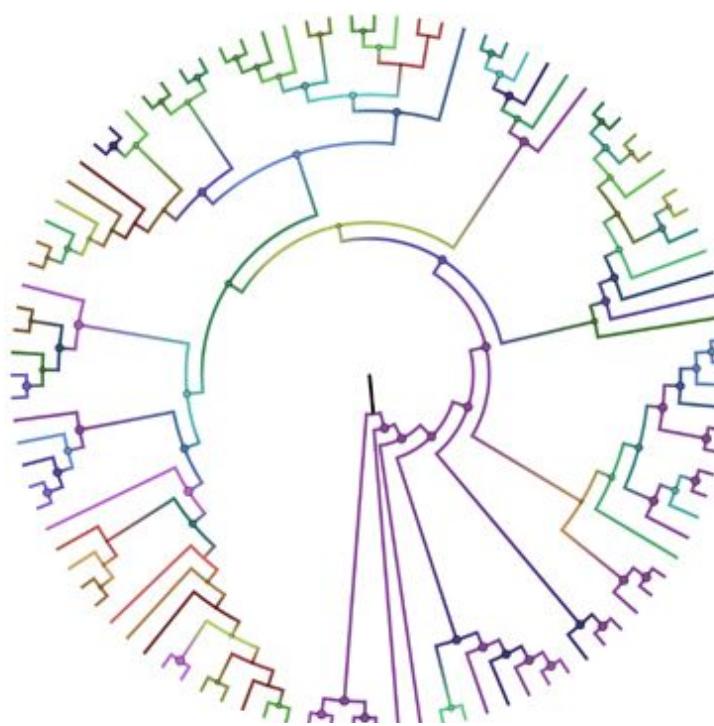


SISTEMÁTICA BIOLÓGICA

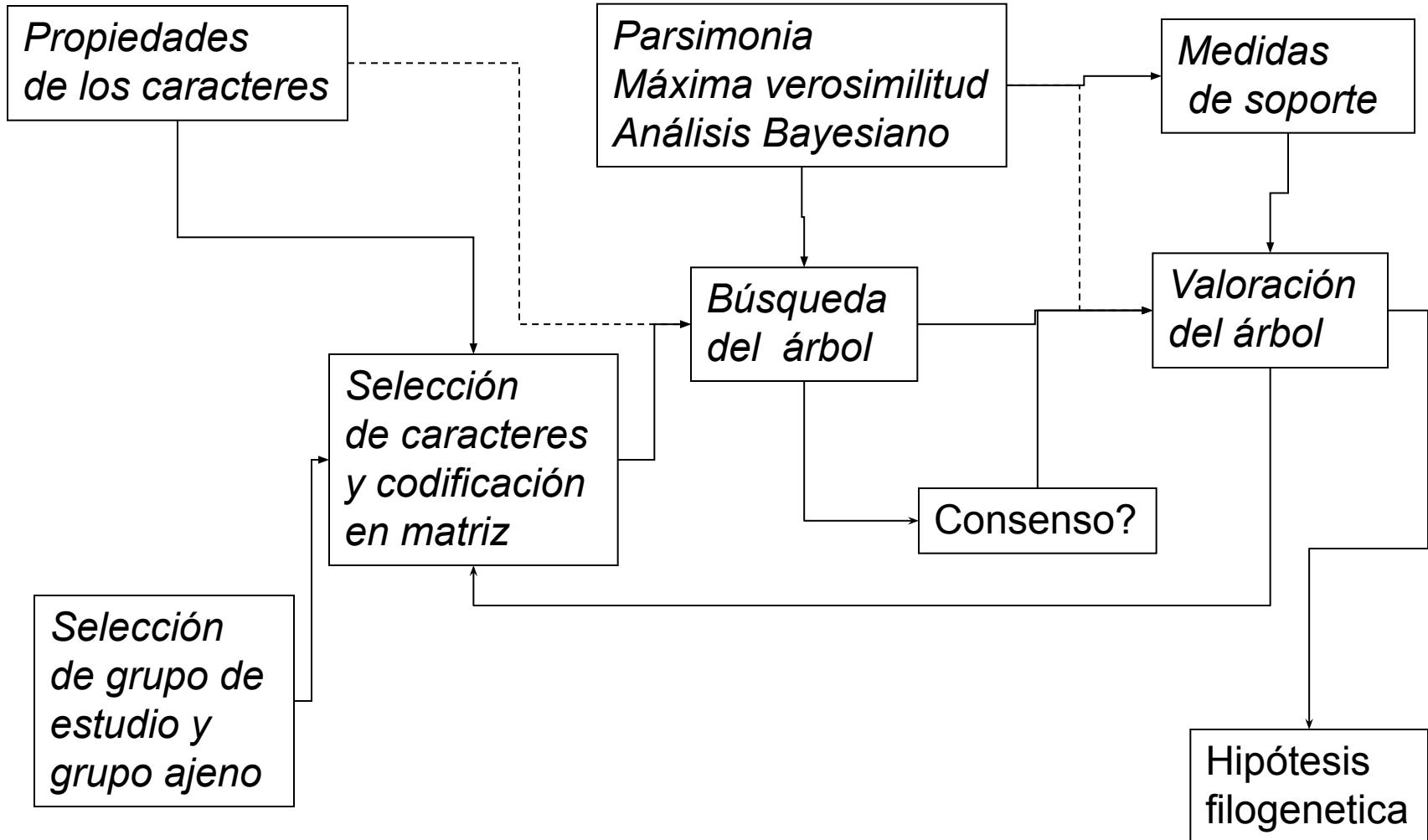
MÉTODOS DE INFERENCIA FILOGENÉTICA



Julián Aguirre-Santoro
Instituto de Ciencias Naturales
Universidad Nacional de Colombia



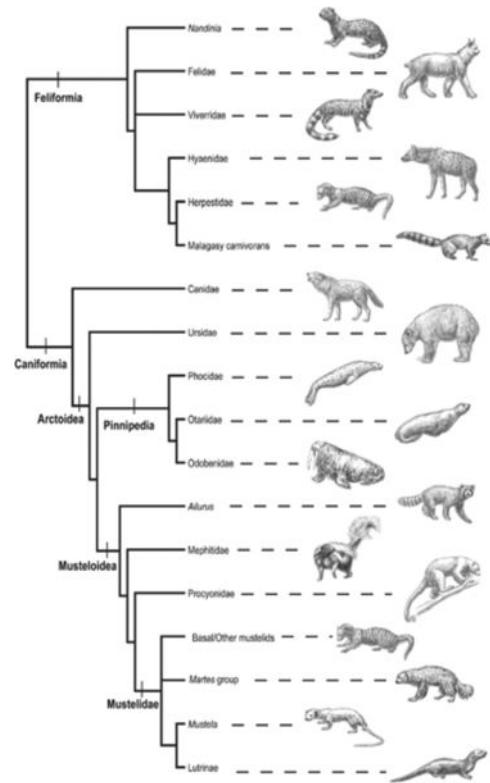
ESTRUCTURA BÁSICA DE UN ESTUDIO FILOGENÉTICO





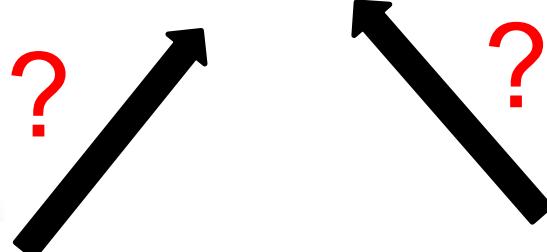
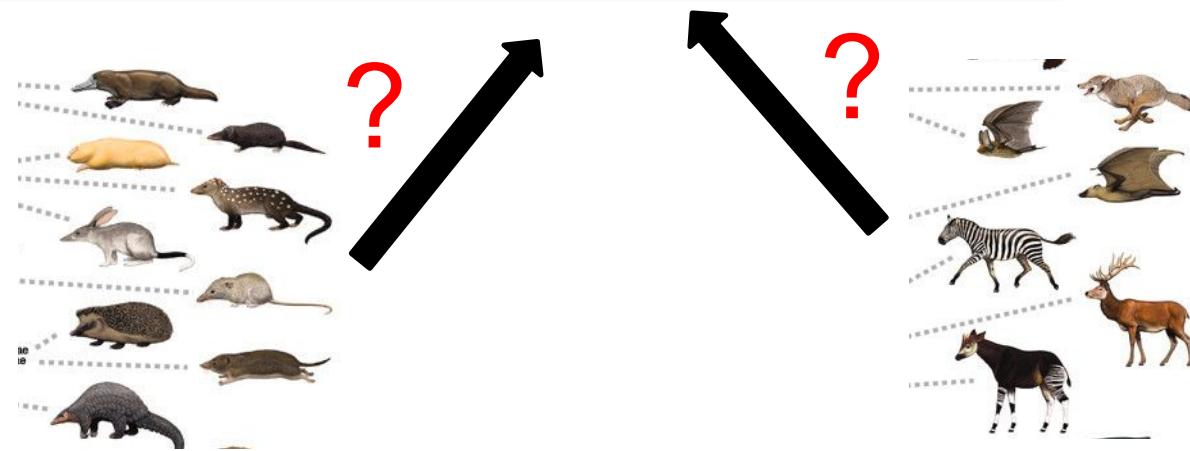
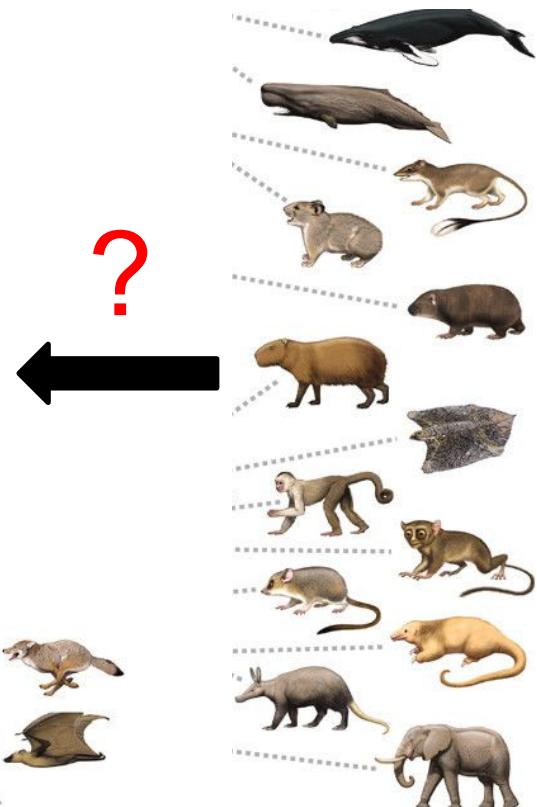
	1 (4)	2 (21)	3 (32)	4 (45)	5 (52)	6 (54)	7 (56)	8 -	9 (59)	10 (60)	11 (61)	12 (62)	13 (40)	14 (50)	15 (51)	16 (1)	17 (2)	18 (3)	19 (24)	20 (26)
Outgroup	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Cat	0	1	0	1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0
Hyena	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0
Civet	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
Dog	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Raccoon	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
Bear	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1
Other	1	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	0	0	0
Seal	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1	?	0	1	1
Walrus	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	1	1	0	0	1	1	0	1	1	1
Sea lion	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1	0	1	1	1

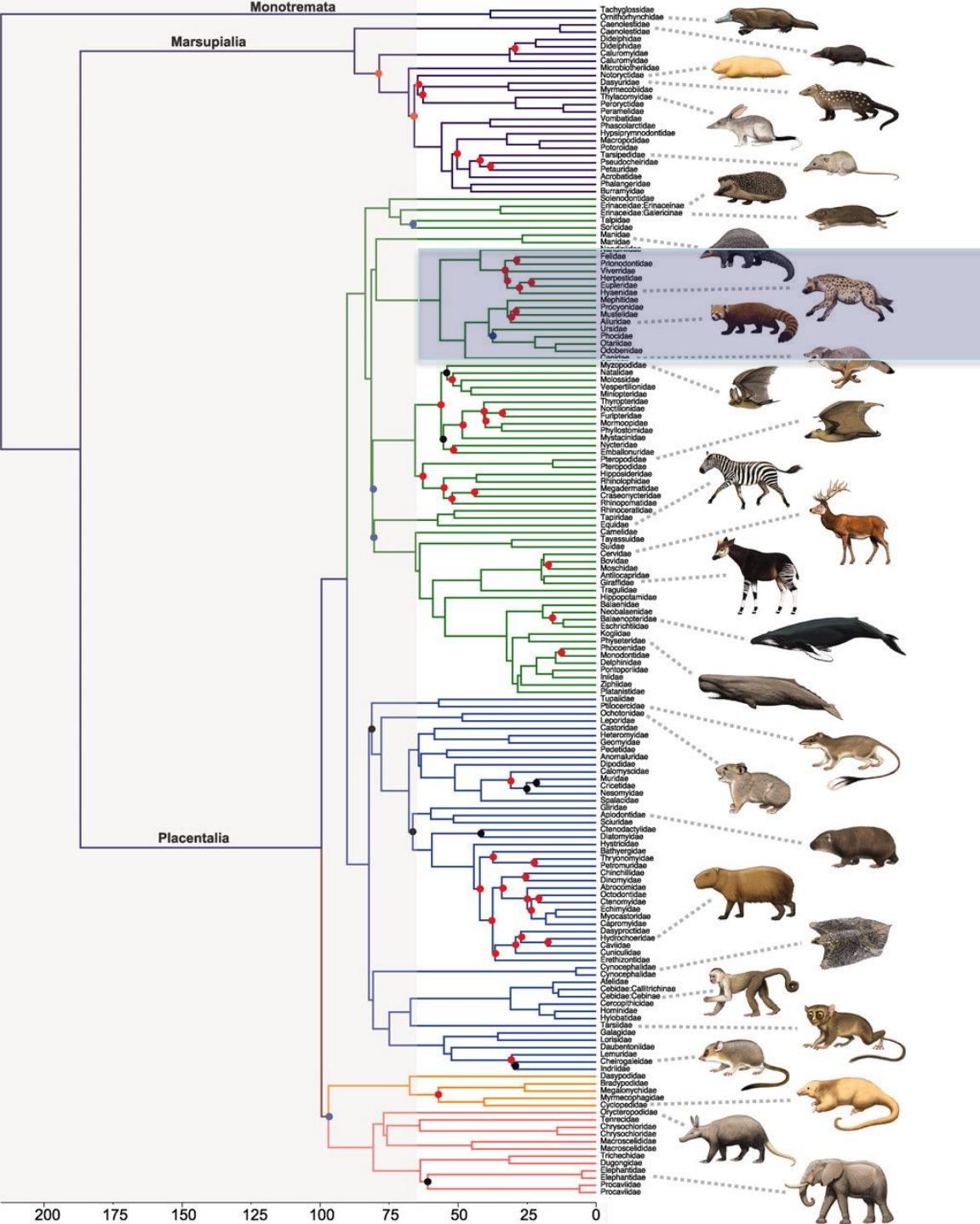
Hipótesis filogenética



I. OBJETIVO: Monofilia

Hipótesis alternativa: El orden Carnivora NO es monofilético





Carnivora

Grupo propio: Mamíferos
(excepto Monotrema)



Grupo ajeno: Monotrema

EJEMPLO CON ORDEN CARNIVORA

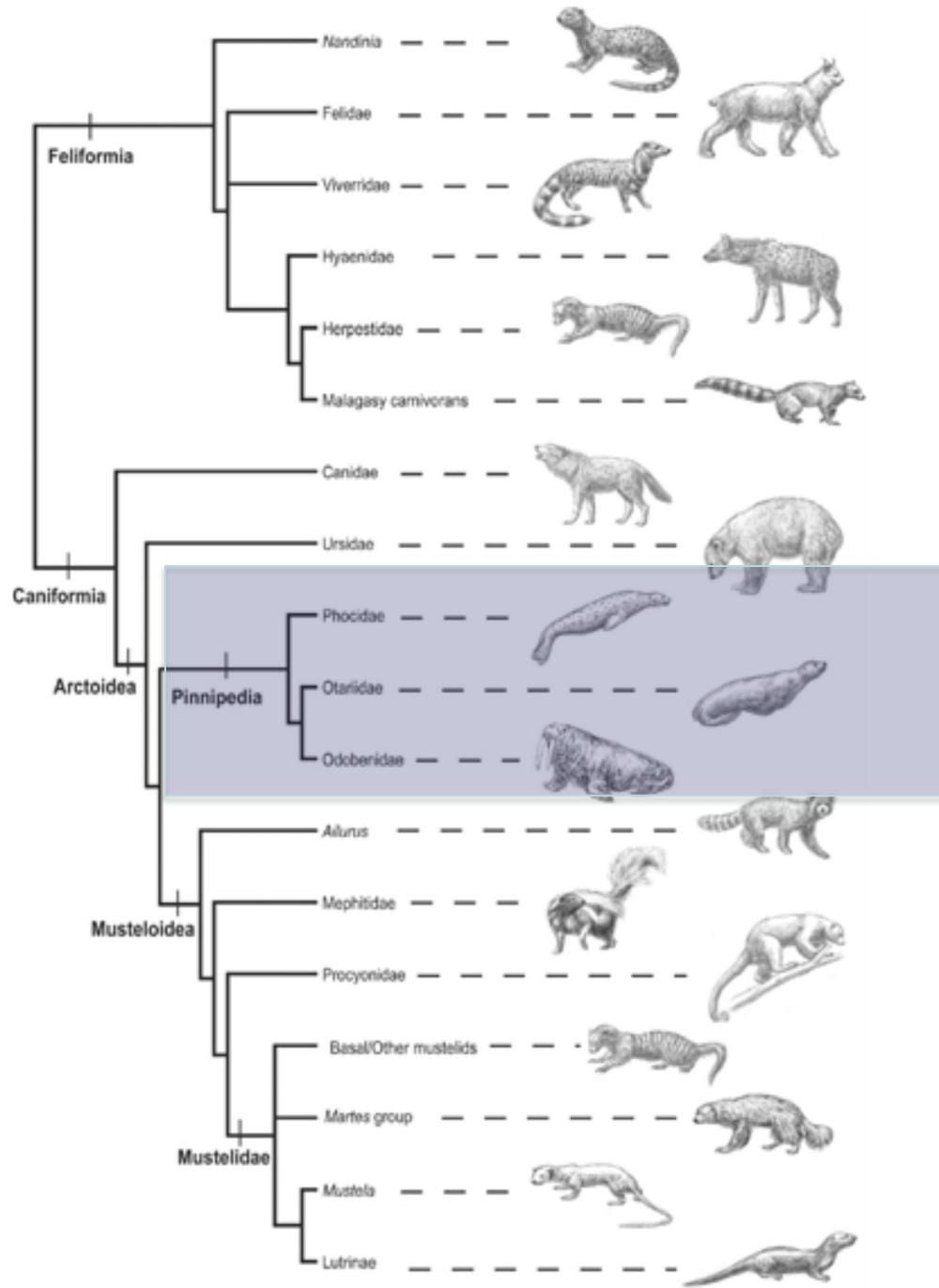
I. OBJETIVO: Monofilia

Hipótesis: Los Pinnipedos son monofiléticos



Grupo ajeno: Topo





Grupo propio: Carnívora

EJEMPLO CON CARNIVORA

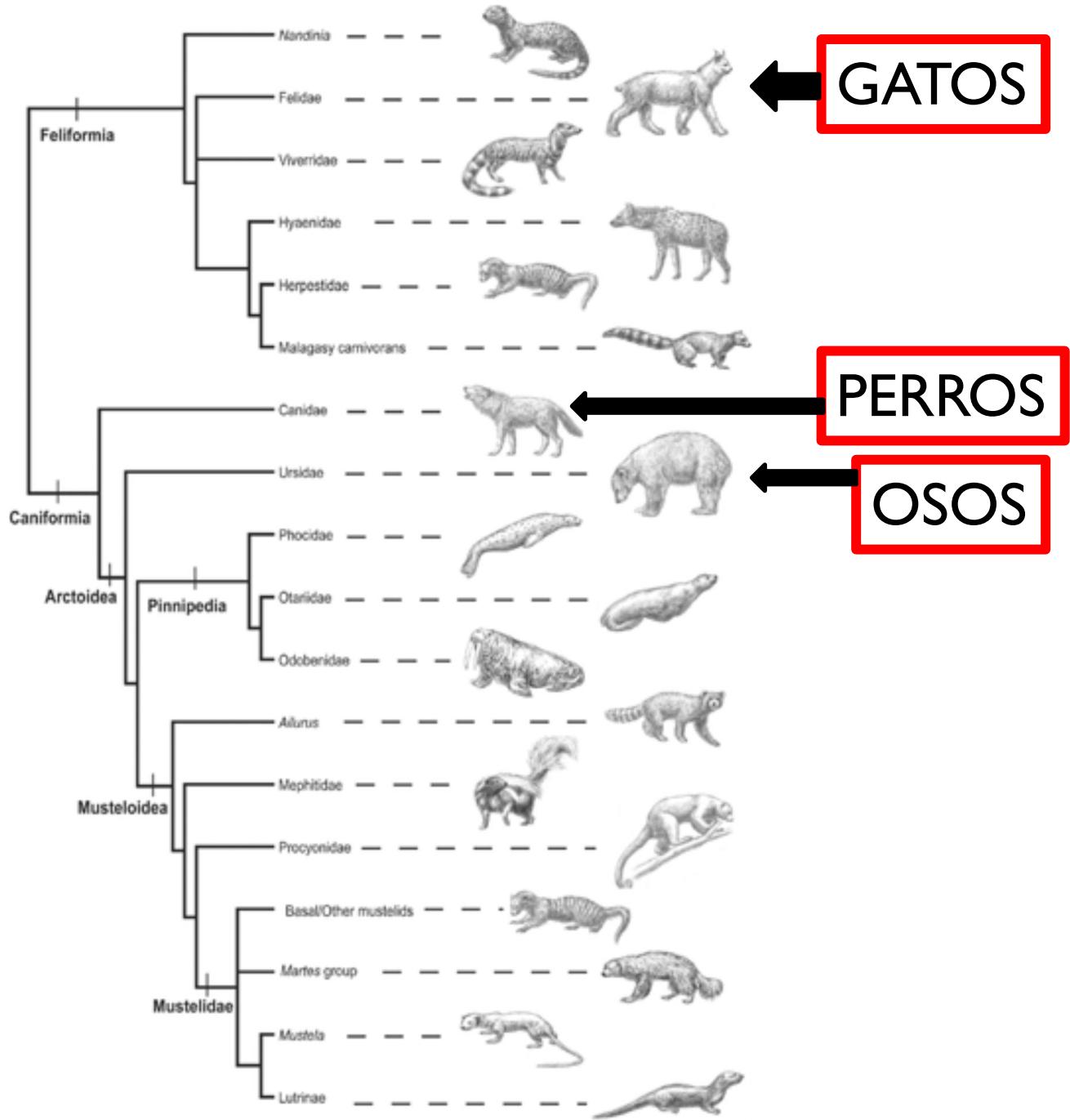
2. OBJETIVO: Relaciones filogenéticas internas

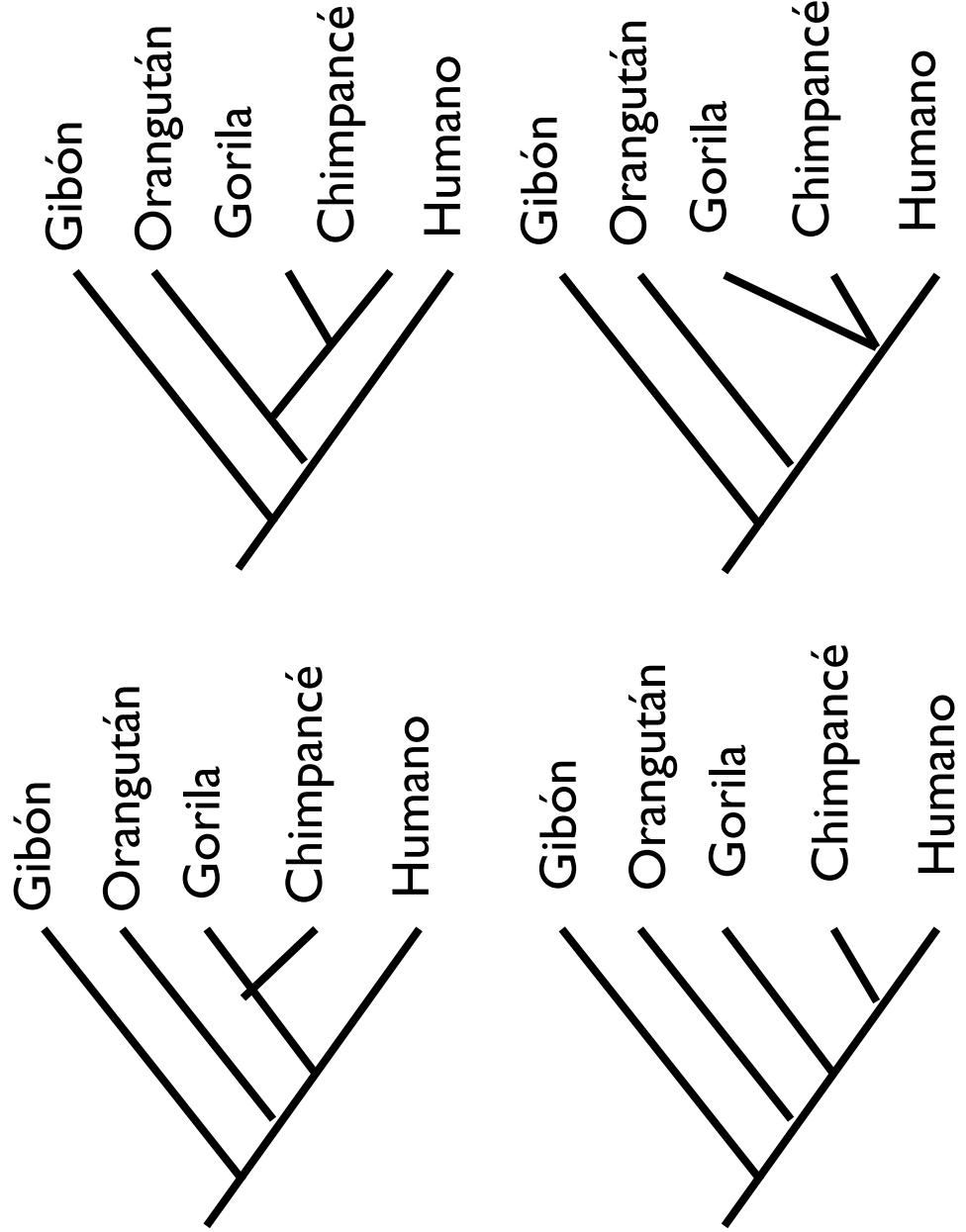
Hipótesis: Los perros están más relacionados a los osos que a los gatos



Grupo ajeno: Topo







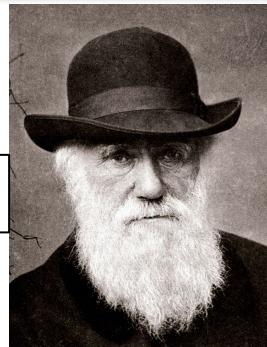
Hylobatidae



Pongidae

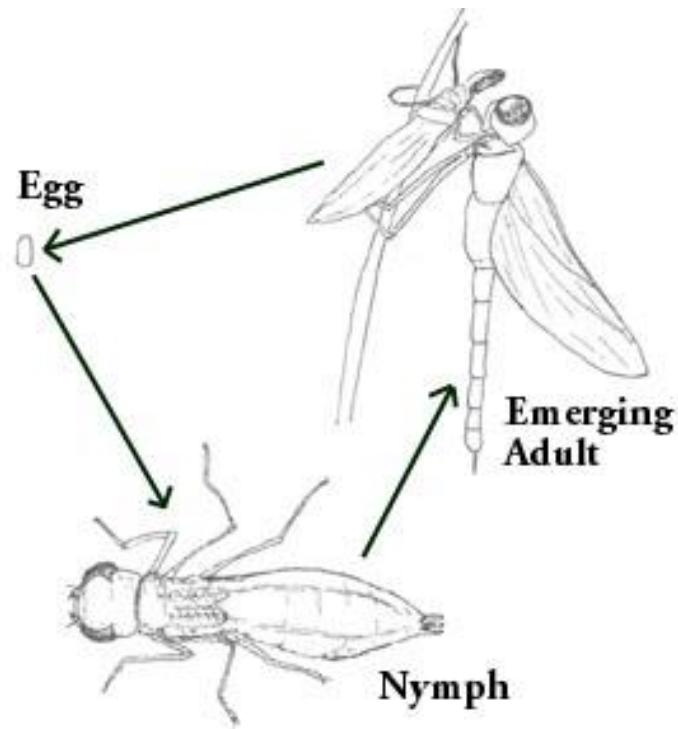


Hominidae

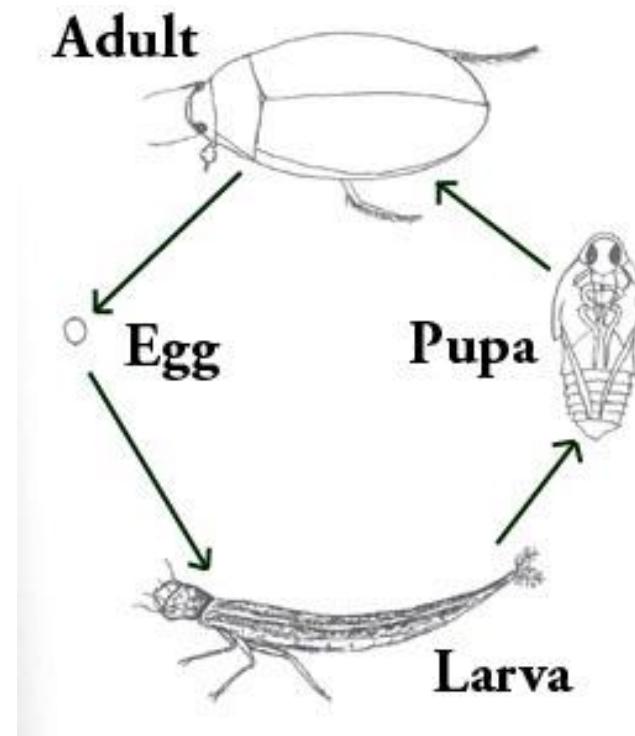


3. OBJETIVO: Encontrar el origen evolutivo de linajes y caracteres (y evaluar su condición homóloga)

Hipótesis: la metamorfosis en insectos se originó una sola vez y mucho después del origen del grupo



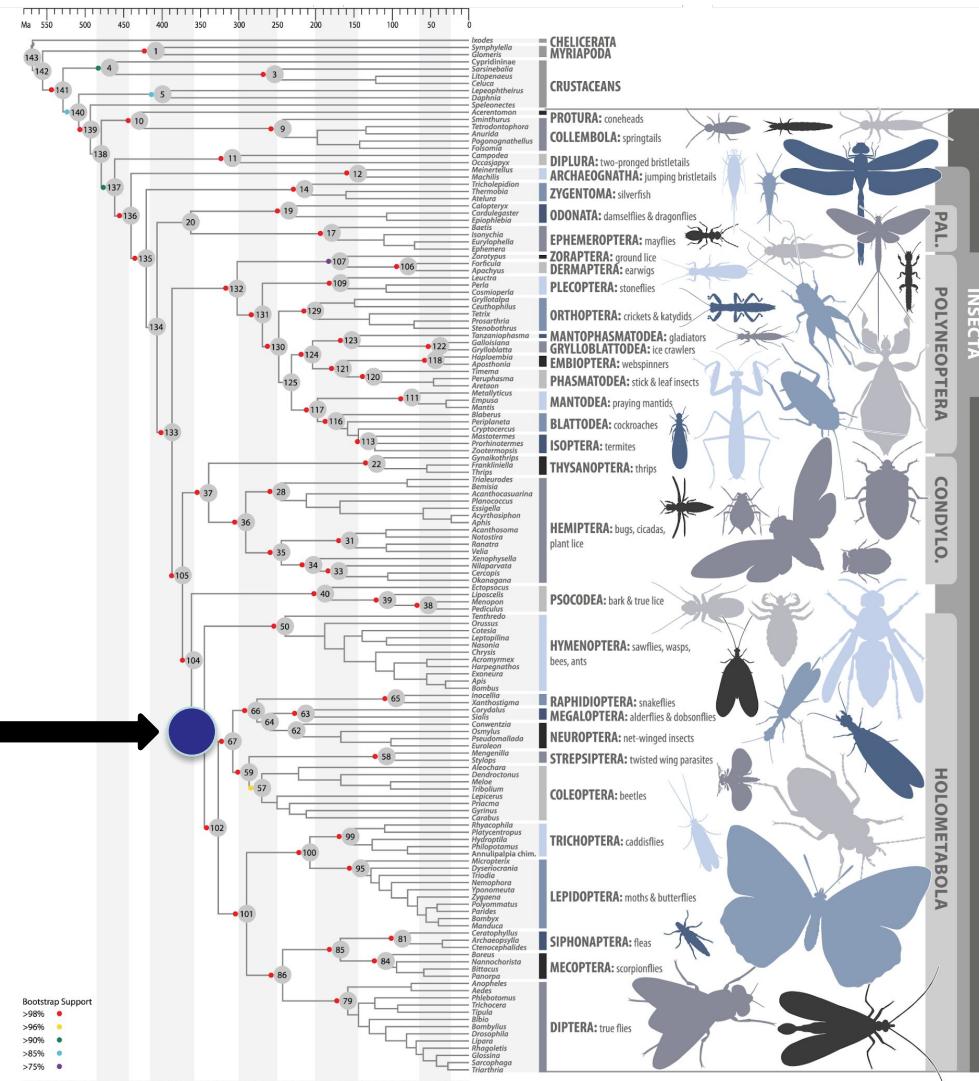
Hemimetábolos (metamorfosis incompleta)



Holometábolos (metamorfosis completa)

3. OBJETIVO: Encontrar el origen evolutivo de linajes y caracteres (y evaluar su condición homóloga)

Hipótesis: la metamorfosis en insectos se originó una sola vez y mucho después del origen del grupo



Origen de la
metamorfosis
completa

Puya: un linaje icónico de los Andes

Valles secos



Costa de Chile



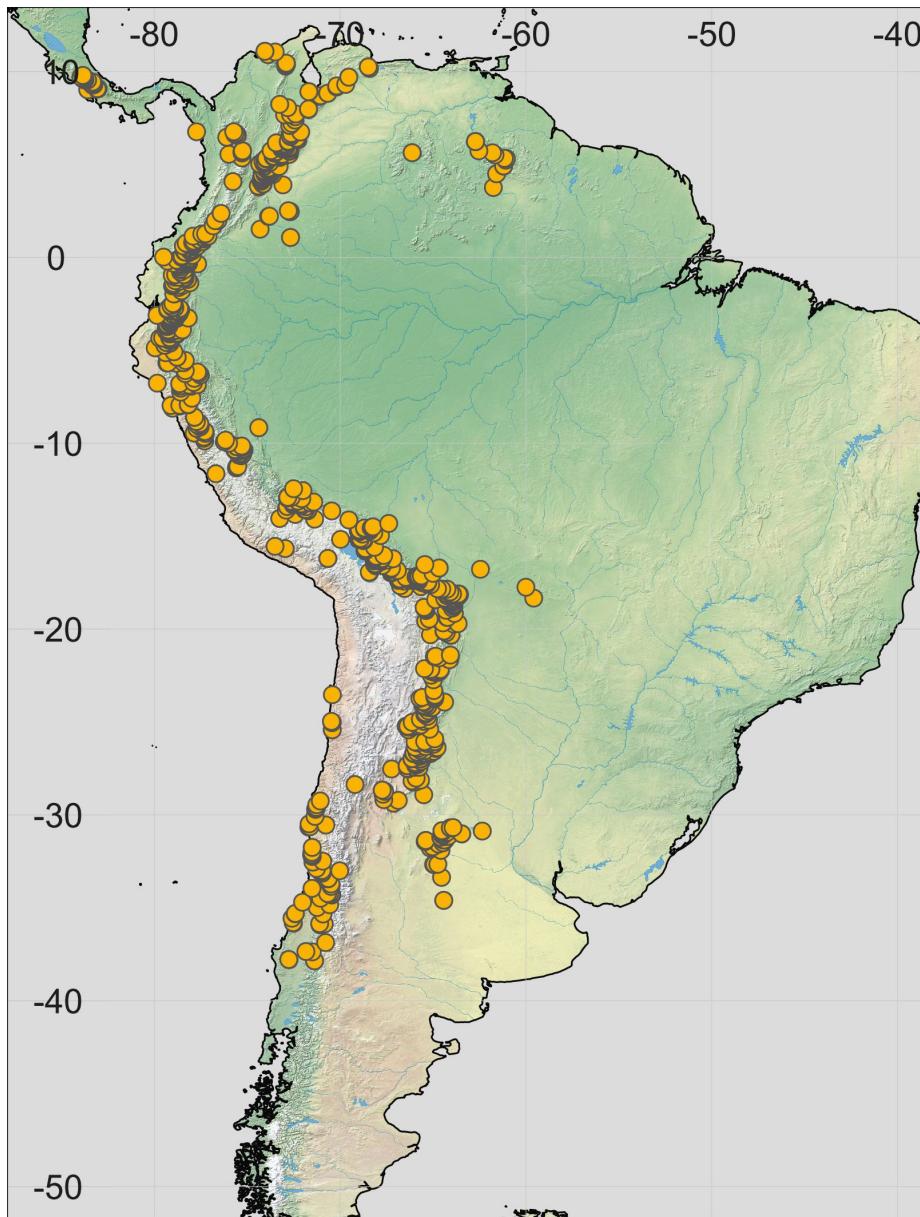
Puna



Páramo



Composición y distribución



Ca. 250 especies

Centros de diversidad:

- Andes centrales: ca. 150 especies
- Norte de los Andes: ca. 90 especies

Plasticidad fenotípica

Alta plasticidad derivada de la adaptación a hábitats extremos

Tamaño



10 m

Inflorescencia



Flores



Semelparidad



Protección



Preguntas

Presunción de monofilia (Givnish et al., 2011, Jabaily & Systma 2010, 2012)

- ¿En donde se originó este linaje?
- ¿Cuál fue la secuencia de eventos biogeográficos que permitieron la diversificación del grupo en los Andes?
- ¿Cómo y cuándo se dieron los eventos de colonización a ecosistemas de alta montaña?
- ¿Qué patrones fenotípicos se correlacionan con la diversificación en diferentes biomas andinos?



Muestreo



Salidas de campo:

- Argentina, Bolivia, Chile, Colombia, Ecuador, Peru, Costa Rica

Muestreo Taxonómico:

- G. ajeno: 3 OTUs (*Pitcairnia*, *Neoregelia*, *Bromelia*)
- G. interno: 110 OTUs (88 species of *Puya* ~ 40%)

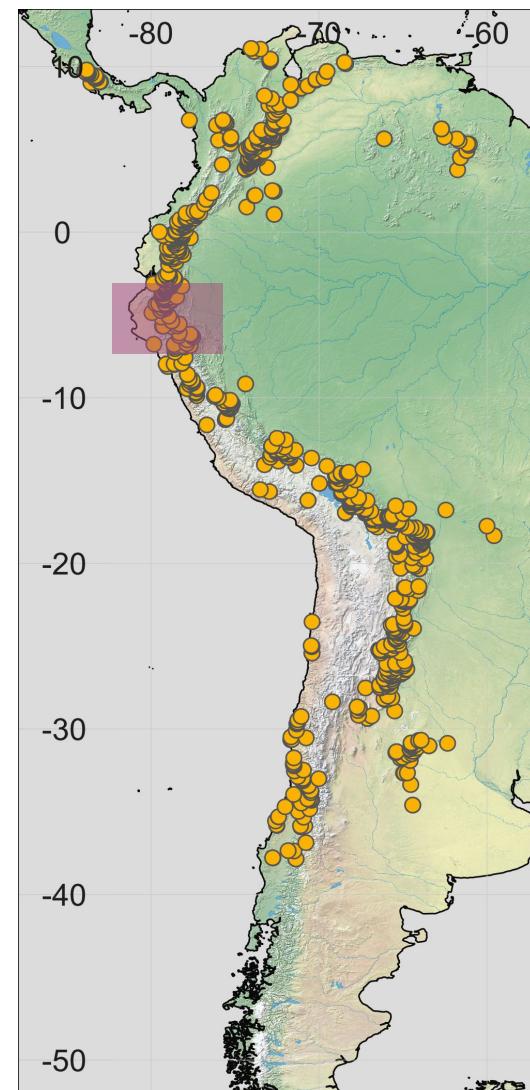
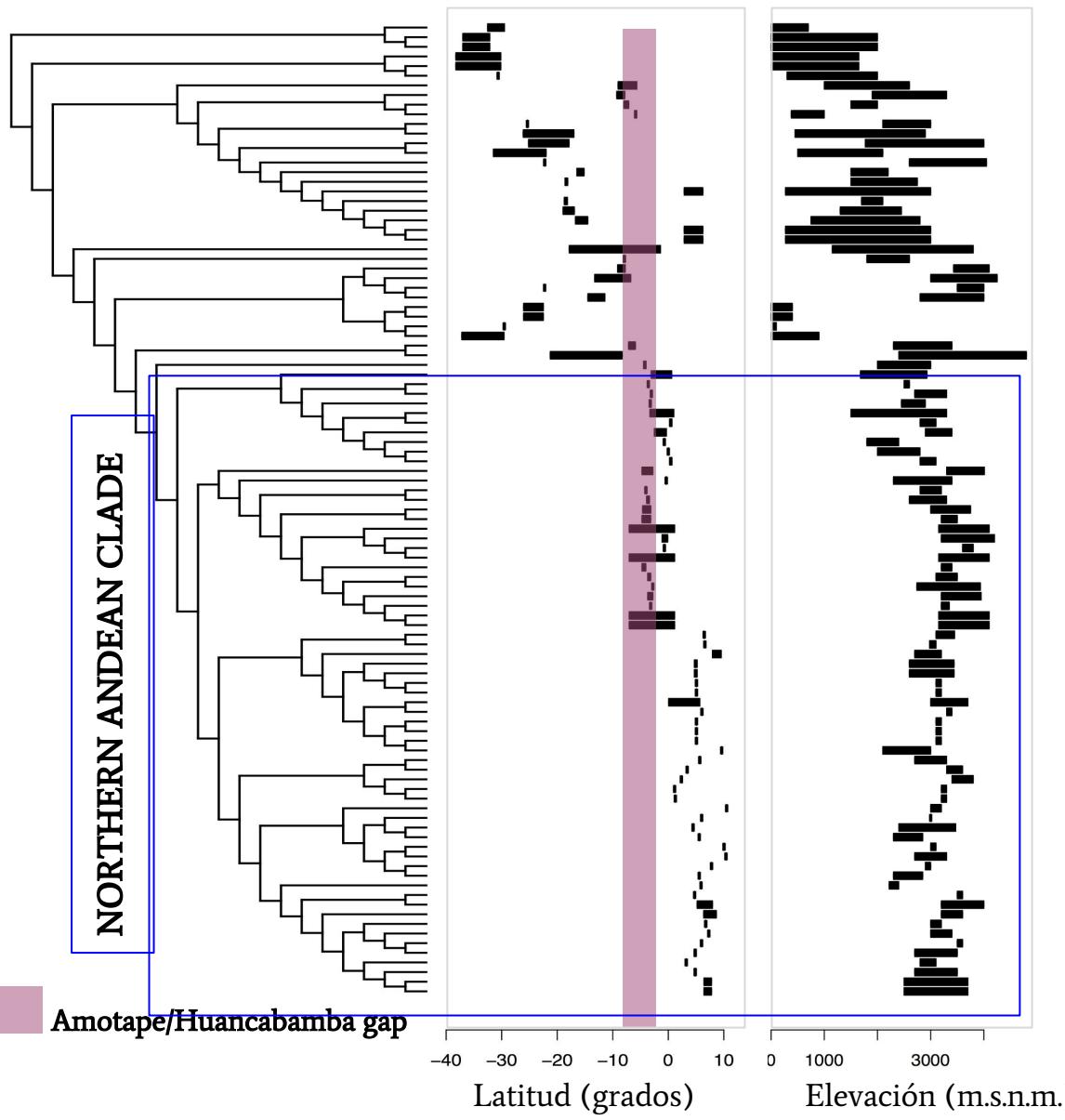
Muestreo genómico:

- 353 genes nucleares

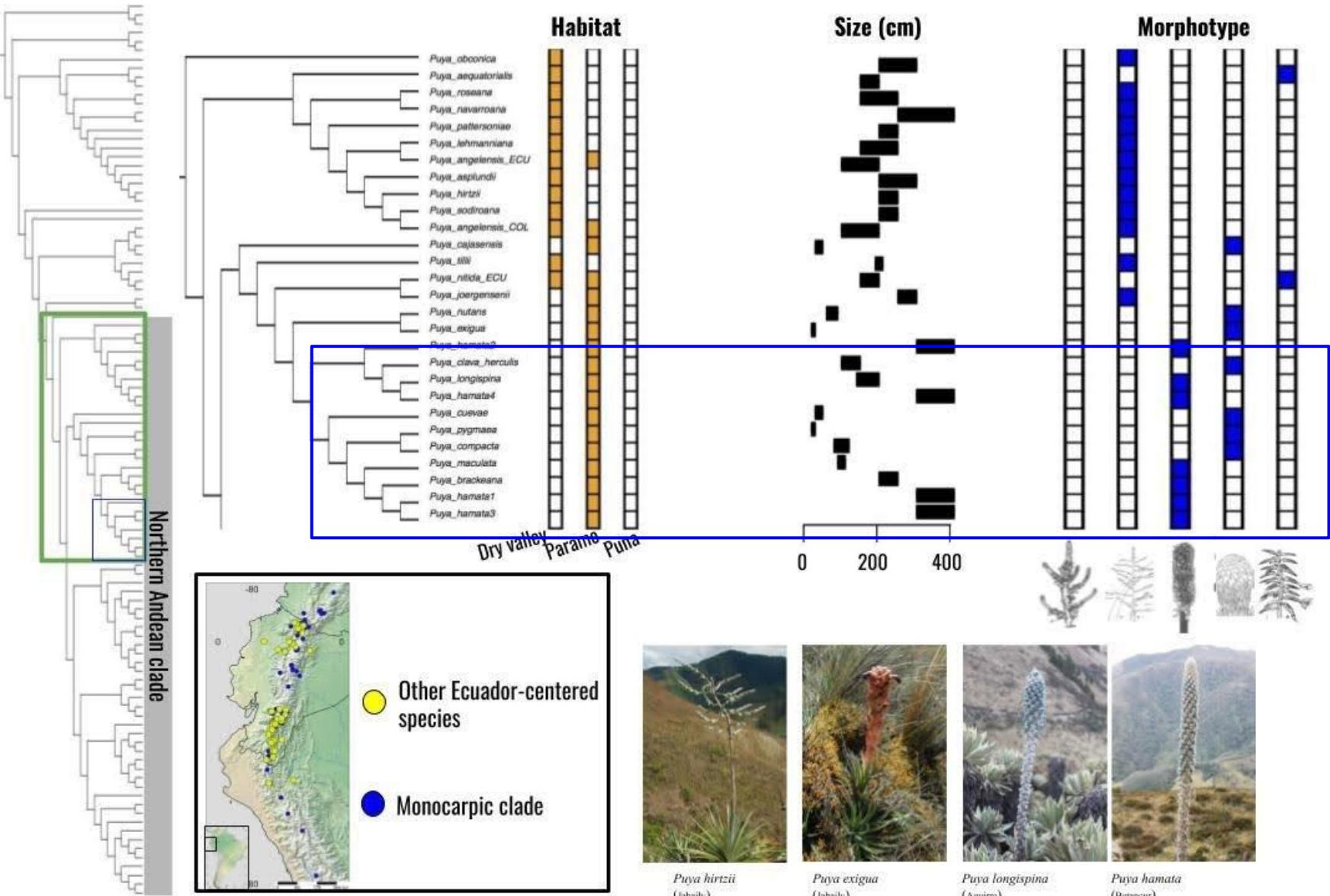
Datos fenotípicos:

- Ca. 30 caracteres continuos

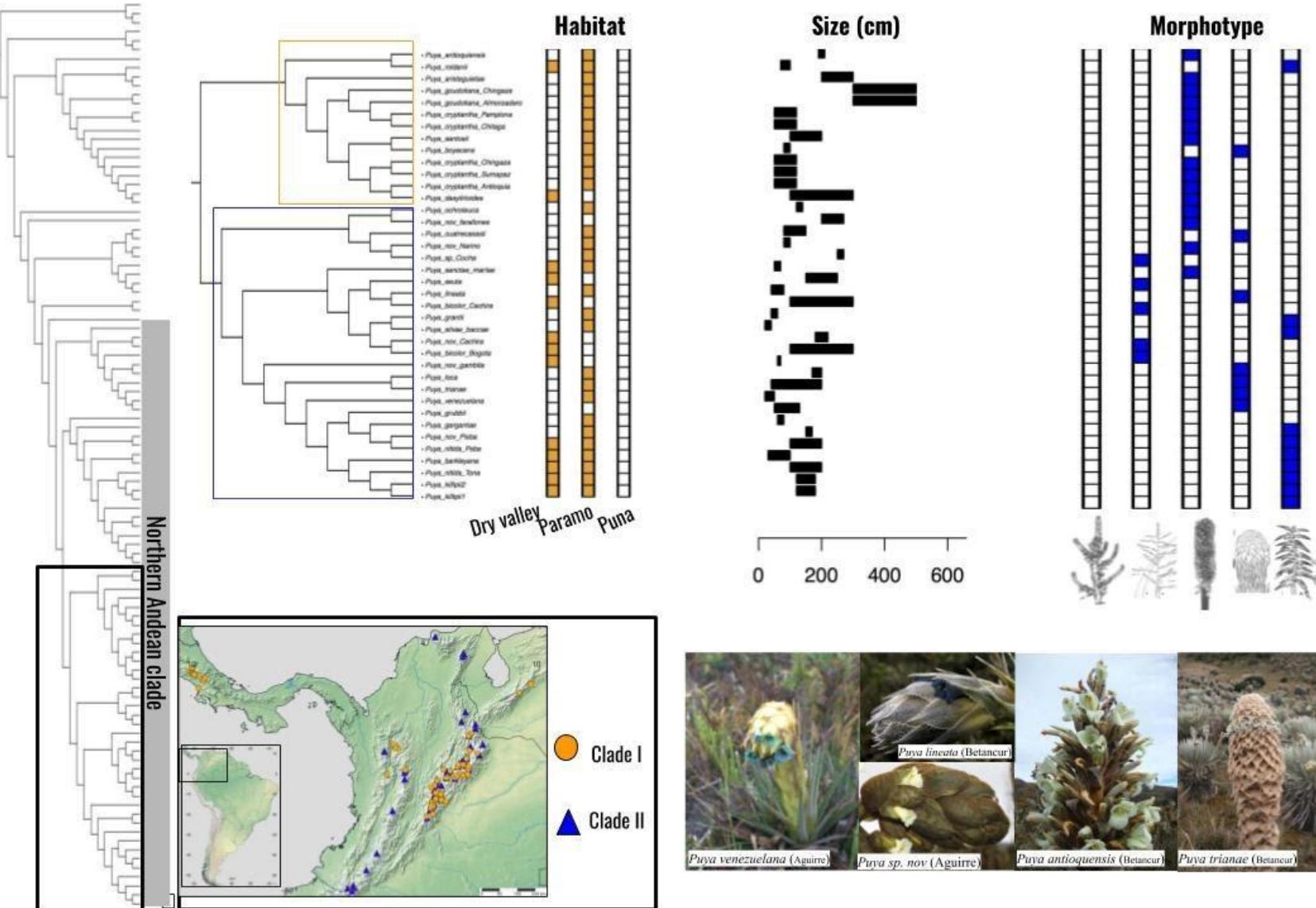
Filogenómica y macroevolución *Puya*



Filogenómica y macroevolución Puya



Filogenómica y macroevolución Puya



Theridiidae

The Agnarsson Lab

[Home](#)[Ingi Agnarsson](#)[Lab Members](#)[Research](#)[Publications](#)[Social Spiders](#)[Theridiidae and Cobgen 0.1](#)[Photography](#)

Theridiidae - Cobweb spiders



From left to right: *Achaearanea* sp. gumfoot web, *Anelosimus baeza* palp, the social *Theridion nigroannulatum*, *Selkirkella* sp., *Theridion* sp.

