

Sistematska botanika



Zašto bi se bavili biljkama? - osim iz radoznalosti

1. Biljke provode **fotosintetske procese** s nizom primarnih i sekundarnih produkata
2. Biljke **kisikom koje stvaraju**, omogućuju aerobni način života
3. Biljke **kisikom koje stvaraju** omogućuju nastanak ozonskog sloja i zaštitu od UV-a
4. Biljke su jedina živa bića na planeti koja mogu u jedinstvenoj kemijskoj reakciji iz anorganskih sastojaka (CO_2 i H_2O) **proizvesti organske spojeve** uz sunčevu svjetlost kao izvor energije.
5. Biljke su temelj gotovo svih **prehrambenih lanaca**
6. Biljke su uglavnom **dominantna sastavnica većine ekosustava**
7. Biljke kao dio ekosustava, utječu na nastanak tla, protok vode, klimu, pročišćavanje zraka i vode, sprječavaju erozije i poplave, te omogućuju ispravno **kruženje mnogih elemenata** u biosferi (plinova, mikroelemenata)



K: 18 - 22

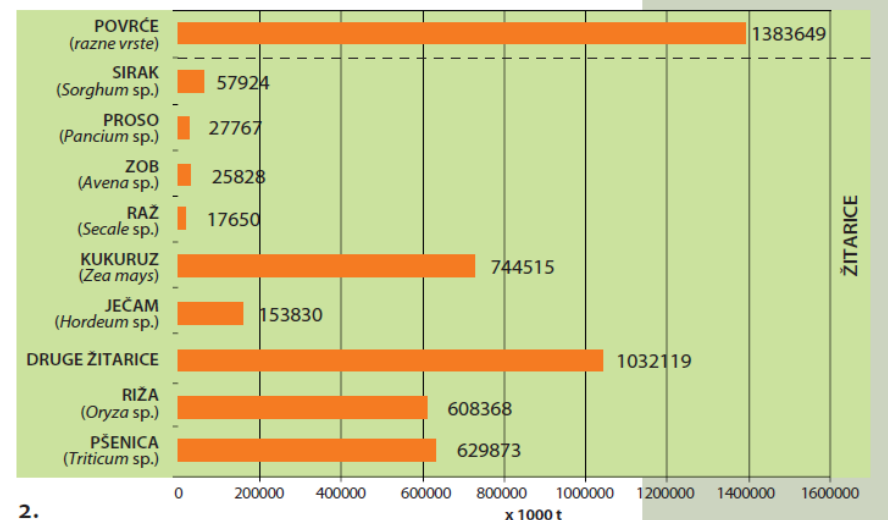
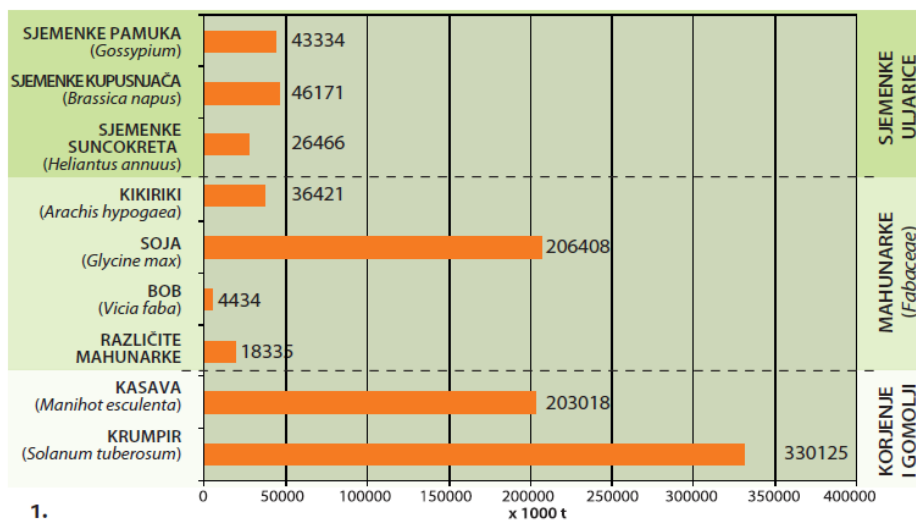
Zašto bi se bavili biljkama? - osim iz radoznalosti

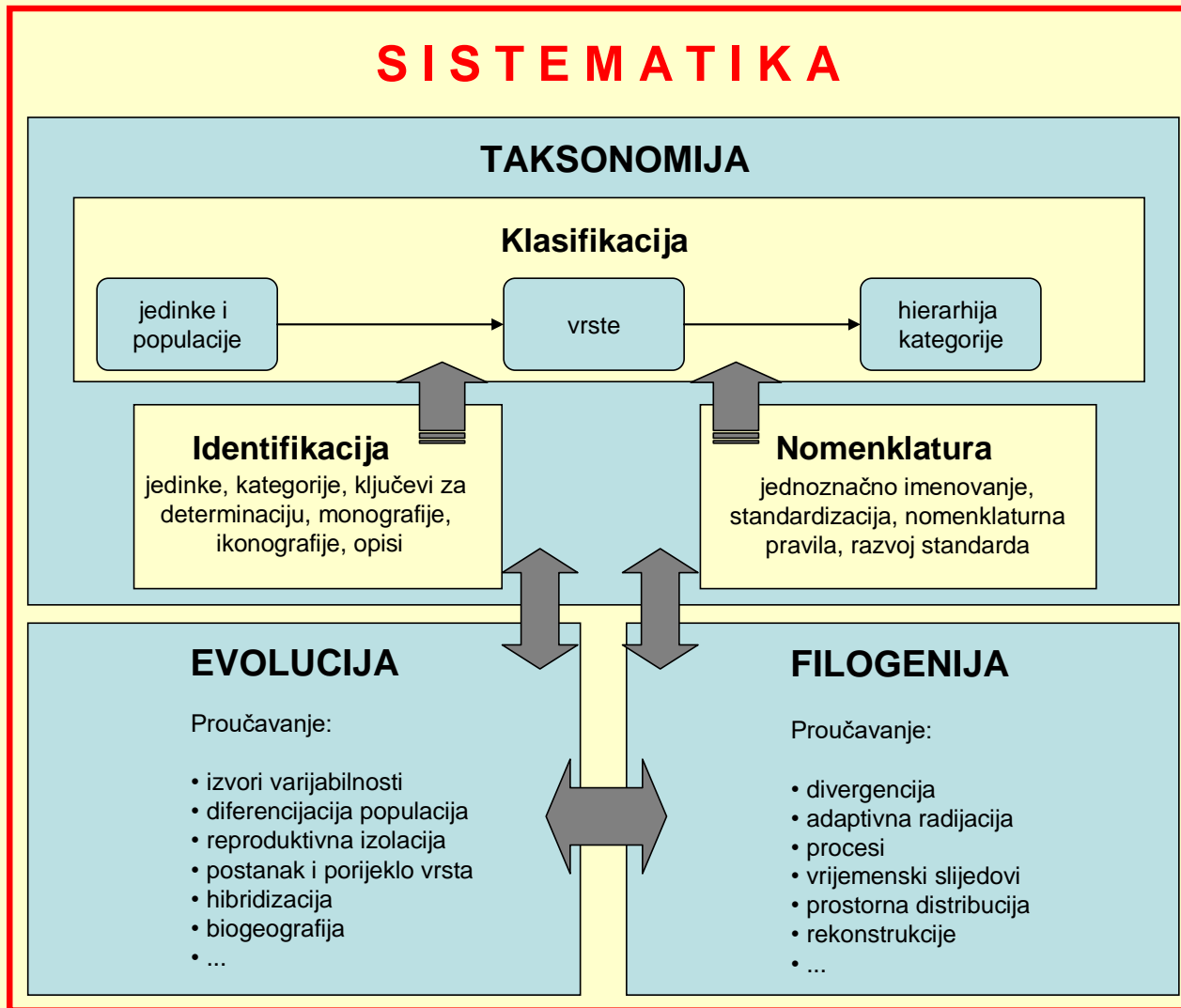


- sabire biljke za hranu
- uzgaja biljke za hranu
- uzgaja biljke kao stočnu hranu
- sabire i uzgaja biljke kao materijal
- sabire i uzgaja biljke za gorivo
- sabire i uzgaja biljke za proizvodnju lijekova
- sabire i uzgaja biljke kao dodatak hrani
- sabire i uzgaja biljke za preobrazbu okoliša
- sabire i uzgaja biljke za druge namjene

Prema podacima FAO-a, godišnja žetva žitarica u svijetu je > 2.300.000 x10³ tona, a plodova i različitog povrća > 1.400.000 x10³ tona.

Iz biljaka se neposredno namiruje 65 - 95% potreba ljudi za kalorijama, te 30 - 79 potreba za proteinima (ovisno o području).





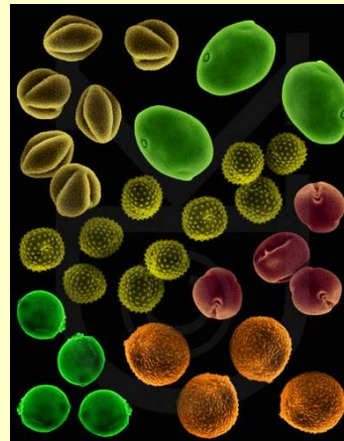
K: 22-55

Osobine



Kako akumuliramo podatke u sistematskoj botanici?

1. Sistematski, tj. filogenetski **informativne osobine**, poželjno poznatog evolucijskog tijeka, osnova su gradnje dendrograma, filograma i klasifikacijskog sustava općenito!
2. Svaka osobina **potencijalno** može biti informativna na nekoj klasifikacijskoj razini
3. **Izvori** informativnih osobina – vrlo brojni, dolaze iz različitih bioloških disciplina!



- Morfologija bilja
- Anatomija bilja
- Citologija
- Genetika
- Molekularna biologija
- Sistematika
- Paleobotanika
- Fitokemija
- Ekologija
- Fiziologija bilja
- Palinologija
- i dr.

K: 86 - 125

Osobine



A/ Kvalitativne:

A1- binarne, osobina koja uvijek ima samo dva diskretna stanja. Npr. osobina «filotaksija listova» u neke skupine može biti samo «izmjenična» i «nasuprotna».

A2 - nominalne neuređene, osobina koja može imati više od dva diskretna stanja. Npr. osobina «boja cvijeta» u neke skupine može biti «bijela», «crvena», «plava» i «roza».

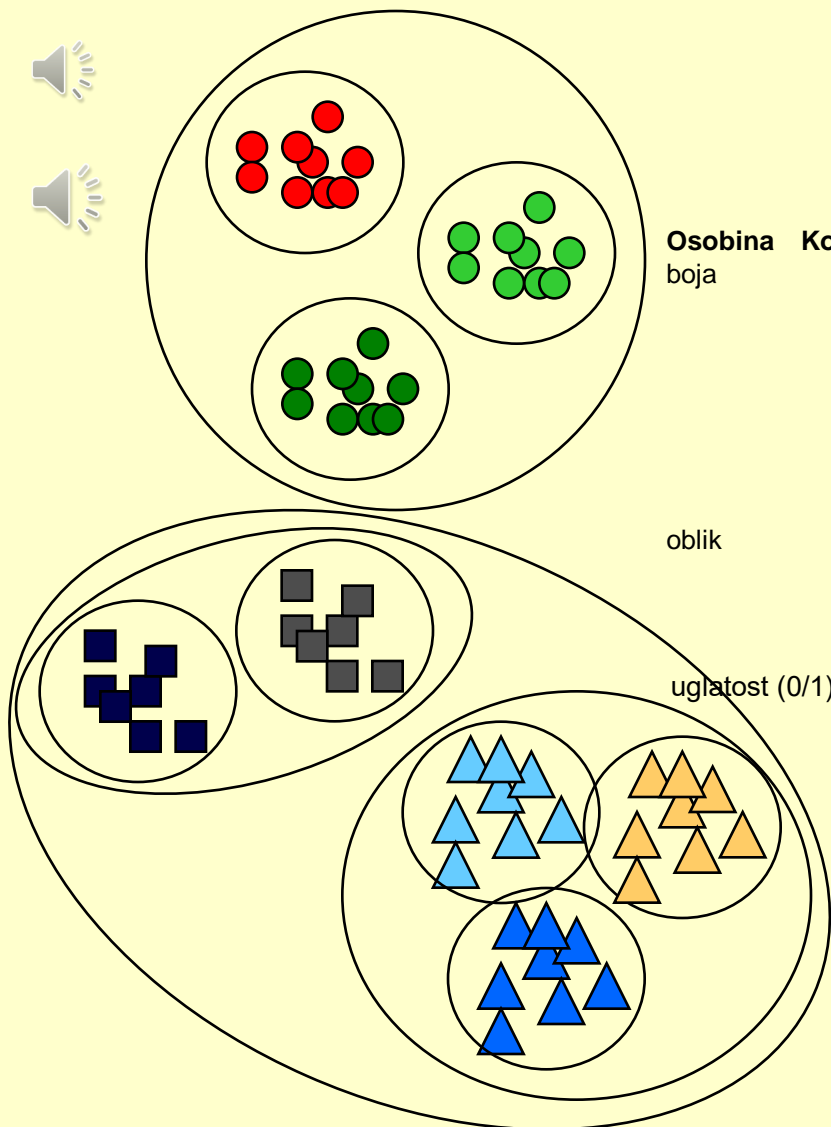
B/ Kvantitativne:

B1 - nominalne uređene, osobina koja može imati više od dva diskretna stanja, no vrijednosti stanja su međuoavisna i redosljed je značajan. Npr. osobina «veličina x» može imati stanja «mala», «srednja», «velika» i «jako velika».

B2 - merističke, osobina koja može poprimiti cjelobrojnu vrijednost unutar nekog raspona. Npr. osobina «broj plodnih listova» određuje koliko plodnih listova gradi ginecej u cvijetu neke svojte, pa ih može npr. biti 1 (npr. *Prunus*), 2 (npr. *Salix*), 3 (npr. *Lilium*), 4 (npr. *Parnassia*), 5 (npr. *Oxalis*), 6 (npr. *Butomus*), itd.

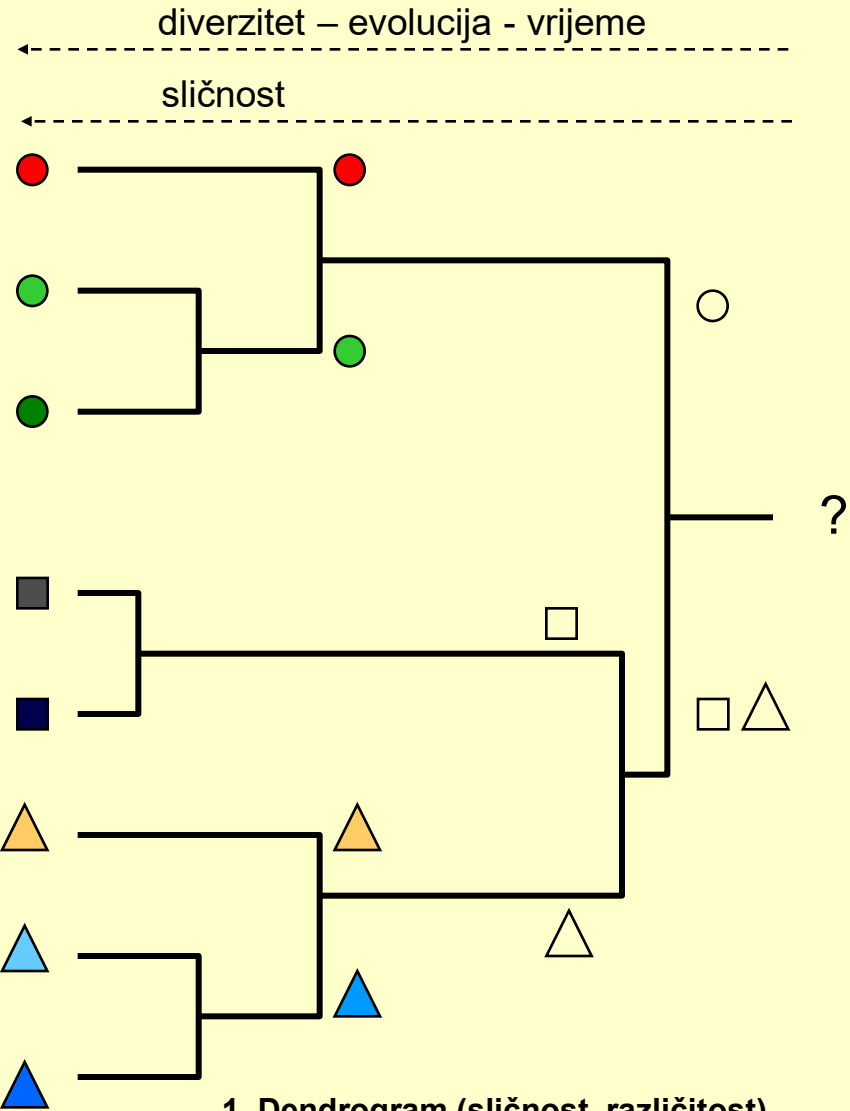
B3 - kontinuirane, osobina koja može poprimiti bilo koju vrijednost u rasponu od 0 do ∞ (ne samo cjelobrojnu). Kontinuirane osobine su najčešće povezane uz mjerenje nekog svojstva (npr. duljine, širine, mase, površine, volumen, trajanje, koncentracije, i sl.). Npr. osobina «duljina donje usne» nekog cvijeta može biti *bilo koja vrijednost* unutar raspona od npr. 6,00 mm do 12,5 mm. Unutar ovog raspona postoji neizmjeran broj mogućih vrijednosti, tj. stanja za ovu osobinu.

Hierarhijski sustavi



- | Osobina | Kod | Stanja |
|---------|-----|-----------|
| boja | 1 | crvena |
| | 2 | s. zelena |
| | 3 | t. zelena |
| | 4 | crna |
| | 5 | s. plava |
| | 6 | t. plava |
| | 7 | oker |
| | 8 | siva |
| oblik | 1 | krug |
| | 2 | kvadrat |
| | 3 | trokut |

uglatost (0/1)

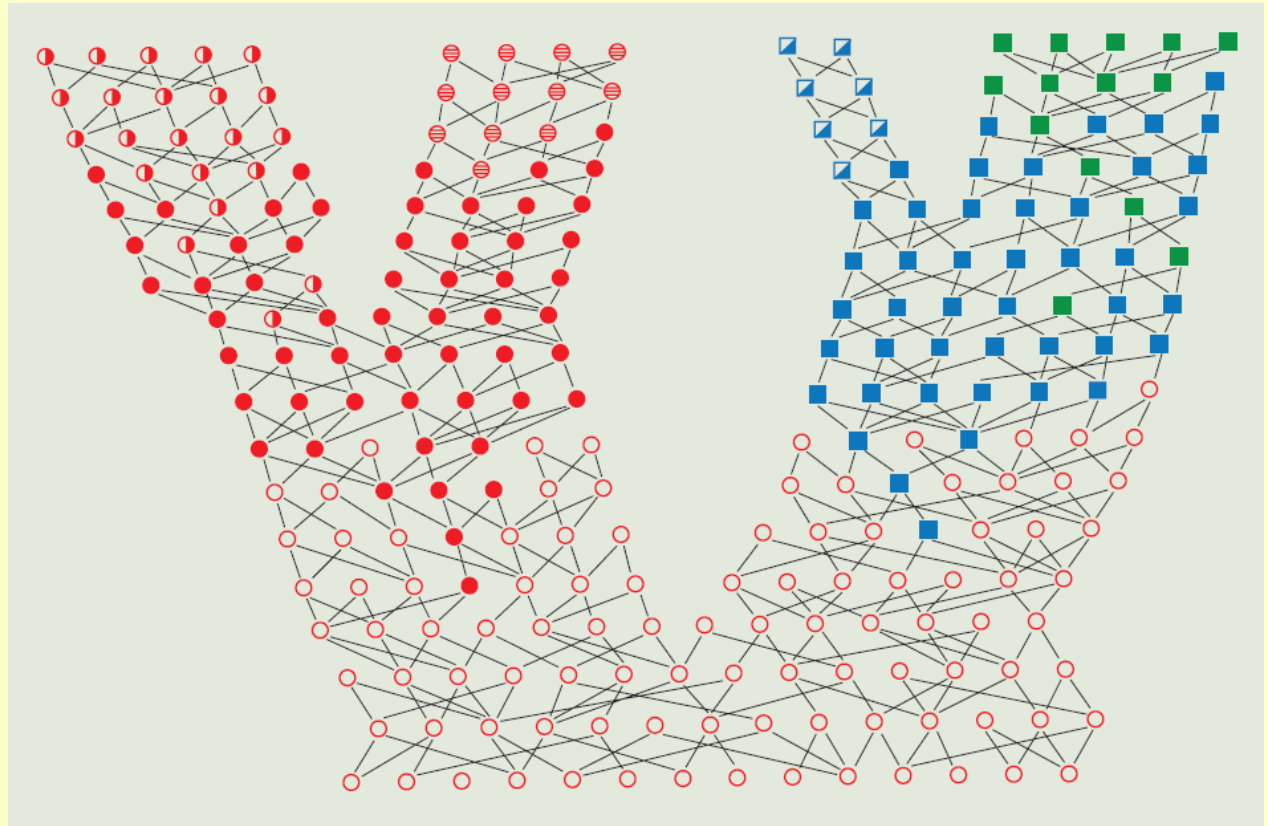


1. Dendrogram (sličnost, različitost)

2. Kladogram ili filogram (filogenija, srodnost)

Proces

Izolacija,
promjene uvijeta,
selekcija,
divergencija, ...
evolucija



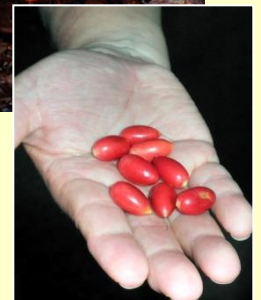
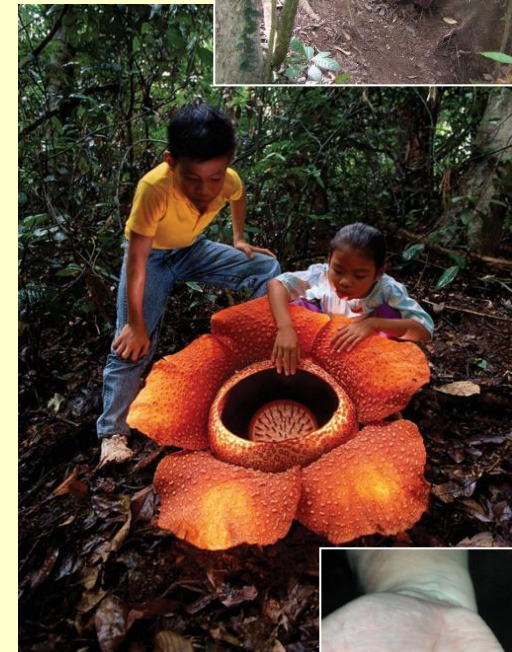
○	●	①	⊖	■	■	■
latice bijele, zeljasta biljka, listovi bez dlaka, 5 prašnika, suhi plod, glatka sjemena lupina	latice bijele, <u>drvenasta</u> biljka, listovi bez dlaka, 5 prašnika, suhi plod, glatka sjemena lupina	latice bijele, drvenasta biljka, listovi bez dlaka, 5 prašnika, suhi plod, <u>bodljikava</u> sjemena lupina	latice bijele, drvenasta biljka, listovi bez dlaka, 5 prašnika, sočni plod, <u>glatka</u> sjemena lupina	latice <u>crvene</u> , zeljasta biljka, listovi bez dlaka, 5 prašnika, suhi plod, glatka sjemena lupina	latice crvene, zeljasta biljka, <u>listovi dlakavi</u> , 5 prašnika, suhi plod, glatka sjemena lupina	latice crvene, zeljasta biljka, listovi bez dlaka, <u>4</u> prašnika, suhi plod, glatka sjemena lupina

Video clip:
[Web Geol](#)

K: 59 - 83

Priča

- Raflezija (*Rafflesia*, porodica *Rafflesiaceae*) je rod koji sadrži 15-ak vrsta tropa južne Kine, Butana, Tajlanda, Malajskog poluotoka, Filipina, Sumatre, Bornea i zapadne Malezije.
- Otkrivena je krajem 18. stoljeća u kišnim šumama Indonezije.
- Ove neobične biljke nemaju korijen, ni stabljiku, a ni listove.
- Obligatni endoparaziti korijena i puzajućih izdanaka drvenastih vrsta penjačica roda *Tetrastigma* (*Vitaceae*).
- Razvijaju se unutar tkiva domadara u obliku filamentoznih haustorija i u cijelosti ovise o njemu.
- Jedini dio raflezije koji se može vidjeti izvan domadara je cvijet – najveći u kritosjemenjača! Promjer u pojedinih vrsta > 1 m i mase do 10 kg.
- Od trena pojave pupova do završetka oprašivanja i oplodnje može proći i ~ 250 dana.
- Cvjetni pup veličine glavice kupusa postupno se otvara tijekom 24 – 48 sati i ostaje otvoren 3 – 5 dana. Izgledom i bojom, osobito mirisom po trulom mesu privlači kukce oprašivače.
- U roku od šest do osam mjeseci razvijaju se plodovi. Rasprostranje - mnoge šumske životinje: mravi, termiti, vjeverice, miševi, svinje, slonovi i dr. kao konzumenti koji šire sjemenke izmetom ili kao pasivni prenosioci.
- Uspješno prenesena sjemenka naći će se na korijenu ili stabljici domadara te klijanjem razviti haustorije.
- Prvo cvjetanje uslijedi nakon 3 – 4,5 godina od inokulacije.
- Horizontalni prijenos gena – HGT, prijenos između vrsta koje uopće nisu srodne.
- Filogenetska analiza mitohondrijskih (*matR*) i jezgrinih lokusa (18S ribosomalne DNA i PHYC) nedvojbeno smješta porodicu *Rafflesiaceae* u red *Malpighiales*.
- Međutim mitohondrijski nad1B-C povezuje rafleziju s njezinim domadarom, rodnom *Tetrastigma* (*Vitaceae*).
- Raflezija je dio svojeg genoma dobila od biljke na kojoj parazitira. Način ovog prijenosa još uvijek nije jasan.

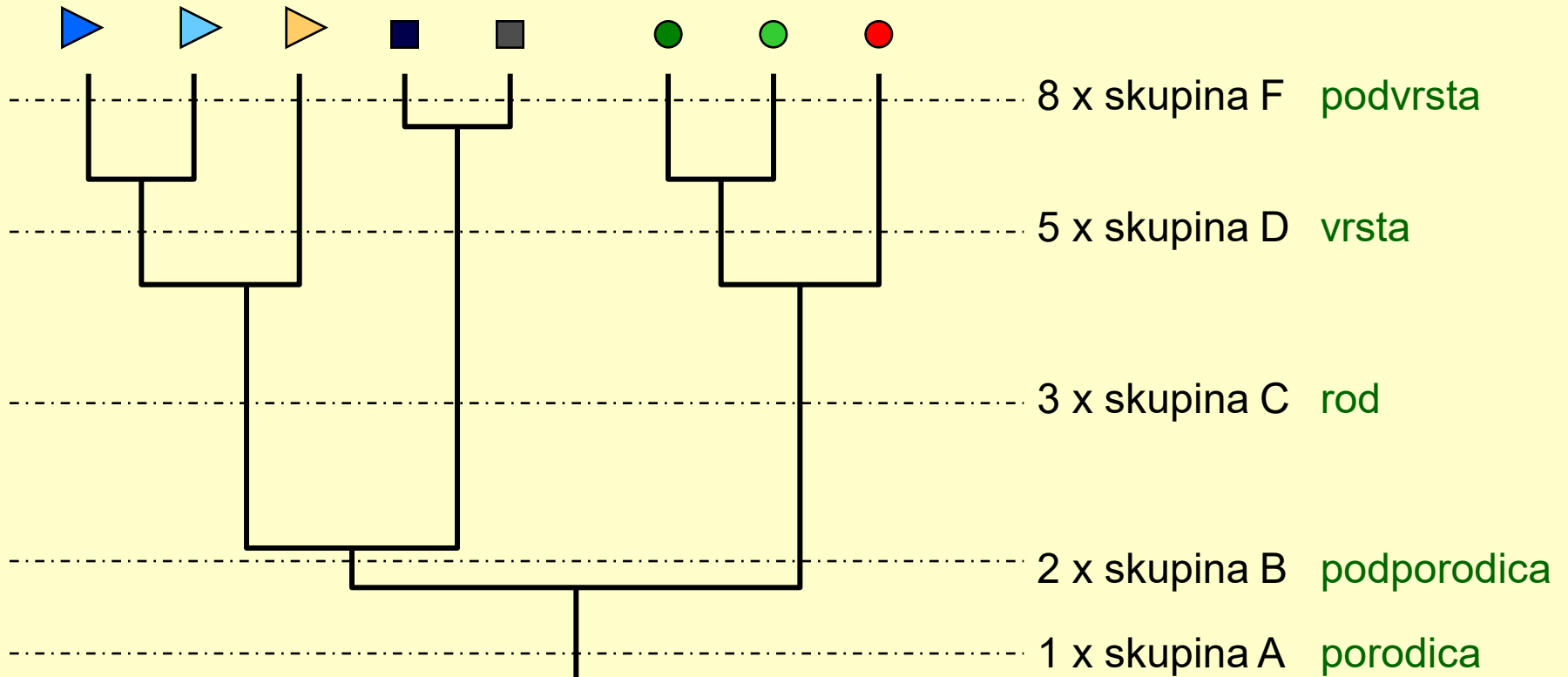


[Video clip!](#)

Klasifikacija



K: 39 - 55



Idealna klasifikacija odraz je filogenije, tj. **srodstvenih odnosa**. Idealna skupina je **monofiletska**, tj. svi članovi vode porijeklo od istog pretka!

Klasifikacija i imenovanje



Taksonomske kategorije u njihova uporaba dogovorena je Kodom botaničke nomenklature!

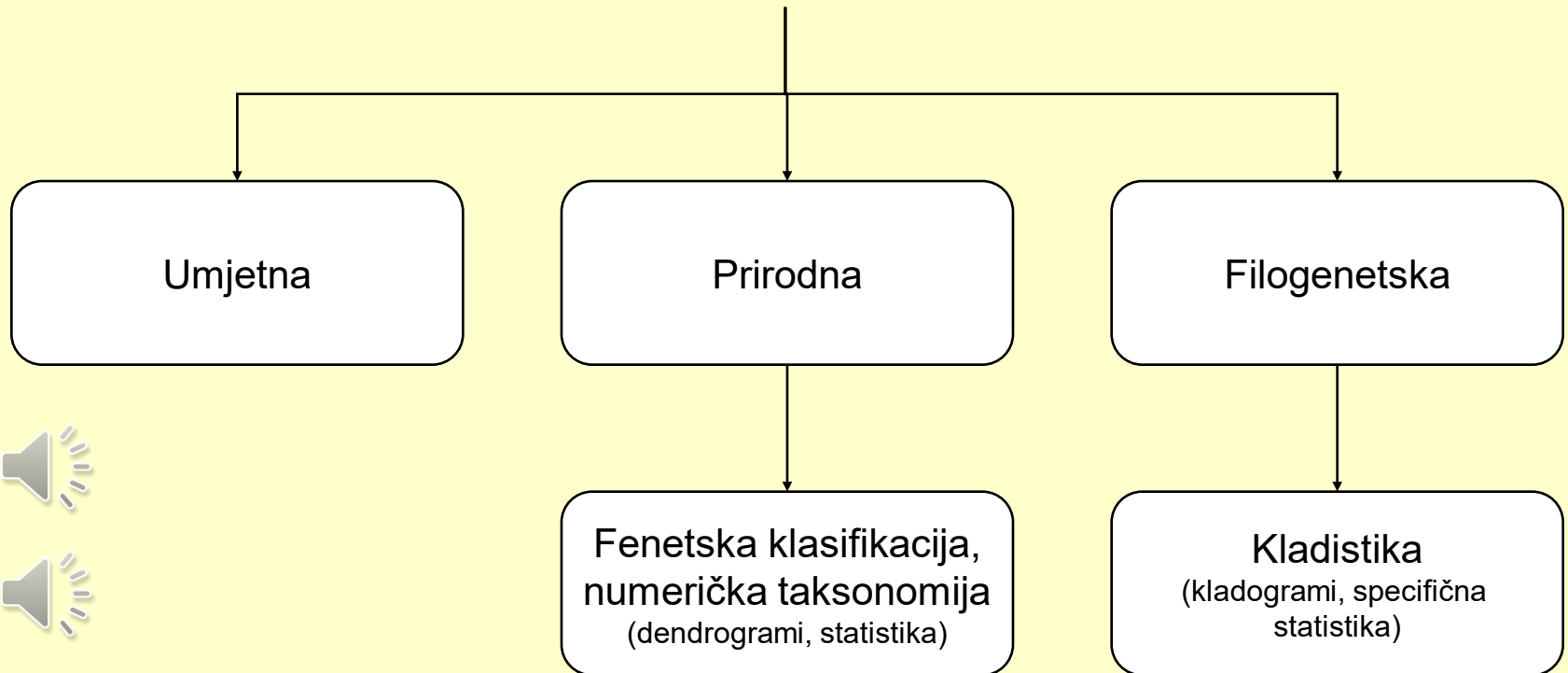
TAKSONOMSKE KATEGORIJE		ZAVRŠETCI		TAKSONOMSKE JEDINICE
hrvatski	latinski	završeci	razlike	
Carstvo	<i>regnum</i>	-ota		<i>Plantae</i>
Potcarstvo	<i>subregnum</i>	-bionta		<i>Cormobionta</i>
Odjeljak	<i>phylum</i>	-phyta -mycota	stablašice gljive	<i>Spermatophyta</i>
Pododjeljak	<i>subphylum</i>	-phytina -mycotina	stablašice gljive	<i>Magnoliophytina</i>
Razred	<i>classis</i>	-opsida (-atae) -phyceae -mycetes	stablašice stablašice alge gljive	<i>Magnoliopsida</i> <i>(Magnoliatae)</i>
Podrazred	<i>subclassis</i>	-idae		<i>Asteridae</i>

Klasifikacija i imenovanje

TAKSONOMSKE KATEGORIJE		ZAVRŠETCI		TAKSONOMSKE JEDINICE
hrvatski	latinski	završeci	razlike	
Nadred	<i>superordo</i>	-anae		<i>Asteranae (=Synandrae)</i>
Red	<i>ordo</i>	-ales		<i>Asterales</i>
Podred	<i>subordo</i>	-ineae		*
Porodica	<i>familia</i>	-aceae		<i>Asteraceae</i>
Potporodica	<i>subfamilia</i>	-oideae		*
Tribus	<i>tribus</i>	-eae		<i>Anthemideae</i>
Rod	<i>genus</i>	*		<i>Achillea</i>
Sekcija	<i>sectio, sect.</i>	*		<i>sect. Achillea</i>
Serijs	<i>series, ser.</i>	*		*
(Agregat)	<i>(agregatum, agg.)</i>	*		<i>Achillea millefolium agg.</i>
Vrsta	<i>species, spec., sp.</i>	*		<i>Achillea millefolium L.</i>
Podvrsta	<i>subspecies, subsp.</i>	*		<i>subsp. sudetica (Opiz) Weiss</i>
Varijetet	<i>varietas, var.</i>	*		*
Forma	<i>forma, f.</i>	*		<i>f. rosea</i>

Osobine

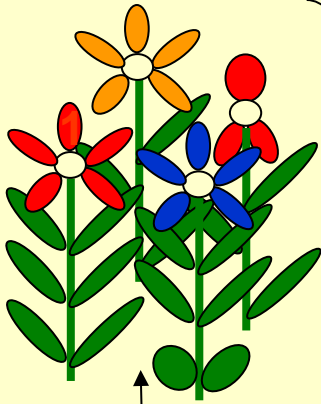
Obzirom na: (1) broj korištenih osobina, (2) način njihova tretmana i (3) načina analize sadržaja razlikuju se tri glavna pristupa sistematske botanike i posljedične klasifikacije:





jedinke, populacije, vrste, rodovi, ...

1



2

Odabir što većeg broja osobina za usporedbu

3
Opis ili mjerenje osobina, kodiranje stanja osobina (metode i tehnike sabiranja podataka)

Osnovna matrica podataka

Os./OTU	1	2	3	4	5	n
1	0	0	1	1	0	1	0	0	1	0
2	1	1	2	2	3	3	4	1	2	2
3	2	2	4	3	3	5	1	2	2	3
4	3	3	4	5	6	5	7	8	8	10
5	2,3	2,4	2,1	2,2	2,2	2,6	2	2,1	2,2	2,8
...
...
...
...
...
n

5

Metode izračunavanje sličnosti, različitosti, združenosti i sl.

OTU	1	2	3	4	5	n
1	1,0									
2	0,5	1,0								
3	0,5	0,3	1,0							
4	0,2	0,4	0,4	1,0						
5	0,0	1,0	0,2	0,1	1,0					
...	1,0				
...	1,0			
...	1,0		
...	1,0	
n	1,0

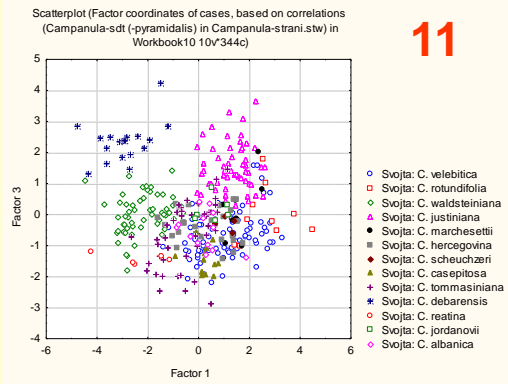
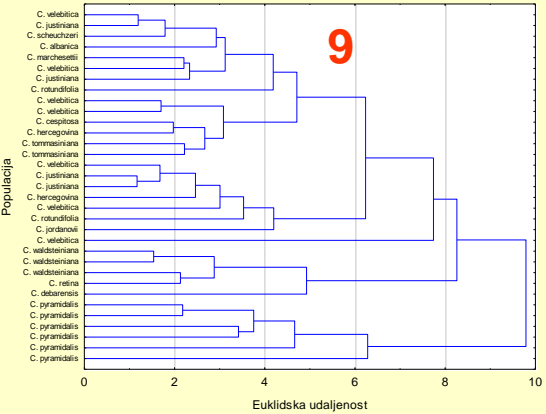
6

Matrica sličnosti, različitosti, korelacije

8
Metode grupiranja (clustering methods)

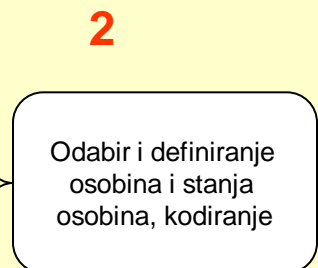
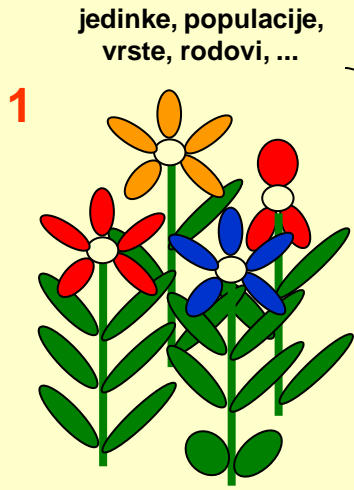
7
Metode nalaženja skupina

10
Metode ordinacije (PCA, PCO, MDS i dr.)



12
•Tumačenje odnosa OTU-a
•Razumijevanje varijabilnosti
•Tumačenje uloge osobina
•Kreiranje klasifikacijskog sustava
• i dr.

Kladistički pristup



- 3
- Mjerenje diskretnosti
 - Mjerenje korelacije
 - Utvrđivanje homoplazije
 - Utvrđivanje nizova i polarnosti
 - Davanje značenja osobinama
 - Među matrica osobina

4

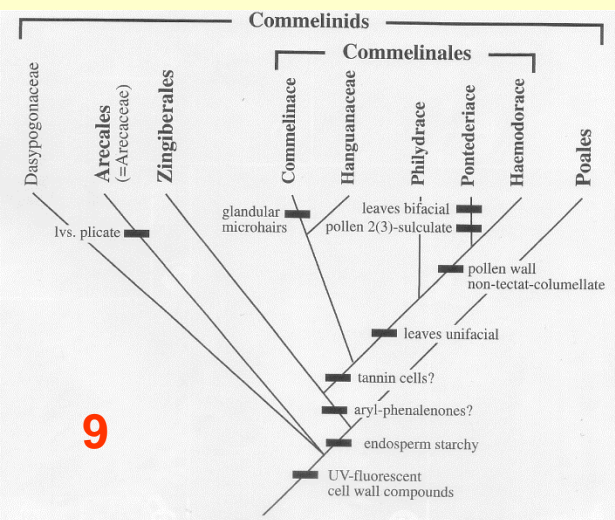
A	B	C	D
0 1 2 3	0 1 2 3	0 1 2 3	0 1 2 3
0 0 1 2 3	0 0 1 1 1	0 0 1 2 3	0 0 1 5 5
1 1 0 1 2	1 1 0 1 1	1 - 0 1 2	1 1 0 5 5
2 2 1 0 1	2 1 1 0 1	2 - - 0 1	2 5 5 0 1
3 3 2 1 0	3 1 1 1 0	3 - - - 0	3 5 5 1 0

Odabir svojti (OTU) (ingroup, outgroup)

5

Osnovna matrica podataka

Os./OTU	1	2	3	4	5	n
1	0	0	1	1	0	1	0	0	1	0
2	1	1	2	2	3	3	4	1	2	2
3	2	2	4	3	3	5	1	2	2	3
4	3	3	4	5	6	5	7	8	8	10
5	2,3	2,4	2,1	2,2	2,2	2,6	2	2,1	2,2	2,8
...
...
...
...
n



- 7
- Stabla podudarnosti:
- točna podudarnost
 - većinska podudarnost
 - polu podudarnost
 - i dr.

- 6
- Konstruiranje kladograma
- metoda štedljivosti
 - metoda najmanje udaljenost
 - metoda najveće vjerojatnosti
 - i dr.

- 8
- Mjerenje pouzdanosti:
- Indeks homoplazije (CI)
 - Indeks razlaganja (DI)
 - Mjera stalnosti (bootstrap)
 - i dr.

2 OTU → 1 kladogram
 3 OTU → 3 kladograma
 4 OTU → 15 kladograma
 5 OTU → 105 kladograma
 10 OTU → 34.459.425 kladograma
 50 OTU → 6,85 x 10⁸¹ kladograma



Proces



skup metoda namjenjenih rekonstrukciji filogenije temeljem obimnih ulaznih podataka različitih tipova; složene matematički, zahtjevne informatički; rezultati u obliku *kladograma*

PLESIOMORFIJA - sličnost u primitivnim osobinama
npr. apokarpni ginecej u por. *Ranunculaceae* i *Rosaceae*
APOMORFIJA - sličnost u odvedenim osobinama
npr. sinpetalni vjenčić u por. *Lamiaceae* i *Asteraceae*
HOMOPLAZIJA - konvergencija i paralelizam

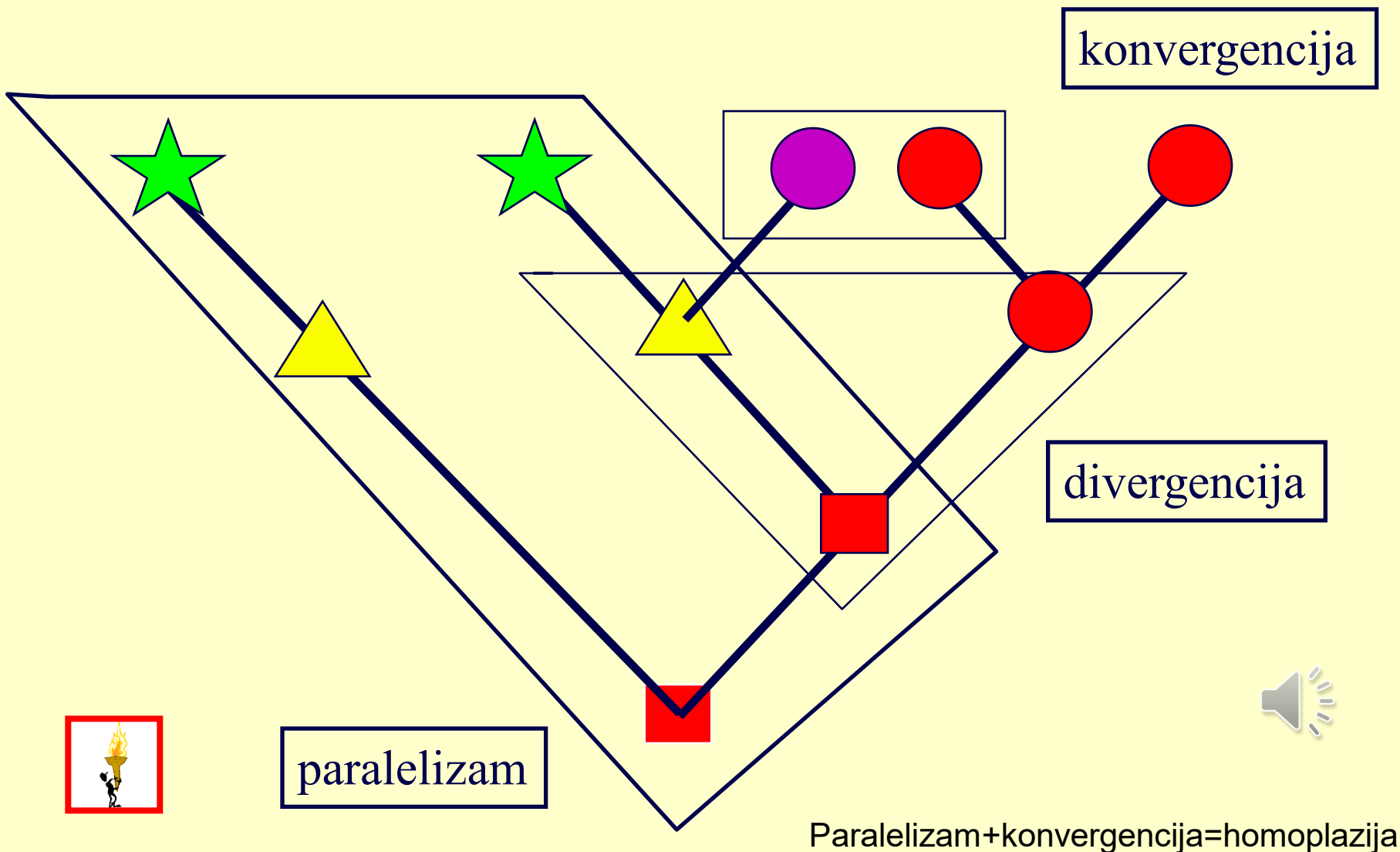
Prefiksi:

AUTO- : odnosi se na jednu liniju ili svojtu
SIN- : odnosi se na više linija ili svojti

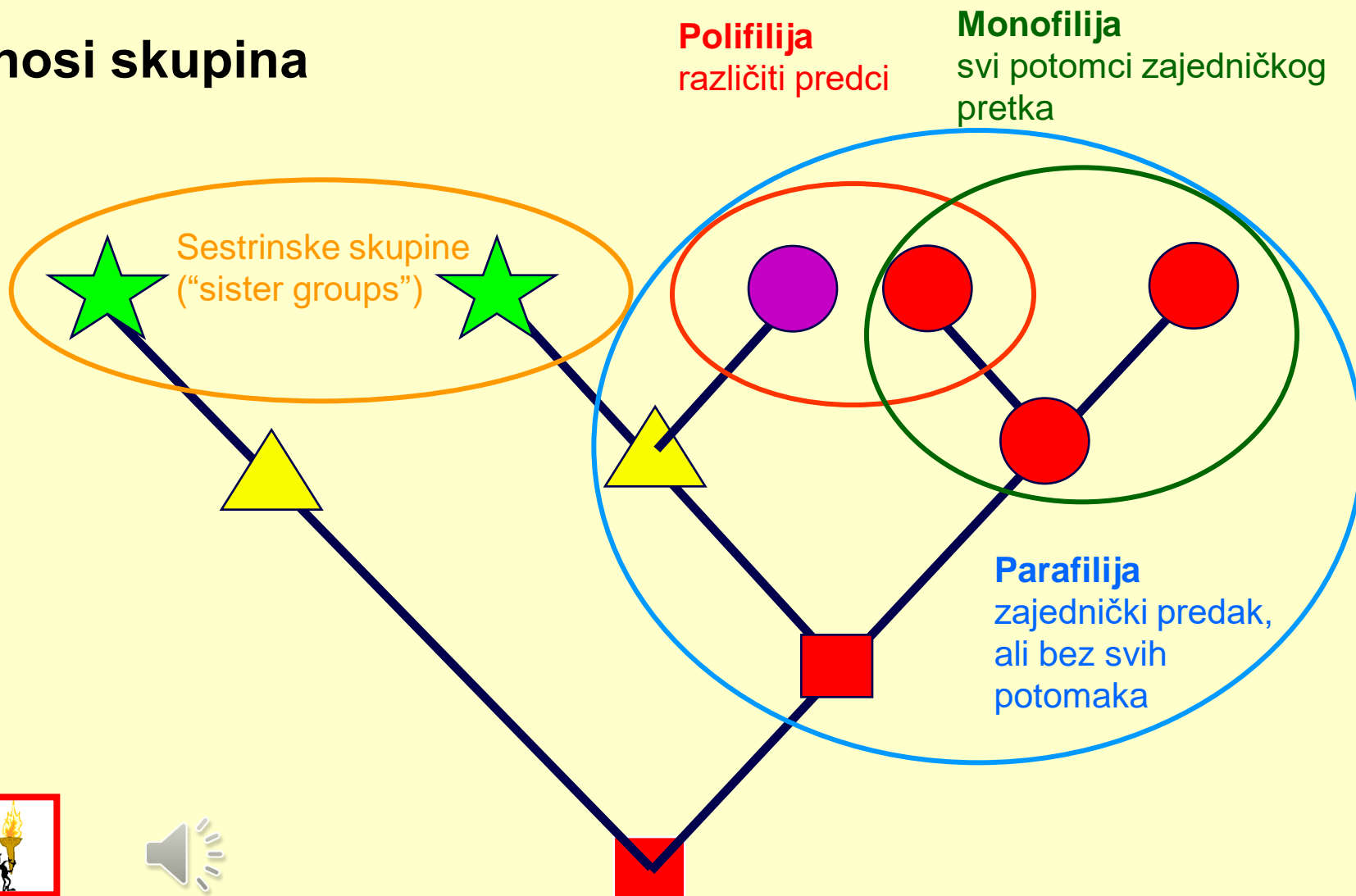
Angiosperm Phylogeny Website

<http://www.mobot.org/MOBOT/Research/APweb/welcome.html>

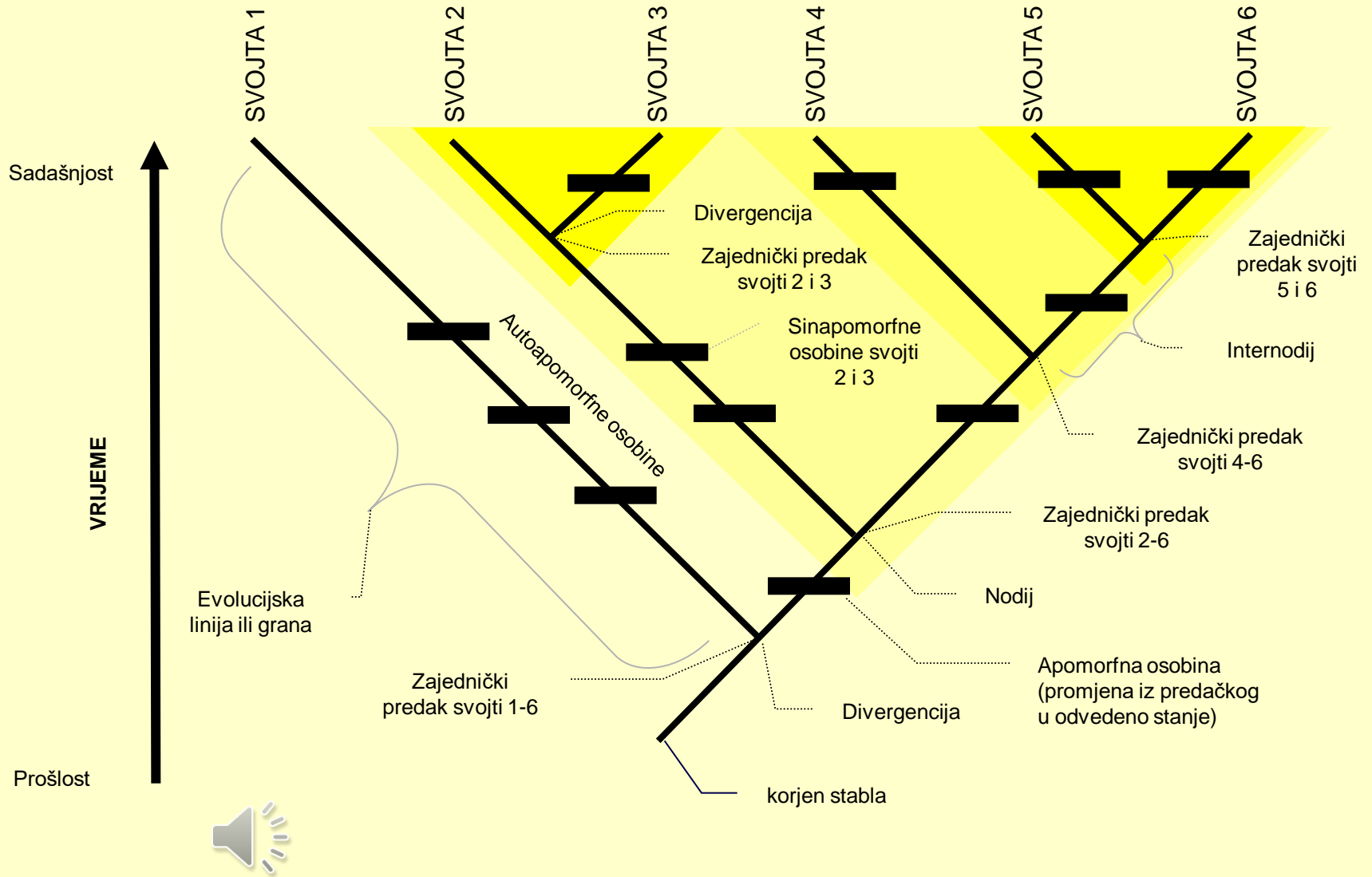
Terminologija kladograma i procesi



Odnosi skupina



Terminologija kladograma



Phylogeny and Divergence Times of Gymnosperms Inferred from Single-Copy Nuclear Genes

Ying Lu¹, Jin-Hua Ran², Dong-Mei Guo, Zu-Yu Yang, Xiao-Quan Wang*

State Key Laboratory of Systematic and Evolutionary Botany, Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences, Beijing, China

Abstract

Phylogenetic reconstruction is fundamental to study evolutionary biology and historical biogeography. However, there was not a molecular phylogeny of gymnosperms represented by extensive sampling at the genus level, and most published phylogenies of this group were constructed based on cytoplasmic DNA markers and/or the multi-copy nuclear ribosomal DNA. In this study, we use *LFY* and *NLY*, two single-copy nuclear genes that originated from an ancient gene duplication in the ancestor of seed plants, to reconstruct the phylogeny and estimate divergence times of gymnosperms based on a complete sampling of extant genera. The results indicate that the combined *LFY* and *NLY* coding sequences can resolve interfamilial relationships of gymnosperms and intergeneric relationships of most families. Moreover, the addition of intron sequences can improve the resolution in Podocarpaceae but not in cycads, although divergence times of the cycad genera are similar to or longer than those of the Podocarpaceae genera. Our study strongly supports cycads as the basal-most lineage of gymnosperms rather than sister to Ginkgoaceae, and a sister relationship between Podocarpaceae and Araucariaceae and between Cephalotaxaceae-Taxaceae and Cupressaceae. In addition, intergeneric relationships of some families that were controversial, and the relationships between Taxaceae and Cephalotaxaceae and between conifers and Gnetales are discussed based on the nuclear gene evidence. The molecular dating analysis suggests that drastic extinctions occurred in the early evolution of gymnosperms, and extant coniferous genera in the Northern Hemisphere are older than those in the Southern Hemisphere on average. This study provides an evolutionary framework for future studies on gymnosperms.

Citation: Lu Y, Ran JH, Guo DM, Yang ZY, Wang XQ (2014) Phylogeny and Divergence Times of Gymnosperms Inferred from Single-Copy Nuclear Genes. PLoS ONE 9(9): e107679. doi:10.1371/journal.pone.0107679

Editor: Sven Bueki, Royal Botanic Gardens, Kew, United Kingdom

Received March 7, 2014; Accepted August 19, 2014; Published September 15, 2014

Copyright: © 2014 Lu et al. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License, which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original author and source are credited.

Data Availability: The authors confirm that all data underlying the findings are fully available without restriction. All gene sequences are deposited in NCBI and the GenBank accession numbers are shown in Table S1. All *LFY* and *NLY* gene sequences determined in this study are deposited in NCBI under GenBank accession numbers KF377856-KF377901, KF377904-KF377918 and KF377921-KF377963, and the trees and alignments are deposited in TreeBase (number 516207).

Funding: This work was supported by the National Natural Science Foundation of China (Grant Nos. 31170197, 31330008). The funders had no role in study design, data collection and analysis, decision to publish, or preparation of the manuscript.

Competing Interests: The authors have declared that no competing interests exist.

* Email: xiaoq_wang@ibcas.ac.cn

† These authors contributed equally to this work.

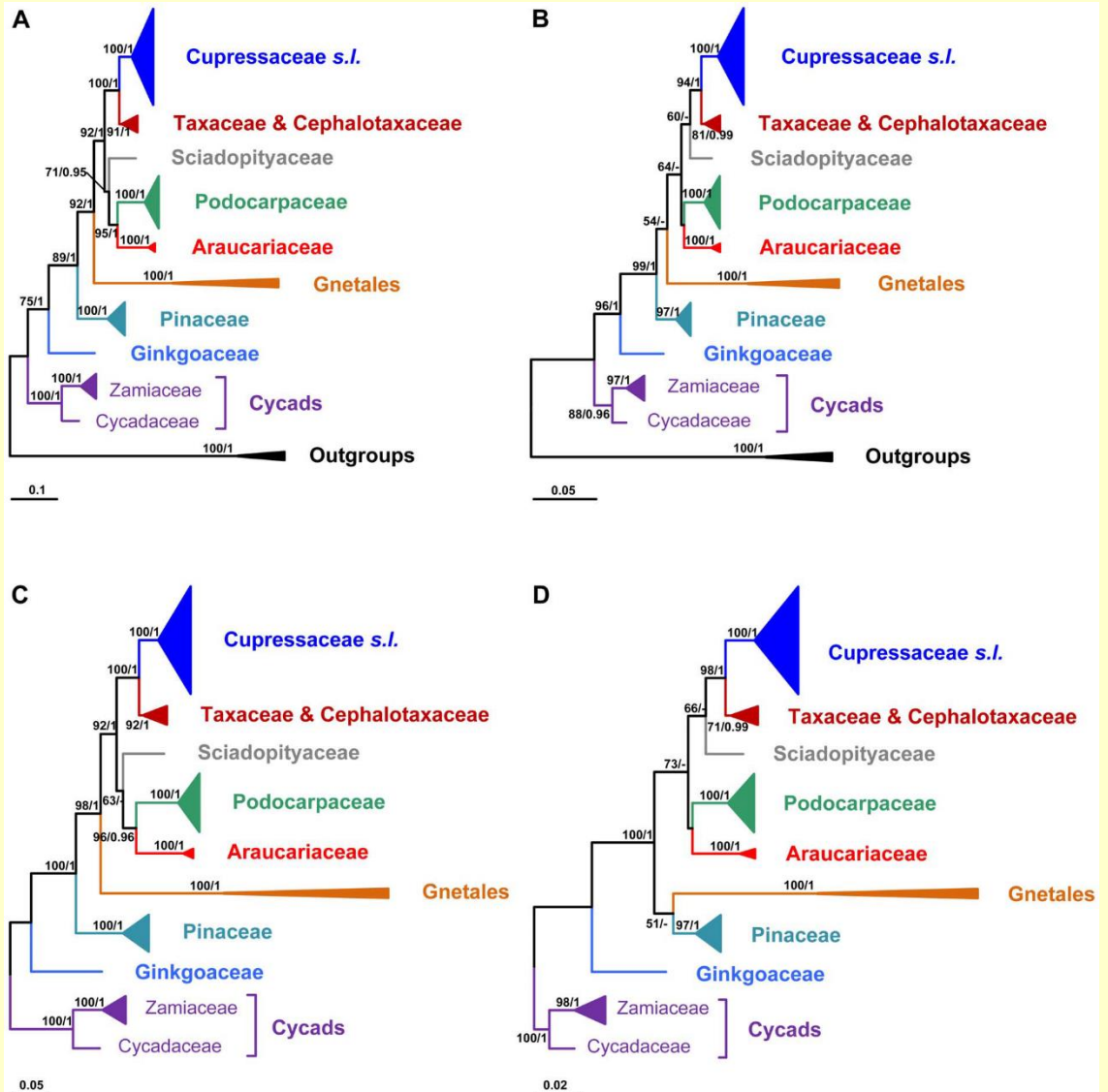


Figure 2. Comparison of ML trees of gymnosperms constructed using *LFY* + *NLY* sequences. A and C, All three codon positions were used; B and D, 1st and 2nd codon positions were used. A and B, *Angiopteris lygodiiifolia* was used as outgroup; C and D, The cycads were used as functional outgroups. Numbers associated with branches are bootstrap percentages of ML higher than 50% and Bayesian posterior probabilities greater than 0.90, respectively.
doi:10.1371/journal.pone.0107679.g002