

“CONACYT, desarrollando cultura de ciencia, tecnología, innovación y calidad”

FINANCIAMIENTO DE BECAS DE INVESTIGACIÓN (PRIMERA CONVOCATORIA)

EVALUACIÓN DE LA INFORMACIÓN FILOGENÉTICA PRESENTE EN CARACTERES QUE DESCRIBEN FORMA

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales. Universidad Nacional de Asunción

Cynthia Deolinda Rivarola Sena – cynthia192@gmail.com

RESUMEN

Se ha analizado el desempeño de caracteres discretos que describen la forma de estructuras biológicas en la reconstrucción filogenética en comparación con el resto de caracteres morfológicos a partir de matrices previamente publicadas. En total, se han analizado 8 matrices comprendidas desde 117 hasta 4542 caracteres. Dichos caracteres han sido agrupados (Neomórficos y Transformacionales: Forma –No forma) en base a la literatura de referencia para evaluar así, la homoplasia de los grupos de caracteres de manera independiente y en conjunto sobre árboles de referencia morfológicos y moleculares. Se han comparado, además, las topologías resultantes a partir de cada grupo de caracteres con respecto a filogenias de referencia. Todos los análisis fueron desarrollados con el programa TNT, utilizando scripts específicos. Para medir la homoplasia se ha utilizado el índice de consistencia. Los resultados evidencian la existencia de relación entre el número de caracteres y la congruencia con las topologías de referencia utilizadas. Además, se observa incidencia de la cantidad y la calidad de caracteres para obtener robustez en análisis filogenéticos, así como que cada set de datos debe ser analizado en su particularidad para la inclusión de nuevos caracteres. La mayor cantidad de caracteres encontrados en casi todas las matrices, fueron los catalogados como “forma”, lo que evidencia la importancia de los mismos en estudios de filogenia. Por tanto, se concluye que, los niveles de homoplasia van variando en cada uno de los grupos de datos, pero existe un gran potencial en los caracteres de forma para desarrollar inferencias filogenéticas.

Palabras claves: filogenia, caracteres, forma, homoplasia.

OBJETIVOS

1. Evaluar la homoplasia de los grupos de caracteres independientemente y en conjunto.
2. Evaluar homoplasia de cada grupo de caracteres sobre los árboles moleculares.
3. Comparar topologías resultantes a partir de cada grupo de caracteres (CF vs CNF) con respecto a filogenias moleculares utilizadas como referencia.

APORTES DE LA INVESTIGACIÓN

Fue posible realizar un análisis profundo en cada uno de los set de datos y el estudio del comportamiento de los caracteres morfológicos en matrices previamente publicadas.

Este estudio nos da indicios de que los caracteres de forma siguen siendo muy utilizados en los estudios filogenéticos y que presentan mucha información evolutiva de los organismos.

ACTIVIDADES REALIZADAS

Se realizaron diferentes análisis utilizando el programa TNT, los cuales permitieron la evaluación de la homoplasia de los grupos de caracteres de manera independiente y en conjunto tanto con los caracteres morfológicos como los moleculares. Además se realizaron las comparaciones topológicas de los árboles resultantes con respecto a los de referencia morfológica y molecular.

Metodología



RESULTADOS OBTENIDOS

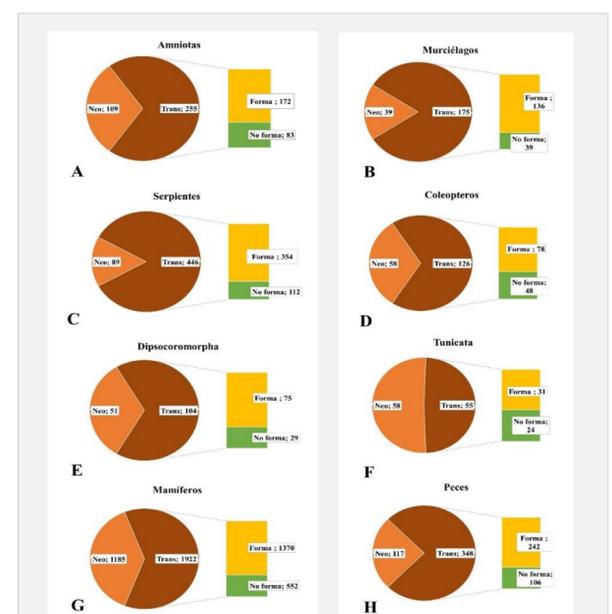
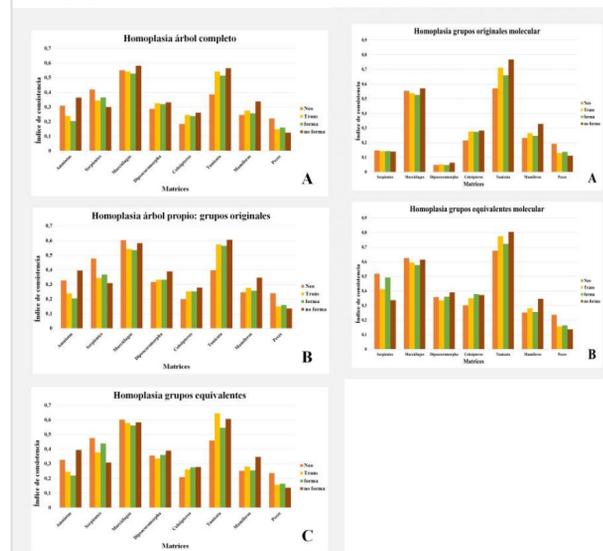


Figura 13. Número de caracteres informativos por matrices. A. Amniotas. B. Murciélagos. C. Serpientes. D. Dipsoscoromorpha. E. Coleópteros. F. Tunicados. G. Mamíferos. H. Peces.

CONCLUSIÓN

Fue posible determinar que existió una diferencia en el desempeño de las diferentes particiones independientemente de la diferencia en el número de caracteres, aunque no existió un patrón claro de mejor comportamiento de una de las particiones en todos los sets de datos analizados.

- En particular con respecto a los caracteres de forma, es relevante destacar que el número de los mismos fue alto en todos los sets de datos y que el comportamiento de los mismos fue como igual o mejores que el resto de los caracteres

- Es así que cualquier método que reduzcan la subjetividad y ayuden a cuantificar mejor este tipo de caracteres podría producir una mejora significativa en los análisis morfológicos.

VISIÓN Y PLANES FUTUROS

El desarrollo de esta tesis de un procedimiento ordenado para el análisis de cada set de datos permitirá en un futuro cercano agilizar la inclusión de un sets de datos que darán más apoyo a las conclusiones obtenidas en el presente estudio.