

# Biogeografía histórica

## Datos Moleculares II

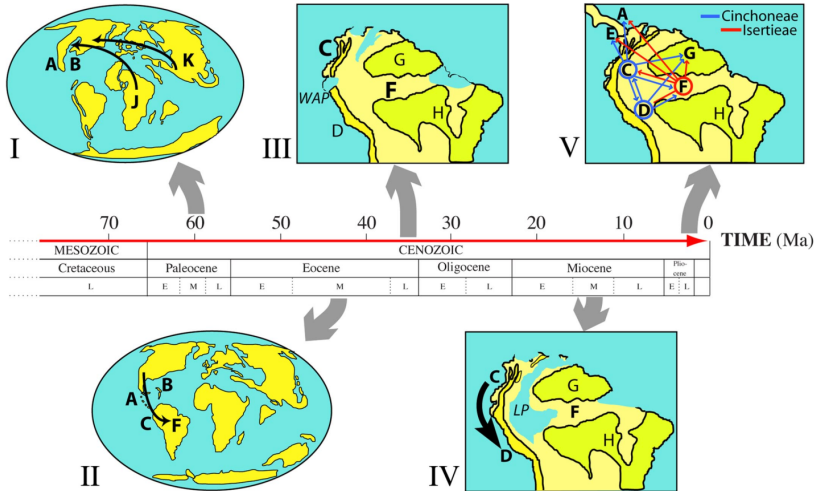
Nelson R. Salinas

Universidad Distrital “Francisco José de Caldas”

Noviembre 7, 2020

# Biogeografía histórica

¿En donde se originó un linaje?



- Escuela evolucionista (pre 1980): ajuste de teorías biogeográficas a hipótesis evolutivas preconcebidas, sin el empleo de métodos estandarizados ni replicables.
- Escuela cladística (80's y 90's): optimización de eventos o patrones biogeográficos a hipótesis filogenéticas experimentales. Métodos replicables basados en parsimonia.
- Escuela probabiística (desde 2000): optimización de modelos discretos de biogeografía a hipótesis filogenéticas experimentales. Métodos replicables basados en inferencia estadística (principalmente ML).

- Los modelos de substitución molecular modelan algunas mutaciones.
- Modelos biogeográficos modelan procesos Anagenéticos o Cladogenéticos:
  - Dispersión (A o C).
  - Extinción (A).
  - Sympatría (C).
  - Vicarianza (C).

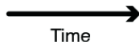
### Anagenesis



a. Dispersal



b. Extirpation



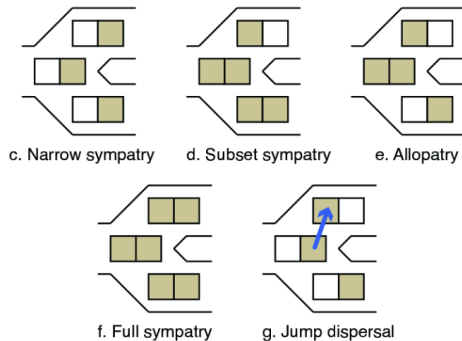
©Landis 2019

# Biogeografía histórica

## Modelos de evolución geográfica

- Los modelos de sustitución molecular modelan algunas mutaciones.
- Modelos biogeográficos modelan procesos Anagenéticos o Cladogenéticos:
  - Dispersión (A o C).
  - Extinción (A).
  - Sympatría (C).
  - Vicarianza (C).

### Cladogenesis



©Landis 2019

# Biogeografía histórica

## Modelos de evolución geográfica

- Modelos biogeográficos anagenéticos también son matrices de sustitución markovianas.
- Estados corresponden zonas de distribución posibles.
- $e_A, e_B, e_C$ : probabilidades de extinción.
- $d_{AB}$ : probabilidad de dispersión desde A hacia B.

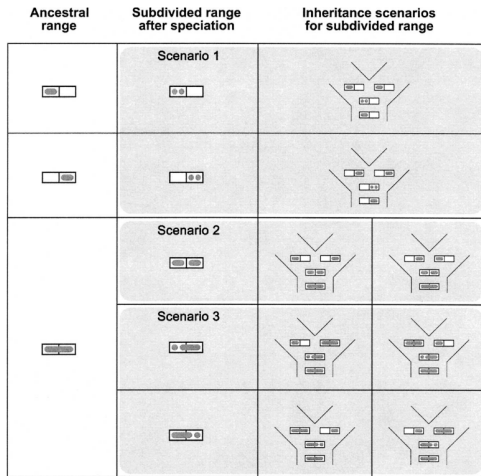
Modelo DEC  
(Ree & Smith 2008)

	Nulo	A	B	C	AB	AC	BC	ABC
Nulo	s	0	0	0	0	0	0	0
A	$e_A$	s	0	0	$d_{AB}$	$d_{AC}$	0	0
B	$e_B$	0	s	0	$d_{BA}$	0	$d_{BC}$	0
C	$e_C$	0	0	s	0	$d_{CA}$	$d_{CB}$	0
AB	0	$e_B$	$e_A$	0	s	0	0	$d_{AC} + d_{BC}$
AC	0	$e_C$	0	$e_A$	0	s	0	$d_{AB} + d_{CB}$
CB	0	0	$e_C$	$e_B$	0	0	s	$d_{BA} + d_{CA}$
ABC	0	0	0	0	$e_C$	$e_B$	$e_A$	s

# Biogeografía histórica

## Modelos de evolución geográfica

- Procesos cladogenéticos incorporados por fuera de la matriz de substitución.
- $j$ : probabilidad de especiación por dispersión a larga distancia.
- $y, s$ : probabilidad de especiación simpátrica.
- $v$ : probabilidad de especiación alopátrica (=vicarianza).



- DEC implementado a través de [Lagrange Python](#) y [Lagrange C++](#).
- Paquete [BioGeoBEARS](#) de R implementa DEC, BAYAREA, la versión paramétrica del modelo DIVA y sus respectivas modificaciones para permitir dispersión a larga distancia.
- [RASP](#) aparentemente implementa los mismos modelos que BioGeoBEARS y otros poco conocidos (p.e., BBM).