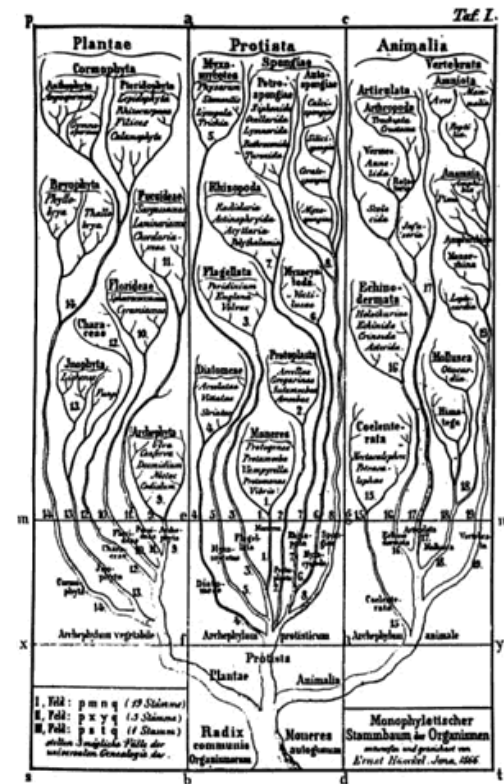


Curso de Evolución 2020  
 Facultad de Ciencias  
 Montevideo, Uruguay

<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.



## 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

# Métodos de inferencia filogenética

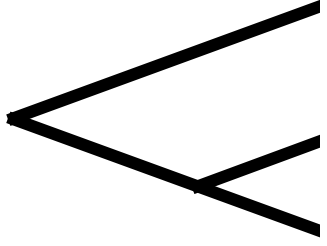
- tema intensamente investigado (y discutido) en la actualidad
- tres clases principales de métodos
  - “parsimonia”
  - distancias + agrupamiento (ej. unión de vecinos)
  - modelos de evolución + criterios estadísticos (ej. máxima verosimilitud, métodos bayesianos)

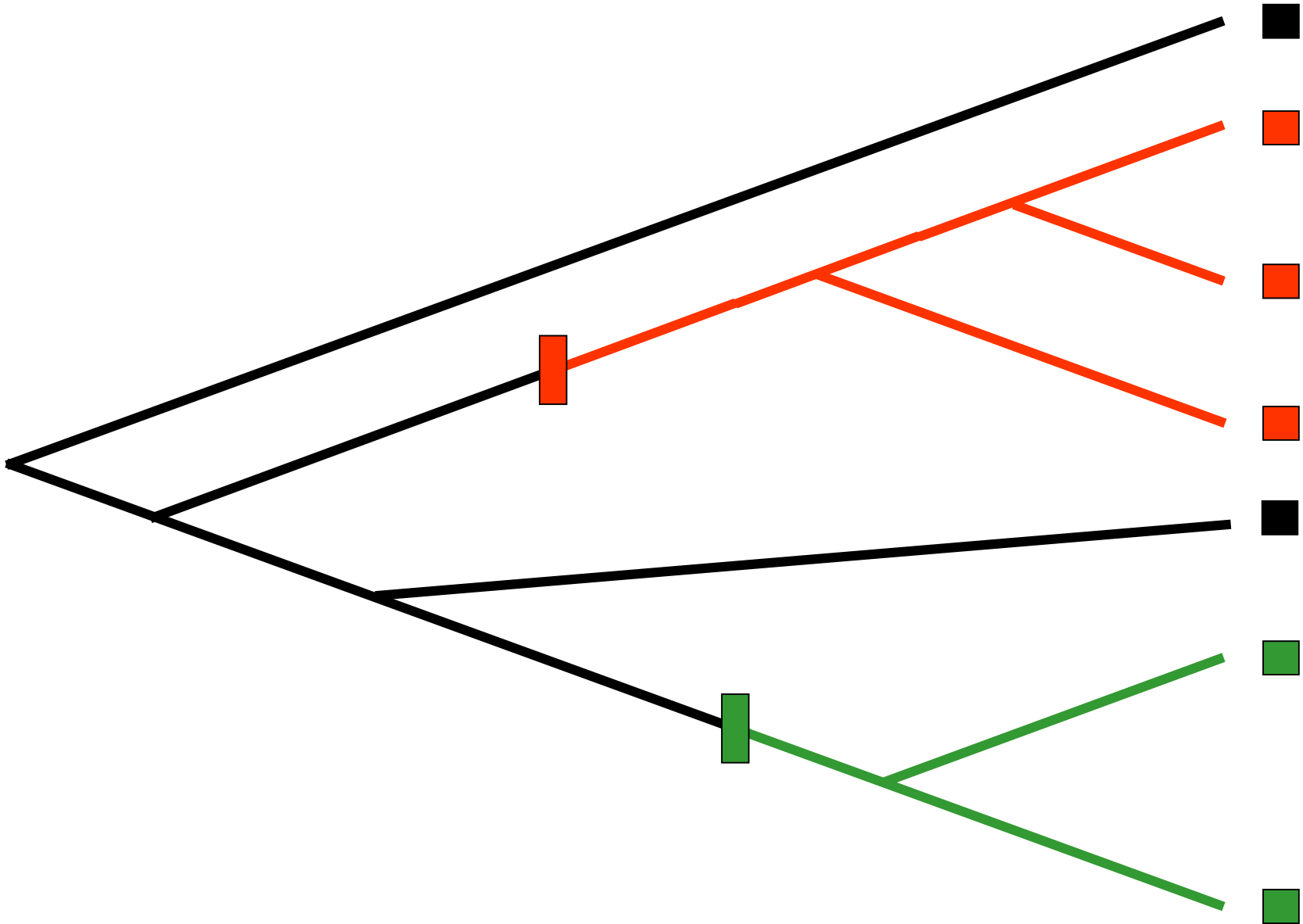
# Análisis filogenético por parsimonia

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

# 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





## Problema

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

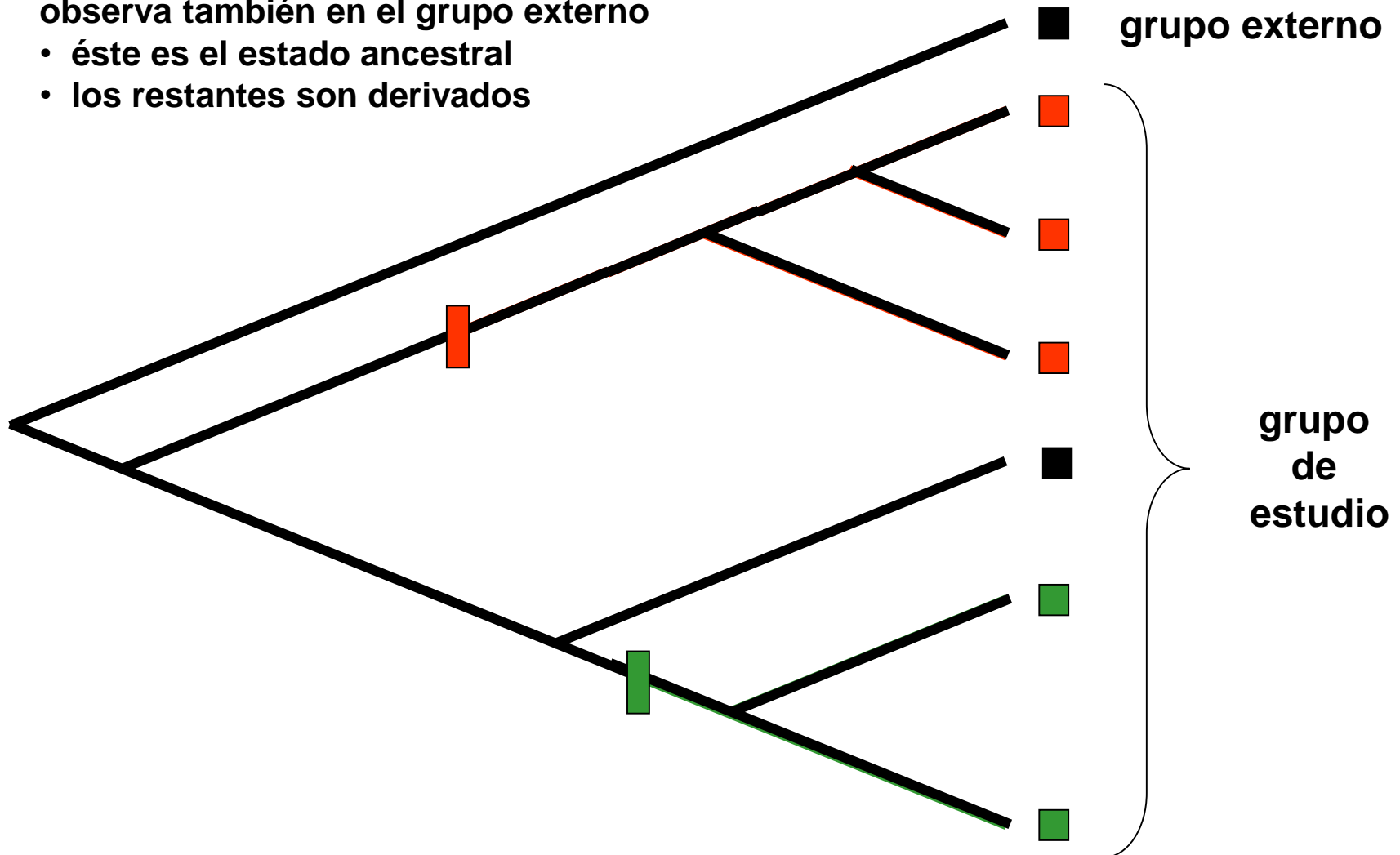
### Hennig:

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



# 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



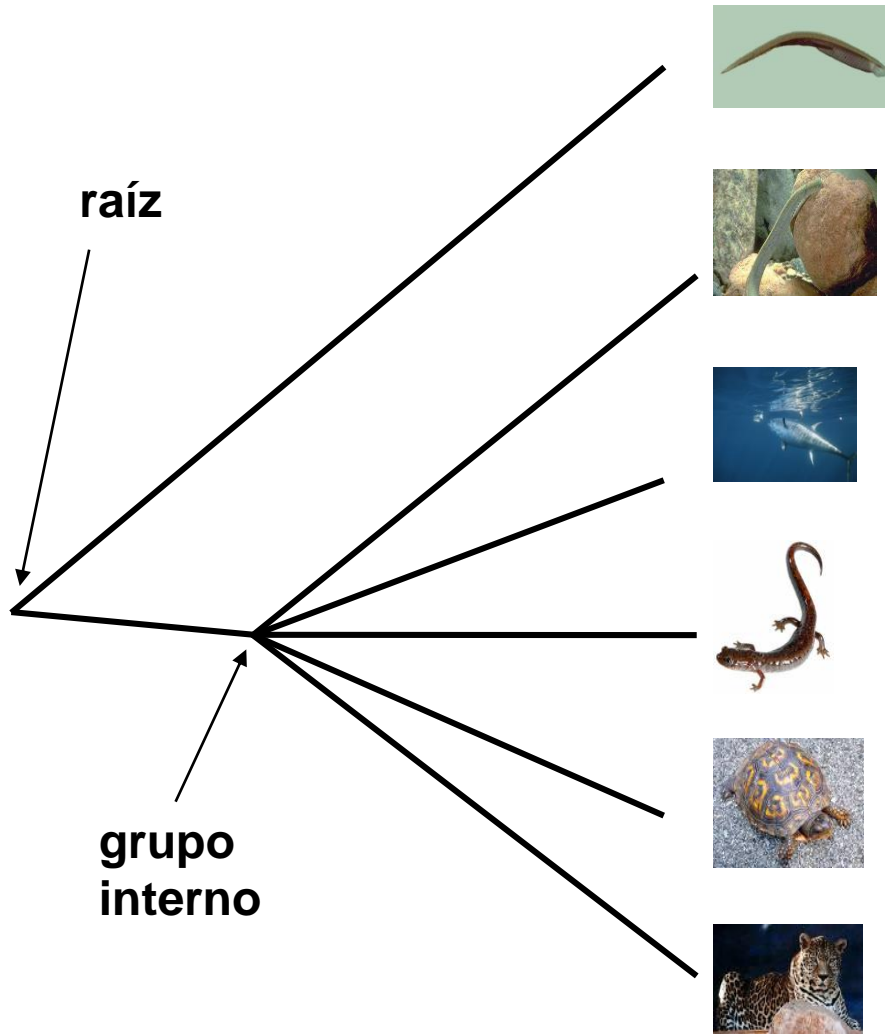
## Criterio del grupo externo

- 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

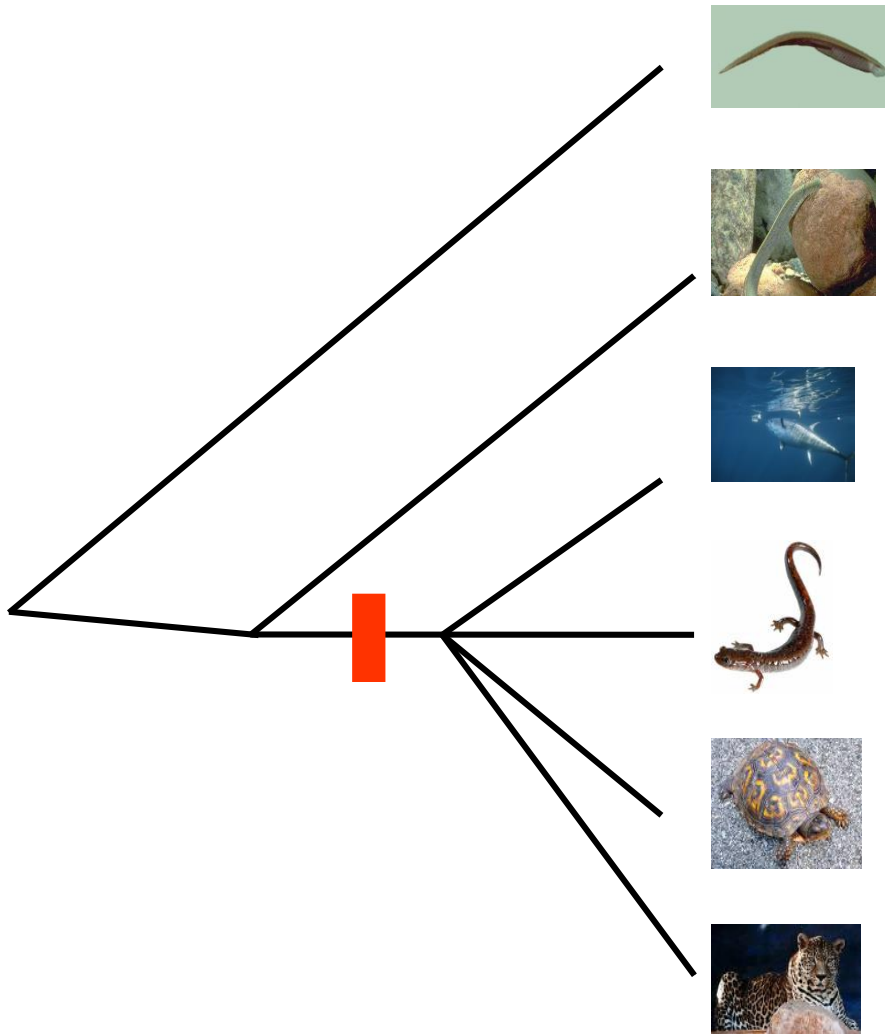
**columna vertebral: en base a esta tabla de datos, no podemos deducir la “polaridad”; además, es un carácter “no informativo”**

# De los datos a la filogenia



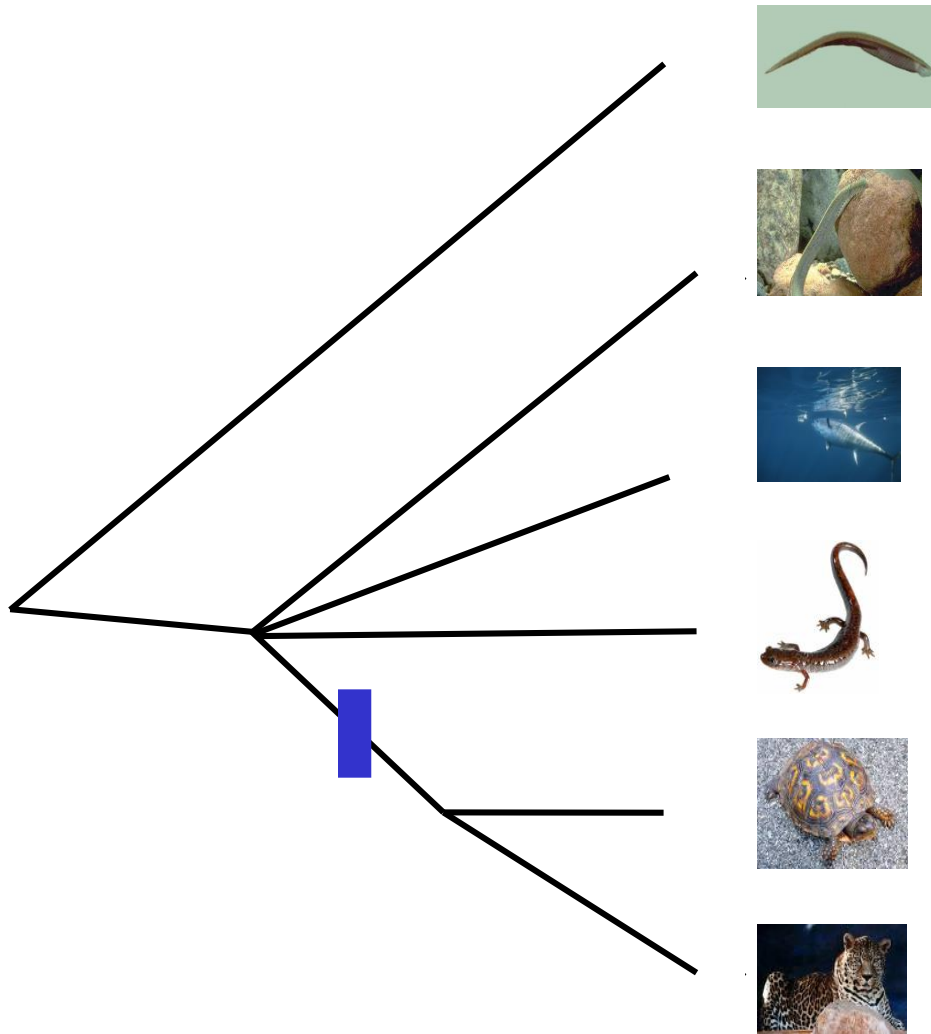
	columna vertebral	mandíbula	huevo anmiota
<i>Amphioxus</i>	no	no	no
lamprea	sí	no	no
atún	sí	sí	no
salamandra	sí	sí	no
tortuga	sí	sí	sí
leopardo	sí	sí	sí

# De los datos a la filogenia



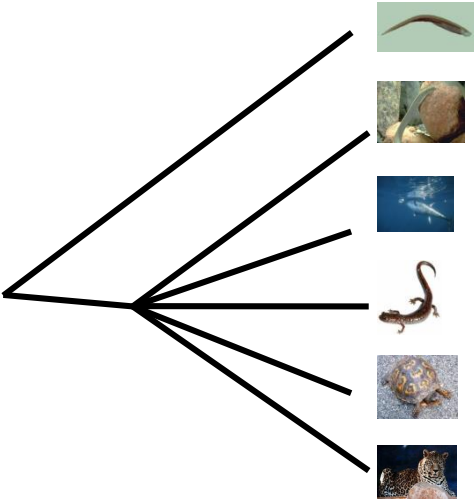
	columna vertebral	mandíbula	huevo anmiota
<i>Amphioxus</i>	no	no	no
lamprea	sí	no	no
atún	sí	sí	no
salamandra	sí	sí	no
tortuga	sí	sí	sí
leopardo	sí	sí	sí

# De los datos a la filogenia

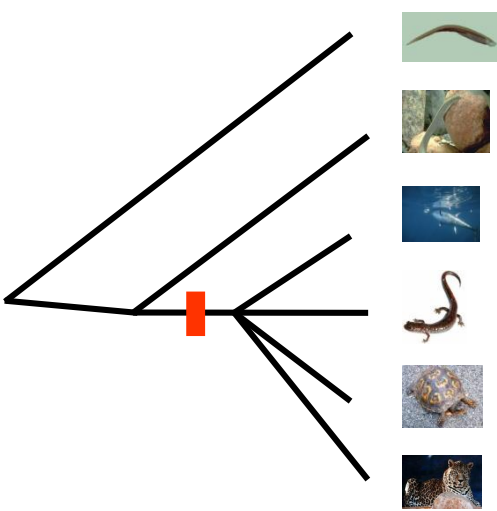


	columna vertebral	mandíbula	huevo anmiota
<i>Amphioxus</i>	no	no	no
lamprea	sí	no	no
atún	sí	sí	no
salamandra	sí	sí	no
tortuga	sí	sí	sí
leopardo	sí	sí	sí

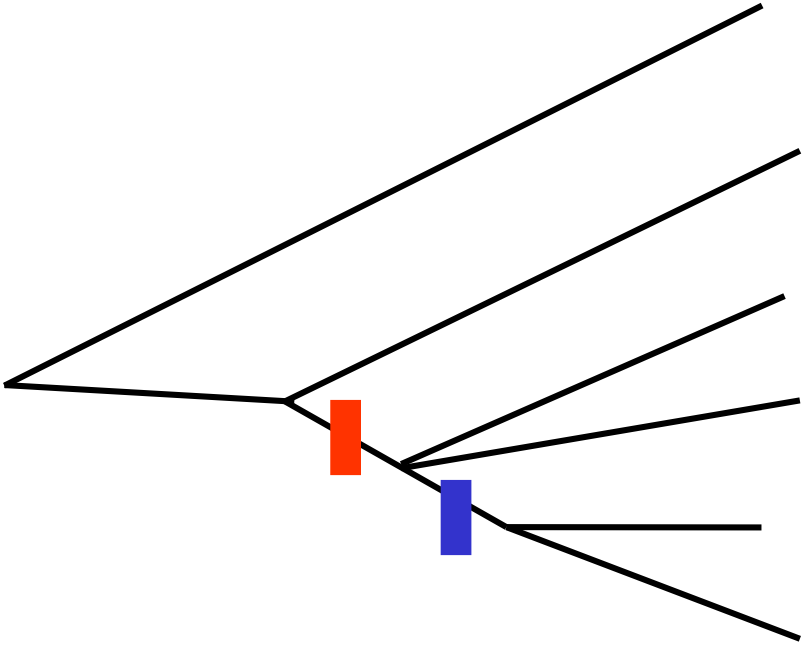
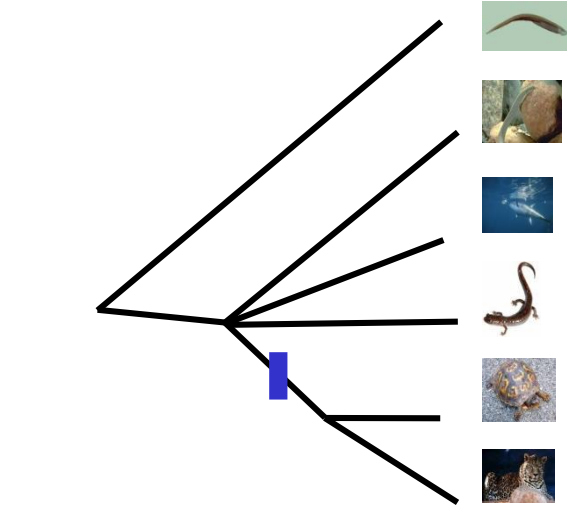
# Punto de partida

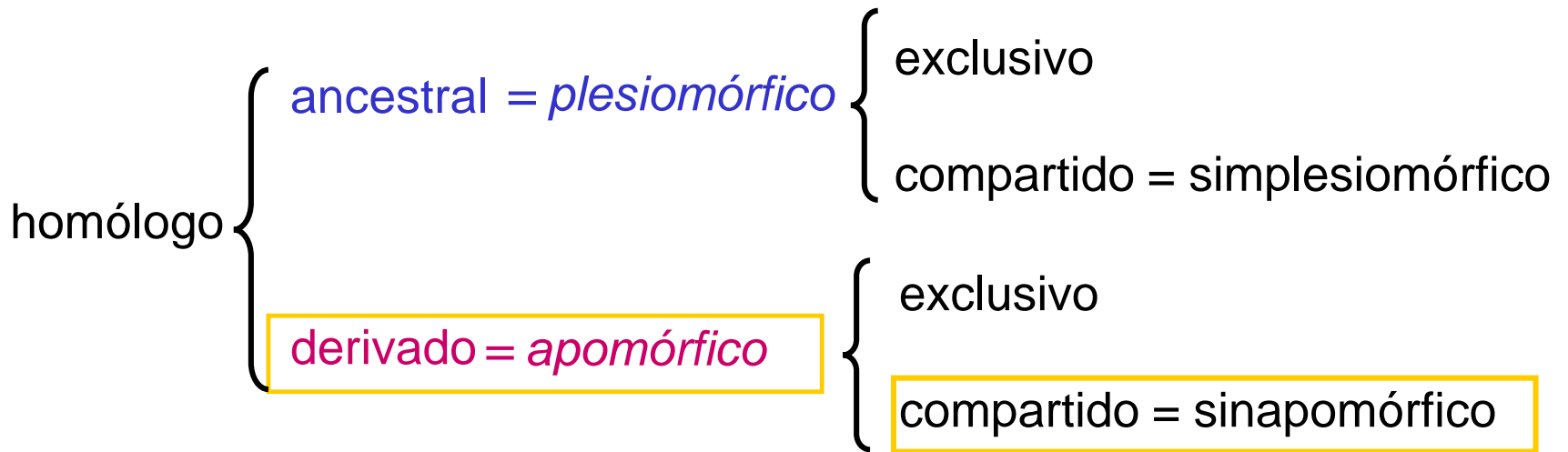


# Mandíbula



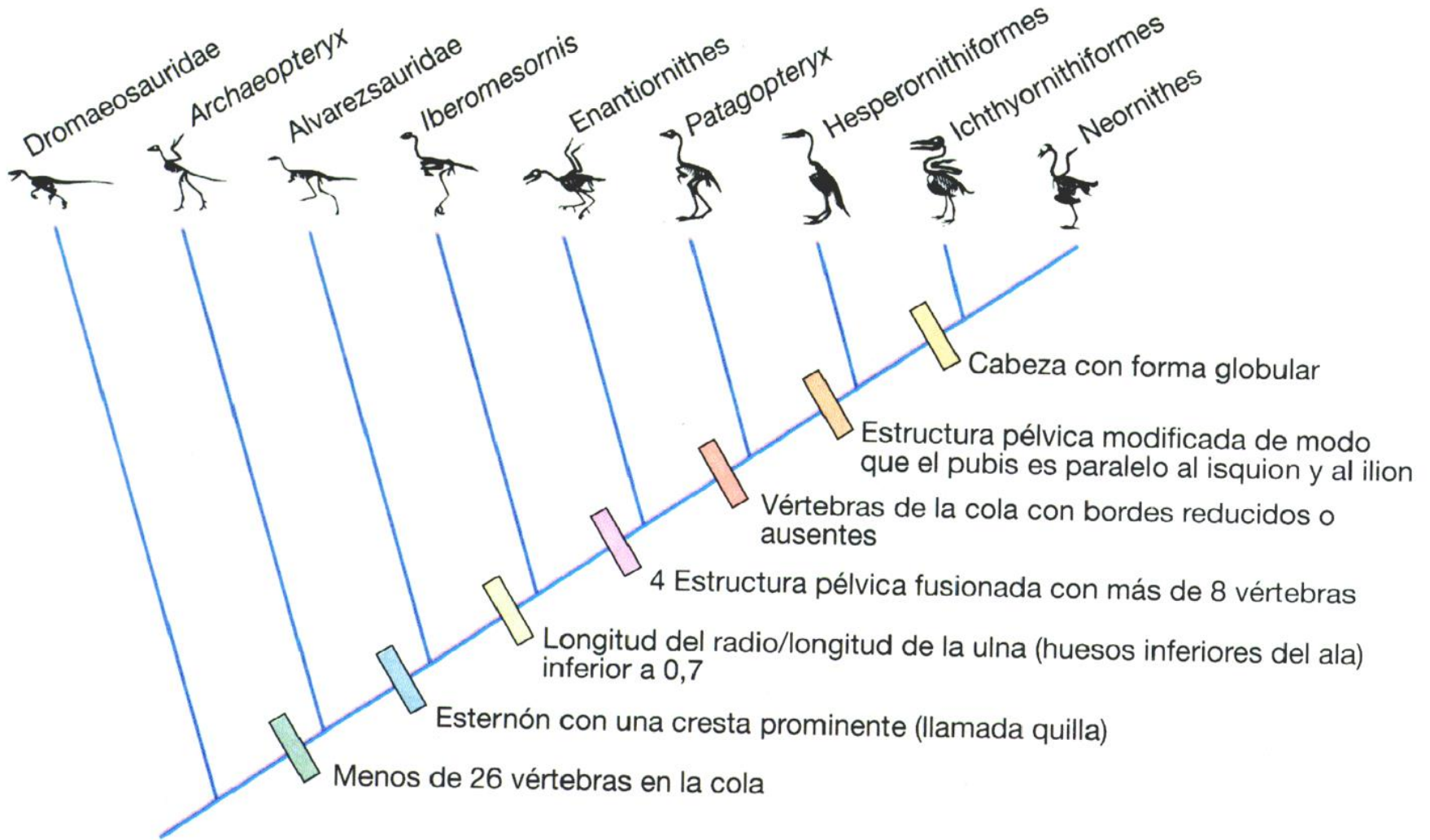
# Huevo amniota



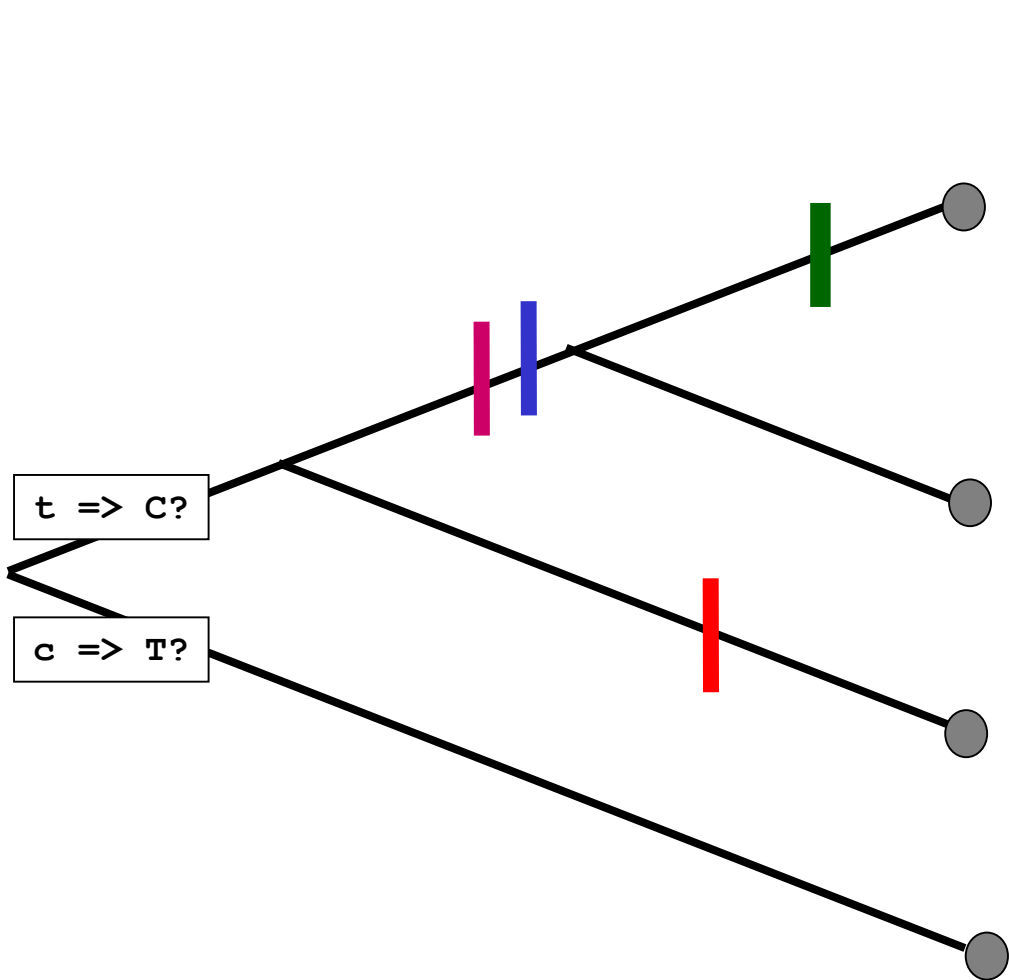


Solamente las sinapomorfías (caracteres derivados compartidos) son buenos indicadores de parentesco filogenético cercano.

# Filogenia de las aves: cladograma







1: cGt gTc G

2: cGt gTc c

3: cat gaA c

4: tat gac c  
(grupo externo)

**Ejercicio:** usar esta tabla de datos para reconstruir la filogenia de los grupos implicados mediante el método cladístico

<b>CARACTERES</b> <hr/> <b>ESPECIES</b>	<b>amnion</b>	<b>fenestras temporales</b>	<b>hemipenes</b>	<b>fenestra anteorbital</b>
<b>teleósteo (grupo externo)</b>	no	0	no	no
<b>rana</b>	no	0	no	no
<b>tortuga</b>	sí	0	no	no
<b>lagartija</b>	sí	2	sí	no
<b>culebra</b>	sí	2	sí	no
<b>ave</b>	sí	2	no	sí
<b>cocodrilo</b>	sí	2	no	sí