

## Wojciech Grajkowski

Szkoła Festiwalu Nauki, ul. Ks. Trojdena 4, 02-109 Warszawa

# Att bygga ett fylogenetiskt träd

## Syfte

Övningen visar hur man konstruerar fylogenetiska träd baserat på organismers morfologiska karaktärer. Detta är en introduktion till modern systematik som klassificerar organismer efter deras evolutionära likheter.

## Introduktion

Inom modern taxonomi (vetenskapen om klassificering av organismer, kan också kallas systematisk biologi) försöker man klassificera organismer efter hur de är besläktade med varandra. Tidigare har man använt sig av morfologiska eller anatomiska likheter som inte alltid reflekterar sanna evolutionära släktskap. Livets träd byggs upp av morfologiska och anatomiska strukturer eller molekylära data. Bilderna visar några artificiella organismer. Teckningarna är gjorda så att det är lätt att hitta olikheter och att se skillnad på olika organismers karaktäristiska drag. Inga numeriska data (siffror) behövs för att skilja på t.ex. långa och korta fågelstjärtar. När det gäller verkliga organismer måste en forskare vanligtvis samla in numeriska data och subjektivt bestämma hur olika drag ska grupperas, alternativt använda sig av avancerade matematiska modeller. Den typen av problem slipper man om man analyserar molekylära data. Fylogenetiska träd, även för organismer som inte alls är närbesläktade, kan upprättas med hjälp av sekvenser av aminosyror eller nukleotider. Skillnaden hos sekvenserna mellan olika organismer indikerar det evolutionära avståndet.



Kontakt:  
[www.sfn.edu.pl](http://www.sfn.edu.pl)  
[sfn@iimcb.gov.pl](mailto:sfn@iimcb.gov.pl)

I den här övningen ska tre grupper av elever rita varsitt fylogenetiskt träd för artificiella växter, fåglar eller fjärilar.

**Material**

Behövs per elev eller grupp:

- Färgkort med bilder av organismerna
- Tabeller att fylla i
- Papper
- Pennor

**Genomförande**

Varje elev eller grupp ska analysera en uppsättning av organismer – växter, fåglar eller fjärilar. Exempel på karaktärsdrag som ska analyseras är antal kronblad, stjärtlängd eller kropps-färg.

1. Titta på korten med organismerna och identifiera sju egenskaper som skiljer dem åt. Skriv ner dessa i första raden i tabellen. Fyll i hela tabellen för organism A-F.

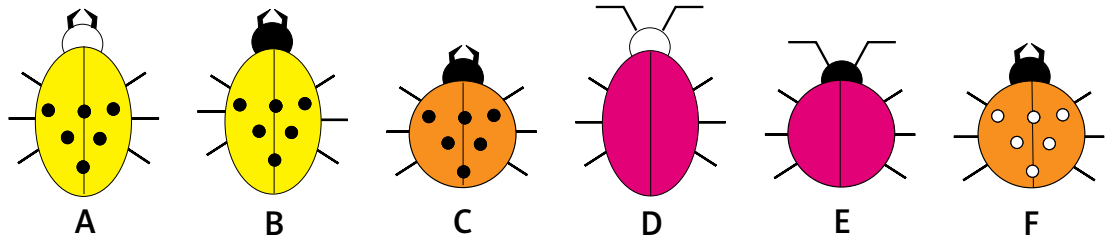
Särdrag/ Organism							
A							
B							
C							
D							
E							
F							

	B	C	D	E	F
A					
B					
C					
D					
E					

2. Jämför organismerna parvis och notera antalet olikheter i varje par i den lilla tabellen. Denna matris ska användas för att bygga det fylogenetiska trädet i nästa steg.
3. Siffrorna i datamatrisen kan nu användas för att rita ett fylogenetiskt träd som visar hur de sex organismerna relaterar till varandra. Följande exempel visar hur detta kan göras.

### Så här skapar man ett fylogenetiskt träd

I detta exempel är sex skalbaggar märkta A till F.



En tabell har fyllts i som listar särdragen hos de olika skalbaggarna:

Karaktärsdrag Organism	Kroppform	Färg	Huvudfärg	Antenner	Käke	Fläckar	Fläckfärg
A	Oval	Gul	Vit	Nej	Ja	Ja	Svart
B	Oval	Gul	Svart	Nej	Ja	Ja	Svart
C	Rund	Orange	Svart	Nej	Ja	Ja	Svart
D	Oval	Rosa	Vit	Ja	Nej	Nej	Ej fläck
E	Rund	Rosa	Svart	Ja	Nej	Nej	Ej fläck
F	Rund	Orange	Svart	Nej	Ja	Ja	Vit

Figur 1. Tabell som visar särdragen hos de olika skalbaggarna.

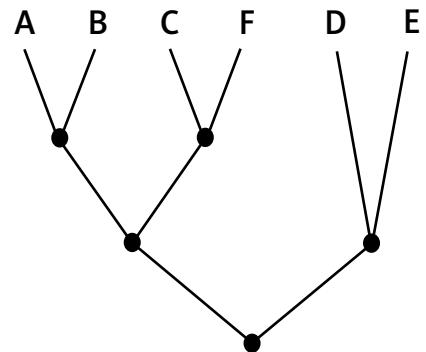
Skalbaggarna har jämförts parvis och en datamatrix som beskriver antalet olikheter mellan par har också skapats.

	B	C	D	E	F
A	1	3	5	7	4
B		2	6	6	3
C			7	5	1
D				2	7
E					5

Figur 2. Datamatrix över olikheter mellan skalbaggspar.

Nu levande organismer placeras högst upp i trädet - i det här fallet anses alla organismer vara nu levande.

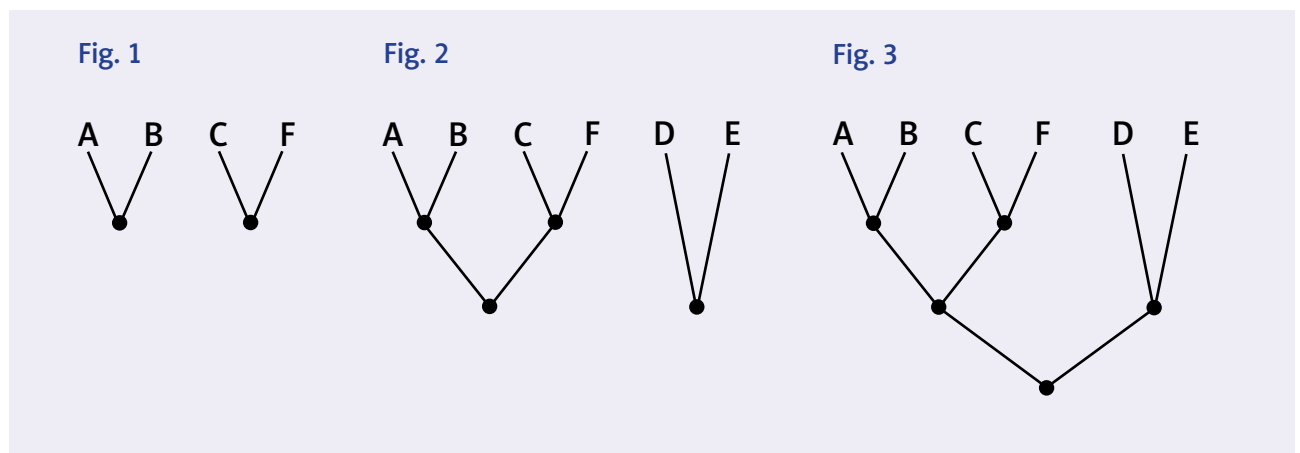
När vi rör oss nedåt i trädet rör vi oss också bakåt i tiden. Den sista gemensamma släktingen finns längst ner i trädet.



Sista gemensamma släktingen

### Gör så här för att skapa trädet:

1. Leta upp de närmsta släktingarna, d.v.s. de organismer som har minst antal olikheter. I vårt exempel har skalbagge A och skalbagge B bara ett karaktärsdrag som skiljer dem åt, vilket gör dem till närmsta släktingar. Skalbagge C och skalbagge F har också bara en olikhet sinsemellan och är alltså närmsta släktingar. Placera dessa par högst upp i trädet. Den senaste gemensamma anfadern till A och B levde nyligen. Sätt en prick under A och B och dra streck för att visa de olika evolutionära linjer som lett till de nu levande skalbaggarna A och B. Gör likadant för skalbaggarna C och F (Figur 1).
2. Leta sedan upp organismerna som har mer än en olikhet sinsemellan. B och C har två olikheter, så deras senaste gemensamma anfader levde före A och B:s samt C och F:s senaste gemensamma anfader. Sätt en prick som representerar dessa pars gemensamma anfader och länka samman dem med streck (Figur 2, vänster).
3. Organism D och E har också bara två olikheter, så de är nära släktingar till varandra, men inte till de övriga skalbaggarna. Skalbagge D och skalbagge E paras ihop genom en gemensam anfader (Figur 2, höger).



4. Ta reda på vilka skalbaggar som har tre eller fyra olika karaktärsdrag. På så sätt kan vi bekräfta det tidigare antagandet att A, B, C och F är besläktade.
5. Till sist, ta reda på vilka skalbaggar som skiljer sig åt på fem olika punkter. Detta är skalbaggarna A och D, C och E, samt E och F. När grupperna länkas ihop av en gemensam anfader är det fylogenetiska trädet färdigt (Figur 3).

## Fler frågor

- Hitta på namn på huvudgrupperna i ditt träd! Föreslå systematiska namn baserade på den viktigaste gemensamma nämnaren för varje grupp, t.ex. blommor med fem respektive 7 kronblad.
- Identifiera så kallade konvergerande egenskaper. Konvergens är oberoende evolution av samma särdrag hos två organismer, som är släkt på långt håll eller inte alls besläktade. T.ex. kan man i växterna som använts i laborationen se att en del växter förlorat sina taggar oberoende av varandra, d.v.s. de har inte ärvt denna egenskap från en gemensam anfader. Konvergent evolution är ofta svår att avslöja, men med fylogenetisk analys kan man lätt skilja mellan karaktärsdrag som beror på evolutionärt släktskap (som fem eller sju kronblad), och de som beror på konvergent evolution (förlust av taggar).
- Vad tror du om att dela in organismer i grupper som baseras på t.ex. fåglar med lång eller kort näbb, fjärilar med svart eller grå kropp eller blommor med eller utan kronblad? Är detta sätt att dela in organismer jämförbart med de släktskap man hittar i de fylogenetiska träden?
- Kan du analysera släktskapet mellan andra organismer eller t.o.m. andra objekt som kakor och mynt på liknande sätt?

## Fler informationskällor

Tree of Life Project:

<http://tolweb.org/tree/phylogeny.html>

Wellcome Trust Tree of Life:

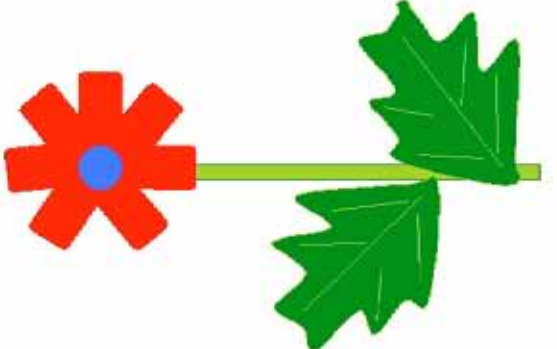
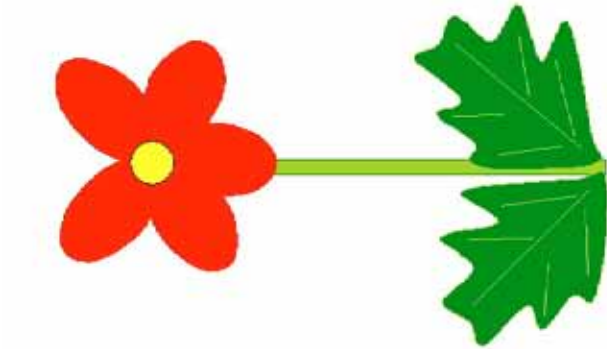
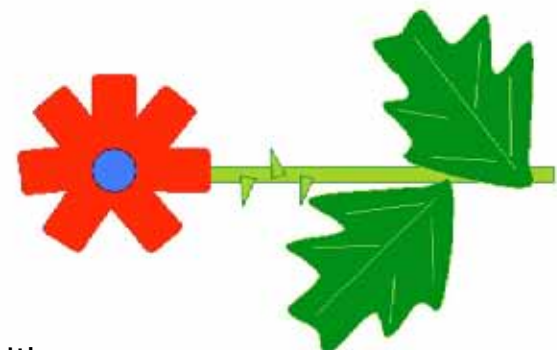
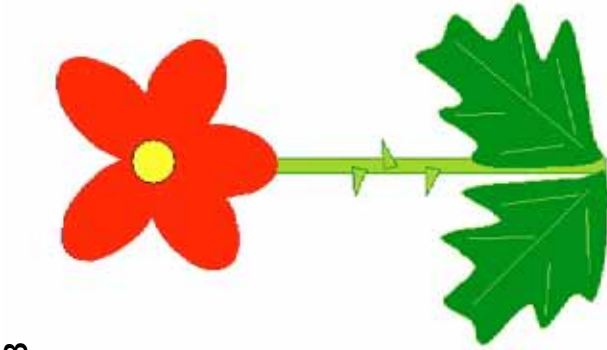
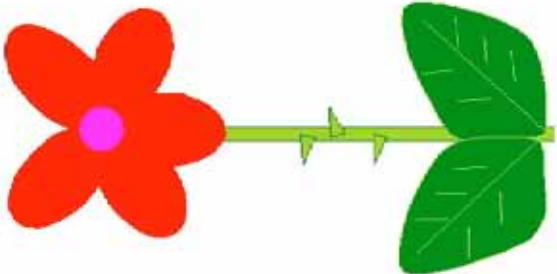
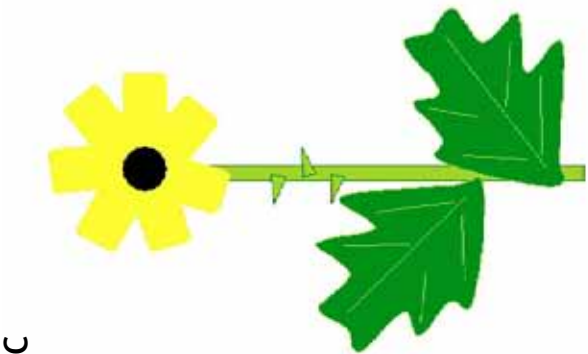
<http://wellcometreeoflife.org>

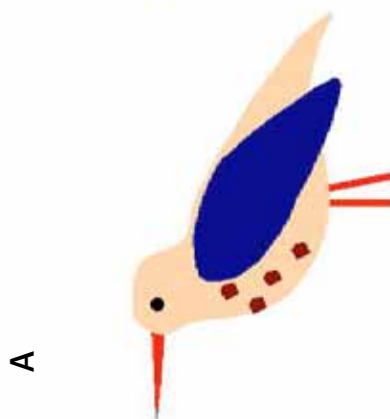
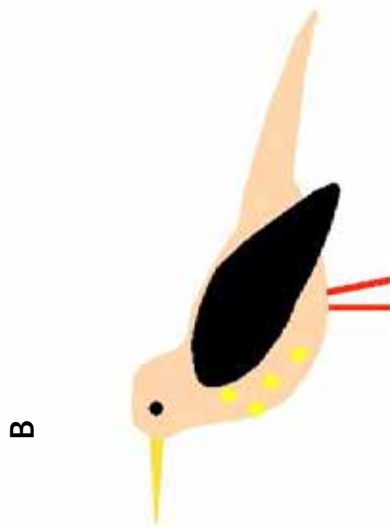
EMBL Interactive Tree of Life: <http://itol.embl.de>

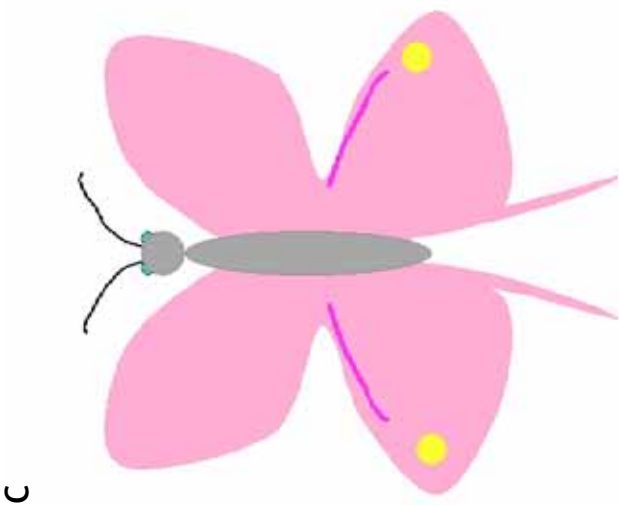


## Tillkännagivanden

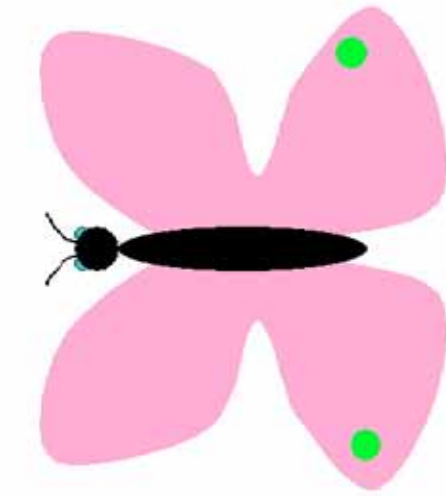
Detta protokoll användes ursprungligen i workshops för polska biologilärare (Biologia molekularnana poczatku XXI wieku), och var en del av det europeiska projektet "Continuing Education for European Biology Teachers" finansierat av den Europeiska Unionen. Protokollet har sedan anpassats för Volvox-projektet som finansierats av Europeiska Unionens Sjätte Ramprogram.



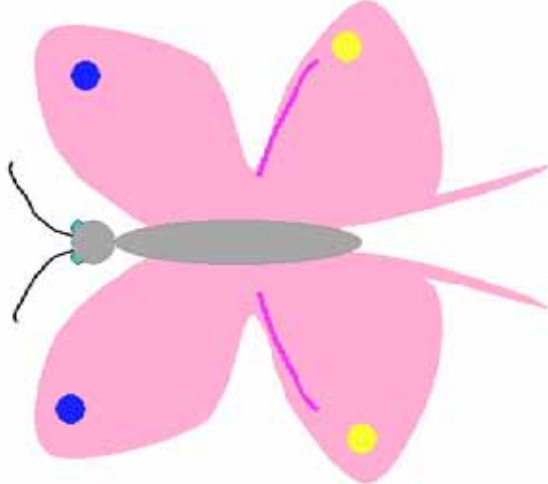




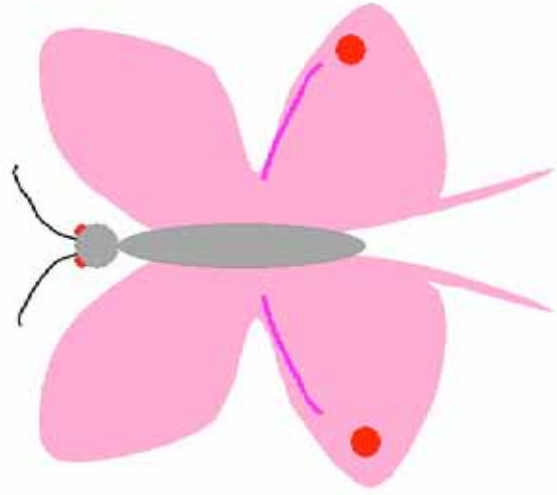
C



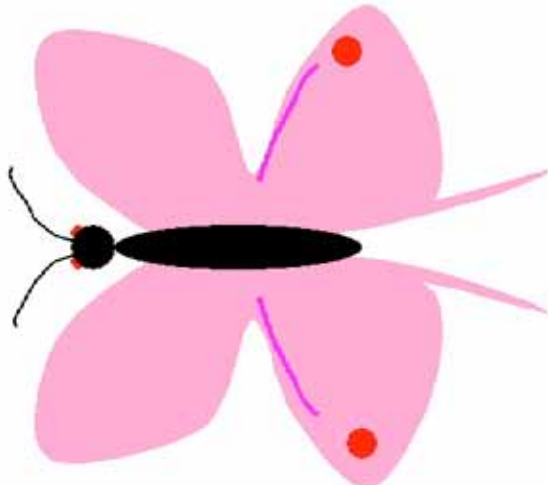
F



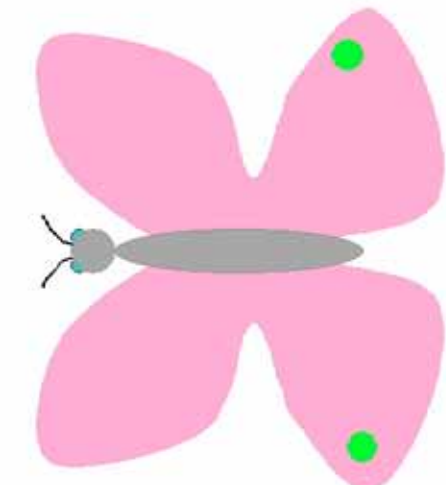
B



E



A



D