

Práctico 8

Patrones de evolución molecular

El objetivo de este práctico consiste en, a partir del análisis del patrón de sustituciones nucleotídicas de una secuencia codificante en un grupo taxonómico particular, visualizar patrones generales de evolución molecular. En este contexto, discutiremos la validez y el alcance de la idea de “reloj molecular”, identificando factores que pueden producir desviaciones aparentes del mismo.

Datos a utilizar en esta actividad práctica

El archivo Primates_datos.meg contiene los 1000 primeros sitios del gen del citocromo b del ADN mitocondrial de las 13 especies de primates comprendidas en este estudio (Tabla I).

Tabla I. Clasificación taxonómica de los primates analizados en este práctico.

Suborden	Familia	Género	Nombre común	Distribución
Strepsirrhini	Lemuridae	<i>Lemur</i> <i>Microcebus</i>	Lemur	Madagascar
Platyrrhini	Cebidae	<i>Cebus</i> <i>Saimiri</i>	Mono capuchino Mono ardilla	Neotrópico
Catarrhini	Cercopithecidae	<i>Papio</i> <i>Macaca</i>	Babuino Macaco	África
	Hylobatidae	<i>Hylobates</i>	Gibón	Asia, Indonesia
	Hominidae	<i>Pongo</i> <i>Gorilla</i> <i>Pan</i> <i>Homo</i>	Orangután Gorila Chimpancé Humano	Borneo África África Cosmopolita

Datos paleontológicos sugieren los siguientes tiempos de divergencia¹ entre algunos de esos linajes, desde su ancestro en común, expresados en millones de años (Ma) hacia atrás desde el presente:

~ 58 Ma. Lemúridos vs. los restantes primates.

~ 40 Ma. Platyrrinos vs. Catarrinos.

~ 15 Ma. Orangután vs restantes homínidos.

~ 6 Ma. Gorila vs. Chimpancés y Humanos.

¹ En la discusión sobre el reloj molecular y temas relacionados se habla de “divergencia” para referirse al cambio total que ha ocurrido en la evolución de dos especies desde su ancestro común. Este cambio se cuenta, por tanto, a lo largo de dos líneas evolutivas; bajo la hipótesis del reloj molecular la “tasa de divergencia” de un gen o región cualquiera es el doble que la “tasa de evolución”.

Actividades

(1) Usando el programa Mega X

Una vez abierta la base de datos “primates_datos.meg” en el programa, realizar las siguientes actividades.

- ¿Por qué será útil indicarle al programa el carácter codificante de la secuencia; y que corresponde a ADN mitocondrial de mamíferos?
- ¿Las secuencias aminoacídicas son más o menos informativas que las secuencias nucleotídicas?
- Obtener una filogenia usando el criterio de Máxima Parsimonia (utilizando las opciones que vienen por defecto). Definir como grupo externo a Lemuridae, reportar el índice de consistencia (i/summary/CI). ¿Qué información aporta este índice acerca de la filogenia?
- Representar el árbol anterior como filograma (View/Topology only) ya por defecto aparece un cladograma. Reportar si existen diferencias entre grupos en la tasa de evolución y reflexionar las posibles causas que pueden producirlas.
- Obtener una tabla de distancias absolutas pareadas. Escoger en el menú la opción Distances/Compute Pairwise y elegir la opción Model/Method/No. of Differences.

Visualizar las otras opciones.

- Observar la copia de la matriz obtenida anteriormente que se encuentra a continuación. Luego: a) ¿A qué comparación corresponden las distancias resaltadas en gris? b) en la matriz reconocer los recuadros para las 3 comparaciones restantes con que se cuenta con información paleontológica.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1 <i>Lemur_catta</i>	-											
2 <i>Microcebus_griseorufus</i>	170	-										
3 <i>Cebus_albifrons</i>	245	265	-									
4 <i>Saimiri_sciureus</i>	265	267	192	-								
5 <i>Macaca_mulatta</i>	263	281	255	272	-							
6 <i>Papio_hamadryas</i>	262	278	266	260	135	-						
7 <i>Hylobates_agilis</i>	254	263	249	246	203	209	-					
8 <i>Hylobates_lar</i>	251	262	258	243	206	215	55	-				
9 <i>Pongo_pygmaeus</i>	238	276	248	255	198	207	184	181	-			
10 <i>Gorilla_gorilla</i>	239	262	245	240	190	208	163	172	146	-		
11 <i>Homo_sapiens</i>	241	270	253	253	199	213	164	170	147	127	-	
12 <i>Pan_paniscus</i>	248	275	224	243	188	197	159	170	142	117	112	-
13 <i>Pan_troglodytes</i>	239	276	225	236	189	201	164	166	142	120	115	50

(2) Usando las planillas de datos proporcionadas

- Abrir el archivo “distancias primates”. Encontrarás el número de diferencias discriminadas entre las posiciones del codón, así como entre transiciones y transversiones, obtenidas de la forma anterior. Estas distancias pareadas se han

graficado para cada uno de los tiempos de divergencia. Observe los rangos de valores para cada una de estas medias, ¿observa alguna tendencia a medida que las comparaciones entre linajes son más distantes en el tiempo?

- Para el caso de la cantidad de cambios según las posiciones del codón, ¿qué gráfico esperarías obtener según el reloj molecular? ¿Se ajustan en apariencia las gráficas a la idea del reloj molecular? ¿Qué factores pueden dar cuenta de las variaciones observadas?

- De ser posible, estimar el tiempo de divergencia de los gibones y los homínidos.

- Mencione los problemas asociados a la estimación del tiempo de divergencia entre gibones y homínidos, realizada anteriormente. De encontrarse un pseudogen del citocromo b para estas especies, discuta cómo espera que sea el patrón de sustituciones nucleotídicas en esta secuencia. Bajo neutralidad, ¿es esperable obtener un gen, o región de un gen, con mayor cantidad de cambios no sinónimos que sinónimos?, ¿qué interpretación podría darle a este fenómeno?