

Obsah

| | |
|--|----|
| 1. ANALÝZA FENOTYPU (J. ZIMA, M. MACHOLÁN) | 9 |
| Úvod | 9 |
| Signální fenotypy | 10 |
| Dědičnost zbarvení | 10 |
| Imunologické znaky | 12 |
| Epigenetické znaky | 13 |
| Kvantitativní znaky | 15 |
| Metody tradiční morfometrie | 17 |
| Data v tradiční morfometrii | 18 |
| Základní pojmy maticové algebry | 19 |
| Analýza hlavních komponent (<i>Principal components analysis, PCA</i>) | 21 |
| Faktorová analýza (<i>Factor analysis, FA</i>) | 27 |
| Analýza hlavních koordinát (<i>Principal coordinates analysis, PCOA</i>) | 28 |
| Analýza diskriminačních funkcí (<i>Discriminant function analysis, DFA</i>) a kanonická analýza (<i>Canonical variates analysis, CVA</i>) | 28 |
| Kanonické korelace (<i>Canonical correlations</i>) a parciální analýza nejmenších čtverců (<i>Partial least-squares</i>) | 31 |
| Mnohorozměrná klasifikace objektů (<i>Nonmetric multidimensional scaling, MDS</i>) | 32 |
| Korespondenční analýza (<i>Correspondence analysis, CA</i>) | 32 |
| Shluková analýza (<i>Cluster analysis</i>) | 32 |
| Kterou metodu použít? | 34 |
| Geometrická morfometrie | 34 |
| Analýza obrysů | 34 |
| Význačné body | 38 |
| Deformace ohebných pásků (<i>thin-plate spline</i>) | 41 |
| Fluktuální asymetrie | 44 |
| Software a důležité internetové adresy | 47 |
| Tradiční morfometrie | 47 |
| Geometrická morfometrie | 47 |
| 2. CYTOGENETIKA (J. ZIMA) | 51 |
| Úvod | 51 |
| Stavba a morfologie chromosomů | 52 |
| Struktura chromatinu | 52 |
| Struktura chromosomu | 53 |
| Chromosomové mutace | 54 |
| Další informace na internetových stránkách | 56 |
| Příprava chromosomových preparátů | 56 |
| Studium somatických chromosomů v mitóze | 57 |
| Studium chromosomů zárodečných buněk v meióze | 60 |
| Cytogenetické testy mutagenních vlivů | 62 |
| Další informace na internetových stránkách | 63 |
| Barvení chromosomů | 63 |
| Diferenciální barvení | 63 |

| | |
|--|-----|
| Barvení specifických frakcí chromatinu | 66 |
| Další informace na internetových stránkách | 69 |
| Hybridizace <i>in situ</i> | 69 |
| Další informace na internetových stránkách | 70 |
| Hodnocení karyotypu | 70 |
| Mikroskopování a fotografování | 70 |
| Sestavení karyotypu | 71 |
| Standardizace karyotypů | 72 |
| Další informace na internetových stránkách | 72 |
| Aplikace studia chromosomů | 72 |
| Populační studie | 74 |
| Vnitrodruhová struktura | 74 |
| Mezidruhové vztahy | 75 |
| Laboratorní vybavení | 76 |
| Přístroje | 76 |
| 3. ELEKTROFORÉZA PROTEINŮ (M. MACHOLÁN) | 87 |
| Úvod | 87 |
| Obecné principy metody | 88 |
| Pufry | 89 |
| Základní předpoklady | 89 |
| Přehled základních metod | 90 |
| Elektroforéza na škrobovém gelu (SGE = <i>Starch Gel Electrophoresis</i>) | 90 |
| Elektroforéza na polyakrylamidovém gelu (PAGE = <i>Polyacrylamide Gel Electrophoresis</i>) | 92 |
| Elektroforéza na acetylcelulóзовém (celulózo-acetátovém) gelu (CAGE = <i>Cellulose Acetate Gel Electrophoresis</i>) | 92 |
| Elektroforéza na agarózovém gelu (AGE = <i>Agarose Gel Electrophoresis</i>) | 93 |
| Kontinuální elektroforéza | 93 |
| Diskontinuální (multifázická) elektroforéza | 93 |
| Izoelektrická fokusace (IEF) | 94 |
| Elektroforéza s SDS a močovinou | 94 |
| Dvousměrná (2-D) elektroforéza | 94 |
| Imunoelektroforéza | 94 |
| Rozlišovací schopnost | 95 |
| Postup elektroforézy | 95 |
| Odebrání a uchovávání tkání | 95 |
| Příprava vzorků | 95 |
| Nanášení vzorků | 96 |
| Elektroforéza | 97 |
| Barvení | 98 |
| Interpretace gelů | 103 |
| Aplikace a omezení metody | 106 |
| Vnitrodruhové studie | 107 |
| Mezidruhové aplikace | 109 |
| Aplikační omezení metody | 111 |
| Software | 112 |
| Laboratorní vybavení | 112 |
| SGE | 112 |
| PAGE | 112 |
| AGE | 112 |
| CAGE | 112 |
| 4. ANALÝZA NUKLEOVÝCH KYSELIN (M. MACHOLÁN, P. MUNCLINGER) | 117 |
| Úvod | 117 |
| Všeobecné vybavení molekulární laboratoře | 118 |

| | |
|--|-----|
| Izolace DNA | 118 |
| Postup izolace | 118 |
| Důležité internetové adresy | 119 |
| DNA-DNA hybridizace | 119 |
| Princip a postup metody | 120 |
| Aplikace a omezení metody | 124 |
| Laboratorní vybavení specifické pro DNA-DNA hybridizaci | 125 |
| Polymerázová řetězová reakce (PCR) | 126 |
| Princip metody | 126 |
| Primery pro PCR | 128 |
| Problémy a optimalizace PCR | 129 |
| RT-PCR a kvantitativní (Real-Time) PCR | 131 |
| Elektroforéza produktů PCR | 131 |
| Práce s neznámými genomy | 133 |
| Aplikace PCR | 134 |
| Důležité internetové adresy | 136 |
| Laboratorní vybavení specifické pro PCR | 137 |
| Restrikční analýzy | 137 |
| Southernova transferová hybridizace (<i>Southern blotting</i>) | 137 |
| Restrikční mapy | 141 |
| Polymorfismus délky restrikčních fragmentů (RFLP) | 142 |
| DNA fingerprinting | 142 |
| AFLP (polymorfismus dělek amplifikovaných fragmentů) | 143 |
| Aplikace a omezení restrikčních metod | 145 |
| Sekvenování DNA | 145 |
| Princip a postup sekvenování nukleových kyselin | 146 |
| Aplikace a omezení | 150 |
| Laboratorní vybavení specifické pro sekvenování DNA | 152 |
| Důležité internetové adresy | 153 |
| Sekvenování proteinů | 153 |
| Postup metody | 153 |
| Analýza mikrosatelitů | 154 |
| Princip, aplikace a omezení analýzy mikrosatelitů | 154 |
| Vzácné genomové události | 157 |
| SINE a LINE | 157 |
| Práce s internetem | 159 |
| Důležité internetové adresy | 159 |
| | |
| 5. METODY ANALÝZY I: Populačně genetická data (J. PÍALEK) | 165 |
| Úvod | 165 |
| Charakter genetických dat | 165 |
| Co je populační genetika? | 166 |
| Polymorfismus na úrovni bílkovin | 166 |
| Genové (alelové) a genotypové frekvence | 166 |
| Úroveň polymorfismu | 167 |
| Heterozygotnost | 167 |
| Formulace modelů a základy testování | 169 |
| Test dobré shody (χ^2 -test) | 170 |
| Polymorfismus na úrovni jaderné DNA | 171 |
| Polymorfismus na úrovni mitochondriální DNA | 173 |
| Test dobré shody (χ^2 -test) | 173 |
| Test: 2×2 G-test nezávislosti (kontingenční tabulky) | 174 |
| Analýza polymorfismu mtDNA: problém malých vzorků | 174 |
| Monte Carlo randomizační test kontingenčních tabulek | 175 |
| Odhad vlivu populační struktury na genetický make-up populace | 176 |

| | |
|---|-----|
| Model: Wrightova F-statistika na jednom lokusu o dvou alelách | 176 |
| Polymorfismus na úrovni chromosomů | 180 |
| Logistická regrese | 180 |
| Software | 188 |
| 6. METODY ANALÝZY II: Rekonstrukce fylogeneze (M. MACHOLÁN) | 191 |
| Úvod | 191 |
| Definice základních pojmů | 191 |
| Typy dat | 192 |
| Rozdělení metod fylogenetické analýzy | 195 |
| Algoritmy versus kritéria optimálnosti | 195 |
| Jak porovnávat jednotlivé fylogenetické metody? | 196 |
| Metoda maximální úspornosti (<i>Maximum parsimony</i>, MP) | 196 |
| Podstata metody | 196 |
| Parsimonie pro jiné typy dat | 200 |
| Výhody a nevýhody parsimonie | 200 |
| Metoda maximální pravděpodobnosti (<i>Maximum likelihood</i>, ML) | 201 |
| Podstata metody | 202 |
| Modely evoluce sekvencí | 203 |
| Heterogenita substitučních frekvencí v různých částech sekvence | 207 |
| Maximální pravděpodobnost pro jiné typy dat | 208 |
| Přednosti a zápory metody | 208 |
| Bayesovská analýza | 209 |
| Podstata metody | 210 |
| Distanční metody | 210 |
| Aditivní a ultrametrické stromy | 210 |
| Transformace sekvencních dat | 210 |
| Transformace alozymových a restrikčních dat | 212 |
| Fitchova-Margoliashova metoda a metoda minimální evoluce | 213 |
| Algoritmické distanční metody – shluková analýza | 214 |
| Algoritmické distanční metody – připojení souseda (<i>neighbor-joining</i>) | 215 |
| Výhody a nevýhody distančních metod | 215 |
| Hledání optimálních stromů a stanovení jejich spolehlivosti | 216 |
| Hledání optimálních stromů | 216 |
| Spolehlivost fylogenetických stromů | 217 |
| Software | 220 |
| Použitá literatura | 233 |
| Rejstřík | 235 |