

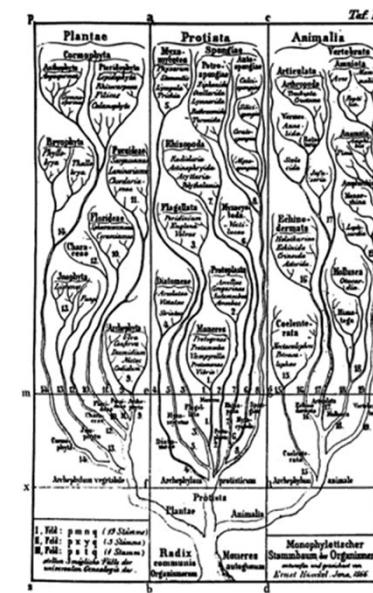
Curso de Evolución 2025

Facultad de Ciencias

Montevideo, Uruguay

<https://eva.fcien.udelar.edu.uy/course/view.php?id=1687>
<https://www.youtube.com/c/CursoEvoluci%C3%B3n>

Tema 2. Las filogenias como contexto de análisis de la evolución. Aplicaciones del análisis filogenético. **Análisis filogenético según el principio de parsimonia.** Métodos basados en distancias y en modelos de evolución molecular. Métodos filogenéticos comparados. Procesos de diversificación.



Algunos puntos de la clase pasada

- filogenias como contexto de análisis, con múltiples aplicaciones
- conceptos sobre homología (de caracteres y de estados)
- las homologías son también afirmaciones filogenéticas

Métodos de inferencia filogenética

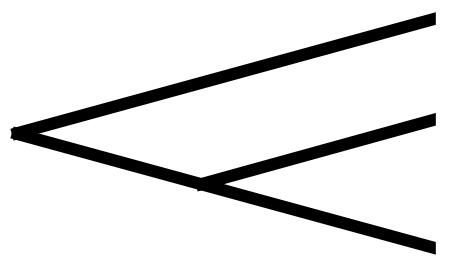
- tema intensamente investigado (y discutido) en la actualidad
- tres clases principales de métodos
 - “parsimonia”
 - distancias + agrupamiento (ej. unión de vecinos)
 - modelos de evolución + criterios estadísticos (ej. máxima verosimilitud, métodos bayesianos)

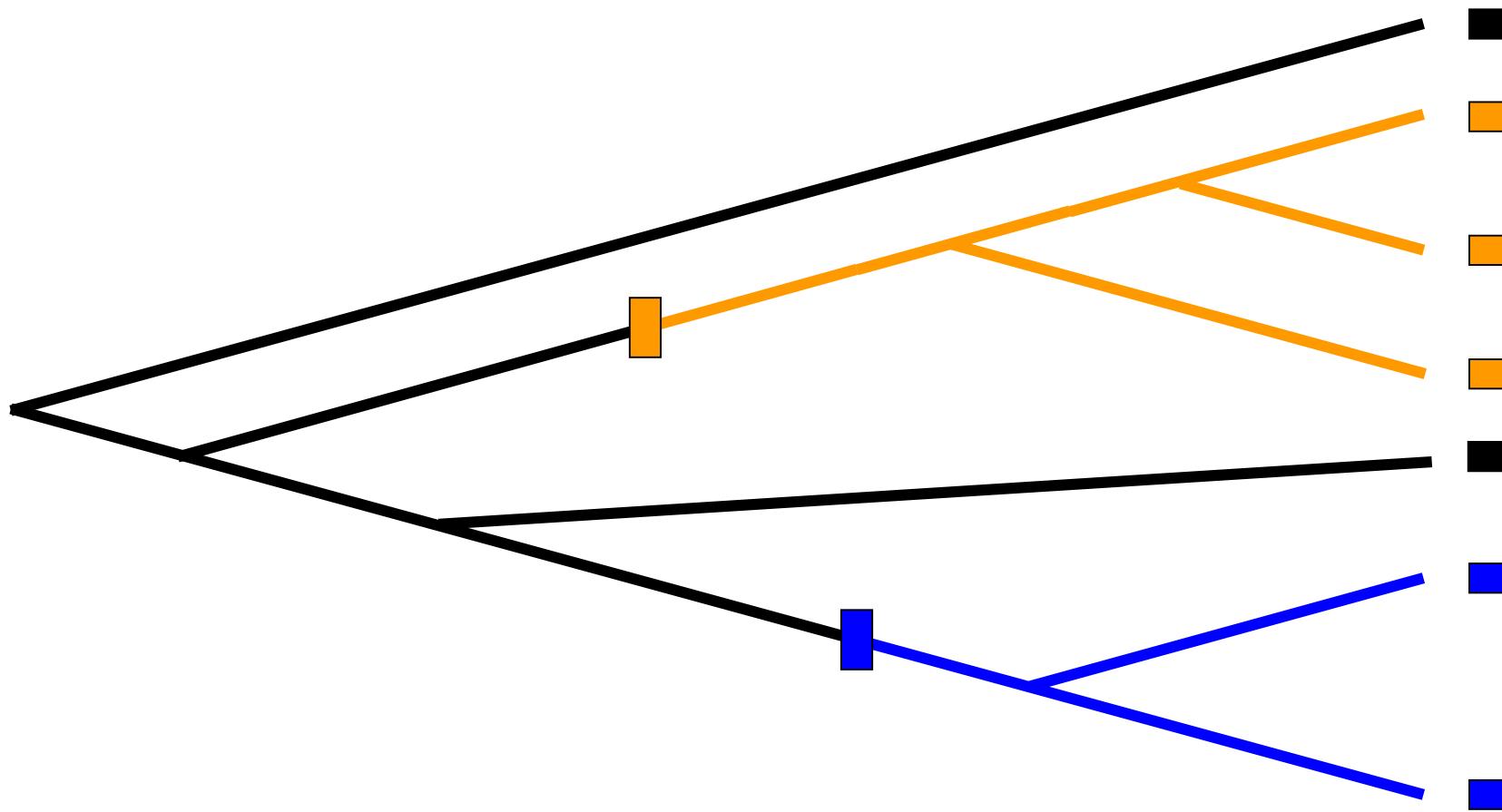
Análisis filogenético por parsimonia

- método cladístico
- base de la sistemática filogenética
- desarrollado inicialmente por Willi Hennig
- será usado en el curso para aprender a trabajar con filogenias

Análisis filogenético por parsimonia: primera parte

1. examinar el problema en un caso (hipotético) conocido
1. extraer reglas para abordar casos no conocidos
1. identificar el principio de parsimonia como rector





Problema

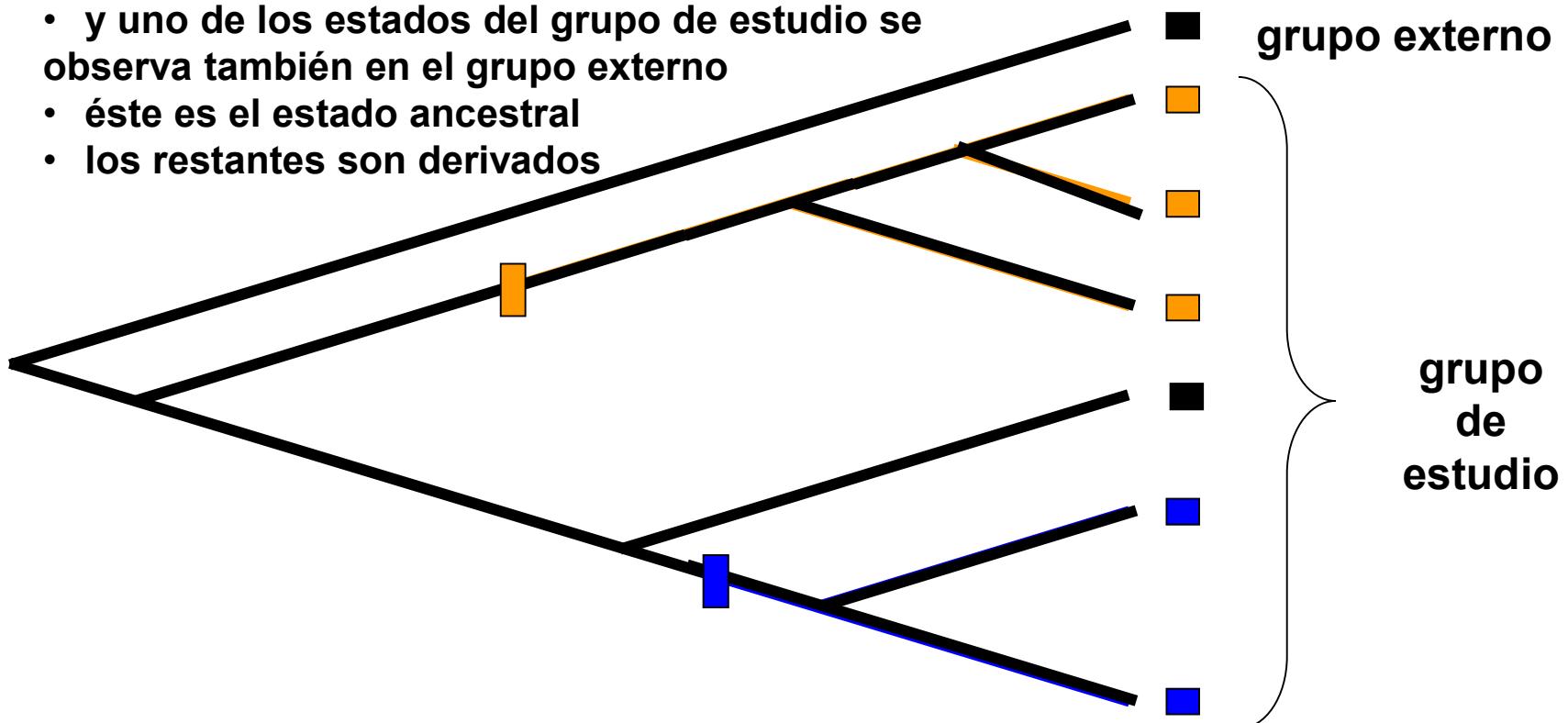
¿Cómo hacemos para distinguir un estado ancestral (plesiomórfico) de uno derivado (apomórfico)?

Hennig:

- criterio del precedente paleontológico
- criterio del precedente ontogenético (embriológico)
- criterio del grupo externo

Criterio del grupo externo

- si un carácter es variable en el grupo interno
- y uno de los estados del grupo de estudio se observa también en el grupo externo
- éste es el estado ancestral
- los restantes son derivados



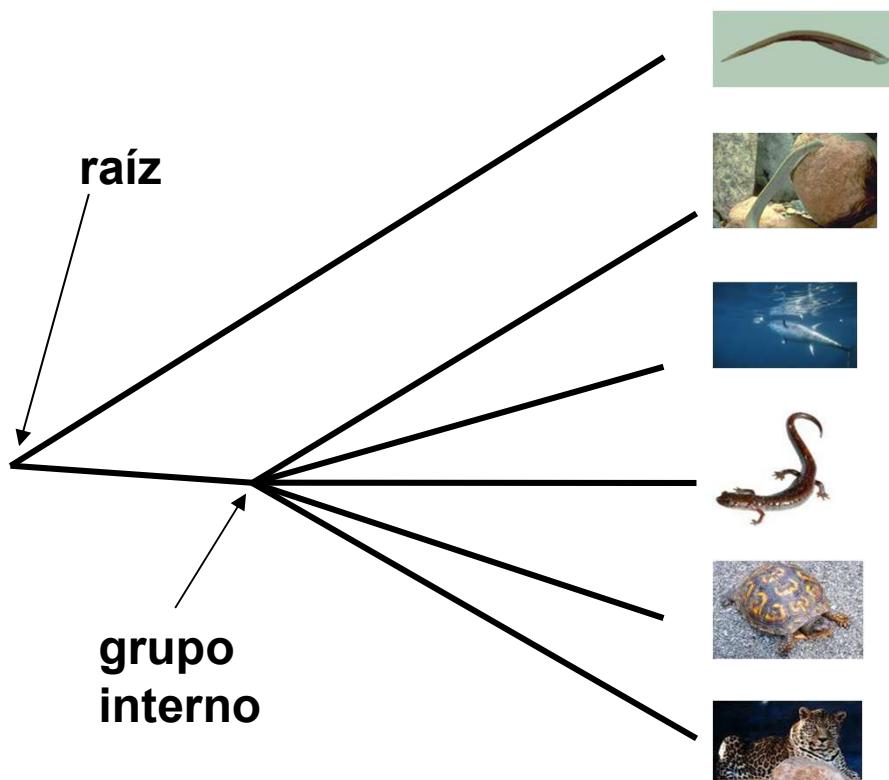
Criterio del grupo externo

- si un carácter es variable en el grupo interno
- y uno de los estados del grupo de estudio se observa también en el grupo externo
- éste es el estado ancestral 
- los restantes son derivados 

		columna vertebral	mandíbula	huevo anmiota
Grupo externo	<i>Amphioxus</i>	no	no	no
Grupo de estudio	lamprea	sí	no	no
	atún	sí	sí	no
	salamandra	sí	sí	no
	tortuga	sí	sí	sí
	leopardo	sí	sí	sí

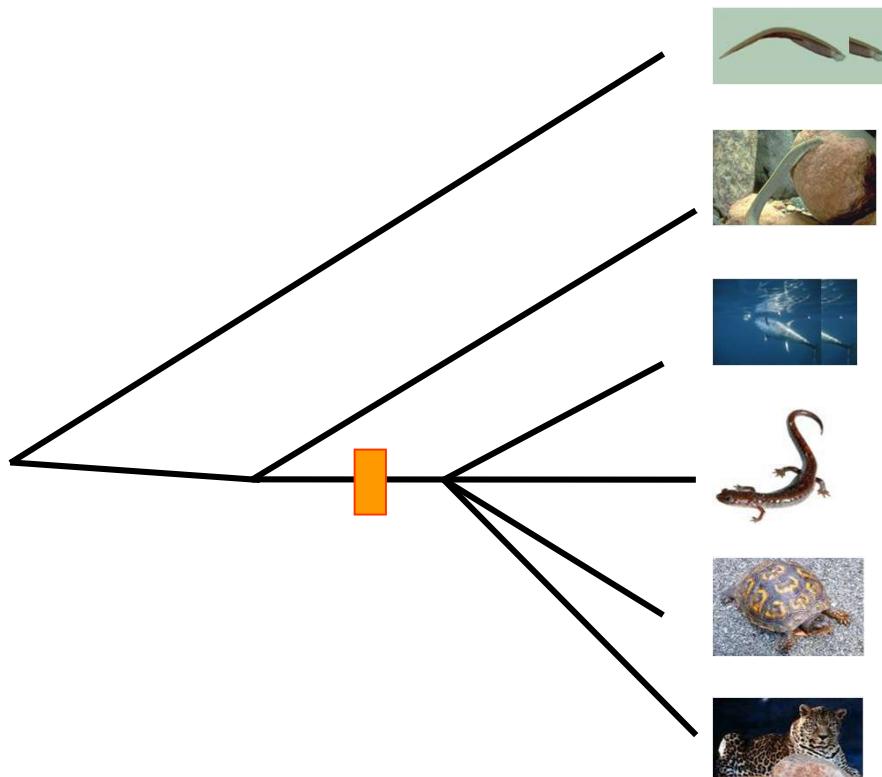
columna vertebral: en base a esta tabla de datos, no podemos deducir la “polaridad”; además, es un carácter “no informativo”

De los datos a la filogenia



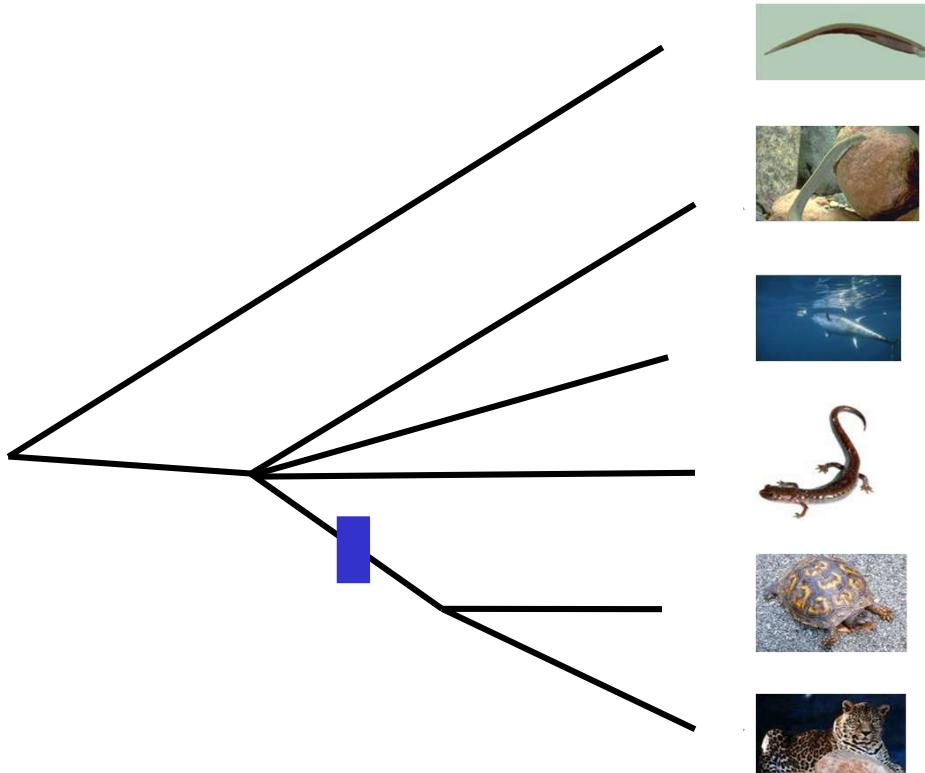
	columna vertebral	mandíbula	huevo anniota
<i>Amphioxus</i>	no	no	no
lamprea	sí	no	no
atún	sí	sí	no
salamandra	sí	sí	no
tortuga	sí	sí	sí
leopardo	sí	sí	sí

De los datos a la filogenia



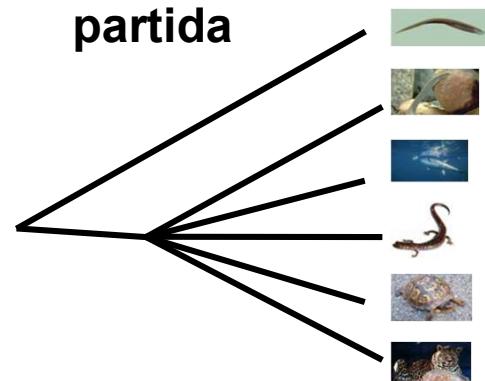
	columna vertebral	mandíbula	huevo anniota
<i>Amphioxus</i>	no	no	no
lamprea	sí	no	no
atún	sí	sí	no
salamandra	sí	sí	no
tortuga	sí	sí	sí
leopardo	sí	sí	sí

De los datos a la filogenia

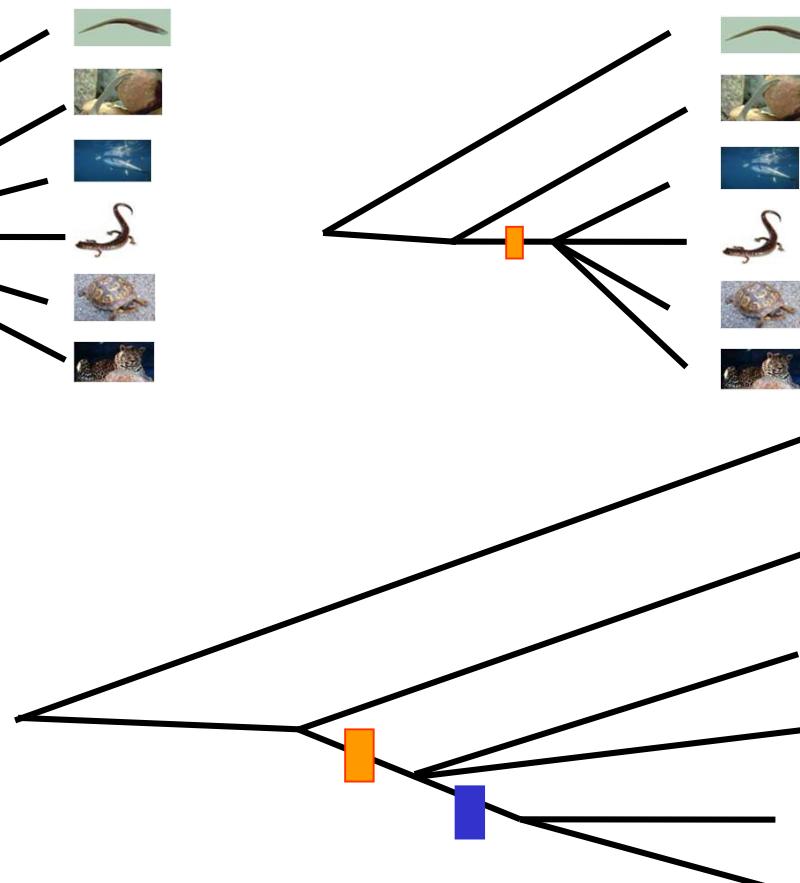


	columna vertebral	mandíbula	huevo anniota
<i>Amphioxus</i>	no	no	no
lamprea	sí	no	no
atún	sí	sí	no
salamandra	sí	sí	no
tortuga	sí	sí	sí
leopardo	sí	sí	sí

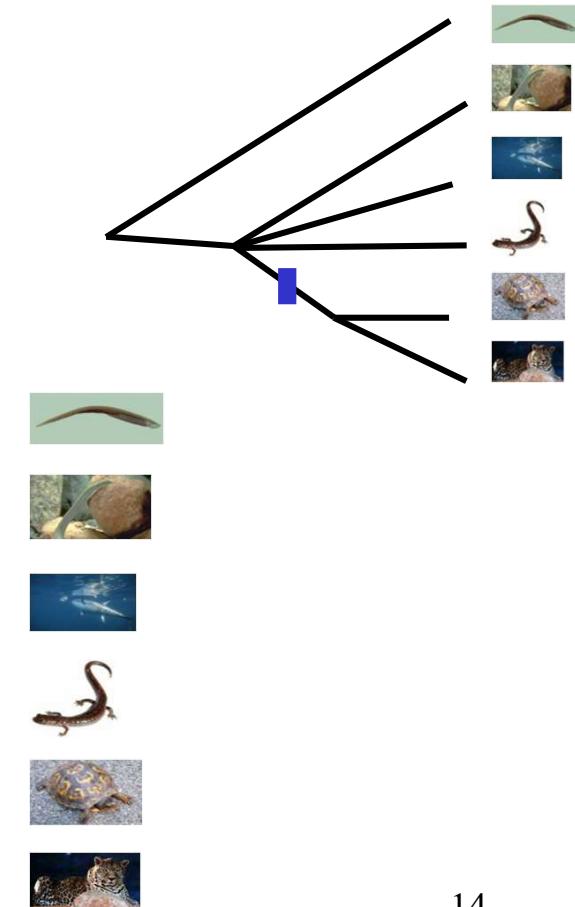
Punto de partida

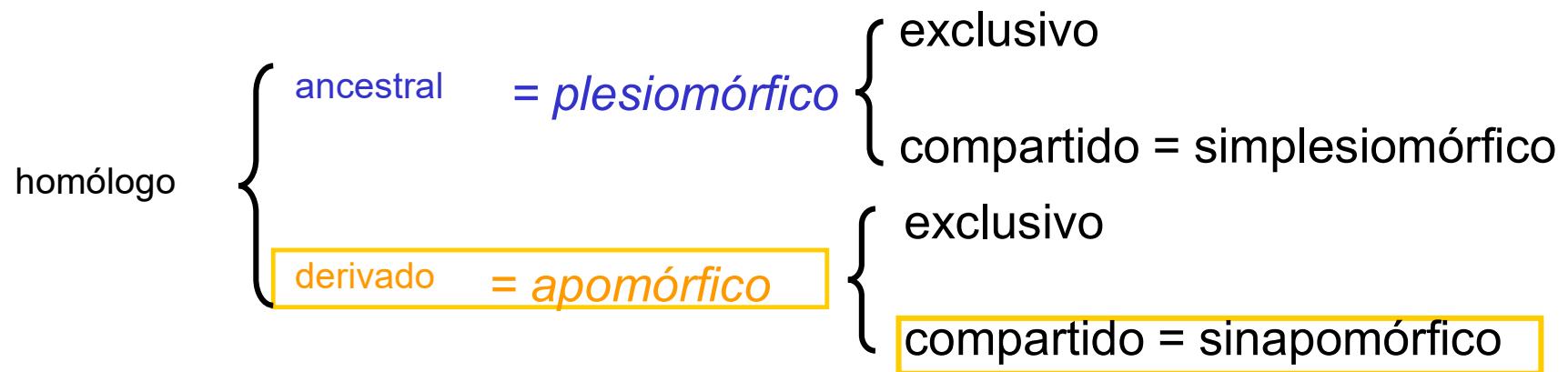


Mandíbula



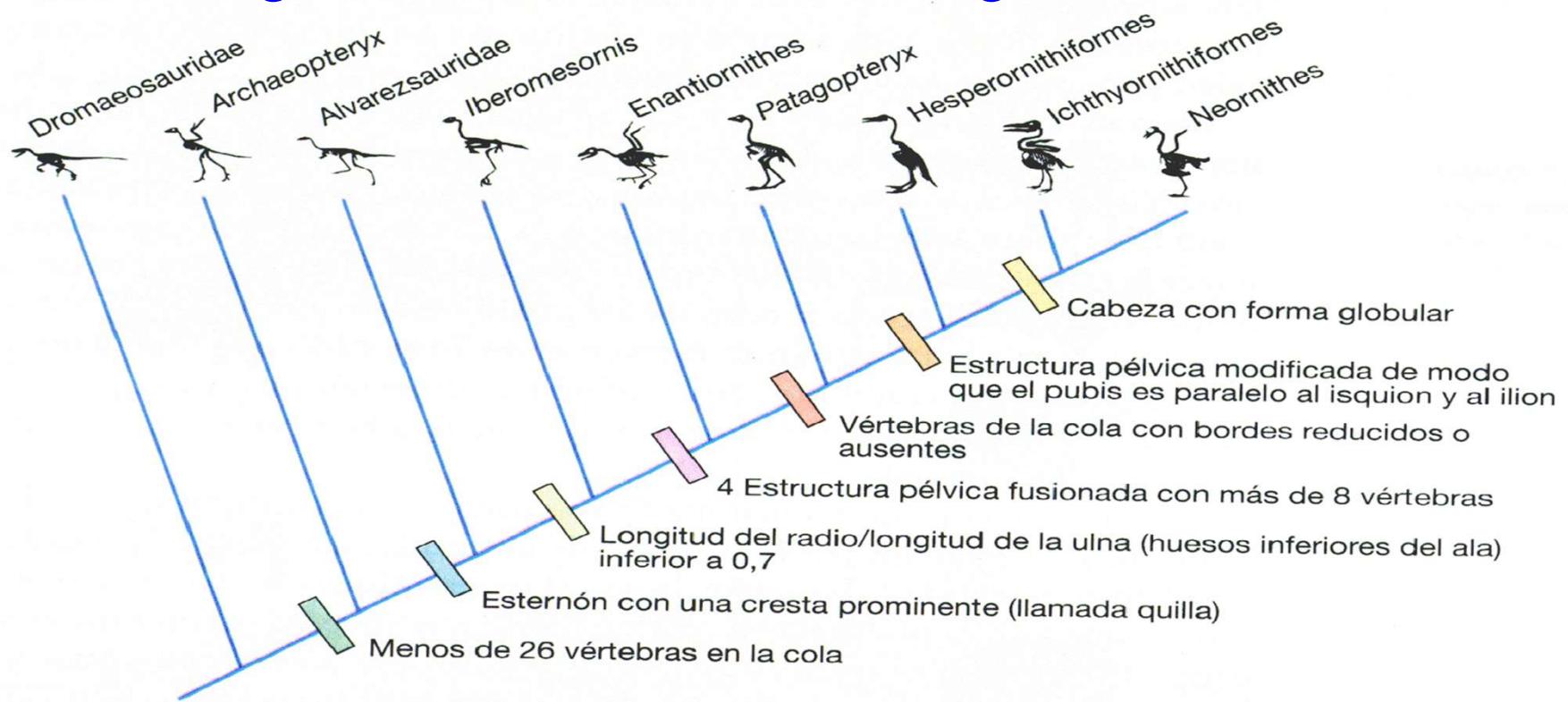
Huevo amniota

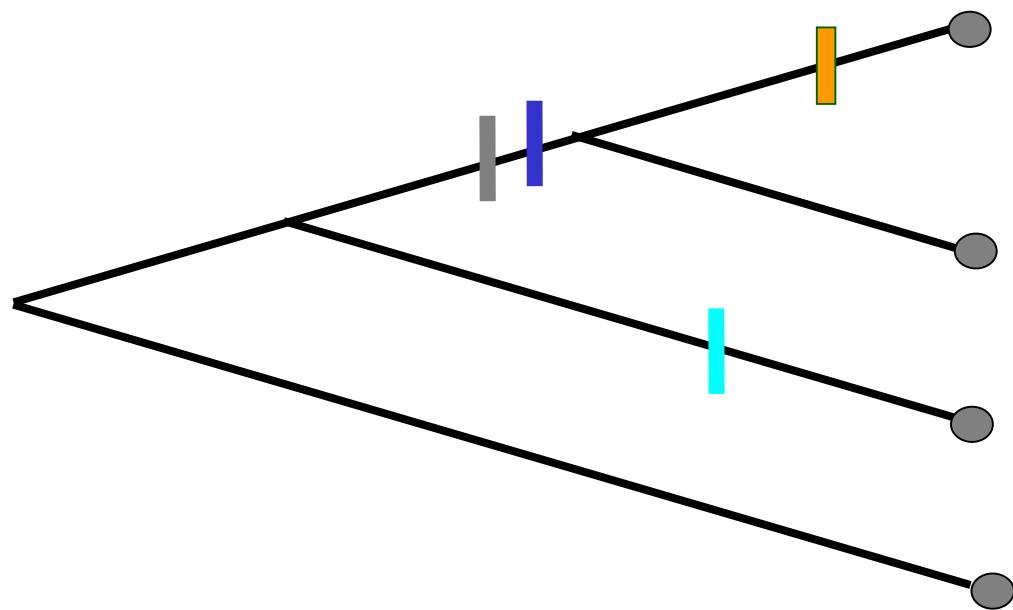




Solamente las **sinapomorfías** (caracteres derivados compartidos) son buenos indicadores de parentesco filogenético cercano.

Filogenia de las aves: cladograma





1: cGt gTc G
 2: cGt gTc c
 3: cat gaA c
 4: tat gac c
 (grupo externo)

Ejercicio: usar esta tabla de datos para reconstruir la filogenia de los grupos implicados mediante el método cladístico

CARACTERES	amnion	fenestras temporales	hemipenes	fenestra anteorbital
ESPECIES				
teleósteo (grupo externo)	no	0	no	no
rana	no	0	no	no
tortuga	sí	0	no	no
lagartija	sí	2	sí	no
culebra	sí	2	sí	no
ave	sí	2	no	sí
cocodrilo	sí	2	no	sí