

UNILA/BIO0039 - Exercício prático aula 14

Peter Löwenberg Neto

17/09/2021

1. Objetivo do exercício

Neste exercício você irá abrir e plotar uma filogenia. Depois irá obter o número de linhagens ao longo do tempo. Para realizar este exercício você deverá instalar o programa R e o programa RStudio em seu computador.

2. Instalação

Instalar o R (<https://www.r-project.org/>).

Instalar o RStudio (<https://www.rstudio.com/products/rstudio/download/>).

2.1 Instalar o pacote no R Executar o RStudio e na linha de comando instalar o pacote

```
install.packages('ape')
```

3. Carregar o pacote ape

```
library(ape)
```

4. Determinar a pasta de trabalho (arquivo onde estão os dados)

Aqui você deve mudar o endereço para a sua pasta.

Nesta pasta você irá salvar o arquivo platytree.newick que está no Moodle.

```
setwd("D:/Usuários/peter/OneDrive/R/LTT")
```

5. Carregar a árvore filogenética do arquivo

Vamos criar um objeto (af) que conterá nossa árvore filogenética.

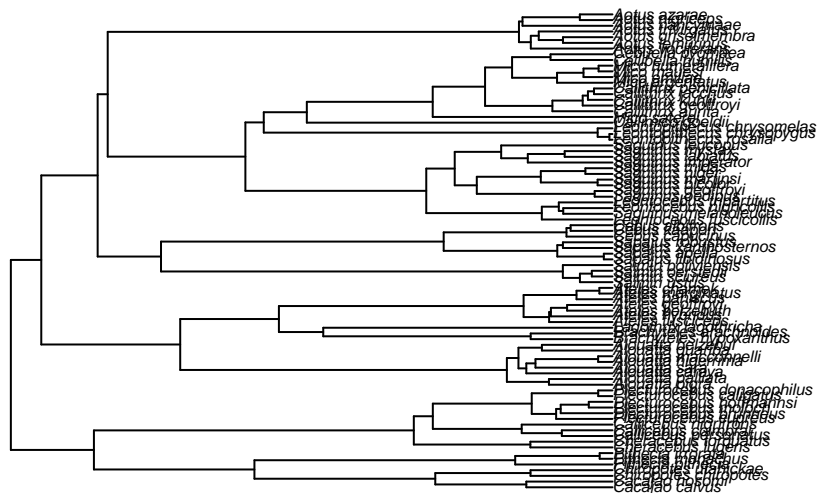
```
af <- read.tree(file = "platytree.newick")  
af
```

```
##
## Phylogenetic tree with 84 tips and 83 internal nodes.
##
## Tip labels:
##   Cacajao_calvus, Cacajao_hosomi, Chiropotes_chiropotes, Chiropotes_utahickae, Pithecia_pithecia, Pi
##
## Rooted; includes branch lengths.
```

6. Plotar a árvore filogenética

Observe que a árvore apresenta os comprimentos de ramos proporcionais ao tempo. Ou seja, é uma filogenia com calibração temporal (= cronograma).

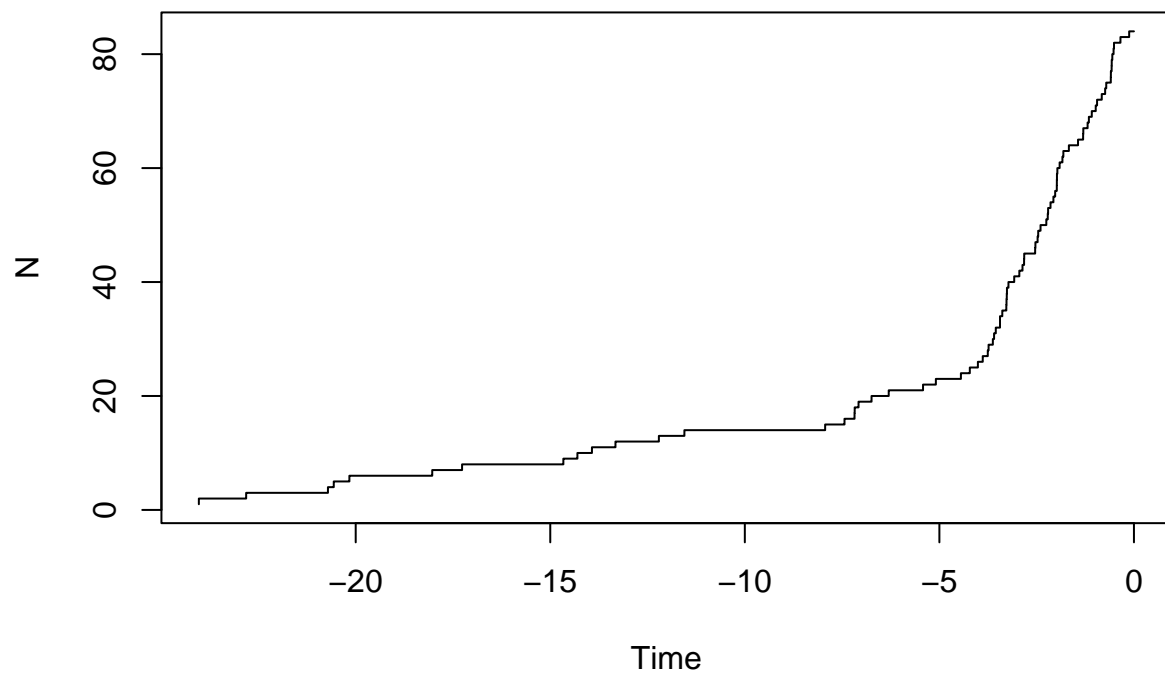
```
plot(af, cex = 0.5)
```



7. Obter o número de linhagens ao longo do tempo.

Observe o número de linhagens existentes ao longo do tempo.
O eixo x representa o tempo e o eixo y representa o número de linhagens.

```
ltt.plot(af)
```



8. Salvar figura de linhagens ao longo do tempo e enviar via Moodle.