

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 = apomorfo
Ancestral = plesiomorfo

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

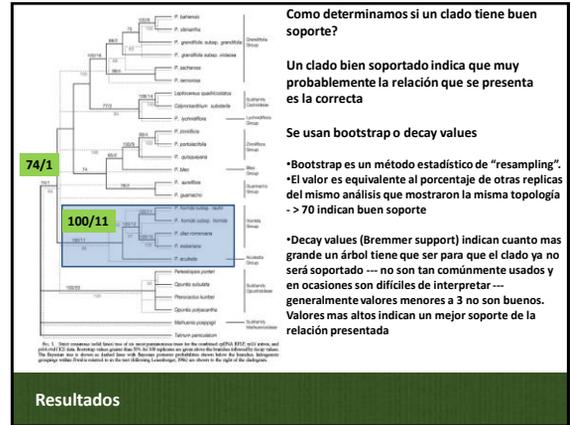
Procedimiento estadístico que estima parámetros de una distribución "underlying" basada en una distribución observada

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