

Drzewo filogenetyczne zwierząt

- [Wprowadzenie](#)
- [Przeczytaj](#)
- [Gra edukacyjna](#)
- [Grafika interaktywna](#)
- [Dla nauczyciela](#)



Historia rozwoju gatunku lub grupy systematycznej – ich ewolucja od czasów powstania aż do wymarcia lub do chwili obecnej – to **filogeneza**. Jej graficznym przedstawieniem jest drzewo filogenetyczne. W jakim celu wykonuje się drzewa filogenetyczne i co można z nich odczytać? Jakie były pierwotne, wyjściowe formy zwierząt?

Twoje cele

- Opiszysz budowę drzewa filogenetycznego, uwzględniając korzenie, węzły i gałęzie.
- Wyjaśnisz znaczenie badań z zakresu biochemii i genetyki w tworzeniu drzewa filogenetycznego.
- Omówisz filogenezę zwierząt.
- Wykażesz pokrewieństwo między grupami zwierząt na podstawie drzewa filogenetycznego.

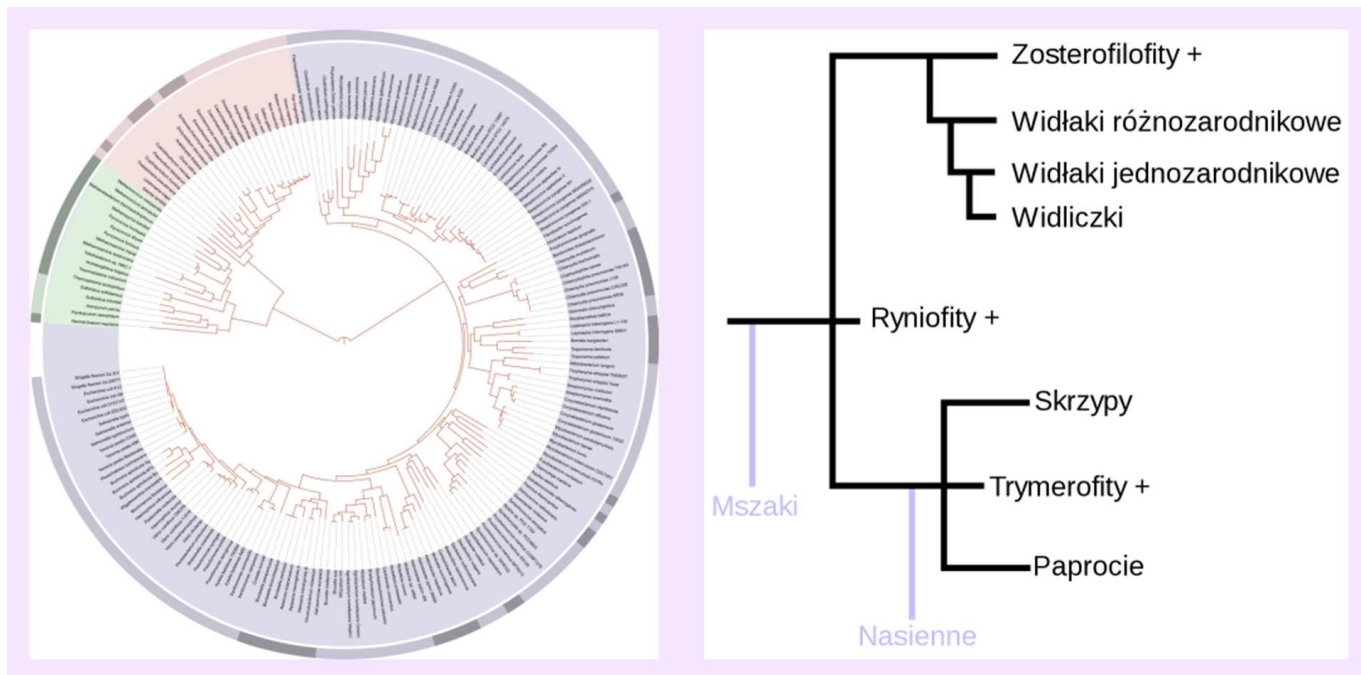
Przeczytaj

Drzewo filogenetyczne

Do prezentacji wyników badań ewolucji, czy to na podstawie materiału genetycznego żyjących organizmów, czy też z użyciem materiału kopalnego, bardzo często wykorzystuje się [drzewa filogenetyczne](#) i [kladogramy](#). Na ich podstawie wyróżnia się **grupy systematyczne**.

Drzewo filogenetyczne, nazywane również **filogramem**, to ukorzeniony diagram przedstawiający relacje ewolucyjne między organizmami. Można je skalibrować względem czasu geologicznego i wskazać kierunek ewolucji. Diagram nieukorzeniony to [kladogram](#), natomiast grupa organizmów mających wspólnego przodka określana jest jako [klad](#). W [analizie kladystycznej](#) drzewo filogenetyczne zawiera informacje z kladogramu uzupełnione o sekwencje przodków i potomków.

Należy również pamiętać, że drzewo filogenetyczne może reprezentować pełną różnorodność życia wywodzącego się od wspólnego przodka (tak jak drzewo po lewej stronie grafiki) lub pojedynczą gałąź pełnego drzewa życia, takiego jak linie kręgowców, grzybów, paprotników (tak jak po prawej stronie grafiki).



Po lewej stronie znajduje się filogenetyczne drzewo życia, ukazujące powiązania między gatunkami, których genomy zostały zsekwencjonowane w 2006 roku. W samym środku znajduje się ostatni uniwersalny przodek wszelkiego życia na Ziemi.

Po prawej stronie znajduje się drzewo filogenetyczne paprotników – widać odnogi do mszaków i nasiennych. Znakiem "+" oznaczono gatunki wymarłe.

Źródło: Ivica Letunic, Mix321, Krzysztof Zająchkowski, Wikimedia Commons, domena publiczna.

Drzewa filogenetyczne tworzy się w celu określenia filogenezy organizmów poprzez badanie ich chronologicznej drogi rozwojowej i stopnia pokrewieństwa między organizmami żyjącymi współcześnie oraz kopalnymi.

Ważne!

Drzewa filogenetyczne to hipotezy, a nie ostateczne fakty.

Budowa drzewa filogenetycznego

Budowa drzew filogenetycznych opiera się na informacjach dotyczących analizowanych gatunków – takich jak cechy fizyczne i sekwencje DNA ich genów.

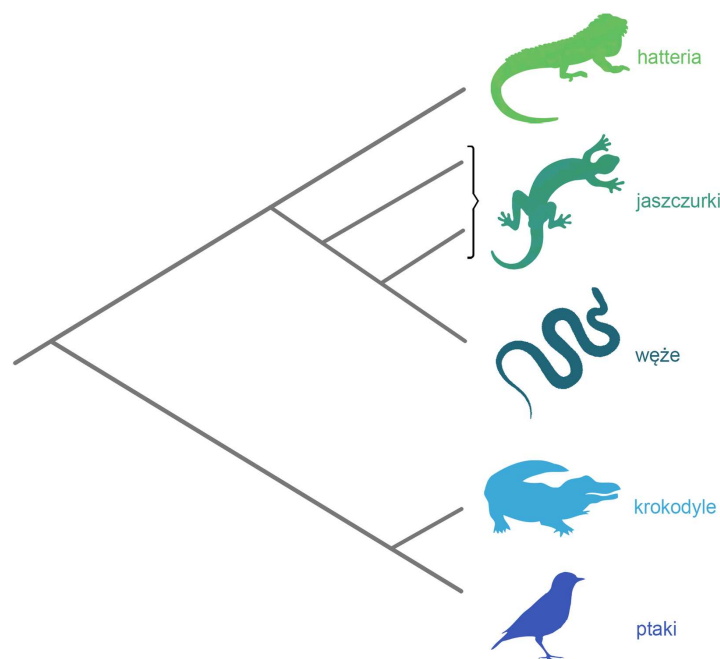
Korzeń drzewa reprezentuje wspólnego przodka, natomiast wzór rozgałęzień odzwierciedla sposób, w jaki gatunki lub inne grupy wyewoluowały z szeregu wspólnych przodków. Długość gałęzi i kąty zawarte między nimi określają tempo zmian w potomnych liniach. Linie, określane jako gałęzie drzewa, kończą się **liśćmi** symbolizującymi organizmy współcześnie żyjące. Wymarłe grupy ulokowane są poniżej.

Każdy punkt rozgałęzienia (zwany także węzłem wewnętrznym) reprezentuje zdarzenie dywergencji, czyli rozdzielenie pojedynczej grupy na dwie grupy podrzędne.

Budowa drzewa filogenetycznego.

Źródło: Englishsquare.pl Sp. z o.o., licencja: CC BY-SA 3.0.

Na diagramie dwa gatunki są bliżej spokrewnione, jeśli mają niedawnego wspólnego przodka i mniej spokrewnione, jeśli mają starszego wspólnego przodka. Im mniej węzłów oddziela od siebie dwa [taksony](#), tym bliżej są one ze sobą spokrewnione. Na przykładzie drzewa filogenetycznego gadów i ptaków można ustalić, które z tych grup organizmów są ze sobą najbliżiej spokrewnione. Z tego drzewa wynika, że ptaki oraz krokodyle miały wspólnego przodka, a krokodyle są bliżej spokrewnione z ptakami niż z innymi gadami.

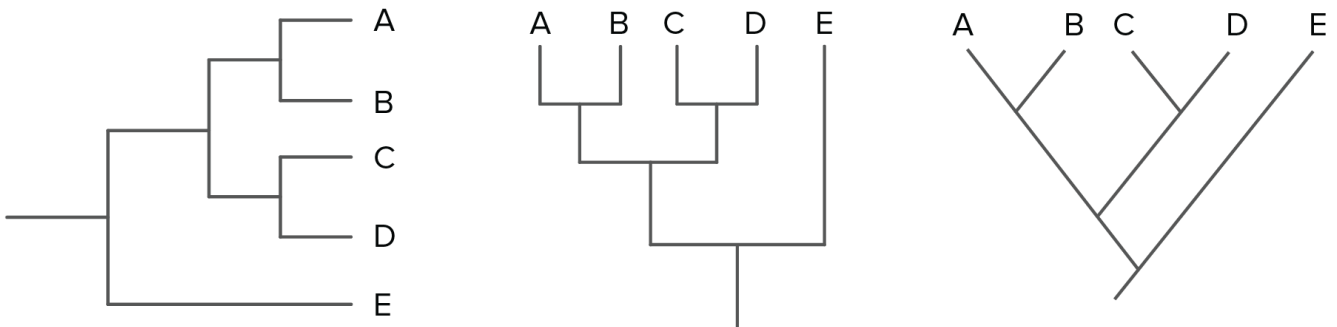


Drzewo filogenetyczne gadów i ptaków.

Źródło: Wikimedia Commons, licencja: CC BY-SA 3.0.

Czytanie drzew filogenetycznych

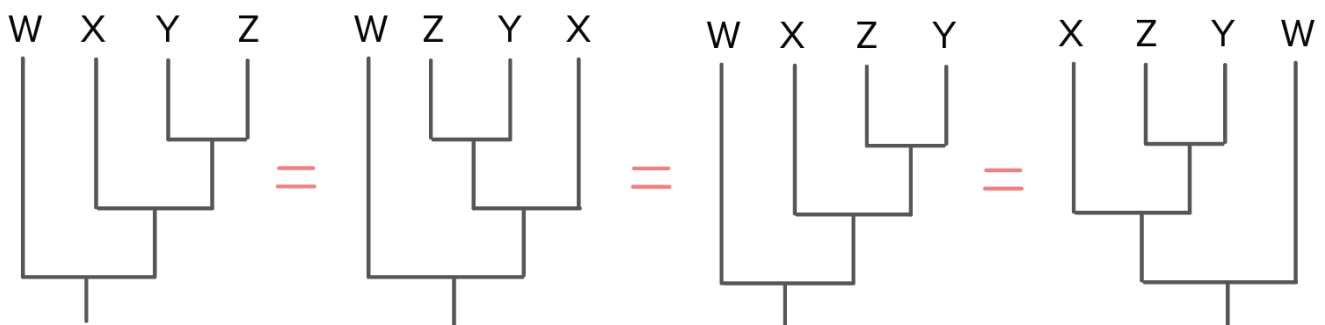
Drzewa filogenetyczne mogą przyjmować różne formy. Przedstawione poniżej drzewa reprezentują identyczne relacje między gatunkami A, B, C, D i E.



W drzewie filogenetycznym znaczenie ma wzór rozgałęzień (nie długość gałęzi).

Źródło: Robert Bear, khanacademy.org, licencja: CC BY 4.0.

Drzewa filogenetyczne można również rysować w różnych, równoważnych stylach. Obracanie drzewa w punktach rozgałęzień nie zmienia informacji, które ono zawiera.



Wszystkie przedstawione drzewa pokazują te same relacje między czterema gatunkami.

Źródło: Robert Bear, khanacademy.org, licencja: CC BY 4.0.

Tworzenie drzew filogenetycznych

Podczas tworzenia drzew filogenetycznych porównuje się i analizuje wiele cech gatunków (lub innych grup). Cechy te mogą obejmować morfologię zewnętrzną (wygląd, kształt, wielkość), anatomię wewnętrzną, zachowania, szlaki biochemiczne, sekwencje DNA, a nawet charakterystykę skamieniałości.

Występowanie określonej cechy u przedstawicieli danej linii ewolucyjnej oraz u ich przodków to **plezjomorfia**. Przykładem plezjomorfii jest obecność pięciu palców na dłoniach i stopach ludzi – cecha ta występuje również u płazów i gadów.

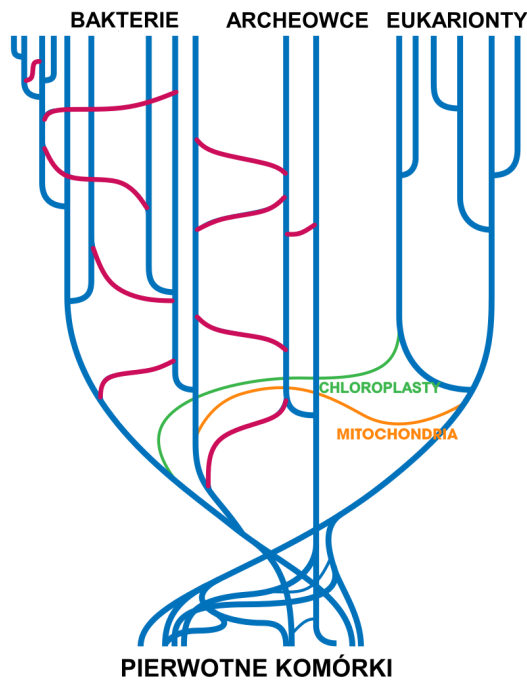
Ważnym aspektem ustalania pokrewieństwa między organizmami było wyodrębnianie taksonów na podstawie cech pochodnych (apomorficznych), czyli takich, które pojawiły się na drodze ewolucji w danej grupie i zostały odziedziczone przez gatunki potomne.

Synapomorfia (cecha zaawansowana) to apomorfia dzielona przez co najmniej dwa taksony, najprawdopodobniej powstała u ich najnowszego wspólnego przodka. Można ją wyróżnić u wszystkich przedstawicieli danej grupy filogenetycznej. Przykładem synapomorfii jest obecność cech pochodnych takich jak wyprostowany chód, futro i gruczoły sutkowe u ssaków. Cechy te nie występują u innych kręgowców, takich jak płazy i gady, które zachowały przejęte po przodkach cechy chodu rozwlekłego i braku futra. Zatem każda z tych cech pochodnych jest apomorfią poszczególnych gatunków ssaków i synapomorfią ssaków, której nie mają inne kręgowce.

Autapomorfia nazywa się z kolei cechą, która występuje tylko w jednej grupie filogenetycznej. Jest nią np. obecność sierści i gruczołów mlekowych u ssaków.

Współcześnie znaczną część analizy pokrewieństw między taksonami wykonują komputery. Zadaniem badacza jest dobranie odpowiedniej metody do posiadanych danych, a następnie interpretacja wyników. Samych obliczeń dokonują programy komputerowe. Wynikiem takich obliczeń jest kladogram.

Dla zainteresowanych



Drzewo filogenetyczne z zaznaczonymi przypadkami poziomego transferu genów.

Źródło: Andrew Z. Colvin, Wikimedia Commons, licencja: CC BY-SA 4.0.

Kiedy opracowano dokładniejsze metody analizy sekwencji DNA, okazało się, że część wyników wcześniejszych badań RNA wykazuje różnice. Wynika to ze zjawiska [horyzontalnego transferu genów](#), związanego z pozyskaniem genu od innego organizmu (przekazaniem genu przez organizm niebędący przodkiem biorcy genu). Horyzontalny transfer genów jest głównym mechanizmem rozprzestrzeniania się m.in. oporności na antybiotyki u bakterii.

Przełomem w badaniach molekularnych, wykorzystywanych również w analizach filogenetycznych, było sekwencjonowanie metodą [Sangera](#).

Więcej informacji na temat metody Sangera w materiale pt. „Sekwencjonowanie DNA”.

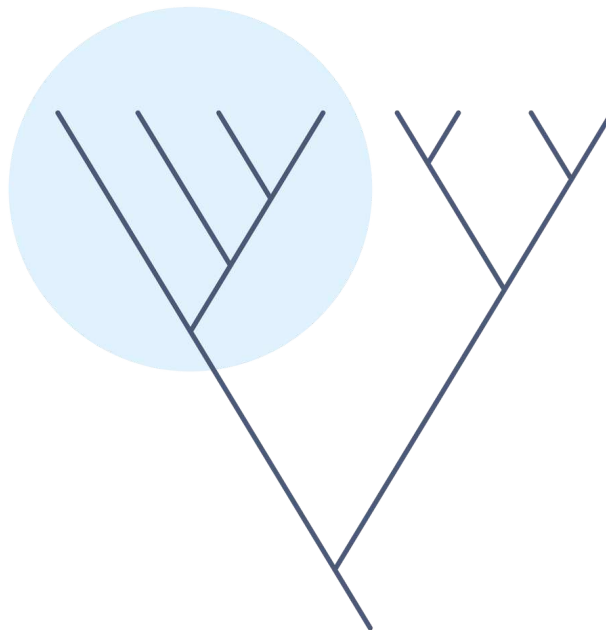
Jednostki taksonomiczne

W oparciu o drzewa filogenetyczne można wyróżniać **jednostki taksonomiczne** (systematyczne).

Grupa monofiletyczna to grupa obejmująca wszystkich potomków ostatniego wspólnego przodka. Grupa ta nazywana jest również kladem.

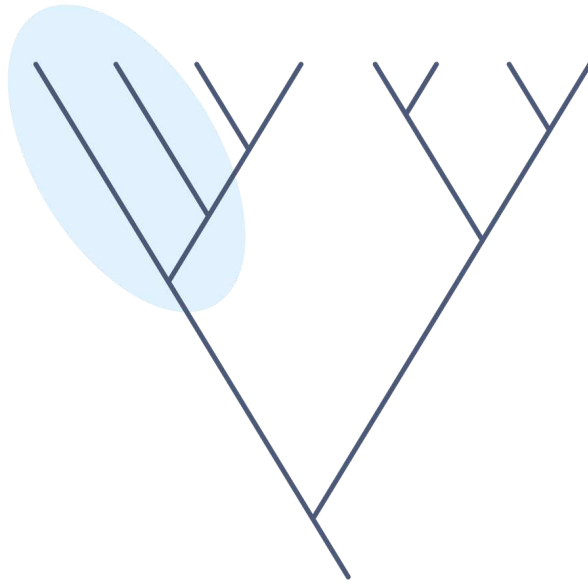
Grupa parafiletyczna nie obejmuje wszystkich potomków ostatniego wspólnego przodka.

Grupa polifiletyczna łączy taksony mogące należeć do bardzo różnych, niezależnych grup monofiletycznych, o różnym stopniu pokrewieństwa, ale wykazujące podobieństwa budowy lub fizjologii.



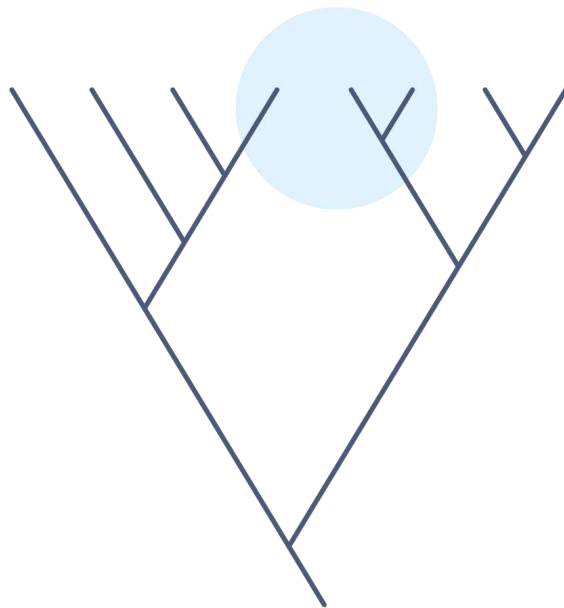
Takson monofiletyczny.

Źródło: Englishsquare.pl Sp. z o.o., licencja: CC BY-SA 3.0.



Takson parafiletyczny.

Źródło: Englishsquare.pl Sp. z o.o., licencja: CC BY-SA 3.0.



Takson polifiletyczny.

Źródło: Englishsquare.pl Sp. z o.o., licencja: CC BY-SA 3.0.

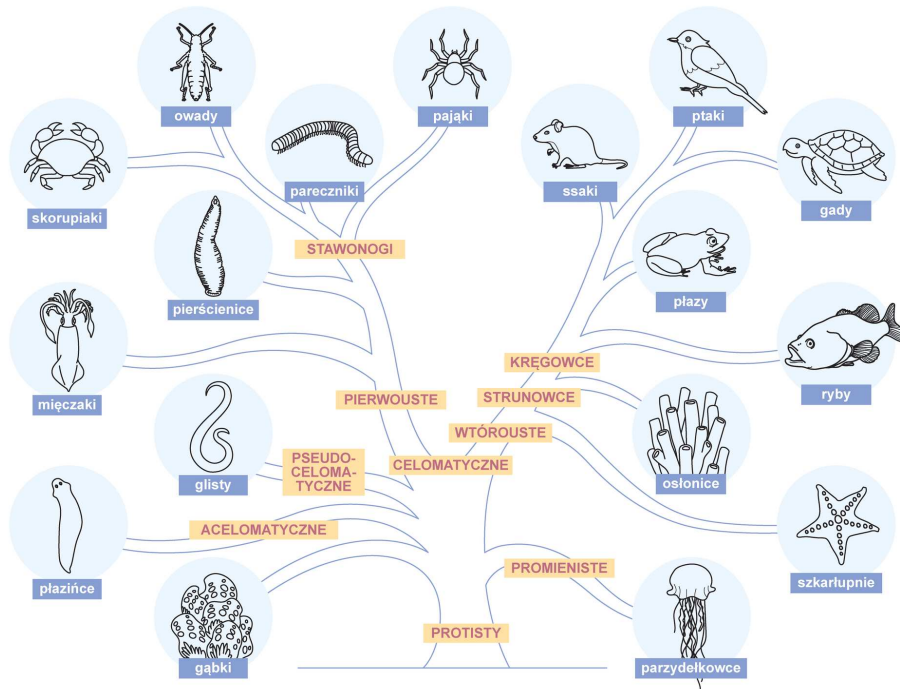
Pojęcie [filogenezy](#) wprowadził w 1866 r. [Ernst Haeckel](#), definiując ją jako „historię rozwoju paleontologicznego gatunków”. Współcześnie termin ten rozumiany jest jako całokształt ewolucyjnego przekształcania się budowy i funkcji następujących po sobie generacji różnych grup organizmów (gatunków).

Początki filogenezy zwierząt sięgają prekambriu. Przodkami zwierząt wielokomórkowych były **wiciowce**. Najstarsze znane skamieniałości zwierzęce pochodzą sprzed 700 mln lat i należą do licznie występujących w kambrze priapulidów (Priapuloidea), od których wyprowadza się **robaki obłe**. Do robaków obłych zaliczane są m.in. glisty, będące przedstawicielami nicieni. Na przełomie prekambriu i kambru pojawiły się pierwsze **mięczaki**, we wczesnym kambrze – morskie **pratchawce** i najpierwotniejsze **stawonogi**. W środkowym kambrze dominowały **trylobity** oraz **skorupiaki**, pokrewne dzisiejszym cienkopancerzowcom (Leptostraca). W starszym paleozoiku dokonało się wyodrębnienie głównych pni rozwojowych **szczękoczułkowców** (do których należą pajęczaki) i skorupiaków. Kład, który obejmuje skorupiaki oraz owady (należące do sześcionogów), nosi nazwę Pancrustacea. Początki strunowców nie są znane, lecz dzięki szczątkom kopalnym wyodrębnienie szkarłupni datuje się na dolny kambr.

Kład, do którego należą organizmy strunowe (Chordata) oraz szkarłupnie, to wtórouste. Pierwszą grupą **strunowców** o znacznym zróżnicowaniu były konodonty, a współcześnie występującym podtypem strunowców są osłonice (Tunicata). W środkowym ordowiku pojawiły się pancerne **bezszcękowce**. Z jednej ich gałęzi wyodrębniły się **akantody** (o dwóch parach płetw parzystych), od których wywodzą się zapewne pozostałe grupy **ryb**. W późnym dewonie z ryb trzonopłetwych wyodrębniły się **płazy**. Najstarszym znanym czworonogiem jest ichtiostega, znaleziona na Grenlandii.

Z dominujących pod koniec paleozoiku i w triasie płazów tarczogłowych wyodrębniły się płazy bezogonowe i ogoniaste. Nie jest znane ogniwo pośrednie między rozwijającymi się w wodzie płazami a przechodzącymi rozwój na lądzie gadami. Najstarszymi znanymi **gadami** były antrakozaury. Z końcem permu pojawiły się gady naczelne, w późnym triasie – **żółwie**. Od tego też czasu znane są dinozaury i gady

latające, właściwe jaszczurki – od jury, węże – od wczesnej kredy. Od drobnych, biegających dinozaurów pochodzą **ptaki**. Pierwszymi ptakami były późnojurajski archeopteryks i wczesnokredowy *Sinornis*. Z gadów ssakokształtnych na przełomie triasu i jury wyodrębniły się **ssaki**, których wielkie różnicowanie rozpoczęło się po wyginięciu dinozaurów, od początku trzeciorzędu. Różnicowanie się w gałęzi ewolucyjnej afrykańskich ssaków naczelnych doprowadziło ok. 4,4 mln lat temu do powstania dwunożnych **australopiteków** – przodków dzisiejszego *Homo sapiens*.



Drzewo filogenetyczne zwierząt.

Korzeń oznacza wspólnego przodka dla wszystkich taksonów; gałąź obrazuje związki ewolucyjne między porównywanymi jednostkami taksonomicznymi, długość gałęzi reprezentuje liczbę zmian, które nastąpiły w danej linii ewolucyjnej, węzeł reprezentuje miejsce rozgałęzień jednostek taksonomicznych (populacji, organizmu, genu). Najczęściej jest to ostatni wspólny przodek grup pochodzących od węzła (miejsca rozgałęzienia). Natomiast liść przedstawia aktualnie analizowaną jednostkę taksonomiczną.

Źródło: Englishsquare.pl Sp. z o.o., na podstawie: environmentalstudiesblog, licencja: CC BY-SA 3.0.

Rekonstrukcja drzew filogenetycznych

Rekonstrukcja drzew filogenetycznych opiera się na badaniach z zakresu biochemii i genetyki, które pozwalają z dużą dokładnością określić podobieństwa i różnice między poszczególnymi taksonami i gatunkami. Badania te obejmują m.in.:

- określanie i porównywanie sekwencji aminokwasów tych samych białek występujących u różnych gatunków (np. cytochromu B i dehydrogenazy NADH);
- określanie i porównywanie sekwencji nukleotydów z odpowiadających sobie genów u organizmów należących do różnych gatunków (najczęściej są to mitochondrialny DNA, rybosomalny DNA, cDNA, RNA).

Dowodami na istnienie powiązań ewolucyjnych między organizmami są również podobieństwa struktur i funkcji różnych związków występujących w komórce. Należą do nich m.in.:

- taka sama struktura wielkocząsteczkowych związków organicznych (przede wszystkim białek i kwasów nukleinowych) wchodzących w skład wszystkich organizmów;
- wykorzystywanie ATP jako podstawowego akumulatora i nośnika energii w komórkach wszystkich organizmów;
- wytwarzanie przez organizmy większości zwierząt (od gąbek do ssaków) niektórych enzymów trawiennych, np. amylazy;
- podobieństwo budowy chlorofilu (barwnika aktywnego podczas fotosyntezy) do budowy hemoglobiny (barwnika uczestniczącego w transporcie gazów oddechowych u zwierząt);
- podobieństwo budowy niektórych istotnych dla funkcjonowania organizmu białek, np. cytochromu C;
- podobieństwo niektórych hormonów zwierzęcych i ludzkich, np. insuliny ludzkiej i świńskiej;
- podobieństwo budowy antygenów grupowych krwi u człowieka i małp człekokształtnych.

Słownik

analiza kladystyczna

metoda klasyfikacji organizmów na podstawie wspólnego pochodzenia ewolucyjnego

autapomorfia

(gr. *autos* – ja, *apo* – z dala od i *morphē* – kształt) cecha unikatowa, występująca tylko u jednego gatunku bądź w jednej grupie filogenetycznej, niewystępująca u przodków

drzewo filogenetyczne

graficzne przedstawienie związków pokrewieństwa między taksonami i ich przeszłości ewolucyjnej; pień drzewa reprezentuje wspólnego przodka, rozgałęzienia zaś obrazują pokrewieństwo taksonów i ich czas powstania

filogeneza

(gr. *phylē* – plemię, ród i *gēnesis* – pochodzenie) rozwój rodowy organizmów; przebieg ewolucyjnego różnicowania organizmów jako rezultat wyodrębniania się nowych linii rozwojowych i wymierania innych

Haeckel Ernst Heinrich

(1834–1919) niemiecki zoolog, ewolucjonista i filozof; w 1869 r. po raz pierwszy użył terminu „ekologia”, określającego badania nad zwierzętami oraz ich relacjami ze środowiskiem i wzajemnymi relacjami między organizmami; opracował pierwsze drzewo rodowe wszystkich organizmów, obejmujące również człowieka; ostatecznie sformułował tzw. prawo biogenetyczne, głoszące, że historia rozwoju organizmu (ontogeza) jest skróconym powtórzeniem jego historii ewolucyjnej (filogenezy)

horyzontalny transfer genów

zjawisko pozyskania genów od organizmu należącego do innego gatunku; proces wykorzystywany w warunkach laboratoryjnych do modyfikacji genetycznych

klad

(gr. *kládos* – gałąź, pęd) grupa organizmów mająca wspólnego przodka oraz wszystkie organizmy wywodzące się z tej linii

kladogram

graficzne przedstawienie pokrewieństwa grup organizmów bez uwzględnienia czasu pojawiania się nowych linii ewolucyjnych

kladystyka

(gr. *kládos* – gałąź, pęd) metoda klasyfikacji organizmów i ustalania ich historii ewolucyjnej (filogenetyka), sformułowana przez niemieckiego entomologa Williogo Henniga

plezjomorfia

(gr. *plesio* – prawie i *morphē* – kształt) cecha prymitywna, występująca u filogenetycznie wcześniejszych przodków

Sanger Frederick

(1918–2013) brytyjski biochemik; dwukrotny laureat Nagrody Nobla; w 1958 r. otrzymał Nagrodę Nobla w dziedzinie chemii za pracę nad strukturą białek, zwłaszcza insuliny; w 1980 r. Nagroda Nobla w dziedzinie chemii została podzielona: połowę przyznano Paulowi Bergowi za badania biochemii kwasów nukleinowych, zwłaszcza technik rekombinacyjnych, drugą połowę przyznano wspólnie Walterowi Gilbertowi i Frederickowi Sangerowi za wkład w określenie sekwencji zasad w kwasach nukleinowych

synapomorfia

cecha zaawansowana, która występuje u wszystkich przedstawicieli danej grupy filogenetycznej, w kladystyce synapomorfia jest synonimem homologii

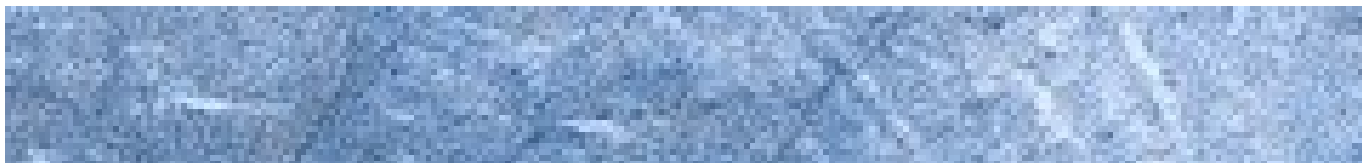
takson

(gr. *táksis* – układ, porządek) jednostka systematyczna organizmów; taksony wyodrębnia się według przyjętych zasad, a następnie szereguje w porządku hierarchicznym (od najwyższego): typ, gromada lub klasa, rząd, rodzina, rodzaj, gatunek, podgatunek, odmiana; według powszechnie przyjętych poglądów takson może obejmować tylko formy pochodzące od jednego gatunku macierzystego (monofiletyzm)

Gra edukacyjna

Polecenie 1

Rozwiąż interaktywny quiz i sprawdź swoją wiedzę o drzewach filogenetycznych zwierząt.



Test

Sprawdź swoją wiedzę

Poziom trudności:

łatwy

Limit czasu:

4 min

Twój ostatni wynik:

-

Uruchom

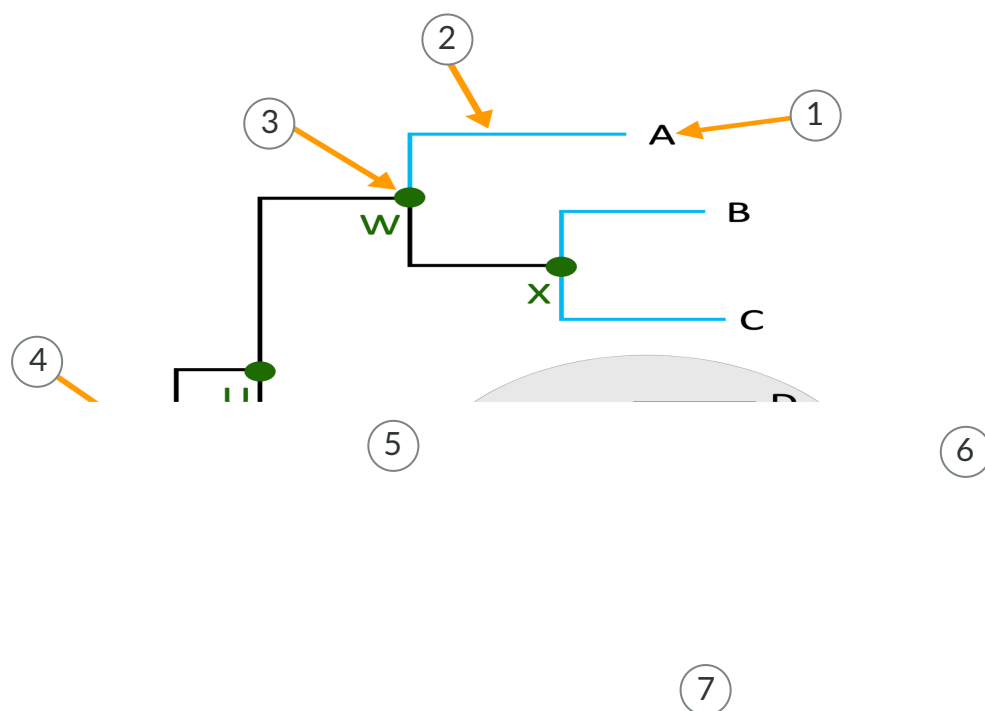
Polecenie 2

Polecenie 3

Wyjaśnij, w jakim celu konstruuje się drzewa filogenetyczne.

Grafika interaktywna

Drzewo filogenetyczne



1

Liść

2

Gałąź zewnętrzna

3

Gałąź wewnętrzna

4

Korzeń

5

Węzeł

6

Kład

7

Grupa zewnętrzna

Źródło: Englishsquare.pl Sp. z o.o., licencja: CC BY-SA 3.0.

Polecenie 1

Przeanalizuj grafikę interaktywną i określ, co pokazują węzły na drzewie filogenetycznym.

Polecenie 2

Wyjaśnij, z którym taksonem jest najbliżej spokrewniony takson D. Odpowiedź uzasadnij.

Dla nauczyciela

Autor: Anna Juwan

Przedmiot: Biologia

Temat: Drzewo filogenetyczne zwierząt

Grupa docelowa: uczniowie III etapu edukacyjnego – kształcenie w zakresie rozszerzonym

Podstawa programowa:

Zakres rozszerzony

Treści nauczania – wymagania szczegółowe

X. Różnorodność zwierząt. Uczeń:

1) rozróżnia zwierzęta tkankowe i beztkankowe, dwuwarstwowe i trójwarstwowe, pierwouste i wtórouste; bezżuchwowce i żuchwowce; owodniowce i bezowodniowce; łożyskowe i bezłożyskowe; skrzelodyszne i płucodyszne; zmiennocieplne i stałocieplne; na podstawie drzewa filogenetycznego wykazuje pokrewieństwo między grupami zwierząt;

Kształtowane kompetencje kluczowe:

- kompetencje cyfrowe;
- kompetencje osobiste, społeczne i w zakresie umiejętności uczenia się;
- kompetencje matematyczne oraz kompetencje w zakresie nauk przyrodniczych, technologii i inżynierii.

Cele operacyjne (językiem ucznia):

- Opiszysz budowę drzewa filogenetycznego, uwzględniając korzenie, węzły i gałęzie.
- Wyjaśnisz znaczenie badań z zakresu biochemii i genetyki w tworzeniu drzewa filogenetycznego.
- Omówisz filogenezę zwierząt.
- Wykażesz pokrewieństwo między grupami zwierząt na podstawie drzewa filogenetycznego.

Strategie nauczania:

- konstruktywizm;
- konektywizm.

Metody i techniki nauczania:

- z użyciem komputera;
- ćwiczenia interaktywne;
- gra dydaktyczna;
- analiza grafiki interaktywnej.

Formy pracy:

- praca indywidualna;
- praca w parach;
- praca całego zespołu klasowego.

Środki dydaktyczne:

- komputery z głośnikami, słuchawkami i dostępem do internetu;
- zasoby multimedialne zawarte w e-materiale;
- tablica interaktywna/tablica, pisak/kreda;
- telefony z dostępem do internetu.

Przed lekcją:

1. Uczniowie zapoznają się z treścią w sekcji „Przeczytaj”.

Przebieg lekcji

Faza wstępna:

1. Nauczyciel wyświetla na tablicy temat lekcji oraz cele zajęć, omawiając lub ustalając razem z uczniami kryteria sukcesu.
2. **Wprowadzenie do tematu.** Nauczyciel prowadzi pogadankę, zadając pytania:
 - Czym jest drzewo filogenetyczne?
 - W jakim celu konstruuje się drzewa filogenetyczne?
 - W jakim celu jest stosowana analiza filogenetyczna?

Faza realizacyjna:

1. **Praca z tekstem.** Nauczyciel wyświetla grafikę zamieszczoną w sekcji „Przeczytaj”, przedstawiającą drzewo filogenetyczne zwierząt, i wspólnie z uczniami analizuje ją, na podstawie treści przeczytanych w ramach przygotowania do lekcji.
2. **Praca z drugim multimedialnym: grafiką interaktywną pt. „Budowa drzewa filogenetycznego”.** Nauczyciel wyświetla grafikę interaktywną i wspólnie z uczniami dokonuje jej analizy. Prosi podopiecznych, by pracując w parach, określili, co pokazują węzły na drzewie filogenetycznym. Następnie uczniowie konsultują swoje rozwiązania z inną, najbliższą siedzącą parą. Wybrane zespoły przedstawiają swoje rozwiązanie. Następnie uczniowie wykonują polecenie 2, określając z którym taksonem jest najbliższej

spokrewniony takson D. Uzasadniają swoją odpowiedź, a następnie wybrane osoby prezentują ją przed całą klasą.

3. **Praca z multimedium („Gra edukacyjna”)**. Uczniowie indywidualnie rozwiązują interaktywny quiz i sprawdzają swoją wiedzę o drzewach filogenetycznych zwierząt. Następnie wykonują polecenie nr 2: układają pytanie quizowe dotyczące drzewa filogenetycznego i dają je do rozwiązania osobie z pary.

Faza podsumowująca:

1. Na koniec zajęć nauczyciel raz jeszcze wyświetla na tablicy interaktywnej lub przy użyciu rzutnika temat lekcji i cele zawarte w sekcji „Wprowadzenie”. W kontekście wyświetlonych treści prosi uczniów o rozwinięcie zdania: „Na dzisiejszej lekcji nauczyłem/nauczyłam się...”.
2. Nauczyciel wyświetla na tablicy temat lekcji i cele zawarte w sekcji „Wprowadzenie”. W tym kontekście dokonuje podsumowania najważniejszych informacji przedstawionych na lekcji oraz wyjaśnia wątpliwości uczniów.

Praca domowa:

1. Opracuj ćwiczenie typu „prawda/fałsz” dla osoby z pary: wymyśl trzy prawdziwe lub fałszywe zdania dotyczące tematu lekcji i na kolejnych zajęciach daj je koledze lub koleżance, by ocenili prawdziwość przedstawionych informacji.

Materiały pomocnicze:

- Jane B. Reece i in., „Biologia Campbella”, tłum. K. Stobrawa i in., Dom Wydawniczy REBIS, Poznań 2021.
- „Encyklopedia szkolna. Biologia”, red. Marta Stęplewska, Robert Mitoraj, Wydawnictwo Zielona Sowa, Kraków 2006.

Dodatkowe wskazówki metodyczne:

- Treści w sekcji „Gra edukacyjna” można wykorzystać na lekcji jako podsumowanie i utrwalenie wiedzy uczniów.