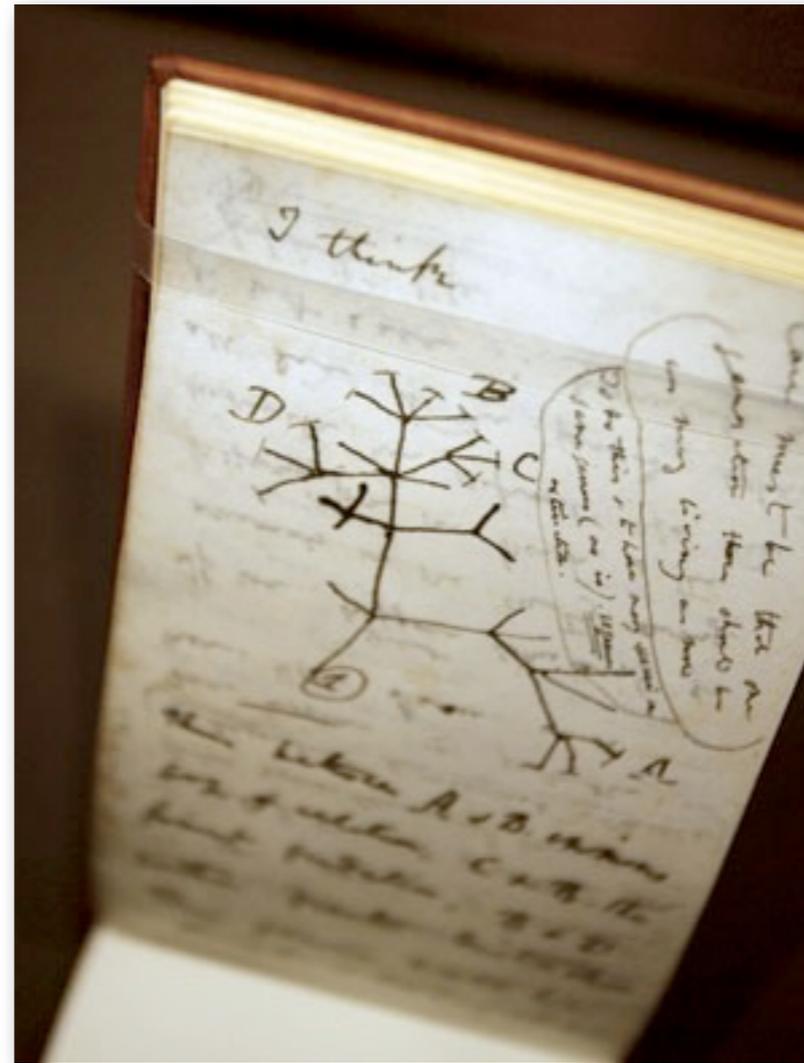


introducción a la cladística

JUAN DIEGO DAZA



que es cladística?

Cladística viene del griego antiguo κλάδος, klados = rama

i.e. es la clasificación jerárquica de las **especies** basada en una **filogenia** o **ancestría evolutiva**.

que es cladística?

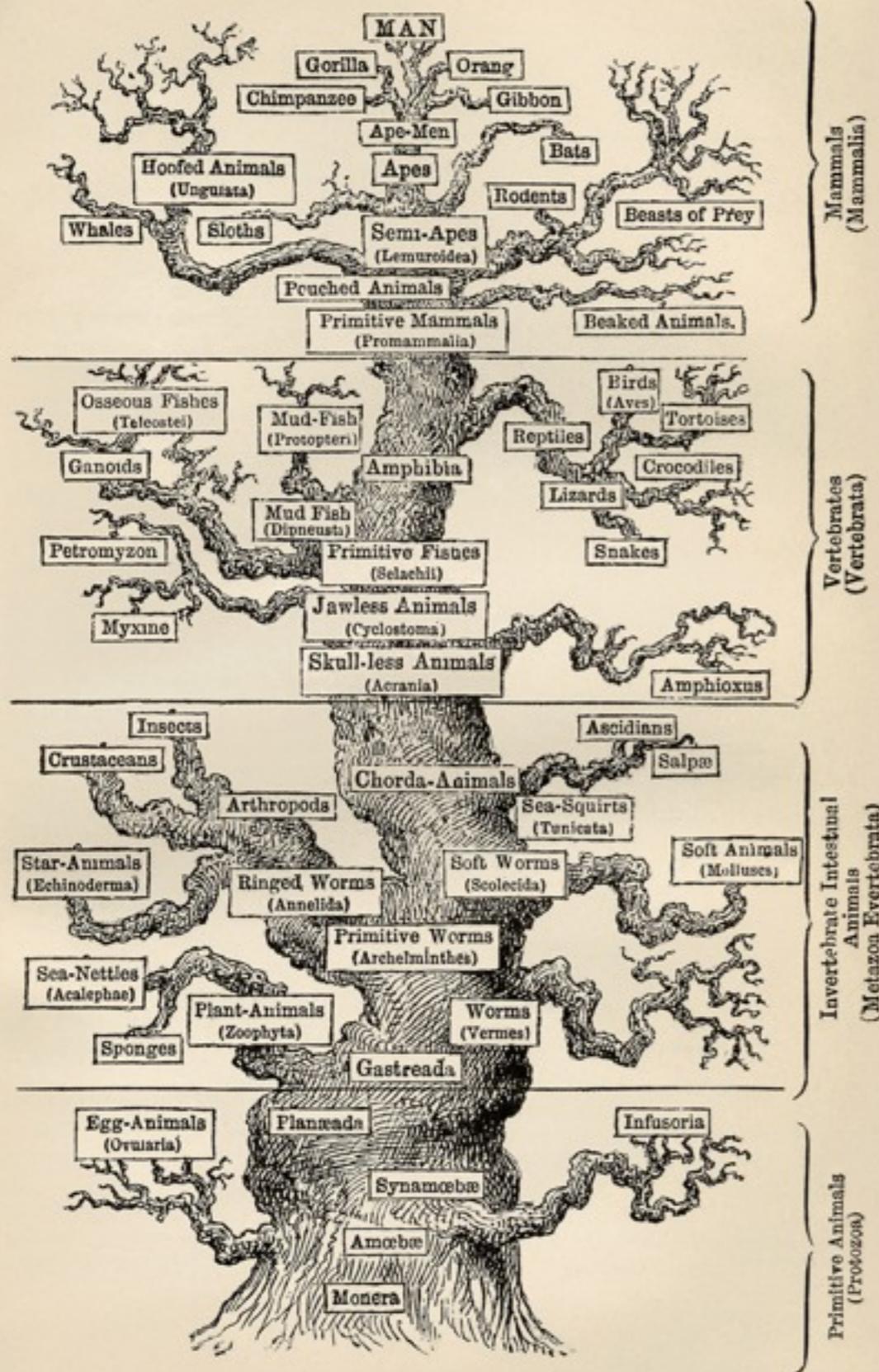
Todos los organismos que hay en el planeta se han producido por la evolución. Esta historia evolutiva, o filogenia se puede rastrear hacia atrás, de esta manera infiriendo las conexiones con otros linajes por medio de ancestros comunes; todas estas conexiones forman un inmenso árbol filogenético.

que es cladística?

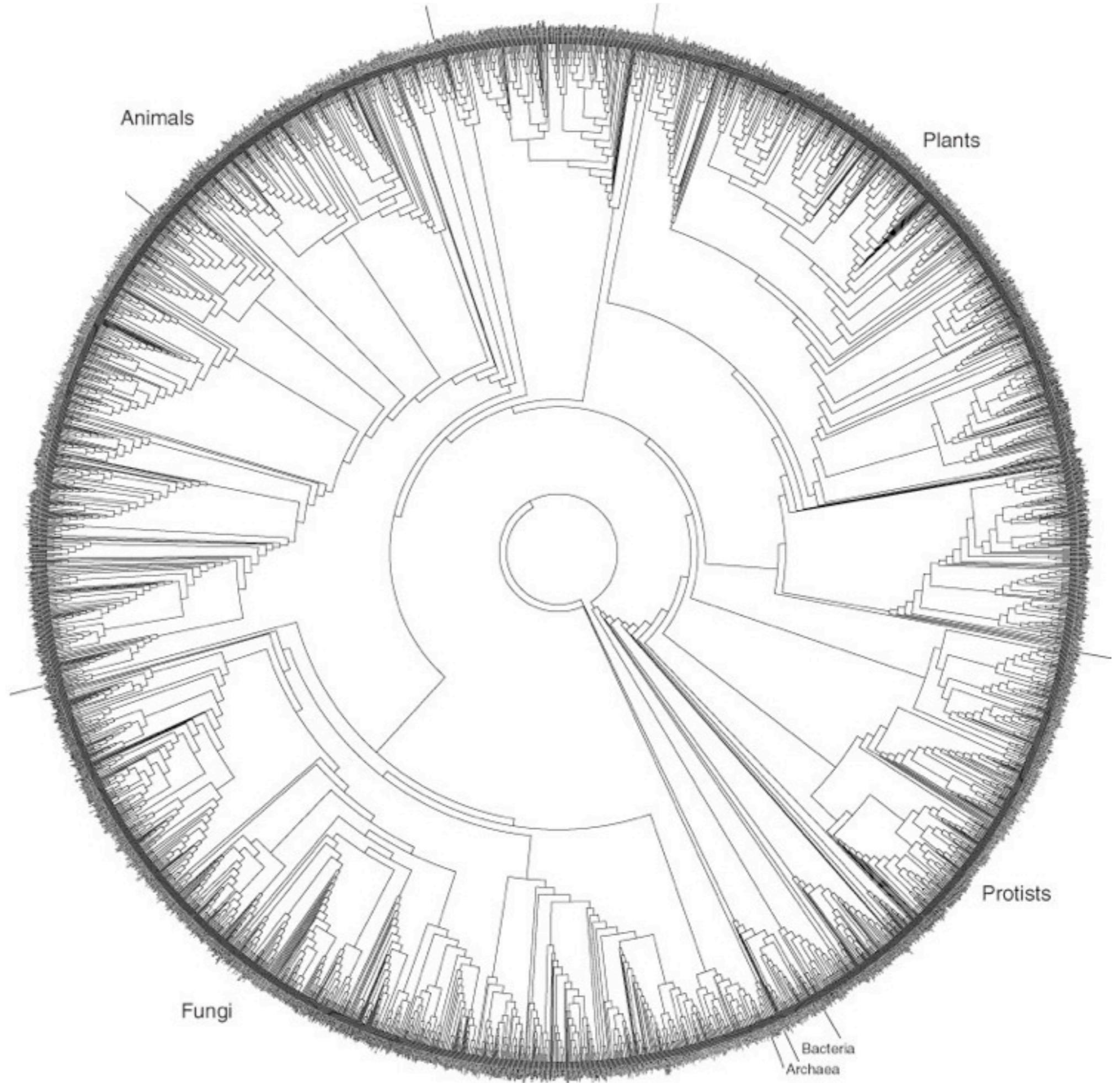
El cladismo o sistemática filogenética es el campo de la biología que busca entender la historia de toda la vida, esto por medio de:

1. Proveer un sistema de clasificación que sirve para comunicar información acerca de los organismos.
2. Se generan hipótesis para la interpretación de la evolución de la vida.
3. Estas hipótesis filogenéticas y su correspondiente clasificación nos ayudan a predecir propiedades de organismos nuevos y de aquellos que se conoce muy poco.

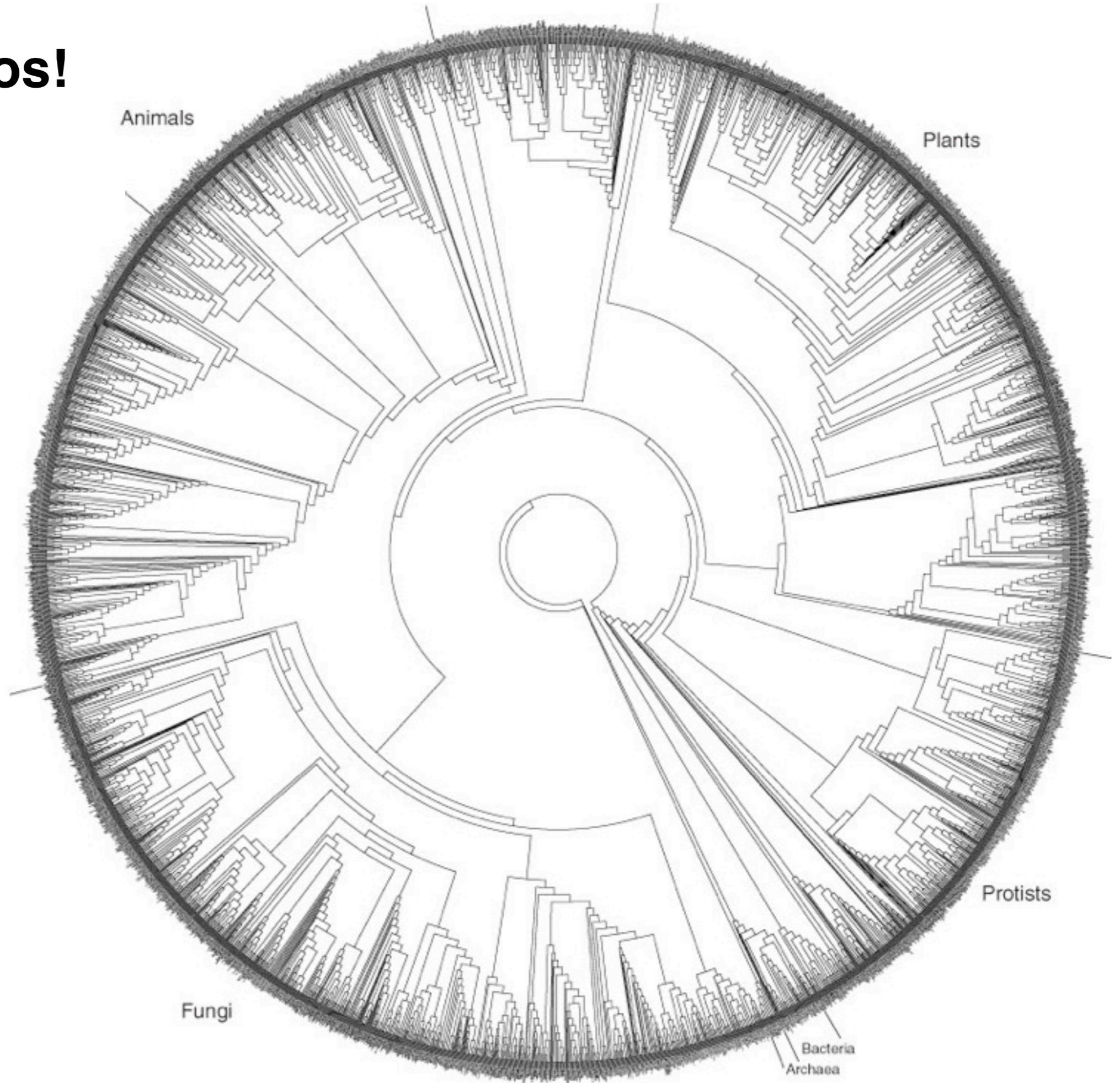
PEDIGREE OF MAN.



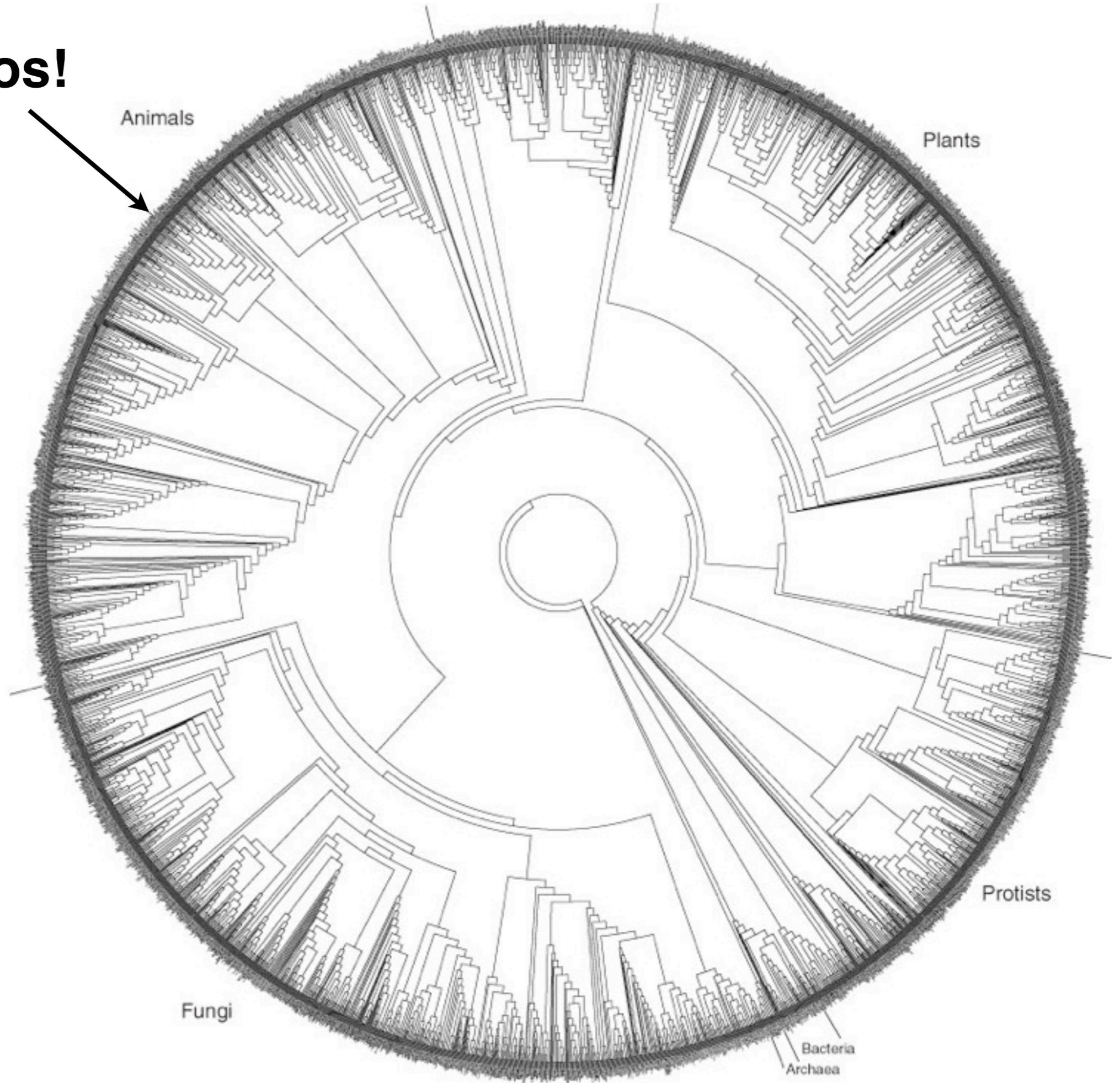
árbol de la vida según Ernst Haeckel
La evolución del hombre (1879)

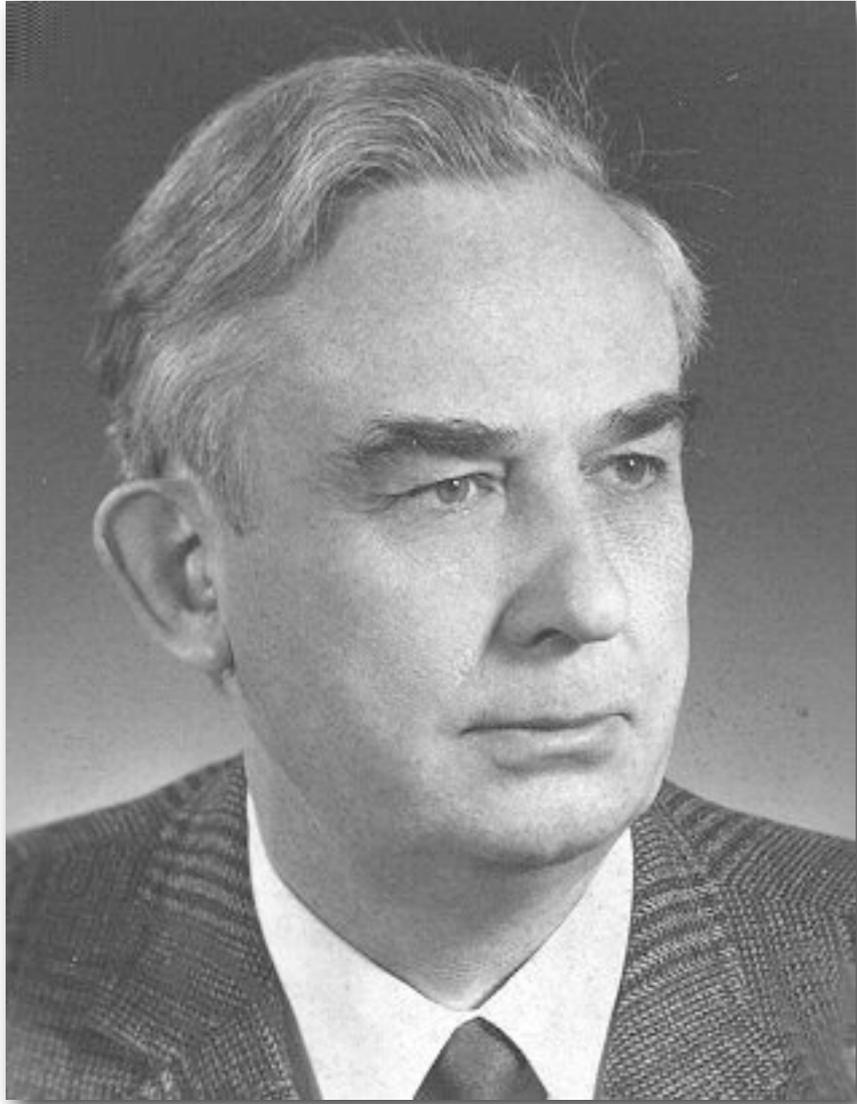


aquí estamos!



aquí estamos!





Willi Hennig
(April 20, 1913 – November 5, 1976)

Biólogo alemán que fundó la **cladística**. Sus trabajos revolucionaron la forma de ver el orden natural de los seres vivos. Como taxónomo se especializó en dípteros (moscas y mosquitos).

que es no es cladística?

La sistemática filogenética se diferencia de otros sistemas no basados en filogenias sino en similitud morfológica general, donde es común la convergencia ----> **Fenética**

"Cuando veo un pájaro que camina como un pato, nada como un pato y hace quack como un pato, yo llamo a ese pájaro pato."

"frase del poeta de Indiana" James Whitcomb Riley (1883-1885)

No siempre!



Euphorbia Euphorbiacea



Astrophytum Cactacea



Brachiopoda



Mollusca

fenética

Sneath and Sokal

en biología, la fenética se conoce como **taxonomía numérica** y es un intento para clasificar los organismos en similitud general, usualmente morfológicas sin importar su filogenia o relación evolutiva.

Se usa la fenética aún? La cladística reemplazó la fenética, sin embargo algunos métodos fenéticos, como **neighbor-joining** han perdurado y se utilizan en algunas circunstancias.

e.g. pueden proveer una aproximación razonable a la filogenia cuando algunos métodos costosos computacionalmente (i.e, **inferencia Bayesiana**) no son prácticos.

que hace la cladística?

La cladística ayuda a generar diagramas llamados cladogramas que son hipótesis de las relaciones entre los grupos, o una representación de el árbol filogenético de la vida.

Existen hoy en día muchos programas que se utilizan en cladística, esto debido a la complejidad de los procesos durante la generación de cladogramas.

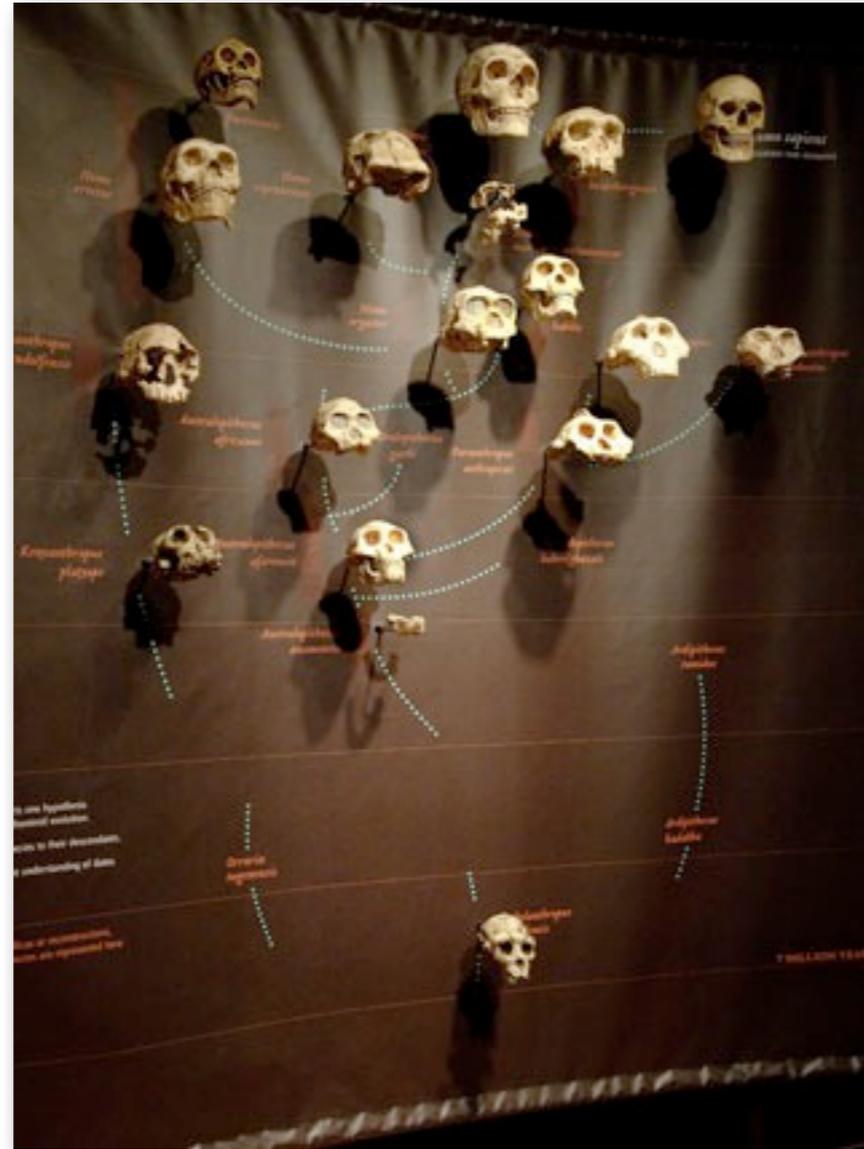


Diagrama de la evolución del hombre.

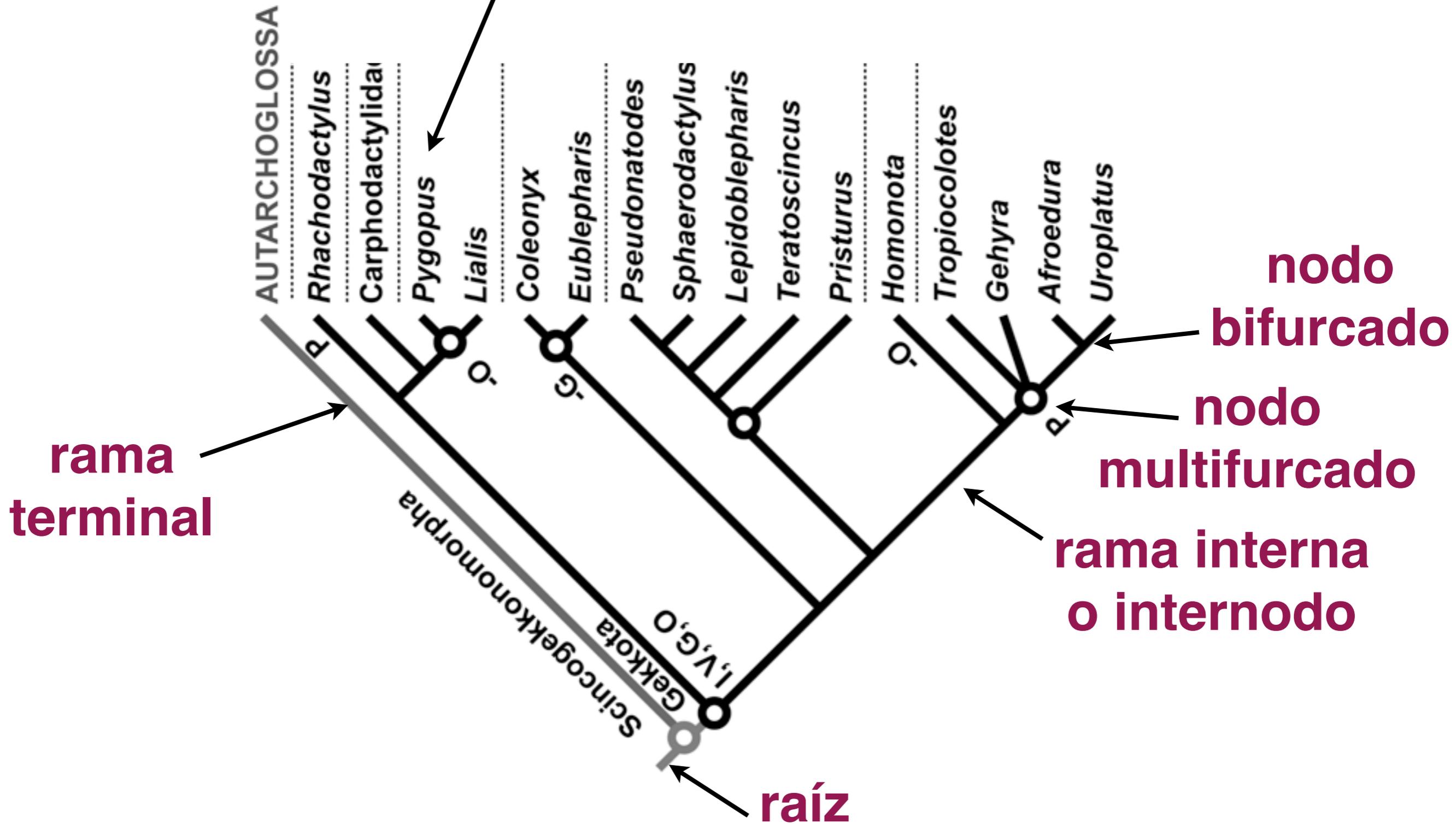
terminología

árbol

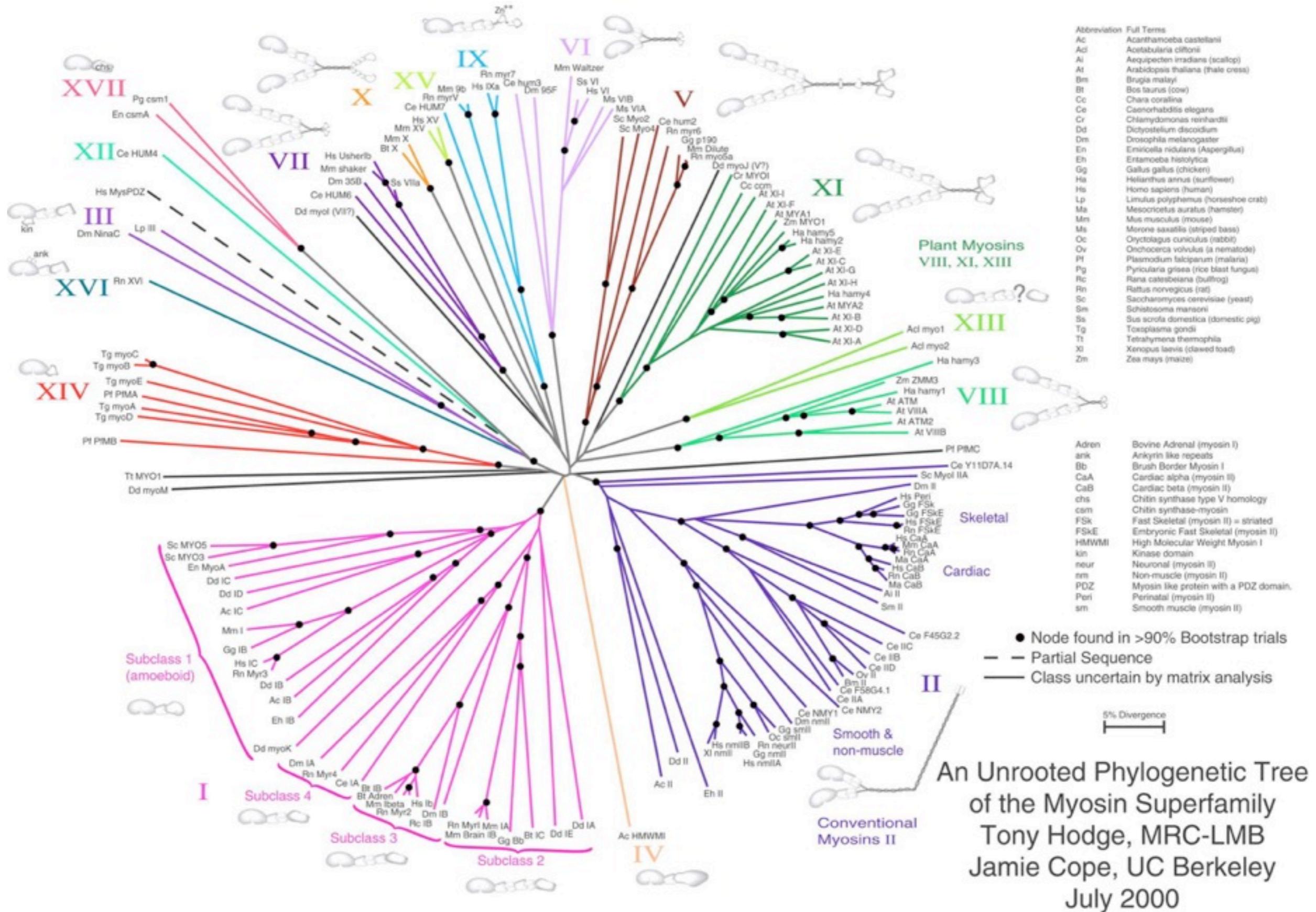
o cladograma, representa la hipótesis de la relaciones entre los organismos estudiados, incluyendo el grupo de interés (ingroup) y el grupo externo o ajeno (outgroup).

taxa terminal (hojas)

árbol con raíz



árbol sin raíz



An Unrooted Phylogenetic Tree of the Myosin Superfamily
 Tony Hodge, MRC-LMB
 Jamie Cope, UC Berkeley
 July 2000

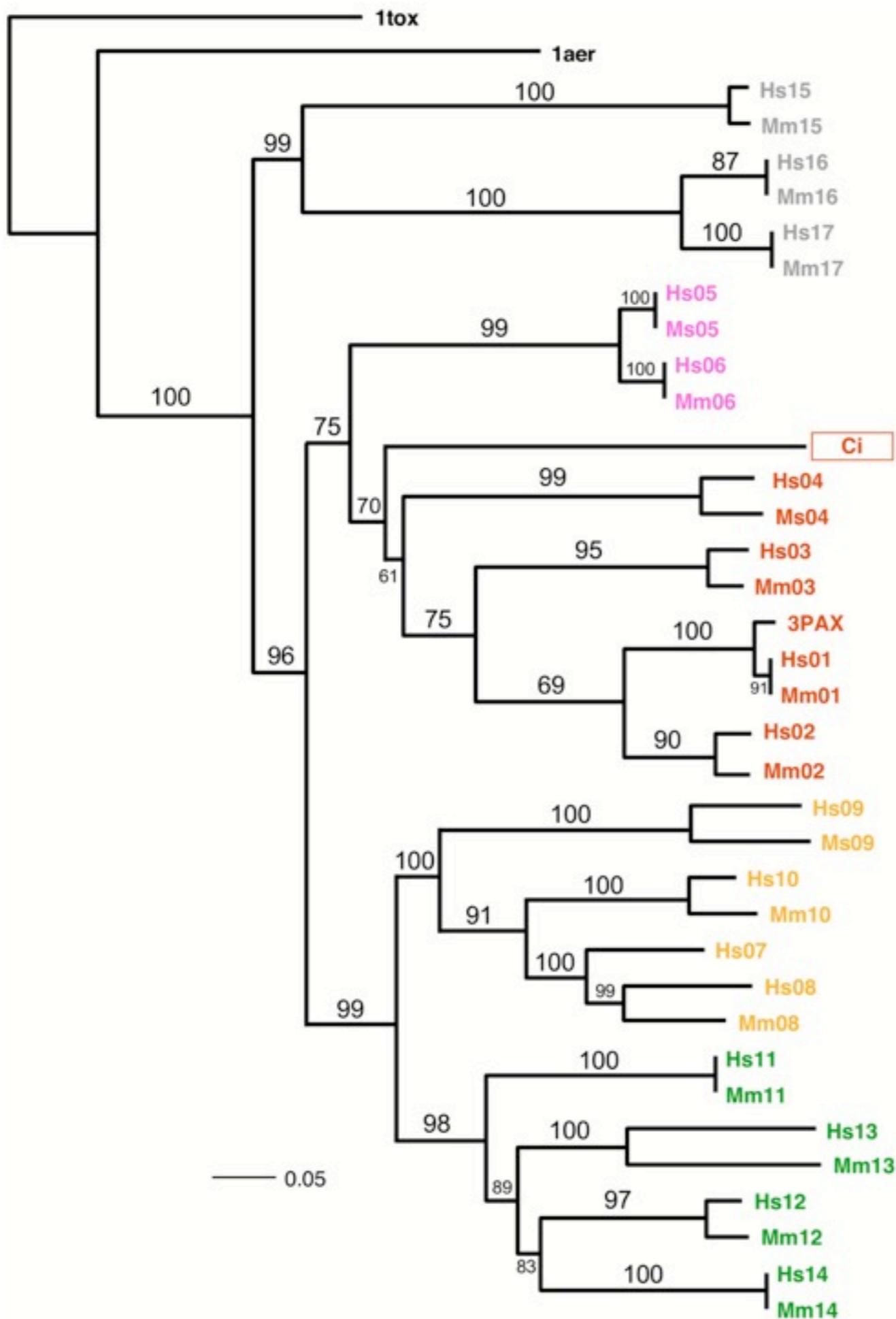
terminología

tipos de árboles

Dendrograma es término general para la representación diagramática de un árbol filogenético.

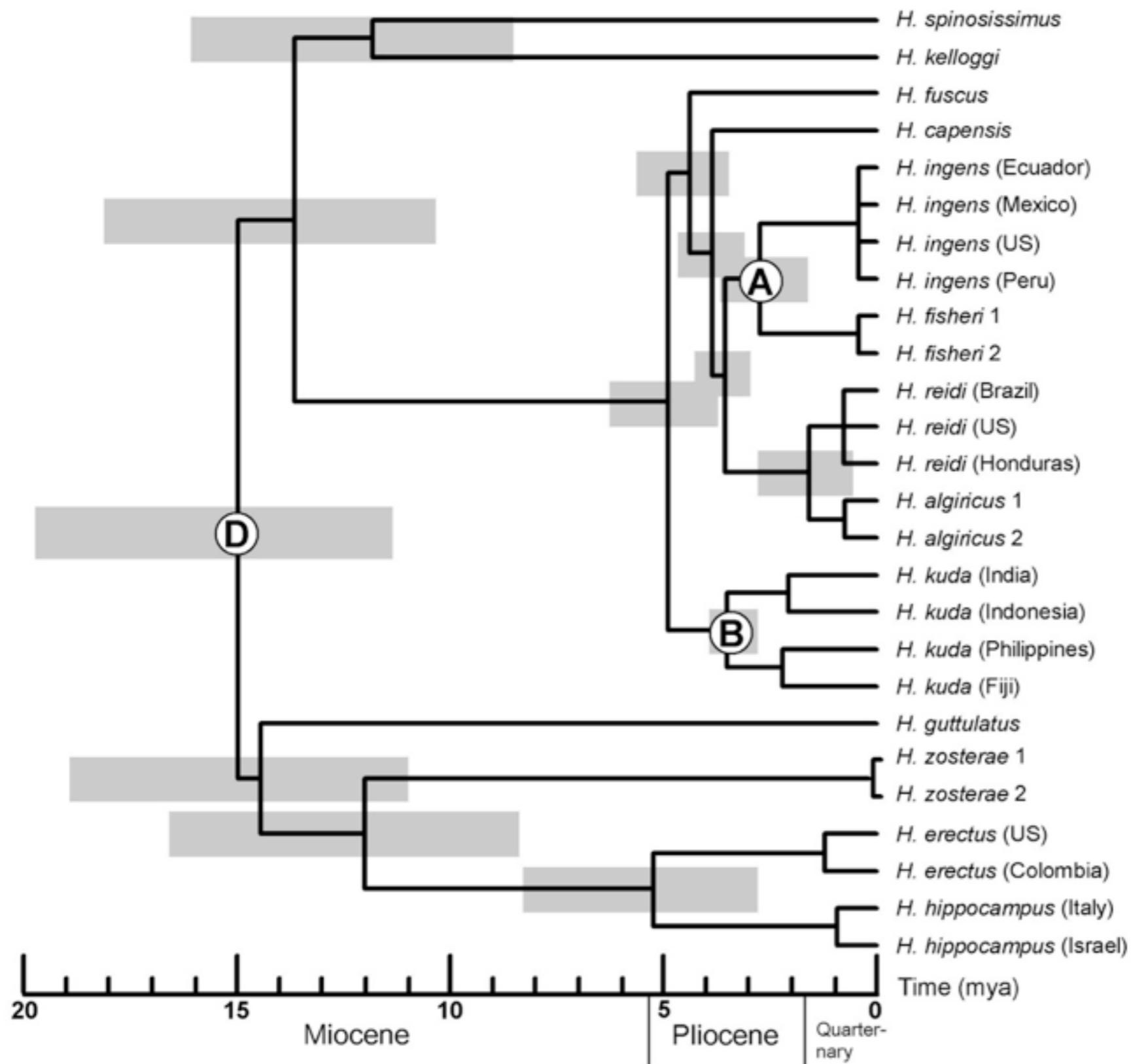
Cladograma es el árbol que se produce usando métodos cladísticos. Este tipo de árbol solo representa el patrón de ramificación (i.e., la longitud de las ramas no representa el tiempo).

Filograma



En estos árboles filogenéticos la longitud de las ramas indica el numero de cambios de los caracteres.

Árbol ultramétrico



En estos árboles filogenéticos la longitud de ramas representa el tiempo evolutivo

~reloj molecular

terminología

caracter

Es un atributo, parte observable o característica de un organismo.

terminología

naturaleza de los caracteres

Morfológicos: son atributos que se producen por medio de anatomía comparada o la morfometría

Moleculares: son características que se expresan en forma de secuencias de ADN o proteínas.

terminología

tipos de caracteres

Los caracteres se pueden clasificar en **homólogos** y **análogos**, los cual es determinando basicamente por la topología (forma) del árbol.

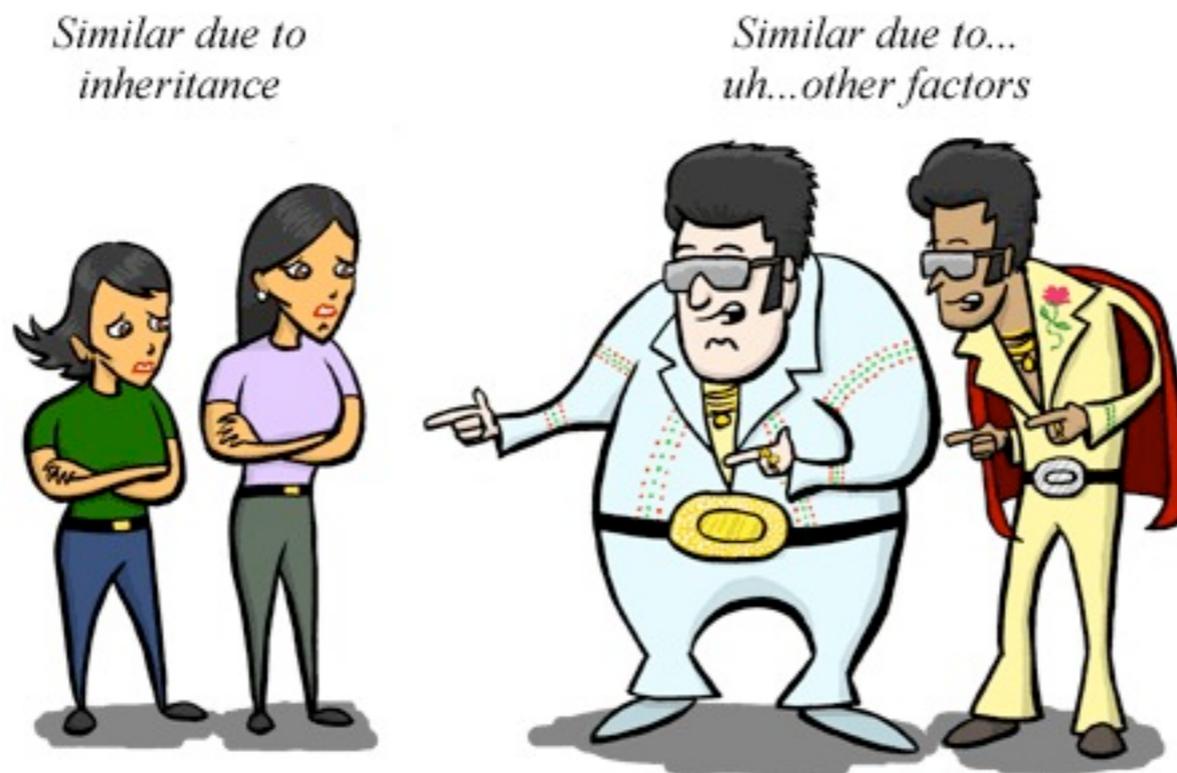
terminología

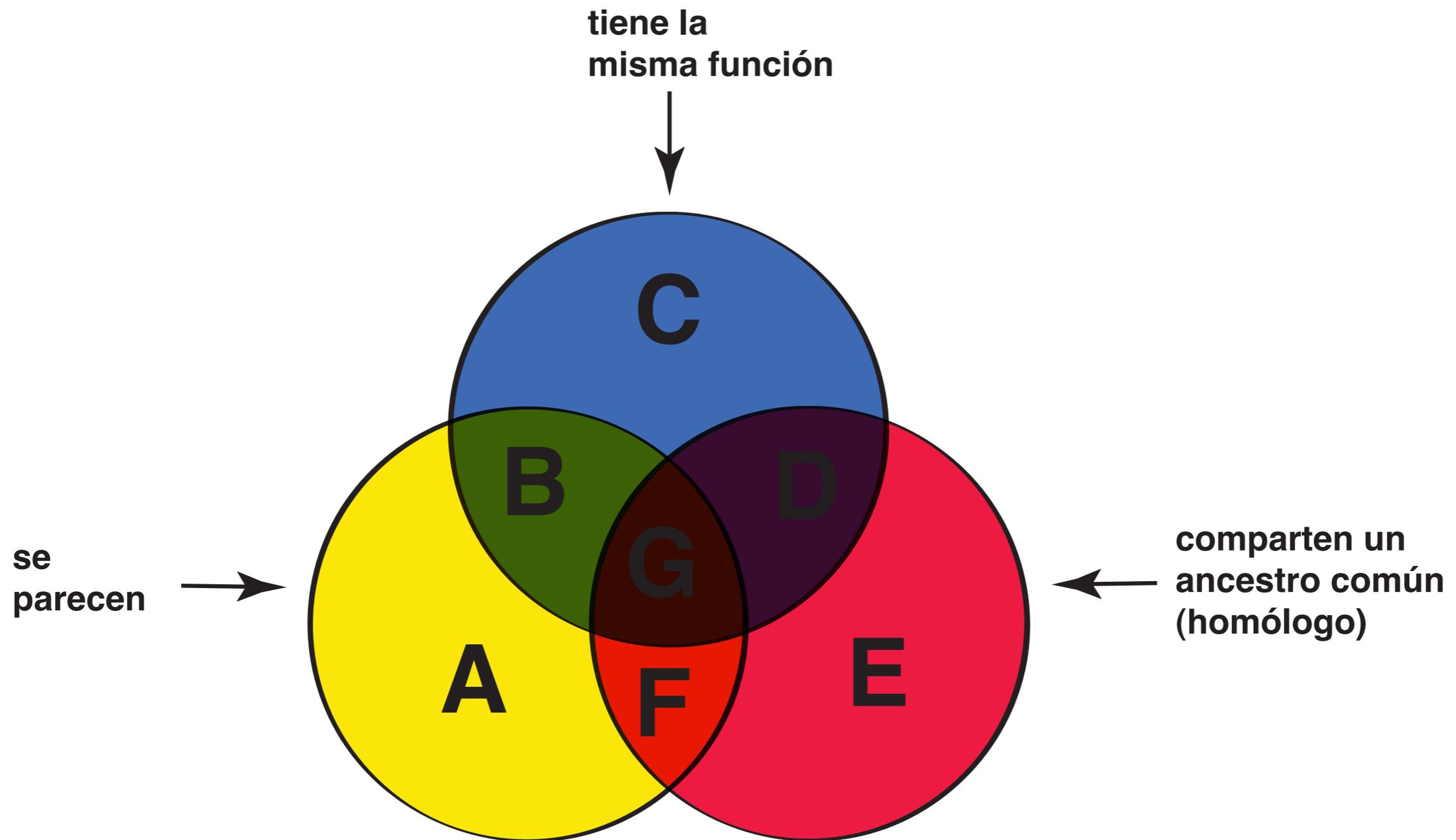
homólogo y análogo

Richard Owen (1804-1892) definió el término homología en 1843 refiriéndose a “el mismo órgano en diferentes animales considerando cada variedad de forma y función”.

homología: similitud heredada de un ancestro común.

analogía: similitud causada por evolución convergente

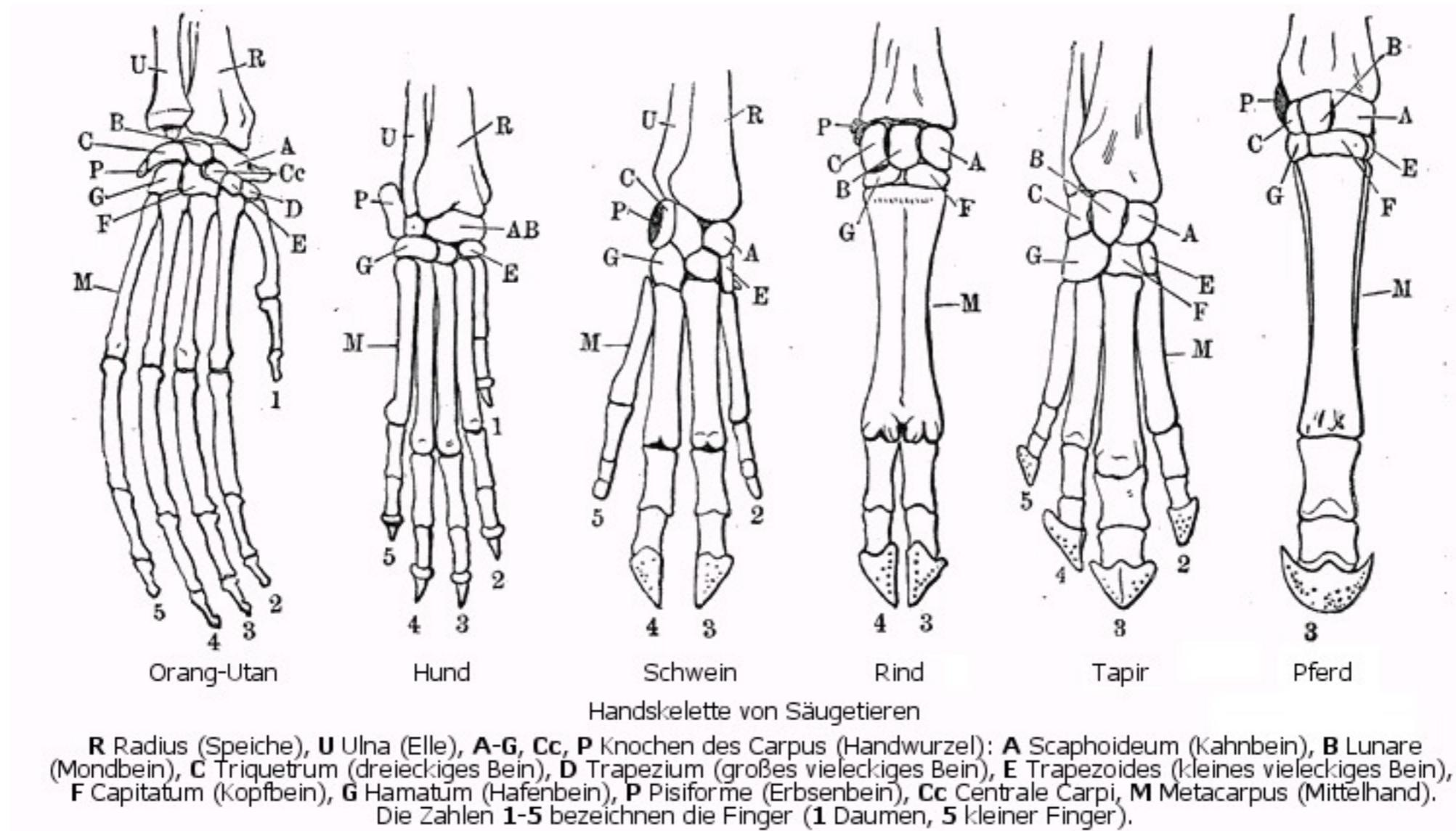




- A) estructuras similares, no tienen la misma función y no comparten el mismo ancestro común**
- B) estructuras similares, tienen la misma función y no comparten el mismo ancestro común**
- C) estructuras dísimiles, tienen la misma función y no comparten el mismo ancestro común**
- D) estructuras dísimiles, tienen la misma función y comparten el mismo ancestro común**
- E) estructuras dísimiles, no tienen la misma función y comparten el mismo ancestro común**
- F) estructuras similares, no tienen la misma función y comparten el mismo ancestro común**
- G) estructuras similares, tienen la misma función y comparten el mismo ancestro común**

terminología

ejemplos de homologías



terminología

ejemplos de homologías

```

AAB24882      TYHMCQFHCRYVNNHSGEKLYECNERSKAFSCPSHLQCHKRRQIGEKTHEHNQCGKAFPT 60
AAB24881      -----YECNQC GKAF AQHSSLKCHYRTHIGEKPYECNQC GKAFSK 40
              ****: .***: * *:** * :****. :* *****..

AAB24882      PSHLQYHERTHTGKPYECHQCGQAFKKCSLLQRHKRTHTGKPYE-CNQC GKAF AQ- 116
AAB24881      HSHLQCHKRTHTGKPYECNQC GKAF SQHGLLQRHKRTHTGKPYMNVINMVKPLHNS 98
              **** * :*****:****:**. : .*****: *.: :

```

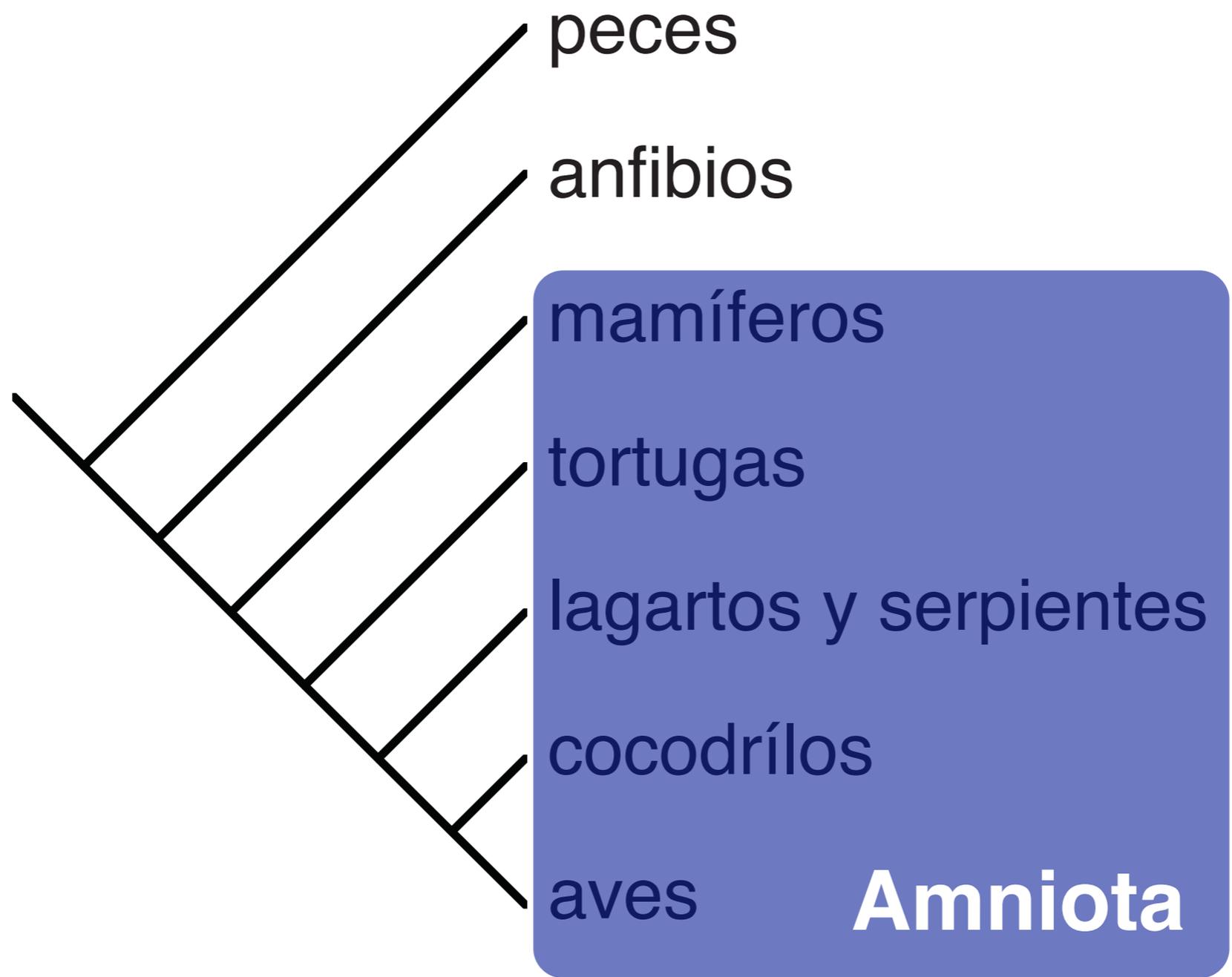
alineamiento de dos secuencias de proteínas

terminología

clado

Es un término usado en taxonomía alfa (i.e. la clasificación científica de los organismos vivos, incluidos fósiles). Un clado define un **grupo monofilético**, el cual consiste del ancestro común y todos los descendientes.

Podemos decir entonces que un carácter homólogo nos define una rama en un árbol, cuando esto ocurre estos caracteres se denominan **sinapomorfias**.



terminología

grupo parafilético

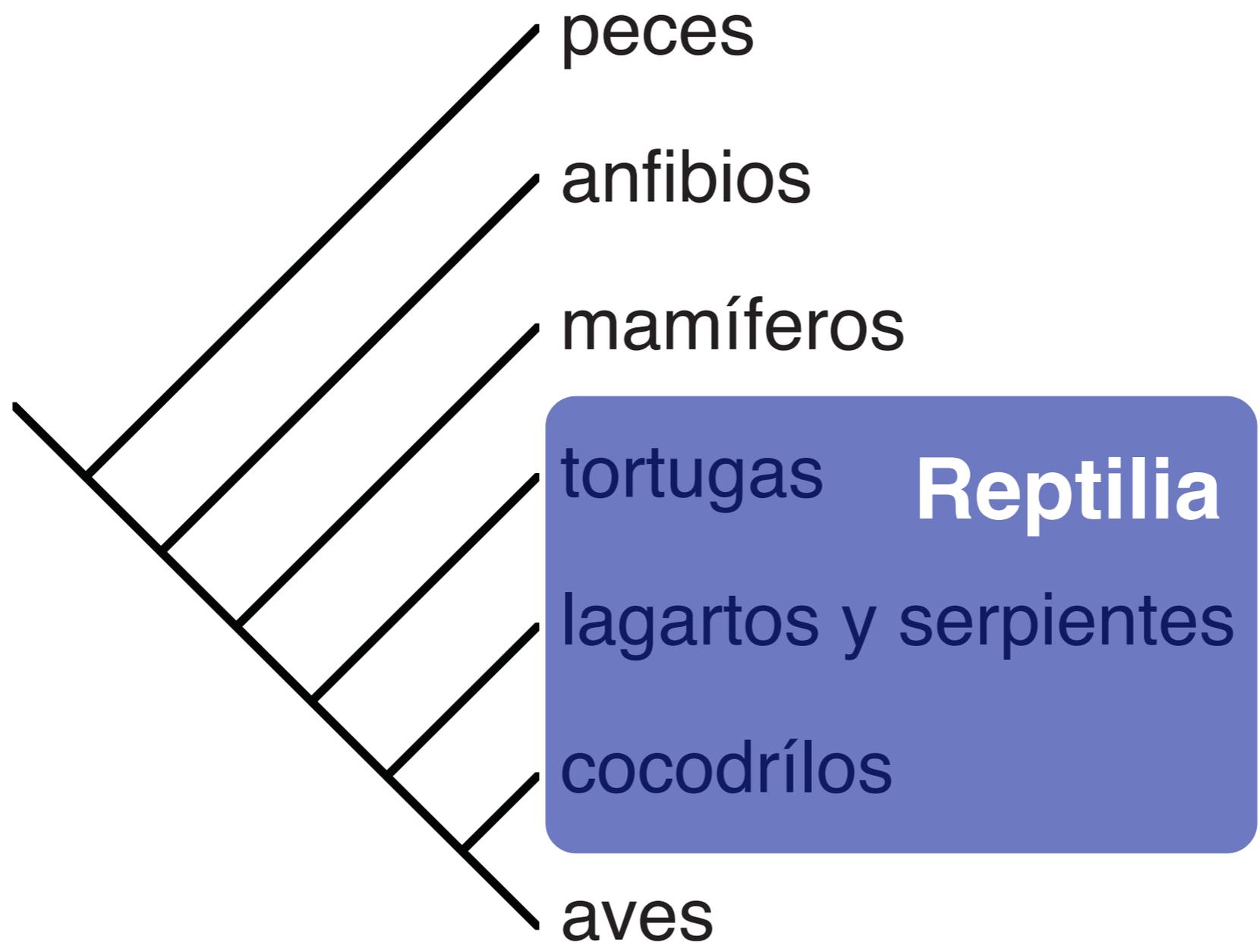
Es un grupo parafilético que excluye a algunos de sus descendientes (e.g. los reptiles excluyen a las aves).

Ocasionalmente algunos caracteres son interpretados erróneamente como apomorfias, esto es frecuente con los caracteres **plesiomorficos**, los cuales producen **grupos parafiléticos**.

En sentido muy general:

plesiomorfía = ancestral (e.g. escamas)

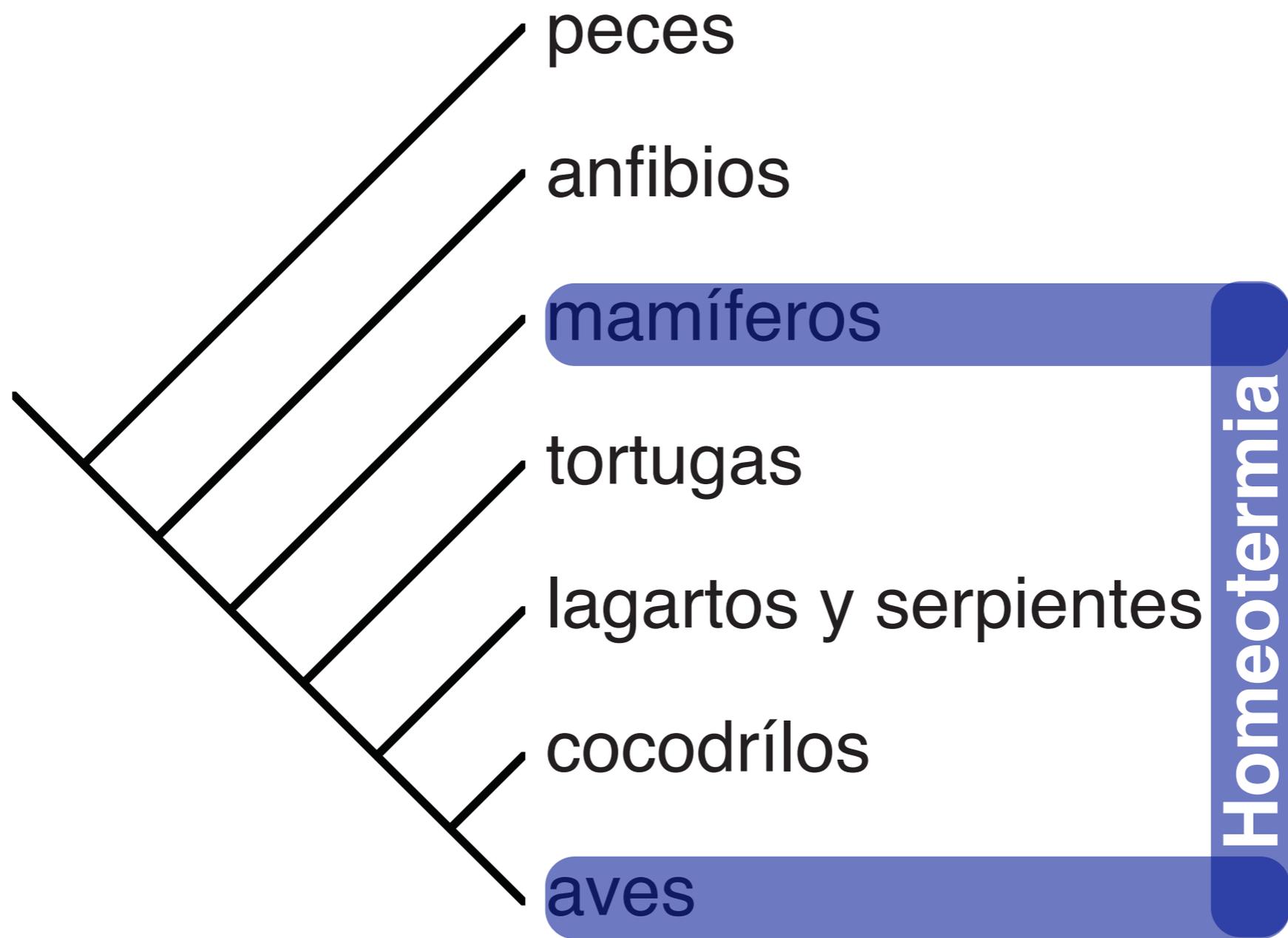
apomorfico = derivado (e.g. plumas)



terminología

Grupo polifilético

Es el formado por taxa que no comparten un ancestro común y que han sido agrupados por **homoplasia** (i.e. caracteres análogos).

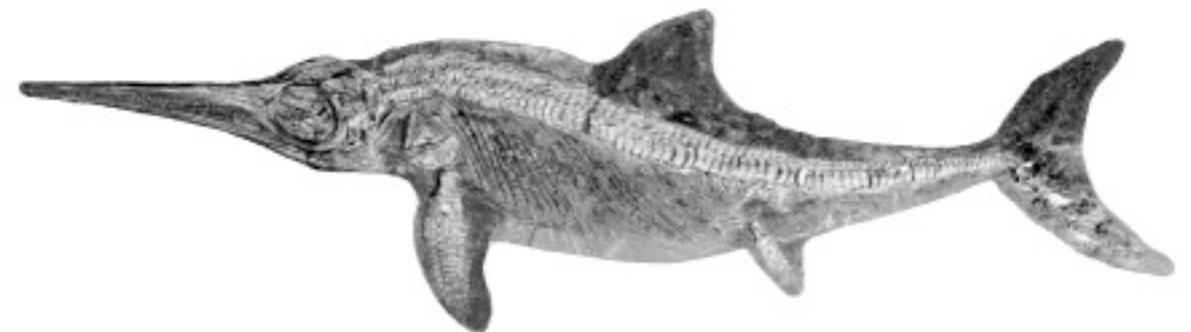
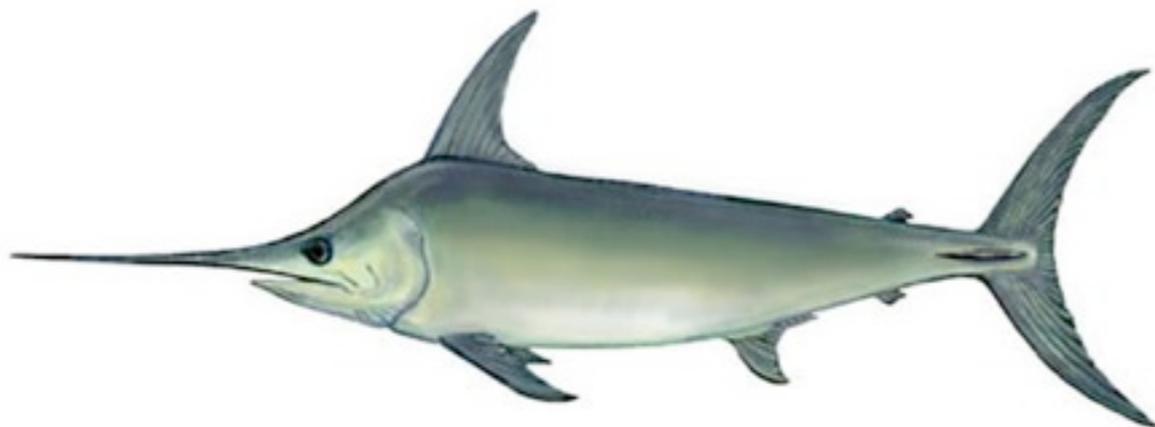


terminología

homoplasia

cuando especies no relacionadas adoptan una forma similar de vida, su anatomía termina pareciéndose, esto debido a evolución convergente.

Las características similares en este caso son análogas (i.e. homoplasia). Eg. el cuerpo del pez espada y el de los reptiles del Orden extinto Ichthyosauria)



construcción de árboles

pasos

1. Se seleccionan los taxa
2. Se seleccionan las características, y se crea una matriz.
3. Estos datos se analizan para reconstruir las relaciones de los taxa, (usualmente el resultado se expresa en forma de árbol)
4. El árbol se traduce a un sistema de clasificación formal con el fin de ser comunicado y utilizado en la comunidad científica.
5. El árbol se utiliza para predecir hipótesis de procesos evolutivos del grupo de estudio.

construcción de árboles

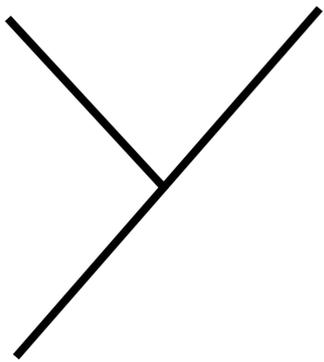
La matriz

	Tiburón	Rana	Canguro	Humano
1) Vertebras	1	0	0	0
2) 4 patas	1	1	0	0
3) Pelo	1	1	1	0
4) Placenta	1	1	1	1

argumentación de Hennig



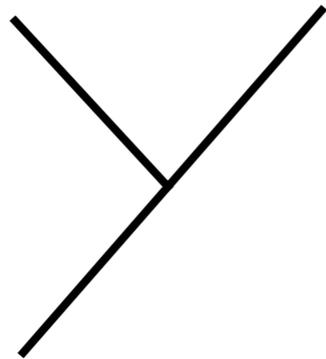
c, t, r, h



vértebras



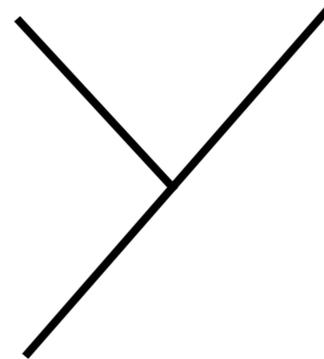
c, r, h



4 patas



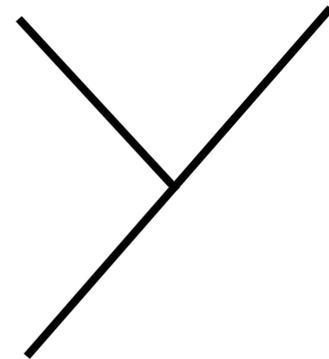
c, h



pelo



h



placenta

vértebras

4 patas

pelo

placenta

4 pasos



terminología

agrupamientos

Una especie o un clado es se dice que es basal a otro clado si presenta mas caracteres plesiomorficos

Un clado o una especie que esta dentro de otro clado se dice que está anidado dentro de ese clado.

criterios para construir los árboles

parsimonia cladística

en cladística es un criterio de selección donde se prefiere la hipótesis más simple (i.e. la que tenga el menor número de pasos). Este criterio es una implementación de la navaja de Occam.

otros criterios para construir los árboles

alternativas a la parsimonia

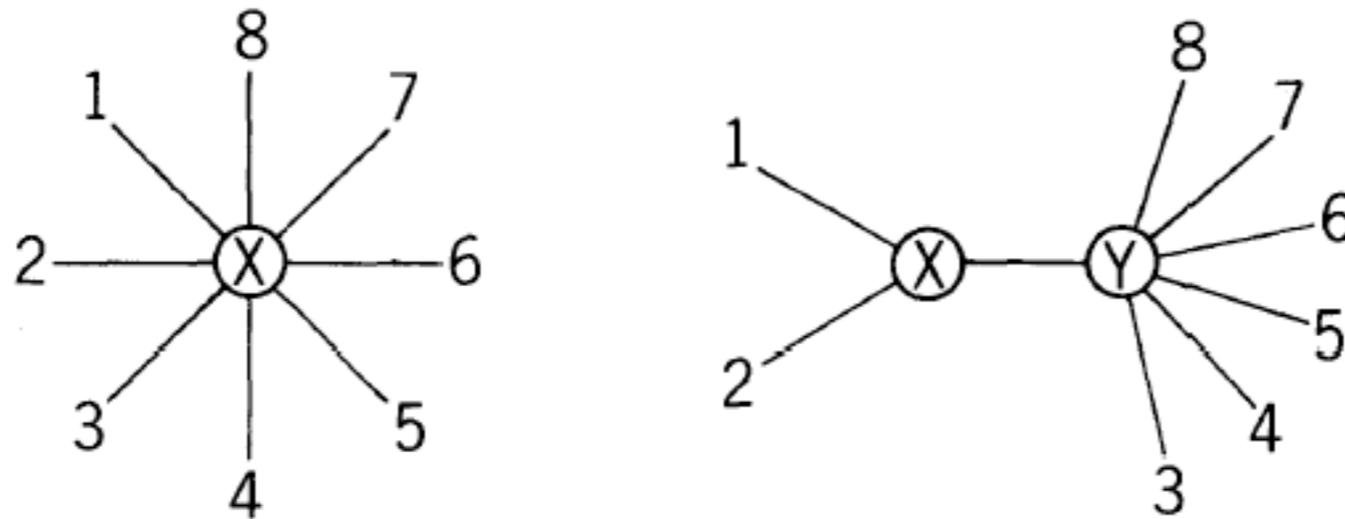
Analisis de distancia, fenética (e.g. UPGMA, Neighbor-Joining)

Maximum Likelihood

Inferencia bayesiana

otros criterios para construir los árboles

métodos de distancia, e.g. descomposición de la estrella



Algunas ventajas: Son métodos rápidos, proveen información de longitud de las ramas.

Algunas desventajas: No evalúa todas las alternativas, la longitud de las ramas son distancias en lugar de caracteres discretos.

otros criterios para construir los árboles

Maximum likelihood

(ML) es un método estadístico usado para ajustar un modelo matemático a los datos. Encuentra el árbol que tiene la mayor probabilidad de generar los datos observados (i.e. la matriz) dado un modelo específico. En este caso no necesariamente la solución mas corta.

Este método fué introducido por el genetista y estadístico Sir R. A. Fisher.

ventajas y desventajas: el efecto de las ramas de longitud desigual es menor, presenta un modelo de evolución molecular, requiere mucho poder computacional, impractico en set de datos grandes, si el modelo esta mal, esto afecta los resultados.

Medidas para evaluar los árboles

Longitud del árbol

Indíces de consistencia y retención

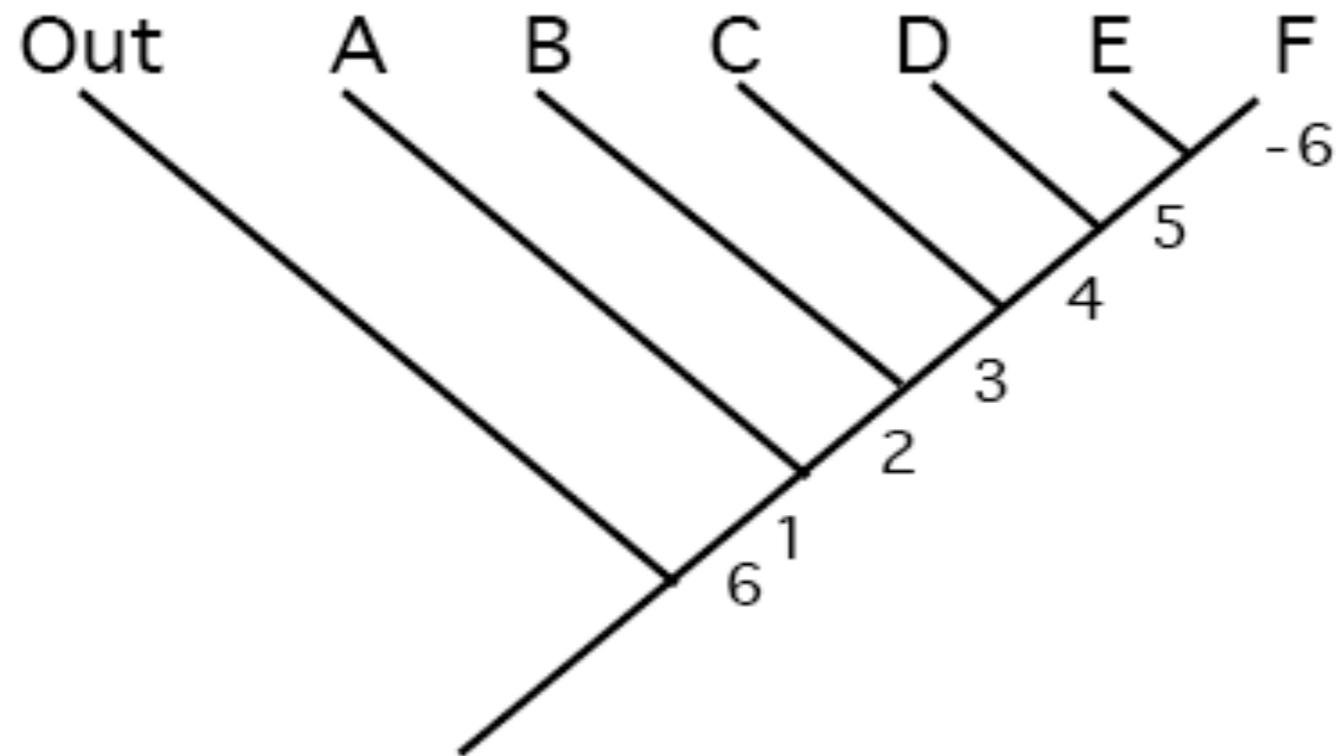
Decay index/ Soporte de Bremer

Bootstrapping

Jackknifing

Medidas para evaluar los árboles

longitud del arbol



7 pasos

Medidas para evaluar los árboles

Indíces de consistencia (CI) y de retención (RI)

CI = Es la cantidad relativa de homoplásia y se mide en forma de índice

RI = la cantidad de sinapomorfias esperadas de los datos que son retenidas en árbol.

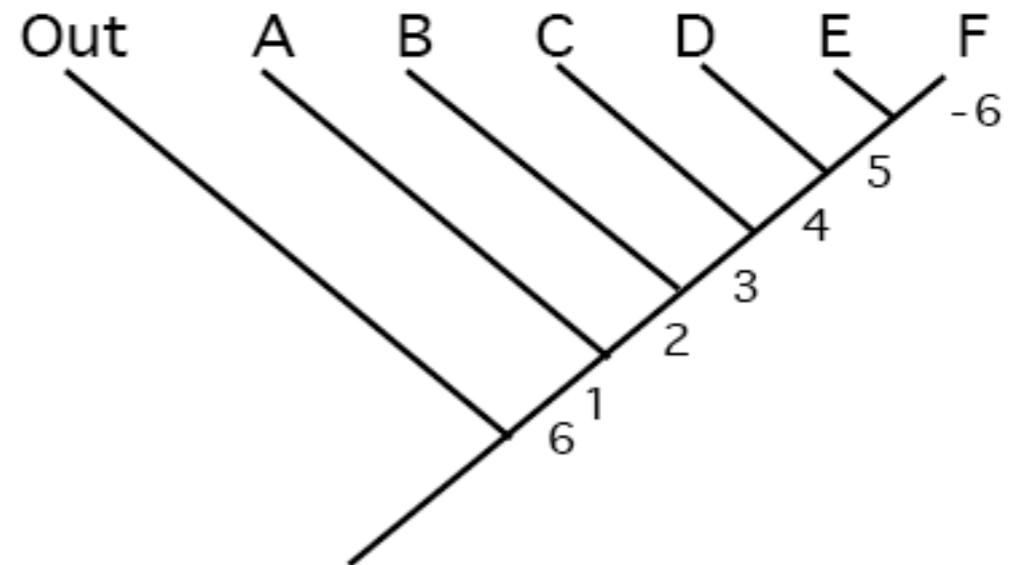
Medidas para evaluar los árboles

ejemplo del índice de consistencia (CI)

$$CI = \frac{\text{numero total de cambios en estados de caracter esperados}}{\text{numero pasos del arbol}} \times 100$$

Cambios en los datos

	1	2	3	4	5	6	
Outgroup	0	0	0	0	0	0	0 --> 1
Taxa A	1	0	0	0	0	1	0 --> 1
Taxa B	1	1	0	0	0	1	0 --> 1
Taxa C	1	1	1	0	0	1	0 --> 1
Taxa D	1	1	1	1	0	1	0 --> 1
Taxa E	1	1	1	1	1	1	0 --> 1
Taxa F	1	1	1	1	1	0	0 --> 1



numero total de cambios en estados de caracter esperados = 6

<u>Taxa</u>	<u>Caracteres</u>									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
A	C	G	A	A	G	C	A	C	T	T
B	C	G	A	A	C	C	G	G	T	T
C	G	G	T	A	C	C	G	G	A	T
D	G	C	T	A	G	C	G	C	A	T

original

Medidas para evaluar los árboles

Bootstrapping

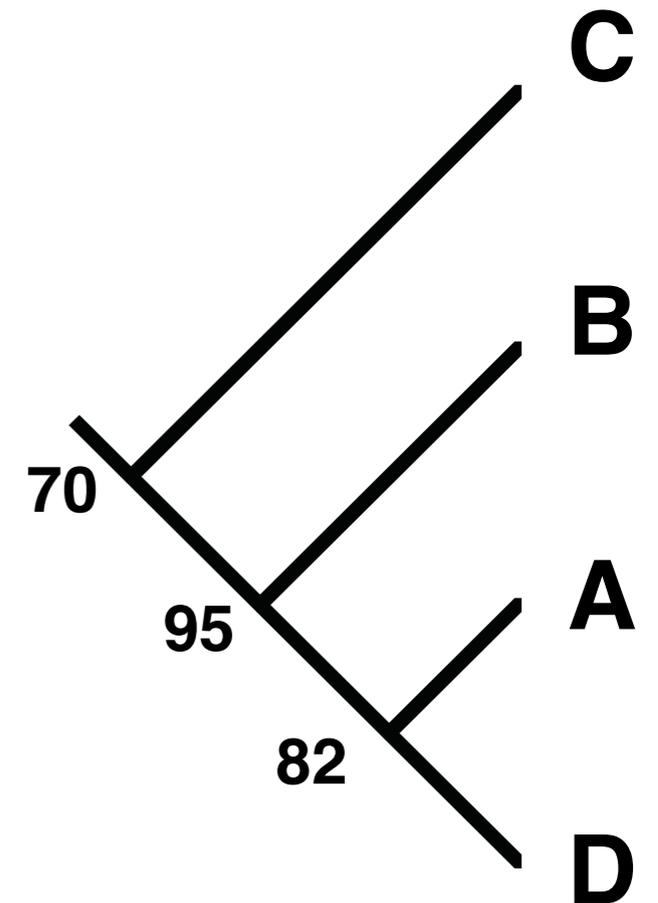
re-muestreo con reemplazo

<u>Taxa</u>	<u>Caracteres</u>									
	8	10	7	4	1	10	2	8	5	3
A	C	T	A	A	C	T	G	C	C	A
B	G	T	G	A	C	T	G	G	C	A
C	G	T	G	A	G	T	G	G	C	T
D	C	T	G	A	G	T	C	C	G	T

replica 1

<u>Taxa</u>	<u>Caracteres</u>									
	1	8	10	4	2	9	2	8	5	6
A	C	C	T	A	G	T	G	C	C	C
B	C	G	T	A	G	T	G	G	C	C
C	G	G	T	A	G	A	G	G	C	C
D	G	C	T	A	C	A	C	C	G	C

replica 2



<u>Taxa</u>	<u>Caracteres</u>									
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
A	C	G	A	A	G	C	A	C	T	T
B	C	G	A	A	C	C	G	G	T	T
C	G	G	T	A	C	C	G	G	A	T
D	G	C	T	A	G	C	G	C	A	T

original

Medidas para evaluar los árboles

Jakknifing

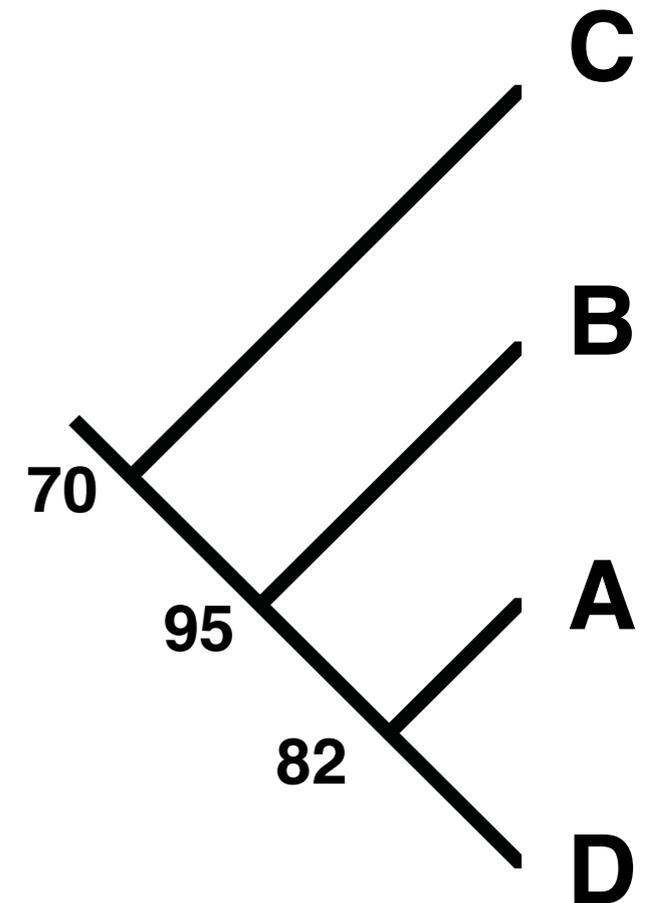
re-muestreo sin remplazo

<u>Taxa</u>	<u>Caracteres</u>									
	8	7	4	1	10	2	5	3		
A	C	T	A	A	C	T	G	(:	A
B	G	T	G	A	C	T	G	(:	A
C	G	T	G	A	G	T	G	(:	T
D	C	T	G	A	G	T	C	(:	T

replica 1

<u>Taxa</u>	<u>Caracteres</u>									
	1	8	10	4	2	9	5	6		
A	C	C	T	A	G	T				
B	C	G	T	A	G	T				
C	G	G	T	A	G	A				
D	G	C	T	A	C	A				

replica 2



Sistemática y taxonomía

Taxonomía es la teoría y práctica de la clasificación. La palabra viene de la raíz griega **τάξις**, taxis (i.e. orden, organización) y **νόμος**, nomos (ciencia). La taxonomía usa unidades taxónomicas conocidas como taxa (singular taxon).

En biología el sistema más utilizado es el de Linneano, el cual utiliza varios rangos:

Reino--> Phylum --> Clase -->
Orden --> Familia --> Especie.



Otras aplicaciones de cladística

no biológicas

Los métodos son aplicables a cualquier clase de reconstrucciones históricas empíricas. Se habían desarrollado métodos similares en lingüística y análisis de textos (stemmatica)

En todos esos sistemas se evalúa la divergencia evolutiva en el tiempo, y también encuentran problemas de homología de las características usadas para reconstruir la historia.

