



Kontakt:

Zdeněk Řehák

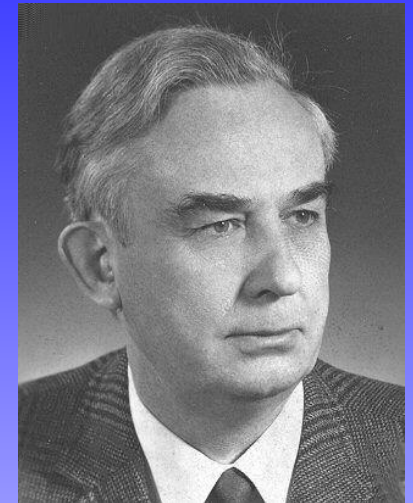
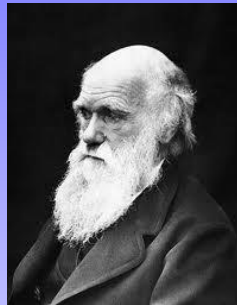
[rehak@sci.muni.cz](mailto:rehak@sci.muni.cz)

## I. ÚVOD



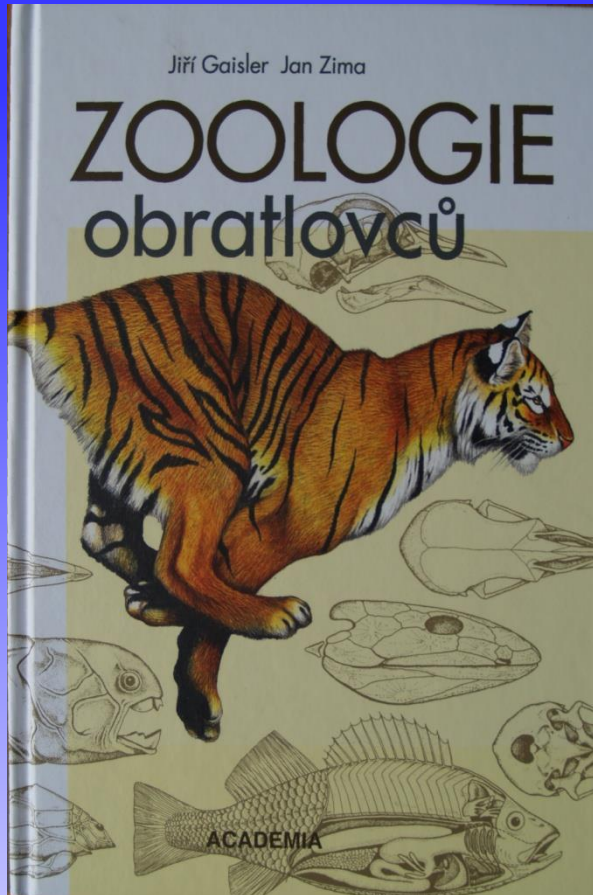
Carl Linné

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

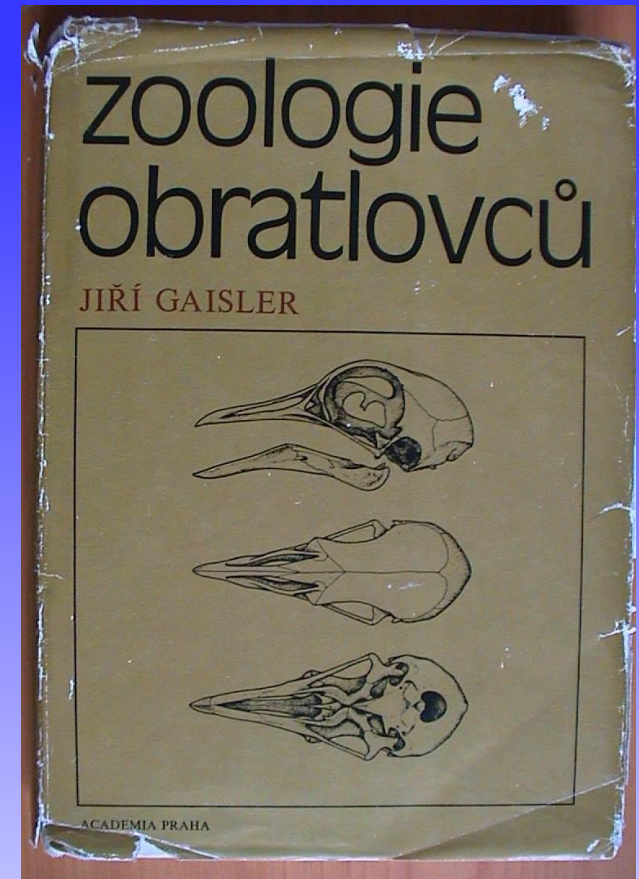


*Willy Hennig*

➤ Literatura



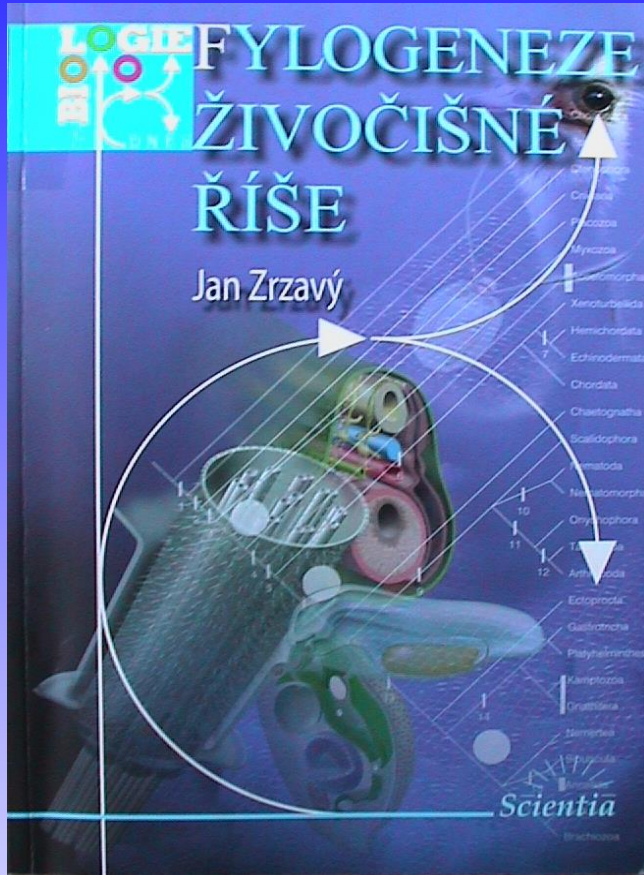
2007 Gaisler & Zima  
Gaisler



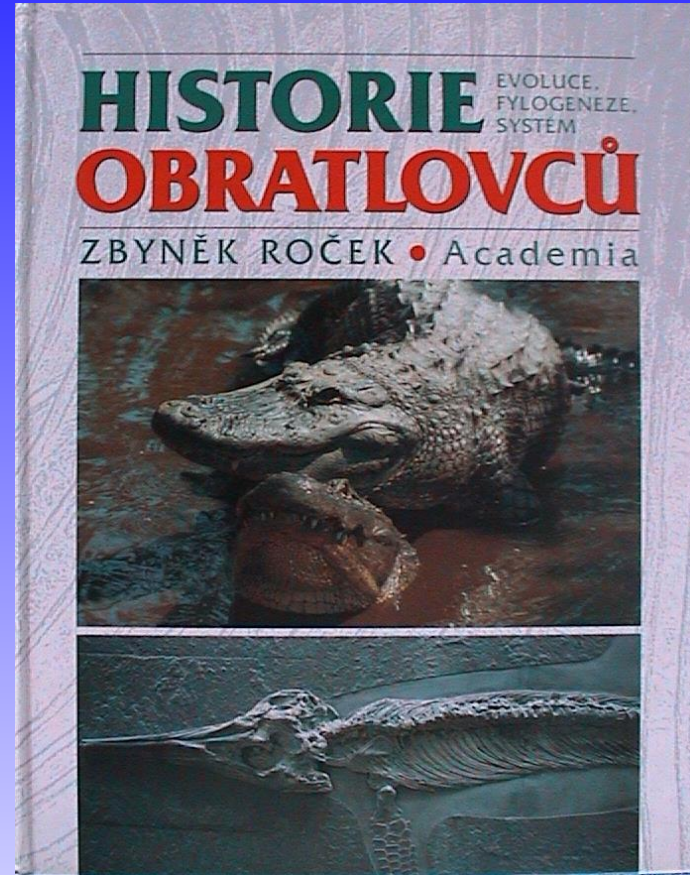
1983 Gaisler



➤ Literatura

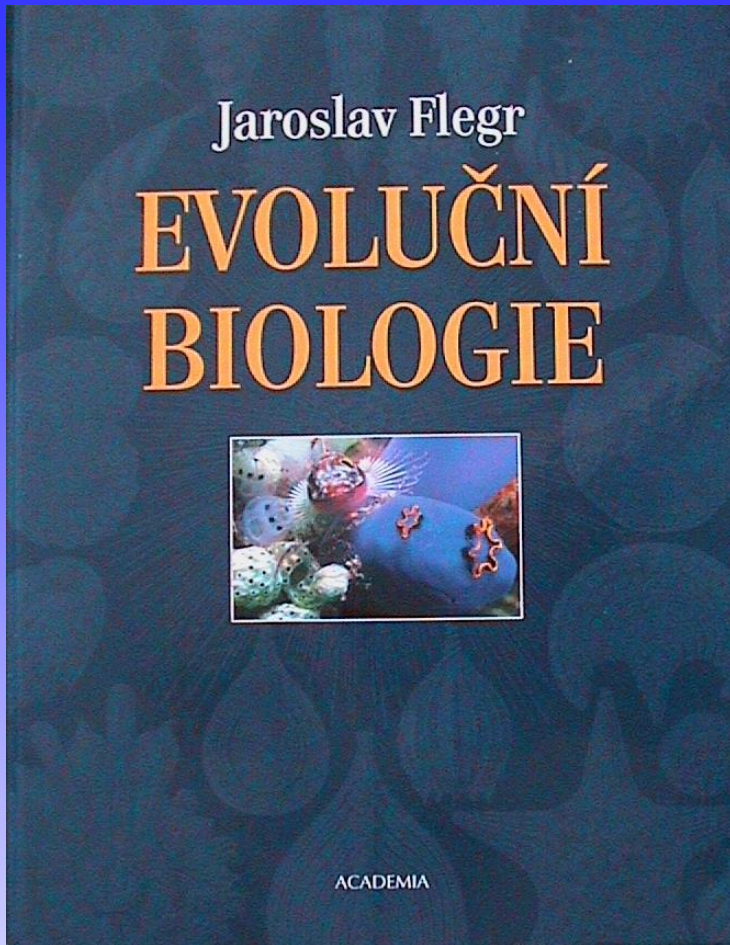


2006 Zrzavý



2002 Roček

➤ Literatura



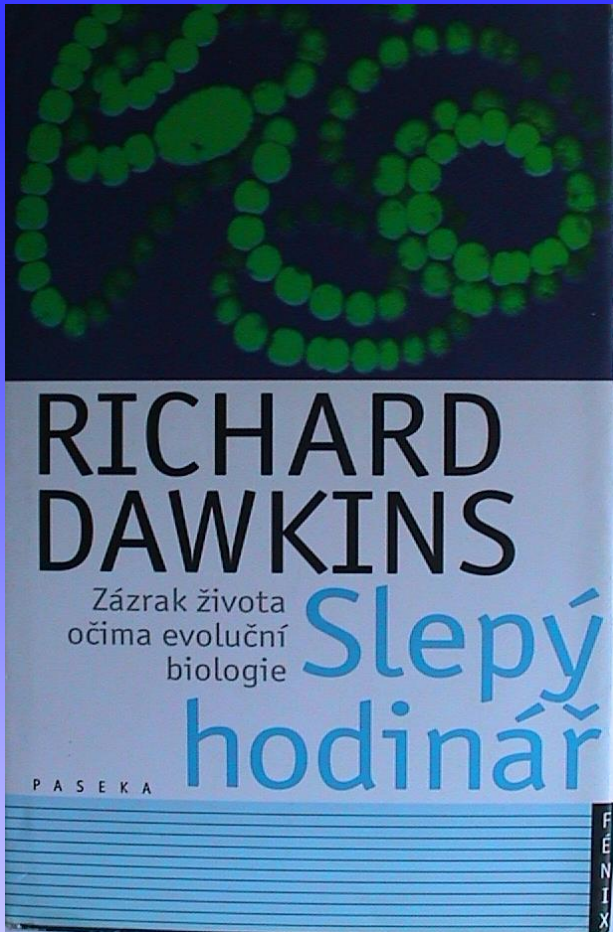
2005 Flegr

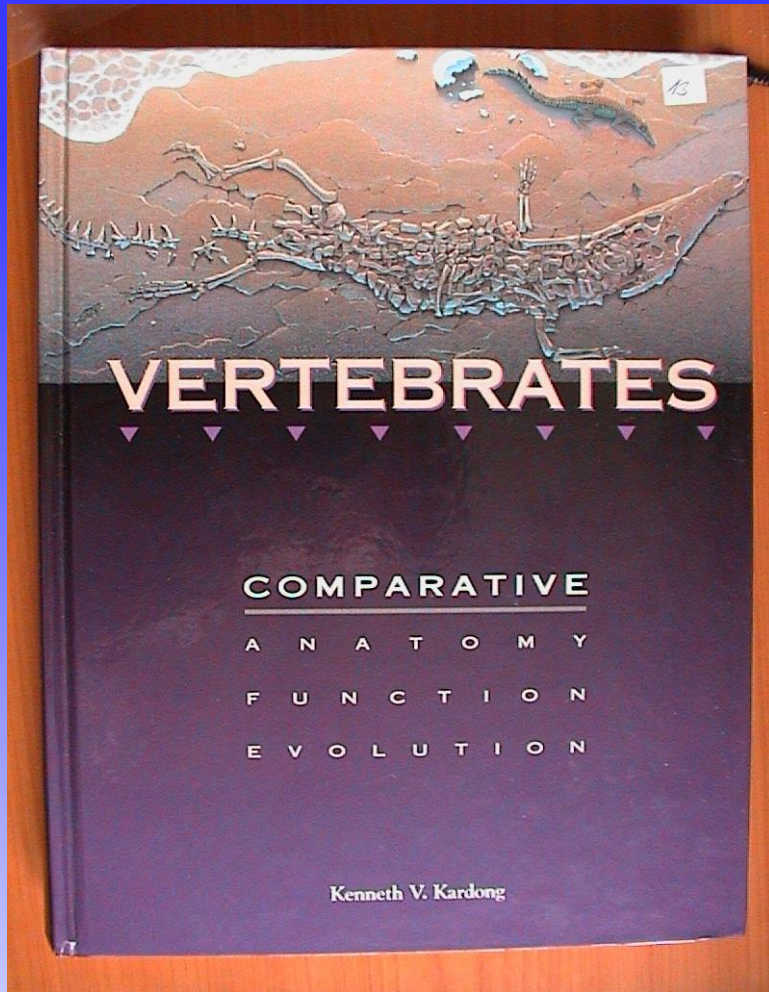


2006 Flegr

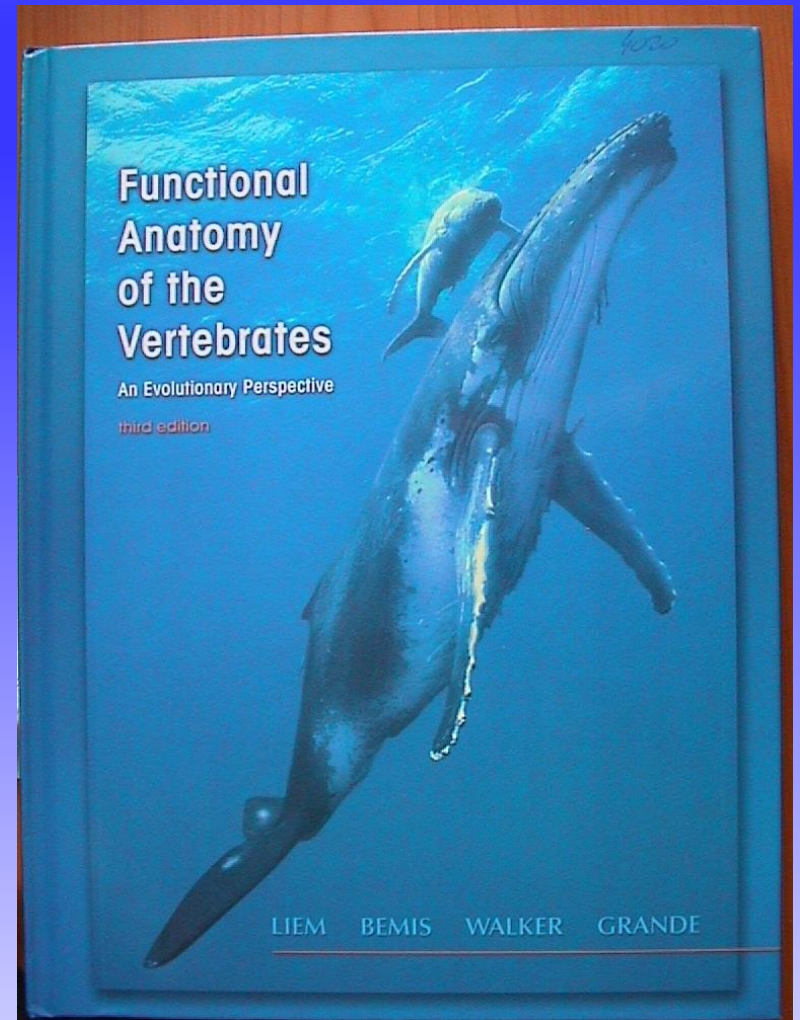


➤ Literatura





1995, 1998, 2002 Kardong



2001, 2004 Liem et al. et al.

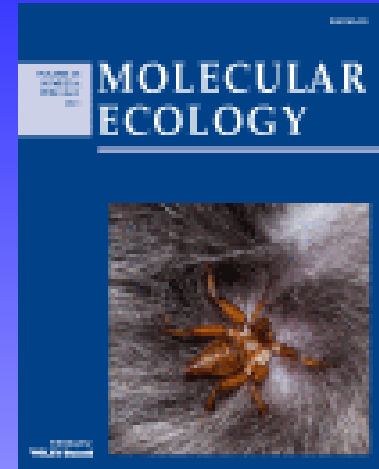


## Odborná periodika

Vol 518, No 7539 pp. 274-415, 19.2.2015



Vol 518, No 7538 pp.137-268, 12.2.2015



Vol 347, No 6224, pp 801-920, 20.2. 2015



Vol 24 (4): 699–962, 2015



Vol 94 (145): 2-63, 8.1. 2015



## Taxonomie a systematika

### Dva pohledy na systém strunatců

- ✓ řád vs. evoluce
- ✓ deskripce (druh) vs. evoluční událost (speciace)
- ✓ umělý vs. fylogenetický (přirozený) systém
- ✓ Carl Linné (pol. 18. st.) vs. Willi Hennig (pol. 20. st.)
- ✓ Standardní klasifikace vs kladistika (fylogenetická)

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



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 podobností znaků (taxonomický systém, umělý systém)



✓ hierarchie linnéovských kategorií

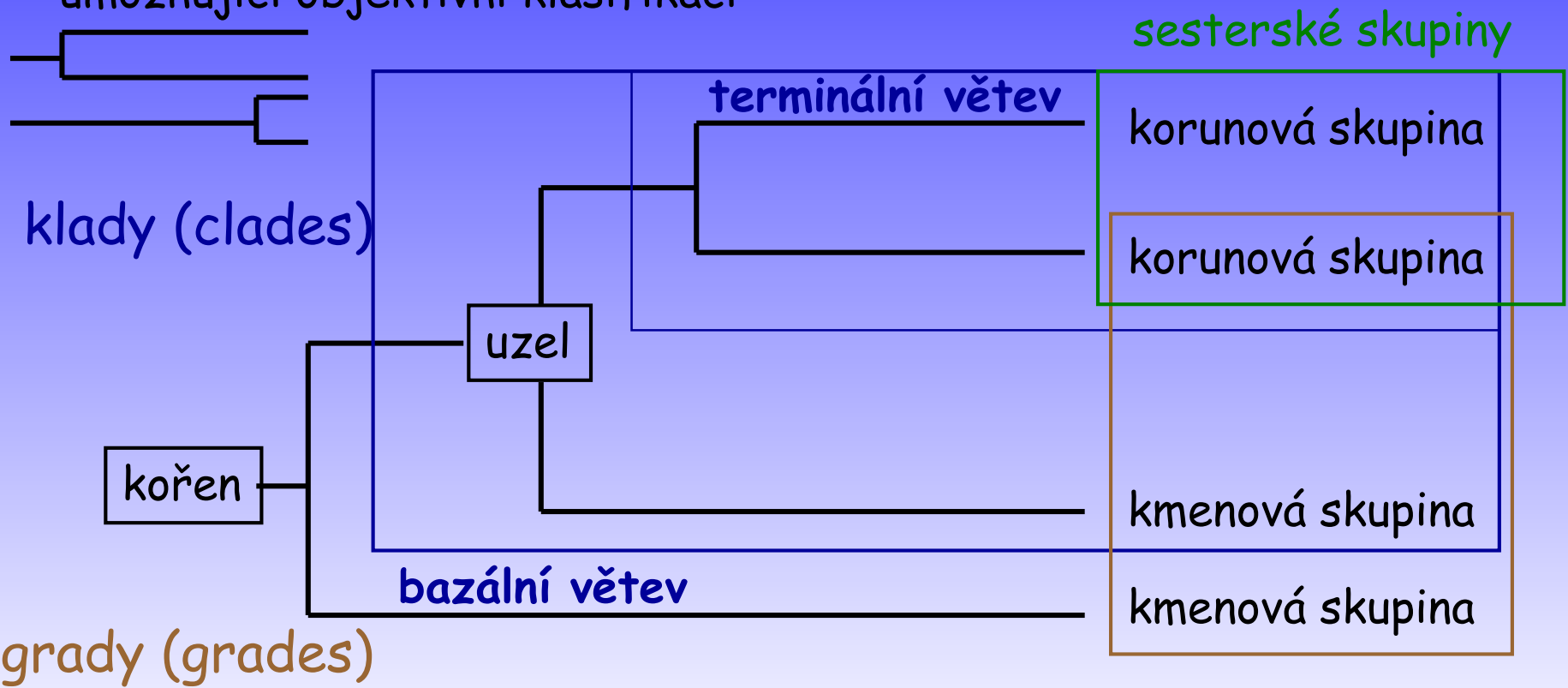
regnum	říše	Animalia	
phylum	kmen	Chordata	Vertebrata
divisio	oddělení		Gnathostomata
classis	třída	Mammalia	Theria
ordo	řád	Carnivora	Placentalia
familia	čeleď	Canidae	Fissipedia
genus	rod	Vulpes	
species	druh	Vulpes vulpes	

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)

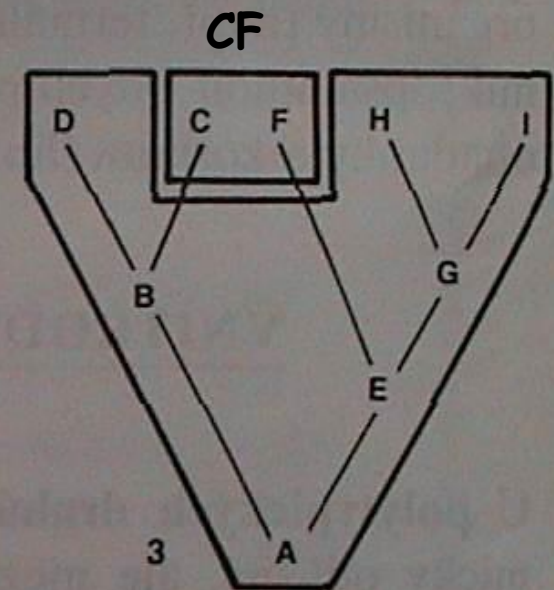
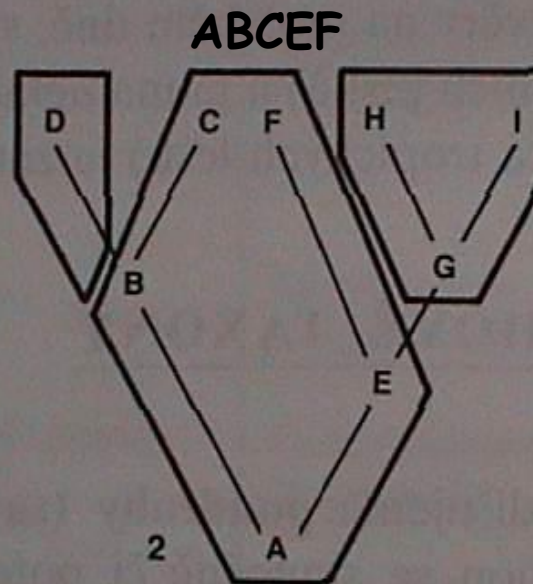
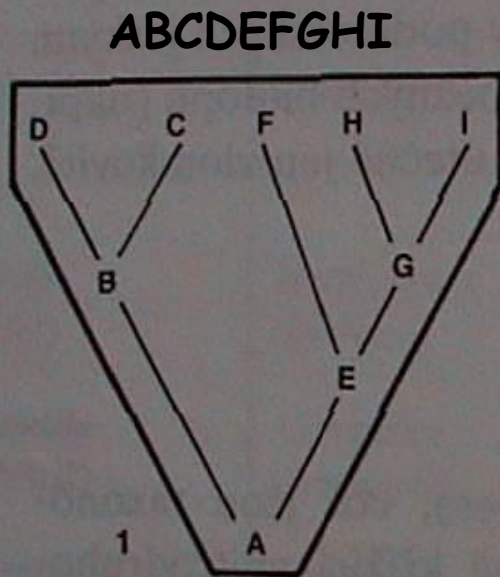
Vznik ze společného předka - A

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**

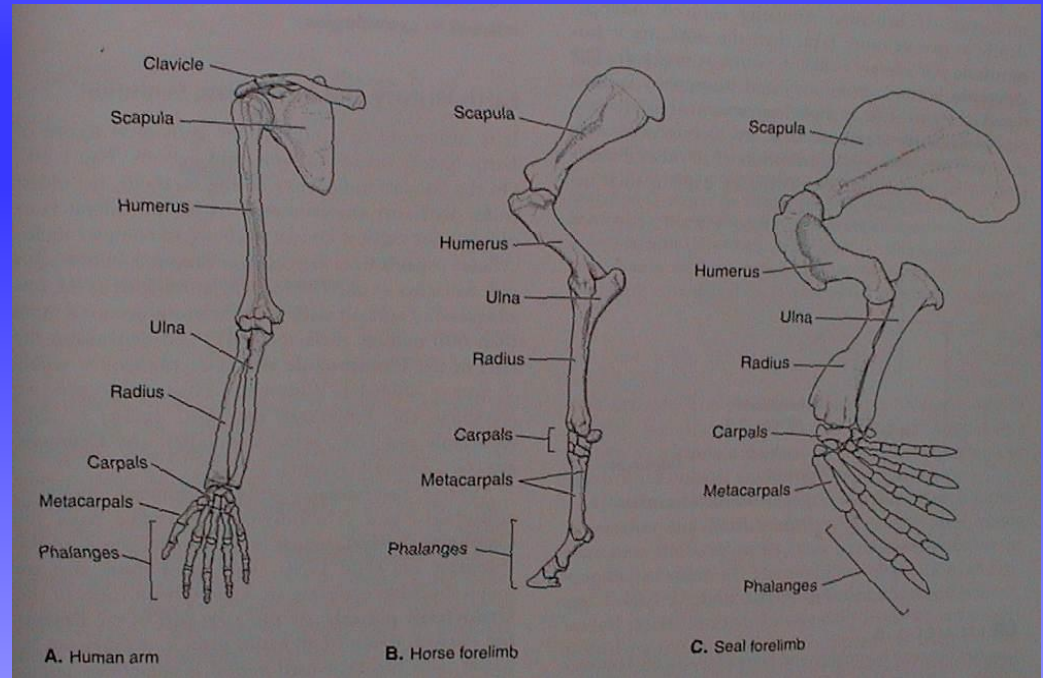


## Homologie

člověk

kůň

tuleň

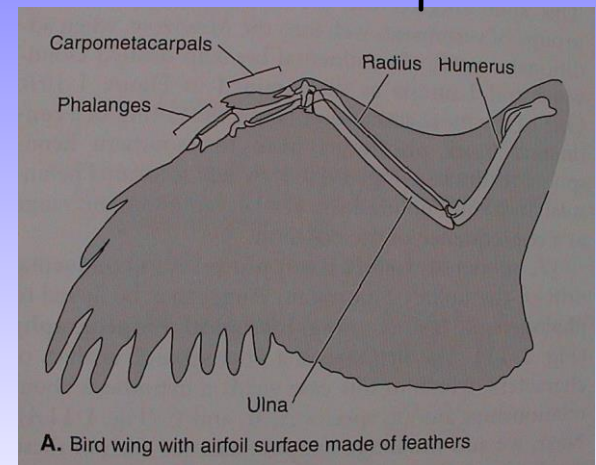
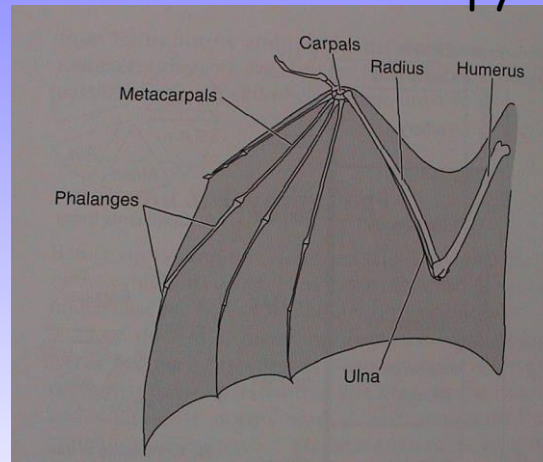
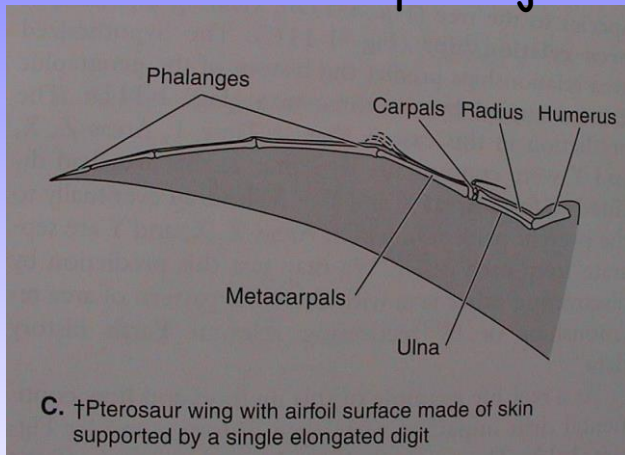


## Analogie

ptakoještěř

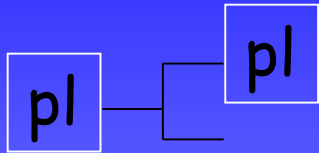
netopýr

pták

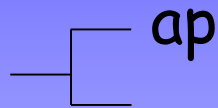
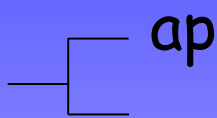


## Homologie

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

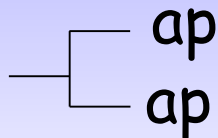


**Apomorfie** : později vzniklý, odvozenější stav, vyskytující se u potomka



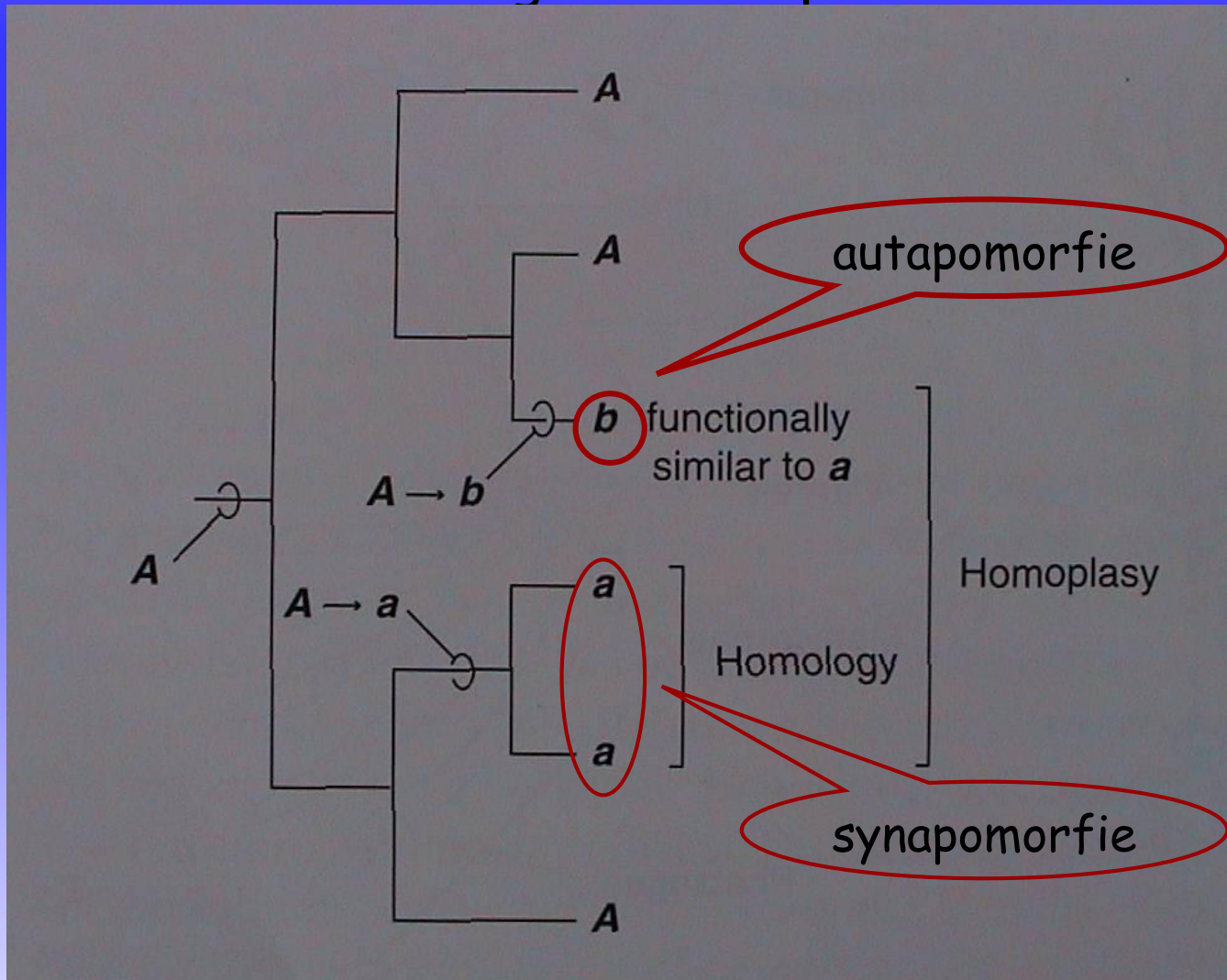
✓ **autoapomorfie**: jedinečný odvozený znak (diagnostický) charakterizující druh

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





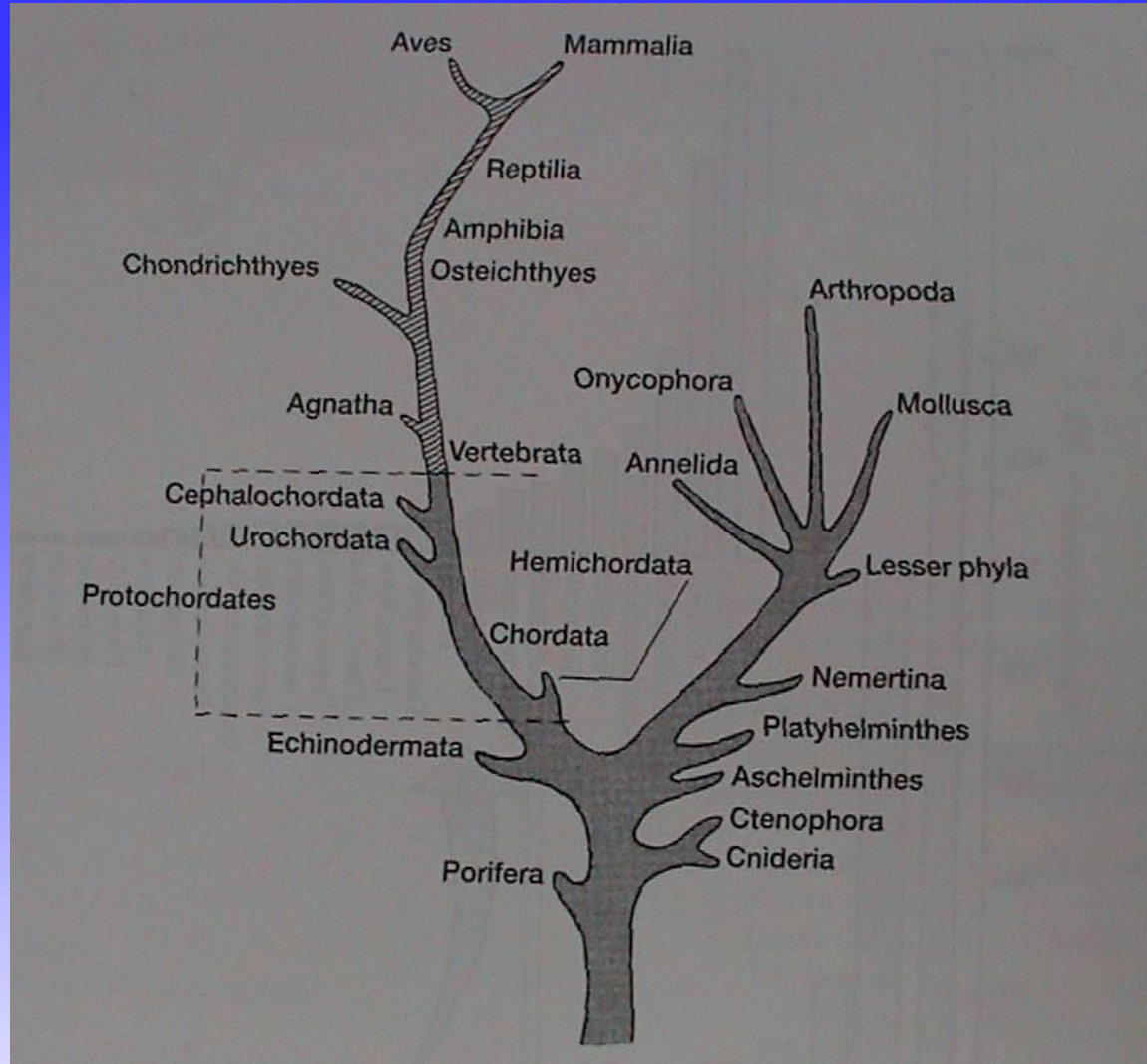
## Homologie a homoplazie



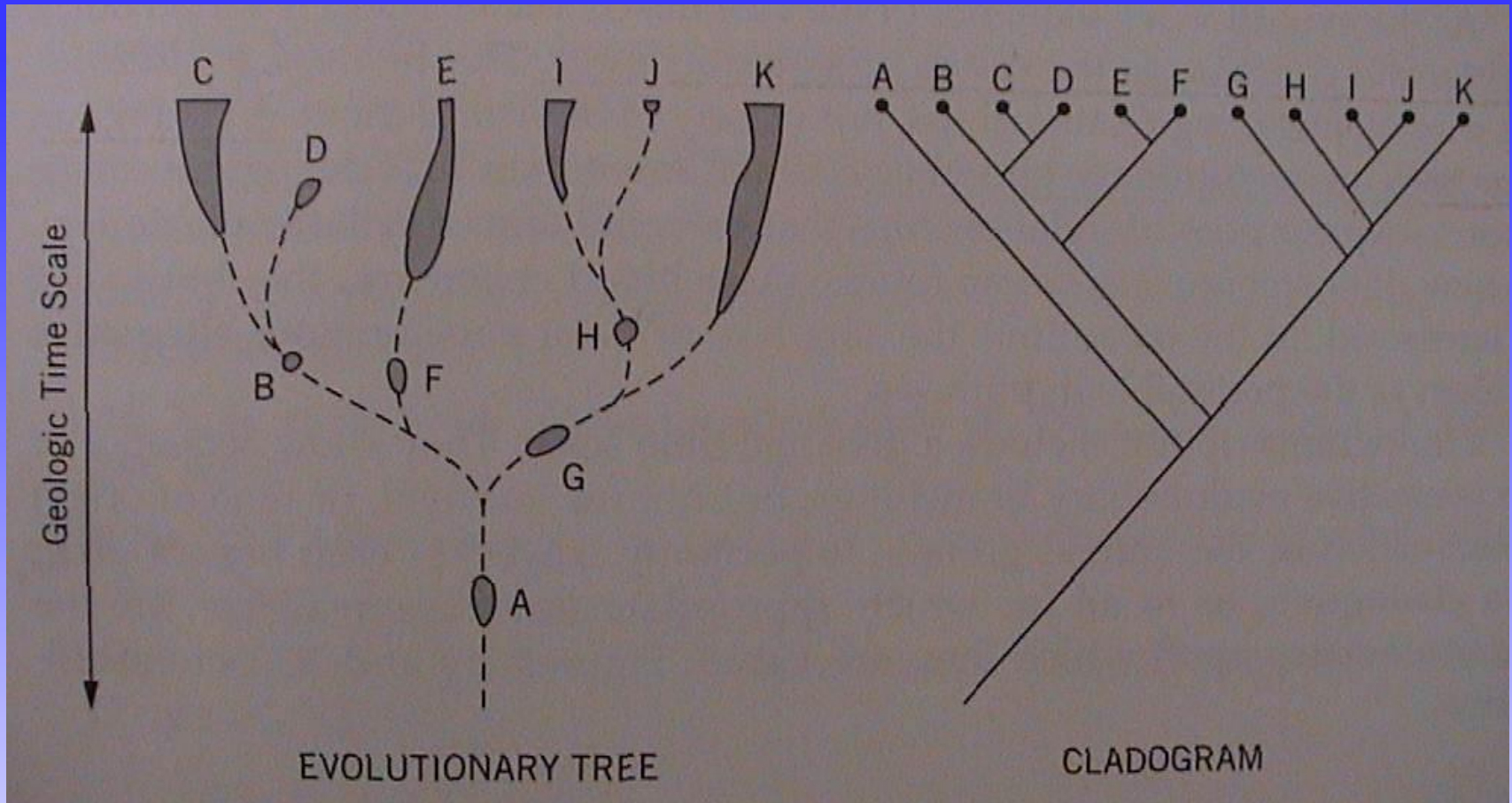
*A* - pleziomorfie

*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)



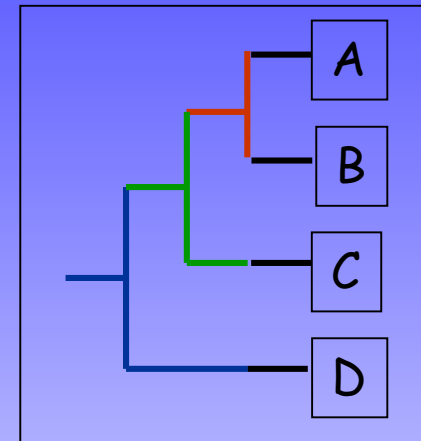
## Klasifikace

### 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 konvergenčí od homologií

+ : soulad s klasifikací (kladogenezí) na základě molekulárně biologických metod



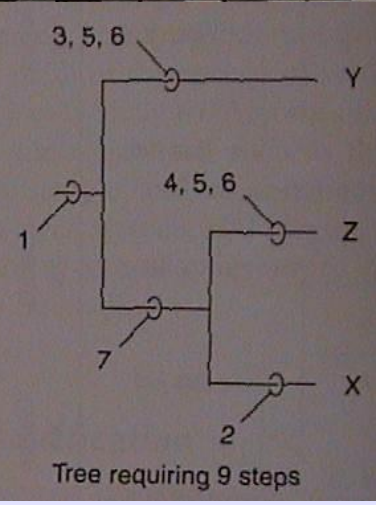
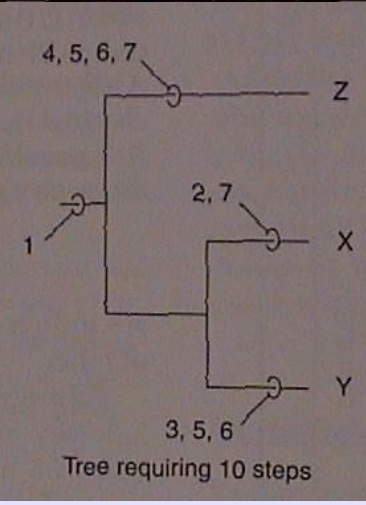
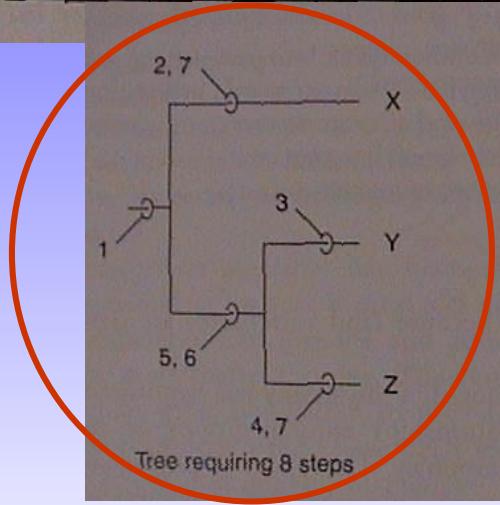
**Kladistická taxonomie - jen monofyletické taxony**

# Klasifikace

## Metody klasifikace

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

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



- b) metoda maximální pravděpodobnosti (maximum likelihood): 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

## 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**

# Diverzita a fylogeneze obratlovců - JS 2018

