

Budowanie drzewa filogenetycznego

Ćwiczenie polega na zbudowaniu uproszczonego drzewa filogenetycznego w oparciu o cechy morfologiczne organizmów przedstawionych na rysunkach. Są trzy zestawy organizmów: ptaki, rośliny i motyle. Każda grupa ma za zadanie sporządzić drzewo w oparciu o jeden zestaw organizmów. Są to organizmy fikcyjne, narysowane w taki sposób, żeby nie było wątpliwości czy np. ogon jest długi czy krótki, nie ma też żadnych ogonów o długości pośredniej. To samo dotyczy oczywiście wszystkich innych cech. Innymi słowy: pominięto w ten sposób wszystkie te czynniki, które sprawiają, że liczbowe ujęcie różnic pomiędzy poszczególnymi organizmami jest trudne i w dużej mierze zależy od subiektywnej oceny badacza. Warto w tym miejscu zauważyć, że problemu tego nie ma jeśli, budujemy drzewa w oparciu o sekwencje aminokwasowe bądź nukleotydowe. Bez trudu możemy wtedy opisać liczbowo różnice pomiędzy poszczególnymi organizmami – wystarczy, że policzymy iloma aminokwasami/nukleotydami różnią się poszczególne sekwencje.

Konstrukcję drzewa należy rozpocząć od wypełnienia tabel, które otrzymuje każda grupa. W tabeli pierwszej, w wierszu „cecha” uczestnicy wpisują te cechy, które będą brane pod uwagę przy ustalaniu pokrewieństwa pomiędzy organizmami. Dla każdego zestawu organizmów jest 7 takich cech. Następnie należy policzyć iloma cechami każdy organizm różni się od każdego innego i wpisać wyniki do drugiej tabeli. Obie wypełnione tabele dla zestawu roślin umieszczone są poniżej. Pozostałe znajdują się na końcu opisu.

Cecha	Kolce	Brzeg liścia	liczba płatków	Kolor płatków	Ułożenie liści	Kolor środka	kształt płatków
A	brak	wcięty	5	czerwony	naprzeciw	żółty	okrągłe
B	są	wcięty	5	czerwony	naprzeciw	żółty	okrągłe
C	są	wcięty	7	żółty	skręto	czarny	kanciaste
D	brak	wcięty	7	czerwony	skręto	niebieski	kanciaste
E	są	wcięty	7	czerwony	skręto	niebieski	kanciaste
F	są	gładki	5	czerwony	naprzeciw	fioletowy	okrągłe

	A	B	C	D	E	F
A	X	X	X	X	X	X
B	1	X	X	X	X	X
C	6	5	X	X	X	X
D	4	5	3	X	X	X
E	5	4	2	1	X	X
F	3	2	6	6	5	X

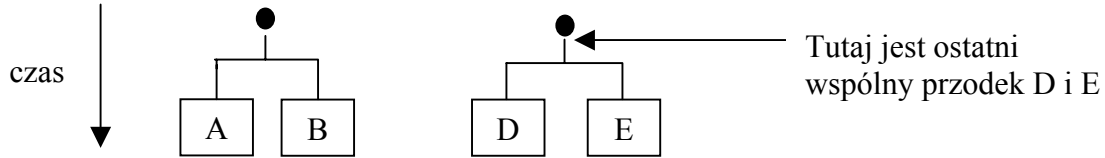
Zasada rysowania drzewa filogenetycznego (na przykładzie roślin):

Zaczynamy od znalezienia najbliższych krewnych, czyli takich, którzy według tabeli wypełnionej przez uczestników różnią się najmniejszą liczbą cech.

Pyt.: Jakie organizmy różnią się najmniejszą liczbą cech?

Odp.: Między A i B jest jedna różnica i między D i E też tylko jedna, więc to najbliżsi krewni.

Układamy zatem obrazki przedstawiające te organizmy na kartce i dorysowujemy gałęzie drzewa:

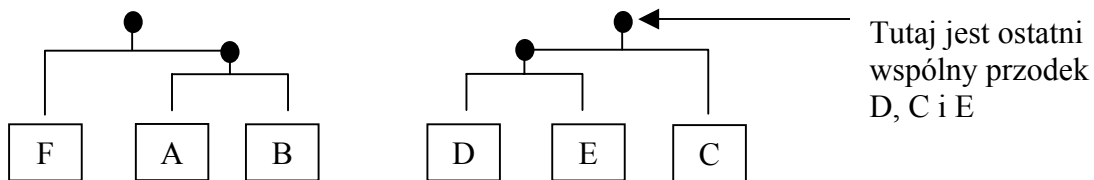


Nasze drzewo będzie zbudowane tak, że na dole jest „teraźniejszość” czyli organizmy żyjące obecnie, a im wyżej, tym bardziej zapuszczamy się w „przeszłość ewolucyjną”, aż dojdziemy do wspólnego przodka wszystkich naszych roślin.

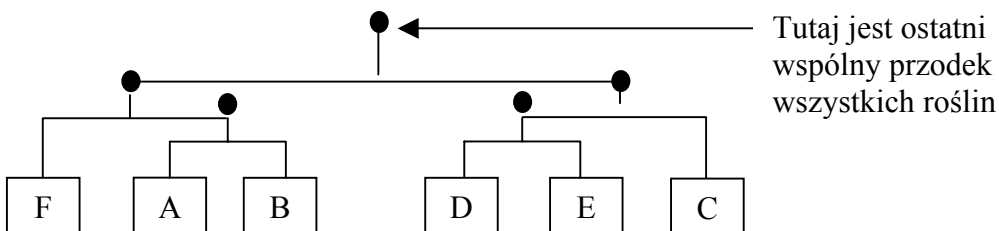
Pyt.: Jakie organizmy różnią się dwiema cechami?

Odp.: C różni się dwiema od E, a F dwiema od B.

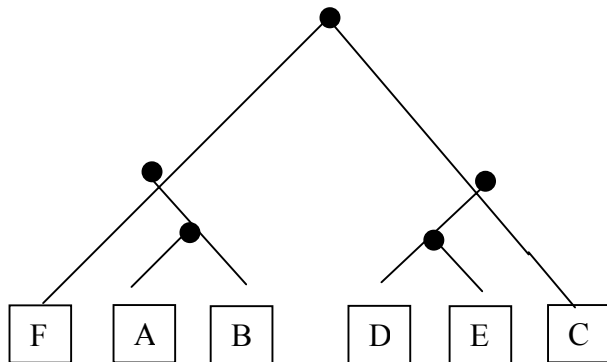
Zatem dołączamy te dwa organizmy do drzewa obok ich najbliższych krewnych. Jak widać ostatni wspólny przodek C i E jest wyżej niż ostatni wspólny przodek D i E, a to dlatego że żył on dawniej, co wnioskujemy po większej liczbie różnic między C i E (2 różnice) niż między D i E (1 różnica). Na rysunku widać też wyraźnie, że ostatni wspólny przodek C i E jest też przodkiem D.



Następnie szukamy organizmów różniących się trzema, czterema itd. cechami. Okazuje się, że C różni się od D trzema cechami. Oczywiście wtedy już nic nowego nie dorysowujemy, bo mamy już zaznaczone pokrewieństwo pomiędzy C i D. Na końcu ustalamy, że A i D oraz B i E różnią się 4 cechami, a kiedy połączymy ich przodków, okazuje się, że połączyliśmy razem już wszystkie rośliny. Teraz na samej górze (czyli najdawniej) mamy ostatniego wspólnego przodka wszystkich roślin.



Oczywiście, jeśli ktoś woli, może rysować linie proste, wtedy drzewo wyjdzie takie:



Teraz, kiedy ustaliliśmy pochodzenie ewolucyjne poszczególnych gatunków roślin, możemy stworzyć systematykę opartą na systemie naturalnym. Niech uczestnicy zaproponują taką systematykę. Np. D, E i C to będą „siedmiopłatkowe”, a F, A i B będą należały do „pięciopłatkowych”. A może będą chcieli wśród tych dwóch grup wyróżnić jeszcze dodatkowo C i F? Niech się wykażą inwencją.

Zapytajmy ich co sądzą o podziale na kolcowe i bezkolcowe. Nie możemy przyjąć takiego podziału systematycznego, jeśli chcemy, aby nasza klasyfikacja opierała się na systemie naturalnym, ponieważ te dwie rośliny co nie mają kolców nie są specjalnie ze sobą spokrewnione.

Czy wiedzą zatem z czym mamy tu do czynienia? Z konwergencją, czyli niezależnym wystąpieniem tej samej cechy u dwóch słabo spokrewnionych ze sobą organizmów. Innymi słowy: uważamy, że A i D straciły kolce niezależnie od siebie, a nie odziedziczyły braku kolców po wspólnym przodku. Konwergencji na pierwszy rzut oka nie widać, ale jak się rozrysuje drzewo to się ujawnia. W ten sposób możemy ustalić, które cechy mają rozkład zgodny z pochodzeniem ewolucyjnym organizmów (np. 7 płatków i ułożenie skrętoległe liści ma tylko grupa blisko ze sobą spokrewnionych roślin), a które – tak jak obecność kolców – są wynikiem konwergencji. Zatem przy podziale systematycznym naszych roślin nie powinniśmy brać pod uwagę obecności kolców.

Budowanie drzewa filogenetycznego

Cecha							
A							
B							
C							
D							
E							
F							

	A	B	C	D	E	F
A	X	X	X	X	X	X
B		X	X	X	X	X
C			X	X	X	X
D				X	X	X
E					X	X
F						X

