
TEMA 3. ANÁLISIS FILOGENÉTICOS: CÓMO OBTENER UNA FILOGENIA MOLECULAR PASO A PASO

Contacto: Virginia Valcárcel (virginia.valcarcel@uam.es)

Isabel Draper (Isabel.draper@uam.es)

Maite Aguado (maite.aguado@uam.es)

Una gran parte de los trabajos de filogenia molecular se inician con el muestreo de campo, tras el que se desarrolla el trabajo de laboratorio que consiste en extracción de ADN, amplificación de regiones de ADN y por último secuenciación de los productos de la PCR. Sin embargo, otros muchos trabajos de filogenia molecular pueden iniciarse a partir de secuencias de ADN que han obtenido otros autores. Esto es así gracias a que existe una base de datos online (*GenBank*, véase tema 3.1) en la que todos los autores que quieran publicar una filogenia molecular en una revista científica indexada están obligados a colgar las secuencias. De esta manera, todo el que quiera puede descargarse las secuencias obtenidas por otros y trabajar con ellas.

En cualquiera de los dos casos, el planteamiento inicial debe partir del establecimiento de la hipótesis de trabajo que estará sustentada sobre una pregunta biológica a la que queramos dar respuesta. Evidentemente, tanto el diseño del muestreo como el tipo de análisis a realizar variarán en función de la pregunta que nos planteemos. Por ello, si no has leído el tema 2, tómate un tiempo y léelo antes de continuar con el tema 3.

En este curso *online* os vamos a proponer trabajar con un grupo de estudio sobre el que vamos a ir realizando todas las actividades en cada uno de los pasos de ejecución de las filogenias. Sin embargo, el esquema del curso también permite su seguimiento si trabajáis con vuestras propias secuencias, en vez de hacerlo con el grupo de estudio propuesto.

Actualmente existe un intenso trabajo para el desarrollo de software de análisis filogenéticos, por lo que cada día os encontraréis nuevos programas. Aquí hemos hecho una selección de programas gratuitos con los que podéis desarrollar todas las partes del trabajo de análisis del filogenetista. No obstante, existen muchos otros programas que no explicaremos pero que podéis encontrar en la página web <http://evolution.genetics.washington.edu/phylip/software.html>. Además, en paralelo se están desarrollando numerosos paquetes para la realización de análisis filogenéticos y otros análisis basados en filogenias en la plataforma de trabajo R (Paradis 2006, Analysis of Phylogenetics and Evolution with R).