



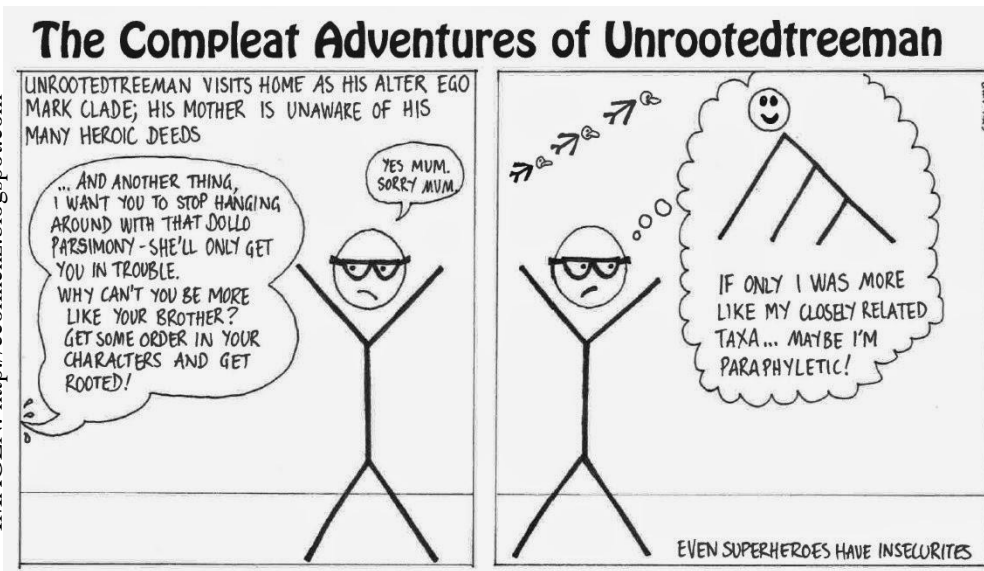
# Tema 4. Evolución y biodiversidad

## 4.4 Cladística



Germán Tenorio  
Biología NS-Diploma BI

IMAGEN: <http://ecolincnz.blogspot.com>



**Idea Fundamental:** La ascendencia de los grupos de especies se puede deducir por comparación de sus secuencias de bases o de aminoácidos.



XXXXXXXXXX



## Para empezar...el árbol de la vida

- Discute con tu compañero qué conclusión ha sacado tras ver este video.





## Programación del subtema

| Comprensión                                                | Aplicaciones                                                 | Habilidades             |
|------------------------------------------------------------|--------------------------------------------------------------|-------------------------|
| Concepto de clado                                          | Cladogramas de primates                                      | Análisis de cladogramas |
| Uso de secuencias génicas o proteicas como reloj molecular | Reclasificación de la familia escrofularáceas por cladística |                         |
| Características homólogas y análogas                       |                                                              |                         |
| Cladogramas                                                |                                                              |                         |
| Discrepancia entre cladística y clasificación anatómica    |                                                              |                         |

XXXXXXXXXX



## Cladística

- Las especies pueden evolucionar y originar nuevas especies cuando se separan en un momento determinado. Esto ha ocurrido de forma repetida a lo largo del tiempo, por lo que grandes grupos de especies en la actualidad derivan de un ancestro común.
- Estos grupos de especies pueden identificarse al observar las características que comparten y que han “heredado” del ancestro común.
- Un **clado** es un **grupo de organismos que han evolucionado a partir de un ancestro común**.



XXXXXXXXXX

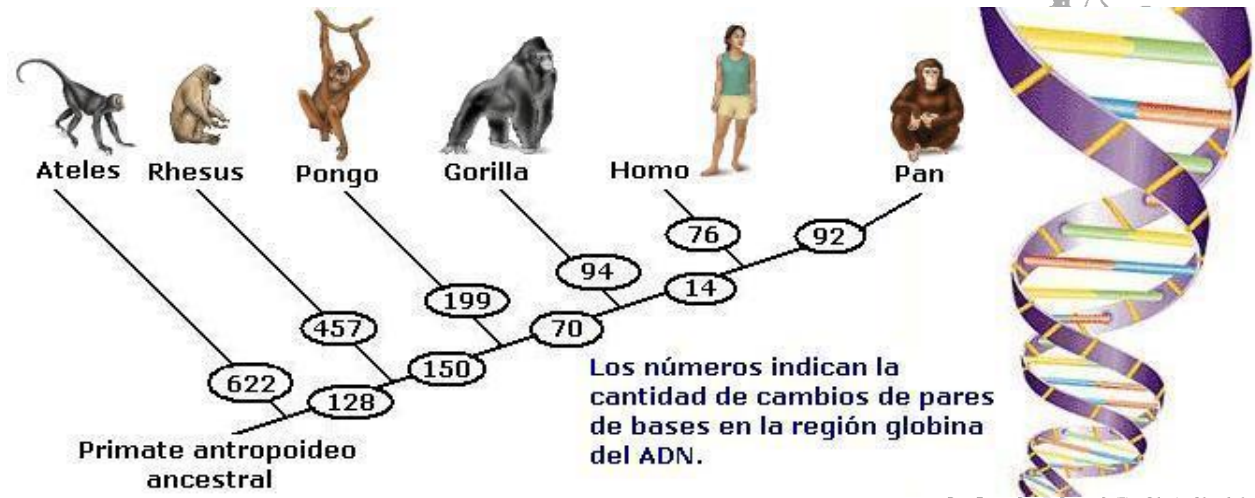






## Identificación miembros de un clado

- Las especies que son más similares tienen mayor probabilidad de estar más estrechamente relacionadas y formen un clado, mientras que aquellas que muestran un mayor grado de diferenciación, es menos probable que lo estén.
- Usando pruebas anatómicas, no siempre resulta obvio qué especies han evolucionado de un ancestro común, y por tanto, deberían ser incluidas en un mismo clado.
- Las pruebas más objetivas que permiten determinar qué especies forman parte de un clado, son las que se obtienen de las **secuencias de bases de un gen o de la secuencia de aminoácidos correspondiente de una proteína.**

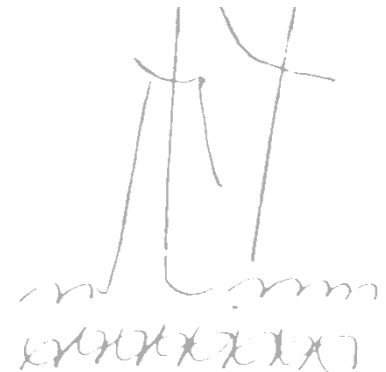
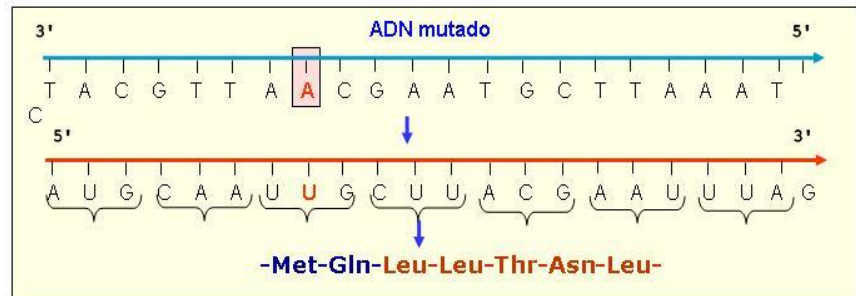
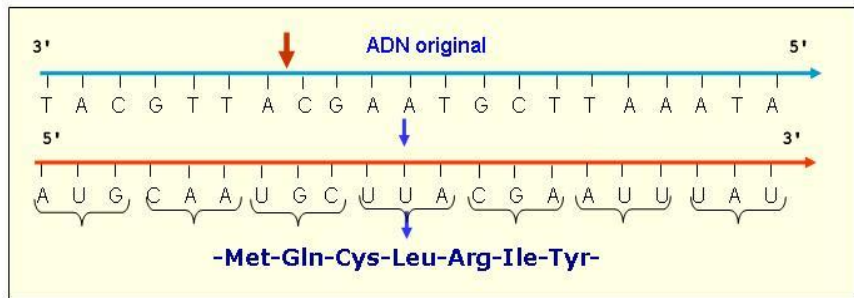




## Variación molecular

- Los cambios en las secuencias de ADN de genes de una generación a otra son debidos, en parte, a **mutaciones aleatorias que se suceden con una tasa constante a lo largo del tiempo.**
- Las mutaciones en los genes modifican la secuencia de aminoácidos de las proteínas correspondientes.
- Cuanto mayor sea la diferencia en la secuencia de una proteína común entre dos especies, mayor será la distancia evolutiva (más tiempo hace que tuvieron un ancestro común).

### Consecuencias de una adición: Corrimiento en el orden de lectura.



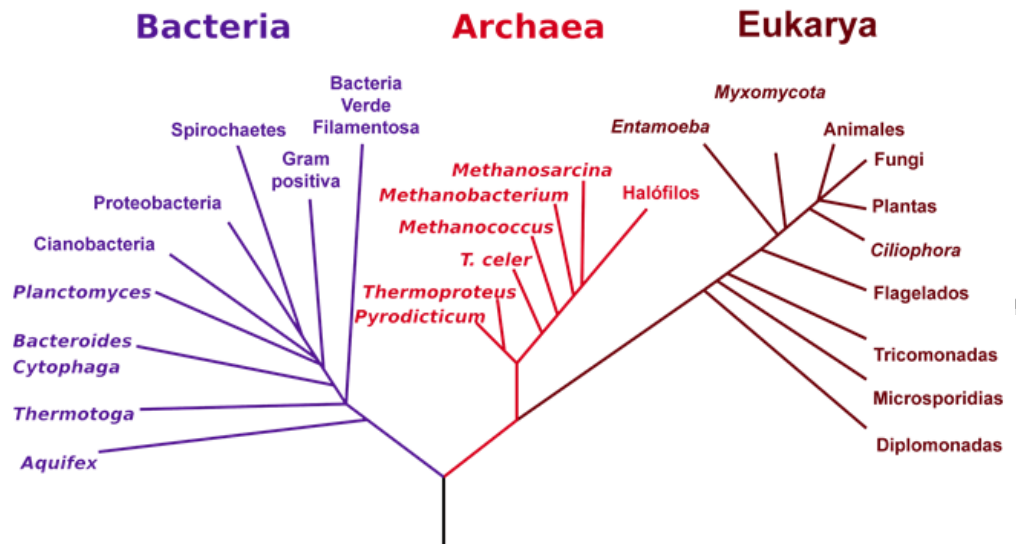


# Variaciones bioquímicas como reloj evolutivo

- Las diferencias en las secuencias polipeptídicas se van acumulando de forma gradual a lo largo del tiempo a medida que las mutaciones van ocurriendo de generación en generación en una especie.
- Por tanto, estos cambios pueden utilizarse como una especie de **reloj** para estimar cuanto tiempo hace que dos especies relacionadas se separaron a partir de un ancestro común.

**Web2**

## Árbol Filogenético de la Vida



- Mediante **comparación de moléculas homólogas** entre dos especies relacionadas, es posible contar el número de diferencias.

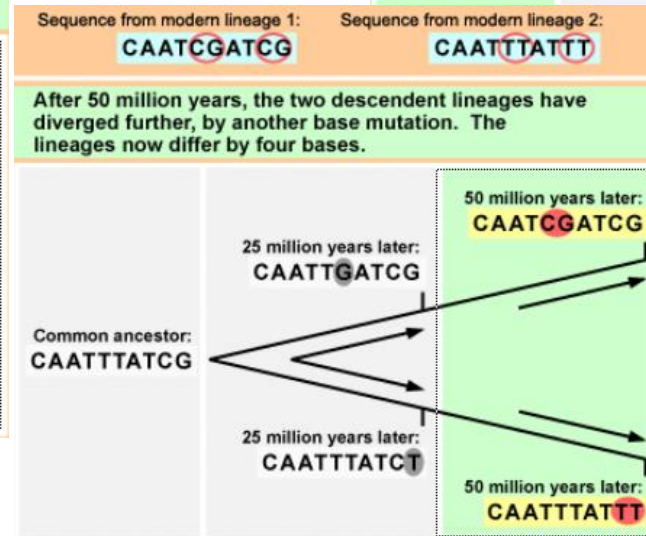
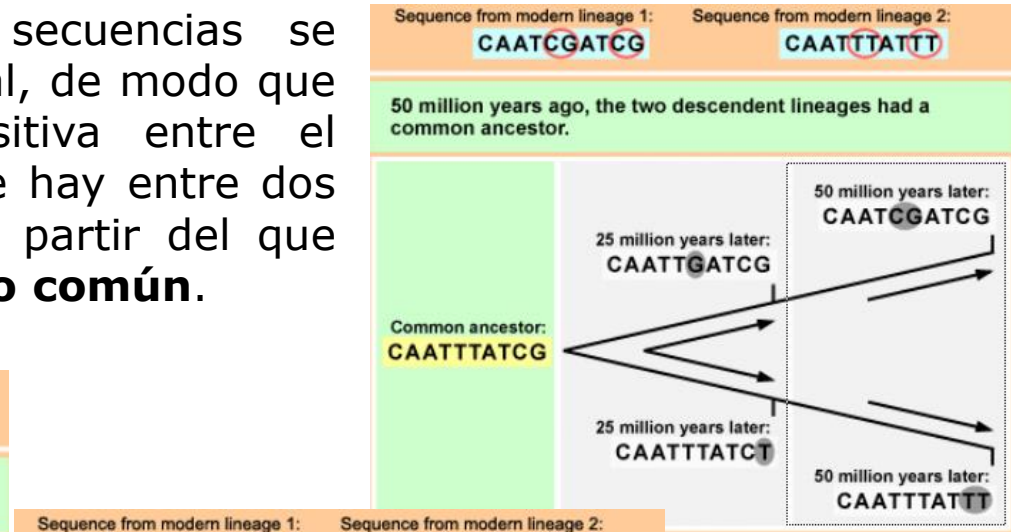
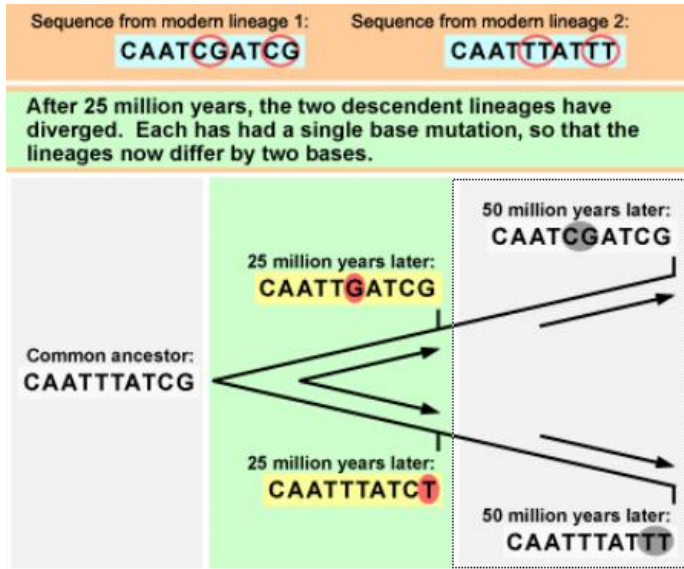
*Handwritten notes:*  
m/L...  
XXXXXX



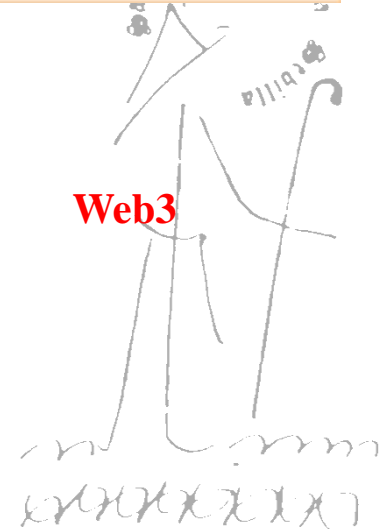


# Variaciones bioquímicas como reloj evolutivo

- Las diferencias en las secuencias se acumulan de forma gradual, de modo que hay una correlación positiva entre el número de diferencias que hay entre dos especies y el momento a partir del que divergieron de un **ancestro común**.



Web3



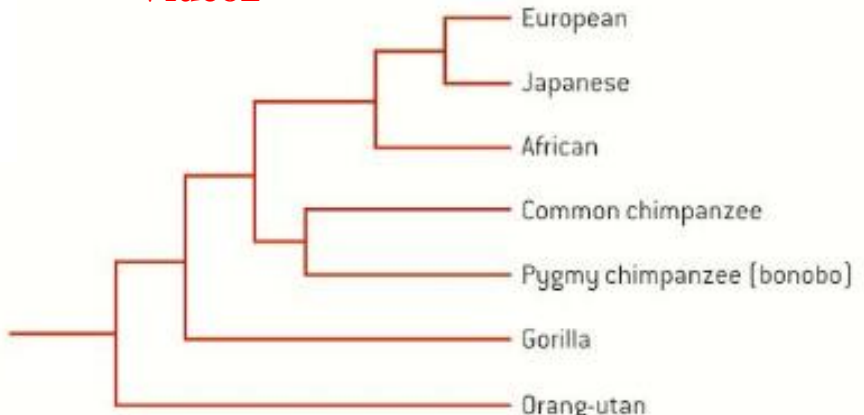




## Variaciones bioquímicas como reloj evolutivo

- Esta es la idea de **utilizar datos bioquímicos cuantitativos como un reloj evolutivo** para estimar el tiempo de los eventos de especiación.
- Así, a partir de la comparación de la secuencia de ADN mitocondrial de 3 humanos y 4 especies de primates, se ha construido el siguiente cladograma que ha permitido determinar la separación entre humanos y chimpancés hace 5 millones de años.
- Sin embargo, hay que ser cuidadosos con el término "reloj" en este contexto, ya que **el grado de mutación no es siempre constante e invariable** como el tic-tac de un reloj.
- Por tanto, todo lo que tenemos es una estimación en vez de tiempo absoluto para cada evento de especiación.
- Por ello, siempre es necesario comparar los datos bioquímicos con evidencias morfológicas a partir de fósiles y datación mediante radiosótopos.

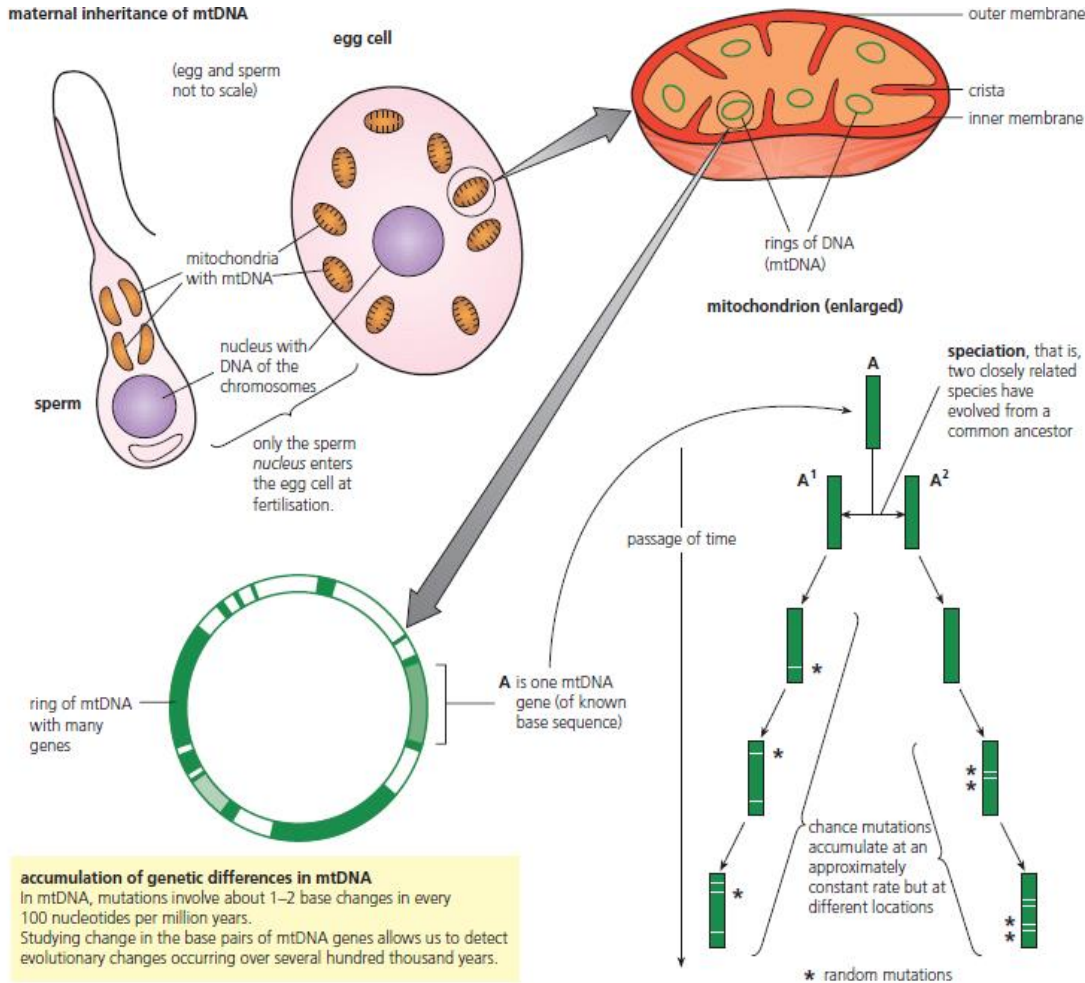
### Vídeo2



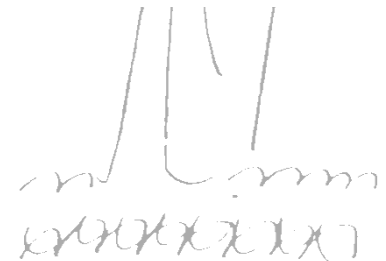


# Variaciones bioquímicas como reloj evolutivo

## maternal inheritance of mtDNA



- El **ADN mitocondrial**, a diferencia del ADN genómico, carece de enzimas correctoras de errores de la replicación, acumulando cambios 5-10 veces más rápido que éste. Además en el ADN mitocondrial no ocurre recombinación, por lo que se utiliza frecuentemente en análisis filogenéticos.

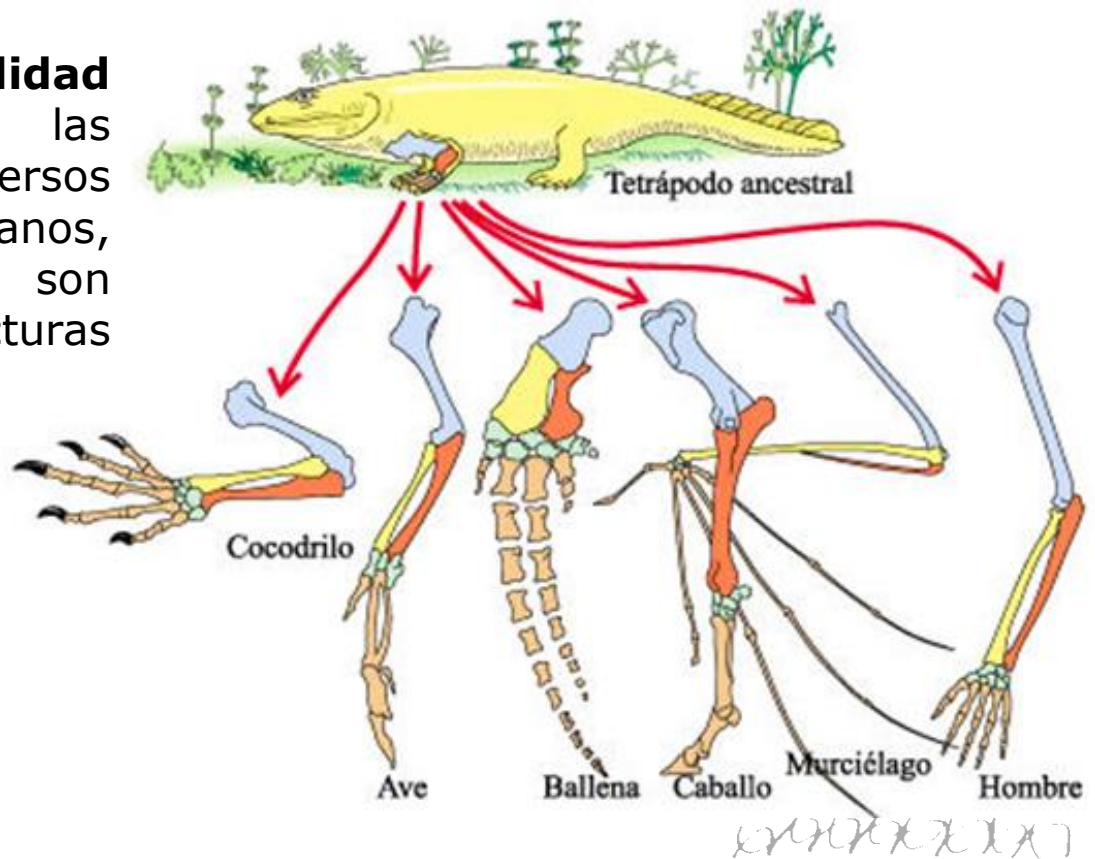






## Características homólogas

- Las similitudes entre organismos pueden ser análogas u homólogas.
- Las **homólogas** son aquellas que derivan de la misma estructura de un ancestro común, pero que no necesariamente tienen la misma función actualmente.
- El **quiridio** o **extremidad pentadáctila** de las extremidades de diversos animales, tales como humanos, ballenas o murciélagos, son ejemplos de estructuras anatómicas homólogas.

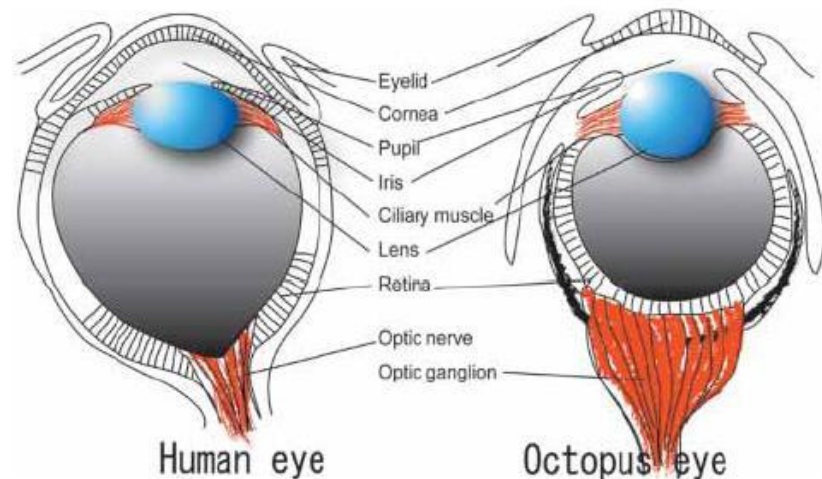
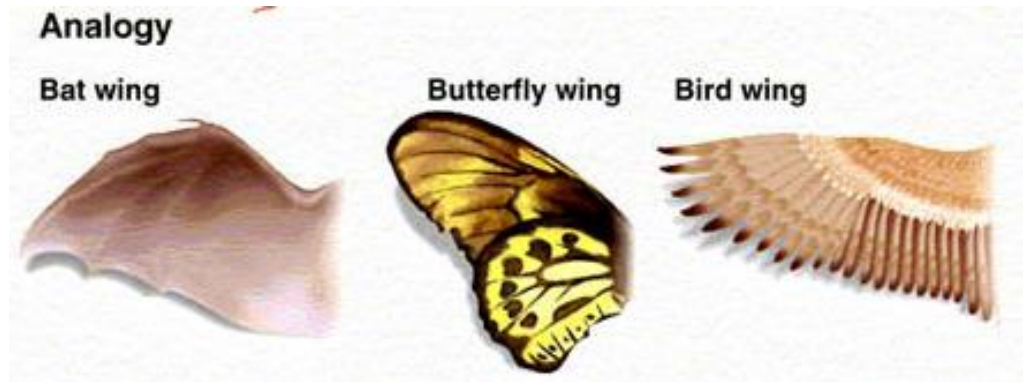






## Características análogas

- Las **análogas** son aquellas que no derivan de un ancestro común y no tienen la misma estructura, pero tienen una función similar.
- Aves, insectos y murciélagos utilizan alas para volar, y aunque todos pertenecen al Reino Animal, no se encuentran en el mismo clado, simplemente por su habilidad para volar.
- Otro ejemplo de características análogas son la aletas de organismos acuáticos, como delfines (mamífero) y tiburones (escuálo) o el ojo humano y el de los cefalópodos, que si bien llevan a cabo la misma función, han evolucionado de forma independiente.





## Cladogramas

- Un **cladograma** es un diagrama evolutivo en forma de árbol que muestra la secuencia más probable de divergencia en clados.
- Pueden realizarse a partir de datos morfológicos (características) o bioquímicos (diferencias en la secuencia de ADN o aminoácidos), siendo estos últimos realizados por programas informáticos que calculan cómo las especies han podido haber evolucionando en un clado.
- Este cálculo se basa en el **principio de parsimonia**, donde se indica la secuencia más probable de divergencia en clados con el menor número de cambios en la secuencia de nucleótidos o aminoácidos.

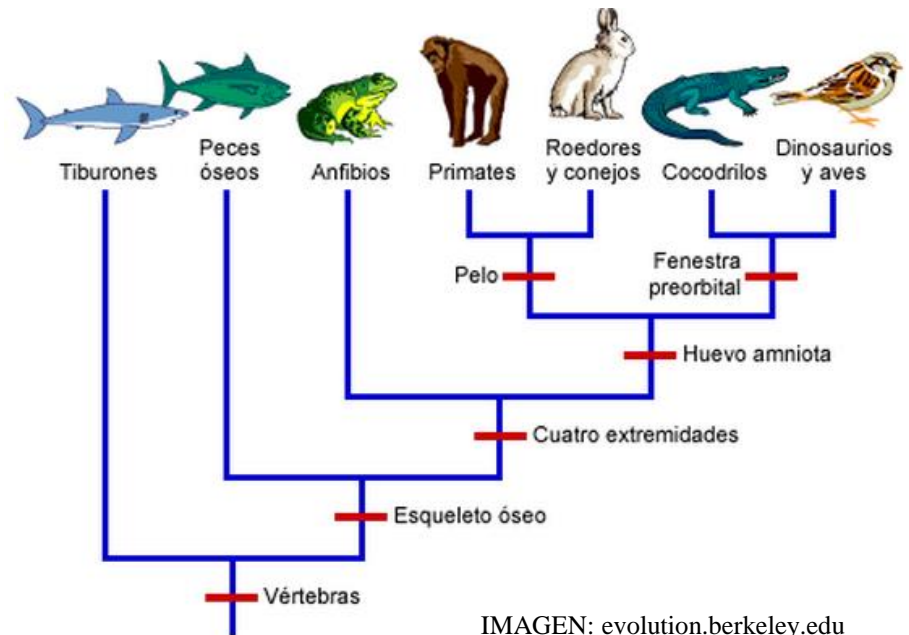
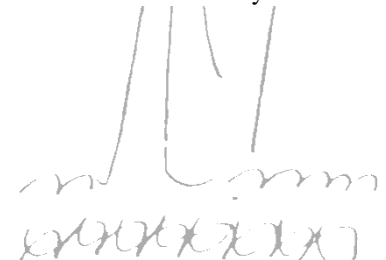


IMAGEN: evolution.berkeley.edu

**Web1**

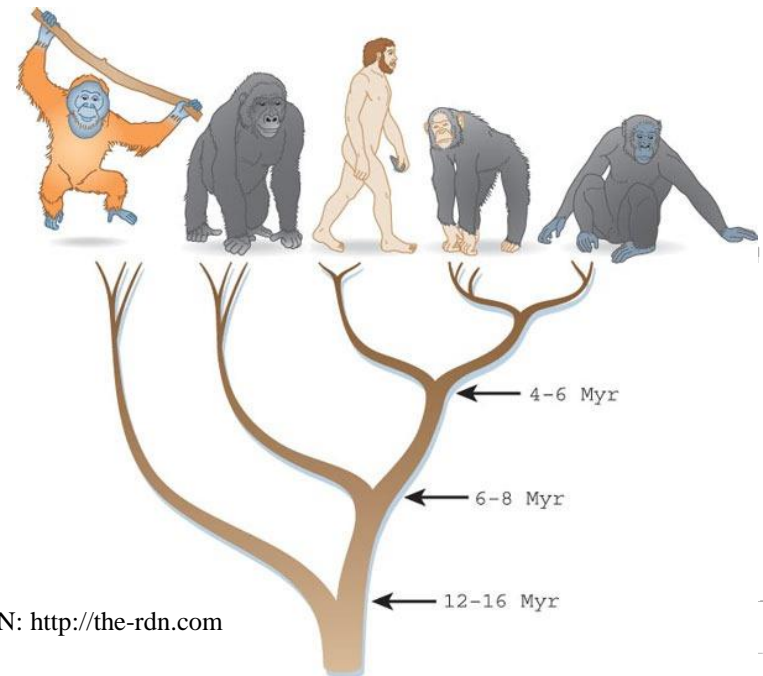






# APLICACIÓN: Cladogramas que incluyen humanos y otros primates

- Como ya se ha comentado, los Primates son un Orden de la Clase Mamíferos, que está formado por especies animales que poseen cinco dedos y tienen la capacidad para trepar.
- Los parientes más cercanos a los humanos son los chimpancés y los bonobos, que junto con los orangutanes y los gorilas forman la Familia de los Homínidos.
- El siguiente cladograma ha sido construido a partir de la comparación realizada de sus genomas, completamente secuenciados.
- Los números indican una estimación del tiempo que hace que se separaron a partir de un ancestro común, asumiendo una tasa de mutación  $10^{-9}$  mutaciones/año.





## Realización de un cladograma

- Un cladograma puede realizarse a partir de datos bioquímicos (diferencias en la secuencia de ADN o aminoácidos) o morfológicos (características). En el tema Opcional Biotecnología y Bioinformática se realizará un cladograma a partir de datos bioquímicos.
- Para la construcción de un cladograma a partir de datos morfológicos, hay que listar el mayor número de características que cada organismo posee.

Organismos:

**Paramecio**  
**Koala**

**Gusano plano**  
**Camello**

**Tiburón**  
**Humano**

**Águila**

Datos morfológicos son:

- Eucariota
- Columna vertebral
- Pelo
- Pulgar oponible en cada extremidad delantera.
- Pluricelular
- Bolsa amniótica
- Placenta

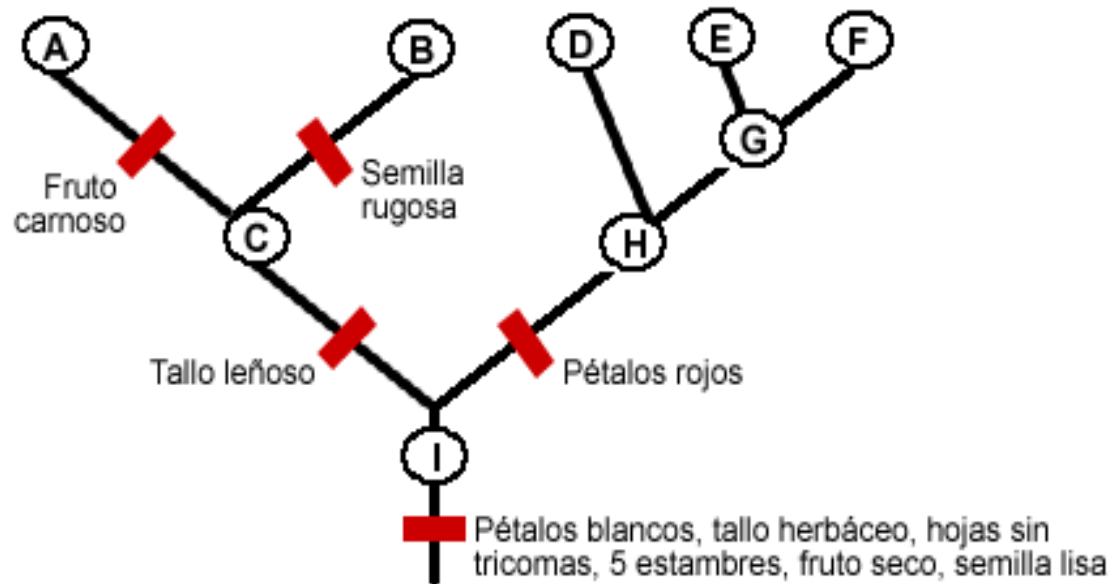






## Realización de un cladograma

- De esta lista, muchos de los caracteres serán claramente **caracteres derivados**, es decir que han sido adquiridos más recientemente en su linaje evolutivo.



- Una de estas características será común a todos los organismos estudiados. Este **carácter ancestral** será considerada la **característica primitiva**. En el ejemplo anterior, podría ser eucariota, multicelular o poseer columna vertebral.

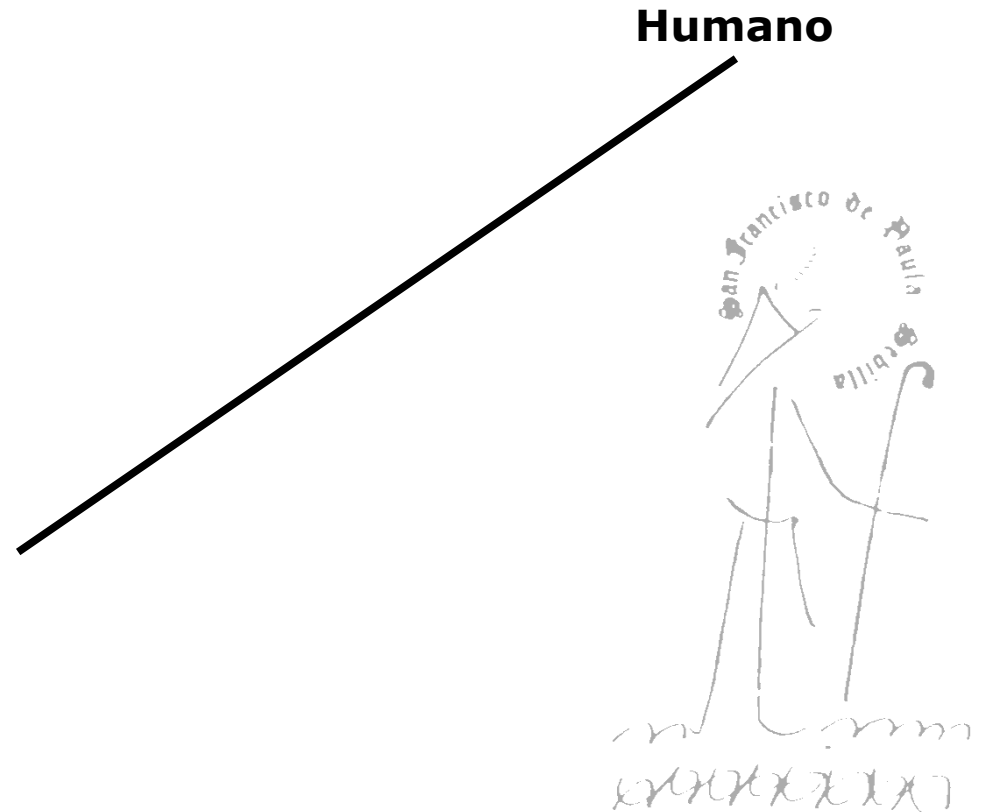






## Realización de un cladograma

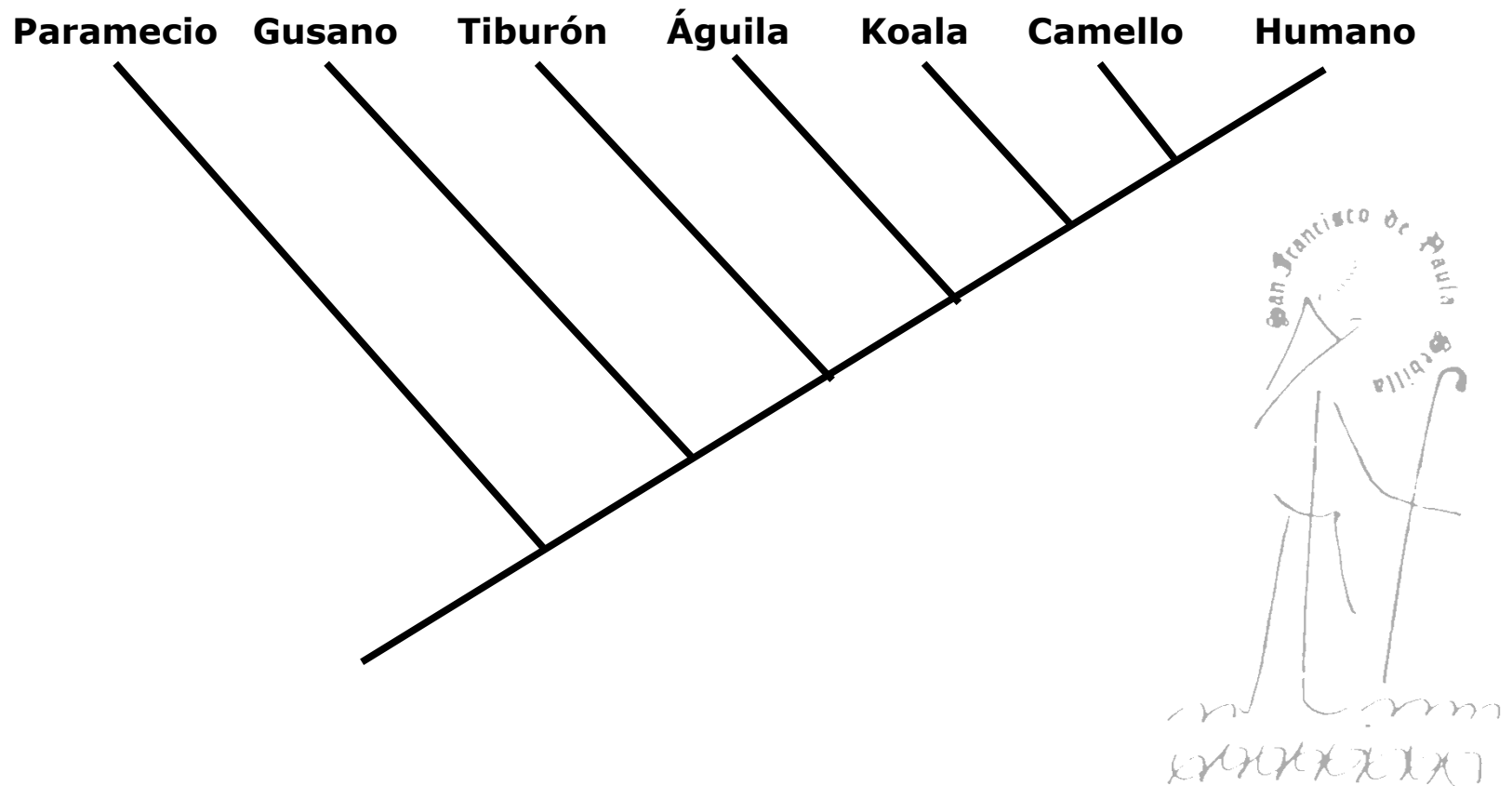
- Para construir el cladograma, se establece una línea original en cuya base se sitúa el ancestro común del linaje de estudio, y en su parte más alta se encuentra el organismo estudiado que posea un mayor número de características derivadas.





## Realización de un cladograma

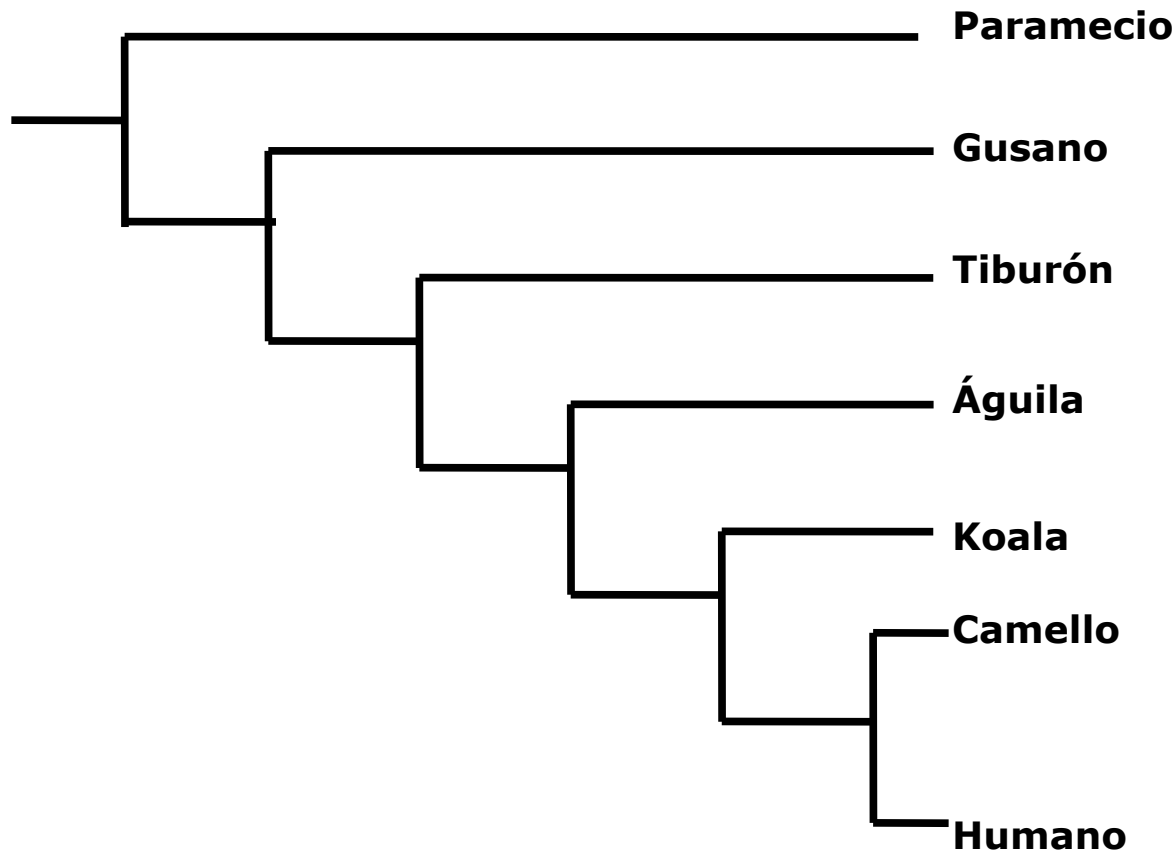
- Ahora se van colocando de forma equidistante el resto de organismos estudiados en orden decreciente de características derivadas compartidas.





## Realización de un cladograma

- Ahora se van colocando de forma equidistante el resto de organismos estudiados en orden decreciente de características derivadas compartidas.

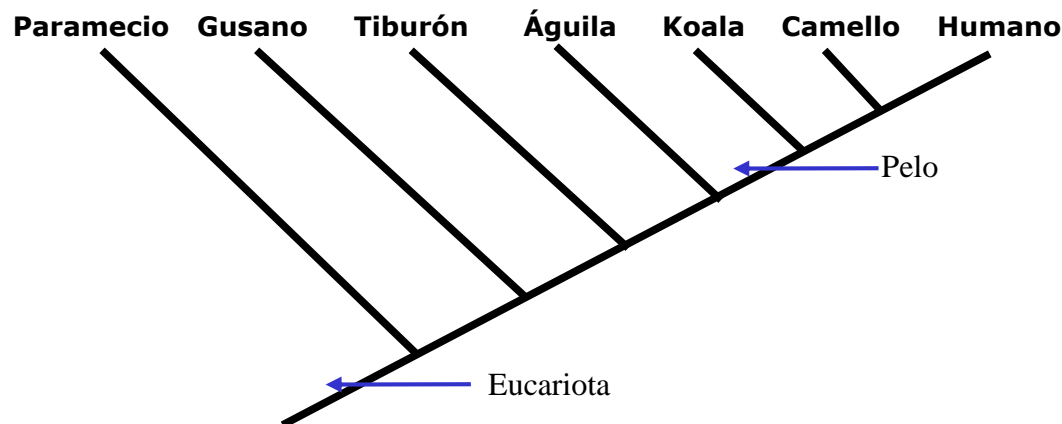




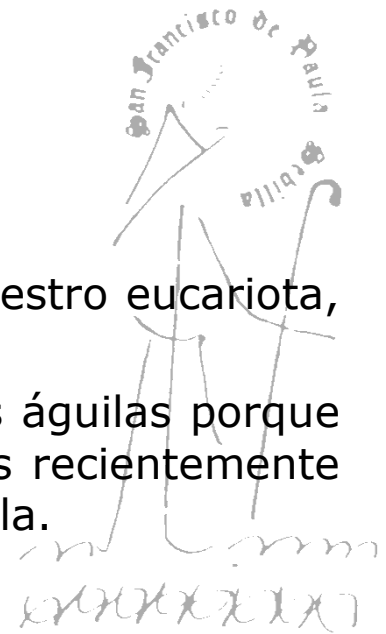


## HABILIDAD: Análisis de cladogramas para deducir relaciones evolutivas

- La información obtenida en un cladograma puede ayudar a confirmar evidencias anatómicas/fósiles, pero ¿qué información obtenemos de un cladograma como el siguiente?



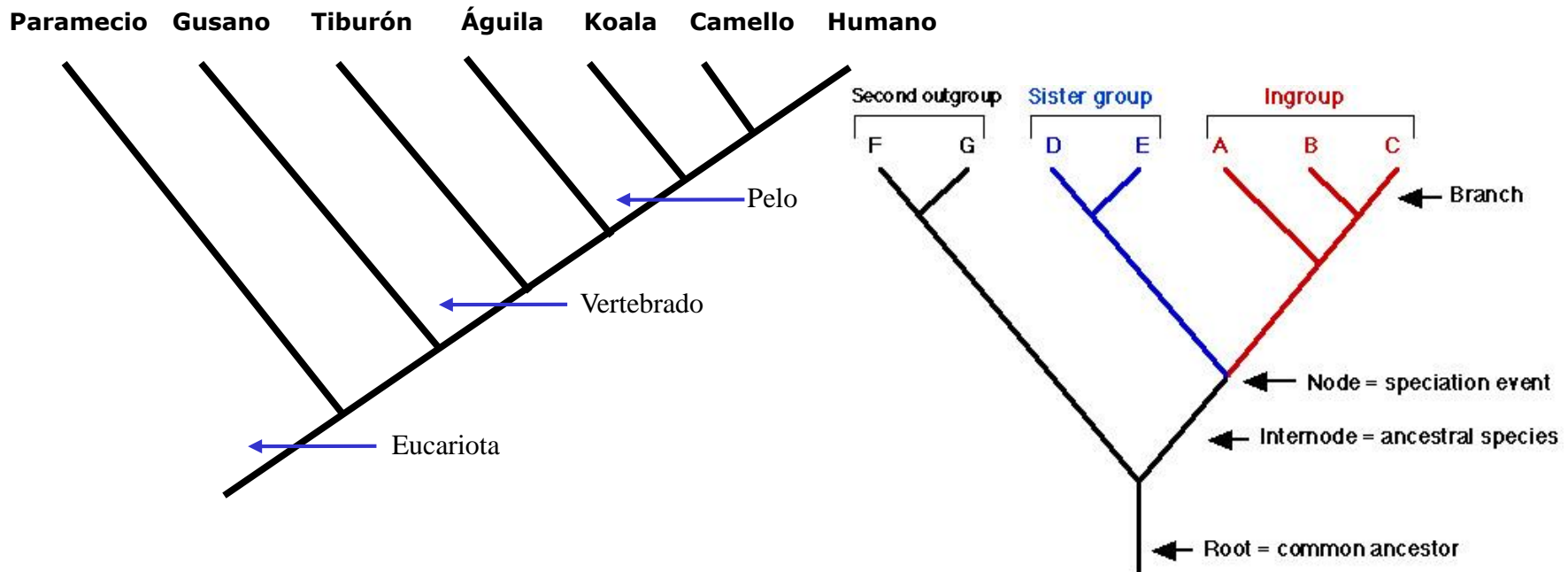
- Todos los organismos han evolucionado a partir de un ancestro eucariota, ya que todos comparten esta característica primitiva.
- Los koalas, por ejemplo, han evolucionado después de las águilas porque poseen pelo, una característica derivada, que ha sido más recientemente adquirida en la evolución que las características de un águila.





## HABILIDAD: Análisis de cladogramas para deducir relaciones evolutivas

- Todos los organismos que se encuentran en un mismo clado, comparten la misma característica derivada. Así, todos los organismos por encima del ancestro vertebrado tienen esa característica, y cualquier organismo por debajo en la filogenia es un organismo invertebrado.

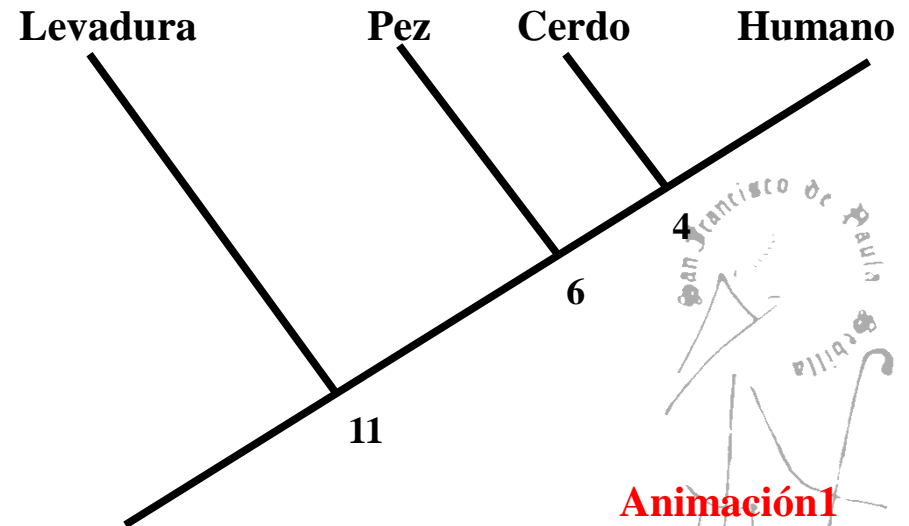


- Cada nodo o ramificación constituye un **evento de especiación**.



## HABILIDAD: Análisis de cladogramas para deducir relaciones evolutivas

- Los organismos de dos clados que están conectados en un nodo de un cladograma están más estrechamente relacionados evolutivamente.
- Las divisiones entre clados/nodos sugieren la secuencia en la que los grupos divergieron.
- Algunos cladogramas muestran números para indicar el número de diferencias en la secuencia de bases o aminoácidos. Dado que se asume que el ritmo de mutación ocurre a un ritmo constante, esos números pueden usarse para estimar cuánto tiempo hace desde que dos grupos divergieron.
- Aunque los cladogramas son frecuentemente similares a las clasificaciones basadas en otros tipos de métodos tradicionales o evidencias, los cladogramas han llegado a posibilitar la **reclasificación de un grupo**.



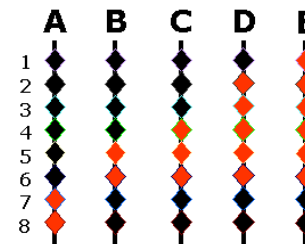


## Cladogramas y reclasificación

- La **cladística** se encarga de la construcción de cladogramas y de la identificación de clados. La construcción de cladogramas basados en la secuencia de aminoácidos o bases no ha sido posible hasta el siglo XX, cuando se han podido secuenciar genomas y disponer de programas informáticos que lleven a cabo dicho análisis.
- La cladística ha revolucionado la clasificación de animales y plantas, dado que la clasificación tradicional basada en la morfología no siempre coincide con los orígenes evolutivos de los grupos de especies.
- Como resultado, **algunos grupos han sido reclasificados**, y las nuevas clasificaciones basadas en la cladística están más cerca de una verdadera clasificación natural, habiendo revelado tanto similitudes inadvertidas entre grupos distintos como diferencias significativas entre especies clasificadas inicialmente dentro de un mismo grupo.

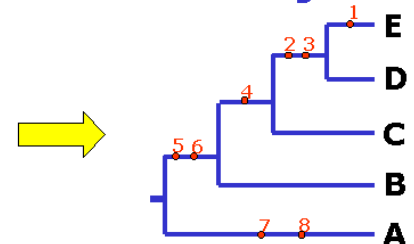
### MÉTODOS CLADÍSTICOS

Análise de vários  
caracteres com  
estados  
ancestrais (0) e  
derivados (1)



Construção  
de árvore  
filogenética

Cladograma



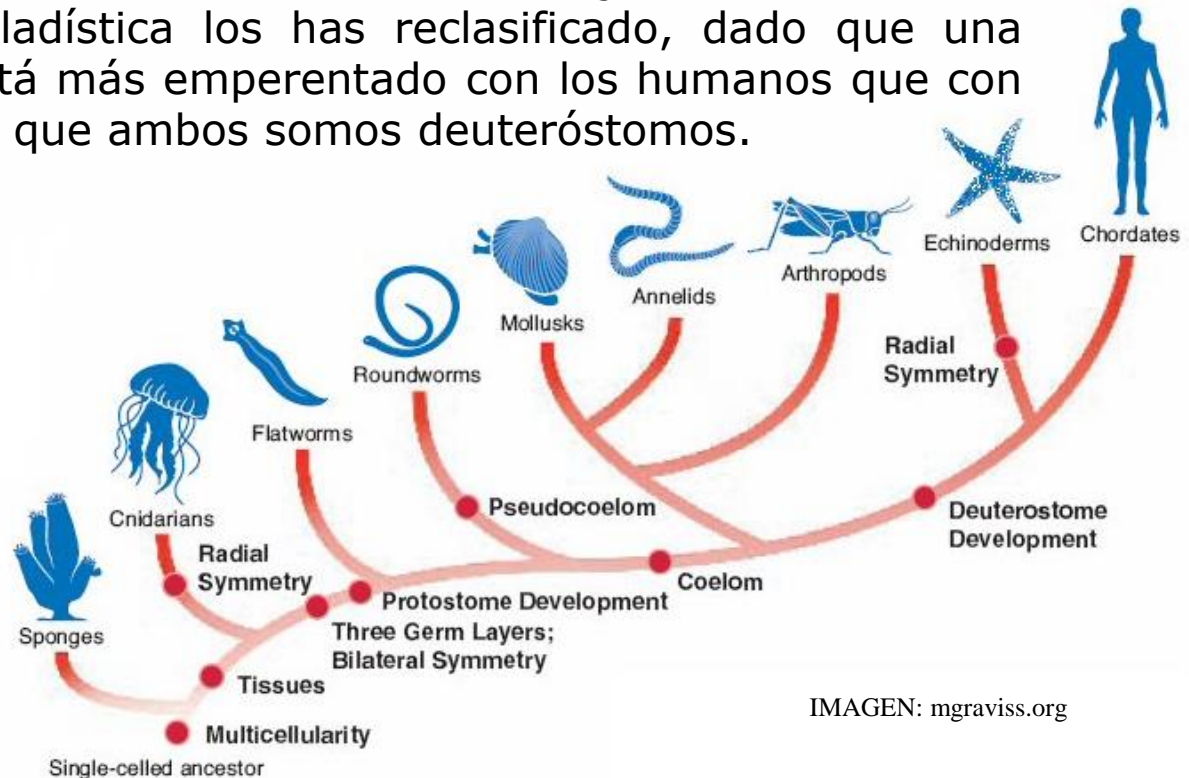
Relações de  
ancestralidade comum





## Cladogramas y reclasificación

- Así por ejemplo, al comparar una medusa, una estrella de mar y un humano, los dos primeros viven en el océano, son invertebrados y tienen simetría radial por lo que inicialmente se clasificaron en un mismo grupo.
- Sin embargo, esta clasificación no refleja sus relaciones evolutivas, y la cladística los ha reclasificado, dado que una Estrella de mar está más emparentado con los humanos que con una medusa, dado que ambos somos deuteróstomos.



**Web4**

IMAGEN: mgraviss.org



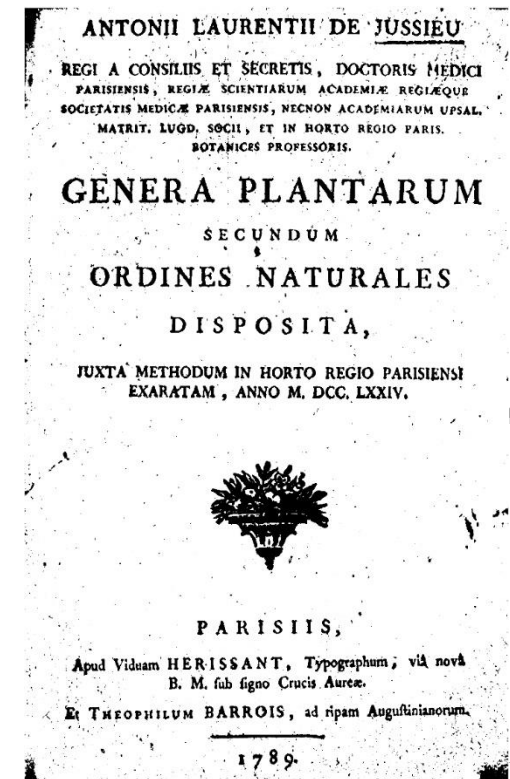


## NATURALEZA CIENCIAS: Refutación de teorías

- La **reclasificación de familias de plantas como resultado de las pruebas aportadas por la cladística**, constituye un buen ejemplo de un importante proceso en ciencias, la comprobación de teorías y la sustitución de aquellas encontradas falsas con nuevas teorías.
- La clasificación de la Angiospermas en familias en base a sus parecidos morfológicos fue comenzada por el botánico francés de Jussieu en 1789 en su obra *Genera plantarum* y revisada a lo largo del siglo XIX.



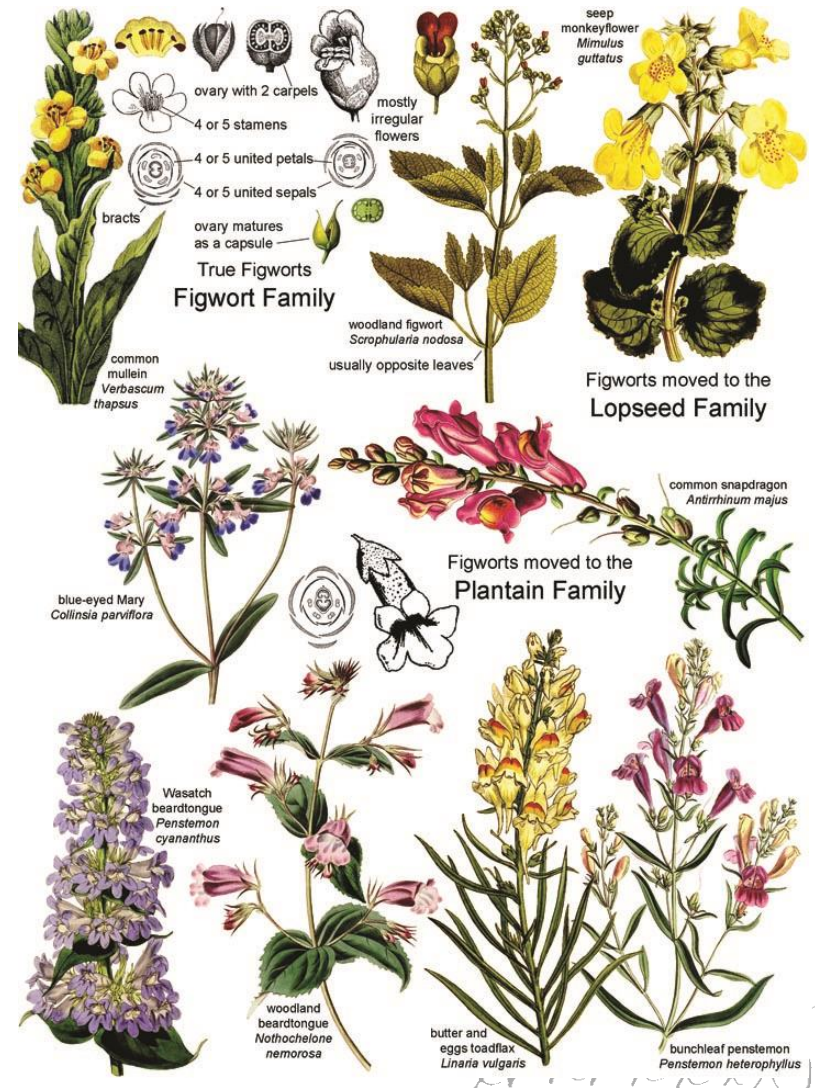
IMAGEN: es.wikipedia.org





# APLICACIÓN: Reclasificación Familia escrofulariáceas

- Existen más de 400 Familias de plantas Angiospermas, siendo el de las escrofulariáceas el octavo grupo con más miembros.
- El nombre de esta familia fue dado originariamente por Jussieu en 1789, incluyendo 16 géneros en base a similitudes morfológicas.
- A medida que se fueron encontrando y clasificando nuevas plantas, la familia fue creciendo hasta alcanzar más de 5000 especies repartidas en 275 géneros.





## APLICACIÓN: Reclasificación Familia escrofulariáceas

- Recientemente los taxónomos han investigados los orígenes evolutivos de la Familia Escrofulariáceas usando la cladística.

- Un proyecto de investigación comparó la secuencia de 3 genes cloroplastídicos en varias especies de esta familia así como en varias especies de familias estrechamente emparentadas.



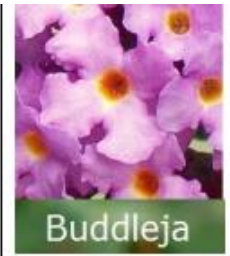
Plantain



Snapdragon



Figwort



Buddleja



Foxglove



Monkey flower



Lopseed



Speedwell

**Web5**

IMAGEN: thinkib.net

- Los resultados obtenidos muestran que algunas de las especies de la familia Escrofulariáceas no forman un verdadero clado y que, por otro lado, cinco clados habían sido incorrectamente clasificados en una familia.
- Con la reclasificación actual, menos de la mitad de las especies originales permanecen en esta familia.

*Handwritten notes:*  
mamm  
xxxxxxx