

Práctico 3

Laboratorio de Evolución

2025

Procesos de diversificación

Darwin fue pionero en describir el proceso radiación adaptativa cuando, contemplando la variedad de pinzones que ahora llevan su nombre, comentó: *“Al ver esta diversidad de estructura en un grupo pequeño e íntimamente relacionado grupo de aves, uno realmente podría imaginar que partiendo desde una escasez original de aves en este archipiélago, una especie ha sido tomada y modificada en diferentes fines”* (Darwin, 1845). Desde la época de Darwin, los naturalistas y biólogos evolutivos han estado fascinados por la extraordinaria diversidad de ecología, morfología, comportamiento y riqueza de especies de algunos clados, pero hace unas décadas resurgió el interés por las radiación adaptativas.

La explosión de las filogenias moleculares en las últimas tres décadas (!) han contado las historias detrás de la diversificación de innumerables clados y ha proporcionado la materia prima para un renacimiento de los estudios de radiación adaptativa (1). Las filogenias moleculares han ofrecido descubrimientos sorprendentes sobre la historia y la magnitud de muchas radiaciones adaptativas, como las vándidas de Madagascar (Vangidae), los córvidos de Australia (Corvidae), los cíclidos del lago Victoria (Cichlidae), las lobelias de Hawaii (Lobelioideae) etc. En cada uno de estos casos, se pensaba que la gran diversidad ecológica y morfológica de un grupo era el resultado de eventos de colonización independientes y que teníamos múltiples linajes ancestrales adaptados de manera diferente. Nuevas filogenias moleculares revelaron que la gran diversidad en estos grupos es el resultado de la evolución *in situ* (en el mismo lugar), como una radiación adaptativa.

Con filogenias calibradas en el tiempo, uno puede plantearse si la ocurrencia de radiación está correlacionada con eventos históricos (por ejemplo, extinciones masivas o cambios en el clima) o si el ritmo de diversificación disminuye con el tiempo, como a menudo se espera de una radiación adaptativa.

Con el estadístico gamma, calculado a partir de la topología (y cada bifurcación, nodo o evento de especiación) podemos describir patrones macroevolutivos como

una primera aproximación a ver las grandes tendencias dentro de un grupo taxonómico. Primero, se puede poner a prueba la hipótesis de evolución bajo una tasa de diversificación constante. Se detectan así cambios en la tasa de diversificación a lo largo del tiempo: si γ es negativo ~ ha habido una desaceleración en la tasa de diversificación a lo largo del tiempo y si γ es positivo ~ esto sugiere que ha habido una aceleración en la tasa de diversificación a lo largo del tiempo.

Actividad Práctica

Objetivos

- (i) ver un ejemplo de estrategias o métodos que se pueden aplicar luego de obtener un árbol.
- (ii) ver cómo emplear estadísticos simples teniendo en cuenta solo la topología y largo de rama de los árboles.
- (iii) más en general, discutir cómo la ecología o factores históricos pueden afectar el éxito o historia evolutiva de un grupo.

Paso 1

Ir a esta página <https://birdsoftheworld.org/bow/species>

user: fringill4, password: evolucion

Cada subgrupo elegirá **una** familia de aves y trataremos de ver los patrones de especiación dentro de cada linaje.

¿Conoce algún grupo "especioso" o que acumuló un gran número de especies?

¿Conoce algún grupo con una aparición rápida de especies?

Para ver distintos "patrones" entre linajes ¿por qué es importante comparar grupos o linajes equivalentes?

Paso 2

Ver esta otra fuente adicional de datos de Aves (la usaremos luego)

<https://www.worldbirdnames.org/new/classification/family-index-2/>

¿Qué datos podríamos extraer de aquí?

Ver tabla Excel online o Google spreadsheet con las familias disponibles acá

<https://tinyurl.com/3jvx6afa>

Teniendo en cuenta los datos de este sitio: <https://birdsoftheworld.org>:

- Anotar la distribución geográfica de la familia elegida.
- Anotar el número de especies y géneros.

Paso 3 en R

Cargar el árbol de la familia elegida.

Hacer plot de los linajes a través del tiempo (ltt)

Anotar estadístico gamma y su *p-valor* asociado.

Simular 20 LTTs (para árboles de tamaño similar) y hacer plot del ltt 'real' junto a los 20 simulados.

Ahora para la familia que eligieron:

Anotar el estimado de gamma.

Anotar el tiempo de origen de cada Familia.

Ajustar la tasa de especiación y extinción para este árbol. ¿Qué modelo es favorecido *bd* o *yule* (puro nacimiento)? Anotar "*b*" (especiación) y "*d*" (extinción).

Paso 4 ...seguimos en R

Ahora nos adentramos en una familia en concreto...

Cargar el árbol de `"Trochilidae.tree"`

Cargar los datos de la distribución `"South.tsv"`






Ver ambos datos, árbol & datos.

¿Teníamos datos de distribución faltantes? ¿Cómo recuperamos esa data?

¿Cómo puede influir la región geográfica en la especiación?

¿Cómo puede influir el tipo de hábitat en la especiación?

Primero, hacemos la reconstrucción del área geográfica.

-  Cono Sur
-  MesoAm
-  NAm
-  Norte y MesoAm
-  SAm

MA ~ America Central (tierra firme)	
MA, SA ("cono Sur") ~ CS	
NA ~ Norte America incluye islas Caribe	
NA, MA ~ Norte	
SA ~ SAmérica	

¿Cómo se codificó el estado de carácter "geografía" en estos datos?

Ahora, viendo el plot de LTT podemos contestar lo siguiente,

¿Cuál es la región que acumula más linajes a través del tiempo? Entonces, ¿influyó la región en la diversificación de los picaflores?

¿Qué otros datos "**geográficos**" o de la distribución de estas especies podemos considerar para examinar los patrones macroevolutivos en estas aves? ¿Qué otros **rasgos** de estas especies podemos considerar para examinar los patrones macroevolutivos en estas aves? Veamos por ejemplo los datos de una especie dentro de este grupo <https://www.iucnredlist.org/species/22687097/166914847>

Citas

1. Losos, Jonathan B., and D. Luke Mahler. "Adaptive radiation: the interaction of ecological opportunity, adaptation, and speciation." *Evolution since Darwin: the first 150* (2010): 381-420.
2. Harmon, Luke J., James A. Schulte, Allan Larson, and Jonathan B. Losos. "Tempo and mode of evolutionary radiation in iguanian lizards." *Science* 301, no. 5635 (2003): 961-964.
3. Jetz, Walter, Gavin H. Thomas, Jeffrey B. Joy, Klaas Hartmann, and Arne O. Mooers. "The global diversity of birds in space and time." *Nature* 491, no. 7424 (2012): 444-448.
4. McGuire, Jimmy A., Christopher C. Witt, J. V. Remsen, Ammon Corl, Daniel L. Rabosky, Douglas L. Altshuler, and Robert Dudley. "Molecular phylogenetics and the diversification of hummingbirds." *Current Biology* 24, no. 8 (2014): 910-916.