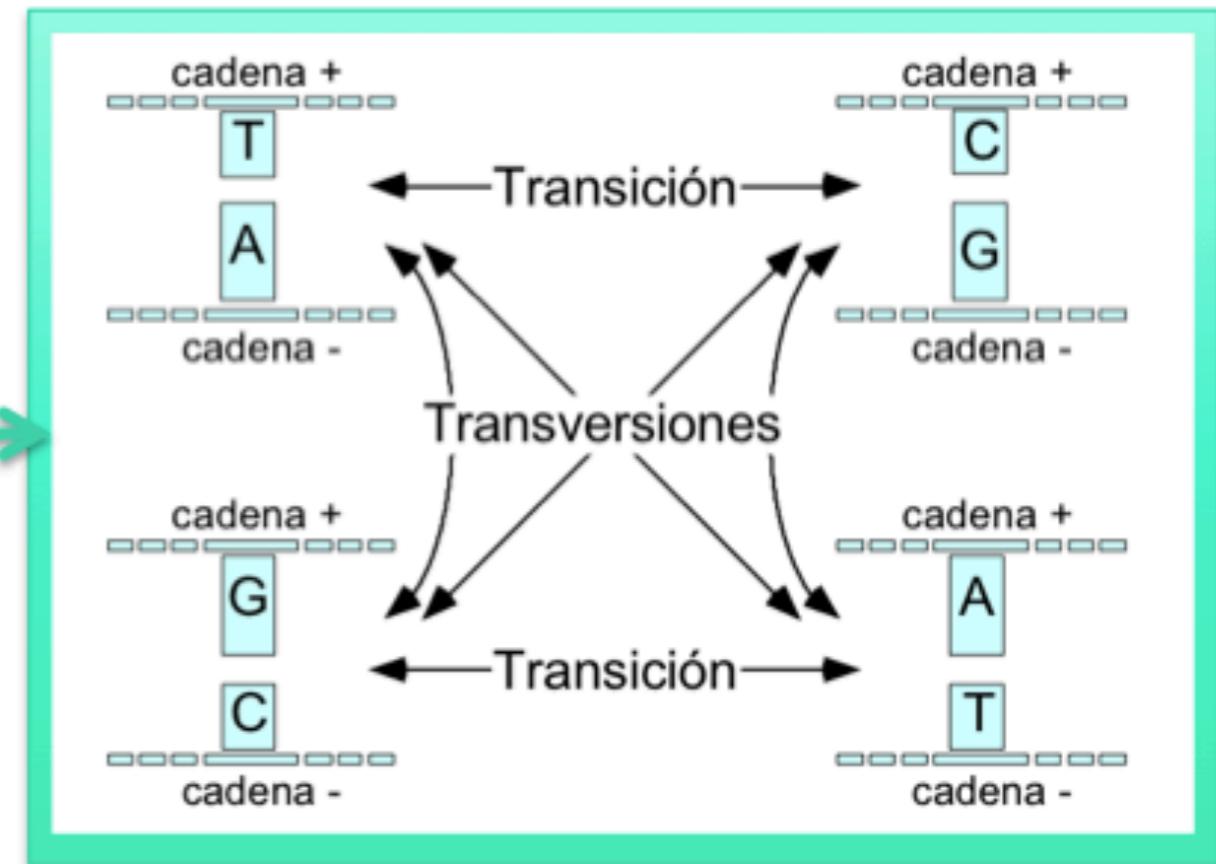
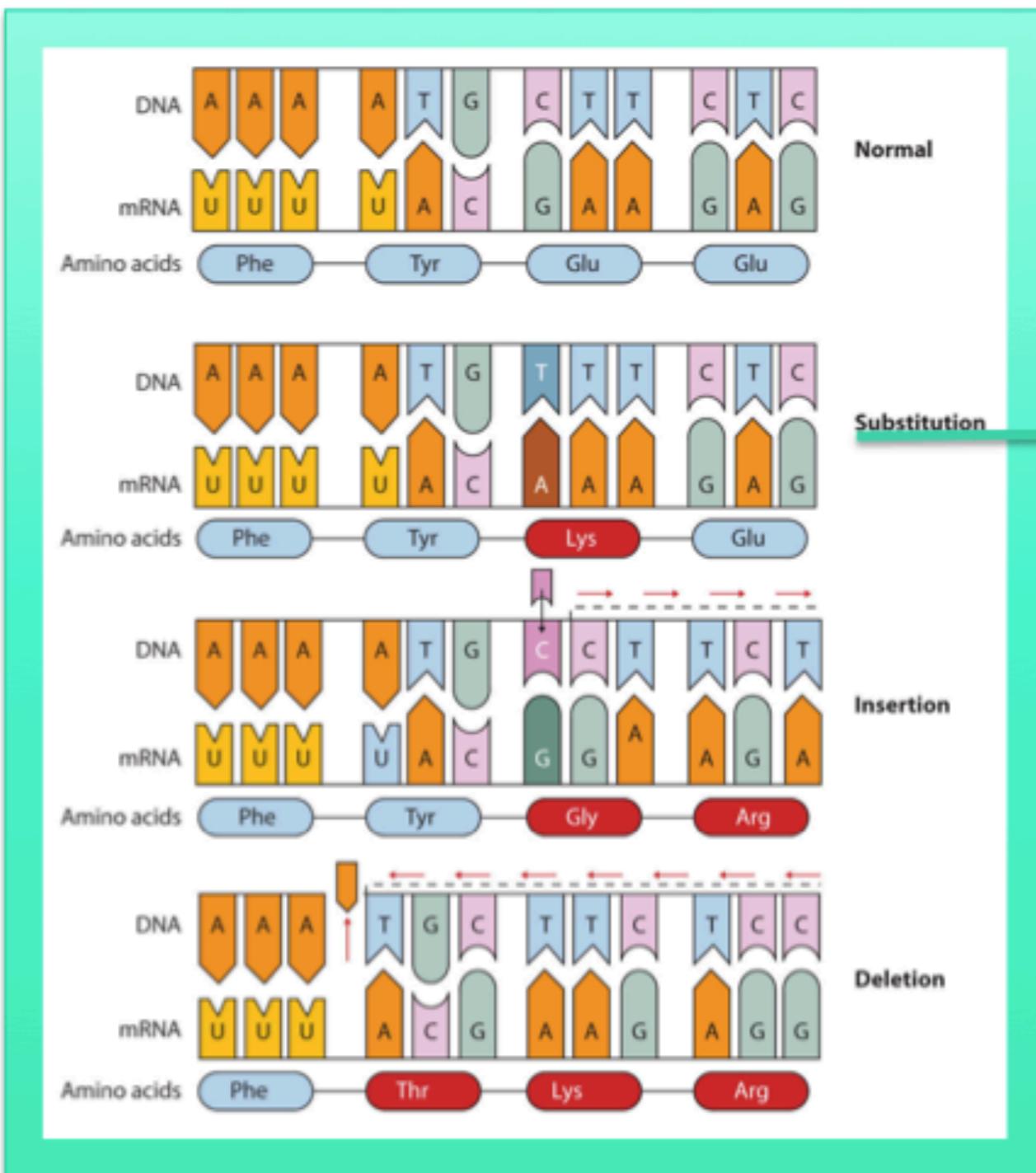
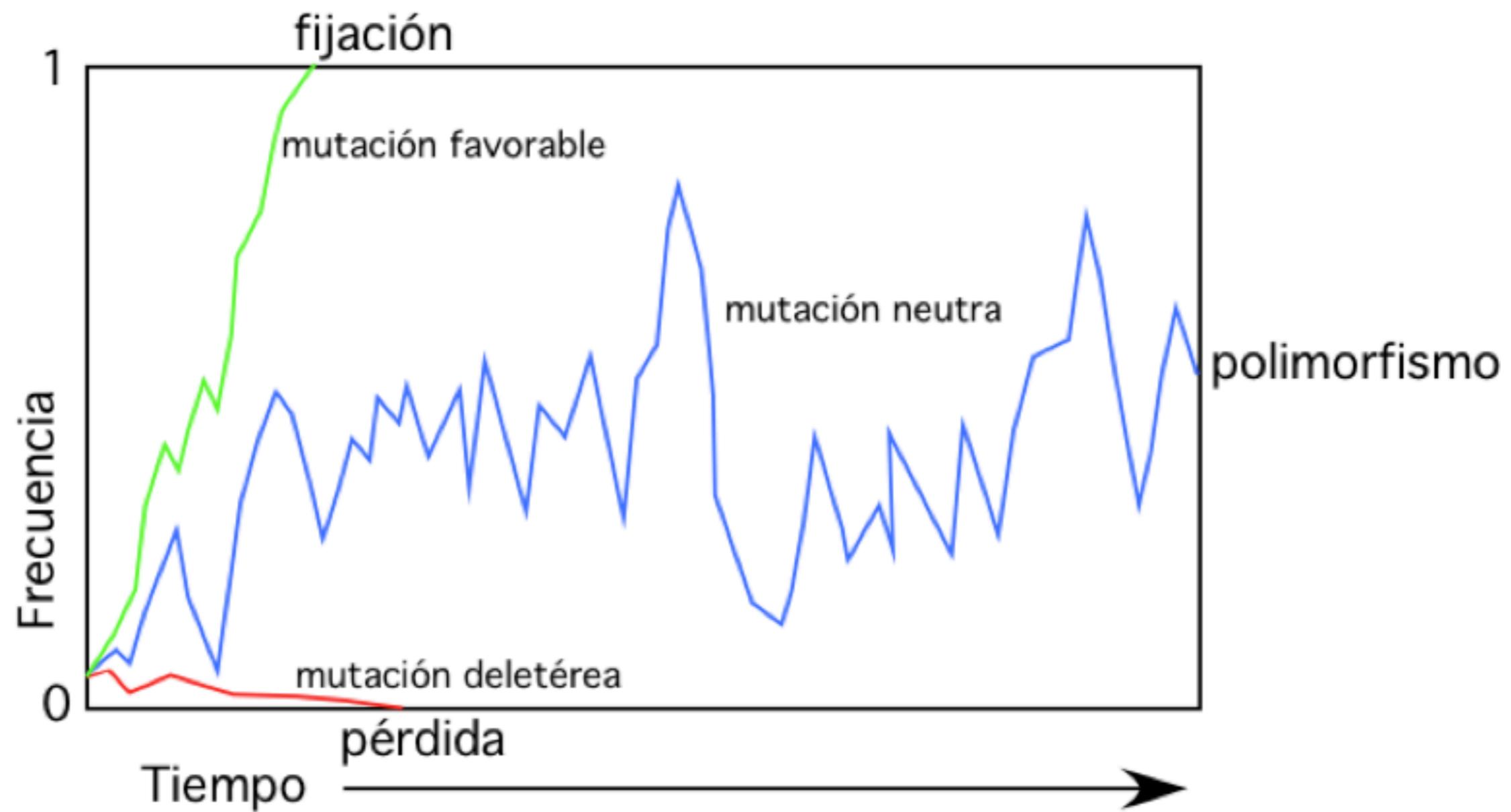


# Todas las diferencias en las secuencias de los genes han aparecido por mutación.

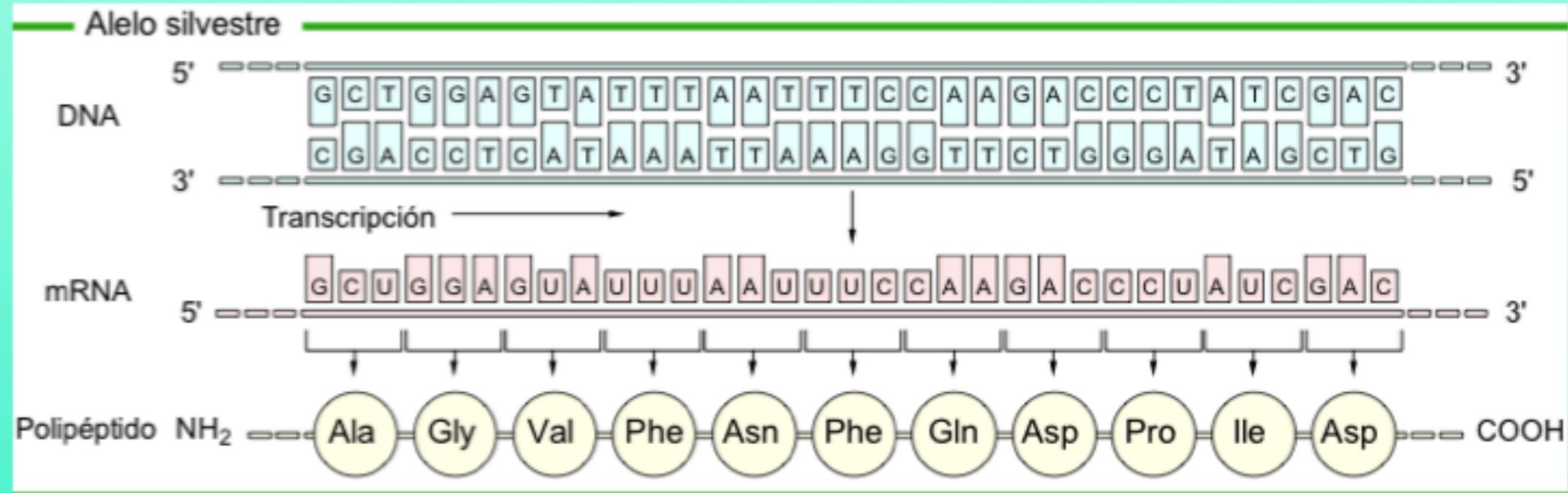


**El destino de las mutaciones en las poblaciones está dictado por la selección natural y la deriva genética.**

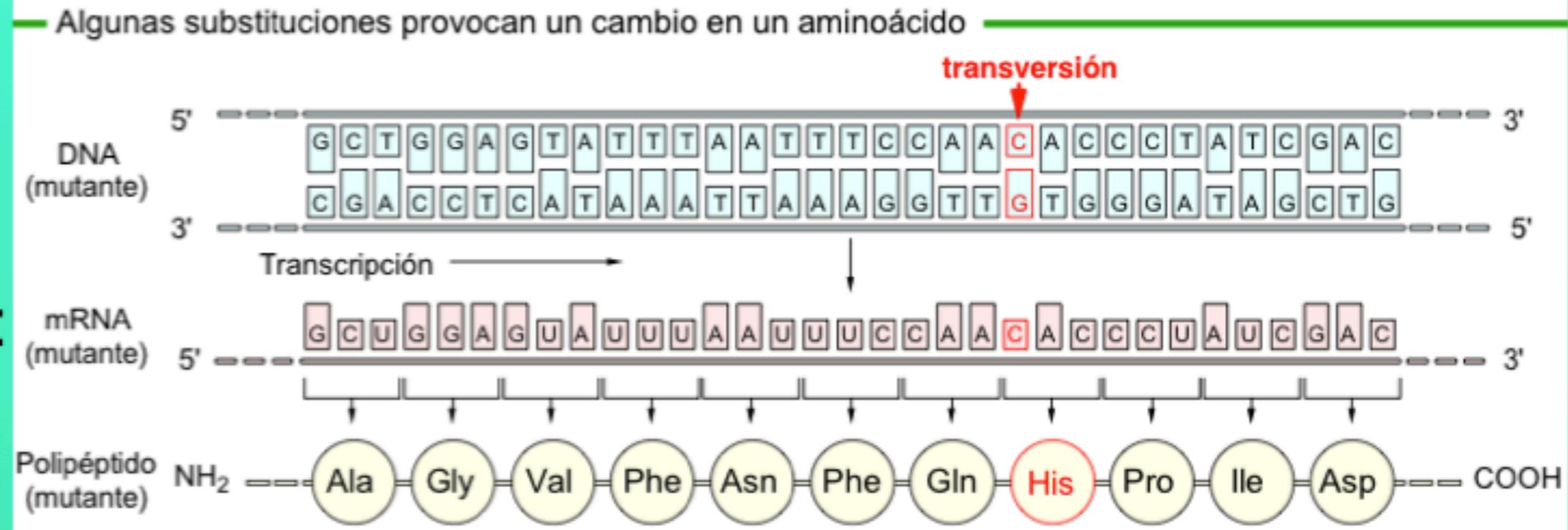


# ¿Mutación favorable?

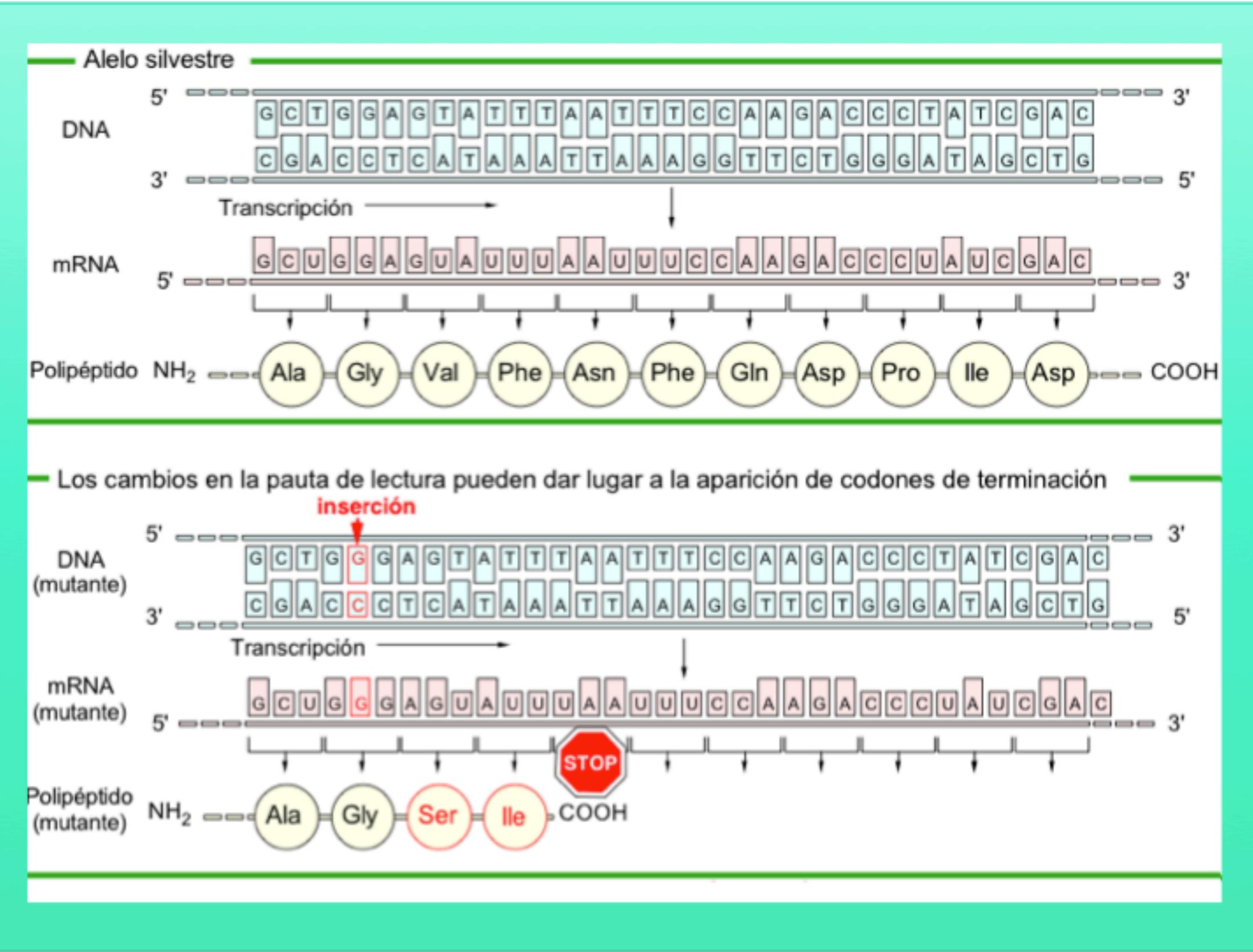
Sp1:



Sp2:

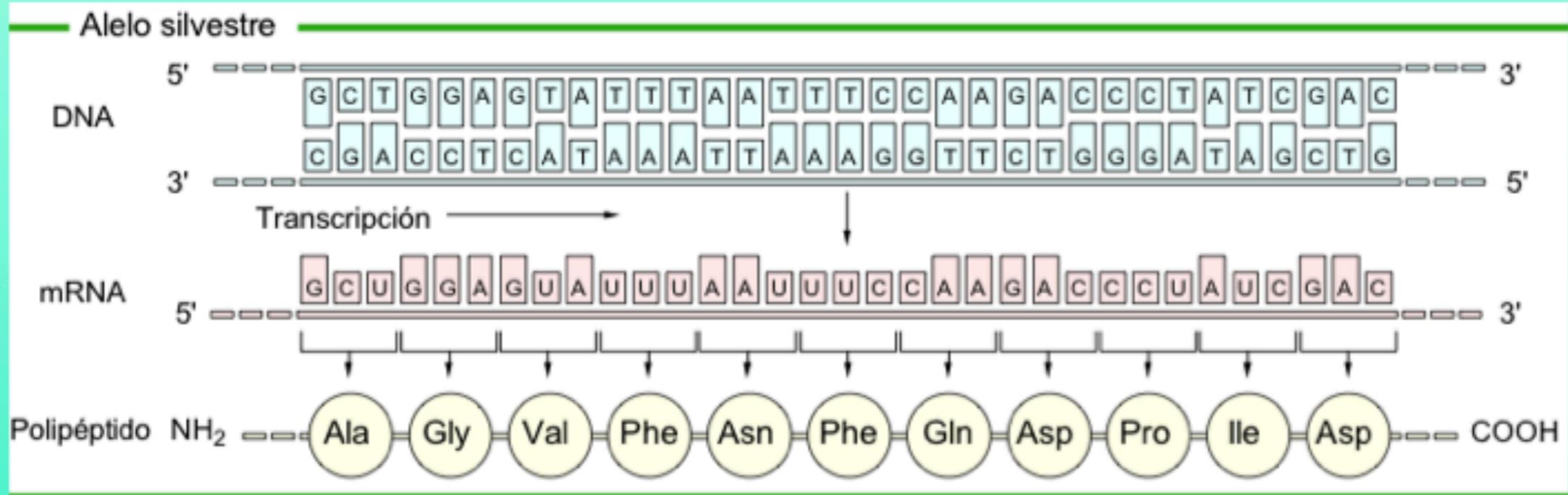


# Mutación deletérea

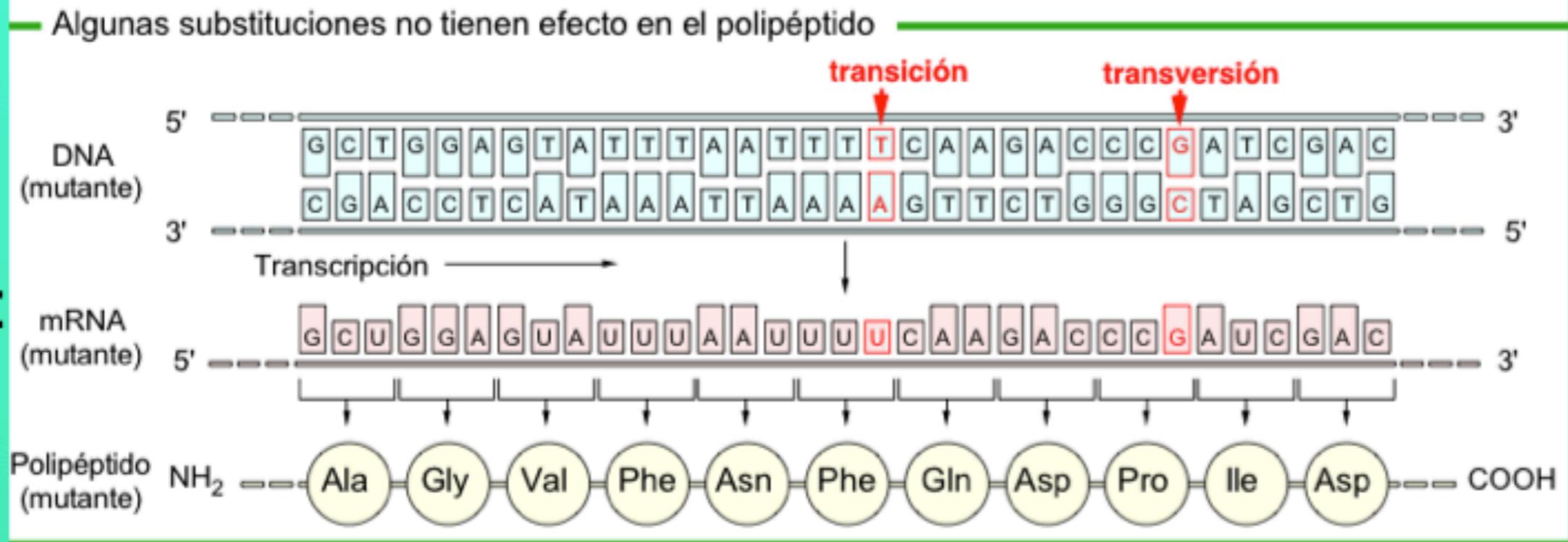


# ¿Mutaciones neutras?

Sp1:



Sp2:



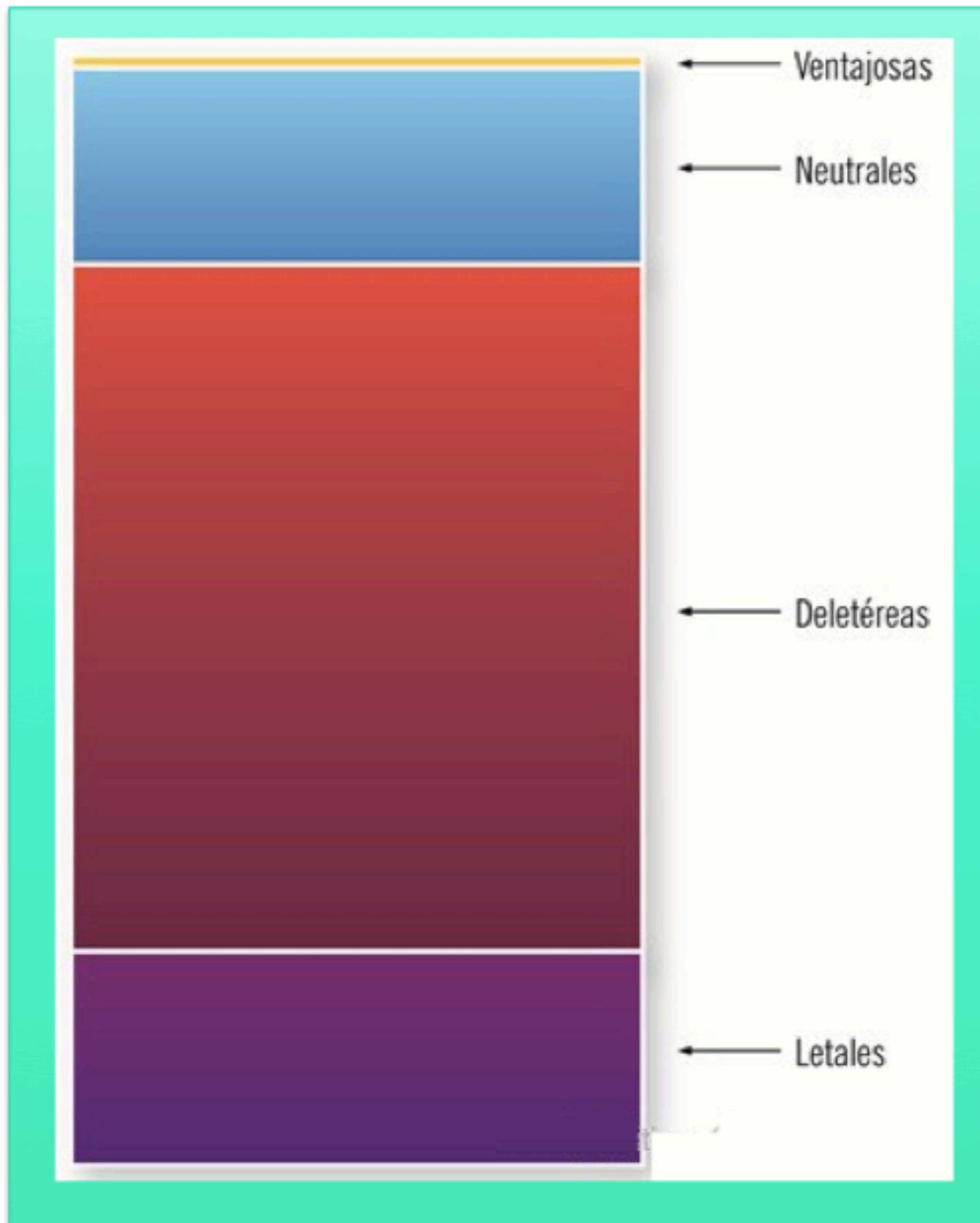
# Uso de codones sinónimos

U	C	A	G
UUU Phe F	UCU Ser S	UAU Tyr Y	UGU Cys C
UUC Phe F	UCC Ser S	UAC Tyr Y	UGC Cys C
UUA Leu L	UCA Ser S	UAA Och *	UGA Opt *
UUG Leu L	UCG Ser S	UAG Amb *	UGG Trp W
CUU Leu L	CCU Pro P	CAU His H	CGU Arg R
CUC Leu L	CCC Pro P	CAC His H	CGC Arg R
CUA Leu L	CCA Pro P	CAA Gln Q	CGA Arg R
CUG Leu L	CCG Pro P	CAG Gln Q	GGG Arg R
AUU Ile I	ACU Thr T	AAU Asn N	AGU Ser S
AUC Ile I	ACC Thr T	AAC Asn N	AGC Ser S
AUA Ile I	ACA Thr T	AAA Lys K	AGA Arg R
AUG Met M	ACG Thr t	AAG Lys K	AGG Arg R
GUU Val V	GCU Ala A	GAU Asp D	GGU Gly G
GUC Val V	GCC Ala A	GAC Asp D	GGC Gly G
GUA Val V	GCA Ala A	GAA Glu E	GGA Gly G
GUG Val V	GCG Ala A	GAG Glu E	GGG Gly G

Table 2. Comparison of codon usage between 26 maize genes and a gene encoding a *Bacillus thuringiensis* Cry1A(c) protein<sup>a</sup>

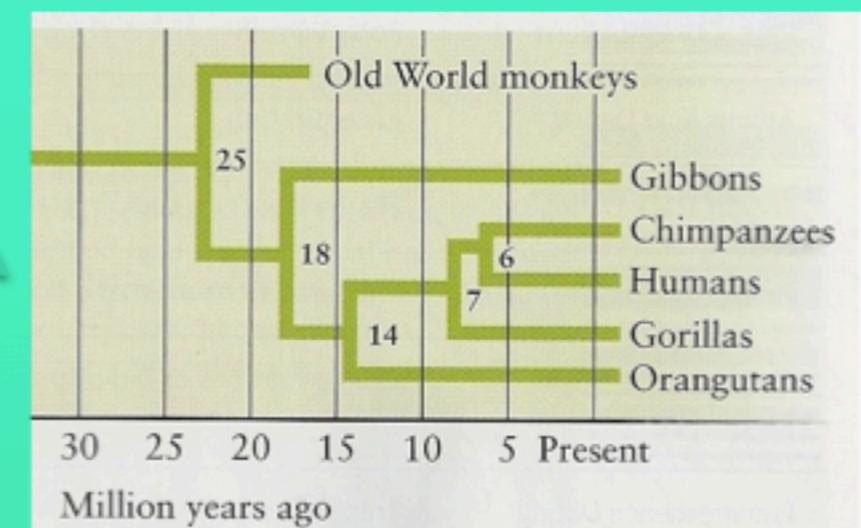
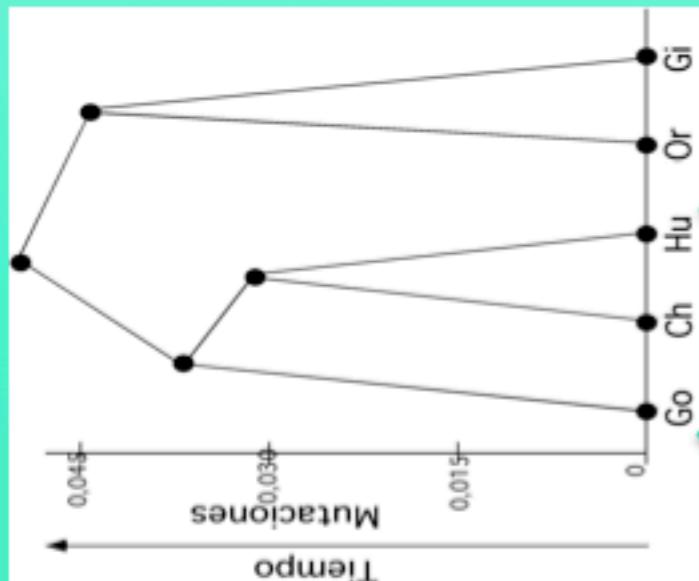
Amino Acid	Codon <sup>a</sup>	Maize <sup>b</sup> %	Bt <sup>b</sup> %	Amino Acid	Codon <sup>a</sup>	Maize <sup>b</sup> %	Bt <sup>b</sup> %
Gly	GGG	16	22	Ile	ATA	8	24
Gly	GGA	13	40	Ile	ATT	24	53
Gly	GGT	21	28	Ile	ATC	68	23
Gly	GTC	50	10	Thr	ACG	26	22
Glu	GAG	81	21	Thr	ACA	11	39
Glu	GAA	19	79	Thr	ACT	16	22
Asp	GAT	24	75	Trp	TAG	100	100
Asp	GAC	76	25	Val	GTG	40	20
				Val	GTA	6	40
				Val	GTT	17	30
				Val	GTC	37	10
				Ala	GCG	24	23
				Ala	GCA	13	26
				Ala	GCT	27	39
				Ala	GCC	36	12
				Arg	AGG	26	14
				Arg	AGA	7	42
				Arg	CGG	13	1
				Arg	CGA	3	14
				Arg	CGT	11	25
				Arg	CGC	40	4
				Ser	AGT	5	27
				Ser	AGC	28	7
				Ser	TCG	16	13
				Ser	TCA	10	20
				Ser	TCT	14	18
				Ser	TCC	27	15
				Lys	AAG	90	32
				Lys	AAA	10	68
				Asn	AAT	19	72
				Asn	AAC	81	28
				Met	ATG	100	100

## Possible distribución de efectos de las mutaciones

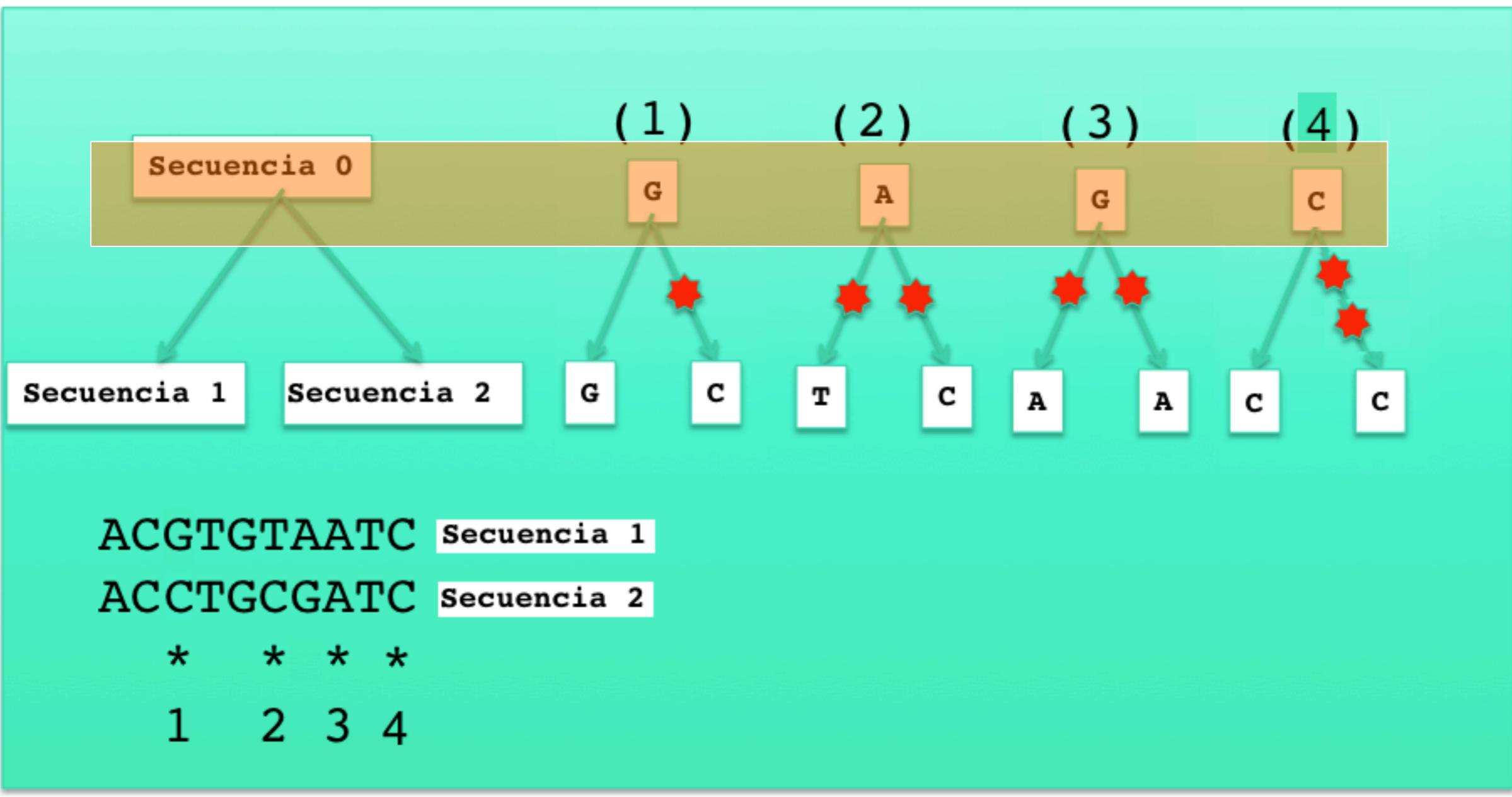


**Sin embargo la tasa de sustitución de mutaciones neutras solo depende de la frecuencia de mutación:**

- Cada generación aparecen  $N u$  nuevas mutaciones.
- La probabilidad de fijarse de cada una de ellas es  $1/N$ .
- Por lo tanto, la tasa de sustitución depende de  $u$ , no de  $N$ .



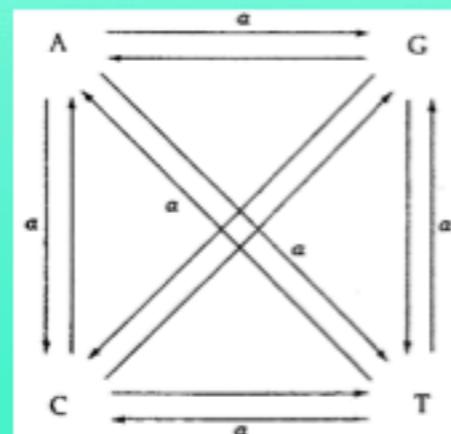
## Distancias:



# Modelos de cambio nucleotídico

## Jukes-Cantor

Tiene en cuenta cambios múltiples en un sitio. Tiene un solo parámetro  $a$ , igual a la probabilidad de cada tipo de sustitución, por sitio y por año



## Distancia de Jukes-Cantor

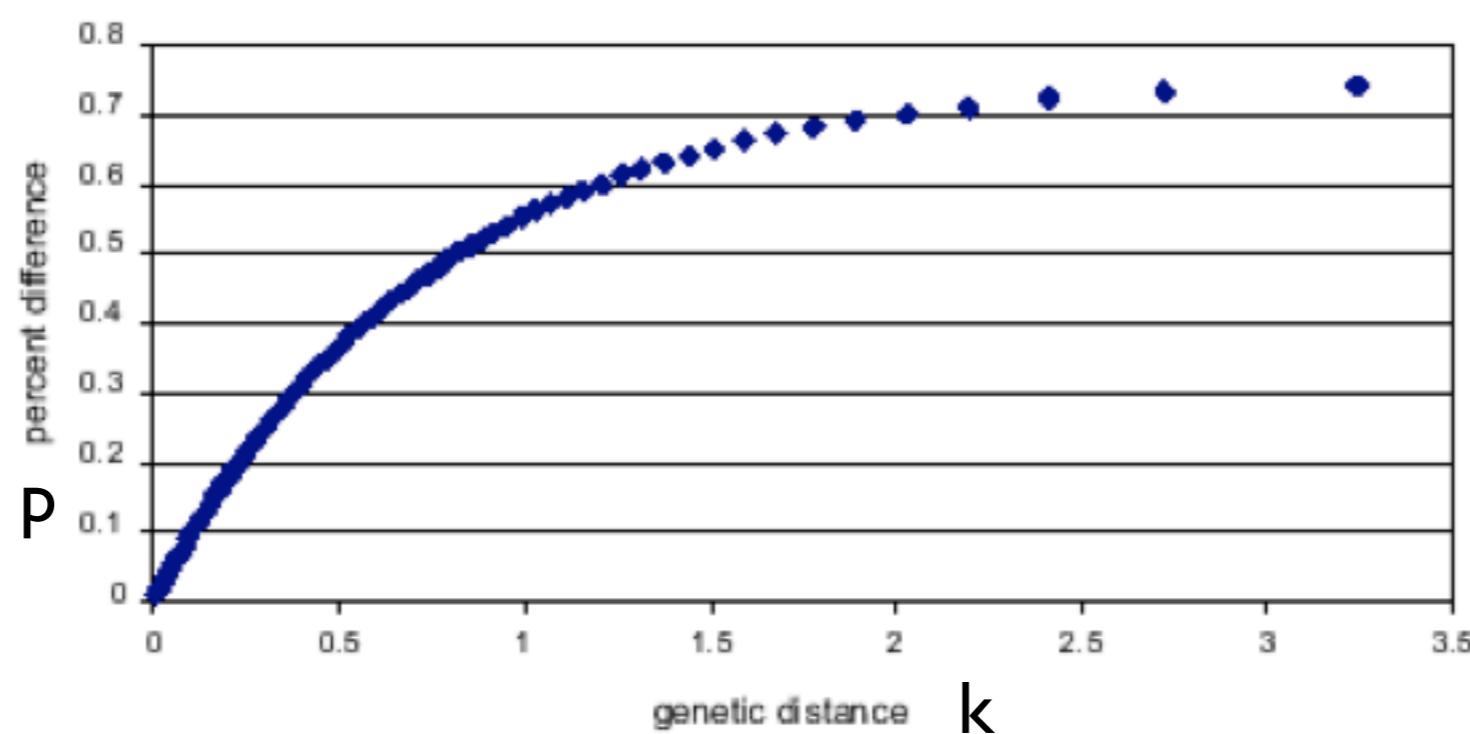
$$K_{JC} = -\frac{3}{4} \ln \left( 1 - \frac{4}{3} p \right)$$

$p$	K
0.010000	0.010067
0.10	0.11
0.20	0.23
0.30	0.38
0.40	0.57
0.50	0.82

## Estimación del número de sustituciones por nucleótido (distancia genética $k$ ) entre dos secuencias de ADN

Secuencia 1	TTT	CAT	AGT	ATC	GCA	CAC	GAA	ATG	CCC	AAA
Secuencia 2	TTC	CAT	AGT	ACC	GCA	CTC	GAA	ATG	CCA	AAG

Transformación entre el porcentaje de diferencias  $p$  y la distancia genética  $K$



Se han encontrado dos secuencias diferentes para el gen X en dos especies, 1 y 2, morfológicamente similares.

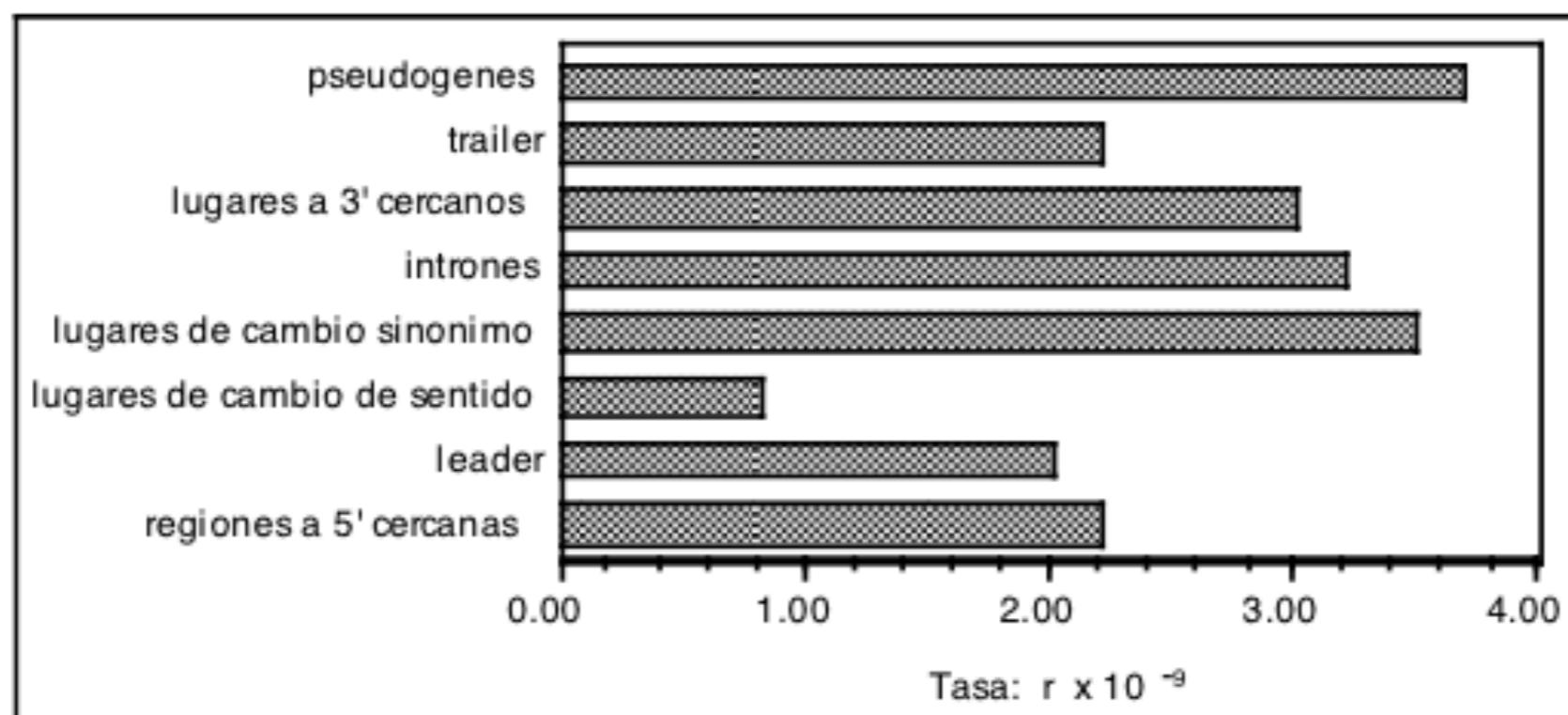
Secuencia-1: 5' ATG CCC CCA CCC CCC CAA GGG TTG ATG GGG CCC CAA TAA 3'

Secuencia-2: 5' ATG CCC CCC CCC GAA GGG TTA TTC GGG CCC CAA TAA 3'

Estime el tiempo de divergencia de las dos utilizando la proporción de nucleótidos diferentes (p) y el modelo de Jukes-Cantor ( $K = -3/4 * \ln(1 - 4/3 * p)$ ) si se sabe que la tasa de sustitución nucleotídica de la secuencia es de 0,0002 sustituciones/año.

	U	C	A	G	
U	UUU Phe UUC Phe UUA Leu UUG Leu	UCU Ser UCC Ser UCA Ser UCG Ser	UAU Tyr UAC Tyr UAA Final UAG Final	UGU Cys UGC Cys UGA Final UGG Trp	
C	CUU Leu CUC Leu CUA Leu CUG Leu	CCU Pro CCC Pro CCA Pro CCG Pro	CAU His CAC His CAA Gln CAG Gln	CGU Arg CGC Arg CGA Arg CGG Arg	
A	AUU Ile AUC Ile AUA Ile AUG Met	ACU Thr ACC Thr ACA Thr ACG Thr	AAU Asn AAC Asn AAA Lys AAG Lys	AGU Ser AGC Ser AGA Arg AGG Arg	
G	GUU Val GUC Val GUA Val GUG Val	GCU Ala GCC Ala GCA Ala GCG Ala	GAU Asp GAC Asp GAA Glu GAG Glu	GGU Gly GGC Gly GGA Gly GGG Gly	

# Tasas de sustitución para distintos tipos de secuencias



# UPGMA

**TABLE 6.1** Mean (below diagonal) and standard error (above diagonal) of the number of nucleotide substitutions per 100 sites between OTUs<sup>a</sup>

OTU	OTU				
	Human	Chimpanzee	Gorilla	Orangutan	Rhesus monkey
Human		0.17	0.18	0.25	0.41
Chimpanzee	1.45		0.18	0.25	0.42
Gorilla	1.51	1.57		0.26	0.41
Orangutan	2.98	2.94	3.04		0.40
Rhesus monkey	7.51	7.55	7.39	7.10	

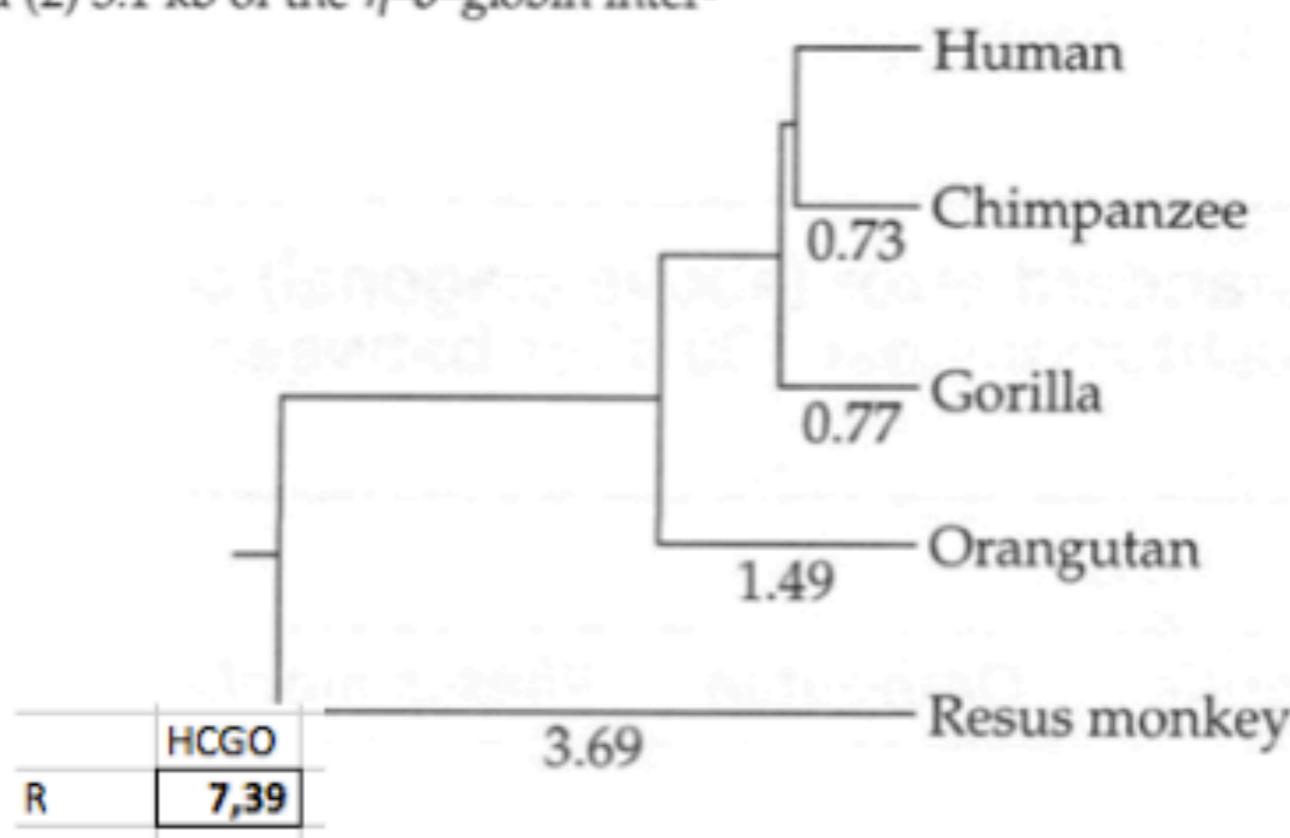
From Li et al. (1987b).

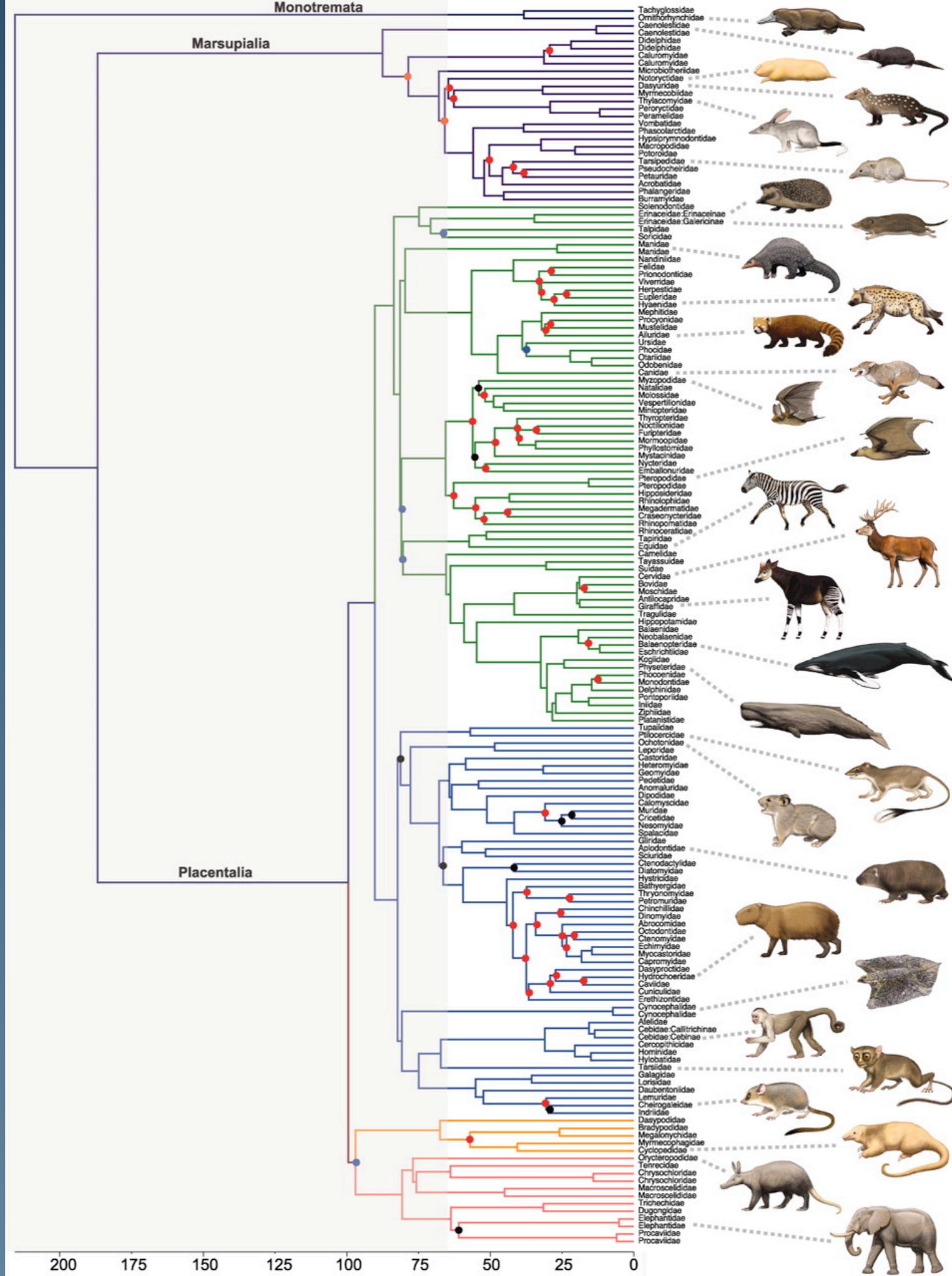
<sup>a</sup>The sequence data used are 5.3 kb of noncoding DNA, which is made up of two separate regions: (1) the  $\eta$ -globin locus (2.2 kb) described by Koop et al. (1986), and (2) 3.1 kb of the  $\eta$ - $\delta$ -globin intergenic region sequenced by Maeda et al. (1983, 1988).

	H	C	G	O
C	1,45			
G		1,57		
O			2,98	3,04
R				7,1

	HC	G	O
G	1,54		
O		2,96	3,04
R			7,1

	HCG	O
O	2,99	
R	7,48	7,1

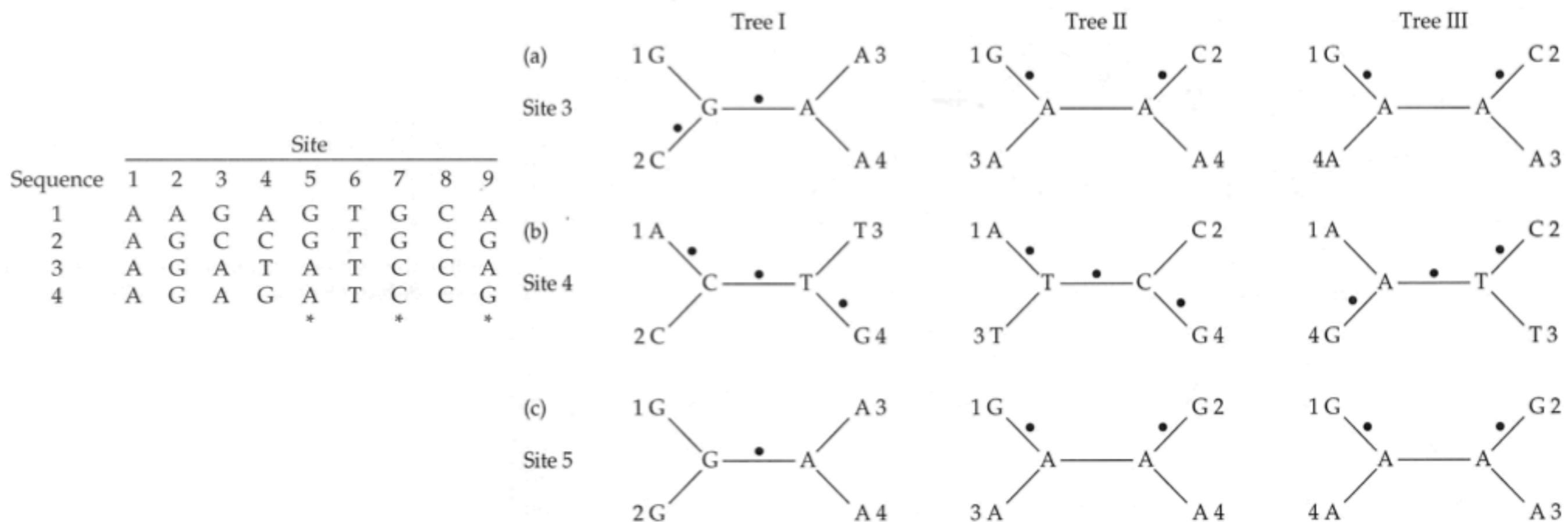




# Máxima Parsimonia

**Se busca el árbol que requiera el menor número de cambios evolutivos para explicar las diferencias entre las OTUs que lo componen**

**No todos los sitios son informativos. Lo son sólo aquéllos que favorecen uno de los posibles árboles frente a los demás**

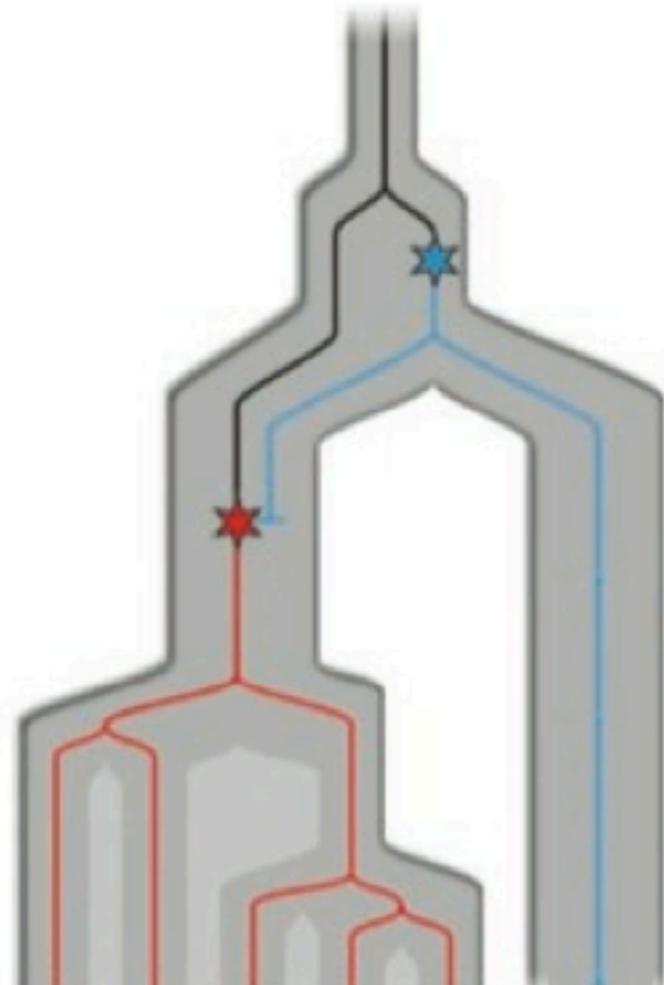


## Problema:

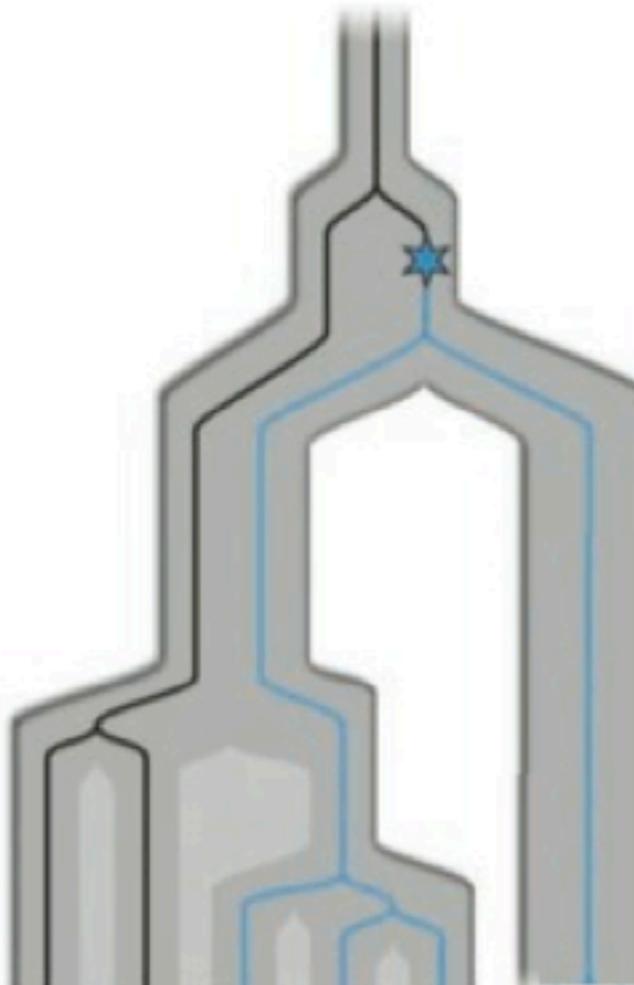
Elabore un árbol filogenético mediante el método de máxima parsimonia.

	1	2	3	4	5	6	7	8
(a)	G	T	G	A	C	T	A	G
(b)	G	T	G	A	T	T	G	G
(c)	A	C	G	G	A	T	A	A
(d)	A	T	G	C	A	T	G	A
(e)	A	C	G	C	A	T	C	A

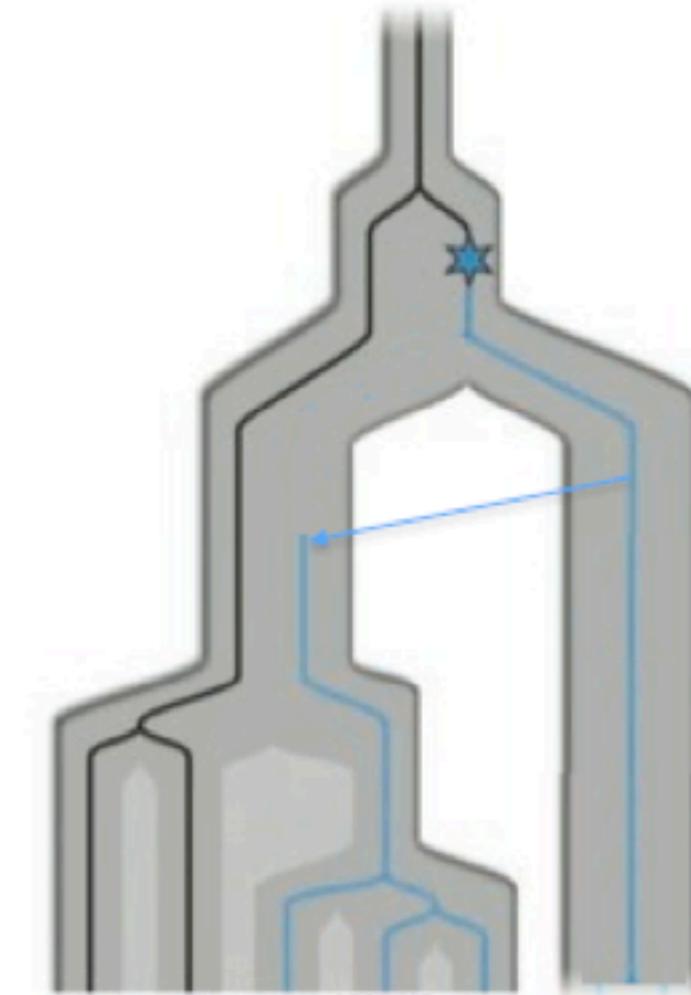
## Las filogenias de genes y de especies no siempre coinciden:



coincidencia



no-coincidencia por fijación  
posterior del polimorfismo



no-coincidencia por  
transferencia horizontal