

Strudsefugles stamtræ

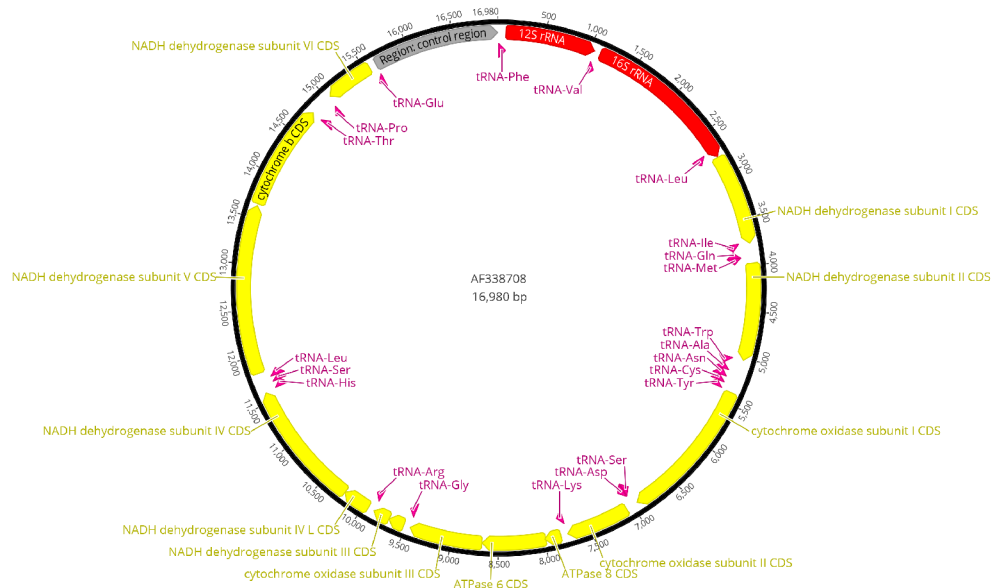
I 'Regn med biologi' figur 93 er der et stamtræ over strudsefugle der skal vise, om New Zealand var fuldstændigt vanddækket for 17-22 mio. år siden. Man kender det tidspunkt hvor det store superkontinent Gondwanaland brød op, og kan bruge det til at kalibrere det evolutionære ur.

Strudsefuglene anvendes fordi de dels er beslægtede og dels ude af stand til at flyve. Tre af fuglene findes i dag i New Zealand.

I denne her uddybning gennemgås hvordan et stamtræ med strudsefugle fremstilles. Det kan vise hvor 6 forskellige arter af strudsefugle er udviklet:

- 1) Afrikansk struds
- 2) Emu
- 3) Hjelmkasuar
- 4) Brun kiwi
- 5) Dværgkiwi
- 6) Stor kiwi

Apteryx haastii har det danske navn Stor kiwi hvis mtDNA kan ses modelleret i figur 1.

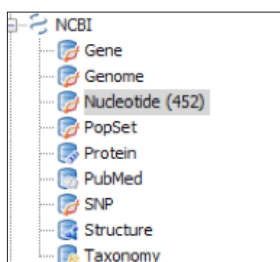


Figur 1. Model af mtDNA for Stor Kiwi (Fra Geneious version 1.11. Created by Biomatters. Available from <https://www.geneious.com>).

Det kan ses på figur 1 at generne på dette mtDNA koder for komponenter, der er virksomme i respirationsprocesser, som netop foregår i mitochondrier. Disse navne er angivet med gult. Størrelsen på mtDNA er angivet i basepar bp (engelsk: Base Pair). Når man angiver baselængder i 1.000, kaldes det kb (kilo baser). Det ses i midten af figur 1 at mtDNA i dette tilfælde er 16.980 bp.

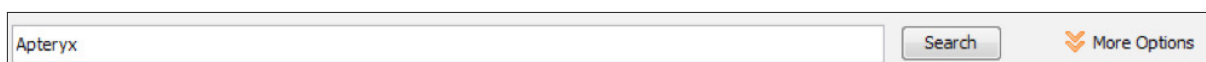
Find sekvenser

Åben programmet Geneious. Fremstil en mappe ovre i det venstre panel og kald den 'Strudsefugle'. I panelets venstre side vises listen der fremgår af figur 2. Her klikkes på 'Nucleotide'.

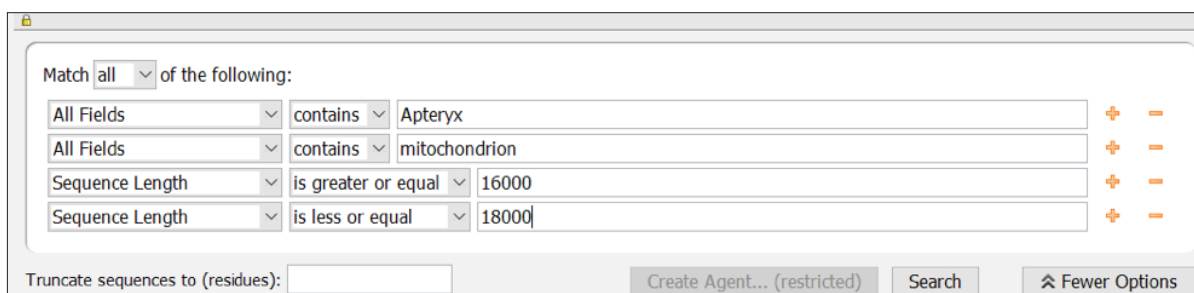


Figur 2. Søgning på nucleotider foregår ved at klikke på 'Nucleotide' i venstre panel i Geneious.

I midten af panelet skrives så det videnskabelige slægtsnavn i søgefeltet, som vist i figur 3. Artsnavnene fremgår af 'Regn med biologi' figur 93. Man har brug for at indsnævre søgningen og derfor klikkes på 'More options' og som man kan se af figur 4, kan man med '+' tilføje andre søgekriterier. For at finde fuglene, er det smart at søge på navnet som vist i figur 4, og dermed sætte 'Sequence length' is 'greater or equal' '16000' og på 'Sequence length' is 'less or equal' '18000'. Slut af med også at tilføje søgeordet 'mitochondrion' så der i alt søges på 4 forskellige forhold på en gang.



Figur 3. Simpel søgning i Geneious.

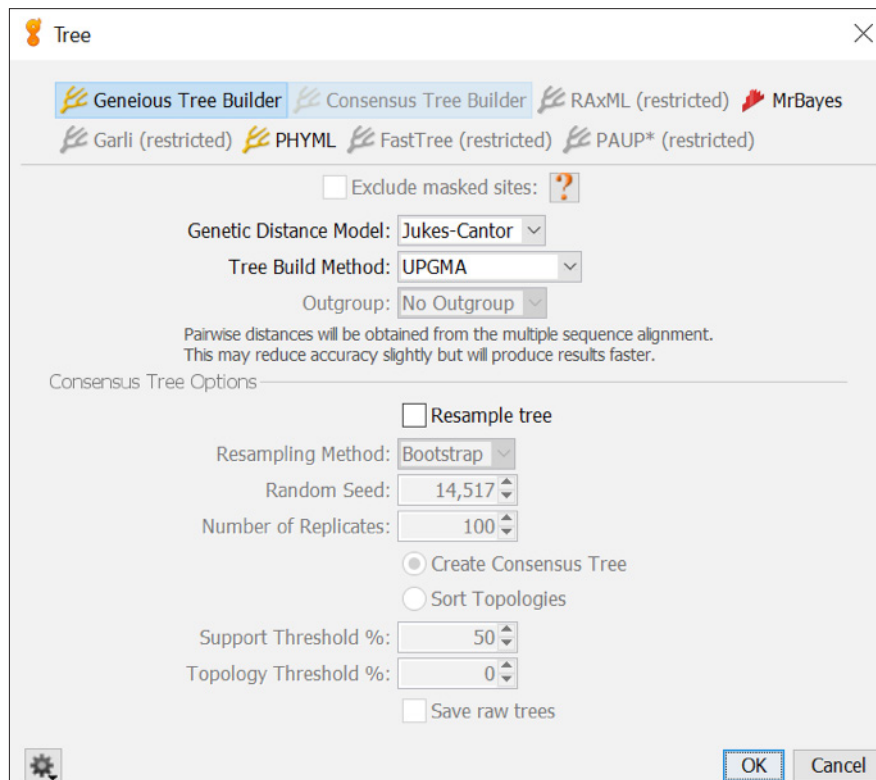


Figur 4. Avanceret søgning i Geneious.

Ved at søge på slægten *Apteryx* (Kiwi) får man alle sekvenser fra alle tre kiwifugle frem i søgefeltet. Vælg fortrinsvis de fugle hvis sekvensnavne begynder med NC. Tjek at der står 'Complete genome' ved beskrivelsen, og træk dem over i mappen 'Strudsefugle'. Gentag søgningen hvor *Apteryx* skiftes ud med det videnskabelige navn for henholdsvis Struds, Hjelmkasuar og Emu.

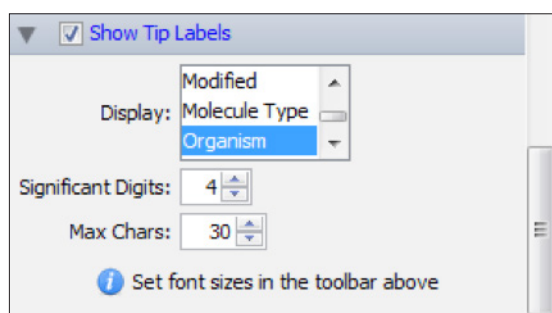
Markér sekvenserne fra alle organismer i mappen Strudsefugle og foretag et alignment. Klik på Align/Assemble → Multiple Align. Tryk 'OK' for at acceptere standardindstillingerne. Fordi sekvenserne er lange, tager det noget tid.

Klik på mappen Strudsefugle, og når alignmentet er færdigt, fremkommer en fil der hedder 'Nucleotide Alignment'. Klik på den og vælg 'Tree' i panelet øverst. I dialogboksen som vist i figur 5, kan man vælge forskellige måder at opstille det på. Vælg 'Genetic Distance Model': 'Jukes' Cantor og 'Tree Build Method': 'UPGMA'. Tryk 'OK'.



Figur 5. Fremstilling af fylogenetisk stamtræ i Geneious.

På den måde dannes og vises stamtræet med strudsefuglene. For at få organismernes navne vist for enden af stamtræets grene, klikkes i feltet til højre for stamtræet på 'Organism' under 'Display' som er vist i figur 6.



Figur 6. Navne sættes på spidserne af stamtræet ved at vælge 'Organism'.

For nu at kunne arbejde med det evolutionære ur, skal grenlængderne vises som et udtryk for den genetiske forskel der er mellem de arter, stamtræet viser. Dette gøres som vist i figur 7, ved at sætte flueben i 'Show Branch Labels' ude til højre for stamtræet.



Figur 7. For at få vist grenlængderne, sættes flueben her.

Herefter kan man beregne alderen på stamformen mellem de nuværende arter som det gøres i kapitel 4 i 'Regn med biologi'.