



Fylogeneze a diverzita vyšších rostlin

(část přednášky Fylogeneze a diverzita rostlin)

1 - Úvod

povětšinou na základě přednášek prof. Petra Bureše, drobné úpravy P. Šmarda 2024



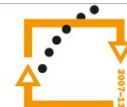
evropský
sociální
fond v ČR



EVROPSKÁ UNIE



MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ,
MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY



OP Vzdělávání
pro konkurenceschopnost



INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Jak to bude probíhat a k čemu to je?

- 6(7) trojhodinovek
- závěrečný test – 50 otázek abcd
- plné materiály na učení na ISu po hodině
- učitel = trenér (pochopit naši vědu a naučit se to učit; učení informací je na vás)
- Bude toho hodně, ale to už je VŠ
- Základní znalost důležitá pro dorozumívání se v oboru, pohotové vyvozování vlastních úsudků
- Spoustu z mechanismů, záhad a paradoxů můžete časem vysvětlit a pochopit metodami ve vaší oboru, které bývají často omezeny jen na studium modelových organizmů.

**Co je to systematická
botanika (biologie)**

Systematická biologie je věda o rozmanitosti (= variabilitě, = diverzitě) organismů

tuto **rozmanitost** se snaží

1. **registrovat** = identifikovat, popsat, pojmenovat

(i) taxonomie

(ii) nomenklatura

2. **kauzálně ji vysvětlovat** = objasňovat její příčiny a následky

(iii) evoluční biologie rostlin = biosystematika

(iv) fylogenetika rostlin

prvoplánový cíl systematiky = vytvořit a spravovat
klasifikační systém

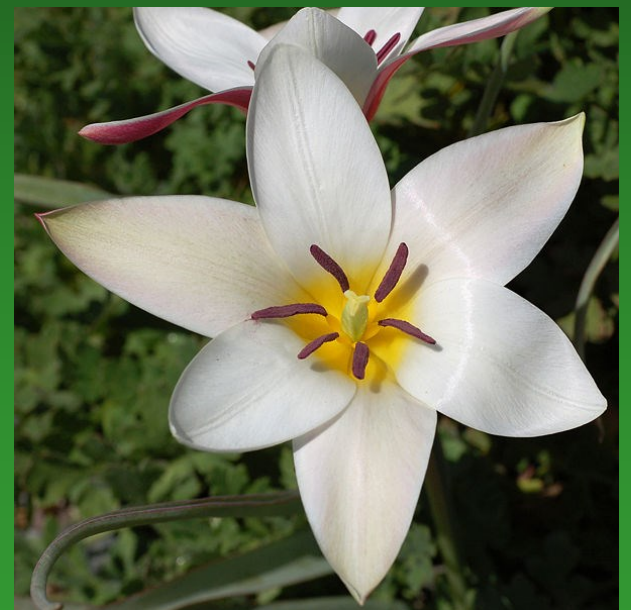
Základním analytickým a klasifikačním prvkem systematiky je znak

typ znaku

příklad

morfologický

počet tyčinek



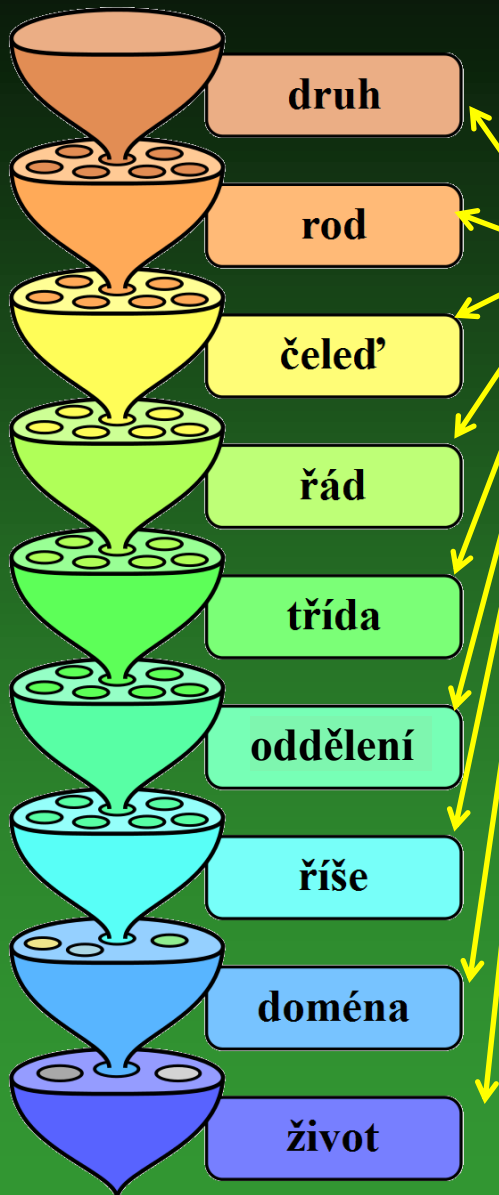
Základním analytickým a klasifikačním prvkem systematiky je znak

<u>typ znaku</u>	<u>příklad</u>
morfologický	<ul style="list-style-type: none">- typ květenství- přítomnost a tvar palistů
anatomicko-cytologický	<ul style="list-style-type: none">- přítomnost a charakter průduchů- přítomnost trachejí
chemický	<ul style="list-style-type: none">- přítomnost alkaloidů- přítomnost inulinu
karyologický	<ul style="list-style-type: none">- počet chromosomů- velikost genomu
sekvenční	<ul style="list-style-type: none">- pořadí aminokyselin v proteinu- sekvence nukleotidů v DNA

podobnost – fylogenetická příbuznost



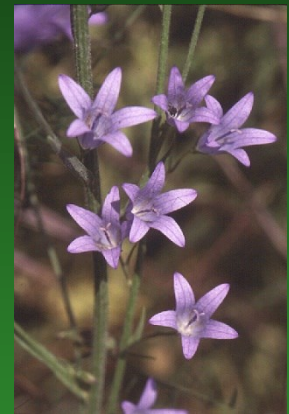
Jednotky a taxony



Klasifikace je hierarchická

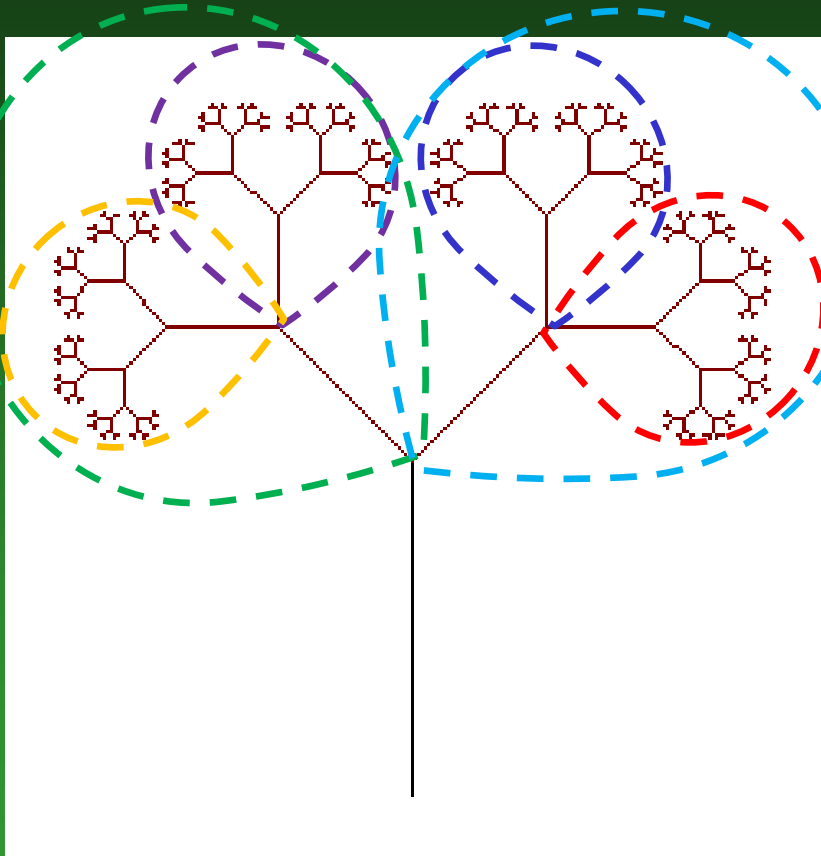
Hierarchické úrovně biologického klasifikačního systému nazýváme **jednotky** – např. čeleď, řád, atd. – pojmy abstraktní.

Naproti tomu konkrétní obsahy takových jednotek jsou **taxony** např. *Ranunculaceae*, *Campanulales*, *Anemone nemorosa*, atd.



Fylogenetický systém

Kritérium moderních klasifikací =
fylogenetická příbuznost organismů



Rostlinné druhy a jejich evoluce

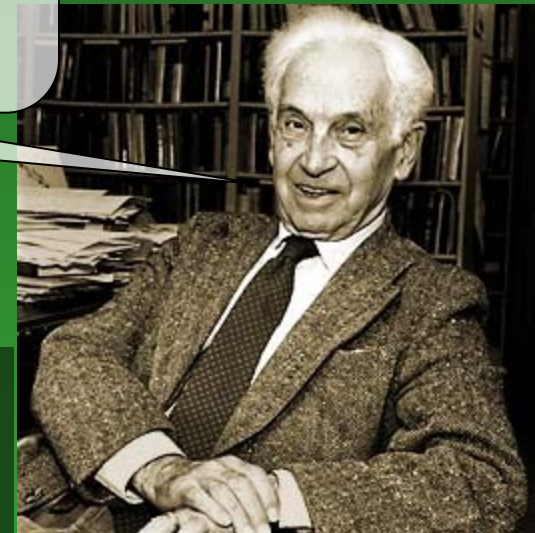
Druhy

= základní **objekty** klasifikace organizmů.

Existují reálně = nezávisle na klasifikátorech.

“druh je soubor aktuálně (nebo potenciálně) se křížících populací oddělených reprodukční bariérou od ostatních takových souborů“

Ernst Mayr
1904–2005
americký
ornitolog



To lze vztáhnout jen na sexuálně se množící **biparentální organismy**. Takových je většina např. mezi živočichy. U rostlin splňují toto kritérium pouze rostliny obligátně allogamické.

Druh u rostlin – kompromisy oproti koncepci biologického druhu

1. Rostliny nejsou tak mobilní jako živočichové => **bariéra nemusí být nutně genetická**. Často stačí geografická, ekologická, altitudinální, nebo temporální. Rostlinné druhy se nekříží aktuálně, potenciálně se však křížit mohou.
2. I když se dva druhy rostlin aktuálně kříží a jejich **hybridi** jsou fertilní, takto **nevadí**, pokud není genetická integrita druhů není křížením podstatně narušená (mating je v drtivé většině konspecifický) lze je považovat za samostatné druhy.
3. Druh by měl zaujímat **geografický areál** (rozšíření), alespoň zčásti vzniklý **přirozeným způsobem** (podmínka pro to, aby se druhy nevyráběly uměle).
4. Druh by měl být vázán na **určitý typ prostředí** – ekologickou niku.
5. **Vymezení** druhu musí vycházet jen ze **znaků dědičně stálých** (geneticky podmíněná variabilita vs. fenotypová plasticita, která se u rostlin díky nepohyblivosti může více projevit)

**Nápadné ale nedědičné, popř. jen epigeneticky dědičné odchylky
– toto nejsou druhy!**



**Lze je udržovat
vegetativním množením**



**Při generativním množení
(semeny) se vytrácejí**



Příklady fenotypové plasticity – toto také nejsou druhy!



pH půdy



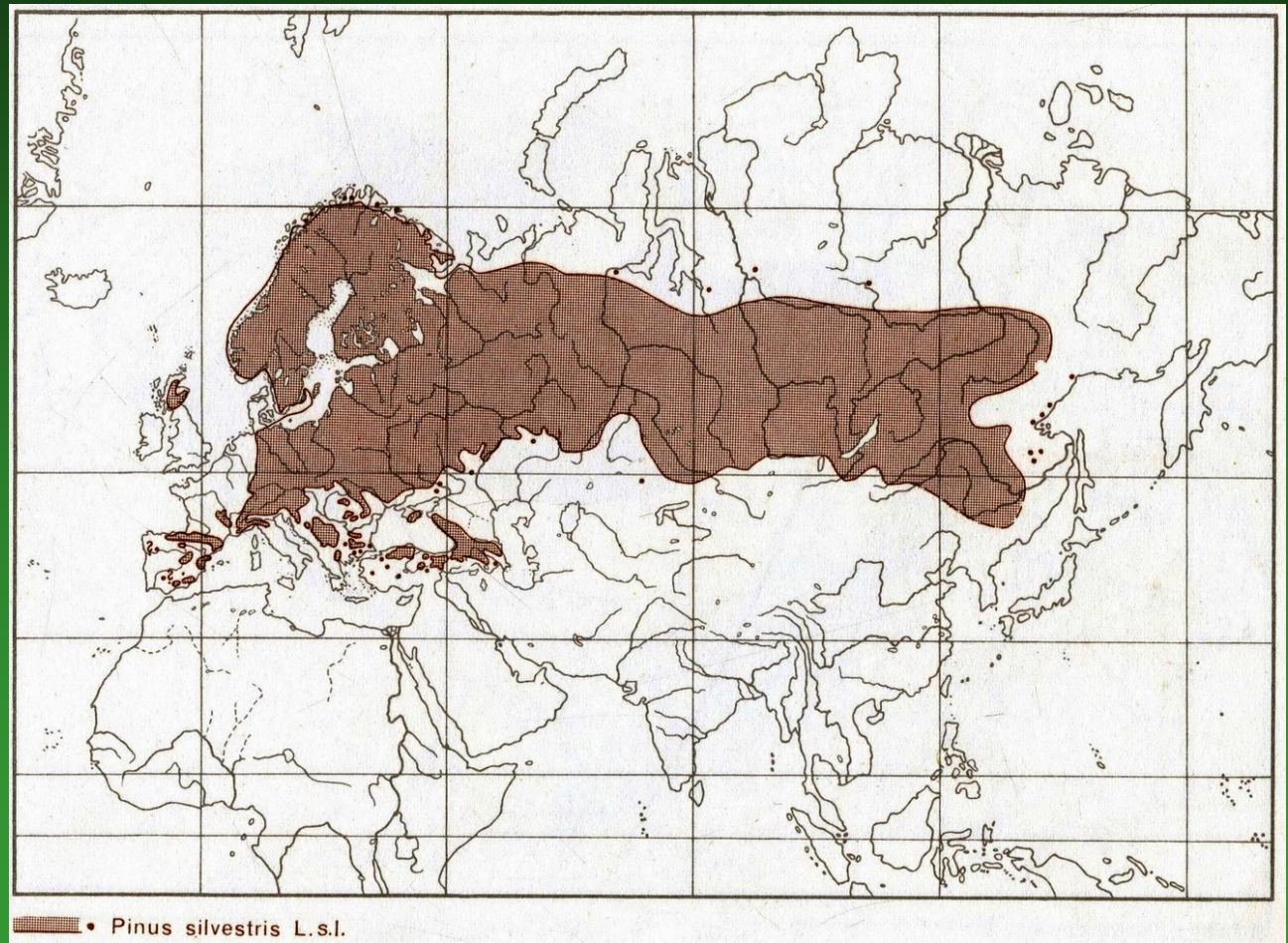
vítr



voda



Příklady přirozené geografické distribuce (areálů) druhů



Jak vznikají nové druhy rostlin?

Poradte se 5 min se sousedem.

Jak vznikají nové druhy rostlin?

- **Přirozený výběr (=diverzifikující selekce)** – Charles Darwin (On the Origin of Species by Means of Natural Selection, or the Preservation of Favoured Races in the Struggle for Life 1859)
- **Genetický drift** (fixace náhodných genetických odchylek v izolovaných populacích)
- **Polyploidie** (= zmnožení sádek chromozomů) a následná (pomalá) diploidizace (redukce) genomu
- **Hybridizace** - často legalizovaná následnou polyploidii nebo udržovaná pomocí apomixie (=vegetativního rozmnožování)
- K hybridizaci a polyploidizaci stejných rodičů může docházet opakovaně na různých místech – toto potomstvo je vzájemně kompatibilní = **druhy mohou vznikat polytopně**



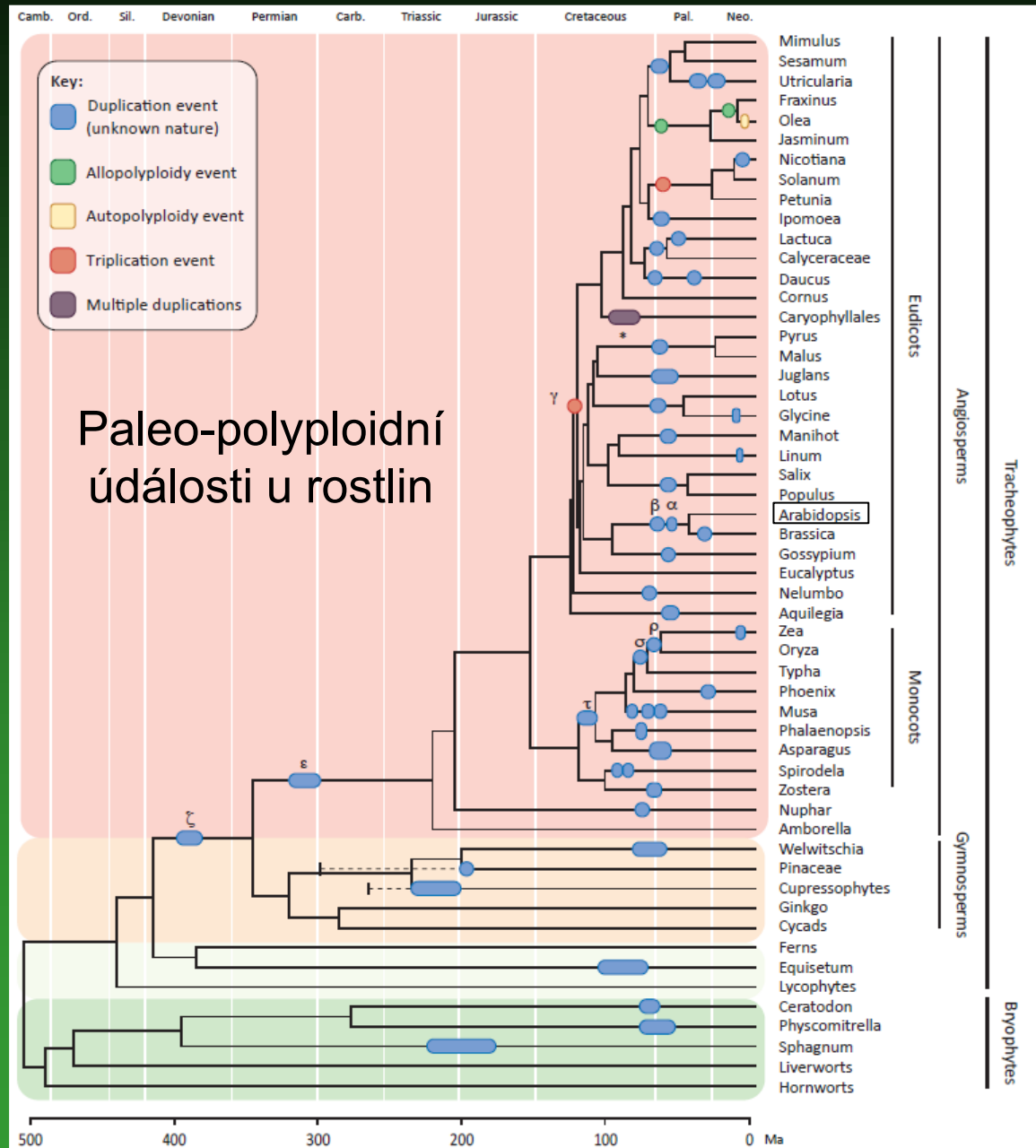
Polyploidie

– V ČR přes 40% druhů kvetoucích rostlin (časem se zde ale počet chromozomů redukuje a genom zmenšuje – viz. *Arabidopsis*)

– Velmi častá u kaprad'orostů (zde ale zůstává zachován počet chromozomů)

– Známa i mechorostů

– Opakovaně v evoluci všech kvetoucích rostlin (*Arabidopsis* s 10 chromozómy a miniaturním genomem je historicky 512-ploid)



Polyploidie

Výhody a nevýhody

- Fixuje různé problémy hybridů jako problematické párování rodičovských chromozomů
- Na „záložních“ kopiích genů může probíhat dramatická evoluce – umožňují dramatické kroky v evoluci; hexaploidie ca 300 Mya např. předcházela vzniku semenných rostlin
- V případě polyploidie spojené s hybridizací (allopolyploidie) mají fixovanou heterozygotitu – výhoda pro kolonizaci
- Duplikované geny se náhodně vypínají – velká počáteční genově-expresní variabilita = velká adaptabilita
- Větší buňky -> orgány -> rostliny
- Větší genom -> delší čas na replikaci DNA + větší nároky na živiny
- Při vzniku trpí polyploidie nedostatkem partnerů



Dactylis polygama a *D. glomerata*



D. polygama $2n=2x=14$

- Rostliny světle zelené
- čepele 3-6 mm široké
- Lata před rozkvětem převislá
- Humózní lesy, paseky, parky



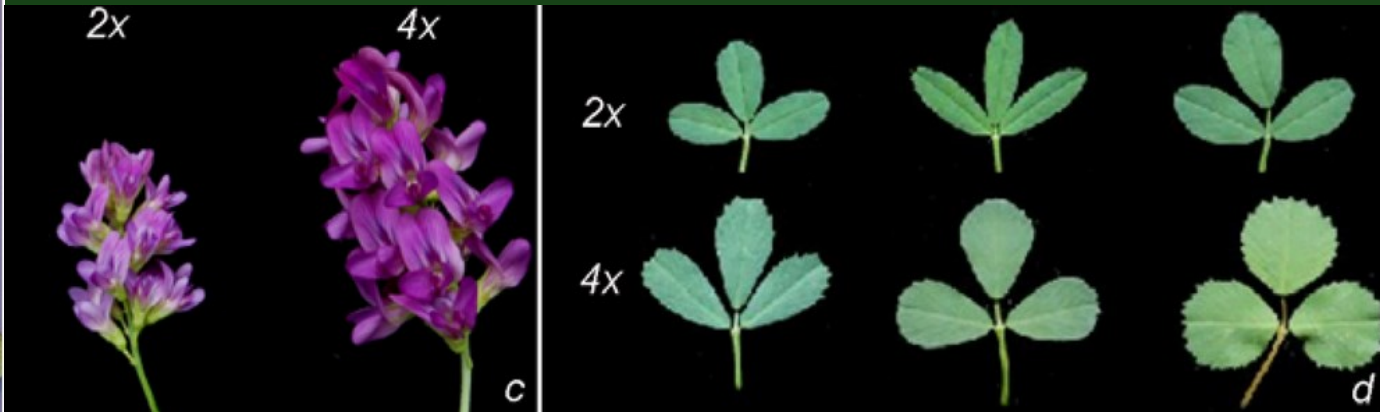
D. glomerata $2n=4x=28$

- Rostliny šedozelené
- čepele 4-10 mm široké
- Lata přímá
- Louky, pastviny, ruderální místa

Umělá (auto-)polyploidie

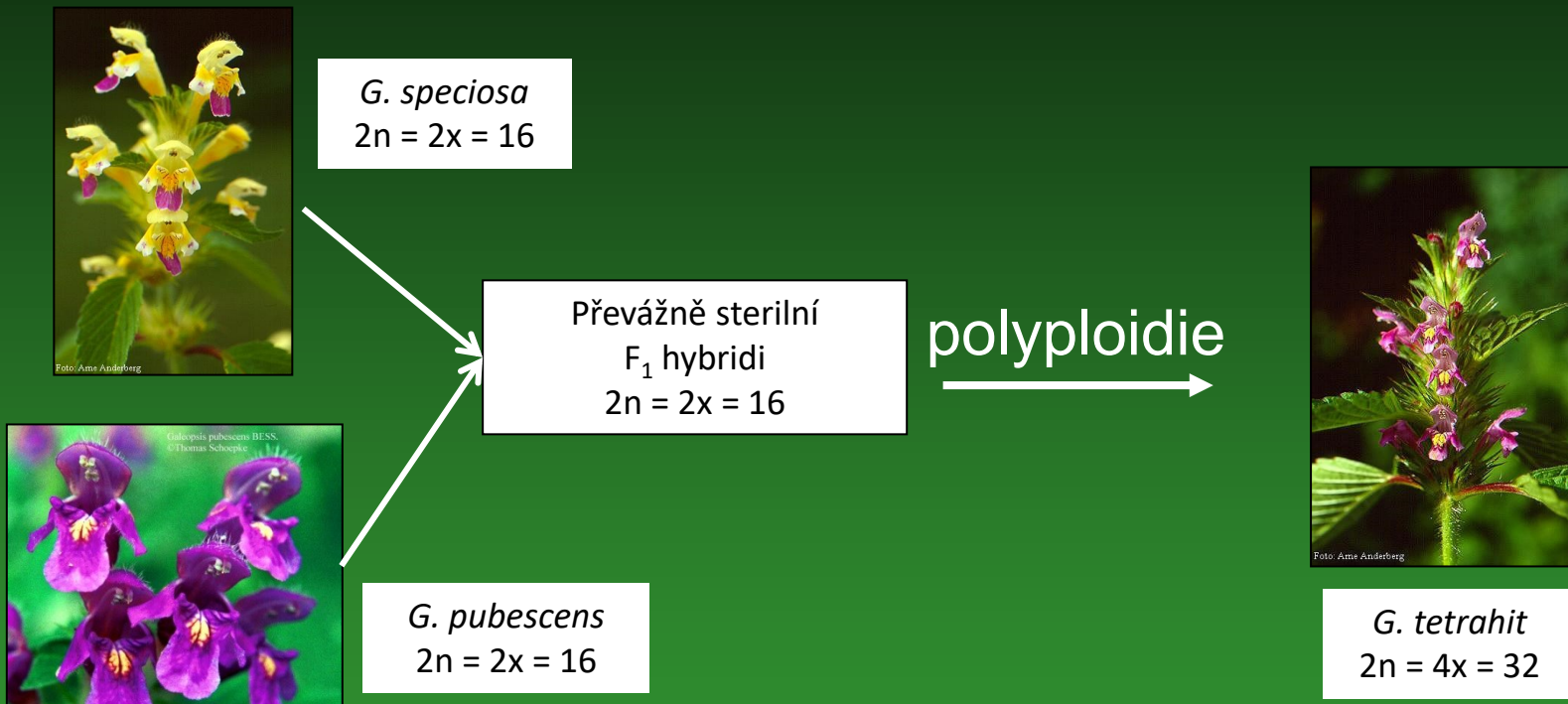


Citrus lanatus



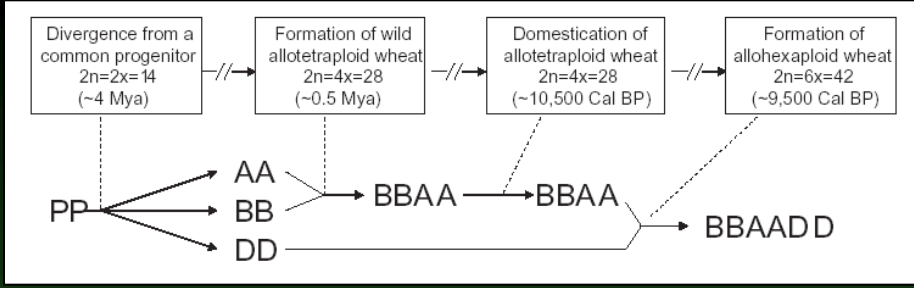
Medicago sativa

Hybridizace + polyploidie (allo-polyploidie)



Müntzing (1930)

Hybridizace + polyploidie – evoluce *Triticum* (pšenice)



+



+



Obě allopolyploidní události monotopně

T. uratu (AA)

Aegilops speltoides (BB)

T. turgidum subsp. *dicoccoides* (AABB)

Ae. squarrosa (DD)



T. monococcum (AA*)



T. turgidum subsp. *durum* (AABB)



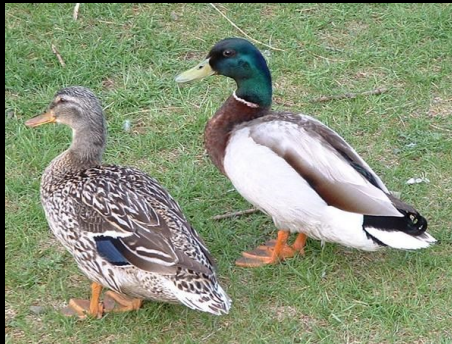
T. spelta (AABBDD)



T. aestivum (AABBDD)

Rozdíly mezi živočichy a rostlinami

Živočichové se mohou pohybovat a mají nervovou soustavu jsou proto zpravidla odděleného pohlaví = gonochoristé = ♂ + ♀



Rostliny se naopak pohybovat nemohou jsou proto zpravidla společného pohlaví = hermafrodité



<http://www.biocrawler.com/w/images/f/f5/Stamens-and-pistil.jpg>



http://www.allbestpictures.com/flowers/flowers-pistil_and_stamens_close-up_picture.html



http://farm1.static.flickr.com/33/103185745_74acfa78c3.jpg



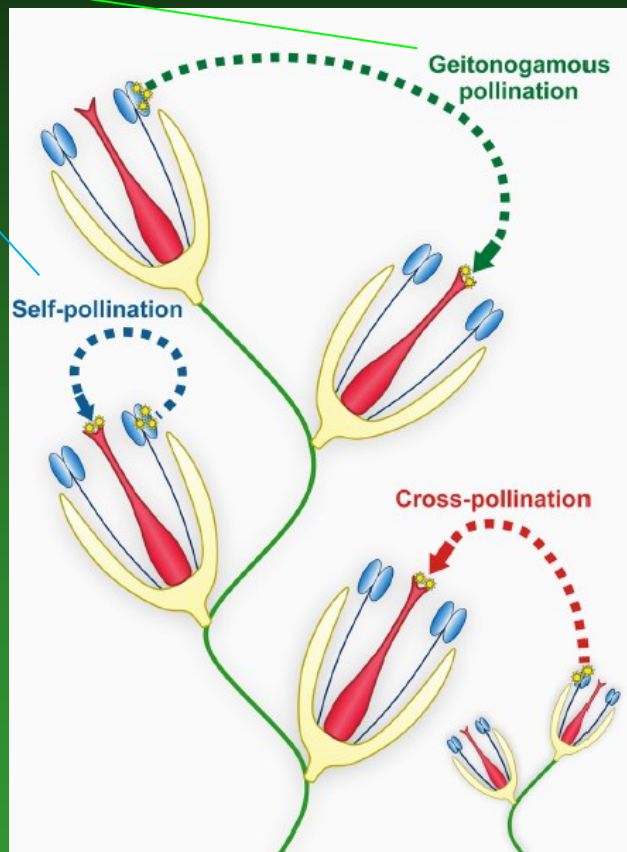
© KONTRONIC
WWW.KONTRONIC.COM



http://farm4.static.flickr.com/3629/3636943694_3df9e5be54.jpg

Z hlediska rekombinace genů je výhodnější cizosprašení (allogamie) oproti samosprašení (autogamii). Samosprašením roste homozygotita

samosprašení

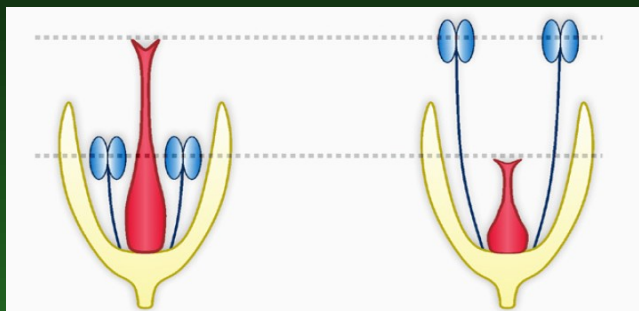


cizosprašení

Hermafroditismus zvyšuje riziko inbrední deprese, neboť autogamie je příbuzenské křížení v nejužším slova smyslu - rostliny se proto autogamii brání

Petr Bureš: Prezentace přednášky Fylogeneze a diverzita vyšších rostlin - část 1.

Obrana proti autogamii - heterostylie



kyprej (*Lythrum*, Lythraceae)



prvosienka (*Primula*, Primulaceae)

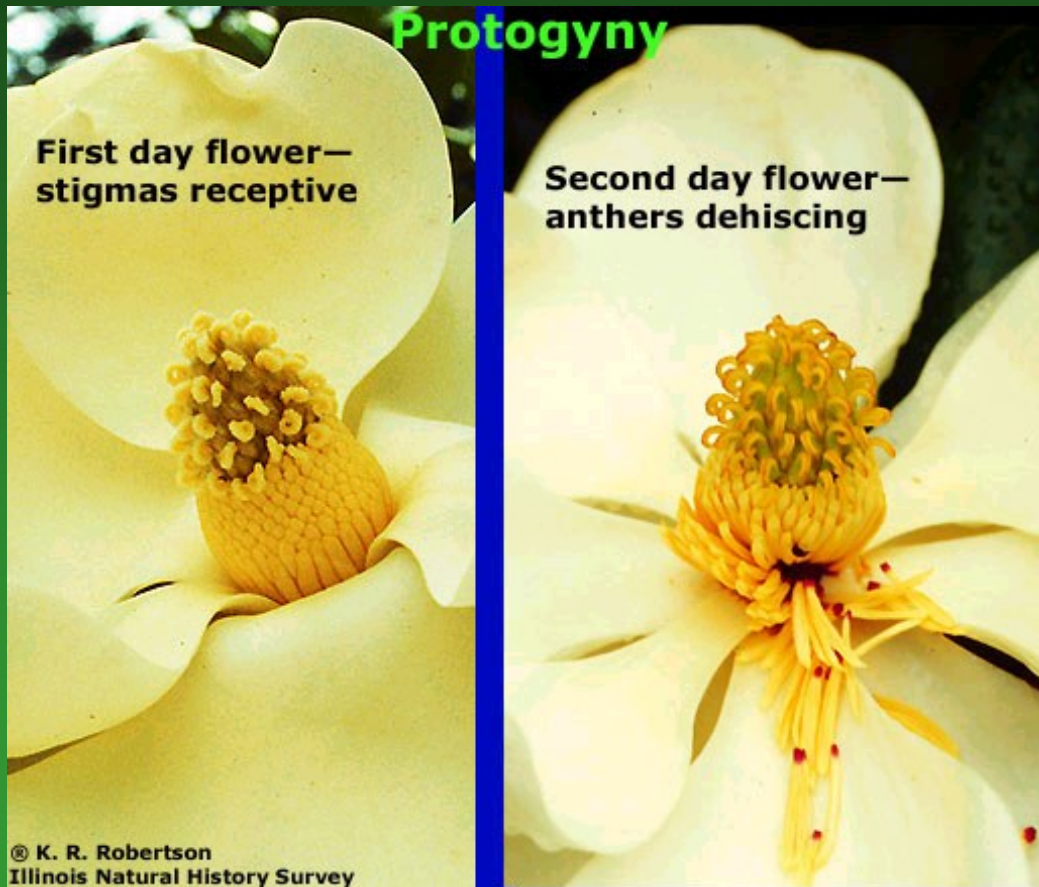


pohanka (*Fagopyrum*, Polygonaceae)

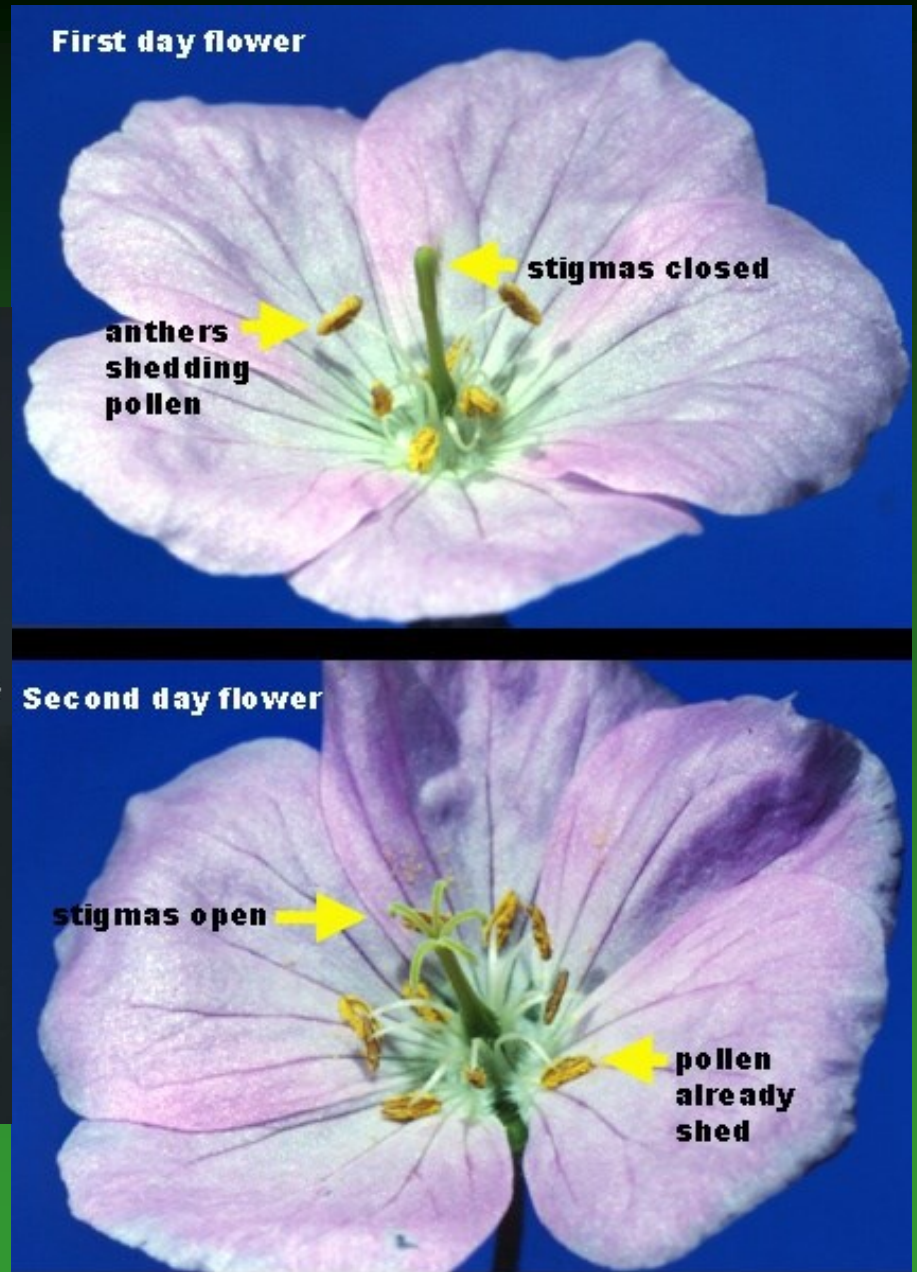


plicník (*Pulmonaria*, Boraginaceae)

Obrana proti autogamii - protogynie

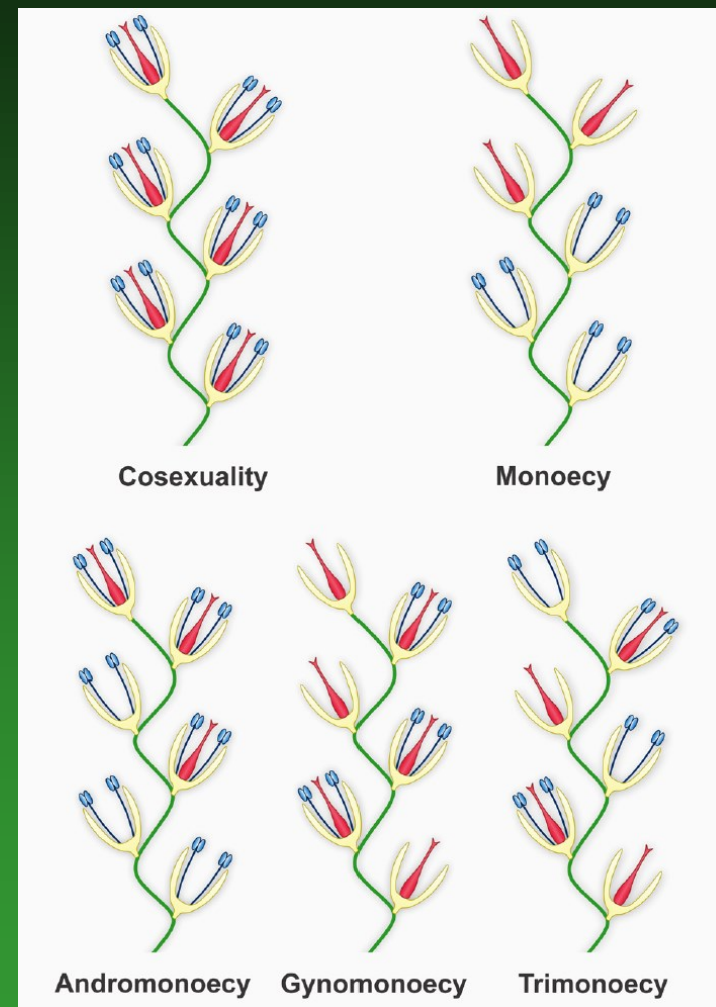
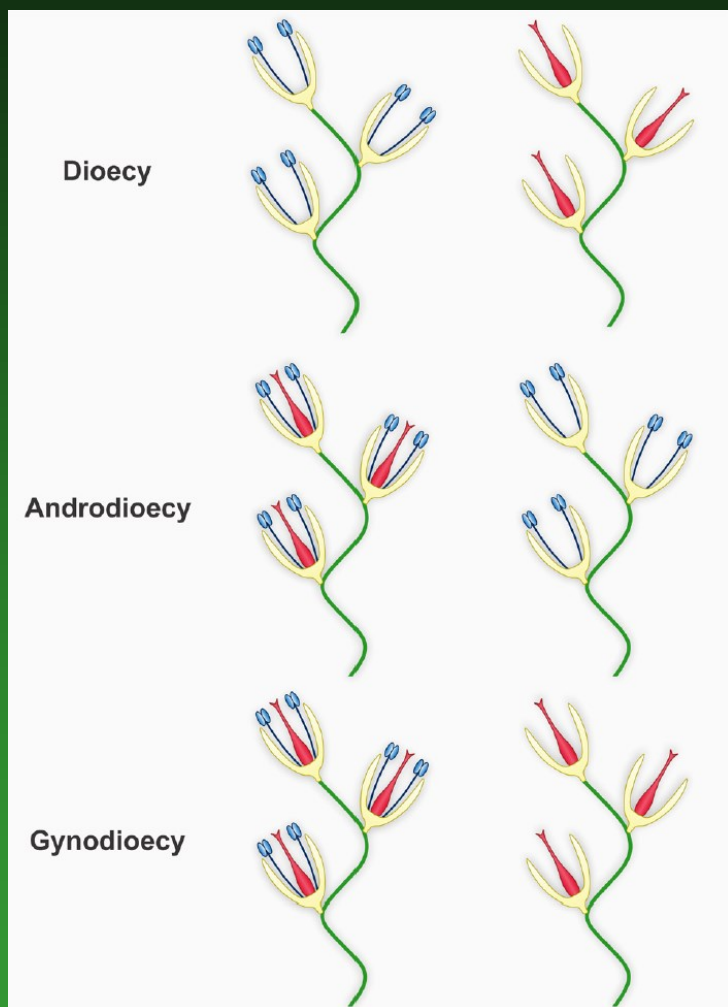


Obrana proti autogamii - protandrie



Pohlavní dimorfismus rostlin

vers. hermafroditismus



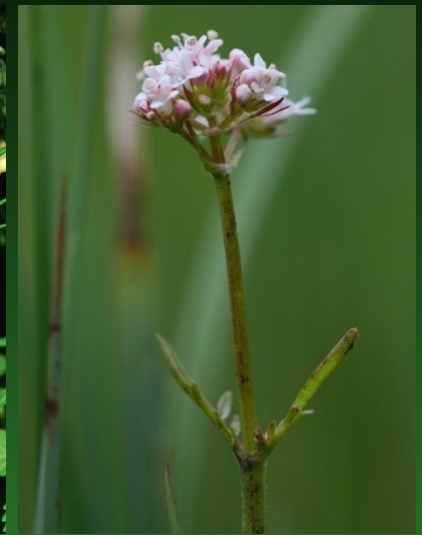
Dvoudomé druhy



Dvoudomé druhy



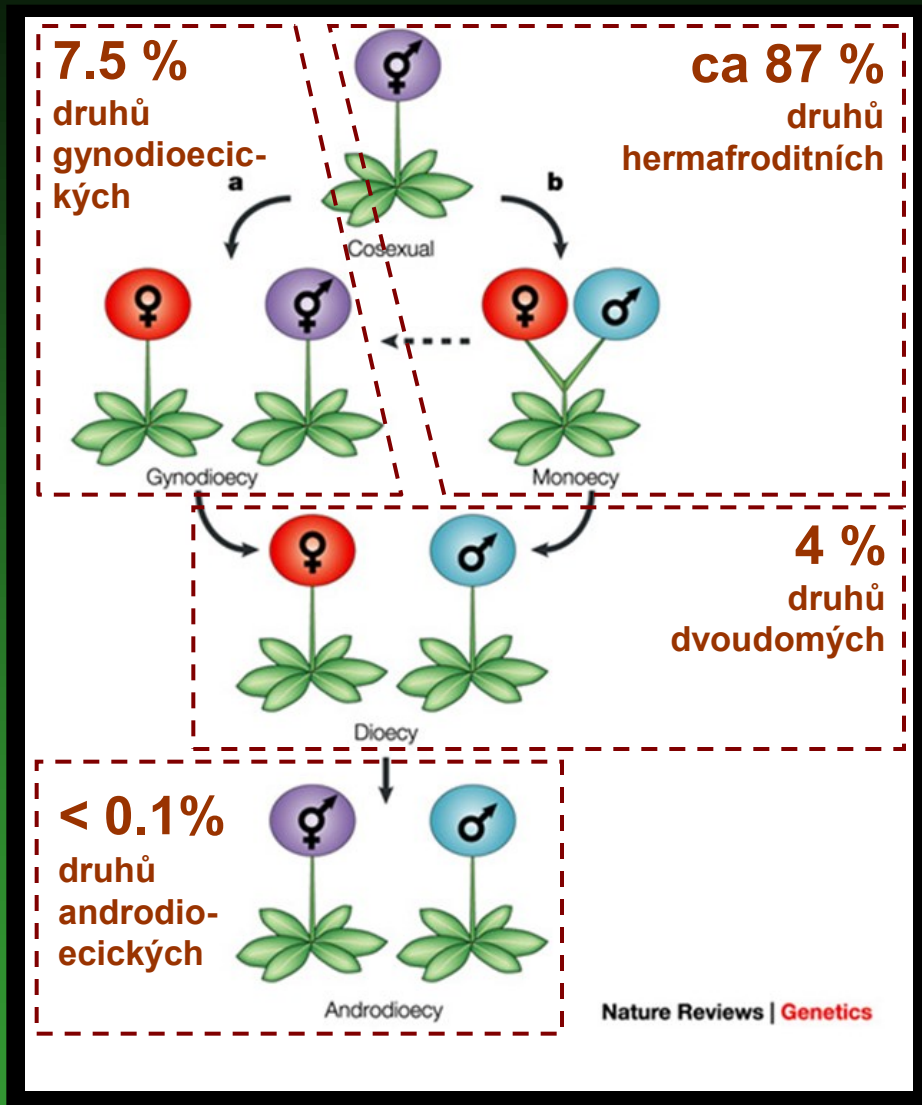
Dvoudomé druhy



Gynodioecické druhy rostlin (a živočichů)



Pohlavní dimorfismus rostlin



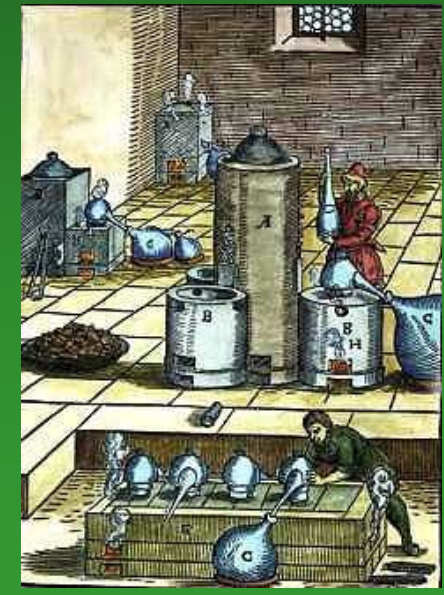
Hodnoty platí pro Evropu - v tropických deštných lesích stoupá podíl dvoudomých dřevin a klesá podíl gynodioecických druhů

Stručný vývoj klasifikace rostlin

Vývoj klasifikace rostlin

Zpočátku uspořádání rostlin jen nevědomé uspořádání kapitol či popisů rostlin v knize, bez explicitní potřeby klasifikovat.

Od antiky do renesance (zhruba do 16. století) byla botanika aplikovanou vědou = součástí lékařství, farmacie a alchymie



Herbáře = kolekce preparovaných rostlin



Luca Ghini (1490-1556) -
vynálezce herbarizace rostlin
prefekt botanické zahrady v
Pise.

Kolik jste udělali herbářových položek?

Aspoň 1?

Víc než 5?

Víc než 20?

Víc než 100?

Herbář je nepřekonanou konzervační metodou

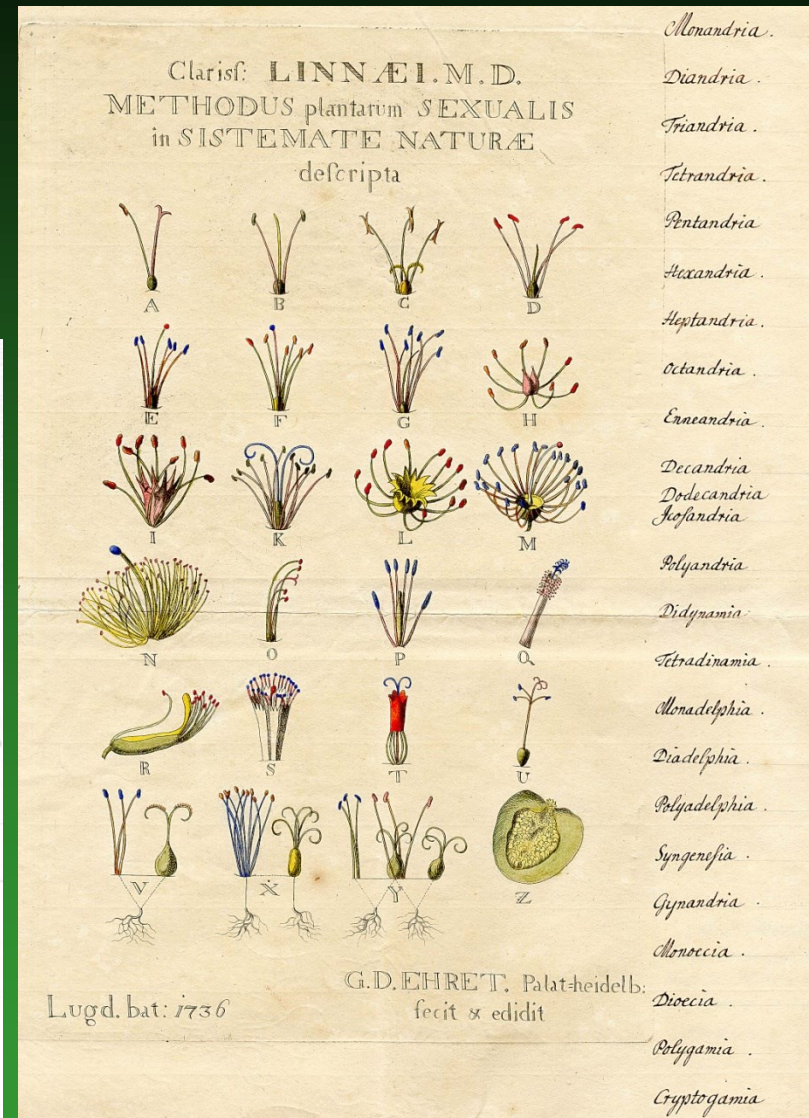
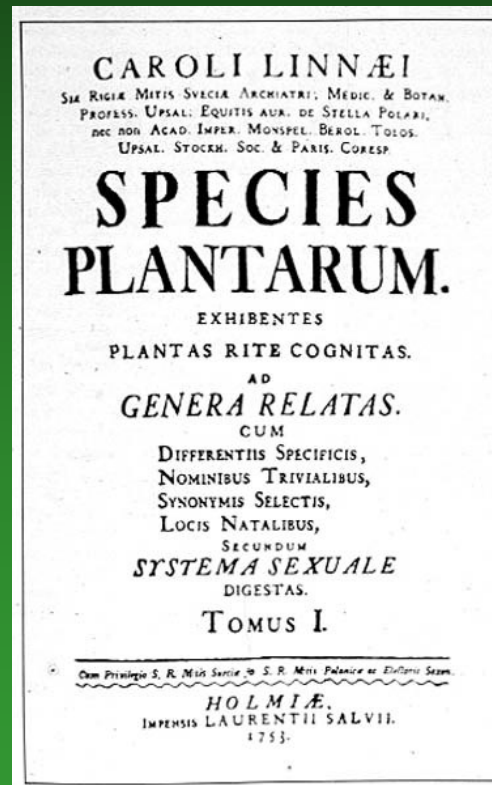
1. Uchovává data o morfologické variabilitě, geografickém rozšíření, ...
2. Dává možnost kontroly těchto dat
3. Z herbářových položek lze také na rozdíl od literárních dat či počítačových databází izolovat DNA, naměřit průduchy
4. Jediná forma, jak uchovávat nomenklatorické typy



Species plantarum (1753)



24 tříd dle počtu,
délky, srůstu
tyčinek a
pestíků, tedy po-
hlavních orgánů
je proto nazýván
systém sexuální



Od Linného do současnosti

Paleobotanici

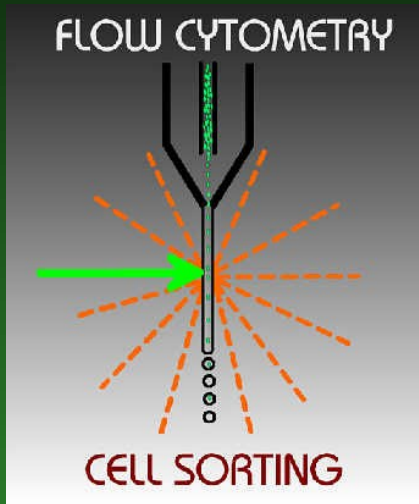
- první vyobrazení fosilních rostlin 1709 (Scheuchzer)
- první flóra 1820-1825 (náš Karel Maria Šternberk)
- objev rynniofytů – 1. pol. 20. stol.

Chromozomy (a polyploidie)!

- v průběhu 19. stol., od 20. let 20. stol se masově počítají
- dnes známy pro 25-30% druhů ($\pm 90\ 000$)
- dnes hlavně pomocí průtokové cytometrie

Kdo viděl chromozomy na vlastní oči?

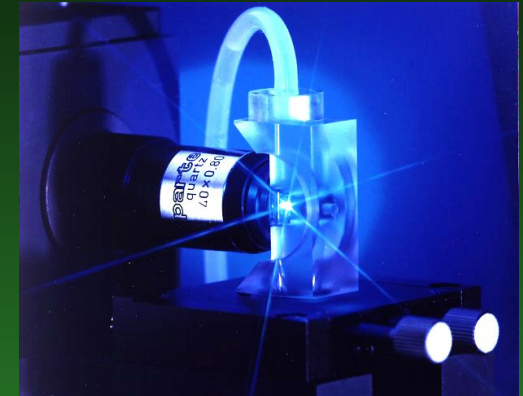
Od počtu chromosomů k velikosti genomu = průtoková cytometrie (konec 20 stol.)



Od poloviny 80. let 20. stol. prodělává dramatický rozvoj

Původně sloužila k analýze krevních buněk

U rostlin umožňuje měření obsahu DNA a stupeň ploidie v buněčných jádrech



Efektivní a šetrná metoda umožňující sledovat mikroevoluční procesy v populacích

Vedle polyploidie, velikosti genomu umožňuje analyzovat breeding systémy (identifikovat, kolik semen vzniklo apomixií a kolik sexuálně)

Velikost genomu známa u 5 % druhů vyšších rostlin

20. století – od biometriky k analýze DNA

- **Biometrika** (základní statistické pojmy) – Ch. Pearson, přelom 19. a 20. stol.
- **Fenetika** (morfometrika) – morfologická podobnost a metody na její hodnocení = numerická klasifikace (ordinace, dendrogram), Sokal, Sneath
- **Kladistika** – skupiny ne podle podobnosti ale podle sdílených znaků – rekonstrukce fylogeneze, Willi Hennig
- **PCR a sekvenování** – 80. a 90. léta 20. stol. – důležitá zejména pro klasifikaci vyšších jednotek, mezi druhy se stále používá i morfometrika (dva druhy se musí nějak morfologicky lišit)

Bar-coding

identifikace rostlin pomocí sekvence DNA

NCBI
National Center for Biotechnology Information
National Library of Medicine National Institutes of Health

PubMed All Databases BLAST OMIM Books TaxBrowser Structure

Search All Databases for Go

SITE MAP
Alphabetical List
Resource Guide

About NCBI
An introduction to NCBI

GenBank
Sequence submission support and software

What does NCBI do?
Established in 1988 as a national resource for molecular biology information, NCBI creates public databases, conducts research in computational biology, develops software tools for analyzing genome data, and disseminates biomedical information - all for the better understanding of molecular processes affecting human health and disease. [More about NCBI...](#)

Hot Spots

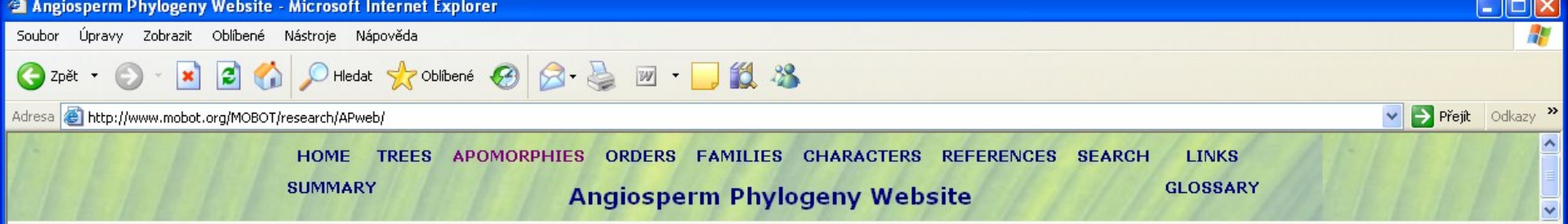
- ▶ Clusters of orthologous groups
- ▶ Coffee Break, Genes & Disease, NCBI Handbook
- ▶ Electronic PCR
- ▶ Entrez Home



Př. *Eriophorum angustifolium*: sekvence intronu chloroplastového genu pro transferovou RNA

```
CCTCTTACTATAAATTCATTGTTGTCGATATTGACATGTAGAATGGACTCTCTCTTTATTCTCGTTTGATTTATCATCATT  
TTTTCAATCTAACAAATTCATAATGAATAAAATAAATAGAATAAATTGACTACTAAAATTGAGTTTTTTCTCATTAACTT  
CATATTTGAATCAATTTACCATAAATAATTCATAATTTATGGAATTCAAAAAATTCCTGAATTTGCTATTCCATAATCATTG  
TCAATTTCTTTATTGACATGAAAATATGATTTGATTGTTATTATGATCAATCATTGATCATTGAGTATATATACGTACGTC  
TTTTTTGGTATAGACGGCTATCCTTTCTCTTATTTGATAAAGATATTTAGTAATGCAACATAATCAACTTTATTCGTTA  
GAAAACTTCCATCGAGTCTCTGCACCTATCTTTAATATTAGATAAGAAATATTTTATTTCTTATAATAAATAAGAGATATT  
TATATCTCTCATTCTCAAATGAAAGATTTGGCTCAGGATTGCCACTCTTAATTCCAGGGTTTCTCTGAATTTGGAA  
GTTAACACTTAGCAAGTTNCCATACCAAGGCCAATCCAATGC
```

http://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi?PROGRAM=blastn&PAGE_TYPE=BlastSearch&LINK_LOC=blasthome



Angiosperm Phylogeny Group

Stevens, P. F. (2001 onwards).
 Angiosperm Phylogeny
 Website. Version 7, May 2006
 [and more or less
 continuously updated since].

<http://www.mobot.org/MOBOT/research/APweb/>

There are direct links from all terminal taxa and all internal nodes to the relevant page of the characterizations.

Tree icons link to or will link to tree for each order.

Link to Model Organism Tree



Kde najít kumulovaná data o fylogenetických stromech?

The screenshot shows the Timetree.org website interface. At the top, there is a navigation bar with the site logo and menu items: Home, About, Book, Studies, Resources, News, FAQs, Contact. Below the navigation bar is a search bar. The main content area is titled 'Search' and contains the following text:

TimeTree is a public knowledge-base for information on the evolutionary timescale of life. Data from thousands of published studies are assembled into a searchable tree of life scaled to time. Three search modes are possible:

- **NODE TIME** - to find the divergence time of two species or higher taxa
- **TIMELINE** - to drill back through time and find evolutionary branches from the perspective of a single species
- **TIMETREE** - to build a timetree of a group of species or custom list

TIMEPANELS showing events in geological time and astronomical history are provided for comparison with timelines and timetrees. Results can be exported in different formats for additional analyses and publication.

On the right side of the main content area, there is a circular phylogenetic tree visualization.

The search interface is divided into three main sections:

- NODE TIME: GET DIVERGENCE TIME FOR A PAIR OF TAXA**
Specify 2 Taxon Names
Taxon 1:
Taxon 2:
Buttons: Clear, Search
Resolve Ambiguity [?]
Taxon 1:
Taxon 2:
Button: Show Time
- TIMELINE: GET AN EVOLUTIONARY TIMELINE FOR A TAXON**
Specify a Taxon Name
Taxon:
Buttons: Clear, Search
Resolve Ambiguity [?]
Taxon:
Button: Show Timeline
- TIMETREE: BUILD A TIMETREE**
Specify a Group of Taxa
Group:
Buttons: Clear, Search
Resolve Ambiguity [?]
Group:
Button: Update
Select Taxonomic Rank [?]
Rank:
Button: Show Timetree

Below the 'BUILD A TIMETREE' section, there is an 'Or' separator and a section for 'Load a List of Species':

Load a List of Species [?]
Upload: Soubor nevyb
Buttons: Clear, Upload

<http://www.timetree.org/>

Rekapitulace

Botanika = vědní obor starší než křesťanství

Klasifikace hierarchická = důsledek rostoucího počtu klasifikovaných druhů

Objektivizace / opakovatelnost / jednoznačnost klasifikace = fylogenetická příbuznost

Kumulace analytických dat z: morfologie, paleontologie, biometriky, karyologie, studia sekvencí, ... umožnila

Syntézu v: teorii rodozměny, evoluční teorii, populační genetice, fenetice, kladistice, molekulární fylogenetice, ...

Data o fylogenetice, sekvencích, chromosomech, velikosti genomu jsou kumulována v **internetově dostupných databázích**

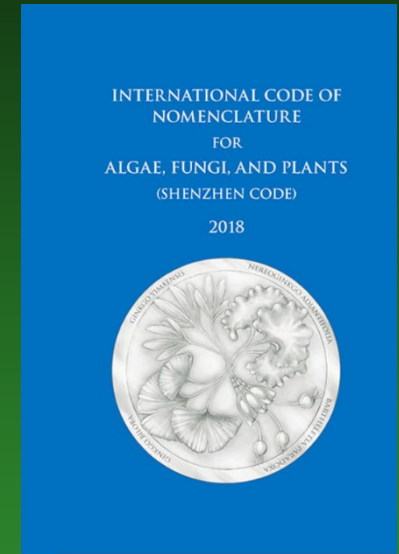
**Nomenklatura -
jak dostávají druhy (taxony)
svá jména**



Pojmenování rostlin podléhá sofistikovanému souboru pravidel botanické nomenklatury - **nomenklatorickému kódu**

Kód (od roku 1867) - tvoří nomenklatorická komise IAPT, mezi botanickými kongresy shromažďuje podněty pro nový kód,

Nový kód - schvaluje botanický kongres, předposlední byl 2017 v Číně (stále platný), 2024 v Madridu (bude brzy)



Jména taxonů supragenerických (nadrodové úrovně)

jednoslovná, s velkým počátečním písmenem, s koncovkami, označujícími taxonomickou úroveň

taxon	latinsky	koncovka	příklad
říše	regnum	-ae	<i>Plantae</i>
podříše	subregnum	-bionta	<i>Cormobionta</i>
oddělení	divisio	-phyta	<i>Magnoliophyta</i>
třída	classis	-opsida nebo -atae	<i>Liliopsida</i>
podtřída	subclassis	-idae	<i>Liliidae</i>
řád	ordo	-ales	<i>Cyperales</i>
čeleď	familia	-aceae	<i>Cyperaceae</i>
podčeleď	subfamilia	-oideae	<i>Cyperoideae</i>

Jméno rodu (*genus*)

Podstatné jméno v jednotném čísle nebo slovo, které je za podstatné jméno považováno s velkým počátečním písmenem - např. *Eleocharis*

Jméno druhu (*species*)

dvouslovné (binomické)

= jméno rodu (*nomen genericum*) + druhový přívlastek (*epitheton specificum*) - např. *Viola odorata*

jméno rodové

Viola

odorata

přívlastek druhový



nejčastěji přídavné jméno nebo podstatné jméno v druhém pádě

psáno vždy s malým písmenem i když jde o vlastní jména (*Minuartia smejkalii*)

pokud dvouslovné, pak se spojovníkem bez mezer (*Capsella bursa-pastoris*)

Jména taxonů infraspecifických (nižší než druh)

Pojmenovávají se přívlasky - nelze je psát samostatně,
Píší se jen za jménem druhu nebo jménem jiného infraspecifického taxonu, k němuž se vztahují, spolu se zkratkou vyznačující o jakou taxonomickou úroveň se jedná.

poddruh, plemeno, subspecies, subsp. nebo ssp.

Př. *Eleocharis palustris* ssp. *vulgaris*

odrůda, varieta, varietas, var.

Př. *Eleocharis palustris* var. *septentrionalis*

forma, f.

Př. *Eleocharis uniglumis* f. *nulliseta*

Princip priority

Zásada III.

Pojmenování taxonomické skupiny se zakládá na principu priority zveřejnění.

Zásada IV.

Každá taxonomická skupina v určitém vymezení, postavení a hierarchické úrovni, s výjimkou některých zvláštních případů, **může mít jen jedno správné jméno, a to nejstarší, které je v souladu s pravidly.**

Priorita směrem do minulosti omezena (čl. 13).

1. 5. 1753 = počáteční bod (starting point) - platí pro cévnaté rostliny, játrovky, rašeliníky, pro lišejníky a většinu řas; vlastní mechy až 1.1.1801, fosilní rostliny 31.12.1820.

Princip priority

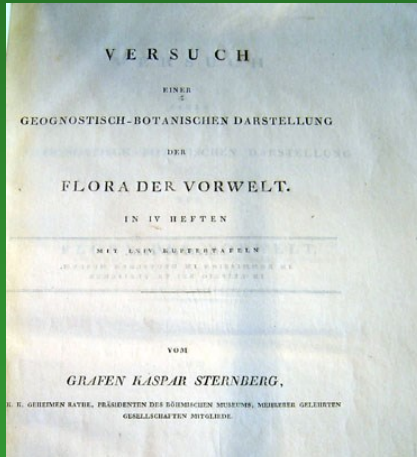
Jiné počáteční body (starting points) mají z vyšších rostlin:

1. 1. 1801 - mechy (kromě rašeliníků) - Hedwig: *Species muscorum*

31. 12. 1820 - fosilní rostliny - Sternberg: *Flora der Vorwelt*



Kašpar Maria Šternberk (1761–1838)



Šternberský palác první sídlo sbírek Národního muzea

Autoři jmen, jejich zkratky

Za jménem taxonu často připojujeme jméno nebo zkratku autora jména, typicky toho, kdo také daný druh nebo taxon i popsal - **deskriptor** (descriptor z lat. descriptio = popis)

Fagaceae Dumortier

Fagaceae Dumort.

Eleocharis R.Brown

Eleocharis R.Br.

Daphne arbuscula Čelakovský

Daphne arbuscula Čelak.

Dactylis glomerata subsp. *slovenica* Domin

Dactylis glomerata subsp. *slovenica* Dom.

Princip priority

PŘ. Tentýž taxon byl pojmenován dvěma jmény:

Viola saxatilis F.W.Schmidt 1797

Viola arenaria DC. 1830



Které jméno je správné?

Změny jmen

Žádné správné jméno nesmí být svévolně měněno, pokud se nezjistí okolnosti, které jeho platnost ruší.

Takové okolnosti mohou být:

1. vyloučení homonymie (=stejně jméno pro dva taxony) – přednost má to starší, to mladší, pokud se nenajde nějaké jiné použitelné jméno, se musí přejmenovat (udělat pro něj nomen novum)

2. přesun ve smyslu horizontálním (jméno mezi skupinami stejného ranku), např. z jednoho rodu do jiného rodu

Scirpus palustris L. 1753 -> *Eleocharis palustris* (L.) Roem. & Schult. 1817

3. přesun ve smyslu vertikálním (jméno mezi skupinami různého ranku), např. z poddruhu na samostatný druh:

Eleocharis palustris **subsp. vulgaris** Walters 1953 -> *Eleocharis vulgaris* (Walters) Á. Löve & D. Löve 1976

Zásada II

Použití jmen taxonomických skupin se určuje pomocí nomenklatorických typů.

Nomenklatorický typ je prvkem, se kterým je spojeno pojmenování dotyčného taxonu – jména tak vlastně dostávají konkrétní herbářové položky, ne populace!

Pro čeleď je nomenklatorickým typem jeden z rodů, pro rod jeden z druhů

Např. pro čeleď *Asteraceae* je to rod *Aster*; pro rod *Festuca* je to *Festuca ovina*

Pro druh a níž je to konkrétní herbářová položka

Zásada typizace

Pro druh a všechny nižší kategorie je nomenklatorickým typem **konkrétní dokladový exemplář** (uložený obvykle v herbáři)

u nižších organismů je to může být lyofilizovaná **živá kultura**

výjimečně může být typem **vyobrazení - ikonotyp**



Figure 1. Lectotype of *Ca. edinatus* Desf. (G), by permission of the Curator.

(2) *Cirsium eriophorum* (L.) Scop., Fl. Carniol., ed. 2, 2: 130. 1771 ≡ *Carduus eriophorus* L. (basion.), Sp. Pl. 2: 893. 1753 ≡ *Cnicus eriophorus* (L.) Roth, Tent. Fl. Germ.: 345. 1788 ≡ *Eriolepis lanigera* Cass. in Cuvier, Dict. Sci. Nat. 41: 331. 1826, nom. illeg. (Art. 11.4).—Lectotype (designated by Del Guacchio & Iamónico [9] (p. 197)); Herb. Linnaeus, no. 966.32 (LINN [digital image!]).—<http://linnean-online.org/9831/>: "*Ci. eriophorum* var. cul-

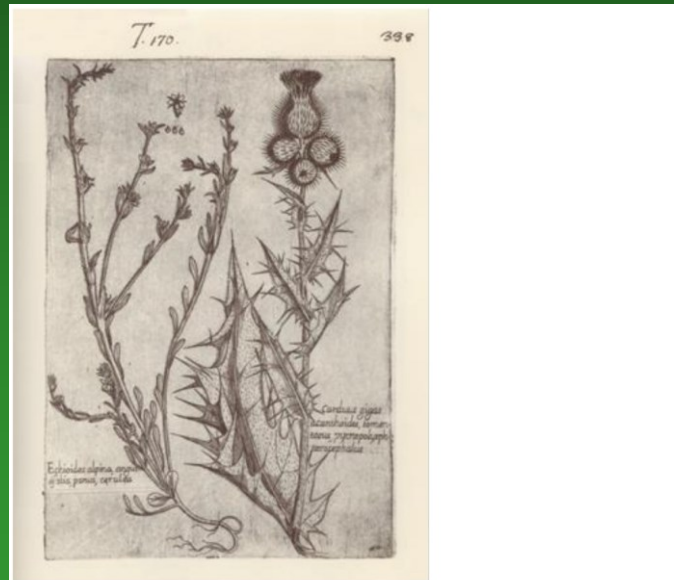


Figure 3. Lectotype of *Ca. gigas* Ucria (from the *Panphyton siculum*, plate 170, figure on the right side).

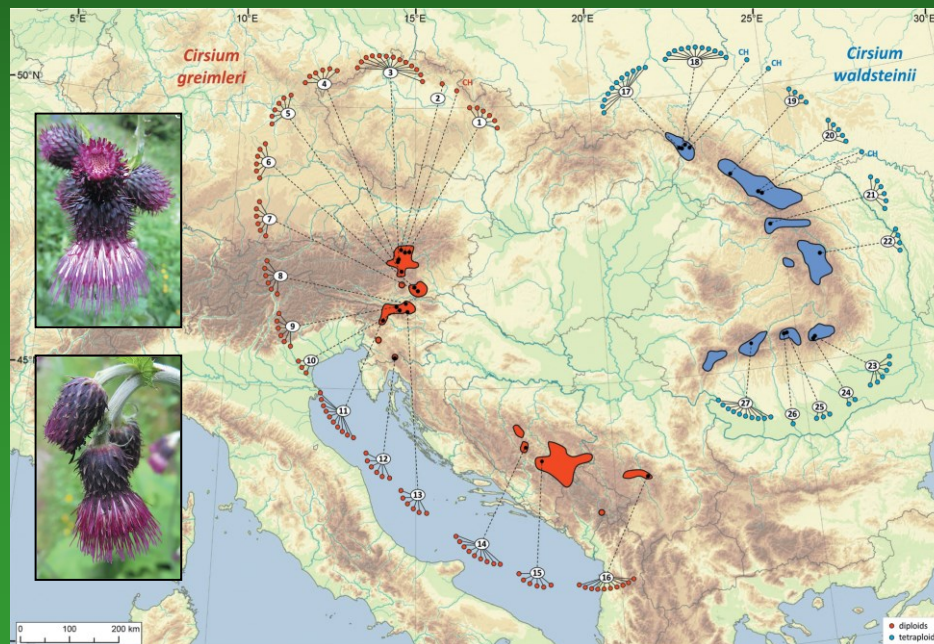
= *Carduus gigas* Ucria, Nuova Racc. Opusc. Aut. Sicil. 6: 255. 1793.—Lectotype (designated here): [illustration] "*Carduus gigas acanthoides tomentosus, pycnopolysphaerocephalus*" in Cupani [54] (Plate 170).—Figure 3.

Smysl typizace:

V nedávné době prof. Bureš objevil, že *Cirsium waldsteinii* má populace dvou ploidních úrovní (diploidní v Alpách a tetraploidní v Karpatech a na Bálkáně), o čemž v době objevení a popisu tohoto druhu neměl nikdo tušení. Populace obou ploidí jde rozumně rozlišit a proto by je bylo dobré chápat jako samostatné druhy.

Který druh ale popsat jako ten nový?

Řešení: typová položka je z Karpat – to musí zůstat jako *C. waldsteinii* a je potřeba popsat ty diploidy z Alp.



Popis nového taxonu

- Musí být **popsán efektivně** (tedy tak, aby se k tomu popisu někdo dostal)
- **Validně** (formálně správně a tak aby to neodporovalo ustanovením Kódu)
- **Legitimně** – nesmí být nomenklatoricky nadbytečné (nesmí už existovat jméno, které by se dalo/mělo pto to samé použít)

Efektivní publikace

- **Tištěný materiál** určený k distribuci vědeckým institucím s přístupnou knihovnou (prodej, dárek, výměna)
- Od 1.1.2012 taky **online publikace v PDF**, které mají ISSN nebo ISBN
- Ne: sdělení na veřejných přednáškách, ne umístění jména na sbírky v botanických zahradách, ne bakalářky, diplomky a disertační práce

Validní publikace

- Musí být efektivní a vydané **po starting pointu** příslušné skupiny
- Musí být **psané latinkou** (ne číslice)
- Musí být **vyznačen rank**
- Musí obsahovat **popis nebo diagnózu** (latinsky nebo anglicky)
- Musí **odkazovat na typ** a místo jeho uložení

Příklad popisu nového druhu

Rubus portae-moravicae Holub et Trávníček, **spec. nova**

Figs 1–2, 4–5

Syn.: *R. praecox* auct. p. p., non Bertol.: Holub, 1995: 106, 107.

Descriptio: Frutex mediocris usque altus glandulis stipitatis nullis obsitus vel interdum stipulae atque pedicelli cum glandulis subsessilibus instructae. Turio semialtiarcuatus vel altiarcuatus, robustus, 6–10 (–14) mm in diametro, angulatus, cum faciebus planis vel leviter convexis (in sicco raro subsulcatis), opacus, canoviridis vel (in partibus insolatis) fusco-rubescens, pilis stellulatis pilisque fasciculatis breviter sed conspicue obsitus, pro 1 cm lateris (30–) 45–100 (–150) pilis. Aculei turionis latiores, leviter vel distincte curvati usque subrecti vel paulo

Holotype: Czech Republic; N Moravia, town Ostrava, wood margins along the road between the villages of Děhylov and Dobroslavice, 320 m a.s.l. (R 144/98), coll. B. Trávníček, 8.8.1998, OL (Fig. 1).

Etymology: The species name is derived from the Latin name of the region of Moravská brána basin (*Porta moravica*) which connects central Moravia and northern (Silesian) Moravia. In this region the species occurs and was first collected there.



Kladistika a fylogenetika

Kladistika, fylogenetika

- Seskupuje organizmy podle společných znaků, které sdílejí s rodiči – příslušníci jedné skupiny tak mají společnou evoluční historii a jsou považováni za příbuzné
- Výsledkem analýz je kladogram=fylogenetický strom (hypotéza o evolučních vztazích taxonů, alias jejich genealogie nebo rodokmen) (nezaměňovat s dendrogramem)
- Zakladatel Willi Hennig (německý entomolog, 1966)
- Dříve ručně, dnes sofistikovaná statistika a výkonné počítače
- Morfologické znaky – problém detekce a paralelismů a konverencí
- Dnes DNA sekvence (tam je sice problém konverencí extrémní – jen 4 písmena, ale kompenzuje to množství znaků – pozic v sekvenci)
- Problém evoluce genů x organizmu; jinak víceméně stáří, kdy taxony divergovaly, ale kolik je mezi tím speciálních událostí je nejisté
- Strom se dá kalibrovat podle počtu změn v sekvencích na stromě (např. www.timetree.org)

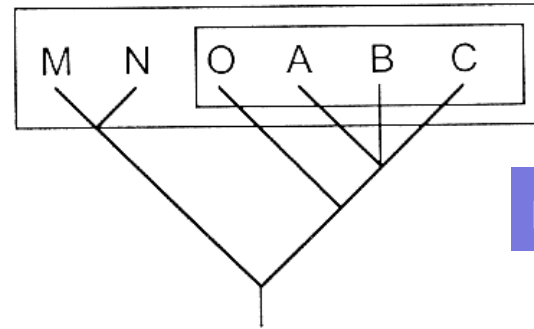
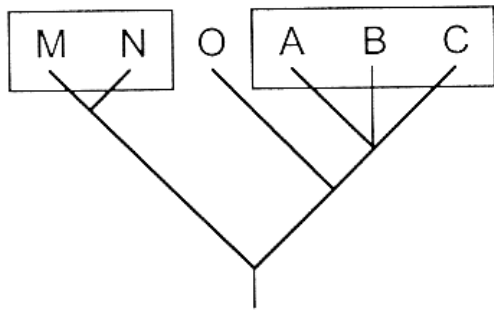
Kladistická metoda

- Sehnat materiál (živý nebo herbářový) co největšího množství rostlin z daného okruhu – důležité jsou zejména evolučně staré a ancestrální linie
- Vhodný úsek DNA nebo RNA: geny jsou málo variabilní – používány hlavně na vyšší úrovni; nekódující úseky DNA jsou variabilnější
- Chloroplasty – dědí se po mateřské linii (u živočichů raději mitochondriální geny)

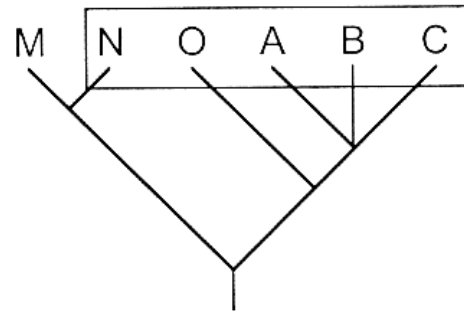
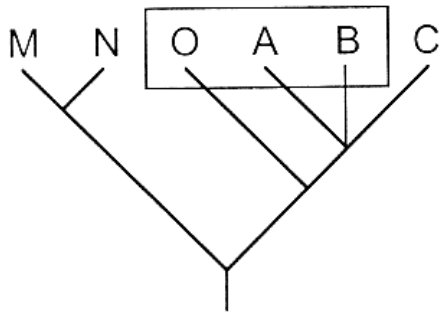
Konstrukce stromu

- Parsimonie – nejkratší možná evoluce – nejméně přechodů znaků
- Bayesovská analýza – nejpravděpodobnější hypotéza
- Neighbour joining (není kladistická metoda, ale její výsledky jsou s ní většinou docela podobné)

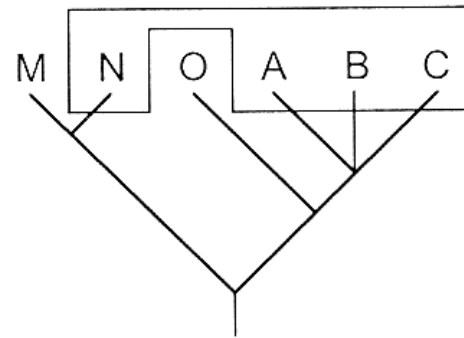
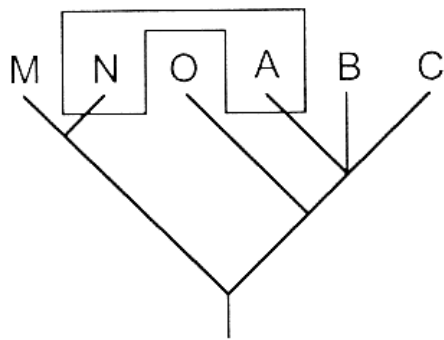
Všechno jsou to hypotézy o evoluci počítané a počitatelné jen za nějakých předpokladů (např. parsimonie), které víme, že ne vždy platí (např. dichotomie, nehybridnost). Jediné, co tak o tom víme, je to, že tyto analýzy nejsou určitě dobře a doufáme, že i přesto nejsou moc daleko od reality.



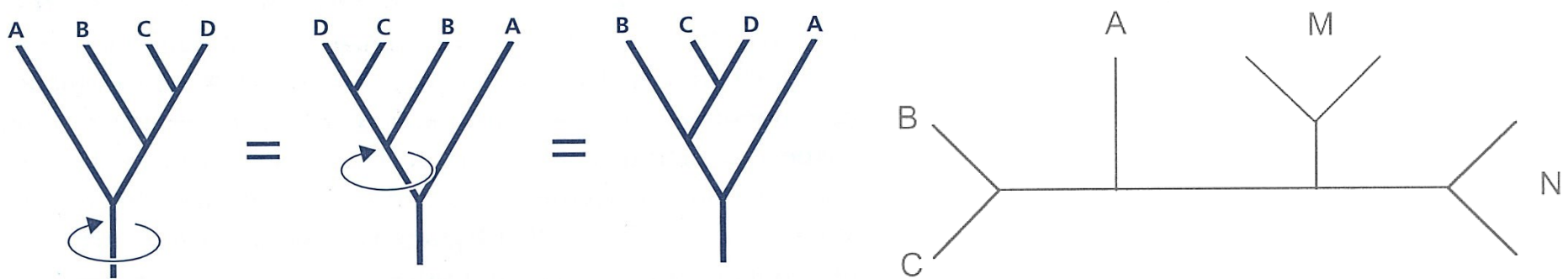
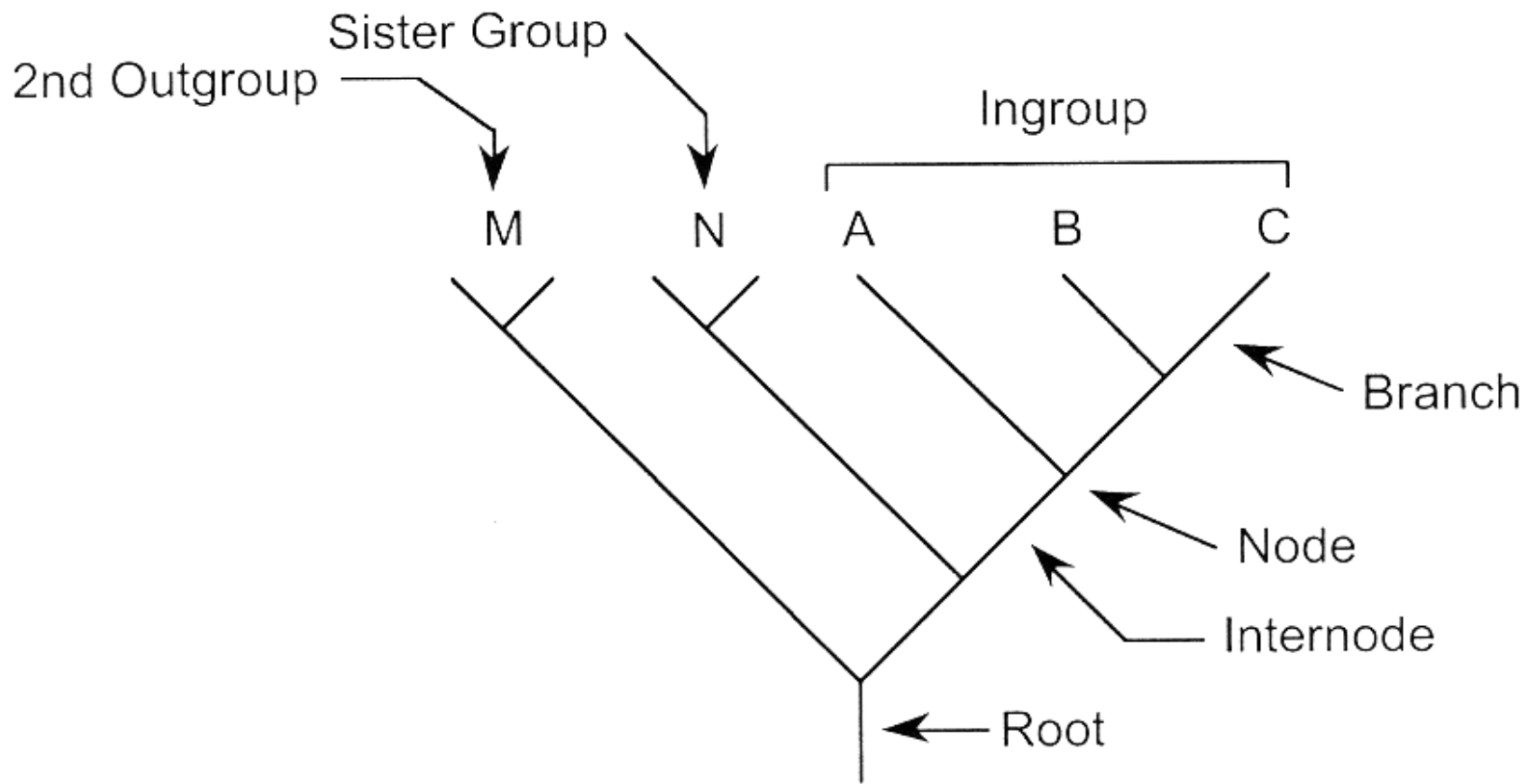
monofyletické



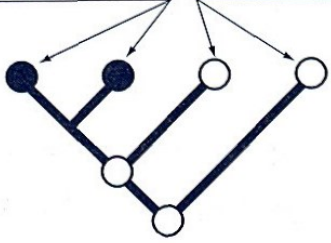
parafyletické



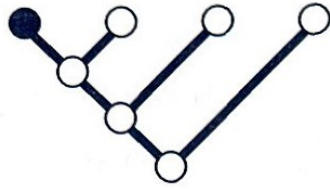
polyfyletické



Apomorphy Plesiomorphy



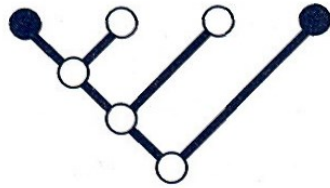
Autapomorphy



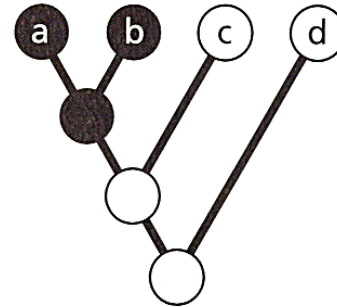
Synapomorphy



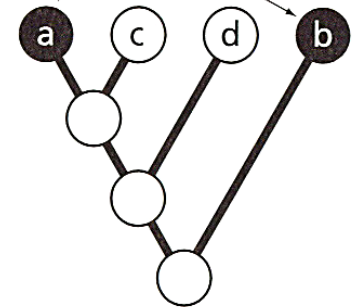
Homoplasy



Homologous

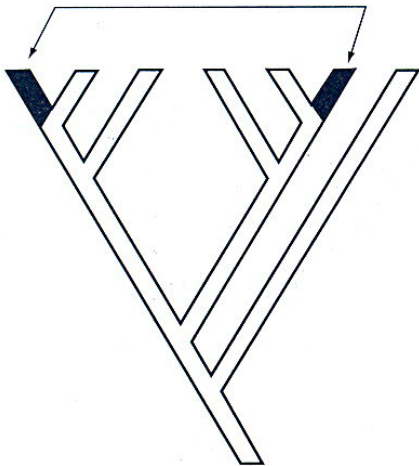


Homoplasious



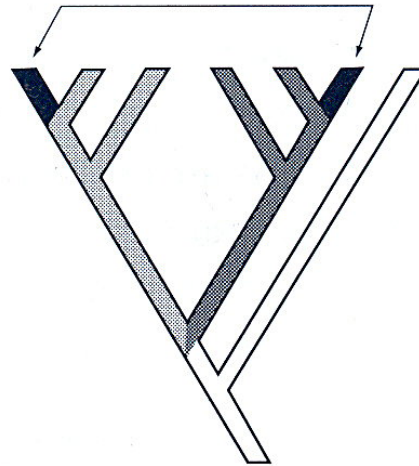
Parallel evolution

Independent evolution of
same feature from same
ancestral condition



Convergent evolution

Independent evolution of
same feature from different
ancestral condition



Secondary loss

Reversion to
ancestral condition

