

ii. O número de transformações foi alterado pelo ponto de enraizamento? Justifique.

iii. A polarização de um ou mais caracteres difere entre as topologias enraizadas em pontos distintos? Exemplifique.

iv. A formulação de grupos monofiléticos difere entre as topologias enraizadas em pontos distintos? Exemplifique.

v. No primeiro cladograma (i.e., enraizado em G), qual é a polarização do caráter 1?

vi. Há um caráter homoplástico neste exercício cuja transformação difere entre as duas topologias enraizadas. Qual é o caráter e como estas transformações diferem?

vii. Há alguma autapomorfia nestes diagramas que você enraizou? Exemplifique.

3. Como você definiria grupos irmãos?

4. Como você definiria o que são sinapomorfias e plesiomorfias? e quais caracteres do exercício 2 você usaria como exemplo para estes termos?

5. Com base na matriz de dados abaixo, encontre o diagrama dicotômico que explica a distribuição dos caracteres nos terminais de forma mais parcimoniosa. (**Antes de efetuar esse exercício, leia o tutorial para a construção de diagramas.**)

TAXON/CARÁTER	1	2	3	4	5	6	7
A	1	1	0	0	1	1	0
B	1	1	0	0	1	0	1
C	0	1	0	0	1	0	0
D	0	0	0	1	0	0	0
E	0	0	0	1	0	0	0
F	0	0	1	0	1	0	0
G	0	0	1	0	1	1	0

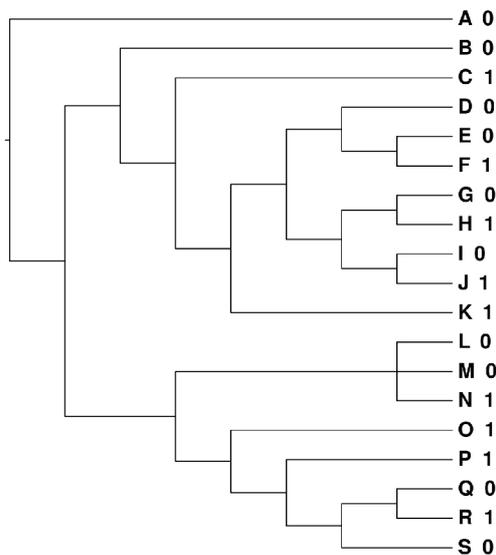
6. Considere compilação de dados para Tetrapoda (vertebrados terrestres), para que possamos responder à pergunta que, para muitos, parece não haver resposta: **Quem nasceu primeiro, o ovo ou a galinha?**

Taxon/caráter	zigapófises	cinco ou menos dígitos	côndilos occipitais	número de côndilos occipitais	4 dígitos nos membros anteriores	Ovo amniótico	maxila separada do quadratojugal	foramen suborbital no palato	fenestras temporais superior e inferior
DIPNOI (peixes pulmonados)	ausente	ausente	ausente	inaplicável	ausente	ausente	ausente	ausente	ausente
LISSAMPHIBIA (sapos, salamandras e cicílias)	presente	presente	presente	2	presente	ausente	ausente	ausente	ausente
SYNAPSIDA (mamíferos)	presente	presente	presente	2	ausente	presente	ausente	ausente	ausente
TESTUDINES (tartarugas)	presente	presente	presente	2	ausente	presente	presente	presente	ausente
CROCODYLIA	presente	presente	presente	1	ausente	presente	presente	presente	presente
AVES	presente	presente	presente	1	ausente	presente	presente	presente	presente
LEPIDOSAURIFORMES (cobras e lagartos)	presente	presente	presente	2	ausente	presente	presente	presente	presente

- i. Transforme a tabela acima em uma matriz de dados.

- ii. Construa um cladograma para os representantes de TETRAPODA, considerando DIPNOI como referência para identificar apomorfias e responda a pergunta inicial.

7. Considere o cladograma abaixo contendo terminais e a distribuição de estados de caráter:



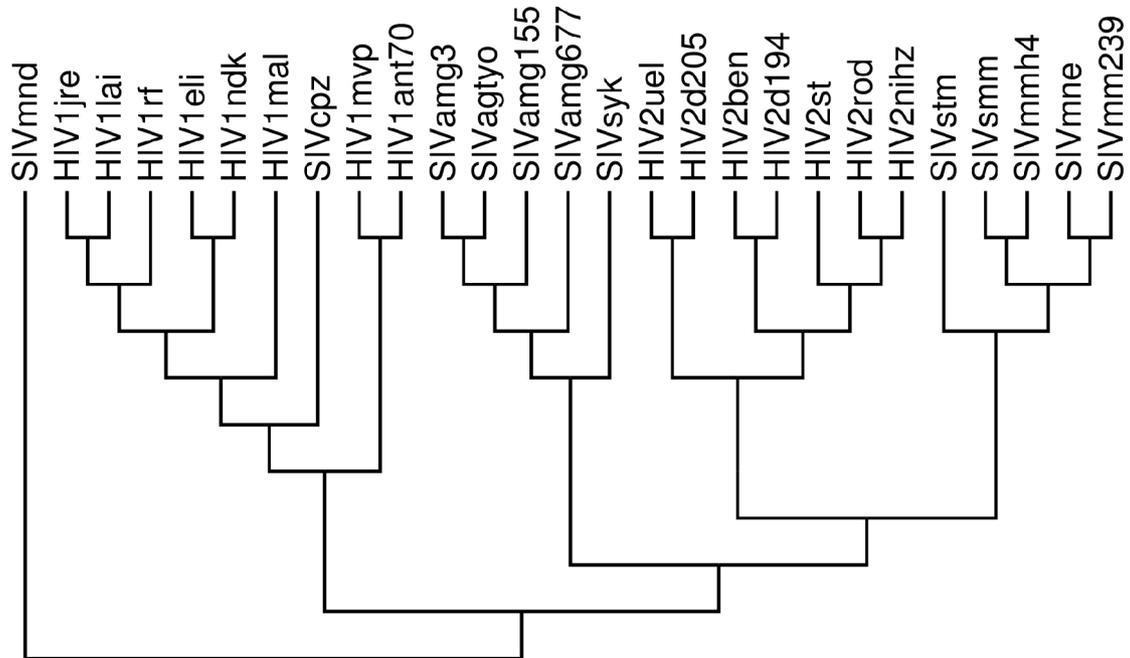
i. Quantas transformações este caráter sofreu?

ii. Identifique as transformações que são consideradas sinapomorfias?

iii. Há transformações autapomórficas?

iv. Crie uma série de transformação para uma caráter multi-estado cuja otimização mais parcimoniosa envolva sinapomorfias homoplásticas contendo uma convergência e uma reversão autapomórficas.

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 seguinte hipótese filogenética²:



Considerando que os prefixos dos isolados HIV e SIV representam linhagens que infectam humanos e símios, respectivamente, responda:

- i. Seus dados contradizem as conclusões de Mindell *et al.* (1995)? Justifique.

- ii. As grupos virais que infectam humanos (i.e., HIV1 e HIV2) são monofiléticos?

- iii. Qual seria a importância de se responder a pergunta anterior caso seu Instituto estivesse engajado em pesquisas relacionadas ao desenvolvimento de uma vacina para a AIDS?

² fonte: Siddall (1997: *Cladistics* 13: 267-273). Veja otimização em diagramas enraizados abaixo.

OTIMIZAÇÃO DE TOPOLOGIAS ENRAIZADAS

O algoritmo envolve duas etapas:

1. Passos descendentes (*down pass*), que procede dos terminais ao nó do grupo externo.

Regras:

1. se 1 & 1 ou 0 e 0 → atribui-se ao nó 1 ou 0, respectivamente.
2. se 0 & 1 → atribui-se ao nó 0/1.
3. se 0/1 & 1 ou 0/1 & 0 → atribui-se ao nó 1 ou 0, respectivamente.

2. Passos Ascendentes (*up pass*), que corrige ambiguidades seguindo o caminho contrário.

Regras:

1. se 1 & 1 ou 0 e 0 → atribui-se ao nó 1 ou 0, respectivamente.
2. se 0 & 1 → atribui-se ao nó o estado presente no nó superior.
3. se 1 & 0/1 ou 0 & 01 → atribui-se ao nó o estado presente no nó inferior.

Construção de diagramas

Considere a seguinte matriz:

TAXON\CARÁTER	1	2	3	4	5
A	1	0	0	0	1
B	0	0	0	0	1
C	0	1	0	0	0
D	0	1	0	0	0
E	0	0	1	0	0
F	0	0	1	1	0
G	0	0	1	1	0

Sem considerar qualquer caráter, o que sabemos é que estamos lidando com 7 terminais (A-G), que estão relacionados entre si de alguma forma. De fato, há **945** diagramas dicotômicos possíveis para representar as possíveis relações entre esses terminais!

Considere as etapas da Figura 1A-F representadas na figura abaixo:

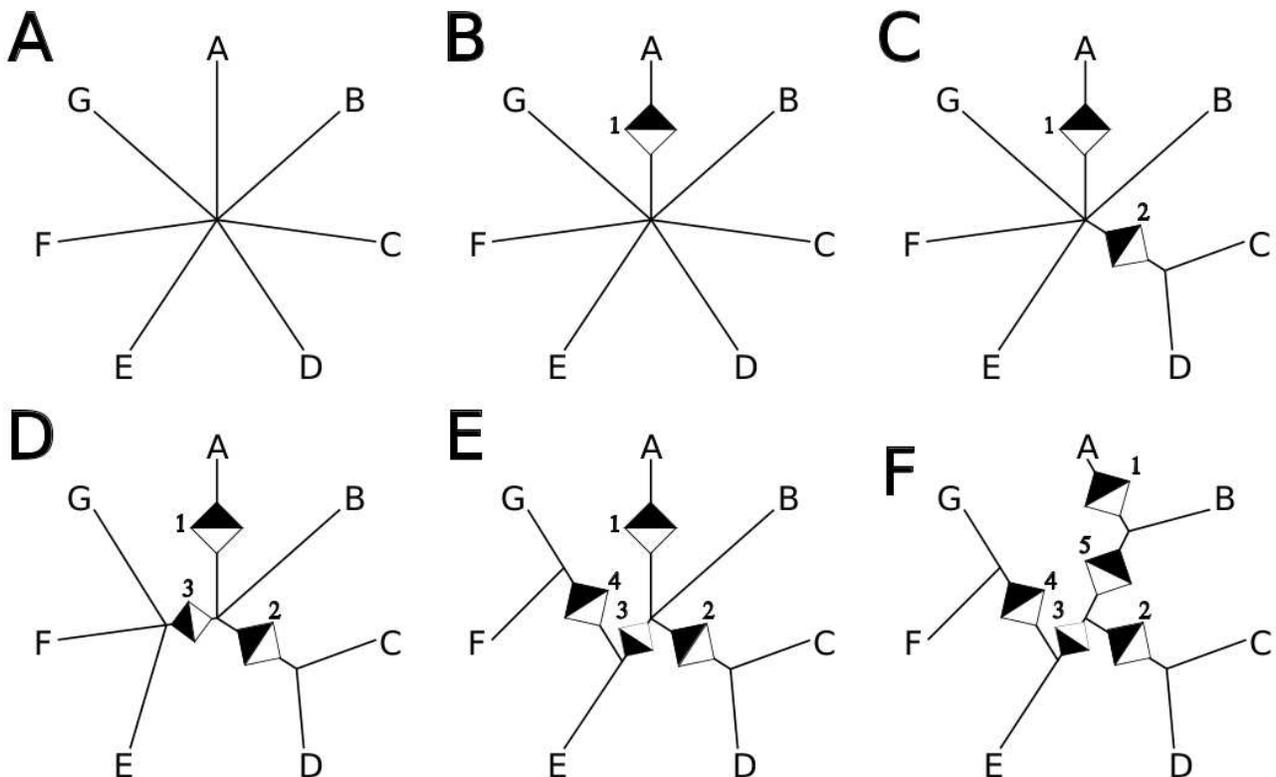


Figura 1. A-F etapas de construção de cladogramas não enraizados.

Inicie a construção com uma figura representando todos os terminais como se estivessem partindo de um mesmo nó, veja Figura 1A. Vamos seguir a ordem de cada caráter, mas poderíamos considerar qualquer outra ordem. Note que o **caráter 1** sugere uma transformação no ramo terminal do **táxon A**. Portanto, ao inserir essa transformação na Figura 1A você obterá o que está representado na

Figura **1B**. Você deverá acumular as transformações à medida em que elas não contradizem nenhum grupo formado até o momento (veja abaixo como lidar com situações onde isso acontece). Se considerarmos o **caráter 2**, por exemplo, teríamos que modificar a Figura **1B** para acomodar essa transformação. Isso é feito assumindo que os terminais C e D compartilham um mesmo nó, e teríamos o que está representado na Figura **1C**. O mesmo pode ser observado ao inserirmos o **caráter 3**. A inserção desta transformação requer que façamos uma modificação na Figura **1C** para acomodar um nó para receber os **táxons E, F e G**, como foi feito na Figura **1D**. Os demais passos, Figura **1E e F**, são resultados na inserção das transformações para os **caracteres 4 e 5**, respectivamente. O resultado final seria a topologia representada na Figura **1F**. Fácil, não?

Uma outra forma de construir estes diagramas é verificando todos os conjuntos ou grupos de terminais formados, a partir da distribuição de caracteres de um terminal. Para formar estes conjuntos, você deverá seguir as seguintes regras:

regra 1: Escolha **um único terminal** de sua matriz de dados (chamado terminal de referência).

regra 2: Para caracteres binários (*i.e.*, com dois estados de caráter, 0 e 1), os conjuntos deverão ser formados de acordo com o estado que **não está presente no terminal de referência**.

Tomemos como terminal de referência o Táxon C:

Este terminal possui estado “0” no primeiro caráter. Portanto, o caráter 1 resulta no conjunto {A}, já que o táxon A é o único que possui o estado “1” para o caráter 1.

Para o caráter 2, o táxon C apresenta “1”, portanto temos o conjunto {ABEFG}, pois todos estes terminais possuem estado “0”. Note que D possui o estado “1”, portanto não pertence a este conjunto (veja regra 2)

O táxon C possui estado “0” para o caráter 3. Neste caso, temos o conjunto {EFG}, pois são os únicos com estado “1”.

O táxon C possui estado “0” para o caráter 4. Neste caso, temos o conjunto {FG}, pois são os únicos com estado “1”.

O táxon C possui estado “0” para o caráter 5. Neste caso, temos o grupo {AB}, pois são os únicos com estado “1”.

O resumo dos conjuntos de terminais formados seria:

Caráter 1 (C_1): {A}

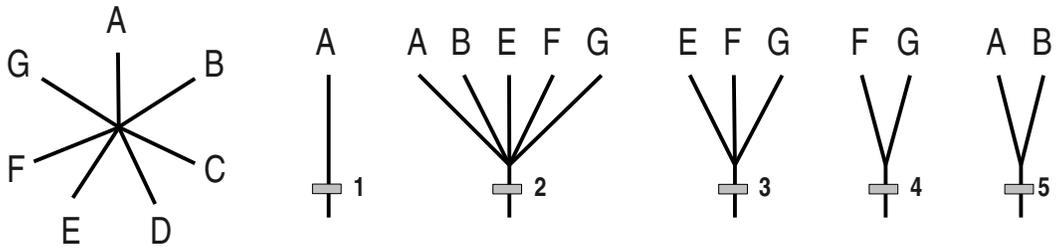
Caráter 2 (C_2): {ABEFG}

Caráter 3 (C_3): {EFG}

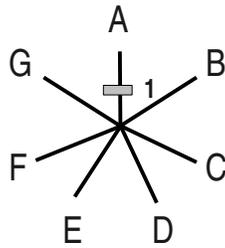
Caráter 4 (C_4): {FG}

Caráter 5 (C_5): {AB}

Como observamos no início deste estudo, sabemos que todos os terminais formam um grupo e após verificar os conjuntos formados pelos caracteres, possuímos as seguintes informações:

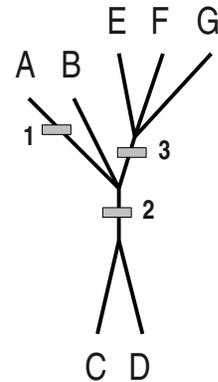
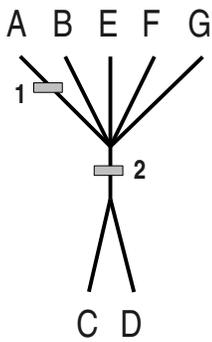


A inclusão do caráter 1 no diagrama onde todos são igualmente relacionados entre si gera a seguinte figura:



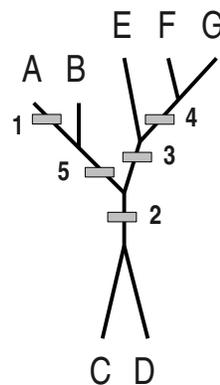
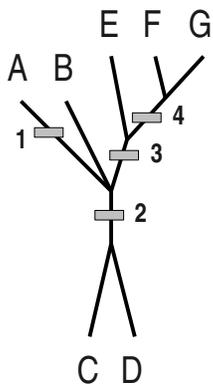
Adicionando o caráter 2 teríamos:

e o caráter 3 ...



o caráter 4 ...

e, finalmente, o caráter 5.

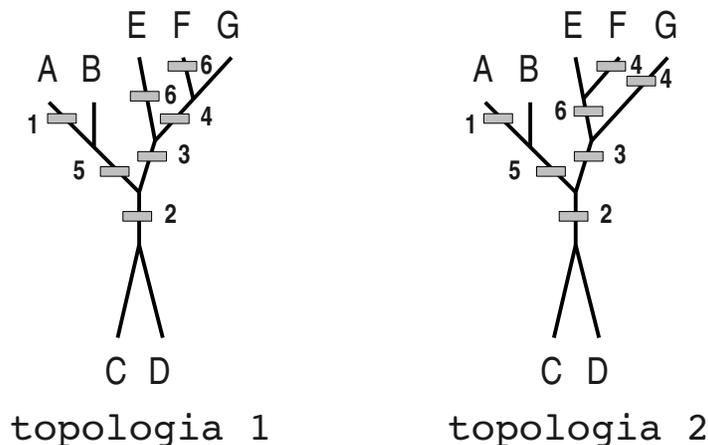


Note que na matriz de dados não há nenhum caráter que resulte em conflitos entre os grupos formados. Tudo se encaixa perfeitamente. No entanto, isso nem sempre acontece. Considere a inclusão de mais um caráter na matriz e o grupo por este determinado:

TAXON\CARÁTER	1	2	3	4	5	6
A	1	0	0	0	1	0
B	0	0	0	0	1	0
C	0	1	0	0	0	0
D	0	1	0	0	0	0
E	0	0	1	0	0	1
F	0	0	1	1	0	1
G	0	0	1	1	0	0



É evidente que o caráter 6 contradiz o caráter 4, pois este último sugere que o táxon F está mais próximo de G. Neste caso, temos duas soluções possíveis:



14

Na topologia¹ 1, a transformação do caráter 4 sugere que F e G formam um grupo. Neste caso, a transformação do caráter 6 ocorreu independentemente nos ramos terminais de E e F. Por outro lado, na topologia 2, a transformação do caráter 6 sugere que E e F formam um grupo e que a transformação do caráter 4 ocorreu independentemente nos ramos terminais de G e F. O que fazemos neste caso? Aparentemente nada!

Considere a lógica da análise cladística. Dados são transformados em evidências à medida que compilamos caracteres e definimos estados de caráter em uma matriz. São as transformações entre estes estados de caráter que são levadas em consideração quando avaliamos como os possíveis cenários filogenéticos (i.e., diagramas dicotômicos) explicam nossas observações (i.e., distribuição de caracteres e seus estados). Convencionamos que a parcimônia seria utilizada como critério de escolha do cenário filogenético que melhor representa nossos dados. Observe que nas duas topologias o número de

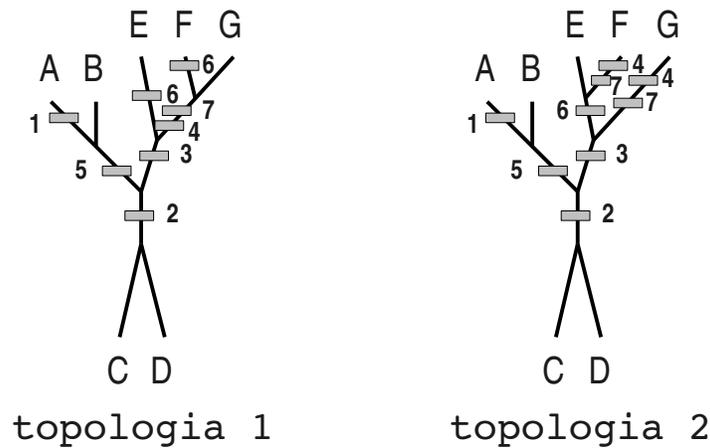
¹ Topologia é o termo utilizado para identificar diagramas diferentes.

transformações é idêntico (i.e., sete). Desta forma, nosso critério que escolheria a topologia com o menor número de transformações não distingue entre essas duas hipóteses. Neste caso diríamos que temos duas topologias igualmente parcimoniosas. Portanto, estas duas topologias representam os cenários filogenéticos que explicam de forma idêntica as evidências disponíveis até o momento.

Veamos o que aconteceria se incluíssemos um outro caráter:

TAXON\CARÁTER	1	2	3	4	5	6	7
A	1	0	0	0	1	0	0
B	0	0	0	0	1	0	0
C	0	1	0	0	0	0	0
D	0	1	0	0	0	0	0
E	0	0	1	0	0	1	0
F	0	0	1	1	0	1	1
G	0	0	1	1	0	0	1

A inclusão deste novo caráter nas topologias acima, resultaria na seguinte distribuição de transformações:



A inclusão do caráter 7 muda a forma pela qual essas duas topologias explicam nossos dados. Observe que na topologia 1 há **8** transformações, ao passo que na topologia 2 observamos **9**. Neste caso, nosso critério de escolha pode ser aplicado, uma vez que o primeiro cenário filogenético considera um número menor de transformações que o segundo. Neste caso, dizemos que a topologia 1 é mais parcimoniosa que a topologia 2.