

Práctica 70b

BIOGEOGRAFÍA VICARIANTE CLADISTA IX: ÁRBOLES RECONCILIADOS

Álvaro Chaos Cador

Objetivo

Comprender las bases de los árboles reconciliados y utilizarlos para resolver problemas biogeográficos.

Unidad de conocimiento

Los árboles reconciliados son el resultado de hacer compatibles las historias de dos árboles. Es posible obtener aparentemente diferentes historias de los mismos taxones o de las mismas áreas al utilizar distintas fuentes de información. También es posible que el árbol de genes de un taxón no sea idéntico a otro realizado con datos de formas. De manera análoga, un árbol de anfitriones y otro de sus huéspedes, o un árbol de especies y otro de las áreas donde habitan, podrán diferir; sin embargo, los árboles reconciliados nos permiten unificar estas dos fuentes de información detectando los eventos de duplicación, extinción y dispersión que ocasionan estas discrepancias. El método maximiza las codivergencias, minimiza las pérdidas y las duplicaciones. Para cuantificar la bondad de la reconciliación, se cuenta el número de duplicaciones y el número de añadiduras usadas para obtener el árbol reconciliado. El programa Component 2.0 realiza dicho análisis.

Bibliografía recomendada

Espinosa, D., Morrone, J., Llorente, J. y Flores, Ó. 2002. *Introducción al análisis de patrones en biogeografía histórica*. UNAM, México. 133 pp.

Page, R. 1994. Maps between trees and cladistic analysis of historical associations among genes, organisms, and areas. *Syst. Biol* 43(1) 58-77

----- Programa Component 2.0.

[Http://www.ctu.edu.vn/~dvxe/Bioinformatic/Software/Rod%20Page/cpw.html](http://www.ctu.edu.vn/~dvxe/Bioinformatic/Software/Rod%20Page/cpw.html)

Unidad de acción

1. Reconcilia el cladograma de especies con el de genes e identifica si las duplicaciones son ortólogas o parálogas.

Cladograma del contenedor (forma)	Cladograma del contenido (hemoglobina)
<pre> graph LR Root --- Node1 Node1 --- Sapo Node1 --- Node2 Node2 --- Ratón Node2 --- Hombre </pre>	<pre> graph LR Root --- Node1 Node1 --- Hemoglobina1["Hemoglobina 1 (Sapo)"] Node1 --- Node2 Node2 --- Hemoglobina2["Hemoglobina 2 (Ratón)"] Node2 --- Node3 Node3 --- Hemoglobina3["Hemoglobina 3 (Hombre)"] Node3 --- Hemoglobina4["Hemoglobina 4 (Hombre)"] </pre>

Cladograma del contenedor (forma)	Cladograma del contenido (hemoglobina)
<pre> graph LR Root --- Node1 Node1 --- Sapo Node1 --- Node2 Node2 --- Ratón Node2 --- Hombre </pre>	<pre> graph LR Root --- Node1 Node1 --- Hemoglobina1["Hemoglobina 1 (Ratón)"] Node1 --- Node2 Node2 --- Hemoglobina2["Hemoglobina 2 (Sapo)"] Node2 --- Hemoglobina3["Hemoglobina 3 (Hombre)"] </pre>

2. Completa la tabla siguiente poniendo el nombre del proceso según el sistema de contenedor y de contenido involucrado.

Proceso	Contenedor	Contenido	Nombre
El contenedor se duplica o divide. Tanto el contenedor como el contenido se diferencian.	Individuo	ADN	
	Anfitrión	Parásito	
	Área	Especie	
El contenido se duplica y se diferencia. El contenedor permanece sin cambios	Individuo	ADN	
	Hospedero	Parásito	
	Área	Organismo	
El contenedor se duplica o divide, y se diferencia, El contenido permanece sin cambios	Organismo	ADN	
	Hospedero	Parásito	
	Área	Especie	
El contenido desaparece	Organismo	ADN	
	Hospedero	Parásito	
	Área	Especie	
El contenido invade otro contenedor	Organismo	ADN	
	Hospedero	Parásito	
	Área	Especie	

1. ¿Qué pasa si no tenemos el árbol de las áreas?
2. ¿Cómo se puede tratar el fenómeno de la dispersión con este método?