Programa de Pós-Graduação em Zoologia
Universidade Federal de Minas Gerais
Instituto de Ciências Biológicas

PROVA DE SELEÇÃO

MESTRADO/NOVEMBRO DE 2018

ESCREVA AQUI SEU NÚMERO DE INSCRIÇÃO

• Leia as instruções:

- Existem 3 (três) blocos de questões: invertebrados (questões de 1 a 4); vertebrados (questões de 5 a 8); evolução (questões de 9 a 12);
- As questões valem, cada uma, 10 pontos. O valor de cada subitem, quando for o caso, está discriminado na própria questão;
- As questões devem ser respondidas apenas nas folhas de resposta a parte, nunca na prova, mesmo quando ela for de múltipla escolha;
- A prova tem duração de 4 (quatro) horas e está constituída de 12 (doze) questões, mas você DEVE RESPONDER APENAS 10 (dez) questões; Corrigiremos as dez primeiras questões apenas.
- Responda às questões com letra LEGÍVEL, a tinta azul ou preta.
- Organize as folhas de resposta por bloco de provas

MÓDULO INVERTEBRADOS

1. Responda as perguntas abaixo com base no texto: " Xenocelomorpha is the sister group to Nephrozoa" (Cannon, J.T.; Vellutini, B.C.; Smith III, J.; Ronquist, F.; Jondelius U. & Hejnol, A. 2016, Xenocelomorpha is the sister group to Nephrozoa. Nature 530:89-93).

"The position of Xenacoelomorpha in the tree of life remains a major unresolved question in the study of deep animal relationships. Xenacoelomorpha, comprising Acoela, Nemertodermatida, and Xenoturbella, are bilaterally symmetrical marine worms that lack several features common to most other bilaterians, for example an anus, nephridia, and a circulatory system. Two conflicting hypotheses are under debate: Xenacoelomorpha is the sister group to all remaining Bilateria (= Nephrozoa, namely protostomes and deuterostomes) or is a clade inside Deuterostomia. Thus, determining the phylogenetic position of this clade is pivotal for understanding the early evolution of bilaterian features, or as a case of drastic secondary loss of complexity. Here we show robust phylogenomic support for Xenacoelomorpha as the sister taxon of Nephrozoa. Our phylogenetic analyses, based on 11 novel xenacoelomorph transcriptomes and using different models of evolution under maximum likelihood and Bayesian inference analyses, strongly corroborate this result. Rigorous testing of 25 experimental data sets designed to exclude data partitions and taxa potentially prone to reconstruction biases indicates that longbranch attraction, saturation, and missing data do not influence these results. The sister group relationship between Nephrozoa and Xenacoelomorpha supported by our phylogenomic analyses implies that the last common ancestor of bilaterians was probably a benthic, ciliated acoelomate worm with a single opening into an epithelial gut, and that excretory organs, coelomic cavities, and nerve cords evolved after xenacoelomorphs separated from the stem lineage of Nephrozoa.

Acoela have an essential role in hypotheses of bilaterian body plan evolution. Acoels have been compared to cnidarian planula larvae because they possess characters such as a blind gut, a net-like nervous system, and they lack nephridia. However, they also share

apomorphies with Bilateria such as bilateral symmetry and a mesodermal germ layer that gives rise to circular and longitudinal muscles. Classic systematics placed acoels in Platyhelminthes, or as a separate early bilaterian lineage. When nucleotide sequence data became available, Acoela were placed as the sister group of Nephrozoa. Nemertodermatida were originally classified within Acoela, but were soon recognized as a separate clade on morphological grounds. Subsequently, nucleotide sequence data fuelled a debate on whether nemertodermatids and acoels form a monophyletic group, the Acoelomorpha, or if nemertodermatids and acoels are independent early bilaterian lineages as suggested by several studies, for example refs 11 and 12. The enigmatic Xenoturbella was first placed together with Acoela and Nemertodermatida, ; then an ultrastructural appraisal supported its position as sister group of all other bilaterians. The first molecular study suggested Xenoturbella to be closely related to molluscs, whereas other analyses proposed a deuterostome affiliation. Recent analyses of molecular data reunited Xenoturbella with acoels and nemertodermatids to form a clade called Xenacoelomorpha (Fig. 1a).

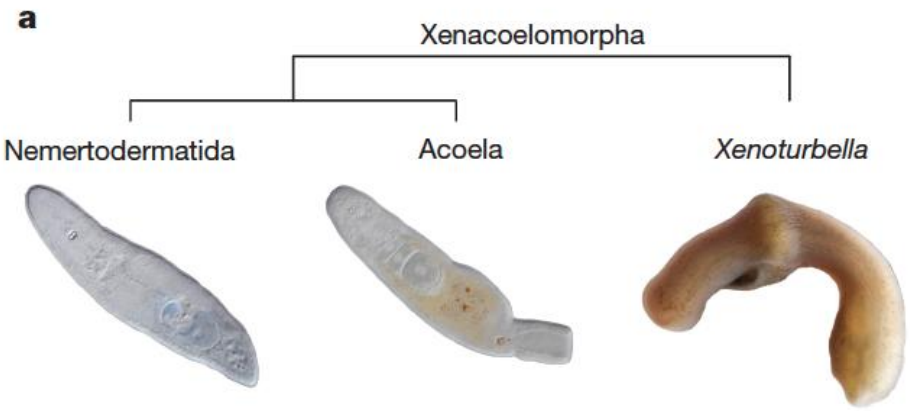

Figure 1. Phylogenetic hypotheses concerning Xenacoelomorpha from previous molecular studies. a, Relationships among Xenacoelomorpha. Xenoturbella is sister to Acoelomorpha (Acoela + Nemertodermatida). Illustrated species from left to right: *Flagellophora apelti*, *Diopisthoporus psammophilus*, *X. bocki*.

Perguntas:
a) Porque é importante determinar o posicionamento de Xenocelomorpha para o entendimento da evolução das características primárias em bilateria?
b) Qual o posicionamento de Xenacelomorpha nesta filogenia e qual a inferência que os autores fazem com relação ao ancestral dos Bilateria?
c) Qual a importância dos Acoela nesta filogenia?

2. Observe as filogenias nas figuras 2 - tradicional (Brusca 2007, pg. 912) e 3 - atual (Dunn *et al*. 2014, pg. 373) e responda as questões abaixo. A resposta de cada item deve ocupar, no máximo, seis linhas.

a) Explique por que Panarthropoda e Annelida são recuperados tradicionalmente no grupo Articulata. Qual o posicionamento filogenético atual desses grupos?

b) Qual a sinapomorfia que suporta o clado Ecdysozoa?

c) Qual a sinapomorfia que suporta Spiralia (=Lophotrochozoa)?

d) Por que tradicionalmente Hemichordata era considerado grupo irmão de Chordata? Qual o posicionamento filogenético atual de Hemichordata? Existe alguma sinapomorfia morfológica que sustente esse posicionamento atual?

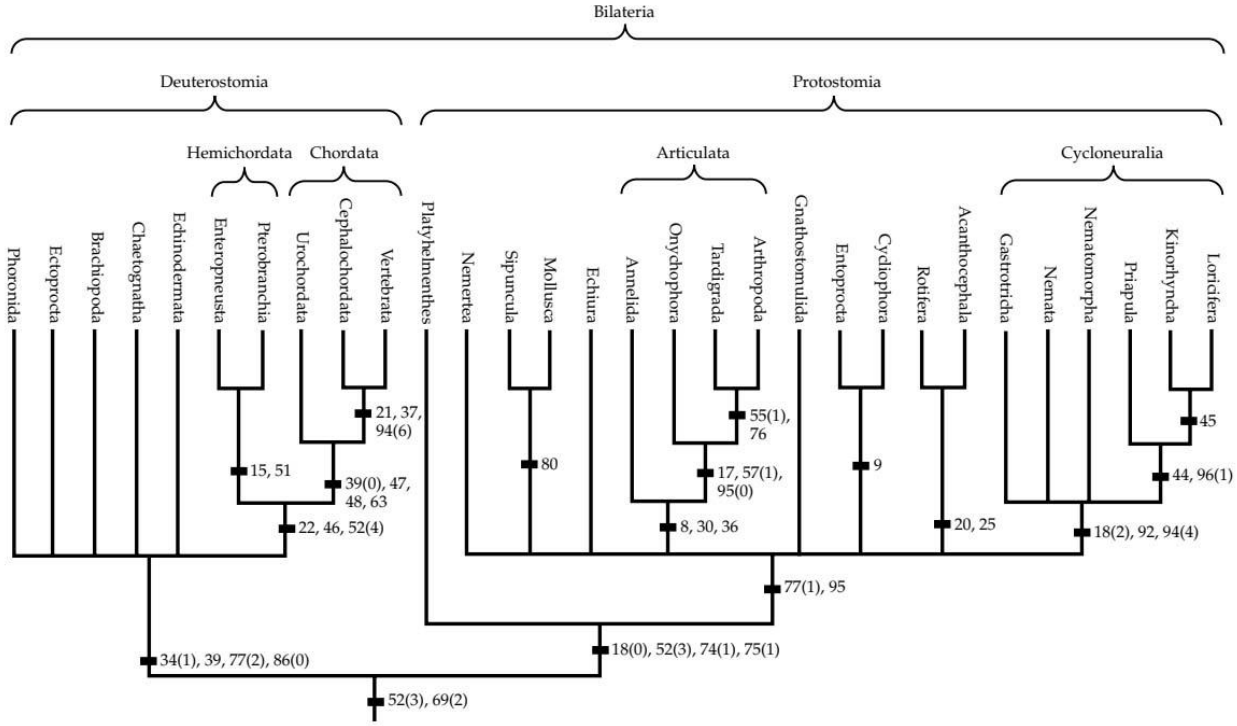

Figura 2. Filogenia tradicional de Bilateria.

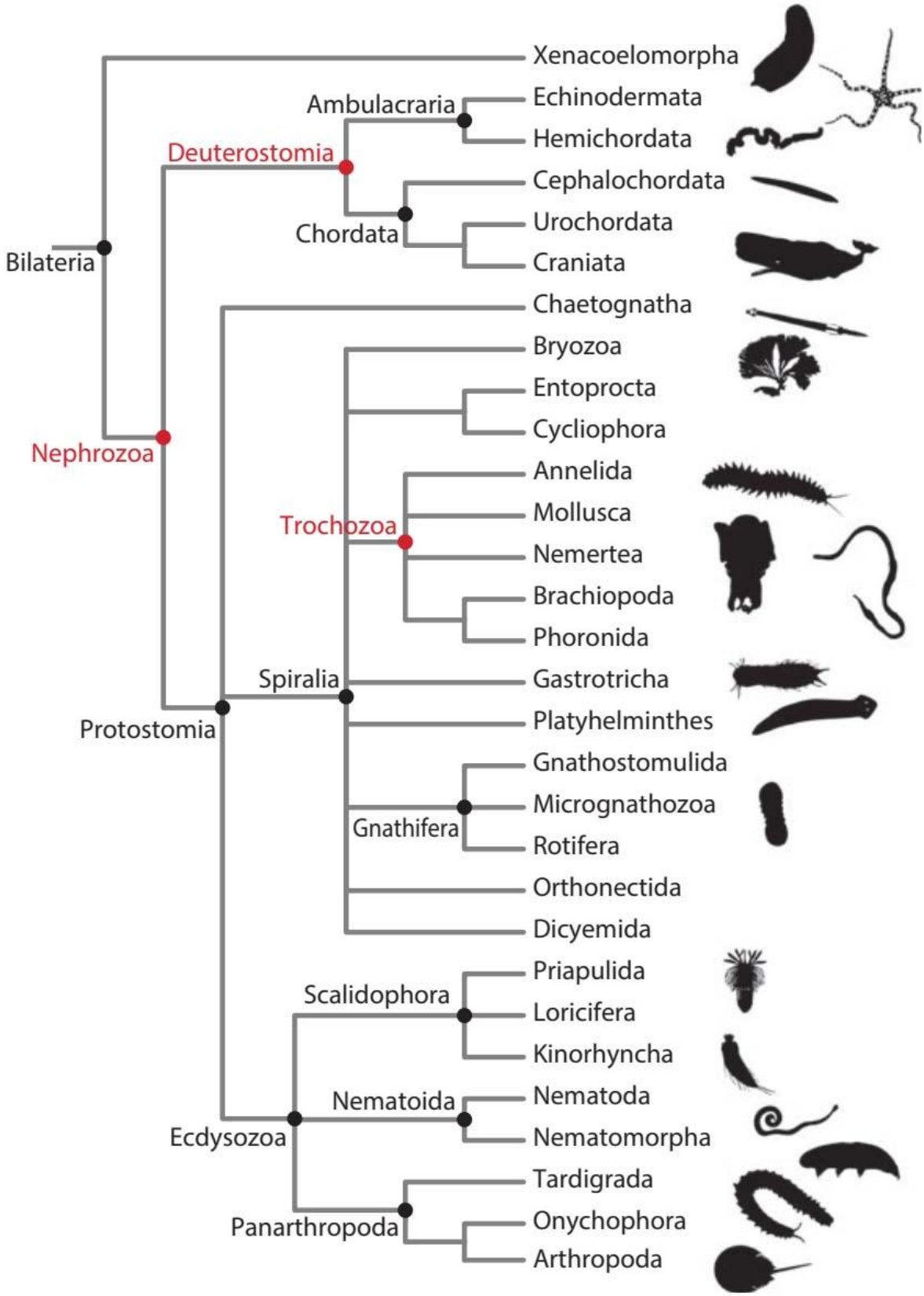

Figura 3. Filogenia atual de Bilateria.

3. Defina celoma e explique os três níveis principais níveis de construção entre os metazoários triploblásticos (acelomados, blastocelomados e eucelomados). Dê pelo menos um filo de exemplo (Brusca & Brusca 2007, p. 49). A resposta deve ocupar, no máximo, 20 linhas.

4. Qual é a estrutura de trocas gasosas encontrada em cada um dos grupos abaixo? Explique o funcionamento de cada uma delas (Brusca & Brusca 2007, p. 76-78, 431). A resposta de cada item deve ocupar, no máximo, dez linhas.

a) Hexapoda terrestres;
b) Gastropoda terrestres;
c) Annelida terrestres.

MÓDULO VERTEBRADOS:

5. A figura abaixo apresenta um cladograma simplificado dos tetrápodes, mostrando três hipóteses distintas para o relacionamento dos testudines. Em (A) junto aos pararépteis, como grupo-irmão de Diapsida; em (B) como grupo irmão de Lepidosauria; e, mais recentemente, em (C) como grupo-irmão de Archosauria. Sabendo-se que uma das características dos amniotas é o padrão de fenestração temporal do crânio, responda:

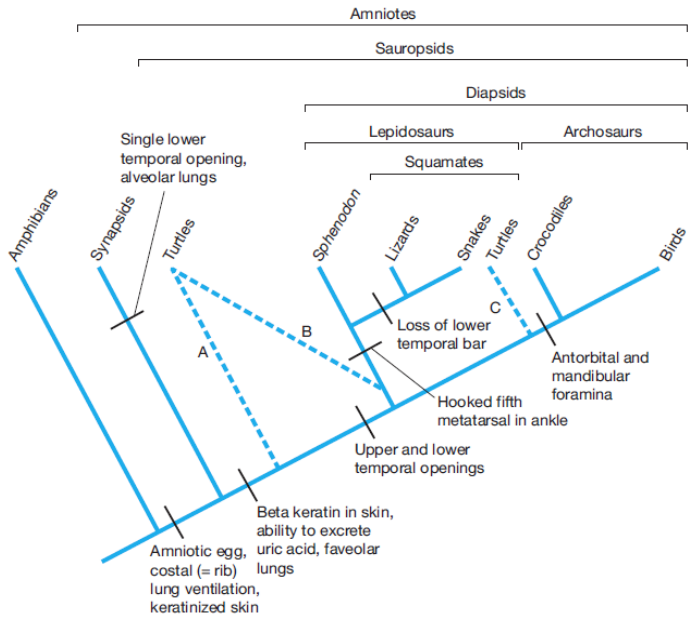

Figure 12–3 Simplified cladogram of tetrapods. The three competing hypotheses of the phylogenetic position of turtles are shown with broken lines. A, the most extreme, places the origin of turtles among the parareptiles and considers turtles to be the sister group of the other reptile lineages. B places turtles as the sister group of the lepidosaurs, and C considers turtles to be the sister group of archosaurs

a) Quais os padrões de fenestração temporal são reconhecidos entre os amniotas tetrápodes
b) Qual o padrão de fenestração temporal dos testudines e, em relação a este padrão de fenestração temporal, qual implicação direta decorre das posições B e C em testudines?

6. Um dos grandes problemas enfrentados pelos amniotas para a ocupação do ambiente terrestre está relacionado a necessidade do aumento da eficiência da ventilação pulmonar e consequentemente do pulmão. Os primeiros amniotas utilizavam os músculos hipaxiais do tronco para "abrir" a caixa toráxica, no que é conhecido como ventilação costal. No entanto, o uso dos músculos hipaxiais frequentemente conflitava com a locomoção, onde estes músculos também eram utilizados. As linhagens Synapsida e Sauropsida divergiram cedo em relação a forma de ventilação dos pulmões, cada um deles com uma estratégia distinta. Indique a alternativa que representa melhor a estratégia adotada pelos Synapsida, que tornaram a ventilação pulmonar mais eficiente para esse grupo em relação aos amniotas basais.

a. perda do diafragma, perda das costelas abdominais, ventilação em fluxo para dentro e para fora.
b. ventilação em fluxo contínuo, retenção da gastrália, perda de costelas.
c. retenção da gastrália, retenção das costelas, desenvolvimento do diafragma.
d. perda da gastrália, desenvolvimento do diafragma, perda das costelas lombares.
e. ventilação por bomba bucal, perda da gastrália, retenção das costelas.

7. As Aves representam um grupo de vertebrados Amniotas altamente derivados e especializados, na sua maioria em função de adaptações para a vida aérea. Essa condição afetou a estrutura de todos os sistemas nas Aves. Indique as principais estruturas do sistema digestório generalizado das aves, enfatizando as suas funções.

8. Observe a figura abaixo que representa um diagrama esquemático do sistema circulatório de um vertebrado e responda: a) identifique qual sistema circulatório está representado na figura; b) qual (is) vertebrado (s) vivente (s) (em nível de Classe) apresenta (m) este sistema; c) qual o nome das estruturas representadas pelas letras A, B e C.

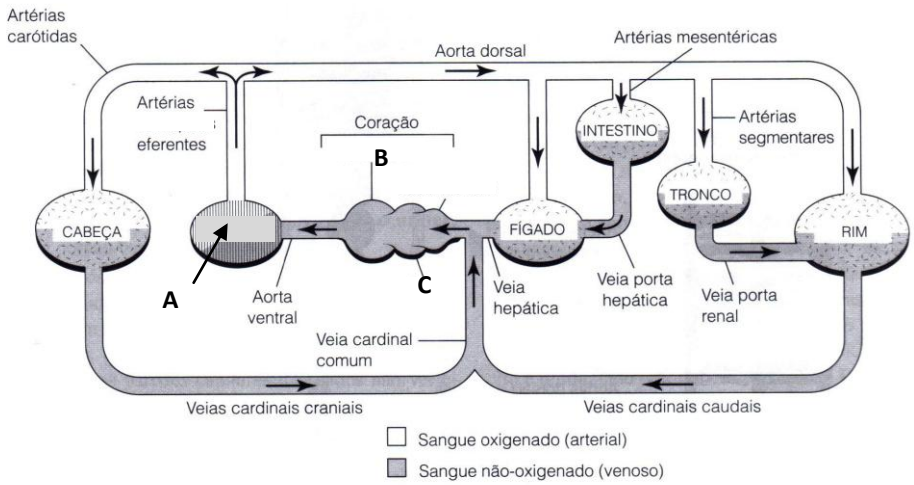

Figura 2-11 Diagrama esquemático do sistema cardiovascular de um vertebrado. Todos os vasos são pares na esquerda e na direita do corpo, exceto para a aorta ventral e dorsal. Note que as veias cardinais na verdade correm dorsalmente no animal real, ao lado das artérias carótidas (cardinais craniais) ou da aorta dorsal (cardinais caudais).

MÓDULO EVOLUÇÃO

9. Responda as perguntas abaixo com base no texto: "Seeing the forest for the trees: the limitations of phylogenies in comparative biology" (Lossos 2011. Seeing the forest for the trees: the limitations of phylogenies in comparative biology. *The American Naturalist 177*: 709-727).

Since the time of Darwin, one of the primary goals of evolutionary biology has been to understand the historical progression of life through time. The fossil record provides such information, and we have an ever-increasing number of case studies documenting the evolutionary history of particular groups. Nonetheless, the fossil record is notoriously imperfect, and for many groups and key evolutionary transitions, the fossil record does not tell us what happened. This was, and continues to be, one of the primary appeals of phylogenetic data: by examining the distribution of character states among species in the context of their phylogenetic relationships, we can infer the phenotypic state of ancestral species, as well as the pattern of evolutionary change through time, even in the absence of data from fossils. In addition, by examining the topology of a phylogeny, we can infer rates of speciation and extinction, and how they have changed, through time.

Unfortunately, even as it has become increasingly popular, we have come to realize that the process of reconstructing ancestral character states is fraught with problems and that in many cases, ancestral character states cannot be reconstructed with high levels of confidence. The problem is that many traits, particularly those of interest to evolutionary ecologists, evolve rapidly relative to the rate of speciation and with considerable amounts of convergence. At its essence, accurate and precise ancestor reconstruction relies on assumptions of the opposite. If traits change relatively rarely and with little homoplasy, then closely related species will tend to be similar, inheriting the same character state from their shared ancestor, and reconstructions of ancestral states are likely to be correct. But when these assumptions do not hold, reconstructions usually will be ambiguous or poorly supported (…).

(…)*When all members of a clade share the same character state, then the ancestor is reconstructed with that character state with high confidence* (…). *But when many evolutionary transitions have occurred, such that close relatives often differ in character state, then character reconstructions become ambiguous, with multiple possibilities receiving approximately equal support* (…). *Thus, we probably should not expect ancestor reconstruction to provide strongly supported inferences of ancestral character states in clades in which there have been extensive evolutionary change and convergence.*

a) Qual o principal atrativo das filogenias no que diz respeito à reconstrução de eventos passados? A resposta deve ocupar, no máximo, dez linhas.
b) Em que cenário a reconstrução de estados ancestrais tende a ser feita corretamente? A resposta deve ocupar, no máximo, cinco linhas.
c) O que acontece na reconstrução de caracteres ancestrais quando todos os membros de um clado partilham um mesmo estado de caráter? A resposta deve ocupar, no máximo, cinco linhas.
d) Em que casos não se pode esperar uma reconstrução de estado ancestral fortemente suportada? A resposta deve ocupar, no máximo, cinco linhas.

10. Defina os seguintes conceitos de espécie e escolha um deles para apresentar as principais críticas (Freeman & Herron, 2009: p. 606). A resposta de cada item deve ocupar, no máximo, dez linhas.
a) Conceito biológico:
b) Conceito filogenético:

11. Sobre o processo de especiação, responda as perguntas abaixo (Freeman & Herron, 2009: p. 612-615, 621). A resposta de cada item deve ocupar, no máximo, dez linhas.
a) Explique as duas principais formas de isolamento reprodutivo alopátrico;
b) Explique o conceito de seleção sexual e sua relação com a divergência de espécies.

12. Observe a filogenia da figura 1 (Edgecombe et al. 2011. Higher-level metazoan relationships: recent progress and remaining questions. *Organisms Diversity & Evolution 11*: 151-172) e responda as questões utilizando conceitos filogenéticos:

a) Defina grupo monofilético e dê exemplo de dois grupos desse tipo que podem ser encontrados na filogenia acima.
b) Defina grupo parafilético e crie dois exemplos utilizando os filos da filogenia acima.
c) Defina grupo polifilético e crie dois exemplos utilizando os filos da filogenia acima.
d) Que clados dentro de Spiralia possuem politomias?
e) Qual o grupo irmão de Chordata? Qual o grupo irmão de Gnathifera?

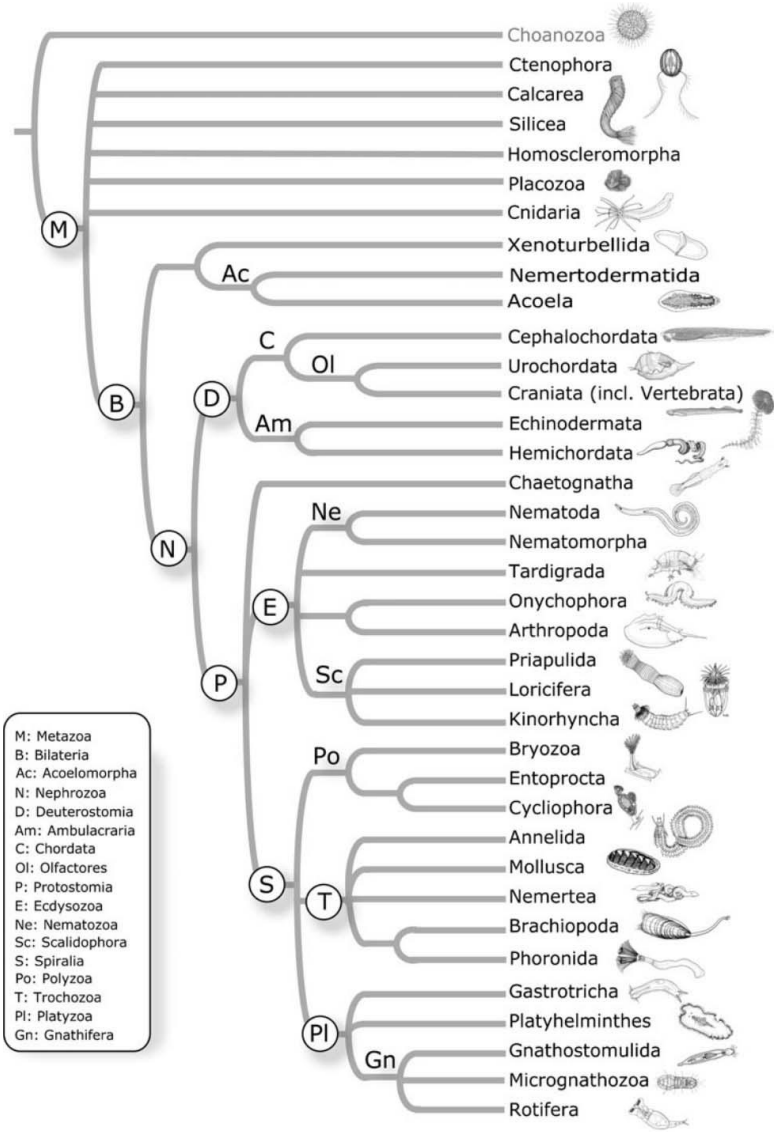

Figura 1. Hipótese filogenética de Metazoa (Edgecombe et al. 2011)