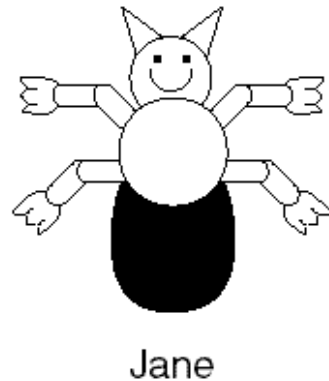
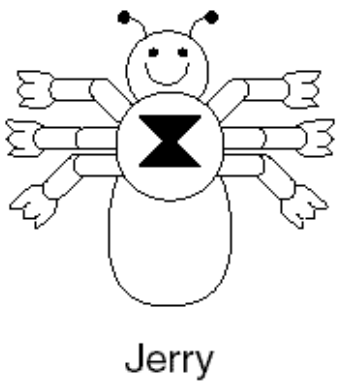
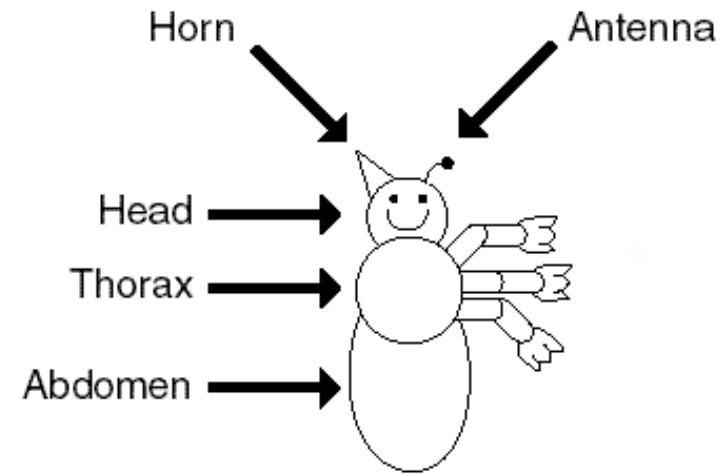
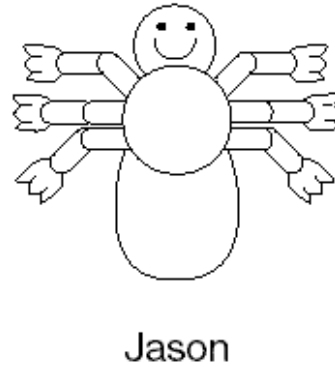
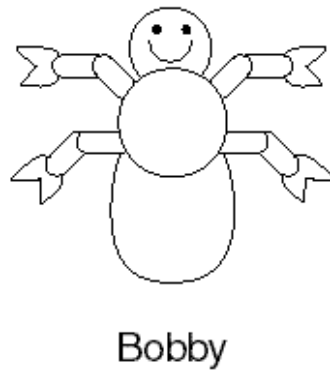
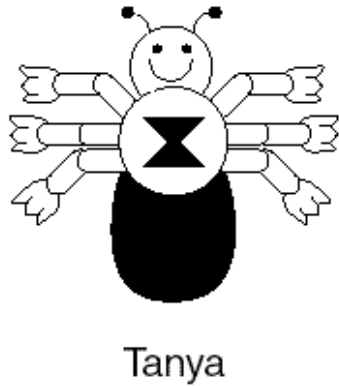
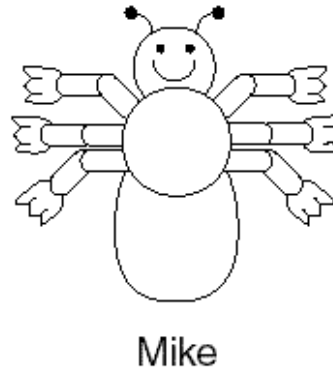
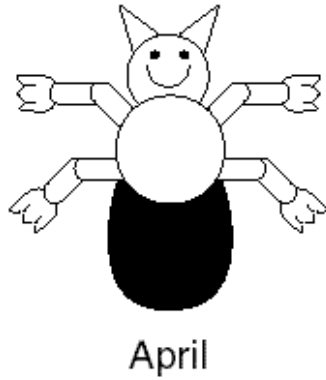
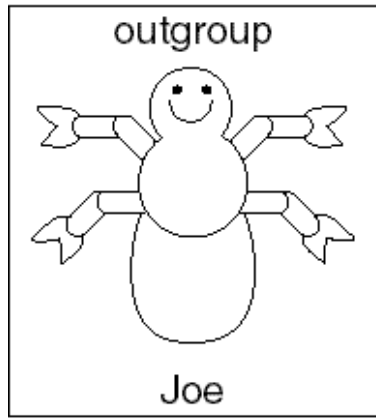


8. Syntéza a aplikace výsledků fylogenetických analýz

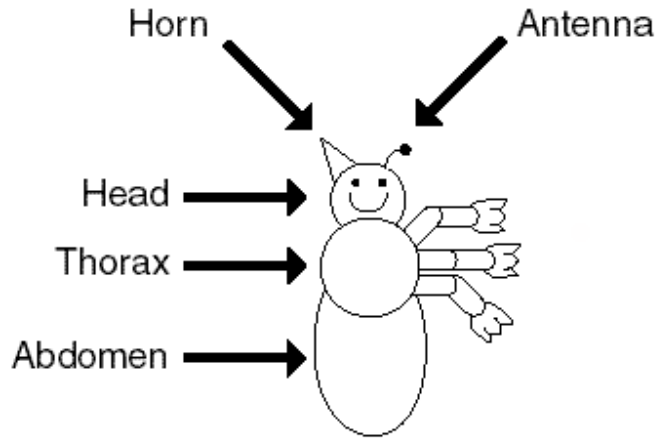
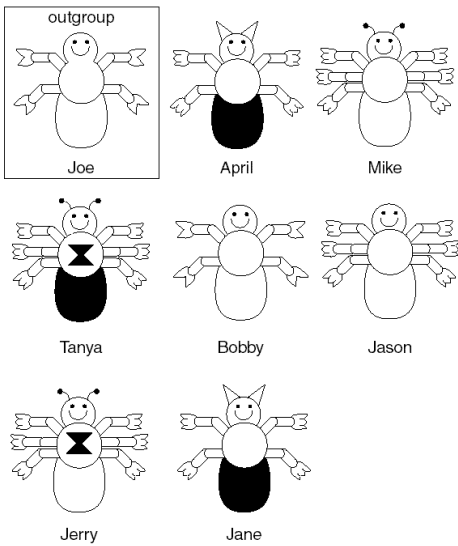
- molekulární vs. morfologická data ve fylogenetické analýze
- časté zdroje chyb
- kombinovaná vs. oddělená analýza
- využití fylogenetických analýz pro:
 - klasifikaci
 - testování evolučních scénářů a adaptací
 - historickou biogeografii a testy kospeciace

The Cladisticules

©Tom Stidham



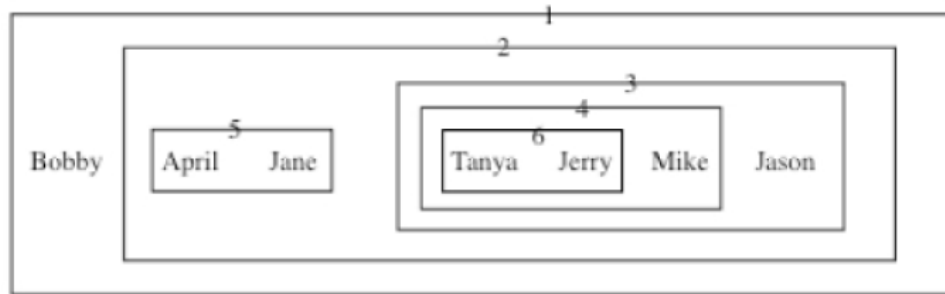
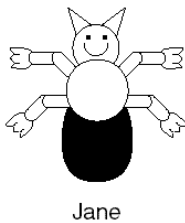
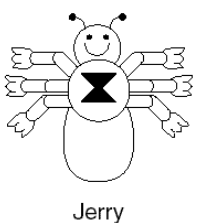
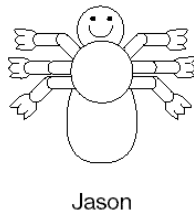
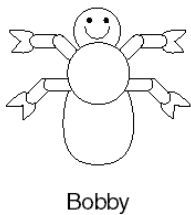
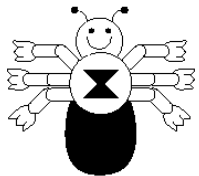
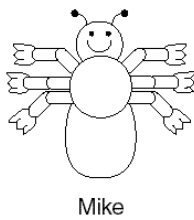
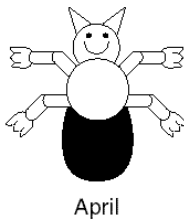
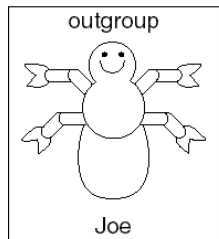
The Cladisticules



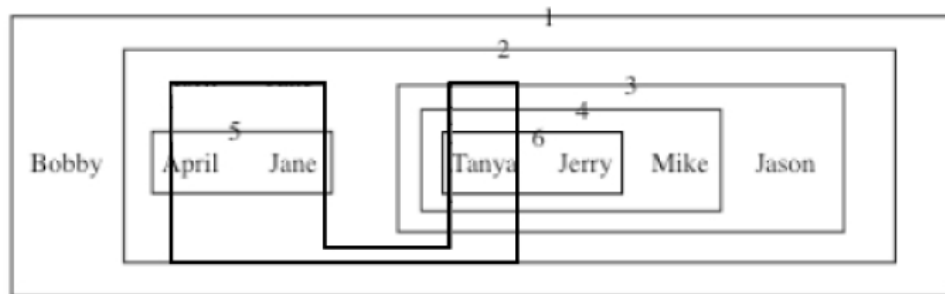
	1	2	3	4	5	6	7
	head fused to thorax yes (0) no (1)	feet two toes (0) three toes (1)	numebr of legs four (0) six (1)	antennae absent (0) present (1)	horns absent (0) present (1)	thorax white (0) hour glass (1)	abdomen white (0) black (1)
Joe (OG)							
April							
Mike							
Tanya							
Bobby							
Jason							
Jerry							
Jane							

	1	2	3	4	5	6	7
	head fused to thorax yes (0) no (1)	feet two toes (0) three toes (1)	numebr of legs four (0) six (1)	antennae (0) absent present (1)	homs (0) absent present (1)	thorax white (0) hour glass (1)	abdomen white (0) black (1)
Joe (OG)	0	0	0	0	0	0	0
April	1	1	0	0	1	0	1
Mike	1	1	1	1	0	0	0
Tanya	1	1	1	1	0	1	1
Bobby	1	0	0	0	0	0	0
Jason	1	1	1	0	0	0	0
Jerry	1	1	1	1	0	1	0
Jane	1	1	0	0	1	0	1

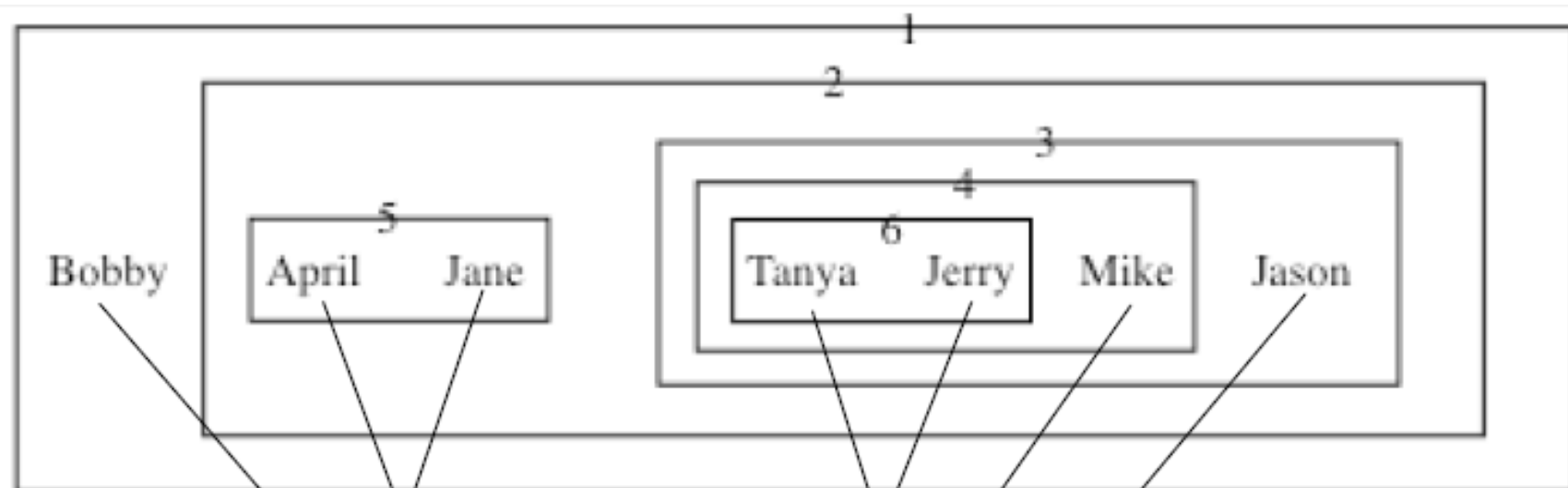
The Cladisticules



Illustrating grouping of the cladisticules by shared, derived characters (i.e., shared state '1' in this example).

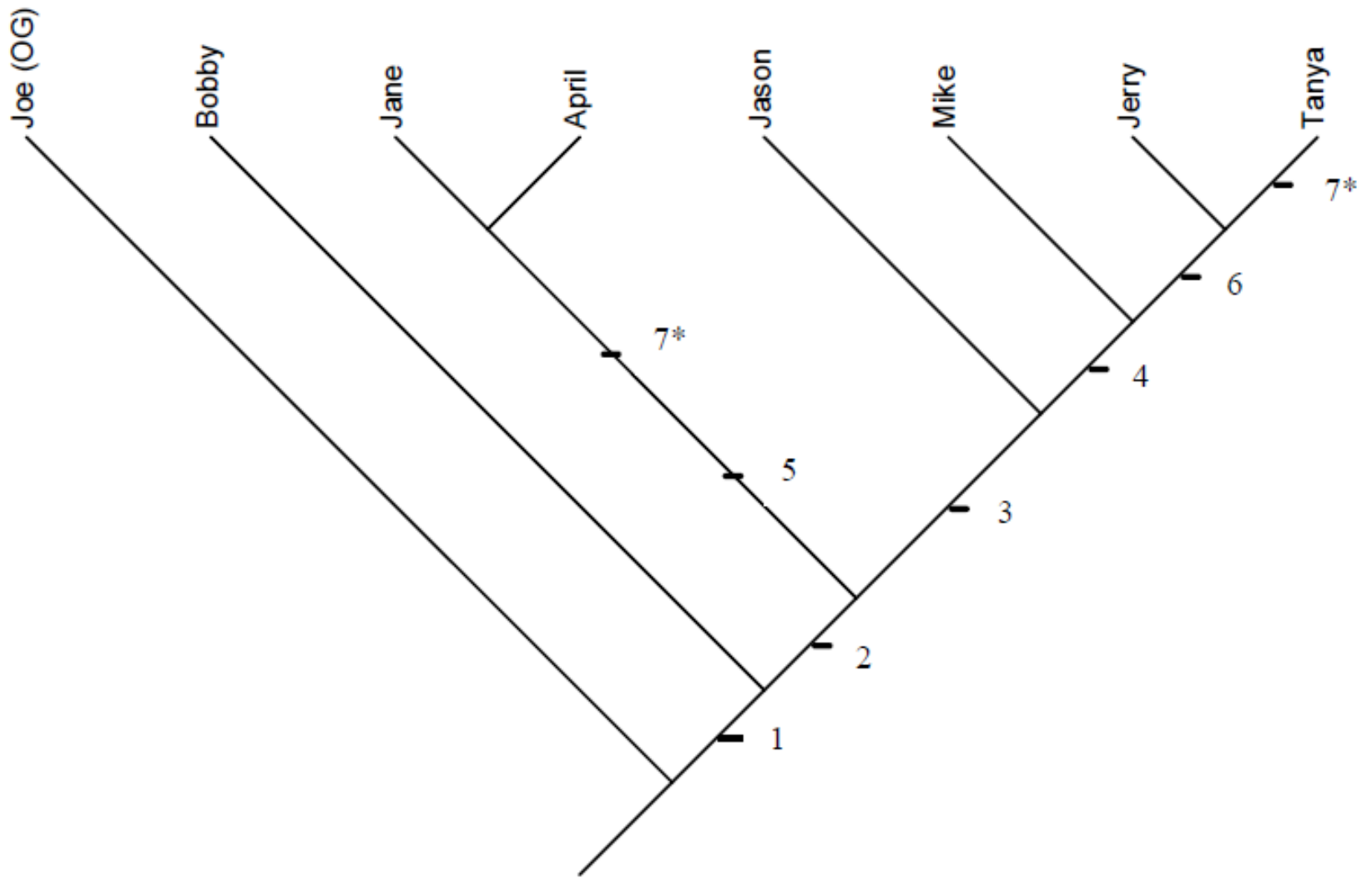


Illustrating a homoplastic character, #7 considered homoplastic because it is incongruent with the other characters.



Joe (the outgroup) would connect here.

A node -- each node corresponds to one of the proper subsets, and represents an hypothesis of a shared ancestor.



The final tree, with tic marks showing where evolutionary changes are inferred to have occurred. *Note character 7 (the homoplasy) is mapped to two branches.

Kladistický software

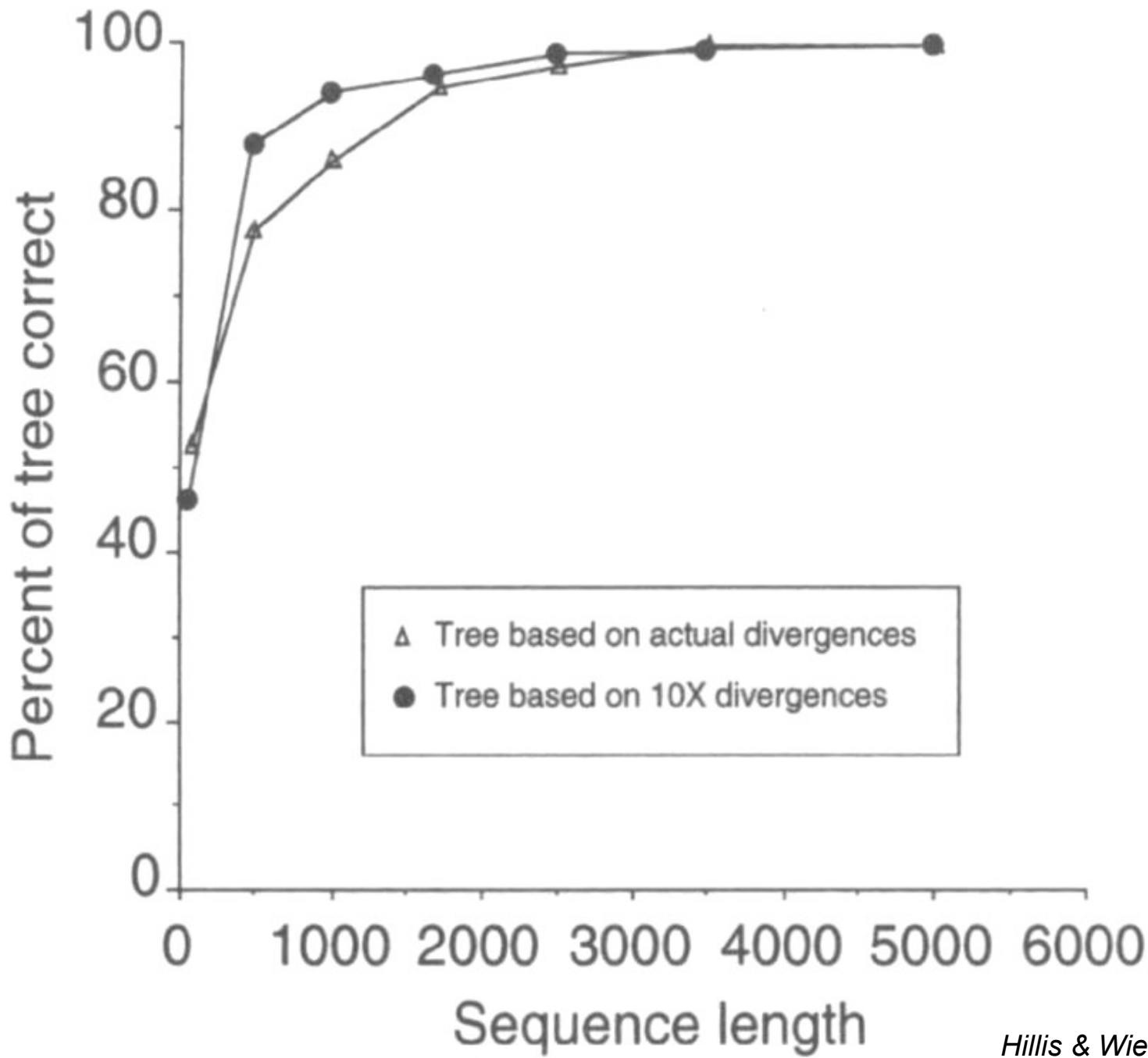
- kompletní přehled fylogenetických programů:
<http://evolution.genetics.washington.edu/phylip/software.html>
- **NONA 2.0** (Goloboff 1993) + **Winclada 1.00.08** (Nixon 2002)
- **TNT** (Goloboff, Nixon & Farris 2008)
- **PAUP* 4.0 beta** (Swofford 2002) + **MacClade 4.07** (Maddison & Madison 2002)
- **Hennig86** (Farris 1989) + **TreeGardener** (Ramos 1996)

Výhody molekulárních dat

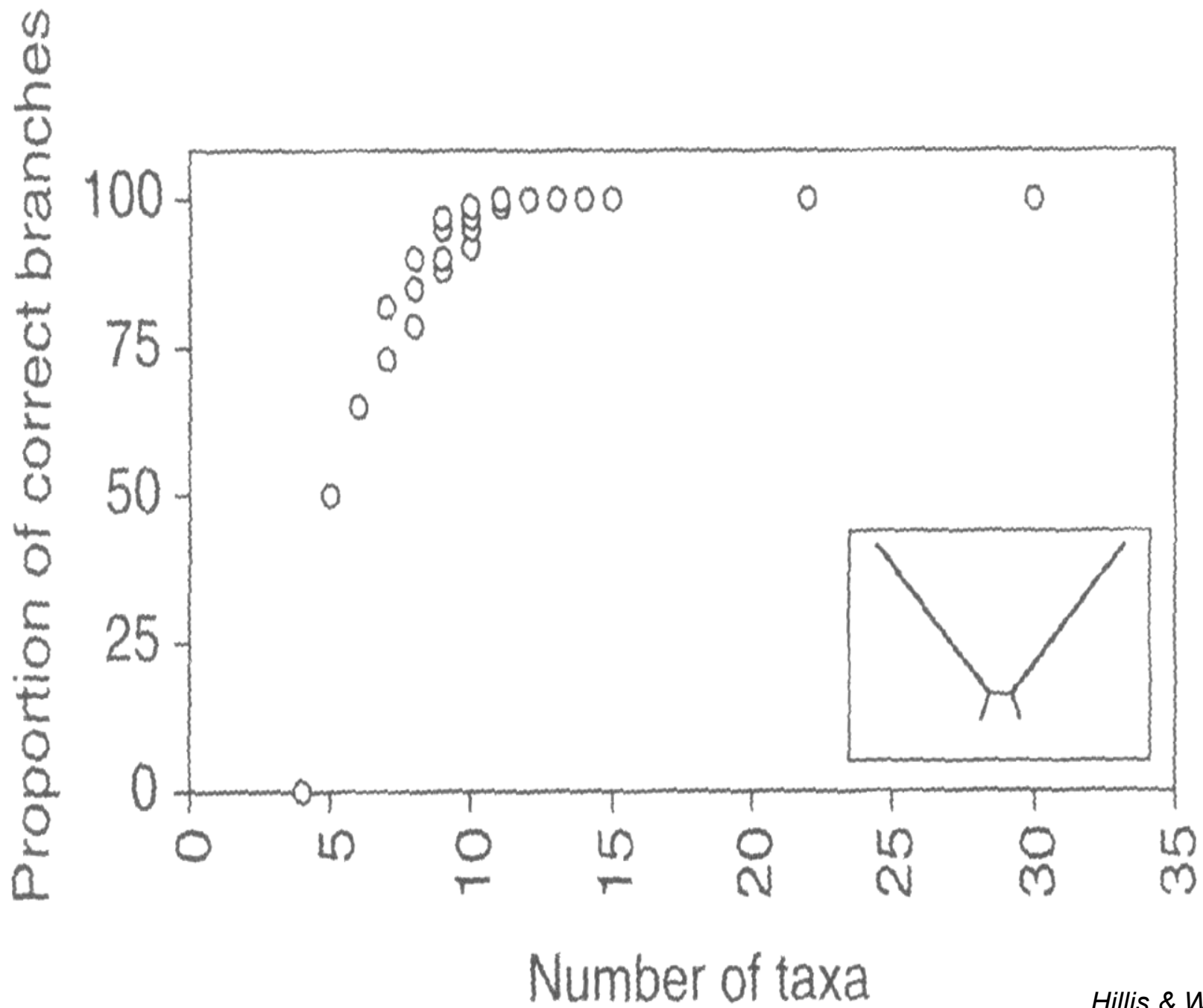
- velký počet znaků k dispozici
- široké rozpětí substitučních rychlostí (použitelnost pro různé úrovně hierarchie)
- dědičnost, nezávislost (neplatí absolutně)
- objektivní výběr a definice

Výhody morfologických dat

- umožňují zahrnout více taxonů (lepší dostupnost materiálu, fosilie, cena)
- každý znak kódován jiným genem/souborem genů
- morfologie je stále hlavní metodou rozpoznávání organismů, možnost definovat klády pomocí synapomorfii



B

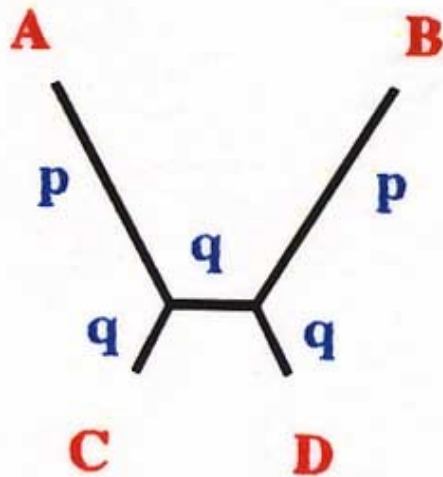


Příčiny konfliktů a chyb ve výsledcích

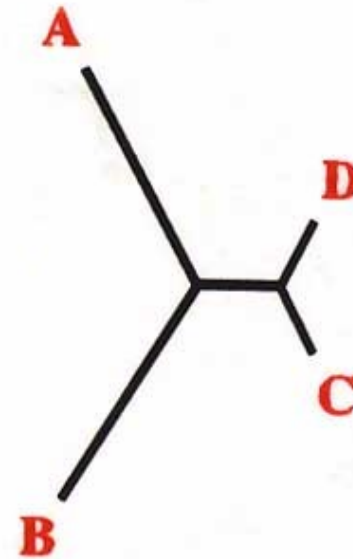
- celkově slabá data v jedné/obou analýzách (viz např. bootstrap; často vlivem nezahrnutí důležitých znaků/taxonů)
- „šum“ ve znacích
 - znaky nejsou homologické (konvergence, analogie, špatný alignment)
 - špatné vážení znaků, znaky nejsou nezávislé (nedocenění nebo přecenění v analýze)
 - chybné určení základního plánu vyšších taxonů
 - artefakty (kontaminace, špatná determinace, chyba v přepisu dat)
- špatná volba outgroup a chybná polarizace (seskupování na základě symplesiomorfii, domnělá outgroup ve skutečnosti součástí ingroup apod.)
- evoluce genu se liší od evoluce taxonu (paralogie, horizontální přenos genu, neúplné sortování linií)
- porušení předpokladů metody konstrukce stromu (špatný model, problém dlouhých větví)

Long-branch attraction

- problém při určité kombinaci dlouhých a krátkých větví
- pokud metoda předpokládá, že se všechny lokusy mění stejným tempem (např. parsimonie)
- nahromadění náhodných změn v sekvencích, setřetí fylogeneticky podstatné informace – špatná topologie

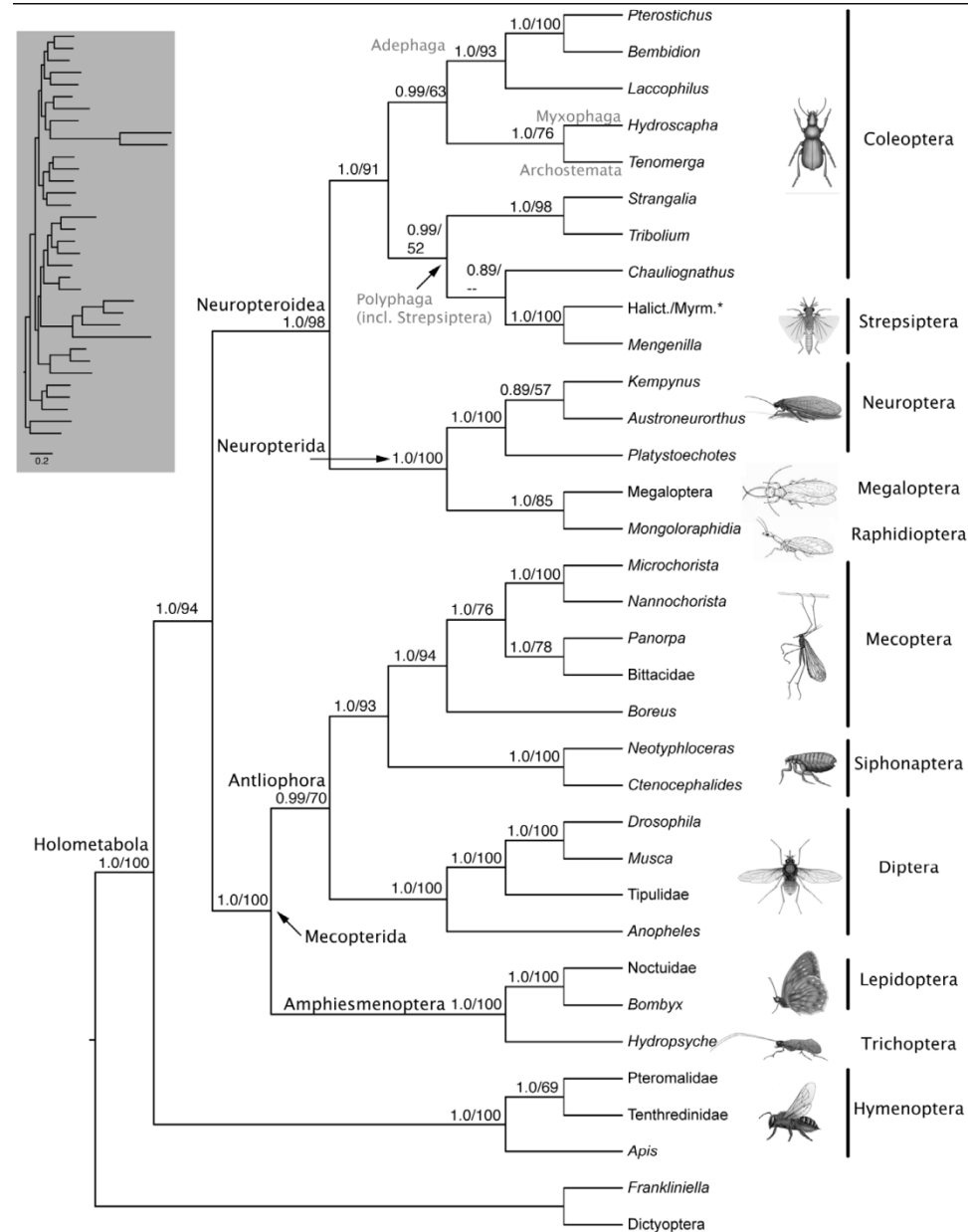


skutečný strom



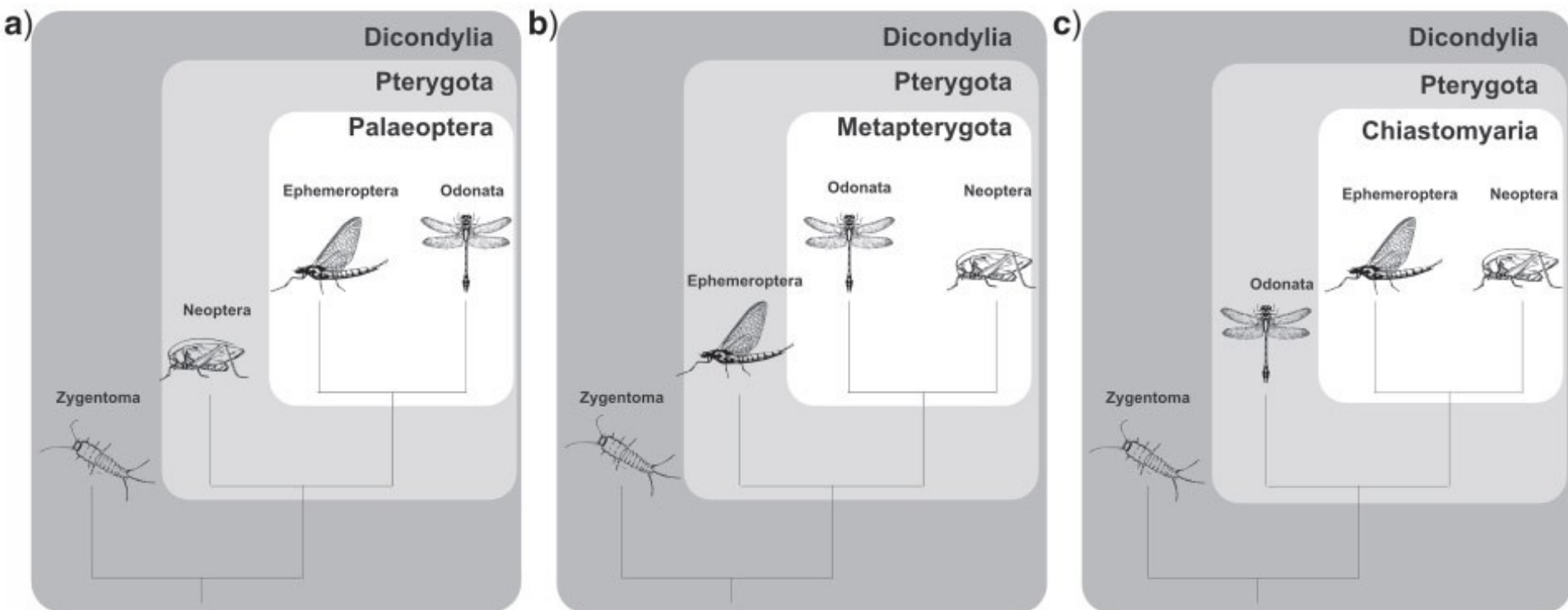
získaný strom

- příklad problému dlouhých větví: postavení řasníků (Strepsiptera) v systému hmyzu

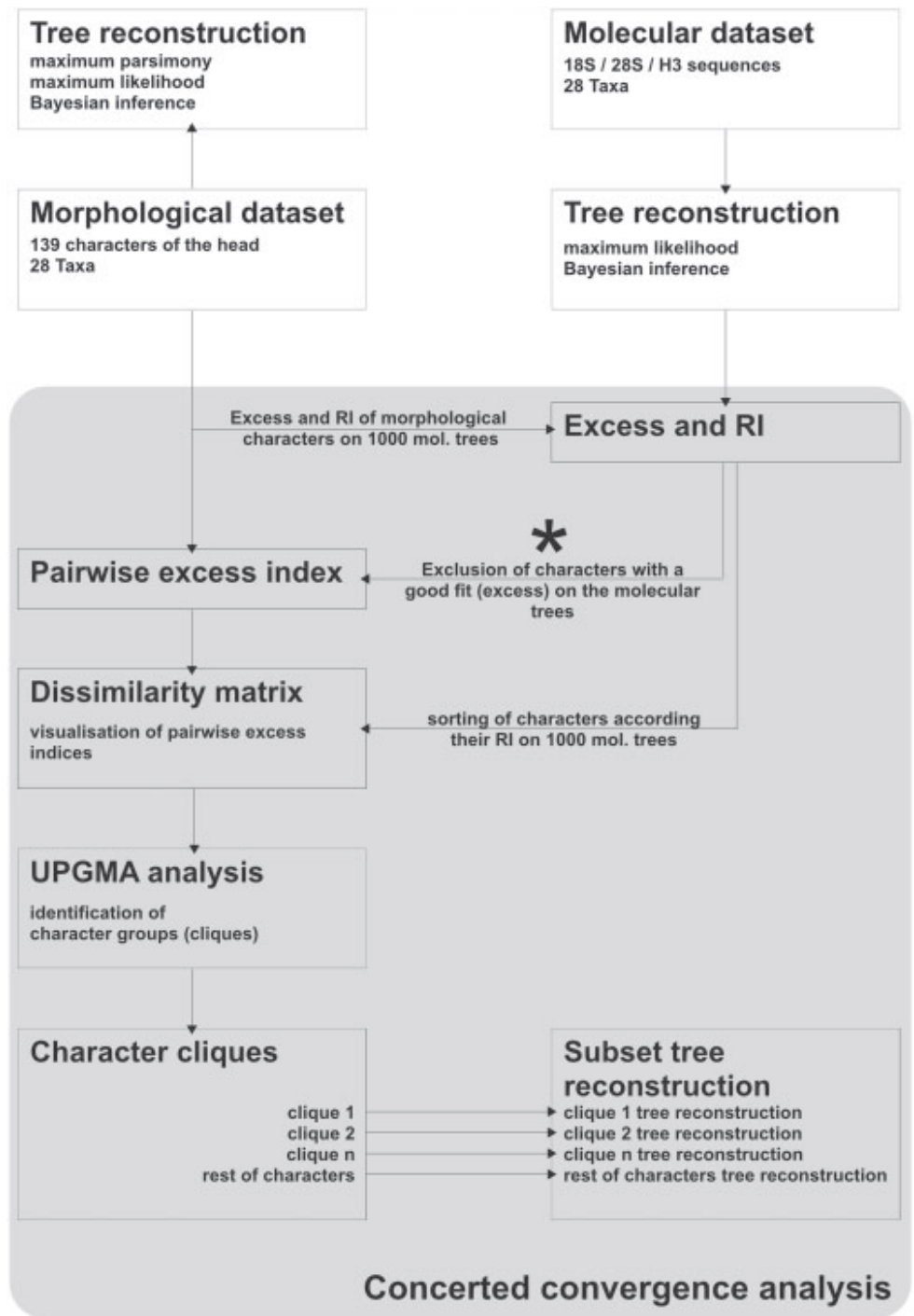
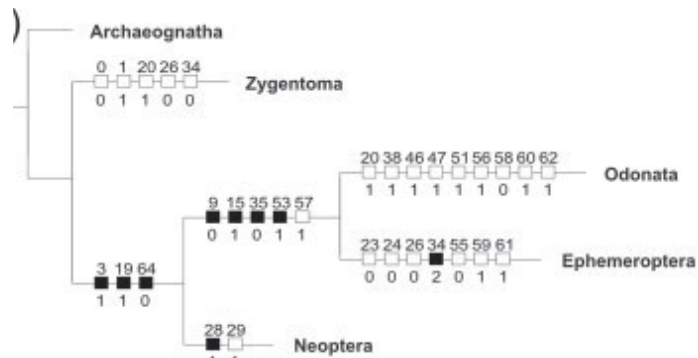
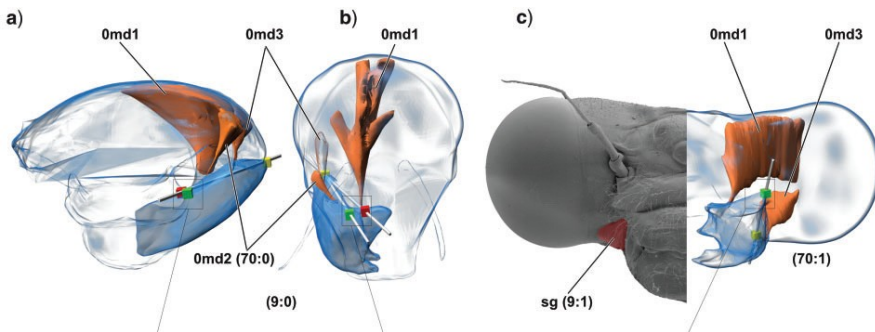


McKenna & Farrell (2010)
analýza sekvencí 9 jaderných genů

- příklad problému závislosti znaků – sladěná konvergence (*concerted convergence*) morfologických znaků: vzájemné příbuzenské vztahy jepic, pošvatek a Neoptera



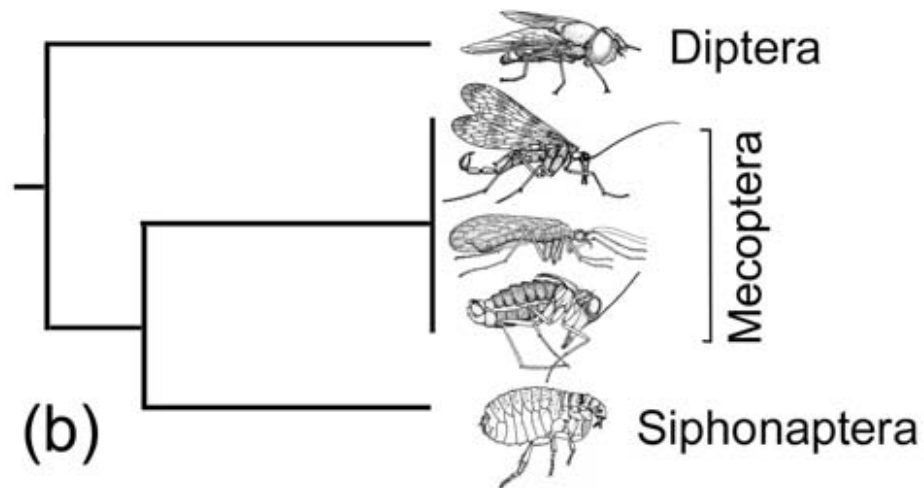
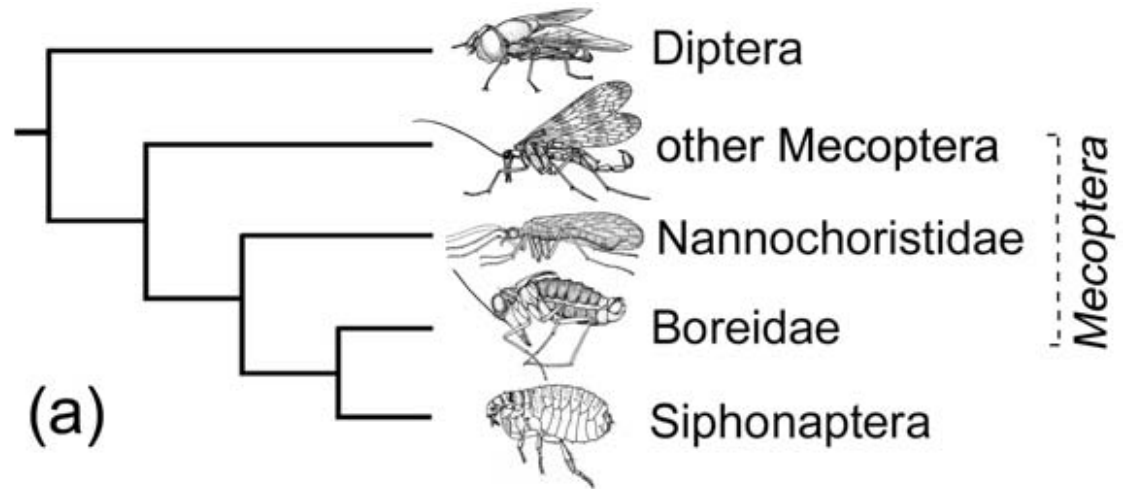
- odhalení sladěné konvergence: identifikace skupin závislých znaků: klik (*cliques*: Holland et al. 2010)



- příklad dosud nevyjasněného konfliktu v datech: nejasná monofylie srpic (Mecoptera) oproti blechám – dvě protichůdné hypotézy



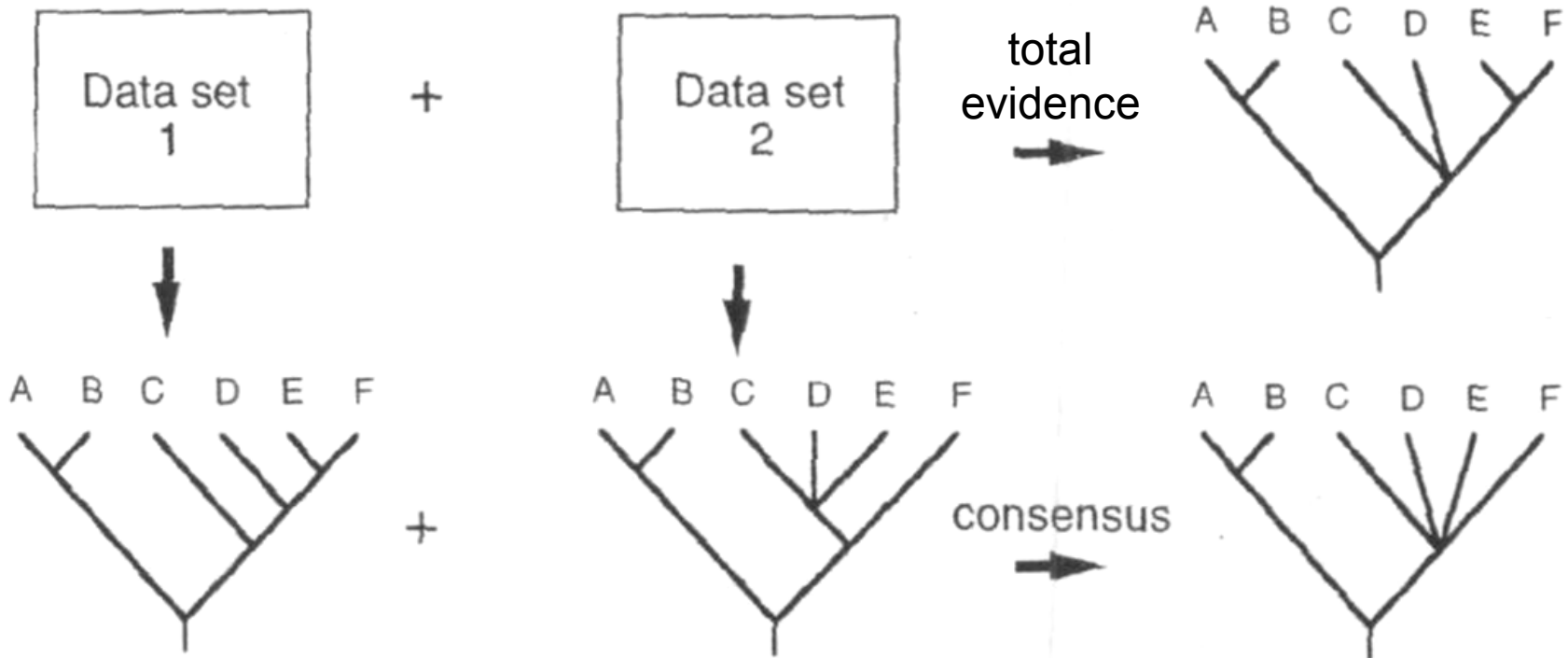
ribosomální geny, morfologie
(Whiting 2002)



protein-kódující geny (Wiegmann et al. 2009)

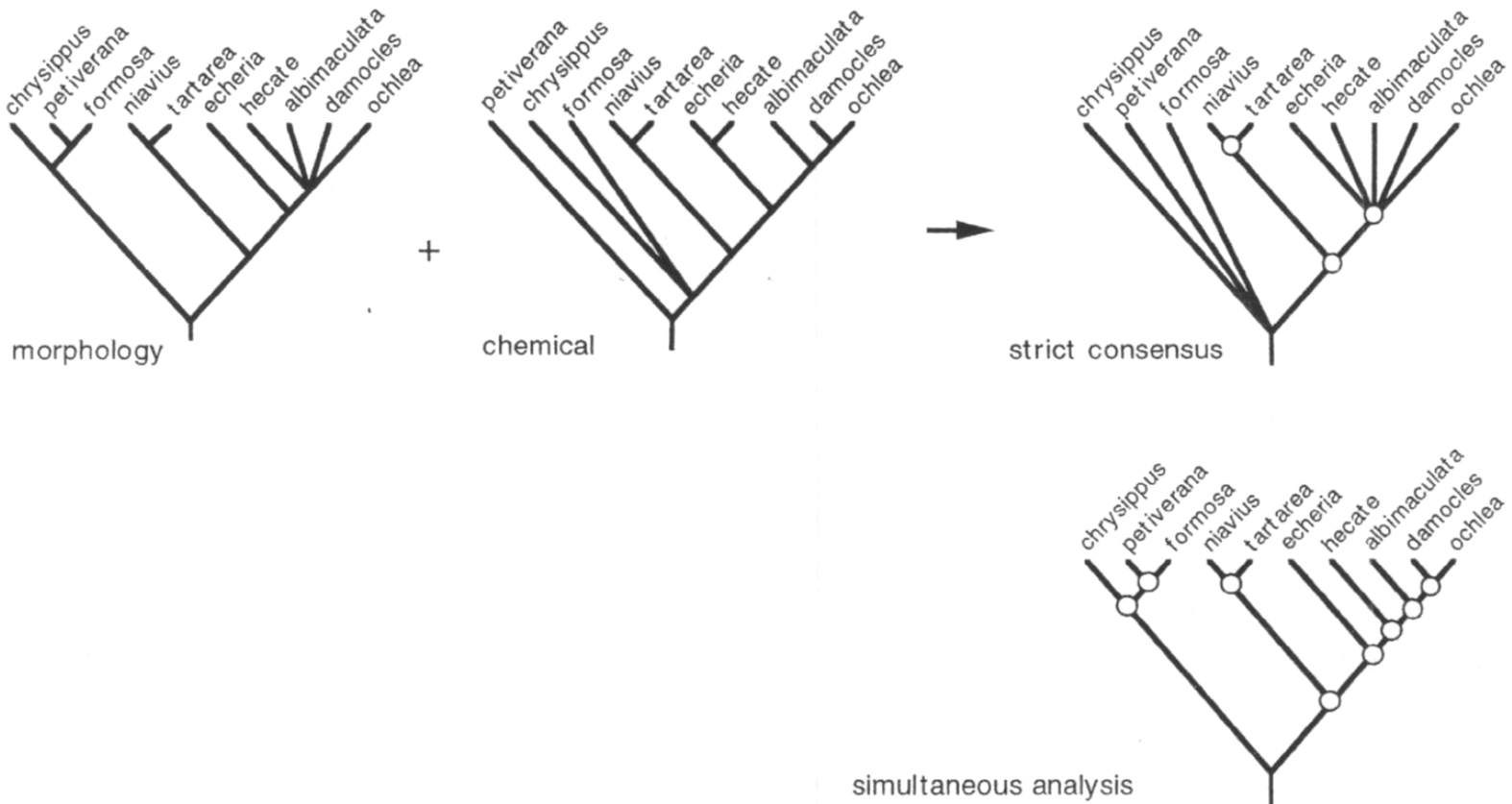
Kombinovaná vs. oddělená analýza

- různé typy dat: morfologie/molekuly, gen1/gen2, dospělci/larvy, embryologie apod.



Kombinovaná analýza

- simultánní analýza, *total evidence*, *supermatrix approach*
- z pohledu kladistiky filozoficky lepší přístup, testuje soulad (homologii) znaků v maximální míře
- často je výsledný strom lépe rozlišen

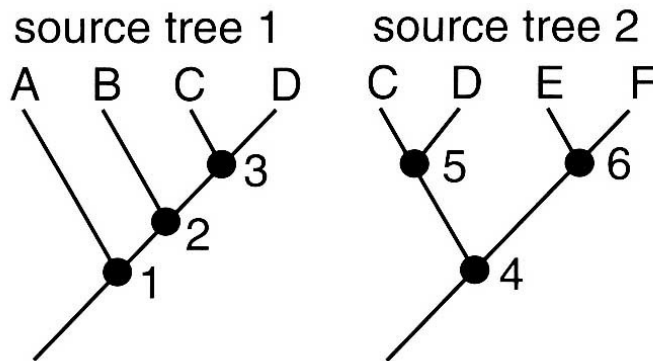


Oddělené analýzy

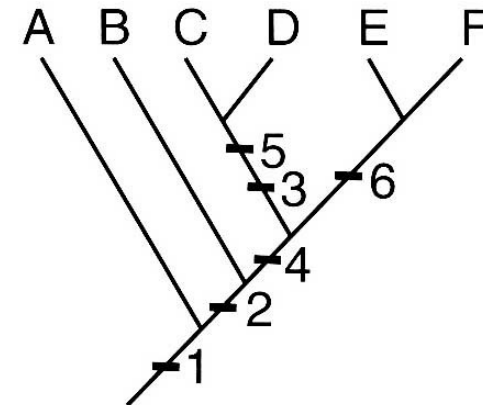
- *partitioned analysis, separate analysis*
- možnost vzájemného testu datových souborů různé podstaty
- snižuje pravděpodobnost závislosti znaků
- lze použít rozdílné evoluční modely a algoritmy konstrukce stromu
- lepší v případě velmi rozdílného
 - obsahu homoplázie (informace/šum)
 - počtu znaků
- při souborech taxonů, které se překrývají jen částečně (→superstrom, *supertree*)
- →testy nesouladu mezi dvěma datovými soubory: *incongruence length difference (ILD)*, Templetonův test, testy založené na ML, atd.

Superstromy (*supertrees*)

- při částečně překrývajících se souborech taxonů a pro konstrukci „stromů života“ z obrovských datových souborů
- mnoho různých metod konstrukce (přímé, nepřímé), ideální metoda neexistuje (např. mohou vznikat klády odporující vstupním stromům)
- *matrix representation with parsimony (MRP)*:



combined data:



node \ taxon	1	2	3	4	5	6
A	1	0	0	?	?	?
B	1	1	0	?	?	?
C	1	1	1	1	1	0
D	1	1	1	1	1	0
E	?	?	?	1	0	1
F	?	?	?	1	0	1

Test nesouladu mezi dvěma datovými soubory (*Partition homogeneity test*)

- Incongruence length difference (ILD)*: Farris et al. 1995

sp1 TACATAAACAAAGCCTAAAAATGCGACACTACGTTCACTGTTACGCTCTCCACTGCCTAGACGAAGAAGCTTCA
 sp2 TACATAAACAAAGCCCAAAAATGCGACACTACGTCCACTGTTATGCTCTCCACTGCCTAGACGAAGACGCTTCA
 sp3 TACATAAACAAAGCCCAAAAATGCGACACTACGTCCACTGTTACGCTCTCCACTGCCTAGACGAGGATGCCCTCG
 sp4 TACATAAATAAGCCAAAAATGCGACACTACGTTCACTGTTACGCTCTCCACTGCCTAGACGAAGAAGCTTCA
 sp5 TACATAAACAAACCCAAAAATGCGACACTACGTCCACTGTTATGCTCTCCACTGCCTAGACGAAGACGCTTCA
 sp6 TACATAAACAAAGCCCAAGATGCGTCACTACGTCCACTGTTACGCTCTCCACTGCCTAGACGAGGAGGCCCTCG
 sp7 TACATAAACAAACCCAAAAATGCGACACTACGTCCACTGTTACGCTCTCCACTGCCTAGACGAAGACGCTTCA
 sp8 TACATAAACAAACCCAAAAATGCGACACTACGTCCACTGTTACGCTCTCCACTGCCTAGACGAAGACGCTTCA

Partition 1: L = 12
 L = 21
 Partition 2: L = 9

sp1 TACATAAACAAAGCCTAAAAATGCGACACTACGTTCACTGTTACGCTCTCCACTGCCTAGACGAAGAAGCTTCA
 sp2 TACATAAACAAAGCCCAAAAATGCGACACTACGTCCACTGTTATGCTCTCCACTGCCTAGACGAAGACGCTTCA
 sp3 TACATAAACAAAGCCCAAAAATGCGACACTACGTCCACTGTTACGCTCTCCACTGCCTAGACGAGGATGCCCTCG
 sp4 TACATAAATAAGCCAAAAATGCGACACTACGTTCACTGTTACGCTCTCCACTGCCTAGACGAAGAAGCTTCA
 sp5 TACATAAACAAACCCAAAAATGCGACACTACGTCCACTGTTATGCTCTCCACTGCCTAGACGAAGACGCTTCA
 sp6 TACATAAACAAAGCCCAAGATGCGTCACTACGTCCACTGTTACGCTCTCCACTGCCTAGACGAGGAGGCCCTCG
 sp7 TACATAAACAAACCCAAAAATGCGACACTACGTCCACTGTTACGCTCTCCACTGCCTAGACGAAGACGCTTCA
 sp8 TACATAAACAAACCCAAAAATGCGACACTACGTCCACTGTTACGCTCTCCACTGCCTAGACGAAGACGCTTCA

Partition 1: L = 14
 L = 25
 Partition 2: L = 11

Sum of tree lengths	Number of replicates	Sum of tree lengths	Number of replicates
1661	1	1672	10
1662	2	1673	7
1663	1	1674	4
1665*	9	1675	4
1666	8	1676	1
1667	9	1677	4
1668	5	1678	2
1669	11	1679	1
1670	10	1680	1
1671	9	1683	1

* = sum of lengths for original partition
 P value = 1 - (87/100) = 0.130000

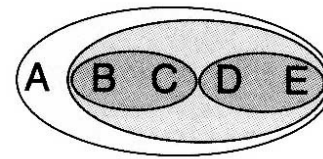
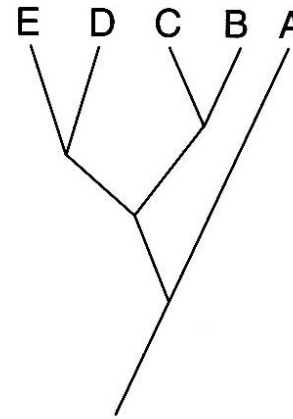
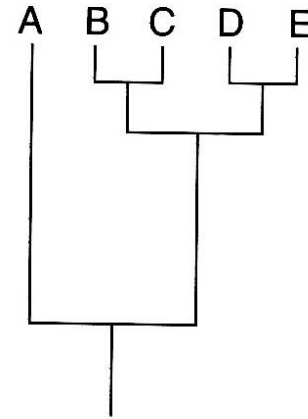
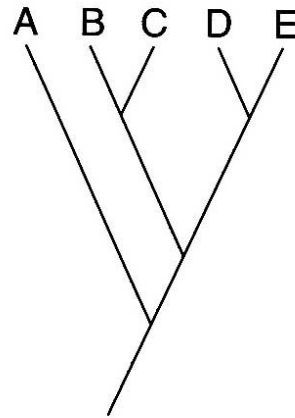
Využití fylogenetických analýz: 1) Klasifikace

Výhody klasifikací založených na fylogenezi:

- **objektivita (opakovatelnost)** – jednoznačná kritéria pro vymezení skupin (monofylie, na základě synapomorfii), hypotézy lze testovat
- **informativnost** – maximální vypovídací hodnota o rozložení znaků mezi taxony
- **přirozenost** – uspořádání získané z jednoho souboru dat bude pravděpodobně shodné/podobné jako uspořádání vzniklé z jiného, nezávislého souboru dat
- **schopnost predikce** – umožňuje zařazení nově objevených taxonů do existujícího systému včetně předpovědí o jejich pravděpodobných vlastnostech (znacích)
- **stabilita** – vyplývá ze všech předchozích bodů

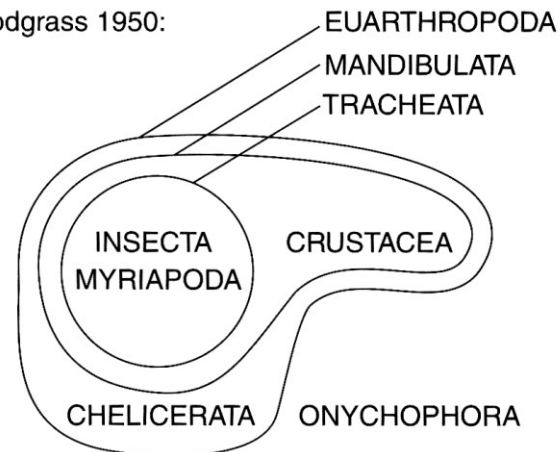
Způsoby vyjádření hierarchie

- graficky:
 - fylogenetické stromy
 - Vennovy diagramy
 - závorky



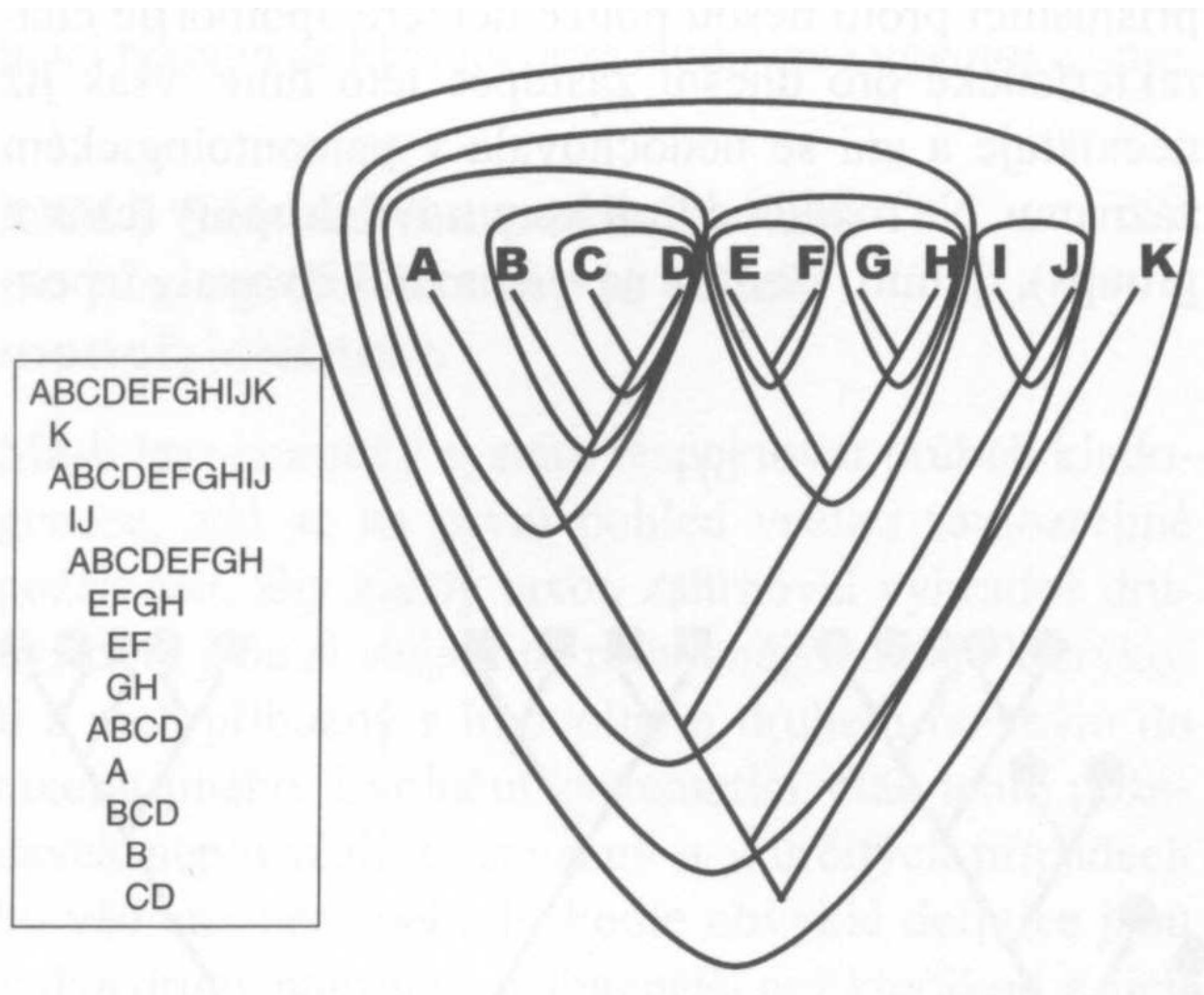
(A((B,C)(D,E)))

Snodgrass 1950:

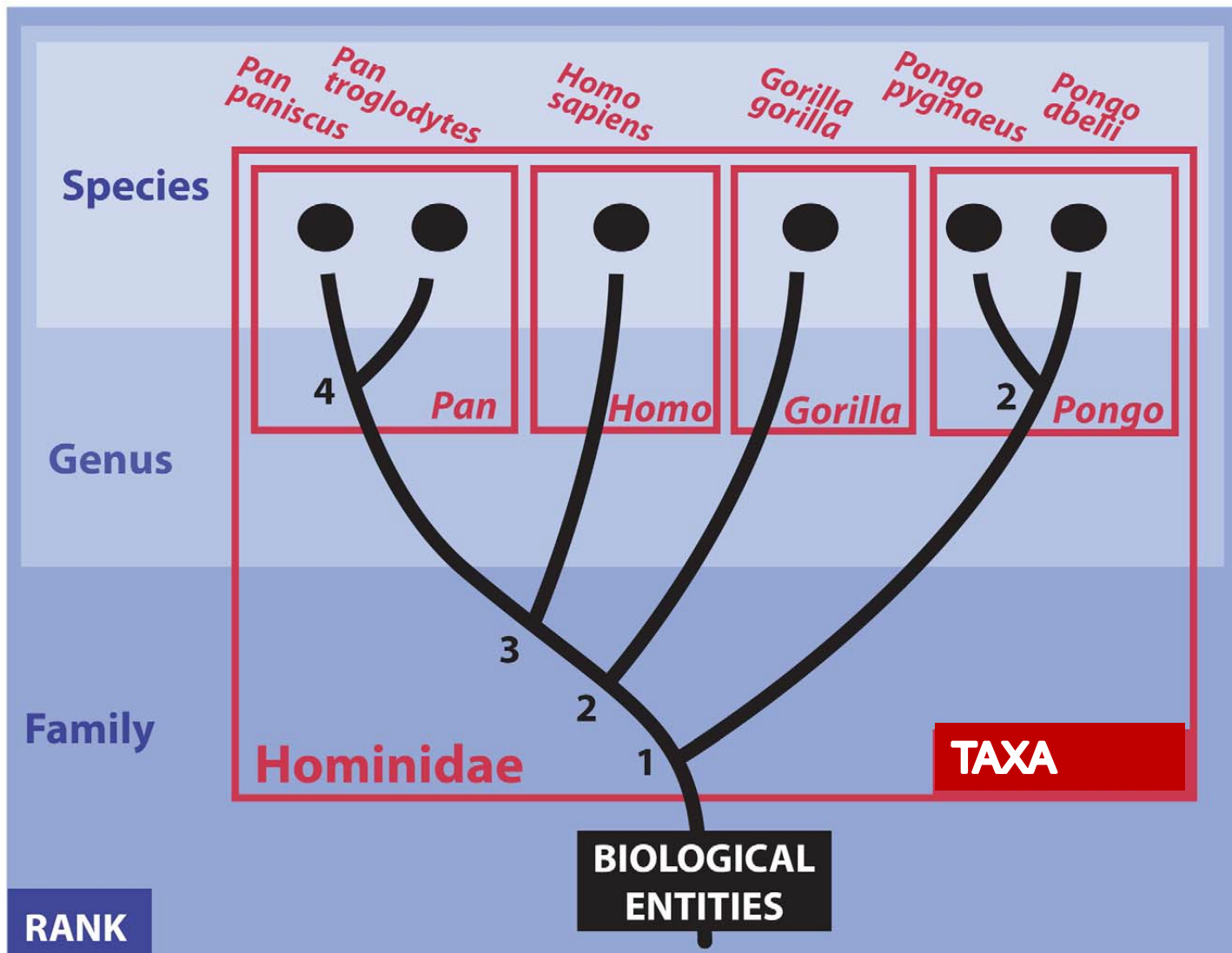


Způsoby vyjádření hierarchie

- odsazení (indentace)



Linnéovský systém



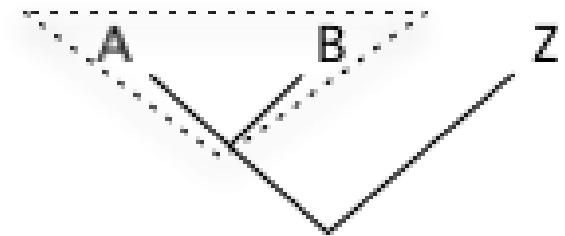
Linnéovský systém

- hierarchie vyjádřena pomocí kategorií
- nevýhody:
 - různá pravidla pro různé říše (ICZN, ICBN, bakterie – homonymie, vyšší taxony)
 - nerozlišuje monofyletické skupiny od umělých
 - formálně neupravuje podmínky pro jednoznačné vymezení taxonů
 - každému popisovanému taxonu je přikázáno přiřadit kategorii
 - těžkopádnost změn při zjištění nových poznatků o fylogenezi (změna koncovek, malý počet kategorií apod.)
 - nutnost pamatovat si kategorii a její relativní umístění v hierarchii

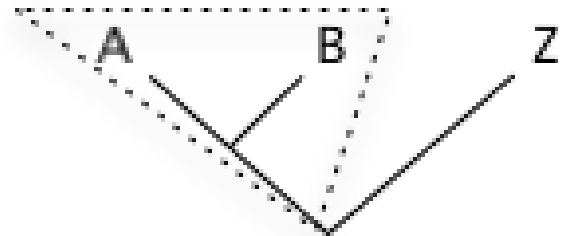
Fylogenetická nomenklatura (*PhyloCode*)

- www.ohiou.edu/phylocode/
- bez formálních kategorií
- registrace jmen ve speciální databázi
- každé jméno (vyjma druhu) musí být doprovázeno fylogenetickou definicí pomocí tzv. specifikátorů (výčtu druhů, sesterské skupiny nebo synapomorfii)
- z různých důvodů však spíše pro budoucnost neperspektivní

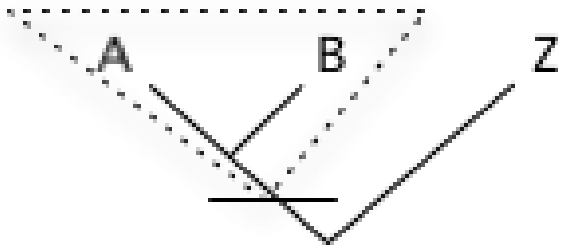
Node-based



Stem-based



Apomorphy-based



Převod fylogeneze do Linnéovského systému

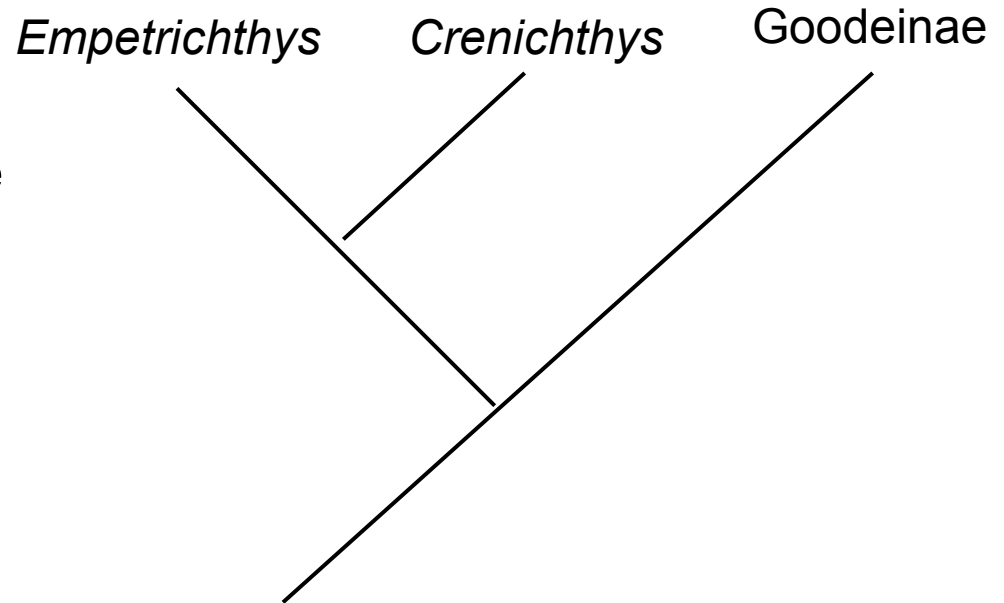
- 1) formálně klasifikujeme jen monofyletické skupiny
- 2) každá klasifikace musí logicky souhlasit s hypotézou o fylogenezi, kterou zastáváme
- 3) klasifikace by měla odrážet sesterské vztahy mezi taxony

Doporučení:

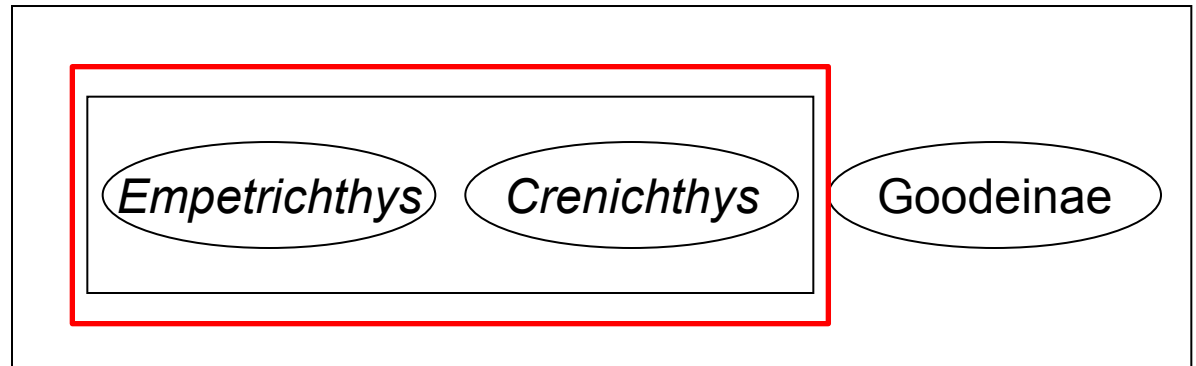
- Linnéovský systém kategorií
- pokud možno minimálně měnit existující klasifikaci (nepoužívat/nevytvářet redundantní kategorie/taxony pokud to není nutné pro vyjádření sesterských vztahů skupin, zachovat kategorie stávajících taxonů)
- při popisu nového taxonu výslovně uvádět a rozlišovat apomorfie od diagnostických znaků a plesiomorfii
- monofyletické taxony s nejistou příbuzností zařadit jako *incertae sedis* na úroveň hierarchie, do které jistě patří

Logický soulad klasifikace s fylogenezí

čeleď Goodeidae
podčeleď Epetrichthyinae
rod *Empetrichthys*
rod *Crenichthys*
podčeleď Goodeinae
(mnoho rodů)

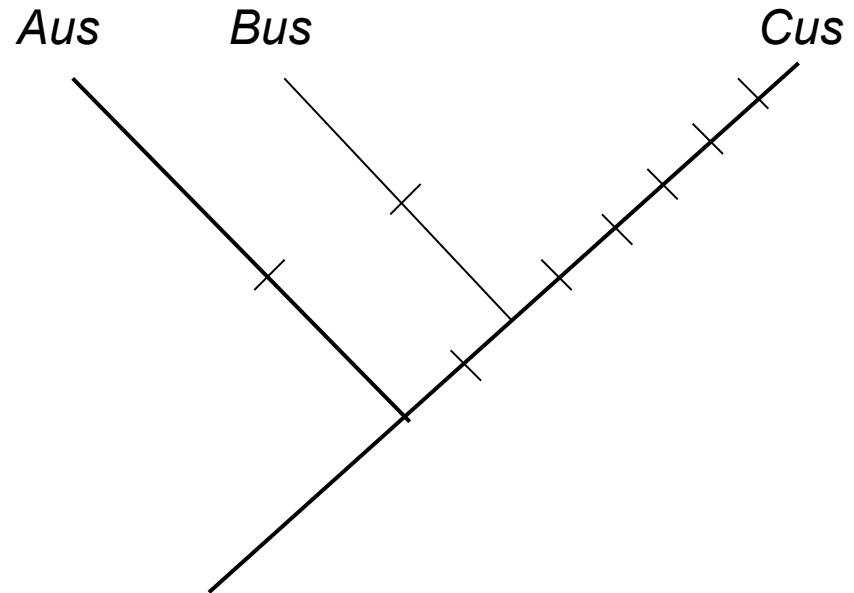


klasifikace **je v**
logickém
souladu s
hypotézou
o fylogenezi

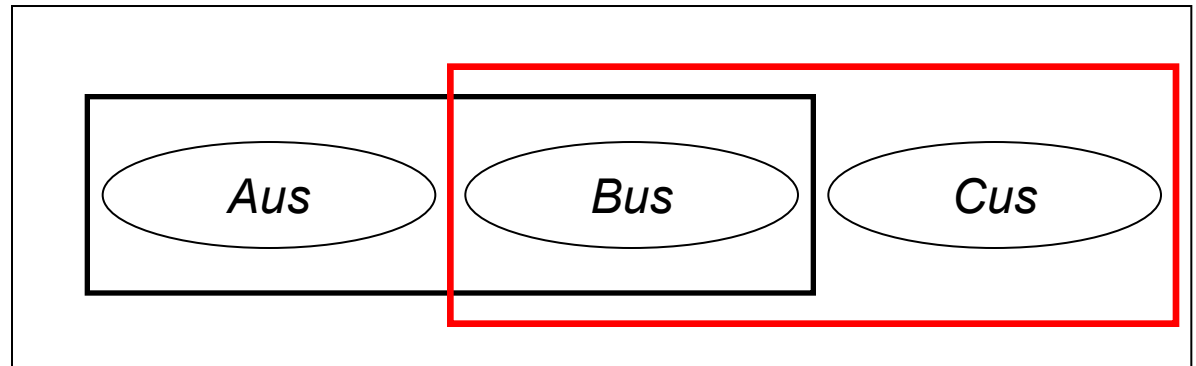


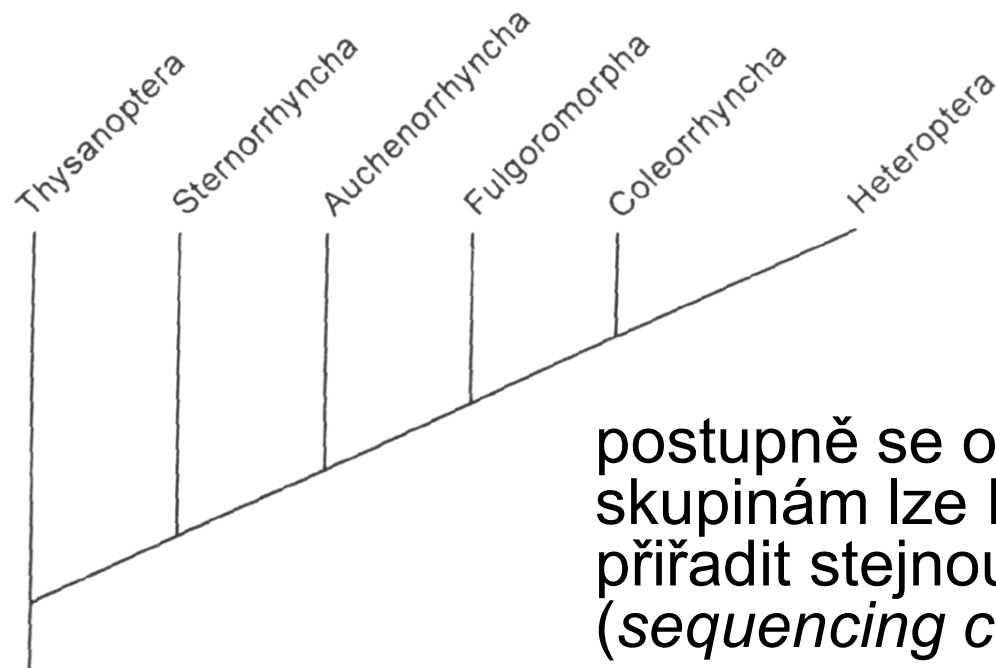
Logický nesoulad klasifikace s fylogenezí

čeleď Cidae
 podčeleď Ainae
 rod *Aus*
 rod *Bus*
 podčeleď Cinae
 rod *Cus*



klasifikace
není v
logickém
souladu s
hypotézou
o fylogenezi





postupně se odvětvujícím skupinám lze konvenčně přiřadit stejnou kategorii (*sequencing condition*):

SUBORDINATED:

Order Thysanoptera
Order Hemiptera

Suborder Sternorrhyncha
Suborder Euhemiptera

New rank 1 Auchenorrhyncha
New rank 1 Neohemiptera

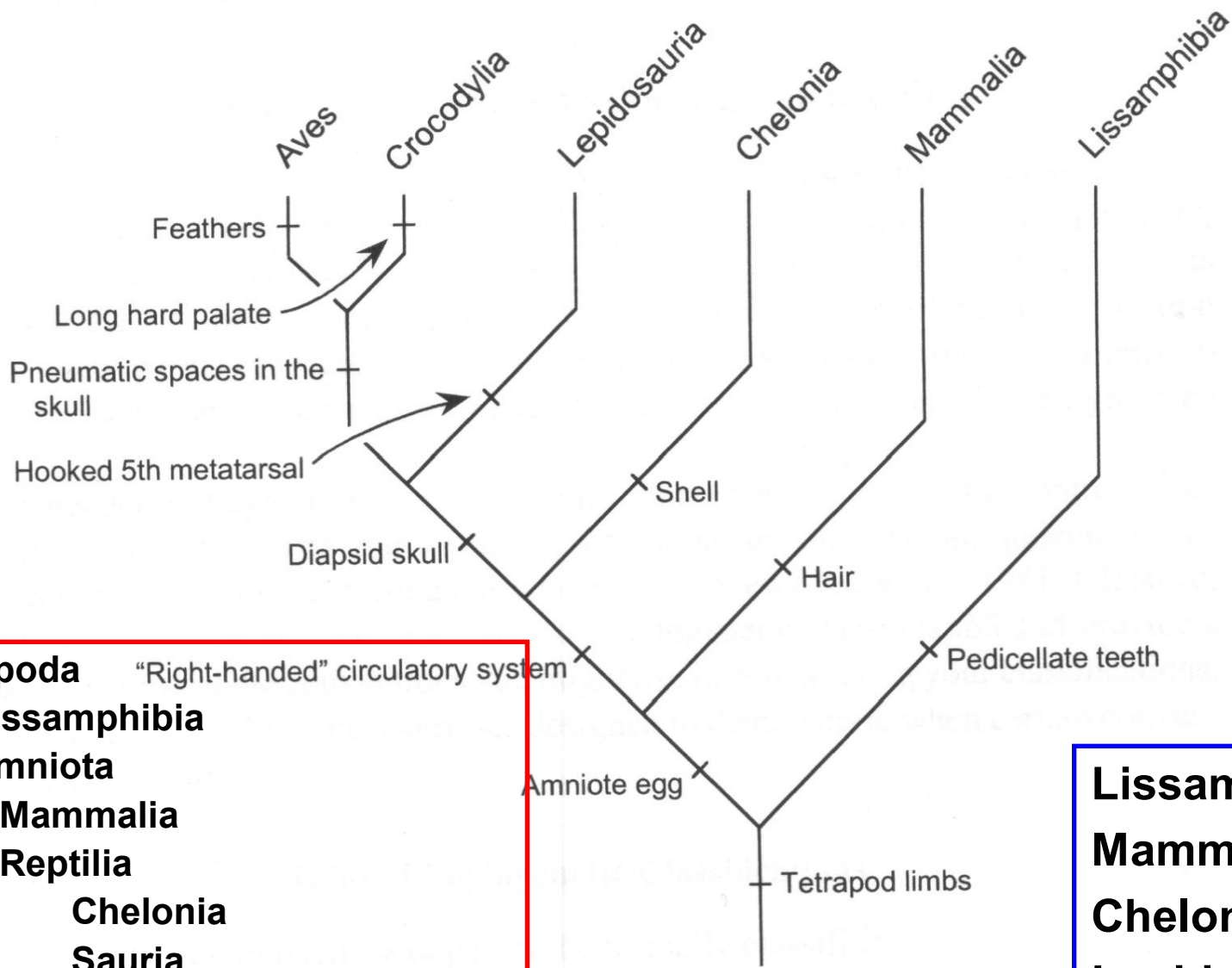
New rank 2 Fulgoromorpha
New rank 2 Heteropterodea

New rank 3 Coleorrhyncha
New rank 3 Heteroptera

SEQUENCED:

Order Thysanoptera
Order Hemiptera

Suborder Sternorrhyncha
Suborder Auchenorrhyncha
Suborder Fulgoromorpha
Suborder Coleorrhyncha
Suborder Heteroptera

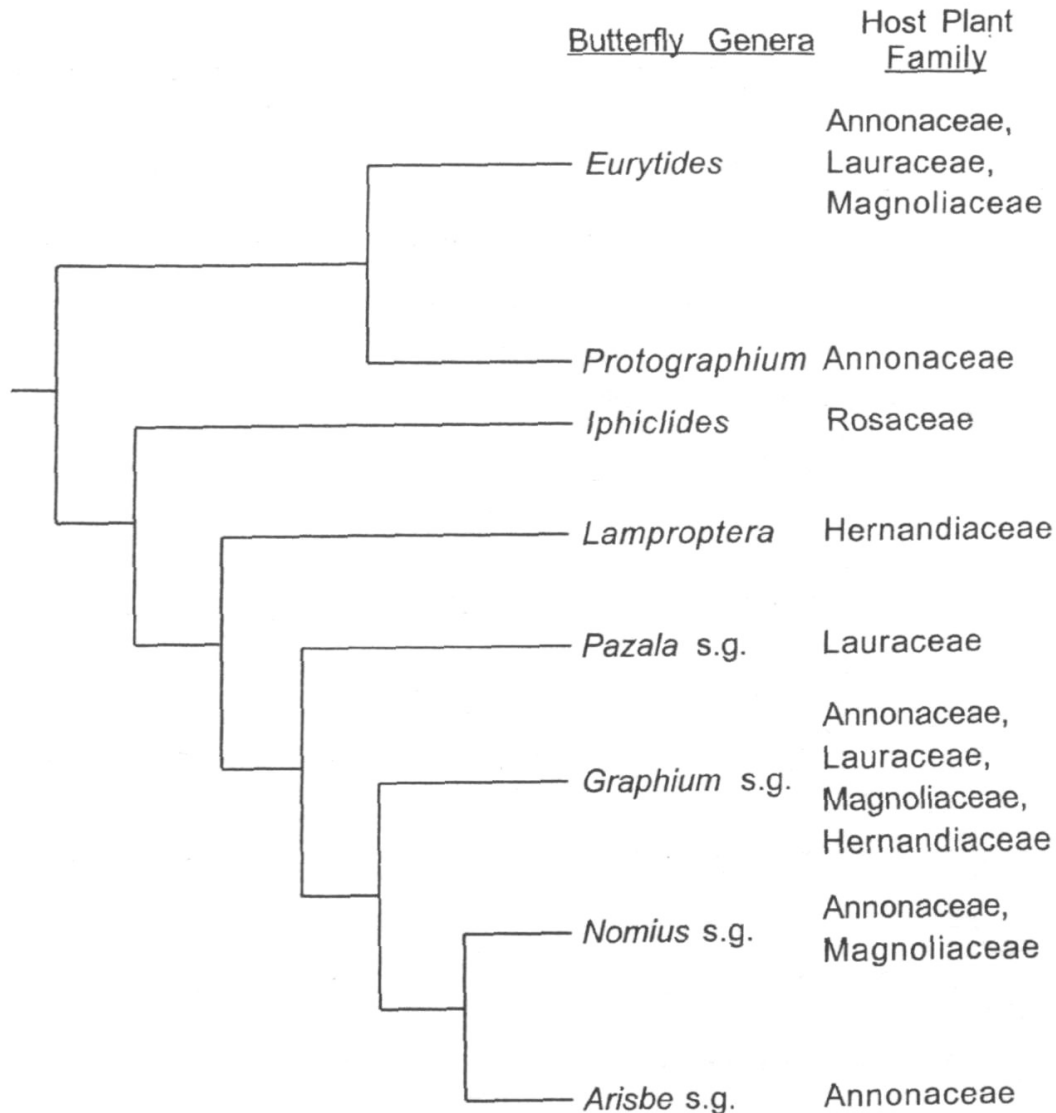


- Tetrapoda**
- Lissamphibia**
- Amniota**
- Mammalia**
- Reptilia**
- Chelonia**
- Sauria**
- Lepidosauria**
- Archosauria**
- Crocodylia**
- Aves**

- Lissamphibia**
- Mammalia**
- Chelonia**
- Lepidosauria**
- Crocodylia**
- Aves**

Využití fylogenetických analýz:

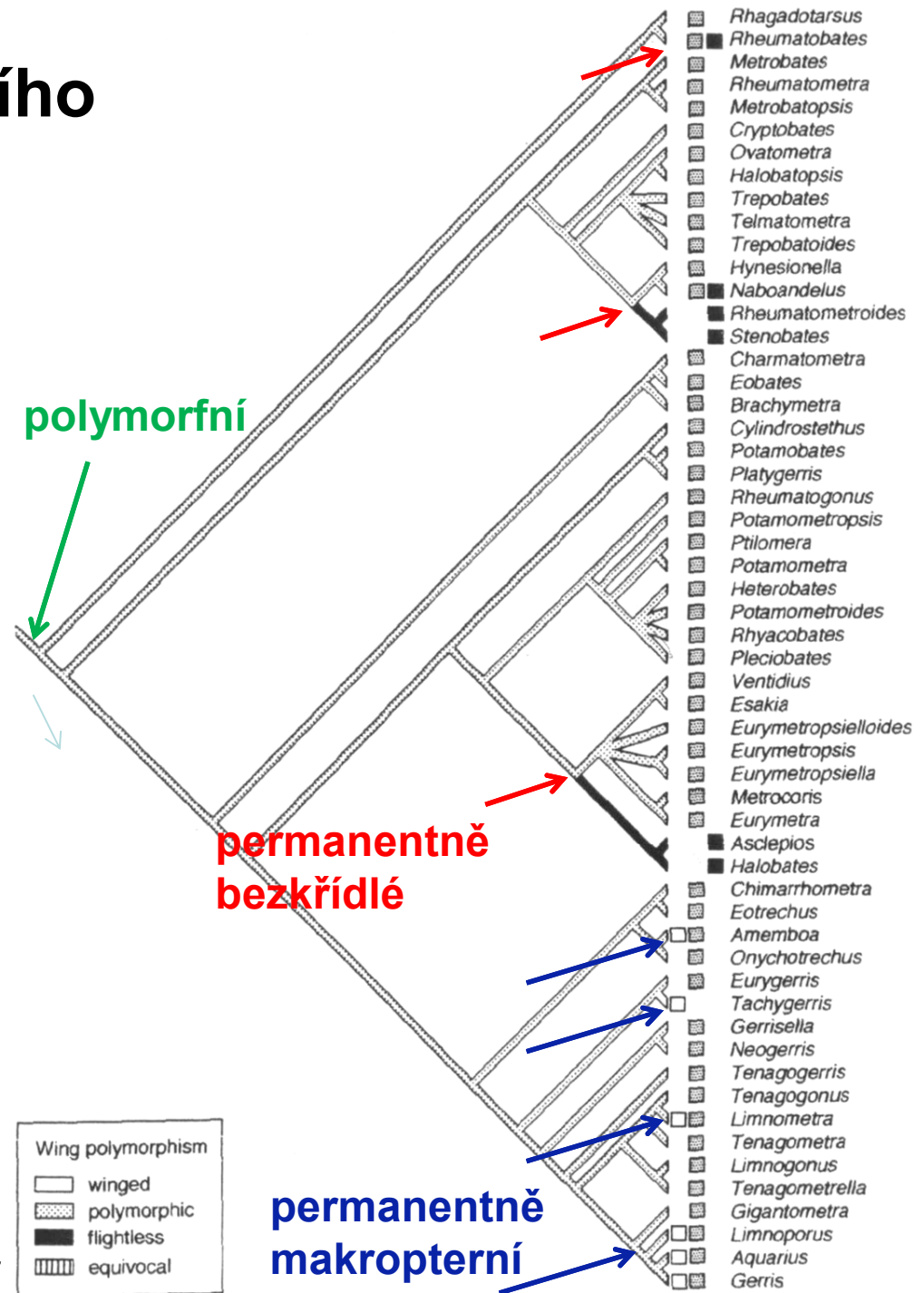
2) Testování evolučních scénářů



- **character mapping** – vynesení znaku na terminální taxony kladogramu
- např. hostitelské rostliny otakárků

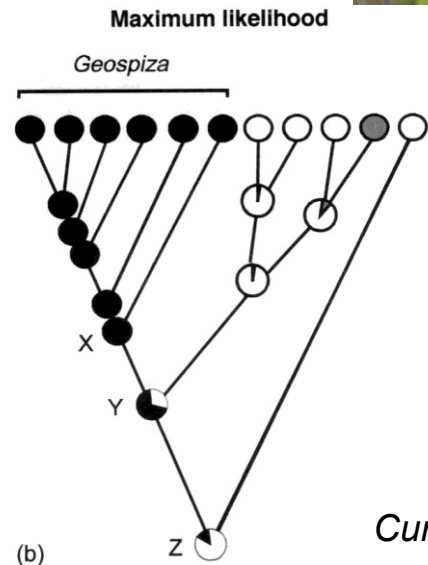
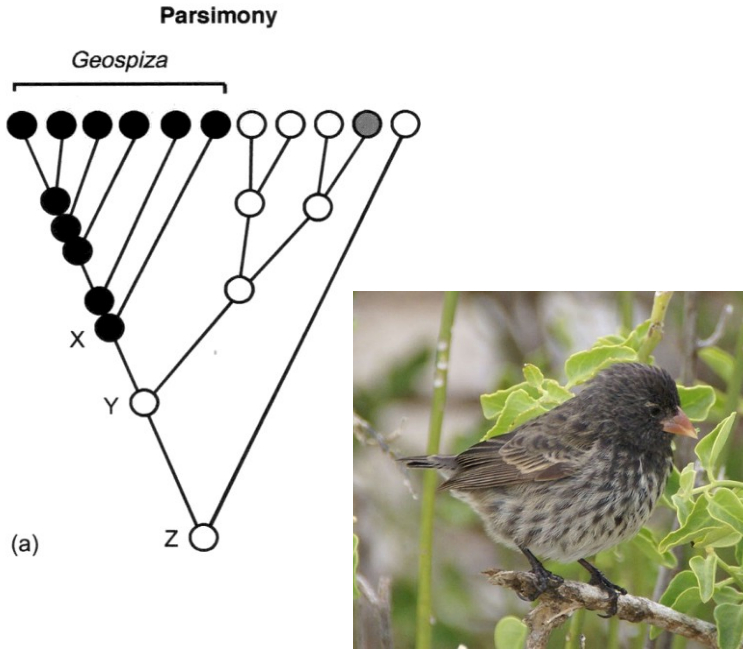
Rekonstrukce původního stavu znaku

- *character optimization* – vynesení znaku na kladogram a rekonstrukce jeho evoluční historie na základě optimalizačního kritéria (parsimonie, max. likelihood, Bayesian inference)
- např. přítomnost křídel u bruslařek (Gerridae): původní stav - dimorfismus



Andersen 1997

Rekonstrukce původního stavu znaku



Cunningham et al. 1998

Box 1. Reconstructing ancestral states using parsimony

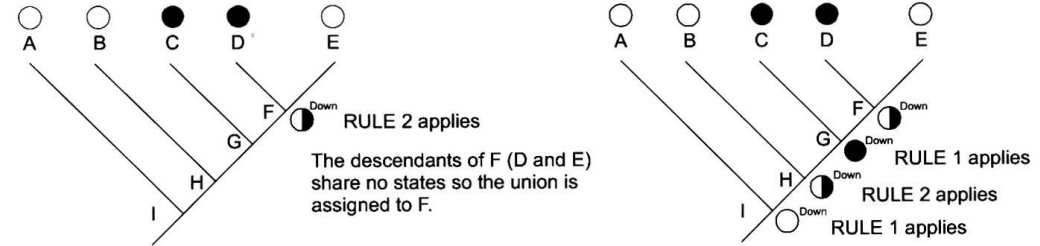
Ancestral states are often reconstructed using the parsimony criterion. The algorithm illustrated below identifies all unambiguous reconstructions for equally weighted, unordered characters⁴, and is implemented in commonly used computer packages such as MacClade 3.0 (Ref. 2).

The algorithm uses a 'downpass' and 'uppass' traversal (see Figures) to optimize ancestral states using two rules:

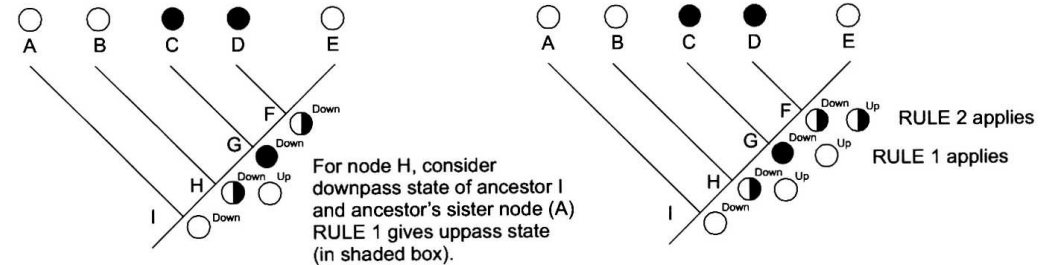
RULE 1: if descendant nodes share any states in common, assign the set of shared states to the ancestor.

RULE 2: if no states are shared in descendant nodes, assign the union of descendant's states to ancestor.

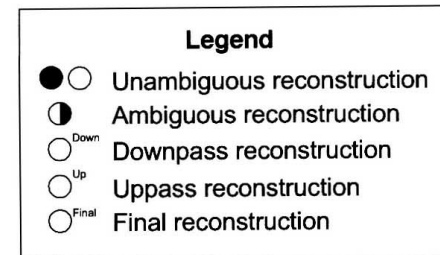
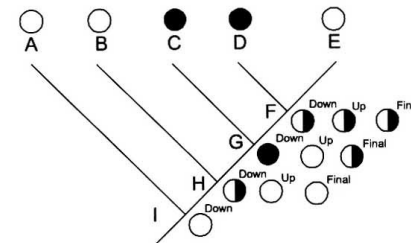
(1) **Downpass optimization:** proceed 'down' the tree towards the root, optimizing each ancestral node.



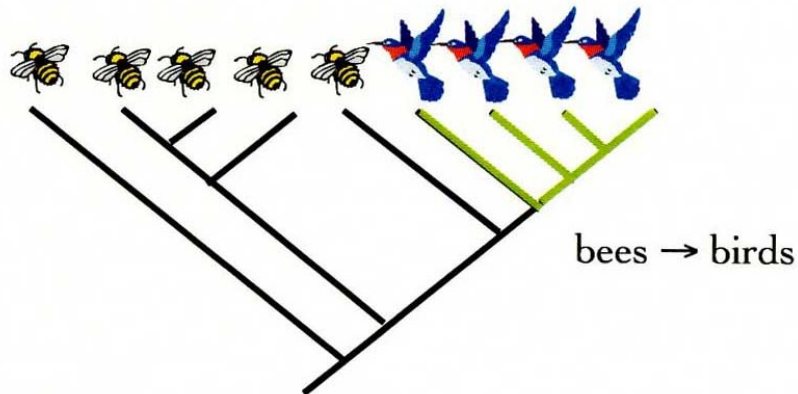
(2) **Uppass optimization:** proceed 'up' the tree away from the root, optimizing each ancestral node.



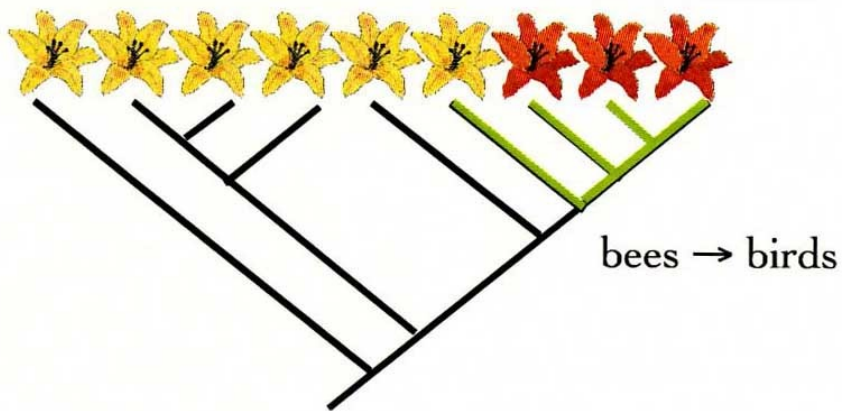
(3) **Final optimization**



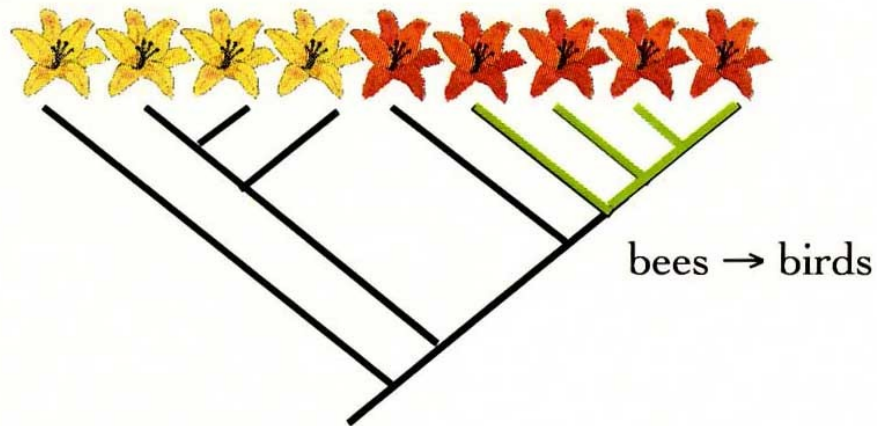
Testování adaptací: pořadí ekologických/adaptivních změn



Hypotéza: Červená barva květu je adaptací rostliny na opylování ptáky



Support hypothesis of adaptation



Adaptation unsupported

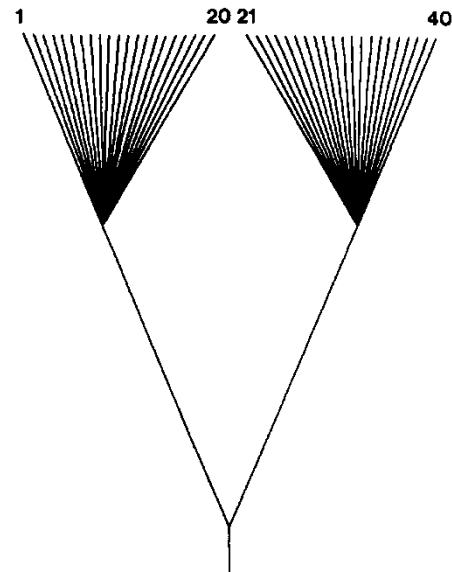
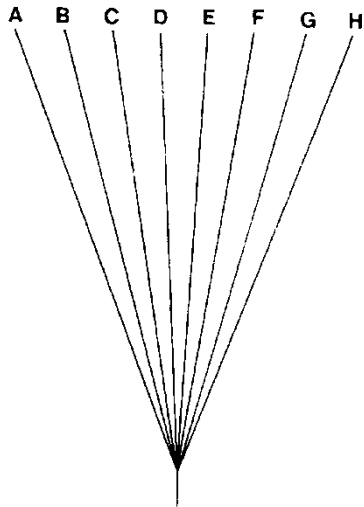
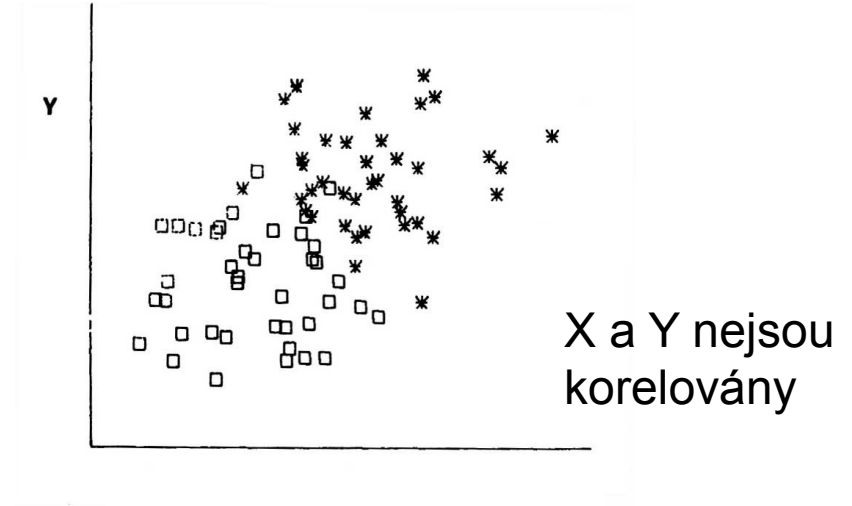
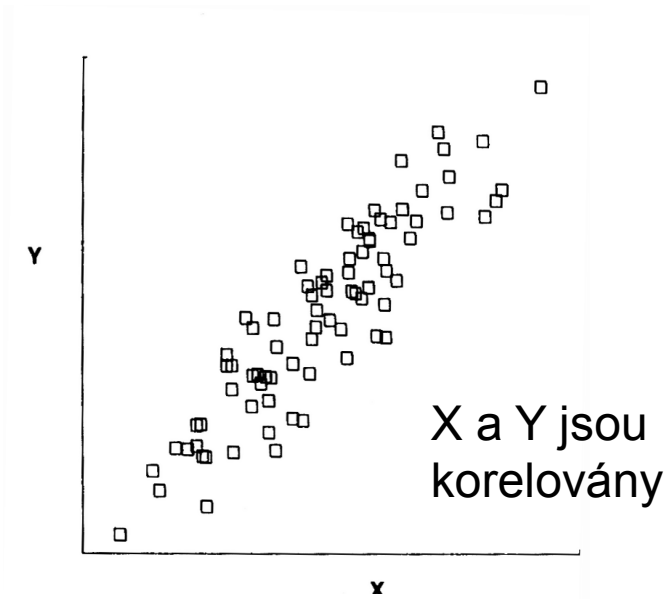
Srovnávací studie (*comparative method*)

- testování vzájemné závislosti dvou znaků fenotypu nebo fenotypu a proměnné prostředí u různých druhů nebo vyšších taxonů
- korelace, regrese, kontingenční tabulky
- problém: data z různých taxonů nejsou vzájemně nezávislá – část variability znaku (pokud je dědičný) je důsledkem fylogeneze (fylogenetická korelace/setrvačnost, *phylogenetic correlation/inertia*)

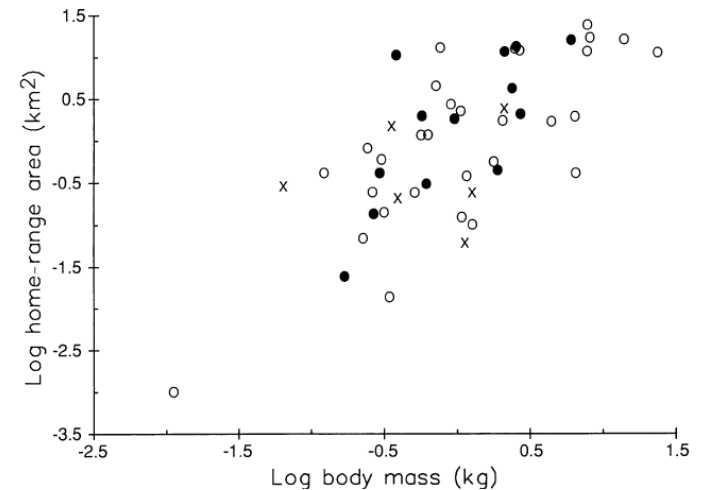
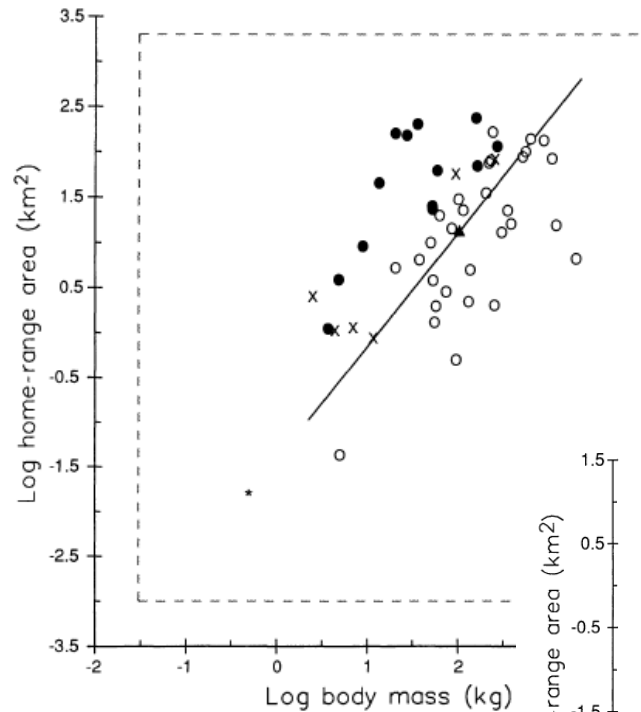
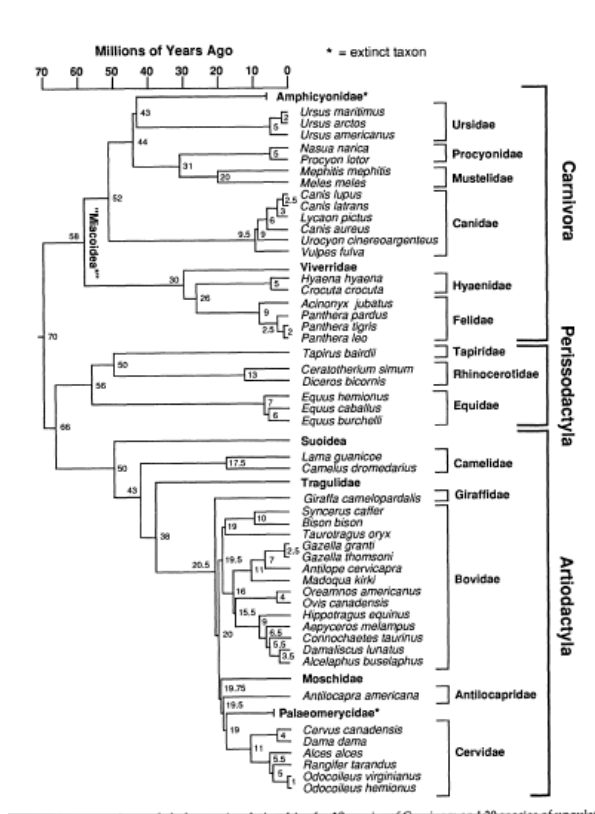


100 % variability znaku

Závislost dat na fylogenezi



Závislost dat na fylogenezi

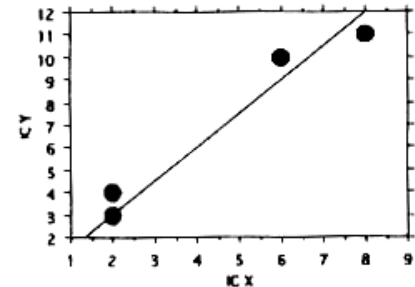
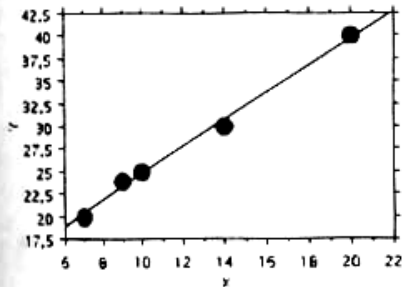
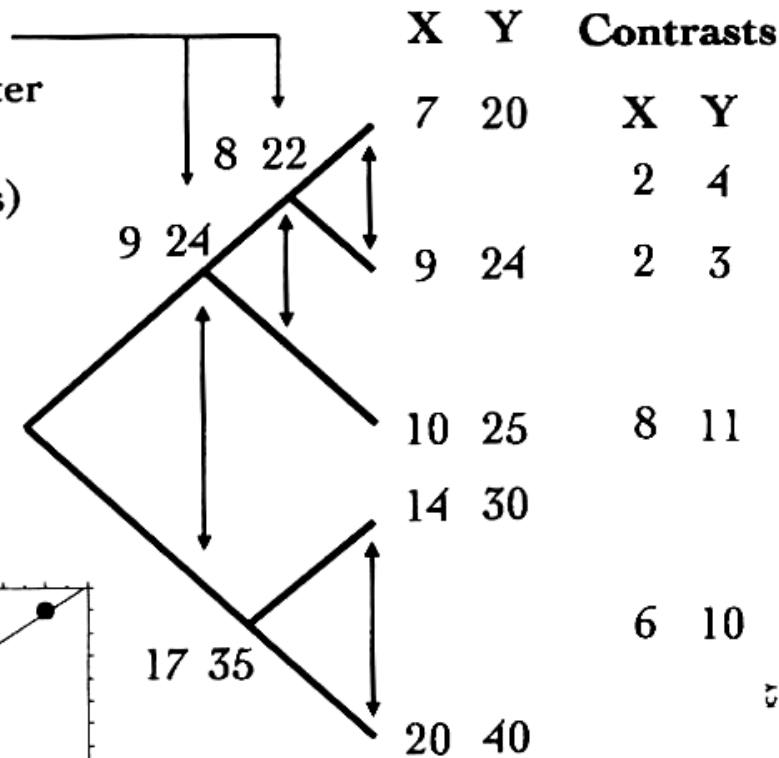


- domovské okrsky masožravých šelem nejsou po zohlednění fylogeneze a váhy těla významně větší než u býložravých kopytníků

Nezávislé kontrasty (*Independent contrasts*)

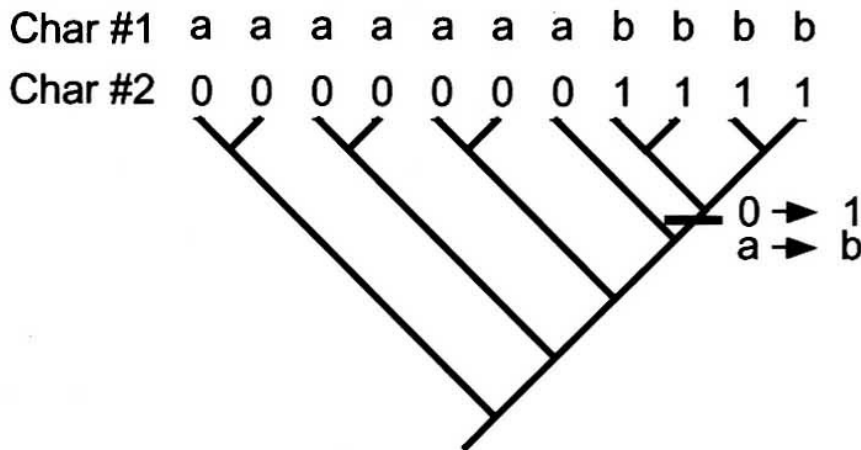
- *Felsenstein (1985)*: průměry předků vážené délkou větví, kontrasty standardizovány jejich směrodatnou odchylkou
- jedna z mnoha metod, často používaná (kvantitativní znaky)

Estimation of
ancestral character
values
(weighted means)



Kvalitativní znaky

- je přítomnost znaku X spojena se znakem Y?
- při zohlednění fylogeneze často málo dat

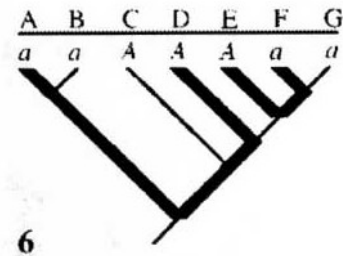
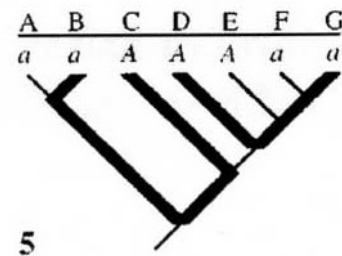
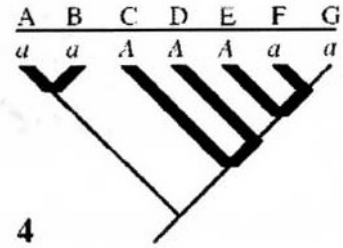
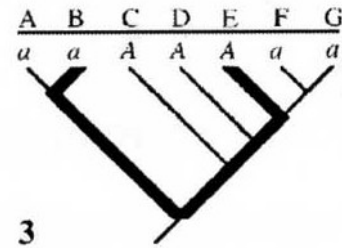
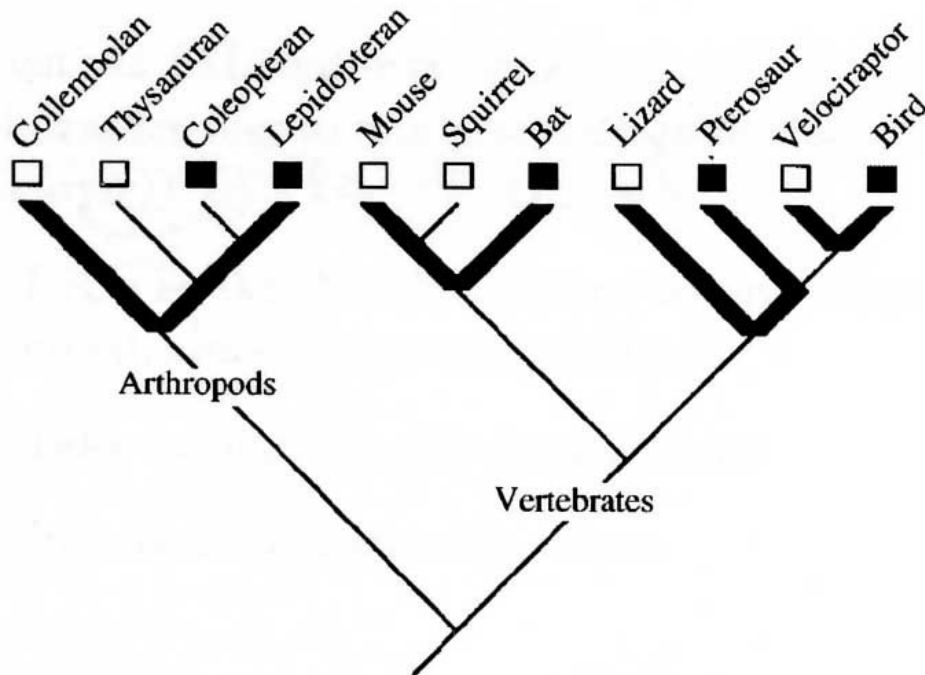


	0	1	Contingency table
a	7	0	without reconstructing ancestral states ($P < 0.005$, Fishers 2-tailed test)
b	0	4	

	0	1	Contingency table
a	0	0	after considering ancestral states according to Ridley's method ²⁷ ($P < 0.99$)
b	0	1	

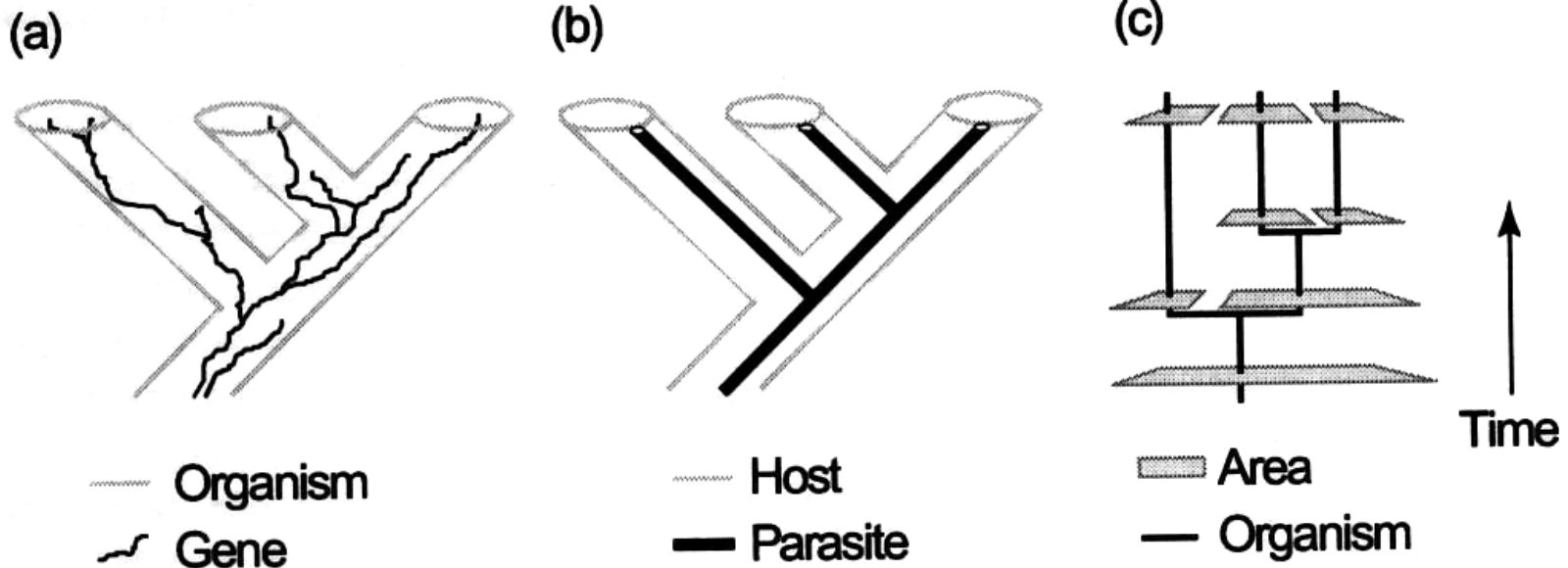
Párové srovnávání (*pairwise comparisons*)

- *Maddison (2000)*: algoritmus na výběr fylogeneticky nezávislých párů umožňujících srovnání (program *Mesquite*)
- více možností: čím více párů, tím lépe pro statistiku, ale páry musí být relevantní



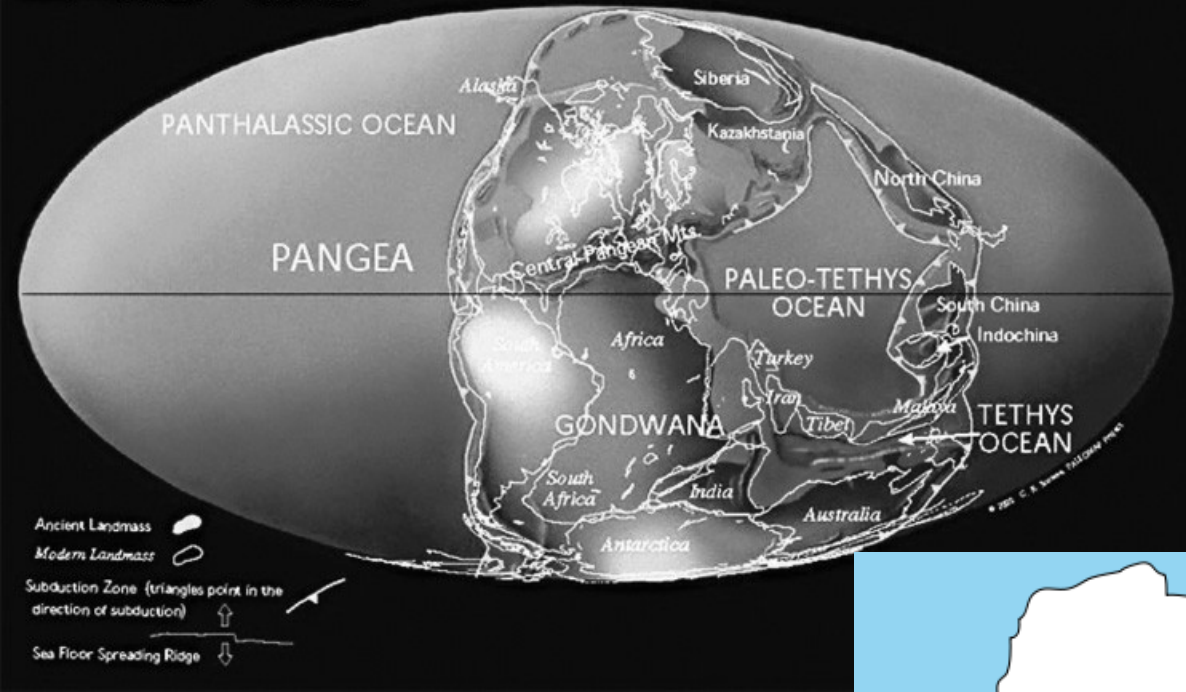
Historická biogeografie

- rozšíření organismů je ovlivněno současnými podmínkami prostředí a geologickou minulostí
- HB srovnává historii skupiny/skupin s dlouhodobou historií geografických oblastí nebo historií jiné skupiny organismů (parazit-hostitelé, geny-organismy), snaží se zjistit případný soulad a roli procesů
- vs. ekologická biogeografie: rozšíření organismů ve vztahu k živému a neživému prostředí

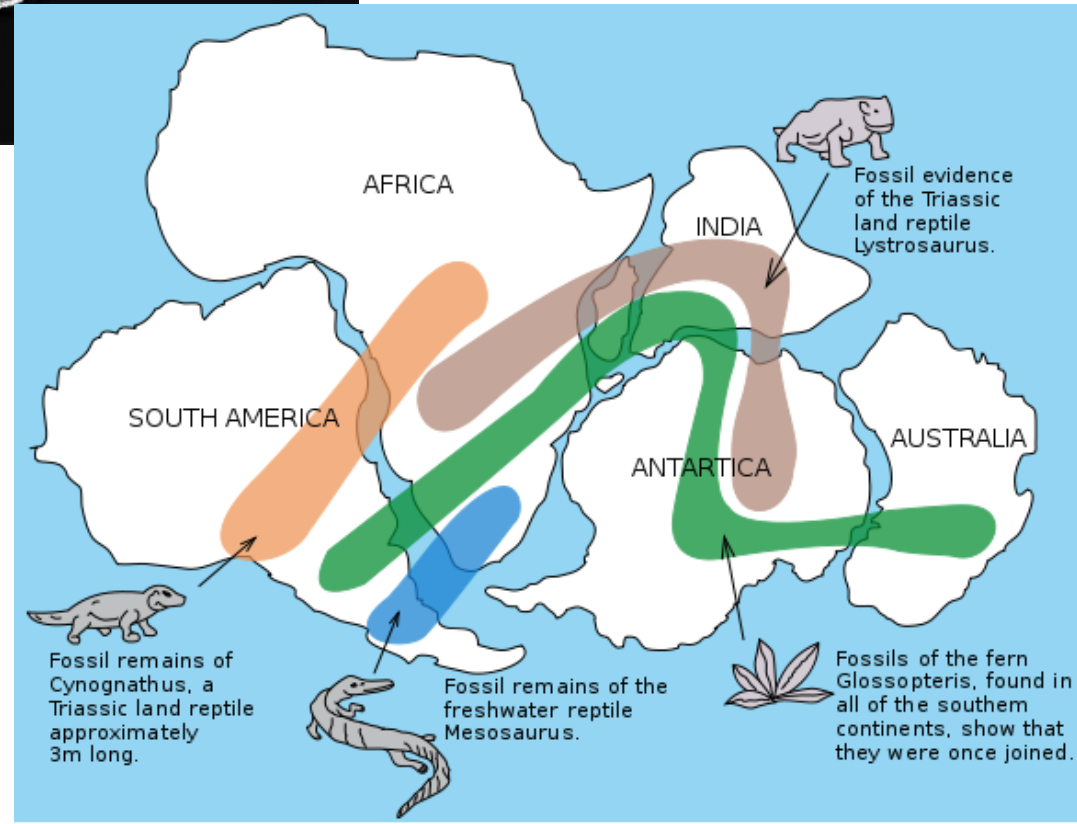
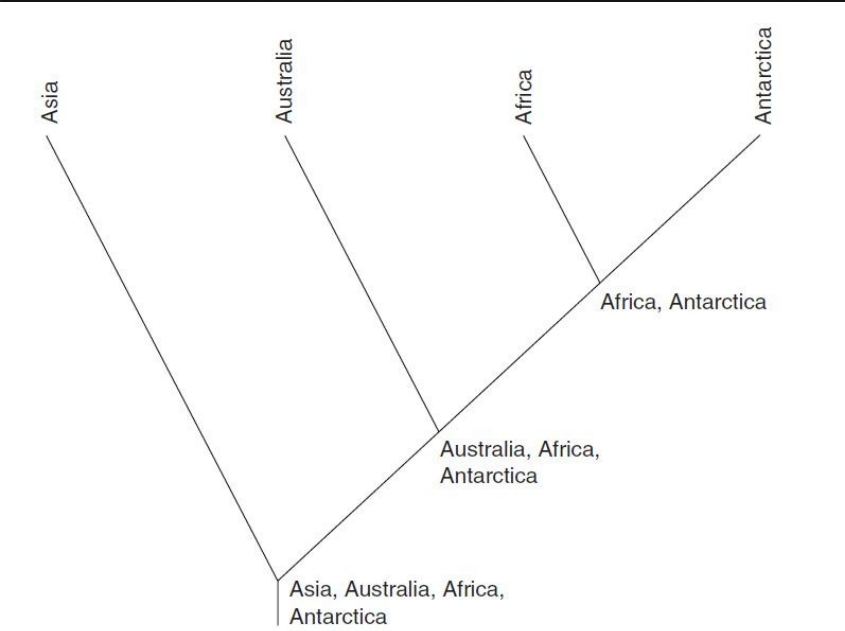


Late Permian 255 Ma

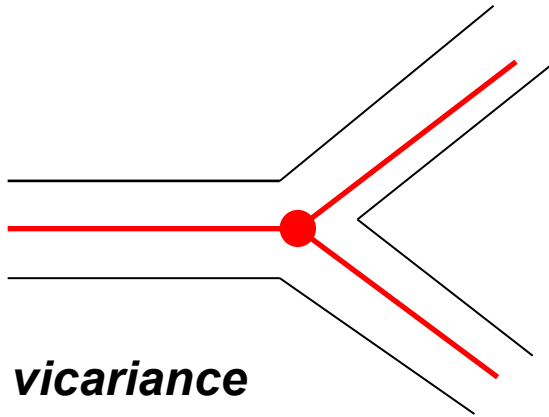
Wiley & Lieberman 2011



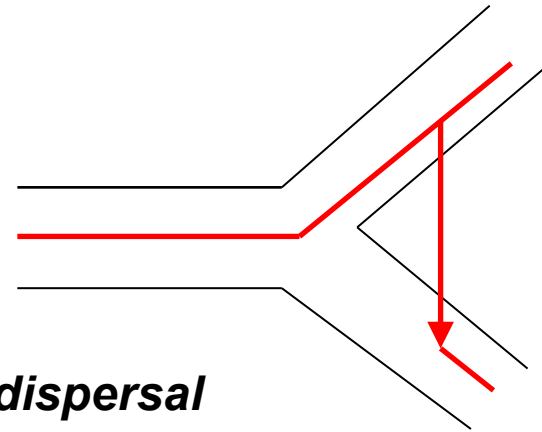
www.wikipedia.org



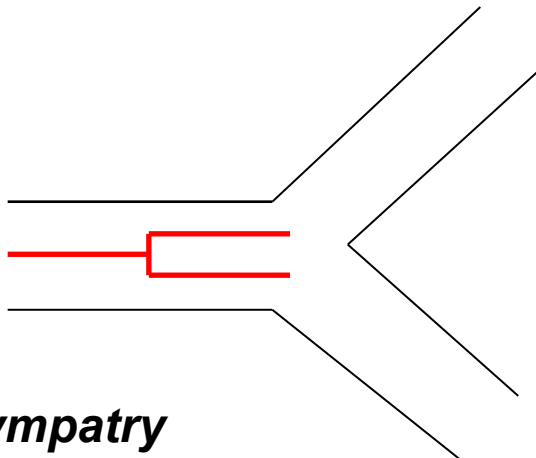
4 typy událostí (events)



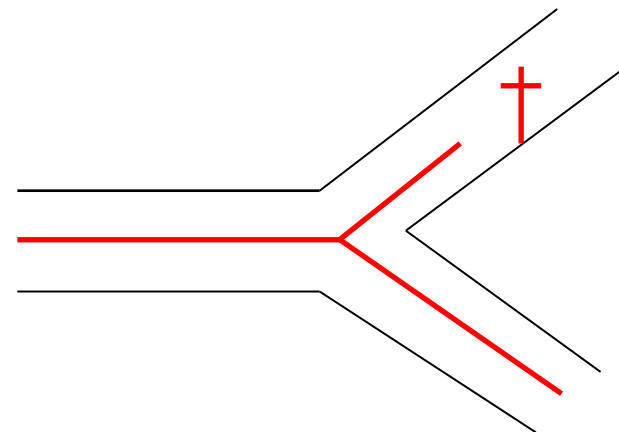
*vicariance
cospeciation*



*dispersal
host-switch*



*sympatry
within host speciation*

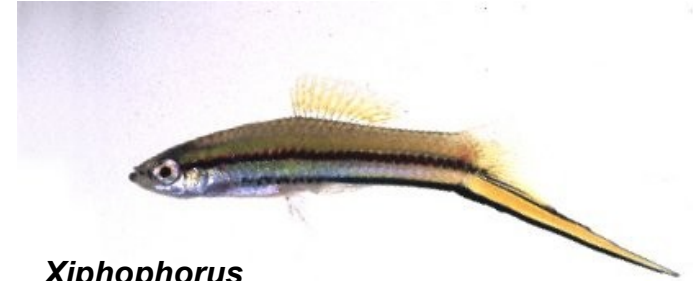


*failure to speciate / extinction
„missing the boat“*

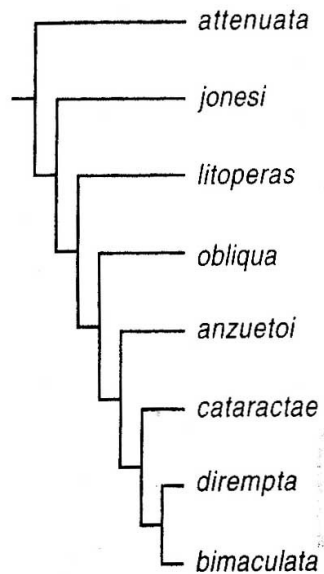
Kladistická biogeografie

1) vstupní data:

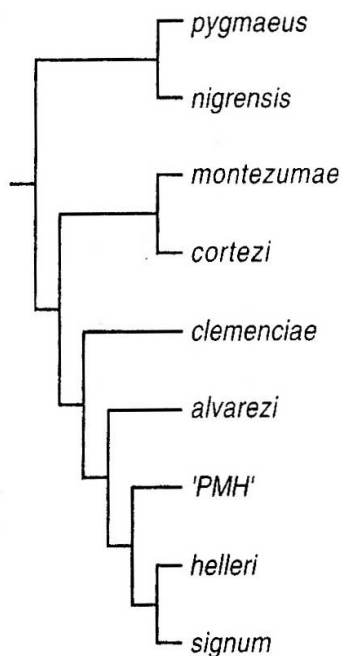
- fylogenetické stromy s taxony
- oblasti endemismu



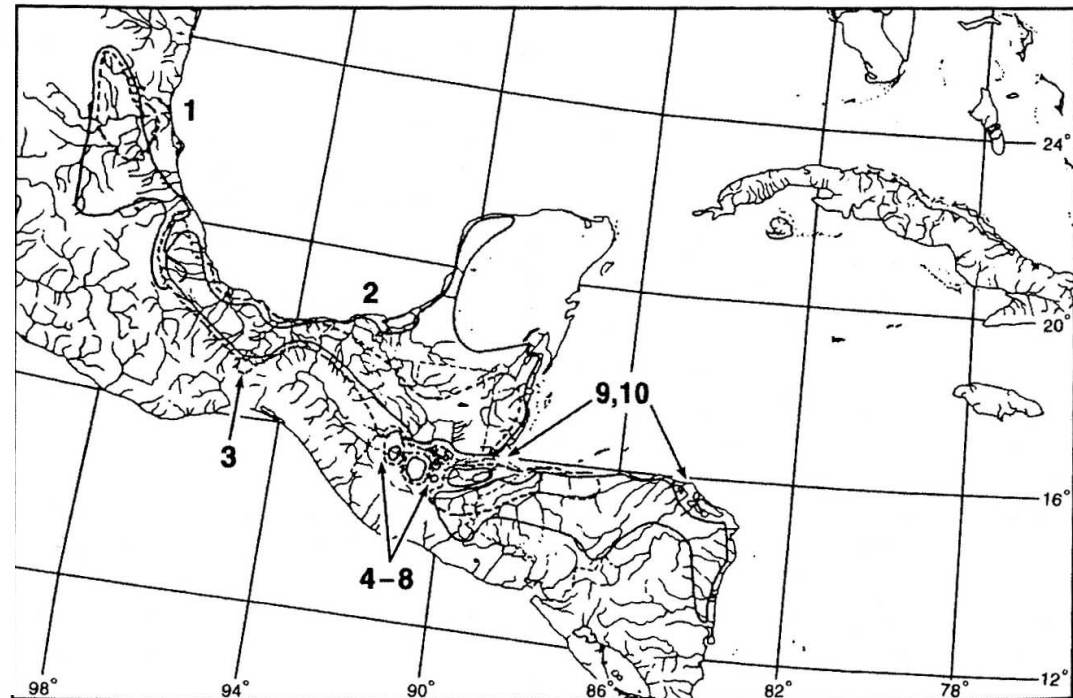
Xiphophorus



Heterandria



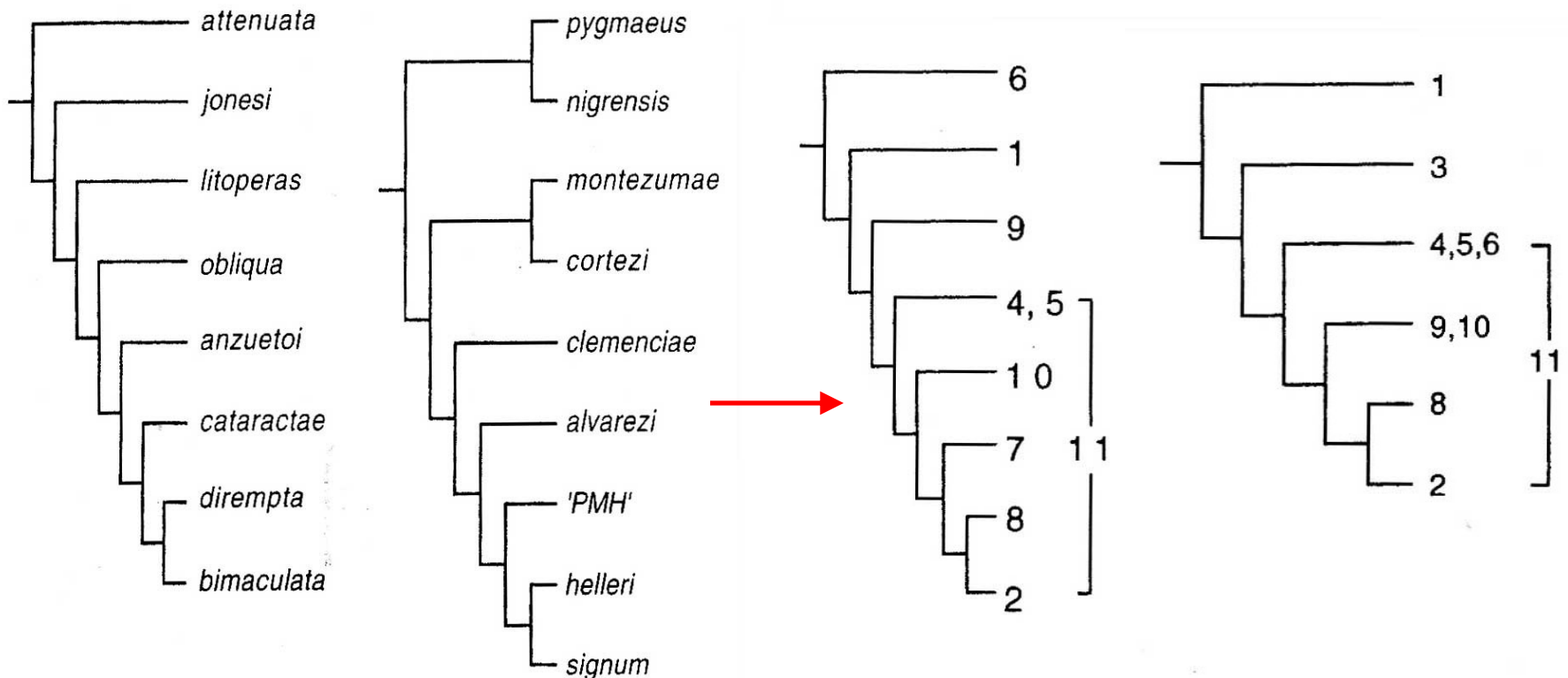
Xiphophorus



Kladistická biogeografie

2) nahrazení jmen taxonů na stromu označením oblastí endemismu:

taxon-area cladograms

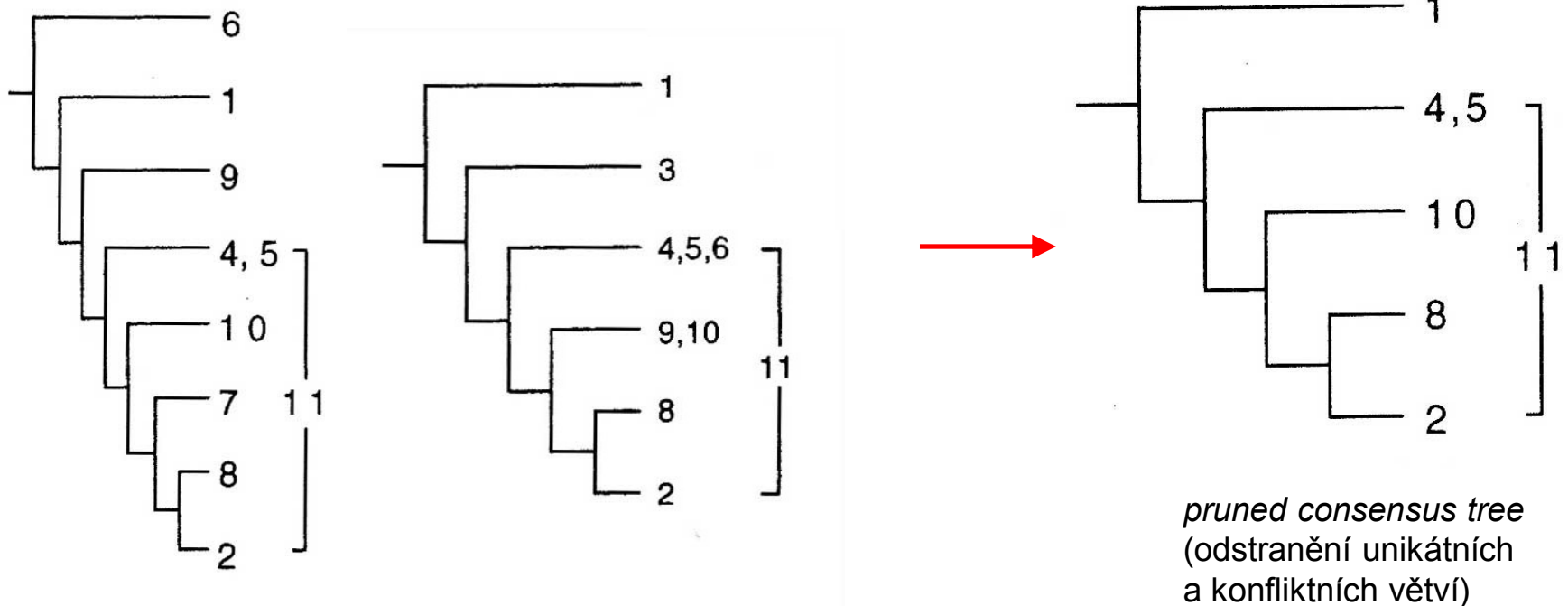


Kladistická biogeografie

3) vyřešení konfliktů do jediného kladogramu:

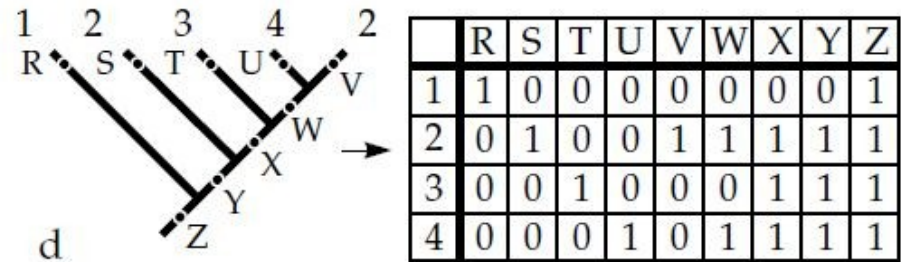
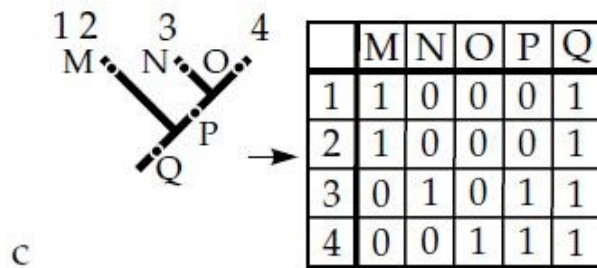
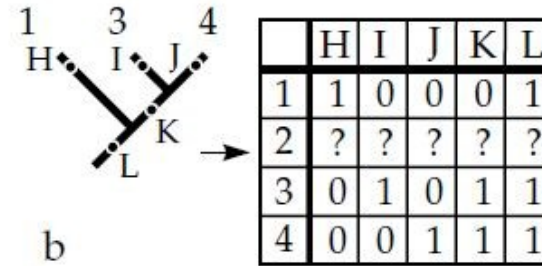
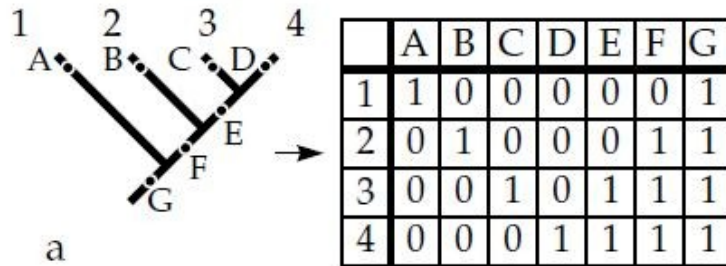
resolved area cladogram

- více různých metod s odlišnými výsledky
- problém: taxony rozšířené ve více než jedné oblasti (*widespread taxa*) a chybějící oblasti (např. v důsledku vyhynutí taxonu nebo nedostatečného vzorkování)

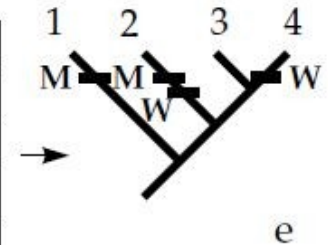


Kladistická biogeografie

- např. Brooks parsimony analysis (BPA):

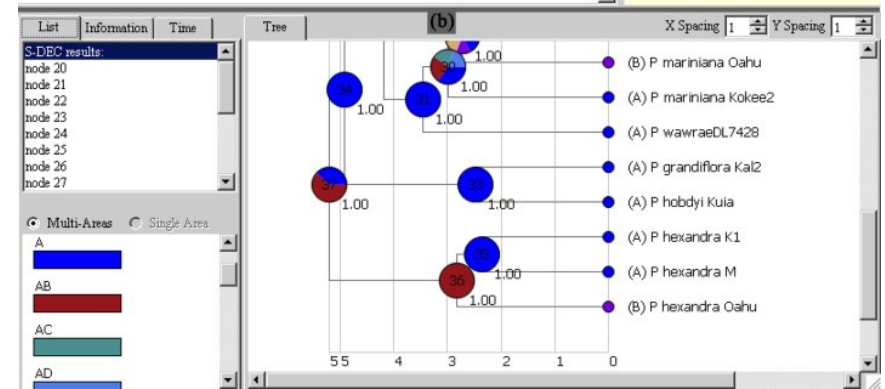
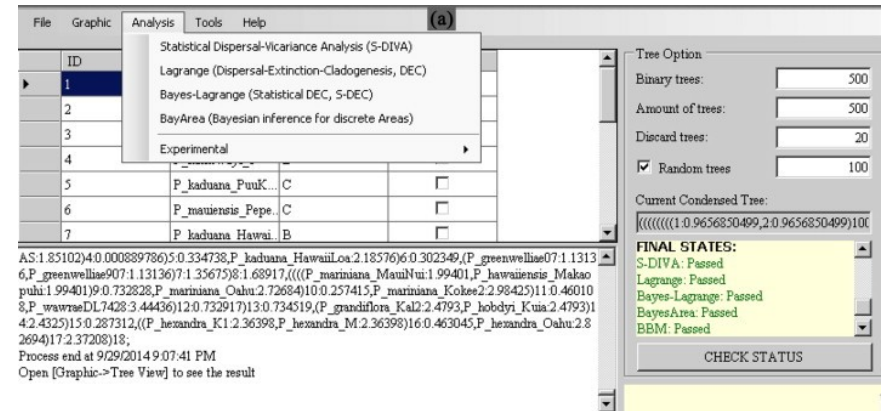
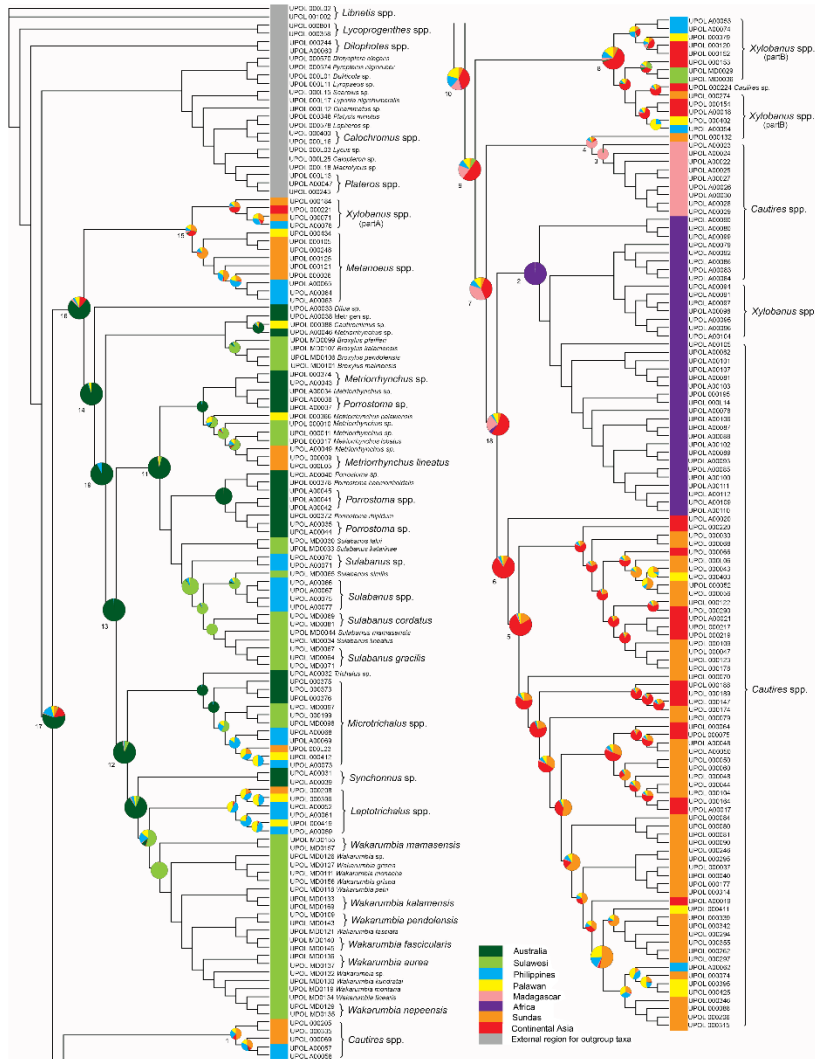


	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L	M	N	O	P	Q	R	S	T	U	V	W	X	Y	Z	
1	1	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1
2	0	1	0	0	0	1	1	?	?	?	?	?	1	0	0	0	1	0	1	0	0	1	1	1	1	1	
3	0	0	1	0	1	1	1	0	1	0	1	1	0	1	0	1	1	0	0	1	0	0	0	0	1	1	1
4	0	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	1	0	1	1	1	1	



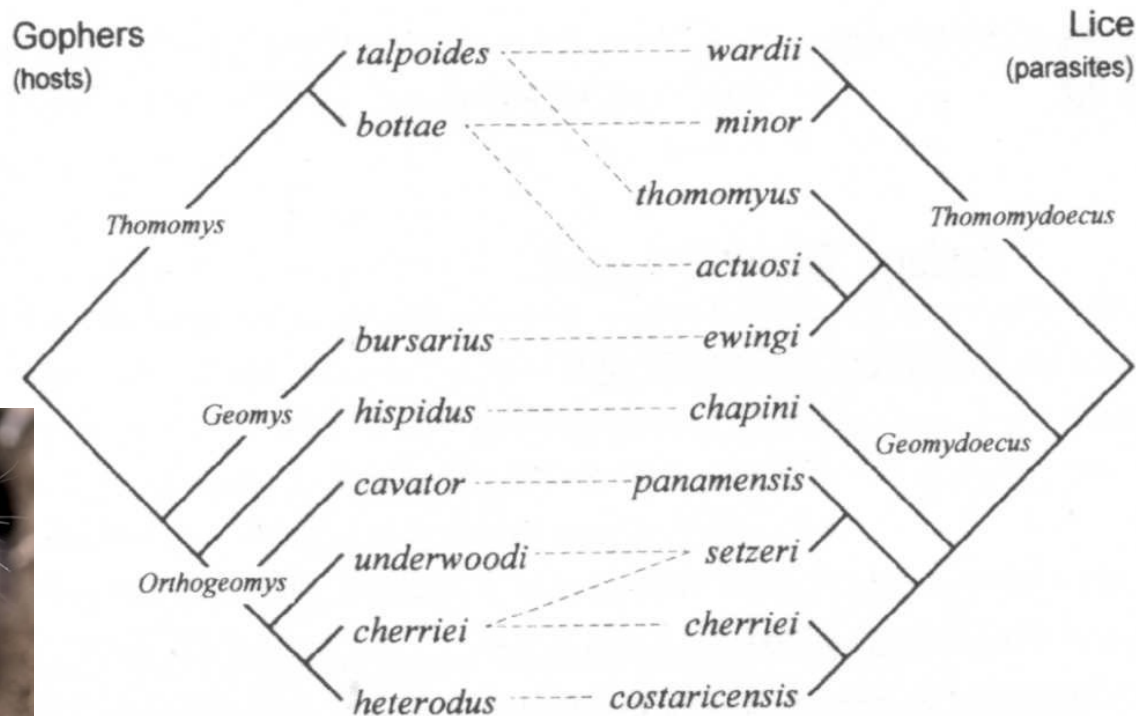
Rekonstrukce aneestrálních oblastí výskytu

- optimalizace např. pomocí Bayesiánských analýz (program BayesTraits, Pagel et al. 2004)
- S-DIVA (=statistical dispersal-vicariance analysis, program RASP – Yu et al. 2015)



Koevoluce parazitů a hostitelů

- srovnáváme fylogenezi dvou skupin organizmů (2 stromy)
- více metod náročných na výpočet (různé výsledky)
- fungují při velkém podílu kospeciací, 1 parazit/1 hostitel, malé skupiny, dokonale rozlišené fylogenetické stromy



všenky
(Ischnocera:
Trichodectidae)



pytlonoši
(Geomyidae)

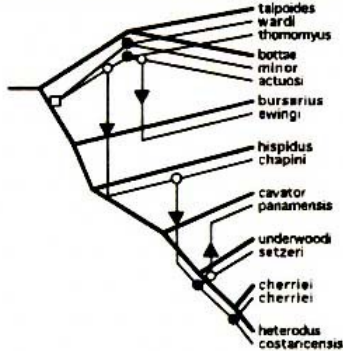


Koevoluce parazitů a hostitelů

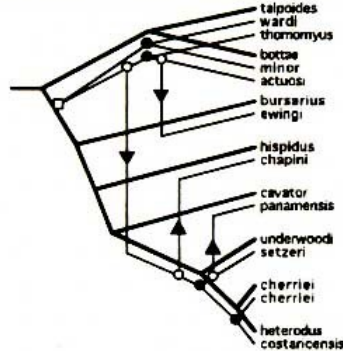
- Např. *reconciled trees* – sladí strom parazitů se stromem hostitelů adekvátním promícháním 4 evolučních událostí při maximalizaci kospeciací, test oproti náhodným topologiím stromu
- TreeMap (Page 1994), TreeMap2 (Charleston & Page 2002)

● 6 optimal solutions (out of 9)

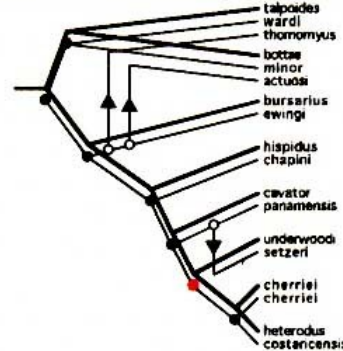
1 of 9 | Co = 8, Sw = 4 (total distance: 3.565), Du = 10,



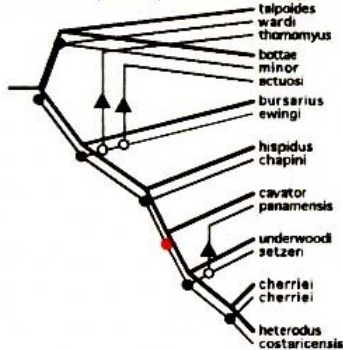
2 of 9 | Co = 8, Sw = 4 (total distance: 3.67), Du = 10, l



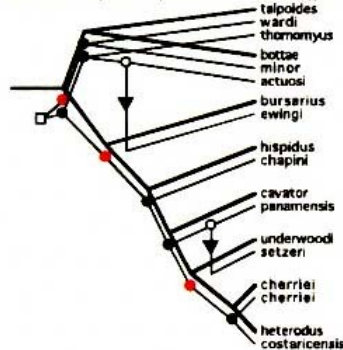
3 of 9 | Co = 12, Sw = 3 (total distance: 3.009), Du = 6,



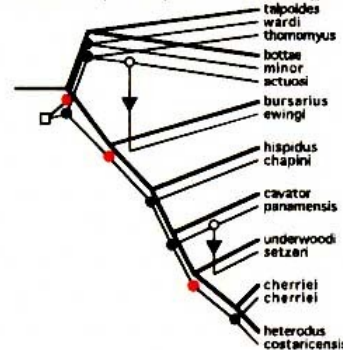
4 of 9 | Co = 12, Sw = 3 (total distance: 3.009), Du = 6,



6 of 9 | Co = 12, Sw = 2 (total distance: 1.9345), Du = 4

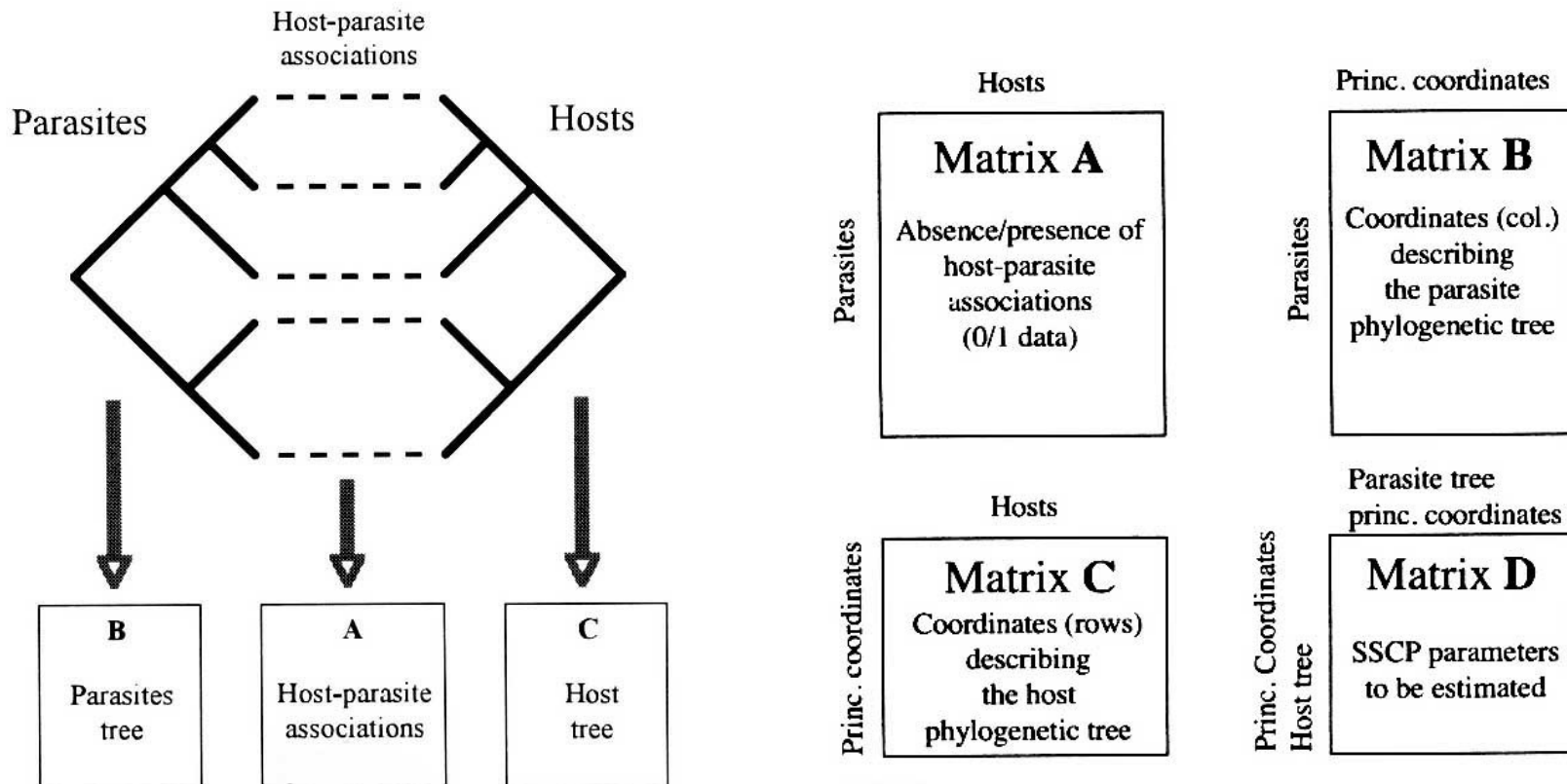


6 of 9 | Co = 12, Sw = 2 (total distance: 1.9345), Du = 4



Koevoluce parazitů a hostitelů

- ParaFit (*Legendre et al. 2002*)- test globální hypotézy koevoluce pomocí shody mezi maticemi s informacemi o topologii stromů a hostitelských asociacích parazitů



Doporučená literatura

- Brooks, D.R. & McLennan D.A. 1991: *Phylogeny, ecology, and behavior: a research program in comparative biology*. Univ. Chicago Press, Chicago. 434 pp.
- Crisci J.V., Katinas L. & Posadas P. 2003: *Historical biogeography. An introduction*. Harvard University Press, Cambridge-London, 250 pp.
- Harvey P. & Pagel M. 1991: *The comparative method in evolutionary biology*. Oxford University Press, Oxford, 239 pp.
- Humphries C.J. & Parenti L.R. 1999: *Cladistic biogeography. Second edition: Interpreting patterns of plant and animal Distributions*. Oxford University Press, New York, 187 pp.
- Maddison W.P. & Maddison D.R. 2011: Mesquite. A modular system for evolutionary analysis. <http://mesquiteproject.org/mesquite/mesquite.html>
- Vences M., Guayasamin J.M., Miralles A. & Riva I. de La 2013: To name or not to name: Criteria to promote economy of change in Linnaean classification schemes. *Zootaxa* 3636(2): 201–244.
- Wiley E.O., Siegel-Causey D., Brooks D.R. & Funk V.A. 1991: *Compleat cladist. A primer of phylogenetic procedure*. The University of Kansas Museum of Natural History Special Publication 19, 158 pp.
- Wiley E.O. & Lieberman B.S. 2011: *Phylogenetics: Thé theory and practice of phylogenetic systematics*. Wiley-Blackwell, 406 pp.