

Práctico 7

Patrones de evolución molecular

Objetivos: A partir del análisis del patrón de sustituciones nucleotídicas de una secuencia codificante en un grupo taxonómico particular: 1) visualizar patrones generales de evolución molecular y 2) discutir la validez y el alcance de la idea de “reloj molecular”, identificando factores que pueden producir desviaciones aparentes del mismo.

Datos

El archivo Primates_datos.meg contiene los 1000 primeros sitios del gen del citocromo b del ADN mitocondrial de 13 especies de primates.

Clasificación de los primates considerados 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

Tiempos de divergencia

Datos paleontológicos sugieren los siguientes tiempos de divergencia¹ desde el ancestro común (dados en millones de años desde el presente):

58 Lemúridos vs. los restantes primates

40 Platyrrinos vs. Catarrinos

15 Orangután vs restantes homínidos

6 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) Usar 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 el origen de la secuencia sea 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 (en i > general). ¿Qué información aporta este índice acerca de la filogenia?
- Representar el árbol anterior como filograma (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 / Nucleotide / No. of Differences. Visualizar las otras opciones.
- Observar la copia de la matriz obtenida anteriormente que se encuentra a continuación. Luego: a) Completar la información ausente, b) en la matriz reconocer los recuadros para las 2 comparaciones con que se cuenta con información paleontológica.

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

2) Usar el programa Excel

- Abrir el archivo “distancias_primates.xls”. 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, y saque conclusiones de las dos gráficas.
- Pensar, discutir y responder: para el caso de la cantidad de cambios según las posiciones del codón, ¿qué gráfico esperaría 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? ¿Cómo pueden explicarse estas tasas en términos neutralistas?
- De ser posible, estimar el tiempo de divergencia de los gibones y los homínidos.

3) 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?