

Formálna analýza fylogenezy a konštrukcia dendrogramov

klasifikácia -

orientovať sa v spleti jednotlivostí;
zachytiť vnútorný poriadok - klasifikovať entity v súlade s logikou ich existencie

"umelé" systémy → "prirodené" systémy klasifikácie organizmov

škola/prístup

- ① fylogenetika
- ② fenetika
- ③ kladistika

kritérium / dôraz na...

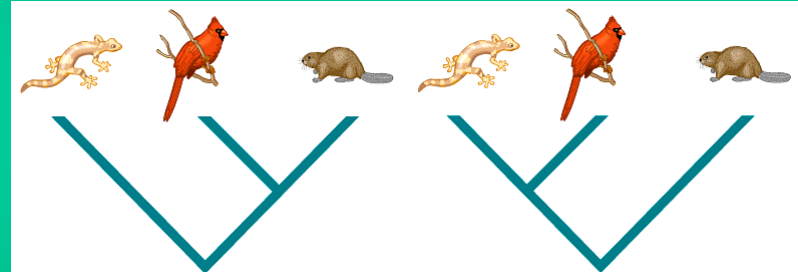
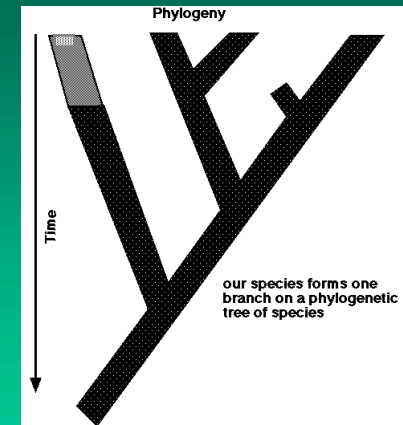
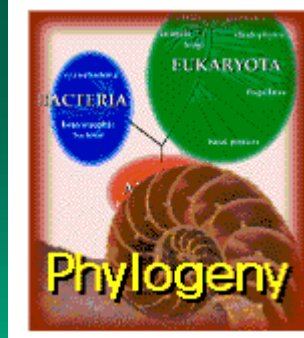
rozdielnosť / podobnosť
podobnosť
rozdielnosť

- ① fylogenetika - tradičný prístup
 cieľ - rekonštrukcia historického vývoja organizmov - stanovenie evolučnej príbuznosti taxónov

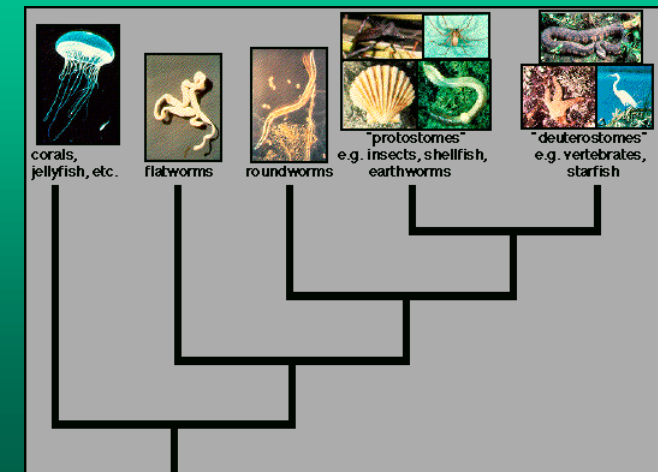
dôraz kladený na evolučnú genealógiu →
→ podobnosť a rozdielnosť znakov nie je rozhodujúca

- delfín nie je ryba, ale cicavec
- netopier nie je vták, ale cicavec

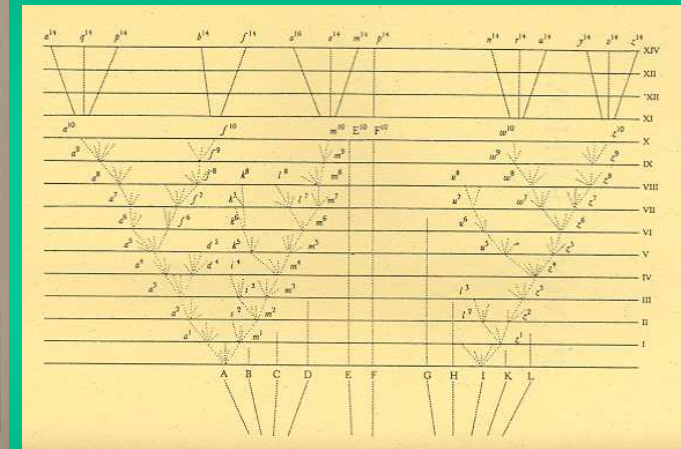
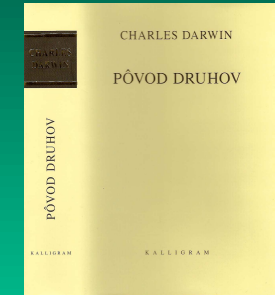
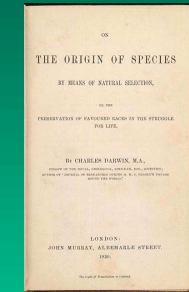
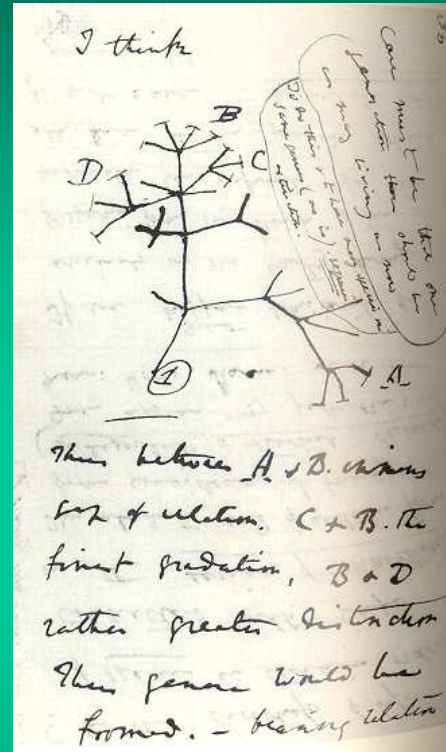
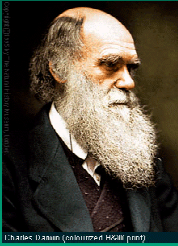
problém: metodologická tautológia - fylogenetické stromy sa konštruujú na základe predpokladu evolúcie, ktoré potom späť posudzujú evolúciu



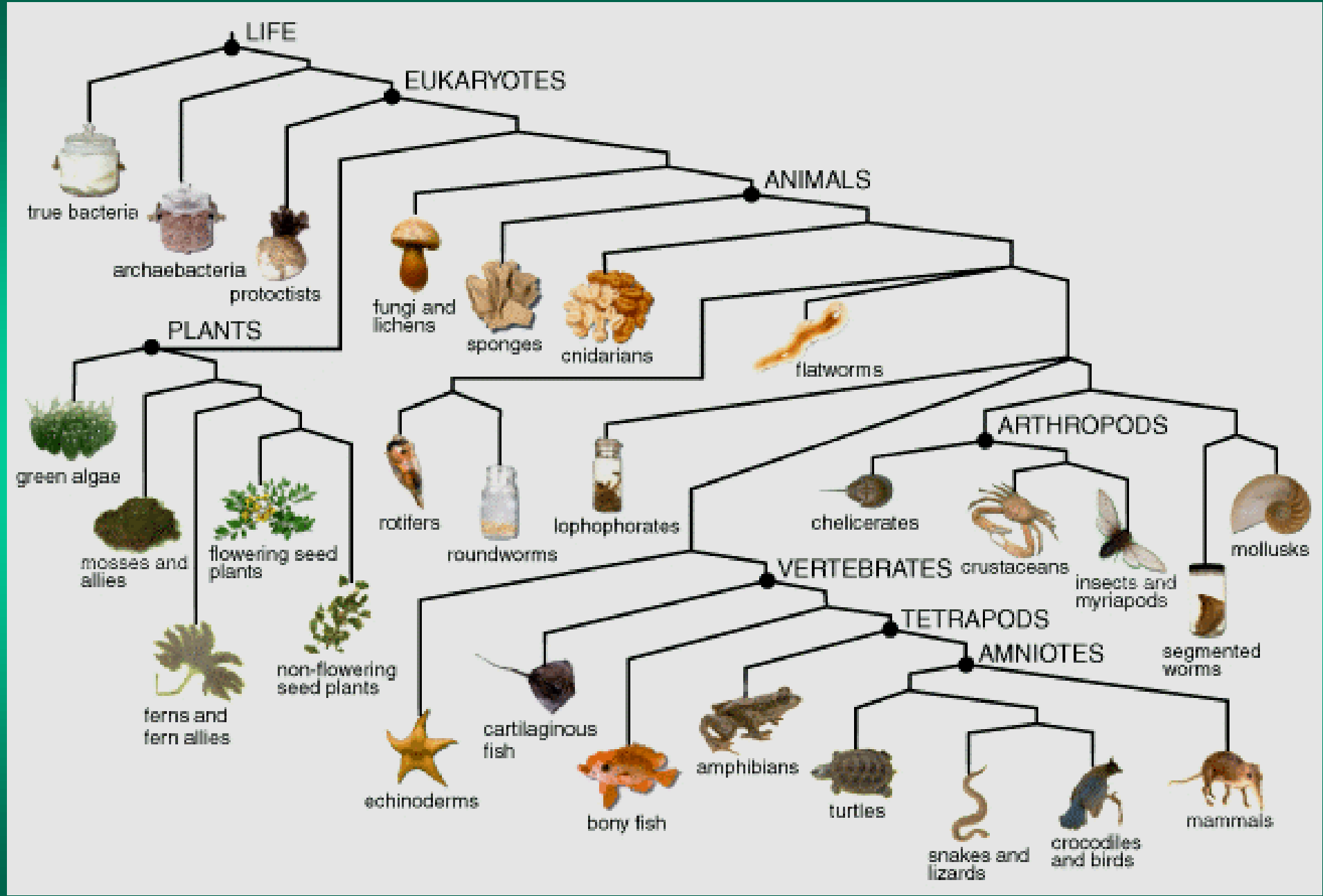
Copyright © Pearson Education, Inc., publishing as Benjamin Cummings.



Vznik všetkých organizmov zo spoločných predkov – vetvenie evolúcie



„Spriaznenosti všetkých organizmov tej istej triedy sa niekedy prirovnávali k veľkým stromom. Domnievam sa, že toto prirovnanie je do značnej miery pravdivé“ Ch. Darwin, Pôvod druhov

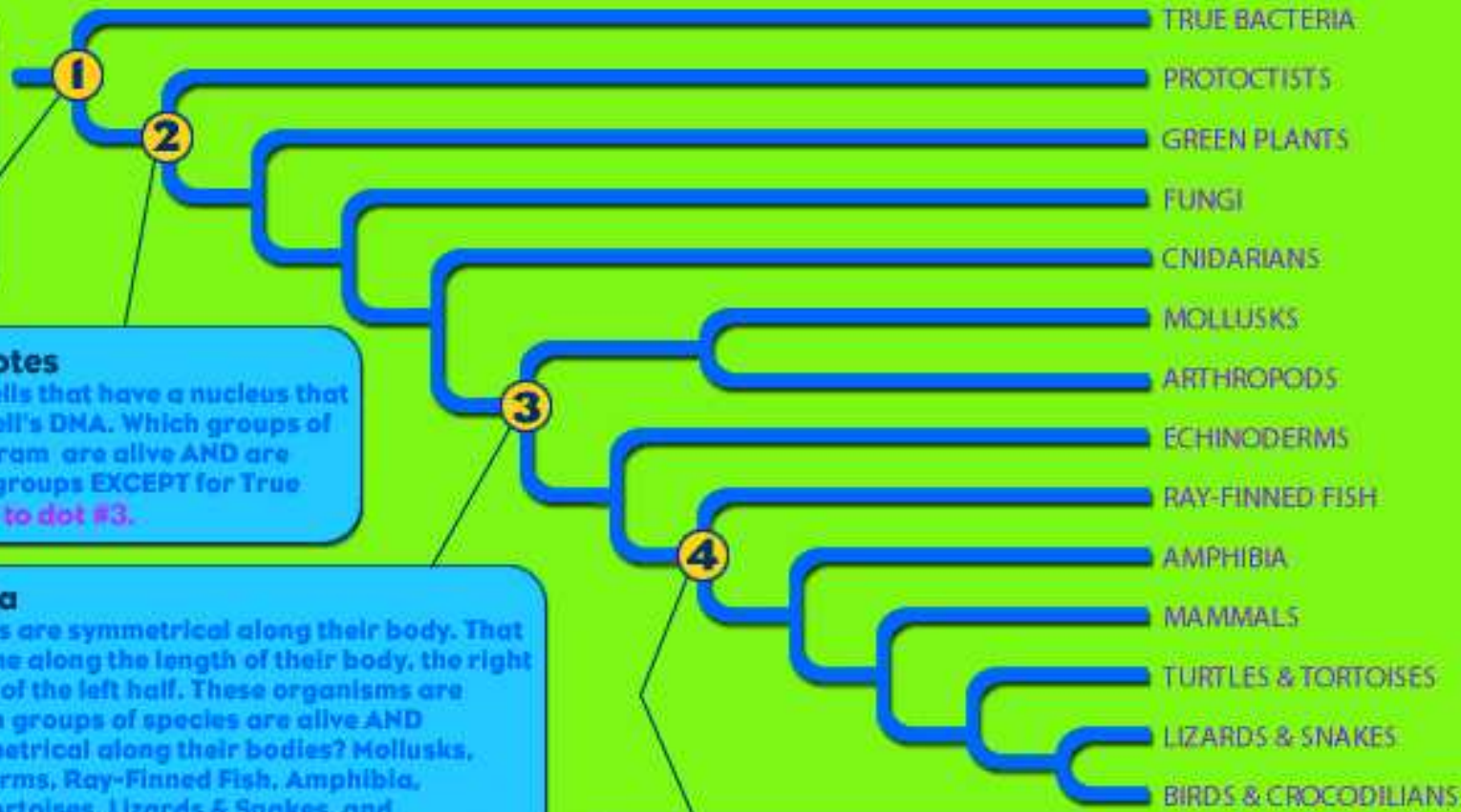


1 This dot = life
All living things have cells that can make copies of their own DNA. Which groups of species on this cladogram are alive? All of them! Go to dot #2.

2 This dot = eucaryotes
All eucaryotes have cells that have a nucleus that contains most of the cell's DNA. Which groups of species on this cladogram are alive AND are eucaryotes? All these groups EXCEPT for True Bacteria. GET IT? Go to dot #3.

3 This dot = Bilateria
Some living eucaryotes are symmetrical along their body. That means if you draw a line along the length of their body, the right half is a mirror image of the left half. These organisms are called Bilateria. Which groups of species are alive AND eucaryotes AND symmetrical along their bodies? Mollusks, Arthropods, Echinoderms, Ray-Finned Fish, Amphibia, Mammals, Turtles & Tortoises, Lizards & Snakes, and Birds & Crocodillans. THAT'S A MOUTHFUL! Go to dot #4.

4 This dot = vertebrates
Some living eucaryotes that are symmetrical also have backbones. They are called vertebrates. Which groups of species are alive AND eucaryotes AND symmetrical AND have backbones? FIGURE IT OUT AND YOU'LL BE A CLADOCRAM EXPERT!



② fenetika - snaha maximálne objektivizovať klasifikáciu organizmov (50-te roky)

dôraz sa kladie na podobnosť, nevadí sa o príbuznosti

podobnosť sa kvantifikuje stupňom podobnosti - počet zhodných znakov versus odlišných

fenogramy - nemusia odražovať fylogenezu formalizovanie znakov → počítače, rozsiahle porovnávanie

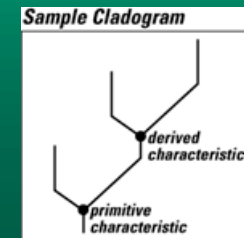
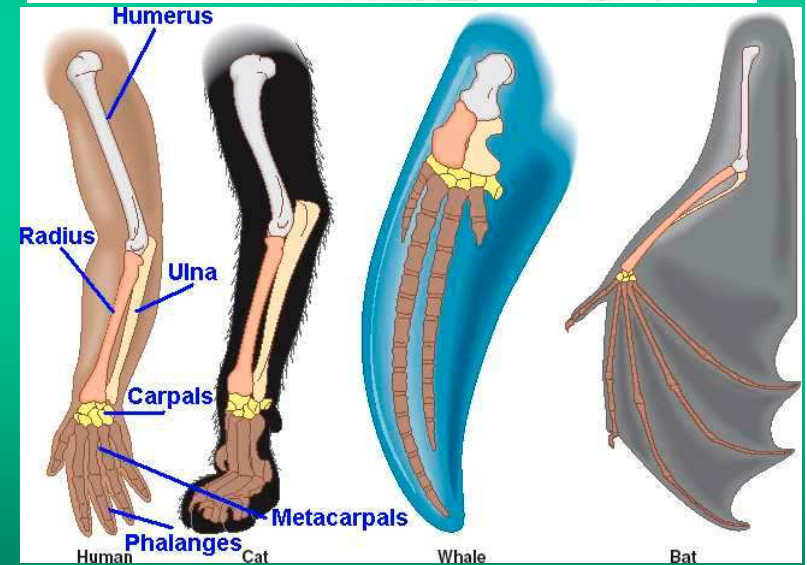
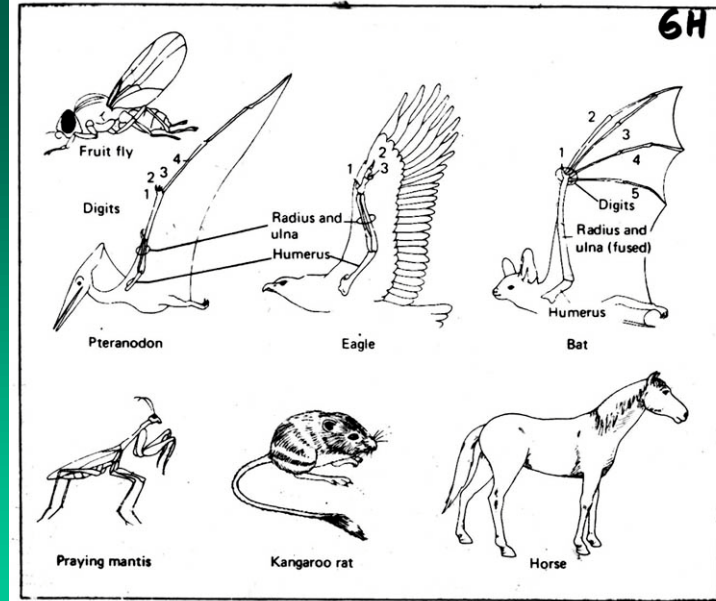
uplatnenie fenetiky hlavne v mikrobiológii (numerická taxonómia)

riziko - konvergentná evolúcia, precenenie analógie (delphin - podobnosť rybám ako cicavcom!)

③ kladistika William Hennig (D - 60-te roky)

vychodisko - vznik nového znaku (ktorý tu predtým nebol → rozšírenie vývojových línií → kladogéza

každá vetva kladogramu predstavuje ^{monog}fylogenetickú skupinu charakterizovanú jedinečným znakom



Kladogram (dve interpretácie)

- strom - výsledok uplatnenia princípu úspornosti (parsimony)
- strom - zobrazujúci usudzované historické vzájomné vetvy medzi organizmami (fylogram)

dĺžka vetiev je v kladograme ľubovoľná, významné je len poradie vetvenia

fylogram - dĺžka vetiev je úmerná množstvu posudzovaných zmien

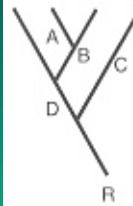
odvodzovanie znaku od jeho pôvodnej formy (fylogenetický prístup) veľmi subjektívne podľa Henniga, resp. kladistiky

anagenetická línia - línia postupnej premeny znaku

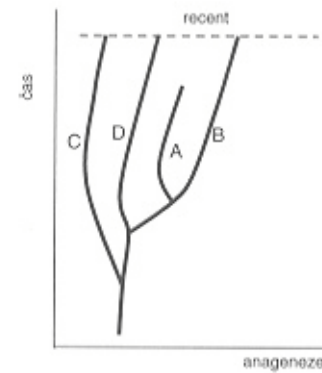
trieda plazov, klasický taxón, je podľa kladistiky umelou kategóriou, pretože tri vetvy plazov (korytnačky, hady, krokodily) zdieľajú spoločného predka s vtákmi, teda ďalšou skupinou, ktorá (podľa definície) nie je zahrnutá do triedy plazov

- kladistika rozoznáva namiesto toho samostatné a rovnocenné vetvy (clades): vtáci, krokodily, hady, korytnačky, cicavce

a)



b)



Obr. XXIII.9 Schémata kladogeneze a fylogenetické stromy. Na schémate kladogeneze nese biologicky relevantní informaci pouze pořadí odvětvení jednotlivých větví – popisuje relativní pořadí odvětvení jednotlivých druhů či vyšších taxonů ve fylogenezi. V případě zakořeněného stromu (a) je důležitou informací i umístění společného předka, neboť ukazuje v rámci jednotlivých větví pořadí speciálních událostí. Ani na základě zakořeněného stromu však není možné usuzovat na relativní časovou následnost speciací ve dvou různých větvích. Fylogenetický strom (b) může nést navíc informaci o absolutním datování jednotlivých evolučních událostí, případně o rozsahu určité anagenetické změny, k níž během fylogeneze u jednotlivých druhů dochází.

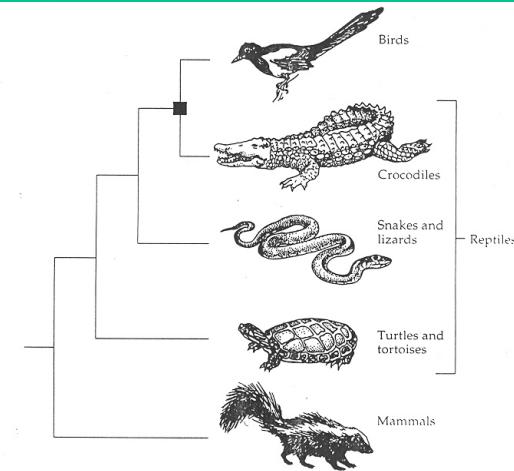


Figure 5.5 Phylogenetic tree of birds, reptiles, and mammals. The reptiles do not constitute a natural clade since they share ancestors with the birds, which are not included in the Reptilia. Birds and crocodiles, on the other hand, constitute a natural clade (Archosauria) since they share a common ancestor (black box) not shared by any other organism. From Li and Graur (1991).

tradičný systém

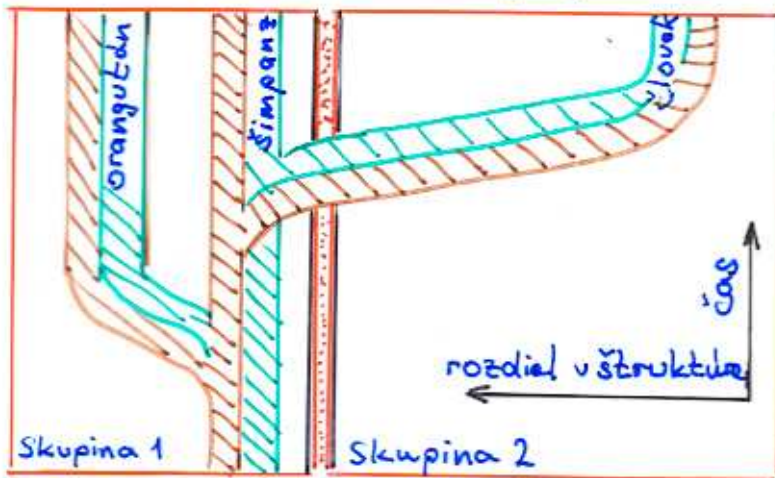


Schéma tradičnej klasifikácie

kladistický systém

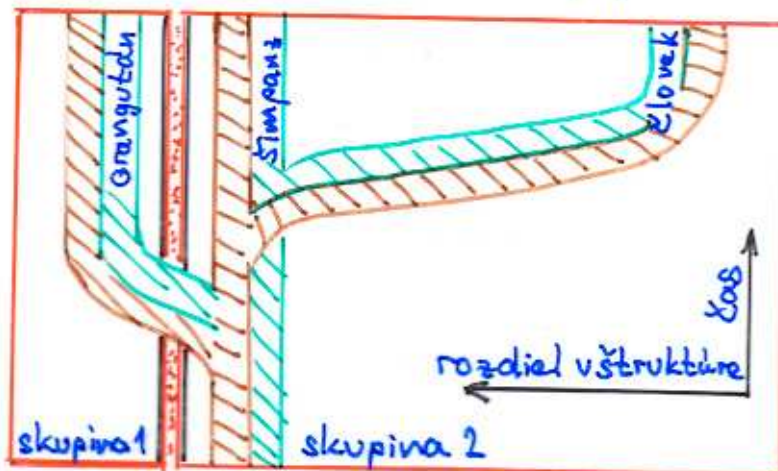
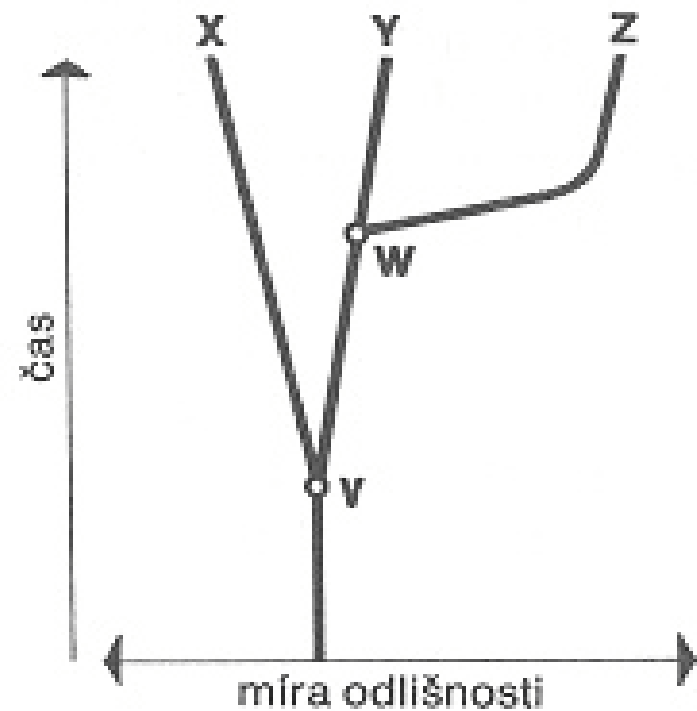


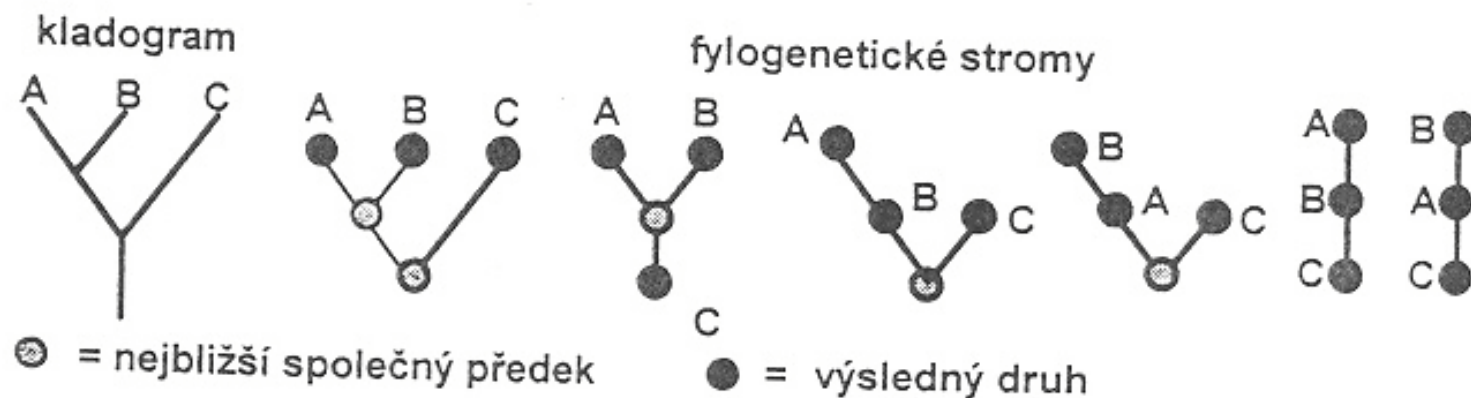
Schéma kladistickej klasifikácie



259. Pojem príbuznosti. Taxony Y a Z jsou si príbuznejší než taxony X a Y, protože Y a Z měli nedávnějšího, jen jim společného předka (W). Taxony X a Y jsou si pouze podobnější, protože se jen málo odlišily od společného předka (V) celé skupiny

KLADOGRAMY. Kladogram vyjadřuje schéma **kladogeneze**, tj. pořadí odvětňování jednotlivých OTU od jejich společného předka, aniž by podával informaci o délce větví. Konečné taxony jsou vždy na vrcholu jeho větví bez ohledu na to, zda jde o taxon existující nebo vyhynulý. Jestliže vycházíme z kladogramu (A,B)C, znázorněného na obr. 630, vidíme, že se s ním shoduje 6 různých fylogenetických stromů. Jedním z nich je samotný kladogram a v ostatních šesti jsou A a B více příbuzné navzájem než s C.

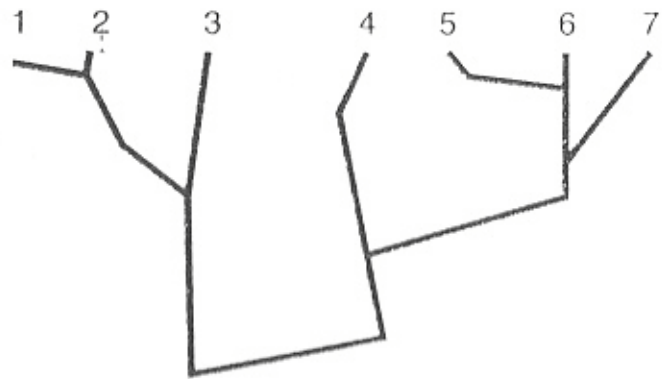
Jinak chápou význam kladogramu **kladisté**. Podle nich je kladogram **synapomorfní schéma**, tj. sdílení jednotlivých odvozených (apomorfních) forem znaků mezi jednotlivými OTU.



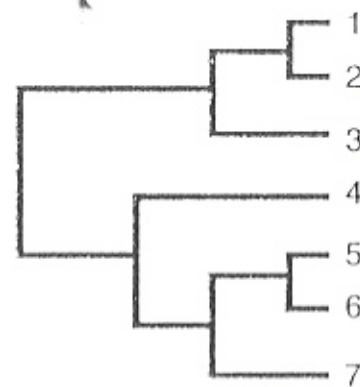
Obr. 630
Příklad kladogramu a jemu teoreticky odpovídajících
fylogenetických stromů

Figure 14.5 A simple relation exists between the phylogenetic (cladistic) classification of a group of species, and their phylogenetic tree. (a) The evolutionary history of seven species. (b) Their cladistic classification. (c) The formal Linnaean classification for species 5. This particular classification is only an example; depending on the detail in a particular case, different Linnaean levels might be used.

(a) Phylogeny



(b) Cladistic relations



(c) Classification

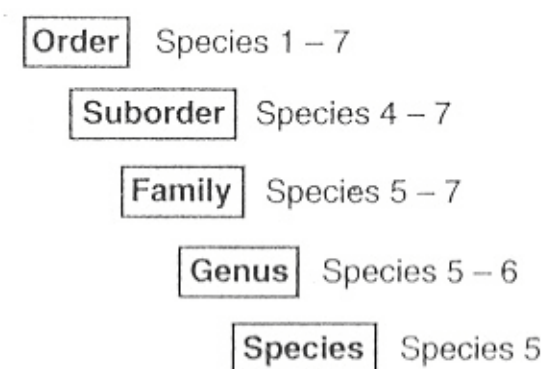
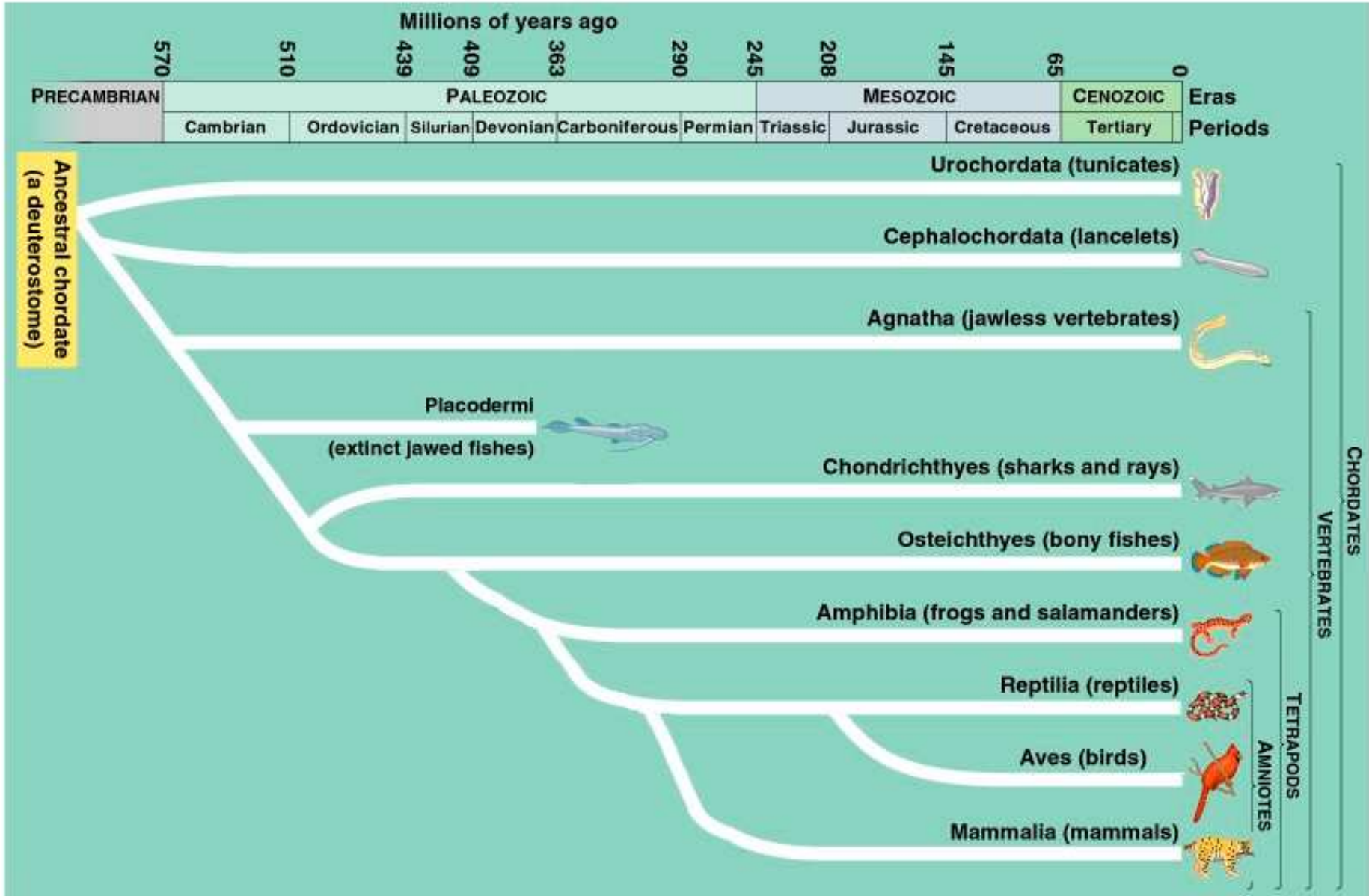


TABLE 14.1

Phenetic, evolutionary, and cladistic classification can be distinguished by the characters they use to define groups, and the kinds of groups they recognize.

Classification	Groups Recognized			Analogies	Characters Used	
	Monophyletic	Paraphyletic	Polyphyletic		Homologies	
					Ancestral	Derived
Phenetic	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes	Yes
Phylogenetic	Yes	No	No	No	No	Yes
Evolutionary	Yes	Yes	No	No	Yes	Yes



From the phylogenetic perspective, a taxon (genus, family, order, class, phylum) can be:

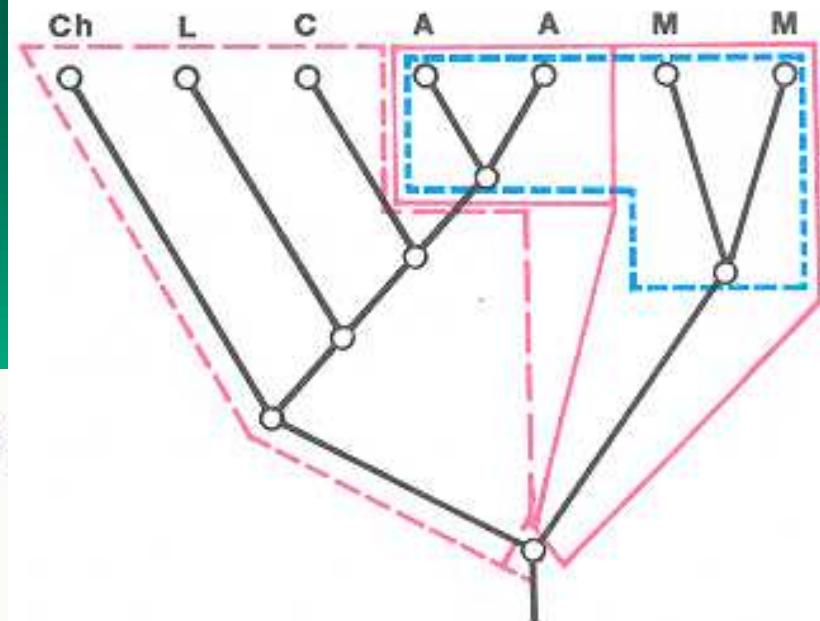
1) monophyletic: a common ancestor with all its descendants



2) paraphyletic: a common ancestor with some, but not all of its descendants



3) polyphyletic: some forms without their common ancestor



260. Evoluční vymezení taxonů na příkladu zjednodušeného dendrogramu žijících skupin blanatých obratlovců (*Amniota*): Ch *Chelonia* (želvy), L *Lepidosauria* (hatěrie a šupinatí), C *Crocodylia* (krokodýlové), A *Aves* (ptáci), M *Mammalia* (savci); Ch + L + C = „*Reptilia*“ (plazi); A + M = „*Homoiotherma*“ (živočichové s fyziologicky regulovanou teplotou těla). Monofyletické a parafiletické taxony vznikly z jediného společného předka, který je v nich též klasifikovaný, a zahrnují ucelený výsek dendrogramu; jsou monofyletické (červená linka) (např. všechna *Amniota*, A, M, atd.), obsahují-li všechny potomky společného předka, nebo parafiletické (červená přerušovaná linka) („*Reptilia*“), neobsahují-li všechny potomky společného předka. Polyfyletické taxony (modrá přerušovaná linka) neobsahují v sobě společného předka a nezahrnují ucelený výsek dendrogramu (např. „*Homoiotherma*“, která by vznikla spojením ptáků a savců do jediného taxonu)

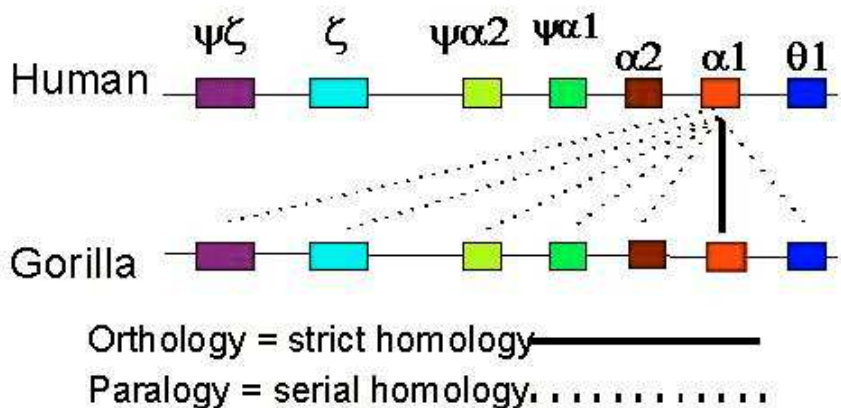
Dva typy homologie v gènových rodinách

zdvojené (zmnosené) gény predstavujú špeciálny problém pre rekonštrukciu fylogeny

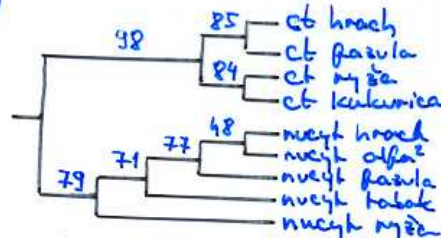
ortológia - gény odvodené len z jednej kópie génu (zdvojeného v spoločnom predkovi) - rozdiely vznikli v priebehu špeciácie (izoenzymy - ct glutamín syntetáza)

paralógia - homologia génu súvisí s pôvodným zdvojením génu v spoločnom predkovi; gény však nie sú umiestnené v rovnakom lokuse a majú za sebou odlišnú históriu (ct glutamín syntetáza v hrachi versus nvyt glutamín syntetáza fazule)

Serial homology of globin genes

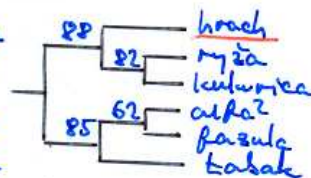


Ⓐ



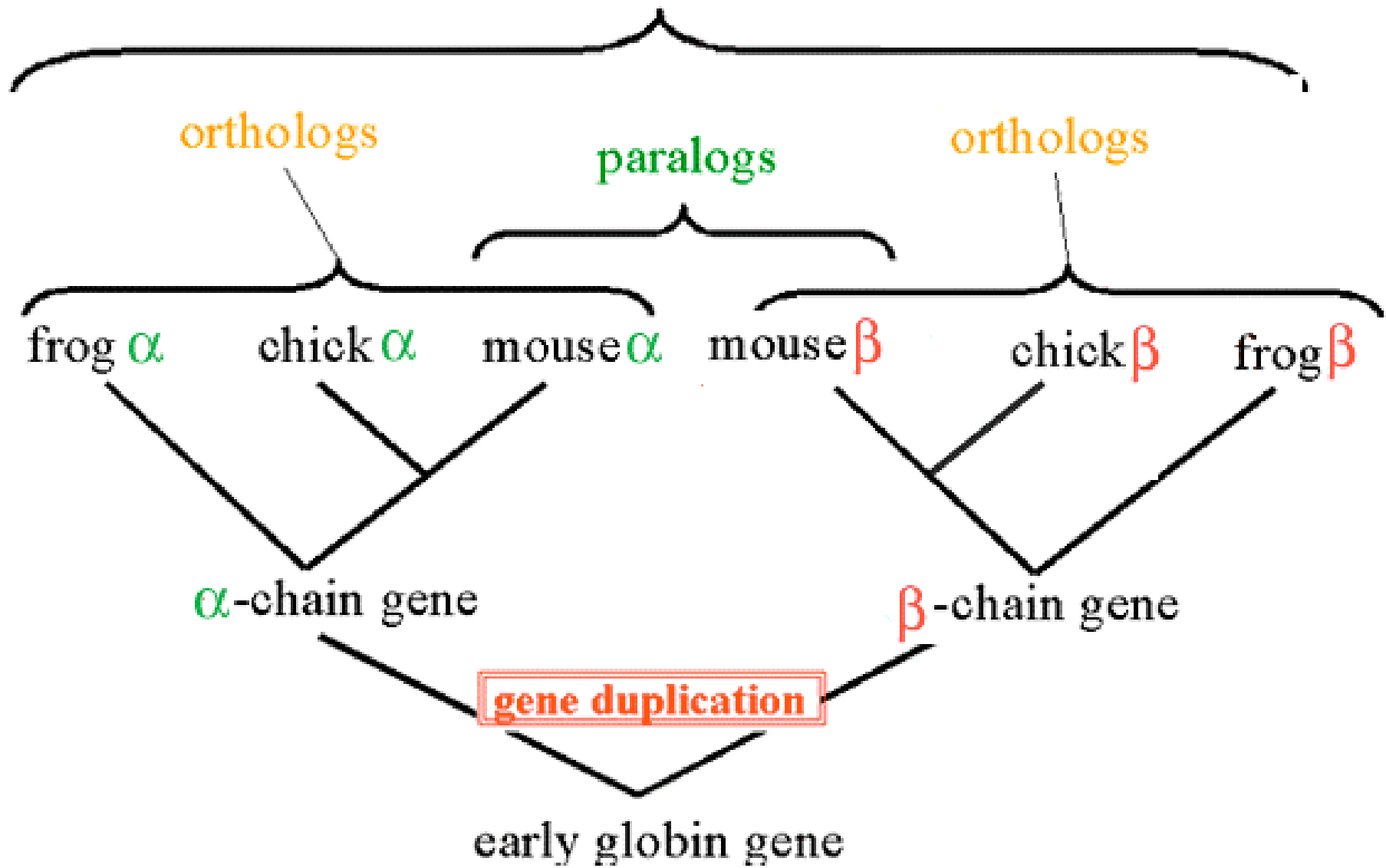
dve stupiny ortologických sekvenít (ct; nvyt)

Ⓑ

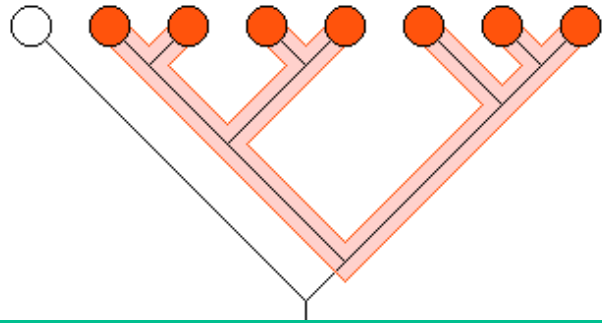


nezohľadnenie typu homologie

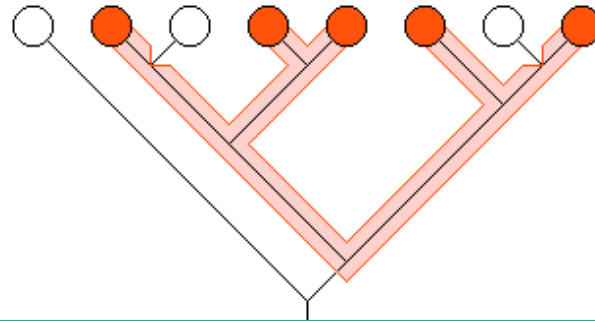
homologs



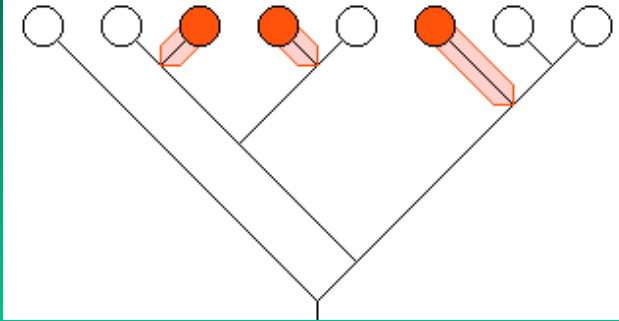
Monophyletic taxon (clade):



Paraphyletic taxon:



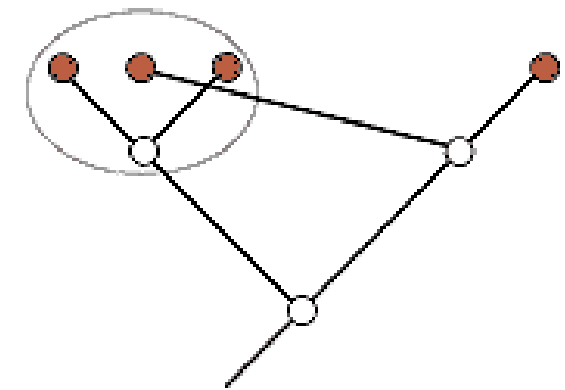
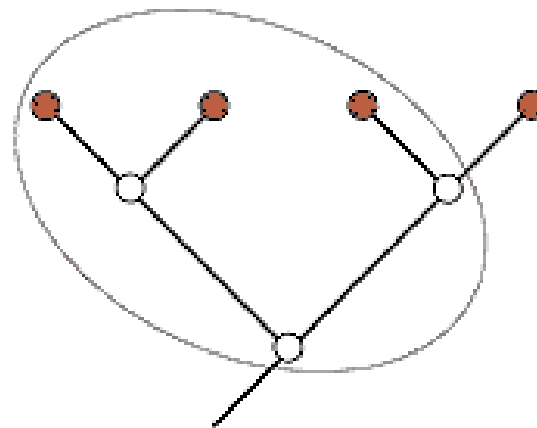
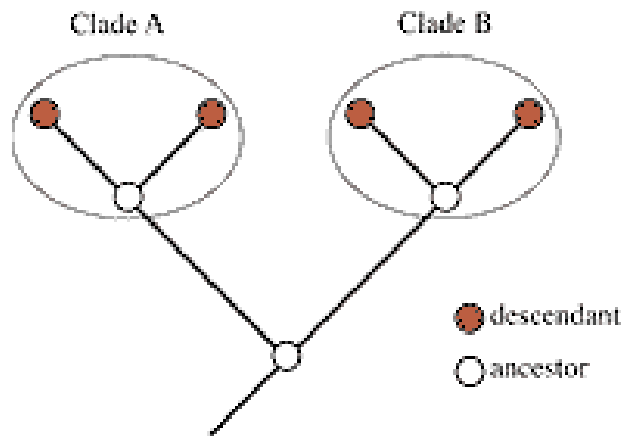
Polyphyletic taxon:



Monophyly

Paraphyly

Polyphyly



A

B

C

dendrogram

diagram pripomínajúci strom – strom života
– zobrazuje vzťahy medzi rozličnými taxonomickými skupinami organizmov

v závislosti od kritérií rozdielne podoby:

Fenogram je skonštruovaný na základe stupňa celkovej podobnosti metódami fenetiky (numerická taxonómia)

Kladogram odráža mieru odlišnosti medzi taxónmi – postupnosť objavovania sa nových znakov (kladistika)

Evolučný strom zohľadňuje podobnosti i odlišnosti a rozhodujúcim kritériom je stupeň príbuznosti (evolučná škola klasifikácie organizmov).

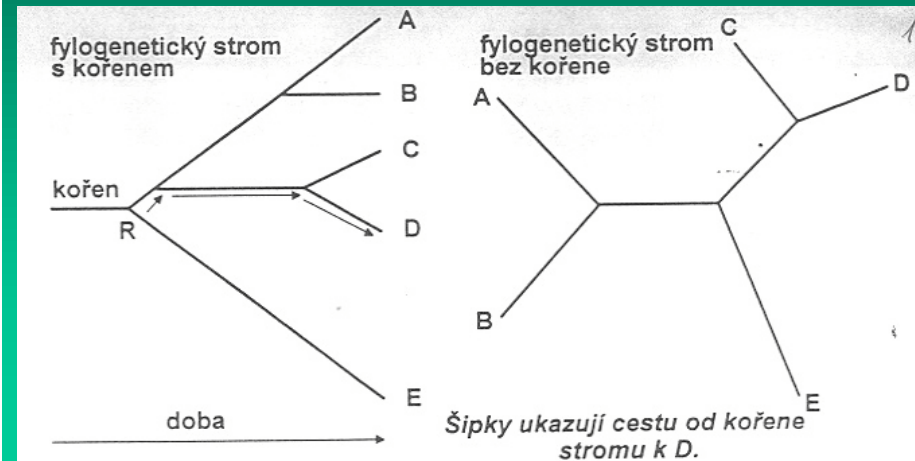
± syn. **fylogram**, resp. **fylogenetický strom** – schematické znázornenie predpokladaného priebehu evolúcie príslušných taxónov (fylogénéza)

V súčasnosti sú tieto typy dendrogramov zostrojované hlavne metódami kladistiky ⇒ ± syn. **kladogram**.

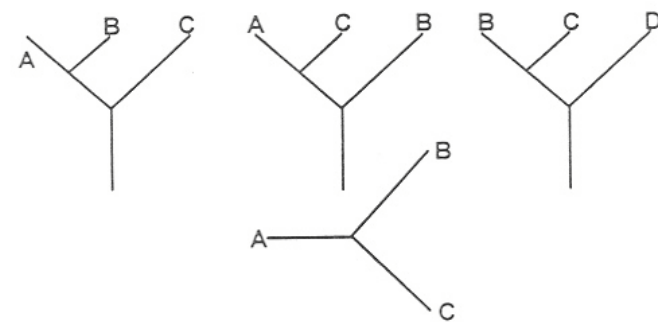
Dendrogram môže mať podobu **zakoreneného stromu** – jednotlivé vetvy postupne odčleňujú od spoločného predka lokalizovaného v základoch

– vertikálna os vyjadruje absolútny alebo relatívny čas
– horizontálna os je buď bez významu alebo metaforicky naznačuje mieru odlišnosti.

Ak spoločný predok a hierarchia odčleňovania vetiev nie sú známe, konštruuje sa **nezakorenený strom** – vetví zo stredu grafu na viac ako dve strany.



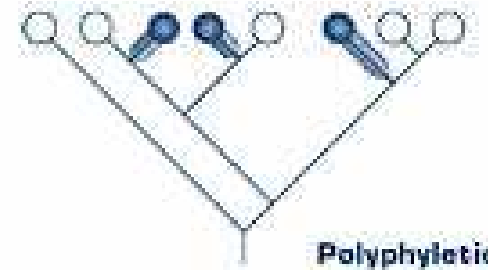
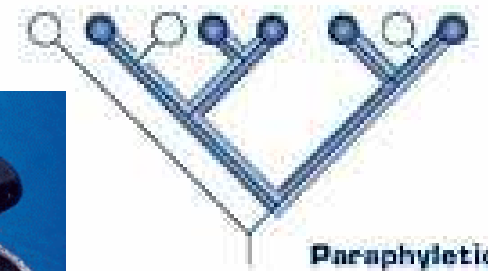
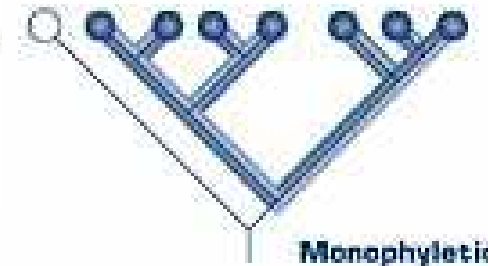
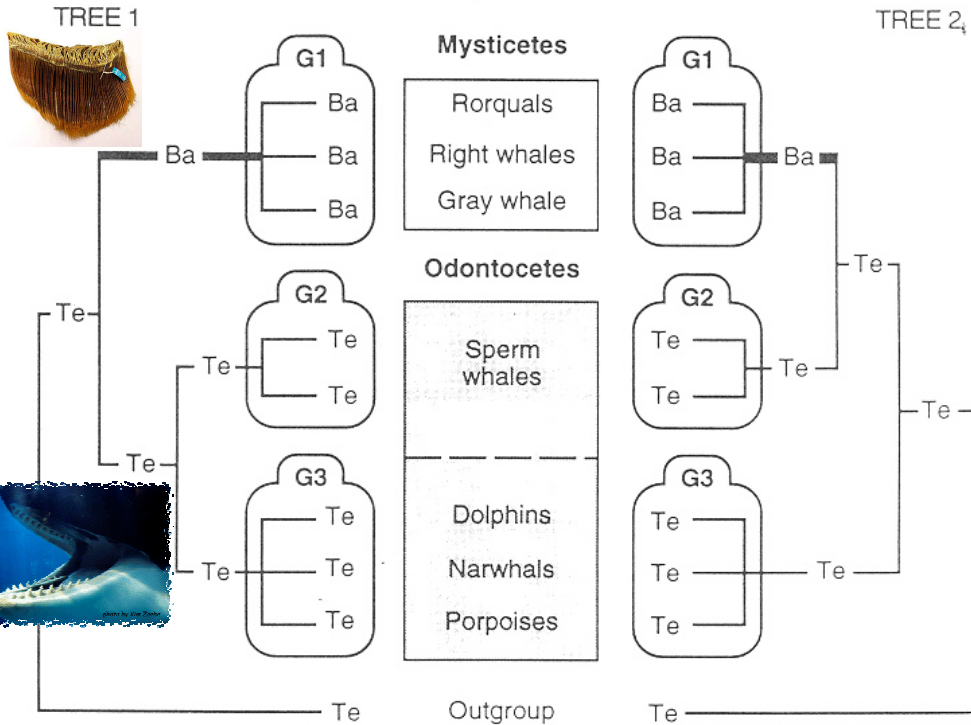
Obr. 430
Fylogenetické stromy s kořenem a bez kořene



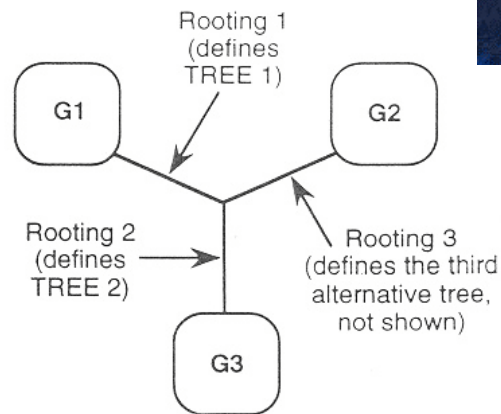
Obr. 431
Počet možných fylogenetických stromů s kořenem a bez kořene ze tří OTU

Box 1. Character information and tree rooting

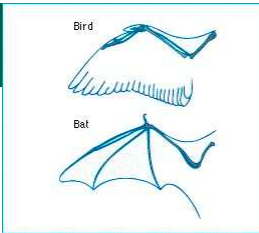
Since baleen are not present in any non-cetacean mammals, the presence of baleen (Ba) is a **synapomorphy** (a shared derived, hence cladistically informative, character state) that appeared somewhere along the branch in bold and that supports the grouping of all baleen-bearing cetaceans in a **clade** (a truly monophyletic group, that is, a group containing one ancestor not shared by any species outside that group). On the other hand, since non-cetacean mammals possess teeth, the presence of teeth (Te) in some cetacean taxa is a **symplesiomorphy** (a shared ancestral, hence cladistically uninformative, character state) retained by extant teeth-bearing cetaceans. The presence of teeth provides no information allowing us to choose between TREE 1 (where odontocetes form a clade) and TREE 2 (where odontocetes form a **paraphyletic group**, that is, a group containing an ancestral species together with some, but not all, of its descendants).



Most phylogenetic methods produce **unrooted trees**. The tree is rooted by using an **outgroup** taxon, that is, a taxon that diverged from G1, G2 and G3 before these three groups diverged from each other. The phylogenetic analysis will position the branch leading to the outgroup on one of the three branches connecting G1, G2 and G3. These three alternative rootings will define three alternative cladogenetic relationships between the groups G1 (mysticetes), G2 (sperm whales) and G3 (non-sperm-whale odontocetes). Using G1 as an outgroup would force the grouping of G2 and G3 in a clade, hence, the monophyly of toothed whales (G2 + G3) would be constrained and not assessed.



klúčový problém taxonómie -
- otázka podobnosti



homológia - geneticky príbuzné znaky
(ortológia versus paralógia)
analógia - geneticky nepríbuzné znaky

celkovú podobnosť možno rozložiť na tri zložky

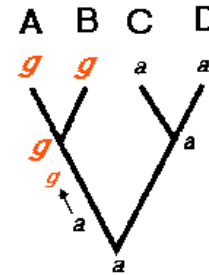
- a) spoločné - pôvodné charakteristiky
symplesiomorfia
vchované črty (primitívne) pradávného spoločného predka
- b) spoločné - odvodené charakteristiky
synapomorfia
nové črty alebo modifikácie, ktoré vznikli v priebehu nedávneho spoločného vývoja

- c) homoplázie
 - konvergencie
 - paralelizmus
 - reverzie

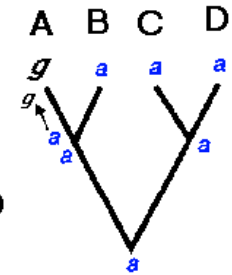
pravé evolučné podobnosti - a a b
falošné evolučné podobnosti - c

Hennig - formalizovanie koncepcie - relatívna blízkosť vzájomných evolučných vzťahov by mala byť založená len na porovnaní spoločných odvodených črt

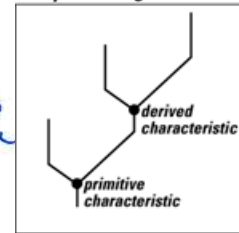
Derived Homology



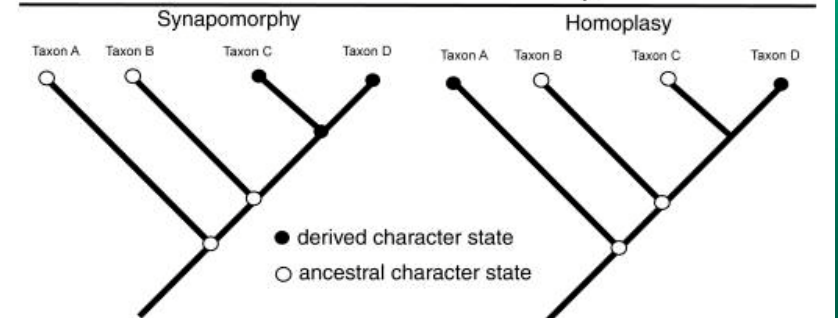
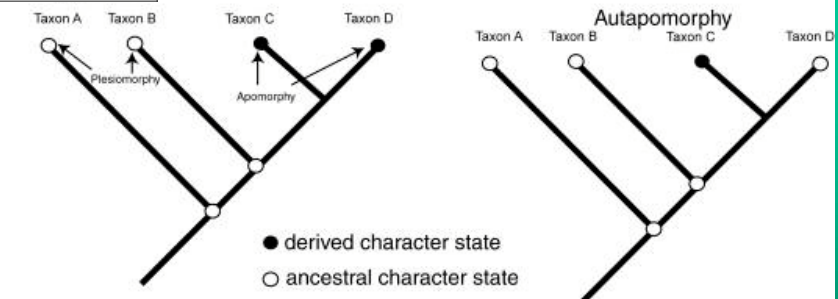
Ancestral Homology



Sample Cladogram



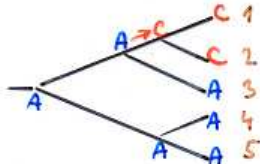
Analogy (Convergence)



Různé typy podobnosti:

rovnaký fylogenetický strom spojující pět taxonů (1-5)

(a)

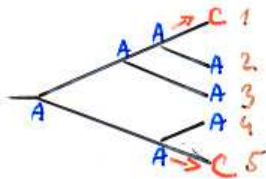


Odlíšné příčiny proč homologické nukleotidy v různých taxonech môžu být rovnaké

C - společně odvozené charakteristiky (b)

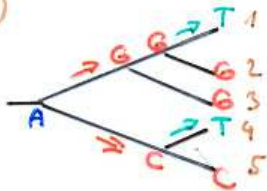
A - společně původně charakteristiky (c)

(b)



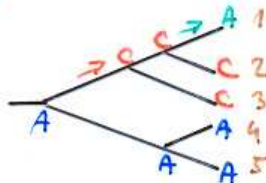
paralelní substituce (c2)

(c)



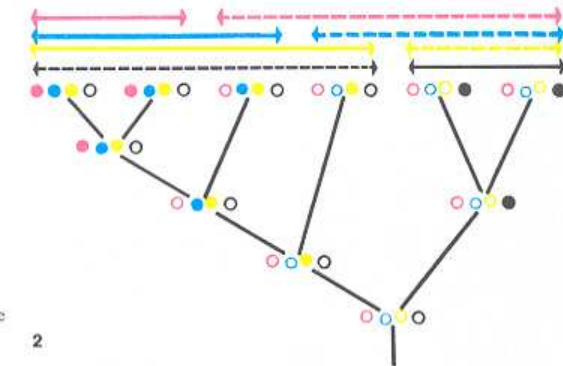
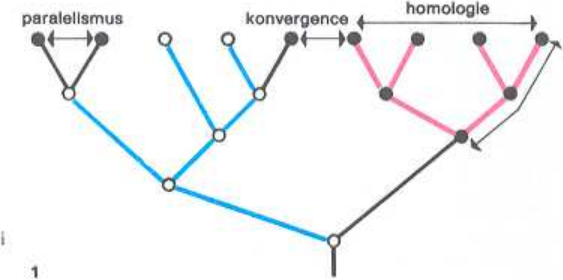
convergentní substituce (c1)

(d)



revertzia (c3)

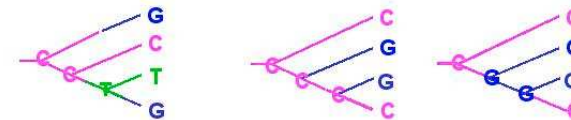
261. Evoluční vážení znaků: 1 Dendrogram zobrazující podobnost paralelní, konvergentní a homologickou, a rozdíl v pleziomorfní (modrá linka) a apomorfní (červená linka) shodě znaků. 2 Použití apomorfních podobnosti pro utváření hypotézy o kladogenezí skupiny. Čtyři skupiny znaků s odlišným výskytem podobnosti u šesti současných taxonů jsou symbolizovány čtyřmi barvami; plně kolečko (resp. nepřerušovaná čára) = apomorfní podobnost, prázdné kolečko (přerušovaná čára) = pleziomorfní podobnost. Nejjednodušším vysvětlením výskytu apomorfí u potomků je hypotéza o jejich příbuznosti a o situaci u předpokládaných předků vyjádřená tímto dendrogramem



Homoplasies

Independent evolution of the same character.

- (1) Convergent events (in either related or unrelated entities),
- (2) Parallel events (in related entities)
- (3) Reversals (in related entities)



(1) (2) (3)

The Jukes-Kantor correction assumes homoplasy occurs at the rate predicted by random mutations.

porovnávane znaky a vlastnosti organizmov ako východisko pre konštrukciu fylogenetických stromov:

- klasické, morfológické (vrátane embryologických)
- etologické
- imunologické
- enzymologické
- biochemické
- molekulárno-biologické:

bielkoviny
nukleové kyseliny

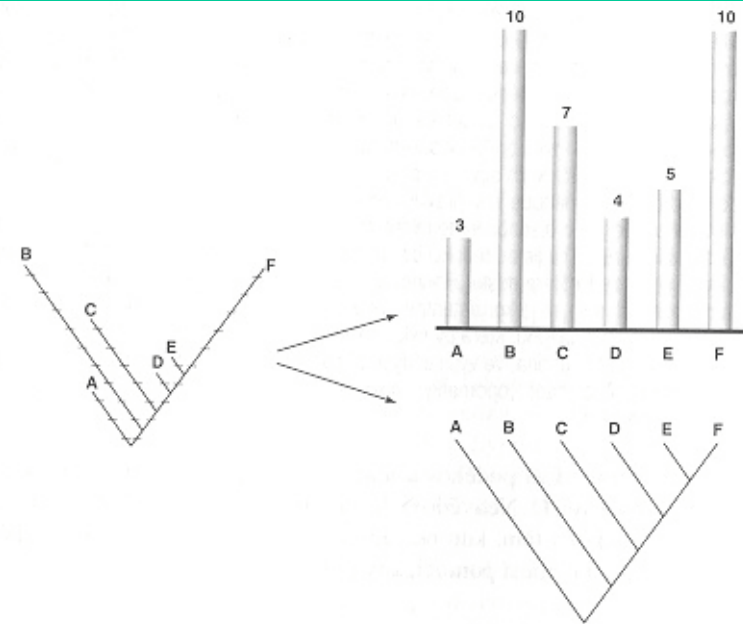
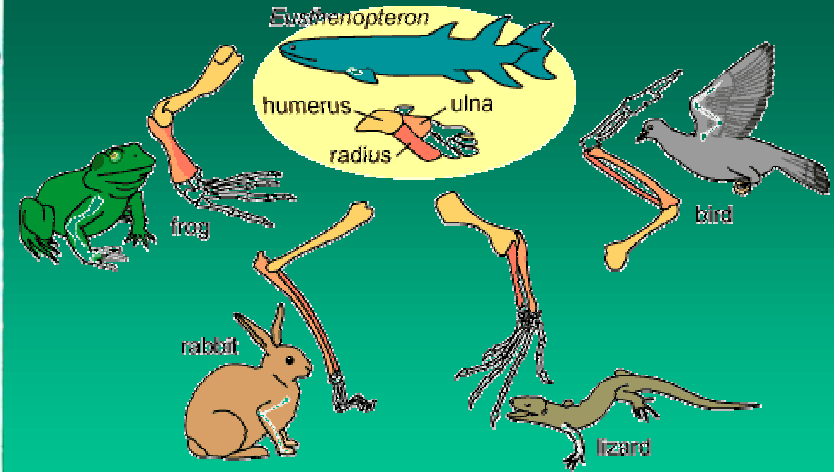
DNA, RNA

- hybridizácia
- restrikcia (DNA)
- sekvenovanie

porovnanie sekvencií (bielkovín, RNA, DNA) -

- odstránenie problému analógia versus homológia pri konštrukcii fylogenetických stromov - stupeň podobnosti sa spája so stupňom príbuznosti - priame metódy

- na porovnanie sekvencií možno použiť metódy fenetiky
- molekulárna systematika umožňuje kvantifikovať ako anagenezu (zmeny v rámci jednej vývojovej línie) tak aj kladogenezu (rozštiepanie jednej vývojovej línie na viac línií)



1. Vztah anageneze (nahore) a kladogeneze (dole). Vlevo schéma fylogeneze s vyznačenými evolučnými novinkami, vpravo táž fylogeneze „rozpitvaná“ na anagenezu (nahore) a kladogenezu (dole).

Určovanie stupňa podobnosti

metóda vzdialenosti - distance method
(similarity/dissimilarity distance matrix method)

analýza zhlukov na základe podobnosti

metóda úspornosti - maximum parsimony method
(cladistic parsimony; Hennigian parsimony)

určenie najmenšieho počtu mutácií vedúcich od jedného taxónu k druhému

MLE - Maximum likelihood estimation method
"evolutionary parsimony" - Lake

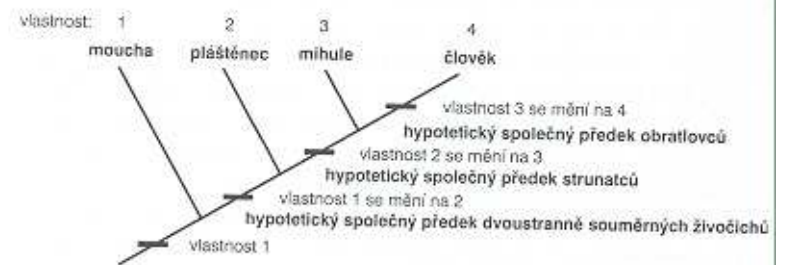
taxóny sa určujú ako pracovné kategórie -
- PTJ = pracovná taxonomická jednotka

algoritmizovanie
použitie výpočtovej techniky

dendrogramy - fylogenetické stromy založené na genetickom vzdialenosti

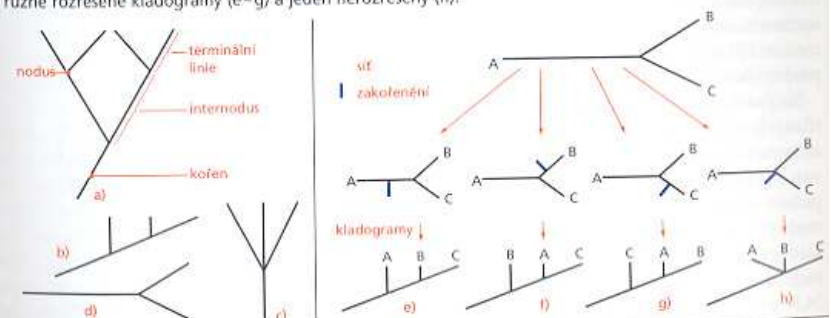
- nezakorenené "unrooted trees"
- zakorenené "rooted trees" - potrebujú použiť vonkajšiu skupinu (outgroup)

určenie relatívnych vzťahov medzi PTJ
=> často existuje viacero optimálnych stromov



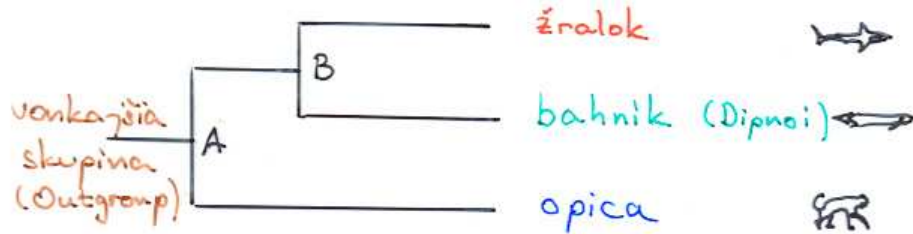
2. Znak, hypotetický předek a fylogeneze

Obr. 1.11 Kladogram, síť a zakorenění. (a) Terminologie složek kladogramu. (b)-(d) Topologie dendrogramu pro tři taxony: zakoreněná a rozřešená (b), zakoreněná a nerozřešená (c), síť (d). (e)-(h) Z totožné a jediné možné sítě pro tři taxony (nahore) mohou různým umístěním kořenu (uprostřed) vzniknout tři různé rozřešené kladogramy (e-g) a jeden nerozřešený (h).



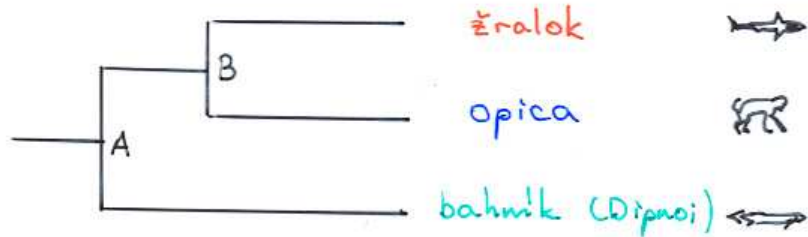
①

VS =



②

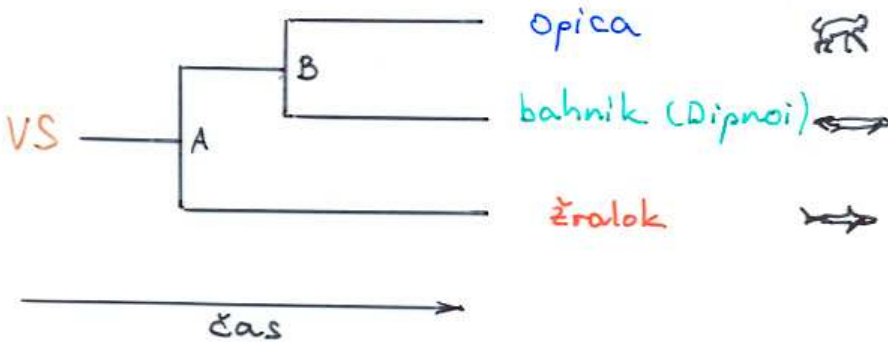
VS



③

+

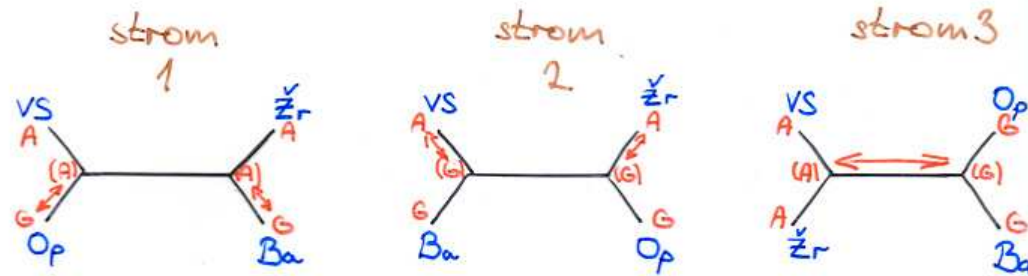
VS



Tri možné fylogenetické stromy zndzorňujúce evolučnú príbuznosť troch rôznych taxonomických skupín živočíchov (stavovce; vs. bezstavovce)
 A - zakorenenie stromu; B - recentnejší spoločný predok



Characteristics	TAXA			
	1	2	3	4
A	+	+	+	-
B	+	-	-	-
C	+	-	+	-
D	+	+	-	-
E	+	+	+	-
F	+	-	+	+
G	+	+	-	-
H	+	+	+	-



druh	znak
druh 1:	●
druh 2:	●
druh 3:	■
druh 4:	■



Obr. XXIII.5 Princip maximální parsimonie ve fylogenetice. Horní tabulka ukazuje rozložení dvou forem binárního znaku (kolečko, čtvereček) u čtyř studovaných druhů. Spodní díl obrázku ukazuje všechny tři varianty nezakořeněných stromů, které je možné vytvořit pro čtyři druhy, s vyznačenými hodnotami znaku pro každý z taxonů a pro dva hypotetické předky dvou dvojic druhů. Hvězdičkou jsou vyznačena místa evoluční změny jedné formy znaku na formu druhou. Z obrázku je zřejmé, že varianta I je nejúspornější (maximálně parsimoniální), neboť k vysvětlení stávajícího rozložení obou forem znaku ji stačí předpokládat pouze jedinou evoluční změnu.

taxón:
 Žr žralok
 Ba bahňák (Dipnoi)
 Op opice
 VS bezstavovce (vonkající skupina)

		5					10			
		A	T	C	C	T	A	G	G	C
Žr	G	A	T	C	C	T	A	G	G	C
Ba	G	G	T	C	A	C	A	T	G	T
Op	G	G	T	C	A	T	A	T	C	T
VS	G	A	T	A	C	C	A	B	C	A

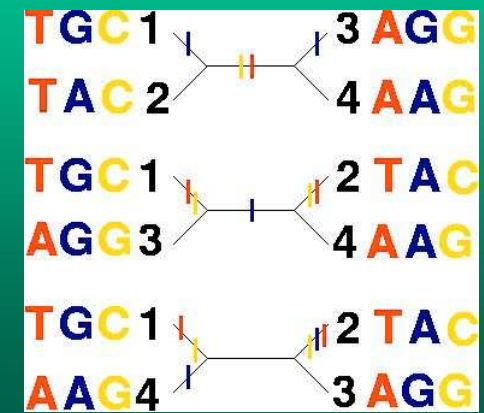
počet substitucí per:

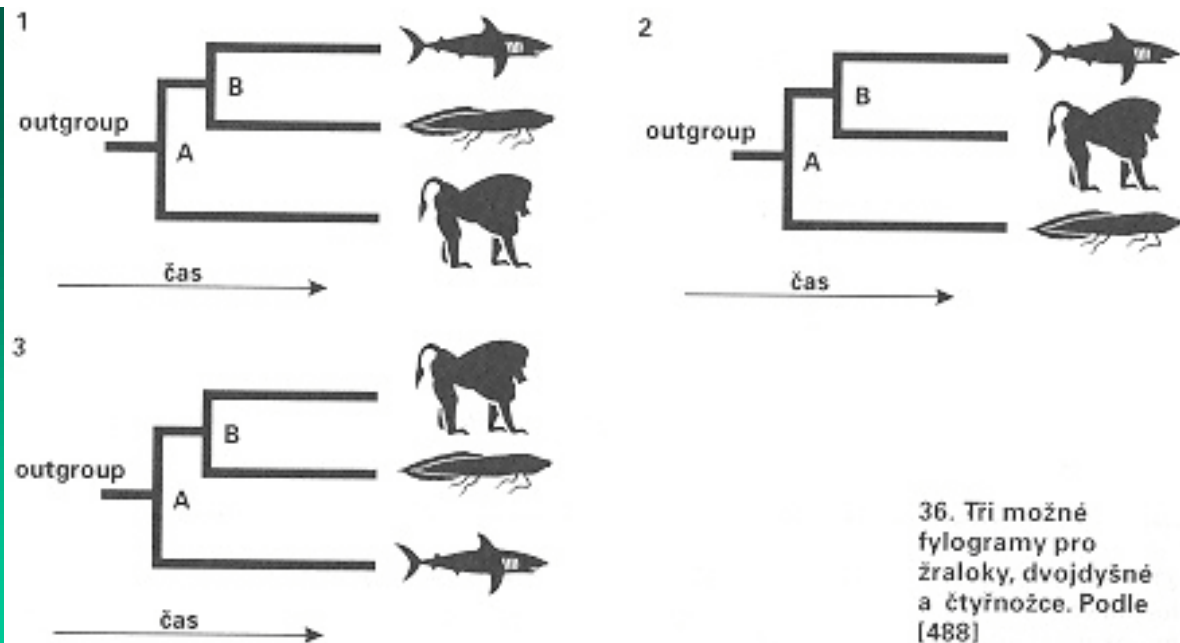
strom 1	0	2	0	1	2	2	0	2	1	2	12
strom 2	0	2	0	1	2	1	0	2	2	2	12
strom 3	0	1	0	1	1	2	0	1	2	2	10

Budovanie "úsporného stromu" porovnávaním sekvenci nukleotidov

Maximum parsimony method -

- tzv. metoda úspornosti - stanovenie najmenšieho počtu mutácií vedúcich od jedného taxónu k druhému





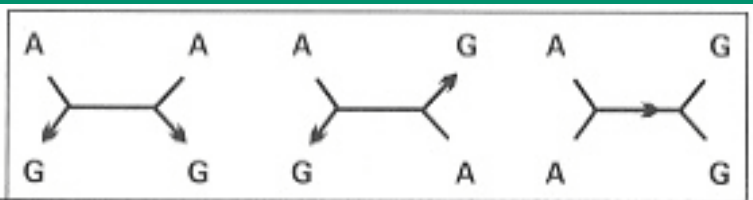
36. Tři možné fylogramy pro žraloky, dvojdyšně a čtyřnožce. Podle [488]

Tab. IV. Parsimonní analýza krátkých sekvencí.

poloha	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
žralok	G	A	T	C	C	T	A	G	G	C
bahník	G	G	T	C	A	C	A	T	G	T
opice	G	G	T	C	A	T	A	T	C	T
outgroup	G	A	T	A	C	C	A	G	C	A
informativní		*			*	*		*	*	

Počet událostí na strom:

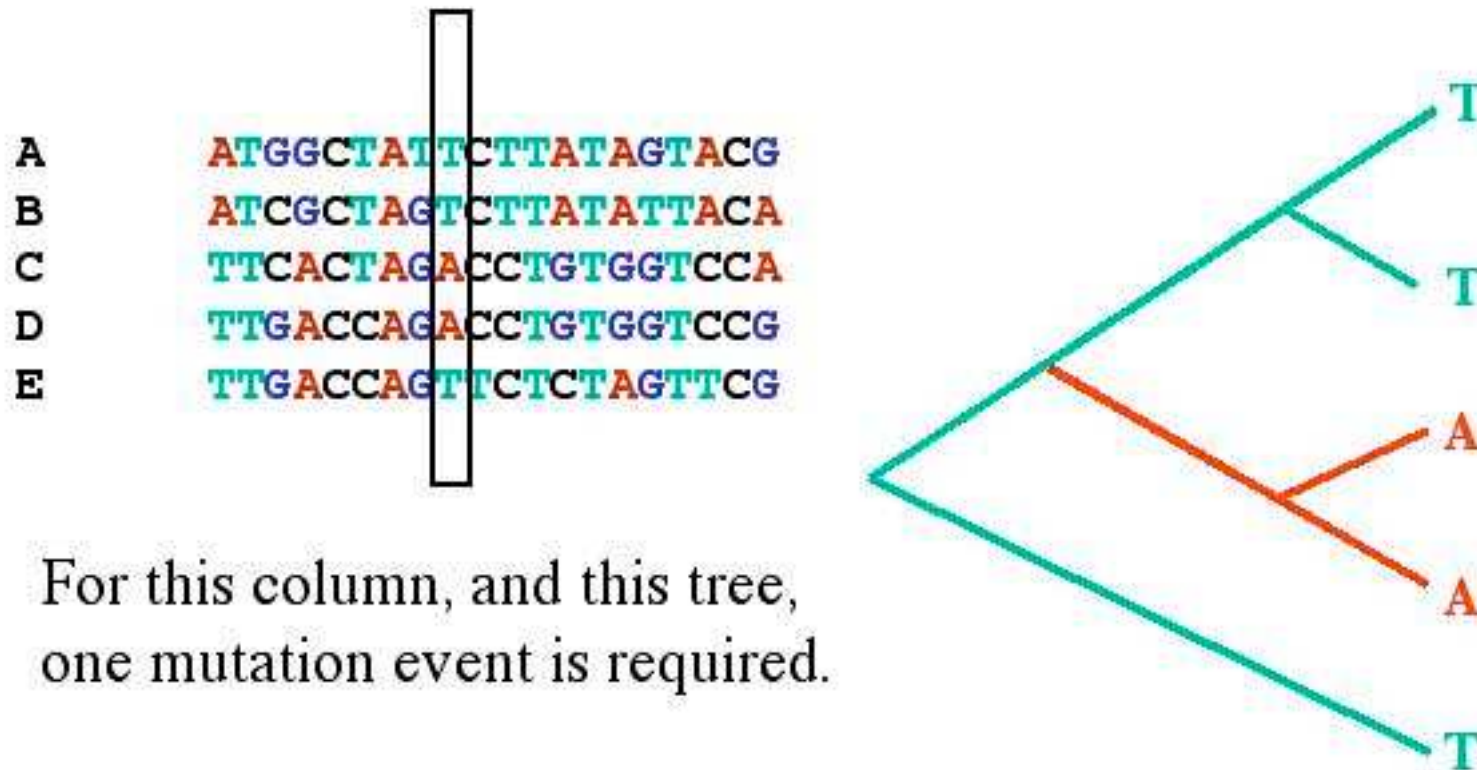
strom č.	počet událostí (viz tab. V)										suma
1	0	2	0	1	2	2	0	2	1	2	12
2	0	2	0	1	2	1	0	2	2	2	12
3	0	1	0	1	1	2	0	1	2	2	10



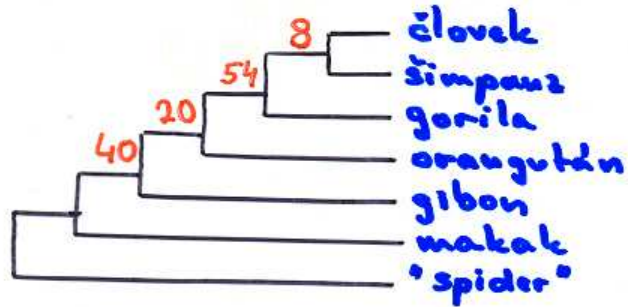
strom číslo:	1	2	3
počet změn:	2	2	1

Maximum parsimony -- it's “character-building”

Optimality criterion: The ‘most-parsimonious’ tree is the one that requires the fewest number of evolutionary events (e.g., nucleotide substitutions, amino acid replacements) to explain the sequences.



Evolučný strom primátov
 gény pre β -globín (10,8 kbp)

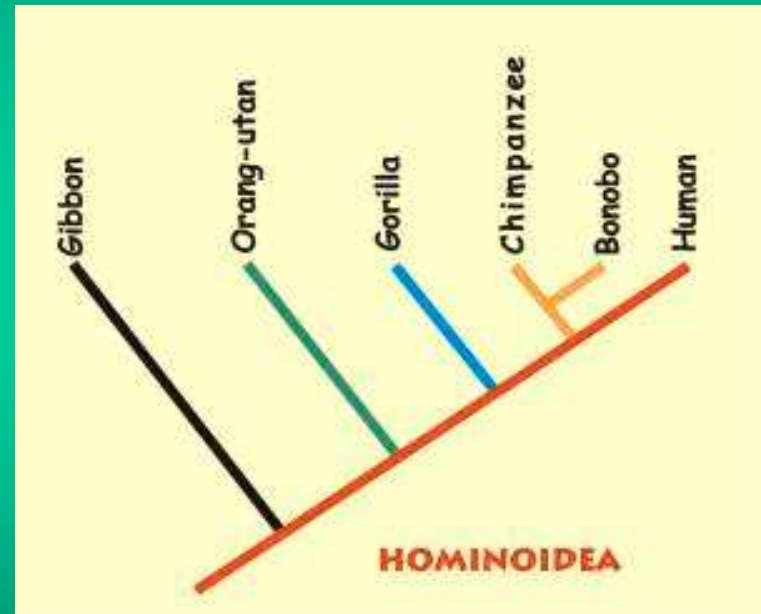


metóda maximálnej úspornosti
 (minimalizácia počtu zmien oddelujúcich
 jednotlivé vetvy)

čísla udávajú rozdiel medzi najúspornejšou
 hodnotou a druhou "naj" hodnotou

napr. zoskupenie človek - šimpanz
 je úspornejšie o 8 zmien pred zoskupením
 človek - gorila

zoskupenie - človek - šimpanz - gorila
 je úspornejšie o 54 zmien pred zoskupením
 človek - šimpanz - orangutan



organizmus

sekvencia

a)

A	C G U A G A C C U G A C
B	C C U A G A G C U G G C
C	C C A A G A C G U G G C
D	G C U A G A U G U G C C

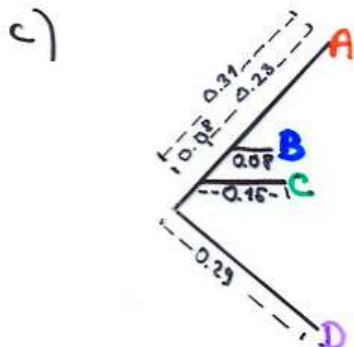
evolučná vzdialenosť

korigovaná evolučná vzdialenosť

b)

E_D	A → B	0,25	0,30
E_D	A → C	0,33	0,44
E_D	A → D	0,42	0,61
E_D	B → C	0,25	0,30
E_D	B → D	0,33	0,44
E_D	C → D	0,33	0,44

E_D = % nehomologických sekvencií
 E_D -korigované - štatistická korekcia (spätne a dodatočne mutácie)



Metóda vzdialeností (matrix)
16S rRNA

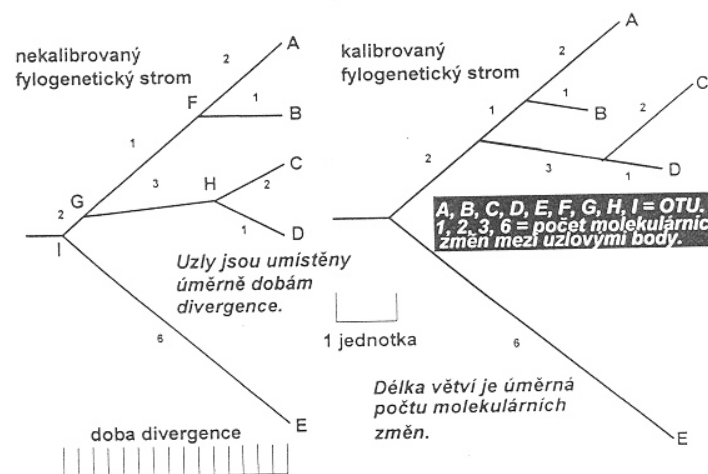
Fylogenetický strom (generovaný počítačom)

- dĺžka vetiev oddelujúcich dva organizmy zodpovedá evolučnej vzdialenosti

FYLOGENETICKE STROMY

Vetve fylogenetického stromu môžu byť kalibrované alebo nekalibrované. Toto rozlišovanie spočíva v tom, že dĺžka vetví kalibrovaných fylogenetických stromů je úmerná počtu molekulárných zmien. U nekalibrovaných fylogenetických stromů není dĺžka vetví úmerná počtu molekulárných zmien; tyto změny jsou na větích uvedeny jen číslem vyjadřujícím jejich počet. Takové znázornění fylogenetického stromu umožňuje seřadit existující OTU a umístit uzlové body a OTU nad časovou škálou, je-li doba divergence známá (obr. 429).

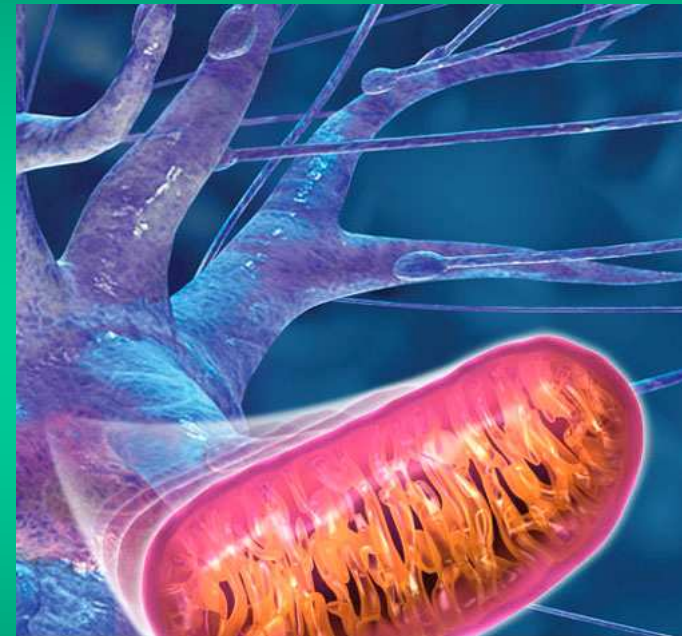
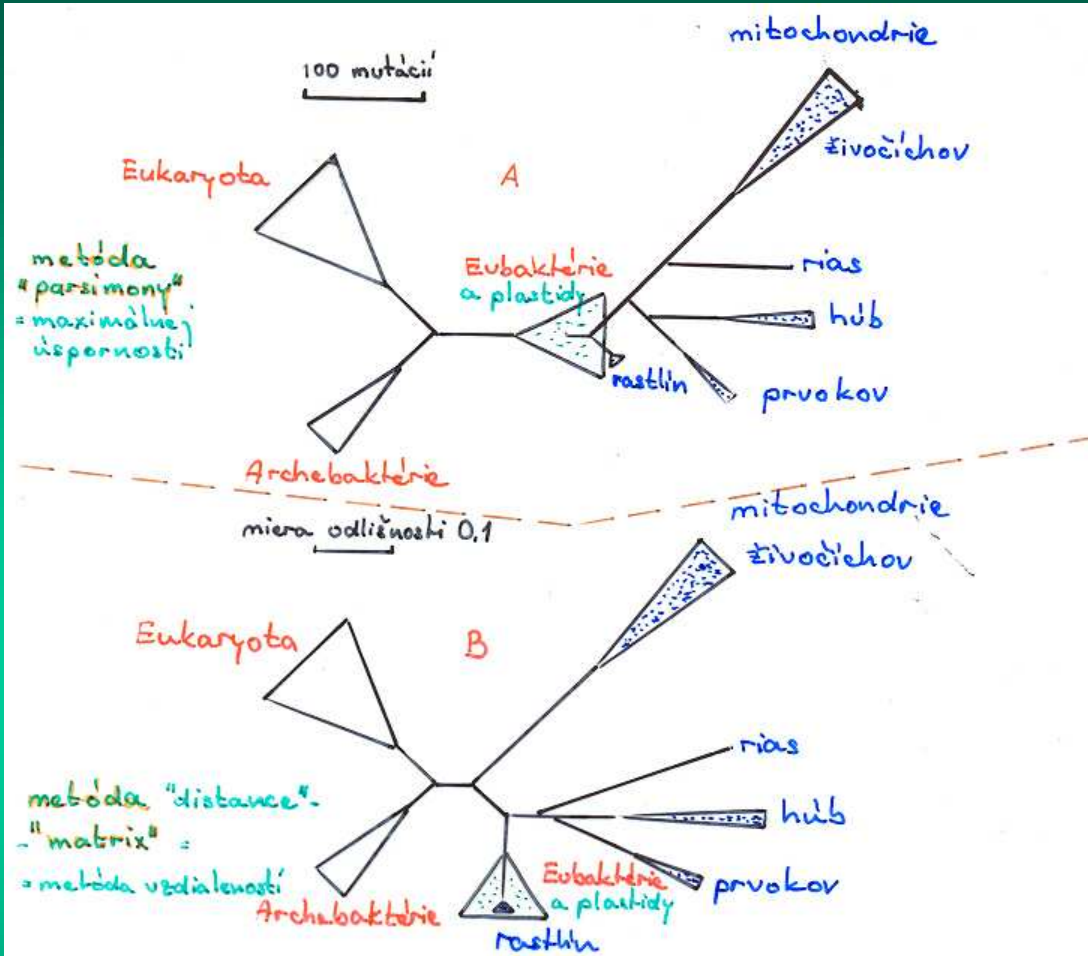
Ještěže dĺžka mezi kterýmikoli dvěma OTU je rovna součtu délek všech



Obr. 429 Kalibrovaný a nekalibrovaný fylogenetický strom

vetví, které je spojují, označuje se takový strom jako aditivní kalibrovaný fylogenetický strom. Např. na obr. 429 vzdálenost mezi A a C u kalibrovaného stromu je

$$2 + 1 + 3 + 2 = 8.$$



Nezakorenené stromy života zostrojené na základe porovnávania univerzálneho skeletu ribozómových RNA (rRNA) z malých ribozómových podjednotiek

legenda: v rovnoramenných trojuholníkoch
dĺžka základne vyjadruje veľkosť súboru
výška trojuholníka - rozdiely vo vnútri súboru

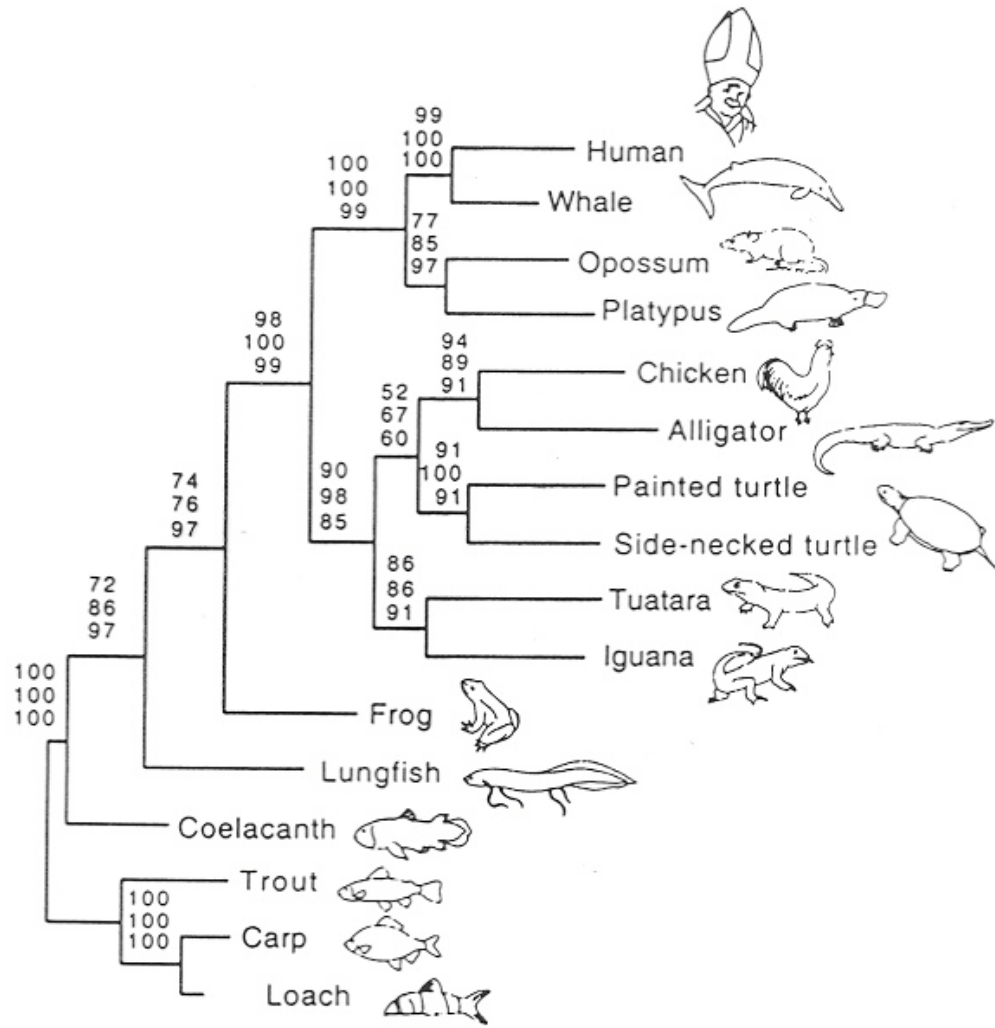
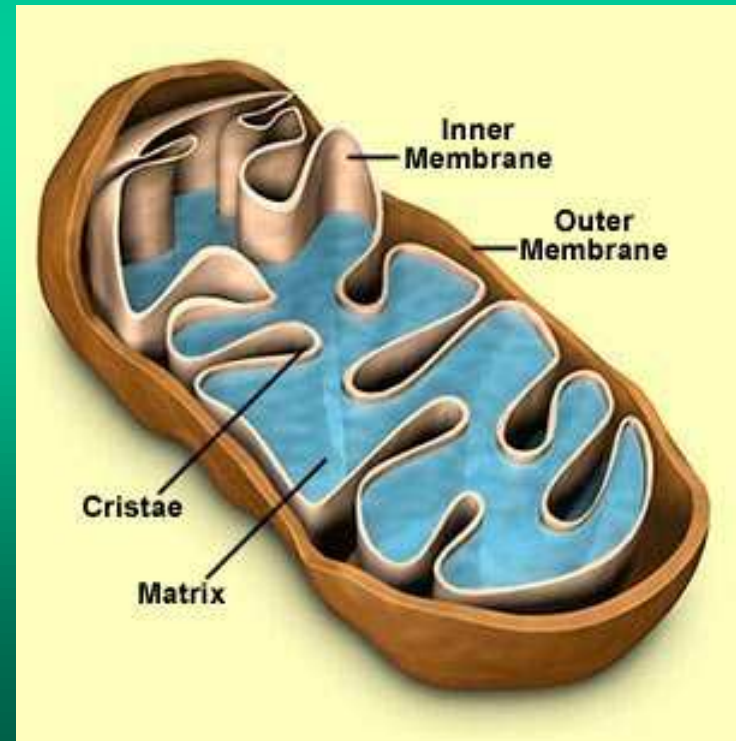
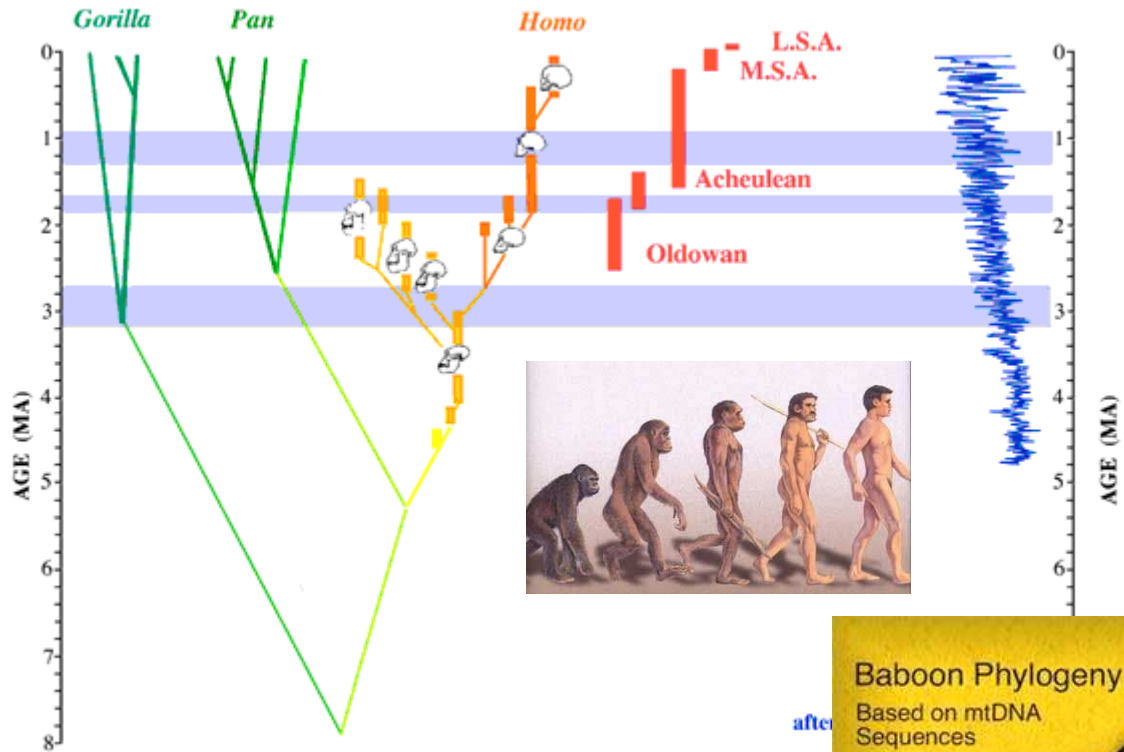
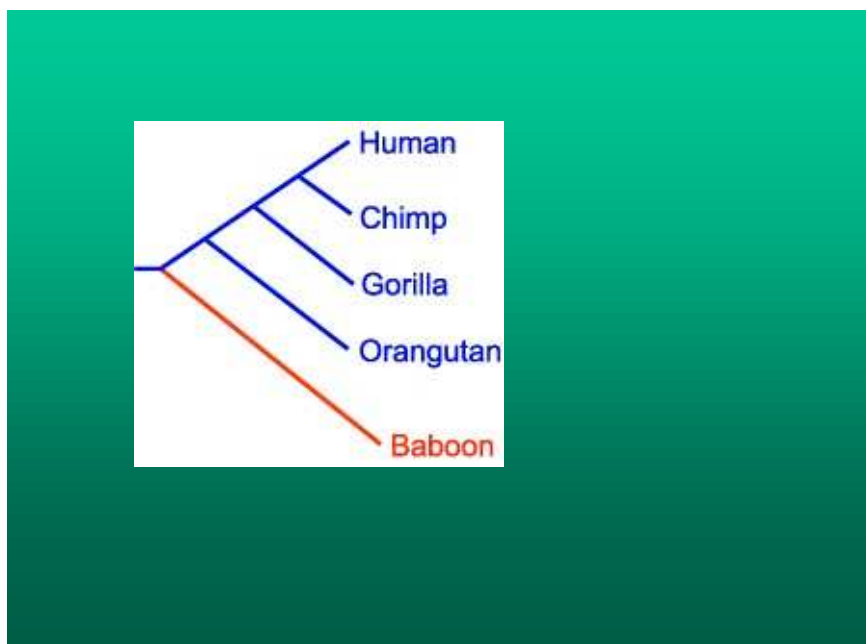
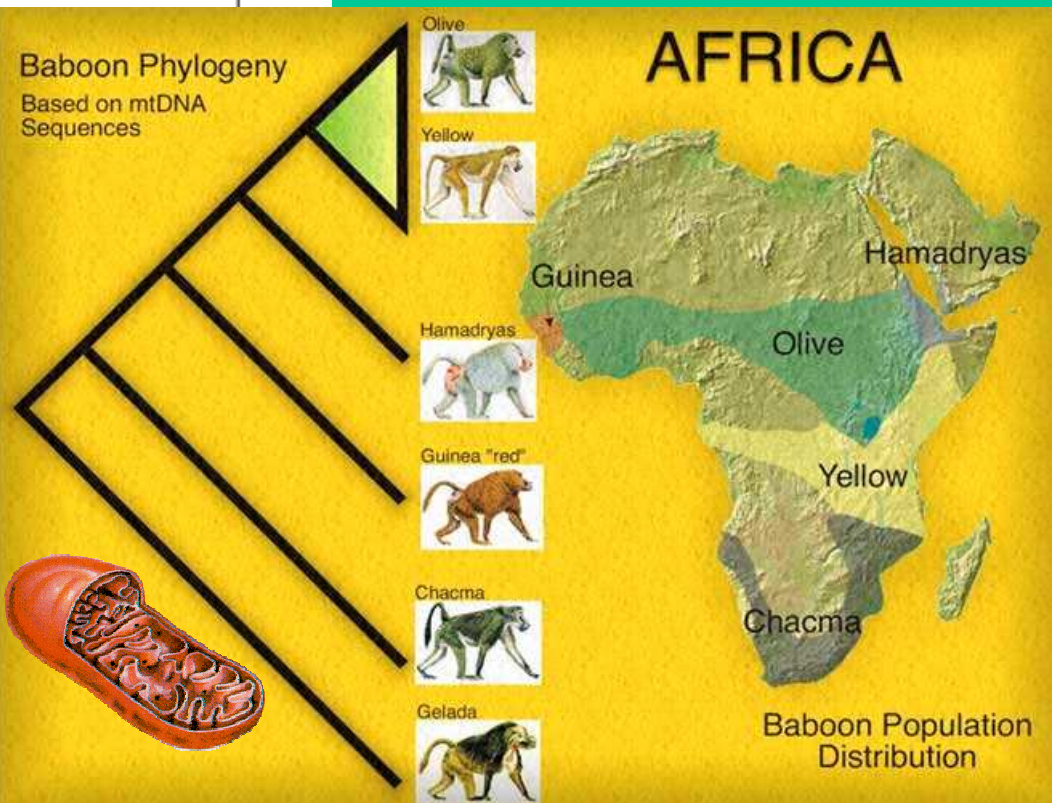
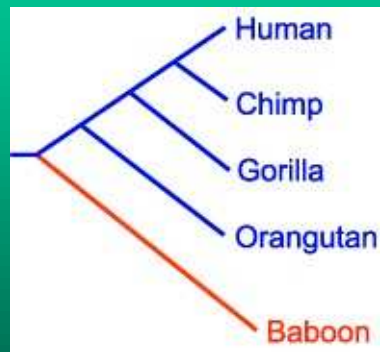


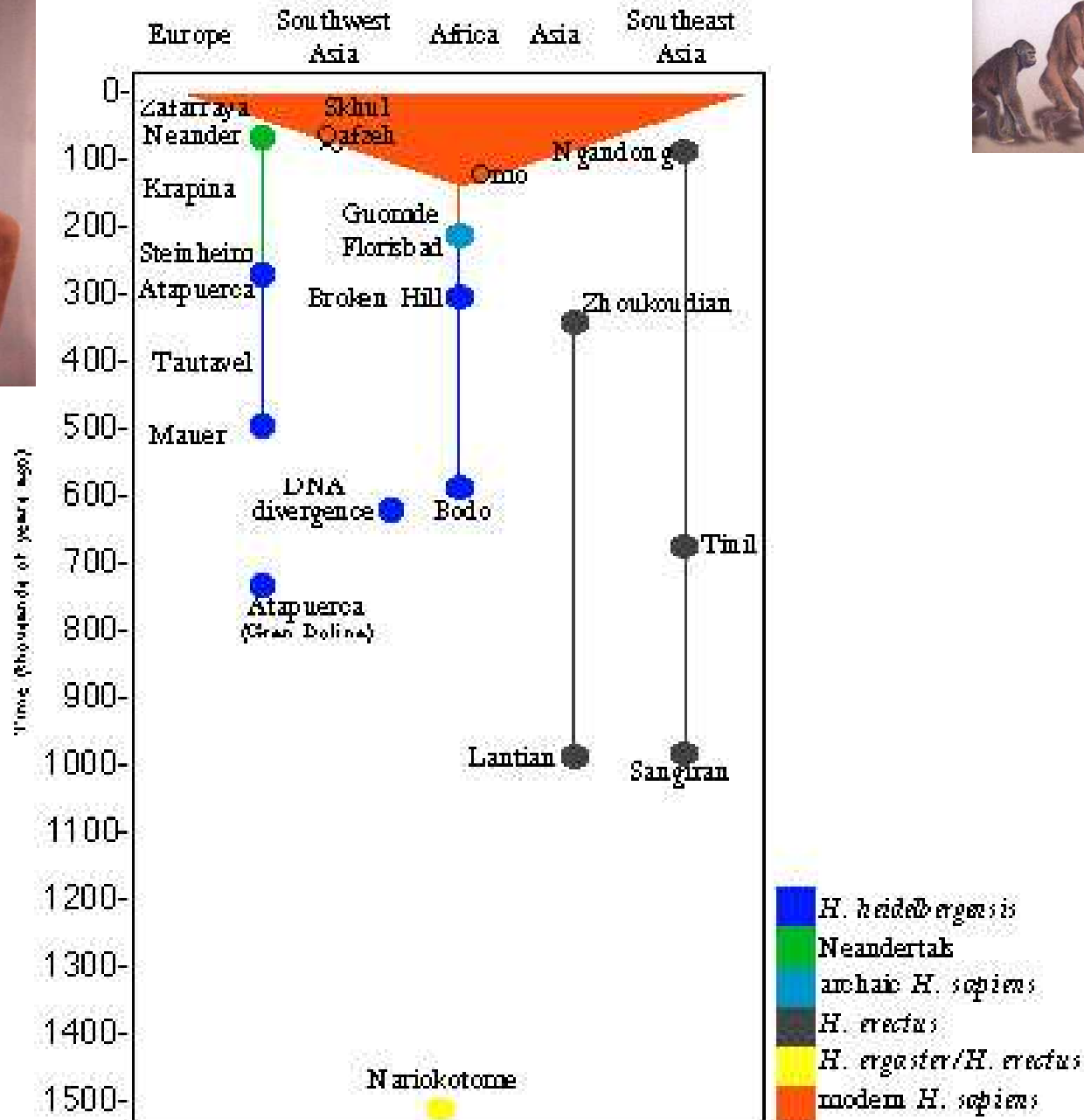
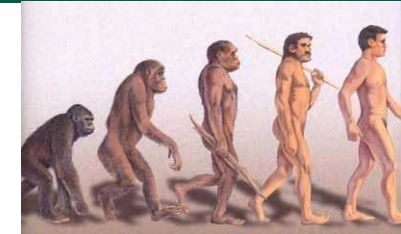
FIG. 3. Phylogenetic position of the turtle. A data set combining the two rRNA mitochondrial genes (12S and 16S) was analyzed with MP, NJ, and ML phylogenetic methods (upper, middle, and lower numbers above branches, respectively). Numbers shown above branches represent bootstrap values from 100 pseudoreplicates. Rainbow trout, carp, and loach were used as outgroup taxa.

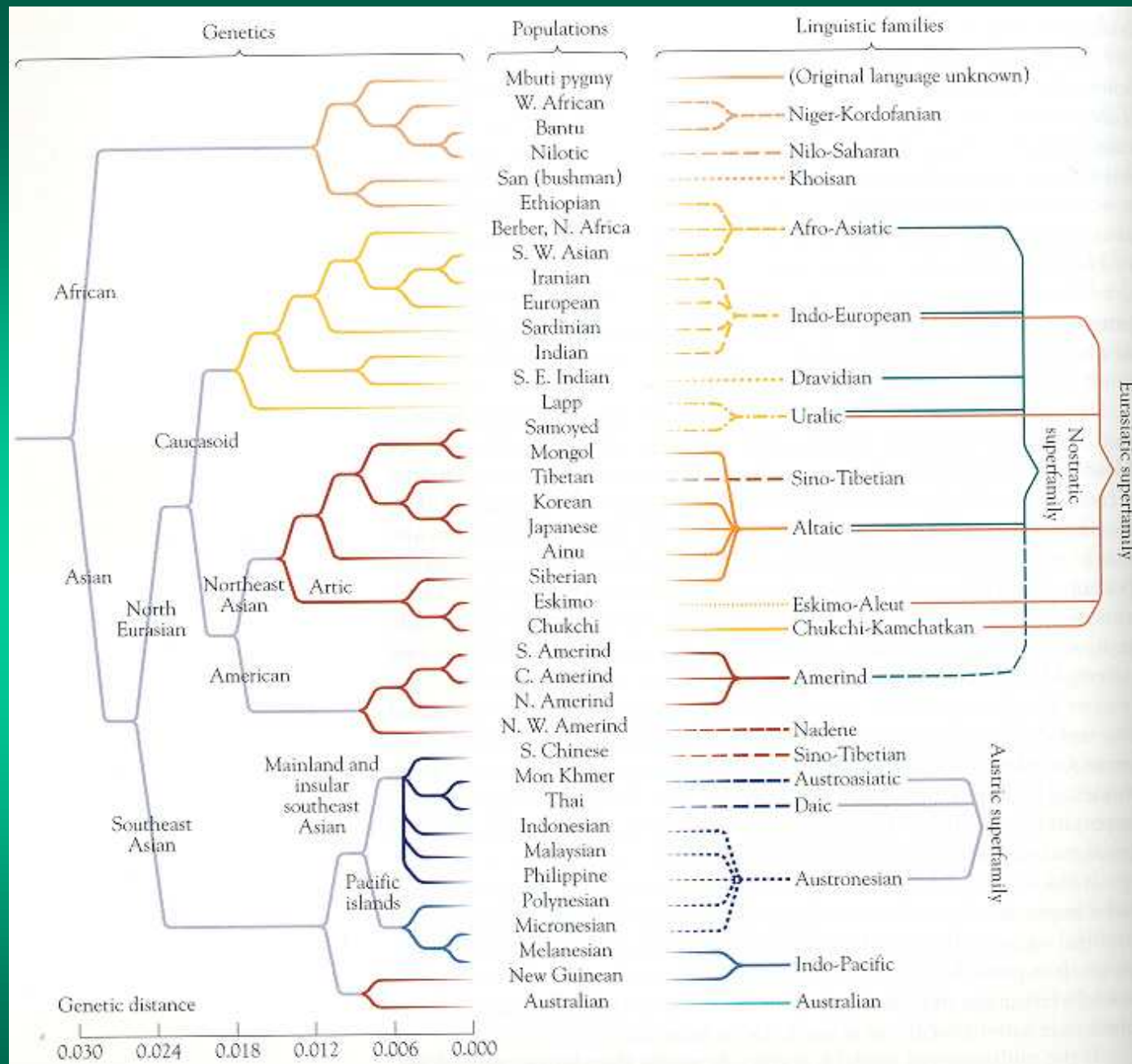




after







Comparison of genetic and linguistic evidence reveals a surprisingly close match among world populations: the genetic map corresponds to the map of related language families. The match encourages the

notion of a relatively recent origin of modern humans, diverging from an ancestral African population.

Pôvod domáceho psa

Porovnávacie štúdie
mitochondriového genómu
psovitých šeliem (divo žijúce druhy
rodu *Canis* sa môžu navzájom krížiť):

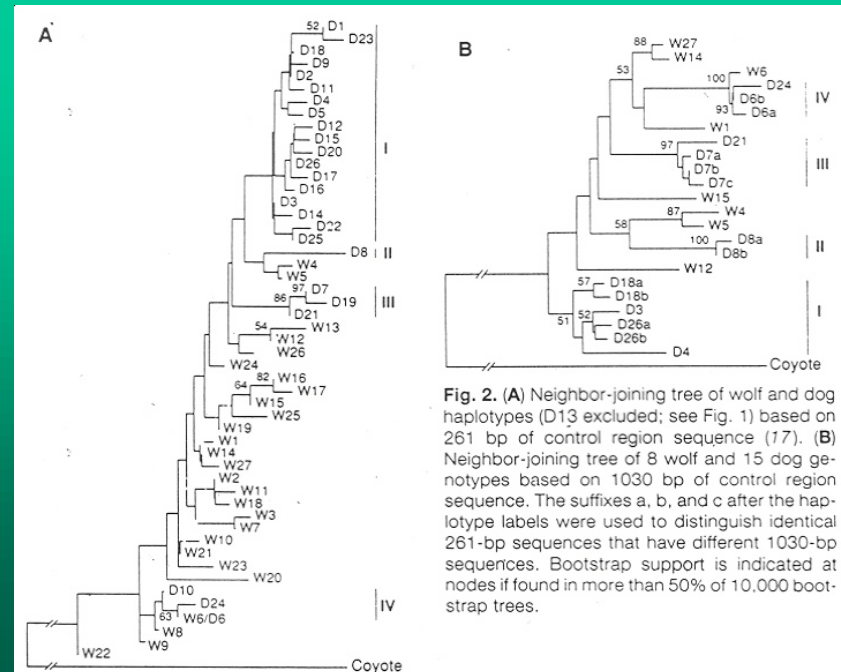
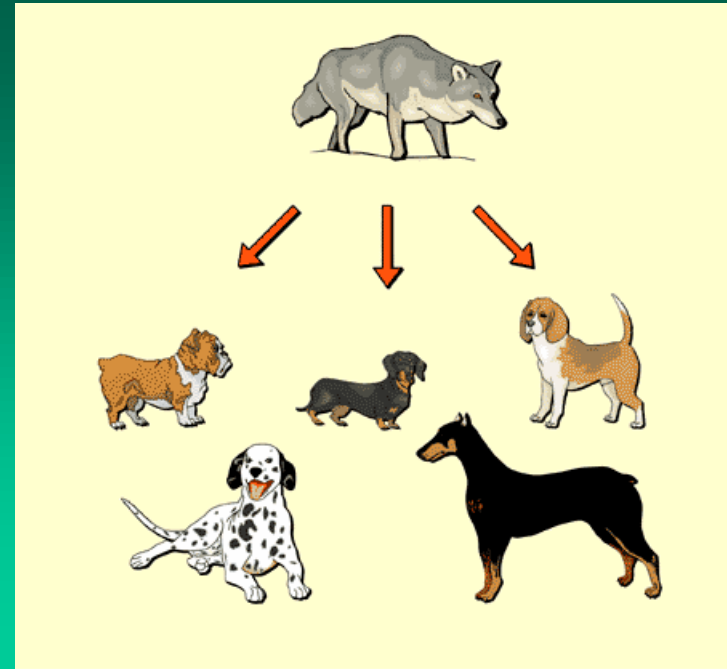
- 162 vlkov z celého sveta - 27 lokalít,
- 140 psov zo 67 plemien plus 5
"bastardov"

- kojot (*Canis latrans*), šakal (*Canis
aureus*, *C. mesomelas*, *C. simensis*)

Rozdiely vo variabilnej oblasti
mtDNA

(control region - 261 bp, resp. 1030 bp):

- stanovovanie stupňa príbuznosti
- odhad doby, kedy sa jednotlivé línie
od seba oddelili



Pôvod domáceho psa – Závěry:



- * **psy nemajú nič spoločné so šakalmi a kojotmi**
- * **jediným predkom psov je vlk** (dávnejší predpoklad)
- * **k domestikácii došlo len dvakrát**, a to z dvoch rôznych populácií vlka (dnes už neexistujúcich)
 - skrotiť vlka nebolo jednoduché
 - vzájomé príležitostné kríženie s vlkom bolo naopak dosť bežné
- * široká paleta rozmanitých variantov **variabilného úseku mtDNA** avšak žiadna sa neobmedzuje na jediné plemeno (zlá správa pre šľachtiteľov)
 - z hľadiska mtDNA sú všetci psy jedným plemenom ("bastard")
- * **psy žijú s človekom už 100 - 130 tisíc rokov !!!!!**
 - psy sprevádzajú človeka od čias kedy opustil Afriku a pustil sa do osídľovania zbytku sveta

**Evolučná biológia
literatúra**

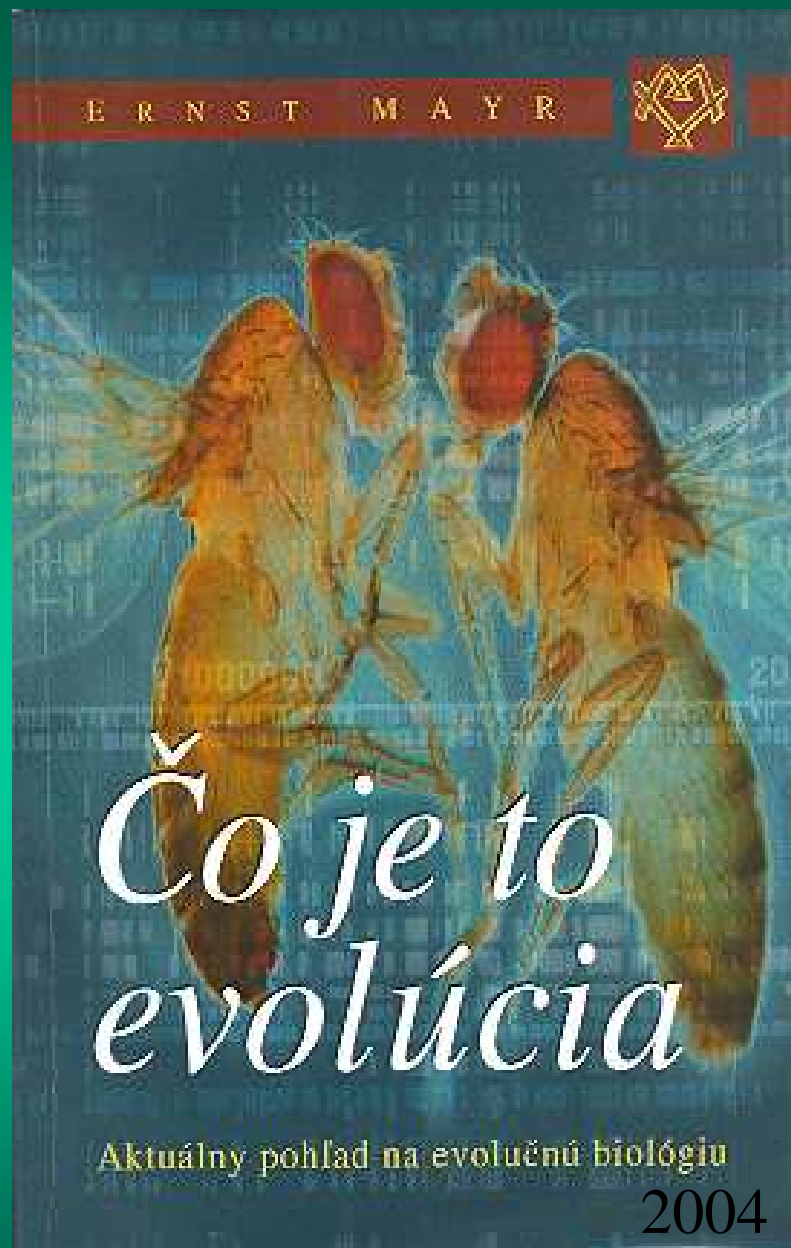
Jaroslav Flegr

EVOLUČNÍ BIOLOGIE

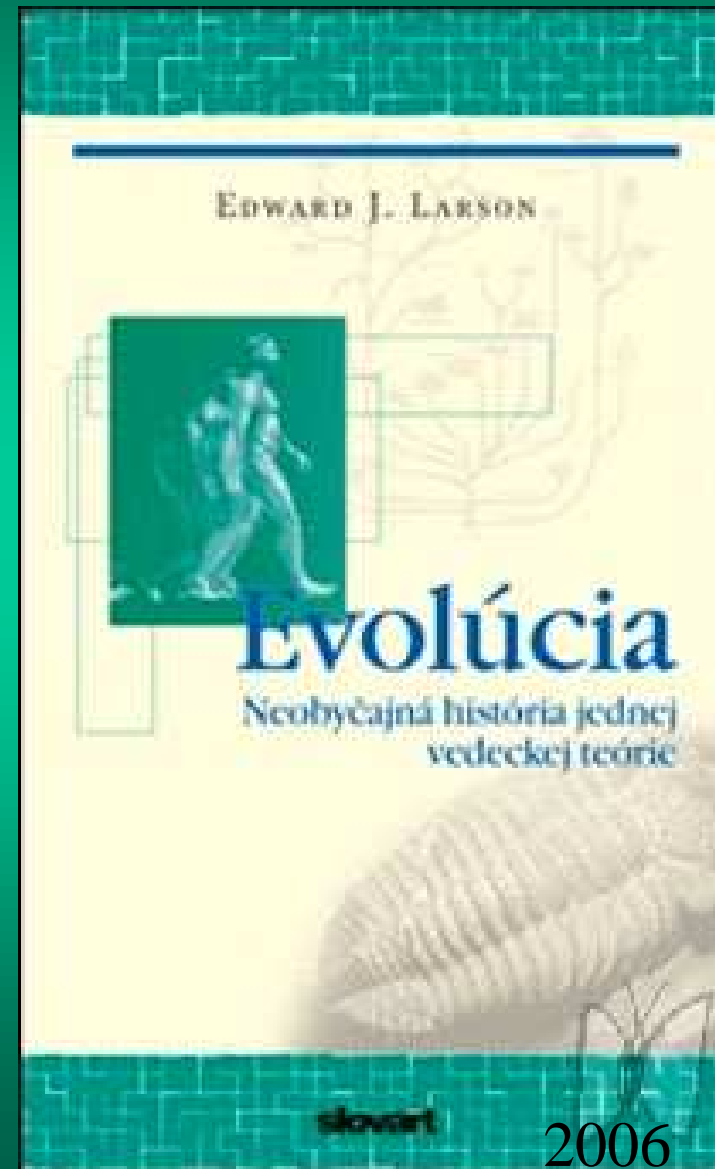


ACADEMIA

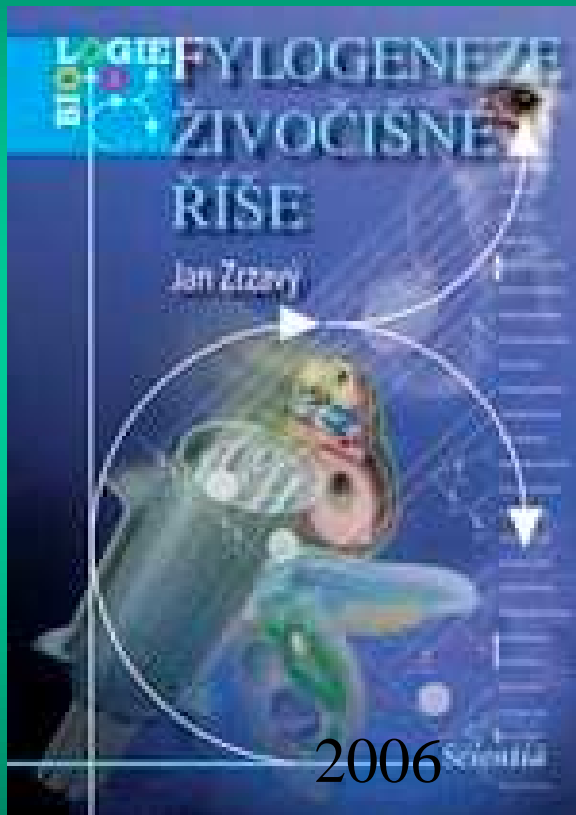
2005



Evolučná biológia literatúra v slovenčine



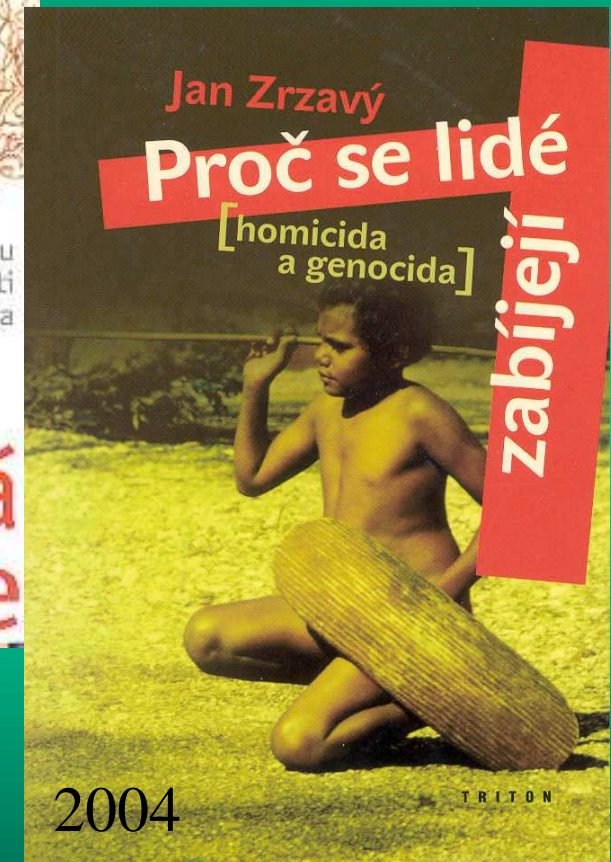
Prof. RNDr. Jan Zrzavý, CSc. – Evolučná biológia – literatúra
(príslušné kapitoly z kníh dostupné na <http://www.fns.uniba.sk/~cps/konferencia.pdf>)



Kambrijská exploze
Trocha zoologickej
posedlosti – teorie o vzniku
mnohobuněčných živočichů



Mužská homosexualita
Proč má žirafa dlouhý krk



Popelky

Evolučná biológia

Zápis na skúšku

Test sa koná v posluchárni **B1-301**. Termíny:

streda 10.01.2007 9:00 hod.

streda 17.01.2007 9:00 hod.

streda 24.01.2006 8:00 hod.

Test možno vykonať výlučne v troch termínoch, uvedených na zápisnom hárku. Dátum opravného termínu sa oznámi neskôr (ako opravný termín možno využiť už aj 2. resp. 3. vypísaný riadny termín, ak študent neuspel v predchádzajúcom riadnom termíne testu). Záväzný je zápis do 12:00 hod. predchádzajúceho dňa. Kto je v tomto čase zapísaný, ale nedostaví sa, pokladá sa za neúspešného v danom termíne.

Zápisné hárky sú umiestnené pri dverách sekretariátu Ústavu bunkovej biológie (G1-418).

Evolučná biológia – informácia o skúške

- 1. Skúška sa koná formou písomného testu.** Na vypracovanie testu je k dispozícii čas 1:30 hod.
- 2. Test má štyri časti, A – D.** V časti A sa preverujú znalosti terminológie, v časti B faktografické vedomosti, v časti C ide o riešenie úloh a príkladov, časť D tvoria tri témy, z ktorých si každý vyberie jednu a napíše o nej všetko čo pokladá za významné, v rozsahu cca 1-2 strany.
- 3. Maximálny počet bodov za otázku leží v rozpätí 1-15 (uvedené v teste).** Pozor, v časti B sú za chybnú odpoveď mínus 2 body, za žiadnu odpoveď 0 bodov.
- 4. Pri teste nie je prípustné používať literatúru, písomné záznamy a iné pomôcky, okrem kalkulačky.** Je tiež neprípustné robiť si akékoľvek poznámky inde ako na hárku papiera, ktorý je priložený k testu a treba ho odovzdať spolu s testom.

Evolučná biológia – informácia o skúške

5. Základom hodnotenia je súčet bodov za všetky otázky. Ten sa transformuje na kredity zapísané do indexu takto:

0 – 50 = FX

51 – 57 = E

58 – 64 = D

65 – 71 = C

72 – 78 = B

79 – 100 = A

6. Výsledok testu oznámime v zápisnom hárku najneskôr do 48 hodín po termíne konania testu. Po treťom termíne súčasne zverejníme zoznam všetkých študentov, ktorí sa skúšky zúčastnili, usporiadaný podľa počtu získaných bodov.

7. Zápis do indexu sa robí v piatok 26.1.2007 v čase od 11 do 12 hod na v seminárnej miestnosti Ústavu bunkovej biológie (B1-567, oproti schodom na poschodí, kde sa nachádzajú priestory Katedry genetiky). Ak nemôžete prísť osobne, pošlite index po kolegovi, alebo ho vopred odovzdajte na sekretariáte Ústavu bunkovej biológie (G1-418).

V inom termíne si možno nechať zapísať výsledok do indexu len ak je na to závažný dôvod.