

5. Els arbres filogenètics

David Bueno

Terminologia bàsica dels arbres filogenètics. El node terminal és la seqüència o l'organisme real (actual o fòssil) els caràcters del qual s'analitzen, mentre que el node intern és l'ancestre hipotètic. L'arrel és l'ancestre de totes les seqüències o organismes dels nodes terminals.

[Font: original de l'autor]

Per a entendre com es construeixen els arbres filogenètics i com s'han d'interpretar llurs ramificacions i nodes, cal tenir presents molts dels aspectes que s'han tractat en els apartats precedents, entre d'altres, els relatius a la tipologia dels caràcters i als diversos estats que poden presentar, a la necessitat de comparar caràcters homòlegs, als diversos tipus d'homologia i als processos de canvi d'aquests caràcters per mutació i posterior selecció natural.

5.1 Les característiques generals dels arbres filogenètics

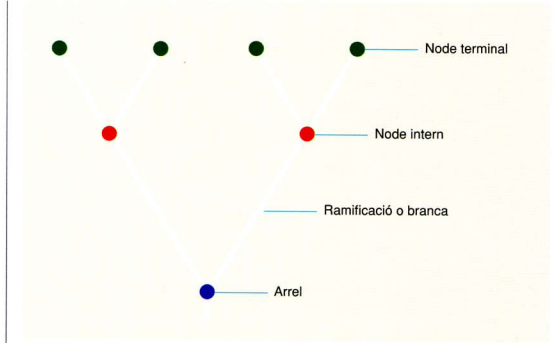
Un arbre filogenètic és una estructura matemàtica que permet modelitzar les relacions de parentiu entre un grup d'organismes o entre unes determinades seqüències de DNA, RNA o proteïnes. De manera genèrica, les entitats que es comparen reben el nom d'UTO, acrònim d'Operational Taxonomic Unit ('unitat taxonòmica operativa'). Malgrat que la terminologia que es fa servir en la construcció i la interpretació dels arbres pot variar una mica entre els diferents autors, hi ha determinats conceptes bàsics que s'empren de forma general.

La morfologia interna dels arbres filogenètics

En un arbre filogenètic es poden reconèixer nodes, ramificacions i, en alguns casos, l'arrel.

Per a començar, cal distingir entre genealogia i filogènia. Els arbres genealògics mostren qui descendeix de qui, i els ancestres s'hi identifiquen individualment. Els arbres filogenètics, en canvi, mostren qui és parent de qui, i no identifiquen els ancestres concrets, sinó que els reconstrueixen a partir de les dades dels llinatges que en parteixen, com un trencaclosques incomplet.

Un arbre és format per nodes connectats per ramificacions. Els nodes terminals, que també es poden anomenar fulles, tàxons terminals o UTO, representen les seqüències o els organismes actuals o fòssils dels quals s'analitzen els caràcters. És a dir, representen entitats reals. Els nodes interns, en canvi, representen els ancestres hipotètics a partir



dels quals se separen els llinatges que van conduint, progressivament, cap als nodes terminals. L'ancestre de totes les seqüències o organismes que s'han inclòs als nodes terminals és l'arrel de l'arbre. Els nodes i les ramificacions poden contenir diversos tipus d'informació associada. Per exemple, hi ha mètodes de reconstrucció filogenètica que es basen en la reconstrucció seqüencial dels caràcters dels hipotètics ancestres en tots els nodes, com l'anomenat mètode de màxima parsimònia. Altres també estimen la quantitat d'evolució que s'ha produït entre un node i el següent, un valor que queda representat en la longitud de les ramificacions.

D'un node poden sortir diverses branques. El nombre de branques adjacents que surten d'un node intern determina l'anomenat grau del node. Tots els nodes interns tenen una única ramificació

Dos tipus de politomia en arbres hipotètics de cinc UTO (de la A a la E): per divergència simultània (una situació molt poc freqüent) i associada a relacions filètiques incertes. En el darrer cas, s'indiquen dues de les possibles solucions de resolució de la incertesa.

[Font: original de l'autor]

Tres graus de resolució d'arbres filogenètics, en exemples hipotètics de sis UTO (de la A a la F): des d'una manca completa de resolució (arbre en estrella, amb politomia total) fins a un arbre completament resolt, sense cap politomia. A la dreta, interpretació dels diferents graus dels nodes.

[Font: original de l'autor]

