

Fylogeni

Formål:

Formålet med øvelsen er at forstå de principielle principper bag fylogeni og fylogenitræer.

Baggrundsviden:

Fylogenetiske træer er en god måde til at forstå hvor tæt arter er beslægtede, hvor meget de har til fælles og hvad der adskiller dem. En art får gerne en ny gren når en ny egenskab opstår eller forsvinder. Så en håndfuld arter kan skabe mange forskellige fylogenitræer. Man har dog den hypotese at evolutionen vil gå den kortest mulige vej for at nå frem til et resultat. Ergo vil et fylogenetisk træ med 8 ændringer være mere korrekt end et fylogenetisk træ med 15 ændringer. Alt i alt benyttes fylogeni til at rekonstruere alle organismers historiske oprindelse og udvikling. Fylogeni er en god mulighed for at skabe grundlag for arters taksonomi.

Rekonstruktion af biologisk systematik har ikke været uden problemer. Før vi kunne kigge på DNA blev mange fylogenitræer lavet ud fra morfologien, altså dyrenes/organismernes udseende. Fx ligner en flodhest og et næsehorn hinanden rigtig meget. Mange vil måske mene at de burde være tæt beslægtede og måske ligefrem være søstergrupper i et fylogenitræ. Men rent faktisk er hvaler og flodheste tættere beslægtede, på trods af at de ikke ligner hinanden. DNA har hjulpet med at præcisere fylogenitræer.

Materialer:

- 1 stk. afkrydsningsskema
- 1 stk. fylogenitræ uden arter
- 4 stk. arter til udklipping
- 1 stk. saks

Fremgangsmåde:

Vi kan ikke tage DNA prøver af vores dyr her. Så vi gør det på den gammeldags måde, ud fra morfologien. Til opgaven er vedlagt et skema med stregtegninger af forskellige arter. Kryds af hvilke egenskaber dyrene hver især har. Herefter kan dyrene klippes ud og rykkes rundt på det vedlagte træ, sådan at det kortest mulige træ bliver skabt. Dvs. dyrene skal sidde på grenene, så der er færreste mulige ændringer af dyrenes egenskaber når man følger grenene.

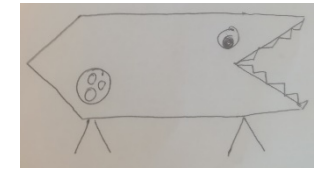
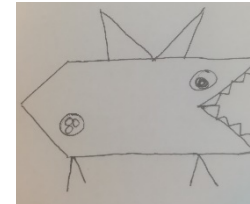
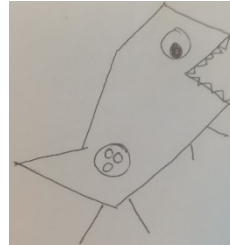
Når opgaven er løst er det muligt at I finder frem til flere løsninger, med lige få ændringer. Derfor får I nu ekstra information, som gør det muligt at finde det mest sandsynlige fylogenitræ. Man finder nemlig ud af at også Theropoderne havde fjer. Ændre det på hvilket fylogenitræ i nu mener er det mest sandsynlige?

Reflektionsspørgsmål

- En anden opgave kunne være at finde en masse dyr i skolegården (biller, regnorme, flue, sommerfugle osv.). Ranger disse dyr i hvor tæt beslægtede de er. Man kan evt. benytte sig af [timetree.org](https://www.timetree.org). OBS. Kun de latinske navne kan skrives ind her, men de kan heldigvis ofte findes på nettet. [timetree.org](https://www.timetree.org) benytter sig af studier fra rundt om i verden til at bedømme slægtskabet.

Big Bang

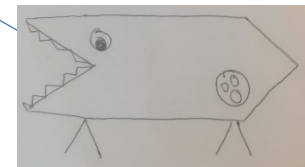
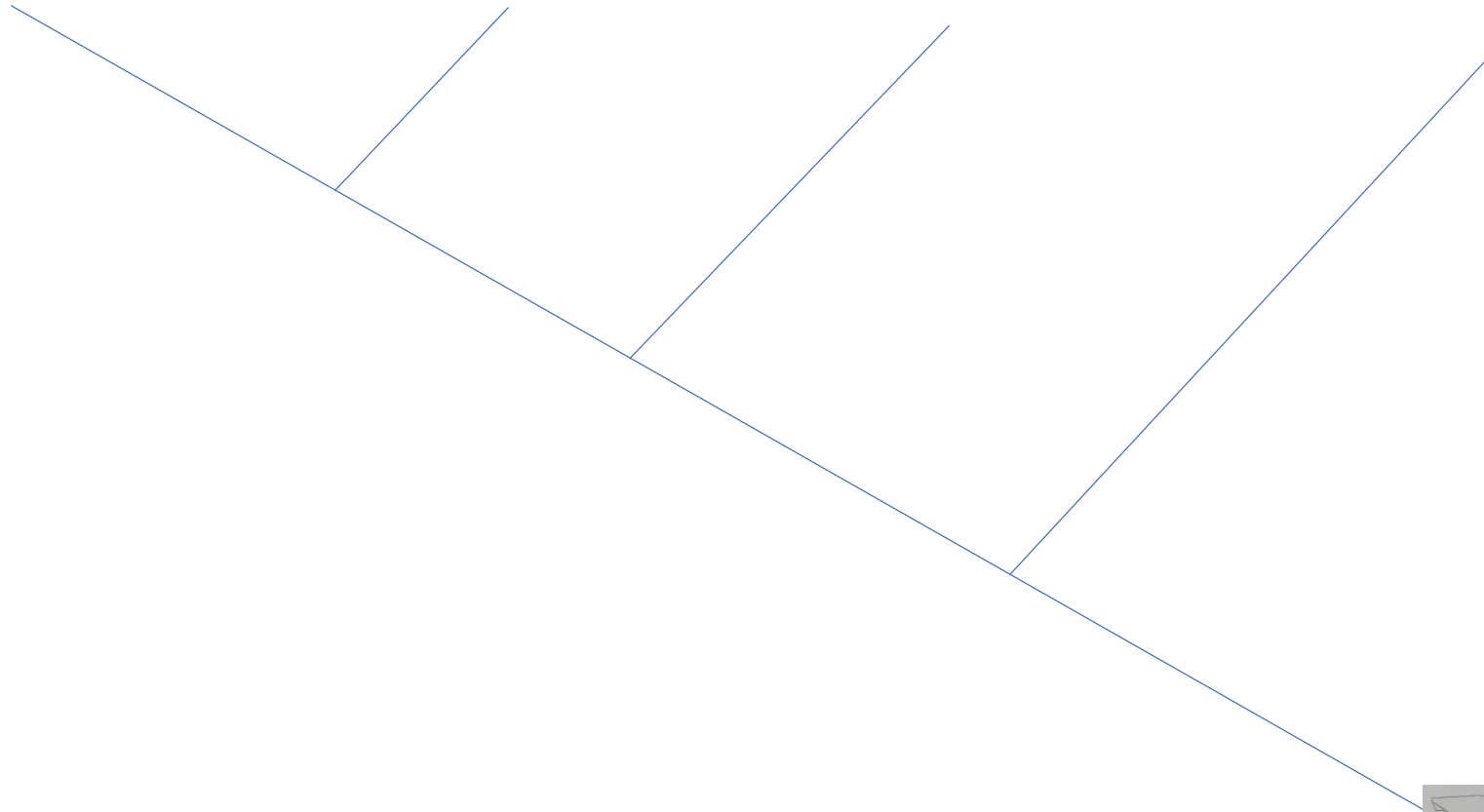
til naturfag



	Fugl	Theropod	Icarosaurus	Krokodille
To ben				
Fjer				
Kan flyve/Svæve				
Har tænder				
Æg indvendigt				

Big Bang

til naturfag



Stamform

Big Bang

til naturfag

Klip dyrene ud og ryg
rundt på fylogeni-
træet til det korteste
træ er skabt
(Parsimoni-træ)

