UM PASSO EM FRENTE NA FILOGENIA DAS ANGIOSPERMAS

As relações entre os principais linhagens de angiospermas (plantas com flores todas) foram dois estudos publicados na PNAS em 28 novembro de 2007 . Essas relações não foram ainda resolvidos satisfatoriamente.

” Usando plastid genoma escala de dados para resolver Relacionamentos enigmática Entre angiospermas basais “, assinado por Michael J. Moore et al. (artigo disponível em qualquer lugar http://www.pnas.org/cgi/reprint/0708072104v1 )

Este estudo foi baseado na análise de 61 genes do cloroplasto pertencentes a 45 espécies foram selecionadas de modo que os representantes das principais linhagens de angiospermas, incluindo duas espécies de gimnospermas ( Pinus e Ginkgo ) como espécies “fora do grupo.” Além dos resultados de natureza filogenética, é fornecido como uma novidade, o seqüenciamento completo do genoma do cloroplasto de Ceratophyllum demersum , uma espécie considerada.

” A análise de 81 genes a partir de 64 genomas plastid resolve Relacionamentos identificador em angiospermas e genoma escala de padrões evolutivos “, assinado por Robert K. Jansen et al. (Abstract disponíveis http://www.pnas.org/cgi/content/abstract/0709121104v1 ).

Este segundo estudo foi baseado na análise de 81 genes do cloroplasto pertencentes a 64 espécies representativas de todos os principais grupos de angiospermas. Além das considerações filogenéticas, introduz um novo seqüenciamento completo do genoma do cloroplasto de 13 dos 64 espécies envolvidas.

Os estudos filogenéticos com base na análise de biopolímeros (proteínas, RNA, DNA) depende em primeiro lugar o conhecimento exato da seqüência das moléculas analisadas. Primeiros trabalhos sobre sequenciamento de proteínas foi realizada (produtos originários da “informação” contida nos genes), mais tarde começaram o seqüenciamento dos genes em si (DNA).

Comparação das seqüências de um biopolímero dado presente em diferentes linhagens pode encontrar diferenças que são devido a mudanças uma vez que estas linhagens divergiram de seu ancestral comum. O número de alterações observadas ao comparar as seqüências de duas linhagens é uma medida de “proximidade” ou “à distância” com eles sobre seu ancestral comum. Por exemplo, comparando o citocromo c (uma proteína) dos seres humanos com os macacos rhesus é uma diferença quando comparado com os cavalos e existem 12 diferenças quando comparado com o atum são 21 as diferenças.

A análise filogenética molecular mais simples que podemos conceber deve necessariamente partir do conhecimento exato da seqüência de um biopolímero dado , ou uma molécula inteira ou fragmento molecular do mesmo (por exemplo, o gene X) em três espécies (chamá-los de A, B e C). Então, seguindo o exemplo, nós comparamos as seqüências do gene X em todas as três espécies com a ajuda de certos parâmetros que nos permitem discernir com alguma confiança, o grau de semelhança entre eles. Este grau de semelhança está relacionada com o grau de parentesco é refletida na árvore filogenética correspondente ou filograma.

No nosso exemplo (o gene X em espécies A, B e C) podem ser obtidos até a quatro filogramas topologia diferente :



1.Um é mais semelhante a B para C, ou seja, as linhagens A e B são “irmãos”, deixando C como a linhagem basal.
2.Um é mais estreitamente relacionado com C do que B, ou seja, as linhagens A e C são “irmãos”, deixando B como a linhagem basal.
3.B é mais estreitamente relacionado com C do que A, ou seja, as linhagens B e C são “irmãos”, deixando uma como a linhagem basal.
4.A análise não poderia resolver o grau de parentesco com um mínimo de confiança. Se chegarmos a este ponto, podemos sempre escolher um outro biopolímero do inumeráveis, mas segura partes, as espécies envolvidas.
Em muitos casos, a resolução bem sucedida de um filograma requer maximizar a) o número de biopolímeros submetidos à análise b) o tamanho da amostra de espécies. Ambos exigem tarefa imediata como o seqüenciamento de biopolímeros.

Voltando à notícia , vemos que o segundo estudo é baseado em genes mais (81) que o primeiro (61) e abrange um maior número de espécies (64 versus 45). Os autores do primeiro estudo seria muito “satisfeito” se as suas conclusões foram apoiadas por segundo estudo, uma vez que trata, por assim dizer, leia mais. E de fato é isso que tem acontecido. Portanto, agora temos uma imagem bastante satisfatória de como a inter-relacionadas principais clades de angiospermas.

As manchas mais escuras foram

•Posição relativa dos três grupos na linha de base.
•Posição de Chloranthaceae.
•Ceratophyllum posição.
•Magnoliidae posição relativa, Monocots e eudicotiledóneas.
Filograma A seguir reflete a história evolutiva das angiospermas de acordo com os resultados dos dois estudos.

