

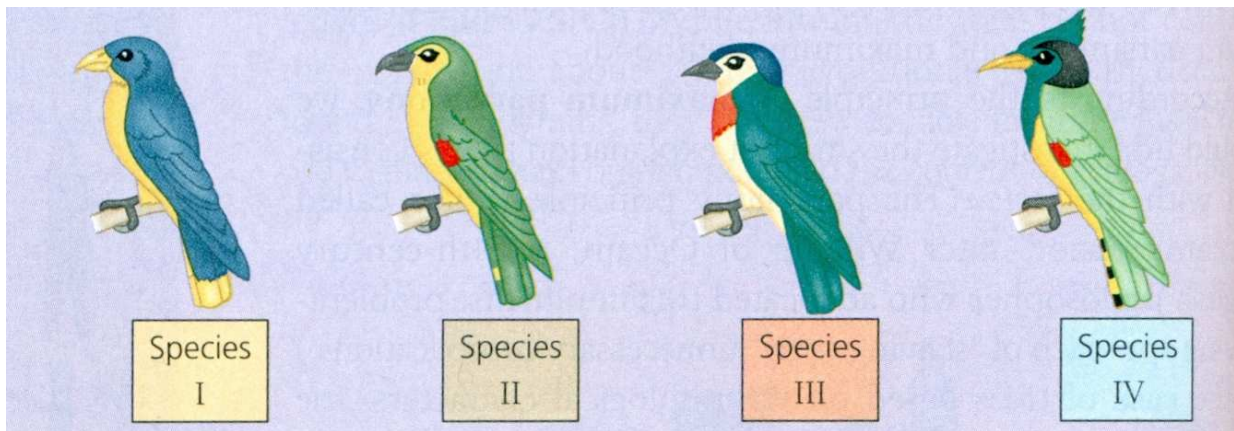
Karta pracy ucznia

Ćwiczenie 1¹

Wstęp

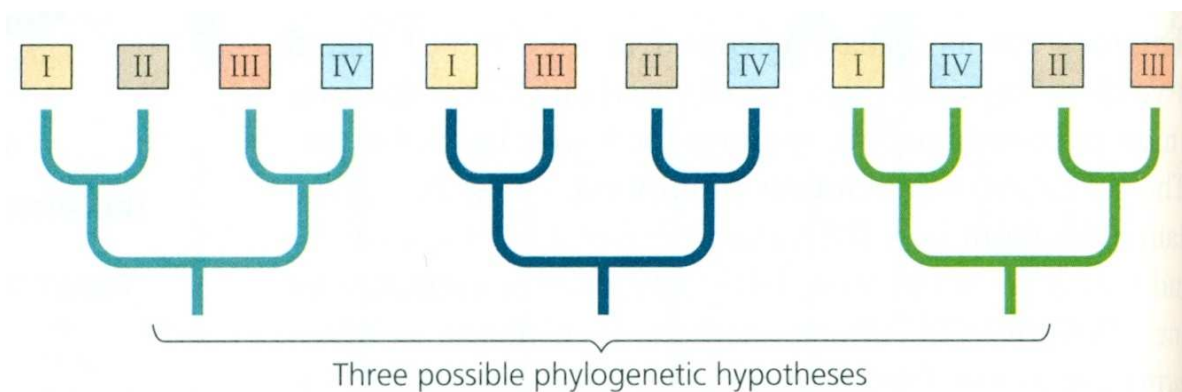
Rozważając możliwe powiązania filogenetyczne gatunków, systematyka porównuje dane molekularne. Najskuteczniejszym sposobem badania i weryfikacji różnych hipotez filogenetycznych jest analiza zdarzeń – mutacji w obrębie genów, czyli zmian rodzaju nukleotydów pod kątem „wydajności ewolucyjnej”. Założeniem w tym postępowaniu jest, że im mniej zmian genetycznych a więcej efektów tych zmian tym wyższe prawdopodobieństwo, że takie rozwiązanie miało miejsce. Inaczej mówiąc, hipoteza która zakłada najmniejszą liczbę sprzyjających ewolucji wydarzeń (zmiany molekularne), jest najbardziej prawdopodobna.

Na schemacie przedstawiono fenotypy 4 hipotetycznych gatunków ptaków.



Poniżej opisano kolejne etapy postępowania w przypadku, gdy chcemy zweryfikować lub ustalić powiązania ewolucyjne między tymi 4 hipotetycznymi gatunkami ptaków. Zapoznaj się z nimi, analizując tekst i schematy.

1. Po pierwsze, należy narysować kilka/kilkanaście hipotetycznych drzew rodowych, ukazujących możliwe powiązania filogenetyczne między tymi gatunkami. W tym przypadku są naszkicowane tylko 3. I tak pracy będzie dużo 😊



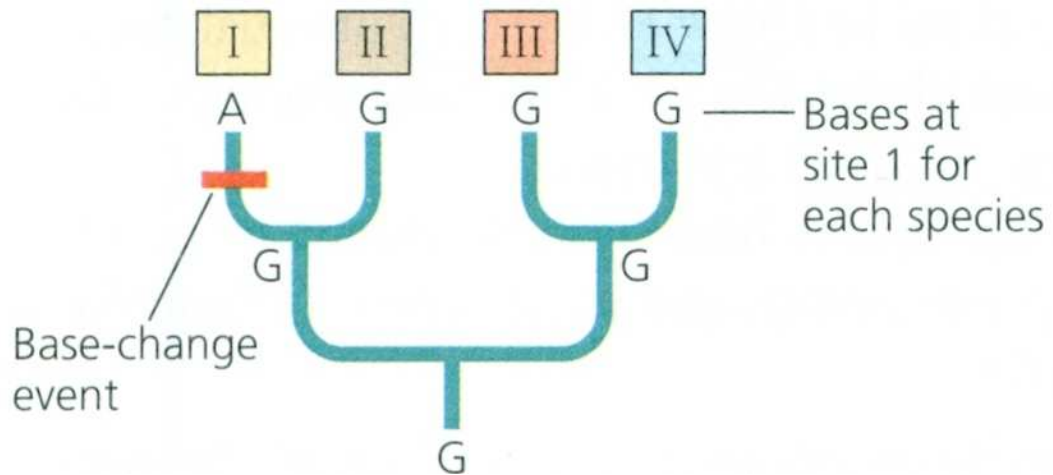
¹ Ćwiczenie jest tłumaczeniem ćwiczenia zawartego w podręczniku N. Campbell, J. Reece, Biology, Pearson/Benjamin Cummings, 2005. Z tegoż źródła pochodzą też schematy do ćwiczenia.

Karta pracy ucznia

2. Przeanalizuj tabelę, w której zawarte są molekularne dane dotyczące tych 4 gatunków. Dla uproszczenia uwzględniono jedynie 7 pozycji nukleotydów we fragmencie nici DNA.

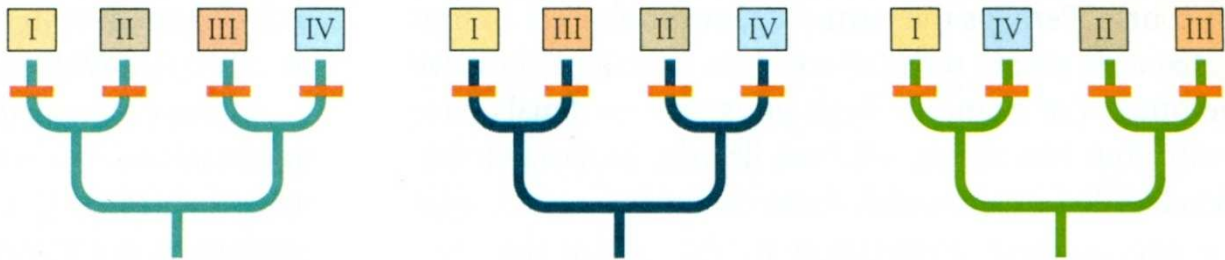
		Sites in DNA sequence						
		1	2	3	4	5	6	7
Species	I	A	G	G	G	G	G	T
	II	G	G	G	A	G	G	G
	III	G	A	G	G	A	A	T
	IV	G	G	A	G	A	A	G

3. Teraz zajmij się bliżej pozycją 1 w analizowanym odcinku DNA. Pojedyncza zmiana nukleotydu w tej pozycji w przypadku gatunku I została zaznaczona na linii ewolucyjnej prowadzącej do tego gatunku. Podobnie należy uczynić w każdym z 3 hipotetycznych drzew rodowych.

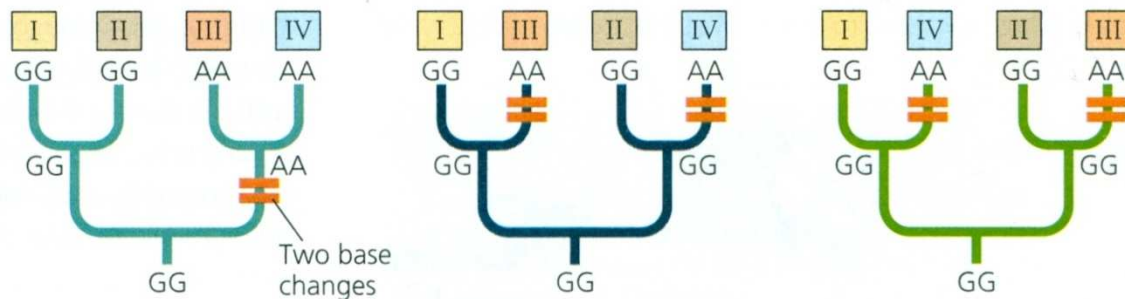


4. Kontynuując porównywanie zasad w pozycjach 2, 3 i 4 okrywamy, że w gatunkach II, III i IV zaszła jedna zmiana nukleotydu – w każdym gatunku w innej pozycji. Należy je więc zaznaczyć na schematach. Tak więc, pierwsze 4 pozycje w sekwencji DNA nie mogą nam pomóc w weryfikacji i zidentyfikowaniu najbardziej oszczędnej (wydajnej) drogi ewolucyjnej.

Karta pracy ucznia

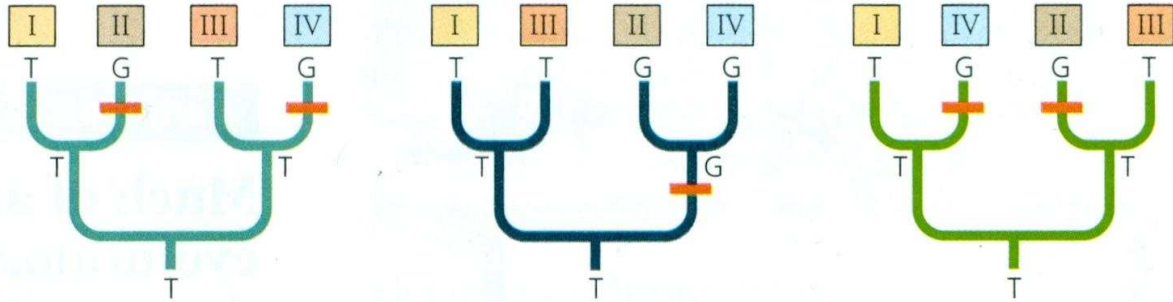


5. Po analizie pozycji 5 i 6 odkrywamy, że I drzewo zawiera najmniejszą liczbę wydarzeń wpływających na zmianę ewolucyjną w stosunku do pozostałych – dwie zmiany zasad w stosunku do czterech w pozostałych drzewach. Zwróć uwagę, że w tym przypadku zrobiono założenie, że pierwotny (sprzed zmiany ewolucyjnej) – u wspólnego przodka tych 4 gatunków - układ nukleotydów w pozycji 5 i 6 to G i G. Ale jeśli założylibyśmy, że pierwotny układ we wspólnym przodku w pozycji 5 i 6 to AA to i tak pierwsze drzewo miałoby tylko dwie zmiany w stosunku do 4 w pozostałych hipotezach. Zapamiętaj też, że tego typu analiza może być dokonywana jedynie w odniesieniu do totalnej liczby wydarzeń a nie w odniesieniu do jakości tych zmian czy sposobu w jaki zaszły.

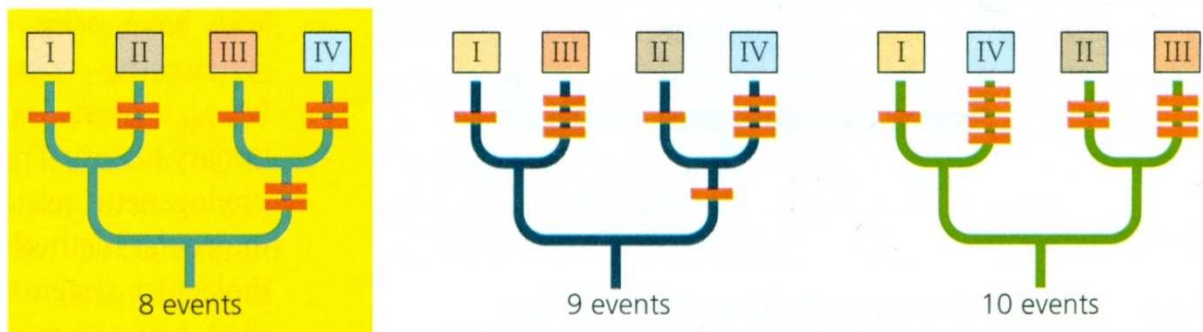


Karta pracy ucznia

6. W pozycji 7 we wszystkich trzech drzewach zaznaczono zmiany (założono, że pierwotnym nukleotydem w pozycji 7 był nukleotyd T).



7. Żeby zidentyfikować najbardziej prawdopodobny przebieg ewolucji tych 4 spokrewnionych gatunków (biorąc pod uwagę największy poziom oszczędności czyli wydajności ewolucyjnej) należy zsumować wszystkie zmiany w pozycjach od 1 do 7 – opisane w punktach 3-6.



8. Analizując wynik stwierdzamy, że pierwsze drzewo reprezentuje model zmian ewolucyjnych, które odbyły się drogą najmniejszej liczby mutacji (zmian nukleotydów).

Ćwiczenie 1a

Dokonaj analizy drzew rodowych w punkcie 6, zakładając, że nukleotydem pierwotnym, występującym u wspólnego przodka był G a nie T. Czy takie założenie zmieniłoby wynik ostateczny w ćwiczeniu 1? Jeśli tak, to w jaki sposób?

.....

.....

.....

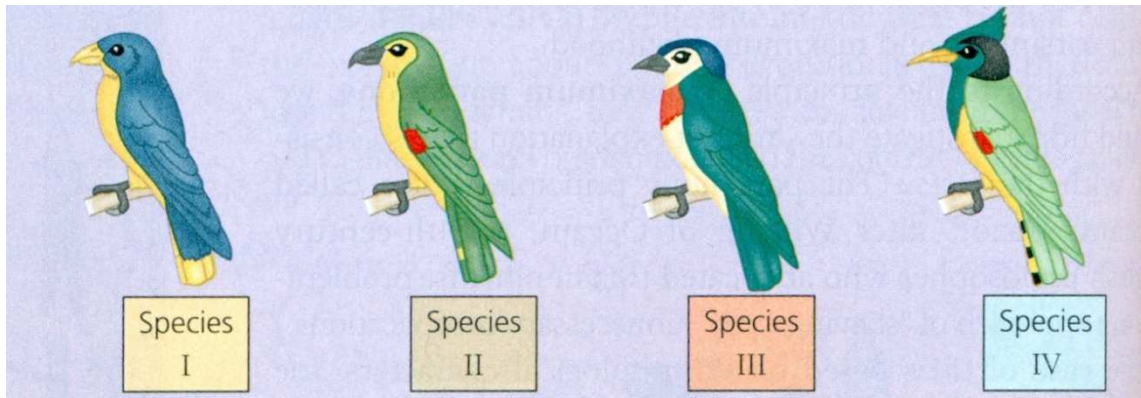
.....

Karta pracy ucznia

Ćwiczenie 2.

Przeprowadź podobne postępowanie badawcze biorąc pod uwagę 3 inne hipotetyczne drzewa rodowe – niżej. Następnie porównaj „wydajność” ewolucyjną w drzewie z ćwiczenia 1 oraz w hipotetycznym przebiegu ewolucji w drzewie, uzyskanym w ćwiczeniu 2.

Cztery hipotetyczne gatunki ptaków

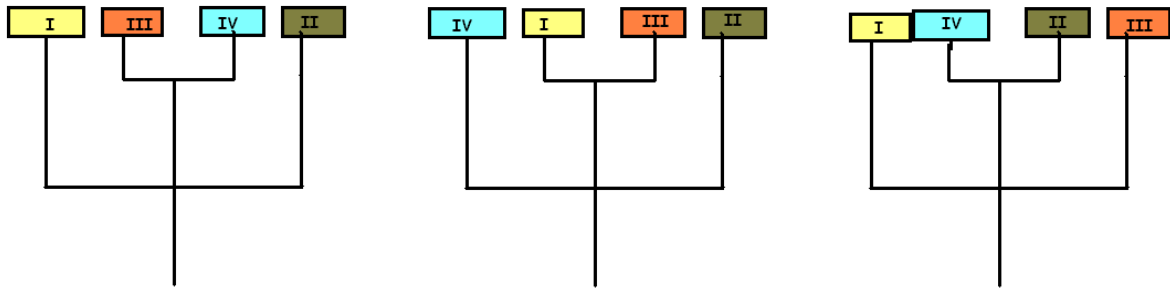


Źródło danych, dotyczących sekwencji 7 nukleotydów na analizowanym odcinku DNA czyli tabela (ta sama co w ćwiczeniu 1).

		Sites in DNA sequence						
		1	2	3	4	5	6	7
Species	I	A	G	G	G	G	G	T
	II	G	G	G	A	G	G	G
	III	G	A	G	G	A	A	T
	IV	G	G	A	G	A	A	G

Karta pracy ucznia

Trzy kolejne hipotetyczne drzewa rodowe, ilustrujące powiązania filogenetyczne 4 gatunków ptaków



1. Po pierwsze zajmij się zmianami w pozycji 1 w analizowanym odcinku DNA. Zaznacz pojedynczą zmianę nukleotydu w tej pozycji w gatunku I.
2. Następnie zaznacz na schematach zmiany w pozycji 2, 3 i 4, a następnie 5, 6 i 7. Przy pozycji 5, 6 i 7 nie zapomnij zrobić założenia co do nukleotydu obecnego w genomie wspólnego przodka tych ptaków. Najlepiej będzie, jeśli założenie będzie takie samo jak w przypadku ćwiczenia 1 (w pozycji 5 i 6 nukleotyd G, w pozycji 7 – nukleotyd T). Możesz zaznaczać wszystkie kolejne zmiany na schemacie umieszczonym wyżej. Dobrze byłoby używać przy tym różnych kolorów lub symboli np. kropki, x, kreski lub kółka itp. do zaznaczenia, której pozycji w DNA dotyczy zmiana.
3. Dokonaj analizy wyników czyli policz, jakie byłyby hipotetyczne koszty ewolucji w przypadku tych drzew rodowych – jak się ma drzewo najmniej „kosztowne” to tego z ćwiczenia 1? Która droga ewolucji jest bardziej prawdopodobna?

Czy może uzyskamy dwie podobnie wydajne drogi ewolucji? Jakie działania dodatkowe należałoby podjąć, by rozwiązać ten problem czyli otrzymać tylko jedną najbardziej prawdopodobną hipotezę?

.....

.....

.....

.....

.....

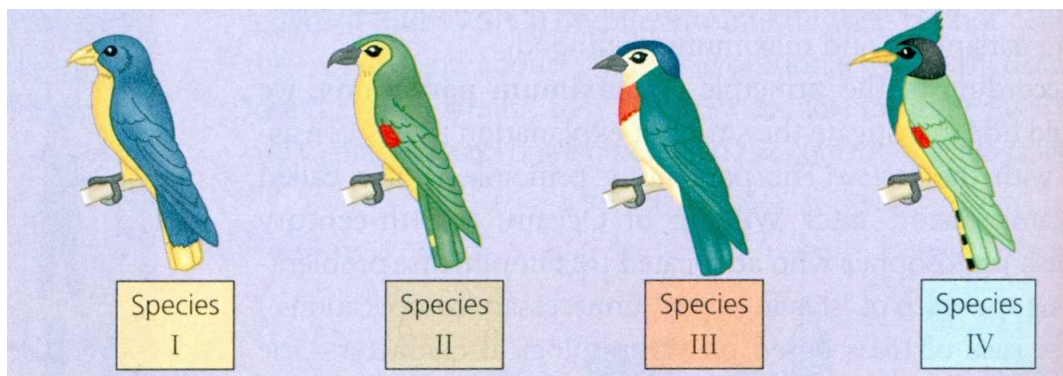
Karta pracy ucznia

Praca domowa do wyboru

1. Zaproponuj trzy inne hipotetyczne drzewa rodowe, ilustrujące możliwe powiązania ewolucyjne między tymi 4 gatunkami i przeprowadź podobne postępowanie wg powyższych punktów.

lub

2. Przeprowadź analizę porównawczą 4 hipotetycznych gatunków ptaków, biorąc pod uwagę 7 cech morfologicznych, odróżniających je od siebie²:
 1. barwa piór grzbietu,
 2. barwa piór na brzuchu,
 3. obecność lub brak grzebienia,
 4. obecność lub brak „krawatki”,
 5. zróżnicowanie lub nie barwy sterówek w ogonie,
 6. obecność lub nie czerwonej plamki na skrzydle
 7. inna barwa lub nie piór wokół oka



a) wypełnij tabelę nr 1, w której opiszesz pod względem tych cech każdy z 4 gatunków

Tabela nr 1. Zróżnicowanie cech między przedstawicielami 4 hipotetycznych gatunków ptaków

gatunek	barwa piór grzbietu ³ ,	barwa piór na brzuchu	obecność lub brak grzebienia	obecność lub brak „krawatki	zróżnicowanie lub nie barwy sterówek w ogonie	obecność lub nie czerwonej plamki na skrzydle	inna barwa lub nie piór wokół oka
I							
II							
III							
IV							

² Inspiracją do zadania domowego było zadanie problemowe do działu Podstawy klasyfikacji organizmów, z podręcznika E. Pyłka, E. Jastrzębska, U. Poziomek, Biologia t. 1, Wydawnictwo MacEdukacja

³ Oznaczenia do zastosowania w tabeli: barwa piór na grzbiecie: niebieska – N, zielona – Z, ciemnozielona – CZ, jasnozielona – JZ, barwa piór na brzuchu – żółta – ż, biała – b, obecność lub brak cechy - + lub -

Karta pracy ucznia

- b) wypełnij tabelę nr 2, w której porównasz każdy gatunek z każdym pod względem liczby różnic

Tabela nr 2. Liczba różnic w zakresie cech morfologicznych między hipotetycznymi gatunkami ptaków

	Gatunek I	Gatunek II	Gatunek III	Gatunek IV
Gatunek I	xxxxxxxxxxxxxxxx	xxxxxxxxxxxxxxxx	xxxxxxxxxxxxxxxx	xxxxxxxxxxxxxxxx
Gatunek II		xxxxxxxxxxxxxxxx	xxxxxxxxxxxxxxxx	xxxxxxxxxxxxxxxx
Gatunek III			xxxxxxxxxxxxxxxx	xxxxxxxxxxxxxxxx
Gatunek IV				xxxxxxxxxxxxxxxx

- c) narysuj, biorąc pod uwagę dane z tabeli nr 2, drzewo rodowe, oparte na cechach morfologicznych.

Porównaj otrzymane drzewo ze sprawdzanymi wcześniej hipotetycznymi drzewami, opartymi na danych dotyczących zmian w obrębie odcinka DNA. Jakie wnioski można wysnuć na podstawie tego porównania?

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....

.....