

Miloš Macholán

# ZÁKLADY FYLOGENETICKÉ ANALÝZY

C1.1

C1.2

C1.3

C1.4

C1.5

C2.1

C2.2

C2.3

C2.4

C2.5

C3.1

C3.2

C3.3

C3.4

C3.5

**muni**  
PRESS

# ZÁKLADY FYLOGENETICKÉ ANALÝZY

Miloš Macholán

**muni**  
PRESS



# ZÁKLADY FYLOGENETICKÉ ANALÝZY

Miloš Macholán

MASARYKOVA UNIVERZITA

BRNO 2014

KATALOGIZACE V KNIZE – NÁRODNÍ KNIHOVNA ČR

Macholán, Miloš

Základy fylogenetické analýzy / Miloš Macholán. – Vyd. 1. –

Brno : Masarykova univerzita, 2014. – 289 s.

Anglické resumé

ISBN 978-80-210-6363-1

575.86 \* 543.06

– fylogeneze

– analytické metody

– přehledy

575 - Obecná genetika. Obecná cytogenetika. Evoluce [2]

Citace

MACHOLÁN, Miloš. *Základy fylogenetické analýzy*. Brno: Masarykova univerzita, 2014, 289 s.

ISBN 978-80-210-6363-1.

DOI: 10.5817/CZ.MUNI.M210-6363-2014

*Knihu recenzoval*

*prof. RNDr. Karol Marhold, CSc.*

© 2014 Miloš Macholán

© 2014 Masarykova univerzita

ISBN 978-80-210-7712-6 (online : pdf)

ISBN 987-80-210-6363-1 (brožovaná vazba)

DOI: 10.5817/CZ.MUNI.M210-6363-2014

# Obsah

<b>1. Úvod</b>	<b>11</b>
Definice základních pojmů	11
Typy dat	14
Databáze sekvencí	21
Seřazení sekvencí	32
Rozdělení metod fylogenetické analýzy	41
<b>2. Maximální úspornost (<i>Maximum Parsimony</i>, MP)</b>	<b>45</b>
Postup metody	46
Metody parsimonie	51
Hledání nejúspornějšího stromu	57
Parsimonie pro jiné typy dat	63
Výhody a nevýhody parsimonie	64
<b>3. Evoluční modely</b>	<b>69</b>
Modely evoluce DNA	69
Heterogenita substitučních frekvencí v různých částech sekvence	79
Další modely	82
<b>4. Distanční metody</b>	<b>85</b>
Aditivní a ultrametrické stromy	85
Transformace alozymových a restričních dat	89
Optimálnostní distanční metody	92
Algoritmické distanční metody – shluková analýza	94
Algoritmické distanční metody – spojení sousedů ( <i>neighbor-joining</i> , NJ)	97
Výhody a nevýhody distančních metod	100
Spektrální analýza a Hadamardova konjugace	101

<b>5. Metoda maximální věrohodnosti (<i>Maximum Likelihood</i>, ML)</b>	<b>107</b>
Základní pojmy	107
Věrohodnost ve fylogenetické analýze	109
Maximální věrohodnost pro jiné typy dat	118
Přednosti a zápory metody	118
<b>6. Bayesovská analýza</b>	<b>125</b>
Podstata metody	125
Bayesovská fylogenetická analýza	127
Markovovy řetězce	128
Apriorní pravděpodobnosti	135
Kontroverzní otázky bayesovské analýzy	139
<b>7. Testování hypotéz</b>	<b>143</b>
Porovnání modelů	143
Test molekulárních hodin	152
Spolehlivost fylogenetických stromů a jejich částí	159
<b>8. Porovnávání stromů</b>	<b>173</b>
Testy párovaných pozic	173
Distance mezi stromy	179
Konsenzuální stromy	183
<b>9. Morfologické znaky</b>	<b>203</b>
Molekulární vs. morfologické znaky	203
Kritéria výběru morfologických znaků	205
Kvantitativní znaky	206
Kódování kvantitativních znaků	210
Alternativní přístupy	218
Problém korelace mezi znaky	221
Geometrická morfometrie a fylogenetika	221
Fylogenetický signál a homoplazie v morfometrických datech	228
Fylogenetické komparativní metody	234

<b>10. Koalescence</b>	<b>243</b>
Kingmanova koalescence	245
Neutrální mutace	250
Vliv populační dynamiky	252
Rekombinace	257
Selekce	259
Vztah koalescence a fylogenetické analýzy	261
<b>Dodatek</b>	<b>263</b>
Software	263
Základní pojmy maticové algebry	263
<b>Literatura</b>	<b>267</b>
<b>Rejstřík</b>	<b>281</b>
<b>Summary</b>	<b>289</b>





# Předmluva

Pravděpodobně veškerý život na této planetě je spojen společným původem. Odhalení vzájemných fylogenetických vztahů mezi všemi organismy, tzv. stromu života, je jedním z předních úkolů evoluční biologie. V poslední době jsme svědky revolučních pokroků v molekulárněgenetických metodách, především v sekvenování nejen jednotlivých genů či jejich částí, ale i celých genomů. Na druhé straně mohutný rozvoj výpočetní techniky a tvorba sofistikovaného softwaru nám umožňuje zpracování obrovského – a stále rychleji rostoucího – množství dat. Tyto pokroky umožnily konstrukci přesnějších fylogenetických stromů a genových genealogií a ty zase zpětně umožňují odhalit a pochopit celou řadu biologických procesů na různých úrovních hierarchie života. Fylogenetické metody tak přestávají být doménou pouze systematicky zaměřených biologů, ale stávají se stále více nedílnou součástí genetiky, biogeografie, studia ontogeneze, chování, ekologie, epidemiologie, ochrannářské biologie a studia evoluce vůbec.

Rozšiřující se možnosti při vyvozování fylogenetických vztahů však s sebou nesou i stále větší důraz na výběr správné metody, vyplývající ze znalosti podstaty používaných metod a většinou alespoň elementárního chápání procesů a mechanismů, které evoluci použitých znaků anebo fylogenezi analyzovaných organismů podmiňují. Bohužel, stále větší dostupnost kvalitního hardwaru a softwaru často svádí k postupu založenému na principu „vložit data – stiskni knoflík – publikuj výsledky“, aniž by bylo zřejmé, proč byla použita ta která metoda a jakým způsobem lze získané výsledky (případně rozdíl mezi nimi) interpretovat. Tato kniha přináší přehled a stručný popis v současnosti nejpoužívanějších metod fylogenetické analýzy. Měla by poskytnout základní informaci o tom, z jakých předpokladů jednotlivé metody vycházejí, v čem spočívají jejich výhody a nevýhody a v čem tkví rozdíl mezi nimi. Pro většinu těchto metod jsou podány základní matematické vztahy, které však může nematematicky zaměřený čtenář přeskočit, aniž by ztrácel orientaci v textu. Přesto doporučuji alespoň některé z nich projít – to se týká především notoricky známých metod jako například výpočet genetických distancí a metod shlukové analýzy. Mým cílem je poskytnout dostatečnou elementární informaci tak, aby čtenář byl schopen činit poučená rozhodnutí při výběru optimálního přístupu při řešení daného problému a pro daný typ dat, stejně jako získané výsledky správně interpretovat. Přestože ke konstrukci fylogenetických stromů můžeme použít širokou škálu znaků, zde se zaměřím hlavně na znaky molekulární, především na sekvence DNA. Ostatní typy dat budou zmíněny jen okrajově, a to pouze tam, kde to bude nutné, s výjimkou morfometrických znaků, kterým je věnována samostatná kapitola. Závěrečná část pojednává o koalescenci, která nachází uplatnění především na populační úrovni, a proto se z rámce fylogenetických metod poněkud vymyká, nicméně jsem přesvědčen, že znalost alespoň základních principů této teorie je velice důležitá.

Tento přehled samozřejmě není a ani nemůže být vyčerpávající. Snažil jsem se zaměřit pouze na nejznámější metody – podrobnější informace je třeba vyhledat ve specializované literatuře. Také použité literární odkazy jsem se snažil omezit na minimum. Kromě odborných článků a kapitol v knihách jsem čerpal z následujících monografií: Wiley (1981),

Wiley et al. (1991), Harvey a Pagel (1993), Hillis et al. (1996), Marcus et al. (1996), Hartl a Clark (1997), Kitching et al. (1998), Page a Holmes (1998), Nei a Kumar (2000), Wiens (2000), Gillespie (2001), Hall (2001), MacLeod a Forey (2002), Marhold a Suda (2002), Salemi a Vandamme (2003), Felsenstein (2004), Zelditch et al. (2004), Balding et al. (2007). Nejobsáhlejším a nejpodrobnějším přehledem z nich je zřejmě monografie J. Felsensteina *Inferring Phylogenies* z roku 2004. Fylogenetickými metodami se zabývají i další knihy: Kitching et al. (1993), Scotland et al. (1994), Martins (1996), Pääbo (1998), Page (2002), Albert (2006), Gascuel a Steel (2003), Semple a Steel (2003), Gascuel (2007), Xia (2007), Lemey et al. (2009), Knowles a Kubatko (2010), Kuo et al. (2014).

Na fylogenetiku můžeme pohlížet ze dvou odlišných úhlů. Na jedné straně především zastánci fylogenetické taxonomické školy (tzv. kladistiky) vidí rekonstrukci fylogeneze jako *filozofický* problém. Podle tohoto názoru vzhledem k tomu, že skutečnou historii studovaných organismů nemůžeme až na vzácné výjimky nikdy poznat, nemá smysl nějakou „pravdu“ o fylogenezi hledat a jediné, co můžeme udělat, je snažit se pozorovaná data nějakým srozumitelným způsobem sumarizovat. Při tom se musíme spolehnout na nějaké (pokud možno co nejjednodušší) kritérium, pevný bod, na kterém můžeme dále stavět. Tímto kritériem je princip Ockhamovy břitvy, podle kterého je preferována jednodušší hypotéza, předpokládající menší počet evolučních kroků, před složitějšími, předpokládajícími větší počet změn. Navíc každá historie obsahuje určitou míru nahodilosti, která už z principu neumožňuje v ní hledat nějaké zákonitosti, jež by bylo možno popisovat pomocí jednoduchých modelů. Naproti tomu jiní vidí rekonstrukci fylogeneze jako *statistický* problém, nikoli jako filozofický světonázor, skrze který posuzujeme svět okolo sebe. Aníž bych měl v úmyslu zasahovat do polemik mezi oběma tábory, v tomto textu budu vycházet z druhého úhlu pohledu, protože bez ohledu na svoje osobní preference se domnívám, že pouze tak lze čtenáři předložit široké spektrum v současnosti nejčastěji používaných fylogenetických metod.

Na tomto místě je třeba poděkovat především prof. RNDr. Karolu Marholdovi, CSc., Mgr. Natálii Martínkové, Ph.D., a Mgr. Peteru Mikulíčkovi, Ph.D., za cenné připomínky k rukopisu knihy. V neposlední řadě děkuji Nakladatelství Masarykovy univerzity v čele s PhDr. Alenou Mizerovou, že mi umožnilo tuto knihu vydat.

# 1. Úvod

Základem fylogenetické analýzy je datový soubor, který má formu matice stavů znaků (matice dat), zkráceně označované jako data. Řádky matice obsahují informaci o jednotlivých objektech, které budeme obecně nazývat **taxony** (někdy označované jako operační taxonomické jednotky, OTU). Pod tímto pojmem si můžeme představit populace, virové kmene, druhy, popř. vyšší taxonomické jednotky (rody, řády, třídy, kmene atd.). Každý sloupec matice představuje jeden znak (*character*). V případě molekulárních dat je vstupní matice tvořena souborem příslušným způsobem seřazených sekvencí DNA (případně sekvencí aminokyselin), kde znaky představují jednotlivé pozice (*sites*) v sekvenci a konkrétní báze (aminokyselina) představují stavy znaku (*character states*). Například jestliže na 362. pozici sekvence genu pro cytochrom *b* je u šimpanze přítomen adenin (A), u bonoba guanin (G) a u člověka thymín (T), je tato pozice znakem a A/G/T jsou stavy tohoto znaku pro příslušné taxony.<sup>1</sup> Kromě nukleotidů (resp. bází) nebo aminokyselin mohou elementy matice představovat např. binární kódy, přítomnost/absence znaku, naměřené kvantitativní hodnoty atd.

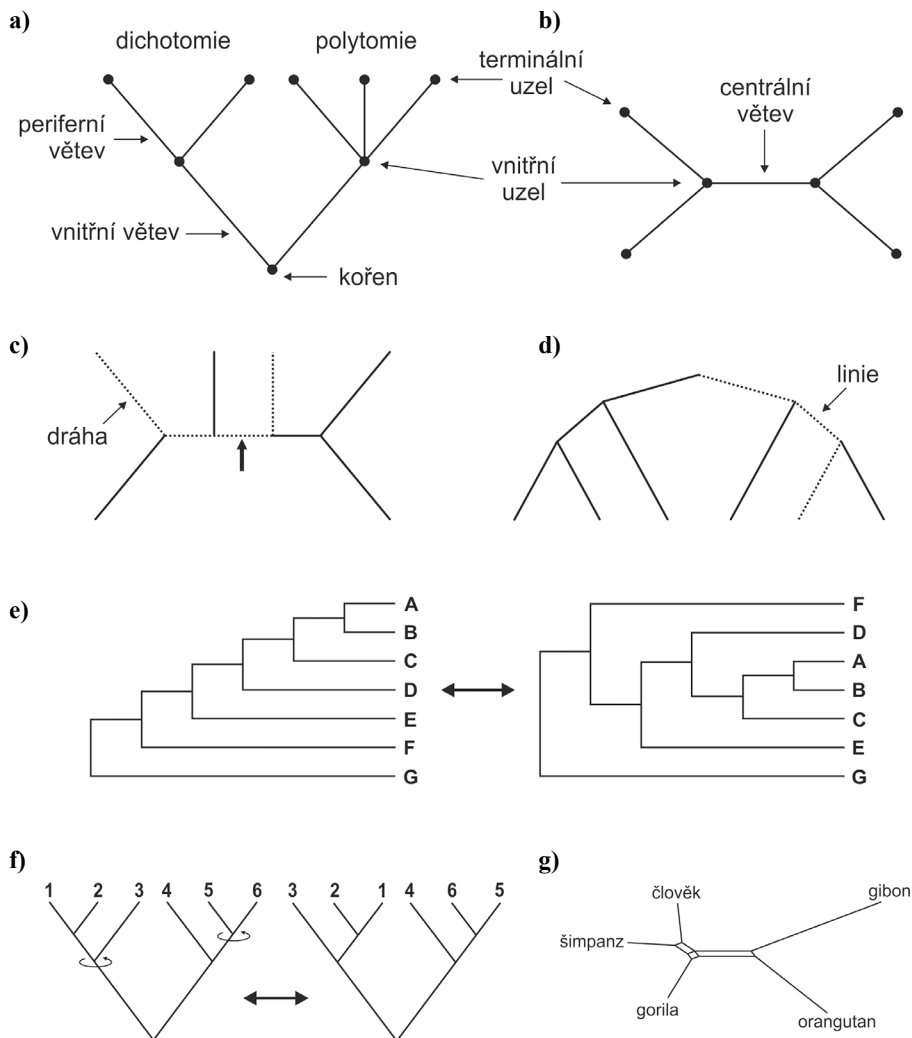
## DEFINICE ZÁKLADNÍCH POJMŮ

Grafickým vyjádřením fylogeneze je **fylogenetický strom** neboli **fylogenie** (*phylogeny*). Za strom můžeme považovat jakýkoli nacyklický graf spojující bez přerušení jednotlivé **uzly** (*nodes, vertices*). Uzel může být buď **terminální** neboli **externí** (*terminal node, external node, leaf, pendant vertex*), nebo **vnitřní** (*internal node, internal vertex*). Stromy, jejichž terminální uzly jsou pojmenovány, se nazývají **označené** (*labeled*). Vnitřní uzly někdy nazýváme hypotetické taxonomické jednotky, HTU.

Jednotlivé uzly jsou spojeny **větvemi** (*branches, edges*). Větve končící terminálním uzlem jsou **periferní** (*peripheral branches, peripheral edges*), větve spojující dva vnitřní uzly jsou **vnitřní** (*internal branches, internal edges*) a konečně větev spojující čtyři periferní větve se označuje jako **centrální** (obr. 1.1a, b). Jako **sousední** (přilehlé) se označují větve, které sdílejí společný uzel. Sekvence sousedních větví  $v_1, v_2, v_3, \dots, v_n$  se nazývá **dráha** (*path*). Každý fylogenetický strom je charakterizován určitým prostorovým uspořádáním jednotlivých větví čili **topologií**. Jednotlivým větvím jsou často přiřazeny určité hodnoty – váhy (*weights*) neboli **délky** (*lengths*). Ve fylogenetickém kontextu těmito vahami může být čas, počet změn (např. substitucí) nebo jejich pravděpodobnost.

Strom může být buď **s kořenem** (*rooted tree*), nebo **bez kořene** (*unrooted tree*). Kořen stromu představuje společného předka všech ostatních taxonů (tj. vnitřních i vnějších uzlů stromu). Ve druhém případě není tento předek (uzel) identifikován. Strom s kořenem dostaneme přiřazením kořene buď jednomu z uzlů (vnitřnímu nebo terminálnímu),

<sup>1</sup> Tato terminologie není univerzální, např. v některých kladistických publikacích se místo pojmu „znak“ používá termín „transformační série“ a termín „znak“ je pak chápán ve významu konkrétního „stavu“.



**Obr. 1.1** Příklad jednoduchého stromu s kořenem (a) a bez kořene (b) a vysvětlení některých základních pojmů. *Fylogenetická dráha* (c) je součtem všech větví mezi dvěma terminálními uzly, kdežto *linie* (d) spojuje jeden terminální uzel s kořenem stromu; zatímco dráhy můžeme identifikovat na stromech s kořenem i bez kořene, *linie* existují pouze na stromech s kořenem. Jednotlivé části stromu mohou být rotovány, aniž by se změnil jeho smysl, a proto dvojice stromů na obr. e) a f) jsou totožné. Na obr. g) je ukázka fylogenetické sítě pěti druhů hominoidů.

nebo vložení uzlu nového (např. ze stromu 1.1c dostaneme strom 1.1d vložení uzlu v místě označeném šipkou). Jestliže se ve vnitřním uzlu stýkají pouze tři větve, hovoříme o **bifurkaci** neboli **dichotomii**, v případě více větví jde o **multifurkaci** neboli **polytomii** (obr. 1.1a). Strom, ve kterém se vyskytují pouze bifurkace, se označuje jako plně vyřešený čili **binární** (*fully resolved, binary*) nebo též **striktně bifurkační**. Strom, obsahující jediný vnitřní bod, se nazývá **hvězdicový** (*star tree*) (obr. 1.2). Je to strom, kde minimálně všechny terminální uzly jsou pojmenovány (*labeled*).

Kořen fylogenetického stromu můžeme stanovit přidáním jedné nebo více **vnějších skupin** (*outgroups*). Volba vnější skupiny nebo skupin může být klíčová pro správné určení kořene. Tento krok není triviální, protože vnější skupina by neměla být od studovaných taxonů (tvořících tzv. **vnitřní skupinu**, *ingroup*) fylogeneticky příliš vzdálená (nemá např. smysl hledat kořen stromu blízkce příbuzných druhů primátů přidáním sekvence žraloka), ale ani příliš blízká, jinak bychom riskovali, že je ve skutečnosti součástí vnitřní skupiny, místo aby stála mimo ni. V ideálním případě by tedy měla tvořit vůči zkoumané skupině tzv. skupinu sesterskou (např. na obr. 1.1e je taxon G sesterský skupině taxonů A–F).

Terminální uzly mohou směřovat kterýmukoli směrem (srv. stromy 1.1a, 1.1d a 1.1e), zpravidla jsou však orientovány doprava nebo nahoru. Na orientaci stromu tedy nezáleží. Dokonce i jednotlivé části stromu mohou být rotovány, aniž by se změnil jeho smysl. Například stromy na obr. 1.1e–f jsou totožné. Strom bez kořene býval dříve nesprávně označován jako **síť** (*network*), avšak tento termín má podle matematické definice jiný význam, neboť v síti dochází nejen ke štěpení větví, ale i k jejich spojování (obr. 1.1i). V současné době se s těmito sítěmi setkáváme zejména ve fylogeografických studiích, kde jsou tímto způsobem znázorněny alternativní, co do počtu kroků (např. substitucí) ekvivalentní spojení jednotlivých objektů (zpravidla haplotypů). Síť však můžeme znázornit i případy skutečného splývání dvou linií, například studujeme-li evoluci lidských jazyků.

## Kolik existuje možných fylogenetických stromů?

Nejmenší počet taxonů tvořících fylogenetický strom jsou tři. Jestliže tento strom nemá kořen, existuje pouze jediná varianta, pokud kořen má, jsou možné varianty tři. Přidáme-li další taxon, můžeme vytvořit tři alternativní stromy bez kořene – pokud identifikujeme kořen, pro každý ze tří původních alternativ můžeme vytvořit pět různých stromů, celkem tedy 15. S rostoucím počtem taxonů ovšem množství možných výsledků dramaticky roste. Máme-li  $n$  taxonů, je počet možných stromů bez kořene dán vztahem (Felsenstein 1978b):

$$\frac{(2n-5)!}{2^{n-3}(n-3)!} \quad (1.1)$$

a počet stromů s kořenem bude

$$\frac{(2n-3)!}{2^{n-2}(n-2)!} \quad (1.2)$$

Výsledky pro různé počty taxonů jsou uvedeny v tabulce 1.1.

Taxyony	Stromů bez kořene	Stromů s kořenem
3	1	3
4	3	15
5	15	105
6	105	945
7	945	10 395
8	10 395	135 135
9	135 135	2 027 025
10	2 027 025	34 459 425
11	34 459 425	654 729 075
12	654 729 075	13 749 310 575
13	13 749 310 575	316 234 143 225
14	316 234 143 225	7 905 853 580 625
15	7 905 853 580 625	213 458 046 676 875
20	213 458 046 676 875	8 200 794 532 637 891 559 375
30	8 200 794 532 637 891 559 375	$4,9518 \times 10^{38}$
40	$4,9518 \times 10^{38}$	$1,00986 \times 10^{57}$
50	$1,00986 \times 10^{57}$	$2,75292 \times 10^{76}$

**Tabulka 1.1** Počet stromů s kořenem a bez kořene pro různý počet taxonů.

Pro více než 10 taxonů je velmi obtížné prozkoumat všechny stromy s kořenem. Při počtu taxonů přesahujícím 30 množství stromů s kořenem mnohonásobně převyšuje hodnotu Avogadrovy konstanty<sup>2</sup> a prozkoumání všech už není možné. Pro 50 taxonů výsledný počet všech možných stromů s kořenem dokonce přesahuje počet elektronů ve viditelném vesmíru (tzv. Eddingtonovo číslo).

## TYPY DAT

Všechna data používaná při fylogenetické analýze spadají do jedné ze dvou základních kategorií. První kategorií jsou jednotlivé znaky, druhou data ve formě vzdáleností (distancí) či podobností. „Jednotlivými“ rozumíme jak znaky kvalitativní (diskrétní), tak kvantitativní. Zatímco data ve formě znaků mohou být převedena na distance/podobnosti, opačný postup není možný. Je třeba si uvědomit, že některé metody, například měření imunologické reakce na cizí antigeny nebo DNA-DNA hybridizace poskytují výsledky výhradně ve formě distancí mezi dvojicemi taxonů.

Abychom mohli data využít pro konstrukci fylogenetického stromu, je zpravidla nutno splnit některé podmínky. Jednou z nich je podmínka **nezávislosti** jednotlivých znaků. Pokud mezi jednotlivými znaky existuje vzájemná závislost, musíme brát v úvahu kovariance mezi nimi, což následné analýzy značně komplikuje. Další podmínkou je **homologie** daného znaku mezi srovnávanými taxony. V případě molekulárních znaků je nutno zkoumat sekvence vzájemně **ortologní**, tj. sekvence zděděné dvěma druhy od společného

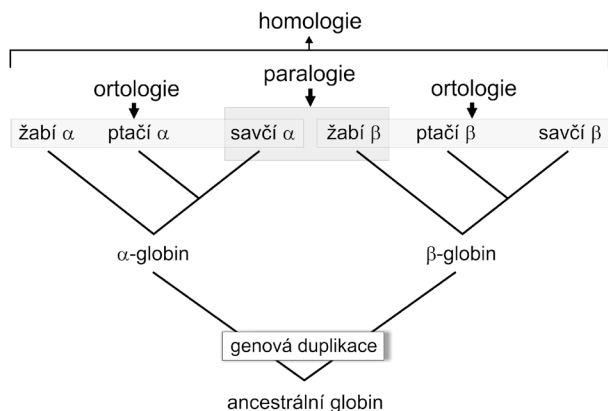
<sup>2</sup> Avogadrova konstanta vyjadřuje počet částic v jednotkovém látkovém množství; její hodnota je  $6,022 \times 10^{23} \text{ mol}^{-1}$ .



**Obr. 1.2** Ukázka tří stromů s různou mírou objasnění jednotlivých větví.

předka (např. sekvence genu pro podjednotku alfa hemoglobinu u druhů a a B). Ortologní sekvence mohou být někdy nechtěně zaměněny za sekvence **paralogní**. Tak se označují sekvence genů, které vznikly genovou duplikací (Ohno 1970), například sekvence genů pro podjednotku alfa a beta hemoglobinu (obr. 1.3). Jinými slovy, zatímco ortologní sekvence divergují po speciální události (tj. po vzniku nových druhů), paralogní sekvence divergují po události duplikační. Paralogní geny vzniklé duplikací celého genomu se někdy označují jako ohnologní (Wolfe 2000.) Podobné, byť ne tak časté riziko představují sekvence **xenologní**, které byly do zkoumaného genomu vneseny z jiného organismu. Určitou variací paralogních a xenologních sekvencí jsou pseudogeny přenesené do jaderného genomu z mitochondriální DNA (anglicky se zpravidla označují zkratkou **numt** z *nuclear mitochondrial sequence*). Tyto pseudogeny mohou být i velmi velké, například u některých kočkovitých šelem dosahuje jejich velikost přibližně 12,5 kb (Kim et al. 2006) a obsahuje tudíž převážnou část mitochondriálního genomu. S rostoucím množstvím molekulárních dat se ukazuje, že „numity“ mohou být značně rozšířené (viz [www.pseudogene.net](http://www.pseudogene.net)) a nebezpečí jejich záměny s mitochondriálními sekvencemi je tedy potenciálně velké.

Znaky mohou být kvantitativní nebo kvalitativní. Kvalitativní znaky mohou být buď **binární**, mající pouze dva možné stavy, nebo **vícestavové** (*multistate characters*) se třemi a více možnými stavy. Vícestavové znaky mohou být **seřazené** (*ordered*), nebo **neseřazené** (*unordered*). Typickým příkladem neseřazených vícestavových znaků jsou sekvence



**Obr. 1.3** Vztah ortologních a paralogních sekvencí na příkladu  $\alpha$ - a  $\beta$ -globinových genů.



nukleotidů, protože zpravidla není žádný apriorní důvod předpokládat, že daný nukleotid vznikl ze zcela konkrétního nukleotidu nebo že určitá nukleotidová báze je intermediární mezi dvěma jinými bázemi. Pojem *pořadí* znaků, definující možnou (povolenou) transformaci jednoho stavu znaku v druhý (např. ze stavu *A* může vzniknout stav *B* nebo naopak, nikoli však stav *C*), bychom však neměli zaměňovat za *polaritu* znaků, která popisuje směr evoluce stavů znaku (např. v evoluci taxonu *X* došlo ke změně znaku v sekvenci stavů *A-B-C*, nikoli *C-B-A*).

### Nukleotidové a proteinové sekvence

S rozvojem a zefektivněním molekulárních technik jsou sekvence nukleotidů nebo aminokyselin stále častějším zdrojem dat pro fylogenetickou analýzu. Především sekvence DNA dnes díky novým technologiím ve fylogenetice naprosto dominují. Tyto metody, souhrnně označované jako sekvenování příští generace, častěji zkratkou NGS (*next generation sequencing*), jsou schopny za jeden den získat více než tisíckrát větší počet párů bází než nejvýkonnější klasické sekvenátory. V současnosti existuje několik systémů, které se metodicky poněkud liší – mezi nejznámější patří „pyrosekvenování“ metodou 454 (Roche), Solexa (Illumina) nebo SOLiD (Life Technologies) –, všechny jsou však založeny na simultánním sekvenování obrovského množství velmi krátkých fragmentů DNA. Jednotlivé osekvenované fragmenty jsou nakonec sestaveny do výsledné sekvence. Sestavení celé sekvence z velkého množství malých fragmentů pochopitelně vyžaduje výkonný počítač. Technický vývoj stále pokračuje a už dnes existují nebo jsou vyvíjeny metody, které poskytují vyšší výtěžek než NGS a současně snižují náklady na sekvenování (*3rd generation sequencing*). Stále častěji jsou proto fylogenetické analýzy založeny na sekvencích mnoha genů. Taková data se označují jako fylogenomická a pro oblast fylogenetiky, která je na nich založená, se používá termín **fylogenomika**.

Na první pohled je využití sekvencí koncepčně poměrně jednoduché. Podmínka homologie však v tomto případě znamená nejen to, že zkoumáme ortologní sekvence, ale také že nukleotidy na dané pozici u všech zkoumaných taxonů odvozují svůj původ od této pozice u jejich společného předka. Vzhledem k výskytu delecí a inzercí během evoluce je stanovení této homologie někdy poměrně obtížné (zejména při porovnávání vzdáleně příbuzných taxonů).

### Restrikční data

Restrikční endonukleázy (restriktázy) jsou enzymy štěpící DNA v místě specifické krátké sekvence, tzv. restrikčního místa (*restriction site*), nebo v jeho bezprostřední blízkosti. Pozice těchto míst na restrikční mapě lze považovat za znaky a přítomnost nebo absenci těchto míst u daného taxonu za stavy znaku (*restriction-site data*). V případě, že restrikční mapu nemáme k dispozici, lze za stav znaku považovat přítomnost/absenci restrikčního fragmentu o příslušné délce (*restriction-fragment data*). Přestože donedávna byl tento druhý typ restrikčních dat při fylogenetických analýzách často používán, především jako tzv. RFLP (*restriction fragment length polymorphisms*, polymorfismus délky restrikčních fragmentů), nelze je příliš doporučit. Důvodem je skutečnost, že předpoklad nezávislosti jednotlivých znaků v tomto případě není splněn. Jestliže uvnitř fragmentu mezi dvěma

restrikčními místy vznikne místo třetí, původní delší fragment se rozdělí na dva kratší. Tím pádem nebudou mít dva druhy, sdílející dvě ze tří restrikčních míst, žádný společný fragment, což může být zdrojem dosti vážných potíží. Obdobným problémem je možnost změny délky fragmentu inzerací nebo delecí úseku DNA, které povedou k chybnému závěru, že daný taxon příslušný fragment postrádá, přestože má obě homologní restrikční místa.

Posledním problémem, charakteristickým pro oba typy restrikčních dat, je asymetrie pravděpodobnosti vzniku a zániku restrikčního místa. Představme si sekvenci složenou ze 6 bp, ze které se substitucí na jedné z pozic stane restrikční místo. V tomto případě existuje pouze jedna z 18 možných substitucí (šest míst, tři možné typy záměn jednoho nukleotidu za druhý), kterou může nové restrikční místo vzniknout. Naopak jestliže daná šestinukleotidová sekvence už restrikčním místem je, potom záměna *keréhokoli* nukleotidu znamená, že restrikční enzym tuto sekvenci nerozpozná. Ztráta restrikčního místa je proto mnohem pravděpodobnější než jeho vznik. Tento argument neznámá, že nelze porovnávat ztráty restrikčních míst mezi taxony během evoluce, pouze ukazuje na nutnost speciálního zacházení s restrikčními daty. V současnosti se už RFLP data pro fylogenetickou analýzu prakticky nepoužívají. Štěpení pomocí DNA restrikáz však využívají některé pokročilejší metody, například RADSeq nebo AFLP (viz níže). **RADSeq** (*restriction site-associated DNA sequencing*; Baird et al. 2008; Davey a Blaxter 2010) patří do skupiny metod souhrnně nazývaných *reduced-representation genome sequencing* a je kombinací restrikčního štěpení a NGS. Genomová DNA jedince je nejprve štěpena pomocí restriktazy na menší fragmenty, na které je napojen adaptor P1 obsahující primer pro amplifikaci, primer pro NGS a tzv. molekulární identifikátor (*molecular identifier*, MID), který umožňuje bezpečnou identifikaci daného jedince. Fragmenty DNA různých jedinců jsou posléze zkombinovány do jednoho vzorku a náhodně zkráceny na menší bloky, dlouhé několik set párů bází. Na ty je napojen druhý adaptor (P2), speciálně uzpůsobený tak, že se na něj nenapojí zpětný primer, dokud nedojde k prvnímu kolu amplifikace od pozice P1 primeru. Tím je zajištěno, že všechny fragmenty vytvořené konečnou PCR reakcí obsahují P1 adaptor, MID, částečné restrikční místo, několik set párů bází (200–500) přiléhajících k tomuto místu a P2 adaptor. Tyto fragmenty jsou sekvenovány pomocí některé z metod NGS (první protokoly byly vytvořeny pro systém Illumina). Nakonec jsou sekvence každého jedince odděleny na základě jejich MID. Metoda RADSeq může být použita i k detekci polymorfismu restrikčních míst (přítomnost/absence), jednonukleotidových rozdílů (*single-nucleotide polymorphisms*, SNP) nebo delecí/inzerací. Sekvenování pouze části genomu, vymezené přítomností restrikčních míst, umožňuje rychlé a relativně levné získání velkého množství dat pro fylogenetickou analýzu (Rubin et al. 2012).

## Alozymy

Dalším typem dat, jejichž role ve fylogenetice je dnes již víceméně historická, jsou alozomy. Alozymová data jsou většinou prezentována ve formě relativních četností (frekvencí) jednotlivých alel na každém z analyzovaných lokusů ve zkoumaných populacích nebo taxonech. Původní a dosud převládající způsob zpracování tohoto typu dat je založen na výpočtu matice genetických distancí. S rozvojem metod založených na přímé analýze znaků se objevily snahy alozymová data kódovat do diskretní podoby. V zásadě existují tři způsoby kódování, přičemž každý z nich je problematický.

Prvním a historicky nejstarším způsobem kódování alozymových dat je považovat každou alelu za jeden znak a buď její přítomnost/absenci, nebo její frekvenci za stav tohoto znaku. Tento postup však trpí stejným problémem jako restriční fragmenty, neboť není splněn předpoklad nezávislosti znaků: protože součet frekvencí alel musí být vždy roven jedné, jakmile roste frekvence jedné alely, frekvence ostatních alel na tomtéž lokusu musí zákonitě klesat. Jestliže takto kódovaná data dále zkoumáme metodou maximální úspornosti (viz kap. 2), často dospějeme k závěru, že společný předek neměl žádné alely, nebo součet četností těchto alel se nerovná jedné.

Vzhledem k těmto problémům byla navržena další metoda kódování, kde znakem je lokus a stavem znaku je konkrétní alela (např. jeden taxon má jen alelu *a* a druhý jen alelu *b*, zatímco v případě polymorfismu bychom kodovali třetí stav *ab*). Přes jistý pokrok má i tato metoda určité nedostatky. Za prvé, pokud se mezi taxony vyskytuje velké množství odlišných alel v různých kombinacích, může se počet jedinečných kombinací blížit počtu taxonů. Takovéto znaky (lokusy) potom budou zdrojem nepatrné nebo vůbec žádné informace. Východiskem by bylo stanovit posloupnost vzniku jednotlivých alel (seřazené znaky, viz str. 15), avšak tento postup bývá často subjektivní a arbitrární. Druhým problémem tohoto přístupu je silná náchylnost k chybě výběru (*sampling error*). Jestliže jsou na lokusu přítomny dvě alely a jedna z nich je velmi vzácná, díky omezenosti našeho vzorku s velkou pravděpodobností tuto alelu nezjistíme a lokus budeme chybně kódovat jako monomorfní. Dokonce i když bychom vyšetřili celou populaci a alelové četnosti vypočetli naprosto přesně, stěží můžeme považovat za rovnocenné dvě populace (1, 2), lišící se četnostmi svých alel  $a_1 = 0,01$ ,  $b_1 = 0,99$  a  $a_2 = 0,99$ ,  $b_2 = 0,01$ .

Třetím způsobem, který se snaží brát v úvahu informaci obsaženou v alelových četnostech, je tzv. kvantitativní kódování, ve kterém znakem je opět lokus, stavem znaku je pak relativní četnost (frekvence) alel. Alelové četnosti ve dvou či více vzorcích jsou ve formě kontingenčních tabulek podrobeny příslušnému statistickému testu, který má rozhodnout, zda tyto vzorky pocházejí z jediné homogenní populace. Pokud však nemáme k dispozici velké vzorky, je síla těchto testů poměrně malá a neprůkaznost rozdílů ještě neznamená, že tyto vzorky jsou homogenní. Tyto problémy způsobují, že metody vyžadující kódování alozymových dat do diskretní podoby by měly být používány pouze v případech nízké úrovně polymorfismu.

Problémům s kódováním se snaží vyhnout metody, které využívají alelové četnosti přímo, aniž by je bylo nutno převádět na diskretní znaky. Výše zmíněné námitky totiž většinou vyplývají ze skutečnosti, že tento typ dat je ve své podstatě kvantitativní povahy a jeho převod do diskretní podoby (kromě toho, že tímto postupem dochází ke ztrátě informace) postrádá biologické opodstatnění. Mezi metody založené na přímém zpracování alelových četností patří například techniky minimalizující celkové množství změn ve frekvencích alel a modifikace metody maximální věrohodnosti na kvantitativní data, vycházející z modelu Brownova pohybu (viz kap. 9).

## SINE a LINE

Bouřlivý rozvoj sekvenovacích technik sice umožňuje shromáždění obrovských datových souborů obsahujících sekvence stovek až desetitisíců genů, avšak naše současné výpočetní a metodické možnosti jejich analýzy za tímto vývojem stále zaostávají. Nejrozsáhlejší

fylogenomické soubory je proto nutno analyzovat pomocí suboptimálních modelů, které snižují, nebo dokonce anulují výhody, které velikost těchto datových souborů poskytuje. Z toho důvodu byly hledány alternativní zdroje fylogenetických znaků, založené na mutacích většího rozsahu. Takovými znaky jsou například SINE a LINE elementy.

Krátké a dlouhé vmezežené repetitivní elementy, zkráceně SINE (*short interspersed elements*) a LINE (*long interspersed elements*), patří do velké skupiny retroelementů, tedy transpozabilních elementů, které se šíří pomocí přepisu do RNA a opětovného začlenění do řetězce DNA pomocí enzymu reverzní transkriptázy (SINE ve skutečnosti nejsou pravými retroelementy, protože nekódují vlastní reverzní transkriptázu a pro reverzní transkripci používají enzym kódovaný LINE). Nejznámějšími SINE jsou *Alu* sekvence u člověka a B1 a B2 elementy u myši. Replikované elementy jsou vřazeny náhodně v různých částech genomu, a jakmile se začlení do řetězce DNA, prakticky již z něho nemohou být odstraněny (výjimkou by mohla být jen delece velkého úseku DNA). Oba typy repetitivních samozřejmě podléhají substitucím a inzercím/delecím, čímž dochází k jejich postupné divergenci, avšak v případě taxonů, jejichž doba divergence nepřesahuje 50 milionů let, je jejich použití při konstrukci fylogenetického stromu velmi výhodné. Na rozdíl od SINE, jejichž délka zpravidla nepřesahuje 400 bp, jsou LINE mnohem delší (několik tisíc bp). Délka jednotlivých kopií však velmi kolísá, a proto je práce s nimi obtížnější. Na druhou stranu díky své délce mohou poskytnout spolehlivý odhad doby divergence sekvencí. SINE a LINE elementy mohou potenciálně být zdrojem velkého množství specifických znaků, například LINE elementy L1 tvoří 17 % lidského genomu, SINE elementy *Alu* 12 %. Protože k inzerci retroelementů dochází v náhodných místech genomu a pravděpodobnost, že stejný element bude nezávisle začleněn přesně do stejného místa ve dvou a více liniích, je velmi nízká, jsou tyto znaky většinou považovány za prosty homoplazií (tj. analogických stavů vzniklých v důsledku konvergence, paralelismu nebo reverze k původnímu stavu). Nicméně jak ukázali Han et al. (2011), tento předpoklad může být, alespoň v některých případech, příliš optimistický.

## Pořadí genů

Fylogenetická analýza založená na strukturním uspořádání genů si v poslední době získává rostoucí oblibu. Někteří autoři dokonce tento typ dat považují za potenciálně více informativní vzhledem k tomu, že změny v pořadí genů jsou málo frekventované, a tudíž méně náchylné k homoplaziím, a protože je málo pravděpodobné, že by identické sekvence genů vznikly v různých liniích nezávisle. A tak přestože znaky ve formě pořadí genů většinou neumožňují konstrukci plně vyřešeného stromu, jejich užitečnost tkví především ve studiu velmi starých divergencí. Problém je v tom, že tyto znaky se nemohou vyvíjet nezávisle na sobě, protože jsou definovány právě prostřednictvím vztahů mezi sebou. Teprve budoucnost ukáže, zda budou vyvinuty metody, které by tento problém braly v úvahu.

## miRNA

Poměrně novou a dosud málo prozkoumanou skupinou znaků vhodných pro fylogenetickou analýzu je zvláštní třída RNA známá jako miRNA (*microRNA*). Zralé molekuly miRNA jsou velmi malé, přibližně 22 bp dlouhé jednovláknové řetězce nekódující RNA,