

Miloš Macholán: Základy fylogenetické analýzy

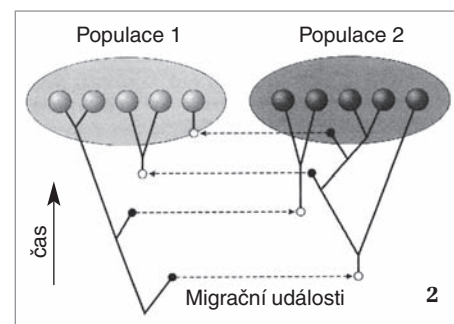
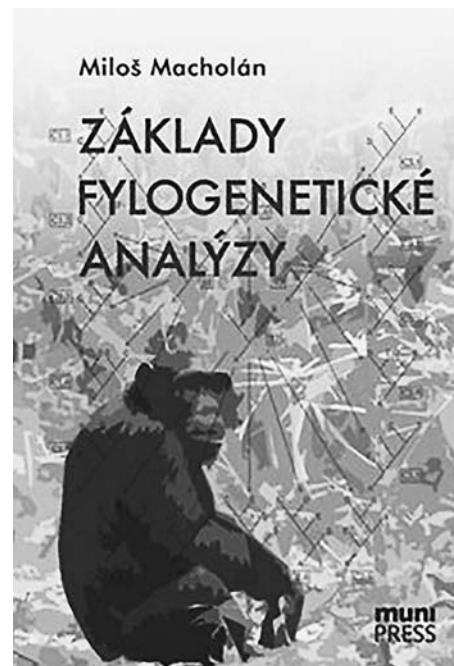
V nedávné době se mi do rukou dostala kniha genetiky a evolučního biologa z Masarykovy univerzity v Brně prof. Miloše Macholána *Základy fylogenetické analýzy*. Jde o první knihu rozebírající podrobně toto téma vydanou v českém jazyce. Fylogenetika je vědní obor zkoumající evoluční historii organismů a příbuzenské vztahy mezi jedinci nebo skupinami organismů (populacemi, druhy a vyššími taxony), tedy fylogenezi (z řeckého phylon – kmen, genesis – původ). Tyto vztahy graficky znázorňují fylogenetické stromy, které získáváme za pomoci různých metod a počítačových programů. A k čemu ale jsou vlastně tyto stromy dobré?

Kromě přímého využití v systematické biologii na nich lze také mapovat různé znaky (sledování výskytu různých stavů určitého znaku a rekonstrukce jejich změn ve fylogenetickém stromu) a vyvozovat pak evoluční trendy – jako znak můžeme považovat i rozšíření taxonů, a na základě hypotetické příbuznosti (protože fylogenetický strom je stále jen hypotéza) dovodit historii šíření taxonů nebo sledovat koevoluci hostitele a parazita. Můžeme také studovat historii populací uvnitř konkrétního druhu či odhalit případné hybridizační události, využití existuje mnoho. Základem všech vědeckých hypotéz podobného druhu je však vždy správně vytvořený a interpretovaný fylogenetický strom (případně stromy). Díky fylogenetickým metodám došlo k revoluci v systematice, ale mají, jak jsme zmínili výše, mnohem širší spektrum aplikací – staly se nepostradatelným nástrojem v evoluční biologii, ekologii nebo biogeografii.

Vytvoření fylogenetického stromu se může zdát být banální záležitostí, kdy stačí „několik kliknutí myší“ a strom je hotov. Jak je uvedeno na obalu knihy, velké množství dostupných dat i softwaru svádí k aplikování metody „vložit data – stiskni klávesu – publikuj výsledky“. Je třeba si uvědomit, že z každého takového programu nám po úspěšném vložení dat a zmáčknutí příslušného „tlačítka“ nějaký ten fylogenetický, byť třeba naprosto mylný, strom „vyleze“. Vzhledem k tomu, že fylogeneze je historický vývoj organismů, který nelze

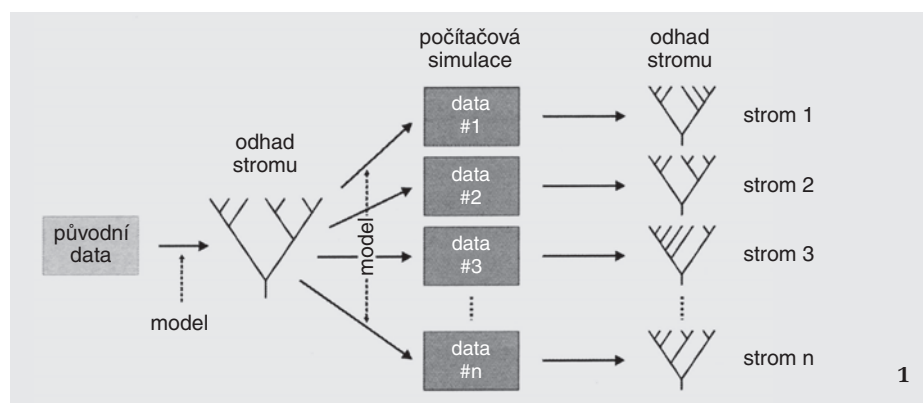
přímo pozorovat, musíme ji rekonstruovat na základě nám dostupných údajů a každý fylogenetický strom je tedy pouhá hypotéza. Jak věrohodně bude hypotéza odpovídat skutečné fylogenezi studované skupiny, můžeme ovlivnit tím, jak dobře porozumíme fylogenetickým metodám. O hypotéze vygenerované pouhým stisknutím tlačítka můžeme úspěšně pochybovat. Pro vytvoření stromu, který co nejvíce popisuje zkoumanou skutečnost, je třeba porozumět povaze dat, která máme k dispozici, dokázat zvolit správnou metodu, zvolit vhodné vstupní předpoklady, správně vybranou metodu aplikovat a správně interpretovat výsledky. Představovaná kniha, lépe řečeno učebnice, je určena studentům biologie i vědeckým pracovníkům, kteří ve svém bádání aplikují, nebo chtějí aplikovat fylogenetické metody, ale i těm, kteří vědecké interpretace opírají o fylogenetické stromy.

Učebnice je přehledně členěna na 10 kapitol dále dělených do podkapitol (jejichž názvy jsou pro snadnou orientaci navíc uvedeny v záhlaví každé stránky), a postupně zasvěcují čtenáře do tajů fylogenetiky. V úvodní části nechybí definice a vysvětlení základních pojmů, rozdělení dat, dozvíme se, jak pracovat se sekvencemi i jak vyhledávat data ve veřejně dostupných databázích. Další kapitoly se zabývají konkrétními analytickými metodami (distanční metody, metody maximální úspornosti – maximum parsimony, maximální věrohodnosti – maximum likelihood, Bayesovská analýza), evolučními modely, testováním hypotéz a způsoby porovnávání získaných fylogenetických stromů. V každé z těchto kapitol autor podrobně a srozumitelně vysvětluje principy a možnosti dané metody a rozebírá její přednosti, případně nevýhody. Samostatná kapitola je věnována koalescenci – procesu, který sleduje osud genů či alel náhodně vybraných z populace zpětně k jejich nejbližšímu společnému předkovi. Přidanou hodnotou je kapitola zaměřená na analýzy morfologických a morfometrických znaků a jejich využití ve fylogenetice. Celý text doprovázejí obrázky, grafy a příklady pro snadší pochopení konkrétního tématu a doplňuje ho rozsáhlý přehled literatury.



Rozsahem a kvalitou se toto poctivé dílo může směle postavit po bok anglicky psaných, podobně koncipovaných učebnic, jako jsou *Molecular Evolution and Phylogenetics* (Nei a Kumar 2000) nebo *Molecular Evolution: A Phylogenetic Approach* (Page a Holmes 1991), jež patří mezi „povinné“ čtení pro začínající fylogenetiky. Knihu Miloše Macholána by měli prostudovat všichni, kdo chtějí pochopit principy fylogenetiky nebo aplikovat fylogenetické metody. Jistě bude běžně užívaným studijním materiálem na biologických fakultách i vědeckých ústavech a nepochybně se stane „biblí“ česky mluvících (a česky čtoucích) studentů a vědeckých pracovníků zabývajících se nejen fylogenetikou.

Munipress, nakladatelství Masarykovy univerzity, Brno 2014, 292 str. Doporučená cena 380 Kč



1 Schéma principu parametrického bootstrapu – jedné z metod posuzování spolehlivosti fylogenetických stromů. Z datového souboru vyvodíme fylogenetický strom. Provedeme n počítačových simulací a vytvoříme n nových souborů o stejné velikosti jako původní. Z každého souboru pak vyvodíme jeden strom. A ze všech simulovaných stromů vytvoříme konsenzuální (většinový) strom.

2 Vliv migrace na proces koalescence. Obrázek ukazuje strukturu dvou populací, mezi nimiž čas od času dojde migrací k výměně genových kopií. Blíže v textu. Ukázka z recenzované knihy