



ANÁLISE FILOGENÉTICA DO GÊNERO PANTHERA (FELIDAE) UTILIZANDO O GENE MITOCONDRIAL COI¹

Erick Ramos da Rosa², Leonardo Fraporti Ávila³

¹ Trabalho desenvolvido no componente curricular Genética Geral e Evolução do curso de Ciências Biológicas da Unijui

² Acadêmico do curso de Ciências Biológicas da UNIJUI E-mail: erick.rosa@unijui.edu.br

³ Acadêmico do curso de Ciências Biológicas da UNIJUI E-mail: leonardo.fraporti@sou.unijui.edu.br

INTRODUÇÃO

A filogenia é um ramo da Biologia que busca compreender as relações de parentesco entre os organismos por meio da reconstrução de sua história evolutiva. Com os avanços da biologia molecular, a comparação de sequências de DNA tornou-se uma das principais ferramentas para inferir essas relações, permitindo a construção de hipóteses evolutivas mais robustas e complementando as análises baseadas exclusivamente em características morfológicas.

Entre os marcadores moleculares mais utilizados em estudos filogenéticos destaca-se o gene mitocondrial Citocromo c Oxidase Subunidade I (COI). Esse gene apresenta regiões altamente conservadas, que possibilitam o alinhamento entre diferentes espécies, e regiões variáveis, que acumulam mutações ao longo do tempo e permitem distinguir linhagens evolutivas. Além de seu amplo emprego em estudos filogenéticos, o COI é reconhecido como o principal marcador utilizado na técnica de DNA Barcoding para identificação molecular de espécies.

O gênero *Panthera*, pertencente à família Felidae, compreende alguns dos maiores predadores terrestres existentes, incluindo *Panthera leo* (leão), *Panthera tigris* (tigre), *Panthera pardus* (leopardo), *Panthera onca* (onça-pintada) e *Panthera uncia* (leopardo-das-neves). Essas espécies apresentam ampla distribuição geográfica, importantes diferenças ecológicas e morfológicas, mas compartilham um ancestral comum relativamente recente. Devido à sua importância ecológica, conservacionista e evolutiva, o gênero tem sido frequentemente utilizado em estudos de sistemática molecular.

O presente trabalho teve como objetivo reconstruir a filogenia do gênero *Panthera* utilizando sequências do gene mitocondrial COI obtidas no GenBank, empregando o método



de Máxima Parcimônia, de modo a inferir as relações de parentesco entre as espécies analisadas e interpretar os principais índices estatísticos gerados durante a análise filogenética.

METODOLOGIA

As sequências nucleotídicas do gene Citocromo c Oxidase Subunidade I (COI) foram obtidas no banco de dados GenBank (National Center for Biotechnology Information – NCBI), selecionando-se cinco espécies pertencentes ao gênero *Panthera*: *Panthera leo*, *Panthera tigris*, *Panthera pardus*, *Panthera onca* e *Panthera uncia*. Como grupo externo foi utilizada a espécie *Puma concolor*, pertencente à mesma família (Felidae), permitindo o enraizamento da árvore filogenética e a determinação da direção das divergências evolutivas.

As sequências foram alinhadas utilizando o algoritmo MUSCLE, disponível no software MEGA versão 12, sendo posteriormente revisadas para remoção das extremidades com lacunas ou regiões de baixa qualidade, conforme as orientações metodológicas da disciplina. Após o alinhamento, o conjunto de dados final foi composto por seis sequências contendo 579 sítios nucleotídicos (TA = 579), dos quais 139 foram classificados como sítios variáveis (V = 139/579) e 44 como sítios parcimoniosamente informativos (PI = 44/579).

A reconstrução filogenética foi realizada pelo método de Máxima Parcimônia (Maximum Parsimony – MP), utilizando o algoritmo Tree-Bisection-Reconnection (TBR) com nível de busca 1 e dez adições aleatórias de sequências para obtenção das árvores iniciais. A confiabilidade dos agrupamentos foi estimada por meio da análise de bootstrap com 1.000 réplicas, sendo apresentados apenas os valores superiores a 50%.

A qualidade da árvore obtida foi avaliada pelos índices estatísticos fornecidos pelo MEGA12, incluindo o Índice de Consistência (CI = 0,833333), o Índice de Retenção (RI = 0,472727) e o Índice Composto (RC = 0,393939), utilizados para estimar o grau de homoplasia presente nos dados e a capacidade dos caracteres em representar a história evolutiva das espécies analisadas.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

A análise filogenética foi realizada com base em seis sequências do gene mitocondrial COI, totalizando 579 sítios nucleotídicos, dos quais 139 (24,0%) apresentaram



variação e 44 (7,6%) foram considerados parcimoniosamente informativos. Esses resultados demonstram que aproximadamente um quarto das posições do alinhamento apresentou diferenças entre as espécies analisadas, enquanto apenas uma parcela menor contribuiu efetivamente para a reconstrução da árvore filogenética. Esse comportamento é esperado para o gene COI, que apresenta regiões altamente conservadas intercaladas por regiões mais variáveis.

A árvore filogenética obtida pelo método de Máxima Parcimônia recuperou um único agrupamento principal contendo todas as espécies do gênero *Panthera*, enquanto *Puma concolor*, utilizado como grupo externo, ocupou a posição basal da árvore. Esse resultado confirma a adequação da escolha do grupo externo, uma vez que a espécie pertence à mesma família (Felidae), porém a um gênero distinto, permitindo o correto enraizamento da árvore e a inferência da direção das divergências evolutivas.

Entre as espécies de *Panthera*, observou-se que *Panthera tigris* foi a primeira linhagem a divergir do ancestral comum das demais espécies analisadas. Em seguida ocorreu a separação de *Panthera pardus*, permanecendo um clado composto por *Panthera leo*, *Panthera onca* e *Panthera uncia*. Dentro desse agrupamento, *P. onca* e *P. uncia* apresentaram ancestral comum mais recente, sustentado por um valor de bootstrap igual a 68%, considerado de suporte moderado. Posteriormente, esse grupo uniu-se a *P. leo*, formando um clado com 90% de bootstrap, valor que indica elevado suporte estatístico e boa reprodutibilidade desse agrupamento nas mil réplicas realizadas.

Os valores de bootstrap representam a frequência com que determinado agrupamento é recuperado após sucessivas reamostragens do conjunto de dados. Dessa forma, quanto maior o valor obtido, maior é a confiabilidade do agrupamento inferido. Na árvore obtida, o bootstrap de 90% demonstra forte suporte para o clado formado por *P. leo*, *P. onca* e *P. uncia*, enquanto o bootstrap de 68% sugere que a relação entre *P. onca* e *P. uncia* deve ser interpretada com maior cautela, uma vez que esse agrupamento apresentou menor estabilidade durante as reamostragens.

A análise também forneceu importantes índices de parcimônia. O Índice de Consistência (CI = 0,833333) indica baixa ocorrência de homoplasias, sugerindo que a maior parte das mudanças observadas pode ser explicada pela hipótese evolutiva proposta. Já o Índice de Retenção (RI = 0,472727) demonstra uma capacidade intermediária dos caracteres



em preservar o sinal filogenético ao longo da evolução, indicando que parte das variações observadas pode estar relacionada a eventos evolutivos independentes. Consequentemente, o Índice Composto ($RC = 0,393939$) evidencia que, embora a árvore apresente boa consistência geral, o conjunto de dados ainda possui limitações inerentes ao uso de um único marcador molecular.

Os resultados obtidos diferem parcialmente da filogenia atualmente mais aceita para o gênero *Panthera*. Estudos baseados em genomas mitocondriais completos e em múltiplos genes nucleares frequentemente recuperam *Panthera uncia* como grupo-irmão do clado formado por *Panthera leo* e *Panthera pardus*, enquanto *Panthera onca* diverge anteriormente. A topologia observada neste trabalho, que aproxima *P. onca* e *P. uncia*, provavelmente reflete a utilização exclusiva do gene COI e o número relativamente reduzido de caracteres parcimoniosamente informativos. Essa diferença reforça que árvores filogenéticas representam hipóteses evolutivas dependentes do conjunto de dados analisado e do método empregado para sua reconstrução.

Mesmo apresentando pequenas diferenças em relação às filogenias obtidas com dados genômicos mais abrangentes, a árvore construída reproduziu adequadamente a monofilia do gênero *Panthera* e demonstrou que o gene COI possui informação suficiente para recuperar grande parte das relações evolutivas entre essas espécies. Esse resultado evidencia a utilidade dos marcadores mitocondriais em estudos filogenéticos, especialmente em análises introdutórias e em atividades de ensino voltadas à sistemática molecular.

CONSIDERAÇÕES FINAIS

A utilização do gene mitocondrial COI permitiu reconstruir a filogenia das espécies do gênero *Panthera*, demonstrando sua eficiência como marcador molecular para estudos de parentesco evolutivo. A árvore obtida evidenciou a separação inicial de *Panthera tigris*, seguida por *Panthera pardus*, enquanto *Panthera onca* e *Panthera uncia* apresentaram ancestral comum mais recente, formando um agrupamento que, juntamente com *Panthera leo*, apresentou elevado suporte estatístico.

Os índices de parcimônia indicaram boa consistência da árvore construída, embora também evidenciem limitações decorrentes do número reduzido de caracteres informativos e da utilização de apenas um marcador molecular. A comparação com estudos recentes



demonstra que pequenas diferenças topológicas são esperadas quando análises filogenéticas são realizadas com conjuntos distintos de dados ou metodologias diferentes.

Dessa forma, este trabalho permitiu compreender os princípios da inferência filogenética utilizando dados moleculares reais, além de demonstrar a importância das ferramentas computacionais e dos bancos de dados genéticos na investigação da história evolutiva dos organismos. A atividade também evidenciou como a filogenia constitui uma ferramenta essencial para estudos de evolução, sistemática, biodiversidade e conservação biológica.

Palavras-chave: Filogenia. Panthera. Gene COI. Máxima Parcimônia. Evolução molecular.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

HEBERT, P. D. N.; CYWINSKA, A.; BALL, S. L.; DE WAARD, J. R. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, v. 270, n. 1512, p. 313–321, 2003. DOI: <https://doi.org/10.1098/rspb.2002.2218>

LEI, W.; WU, X.; ZHU, L. et al. Mitogenomic analysis of the genus *Panthera*. *Science China Life Sciences*, v. 54, n. 10, p. 917–930, 2011. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11427-011-4219-1>

NATIONAL CENTER FOR BIOTECHNOLOGY INFORMATION (NCBI). GenBank. Disponível em: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>. Acesso em: 12 jun. 2026.