



**INFORMAÇÕES EM
CLADOGRAMAS:**
A ORGANIZAÇÃO DA
DIVERSIDADE BIOLÓGICA

AGENDA

Conectando organismos

Modelos e padrões da natureza

Darwin e Wallace

A grande 'sacada' de Hennig

Tricotomia e politomia

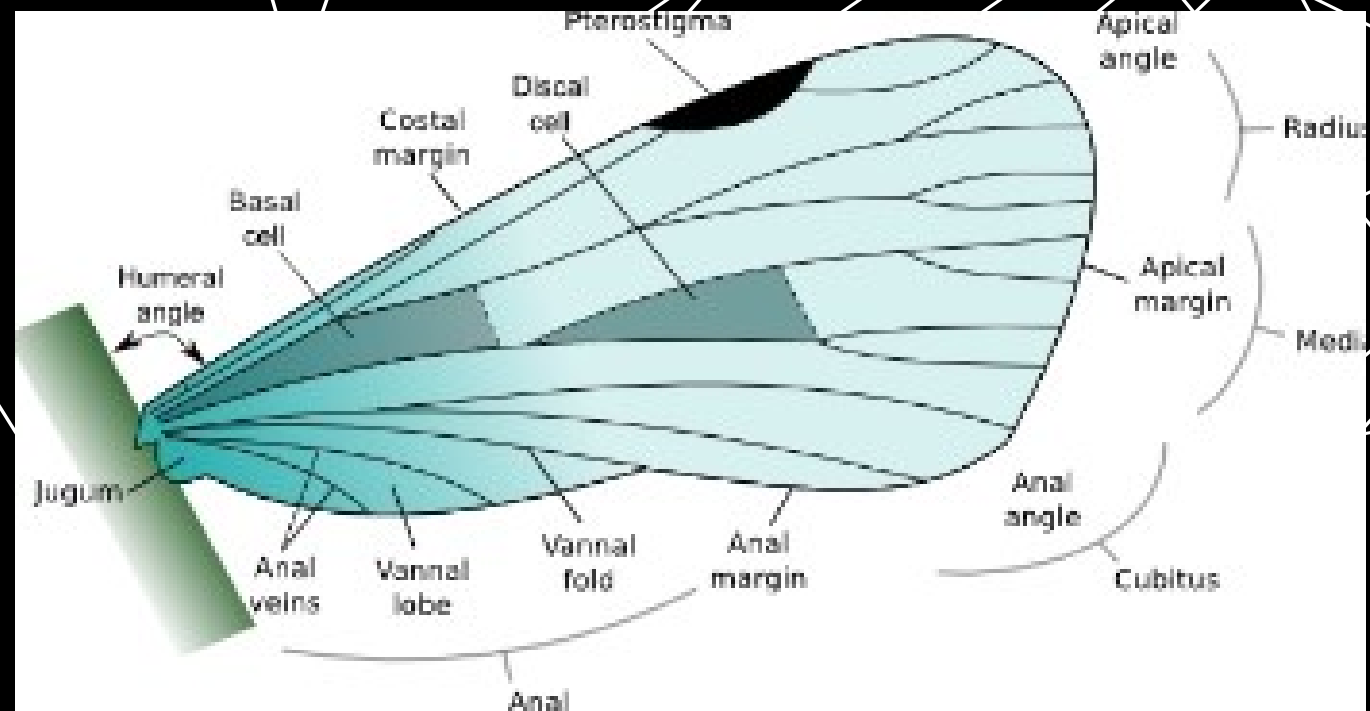
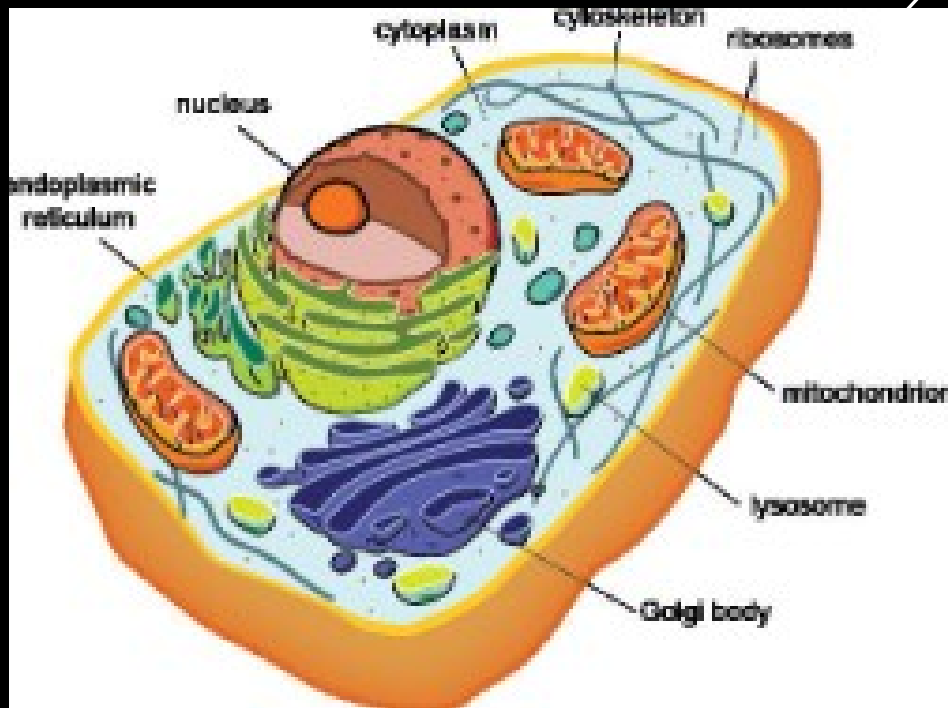
Índices em cladogramas

CONECTANDO ORGANISMOS

- Filogenias são **intangíveis**
- Árvores filogenéticas são **representações de hipóteses evolutivas**
- As mudanças ocorrem em nível **genético-molecular**
- A 'árvore da vida' é algo:
 - Filosófico
 - Utópico

MODELOS E PADRÕES DA NATUREZA

- Modelos são representações 3D → origem das 'cópias'
- Padrões são representações 2D → 'cópias'

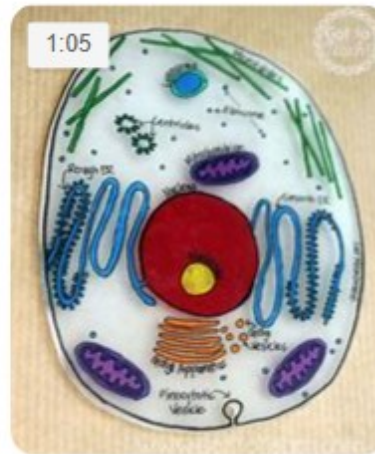




File:Animal Cell Cross Section Model.jpg



How to Create 3D Plant Cell and Animal Cell Models...



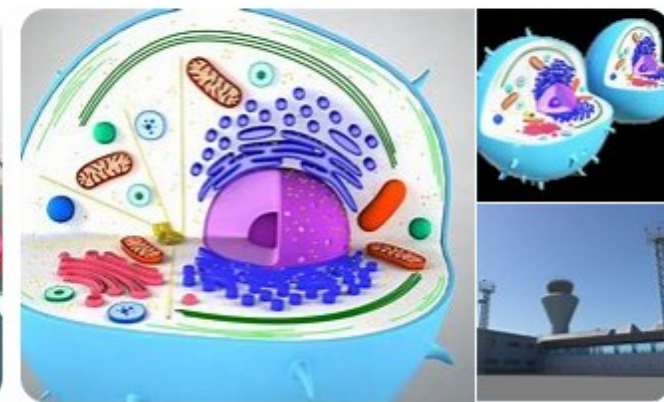
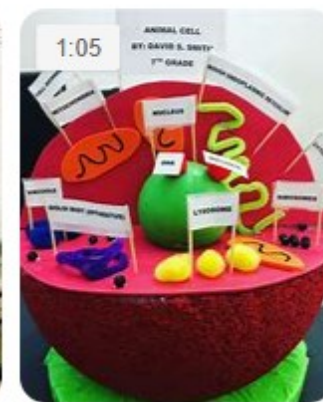
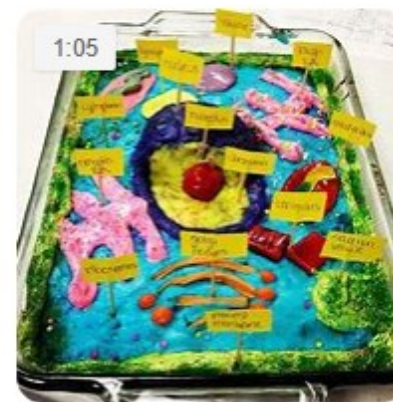
How to Create 3D Plant Cell...

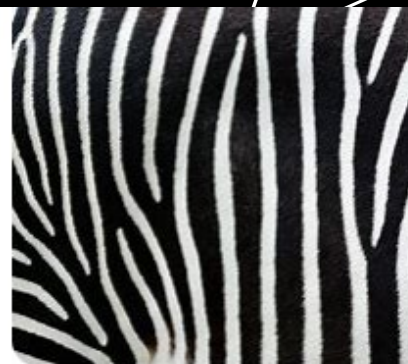


Animal Cell Model : How to Create 3D Plant Cell and Animal Cell Mod...



How to Create 3D Plant Cell and...





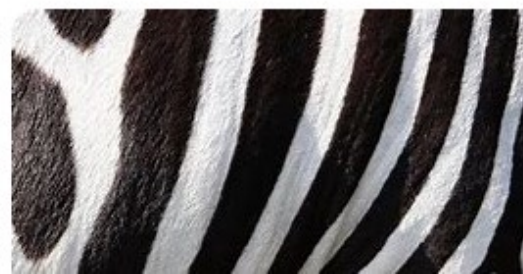
FREE 15+ Zebra Patterns in PAT | Vector EPS

Zebra Stripes Seamless Pattern B...

Why Zebras Got Their Stripes – National Geographic Educ...

Patterns in nature: How the zebra got its stripes – CSIROscope

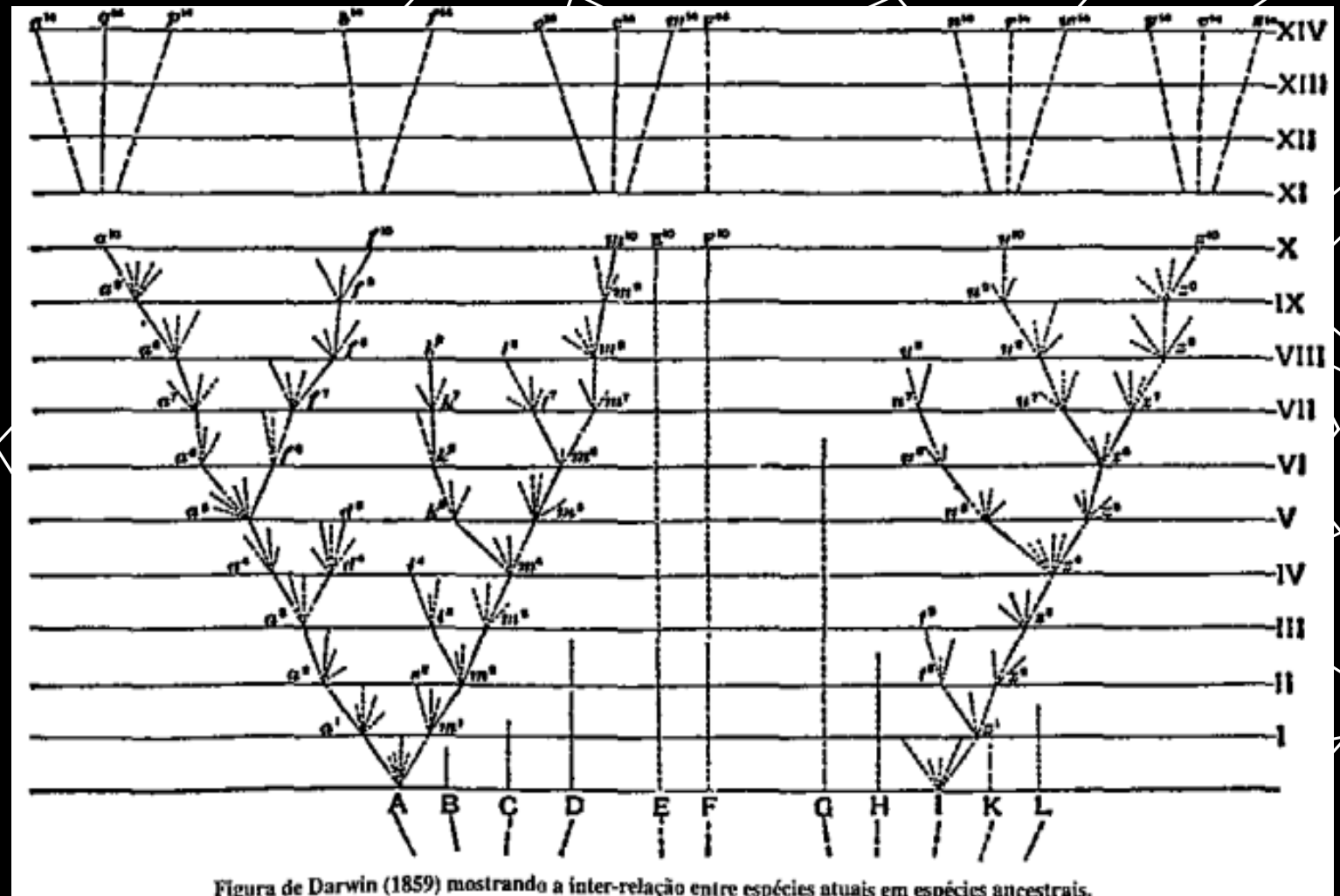
Zebra Pattern Wallpapers - Top Free Zebra Pattern Backgrounds ...



DARWIN E WALLACE

- As explicações evolutivas (hipóteses que consideram possibilidade de mudanças de espécies) não são totalmente originais:
 - Maupertius (1745)
 - Diderot (1754)
 - Buffon (1761)
 - Leibniz (1765)
 - Erasmus Darwin (1794)
 - Lamarck (1800)

Mas... Darwin e Wallace foram geniais ao proporem que todas as espécies conectam-se entre si em espécies ancestrais em uma árvore que liga todos os seres vivos, incluindo os humanos.



VOLTANDO AOS MODELOS...

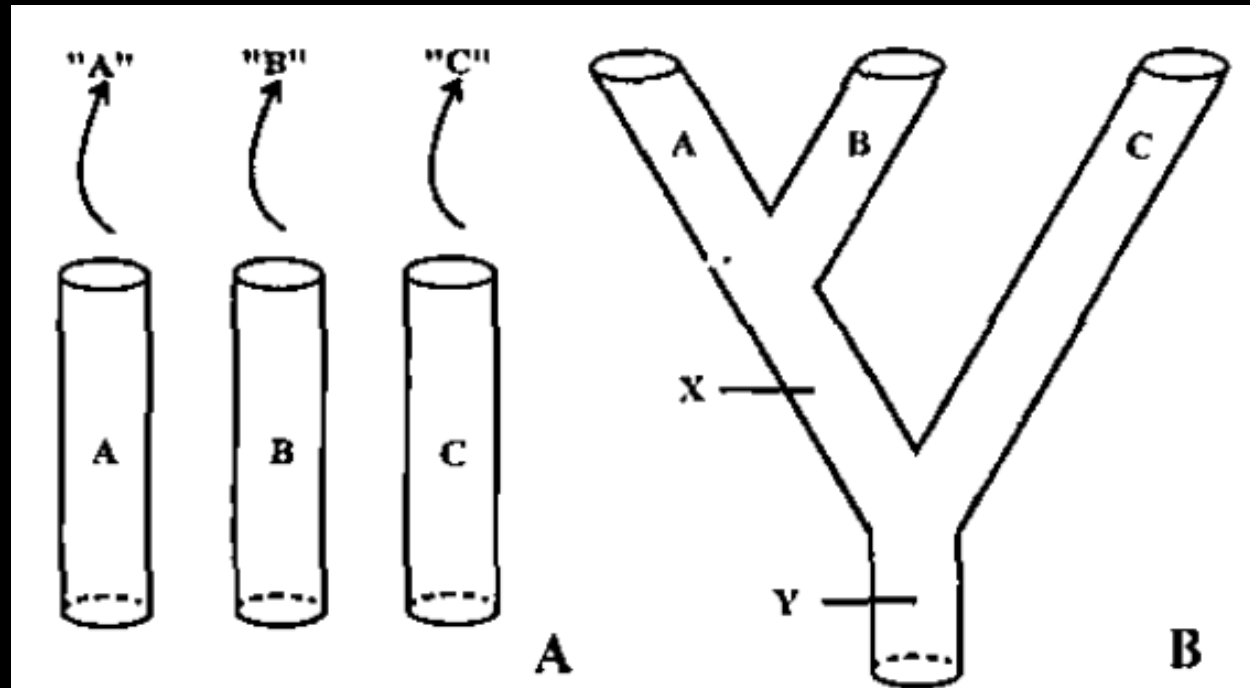


Figura 6.2. Uma comparação simplificada entre o modelo platonista e o modelo filogenético de origem das espécies. No modelo platonista (A), os indivíduos de cada espécie, com todas as suas características, são meras cópias de tipos ideais e não há qualquer conexão histórica entre as espécies ou suas características. No modelo filogenético (B), as espécies atuais são descendentes de espécies ancestrais e as características das espécies atuais são cópias, modificadas ou não, de características que existiam nessas espécies ancestrais.

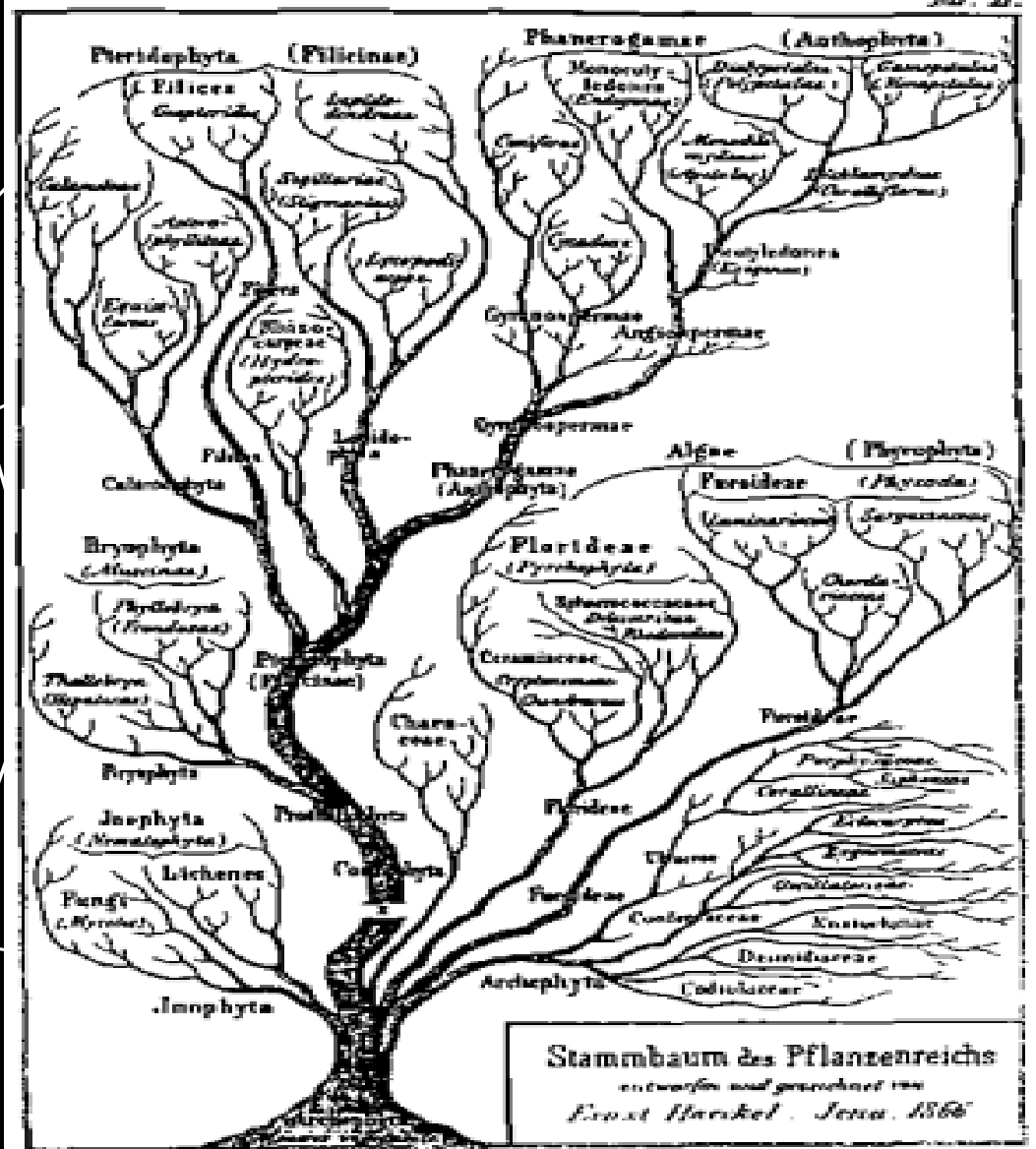


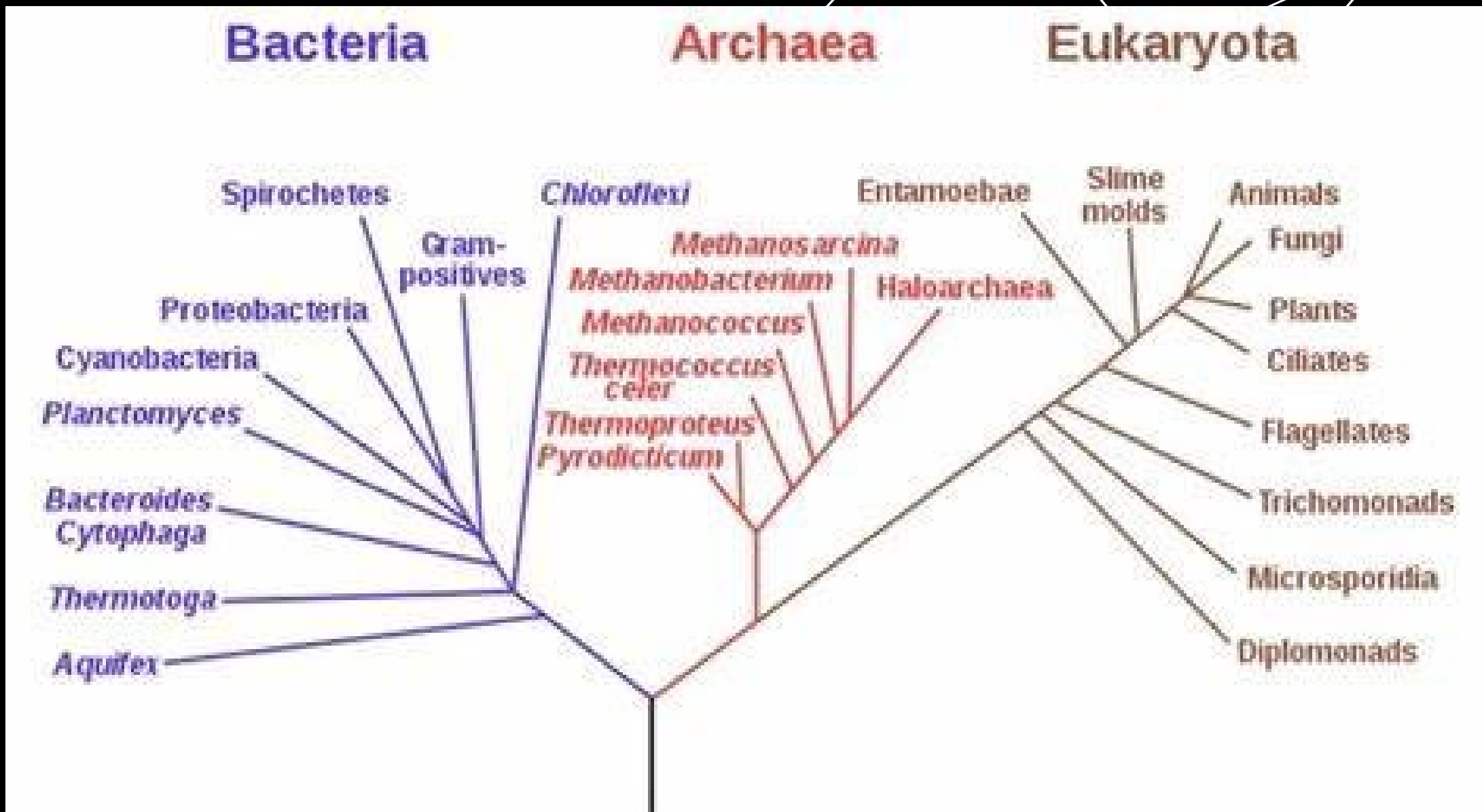
Figura 6.3. "Árvore filogenética" de Haeckel (1866) para as relações entre os grandes grupos de vegetais. Esta talvez seja a primeira filogenia proposta para as relações entre grandes grupos de organismos.

A GRANDE 'SACADA' DE HENNIG

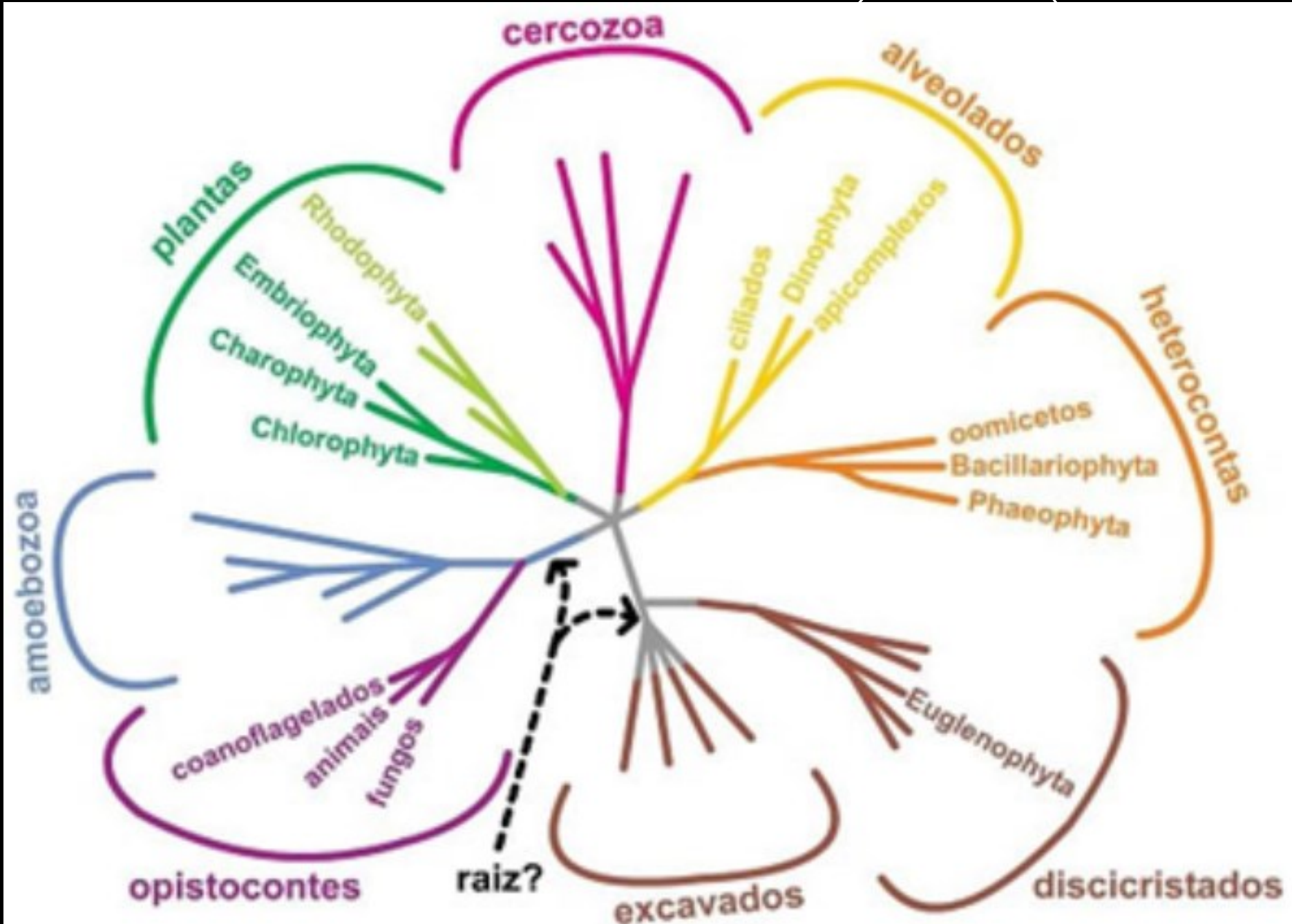
- A compreensão de uma 'árvore da vida', tal como vislumbrada por Darwin, ocorre **somente 100 anos após a publicação de *A Origem das Espécies***
- Willi Hennig tenta **consolidar** a ideia de que as filogenias, **intangíveis**, podem ser **propostas** por meio de **representações visuais**

“Portanto, é possível arranjar os seres naturais animados em inúmeros sistemas diferentes, dependendo de qual dessas diferentes relações foi investigada. As diferenças entre todos os sistemas são determinadas pelas relações particulares das quais eles são uma expressão concreta.” (Willi Hennig. *Phylogenetic Systematics*, p. 4)

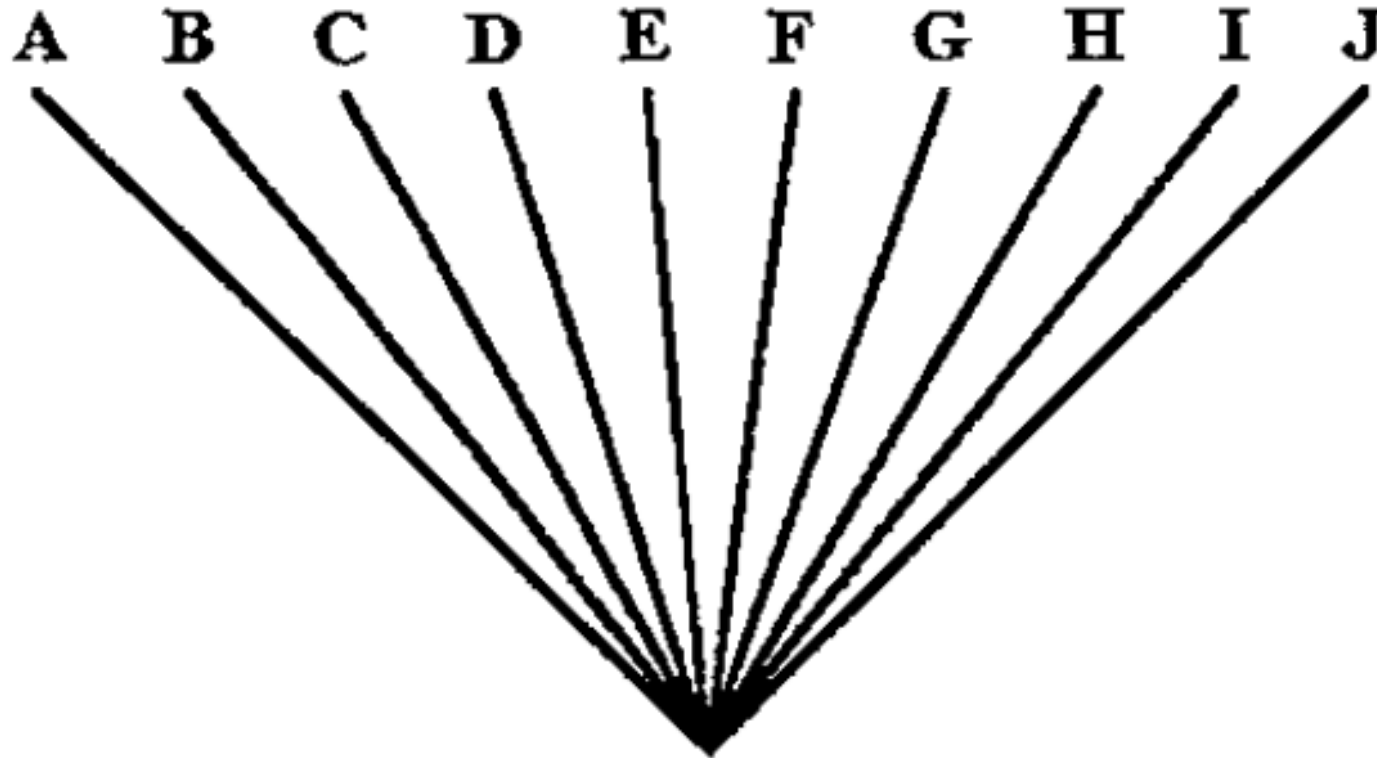
Filogenia proposta por Carl Woese (Três Domínios de Woese, de 1990, com base em rRNA 16S)



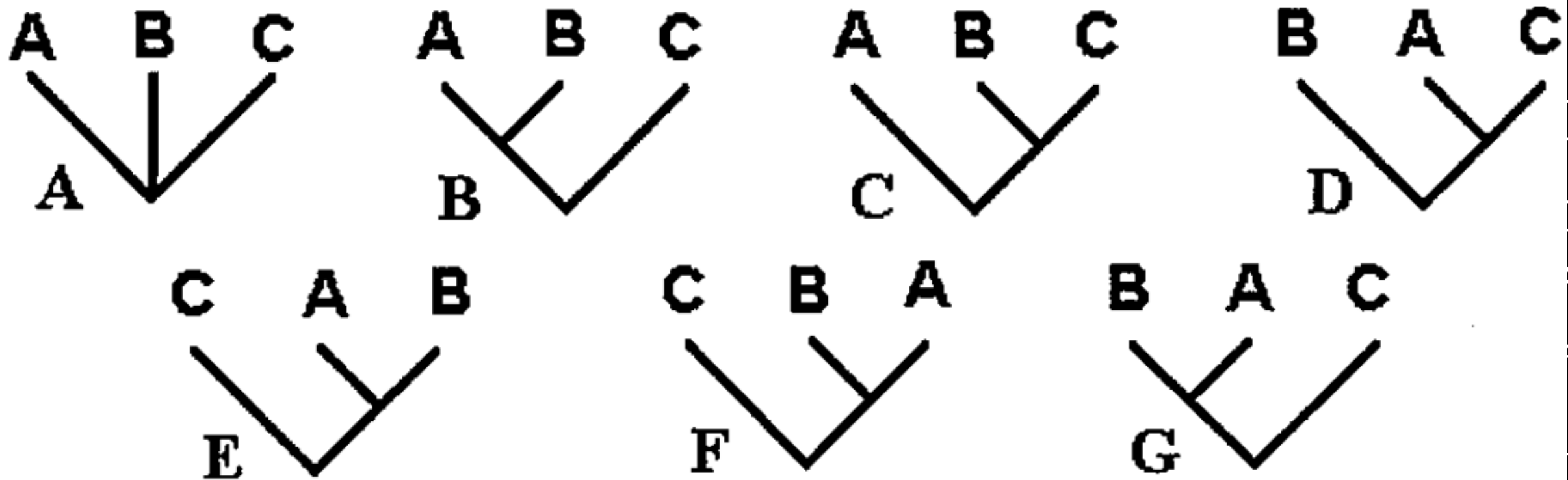
Filogenia proposta para os eucariontes (Modificado de Baldauf e colaboradores, primeira versão, 2001)



TRICOTOMIA E POLITOMIA



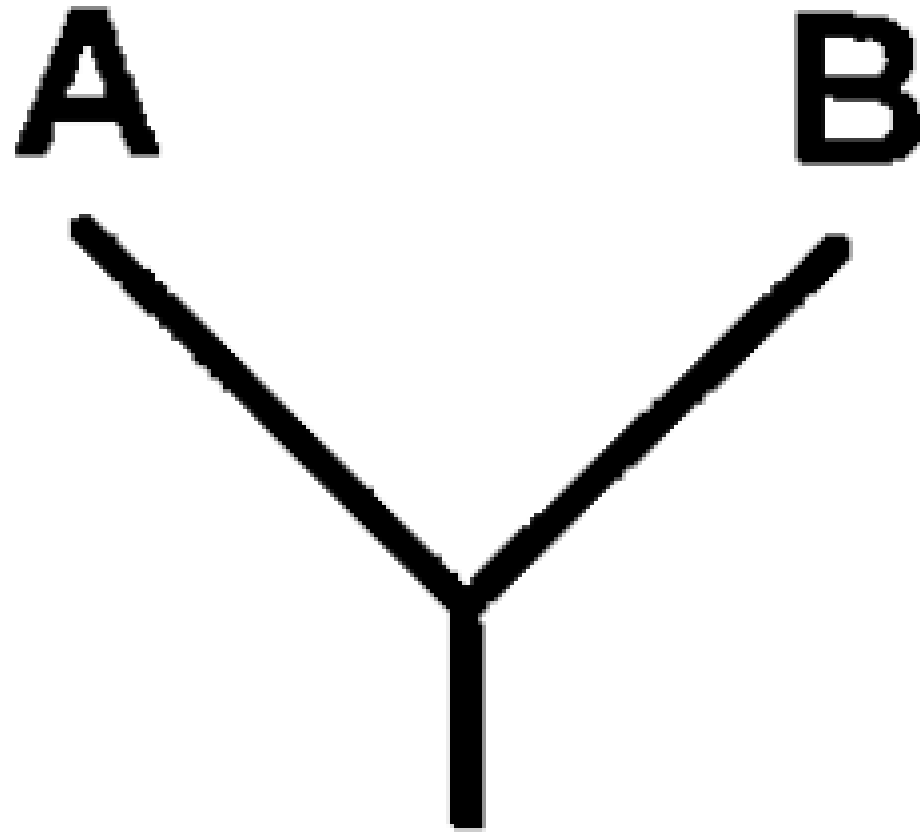
Cladograma representando a ausência de conhecimento filogenético para um grupo com dez táxons terminais (espécies ou grupos supra-específicos). Todo início de trabalho filogenético, em um grupo cujas relações de parentesco não foram formalmente estudadas antes, parte de uma politomia.



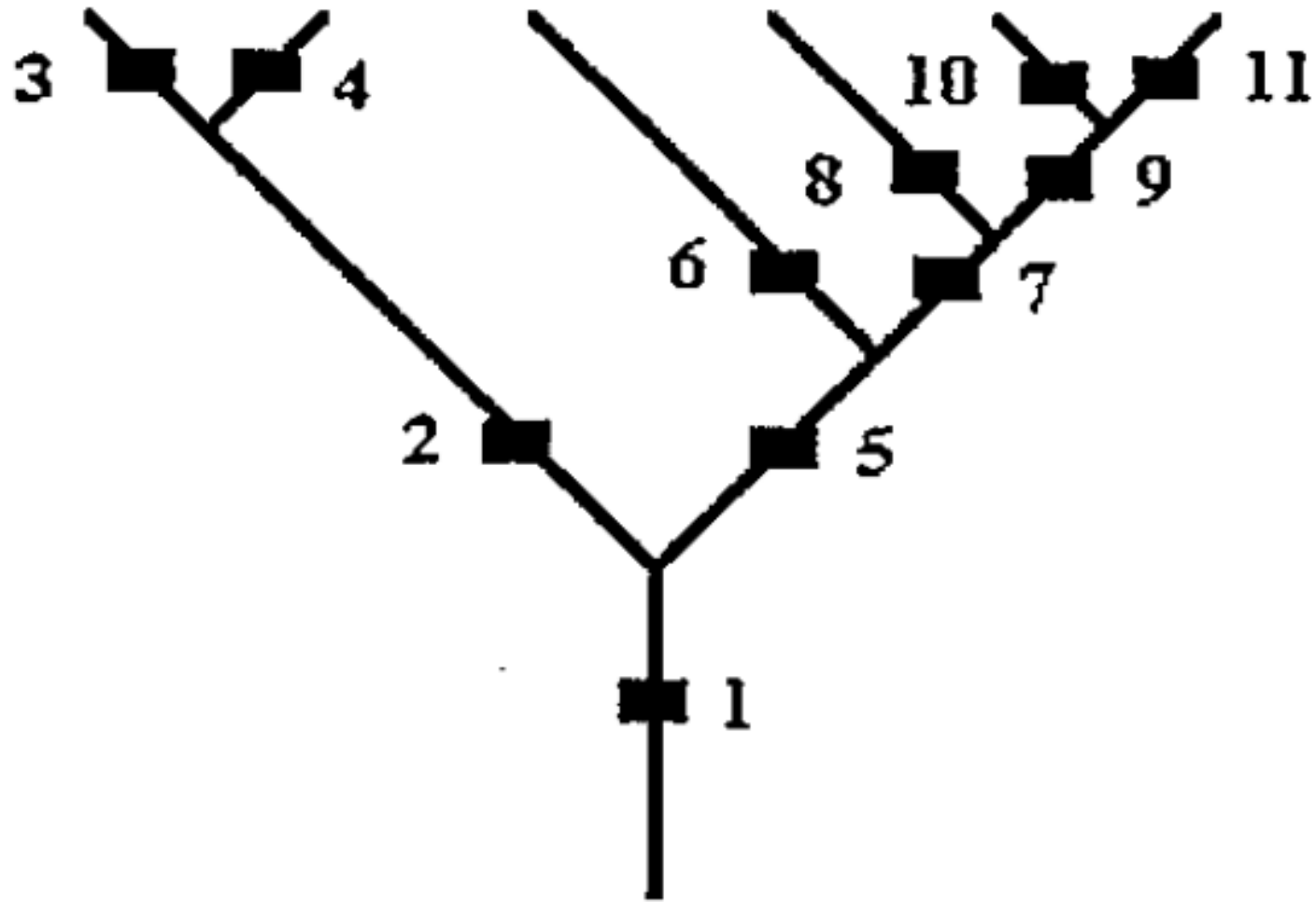
Soluções possíveis para cladogramas com três táxons terminais. A. Tricotomia inicial, indicando a ausência de conhecimento das relações de proximidade filogenética entre os três táxons terminais. B-D. As três únicas soluções possíveis para a tricotomia, quando se exclui a possibilidade de eventos partição simultânea de uma espécie ancestral em três descendentes. E-G. Variações gráficas de um cladograma com a mesma informação filogenética que à da figura B, em que A e B tem um ancestral comum que não é ancestral de C.

Nº de táxons terminais dicotômicos	Nº de cladogramas
1	1
2	1
3	3
4	15
5	105
6	945
7	10 395
8	135 135
9	2 027 025
10	34 459 425
11	654 729 075
12	13 749 310 575
13	316 234 143 225
14	1 905 853 580 625
15	213 458 046 676 875
16	6 190 283 353 629 375
17	191 898 783 962 850 625
18	6 332 659 870 762 850 625
19	221 643 095 476 699 771 875
20	8 200 794 532 637 891 559 375
21	319 830 986 772 877 770 815 625
22	13 113 070 457 687 988 603 440 625

Entretanto,
SOMENTE **uma**
 filogenia é real!



Único clado-grama possível para um grupo monofilético que inclua apenas dois táxons subordinados.



Cladograma com seis táxons terminais e onze caracteres. Um cladograma contém um grande número de hipóteses (suposições) sobre a história de grupos e caracteres, que permitem um poder de retrovisão em relação à distributividade dos caracteres conhecidos ou de qualquer outro caráter, excetuando-se os casos de homoplasia e reversão.

ÍNDICES EM CLADOGRAMAS

- ❑ Índice de consistência
- ❑ Índice de retenção
- ❑ Índice de consistência reescalonado
- ❑ Índice reescalonado conjunto de consistência

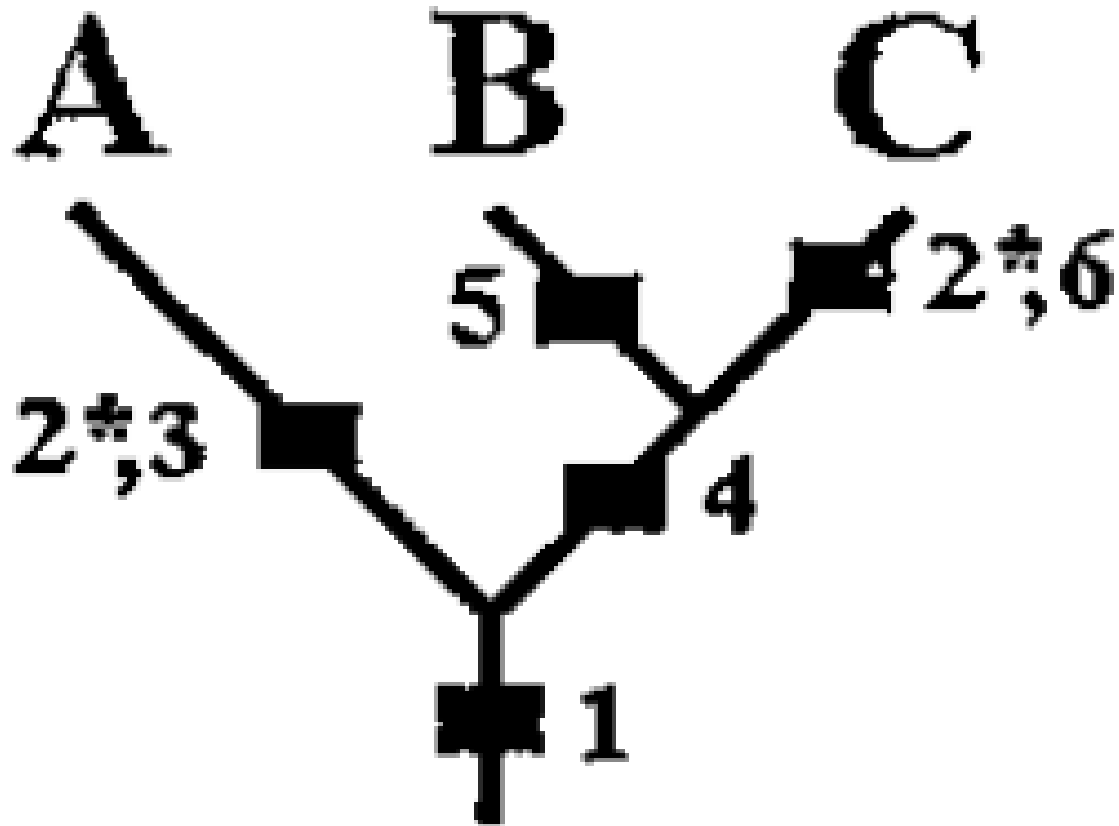
Índice de consistência (ci)

- Klugue e Farris (1969)
- Mensura número de eventos homoplásicos de um caráter ou para um cladograma
- $ci = 1,0 \rightarrow$ indica ausência de homoplasias

$$ci = \frac{m}{s}$$

Número mínimo de passos exibido por uma série de transformação em um cladograma

Número efetivo de passos apresentado na evolução do caráter em um cladograma



O número mínimo de passos para seis caracteres com dois estados cada um é seis. O número efetivo de passos presente no cladograma é sete. O índice de consistência desse cladograma é:

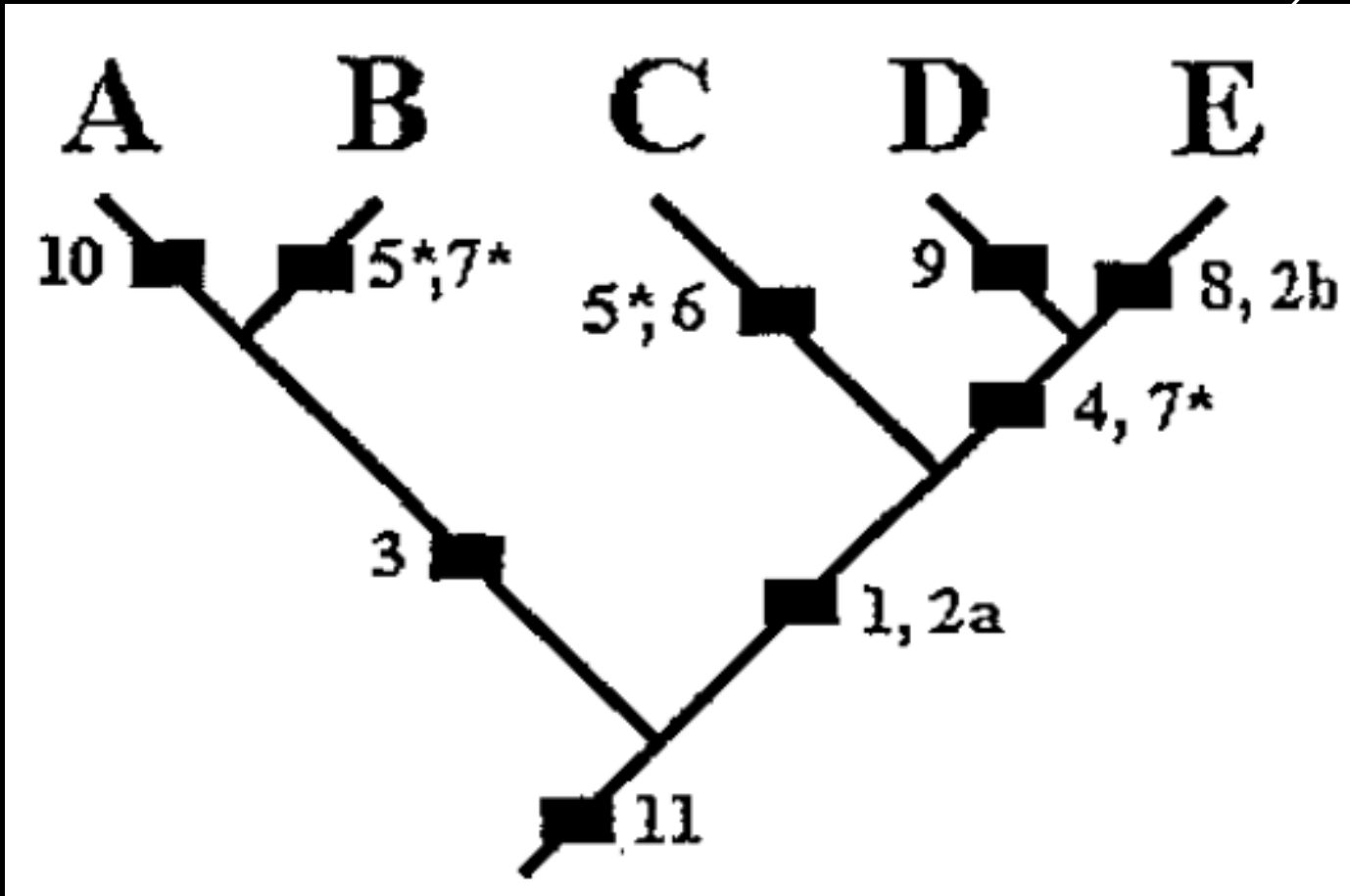
$$ci = m/s = 6/7 = 0,86$$

Índice de retenção (r)

- Farris (1989)
- Indica a proporção de autapomorfias e homoplasias em relação ao total de passos
- Apresenta o valor g (nº máximo possível de surgimentos de um carácter em um cladograma)

$$r = \frac{g - s}{g - m}$$

Quando todos os surgimentos correspondem a autapomorfias (homoplásicas ou não), $r = 0$




Neste exemplo, podemos observar que:


$$m = 10; s = 14; g = 18.$$

Assim:

$$r = g - s / g - m = 18 - 14 / 18 - 10 = 4 / 8 = 0,5$$



Os outros dois índices:
Índice de consistência
reescalonado (rc) e Índice
reescalonado conjunto de
consistência (RC) não
serão abordados em
detalhes, uma vez que, na
literatura, não têm sido
mais utilizados com
frequência.



O MELHOR CRITÉRIO PARA NOS APROXIMARMOS DA FILOGENIA DE UM GRUPO, ENTRETANTO, É UMA EXCELENTE BASE DE DADOS, COM ESTRUTURAS BEM ESTUDADAS, UMA AMOSTRAGEM BEM FEITA DE GRUPOS EXTERNOS, POLARIDADES E SÉRIES DE TRANSFORMAÇÃO BEM ESTABELECIDAS E CLADOGRAMAS BEM CONSTRUÍDOS. ESSES ÍNDICES, CONTUDO, NÃO SÃO INÚTEIS: PERMITEM QUANTIFICAR CERTAS CARACTERÍSTICAS DOS CLADOGRAMAS, FAZENDO COM QUE TENHAMOS UMA LEITURA MAIS COMPLETA DOS RESULTADOS A QUE CHEGAMOS