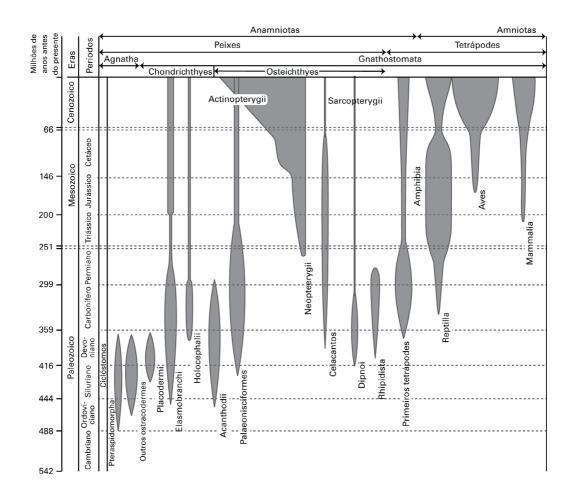




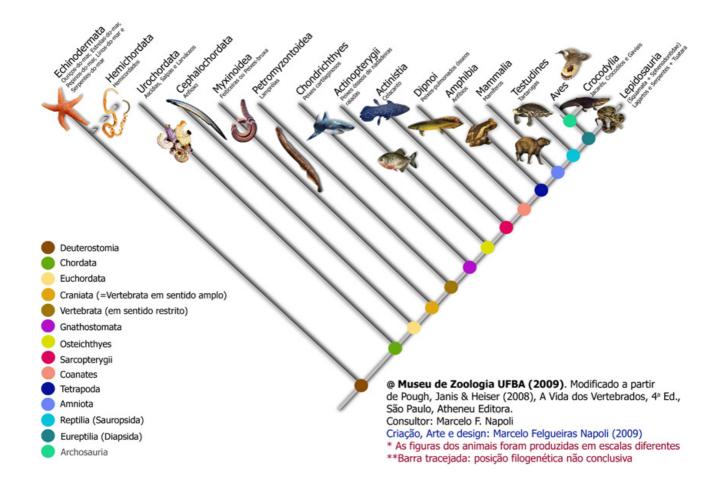
Edital 2021-1 Prova de Biodiversidade e Biologia Evolutiva

Existem oito questões eletivas. Escolha CINCO para responder

1. A diversidade biológica não é uniformemente distribuída nos grupos taxonômicos. Boa parte das linhagens de grupos com alta diversidade teve origem em intervalos relativamente curtos de tempo, como podemos ver com o que ocorreu no Cenozoico com Actinopterygii, Aves e Mammalia (vide a figura abaixo). Cite o nome e explique esse processo, incluindo os requisitos necessários para isso acontecer.



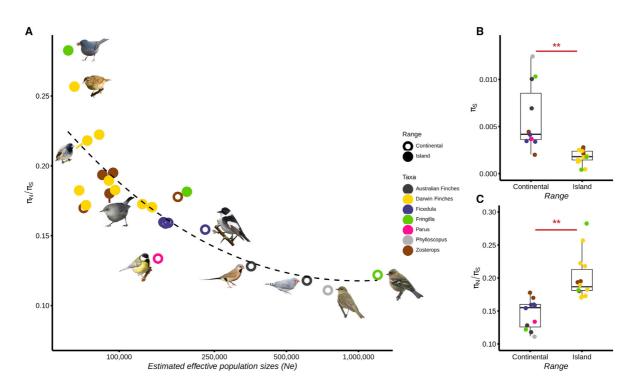
2. Como funciona o Filocódigo (Phylocode)? Qual a vantagem desse código de nomenclatura para uma sistemática baseada em árvores filogenéticas quando comparado com a taxonomia lineana?



- 3. Em algumas situações é possível encontrar fenótipos muito semelhantes em espécies de linhagens distintas não irmãs. Quando isso ocorre, gera dificuldades para os taxonomistas. Explique como isso ocorre e por que gera dificuldades na taxonomia.
- 4. Inserções e deleções no DNA podem levar a resultados positivos, negativos ou neutros em termos evolutivos. Quando essas inserções e deleções ocorrem em três nucleotídeos ou em múltiplos de três, há mais chance de resultarem em fenótipos neutros ou positivos do que quando ocorrem em proporções diferentes dessas. Explique o porquê.
- 5. Defina Heterocronia, diga como esse mecanismo evolutivo pode gerar diversidade e dê um exemplo na natureza de um filo que tenha sido gerado por esse mecanismo. Cite o processo heterocrônico que ocorreu no organismo da figura abaixo.



6. Interessados em investigar a relação entre tamanho populacional efetivo e diversidade genética em espécies de pássaros de ilhas e continentais, Leroy et al. (2021, *Current Biology*) observaram que a razão entre a diversidade nucleotídica não-sinônima pela sinônima (π_N/π_S) nos genes decai conforme o tamanho populacional efetivo aumenta (Fig. A). Entretanto, quando a diversidade sinônima (π_S) foi analisada isoladamente, esta é significativamente maior nas espécies do continente (Fig. B), demonstrando que a diversidade não-sinônima (π_N) é maior nas espécies de ilhas (Fig. C). Neste trabalho, π_S foi usado como uma aproximação da diversidade neutra. Uma vez que a diversidade não-sinônima altera a sequência de aminoácidos das proteínas e, portanto, é potencialmente visível à seleção natural, os autores concluíram que **espécies de ilhas carregam uma quantidade maior de alelos levemente deletérios quando comparadas às continentais**. Baseado no seu conhecimento de genética de populações, explique como a interação entre as forças evolutivas pode explicar este fenômeno.

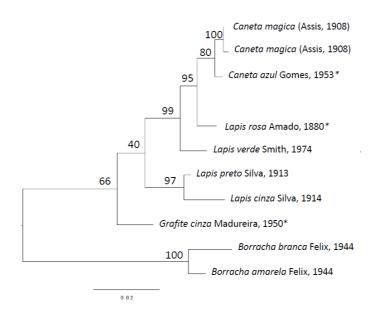


7. A árvore de máxima verossimilhança apresentada abaixo foi construída a partir de sequências do marcador nuclear ribossomal 28S. Os números apresentados são os valores de bootstrap e os

asteriscos representam as espécies tipo de cada gênero. O grupo externo são as espécies do gênero *Borracha*.

O gênero *Caneta* foi descrito originalmente por Gomes em 1953, baseando-se na espécie *Caneta azul. Caneta magica* originalmente pertencia ao gênero *Lapis*. O gênero *Lapis* foi descrito originalmente por Amado em 1880.

Interprete a árvore levando em consideração todas as informações fornecidas. Caso haja alteração no nome das espécies, diga como ficariam os novos nomes, não esquecendo da autoria. Perceba que os nomes são fictícios e não estão seguindo as normas de latinização.



8. A árvore filogenética abaixo foi construída a partir de sequências de DNA mitocondrial de uma espécie de roedor da Amazônia. Indivíduos dessa espécie foram coletados nas duas margens do Rio Juruá e são representados pelo quadrado branco (margem esquerda) e preto (margem direita). Considerando que os clados principais observados possuem significância estatística (bootstrap >90%), explique se o resultado apoia ou refuta a hipótese de que a diferenciação genética nessa espécie teria sido causada pelo Rio Juruá atuando como barreira (baseado em Avise, 2000).

