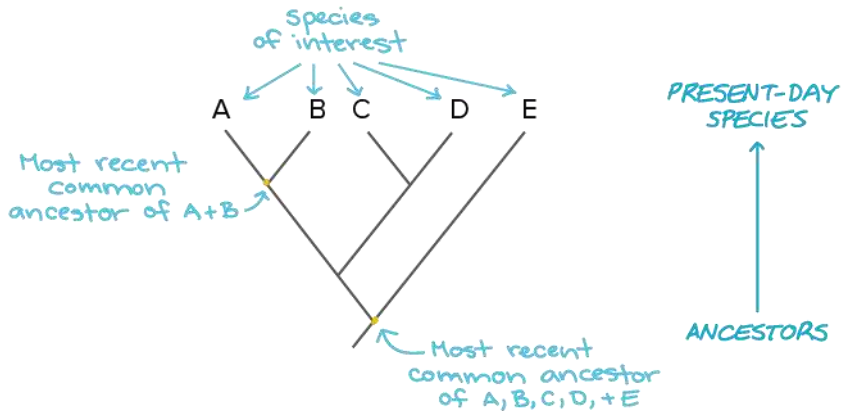
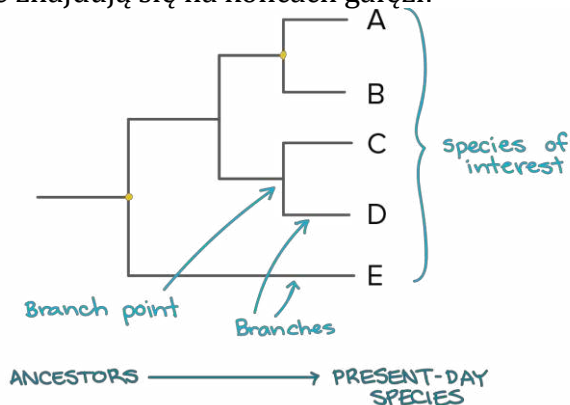


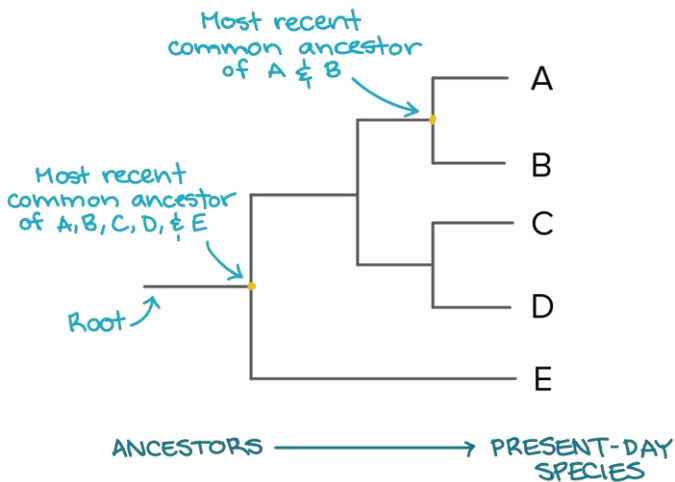
W drzewie filogenetycznym, interesujące nas gatunki są przedstawione na końcach gałęzi drzewa. Same gałęzie łączą się w sposób, który reprezentuje ewolucyjną historię gatunku - to znaczy, jak myślimy, że ewoluowały od wspólnego przodka poprzez serię dywergencji (rozdział na dwa). W każdym punkcie rozgałęzienia znajduje się ostatni wspólny przodek, wspólny dla wszystkich gatunków wywodzących się z tego punktu rozgałęzienia.



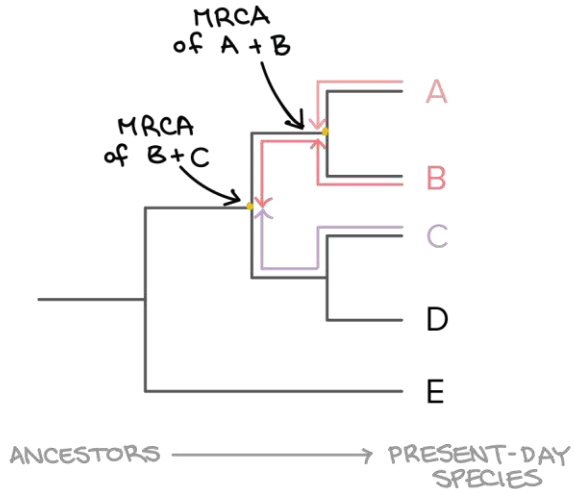
Na diagramie drzewa filogenetycznego gatunki lub grupy będące przedmiotem zainteresowania znajdują się na końcach linii określanych jako gałęzie drzewa. Na przykład poniższe drzewo filogenetyczne przedstawia relacje między pięcioma gatunkami, A, B, C, D i E, które znajdują się na końcach gałęzi:



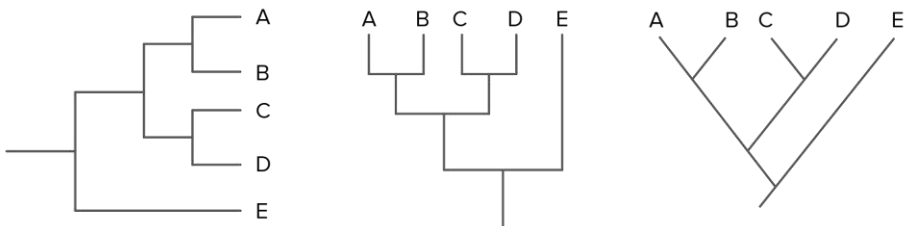
Wzór, w jaki łączą się gałęzie, odzwierciedla nasze przypuszczenia, w jaki sposób gatunki wyewoluowały z szeregu wspólnych przodków. Każdy punkt rozgałęzienia (zwany także węzłem wewnętrznym) reprezentuje zdarzenie dywergencji, czyli rozdzielenie pojedynczej grupy na dwie grupy podrzędne. W każdym punkcie rozgałęzienia znajduje się ostatni wspólny przodek wszystkich grup pochodzących z tego punktu odgałęzienia. Na przykład w punkcie rozgałęzienia, w którym powstają gatunki A i B, znaleźlibyśmy ostatniego wspólnego przodka tych dwóch gatunków. W punkcie rozgałęzienia tuż nad korzeniem drzewa znaleźlibyśmy ostatniego wspólnego przodka wszystkich gatunków drzewa (A, B, C, D, E).



Założmy na przykład, że chcemy powiedzieć, czy A i B, czy B i C są bliżej spokrewnione. Aby to zrobić, podążalibyśmy wzdłuż linii obu par gatunków do tyłu na drzewie. Ponieważ A i B zbiegają się wcześniej u wspólnego przodka, a B zbiega się z C dopiero za punktem połączenia z A, możemy powiedzieć, że A i B są bliżej spokrewnione niż B i C.



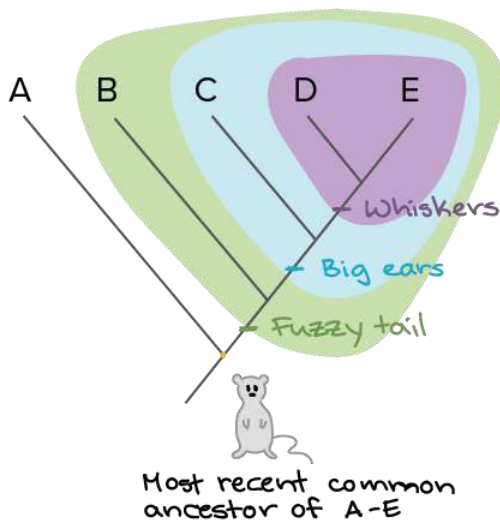
JAK MOGĄ WYGLĄDAĆ DRZEWA FILOGENETYCZNE:



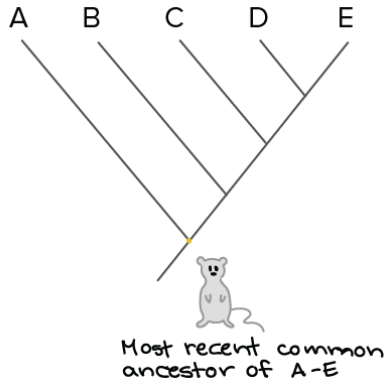
JAK ZABRAĆ SIĘ ZA KONSTRUOWANIE DRZEWA FILOGENETYCZNEGO?

Zasadniczo, patrząc na wzór modyfikacji (nowe cechy) w dzisiejszych organizmach, możemy poznać - lub przynajmniej postawić hipotezy na ten temat - ich drogę pochodzenia od wspólnego przodka.

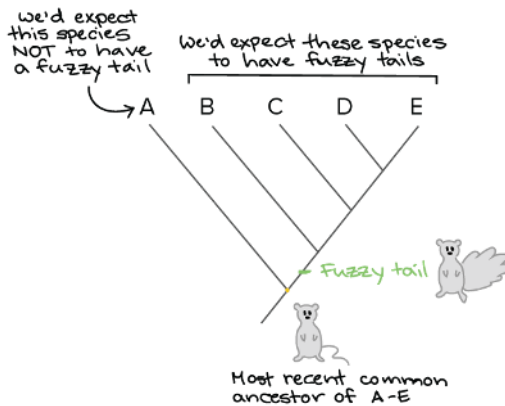
Jako przykład rozważmy drzewo filogenetyczne poniżej. Widzimy trzy nowe cechy pojawiające się w różnych momentach ewolucyjnej historii grupy: kędzierzawy ogon, duże uszy i wąsy. Każda nowa cecha jest wspólna dla wszystkich gatunków pochodzących od przodka, u którego powstała cecha (co pokazują zaznaczenia), ale nie występuje w gatunkach, które oddzieliły się przed pojawieniem się cechy.



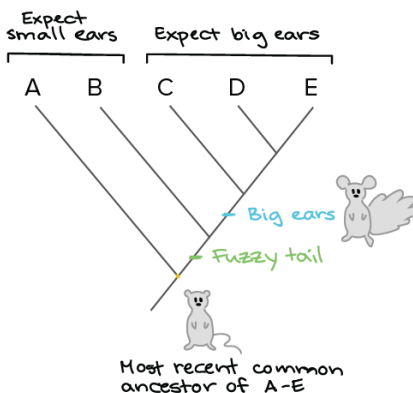
Zacznijmy od drzewa, na którym nie zaznaczono żadnych cech. Drzewo przedstawia ewolucyjne zależności grupy stworzeń podobnych do myszy. Litery A, B, C, D i E reprezentują współczesne gatunki w grupie. Podstawa (korzeń) drzewa przedstawia ostatniego wspólnego przodka grupy. To zwierzę, które żyło dawno temu, i którego cechy znamy.



Teraz wyobraźmy sobie, że jakiś czas później, gatunek A uległ zmianom a jego ród rozgałęził się dając początek innym gatunkom (B-E), w liniach B-E pojawiła się nowa cecha: kędzierzawy ogon, bardziej podobny do ogona wiewiórki.



Pojawiła się kolejna nowa cecha. Po tym, jak linia B oddzieliła się od linii prowadzącej do gatunku C-E, w linii C-E pojawiła się cecha dużych uszu.



Następuje pojawienie się kolejnej cechy, tym razem po tym, jak ród C oddzielił się od linii prowadzącej do gatunków D i E. U wspólnego przodka D i E, powstały wąsy.

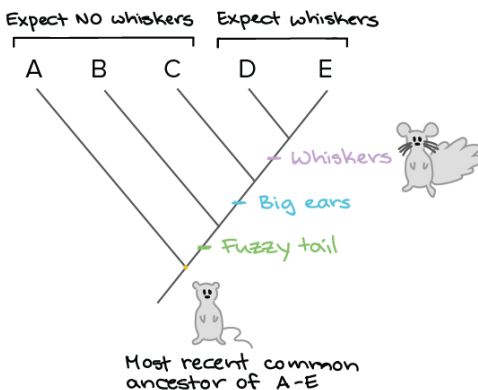
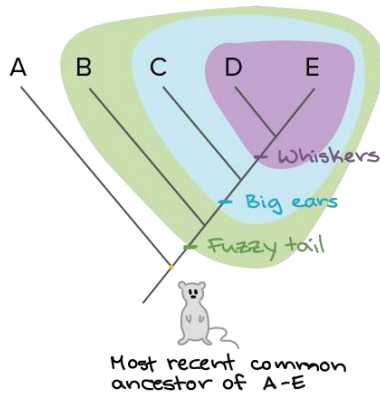
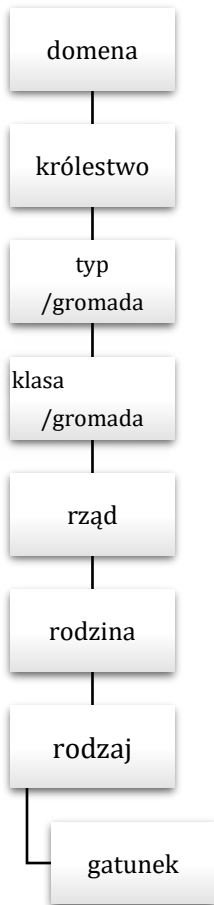


Diagram znajdujący się w głównym tekście to tylko skondensowany zbiór informacji, które podzieliliśmy na osobne drzewa w tym okienku. Zacienione regiony nachodzące jedno na drugie pokazują, jakie gatunki spodziewalibyśmy się, że będą mieć daną cechę, w oparciu o punkt w historii ewolucji, w którym dana cecha powstała. Na przykład spodziewalibyśmy się, że gatunki C, D i E (cieniowanie niebieskie) będą miały duże uszy.



SYSTEMATYKA

Systematyka organizmów – najstarsza dziedzina nauk biologicznych, nauka zajmująca się klasyfikowaniem, katalogowaniem oraz opisywaniem organizmów w oparciu o badania ich różnorodności, pochodzenia i pokrewieństwa.



Przynależność systematyczna CZŁOWIEKA

Królestwo: zwierzęta (Animalia) - organizmy wielokomórkowe, heterotroficzne, zdolne do aktywnego ruchu

Typ: strunowce (Chordata) - organizmy mające strunę grzbietową

Podtyp: kręgowce (Vertebrata) - organizmy mające kostny/chrzęstny szkielet wewnętrzny

Gromada: ssaki (Mammalia) - stałocieplne organizmy z ciałem pokrytym włosami, młode karmione mlekiem matki

Podgromada: łożyskowce (Placentalia) - organizmy wytwarzające łożysko, za pomocą którego zachodzi wymiana substancji między organizmem matki a płodem

Rząd: naczelné (Primates) - mają dobrze rozwinięty zmysł wzroku, posiadają chrzęstny ogon, obecna przynajmniej jedna para chwytnych kończyn

Nadrodzina: człekokształtne (Hominoidea) - zredukowany ogon, długo opiekują się potomstwem

Rodzina: człowiekowate (Hominidae) - dobrze rozwinięte mózgowie, wykazują złożone zachowania społeczne, potrafią wytwarzać i używać narzędzia

Rodzaj: człowiek (Homo) - organizmy poruszające się wyłącznie na dwóch nogach, mające przeciwstawny kciuk i dłonie, które umożliwiają precyzyjny chwyt

Gatunek: człowiek rozumny (Homo sapiens) - zredukowane owłosienie, umiejętność abstrakcyjnego myślenia, potrafi mówić, tworzy bogatą kulturę

KRÓLESTWO: zwierzęta

TYP: strunowce

GROMADA: ptaki

RZĄD: blaszkodziobe

RODZINA: kaczkowate

RODZAJ: łabędź

GATUNEK:
łabędź niemy
Cygnus olor



KRÓLESTWO: rośliny

GROMADA: okrytonasienne

KLASA: dwuliścienne

RZĄD: bukowce

RODZINA: brzozowate

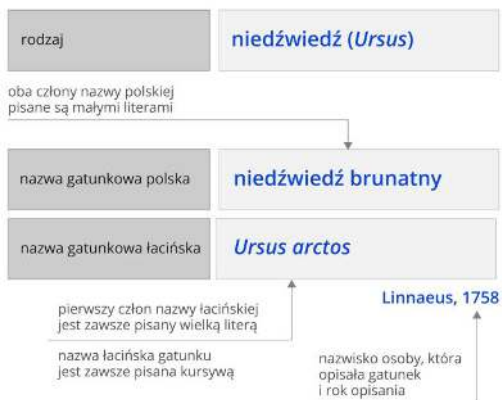
RODZAJ: brzoza

GATUNEK:
brzoza brodawkowata
Betula pendula



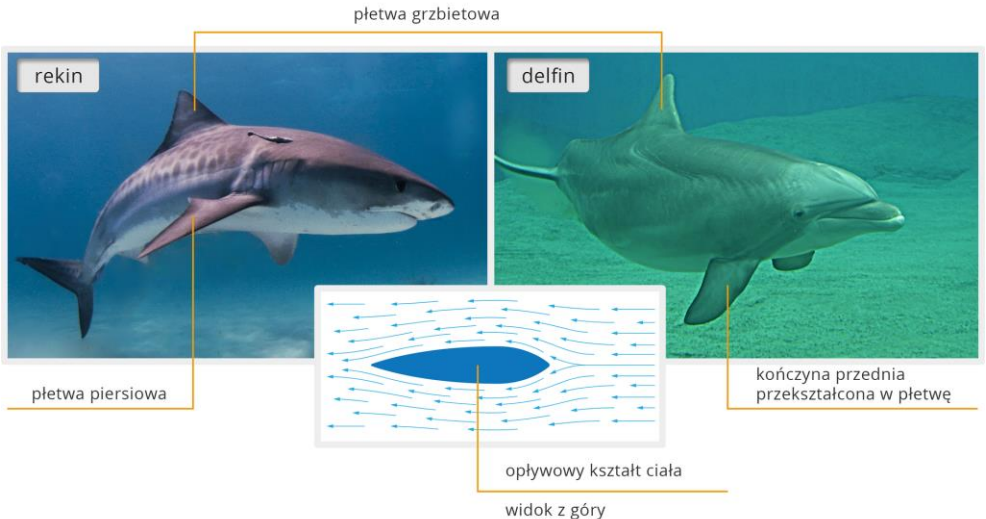
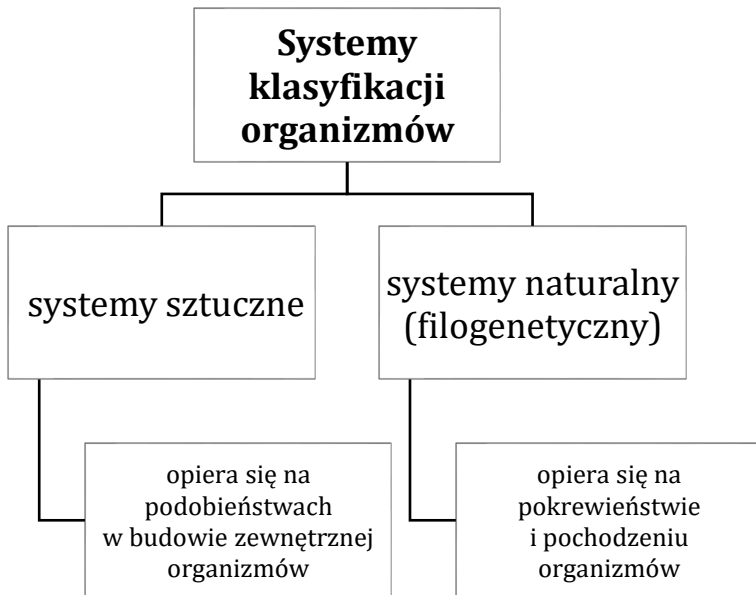
Nazwy gatunków

Nazewnictwo binominalne (dwuimienne) - pierwszy człon stanowi **nazwę rodzajową** (Homo), zaś drugi człon to **epitet gatunkowy** (sapiens) odróżniający organizmy danego gatunku od innych organizmów należących do tego samego rodzaju.



Niedźwiedź brunatny (*Ursus arctos* Linnaeus, 1758),
gatunek drapieżnego ssaka z rodziny niedźwiedziowatych

Źródło: Aleksandra Ryczkowska, Denali National Park and Preserve (<https://www.flickr.com>),
licencja: CC BY 2.0.



Delfin i rekin mają wspólne cechy budowy, ale nie są ze sobą blisko spokrewnione – należą do różnych grup systematycznych. Delfin jest ssakiem, a rekin rybą. Podobieństwo ich budowy wynika z podobnych warunków środowiska i zbliżonego trybu życia

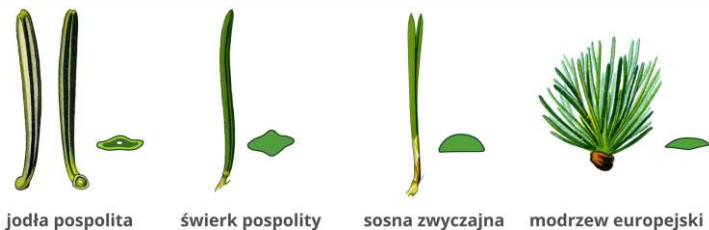
ANALOGIA - podobieństwo części lub całych narządów spełniających taką samą funkcję niezależnie od pochodzenia ewolucyjnego. Podobieństwo analogiczne wynika z przystosowania się organizmów do tych samych warunków bytowania, np. skrzydło owada (fałd skóry) i skrzydło ptaka (kończyna) wykorzystywane są w celu unoszenia się w powietrzu.



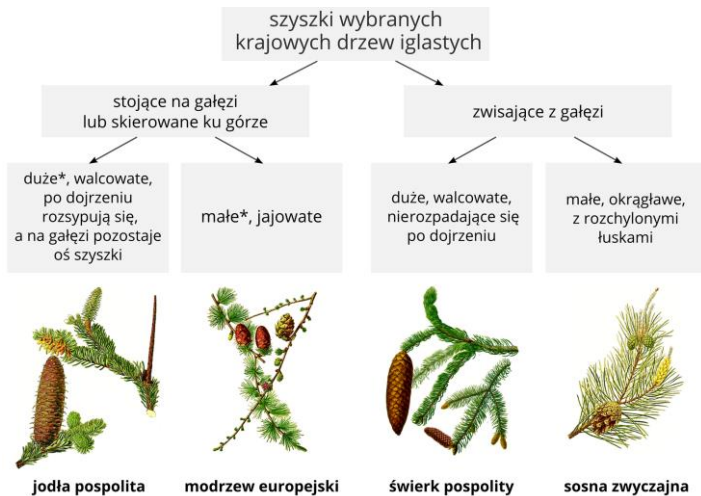
KLUCZE DO ODZNACZANIA GATUNKÓW

Najczęściej stosuje się klucze dwudzielne. Zestawia się ze sobą cechy, które się wykluczają. Klucze służą do rozpoznawania gatunków. Klucze mogą mieć formę graficzną lub numeryczną.

- | | | |
|---|--|---|
| 1 | Igły pojedyncze na krótkopędzie*
Igły zebrane w pęczki na krótkopędzie | → patrz punkt 2
→ patrz punkt 3 |
| 2 | Igły tępe, płaskie, z dwoma białymi paskami na spodniej stronie
Igły klujące, okrągłe lub wielokątne w przekroju | → jodła pospolita
→ świerk pospolity |
| 3 | Igły zebrane po 2 w pęczku, sztywne, zimozielone
Igły zebrane po 20-40 sztuk w pęczku, miękkie, opadające na zimę | → sosna zwyczajna
→ modrzew europejski |



*krótkopęd - silnie skrócony pęd, obecny u niektórych roślin, u wielu gatunków drzew główny organ, na którym osadzone są liście



*szyszki duże - długości 10-15 cm

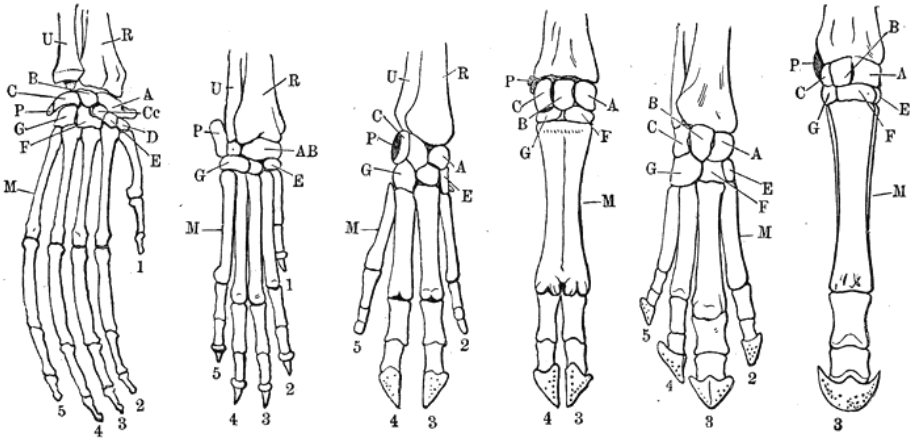
*szyszki małe - długości poniżej 7 cm

SYSTEM KLASYFIKACJI NATURALNY

Żeby przyporządkować organizmu do jednego drzewa filogenetycznego przeprowadza się badania molekularne z zakresu biochemii i genetyki. Obejmują porównywanie sekwencji aminokwasów tych samych białek występujących u różnych gatunków; określanie i porównywanie sekwencji nukleotydów z odpowiadających sobie genów u organizmów należących do różnych gatunków.

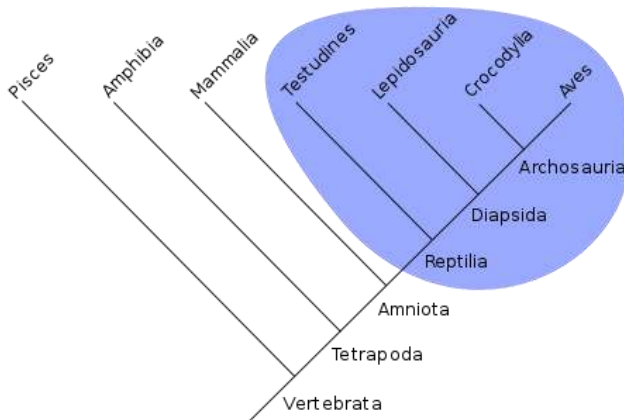
HOMOLOGIA - podobieństwo budowy określonych struktur wynikające z ich wspólnego pochodzenia w rozwoju osobniczym lub rodowym.

Homologia może dotyczyć narządów, tkanek, struktur komórkowych lub cząsteczek. (np. kończyny przednie kręgowców)

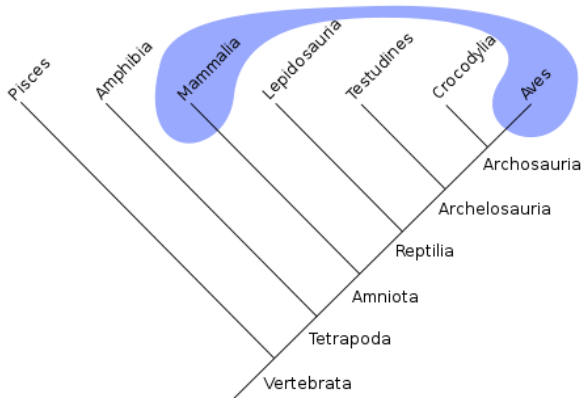


RODZAJE TAKSONÓW

takson monofiletyczny – obejmuje wszystkich potomków wspólnego przodka, zwany również kladem



takson polifiletyczny – obejmuje potomków różnych przodków, obejmuje organizmy bardzo daleko ze sobą spokrewnione



takson parafiletyczny – obejmuje część potomków wspólnego przodka, grupa sztuczna

