
TEMA 1. ¿QUÉ ES UNA FILOGENIA MOLECULAR Y PARA QUÉ SIRVE?

Contacto: Virginia Valcárcel (virginia.valcarcel@uam.es)

El término “Filogenia” proviene del griego (“φύλον”, raza y “genia”, nacimiento, producción, generación) y hace referencia a las relaciones evolutivas entre los organismos (especies, géneros, familias). El estudio de las relaciones entre las especies ha formado implícitamente parte en los estudios de taxonomía clásica desde el siglo XVI, tal como puede extraerse de la evolución de los trabajos de algunos autores como Cesalpino, Bauhin, Ray, Tournefort y, por supuesto, Linneo. Sin embargo, no fue hasta la segunda mitad del siglo XX cuando, tras el planteamiento de la revolucionaria Teoría de la Evolución, se formalizó el interés en esclarecer las relaciones entre las especies. Así, de la mano del botánico Walter Zimmermann (1930, 1934) y del zoólogo Willi Hennig (1966) se desarrollaron las bases metodológicas para la reconstrucción de relaciones de parentesco entre las especies. Históricamente, estas relaciones filogenéticas se inferían a partir del análisis de datos generalmente morfológicos y en menor medida anatómicos, químicos y cromosómicos. No fue hasta el desarrollo de la técnica molecular de la PCR (Polymerase Chain Reaction; Kleppe et al. 1971, Sanger & Coulson 1975, Saiki et al. 1985, Mullis & Faloona 1987), cuando se pudo incorporar el estudio comparado de regiones de ADN al esclarecimiento de las relaciones evolutivas entre los organismos. Esta técnica permite obtener numerosas copias de regiones de ADN a partir de un único o unos pocos fragmentos. En paralelo, el intenso trabajo de numerosos investigadores en el diseño de cebadores de aplicación universal (véanse Small et al. 1998, Shaw et al. 2005, 2007 para revisión), junto con el desarrollo y mejora de los métodos de análisis ha permitido la aplicación masiva de esta técnica al estudio de diferentes organismos, suponiendo una revolución en el mundo de la biología.

La obtención de filogenias moleculares se basa en la selección, amplificación y secuenciación de regiones de ADN nuclear, plastidial (en plantas) y mitocondrial (de uso frecuente en animales y esporádico en algunas familias de plantas). Dichas secuencias son revisadas, alineadas en función de sus homologías (tema 3.2) y posteriormente analizadas bajo las asunciones de los distintos métodos de reconstrucción filogenética descritos (véanse temas 3.3 - 3.6). El resultado del análisis de dichas secuencias bajo los distintos métodos de inferencia, es uno o más árboles de genes que representan las relaciones evolutivas de las muestras analizadas (véase tema 4). A partir de estos árboles, si el muestreo taxonómico y de regiones ha sido adecuado, se pueden realizar inferencias sobre las relaciones evolutivas de las especies.

Desde mediados del siglo XX (Zuckerlandl & Pauling 1965) se han venido utilizando filogenias moleculares basadas en el análisis de proteínas, genes, intrones y regiones espaciadoras del ADN para la reconstrucción de relaciones de parentesco y clasificación de los organismos. A partir de estas reconstrucciones se pueden inferir las historias evolutivas de los linajes, dilucidar la ausencia/presencia de monofilia para los grupos taxonómicos así como sus relaciones de parentesco. Además, en algunos casos permiten esclarecer los principales mecanismos evolutivos envueltos en los diferentes procesos de especiación. Sin embargo, la utilidad de las filogenias moleculares trasciende a los fines propios de la sistemática. El desarrollo metodológico de los últimos 30 años está permitiendo además, utilizar esta poderosísima herramienta como la base para el desarrollo de estudios biogeográficos (Ronquist & Sanmartín 2011), filogeográficos (Schaal et al. 1998, Avise 2000, 2009), de biología de la conservación (Avise 1989, Crandall et al. 2000), coevolución y patrones de diversificación (Ricklefs 2007), entre otros.