

## Sistemática molecular

*Uso de DNA, RNA y/o proteínas para inferir relaciones evolutivas entre los organismos*

## Biogeografía

*Estudio de los patrones de distribución de plantas y animales en el tiempo y espacio junto con los factores que causan estos patrones*

# Sistemática molecular

Relaciones de  
parentesco

Tiempos de  
divergencia

Patrón de distribución  
actual de taxa

# Biogeografía

Origen grupos  
taxonómicos

Disyunciones:  
vicarianza vs dispersión

Mecanismos de  
especiación

Respuesta a cambios  
climáticos

# Sistemas de Clasificación



# Sistemática

## Estudio de las relaciones evolutivas entre los taxa



Orden natural basado en las relaciones evolutivas (ancestro común)

# Análisis cladístico: agrupación según caracteres derivados compartidos



sp1 sp2 sp3 sp4

a a h h



sp1 sp2 sp3 sp4

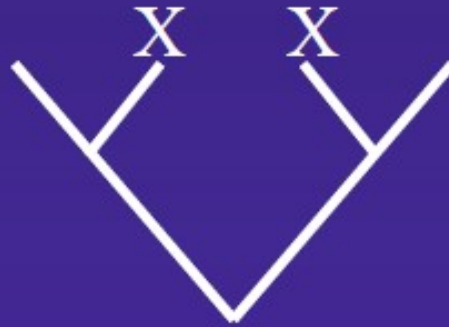
a a b b



a: estado ancestral  
h: estado derivado

## HOMOPLASIA

Caracteres similares  
no causados por un  
ancestro común  
(convergencia  
evolutiva)



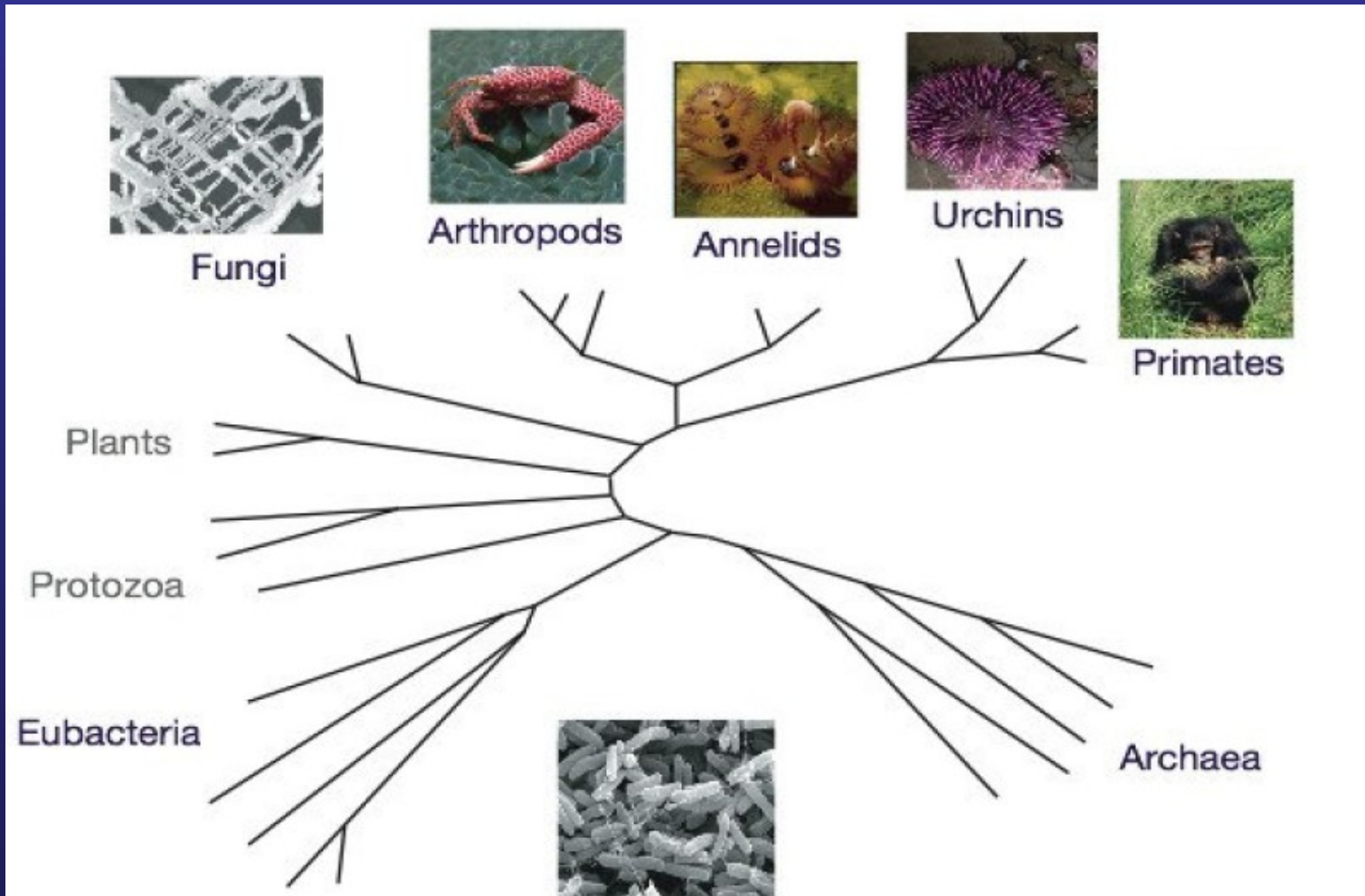
## CARACTERES HOMÓLOGOS

Caracteres  
similares  
heredados de un  
ancestro común



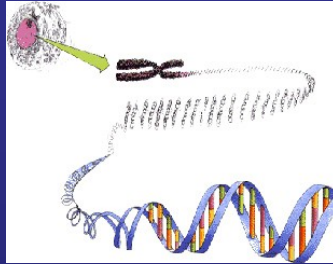


# Morfológicos versus Moleculares

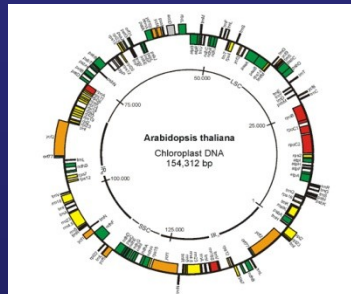




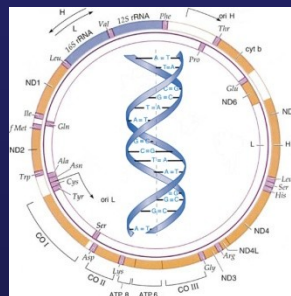
# Marcadores Moleculares: ubicación



Nuclear  
Biparental  
Lineal, Poliploide  
2 copias por cel



Cloroplastidial: cpDNA  
Maternal (angiospermas)  
Paternal (gimnospermas)  
DNA circular  
Múltiples copias



Mitocondrial: mtDNA  
Paternal  
DNA circular  
Múltiples copias

# Bases del Polimorfismo

ATTCGCTATCGAACGCTACGCTGCGAACGGG

ATTCG**T**TATCGAACGCTACGCTGCGAACGGG

ATTCGCTATCGAA- - -TACGCTGCGAACGGG

ATTCGCTATCGAACGC**CGC**TACGCTGCGAACGGG

ATTCG - - - CGAACGCTACGCTG**CTAT**CGAACGGG

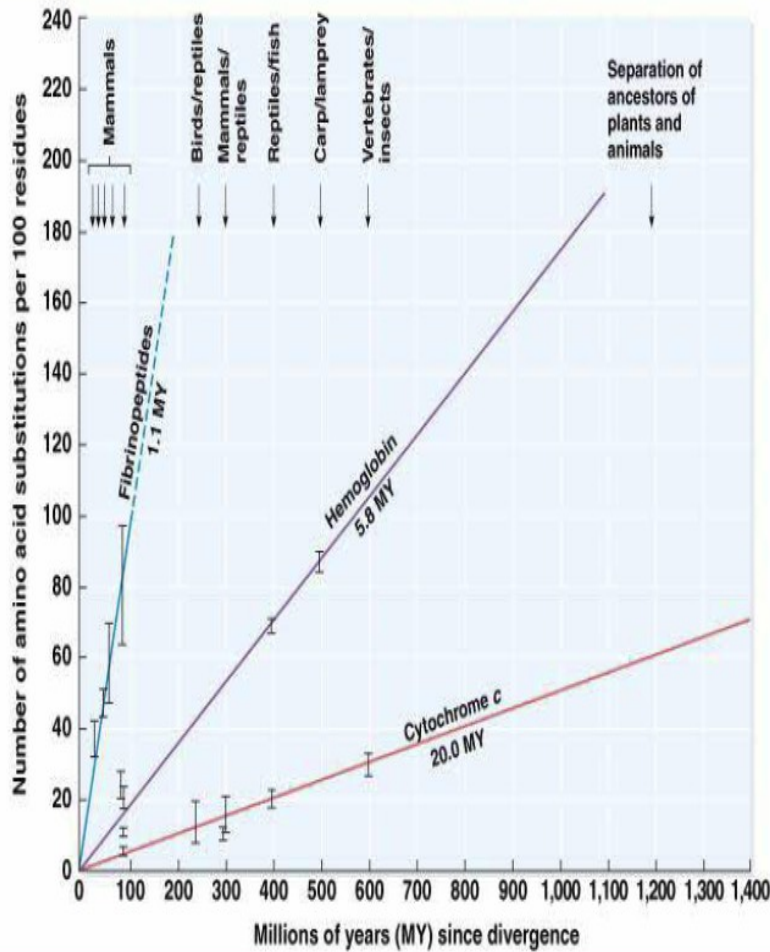
ustitución

elección

nserción

ransposición

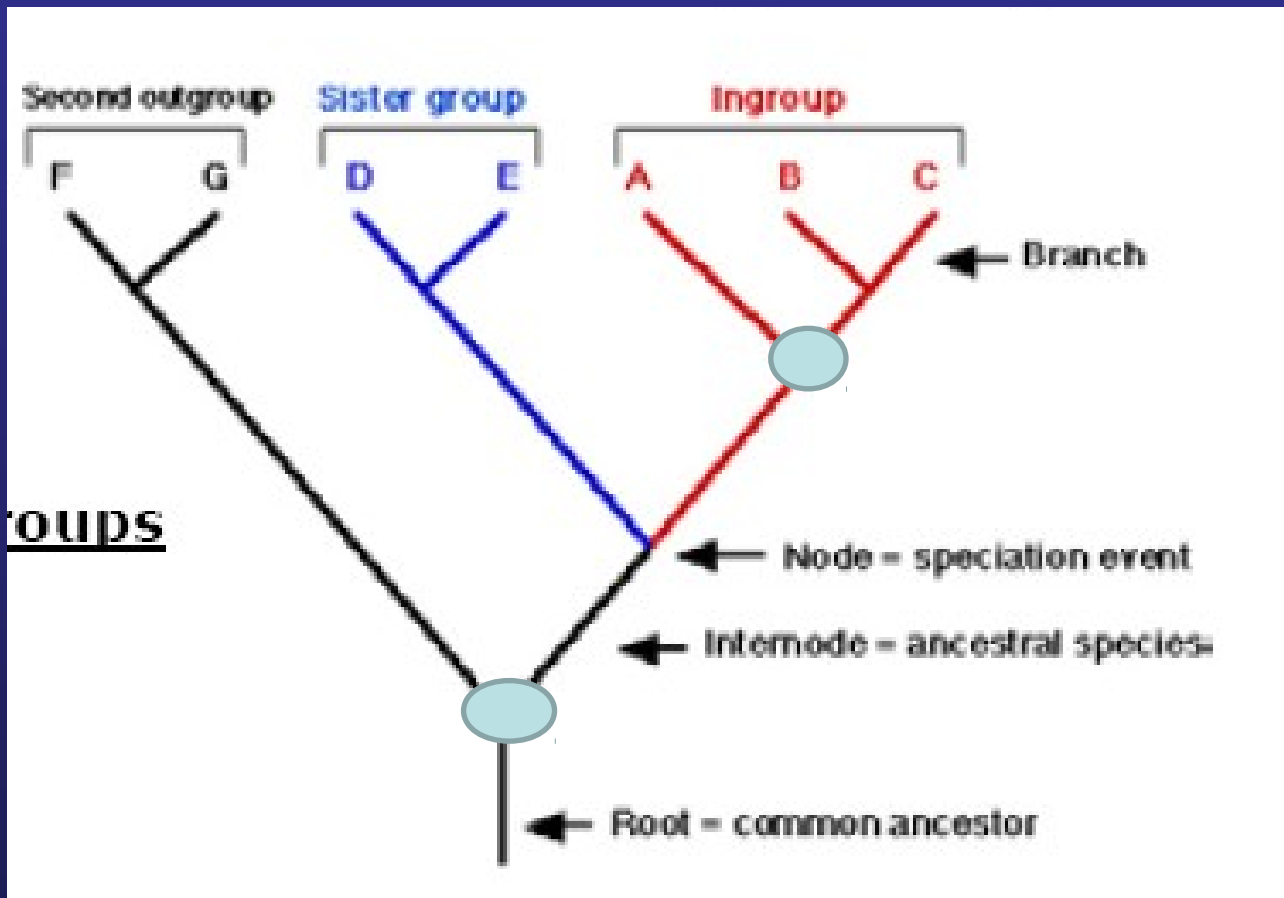
# Reloj Molecular



## DNA markers and rates of evolution

Marker	Organism	Rate of divergence %My
Nuclear DNA		
non-synonymous	mammal	0.15 / 0.70
/ synonymous	Drosophila	0.38 / 3.12
	plant	0.014 / 0.114
Chloroplast DNA		
	plant	0.05 / 0.5
Mitochondrial DNA		
Coding regions	mammal	2.0
	plant	0.005 / 0.02
cyt. oxidase I	invertebrate	1.4
D-loop	human	15 to 250

# Calibración



Años de  
divergencia

# Resumiendo

## Ventajas Datos Moleculares

Secuencias evolucionan en forma regular

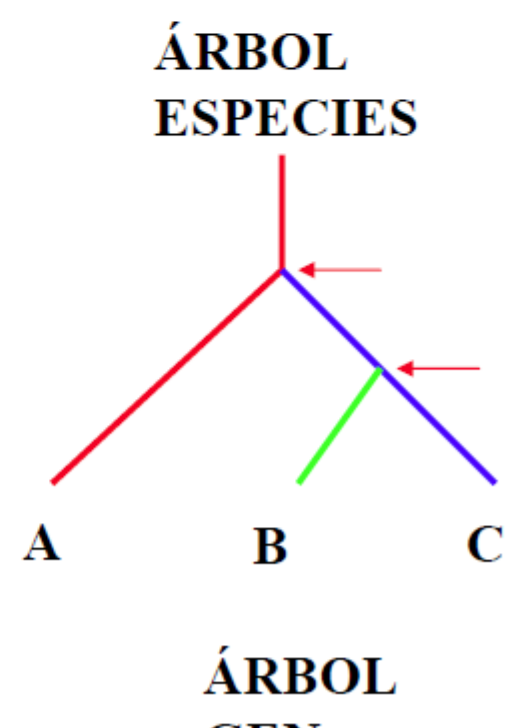
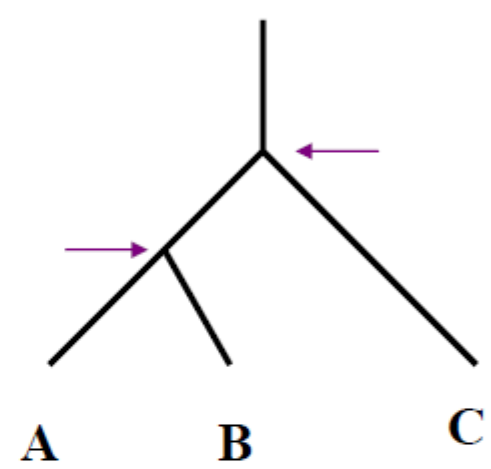
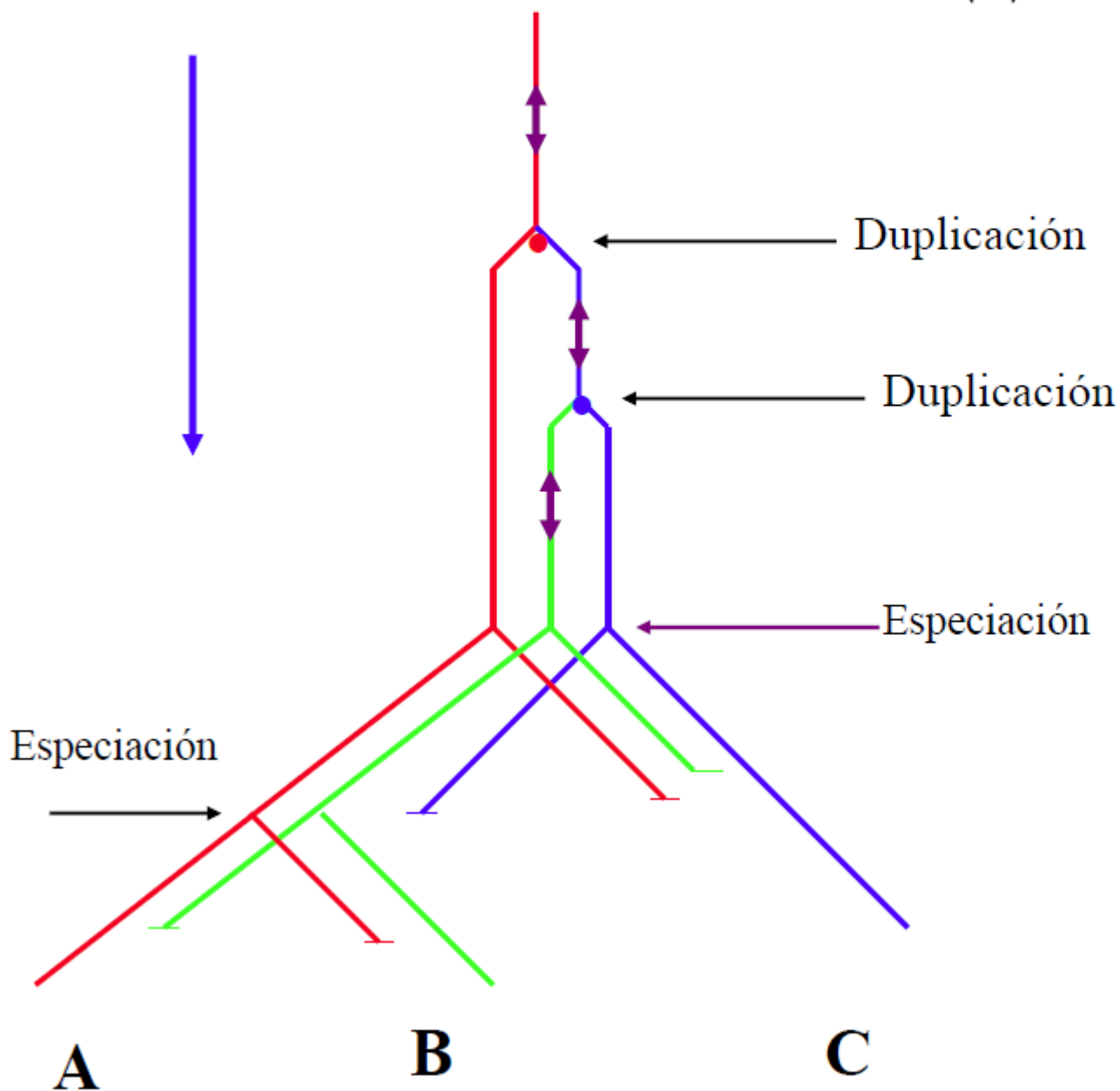
Menos confusión entre homología y analogía

Abundancia de caracteres , presentes en todos los organismos

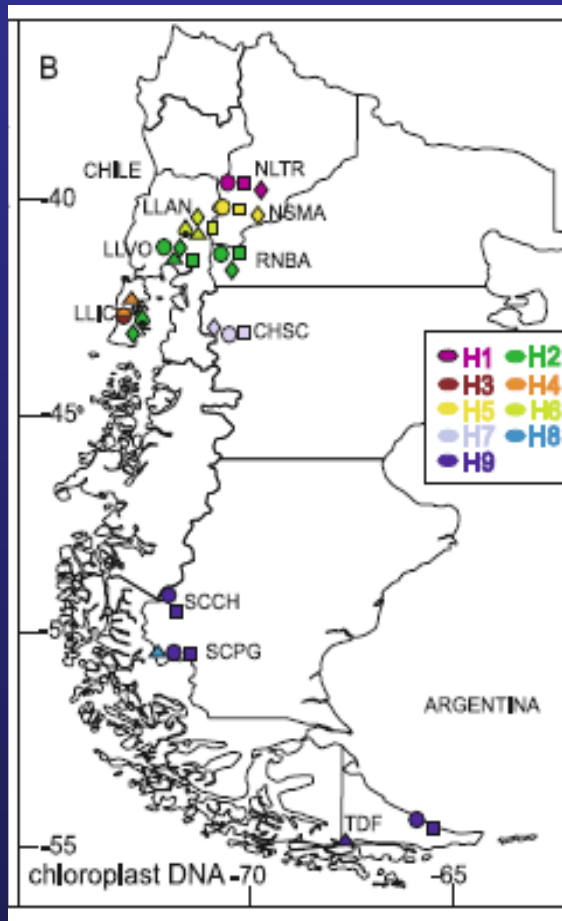
Permite estimar tiempos de divergencia

Pueden ser utilizados para estudiar relaciones a muchos niveles evolutivos

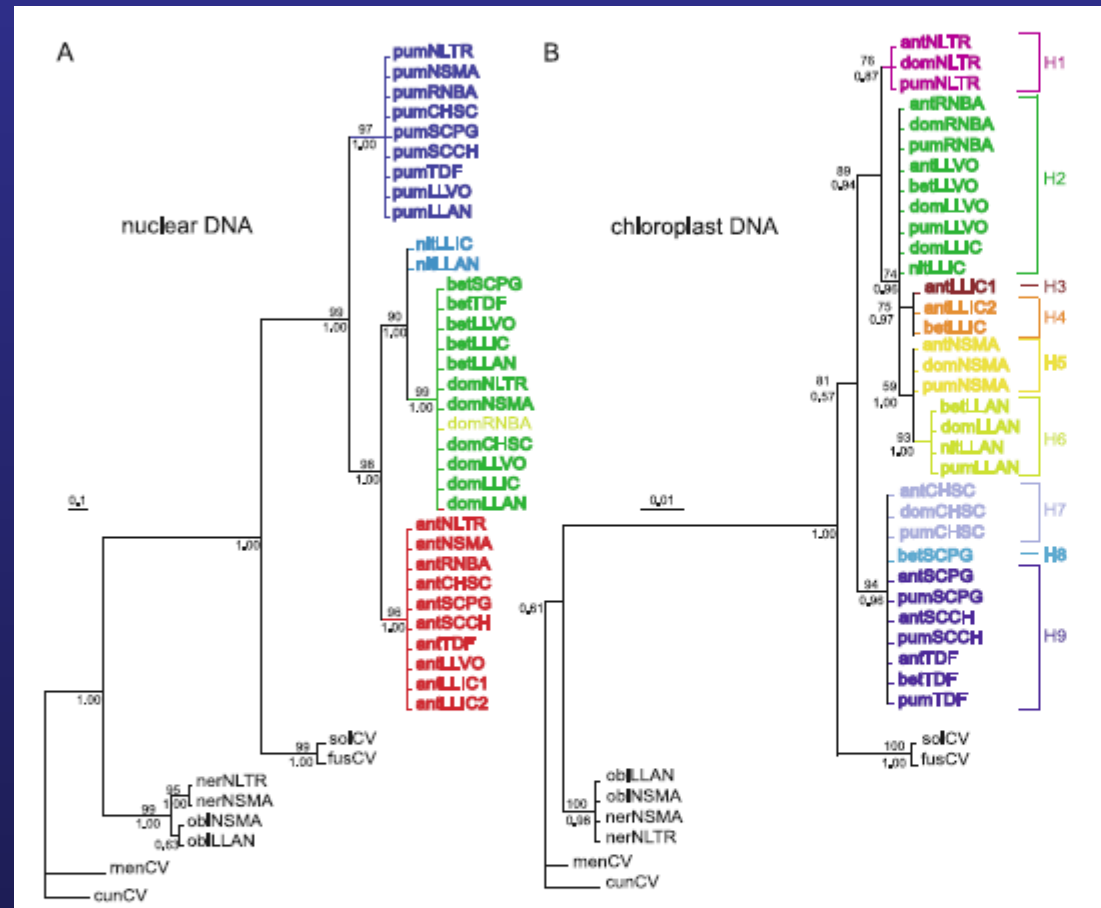
ARBOL GEN ↔ ÁRBOL ESPECIE



# Diferencias cpDNA-ADN nuclear



- (R1) *N. antarctica*
- ▲ (R2) *N. betuloides*
- ◆ (R2) *N. dombeyi*
- ◇ (R3) *N. dombeyi*
- ◆ (R4) *N. nitida*
- (R5) *N. pumilio*



Premoli et al, 2010. Evidencia de captura de cloroplasto

# Métodos de inferencia

**Máxima Parsimonia:** árbol que explique los datos con el menor número de cambios posibles

**Máxima verosimilitud:** árbol que maximice la probabilidad de obtener los datos genéticos dado un árbol y un modelo de evolución

**Distancia:** árbol cuyos largos de ramas entre las especies se ajusten a la matriz de distancias entre las especies

**Análisis Bayesiano:** árboles más probables dados los datos observados



# PARSIMONIA

Árbol que explique los datos con el menor número de cambios posibles

- Mutaciones son eventos raros
- Mientras más improbables sean los eventos que un modelo invoca es menos probable que el modelo sea correcto

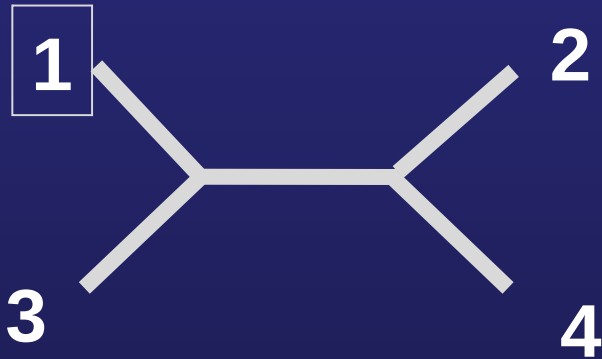
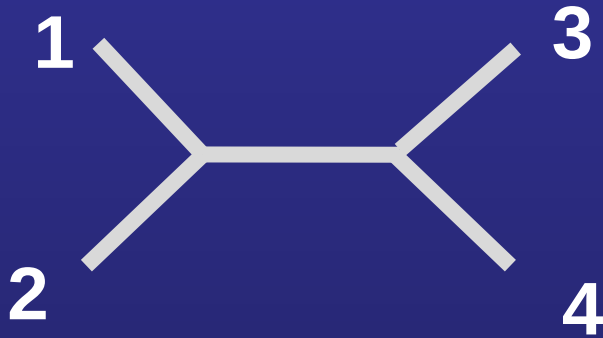
Sp1	G	G	G
Sp2	G	G	T
Sp3	G	A	G
Sp4	G	T	T

Invariantes

No informativos

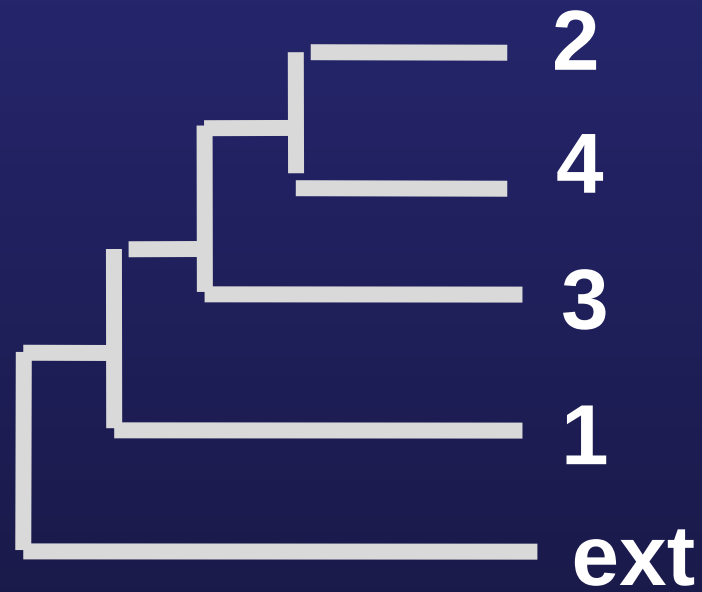
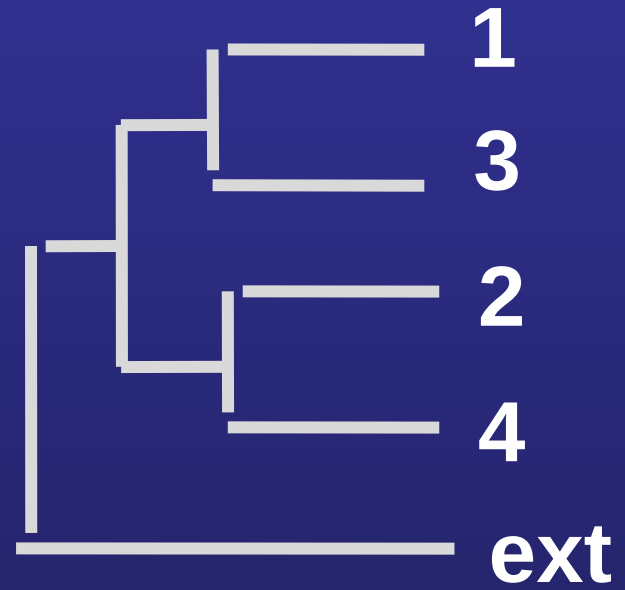
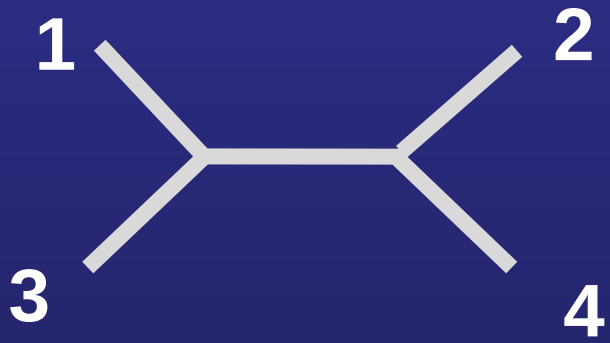
Informativos

Máxima Parsimonia: árbol que explique los datos con el menor número de pasos



Sp1	G	G	G
Sp2	G	G	T
Sp3	G	A	G
Sp4	G	T	T

# Raíz árbol



## Sistemática molecular

Relaciones de  
parentesco

Tiempos de  
divergencia

Patrón de distribución  
actual de taxa

## Biogeografía

Origen grupos  
taxonómicos

Disyunciones:  
vicarianza vs dispersión

Radiaciones evolutivas

Respuesta a cambios  
climáticos

## CENTRO DE ORIGEN

### REGISTRO FÓSIL

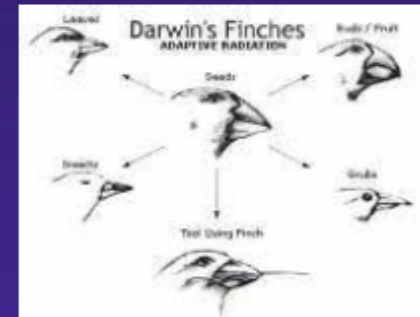
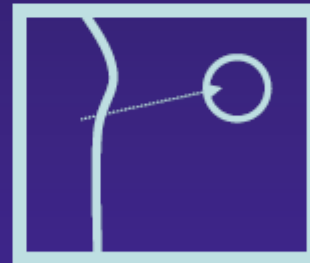
Centro de origen: fósil más antiguo

Registro incompleto  
Sesgo

### PATRÓN DE RIQUEZA

centro de origen: mayor diversidad antiguo

Radiación adaptativa



### SISTEMÁTICA MOLECULAR

centro de origen: taxa basales

reconstrucción áreas ancestrales por diva

# Origen de los Paseriformes

73 familias

5700 sp



**Acantisítidos**

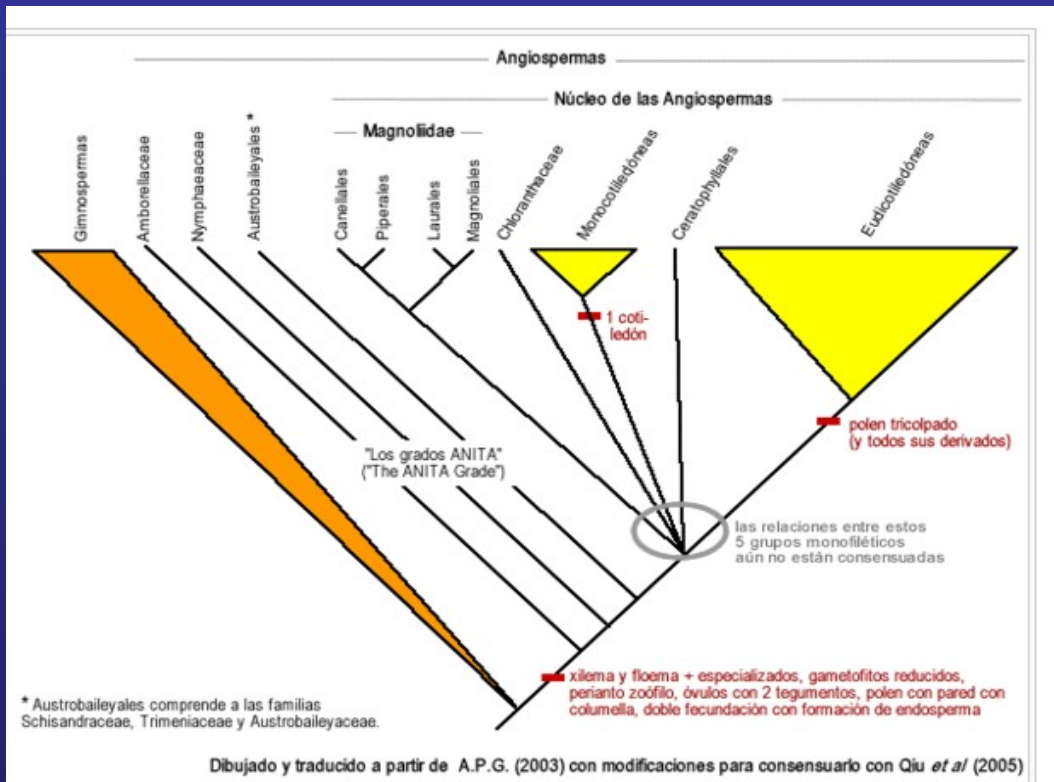


**Clamadores  
(Tyranni)  
340 sp**



**Cantores  
(Passeri)  
4000 sp**

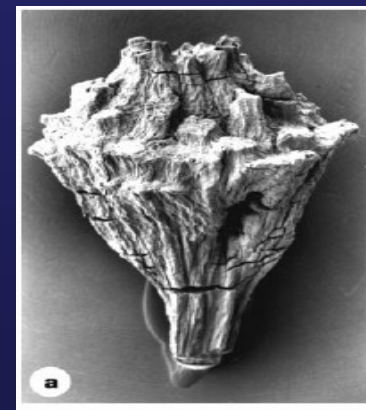




1 sp; NC

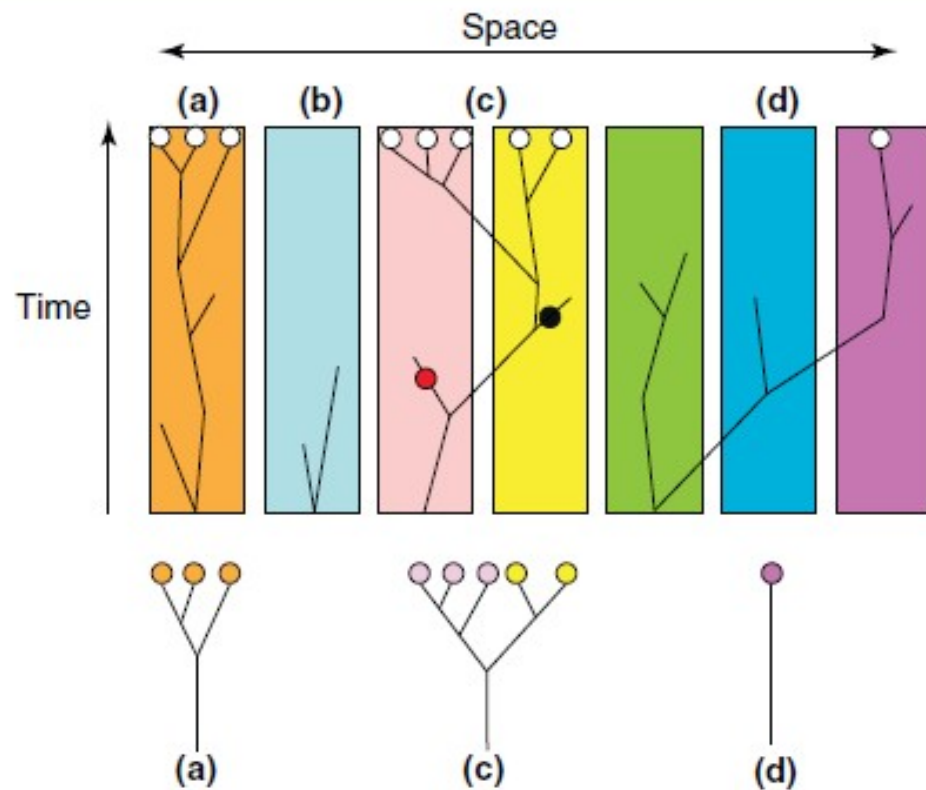


69 sp; Cos



fósil  
120MA;  
Chen 2004





*TRENDS in Ecology & Evolution*

**Figure 1.** Biogeographical histories of hypothetical lineages. Open circles represent living taxa, filled circles indicate fossil taxa, black lines indicate actual phylogenetic relationships and coloured bars indicate hypothetical locations through time. As biogeographical history is 'known', one can intuit that: (a) the age of a crown group does not equate to the age of the lineage in a particular area; (b) current absence of a lineage does not equate to past absence; (c) current presence of a lineage (pink area) does not equate to continuous past presence; and (d) relict taxa or living fossils do not necessarily indicate long occupation of an area, but might reflect high levels of extinction. Using a phylogeny from sequence data for extant taxa (at bottom of figure), rate modelling and AAR, a biogeographer could infer a common ancestor for each of (c) and (d) but could not infer where the ancestor existed through time.

# Distribuciones disyuntas

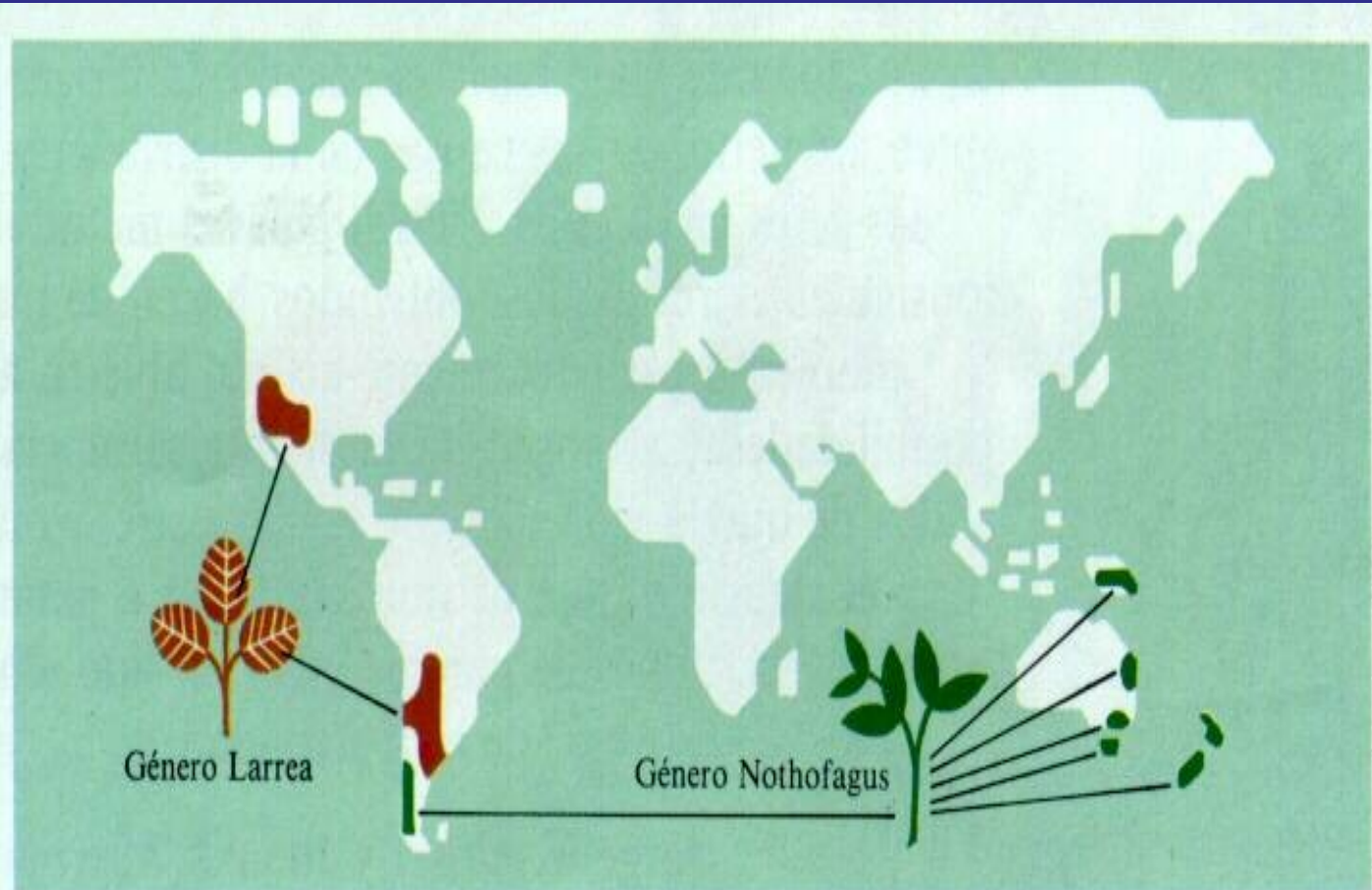


Fig. 1. Ejemplos de distribuciones disyuntas de plantas.

# Disyunciones con Australasia

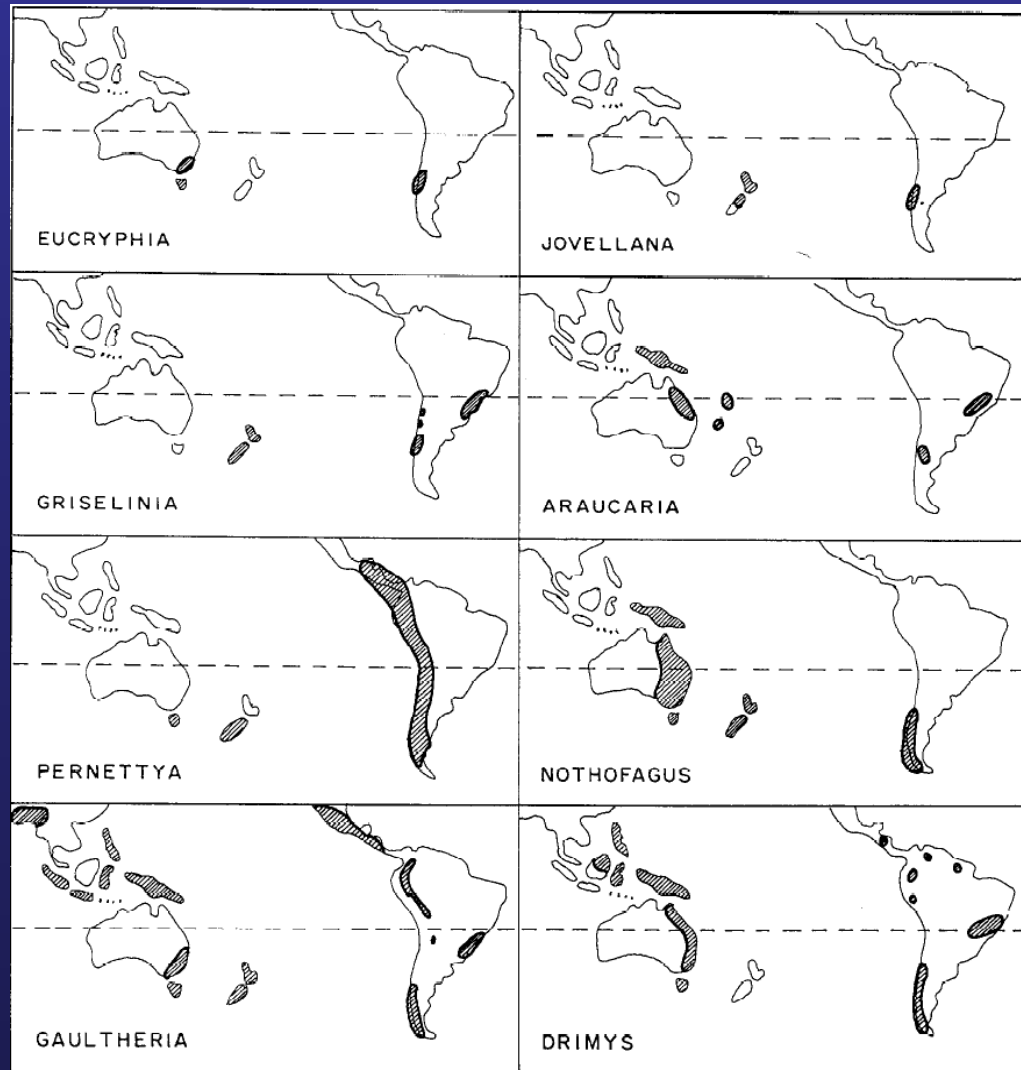
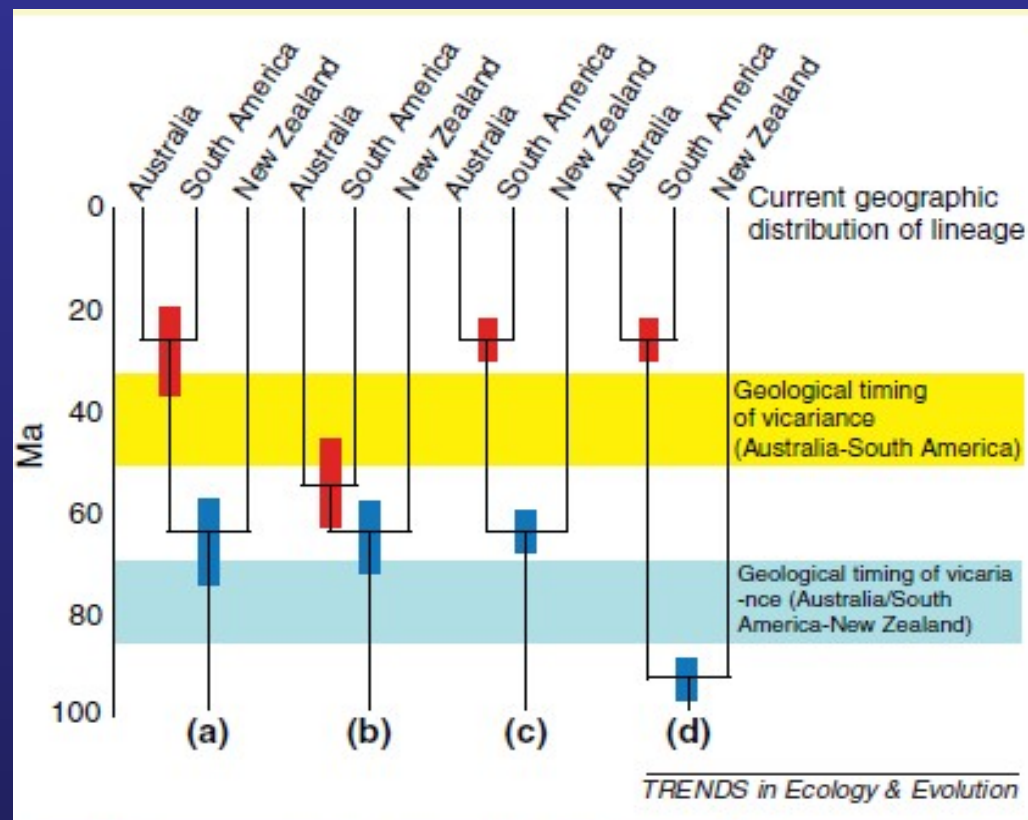
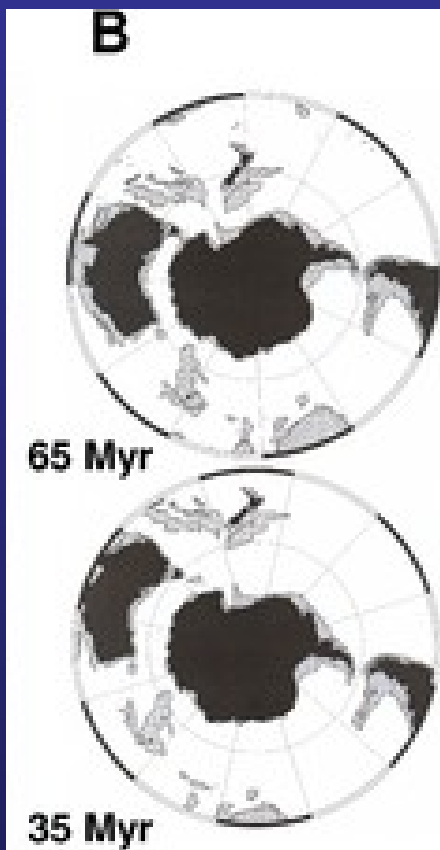
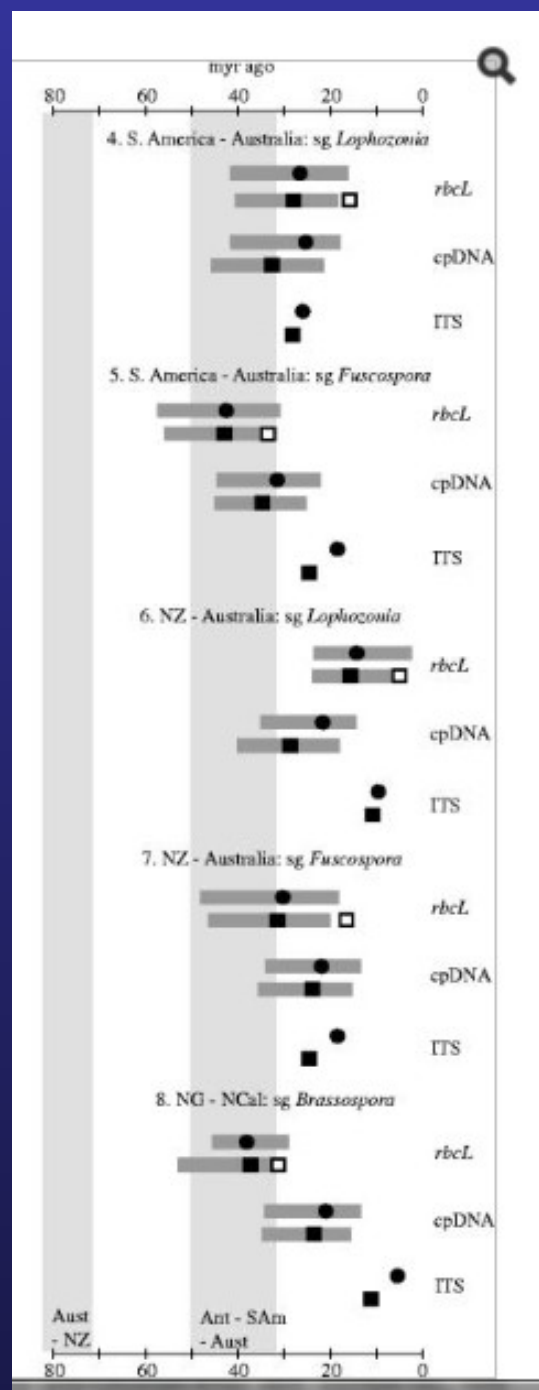
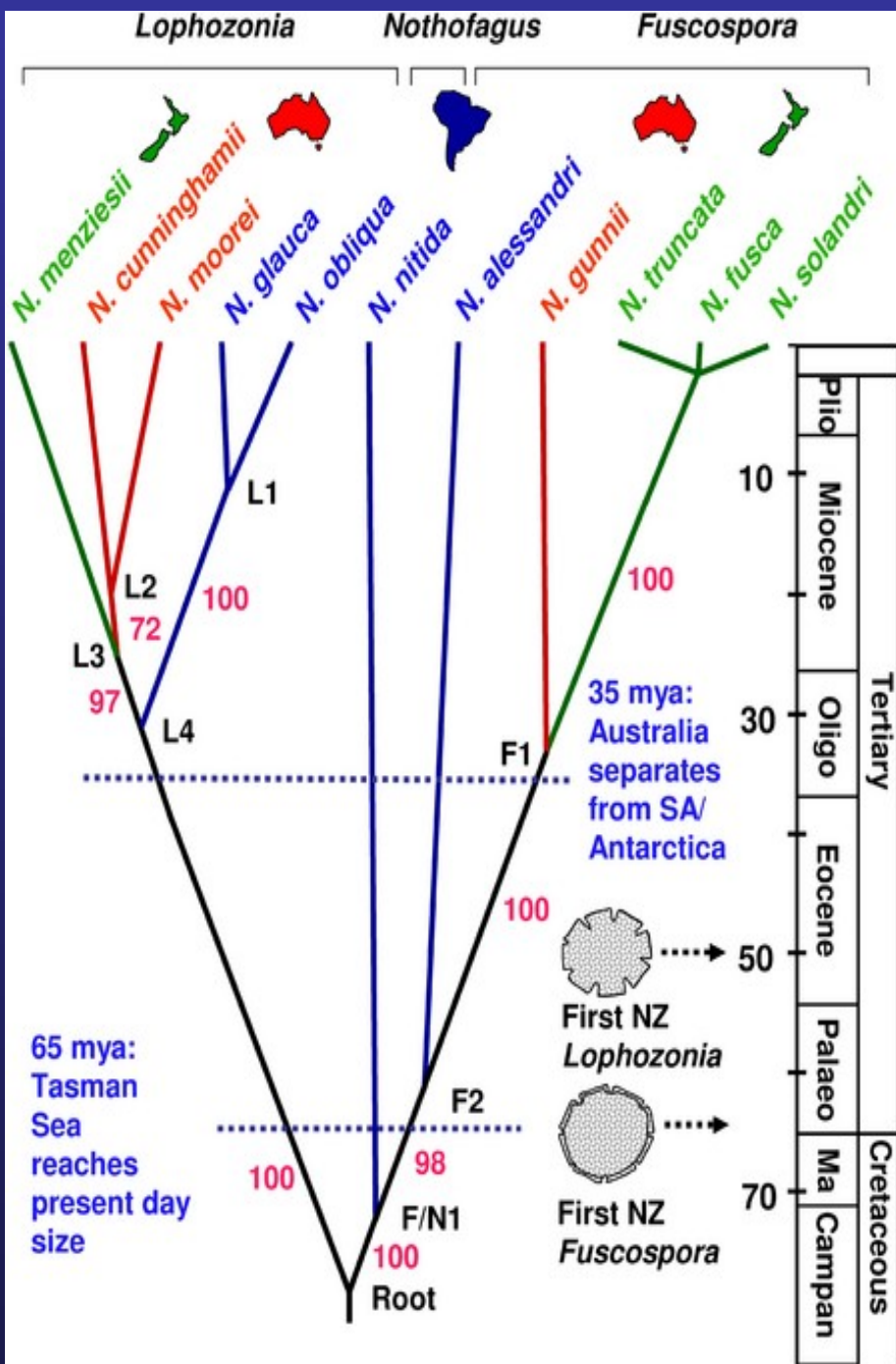


Fig. 4: Areas de distribución de géneros selectos pertenecientes al Elemento Australasiano de la flora de bosques del sur de Sudamérica.



Crisp et al., 2011



Knapp et al, 2005;  
Crisp et al. 2005

# Disyunciones neotropicales

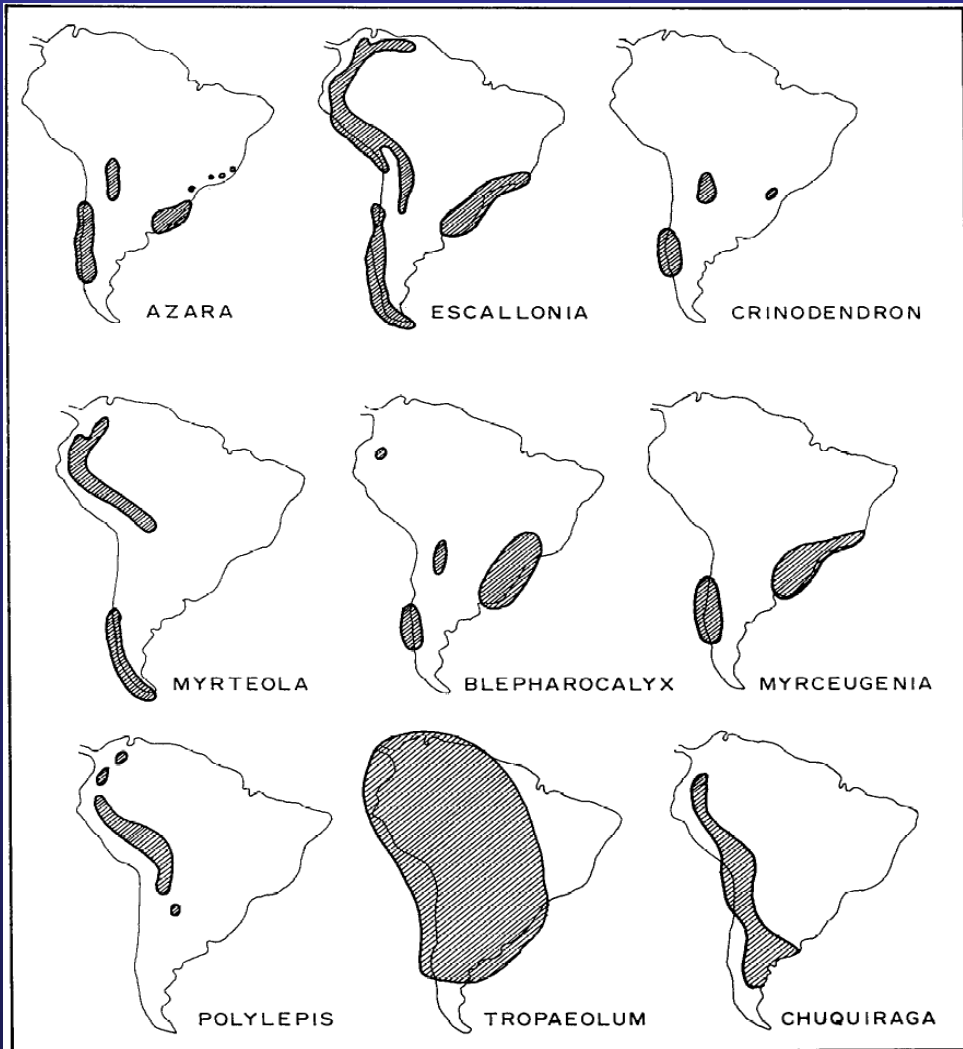
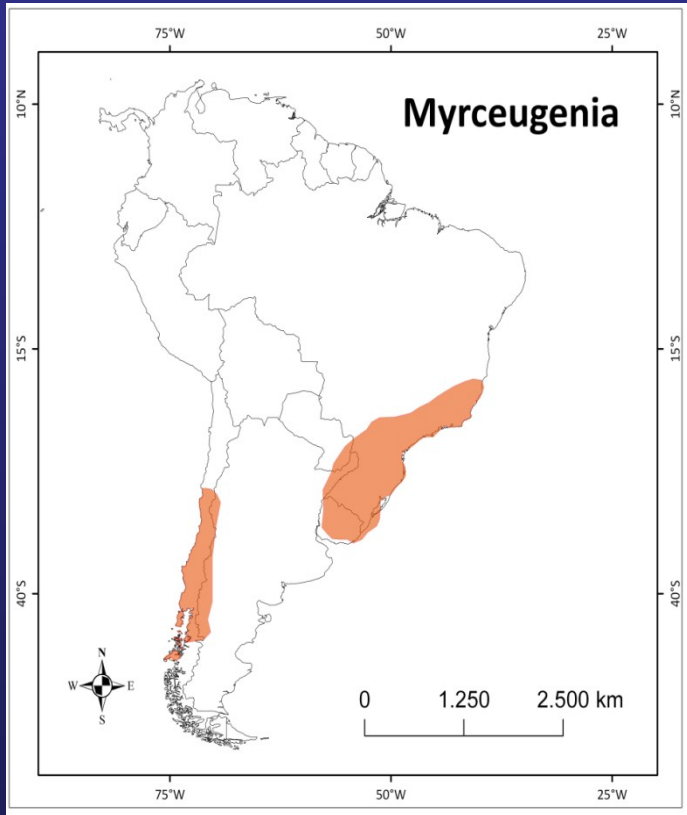
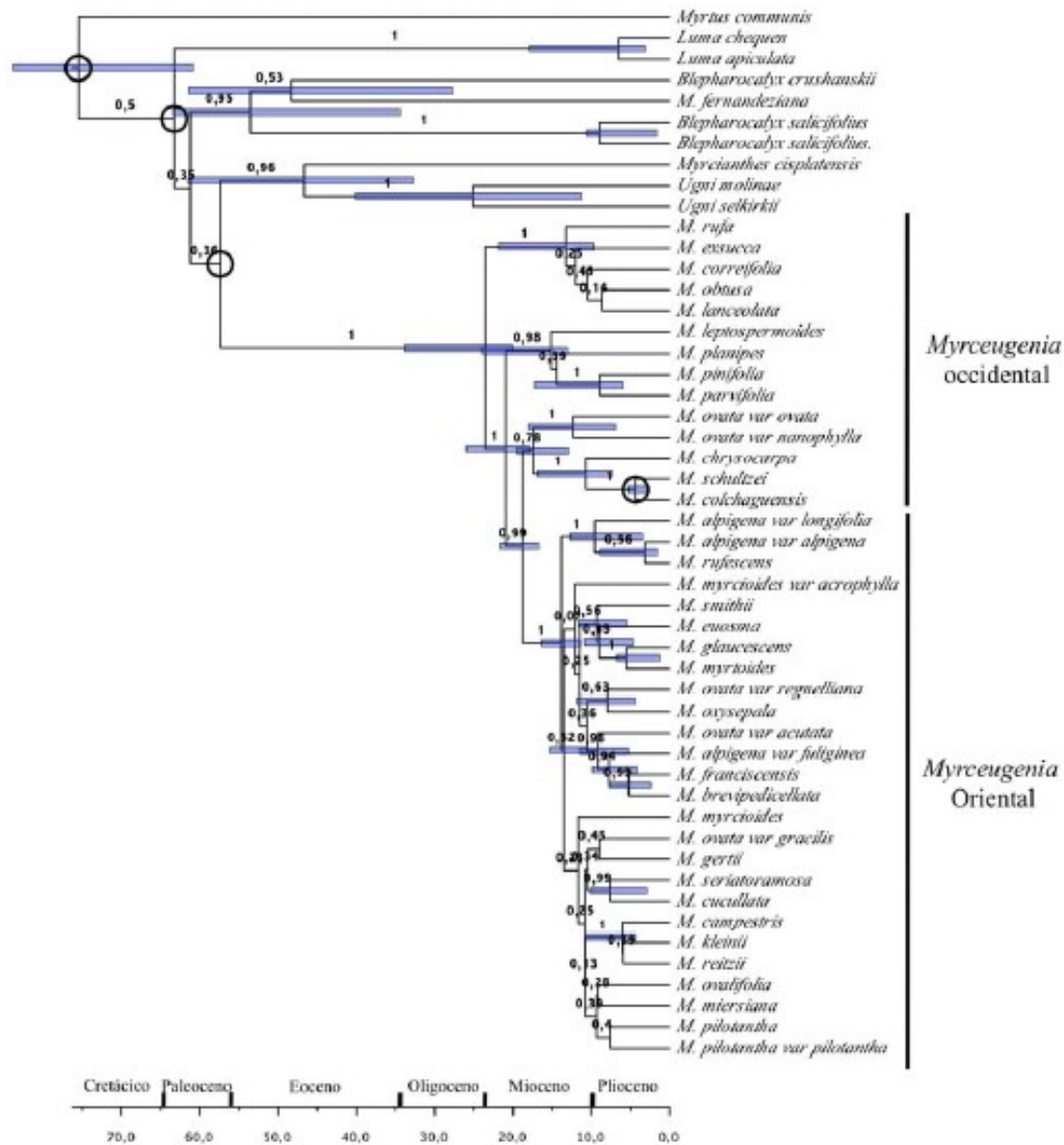


Fig. 3: Areas de distribución (disyuntas y continuas) de géneros selectos pertenecientes al Elemento Neotropical de la flora de bosques del sur de Sudamérica.

# Myrceugenia (Myrtaceae)

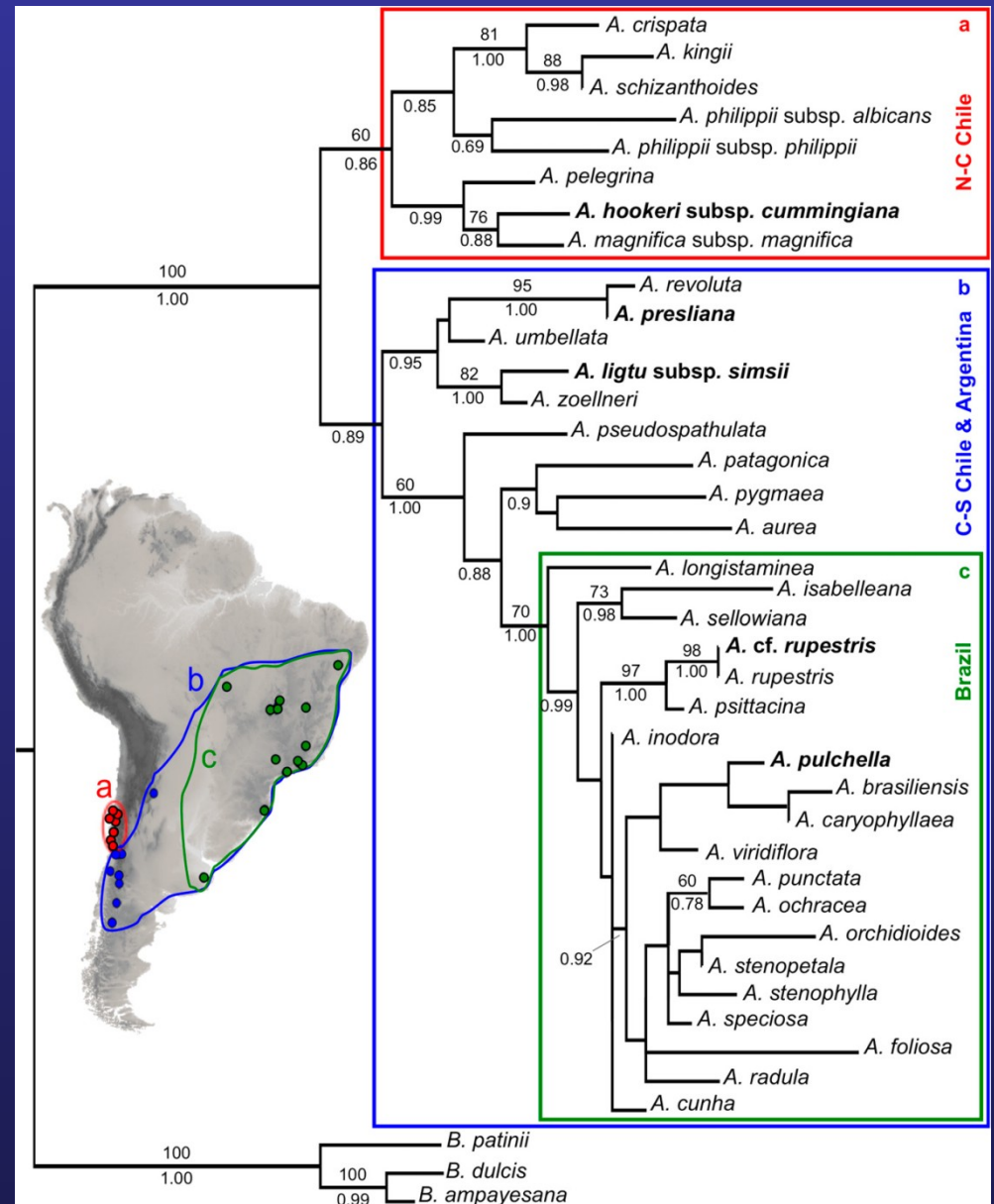




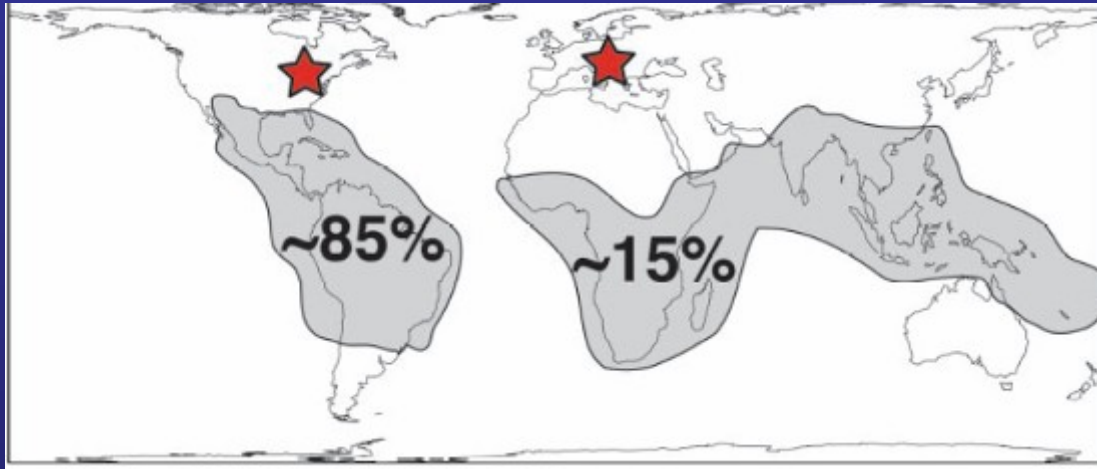




*A. violaceae*



# Disyunciones África-Sudamérica



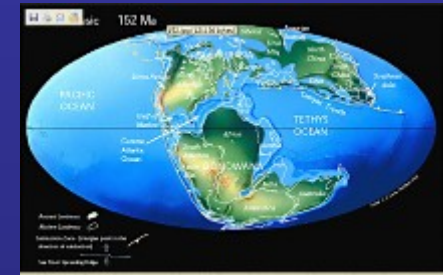
*Dinemagonum gayanum*



*Byrsonima*  
(Malpighiaceae)

Malpighiaceae

- Vicarianza: ruptura Gondwánica



- Dispersión terciaria:

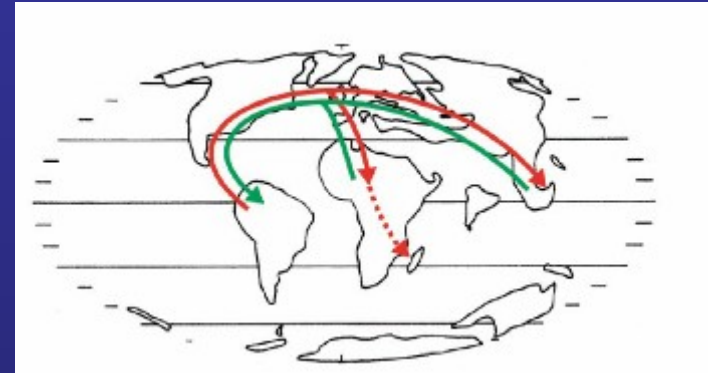
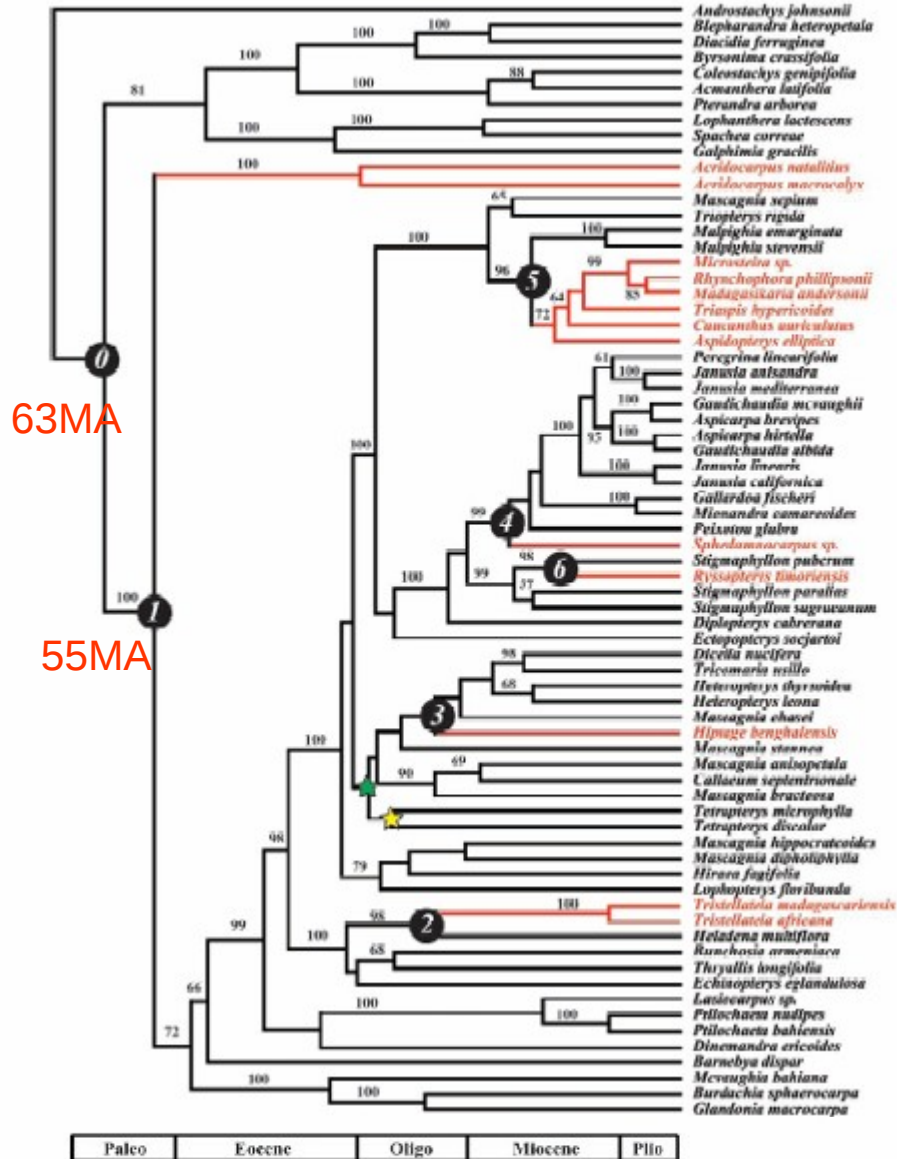
- Puente Noratlántico terciario (clima más cálido)
- Atlántico larga distancia (continentes más cerca, nivel más bajo)

- Dispersión a larga distancia reciente

- Dispersión antropogénica



# Malpighiaceae

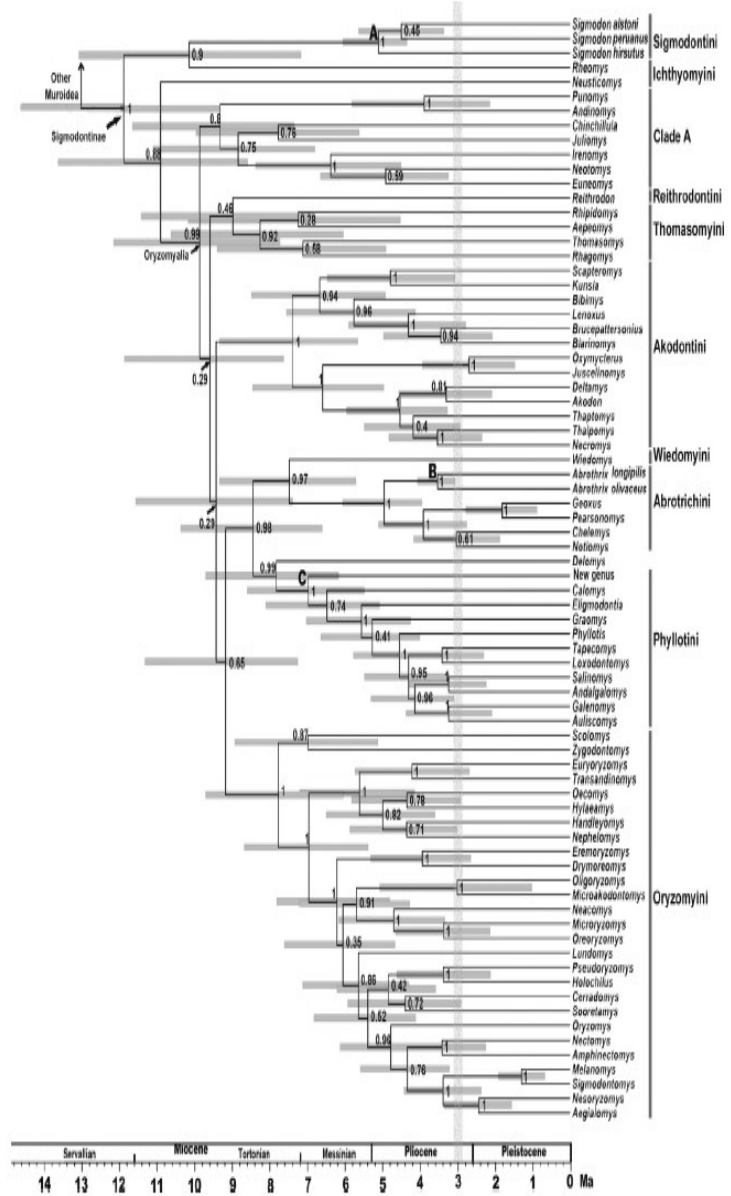
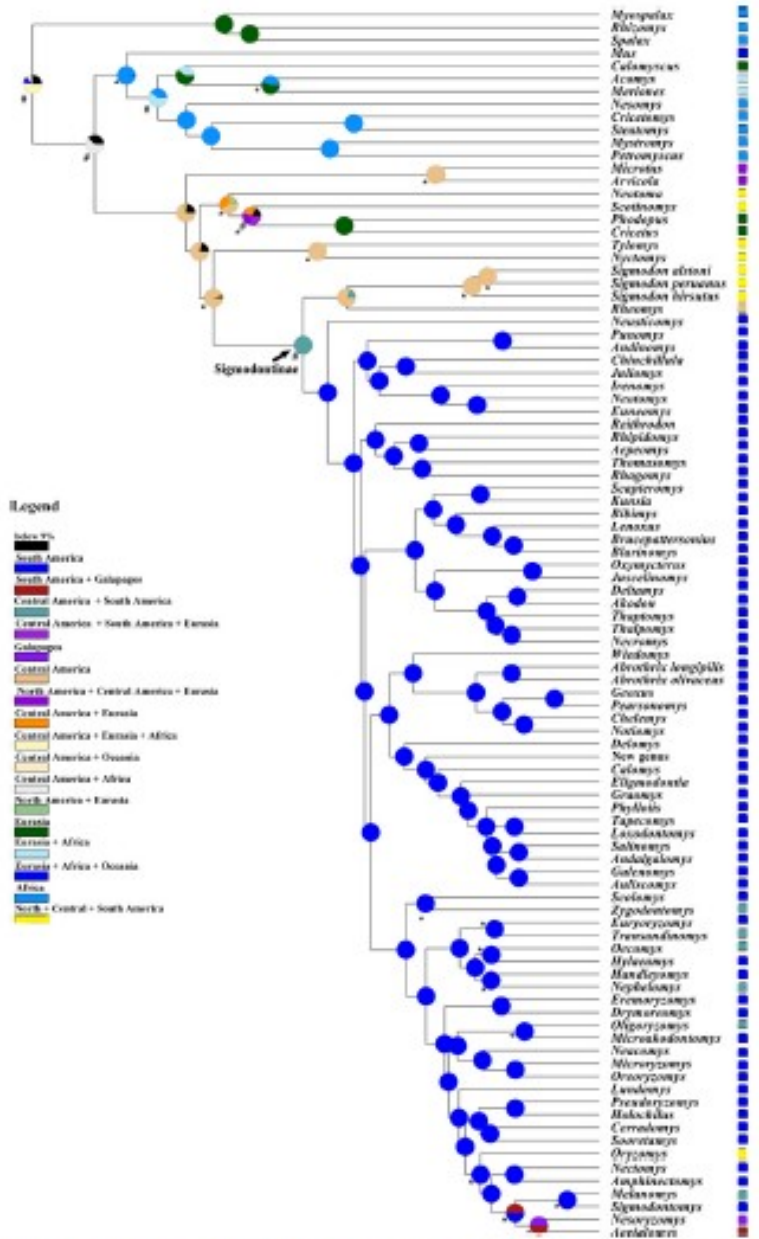


fossil species of *Tetrapteryx* recovered from the early Oligocene (33 mya; ref. 17)

Fig. 2. Maximum likelihood tree topology (1-in L = 12,333.97) for combined ndhF and WYFC data with bootstrap values (>50%) indicated on branches. Old World lineages are shaded red. Divergence times were calculated on the rate-smoothed topology by calibrating the two nodes indicated by the colored stars with a fossil of *Tetrapteryx* (33 mya; ref. 17). The origin of Malpighiaceae (node 0) is reconstructed as New World and is estimated at 63.6 ± 5.8 mya. The nodes labeled 1–6 correspond to the New/Old World divergences estimated from the DIVA reconstruction. Age estimates for nodes 1 through 6 (calibrated with the fossil placed at the green star) are, respectively: 55.1 ± 6.0 mya, 30.4 ± 2.6, 29.4 ± 2.1, 19.1 ± 1.5, 15.1 ± 1.2, and 12.9 ± 0.85. The scale bar indicates major Tertiary epochs (Paleo = Paleocene; Oligo = Oligocene; Mio = Miocene).

Davis et al 2002





Parada et al. 2013

# Radiaciones adaptativas: procesos de especiación rápido

