

Skruedyrenes evolution

Materialer: 8 forskellige søm og skruer per hold.

Formål: At tegne et slægtskabstræ ud fra morfologiske karaktertræk

Når arterne er blevet indsamlet og identificeret, skal de systematiseres. Biologisk systematik (taxonomi) har to formål: dels at give en praktisk klassifikation, som kan bruges når forskere kommunikerer, og dels at afspejle arternes evolution, dvs. slægtskabet mellem arterne.

For at udlede arternes slægtskabsforhold går man ud fra, at de arter der ligner hinanden mest, er nære slægtninge. Man kan f.eks. vælge at sammenligne arternes DNA sekvenser. De arter som har meget ens DNA sekvenser vil være tættere beslægtede end arter der har meget forskellige DNA sekvenser. Slægtskabstræer, bygget vha. DNA sekvenser, underbygges og sammenlignes næsten altid med slægtskabstræer baseret på organismernes form og funktion.

I denne opgave skal I lave et slægtskabstræ for gruppen af organismer kaldet skruedyr.

På en videnskabelig ekspedition til det sydlige Indien har et forskerteam fundet et bemærkelsesværdigt intakt skruedyr-fossil. Fossilet er blevet dateret, og man fandt, at det er det ældste kendte skruedyr. Forskerne mener, at fossilet er stamfader til alle nulevende skruedyr.



Fig 1.

Stamfader fossil: Archeskruedyret

Man er ret sikker på, at de nulevende skruedyr nedstammer fra én fælles forfader (dvs. gruppen er monofyletisk) idet skruedyrene deler mange helt særlige karakteristika. F.eks. har skruedyrene ingen ydre kønsdele og sanseorganerne er stærkt reducerede.

Med det nye fund af archeskruedyret er det nu muligt at udlede slægtskabsforholdet mellem de 8 nulevende skruedyr på figur 2 og tegne et slægtskabstræ, der viser skruedyrenes evolutionshistorie.

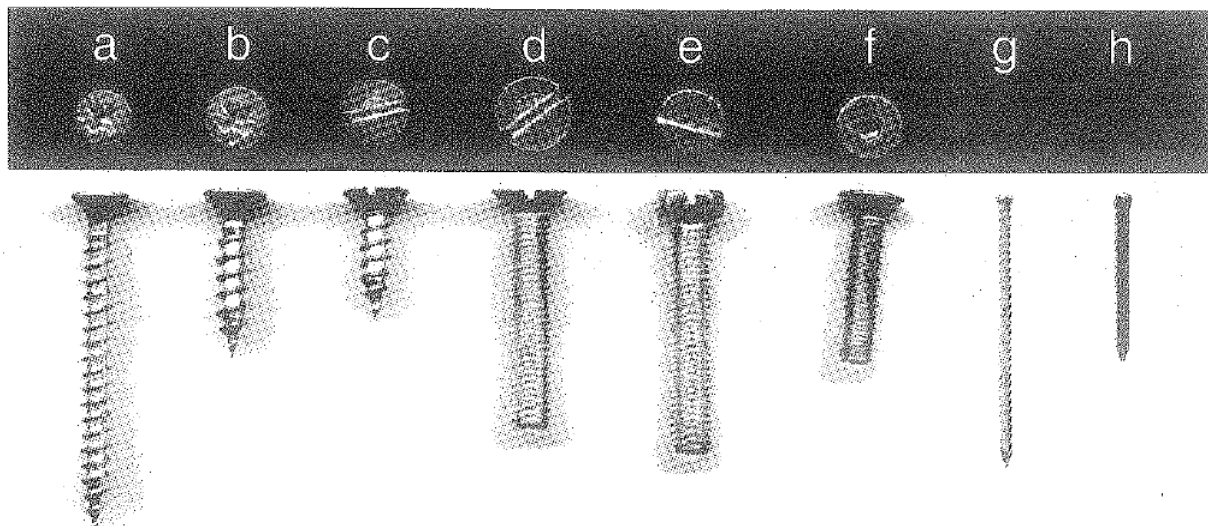


Fig 2

Opgave 1

Definer et antal karakterer f.eks. 8 forskellige og angiv hvilke typer karakterstadier der findes.

F.eks.

Karakter	Karakterstadie
1 Kropsstruktur	Glat/gevind
2 Hovedstørrelse	Stor/lille
3 Lang krop	med/uden
...	...

Det er nemmere at bygge et slægtskabstræ, hvis der kun vælges karakterer der har to mulige karakterstadier.

Opgave 2

Sammenlign karakterstadierne på de nulevende skruedyr med karakterstadierne på skruedyrenes forfader. Hvor er der sket ændringer, dvs. evolution?

Denne sammenligning gøres lettest og mest overskueligt ved at opstille en evolutionsmatrice.

Karakter \ art	A	B	C
1	1	1	1	
2	0	0	0	

$$3 \left| \begin{array}{ccc} 0 & 1 & 1 \\ \cdot & & \end{array} \right.$$

I matricen angiver 0 at der ikke er sket en ændring i forhold til stamfaderskruedyret (karakterstadiet er ens og skruedyret har det *oprindelige* karakterstadie). 1 angiver at der er sket evolution og at skruedyret har fået et nyt karakterstadie (skruedyret har nu et *afledt* karakterstadie).

Opgave 3

Sammenlign de nulevende skruedyr. Hvilke skruedyr har udviklet sig i samme retning?

Dette gøres ved at optælle hvor mange afledte karakterstadier arterne har til fælles. Husk de afledte karakterstadier er angivet som 1 taller i evolutionsmatricen.

Det er igen en god ide, at opstille en matrice, der giver overblik over sammenligningen af arterne.

art \ art	A	B	C
A		1	1	
B			2	
C				
.				

Tallet 2 i matricen angiver at art B og C har 2 fælles afledte karakterstadier (dvs. to karakterer, hvor både A og B har 1 taller i evolutions matricen) A og B har derimod kun et fælles afledt karakterstadie.

Opgave 4

Udled skruedyrenes evolution ved at tegne skruedyrenes slægtskabstræ ud fra matricen i opgave 3.

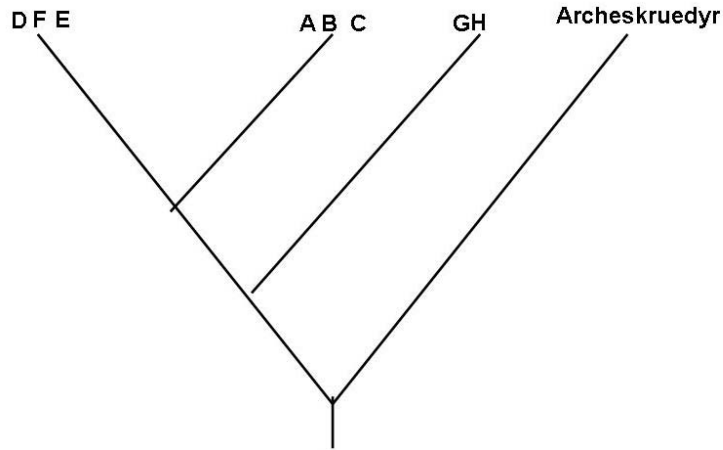
Det mest sandsynlige slægtskabstræ er det træ, der kræver færrest evolutionære ændringer. Det kan være lidt af et puslespil at finde træet med færrest ændringer.

Jo flere arter man arbejder med jo flere træer kan der tegnes. Fire arter giver 15 mulige træer, 6 arter giver 945 muligheder. Forholdet mellem antal arter (n) og antal mulige træer (N) beskrives med $N_t = (2n-3)! / 2^{n-2} (n-2)!$

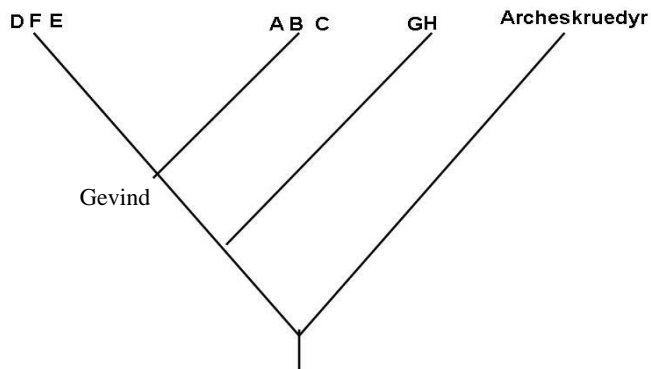
Da der med 9 skruedyr er mere end 2 millioner mulige træer bliver vi her nød til at tage udgangspunkt i en fornuftig gruppering af skruedyrene på baggrund af skruedyrenes overordnede form.

En god metode er:

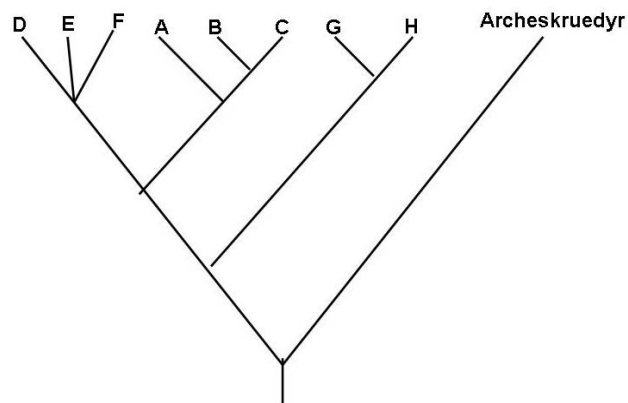
1. Lav grupper af skruedyr der har mange fælles afledte karakterstadier. Se på matricen i opgave 3 og på figur 2.
2. Tegn alle de mulige træer med grupperne for enden af grenene. Herunder er vist et eksempel.



3. placer de afledte karaktererstadier på grenene i træerne. F.eks. Har både ABC og DEF alle gevind.



4. Find det træ der kræver færrest ændringer af karakterstadier, dvs. det træ hvor du skal placere karakterstadierne færrest gange.
5. Arbejd videre med træet med færrest ændringer. Split grupperne op og placer arterne på træet. Hvis der er grupper der indeholder 3 eller flere arter må du se om der er to arter der er mere ens og end den tredje. Hvis det er tilfældet, skal de to arter placeres tættere på hinanden. Herunder ses et ex på et færdigt træ:



Opgave 5

Placer karakterstadierne på grenene i træet så man kan se hvor f.eks. hovedstørrelse lille er opstået. Er nogle af karakterstadierne opstået flere gange?

Hvis ja, er det muligt at tegne et nyt træ hvor det ikke er tilfældet? Hvilket træ angiver den mest sandsynlige evolutionære historie?

Opgave 6

Sammenlign med de andre slægtskabstræer der er blevet bygget i klassen. Er i nået frem til den samme evolutions historie?

Hvis i har fået forskellige træer, hvad kan årsagen da være til det?

Hvordan kan man opnå et mere sikkert træ? Dvs. at alle vil nå frem til det samme træ?

Perspektiverende spørgsmål

Hvis man bygger et slægtskabstræ vha. DNA sekvenser, hvilke karakterer sammenlignes da? Hvilke mulige karakterstadier er der?

Hvorfor giver slægtskabstræer baseret på DNA sekvenser ofte mere direkte information om evolution end slægtskabstræer baseret på form og funktion?