**Press release**

**Seguindo essas dicas:**

**<https://humanas.blog.scielo.org/sobre/instrucoes-press-release/>**

**<https://neilpatel.com/br/blog/press-release/>**

Uma colaboração de pesquisadores da UFRGS e UFRJ desenvolveu um conjunto de ferramentas computacionais capaz de gerar hipóteses filogenéticas para todos os peixes da Terra. Essas ferramentas, apresentadas na segunda semana de novembro na revista Ecological Informatics, permitem a construção de hipóteses filogenéticas a partir de uma lista de espécies de peixes, cruzando a informação fornecida pelo usuário com checagens em plataformas de dados abertos. Esse conjunto de ferramentas permitirá que cientistas aprofundem o conhecimento da evolução dos peixes.

Artigo (In press): https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S1574954121002727?via%3Dihub

Informações sobre o assessor (e-mail da Mariana)

**A UFRJ tem um Assessor de Imprensa, o Sidney Coutinho**: [sidneycoutinho@reitoria.ufrj.br](mailto:sidneycoutinho@reitoria.ufrj.br), (21) 98157-1003.

Para os artigos com um potencial de interesse para a mídia é só escrever um Press Release do artigo e enviar para o Sidney que ele dispara para diversos jornais e canais de TV brasileiros de grande circulação, que entram em contato com o autor caso tenham interesse em fazer uma matéria. Ele às vezes também redige uma matéria diretamente no [Conexão UFRJ](https://conexao.ufrj.br/).

Na internet encontramos dicas de como escrever o Press Release e o próprio Sidney dá uma olhada antes e sugere edições, se achar preciso .

**Digest**

Quem nunca se perguntou de onde vieram nossos pais, e nossos avós, e os pais de nossos avós? Conhecer as origens da nossa família, além de nos proporcionar uma viagem ao passado possibilita entender um pouco sobre a nossa própria história. Nossos costumes, a forma de nos alimentarmos, como nos relacionamos com as pessoas e o local onde estamos hoje, são exemplos de como a história dos nossos ancestrais podem explicar parte de quem somos atualmente. Na natureza não é muito diferente, traçar as relações de parentesco entre espécies nos ajuda a entender uma parte do porquê as espécies são da forma que são atualmente, seus hábitos alimentares, comportamentais e preferencias de ambiente. No entanto, diferente das árvores genealógicas que só consideram as relações de proximidade, as árvores filogenéticas incorporam um componente fundamental: o tempo. As árvores filogenéticas, ou simplesmente filogenias, permitem demonstrar as relações de parentesco entre as espécies atuais e seus ancestrais, identificar a formação de grupos, como por exemplo famílias, e ainda permite avaliar a quanto tempo esses grupos estão separados.

Porém, estabelecer as relações de parentesco entre as espécies não é uma tarefa fácil. Imagine ter que montar uma árvore genealógica onde temos que encaixar centenas, as vezes milhares de pessoas diferentes. Quanto mais parentes uma dada família tem maior é a chance de que não saibamos quem são os descendentes diretos de algumas pessoas, quiçá os mais distantes. Essa falta no entendimento das relações de proximidade é situação é muito comum nas árvores filogenéticas, principalmente em grupos de organismos que apresentam muitas espécies, como os peixes. Ainda, a não inclusão de algumas relações podem mascarar o entendimento sobre o organismo e o ambiente onde ele vive, por exemplo.

Inúmeras espécies de peixes são conhecidas atualmente, literalmente uma “grande família” com cerca de XXXX espécies diferentes, porém nem todas essas espécies estão contempladas na filogenia mais completa disponível atualmente. Então a questão é, como podemos descobrir as relações de parentesco dessas espécies de modo a encaixa-las na gigantesca, mas incompleta filogenia dos peixes? Bom, algumas técnicas podem ser aplicadas. Uma das principais se assemelha a um “teste de DNA”. De maneira bem geral, esta técnica acessa a informação genética para todas as espécies e então as agrupas conforme sua proximidade formando uma arvore filogenética completa. Apesar de precisa, esta técnica é cara e requer uma que todas as espécies tenham a sua informação genética sequenciada, o que é inverdade para muitas espécies e grupos. Outra técnica bastante utilizada em alguns grupos de organismos toma por base a hierarquia taxonômica para posicionar as espécies com parentesco desconhecido. De maneira geral, isso é similar a utilizar o nome e sobrenome das espécies para posicionar elas dentro da filogenia. Espécies com nome igual (gênero) são mais próximas entre si que espécies com nomes diferentes. Apesar de barata, ao utilizar esta técnica esbarramos em um problema de quantidade, pois quanto maior o número de espécies a ser inserido, mais difícil é procurar manualmente toda a ficha de nomes e sobrenomes destas espécies (gênero, família, ordem), sendo, portanto, muito sujeita a erros, além de muito difícil de descrever perfeitamente como foi feito o processo de inserção das espécies quando realizada de forma manual.

Considerando a inserção de espécies faltantes baseada em hierarquia taxonômica produz hipóteses filogenéticas confiáveis e que esses dados podem ser acessados de forma aberta, elaboramos um conjunto de ferramentas computacionais que permitem um processo automatizado de inserções, tonando possível a construção de filogenias para grupos megadiversos como os peixes. No trabalho recentemente publicado na revista Ecological Informatics nós apresentamos essas ferramentas utilizando de um banco de dados contendo mais de 13 mil espécies de peixes de água doce do mundo todo. Além disso, mostramos que o método que desenvolvemos cria filogenias que são muito confiáveis para serem utilizadas em estudos de ecologia (baseado em algumas características dessas filogenias). O nosso estudo trata-se da primeira ferramenta automatizada presente em R (o principal software utilizado em estudos ecológicos) e, apesar de publicada, pode ser constantemente aprimorada, com a possibilidade de ser expandida para outros grupos além de peixes.

Thread twitter

Few years ago, a friend of mine, Bruno, pushed me back to the fish world. My last contact with fishes (a real one, not that contact summarizing fishes just as a study model). At that time, I wonder: how could I contribute for a topic that involves fishes? I frequently used to become in trouble all the time that I need to insert any new species in the most up to date phylogenetic hypothesis, a common situation for those who work with tropical fish assemblages. In this insertion process we have two main options, both unreliable but for different reasons. The first, would be use molecular techniques to elucidate the evolutionary position of species along the backbone phylogeny. Despite very precise, was unreliable due to the lack of money and technical expertise. So, we opt to insertion missing species by hand, a reliable option given the context of no money and expertise but is the type of work that you do and wish to not do it anymore in your entire life. However, the