

Vetenskaplig artikel - projektuppgift

Bi 2 Komvux Norrköping 11/5–18/5

Poul Torjusen

Phylogeny of Selaginellaceae: There is value in morphology after all!

Stina Weststrand & Petra Korall (December 2016)

Lite bakgrund: Mosslummrar, *Selaginella*, är det enda växtsläktet i familjen Mosslummerväxter (Selaginellaceae). Släktet är ökänt för att innehålla över 700 arter som är spridda över nästan hela världen. Dock är morfologin bland arterna (t.ex. dess form och sturktur) till synes relativt lik över hela släktet. Denna morfologiska likhet har ställt till det när det kommer till den evolutionära förståelsen av släktet och evolutionära träd – sk. fylogener har därför blivit svåra att utveckla.

Mål: Målet med studien var att skapa ett stort fylogenetiskt träd (släkträd) över mosslummersläktet *Selaginella*, genom att fylogenetiskt analysera morfologin (tex. bitar av den genetiska koden) från arter runt om i världen och jämföra dessa med varandra. På detta sätt skulle man få en bättre förståelse över hur släktet har utvecklats och spritt sig över världen.

Metod: Prover av DNA-bitar, sk. genetiska markörer, togs från ca en tredjedel av alla kända mosslummerarter från olika delar av världen. Både kloroplast-gendata, i form RuBisCo-genen (*rbcL*) och i form av nukleär-gendata (*pgiC* och *SQD1*). Dessa genetiska markörer jämfördes sedan med varandra och med hjälp av en Bayesiansk slutledningmetod (dvs. en slags matematisk sannorlikhetsfördelning) kunde hypoteser om evolutionära släktskap härledas. Växternas morfologiska karaktärer studerades och viktiga egenskaper beskrevs mha. ett fylogenetiskt träd.

Resultat: Med hjälp av DNA-sekvensdatan kunde ett stort och detaljrikt släkträd över mosslummersläktet skapas, där flera väl underbyggda hypoteser om dess släktskap och utbredning fastställas, samtidigt som några tidigare problematiska taxa¹ (ex. *S. sinensis*) kunde lösas. 7 olika väl underbyggda grenar kunde fastställas; selaginella, rupestrae, lepidophyllae, gymnogynum, exaltatae, ericetorum, och stachygynandrum. Vissa morfologiska karaktärer visade sig vara särskilt viktiga för att skilja grenarna åt, t.ex. förekomsten av rhizophorer² och strobilus³ är avgörande karaktärsdrag för rhizophoric grenen, inre cylindriska strukturer i roten⁴ är avgörande karaktärsdrag för ericetorum grenen, medan andra morfologiska drag⁵ är mer komplicerade, men samtidigt avgörande.

Diskussion: I studien analyserades familjen Mosslummerväxter för första gången mha. gendata från både nukleärt- och kloroplast-DNA. Nya prover togs även från t.ex. afrikanska taxa. Den fylogenetiska analysen, kombinerat med den morfologiska datan, resulterade i ett allmänt väl understött fylogenetiskt träd, för såväl enskilda arter som för deras släktskap

¹ Taxa innebär t.ex. rike, familj, släkte, art och underart.

² En sk. rotbärare som bildar rötter när den når marken.

³ Sporgömmen på särskilda blad i toppen av skottspetsarna.

⁴ ”solenostele rhizome”, stelen (cylinder av kärlvävnad) i roten har inga överlappande bladgap, finns främst hos ormbunkar.

⁵ Närvaron av bilaterala vridningar av sporgömmen, vilket är starkt homoplastiska egenskaper (konvergent evolutionära egenskaper).

sinsemellan. Denna studie har enligt författarna presenterat en stark hypotes för framtida forskning om utvecklingen av *Selaginella*, samt ett robust ramverk för ny subgenetisk klassificering⁶ av släktet.

Synpunkter på studien: Jag har ett stort intresse för växer, både när det kommer till växtfysiologi och dess systematik. Med det sagt har jag dock inte speciellt stora kunskaper inom dessa områden och detta gjorde studien relativt svår att förstå i sin helhet (många uttryck som var helt nya för mig osv.). Men studien var mycket intressant. Det är speciellt spännande att se hur vetenskapen och taxonomin utvecklas nu mha. t.ex. DNA-sekvensdata och att tidigare misstag eller oupptäckta organismer nu mer precist kan kategoriseras på rätt plats. Man ska dock ha i åtanke att denna kategorisering av naturen är ett mänskligt påhitt och gränserna är såklart inte skarpa. Om hur hierarkierna ska upprättas regleras främst av forskares åsikter.

Denna studie hade som mål att vidare utforska familjen Mosslummerväxter med dess enda och massiva släkte Mosslumrar, *Selaginella* (ca 750 arter), för att försöka skapa ett mer praktiskt sätt att dela in släktet och för att förstå dess utveckling och spridning. Detta kan vara särskilt viktigt när det kommer till att kunna referera till specifika arter, men också för att förstå hur liv på jorden har utvecklats.

Kvalitet på studien: Studien verkar enligt mig hålla en bra kvalitet, med starka bevis för sina hypoteser och ett bra underlag för vidare forskning inom ämnet, t.ex. de arter som hade kategoriseras felaktigt kan undersökas av framtida forskare. Då studien är från 2016 har jag redan sett att den referats flertalet gånger inom andra studier och på många andra Internetkällor inom ämnet.

⁶ Klassificering av arter inom släktet.

Weststrand, Stina & Korall, Petra. Phylogeny of Selaginellaceae: There is value in morphology after all!. *American Journal of Botany*. Vol. 103, nr. 12, 2016: 2136-2159. doi: 10.3732/ajb.1600156.

Tillgänglig här: [Phylogeny of Selaginellaceae: There is value in morphology after all!](#)