

ME 3 Osnove taksonomije, sistematike i filogenije

Mehanizmi evolucije

TAKSONOMIJA

-znanost o opisivanju i imenovanju organizama i grupa organizama, te

o njihovoj KLASIFIKACIJI unutar hijerarhijskog sistema

-ime potječe od grč. “*taxis*” – uređenje, red + “*nomos*” – zakon, pravilo - “**pravilo uređenja**”

-sastavni je dio SISTEMATIKE, znanosti koja proučava i opisuje

odnose između organizama i procese koji su osnova tih odnosa

ZBOG ČEGA KLASIFICIRAMO ORGANIZME?

-Da bismo razumjeli na koji način organizmi funkcioniraju, i zbog čega, te da bismo razumjeli odnose među organizmima, moramo prvenstveno razumjeti puteve i načine njihovog razvoja i evolucije.

-Biološka klasifikacija je znanstveni pristup grupiranju organizama temeljen na znanjima prikupljenima iz brojnih područja biologije, počevši od razumijevanja staničnih procesa, molekularnih osnova nasljeđivanja, biološke evolucije, međusobne ovisnosti organizama, organizacije i funkcioniranja živih sistema, ponašanja organizama itd.

- Biolozi grupiraju organizme da bi prikazali njihove sličnosti i pretpostavljene međusobne odnose

- Biološka klasifikacija temeljena na znanstvenom pristupu

grupiranju organizama

- Sistemi klasifikacije se mijenjaju u skladu s našim rastućim znanjem o organizmima i principima njihovog razvoja i načina na koji funkcioniraju

BINOMIALNA NOMENKLATURA

-Rani “prirodnjaci” su identificirali biljke i životinje prema opažnim sličnostima ili razlikama i imenovali ih dugim i kompliciranim opisnim frazama, koje su se ponekad sastojale i od dvadesetak riječi. Takav sistem je poznat kao “polinomialni” ili višerječni sistem imenovanja. Naravno da je zbog te kompleksnosti često dolazilo do pogrešnih interpretacija prilikom prevođenja na različite jezike i do poprilične zbrke u sistemu.

-U 18. stoljeću Karl von Linne je razvio tzv. “binomialni” ili dvorječni sistem nazivlja vrsta i publicirao ga u svojem ranom djelu *Systema Naturae* (1735). Ovaj sistem je vrlo brzo postao opće prihvaćen i raširen, te potpuno potisnuo iz upotrebe dotadašnje polinomialne sisteme.

Carolus von Linnaeus

(1707-1778) Švedski znanstvenik koji je postavio temelje moderne taksonomije

- **Carolus von Linnaeus "Systema Naturae", 1735**
- **Sistem imenovanja vrsta "dvjema riječima":**
- *Rod (Genus) + vrsta (species)*
- *Rod* : imenica, veliko početno slovo, kurziv
- *vrsta* : opisni pridjev, malo početno slovo, kurziv

npr: *Escherichia coli*, *Quercus rubra*, *Pantera pardus*, *Tenebrio molitor*

HIJERARHIJSKA KLASIFIKACIJA

Klasifikacijski sistemi pokušavaju riješiti problem grupiranja organizama u smislene i biološki opravdane grupe.

-Carolus von Linnaeus je postavio temelje hijerarhijskog klasifikacijskog sistema u kojem su organizmi svrstani u kategorije progresivne složenosti.

-Linne je uveo hijerarhijski sistem klasifikacije organizama podijeljen na sedam taksonomskih kategorija (taxa): carstvo, koljeno, razred, red, porodica, rod i vrsta, koje se temelje na dijeljenim fizičkim karakteristikama (odn. fenotipu) organizama unutar svake grupe. Počevši sa carstvom, svaki sljedeći nivo klasifikacije postaje sve specifičniji, tako da vrsta predstavlja najstrože i najspecifičnije opisanu kategoriju.

Taksonomske kategorije (taxa):

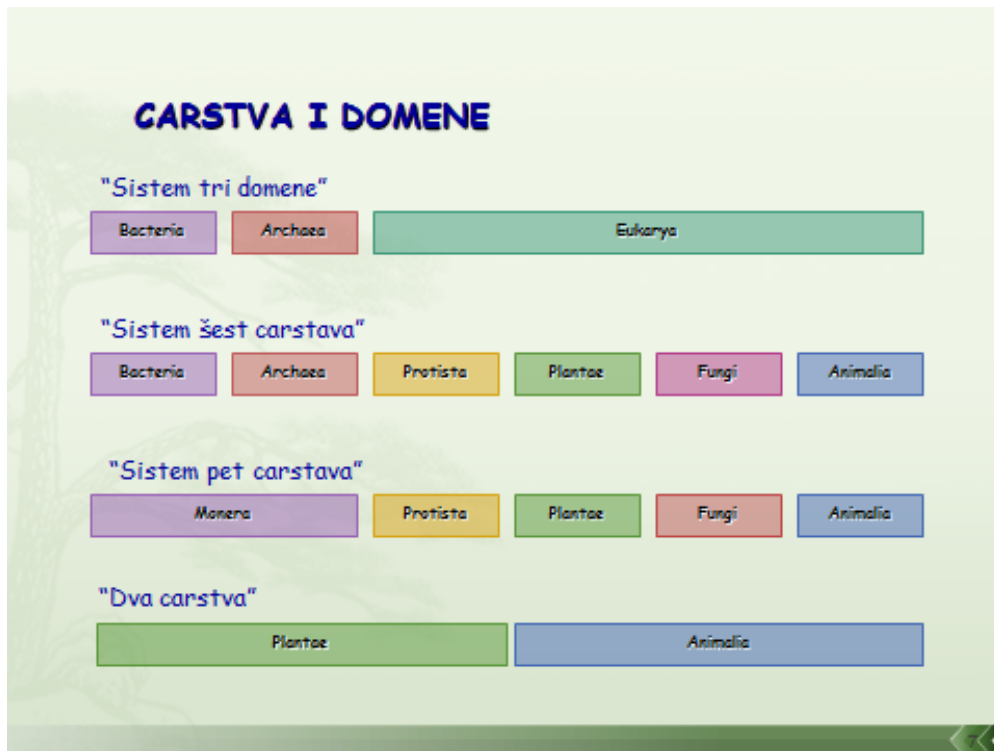
1. Carstvo - *Regnum*
2. Koljeno - *Phylum*
3. Razred - *Classis*
4. Red - *Ordo*
5. Porodica - *Familia*
6. Rod - *Genus*
7. Vrsta - *Species*

CARSTVA I DOMENE

Carstva i domene

- U 18. st. se smatralo da svi organizmi pripadaju u dva carstva, biljke i životinje, međutim ubrzo je postalo očito da taj sistem ne može dovoljno precizno obuhvatiti razlike između različitih grupa

organizama, pa se broj carstava počeo povećavati. Sredinom prošlog stoljeća uveden je sistem pet carstava, no ubrzo je broj povećan na šest jer su komparativne studije ribosomalnih i nekih proteinskih gena ukazale na znatne razlike između bakterija i arheobakterija. U zadnje vrijeme se sve više koristi sustav sa tri domene, bakterije, arheobakterije i eukarioti, u koje su uključena carstva protisti, biljke, gljive i životinje.



Slika 1. Različite klasifikacije organizama

The *Three Domain System* is a system for classifying biological organisms. Under this system, organisms are classified into *three domains* and six kingdoms

Taksonomija: klasifikacija organizama

Taksonomija je dakle znanost klasifikacije organizama. Kad taksonomski sistemi uključuju pretpostavljene evolucijske odnose organizama, tada općenito govorimo o tom području kao o sistematici.

-**Sistematika** je znanost koja proučava biološku raznolikost i načine na koje ta raznolikost evoluira.

-Evolucijska sistematika: de Lamarck, Wallace, **Ernst Mayer**, George Simpson i ostali.

Sistematika: evolucijska klasifikacija

Proučava biološku raznolikost i način na koji ta raznolikost evoluira

Evolucijska sistematika:

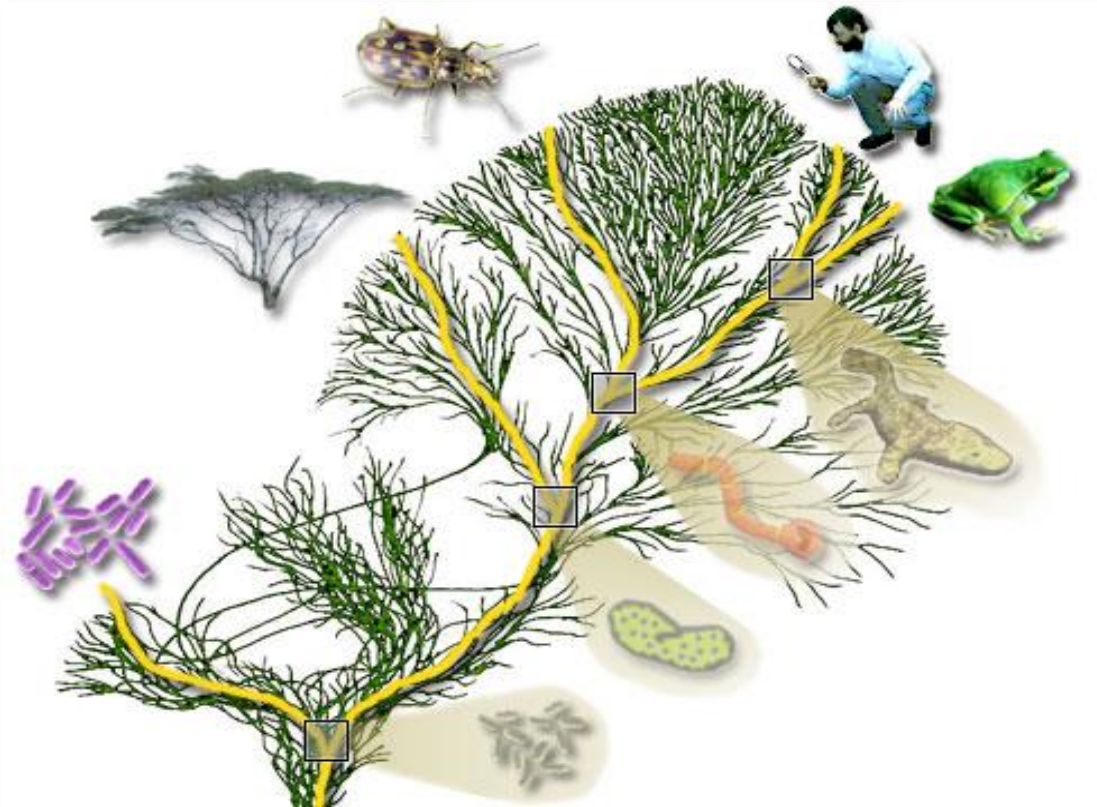
de Lamarck, Wallace, Ernst Mayer, George Simpson *et al.*

FILOGENIJA – znanost određivanja i analiziranja evolucijskih odnosa između organizama

FILOGENIJA – DRVO ŽIVOTA

phylon = gr. “stabljika” - **genesis** = gr. “porijeklo”

Svi organizmi su povezani



FILOGENETSKA SISTEMATIKA = EVOLUCIJSKA KLASIFIKACIJA

FILOGENIJU GRUPE ORGANIZAMA MOŽEMO ODREDITI IZ SLJEDEĆIH PODATAKA:

Dijeljenih naslijeđenih karakteristika – **HOMOLOGIJA**

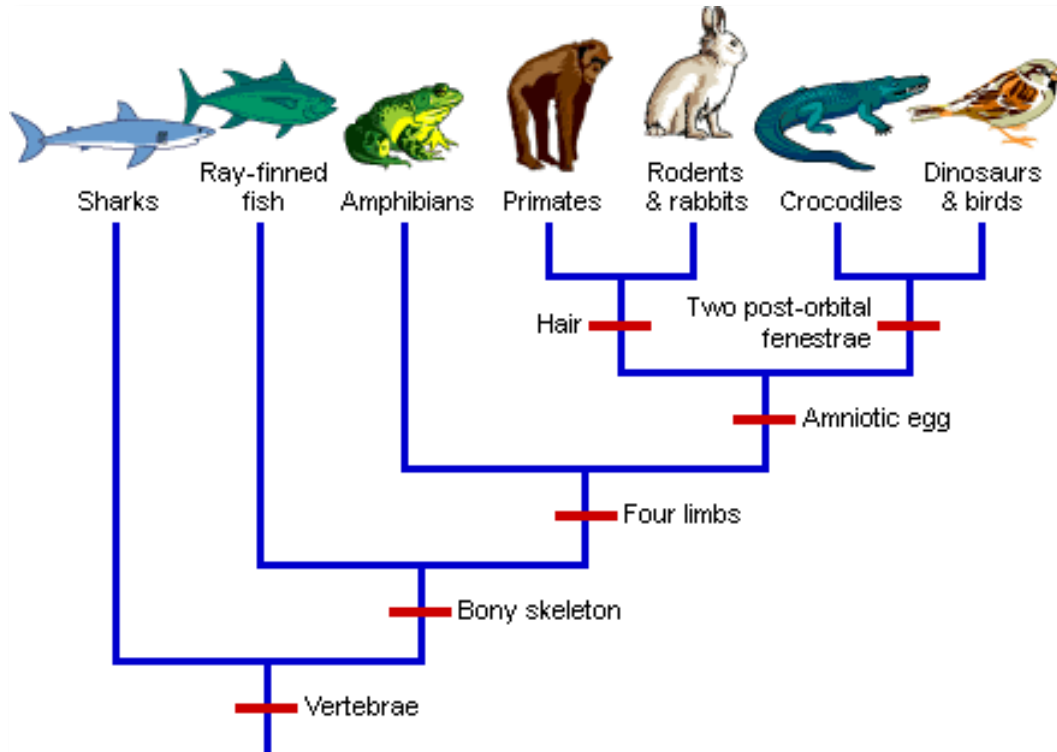
Homologije su osnova određivanja filogenije.

- Fosilni nalazi Morfologija, Biogeografija, Molekularni podaci (DNA, proteini), Biokemijski podaci (antigeni epitopi, metaboliti)

HOMOLOGIJA

Homologije su sličnosti između organizama koje su posljedica **svojstava naslijeđenih od zajedničkog pretka**. Te sličnosti mogu biti anatomske, embriološke ili molekularne homologije.

primjer: kosti udova kod različitih grupa kralješnjaka (sisavaca, ptica, gmazova) koje se tijekom embriološkog razvoja formiraju i razvijaju na isti način, što sugerira postanak svih ovih vrsta od zajedničkog pretka.



Homologije grupa kralješnjaka

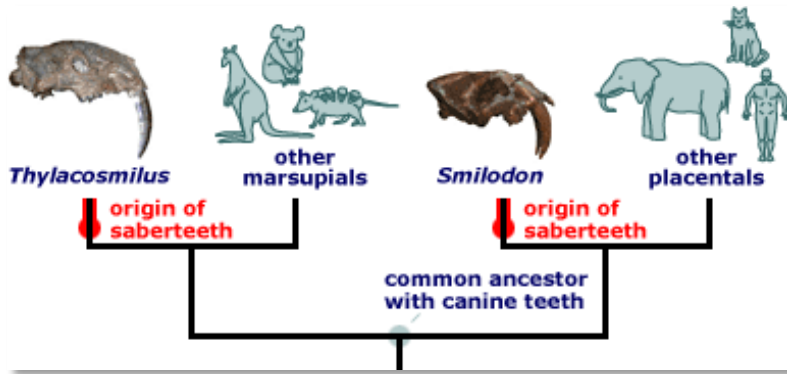
HOMOPLAZIJA

ako je neko svojstvo evoluiralo više nego jednom, te ako ga posjeduju dvije ili više vrsta, a ujedno to svojstvo nije bilo prisutno u zajedničkom pretku svih tih vrsta, tada takvo svojstvo zovemo

homoplazija

konvergentna evolucija, odnosno pojava da različiti organizmi uslijed sličnih selektivnih pritisaka neovisno razvijaju slične prilagodbe, dovodi do čestih homoplazija (**paralelizam i analogija, reverzija**)

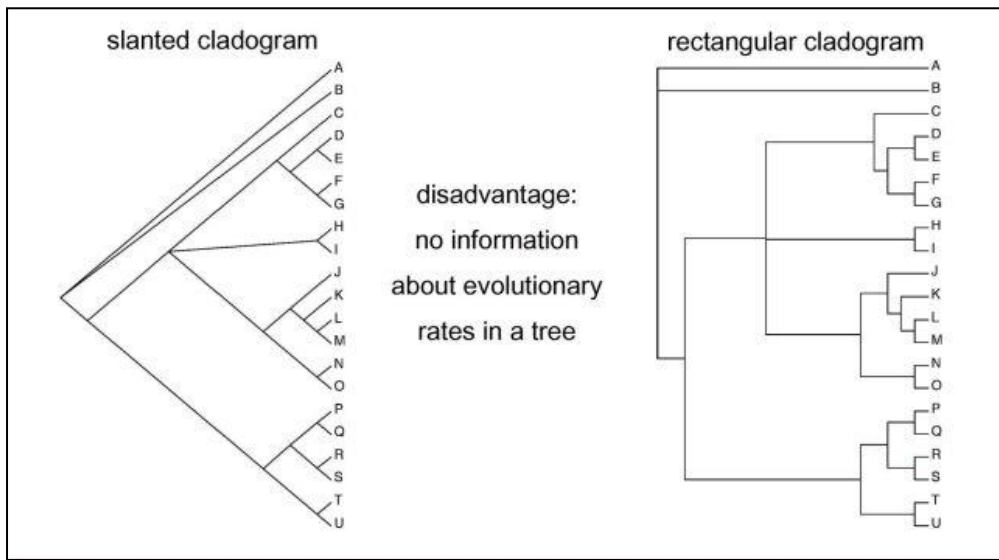
vrlo je bitno biti u stanju razlikovati homologiju od homoplazije, jer homoplazije mogu dovesti do potpuno krive filogenetske interpretacije!



primjeri:

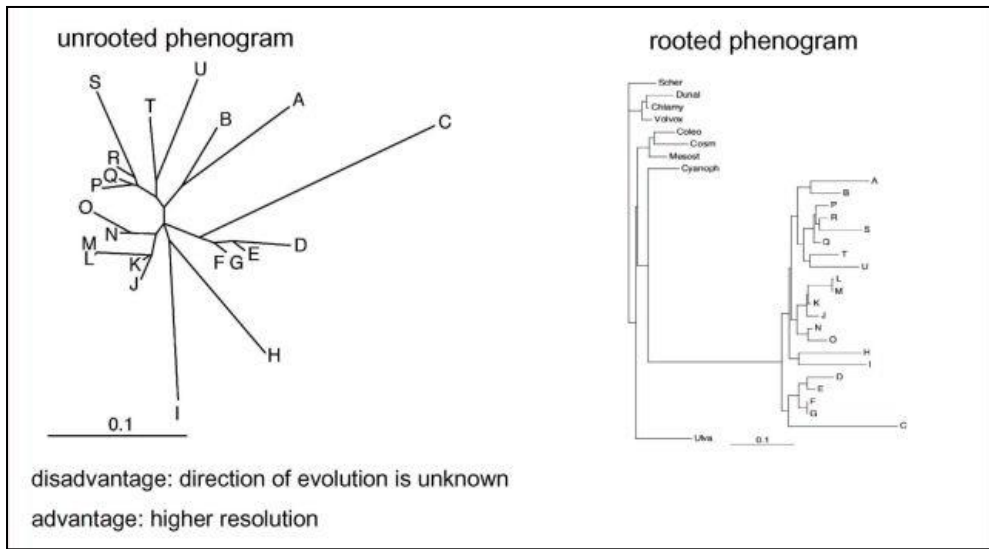
KLADOGRAM

nema informacije /o evolucijskoj udaljenosti



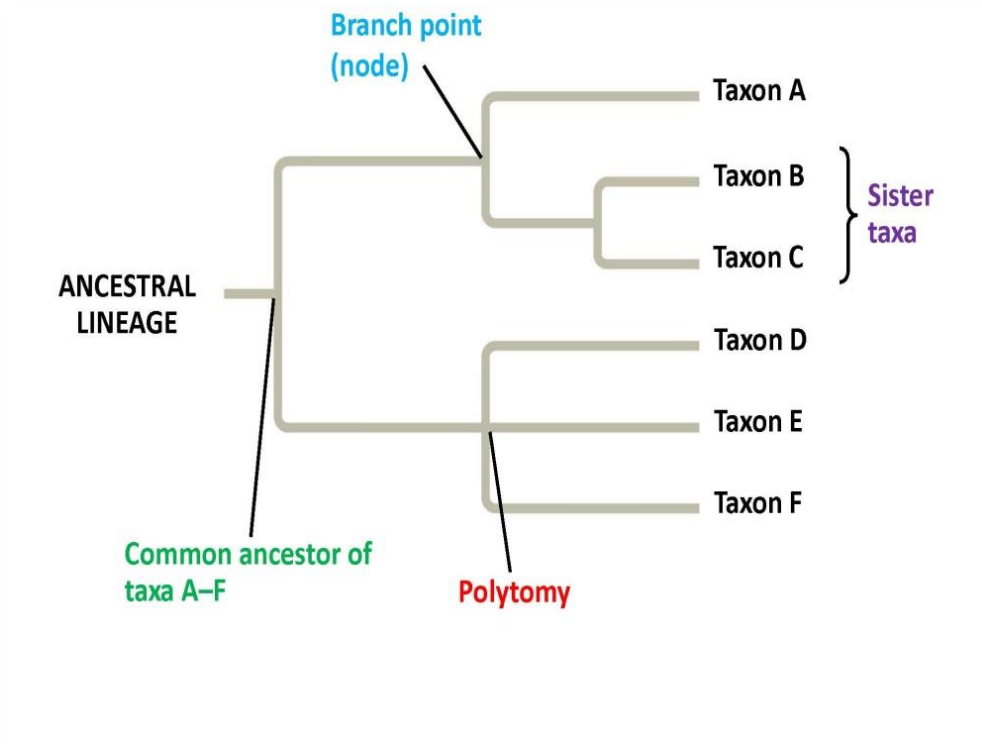
FILOGRAM

duljine grana odražavaju evolucijsku udaljenost



KAKO "PROČITATI" FILOGENETSKO STABLO

- Svako **grananje** predstavlja odvajanje dvije vrste – "specijacijski događaj"
- **Sestrinske grupe** (ili taxa): dijele neposrednog zajedničkog pretka
- **Ukorijenjeno stablo**: uključuje "granu" koja predstavlja zadnjeg zajedničkog pretka svih taxona u stablu
- **Dihotomija**: grananje iz kojeg nastaju dvije grupe
- **Politomija**: grana iz koje "izlazi" više od dvije grupe



ŠTO JE MOLEKULARNA FILOGENIJA?

- **MOLEKULARNA FILOGENIJA** se temelji na saznanjima o procesima **MOLEKULARNE EVOLUCIJE**.

-proučava odnose između organizama upotrebom

MOLEKULARNIH MARKERA – DNA ili PROTEINA

Pretpostavka:

Dvije vrste koje dijele veće sličnosti (odn. manje razlike) nukleotidnog slijeda su evolucijski bliže nego vrste koje imaju manju sličnost (odn. veće razlike) nukleotidnog slijeda.

PLAN RADA” U MOLEKULARNOJ FILOGENIJI

"PLAN RADA" U MOLEKULARNOJ FILOGENIJI



1. POSTAVLJANJE PROBLEMA

Mikroevolucija–male genetičke promjene unutar populacije:

- „**tokogenija**” - odnosi između ili unutar vrsta / između populacija na određenom geografskom području - genetska struktura populacija uzrokovana i oblikovana uslijed raznih faktora (paleogeoloških, paleogeografskih, paleoekoloških, migratornih, itd..)
- **Makroevolucija**–masivne genetičke promjene; nova svojstva koja se mogu primijetiti pri nastanku novih vrsta:
- **filogenija** s. str. - evolucijski odnosi između vrsta / rodova / porodica / ... i njihovo klasificiranje (sistematika) u skladu s utvrđenim odnosima
- Podaci o dosadašnjim saznanjima o filogeografiji, sistematici i filogeniji određene grupe organizama su često važan orijentir prilikom postavljanja problema i eksperimentalnih uvjeta

2. IZBOR I PRIKUPLJANJE UZORAKA ZA ANALIZU (1)

Početna strategija za sakupljanje uzoraka:

- trebala bi biti zastupljena raznolikost grupe (prema fenotipu ili prema taksonomiji grupe):
npr. kombinacija morfoloških karakterata ili predstavnika svih serotipova ili svih rodova/vrsta unutar grupe itd...
- barem po dva predstavnika svake pretpostavljene podgrupe (clade)
- vanjska grupa (“outgroup”): što srodnija, poželjno čak sestrinska grupa.

3. MOLEKULARNI MARKERI U FILOGENIJI

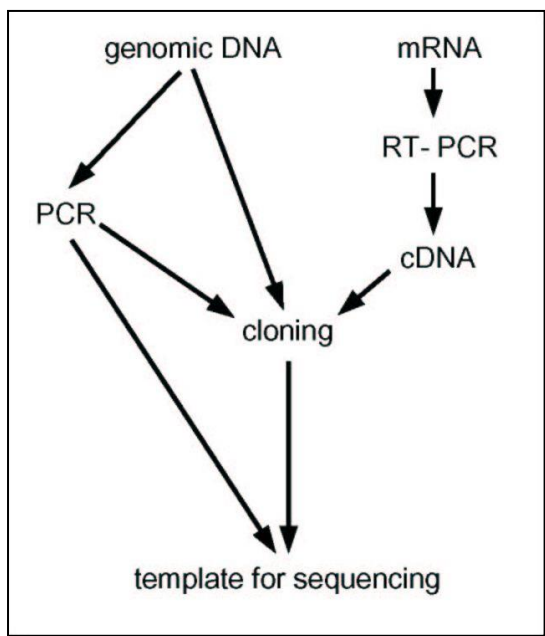
- nukleinske kiseline

- primarna struktura (nukleotidni slijed) - 4 nukleotida -
rel. jednostavan "alignment" i analize - protein-kodirajući
geni i nekodirajuća DNA
- mikrosatelitni lokusi
- RFLP, AFLP
- genomi (nuklearni, mitohondrijalni, kloroplastni) - raspored
gena, introna

- proteini

- primarna struktura - 20 aminokiselinskih ostataka -
znatno kompleksniji "alignment" i analize
- "single-copy" geni (protein-kodirajući) ili **visoko-sinhronizirani geni** (npr. ribosomalna DNA),
geni mitoh. ili **kloropl. DNA**,
- **varijabilniji** geni (ili dijelovi gena) pogodni za blisko srodne taksone a **sačuvaniji** geni (ili
dijelovi gena) za udaljene taksone

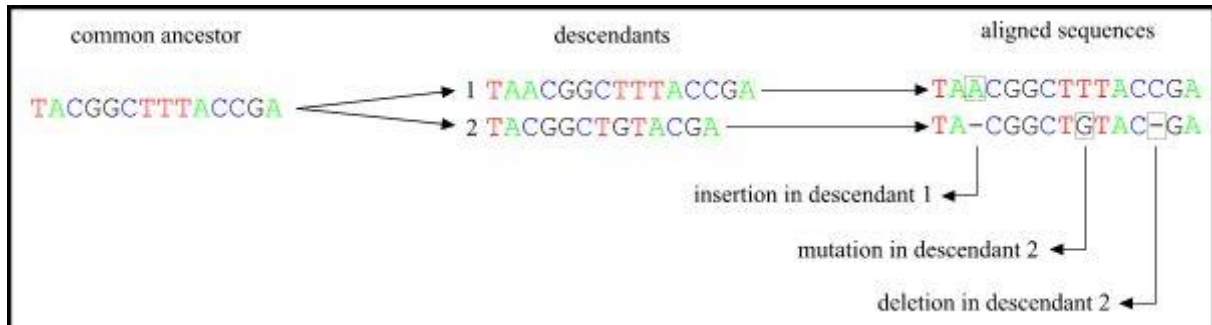
4. UMNAŽANJE (AMPLIFIKACIJA) DNA (1)



5. SRAVNJIVANJE NUKLEOTIDNIH SLJEDOVA – ALIGNMENT

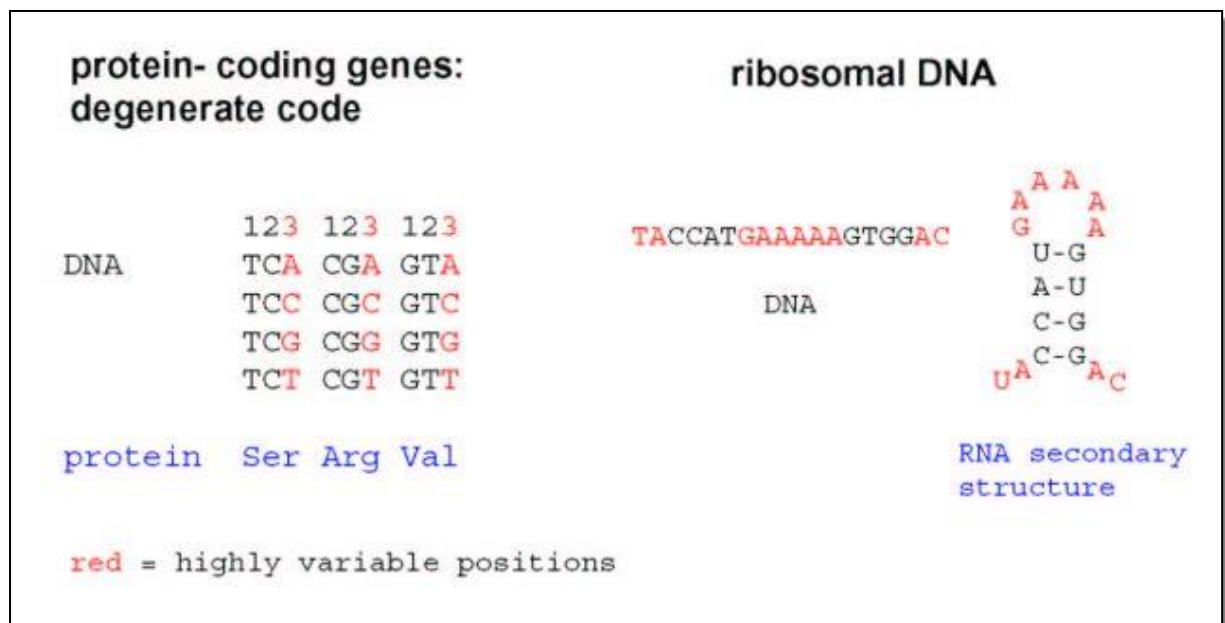
Alignment je osnova svake filogenetske analize

Pokušava “pratiti” tok molekularne evolucije



6. IZBOR EVOLUCIJSKOG MODELA

DNA sekvence ne evoluiraju istom brzinom na svim pozicijama!!



IZBOR EVOLUCIJSKOG MODELA

Pri izboru **EVOLUCIJSKOG MODELA** treba voditi računa o:

frekvenciji baza – postotak A,C,G i T baza u alignmentu

substitution rate matrix – pretpostavljene rate supstitucije (točkastih mutacija)

proporciji (postotka) **nevarijabilnih** mjesta u sekvenci

"**gamma distribuciji**" varijacije između različitih pozicija u sekvenci

7. METODE FILOGENETSKE ANALIZE

Svaka filogenetska analiza je kombinacija tzv. **kriterija optimalnosti** prema kojem se provodi račun i algoritma za traženje stabla

KRITERIJ OPTIMALNOSTI: metoda prema kojoj se određuje koje stablo je najbolje - npr. **maximum parsimony, distance analysis, maximum likelihood**

ALGORITAM ZA TRAŽENJE STABLA: metoda za konstrukciju stabla na temelju odabranog kriterija optimalnosti - npr. **exhaustive search, branch-and-bound, heuristic search, quartet puzzling, neighbor-joining**

METODE FILOGENETSKE ANALIZE

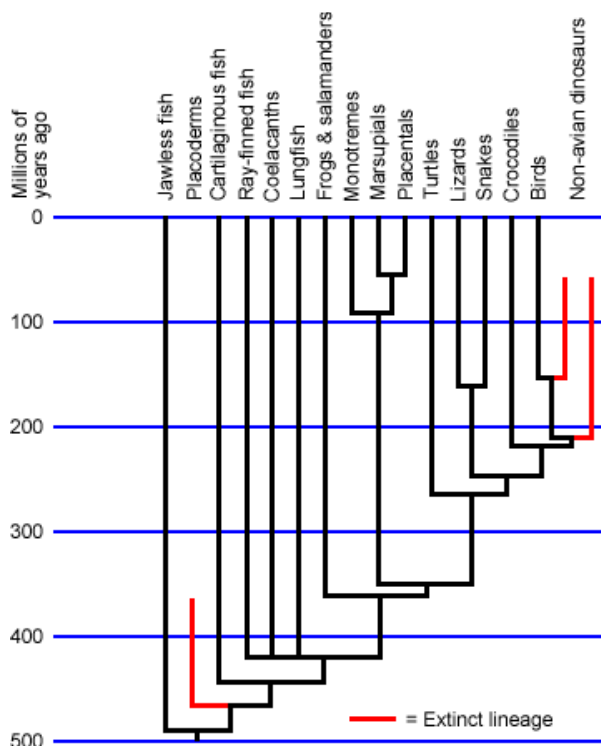
METODE FILOGENETSKE ANALIZE			
MAXIMUM PARSIMONY	DISTANCE MATRIX	MAXIMUM LIKELIHOOD	BAYESIAN MCMC
-pojedinačni karakteri -implicitni model evolucije	-kontinuirani karakteri (matrica) -explicitni model evolucije	-pojedinačni karakteri -explicitni model evolucije	-pojedinačni karakteri -explicitni model evolucije
-"heuristic tree search"	-"neighbor-joining" stabla	-"heuristic tree search"	-"Bayesian MCMC algoritam"
-postojana metoda - relativno brza -umjereno veliki setovi podataka	-najbrža metoda -veliki setovi podataka	-postojana metoda -računalno vrlo zahtjevna -nije za velike setove podataka	-postojana metoda -računalno ne prezahtjevna, brza -pogodna za velike setove podataka

FILOGENETSKA STABLA - PROBLEMI

- TOPOLOGIJA različita ovisno o metodi, uključenim taksonima, vanjskim grupama
- NISKA PODRŠKA za grane unutar stabla
- NERAZLUČENO stablo, - LBA
- Neadekvatan izbor evolucijskog modela
- Neadekvatan ili nedovoljan broj uključenih taksona
- Neadekvatna vanjska grupa
- Neadekvatni molekularni markeri
- Horizontalni transfer gena
- Ortologi – paralogni geni

MOLEKULARNI SAT

- Pretpostavlja(lo) se da sekvence evoluiraju jednakim i konstantnim omjerom ("ratom")
- To nije točno u velikom broju slučajeva
- "Likelihood ratio" testovi (slični testovima evolucijskih modela)
- dodavanje "vremena" u filogenetsko stablo – kronogrami



PROGRAMI ZA FILOGENETSKU ANALIZU

PROGRAM(ČIĆI) ZA FILOGENETSKU ANALIZU



BioEdit



TreeView



jModelTest



ClustalX



MEGA 4



MrBayes



PAUP