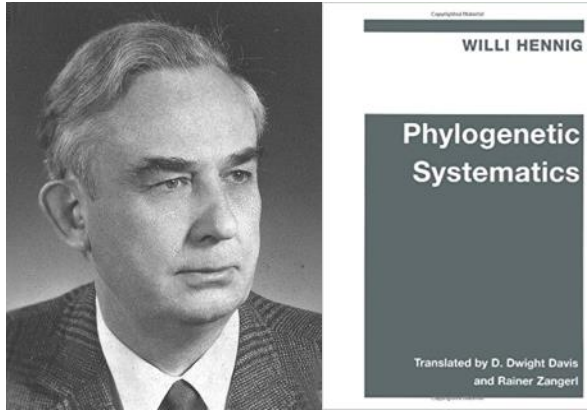


# SISTEMÁTICA FILOGENÉTICA



**Objetivo:** reconstruir las relaciones de parentesco entre taxones y proveer una clasificación concordante usando clados monofiléticos

En la naturaleza hay un orden jerárquico

Los caracteres permiten reconstruir ese orden

Especies y taxones superiores pueden definirse como monofiléticos si y solo si comparten una novedad evolutiva única (sinapomorfía)

# Algunos problemas con la argumentación Hennigiana

- Polarización *a priori* de caracteres (grupo ajeno = ancestral)
- El método asume que **no hay homoplasia** (poco realista)
  - Caracteres inconsistentes con otros violan el modelo Hennigiano
- Imposible evitar errores o malas interpretaciones al codificar caracteres

## CRITERIO DE OPTIMALIDAD

- Medida que permite decidir, con base en un conjunto de datos, cuales hipótesis (árboles) son mejores y cuales son peores

# 1. MÁXIMA PARSIMONIA

**Cuchilla de Occam:** la mejor hipótesis para explicar un proceso es aquella que requiere el menor número de suposiciones

**En inferencia filogenética:** el mejor árbol es aquel que explica los datos observados con la menor cantidad de homoplasia posible (menos transformaciones)

# **1. MÁXIMA PARSIMONIA**

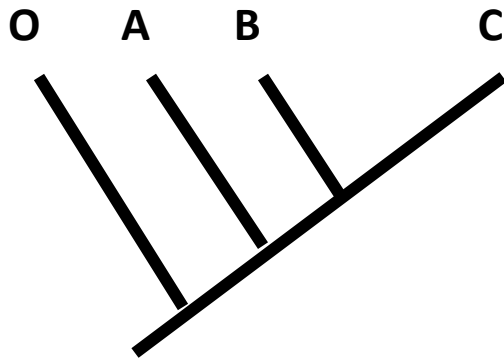
## **IMPLEMENTACIÓN**

1. Construir matriz con base en homología primaria
2. Contar el mínimo número de cambios (pasos) de cada caracter en un árbol determinado
3. Sumar todos los números de pasos para determinar la LONGITUD DEL ÁRBOL
4. Repetir en los otros árboles alternativos y escoger aquel con la menor longitud com el ÁRBOL MÁS PARSIMONIOSO

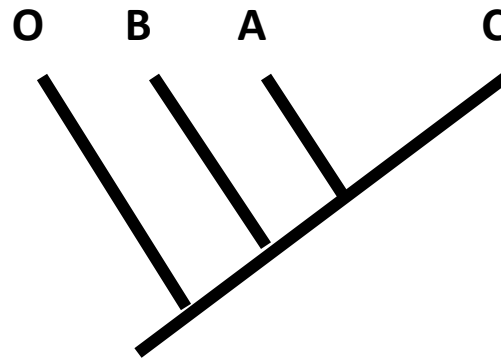
# 1. MÁXIMA PARSIMONIA

## EJEMPLO

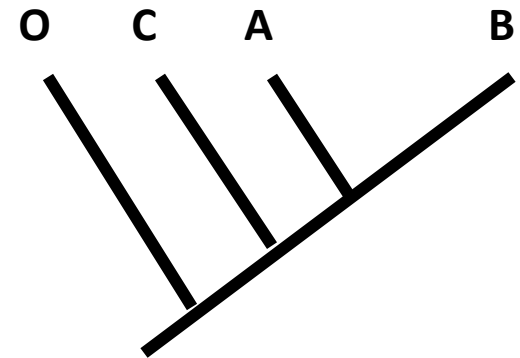
	1	2	3	4	5	6	7	8
O	0	0	0	0	0	0	0	0
A	0	1	0	0	0	1	1	0
B	1	1	0	1	1	1	1	1
C	0	0	1	1	0	0	0	0



Árbol 1



Árbol 2



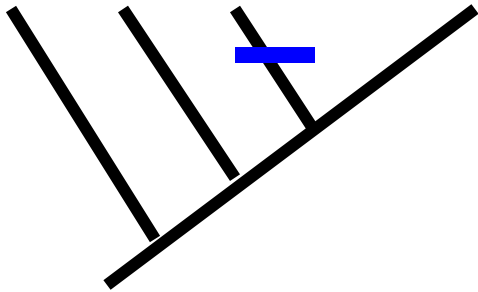
Árbol 3

# 1. MÁXIMA PARSIMONIA

Árbol 1

	1	2	3	4	5	6	7	8
O	0	0	0	0	0	0	0	0
A	0	1	0	0	0	1	1	0
B	1	1	0	1	1	1	1	1
C	0	0	1	1	0	0	0	0

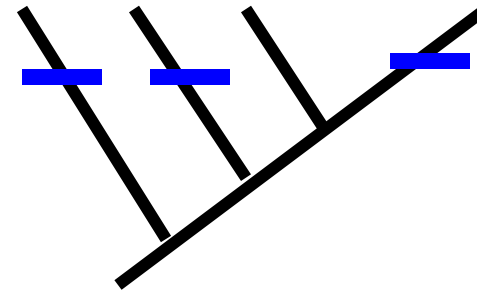
O = 0   A = 0   B = 1   C = 0



0 → 1

1 pasos

O = 0   A = 0   B = 1   C = 0



1 → 0

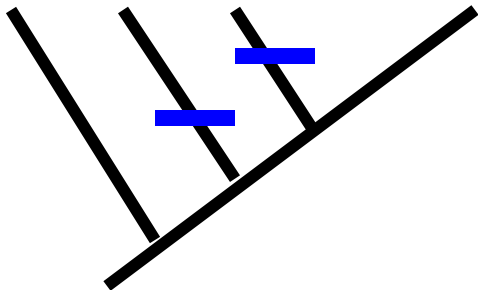
3 pasos

# 1. MÁXIMA PARSIMONIA

Árbol 1

	1	2	3	4	5	6	7	8
O	0	0	0	0	0	0	0	0
A	0	1	0	0	0	1	1	0
B	1	1	0	1	1	1	1	1
C	0	0	1	1	0	0	0	0

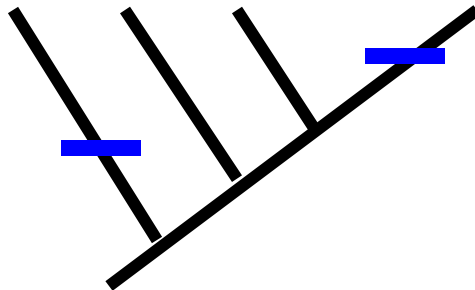
O = 0   A = 1   B = 1   C = 0



0 → 1

2 pasos

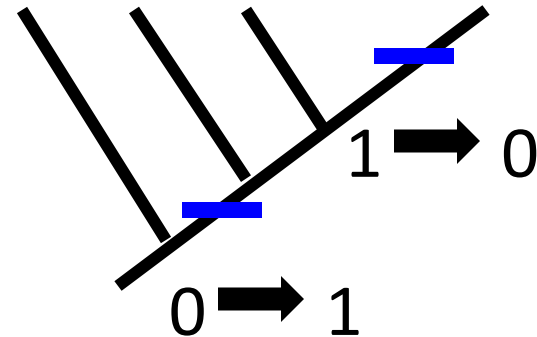
O = 0   A = 1   B = 1   C = 0



1 → 0

2 pasos

O = 0   A = 1   B = 1   C = 0



0 → 1

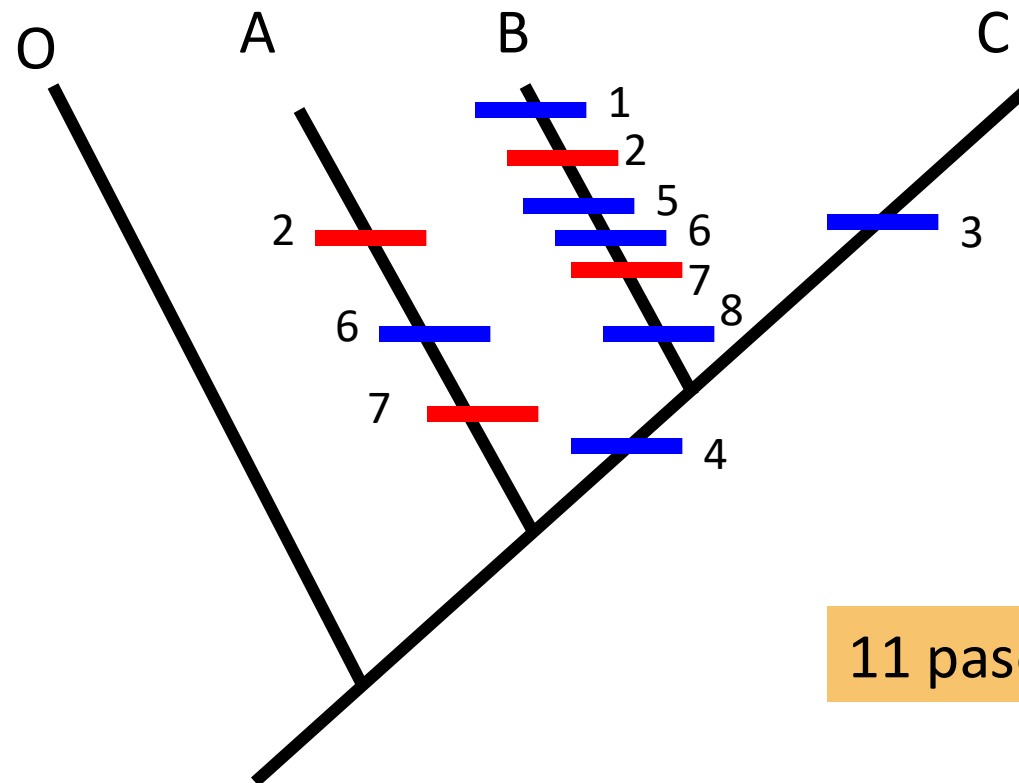
2 pasos



# 1. MÁXIMA PARSIMONIA

Árbol 1

	1	2	3	4	5	6	7	8
O	0	0	0	0	0	0	0	0
A	0	1	0	0	0	1	1	0
B	1	1	0	1	1	1	1	1
C	0	0	1	1	0	0	0	0

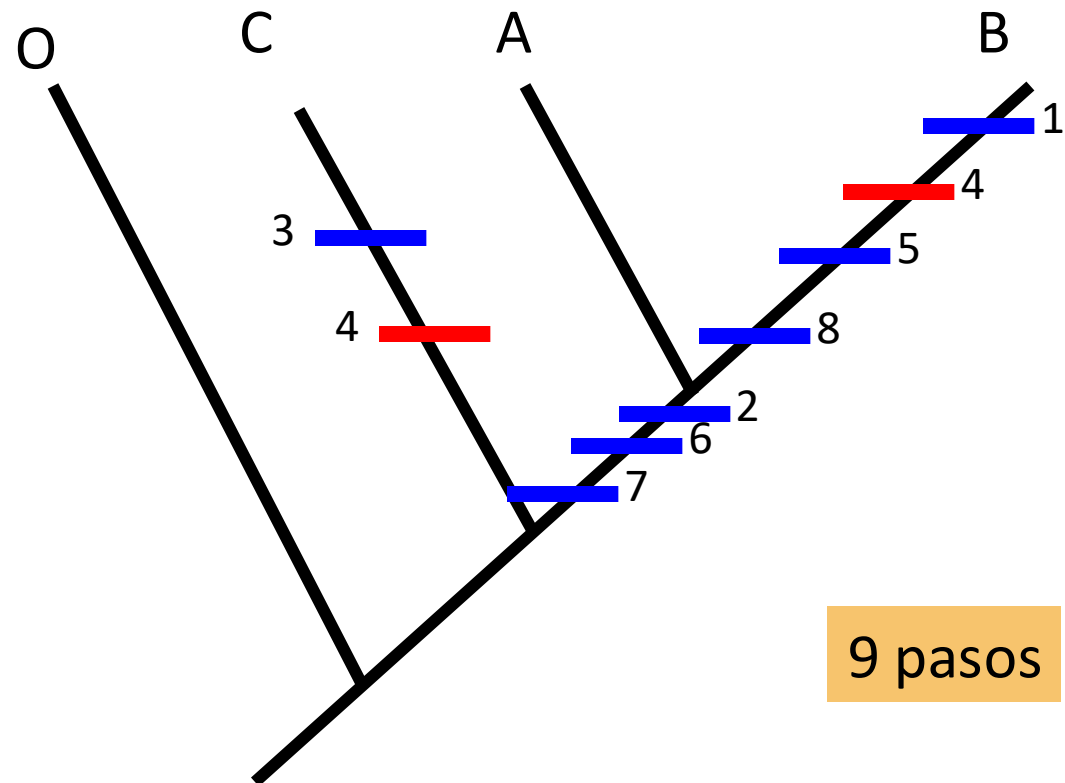


11 pasos

# 1. MÁXIMA PARSIMONIA

Árbol 3

	1	2	3	4	5	6	7	8
O	0	0	0	0	0	0	0	0
A	0	1	0	0	0	1	1	0
B	1	1	0	1	1	1	1	1
C	0	0	1	1	0	0	0	0



# 1. MÁXIMA PARSIMONIA

	1	2	3	4	5	6	7	8	
O	0	0	1	0	1	1	0	0	
A	0	1	1	0	1	0	1	0	
B	1	1	1	1	0	0	1	1	
C	0	0	0	1	1	1	0	0	Longitud Total

Longitud árbol 1	1	2	1	1	1	2	2	1	11
Longitud árbol 2	1	2	1	2	1	2	2	1	12
Longitud árbol 3	1	1	1	2	1	1	1	1	9

Árbol más  
parsimonioso

Caracteres informativos y no informativos para  
parsimonia

# 1. MÁXIMA PARSIMONIA

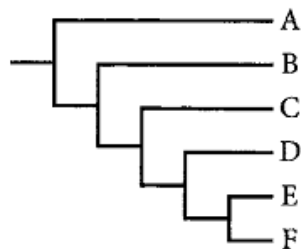
- HOMOPLASIA VS. CONSISTENCIA

Taxa	Consistent					Homoplastic				
A	A	G	T	G	G	G	C	G	A	T
B	A	G	T	G	G	G	T	T	C	G
C	A	G	T	G	C	A	T	G	G	A
D	A	G	T	T	T	A	C	T	C	T
E	A	A	C	T	A	G	C	A	A	C
F	A	G	C	C	A	G	T	A	G	G
States	1	2	2	3	4	2	2	3	3	4
Changes	0	1	1	2	3	2	3	3	4	4
CI		1.0	1.0	1.0	1.0	0.5	0.33	0.66	0.5	0.75

Índice de consistencia (ci)

$$ci = L_{\min}/L_{\text{obs}}$$

$$L_{\min} = \# \text{ de estados} - 1$$



# 1. MÁXIMA PARSIMONIA

- Otros índices

**Índice de Homoplasia** ( $hi$ ) =  $1 - CI$

**Índice de Retención** ( $ri$ ) =  $(L_{\max} - L_{\text{obs}}) / (L_{\max} - L_{\min})$

- Índices a través del árbol

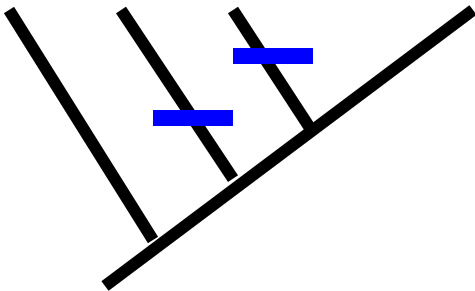
$$CI = \Sigma L_{\min} / \Sigma L_{\text{obs}}$$

$$RI = (\Sigma L_{\max} - \Sigma L_{\text{obs}}) / (\Sigma L_{\max} - \Sigma L_{\min})$$

# 1. MÁXIMA PARSIMONIA

## ACCTRAN y DELTRAN

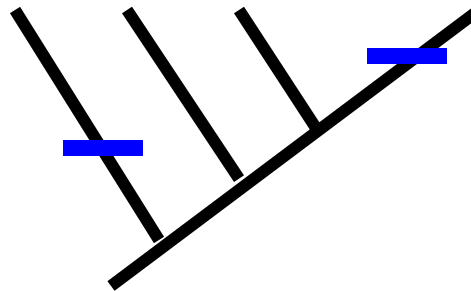
O = 0   A = 1   B = 1   C = 0



0 → 1

2 pasos

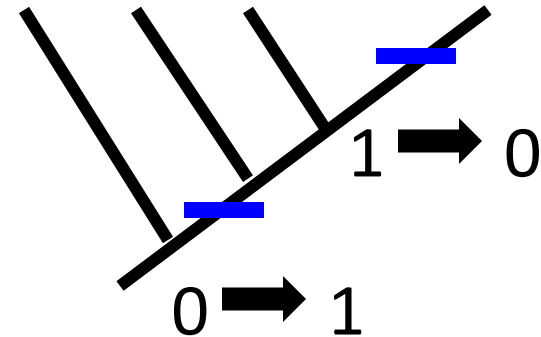
O = 0   A = 1   B = 1   C = 0



1 → 0

2 pasos

O = 0   A = 1   B = 1   C = 0



0 → 1

2 pasos

- ACCTRAN: Transformación acelerada (favorece reversiones)
- DELTRAN: Transformación retrasada (favorece los paralelismos)

# 1. MÁXIMA PARSIMONIA

El problema de encontrar  
árboles óptimos...

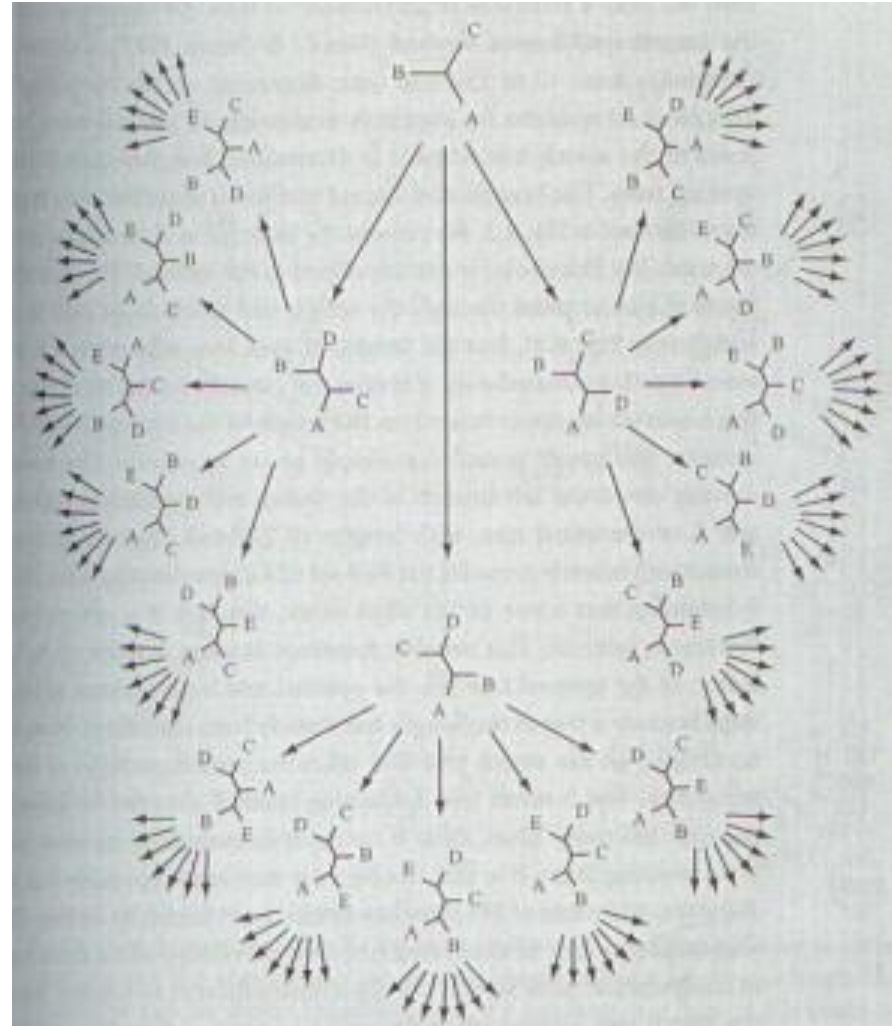
$$= (2n - 5)! / ((n-3)!2^{n-3})$$

Taxones	Árboles resueltos
1	--
2	1
3	3
4	15
5	105
6	945
7	10395
8	135135
9	2027025
10	34459425
11	654729075
12	13749310575
13	316234143225
14	7905853580625
15	213458046676875
16	6190283353629370
17	191898783962510000
18	6332659870762850000
19	221643095476699000000
20	6,66409461 x 10 E 98
62	> 10 E 100

# 1. MÁXIMA PARSIMONIA

## Métodos exactos:

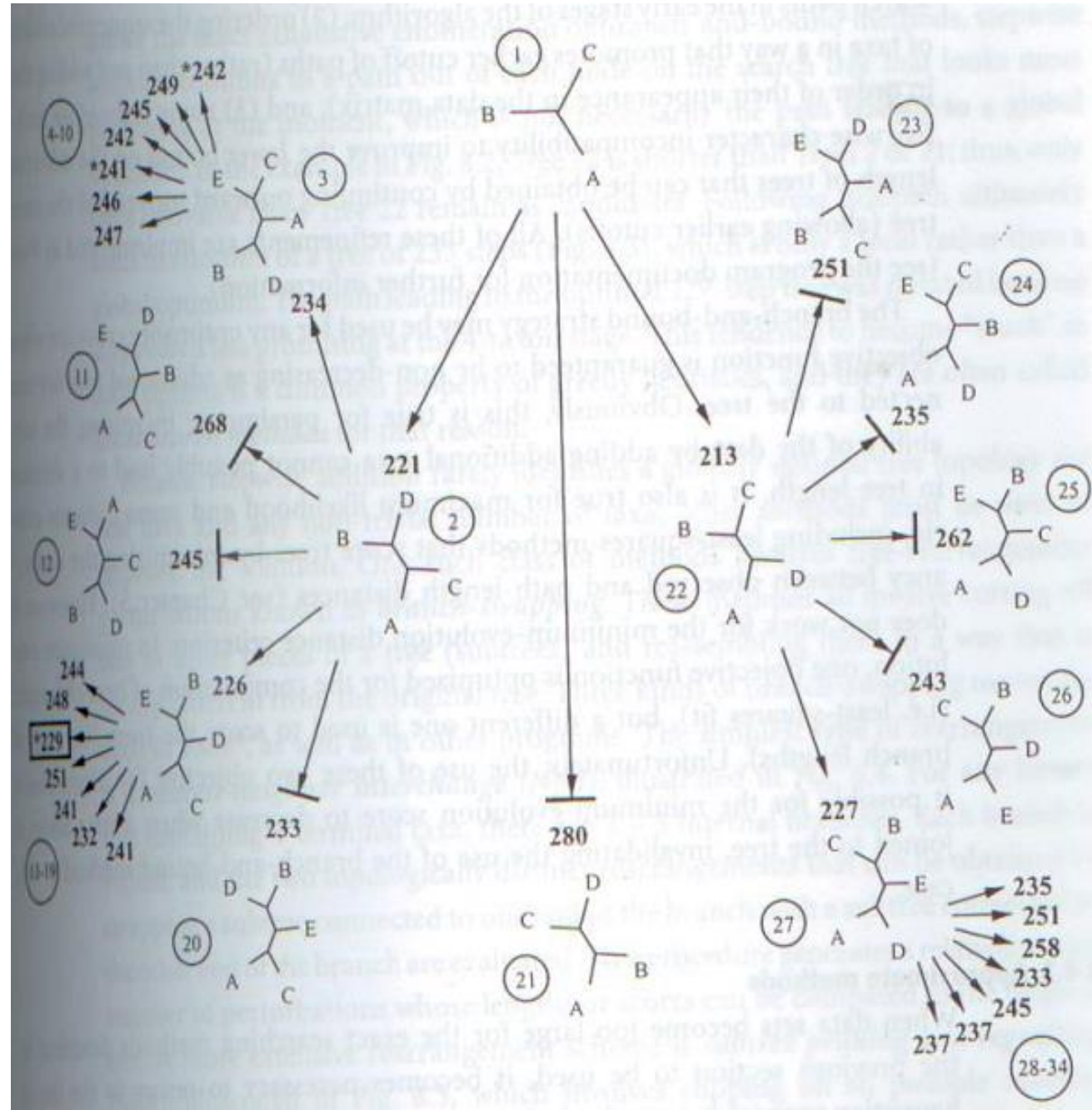
### 1. Búsqueda exhaustiva





# 1. MÁXIMA PARSIMONIA

**Métodos exactos:**  
2. Branch & Bound

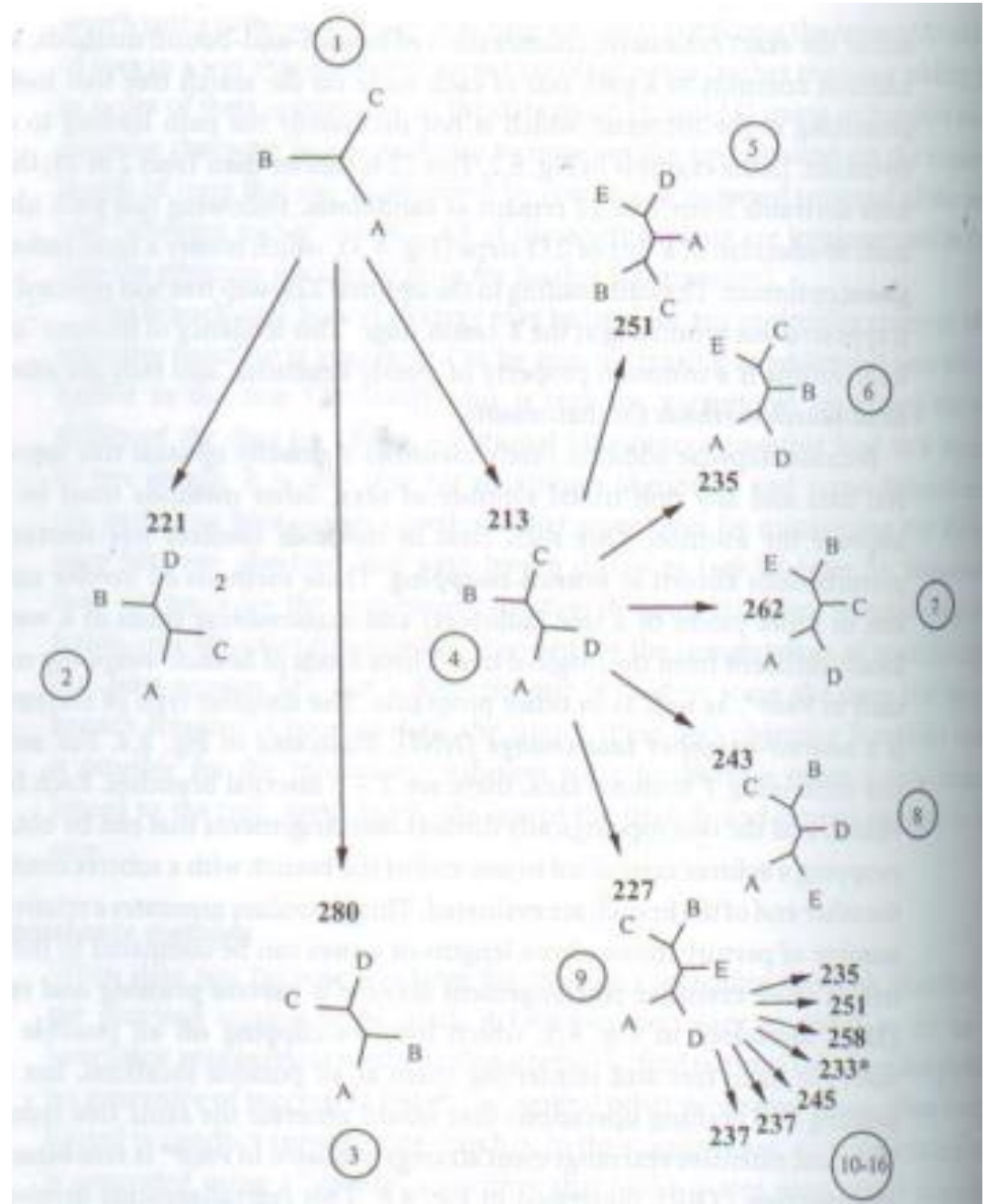


# 1. MÁXIMA PARSIMONIA

## Métodos heurísticos:

### 1. Buscar árbol inicial:

- Adición paso a paso (Stepwise addition)
- Aleatorio

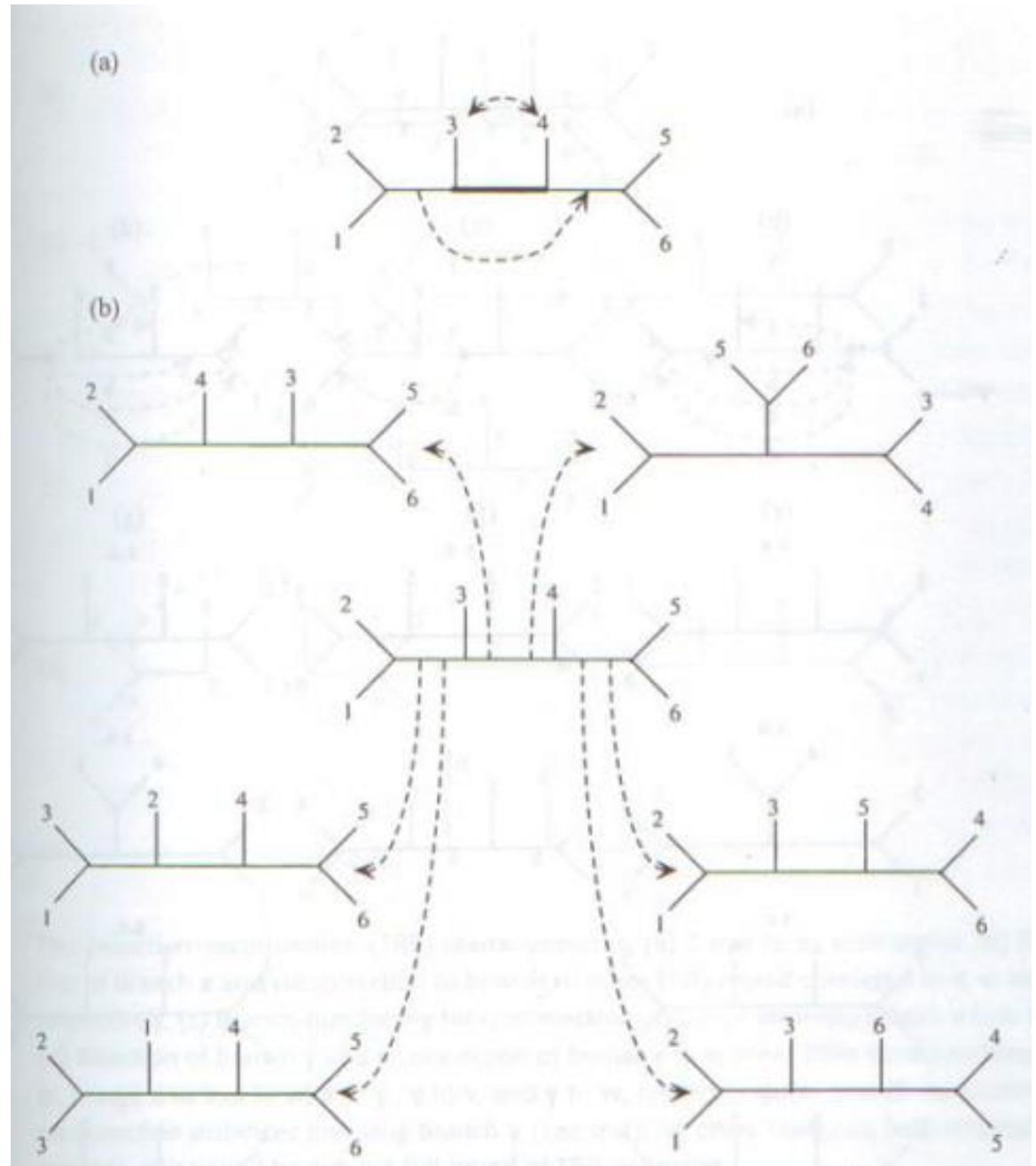


# 1. MÁXIMA PARSIMONIA

## Métodos heurísticos:

### 2. Perturbar árbol inicial:

- Nearest Neighbor Interchange (NNI)



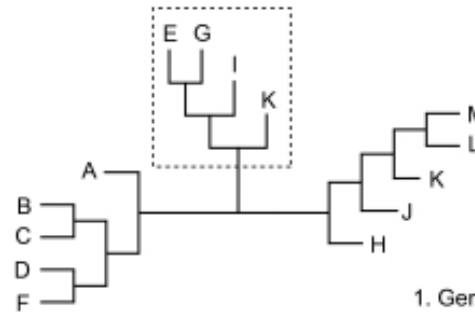
# 1. MÁXIMA PARSIMONIA

## Métodos heurísticos:

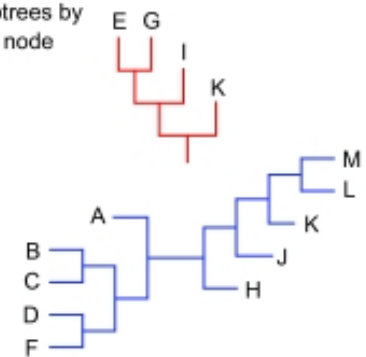
### 2. Perturbar árbol inicial:

- Subtree Pruning & Regrafting (SPR)

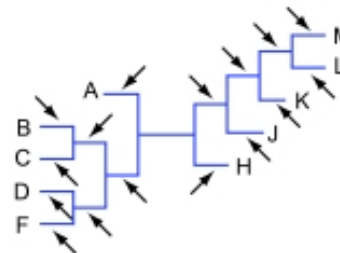
0. Starting tree



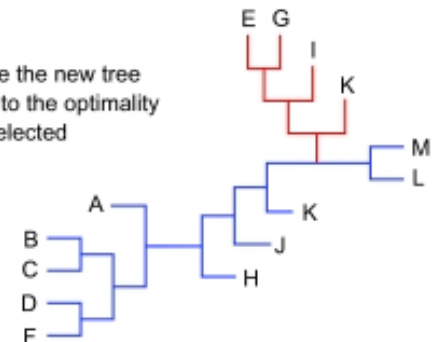
1. Generate two subtrees by breaking an internal node



2. Try to insert the red subtree at each node of the blue subtree

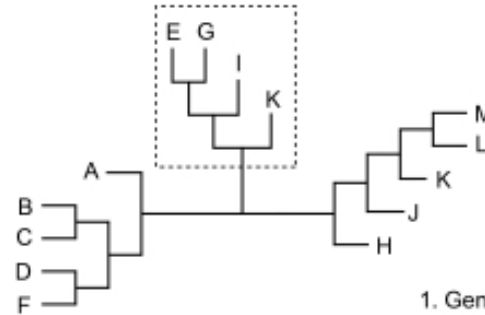


3. Evaluate the new tree according to the optimality criterion selected

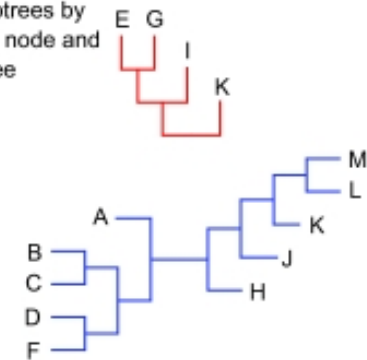


# 1. MÁXIMA PARSIMONIA

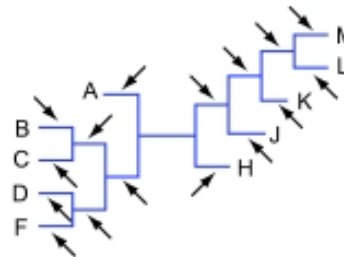
0. Starting tree



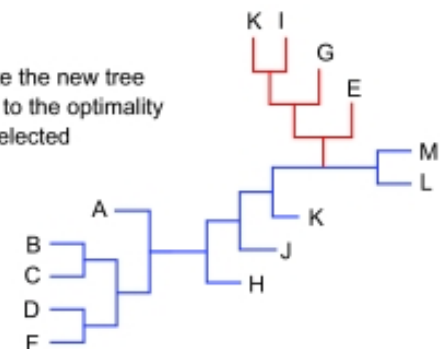
1. Generate two subtrees by breaking an internal node and re-rooting the subtree



2. Try to insert all possible rooted red subtrees at each node of the blue subtree



3. Evaluate the new tree according to the optimality criterion selected



## Métodos heurísticos:

### 2. Perturbar árbol inicial:

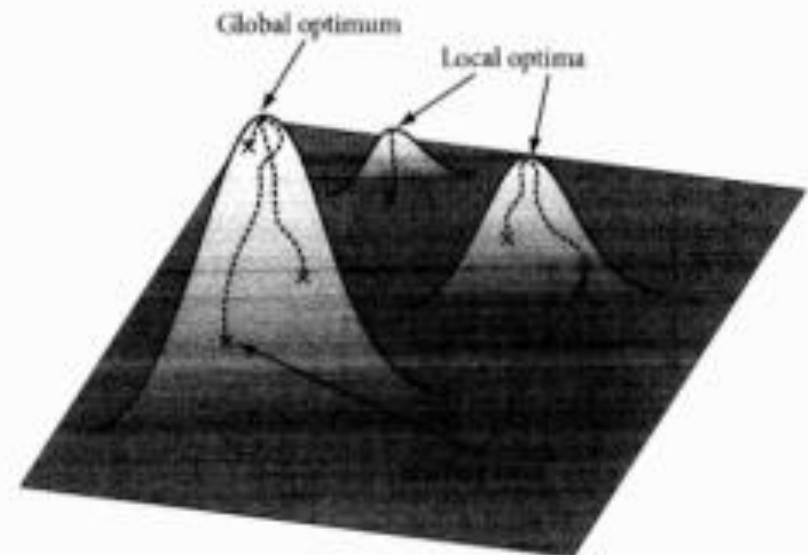
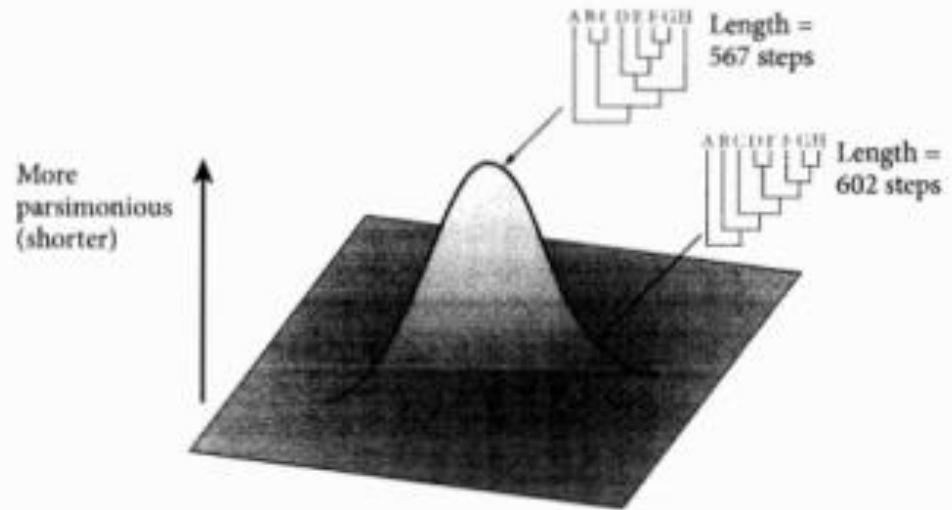
- Tree Bisection & Reconnection (TBR)

# 1. MÁXIMA PARSIMONIA

## Métodos heurísticos:

3. Visitar óptimos locales para tener óptimo global:

- Réplicas
- Stepwise-random-addition



# 1. MÁXIMA PARSIMONIA

¿Qué pasa si hay más de un árbol más parsimonioso?

