

## Clase 1

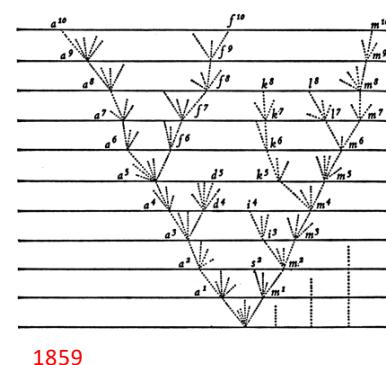
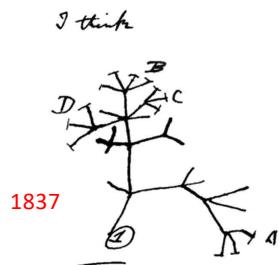
## Introducción a la filogenética molecular

## Árboles filogenéticos

## ¿Qué es un árbol filogenético?

**Filogenia**

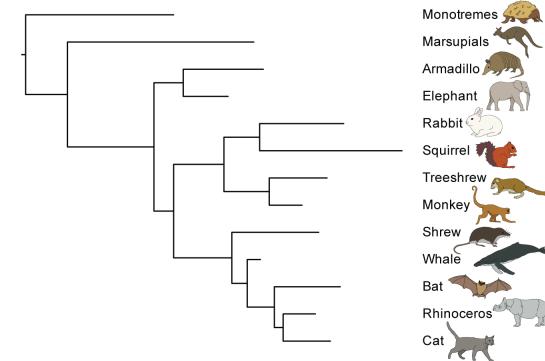
Las relaciones evolutivas entre un grupo de organismos



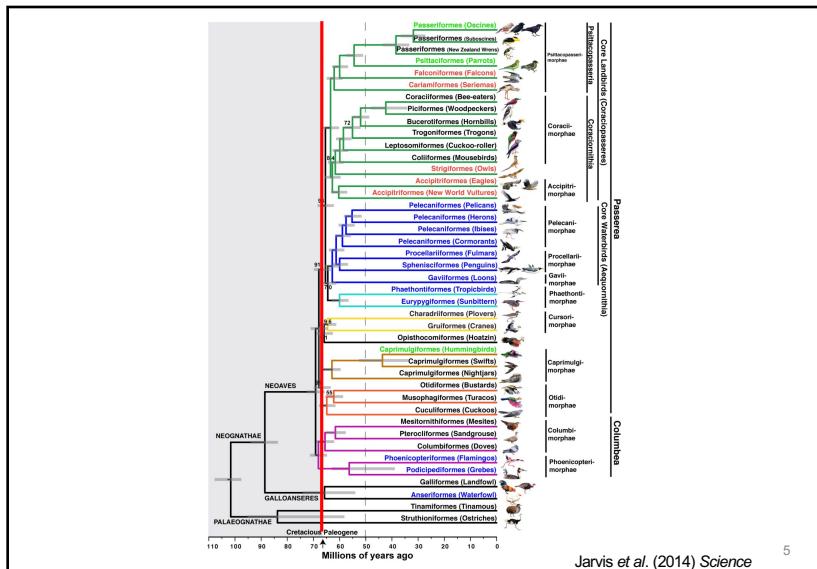
3

## Árboles filogenéticos

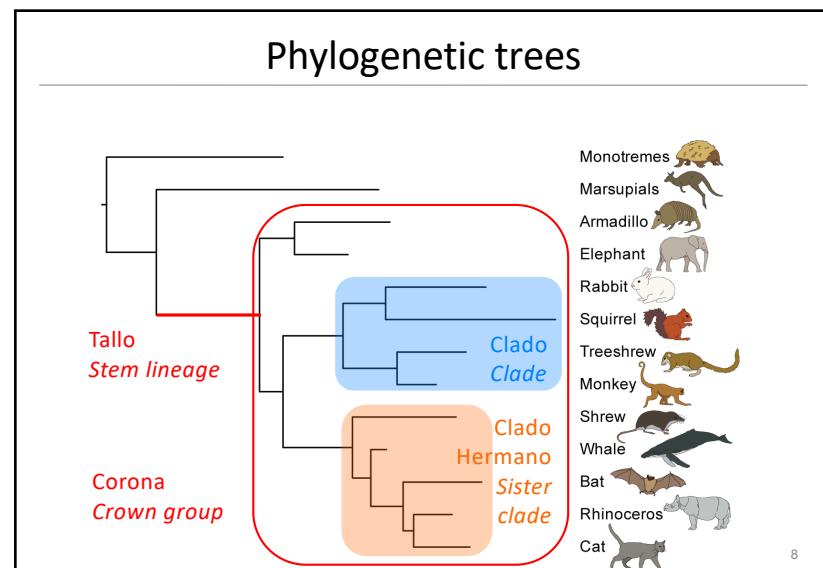
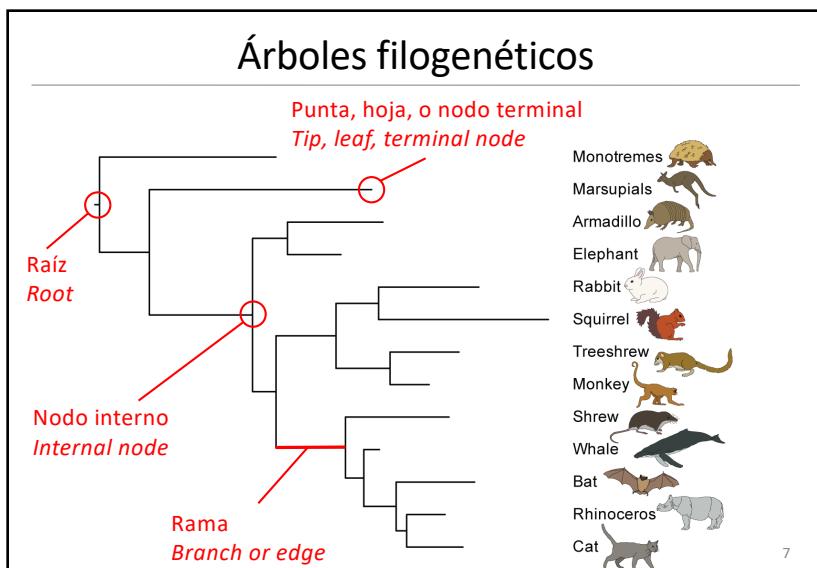
- Topología (las relaciones)
- Longitud de ramas (cantidad de cambio evolutivo o tiempo)



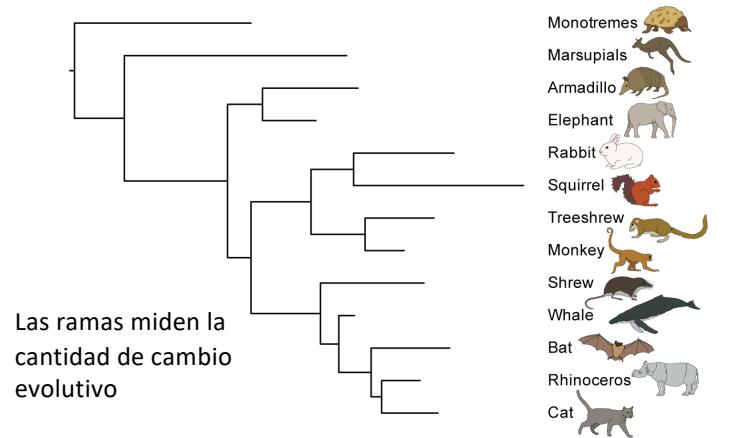
4



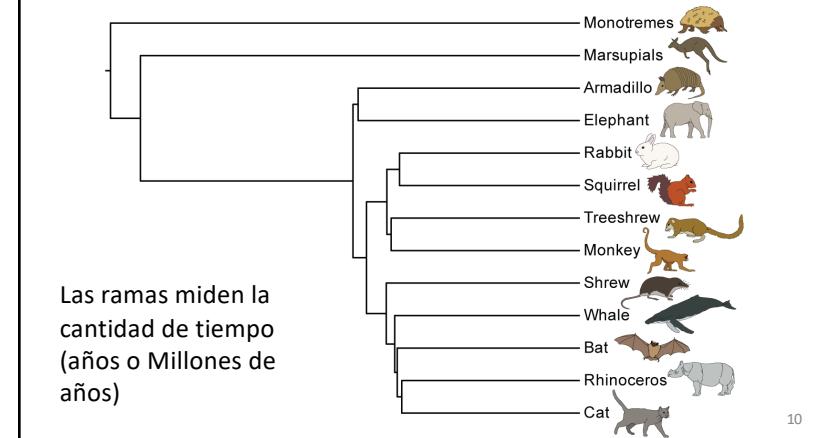
## Pensamiento de árboles Tree thinking



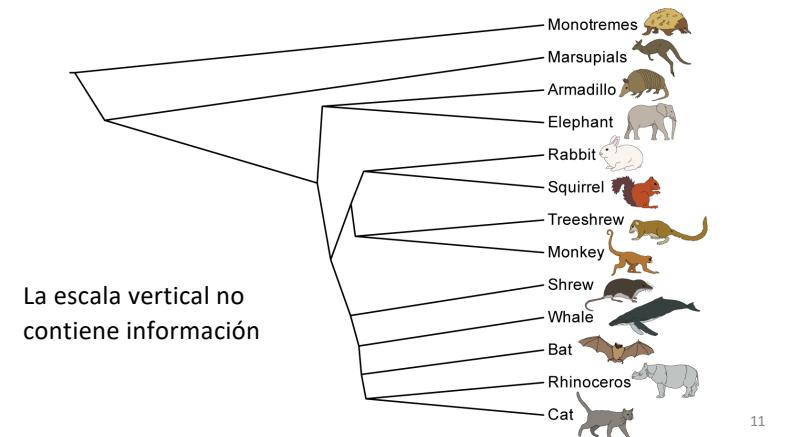
## Árboles: Filograma



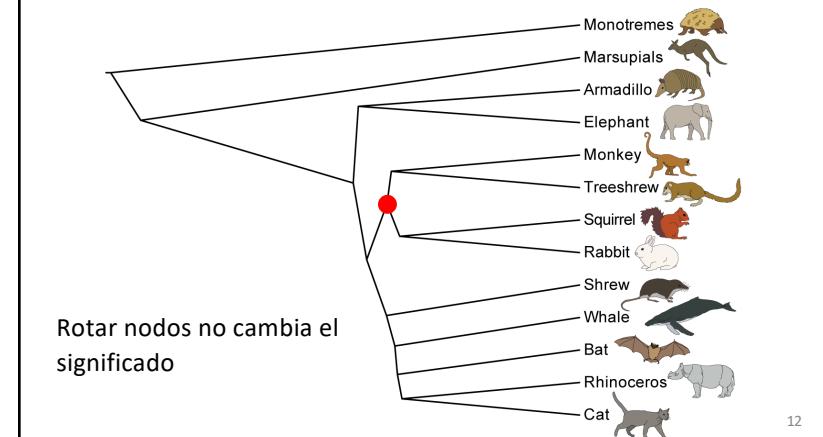
## Árboles: Cronograma



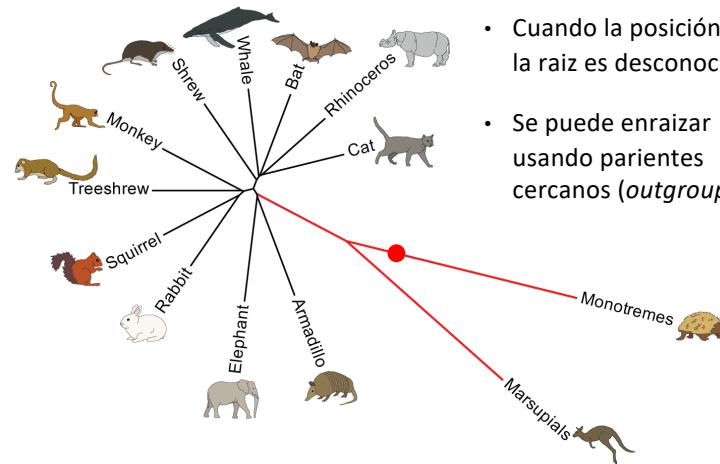
## Árboles filogenéticos



## Árboles filogenéticos



## Árboles filogenéticos: desraizados



- Cuando la posición de la raíz es desconocida
- Se puede enraizar usando parientes cercanos (*outgroups*)

13

## Árboles filogenéticos: el formato Newick

- Sin longitud de ramas (cladograma):
  - (Monotremes,(Marsupials,((Elephant,Armadillo),(((Squirrel,Rabbit),(Monkey,Treeshrew)),(Shrew,(Whale,(Bat,(Cat,Rhinoceros))))))));
- Con longitud de ramas (filograma/cronograma):
  - (Monotremes:12.0,(Marsupials:11.0,((Elephant:1.0,Armadillo:1.0):9.0,((Squirrel:1.0,Rabbit:1.0):2.0,(Monkey:1.0,Treeshrew:1.0):2.0):5.0,(Shrew:4.0,(Whale:3.0,(Bat:2.0,(Cat:1.0,Rhinoceros:1.0):1.0):1.0):4.0):2.0):1.0):1.0);

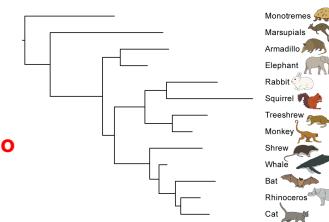
14

## Filogenética molecular

## Asunciones fundamentales

- Los métodos filogenéticos hacen varias asunciones:
  - Un árbol representa las relaciones entre organismos
  - Se comparan caracteres homólogos
  - Se comparan caracteres independientes
  - Los linajes evolucionan independientemente

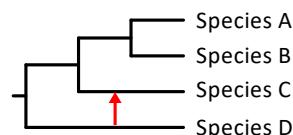
¿Cuándo no es correcto asumir un árbol?



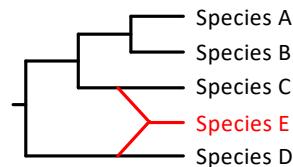
16

## Evolución no-arborea

Transferencia horizontal

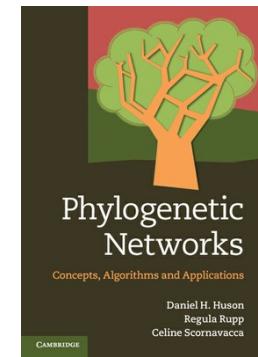
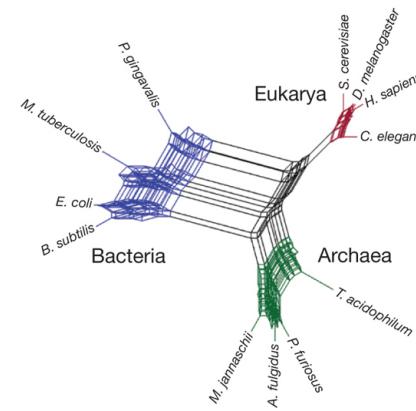


Especiación híbrida



17

## Redes filogenéticas

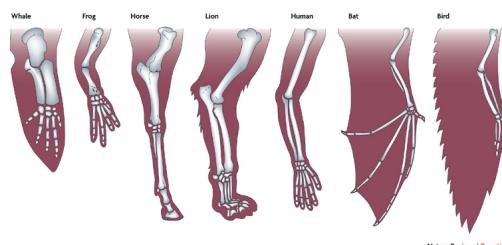


18

Theobald (2010) Nature

## Asunciones fundamentales

- Los métodos filogenéticos hacen varias asunciones:
  - Un árbol representa las relaciones entre organismos
    - Se comparan caracteres homólogos**
    - Se comparan caracteres independientes
  - Los linajes evolucionan independientemente



19

## La homología de caracteres

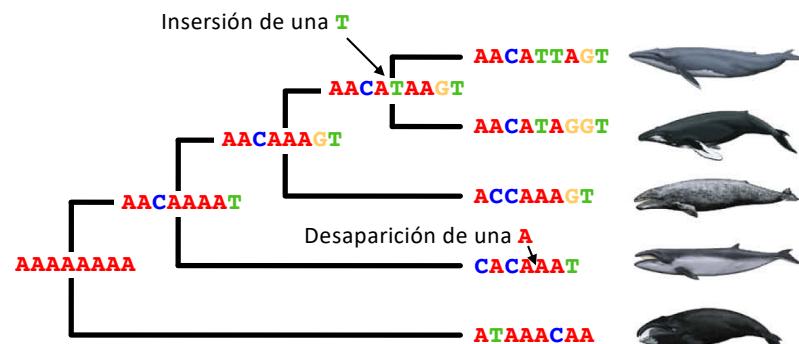
- Se comparan cadenas de nucleótidos
- Cada sitio de un nucleotide contiene un carácter
- Pero las secuencias de ADN pueden variar en longitud

blue whale	<b>CGTTAGTACACT</b>
humpback whale	<b>CGATAGTTCACT</b>
gray whale	<b>CGTTAGTTTACC</b>
fin whale	<b>CATTGGGATTACT</b>
right whale	<b>CATTGGGTAACT</b>



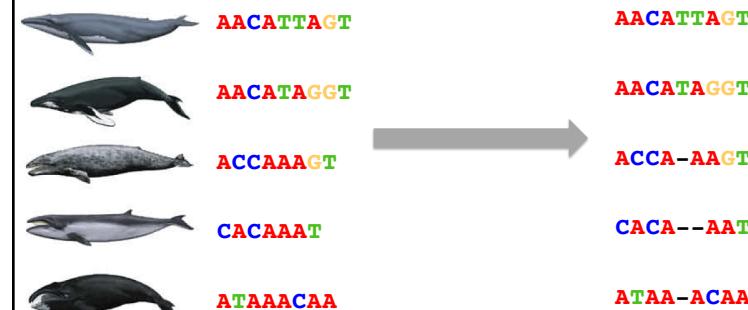
20

### Ejemplo: Ballenas



21

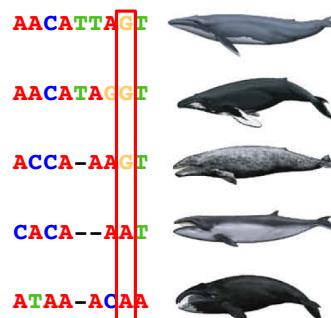
### Alineamiento de secuencias de ADN



22

### Alineamiento de secuencias de ADN

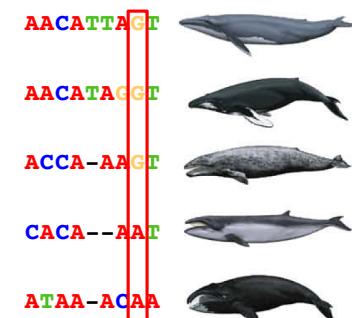
- Sitios homólogos
- Heredados del ancestro común de todas las secuencias del alineamiento
- El objetivo de alinear es maximizar el numero de sitios para los cuales se puede asumir homología



23

### Alineamiento de secuencias de ADN

- Se agrupan las primeras tres secuencias
- Se agrupan las últimas dos secuencias
- Un sitio que provée información a todos los métodos filogenéticos



24

## Alineamiento de secuencias de ADN

- No se agrupan secuencias
  - No informa a la máxima parsimonia
- Pero contiene información de la cantidad de evolución molecular
  - Útil en el caso de otros métodos filogenéticos

**AACATTAGT**  
**AACATAGCT**  
**ACCA-AACT**  
**CACA--AAT**  
**ATAA-ACAA**



25

## Alineamiento de secuencias de ADN

- Indel – inserción o desaparición
- Potencialmente informativo
- La mayoría de métodos filogenéticos no usan ésta información

**AACATTTAGT**  
**AACATTTAGGT**  
**ACCA-AAAGT**  
**CACA--AAT**  
**ATAA-ACAA**



26

## Un acercamiento práctico

Se alinean las secuencias usando métodos automatizados

CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice

Julie D.Thompson, Desmond G.Higgins\* and Toby J.Gibson\*

Software **Open Access**  
**MUSCLE: a multiple sequence alignment method with reduced time and space complexity**  
 Robert C Edgar\*

**MAFFT: a novel method for rapid multiple sequence alignment based on fast Fourier transform**

Kazutaka Katoh, Kazuharu Misawa<sup>1</sup>, Kei-ichi Kuma and Takashi Miyata\*

27

## Un acercamiento práctico

Se alinean las secuencias usando métodos automatizados

↓  
 Se ajusta el alineamiento "a ojo"

**CTATGTGGCACCCAGCCCCATGCA--AGC**  
**ATATGTGGCA-----CCCAGGCA--AG-**  
**ATATGTGGCACCCAGCCCCATGCATTT--**

28

## Un acercamiento práctico

Se alinean las secuencias usando métodos automatizados



Se ajusta el alineamiento "a ojo"



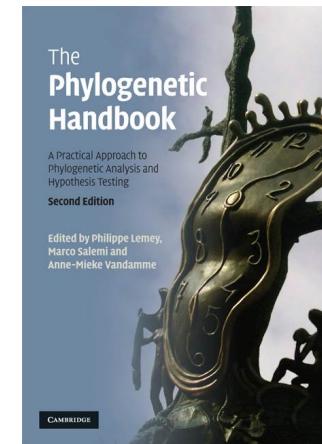
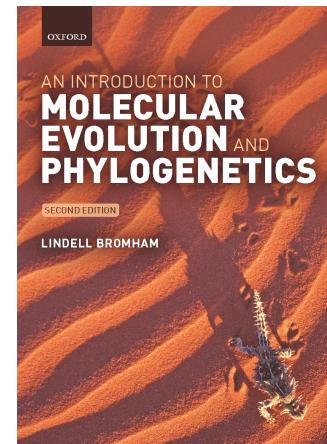
Se borran los sitios con homología incierta

```

CTATGTGGCACCCAGCCCATGCA--AGC
ATATGTGGCA-----CCCAGGCA--AG-?
ATATGTGGCACCCAGCCCATGCA TTT--
  
```

29

## Libros útiles



30