



Pflanzenphylogenie - Vom Protein zum Stammbaum

Das Denken in Stammbäumen ist zentral für das Verständnis in der heutigen Biologie. In diesem Kurs lernen Sie eine Online-Software kennen, welche vom Swiss Institute of Bioinformatics (Genf) speziell für Schülerinnen und Schüler entwickelt wurde. Damit lassen sich beispielsweise Stammbäume aus Proteinsequenzen von Kohl-Formen, welche wir als Gemüse anbauen und konsumieren, rekonstruieren. Um die Evolution der «grünen» Organismen in den vergangenen 1.5 Milliarden Jahren nachzuverfolgen, wird anhand von aufgrund morphologischen Merkmalen ausgewählten Pflanzen ein klassischer Stammbaum erstellt. Dieser Stammbaum wird in einem zweiten Schritt mit einem auf der Proteinsequenz von Rubisco basierenden Stammbaum verglichen. Sie erhalten ausserdem einen Einblick in aktuelle Forschungsfragen und Methoden zur Phylogenetik und Biodiversität. Sämtliches Begleitmaterial wird elektronisch zur Verfügung gestellt und kann im Unterricht verwendet werden.

Lernziele der Weiterbildung:

- Sie lernen wichtige Begriffe moderner Phylogenetik kennen.
- Sie wenden neue Software an, die sich für den Unterricht eignet an und erstellen Stammbäume.
- Sie gewinnen Einblick in aktuelle Forschung zu Phylogenetik und Biodiversität.
- Sie diskutieren über die Anwendungen von phylogenetischen Erkenntnissen.

Zielpublikum: Maturitätsschullehrpersonen für Biologie

Teilnehmendenzahl: min. 6, max. 16 Personen

Kursort: Villa der Botanischen Garten, Universität Zürich

Länge: 09.00 – 16.30 Uhr

Kosten: nach Vereinbarung

Träger: Zurich-Basel Plant Science Center und Institut für Systematische Biologie, Universität Zürich