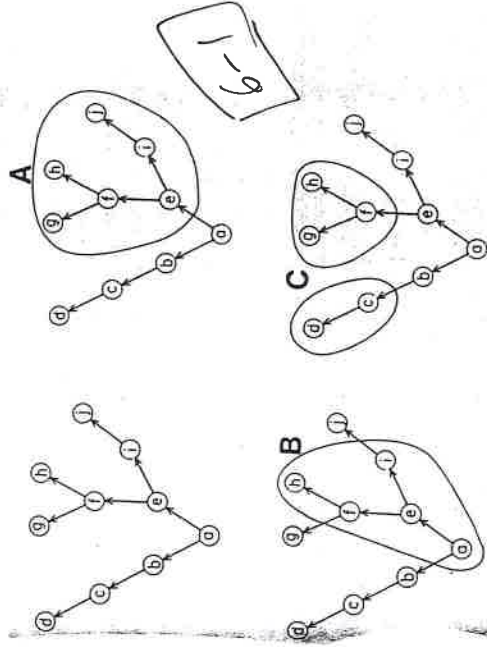


6-2

Joon. 12. Nelja taksomi evolutsiooniline kujunemine võis toimuda viieteistkümnel erineval viisil, mida kujutavad siin toodud kladogrammid. (C. Guyer & J. B. Slowinski, 1993. Adaptive radiation and the topology of large phylogenies. Evolution 47 (1), lk. 256, joon. 3.)



6-1

Joon. 2. Nelja praegu elava (d, g, h, j) ja kuue varem eksisteerinud hüpoteetilise liigi (a, b, c, e, f, i) klassifitseerimise võimalusi. Ülal vasakul on nende tõelise filogeneesi puu; A tähistab monofüleetilist rühma, B parafüleetilist, C - polüfüleetilist rühma (c, d, f, g, h). (C. A. Mearns & T. Duncan, 1987. Systematic Botany 12 (1), joon. 1-4.)

Table 5.2 Characters and character states for the tetrapods. From Maddison (1986)

Character	State	Relevant group
1. amnion:	absent, present	
2. appendages:	fins, legs only, legs and wings	tetrapods
3. body covering:	derm. scales, smooth, epid. scales, feathers, hair	
4. thermoregulation:	poikilotherm, homeotherm	birds and mammals
5. int. nostrils:	absent, present	sarcopterygians
6. atrial septum:	absent, present	sarcopterygians
7. temp. fenestrae:	none, one, two	diapsids
8. hemipenes:	absent, present	squamates
9. suspensorium:	not strep., streptosylous	squamates
10. gizzard:	absent, present	archosaurs
11. antorb. fenest.	absent, present	archosaurs
12. lat. sphen:	ossified, not	archosaurs
13. teeth:	not ped., pedicillate	lissamphibians

Table 5.3 Data matrix for the tetrapods. From Maddison (1986)

Group	Codes for characters 1-13
Ray-finned fish	0000000?0010
Frogs	01101100000111
Turtles	11201100000010
Lungfish	00001100?0010
Salamanders	01101100000111
Crocodiles	11201120011100
Lizards	11201121110010
Birds	12311120011100
Mammals	11411110000010
Snakes	1?201121110010

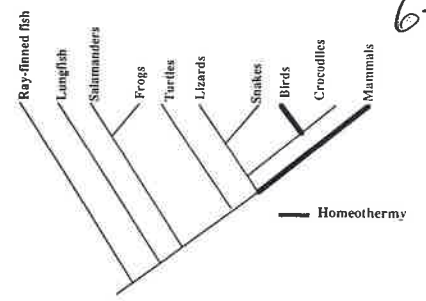
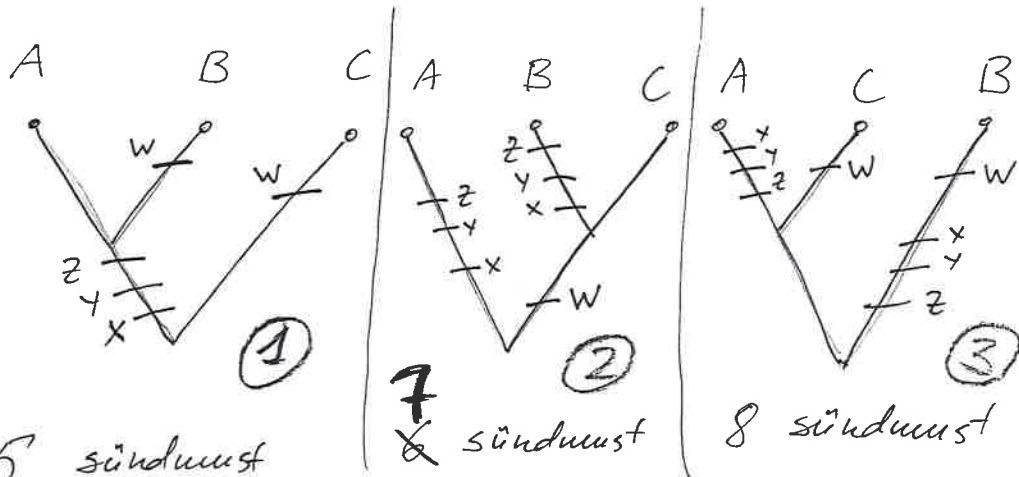


Figure 5.4 A provisional phylogeny of tetrapods and lungfish that indicates: (1) the ray-finned fish are the sister-group. (2) The salamanders and frogs, the lizards and snakes, and the birds and the crocodiles each share a common ancestor not shared by the others. (3) The 'reptiles' are not a natural group, for the birds are more closely related to the crocodiles than they are to the mammals, and the crocodiles are more closely related to the birds than they are to the snakes and lizards. (4) Homeothermy evolved twice, once in the ancestor leading to the mammals and once in the ancestor leading to the birds (after Maddison 1986).

6-3

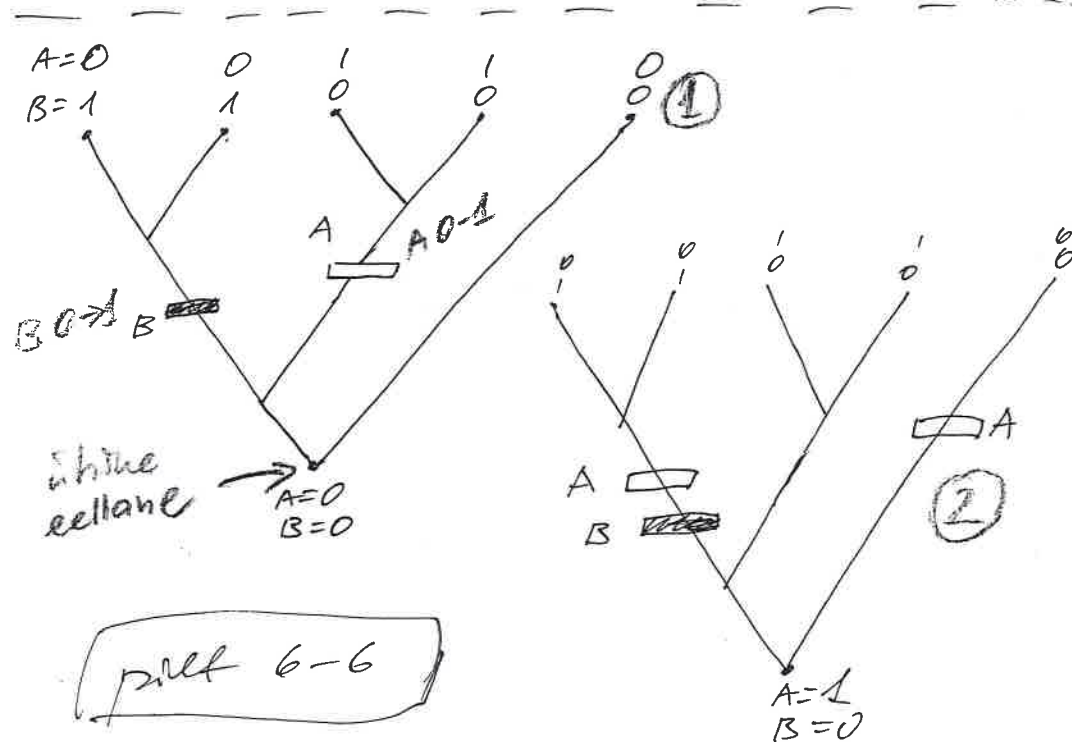


5 sünduust
 kõige säästlikum
 e parsimoosem

6-4

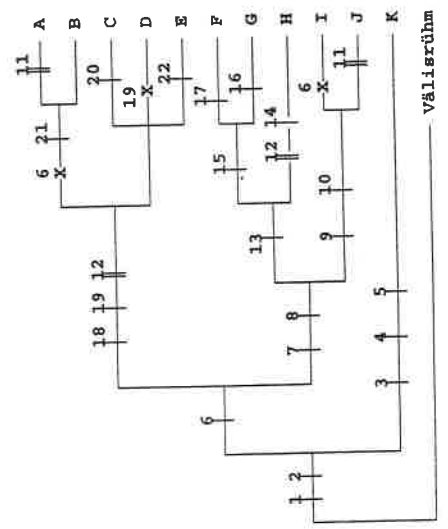
Pilt 6-4 seletus. Liikidel A ja B on kolm ühist tunnust, mis puuduvad liigil C (z, y ja x); liikidel B ja C on üks ühine tunnus (w). Pildil on kolm erinevat võimalikku kladogrammi nende kolme liigi jaoks. Eeldame hakatuseks liikide selliseid fülogeneetilisi suhteid, nagu iseloomustab kladogramm 1. Sel puhul peame järeldama minimaalselt viie evolutsioonilise sündmuse toimumist. Kladogrammi 2 või 3 korral on minimaalne "vajalike" evolutsiooniliste muutuste arv suurem. Seega on kladogramm 1 parsimoosem ja selle võib kuulutada kõige tõenäosemaks tegelike evolutsiooniliste muutuste kajastajaks. Ehk siis järeldame, et liik C eraldus kõigepealt ning A ja B teineteisest alles hiljem.

Pilt 6-6 seletus. Eellaste (sõlmede, = kladogrammi hargnemiskohtade) väärtuste rekonstrueerimine säästuprintsiipi rakendades. On viis liiki ja kõigi nende kohta on teada kahe tunnuse (A ja B) väärtused nagu näha kladogrammi kohal. Kõigi pildil oleva 5 liigi ühisel eellasel olid tõenäoliselt järgmised tunnuste väärtused: A=0 ja B=0 (skeem 1). Seda järeldame sellest, et nii on võimalik olemasolevat seisut seletada vaid kahte evolutsioonilist muutust eeldades. Kui aga eeldada väärtusi A=1 ja B=0 (skeem 2), siis ei saa teisiti, kui peame kolme evolutsioonilist muutust eeldama. Hüpotees 1 on seega uuritud kahest võimalusest parsimoosem ja tuleb tõenäosemaks tunnustada.



6-5

taksonite arv	puude arv
2	2
3	9
4	15
5	62
20	$5,24 \cdot 10^{24}$
100	$1,0 \cdot 10^{100}$



Joon. 13. Kladogrammi näide. Püstjoonega on tähistatud apomorfsed tunnuste teke, kahe paralleelse püstjoonega - apomorfsed tunnuste teke paralleelselt (rohkem kui ühes klaadis), ristiga üle joone - tunnuse reversion (tagasipöördumine plesiomorfsesse seisundisse). Numbrid nende märkide kohal tähistavad tunnuse numbrit, mis toetavad annud klaadi. Liikide C-E sõlm (klaad) on lahendamata.

6-8

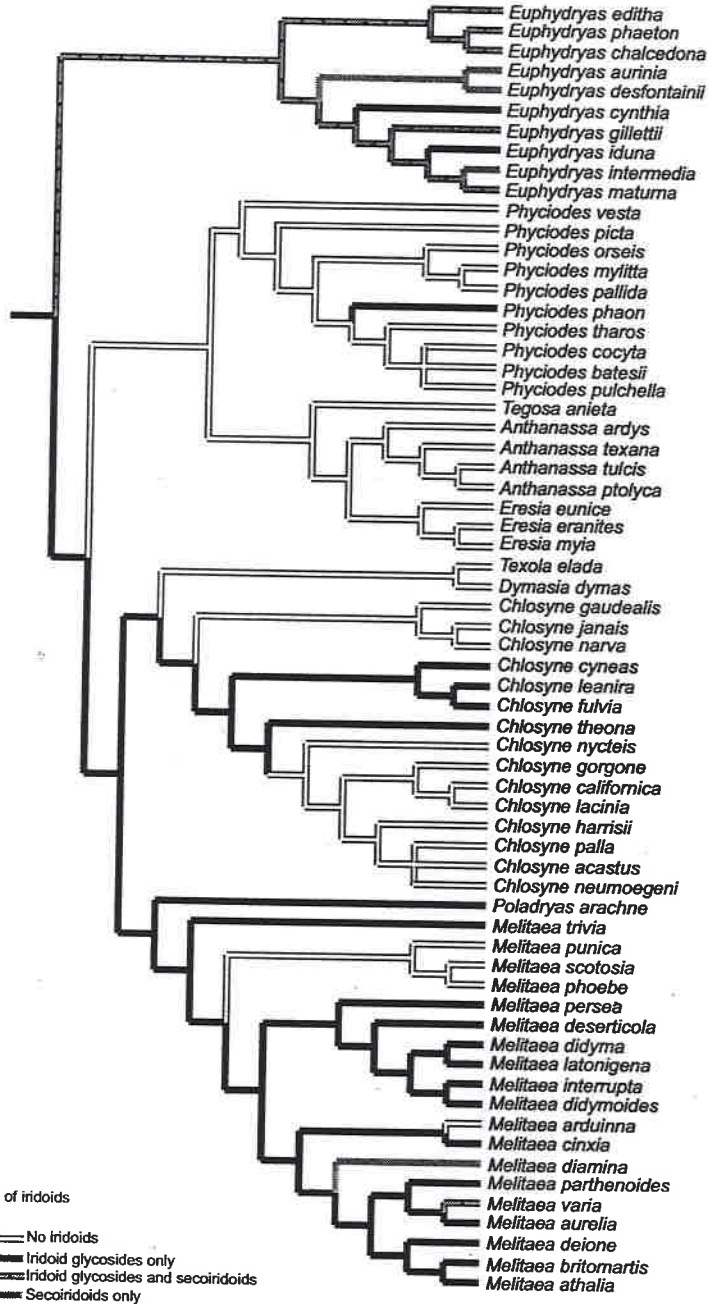
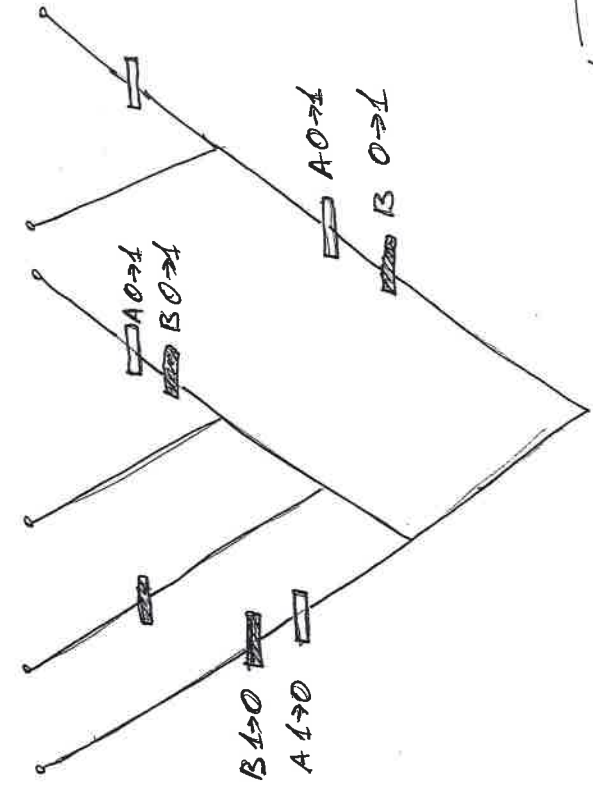


Figure 4. Optimization of presence of two classes of iridoids in the host plants of melitaeine species. Fast optimization used. The two classes have been optimized independently but are shown here together to save space.

A 0 → 1 A 1 → 0

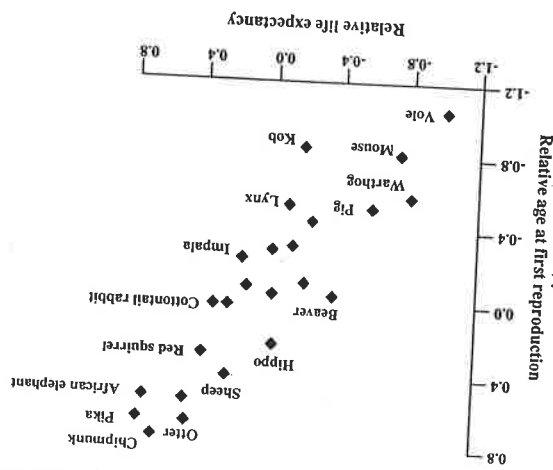
B 0 → 1	2	0
B 1 → 0	0	1



Pilt 6-9

Pilt 6-9 seletus. Oleme kandnud tunnuse A ja tunnuse B väärtuste muutused kladogrammile. Nüüd saame koostada tabeli, kuhu märgime, mitu korda on teatud suunaga muutus tunnuses A olnud seotud (samaaegselt toimunud) kindlasuunalise muutusega tunnuses B. Statistilist testi rakendades saab vastava tabeli põhjal otsustada, kas leitud seos on seletatav juhusiga või mitte. St loeme tunnuse muutumise juhtusid, mitte liike!

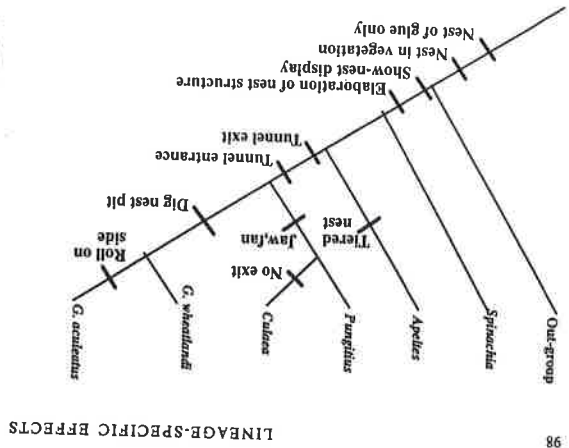
Figure 5.10 Relative age at first reproduction plotted against relative life expectancy at birth for 24 species of mammals (after Harvey and Zammuto 1985).



6-13

STATISTICAL APPROACHES TO THE COMPARATIVE METHOD

Figure 5.6 When one constructs a cladogram of sticklebacks based only on behavioural traits, the phylogeny closely resembles that obtained with morphological traits and the evolutionary sequence of character change becomes obvious (after McClelland et al. 1988).



6-7

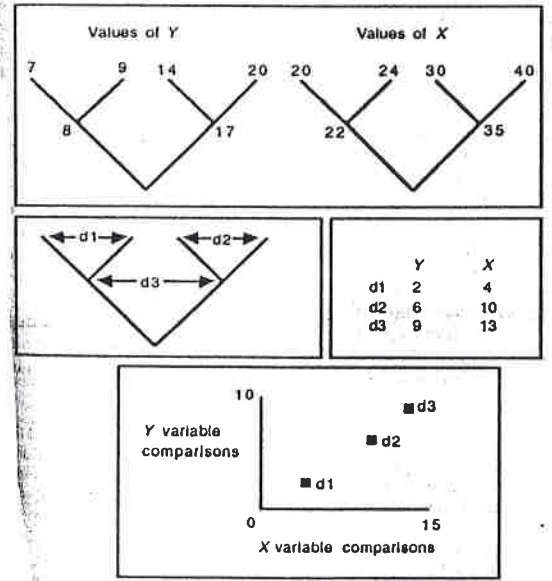
LINEAGE-SPECIFIC EFFECTS

40 Analysis of continuous variables

6-12

Box 5.2. The independent comparisons method for two characters in a single phylogeny.

Under a Brownian motion model of evolution, d_1 , d_2 , and d_3 provide independent comparisons. Path length differences are ignored in this illustration.



Pilt 6-12. Kahe tunnuse evolutsiooni seotuse uurimine sõltumatute kontrastide meetodil. Teada on nelja liigi jaoks kahe tunnuse (X ja Y) väärtused. Need väärtused on kantud kladogrammi tippude kohale. Eellaste (sülgavamate sõlmede) väärtused on rekonstrueeritud. Saame kolm sõltumatut võrdlust: kaks olemasolevate liikide vahel ja kaks rekonstrueeritud sõlmede vahel. Noolega näidatud erinevuse arvutame mõlema tunnuse väärtuste jaoks ja uurime siis erinevuste vahelist seost: kas kindlasuunalisele muutusele tunnuses A vastab kindlasuunaline muutus tunnuses B sagedamini kui juhuse läbi seda eeldada võiks juhtuvat.

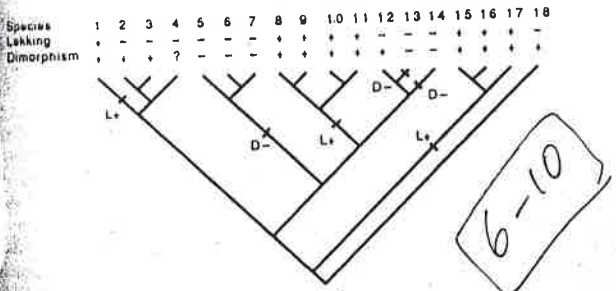


Fig. 4.3. Lekking and sexual size dimorphism in the Tetraonidae. All species in this family are sexually dimorphic for plumage. Transitions on the phylogenetic tree (L, lekking; D, dimorphism; +, gain; -, loss) are calculated using the rules given by Maddison et al. (1984), described in Chapter 3 (Box 3.1). Species referred to by number are: (1) *Centrocercus urophasianus*; (2) *Dendragapus falcipennis*; (3) *D. sinidensis*; (4) *D. obscurus*; (5) *Lagopus leucurus*; (6) *L. mutus*; (7) *L. lagopus*; (8) *Tetrao urogallus*; (9) *T. parvirostris*; (10) *T. textrix*; (11) *T. mlotosiewiczzi*; (12) *Bonasa sewerzowi*; (13) *B. bonasia*; (14) *B. umbellus*; (15) *Tympanuchus cupido*; (16) *T. pallidicinctus*; (17) *T. phasianellus*; (18) Phasianinae (outgroup). (After Jørgensen 1989).

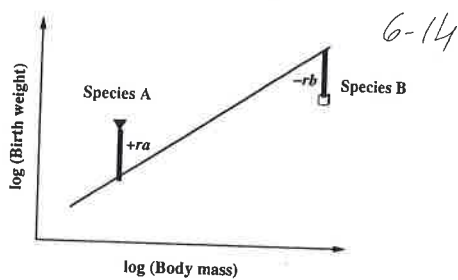


Figure 5.8 To compare the birth weights of two species of different body masses, one calculates the regression between birth weight and body mass across the taxon containing both species, then measures the birth weights of each as deviations from the value expected for an organism of that size in that taxon. Here the smaller species A has a larger than expected birth weight (the residual is positive), and the larger species B has a smaller than expected birth weight (the residual is negative). The line is estimated from many species, but the residuals are depicted only for two.

6-14