

Caracteres informativos:

Concepto:

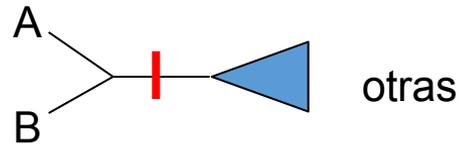
Un carácter informativo es aquel para el cual hay al menos dos conjuntos de árboles que implican distinto número de pasos (en términos de parsimonia).

Criterio operativo:

Un carácter es informativo cuando presenta al menos dos estados para los que se cumple que cada uno es compartido por al menos dos de los taxa en estudio.

Ejercicio: identificar caracteres informativos, e ilustrar cómo existen árboles que implican distinto número de pasos para dichos caracteres.

Especie A	0	0	0	0	0
Especie B	0	0	1	0	0
Especie C	1	0	1	0	1
Especie D	1	0	1	1	1
Especie E	1	0	1	2	2
Especie F	1	1	2	3	2



Índice de consistencia:

- número mínimo de cambios dividido por el número requerido en el árbol.
- IC (o CI)=1 si no hay homoplasia
- correlacionado negativamente con el número de especies muestreadas

CASO**A**

<u>Taxón</u>	<u>A</u>	<u>B</u>	<u>C</u>	<u>D</u>	<u>E</u>	<u>F</u>	<u>G</u>
o	3	1	1	0	0	0	1
w	3	0	1	0	0	0	1
x	0	0	1	1	0	2	1
y	0	0	1	1	0	2	1
z	3	1	1	0	0	0	1
G.E.*	0	0	2	0	2	2	0

CASO**B**

<u>Taxón</u>	<u>A</u>	<u>B</u>	<u>C</u>	<u>D</u>	<u>E</u>	<u>F</u>	<u>G</u>
γ	1	0	0	1	0	2	1
β	1	0	3	0	1	0	1
ε	1	0	3	0	1	0	1
q	1	2	0	1	0	2	1
p	1	1	3	0	0	0	1
G.E.*	2	0	0	0	0	2	0

CASO

A

<u>Taxón</u>	<u>A</u>	<u>B</u>	<u>C</u>	<u>D</u>	<u>E</u>	<u>F</u>	<u>G</u>
o	3	1	1	0	0	0	1
w	3	0	1	0	0	0	1
x	0	0	1	1	0	2	1
y	0	0	1	1	0	2	1
z	3	1	1	0	0	0	1
G.E.*	0	0	2	0	2	2	0

P.I.:

A-B-D-F

CASO

B

<u>Taxón</u>	<u>A</u>	<u>B</u>	<u>C</u>	<u>D</u>	<u>E</u>	<u>F</u>	<u>G</u>
γ	1	0	0	1	0	2	1
β	1	0	3	0	1	0	1
ε	1	0	3	0	1	0	1
q	1	2	0	1	0	2	1
p	1	1	3	0	0	0	1
G.E.*	2	0	0	0	0	2	0

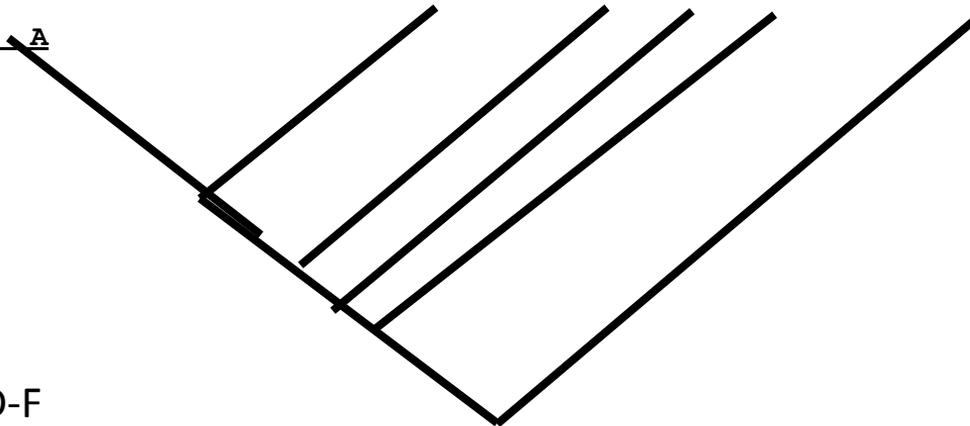
P.I.: C-D-E-F

CASO

Taxón	<u>A</u>	<u>B</u>	<u>C</u>	<u>D</u>	<u>E</u>	<u>F</u>	<u>G</u>
o	3	1	1	0	0	0	1
w	3	0	1	0	0	0	1
x	0	0	1	1	0	2	1
y	0	0	1	1	0	2	1
z	3	1	1	0	0	0	1
G.E.*	0	0	2	0	2	2	0

P.I.:

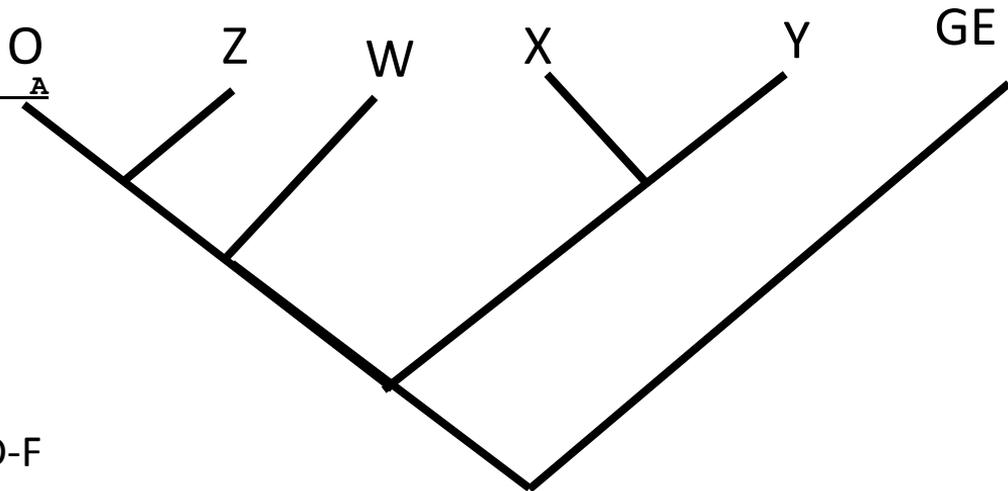
A-B-D-F



reconstrucción

CASO

Taxón	A	B	C	D	E	F	G
o	3	1	1	0	0	0	1
w	3	0	1	0	0	0	1
x	0	0	1	1	0	2	1
y	0	0	1	1	2	2	1
z	3	1	1	0	0	0	1
G.E.*	0	0	2	0	2	2	0



P.I.:

A-B-D-F

homoplasia

reconstrucción

BOOTSTRAP

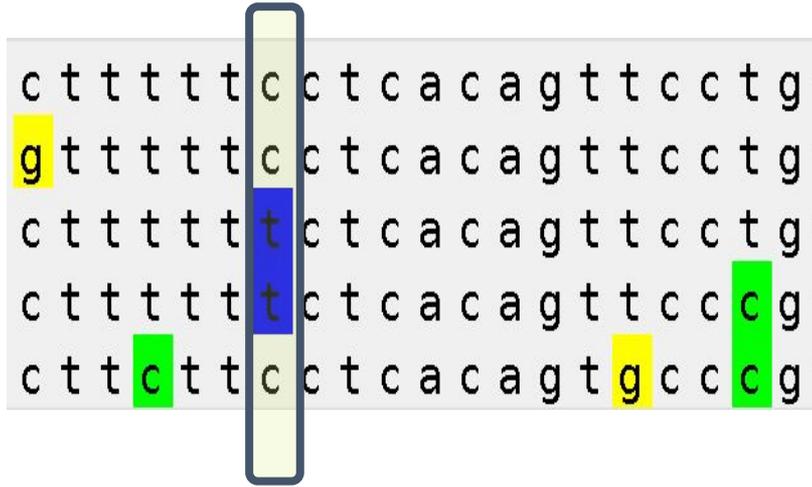


Diagram illustrating a DNA sequence with a vertical bar highlighting a region. The sequence is:

```
c t t t t t c t c a c a g t t c c t g  
g t t t t t c t c a c a g t t c c t g  
c t t t t t t c t c a c a g t t c c t g  
c t t t t t t c t c a c a g t t c c c g  
c t t c t t c t c a c a g t g c c c g
```

The vertical bar highlights the region from the 6th to the 10th column. The bar is yellow at the top, blue in the middle, and yellow at the bottom.

1 pseudorréplica

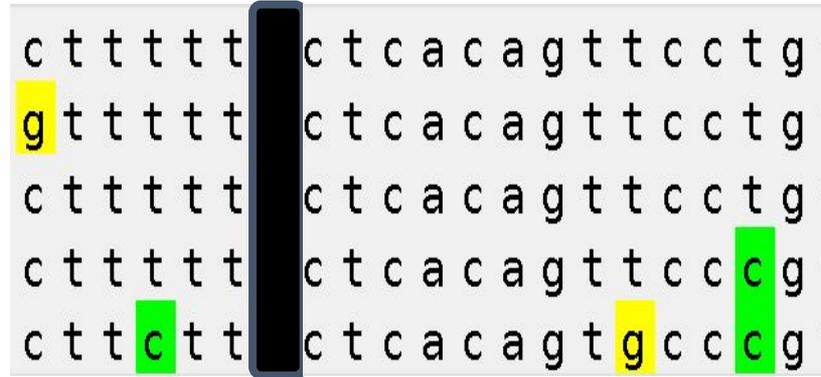


Diagram illustrating a DNA sequence with a black vertical bar highlighting a region. The sequence is:

```
c t t t t t c t c a c a g t t c c t g  
g t t t t t c t c a c a g t t c c t g  
c t t t t t c t c a c a g t t c c t g  
c t t t t t c t c a c a g t t c c c g  
c t t c t t c t c a c a g t g c c c g
```

The black vertical bar highlights the region from the 6th to the 10th column.

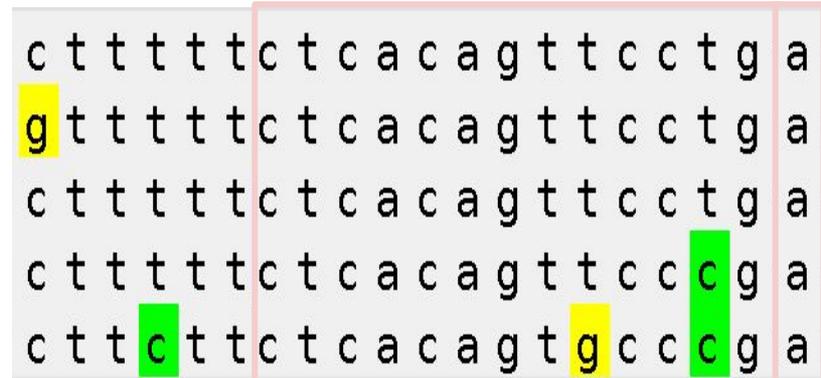
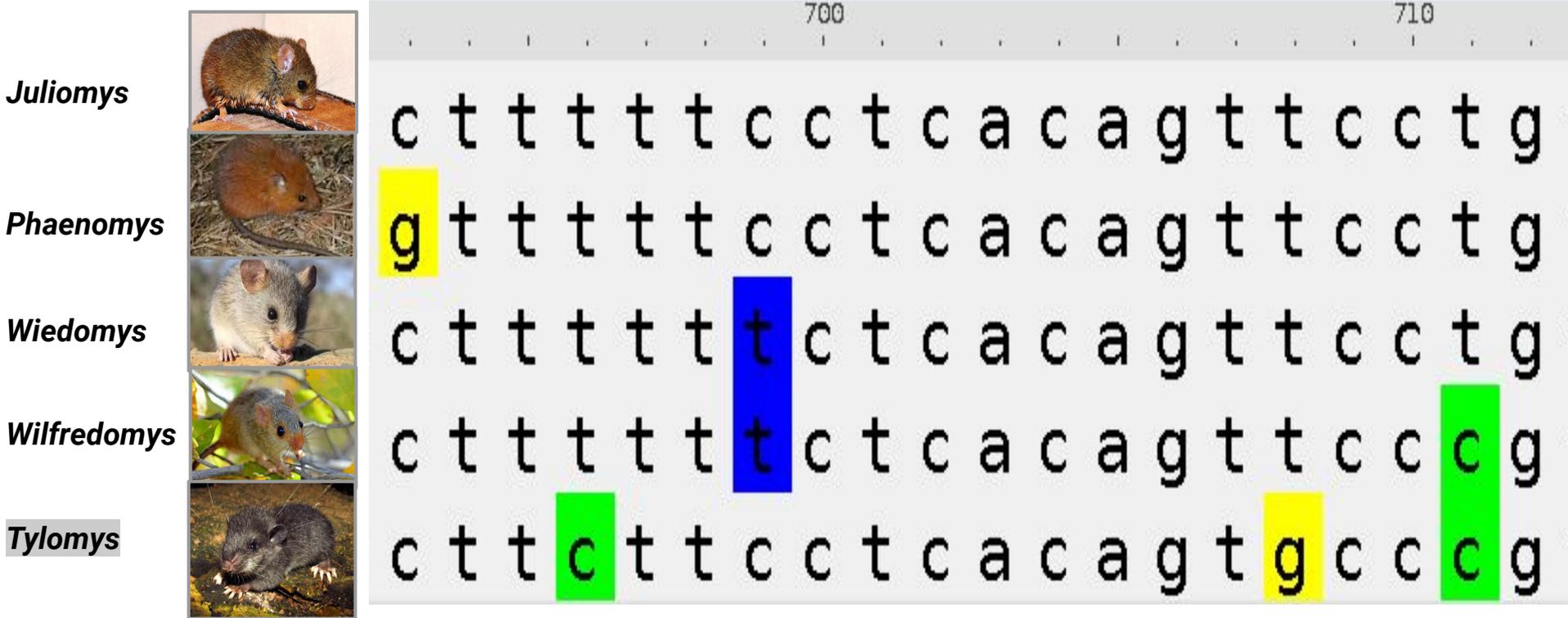


Diagram illustrating a DNA sequence with a pink box highlighting a region. The sequence is:

```
c t t t t t c t c a c a g t t c c t g a  
g t t t t t c t c a c a g t t c c t g a  
c t t t t t c t c a c a g t t c c t g a  
c t t t t t c t c a c a g t t c c c g a  
c t t c t t c t c a c a g t g c c c g a
```

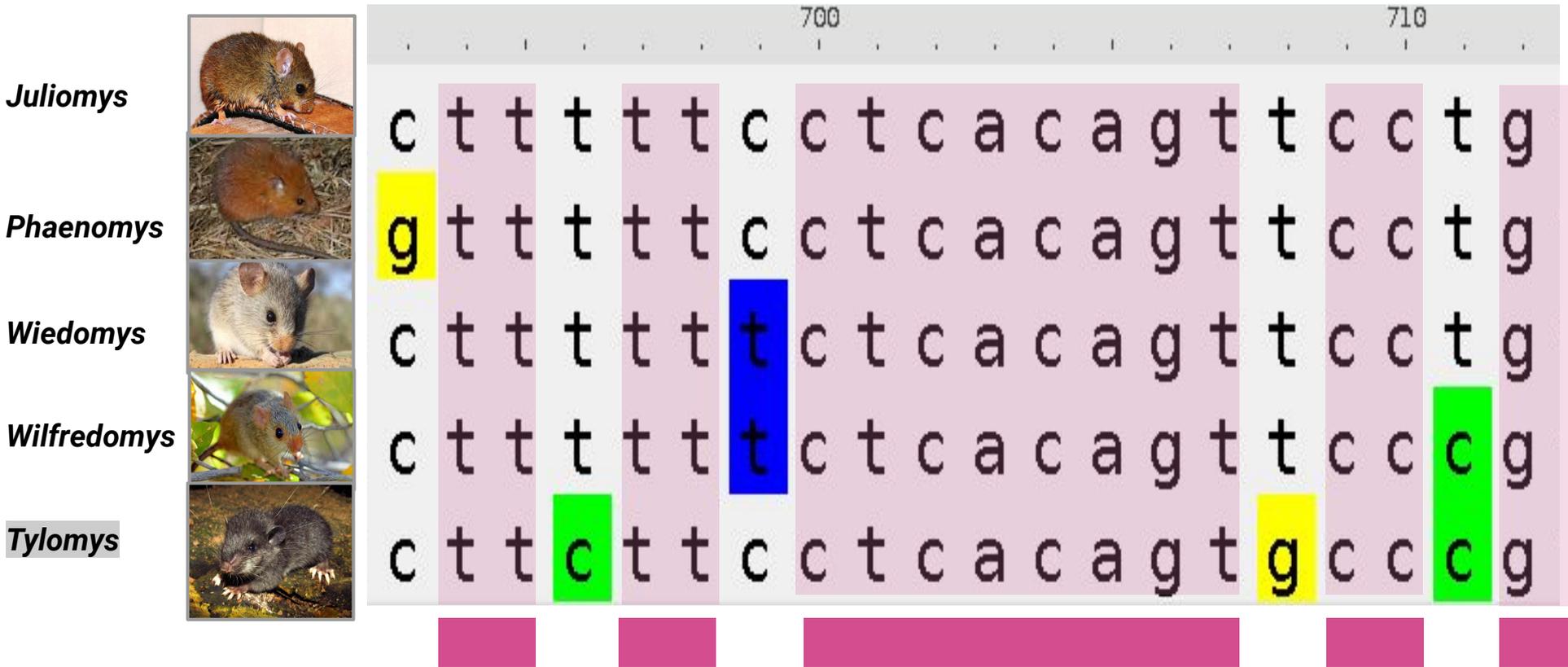
The pink box highlights the region from the 6th to the 10th column.

interphotoreceptor retinoid binding protein (IRBP) gene



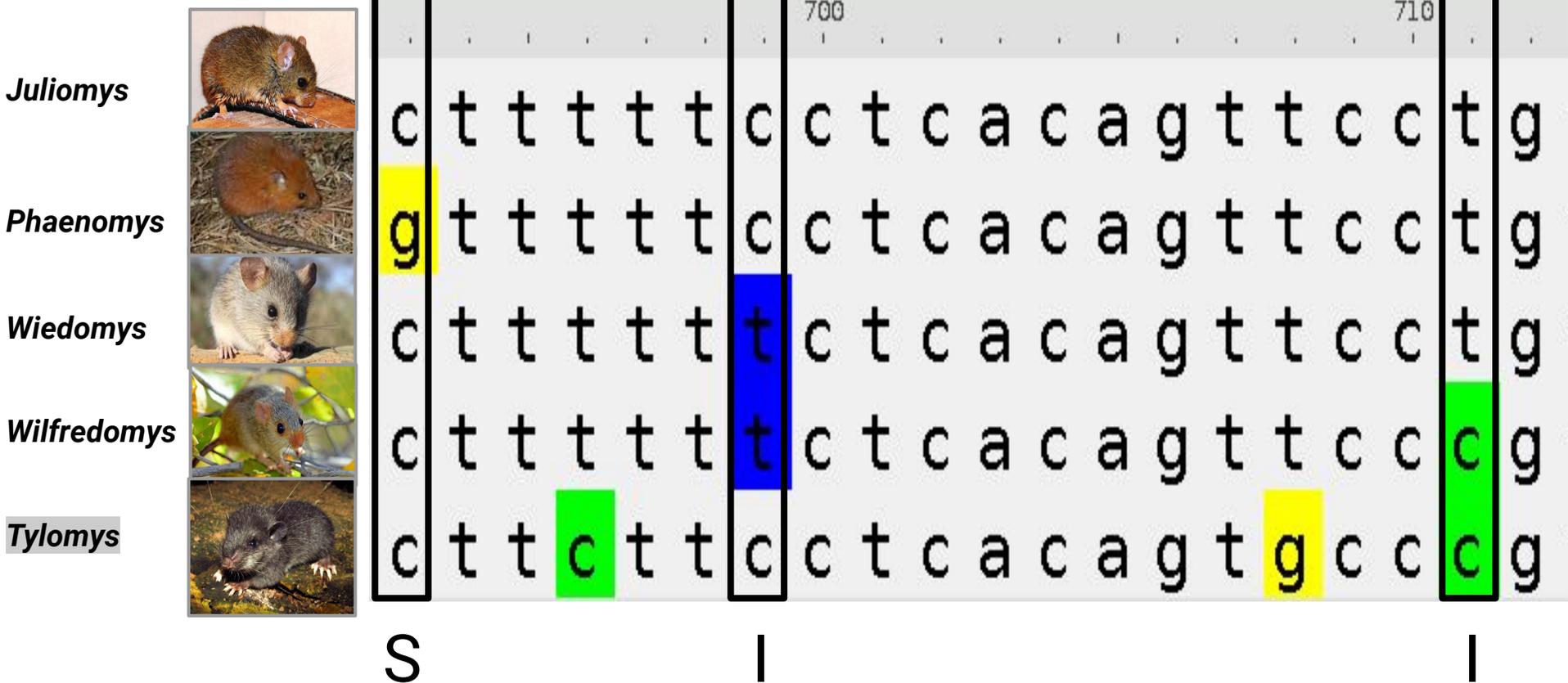
matriz, (a) caracteres ('rasgo' que tiene el organismo) columnas
 (b) taxones son las filas. Estado de carácter ~ variabilidad dentro del rasgo.

interphotoreceptor retinoid binding protein (IRBP) gene



Sitios conservados, invariables

interphotoreceptor retinoid binding protein (IRBP) gene



interphotoreceptor retinoid binding protein (IRBP) gene

Juliomys



Phaenomys



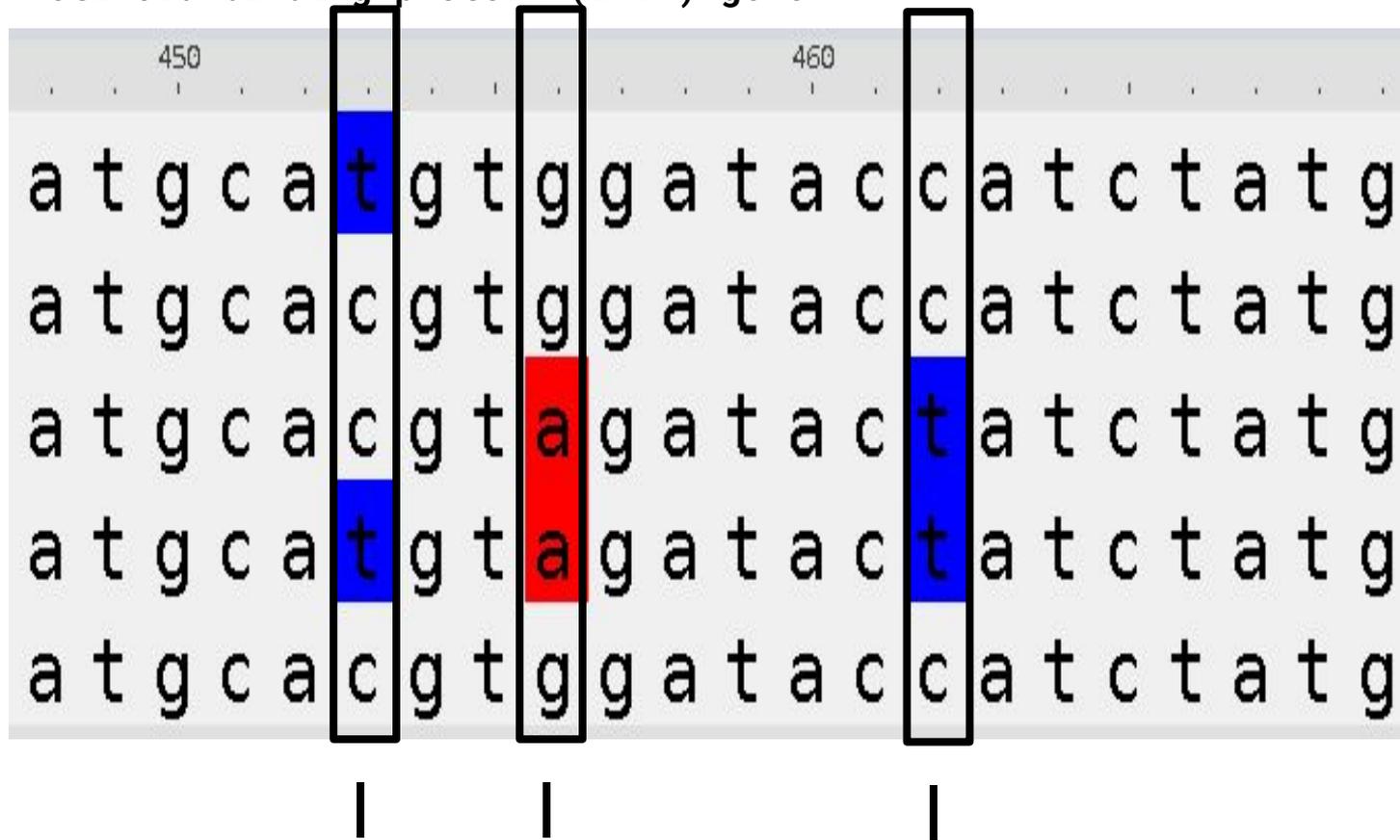
Wiedomys



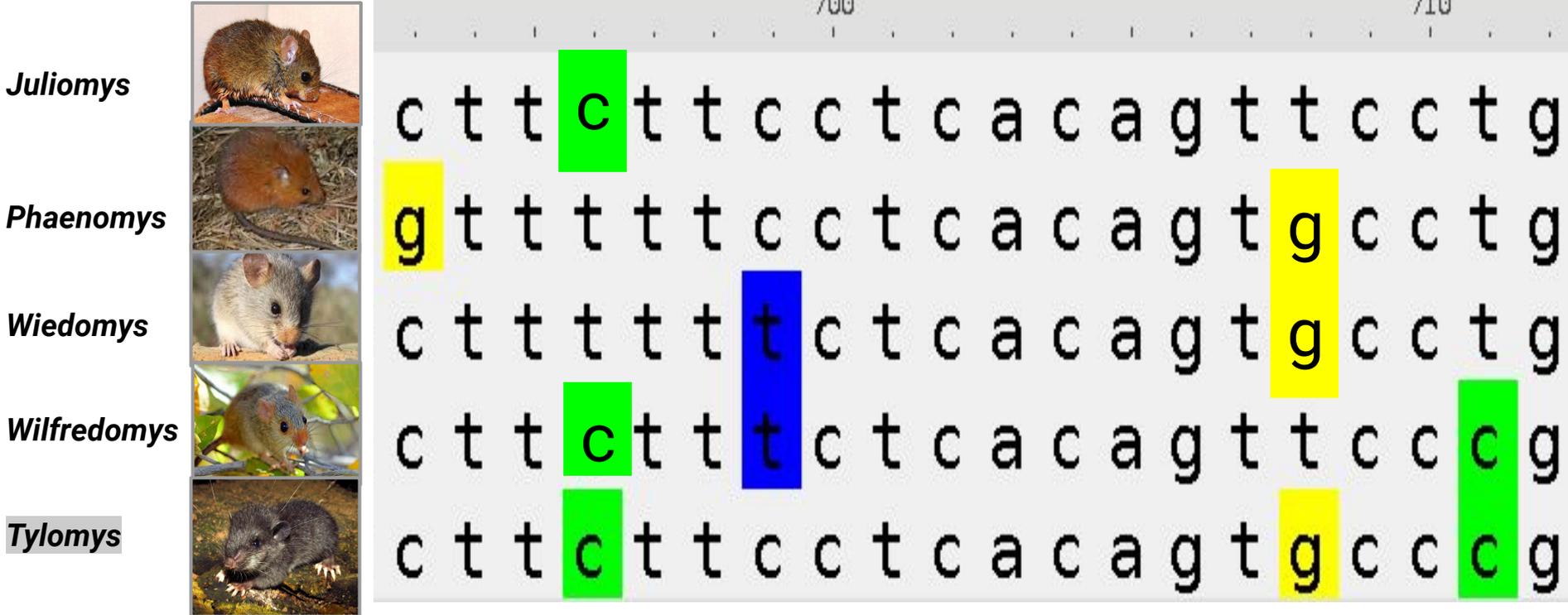
Wilfredomys



Tylomys



interphotoreceptor retinoid binding protein (IRBP) gene



possible **HOMOPLASIA**

¿Cómo se distingue ancestral de derivado?

