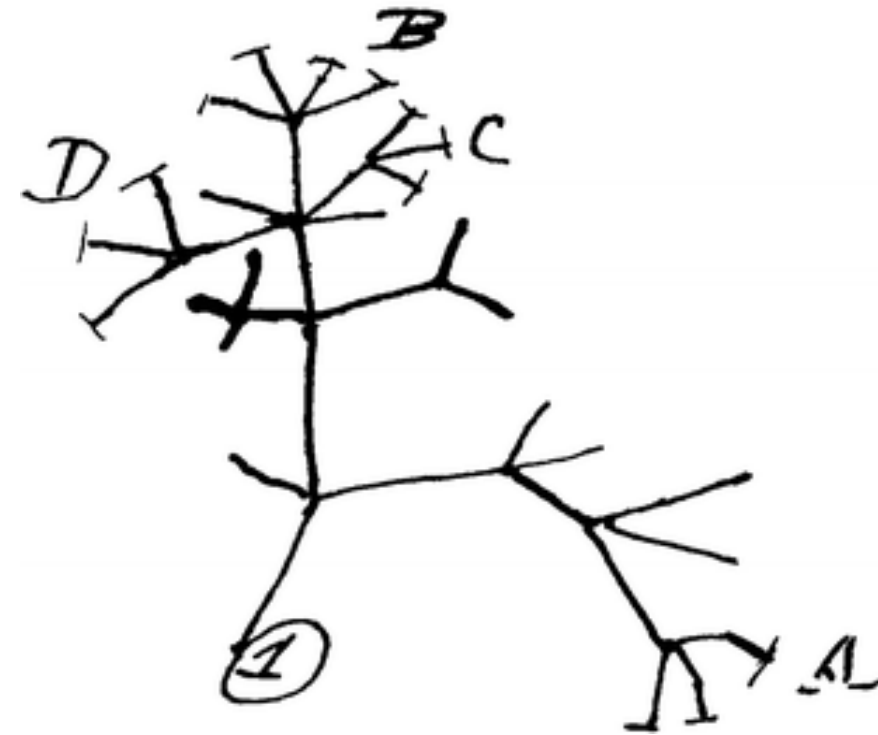


Principios de filogenia

Filogenia

- Reconstrucciones buscan representar las relaciones evolutivas de un grupo.
- Para que tenga sentido (refleje la realidad) debe basarse en conceptos evolutivos y de parentesco entre los distintos grupos que se estudian.
- La historia evolutiva de un linaje deja rastros en características heredables (uno de los principios de disciplina) por ejemplo morfología, genoma, proteínas, fisiología, ecología, comportamiento...

I think

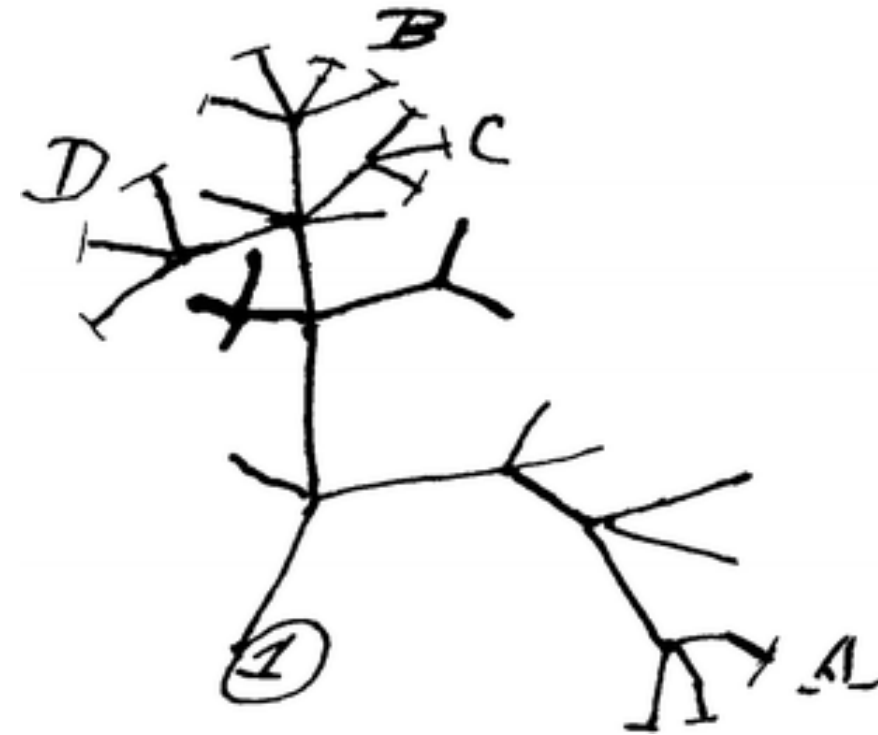


El primer árbol evolutivo de Darwin (1837) de una de sus libretas.

Filogenia

- Existe una sola filogenia real para un linaje o clado.
- Cualquier representación gráfica corresponde a una reconstrucción o interpretación de las relaciones entre los organismos (se puede ajustar más o menos a la realidad).
- Distintas líneas de evidencia pueden arrojar reconstrucciones distintas.

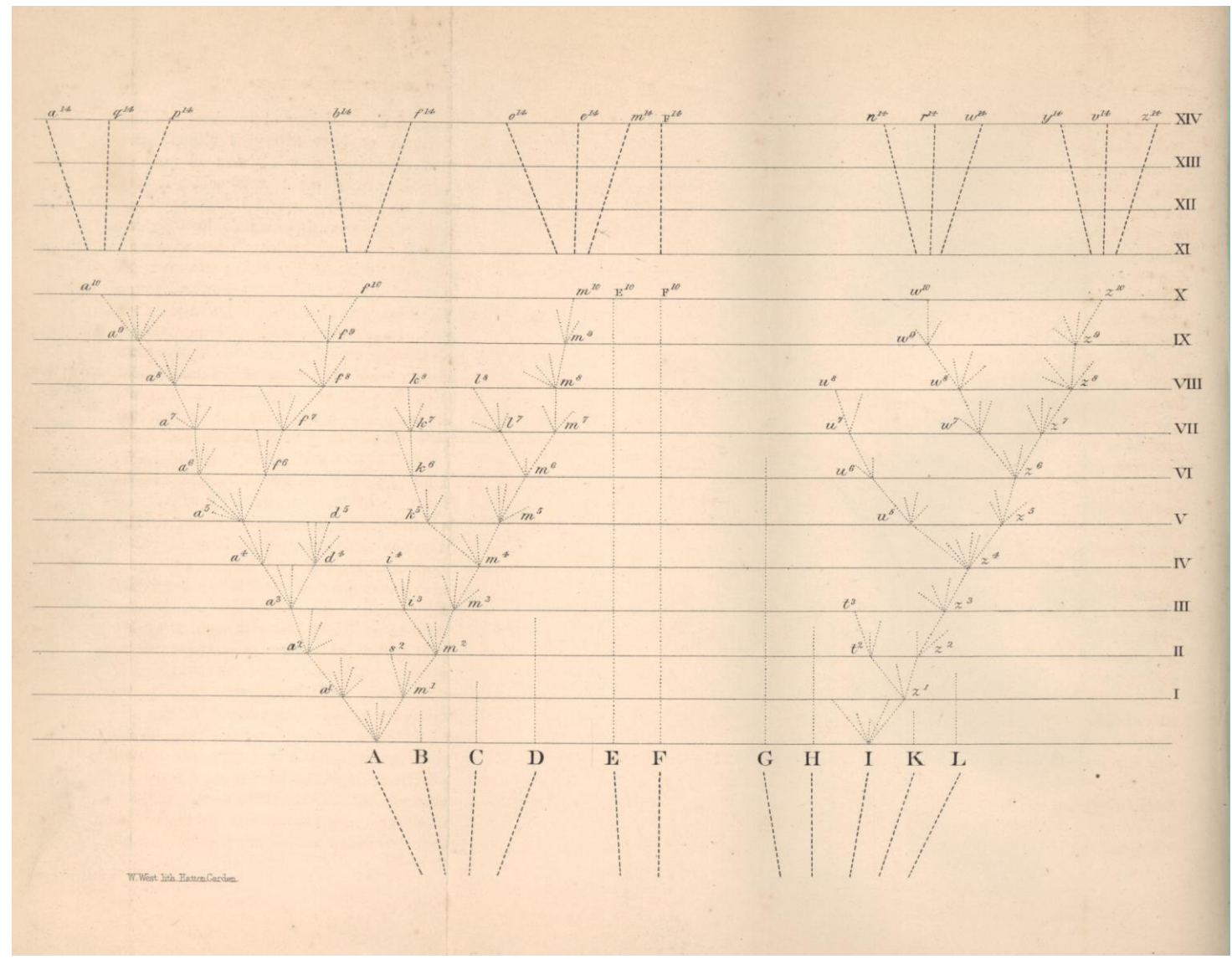
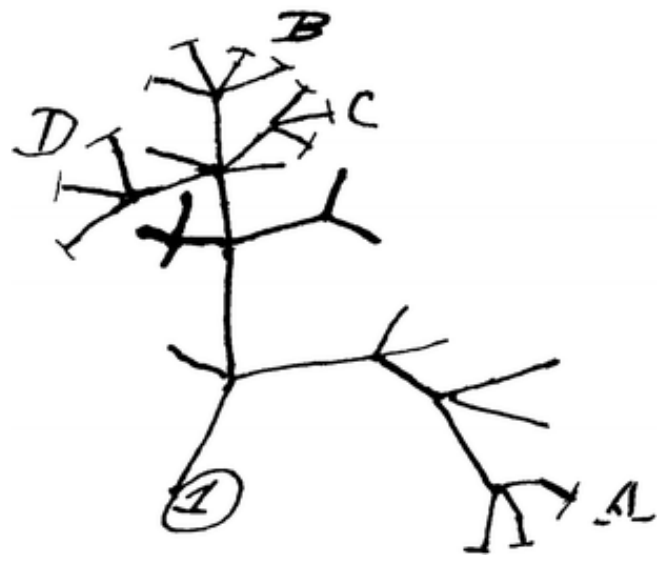
I think



El primer árbol evolutivo de Darwin (1837) de una de sus libretas.

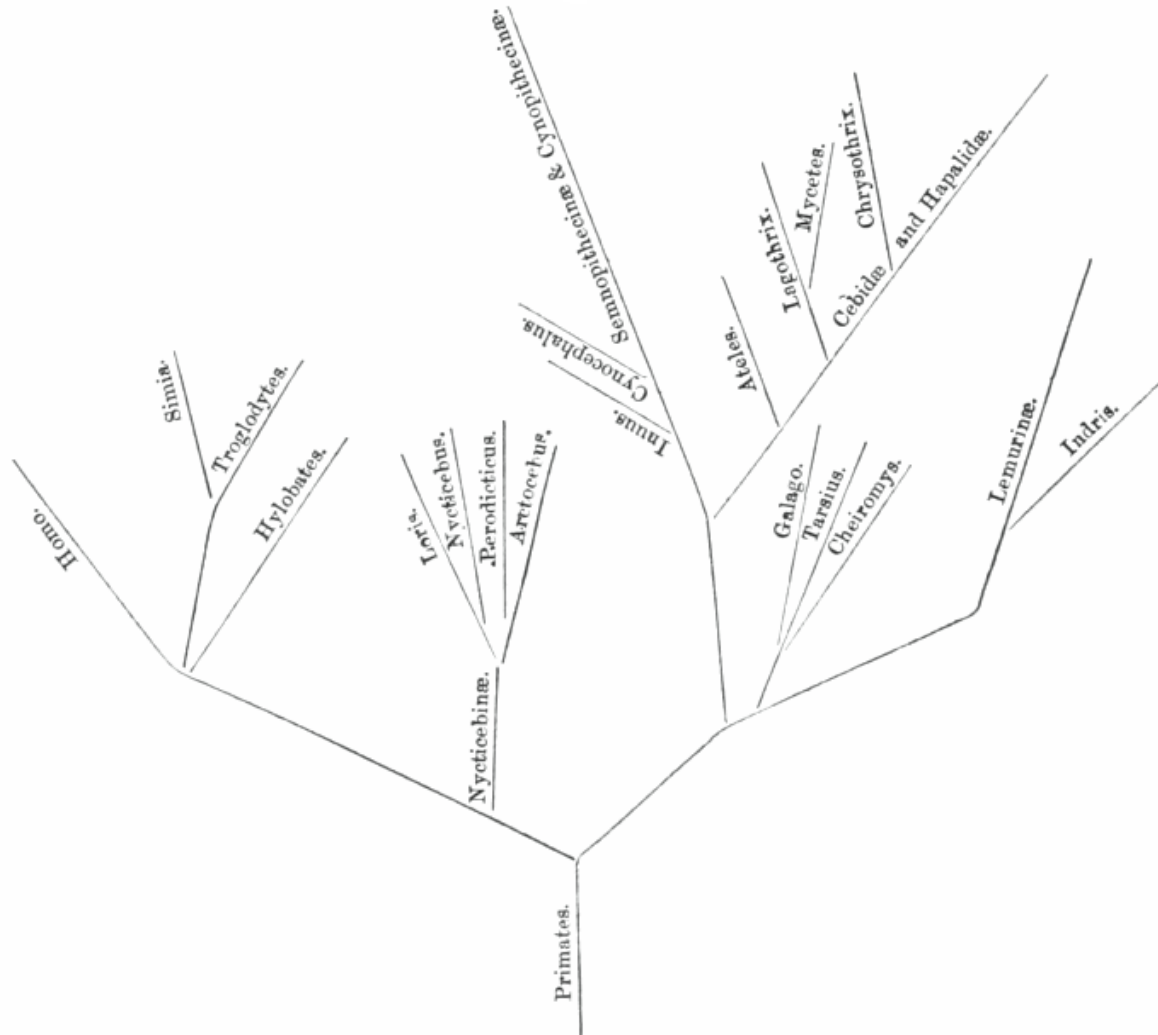
- Darwin consideró que un árbol era una buena metáfora para representar las afinidades de un grupo

I think Darwin (1837)

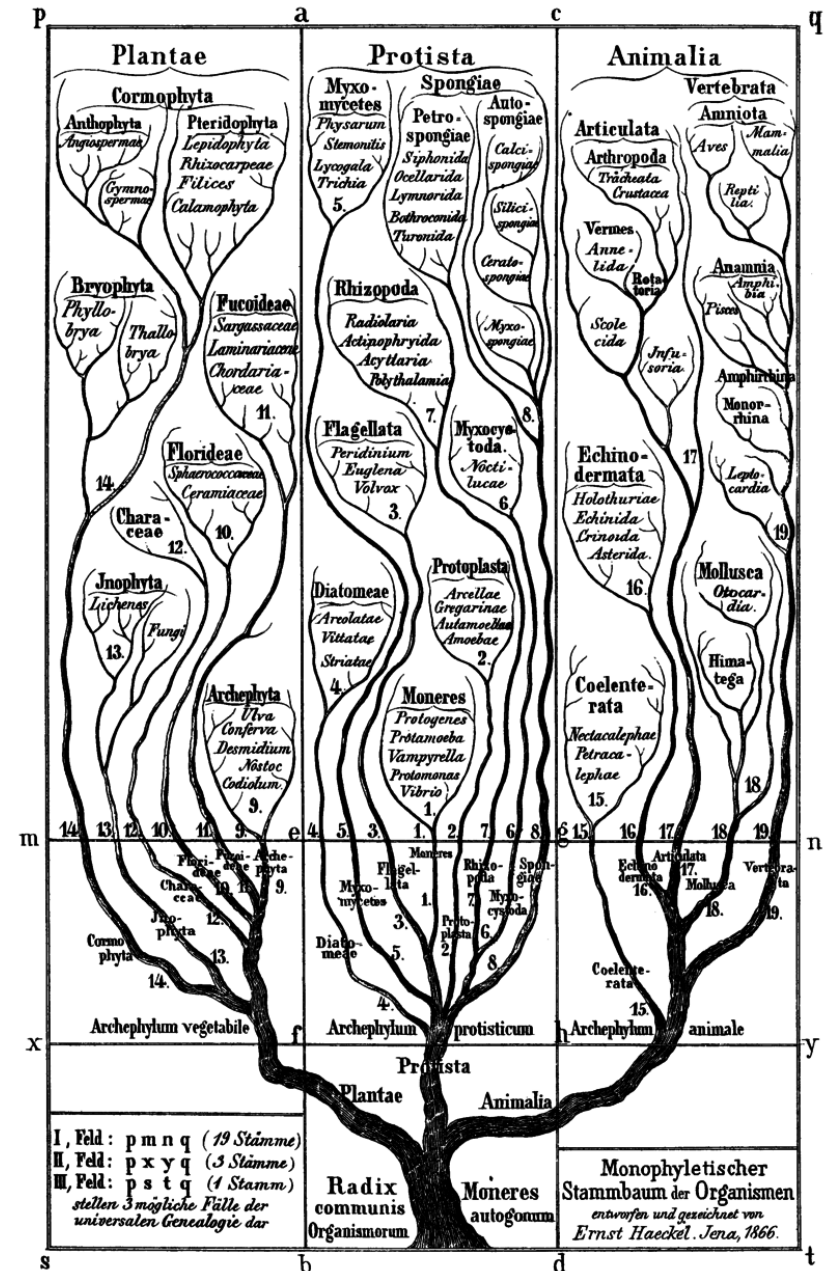


Darwin (1859)

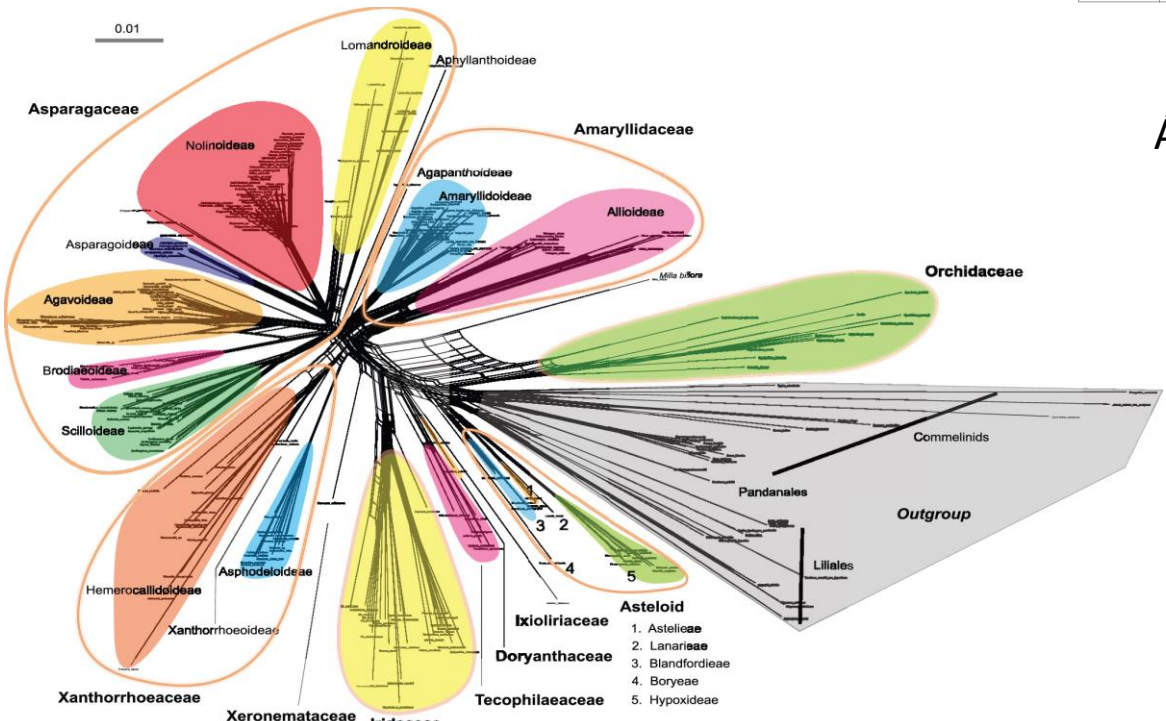
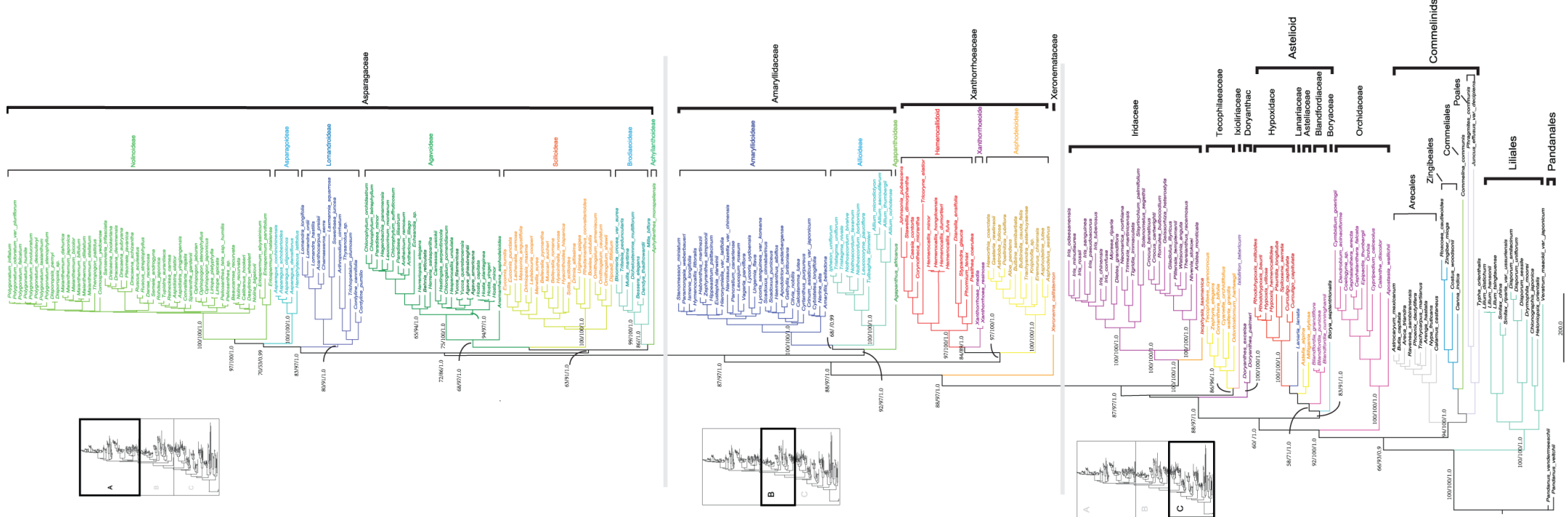
Darwin y más allá



Mivart (1865)



Haeckel (1866)



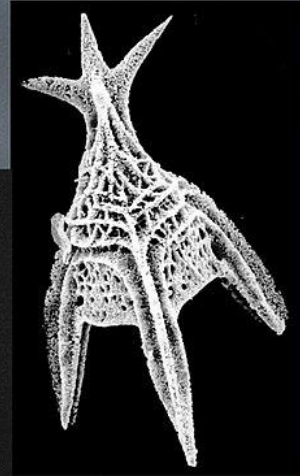
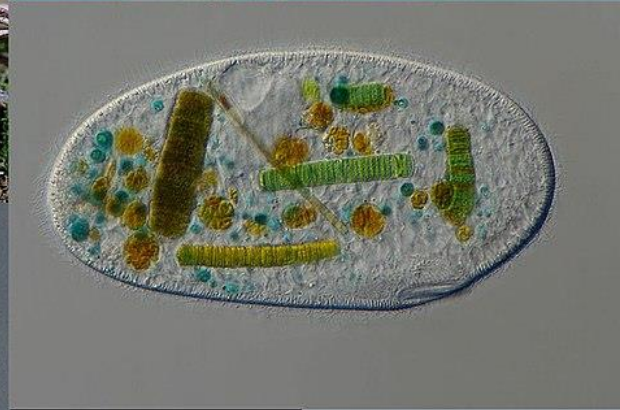
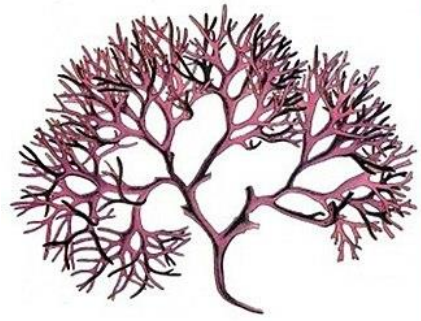
Árbol y red de Asparagales

Filogenia

Nada en Biología tiene sentido a menos que se vea a la luz de la evolución.

Aunque hay biólogos que creen que definir solo grupos monofiléticos no es práctico y por conveniencia se continúa aludiendo a grupos artificiales (protistas, reptiles, “helechos y afines”) la mayoría buscamos que los sistemas de clasificación reflejen las relaciones reales de los organismos.

Una clasificación que refleje grupos naturales (monofiléticos) va a ser más fiel a representar la evolución y filogenia (y no basada en criterios subjetivos y elegidos aleatoriamente).



¿Cómo se obtiene una reconstrucción filogenética?

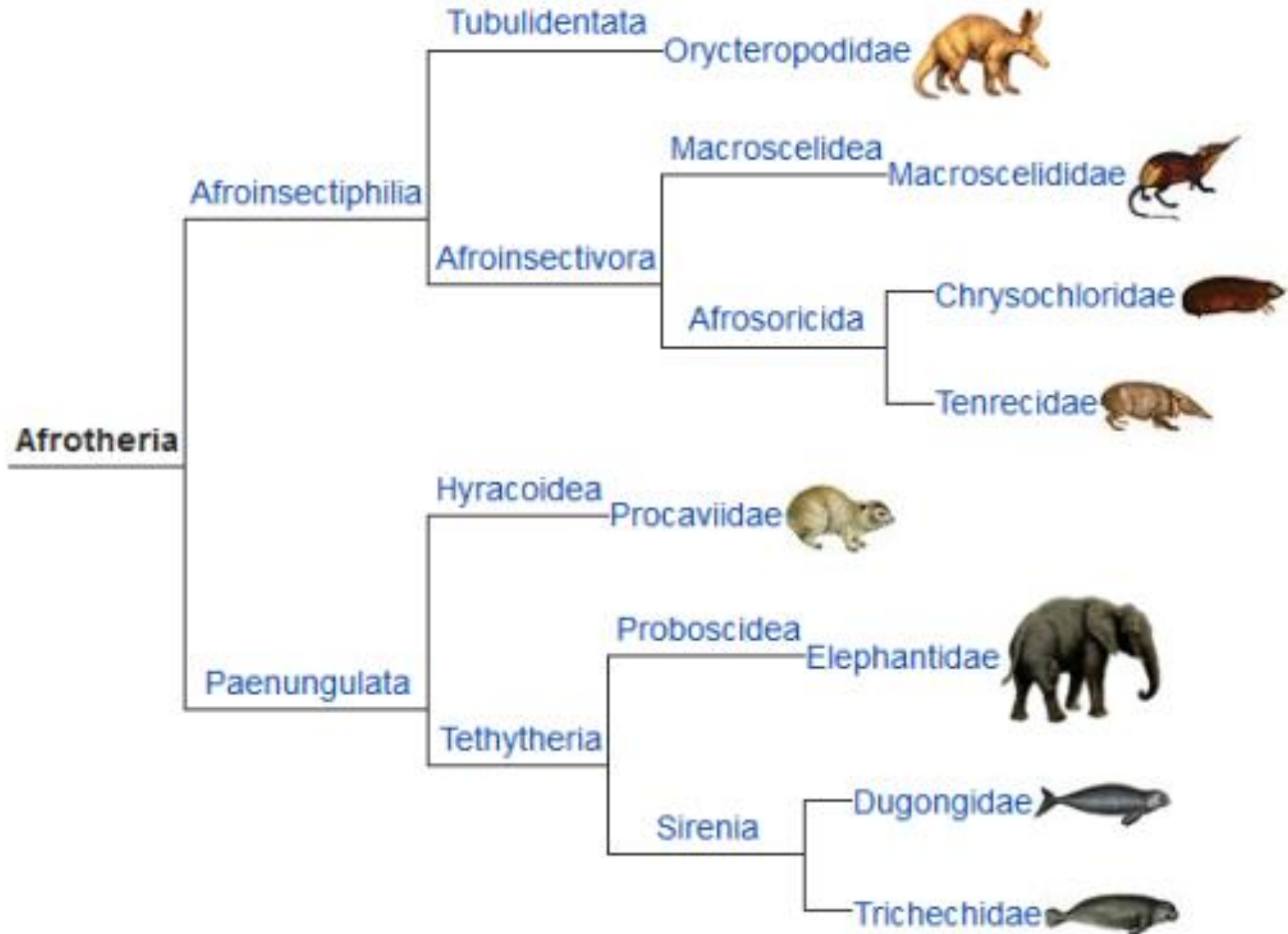
- No tendría sentido producir un árbol si no se acepta (al menos subjetivamente) que la historia evolutiva de un linaje deja rastros en características heredables (en términos generales mayor similitud indica mayor cercanía filogenética).
- Se pueden usar una gran cantidad de características para elaborar una reconstrucción.
- Tradicionalmente la morfología ha sido una de las fuentes de información más valiosas. En años recientes, ácidos nucleicos, especialmente ADN han tomado lugar principal.

Moléculas vs morfología

Existe la creencia errónea que con evidencia molecular, la morfología sale “sobrando”.

Esto es incorrecto : la morfología también puede reflejar las relaciones de un clado.

Muchos grupos que en la actualidad están bien soportados con datos moleculares habían sido definidos originalmente en términos morfológicos (órdenes de insectos, familias de mamíferos, aves y plantas etc.) aunque a veces con modificaciones o con relaciones distintas.



Moléculas vs morfología

En un “giro” interesante, aunque muchas de las familias de angiospermas son muy similares en sus versiones pre y posmoleculares, la mayoría de órdenes han cambiado considerablemente (con dos excepciones).



Moléculas vs morfología

El análisis de morfología es complejo (y a veces “engañoso”) porque:

1-La interpretación de características morfológicas puede ser sesgada y subjetiva: estructuras homólogas han cambiado tanto que son irreconocibles, estructuras análogas son tan similares que se interpretan como homólogas.

2-Hay mucha homoplasia. La selección natural ejerce presiones selectivas fuertes sobre muchos caracteres fenotípicos.

El estudio de secuencias moleculares puede permitir la reinterpretación de la morfología y la evolución de estructuras (identificación de homoplasias potenciales).

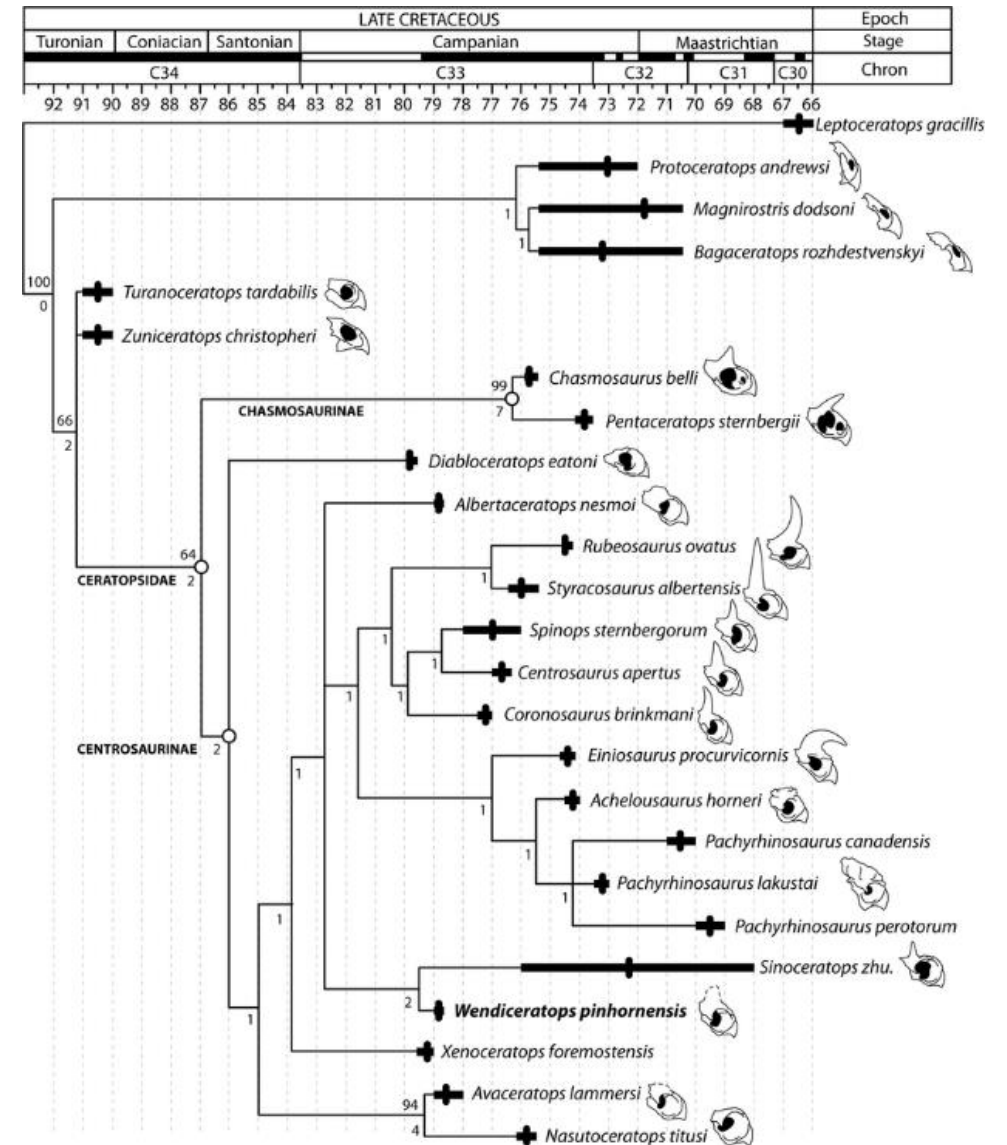
Thraupidae

Passerellidae



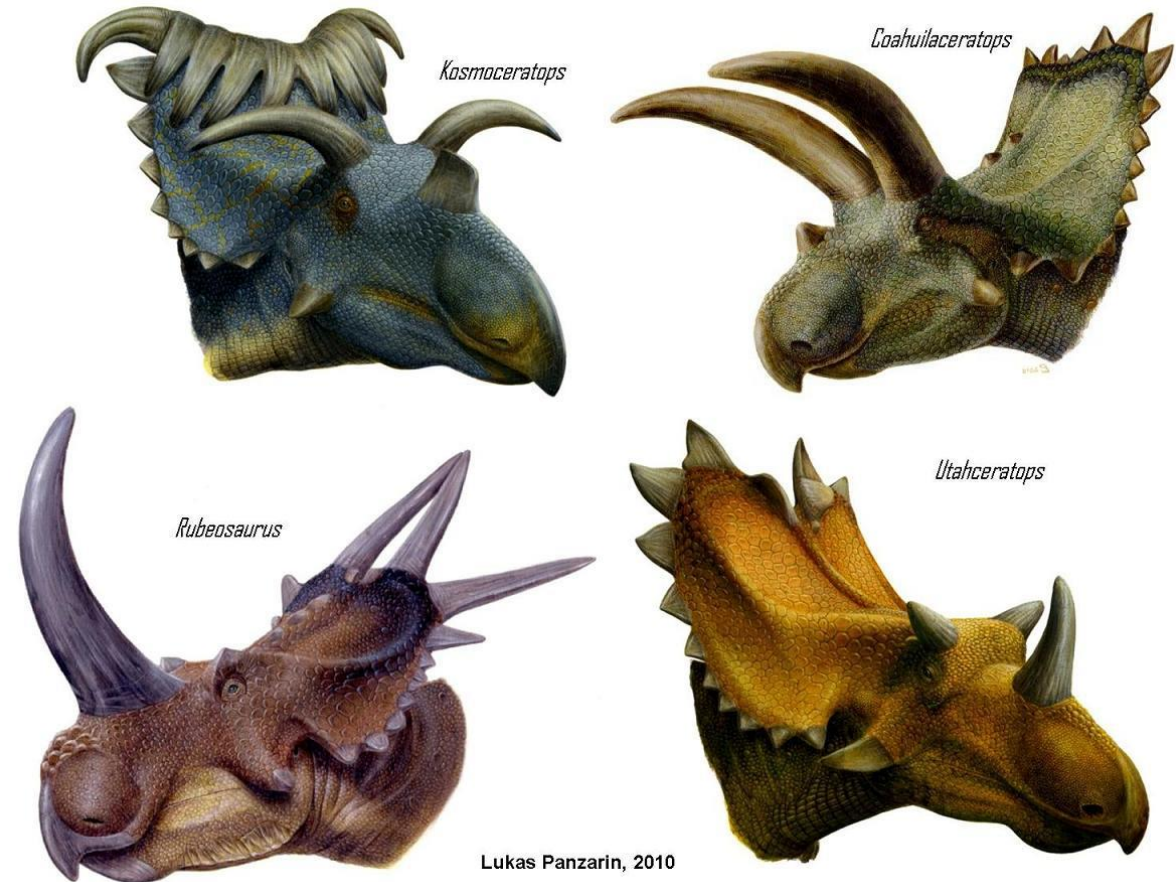
Filogenias morfológicas

- Aunque ya no es tan popular entre organismos vivientes todavía es muy común en paleontología.
- El análisis de caracteres debiera ser exhaustivo, lamentablemente para fósiles no tenemos líneas de evidencia independiente (p ej moléculas) para corroborar.



Filogenias morfológicas

- Su interpretación de una reconstrucción filogenética es igual que filogenias moleculares
- Es importante recordar que un carácter morfológico puede representar la expresión de miles de nucleótidos.
- ¿Son los análisis mixtos válidos?



¿Como se obtienen?

- Se deben definir los caracteres y estados de carácter a usar (esto no es arbitrario, ver Sereno (2007) *Cladistics* 23: 565–587)
- Después se observan y analizan los caracteres en los organismos directamente (especímenes, literatura es válida pero...).
- Muchos estados difieren cualitativamente: es necesario codificarlos a valores discretos.

1. Rostral, extent of dorsal and ventral processes: (0) triangular in lateral view, with short dorsal and ventral processes; (1) elongate, with deeply concave caudal margin and hypertrophied dorsal and ventral processes.
2. Premaxillary septum, shape: (0) rostrally elongate; (1) semicircular.
3. Premaxillary septum, nasal contribution: (0) septum formed by premaxilla only; (1) septum formed by premaxilla and nasal.
4. Premaxilla, narial strut: (0) absent; (1) present.
5. Premaxilla, septal fossa: (0) absent; (1) present.
6. Premaxilla, triangular process: (0) absent; (1) present.

¿Como se obtienen?

- Existe debate si los caracteres deben tener todos el mismo peso o no ¿tienen algunos caracteres mayor relevancia filogenética que otros?.
- Esto queda a discreción del investigador y darles el mismo peso o no son supuestos.
- Se construye Matriz, cada posición corresponde a un carácter y cada valor en cada posición a un estado

Achelousaurus horneri

011?00011110?1?1111201112000???10?1?11000110010111111
00?10022101010111101111????????????????????10??

Pachyrhinosaurus canadensis

011000011110?1?11112011?2100???10?111100?1100??11??11?
??101221010101111011?????1?????????????????1??10??

Pachyrhinosaurus lakustai

01100001111001?1111201112100???10?1?11000110010111111
001101221010101111011111?11?1??11111110111??10??

Pachyrhinosaurus perotorum

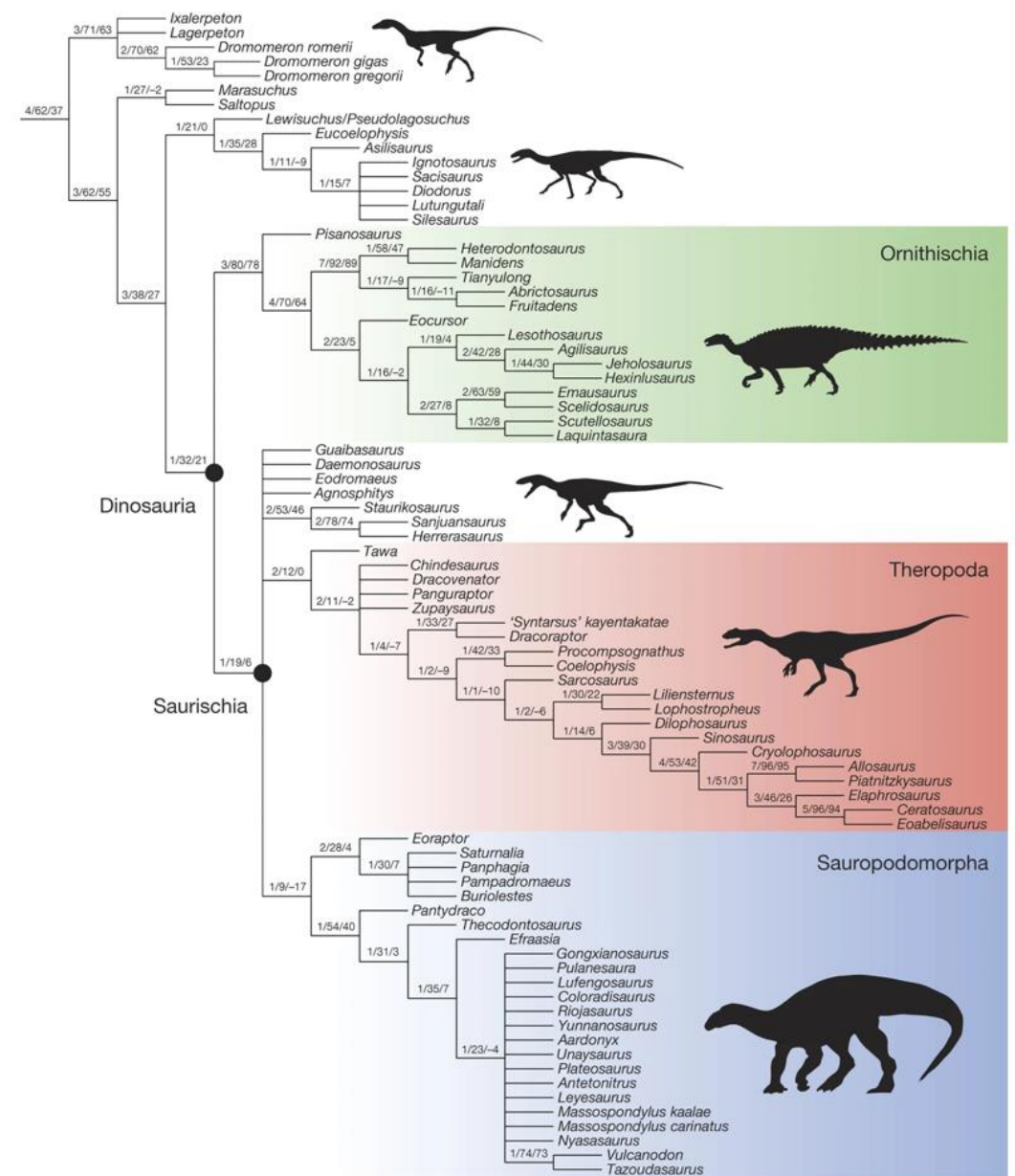
01?0000111???1?11?1201??2100???10????1????1?010?111?1?
??11????0?????????????1?1???1????????????0111???012

Avaceratops lammersi

01?000011110?1?10100011?101111?11011?100011000?11??01
00?110000010?011??011111111?10?11?????????1?1?2100

¿Como se obtienen?

- Los análisis se corren en software especializado (ej. TNT, que se trabaja con parsimonia y puede analizar también datos moleculares).
- Las opciones del análisis son definidas por el investigador. El soporte (“Que tan robustas son las relaciones”) se obtiene en valores de Bremer o frecuencias de Bootstrap



Filogenias moleculares

- Teoría de la evolución: todos los organismos existentes han descendido a partir de un ancestro común y por lo tanto, están relacionados.
- Durante la duplicación del ADN un nucleótido puede ser reemplazado por otro, es decir puede ocurrir una mutación.
- Las mutaciones pueden pasarse a la siguiente generación y fijarse por deriva genética o selección natural.
- Cuando una mutación en una posición específica ocurre en todos los individuos de una especie se les conoce como **sustituciones**.
- Entre más tiempo dos secuencias hayan existido independientemente una de la otra, habrán acumulado más sustituciones.

Filogenias moleculares

- Usa información de secuencias de nucleótidos o aminoácidos y sus cambios evolutivos a lo largo del tiempo para inferir relaciones evolutivas entre sets de genes homólogos o péptidos/proteínas.
- Objetivo: Estimar la divergencia evolutiva de secuencias de nucleótidos o aminoácidos de una secuencia ancestral y reconstruir las relaciones evolutivas correctas entre estas secuencias en forma de un árbol filogenético

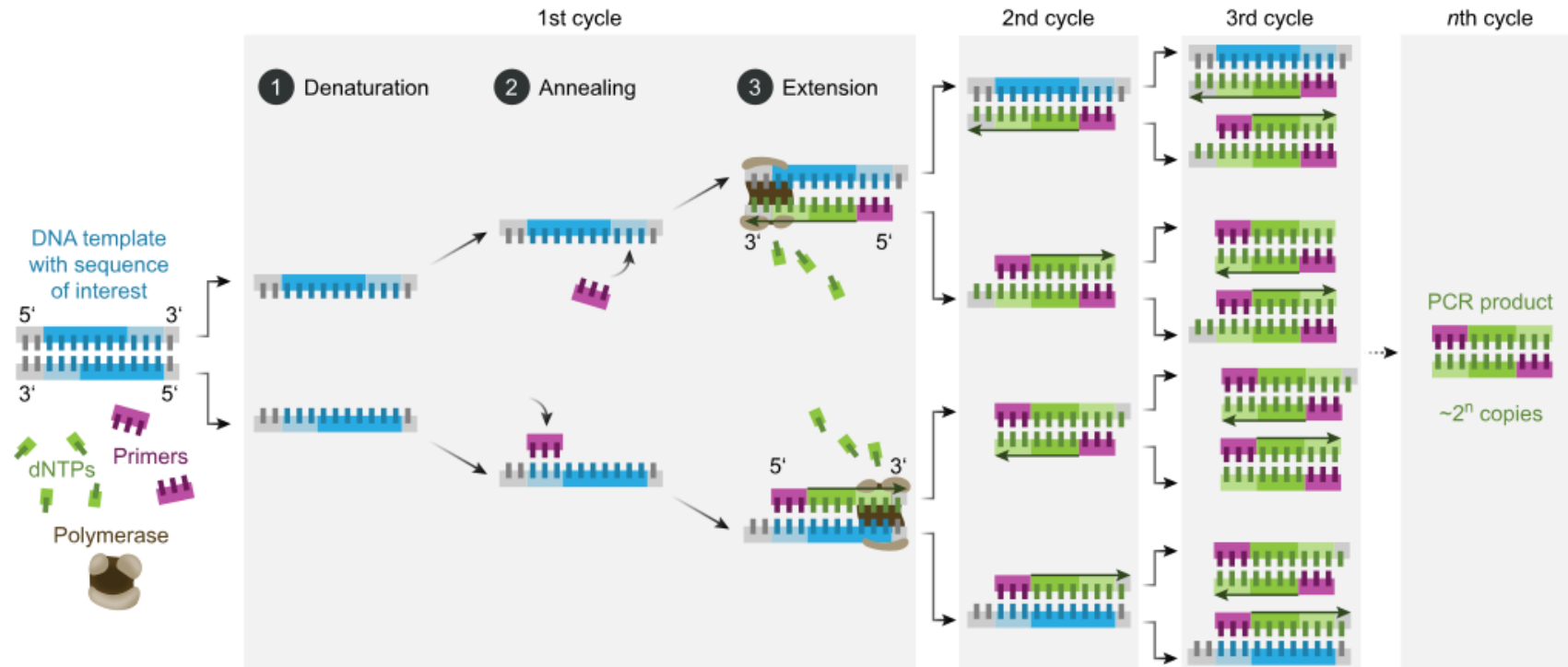
¿Como se obtienen?

- Primero se debe tener acceso a material genético de los organismos (tejido vivo o muerto, restos o desechos, Silica).
- Se extraen las moléculas de interés:
- Enzimas
- Solubilidad diferencial en distintos solventes a diferentes temperaturas



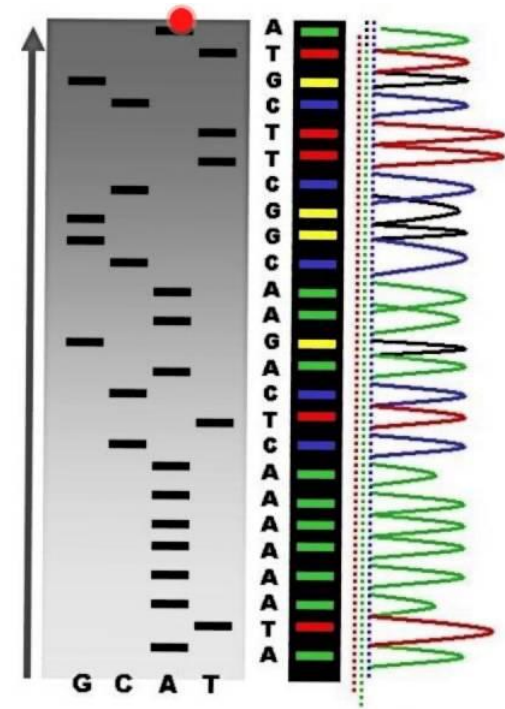
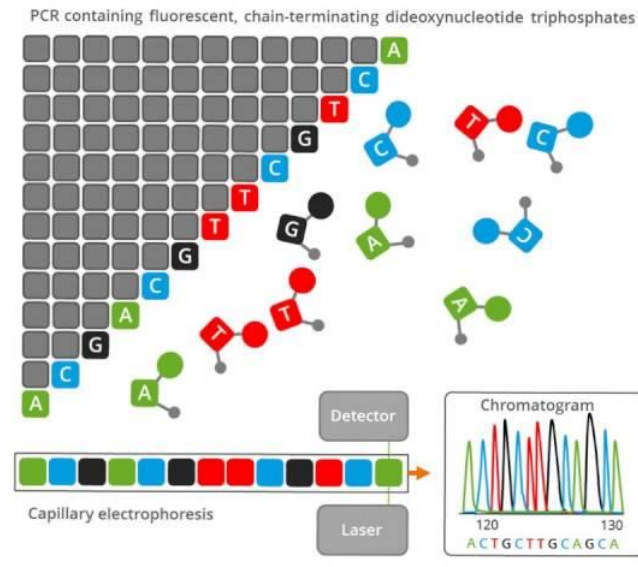
¿Como se obtienen?

- El ADN extraído se amplifica por PCR. Se usan primers específicos (F y R) para “marcar” secuencias que queremos amplificar.
- Es necesario que la mezcla de PCR tenga nucleótidos (dNTPs) para crear las nuevas cadenas de ADN.



- Para secuenciación: Se agregan ddNTP (nucleótidos especiales sin –OH 3', muchas veces fluorescentes)
- Esto hace que se obtengan cadenas de muchas longitudes diferentes.
- Estas cadenas son leídas hasta el último ddNTP respectivo para secuenciarlas completamente (F & R, sep: Sanger Sequencing)

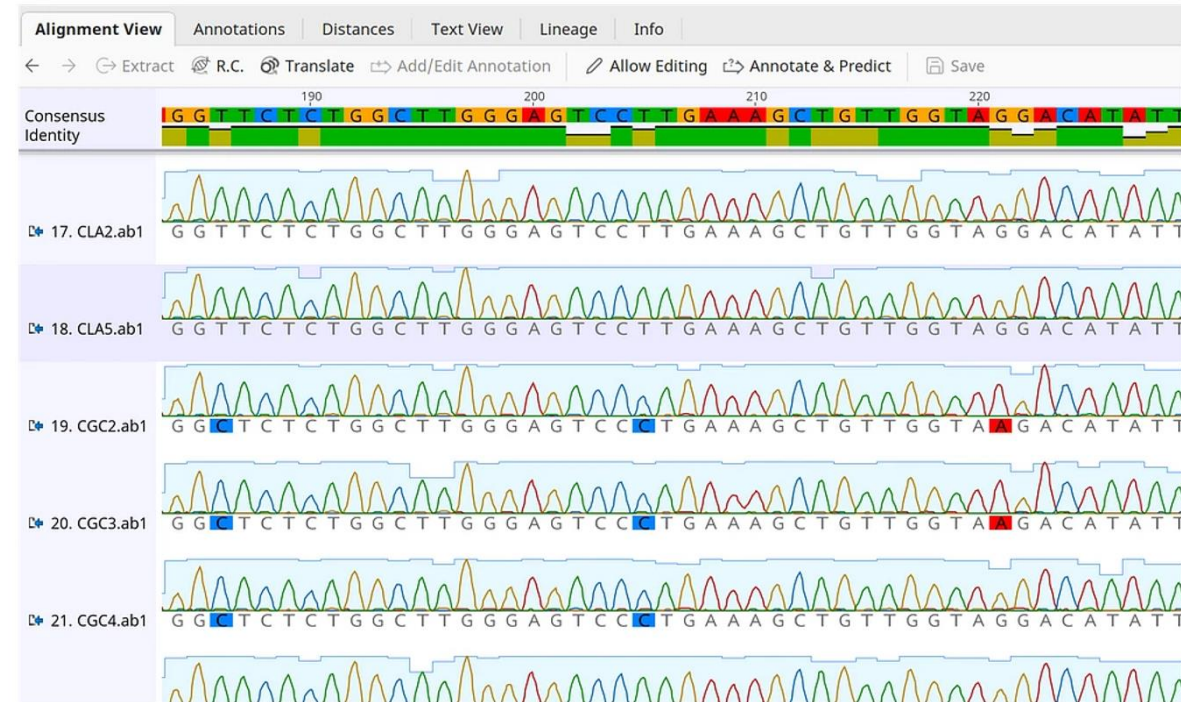
Posteriormente: Al tener las secuencias estas deben ensamblarse (F & R) y muchas veces editarse.



Sanger sequencing uses ddNTPs (dideoxynucleotide triphosphates) which do not have a free 3' OH mixed in with dNTPs. Whenever the DNA polymerase incorporates a ddNTP it won't be able to add any other nucleotides. Then gel electrophoresis is used to separate the DNA.

¿Como se obtienen?

- Se crea un archivo con las secuencias de nuestras muestras (ya editadas) y estas se alinean con todas las muestras de nuestro estudio.
- En teoría cada posición debe representar solamente los nucleótidos homólogos.
- Pero diferentes personas pueden alinear las secuencias un poco diferente (sigue habiendo un poco de subjetividad... ver Morrison (2015) *Systematic Botany* 40: 14-26)



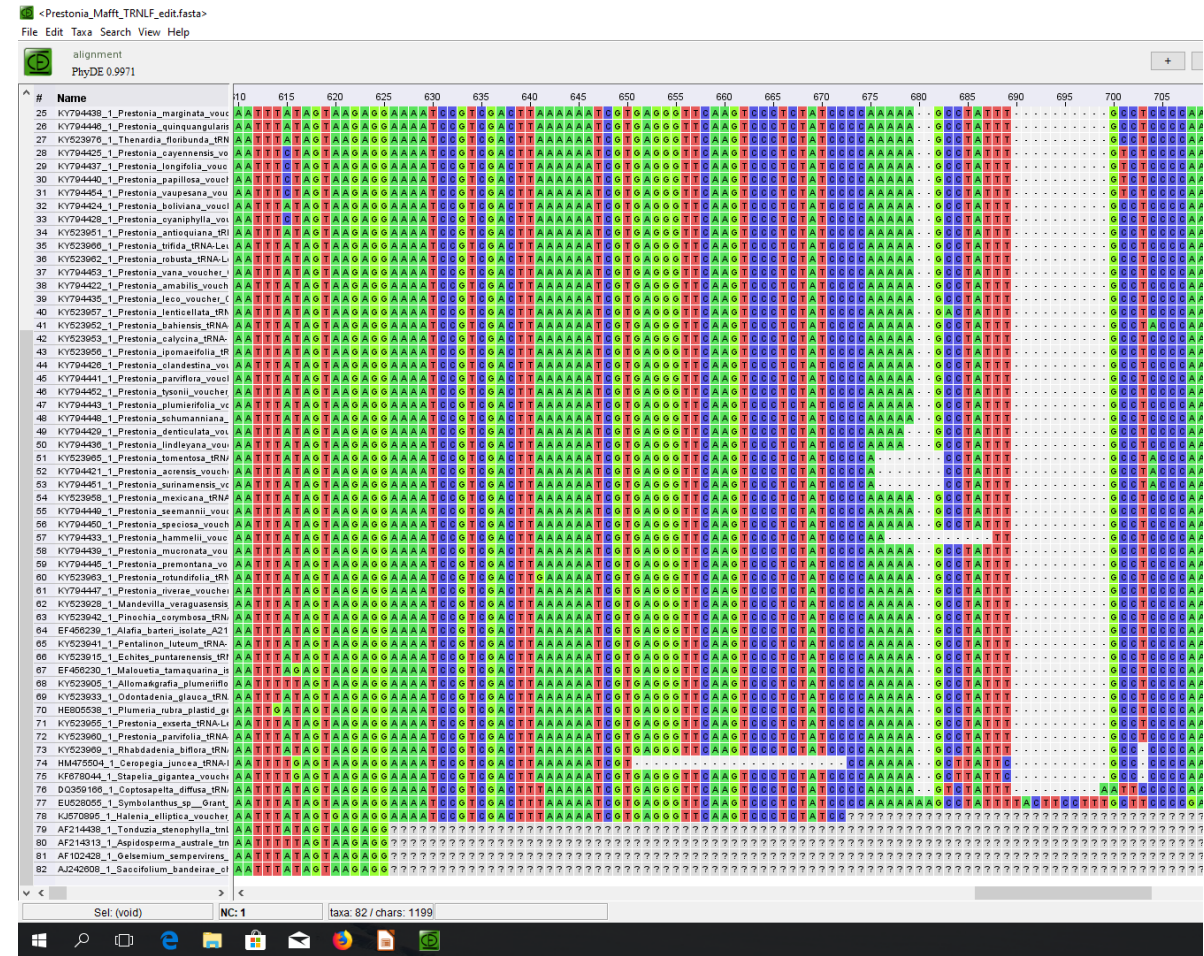
Cromatogramas de las secuencias

¿Como se obtienen?

- También existen algoritmos para realizar los alineamientos automáticamente.
- Pero el concepto de homología no es necesariamente considerado (el alineamiento se basa en similitud de secuencias, no en homología)
- Al revisar las secuencias con cuidado es evidente que los nucleótidos en una posición no son necesariamente homólogos.

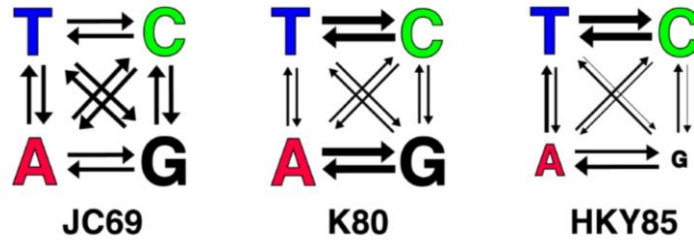
¿Como se obtienen?

- La mayoría de investigadores hacen algo del alineamiento manualmente para “corregir” los algoritmos.
- Aún así otro prefieren no tocarlos después de pasarlos por algoritmo.
- Al alineamiento se somete a un programa para obtener una reconstrucción filogenética

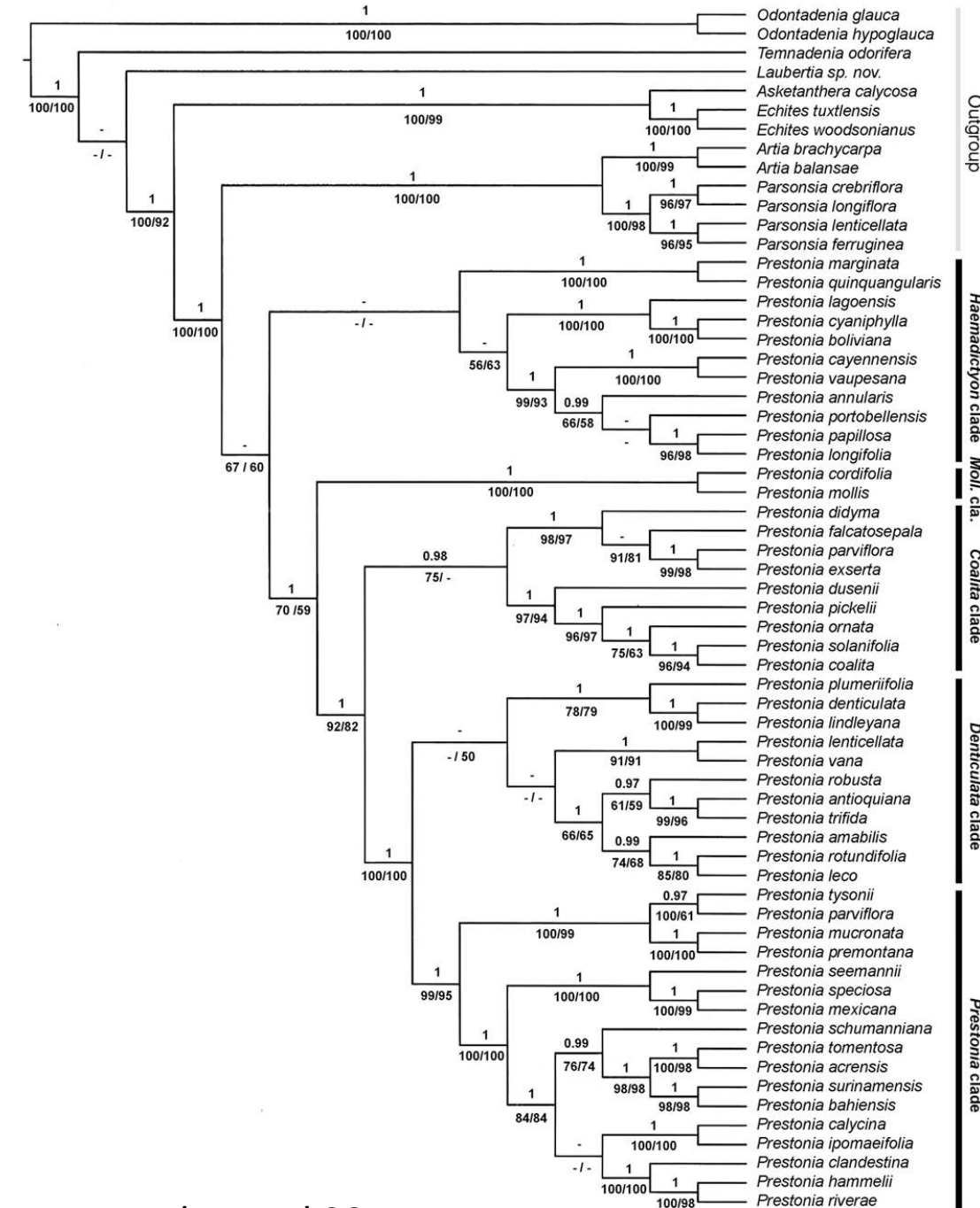


¿Como se obtienen?

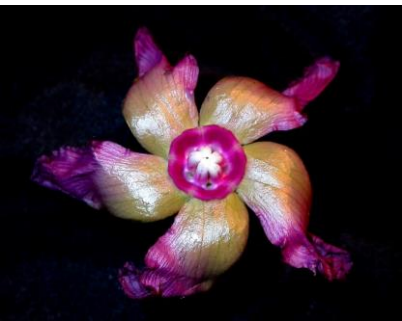
- Se debe definir mejor modelo de sustitución, grupo externo, número de réplicas, etc.

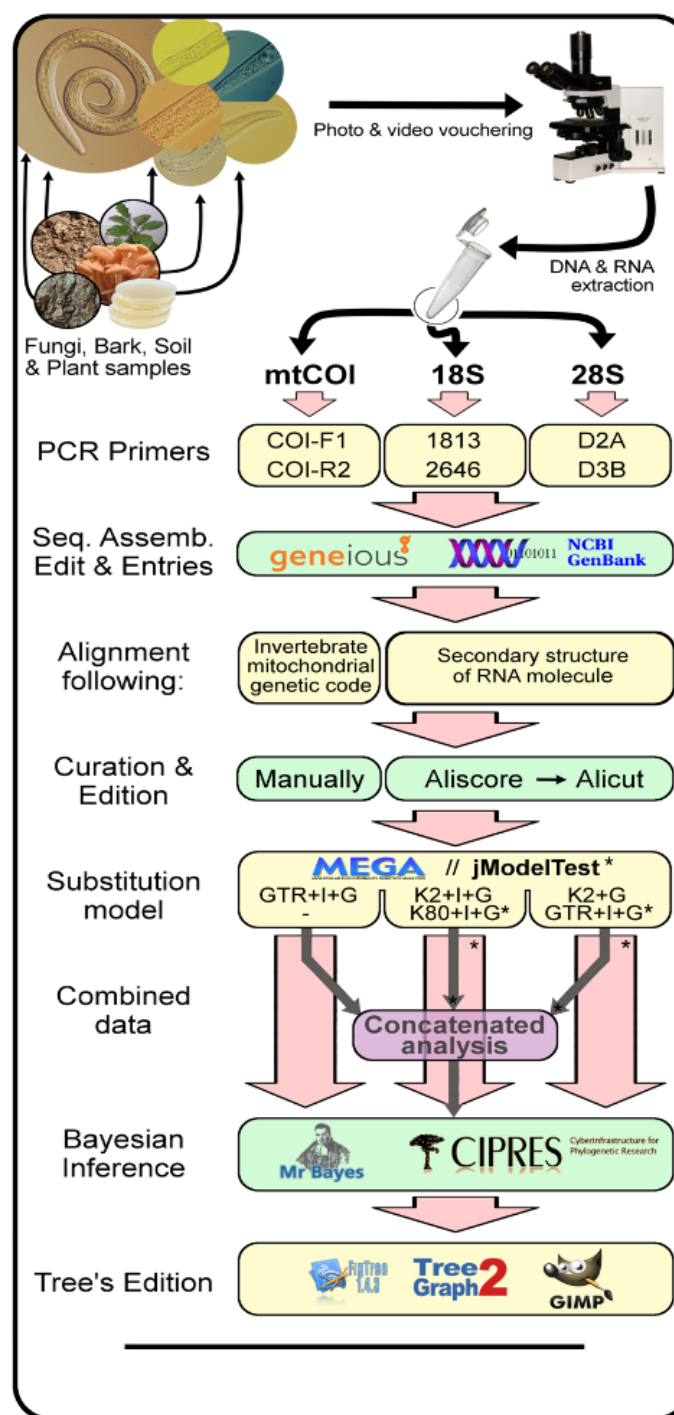


- Los tres análisis tradicionales más comunes MP (BS), ML (BS) y BI (PP).
- Es de esperar que si se trabajó con cuidado y el ADN y secuencias eran de buena calidad, los tres análisis con los mismos datos nos den árboles con topologías muy parecidas o iguales.

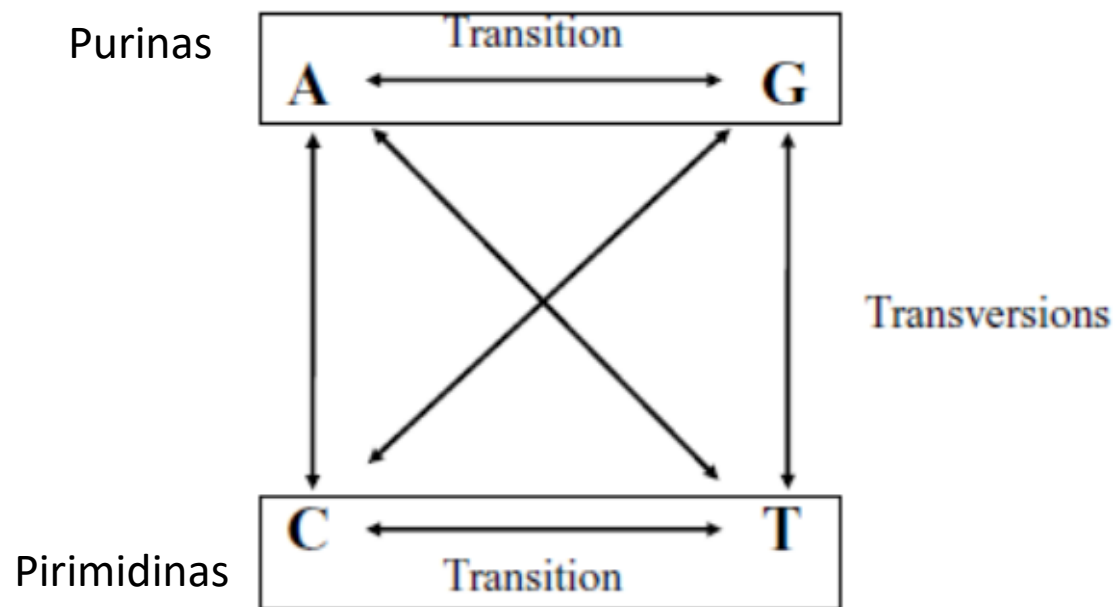


Morales et al 2017





Parámetros de los modelos de sustitución



- Reflejan un modelo evolutivo probable.
- Transiciones: un nucleótido por otro del mismo grupo ($A \leftrightarrow G, C \leftrightarrow T$)
- Transversiones : sustituciones de un nucleótido por otro de diferente grupo ($A \leftrightarrow C, A \leftrightarrow T, C \leftrightarrow G, G \leftrightarrow T$)
- Transiciones son más comunes que las transversiones
- Nucleótidos no ocurren en frecuencias iguales

¿Qué es un árbol filogenético?

Un árbol filogenético puede representar un las relaciones de un gen o una organela en un linaje, pero el árbol de un gen (u organela) no necesariamente va a ser igual al árbol de las especies.

Si:

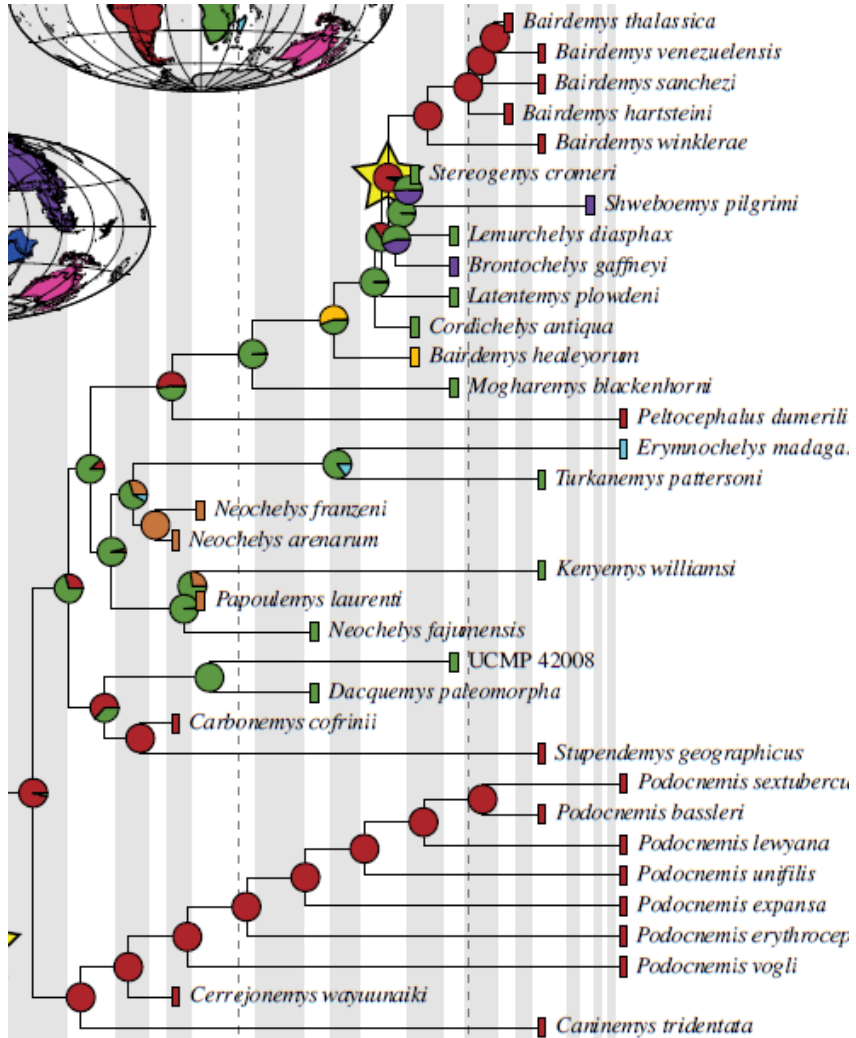
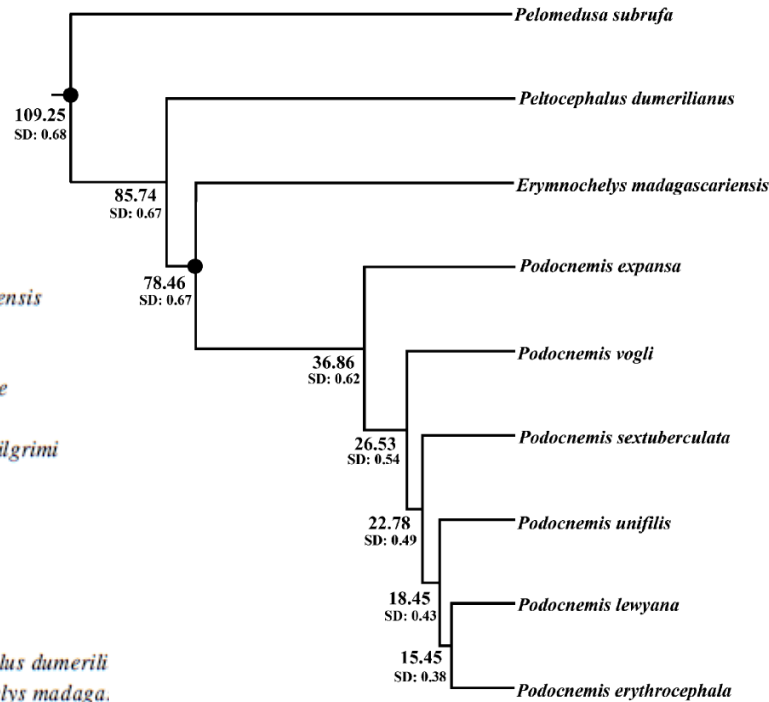
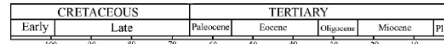
1-Usamos varios marcadores diferentes

2-Ojalá varios del núcleo y/o de compartimentos diferentes.

3-Empleamos tanto secuencias codificantes con no codificantes, conservadas con variables.

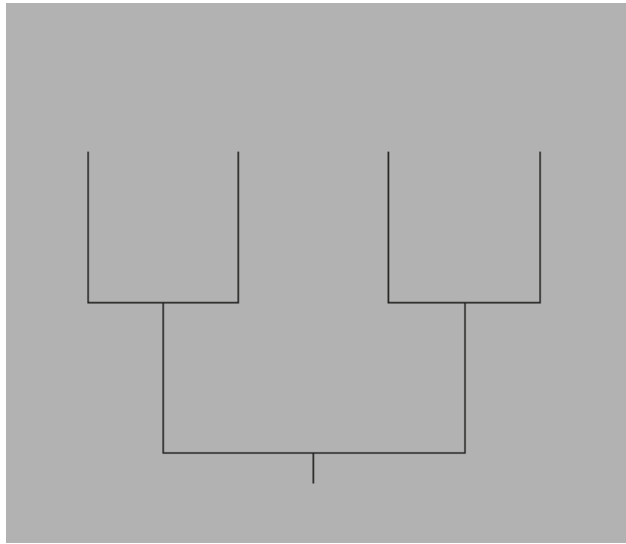
Y observamos coincidencia en las topologías de los árboles de marcadores individuales, es probable que nuestra reconstrucción filogenética se aproxime más a la filogenia real de especies.

Incongruencias:



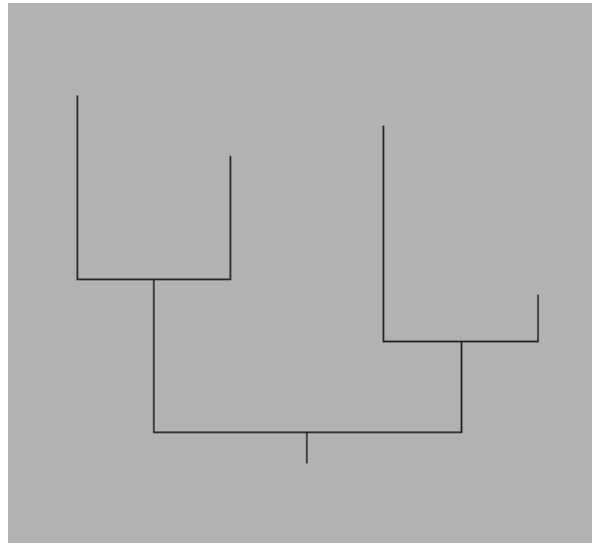
Tipos de árboles

Cladograma



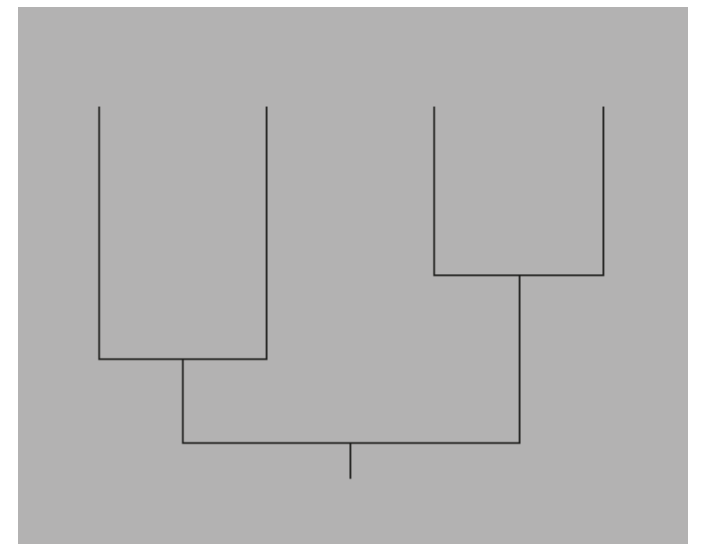
Solo topología

Filograma



Topología y largo
de las ramas:
largo = distancia
filogenética o evolutiva (#
de sustituciones)

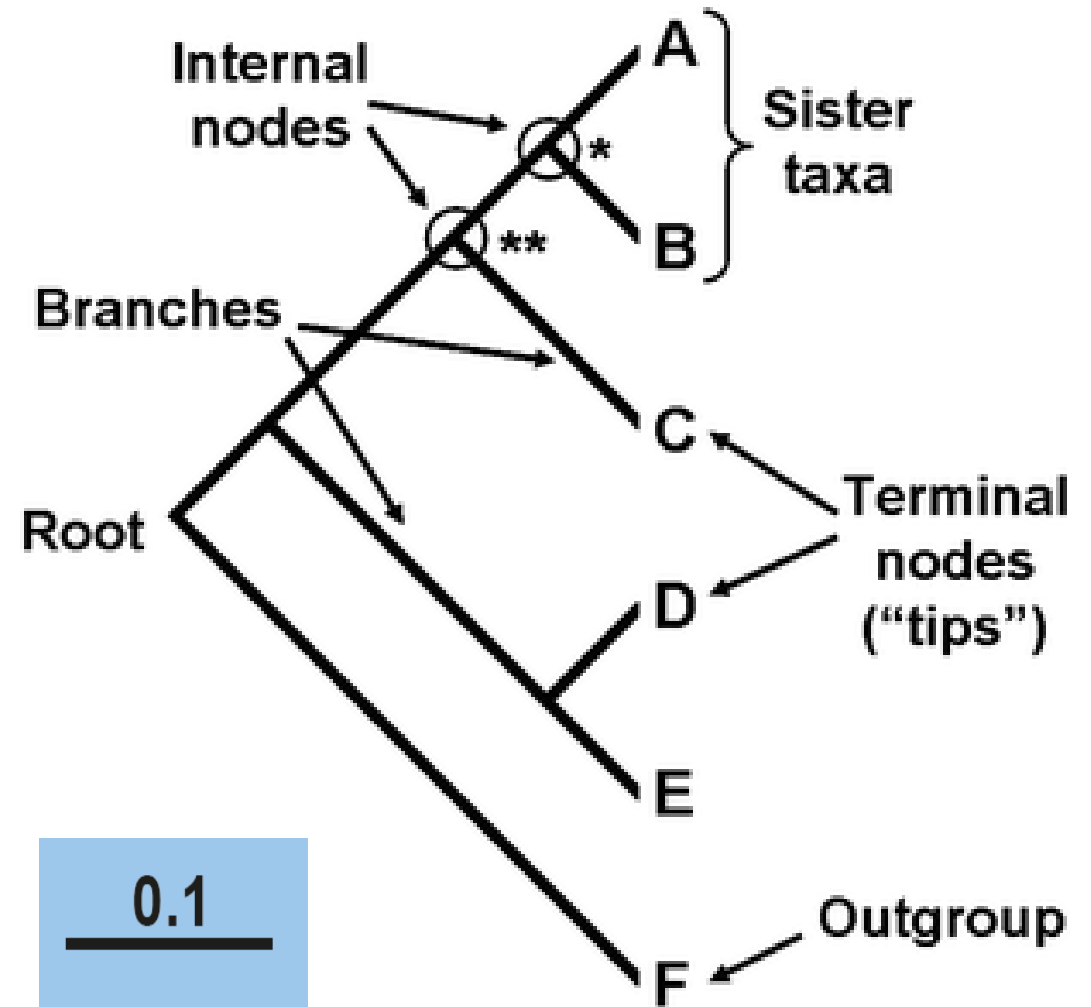
Cronograma



Calibrado por tiempo. La
distancia entre nodos es
proporcional al tiempo
transcurrido entre
divergencias

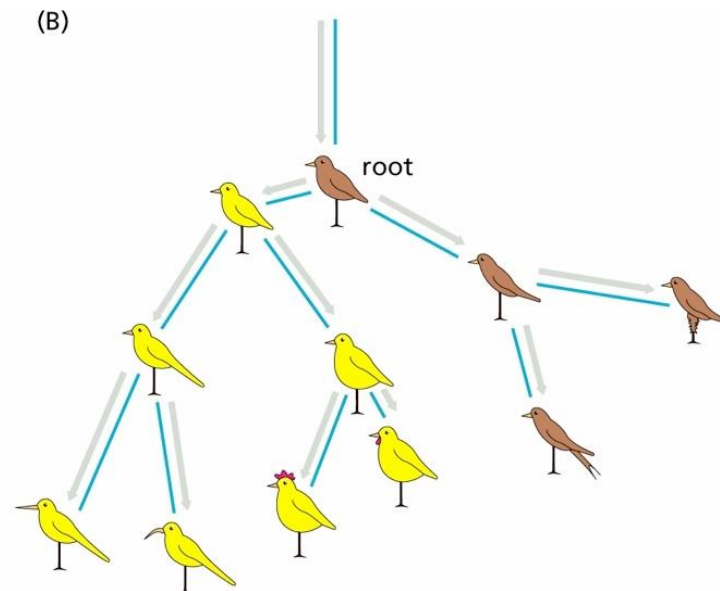
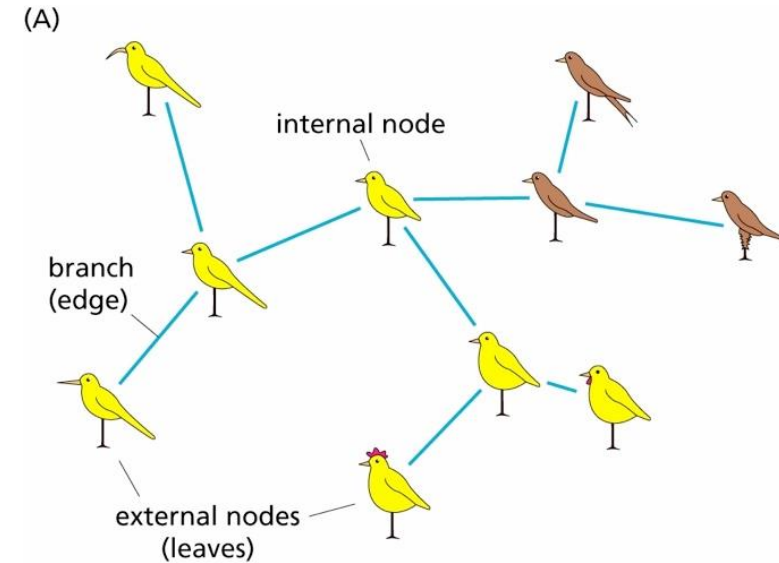
Propiedades de los árboles filogenéticos

- Esta compuesto de ramas, que se unen en los nodos internos (* y **)
 - Los nodos terminales (generalmente especies vivientes, pero no siempre) pueden solamente ser hermanos a otros nodos terminales.
 - Los nodos terminales vivientes NUNCA (!!)
- se pueden considerar basales ni ancestrales (ni nada por el estilo) a otros nodos terminales, sin importar su posición en el árbol.



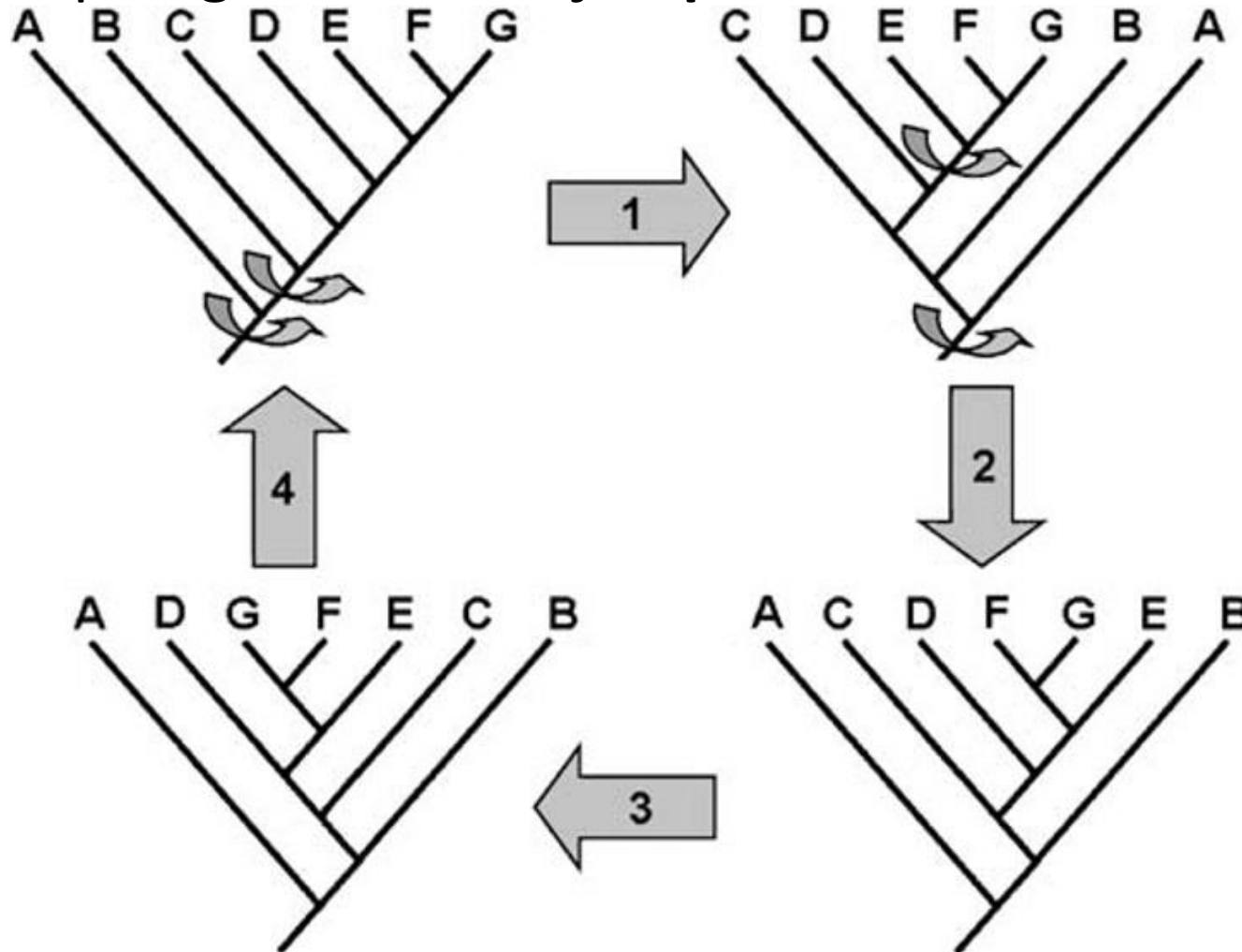
Propiedades de los árboles filogenéticos

- No enraizado (Unrooted) vs. Enraizado (Rooted)
- No enraizado: sin dirección evolutiva (solo relaciones)
- Enraizado: con un único nodo interno que corresponde al ancestro común más reciente.
- La raíz se puede definir a priori (usando grupo externo) o a posteriori .



Propiedades de los árboles filogenéticos

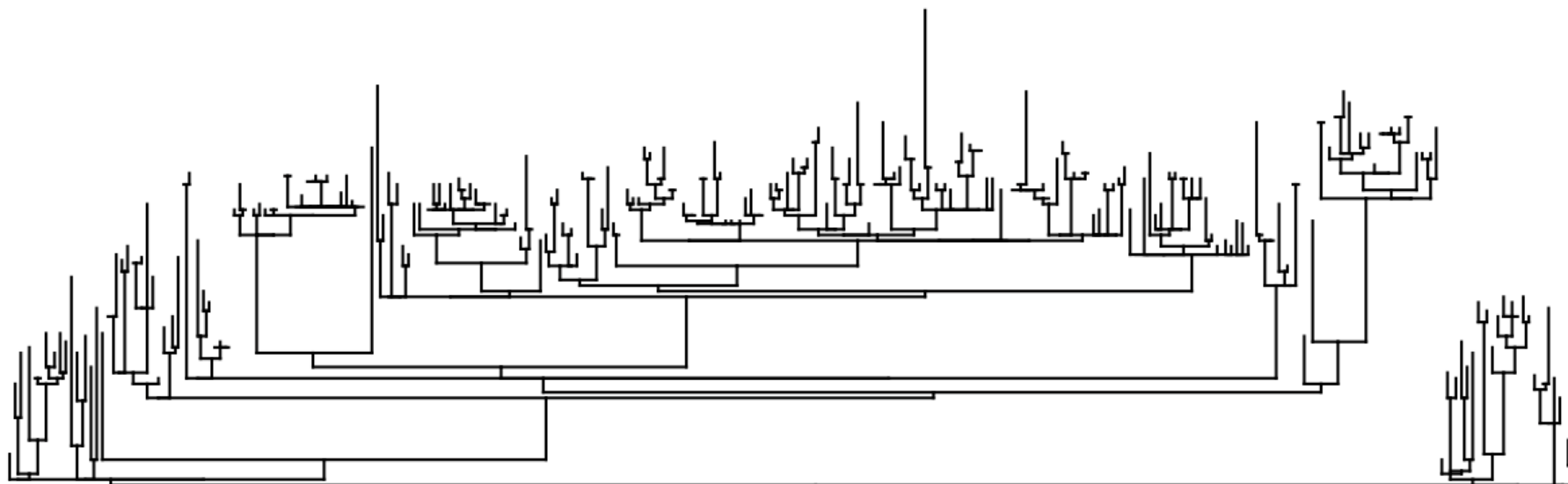
- La forma particular en la cual las ramas y los nodos se unen se llama topología. **En este ejemplo Todos los árboles tienen la misma topología.**



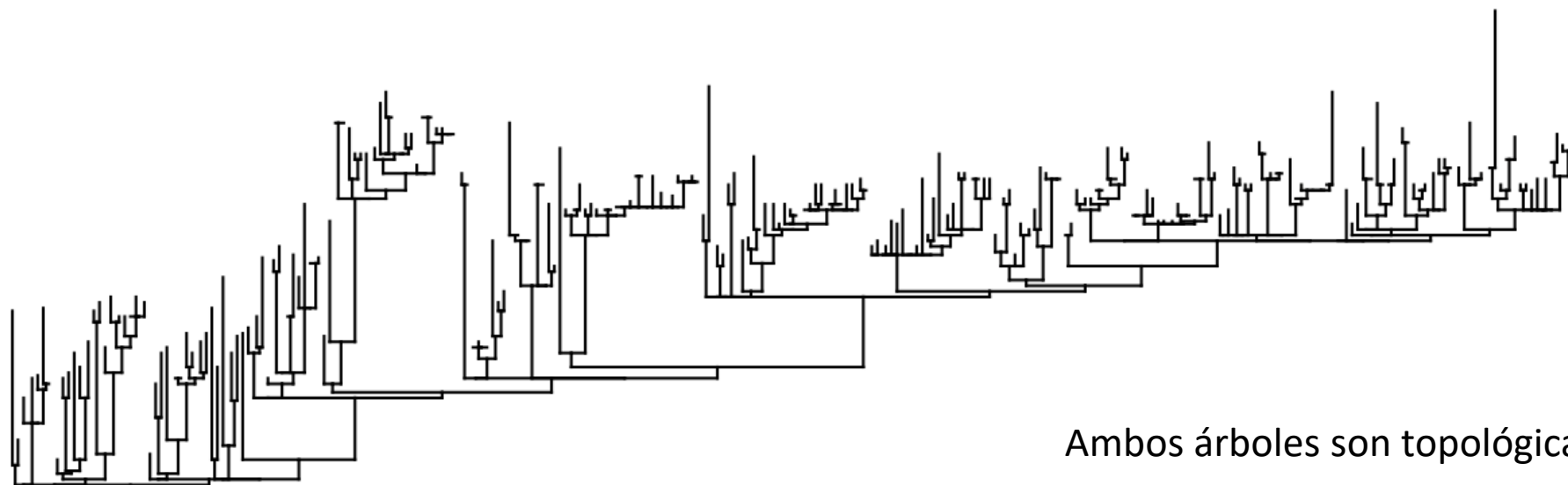
Estos árboles son topológicamente idénticos. Recuerde que las ramas se pueden rotar libremente en los nodos internos sin afectar la topología de los árboles.

Los árboles se “ladderizan” (ordenan) porque eso facilita su interpretación por la gente.

unladderized



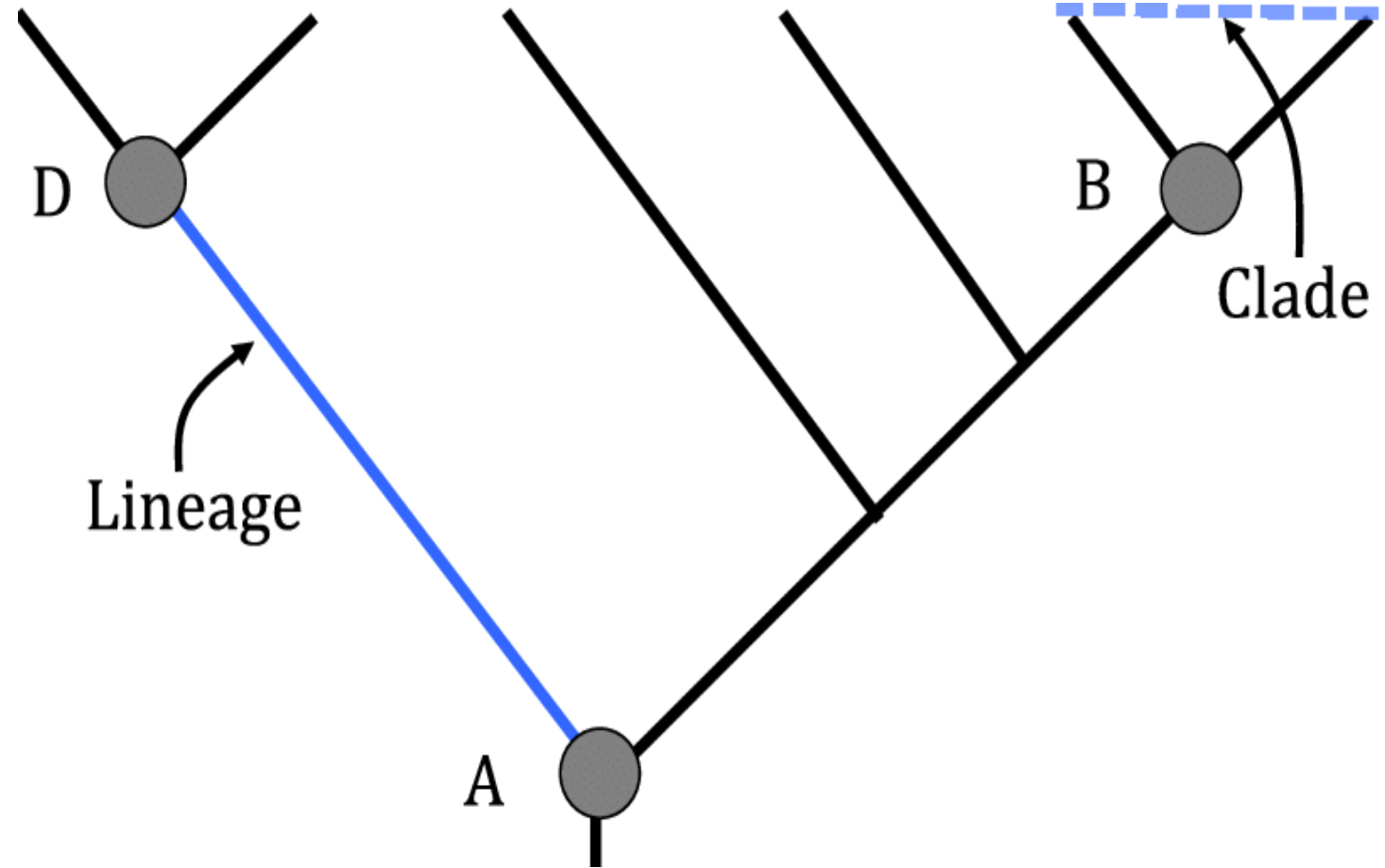
ladderized



Ambos árboles son topológicamente idénticos.

Otros términos en filogenia

- **Clado:** Incluye un ancestro y todos sus descendientes
- **Linaje:** Una secuencia de especies que forman **una línea** de descendencia
- **Monofilético:** La totalidad de un grupo de taxa que comparten un mismo ancestro común

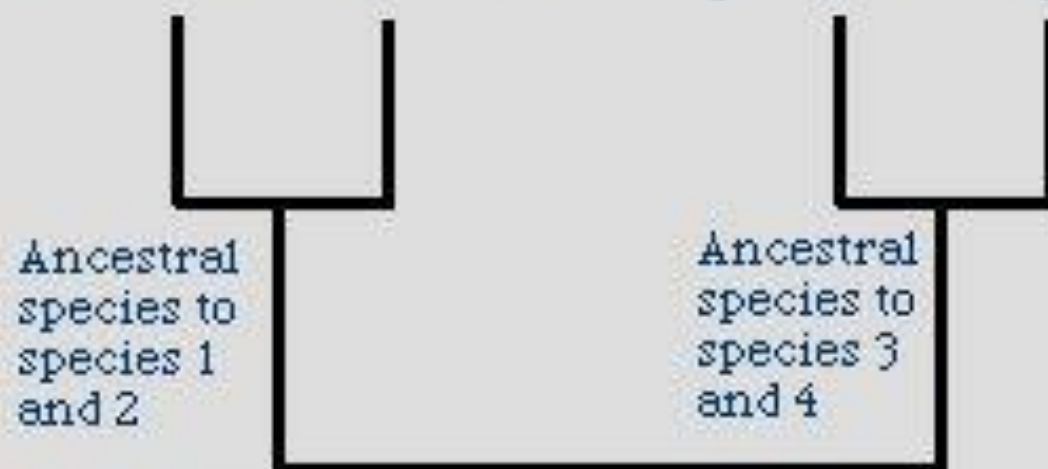


Descendent species 1 Descendent species 2



This small tree diagram shows that descendent species 1 and 2 are relatives, since they recently evolved from the same ancestral species. We can consider more species:

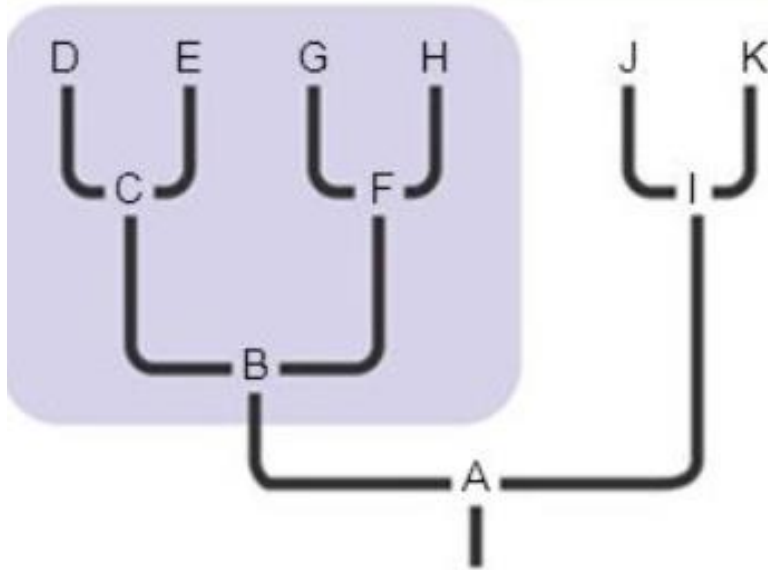
Descendent species 1 Descendent species 2 Descendent species 3 Descendent species 4



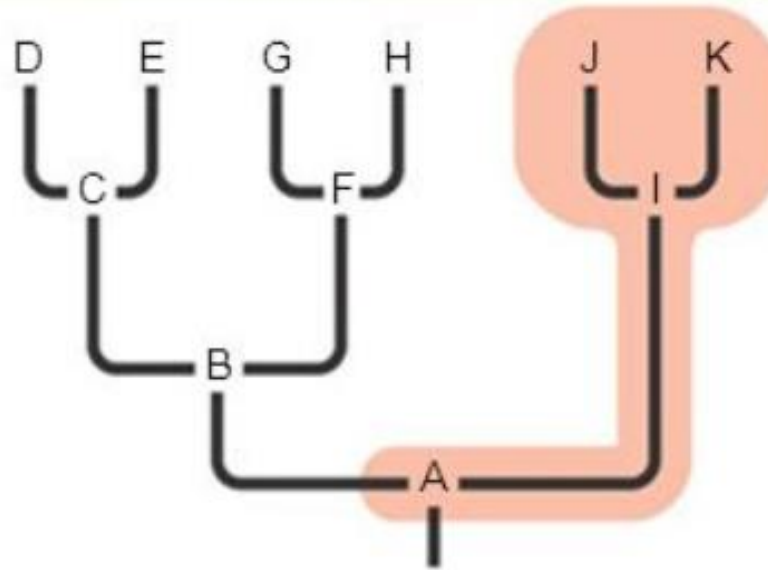
Ancestral species to species 1,2,3,4

This larger tree diagram shows relationships among species. Here, species 1 and 2 are each others closest relatives, and species 3 and 4 are each others closest relatives. In other words, species 1 and 2 had an ancestor in common that was NOT an ancestor to 3 or 4, and species 3 and 4 had an ancestor in common that was NOT an ancestor to 1 or 2. All did have a common ancestor in the more distant past

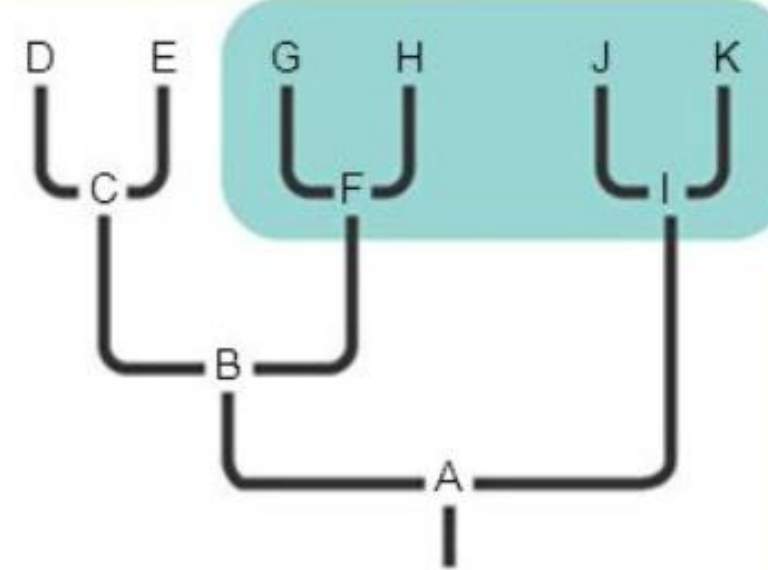
Grouping 1



Grouping 2



Grouping 3



Grupo monofilético: compuesto de una especie ancestral (B) y todas sus especies descendientes (C-H)

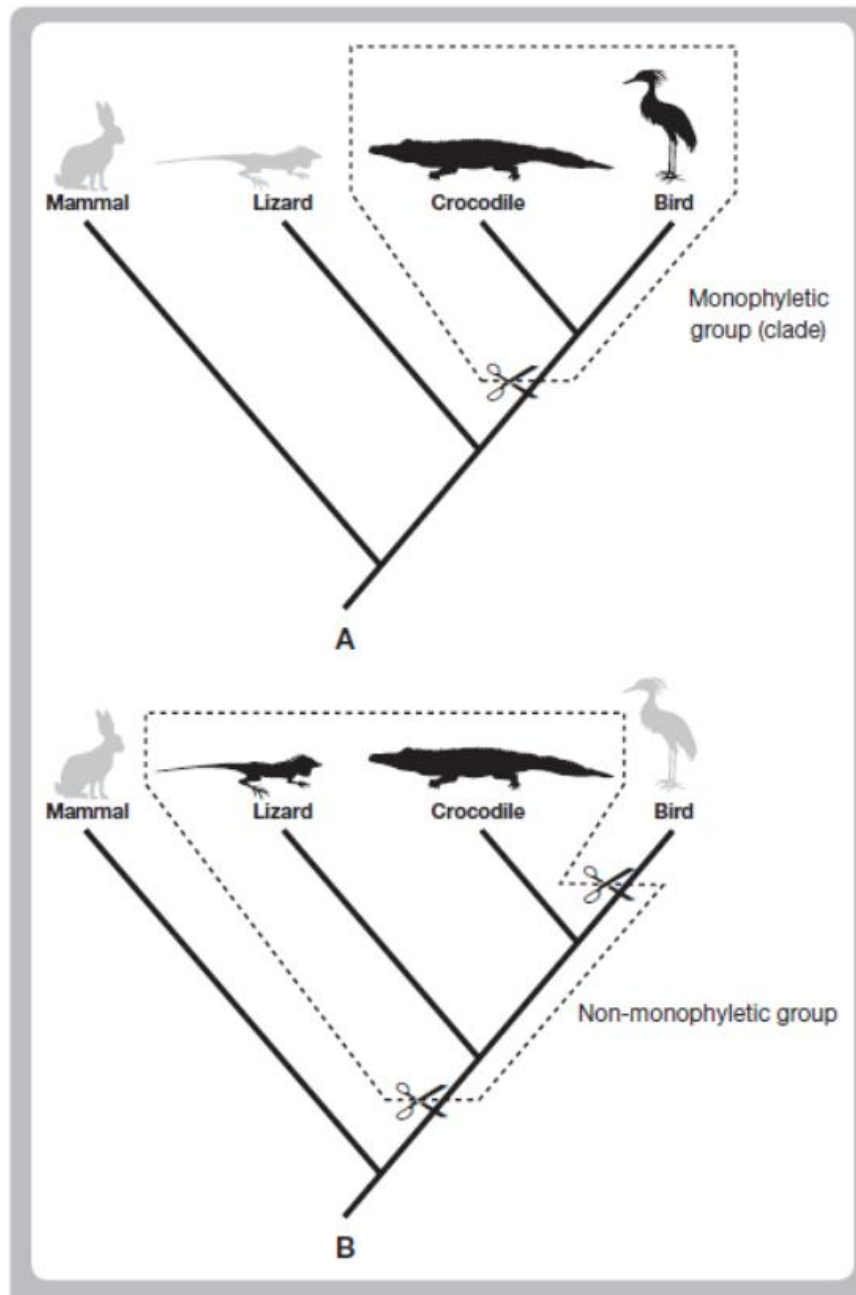
- Solo grupos monofiléticos pueden ser considerados como taxa (hay discusión a nivel de especie o inferior: híbridos)
- Ej: Aves, Monocotiledóneas, Eudicotiledóneas, Embriófitas.

Grupo parafilético: consiste de un ancestro (A) y algunas (I-K), *pero no todas* (B-K), las especies descendientes

Ej. Reptiles (inc. Fósiles),
Dicotiledóneas (s.l.),
Gimnospermas (inc. Fósiles),
Protistas, "Peces"

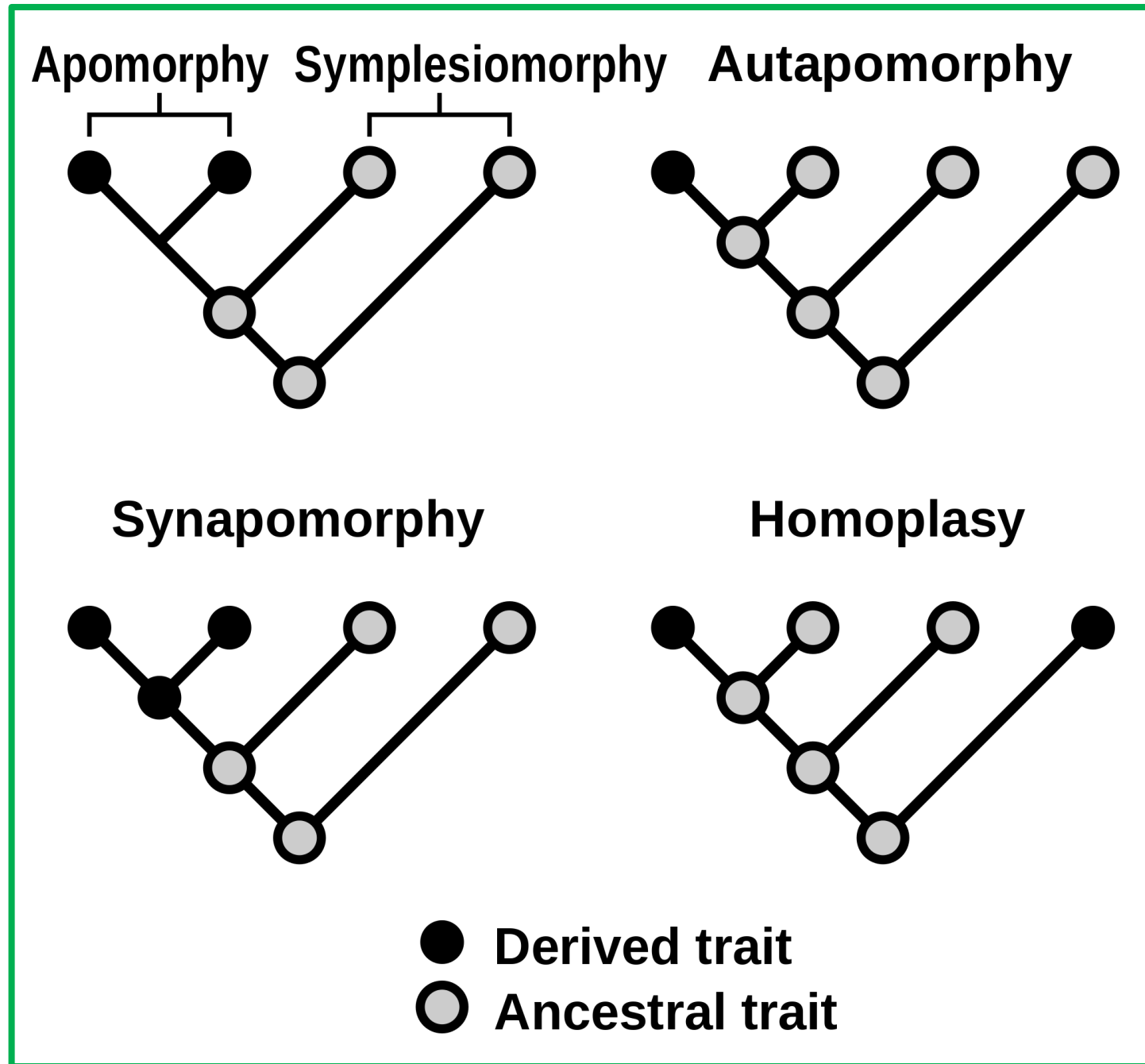
Grupo polifilético: no incluye a un solo ancestro común.

Ej. Algas, Euphorbiaceae (s.l.),
Pelecaniformes (trad.), Liliaceae (s.l.)



Estados del carácter

- Plesiomorfía: estado ancestral de una característica (característica plesiomórfica “primitiva”)
 - Simplesiomorfía: plesiomorfía compartida
 - Apomorfía: estado derivado de una característica (novedad evolutiva)
 - Sinapomorfía: apomorfía compartida
 - Autoapomorfía: apomorfía única para un taxón
 - Homoplasia: característica derivada producto de evolución convergente
- * Solo las apomorfías serían “válidas” para definir clados

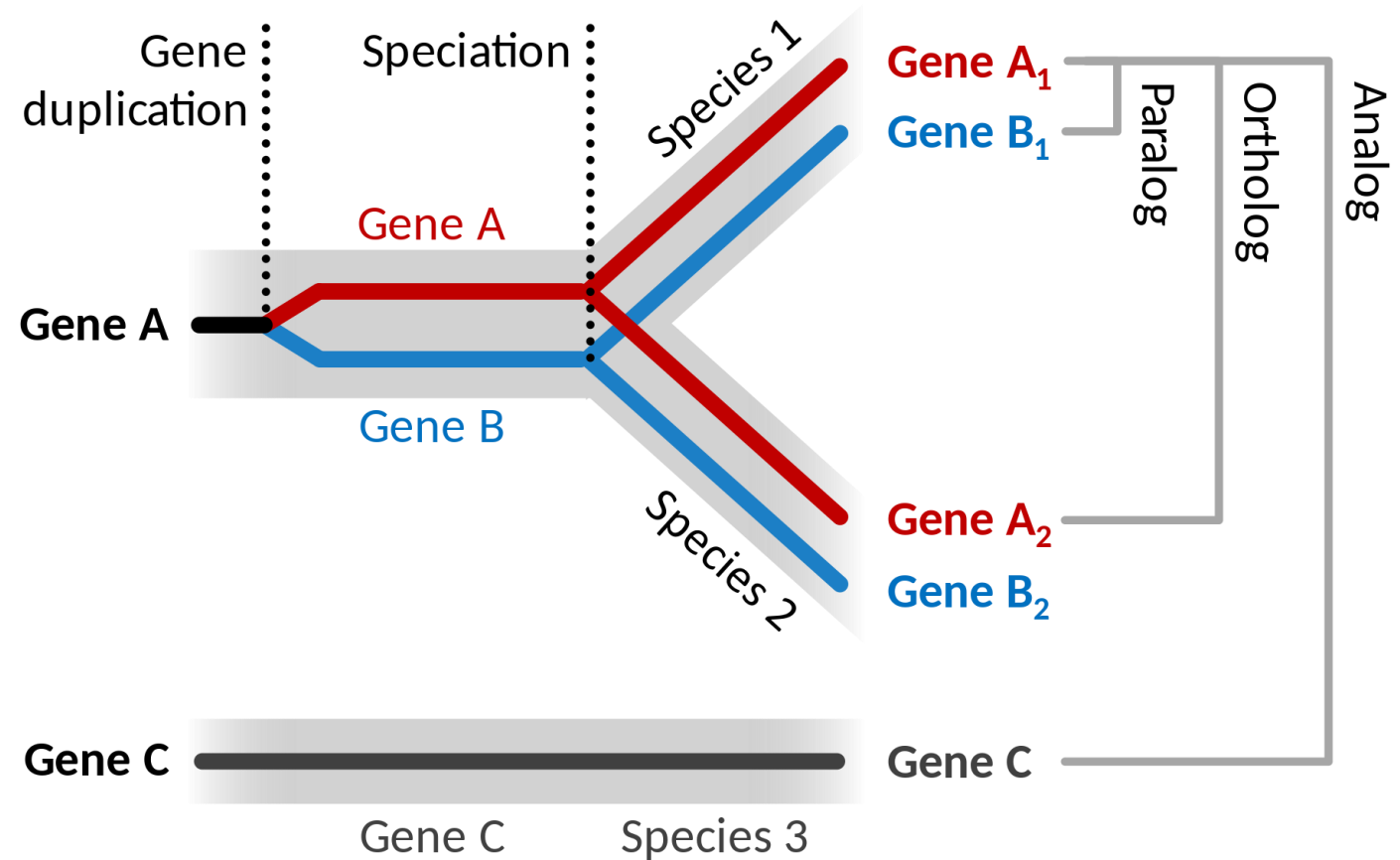


Homología en genes

- Genes homólogos: que provienen del mismo gen ancestral
- Los árboles filogenéticos están definidos por relaciones de genes homólogos
- Genes homólogos pueden ser parálogos u ortólogos
 - Parálogos: Genes resultado de duplicación no asociada a especiación, por lo que ambas copias coexisten en la misma especie. Usualmente con funciones diferentes. Las copias evolucionan (y pueden “extinguirse”) independientemente.
 - Ortólogos: Genes cuya divergencia se debe a la especiación, hay una copia por especie (no pueden coexistir 2 en la misma especie).

Homología en genes

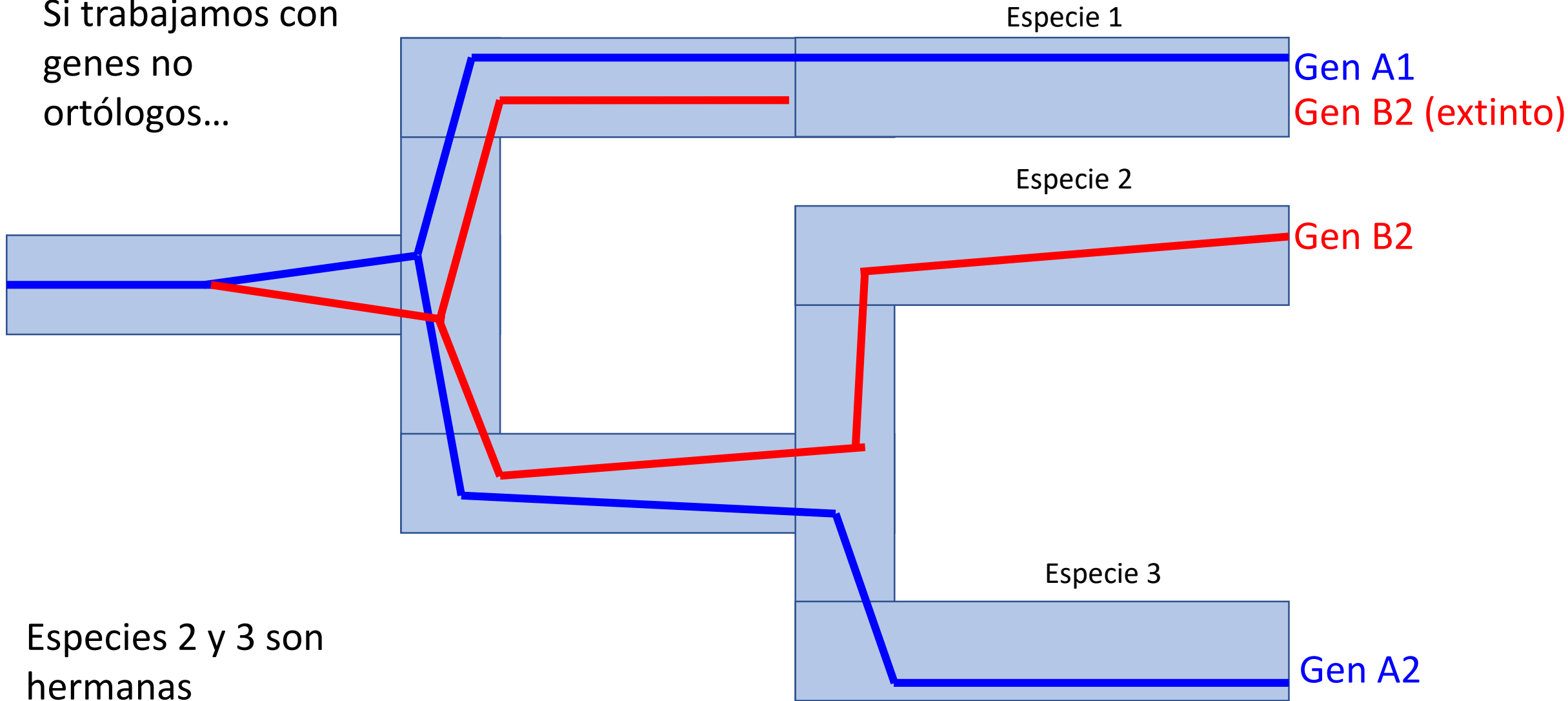
- Las inferencias filogenéticas deben estar basadas en genes ortólogos, ya que los parálogos presentan alta divergencia (genes con nuevas funciones o pérdida de funciones) y no se pueden considerar equivalentes



Homología en genes

Filogenia de especies

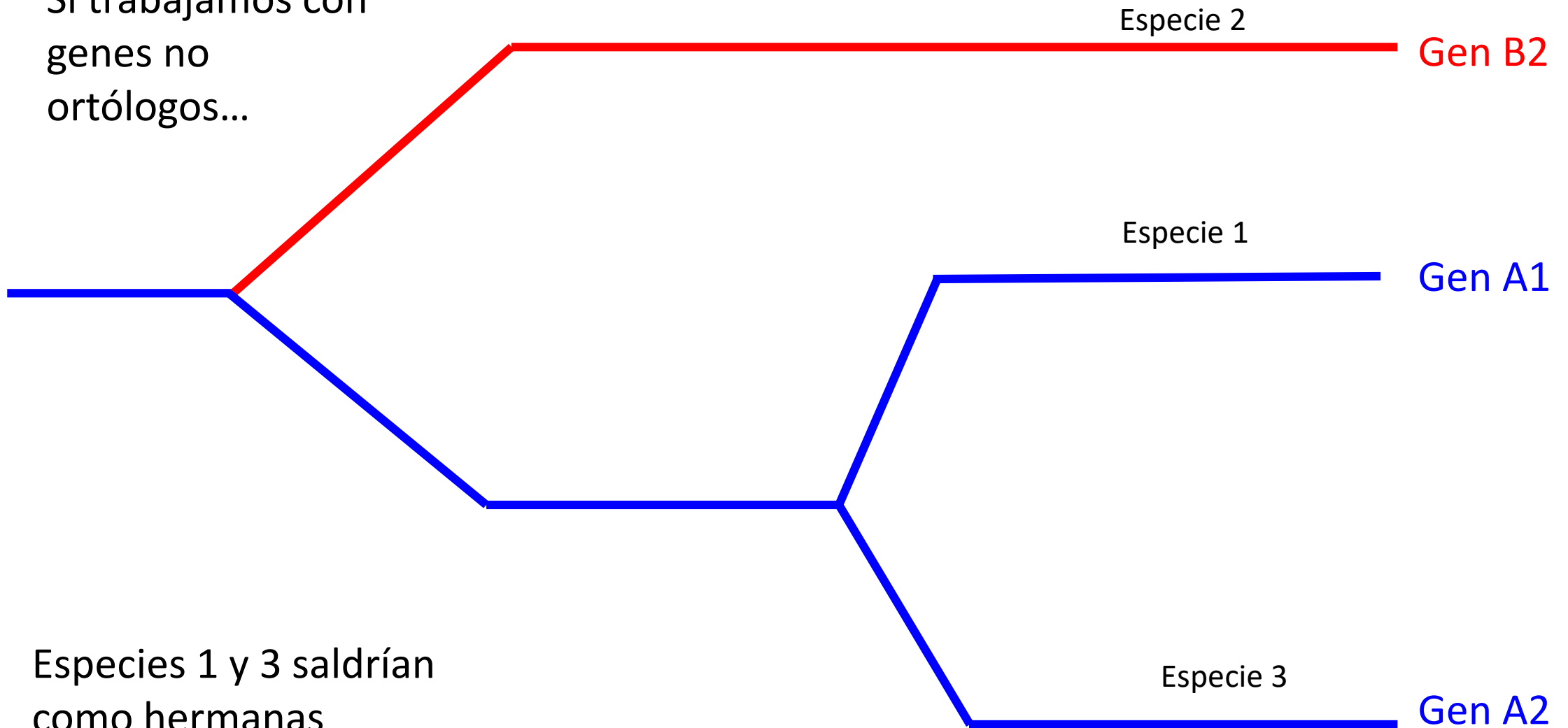
Si trabajamos con genes no ortólogos...



Homología en genes

Filogenia de Genes

Si trabajamos con genes no ortólogos...



- **¿Cuál hipótesis prueba un sistemático con los datos moleculares?**

- Un árbol filogenético es una representación gráfica de una **hipótesis**.
- Solo existe un árbol o filogenia real de un grupo.
- Nuestra hipótesis puede ajustarse más o menos precisamente a esa realidad (filogenia de especies \neq filogenia de un gen(es))
- **Cada árbol filogenético posible es una hipótesis de relaciones evolutivas**
- El número de árboles que se producen en un solo análisis es inmanejable, tenemos que muestrear y decidir a partir de millones de posibles hipótesis
- Algunos criterios son necesarios para comparar entre hipótesis y decidir

Criterios de decisión

- **Cuatro criterios principales**
 - Principio de Máxima Parsimonia
 - Distancia
 - Máxima verosimilitud (Maximum Likelihood)
 - Probabilidad posterior (Inferencia Bayesiana)

Se deben tomar en cuenta

- Diferentes parámetros utilizados en cada método
- Número de muestras
- Número de genes

Uso de filogenias para entender la evolución

- Pueden reconstruir el orden de cambios evolutivos (evolución morfológica, ecológica, geográfica)
- Pueden sugerir presiones evolutivas: radiación adaptativa
- Sirven para sustentar o rechazar hipótesis evolutivas (clasificación de organismos)
- Pueden revelar patrones evolutivos
- Pueden predecir evolución convergente (cuantas veces determinado carácter evolucionó independientemente en un grupo): patas palmeadas, drupas, parasitismo.

BLUMENBACHIA

VS.

CAIOPHORA



D. Testoni



M. Ackermann



M. Neumann



C. Schindwein



M. Ackermann



M. Ackermann



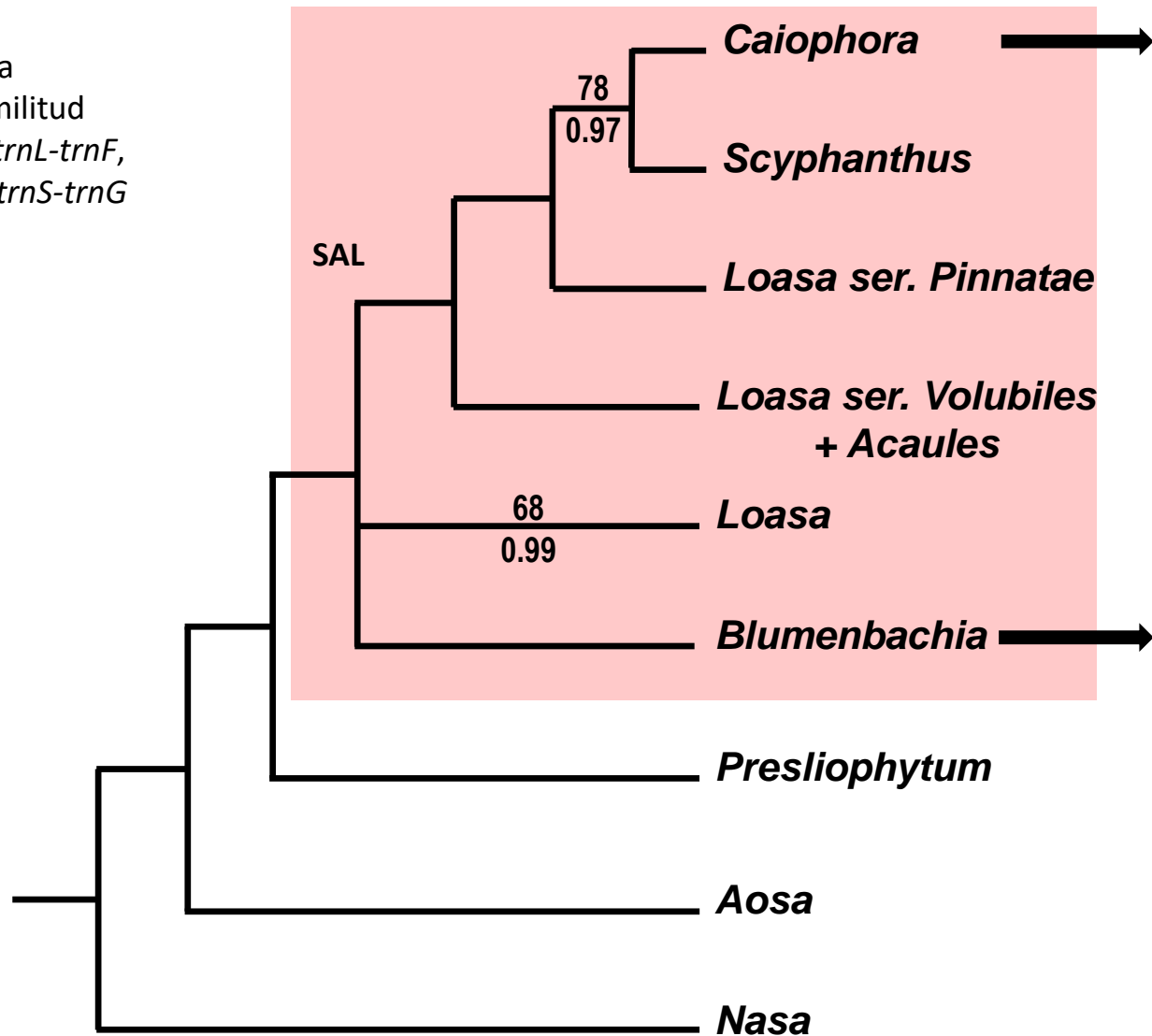
M. Ackermann



M. Ackermann

Loasáceas con cápsulas torcidas en espiral

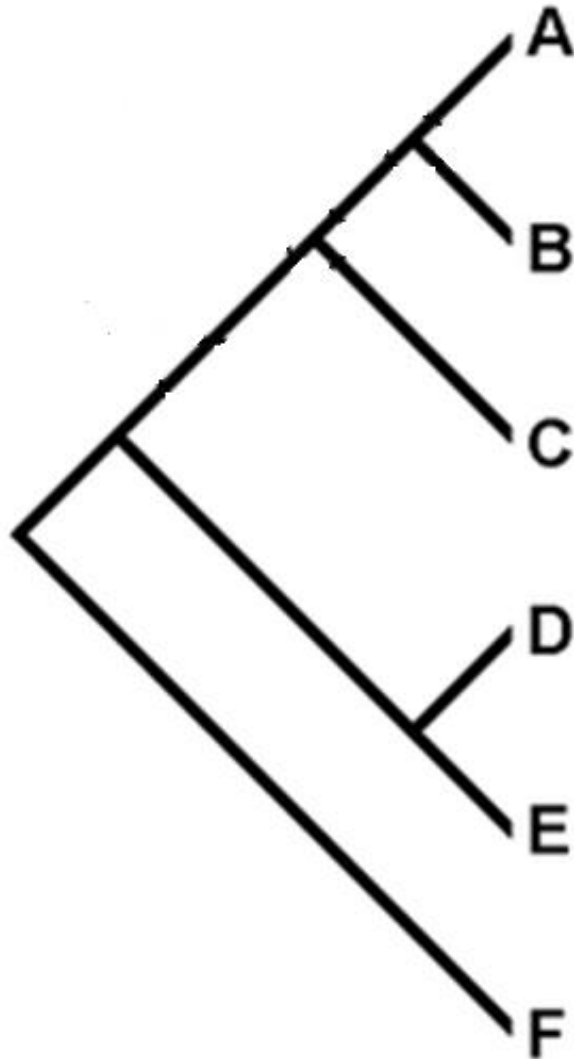
Máxima
verosimilitud
matK, trnL-trnF,
rps16, trnS-trnG



Algunas limitaciones

- Se deben considerar varias limitantes:
 - Precisión (incertidumbre)
 - Exactitud (a veces no se puede conocer)
 - Taxones muestreados
 - Genes muestreados (algunos genes son muy variables, otros no, algunos resuelven bien nodos profundos, otros los superficiales)

Interpretación de árboles filogenéticos



- Cuál es el mínimo número de ancestros comunes que comparten A y B?
R/ 4
- Cuál es el mínimo número de ancestros comunes que comparten A y D?
R/ 2
- Cuál es el mínimo número de ancestros comunes que comparte F con las demás especies?
R/ 1
- Cuáles taxa terminales son considerados como taxones hermanos? Por qué?
R/ A y B/ D y E
- Cuál o cuáles taxones están más cercanamente relacionados a A y B?
R/ C

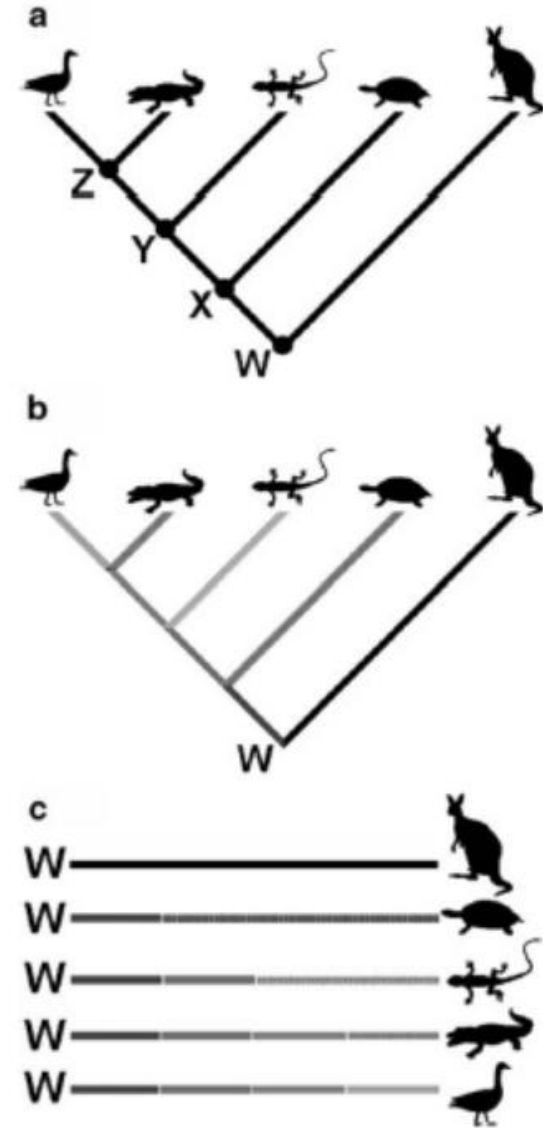
Errores comunes en la interpretación de árboles

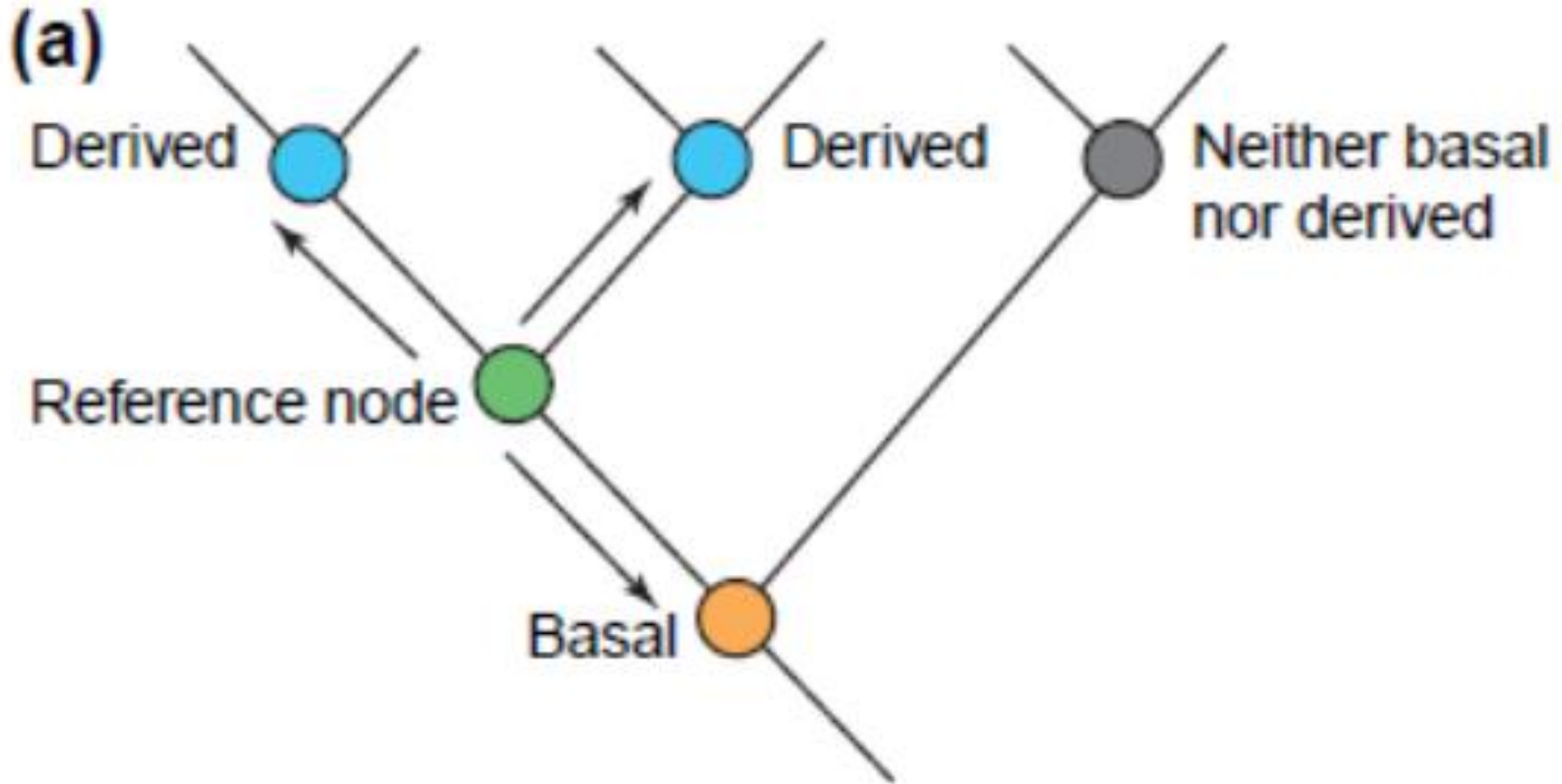
1. Considerar clados como inferiores o superiores (“basal” o early diverging)

‘To catch a glimpse of the very beginnings of the mammalian dynasty, we must travel to Australia. I’m looking for one of the most ancient of all mammals. It’s so ancient, it shares at least one characteristic with the reptiles.’

[David Attenborough, The Life of Mammals, Episode 1 (BBC, 2003), hablando de los monotremas]

La manera en que se ordena (“laderiza”) el árbol puede hacernos creer que hay organismos superiores pero esto no es cierto (laderizar solo acomoda las radiaciones más recientes y con más especies de un lado del árbol).



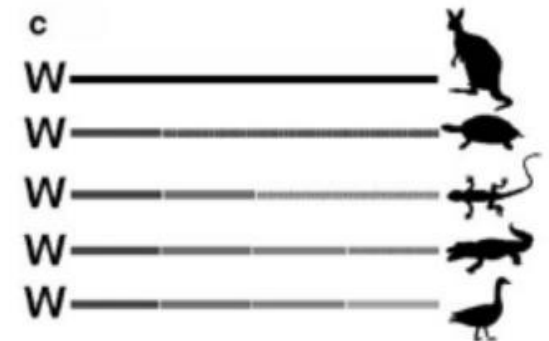
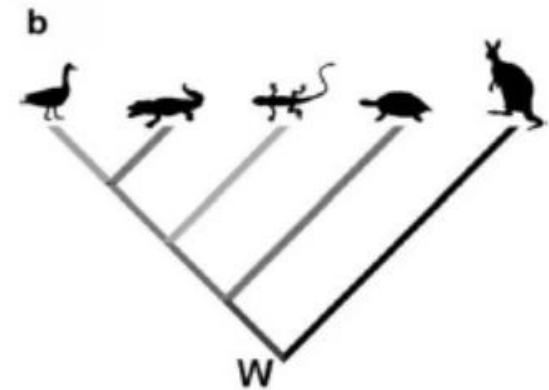
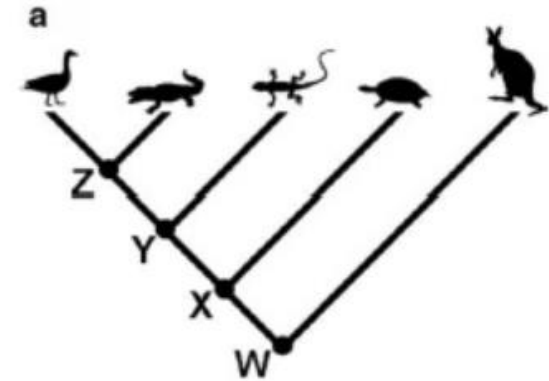


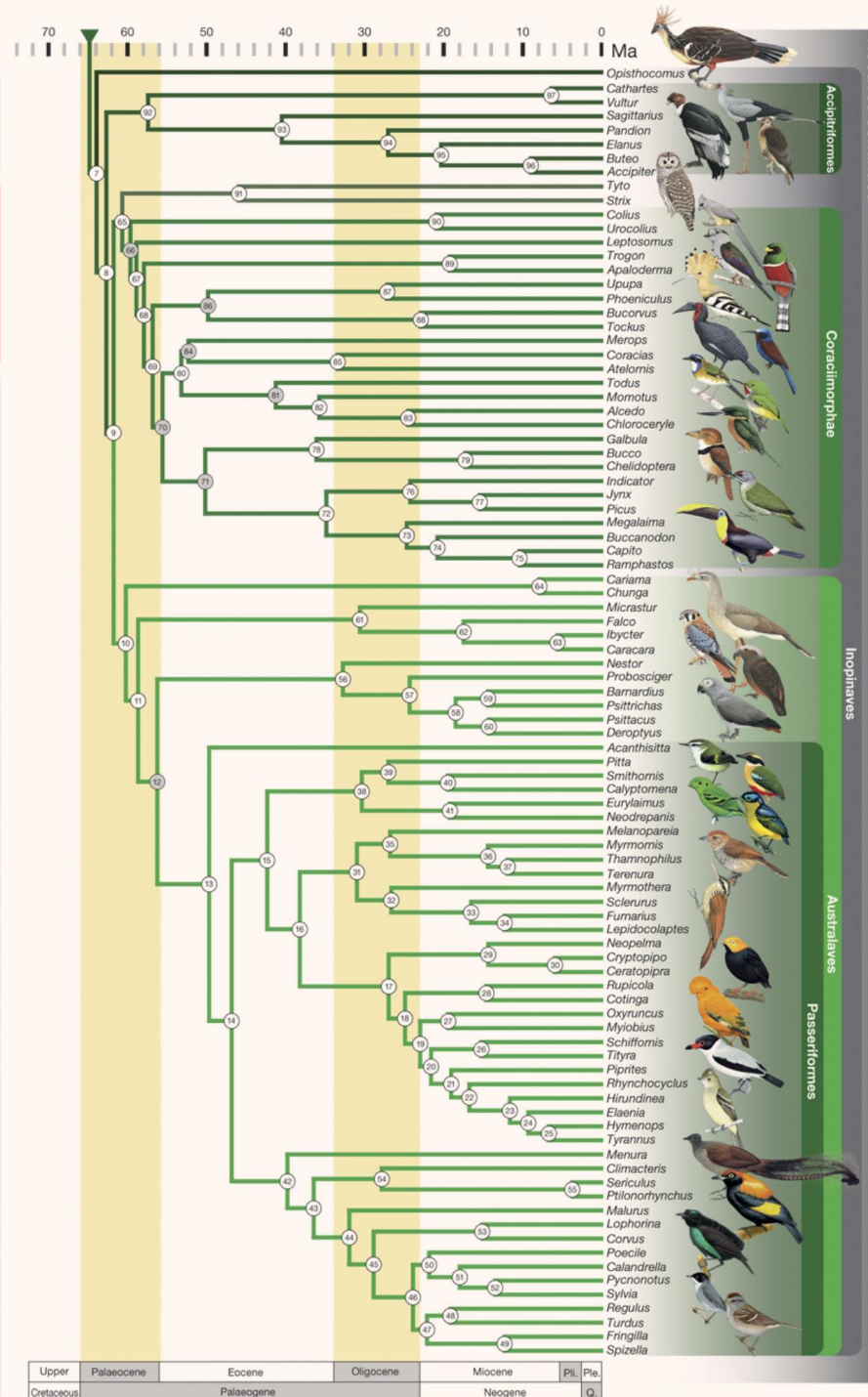
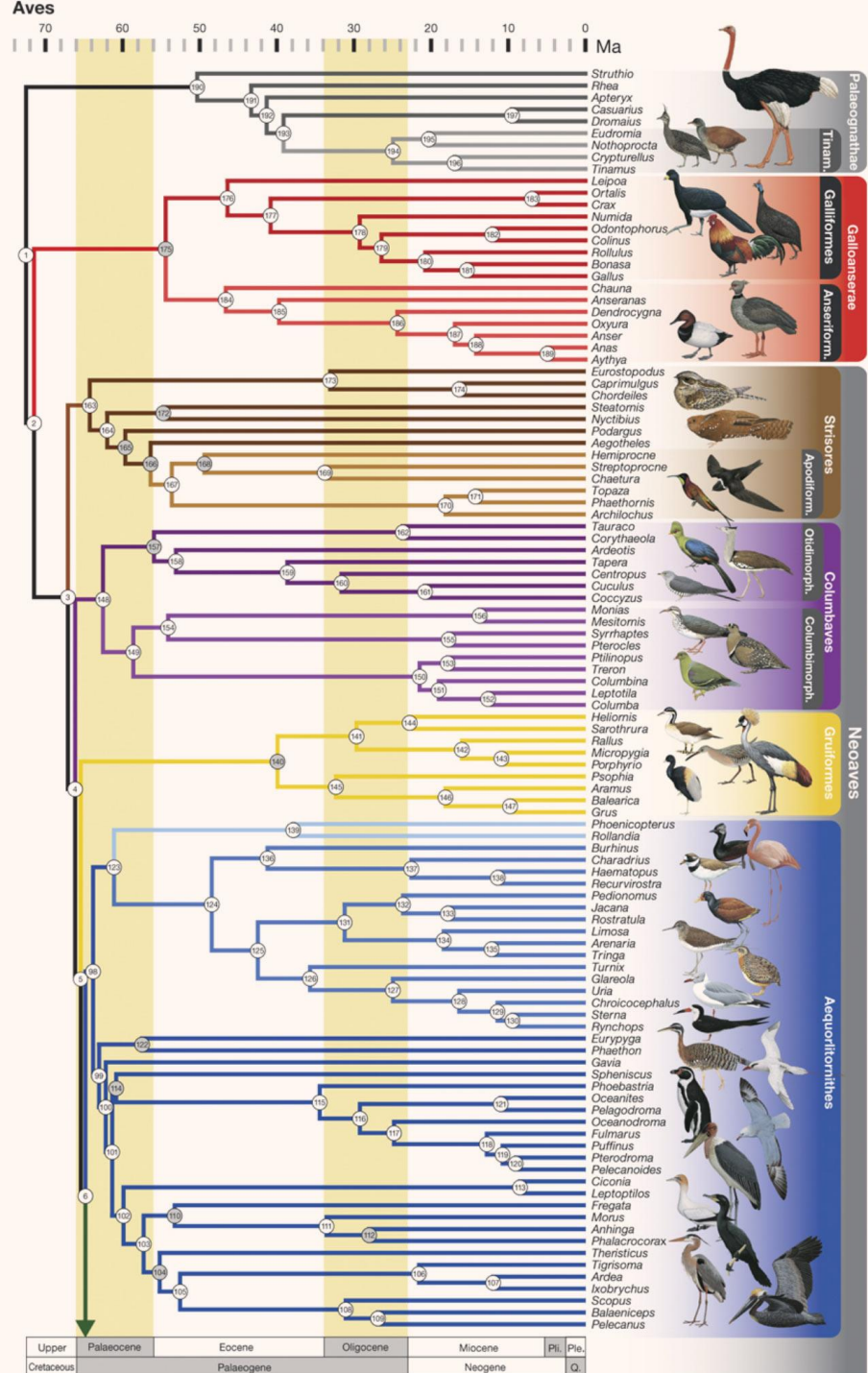
Uso correcto de términos basal y derivado: considera nodos internos.

Errores comunes en la interpretación de árboles

1. Considerar terminales como inferiores o superiores (basal, ancestrales, etc)

- Taxa hermanos existentes, ambos tienen la misma edad de divergencia
 - Cada uno tiene características que han evolucionado independientemente del otro
 - Tienen una mezcla de rasgos plesiomórficos y apomórficos
-
- ¡NINGÚN taxon terminal es ancestro o descendiente de otro terminal!



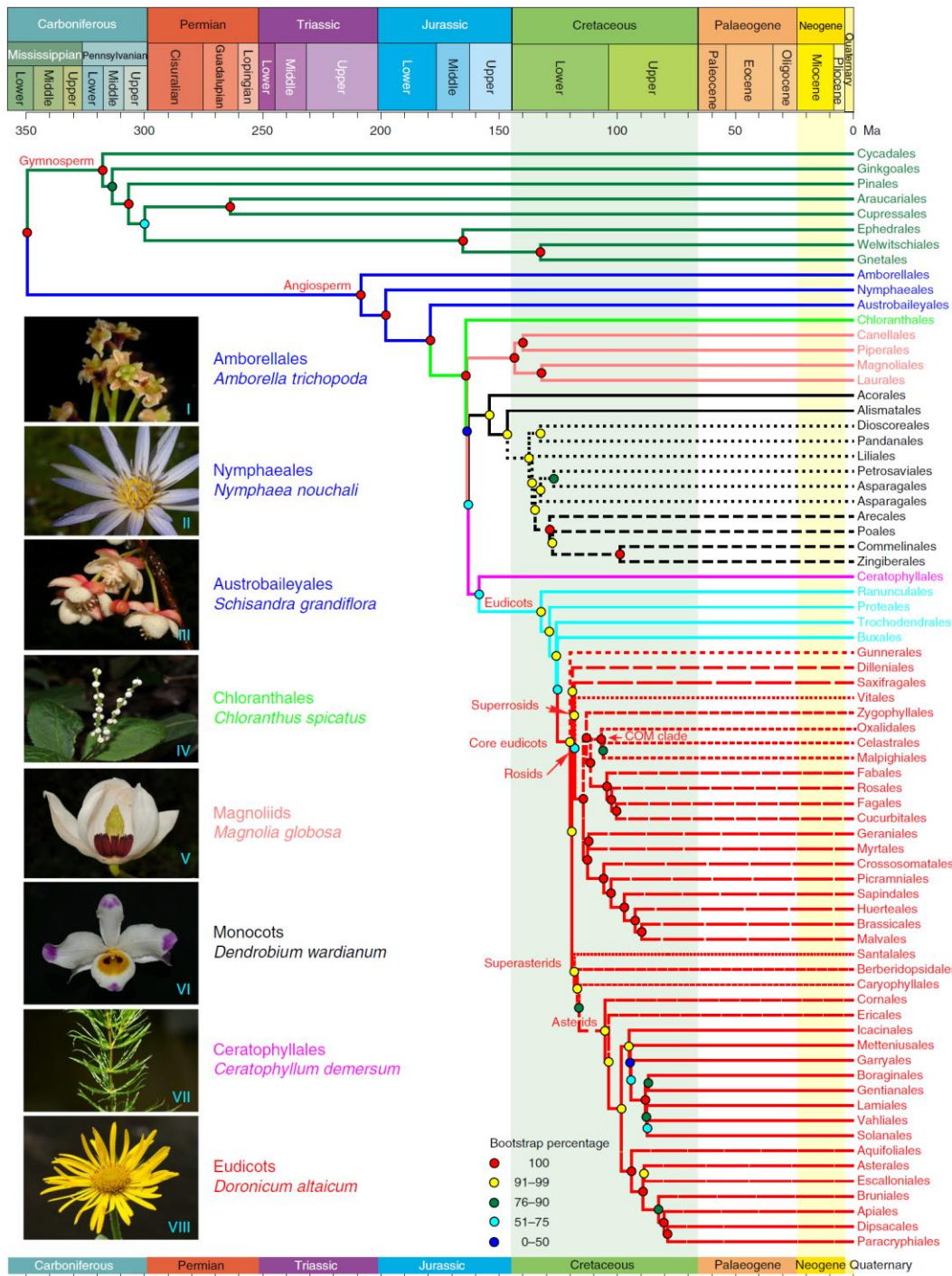


Las Paleognatas no son basales ni ancestrales al resto de aves.

Passeriformes no es el grupo “más” derivado (basal derivado solo linajes! No para puntas)

Aunque dos grupos tengan la misma categoría linneana (Passeriformes o Apodiformes, Porifera o Basidiomycota), eso no significa que sean equivalentes biológicamente, sino solo por convención (¿por que un clado es clase y no filo?)

Prum et al 2015



Amborella no es la "angiosperma" más basal o ancestral.

¿Qué grupo es más derivado: Orquídeas, Poáceas o Asteráceas?

Todos los organismos son un mosaico de apomorfias y plesiomorfías si los comparamos con otros organismos

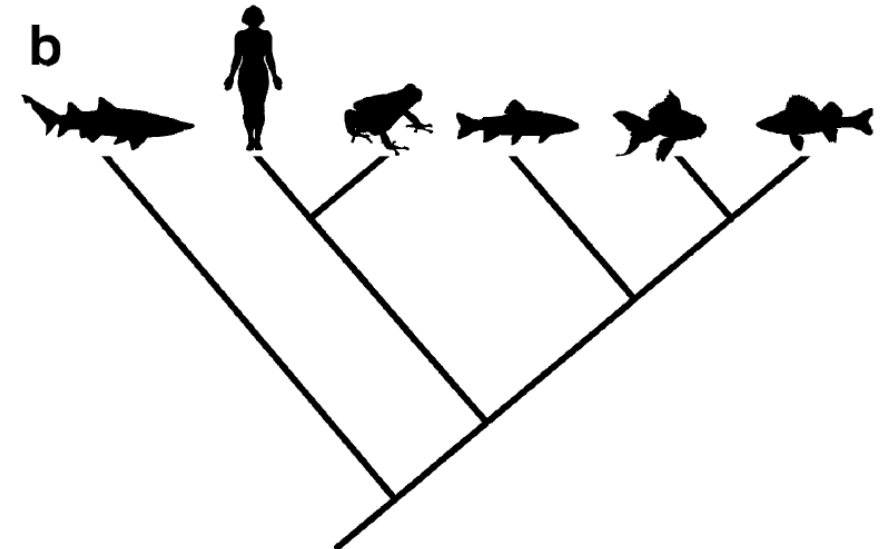
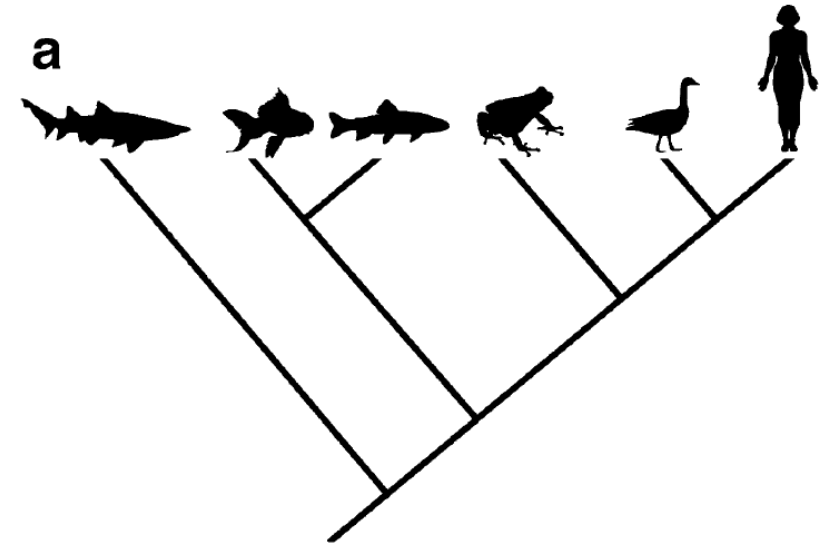
Las jerarquía linneana se usa por convención, pero desde el punto de vista evolutivo, una categoría específica no indica "equivalencia" evolutiva a lo largo de una filogenia.

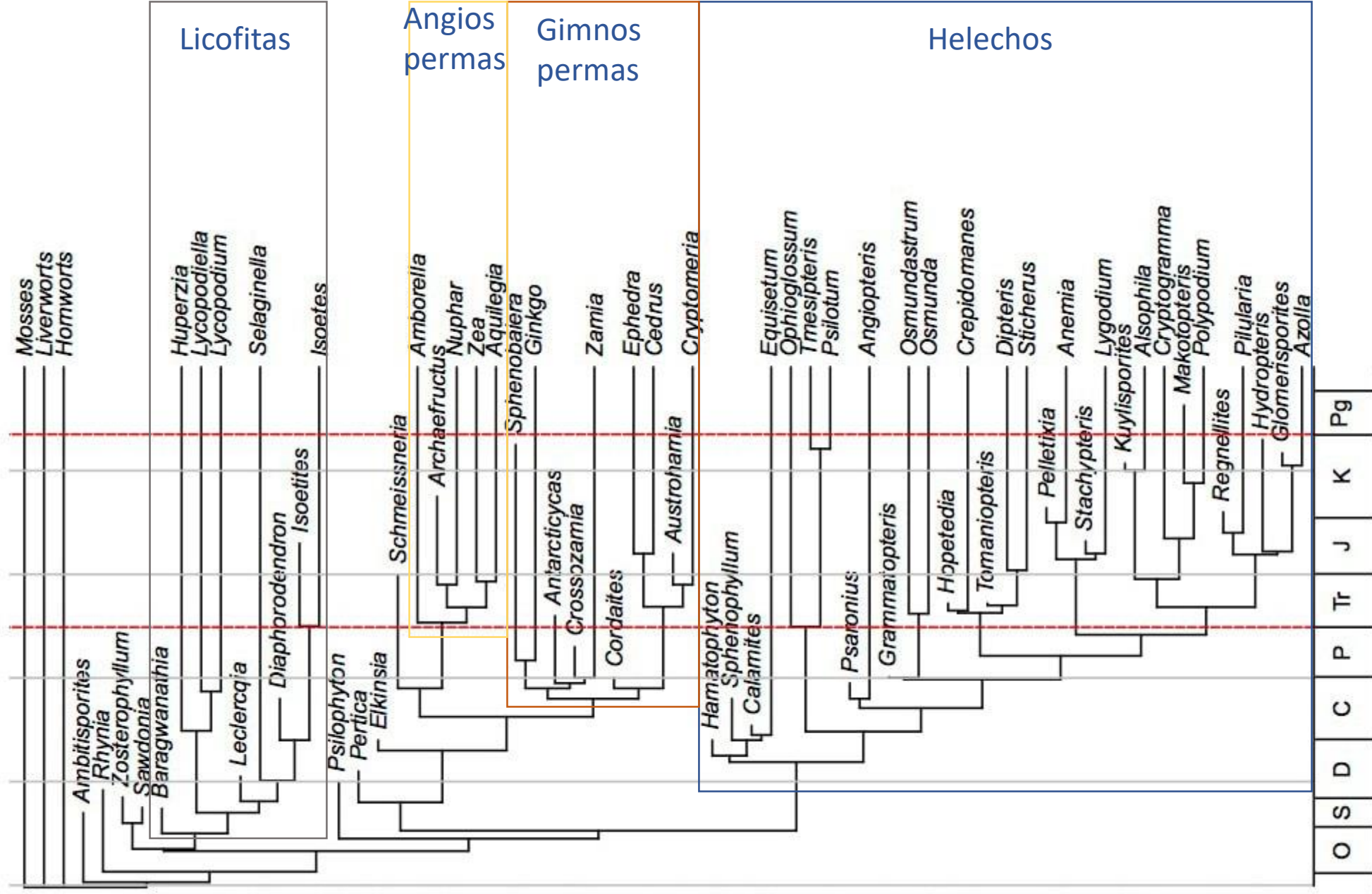
Errores comunes en la interpretación de árboles

2. Líneas evolutivas “principales” vs “laterales”

Muy relacionada al anterior. Tendemos a pensar en líneas “principales” progresivas y líneas “laterales” poco evolucionadas

- Ambos árboles son válidos pero ni los humanos ni las percas son basales o ancestrales uno del otro.

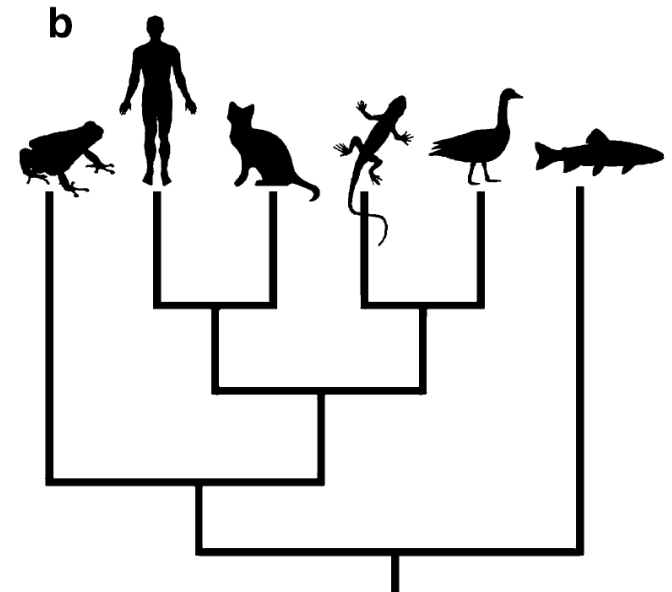
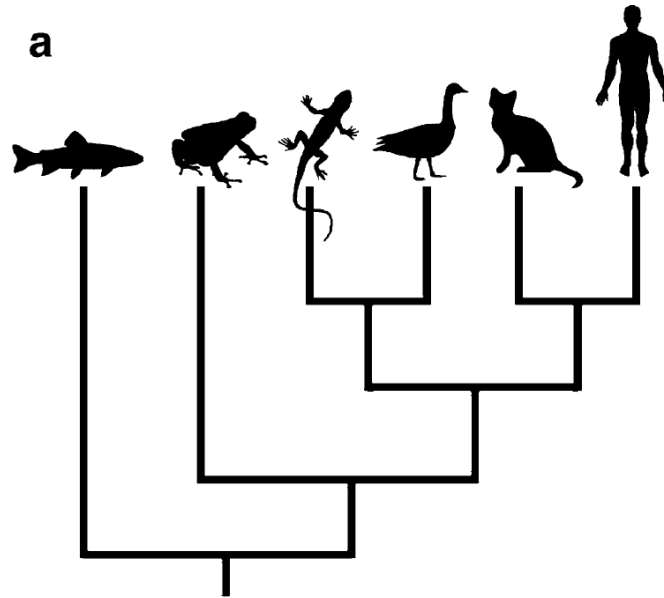




Errores comunes en la interpretación de árboles

3. Las puntas más cercanas están siempre más emparentadas:

El orden de las puntas no da ninguna información valiosa, es el orden de las ramificaciones (secuencia de nodos internos) la que nos da información acerca de relaciones

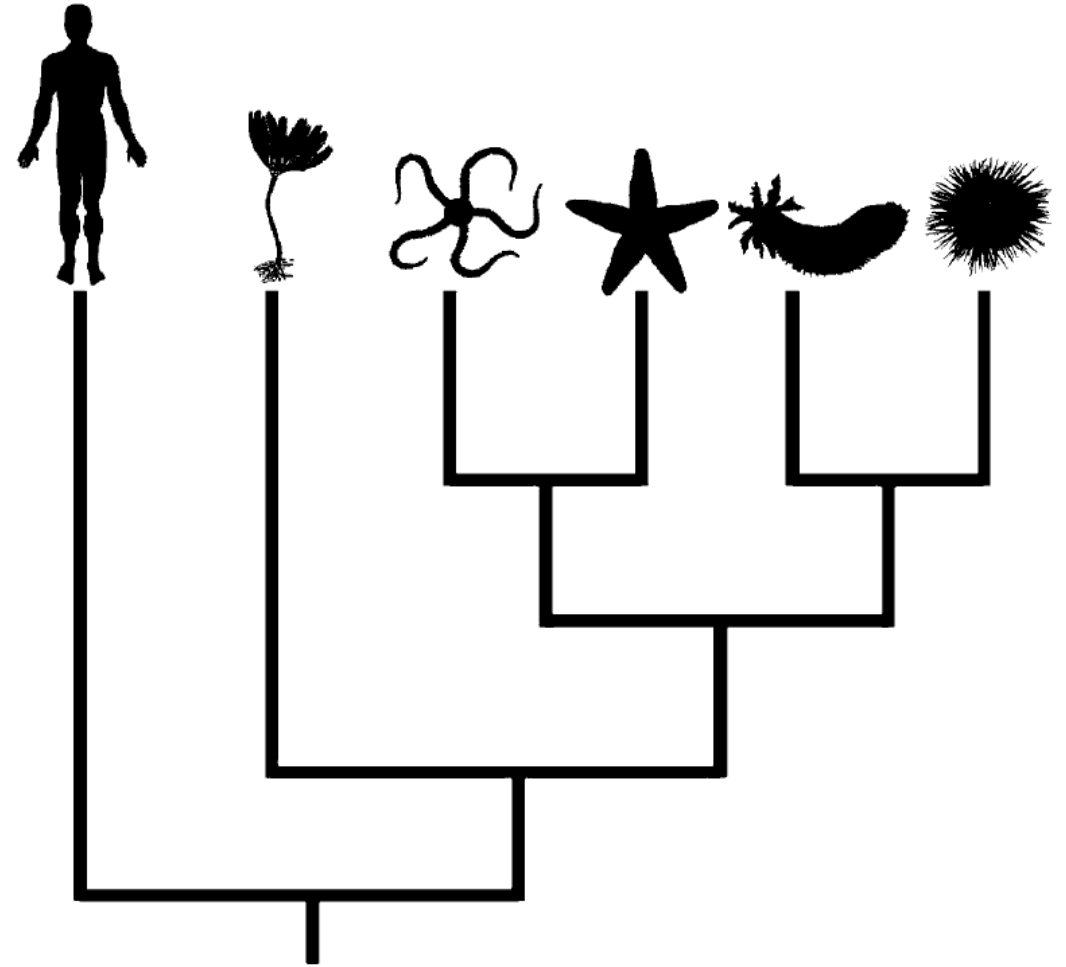


Errores principales en la interpretación de árboles filogenéticos

4. Líneas rectas significan que no hubo cambios evolutivos, que los grupos menos diversos son primitivos o que son más semejantes al MRCA

Las aparentes líneas “rectas” son afectadas por diversidad, densidad de muestreo, etc.

Los humanos no son semejantes al MRCA de Cordados y equinodermos pero si conservan algunas características del mismo

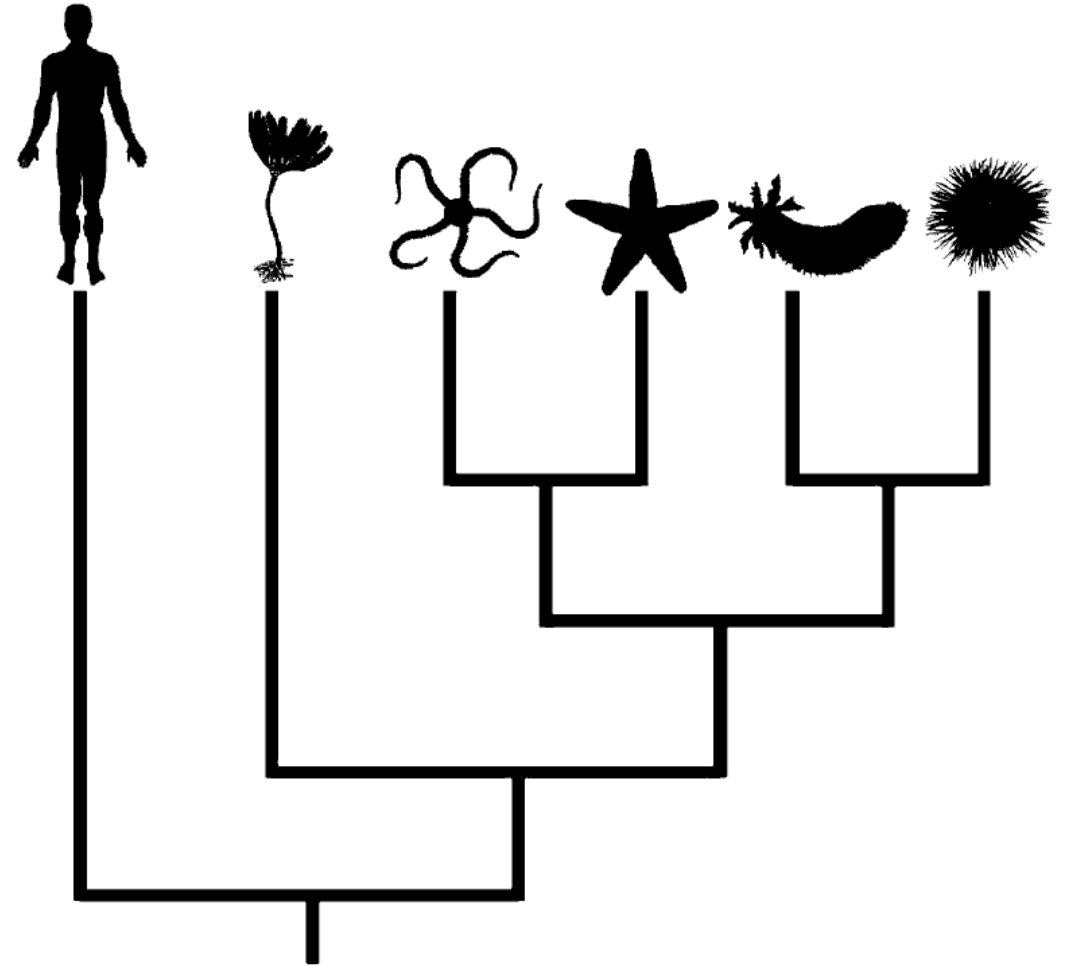


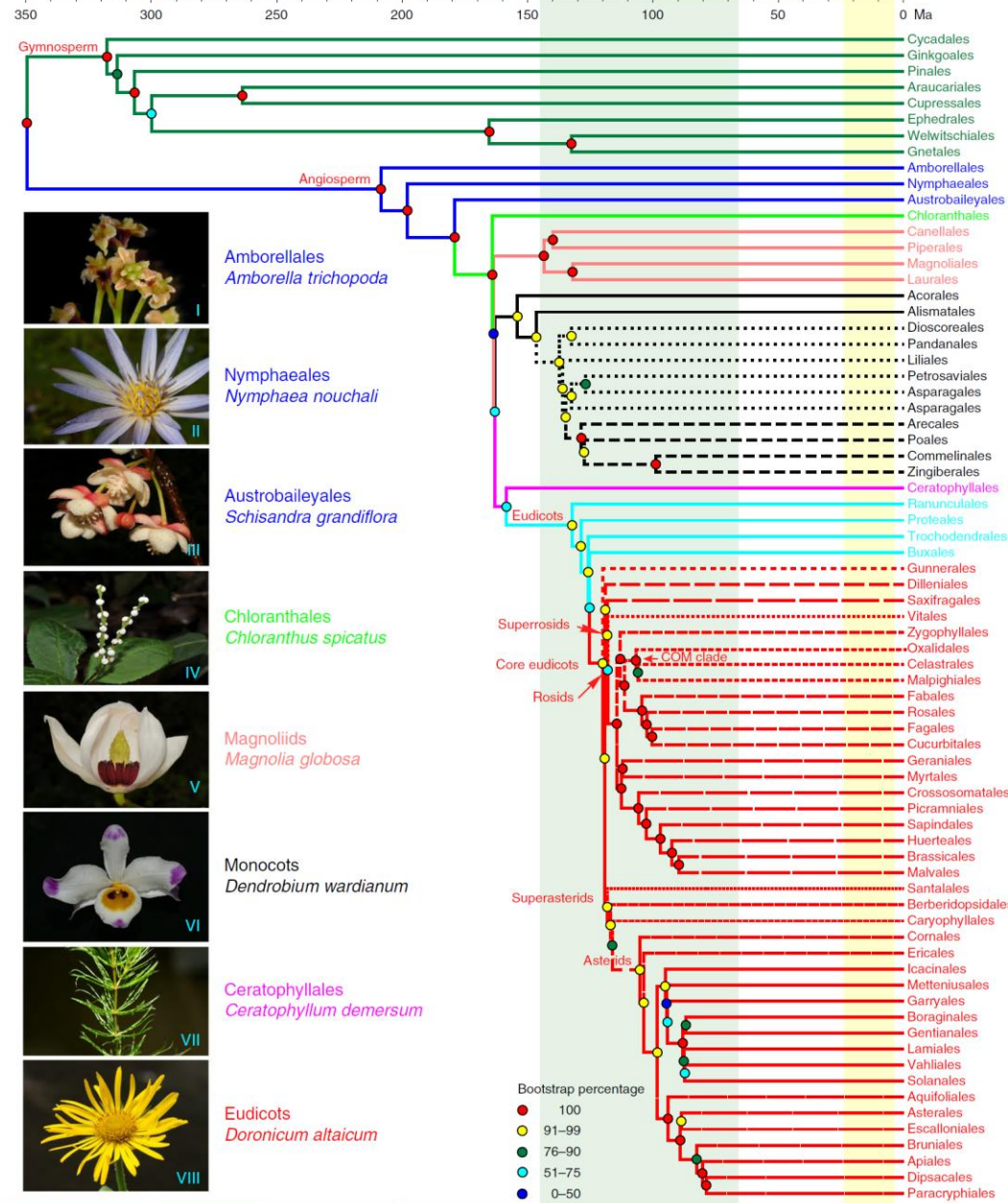
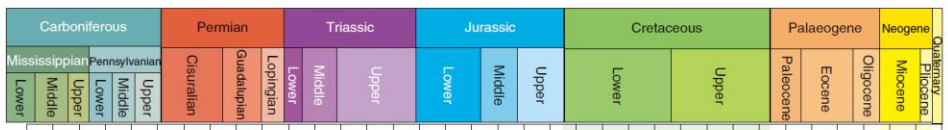
Errores principales en la interpretación de árboles filogenéticos

4b. Los cambios evolutivos, solo suceden en los nodos

Los cambios evolutivos pueden suceder a lo largo de las ramas. El número de nodos es determinado por el muestreo (muchas especies nunca serán muestreadas especialmente las extintas o porque no nos interesa muestrearlas)

¿Cree usted que tiene sentido asumir que el linaje de los humanos no ha sufrido cambios desde que divergió de los equinodermos?



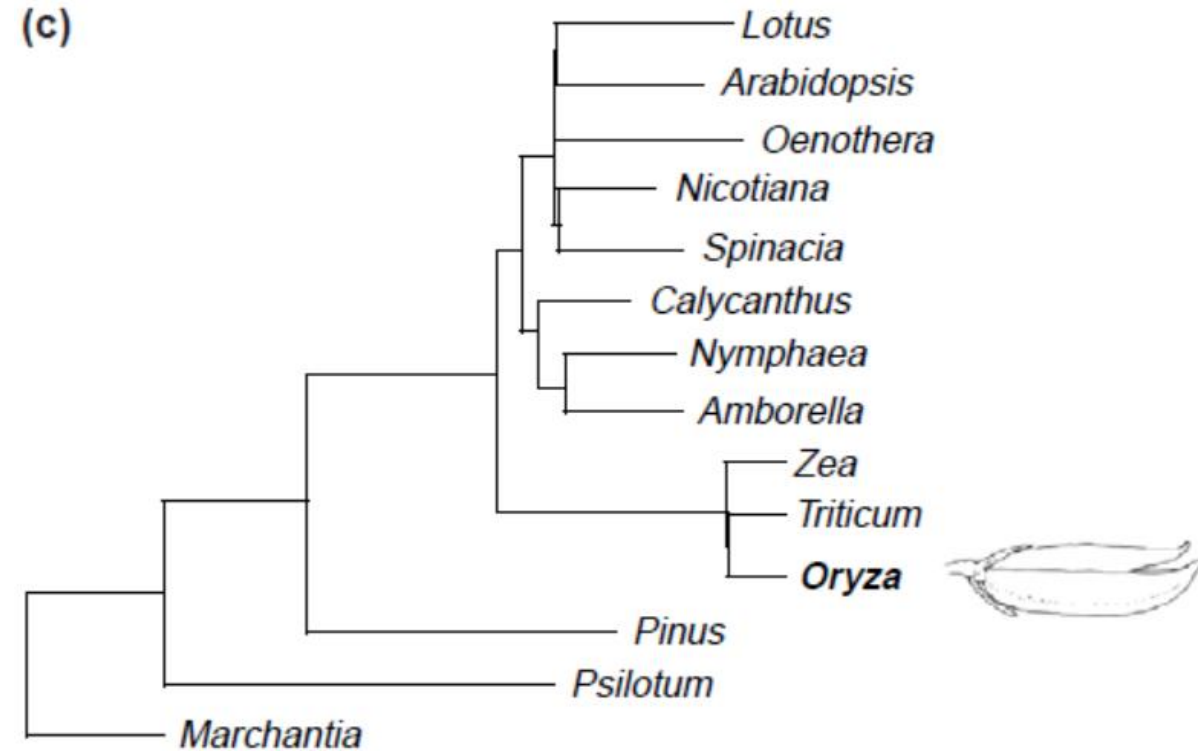
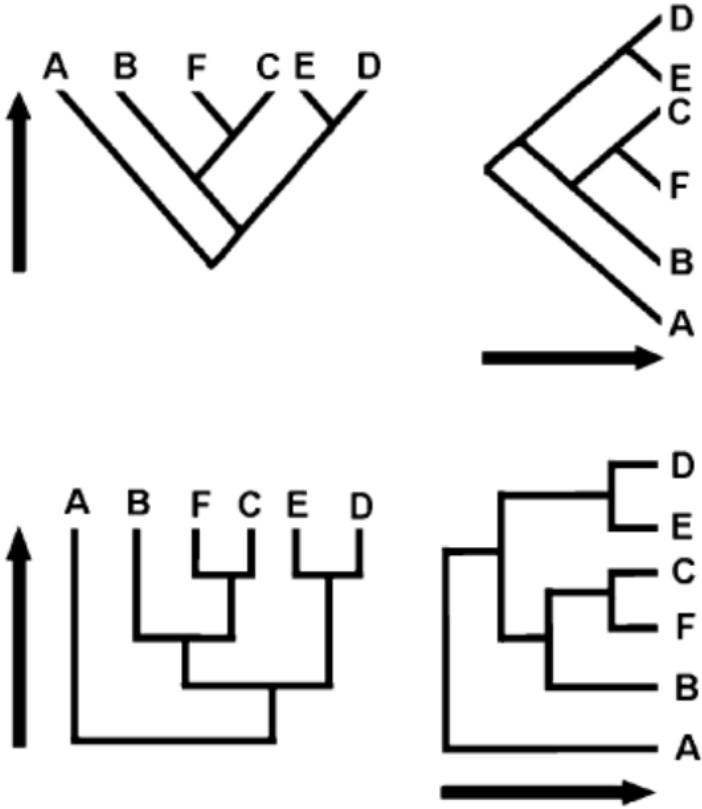


1. ANA grade
Nuphar pumila
2. Chloranthales
Chloranthus holostegius
3. Magnoliids
Litsea mollis
4. Alismatid monocots
Ottelia cordata
5. Lilioid monocots
Lilium duchartrei
6. Commelinid monocots
Streptolirion volubile
7. Ceratophyllales
Ceratophyllum demersum
8. Basal eudicots
Aquilegia glandulosa
9. Gunnerales
Gunnera manicata
10. Dilleniales
Dillenia pentagyna
11. Saxifragales
Saxifraga candelabrum
12. Vitales
Tetragymma serrulatum
13. Zygophyllales
Zygophyllum macropodium
14. COM clade
Elaeocarpus decipiens
15. Nitrogen-fixing clade
Apios cerna
16. Malvids
Capparis yunnanensis
17. Santalales
Dendrophthoe pentandra
18. Berberidopsidales
Berberidopsis corallina
19. Caryophyllales
Lychnis fulgens
20. Basal asterids
Impatiens delavayi
21. Lamiids
Chirita forrestii
22. Campanulids
Dipelta yunnanensis



Errores comunes en la interpretación de árboles

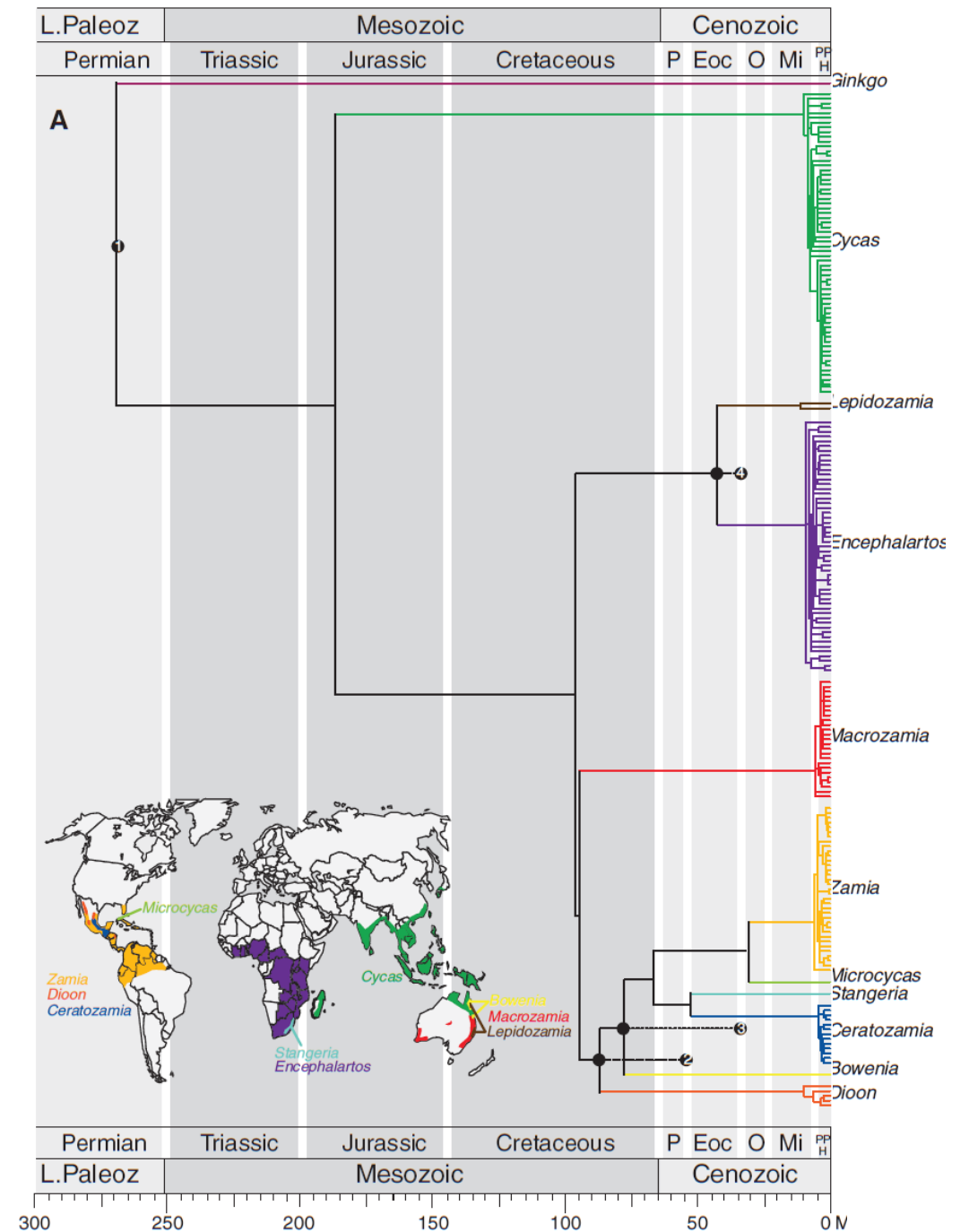
5. Interpretación incorrecta de edades de taxa terminales



Este es un filograma. NO nos dice la edad de los taxa terminales. *Marchantia* no es más necesariamente más antiguo que *Arabidopsis*. Los genes de ambos taxa han evolucionado independientemente el mismo tiempo (desde su MRCA).

Todos los árboles pueden dar idea del tiempo relativo de divergencia, de que eventos sucedieron primero y cuales después. E.g. el ancestro común más reciente de mamíferos y cocodrilos es más antiguo que el de aves y cocodrilos. pero **solo** cronogramas están calibrados en tiempo real

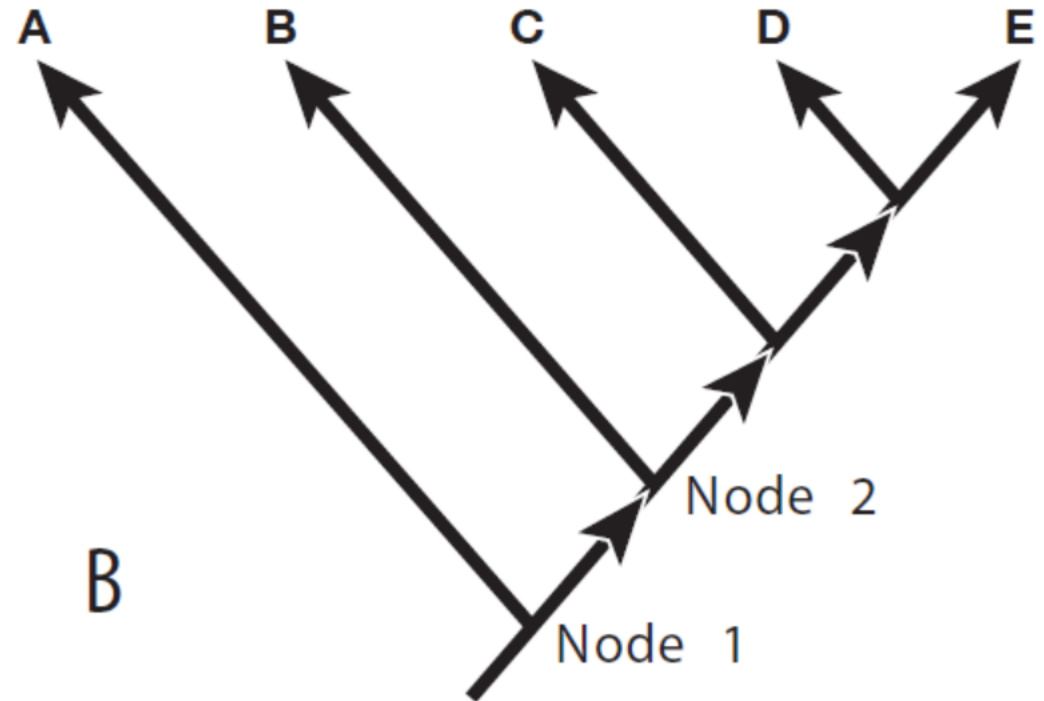
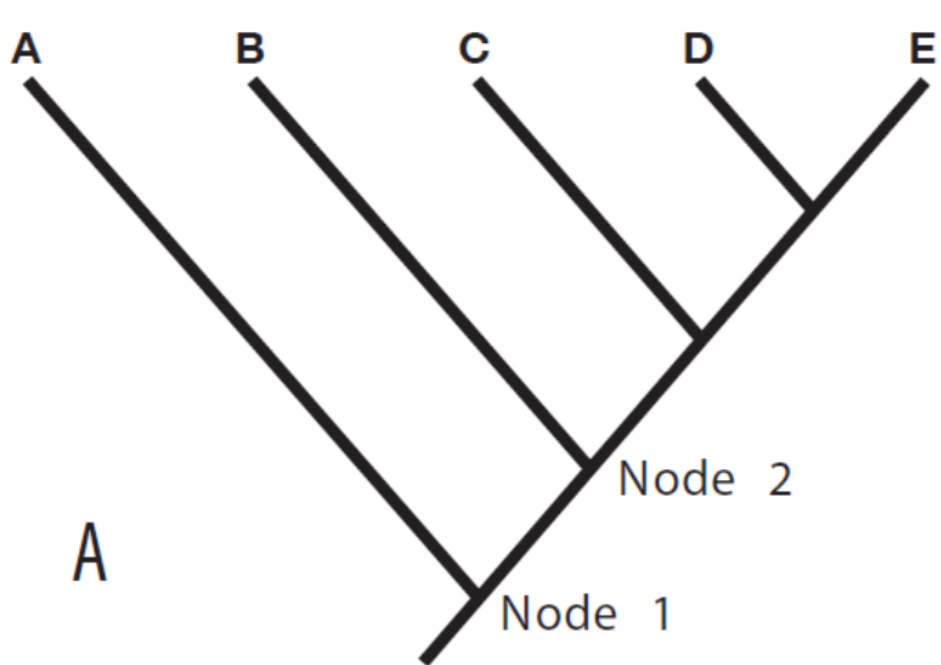
Las especies vivientes de cícadas son mucho más jóvenes que lo que usualmente se asume



Errores comunes en la interpretación de árboles

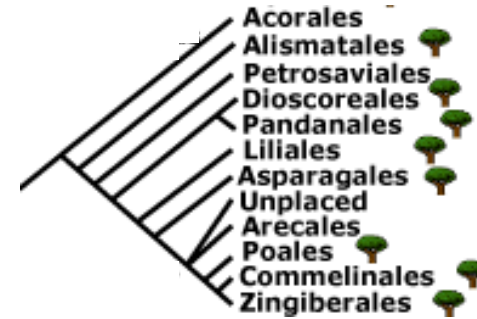
6. A mayor número de nodos de distancia parentesco más distante

A está **tan** emparentado a **B** como a **E**, pero **B** está **más** emparentado a **E** que a **A** porque comparte 2 ancestros comunes con el primero y solo 1 con **A**. **Lo que importa es cuantos ancestros comparten.**



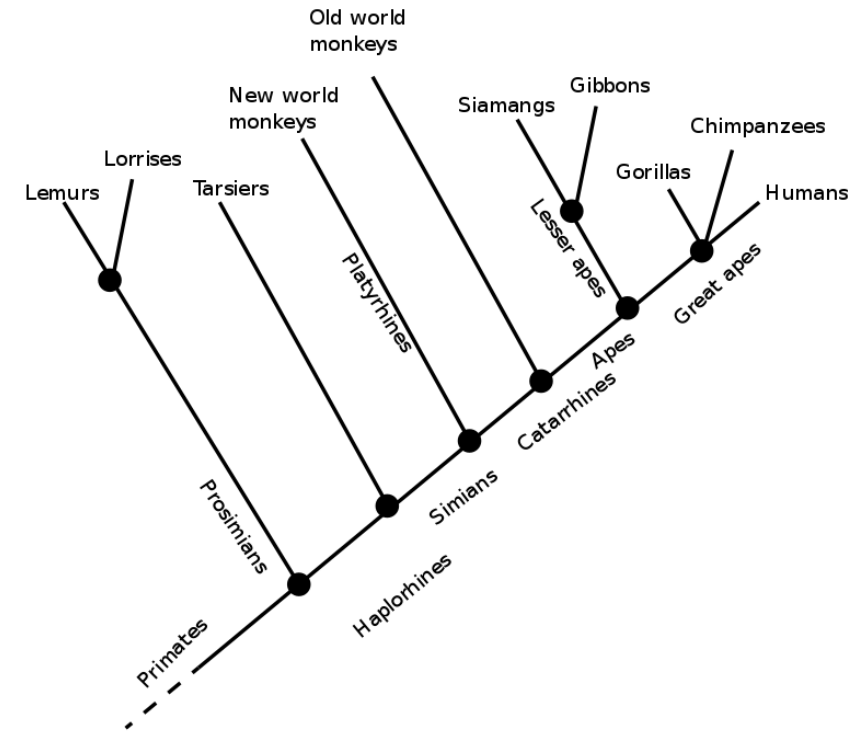
Sistemas de clasificación y Filogenias

- Los sistemas de clasificación más populares siguen basándose en jerarquías linneanas, pero dos grupos en la misma jerarquía (p ej. *Ticodendron* y *Epidendrum*) no van a ser equivalentes, aún si estos fuesen hermanos.
- Compromiso: tradición y evidencia filogenética



Sistemas de clasificación y Filogenias

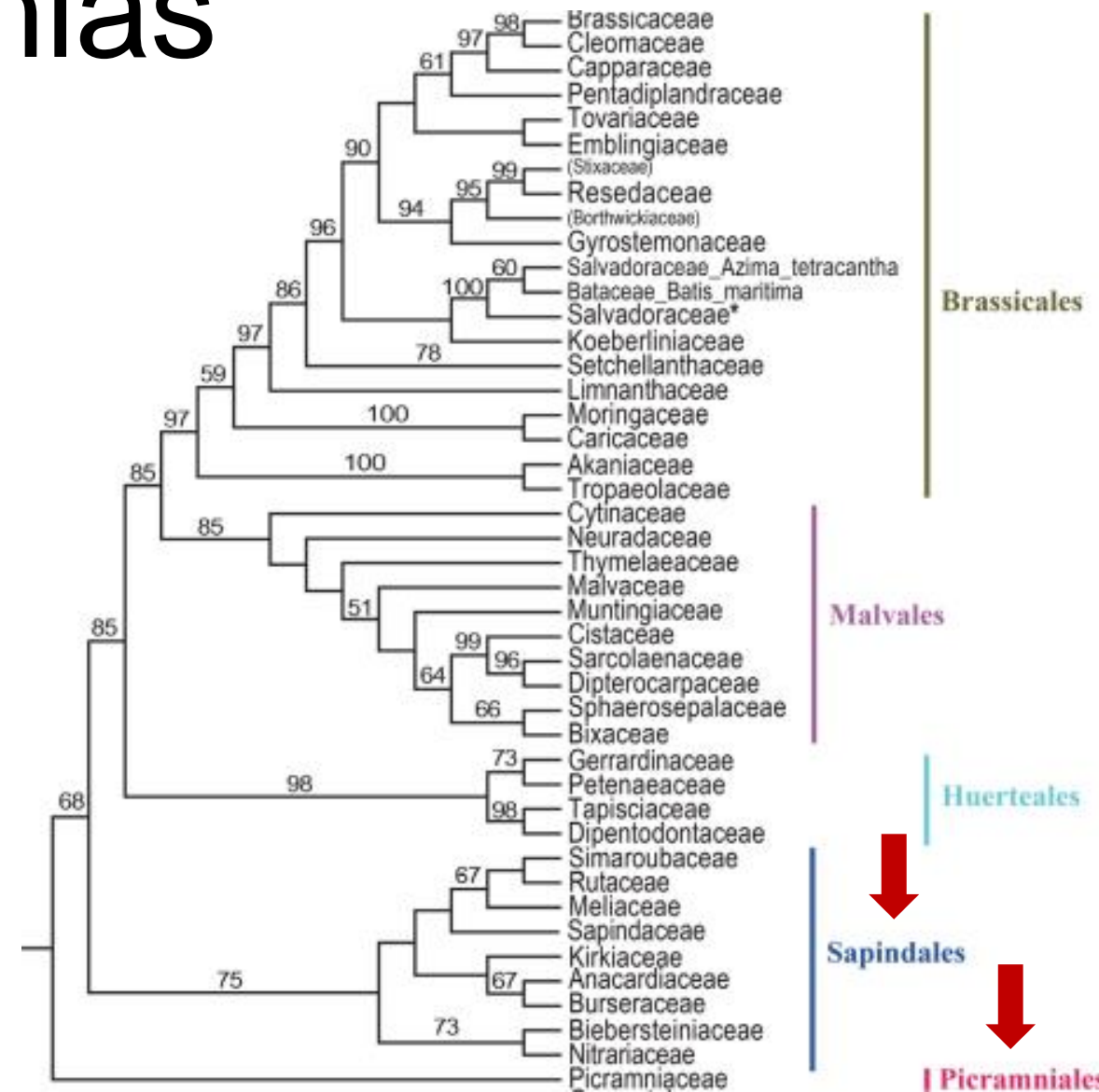
- Los nombres y jerarquías se conservan: 1- comunican rápidamente información y 2- los investigadores han llegado a mayor o menor grado de consenso en su definición.
- Jerarquía es secundaria respecto a la identificación de clados (grupos estrictamente monofiléticos). Pero la taxonomía debería reflejar las relaciones reales de los organismos. (Ej Plantas vasculares, son un clado, pero ¿es una clase, una división o un subreino?)

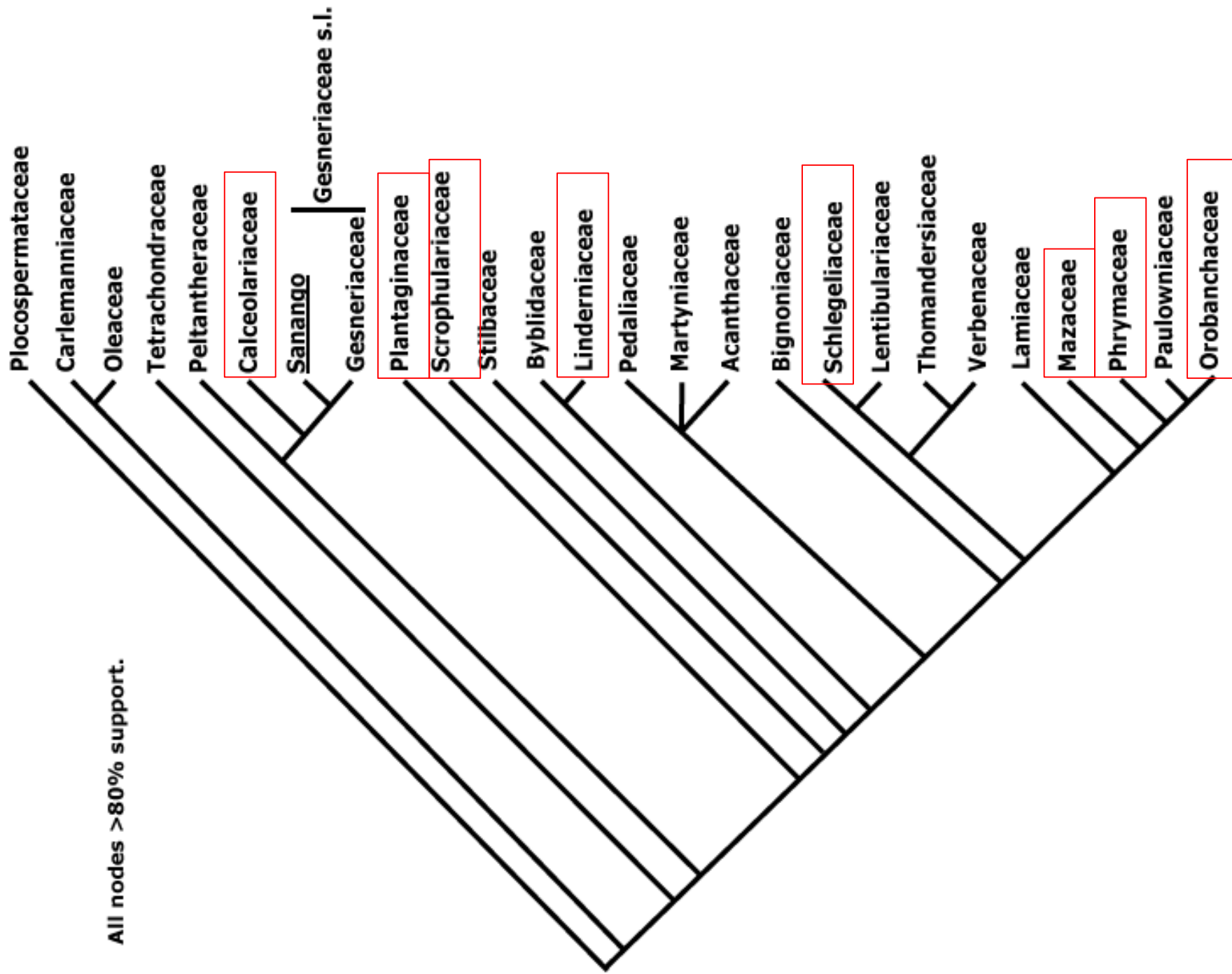


- En teoría cada vez que un cladograma bifurca se le podría poner un nombre a cada rama..

Sistemas de clasificación y Filogenias

- Los sistemas de clasificación son y siguen siendo hipótesis y pueden cambiar a lo largo del tiempo.
- Pero los cambios en la asignación de una especie del género X al género Y, o de la familia A a la B deberían reflejar los cambios en el entendimiento de las relaciones de los organismos considerados.





Scrophulariaceae s.l.:
¡muchas de las familias antiguamente incluidas no muestran características evidentes distintivas que abarquen todos los géneros de cada clado, excluyendo a los de las demás familias!

Entonces, ¿Se debería unir TODO Lamiales en una sola familia o sería mejor dividir Scrophulariaceae s.l.?

No se debe olvidar que las relaciones entre los taxa son hipótesis, y aunque hemos aprendido mucho, no podemos asegurar que en la actualidad tengamos sistema “definitivo”. En ciencia no hay verdades absolutas.