

APG III Y MÉTODOS CONVENCIONALES EN FILOGENIA DE ANGIOSPERMAS DEL VALLE DE ABURRÁ

Gabriela Moncada Osorio¹

¹Estudiante de Biología, Antioquia, Medellín, Colombia

*gmoncad4@eafit.edu.co

ABSTRACT

En este trabajo se comparan dos metodologías para la construcción de filogenias, una por el método de sistema APG III y el otro por alineamiento de secuencias con el gen ndhF. Se escogieron 19 especies de árboles nativos del Valle de Aburrá para el análisis. Al final se deduce que ambas metodologías difieren y que solamente con más estudios y mayor soporte de datos se logra acercar a una mejor hipótesis del árbol de la vida.

1 Introducción

La filogenética es el estudio de relaciones evolutivas entre los organismos. Un árbol filogenético divulga estas relaciones como una estructura jerárquica de árbol, en el cual cada nodo representa un organismo y está conectado a todos descendientes y a su único antepasado directo. Estas relaciones provienen de taxonomías establecidas, generalmente con ancestros hipotéticos que en su mayoría son identificados mediante descubrimientos paleontológicos, que ayudan a la estimación del tiempo de las ramas evolutivas¹.

El sistema de clasificación APG III es el más utilizado para el establecimiento de filogenias en plantas de las angiospermas según criterios filogenéticos, esta versión fué publicada en el 2009 por un grupo de investigadores que se autodenominaron "APG III"², al ser una primera aproximación a este sistema, solo se hipotetizan dichas relaciones, dejando a disposición la generación de más estudios por diferentes métodos que den mejores rendimientos a la ilustración del árbol de la vida. APG III se basa en datos moleculares mediante secuencias de ADN del núcleo celular, la mitocondria y del cloroplasto. Así, se ordenó y agrupó a las angiospermas en 415 familias, donde se incluyen algunos de los 59 ordenes aceptados por el sistema, que a su vez se distribuyen en los siguientes clados principalmente: Magnólidos, monocotiledóneas y eudicotiledóneas³.

Según el comité de educación de la SCB (Society for conservation Biology), los conceptos para la comprensión de la diversidad biológica, ecológica, integridad y salud ecológica, se basa en un entendimiento importante de conceptos biológicos claves, como lo son el estudio de la taxonomía, ecología, genética, geografía y la biología evolutiva⁴.

Todos los organismos están relacionados entre sí, en menor o mayor grado y el patrón de relación puede ser descrito como una jerarquía de grupos relacionados (Jerarquía taxonómica), existe una organización establecida para estos grupos de relación desde unidades evolutivamente significativas o distintas para especies (género, familia, orden)⁴. Por ende, la jerarquía taxonómica y la filogenética son ciencias que trabajan a la par, para dar claridad del origen de las especies, sus características y finalmente ayudando a la conservación de las mismas.

Con una filogenia podemos empezar a comprender la diversificación, las regularidades en los patrones de evolución, o simplemente hacer sugerencias de cambios evolutivos individuales dentro de un clado, esta toma de datos es la recuperación de la evidencia de una serie de eventos únicos que comprenden la historia de la vida, igualmente puede ser usada para generar predicciones sobre el origen de caracteres. la evolución de la diversidad o de morfología en las especies⁵.

En este trabajo se pretende hacer una comparación de 19 especies de plantas nativas del Valle de Aburrá, Colombia; entre el sistema de clasificación APG III y un método convencional para generar filogenias, este ultimo se elabora con el método de alineamiento de secuencias a través del gen ndhF. Esto se realiza con el fin de identificar las diferencias y similitudes entre ambos sistemas.

El gen NADH deshidrogenasa subunidad F (ndhF) se encuentra en todas las divisiones de plantas vasculares y está altamente conservado. Su fragmento de ADN reside en la pequeña región de copia única del genoma del cloroplasto, y se cree que codifica una proteína hidrófoba⁶. El fragmento ndhF ha sido una herramienta muy útil en la reconstrucción filogenética en varios niveles taxonómicos.

Ambos métodos son fáciles de utilizar y se encuentran disponibles para cualquier investigador que desee construir y generar sus propias filogenias con resultados confiables.

2 Metodología

La selección de especies se realizó a partir de la búsqueda de plantas del Valle de Aburrá, lo cual se realizó con una selección de especies de con filtrados; “Nativa” y “arbórea” en el Catálogo virtual de flora del Valle de Aburrá⁷. De esa fuente se obtienen 134 especies, y se toman 19 especies, a las cuales se encontró el gen ndhF en el GenBank.

Familia	Nombre científico
Anacardiaceae	<i>Anacardium excelsum</i>
Annonaceae	<i>Annona muricata</i>
Bignoniaceae	<i>Tecoma stans</i>
Bixaceae	<i>Bixa orellana</i>
Clusiaceae	<i>Calophyllum brasiliense</i>
Euphorbiaceae	<i>Hura crepitans</i>
Araliaceae	<i>Schefflera morototoni</i>
Boraginaceae	<i>Cordia gerascanthus</i>
Fabaceae	<i>Leucaena leucocephala</i>
Malvaceae	<i>Guazuma ulmifolia</i>
Sapotaceae	<i>Manilkara zapota</i>
Malpighiaceae	<i>Byrsonima crassifolia</i>
Hypericaceae	<i>Vismia baccifera</i>
Salicaceae	<i>Hasseltia floribunda</i>
Lecythidaceae	<i>Lecythis turyana</i>
Malvaceae	<i>Luehea seemannii</i>
Escalloniaceae	<i>Rodamonte</i>
Malvaceae	<i>Cuipo, güipo, bonga</i>
Lecythidaceae	<i>Membrillo</i>

Table 1. Familias y nombre científico de plantas seleccionadas

La construcción del árbol filogenético a partir del alineamiento del gen conservado ndhF

A partir de la búsqueda en GenBank con cada una de las especies dadas con 2 filtros (nativas y arbórea) del catálogo de flora del Valle de Aburrá (2014). Al final se obtuvieron 19 especies con secuencias descargadas, las cuales fueron alineadas en Clustal Omega y posteriormente ejecutadas en el programa jModelTest para obtener el mejor modelo, el cual fue GTR+G. Con este modelo, luego se pasó al análisis filogenético y Bootstrap, bajo el criterio de Maximun Likelihood ejecutado con el programa GARLI, con 1 bootstrap reps y 100 en el análisis de bootstrap. Por último, para su visualización final se realizó con el software Figtree.

Construcción del árbol filogenético a partir del sistema APG III

Este análisis se realizó con el software phylomatic⁸. Este programa usa en árbol consenso del APG III (R20120829) como soporte, el cual usa la taxonomía para la clasificación de las especies. Para la visualización del árbol filogenético generado se utilizó la herramienta online ITOL⁹.

3 Resultados

Construcción del árbol filogenético a partir del alineamiento del gen ndhF

El árbol generado (**Figura 1**), donde se muestran las relaciones filogenéticas según el gen ndhF. Se resaltan 3 grandes subclases

dentro de las clases; Rósidas (Rosidae), Astéridas (Asteridae) y Magnólidas (Magnoliidae). Los valores de Bootstrap están ubicados en las ramas de cada grupo.¹

Se resaltan con colores. Rosado: Rósidas; azul: Astéridas y verde: Magnólidas.

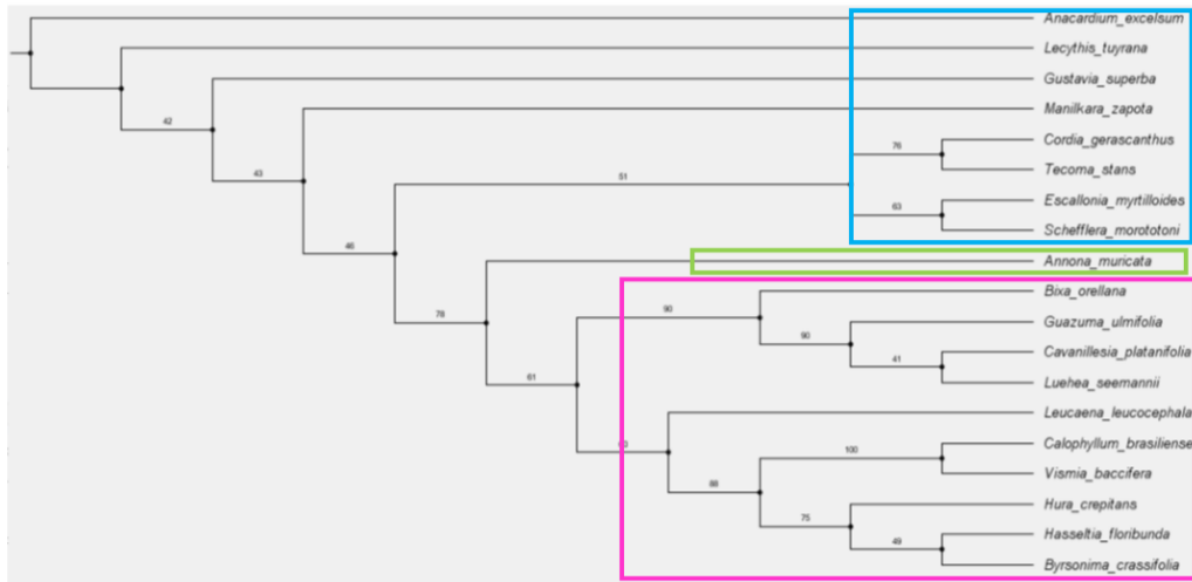


Figure 1. Árbol filogenético a partir del alineamiento del gen ndhF

Construcción de árbol filogenético a partir del sistema APG III

El árbol generado a partir del sistema APG III, se resaltan con colores las subclases Rósidas, Astéridas y Magnólidas, dentro de los grupos Eudicotiledóneas y Magnólidas respectivamente. En este árbol filogenético consenso no se toma en cuenta valores de soporte.

Se resaltan con colores. Rosado: Rósidas; azul: Astéridas y verde: Magnólidas.

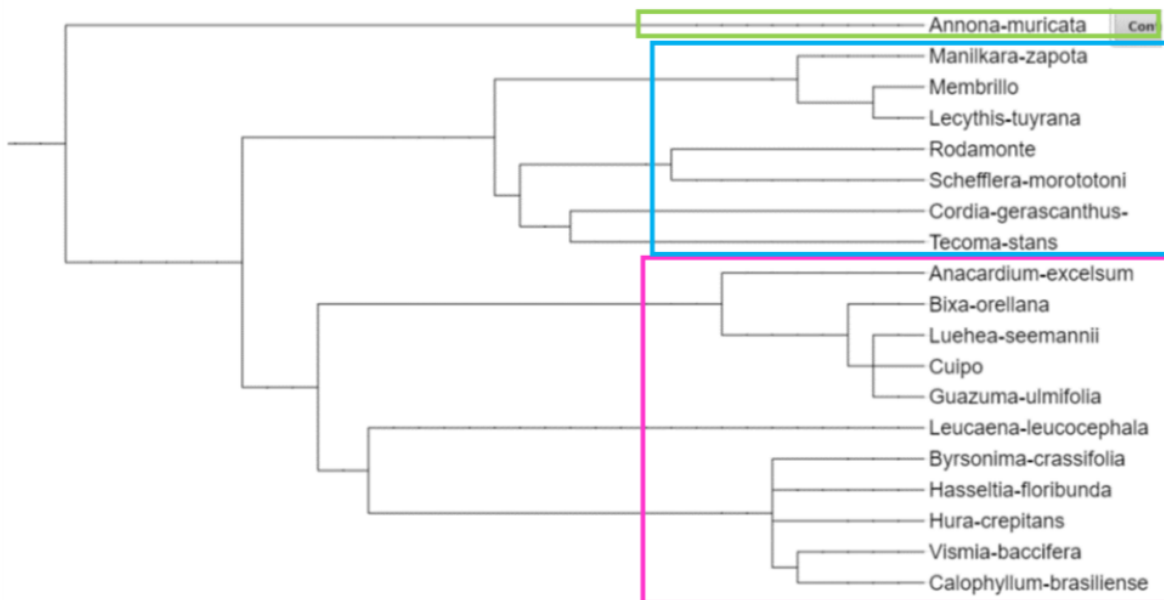


Figure 2. Árbol filogenético a partir del sistema APG III

4 Discusión

Según los datos obtenidos y al realizar las comparaciones entre los dos árboles filogenéticos generados, encontramos que el grupo de las Rósidas que pertenece a la clase de las Eudicotiledóneas, en la Figura 1, observamos 10 especies organizadas jerárquicamente con valores de soporte del bootstrap superiores al 60, exceptuando dos ramas, al comparar con la Figura 2 notamos que cambia al incorporarse la especie *Anacardium excelsum* como cercana al grupo de *Bixa orellana* cuando en la figura 1 aparece como una especie distal, también observamos el surgimiento de una politomía de las especies *Byrsonima crassifolia*, *Hasseltia floribunda*, y *Hura crepitans*, la cual es resuelta en la Figura 1.

Una politomía es una sección de una filogenia en que las relaciones no se pueden resolver por completo a dicotomías. En el grupo de las Astéridas que se encuentran dentro de las Eudicotiledóneas, observamos que en la Figura 1, la misma relación entre 4 especies, pero difiere con la Figura 2, en que las especies *Gustavia superba*, *Manilkara zapota* y *Lecythis tuiyana* se muestran con un ancestro en común más lejano a como se grafica en la Figura 2, especies que divergen de un mismo ancestro en común más cercano.

Y para el último grupo de las Magnólicas con su única especie *Annona muricata*, en ambas figuras difiere su posición, en la Figura 1 es grupo hermano de las Rósidas y en la Fig 2, es grupo hermano de Rósidas y Astéridas. Por lo que queda solo el soporte de 78/100 de la Figura 1 para dar una hipótesis.

5 Conclusión

Ambos métodos nos demuestran que hay posiciones congruentes de las especies y no difieren con el método, pero también se encuentran especies que difieren o no se encuentran ubicadas con los datos suministrados y surgen politomías.

Esto sugiere que el sistema APG III el cual es el método más optado por botánicos a nivel mundial, no tiene la última palabra en la organización filogenética y esto se puede refutar con distintos análisis de secuencias a partir de diferentes genes conservados.

En este trabajo solo se analizó un gen, pero para más rigurosidad y mayor soporte se puede trabajar con múltiples genes de importancia. Las herramientas que existen hoy en día a nivel biocomputacional nos ofrecen la oportunidad de dar análisis y sugerir nuevas o verificar filogenias de alto grado. Pero esto no solo es gracias a la biocomputación, pues previamente se debe tener un análisis taxonómico y genético de las especies para entrar en estudios computacionales. De esta manera podemos concluir que el estudio filogenético es un estudio que requiere de actualización constante a la par que aparecen especies, secuencias, caracteres y hasta el momento no tiene límites.

References

1. Santamaría, R. & Therón, R. Treevolution: visual analysis of phylogenetic trees. *Bioinformatics* **25**, 1970–1971 (2009).
2. Group, A. P. An update of the angiosperm phylogeny group classification for the orders and families of flowering plants: Apg iii. *Bot. J. Linnean Soc.* **161**, 105–121 (2009).
3. Li, A. *et al.* An update of the angiosperm phylogeny group classification for the orders and families of flowering plants: Apg ii. *Bot. J. Linnean Soc.* **141**, 399–436 (2003).
4. Trombulak, S. C. *et al.* Principles of conservation biology: Recommended guidelines for conservation literacy from the education committee of the society for conservation biology. *Conserv. biology* **18**, 1180–1190 (2004).
5. Stevens, P. Angiosperm phylogeny website. version 12, July 2012 [and more or less continuously updated since] (2001). URL <http://www.mobot.org/MOBOT/research/APweb/>. (Accessed 2 Dec. 2015) (2017).
6. Neyland, R. & Urbatsch, L. E. The *ndhF* chloroplast gene detected in all vascular plant divisions. *Planta* **200**, 273–277 (1996).
7. Arroyave, P. M. I. y. G. M. E., M. P. Catálogo virtual de flora del valle de aburrá. universidad eia. URL <http://catalogofloravalleaburra.eia.edu.co> (Accessed 15 Novemb. 2018) (2014).
8. Webb, C. O. & Donoghue, M. J. Phylomatic: tree assembly for applied phylogenetics. *Mol. Ecol. Notes* **5**, 181–183 (2005).
9. Letunic, I. & Bork, P. Interactive tree of life (itol) v3: an online tool for the display and annotation of phylogenetic and other trees. *Nucleic acids research* **44**, W242–W245 (2016).