

Moleculaire evolutie in de systematiek

Pieter Pelsler (NHN, branch Leiden, Postbus 9514, 2300 RA Leiden,
e-mail: pelsler@nhn.leidenuniv.nl)

Al in de tijd van Aristoteles streefden mensen naar een indeling van de levende natuur. Aanvankelijk waren deze classificaties volledig intuïtief en subjectief, maar met de komst van de evolutietheorie ontstond het besef dat een classificatie van het leven de evolutionaire historie zou moeten weerspiegelen. Fylogenetische systematiek is het vakgebied in de biologie dat streeft naar het ontdekken van evolutionaire verwantschappen tussen soorten en hogere taxa.

Naast morfologische kenmerken kunnen ook moleculaire kenmerken gebruikt worden om evolutionaire historie te ontsluiten. George Nuttall was in het begin van de 20^e eeuw de eerste die moleculaire data gebruikte om de verwantschappen tussen soorten te bepalen. Hij gebruikte de reactie tussen antilichamen en antigenen van verschillende organismen om tot uitspraken over verwantschappen van verschillende groepen dieren te komen. Zo kwam hij bijvoorbeeld tot de conclusie dat mensen meer verwant zijn met apen uit de Oude Wereld dan met Nieuwe Wereld apen. Nuttall was zijn tijd echter ver vooruit. Het duurde nog ongeveer 50 jaar totdat James Watson en Francis Crick met de ontdekking van de moleculaire structuur van DNA ervoor zorgden dat moleculaire data op een veel bredere schaal gebruikt konden worden. In 1955 publiceerde Fred Sanger de eerste vergelijking van aminozuursequenties. Hij gebruikte de verschillen tussen insuline-eiwitten van runderen, varkens en schapen om aan te tonen dat deze verschillen gebruikt kunnen worden om evolutionaire verwantschappen tussen deze taxa te bepalen.

Tegenwoordig wordt in plaats van aminozuursequentiëdata vooral DNAsequentiëdata gebruikt. DNAsequenties bestaan uit een reeks van nucleotiden: de elementaire bouwstenen van DNA. Er zijn vier soorten nucleotiden, namelijk Adenine, Guanine, Cytosine en Thymin. Elke positie in een nucleotide sequentie van een DNA gedeelte kan beschouwd worden als een kenmerk. Zo'n kenmerk kan vier vormen aannemen: elk van de vier soorten nucleotiden. Deze kenmerken kunnen net als morfologische kenmerken gebruikt worden om verwantschappen tussen soorten te achterhalen.

Het gebruik van moleculaire kenmerken in een fylogenetische analyse heeft veel voordelen. Het aantal kenmerken dat uit DNAsequenties te halen valt lijkt onbeperkt in vergelijking met het aantal morfologische kenmerken van een organisme. Met de ontwikkeling van de Polymerase Chain Reaction techniek is het betrekkelijk eenvoudig geworden om met een beperkte hoeveelheid weefsel genoeg DNA te amplificeren voor een DNAsequentië-studie. Een paar milligram bladmateriaal is in principe al voldoende om verwantschappen tussen soorten te bepalen. Dit betekent dat incomplete exemplaren en soms zelfs fossielen gebruikt kunnen worden in een fylogenetische analyse.

Toch betekende de opkomst van de moleculaire systematiek beslist niet de ondergang van de morfologische systematiek. Een groot nadeel van DNAsequentië-analyse is dat deze methode erg kostbaar is. Bovendien kunnen morfologische kenmerken en moleculaire data als twee zijden van een continuüm beschouwd

worden. De eerste soort kenmerken is over het algemeen rijker aan functionele informatie, de laatste aan genetische informatie.¹ Fylogenetische analyses die gebruik maken van beide soorten datasets verschaffen niet alleen veel informatie over evolutionaire verwantschappen en daarmee over de stamboom van het leven, maar ook over de evolutie van morfologische en moleculaire kenmerken.

DNasequentie-analyses uitgevoerd door leden van de Angiosperm Phylogeny Group² leveren een enorme bijdrage aan de kennis van de evolutie en verwantschappen binnen de bloemplanten. Dit onderzoek verschaft vooral veel informatie over de basale takken in de stamboom van deze groep (zgn. "deep root phylogeny"); informatie die in sommige gevallen leidt tot de reïnterpretatie van morfologische kenmerken.³ De APG resultaten geven ook duidelijkheid over de positie van enkele obscure plantenfamilies, zoals de Podostemaceae, Aphloiaceae en de Ixerbaceae, waarvan de verwantschappen met andere families voorheen nog niet duidelijk waren.⁴

In sommige plantengroepen is men nooit tot een fylogenie gekomen. Het geslacht *Senecio* (Kruiskruiden; Asteraceae) is zo'n problematische groep. Dit genus is zo groot en kent zoveel morfologische variatie, zowel interspecifiek als intraspecifiek, dat men nooit tot een bevredigende hypothese over de verwantschappen binnen dit geslacht is gekomen. Een fylogenetische analyse met behulp van moleculaire kenmerken lijkt dus bij uitstek geschikt om de evolutionaire historie van deze groep te ontdekken. Voorlopige resultaten van een fylogenetische analyse met DNasequentiedata laten zien dat veel macromorfologische kenmerken die gebruikt zijn in traditionele taxonomische revisies van secties binnen *Senecio* niet bruikbaar zijn in een verwantschapsstudie. Zo werd aan de hand van macromorfologische kenmerken als bladvorm en bloemkleur aangenomen dat sectie *Senecio* (bevattende o.a. *S. vulgaris*, *S. viscosus* en *S. sylvaticus*) nauw verwant was aan sectie *Jacobaea* (samengesteld uit o.a. *S. jacobaea*, *S. erucifolius* en *S. aquaticus*).⁵ Een verwantschapsanalyse met chloroplast DNasequentiedata laat echter zien dat deze twee secties zich verrassend ver van elkaar bevinden in het resulterende cladogram. Toekomstige analyses met zowel morfologische als moleculaire kenmerken moeten uitwijzen welke morfologische kenmerken in *Senecio* evolutionaire informatie bevatten en wat de verwantschappen tussen de verschillende *Senecio* soorten zijn.⁶

Moleculaire kenmerken hebben voor een revolutie in de fylogenetische systematiek geleid. Het aantal publicaties met fylogenetische analyses met moleculaire data zal naar verwachting alleen maar toenemen en zal een enorme aanvulling leveren op de traditionele morfologische systematiek en daarmee onze kennis van de evolutionaire historie van het leven.

1. P. Andrews, 1987. Aspects of hominoid phylogeny. In: C. Patterson (ed.), *Molecules and morphology in evolution: conflict or compromise?* Cambridge.
2. APG, 1998. An ordinal classification for the families of flowering plants. *Ann. Miss. Bot. Gard.* 85: 531–553.
3. V. Savolainen et al., 2000. Phylogenetics of flowering plants based on combined analysis of plastid *atpB* and *rbcL* gene sequences. *Syst. Biol.* 49: 306–362.
4. D.E. Soltis et al., 2000. Angiosperm phylogeny inferred from 18S rDNA, *rbcL*, and *atpB* sequences. *Bot. J. Linn. Soc.* 133: 381–461.
5. J.C.M. Alexander, 1979. The mediterranean species of *Senecio* sections *Senecio* and *Delphinifolius*. *Notes Roy. Bot. Gard. Edinb.* 37: 387–428.
6. Voor meer informatie over dit onderzoek zie <http://home.wanadoo.nl/p.b.pelser>