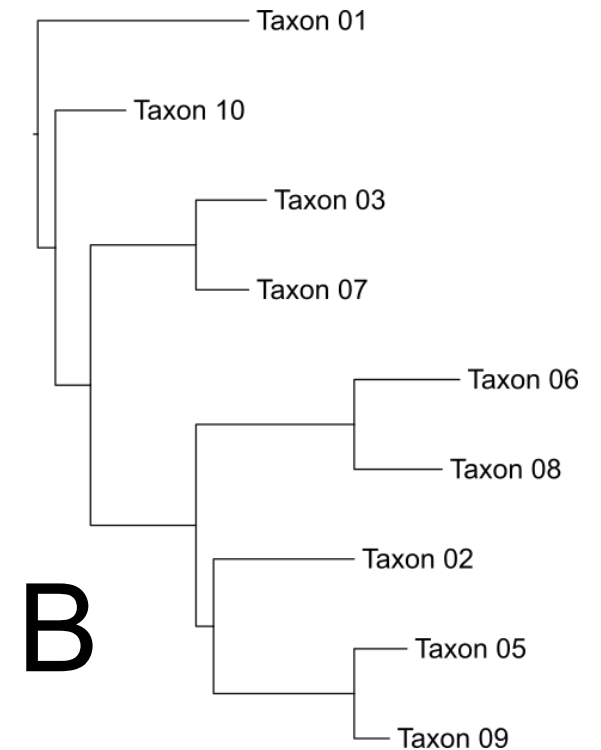
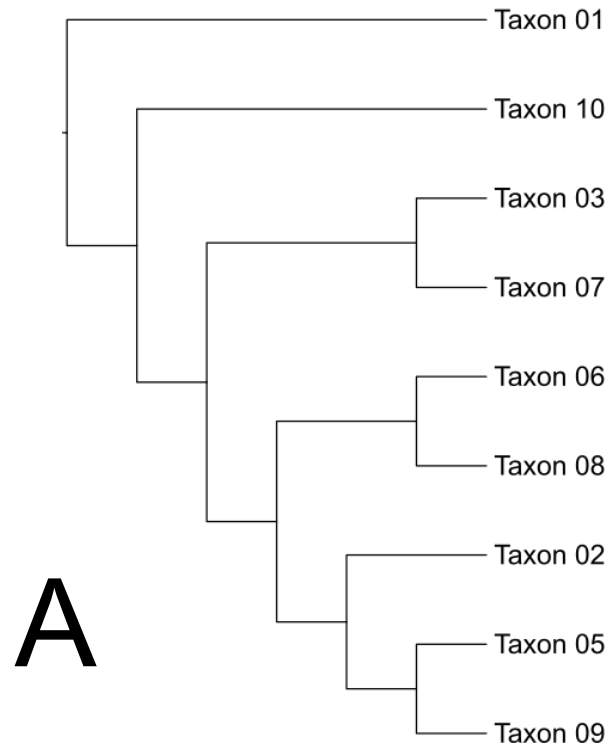


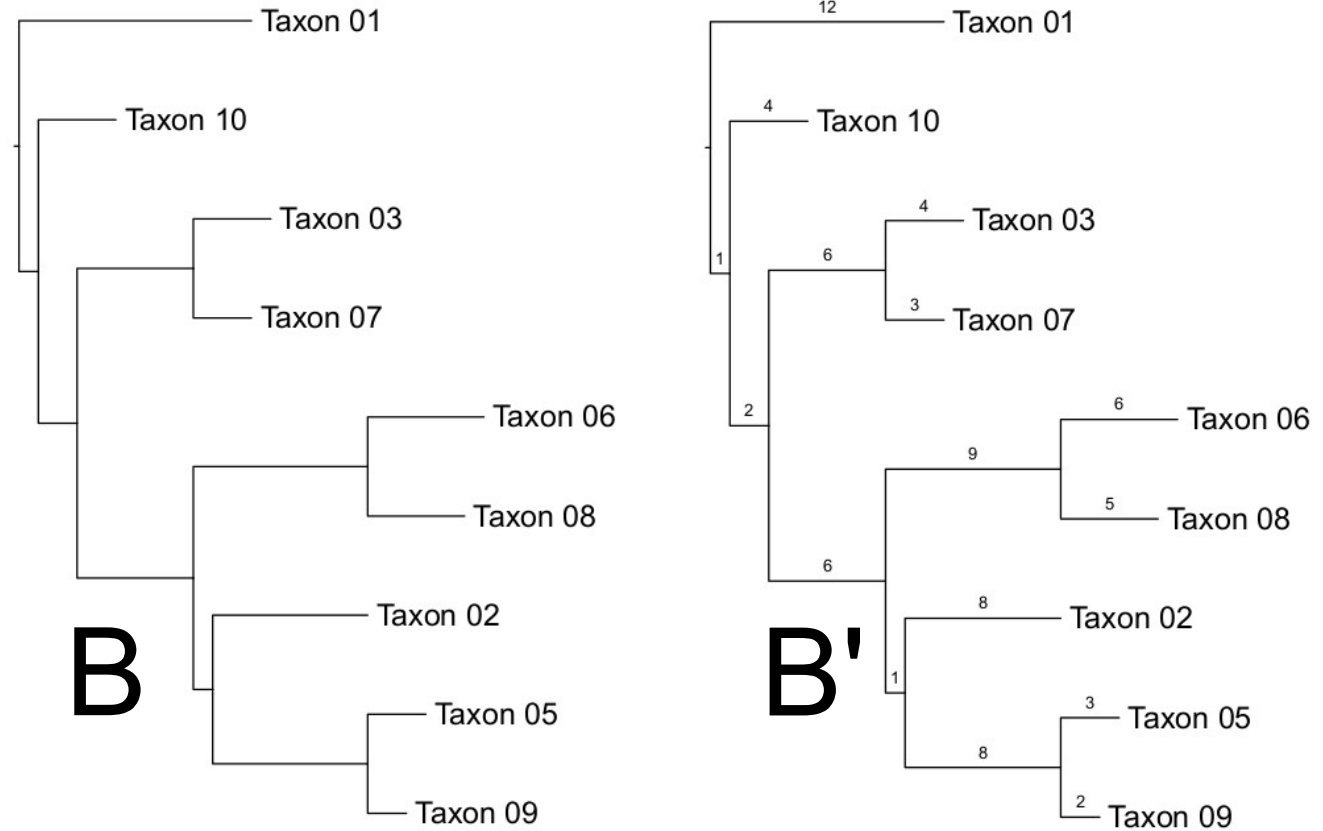
Conteúdo informativo de cladogramas:

Qual informação está presente em B que não existe em A?



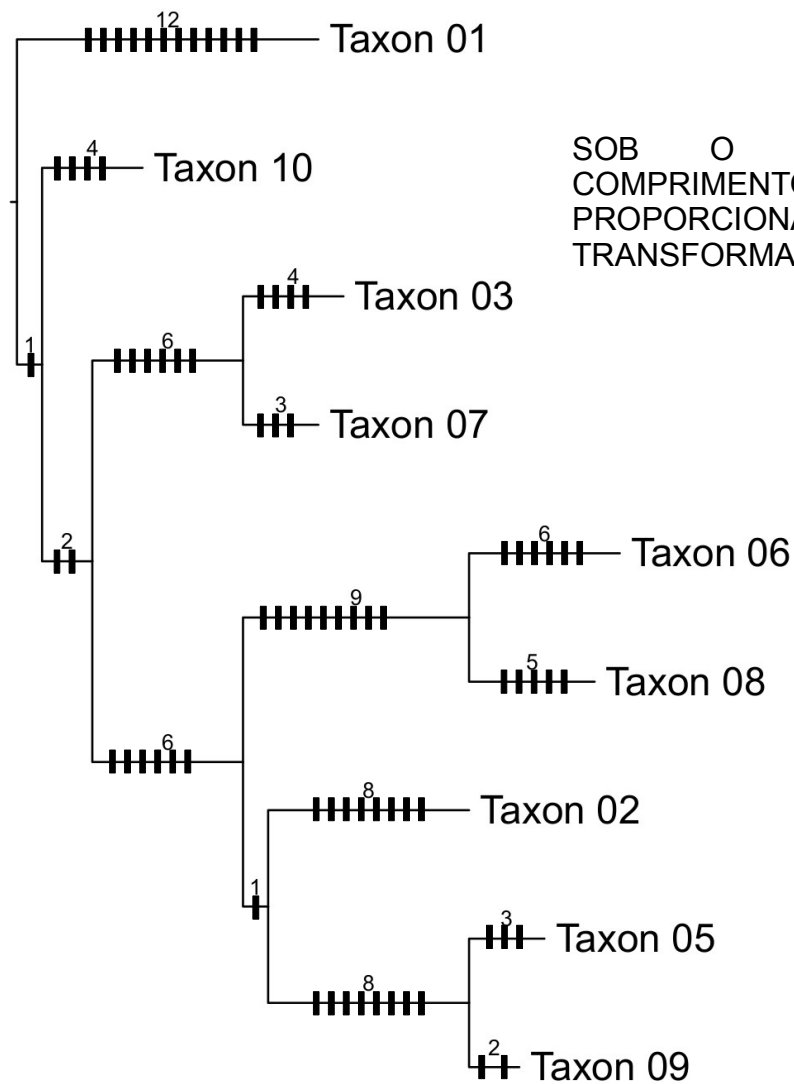
Conteúdo informativo de cladogramas:

O cladograma B expressa os comprimentos de cada ramo.



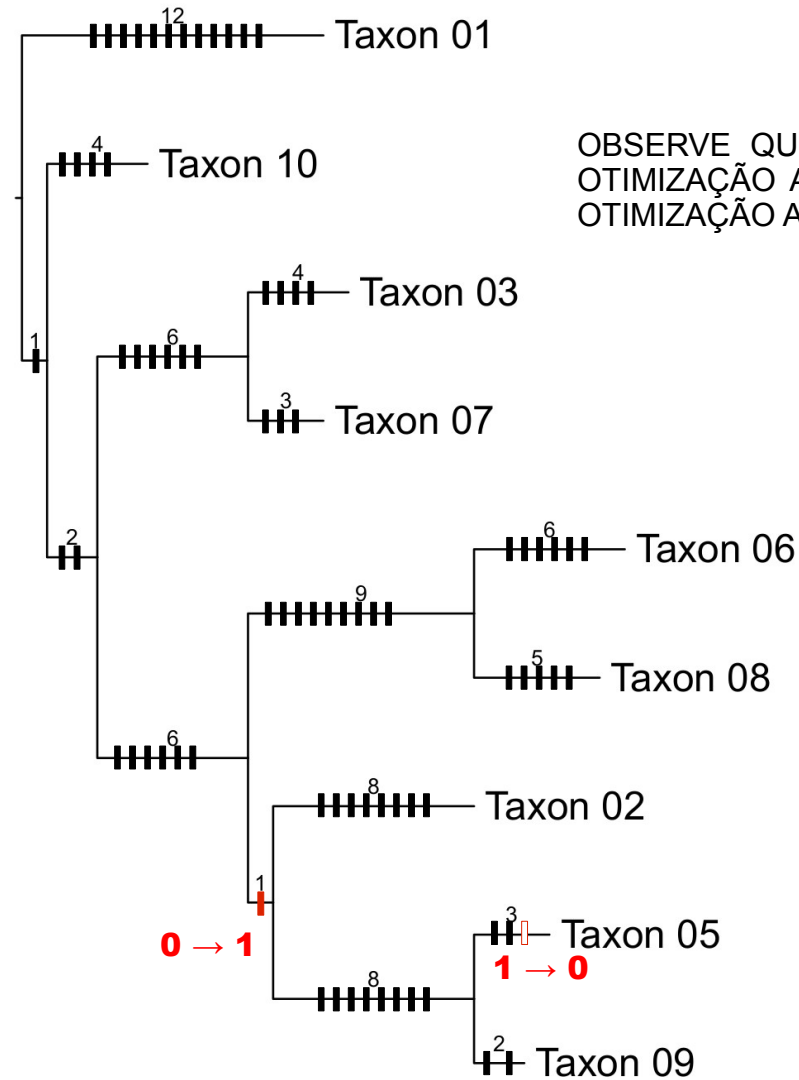
Conteúdo informativo de cladogramas:

Parcimônia: comprimentos de ramos \approx no. de transformações



Conteúdo informativo de cladogramas:

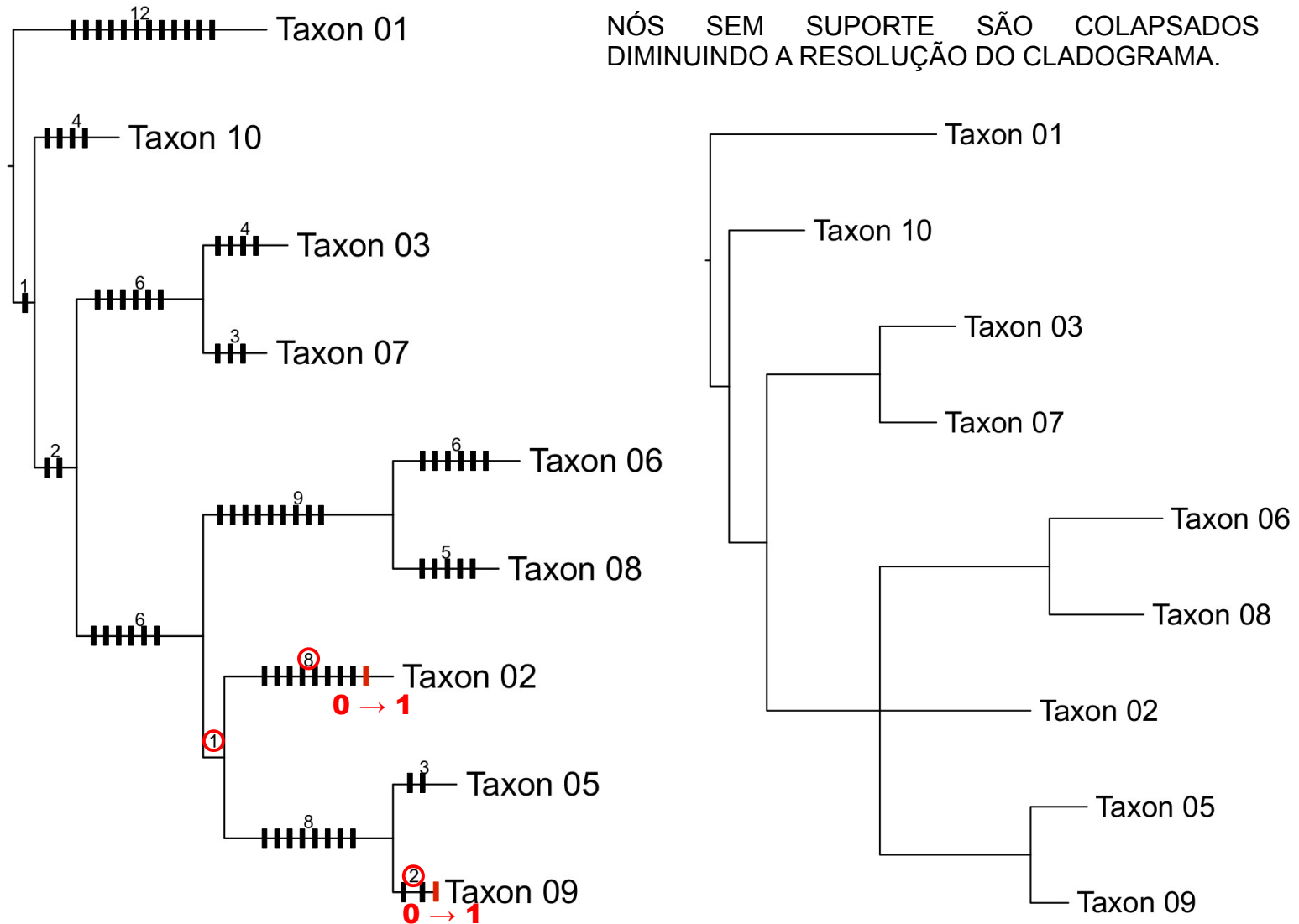
Otimizações ambíguas: podem ser explicadas de formas distintas



OBSERVE QUE UM DOS CARACTÉRES POSSUI OTIMIZAÇÃO AMBÍGUA (vermelho). QUAL SERIA A OTIMIZAÇÃO ALTERNATIVA?

Conteúdo informativo de cladogramas:

Otimizações ambíguas → suporte de nós → resolução do cladograma



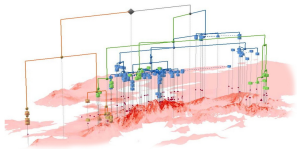
Conteúdo informativo de cladogramas:

Comprimento de Ramos → Proporcional ao número de transformações.

Otimizações ambíguas → Quando a posição da transformação pode depender de duas ou mais otimizações igualmente parcimoniosas.

Suporte de nós → Número de transformações que sustentam determinado nó. Ele é ambíguo quando o único caráter que suporta o nó possui otimização alternativa.

Resolução do cladograma → Cladogramas totalmente resolvidos são integralmente dicotômicos. Nós sem suporte, seja ele ambíguos ou não, são colapsados reduzindo sua resolução.



Aula 06: Cladística – continuação

- Aula 6.01: Conteúdo informativo de cladogramas;
- Aula 6.02: Inferência sobre o tempo absoluto;
- Aula 6.03: Descrição de cladogramas;
- Aula 6.04: Árvores de consenso;
- Aula 6.05: Testando hipóteses com filogenias.

Inferência sobre o tempo absoluto:

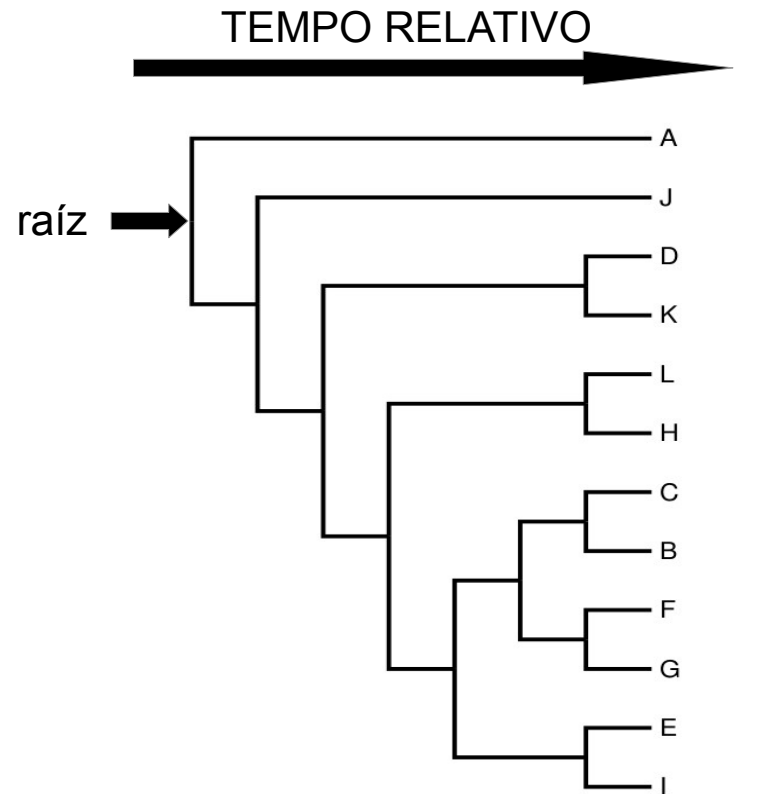
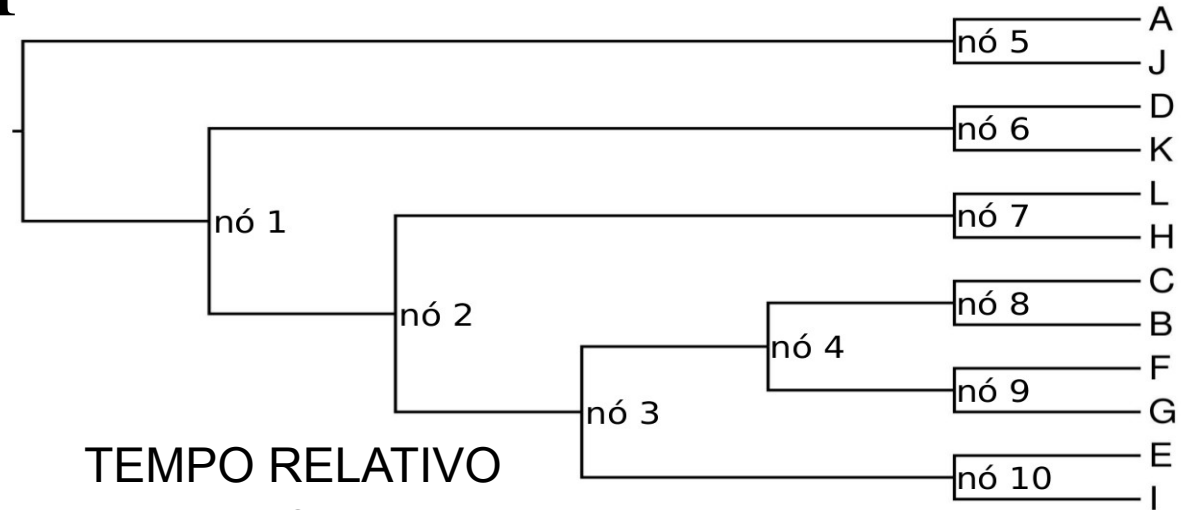


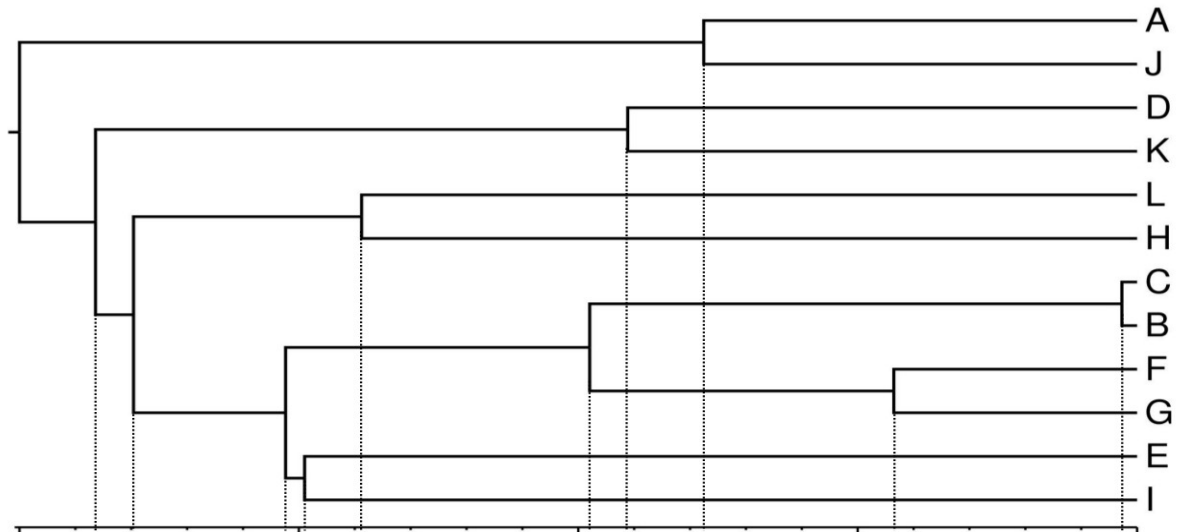
diagrama enraizado

(grafo binário acíclico direcionado)

Inferência sobre o tempo absoluto:

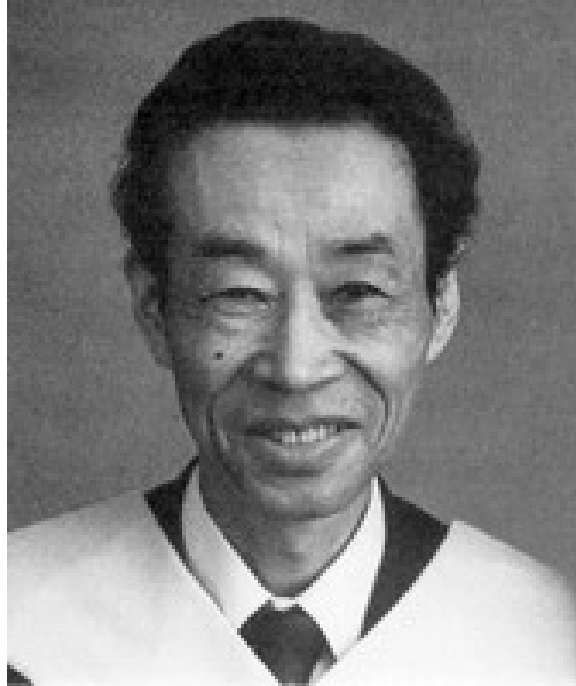


TEMPO RELATIVO
VS.
TEMPO ABSOLUTO



Inferência sobre o tempo absoluto

Teoria Neutra de evolução Molecular*



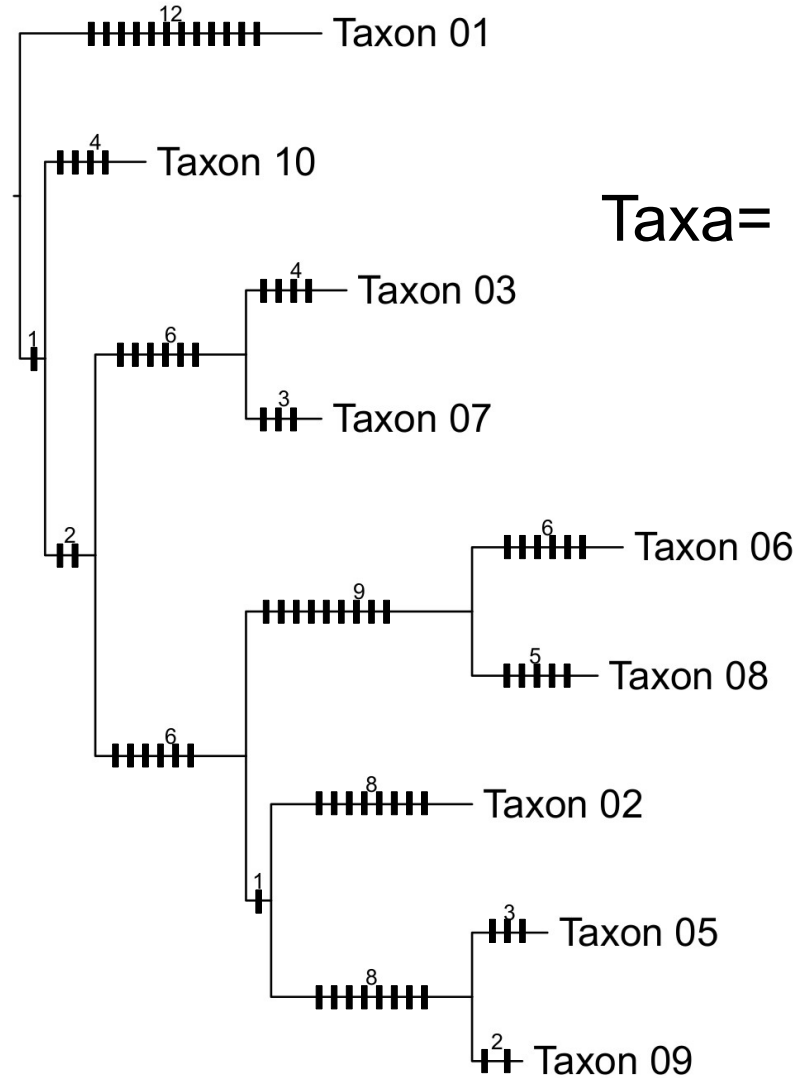
Motoo Kimura
(1924 – 1994)

A maioria da
variabilidade molecular
dentro e entre linhagens
é resultado de deriva
genética em taxas
relativamente constante.

*, Kimura, M. (1983). The neutral theory of molecular evolution. Cambridge

Inferência sobre o tempo absoluto

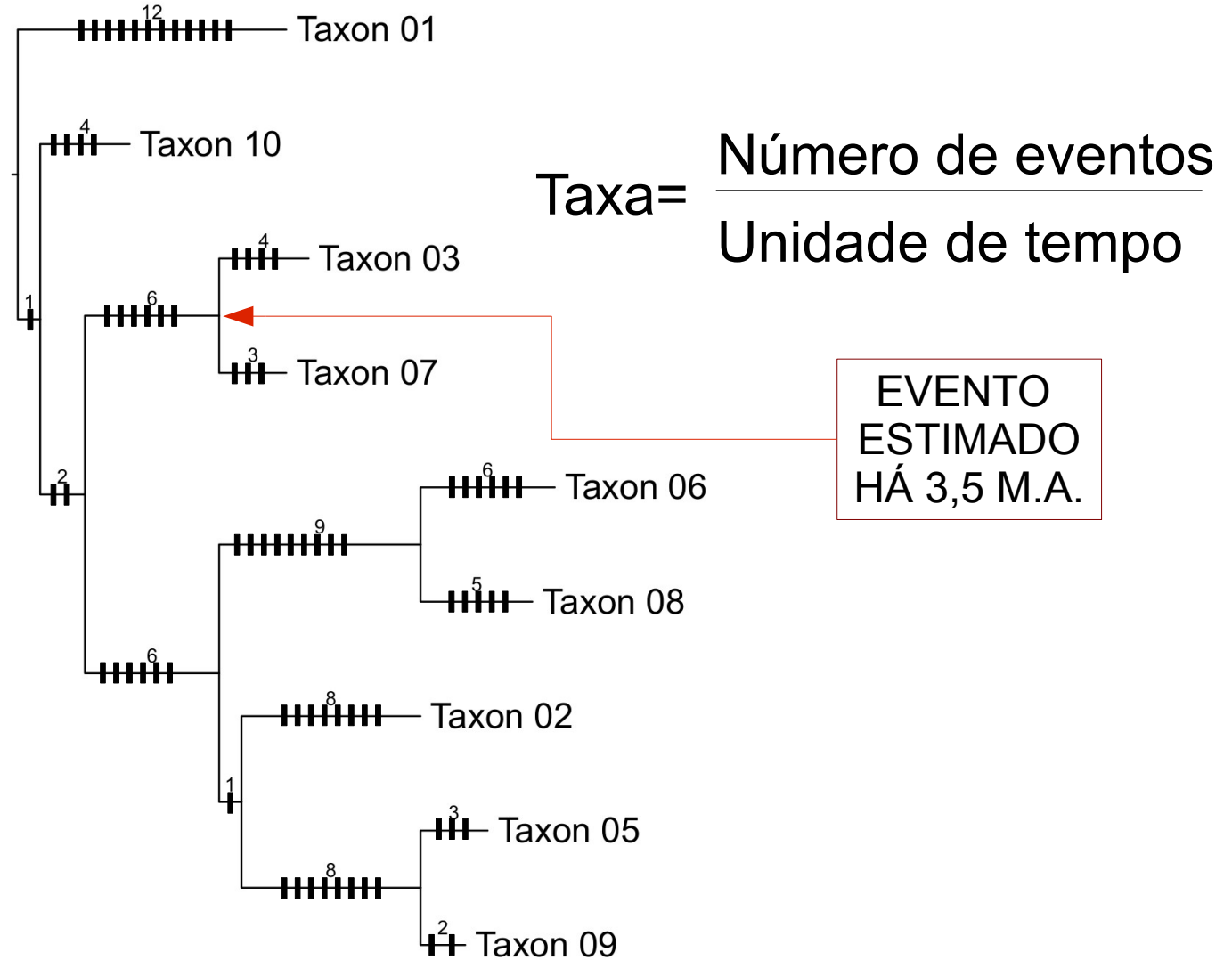
Teoria Neutra de evolução Molecular: taxa de transformação



$$\text{Taxa} = \frac{\text{Número de eventos}}{\text{Unidade de tempo}}$$

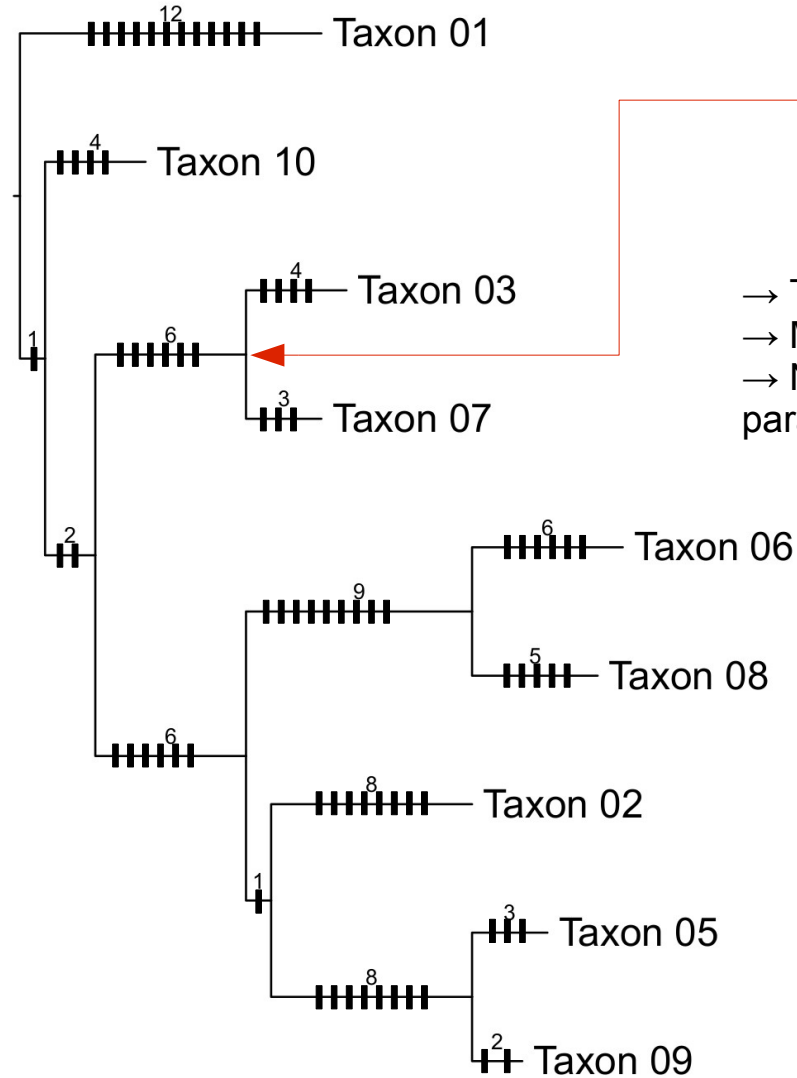
Inferência sobre o tempo absoluto

Taxa de transformação: calibração



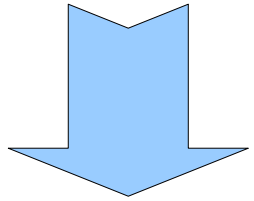
Inferência sobre o tempo absoluto

Taxa de transformação: calibração



EVENTO ESTIMADO HÁ 3,5 M.A.

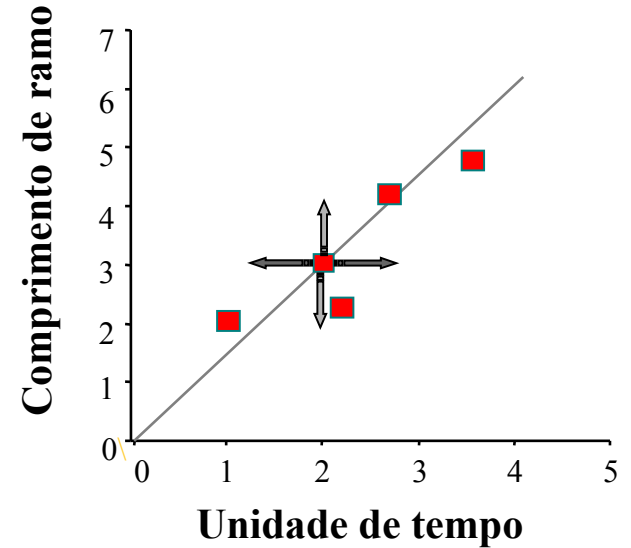
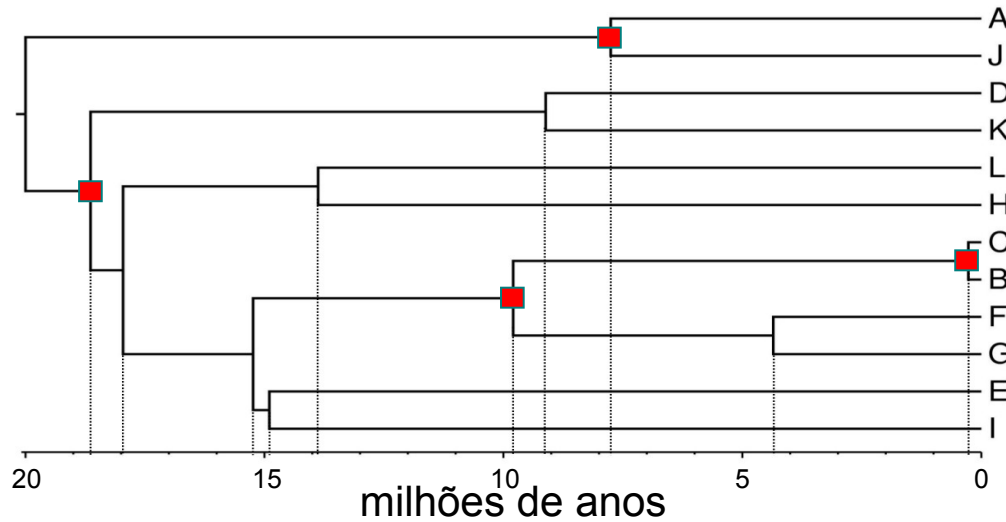
- T03 E T07 são grupos irmãos
- Mesma idade, por definição
- Número médio de transformação para esses ramos é 3,5 $((4+3)/2)$



1 transformação/ M.A.

Inferência sobre o tempo absoluto

Estimativas de tempo absoluto

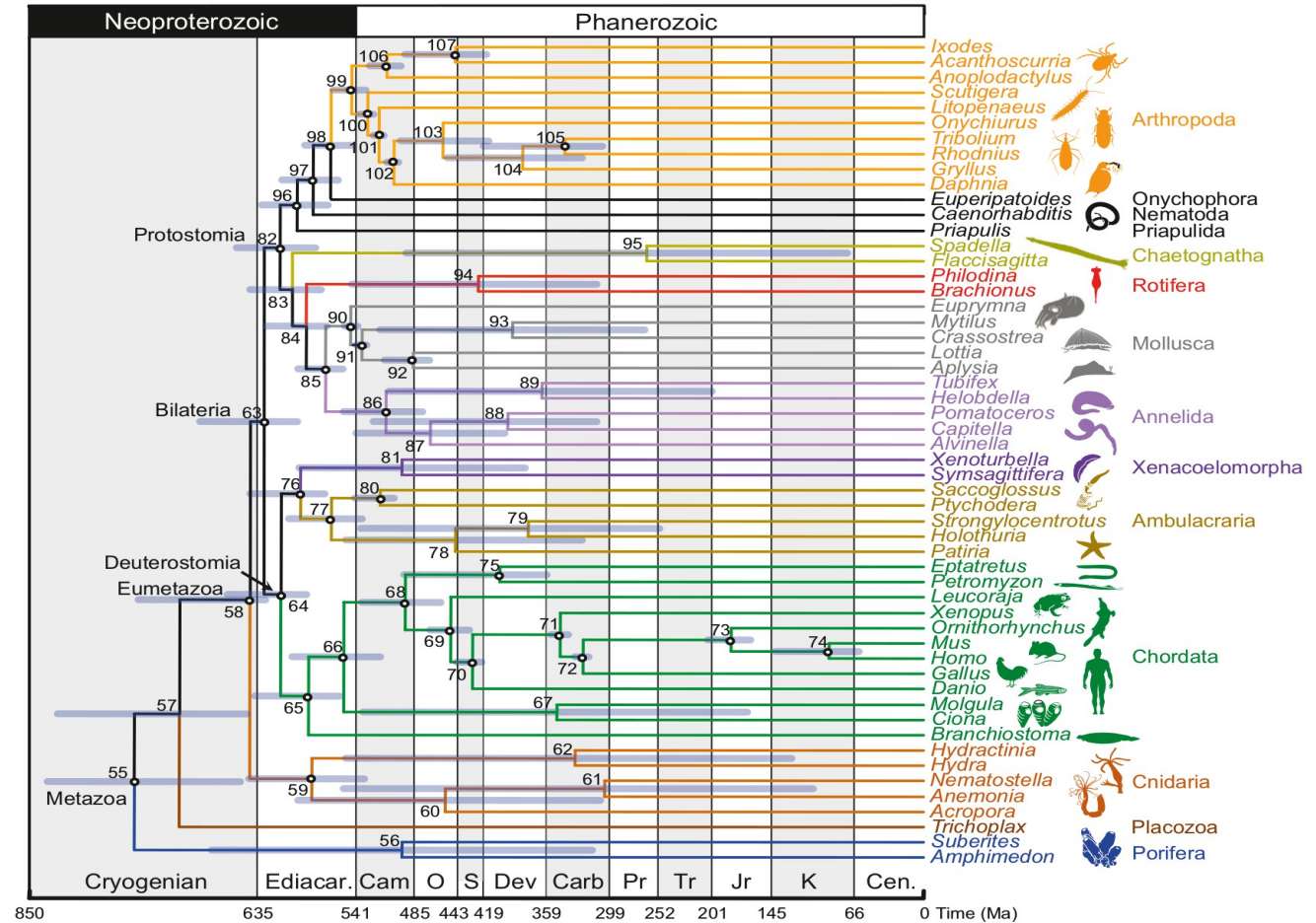


Premissas de relógios moleculares:

1. Taxas constantes de substituições (função linear) ao longo da evolução do grupo.
2. Taxa de substituição é idêntica ao longo de todas as posições e entre todas as linhagens.
3. A hipótese filogenética é construída sem nenhum erro.
4. O número de substituições ao longo de cada linhagem é reconstruída sem erro (comprimento de ramo)
5. Datas de calibração são exatas.
6. A função de regressão (comprimento do ramo/tempo) é conduzida sem erro.

Inferência sobre o tempo absoluto

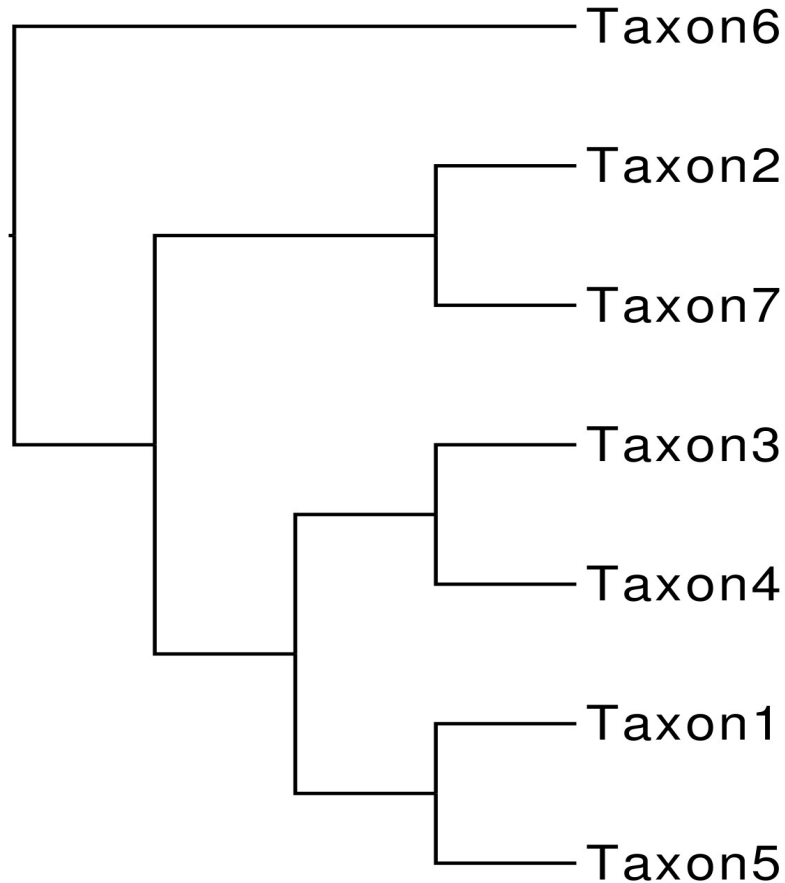
Estimativas de tempo absoluto



Fonte: dos Reis et al. (2015: Current Biology 25, 2939-2950)

Descrição de cladogramas

Descrição das relações de parentesco:



O grupo monofilético Taxon2+Taxon7 é grupo-irmão do clado formado por Taxon3, Taxon4, Taxon1 e Taxon5. Dentro deste clado, Taxon3 e Taxon4 compartilham o mesmo nó, ao passo que Taxon1 e Taxon5 compartilham um ancestral comum exclusivo. Todos estes terminais formam o clado que é grupo-irmão de Taxon6.

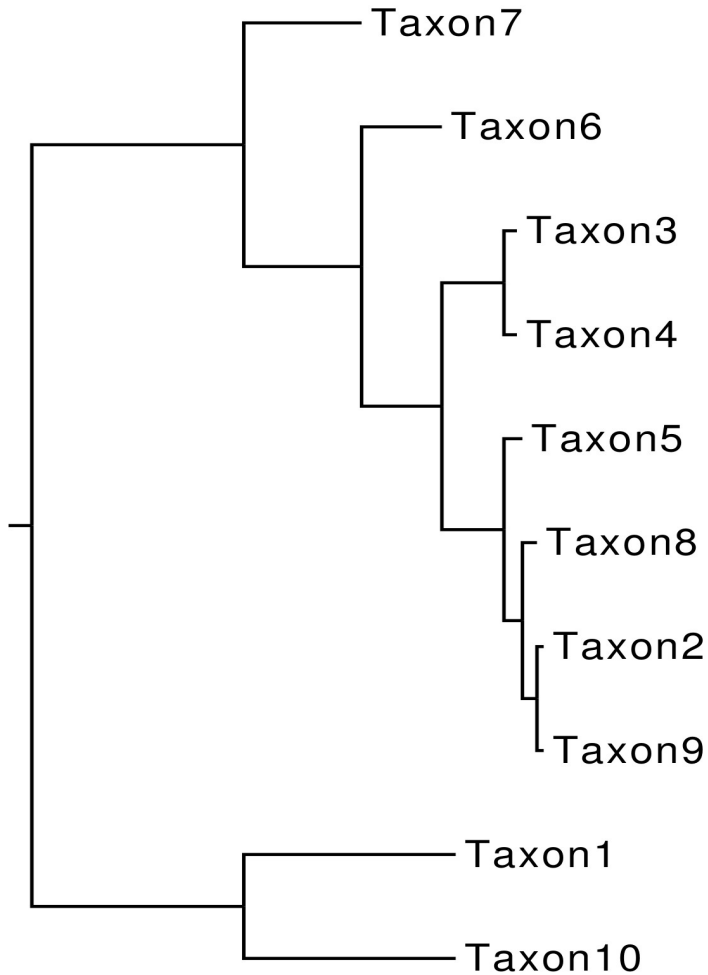
Descrição de cladogramas

Descrição das relações de parentesco:

O cladograma com 10 terminais (T1-T10) contém dois grupos monofiléticos: um formado por T1 e T10 e o outro formado pelos demais. Dentro deste grande clado, T3 é grupo-irmão de T4, clado este que compartilha o mesmo nó que o grupo monofilético formado por T5, T8, T2 e T9. A resolução destes quatro terminais sugere que T2 e T9 e grupo-irmão de T8 e estes três são grupo-irmão de T5. Finalmente, T6 é grupo-irmão destes 6 terminais formando um clado grupo-irmão de T7.

Descrição de cladogramas

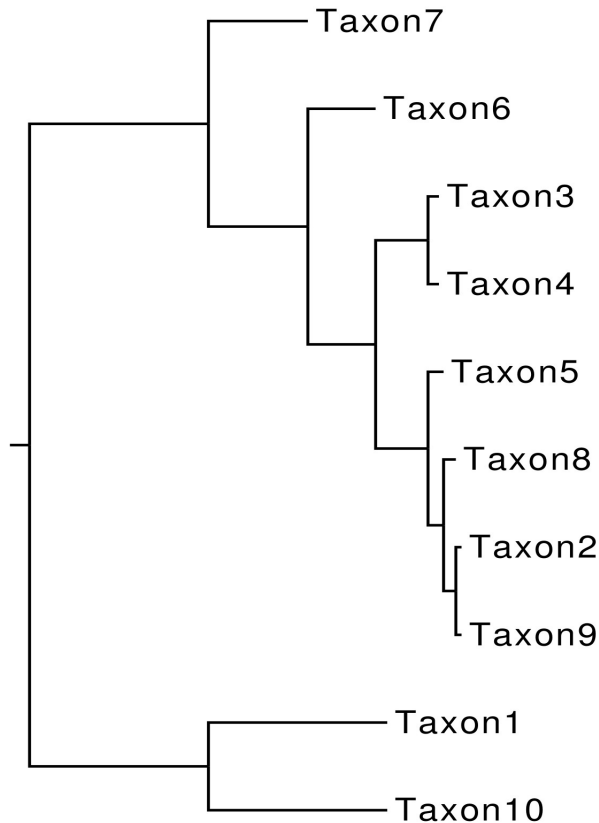
Descrição das relações de parentesco:



O cladograma com 10 terminais (T1-T10) contém dois grupos monofiléticos: um formado por T1 e T10 e o outro formado pelos demais. Dentro deste grande clado, T3 é grupo-irmão de T4, clado este que compartilha o mesmo nó que o grupo monofilético formado por T5, T8, T2 e T9. A resolução destes quatro terminais sugere que T2 e T9 e grupo-irmão de T8 e estes três são grupo-irmão de T5. Finalmente, T6 é grupo-irmão destes 6 terminais formando um clado grupo-irmão de T7.

Descrição de cladogramas

Descrição das relações de parentesco: notação parentética



O cladograma com 10 terminais (T1-T10) contém dois grupos monofiléticos: um formado por T1 e T10 e o outro formado pelos demais. Dentro deste grande clado, T3 é grupo-irmão de T4, clado este que compartilha o mesmo nó que o grupo monofilético formado por T5, T8, T2 e T9. A resolução destes quatro terminais sugere que T2 e T9 e grupo-irmão de T8 e estes três são grupo-irmão de T5. Finalmente, T6 é grupo-irmão destes 6 terminais formando um clado grupo-irmão de T7.

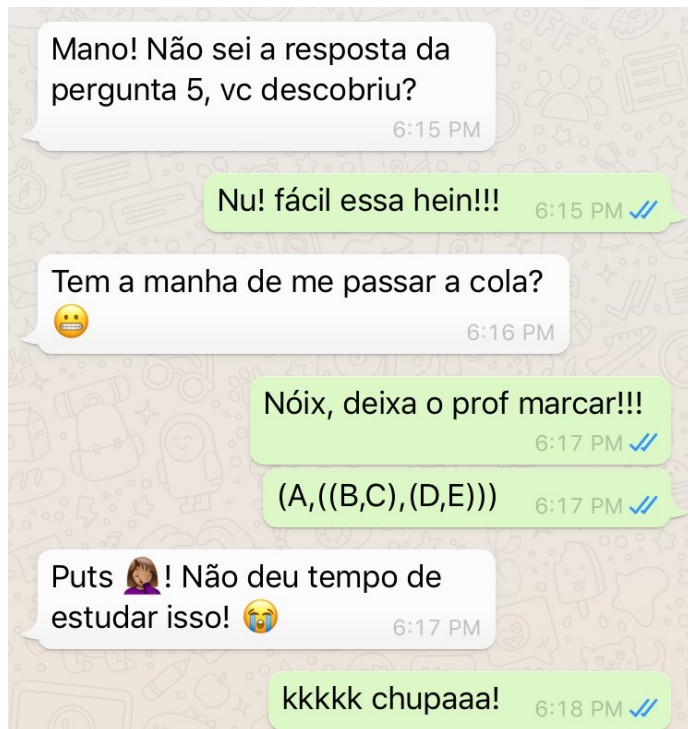
$((T10, T1), (T7, (T6, ((T3, T4), (T5, (T8, (T2, T9)))))))$

Descrição de cladogramas

Notação parentética = **Newick trees**

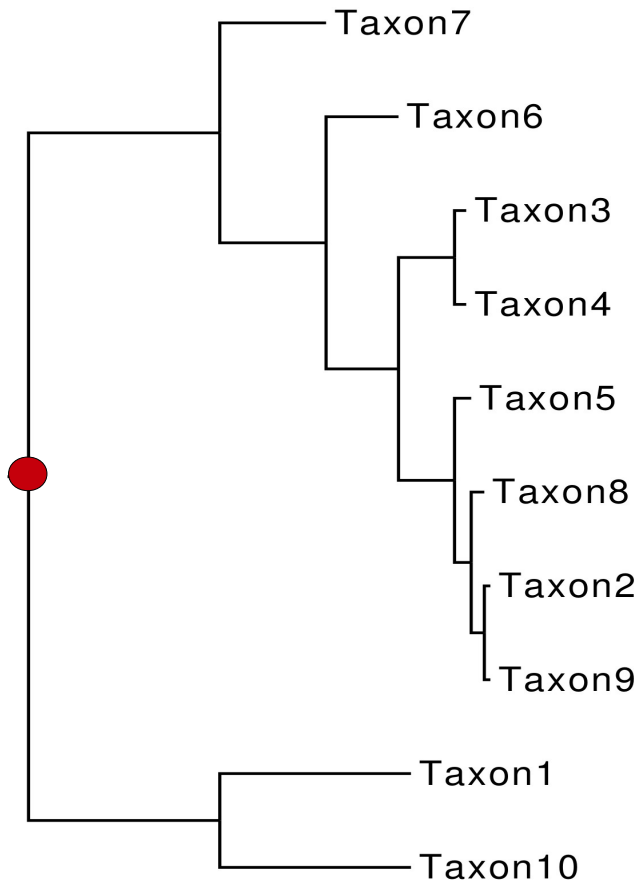
$((T10,T1),(T7,(T6,((T3,T4),(T5,(T8,(T2,T9))))))))$

```
aula_6 — -bash — 156x13
[phylogram:aula_6 fplmarques$ cat tree.tre
("Taxon 01",("Taxon 10",(("Taxon 03",("Taxon 07")),("Taxon 06",("Taxon 08"),("Taxon 02",("Taxon 05",("Taxon 09")))))));
("Taxon 01":12,("Taxon 10":4,(("Taxon 03":4,"Taxon 07":3):6,(("Taxon 06":6,"Taxon 08":5):9,("Taxon 02":8,("Taxon 05":3,"Taxon 09":2):8):1):6):2):1);
("Taxon 01":12,("Taxon 10":4,(("Taxon 03":4,"Taxon 07":3):6,(("Taxon 06":6,"Taxon 08":5):9,"Taxon 02":8,("Taxon 05":3,"Taxon 09":2):8):6):2):1);
```



Descrição de cladogramas

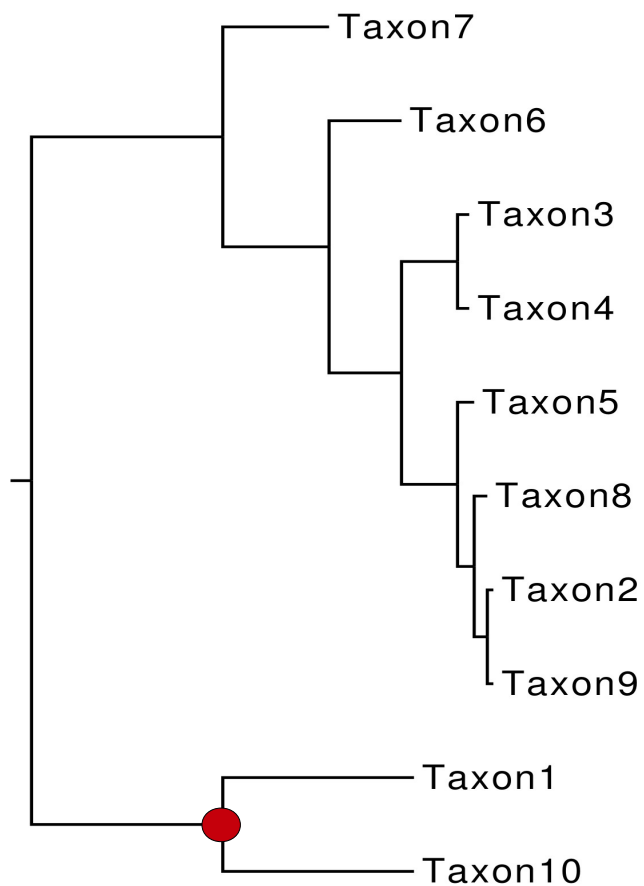
Notação parentética:



(T10,T1,T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)

Descrição de cladogramas

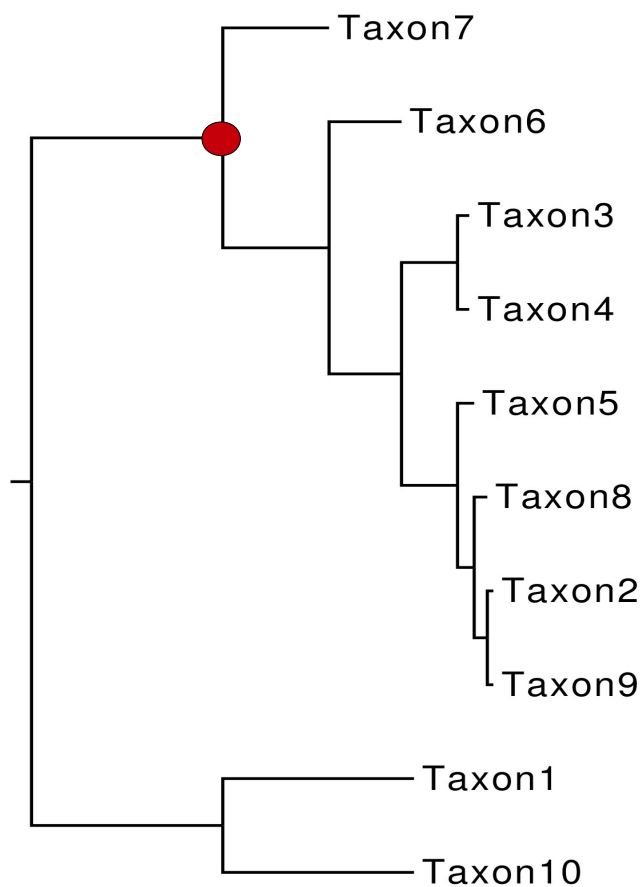
Notação parentética:



(T10,T1,T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)
((T10,T1),T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)

Descrição de cladogramas

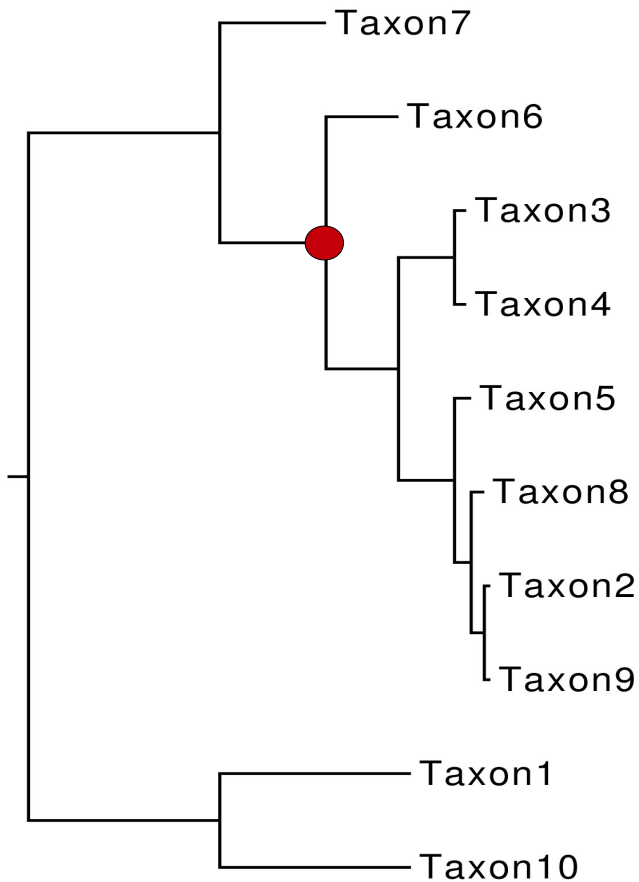
Notação parentética:



(T10,T1,T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)
((T10,T1),T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)
((T10,T1),(T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9))

Descrição de cladogramas

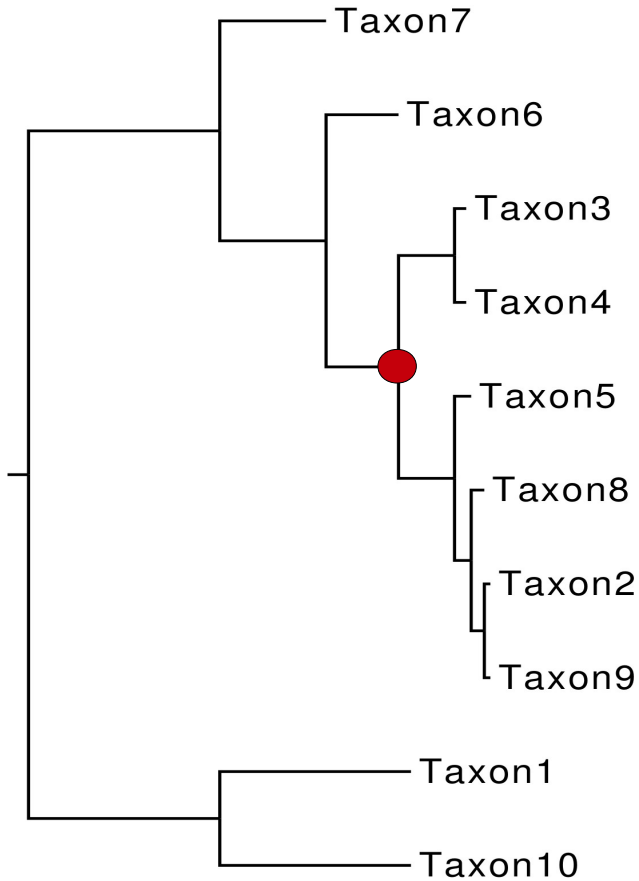
Notação parentética:



(T10,T1,T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)
((T10,T1),T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)
((T10,T1),(T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9))
((T10,T1),(T7,(T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)))

Descrição de cladogramas

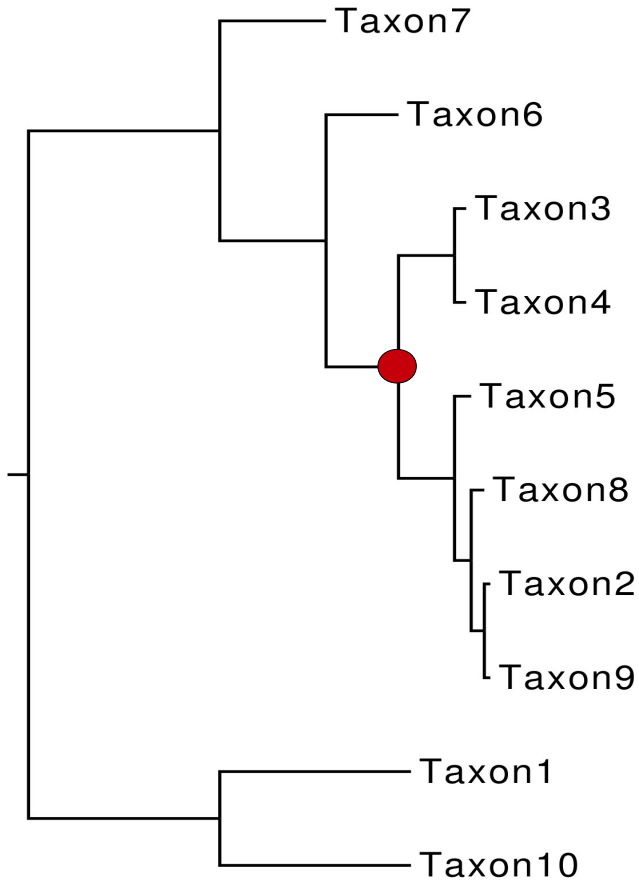
Notação parentética:



(T10,T1,T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)
((T10,T1),T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)
((T10,T1),(T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9))
((T10,T1),(T7,(T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)))
((T10,T1),(T7,(T6,(T3,T4,T5,T8,T2,T9))))

Descrição de cladogramas

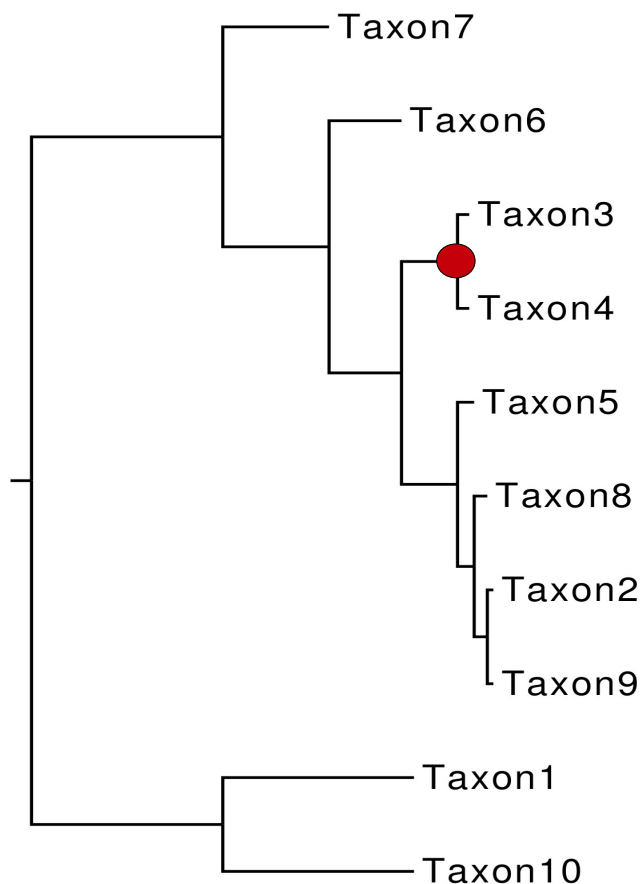
Notação parentética:



(T10,T1,T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)
((T10,T1),T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)
((T10,T1),(T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9))
((T10,T1),(T7,(T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)))
((T10,T1),(T7,(T6,(T3,T4,T5,T8,T2,T9))))

Descrição de cladogramas

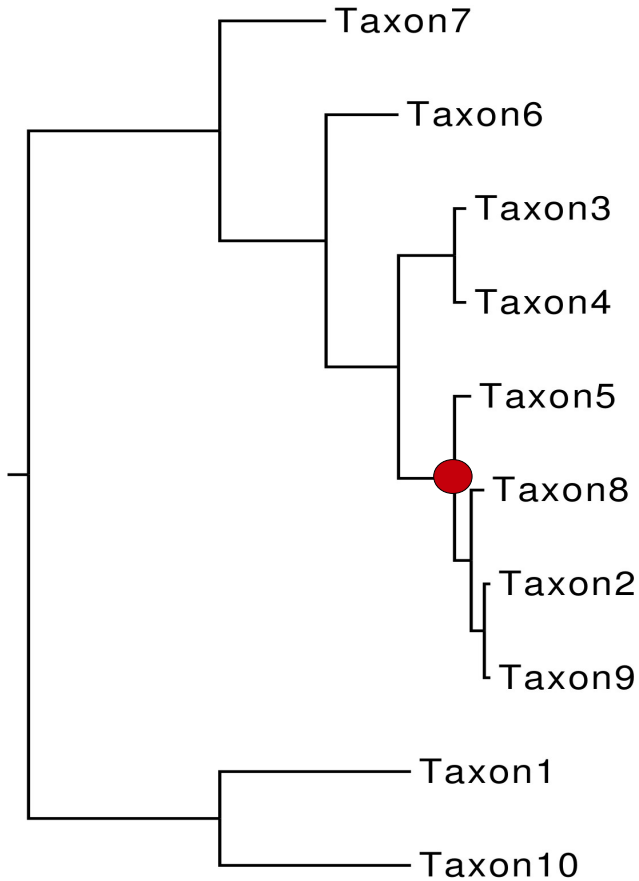
Notação parentética:



(T10,T1,T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)
((T10,T1),T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)
((T10,T1),(T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9))
((T10,T1),(T7,(T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)))
((T10,T1),(T7,(T6,(T3,T4,T5,T8,T2,T9))))
((T10,T1),(T7,(T6,(T3,T4),T5,T8,T2,T9))))

Descrição de cladogramas

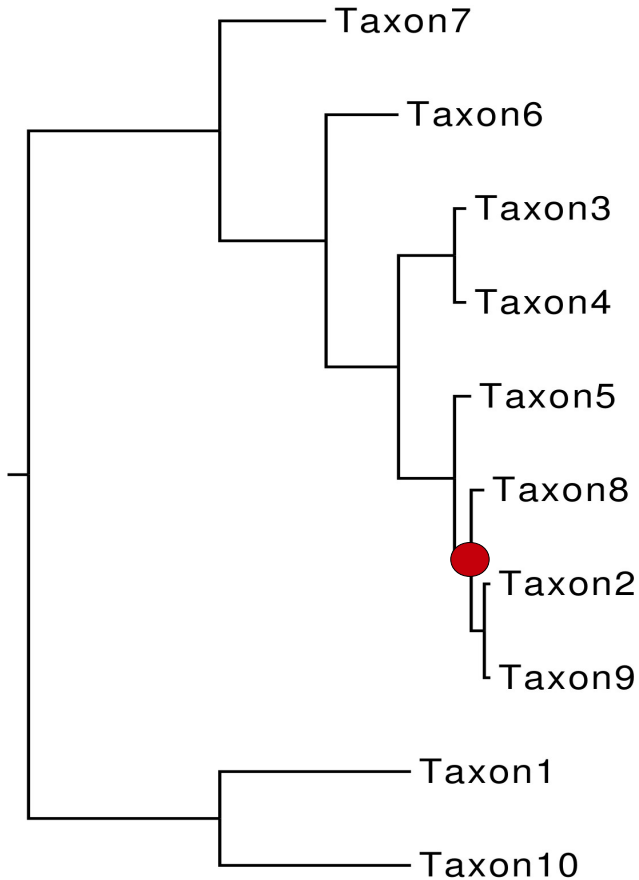
Notação parentética:



(T10,T1,T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)
((T10,T1),T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)
((T10,T1),(T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9))
((T10,T1),(T7,(T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)))
((T10,T1),(T7,(T6,(T3,T4,T5,T8,T2,T9))))
((T10,T1),(T7,(T6,((T3,T4),T5,T8,T2,T9))))
((T10,T1),(T7,(T6,((T3,T4),(T5,T8,T2,T9)))))

Descrição de cladogramas

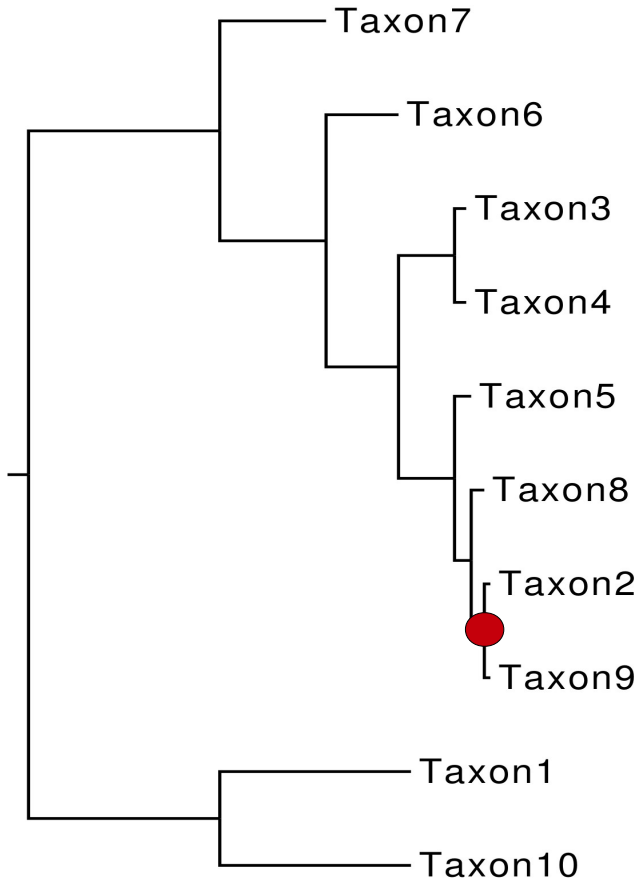
Notação parentética:



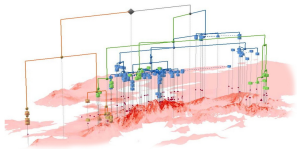
(T10,T1,T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)
((T10,T1),T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)
((T10,T1),(T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9))
((T10,T1),(T7,(T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)))
((T10,T1),(T7,(T6,(T3,T4,T5,T8,T2,T9))))
((T10,T1),(T7,(T6,((T3,T4),T5,T8,T2,T9))))
((T10,T1),(T7,(T6,((T3,T4),(T5,T8,T2,T9))))))
((T10,T1),(T7,(T6,((T3,T4),(T5,(T8,T2,T9))))))

Descrição de cladogramas

Notação parentética:



(T10,T1,T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)
((T10,T1),T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)
((T10,T1),(T7,T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9))
((T10,T1),(T7,(T6,T3,T4,T5,T8,T2,T9)))
((T10,T1),(T7,(T6,(T3,T4,T5,T8,T2,T9))))
((T10,T1),(T7,(T6,((T3,T4),T5,T8,T2,T9))))
((T10,T1),(T7,(T6,((T3,T4),(T5,T8,T2,T9))))))
((T10,T1),(T7,(T6,((T3,T4),(T5,(T8,T2,T9)))))))
((T10,T1),(T7,(T6,((T3,T4),(T5,(T8,(T2,T9)**)))))))))**

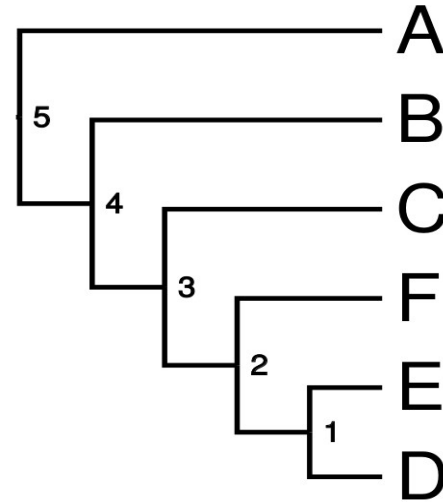
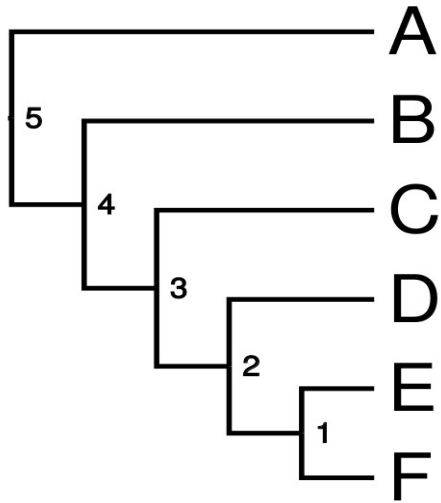


Aula 06: Cladística – continuação

- Aula 6.01: Conteúdo informativo de cladogramas;
- Aula 6.02: Inferência sobre o tempo absoluto;
- Aula 6.03: Descrição de cladogramas;
- Aula 6.04: Árvores de consenso;
- Aula 6.05: Testando hipóteses com filogenias.

Árvores de consenso

Considere os seguintes cladogramas fundamentais:



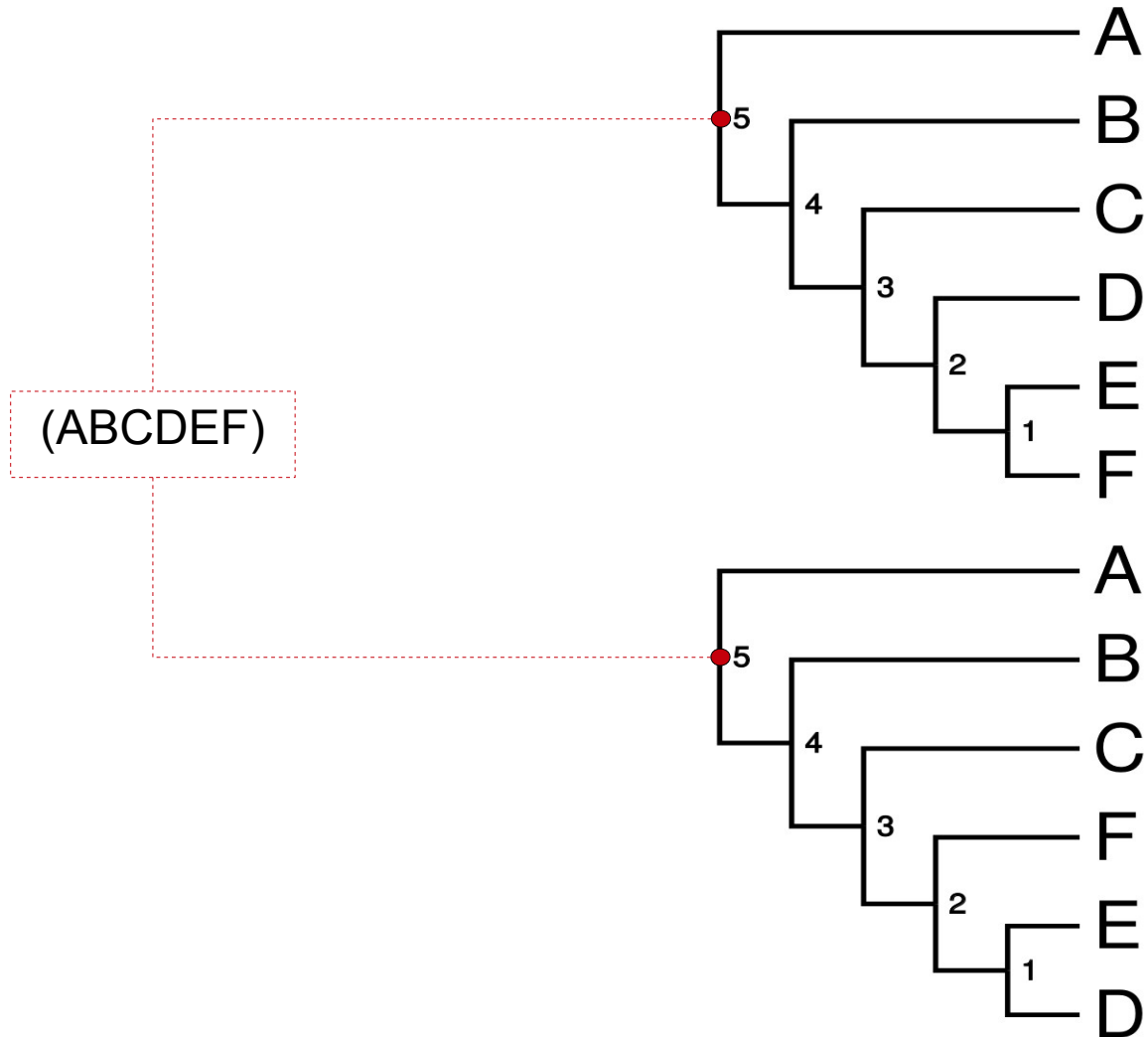
Qual é o conteúdo informativo comum destas topologias?

Quais componentes são comuns entre estas duas topologias?

Árvores de consenso

Considere os seguintes cladogramas fundamentais:

Componentes
comuns:
(ABCDEF)

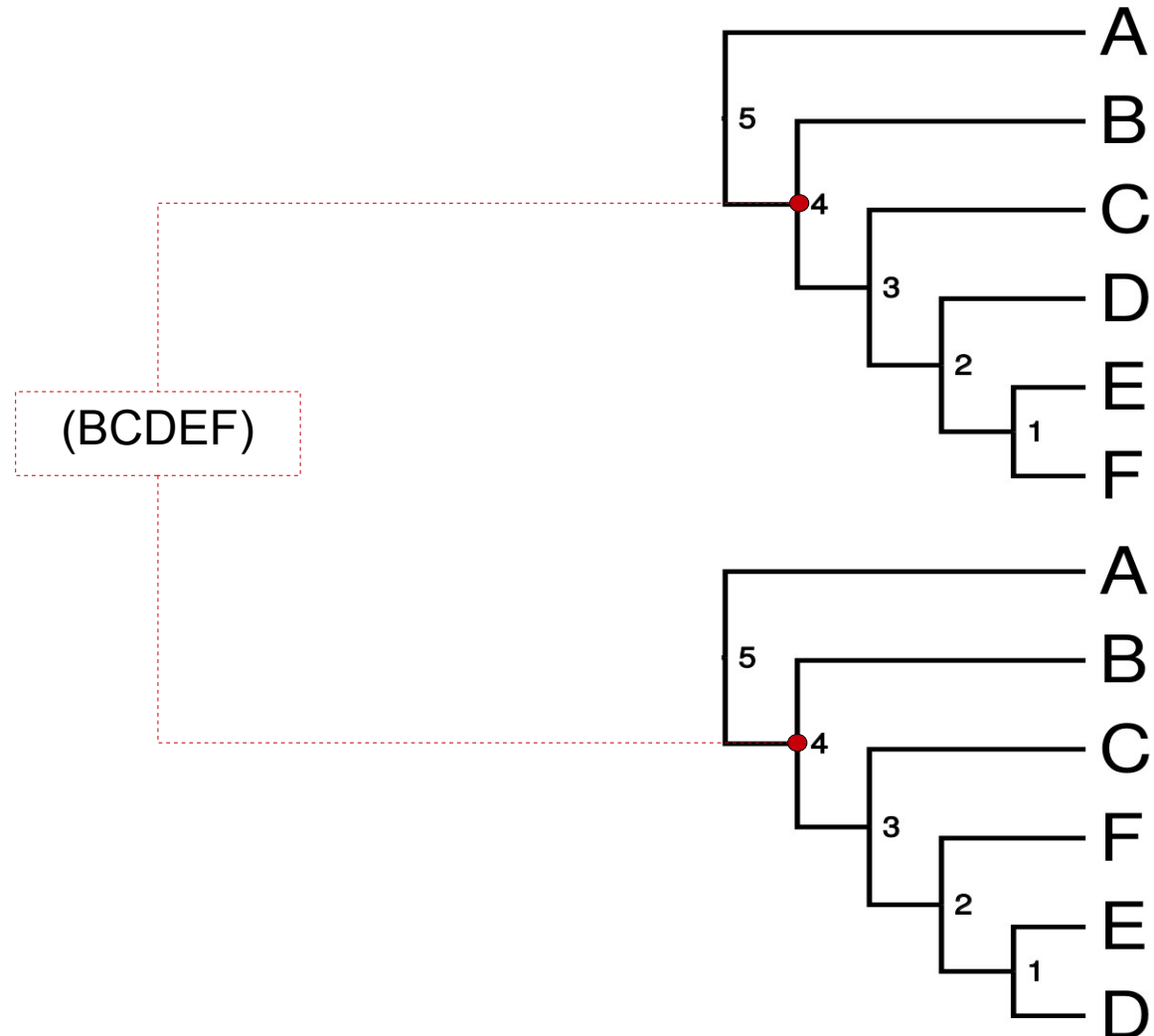


Árvores de consenso

Considere os seguintes cladogramas fundamentais:

Componentes
comuns:

(ABCDEF)
(BCDEF)



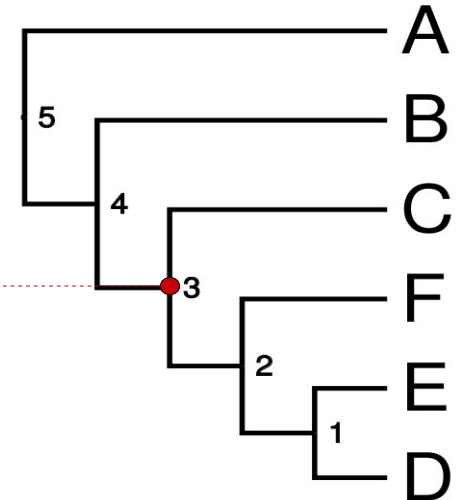
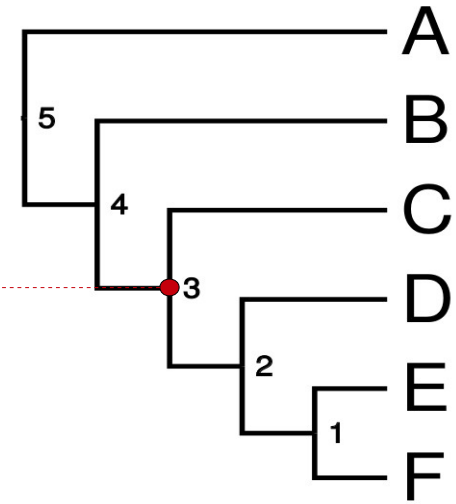
Árvores de consenso

Considere os seguintes cladogramas fundamentais:

Componentes
comuns:

(ABCDEF)
(BCDEF)
(CDEF)

(CDEF)

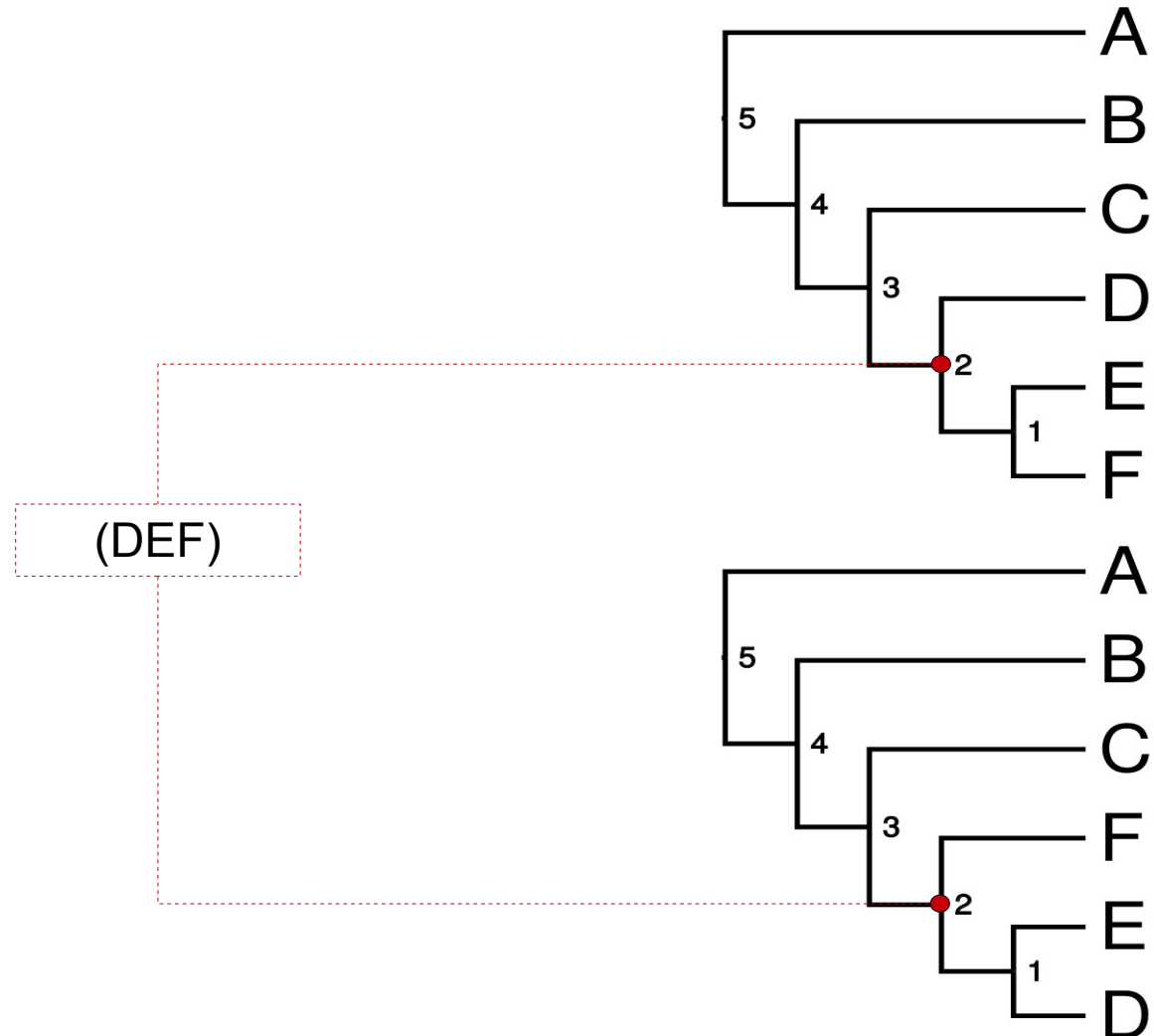


Árvores de consenso

Considere os seguintes cladogramas fundamentais:

Componentes
comuns:

- (ABCDEF)
- (BCDEF)
- (CDEF)
- (DEF)

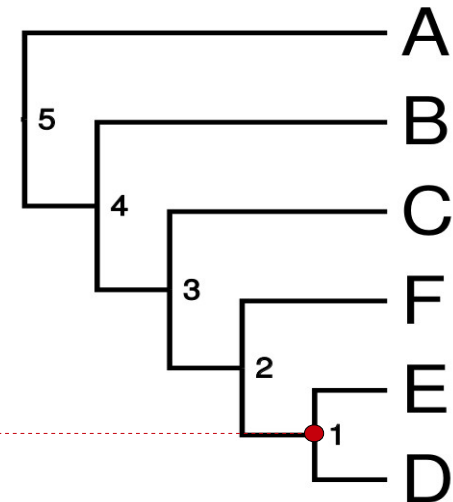
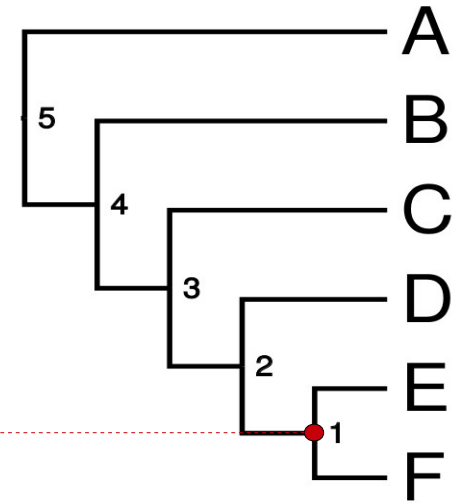
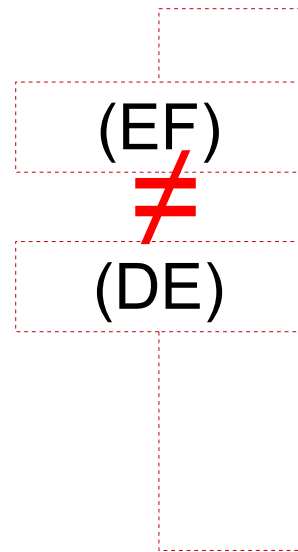


Árvores de consenso

Considere os seguintes cladogramas fundamentais:

Componentes
comuns:

- (ABCDEF)
- (BCDEF)
- (CDEF)
- (DEF)



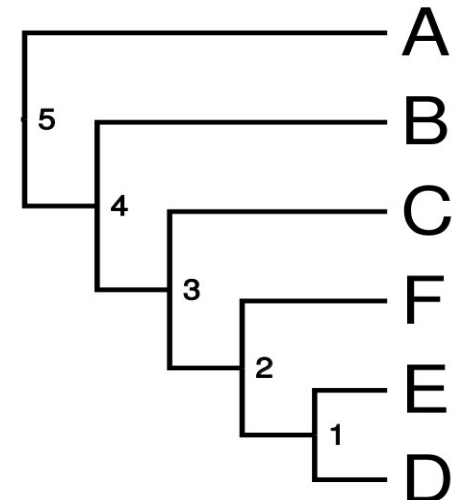
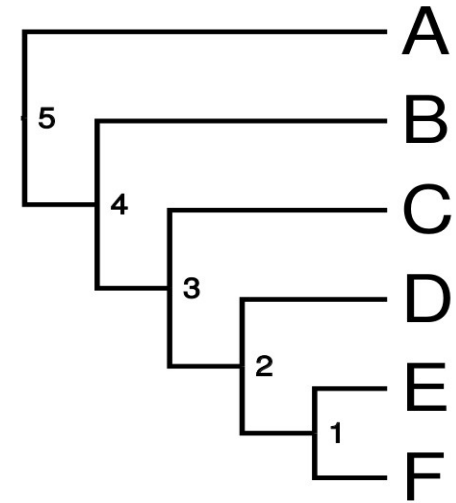
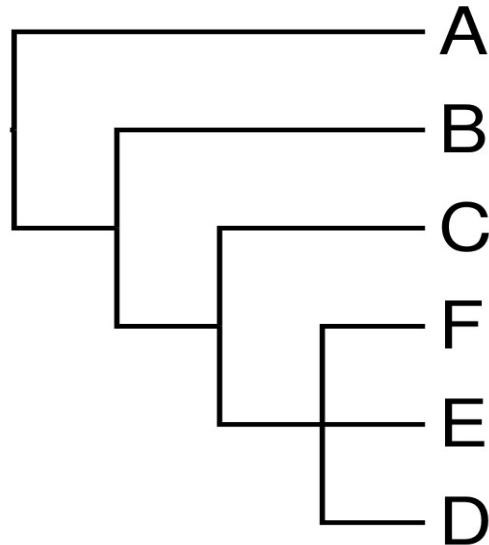
Árvores de consenso

Considere os seguintes cladogramas fundamentais:

Componentes
comuns:

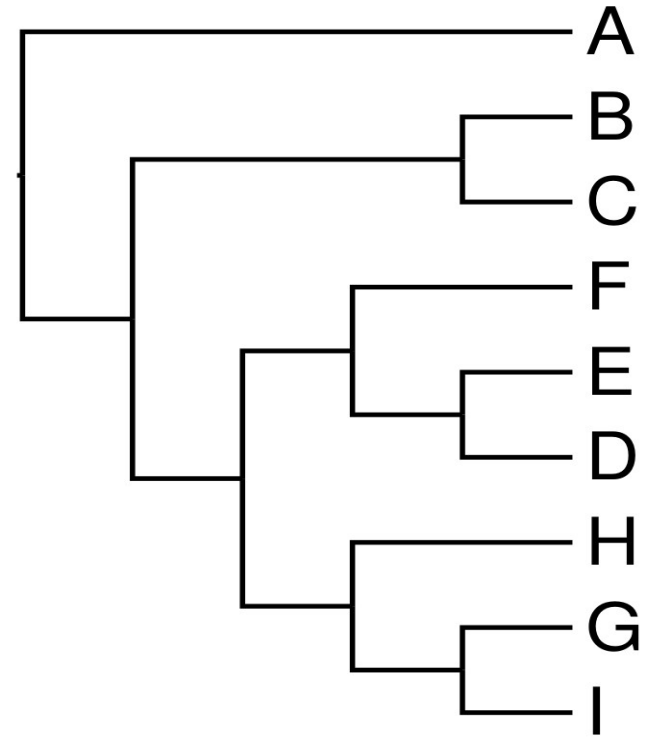
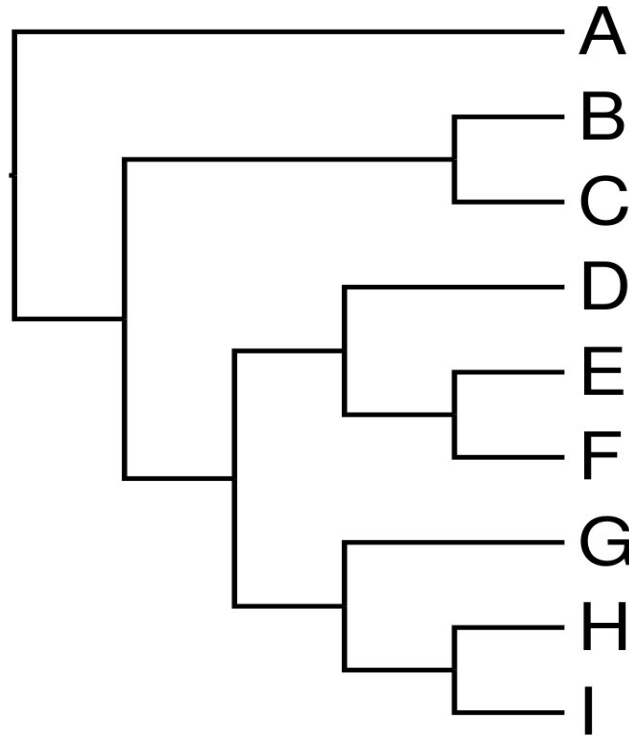
(ABCDEF)
(BCDEF)
(CDEF)
(DEF)

Consenso estrito:



Árvores de consenso

Exemplo 1

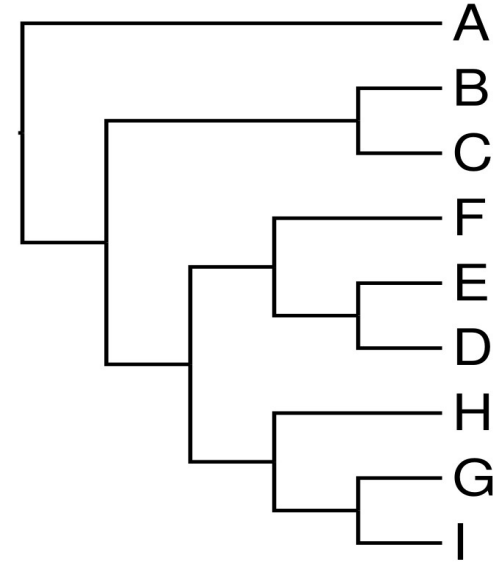
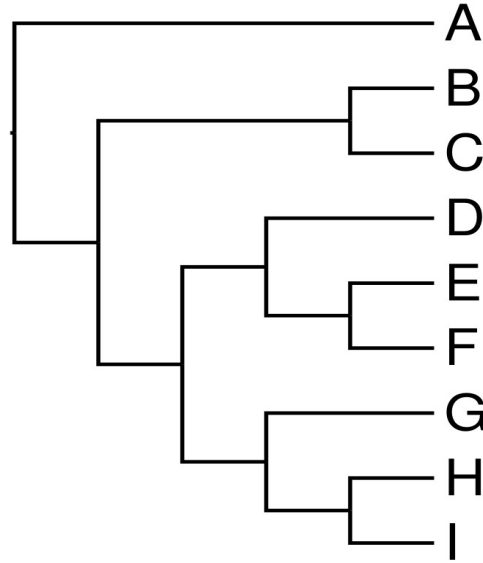


Quais componentes são comuns entre estas duas topologias?

Qual é a topologia de consenso?

Árvores de consenso

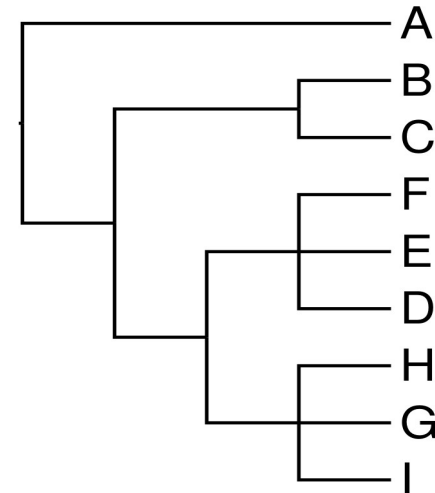
Exemplo 1



Quais componentes são comuns entre estas duas topologias?

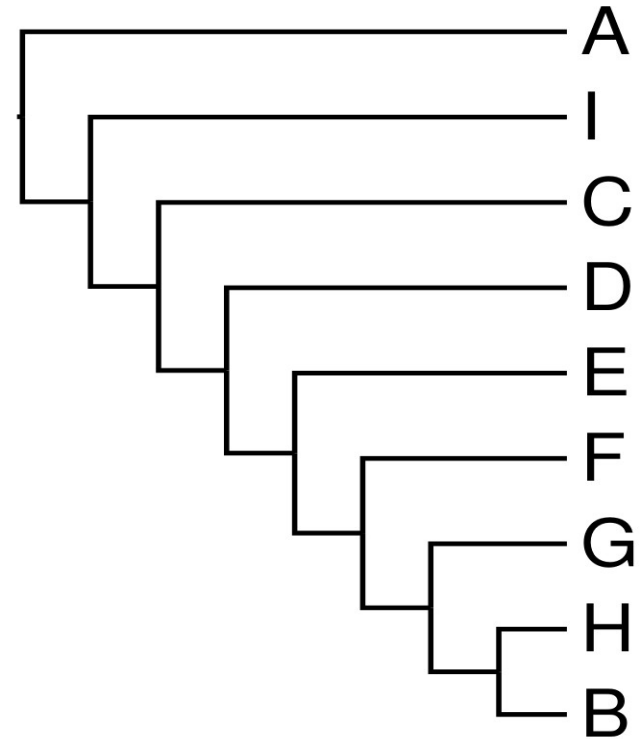
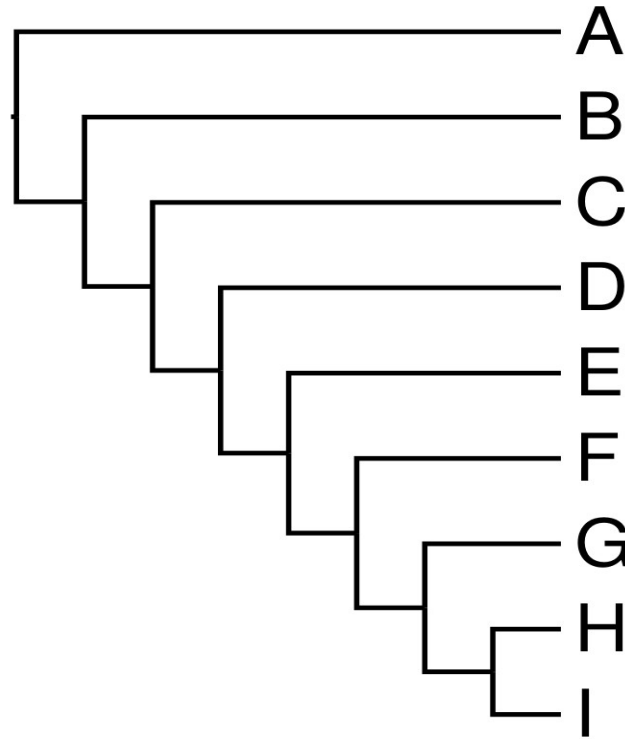
- 1: (ABCDEFGHI)
- 2: (BCDEFGHI)
- 3: (DEFGHI)
- 4: (DEF)
- 5: (GHI)
- 6: (BC)

Qual é a topologia de consenso?



Árvores de consenso

Exemplo 2



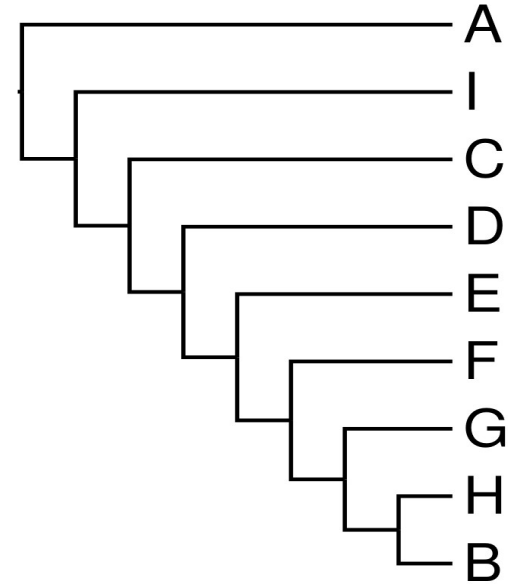
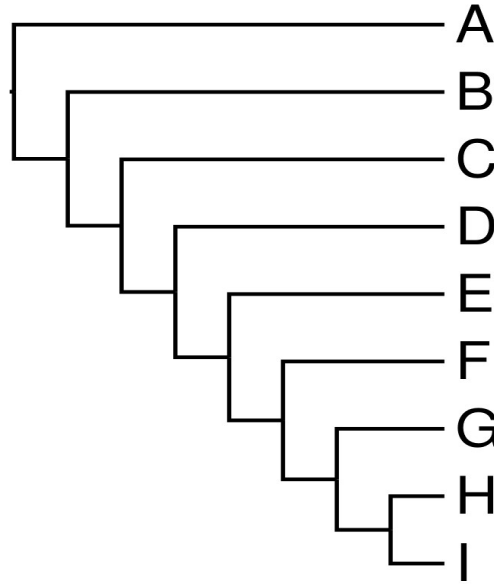
Quais componentes são comuns entre estas duas topologias?

Qual é a topologia de consenso?

Existe algum terminal que está forçando a topologia de consenso?

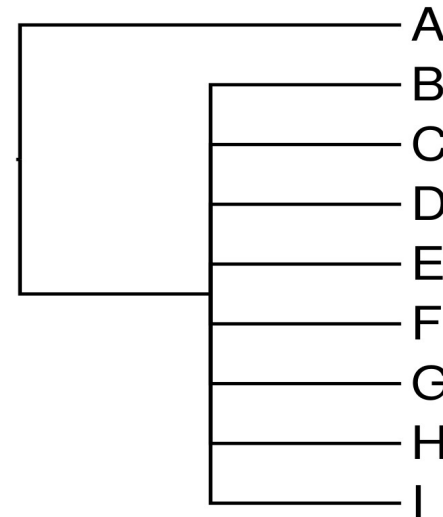
Árvores de consenso

Exemplo 2



Quais componentes são comuns entre estas duas topologias? *Qual é a topologia de consenso?*

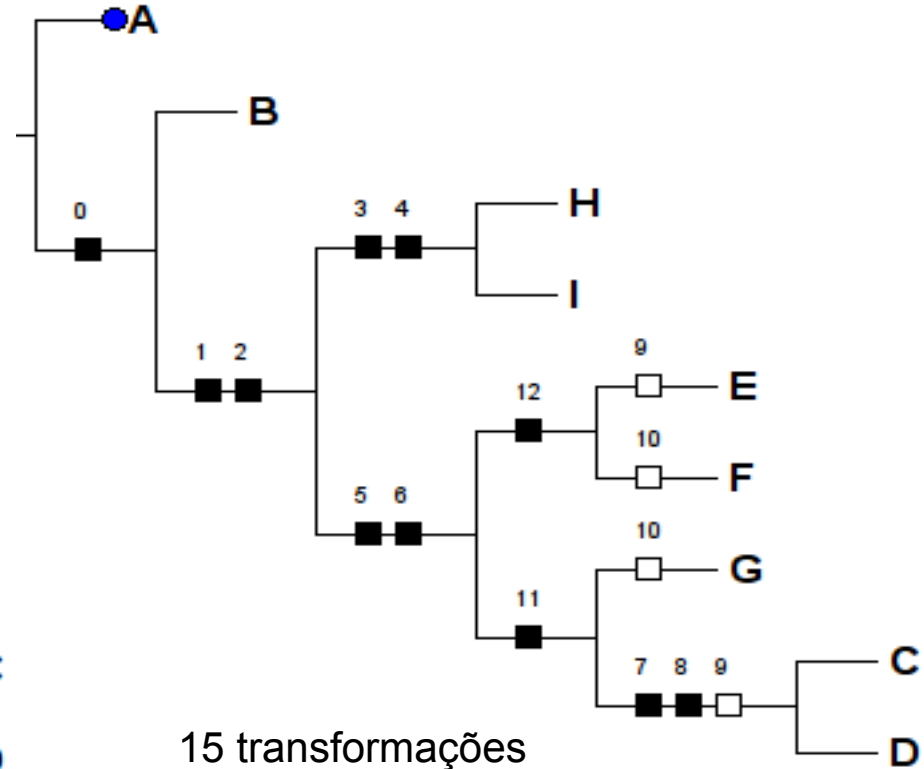
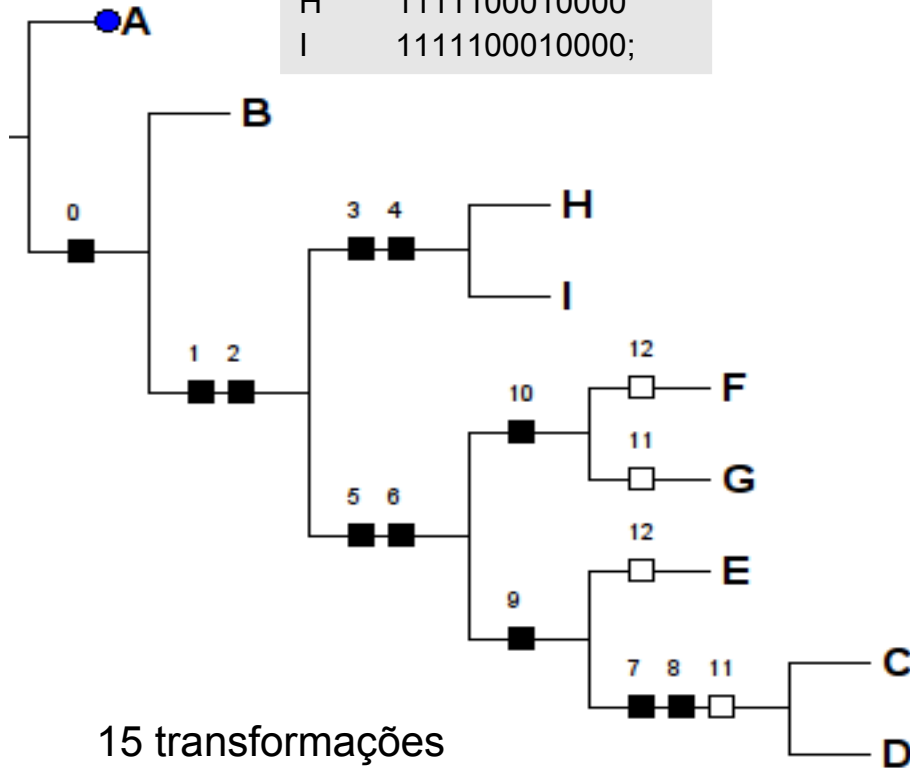
- 1: (ABCDEFGHI)
- 2: (BCDEFGHI)



Árvores de consenso

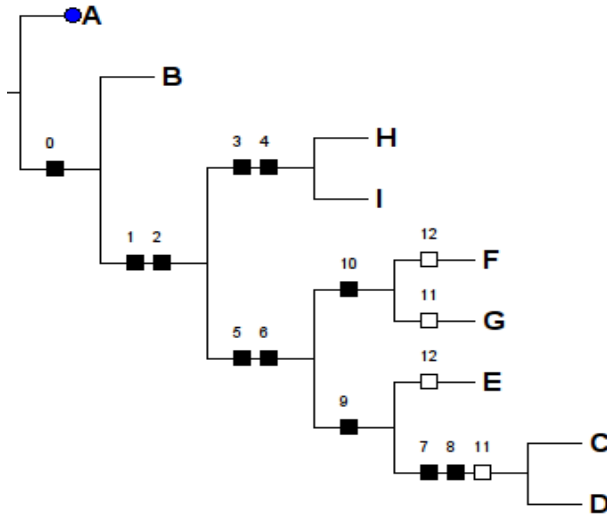
Exemplo 3

```
xread
13 9
A 0000000010000
B 1000000010000
C 1110011101010
D 1110011101010
E 1110011011001
F 1110011010101
G 1110011010110
H 1111100010000
I 1111100010000;
```

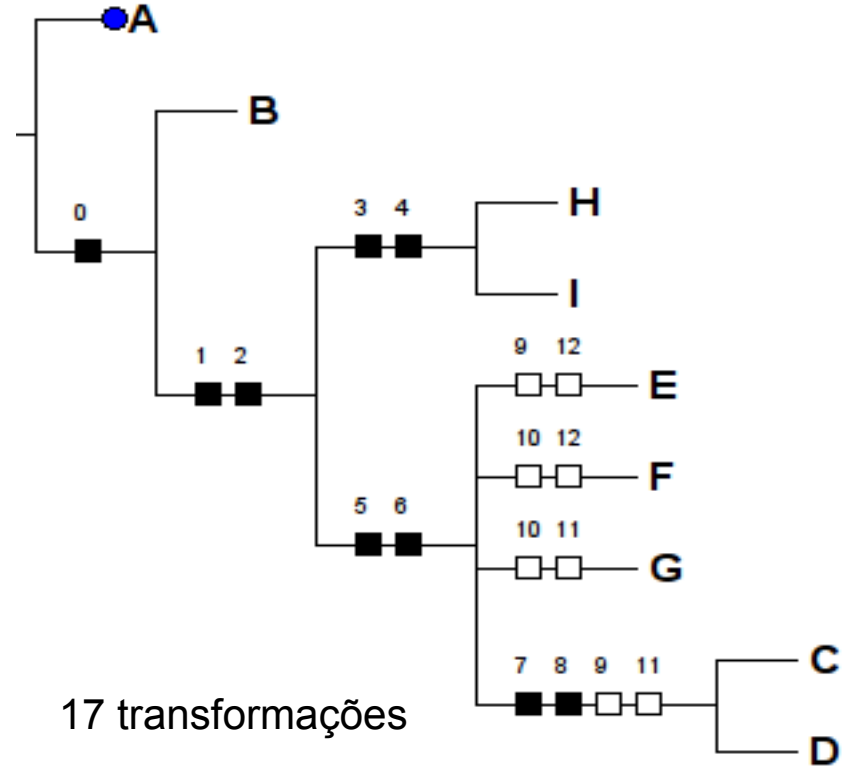


Árvores de consenso

Exemplo 3



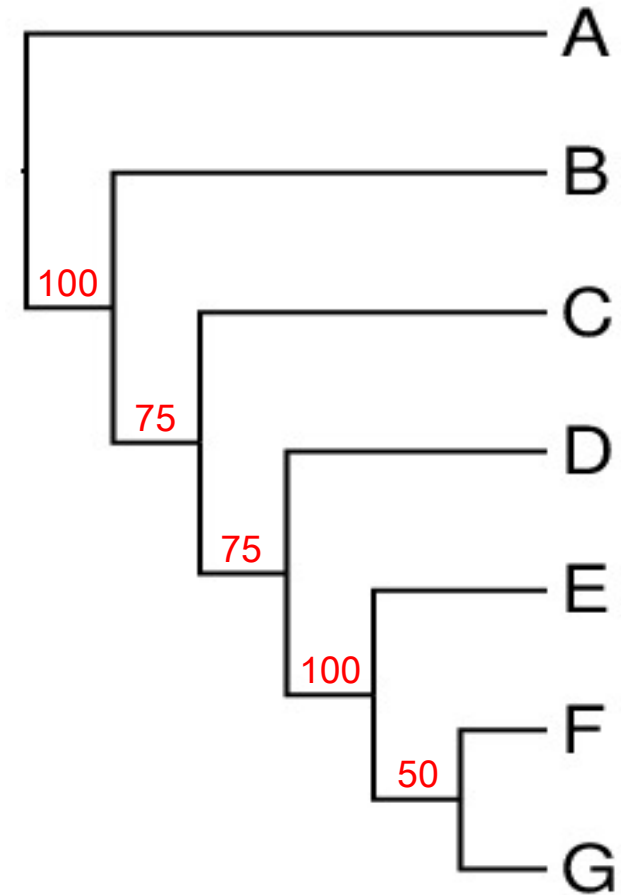
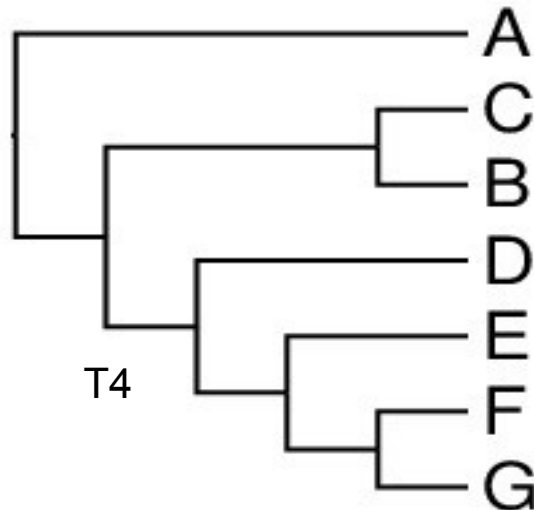
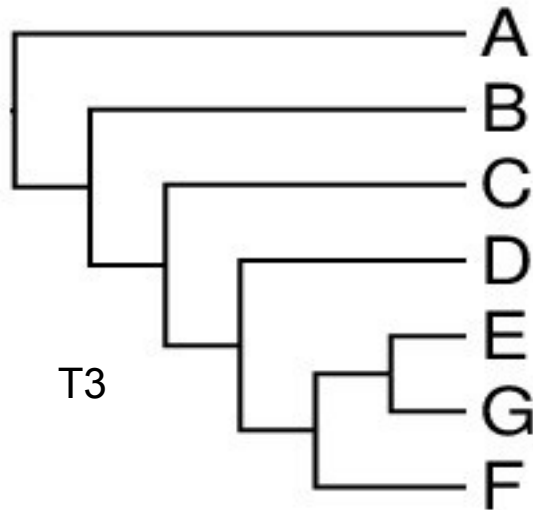
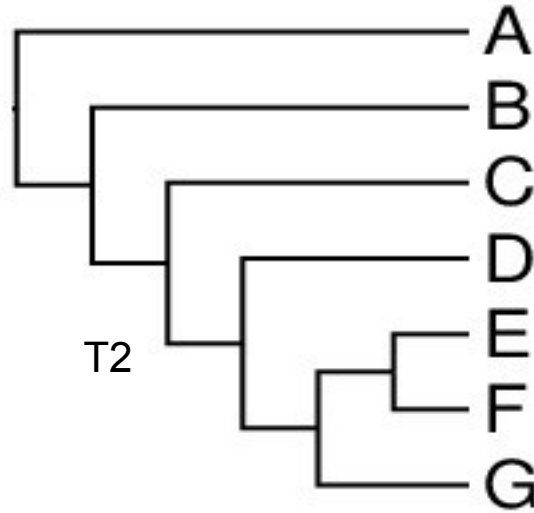
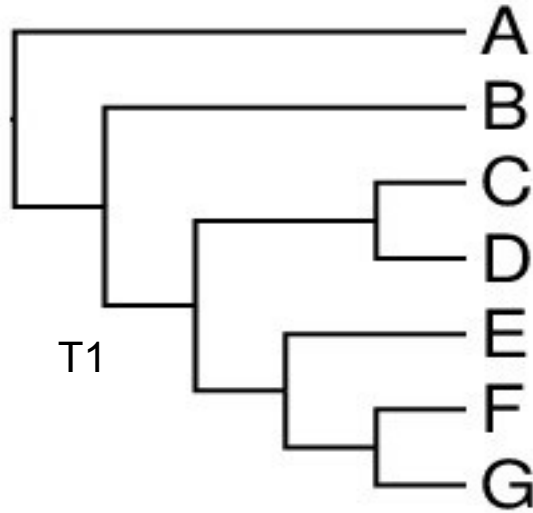
15 transformações



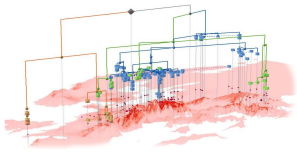
17 transformações

Árvores de consenso

Maioria (“majority rule”)



1. Neste consenso são considerados os componentes com maior frequência.
2. Note que a topologia de consenso não existe no conjunto de árvores fundamentais.



Aula 06: Cladística – continuação

- Aula 6.01: Conteúdo informativo de cladogramas;
- Aula 6.02: Inferência sobre o tempo absoluto;
- Aula 6.03: Descrição de cladogramas;
- Aula 6.04: Árvores de consenso;
- Aula 6.05: Testando hipóteses com filogenias.

Testando hipóteses com filogenias:

HIPÓTESE → PREVISÃO → TESTE

Exercício 8

Mindell *et al.* (1995: *Systematic Biology*, 44:77–92) propôs que o HIV não era um “novo vírus” e, contrário à crença convencional, sugeriu que os símios (macacos) adquiriram seus retrovírus de humanos. Suponha que você seja um pesquisador de um instituto de epidemiologia que conduza pesquisas sobre os padrões de infecção do vírus da AIDS. Sua mais recente análise filogenética das linhagens isoladas dos vírus responsáveis pela imunodeficiência em mamíferos resultou na hipótese filogenética representada na Figura 4.

Hipóteses de transmissão:

H1: H → S (Corrobora)

H2: S → H (Refuta)

Testando hipóteses com filogenias:

HIPÓTESE → PREVISÃO → TESTE

Exercício 8

Mindell *et al.* (1995: *Systematic Biology*, 44:77–92) propôs que o HIV não era um “novo vírus” e, contrário à crença convencional, sugeriu que os símios (macacos) adquiriram seus retrovírus de humanos. Suponha que você seja um pesquisador de um instituto de epidemiologia que conduza pesquisas sobre os padrões de infecção do vírus da AIDS. Sua mais recente análise filogenética das linhagens isoladas dos vírus responsáveis pela imunodeficiência em mamíferos resultou na hipótese filogenética representada na Figura 4.

Previsão: otimização das transformações

H1: H → S: maior número (Corrobora)

H2: S → H: maior número (Refuta)

Testando hipóteses com filogenias:

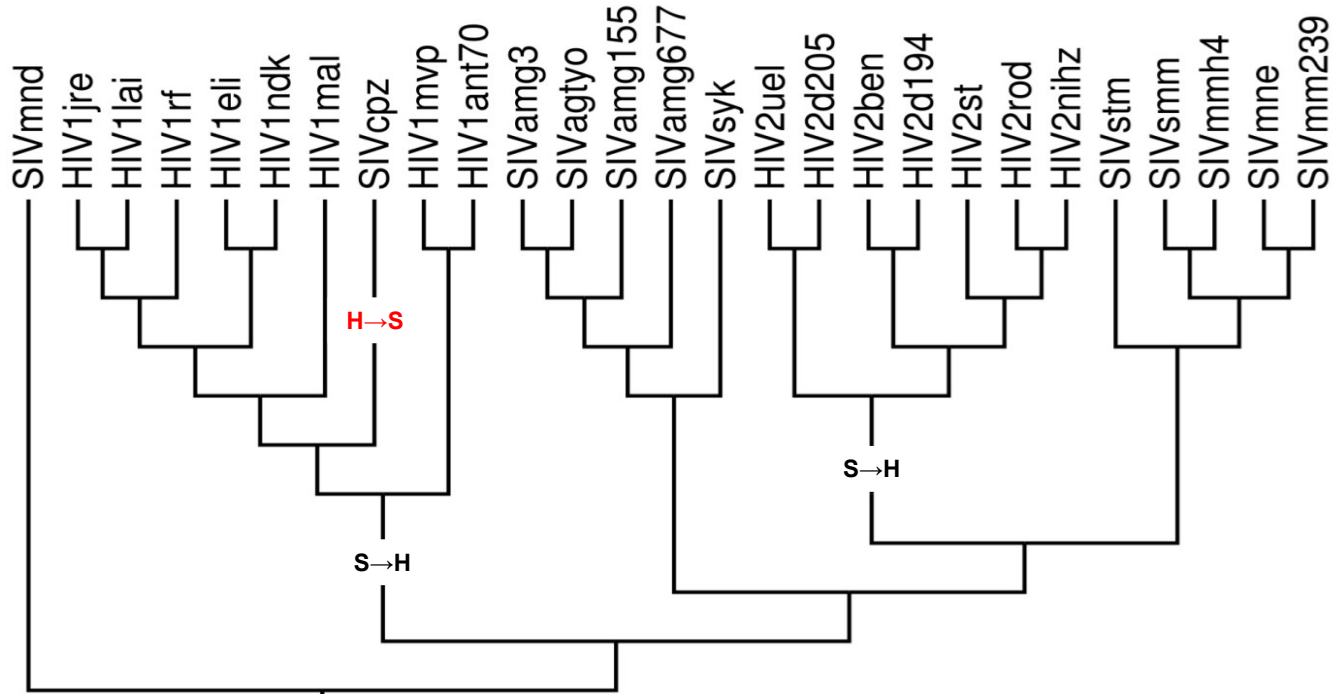
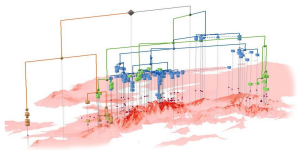


Figura 4: Hipótese filogenética para linhagens de HIV e SIV. Fonte: Siddall (1997: *Cladistics*, 13:267–273).

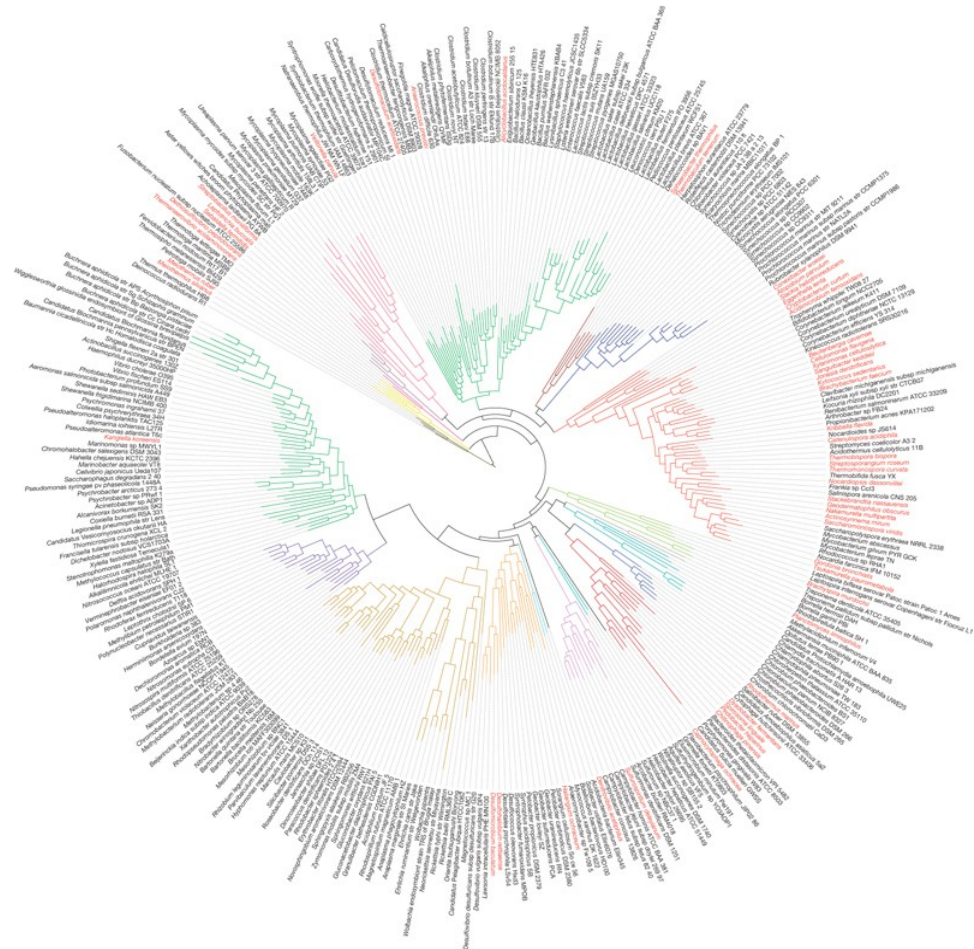
Teste: Resultado da otimização

H1: $H \rightarrow S$: Um (1) evento recente

H2: $S \rightarrow H$: Dois (2) eventos



Princípios de Sistemática & Biogeografia



Para quê estimar filogenias?

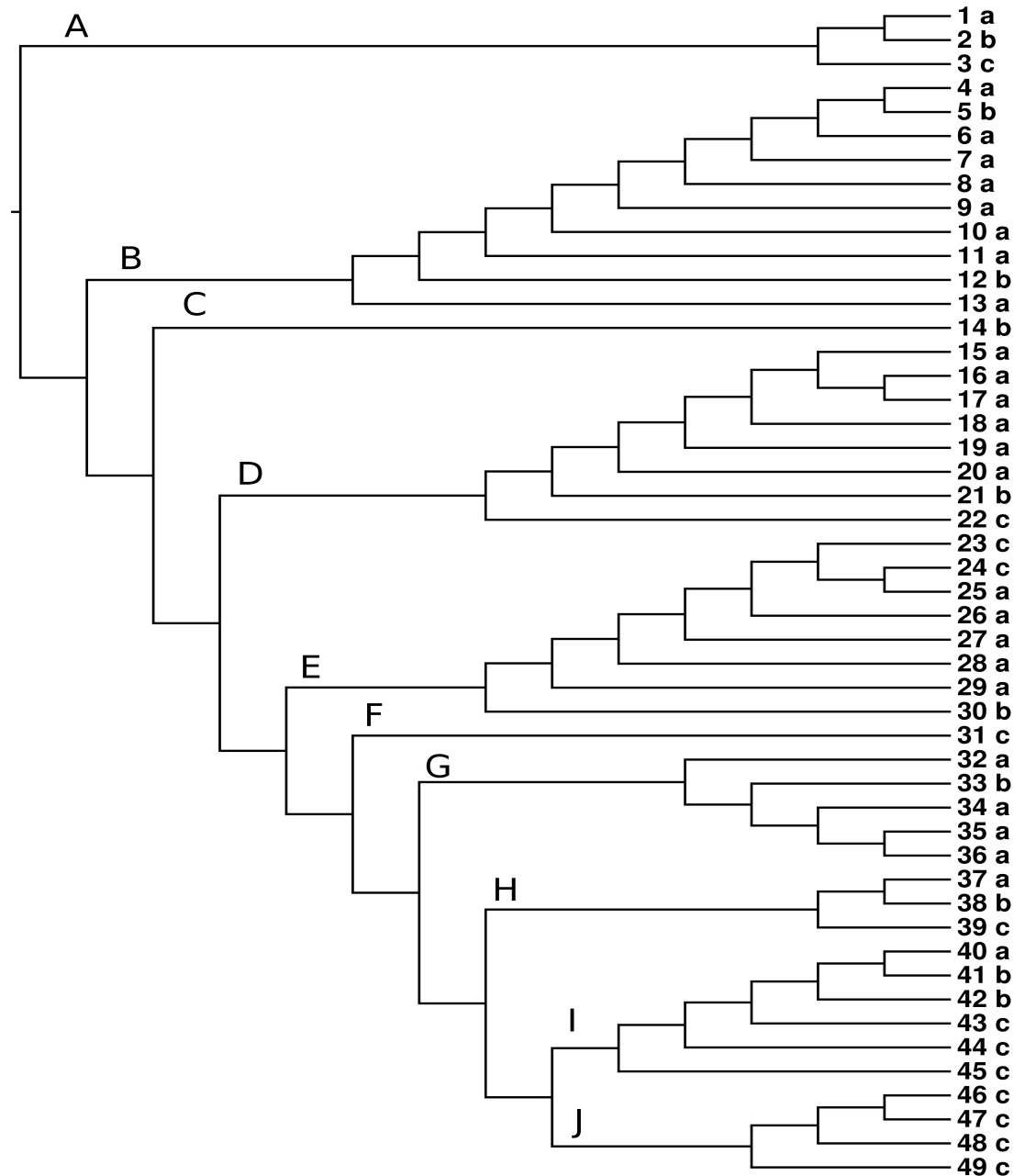
Exercício 1:

A topologia apresentada representa o relacionamento de 49 linhagens históricas (1-49) que estão distribuídas em três áreas (i.e., **a**, **b** e **c**). As letras maiúsculas neste cladograma representam táxons mais inclusivos (e.g., gêneros, famílias e etc).

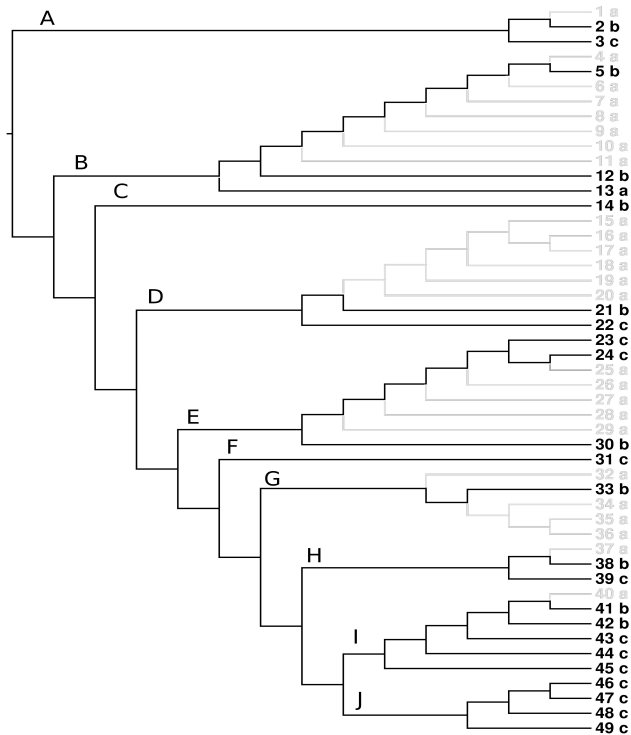
Baseado nessas informações, responda:

Qual das áreas tem a maior variedade de histórias macroevolutivas (letras maiúsculas nos ramos da topologia)?

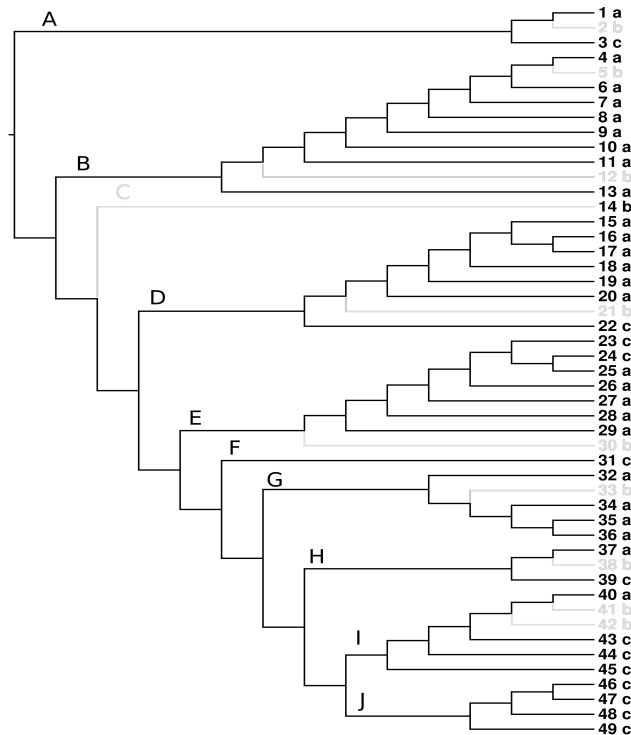
Em qual das áreas você recomendaria a implementação de um empreendimento industrial que teria grande impacto sobre a diversidade do local?



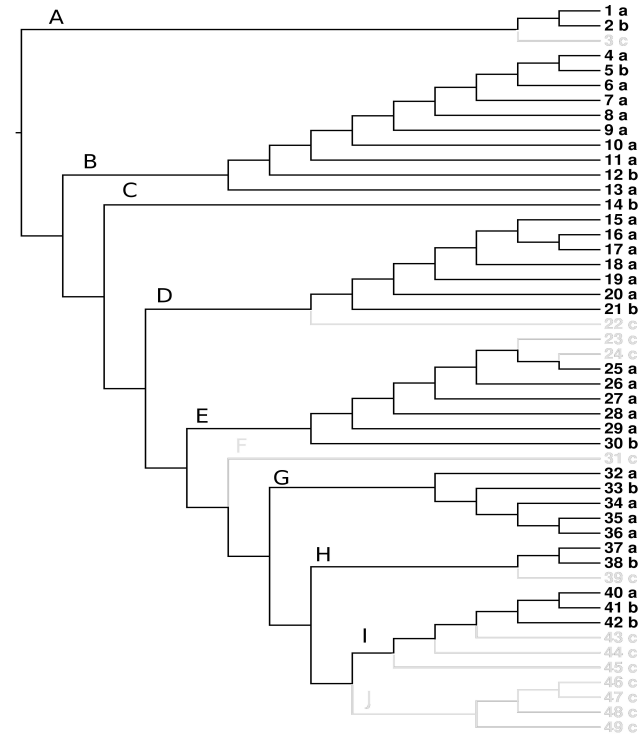
Exercício 1:



26 linhagens extintas
7 linhagens macroevolutivas
0 linhagem macroevolutiva extinta



10 linhagens extintas
8 linhagens macroevolutivas
1 linhagem macroevolutiva extinta



13 linhagens extintas
7 linhagens macroevolutivas
2 linhagens macroevolutivas extintas

Qual das áreas tem a maior variedade de histórias macroevolutivas (letras maiúsculas nos ramos da topologia)?

Em qual das áreas você recomendaria a implementação de um empreendimento industrial que teria grande impacto sobre a diversidade do local? Justifique.

Exercício 2:

Um pesquisador está interessado em responder a seguinte pergunta: “O gênero *Stupidus* é o táxon mais diverso da família Politucusidae?” Para responder essa pergunta ele compilou os seguintes dados [número de espécies entre colchetes; * = grupo externo]:

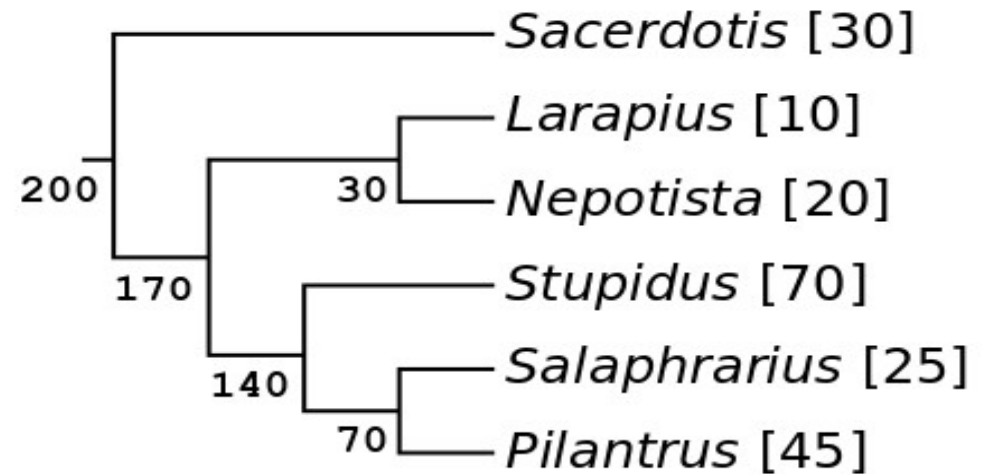
Táxon/Caráter	1	2	3	4	5
<i>Sacerdotis</i> * [30]	0	0	0	1	0
<i>Larapius</i> [10]	1	0	0	1	1
<i>Nepotista</i> [20]	1	0	0	1	1
<i>Stupidus</i> [70]	1	1	0	1	0
<i>Salaphrarius</i> [25]	1	1	1	0	0
<i>Pilanthrus</i> [45]	1	1	1	0	0

- Qual seria sua resposta para a pergunta acima sem considerar o relacionamento filogenético entre estes táxons?*
- Com base na matriz acima construa uma hipótese filogenética para a família e responda a pergunta acima?*

Exercício 2:

Um pesquisador está interessado em responder a seguinte pergunta: “O gênero *Stupidus* é o táxon mais diverso da família Politucusidae?” Para responder essa pergunta ele compilou os seguintes dados [número de espécies entre colchetes; * = grupo externo]:

Táxon/Caráter	1	2	3	4	5
<i>Sacerdotis</i> * [30]	0	0	0	1	0
<i>Larapius</i> [10]	1	0	0	1	1
<i>Nepotista</i> [20]	1	0	0	1	1
<i>Stupidus</i> [70]	1	1	0	1	0
<i>Salaphrarius</i> [25]	1	1	1	0	0
<i>Pilantrus</i> [45]	1	1	1	0	0



a. Qual seria sua resposta para a pergunta acima sem considerar o relacionamento filogenético entre estes táxons?

Sim, pois possui o maior número de espécies. No entanto, não há como responder essa pergunta adequadamente sem contextualizá-la filogeneticamente.

b. Com base na matriz acima construa uma hipótese filogenética para a família e responda a pergunta acima?

Stupidus, que aparentemente possui o número maior de espécies, possui diversidade idêntica ao seu grupo-irmão, *Salaphrarius*+*Pilantrus*.

Exercício 3:

Muitos carcinologistas (*i.e.*, especialistas em crustáceos) acreditam que eventos de oligomerização (*i.e.*, redução em números de segmentos) regem a evolução de Crustacea. Essa suposição pode ser testada com as seguintes informações:

- i. Cada caráter na tabela abaixo refere-se ao número de segmentos de um determinado apêndice.
- ii. *Hyas* deve ser utilizado para o enraizamento deste grupo:

Táxon/Caráter	1	2	3	4	5
<i>Hyas</i>	5	2	3	1	3
<i>Mithrax</i>	7	1	3	3	2
<i>Libinia</i>	7	1	3	3	2
<i>Leucippa</i>	7	1	2	1	2
<i>Pisa</i>	7	1	2	1	2
<i>Maja</i>	7	2	3	1	3

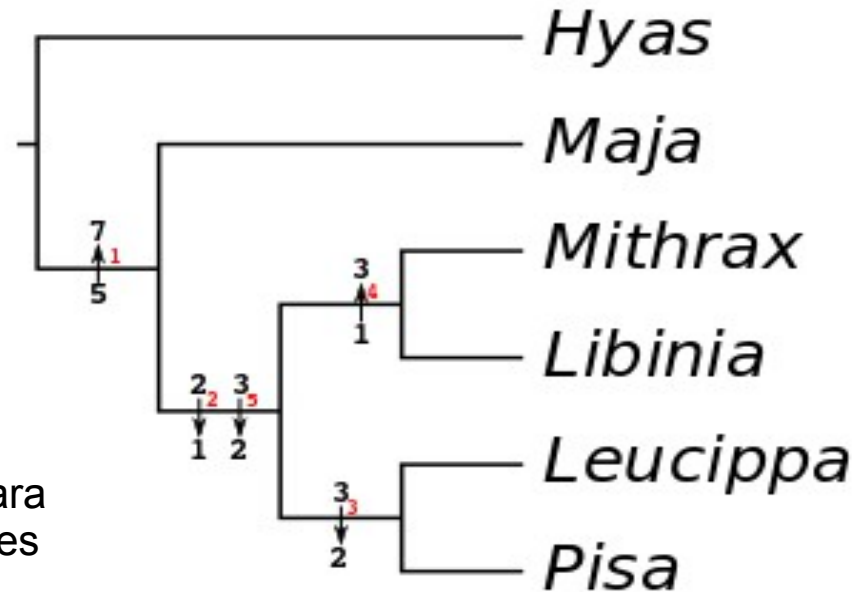
Com base nesses dados, você acha que existe suporte para a crença de que eventos de oligomerização são prevalentes na evolução de Crustacea?

Exercício 3:

Muitos carcinologistas (*i.e.*, especialistas em crustáceos) acreditam que eventos de oligomerização (*i.e.*, redução em números de segmentos) são prevalentes na evolução de Crustacea. Essa suposição pode ser testada com as seguintes informações:

- Cada caráter na tabela abaixo refere-se ao número de segmentos de um determinado apêndice.
- Hyas* deve ser utilizado para o enraizamento deste grupo.

Táxon/Caráter	1	2	3	4	5
<i>Hyas</i>	5	2	3	1	3
<i>Mithrax</i>	7	1	3	3	2
<i>Libinia</i>	7	1	3	3	2
<i>Leucippa</i>	7	1	2	1	2
<i>Pisa</i>	7	1	2	1	2
<i>Maja</i>	7	2	3	1	3



Com base nesses dados, você acha que existe suporte para a crença de que eventos de oligomerização são prevalentes na evolução de Crustacea?

Os dados favorecem a hipótese de forma geral, mas há transformações que refutam a generalização.

Exercício 4:

Em 1986, um dentista **HIV** positivo que praticou seu ofício por dois anos mesmo sabendo que havia contraído o vírus foi acusado por uma paciente (**A**), diagnosticada como portadora de **HIV**, de ter sido responsável pela contração do vírus. O caso foi parar na justiça da Califórnia e pela primeira vez um estudo filogenético fez parte dos autos de um processo judicial. A obtenção de dados moleculares das linhagens de **HIV** de um **controle_externo** (i.e., indivíduo fora do estado da Califórnia), 3 **controles_locais** (i.e., indivíduo residentes na mesma cidade), 3 **pacientes** e do **dentista** resultou na seguinte base de dados:

ORIGEM	LINHAGEM	DADOS MOLECULARES													
controle externo	HIV_1	A	G	T	C	A	T	C	A	G	G	T	A	A	A
controle local 1	HIV_2	C	G	T	C	C	T	C	A	G	G	T	A	A	A
controle local 2	HIV_3	C	G	G	C	C	T	C	A	G	G	T	A	A	A
controle local 3	HIV_4	C	T	G	A	C	T	C	A	G	G	T	A	G	A
paciente A	HIV_5	C	T	G	A	T	A	C	A	T	C	A	A	T	A
paciente B	HIV_6	C	T	G	A	T	A	T	G	G	G	A	A	A	A
paciente C	HIV_7	C	T	G	A	T	A	T	G	G	G	T	A	A	A
Dentista	HIV_8	C	T	G	A	T	A	C	A	T	C	T	C	A	A

- Com base nesses dados moleculares você seria capaz de decidir este caso judicial? Qual seria sua conclusão sobre o caso?
- Você seria capaz de criar um cenário evolutivo (i.e., uma filogenia hipotética qualquer) para essas linhagens de HIV que seria capaz de reverter sua decisão sobre o caso? Qual seria este cenário?

Exercício 4:

a. Com base nesses dados moleculares você seria capaz de decidir este caso judicial? Qual seria sua conclusão sobre o caso?

Sim, de acordo com a análise filogenética dos dados moleculares, o vírus do paciente é grupo-irmão do vírus contrído pela Janice:

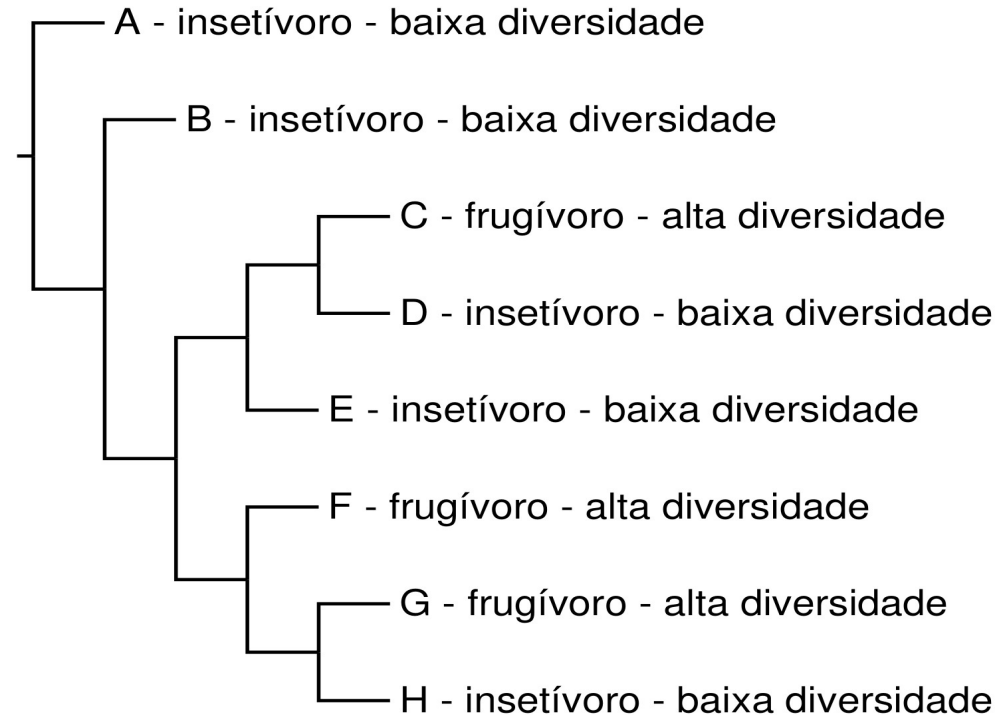
```
,-- HIV_1 [Controle externo – grupo ext.]
| ,-- HIV_2 [C. Local 1]
|--| ,-- HIV_3 [C. Local 2]
`--| ,-- HIV_4 [C. Local 3]
    |--| ,-- HIV_8 [dentista]
    `--| ,---- HIV_5 [Paciente A]
        |--| ,-- HIV_7 [Paciente C]
        `---- HIV_6 [Paciente B]
```

b. Você seria capaz de criar um cenário evolutivo (i.e., uma filogenia) para essas linhagens de HIV que seria capaz de reverter sua decisão sobre o caso? Qual seria este cenário?

```
,-- HIV_1 [Controle externo – grupo ext.]
|--| ,-- HIV_2 [C. Local 1]
    `--| ,-- HIV_6 [Paciente B]
        |--| ,-- HIV_3 [C. Local 2]
        `--| ,-- HIV_5 [Paciente A]
            |--| ,-- HIV_7 [Paciente C]
            `--| ,-- HIV_8 [dentista]
                `---- HIV_4 [C. Local 3]
```

Exercício 5:

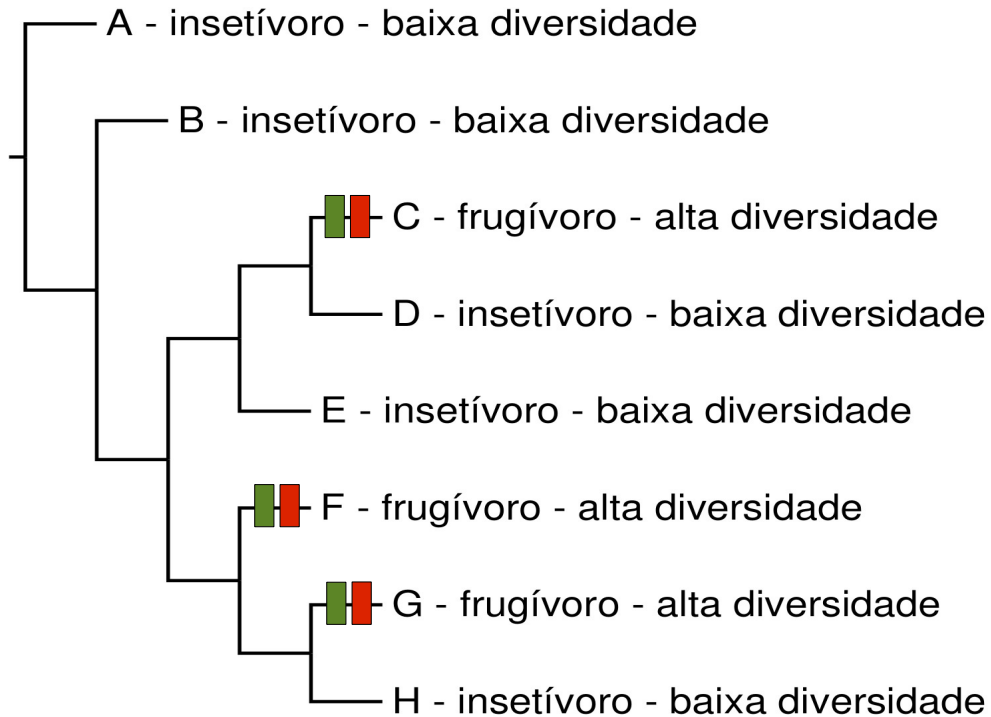
Um ecólogo evolutivo quer testar a hipótese de que a diversidade de determinados grupos de morcegos está relacionada a transição para a fugivoria (i.e., hábito alimentar à base de frutos). Para testar esta hipótese o pesquisador obtem os seguintes dados:



Estes dados falsificam ou corroboram a hipótese acima?

Exercício 6:

Um ecólogo evolutivo quer testar a hipótese de que a diversidade de determinados grupos de morcegos está relacionada a transição para a frugivoria (i.e., hábito alimentar à base de frutos). Para testar esta hipótese o pesquisador obtem os seguintes dados:

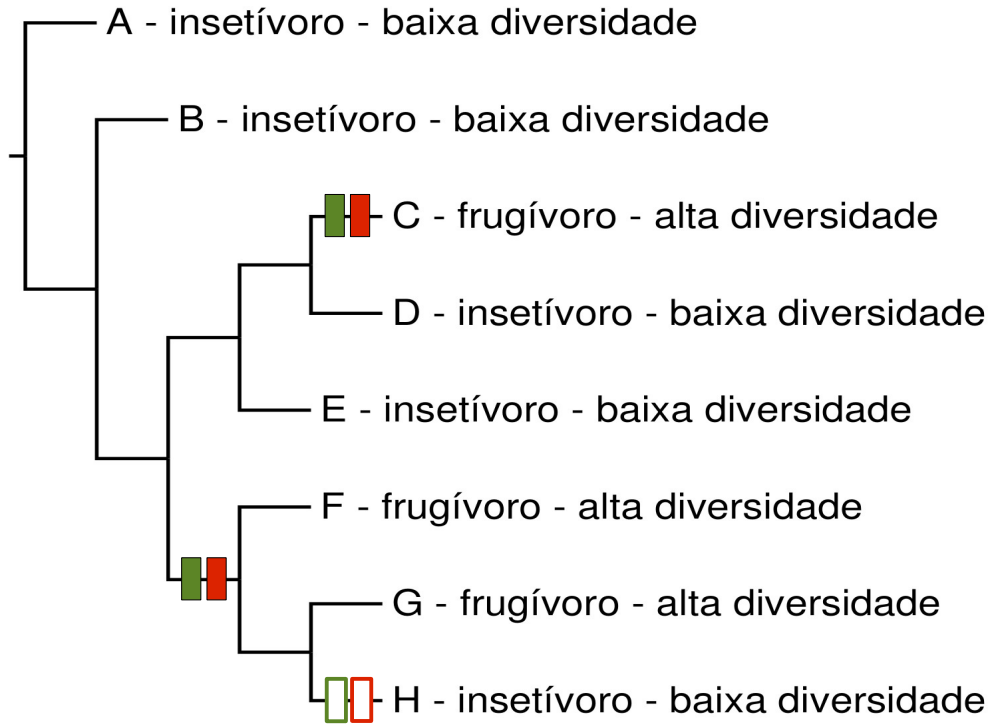


Estes dados falsificam ou corroboram a hipótese acima?

Se a co-ocorrência de transformações é evidência de que há relação causal entre frugivoria e aumento de diversidade, esta otimização corrobora a hipótese do pesquisador. No entanto, ...

Exercício 5:

Um ecólogo evolutivo quer testar a hipótese de que a diversidade de determinados grupos de morcegos está relacionada a transição para a fugivoria (i.e., hábito alimentar à base de frutos). Para testar esta hipótese o pesquisador obtem os seguintes dados:

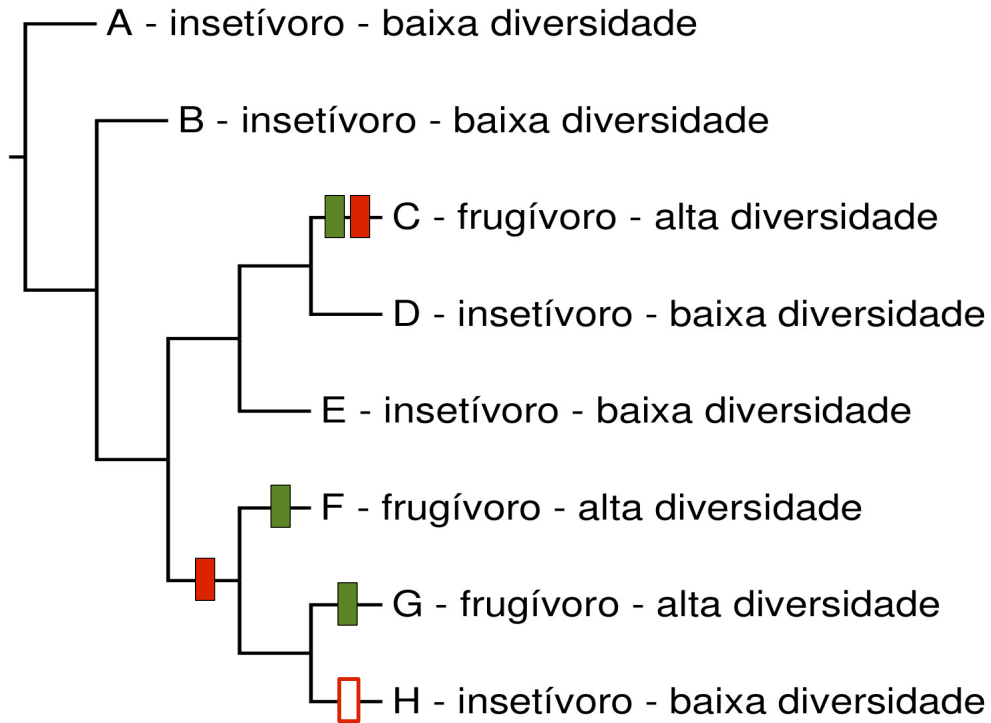


Estes dados falsificam ou corroboram a hipótese acima?

No entanto, existe essa otimização, que não deixa de ser compatível com a hipótese. Agora,...

Exercício 5:

Um ecólogo evolutivo quer testar a hipótese de que a diversidade de determinados grupos de morcegos está relacionada a transição para a fugivoria (i.e., hábito alimentar à base de frutos). Para testar esta hipótese o pesquisador obtem os seguintes dados:

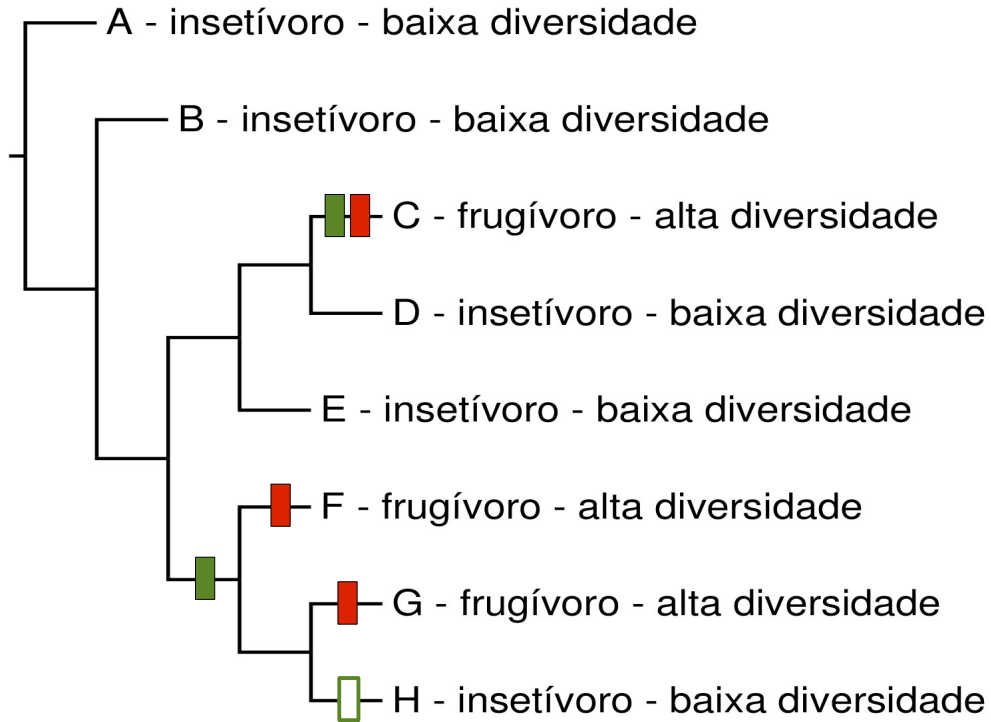


Estes dados falsificam ou corroboram a hipótese acima?

Agora, neste caso, essa correlação não existe mais.
E tem mais, ...

Exercício 5:

Um ecólogo evolutivo quer testar a hipótese de que a diversidade de determinados grupos de morcegos está relacionada a transição para a fugivoria (i.e., hábito alimentar à base de frutos). Para testar esta hipótese o pesquisador obtem os seguintes dados:

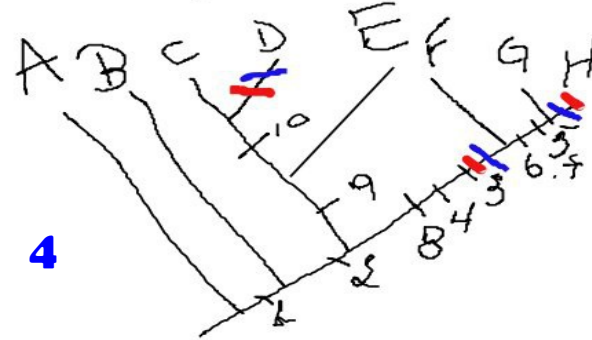
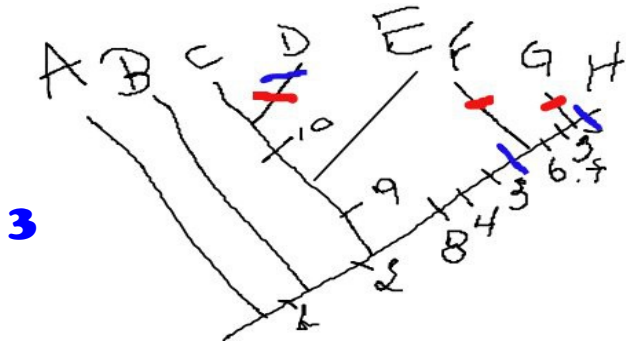
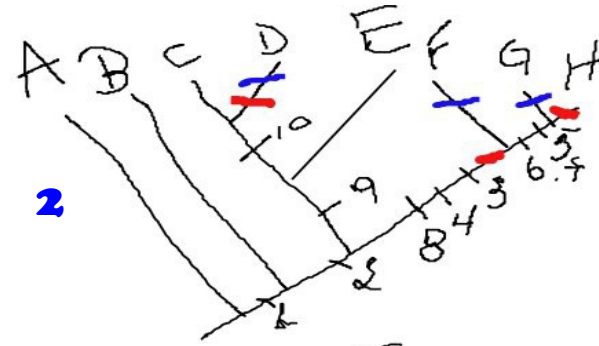
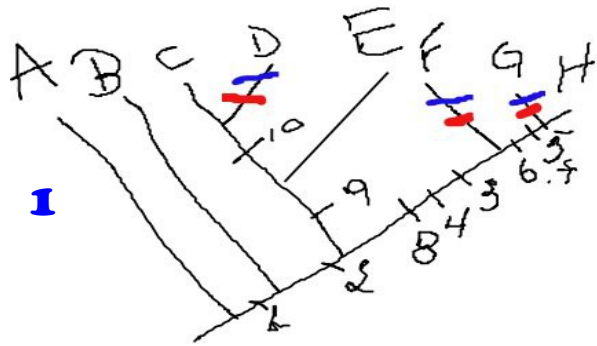


Estes dados falsificam ou corroboram a hipótese acima?

E tem mais, neste caso também!

Exercício 5:

Um ecólogo evolutivo quer testar a hipótese de que a diversidade de determinados grupos de morcegos está relacionada a transição para a fugivoria (i.e., hábito alimentar à base de frutos). Para testar esta hipótese o pesquisador obtem os seguintes dados:

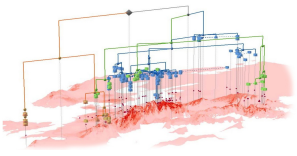


Há quatro (4) otimizações para a presença ou não de frugivoria e diversidade. Nestas, pelo menos duas (1 e 4) são compatíveis com o cenário adaptativo, mas duas delas (2 e 3) não; pois nestas últimas não há correlação entre as transformações destes dois caracteres. Portanto, não se pode chegar a uma conclusão.

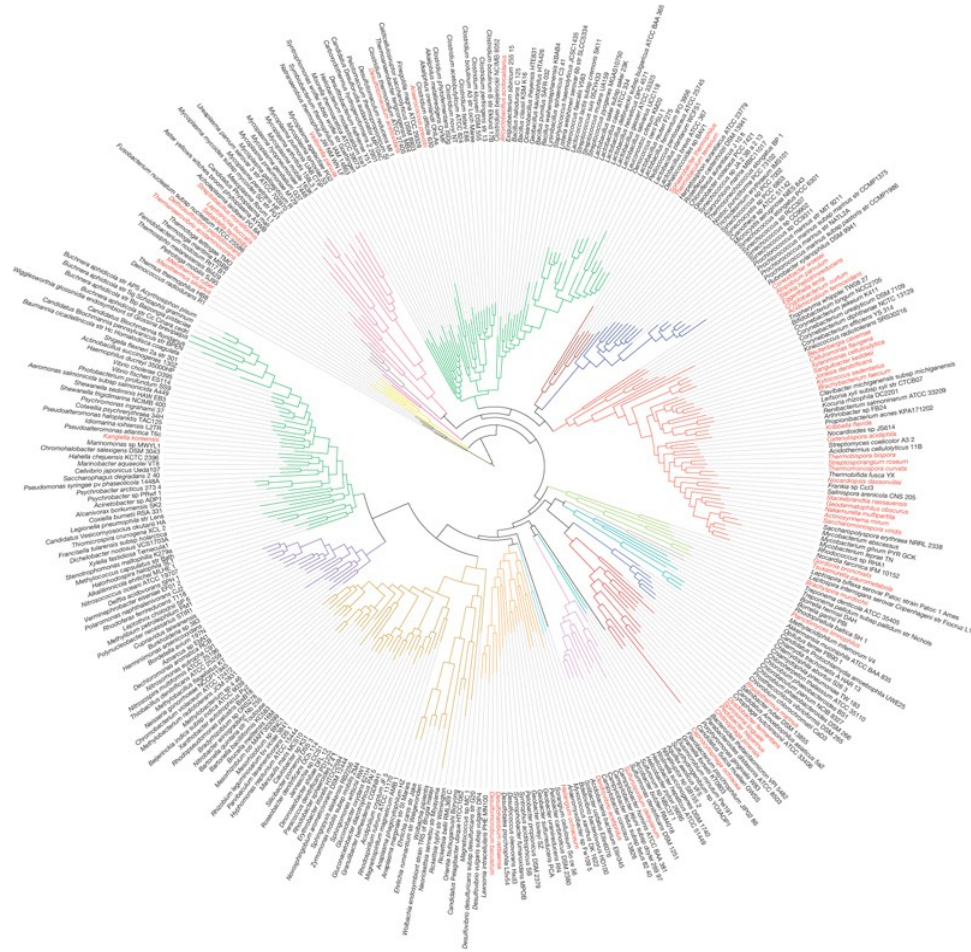
Exercício 6:

Abaixo, crie um exemplo hipotético usando qualquer topologia com 8 terminais e o número de caracteres que considerar suficientes para que você possa demonstrar as propriedades do enraizamento de diagramas não enraizados relacionadas a:

- a. identificação/definição de grupos monofiléticos.
- b. identificação/definição de grupos irmãos.
- c. ordenamento e polarização de caracteres.
- d. identificação/definição de autapomorfias.
- e. identificação/definição de sinapomorfias.
- f. identificação/definição de simplesiomorfias.
- g. identificação/definição de homoplasias.



Princípios de Sistemática & Biogeografia



Para isso e outras coisas mais!