

ACTA ZOOLOGICA LILLOANA

VOLUMEN 63
Suplemento

XIII Reunión Argentina
de Cladística y Biogeografía

8 al 10 de abril de 2019
San Miguel de Tucumán, Argentina

Resúmenes



Fundación Miguel Lillo

TUCUMÁN - ARGENTINA

— 2 0 1 9 —

Prediciendo la incongruencia entre parsimonia y verosimilitud en estudios filogenómicos: apoyo, niveles taxonómicos e incongruencia entre genes

Torres, Ambrosio^{1*}; Pablo A. Goloboff¹; Santiago A. Catalano^{1,2}

¹ Unidad Ejecutora Lillo (UEL, Fundación Miguel Lillo-CONICET), Miguel Lillo 251, 4000, Tucumán, Argentina.

² Facultad de Ciencias Naturales e Instituto Miguel Lillo, Miguel Lillo 251, 4000, Tucumán, Argentina.

* atorresgalvis@gmail.com

En la actualidad no existen estudios empíricos que usen un número considerable de *datasets* para determinar los principales causantes de las diferencias entre los resultados de Máxima Parsimonia (MP) y Máxima Verosimilitud (MV) en análisis filogenómicos. En trabajos previos evidenciamos una alta congruencia entre MP y MV para 149 *datasets* filogenómicos (2,4 movimientos-SPR en promedio) donde en general las diferencias no afectaron las conclusiones de los estudios, y estuvieron asociadas a nodos con bajo apoyo. MP con pesos implícitos en general no produjo mayor congruencia con MV, que MP bajo pesos iguales. Adicionalmente, los taxones con altos niveles de datos faltantes y/o mayores largos de ramas estuvieron involucrados en la mayoría de los nodos incongruentes. En este trabajo por medio de regresiones lineales evaluamos si existe relación entre la incongruencia MP-MV con i) la incongruencia entre los genes de cada *dataset*, y ii) el nivel taxonómico abordado. Encontramos que la incongruencia entre los genes está significativamente relacionada con la incongruencia MP-MV, mostrando que aquellos nodos incongruentes son generalmente aquellos que están presentes en un bajo porcentaje de los árboles obtenidos a partir de cada gen. No encontramos una relación significativa entre el nivel taxonómico y la incongruencia MP-MV, aunque estudios más detallados deben realizarse. Nuestros resultados sugieren que las topologías de MV y MP para datos filogenómicos son, en la práctica, equivalentes. Además, la integración de diferentes análisis de las características de los *datasets* podrían permitir predecir la incongruencia entre MP y MV.

Nuevos descubrimientos de dinosaurios del Jurásico Medio-Tardío de China

Xu, Xing

Key Laboratory of Vertebrate Evolution and Human Origins of Chinese Academy of Sciences, Institute of Vertebrate Paleontology and Paleoanthropology, Chinese Academy of Sciences, Beijing, 100044, China.

El Jurásico Medio es un período geológico crítico para la evolución de los tetrapodos. Sin embargo, su registro fósil para este período es pobre. Desde el comienzo