

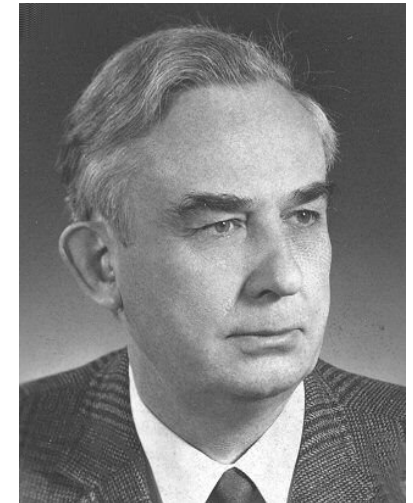
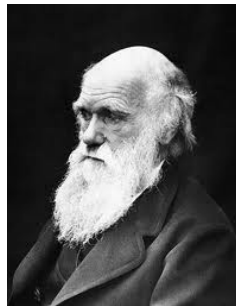
System a evoluce obratlovců

I. Úvod



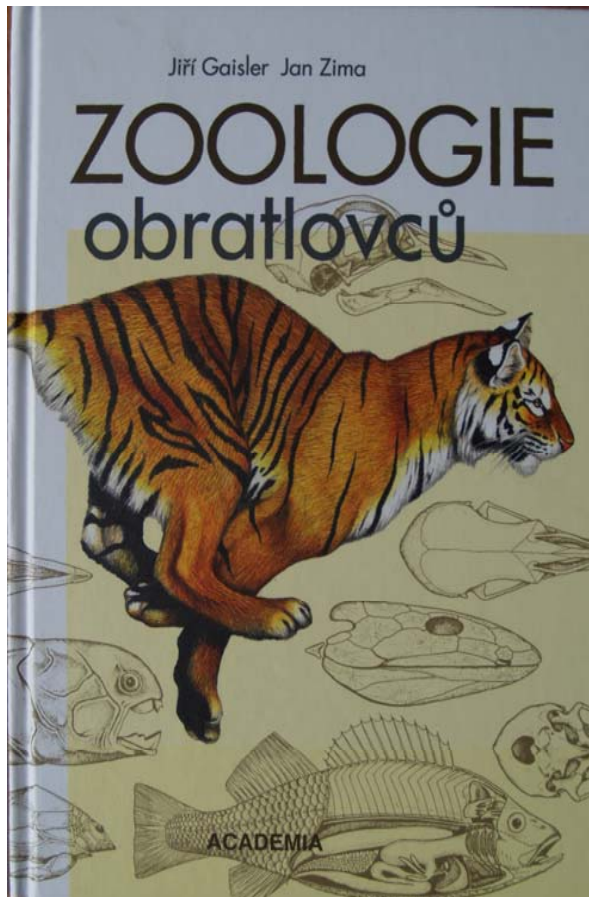
Carl Linné

- ✓ literatura
- ✓ taxonomie a systematika
- ✓ znaky a klasifikace

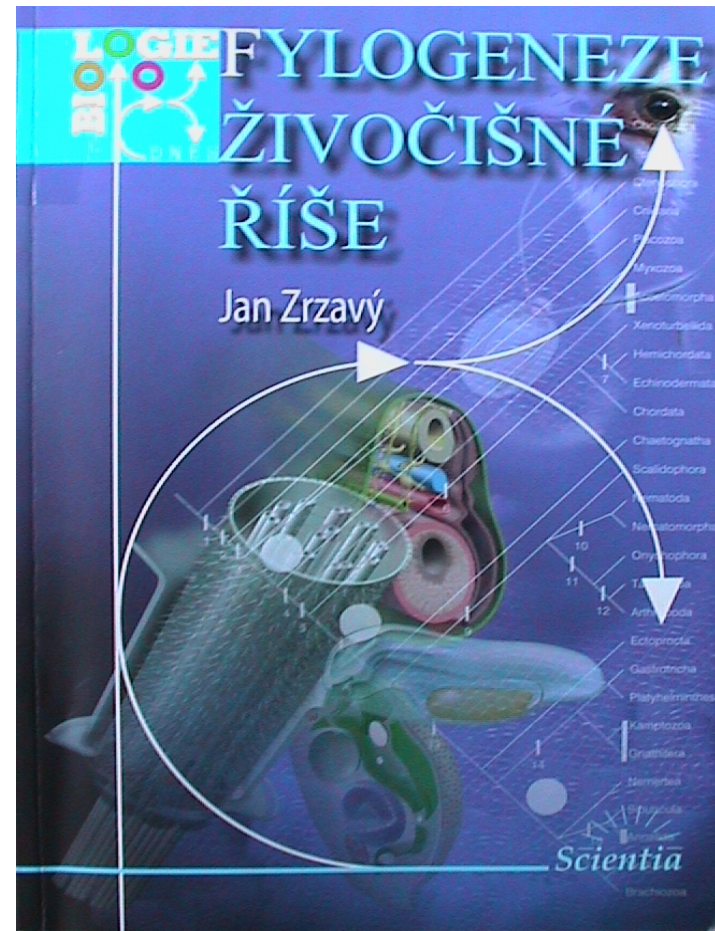


Willy Hennig

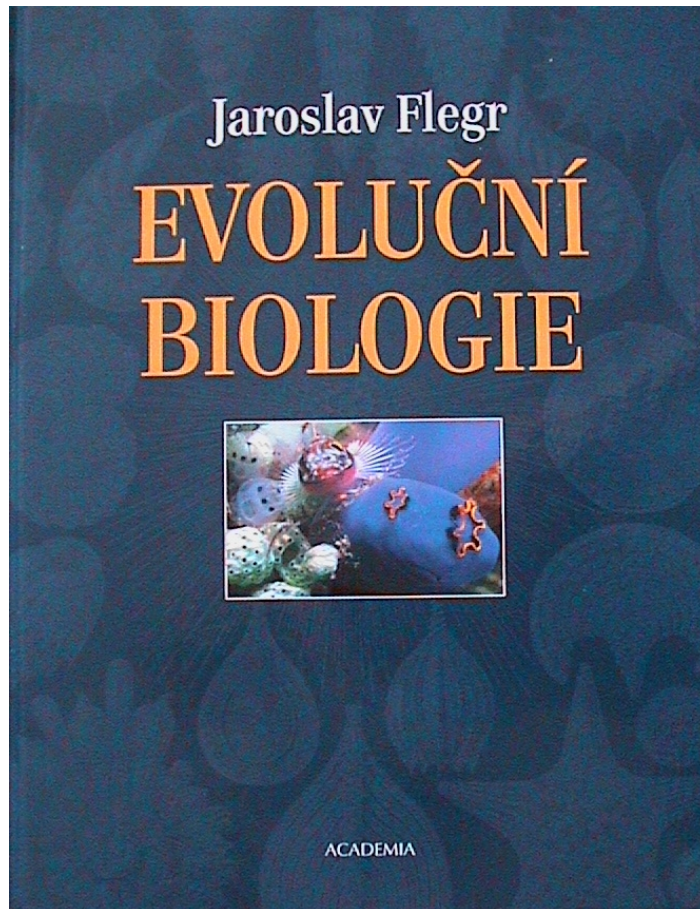
Literatura



2007 Gaisler & Zima



2006 Zrzavý



Flegr 2005



Zrzavý et al. 2004

Taxonomie a systematika

Dva pohledy na systém strunatců

- ✓ řád vs. evoluce
- ✓ deskripce vs. proces
- ✓ umělý vs. fylogenetický (přirozený) systém
- ✓ Carl Linné (pol. 18. st.) vs. Willi Hennig (pol. 20. st.)



Carl Linné: Systema Naturae,
10. vydání, 1.1.1758 (1.ed. 1735)

- Hierarchické třídění
- Binomická nomenklatura
- Princip priority

Taxon: skupina organismů
disponující souborem stejných
znaků

Mezinárodní komise pro
zoologickou nomenklaturu

Systematika: třídění taxonů s
cílem vytvořit systém

7 700 rostlin → 4-100 mil. druhů
4 400 živočichů → 1,75 mil. druhů

Deskriptivní systematika = popis taxonů a jejich katalogizace (=tel. seznam)
Třídění na základě podobnosti znaků (taxonomický systém, umělý systém)

Standardní klasifikace (linnéovská) vs kladistika (fylogenetická)

Druh (*species*) vs speciace (evoluční událost)

Podobnost (popis) vs příbuznost (proces)

Umělý systém vs přirozený (fylogenetický) systém

Existuje **jediný** přirozený systém, který je obrazem jednou proběhlých evolučních procesů a změn (= fylogenetický s.)

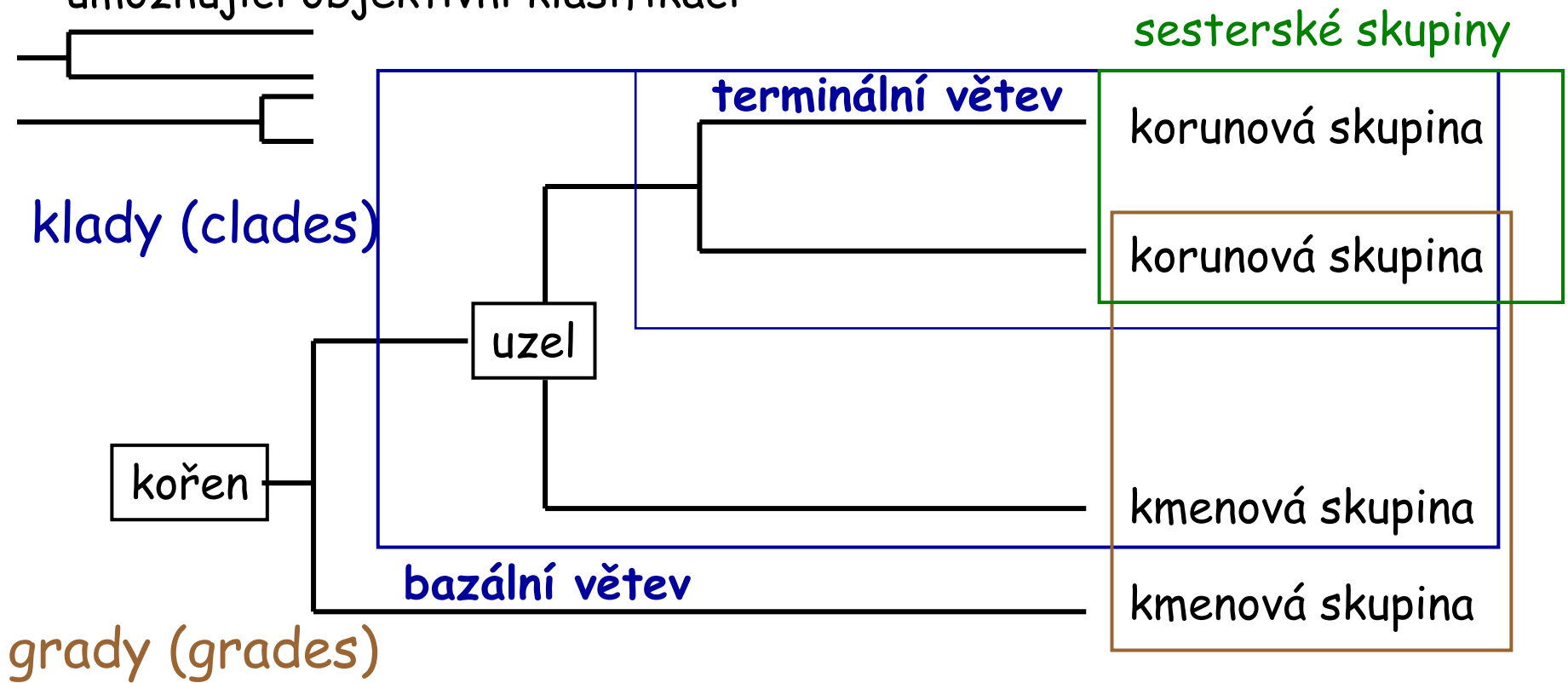
✓ hierarchie linnéovských kategorií

regnum	říše	Animalia	
phylum	kmen	Chordata	Vertebrata
divisio	oddělení		Gnathostomata
classis	třída	Mammalia	Theria
ordo	řád	Carnivora	Placentalia
familia	čeleď	Canidae	Fissipedia
genus	rod	Vulpes	
species	druh	Vulpes vulpes	

super = nad
sub = pod

Kladistika (Willi Hennig) - fylogenetická systematika

- metoda hierarchické klasifikace (dichotomická diverzifikace)
- diskrétní jednotky a podjednotky
- kladogram - hypotéza o příbuzenských vztazích (společný předek = kořen, root), kladogram + geologický čas = dendrogram
- štěpení evolučních linií (= uzel, node) je jediná jednoznačná událost umožňující objektivní klasifikaci



Klasifikace taxonů z evolučního hlediska (kladistika)

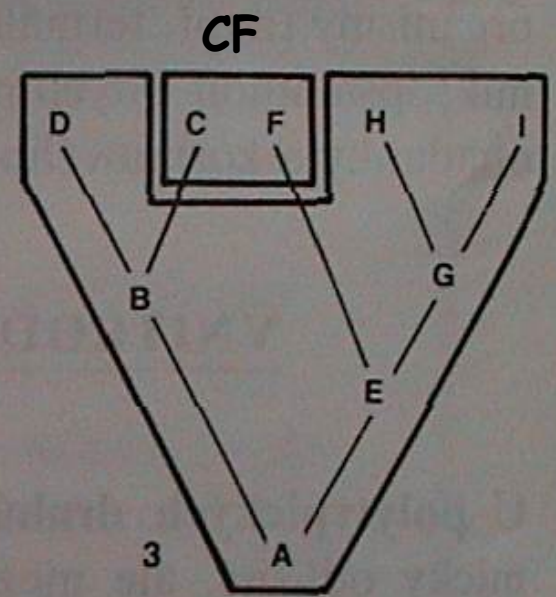
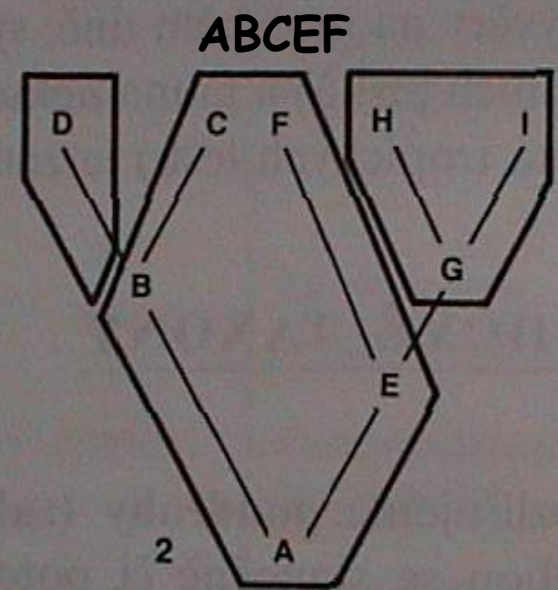
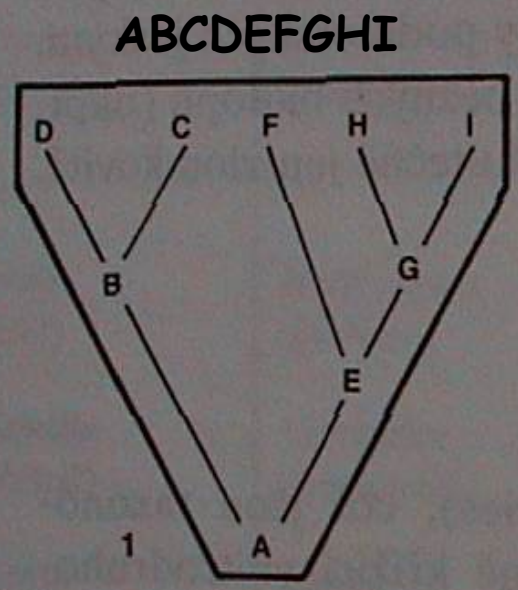
Vznik ze společného předka - A

Nejednotný původ - B, E

všichni potomci

ne všichni potomci

více předků



1. monofyletický
holofyletický

2. parafyletický

3. polyfyletický

Kladistika hodnotí jen monofyletické taxony

Znaky:

strukturální, biometrické, cytotaxonomické, ontogenetické, fyziologické, biochemické, ekologické, etologické, biogeografické, paleontologické, **molekulárně genetické**

hodnocení znaků - evoluční vážení:

Homologie - podobnosti zděděné od společného předka

ortologie - homologie vzniklá speciací (přední křídlo brouka a komára)
(**informace o průběhu fylogeneze**)

paralogie - homologie vzniklá duplikací genů (mesothorax - křídla, metathorax - haltery) (**informace o evoluci tvarů a funkcí**)

Homoplazie - podobnosti v nehomologických znacích

konvergence - nezávislé podobnosti vzniklé různými evolučními událostmi

analogie - podobnosti vyvolané vykonáváním stejné funkce

Kladistika používá jen homologické znaky

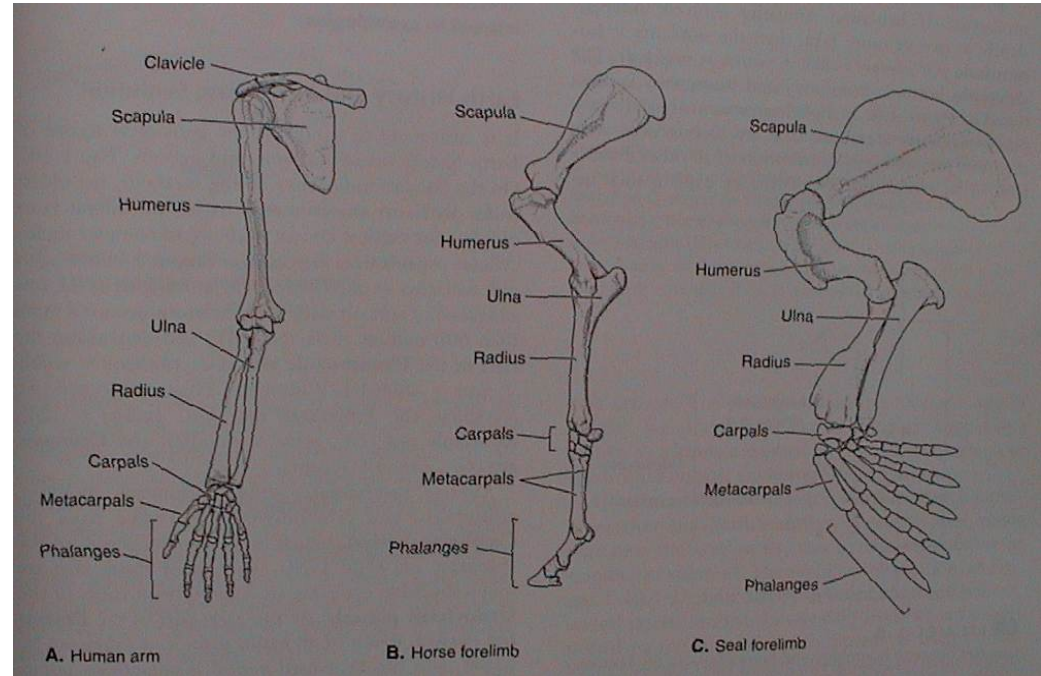
Homologie

Analogie

člověk

kůň

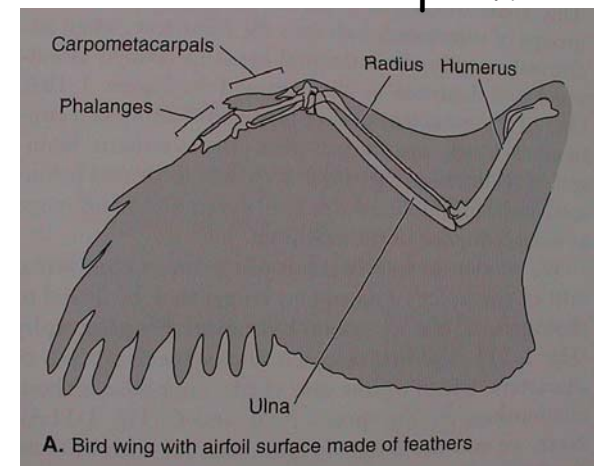
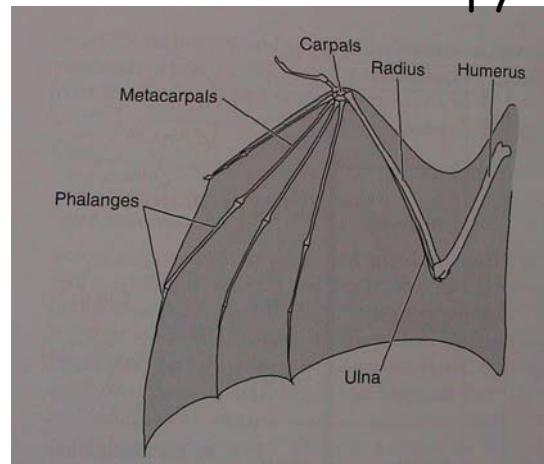
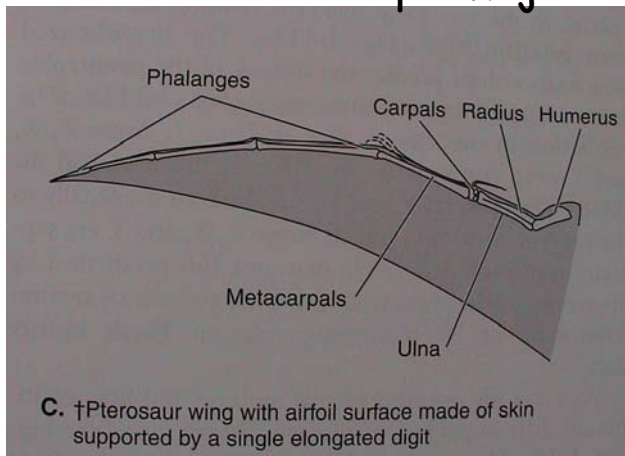
tuleň



ptakoještěř

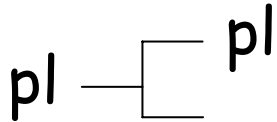
netopýr

pták

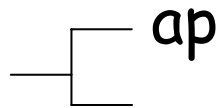
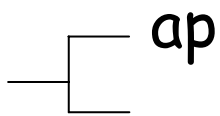


Homologie

Pleziomorfie : dříve vzniklý stav homologického znaku, jeho primitivnější situace existuje u předka

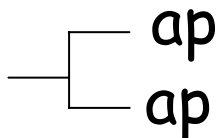


Apomorfie : později vzniklý, odvozenější stav, vyskytující se u potomka

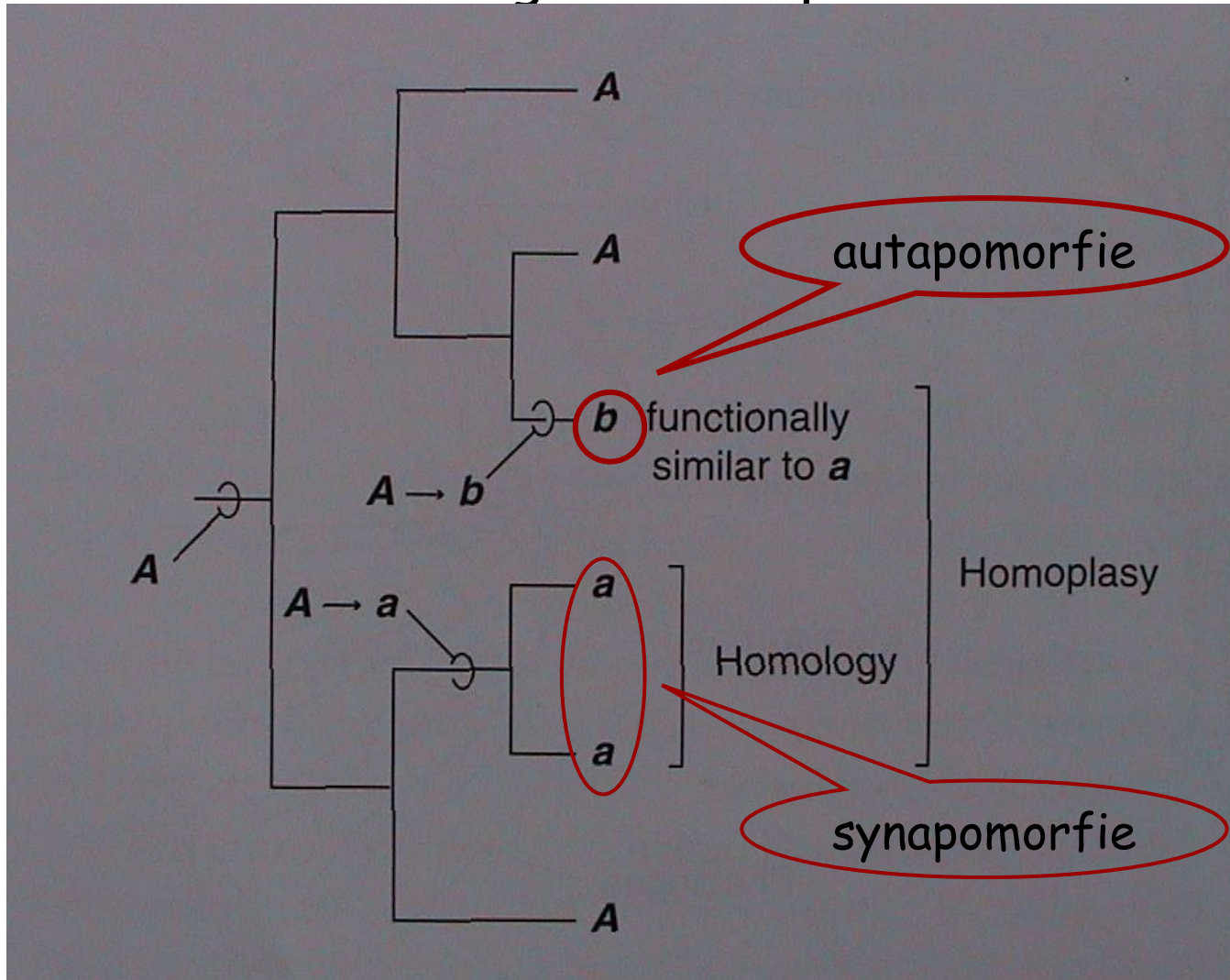


✓ **autoapomorfie**: jedinečný odvozený znak (diagnostický) charakterizující druh

✓ **synapomorfie**: společný výskyt odvozených homologických znaků vzniklých jedinečnou evoluční událostí již u výlučného společného předka - monofyletický původ komplexu taxonů charakterizující skupinu druhů



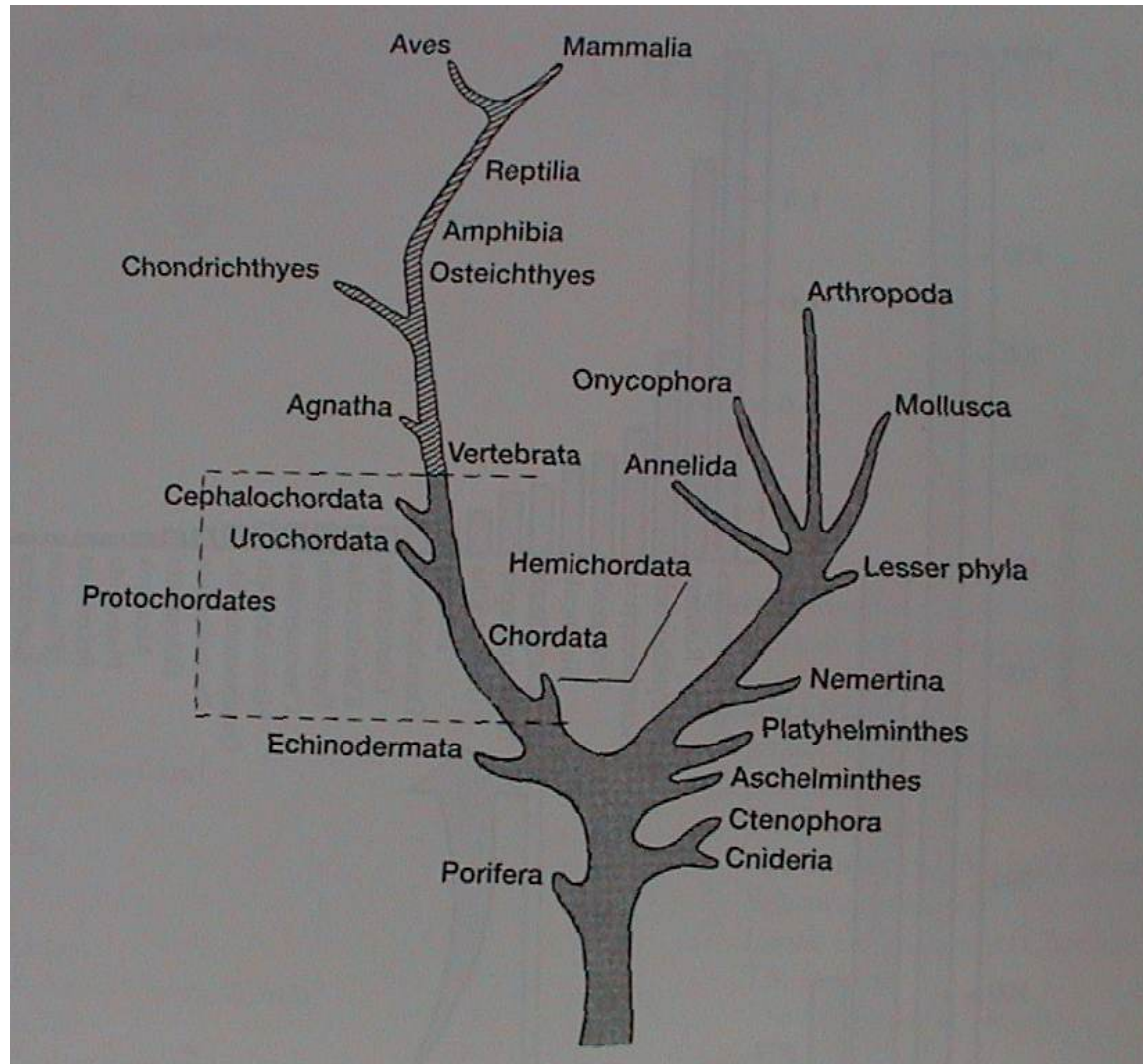
Homologie a homoplazie



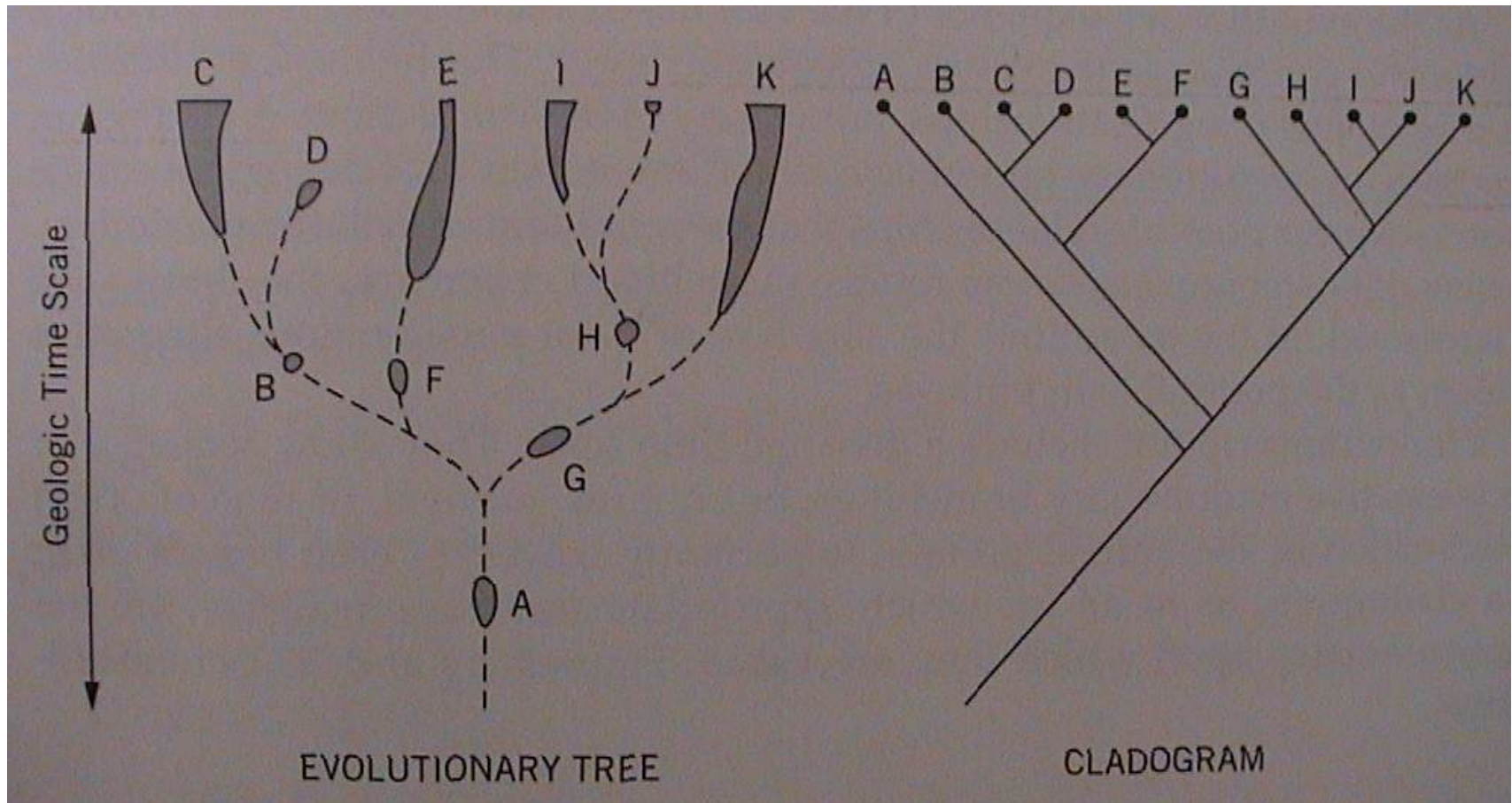
A - pleziomorfie

a, b - apomorfie (z A)

příbuznost taxonů - dendrogramy (kladogramy)



příbuznost taxonů - dendrogramy - kladogramy



Ve vztahu k času
(start-cíl, výsledek)

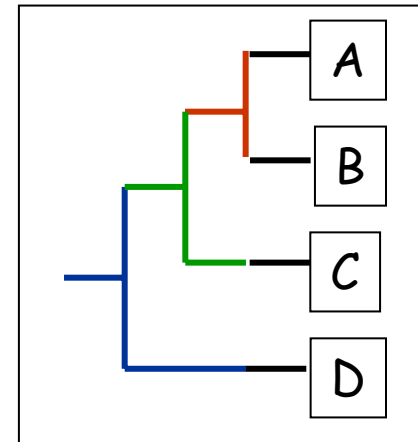
Ve vztahu k evolučním změnám
(události, štěpení)

Klasifikace

A. Kladistická (fylogenetická)

1. Určení monofyletických dílčích skupin s unikátními synapomorfiemi (shlukování).
2. Hledání sesterských vztahů mezi monofyletickými taxony (další synapomorfie širšího rozsahu)
3. Vytvoření úplného souboru genealogických hypotéz pro daný soubor taxonů - KLADOGRAM

- : záměna plesiomorfie a apomorfie, obtížnost odlišení konvergencí od homologií
- + : soulad s klasifikací (kladogenezí) na základě molekulárně biologických metod



Kladistická taxonomie - jen monofyletické taxony

B. Evoluční - mono- a parafyletické taxony

Klasifikace

C. Numerická fenetika

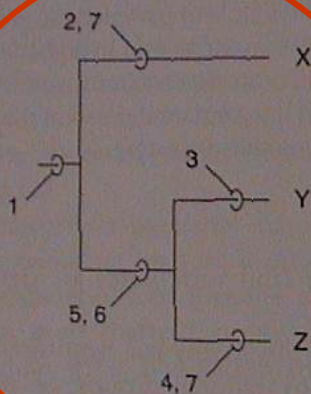
Numerické hodnocení souboru údajů o podobnostech znaků. Např.

a) metoda maximální úspornosti (maximum parsimony):
nejjednodušší možné vysvětlení kladogeneze, předpokládá nejmenší počet evolučních změn v příslušném souboru znaků u daných taxonů

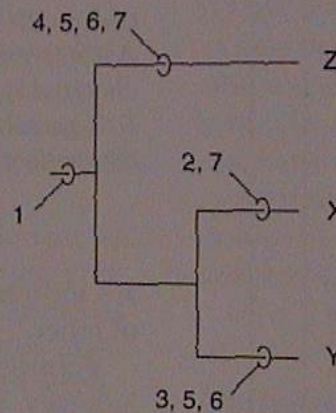
TABLE A

An Example of a Character Data Matrix

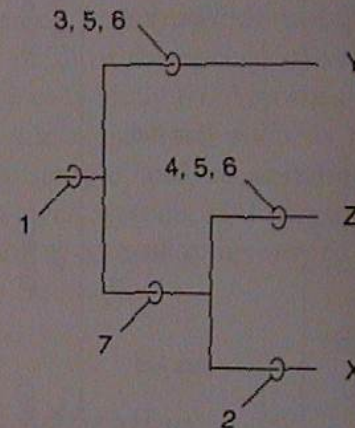
Taxon	Character 1	Character 2	Character 3	Character 4	Character 5	Character 6	Character 7
Outgroup	0	0	0	0	0	0	0
X	1	1	0	0	0	0	1
Y	1	0	1	0	1	1	0
Z	1	0	0	1	1	1	1



Tree requiring 8 steps



Tree requiring 10 steps



Tree requiring 9 steps

- b) metoda maximální pravděpodobnosti (maximum likelyhood): posuzuje hypotézy o evoluční historii z hlediska pravděpodobnosti, že jsou v souladu se získanými daty
- c) **kompatibilita**: soulad taxonomického výskytu co největšího souboru znaků bez ohledu na počet evolučních změn, které by musely prodělat znaky zbývající

D. Molekulární fylogeneze

- mapování sekvencí AK v proteinech a nukleotidů v DNA, pořadí genů
- hybridizace DNA
- využití statistického zpracování dat (PC) - nevážené znaky
- imunologické metody
- + : absolutní datování štěpných události v čase, konstatní rychlost evolučních změn příbuzných sloučenin nezávisle na funkci a prostředí („molekulární hodiny“)
- : interpretace výsledků, vážení znaků v. statistické metody

Význam paleontologie pro kladistiku (?)

Paleontologie = deformované fragmentární fosílie (neúplnost dat)
a sugestivní interpretace

Využití analýzy DNA jen u materiálu do stáří 50 000 let

Molekulární hodiny:

- ✓ Genetická vzdálenost různých linií se v čase zvětšuje, tzn. čím vývojově vzdálenější taxony, tím rozdílnější genotyp (s časem dochází k většímu nahromadění změn)
- ✓ Využití znaků selekčně neutrálních, nepodléhajících přírodnímu výběru (např. gen *cytB* v mtDNA), sekvence podobných makromolekul se mění konstantní rychlostí - fylogenetická minulost organismů by se dala odvodit z genetické vzdálenosti podle substitučních rozdílů v DNA
- ✓ Z genetické vzdálenosti by se dala odvodit absolutní doba, která uběhla od okamžiku divergence srovnávaných taxonů (problém: molekulární hodiny netikají konstantní rychlostí - tj. tempo hromadění změn je v různých liniích různé)
- ✓ Kalibrace hodin podle standardu (známá doba divergence podle fosilních dokladů v linii se známou genetickou distancí), např. divergence ptáků a savců ze společného předka (310 mil. let), divergence kytovců nebo vyšších primátů

Rozdíly mezi paleontologickým datováním fosilního záznamu a molekulárními hodinami jsou největší pro období mesozoika (druháohor: 248-65 mil. let), kdežto v paleozoiku (prvohory) a kenozoiku (třetihory) jsou malé (Kumar & Hedges, Nature 392, 1998).

Srovnání kladogramů založených na morfologických a molekulárně genetických znacích.

Závěr: nutná integrace molekulárních metod s morfologickými přístupy

I. Úvod

