Bioinformatyka - zadanie 2 dadasdasdf

Konrad Komisarczyk

Wstęp

Rośliny nagonasienne (*Gymnospermae*) to grupa roślin charakteryzująca się nie wytwarzaniem otaczających nasiona owoców. Wraz z siostrzanym kladem roślin okrytonasiennych razem tworzą klad roślin nasiennych. *Gymnospermae* współcześnie reprezentowana jest przez ponad 1000 gatunków. Kiedyś tych gatunków było więcej, jednak podejrzewa się, że konkurencja ze strony roślin okrytonasiennych prowadzi do wymierania gatunków nagonasiennych i spadku róznorodności w tej grupie.

Problemy filogenetyki roślin nagonasiennych

Filogenetyka nagonasiennych jest ciekawym zagadnieniem ze względu na wciąż trwającą dyskusję nad systematyką wewnątrz grupy. Wciąż pojawiają się inne drzewa filogenetyczne i klasyfikacje w obrębie grupy (Ran et al. 2018) (Lu et al. 2014) (Christenhusz et al. 2010) (Simpson 2010), pomiędzy którymi istnieją znaczne różnice.

Podobieństwo między współczesnymi wynikami stanowi odłączanie miłorzębowatych (*Ginkgoaceae*) i sagowcowatych (*Cycadaceae*) jako wcześniejszych grup rozwojowych i wskazywanie sosnowatych (*Pinaceae*) jako bazowej grupy względem gniotowców (*Gnetales*). Na głębszych poziomach drzew ponadto prace drugiego dziesięciolecia XXI wieku zgadzają się co do wielu rzeczy, m.in. zawsze pary araukariowate (*Araucariaceae*) - zastrzalinowate (*Podocarpaceae*), cisowate (*Taxaceae*) - cyprysowate (*Cupressaceae*) oraz welwiczjowate (*Welwitschiaceae*) - gniotowate (*Gnetaceae*) są uważane jako pary siostrzane, a przęślowate (*Ephedraceae*) jako grupa bazalna względem ostatniej z nich (tworzy razem z tą parą gniotowce (*Gnetales*)).

Różnice we współczesnych drzewach filogenetycznych dotyczą umieszczenia grup sosnowatych (*Pinaceae*) (czy są one bazowe względem araukariowców i cyprysowców, czy tylko gniotowców) i sośnicowatych (*Sciadopityaceae*) (czy stanowią one klad bazowy względem araukariowatych i zastrzalinowatych, czy cisowatych i cyprysowatych).

W przeszłości, przed erą molekularnych badań filogenetycznych, problematyczna była grupa gniotowców (*Gnetales*), która ze względu na swoje cechy fenotypowe dawniej nie była klasyfikowana jako rośliny nagonasienne, a grupa siostrzana do roślin okrytonasiennych.

Cel pracy

Celem pracy jest analiza filogenetyczna roślin nagonasiennych na podstawie sekwencji białkowych 11 gatunków z grupy - po jednym przedstawicielu każdej rodziny. Analiza ma potwierdzić ugruntowane elementy systematyki wewnątrz grupy oraz przedstawić dowody po jednej ze stron w opisanych powyżej kwestiach spornych.

Metody

Wybrane gatunki

Wybrano po 1 przedstawicielu z 11 omawianych rodzin. Zakładając przyjęty podział roślin na rodziny, każdy gatunek jest reprezentantem swojej rodziny.

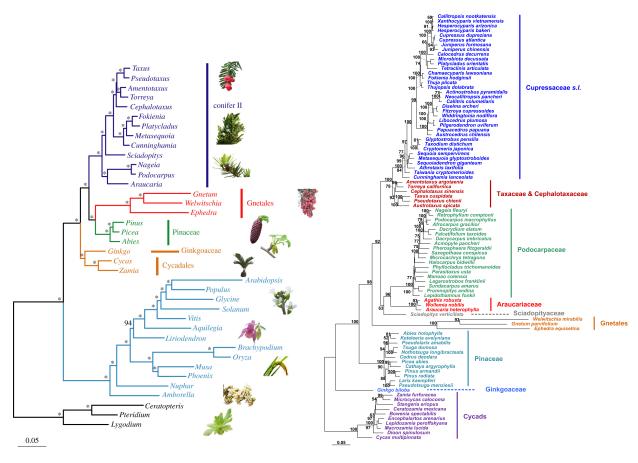


Figure 1: Drzewa filogenetyczne z artykułów (Ran et al. 2018) (po lewej) i (Lu et al. 2014) (po prawej)

Sagowiec ...

Miłorząb dwuklapowy

Modrzew europejski

 ${\bf Ephedra\ sinica}$

Gnetum ...

welwiczjowate coś? (9)

Sośnica japońska

jalowiec pospolity

cis pospolity

Araukaria ...

zastrzalinowate coś? (11)

to ostatnie

Wybór sekwencji

Z bazy danych danych NCBI ((MD), n.d.) pobrano w sumie XXX sekwencji białkowych w formacie FASTA. Dla części gatunków ograniczono liczbę sekwencji użytych do analizy. TODO JAK OGRANICZONO W poniższej tabeli znajduje się liczba sekwencji dla poszczególnych gatunków:

Lp.	Rodzina	Gatunek	Pobranych sekwencji	Wybranych sekwencji
1	Cycadaceae	Cycas revoluta	416	XX
2	Ginkgoaceae	$Ginkgo\ biloba$	8384	XX
3	Ephedraceae	$Ephedra\ sinica$	329	XX
4	Pinaceae	$Larix\ decidua$	515	XX
5	Gnetaceae	$Gnetum\ gnemon$	517	XX
6	Welwits chiaceae	$Welwitschia\ mirabilis$	457	XX
7	$Sciadopitys\ verticillata$	Sciadopity aceae	472	XX
8	Cupressaceae	$Juniperus\ communis$	381	XX
9	Araucariaceae	$Araucaria\ angustifolia$	286	XX
10	Podo carpace ae	$Nageia \ nagi$	340	XX
11	Zamiaceae	Zamia erosa	460	XX

Klastrowanie sekwencji i wybór klastrów

Dopasowanie sekwencji

Drzewa filogenetyczne

Drzewo konsensusowe

Wyniki

Wnioski i dyskusja

Bibliografia

Christenhusz, Maarten, James Reveal, Aljos Farjon, Martin Gardner, Robert Mill, and Mark Chase. 2010. "A New Classification and Linear Sequence of Extant Gymnosperms." *Nov. Magnolia Press Phytotaxa* 19 (November): 55–70. https://doi.org/10.11646/phytotaxa.19.1.3.

Lu, Ying, Jin-Hua Ran, Dong-Mei Guo, Zu-Yu Yang, and Xiao-Quan Wang. 2014. "Phylogeny and Divergence Times of Gymnosperms Inferred from Single-Copy Nuclear Genes." Edited by Sven Buerki. *PLoS ONE* 9 (9): e107679. https://doi.org/10.1371/journal.pone.0107679.

(MD), Bethesda. n.d. "Protein [Internet]." National Center for Biotechnology Information. U.S. National Library of Medicine. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/protein.

Ran, Jin-Hua, Ting-Ting Shen, Ming-Ming Wang, and Xiao-Quan Wang. 2018. "Phylogenomics Resolves the Deep Phylogeny of Seed Plants and Indicates Partial Convergent or Homoplastic Evolution Between Gnetales and Angiosperms." *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 285 (1881): 20181012. https://doi.org/10.1098/rspb.2018.1012.

Simpson, Michael G. 2010. Plant Systematics. 2nd ed. Burlington, MA: Academic Press.