

## RESPUESTAS DE LOS EJERCICIOS

### TEMA 2.2. Puntos clave en el diseño y elaboración de una filogenia molecular

*Respuesta Ejercicio 2.2.1.* Las células de las plantas presentan tres tipos de genoma: nuclear, plastidial y mitocondrial. Para obtener una filogenia que reconstruya la historia evolutiva completa de un grupo de plantas debería analizar regiones del genoma nuclear y al menos de uno de los genomas organulares. El genoma nuclear es de herencia mendeliana biparental, mientras que los genomas organulares (plastidial y mitocondrial) son de herencia no mendeliana, biparental o uniparental, por lo que es posible que muestren historias evolutivas diferentes (por ejemplo, en casos de hibridación). En el caso de las plantas, se suele prospectar el genoma plastidial frente al mitocondrial. Ello se debe fundamentalmente a que el genoma mitocondrial adolece de: (1) una baja tasa de mutación a niveles taxonómicos bajos y (2) una tasa de rearrreglo muy elevada, por lo que es frecuente que se pierda la señal filogenética.

*Respuesta Ejercicio 2.2.2.* Dado que estamos trabajando a un nivel taxonómico bajo, necesitaremos regiones que presenten una elevada tasa de mutación. Por ello, deberíamos prospectar regiones espaciadoras que al no ser codificantes pueden acumular más cambios por unidad de tiempo.

*Respuesta Ejercicio 2.2.3.* Elegiría dos muestras de *Oligomeris*, una de cada uno de los dos linajes que aparecen resueltos en la figura (por ej., *O. linifolia* 1 y *O. dregeana* 1) junto con una muestra de *R. luteola*, como representantes del grupo hermano. Para representar el grupo externo seleccionaría un representante del otro gran linaje de *R. sect. Lecuoreseda* (por ej. y *R. alba*)