

Ejercicio comentado

1.- Son 15 secuencias de 15 individuos de 13 especies distintas. Serán 500 los caracteres a trabajar pues ese es el largo de las secuencias.

2.-

The screenshot shows a software window titled "M4.1 (Beta 2): View Sequence Data". The window contains a menu bar (Data, Display, Highlight, Statistics, Help) and a toolbar with various icons. Below the toolbar is a sequence alignment matrix with 15 rows representing individuals and 500 columns representing sites. The sites are color-coded: yellow for parsimony-informative sites (216 total) and light blue for monophyletic sites. A red circle highlights the site number "216/499" in the bottom status bar, and a green circle highlights a specific character state 'a' for Pongo pygmaeus at site 216.

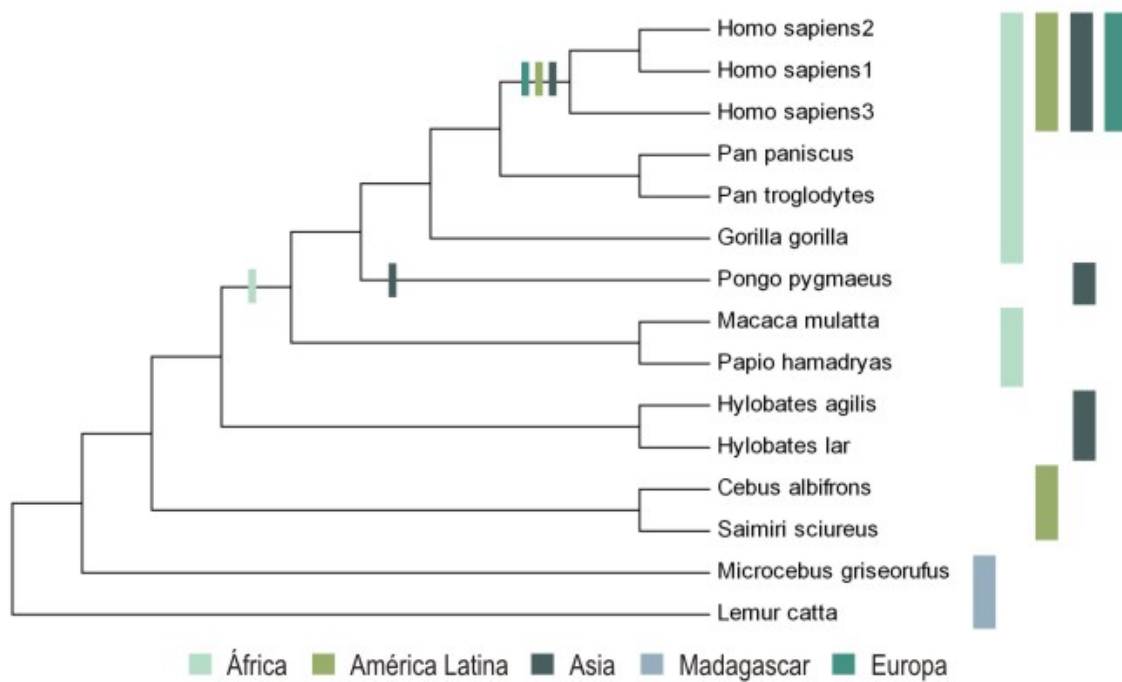
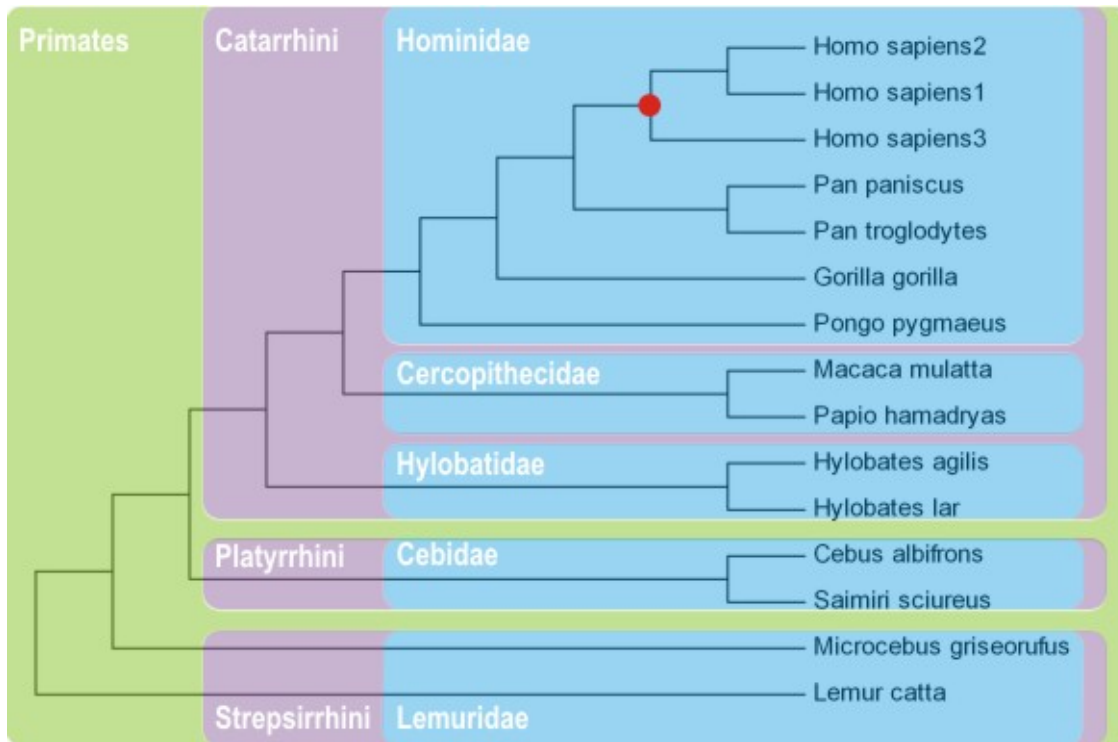
	t	a	c	t	c	a	Mark conserved sites	c	a	g	t	c	c	a	c	c	e	t	c	a	c	a	o	g	a	t	t	c	t	t	t	a	c	c	t	t			
✓ 1. Homo sapiens2
✓ 2. Homo sapiens1	
✓ 3. Homo sapiens3	
✓ 4. Pan paniscus	
✓ 5. Pan troglodytes	
✓ 6. Gorilla gorilla	
✓ 7. Pongo pygmaeus	
✓ 8. Hylobates agilis	
✓ 9. Hylobates lar	
✓ 10. Macaca mulatta	
✓ 11. Papio hamadryas	
✓ 12. Lemur catta	
✓ 13. Microcebus griseorufus	
✓ 14. Cebus albifrons	
✓ 15. Saimiri sciureus	

Son 216 los sitios informativos (círculo rojo), es decir, sitios variables con al menos 2 estados presentes en más de un taxón. En los otros caracteres (sitios) variables los estados diferentes están presentes en un único taxa (ver por ejemplo círculo verde)

3.- Más abajo puede verse el árbol filogenético obtenido. Con rojo se indica el nodo que representa al ancestro en común de *Homo sapiens* y su pariente actual más cercano: el género *Pan* y sus dos especies utilizadas en esta reconstrucción.

4.- En el mismo árbol puede verse superpuesta la clasificación de las especies incluidas en el análisis: celeste para las familias, violeta para los subórdenes y verde para el orden. Puede verse como cada categoría taxonómica de mayor nivel abarca grupos monofiléticos cada vez de mayor nivel.

En el otro árbol puede verse superpuesta la distribución geográfica de los distintos taxa. Utilizando el principio de máxima parsimonia puede verse como el origen geográfico de *Homo sapiens* estaría en el continente africano desde el cual había expandido su rango distribución hasta el actual.



5.- Para calcular la antigüedad del ancestro en común se debe partir primero de un valor de distancia entre H. Sapiens y Pongo, que si promediamos los valores obtenidos en la tabla (ver más abajo), es de 63,7 cambios.

La tasa de divergencia corresponde al cambio acumulado en 100 pares de bases en 1 millón de años (M.A.). Podemos entonces calcular cuantos cambios es esperable encontrar en 500 pares de bases: $(500 \times 2) / 100 = 10$ cambios cada M.A.

Ahora podemos calcular una fecha para el evento de divergencia: $63,7 / 10 = 6,4$ M.A.

M4.1 (Beta 2): Pairwise Distances (C:\Documents and Settings\evolucion\Escritorio\cytb_primates.meg)

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1. Homo sapiens2															
2. Homo sapiens1	0.000														
3. Homo sapiens3	2.000	2.000													
4. Pan paniscus	63.000	63.000	65.000												
5. Pan troglodytes	63.000	63.000	65.000	29.000											
6. Gorilla gorilla	69.000	69.000	71.000	62.000	61.000										
7. Pongo pygmaeus	85.000	85.000	85.000	77.000	73.000	71.000									
8. Hylobates agilis	96.000	96.000	98.000	93.000	97.000	94.000	107.000								
9. Hylobates lar	100.000	100.000	102.000	104.000	99.000	101.000	104.000	29.000							
10. Macaca mulatta	107.000	107.000	109.000	102.000	97.000	95.000	98.000	101.000	104.000						
11. Papio hamadryas	119.000	119.000	121.000	113.000	114.000	116.000	110.000	121.000	121.000	66.000					
12. Lemur catta	129.000	129.000	131.000	129.000	119.000	124.000	124.000	136.000	130.000	135.000	140.000				
13. Microcebus griseorufus	143.000	143.000	145.000	152.000	150.000	133.000	150.000	139.000	140.000	148.000	146.000	98.000			
14. Cebus albifrons	139.000	139.000	141.000	119.000	120.000	129.000	130.000	136.000	141.000	136.000	138.000	126.000	137.000		
15. Saimiri sciureus	139.000	139.000	141.000	136.000	128.000	135.000	134.000	138.000	135.000	145.000	145.000	134.000	140.000	95.000	

[1,1] (Homo sapiens2-Homo sapiens2) / Nucleotide: Number of differences