

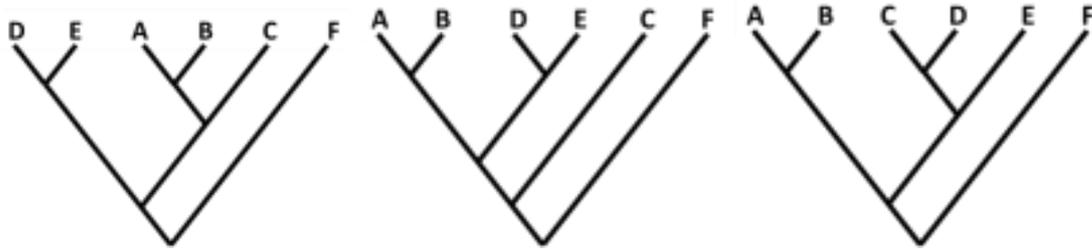
**Curso de Evolución 2021**  
**Ejercicios de filogenias**

1. Un carácter tiene la siguiente distribución de estados en un conjunto de especies:

- estado 1 en las especies A, B, y C;

- estado 2 en las especies D, E, y F (notar que F es el grupo externo).

Identifique el número mínimo de cambios requeridos para dar cuenta de la evolución de este carácter en cada árbol e indique dónde debieron ocurrir dichos cambios.



Considerando los tres árboles del esquema:

¿Qué consenso tienen los siguientes agrupamientos?:

AB

DE

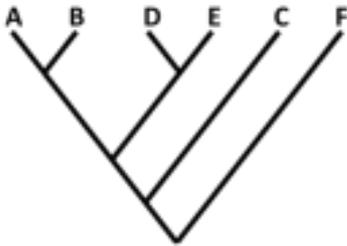
CDE

2. Utilizando la siguiente tabla de datos:

Taxón	Carácter 1	Carácter 2	Carácter 3	Carácter 4
A	0	0	0	0
B	0	0	0	1
C	1	0	0	1
C	1	1	1	1
D	1	0	1	2

- Identificar los caracteres informativos, y justificar la respuesta.
- Obtener un árbol filogenético por máxima parsimonia, tomando A como grupo externo.

3. Considere el siguiente árbol filogenético:



- Dibujar el árbol sin raíz correspondiente.
- A partir de dicho árbol sin raíz, dibujar un árbol cuya raíz se encuentra en la rama que une

al par (D,E) con los restantes taxones.

4. Explicar por qué el siguiente carácter no es informativo para un análisis filogenético por parsimonia: el carácter tiene 3 estados; X, Y, y Z, distribuidos del siguiente modo en 7 taxones:

X, X, X, Y, X, X, Z

5. La siguiente tabla de distancias entre pares de taxones se utiliza para obtener un árbol filogenético por el método de “unión de vecinos” (“neighbor joining”):

	A	B	C	D	E
A					
B	0.55				
C	0.50	0.05			
D	0.49	0.09	0.12		
E	0.62	0.32	0.30	0.29	

- ¿Cuál sería el primer paso en el proceso de unión de vecinos? Justifique su respuesta.
- Una vez que se une el primer par, ¿cuál es el siguiente paso?

6. a) ¿Cómo se vinculan, y de qué modo difieren, las distancias moleculares observadas de las estimadas?

7. Compare el modelo de sustitución de Jukes y Cantor con el de Kimura de 2 parámetros. Explique brevemente, en términos biológicos, las ventajas del segundo modelo.

