

**Molecular Phylogenetics of the Leafy Cactus Genus *Pereskia* (Cactaceae)**



Butterworth & Wallace  
Systematic Botany (2005), 30: 800-808

Considerado el grupo mas primitivo de la familia Cactaceae

Tiene un rango de distribución desde el sur de México, las islas del Caribe y la parte norte de América del Sur

Ovario variable entre superior a inferior

Produce hojas anchas y al mismo tiempo produce areolas de donde surgen las espinas, la copa floral tambien presenta nodos con hojas, y muchos segmentos del perianto, similar a lo encontrado en el resto de la familia Cactaceae.



*Pereskia sacharosa* - Bolivia

El genero fue descrito en 1703

Hoy es un genero de 17 especies y 2 subespecies

Una monografía reciente del grupo (1986) propuso relaciones evolutivas basadas en caracteres morfológicos y anatómicos dividiendo al genero en 7 grupos. Esas sinapomorfías (caracteres derivados compartidos) no son muy claras y por lo tanto sugieren que *Pereskia* sea en realidad un grupo con alto grado de variación.

Tabla 1. Estructura de grupos, especies nuevas, y el claceteo considerado en *Pereskia* en relación al claceteo de 1986. Nuevas especies nuevas al grupo 5. Como modificaciones de los caracteres de 1986, los caracteres de 1986 de los caracteres de 1986. Nuevas especies de 1986. Nuevas especies de 1986. Nuevas especies de 1986. Nuevas especies de 1986.

Grupo	Claceteo	Epitetos	Taxones	Alto	Medio	Bajo	Distal	Proximal	Enditeo
Grupo 1	simple	abscisi	none	4-5 sépalos	small	florosa	abscisi	abscisi	early
Grupo 2	simple	abscisi	abscisi	none	small	florosa	abscisi	abscisi	early
Grupo 3	simple	abscisi	abscisi	4-5 sépalos	small	florosa	abscisi	abscisi	early
Grupo 4	simple	abscisi	abscisi	4-5 sépalos	small	florosa	abscisi	abscisi	early
Grupo 5	simple	abscisi	abscisi	4-5 sépalos	small	florosa	abscisi	abscisi	early
Grupo 6	simple	abscisi	abscisi	4-5 sépalos	small	florosa	abscisi	abscisi	early
Grupo 7	simple	abscisi	abscisi	4-5 sépalos	small	florosa	abscisi	abscisi	early

Se muestrearon 18 de los 19 taxa – grupo interno

Para este tipo de estudio solo es necesario tener un individuo por taxon

Grupos externos

No pueden ser especies escogidas al azar que estén lejanas al grupo interno. Deben de estar cercanas genéticamente pero fuera del grupo interno, generalmente esto se sabe de trabajos anteriores o por datos morfológicos. Es bueno incluir múltiples grupos externos que tengan distancias evolutivas diferentes en relación al grupo interno.

Una relación cercana del grupo externa permite polarizar adecuadamente los caracteres reduciendo la posibilidad de homoplasia (similitud debida a cambios evolutivos y no a homología o ancestro común). Este estudio utilizo a miembros de otras dos subfamilias de Cactaceae y a un miembro de la familia Portulacaceae – que ha sido considerado siempre el grupo hermano de las Cactaceae.

**Methods**

Extracción de DNA – varía dependiendo del taxon

Para evaluar la diferencia genética se usaron dos métodos.

1) digestión con enzimas de restricción (RFLP) 18 enzimas – se hibridaron con sondas del cloroplasto de *Nicotiana*

2) secuenciación de dos regiones de cloroplasto (*psbA-trnH* & *rpl16* intron)

RFLP permiten evaluar las diferencias a gran escala entre muestras y permite evaluar una gran proporción de la variabilidad del genoma

Los resultados se presentan como una matriz de presencia – ausencia de un fragmento en particular.

Las secuencias del cloroplasto se escogen basadas en la edad del grupo, las secuencias nucleares probablemente serian muy variables y no pueden proporcionar información para resolver esta pregunta.

**Methods**

Esta metodología permitió la generación de una matriz de datos de 1789 caracteres

Las pruebas (Incongruence Length Difference) indicaron que los datos podrían ser combinados – que cada individuo mostro un patron similar

Se generaron árboles usando

- 1) Métodos cladísticos con parsimonia como criterio
- 2) Análisis Bayesianos

Los métodos cladísticos se desarrollaron primero en 1950s por el entomólogo alemán Hennig y son los mas comúnmente empleados en técnicas de creación de árboles filogenéticos



Willi Hennig

**Analysis**

Premisa: las relaciones están basadas solamente en la presencia de caracteres compartidos, **derivados** ya que solo los caracteres derivados pueden ser indicadores de relaciones

Enfatiza en uso de caracteres homólogos

Usamos el principio de **parsimonia** para determinar relaciones

Parsimonia (en un contexto evolutivo) = el menor numero de cambios evolutivos (la explicación mas simple para un patrón observado)

Solo aquellos caracteres compartidos por mas de un taxon son usados. (Parsimonia informativa)

Estos caracteres derivados compartidos son llamados apomorfias

Species	1	2	3	4	5
A	0	0	0	0	0
B	1	1	0	0	0
C	1	0	1	1	1

**Cladística**

La similitud es presentada en diagramas tipo árboles que son llamados **cladogramas**

CLADISTIC  
0 = Primitive character state  
1 = Derived character state

Como sabemos que es primitivo y que es derivado?

Character 1 shared derived or synapomorphic  
Characters 2-5 uniquely derived or autapomorphic

**Cladística**

Consideremos las relaciones entre estas flores azules y amarillas

En cladística se tienen que ordenar y polarizar los datos

Esto se hace mediante la selección de un grupo **externo**.

Un grupo cercano al que estamos analizando, el incluirlo nos ayuda a polarizar los datos

Si seleccionamos como un grupo externo a un grupo con flores amarillas eso indicaría que las flores azules son derivadas

Derivado = apomorfico  
Ancestral = plesiomorfico

**Cladística**

La polaridad de los caracteres nos permite construir un diagrama en forma de árbol que indica ancestralia

blue flowers (apomorphy)  
opposite leaves  
yellow flowers (plesiomorphy)

**Cladística**

Como funciona con datos moleculares?  
Tenemos cuatro nucleótidos – como podemos usar parsimonia como criterio?

Desarrollamos una “step matrix” o “transformation matrix” con las probabilidades de cambio de un caracter a otro (nucleotido a nucleotido)

Bioquímicamente un cambio de A a G es mas probable que un cambio de C a T

Podemos usar un modelo que indique que el cambio sucede siguiendo esta lógica bioquímica o podemos usar un modelo que sugiere que los cambios ocurren en igual probabilidad (mas común)

**Cladística**

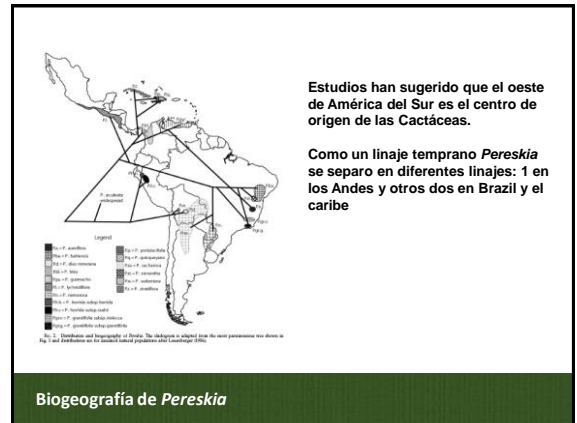
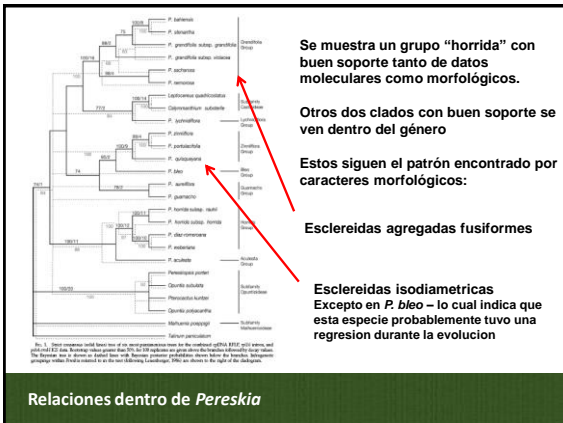
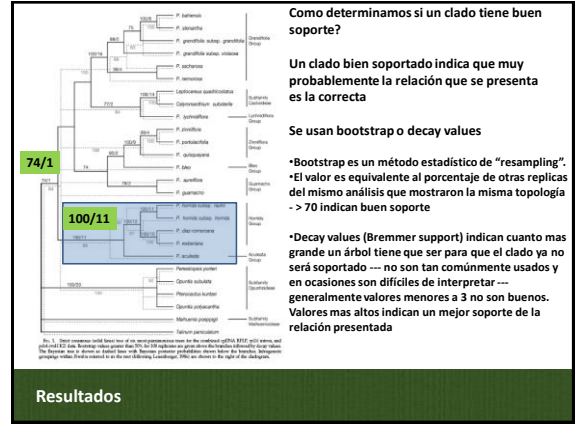
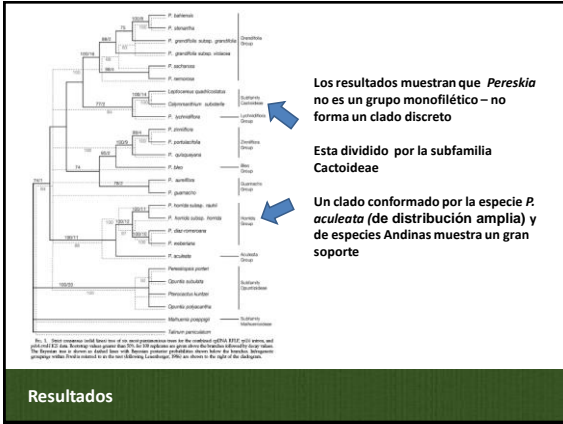
Procedimiento estadístico que estima parámetros de una distribución “underlying” basada en una distribución observada

En filogenia molecular esto inicia con un modelo calculado de sustitución de nucleótidos- esto es derivado de nuestro conocimiento de evolución molecular.

Usamos un set de “priors” relacionados con las relaciones conocidas de los grupos (taxa). En un sentido práctico no podemos incluir mucha información – los métodos de análisis aun estan en desarrollo

Usando los “priors” y un modelo dado de sustitución de nucleótidos una simulación de Markov Chain Monte Carlo (MCMC) es usada con los datos para calcular una probabilidad que pueda ser mostrada en un diagrama.

**Métodos Bayesianos**



Este estudio tiene conflicto con la idea de que *Pereskia* es el grupo ancestral de Cactaceae

Basado en esta información parece mas probable que *Maihuenia* y *Pereskopsis* son mas basales y que *Pereskia* es en realidad un grupo que incluye una gradación de taxa primitivos

*Maihuenia poeppigii*

*Pereskopsis diguetii*

**Linajes tempranos de cactus**