

UM BATCH BÁSICO PARA ANÁLISES FILOGENÉTICAS USANDO O T.N.T. (1.6) E ALGUMAS COMPARAÇÕES COM O P.A.U.P. (4.0)

EDIO-ERNST KISCHLAT¹

¹Divisão de Bacias Sedimentares (DIBASE), Superintendência de Porto Alegre (SUREG-PA), Serviço Geológico do Brasil (SGB/CPRM), Porto Alegre, Rio Grande do Sul, Brasil.

edio.kischlat@sgb.gov.br

Recentemente o presente autor propôs um batch básico para análises filogenéticas utilizando o PAUP 4.0. Este mesmo batch é aqui apresentado utilizando o TNT 1.6. O princípio geral é o mesmo, com armazenamento automático de arquivos de saída comportando todas as Árvores Mais Parcimoniosas (MPTs) encontradas, a Árvore de Consenso Estrito (SCT) e a Árvore de Regra Majoritária (MRT) em arquivos separados para um eventual uso posterior. Além disso é fornecido um arquivo de texto compreendendo o relatório da análise comportando índices de mensuração (CI e RI), e a exibição das SCT e MRT, assim como a lista de apomorfias. Nem sempre os mesmos procedimentos que ambos os programas afirmam fazer são efetivamente os mesmos e a maior diferença se refere às regras de colapsagem. Utilizando uma mesma matriz de dados os resultados mostram que o TNT é mais rápido que o PAUP na busca (por amostragem) da SCT, mas é mais lento na busca de todas as MPTs. O TNT não trabalha com múltiplos grupos-externos e há confusão de conceitos entre ambos ao lidar com valores multitabulados, como incerteza parcial e polimorfismo.