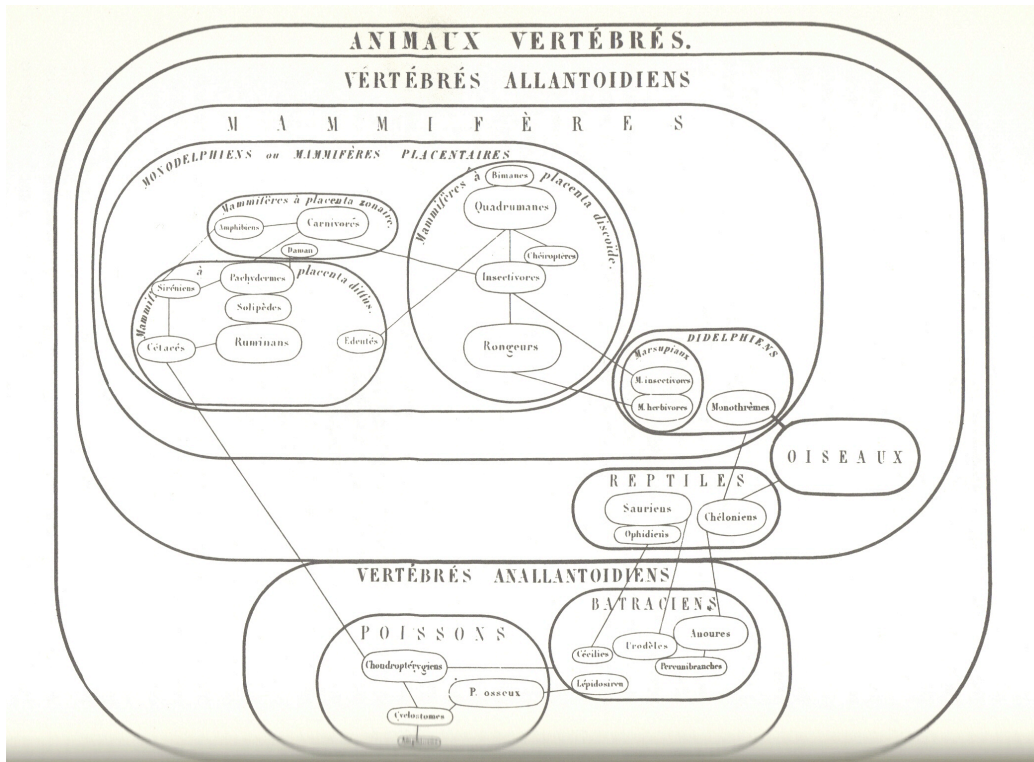


Glosario de Cladística: Introducción a la sistemática filogenética

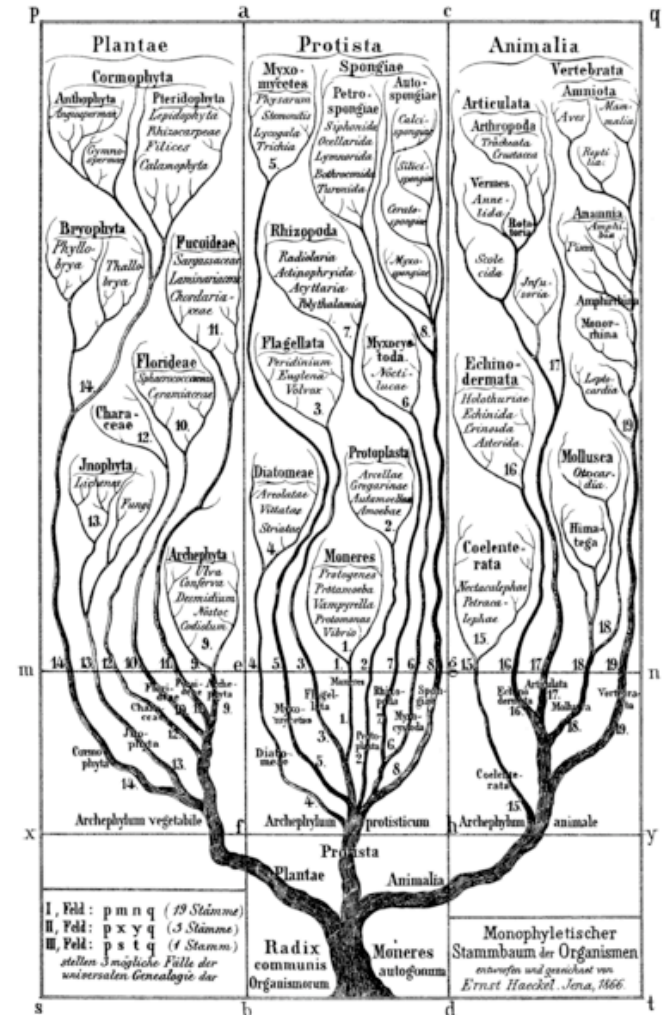
Alexander Vargas

Laboratorio de Ontogenia y Filogenia

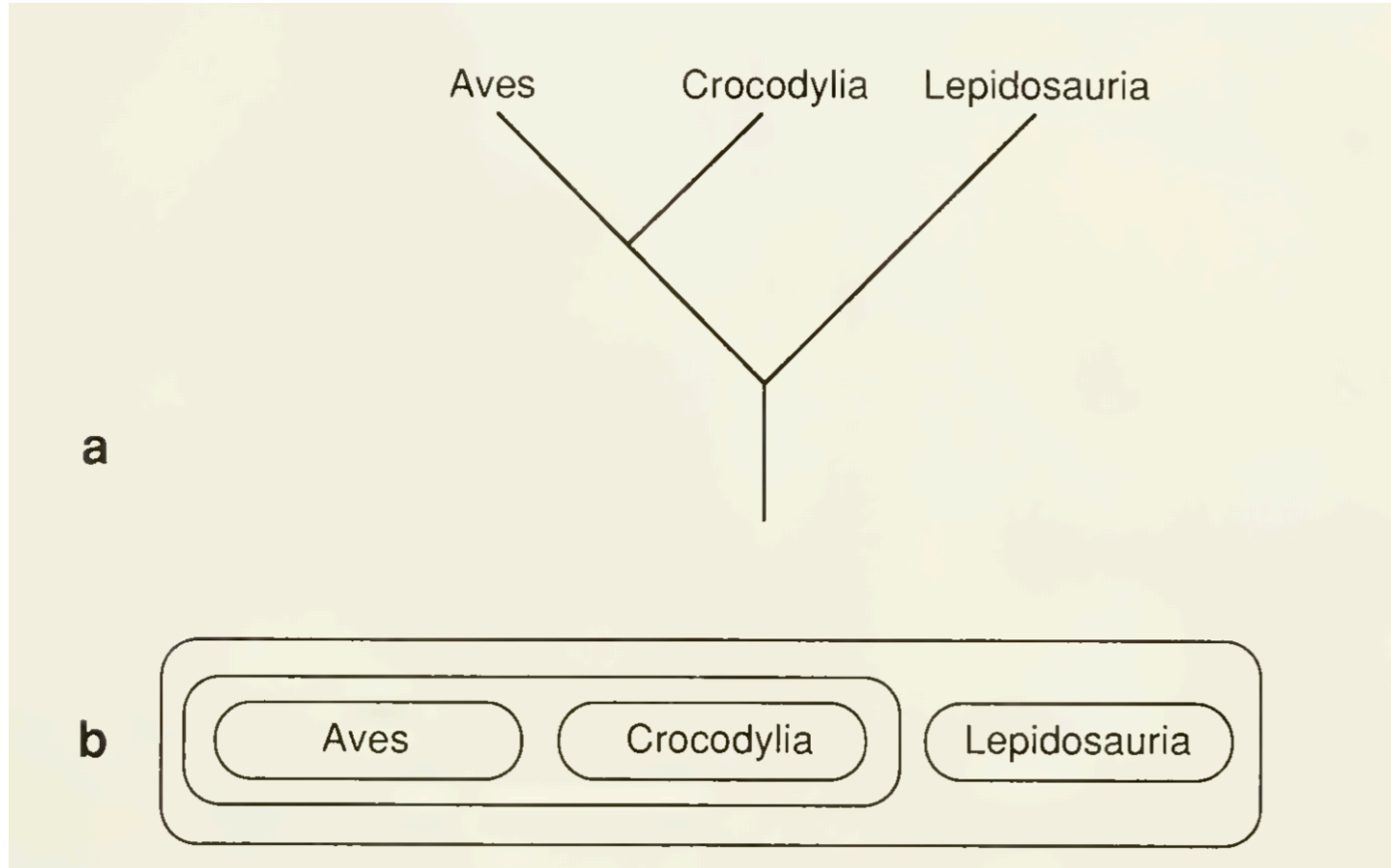
Taxonomía:
 Clasificación, nomenclatura
 de los seres vivos.
 Reglas arbitrarias de
 nomenclatura, agrupación



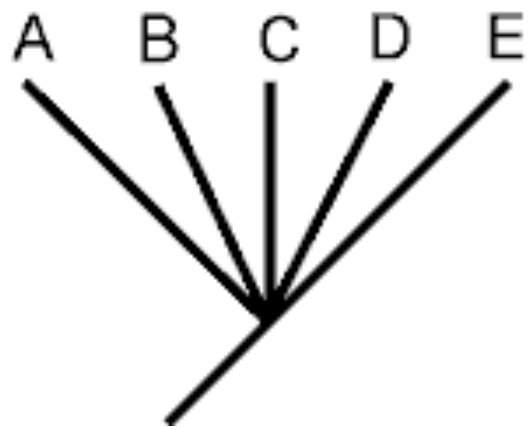
Sistemática filogenética:
 Metodología de reconstrucción del
 parentesco. **Grupos naturales.**



Entre 3 o más taxa, siempre es posible preguntar: Cuáles comparten un ancestro en común más reciente?

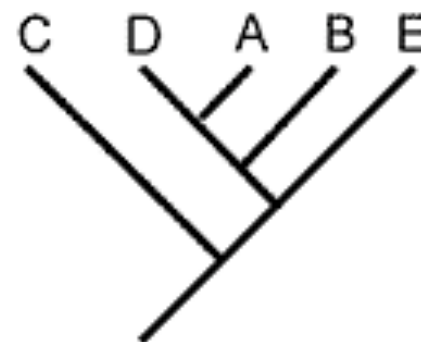
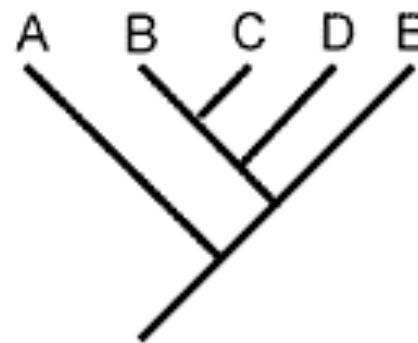
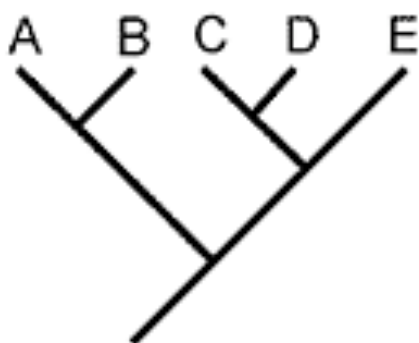
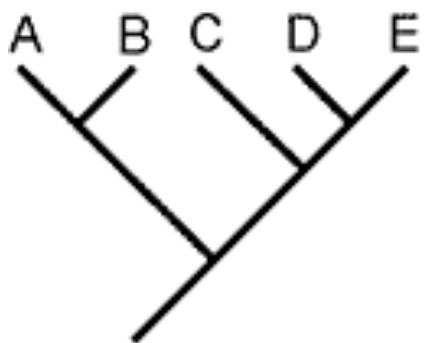


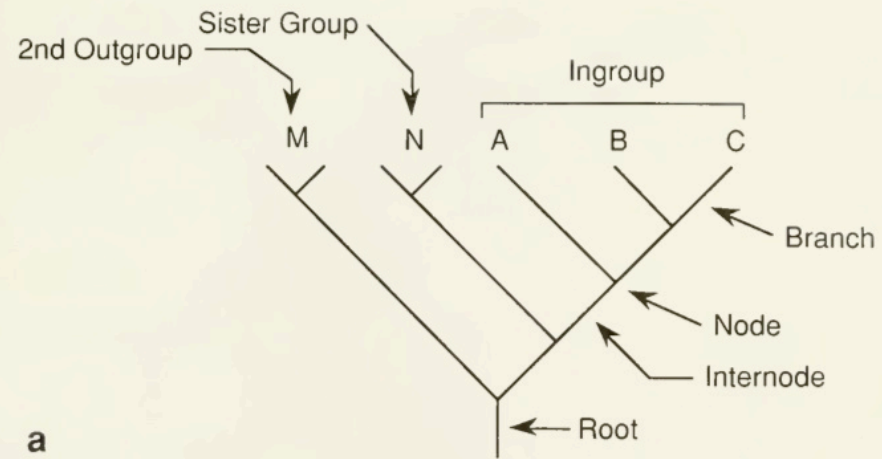
Aves y Crocodylia comparten un ancestro en común más reciente entre sí que el que cualquiera de los dos comparte con Lepidosauria (lagartijas)



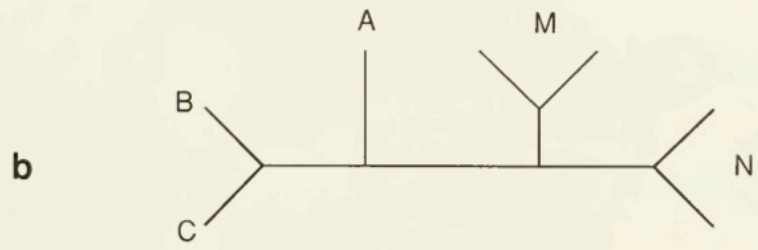
Politomía: representa relaciones sin resolver.

Abajo figuran algunas posibles soluciones





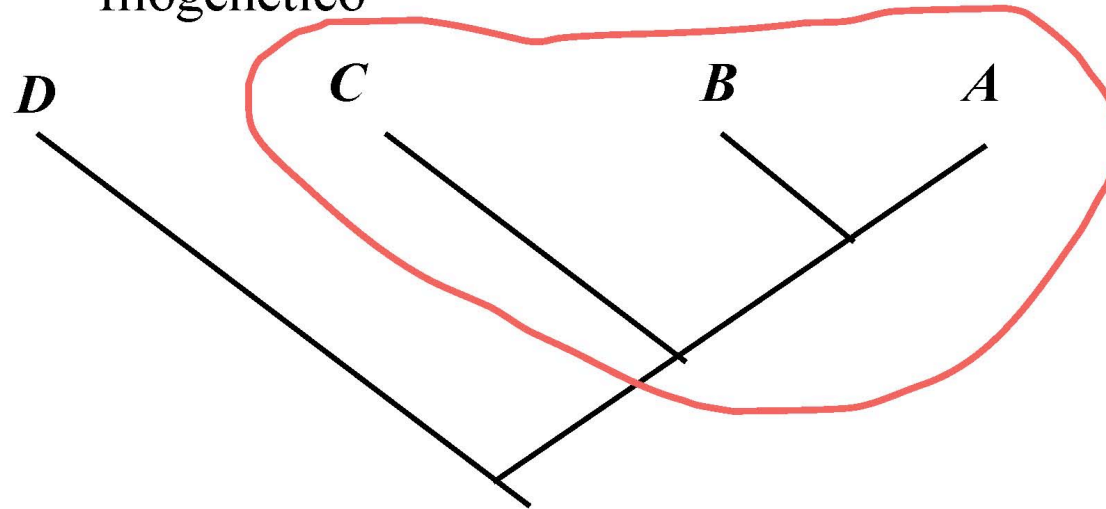
a



b

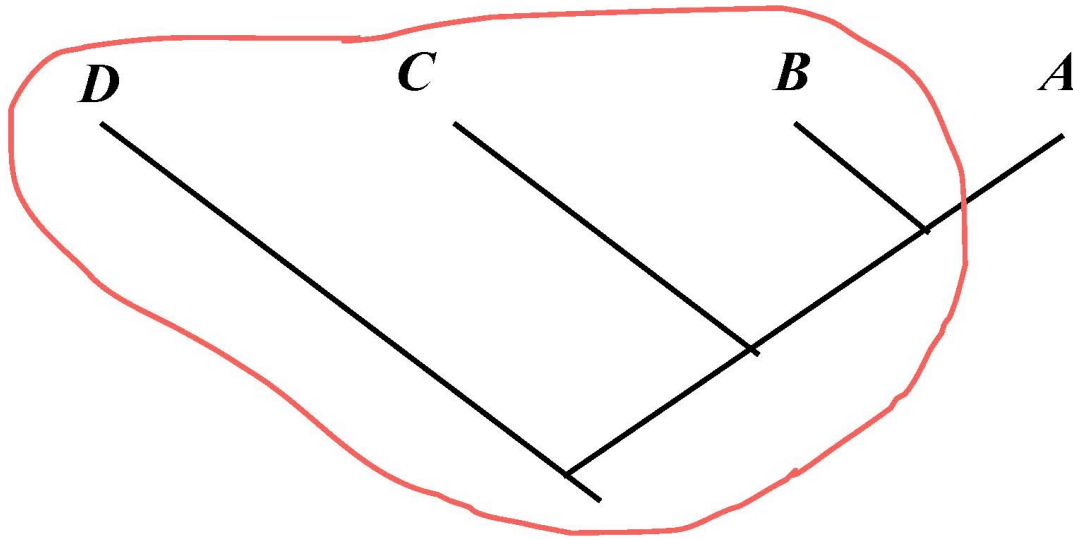
Fig. 1.2.—A rooted (a) and unrooted (b) tree for the group ABC and two of its outgroups, N (the sister group) and M.

- **Grupo Monofilético** (“rama única”): todos los descendientes de un ancestro común.
 - o El ancestro común más reciente de los miembros de un grupo monofilético es también un miembro de aquel grupo
 - o Representa una rama completa del árbol filogenético



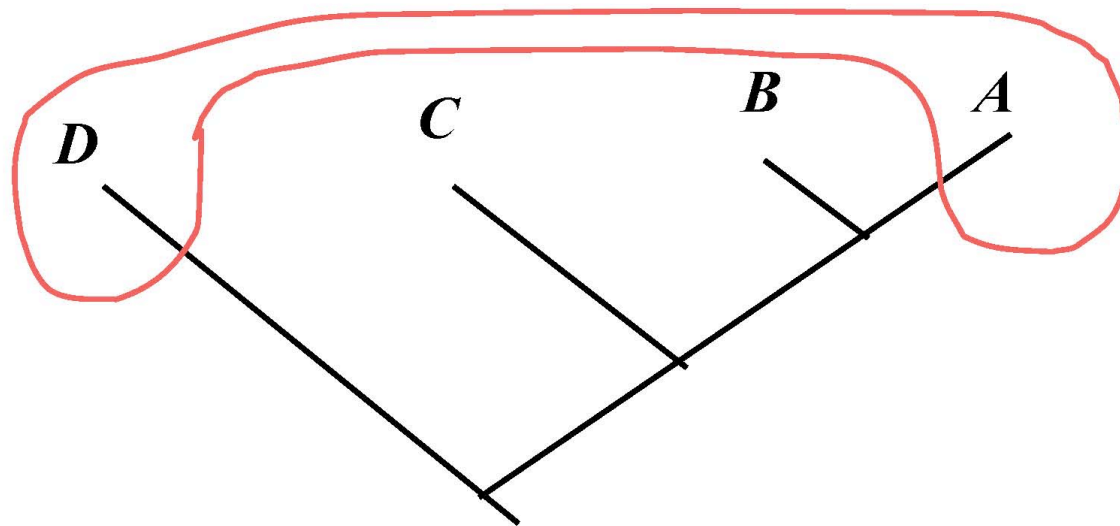
Los grupos monofiléticos son “grupos naturales”

- **Grupo Parafilético** (“casi una rama”): Algunos, pero no todos, los descendientes de un ancestro en común
 - o El ancestro en común más reciente de un grupo parafilético es también un miembro de aquel grupo
 - o Representa una rama del árbol filogenético con algunos brotes y ramitas podados



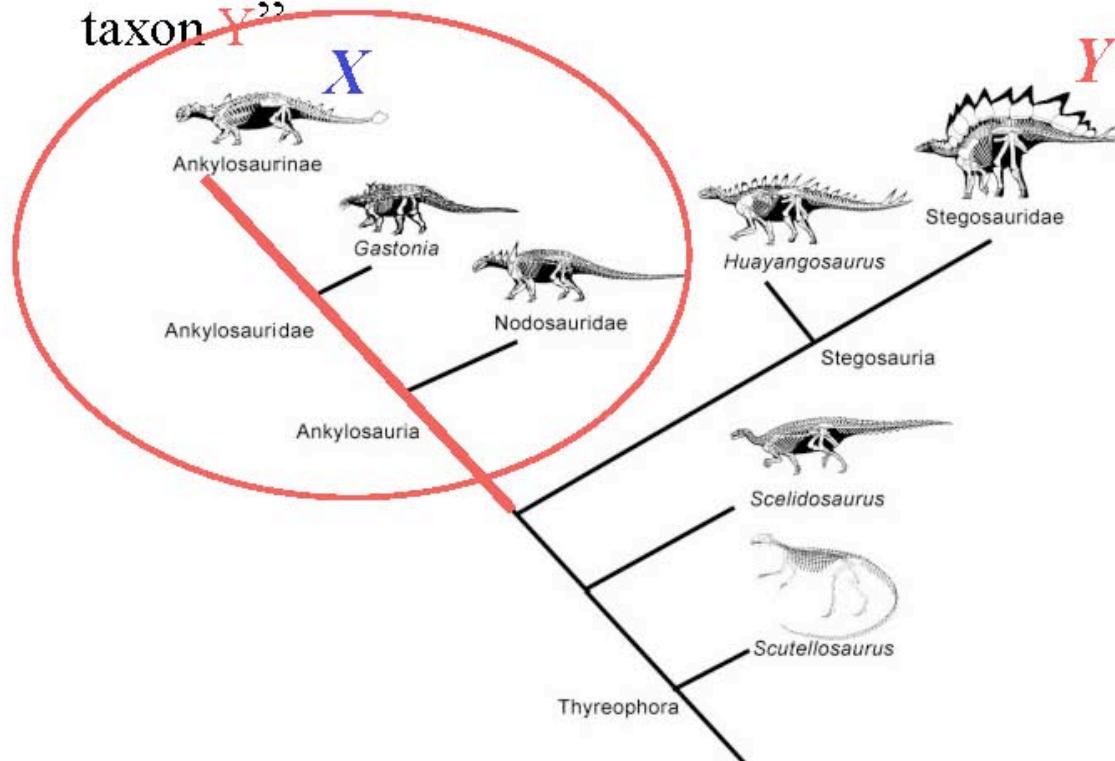
Ej. “Peces” incluye a los peces pulmonados pero excluye a sus descendientes tetrápodos

- **Grupo Polifilético** ("muchas ramas"): grupo compuesto por taxones que no comparten un ancestro en común más reciente que también pertenezca al grupo
 - o El ancestro en común más reciente de un grupo polifilético **no** es un miembro de aquel grupo
 - o Representa dos o más ramas separadas del árbol de la vida



Ej. Paquidermos incluye a rinocerontes e hipopotamos pero excluye cerdos y camellos (A es hipopotamo, B es cerdo, C es camello y D es rinoceronte).

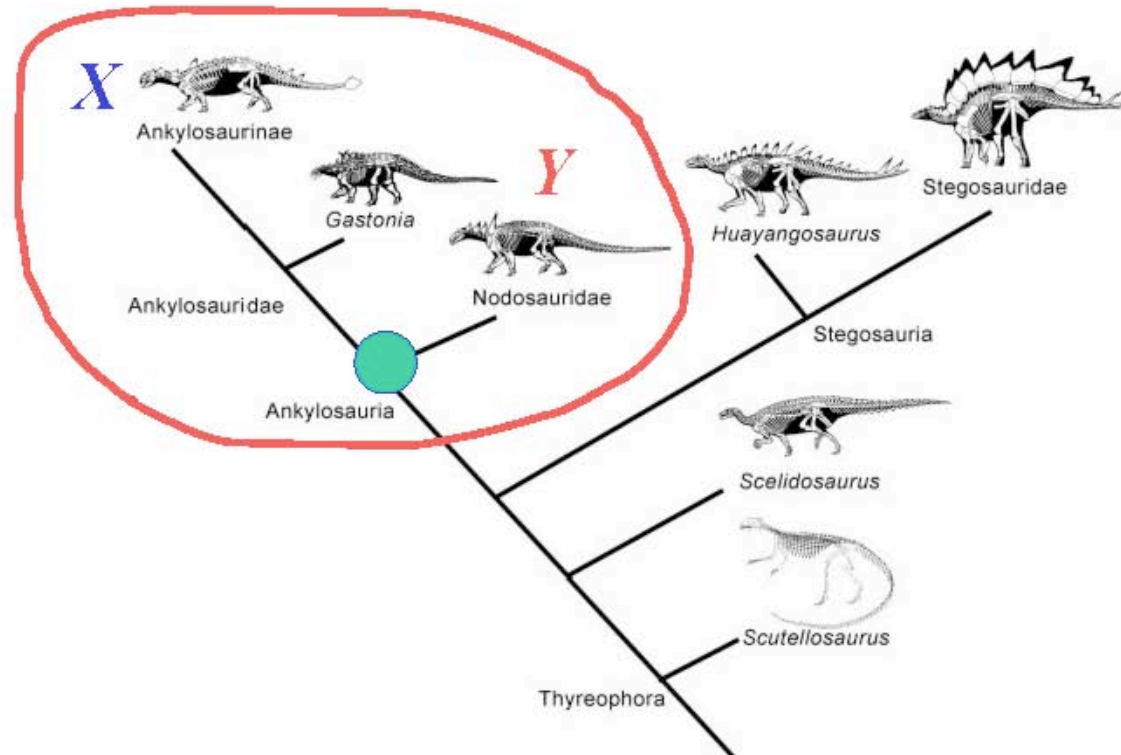
- Taxón basado en rama (stem-based taxon) -
 “Taxon X y todos los organismos que comparten una ancestro en común más reciente que con el taxon Y”



Ej. Los protostomos son todos los bilaterales que comparten un ancestro en común más reciente con una mosca que con ser humano

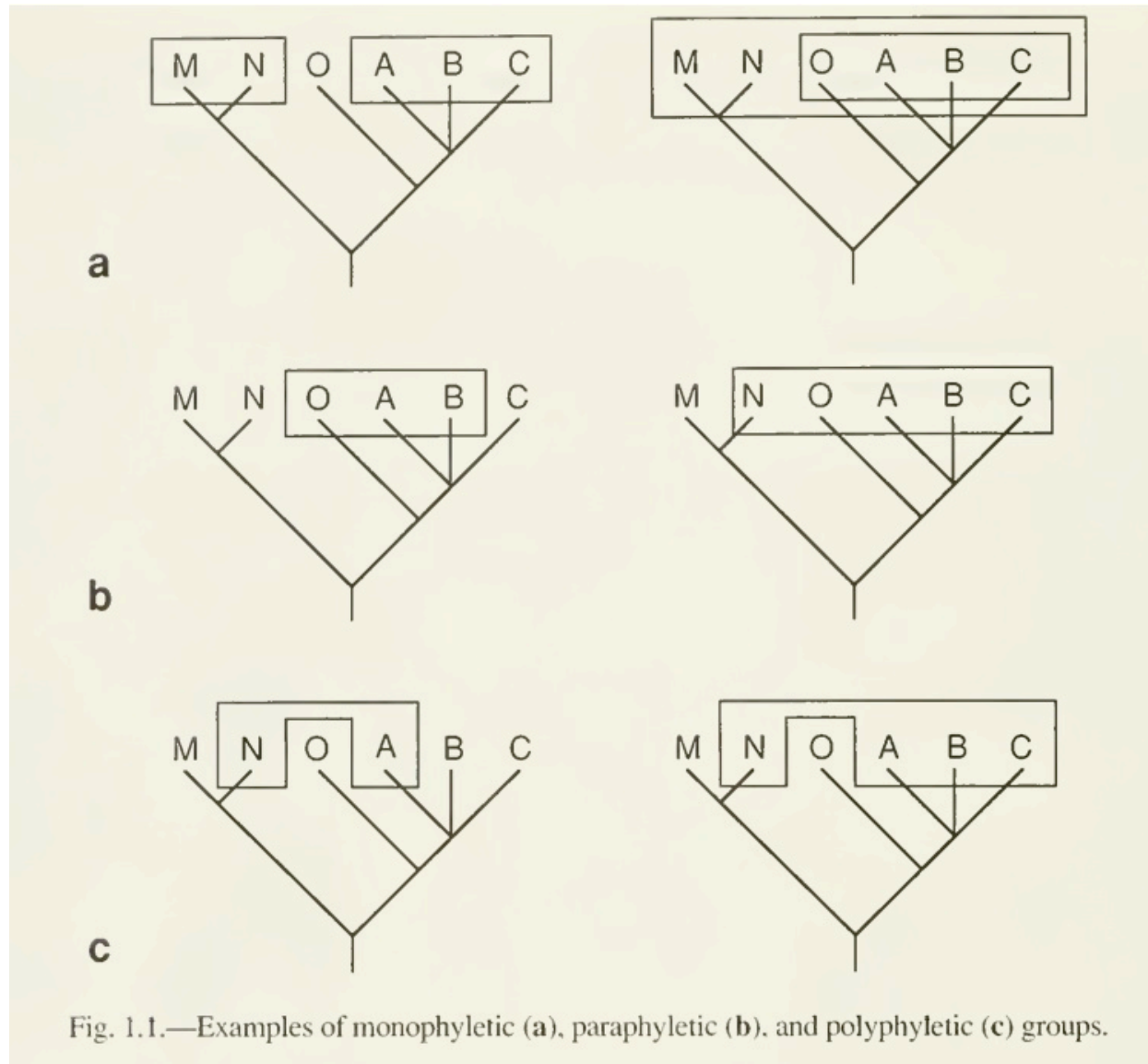
(nota para profesor: detenerse un poco en las ventajas para la designación de formas fósiles...el “primer” vertebrado, por ejemplo)

- Taxón basado en nodo (Node-based taxon)- “El ancestro en común más reciente de los taxones X e Y, y todos los descendientes de aquel ancestro”



Ej. Bilaterales: El ancestro en común más reciente de una mosca y un ser humano, y todos los descendientes de aquel ancestro

(nota para el profesor: detenerse en la utilidad para designar grupos corona o “verdaderos” ej eutetrapodos, neornithes)



Series de transformación: Noción de un caracter comparables y diferentes estados del caracter

Pueden estar polarizados o no polarizados

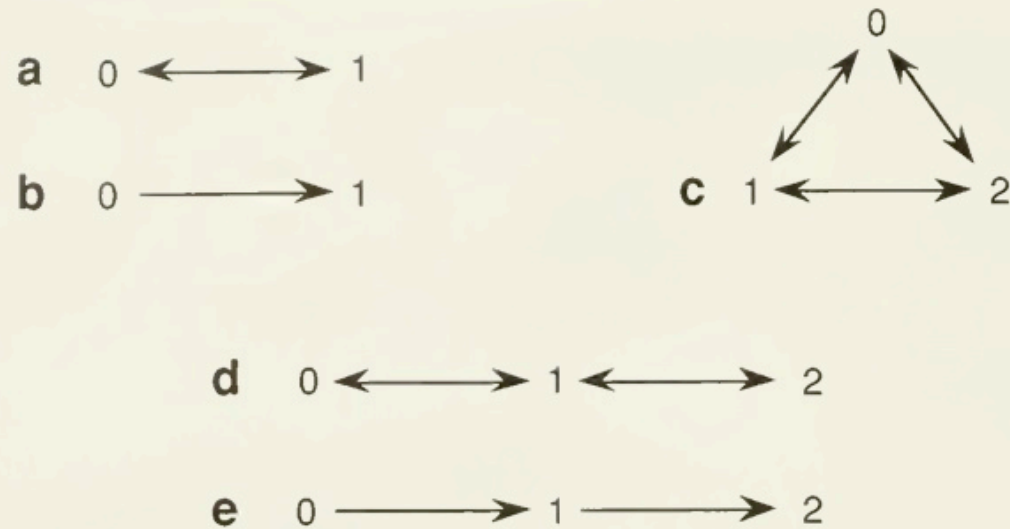
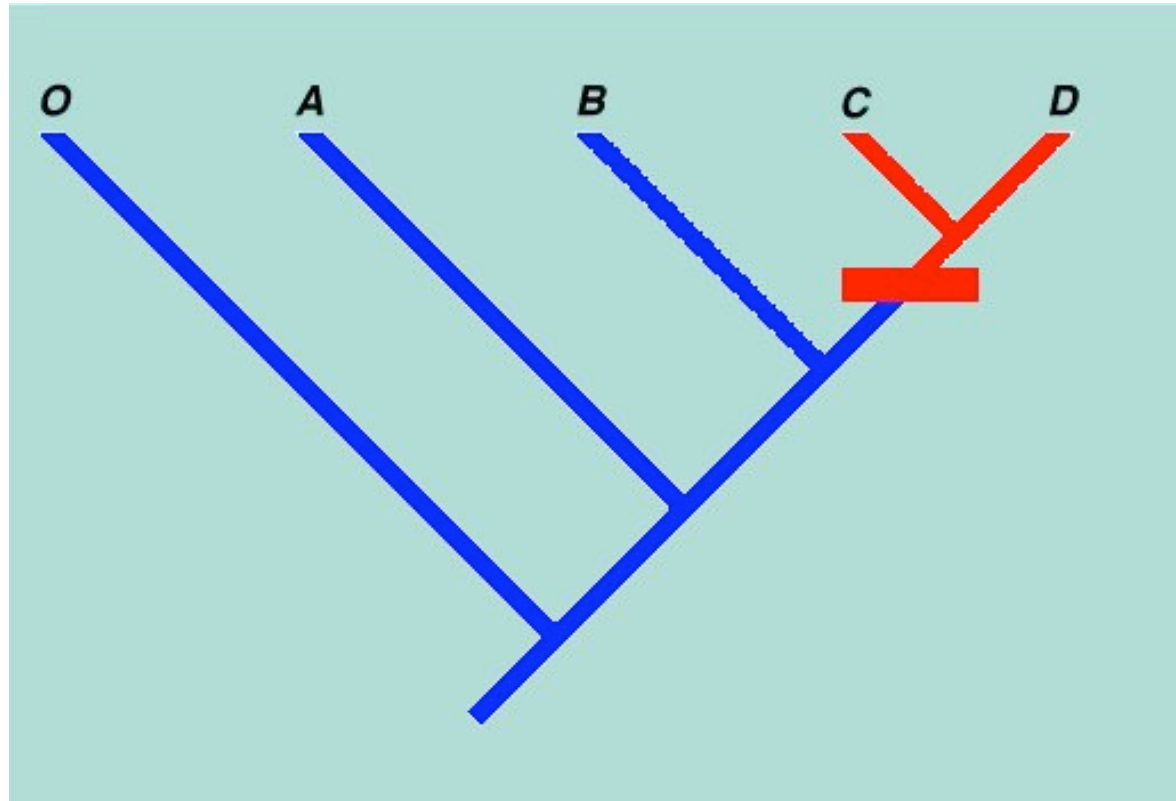


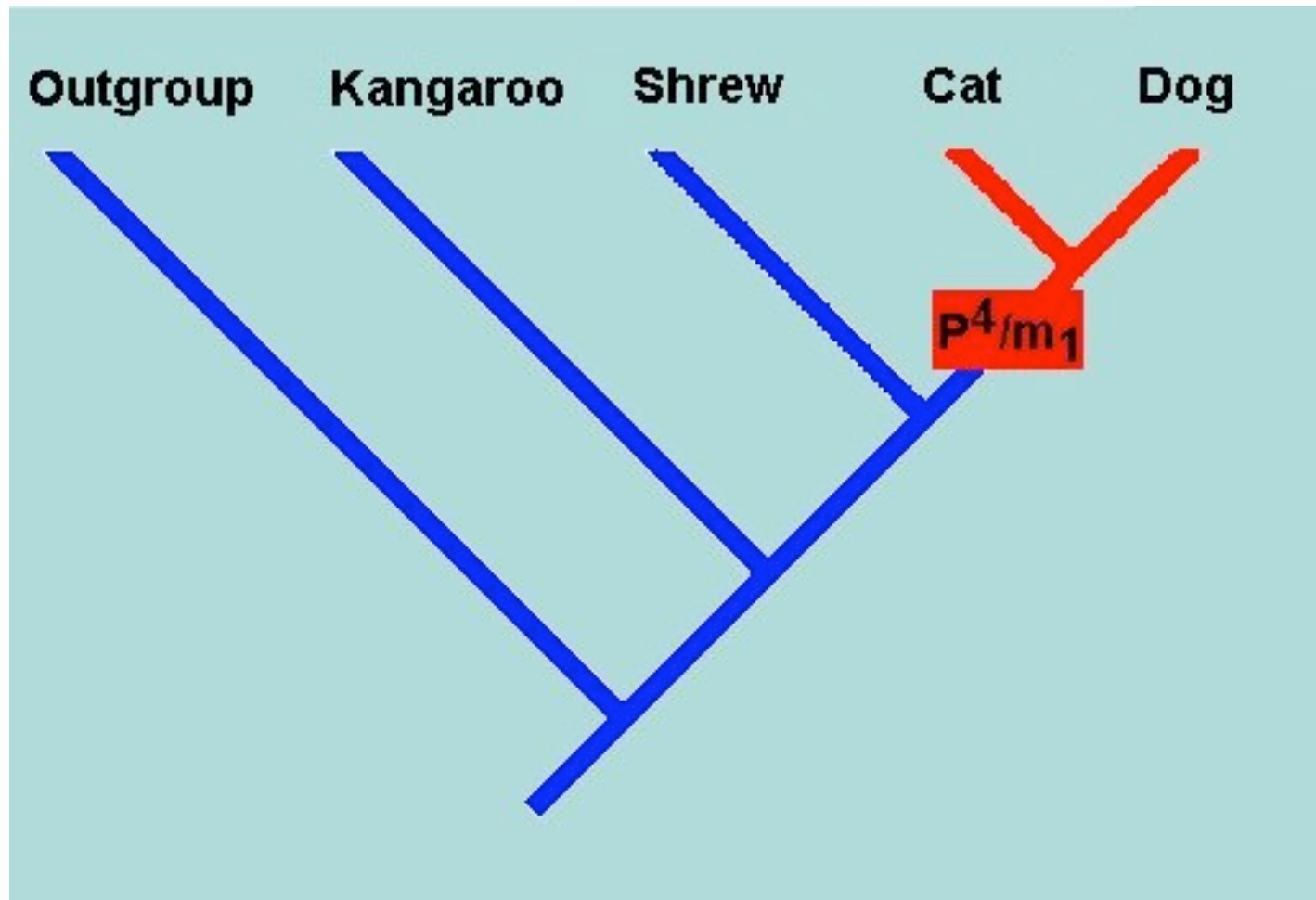
Fig. 1.4.—Characters. **a.** Unpolarized binary characters. **b.** Polarized binary characters. **c.** An unordered transformation series of three characters. **d.** The same transformation series ordered but not polarized. **e.** The same transformation series ordered and polarized.

Apomorfía: Carácter derivado de un estado ancestral. Por ejemplo, la presencia de alas en los insectos es apomorfo ya que deriva de un estado anterior sin alas.

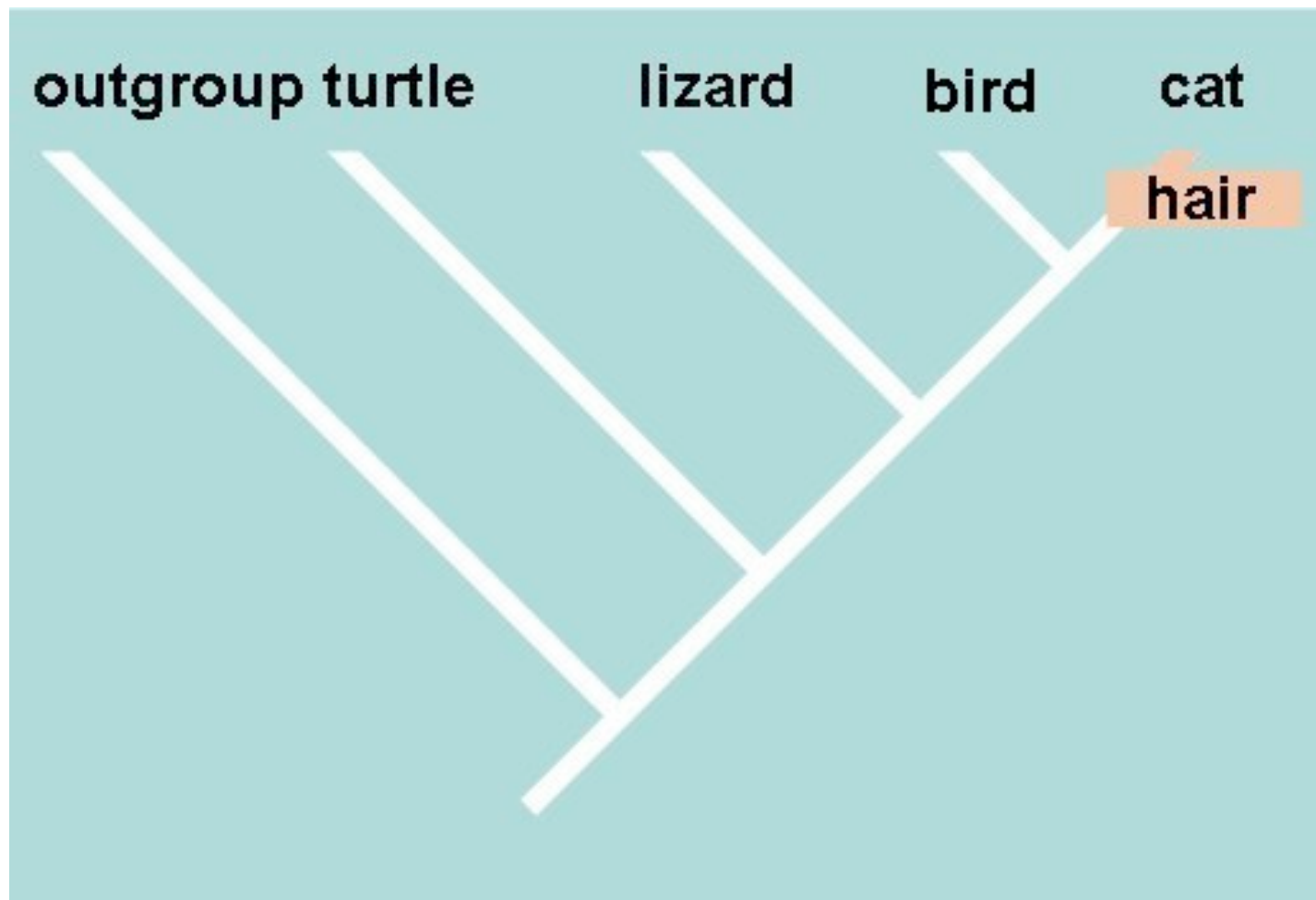
Plesiomorfía: Estado primitivo (ancestral) de un carácter.



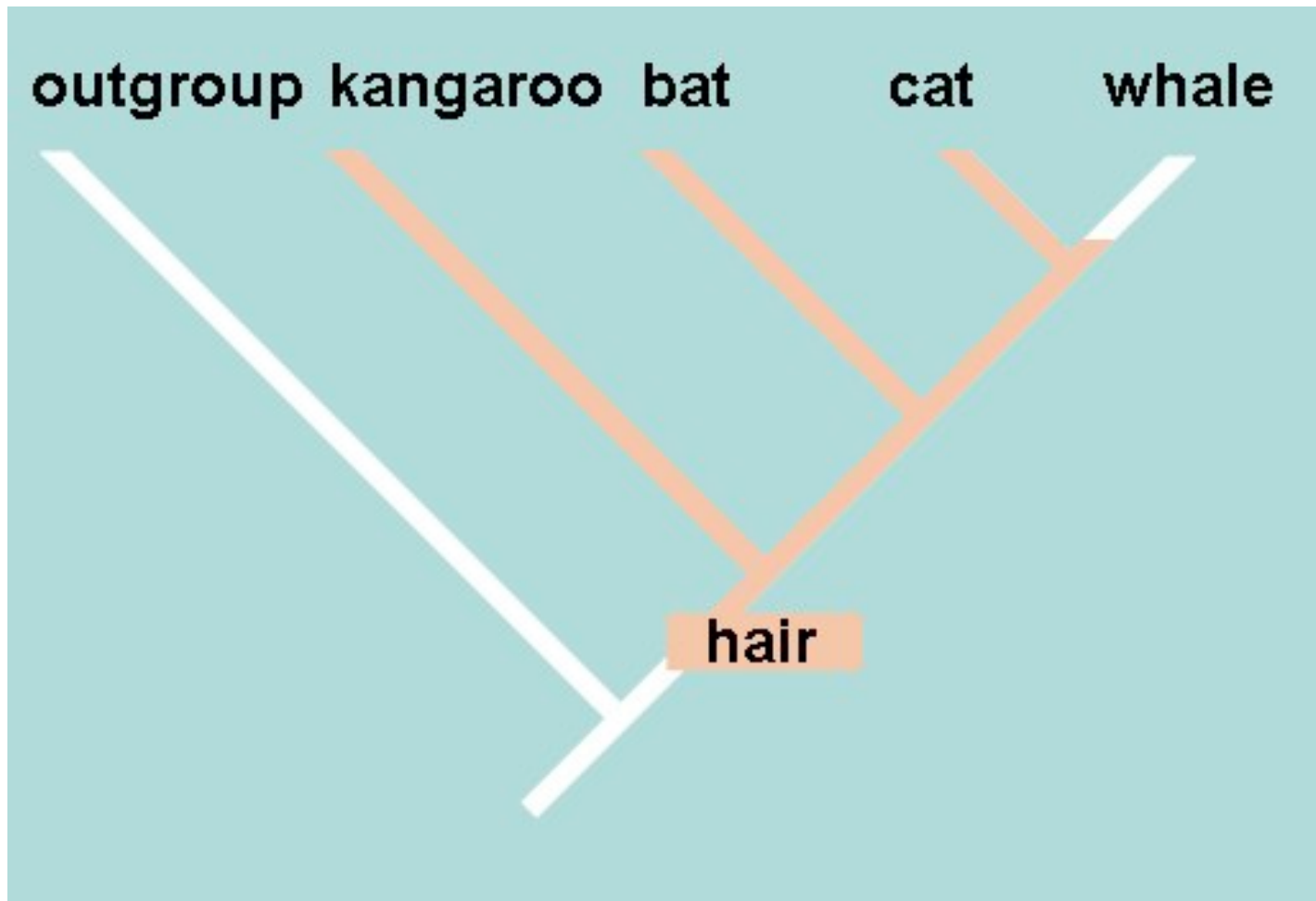
The ancestral (plesiomorphic) character state is "blue", the derived (apomorphic) character state is "red"



Sinapomorfía: Carácter apomorfo compartido por dos o más taxa. En este caso, dientes “carnasiales” cortantes son una sinapomorfía de el perro con el gato. Se usan para definir grupos naturales (monofiléticos)



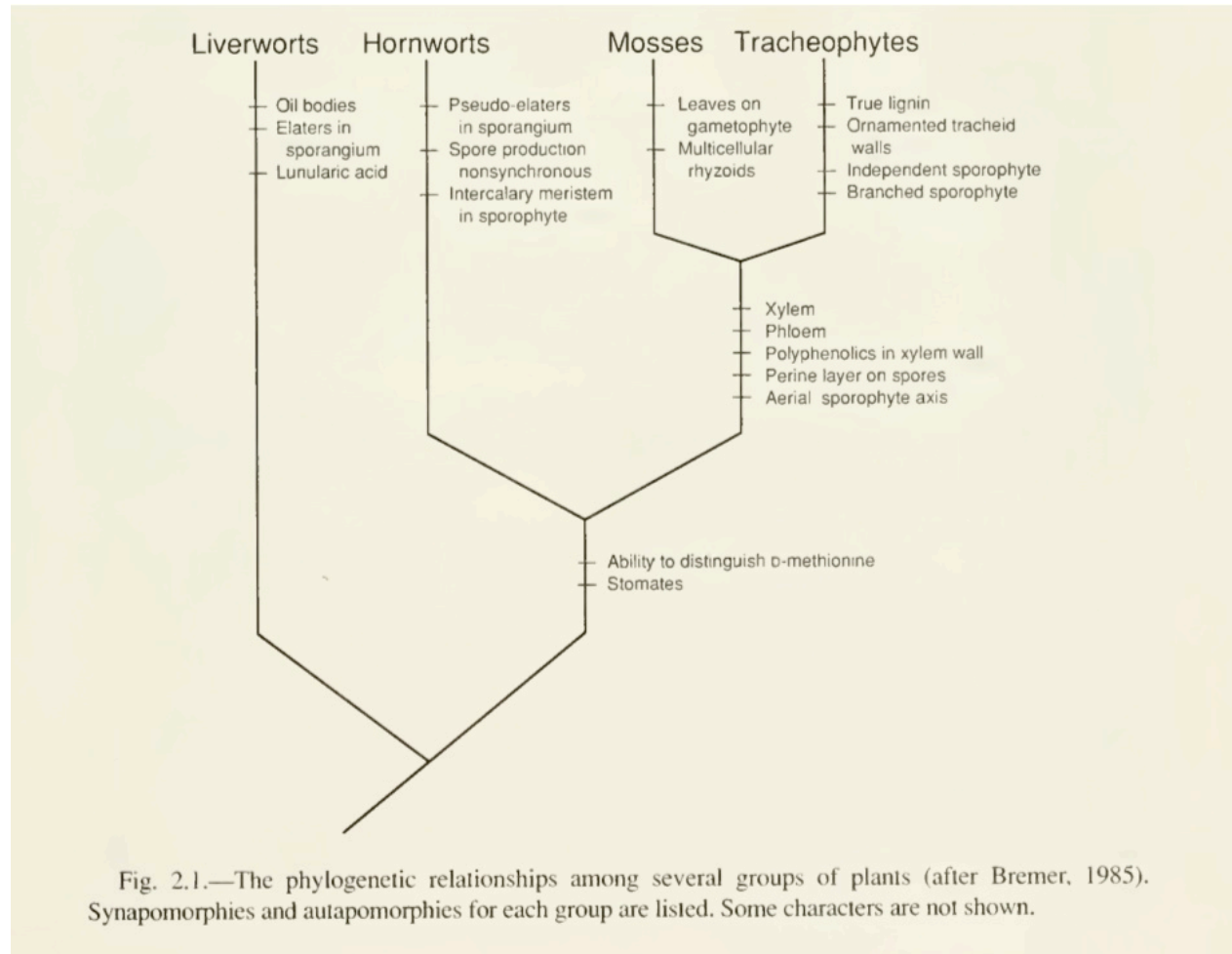
Autapomorfía: apomorfía exclusiva de un taxon. Por extensión apomorfía compartida únicamente por un grupo supraespecífico. Ej la presencia de mentón es una autapomorfía de los humanos



Simplesiomorfo: Carácter plesiomorfo compartido

Within this taxon set, hair is a **shared ancestral character (symplesiomorphy)** of non-cetaceans.

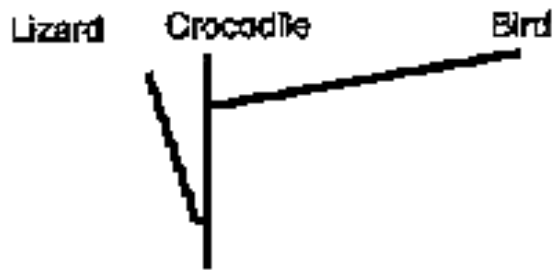
It would *not indicate a close relationship of marsupial and placental mammals*. Las plesiomorfias compartidas no definen grupos naturales, sino parafiléticos



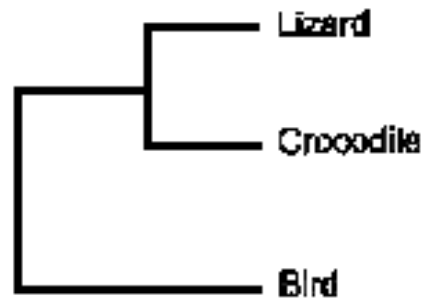
Fenética: Criterio de distancia morfológica.

Cladística:

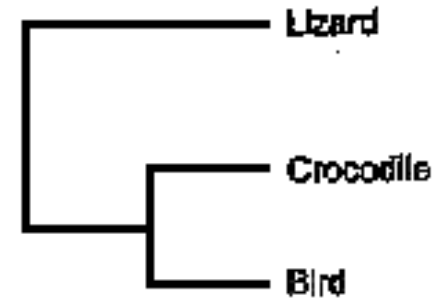
- 1) Criterio de novedades evolutivas compartidas (Synapomorfías): definen clados monofiléticos**
- 2) Criterio de Parsimonia**



Phenetic



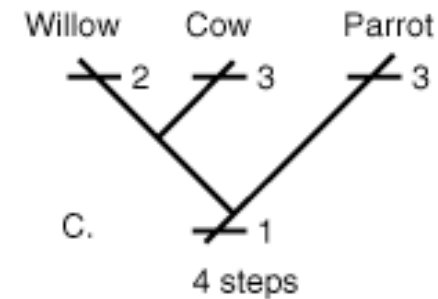
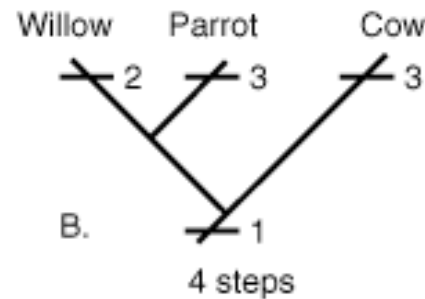
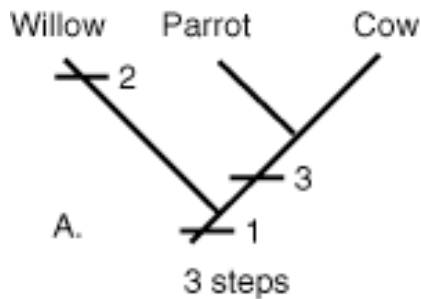
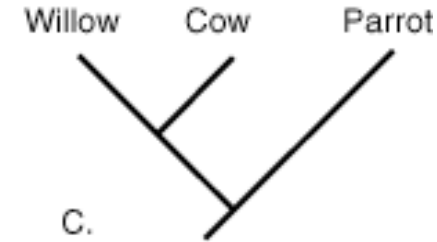
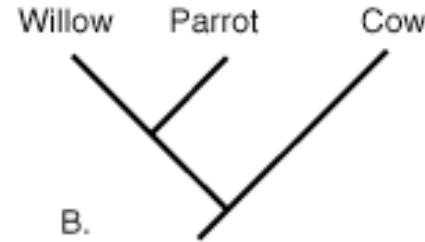
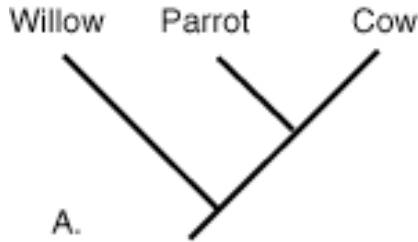
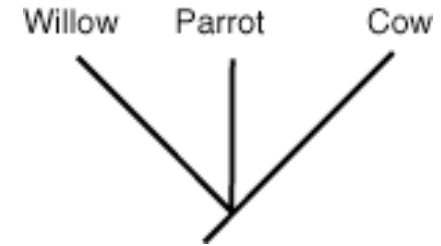
Cladistic



Criterio de parsimonia:

Se prefiere el árbol que implique el menor número de eventos para explicar la distribución observada de los rasgos entre los taxa

| Character | Willow | Parrot | Cow |
|---------------------------|--------|--------|-----|
| 1. Cell membranes present | 1 | 1 | 1 |
| 2. Leaves present | 1 | 0 | 0 |
| 3. Paired limbs present | 0 | 1 | 1 |



Arbol "a" es mas parsimonioso

Principio Auxiliar de Hennig: Nunca asumir convergencia/paralelismo.
Siempre asuma homología en ausencia de evidencia de lo contrario

Regla de agrupamiento: Las sinapomorfías son evidencia de relaciones de
ancestría común, en tanto que las symplesiomorfías y convergencias/
paralelismos son inútiles en proveer evidencia de ancestría común

Table 2.1.—Data matrix for ABCidae (Example 2.1).

| Taxon | Transformation series | | | | | | |
|--------------|-----------------------|---|---|---|---|---|---|
| | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 |
| X (outgroup) | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| A | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| B | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 |
| C | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |

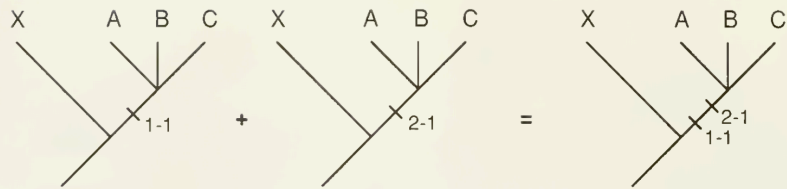


Fig. 2.3.—Trees for transformation series 1 and 2 (Example 2.1).

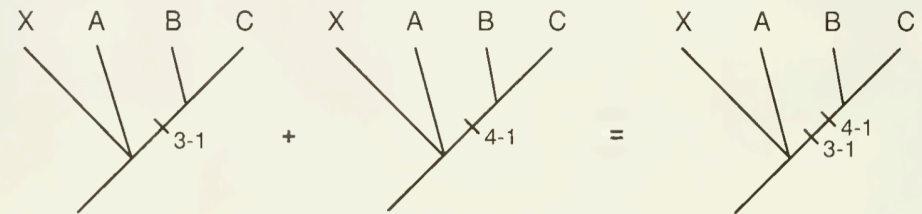


Fig. 2.4.—Trees for transformation series 3 and 4 (Example 2.1).

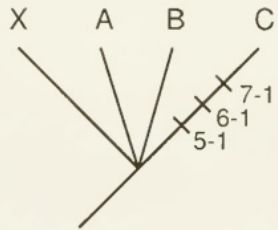


Fig. 2.5.—Tree for transformation series 5, 6, and 7 (Example 2.1).

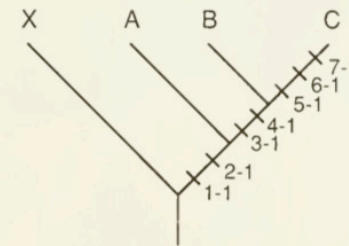
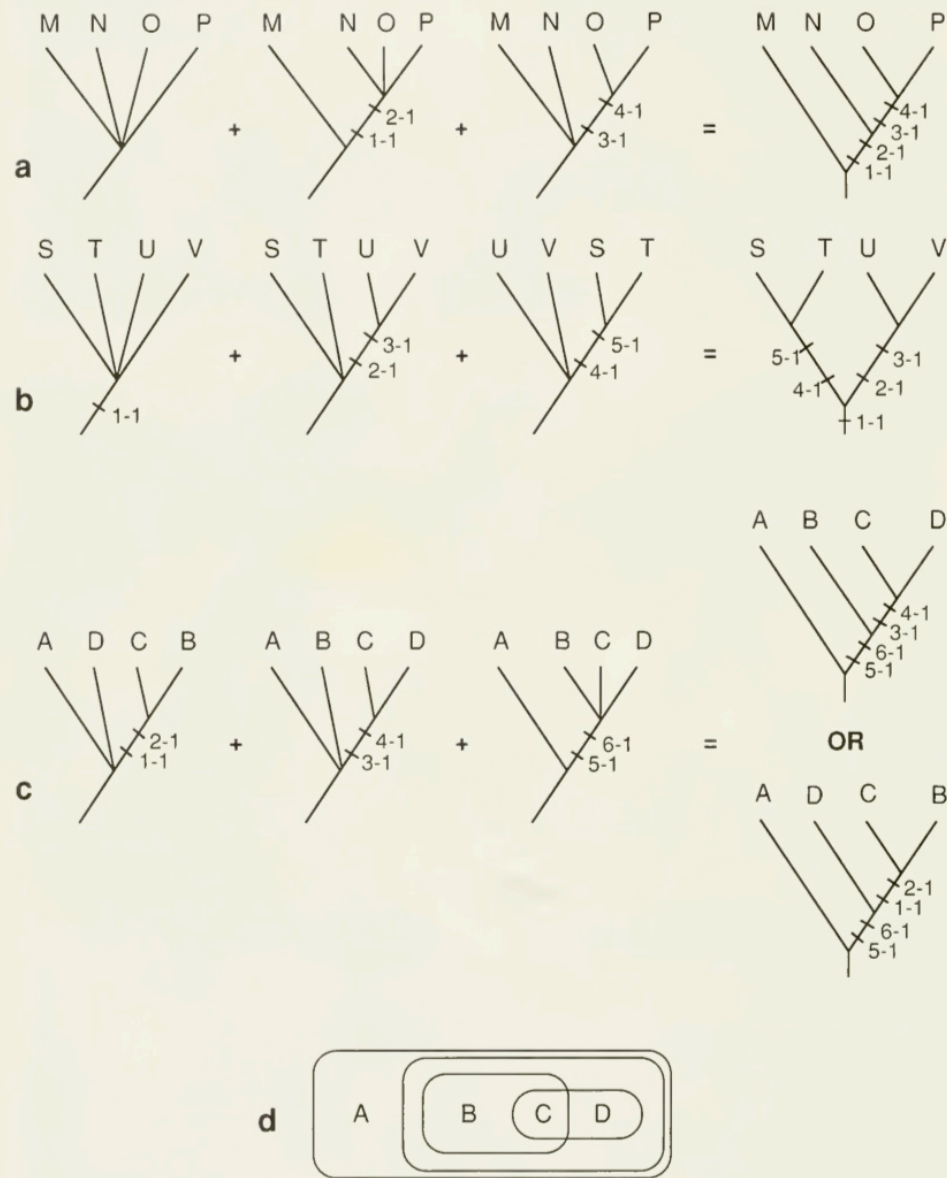


Fig. 2.6.—The best estimate of the common ancestry relationships of A, B, and C, given the data in Example 2.1.



Regla de inclusión/exclusión: La información proveniente de dos series de transformación pueden combinarse en una sólo hipótesis de relaciones si aquella información permite la completa exclusión o inclusión de grupos indicados por las series de tranformación separadas. La sobreposición de grupos lleva a la generación de dos o más hipótesis porque la información no puede combinarse en una sólo hipótesis.

Fig. 2.2.—Three examples (a–c) of the use of the inclusion/exclusion rule for combining the information of different transformation series into trees. d. A Venn diagram showing the logical inconsistency in c.

Table 2.2.—Data matrix for MNOidae (Example 2.2).

| Taxon | Transformation series | | | | | | |
|--------------|-----------------------|---|---|---|---|---|---|
| | 1 | 2 | 3 | 4 | 5 | 6 | 7 |
| X (outgroup) | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 | 0 |
| M | 1 | 1 | 0 | 0 | 1 | 1 | 1 |
| N | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 | 1 |
| O | 1 | 1 | 1 | 1 | 0 | 0 | 0 |

1. TS 1 and TS 2 imply that M, N, and O form a monophyletic group as shown in Fig. 2.7.

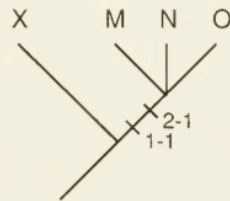


Fig. 2.7.—Tree for transformation series 1 and 2 (Example 2.2).

2. TS 3 and TS 4 imply that N and O form a monophyletic group (Fig. 2.8).

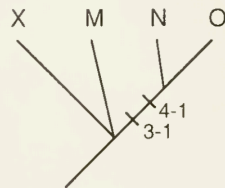


Fig. 2.8.—Tree for transformation series 3 and 4 (Example 2.2).

3. Finally, TS 5, 6, and 7 imply that M and N form a monophyletic group (Fig. 2.9).

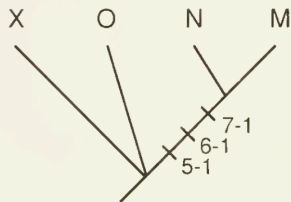


Fig. 2.9.—Tree for transformation series 5, 6, and 7 (Example 2.2).

Homoplasia: Convergencias y Reversión

N y M comparte rasgos 5,6, y 7

N y O comparten rasgos 4 y 3

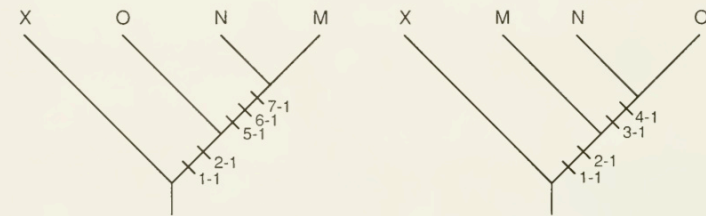
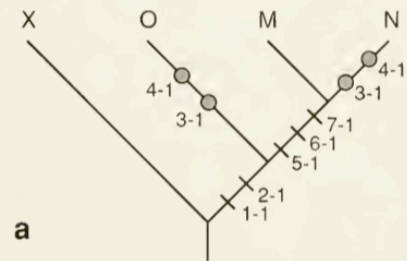


Fig. 2.10.—Trees for the two different sets of consistent transformation series (Example 2.2).

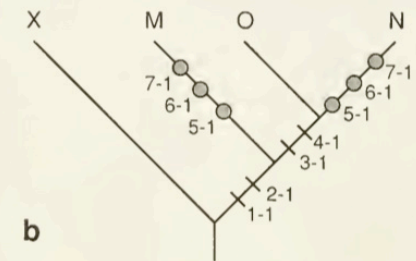
Hipótesis N +M

Hipótesis N+O

Rasgos 3 y 4 son convergentes



Rasgos 5,6, y 7 son convergentes



Reversión de 3 y 4 en "M"



Reversión de 5,6, y 7 en "O"

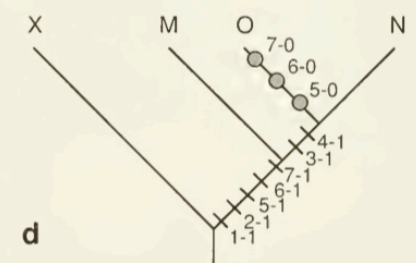
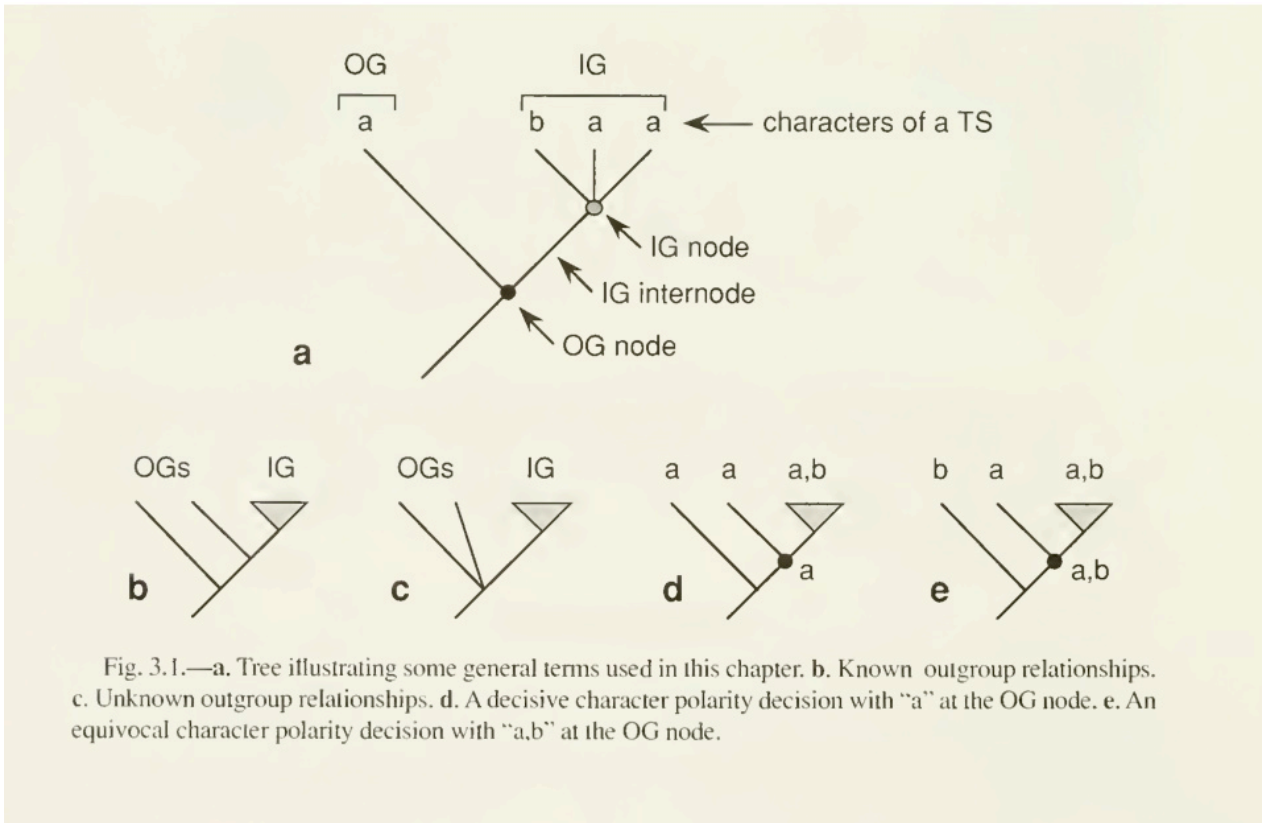


Fig. 2.11.—Alternative hypotheses of the relationships of M, N, and O based on characters of Example 2.2. ● = character showing convergence/parallelism or reversal (homoplasies).

CI: Índice de consistencia: Recíproco del número de veces que aparece el rasgo en el árbol. Ej. Para rasgo ST3 en el árbol a, CI = 1/2 = 0,5

El arte de polarizar caracteres



Desde las ramas más distantes, haga lo siguiente: Marque el nodo "a" si el nodo inferior y el nodo adyacente son ambos "a" o bien "a" y "a,b". Marque "b" si son ambos "b" o "a,b". Si el nodo inferior y el adyacente son diferentes ("a" y "b") marque una asignación equívoca "a,b"

Table 3.1.—Data matrix for the analysis of Sidae (Example 3.1).

| TS | Taxon | | | | | | | Sidae |
|----|-------|-----|---|---|---|---|-----|-------|
| | M | N | O | P | Q | R | | |
| 1 | b | a | a | b | b | a | a,b | |
| 2 | b | b | a | b | b | a | a,b | |
| 3 | a | b | b | b | b | a | a,b | |
| 4 | a | a,b | a | b | b | a | a,b | |

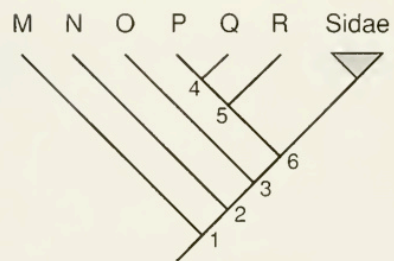


Fig. 3.2.—The relationships of the Sidae and its closest relatives. Outgroups are letters, nodes are numbers (Example 3.1).

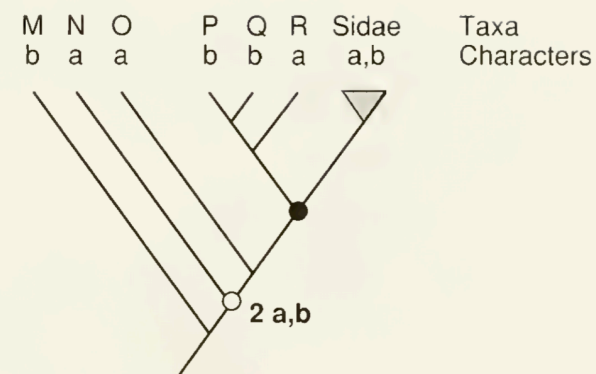


Fig. 3.4.—First polarity decision for TS 1, analysis of the Sidae (Example 3.1).

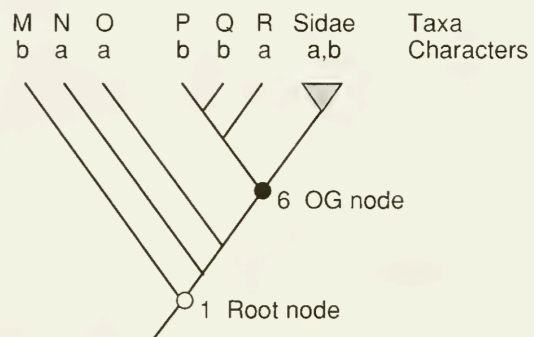


Fig. 3.3.—The relationships of the Sidae and its relatives, with characters from TS 1 (Table 3.1) and relevant nodes labeled (Example 3.1).

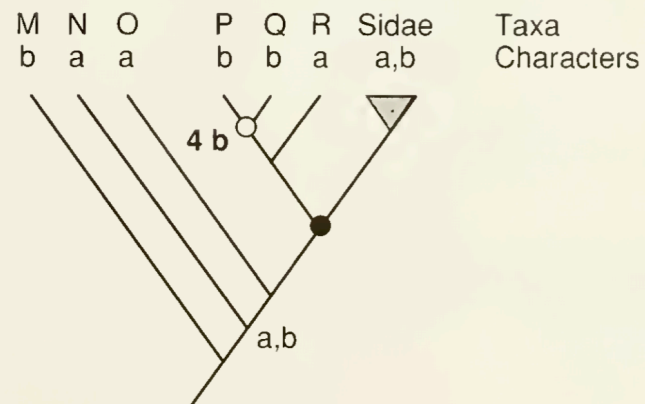


Fig. 3.5.—Second polarity decision for TS 1, analysis of the Sidae (Example 3.1).

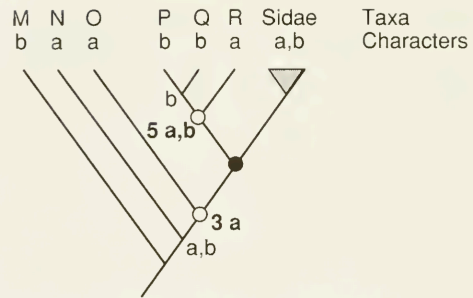


Fig. 3.6.—Third and fourth polarity decisions for TS 1, analysis of the Sidae (Example 3.1).

6. The analysis is over when we reach an assignment concerning the OG node. In this example, the assignment to node 6 is a decisive "a" (Fig. 3.7).

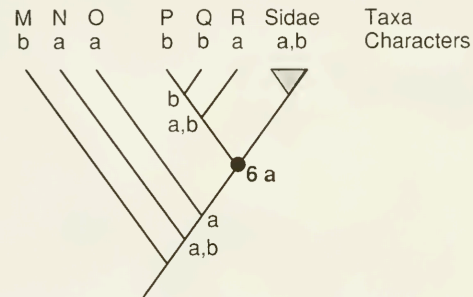


Fig. 3.7.—Assignment of polarity to the OG node for TS 1, analysis of the Sidae (Example 3.1).

Figure 3.8 shows characters of TS 2 of the matrix worked out for each node. Note that in this case the decision is equivocal for the OG node.

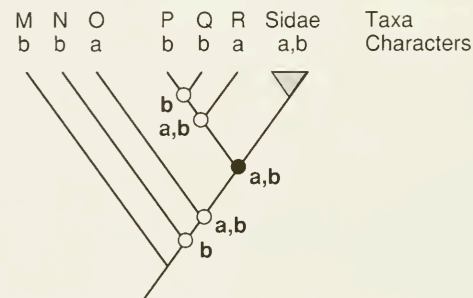


Fig. 3.8.—Polarity decisions for TS 2, analysis of the Sidae (Example 3.1).

Table 3.1.—Data matrix for the analysis of Sidae (Example 3.1).

| TS | Taxon | | | | | | |
|----|-------|-----|---|---|---|---|-------|
| | M | N | O | P | Q | R | Sidae |
| 1 | b | a | a | b | b | a | a,b |
| 2 | b | b | a | b | b | a | a,b |
| 3 | a | b | b | b | b | a | a,b |
| 4 | a | a,b | a | b | b | a | a,b |

RULES OF THUMB

Maddison et al. (1984) present two rules of analysis that can be used when sister group relationships are known. These rules will help you bypass some of the argumentation for each node of the tree.

Rule 1: The Doublet Rule.—If the sister group and the first two *consecutive* outgroups have the same character, then that character is decisive for the OG node. Any two consecutive outgroups with the same character are called a **doublet**.

Rule 2: The Alternating Sister Group Rule.—If characters are alternating down the tree, and if the last outgroup has the same character as the sister group, then the character will be decisive for the OG node. If the last outgroup has a different character, then the character decision will be equivocal.