

REKONSTRUKCE FYLOGENEZE

Evoluční biologie:

- historie změn → systematika, paleontologie
- mechanismy změn → genetika, ekologie

- 1,4-1,8 mil. druhů → přes 80% členovci (hmyz), měkkýši, cévnaté rostliny
- celkem 3-5 až 30 mil.
- dnes méně než 1%

SYSTEMATIKA = studium vztahů mezi organismy

TAXONOMIE = teorie a praxe klasifikace

- kategorie
- taxon

Systematika a taxonomie

1. před Darwinem

a) předlinnéovská

- včela medonosná: *Apis pubescens*, *thorace subgriseo*, *abdomine fusco*, *pedibus posticis glabris utrinque margine ciliatis*

b) Karl Linné: 1735 *Systema Naturae*

- binominální nomenklatura: rod + druh
- hierarchická klasifikace (říše, kmen, třída, řád, čeleď, rod, druh)

2. Darwin:

- kladogeneze (větvení) a anageneze (změna znaků)
- monofyletické (savci), parafyletické (Pongidae), polyfyletické (žralok a velryba) skupiny
- dedukce fylogeneze × vytvoření klasifikace

TAXONOMICKÉ ŠKOLY:

- Před 1950: společný předek + adaptivní divergence
- subjektivní a nejasná kritéria výběru a vážení znaků
- diskuse zda výhodnější adaptivní či neadaptivní znaky

1. NUMERICKÁ TAXONOMIE = FENETIKA

- 1957 Charles Michener, Robert Sokal: taxonomie by neměla být založena na malém počtu „důležitých“ znaků, ale na celkové podobnosti
- co největší počet znaků
- esencialistický přístup
- numerické metody: morfologické a genetické vzdálenosti, ordinační a shluková analýza
- fenogramy
- problémy: homoplasie
sdílené primitivní znaky

nestejná rychlost evoluce

2. FYLOGENETICKÁ SYSTEMATIKA = KLADISTIKA

- 1950, 1966 Willi Hennig: *Phylogenetic Systematics*
- pouze reflexe fylogenetických vztahů (genealogie), nikoli adaptivní divergence
- striktní monofylie, monofyletická skupina = clade
- definování monofyletických skupin na základě společných, jedinečně odvozených znaků
- plesiomorfie, symplesiomorfie, synapomorfie, autapomorfie
- společný předek, nodus (uzel), terminální taxony (~OTU), sesterské skupiny, "stem group" a "crown group"
- princip parsimonie: 14. stol., Okhamova břitva
předpoklad, že evoluční změny málo pravděpodobné
- parsimonie Wagnerova, Camin-Sokalova, Dollova ...
- kladogramy
- problémy: častá homoplazie
 počet nezávislých znaků (zuby mravenečníka)
 adaptivní radiace → hvězdicové fylogeneze
 dávná divergence → potíže s nalezením spolehlivých znaků

3. EVOLUČNÍ SYSTEMATIKA

- fylogenetické vztahy + rozsah divergence → kombinace fenetického a kladistického přístupu
- reflexe kladů i gradů
- grad = skupina charakterizovaná dobře integrovaným adaptivním komplexem (společné adaptace → ptáci)

METODY DEDUKCE FYLOGENETICKÝCH STROMŮ:

Problémy:

- nezávislost znaků
- chybějící znaky
- homologie
- vážení znaků
- homoplazie: konvergence, paralelismus, reverze

Homologie:

× analogie (konvergence)

- homologie ancestrální a odvozená

Morfologické znaky:

- stejná základní struktura

- stejné vztahy k okolním strukturám
- stejný embryonální vývoj
→ preference znaků, které jsou širěji adaptované (páteř vs. zbarvení) a strukturně složitější
- Dollův princip

Molekulární znaky:

- problém s homologií → sekvence ortologní, paralogní (duplikace), xenologní (transpozice)
- velké množství znaků
- nezávislost a srovnatelnost znaků

Problém polarity znaků:

- embryologie (Karl Ernst von Baer → embryologické zákony)
- paleontologie
- „outgroup“

METODY:

1. parsimonie
2. m. založené na modelech evolučních změn:
distance (UPGMA, Neighbor-Joining)
maximální věrohodnost (maximum-likelihood)