

 	<b>INSTITUCIÓN EDUCATIVA ANTONIO JOSÉ DE SUCRE</b> <i>“Formando ciudadanos competentes con responsabilidad social”</i>	
CÓDIGO: FP-FO-49	PLAN DE APOYO	VERSIÓN: 1

AREA	BIOLOGÍA
PERÍODO	SEGUNDO
DOCENTE	PORFIRIO AGUIRRE SALCEDO
GRADO	7°

1. **OBJETIVO:** Interpretar el concepto de árbol filogenético y la forma como se pueden construir

2. **TEMA:** **ÁRBOLES FILOGENÉTICOS**

3. **PROCEDIMIENTO:**

- Anotar ésta guía en cuaderno (al día)
- Leer el documento abajo relacionado
- Resolver el cuestionario que está al final de ésta guía

4. **EVALUACIÓN:**

- Presentar cuaderno completamente al día
- **RESOLVER CUESTIONARIO QUE ESTÁ AL FINAL DE LA GUIA**

## **LECTURA**

- Un **árbol filogenético** es un diagrama que representa las relaciones evolutivas entre organismos. Los árboles filogenéticos son hipótesis, no hechos definitivos.
- El patrón de ramificación en un árbol filogenético refleja cómo las especies u otros grupos evolucionaron a partir de una serie de ancestros comunes.
- En los árboles, dos especies están **más relacionadas** si tienen un ancestro común más reciente y **menos relacionadas** si tienen un ancestro común menos reciente.
- Los árboles filogenéticos pueden dibujarse en varios estilos equivalentes. Rotar un árbol alrededor de sus puntos de ramificación no cambia la información que contiene.

 	<b>INSTITUCIÓN EDUCATIVA ANTONIO JOSÉ DE SUCRE</b> <i>“Formando ciudadanos competentes con responsabilidad social”</i>	
CÓDIGO: FP-FO-49	PLAN DE APOYO	VERSIÓN: 1

## Introducción

Los humanos como grupo somos muy buenos para organizar cosas. No necesariamente cosas como armarios o habitaciones, que personalmente confieso me cuestan mucho trabajo. En cambio, a la gente a menudo le gusta agrupar y ordenar las cosas que ve en el mundo que le rodea. Empezando por el filósofo griego Aristóteles, este deseo de clasificar se ha extendido a los muchos y diversos seres vivos de la tierra.

Los sistemas de clasificación más modernos se basan en las relaciones evolutivas entre organismos, esto es, en su **filogenia**. Los sistemas de clasificación basados en la filogenia organizan las especies u otros grupos de manera que reflejen nuestra comprensión de su proceso evolutivo a partir de sus ancestros comunes.

En este artículo, daremos un vistazo a los **árboles filogenéticos**, diagramas que representan las relaciones evolutivas entre organismos. Veremos exactamente qué podemos (y que no podemos) inferir a partir de un árbol filogenético, así como qué significa que los organismos estén más o menos relacionados en el contexto de estos árboles.

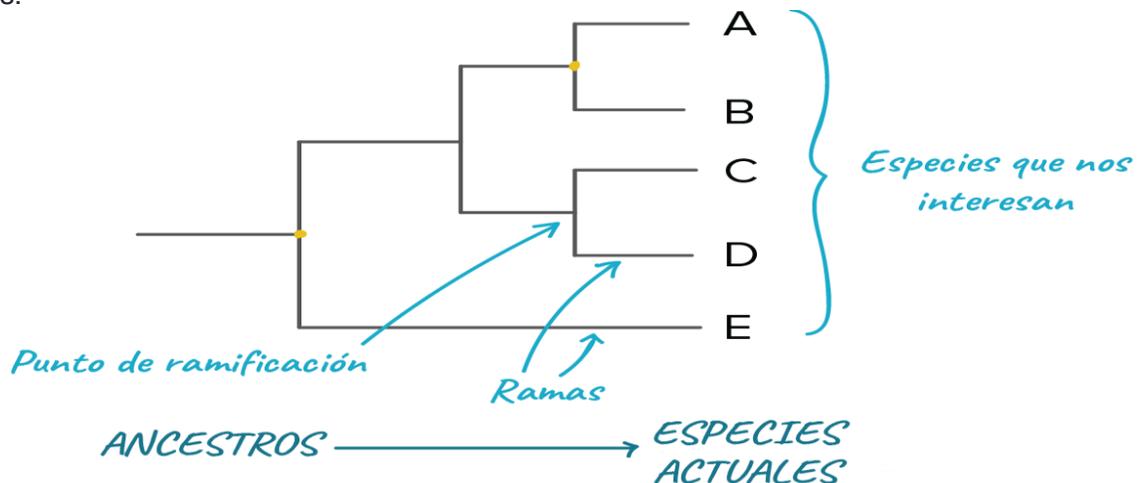
## Anatomía de un árbol filogenético

Cuando dibujamos un árbol filogenético, estamos representando nuestra mejor hipótesis sobre cómo evolucionó un conjunto de especies (u otros grupos) a partir de un ancestro común. Como veremos en el artículo sobre [cómo construir árboles](#), esta hipótesis se basa en la información que hemos recopilado acerca de nuestro conjunto de especies, cosas como sus características físicas y la secuencia de ADN de sus genes.

En un árbol filogenético, las especies o grupos de interés se encuentran en los extremos de las líneas a las que consideramos las **ramas** del árbol. Por ejemplo, el árbol filogenético siguiente

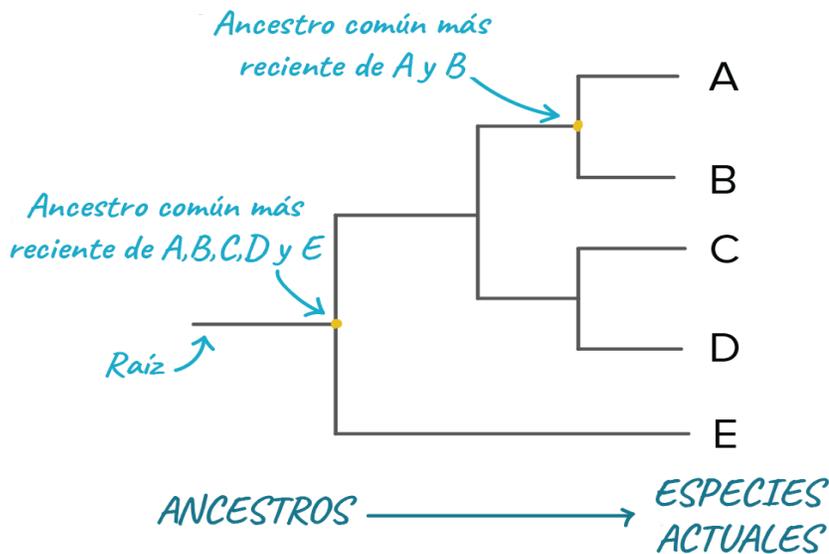
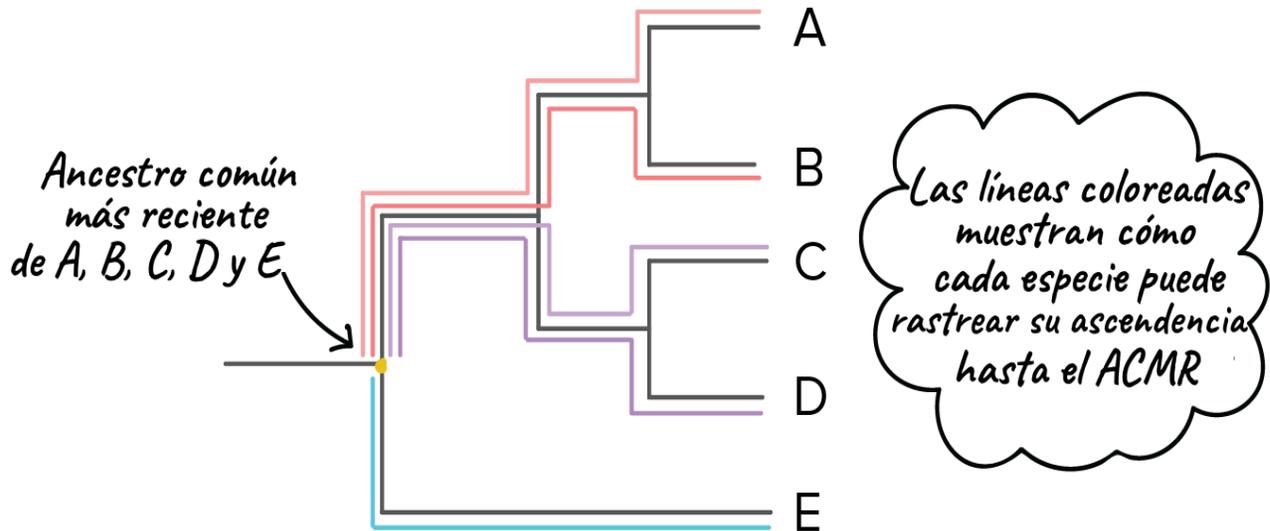
	<b>INSTITUCIÓN EDUCATIVA ANTONIO JOSÉ DE SUCRE</b> <i>“Formando ciudadanos competentes con responsabilidad social”</i>	
CÓDIGO: FP-FO-49	PLAN DE APOYO	VERSIÓN: 1

representa las relaciones entre cinco especies A, B, C, D y E, las cuales se ubican en las puntas de las ramas:



El patrón en el que se conectan ramas representa nuestra comprensión de cómo evolucionaron las especies del árbol a partir de una serie de ancestros comunes. Cada punto de ramificación (también llamado **nodo interno**) representa un evento de **divergencia** o separación de un grupo en dos grupos descendientes.

En cada punto de ramificación se encuentra el **ancestro común más reciente** de todos los grupos que descienden de esa ramificación. Por ejemplo, en el punto de ramificación que conduce a las especies A y B, encontraríamos al ancestro común más reciente de esas dos especies. En el punto de ramificación que se encuentra justo por arriba de la **raíz** del árbol, encontraríamos al ancestro común más reciente de todas las especies en el árbol (A, B, C, D, E).



Cada línea horizontal en nuestro árbol representa una serie de ancestros que al final lleva una especie. Por ejemplo, la línea que lleva hacia la especie E representa a los ancestros de la especie desde que divergió de las otras especies en el árbol. De manera similar, la raíz representa una serie de ancestros que conducen hasta el ancestro común más reciente de todas las especies en el árbol.

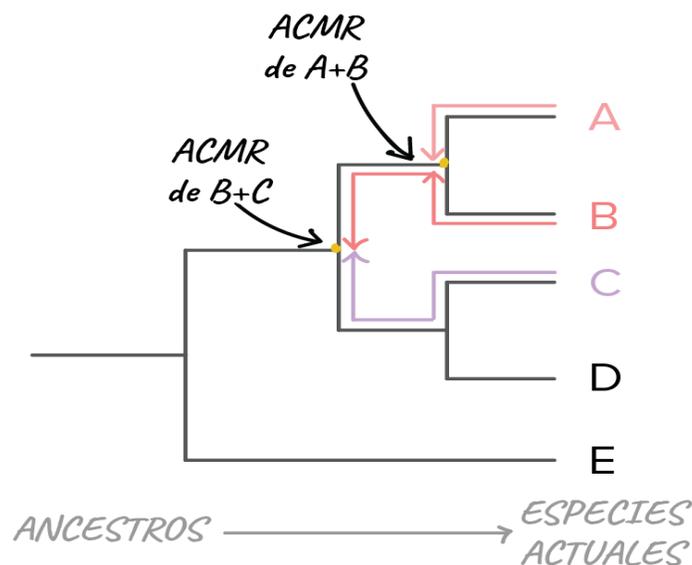
 	<b>INSTITUCIÓN EDUCATIVA ANTONIO JOSÉ DE SUCRE</b> <i>"Formando ciudadanos competentes con responsabilidad social"</i>	
CÓDIGO: FP-FO-49	PLAN DE APOYO	VERSIÓN: 1

## ¿Qué especies están más relacionadas?

En un árbol filogenético, la **relación** entre dos especies tiene un significado muy específico. Dos especies están *más* relacionadas si tienen un ancestro común *más reciente* y *menos* relacionadas si tienen un ancestro común *menos reciente*.

Podemos usar un método bastante directo para encontrar al ancestro común más reciente de cualquier par o grupo de especies. En este método, empezamos en la rama en cuyos extremos se encuentran las dos especies de nuestro interés y "retrocedemos" en el árbol hasta que encontramos el punto donde convergen las líneas de ambas especies.

Por ejemplo, supón que queremos saber qué especies están más cercanamente relacionadas, si A y B o B y C. Para hacerlo, seguiríamos las líneas de ambos pares de especies hacia atrás en el árbol. Dado que A y B convergen primero en un ancestro común, y que B solo se une con C después de su punto de unión con A, podemos decir que A y B están más relacionadas que B y C.



 	<b>INSTITUCIÓN EDUCATIVA ANTONIO JOSÉ DE SUCRE</b> <i>“Formando ciudadanos competentes con responsabilidad social”</i>	
CÓDIGO: FP-FO-49	PLAN DE APOYO	VERSIÓN: 1

Es importante destacar que hay algunas especies cuyo parentesco no podemos comparar usando este método. Por ejemplo, no podemos decir si A y B están más relacionadas que C y D. Esto es porque, por defecto, el eje horizontal del árbol no representa el tiempo de manera directa. Así que solo podemos comparar el momento de ramificación de los eventos que ocurren en el mismo linaje (misma línea directa desde la raíz del árbol) y no los que suceden en diferentes linajes.

## **CUESTIONARIO**

- 1. ¿QUÉ ES UN ÁRBOL FILOGENÉTICO?**
- 2. ¿QUÉ REPRESENTA UN ÁRBOL FILOGÉNÉTICO?**
- 3. ¿CÓMO ES LA ANATOMÍA DE UN ÁRBOL FILOGENÉTICO?**
- 4. DIBUJE EJEMPLOS DE ÁRBOLES FILOGENÉTICOS**
- 5. ¿QUÉ ESPECIE ESTÁN MÁS RELACIONADAS?**
- 6. CONSTRUYA GLOSARIO**
- 7. ELABORE UN ÁRBOL FILOGENÉTICO FAMILIAR**
- 8. CONSULTE DIFERENCIA ENTRE ÁRBOL FILOGENÉTICO Y ÁBOL GENEALÓGICO**