

# فیلوژنی و رسم ساده درخت تکاملی

مسیح شرافتیان  
دبیر دبیرستان سالم تجریش

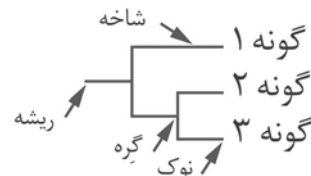
## اشاره

فیلوژنی با تاریخ تکاملی موجودات زنده سر و کار دارد و گونه‌زایی با تغییرات ساختار ژنتیک و واگرایی جمعیت‌ها همراه است. بنابراین باید بتوانیم با استفاده از تفاوت‌های ژنتیک بین گونه‌های امروزی، تاریخ تکاملی آن‌ها را بازسازی کنیم. این روابط معمولاً به صورت درخت‌های فیلوژنتیک یا درخت‌های تبارزایشی نشان داده می‌شوند. این درخت‌ها روابط اجدادی میان گروه‌های موجودات زنده را نشان می‌دهند. این گروه‌ها ممکن است گونه‌ها، یا گروه‌های بزرگ‌تر باشند.

## کلیدواژه‌ها: فیلوژنی، درخت تکاملی، درخت تبارزایشی.

## اجزای درخت فیلوژنتیک

درخت فیلوژنتیک (شکل ۱)، وجود و انشعاب شاخه‌ها، دودمان‌ها را در طول زمان نشان می‌دهد. طول هر شاخه ممکن است اختیاری، یا برگرفته شده از مقیاس زمانی خاصی باشد که زمان بین وقوع گونه‌زایی‌ها را نشان می‌دهد. نقطه‌هایی را که در آن‌ها دودمان‌ها واگرا می‌شوند **گره** می‌نامند. هر گره نماینده یک جد مشترک برای گونه‌های واگرا شونده در گره است. **نوک** شاخه‌ها، نمایانگر گونه‌ها، یا گروه‌های بزرگ‌تری است که امروزه زنده‌اند، یا منقرض شده‌اند. **ریشه** درخت فیلوژنتیک نشان‌دهنده قدیمی‌ترین جد مشترک همه گروه‌های نشان داده شده روی درخت است.



شکل ۱. اجزای یک درخت فیلوژنتیک نشان دهنده روابط بین سه گونه.

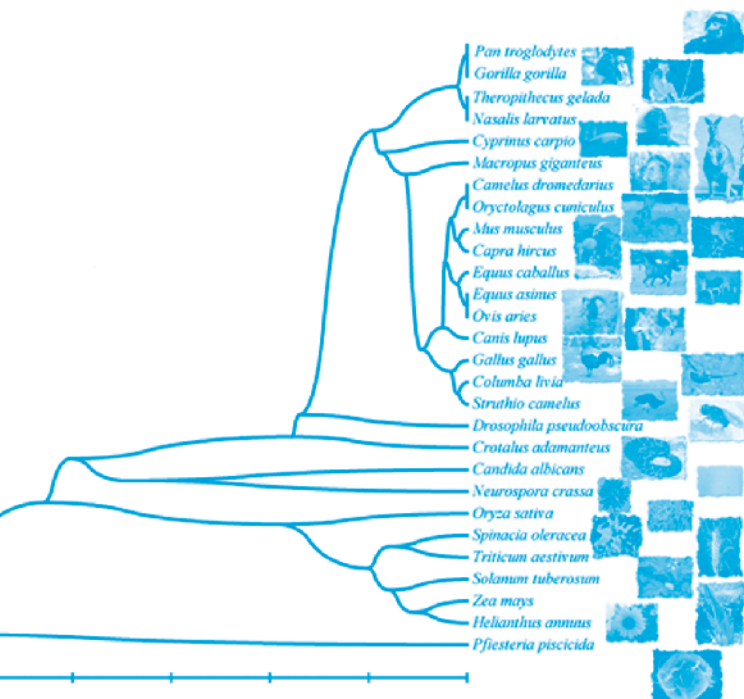
## ساختن درخت تکاملی با استفاده از توالی آمینواسیدها

در یکی از مهم‌ترین مثال‌های بازسازی درخت فیلوژنتیک از

موجود زنده	تفاوت آمینواسید	کم‌ترین فاصله با جهش
شاملپزه	۰	۰
میمون قرمز	۱	۱
خرگوش	۹	۱۲
خوک	۱۰	۱۳
سگ	۱۰	۱۳
اسب	۱۲	۱۷
پنگوئن	۱۱	۱۸
شاپره	۲۴	۳۶
مخمر	۳۸	۵۶

داده‌های مربوط به توالی سیتوکروم C در بسیاری از موجودات زنده استفاده کرده‌اند. سیتوکروم C، یکی از اجزای زنجیره انتقال الکترون در میتوکندری است که توالی آمینو اسیدی آن به کندی تکامل پیدا کرده است.

تغییرات آمینو اسیدها، محصول تغییرات نوکلئوتیدهاست. ممکن است تغییر بیش از یک نوکلئوتید برای تغییر هر آمینواسید خاص لازم باشد. وقتی که تغییرات نوکلئوتید لازم برای تفاوت همه آمینواسیدهای یک پروتئین جمع شود، حداقل فاصله با جهش بین ژن‌های هر دو گونه دلخواه محاسبه می‌شود. سستون دوم حاصل این محاسبات را برای ژن‌های رمزکننده سیتوکروم C نشان می‌دهد. همان‌طور که انتظار می‌رود این اعداد از تفاوت آمینواسیدی متناظرشان بزرگ‌ترند. از داده‌های تفاوت مابین ژن‌های سیتوکروم C، از تعدادی از موجودات زنده آشنا استفاده شده است و درخت تکاملی آن‌ها رسم شده است



شکل ۲. درخت تکاملی رسم شده با مقایسه توالی سیتوکروم C با استفاده از نرم‌افزار مگا

