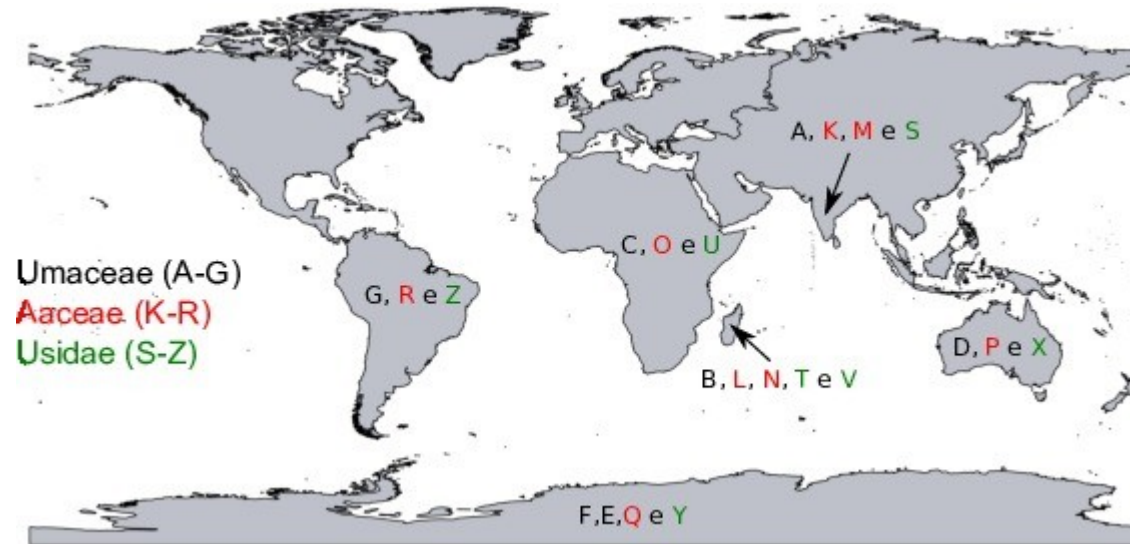


Biogeografia Histórica



Quais são os eventos de respondem pela distribuição de táxons?

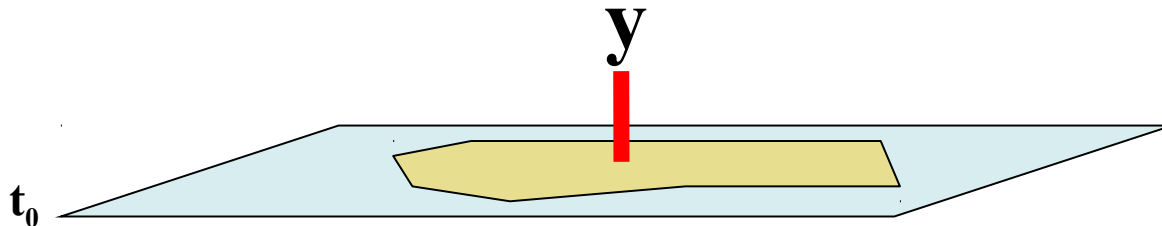
- História da terra (Paleogeografia)
- História dos clados (Inferência Filogenética)
- Associações históricas entre áreas e organismos

O que são Associações Históricas?

Correlação entre padrões históricos de um hospedeiro e um associado.

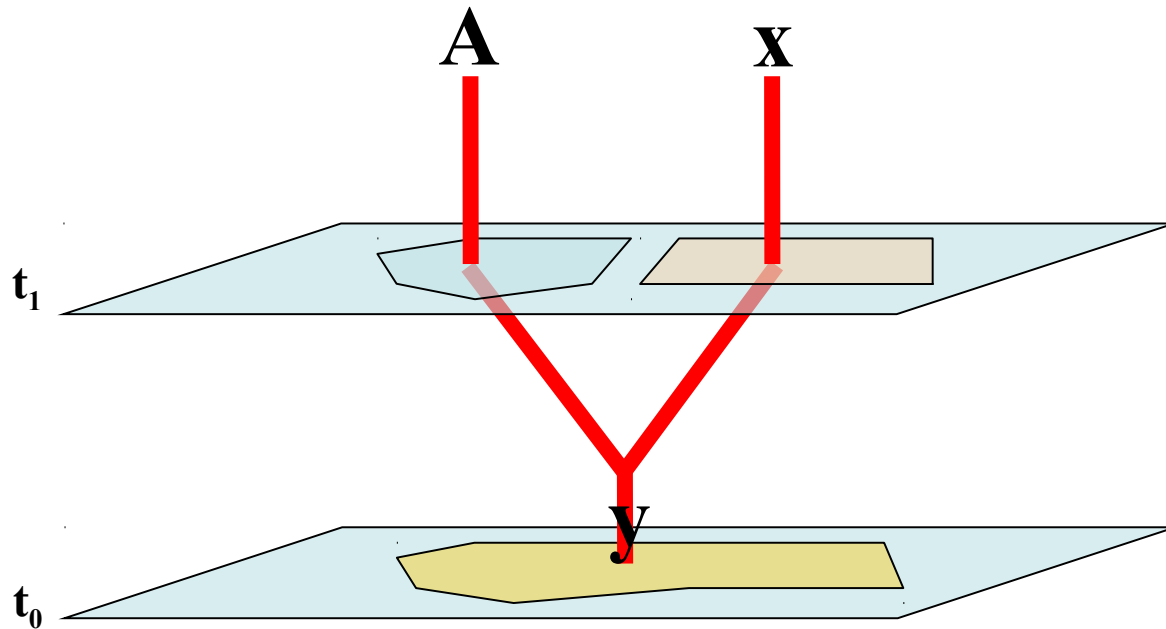
→ Assume que a história do hospedeiro impõe um padrão no hospedeiro.

Considere uma área ancestral
contendo uma linhagem qualquer (y):



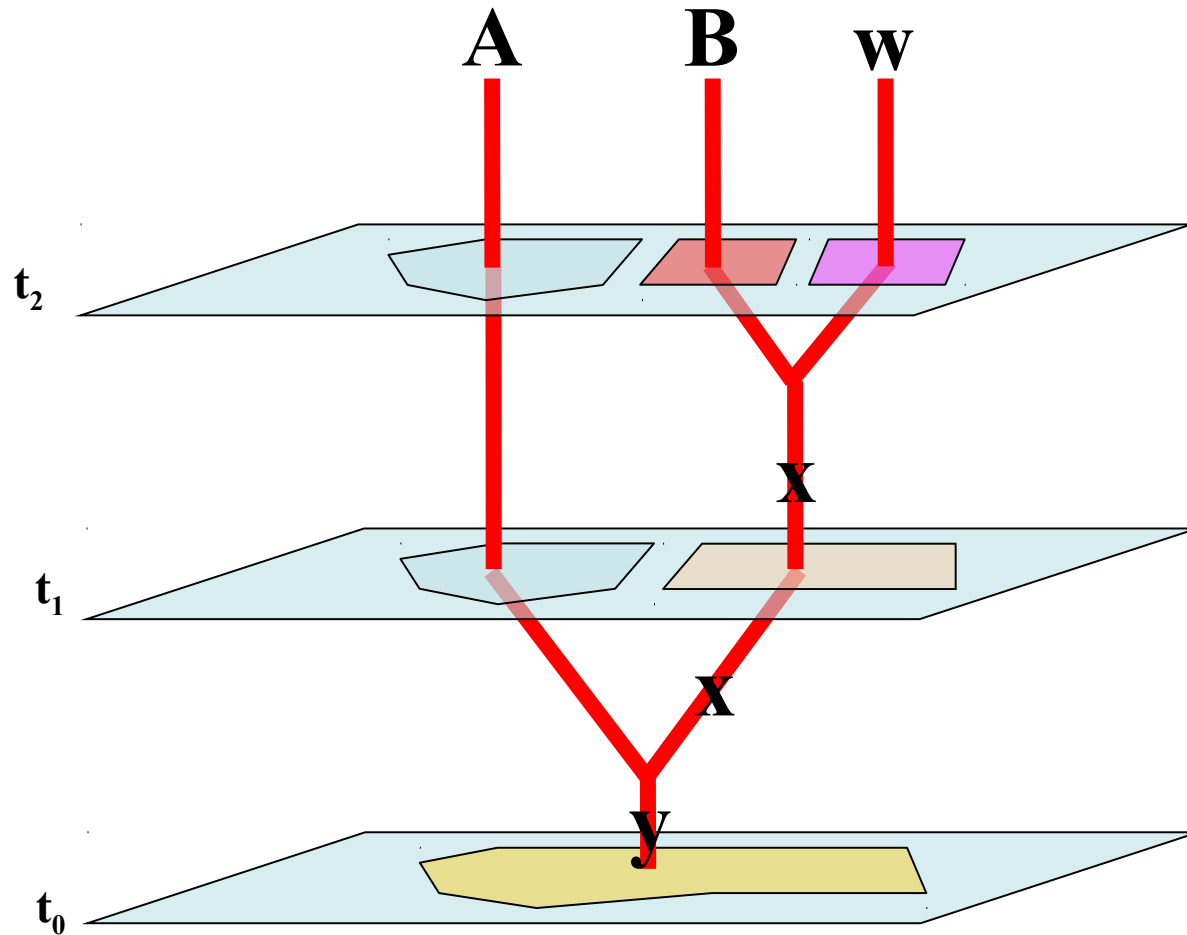
Associações históricas:

Associação histórica entre áreas e linhagens



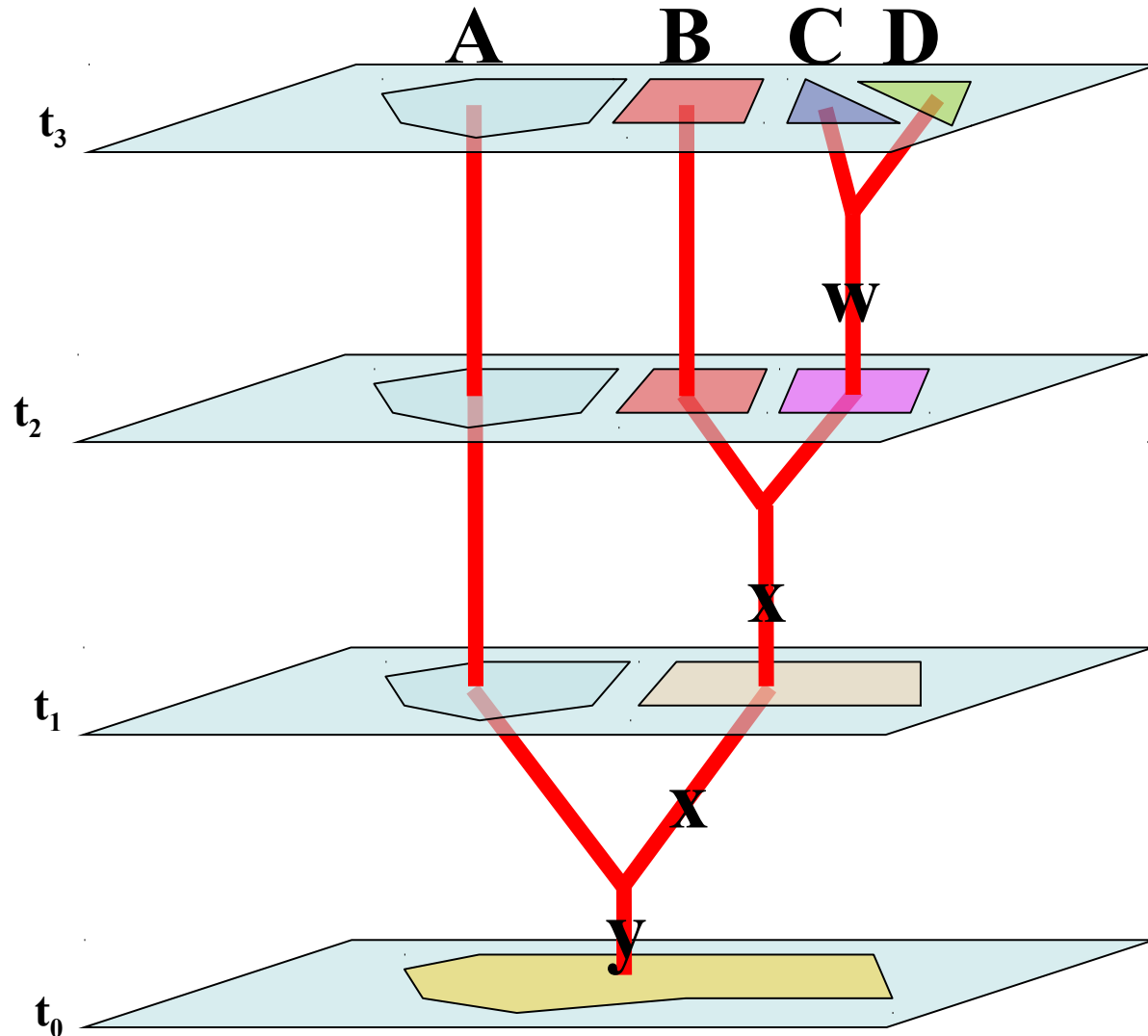
Associações históricas:

Associação histórica entre áreas e linhagens



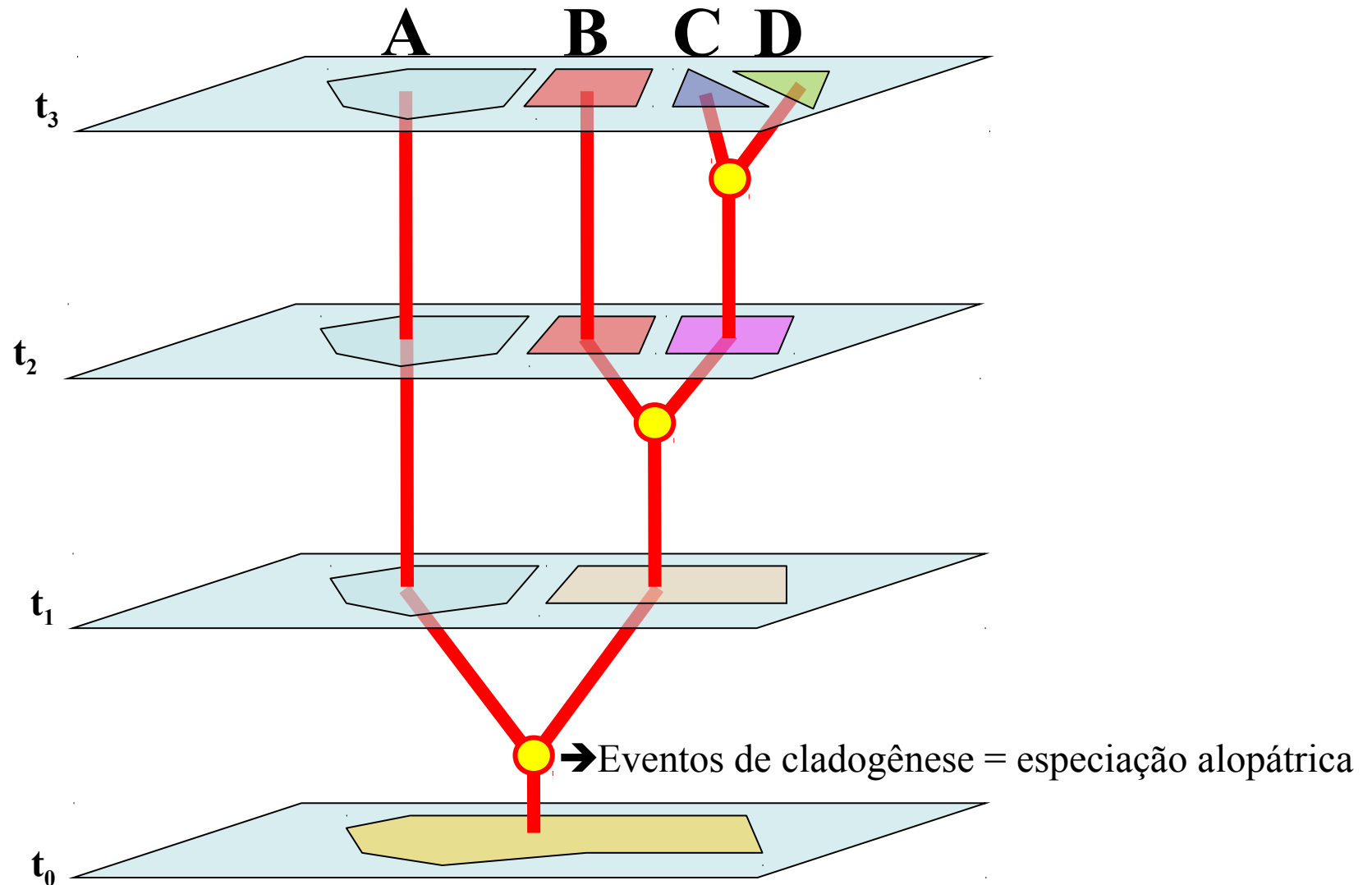
Associações históricas:

Associação histórica entre áreas e linhagens



Associações históricas:

Associação histórica entre áreas e linhagens



O que são Associações Históricas?

Correlação entre padrões históricos de um hospedeiro e um associado.

→ Assume que a história do hospedeiro impõe um padrão no hospedeiro.

Outros níveis hierárquicos de associação Histórica:

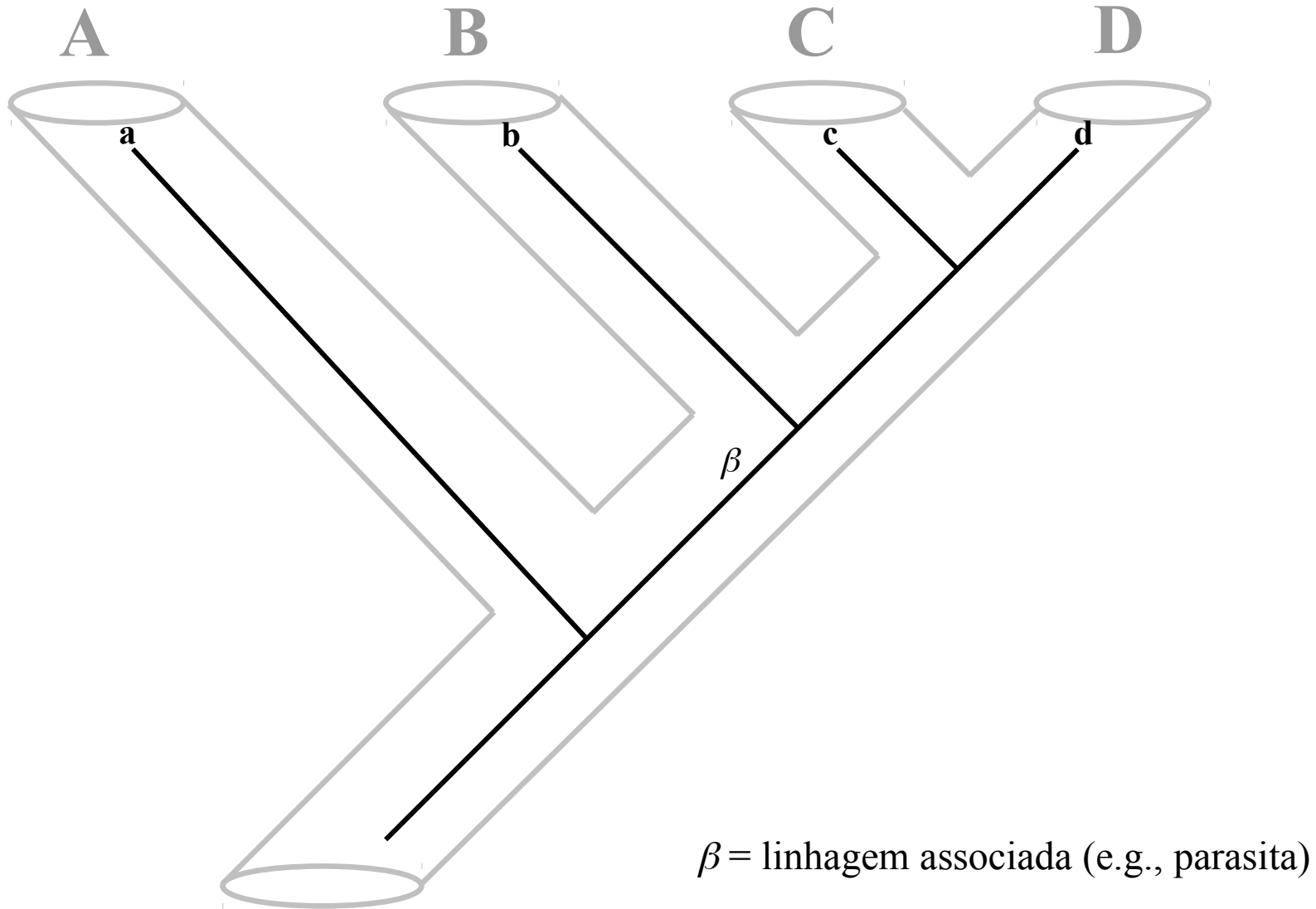
Associação histórica entre áreas e linhagens

Associação histórica entre linhagens e linhagens

Associação histórica entre genes e linhagens

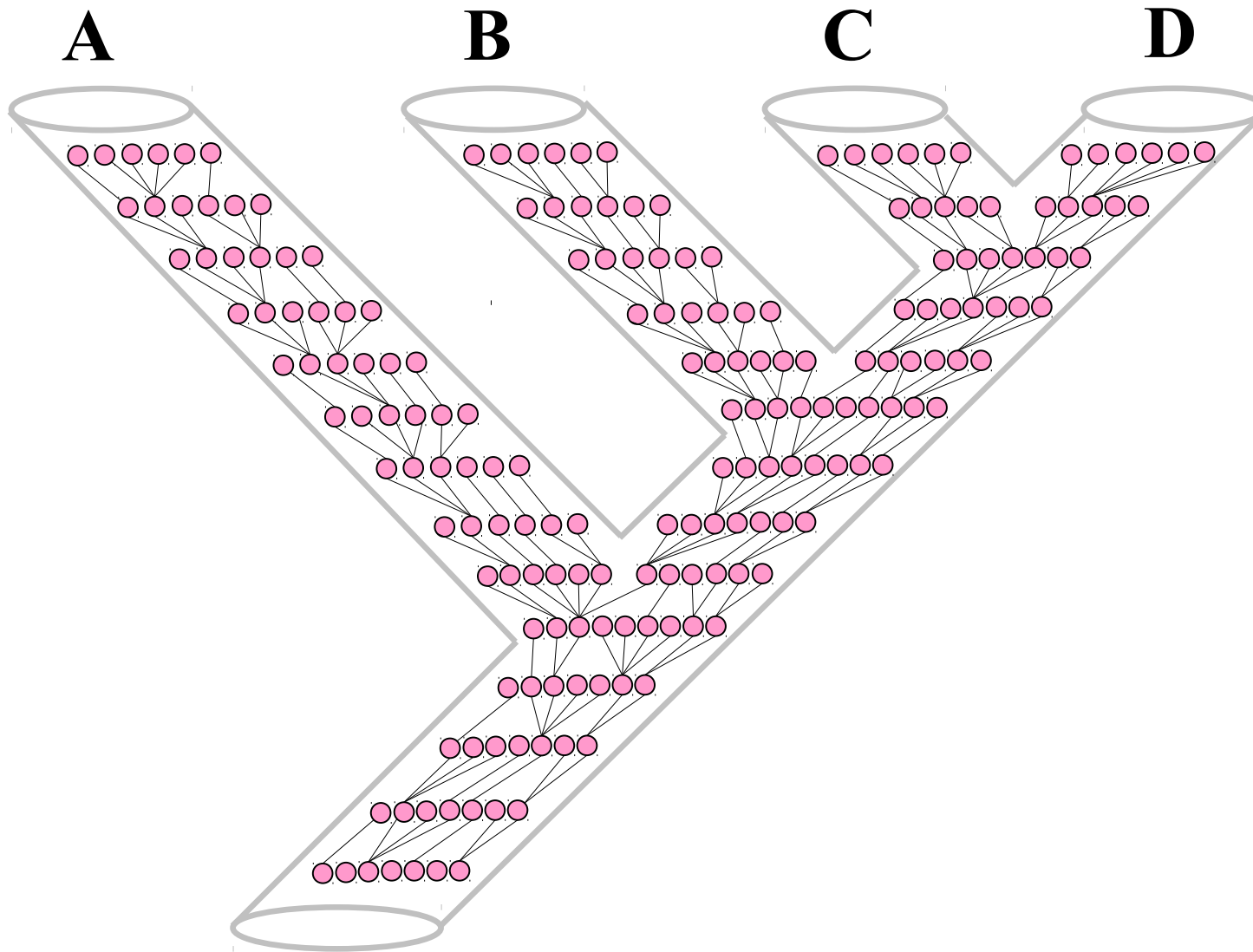
Associações históricas:

Associação histórica entre linhagens e linhagens



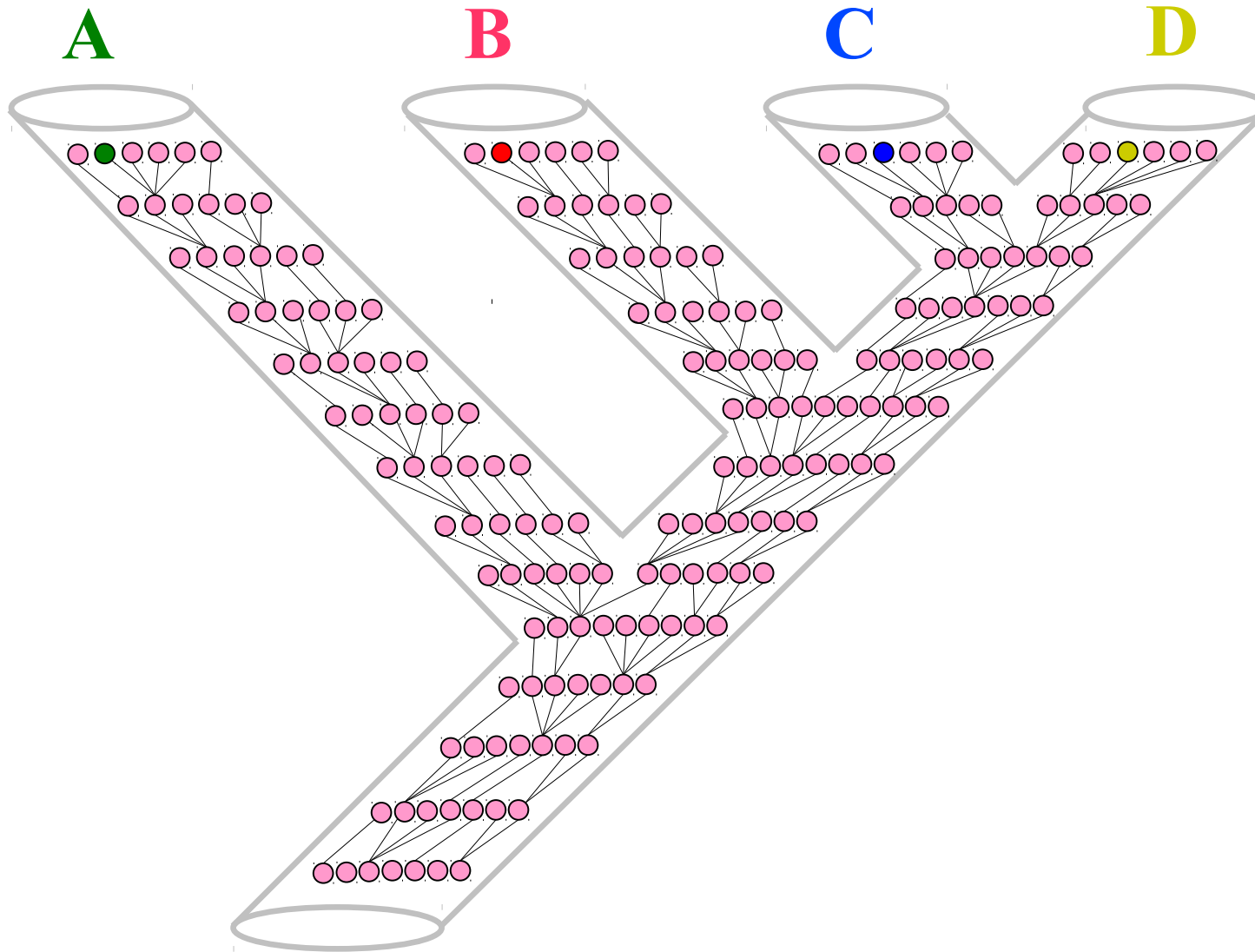
Associações históricas:

Associação histórica entre genes e linhagens



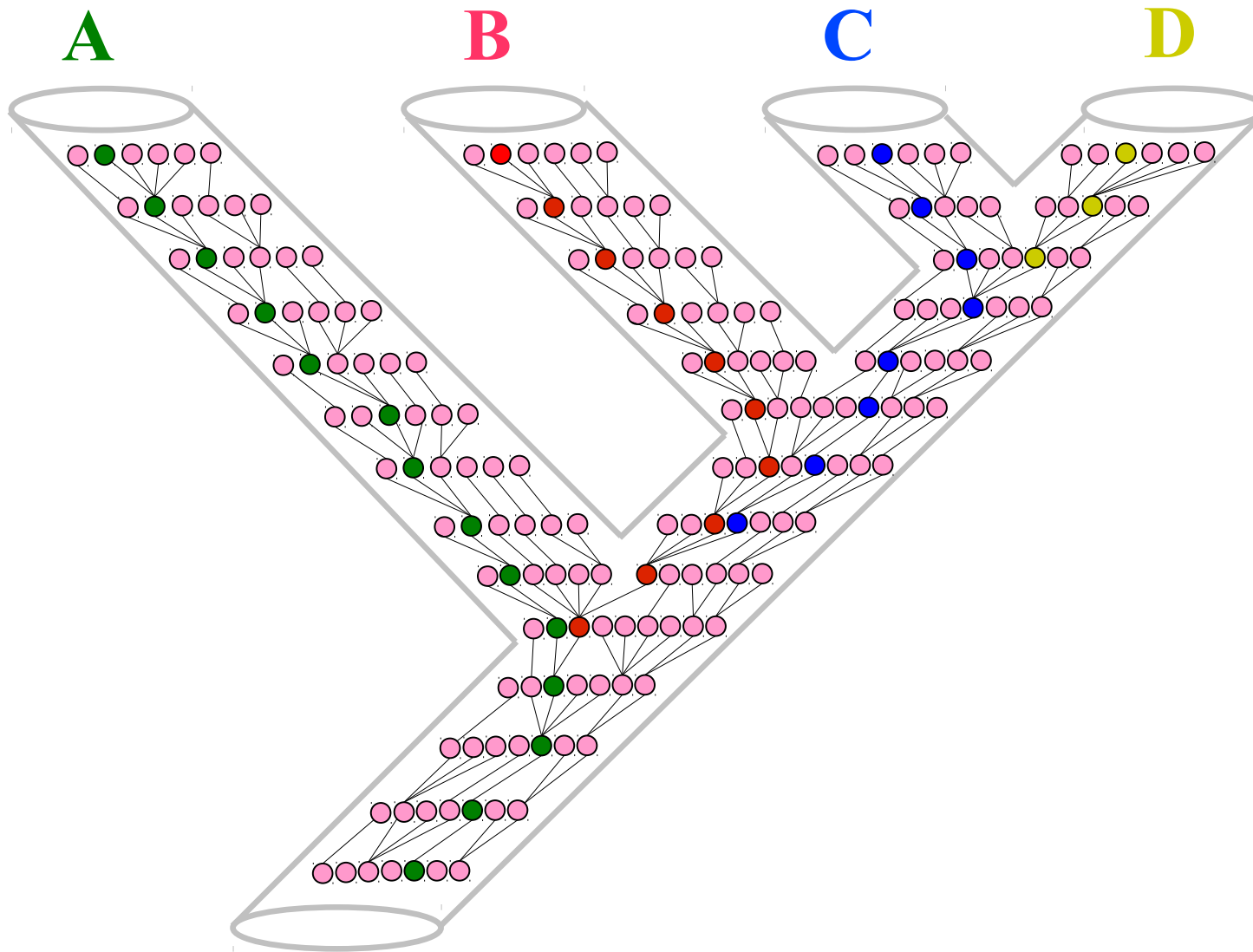
Associações históricas:

Associação histórica entre genes e linhagens



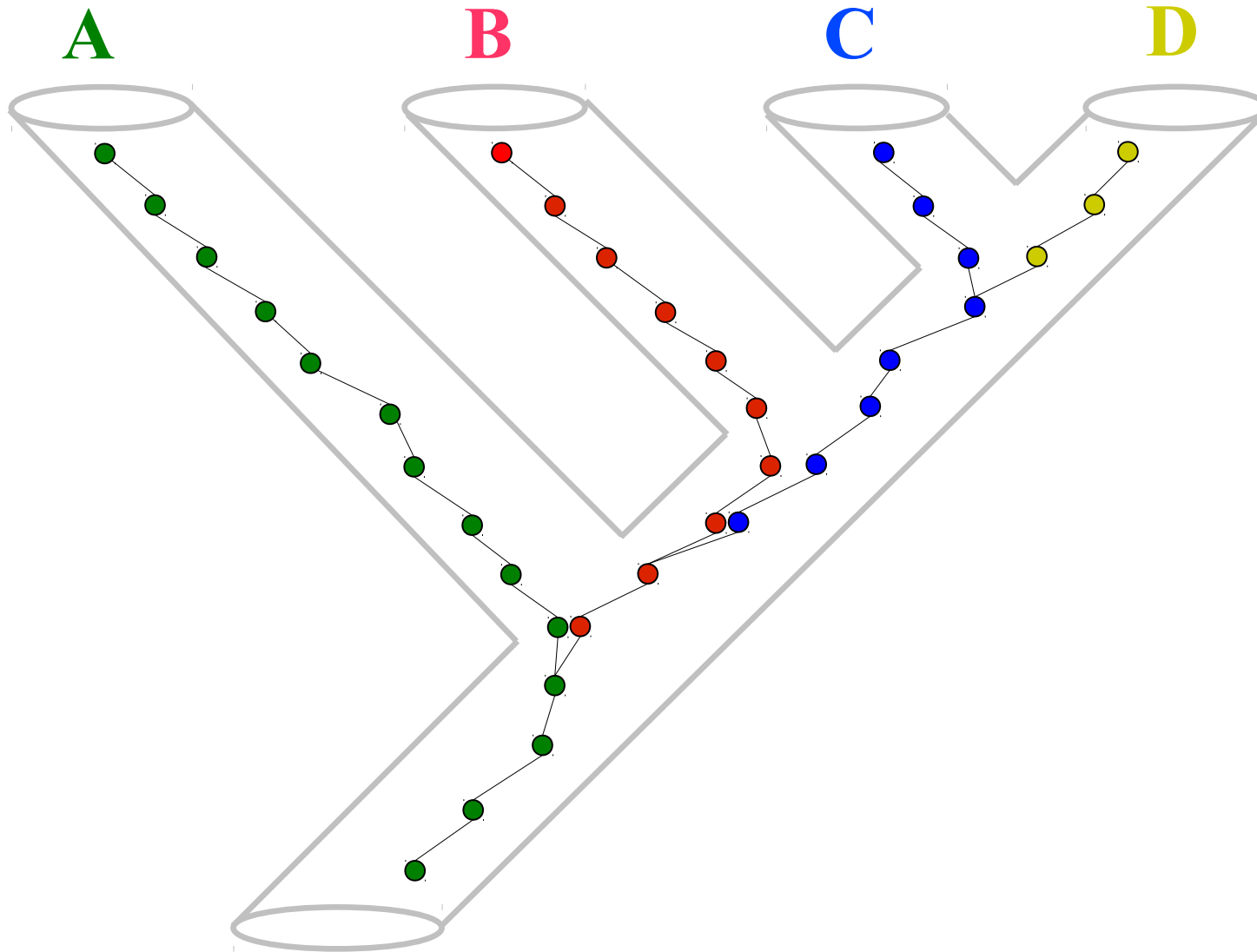
Associações históricas:

Associação histórica entre genes e linhagens



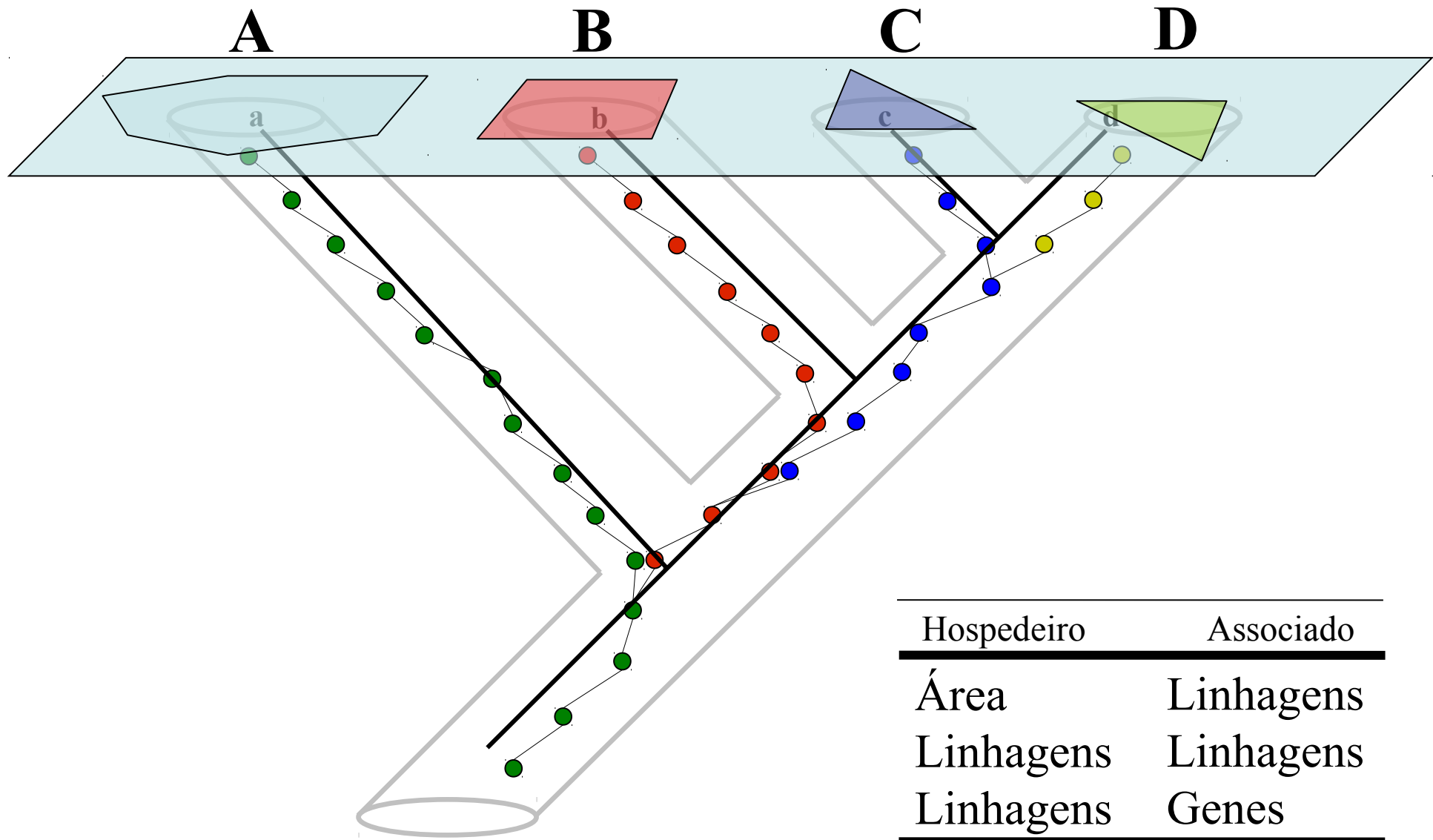
Associações históricas:

Associação histórica entre genes e linhagens



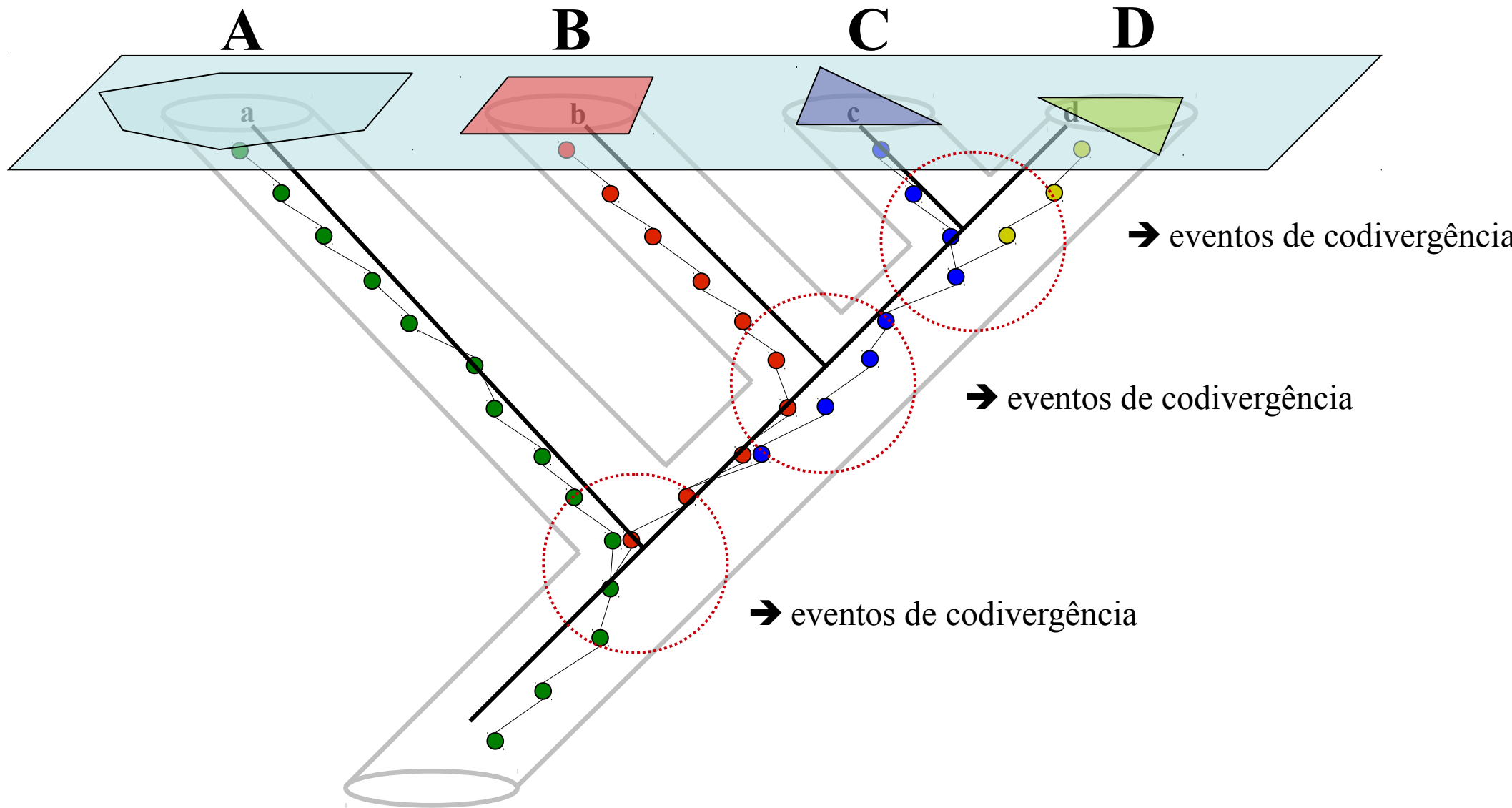
Associações históricas:

Níveis de associações históricas



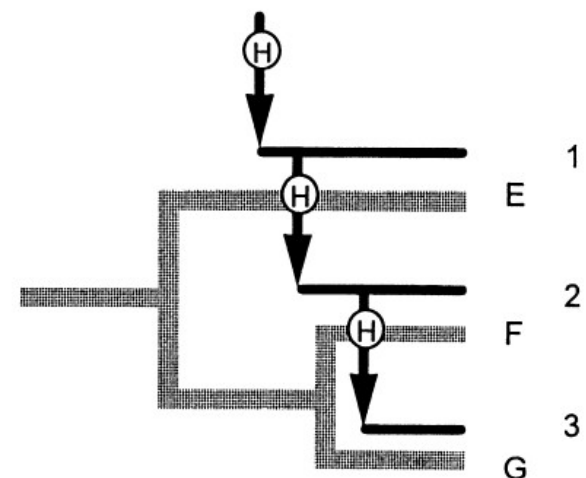
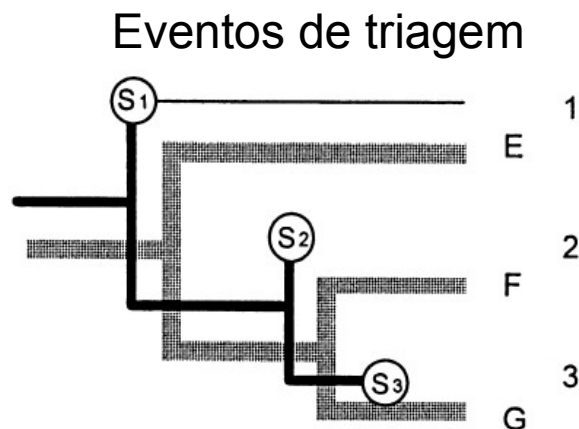
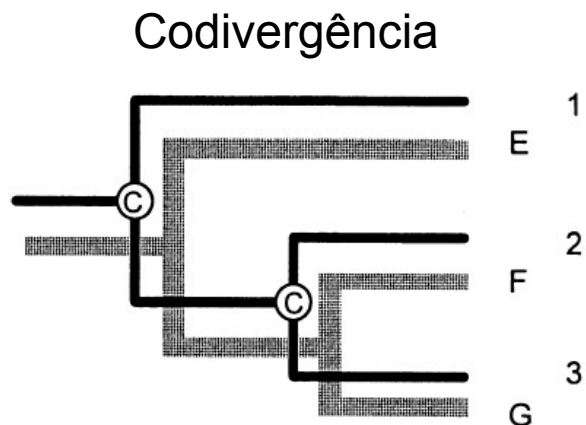
Associações históricas:

Níveis de associações históricas

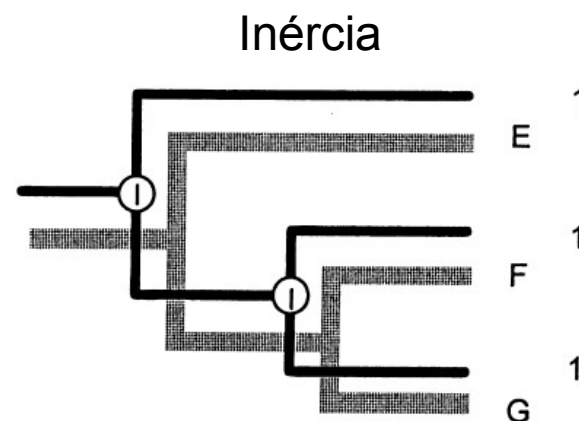
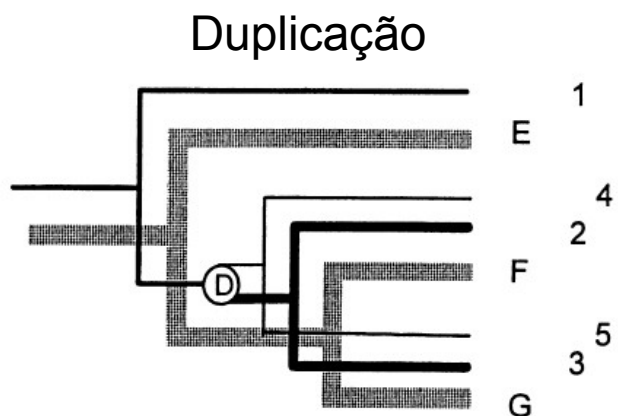


Existem outros eventos possíveis?

Associações históricas: Diferentes tipos de eventos cofilogenéticos

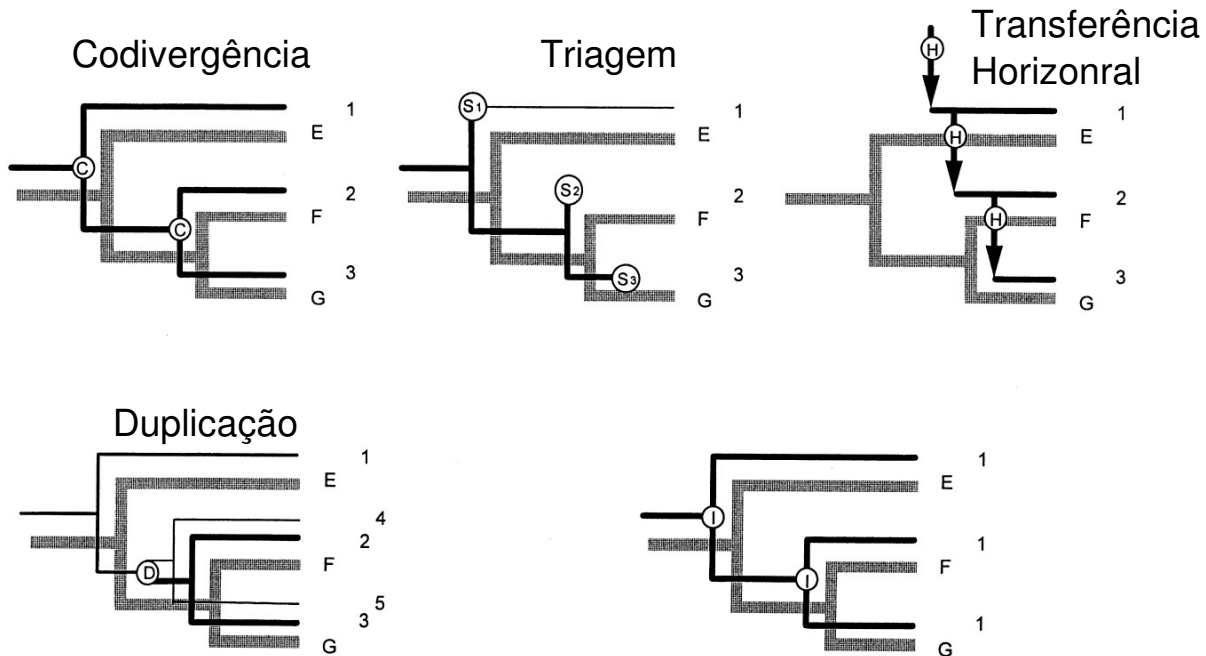


Tranferência horizontal



Associações históricas:

Diferentes tipos de eventos cofilogenéticos

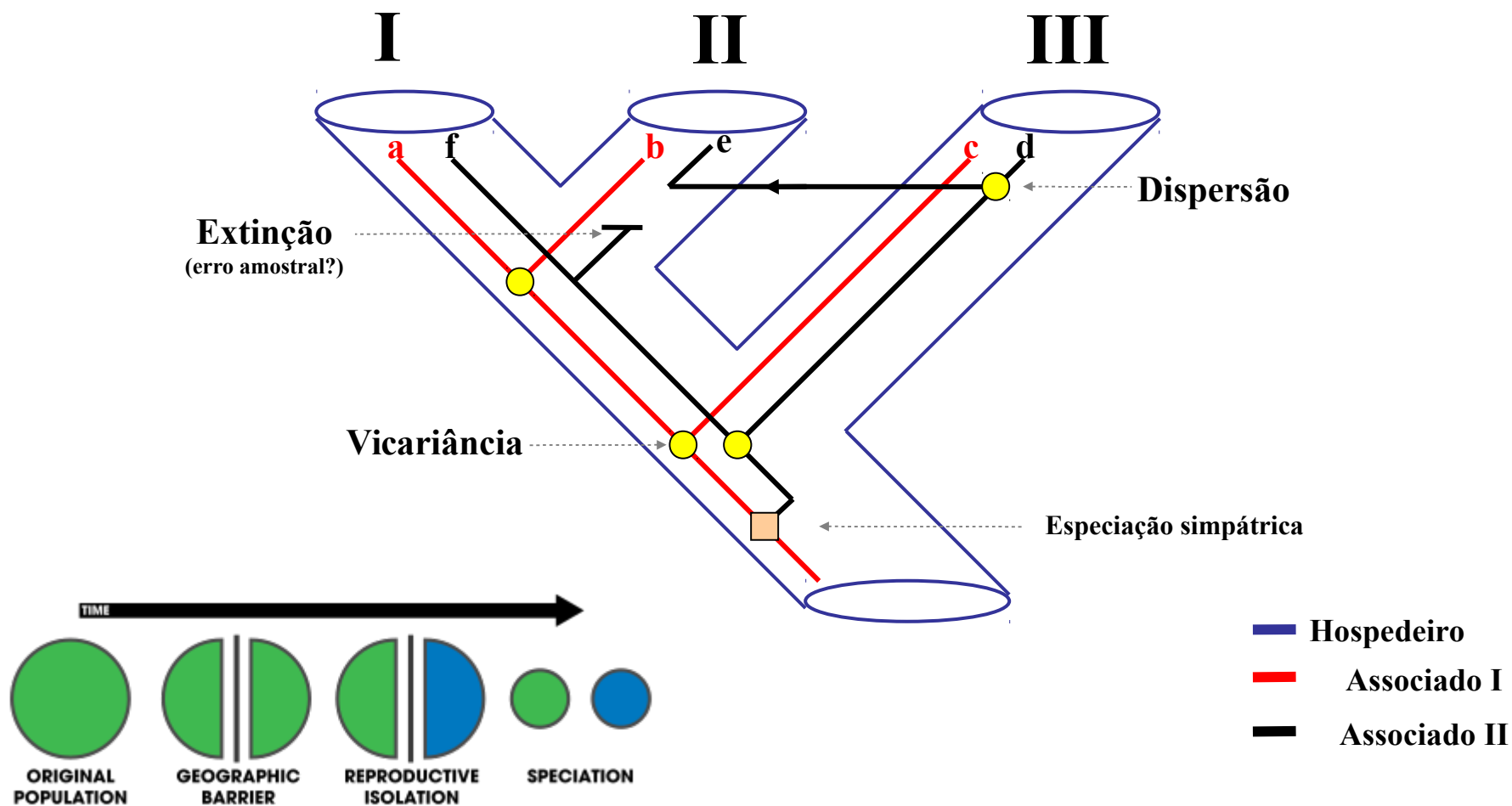


Fonte: Paterson & Banks (2001: Int. J. Parasitology 31: 1012-1022)

Quais são processos
associados a esses padrões?

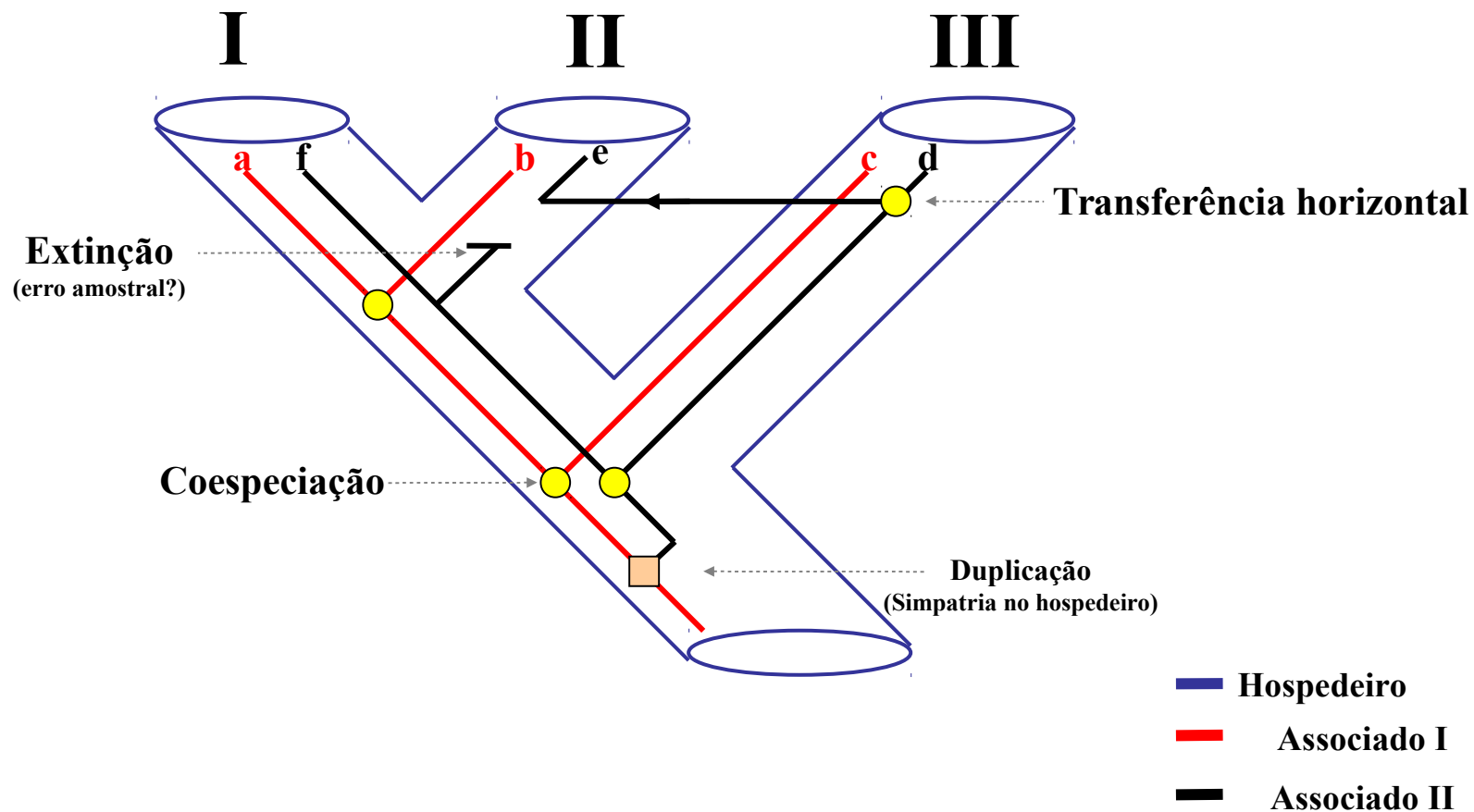
Associações históricas:

Eventos em associação histórica entre áreas e organismos



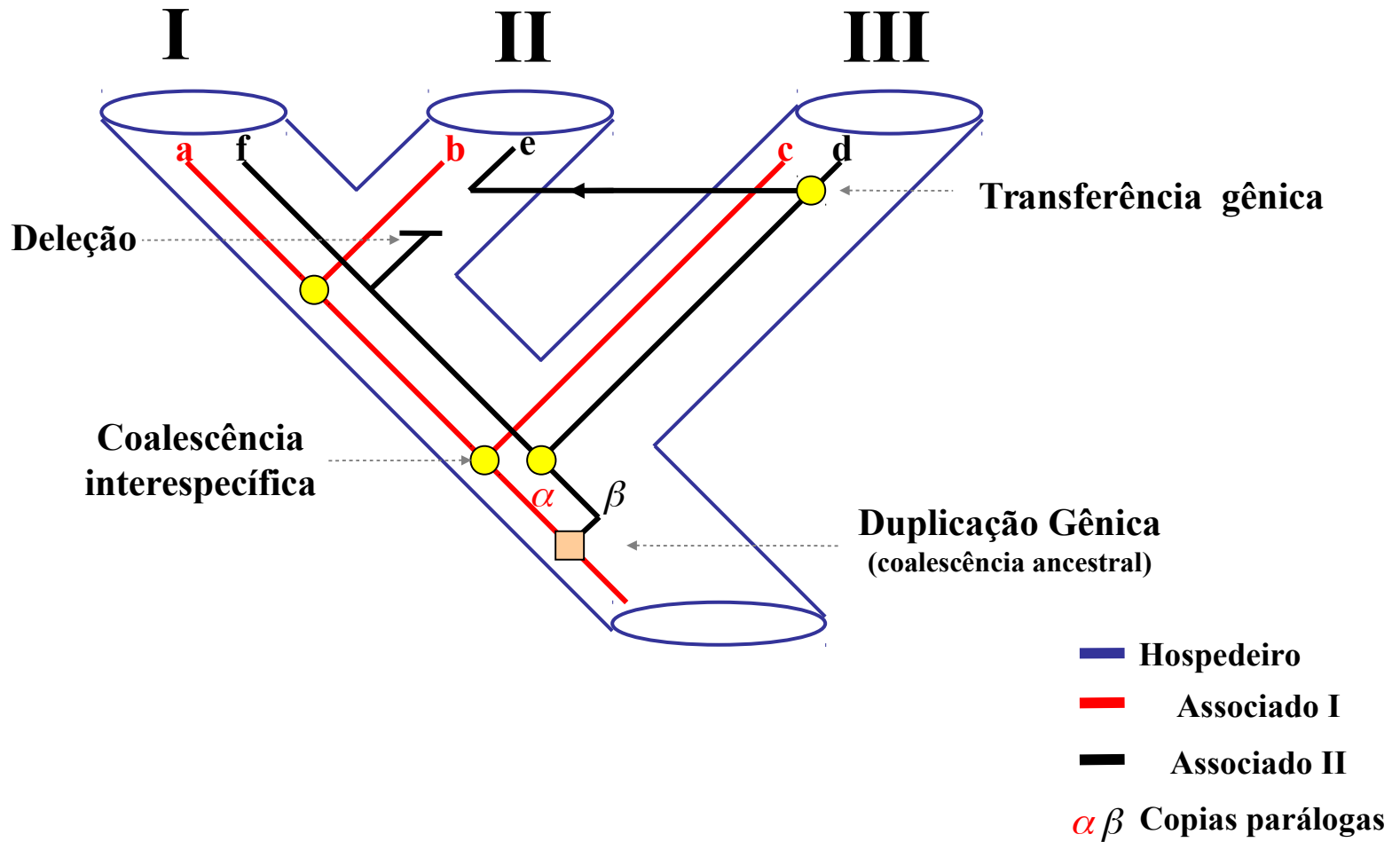
Associações históricas:

Eventos em associação histórica entre organismos e organismos



Associações históricas:

Eventos em associação histórica entre genes e organismos

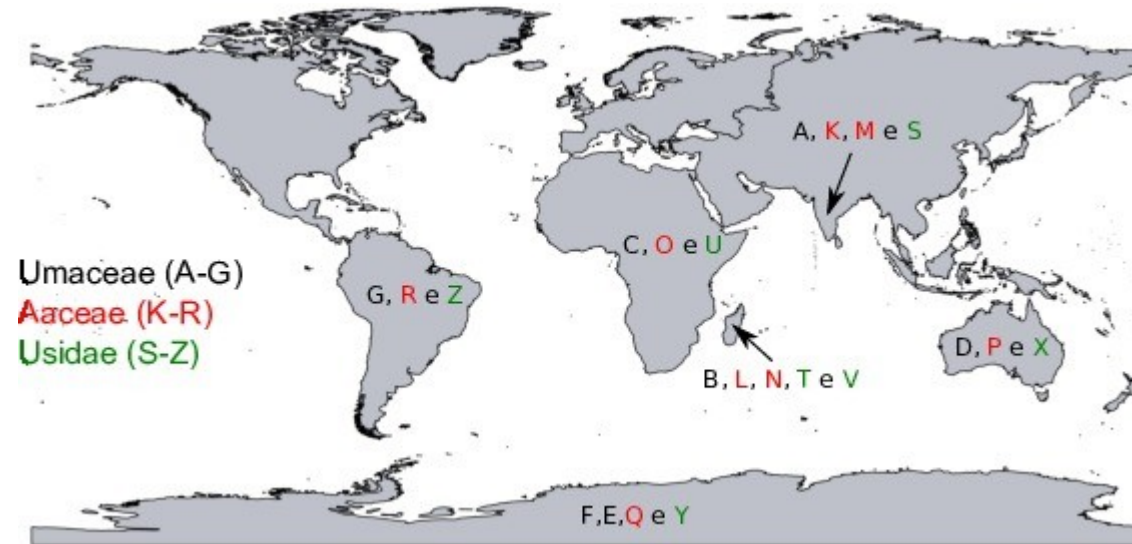


Associações históricas:

Sumário terminológico

EVENTO	ASSOCIAÇÃO		
	linhagem/gene	hospedeiro/parasita	área/linhagem
Codivergência	Coalescência interespecífica	Coespeciação	Vicariância
Duplicação	Duplicação Gênica (coalescência ancestral)	Simpatria em hospedeiro	Simpatria
Transferência horizontal	Transferência gênica	Transferência horizontal	Dispersão
Triagem	Deleção	Extinção do Parasita (ou erro amostral)	Extinção (ou erro amostral)
	Sistemática molecular & Genômica evolutiva	Parasitologia Evolutiva & Epidemiologia	Biogeografia Histórica

Redefinindo Biogeografia Histórica:



É o estudo das associações históricas entre áreas e linhagens.

Biogeografia Histórica: métodos de inferência



Primeira tentativa de reunir as ideias da Pan-Biogeografia e Cladística

Croizat, Nelson & Rosen (1974)

Systematic Zoology, Vol. 23, No. 2 (Jun., 1974), pp. 265-287.

CENTERS OF ORIGIN AND RELATED CONCEPTS

LEON CROIZAT,¹ GARETH NELSON AND DONN ERIC ROSEN

Abstract

Croizat, L., G. Nelson, and D. E. Rosen (Department of Ichthyology, The American Museum of Natural History, New York, New York 10024) 1974. *Centers of origin and related concepts*. *Syst. Zool.* 23:265-287.—The concept of center of origin in the Darwinian sense is often accepted and used as if it were a conceptual model necessary and fundamental to historical zoogeographical analysis. But in certain respects it is inconsistent with the principles of common ancestry and vicariance² (e.g., allopatric speciation), and its application to concrete examples of animal distribution generally yields ambiguous results. In the following pages we present a critique of the concept of center of origin, and outline an alternative conceptual model, involving generalized patterns of biotic distribution (generalized tracks). We assume that a given generalized track estimates an ancestral biota that, because of changing geography, has become subdivided into descendant biotas in localized areas. We assume that in such areas, more or less biotically isolated from one another by barriers to dispersal, the descendant biotas differentiate and produce more modern patterns of taxonomic diversity and distribution. We reject the Darwinian concept of center of origin and its corollary, dispersal of species, as a conceptual model of general applicability in historical biogeography. We admit the reality of dispersal and specify how examples of dispersal may be recognized with reference both to sympatry and to generalized tracks, but we suggest that on a global basis the general features of modern biotic distribution have been determined by subdivision of ancestral biotas in response to changing geography. [Biogeography; distribution; evolution.]

Biogeografia de Vicariância

Biogeografia Histórica: métodos de inferência



Croizat (1982)

Systematic Biology, Volume 31, Issue 3, September 1982, pp 291–304.

Não agradou Croizat!

Croizat (1982) repudia o trabalho de 1974.

Syst. Zool., 31(3), 1982, pp. 291–304

VICARIANCE/VICARIISM, PANBIOGEOGRAPHY, “VICARIANCE BIOGEOGRAPHY,” ETC.: A CLARIFICATION

Several times in the last two years I have been asked through letters or by word of mouth to write something that would clarify the conflicting concepts of current biogeography. I have for long resisted these pleas, feeling that so overpowering are the conditions of disorder and strife in the science dealing with space, time and form in relation to organic evolution that the best thing to do is to give time to time as the ultimate solver of present difficulties. I have done my work, and I feel assured that it is not worse than many, many others.

My resolution to leave the field to others crumbled, however, when I chanced to read the review that a British paleontologist, Brian R. Rosen (1982:11–12) recently contributed of: Nelson and Rosen, *Vicariance Biogeography: A Critique*, 1981, covering the papers presented in a Symposium held at the American Museum of Natural History on May 2–4, 1979. This Symposium is in fact the embodiment of: “The Systematics Discussion Group of the American Museum of Natural History,” and the paper that I contributed to it is obviously misplaced in the context of that gathering. I never had part in the discussions of that group, and, as it will next be seen, I flatly disagree with most of its conclusions. The editors

of the proceedings of the Symposium in question, well aware of this, relegated my paper to the very end of the gathering, when it could no longer be discussed. Rather curiously, as the reader is duly to see as soon as the subject calls for it, the authorized review of the Symposium written by Virginia R. Ferris (1980: 67–76) utters—unwillingly, it seems—from both corners of the Mouth. The first part of her review speaks in unison with the “Museum group,” but the second, beginning with a pointed reference to Croizat (p. 73), laments that this paper was brought to the attention of the gathering so late that there was no longer opportunity to discuss it. Ferris found this lamentable, for she believed that, opportunistically discussed, what I wrote would materially influence the course of the gathering as a whole.

That a candid reviewer like Brian Rosen (not to be confused with Donn E. Rosen of New York) would feel bewildered facing the printed results of the 1979 Symposium is easily understandable. As a matter of fact, he writes: “I think that in Britain at least, many palaeontologists have not yet found out what vicariance biogeography is, let alone learnt anything from it, but I also think that this symposium volume indirectly explains both fail-

Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Biogeografia de Vicariância:

Cladograma reduzido de área

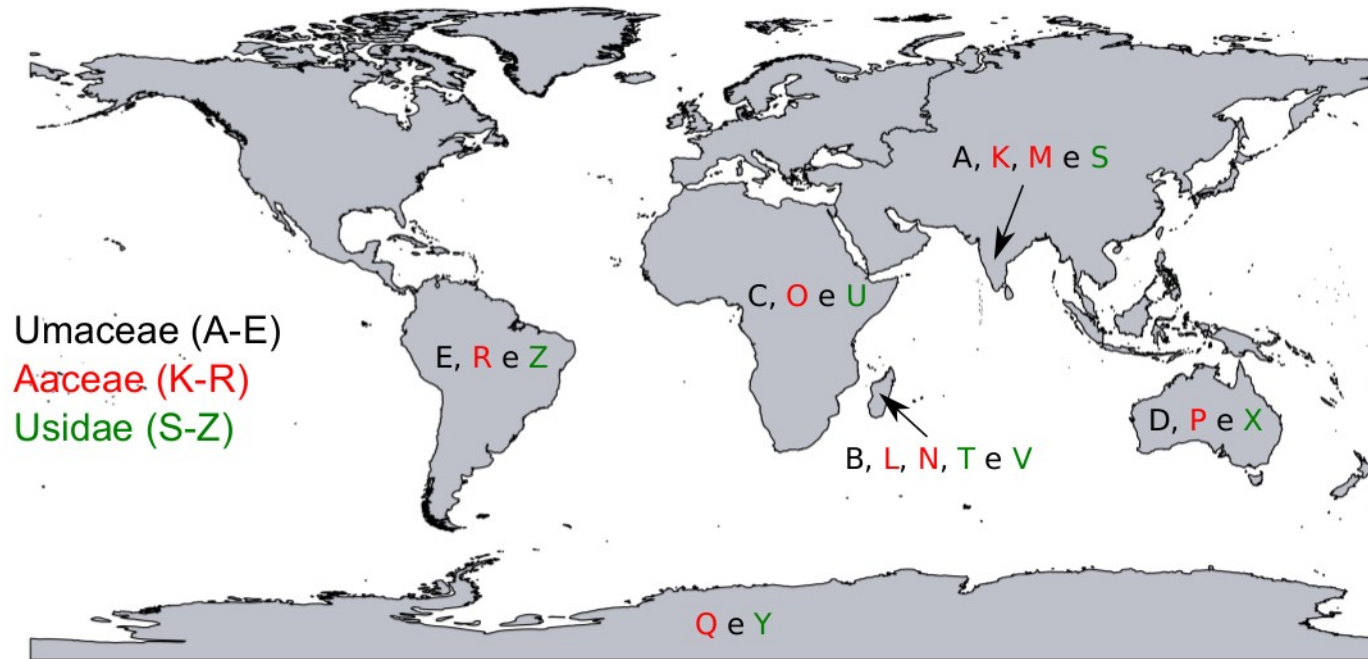
Protocolo geral:

1. Mapear a distribuição de vários grupos monofiléticos;
2. Sobrepor os mapas para verificar áreas de congruência;
3. Análise filogenética dos grupos estudados;
4. Transformar os cladogramas em cladogramas de área;
5. Sobreposição de cladogramas → cladograma reduzido de área;
6. Correlacionar o cladograma reduzido com eventos da história da terra.

Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Biogeografia de Vicariância:

Cladograma reduzido de área



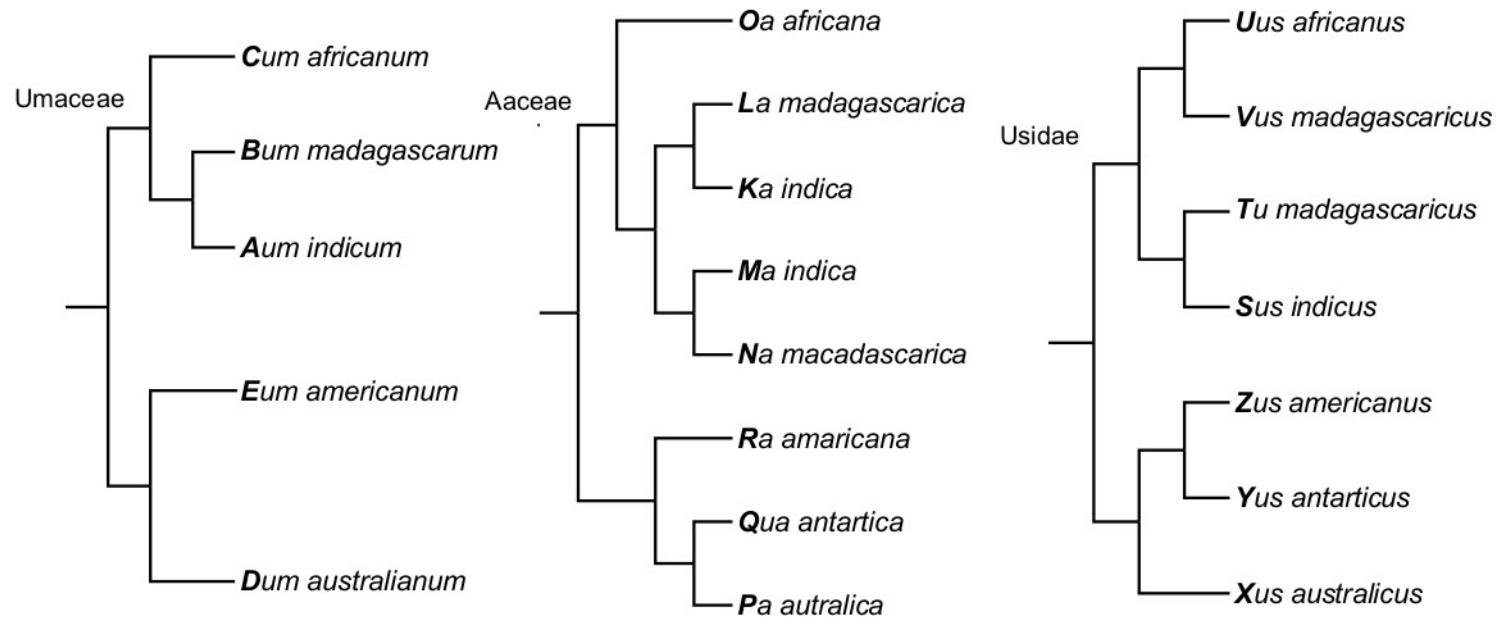
Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Biogeografia de Vicariância:

Cladograma reduzido de área

Protocolo geral:

1. Mapear a distribuição de vários grupos monofiléticos;
2. Sobrepor os mapas para verificar áreas de congruência;
3. **Análise filogenética dos grupos estudados;**
4. Transformar os cladogramas em cladogramas de área;
5. Sobreposição de cladogramas → cladograma reduzido de área;
6. Correlacionar o cladograma reduzido com eventos da história da terra.



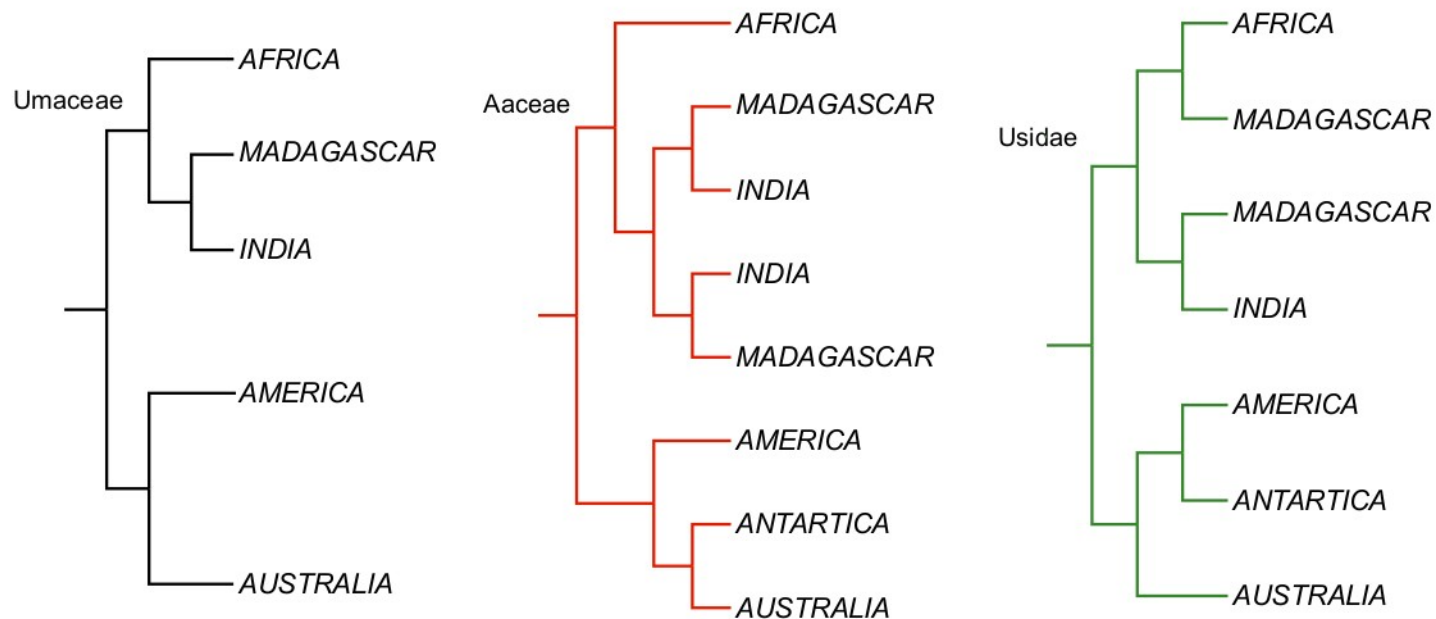
Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Biogeografia de Vicariância:

Cladograma reduzido de área

Protocolo geral:

1. Mapear a distribuição de vários grupos monofiléticos;
2. Sobrepor os mapas para verificar áreas de congruência;
3. Análise filogenética dos grupos estudados;
- 4. Transformar os cladogramas em cladogramas de área;**
5. Sobreposição de cladogramas → cladograma reduzido de área;
6. Correlacionar o cladograma reduzido com eventos da história da terra.



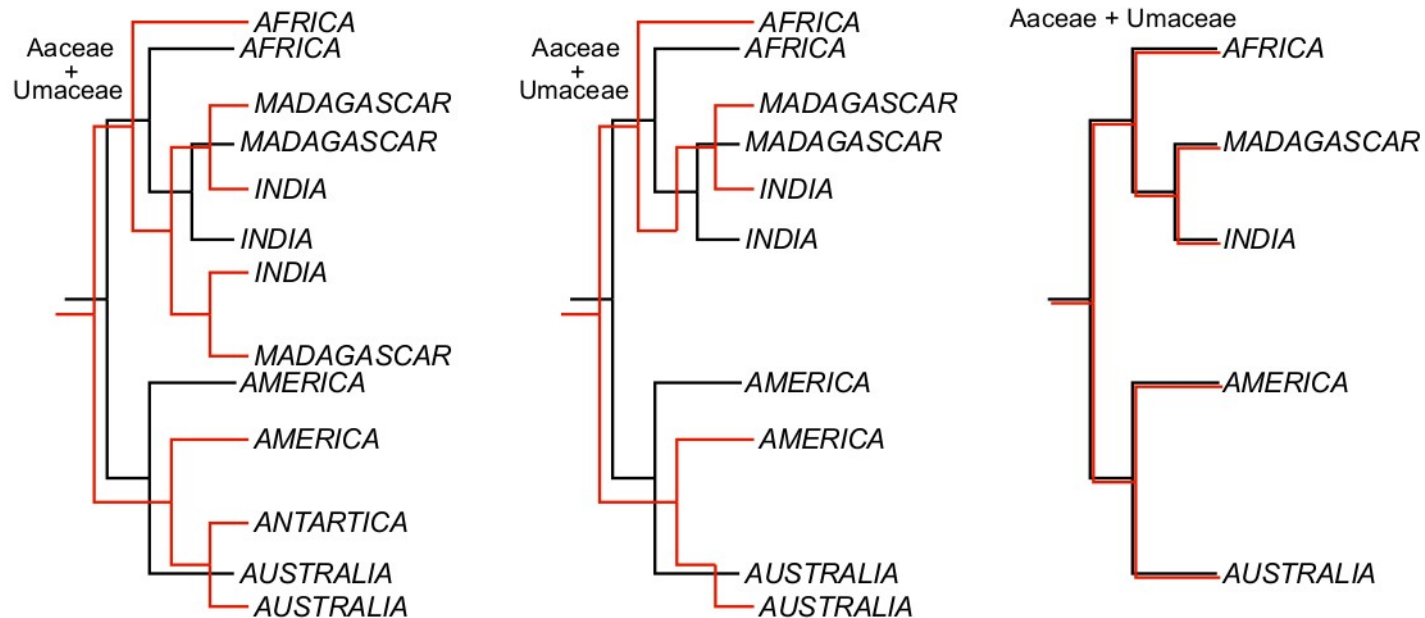
Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Biogeografia de Vicariância:

Cladograma reduzido de área

Protocolo geral:

1. Mapear a distribuição de vários grupos monofiléticos;
2. Sobrepor os mapas para verificar áreas de congruência;
3. Análise filogenética dos grupos estudados;
4. Transformar os cladogramas em cladogramas de área;
5. **Sobreposição de cladogramas** → **cladograma reduzido de área**;
6. Correlacionar o cladograma reduzido com eventos da história da terra.



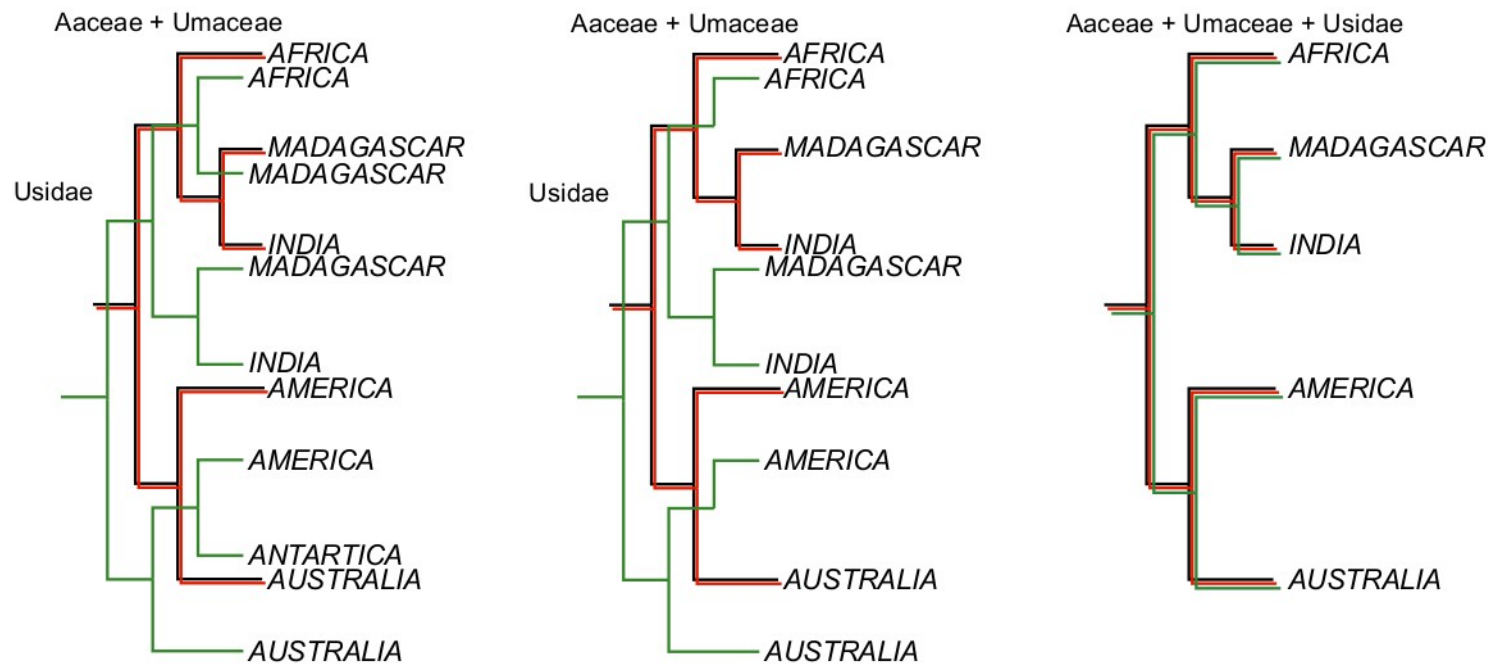
Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Biogeografia de Vicariância:

Cladograma reduzido de área

Protocolo geral:

1. Mapear a distribuição de vários grupos monofiléticos;
2. Sobrepor os mapas para verificar áreas de congruência;
3. Análise filogenética dos grupos estudados;
4. Transformar os cladogramas em cladogramas de área;
5. **Sobreposição de cladogramas** → **cladograma reduzido de área**;
6. Correlacionar o cladograma reduzido com eventos da história da terra.



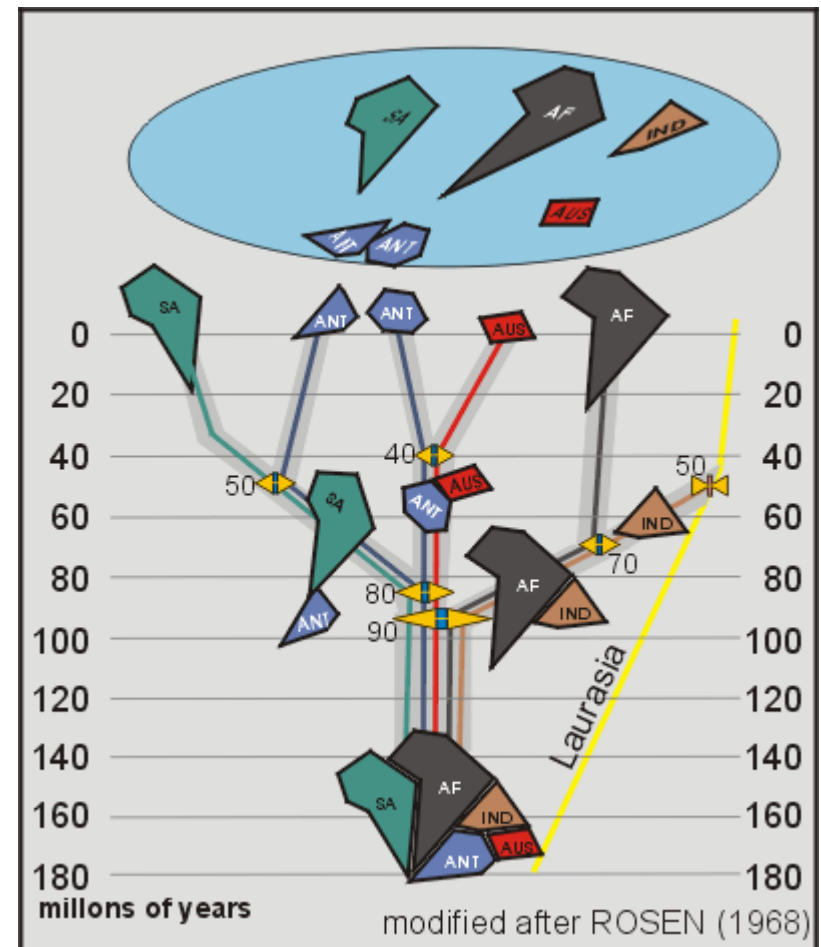
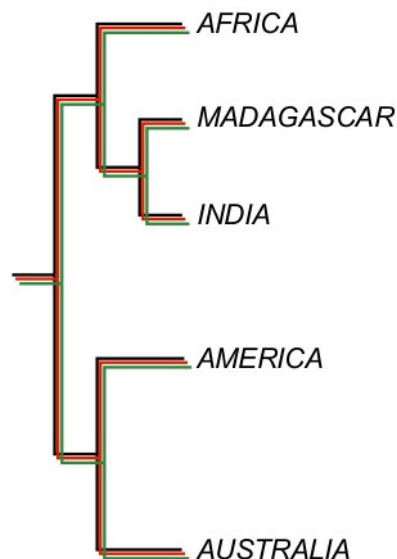
Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Biogeografia de Vicariância:

Cladograma reduzido de área

Protocolo geral:

1. Mapear a distribuição de vários grupos monofiléticos;
2. Sobrepor os mapas para verificar áreas de congruência;
3. Análise filogenética dos grupos estudados;
4. Transformar os cladogramas em cladogramas de área;
5. Sobreposição de cladogramas → cladograma reduzido de área;
6. Correlacionar o cladograma reduzido com eventos da história da terra.



Este cladograma indica os eventos de vicariância que explicam em parte os cladogramas dos táxons.

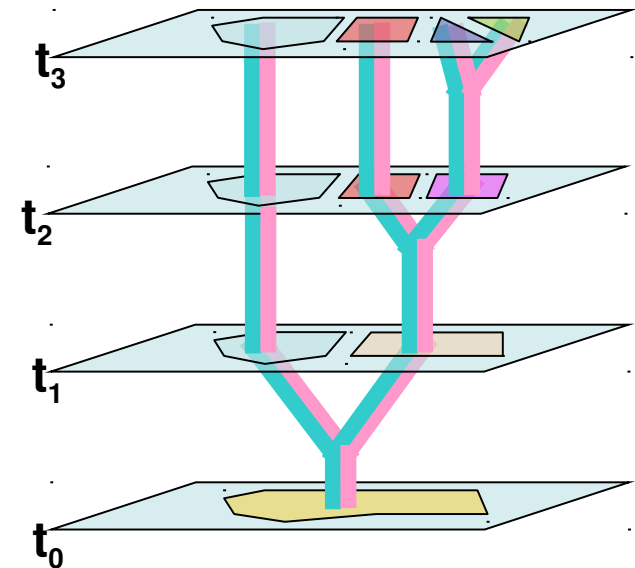
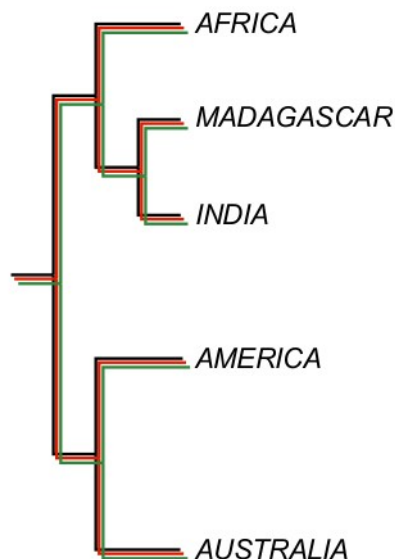
Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Biogeografia de Vicariância:

Cladograma reduzido de área

Protocolo geral:

1. Mapear a distribuição de vários grupos monofiléticos;
2. Sobrepor os mapas para verificar áreas de congruência;
3. Análise filogenética dos grupos estudados;
4. Transformar os cladogramas em cladogramas de área;
5. Sobreposição de cladogramas → cladograma reduzido de área;
6. **Correlacionar o cladograma reduzido com eventos da história da terra.**



Método assume to vicariância é o único evento que replica padrões filogenéticos.

Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Biogeografia de Vicariância: Análise de Parcimônia de Brooks (BPA)

BROOKS, D. R. 1981. Hennig's parasitological method: A proposed solution. *Syst. Zool.*, 30:229-249

WILEY, E. O. 1988a. Vicariance biogeography. *Ann. Rev. Ecol. Syst.*, 19:513-542.

BROOKS (1990):

Syst. Zool., 39(1):14-30, 1990

PARSIMONY ANALYSIS IN HISTORICAL BIOGEOGRAPHY AND COEVOLUTION: METHODOLOGICAL AND THEORETICAL UPDATE

DANIEL R. BROOKS¹

Department of Zoology, University of Toronto, Toronto, Ontario M5S 1A1, Canada

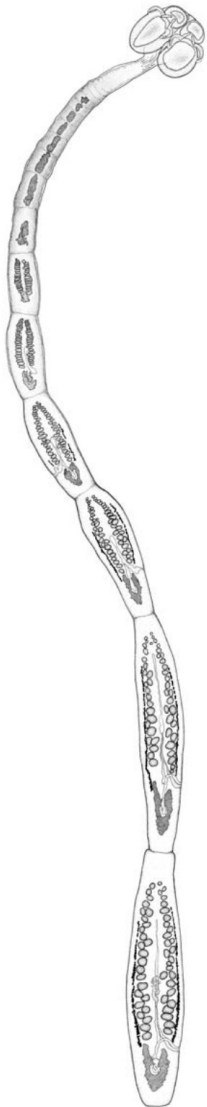


Abstract.—A unified methodology for parsimony analysis in studies of the co-speciation of clades that co-occur in ecological associations is presented. It incorporates two methodological prescriptions proposed by Wiley with a third, namely duplication of areas when members of single or multiple clades are differentially represented. This third component eliminates the need to ignore data on widespread taxa or to weight taxa differentially. Re-analysis of Neotropical bird data demonstrates that the proposed method is sensitive to a variety of general and unique evolutionary influences in studies of historical biogeography, and is hence non-reductionist. Parsimony analysis at the level of clades is analogous to parsimony analysis at the level of ecological associations because the process invoked for homology, i.e., common history, is the same, even though the processes invoked to explain homoplasy differ, in all cases. [Brooks parsimony analysis (BPA); biogeography; coevolution; Neotropical birds; Pleistocene refugia theory.]

Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Biogeografia de Vicariância:

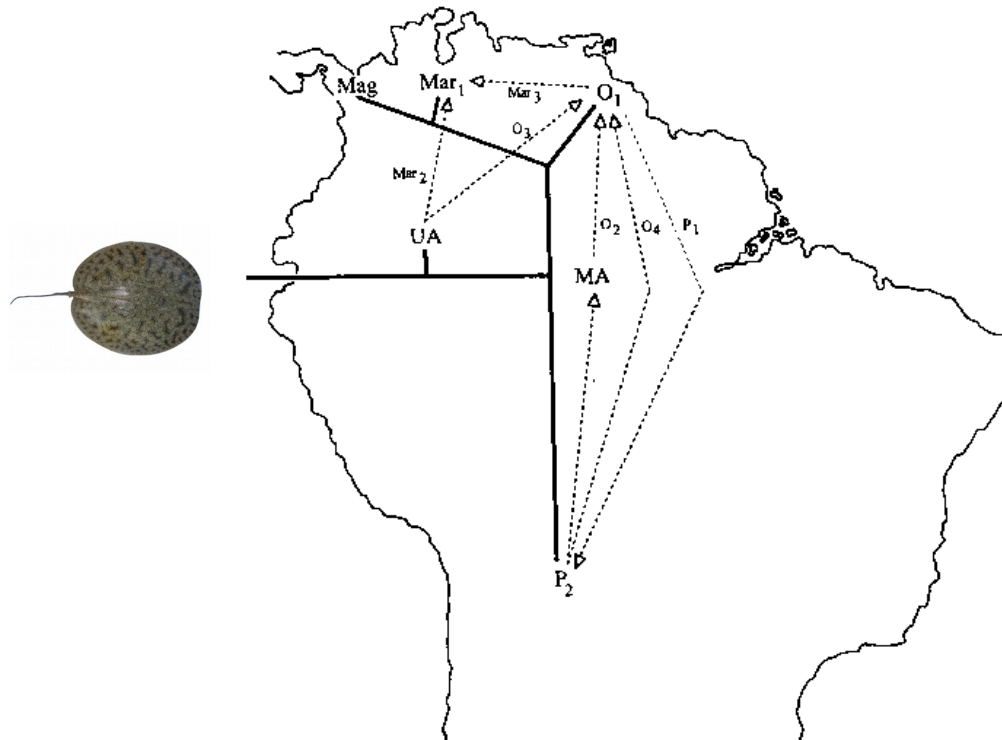
Análise de Parcimônia de Brooks (BPA)



Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Biogeografia de Vicariância:

Análise de Parcimônia de Brooks (BPA)



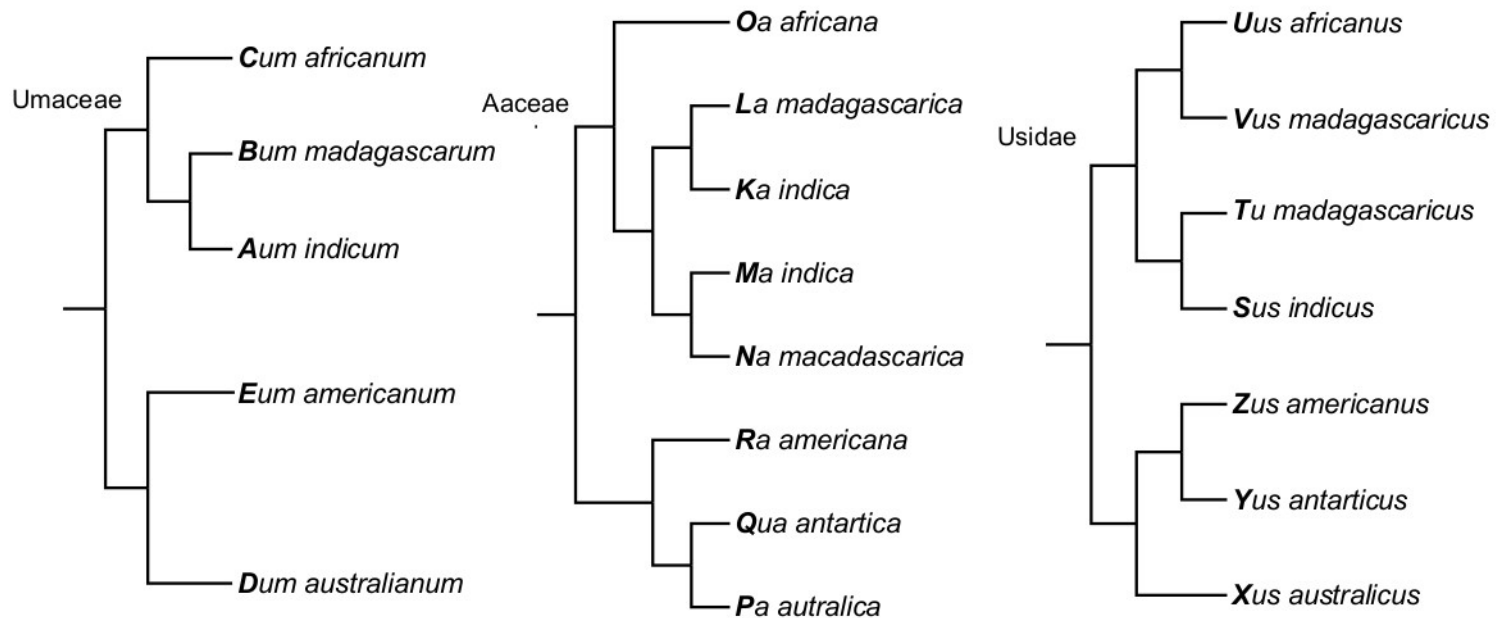
Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Biogeografia de Vicariância:

Análise de Parcimônia de Brooks (BPA)

Protocolo geral:

1. Análise filogenética dos grupos estudados (>3);
2. Transformar os cladogramas em cladogramas de área;
3. Fazer uma matriz de representação desses cladogramas;
4. Fazer uma análise de parcimônia destas matrizes concatenadas;
5. Fazer análise de consistência e análise secundária, se necessário.



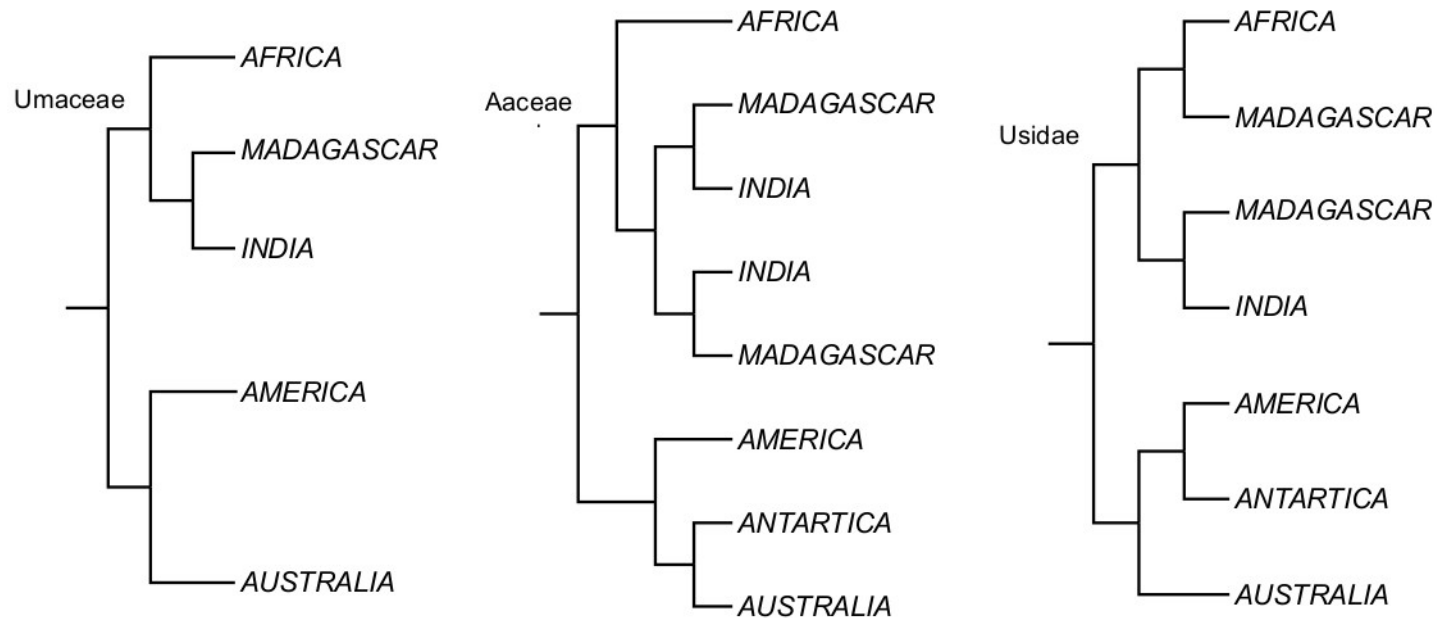
Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Biogeografia de Vicariância:

Análise de Parcimônia de Brooks (BPA)

Protocolo geral:

1. Análise filogenética dos grupos estudados (>3);
2. **Transformar os cladogramas em cladogramas de área;**
3. Fazer uma matriz de representação desses cladogramas;
4. Fazer uma análise de parcimônia destas matrizes concatenadas;
5. Fazer análise de consistência e análise secundária, se necessário.



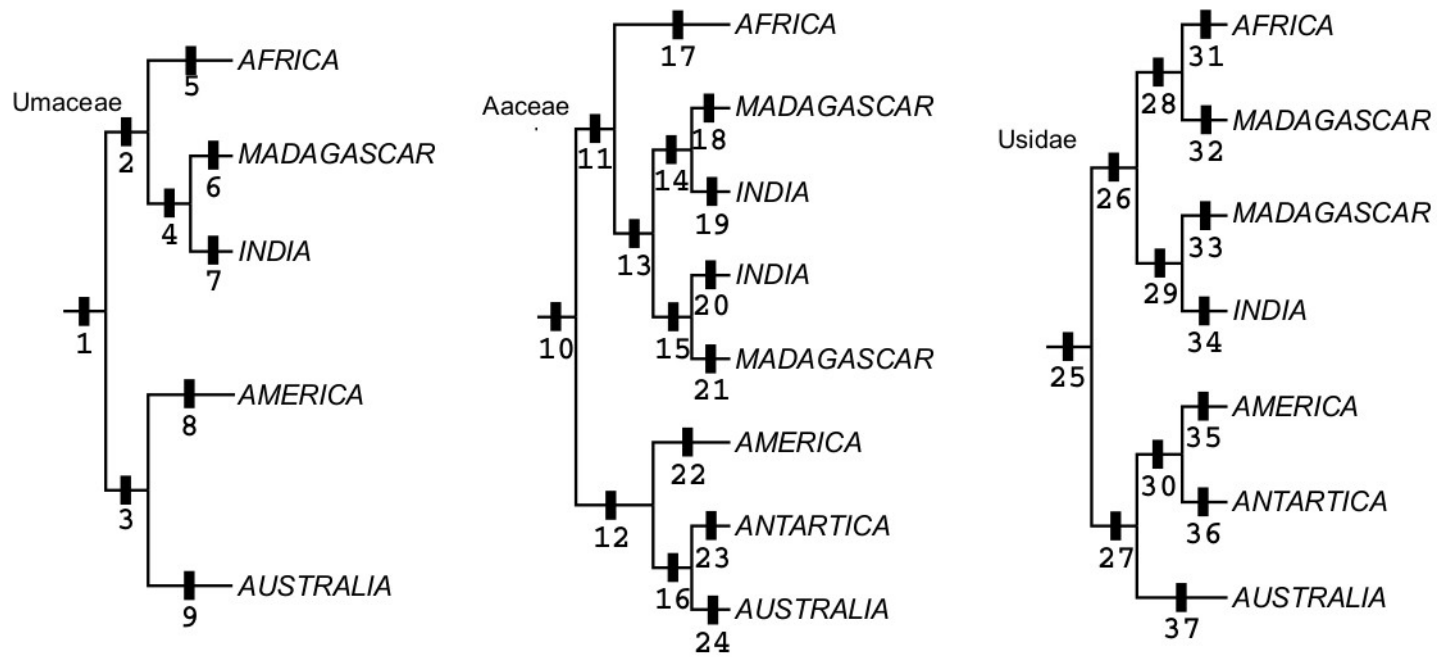
Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Biogeografia de Vicariância:

Análise de Parcimônia de Brooks (BPA)

Protocolo geral:

1. Análise filogenética dos grupos estudados (>3);
2. Transformar os cladogramas em cladogramas de área;
- 3. Fazer uma matriz de representação desses cladogramas;**
4. Fazer uma análise de parcimônia destas matrizes concatenadas;
5. Fazer análise de consistência e análise secundária, se necessário.



3a. Numere todos os ramos, incluindo um ramo para o grupo como um todo.

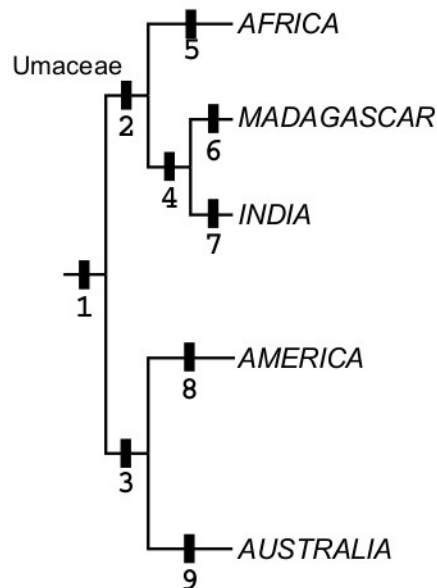
Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Biogeografia de Vicariância:

Análise de Parcimônia de Brooks (BPA)

Protocolo geral:

1. Análise filogenética dos grupos estudados (>3);
2. Transformar os cladogramas em cladogramas de área;
- 3. Fazer uma matriz de representação desses cladogramas;**
4. Fazer uma análise de parcimônia destas matrizes concatenadas;
5. Fazer análise de consistência e análise secundária, se necessário.



ROOT	000000000
AFRICA	110010000
MADAGASCAR	110101000
INDIA	110100100
AMERICA	101000010
AUSTRALIA	101000001

3b. Uma matriz de representação é uma forma de expressar a topologia usando caracteres binários.

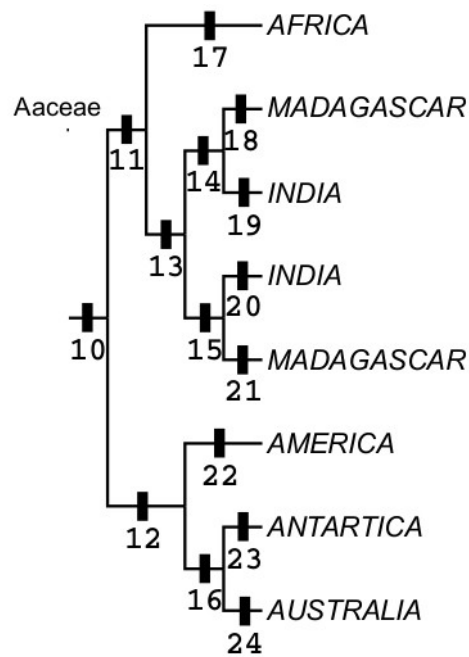
Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Biogeografia de Vicariância:

Análise de Parcimônia de Brooks (BPA)

Protocolo geral:

1. Análise filogenética dos grupos estudados (>3);
2. Transformar os cladogramas em cladogramas de área;
- 3. Fazer uma matriz de representação desses cladogramas;**
4. Fazer uma análise de parcimônia destas matrizes concatenadas;
5. Fazer análise de consistência e análise secundária, se necessário.



ROOT	0000000000000000
AFRICA	11000010000000
MADAGASCAR	11011001001000
INDIA	11011000110000
AMERICA	10100000000100
ANTARTICA	10100100000010
AUSTRALIA	10100100000001

3b. Uma matriz de representação é uma forma de expressar a topologia usando caracteres binários.

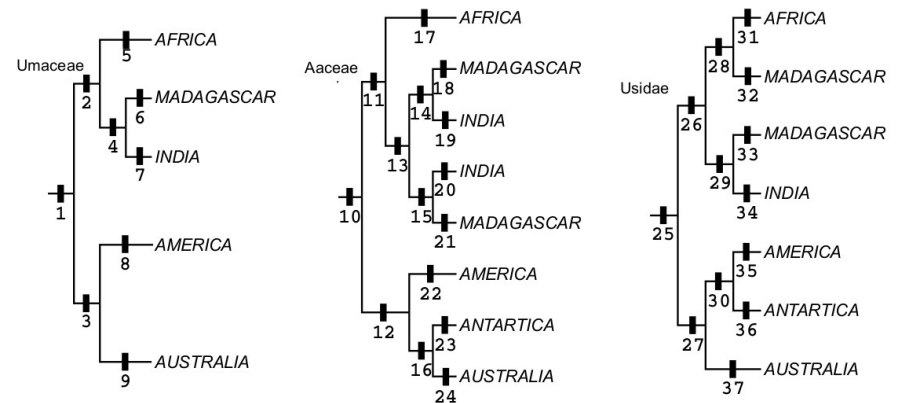
Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Biogeografia de Vicariância:

Análise de Parcimônia de Brooks (BPA)

Protocolo geral:

1. Análise filogenética dos grupos estudados (>3);
2. Transformar os cladogramas em cladogramas de área;
3. **Fazer uma matriz de representação desses cladogramas;**
4. Fazer uma análise de parcimônia destas matrizes concatenadas;
5. Fazer análise de consistência e análise secundária, se necessário.



CARACTERES	000000001111111111222222222233333333 1234567890123456789012345678901234567
ROOT	00
AFRICA	1100100001100000100000001101001000000
MADAGASCAR	1101010001101110010010001101100110000
INDIA	1101001001101110001100001100100001000
AMERICA	1010000101010000000001001010010000100
ANTARTICA	????????1010001000000101010010000010
AUSTRALIA	1010000011010001000000011010000000001

3b. Uma matriz de representação é uma forma de expressar a topologica usando caracteres binários.

Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Biogeografia de Vicariância:

Análise de Parcimônia de Brooks (BPA)

Protocolo geral:

1. Análise filogenética dos grupos estudados (>3);
2. Transformar os cladogramas em cladogramas de área;
3. Fazer uma matriz de representação desses cladogramas;
4. Fazer uma análise de parcimônia destas matrizes concatenadas;
5. **Fazer análise de consistência e análise secundária, se necessário.**

Completed 10 random addition sequences.
Total rearrangements examined: 994.
Best score hit 10 times out of 10.
Best score (TBR): 39. 2 trees retained.

Tree 0:

```
      , -- ROOT
      |
| -- | , -- AUSTRALIA
      | | , -- ANTARTICA
      | | `--- AMERICA
      | `-- | , -- AFRICA
            `-- | , -- INDIA
                  `-- --- MADAGASCAR
```

Tree 1:

```
      , -- ROOT
      |
| -- | , -- AMERICA
      | | , -- AUSTRALIA
      | | `--- ANTARTICA
      | `-- | , -- AFRICA
            `-- | , -- INDIA
                  `-- --- MADAGASCAR
```

```
xread
37 7
ROOT      00000000000000000000000000000000000000
AFRICA    1100100001100000100000001101001000000
MADAGASCAR 1101010001101110010010001101100110000
INDIA     1101001001101110001100001100100001000
AMERICA   1010000101010000000001001010010000100
ANTARTICA ??????????1010001000000101010010000010
AUSTRALIA 1010000011010001000000011010000000001
;
```

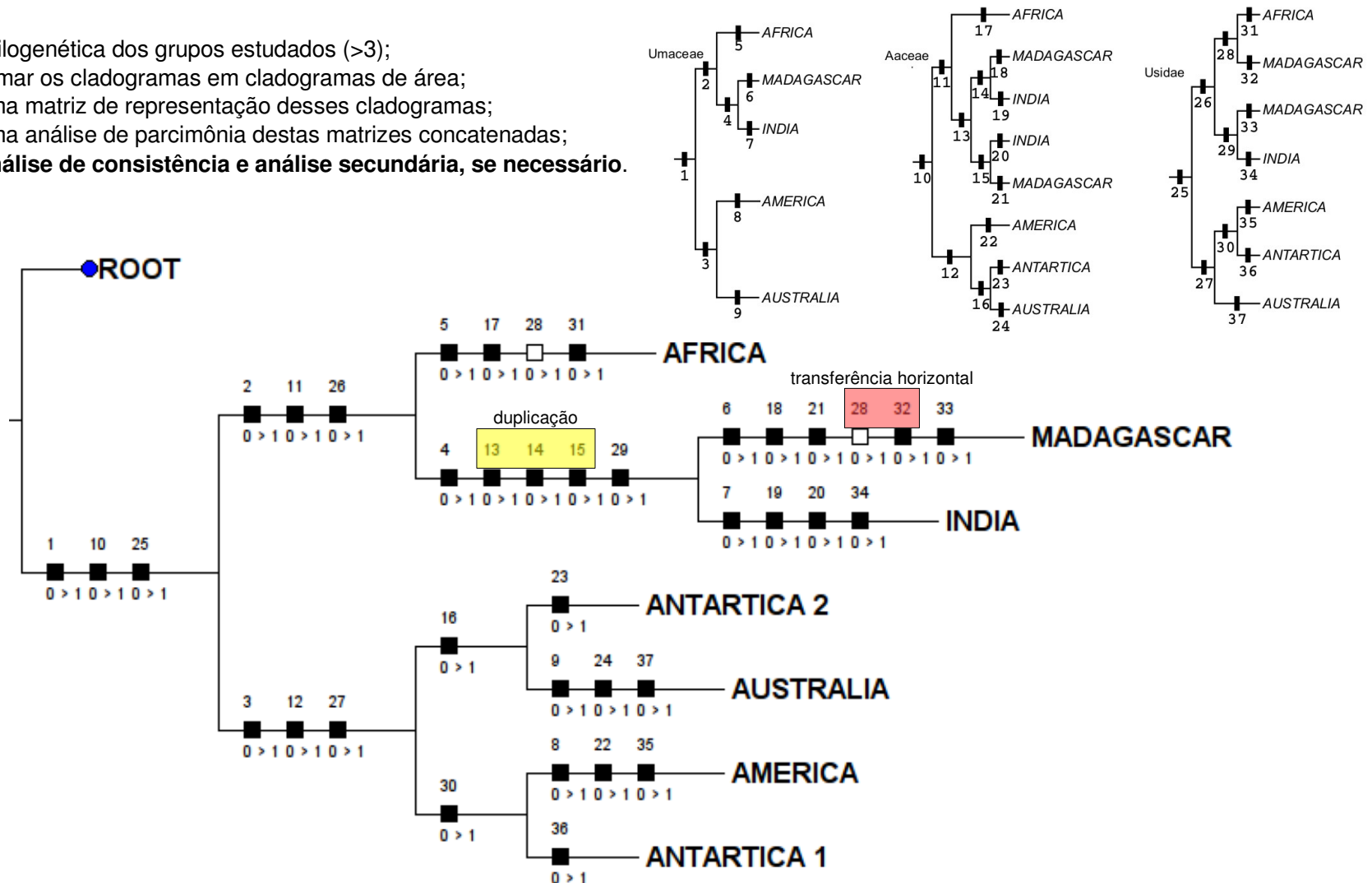

Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Biogeografia de Vicariância:

Análise de Parcimônia de Brooks (BPA)

Protocolo geral:

1. Análise filogenética dos grupos estudados (>3);
2. Transformar os cladogramas em cladogramas de área;
3. Fazer uma matriz de representação desses cladogramas;
4. Fazer uma análise de parcimônia destas matrizes concatenadas;
5. Fazer análise de consistência e análise secundária, se necessário.



Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Associações Históricas: Reconciled Trees (Tangle Trees)



Rod Page

REVIEWS

Trees within trees: phylogeny and historical associations

Roderic D.M. Page and Michael A. Charleston

Evolutionary associations among genes, organisms and geographical areas have traditionally been studied by biologists from different disciplines, with little interaction between them. Consequently, recognition of the fundamental similarity of the problem faced by molecular systematists, parasitologists and biogeographers has been slow in coming¹⁻³. This is particularly true of the parallels between the relationship between gene and organismal phylogeny, and the macroevolutionary associations studied by parasitologists and biogeographers. The analogy between vicariance biogeography (organisms tracking areas) and host-parasite cospeciation (parasites tracking hosts) has been recognized for some time⁴, for a parasite the host can be thought of as an 'area', hence host speciation is equivalent to a vicariance event (Fig. 1). The suggestion that these macroevolutionary patterns are analogous to the relationship between gene and species trees is a more recent development^{1,3}.

Types of historical association

Historical associations can be divided into three basic categories (Table 1): genes and organisms, organisms and organisms, and organisms and areas. At the molecular level, each gene has a phylogenetic history that is intimately connected with, but not necessarily identical to, the history of the organisms in which the gene resides^{5,6}. Processes such as gene duplication, lineage sorting and horizontal transfer can produce complex gene trees that differ from organismal trees^{7,8}. Associations

The association between two or more lineages over evolutionary time is a recurrent theme spanning several different fields within biology, from molecular evolution to coevolution and biogeography. In each 'historical association', one lineage is associated with another, and can be thought of as tracking the other over evolutionary time with a greater or lesser degree of fidelity. Examples include genes tracking organisms, parasites tracking hosts and organisms tracking geological and geographical changes. Parallels among these problems raise the tantalizing prospect that each is a special case of a more general problem, and that a single analytical tool can be applied to all three kinds of association.

Roderic Page is at the Division of Environmental and Evolutionary Biology, Institute of Biomedical and Life Sciences, University of Glasgow, Glasgow, UK G12 8QQ (r.page@bio.gla.ac.uk); Michael Charleston is at the Dept of Zoology, University of Oxford, Oxford, UK OX1 3PS (michael.charleston@zoology.oxford.ac.uk).

between organisms, such as between hosts and their parasites⁹ (including viruses¹⁰), endosymbionts and their hosts¹¹, and insects and plants^{12,13}, can have a long evolutionary history, which is reflected in similarities between their evolutionary trees¹⁴. At a larger scale still, organisms can track geological history such that sequences of geological events (e.g. continental break-up) are directly reflected in the phylogenies of those organisms¹⁵.

In each association, one entity (the 'associate') tracks the other (the 'host') with a degree of fidelity that depends on the relative frequency of four categories of events: codivergence, duplication, horizontal transfer and sorting (Box 1). Joint cladogenesis of host and associate is codivergence. If the associates undergo cladogenesis independently and both descendants remain associated with the host then we have a duplication of associate lineages. Cladogenesis accompanied by one descendant colonizing a new host is horizontal transfer. 'Sorting event' is a generic term for the apparent absence of an associate from a host.

The analogies among the categories of events for the different kinds of association (Table 1) need not imply close analogy among the processes; rather, the analogy is among the patterns these processes produce. For example, although the processes of gene duplication and allele divergence are different, the resulting pattern is the same – more than one gene lineage in the same organismal lineage.

Reconstructing the history of an association

Despite the relative lack of interaction among these different disciplines, strikingly similar concepts have arisen independently from them. Parasitologists^{16,17} recognized the problem of multiple parasite lineages decades before Fitch's¹⁸ analogous distinction between paralogous and orthologous genes¹⁸ (Box 1). Molecular systematists¹⁹ and cladistic biogeographers²⁰ independently developed similar methods for interpreting the history of gene trees and biogeographic patterns, respectively.

One implication of the parallels among the different kinds of association is that they can be studied using the same methods. Reconciled trees (Box 2) originated in molecular systematics¹⁹ but have been applied to both host-parasite coevolution²¹ and biogeography²². As well as visualizing the relationship between host and associate, reconciled trees provide a quantitative measure of the extent to which the

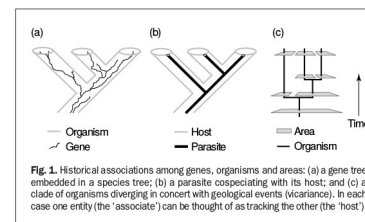


Fig. 1. Historical associations among genes, organisms and areas: (a) a gene tree embedded in a species tree; (b) a parasite cospeciating with its host; and (c) a clade of organisms diverging in concert with geological events (vicariance). In each case one entity (the 'associate') can be thought of as tracking the other (the 'host').

Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Associações Históricas: Reconciled Trees (Tangle Trees)



Rod Page

562

M.E. Siddall, S.L. Perkins / *Cladistics* 19 (2003) 554–564

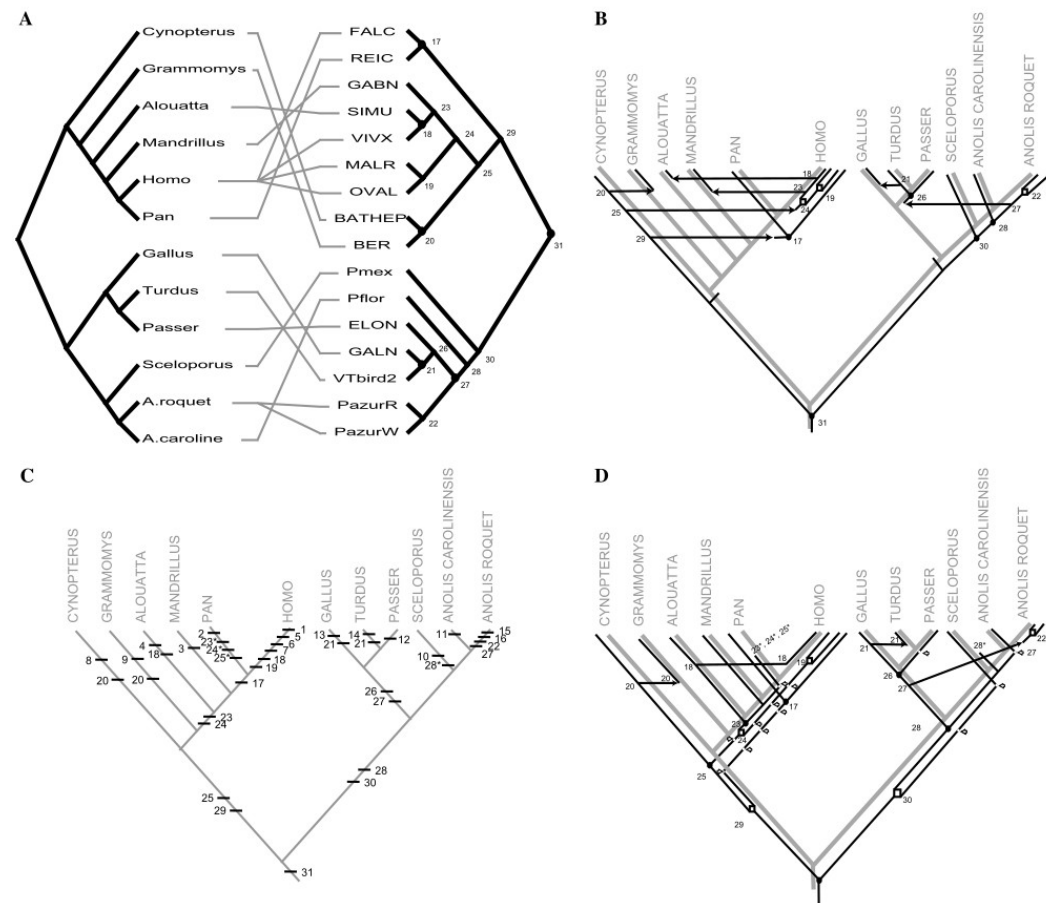


Fig. 6. (A) A “tanglegram” of malaria parasites (*Plasmodium* and *Hepatocystis*) based on parasite mitochondrial cytochrome *b* data (Perkins and Schall, 2002) and host mitochondrial 12S data (unpublished, compiled from GenBank sequences). (B) The TreeMap reconciliation of these phylogenies predicts five cospeciations, seven host-switches, three duplications, and two lineage-sorting events. (C) The parasite phylogeny recoded onto the host phylogeny via BPA. (D) The BPA solution yields more cospeciations (six), but necessitating 13 uncounted lineage-sorting events (arrowheads), rendering a total cost of 23 ad hoc events. The losses of ancestors 23, 24, and 25 (asterisked) are unintelligible.

Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Associações Históricas:

Reconciled Trees (Tanggle Trees)

```
#NEXUS
BEGIN HOST;
  TREE * Host1 = ((AFRICA ,(INDIA ,MADAGASCAR )),(AUSTRALIA ,AMERICA ));
ENDBLOCK;

BEGIN PARASITE;
  TREE * Para1 = ((Cum_africanum ,(Aum_indicum ,Bum_madagascarum )),(Dum_australianum ,Eum_americanum ));
ENDBLOCK;

BEGIN DISTRIBUTION;
  RANGE
    Aum_indicum: INDIA,
    Bum_madagascarum: MADAGASCAR,
    Cum_africanum: AFRICA,
    Dum_australianum: AUSTRALIA,
    Eum_americanum: AMERICA
  ;
END;
```

TREEMAP 3



Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Associações Históricas:

Reconciled Trees (Tanggle Trees)

The screenshot displays the TreeMap 3 software interface. The main window shows a reconciled tree with two columns: 'Host1' and 'Paral'. The 'Host1' column lists geographical regions: AFRICA, INDIA, MADAGASCAR, AUSTRALIA, and AMERICA. The 'Paral' column lists corresponding parasite species: Cum_africanum, Aum_indicum, Bum_madagascarum, Dum_australianum, and Eum_americanum. The tree is color-coded, with blue lines for the host tree and yellow lines for the parasite tree. A 'clean' button and an 'Untangle' button are visible above the tree. Below the tree, a console window shows the following text:

```
Welcome to TreeMap 3 -- now in Java!  
Author: M. A. Charleston, Copyright 2010,2011  
TreeMap started Fri May 24 20:45:00 BRT 2019  
Reading tanglegram file "null" ...  
  Reading host tree(s) ...  
  Reading parasite tree(s) ...  
  Reading distribution ...
```

In the bottom right corner, a 'Find maps' dialog box is open, showing the following settings:

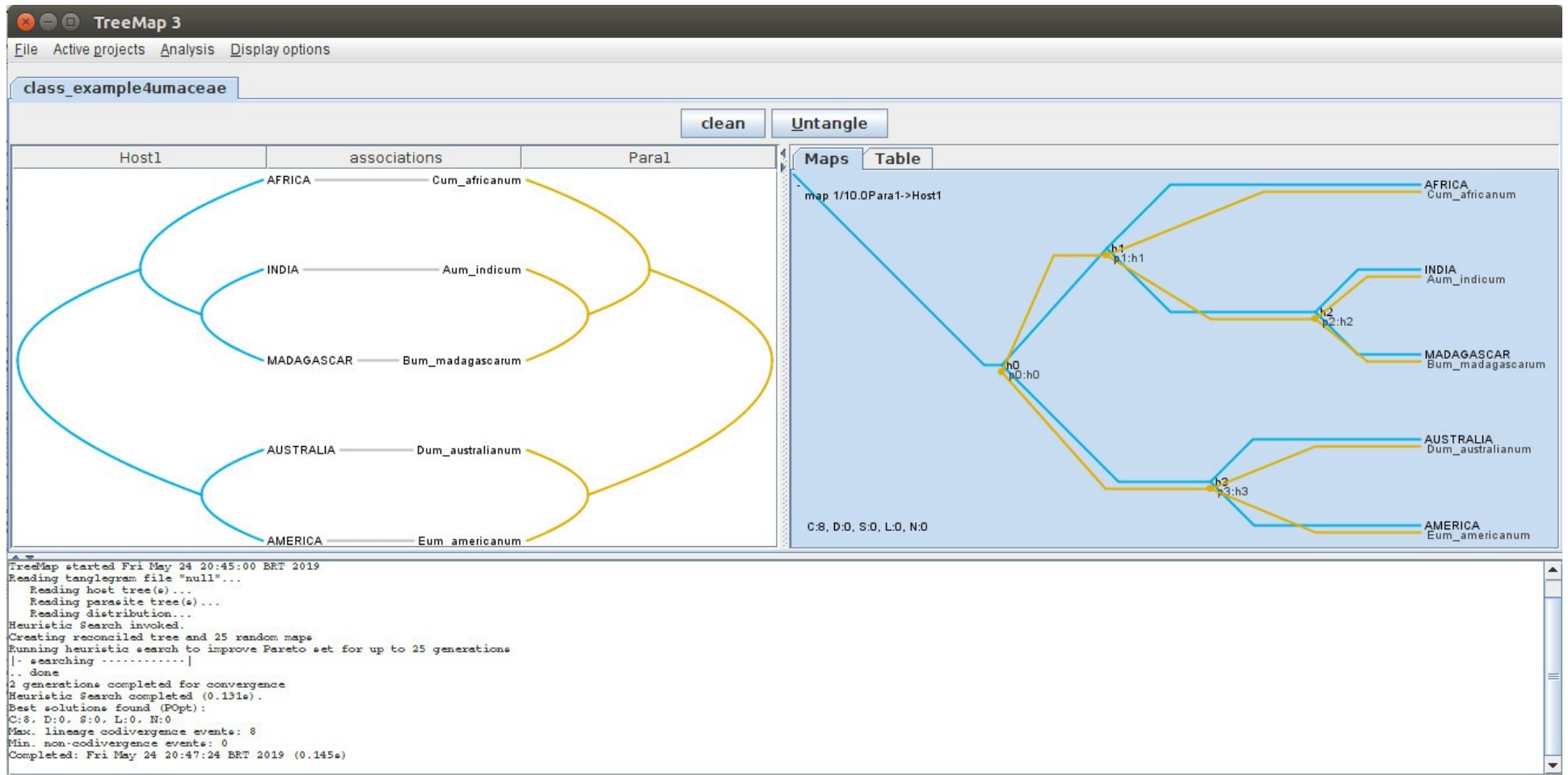
Bounds	Heuristic options
Min. codivergence events	0 <input type="checkbox"/> [C] unbounded
Max. non-codivergence events	0 <input checked="" type="checkbox"/> [N] unbounded
Max. host switches	0 <input checked="" type="checkbox"/> [S] unbounded
Max. losses	0 <input checked="" type="checkbox"/> [X] unbounded
Max. parasite load	5 <input checked="" type="checkbox"/> [L] unbounded
Combine constraints using <input checked="" type="radio"/> AND <input type="radio"/> OR	

Buttons: Never mind, Find maps

Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Associações Históricas:

Reconciled Trees (Tanggle Trees)

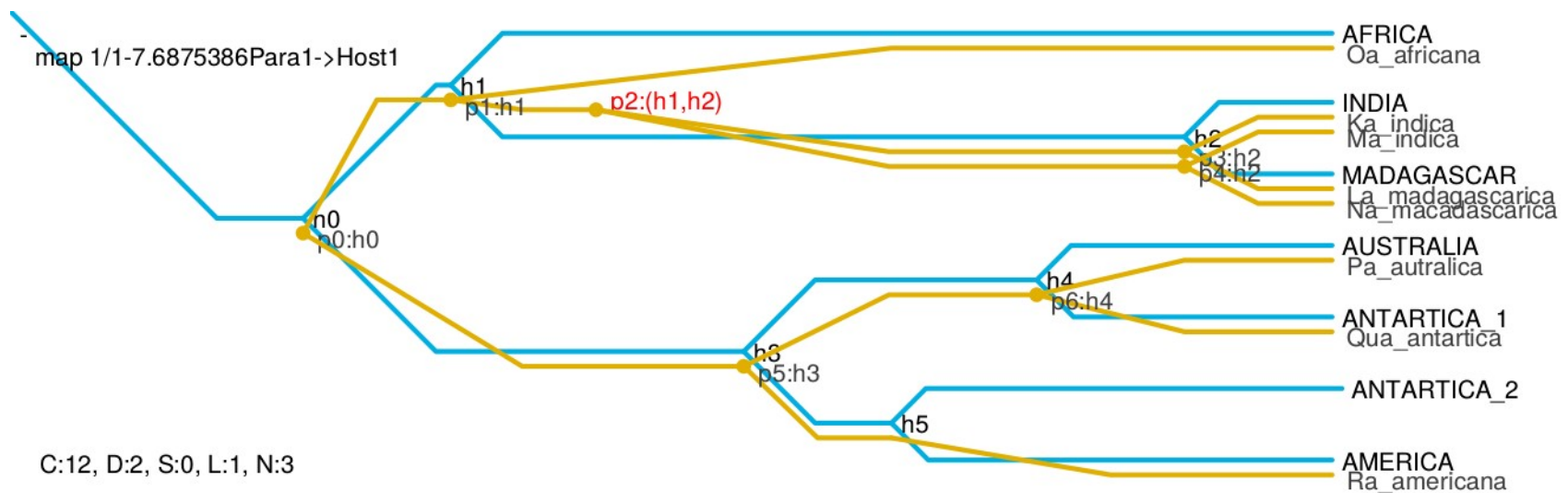


Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Associações Históricas:

Reconciled Trees (Tanggle Trees)

Reconciliação de topologias para Aaceae:

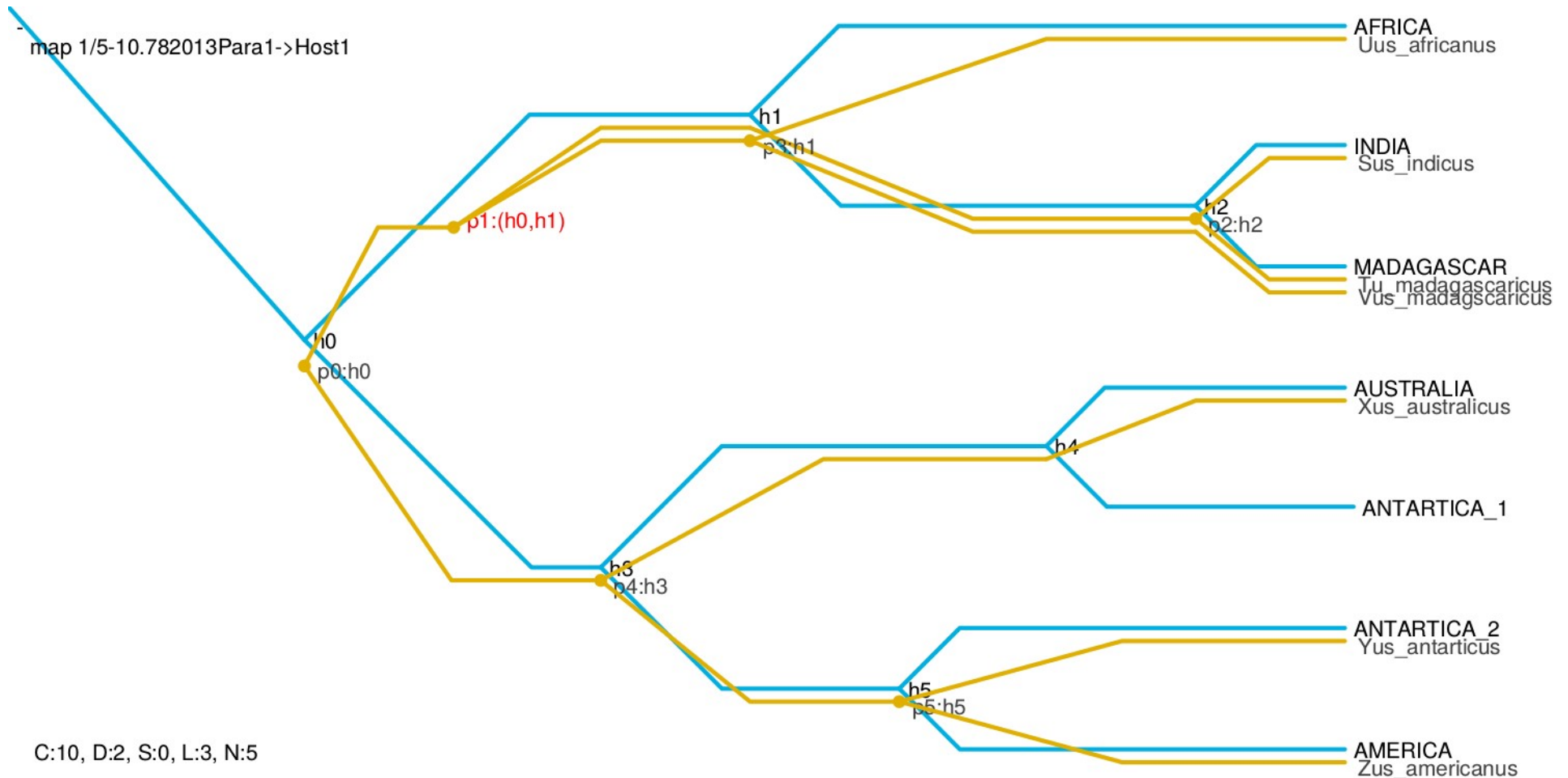


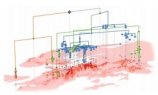
Biogeografia Histórica: métodos de inferência

Associações Históricas:

Reconciled Trees (Tanggle Trees)

Reconciliação de topologias para Usidae:





Conceitos fundamentais:

Associações Históricas

Hospedeiro e Associado

Níveis hierárquicos em associações históricas:

Áreas / Linhagens

Linhagem hospedeira / Linhagem associada

Genes e Linhagens

Eventos em Associações Históricas:

Codivergência

Eventos de Triagem

Transferência Horizontal

Duplicação

Inércia

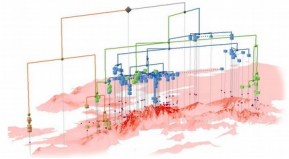
Métodos de Inferência:

Relevância da Vicariância

Cladograma Reduzido de Áreas (Padrão)

Análise de Parcimônia de Brooks (Eventos)

Reconciliação de Topologias (Eventos)



Princípios de Sistemática & Biogeografia

ACABOU GALERA!!!!!!