

## De cerca Árboles filogenéticos

Los sistemáticos se esfuerzan por desarrollar un sistema de clasificación que refleje la filogenia (la historia evolutiva) de los organismos. Por ende, la principal tarea de los sistemáticos es reconstruir la filogenia. Desde luego, reconstruir la historia evolutiva de todos los organismos de la Tierra es una tarea colosal, así que cada sistemático usualmente elige trabajar con una porción específica de la historia.

El resultado de una reconstrucción filogenética suele representarse con un diagrama. Estos diagramas pueden adoptar diversas formas, pero todos muestran la secuencia de los eventos de ramificación a partir de los cuales las especies ancestrales se dividieron para dar origen a las especies descendientes. Por esta razón, los diagramas de filogenia normalmente tienen forma de árbol.

Estos árboles pueden presentar la filogenia de cualquier conjunto específico de *taxa* (el singular es *taxón*). Un taxón es una especie nombrada, como *Homo sapiens*, o un grupo nombrado de especies, como primates, escarabajos o helechos. En consecuencia, los árboles filogenéticos permiten mostrar la historia evolutiva a diferentes escalas. Por ejemplo, los sistemáticos podrían reconstruir un árbol de 10 especies en un género particular de almejas, un árbol de 25 clados de animales, o bien, un árbol de los tres dominios de la vida.

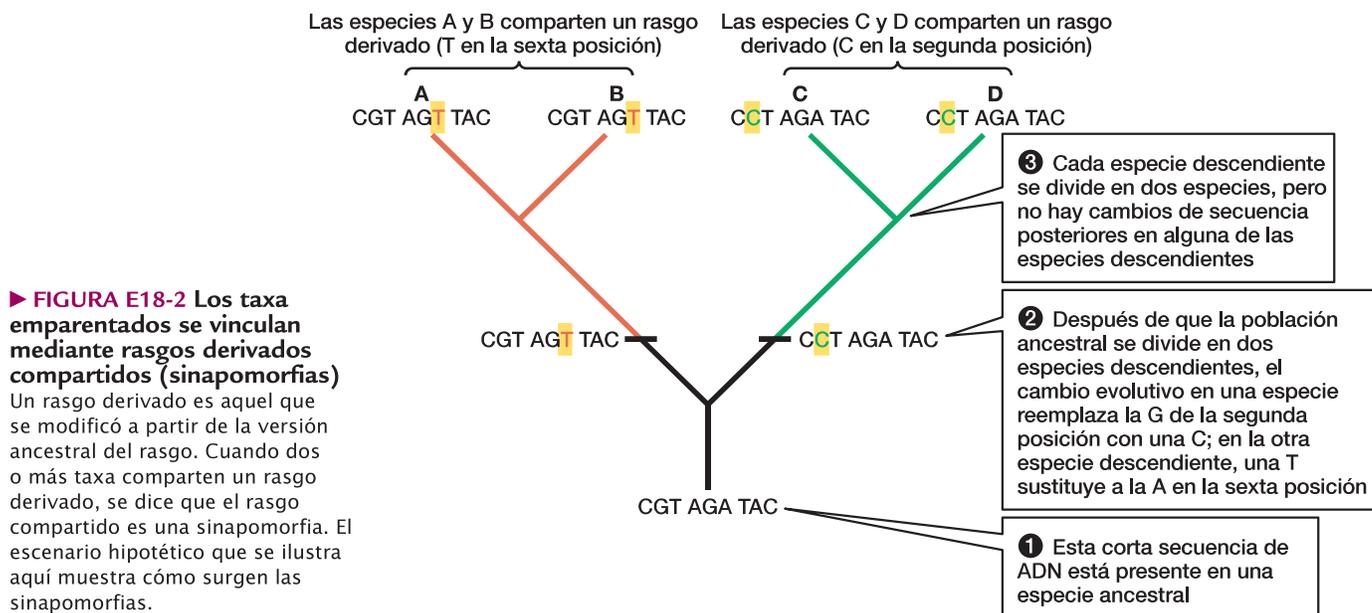
Después de seleccionar los taxa que se van a incluir, un sistemático está listo para comenzar a construir el árbol. La mayoría de los sistemáticos utilizan el enfoque *cladístico* para reconstruir árboles filogenéticos. De acuerdo con este enfoque, las relaciones entre taxa se ponen de manifiesto mediante la presencia de semejanzas conocidas como *sinapomorfias*. Una sinapomorfia es un rasgo similar en dos o más taxa porque éstos heredaron una versión "derivada" del rasgo que se modificó a partir de su estado original en un ancestro común. La formación de sinapomorfias se ilustra en la FIGURA E18-2.

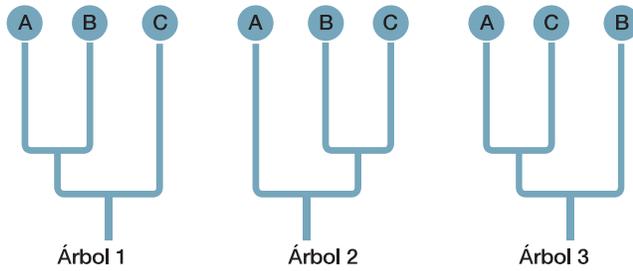
En el escenario hipotético que se ilustra en la figura E18-2 puedes identificar fácilmente las sinapomorfias porque se

conoce el estado ancestral de la característica y los cambios posteriores que tuvieron lugar. Sin embargo, en la vida real, los sistemáticos no tienen conocimiento directo del ancestro, que vivió en el pasado remoto y cuya identidad se desconoce. Sin este conocimiento directo, un sistemático que observa una semejanza entre dos taxa se enfrenta a un desafío. ¿La semejanza observada es una sinapomorfia o tiene alguna otra causa, como la evolución convergente o la herencia común del estado ancestral? El enfoque cladístico provee técnicas para identificar sinapomorfias, pero la posibilidad de una interpretación errónea subsiste. Para protegerse contra tales errores, los sistemáticos emplean numerosas características al construir un árbol, con lo que minimizan la influencia de algún rasgo individual.

En la última fase del proceso de construcción de un árbol, el sistemático compara diferentes árboles posibles. Por ejemplo, tres taxa pueden ordenarse en tres diferentes patrones de ramificación (FIGURA E18-3). Cada patrón de ramificación representa una hipótesis diferente acerca de la historia evolutiva de los taxa A, B y C. ¿Cuál hipótesis es más probable que represente la verdadera historia de los tres taxa? Aquella donde los taxa de ramas adyacentes compartan sinapomorfias. Por ejemplo, imagina que el sistemático identifica varias sinapomorfias que comparten los taxa A y B, pero no se encuentran en C, supongamos que no se han descubierto sinapomorfias que vinculen los taxa B y C o los taxa A y C. En este caso, el árbol 1 en la figura E18-3 representa la hipótesis con más fundamento.

Con grandes cantidades de taxa, el número de posibles árboles crece considerablemente. De manera similar, un gran número de rasgos también complica el trabajo de identificar el árbol que se fundamenta más en los datos. Por fortuna, los sistemáticos han desarrollado programas de cómputo complejos que les ayudan a enfrentar estas dificultades.



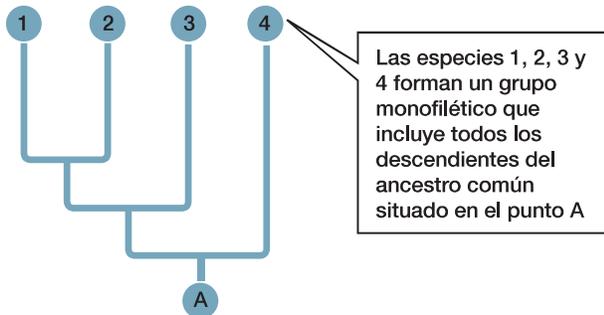


▲ FIGURA E18-3 Los tres posibles árboles para tres taxa

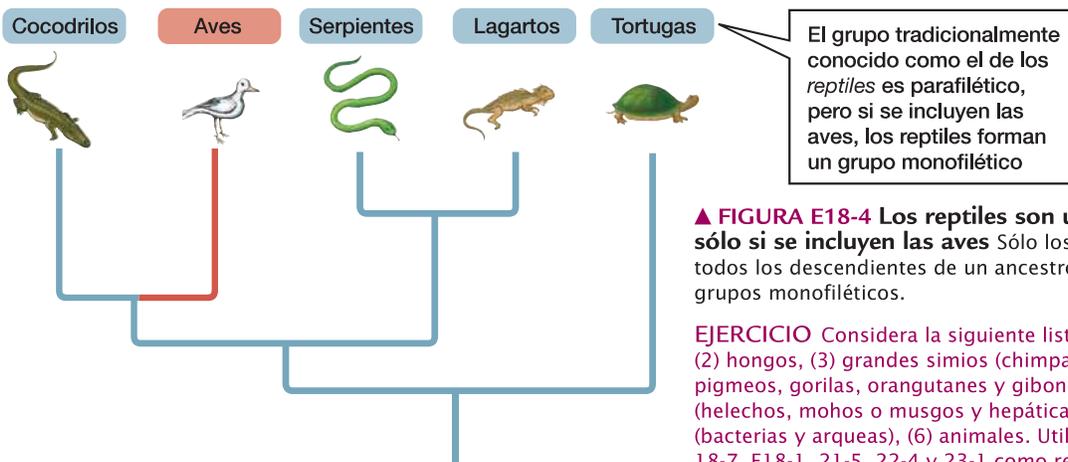
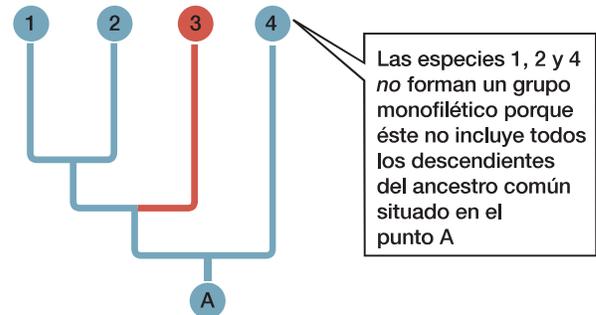
De acuerdo con el enfoque cladístico, los árboles filogenéticos desempeñan un papel clave en la clasificación. Cada grupo designado sólo debe contener organismos que están más estrechamente emparentados entre ellos que con cualquier organismo fuera del grupo. De esta manera, por ejemplo, los miembros del clado Canidae (que incluye perros, lobos, zorros y coyotes) están más estrechamente emparentados entre ellos que con cualquier miembro de algún otro clado. Otra forma de enunciar este principio es decir que cada grupo designado debe contener *todos* los descendientes vivos de un ancestro común (FIGURA E18-4a).

En la terminología de la sistemática cladística, se dice que tales grupos son *monofiléticos*.

Algunos nombres, especialmente los acuñados antes del enfoque cladístico, designan grupos que contienen algunos de los descendientes, pero no todos, de un ancestro común. Tales grupos son *parafiléticos*. Por ejemplo, el grupo históricamente conocido como reptiles (serpientes, lagartos, tortugas y cocodrilos) es parafilético. Para ver por qué, examina el árbol de la FIGURA E18-4b. Encuentra la rama que representa al ancestro común de serpientes, lagartos, tortugas y cocodrilos (está en la base del árbol). Después, examina el árbol nuevamente y elabora una lista de todos los descendientes de ese ancestro común. Tu lista, si realizas este ejercicio mental de manera correcta, incluye a las aves. Es decir: las aves son parte del grupo monofilético que incluye a todos los descendientes vivos del ancestro común que dio origen a serpientes, lagartos, tortugas y cocodrilos. Por tanto, los reptiles (Reptilia) constituyen un clado monofilético sólo si las aves se incluyen en el grupo. Si omites las aves, Reptilia es parafilético y, de acuerdo con los principios cladísticos, no es un nombre de grupo válido. Sin embargo, es probable que todavía encuentres la palabra "reptiles" usada en su sentido antiguo, técnicamente incorrecto, sólo porque mucha gente está acostumbrada a utilizarlo de esta forma.



(a) Grupos monofilético y parafilético



(b) Reptiles

▲ FIGURA E18-4 Los reptiles son un grupo monofilético sólo si se incluyen las aves. Sólo los grupos que contienen todos los descendientes de un ancestro común se consideran grupos monofiléticos.

**EJERCICIO** Considera la siguiente lista de grupos: (1) protistas, (2) hongos, (3) grandes simios (chimpancés, chimpancés pigmeos, gorilas, orangutanes y gibones), (4) plantas sin semilla (helechos, mohos o musgos y hepáticas), (5) procariontes (bacterias y arqueas), (6) animales. Utilizando las figuras 18-6, 18-7, E18-1, 21-5, 22-4 y 23-1 como referencia, identifica los grupos monofiléticos en la lista.