

# Desenvolvimento epistemológico da Sistemática

Aristóteles – 384-322 A.C.



Darwin  
1809-1882



1859

Período essencialista

Mundo dinâmico

Resistência e Nova Síntese

Sistemática Evolutiva

1936 - 1947

1960's

Fenética

1970's

Cladística

1990's

Probabilisno

Carolus Linnaeus  
1707-1778



Buffon  
1707-1788



Lamarck  
1744 -1829



St-Hilair  
1772 -1844



Cuvier  
1769 -1832



Ernest Mayr  
1904 - 2005



Paul Erlich



G.G. Simpson  
1902 - 1984



James Rohlf

R. Sokal  
1926 -

Willi Hennig  
1913 - 1976



Joe Felsenstein



Theodosius Dobzhansky  
1900 -1975



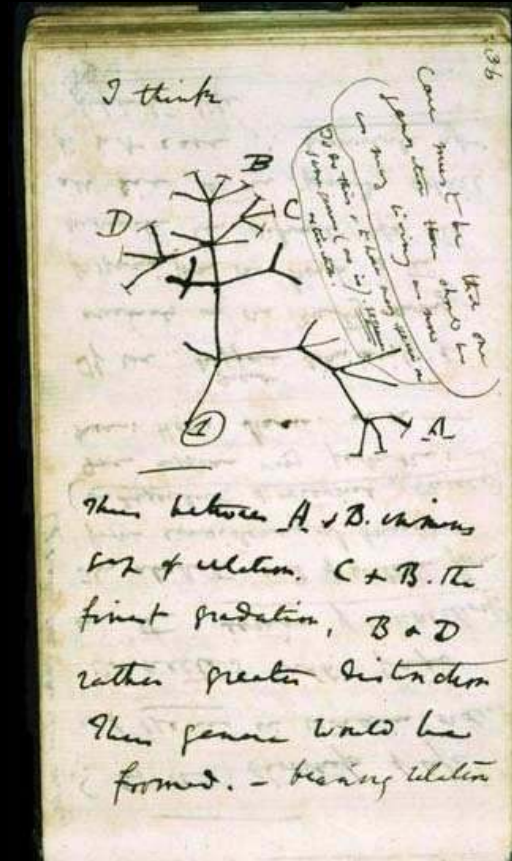
Steve Farris



David Hillis



# Charles Darwin – 1809-1882

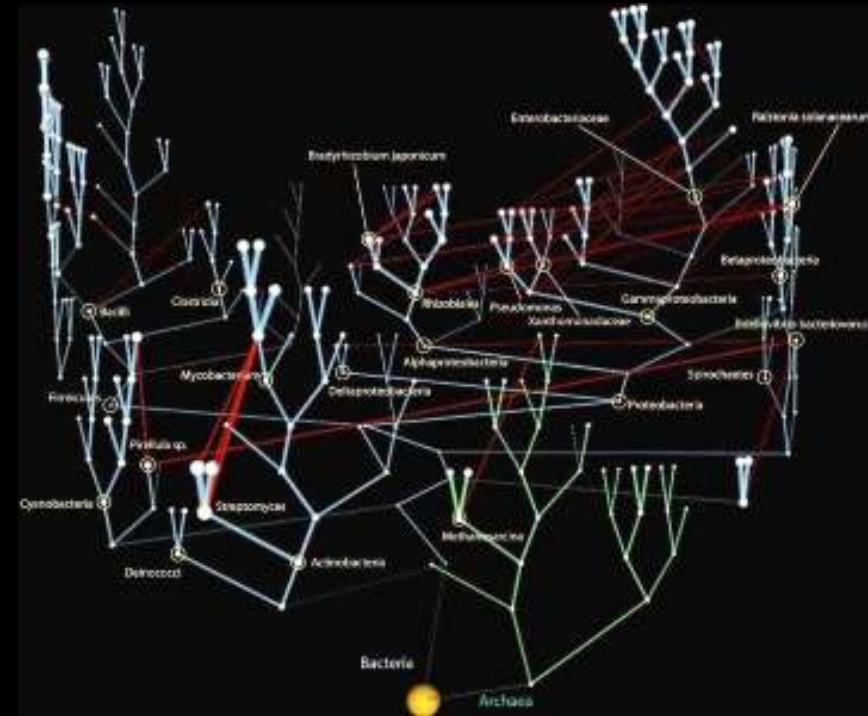
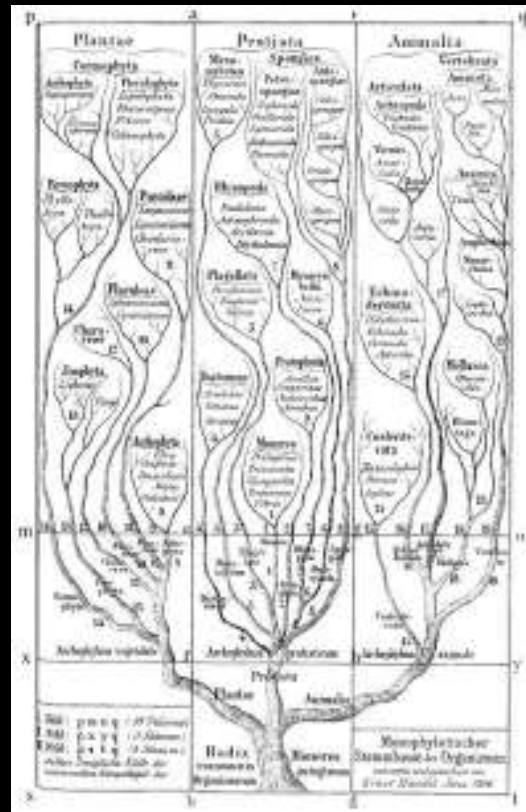


Fortalecimento da teoria evolutiva

Mecanismo da seleção natural

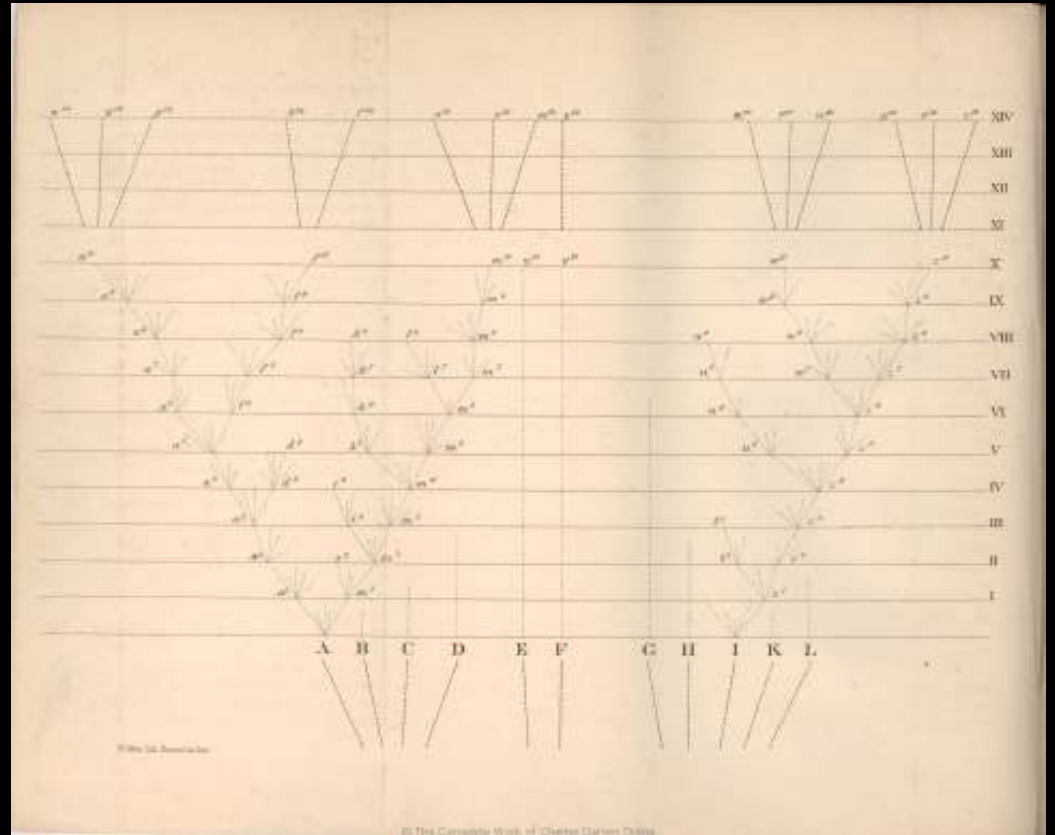
# Darwin: implicações no pensamento biológico

Adequação de representações gráficas para relações entre organismos





# Charles Darwin – 1809-1882

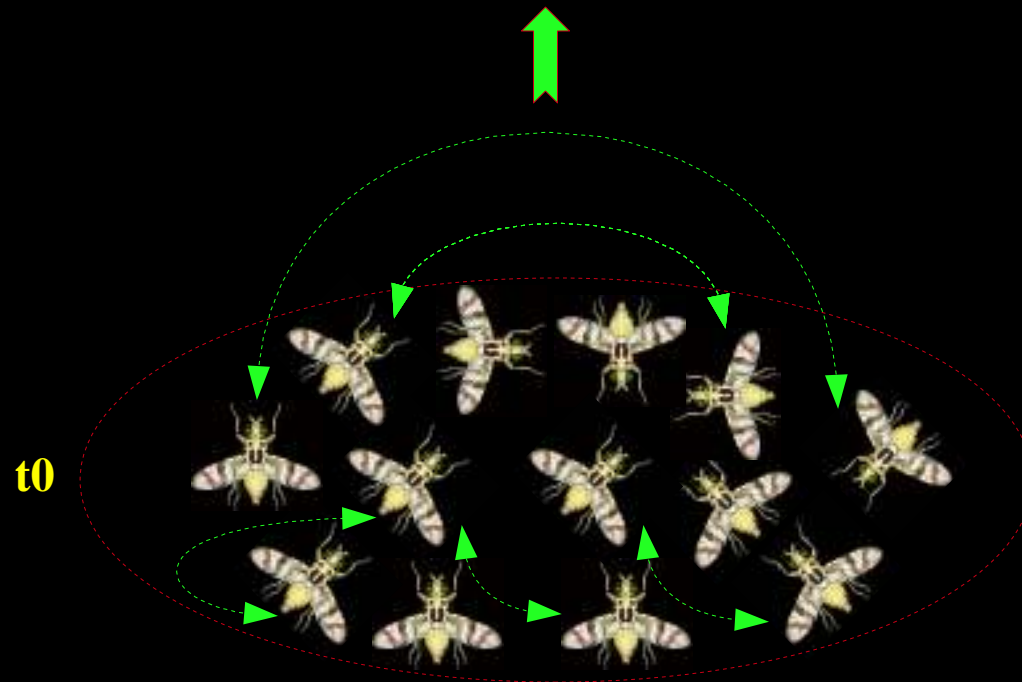


Descendência com modificação: o que isso quer dizer?

# Linhagens históricas:

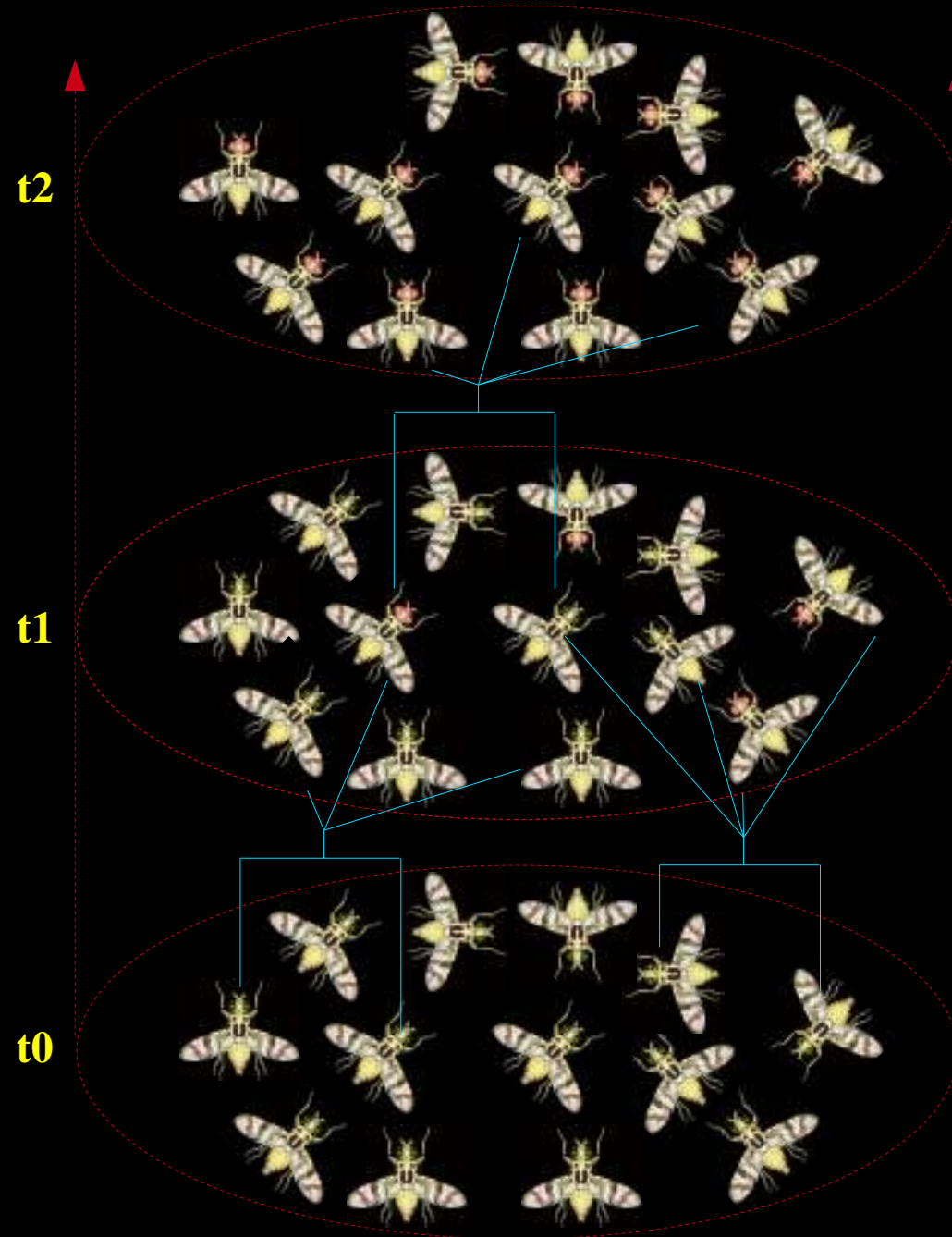
Coesão horizontal →  
fluxo gênico intra-populacional

Todos os membros podem  
potencialmente gerar descendentes

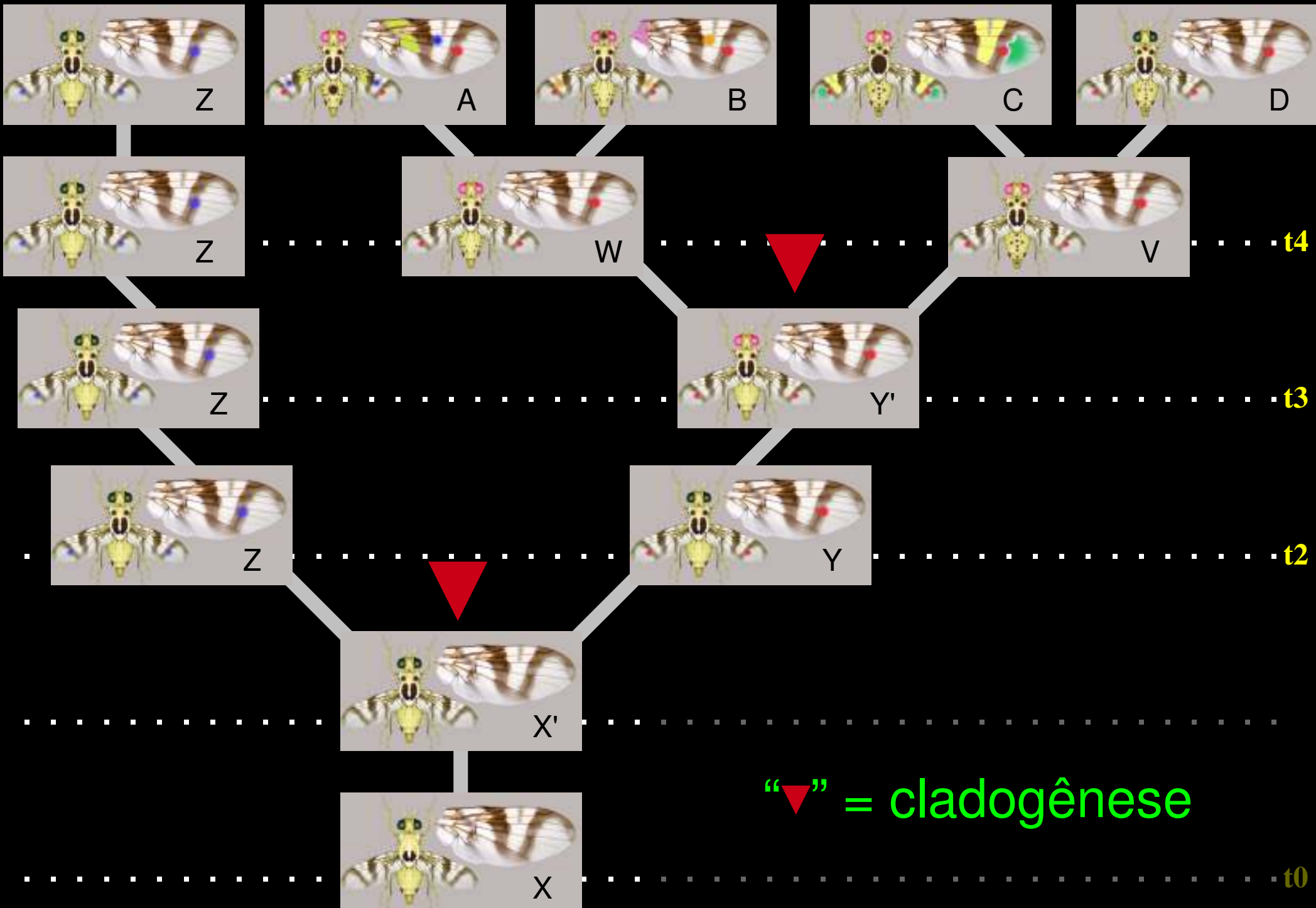


circunscrição no  
espaço e no tempo

# Linhagens históricas: coesão horizontal e vertical



Termos que devem ser entendidos:



“▼” = cladogênese

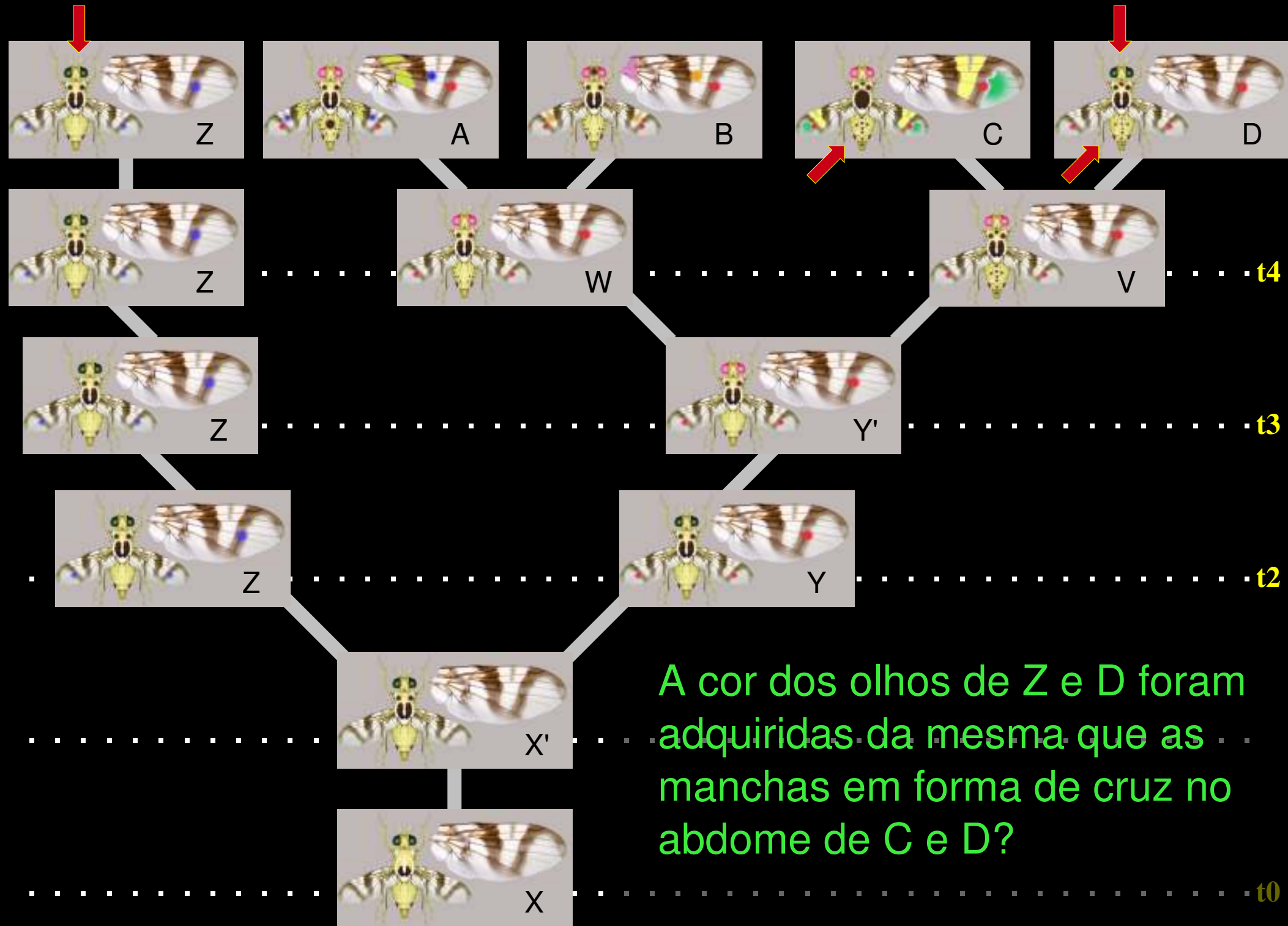
Termos que devem ser entendidos:



O que ocorre em X durante t0-t1 ou em Y durante t2-t3 é conhecido como anagênese.

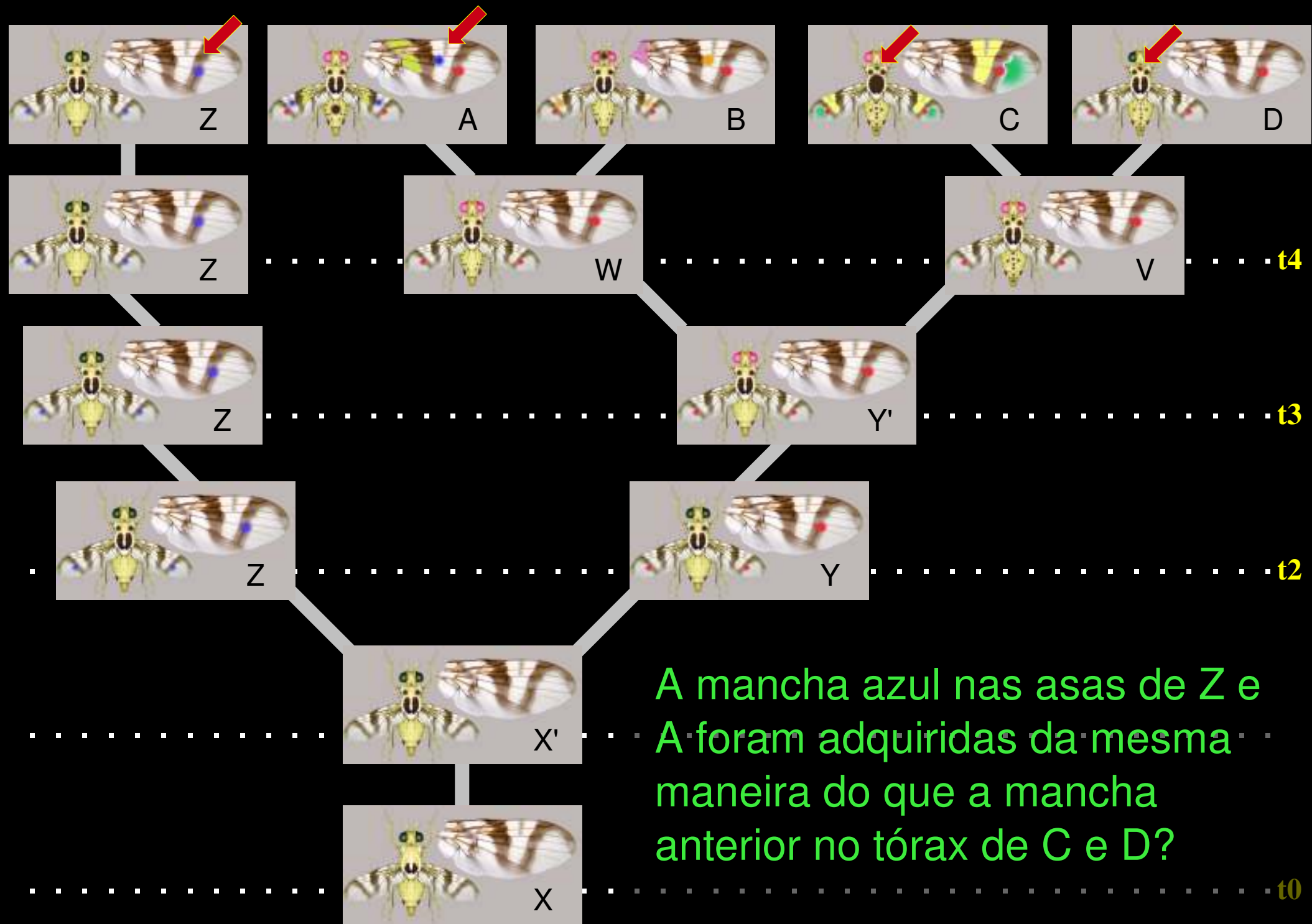


# Qual é a origem das semelhanças e diferenças entre as linhagens?

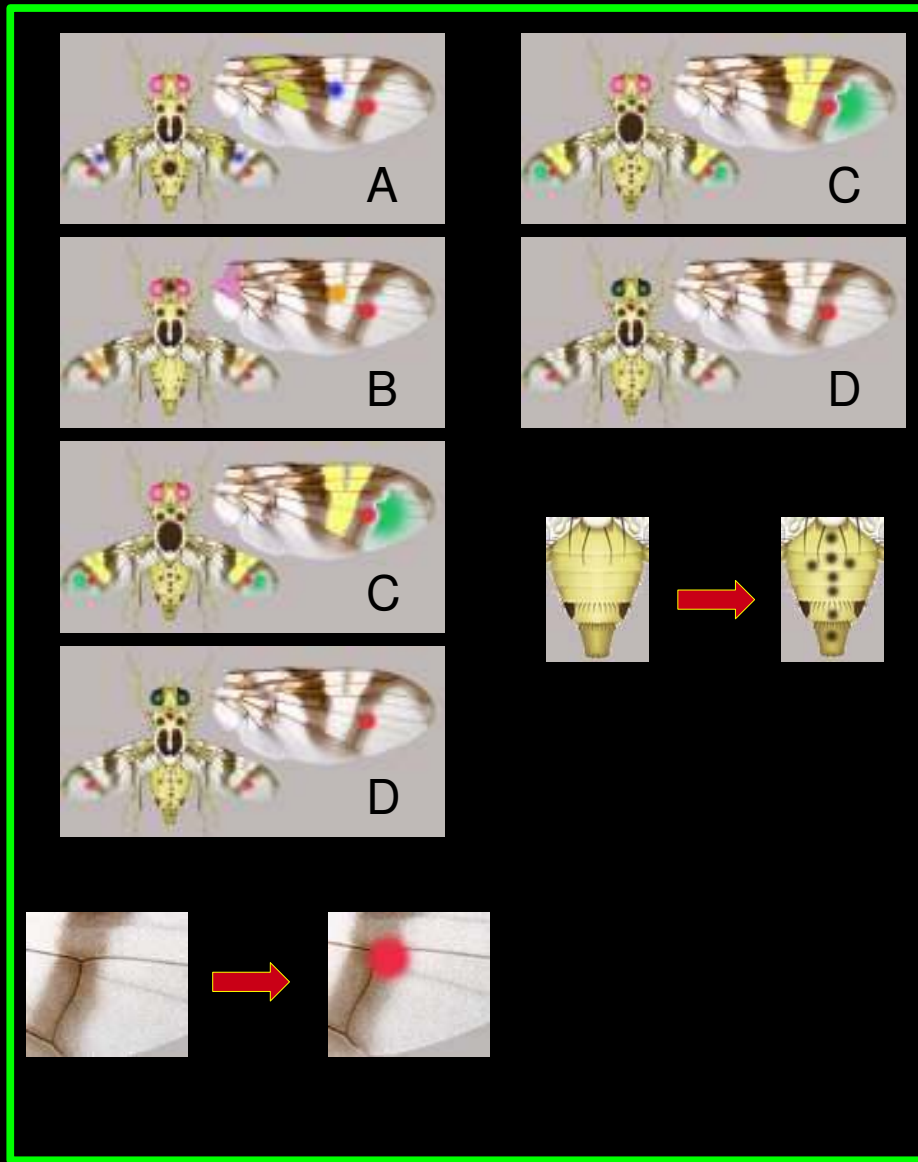


A cor dos olhos de Z e D foram adquiridas da mesma que as manchas em forma de cruz no abdome de C e D?

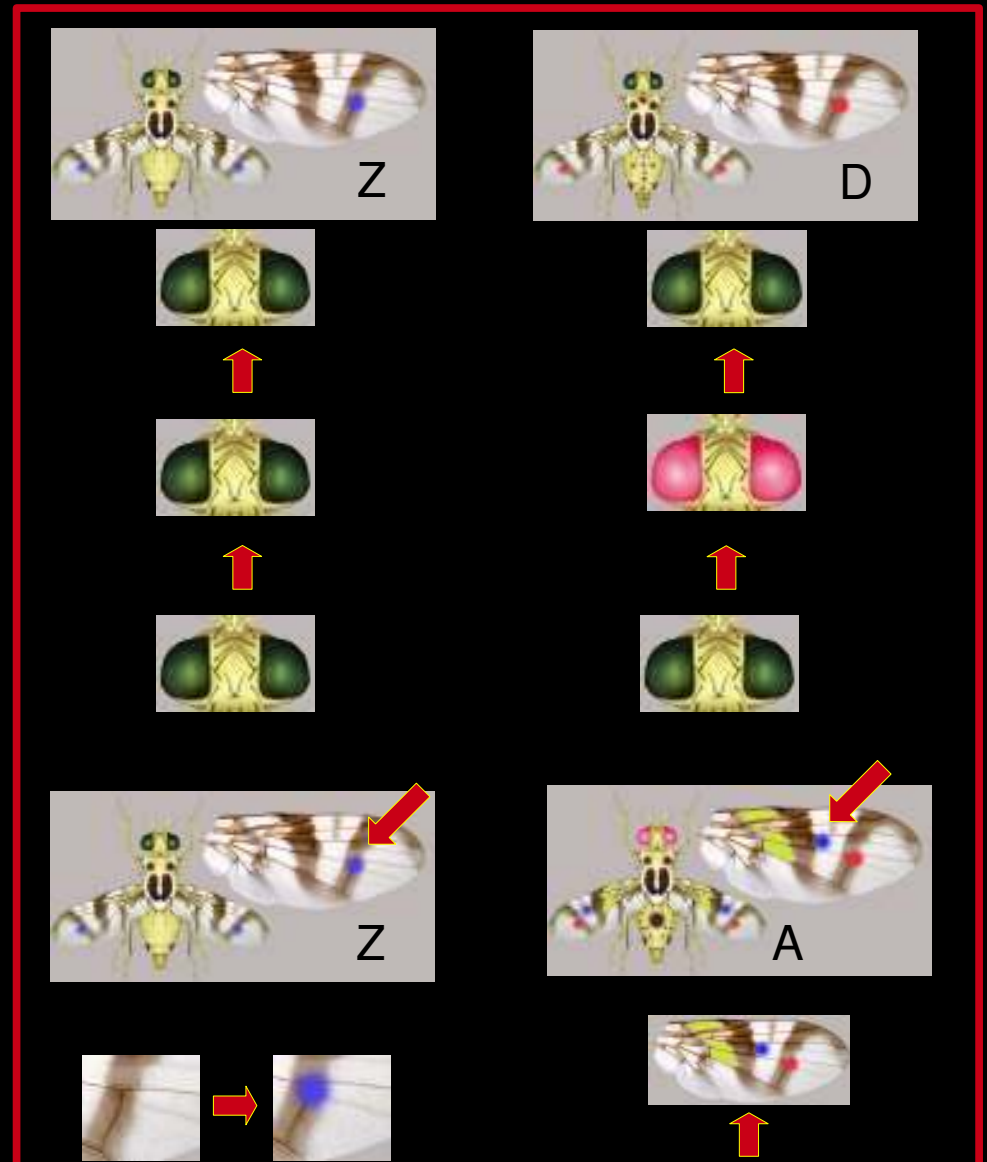
# Qual é a origem das semelhanças e diferenças entre as linhagens?



# Alguns conceitos (preliminares) sobre estas observações:



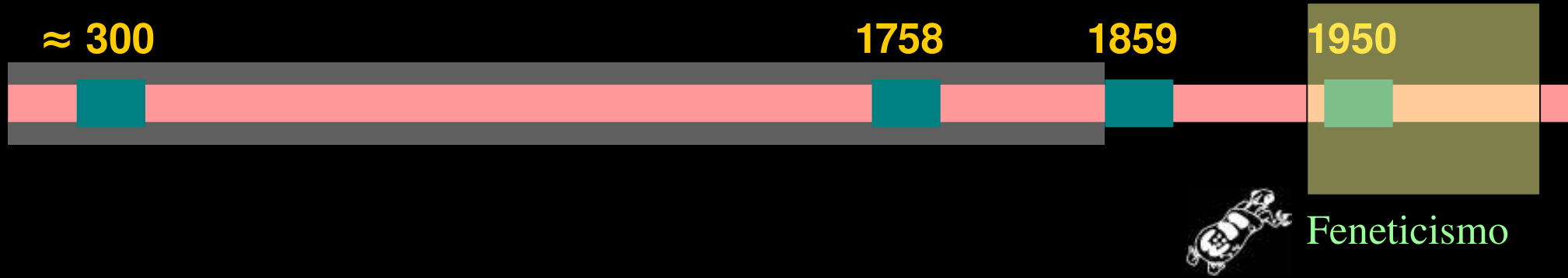
**Características  
HOMÓLOGAS**



**NÃO  
HOMÓLOGAS**

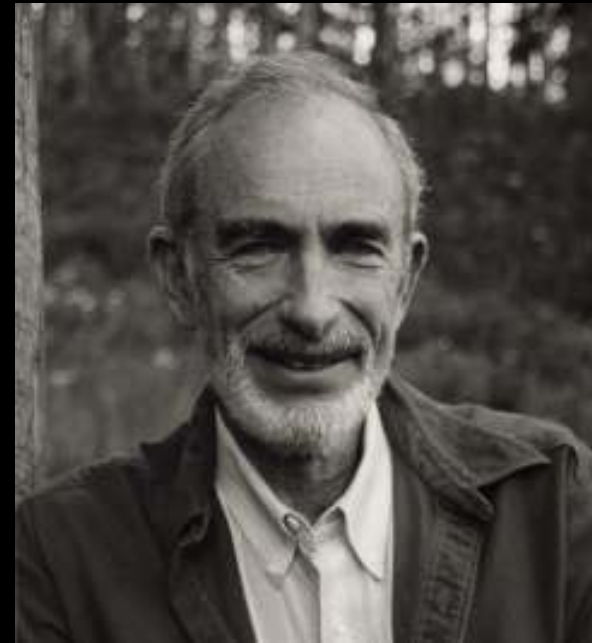
# O nascimento da Fenética:

Snow Museum of Natural History, Lawrence, Kansas – Década de 50.



James Rohlf

Rober Sokal

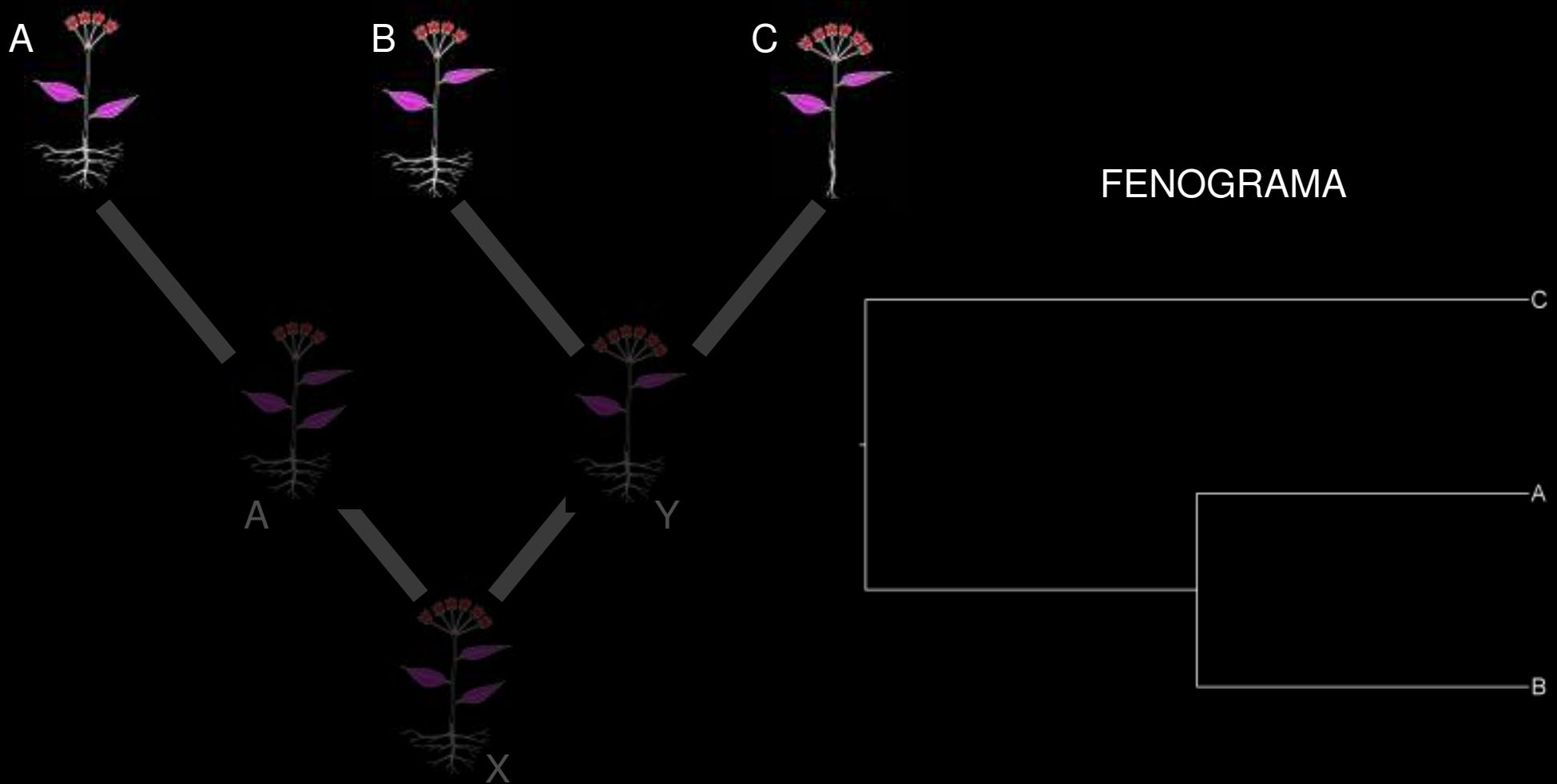


Paul Ehrlich



# Princípios da Fenética: similaridade e parentesco

Estimativas da “verdadeira” afinidade no sentido filogenético são “logicamente e historicamente posteriores às estimativas de similaridade global” (Cain & Harrison, 1958:86, 96). Conseqüentemente, similaridade global deve ser atribuída primeiro, antes de qualquer tentativa de inferir relações de ancestral/descendente.



# Lógica da inferência filogenética:

*“Operationally, systematics proceeds by gathering data (observations) from organisms and coding them into evidence to test competing phylogenetic scenarios”*

(Wheeler et al., 2006:7)



# Lógica da inferência filogenética:



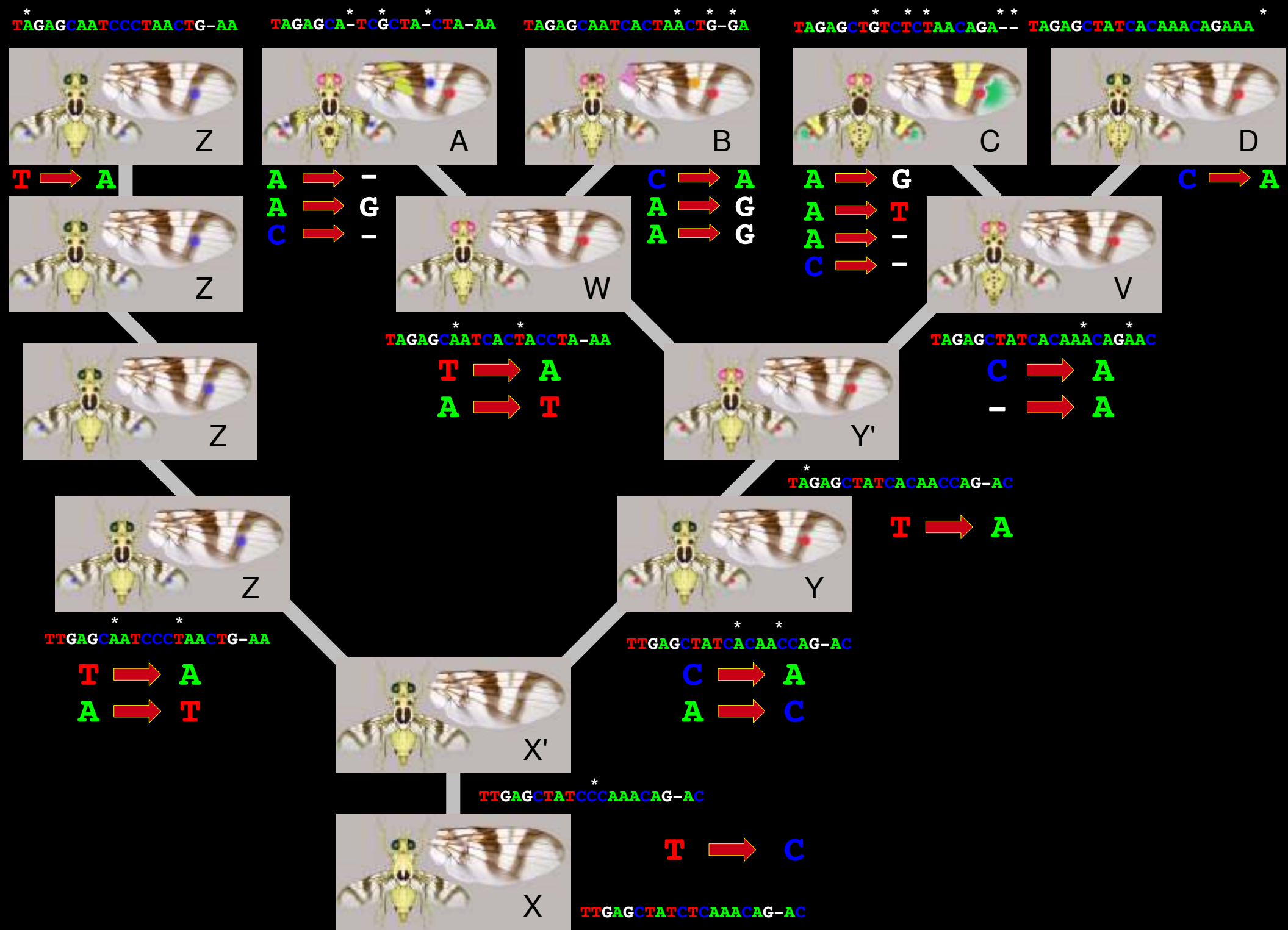
Obtenção de dados  
[observação]



*“Em princípio, qualquer observação de atributos de organismos possuem o potencial de fornecer evidências de relação de parentesco. No entanto, as evidências mais objetivas são derivadas daqueles atributos que são hereditários e intrínsecos dos organismos porque eles refletem a continuidade biológica entre ancestral e descendente (Hennig, 1966)”*

(Wheeler et al., 2006:7)

(critério de otimização)





# Lógica da inferência filogenética:

Codificação em evidências

Z TAGAGCAATCCCTAACTG-AA  
A TAGAGCA-TCGCTA-CTA-AA  
B TAGAGCAATCACTAACTG-GA  
C TAGAGCTGTCTCTAACAGA--  
D TAGAGCTATCACAAACAGAAA

Fenética:

EVIDÊNCIAS: similaridade global

Z TAGAGCAATCCCTAACTG-AA  
\* \* \* \*\*  
A TAGAGCA-TCGCTA-CTA-AA

CODIFICAÇÃO: matriz de distância

	[Z]	[A]	[B]	[C]	[D]
Z	-				
A	0.10	-			
B	0.10	0.17	-		
C	0.23	0.27	0.22	-	
D	0.20	0.29	0.20	0.17	-

Consulte: Wheeler et al. (2006) na página da disciplina.

# Lógica da inferência filogenética:

## Quatro OTUS

sp.X	CTGGCTACGT
sp.A	TGGAGTAAGT
sp.B	CCTAGCAAGT
sp.C	CCTGATTGCA

Obtenção de dados  
[observação]



Soluções

possíveis

Codificação em evidências



Avaliação de evidências diante dos cenários possíveis  
(critério de otimização)

# Lógica da inferência filogenética: cenários possíveis

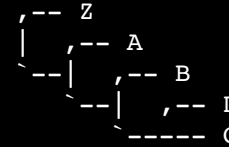
**Z** TAGAGCAATCCCTAACTG-AA  
**A** TAGAGCA-TCGCTA-CTA-AA  
**B** TAGAGCAATCACTAACTG-GA  
**C** TAGAGCTGTCTCTAACAGA--  
**D** TAGAGCTATCACAAACAGAAA

Número de Cenários =  $(2n-5)!/[2^{n-3} \cdot (n-3)!]$

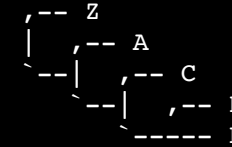
onde  $n$  é igual ao número de terminais (OTUs).

No. de OTUs	No. de Soluções
3	1
4	3
5	15
6	105
7	945
8	10.395
9	135.135
10	2.027.025

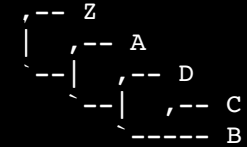
Tree 0:



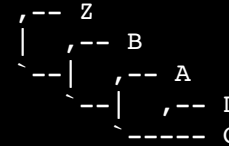
Tree 5:



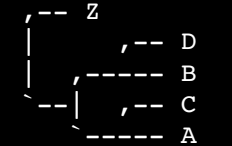
Tree 10:



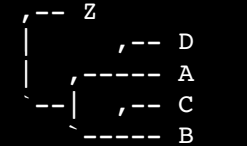
Tree 1:



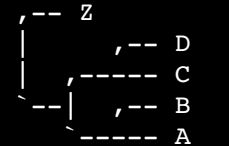
Tree 6:



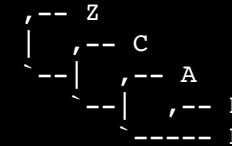
Tree 11:



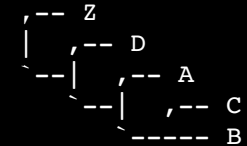
Tree 2:



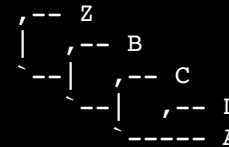
Tree 7:



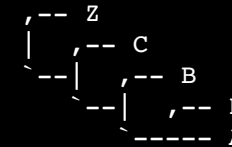
Tree 12:



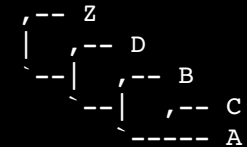
Tree 3:



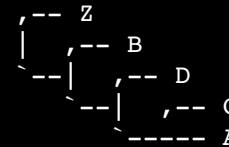
Tree 8:



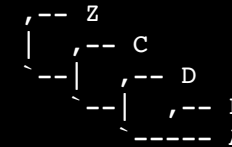
Tree 13:



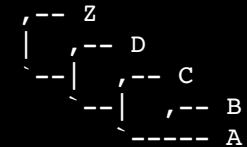
Tree 4:



Tree 9:



Tree 14:



# Lógica da inferência filogenética: Teste

sp.X CTGGCTACGT  
sp.A TGGAGTAAGT  
sp.B CCTAGCAAGT  
sp.C CCTGATTGCA

Obtenção de dados  
[observação]

SOLUÇÕES POSSÍVEIS:

*Por que desta forma?*  
*E*

*Por que somente estas?*

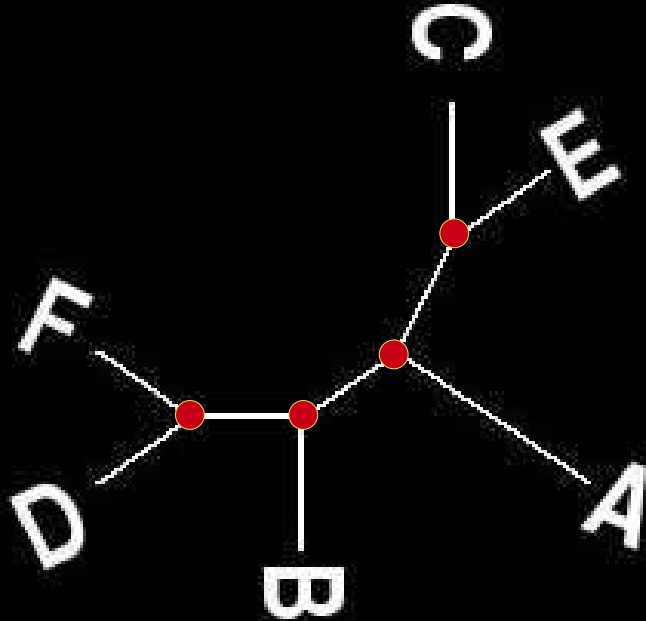


Avaliação: critério de seleção



# Lógica da inferência filogenética: cenários possíveis

Terminologia associada aos diagramas dicotômicos:



$$\text{Número de Cenários} = (2n-5)!/[2^{n-3} \cdot (n-3)!]$$

onde  $n$  é igual ao número de terminais.

No. de terminais	No. de diagramas
3	1
4	3
5	15
6	105
7	945
8	10.395
9	135.135
10	2.027.025

A-F são **terminais** ou **táxons (OTUs)**.

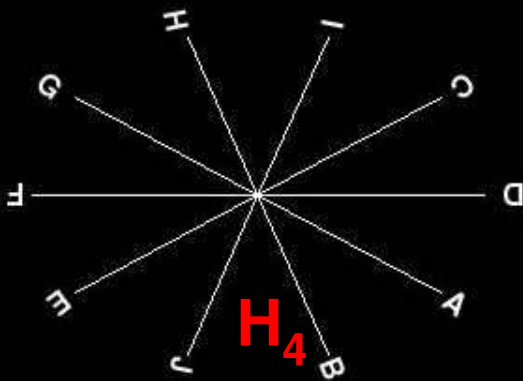
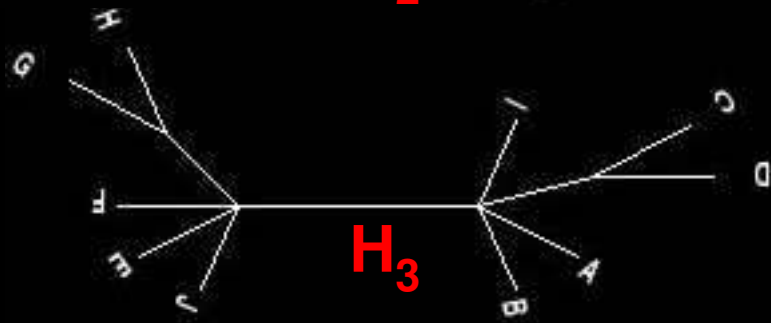
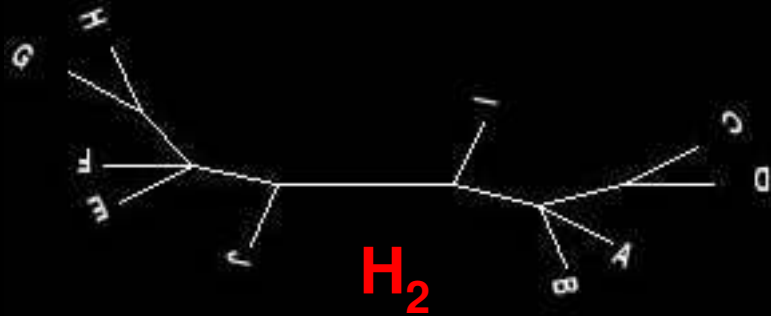
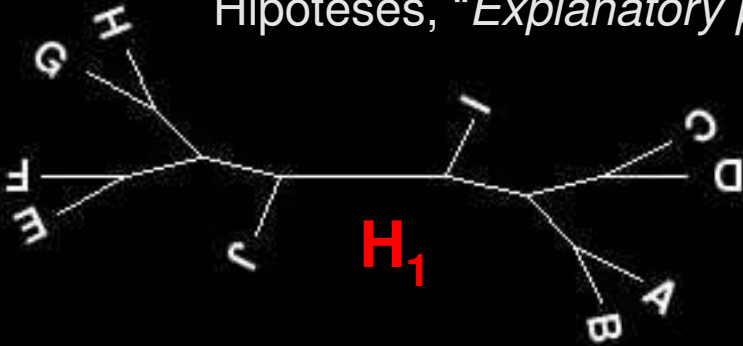
**Nós** são os vértices que conectam ramos.

**Ramos internos** conectam nós.

**Ramos externos** conectam nós a terminais.

# Lógica da inferência filogenética: cenários possíveis

Hipóteses, “*Explanatory power*”, ambiguidade, erro e testabilidade



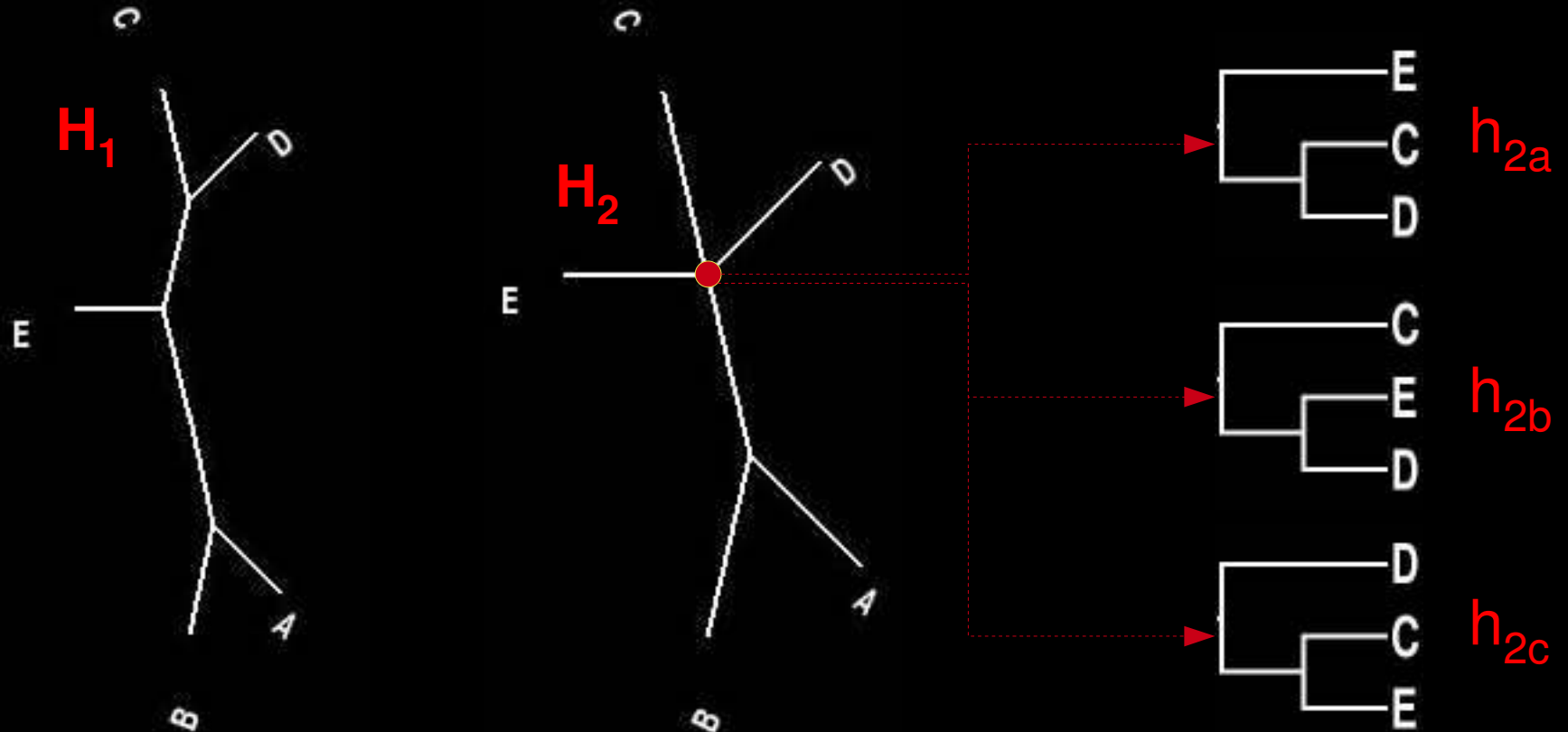
**Hipótese:** *uma explicação para um fenômeno observável ou uma proposição racional prevendo uma possível correlação causal entre múltiplos fenômenos.*

H<sub>1</sub> → H<sub>4</sub>: decresce o conteúdo informativo (o que a hipótese explica)

Diagramas totalmente dicotômicos estão mais relacionados com o conteúdo informativo da hipótese do que com a suposição de que todo ancestral hipotético daria origem a somente duas linhagens por cladogênese.

# Lógica da inferência filogenética: cenários possíveis

Hipóteses, “*Explanatory power*”, ambiguidade, erro e testabilidade



$H_1$  é mais informativa de  $H_2$ .  $H_2$  é ambígua no que concerne à relação entre C, D e E, sendo que nenhuma das proposições dispostas em  $h_{2a}$ ,  $h_{2b}$  e  $h_{2c}$  refuta  $H_2$ .

# Desenvolvimento epistemológico da Sistemática

Aristóteles – 384-322 A.C.



Darwin  
1809-1882



1859

Período essencialista

Mundo dinâmico

Resistência e Nova Síntese

Sistemática Evolutiva

1936 - 1947

1960's

Fenética

1970's

Cladística

Carolus Linnaeus  
1707-1778



Buffon  
1707-1788



Lamarck  
1744 -1829



St-Hilair  
1772 -1844



Cuvier  
1769 -1832



Ernest Mayr  
1904 - 2005



G.G. Simpson  
1902 - 1984



Theodosius Dobzhansky  
1900 -1975



Paul Erlich



James Rohlf

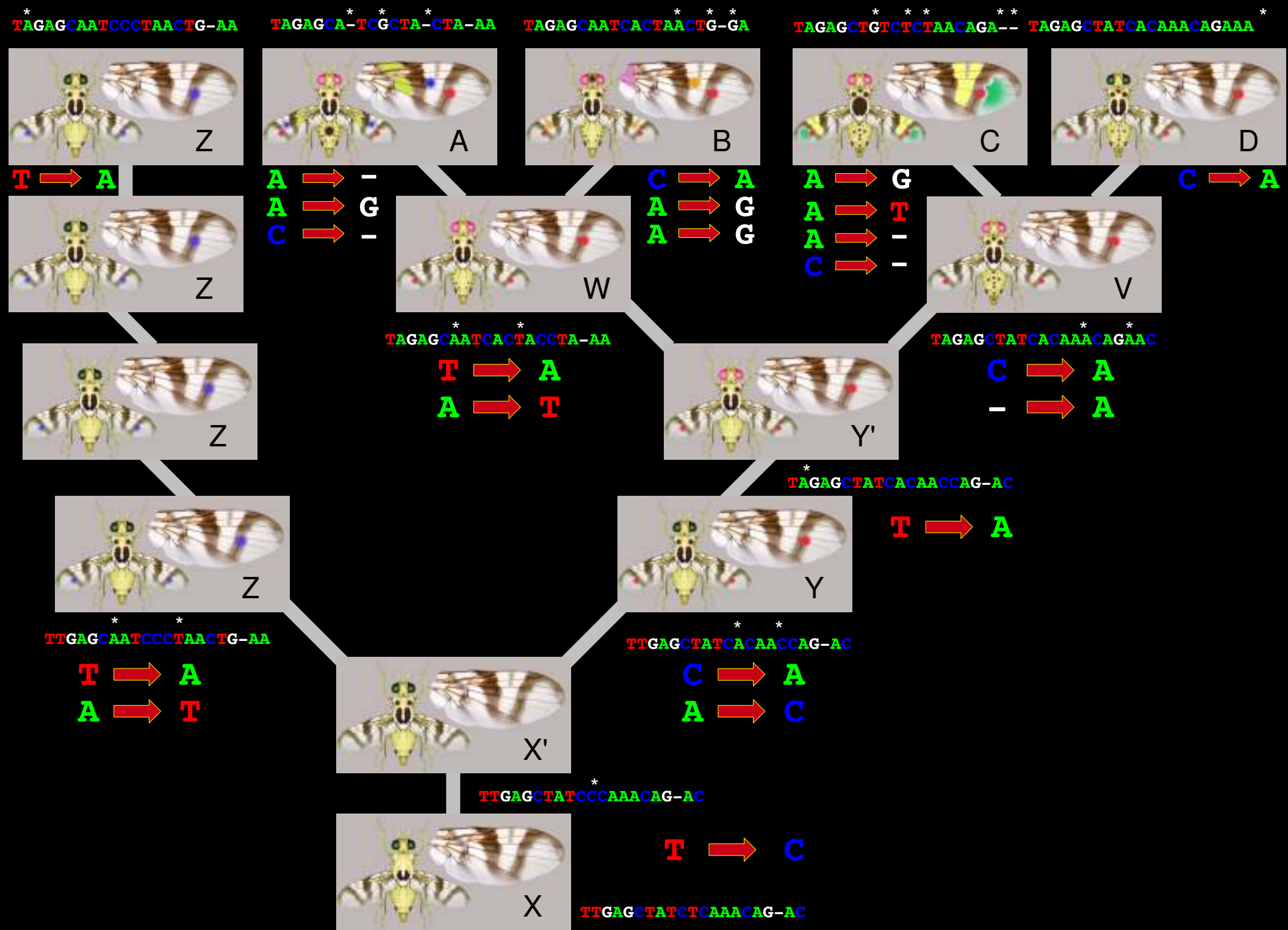


R. Sokal  
1926 -

Willi Hennig  
1913 - 1976



Steve Farris





# Lógica da inferência filogenética:

*“Operationally, systematics proceeds by gathering data (observations) from organisms and coding them into evidence to test competing phylogenetic scenarios”*

(Wheeler et al., 2006:7)



# Lógica da inferência filogenética: codificação

↓ ↓ ↓  
 sp.X CTGGCTACGT  
 sp.A TGGAGTAAGT  
 sp.B CCTAGCAAGT  
 sp.C CCTGATTGCA

Obtenção de dados  
[observação]



## Fenética:

EVIDÊNCIAS: similaridade global

sp.X CTGGCTACGT  
       \* \*\* \*\*  
 sp.A TGGAGTAAGT  
  
 sp.X CTGGCTACGT  
       \*       \* \*\*  
 sp.B CCTAGCAAGT

## Cladística:

EVIDÊNCIAS: transformação de estados de caracteres

1a. posição: C ↔ T  
 3a. posição: G ↔ T  
 10a. posição: T ↔ A

Codificação em evidências

CODIFICAÇÃO: matriz de distância

	[X]	[A]	[B]	[C]
X	-			
A	5	-		
B	6	4	-	
C	7	9	7	-

CODIFICAÇÃO: matriz de dados

	c <sub>1</sub>	c <sub>2</sub>	c <sub>3</sub>	c <sub>4</sub>	c <sub>5</sub>	c <sub>6</sub>	c <sub>7</sub>	c <sub>8</sub>	c <sub>9</sub>	c <sub>10</sub>
sp.X	1	3	2	2	1	3	0	1	2	3
sp.A	3	2	2	0	2	3	0	0	2	3
sp.B	1	1	3	0	2	1	0	0	2	3
sp.C	1	1	3	2	0	3	3	2	1	0

Avaliação e Seleção



# Codificação & Evidência

*Conteúdo informativo*

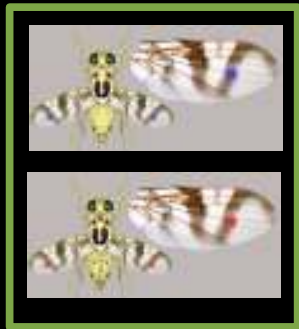
## Fenética:

EVIDÊNCIAS: similaridade global



## Cladística:

EVIDÊNCIAS: transformação de estados de caracteres



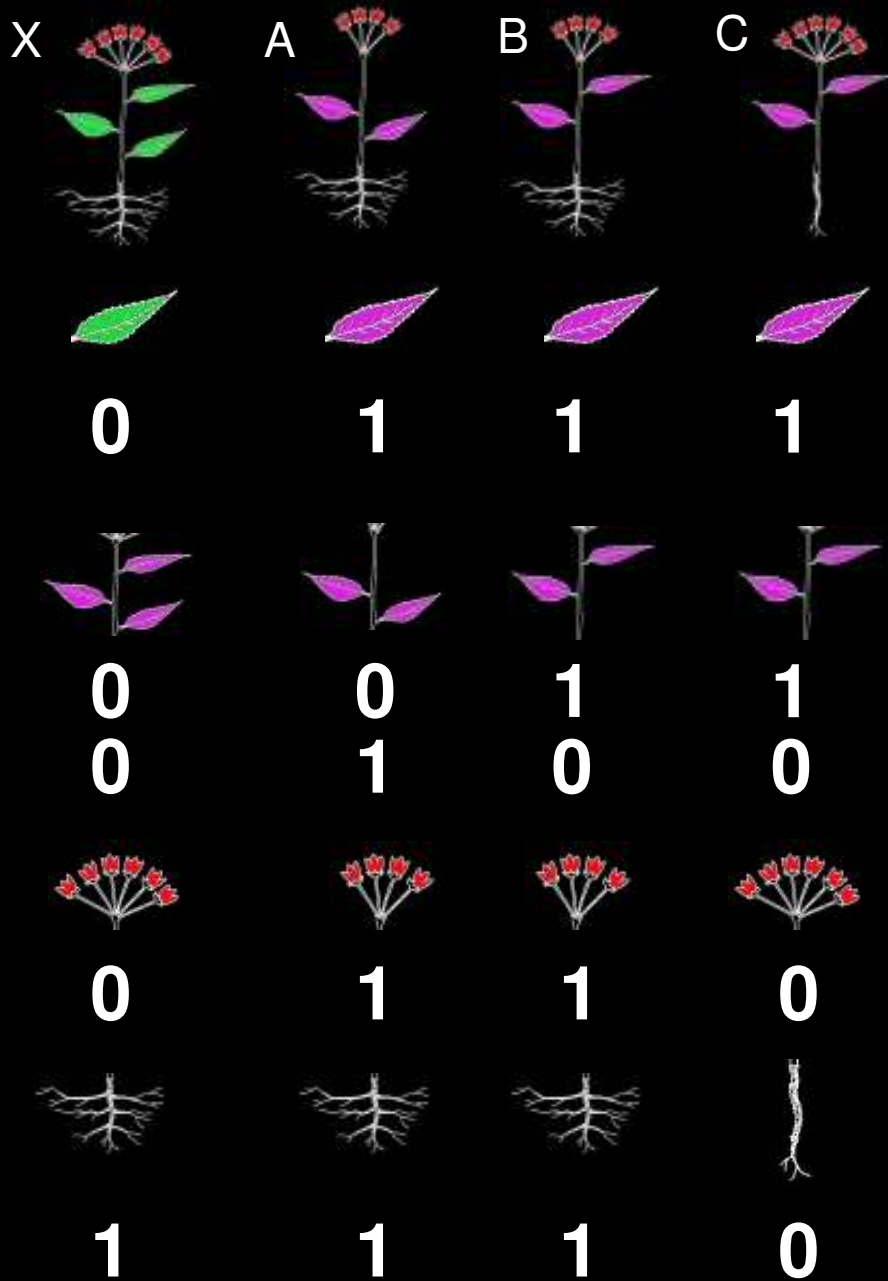
E



OU



# Lógica da inferência filogenética: codificação



Caráter 5: tipo de raíz

Estados: 0 = simples  
1 = ramificada

Caráter binário: 0 ↔ 1

	C <sub>1</sub>	C <sub>2</sub>	C <sub>3</sub>	C <sub>4</sub>	C <sub>5</sub>
X	0	0	0	0	1
A	1	0	1	1	1
B	1	1	0	1	1
C	1	1	0	0	0

# Lógica da inferência filogenética: Codificação

Obtenção de dados  
[observação]



Codificação em evidências



Avaliação e Seleção

## Cladística:

EVIDÊNCIAS: transformação de estados de caracteres

*Como definiríamos o que é caráter?*

	C <sub>1</sub>	C <sub>2</sub>	C <sub>3</sub>	C <sub>4</sub>	C <sub>5</sub>
<b>X</b>	0	0	0	0	1
<b>A</b>	1	0	1	1	1
<b>B</b>	1	1	0	1	1
<b>C</b>	1	1	0	0	0

# Lógica da inferência filogenética: Teste

sp.X	CTGGCTACGT
sp.A	TGGAGTAAGT
sp.B	CCTAGCAAGT
sp.C	CCTGATTGCA

Obtenção de dados  
[observação]



Codificação em evidências



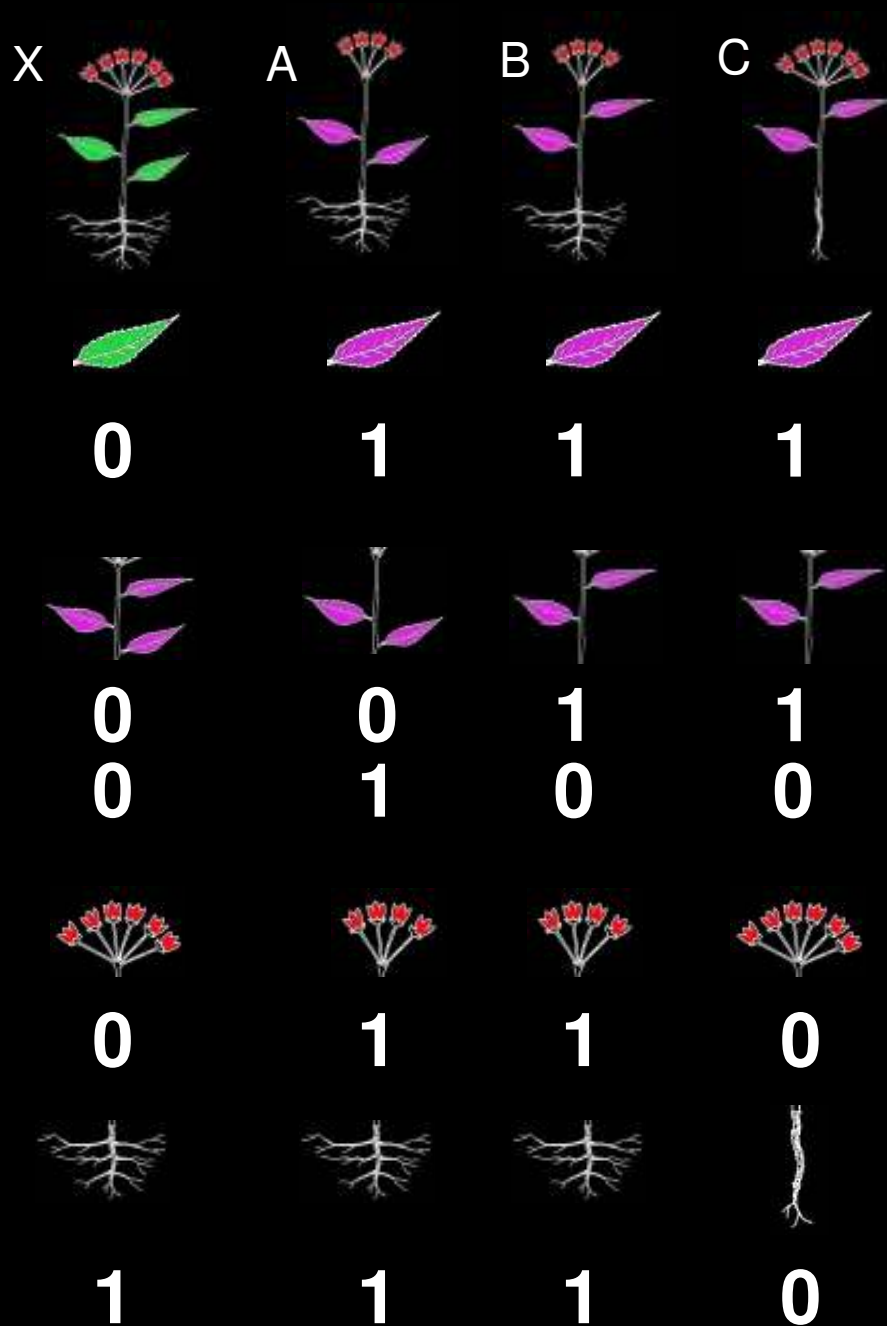
Avaliação e Seleção

## SOLUÇÕES POSSÍVEIS:



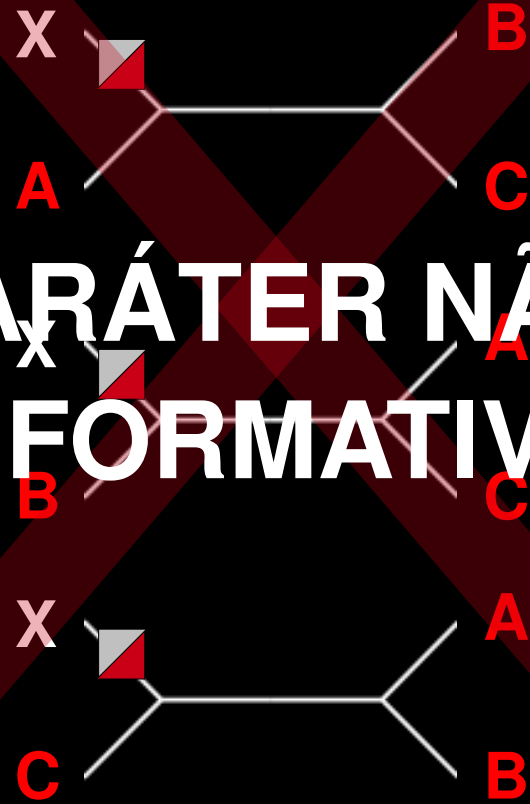


# Lógica da inferência filogenética: informação

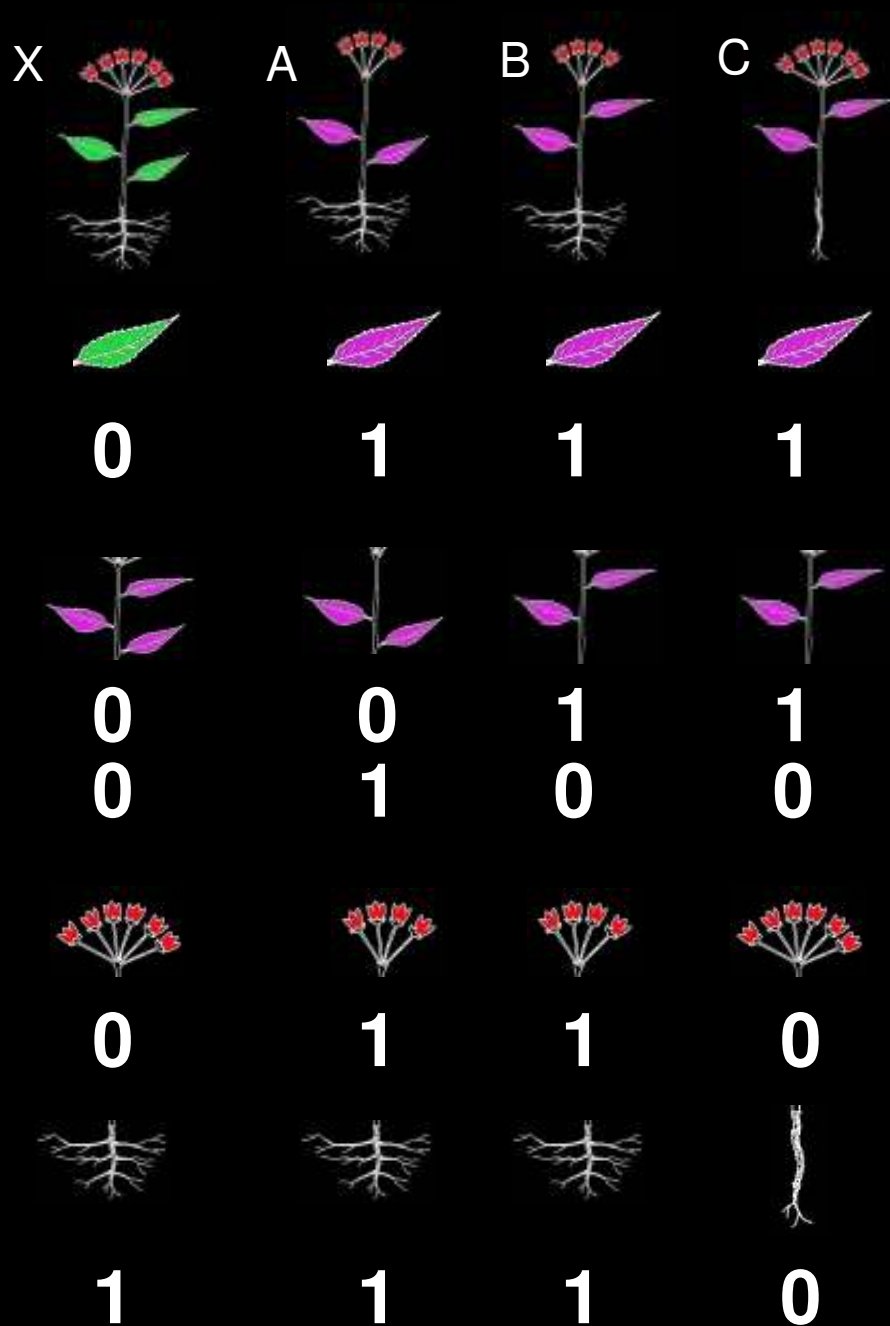


	C <sub>1</sub>	C <sub>2</sub>	C <sub>3</sub>	C <sub>4</sub>	C <sub>5</sub>
X	0	0	0	0	1
A	1	0	1	1	1
B	1	1	0	1	1
C	1	1	0	0	0

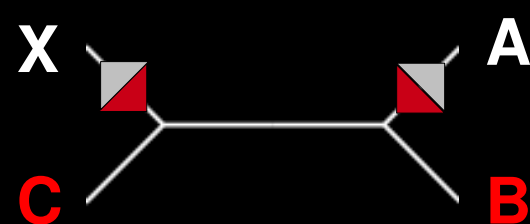
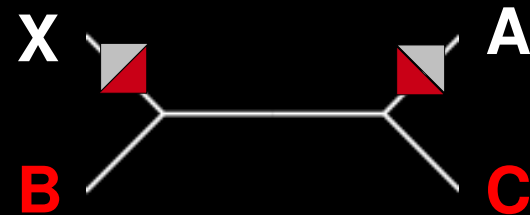
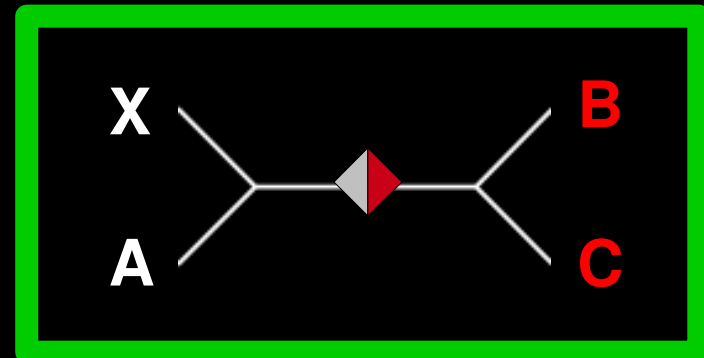
**CARÁTER NÃO INFORMATIVO**



# Lógica da inferência filogenética: informação



	C <sub>1</sub>	C <sub>2</sub>	C <sub>3</sub>	C <sub>4</sub>	C <sub>5</sub>
<b>X</b>	0	0	0	0	1
<b>A</b>	1	0	1	1	1
<b>B</b>	1	1	0	1	1
<b>C</b>	1	1	0	0	0



**CARÁTER INFORMATIVO!**

# Lógica da inferência filogenética: critério de escolha

## *Beba com* **PARCIMÔNIA**



**William of Ockham** (c. 1288 - c. 1348): *lex parsimoniae* ou "Occam's Razor"

*"entia non sunt multiplicanda praeter necessitatem"*

"Entities should not be multiplied unnecessarily."

"when you have two competing theories which make exactly the same predictions, the one that is simpler is the better."

Newton stated the rule: "We are to admit no more causes of natural things than such as are both true and sufficient to explain their appearances."

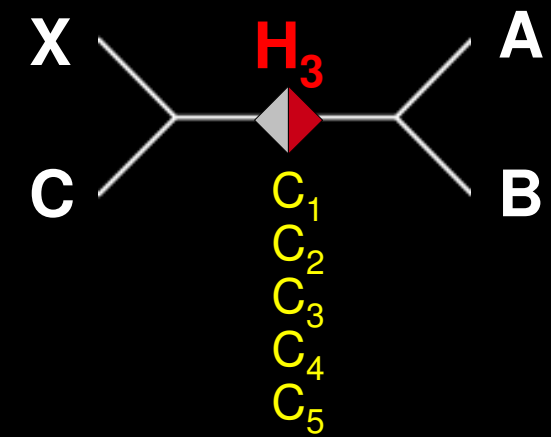
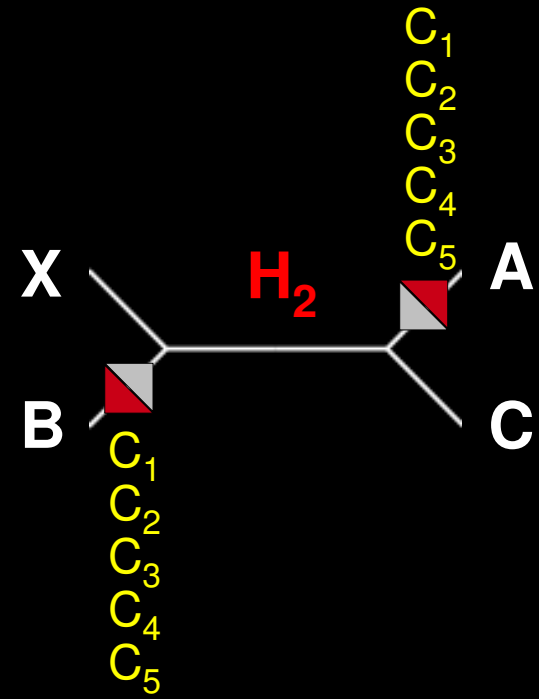
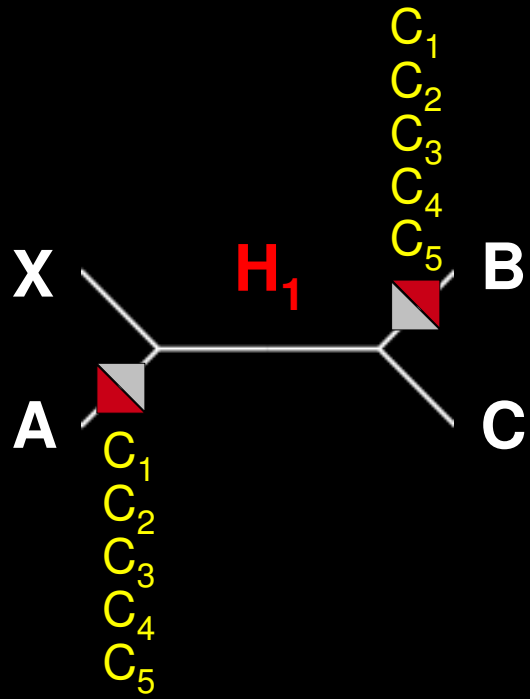
# Lógica da inferência filogenética: critério de escolha



*"entia non sunt multiplicanda praeter necessitatem"*

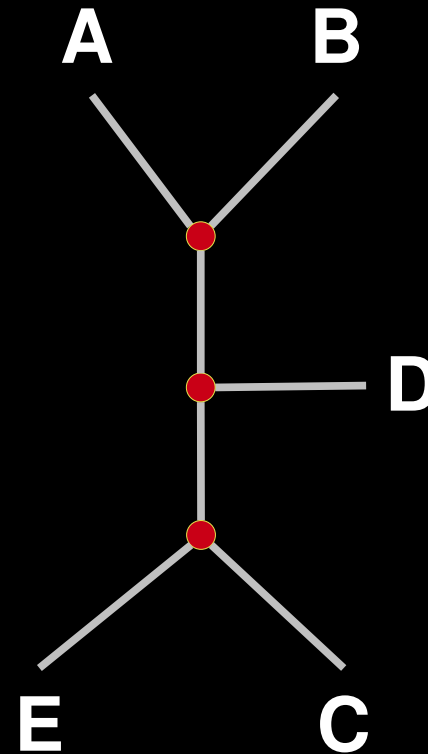
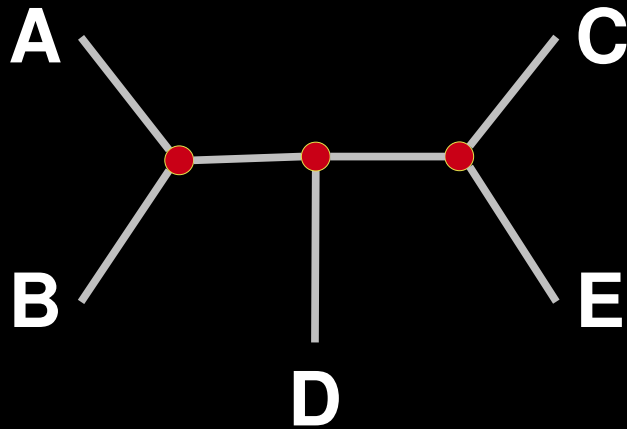
Considere:

	C <sub>1</sub>	C <sub>2</sub>	C <sub>3</sub>	C <sub>4</sub>	C <sub>5</sub>
<b>X</b>	0	0	0	0	0
<b>A</b>	1	1	1	1	1
<b>B</b>	1	1	1	1	1
<b>C</b>	0	0	0	0	0



# Topologias:

O termo refere-se às diferenças nas relações de terminais representadas por diagramas.



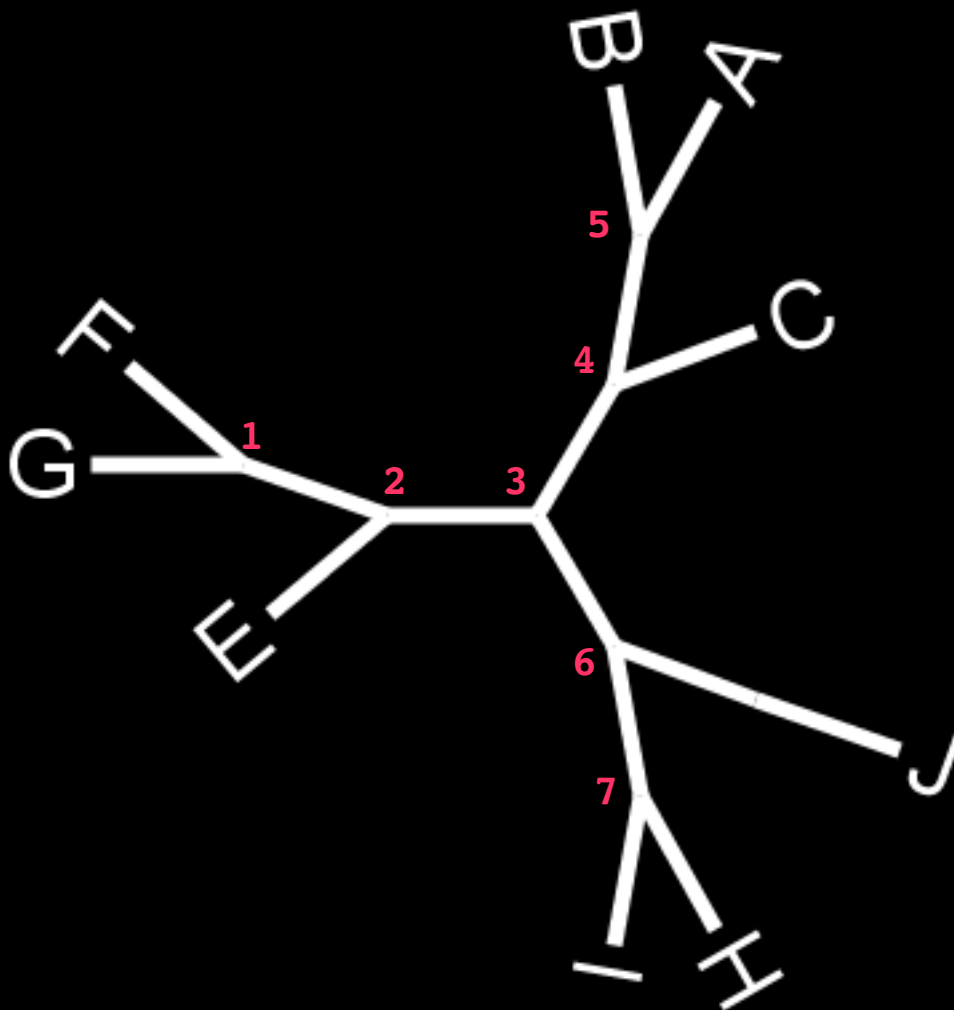
Quantas topologias temos aqui?

# Otimização:

Se o critério de escolha (parcimônia) visa identificar a topologia com o menor número de transformações, então cada transformação deverá ser otimizada em cada topologia.

Considere:

	$c_1$
sp.A	0
sp.B	0
sp.C	0
sp.E	0
sp.F	1
sp.G	1
sp.H	1
sp.I	0
sp.J	0



Onde ocorreram as transformações?

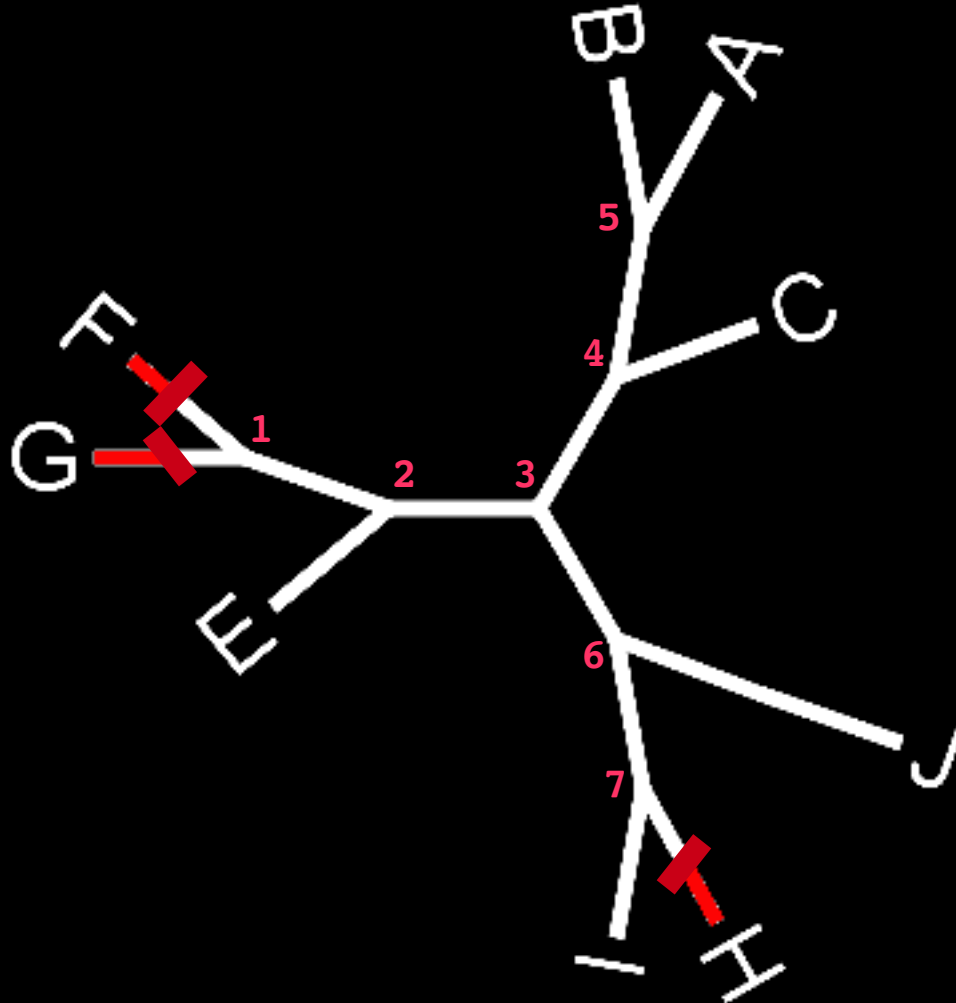


# Otimização:

Se o critério de escolha (parcimônia) visa identificar a topologia com o menor número de transformações, então cada transformação deverá ser otimizada em cada topologia.

Considere:

	$c_1$
sp.A	0
sp.B	0
sp.C	0
sp.E	0
sp.F	1
sp.G	1
sp.H	1
sp.I	0
sp.J	0



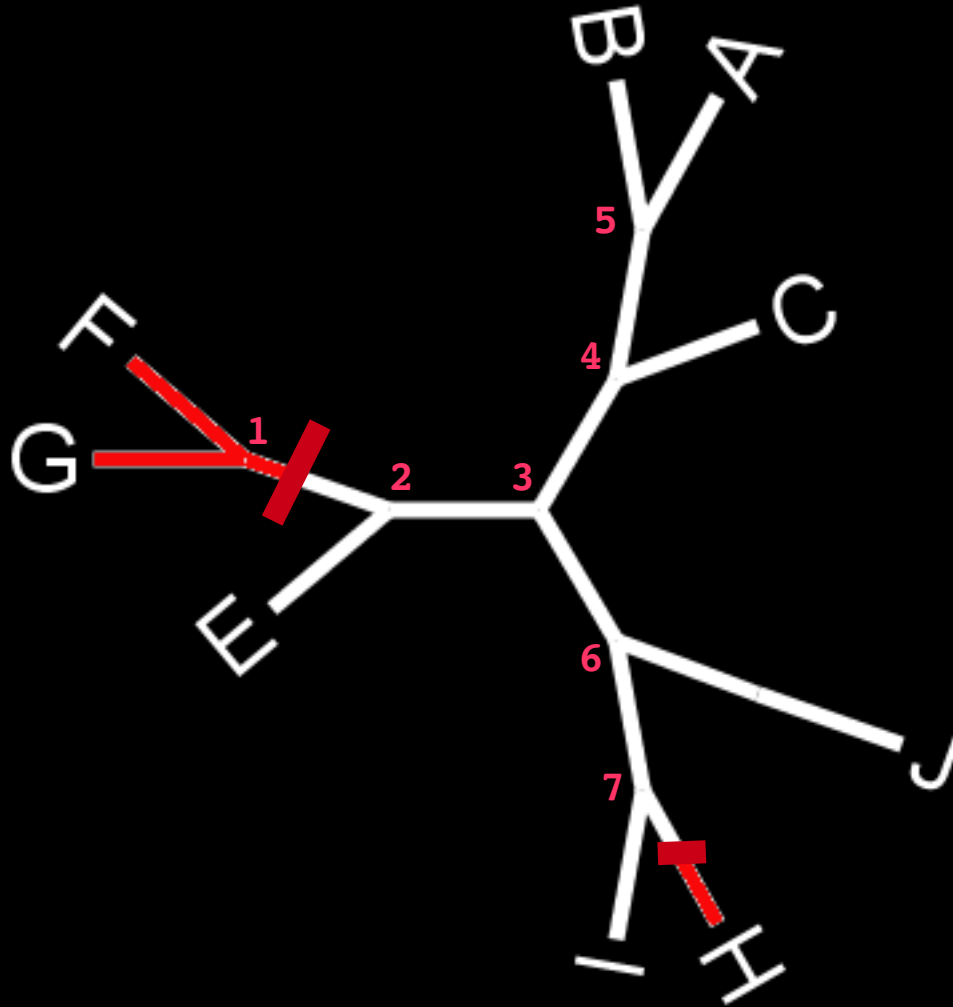
Essa é a melhor forma de explicarmos nossos dados?

# Otimização:

Se o critério de escolha (parcimônia) visa identificar a topologia com o menor número de transformações, então cada transformação deverá ser otimizada em cada topologia.

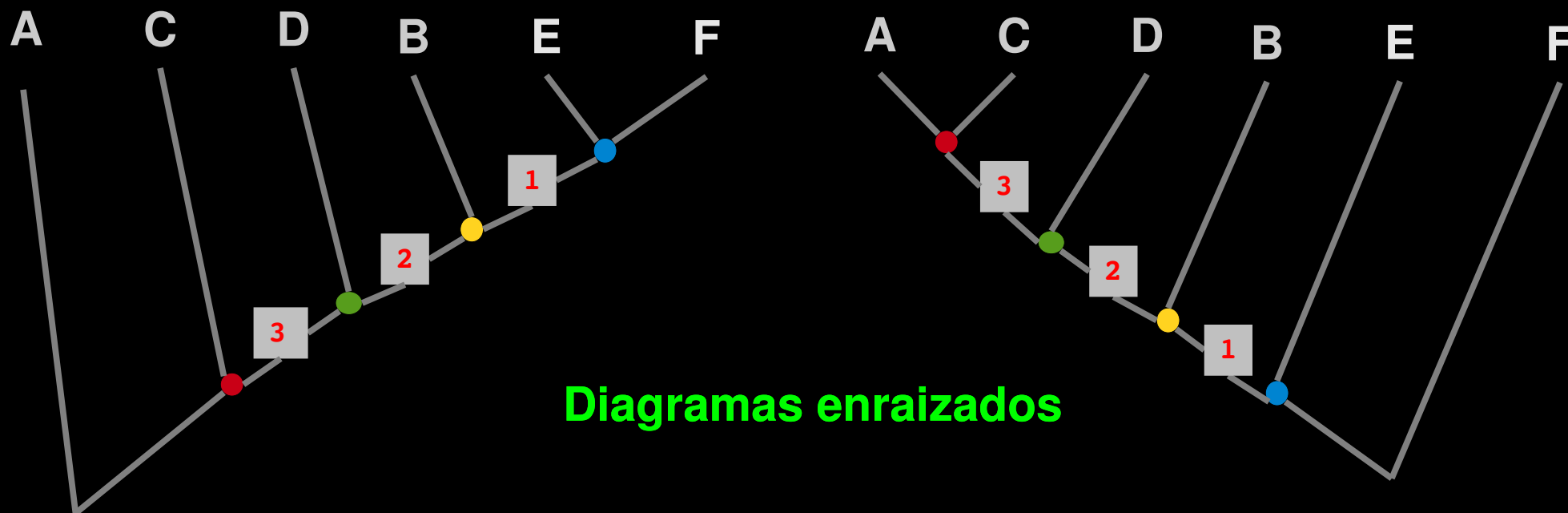
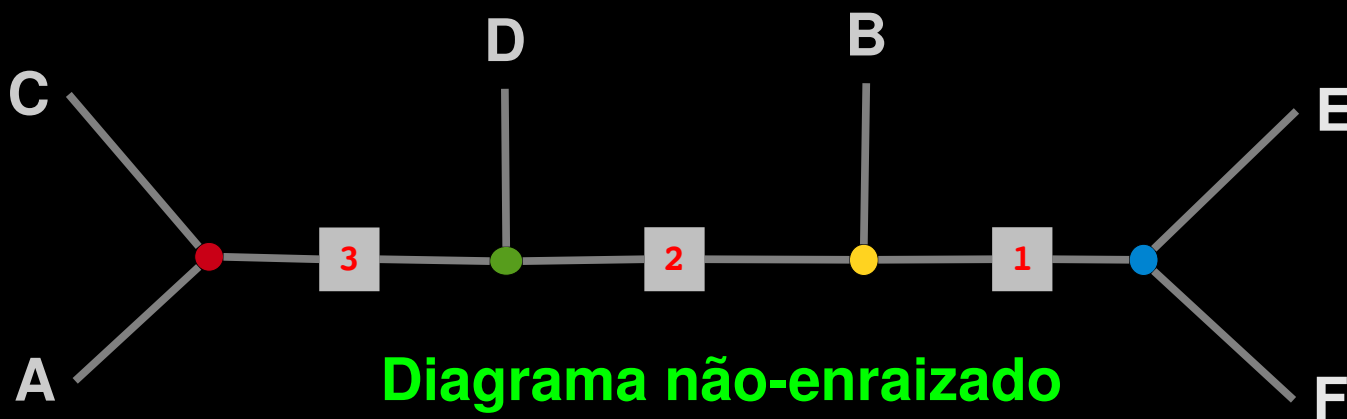
Considere:

	$c_1$
sp.A	0
sp.B	0
sp.C	0
sp.E	0
sp.F	1
sp.G	1
sp.H	1
sp.I	0
sp.J	0



Certamente isso faz mais sentido!

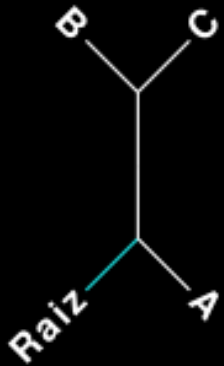
# Tipos de diagramas:



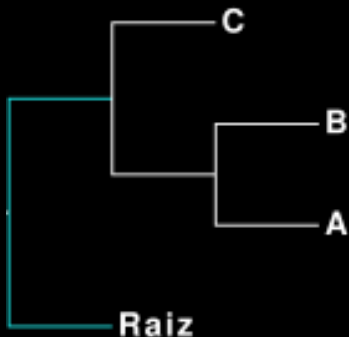
# Propriedade operacional do enraizamento:



## P. Op. 1: Aumento do topologias:

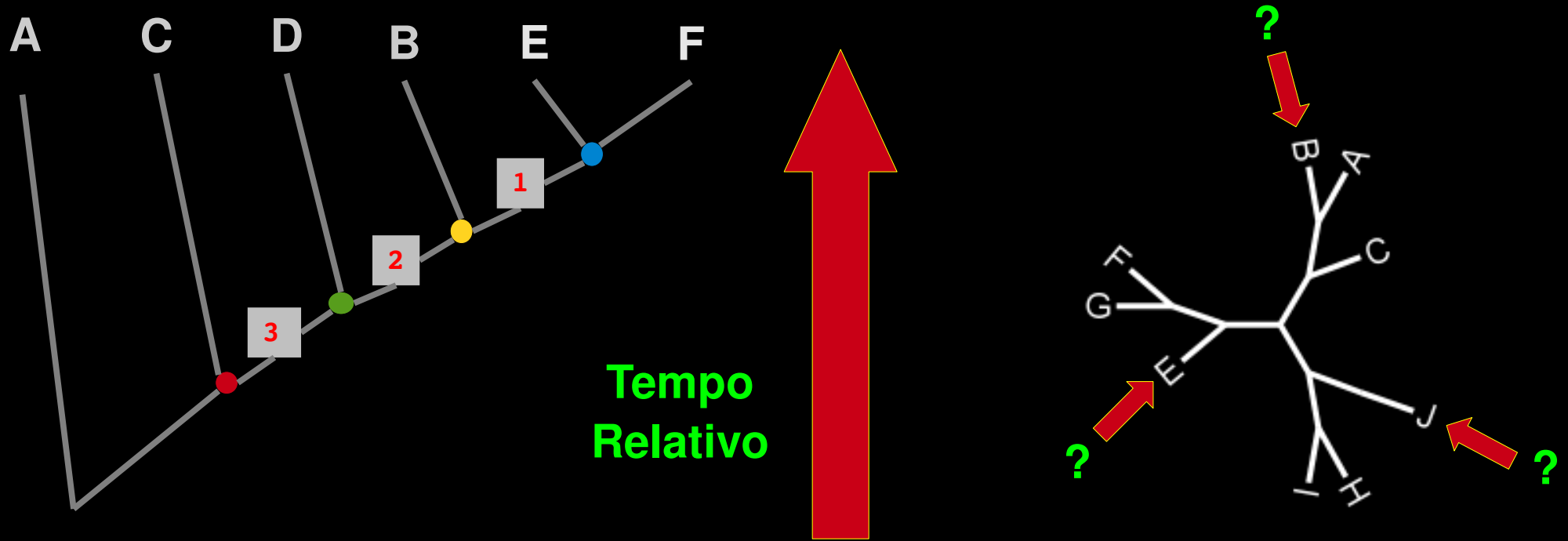


No. de terminais	No. de topologias não enraizadas	No. de topologias enraizadas
3	1	3
4	3	15
5	15	105
6	105	945
7	945	10.395
8	10.395	135.135
9	135.135	2.027.025



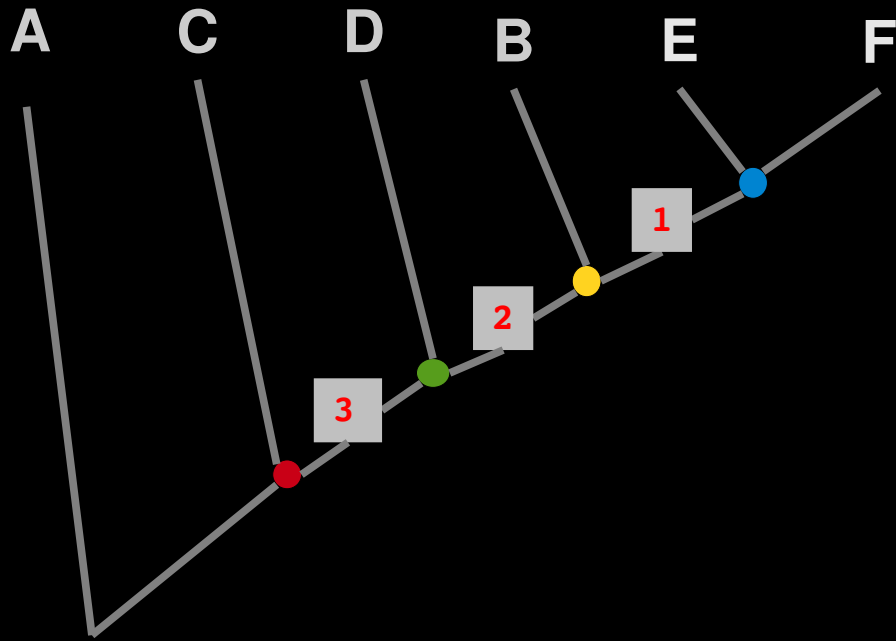
**Implicações:** computadores trabalham com diagramas não enraizados, assim como nós deveríamos fazer.

# Propriedades biológicas de diagramas enraizados:

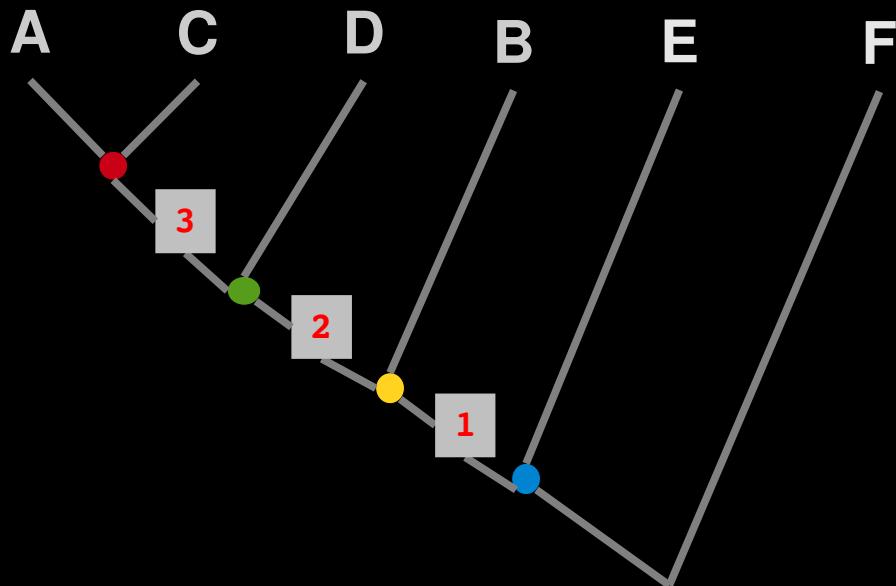


A Biologia é uma disciplina histórica, portanto, diagramas não-enraizados devem assumir simplesmente um caráter operacional em inferência filogenética.

# Propriedades biológicas de diagramas enraizados:



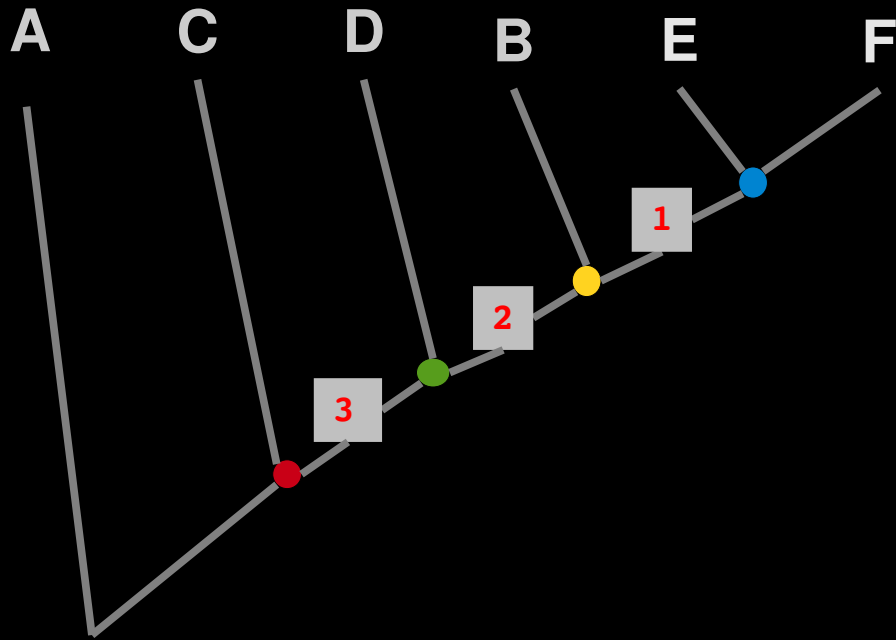
1. O enraizamento permite identificar o tempo relativo dos eventos de cladogênese.



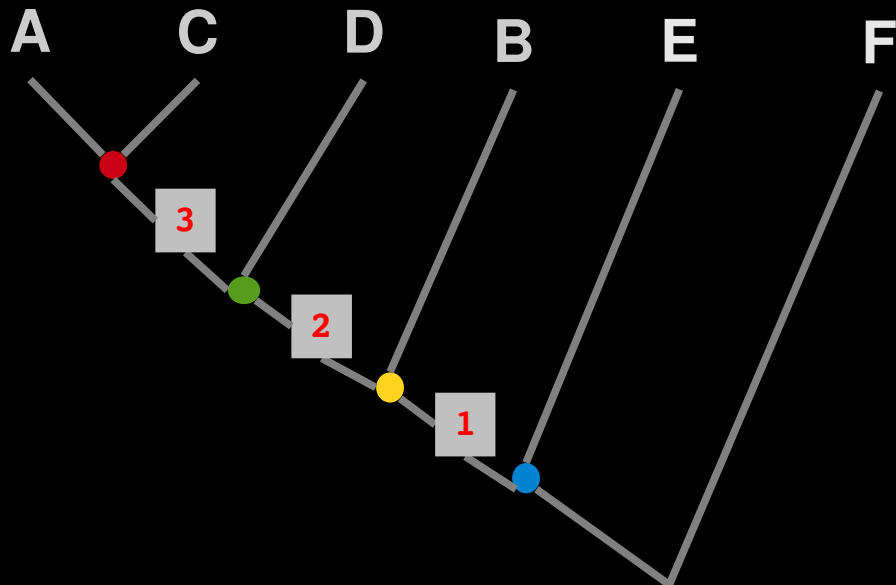
**Implicações:** a posição do enraizamento modifica o tempo relativo desses eventos.



# Propriedades biológicas de diagramas enraizados:

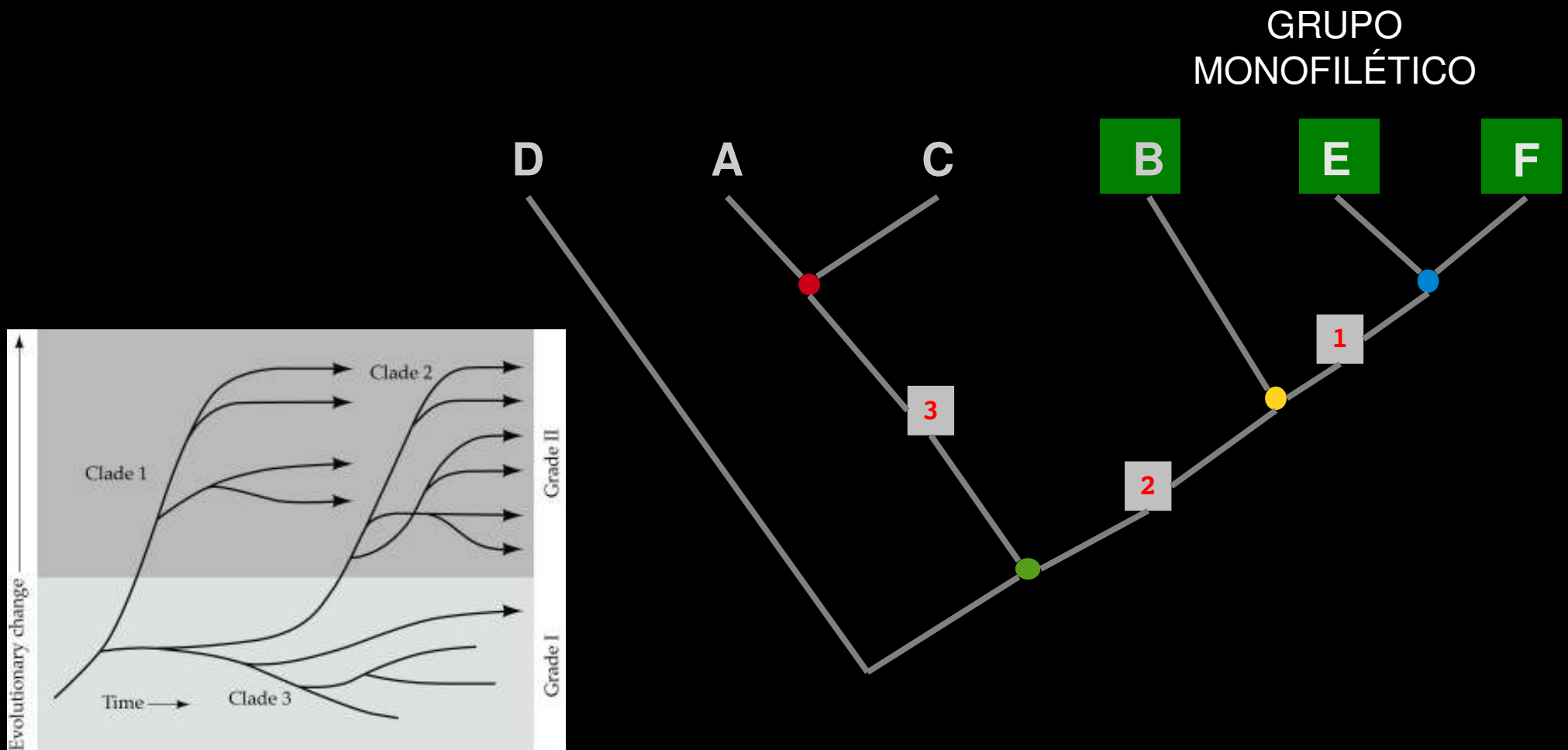


2. O enraizamento permite identificar terminais que compartilham um ancestral exclusivo.



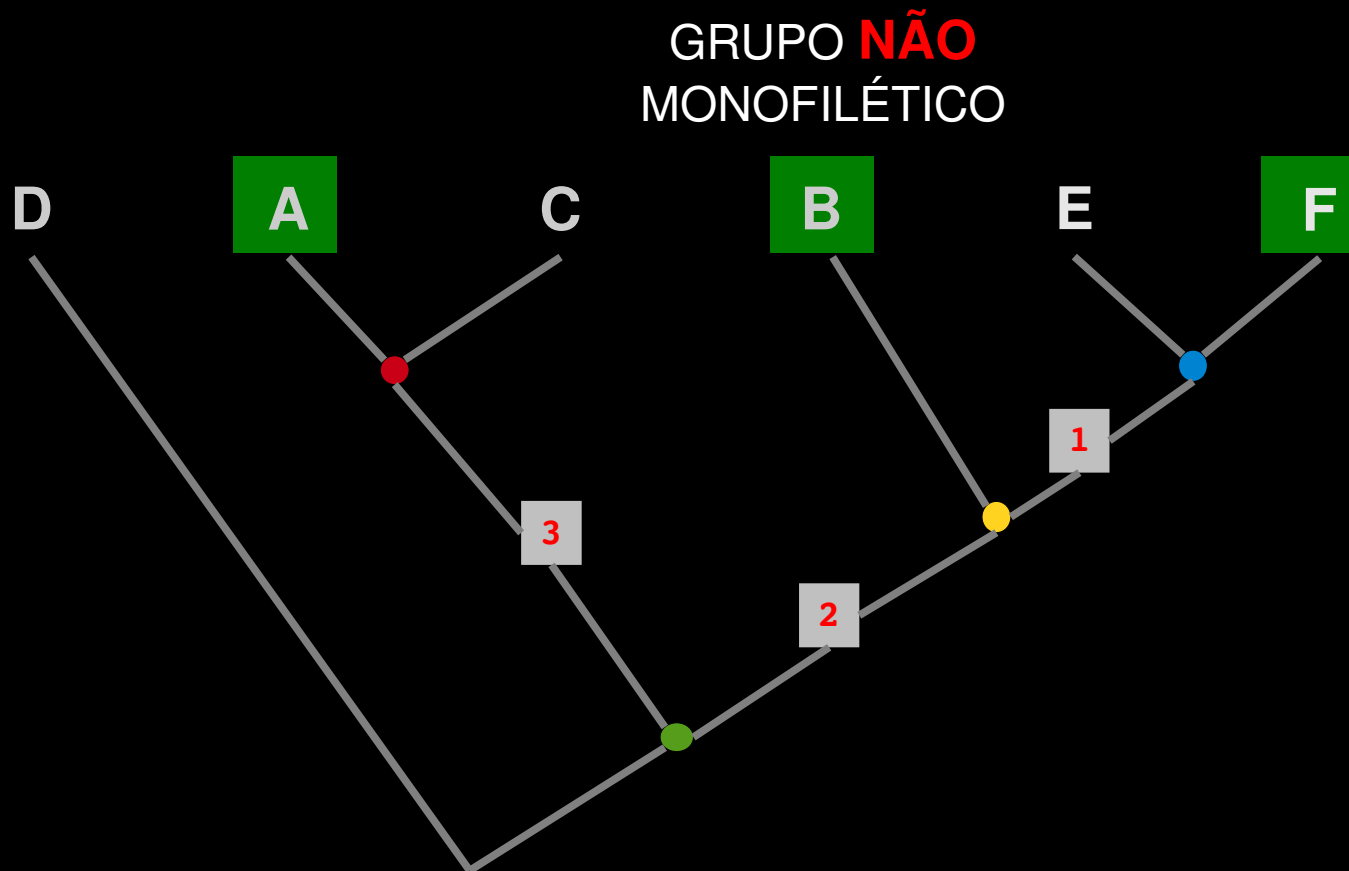
**Implicações:** o uso de diagramas não-enraizados é inadequado para classificações biológicas.

# Termos associados a grupos:



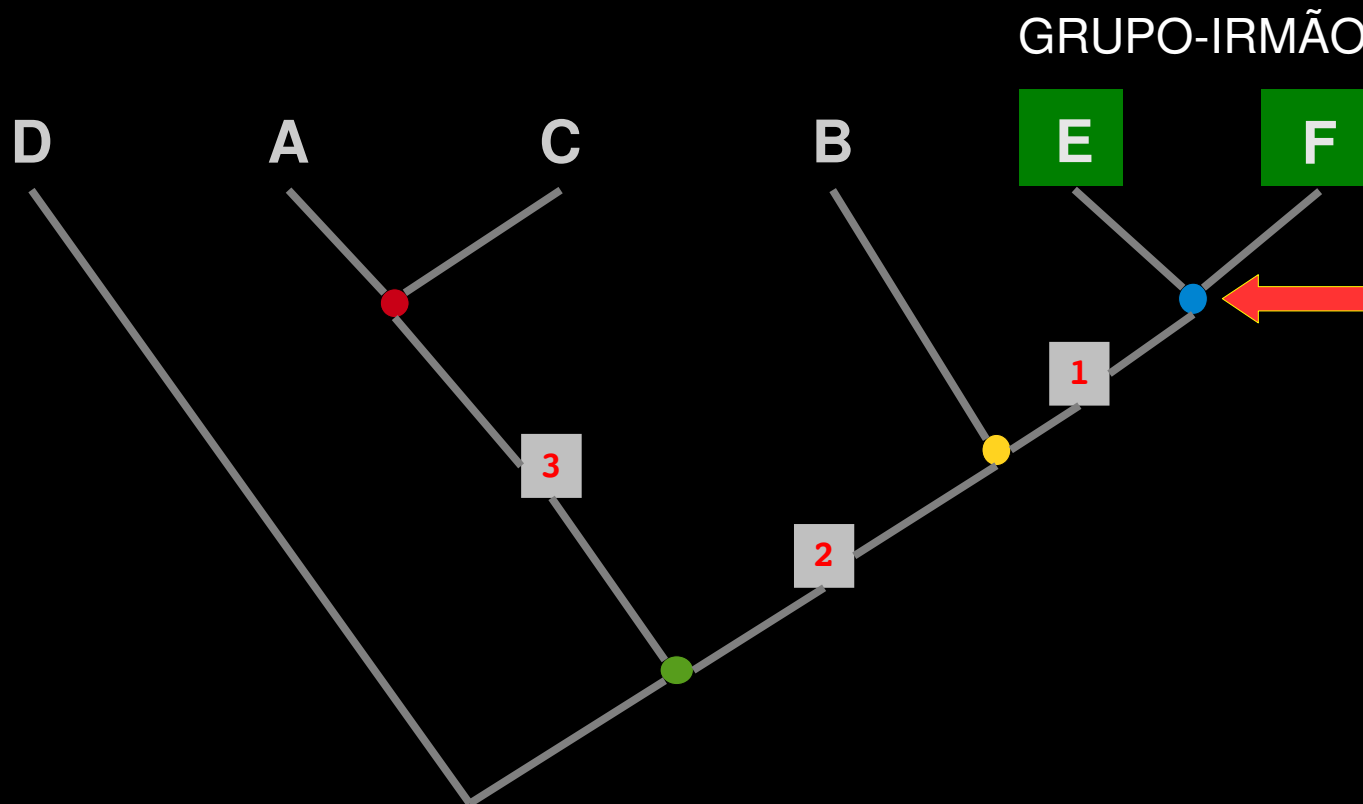
**GRUPO MONOFILÉTICO:** grupo que compartilha um ancestral exclusivo (i.e., grupo formado por terminais em que TODOS compartilham o mesmo nó

# Termos associados a grupos:



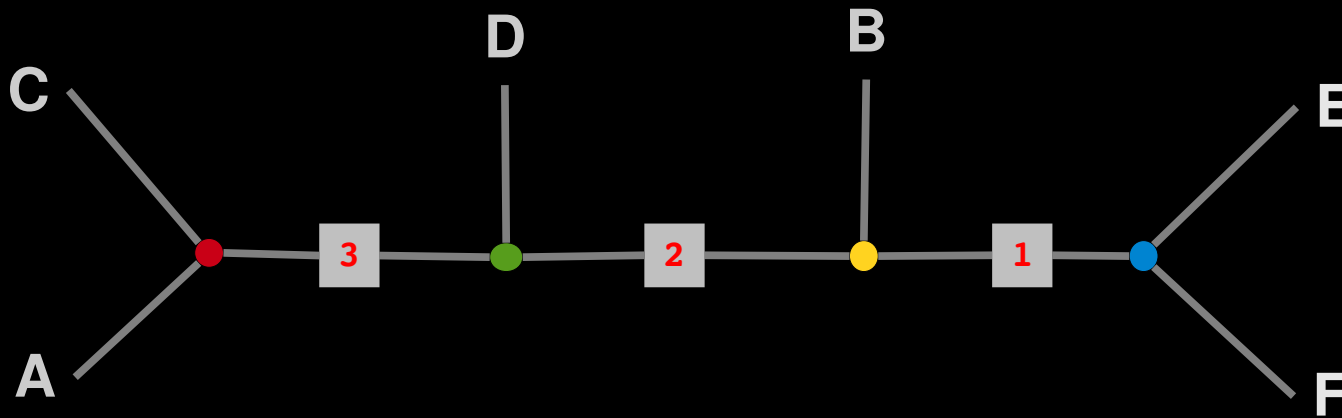
GRUPO MONOFILÉTICO: grupo que compartilha um ancestral exclusivo (i.e., grupo formado por terminais em que TODOS compartilham o mesmo nó

# Termos associados a grupos:



GRUPO-IRMÃO: (Ing. *sister group*), terminais ou ramos internos que descendem de um mesmo nó.

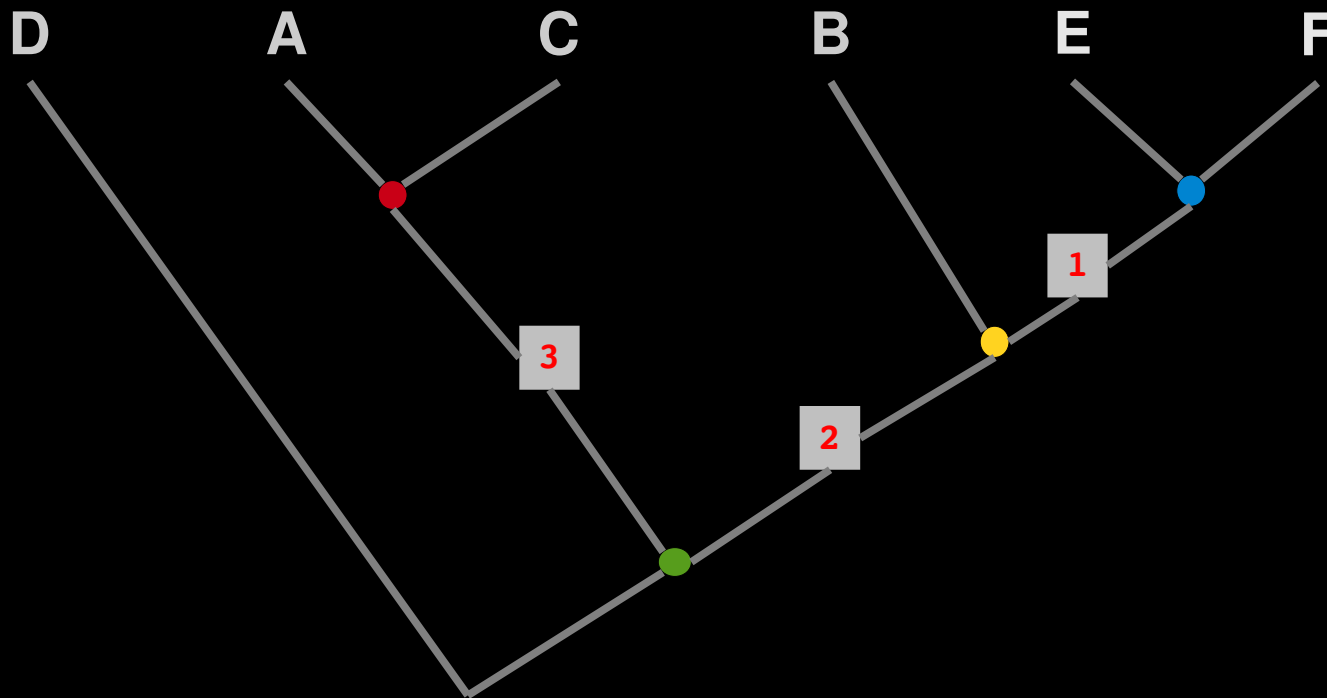
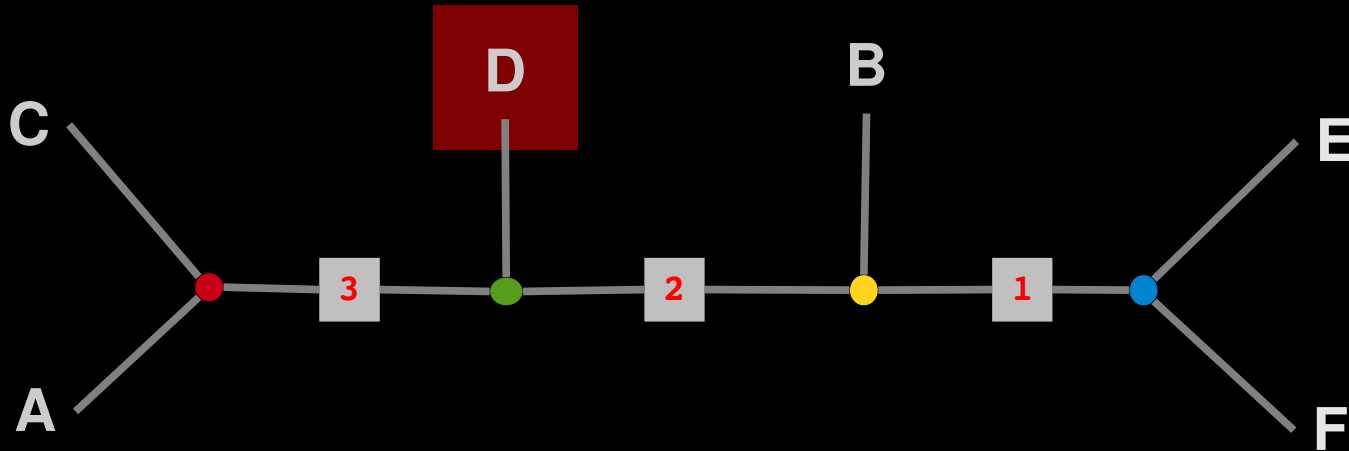
# Definição do grupo-externo:



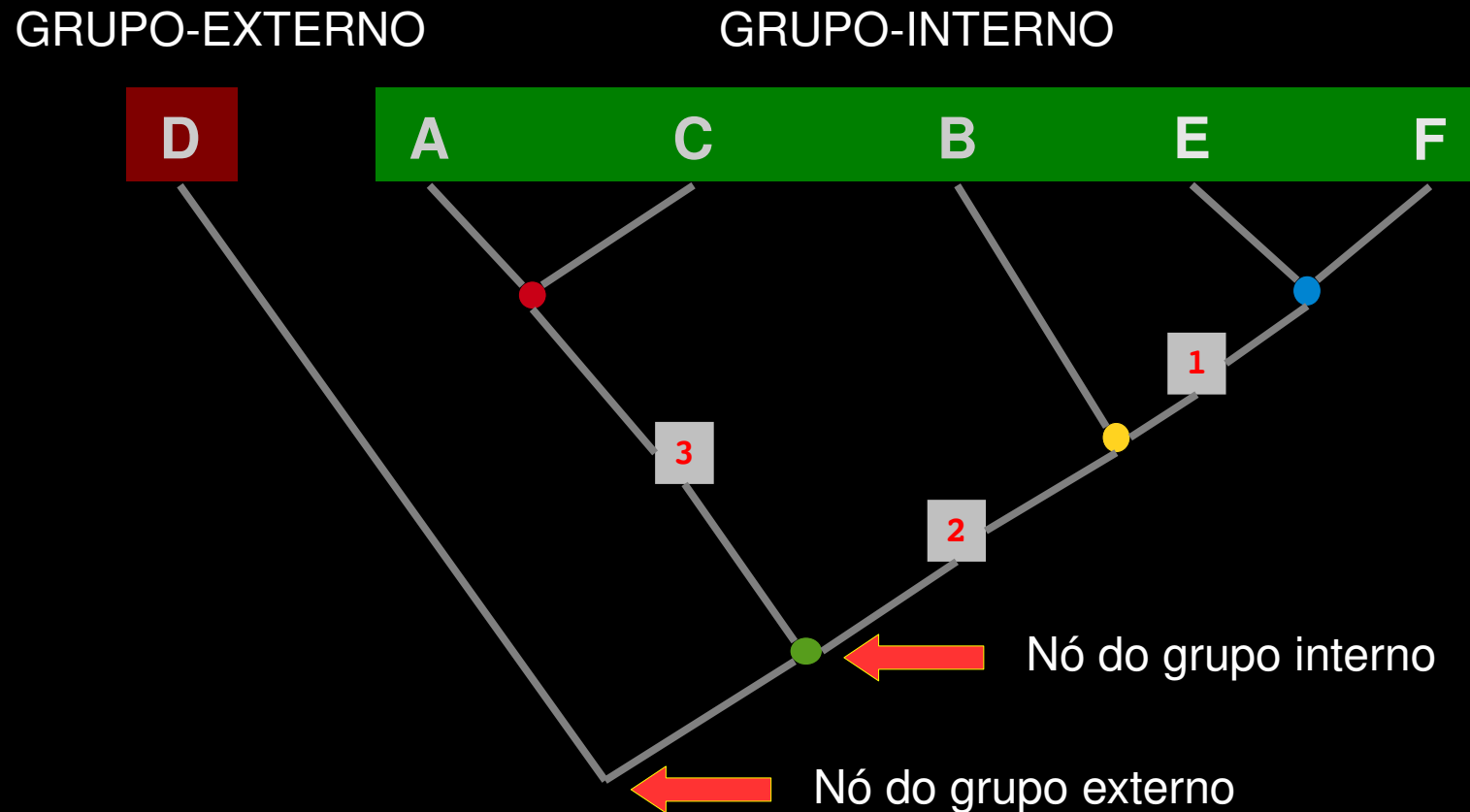
**GRUPO-EXTERNO:** terminal(is) presente(s) no diagrama para o(s) qual(is) haja alguma evidência de que estejam na base no cladograma (ou diagrama enraizado)

# Definição do grupo-externo:

GRUPO-EXTERNO



# Premissas da escolha de grupos externos:



Premissa fundamental:

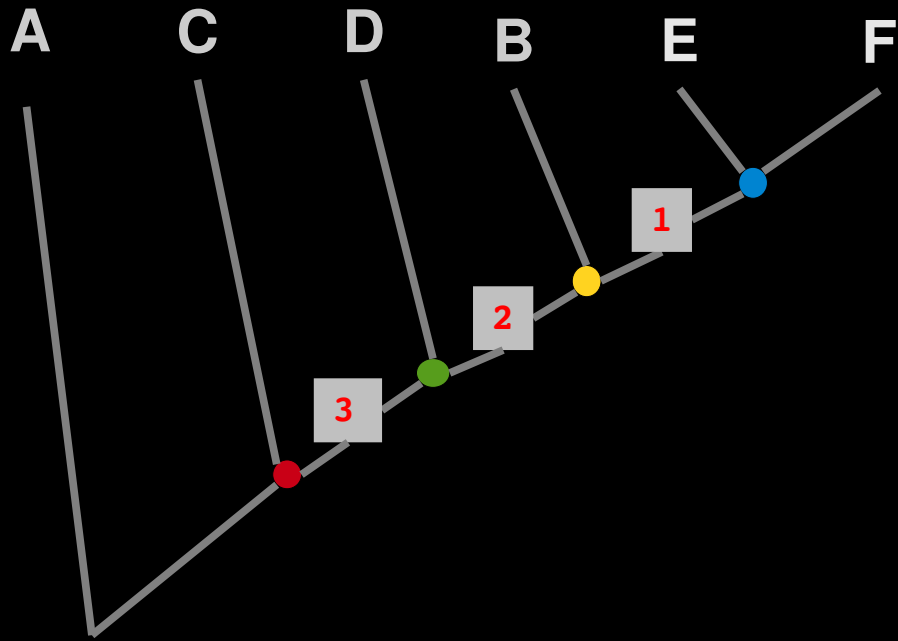
1. membros do grupo externo não pertencem ao grupo interno, conseqüentemente, assume que o grupo interno é MONOFILÉTICO.

Mitos:

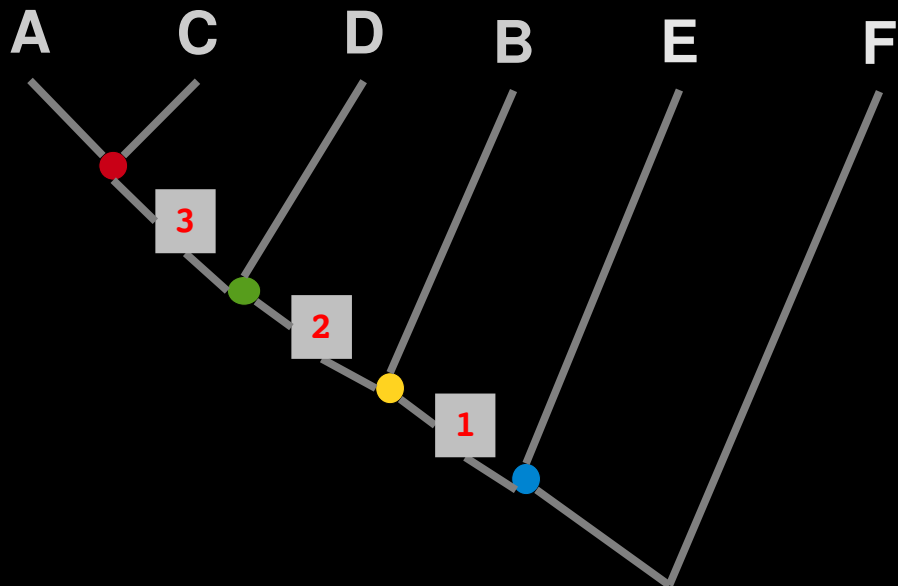
1. Grupo externo precisa ser grupo irmão do grupo interno



# Propriedade operacional de diagramas enraizados:

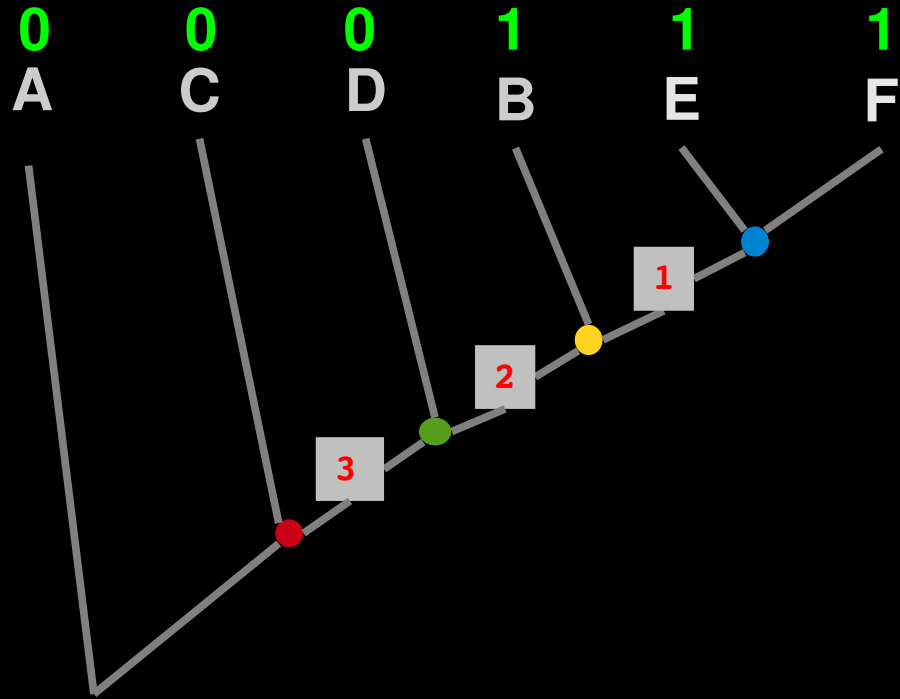


P. Op. 2: As transformações permanecem no mesmo ramos independentemente da raíz.

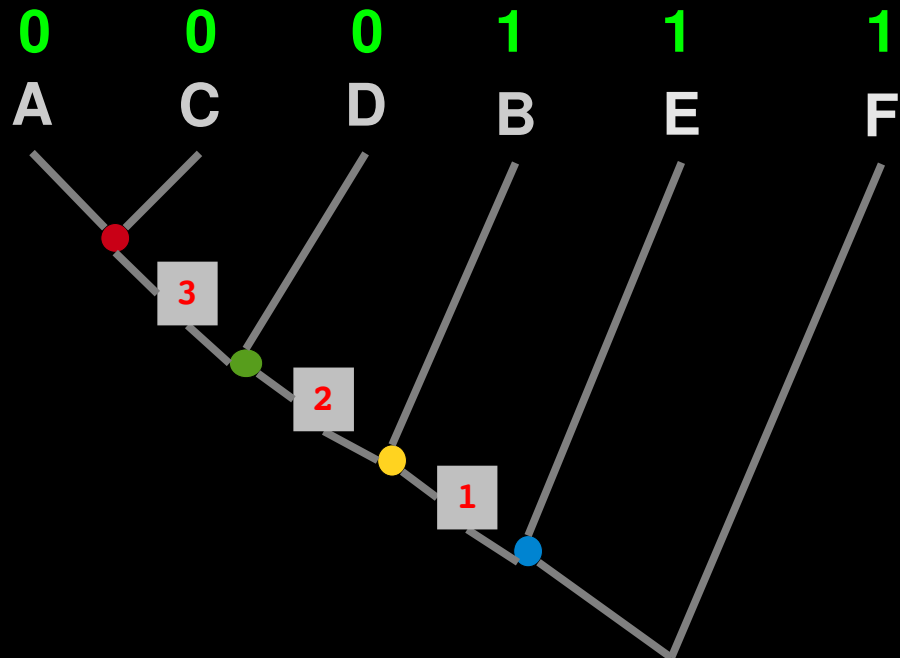


**Implicações:** o enraizamento não muda o número de transformações. Em conjunção com a primeira propriedade isso permite explorar um número menor de cenários filogenéticos.

# Propriedades biológicas de diagramas enraizados:



3. O enraizamento permite identificar a direção das transformações de estados de caracteres.



**Implicações:** a posição do enraizamento modifica a noção de direção.

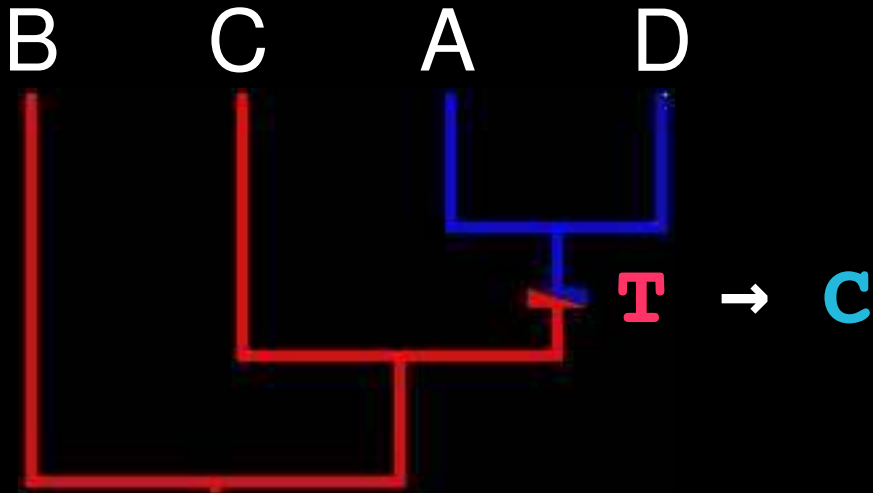
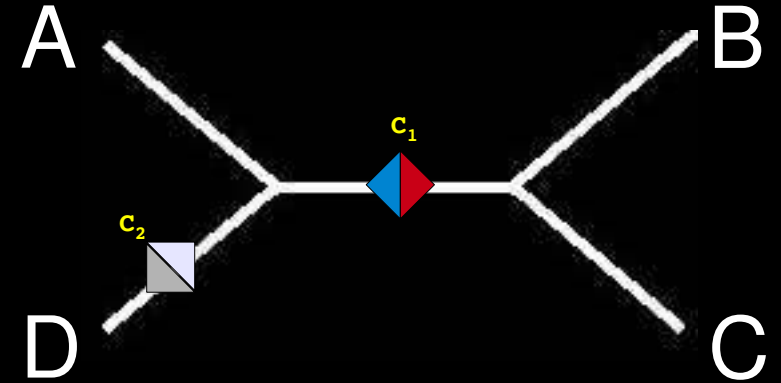
# Termos asociados a estados de carácter:

Carácter  
 Carácter 1:  
 Carácter 2:

Estados  
 C ↔ T  
 0 ↔ 1



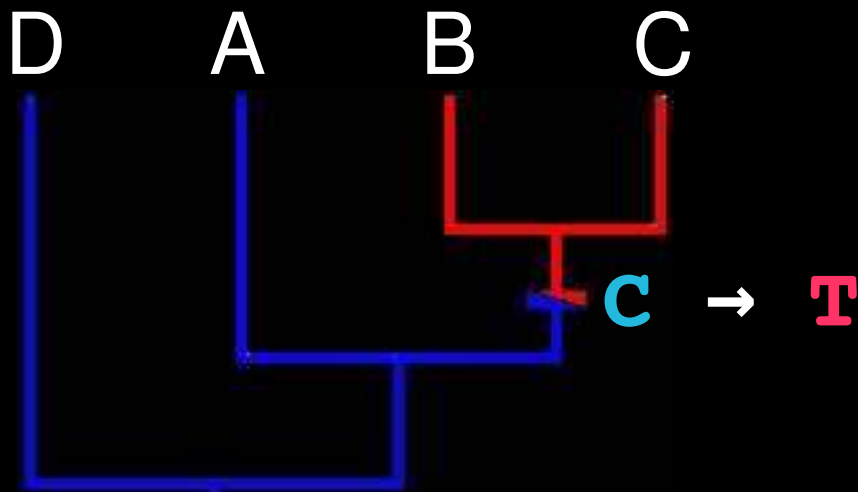
	$c_1$	$c_2$
A	C	0
B	T	0
C	T	0
D	C	1



PLESIOMÓRFICO



APOMÓRFICO



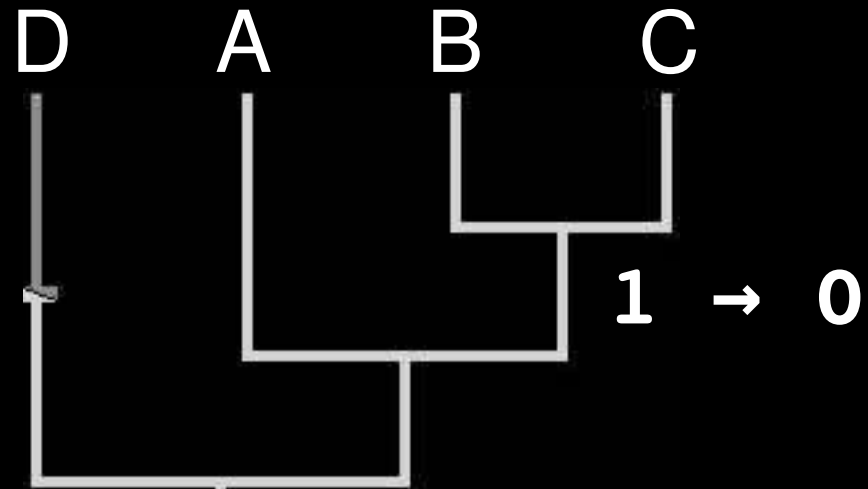
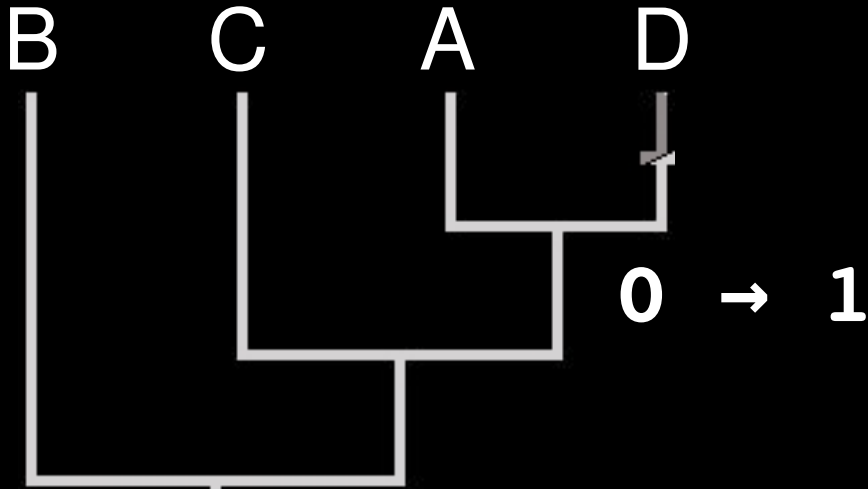
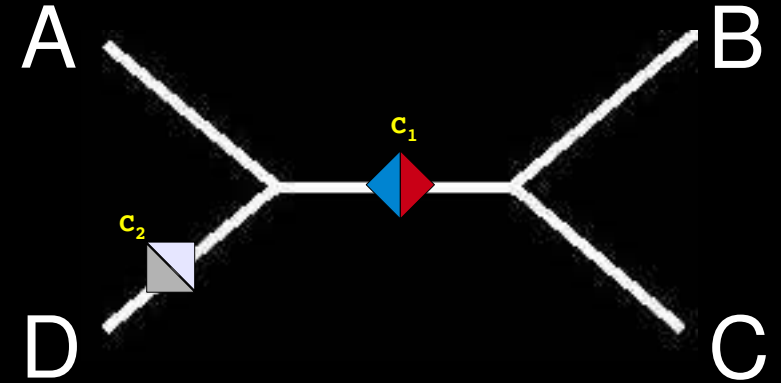
# Termos associados a estados de carácter:

Carácter  
 Carácter 1:  
 Carácter 2:

Estados  
 C ↔ T  
 0 ↔ 1



	$c_1$	$c_2$
A	C	0
B	T	0
C	T	0
D	C	1

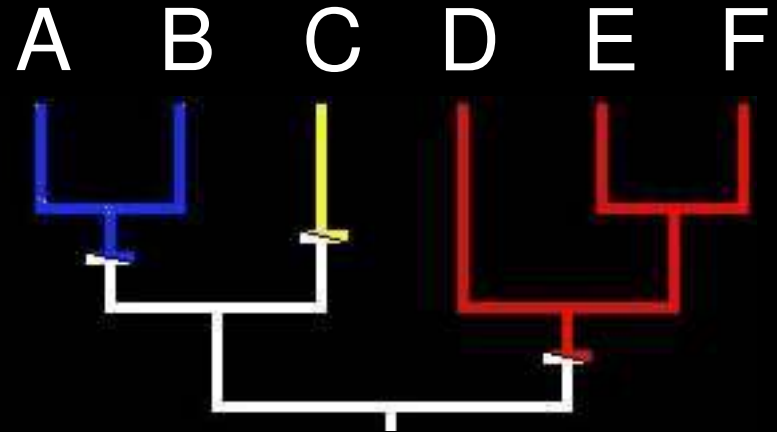


PLESIOMÓRFICO → APOMÓRFICO

# Termos associados a caracteres: séries de transformação

## MATRIZ DE DADOS

	$c_1$	$c_2$	$c_3$
A	1	0	0
B	1	0	0
C	0	1	0
D	0	0	1
E	0	0	1
F	0	0	1



CARACTERES BINÁRIOS: possuem apenas dois estados.

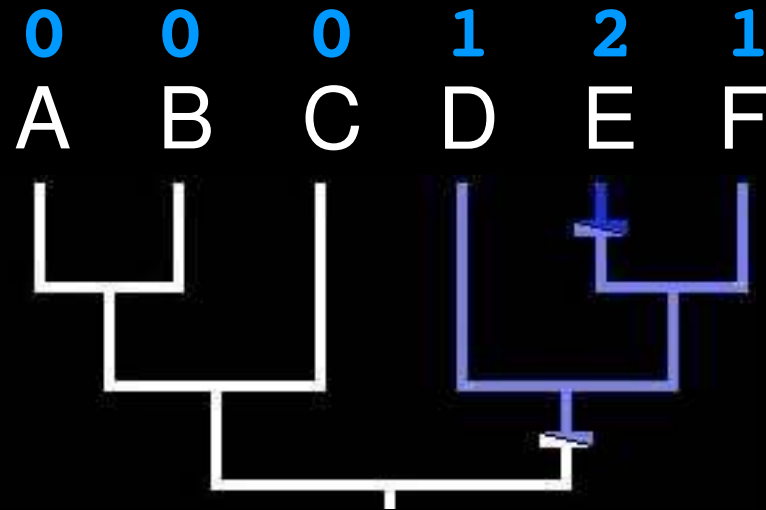
ORDEM: noção de adjacência entre estados.

POLARIZAÇÃO: direção da transformação, inferida *a posteriori*.

# Termos associados a caracteres: séries de transformação

MATRIZ DE DADOS

	$c_1$	$c_2$
A	0	2
B	0	2
C	0	1
D	1	0
E	2	0
F	1	0



CARACTERES MULTI-ESTADOS: possuem MAIS do que dois estados.

ORDEM: noção de adjacência entre estados.  $0 \leftrightarrow 1 \leftrightarrow 2$

$0 \rightarrow 1 \rightarrow 2$

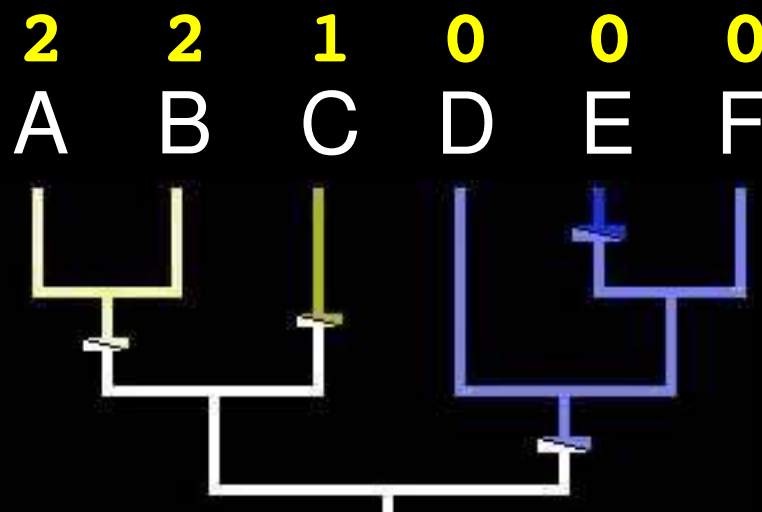
Série de transformação linear

POLARIZAÇÃO: direção da transformação, inferida a *posteriori*.

# Termos associados a caracteres: séries de transformação

MATRIZ DE DADOS

	$c_1$	$c_2$
A	0	2
B	0	2
C	0	1
D	1	0
E	2	0
F	1	0



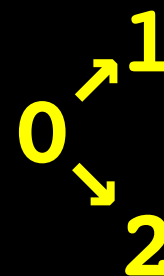
CARACTERES MULTI-ESTADOS: possuem MAIS do que dois estados.

ORDEM: noção de adjacência entre estados.



$0 \rightarrow 1 \rightarrow 2$

Série de transformação linear

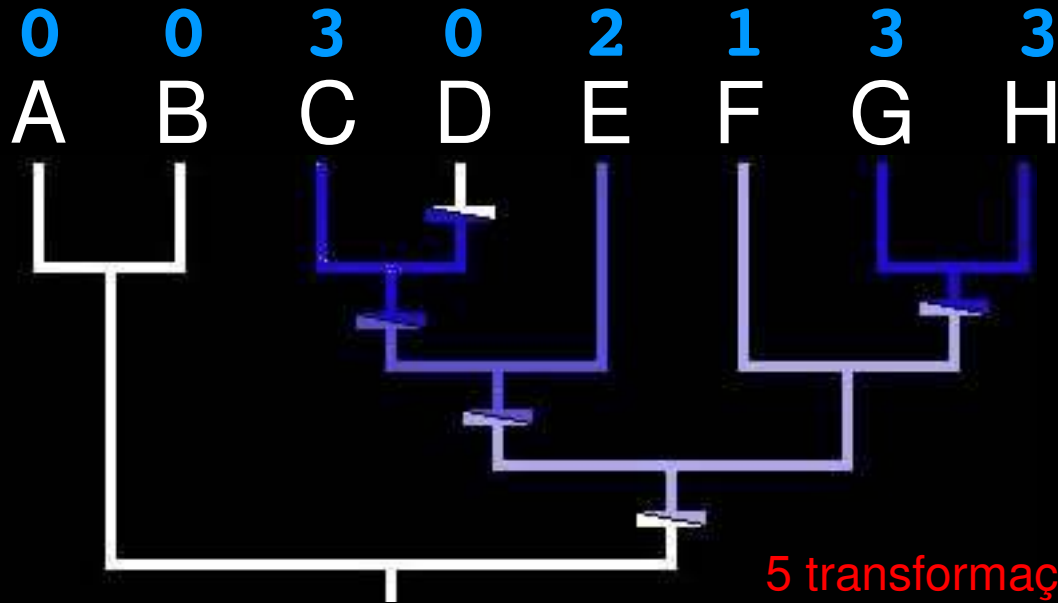


Série de transformação não-linear ou ramificada

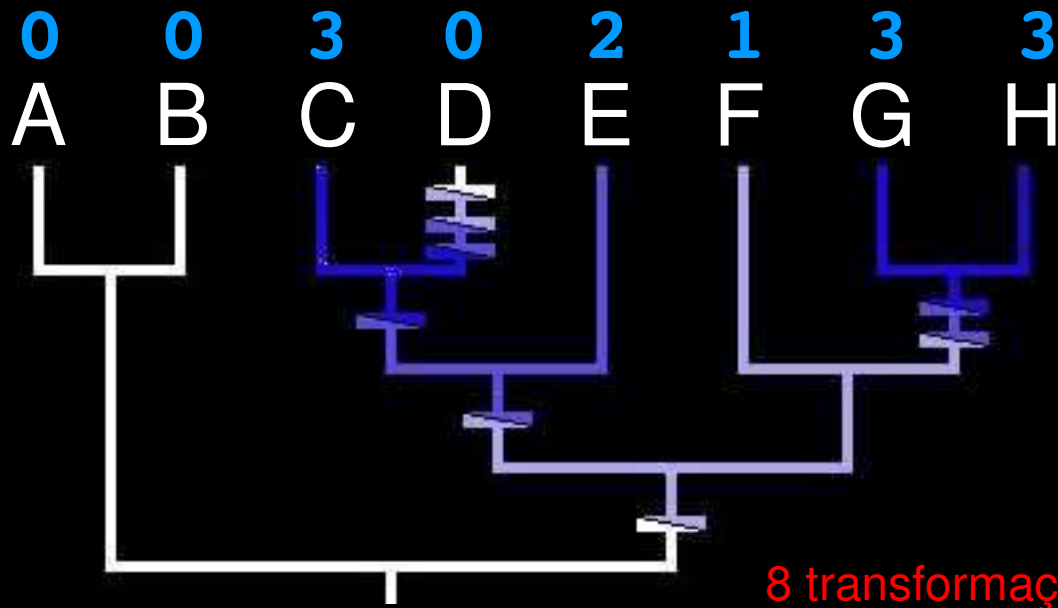
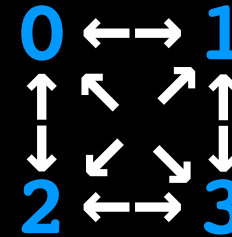
POLARIZAÇÃO: direção da transformação, inferida *a posteriori*.



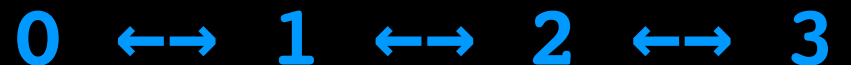
# Termos associados a caracteres: polarização



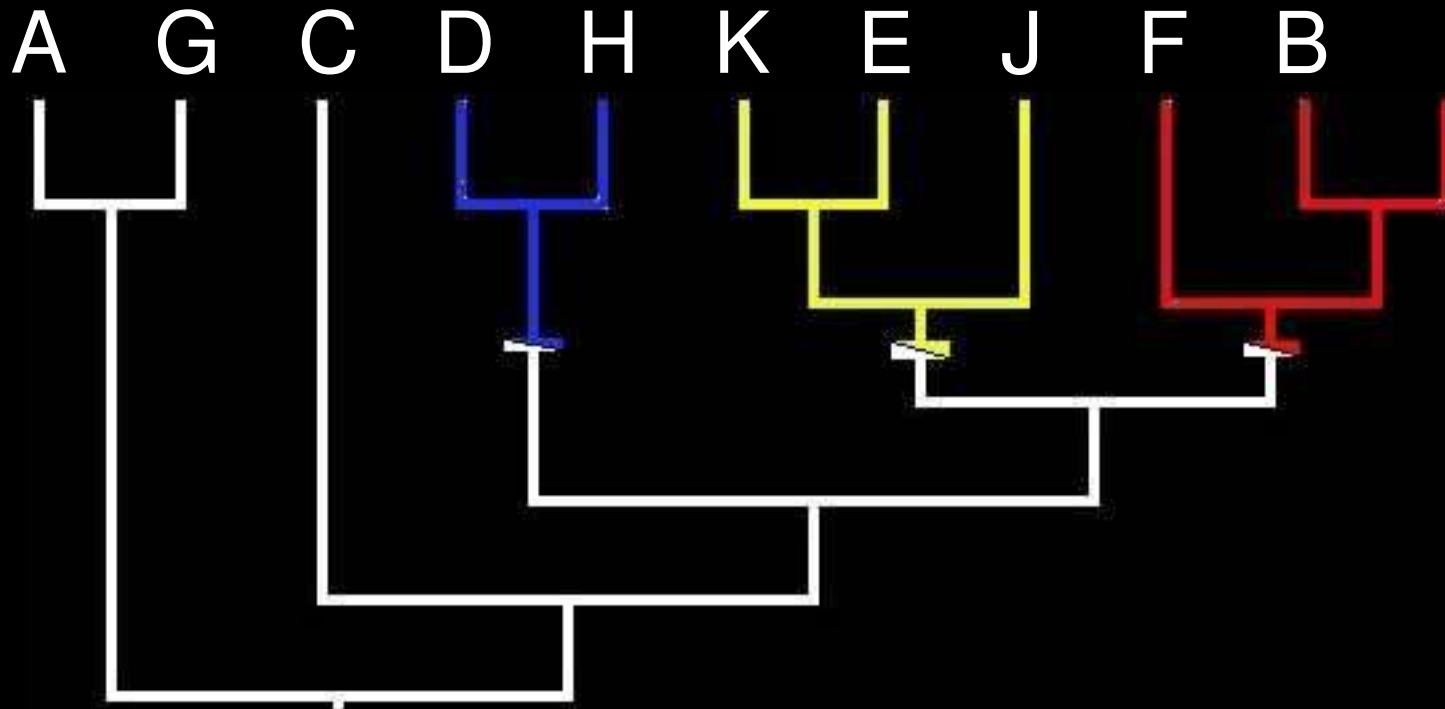
NÃO ORDENADO & NÃO POLARIZADO



ORDENADO *a priori*



# Termos associados a caracteres: SINAPOMORPIAS

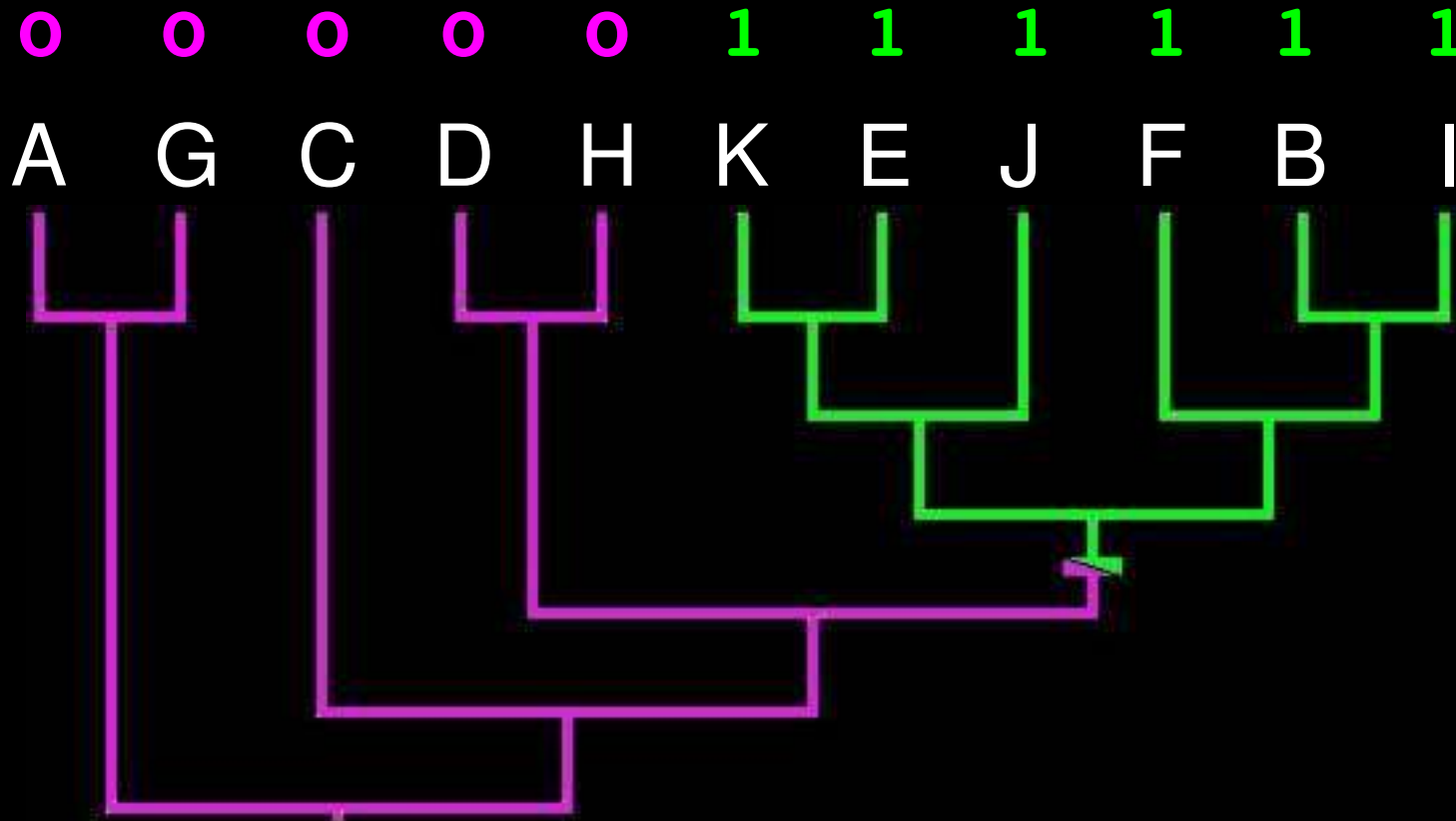


MATRIZ DE DADOS

	$c_1$	$c_2$	$c_3$
A	0	0	1
B	0	0	0
C	0	0	1
D	1	0	1
E	0	1	1
F	0	0	0
G	0	0	1
H	1	0	1
I	0	0	0
J	0	1	1
K	0	1	1

SINAPOMORPIAS: são apomorfias compartilhadas.

# Termos associados a caracteres: SIMPLESIOMORFIAS

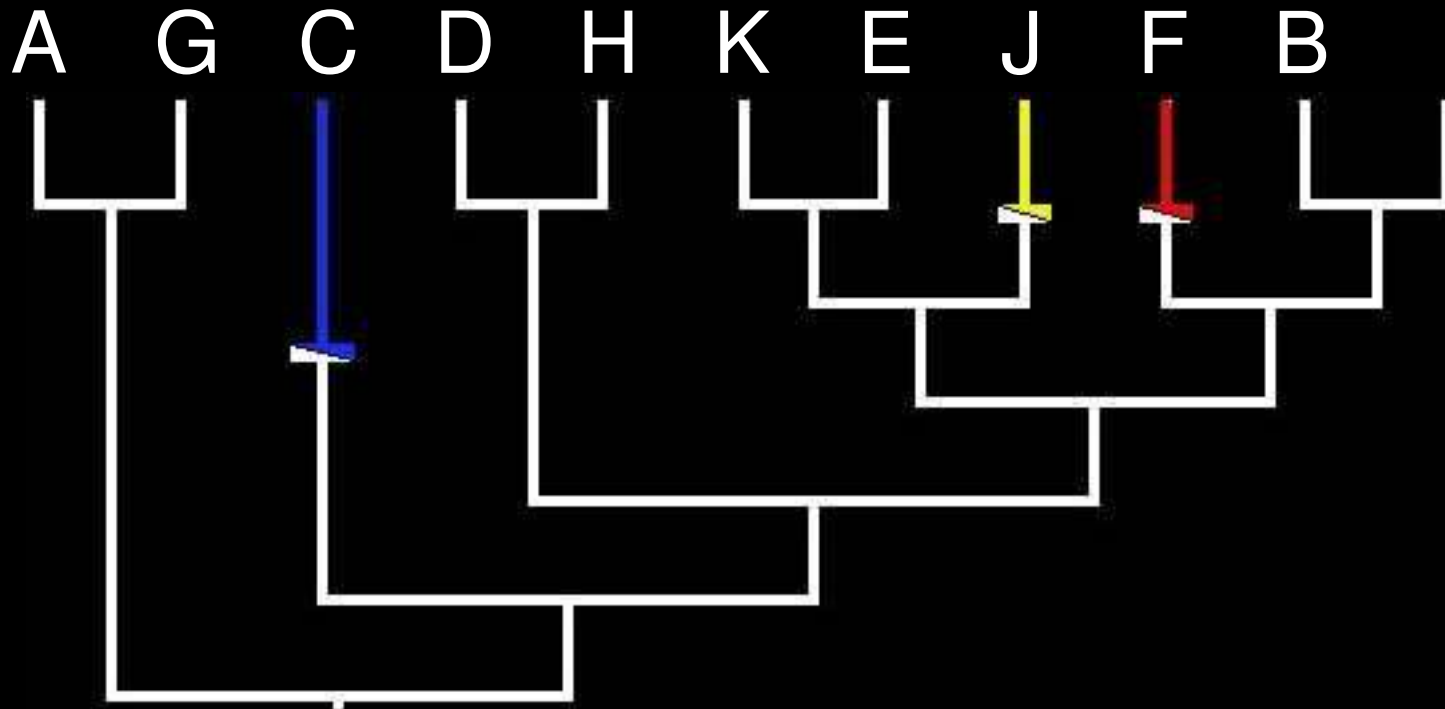


MATRIZ DE DADOS

	$c_1$
A	0
B	1
C	0
D	0
E	1
F	1
G	0
H	0
I	1
J	1
K	1

SINPLESIOMORFIAS: são plesiomorfias compartilhadas, estados de caráter inadequados para formação de grupos.

# Termos associados a caracteres: AUTAPOMORFIAS

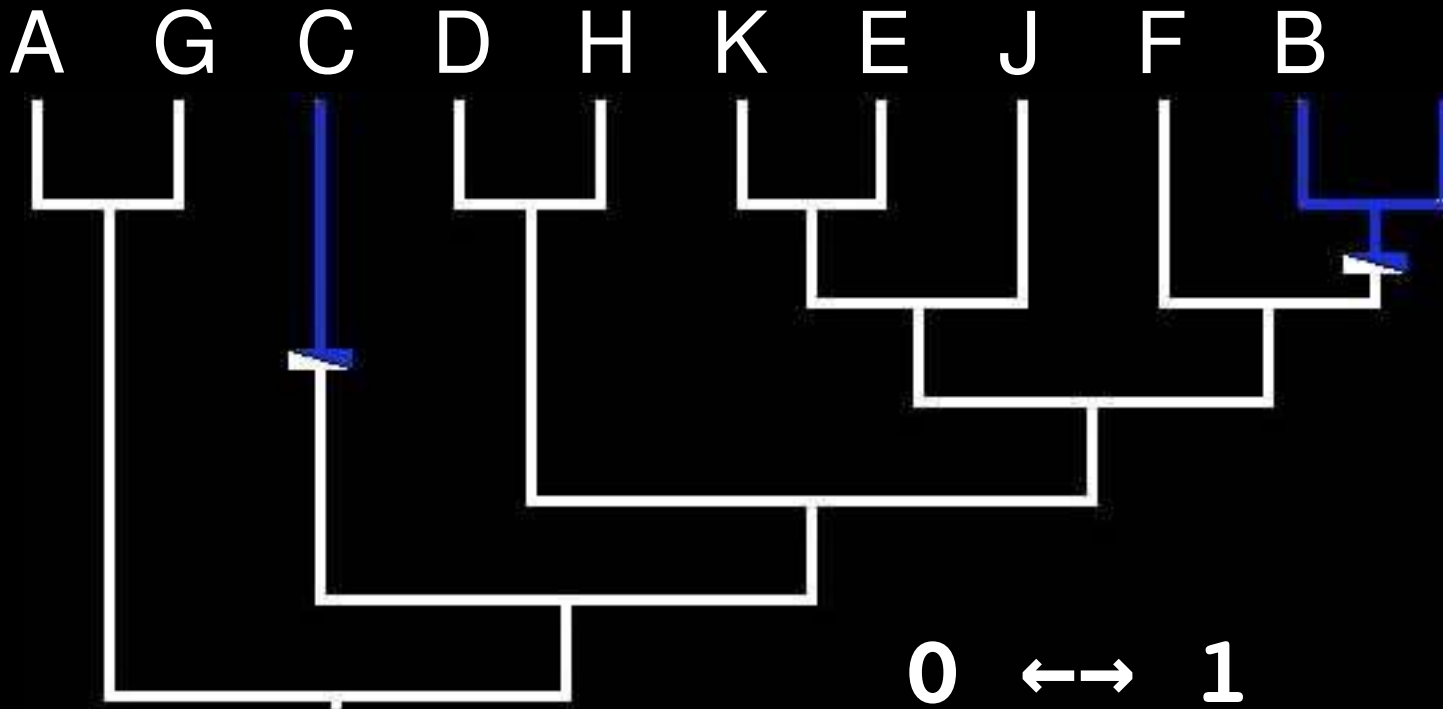


MATRIZ DE DADOS

	$c_1$	$c_2$	$c_3$
A	0	0	0
B	0	0	0
C	1	0	0
D	0	0	0
E	0	0	0
F	0	0	1
G	0	0	0
H	0	0	0
I	0	0	0
J	0	1	0
K	0	0	0

AUTAPOMORFIAS: são apomorfias em ramos terminais e não propiciam nenhuma informação sobre a relação de parentesco entre terminais.

# Termos associados a caracteres: HOMOPLASIAS

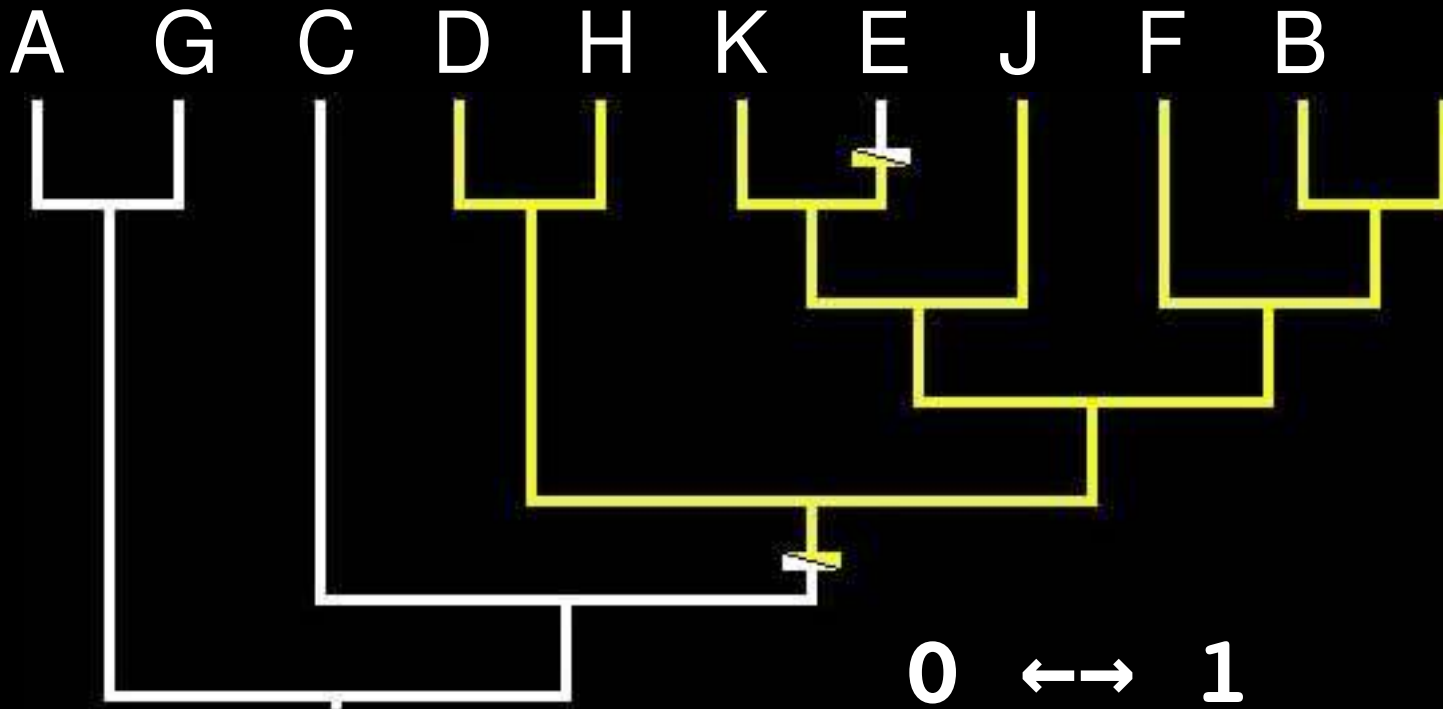


MATRIZ DE DADOS

	$c_1$	$c_2$	$c_3$
A	0	0	0
B	1	1	1
C	1	0	1
D	0	1	1
E	0	0	2
F	0	1	2
G	0	0	0
H	0	1	1
I	1	1	2
J	0	1	2
K	0	1	1

HOMOPLASIAS: um caráter é considerado homoplástico quando o número de transformações em uma topologia é maior do que esperado. Neste exemplo, homoplasia indica convergência.

# Termos associados a caracteres: HOMOPLASIAS

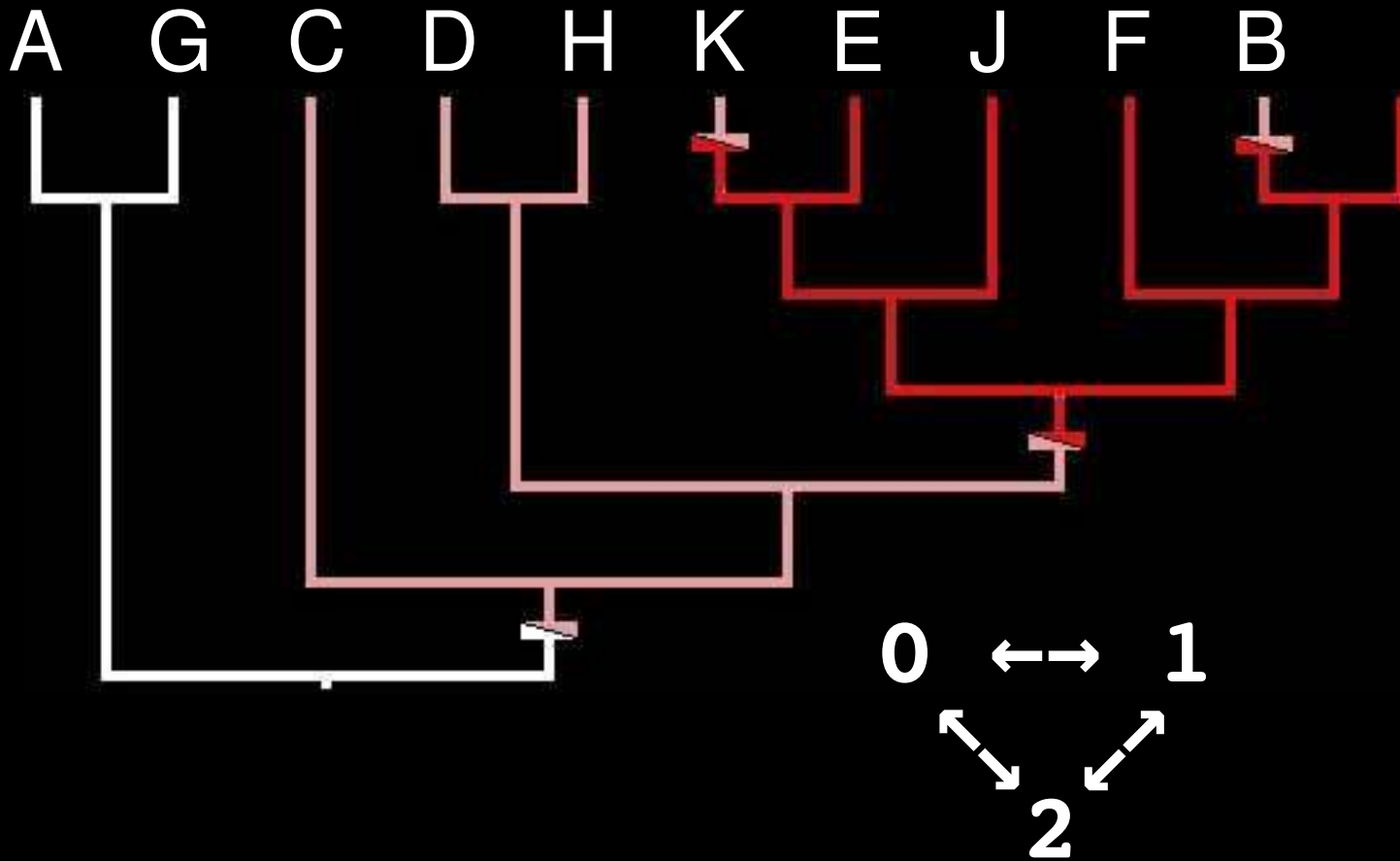


MATRIZ DE DADOS

	$c_1$	$c_2$	$c_3$
A	0	0	0
B	1	1	1
C	1	0	1
D	0	1	1
E	0	0	2
F	0	1	2
G	0	0	0
H	0	1	1
I	1	1	2
J	0	1	2
K	0	1	1

HOMOPLASIAS: um caráter é considerado homoplástico quando o número de transformações em uma topologia é maior do que esperado. Neste exemplo, homoplasia indica reversão.

# Termos associados a caracteres: HOMOPLASIAS



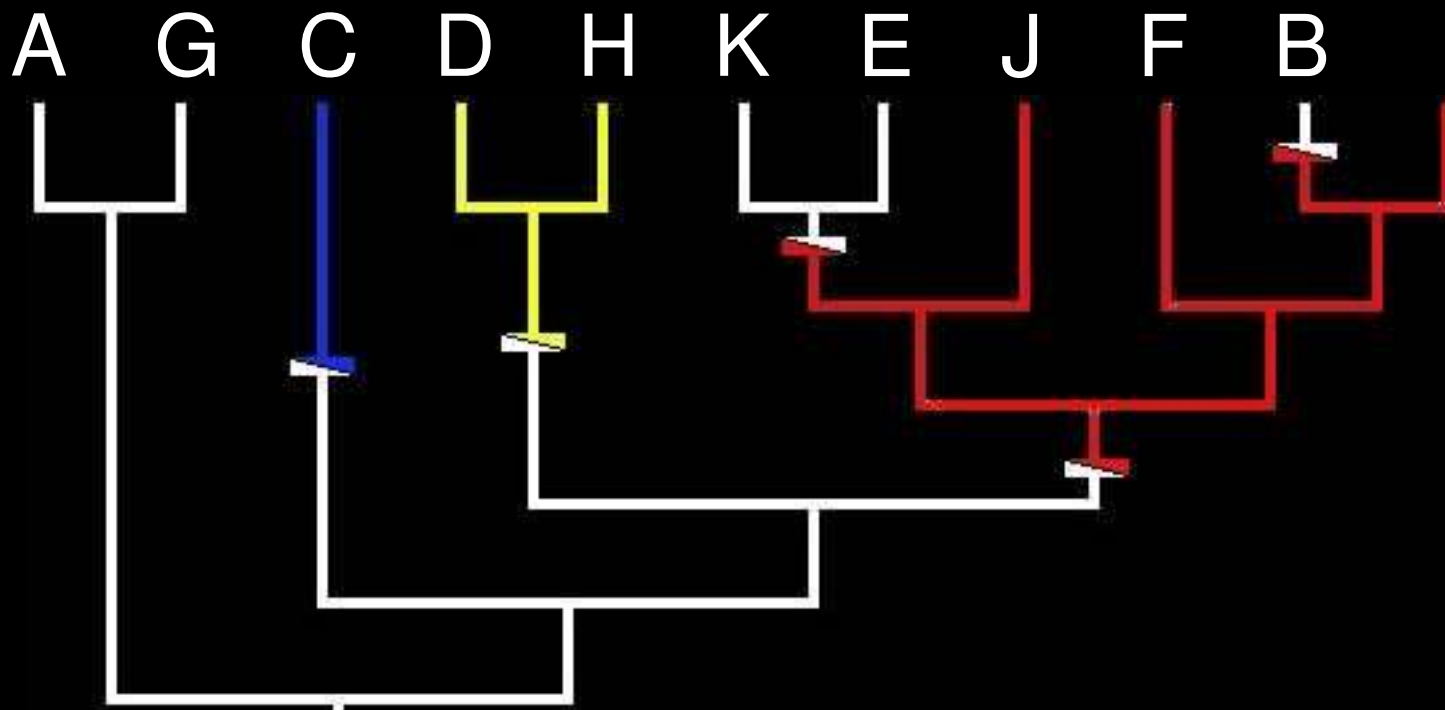
MATRIZ DE DADOS

	$c_1$	$c_2$	$c_3$
A	0	0	0
B	1	1	1
C	1	0	1
D	0	1	1
E	0	0	2
F	0	1	2
G	0	0	0
H	0	1	1
I	1	1	2
J	0	1	2
K	0	1	1

HOMOPLASIAS: um caráter é considerado homoplástico quando o número de transformações em uma topologia é maior do que esperado. Neste exemplo, homoplasia indica reversão.



# Termos associados aos caracteres:



MATRIZ DE DADOS

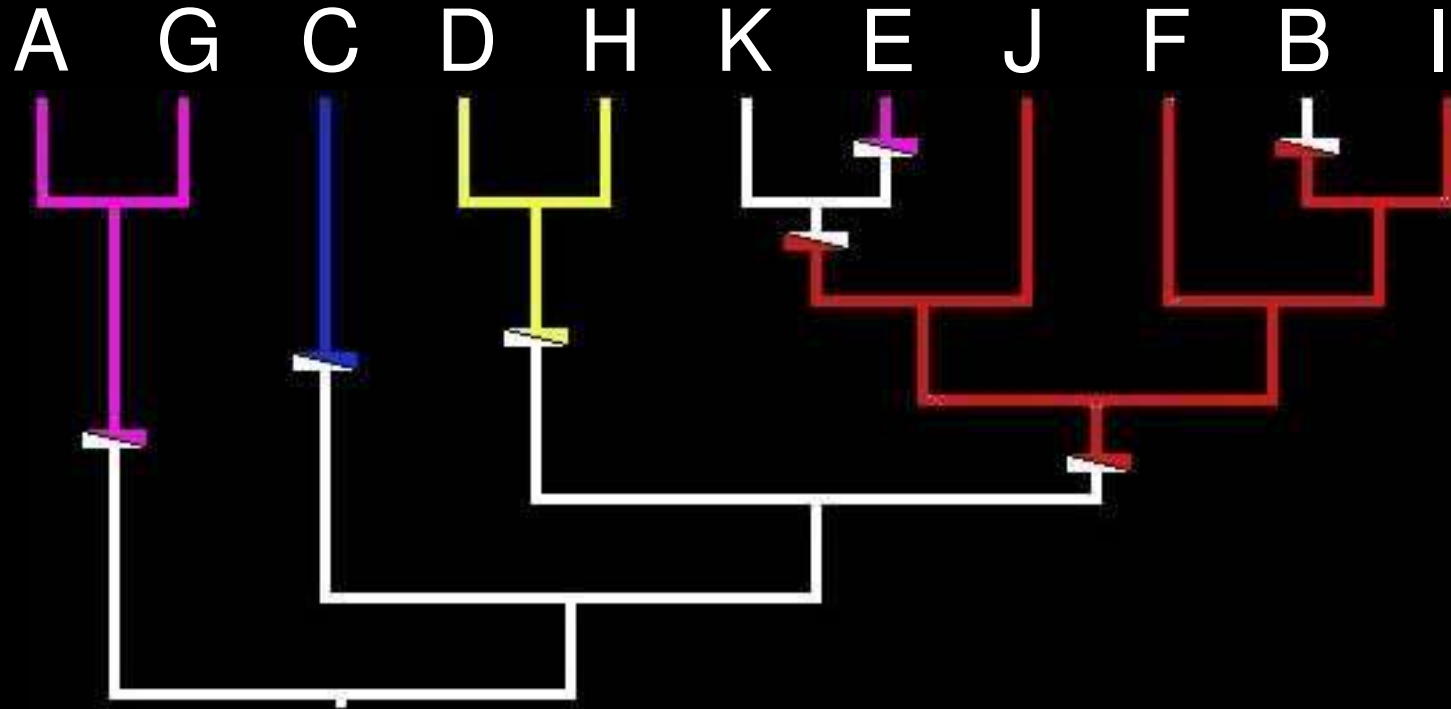
	$c_1$	$c_2$	$c_3$
A	0	0	0
B	0	0	0
C	1	0	0
D	0	1	0
E	0	0	0
F	0	0	1
G	0	0	0
H	0	1	0
I	0	0	1
J	0	0	1
K	0	0	0

	TIPOS DE TRANSFORMAÇÕES		
	MAIOR QUE ESPERADO	RAMOS INTERNOS	RAMOS EXTERNOS
<b>SINAPOMORFIAS</b>	SIM/NÃO	SIM	NÃO
<b>HOMOPLASIAS</b>	SIM	SIM/NÃO	SIM/NÃO
<b>AUTAPOMORFIAS</b>	SIM/NÃO	NÃO	SIM

# Homologia revisitada:

## MATRIZ DE DADOS

	$c_1$	$c_2$	$c_3$	$c_3$
A	0	0	0	1
B	0	0	0	0
C	1	0	0	0
D	0	1	0	0
E	0	0	0	1
F	0	0	1	0
G	0	0	0	1
H	0	1	0	0
I	0	0	1	0
J	0	0	1	0
K	0	0	0	0



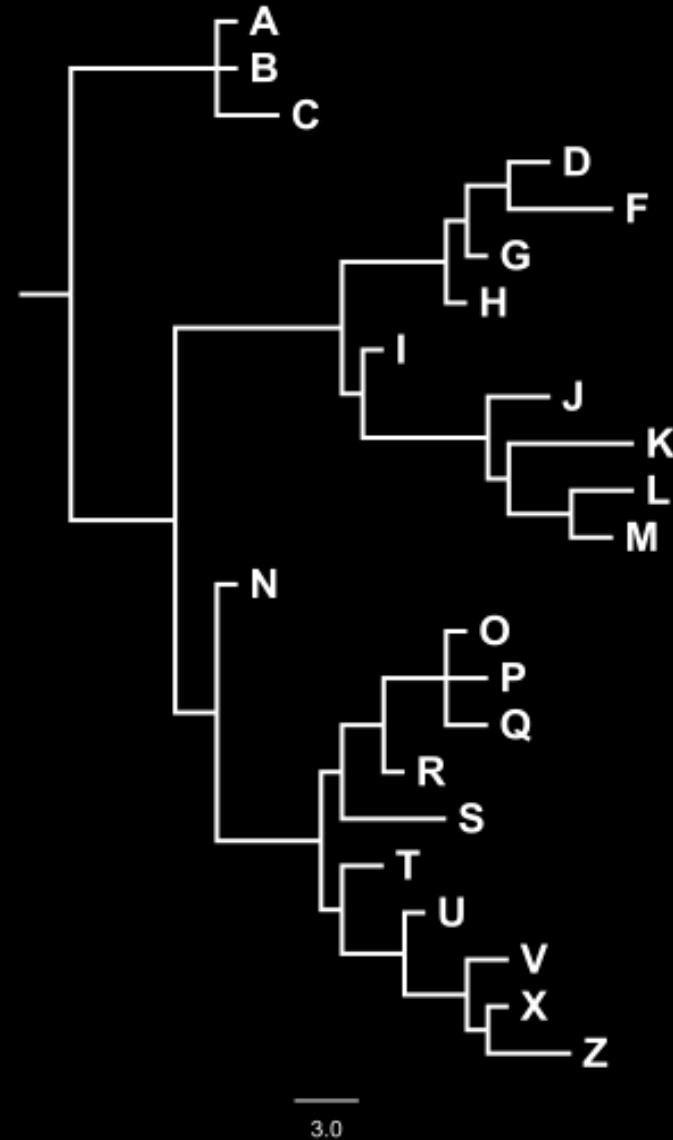
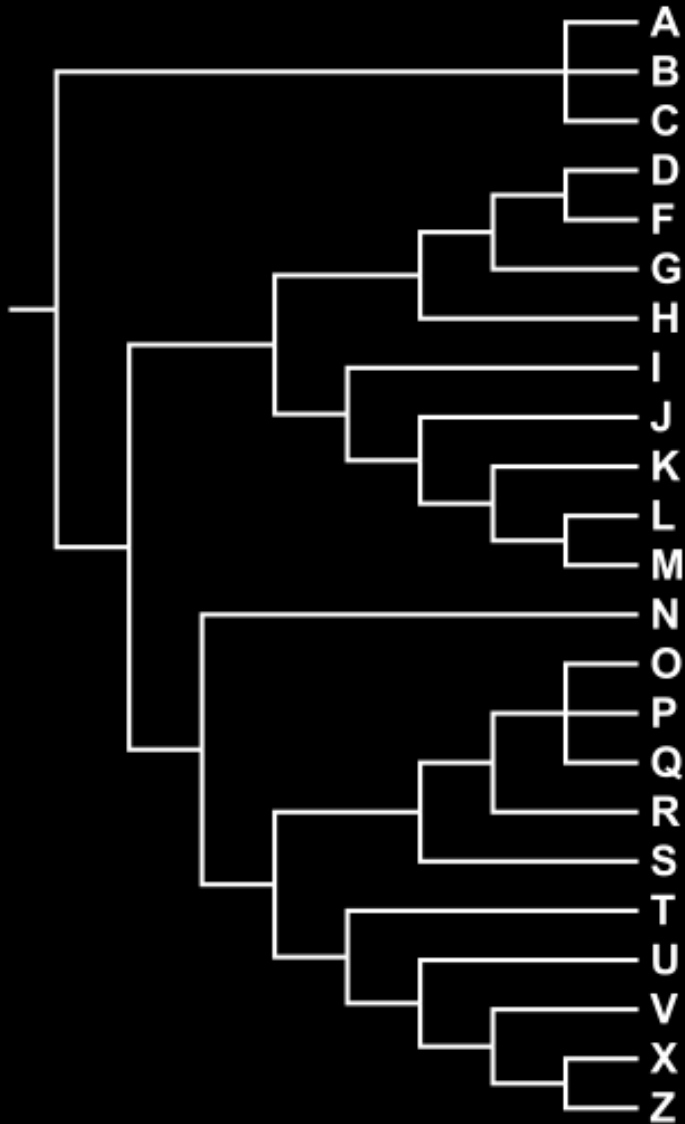
MATRIZES: São hipóteses de homologia primária.

SINAPOMORFIAS: São hipóteses de homologia secundária.

HIPÓTESES FILOGENÉTICAS: São hipóteses de sinapomorfias.

# LEITURA DE CLADOGRAMAS: representação gráfica

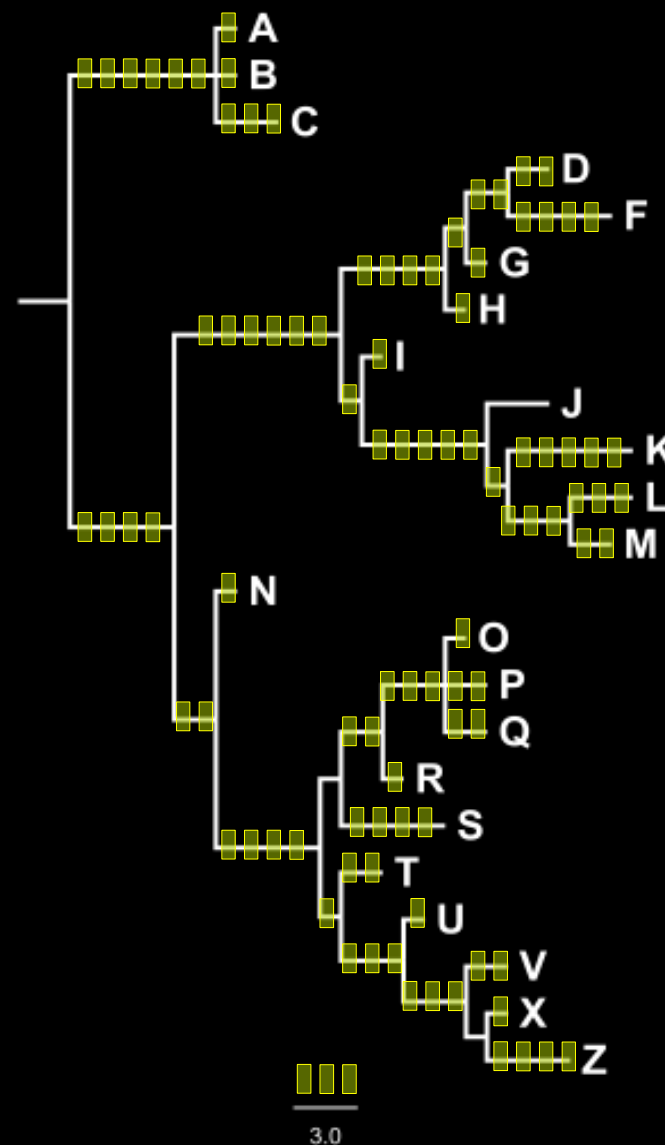
Há alguma diferença quanto ao conteúdo informativo entre estes dois diagramas?



## LEITURA DE CLADOGRAMAS: representação gráfica

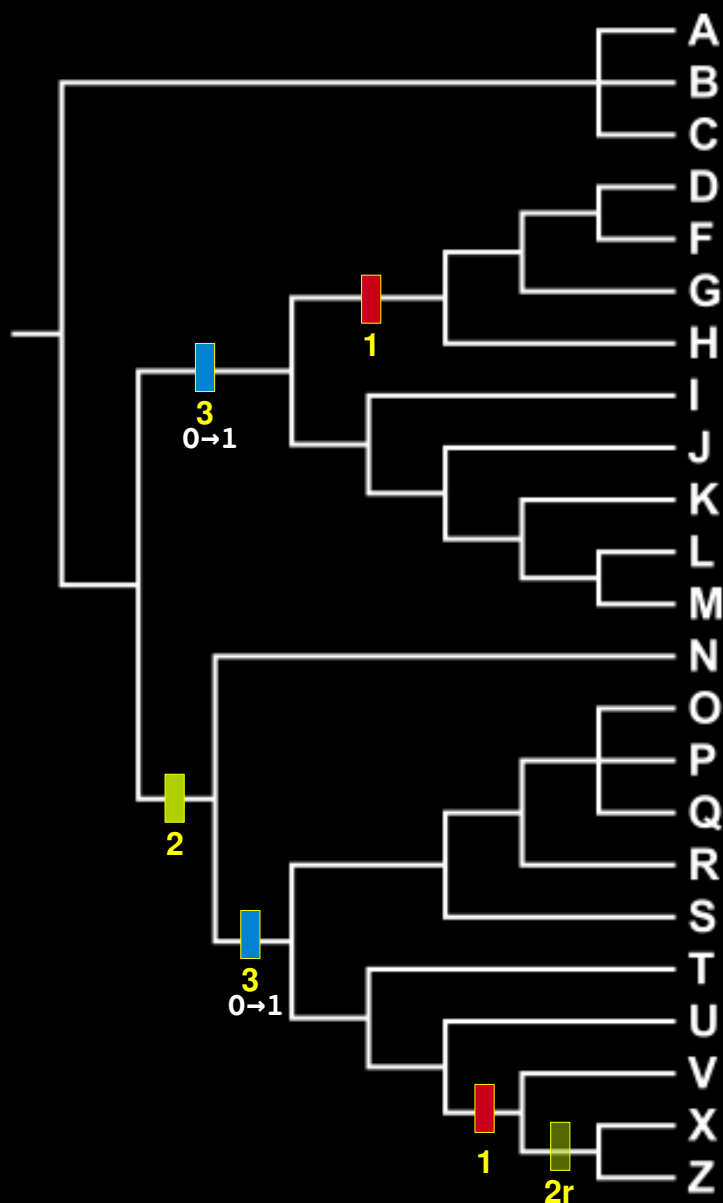
Há alguma diferença quanto ao conteúdo informativo entre estes dois diagramas?

**Sim.** O diagrama (cladograma) ao lado exibe os comprimentos de ramos. O comprimento dos ramos é proporcional ao número de transformações e nos fornecem uma medida de divergência relativa entre as linhagens.



# LEITURA DE CLADOGRAMAS: suporte para grupos

Considere:



O caráter 1 (i.e., seu estado apomórfico) é uma sinapomorfia para o clado  $((D,F),G),H$ , embora homoplástico para o clado  $(V,(X,Z))$ . Portanto, também uma sinapomorfia para o último.

O caráter 2 (i.e., seu estado apomórfico) é uma sinapomorfia para o grupo  $(N-Z)$ , embora haja uma reversão que sustenta os grupos irmãos X e Z.

Seria correto dizer que existe suporte inequívoco para os grupos  $(D-M)$  e  $(O-Z)$ ?

# LEITURA DE CLADOGRAMAS: suporte para grupos

Considere:

Seria correto dizer que existe suporte inequívoco para os grupos (D-M) e (O-Z)?

Sim, pois a otimização deste caráter é ambígua!

