BEV 212

Introdução a

Sistemática Filogenética

Departamento de Biodiversidade Evolução e Meio Ambiente

Universidade Federal de Ouro Preto

Construindo

cladogramas

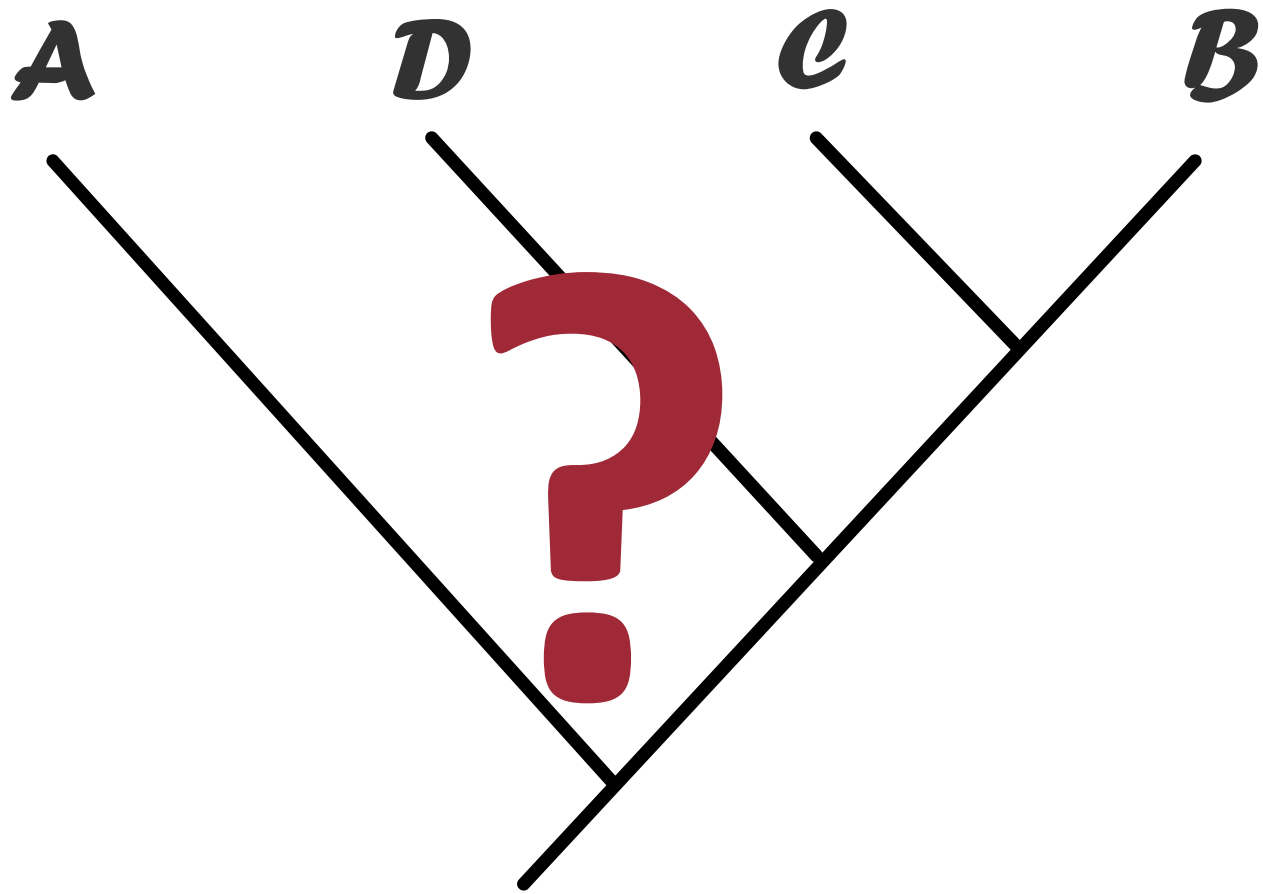
Prof. Dr. Roberth Fagundes

roberthfagundes@gmail.com

cladograma

relações de ancestralidade e descendência
(divergências de histórias evolutivas)

Como descobrir a filogenia de uma grupo?

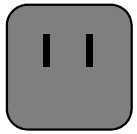
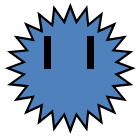


Hipótese sobre as relações filogenéticas

Estudo comparado das semelhanças e diferenças compartilhadas entre organismos.

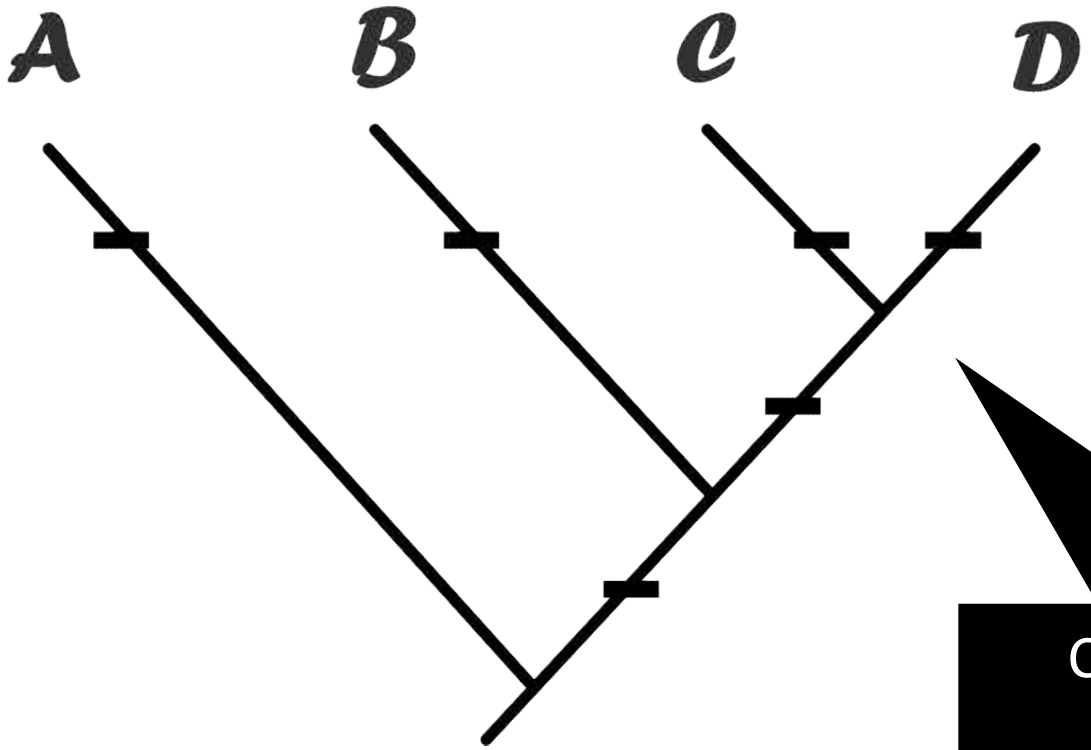
Morfologia	Ontogenia	Genoma

...variância significativa

Táxon: Smile	caractere	estado do caractere
	forma do corpo	redondo
		quadrado
	cor da pele	azul
		laranja
		cinza
		rosa
		verde
	forma dos apêndices	caudal
		espinhos
		petaliforme

Passo 1

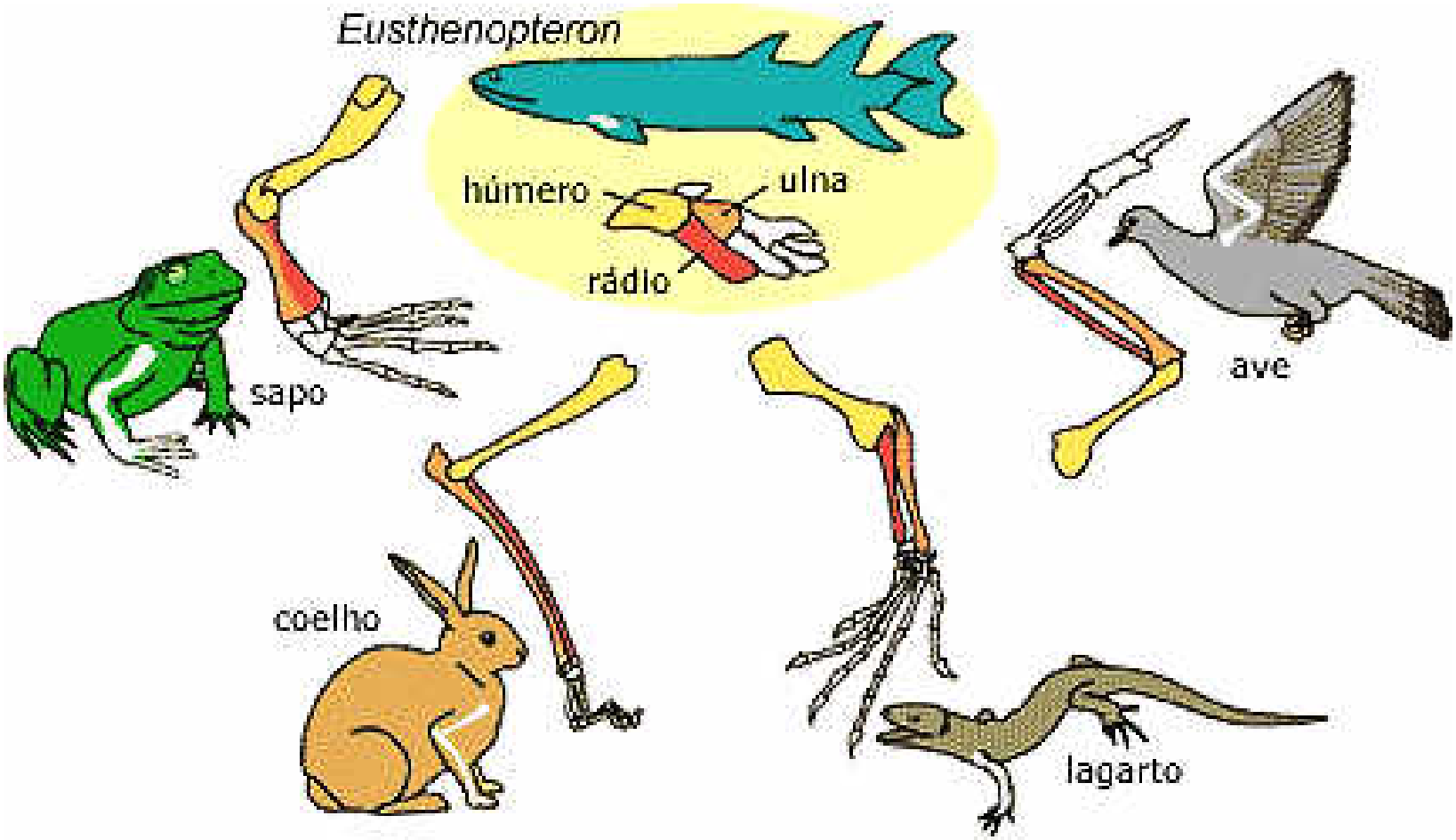
Identificar caracteres

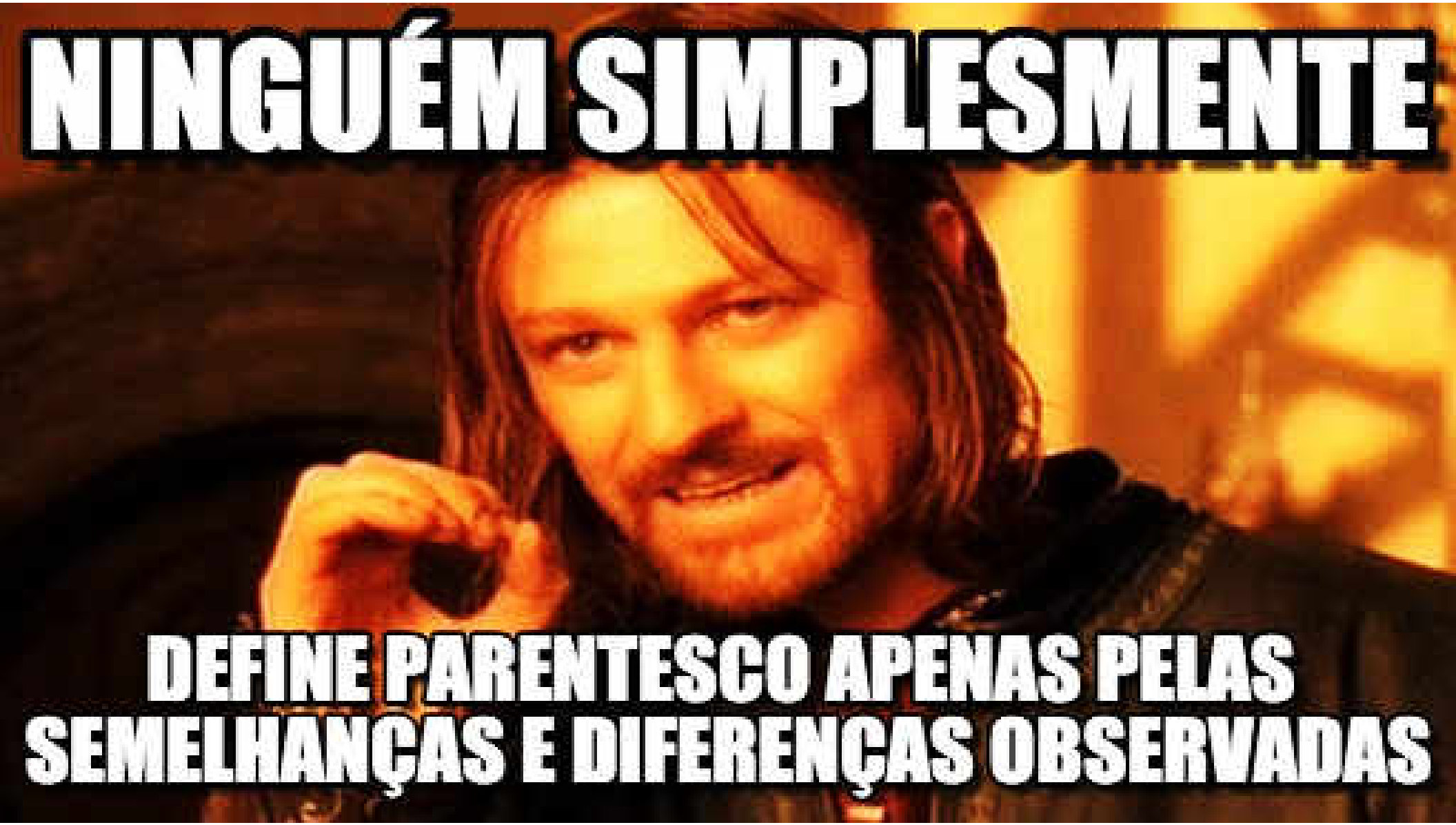


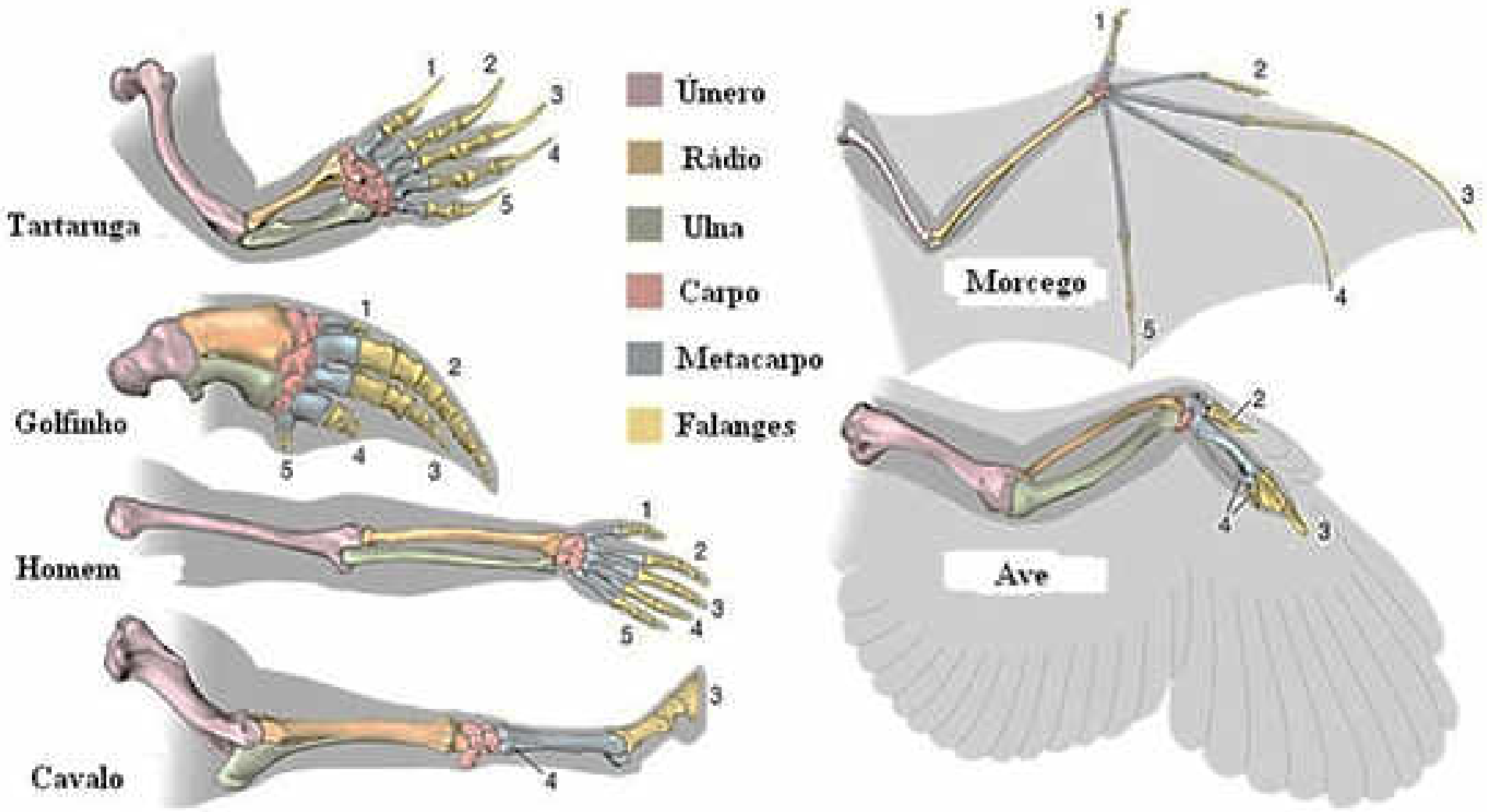
Hipótese da homologia

Caracteres que indiquem relação de parentesco

Ossos dos membros dos tetrápodes

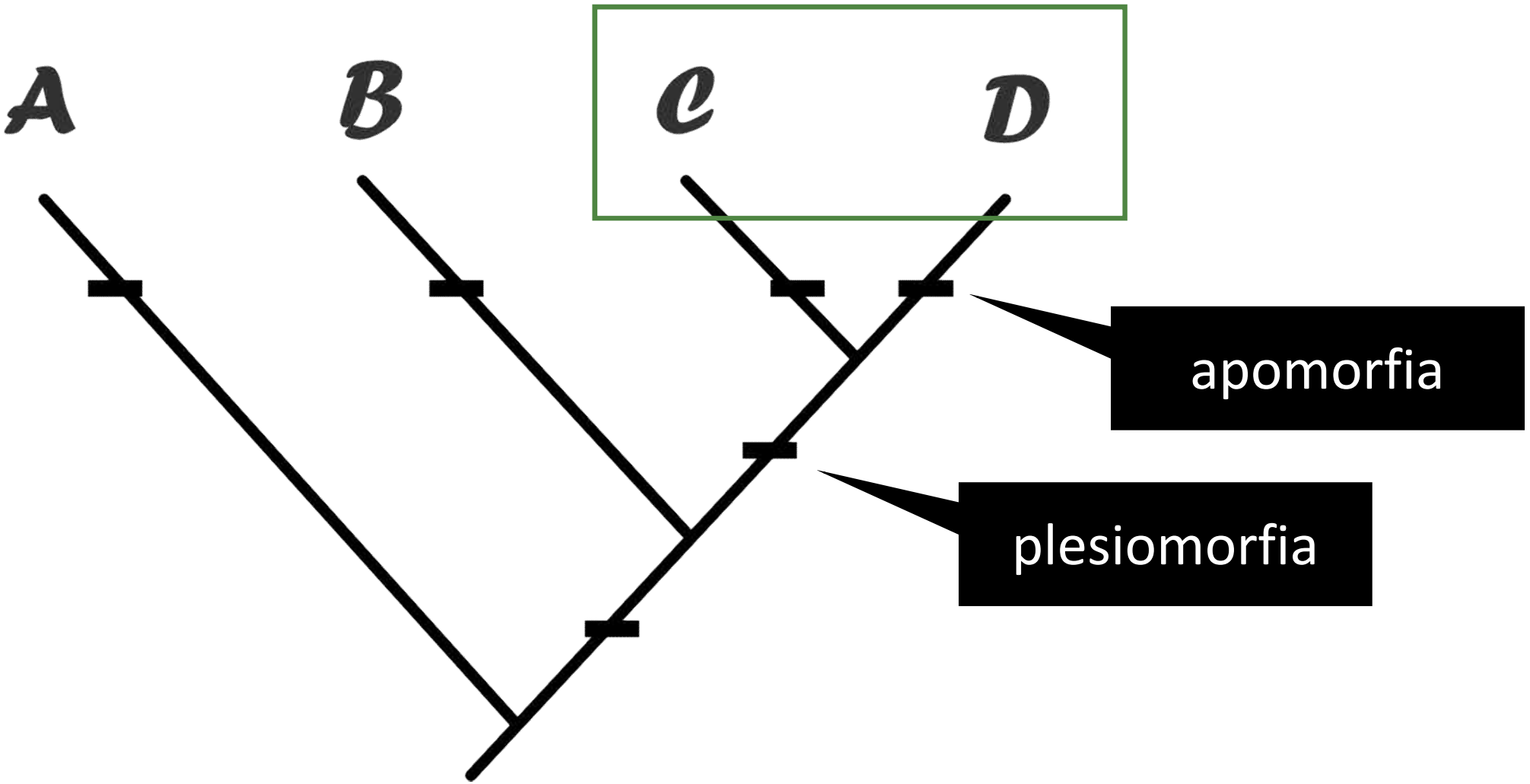


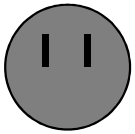
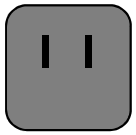
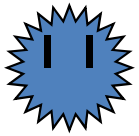

NINGUÉM SIMPLESMENTE
DEFINE PARENTESCO APENAS PELAS
SEMELHANÇAS E DIFERENÇAS OBSERVADAS


Úmero
Rádio
Ulna
Carpo
Metacarpo
Falanges
Tartaruga
Golfinho
Homem
Cavalo
Morcego
Ave

ESTADOS DOS CARACTERE

plesiomorfia	Caractere de um determinado táxon que permanece no estado herdado do ancestral, ou seja, estado ancestral do caractere
apomorfia	Caractere de um determinado táxon que difere de seu estado ancestral, ou seja, um estado derivado do caractere

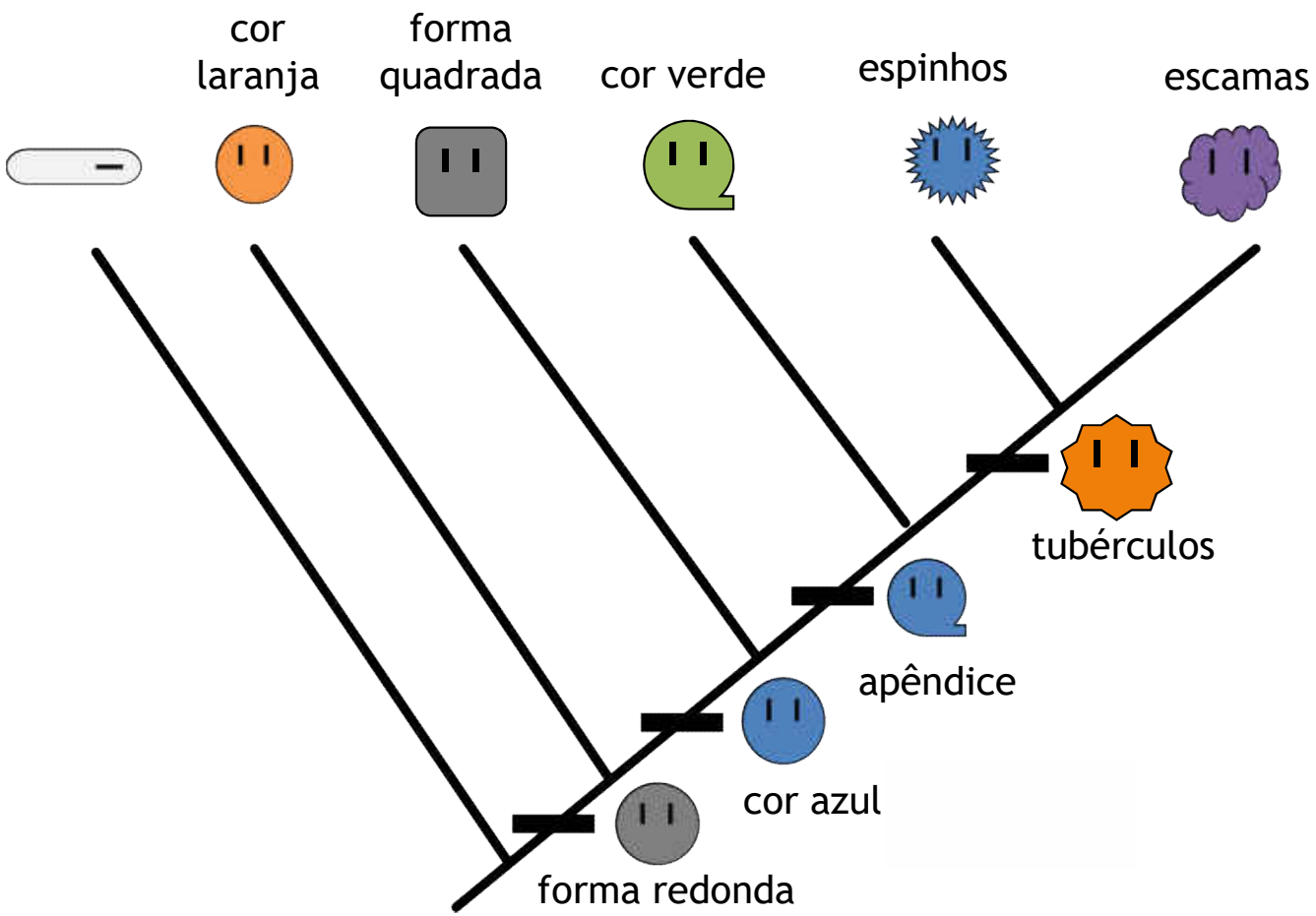

A
B
C
D
apomorfia
plesiomorfia

Derivados	caractere (modificação)	estado do caractere	estado do caractere	Ancestrais
	forma do corpo	redondo	redondo	
		quadrado		
	cor da pele	azul	azul	
		laranja		
		verde	cinza	
		cinza		
		rosa	rosa	
	presença de apêndices	presente	presente	
		ausente	ausente	
	forma dos apêndices	caudal	caudal	
		espinhos		
		petaliforme		
			tubérculos	

ESTADOS DOS CARACTERE

simplesiomorfia	Estado ancestral do caractere compartilhado pelos táxons de um clado
sinapomorfia	Estado derivado do caractere compartilhado pelos táxons de um clado
autapomorfia	Caractere derivado exclusivo do clado atual

caracteres	apomorfias e plesiomorfias



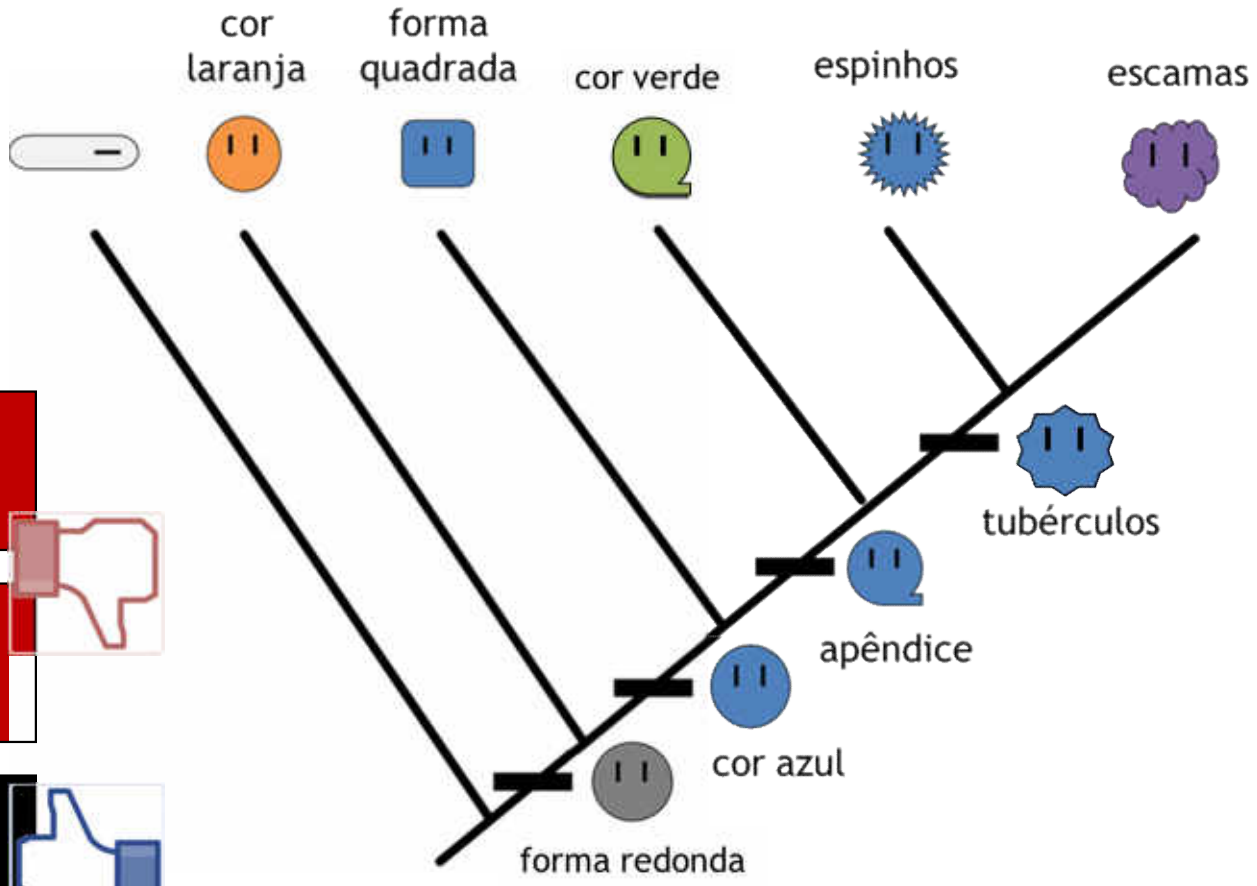
estados do caractere

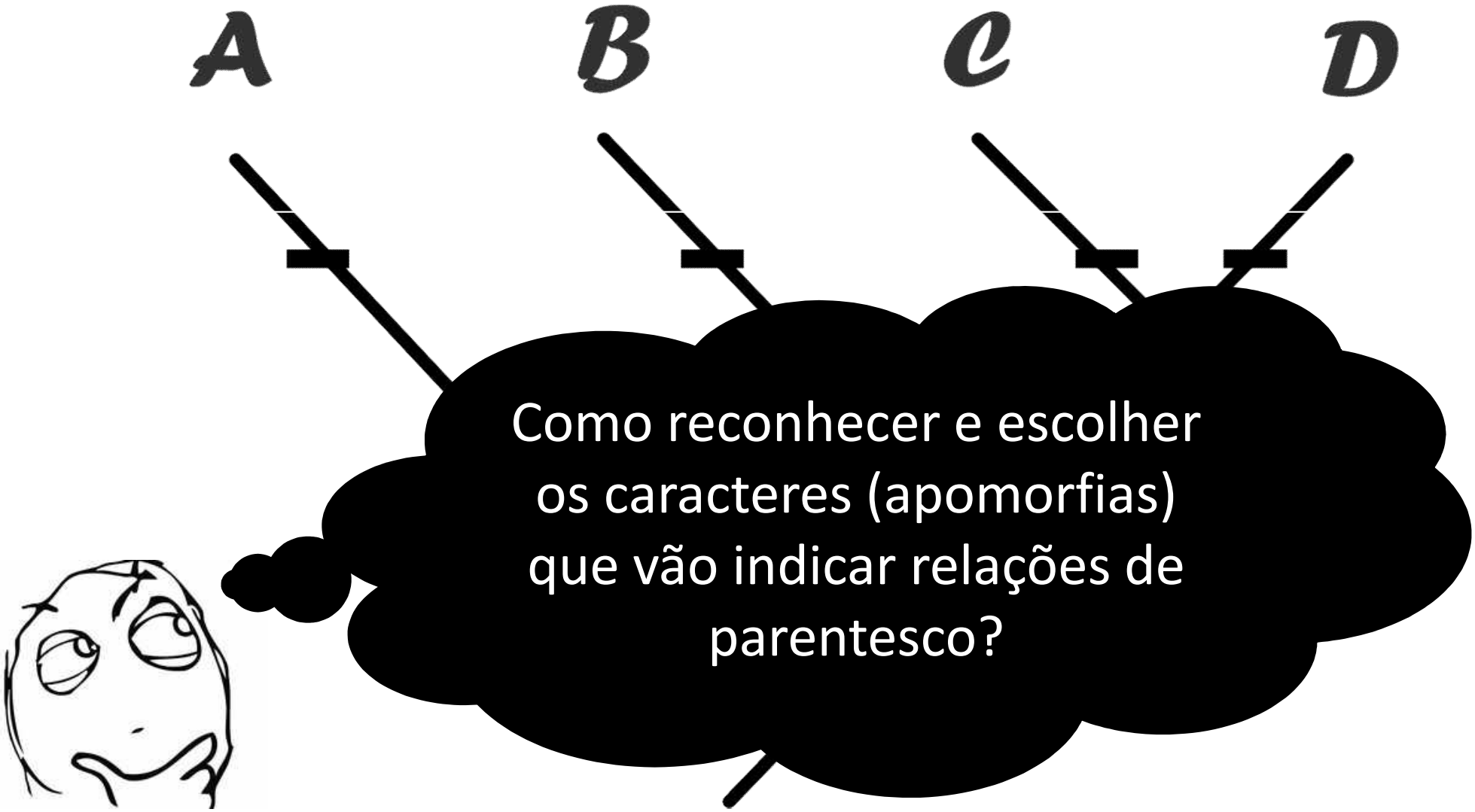
apomorfias e plesiomorfias

FREQUÊNCIA

ADAPTAÇÃO

ANCESTRALIDADE

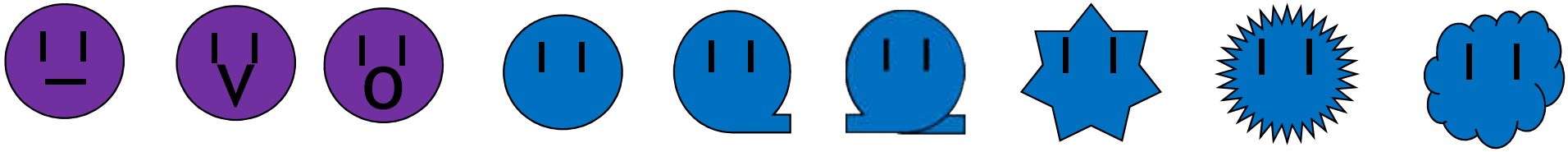



A
B
C
D
Como reconhecer e escolher os caracteres (apomorfias) que vão indicar relações de parentesco?

passo 1

identificar caracteres

comparação entre taxa



cor

olhos

apêndice

forma

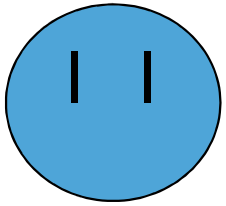
boca

ornamentação

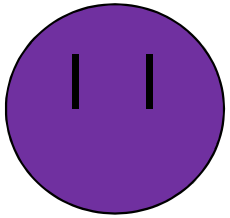
Passo 1

Identificar caracteres

Caráter: cor da pele



cor azul



cor rosa

estados do caráter

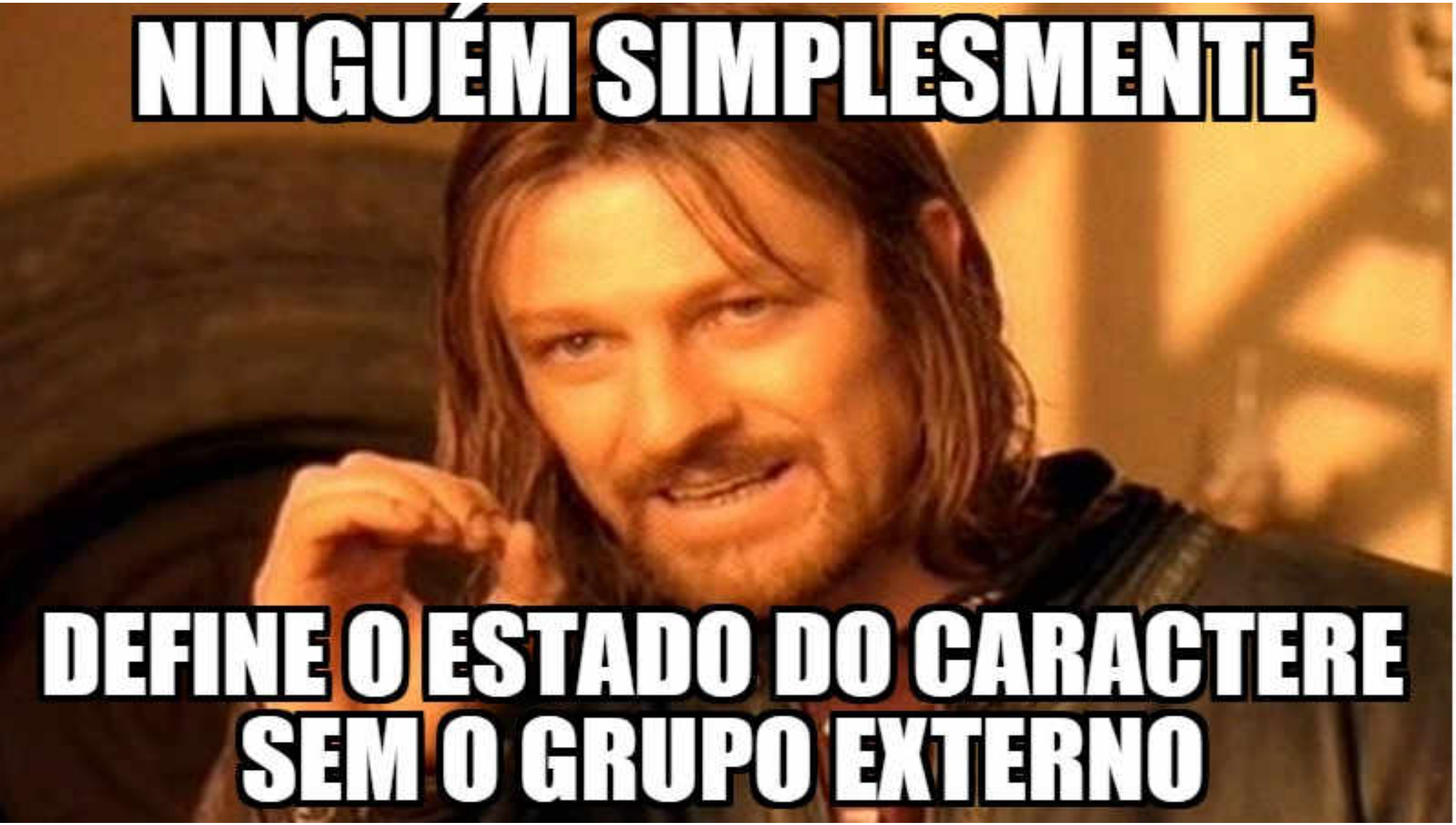
2° Passo

Codificar os estados

Caráter: cor da pele

estado ancestral = plesiomórfico = 0

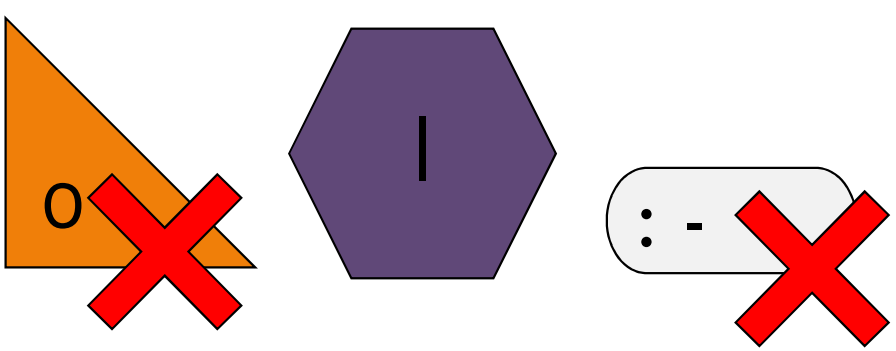
estado derivado = apomórfico = 1

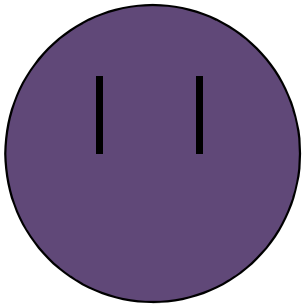

NINGUÉM SIMPLESMENTE
DEFINE O ESTADO DO CARACTERE
SEM O GRUPO EXTERNO

passo 2

Codificar os estados

Comparação com o grupo externo





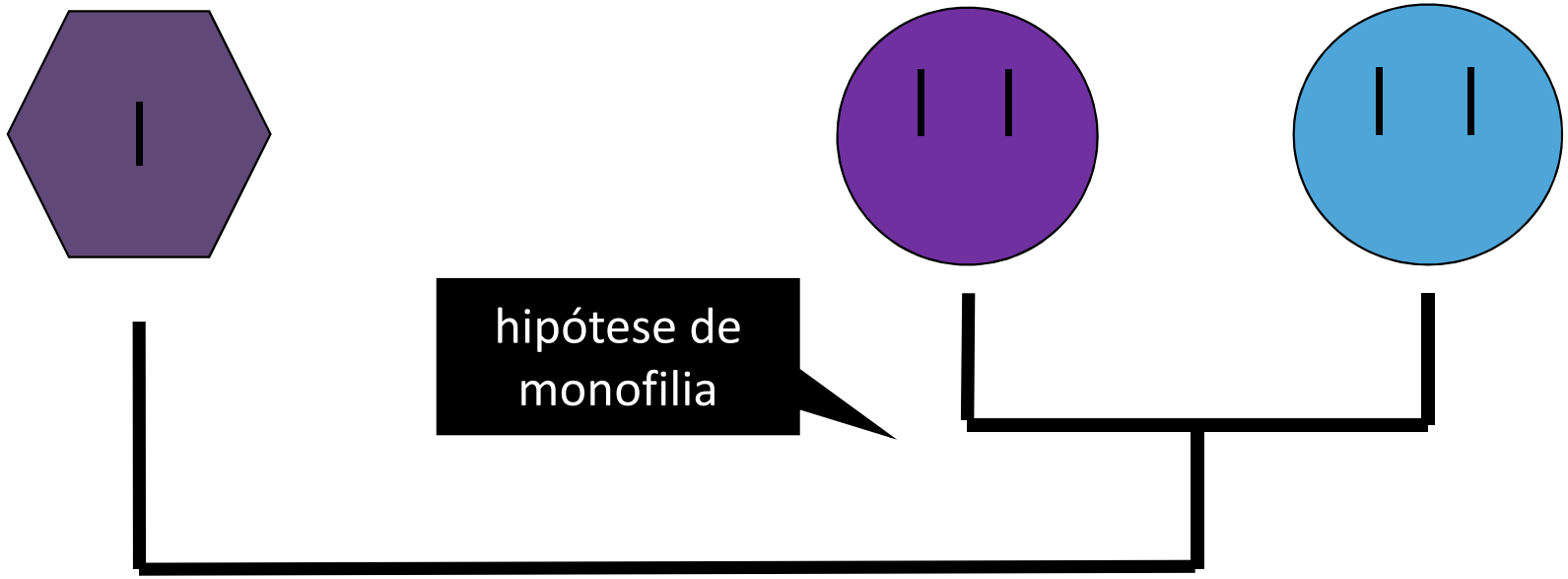
grupo externo

grupo interno

passo 2

Codificar os estados

Comparação com o grupo externo

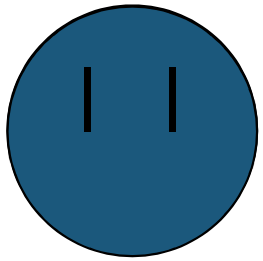


passo 2

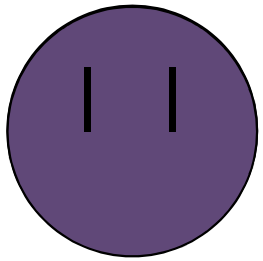
Codificar os estados

Caráter = olhos

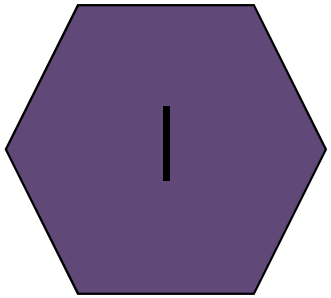
Atribuir (0) para o estado plesiomórfico e (1) para o estado apomórfico



presente (1)



presente (1)



passo
3

Construir a matriz de caracteres

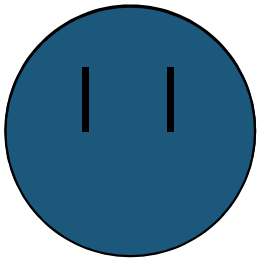
Taxon	Olhos
	1
	1
	1
	1
	1
	1
	1
	1
	1
	0

passo 2

Codificar os estados

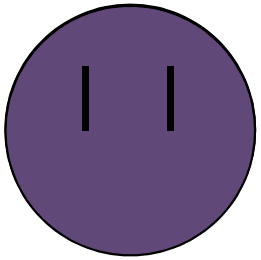
Caráter = cor da pele

Atribuir (0) para o estado plesiomórfico e (1) para o estado apomórfico



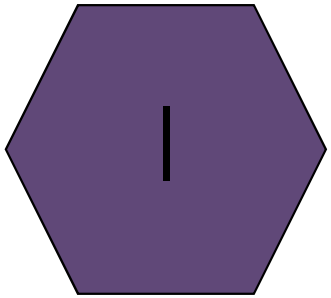
cor azul

(0)



cor rosa

(1)



passo 3

Construir a matriz de caracteres

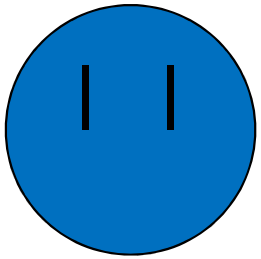
Taxon	Olhos	Cor
	1	0
	1	0
	1	0
	1	1
	1	1
	1	1
	1	1
	1	1
	1	1
	0	0

passo 2

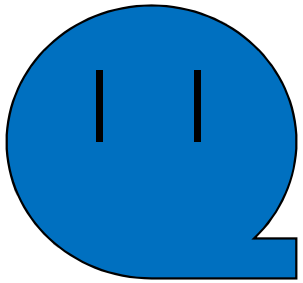
Codificar os estados

Caráter = presença de apêndice

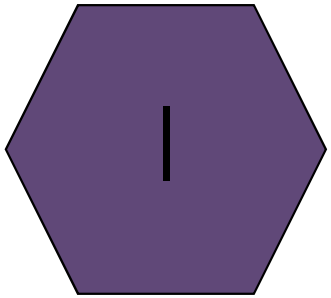
Atribuir (0) para o estado plesiomórfico e (1) para o estado apomórfico



ausente (0)



presente (1)



passo
3

Construir a matriz de caracteres

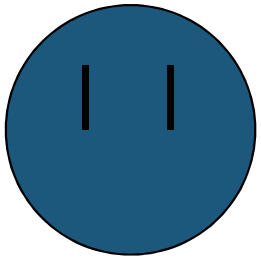
Taxon	Olhos	Cor	Apêndice
	1	0	0
	1	0	0
	1	0	0
	1	1	0
	1	1	1
	1	1	1
	1	1	1
	1	1	1
	1	1	1
	0	0	0

passo 2

Codificar os estados

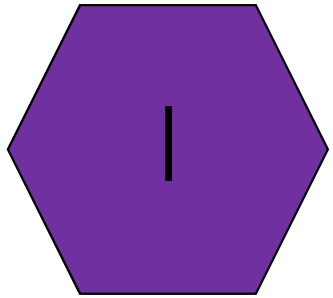
Caráter = ornamento

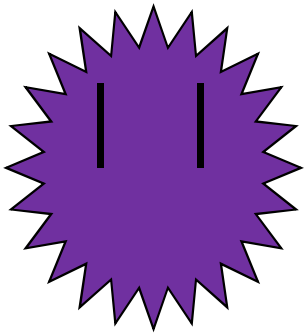
Atribuir (0) para o estado plesiomórfico e (1) para o estado apomórfico



sem

(0)





presente

(1)

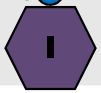
passo 3

Construir a matriz de caracteres

Taxon	Olhos	Cor	Apêndice	ornamento
	1	0	0	0
	1	0	0	0
	1	0	0	0
	1	1	0	0
	1	1	1	0
	1	1	1	0
	1	1	1	1
	1	1	1	1
	1	1	1	0
	0	0	0	0

passo 4

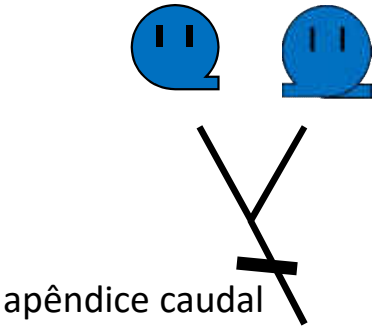
Encontrar as sinapomorfias

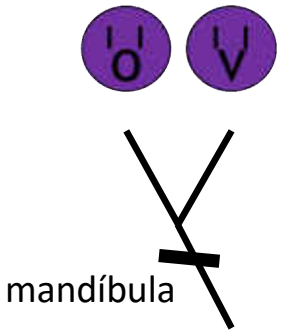
Taxon	Olhos	Boca	mandíbula	Cor	Apêndice	apêndice caudal	apêndice radial	ornamento
	1	1	0	0	0	0	0	0
	1	1	1	0	0	0	0	0
	1	1	1	0	0	0	0	0
	1	0	0	1	0	0	0	0
	1	0	0	1	1	1	0	0
	1	0	0	1	1	1	0	0
	1	0	0	1	1	0	1	1
	1	0	0	1	1	0	1	1
	1	0	0	1	1	0	1	0
	0	0	0	0	0	0	0	0

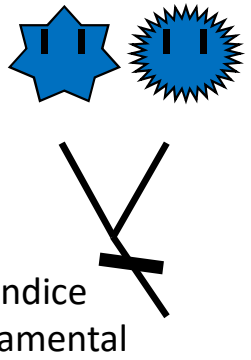
passo
5

Montar o cladograma

Taxon	ornamento	mandíbula	apêndice caudal
	0	0	0
	0	1	0
	0	1	0
	0	0	0
	0	0	1
	0	0	1
	1	0	0
	1	0	0
	0	0	0
	0	0	0



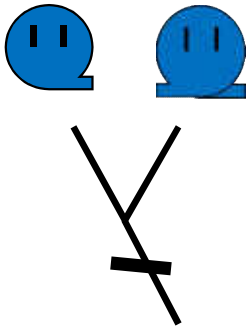


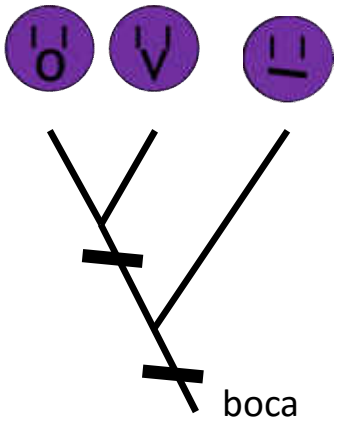


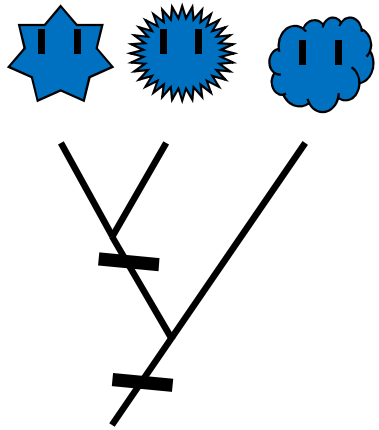
passo 5

Montar o cladograma

Taxon	Boca	quantidade de apêndice
	1	0
	1	0
	1	0
	0	0
	0	0
	0	0
	0	1
	0	1
	0	1
	0	0



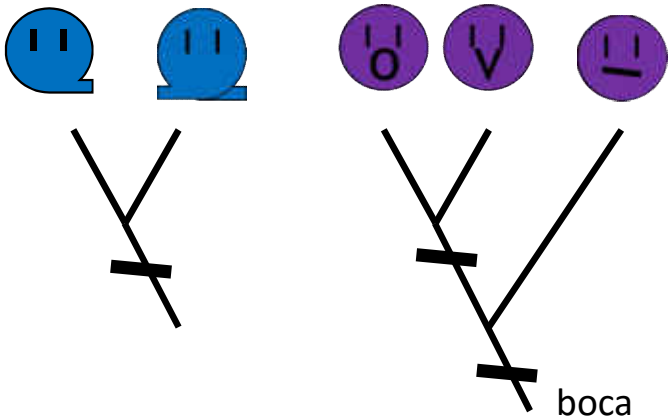




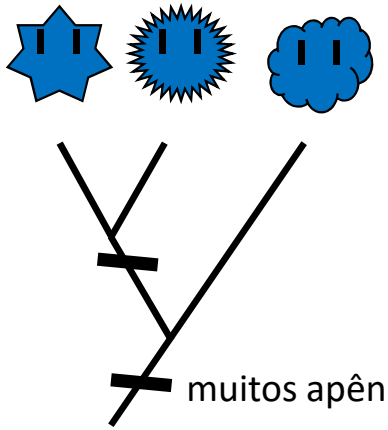
passo 5

Montar o cladograma

Taxon	Apêndice
	0
	0
	0
	0
	1
	1
	1
	1
	1
	0



boca

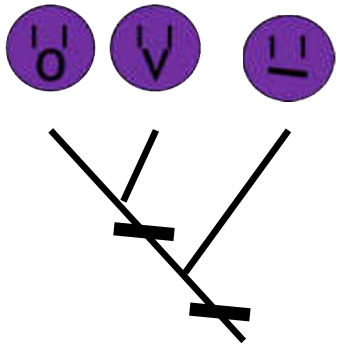


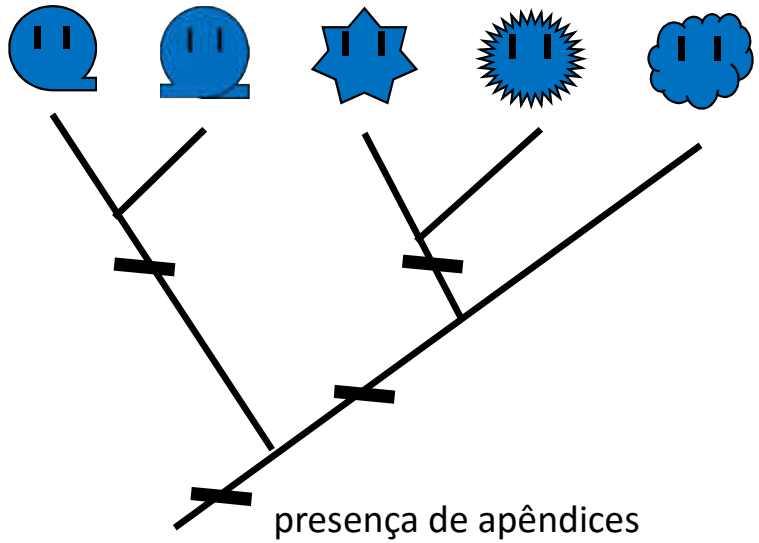
muitos apêndices

passo 5

Montar o cladograma

Taxon	Apêndice
	0
	0
	0
	0
	1
	1
	1
	1
	1
	0

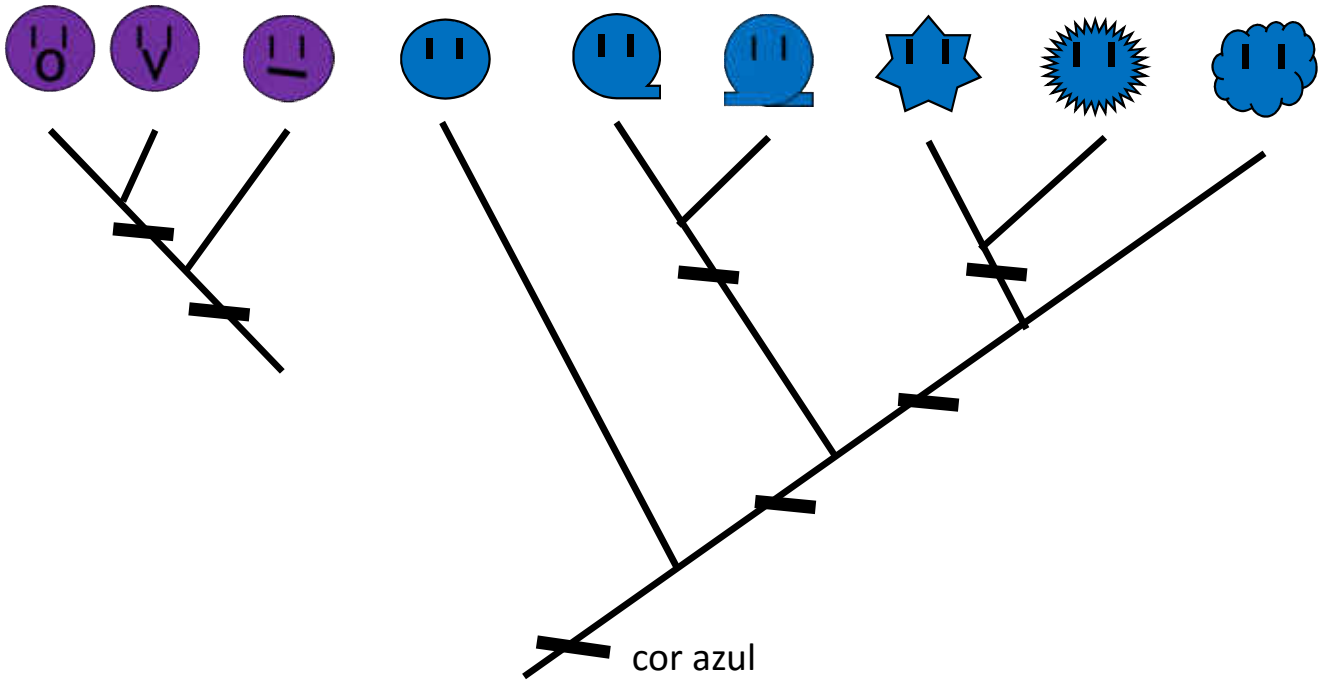




passo 5

Montar o cladograma

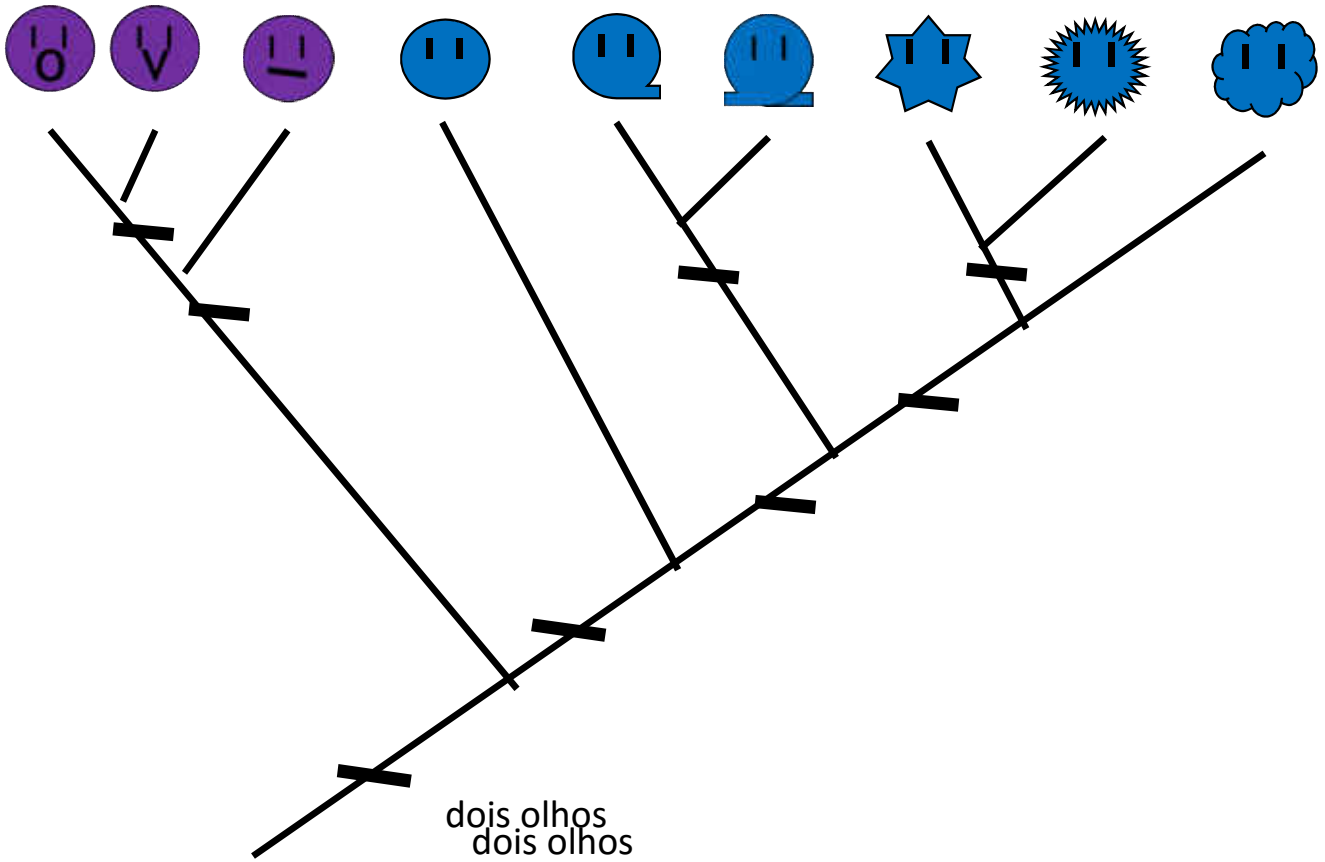
Taxon	Cor
	0
	0
	0
	1
	1
	1
	1
	1
	1
	0

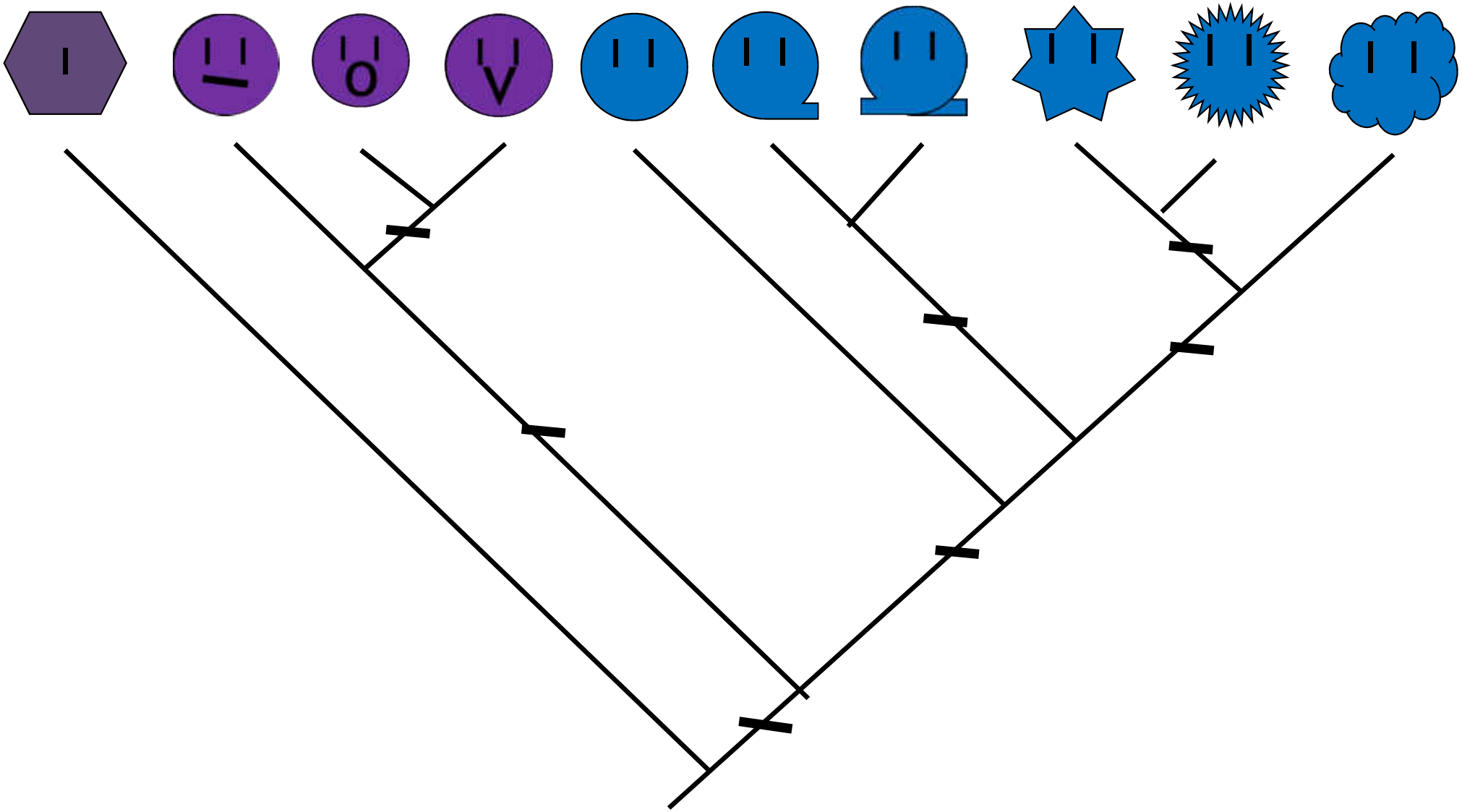


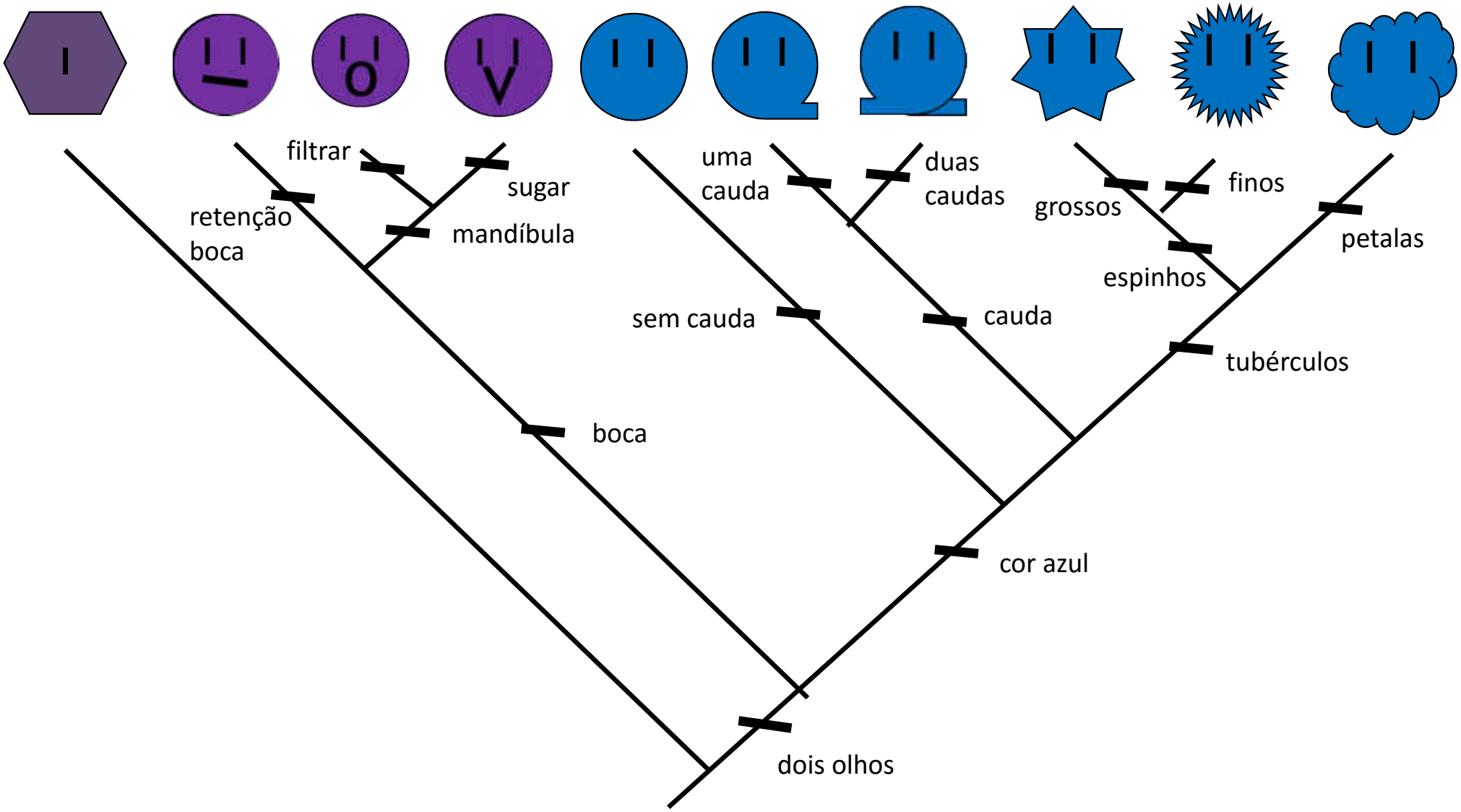
passo 5

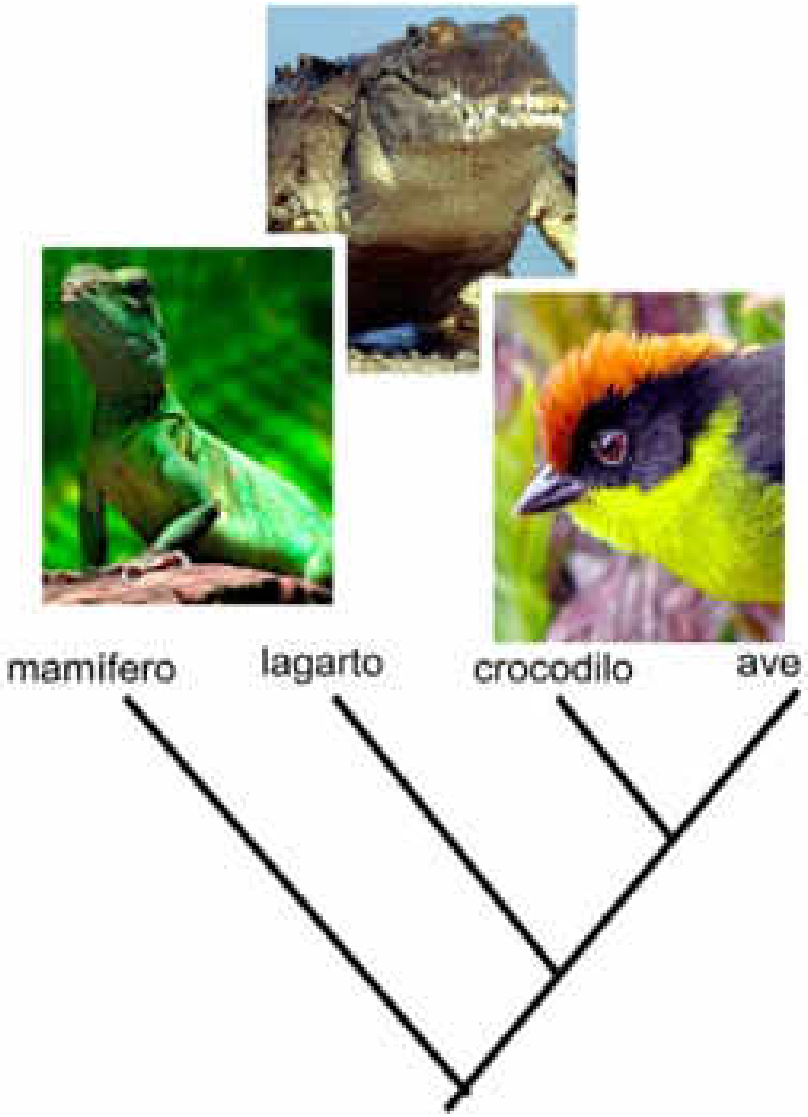
Montar o cladograma

Taxon	Olhos
	1
	1
	1
	1
	1
	1
	1
	1
	1
	0






filtrar
sugar
retenção
boca
mandíbula
uma
cauda
duas
caudas
grossos
finos
petalas
espinhos
sem cauda
cauda
tubérculos
boca
cor azul
dois olhos

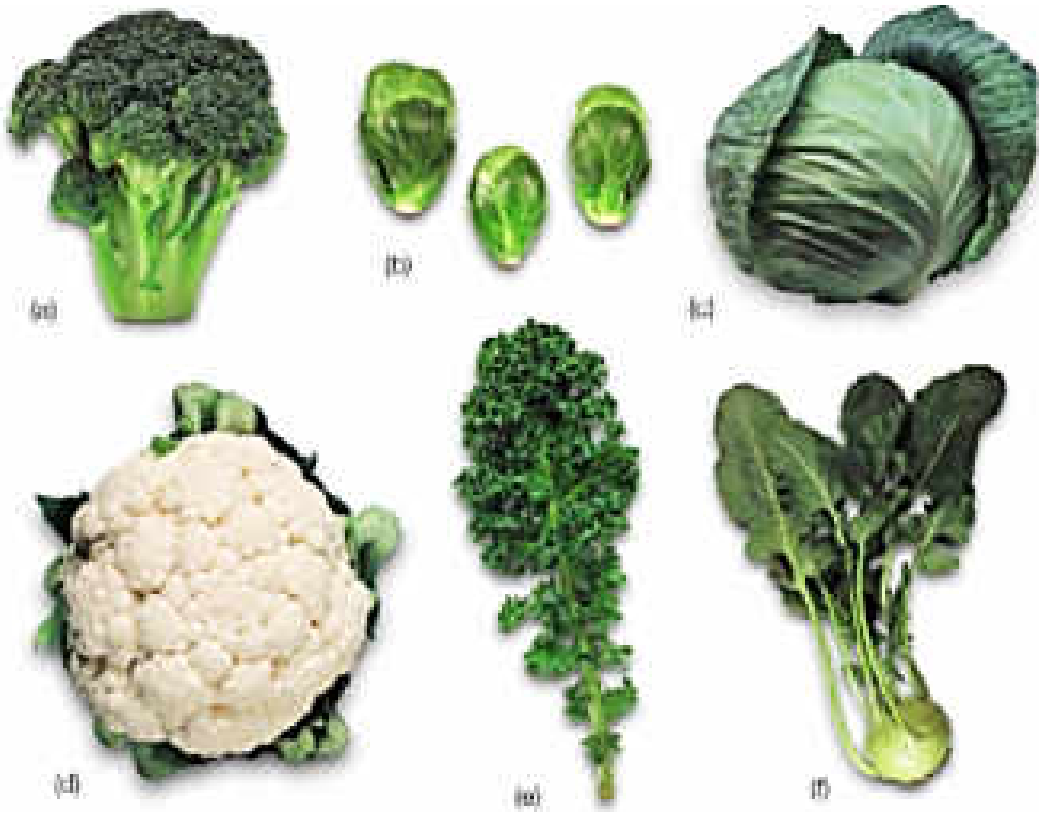


homologias

homoplasias

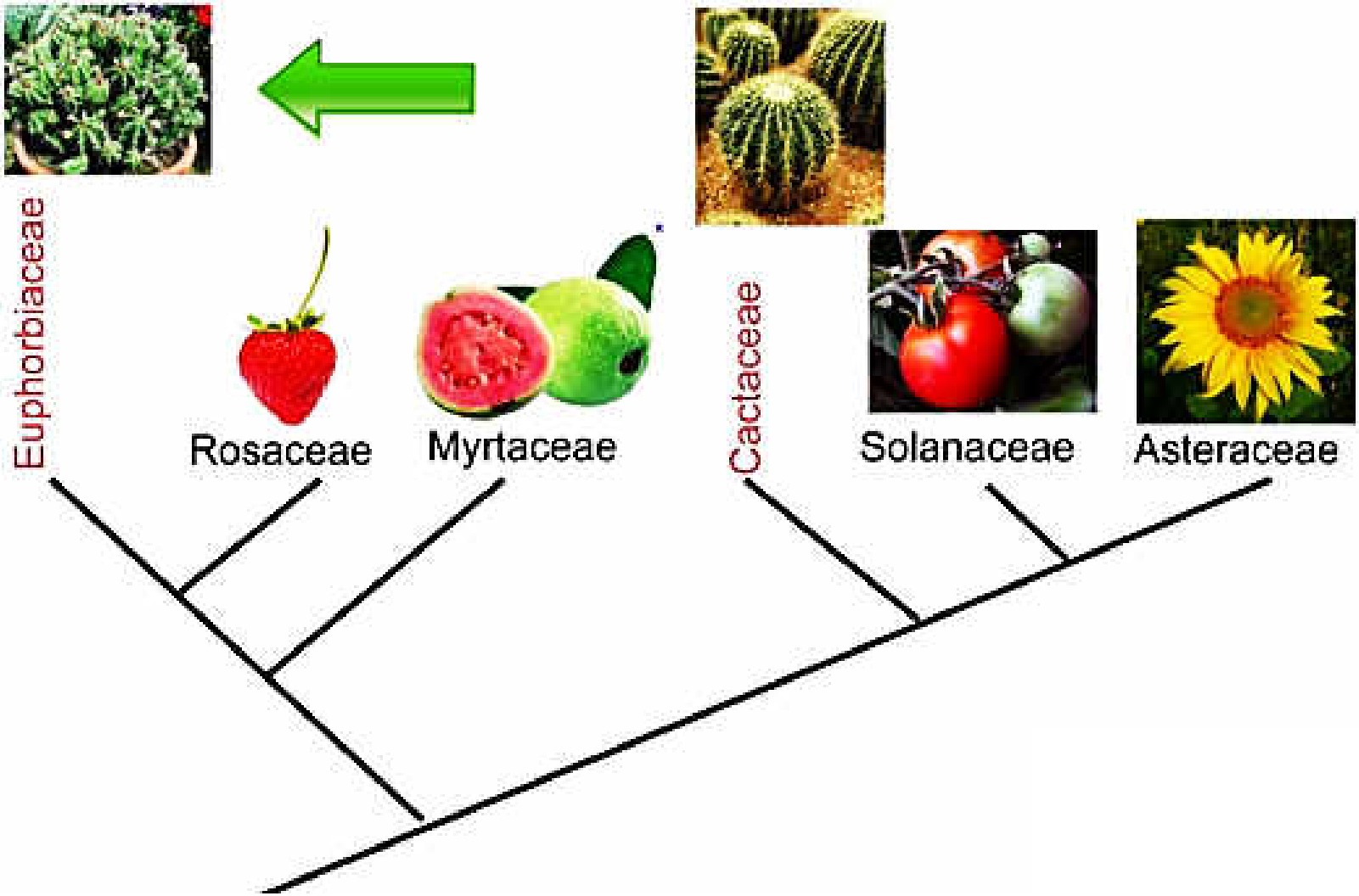
Dois taxa podem ser muito similares morfologicamente, mas distantes filogeneticamente...

... ou, o contrário,
podem ser
pouco similares
e proximamente
relacionados



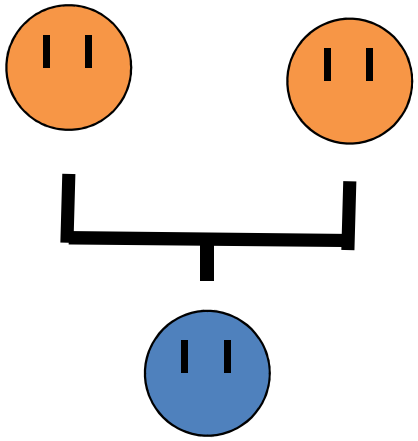
Homólogos?

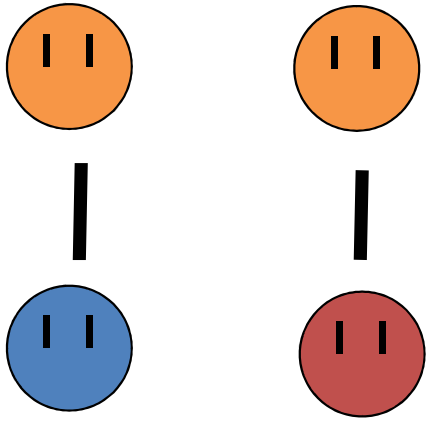
espinhos

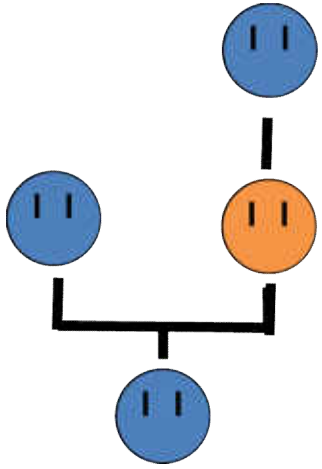

Euphorbiaceae
Rosaceae
Myrtaceae
Cactaceae
Solanaceae
Asteraceae

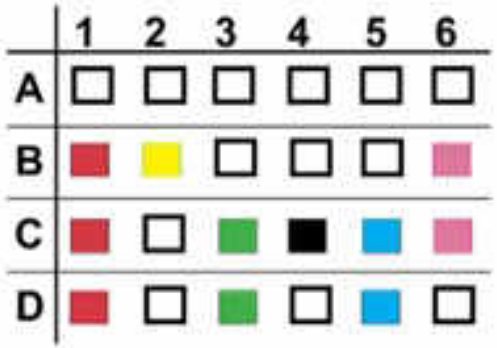
HOMOPLASIAS

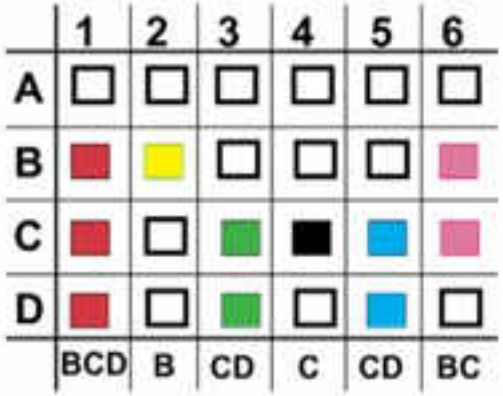
Paralelismo:	Convergência:	Reversão:
estados derivados de um mesmo estado primitivos, mas com origens diferentes, que surgem múltiplas vezes	estados derivados de diferentes estados primitivos, com origens diferentes, que surgem múltiplas vezes	estados derivados retornam ao estado primitivos, é uma derivação secundária à condição primitiva , mas com origem diferente







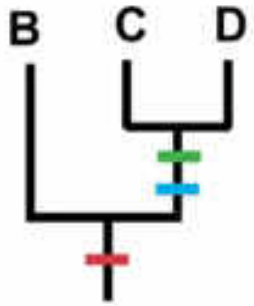

1 2 3 4 5 6
A
B
C
D

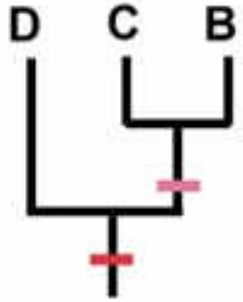

1 2 3 4 5 6
A
B
C
D
BCD B CD C CD BC


C D


C B

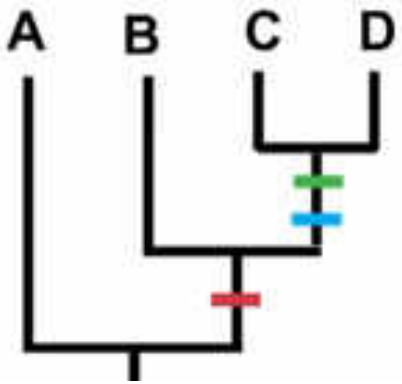
	1	2	3	4	5	6
A						
B						
C						
D						
	BCD	B	CD	C	CD	BC

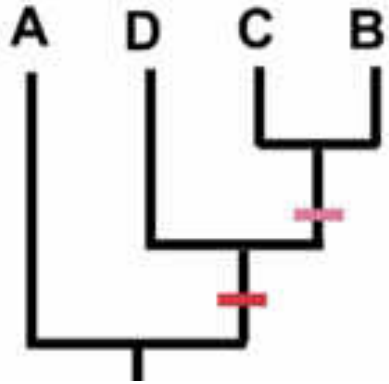




Enraizar no grupo externo “A”

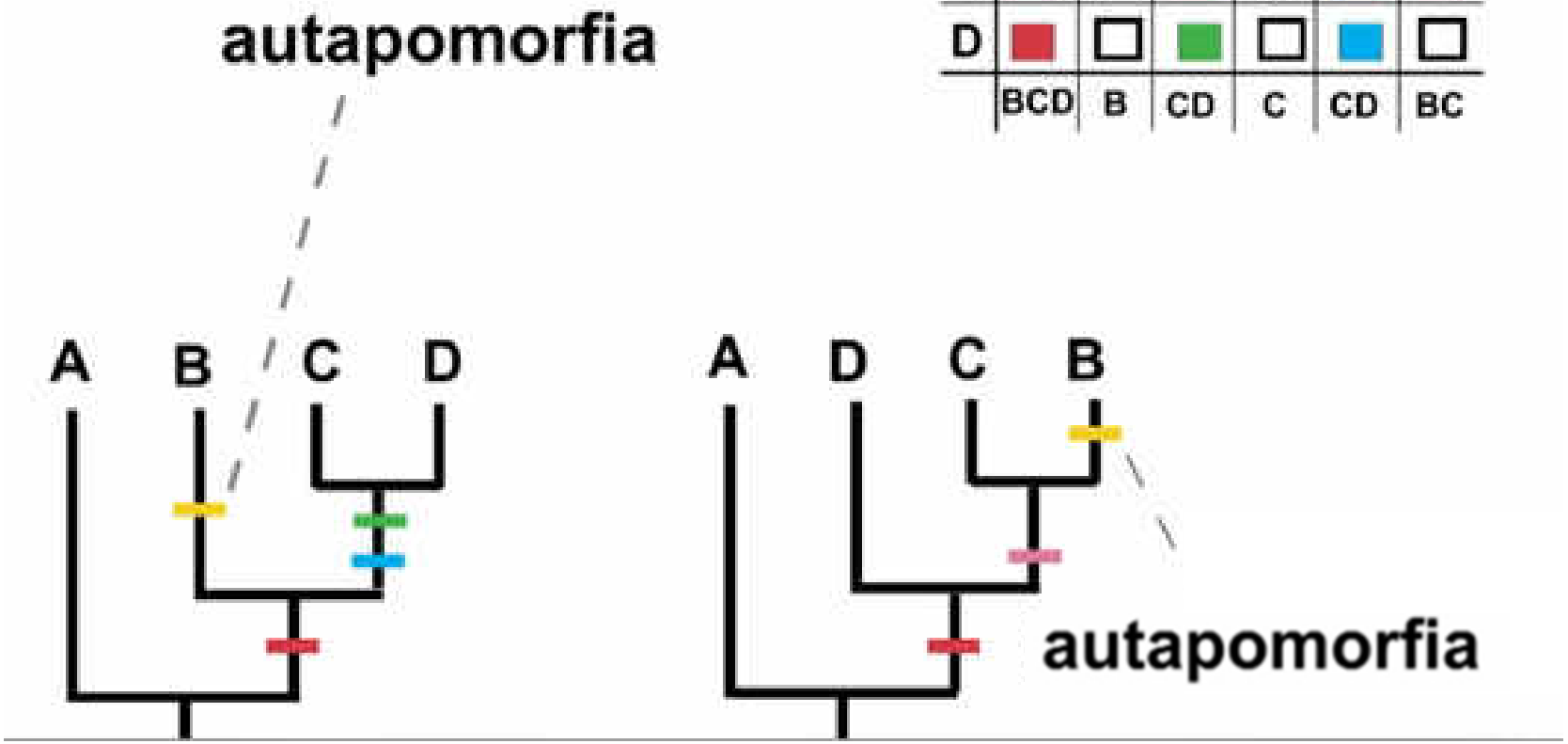
	1	2	3	4	5	6
A	□	□	□	□	□	□
B	■	■	□	□	□	■
C	■	□	■	■	■	■
D	■	□	■	□	■	□
	BCD	B	CD	C	CD	BC





Caráter 2

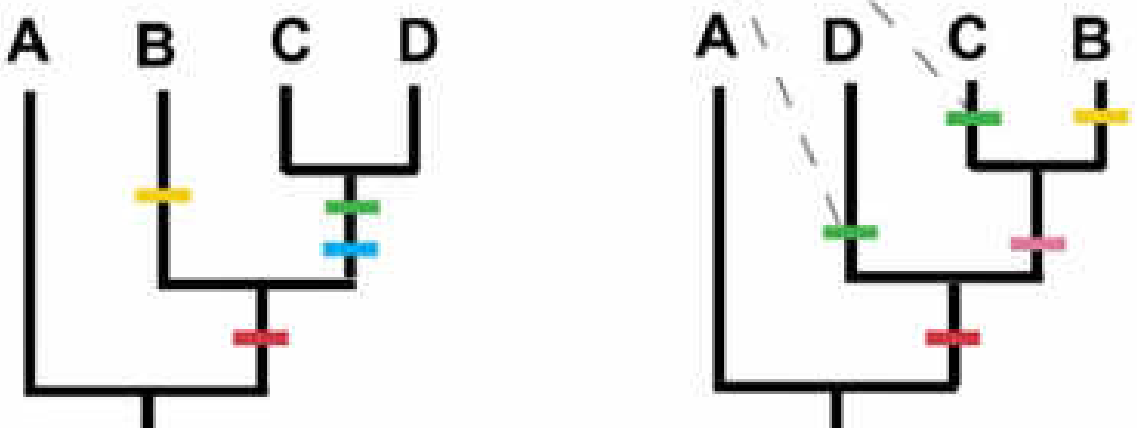
	1	2	3	4	5	6
A	□	□	□	□	□	□
B	■	■	□	□	□	■
C	■	□	■	■	■	■
D	■	□	■	□	■	□
	BCD	B	CD	C	CD	BC



Caráter 3

	1	2	3	4	5	6
A						
B						
C						
D						
	BCD	B	CD	C	CD	BC

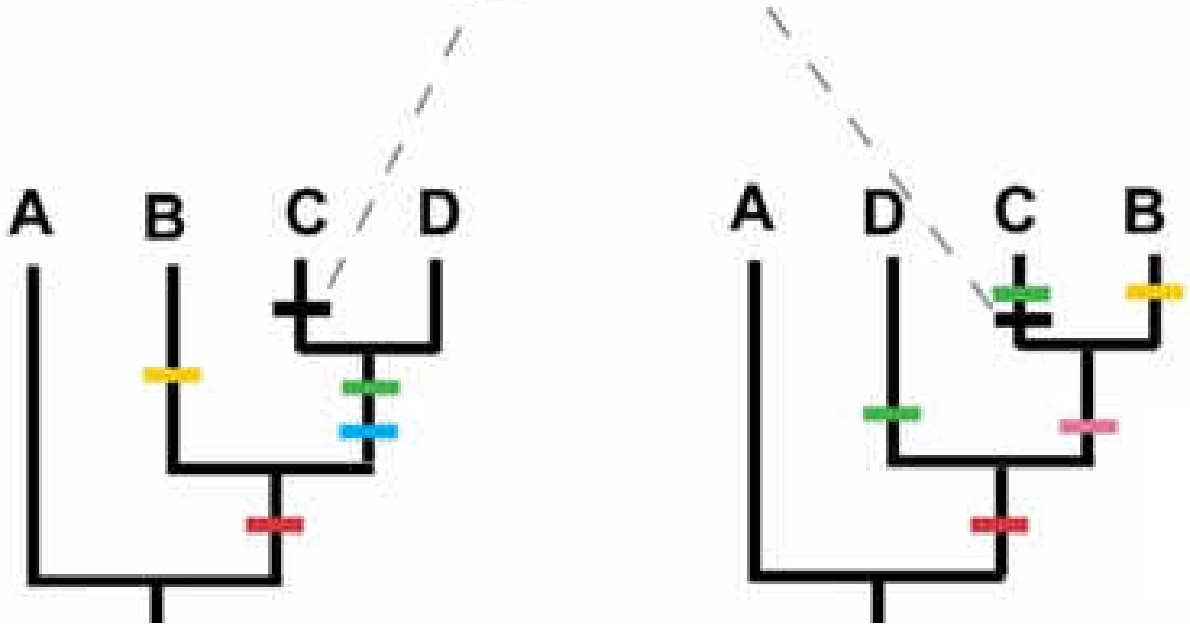
homoplasia



Caráter 4

	1	2	3	4	5	6
A						
B						
C						
D						
	BCD	B	CD	C	CD	BC

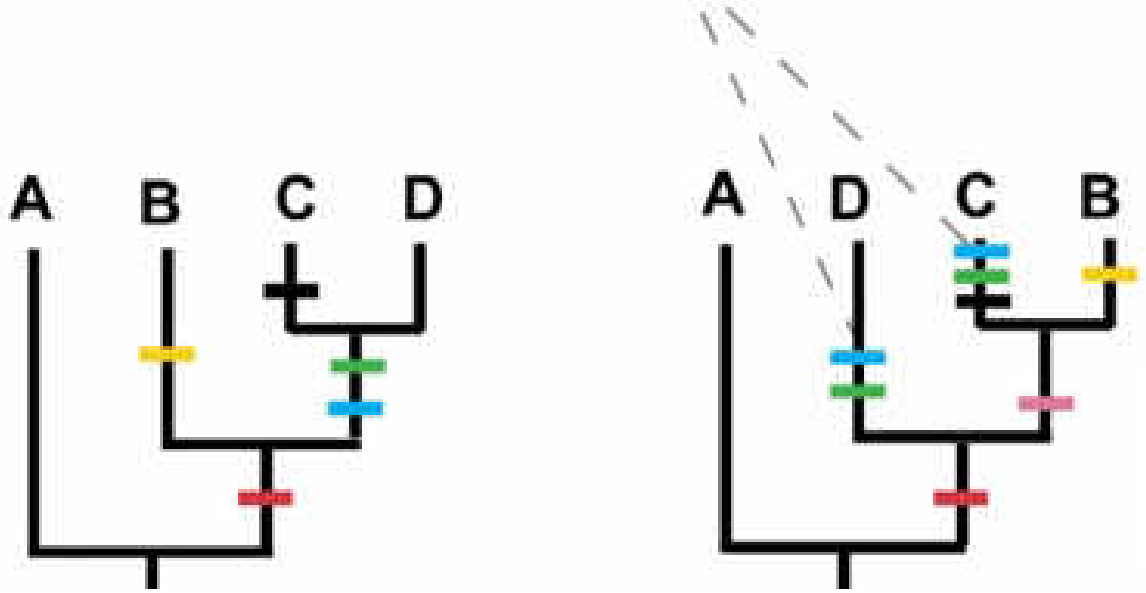
autapomorfia



Caráter 5

	1	2	3	4	5	6
A	□	□	□	□	□	□
B	■	■	□	□	□	■
C	■	□	■	■	■	■
D	■	□	■	□	■	□
	BCD	B	CD	C	CD	BC

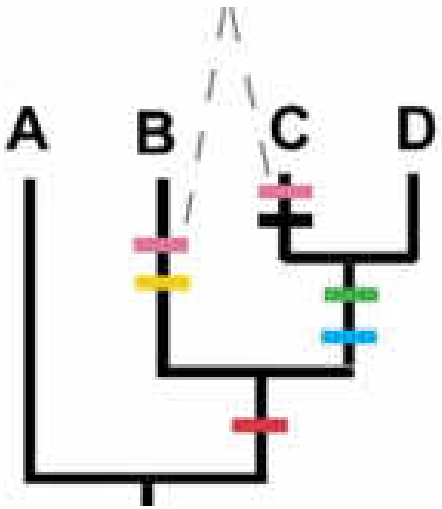
homoplasia

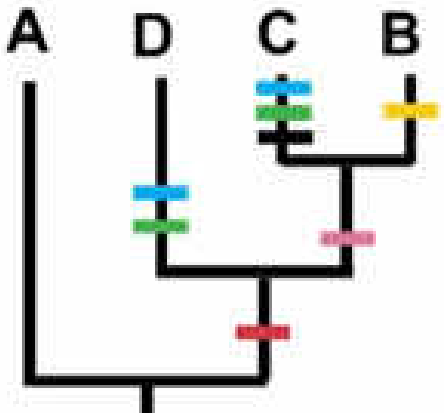


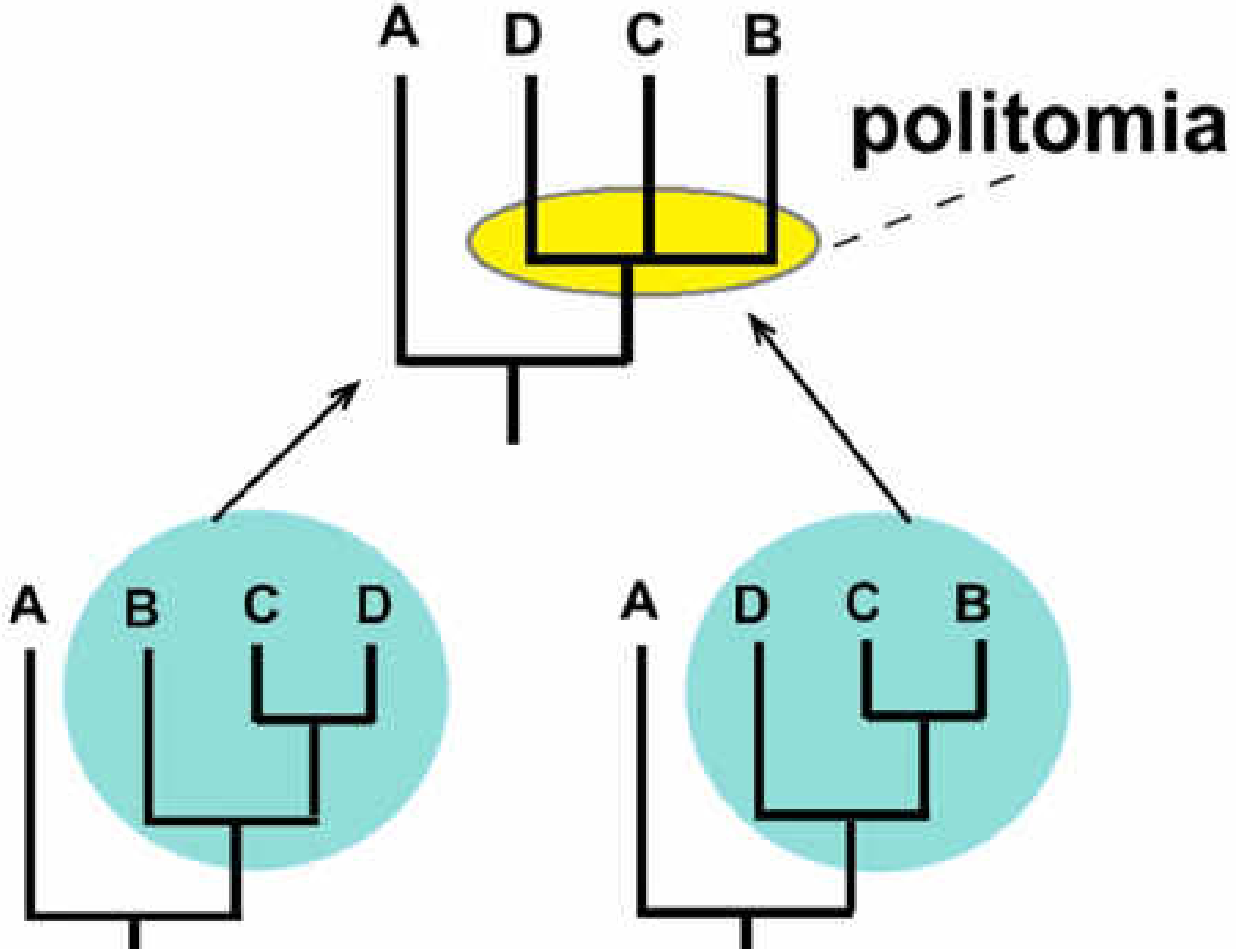
Caráter 6

	1	2	3	4	5	6
A	□	□	□	□	□	□
B	■	■	□	□	□	■
C	■	□	■	■	■	■
D	■	□	■	□	■	□
	BCD	B	CD	C	CD	BC

homoplasia



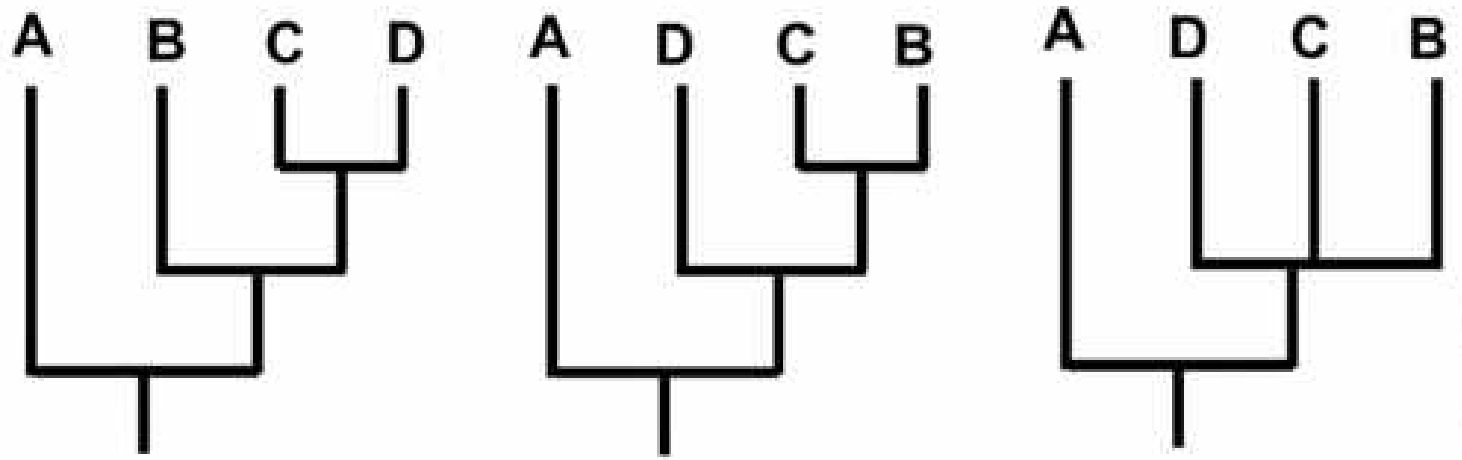



A D C B
politomia
A B C D
A D C B

Existe apenas uma história evolutiva...

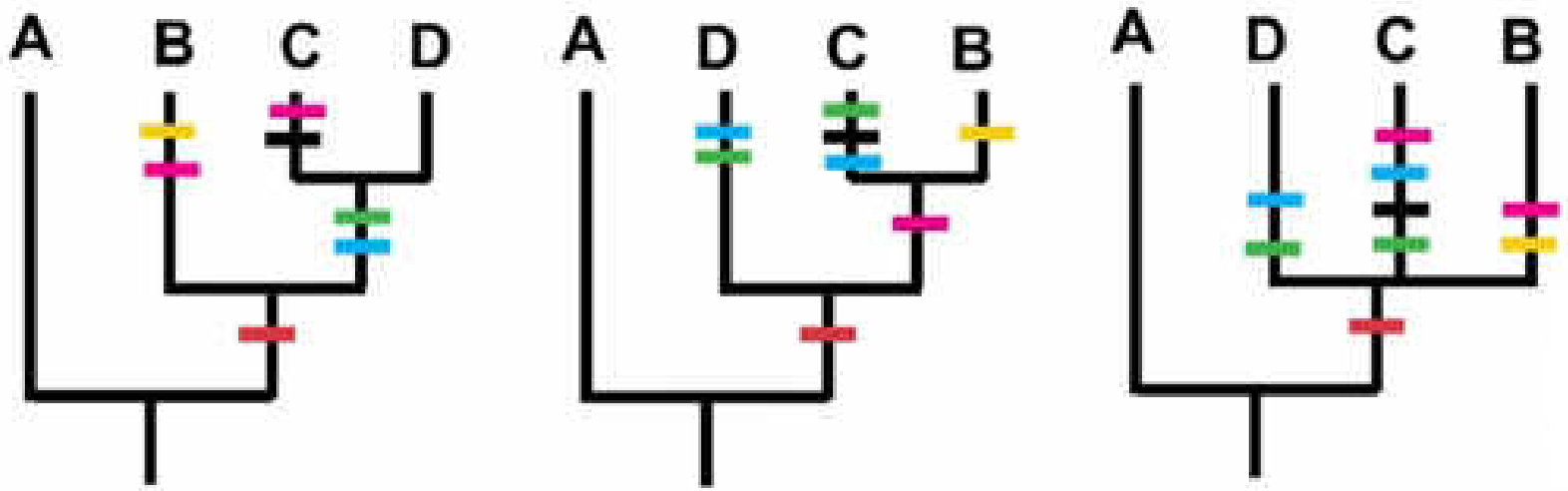
Qual escolher?

	1	2	3	4	5	6
A	□	□	□	□	□	□
B	■	■	□	□	□	■
C	■	□	■	■	■	■
D	■	□	■	□	■	□
	BCD	B	CD	C	CD	BC



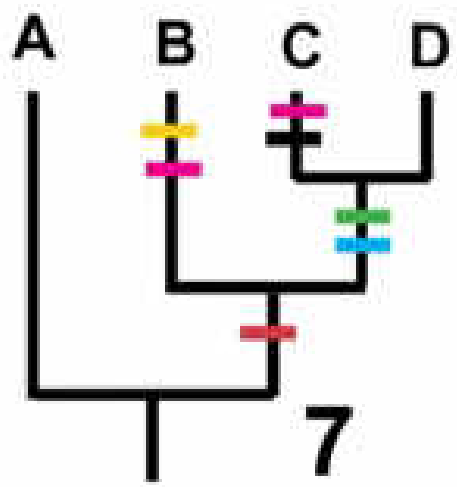
Verificar as distribuição dos caracteres nos cladogramas

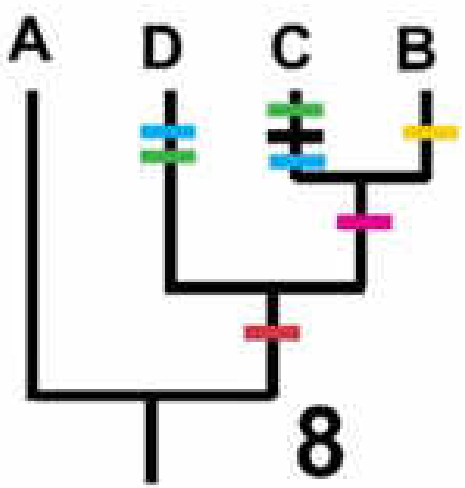
	1	2	3	4	5	6
A						
B						
C						
D						
	BCD	B	CD	C	CD	BC

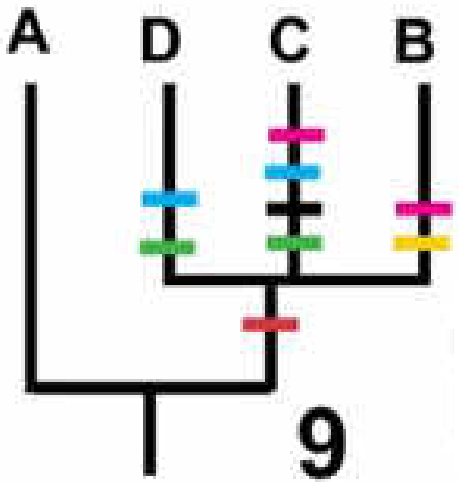


número de passos ou
comprimento do cladograma

	1	2	3	4	5	6
A	□	□	□	□	□	□
B	■	■	□	□	□	■
C	■	□	■	■	■	■
D	■	□	■	□	■	□
	BCD	B	CD	C	CD	BC

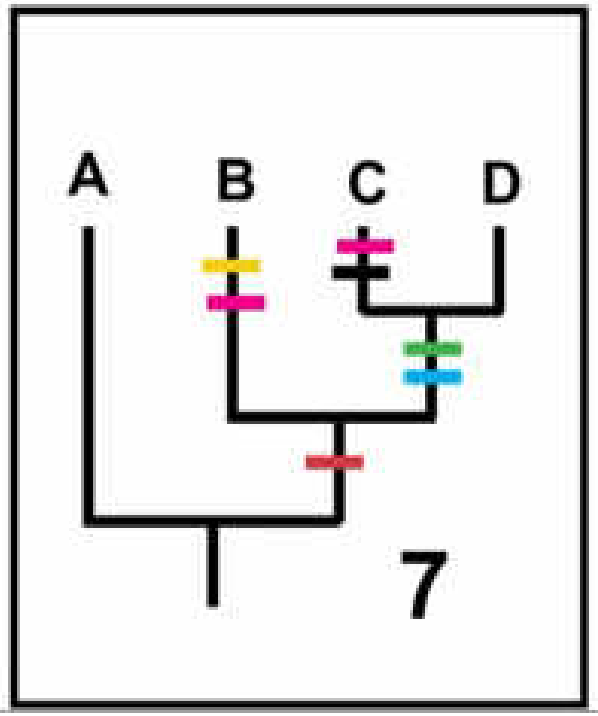


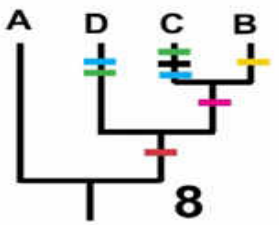


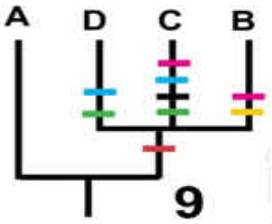


Princípio da Parcimônia

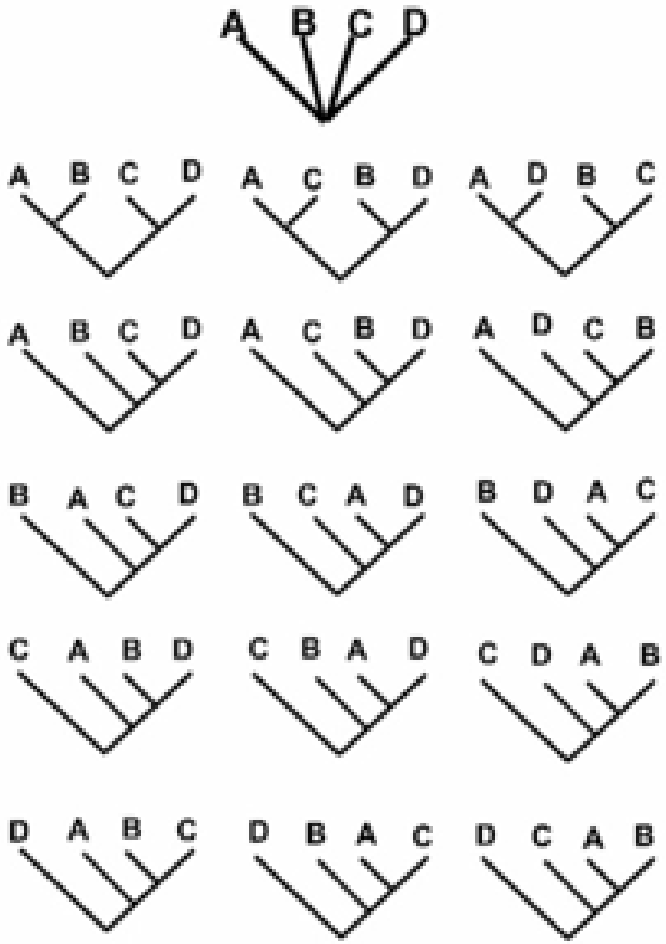
Hipótese mais parcimoniosa





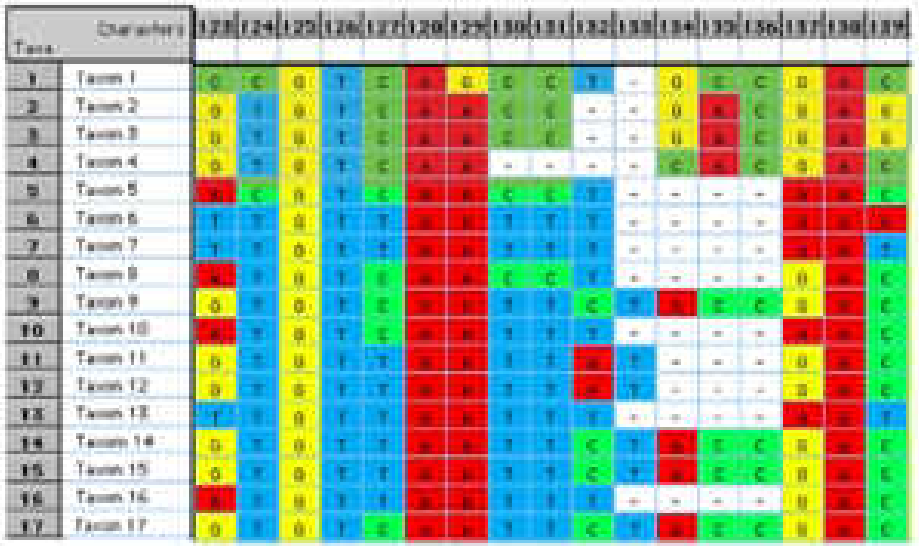


O número de cladogramas possíveis aumenta rapidamente à medida que aumenta o número de táxons terminais.



Nº de táxons	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
12	13.749.310.575
14	1.905.853.580.625
15	213.458.046.676.875
20	8.200.794.532.637.891.559.

Além disso, o número de caracteres pode ser também muito alto. P.ex.: uma região de DNA pode ter ca. 1200 pares de bases (= 1200 caracteres)



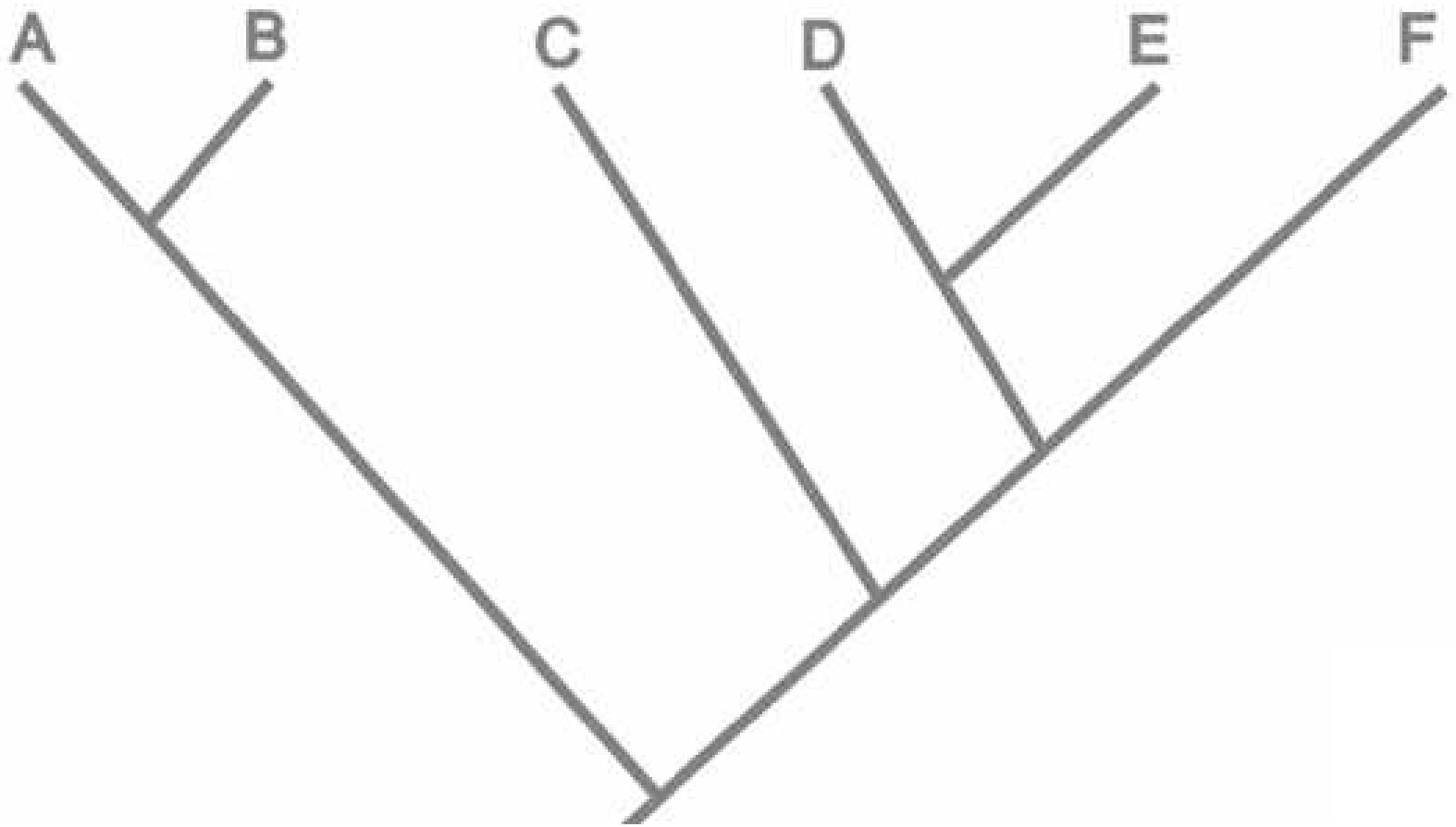
Para calcular as árvores possíveis e escolher a(s) mais parcimoniosa(s) são necessários algorítimos matemáticos computadores!

Sistemática Filogenética:
Cladística

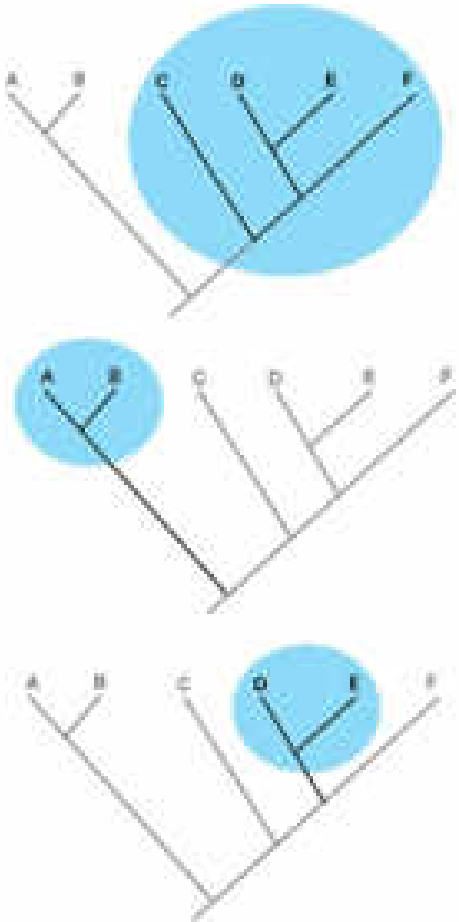
Como usar uma árvore filogenética para produzir uma classificação

Grupo monofilético é aquele formado por um ancestral e todos os seus descendentes, ou seja, possui um ancestral comum exclusivo.

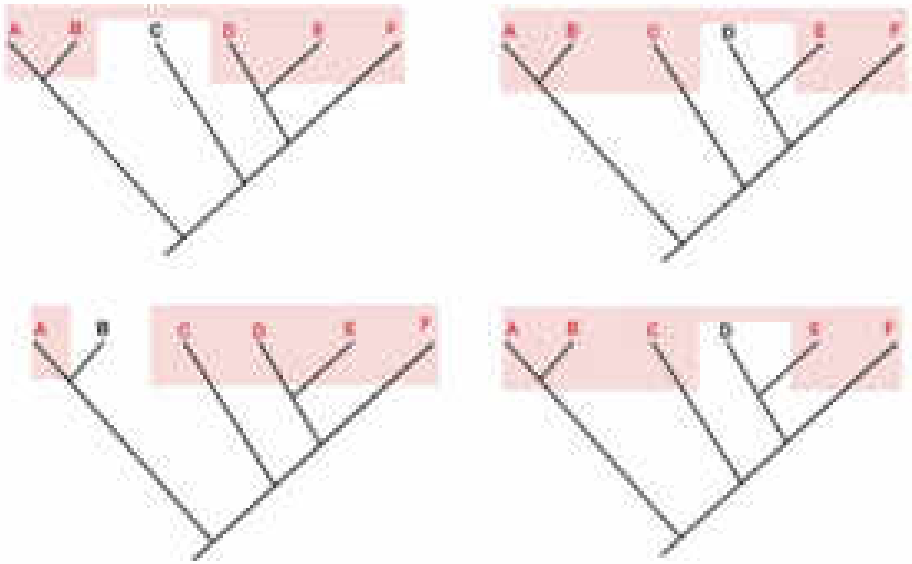
Grupos monofiléticos



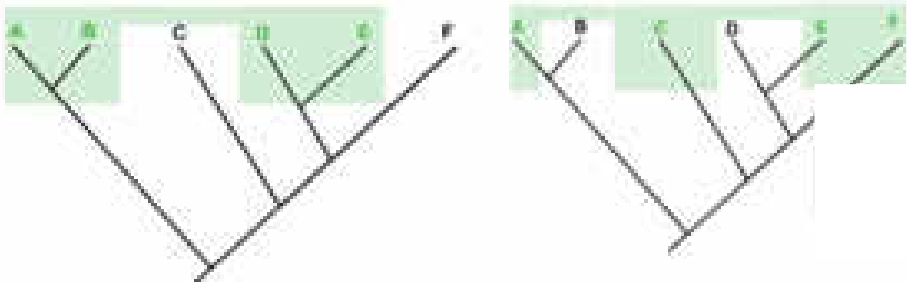
grupos monofiléticos

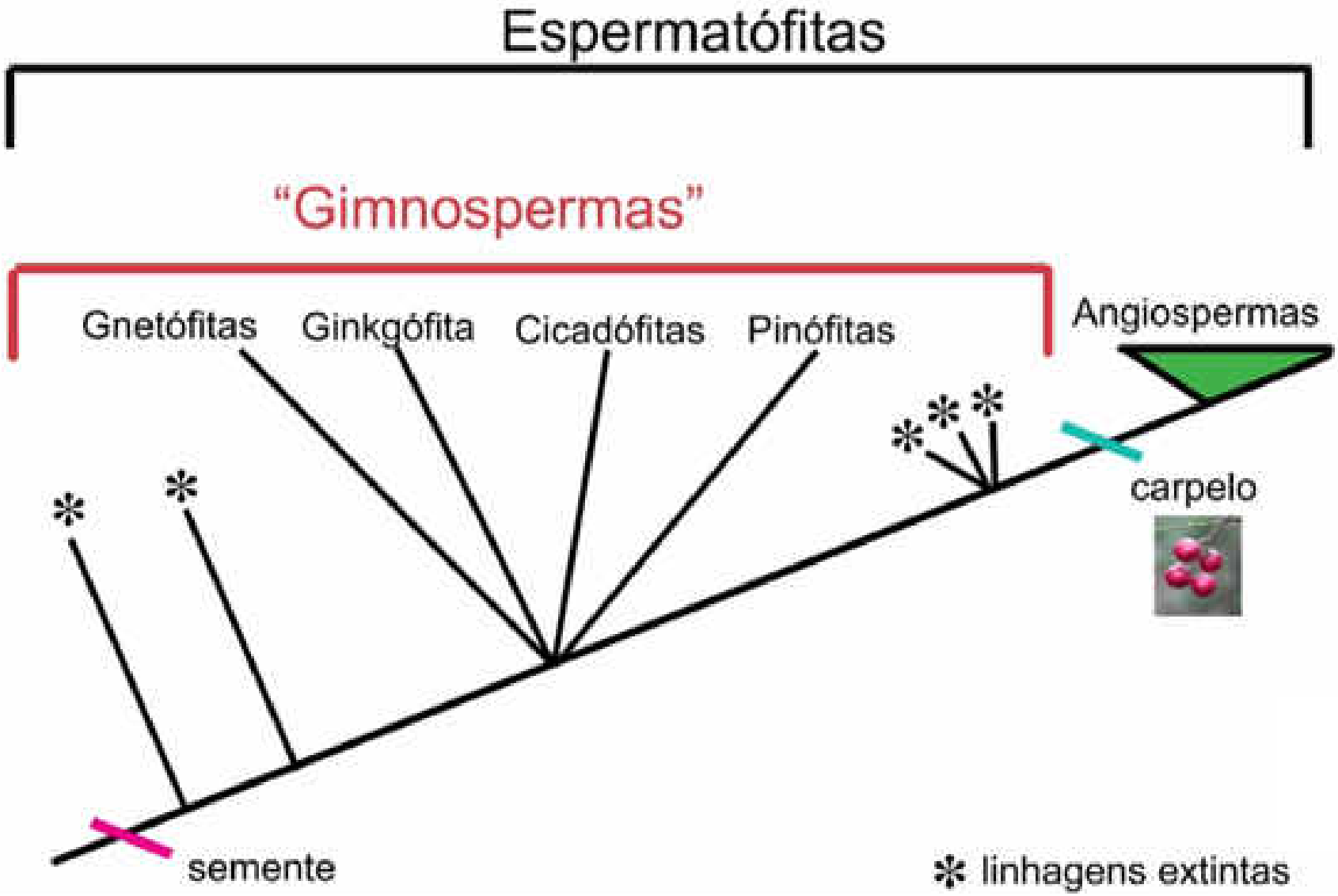


grupos parafiléticos



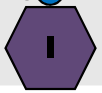
grupos polifiléticos




Espermatófitas
"Gimnospermas"
Gnetófitas
Ginkgófita
Cicadófitas
Pinófitas
Angiospermas
carpelo
semente
✻ linhagens extintas

passo 3

Construir a matriz de caracteres

Taxon	Olhos	Boca	mandíbula	Cor	Apêndice	apêndice caudal	apêndice radial	ornamento
	1	1	0	0	0	0	0	0
	1	1	1	0	0	0	0	0
	1	1	1	0	0	0	0	0
	1	0	0	1	0	0	0	0
	1	0	0	1	1	1	0	0
	1	0	0	1	1	1	0	0
	1	0	0	1	1	0	1	1
	1	0	0	1	1	0	1	1
	1	0	0	1	1	0	1	0
	0	0	0	0	0	0	0	0