

INDICE

<http://dx.doi.org/10.15366/est.filogenia2015>

Capítulo 1. Introducción y conceptos básicos

1. Introducción.....	13
2. Conceptos básicos.....	15

Capítulo 2. Las metodologías filogenéticas

1. Introducción.....	23
2. Los métodos de distancias.....	25
3. Los métodos de caracteres discretos.....	26
3.1. El análisis de máxima parsimonia (MP).....	27
3.2. El análisis de máxima verosimilitud (ML).....	28
3.3. La inferencia bayesiana (BI).....	29
4. Procesos de construcción y búsqueda de hipótesis filogenéticas.....	29
4.1. Algoritmos exactos.....	30
4.2. Algoritmos heurísticos y estocásticos.....	31
5. Árboles de consenso.....	33
6. Grado de soporte de los clados.....	34
7. Estadísticos descriptivos en parsimonia.....	35

Capítulo 3. Diseño de un análisis filogenético

1. La elección de los terminales.....	39
2. La elección del grupo externo.....	39
3. Caracteres.....	40
3.1. Caracteres morfológicos.....	40
3.2. Caracteres moleculares.....	40
4. Selección de los métodos de análisis.....	43
5. Combinación de datos de distinta naturaleza.....	43

Capítulo 4. Obtención de secuencias

1. Bajar secuencias de las bases de datos.....	47
1.1. Descarga de secuencias del GenBank desde Bioedit.....	50
1.2. Descarga de secuencias del GenBank desde Mega.....	51

Capítulo 5. Alineamientos múltiples

1. Alineamiento múltiple con Clustal X.....	56
2. Alineamiento múltiple con Mafft.....	58

3.	Alineamiento múltiple con Muscle	61
4.	Alineamiento múltiple con Mega	62
5.	Revisar el alineamiento con Bioedit	62
6.	Revisar el alineamiento con Mega	63
7.	Revisar el alineamiento con PhyDE	64
8.	Selección de bloques con GBlocks	65

Capítulo 6. Metodologías de Inferencia Filogenética I: Máxima Parsimonia

1.	NONA y WINCLADA	71
1.1.	Combinación de matrices en WINCLADA	73
1.2.	Combinación de matrices en Sequence Matrix	74
2.	TNT	75
2.1.	Preparando el formato para TNT	76
2.2.	El análisis de Parsimonia en TNT	77
2.3.	Cálculo de valores de soporte de ramas en TNT	80

Capítulo 7. Modelos evolutivos

1.	Elección del modelo más apropiado con el programa Findmodel	87
2.	Elección del modelo más apropiado con el programa jModelTest	88

Capítulo 8. Metodologías de Inferencia Filogenética II: Maximum Likelihood

1.	Maximum Likelihood en RAxML	95
2.	Maximum Likelihood en GARLI	97
3.	Maximun Likelihood en MEGA	100

Capítulo 9. Metodologías de Inferencia Filogenética III: Inferencia Bayesiana

1.	La inferencia bayesiana en MrBayes	105
----	--	-----

Capítulo 10. Visores de gráficos

1.	Figtree para obtener gráficos	113
2.	ITOL Interactive Tree of Life para obtener gráficos	115

Referencias bibliográficas	119
---	-----

Términos básicos	129
-------------------------------	-----

Apéndice	133
-----------------------	-----

Autoras	143
----------------------	-----