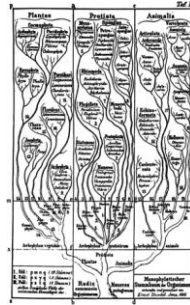


Curso de Evolución 2020
Facultad de Ciencias
Montevideo, Uruguay
<http://evolucion.fcien.edu.uy/>
<http://eva.fcien.universidad.edu.uy/>

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.



1

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

2

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)

3

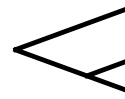
Análisis filogenético por parsimonia

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

4

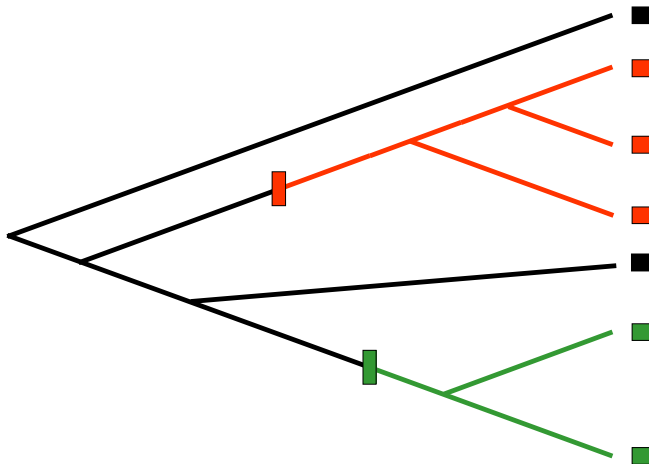
Análisis filogenético por parsimonia: primera parte

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



5

6



7

Problema

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

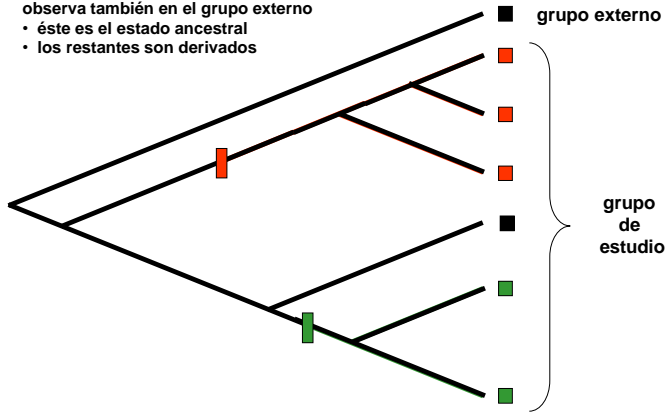
Hennig:

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

8

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



9

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"

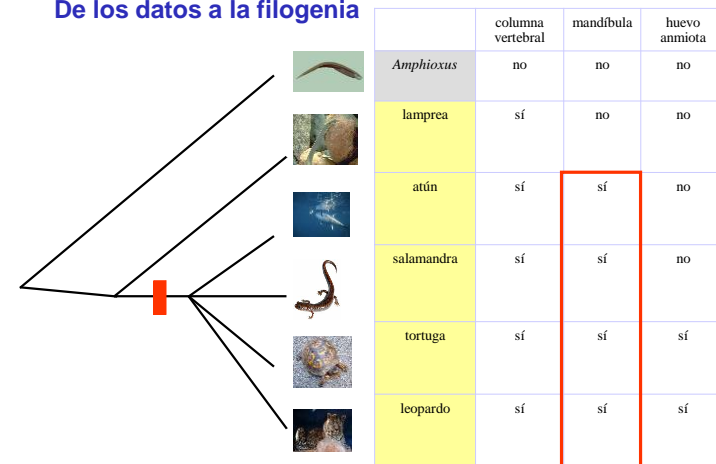
10

De los datos a la filogenia



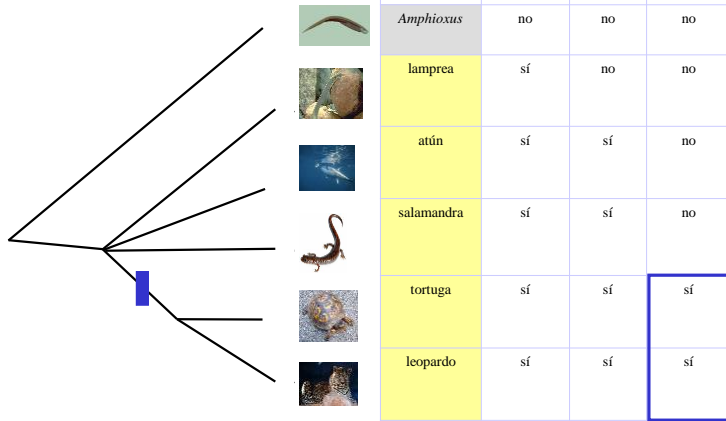
11

De los datos a la filogenia

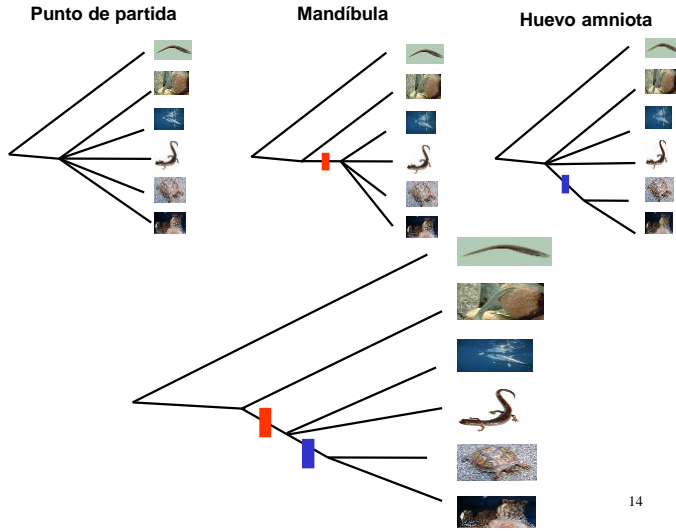


12

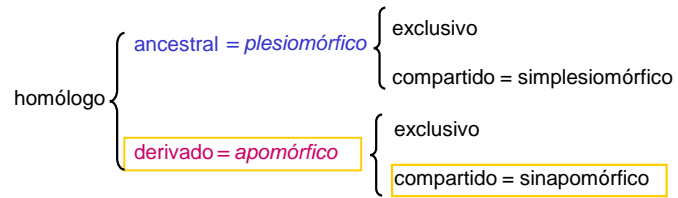
De los datos a la filogenia



13



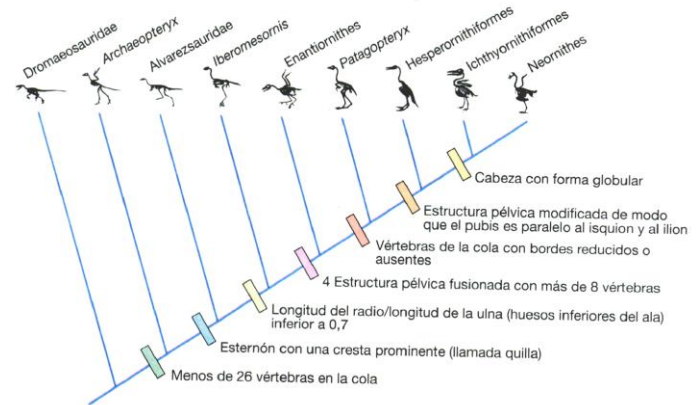
14



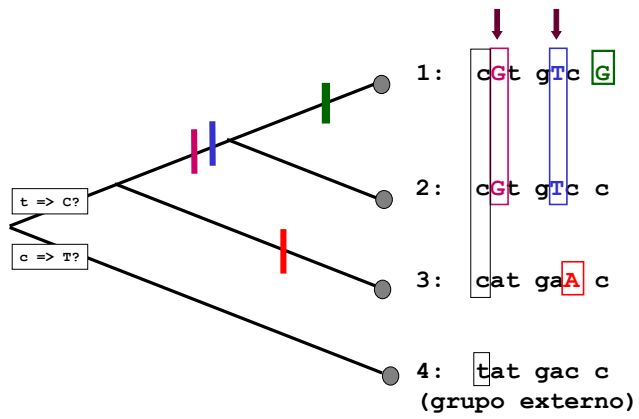
Solamente las sinapomorfias (caracteres derivados compartidos) son buenos indicadores de parentesco filogenético cercano.

15

Filogenia de las aves: cladograma



16



17

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 |

18