



SEDE

EVENT HUB

OTROS EVENTOS



What are you looking

¡Le damos la bienvenida al centro de
eventos de la

XIV Reunión Argentina de Cladística y
Biogeografía!

#RACB2022

**Todos los eventos aparecen en horario estándar de
Argentina (UTC-03:00):**

Monday

14:50:46

What are you looking

La revolución genómica está institucionalizada (o sea, ya no es revolución). Logros tecnológicos imponentes. Cantidades masivas de datos. Árboles completamente resueltos y muy soportados. El futuro es hoy. En esta presentación vamos a comentar sobre progresos recientes en el conocimiento de las relaciones filogenéticas de los anuros sobre la base de datos obtenidos con secuenciación de alto rendimiento, haciendo énfasis en algunos aspectos poco originales y poco novedosos, como la combinación de datos, transparencia de los procedimientos, y por supuesto, el impacto de estos resultados en el estudio de los linajes de interés.

[back to the top](#)

¿QUÉ IMPLICA RECUPERAR LA MONOFILIA DE LAS BRIOFITAS? REVISANDO LA FILOGENIA DE LAS BRIOFITAS A TRAVÉS DE LA MORFOLOGÍA, FÓSILES Y TRANSCRIPTOMAS

Jorge FLORES

Unidad Ejecutora Lillo (UEL), CONICET-FML, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina Instituto de Paleontología, Sección Paleobotánica, San Miguel de Tucumán, Tucumán, Argentina.
jorgfs88@gmail.com

What are you looking

El advenimiento de estudios filogenómicos trajo nueva vida a una vieja discusión en botánica: la monofilia de las briofitas. Aunque se comparó el efecto de diferentes aspectos metodológicos sobre *datasets* genómicos, las implicancias de recuperar a las briofitas como un grupo monofilético desde un punto de vista morfológico han sido escasamente consideradas. En esta presentación, la filogenia de las briofitas es revisada mediante la evaluación de: (i) la optimalidad de hipótesis alternativas, (ii) la congruencia/conflicto entre tipos de datos, y (iii) diferentes escenarios evolutivos. Para esto, se confeccionó una matriz morfológica de 285 caracteres – 115 nuevos (40%) – para 52 briofitas (en donde se incluyen al total de órdenes del grupo) y 22 taxones representando “polysporangiofitas” y “algas”. De estos, 14 son fósiles, los cuales están asignados a hepáticas (8), musgos (2) y “polysporangiofitas” (4). Un subconjunto del *dataset* molecular transcriptómico *1KP* (= *1000 Plant Transcriptomes Initiative*) fue combinado con el *dataset* morfológico para llevar a cabo análisis de “evidencia total”. Los resultados indican que recuperar la monofilia de las briofitas es altamente subóptimo bajo pesos iguales y pesos implicados. Comparaciones topológicas sugieren que el conflicto entre datos se da en clados poco inclusivos. Más aún, aunque el *dataset* morfológico concluye en un consenso estricto con resolución baja, los mismos clados a niveles profundos son recuperados por ambos tipos de *datasets* (i.e. morfológico y molecular). Finalmente, la optimización de caracteres clave en la topología subóptima implica escenarios evolutivos que están en conflicto con