

Ćwiczenie 19

Filogeneza człowieka. Zróżnicowanie populacji ludzkich.

Prof. dr hab. Roman Zieliński

1. Filogeneza człowieka

1.1. Pytania i zagadnienia

- 1.1.1. Jaka jest etymologia nazw człowieka w różnych językach?
- 1.1.2. Proszę podać systematykę człowieka.
- 1.1.3. Proszę scharakteryzować człowieka jako gatunek biologiczny.
- 1.1.4. Jakie cechy człowieka są specyficzne dla tego gatunku a jakie wspólne z innymi gatunkami?

1.2. Metody oceny powiązań filogenetycznych między blisko spokrewnionymi taksonami



- 1.2.1. Podstawą analiz nad ewolucją jest rozróżnienie procesów zachodzących wewnątrz gatunku od procesów prowadzących do powstawania gatunków (specjacji). W praktyce oznacza to odróżnienie zmienności wewnątrzgatunkowej od zmienności pomiędzy gatunkami. Na poziomie molekularnym (enzymy, DNA) należy odpowiedzieć na pytanie, czy obserwowane warianty różnych genów, markerów prezentują jeszcze zmienność alleliczną, czy też różnicują gatunki. Dlatego istotna jest analiza wielu osobników z danego gatunku. Analizy pojedynczych osobników nawet na poziomie sekwencji DNA nie pozwalają określić charakteru obserwowanej zmienności. Istotnym aspektem jest także konieczność analizy wielu sekwencji, markerów, cech. Dopóki analizuje się jedną sekwencję dopóty nie można mówić o ewolucji gatunków. Analiza jednej sekwencji pozwala wypowiadać się tylko na temat ewolucji badanej sekwencji.
- 1.2.2. Ewolucja jest procesem genetycznym. Gatunki blisko spokrewnione są bardziej podobne genetycznie niż gatunki bardziej odległe. Inaczej mówiąc, gatunki blisko spokrewnione mają bardziej podobny genom i tym samym więcej sekwencji/genów wspólnych niż odległe taksony. Dlatego, aby ocenić zależności ewolucyjne pomiędzy poszczególnymi taksonami należy określić na ile podobne są ich genomy. W tym celu należy ocenić udział sekwencji wspólnych dla każdej pary gatunków, a następnie pogrupować gatunki na podstawie sekwencji wspólnych tworząc drzewo filogenetyczne

1.2.3. W celu oceny różnic genetycznych pomiędzy taksonami, ale także pomiędzy populacjami tego samego gatunku należy obliczyć współczynnik podobieństwa genetycznego (I) lub jego odwrotność – odległość genetyczną (D). Pozwala on ilościowo ocenić stopień różnic genetycznych pomiędzy taksonami (populacjami). Najpowszechniej stosowaną miarą jest współczynnik podobieństwa genetycznego Nei'a (I), który wprowadzono dla enzymów, ale znajduje on również zastosowanie dla DNA.

$$I = \frac{\sum p_x p_y}{\sqrt{\sum p_x^2 \sum p_y^2}}; \quad D = \ln I$$

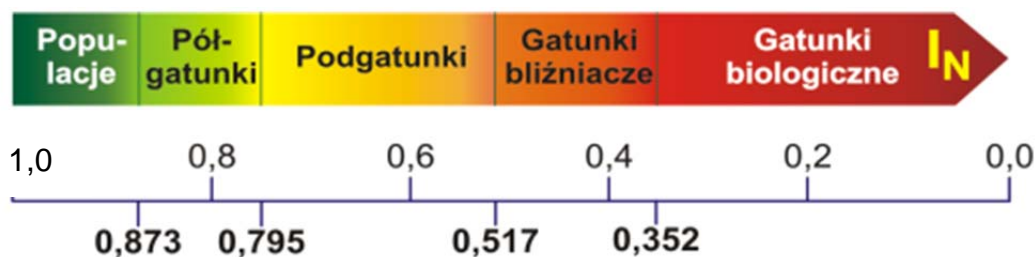
I – podobieństwo genetyczne
 D – odległość genetyczna
 p_x – częstość allele i w populacji x
 p_y – częstość allele i w populacji y

1.2.4. Standardowy współczynnik Nei'a wymaga obliczenia podobieństwa dla każdego locus osobno, a następnie podsumowania danych dla wszystkich loci. Dla dużej liczby markerów podobieństwo genetyczne Nei'a rutynowo oblicza się przy pomocy programów komputerowych. Dlatego czasami posługujemy się uproszczonym współczynnikiem podobieństwa genetycznego (Nei i Li 1979), który został opracowany dla analizy fragmentów RFLP i stosowany jest także w przypadku markerów DNA opartych o reakcję PCR.

$$I = \frac{2S}{T_1 + T_2}$$

S – liczba prążków wspólnych dla dwóch taksonów
 T – liczba wszystkich prążków dla danego taksonu

1.2.5. Znając wartości podobieństwa odpowiadające poszczególnym etapom ewolucji możemy określić na jakim etapie znajdują się analizowane przez nas taksony.



1.3. Ocena powiązań filogenetyczny między taksonami.



W tabeli poniżej przedstawiono wyniki analizy markerów PCR w czterech próbach Hominidów zebranych z różnych stanowisk.

	<i>Stanowisko A</i>	<i>Stanowisko B</i>	<i>Stanowisko C</i>	<i>Stanowisko D</i>
<i>Stanowisko A</i>	$T = 105$	$S = 75$	$S = 101$	$S = 23$
<i>Stanowisko B</i>		$T = 131$	$S = 78$	$S = 47$
<i>Stanowisko C</i>			$T = 109$	$S = 29$
<i>Stanowisko D</i>				$T = 103$

Korzystając z uproszczonego wzoru z punktu 1.2.4. na podobieństwo genetyczne proszę obliczyć:

A. Podobieństwo genetyczne pomiędzy próbkami zebranymi na wymienionych 4 stanowiskach. Proszę wartości podobieństwa przedstawić w tabeli poniżej.

	<i>Stanowisko A</i>	<i>Stanowisko B</i>	<i>Stanowisko C</i>	<i>Stanowisko D</i>
<i>Stanowisko A</i>				
<i>Stanowisko B</i>				
<i>Stanowisko C</i>				
<i>Stanowisko D</i>				

B. Korzystając z diagramu w punkcie 1.2.5. proszę podać na jakim etapie ewolucji znajdują się próby z poszczególnych stanowisk.

Samodzielne wykonanie: 3 punkty

Termin: 13.05.2020.

Ocena: 20.05.2020.

1.4. Problemy

1.4.1. Niektóre teorie filozoficzne (transhumanizm) twierdzą, że skończyła się ewolucja biologiczna człowieka. Następnym jej etapem jest ewolucja technologiczna. Człowieka można udoskonalić za pomocą technik informatycznych, inżynierii genetycznej i embrionalnej. Zgodnie z tymi poglądami, przyszedł czas na usprawnienie mózgu za pomocą urządzeń wytworzonych przez człowieka, poprawę genotypów w celu unikania chorób. Korzystając z wiedzy na temat ewolucji człowieka i mechanizmów rządzących procesami ewolucji życia na Ziemi proszę się zastanowić czy faktycznie możemy mówić o końcu ewolucji? Czy teorie transhumanistyczne faktycznie prowadzą do rozwoju czy do zniszczenia populacji ludzkiej, która wyginie podobnie jak to się stało w przypadku dinozaurów?

1.4.2. Proszę porównać psychologię ewolucyjną z biologią kognitywistyczną. Która z koncepcji ewolucji zdolności poznawczych, w świetle najnowszych badań, trafniej oddaje przebieg ewolucji zdolności poznawczych człowieka?

2. Zróżnicowanie populacji ludzkich

2.1. Ocena podobieństwa populacji ludzkich na podstawie grup krwi.



W tabeli poniżej podano częstość występowania alleli warunkujących grupy krwi ABO w trzech populacjach.

Allel	Azja (x)	Ameryka Północna (y)	Europa (z)
I ^A	0,25	0,12	0,31
I ^B	0,26	0,04	0,12
i	0,49	0,84	0,57

- A. Na podstawie wzoru podanego w punkcie 1.2.3. proszę podać podobieństwo pomiędzy badanymi populacjami na podstawie częstości alleli warunkujących grupy krwi.
- B. Na jakim etapie ewolucji są badane populacje. Proszę wykorzystać diagram z punktu 1.2.5.

Samodzielne wykonanie: 3 punkty

Termin: 13.05.2020.

Ocena: 20.05.2020.