

Fylogenetická systematika

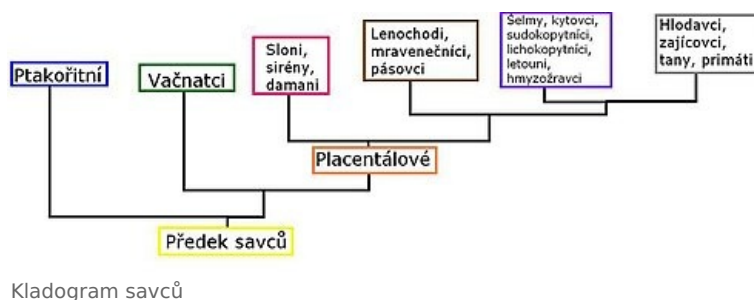
Klasifikace organismů, která je založena na evoluční historii, se nazývá **fylogenetická systematika**. Při sestavování fylogenetických stromů se samozřejmě využívají poznatky z fosilních nálezů, dále porovnávání vztahů mezi žijícími druhy a jejich anatomii nebo porovnávání DNA dvou druhů, která spojuje jejich dědičné vztahy na molekulární úrovni. Ale hlavní princip, kterým se tyto údaje dávají dohromady, je založen na **kladistické analýze - kladistice**. Za prvního, který začal tuto analýzu používat, můžeme pokládat německého entomologa **Williho Heniga**.

Monofyletické skupiny

- Klíčovými prvky, na kterých je založena kladistická analýza, jsou **monofyletické skupiny**. Fylogenetický diagram založený na kladistice se nazývá **kladogram**. Jedná se vlastně o strom, který je sestaven ze série dichotomií, tedy dvojcestných větví. Každý větvičí se bod představuje rozchod dvou druhů ze společného předka. Každá větev kladogramu se nazývá klad. Klady a také taxonomické úrovně mohou být začleněny do větších kladů. Ne všechna seskupení organismů můžeme klasifikovat jako klady. Klad se skládá z druhu předka a všech jeho potomků. Takováto skupina druhů, může to být například rod, čeleď nebo nějaký jiný vyšší taxon, se nazývá monofyletická, což vlastně znamená, že obsahuje jediný kmen;
- Jinou možností, která však nemůže být klasifikována jako skutečný taxon odvozený z kladogramů, je například **parafyletický taxon**, který se skládá z předka a některých, ale ne všech jeho potomků;
- Jinou možností je **polyfyletický taxon**, jemuž však chybí společný předek, který by mohl daný druh sjednocovat jako monofyletickou skupinu.

Sestavování kladogramů

- Při sestavování kladogramů je důležité **rozlišit mezi homologií a analogií**;
- Podobnost mezi organismy, která může být připisována společnému původu se nazývá **homologie**. Homologní jsou například zadní končetiny savců. Ale ne všechny podobnosti můžeme klasifikovat jako homologie;
- Druhy z různých evolučních větví si mohou být podobné také v případě, že mají podobné ekologické role a přírodní výběr vytvořil **analogické adaptace**. Tato podobnost je tedy analogií a proces, kterým tyto analogie vznikají se nazývá **konvergentní evoluce**. Za analogii můžeme považovat například křídla netopýrů a ptáků. Všeobecně platí pravidlo, že čím větší počet homologických částí mezi dvěma druhy, tím jsou si tyto dva druhy navzájem více příbuzné.



Sdílení odvozené vlastnosti

- Kromě odlišení homologických a analogických podobností musí systematici třídit homologie tak, aby identifikovaly takzvané odvozené vlastnosti. Za vlastnost se tu považuje jakýkoliv znak, který určitý taxon vlastní. Vlastnost, která vznikla na základě stejné fylogeneze, je homologií. Například srst je vlastnost sdílená všemi savci, ale páteř také. Přítomnost páteře nám nepomůže odlišit savce od ostatních obratlovců, protože jiní obratlovci mají páteř také. Řečeno jinými slovy, páteř je homologií, která předchází větvení kladu savců ze stromu obratlovců, to znamená, že jde o **sdílenou primitivní vlastnost** (homologii společnou vyššímu taxonu než tomu, který jsme se pokusili definovat);
- Oproti tomu je srst homologií vyskytující se pouze mezi obratlovci, kteří jsou zároveň savci, takže je srst savců v porovnání s ostatními obratlovci, **sdílenou odvozenou vlastností**, což znamená, že jde o evoluční novinku jedinečnou pro určitý klad;
- Pořadí větvení kladogramu tedy představuje pořadí, ve kterém se vyvíjely evoluční novinky, neboli sdílené odvozené vlastnosti.

Odkazy

Související články

- Tvorba fylogenetických stromů
- Evoluce

Použitá literatura

- BRUCE, Alberts, D BRAY a A JOHNSON, et al. *Základy buněčné biologie*. 1. vydání. Ústí nad Labem : Espero Publishing, 1998. 630 s. ISBN 80-902906-0-4.

- FLEGR, Jaroslav. *Evoluční biologie*. 2. vydání. Praha : Academia, 2009. 572 s. ISBN 978-80-200-1767-3.