



**Instituto de Botânica**

**Programa de Pós Graduação em Biodiversidade Vegetal e Meio Ambiente**

Curso teórico/prático de atualização em biodiversidade vegetal e meio ambiente

# **CONCEITOS BÁSICOS DE FILOGENIA**

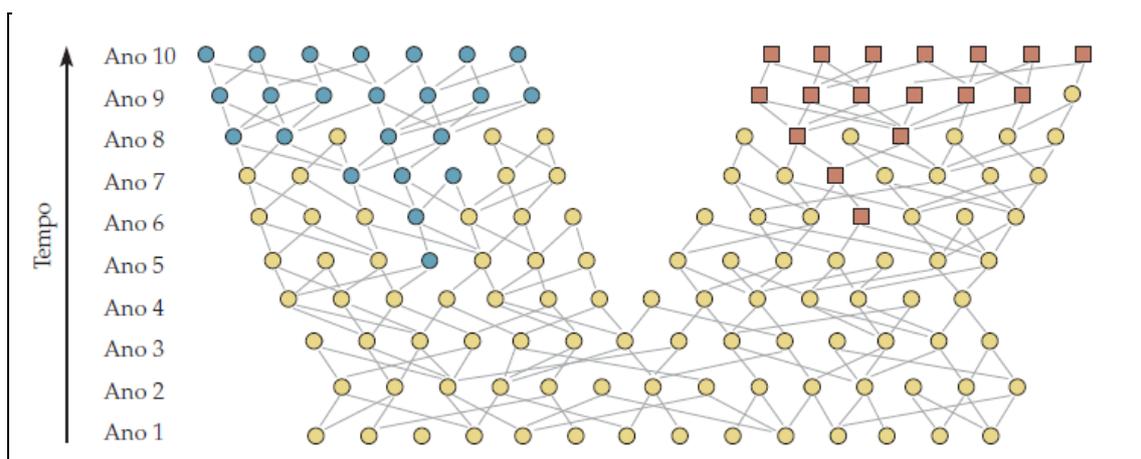
**Leandro Cardoso Pederneiras**

**Outubro/2011**

## Introdução

**Filogenia** é a história genealógica de um grupo de organismos e uma representação hipotética das relações ancestral/descendente e **filogenética** (cladística) é o ramo da sistemática interessado na reconstrução da filogenia (Hennig 1966). Desde o estabelecimento dos princípios fundamentais da teoria da evolução por Darwin, um dos maiores objetivos das ciências biológicas é a determinação da história de vida dos descendentes (Radford 1986) e um cladograma determinado pode ser utilizado como base para um sistema de classificação, assim como para traçar a biogeografia histórica de um grupo (Nelson & Platnik 1981).

O sistemata estuda a diversidade biológica que existe hoje na Terra e a sua história evolutiva, ou seja, todos os eventos evolutivos que fizeram populações gerarem linhagens independentes, as mudanças das características das espécies e o tempo entre tais eventos. Uma população troca de genes periodicamente e mantém a semelhança morfológica por causa desse relacionamento. A partir do momento em que uma população é dividida em duas e isoladas, as mudanças gênicas produzidas naturalmente pelas mutações, estabelecerá duas novas linhagens (Fig. 1).



**Figura 1:** O fluxo gênico de uma população sofreu um colapso através de um evento evolutivo, originando duas populações independentes. No decorrer do tempo, através de mutações gênicas, essas populações ganharam características próprias marcantes se transformando em espécies (adaptado de Judd *et al.* 2009).

## Princípios e Metodologias

O estudo inicia-se com a escolha do grupo a ser analisado. Geralmente são escolhidos grupos com posição incerta ou duvidosa em sistemas de classificação. Algumas precauções na escolha do grupo devem ser observadas: os táxons devem estar bem circunscritos e delimitados em relação a outros e o grupo deve ser abrangente o suficiente para conter todas as relações mais próximas. A seleção inicial do grupo deve ser questionada para evitar a tendência de seguir o sistema de classificação passado.

A descrição é fundamental em qualquer estudo de sistemática, ou seja, uma boa caracterização da planta usando diversos tipos de evidências evolutivas (genéticas, ecológicas, anatômicas, geográficas, morfológicas, citológicas, paleobotânicas, fisiológicas, químicas, evolutivas, históricas, embriológicas, palinológicas, filogênicas) é fundamental e trará resultados mais seguros e concretos.

O conhecimento profundo do grupo a ser estudado, assim como o conhecimento de variados caracteres já ressaltados em literatura, são pré-requisitos para o estudo da filogenia (Radford 1986).

## Etapas

### 1) Caracteres

Após a escolha e a familiarização com o grupo a estudar, torna-se necessário a definição e seleção dos **caracteres** (subunidades e atributos do organismo) e dos **estados dos caracteres** (duas ou mais formas/tipos do caracter, Fig. 2). Geralmente todos aqueles caracteres que são herdáveis, relativamente invariáveis, e que denotam clara descontinuidade com outro caractere similar devem ser considerados (Radford 1986).



**Figura 2:** Duas folhas de *Ficus* demonstrando o estado retilíneo e arqueado do carácter - forma da nervação secundária.

## 2) Homologias

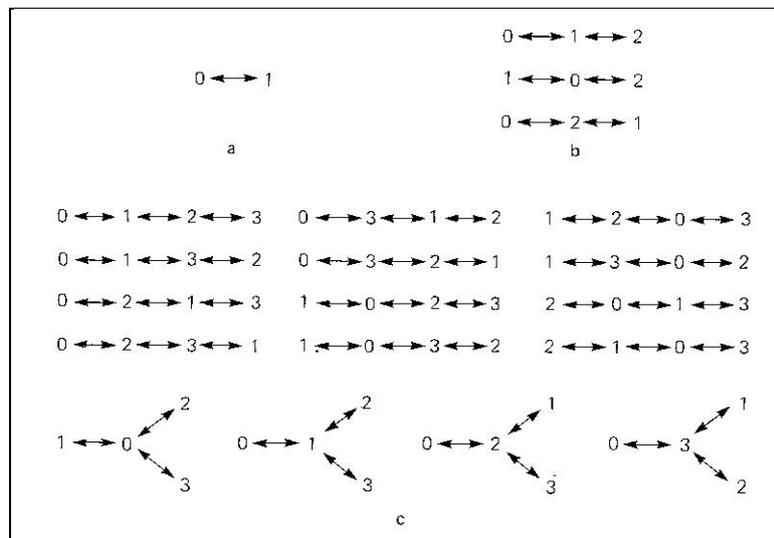
Homologia é estritamente definida como uma hipótese de origem evolucionária comum. Caracteres ou estados de caracteres de dois ou mais taxa são homólogos se eles estiverem presentes no ancestral comum. Geralmente as homologias são baseadas em algumas evidências de similaridade direta (por exemplo, de estrutura, de posição, ou desenvolvimento) ou similaridade via uma série gradativa (por exemplo, formas intermediárias entre estados de caracteres) (Radford 1986).

### 3) Homoplasias

Similaridades entre organismos também podem ser evidenciadas por uma origem evolucionária independente. Similaridades não homólogas podem ocorrer por **convergência**, linhagens diferentes evidenciando caracteres similares, ou **reversão**, quando um caractere é perdido e realocado para a condição ancestral original. O conceito de **paralelismo** é parecido com o de convergência, mas ocorre quando duas ou mais condições não homólogas provém de uma condição ancestral igual em grupos distintos (Radford 1986, Simpson 2010).

### 4) Série de transformações

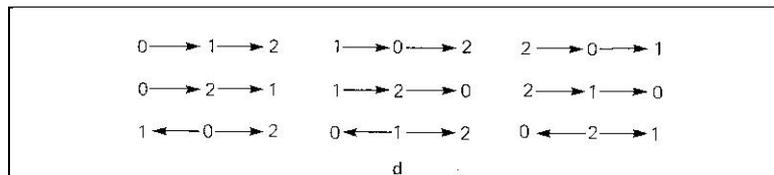
É o sequenciamento dos estados dos caracteres e representa uma hipótese das mudanças evolucionárias passadas ocorrentes no caractere. Esta série de transformações representam hipóteses de mudanças evolucionárias passadas que ocorrerão em cada caracter (Fig. 3).



**Figura 3:** Exemplos de séries de transformações. a) um caractere com apenas dois estados de variação e uma série de transformação; b) um caractere com três estados de variação e três séries de transformação; e c) um caractere com quatro estados de variação e 16 séries de transformação (Radford 1986).

## 5) Polarização

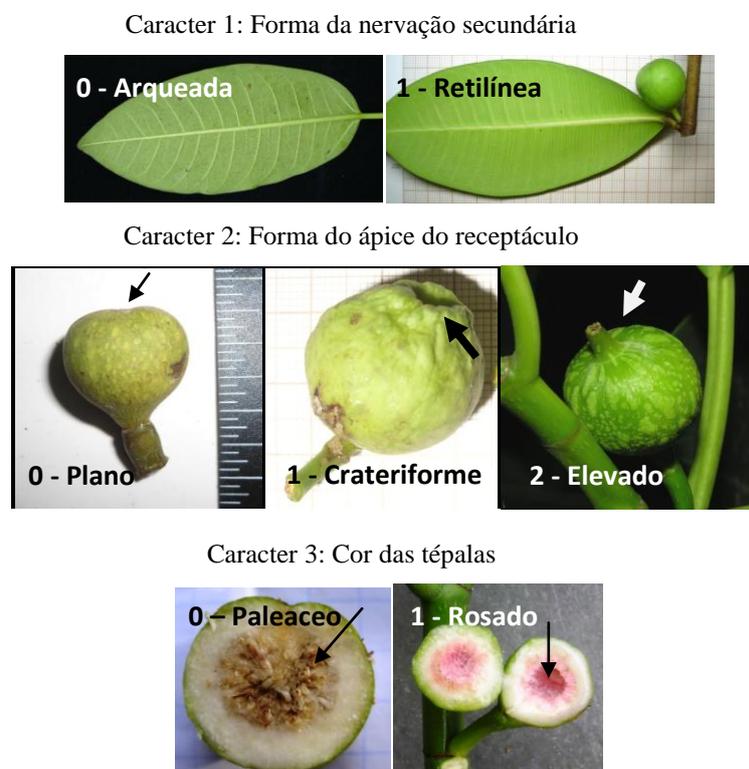
Nesta etapa designamos o estado ancestral entre os estados da “série de transformação”. A mudança do estado do caractere representa uma mudança evolucionária herdada de uma estrutura ou característica pré-existente (**plesiomórfico** ou ancestral) para uma nova estrutura ou característica (**apomórfica** ou derivada, Fig. 4).



**Figura 4:** Total de séries de transformação para um caracter com três estados, com a polaridade determinada (Radford 1986, Simpson 2010).

## 6) Matriz Caracter x Táxon

Etapa em que os estados dos caracteres são assinalados como números e listados sequencialmente para corresponder uma “Série de Transformação” (Fig. 5 e 6).



**Figura 5:** Exemplos de caracteres em *Ficus* (Fotos do autor)



## 8) Monofiletismo e Sinapomorfias

Uma primeira tendência dos sistematas filogenéticos é que um cladograma deve ser construído de uma matriz caracter/táxon por um arranjo sequencial, num diagrama ramificado, agrupando táxons que dividem um ou mais caracteres. Cada grupo desses é chamado de **táxon monofilético** e são identificados por dividirem um ou mais estados de caracteres derivados (**sinapomorfias**). Numa definição estrita, um táxon monofilético inclui um ancestral comum e todos, ou quase todos, seus descendentes (Radford 1986).

### Exemplo em *Ficus* (Moraceae):

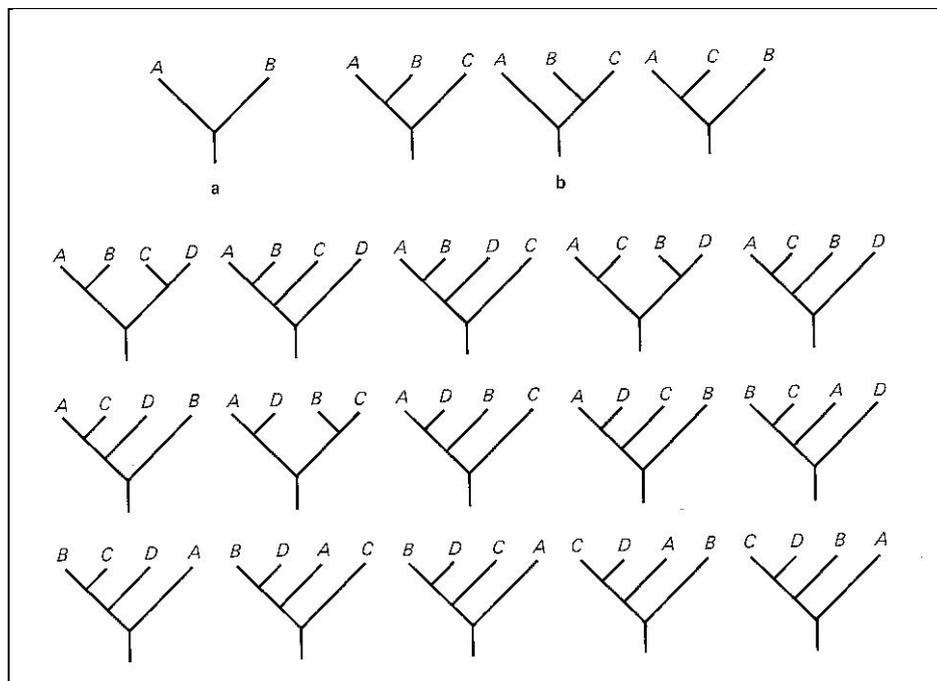
O caracter que define o gênero *Ficus* como um grupo monofilético é o sicônio, um tipo de inflorescência que o receptáculo envolve e internaliza, por completo, as flores deixando apenas um orifício de entrada, o ostíolo, para a polinização pelas vespas. Em toda a natureza, este caracter ocorre somente em *Ficus*, sendo a sinapomorfia que define o gênero como monofilético (Fig. 8).



**Figura 8:** Em todas os táxons ocorrem o sicônio (caracter 4 da matriz), o caracter que reúne as espécies W-Z em um grupo único.

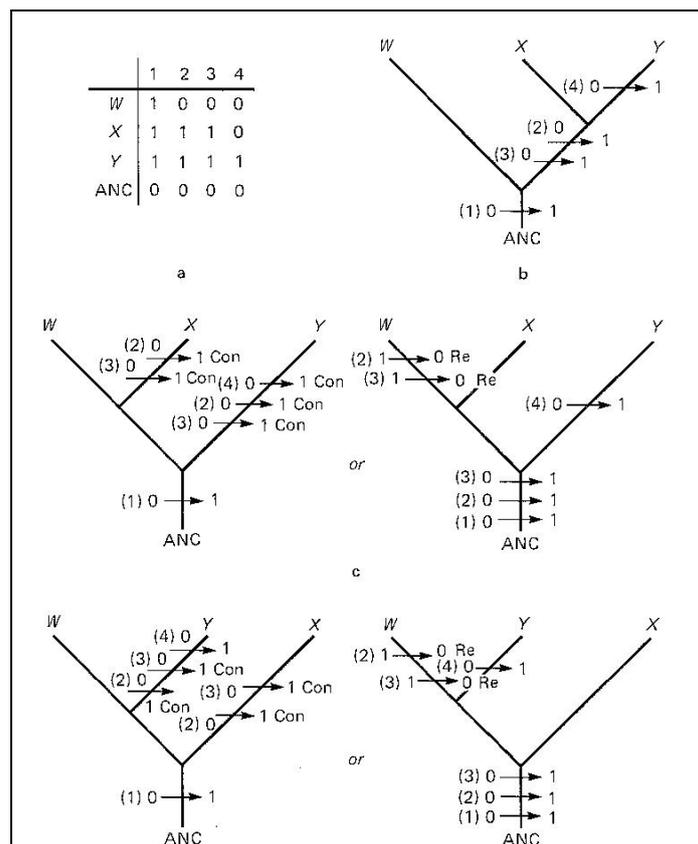
## 9) Parcimônia

Na construção de um cladograma, um modelo de ramificação simples é selecionado entre várias possibilidades. Para dois táxons, haverá somente um cladograma possível; para três táxons, três cladogramas podem ser montados; para quatro, 15 cladogramas podem ser montados, e assim por diante (Fig. 9). Para resolver qual cladograma escolher, os cientistas concordaram com um princípio básico: o que apresentar menos reversões e convergências é aceito (Radford 1986).

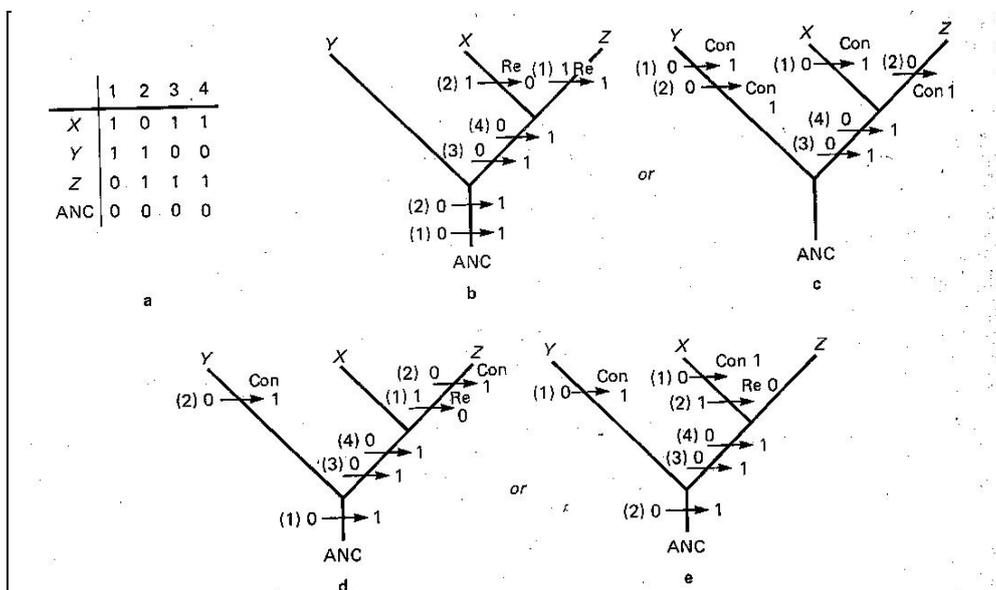


**Figura 9:** Diversas interpretações da evolução dos táxons são possíveis, mesmo levando em conta a análise de parcimônia. a) dois táxons geram uma árvore; b) três táxons geram três possíveis árvores igualmente parcimoniosas; c) quatro táxons geram 15 árvores mais parcimoniosas (Radford 1986).

As análises de parcimônia produzem diversas árvores com o mesmo número de eventos evolutivos, assim como a variação da quantidade e diversidade de caracteres analisados, e podem resultar em diferentes relacionamentos em suas topologias (Fig. 10 e 11). Para não escolher aleatoriamente qualquer árvore, os cientistas optaram por identificar quais grupos são encontrados em todas as árvores e assim montar uma **árvore de consenso** (Judd 2009).



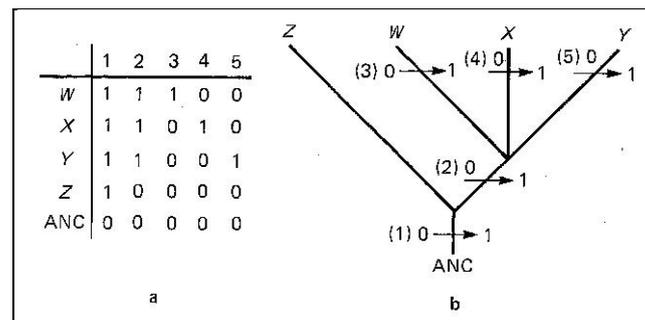
**Figura 10:** Para a matriz (a) o cladograma (b) demonstra o menor número de passos, quatro, ou seja, menor número de convergências e reversões, enquanto os cladogramas (c) e (d) apresentam seis passos (Radford 1986).



**Figura 11:** A configuração mais parcimoniosa possui seis eventos evolutivos (passos) gerando os cladogramas b-e (Radford 1986).

## 10) Policotomia

Ocasionalmente, as relações entre os táxons não podem ser resolvidas e esta situação é representada no cladograma como um policotomia. A **policotomia** é um diagrama ramificado do qual as linhagens de três ou mais táxons emergem de um único ancestral comum (Fig. 12). Elas ocorrem quando está faltando dados ou porque dois ou mais táxons são na verdade derivados de um simples ancestral comum. No primeiro caso, não há estado de caractere derivado identificando o monofiletismo de quaisquer dois táxons dentro do grupo. Outra possível razão é que todos os táxons considerados divergiram independentemente de uma simples espécie ancestral. Ou seja, não há eventos evolucionários sinapomórficos que conectam qualquer dois táxons como um grupo monofilético. A policotomia serve como sinal para a reinvestigação dos caracteres e dos táxons, indicando a necessidade da continuação dos estudos (Radford 1986).



**Figura 12:** Um caso de policotomia em que no mesmo nó surgem três linhagens diferentes originando os táxons W, X e Y, no mesmo tempo evolutivo (Radford 1986).

## BIBLIOGRAFIAS CITADAS E SUGERIDAS

Berg, C.C. 1989. Systematic and phylogeny of Urticales. *In*: Crane, P.R. & Blackmore, S. (eds.). **Evolution, Systematics and Fossil History of the Hamamelidae, vol. 2: Hamamelidae**. Systematics Association Special, volume 40B: 193-220. Clarendon Press, Oxford.

Hennig, W. 1966. **Phylogenetic Systematics**. University of Illinois Press, Urbana.

Hickey, L.J. 1973. Classification of the architecture of dicotyledonous leaves. **American Journal of Botany** 60: 17-33.

Judd, W.S., Campbell, C.S., Kellogg, E.A., Stevens, P.F. & Donoghue, M.J. 2007. **Plant Systematics: A Phylogenetic Approach**. 3th. Sinauer, Sunderland, Massachusetts.

Nelson, G. & Platnick, N.I. 1981. **Systematics and biogeography: cladistic and vicariance**. Columbia University Press, New York.

Radford, A.E., Dickinson, W.C., Massey, J.R. & Bell C.R. 1974. **Vascular plant systematics**. Harper et Row, New York.

Simpson, M.G. 2010. **Plant Systematics**. 2nd. ed. Elsevier Academic Press, Amsterdam.