

# Atividade - Introdução à Máxima Parcimônia

Gabriel Rodrigues

November 27, 2025

## Perguntas

### **Questão 01) O que representam as politomias na topologia de uma árvore filogenética?**

Uma politomia representa uma região de uma árvore filogenética onde a relação dos grupos não pôde ser resolvida em uma *dicotomia*. Em termos práticos, é um nó que divide em 3 ou mais ramos em uma árvore filogenética.

A interpretação de uma politomia envolve a revisão dos dados inseridos na árvore, pois esse tipo de conformação pode representar a falta de informação suficiente para determinar a ordem de ramificação.

### **Questão 02) Por quê o número de árvores enraizadas dicotômicas é tão maior que o de árvores não-enraizadas possíveis?**

Geralmente é devido à baixa complexidade das árvores não-enraizadas quando comparadas às enraizadas.

Uma árvore dicotómica adiciona camadas de complexidade ao conferir a dimensão de tempo e sentido entre os nós da árvore, de forma que os elementos se configurem em forma ordinal (em uma ordem sequencial). Quando o nó *A* é ligado ao *B* e ao *C*, sendo assim por diante até o *F*, temos o total de **6 nós** que poderiam trocar de posição em uma árvore de forma ordinal.

Em uma árvore não-enraizada, por exemplo, o nó *C* poderia derivar os 3 nós restantes (*D*, *E* e *F*). Diminuindo o fator ordinal dos objetos da árvore, e consequentemente diminuindo as possibilidades de diferentes configurações de árvores filogenéticas.

**Questão 03) Diferenciar grupos monofiléticos, parafiléticos e polifiléticos.**

Grupos monofiléticos, como o próprio nome sugere, possuem o mesmo ancestral comum em uma árvore filogenética. São os agrupamentos de OTUs que possuem um ancestral comum exclusivo juntamente com todos os seus descendentes.

Parafilia é o fenômeno onde grupos com a mesma origem ancestral são excluídos da árvore por terem um conjunto de descendentes distinto.

Grupos polifiléticos compartilham dois ou mais grupos monofiléticos em sua constituição.

**Questão 04) Qual a relação conceitual entre Grupo Externo, Plesiomorfias e Apomorfias?**

Um grupo externo é um conjunto de OTUs que pode ser utilizado como referência para enraizar uma árvore filogenética.

Plesiomorfias e Apomorfias só podem ser analisadas de forma correta com o uso do adequado de grupos externos, permitindo o correto contraste entre as OTUs analisadas, permitindo a melhor análise entre Plesiomorfias e Apomorfias. Caso um grupo externo seja muito próximo dos objetos em análise, ele pode ser lido como uma plesiomorfia juntamente com o grupo ancestral.

A comparação com o grupo externo que dá sentido de tempo na análise de um grupo.

**Questão 05) Por quê Grupos Externos não podem ser testados como tal na mesma análise filogenética?**

A escolha de um grupo externo deve ser feita a partir de testes anteriores, para garantir que indiquem que são OTUs próximas, mas que divergiram necessariamente antes do processo de diferenciação das OTUs do próprio grupo interno.

**Questão 06) Qual o critério para selecionar uma árvore de máxima parcimônia?**

São necessários sítios informativos entre as amostras. Ou seja, é possível dividir as amostras em pelo menos dois grupos a partir das informações dos sítios informativos.

**Questão 07) Qual a regra básica para que um sitio com variação seja informativo para máxima Parcimônia.**

É necessário que o sítio de variação divida as amostras em pelo menos dois grupos, com no mínimo dois representantes para cada grupo.

**Questão 08) Por quê foi chamada atenção que a árvore mais curta não é uma proibição à natureza?**

Não necessariamente o processo evolutivo vai convergir sempre para a seleção de mudanças mais curtas ou de menos complexidade. A escolha de seleção do algoritmo não reflete processos biológicos reais, que por seleção, podem ocorrer de forma imprevisível e aleatória.

**Questão 09) O que está por trás do princípio que transições são mais frequentes que transversões? E por que alguns autores sugerem dar peso zero as transições?**

Transições podem ocorrer múltiplas vezes no mesmo sítio e muitas das vezes retornar a mudança ao seu estado original. Sua troca é dinâmica e muito variável, por isso a sugestão de alguns autores sobre seu peso zero na análise.

Transversões ocorrem mais raramente por serem rapidamente corrigidas pelos sistemas de reparo dos organismos, fazendo com que uma transversão em uma sequência tenha um peso considerável para o contexto da alteração.

**Questão 10) Por que em sequências codificadoras de proteínas a terceira base dos códons apresenta menores restrições evolutivas?**

O código genético é degenerado, o que significa dizer que em regiões codificantes múltiplos códons podem ser traduzidos para o mesmo aminoácido. Isso ocorre principalmente na base da terceira posição do códon, onde a mesma pode ser substituída e ainda manter a informação da codificação de um determinado resíduo de aminoácido.

Caso ocorra alguma alteração nesse tipo de região, não necessariamente conduziria o produto final para uma mudança drástica ou um novo fenótipo, o que reduziria o efeito de seleção sobre esse tipo de polimorfismo da sequência.