um ancestral comum. No entanto, Darwin não forneceu novas técnicas ou abordagens para reconstruir a árvore filogenética de um determinado grupo de *taxa*, ou auxiliar os taxonomistas no seu trabalho..

1.5 Fenética, cladística e filogenética

No início da década de 1960, surgiu uma nova técnica chamada “taxonomia numérica” com vista a produzir um resultado em forma de árvore, ou **fenograma** (figura 11), no qual se poderia subsequentemente basear uma classificação. Notavelmente, o trabalho de Sokal & Sneath (1963 e edições posteriores), *Princípios da taxonomia numérica*, lançou os fundamentos para esta técnica. Também conhecida como **fenética**, ela baseava-se em uma análise quantitativa de agrupamentos de similaridades gerais entre taxa, usando uma matriz de dados de “caracteres por taxa” - com uma mistura de caracteres binários (estípulas presentes, sim / não), caracteres de vários estados (por exemplo, cor da flor, com estados 1 = branco, 2 = amarelo, 3 = azul) ou caracteres contínuos (por exemplo, comprimento do cálice em mm) - e resultando em distâncias emparelhadas (*pairwise distances*) entre os indivíduos ou taxa, denominados OTUs (unidades taxonômicas operacionais) . No entanto, logo se percebeu que a semelhança geral não indicava necessariamente uma relação evolutiva. Por exemplo, as espécies podem ter desenvolvido características semelhantes porque se adaptaram ao mesmo stress ambiental. Como esse método não se baseava na teoria da evolução, não era

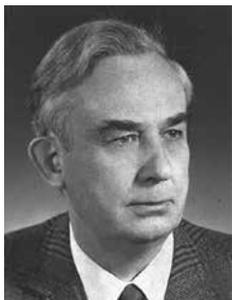


possível interpretar a variação observada num contexto evolutivo: em relação aos ancestrais e descendentes, ou alterações observadas no estado dos caracteres. Logo, apesar de produzirem fenogramas semelhantes a árvores, eles não representam uma classificação natural e evolutiva. No entanto, essa teoria floresceu por um tempo, beneficiando-se enormemente dos rápidos avanços na informática.

△ *Figura 11. Exemplo de um fenograma, com medida de similaridade (Distância de Manhattan) ao longo do eixo x (de Pometti et al. 2007).*

Foi o zoólogo alemão Willi Hennig (1913–1976; figura 12) que mudou fundamentalmente a maneira como os biólogos reconstruem o caminho evolutivo de um grupo taxonómico. Em 1960, ele publicou sua teoria cladística na *Grundzüge einer Theorie der Phylogenetischen Systematik*, mas permaneceu relativamente desconhecida até que versão traduzida para inglês, *Phylogenetic Systematics*, foi publicada em 1966. O princípio fundamental não é usar a semelhança geral entre os taxa para reconstruir a filogenia, mas sim fazer uma distinção entre **estados-de-carácter primitivos** e aqueles que deles derivam. Apenas os **estados-de-carácter derivados (apomorfias)**, quando compartilhados por vários taxa, indicam uma ancestralidade comum compartilhada, enquanto os primitivos (**plesiomorfias**), não. Um grupo derivado de um único ancestral comum é chamado de **clado** e a teoria por trás disto é chamada de **cladística**. O resultado de uma análise cladística é uma figura semelhante a uma árvore chamada **cladograma** (figura 13), na qual os ramos representam realmente uma ou mais alterações no estado dos caracteres. Quando, por exemplo, num grupo de plantas com flores vermelhas, uma mudança evolutiva deu origem a flores azuis, 'azul' é o estado derivado do carácter 'cor da flor' e é provável que qualquer espécie que tenha o estado 'azul' tenha evoluído a partir do mesmo ancestral comum. Ter uma flor vermelha não é indicativo dessa ancestralidade compartilhada e, portanto, não pode servir como critério no qual basear um grupo taxonómico. Se, mais atrás na história evolutiva, se verifica que uma cor vermelha foi derivada de flores brancas, o vermelho ainda pode ser considerado como um estado de carácter derivado,

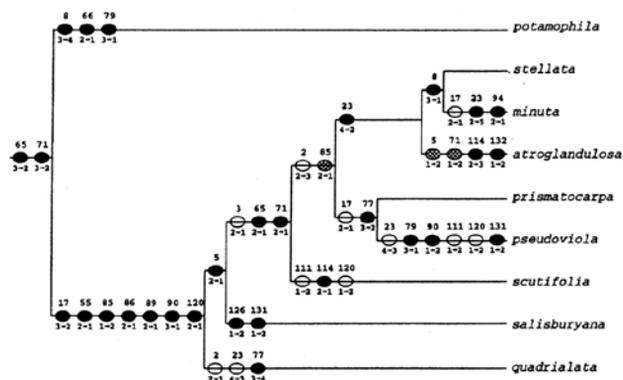
mas em um nível diferente na filogenia. E passar do branco para o azul requer dois passos evolutivos, em vez de um. Quando um estado derivado volta ao estado primitivo novamente, isso é chamado de **reversão**, enquanto o desenvolvimento independente do mesmo estado de carácter em dois ou mais ramos diferentes da árvore evolutiva é chamado de **paralelismo**.



△ Figura 12.
Willi Hennig.

▽ Figura 13. Exemplo de um cladograma, mostrando caracteres numerados onde se podem reconhecer apomorfias (pontos pretos), paralelismos (pontos abertos) e reversões (pontos rasurados), assim como as suas mudanças de estado de carácter (abaixo de cada ponto).

Além disso, Hennig argumentou que toda a decisão taxonómica, de uma definição de espécie a um sistema de classificação mais elevado, deveria ser tratada como uma hipótese provisória a ser testada por novos dados, ou pela aplicação de outros métodos. Foram desenvolvidos vários algoritmos pelos quais um cladograma se pode construir, a partir de uma matriz de estados de carácter/ taxa (veja também figura 18), que foram beneficiados pelo rápido aumento da capacidade dos computadores, e do desenvolvimento da bioinformática. Novos campos de investigação, como citologia e quimiotaxonomia, forneceram conjuntos de caracteres adicionais. Os algoritmos tinham como objetivo encontrar o cladograma que necessitava do menor número de mudanças evolutivas (ou "passos"). O argumento é que aqueles que necessitam do menor número de mudanças (ou "hipóteses") representam a filogenia mais provável. Essa ideia de "menor custo" foi chamada de **princípio da parcimónia**. A árvore mais curta é a mais **parcimoniosa**.



Cladogram of the *B. potamophila* group. Only more important characters (those receiving a weight of 1 or more with the 'code' command) are depicted; black = apomorphy, open = parallelism, hatched = reversal.

Neste novo cenário, considerou-se necessária uma nova definição deste campo da investigação biológica e foi cunhado o termo **biologia sistemática** ou simplesmente 'sistemática' (Michener et al. 1970). Esta denominação abrangia a descrição, nomeação, classificação, estudo dos padrões de distribuição (biogeografia), relações evolutivas, evolução de caracteres e adaptações. O termo **taxonomia** ficou restrito à descrição, nomeação e classificação. Alguns, no entanto, tratam essas duas palavras ("taxonomia" e "sistemática") como sinónimos.

A descoberta da estrutura helicoidal dupla da molécula de DNA em 1953, por James Watson e Francis Crick, melhorou bastante a nossa compreensão dos processos evolutivos. Porém, foi apenas mais tarde, com o isolamento de fragmentos específicos do genoma (DNA nuclear, mitocondrial ou cloroplastidial), amplificando seletivamente o DNA através da reação em cadeia da polimerase (PCR) (Kary Mullis 1986) que esta descoberta começou a ter um impacto dramático sobre a taxonomia e classificação. A introdução de dados de sequência de DNA (Meier 2008) ofereceu o acesso a vários novos caracteres e abordagens estatísticas. Assim, na virada do século XXI, o uso de dados moleculares e novos algoritmos de construção de árvores, como a **máxima verossimilhança** (*Maximum Likelihood*) e as **estatísticas bayesianas** (*Bayesian statistics*), levaram a uma melhoria significativa das nossas capacidades para produzir hipóteses filogenéticas. A 'força', ou confiabilidade, de cada ramo, em um cladograma, pode ser avaliada usando outras técnicas, como **bootstrapping** (uma técnica de re-amostragem estatística; Holmes 2003) e, novamente, estatísticas bayesianas. Todos estes desenvolvimentos levaram a uma melhor compreensão da delimitação de ordens e famílias de plantas com flores (Angiosperm Phylogeny Group 2016), bem como a uma maior compreensão da classificação com base nas relações evolutivas.

1.6 Sobre grupos naturais, monofilia, parafilia e polifilia

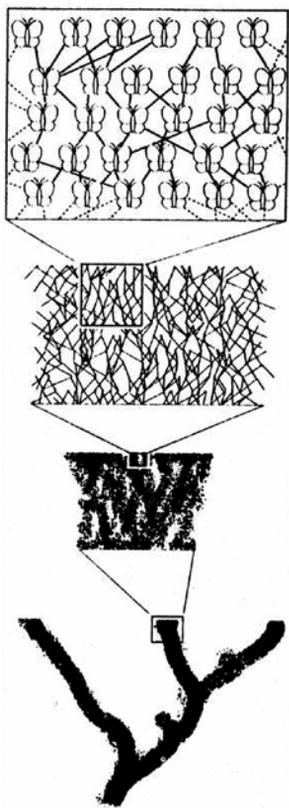
Segue-se logicamente do exposto acima, que a classificação do mundo natural em espécies, géneros e grupos superiores tornou-se uma busca pela nossa melhor hipótese sobre a estrutura da árvore evolutiva, a fim de poder distinguir grupos naturais. Em outras palavras, o cladograma produzido por uma das várias análises precisa ser dividido em partes naturais. No entanto, existem muitas maneiras de fazer isso e tal procedimento requer escolhas informadas.

Primeiramente, precisamos entender que um cladograma não é uma árvore filogenética, mas uma representação esquemática dos dados, mostrando alterações no estado dos caracteres (morfológicos, químicos ou genéticos) nos seus ramos (figura 13). Como na sistemática não pretendemos classificar caracteres, mas espécies (ou taxa), precisamos transformar esse cladograma numa verdadeira **árvore filogenética** que mostre as relações descendentes de ancestrais entre indivíduos, populações ou espécies. Numa árvore filogenética, os ramos representam as relações evolutivas entre as unidades envolvidas no processo evolutivo (ver figura 14) e, portanto, podem realmente ser usadas para derivar uma classificação a partir dele.

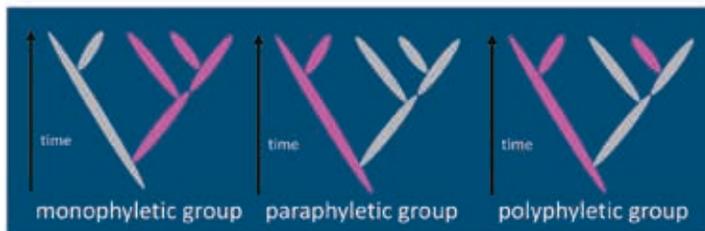
Em segundo lugar, precisamos entender que, no nosso sistema de nomenclatura, as regras são tais que algumas categorias são obrigatórias. Todas as espécies pertencem a pelo menos um gênero, e todos os gêneros pertencem a uma família. Quando criamos um subgênero para acomodar algumas das espécies de um gênero, somos forçados a criar um ou mais subgêneros para acomodar as espécies restantes (consulte também o Capítulo 3). Temos que ter isso em mente ao aplicar regras para dividir uma árvore filogenética em grupos taxonômicos que tenham um nome formal.

A maioria dos taxonomistas dir-lhe-á que uma classificação só pode ser natural quando é composta exclusivamente pelas chamadas **unidades monofiléticas**; esse é um grupo de espécies que inclui uma espécie ancestral e todos os membros derivados dessa espécie ancestral (figura 15), também chamado de ancestral comum mais recente (MRCA). [Nota: uma única espécie pode representar um 'grupo' que compreende um único elemento.] Quando algumas, *mas não todas*, as espécies derivadas do ancestral comum mais recente são incluídas, esse grupo é chamado **parafilético** (figura 15). O problema é que, embora, matematicamente, um cladograma com os taxa representados apenas nas suas extremidades (veja a figura 13), possa ser totalmente dividido em grupos monofiléticos (diz-se que os nós do cladograma representam a

distribuição de caracteres dos ancestrais em potencial), é impossível fazer isso ao usar uma árvore filogenética. Cada vez que uma nova espécie se separa da ancestral, pode dar início a um novo grupo monofilético, mas deixa sempre para trás um resto parafilético (Brummitt 2002, Sosef 1997, Horandl 2006, Podani 2010). Muitos preferem distinguir apenas os grupos monofiléticos de "aparência mais



◁ Figura 14. Natureza dos ramos de uma árvore filogenética, com as relações ancestral-descendente entre os indivíduos.



△ Figura 15. *Árvore filogenética ilustrando o significado de monofilia, parafilia e polifilia (para mais explicações, ver o texto).*

agradável”, mas poucos parecem perceber que subconscientemente fazem a escolha de basear sua classificação em um cladograma em vez de em uma árvore filogenética. Consequentemente, uma classificação monofilética tão estrita não é apenas menos natural do que aquela que permite a parafilia, mas muitas vezes é incapaz de lidar com

espécies ancestrais existentes, fósseis ou espécies recentemente extintas. Um exemplo deste último é o tigre dentes-de-sabre, ou o mamute, espécies que representam o restante parafilético das espécies existentes e, portanto, inevitavelmente levam à não-monofilia. Uma única espécie existente pode ser monofilética (quando contém todos os descendentes de uma única origem ancestral) ou parafilética (quando deu origem a uma nova espécie) e a construção de uma classificação estritamente monofilética com esses componentes é matematicamente impossível. Alguns tentaram contornar essa situação “indesejada” propondo uma convenção na qual concordaríamos que todas as espécies são monofiléticas por definição, claramente um horror teórico. A certa altura, foi desenvolvido um novo conceito revolucionário de fornecer nomes aos taxa, chamado PhyloCode (de Queiroz 2006), que envolvia a ideia de que qualquer nível obrigatório de *taxon*, como género ou família (excepto espécies). Isso significa que algumas espécies podem pertencer a um género, mas outras não e, por exemplo, pertencem apenas a uma família. Teoricamente, é provavelmente um melhor sistema nomenclatural, que também permitiria uma classificação monofilética estrita mas, pragmaticamente, os sistematistas não querem deitar fora o sistema binomial de Lineu e adotar tal novo sistema rigoroso.

Finalmente, um **grupo polifilético** é um grupo de espécies em que o ancestral comum mais recente pertence a um grupo diferente, ou em que os membros surgiram de mais de um único MRCA (veja a figura 15). Quando, no passado, estes grupos eram reconhecidos como entidades taxonómicas, era provavelmente devido a espécies que compartilhavam um ou mais caracteres plesiomórficos, ou uma ou mais características que não eram herdadas de um ancestral comum. Por exemplo, espécies não relacionadas que vivem no deserto podem desenvolver independentemente pêlos escamosos para protegê-los da desidratação. Tais resultados da evolução paralela ou convergente são chamados de **homoplasias**, isto é, um carácter homoplástico tem a

mesma aparência, mas tem uma origem evolutiva diferente. Todos concordam que esses grupos polifiléticos não são naturais e devem ser eliminados de uma classificação.

Depois de ter decidido quais regras se deseja seguir para dividir uma árvore filogenética (ou um cladograma) em taxa, ainda há muitas opções que podemos tomar que tornam o processo de classificação e nomeação de taxa parcialmente subjetivos. "Que parte da árvore vou reconhecer como um gênero?" "Ou seria melhor chamá-la de subgênero?" etc. são perguntas verdadeiras que precisamos responder: Fazer escolhas que causem menos perturbações no sistema existente também é um argumento válido, promovendo assim a estabilidade do nome.

Bibliografia geral sobre Sistemática

- Spichiger R-E., Figeat M., Jeanmonod D. (2016) Botanique systématique avec une introduction aux grands groupes de champignons. 4^{ème} édition. Lausanne, Presses Polytechniques et Universitaires Romandes. ISBN 978.2889151349
- Stace C.A. (1991) Plant Taxonomy and Biosystematics, 2nd ed. London, Edward Arnold. ISBN 071.3129557
- Stuessy T.F. (2002) Plant taxonomy, the systematic evaluation of comparative data. M/s Bishen Singh Mahendra Pal Singh. ISBN 978-8121102841
- Stuessy T.F., Crawford D.J., Soltis D.E., Soltis P.L. (2015) Plant Systematics. The Origin, Interpretation, and Ordering of Plant Biodiversity. ISBN 978-3874294522

2.



Conceitos de espécie

2.1 O que é uma espécie?

Os biólogos geralmente concordam que a espécie é uma unidade natural fundamental. No entanto, tem-se provado incrivelmente difícil definir o que é exactamente uma espécie! Essa controvérsia ocorre notavelmente num nível teórico, e não prático, e passou a ser conhecida como **o problema da espécie**.

Um dos aspectos mais fundamentais do problema é a variação. A maioria, se não todas, as espécies de animais e plantas, apresenta variação, sendo cada indivíduo demonstradamente único. Dentro de uma população, a variação pode ser contínua (por exemplo, altura ou peso) ou descontínua (por exemplo, sexo; ter lóbulos de corola em espiral direita ou esquerda), de origem ambiental (por exemplo, cor da flor influenciada pela composição do solo) ou genética (por exemplo, tipo de sangue). A variação também pode ocorrer no espaço entre as populações (variação geográfica). Mesmo quando dois indivíduos compartilham exactamente o mesmo DNA (clones ou gémeos), podem desenvolver diferenças morfológicas sob a influência de fatores ambientais; isto é chamado de **plasticidade fenotípica**. O "problema da espécie" é, em parte, uma história de como os biólogos tentaram lidar com a variação. Frequentemente, acredita-se que as espécies representem uma unidade natural. A visão oposta mais extrema a essa ideia afirma que, na natureza, existem apenas os indivíduos. Grupos taxonómicos, incluindo espécies, são então vistos como abstrações feitas pelo homem, que nos permitem agrupar convenientemente um grande número de indivíduos. Poucos cientistas aceitam essa abordagem nominalista em relação às espécies, mas muitos acreditam que ela se aplica a taxa mais altas (World Conservation Monitoring Center 1992).

Várias definições e conceitos de espécies já foram propostos. Eles geralmente seguem a disciplina do autor: o conceito taxonómico de espécie, o conceito evolutivo de espécie, o conceito ecológico de espécie, o conceito histórico de espécie, e assim por diante. Os conceitos de espécies podem ser divididos em dois grupos principais: os relativos ao processo (evolução, cruzamento) e os relativos ao padrão (morfologia, preferências ecológicas). Abaixo estão os três mais conhecidos:

O conceito biológico de espécie. Este conceito define as espécies em termos de cruzamento. O seu maior defensor foi, sem dúvida, Ernst Mayr, um ornitólogo. Ele definiu as espécies como "*grupos de populações naturais cruzadas que são reprodutivamente isoladas de outros grupos desse tipo*". Mais tarde, esta definição foi refinada para "*uma população ou grupo de populações cujos membros têm potencial para se cruzar na natureza e produzir descendentes viáveis e férteis, mas não produzem descendentes viáveis e férteis com membros de outros grupos desse tipo*", e este continua sendo, actualmente, o conceito de espécie mais amplamente aceite. Este conceito explica por que os membros de uma espécie se assemelham e diferem de outras espécies. Os membros trocam material genético entre si, e transmitem-no à sua descendência, mas não a outras espécies. Assim, o processo evolutivo envolve mutações aleatórias que permanecem dentro de um *pool* genético que adquiriu alguma forma de isolamento. Com o tempo, essas novidades começam a diferenciar essas populações de outros conjuntos de genes semelhantes (ou populações). Finalmente, essas diferenças podem levar ao isolamento reprodutivo, onde os

pools genéticos isolados começam a actuar como espécies.

Em geral, os zoólogos adoptam esse conceito de espécie; no entanto, ele apresenta algumas complicações para as plantas. Embora os híbridos nos animais sejam raros, nas plantas muitas espécies são conhecidas por hibridizar e produzir descendentes férteis (Grant 1981, Stace et al. 2015). Apenas se tais eventos forem raros e a descendência for menos viável, poderão as espécies progenitoras manter a sua identidade genética única e, portanto, serem reconhecidas como espécies distintas. Além disso, o conceito não se aplica a organismos assexuais e, em plantas, por exemplo, a ocorrência de apomixia não permitiria definir uma espécie de acordo com o conceito de espécie biológica.

O conceito morfológico de espécie. Este conceito caracteriza uma espécie por distinção morfológica, e é aplicado a organismos assexuais e sexuais. Pode ser aplicado quando a informação sobre o fluxo génico é desconhecida: por exemplo, quando apenas espécimes de herbário estão disponíveis. Os investigadores podem discordar no que diz respeito a que caracteres usar para diferenciar espécies, o que leva à subjectividade.

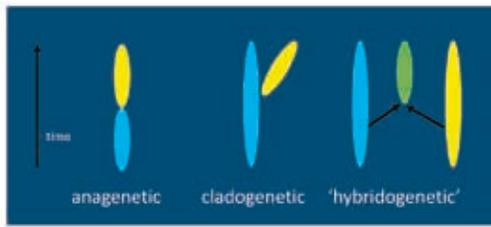
O conceito evolutivo de espécie. Este conceito destaca a importância de uma espécie ser uma unidade evolutiva, definindo-a como: "*uma linhagem de organismos que se cruzam, isolados reprodutivamente de outras linhagens, que têm um começo, um fim e uma trajetória evolutiva distinta e um destino histórico*" (Wiley, 1978). É definitivamente o conceito menos prático, mas inclui o tempo como um elemento essencial.

Qualquer que seja o conceito que um cientista use para distinguir uma espécie, a delimitação representa, na verdade, uma hipótese sobre as relações entre os organismos individuais que pertencem à espécie. Tal hipótese, sobre que grupo de indivíduos forma uma espécie, pode ser testada usando evidências morfológicas, genéticas, comportamentais, entre outras.

2.2 Especiação

Num contexto evolutivo, baseado em mudanças progressivas, as espécies são variáveis no espaço e mudarão com o tempo. Tais mudanças podem, eventualmente, resultar na formação de uma ou várias espécies novas. Este processo geralmente envolve dois processos: o primeiro é o **isolamento**, onde um ou mais indivíduos de uma dada espécie não são mais capazes de se cruzar e, portanto, não trocam mais material genético com os outros indivíduos da mesma espécie, o que leva ao segundo processo, a **divergência**. Este último processo envolve o acúmulo de mutações aleatórias, gradual ou instantaneamente, onde a aquisição de novos recursos pode fazer com que duas entidades isoladas se tornem substancialmente diferentes e sejam consideradas espécies distintas. Ambos os processos podem influenciar-se mutuamente. O isolamento parcial, onde em raras ocasiões o material genético ainda é trocado, pode reduzir a velocidade com que duas entidades podem divergir. Da mesma forma, a própria divergência pode aumentar o isolamento de uma população.

A Figura 16 mostra três processos que podem levar à especiação. O mais



△ Figura 16. Processos de especiação (para mais explicações, ver o texto).

fácil de entender é a **especiação cladogenética**, onde parte de uma espécie existente (às vezes incluindo um único indivíduo) é separada, e fica isolada. Pense numa única semente que é soprada através do oceano para uma ilha remota. Após a chegada, será o fundador de uma nova população que acumulará gradualmente mutações aleatórias e, portanto, divergirá das suas populações ancestrais no continente. Observe que este processo, também conhecido como "*budding*", não altera a natureza das espécies parentais, que podem continuar a existir enquanto a nova espécie se diferencia. O segundo processo é **especiação anagenética**, onde uma espécie acumula lentamente mutações aleatórias ao longo do tempo e se torna substancialmente diferente de suas populações ancestrais, sendo reconhecida como algo diferente. Nesse caso, o isolamento ocorre através de uma separação no tempo. Os paleontólogos, trabalhando com fósseis de diferentes períodos de tempo, desejam definir grupos de indivíduos como espécies diferentes. Finalmente, as espécies podem surgir instantaneamente por **hibridação**, especialmente quando seguidas de duplicação do genoma, resultando em organismos poliploides, incapazes de se cruzar com membros da população dos progenitores. O último mecanismo de especiação é raro em animais, mas bastante comum em plantas (Grant 1981, Soltis & Soltis 2009).

O processo de especiação está intimamente ligado à presença de mecanismos de isolamento reprodutivo que impedem o cruzamento. Abaixo está uma visão geral de tais mecanismos, divididos em dois grupos: mecanismos de isolamento pré-acasalamento (nas plantas antes da polinização) e pós-acasalamento (após a polinização).

1) Mecanismos de Isolamento pré-reprodutivo (em plantas):

- a) *Geográfico*. Os indivíduos ocorrem em áreas geográficas diferentes, separadas por uma barreira que não pode ser transposta por pólen, semente ou esporos.
- b) *Temporal*. Não existe troca de pólen entre as espécies porque elas florescem em diferentes alturas do dia ou em diferentes estações.
- c) *Ecológico*. Os indivíduos ocupam diferentes habitats e, como tal, o pólen não é transferido para outras espécies, com diferentes preferências ecológicas.

d) *Comportamental*. Espécies relacionadas podem atrair diferentes animais como polinizadores.

e) *Mecânico*. Não-correspondência física entre partes florais previne a transferência de pólen para o estilete, como é o caso de flores heterostílicas.

2) *Mecanismos de isolamento pós-reprodutivo (em plantas)*:

a) *Incompatibilidade gamética*. O pólen atinge o estilete mas não germina, ou o tubo polínico não chega aos oócitos.

b) *Mortalidade zigótica*. O núcleo polínico não atinge o óvulo.

c) *Inviabilidade dos híbridos*. Forma-se um embrião de híbrido, mas tem viabilidade reduzida.

d) *Esterilidade dos híbridos*. A planta híbrida é viável, mas é estéril e não produz sementes.

e) *Decomposição dos híbridos*. A primeira geração (F1) de híbridos é viável e fértil, mas as gerações híbridas seguintes (F2 e retrocruzamentos) podem ser menos viáveis ou estéreis.

2.3 Taxa infra-específicos

A evolução é, geralmente, um processo bastante lento (à exceção de algumas situações que envolvem hibridização). Pode levar milhares de anos até que uma população isolada se torne uma espécie distinta. Algumas mutações no DNA podem aparecer, mas desaparecem novamente, enquanto outras permanecem, embora não levem necessariamente a uma diferenciação fenotípica. Como resultado, quando observamos a Natureza, veremos variações a muitos níveis, que surgem através de vários processos. Podemos muito bem testemunhar uma fatia de tempo no processo de especiação e observar uma espécie em formação. Em alguns casos, quando o padrão é descontínuo, podemos querer capturar essa variação em taxa infra-específicos distintos. Embora os zoólogos reconheçam apenas o nível infra-específico de subespécie, plantas e fungos usam subespécies, variedades e formas.

Uma **subespécie** é definida como parte de uma espécie (uma ou mais populações) que é morfológica ou geneticamente distinta e, geralmente, também ocorre numa região geográfica distinta.

Uma **variedade** é definida como parte de uma espécie (uma ou mais populações) que é morfológica ou geneticamente distinta, mas que geralmente é encontrada dentro da área de distribuição da espécie como um todo; ocupa frequentemente um habitat diferente e é, portanto, ecologicamente distinta.

Uma **forma** é definida como parte de uma espécie que é morfológica ou geneticamente distinta, mas que representa uma mutação que ocorre esporadicamente dentro de uma população.

Conceitos de espécie

- Mayr E. (1982) *The Growth of Biological Thought*. Cambridge (MA), Harvard University Press. ISBN 978-0-674-36445-5.
- Pavlinov I., editor (2013) *The Species Problem. Ongoing Issues*. DOI: 10.5772/33113. ISBN 978-953-51-0957-0. <https://www.intechopen.com/books/the-species-problem-ongoing-issues>
- Reydon T.A.C., Kunz W. (2019) Species as natural entities, instrumental units and ranked taxa: new perspectives on the grouping and ranking problems. *Biological Journal of the Linnean Society* 126: 623–636. <https://doi.org/10.1093/biolinnean/blz013>
- Rieseberg L.H., Wood T.E., Baack E.J. (2006) The nature of plant species. *Nature* 440: 524–527. doi:10.1038/nature04402.

3.



Regras de nomenclatura botânica

Assim que a variação de um carácter dentro de um grupo tenha sido estudada e se chegue à conclusão sobre que entidades, ou taxa, precisam de ser distinguidos, levanta-se a questão sobre qual o nome correcto para essas entidades. Isto é uma questão que entra no âmbito da nomenclatura botânica.

3.1 ICN: o livro da lei

Desde que Lineu introduziu o seu sistema binomial, em 1753, foram desenvolvidas apenas algumas regras elementares para nomear plantas. Mais tarde, em 1813, Augustin de Candolle, na sua *Théorie élémentaire de la Botanique*, forneceu um conjunto detalhado de regras sobre a nomenclatura de plantas. No entanto, com o tempo, tornou-se evidente que era necessário um sistema internacionalmente reconhecido e aceite, e regras para nomear plantas. Foi Alphonse de Candolle, filho de Augustin de Candolle, que convocou uma assembleia de botânicos de vários países para apresentar um novo conjunto de regras nomenclaturais. Em 1867, ele organizou o Primeiro Congresso Internacional de Botânica (IBC) em Paris, o que levou à publicação do chamado Código de Paris. As reuniões subsequentes do IBC foram realizadas em 1892 (Código de Rochester), 1905 (Código de Viena), 1907 (Código Americano) e 1912 (Código de Bruxelas). Um acordo geral sobre regras internacionalmente aceites para a nomenclatura de plantas, no entanto, só foi alcançado em 1930 na reunião do IBC em Cambridge. Aqui, pela primeira vez na história da botânica, surgiu um Código de nomenclatura com função e nome internacionais: o **Código Internacional de Nomenclatura Botânica (ICBN)**. Hoje, ele é composto por vários princípios, regras e recomendações, estabelecidos em 61 artigos, bem como as disposições para governança do Código. Parece bastante semelhante a um livro de Direito. Desde 1930, foram produzidas muitas atualizações do ICBN. Em 2011, o nome mudou para **Código Internacional de Nomenclatura para Algas, Fungos e Plantas (ICN)**, e também abrange os fósseis desses grupos (ver Turland et al. 2018).

As propostas de alteração do Código são publicadas na revista *Taxon*. A cada 6 anos, no início do Congresso Botânico Internacional, durante a “Sessão Nomenclatural”, que pode levar uma semana inteira, reúnem-se taxonomistas de todo o mundo para discutir todas as propostas publicadas durante o período intermediário entre as conferências. Cada instituto tem um número de votos, dependendo do número de investigadores que contém. Basicamente, as mudanças nas regras da nomenclatura botânica são decididas através de um processo democrático.

As regras nomenclaturais mais importantes estão descritas abaixo. Note-se que, para obter mais detalhes ou casos mais complexos, deve consultar-se a versão mais recente do Código. Embora ela possa ter sido traduzida para vários outros idiomas, a versão em inglês conta como a única oficial.

3.2 Do Reino à subforma, categorias obrigatórias

Qualquer grupo taxonómico, seja uma família, espécie ou variedade, é referido como um 'taxon' (plural 'taxa'). Os nomes dos taxa acima do nível das espécies são compostos por uma única palavra, e as subtribos e superiores têm uma terminação específica. Apenas algumas das classes dos taxa são obrigatórias. Abaixo está uma lista dos taxa mais frequentemente usados em plantas, algas e fungos, e as suas terminações. As classes obrigatórias são apresentadas em **negrito**.

CLASSE	PLANTAS	ALGAS	FUNGOS
Reino/Regnum	-tae		
Divisão/Filo	-phyta		-mycota
Subdivisão/Subfilo	-phytina		-mycotina
Classe	-opsida	-phyceae	-mycetes
Subclasse	-idae	-phycidae	-mycetidae
Superordem	-anae		
Ordem	-ales		
Subordem	-ineae		
Superfamília	-acea		
Família	-aceae		
Subfamília	-oideae		
Tribio	-eae		
Subtribo	-inae		

Abaixo do nível de Subtribo, os nomes de um taxon não têm uma terminação. As mais importantes são (as obrigatórias estão marcadas a **negrito**):

Supergénero
Género
 Subgénero
 Secção
Espécie
 Subespécie
 Variedade
 Subvariedade
 Forma
 Subforma

Os nomes de categorias não-obrigatórias são compostos de uma única palavra que procede ao nome obrigatório acima dele. O nome de uma espécie é composto do nome do género mais a indicação da espécie, logo, acresce de uma segunda palavra, o **epíteto**. O nome de uma categoria infra-específica também é composto de uma única palavra. O epíteto específico e todos os nomes infra-específicos começam sempre com letra minúscula, e os nomes relativos a categorias acima do nível de espécie, com letra maiúscula. Alguns exemplos:

Amanita subgen. *Amanitopsis*

Begonia sect. *Scutobegonia*

Poaceae tribu *Andropogoneae*

Monotes rubriglans subsp. *upembensis*

Chlorophytum gallabatense var. *micranthum*

3.3 O conceito de tipo

A aplicação de nomes de taxa em categorias acima da família pode ser determinada pelo nome de um género incluído nela (por exemplo, a Ordem Asparagales deriva do nome genérico *Asparagus*), ou por meio de nomes descritivos (como Divisão Espermatófitas). A aplicação de nomes de taxa na categoria de família ou abaixo dela, no entanto, é determinada por meio de tipos nomenclaturais. Um tipo nomenclatural é o elemento ao qual um nome está permanentemente anexado, independentemente de esse nome ser o nome aceite, ou um sinónimo de outro nome.

O tipo de um nome de uma espécie ou um *taxon* infra-específico é um único espécime conservado em um herbário ou uma ilustração. O tipo de um nome de um género (ou de qualquer subdivisão de um género) é o espécime-tipo (ou ilustração) do nome da espécie-tipo (a primeira espécie já descrita no género, ou designada como tal pelo autor do género). O tipo de um nome de família (ou de qualquer subdivisão de uma família) é o mesmo que o nome genérico do qual é formado. Repare que o tipo nomenclatural não é necessariamente o elemento mais típico ou representativo de um *taxon*. Mais informações sobre os tipos podem ser encontradas no parágrafo 3.5 abaixo.

3.4 Publicação válida e efectiva

A publicação original (primeira) de um nome é chamada de **protólogo**. Para o nome ser formalmente aceite como um novo nome, de acordo com as regras do Código, o protólogo deve atender a várias condições. Quando isso não ocorre, o nome não é aceite pelo ICN e é descartado do processo posterior. A condição mais importante é que o novo nome seja efectivamente e validamente publicado.

Para ser **efectivamente** publicado, o nome deve aparecer impresso e estar disponível em (pelo menos dois) locais acessíveis ao público (como biblio-

tecas) (Art. 29). A partir de 1 de janeiro de 2012, também é aceite uma publicação em formato eletrónico (PDF) quando este possui um número ISSN ou ISBN.

Para que seja **validamente** publicado, um nome novo (da categoria de género ou abaixo dela) deve ser:

- efectivamente publicado;
- associado com a categoria taxonómica que representa (Art. 37), de 1 de Janeiro de 1953 em diante;
- acompanhado por uma descrição ou **diagnose**, indicando como difere de taxa que lhe são relacionados. Entre 1 de Janeiro de 1953 e 31 de Dezembro de 2011, descrições e diagnoses tinham que ser em Latim, mas desde essa data que podem ser também em Inglês (Art. 39);
- acompanhado pela indicação de um espécime-tipo, de 1 de Janeiro de 1958 em diante (Art. 40.1). Desde 1 de Janeiro de 1990, o Herbário onde o tipo esteja depositado deve ser também indicado (Art. 40.7). Os herbários são geralmente citados pelo seu acrónimo de referência, que pode ser encontrado em Thiers (continuamente atualizado).

Na botânica, o nome do epíteto da espécie não pode ser o mesmo que o nome do género. Na zoologia, isso é permitido (*Bufo bufo* para o sapo-comum, ou *Giraffa giraffa* para a girafa-do-sul). Este nome é chamado de **tautónimo**, e é inválido nos termos do Código botânico.

Ocasionalmente, acontece que alguém publica um nome exactamente igual ao que foi publicado anteriormente. Ambos os nomes são então chamados **homónimos** e o mais recente é **ilegítimo** sob o Código botânico.

3.5 Tipos

Ter o espécime-tipo correto vinculado a um nome é essencial para a nomenclatura de plantas (e animais). Várias regras foram criadas para lidar com situações em que o tipo pode ser incerto.

Na botânica, uma colheita de planta é geralmente indicada citando o colector e o seu número de colheita exclusivo, por exemplo, *Lebrun 1234*. [Quando um espécime tem um código de barras associado, isso pode ser citado adicionalmente.] No campo, um colector geralmente recolhe várias amostras, ou espécimes, da mesma planta ou população, e aí estes recebem o mesmo número de colheita (*Lebrun 1234*). Portanto, uma única colheita pode incluir vários duplicados, que são frequentemente enviadas para vários Herbários. O tipo de nome de uma planta, no entanto, pode ser apenas um único espécime, que é indicado como **holótipo**. Quaisquer duplicados do holótipo existentes são chamadas de **isótipos**. Embora os isótipos possam ser muito úteis para a investigação, quando se trata de aplicar as regras de nomenclatura, apenas o holótipo é considerado. Além de uma planta ou fungo seco, uma ilustração também pode servir como holótipo.

Quando um autor cita uma colheita-tipo no protólogo, mas se verifica que esta tem vários duplicados, então o exemplar presente no herbário em que o autor trabalhava, ou um a que ele, ou ela, definitivamente teve acesso a preparar a descrição do novo taxon, pode ser considerado o holótipo.

Todas as outras colheitas citadas no protólogo, mas não pertencendo à colheita-tipo, são chamadas de **parátipos**.

Antes de 1958, não era necessário indicar o espécime-tipo para um novo nome. Como consequência, as publicações anteriores a esta data regularmente apresentam protólogos que não mencionam um tipo, mas citam várias colheitas consultadas pelo autor, para o novo *taxon*. Estes são todos considerados como “material original” e são chamados de **sintipos**. Como um nome pode ter apenas um único tipo, é preciso escolher um tipo dentre esse material original (as colheitas citadas e todos os seu duplicados). Esse tipo escolhido é chamado de **lectótipo**. Duplicados do lectótipo são chamados de **isolectótipos**. Quando alguém publica uma lectotipificação, é obrigatório adicionar a frase “*designado aqui*”.

Em uma situação em que todo o material original, incluindo quaisquer ilustrações relevantes, foi perdido (provado por uma pesquisa exaustiva), é permitido seleccionar um novo tipo que é chamado de **neótipo**. Duplicados do neótipo tornam-se **isoneótipos**. Ao criar um neótipo, geralmente tenta-se seleccionar o material que foi colhido na localidade do tipo original ou próximo a ela, mas isso não é obrigatório. Em geral, procura-se seleccionar um neótipo em que a estabilidade nomenclatural seja garantida, ou seja, que não leve a mudanças necessárias no nome.

Finalmente, o material do holótipo pode ser muito escasso para diagnosticar adequadamente um *taxon* (repare que o tipo também pode ser uma ilustração em que alguns detalhes podem não ser aparentes). Nesse caso, é permitido seleccionar um ‘tipo de apoio’ conhecido como **epítipo**, para não deixar dúvidas sobre a identidade do *taxon* em questão. Novamente, é importante escolher sabiamente o epítipo, para garantir a estabilidade nomenclatural.

É importante observar que o Código define um ‘espécime’ como sendo uma colheita de uma única espécie ou *taxon* infra-específico, que pode incluir um único organismo, partes de um ou vários organismos, ou vários pequenos or-

Exemplos com tipos

Citação de holótipo e isótipo:

Solanum aculeastrum Dunal (1852: 366). – Type: Afrique du Sud, Cape of Good Hope, eastern part near Morleg, 1500 ft, 1838, Drège s.n. (holo-: G-DC; iso-: AD, BM, K, P).

Explicação: O protólogo do nome específico *Solanum aculeastrum* foi publicado por Dunal em 1852. O protólogo menciona que Dunal viu um único espécime colectado por Drège, sem número de colector

(*s.n.* = *sine numero*), e afirma que o viu no herbário de De Candolle, que é guardado em Genebra. Como tal, o espécime (em G-DC) deve ser tido em conta como o holótipo. Mais tarde, duplicados desta colecção foram localizados em Adelaide (AD), no British Museum (BM), no Royal Botanic Gardens, Kew (K) e o Muséum national d'Histoire naturelle, Paris (P).

Designação de Lectótipo:

Antephora elegans Schreb. var. *africana* Pilg. (Pilger 1901: 119). – Type: D.R. Congo, Stanley-Pool, June 1899, *Schlechter 12508* (lectotype: B [B 10 01 68252], **designado aqui**; isolectótipos: B [B 10 01 68251], BR [BR0000013591571], K [K000281098], P).

Explicação: *Antephora elegans* var. *africana* foi publicada citando quatro espécimes, *Buchholz 1875*, *Dinklage 464*, *Dewèvre 120* e *Schlechter 12508*, que deverão ser tidos em conta como sintipos e incluem o material original. Visto que o autor trabalhava em Berlim (B), o lectótipo deve estar preferencialmente localizado aqui. Todos, exceto o espécime de *Schlechter*, não estão presentes em B e foram presumivelmente perdidos durante o incêndio de 1943. Em B, há duas folhas de *Schlechter 12508*, uma das quais já está desprovida de espiguetas, e a outra tem algumas espiguetas guardadas num envelope coladas na folha de herbário. A última é escolhida como lectótipo, com duplicados depositados em Meise Botanic Garden, Belgium (BR), Royal Botanic Gardens, Kew (K) e Muséum national d'Histoire naturelle, Paris (P). Os códigos de barra são adicionados aos espécimes para os quais estes estão disponíveis.

Designação de Neótipo (representado por uma ilustração, também denominado “iconótipo”, figura 17):

Dracaena sanderiana Sander ex Mast. (Masters 1892: 731). — Neotype (**designado aqui**): Gard. Chron., ser. 3, 13: 445 (1893), f. 65 (iconotype).

Explicação: *Dracaena sanderiana* foi primeiro exposta pelo horticultor Sander na exposição internacional em Earl's Court (1892), e publicada no mesmo ano por Masters com uma descrição, mas sem uma ilustração. O material original da planta em exposição não foi localizado e provavelmente não foi preservado. Um ano mais tarde, *D. sanderiana* foi colocada em exposição por Sander em Ghent, e foi publicada uma ilustração em Gard. Chron., ser. 3, vol. 13 (1893). Esta ilustração muito provavelmente representa a mesma planta que originalmente foi exposta em 1892, e por isso é escolhida aqui como neótipo.

ganismos. Um espécime é geralmente montado numa única folha de herbário, ou num suporte equivalente, como uma caixa, pacote, frasco ou lâmina de microscópio.

3.6 Nomes de autor, novos taxa, e novas combinações

A pessoa que publica um novo nome de taxon é o autor desse nome e, na documentação formal ou oficial, é colocada após o nome do taxon em questão. O nome do autor é frequentemente abreviado, para o qual uma abreviação padrão foi publicada por Brummitt & Powell (1992) e para a qual um banco de dados on-line é agora mantido pelo IPNI (em <http://www.ipni.org>).

Por vezes, um autor publica um nome de *taxon* na publicação de outra pessoa (como um capítulo de um livro ou simplesmente como parte de um artigo acreditado a terceiros). Nesse caso, podem citar-se os dois autores usando a palavra de conexão "in". Por exemplo, *Verrucaria aethiobola* Wahlenb. in Acharius, Methodus, Suppl.: 17. 1803. O ICN considera a parte após Wahlenb. como referência bibliográfica e, portanto, não faz parte do nome.

Em outras situações, um autor pode publicar validamente um nome de *taxon*, mas atribuí-lo a outra pessoa, por exemplo, onde a pessoa sugeriu o nome (numa etiqueta de herbário ou mesmo verbalmente), mas não conseguiu publicá-lo. Nesse caso, o nome deste último é fornecido, mas é seguido por "ex" e o nome do autor que o publicou de forma válida, por exemplo *Acalypha racemosa* Wall. ex Baill. Aqui, Baillon publicou validamente o nome *Acalypha racemosa*, que já havia sido cunhado para essa espécie por Wallich. Também é aceite omitir o nome do primeiro autor e simplesmente citar essa espécie como *Acalypha racemosa* Baill.

O facto de que um autor pretende publicar o nome de um novo *taxon* é frequentemente indicado pela adição da abreviatura **spec. nov.**, **genus nov.**, ou **subsp. nov.**, etc., à frente do nome.

Quando um autor move uma espécie de um género para outro, o epíteto é transferido para o novo género enquanto o autor original é colocado entre parênteses, seguido pelo nome do autor da transferência, por exemplo: *Cenchrus purpureus* (Schumach.) Morrone. Esta espécie foi originalmente denominada *Pennisetum purpureum* por Schumacher (1827) e transferida para o género *Cenchrus* por Morrone (2010). Repare que o género do epíteto mudou de acordo com a gramática latina. O nome *Cenchrus purpureus* (Schumach.) Morrone é chamado de **nova combinação** (frequentemente abreviada como **comb. nov.**), pois combina o epíteto original (do protólogo) com o nome de outro género. O nome que forneceu o epíteto da nova combinação é chamado de **basiónimo**; neste caso, *Pennisetum purpureum* Schumach.



△ Figura 17. O neótipo (iconótipo) de *Dracaena sanderiana* Sander ex Mast. in *Gard. Chron.*, ser. 3, 13: 445 (1893), f. 65.

O mesmo acontece quando um autor rebaixa, ou actualiza, um nome para uma categoria taxonómica diferente. Por exemplo, em *Cenchrus polystachios* (L.) Morrone subsp. *atrichus* (Stapf & C.E. Hubb.) Morrone, o nome *Pennisetum atrichum* Stapf & C.E. Hubb., basiónimo, foi transferido para uma subespécie de *Cenchrus polystachios* por Morrone. O nome *Cenchrus polystachios* (L.) Morrone subsp. *atrichus* (Stapf & C.E. Hubb.) Morrone não é apenas uma nova combinação (comb. nov., visto que o basiónimo foi transferido para um género diferente), mas também deu ao taxon um **novo status** ou categoria taxonómica, geralmente indicado pela adição de **stat. nov.** após o novo nome.

3.7 Nomes aceites e sinónimos: a regra da prioridade

A ciência da taxonomia é dinâmica, onde as mudanças ocorrem frequentemente como melhorias na classificação natural. Isto significa que uma publicação pode fornecer novos dados de investigação que sustentam uma nova visão sobre a variação presente em uma espécie ou sobre a delimitação de géneros, famílias etc. É importante entender que essa visão representa uma nova hipótese, uma nova opinião, suportada por argumentos lógicos. Por meio desse processo, a classificação, ou a estrutura taxonómica, está idealmente, constantemente a melhorar e evoluir para uma conclusão estável. No entanto, alguns podem pesar os dados de suporte para hipóteses alternativas em favor de uma classificação diferente. É difícil dizer qual é o 'correcto', pois nunca conseguiremos reconstruir completamente os caminhos evolutivos.

Ao estudar um determinado grupo de taxa, um autor pode considerar dois ou mais nomes para representar a mesma unidade taxonómica. Seguindo o conceito de tipo, isso significa, basicamente, que este autor é da opinião de que os tipos de ambos os nomes pertencem ao mesmo taxon. Por exemplo, Clayton e Renvoize (1982) consideraram os seguintes nomes de espécies, em ordem alfabética, para representar uma única espécie variável de gramínea:

Pennisetum angolense Rendle (Rendle 1899: 189).

Pennisetum giganteum A.Rich. (Richard 1850: 382).

Pennisetum macrourum Trin. (Trinius 1826: 64).

Pennisetum scaettae Robyns (Robyns 1934: 3).

Pennisetum stenorrhachis Stapf & C.E.Hubb. (Stapf & Hubbard 1933: 270).

Isso implica que todos os cinco nomes são **sinónimos**, mas as regras nomenclaturais estipulam que apenas um único nome pode ser o **nome aceite**; então, qual escolhemos? Aqui devemos aplicar a **regra de prioridade** (Princípio III do Código), que nos diz que o sinónimo mais antigo tem prioridade sobre os outros. Nesse caso, o nome correcto e aceite para esta espécie é *Pennisetum macrourum* Trin., visto que foi publicado em 1826.

A regra da prioridade aplica-se a todos os níveis taxonómicos. Por exemplo, em 2010, Morrone publicou um artigo no qual fundiu o género *Pennisetum* Rich. (Richard em Persoon 1805: 72) com *Cenchrus* L. (Lineu 1753: 1049). A regra da prioridade mostra que o último género tem prioridade sobre o

primeiro e, portanto, o género na sua nova circunscção deve ser chamado de *Cenchrus*.

Quando seguimos a visão de Morrone (2010), o nome aceite para a espécie *Pennisetum macrourum* Trin. torna-se *Cenchrus macrourus* (Trin.) Morrone. Note que, quando outro autor não concorda com esta hipótese, e defende a manutenção do género *Pennisetum*, existem dois nomes aceites para a mesma espécie, dependendo do ponto de vista científico.

Além disso, é importante saber que a regra da prioridade se aplica apenas a nomes da mesma categoria taxonómica! No exemplo anterior, se o nome *Pennisetum polystachion* (L.) Schult. var. *africana* Thunb. (Thunberg 1794: 101) tivesse sido sinónimo dos outros cinco nomes de *Pennisetum* mencionados acima, ele seria, então, o nome mais antigo disponível. No entanto, como é um nome ao nível de variedade, não tem prioridade sobre nomes ao nível de espécie. Quando o autor Xxx deseja atualizar essa variedade para o nível de espécie (como *Pennisetum africanum* (Thunb.) Xxx), a data de publicação desse nome seria a data em que essa nova combinação foi publicada. Segue-se logicamente que, quando o *taxon* *Ixora aneimenodesma* K.Schum. subsp. *kizuensis* De Block não tem sinónimos e um autor Xxx deseja sub-lo para o nível de espécie, ele tem duas opções: 1) publicar o nome *Ixora kizuensis* (De Block) Xxx; ou 2) publicar um novo nome de espécie (por exemplo, *Ixora congoensis* Xxx), com o nome da subespécie como sinónimo. A opção 2 é considerada "indelicada", pois remove o autor original do nome. No entanto, o nome *Ixora kizuensis* já pode existir para uma espécie diferente. Nesse caso, a nova combinação necessária está 'ocupada' e é preciso optar por um novo nome, como *Ixora deblockiae* Xxx, para homenagear o autor original. A necessidade de criar um **novo nome** para um *taxon* já descrito anteriormente é frequentemente indicada pela designação **nom. nov.**

Existem duas exceções à regra da prioridade. A primeira é que existem oito nomes de família e um nome de subfamília em que é permitido escolher entre duas alternativas (ICN Art. 18.5, 19.8). Esses nomes são chamados **nomina alternativa** (ou **nom. alt.**). Abaixo está uma lista desses nomes de família e subfamília alternativos permitidos. Em uma única publicação, é recomendável usar os nomes de apenas uma das colunas.

Apiaceae	Umbelliferae
Arecaceae	Palmae
Asteraceae	Compositae
Brassicaceae	Cruciferae
Clusiaceae	Guttiferae
Fabaceae incl. subfam. Faboideae	Leguminosae incl. subfam. Papilionoideae
Lamiaceae	Labiatae
Poaceae	Gramineae

Em segundo lugar, a aplicação estrita das regras estabelecidas no ICN pode levar a alterações "indesejadas" e maior instabilidade nomenclatural dentro de um grupo taxonómico particular. Nesse caso, alguém pode fazer uma proposta para conservar ou rejeitar um nome específico. No caso de ambiguidade relativamente ao espécime-tipo correcto, uma proposta semelhante para conservar um tipo específico pode ser formulada. Estas propostas podem ser publicadas na revista *Taxon* e são, então, votadas no próximo encontro IBC. Nomes ou tipos conservados ou rejeitados são geralmente seguidos pela indicação **nom. cons.**, **nom. rej.** ou **type cons.**

3.8 Híbridos

No Código, os nomes de *taxa* híbridos são abordados num capítulo em separado. Eles podem ser reconhecidos pelo uso do sinal de multiplicação (×) ou pela adição do prefixo "noto-" ao termo que denota a categoria do *taxon*. Um nome de notoespécie, composto por um nome de género (ou um notogénero, ver abaixo) e um epíteto, indicando um híbrido entre os dois indivíduos das espécies diferentes. O nome de um notogénero, uma palavra única, é usado quando um híbrido se formou entre os indivíduos de espécies pertencentes a géneros diferentes, e é composto por partes dos nomes dos dois géneros envolvidos.

Por exemplo, o híbrido entre *Oenothera biennis* L. e *Oenothera villosa* Thunb. pode ser indicado tanto pela fórmula de híbrido *Oenothera biennis* L. × *Oenothera villosa* Thunb., como pela notoespécie *Oenothera* ×*drawertii* Renner ex Rostański.

O notogénero ×*Festulolium* Asch. & Graebn. agrupa indivíduos que surgiram por um evento de hibridização entre espécies dos géneros *Festuca* L. e *Lolium* L. A notoespécie ×*Festulolium loliaceum* (Huds.) P.Four. denomina o híbrido entre *Festuca pratensis* Huds. e *Lolium perenne* L., o que também pode ser representado pela fórmula *Festuca pratensis* Huds. × *Lolium perenne* L.

3.9 Plantas cultivadas

Os nomes de plantas cultivadas não são regulamentados pelo ICN, mas pelo Código Internacional de Nomenclatura para Plantas Cultivadas (ICNCP).

As formas cultivadas podem ser classificadas em apenas três categorias: **Cultivar**, **Grupo** e **grex**. Este último é usado apenas no cultivo de orquídeas e indica a descendência híbrida combinada de qualquer cruzamento entre as mesmas duas entidades (*taxa* ou cultivares). Uma cultivar, abreviada como *cv.*, é uma forma muito específica, derivada de qualquer tipo de processo de selecção e pode até ter sido retirada directamente da natureza. É um nome não latino adicionado após o nome do *taxon* do qual foi derivado, por exemplo *Solanum tuberosum* L. *cv.* Gogu valley, também escrito como *Solanum tuberosum* 'Gogu valley'. Quando não é claro a que espécie uma cultivar pertence, o

nome da cultivar pode seguir directamente após o género, por exemplo *Rosa* cv. Penelope. Um novo nome de cultivar pode ser formalmente registado por uma Autoridade Internacional de Registo de Cultivar, que precisa ser aprovado pela Comissão ISHS de Nomenclatura e Registo de Cultivar. Cada Autoridade recebe um grupo taxonómico específico. Um grupo compreende um número de cultivares com uma característica distinta. Pode-se, por exemplo, criar um grupo para todas as rosas amarelas. Aqui fica claro que os nomes de plantas cultivadas não fazem parte de uma classificação natural, pois não precisam indicar nem reflectir ancestrais comuns.

Na literatura sobre plantas cultivadas, pode encontrar-se regularmente 'variedade' ou 'forma'. Observe que esses termos realmente não deveriam ter sido usados para plantas cultivadas, pois referem-se erroneamente ao ICN, que não lida com plantas cultivadas. Quando possível, esses usos de 'variedade' ou 'forma' devem ser tratados como descrições informais da variação observada, sem a intenção de criar um novo nome de taxon sob o ICN.

Código Internacional de Nomenclatura para algas, fungos e plantas

- <http://www.iapt-taxon.org/nomen/main.php?>

Nomes científicos e tipos

- International Plant Name Index: <https://www.ipni.org>
- Tropicos: <http://www.tropicos.org>
- World Flora Online: <http://www.worldfloraonline.org>
- African Plant Database: <http://www.ville-ge.ch/musinfo/bd/cjb/africa/index.php>
- Linnaean Typification Project: <http://www.nhm.ac.uk/our-science/data/linnaean-typification>
- Global Plants: <https://plants.jstor.org>



A arte da identificação

Nos capítulos anteriores, mencionámos que a ciência taxonómica visa organizar a imensa diversidade de organismos vivos na Terra em unidades discretas. Como tal, ela fornece as ferramentas essenciais para a comunicação científica na forma de nomes e uma classificação. Para poder realizar investigação científica biológica, proteger a natureza, usar plantas para fins medicinais, etc., é crucial ter acesso à riqueza de informações acumuladas ao longo de vários séculos. Os recursos *online* estão a crescer exponencialmente. No entanto, antes que alguém possa aceder às informações disponíveis sobre determinadas espécies ou géneros, por exemplo, é preciso saber o nome do *taxon* em questão. Como são raros os especialistas que conseguem identificar de cabeça os organismos vivos, especialmente nos trópicos onde a diversidade é alta, os taxonomistas desenvolveram ferramentas para identificar o seu material de maneira fidedigna.

4.1 Chaves de identificação

Uma chave de identificação é uma ferramenta prática usada por especialistas e não-especialistas, para identificar plantas, fungos ou animais, de acordo com o nível da família, tribo, género, espécie, ou outro. Muitas vezes, é a parte mais amplamente usada de uma publicação taxonómica e, portanto, merece a máxima atenção do cientista que a cria!

Para usar uma chave de identificação, geralmente, é necessário ter pelo menos um entendimento básico da morfologia e terminologia de plantas ou fungos. Ter um bom glossário pode ser útil. Existem vários bons e extensos glossários botânicos (veja a caixa de texto no final deste capítulo)..

Como usar uma chave?

Uma chave de identificação geralmente é um tipo de 'jogo' de perguntas e respostas, em que o utilizador é solicitado a observar (com atenção!) caracteres específicos, e relatar o seu estado. Uma chave de identificação pode, por exemplo, usar o carácter 'cor da flor' e o utilizador pode escolher entre os estados "amarelo" ou "branco": quando amarelo, siga para a pergunta número 2; quando branco, vá para a pergunta número 10. A primeira parte da chave de identificação ficará com a seguinte aparência::

- 1. - Flores amarelas 2
- Flores brancas 10
- 2. - ...
- ...

No exemplo acima, cada pergunta é designada de **par** da chave, com duas **derivações**. É óbvio que as duas opções precisam ser mutuamente exclusivas, não mostrando sobreposição. Depois de responder correctamente a um certo número de perguntas, o utilizador chegará ao fim tendo obtido o nome da planta (ou fungo ou animal).

No exemplo acima, cada pergunta é designada de par da chave, com duas derivações. É óbvio que as duas opções precisam ser mutuamente exclusivas, não mostrando sobreposição. Depois de responder correctamente a um certo número de perguntas, o utilizador chegará ao fim tendo obtido o nome da planta (ou fungo ou animal).

Geralmente, o utilizador pode escolher entre duas opções; nesse caso, a chave é **dicotómica**. Algumas chaves permitem a escolha entre três ou mais opções (no exemplo acima, pode adicionar-se 'Flores azuis', 'Flores vermelhas', por exemplo, para chegar a quatro derivações); essas são chamadas de chaves **politómicas**. Em geral, essa estrutura é considerada menos prática e mais propensa a erros de identificação. Pode evitar-se facilmente essas escolhas combinando vários estados em uma entrada da chave, como:

- 1. - Flores amarelas, azuis ou vermelhas 2
- Flores brancas 10
- 2. - Flores amarelas 3
- Flores azuis ou vermelhas 6
- 3. - Ramos espinhosos *Rosa banksiae*
- Ramos sem espinhos 4
- ...
- 6(2) - Estames ...
- ...
- ...
- 10(1) - Folhas
- ...

Repare que a questão nº 3 oferece o nome da planta, e as questões 6 e 10 indicam qual a questão anterior que apontava para elas. Este último mecanismo serve para auxiliar os utilizadores a acompanhar de onde vieram, e é geralmente adicionado apenas quando já se chegou ao ponto depois de se ter dado um “salto” relativamente grande na chave.

Basicamente, há duas formas de chaves dicotómicas. A forma ilustrada acima, em que ambas as entradas da chave se seguem directamente uma à outra, é designada uma **chave agrupada**. A segunda forma é designada uma **chave indentada** e separa as duas entradas da chave por um espaço. Aqui segue um exemplo de uma chave indentada (adaptada de uma chave de espécies de *Solanum* em África, Vorontsova & Knapp 2016):

- 1. Flores com estames de diferentes comprimentos
- 2. Folhas orbiculares a reniformes, 1.2-2.5 cm, mais larga que longa; pecíolos mais longos que as folhas. Rara no nordeste da Somália
 *S. cymbalariaifolium*
- 2. Folhas ovadas a elípticas ou lanceoladas, 2-14 cm, mais longas que largas; pecíolos mais curtos que as folhas. Região árida do este e nordeste de África

3. Caules com acúleos densamente distribuídos, aciculares; menos de 0.5 mm de largura na base, amarelo-claros; fruto completamente encerrado pelo cálice acrescente *S. coagulans*
3. Caules sem acúleos, ou esparsamente distribuídos; se presentes, menos de 1 mm de largura na base, amarelos a laranja ou castanhos; fruto pelo menos parcialmente exposto *S. melastomoides*
1. Flores com estames de igual comprimento. Amplamente distribuída.
 4. Flores 1 por inflorescência, pedúnculo e ráquis ausentes; corola pentagonal, lobada por $\frac{1}{4}$ - $\frac{1}{3}$ do comprimento até à base, 0.9-1.3 cm de diâmetro; África do Sul *S. supinum*
 4. Flores geralmente mais do que uma por inflorescência, pedúnculo e/ou ráquis presente em pelo menos algumas inflorescências; corola geralmente estrelada, lobada por mais de $\frac{1}{3}$ do comprimento até à base, ou se lobada por $\frac{1}{4}$ - $\frac{1}{3}$ do comprimento até à base, a corola possui estiletos longos, de diâmetro maior que 1.3 cm; amplamente distribuída
..... *S. tuberosum*

Quando a primeira derivação do dístico 1 corresponde à planta a ser identificada, deve prosseguir-se para a próxima pergunta formulada imediatamente abaixo (número 2). No entanto, quando a segunda entrada do dístico 1 está correta, continua-se com a pergunta abaixo, que é o número 4. Como se pode ver, não há números no lado direito da chave apontando para a próxima pergunta. A vantagem de uma chave recuada é que o utilizador pode derivar mais facilmente a maneira como as espécies são agrupadas a partir da estrutura da chave. Uma desvantagem é que é preciso procurar a segunda entrada da pergunta / dístico em questão. Isso pode estar bem distante em grupos maiores e, em chaves mais longas, haverá muito espaço não utilizado no lado esquerdo da página, resultando em uma chave que precisa de mais páginas impressas.

Além disso, repare que as informações geográficas podem ser usadas na chave. Apesar de não ser um carácter morfológico, pode ser considerado útil. Da mesma forma, informações ecológicas ou fenológicas (período de floração / frutificação) podem ser adicionadas. No entanto, é aconselhável que esses tipos de caracteres sejam usados apenas como dados suplementares às características morfológicas.

Como fazer uma chave?

Comece por escolher que tipo de chave quer construir (veja acima). Em seguida, pense em vários subgrupos claros que podem ser reconhecidos dentro do grupo em questão. Depois, seleccione os grupos que podem ser definidos por estados-de-carácter bem distintos e que podem ser facilmente observados a olho nu ou ao usar uma lente de mão 10 ×. Se a primeira pergunta de uma chave é sobre grãos de pólen, por exemplo, um bom número de utilizadores fica imediatamente preso e não pode continuar. Também é importante que qualquer carácter mencionado em uma entrada de um par também

	Life form			Leaf width			Flowers		Corolla shape			Fruit colour	
	tree	liana	herb	1-5 mm	5-10 mm	10-30 mm	solitary	fasciculate	star	cup	trumpet	yellow	red
Aus a	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	0
Aus b	1	0	0	0	0	1	1	0	1	0	0	1	0
Aus c	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0
Bus x	0	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	0	1
Bus y	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1
Bus z	0	0	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	1
Cus m	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	0	0	1
Cus n	1	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	1
Cus o	0	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	0	1

△ Figura 18. Exemplo de uma matriz de dados de taxa / caracteres (com taxa fictícios Aus a, Bus x, etc.).

esteja presente na (s) outra (s) entrada (s)! Um par como o abaixo não é recomendado:

1. - Flores amarelas; folhas mais longas aue 10 cm 2
- Flores brancas 10

Um utilizador que possua uma planta que tenha flores brancas, mas também tenha folhas com mais de 10 cm, ficará incerto quanto ao que escolher. Isso leva-nos a outra questão prática. Ao criar uma chave, deve-se sempre tentar imaginar o que um utilizador pode ter em mãos! Geralmente, essa é uma planta única; portanto, a chave precisa fornecer informações exactas. Se um dístico apresentar “Flores grandes” contra “Flores pequenas”, este é um conceito relativo e o utilizador não poderá avaliar se as flores de 1 cm de diâmetro podem ser consideradas “grandes” ou “pequenas”.

Um único *taxon* pode sair na chave mais de uma vez. Isto pode ocorrer quando um determinado *taxon* é variável para um carácter. Por exemplo, uma espécie pode ter flores brancas e ocasionalmente amarelas, enquanto a maioria das espécies é constante nesse aspecto.

Criar uma chave para um grupo maior de espécies (ou outros *taxa*) geralmente é bastante facilitado pela preparação de uma matriz de dados de *taxa* / caracteres (veja também a figura 18). Muitas vezes, isto ajuda a obter uma melhor visão geral da distribuição dos caracteres e a sua correlação (veja também o próximo parágrafo).

Finalmente, alguns conselhos sobre a construção de chaves:

1. Seja prático! Use linguagem 100% clara. Tente evitar caracteres que precisam de muitas explicações ou que sejam difíceis de entender; ou até difíceis de observar.

2. Numa chave totalmente dicotómica, quando todos os taxa saem apenas uma vez na chave, o número de pares será sempre igual ao número de taxa menos 1. Logo, não se consegue modificar o número de pares. No entanto, pode-se ajustar o número de perguntas a serem respondi-

das antes que uma espécie saia na chave. A melhor estratégia é esforçar-se por gerar perguntas / pares que dividam o restante grupo de taxa em partes mais ou menos iguais.

3. Se as espécies de um grupo geralmente não tiverem flores e frutos ao mesmo tempo, pode ser sensato apresentar duas chaves diferentes, uma para o material em floração e outra para o material em frutificação.

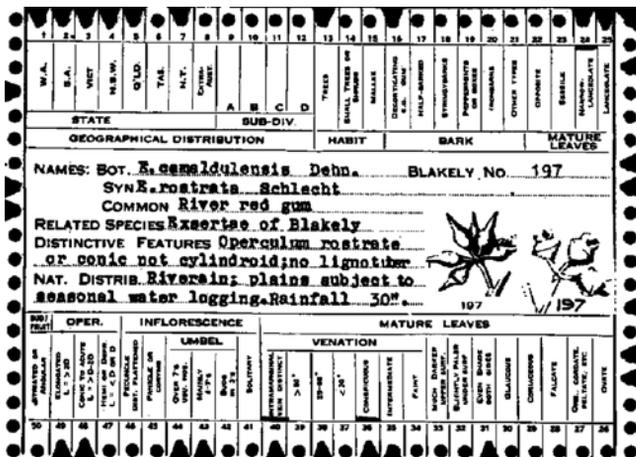
4.2 Chaves Multi-entradas

As chaves discutidas acima, mesmo quando preparadas com o máximo cuidado, têm uma falha séria. O utilizador não pode escolher a sequência na qual os caracteres são observados. Pode ser que ter frutos vermelhos já reduza bastante o número de espécies em potencial, mas a cor do fruto é apenas questionada na pergunta número 5. Em outras palavras, deve haver maneiras mais fáceis de identificar uma planta!

Ao usar uma matriz de dados de *taxon* / carácter para um grupo seleccionado de espécies (veja um exemplo na figura 18), o utilizador pode escolher aleatoriamente um carácter da lista e preencher o estado de carácter observado no espécime a ser identificado. Então, esse processo pode ser repetido até que a combinação específica de estados-de-carácter corresponda a uma única espécie.

▽ *Figura 19. Exemplo de um cartão perfurado mostrando os caracteres (buracos abertos ao longo da borda), para uma espécie de Eucalyptus.*

Antes da era dos computadores, os taxonomistas já haviam experimentado várias chaves de entradas múltiplas baseadas em sistemas matriciais semelhantes: trabalhava-se com um grande número de cartões numerados, onde cada cartão representaria um estado de carácter ou um *taxon*. Os interessados em tais chaves de cartões perfurados podem observar a figura 19.



Atualmente, essa matriz de dados de *taxa* / caracteres com a sua chave multi-entradas resultante pode ser processada por vários pacotes de software fáceis de usar, por exemplo Xper3 (<http://www.xper3.fr/>), DELTA-IntKey (<https://www.delta-intkey.com>) e Linnaeus NG (<http://linnaeus.naturalis.nl/>). Os pacotes Xper3 e DELTA-IntKey permitem criar uma chave dicotômica a partir da sua matriz de dados, que pode ser usada em publicações. Alguns possuem software estatístico incluído que poderá aconselhá-lo sobre os melhores caracteres a serem usados nos passos seguintes da chave, a fim de tornar o processo de identificação mais eficiente.

Um tipo diferente de chave multi-entradas é a chamada chave de diagnóstico (também chamada de chave sinóptica). Isso inclui uma lista de caracteres de diagnóstico, ou facilmente distinguíveis ou observáveis, que ocorrem dentro de um determinado grupo de *taxa*. Cada carácter é seguido de uma lista de todos os *taxa* dentro do grupo que possuem esse caractere. Abaixo está um exemplo de parte de uma chave de diagnóstico para *taxa* de Rubiaceae na África Central. Repare que os *taxa* representados são principalmente géneros, mas também tribos e até espécies.

EXEMPLO DE UMA (OU PARTE DE UMA) CHAVE DIAGNÓSTICO:

- FOLHA

lâmina linear: *Amphiasma*, *Anthospermum usambarense*, *Cordylostigma*, *Galium*, *Knoxia*, *Kohautia*, *Manostachya*, *Oldenlandia*, *Spermacoce*

lâmina cordiforme ou reniforme: *Geophila*, *Hymenocoleus*, *Pentanisia renifolia*, *Rubia*

- FLOR

unissexual: *Anthospermum*

heterostílica: *Colletoecema*, *Craterispermum*, *Gaertnera*, *Knoxieae*, *Lasianthus*, *Morinda*, *Mussaendeae*, *Pauridiantha*, *Psychotrieae*, *Sabicea*, *Schizocolea*, *Spermacoceae*, *Tricalysia*

4-mêra: *Anthospermum*, *Corynanthe*, *Eumachia*, *Galium*, *Heinsia*, *Ixora*, *Keetia*, *Knoxia*, *Lasianthus*, *Nauclea*, *Otiophora*, *Paraknoxia*, *Pavetta*, *Polysphaeria*, *Pouchetia*, *Psychotria*, *Rutidea*, *Spermacoceae*, *Tricalysia*

pleiomérica (with more elements than usual): *Coffeeae*, *Gardenia*, *Rothmannia octomera*, *Schumanniphyton*

tube do cálice longo (> 1 cm): *Adenorandia*, *Gardenia*, *Rothmannia*, *Schumanniphyton hirsutum*

tube do cálice com uma fenda lateral: *Calycosiphonia*, *Gardenia*, *Polysphaeria*, *Rothmannia*, *Sericanthe*, *Tricalysia*

cálice assimétrico, com lobos altamente desiguais, ou 1 único lobo lateral: *Knoxieae*

4.3 DNA barcoding

O método mais moderno de identificação é o uso de um perfil de DNA exclusivo para *taxa* individuais. A ideia é que, quando essa sequência de DNA exclusiva, ou mais popularmente chamada de 'código de barras de DNA' (*DNA barcoding*), é conhecida para todas as espécies e temos a sequência de um organismo desconhecido, podemos pô-la à prova na nossa base de dados para que seja encontrada uma sequência equiparada, e assim determinarmos o nome da espécie. Simples em teoria; muito mais complicado na prática! Em primeiro lugar, precisamos de uma base de dados para todas as c. 400 000 espécies de plantas, c. 10 000 000 espécies animais, c. 5 000 000 espécies de fungos, etc., o que está longe de ser alcançado. Além disso, como o sequenciamento (obtenção da sequência de pares de bases) de todo o conteúdo de DNA de um organismo ainda consome muito tempo e é caro, precisamos encontrar um pedaço do genoma, uma parte específica do DNA, que forneça variação suficiente ao nível desejado (geralmente nível de espécie). Em muitos grupos de animais, o gene do citocromo c oxidase I (COI ou COX1) é usado, que contém c. 1500 pares de bases. Para as plantas, no entanto, é muito mais difícil. A combinação de dois genes cloroplastidiais, *rbcl* e *matK*, foi proposta como uma candidata adequada. A adição da região nuclear espaçador interno transcrito 2 não codificado (ITS2) foi proposta para melhorar a "resolução". Para fungos, a região espaçador I (ITS1) seria a mais adequada. Outras sugestões, possivelmente melhores, ainda estão a ser debatidas. Além disso, parece que não é incomum que esses marcadores de código de barras padrão apresentem variação dentro de uma espécie. Isso significa que uma única amostra é insuficiente para representar uma espécie na base de dados de código de barras do DNA, pois a variação dentro da espécie precisa ser mapeada primeiro antes que uma identificação fidedigna possa ser feita. Não se pode, por exemplo, simplesmente afirmar que "Como a minha amostra difere em duas posições de sequência da outra, ela representa uma espécie diferente", antes que a variação nos dados da sequência tenha sido mapeada para ambas as espécies. Como consequência, para cada espécie são necessárias várias amostras (no mínimo 10, de preferência mais) para construir uma base de dados de código de barras fidedigna. Além disso, cada amostra amostrada precisa ser comprovada; um organismo precisa ser preservado para que a sua identidade possa ser comprovada em caso de dúvida. A base de dados também precisará ser atualizada regularmente para incorporar mudanças nos conceitos taxonômicos.

A base de dados de código de barras do DNA precisa se basear num enquadramento taxonômico sólido e estável de gêneros e espécies. Mesmo para um grupo relativamente conhecido como plantas, esse enquadramento ainda possui muitos pontos fracos. Por sua vez, os resultados do esforço de produção de código de barras do DNA pode muito bem ajudar a tomar melhores decisões taxonômicas, fortalecendo assim este enquadramento.

Apesar destes desafios, são feitos grandes esforços para criar uma base de dados de código de barras de DNA no mundo inteiro. As actividades são coordenadas pelo International Barcode of Life Consortium (iBOL), juntamente com muitos centros regionais. Actualmente, a obtenção de uma se-

quência de DNA de um organismo geralmente implica vários dias de trabalho de laboratório. É preciso ser paciente ao usar este método de identificação. Estão a evoluir rapidamente novos processos, com o desenvolvimento de nanotécnicas cada vez mais sofisticadas, que possibilitam a montagem de mini-laboratórios portáteis que podem ser usados no campo.

4.4 Identificação de espécimes de herbário

Embora seja difícil identificar plantas vivas no campo, tentar identificar correctamente espécimes de herbário secos e esmaltados é muitas vezes um desafio. Nem todos os caracteres necessários podem ser visíveis directamente, mesmo com a ajuda de uma boa lupa manual de 10 × ou um microscópio óptico (consulte também o parágrafo 5.B). A simples questão de saber se as flores são brancas ou amarelas pode permanecer sem resposta quando o coletor não registou essas informações no campo. Da mesma forma, pode perguntar-se se um determinado ramo com poucas folhas e várias flores ou frutos foi retirado de uma árvore grande, uma liana, um arbusto ou mesmo uma erva perene? A forma tridimensional (principalmente de flores e frutos) pode ser importante, mas impossível de reconstruir; assim como informações sobre tubérculos subterrâneos, rizomas, cheiros, sabores, etc. Estes tipos de informação devem ser anotados em campo pelo coletor, para que a informação possa ser transferida para a etiqueta que acompanha o espécime. Várias publicações (Fish 1999, Victor et al. 2004, Bridson & Forman 2010) oferecem bons conselhos sobre como colher plantas e preparar correctamente espécimes de plantas secas, com maior valor.

Quando um espécime de herbário é identificado, seja ao nível de família, género, espécie ou outro, o nome do taxon é escrito em um pequeno pedaço de papel, chamado de **etiqueta de identificação ou determinação**. Isso também inclui o nome do cientista (e a afiliação, se possível) e a data. Esta etiqueta é colada na folha de herbário (quando não estiver gomado, use cola especial fornecida pelo curador de herbário), de preferência em algum lugar no canto inferior direito e sempre acima (mas não em cima) de qualquer identificação anterior. Certifique-se de que apenas uma pequena parte da etiqueta esteja colada, para que o restante possa ser virado para trás para examinar qualquer material ou texto escrito que possa cobrir. Alguns herbários só permitem o uso de alfinetes para prender as etiquetas na folha.

Qualquer incerteza sobre a exactidão da identificação também pode ser adicionada. De preferência, use as abreviações **cf.** ou **aff.** A primeira é a abreviação de *confer*, que significa "comparar com", e é usada quando uma amostra está muito próxima de outra coisa e pode até ser a mesma. O segundo é a abreviação de *affinis*, que significa "semelhante a" e é usado quando um espécime é semelhante a outra coisa, mas provavelmente é diferente.

Glossários

- Beentje H. (2015) The Kew plant glossary. 2nd edition. Richmond, Royal Botanic Gardens, Kew. EAN: 9781842466049
- Jossierand M. (1983). La description des champignons supérieurs. 2^e éd. Paris, Lechevalier.
- Jouy A., Foucault B. de (2016) Dictionnaire illustré de botanique. Mèze, Biotope.
- Missouri Botanical Garden Glossary:
<http://www.mobot.org/mobot/glossary>
- Wikipedia: https://en.wikipedia.org/wiki/Glossary_of_botanical_terms
[in French: https://fr.wikipedia.org/wiki/Glossaire_de_botanique]

DNA barcoding

- IBOL (International Barcode Of Life): <https://ibol.org>
- Hebert P.D.N., Cywinska A., Ball S.L., deWaard J.R. (2003) Biological identifications through DNA barcodes. Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences. 270 (1512): 313–321. doi:10.1098/rspb.2002.2218.

5.



A arte de preparar uma revisão taxonómica

Aqui, vamos focar numa revisão taxonómica amplamente baseada em espécimes de herbário. Ao estudar a taxonomia de uma planta ou grupo de fungos para os quais observações de campo não são facilmente obtidas, por exemplo espécies tropicais, ou simplesmente aquelas de lugares remotos, os espécimes de herbário são frequentemente a única fonte de informação disponível. Adicionar observações de campo a uma revisão baseada em espécimes de herbário é uma grande vantagem, mas não é uma necessidade.

Vamos supôr que foi decidido preparar uma revisão taxonómica para um grupo específico, o que geralmente ocorre porque os especialistas indicaram que o enquadramento taxonómico de um grupo específico é considerada "fraca". Isso pode ser o resultado das chaves de identificação disponíveis serem de baixa qualidade, de limites pouco claros entre *taxa* / espécies, ou de dúvidas sobre a exactidão dos nomes aplicados. Não é incomum que parte da "fraqueza" possa ser devida à presença de espécies não descritas. A cada ano, mais de 2.000 novas espécies de plantas vasculares são descritas, além de 75 a 100 novos géneros. Esta tendência não diminuiu nos últimos 15 anos (os números aumentaram levemente nos últimos quatro anos), indicando que há, ainda, muito a ser descoberto!

Uma revisão taxonómica geralmente foca num género específico e, no texto e nos exemplos abaixo, assumimos que é. Quando um género tem muitas espécies e uma grande distribuição, o estudo raramente se restringe a um país, a uma região fitogeográfica ou a um continente.

Referindo-se à profundidade, meticulosidade e praticabilidade da revisão, podem identificar-se quatro categorias:

- *Revisão sinóptica*, ou *Sinopse*: uma breve actualização da taxonomia de um grupo (geralmente fornece uma chave de identificação, uma visão geral de todas as espécies aceites e seus sinónimos, às vezes incluindo breves descrições morfológicas e algumas informações sobre a distribuição);
- *Revisão taxonómica*: uma actualização-padrão da taxonomia de um grupo (com chave de identificação, sinonímia completa, informações de tipo, descrições morfológicas completas, dados de distribuição, geralmente também citando os espécimes utilizados);
- *Monografia*, ou *Revisão monográfica*: uma actualização meticulosa e abrangente da taxonomia de um grupo (tão detalhada quanto uma revisão taxonómica, mas muitas vezes ampliada com os resultados de estudos anatómicos, moleculares, ecológicos ou etnobotânicos).
- *Tratamento florístico*: por definição, uma descrição regional de um grupo, geralmente uma revisão crítica ou compilação de informações existentes (publicadas). Aqui, são abordados problemas relativamente simples, deixando assuntos mais complicados para estudos futuros mais detalhados. O objectivo principal de uma flora é fornecer ferramentas (chaves de identificação, descrições, ilustrações etc.) para os utilizadores que desejem identificar plantas.

Para todas essas quatro categorias, o processo científico pode ser dividido em sete fases (A – G, veja abaixo), as quais serão tratadas com mais detalhes nos parágrafos seguintes. Para maior conveniência, usaremos o termo “revisão taxonômica” no sentido mais amplo, incluindo as quatro categorias mencionadas acima.

As sete fases de uma revisão taxonômica:

- A. Nomes de taxon e estudo bibliográfico
- B. Observações de herbário
- C. Base de Dados
- D. Observações geográficas e ecológicas
- E. Decisões taxonômicas e nomenclaturais
- F. Preparando tratamentos, descrições, ilustrações e chaves
- G. Produzindo o manuscrito e publicando a revisão

A. Nomes de *taxa* e estudo bibliográfico

Todos os estudos científicos começam com a colheita de informações e dados. Para uma revisão taxonômica, é necessário reunir todos os protólogos (publicações originais) dos nomes em questão. Este é um passo crucial, especialmente na fase E, quando espécimes-tipo precisam ser identificados, selecionados e atribuídos. O serviço fornecido pelo IPNI (Índice Internacional de Nomes de Plantas; <http://www.ipni.org>), para plantas vasculares, e o Index Fungorum (<http://www.indexfungorum.org>), para fungos, geralmente fornecem uma lista de todos os nomes dentro do gênero relevante, embora seja necessária alguma filtragem adicional para estudos regionais. Repare que o IPNI não compilou dados sobre *taxa* infra-específicos antes de 1971! Alguns podem ter sido inseridos agora, mas em geral eles só podem ser encontrados através de pesquisas extensas (internet e bibliotecas).

A partir da informação do protólogo, pode-se agora localizar as publicações relevantes através de:

- consulta de uma biblioteca boa, e especializada;
- uso de serviços digitais (*web-based*) que exploram literatura taxonômica antiga, como Botanicus (<http://www.botanicus.org>), ou BHL - Biodiversity Heritage Library (<https://www.biodiversitylibrary.org>);
- outros recursos digitais (*web-based*) que ligam os nomes aos seus protólogos; um dos melhores é o Tropicos (<http://www.tropicos.org>), do Missouri Botanical Garden, mas o IPNI (ver acima) também oferece este serviço para muitos dos nomes. Algumas famílias ou grupos têm comunidades activas, que mantêm portais (*websites*) de especialistas (por exemplo: <http://solanaceaesource.org>, <http://www.palmweb.org> or <http://caryophyllales.org>).

Digitalize ou faça o download das páginas relevantes e arquive-as num sistema facilmente rastreável. Anote também a referência completa (veja abaixo)! Isso será necessário ao publicar o estudo.

Em seguida, reúna todos os livros e artigos relevantes que tratam da sistemática do gênero escolhido. Também é útil estudar artigos relevantes sobre filogenética, biogeografia, ecologia, etc., pois isso dará uma maior compreensão do gênero e dos seus parentes, especialmente da importância evolutiva de alguns dos caracteres. Use mecanismos de pesquisa disponíveis na Internet, bem como portais de bibliotecas especializadas, usando o nome do seu *taxon* como palavra-chave, juntamente com outros como 'taxonomia', 'revisão', 'sistemática' etc. Comece com as publicações mais recentes e estude as publicações citadas nas suas listas de referência. Leia atentamente o parágrafo sobre a história taxonômica e sistemática do gênero, quando disponível. Além disso, consulte Floras relevantes para a área de estudo.

O estudo bibliográfico relevante deve fornecer uma boa ideia da posição do gênero na família, que gêneros estão intimamente relacionados, e que caracteres são considerados distintivos e informativos para a delimitação de espécies. Examinar as chaves de identificação para ver que caracteres foram usados para distinguir as espécies, provavelmente será extremamente útil. No entanto, é sempre importante desenvolver uma visão pessoal sobre a variação do grupo estudado.

Uma boa quantidade de terminologia desconhecida será encontrada ao ler as publicações, especialmente as descrições morfológicas. Um bom glossário, explicando esses termos, é crucial nesta fase. Existem vários bons e extensos glossários botânicos (veja a caixa de texto no final do capítulo anterior).

Não se esqueça de registrar a referência completa ao tomar notas de publicações! Pode ser muito frustrante e demorado quando não se lembra onde se leu algo.

Aqui estão exemplos de referências para os tipos de publicação que você provavelmente encontrará:

1. *Artigo em revista científica:*

Soreng R.J., Peterson P.M., Davidse G., Zuloaga F.O., Judziewicz E.J., Filgueiras T.S., Davis J.L., Morrone O. (2015) A worldwide phylogenetic classification of the Poaceae (Gramineae). *Journal of Systematics and Evolution* 53(2): 117--137. <http://dx.doi.org/10.1111/jse.12150>

2. *Livro:*

Patil J.V. (2016) *Millets and Sorghum: Biology and Genetic Improvement*. Chichester, John Wiley & Sons Ltd. 504 pp.

3. *Capítulo em livro, ou série:*

Clayton W.D. (1989) Gramineae. XXIV. Paniceae. In: Launert E., Pope G.V. (eds) *Flora Zambesiaca* 10(3): 1--192. London, Flora Zambesiaca Managing Committee.

Por fim, configure um sistema de documentação ou base de dados, onde você indica para cada nome taxonómico, onde o protólogo pode ser encontrado e qual é o espécime-tipo. Outros autores podem já ter indicado que espécime é o tipo, no entanto, isso deve ser sempre verificado. O protólogo geralmente fornecerá as informações necessárias sobre o(s) tipo (s), mas certamente não em todos os casos. Procurar espécimes-tipo pode ser uma actividade demorada! Isto é particularmente verdade para a literatura mais antiga, pois não era obrigatória a indicação de um tipo. A maioria dos principais Herbários digitalizou e informatizou os seus espécimes-tipo. Essas imagens estão disponíveis no portal JSTOR Global Plants: <https://plants.jstor.org>, e geralmente também através dos portais (*websites*) de cada instituto. Repare que esta plataforma mostra apenas o material tipo conhecido para os vários Herbários. Um número razoável de tipos ainda precisa ser identificado como tal pelos taxonomistas. No decorrer de uma revisão, é comum encontrar espécimes-tipo que haviam passado despercebidos.

B. Observações de herbário

Note-se que os espécimes de herbário são objectos científicos valiosos e muitas vezes insubstituíveis, quebradiços e facilmente danificados! Eles devem ser manuseados com o máximo cuidado. Pergunte sempre ao curador de herbário sobre as instruções específicas de manuseio.

Será necessário desenvolver uma estratégia sobre como obter ou consultar a maioria dos espécimes de herbário disponíveis em outros lugares. A Fase A (nomes taxonómicos e literatura) forneceu uma boa ideia da distribuição do género e de onde ocorre a maioria das espécies. Podem consultar-se colegas para descobrir que Herbários contêm a grande maioria do material relevante. Podem visitar-se esses institutos, ou pedir o material emprestado ao seu instituto de origem. Os endereços e pessoas de contato dos Herbários podem ser encontrados no Index Herbariorum (<http://sweetgum.nybg.org/science/ih>). Repare que pode levar vários meses para que uma remessa de empréstimo chegue. Os Herbários geralmente não enviam mais do que várias centenas de espécimes de empréstimo, e podem existir restrições relativas aos países que estão a solicitar o material. Uma opção será, então, visitar a instituição onde o material está depositado.

Ao iniciar o seu estudo, você irá precisar de uma quantidade razoável de espécimes de herbário, portanto peça empréstimos o mais rapidamente possível. Em alguns casos (por exemplo, quando alguém já possui um conhecimento razoável do grupo em questão), os empréstimos podem ser solicitados meses antes do início real da revisão. É aconselhável que os Herbários que possuem muito material, sejam consultados pessoalmente, mas isso geralmente é dispendioso. Geralmente, será muito mais eficiente visitá-los quando você já tiver um bom conhecimento das espécies / *taxa* dentro do seu grupo. Portanto, um bom plano de trabalho é essencial.

Alguns herbários têm as suas coleções disponíveis *on-line* (veja a caixa de texto no final deste capítulo). Esses serviços geralmente fornecem alguns dados de etiqueta e digitalizações de alta resolução do material disponível.

Esses serviços *on-line* são extremamente úteis, mas a experiência mostra que é necessário pedir emprestado um número razoável de espécimes para realizar observações mais detalhadas sobre as amostras reais.

Aspectos práticos sobre como observar caracteres morfológicos em material de herbário

Observações de morfologia vegetal podem ser realizadas com uma lupa manual simples (10×), ou com uma lupa binocular, geralmente amplificando até 20(-50)×. O material altamente frágil pode ser tornado flexível de novo, colocando-o simplesmente em água a ferver por um curto período de tempo. Dependendo da dureza do material, pode levar de 20 segundos a 3 minutos. [Pergunte sempre ao Curador se tem permissão para partir pequenas partes da folha de herbário para este propósito!] Para materiais muito resistentes, adicione uma gota de detergente para louça na água para amolecer o tecido. Um aquecedor elétrico de laboratório, conforme mostrado na figura 20, é razoavelmente seguro de usar, mas um aquecedor elétrico normal de boa qualidade para cozinha, e uma pequena panela de aço, também servem. Precisarão ainda de algumas agulhas, pinças e placas de Petri para manusear o material, por exemplo, para dissecação à lupa binocular, permitindo, assim, o estudo do muitas vezes escondido interior das flores, o corte dos ovários, e até a revelação de características anatómicas das folhas ou da madeira.

Após o estudo do material retirado do espécime de herbário, todos os elementos, inclusive os dissecados, devem ser devolvidos ao espécime. O material fervido deve ser seco novamente (use papel absorvente para secar rapidamente). Todas as peças são então colocadas em um pequeno cartucho/envelope, que pode ser colado ou fixado na folha de herbário do espécime. Quando algum material, como pólen ou um pedaço de folha para extração de DNA, não retorna à folha (chamada de amostragem destrutiva), o investigador deve adicionar uma etiqueta ao espécime informando o que foi removido, para que finalidade, por quem e quando. Novamente: peça autorização ao Curador antes de fazer isso!

Para suas próprias observações, é aconselhável preparar uma tabela onde você anote todas as observações e medições para cada espécime (uma tabela Excel é adequada, veja abaixo). É melhor não realizar resumos dos dados para um *taxon* nesta fase do seu trabalho, uma vez que os espécimes podem ser mais tarde atribuídos a outros *taxa*.

A preparação de amostras de fungos para observação ao microscópio é bastante específica e encontra-se detalhada em Eyi et al. (2011).



▷ Figura 20.
Exemplo de um
instrumento simples
para ferver água numa
pequena taça.

c. Base de Dados

Para revisões taxonómicas que dizem respeito a centenas de espécimes ou mais, vale a pena colocar os dados relativos aos espécimes numa base de dados. Pode ser uma tabela simples numa folha de cálculo (por exemplo, de Excel) ou numa base de dados relacional de várias tabelas (por exemplo, Access), mas muitos institutos terão seu próprio sistema de base de dados. Estes sistemas podem ter muitos campos que não são necessários, portanto, tenha em consideração os campos de que irá precisar antes de iniciar: Um conjunto mínimo é fornecido abaixo:

- Código de barras
- Colector principal (preferencialmente apelido e iniciais em campos separados)
- Colector(es) adicional(is)
- Prefixo (alguns colectores adicionam um código ou número antes do número de colheita, que se refere a uma expedição, ano de colheita, ou designa um projecto pelo seu acrónimo)
- Número de colheita
- Sufixo (qualquer código atribuído a seguir ao número de colector; veja em "prefixo")
- Data de colheita
- País
- Localidade
- Latitude
- Longitude
- Habitat
- Altitude
- Usos
- Nomes vernaculares
- Família
- Género
- Espécie
- Autor(es)
- Nível infra-específico (subespécie, variedade, forma)
- Nome infra-específico

- Autor(es) infra-específico
- Identificado por
- Data de identificação
- Código de herbário
- Tipo de
- Notas

Muitas vezes, os Herbários que têm os seus espécimes informatizados estarão dispostos a enviar os seus dados em formato digital, que podem ser descarregados na sua base de dados própria, após alguns ajustes necessários.

D. Observações geográficas e ecológicas

Uma área de distribuição de espécies pode variar de pequena a grande, geralmente correlacionada com tolerância ecológica estreita ou ampla da espécie. Diz-se que uma espécie restrita a uma determinada região, é **endêmica** dessa região. Uma espécie pode ser endêmica de uma montanha, parque nacional, província, país, continente etc. (e todas as espécies são endêmicas do planeta Terra!). Portanto, simplesmente afirmar que uma espécie é endêmica sem referência à região a que se refere, não faz sentido.

D.1 Mapeamento

Conforme referido no Capítulo 2 (o parágrafo sobre especiação), informações sobre a distribuição geográfica e / ou preferências ecológicas podem ser úteis na tomada de decisões taxonómicas. Investigar a distribuição de *taxa* intimamente relacionados, representando as suas localidades num mapa é um exercício útil.

Para representar os espécimes num mapa, são necessárias as coordenadas geográficas (latitude, longitude) da localidade de colheita. Se isso não estiver presente na etiqueta, você precisará obter as coordenadas usando serviços digitais (*web-based*) (consulte a caixa de texto no final deste capítulo), mapas topográficos (geralmente históricos) ou até mesmo localizar relatórios de expedição de campo. Esse processo é chamado de **georreferenciamento**. A maioria dos colecionadores contemporâneos usa um GPS (Sistema de Posicionamento Global) em campo, enquanto outros podem ter obtido as informações lat./long. a partir de um mapa topográfico. Pode ser importante adicionar-se a precisão dos dados. Quando um colector reporta "15 km a oeste de Nairóbi", e sabendo que a cidade tem um diâmetro de cerca de 10 km, pode perguntar-se se deve contar a partir da borda da cidade, ou do centro da cidade, e se deve medir-se em linha recta, ou ao longo da estrada principal, deixando Nairóbi na direção oeste? Sem mencionar o fato de que, há 50 anos, Nairóbi ocupava uma área superficial muito menor do que nos dias de hoje. Uma coordenada pode ter uma precisão de vários metros a vários quilómetros ou mais.

Note que existem vários sistemas de coordenadas! Estes distinguem-se pelas diferentes 'projeções', ou seja, os métodos pelos quais o globo foi transposto para um mapa. Existem também diferentes maneiras de registar coordenadas.

O formato de coordenada mais usado pelos taxonomistas é DMS (*Degrees, Minutes and Seconds* = Graus, Minutos e Segundos), mas em algumas regiões o sistema de coordenadas UTM (*Universal Transverse Mercator*) é o preferido. Note também que alguns podem usar um formato DMS normal (*Degrees, Minutes, Seconds*), por exemplo 15° 12'55"N 30°21'32"E, enquanto outros preferem o formato DD (*Decimal Degrees* = Graus Decimais), por exemplo, 1.247°N 25.873°E, ou DM (*Decimal Minutes* = Minutos Decimais), e.g. 11°34.75'N 25°21.30'E. Um número de ferramentas online (por exemplo <http://www.synnatschke.de/geo-tools/coordinate-converter.php>) permite converter facilmente coordenadas de diferentes sistemas.

Deve ter-se sempre cuidado ao anotar coordenadas directamente de etiquetas de herbário. Estas são frequentemente registadas de forma deficitária, sem informação referente ao sistema de projecção utilizado e com formatos errados de coordenadas, por exemplo valores de minutos e segundos superiores a 60. Um outro erro comum é a inversão dos indicadores de direcção Norte/Sul ou Este/Oeste. Estes valores podem ser verificados contra a descrição da localidade de colheita.

O Google Earth também é uma ferramenta útil para encontrar a localidade de colheita, mas as colheitas mais antigas podem ter nomes de lugares que não estão mais em uso. Para algumas regiões, está disponível um índice publicado de localidades de colheita de plantas e alguns portais (*websites*) fornecem mapas históricos (consulte a caixa de texto no final deste capítulo). As bibliotecas de muitos institutos de história natural costumam ter uma boa colecção de mapas históricos, registos de colheita (cadernos de campo do colector) ou *Gazetteers* (um livro, geralmente por país, com todos os nomes de lugares, incluindo rios, montanhas etc, com informações lat./long.). *Gazetteers on-line*, como o GeoNames (ver caixa de texto no fim deste capítulo), também podem ser uma boa forma de procurar localidades, visto que frequentemente estes recursos incluem os nomes históricos das localidades, assim como permitem uma opção de pesquisa *fuzzy* (que permite encontrar localidades que se escrevem de forma semelhante à palavra introduzida na pesquisa). Além disso, um colector muitas vezes colheu vários espécimes na mesma localidade e, portanto, a localidade específica pode já ter sido georreferenciada por outra pessoa. Verifique os portais (*websites*) que fornecem esses dados *on-line*, principalmente de um instituto onde você sabe que duplicados de um colector específico foram depositados. Algumas bases de dados de espécimes oferecem a opção de criar um **itinerário** para um intervalo de números específico de um colector, o que pode ajudá-lo a encontrar as informações corretas.

O mapeamento dos dados dos espécimes pode ser feito usando o Google Earth ou o SimpleMappr (<http://simplemappr.net>) mas quando você deseja preparar um mapa de distribuição de alta qualidade para publicação, deve procurar outro software (e.g. DivaGis, QGIS or ArcView).

d2 Observações ecológicas

Os espécimes de herbário geralmente contêm informações ecológicas e altitudinais na etiqueta. No entanto, essas são geralmente descrições de habitat

bastante grosseiras. Esses dados podem, na melhor das hipóteses, apoiar uma decisão taxonómica. Um especialista em Modelagem de Nicho Ecológico pode ser capaz de calcular o envelope de nicho ambiental de uma espécie com base na sua distribuição e até estabelecer se é significativamente diferente do de outra espécie. Tais análises podem fornecer suporte adicional para uma decisão taxonómica, mas são complexas e geralmente exigem capacidades e conhecimentos adicionais.

e. Decisões taxonómicas e nomenclaturais

Depois de realizar todas as observações morfológicas, geográficas, ecológicas e possivelmente outras, podem agrupar-se os espécimes de herbário em vários conjuntos suficientemente homogêneos. Cada pilha de material representa um *taxon* que difere das outras pilhas com base em suas observações. Agora, cada pilha precisa ser atribuída a uma espécie, subespécie, variedade ou forma, usando os critérios descritos no Capítulo 2. A lista de *taxa* resultante é a sua hipótese para o enquadramento taxonómico correto do grupo estudado. Quando isso difere das hipóteses publicadas anteriormente, pode-se e deve-se discutir essas diferenças.

Afirma-se, frequentemente, que esse modo de delimitação de *taxa* aplica o conceito de espécies morfológicas (ver Capítulo 2). No entanto, quando pensamos sobre o que os taxonomistas modernos realmente fazem, podemos concluir que eles estão de facto tentando interpretar dados morfológicos, geográficos e ecológicos, em termos de um conceito biológico de espécie, baseado em populações não inter-reprodutivas. Quando uma 'pilha' de espécimes tem vários caracteres morfológicos distintos, pode supôr-se que eles tenham surgido de uma base genética distinta. Isso só pode permanecer distinto se não houver cruzamento. O mesmo se aplica à informação geográfica e ecológica. Um taxonomista geralmente interpretará esses dados à luz de um potencial cruzamento. Em conclusão, pode afirmar-se que a taxonomia de plantas e fungos baseada em herbário (mas também a taxonomia animal baseada em espécimes de história natural) tenta aplicar um conceito biológico de espécie através da interpretação de padrões morfológicos, e outros, observados. A incorporação dos resultados de estudos moleculares para determinar se as várias espécies são isoladas reprodutivamente é incentivada quando disponível, mas isso está além do âmbito deste capítulo.

É bastante comum encontrar espécimes com caracteres intermédios entre os *taxa*. Tais intermediários podem indicar a existência de fluxo genético entre os grupos morfológicos. Nas plantas, os híbridos não são incomuns e, portanto, não perturbam necessariamente a estrutura taxonómica proposta. No entanto, quando esses intermediários são mais frequentes, isso põe em dúvida a exactidão da hipótese taxonómica e pode levar a uma re-avaliação. Ao interpretar padrões de variação morfológica, deve ter-se em mente que observamos apenas uma pequena fatia de tempo de um processo evolutivo maior.

Após finalizar o enquadramento taxonómico, o próximo passo é estabelecer o nome científico correto para cada pilha. É aqui que decisões nomenclaturais devem ser tomadas.

Localize todos os espécimes-tipos de todos os nomes, espécies e *taxa* infra-específicos e verifique em que pilha eles estão (mesmo aqueles que podem não estar fisicamente presentes!). Os espécimes-tipo em cada pilha representam os nomes potenciais a serem considerados para esse *taxon* em particular. Seguir as regras do ICN, conforme descrito no Capítulo 3, deve levar à identificação do nome aceite e dos seus sinónimos. Qualquer pilha que não possua espécime-tipo é um novo *taxon* que precisará ser formalmente descrito.

f. Preparando tratamentos, descrições, ilustrações e chaves

Numa revisão taxonómica, o tratamento formal de um *taxon* começa com a parte nomenclatural. Primeiro, temos o nome aceite, seguido dos seus sinónimos homotípicos em ordem cronológica, começando com o nome mais antigo, o basiónimo e os dados relacionados com o tipo de amostra. Em segundo lugar, os sinónimos heterotípicos seguem, se houver algum, com os seus sinónimos homotípicos subsequentes, em ordem cronológica com seus dados de espécime-tipo associados (veja o exemplo na caixa de texto).

Ao criar um novo *taxon*, é necessário atender a todos os requisitos do ICN para publicar validamente o nome (consulte o Capítulo 3).

A parte nomenclatural é geralmente seguida pela descrição morfológica. Qualquer descrição de um *taxon* deve ser clara, precisa e suficientemente detalhada. Ela contém os dados sobre os quais suas hipóteses taxonómicas são construídas. A estrutura da descrição é geralmente uniforme para todos

Exemplo de parte nomenclatural de um tratamento taxonómico:

Urochloa dictyoneura (Fig. & De Not.) Veldkamp (Veldkamp 1996: 418). -- *Panicum dictyoneurum* Fig. & De Not. (Figari & De Notaris 1854: 329). -- *Brachiaria dictyoneura* (Fig. & De Not.) Stapf (Stapf 1919: 512). -- Type: Soudan, Kordofan, Fazogl, Figari s.n. (holo-: FI).

Panicum goliae Chiov. (Chiovenda 1914: 43). -- Type: DRC, Catanga, Kayoyo, 20-XII-1911, Bovone 87 (holo-: FI).

Panicum humidicola Rendle (Rendle 1899: 169). -- *Brachiaria humidicola* (Rendle) Schweick. (Hubbard & al. 1936: 297). -- *Urochloa humidicola* (Rendle) Morrone & Zuloaga (Morrone & Zuloaga 1992: 80). -- *Brachiaria dictyoneura* (Fig. & De Not.) Stapf subsp. *humidicola* (Rendle) Catasús (Catasús Guerra 2001: 16). -- Type: Angola, Monino riv., Welwitsch 2678 (holo-: LISU, iso-: K).

os *taxa* tratados, a fim de facilitar a comparação. Isso significa que qualquer carácter mencionado na descrição de um *taxon* também deve estar presente nos outros. Além disso, verifique se todos os caracteres usados na chave de identificação (veja abaixo) também estão incorporados. Deve evitar-se terminologia vaga ou relativa, como "bastante denso e peludo" ou "razoavelmente longo". Para formas bidimensionais, é aconselhável usar o conjunto padronizado de termos fornecido pelo Comitê de Terminologia Biológica Descritiva da Systematics Association (1962). As descrições seguem um formato lógico, com os vários elementos sendo tratados em uma sequência específica: planta - raiz / caule - folhas - inflorescência - flor - fruto - semente. Dentro desses elementos, a sequência é de baixo para cima e de fora para dentro. Para qualquer órgão, uma boa sequência para caracteres descritivos é: número de elementos - posição - forma geral - dimensões gerais - base / topo / margens - textura - cor e brilho - superfície (lisa, áspera) - indumento e / ou apêndices. Para mais detalhes, consulte a caixa de texto abaixo.

Para os fungos, um guia de descrição, semelhante ao apresentado na caixa de texto, foi recentemente publicado em francês (Eyi et al. 2011), e pode ser descarregado de: <http://www.abctaxa.be/volumes/volume-10-les-champignons-comestibles-de-l-afrique-centrale>

Num tratamento taxonômico, a descrição é seguida por vários parágrafos que tratam de distribuição, ecologia, nomes vernaculares, usos, dispersão etc. Espécimes relevantes podem ser citados aqui, ou numa tabela separada, como um Anexo ou como Material Complementar. O formato específico dessas listas de espécies varia entre autores e revistas científicas (consulte o próximo parágrafo). Um mapa de distribuição também pode ser adicionado.

Em seguida, notas podem ser adicionadas, fornecendo os argumentos para as decisões taxonômicas e / ou as escolhas feitas relacionadas com a tipificação de nomes, etc.

É aconselhável adicionar ilustrações botânicas à revisão. Estas são inestimáveis no processo de identificação e ajudam o utilizador a entender os elementos diagnóstico dos *taxa*. Podemos fazer essas ilustrações pessoalmente, mas geralmente é melhor pedir a um ilustrador botânico experiente. Tornar-se um ilustrador habilidoso não requer apenas talento, mas também um investimento considerável de tempo. Podem seguir-se cursos específicos ou estudar livros relevantes sobre o assunto. Em alguns países, os artistas botânicos criaram associações às quais se pode associar (por exemplo, <https://www.botanicalartandartists.com> para a Inglaterra, <https://www.botanischkunstenaar-snederland.nl> para a Holanda e a Société Française d'illustration Botanique, <http://www.sfib.fr> para a França).

Finalmente, será necessário preparar uma chave de identificação para os *taxa* estudados. A chave deve ser prática e ajudar o utilizador no processo de identificação. De preferência, use caracteres facilmente observáveis. Para outras sugestões, consulte o Capítulo 4.

Guia para uma descrição de planta bem-estruturada

Planta hábito, altura, distribuição dos sexos, exsudato, outros caracteres compartilhados entre diferentes elementos, indumento; fuste e ramos: diâmetro, forma e estrutura, indumento, casca ou superfície; ramos e / ou nós: como para fuste e galhos.

Estípulas: presença / ausência, posição, forma, dimensões, base, ápice, indumento, cor:

Folhas: posição, simples ou compostas; bainha: posição, forma, dimensões; estípulas; pecíolo: forma, comprimento, indumento; quando folhas compostas: ráquis: comprimento, articulações; pecíolulos: vide pecíolos; folíolos: sésseis ou não, forma, dimensões; lâmina foliar (simples ou composta): forma, dimensões, base, ápice, margem, indumento, textura, cor, superfície superior e inferior; tipo de nervação; nervura primária: afundada ou elevada; nervuras secundárias: número; nervação terciária.

Inflorescência: posição, estrutura, forma e / ou dimensão; pedúnculo: dimensão, indumento; eixos: posição, indumento; brácteas: posição, forma, dimensão, indumento; número de flores, bi- ou unissexual.

Flor: posição, simetria, odor; quando as flores forem unissexuais, descrever as masculinas primeiro, depois as femininas; pedicelo: dimensão, pubescência; bractéolas: posição, forma, dimensão, indumento; botões: forma, dimensões; hipanto: forma, dimensões; perianto: número de verticilos distintos; sépalas: livres ou número de lobos do cálice, posição, forma, dimensões, cor, textura, ápice, margem, indumento; pétalas / tépalas: vide sépalas; disco: nectários ou glândulas, posição, forma, dimensão, cor; androceu: tipo, posição; estames: número, posição (inserção); filamentos: comprimento, cor, indumento; anteras: inserção, deiscência, forma, dimensões, cor; tecido conectivo: forma, dimensão; estaminóides: vide estames; gineceu: posição, número, pubescência; ovário: número, posição, forma, dimensão, indumento, número de lóculos, placentação; óvulo: inserção, número; estilete: posição, número, forma, dimensão, cor, pubescência; estigma: posição, número, forma, dimensão, cor.

Infructescência: cf. inflorescência.

Fruto: tipo, tipo de deiscência, forma, dimensão, cor, superfície, indumento, número de sementes; peri-, exo- endocarpo: estrutura, dimensão, cor.

Sementes: forma, dimensão, cor, superfície; arilo / testa: estrutura, dimensão, cor; endosperma, cotilédones, embrião, radícula.

Os caracteres fornecidos numa descrição de género ou família não precisam de ser repetidos na descrição de uma espécie.

g. Produzindo o manuscrito e publicando a revisão

Quando a parte taxonómica do estudo (tratamento de género, chave para as espécies, tratamento de espécies, mapas, ilustrações etc.) estiver concluída, será necessário preparar o manuscrito para publicação. Quando se pretende incorporar a revisão numa flora, a parte taxonómica geralmente é tudo o que é necessário. Quando, no entanto, se deseja publicar os resultados como um artigo em uma revista científica, vários outros parágrafos precisam ser adicionados. Enquanto alguns são gerais (por exemplo Introdução, Materiais e Métodos), outros são típicos de uma revisão taxonómica (por exemplo, História do género, fornecendo uma visão histórica de estudos anteriores e suas contribuições para a estrutura taxonómica do género).

Os factores importantes a serem considerados na escolha de uma revista científica adequada para o envio do manuscrito são: Factor de Impacto, impacto regional, se oferece Acesso Aberto (Open Access) ou não, e taxas de publicação. Para revisões taxonómicas, é importante verificar se o periódico aceita citações de espécimes (e, em caso afirmativo, em que formato). Como as revisões taxonómicas podem ser bastante longas, podem ser aplicados limites de número de páginas.

Por fim, é costume reconhecer e agradecer todos os herbários (e seus curadores) que deram acesso às suas coleções ou enviaram espécimes por empréstimo. Eles geralmente gostam muito de receber uma cópia da revisão publicada.

Colheita de plantas

- Fish L. (2004) La préparation des échantillons d'herbier. Scripta Botanica Belgica 31: 92 p. ISBN 9072619633
- Bridson D., Forman L. (2000) The herbarium handbook, 3rd edition. Richmond, Royal Botanic Gardens, Kew. EAN: 9781900347433
- Pinho R., Lopes L., Silva H., Silveira P. (2016) Capítulo 18. Herbário - da colheita ao estudo das coleções vegetais. Os objetivos e a importância. In Morgado F., Soares A. (Eds.) Temáticas e métodos avançados para o ensino e investigação em biologia. Departamento de Biologia e Edições Afrontamento.

Literatura histórica (mais útil para localizar protólogos):

- Biodiversity Heritage Library: <https://www.biodiversitylibrary.org>
- Botanicus: <http://www.botanicus.org>
- Hathi Trust digital Library: <https://www.hathitrust.org>
- Literatura Taxonómica: <http://www.sil.si.edu/DigitalCollections/tl-2>

- B-P-H: Botanico-Periodicum-Huntianum (Títulos de revistas científicas e as suas abreviaturas convencionais): http://fmhibd.library.cmu.edu/fmi/iwp/cgi?-db=BPH_2015&-loadframes

Index Herbariorum

- <http://sweetgum.nybg.org/science/ih>

Informação sobre usos das plantas

- Plant Resources of Tropical Africa: <https://www.prota4u.org/database>
- PlantUse: <https://uses.plantnet-project.org/fr/Accueil>

Herbários digitais e informação sobre espécimes

- Global Biodiversity Information Facility (GBIF): <https://www.gbif.org>
- MNHN Paris (P): <https://science.mnhn.fr/institution/mnhn/collection/p/item/search>
- Naturalis, Países Baixos (L, U, WAG, AMS): <https://bioportal.naturalis.nl>
- Meise Botanic Garden, Bélgica (BR): <http://www.botanicalcollections.be>
- Herbário da Universidade de Coimbra (COI): <https://coicatalogue.uc.pt>
- Tropicos, Missouri Botanical Garden, St. Louis (MO): <http://www.tropicos.org>

Georreferenciamento

- AFRITERRA (mapas históricos de África): <http://catalog.afriterra.org>
- Cartesius (mapas históricos da Bélgica e África Central): <http://www.cartesius.be/CartesiusPortal>
- GEOLocate (plataforma para georreferenciamento de dados de coleções de história natural): <https://www.geo-locate.org>
- GeoNames (localização de nomes de lugares, incluindo nome históricos): <https://www.geonames.org>
- Google Earth (programa gratuito para visualizar o globo terrestre): <http://www.google.co.uk/earth/download/gep/agree.html>

Referências



- Angiosperm Phylogeny Group (2016) An update of the Angiosperm Phylogeny Group classification for the orders and families of flowering plants: APG IV. *Botanical Journal of the Linnean Society* 181: 1–20.
- Bridson D., Forman L. (eds) (2010) *The herbarium handbook*, 3rd ed. Richmond, Royal Botanic Gardens, Kew.
- Brummitt R.K. (2002) How to chop up a tree. *Taxon* 51: 31–41.
- Brummitt R.K., Powell C.E. (eds) (1992) *Authors of plant names. A list of authors of scientific names of plants, with recommended standard form of their names including abbreviations*. London, Royal Botanic Gardens, Kew.
- Darwin C. (1859) *On the origin of species*. London, J. Murray.
- Eyi Ndong H., Degreef J., De Kesel A. (2011) Champignons comestibles des forêts denses d'Afrique centrale, Taxonomie et identification. In: Degreef J. (éd.) *Abc Taxa*, volume 10. Brussels, Belgian National Focal Point to the Global Taxonomy Initiative.
- Fish L. (1999) Preparing herbarium specimens. *Strelitzia* 7: 4–44.
- Fish L. (2004) La préparation des échantillons d'herbier. *Scripta Botanica Belgica* 31. Meise, Jardin botanique national de Belgique.
- Ghorbani A., Wieringa J.J., Boer H.J. de, Porck H., Kardinaal A., Andel T. van (2018) Botanical and floristic composition of the historical herbarium of Leonhard Rauwolf collected in the Near East (1573–1575). *Taxon* 67(3): 565–580.
- Grant V. (1981) *Plant speciation*, 2nd ed. New York, Columbia University Press.
- Holmes S. (2003) Bootstrapping phylogenetic trees: Theory and methods. *Statistical Science* 18(2): 241–255.
- Hörandl E. (2006) Paraphyletic versus monophyletic taxa—evolutionary versus cladistic classifications. *Taxon* 55: 564–570.
- Magnin-Gonze J. (2009) *Histoire de la botanique*. Paris, Delachaux & Niestlé.
- Meier R. (2008) DNA sequences in taxonomy: Opportunities and challenges. In: Wheeler Q.D. (ed.) *The new taxonomy*: 95–127. Boca Raton, CRC Press.
- Michener C.D., Corliss J.O., Cowan R.S., Raven P.H., Sabrosky C.W., Squires D.S., Wharton G.W. (1970). *Systematics in support of biological research*. Washington D.C., National Research Council, Division of Biology and Agriculture.
- Pavord A. (2005) *The naming of names: the search for order in the world of plants*. New York, Bloomsbury.
- Podani J. (2010) Monophyly and paraphyly: A discourse without end? *Taxon* 59(4): 1011–1015.
- Pometti C.L., Cialdella A.M., Vilardi J.C., Saidman B.O. (2007) Morphometric analysis of varieties of *Acacia caven*: (Leguminosae, Mimosoideae): Taxonomic inferences in the context of other Argentinean species. *Plant Systematics and Evolution* 264: 239–249.

- Queiroz K. de (2006) The PhyloCode and the distinction between taxonomy and nomenclature. *Systematic Biology* 55(1): 160–162.
- Raven P. (2004) Taxonomy: where are we now? *Philosophical Transactions of the Royal Society of London B, Biological Sciences* 359: 729–730.
- Rouhan G., Gaudeul M. (2014) Plant taxonomy: A historical perspective, current challenges, and perspectives. In: Besse P. (ed.) *Molecular plant taxonomy: Methods and protocols*, vol. 1115: 1–37. New York, Springer Science & Business Media.
- Sokal R.R., Sneath P.H.A. (1963) *Principles of numerical taxonomy*. New York, W.H. Freeman & Co.
- Soltis P.S., Soltis D.E. (2009) The role of hybridization in plant speciation. *Annual Review of Plant Biology* 60(1): 561–588.
- Sosef M.S.M. (1997) Hierarchical models, reticulate evolution and the inevitability of paraphyletic taxa. *Taxon* 46: 75–85.
- Stace C.A., Preston C.D., Pearman D.A. (2015) *Hybrid flora of the British Isles*. Durham, Botanical Society of Britain & Ireland.
- Stuessy T. (2009) *Plant taxonomy, the systematic evaluation of comparative data*. New York, Columbia University Press.
- Systematic Association Committee for Descriptive Biological Terminology (1962) II. Terminology of simple symmetrical plane shapes, Chart 1. *Taxon* 11: 145–156.
- Thiers B. (continuously updated). *Index Herbariorum: A global directory of public herbaria and associated staff*. New York Botanical Garden's Virtual Herbarium. <http://sweetgum.nybg.org/ih/>
- Turland N.J., Wiersema J.H., Barrie F.R., Greuter W., Hawksworth D.L., Herendeen P.S., Knapp S., Kusber W.-H., Li D.-Z., Marhold K., May T.W., McNeill J., Monro A.M., Prado J., Price M.J., Smith G.F. (eds) (2018) *International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants (Shenzhen Code) adopted by the Nineteenth International Botanical Congress Shenzhen, China, July 2017*. *Regnum Vegetabile* 159. Glashütten, Koeltz Botanical Books.
- Victor J., Koekemoer M., Fish L., Smithies S., Mössmer M. (2004) *Herbarium essentials: the southern African herbarium user manual*. SABONET Report No. 25. Pretoria, SABONET.
- Vorontsova S.M., Knapp S. (2016) A revision of the spiny solanums, *Solanum* subgenus *Leptostemonum* (Solanaceae), in Africa and Madagascar. *Systematic Botany Monographs* 99. London, The Natural History Museum.
- Wiley E.O. (1978) The evolutionary species concept reconsidered. *Systematic Biology* 27(1): 17–26.
- World Conservation Monitoring Centre (1992) *Global biodiversity: Status of the earth's living resources*. London, Chapman & Hall.

Créditos Fotográficos:

Figura 1. Estátua de Teofrasto no Jardim Botânico de Palermo, Itália (foto de tato grasso – Trabalho próprio (trabalho pessoal), CC BY-SA 2.5, <https://commons.wikimedia.org/w/index.php?curid=3170845>).

Figura 2. Plinius, "o Ancião" (de: <https://www.britannica.com/biography/Pliny-the-Elder/images-videos/media/1/464822/234312>, acessado a 16 de Agosto, 2019).

Figura 3. Dioscórides (de: De Desconocido - <http://huntbot.andrew.cmu.edu>, Domínio público, <https://commons.wikimedia.org/w/index.php?curid=3607187>).

Figura 10. Charles Darwin (from <http://www.charlesdarwin.net/biography.jsp>; acessado a 16 de Agosto, 2019).

