VYSOKÉ UČENÍ TECHNICKÉ V BRNĚ
BRNO UNIVERSITY OF TECHNOLOGY

FAKULTA ELEKTROTECHNIKY A KOMUNIKAČNÍCH TECHNOLOGIÍ
FACULTY OF ELECTRICAL ENGINEERING AND COMMUNICATION

ÚSTAV BIOMEDICÍNSKÉHO INŽENÝRSTVÍ
DEPARTMENT OF BIOMEDICAL ENGINEERING

POZITIVNÍ A NEGATIVNÍ SELEKCE MITOCHONDRIÁLNÍHO GENOMU
POZITIVE AND NEGATIVE SELECTION OF MITOCHONDRIAL GENOME

BAKALÁŘSKÁ PRÁCE
BACHELOR'S THESIS

AUTOR PRÁCE Matěj Svoboda
AUTHOR

VEDOUCÍ PRÁCE Ing. Denisa Maděránková, Ph.D.
SUPERVISOR

BRNO 2018

VYSOKÉ UČENÍ TECHNICKÉ V BRNĚ
FAKULTA ELEKTROTECHNIKY A KOMUNIKAČNÍCH TECHNOLOGIÍ

Bakalářská práce

bakalářský studijní obor **Biomedicínská technika a bioinformatika**
Ústav biomedicínského inženýrství

Student: Matěj Svoboda ***ID:*** 164999
Ročník: 3 ***Akademický rok:*** 2017/18

NÁZEV TÉMATU:

Pozitivní a negativní selekce mitochondriálního genomu

POKYNY PRO VYPRACOVÁNÍ:

1) Vypracujte literární rešerši na téma negativní a pozitivní selekce mitochondriálního genomu a metody určování selekce. 2) V programovém prostředí R vytvořte funkci pro hromadnou extrakci zájmových oblastí z celogenomových sekvenčních záznamů. 3) Dále vytvořte funkci pro výpočet parametrů nutných k určení výskytu negativní/pozitivní selekce. 4) Pomocí vytvořených funkcí vyhodnoťte selekci mitochondriálních genomů rozsáhlého souboru bezobratlých i obratlovců. 5) Výsledky porovnejte s alespoň jedním volně dostupným nástrojem.

DOPORUČENÁ LITERATURA:

[1] JAMES, J.E.; PIGANEAU, G.; EYRE-WALKER, A. The rate of adaptive evolution in animal mitochondria. Molecular Ecology. 2016, 25, 67-78.

[2] MEIKLEJOHN, C.D.; MONTOOTH, K.L.; RAND, D.M. Positive and negative selection on the mitochondrial genome. TRENDS in Genetics. 2007, 23(6), 259-263.

Termín zadání: 5.2.2018 ***Termín odevzdání:*** 25.5.2018

Vedoucí práce: Ing. Denisa Maděránková, Ph.D.
Konzultant:

prof. Ing. Ivo Provazník, Ph.D.
předseda oborové rady

UPOZORNĚNÍ:
Autor bakalářské práce nesmí při vytváření bakalářské práce porušit autorská práva třetích osob, zejména nesmí zasahovat nedovoleným způsobem do cizích autorských práv osobnostních a musí si být plně vědom následků porušení ustanovení § 11 a následujících autorského zákona č. 121/2000 Sb., včetně možných trestněprávních důsledků vyplývajících z ustanovení části druhé, hlavy VI. díl 4 Trestního zákoníku č.40/2009 Sb.

Abstrakt

Tato bakalářská práce se zabývá detekcí pozitivní a negativní selekce v mitochondriálním genomu bezobratlých a obratlovců. Součástí práce je zpracovaná teorie evoluce a evolučních modelů. Hlavním bodem práce je vytvoření souboru algoritmů pro detekci pozitivní a negativní selekce v programovém prostředí RStudio. Následně jsou výsledky porovnány s hodnotami získanými nástrojem PAML.

Klíčová slova

Metoda Li-Wu-Luo, metoda Nei-Gojobori, mitochondriální genom, negativní selekce, PAML, pozitivní selekce, RStudio.

Abstract

This bachelor thesis deals with positive and negative selection detection in mitochondrial genome of invertebrates and vertebrates. The component of this paper is to interpret the theory of evolution and evolution models. The main objective of this bachelor thesis is to formulate the algorithm package for a positive and negative selection detection in a program environment, RStudio. Consequently, outcomes of algorithm are compared to values acquired by tool PAML.

Keywords

Li-Wu-Luo method, mitochondrial genom, negative selection, Nei-Gojobori method, PAML, positive selection, RStudio.

Bibliografická citace

SVOBODA, M. *Pozitivní a negativní selekce mitochondriálního genomu*. Brno: Vysoké učení technické v Brně, Fakulta elektrotechniky a komunikačních technologií, 2018. 37s. Vedoucí Ing. Denisa Maděránková, Ph.D.

Prohlášení

„Prohlašuji, že svou závěrečnou práci na téma Pozitivní a negativní selekce mitochondriálního genomu jsem vypracoval samostatně pod vedením vedoucího bakalářské práce a s použitím odborné literatury a dalších informačních zdrojů, které jsou všechny citovány v práci a uvedeny v seznamu literatury na konci práce.
Jako autor uvedené závěrečné práce dále prohlašuji, že v souvislosti s vytvořením této závěrečné práce jsem neporušil autorská práva třetích osob, zejména jsem nezasáhl nedovoleným způsobem do cizích autorských práv osobnostních a jsem si plně vědom následků porušení ustanovení § 11 a následujících autorského zákona č. 121/2000 Sb., včetně možných trestněprávních důsledků vyplývajících z ustanovení části druhé, hlavy VI. díl 4 Trestního zákoníku č. 40/2009 Sb.

V Brně dne **25. května 2018** ……

podpis autora

Poděkování

Děkuji vedoucímu bakalářské práce Ing. Denisa Maděránková, Ph.D.za účinnou metodickou, pedagogickou a odbornou pomoc a další cenné rady při zpracování mé bakalářské práce.

V Brně dne **25. května 2018** ……

podpis autora

Obsah

Úvod ... 1
1. Biologická evoluce ... 2
1.1. Struktura a funkce genů ... 2
1.2. Genetický kód ... 5
1.3. Genomové mutace ... 8
1.3.1. Posunové mutace ... 9
1.3.2. Substituční mutace ... 9
1.4. Přirozená selekce ... 11
1.4.1. Pozitivní selekce ... 12
1.4.2. Negativní selekce ... 12
1.5. Evoluční vzdálenost ... 12
2. Metody pro výpočet synonymních a nesynonymních substitucí ... 14
2.1. Metoda Nei-Gojobori ... 14
2.1.1. Metoda Nei-Gojobori s využitím modelu Jukes-Cantor ... 16
2.1.2. Modifikovaná metoda Nei-Gojobori ... 17
2.2. Metoda Li-Wu-Luo ... 18
2.3. Další metody ... 21
2.3.1. Pamilo-Bianchi-Li metoda ... 21
2.3.2. Metody Comeron a Kumar ... 21
3. Zpracování genetických sekvencí v prostředí RStudio ... 23
3.1. Vstupní data ... 24
3.2. Předzpracování sekvencí ... 25
3.3. Zarovnání sekvencí ... 25
3.3.1. Zarovnání párů sekvencí ... 25
3.3.2. Mnohonásobné zarovnání sekvencí ... 26
3.3.3. Průběh zarovnání ... 26
3.4. Výpočet evoluční vzdálenosti ... 26
3.5. Porovnávání výsledků ... 27

3.5.1. PAML ... 27
3.5.2. Výsledky analýzy ... 29
4. Závěr ... 37
5. Literatura ... 38
Seznam obrázků ... 41
Seznam tabulek ... 42
Seznam zkratek ... 43
Přílohy ... I
Příloha I ... I

Úvod

Evoluce je dlouhodobý proces, který dává vzniku novým genům a tím i novým znakům v populacích. Motorem evoluce jsou mutace přinášející nové znaky změnami v genetickém kódu. Důsledkem jejich působení je variabilita a diverzita genetické informace mezi příbuznými jedinci. Mutace vznikají spontáně, většina jich však zanikne působením reparačních systémů buněk organismů. Mutace, které nejsou opraveny nemusí mít ve výsledku žádný dopad na genetickou informaci, takové mutace se nazývají tiché mutace. Pokud vzniklá změna mění funkci genu je možné ji rozlišit podle prospěšnosti pro organismus na prospěšné mutace a na škodlivé mutace.

Vlivem působení přirozené selekce se mohou prospěšné mutace, které organismus zvýhodňují nad ostatními, zakomponovat do standartního genomu postižených jedinců. Pokud jsou změny pro organismus škodlivé, vytratí se z genomu vlivem působení přirozené selekce. Přijímání nových genů do genomu se nazývá pozitivní selekce, naopak vymizení pozměněné genetické informace se označuje jako negativní, purifikační, „očišťující“ selekce.

Pro zpracování genetické informace a následovnou analýzu bylo vytvořeno velké množství nástrojů. Nástroje určené pro hledání evolučních změn, synoynmních či nesynonymnch mutací, se označují souhrným názvem evoluční modely. Na základě míry výskytu synonymních a nesynonymních změn mezi dvěmi sekvencemi dokáží modely určit, zda došlo k pozitivní či negativní selekci. Do evolučních modelů můžeme zařadit např. model Nei-Gojobori (NG86) nebo model Li-Wu-Luo (LWL85). Byly vyvinuty nástroje, které pro usnadnění práce s daty mají tyto modely do sebe zakomponovány. Jedním takovým nástrojem je nástroj PAML, který sdružuje velké množství evolučních modelů, mezi které patří i modely NG86 a LWL85.

Cílem této práce je analýza mitochondriální genetické informace živočichů. Nejprvr je nutné seznámit se s teorií evoluce a evolučních modelů, které jsou pro tuto práci klíčové. Tato analýza je provedena v programovém prostředí *RStudio*. Výpočet parametrů detekujících negativní nebo pozitivní selekci je uskutečněn na základě modelů Nei-Gojobori a Li-Wu-Luo. Funkce jsou vytvořeny na základě zmíněných modelů NG86 a LWL85. Následně jsou výsledky vytvořeného algoritmu porovnávány s výstupy získanými nástrojem PAML.

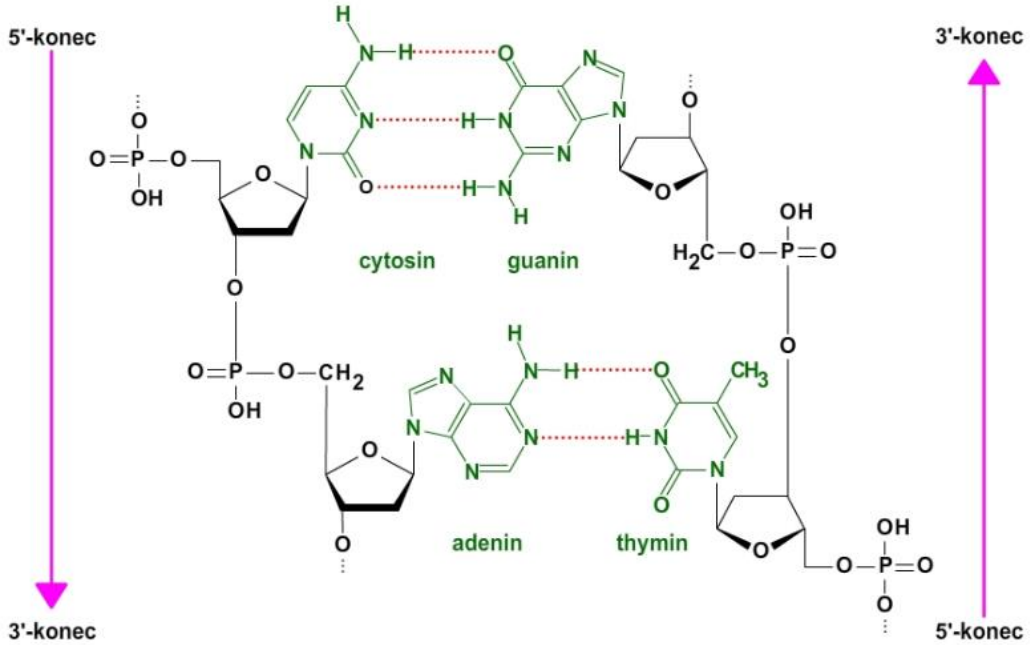
1. Biologická evoluce

Evoluce je velmi dlouhodobý a neřízený proces, který způsobuje diverzifikaci a rozvoj organismů na Zemi. Původcem evoluce jsou mutační změny. Tato práce se zaměřuje konkrétně na molekulární evoluci.

Molekulární evoluce se zabývá změnami v deoxyribonukleové kyselině (DNA) organismů, jejich původem a možnou příčinou. Hlavně se sledují mutace, které způsobují změny v nukleotidových sekvencích uvnitř kódujících úseků a následně se mutace projevují záměnou aminokyseliny v proteinovém řetězci. [22], [26]

1.1. Struktura a funkce genů

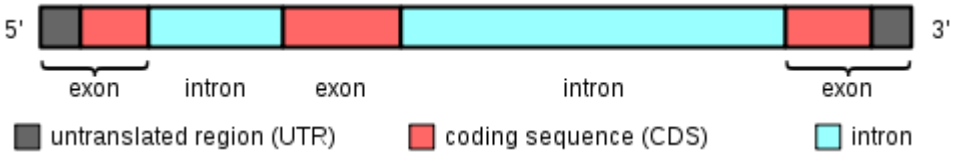
Gen je dědičná informace uložená formou řetězce nukleových kyselin v DNA organismu. Molekula DNA je tvořena dvěma polynukleotidovými řetězci a obsahuje tři stavebních prvky. Jedním prvkem je fosfát, dalším prvkem je 2-deoxy-D-ribóza a poslední složkou je dusíkatá báze. Dusíkaté báze se dělí na dvě skupiny. První skupina jsou deriváty purinu a jedná se o báze adenin (A) a guanin (G). Do druhé skupiny patří deriváty pyrimidinů, patří sem báze cytosin (C) a tymin (T). Při párování v DNA vznikají mezi nukleotidy různé počty vodíkových můstků. Vazby jsou specifické a vážou se mezi sebou, vždy jedna purinová a jedna pyrimidinová báze. Jedná se o zákon komplementarity, viz Obr. 1.1. Mezi sebou se vždy vážou adenin s tyminem a guanin s cytosinem. Při vazbě adeninu na tymin a naopak, vznikají mezi nimi dvě vodíkové vazby, cytosin a guanin se navzájem vážou třemi vodíkovými můstky.



Obr. 1.1: Komplementarita bází DNA, [27]

Ribonukleová kyselina (RNA) se vyskytuje nejčastěji ve formě jednořetězcových polynukleotidových vláken. Je složena z D-ribózy a dusíkových bází. Báze jsou čtyři, stejně jako je tomu u DNA, jedná se o adenin, cytosin, guanin. Odlišnou bází v RNA je uracil (U), který nahrazuje tymin v DNA. RNA v organismu vzniká při procesu transkripce, kdy se přepíše informace z DNA na mediátorovou RNA (mRNA). Nejprve vznikne primární mRNA (pre-mRNA), která zatím neprošla postranskripčními změnami a obsahuje jak exony, tak i introny. Exony jsou kódující části genu, označují se také jako CDS. Naopak introny jsou části genu, které neobsahují informace o struktuře výsledného proteinu. Následně se odstraněním intronů vytvoří mRNA. [26], [27]

Pořadí nukleových kyselin je specifické pro každý gen a určuje výslednou funkci a strukturu konečného produktu, proteinu. Gen je v DNA ohraničen promotorem a terminátorem, tzv. regulačními sekvencemi, kterými je zajištěno správné zpracování dědičné informace. Gen je strukturován na exony, introny a regulační sekvence. Struktura genu je znázorněna na Obr. 1.2. Pozice genů v DNA se nemění, májí své specifické umístění, tato místa se nazývají lokusy.

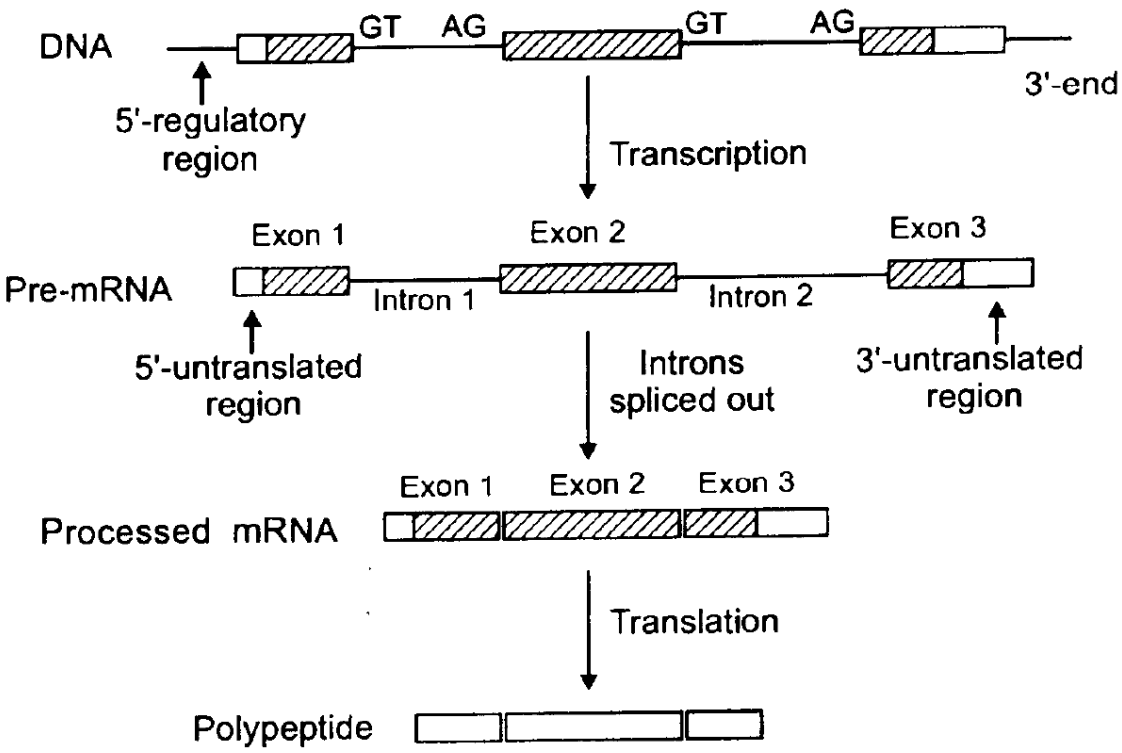


Obr. 1.2: Základní struktura genu, [26]

Geny lze rozdělit podle jejich funkce do tří tříd.

- Strukturní: strukturní geny nesou informaci o konformaci bílkoviny. Strukturní gen je při realizaci transkripce přepsán do mRNA, která se následně translací přepíše na sekvenci aminokyselin. Konečným produktem je tedy protein.
- Regulační: proteiny vytvořené podle regulačních genů ovlivňují expresy strukturních genů a tím regulují diferenciaci buněk.
- RNA geny: RNA geny nesou informaci o struktuře transferové RNA (tRNA), ribosomální RNA (rRNA) a dalších.

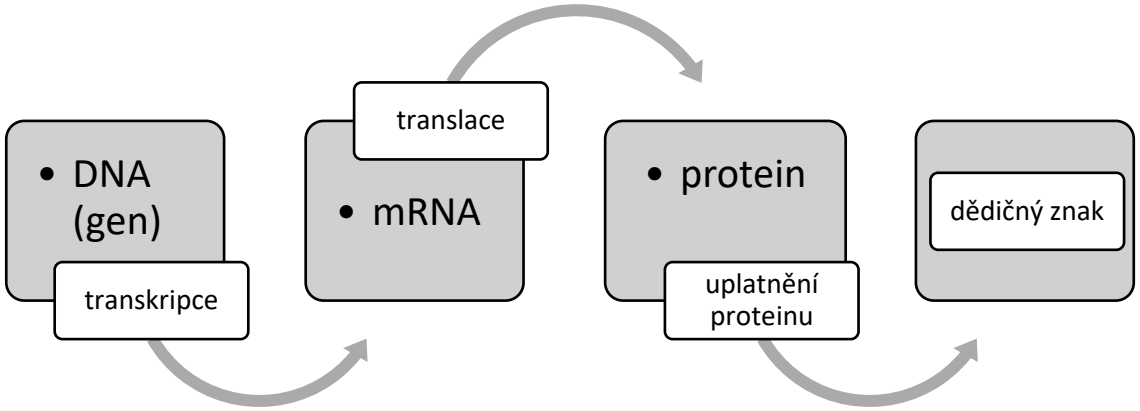
Všechny nemediátorové RNA (tRNA, rRNA) jsou konečným produktem RNA kódujících genů. Základní součástí proteosyntézy jsou ribozomy, které se skládají z dvou jednotek rRNA a proteinů (malé - 1 jednotka rRNA, a velké - 3 jednotky rRNA). Funkce ribozomů spočívá ve tvoření peptidových vazeb mezi aminokyselinami a čtením mRNA. Ribozom je tedy místem translace. Transferové RNA zprostředkovávají při syntéze bílkovin přenos genetické informace zakotvené na mRNA do ribozomů. Na Obr. 1.3 je znázorněn průběh syntézy proteinu od začátku transkripce až po translaci.



Obr. 1.3: Základní postup vzniku proteinu od začátku transkripce až po translaci, [19]

Proteosyntéza je proces tvorby nových aminokyselinových řetězců. K syntéze nového proteinu je zapotřebí mRNA, tRNA a rRNA, jak již bylo zmíněno. Proces předání informace z mRNA do proteinu se nazývá translace. Aminokyseliny a jejich pořadí je zakódováno pomocí tripletů nukleotidů, tzv. kodonů v mRNA. [19], [24]

Přenos a realizaci genetické informace popisuje centrální dogma na Obr. 1.4.



Obr. 1.4: Centrální dogma molekulární biologie, [26]

1.2. Genetický kód

Bylo prokázáno, že genetický kód je tripletový tzn. že, každá aminokyselina je kódována trojicí nukleotidů ze čtyř možných nukleotidů. Existuje tedy 43 všech možných kombinací kodonů, což je 64. Známých aminokyselin v organismu je pouze dvacet. Někdy se uvádí jako 21. aminokyselina selenocystein, která byla objevena v roce 1986. Z toho plyne, že aminokyselina může být kódována větším množstvím tripletů. Naopak každému kodonu přísluší pouze jedna aminokyselina. [19], [22]

Genetický kód je degenerovaný. Triplety UGA, UAA a UAG nekódují žádnou aminokyselinu, inicializují terminaci translace a jedná se o tzv. terminační kodony. Triplet UGA je výjimkou, v některých případech kóduje již zmíněnou aminokyselinu selenocystein (Sec). Počet tripletů přiřazených k aminokyselinám je 61 (se selenocysteinem 62), nazývají se smyslné (sense) kodony. Další unikátní triplet je AUG, který kóduje metionin a jehož funkcí je inicializace translace. Nazývá se také inicializačním kodonem. Pokud se metionin vyskytuje v podobě inicializačního kodonu, nachází se v upraveném stavu. Později je tento metionin odstraněn z polypeptidového řetězce. V některých případech mohou kodony CUG a UUG zastoupit funkci inicializačního kodonu. Triplety, které kódují totožnou aminokyselinu se označují jako synonymní (např. UUA a CUC kódují leucin). [19], [23], [25]

Genetický kód pro geny z nukleární (jaderné) DNA je univerzální pro prokaryota i eukaryota (pouze pár výjimek). Kód je označován jako originální nebo standartní. Dané pravidlo platí i pro chloroplasty v rostlinných buňkách. Avšak mitochondriální genom se vyznačuje malými odchylkami od standartního kódu. Univerzální genetický kód je znázorněn v Tab. 1.1. [19]

Tab. 1.1: Standartní genetický kód, [19]

Kodon	aminokyselina	Kodon	aminokyselina	Kodon	aminokyselina	Kodon	aminokyselina
UUU	fenylalanin (Phe)	UCU	serin (Ser)	UAU	tyrosin (Tyr)	UGU	cystein (Cys)
UUC	fenylalanin (Phe)	UCC	serin (Ser)	UAC	tyrosin (Tyr)	UGC	cystein (Cys)
UUA	leucin (Leu)	UCA	serin (Ser)	UAA	STOP	UGA	STOP
UUG	leucin (Leu)	UCG	serin (Ser)	UAG	STOP	UGG	tryptofan (Trp)
CUU	leucin (Leu)	CCU	prolin (Pro)	CAU	histidin (His)	CGU	arginin (Arg)
CUC	leucin (Leu)	CCC	prolin (Pro)	CAC	histidin (His)	CGC	arginin (Arg)
CUA	leucin (Leu)	CCA	prolin (Pro)	CAA	glutamin (Gln)	CGA	arginin (Arg)
CUG	leucin (Leu)	CCG	prolin (Pro)	CAG	glutamin (Gln)	CGG	arginin (Arg)
AUU	izoleucin (Ile)	ACU	threonin (Thr)	AAU	asparagin (Asn)	AGU	serin (Ser)

AUC	izoleucin (Ile)	ACC	threonin (Thr)	AAC	asparagin (Asn)	AGC	serin (Ser)
AUA	izoleucin (Ile)	ACA	threonin (Thr)	AAA	lysin (Lys)	AGA	arginin (Arg)
AUG	methionin (Met)	ACG	threonin (Thr)	AAG	lysin (Lys)	AGG	arginin (Arg)
GUU	valin (Val)	GCU	alanin (Ala)	GAU	k. asparagová (Asp)	GGU	glycin (Gly)
GUC	valin (Val)	GCC	alanin (Ala)	GAC	k. asparagová (Asp)	GGC	glycin (Gly)
GUA	valin (Val)	GCA	alanin (Ala)	GAA	k. glutamová (Glu)	GGA	glycin (Gly)
GUG	valin (Val)	GCG	alanin (Ala)	GAG	k. glutamová (Glu)	GGG	glycin (Gly)

Mitochondriální genetický kód se může pro různé třídy živočichů více či méně odlišovat. Genetický kód obsažený v mitochondriích obratlovců obsahuje následující odlišnosti. Ve standartním kódu je triplet UGA terminačním kodonem, ale v mitochondriálním kódu obratlovců tento triplet zastupuje tryptofan. Kodony AGA a AGG namísto aminokyseliny arginin kódují terminační kodony. Metionin v mitochondriích není kódován pouze tripletem AUG, ale připadá mu i triplet AUA. Odlišnosti jsou zobrazeny v Tab. 1.2. Mitochondriální genetický kód bezobratlých se ne vždy shoduje s mitochondriálním kódem obratlovců. Liší se například sumky (ascidiacea), ostnokožci (echinoderm), kvasinky, rostliny a prvoci (protozoa). [3]

Tab. 1.2: Rozdíly mezi mitochondriálním kódem obratlovců a standartním genetickým kódem, [7]

kodon	standartní gen. kód	mitochondriální gen. kód
AUA	Ile	Met
UGA	STOP	Trp
AGA	Arg	STOP
AGG	Arg	STOP

Genetický kód obsažený v mitochondriích sumek se podobně jako mitochondriální genetický kód obratlovců odlišuje ve čtyřech kodonech. Patří sem kodony AGA a AGG, které v obou případech nezastupují arginin, ale glycin. Dále se liší kodon AUA v tomto případě přepisovaný na metionin nikoliv na izoleucin, a posledním odlišným tripletem je UGA, který představuje aminokyselinu tryptofan, nikoli terminační kodon. Rozdíly jsou znázorněny v Tab. 1.3. [7]

Tab. 1.3: Rozdíly mezi standartním genetickým kódem a mitochondriálním gen. kódem sumek, [7]

kodon	standartní gen. kód	mitochondriální gen. kód
AGA	Arg	Gly
AGG	Arg	Gly
AUA	Ile	Met
UGA	Trp	STOP

Rozdílnosti mezi standartním a mitochondriálním kódem ostnokožců, viz Tab. 1.4, jsou opět ve čtyřech tripletech. Jedná se o triplety AAA, AGA, AGG a UGA. Kde translace kodonu AAA vede k vzniku asparaginu, nikoliv lysinu. Dále triplety AGA a AGG se přepisují na serin namísto argininu. Nakonec triplet UGA nekóduje terminační kodon, ale tryptofan.[7]

Tab. 1.4: Rozdíly mezi standartním kódem a mitochondriálním gen. kódem ostnokožců, [7]

kodon	standartní gen. kód	mitochondriální gen. kód
AAA	Lys	Asn
AGA	Arg	Ser
AGG	Arg	Ser
UGA	STOP	Trp

Nejvíce se od standartního kódu odlišuje mitochondriální genom kvasinek. Změny jsou v následujících tripletech: AUA, CUU, CUC, CUA, CUG a UGA. Kodon AUA kóduje aminokyselinu metionin. Skupina tripletů CUU, CUC, CUA a CUG kóduje místo leucinu, threonin. Poslední triplet UGA kóduje tryptofan. Následující kodony v mitochondriálním genomu kvasinek zcela chybí. Jedná se o kodony CGA a CGC, které ve standartním kódu představují triplety pro arginin.

Kvasinky rodu *Candida* se od standartního kódu odlišují pouze kodonem CUG. V případě *Candida* se triplet překládá na serin, namísto leucinu. Rozdíly mitochondriálního genetického kódu kvasinek a kvasinek rodu *Candida* jsou znázorněny v Tab. 1.5. [7]

Tab. 1.5: Rozdíly mezi standartním kódem a mitochondriálním gen. kódem kvasinek, [7]

kodon	standartní gen. kód	mitochondriální gen. kód
AUA	Ile	Met
CUU	Leu	Thr
CUC	Leu	Thr
CUA	Leu	Thr
CUG	Leu	Thr
UGA	STOP	Trp
triplety chybějící v mitochondriálním gen. kódu kvasinek		
CGA	Arg	absence
CGC	Arg	absence
kvasinky rodu *Candida*		
CUG	Leu	Ser

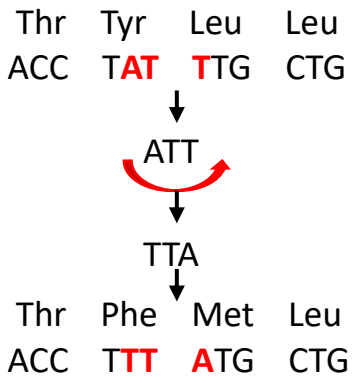
Triplet CCG v mitochondriích rostlin před translací prochází procesem zvaným RNA editace (z ang. RNA editing). Před translací se C změní na U ve vzniklé mRNA a přemění se na kodon UGG, který kóduje aminokyselinu tryptofan. [19]

1.3. Genomové mutace

Mutace je dědičná změna v genotypu organismu. K mutacím dochází spontánně (bez vnějšího zásahu), vyskytují se s nižší frekvencí, nebo je možné je vyvolat působením mutagenů, tzv. indukovaná mutace. Obvykle mutace postihují pouze malé části genetické informace buňky. Působení mutagenů na buňku zvyšuje šanci vyvolaní mutace. Mutageny mohou být biologické, chemické anebo fyzikální povahy. Změna genetické informace může mít za následek morfologické, fyziologické a biochemické změny v buňce. [19], [22], [24]

Změny genetické informace způsobené mutacemi mají za následek variabilitu genomu jedinců jednoho druhu, což je základní podmínkou evoluce. Mutace je hlavním „motorem“ evoluce, zapříčiňují genetickou diverzitu a různorodost genetické informace. [8], [20]

Genová mutace mění část genetické informace uložené na vláknech DNA. Dochází-li ke změně pouze jedné báze na určitém místě, jedná se o bodovou mutaci. K mutacím dochází v celé délce DNA, tedy v intronech i v exonech. Introny však podléhají změnám s větší frekvencí, oproti exonům. Mutace lze rozdělit podle jejich mechanizmů na inzerce, delece, substituce, inverze. Inzerci a deleci můžeme dále zařadit do posunových mutací, protože pokud dojde k jedné z těchto změn, změní se počet nukleotidů v řetězci oproti původní sekvenci a dojde k posunu čtecího rámce. Inverze se projevuje vyštěpením části řetězce nukleotidů, následně se tato část převrátí a znovu se zakomponuje do sekvence. Příklad inverze je znázorněn na Obr. 1.5. Inverze společně s delecí a inzercí postihují jeden nebo větší počet nukleotidů v řetězci. [1], [9], [19]



Obr. 1.5: Inverze nukleotidového řetězce, [19]

1.3.1. Posunové mutace

Posunové mutace způsobují změny délky postižených úseků DNA, z důvodu změn počtů přítomných nukleotidů. Jedná se o inzerce či delece. Pokud dojde k inzerci či deleci celého tripletu do peptidového řetězce přibude, resp. ubyde aminokyselina. Když proběhne inzerce nebo delece jednoho nebo dvou nukleotidů, výsledný protein je zcela odlišný od původního viz Tab. 1.4 a Tab. 1.5.

V prvním příkladu (Tab. 1.4) došlo v druhém kodonu na třetí pozici k inzerci C. Od druhého kodonu se celý čtecí rámec posunul směrem doprava. Došlo ke dvěma nesynonymním změnám a poslední báze byla vytěsněna do následujícího tripletu, a protože obsahuje pouze jednu bázi, nedochází k translaci do nové aminokyseliny. [1], [19], [26]

Druhý příklad (Tab. 1.5) znázorňuje deleci ve třetím kodonu na druhé pozici. Za pozicí postiženou delecí se posune čtecí rámec. Poslední kodon ztratí nukleotid na třetí pozici, a proto nedojte k jeho translaci. Může dojít i k předčasné terminaci translace, pokud se mutovaný triplet změní na jeden z terminačních kodonů a dojde k nesmyslné mutaci. Posunové mutace vznikají kvůli chybám při replikaci DNA sekvencí. [1], [19], [23], [26]

Tab. 1.6: Příklad inzerce jednoho nukleotidu, [19]

Thr	Tyr	Leu	Leu	
ACC	TAT	TTG	CTG	
↓ **+ C**				
ACC	TAC	TTT	GCT	→ G - -
Thr	Tyr	**Phe**	**Ala**	

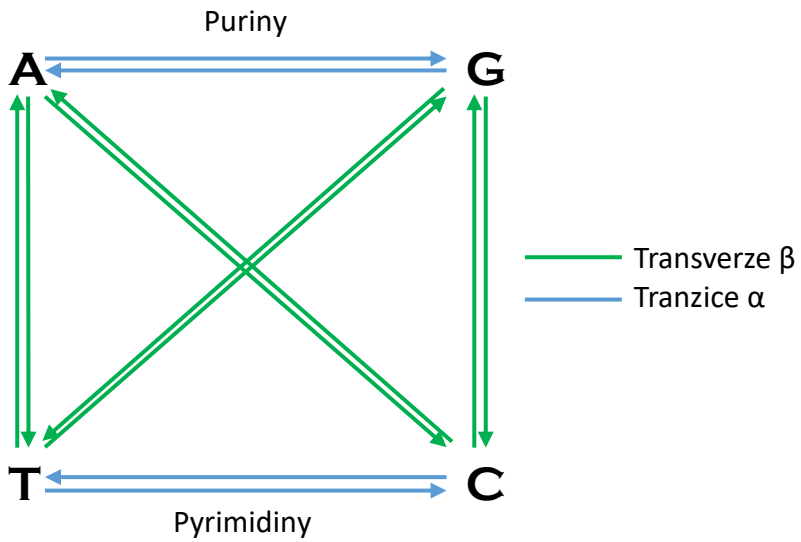
Tab. 1.7: Příklad delece jednoho nukleotidu, [19]

Thr	Tyr	Leu	Leu
ACC	TAT	TTG	CTG
↓ **- T**			
ACC	TAT	TGC	TG-
Thr	Tyr	**Cys**	

1.3.2. Substituční mutace

Substituce je změna jednoho nebo více nukleotidů za jiný. Substituční mutaci je možné dále dělit na tranzici či transverzi. Pokud dojde k záměně purinu za purin (A za G a G za A) nebo pyrimidinu za pyrimidin (T za C a C za T), hovoříme o tranzici. V případě záměny purinu za pyrimidin a naopak (A za T, A za C, G za T, G za C) nebo (T za A, T za G, C za A, C za

G), se jedná o transverzi. Tranzice a transverze jsou znázorněny na Obr. 1.6. K tranzici dochází v DNA s větší četností než k transverzi. S pravděpodobností výskytu tranzice nebo transverze počítá dvou-parametrický model Kimura (K80), vytvořen Motoo Kimurou v roce 1980. [14], [19], [24]



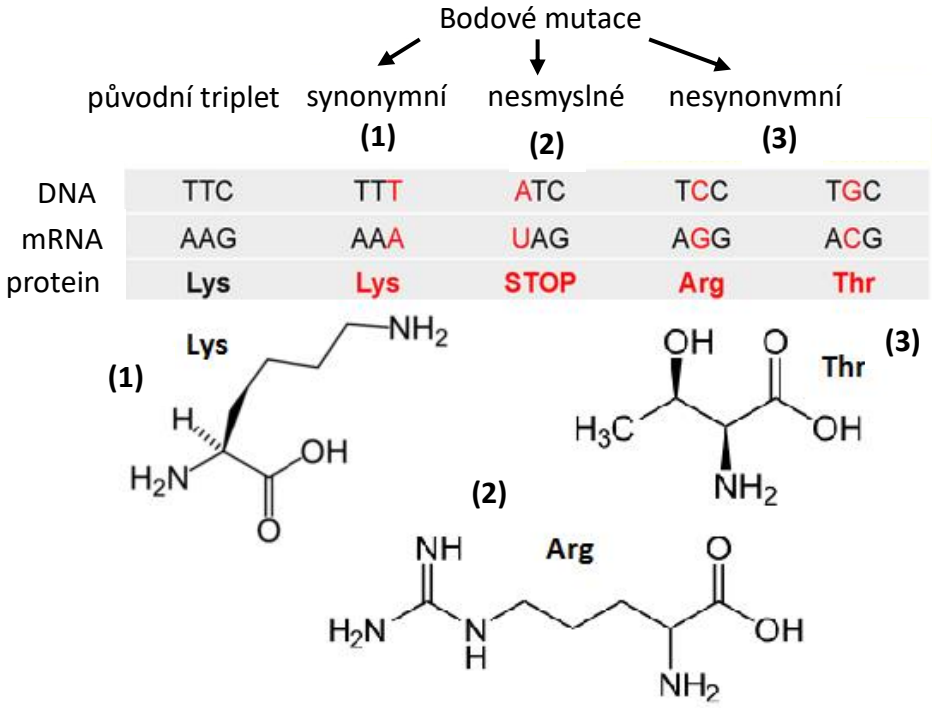
Obr. 1.6: Substituční mutace, [19]

Substituce v kódujících genech proteinu, které ve výsledku nezmění konečnou aminokyselinu se označují synonymní neboli tiché (*silent*) substituce, zatímco ty, které způsobí změnu výsledné aminokyseliny, se nazývají nesynonymní substituce. Poslední skupinou jsou substituce, při kterých vzniká terminační kodon, takové se označují jako nesmyslné (*nonsense*) mutace. Synonymní, nesynonymní a nesmyslné bodové mutace pro mRNA kodon AAG jsou zobrazeny na Obr. 1.7. [19], [22], [23], [24]

K synonymní mutaci (1), Obr. 1.7, došlo na třetí pozici záměnou guaninu za adenin, a následně vznikl kodon AAA a konečným produktem je lysin. Stejně tomu je i v případě původního kodonu AAG. Při substituci uracilu za adenin na první pozici vznikne kodon UAG (AAG na UAG), který kóduje terminační kodon a jedná se o nesmyslnou mutaci (2), Obr. 1.7. V posledním případě vznikla mutace na druhé pozici záměnou guaninu za cytozin. Vzniklý kodon ACG kóduje aminokyselinu threonin. Původní kodon AAG kóduje aminokyselinu lysin, vzniklá substituce je nesynonymní (3), Obr. 1.7. [26]

Synonymní mutace se nejčastěji vyskytují v kodonech na třetí pozici, a v některých případech se synonymní mutace vyskytují na první nukleotidové pozici kodonu. Synonymní mutace jsou ve výsledku neviditelné, protože výsledný produkt - výsledný protein - je totožný s původním. Synonymní mutace mohou i ovlivnit strukturu mRNA a tím mohou

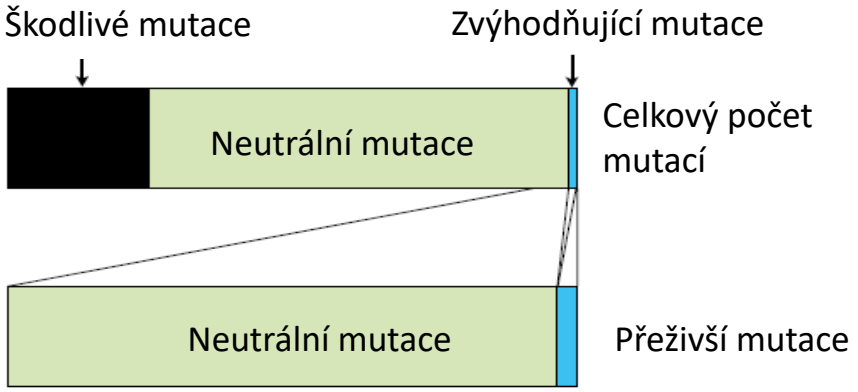
ovlivnit průběh translace. Pokud dojde k mutaci na druhé nukleotidové pozici v kodonu, jedná se vždy o nesynonymní či nesmyslnou mutaci. [22], [23]



Obr. 1.7: Rozdělení bodových mutací, [26]

1.4. Přirozená selekce

Přirozená (*natural*) selekce je úzce spjatá s působením mutací na genom organismů. V případě, že mutace způsobují nežádoucí změny, jedná se o škodlivé mutace. Pokud se v genomu organismu nakumuluje více škodlivých mutací anebo vzniknou vysoce škodlivé mutace, takto postižený genom vlivem přirozené selekce vymizí. [19] Eliminace škodlivých mutací se dle Kimury [14] nazývá negativní (purifikační) selekce.

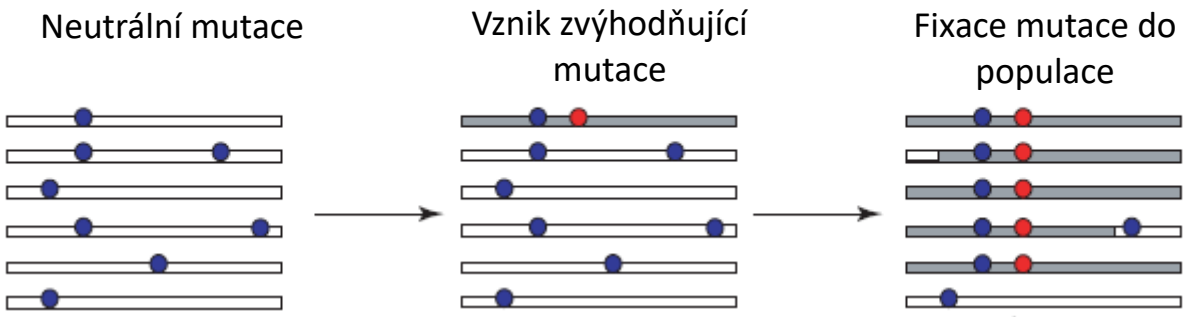


Obr. 1.8: Obecné schéma přenosu mutací do dalších generací, [24]

Většina mutací přirozeně vymizí. Mutace, které zůstanou přítomny v organismech jsou z většiny neutrální (nezpůsobují změny v genomu), jen velmi malý počet mutací s pozitivním přínosem pro svého nositele se udrží skrze přirozenou selekci. Charles Darwin s Alfredem R. Wallacem označili přirozenou selekci jako mechanismus evoluce, někdy je také nazývána jako „Darwinova“ selekce. Dnes nese dle Kimury (Kimura, 1968) [14] označení pozitivní selekce. Na Obr. 1.8 je zobrazeno zjednodušené schéma přenosu mutací do následujících generací. [5], [17]

1.4.1. Pozitivní selekce

O pozitivní selekci se jedná v případě, že mutace genu nevymizí vlivem purifikační selekce, ale přenese se do dalších generací a zůstane zachovaná v genomu. Jinak řečeno, vlivem pozitivní selekce do populace pronikají nové geny. Pozitivní selekci můžeme rozdělit na dvě skupiny, přímé (*directional*) selekce a rovnovážné (*balancing*) selekce. Pokud se objeví mutace, která je prospěšnější funkci než ostatní geny v populaci, je pravděpodobné, že se zastoupení tohoto mutovaného genu zvýší, a nakonec se zakomponuje do standartního genetického kódu organismů. Takto probíhá přímá selekce. V populaci se může vyskytovat více než jedna stejná alela. Pokud mezi mírou zastoupení všech verzí této alely působí jakási selekční rovnováha, mluvíme o balanční selekci. [2], [15], [24]



Obr. 1.9: Fixace zvýhodňující mutace do populace, [2]

1.4.2. Negativní selekce

Účelem negativní selekce je zabraňovat rozšíření vzniklých škodlivých mutací a tím zachovat kladné evoluční změny. Škodlivými mutacemi by se tyto pozitivní změny mohly ztratit. Negativní selekce je tedy velmi důležitá pro optimalizaci genetických vlastností, zaručuje, že se škodlivé mutace nerozšíří v populaci. [15], [24], [29]

1.5. Evoluční vzdálenost

Určení míry synonymních a nesynonymních substitucí je velmi důležité pro pochopení průběhu evoluce molekulárních sekvencí. Evoluční vzdálenost (selekční tlak) se vypočítá, jako poměr nesynonymních změn, které způsobují změnu konečné aminokyseliny, ku

synonymním změnám, které nemění výsledný produkt translace. Odhad evoluční vzdálenosti je popsán rovnicí (1.1). [34], [35]

$$\omega = \frac{d_N}{d_S} \tag{1.1}$$

kde ω je evoluční vzdálenost, dN je míra nesynonymních substitucí v porovnávaných nukleotidových sekvencích a dS je míra synonymních substitucí v porovnávaných nukleotidových sekvencích.

Hodnoty ω je možné rozdělit do tří skupin: $\omega > 1$, $\omega = 1$ a $\omega < 1$. Pokud je hodnota ω větší než jedna, došlo k pozitivní selekci v porovnávaném páru nukleotidových sekvencí a sekvence obsahují nové geny. K pozitivní selekci dochází, pokud porovnávané sekvence obsahují vyšší počet nesynonymních mutací než synonymních mutací. V případě, že je hodnota ω menší, než jedna dochází k purifikační selekci. K neutrální evoluci dochází, pokud je ω rovna jedné. [33], [34], [35], [36]

2. Metody pro výpočet synonymních a nesynonymních substitucí

Existuje několik metod pro výpočet synonymních (dS) a nesynonymních (dN) mutací. Obecně je možné je rozdělit do tří skupin. První skupina modelů počítá, jak ke změnám došlo (tzv. evoluční cesty). Do druhé skupiny spadají modely založené na Kimurově dvouparametrickém modelu. Poslední skupina zahrnuje metody založené na maximum likelihood s kodonovými substitučními modely. [33], [34]

Níže jsou popsány metody patřící do první skupiny.

2.1. Metoda Nei-Gojobori

Označuje se jako NG86. Jedná se o metodu založenou na evolučních cestách jednotlivých DNA sekvencí. Výpočet zahrnuje všechny možné evoluční cesty mezi každým párem tripletů, mezi dvěma DNA sekvencemi a také předpokládá pravděpodobnost změn všech nukleotidů.

Nejprve je zapotřebí vypočítat míru synonymní substituce, označovanou s. Výpočet probíhá podle rovnice (2.1). Synonymní substituce je taková, která nemění smysl původního kodonu, tj. nemění původní aminokyselinu. Jelikož se každý kodon skládá z trojice nukleotidů, je zapotřebí vypočítat možnost změny pro každou pozici nukleotidu, f_i. DNA se skládá ze čtyř různých nukleotidů (A, G, C, T). Z toho lze vyvodit, že jeden nukleotid je možné zaměnit za tři jiné nukleotidy. Počet synonymních mutací se dělí počtem nukleotidů, které nekódují terminační kodony. Počet nesynonymních změn n, se stanoví podle rovnice (2.2), pouze odečtením synonymních změn od všech možných kombinací. [9], [18], [19], [31]

$$s = \sum_{i=1}^{3} f_i \, , i = 1, 2, 3 \tag{2.1}$$

$$n = 3 - s \tag{2.2}$$

kde i je pozice nukleotidu v kodonu.

<u>Př.:</u> Výpočet s a n pro kodon AGA (Arg): kde $s = \frac{1}{2} + \frac{0}{3} + \frac{1}{3} = 0{,}833$. Na první pozici dochází k jedné synonymní substituci z A -> C, vznikne triplet CGA kódující aminokyselinu Arg a v případě změny A -> T vznikne terminační kodon TGA, (pokud při substituci vznikne terminační kodon, cesta se odečte). Druhá pozice obsahuje pouze nesynonymní změny a na třetí pozici dochází k jedné synonymní změně, a to z A -> G, vznikne AGG (Arg). Počet nesynonymních změn pro tento kodon je: $n = 3 - \frac{5}{6} = 2{,}167$.

Celková hodnota synonymních pozic S pro celou sekvenci se vypočítá jako suma hodnot s všech tripletů, viz rovnice (2.3), a celkový počet nesynonymních změn se vypočítá jako rozdíl délky sekvence a hodnoty S, viz rovnice (2.4). Při porovnávání dvou nebo více sekvencí se hodnoty S a N vydělí počtem sekvencí (pokud porovnáváme dvě sekvence, podělíme S a N dvěma). [18], [19], [31]

$$S = \sum_{j=1}^{r} s_j \tag{2.3}$$

$$N = 3C - \frac{S}{a} \tag{2.4}$$

kde j je pozice kodonu a C je celkový počet kodonů v sekvenci, a je celkový počet porovnávaných sekvencí.

Další krok výpočtu zaznamenává změny mezi kodony v první a v druhé DNA sekvenci na stejné pozici. Je nutné zjistit, ke kolika změnám došlo a jedná-li se o synonymní či nesynonymní mutaci. Počet všech možných cest $P(k)$, kterými mohl kodon první sekvence projít, aby se změnil na kodon druhé sekvence, se rovná počtu permutací změn v kodonech, viz rovnice (2.5). Ve všech cestách se zaznamená počet synonymních a nesynonymních změn a výsledné hodnoty se vydělí parametrem $P(k)$. V případě, že při mutaci v jedné z cest vznikne terminační kodon, tato cesta se nepočítá a celkový počet cest se sníží. Celková distance se vypočítá jako, poměr sumy distancí jednotlivých cest vzhledem k celkovému počtu cest. Celková distance synonymních změn v kodonu se označuje s_d a nesynonymních změn n_d. Konečná hodnota synonymní vzdálenosti S_d, resp. nesynonymní vzdálenosti N_d, pro celou sekvenci je suma všech parciálních vzdáleností s_d resp. n_d jednotlivých kodonů v DNA sekvenci, viz rovnice (2.6) a (2.7). [18], [31]

$$P(k) = k! \tag{2.5}$$

kde k je počet odlišných nukleotidových pozic ve dvojici kodonů.

$$S_d = \sum_{j=1}^{C} s_{dj} \tag{2.6}$$

$$N_d = \sum_{j=1}^{C} n_{dj} \tag{2.7}$$

kde j je j-tá pozice kodonu a C je počet kodonů v sekvenci.

<u>Př.:</u> Porovnávané kodony se liší na třech pozicích. Kodon 1. sekvence je TTG (Leu) a kodon 2. sekvence je AGA (Arg). P(3) = 3! = 6. Při změně na všech třech pozicích kodonu je 6 možných cest, jak k nim mohlo dojít.

1. TTG (Leu) > ATG (Met) > AGG (Arg) > AGA (Arg)
2. TTG (Leu) > ATG (Met) > ATA (Ile) > AGA (Arg)
3. TTG (Leu) > TGG (Trp) > AGG (Arg) > AGA (Arg)

~~4. TTG (Leu) > TGG (Trp) > TGA (ter.) > AGA (Arg)~~

5. TTG (Leu) > TTA (Leu) > ATA (Ile) > AGA (Arg)

~~6. TTG (Leu) > TTA (Leu) > TGA (ter.) > AGA (Arg)~~

Cesty neobsahující terminační kodon jsou čtyři a obsahují 3 synonymní a 9 nesynonymních změn.

Výpočet s_d a n_d:

$$s_d = \frac{3}{4} = 0{,}75, \qquad n_d = \frac{9}{4} = 2{,}25$$

Proporcionální vzdálenost odpovídá viditelnému počtu substitucí. Hodnota proporcionální vzdálenosti synonymních pozic (p_s) a nesynonymních pozic (p_n) se počítá jako podíl synonymní S_d, resp. nesynonymní N_d vzdálenosti celé sekvence a celkového počtu synonymních S, resp. nesynonymních N pozic v sekvenci, viz rovnice (2.8) a (2.10). Variace výsledků se vypočítají podle rovnic (2.9) a (2.11). [9], [18], [19], [31]

$$p_s = \frac{S_d}{S} \tag{2.8}$$

s variancí výsledků

$$V(p_s) = \sum_{i=1}^{C} (s_{di} - p_s s_i)^2 / S^2 \tag{2.9}$$

resp.

$$p_n = \frac{N_d}{N} \tag{2.10}$$

s variancí výsledků

$$V(p_n) = \sum_{i=1}^{C} (n_{di} - p_n n_i)^2 / N^2 \tag{2.11}$$

2.1.1. Metoda Nei-Gojobori s využitím modelu Jukes-Cantor

Evoluční vzdálenost d je možné vypočítat z proporcionálních vzdáleností dle modelu Jukes-Cantor (JC). Model JC je modifikací Markovova evolučního modelu a předpokládá, že frekvence přechodů mezi nukleotidy je stejná. Pravděpodobnost mutací je znázorněna v Tab. 2.1. [13], [19]

Tab. 2.1: Matice míry substituce mezi nukleotidy pro jednoparametrický model Jukes-Cantor. [19]

nukleotidy	A	G	T	C
A	-3 α	α	α	α
G	α	-3 α	α	α
T	α	α	-3 α	α

C	α	α	α	-3 α

Výpočet evoluční vzdálenosti pomocí modifikované metody Nei-Gojobori modelem JC je znázorněn v rovnicích (2.12) a (2.13).

$$d_s = -\frac{3}{4} ln(1 - \frac{4}{3} p_s) \tag{2.12}$$

$$d_n = -\frac{3}{4} ln(1 - \frac{4}{3} p_n) \tag{2.13}$$

2.1.2. Modifikovaná metoda Nei-Gojobori

Metoda Nei-Gojobori počítá výskyt všech mutací se stejnou pravděpodobností, neodlišuje přítomnost tranzičních či transverzních změn. Aby se transverze a tranzice odlišili, je vhodné metodu Nei-Gojobori modifikovat. Modifikace probíhá použitím parametru *R*, který se rovná poměru počtu tranzicí a transverzí, viz rovnice (2.14). [18], [19], [31]

$$\frac{\alpha}{\alpha+2\beta} = \frac{R}{1+R} \tag{2.14}$$

kde α a β jsou relativní četnosti tranzicí a transverzí.

V případě že $R > 0{,}5$, je počet synonymních pozic menší a počet nesynonymních pozic větší než udává základní metoda Nei-Gojobori.

Celkový počet synonymních substitucí (S_R) a nesynonymních substitucí (N_R) v zarovnaných sekvencích rozšířený o parametr *R* lze vypočítat následovně dle rovnic (2.15) a (2.16).

$$S_R = \sum_{j=1}^{r} s_{Rj} \tag{2.15}$$

$$N_R = \sum_{j=1}^{r} n_{Rj} \tag{2.16}$$

kde s_{Rj} a n_{Rj} jsou hodnoty změn *j*-tého kodonu a *r* je počet porovnávaných párů kodonů.

<u>Př.:</u> Pokud dojde k záměně AGC (Ser) → GGC (Gly), jedná se o <u>synonymní mutaci</u> a výpočet je následovný:

$$N_R = \frac{R}{1+R} + 0 + 0$$

<u>Př.:</u> Pokud dojde ke změně TCC (Ser) → TTC (Phe), jedná se o <u>nesynonymní mutaci</u> a výpočet je následovný:

$$S_R = 0 + \frac{R}{1+R} + 0$$

Výpočet proporcionálních distancí p_S a p_N je znázorněn viz rovnice (2.17) a (2.18).

$$p_S = \frac{S_d}{S_R} \tag{2.17}$$

$$p_N = \frac{N_d}{N_R} \tag{2.18}$$

2.2. Metoda Li-Wu-Luo

Metoda Li-Wu-Luo (LWL85) je dvouparametrická metoda, která počítá evoluční vzdálenost podle synonymních a nesynonymních mutací mezi dvěma porovnávanými sekvencemi. Metoda se opírá o dvouparametrický evoluční model Kimura. Model JC využívaný v předchozí metodě předpokládá se stejnou pravděpodobností mutace mezi všemi nukleotidy. Oproti tomu Kimura model zohledňuje pravděpodobnost mutace mezi purinovými a pyrimidinovými bázemi. Substituční změny se dělí na tranzici (α) a transverzi (β). K tranzičním změnám dochází s větší četností než k transverzím. Četnost purinů a pyrimidinů v sekvencích model zanedbává a pravděpodobnost výskytu všech nukleotidů je rovna 0,25 se stejnou pravděpodobností pracuje model JC. Přechod mezi nukleotidy je popsán v Tab. 2.2. [19]

Tab. 2.2: Matice míry substituce mezi nukleotidy pro dvouparametrický model Kimura, [19]

nukleotidy	A	G	T	C
A	- α-2 β	α	β	β
G	α	- α-2 β	β	β
T	β	β	- α-2 β	α
C	β	β	α	- α-2 β

Výpočet četnosti tranzice P je znázorněn viz rovnice (2.19) a výpočet transverze Q se vypočte dle (2.20). Kvůli času t, který je neznámý je nutné sloučit výpočty P a Q podle proměnných α a β viz rovnice (2.19). [16], [18]

$$P = \frac{1}{4}(1 - 2e^{-4(\alpha+\beta)t} + e^{-8\beta t}) \tag{2.19}$$

$$Q = \frac{1}{2}(1 - e^{-8\beta t}) \tag{2.20}$$

$$d = 2rt = 2\alpha t + 4\beta t = -\frac{1}{2}ln(1 - 2P - Q) - \frac{1}{4}ln(1 - 2Q) \tag{2.21}$$

kde t je čas, α je četnost tranzicí a β je četnost transverzí.

Metoda Li-Wu-Lou dělí nukleotidové pozice do třech tříd, nedegenerativní (z ang. *nondegenerate*), číselné označení $i = 0$, dvounásobně-degenerativní (*two-fold degenerative*), číselné označení $i = 2$ a čtyřnásobně-degenerativní (*four-fold degenerative*), číselné označení $i = 4$. Metoda, na rozdíl od metody NG86, počítá i s terminačními kodony. Zařazuje je do nesynonymních substitucí, a proto nesynonymní evoluční vzdálenost d_N vychází vyšší. Pravděpodobnost vzniku terminačního kodonu je cca 4 %. Čtyřnásobně-degenerativní nukleotidová pozice je taková, kde všechny možné změny jsou synonymní. Pravidlo splňuje většina substitucí na třetí pozici kodonu. Pozice je dvounásobně-degenerativní, pokud je alespoň jedna substituce synonymní a zároveň alespoň jedna změna nesynonymní. Poslední třída je nedegenerativní, patří do ní všechny pozice, které jsou buďto nesynonymní nebo nesmyslné (např. druhá pozice všech kodonů). Celkové hodnoty tříd L_i, kde i je označení třídy ($i = 0, 2, 3$), získáme určením tříd pro všechny pozice v kodonech v porovnávaných sekvencích. Na každé pozici zaměníme nukleotidy v kodonu za zbylé tři nukleotidy a sledujeme výslednou aminokyselinu. Třídu, do které změna patří, zvětšíme o jedna. K získání průměrné hodnoty L_i se vydělí počtem porovnávaných sekvencí. [16]

Př.: Rozdělení do tříd pro kodon CUA (Leu)

První pozice je dvounásobně-degenerativní L_2:

AUA (Met)

GUA (Val)

UUA (Leu)

Druhá pozice je nedegenerativní L_0:

CAA (Glu)

CGA (Arg)

CCA (Pro)

Třetí pozice je čtyřnásobně-degenerativní L_4:

CUG (Leu)

CUC (Leu)

CUU (Leu)

Následně porovnáme obě sekvence, kodon po kodonu a zaznamenáme každý rozdíl jako tranzici nebo jako transverzi. Hodnoty P_i a Q_i odpovídají počtu zaznamenaných tranzic a tranzičních a treanverzních změn vydělených příslušnou hodnotou L_i, na které se změna právě nachází. [16], [24]

Př.: Porovnávané sekvence TTT CTA a TCT CTG. V první sekvenci je první a druhá pozice nedegenerativní a třetí pozice je dvounásobně-degenerativní. Druhý kodon první

sekvence (CTA) má první pozici dvounásobně-degenerativní, druhá pozice je nedegenerativní a třetí pozice je čtyřnásobně-degenerativní.

Hodnoty L_i pro první sekvenci: $L_0 = 2 + 1 = 3$, $L_2 = 1 + 1 = 2$, $L_4 = 0 + 1 = 1$

Obdobně vypočítáme hodnoty L_i i pro druhou sekvenci: $L_0 = 3$, $L_2 = 1$, $L_4 = 2$

Průměrné hodnoty jsou: $L_0 = (3 + 3)/2 = 3$, $L_2 = 1{,}5$, $L_3 = 1{,}5$

Mezi kodony TTT a TCT je tranziční změna na nedegenerativní pozici. Mezi kodony CTA a CTG je také tranziční změna, ale na čtyřnásobně-degenerativní pozici. Proto $P_0 = 1/3$ a $P_4 = 1/1{,}5$. Ostatní hodnoty P_i a Q_i jsou rovny 0.

Použitím metody Kimura předpokládáme, že tranziční a transverzální míry substituce jsou α_i a $2\beta_i$ substituce (α_i and $2\beta_i$ substitutions per ith type site per unit time). Parametr A_i

Následně vypočítáme hodnoty A_i a B_i, dle rovnic (2.22) a (2.23) Hodnota A_i se rovná počtu tranzičních změn podle rozdílu četnosti tranzic a transverzí *i*-té třídy, aproximováno modelem Kimura viz rovnice (2.24). Obdobně hodnota B_i odpovídá počtu transverzí *i*-té třídy viz rovnice (2.25). Po úpravě rovnic získáme výsledné rovnice (2.26) a (2.27). [16], [18]

$$A_i = \frac{1}{2} ln(a_i) - \frac{1}{4} ln(b_i) \tag{2.22}$$

$$B_i = \frac{1}{2} ln(b_i) \tag{2.23}$$

kde

$$a_i = \frac{1}{1-2P_i-Q_i} \tag{2.24}$$

$$b_i = \frac{1}{1-2Q_i} \tag{2.25}$$

Po úpravě

$$A_i = -\frac{1}{2} ln(1 - 2P_i - Q_i) + \frac{1}{4} ln(1 - 2Q_i) \tag{2.26}$$

$$B_i = -\frac{1}{2} ln(1 - 2Q_i) \tag{2.27}$$

Konečný výpočet evoluční vzdálenosti pro synonymní *dS* a nesynonymní *dN* substituce je znázorněn v rovnici (2.28) a (2.29). [16]

$$d_S = 3(L_2A_2 + L_4(A_4 + B_4))/(L_2 + L_4) \tag{2.28}$$

$$d_N = 3(L_0(A_0 + B_0) + L_2B_2)/(2L_2 + 3L_0) \tag{2.29}$$

Využití metody Li-Wu-Luo je vhodné pro dlouhé sekvence s více jak sto kodony a nízkou odlišností. Pokud splníme tyto předpoklady, získáme výsledky podobné jako u

metody Nei-Gojobori plus získáme informace o tranzičních a transverzálních změnách. Pokud ale porovnáme kratší, výrazně odlišné sekvence, dostaneme velmi odlišné výsledky od reálných, kvůli chybovosti výpočtů a_i a b_i. [16], [33]

2.3. Další metody

Výpočet evoluční vzdálenosti je možné provést dalšími metodami. Jedná se o metody Pamilo-Bianchi-Li, Comeron, Kumar.

2.3.1. Pamilo-Bianchi-Li metoda

Problém, s kterým se metoda Li-Wu-Luo (LWL85) potýká, je zavádění chyb do výsledků, při výpočtu tranzičních a transverzních substitucí.

Metoda LWL85 počítá s výskytem synonymních tranzičních změn pouze na dvounásobně-degenerativních a čtyřnásobně-degenerativních pozicích. Původní výpočet popsaných změn byl navržen jako vážený průměr $(L_2A_2 + L_4A_4)/(L_2 + L_4)$. Problém tkví v čtyřnásobně-degenerativních pozicích, protože obsahují nejen synonymní tranziční změny, ale vyskytují se v nich také synonymní transverzní změny. Celkový počet synonymních substitucí d_S se dle (2.30) metody Pamilo-Bianchi-Li vypočítá dle této rovnice. [19], [21]

$$d_S = \frac{L_2A_2+L_4A_4}{L_2+L_4} + B_4 \tag{2.30}$$

Obdobně se vypočítá počet nesynonymních změn d_N dle následující rovnice

$$d_N = A_0 + (L_0B_0 + L_2B_2)/(L_0 + L_2) \tag{2.31}$$

2.3.2. Metody Comeron a Kumar

Při dělení substitucí do nedegenerativní třídy, dvounásobně-degenerativní třídy a čtyřnásobně-degenerativní třídy dochází k chybám, pokud jsou přítomny triplety kódující izoleucin či arginin (třetí pozice izoleucinu je trojnásobně-degenerativní, ale v LWL85 se řadí do dvounásobně-degenerativní třídy). Obdobně tomu je u argininu. Stejná problematika je v metodě Pamilo-Bianchi-Li. Problém nastává v případě, že porovnávané sekvence jsou bohaté na aminokyseliny izoleucin a arginin (protamin P1 u savců je složen cca z poloviny aminokyselinami argininu). Comeron se snažil vyřešit tento problém zavedením dvou dvounásobně-degenerativních skupin *2S-fold* a *2V-fold*. Do první skupiny patří pozice, které obsahují jednu synonymní tranziční mutaci a dvě nesynonymní transverzní mutace a do druhé třídy patří pozice s jednou nesynonymní tranziční změnou a dvěma synonymními transverzními změnami. Použitím rozdělení dvounásobně-degenerativních pozic odstranilo některé nedostatky výpočtu metody LWL85, některé však stále přetrvaly. [4]

Kumar pro vyřešení této problematiky upravil původní metodu Pamilo-Bianchi-Li. Znovu rozdělil pozice nukleotidů na nedegenerativní, dvounásobně-degenerativní a čtyřnásobně-degenerativní. Poté rozdělil skupinu *2-fold* znovu na dvě podskupiny, na jednoduché *2-fold* pozice a komplexní *2-fold* pozice. Pod skupinu jednoduchých dvounásobně-degenerativních pozic zařadil pozice, které obsahují jednu tranziční změnu, která je synonymní a dvě transverzní změny vytvářející nesynonymní substituce nebo nesmyslné substituce. Do komplexní skupiny se řadí všechny ostatní dvounásobně-degenerativní pozice (patří sem i izonukleocin). [4]

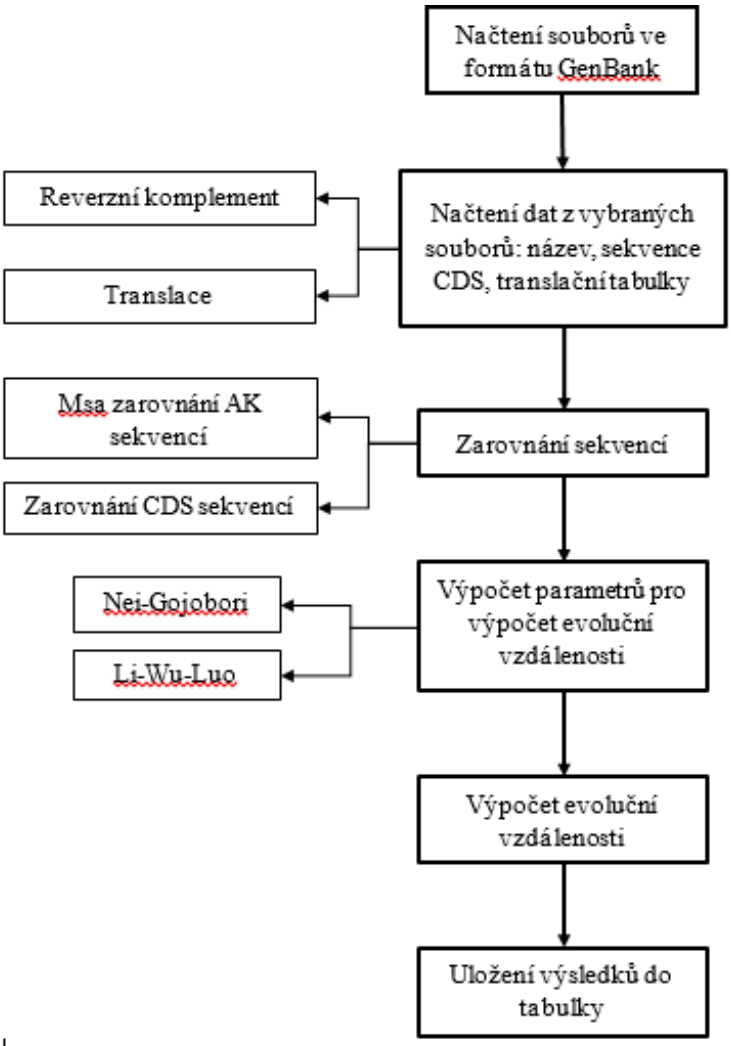
3. Zpracování genetických sekvencí v prostředí RStudio

Analýza mitochondriálního genomu se provádí v programovém prostředí *RStudio*. Byla vytvořena knihovna funkcí, která umožňuje zpracování a následovnou analýzu vstupních dat. Aby byla data správně zpracována a analyzována, je nutné mít v *RStudiu* nainstalované následující knihovny. Čtení souborů ve formátu *GenBank* (*gbk*) umožňuje knihovna `genbankr`, knihovna `Biostrings` obsahuje funkce pro translaci a další upravování genetického kódu. Vícenásobné zarovnání je umožněno knihovnou `msa` a poslední je knihovna `xlsx`, která umožňuje získaná data ukládat to tabulky formátu *xls*.

Hlavní problematikou bylo vytvoření funkcí, které vyhledávají v kodonech pozice postižené mutací. Vyhodnocují, jakými cestami k mutacím mohlo dojít a rozlišují, zda se jedná o synonymní či nesynonymní mutace. Dále vypočítají hodnoty synonymních a nesynonymních pozic v porovnávané sekvenci. Vypočítané hodnoty vstupují do rovnic pro výpočet pozitivní a negativní selekce dle teorie Nei-Gojoboriho (rovnice (2.8) a (2.10)).

Výpočet pozitivní a negativní selekce metodou Li-Wu-Luo je komplexnější. Pozice v kodonech je nutné rozdělit do tříd L_0, L_2, a L_4 dle množství synonymních a nesynonymních změn, ke kterým dojde při změně nukleotidu za ostatní nukleotidy. Při rozdělování pozic do tříd se zavedlo zjednodušení. [18], [36]

Průběh analýzy ilustruje zjednodušené schéma na Obr. 3.1.



Obr. 3.1: Obecné schéma vytvořených funkcí

3.1. Vstupní data

Do vytvořených funkcí vstupují data ve formátu *GenBank* (*gbk*), která obsahují veškerá důležitá data o organismu. Soubor *gbk* nese informace o názvu organismu, názvu genů v něm obsažených, kompletní DNA sekvenci, úseky sekvencí kódující proteiny, translační tabulku. Dále soubor obsahuje informaci, na jakém vlákně se sekvence pro gen nachází (primárním vlákně nebo na komplementárním vlákně).

Důležité je, aby analyzované sekvence obsahovali následující geny: ATP6, ATP8, COX1, COX2, COX3, CYTB, ND1, ND2, ND3, ND4, ND4L, ND5 a ND6. Je nevyhovující, aby některý z porovnávaných souborů tyto geny neobsahoval.

Funkce `grep` hledá stejné názvy genů mezi organismy. Nevýhodou funkce je vyhledávání „podřetězců“.

Př.: Pomocí funkce `grep` vyhledáváme mezi geny organismů gen ND4, avšak získáme pozice jak genu ND4, tak i genu ND4L.

3.2. Předzpracování sekvencí

Funkce `data_organismy.R` extrahuje ze souborů formátu *gbk* název organismu, názvy všech genů obsažených v souboru, DNA sekvenci, pozice začátků kódujících úseků, délky kódujících úseků a příslušnou translační tabulku.

Po načtení potřebných dat se k názvům genů uloží kódující úseky. V případě, že se jedná o informaci zapsanou na komplementárním vlákně, funkce `reverz_komplemen.R` přepíše celý úsek CDS.

Když se uloží sekvence genu, převede se pořadí nukleotidů na sekvenci aminokyselin. Pro translaci je důležitá již zmiňovaná translační tabulka, která obsahuje informace, na jaké aminokyseliny se triplety přeloží.

Po zapsání nukleotidových a aminokyselinových sekvencí všech organismů se aminokyselinové sekvence zarovnají. Vždy se zarovnávají sekvence stejných genů. Pro zarovnání je použit balíček `msa`. Při použití funkce `msa` vstupuje kromě sekvencí také příkaz `order = 'input'`, který zaručí, že zarovnané sekvence zůstanou ve stejném pořadí, v jakém vstupovali do funkce pro zarovnání.

3.3. Zarovnání sekvencí

Zarovnáváním sekvencí lze odhalit míru jejich podobnosti. Zarovnávají se nukleotidové sekvence i aminokyselinové sekvence. Velké množství analýz sekvencí pracuje pouze s vhodně zarovnanými sekvencemi. Podobnosti sekvencí lze rozlišit podle skóre, kterého při procesu zarovnávání dosáhly. Podobné sekvence dosáhnou vyššího skóre než sekvence méně podobné. [12], [28]

3.3.1. Zarovnání párů sekvencí

Pro zarovnávání různě dlouhých sekvencí se využívá lokálního nebo globálního zarovnání. Lokální zarovnání hledá shodné úseky (subsekvence) dvou porovnávaných sekvencí. Nezarovná sekvence od začátku do konce, pouze v podobných úsecích. Subsekvence se přestane dále zarovnávat, v případě že její skóre přesáhlo určenou hodnotu. Lokální zarovnání do sekvencí může vložit mezery (*gap*), stává se tak s nižší frekvencí než při globálním zarovnání. Využitím globálního zarovnání se porovnávané sekvence zarovnají od začátku do konce, pokud jsou sekvence výrazně odlišné nebo různě dlouhé (vlivem působení mutací: inzercí či delecí), mohou finálně zarovnané sekvence obsahovat velké množství mezer. Při srovnávání dvou velmi odlišných sekvencí globálním zarovnáním může být

konečné zarovnání chybné. Pro výpočet globálního zarovnání se využívá dynamického programování, např. Needleman-Wunschův algoritmus. Lokání zarovnání je vhodnější při porovnávání dvou odlišných sekvencí, které obsahují shodné úseky. Globální zarovnání se využívá pro porovnávání vzájemně ne příliš odlišných sekvencí. [12]

3.3.2. Mnohonásobné zarovnání sekvencí

Pro zarovnávání většího počtu sekvencí je navrženo velké množství nástrojů, např. *Custal*, *Muscle*. Do nástroje *RStudio* je vytvořen toolbox `msa` (z ang. *multi sequence alignment*), který umožňuje vícenásobné zarovnání nukleotidových či aminokyselinových sekvencí. Součástí algoritmů jsou výpočty pro metody *CLustalW* (Obr. 3.2), *ClustalOmega* a *MUSCLE*. [10], [28]

3.3.3. Průběh zarovnání

Po translaci nukleotidových řetězců na sekvence aminokyselin, je nutné je zarovnat. Pro zarovnání je využito mnohonásobné zarovnání sekvencí - *msa* (*multiple sequence alignment*). Metoda používá zarovnání dle *ClustalW*, *ClustalOmega* nebo *MUSCLE*. Vytvořená funkce používá pro zarovnání metodu *ClustalW*.

Nukleotidové sekvence se zarovnávají podle aminokyselinových sekvencí. Na pozicích bez mezer se přepíše odpovídající triplet. Pokud se v aminokyselinové sekvenci objeví mezera, vloží se do nukleotidové sekvence namísto tripletu tři mezery.

```
Cavia          -MFMINLLLLIIPILLAMAFLTLTER
Galeopterus    -MHTINTLSLIIPIMLAMAFLTLVER
Microtus       MVYFANILMLLVPVLIAMAFLTLVE-
                :.  * * *::*:::*******.*
```

Obr. 3.2: Zarovnání aminokyselinového řetězce pomocí nástroje *ClustalW*, [6]

3.4. Výpočet evoluční vzdálenosti

Cílem práce je vypočítat hodnoty evolučních vzdáleností vstupujících organismů. Do výpočtů vstupují zarovnané sekvence vždy stejného genu společně s translační tabulkou. Translační tabulka je zapotřebí pro správnou translaci při vytváření možných kombinací tripletů, potřebných pro výpočet evoluční vzdálenosti.

Při výpočtu se porovnávají vždy geny *i*-tého organismu s geny následujících organismů. Po porovnání *i*-tého organismu s ostatními se výpočet posune na následující organismus. Tímto způsobem výpočet pokračuje, dokud se neporovná předposlední organismus s posledním. Pro lepší znázornění je zobrazena část zdrojového kódu.

```
for(i in 1:(pocet-1)){
  ##načte i-tý organismus až po předposlední organismus
  p_genu = length(organismy[[i]][[1]]$gen)
  #počet genů v i-tém organismu
  names(x1)='Evoluční vzdálenost'
  for(k in (i+1):pocet){
    ##načte následující ogranismus (i+1) až po poslendí
    for(j in 1:p_genu){
      ##načte index pro j-tý gen
  pozice = grep(names(organismy[[i]][[1]]$gen[j]),
  names(organismy[[k]][[1]]$gen))
  #vyhledá stejný název genu s názvem j-tého genu
```

Jelikož je nutné porovnat všechny organismy mezi sebou a každý organismus obsahuje 13 genů, analýza je značně náročná, kvůli velkému množství mezi výpočtů.

Výstupními daty z funkce `Ev_data.R` je tabulka, která obsahuje hodnoty evolučních vzdáleností mezi všemi organismy, podle modelů Nei-Gojobori a Li-Wu-Luo. Pro tvorbu a uložení tabulky je nutné nainstalovat balíček *`xlsx`*. Do tabulky jsou také vloženy pro porovnání správnosti výpočtů hodnoty získané externími programy jako je např. PAML.

3.5. Porovnávání výsledků

Výsledky získané pomocí vytvořených funkcí se ve vzniklé tabulce porovnají s výsledky získanými nástroji pro určení přesnosti výpočtů ve vytvořených funkcích, které jsou popsány níže. Jedná se o nástroj PAML, který sdružuje modely pro výpočet evolučních vzdáleností.

V druhé části se analyzují sekvence posuvným oknem, kvůli odhalení pozitivních selekcí, které se při analýze celých sekvencí nemusí nutně projevit. Pokud pozitivní selekce postihuje pouze malou část analyzované sekvence je možné, že se ve výsledku neprojeví, protože ve zbylé části sekvence se již nevyskytují další části podléhající pozitivní selekci. Takovéto úseky je možné odhalit, právě pomocí plovoucích oken, které skenují sekvence po částech a umožňují odhalit takto skryté úseky podléhající pozitivní selekci. Vypočítané hodnoty se po analýze prezentují formou grafů a porovnávají se s výsledky získané metodami Nei-Gojobori a Li-Wu-Luo.

3.5.1. PAML

Nástroj *PAML* je balíček programů pro fylogenetickou analýzu DNA sekvencí a proteinových sekvencí. K analýze používá metody založené na maximum likelihood. Program se využívá pro porovnávání a hodnocení fylogenetických stromů. Hlavní předností

je velké množství evolučních modelů, které odhadují parametry pro evoluční modely. Součástí výpočtů je i odhad míry synonymních (d_S) a nesynonymních (d_N) substitucí mezi proteinovými řetězci i nukleotidovými řetězci a určení evoluční vzdálenosti (Darwinovu evoluci) mezi protein kódujícími DNA sekvencemi. Dále dokáží rekonstruovat geny a proteiny předků zkoumaných organismů a tím studovat geny již vyhynulých organismů. [35], [36]

Vstupní data pro nástroj PAML:

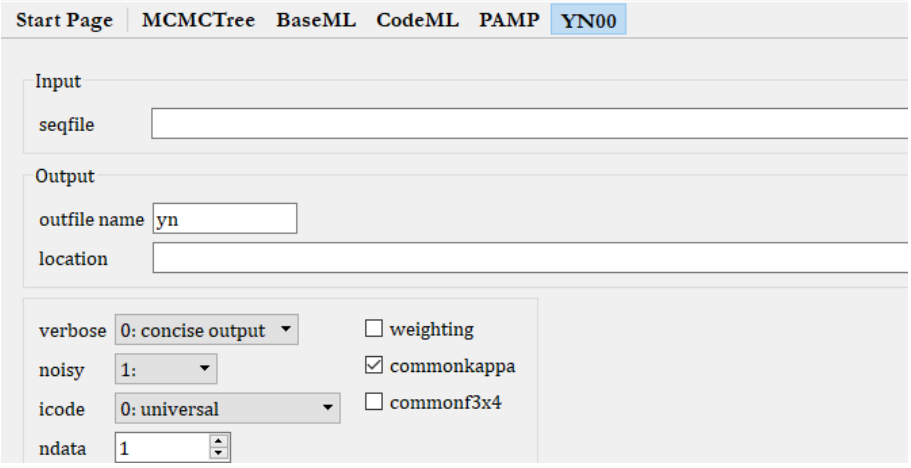
- zarovnané sekvence ve formátu *aa, nuc, nex*
- fylogenetický strom

```
3  60
1.H.sapiens
AACGAAAATCTGTTCGCTTCATTCATTGCCC
CCACAGTCCTAGGCCTACCCGCCGCAGTA
2.Chimpanzee
AACGAAAATCTATTCGCTTCATTCGCTGCCC
CCACAATCCTAGGCTTACCCGCCGCAGTA
3.gorila
AACGAAAATTTATTCGCTTCATTCATTGCCC
CCACAATCCTAGGCTTACCCGCCGCAGTA
```

Obr. 3.3: Příklad nuc formátu zarovnaných sekvencí pro PAML, [35]

Na Obr. 3.3 je ukázka zarovnání vloženého do nástroje PAML. První řádek reprezentuje počet porovnávaných sekvencí a druhé číslo udává délku sekvencí v nukleotidech v kodonech. Název organismu může mít maximální délku 30 znaků a neměl by obsahovat následující znaky: *, : # ( ) $ =*, mohlo by dojít k chybnému zpracování vstupních dat. Symbol @ ve jméně se používá pro přiřazení roku, kdy byla sekvence objevena, př.: prvok1@1993. Konec názvu sekvence se od sekvence samotné oddělí dvěma mezerami za sebou. [35], [36]

Před spuštěním analýzy je nutné program nastavit. Nastavení je zobrazeno na Obr. 3.4.



Obr. 3.4: Nastavení nástroje PAML

Do řádku *Input* se vkládá umístění souboru určeného k zpracování, *outfile name* pojmenuje výstupní soubor a *location* určuje, kam se má výstupní soubor uložit. Hodnota *verbose* dává na výběr, zda má být výstup stručný nebo obsáhlý. Hodnota *icode* obsahuje genetické kódy (0 - univerzální genetický kód, 1 - mitochondriální genetický kód obratlovců atd.).

3.5.2. Výsledky analýzy

První část výsledků je rozdělena na více skupin řádů živočichů, které obsahují šest různých zástupců stejné třídy z důvodu vysoké výpočetní náročnosti. Konkrétně se jedná čtyři skupiny obratlovců (kytovci, ryby, ptáci a sudokopytníci), a dvě skupiny bezobratlých (měkkýši a motýli). Je důležité, aby translace na aminokyseliny probíhala podle stejné translační tabulky u všech organismů v jedné skupině.

Výsledky získané z vytvořeného algoritmu jsou porovnávány s výsledky získanými vložením zarovnaných sekvencí do programu PAML.

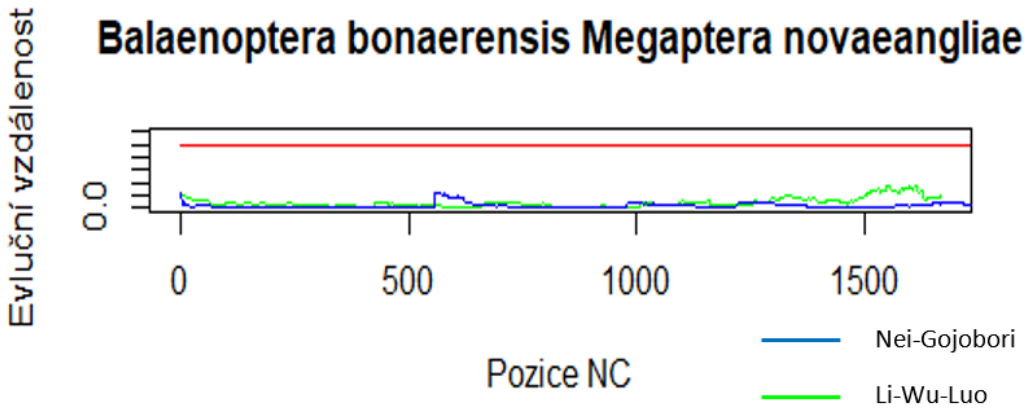
Získané výsledky pro třídu kytovců, pro gen ND5 jsou zobrazeny v Tab. 3.1.

Tab. 3.1: Hodnoty evolučních vzdáleností dle modelů NG86, LWL85 a programu PAML pro organismy živočišné třídy kytovců

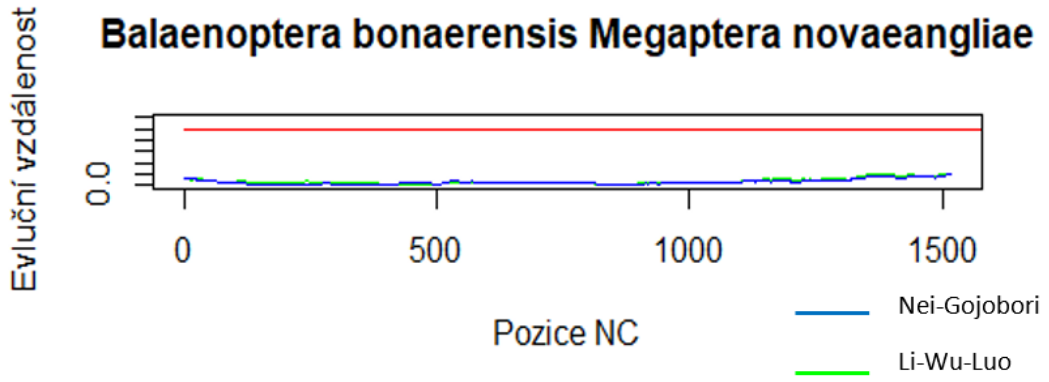
Evoluční vzdálenost	***Megaptera novaeangliae***	***Balaenoptera brydei***	***Eubalaena australis***	***Eubalaena japonica***	***Orcinus orca***
Balaenoptera bonaerensis	w	w	w	w	w
NG	0,0814	0,0842	0,0895	0,0828	0,2014
NGjc	0,0636	0,0665	0,0659	0,0609	0,1294
LWL	0,0454	0,0407	0,0343	0,0410	0,0489
NG PAML	0,0560	0,0569	0,0545	0,0516	0,1066
LWL PAML	0,0525	0,0532	0,0532	0,0509	0,1020
		Balaenoptera brydei	***Eubalaena australis***	***Eubalaena japonica***	***Orcinus orca***
	Megaptera novaeangliae	w	w	w	w
	NG	0,0834	0,0957	0,0866	0,1877
	NGjc	0,0678	0,0701	0,0632	0,1225
	LWL	0,3968	0,0365	0,0370	0,0416
	NG PAML	0,0629	0,0567	0,0530	0,1092
	LWL PAML	0,0593	0,0547	0,0453	0,1092
			Eubalaena australis	***Eubalaena japonica***	***Orcinus orca***
		Balaenoptera brydei	w	w	w
		NG	0,0810	0,0749	0,1692
		NGjc	0,0581	0,0537	0,0996
		LWL	0,0375	0,0398	0,0455
		NG PAML	0,0505	0,0469	0,0857
		LWL PAML	0,0489	0,0697	0,0868
	Eubalaena japonica	***Orcinus orca***		***Orcinus orca***	
Eubalaena australis	w	w	***Eubalaena japonica***	w	
NG	0,0757	0,1595	**NG**	0,1585	
NGjc	0,0734	0,0975	**NGjc**	0,0958	
LWL	0,0317	0,0475	**LWL**	0,0426	
NG PAML	0,0744	0,0897	**NG PAML**	0,0889	
LWL PAML	0,0501	0,0902	**LWL PAML**	0,0893	

Hodnoty evoluční vzdálenosti (ω) v tabulce Tab. 3.1, v žádném z případů nepřesahují hodnotu 1, proto lze konstatovat, že nedochází k pozitivní selekci. Vypočítané hodnoty pomocí vytvořeného modelu NG86 se výrazně liší od kontrolních hodnot získaných nástrojem PAML. Po použití korekce modelu NG86 modelem JC, se odchylka od hodnot získaných z PAML výrazně zmenšila. Hodnoty ω získané modelem LWL85 jsou velmi proměnlivé, z důvodu zavedení zjednodušení výpočtu. Pokud se v porovnávaných sekvencích nevyskytuje velké množství tripletů, které se liší dvěma nebo třemi nukleotidy, výsledek se příliš neliší od hodnot LWL PAML. Na druhou stranu, pokud se mezi sekvencemi hojně vyskytují kodony, lišící se na dvou nebo třech pozicích, vnáší se do výpočtu chyby, které se projeví ve výsledcích.

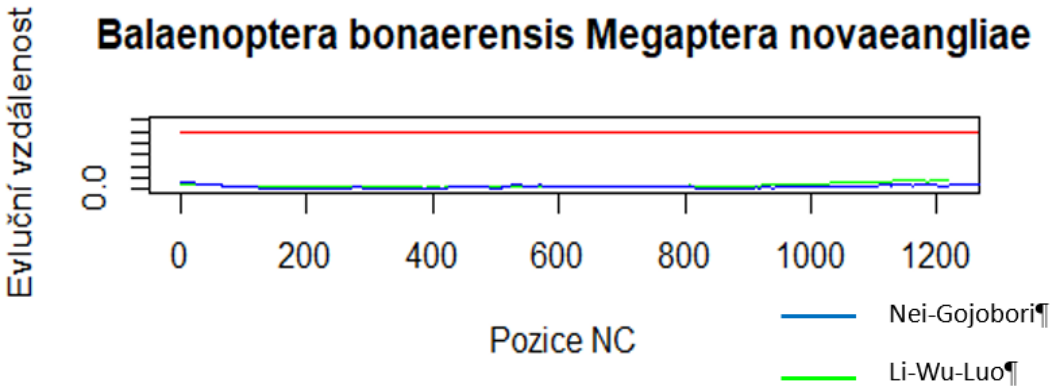
Obr. 3.5, Obr. 3.7 a Obr. 3.6 zobrazují výsledky analýzy páru organismů *Balaenoptera bonaerensis* (plejtvák jižní) a *Megaptera novaengliae* (keporkak) plovoucím oknem o délkách 50, 100 a 200 aminokyselin, resp. 150, 300 a 600 nukleotidů. Zeleně jsou znázorněny hodnoty modelu Li-Wu-Luo a modře jsou označeny hodnoty získané modelem Nei-Gojobori. Červená přímka označuje hodnotu evoluční vzdálenosti 1. Pokud hodnota na některé pozici překročí hranici $\omega = 1$, s největší pravděpodobností v okolí této pozice došlo k pozitivní selekci.



Obr. 3.5: Detekce pozitivní selekce plovoucím oknem 150 nc mezi *Balaenoptera bonaerensis* a *Megaptera novaengliae*, gen ND5



Obr. 3.7: Detekce pozitivní selekce plovoucím oknem 300 nc mezi *Balaenoptera bonaerensis* a *Megaptera novaengliae*, gen ND5



Obr. 3.6: Detekce pozitivní selekce plovoucím oknem 600 nc mezi *Balaenoptera bonaerensis* a *Megaptera novaengliae*, gen ND5

Na prvním obrázku (Obr. 3.5) jsou sekvence analyzovány plovoucím oknem o délce 50 aminokyselin (150 nukleotidů). Je zřejmé, že mezi porovnávanými sekvencemi nedošlo k pozitivní selekci, protože červená hranice nebyla překročena ani na jedné pozici v celé dálce sekvencí. Jediné, co je možné zpozorovat je nárůst hodnot detekovaný metodou NG86 okolo pozice 600 a dále nárůst v oblasti pozice 1500 detekovaný modelem LWL85.

Obr. 3.7 obsahuje hodnoty získané při použití plovoucího okna o délce 300 nukleotidů. Obdobně jako tomu je u prvního výpočtu, ani nyní jediná z hodnot nepřesáhla hodnotu evoluční vzdálenosti 1. Je vhodné tedy konstatovat, že ani v tomto případě se nedokázalo prokázat přítomnost pozitivní selekce. Oproti prvnímu výpočtu jsou hodnoty obou modelů velmi podobné po celé délce sekvencí a neobsahují žádné náhlé nárůsty.

Grafické znázornění výsledků za použití plovoucího okna o délce 600 nukleotidů (Obr. 3.6), také neodhalilo přítomnost pozitivní selekce. Hodnoty získané oběma modely jsou i tentokrát velmi podobné.

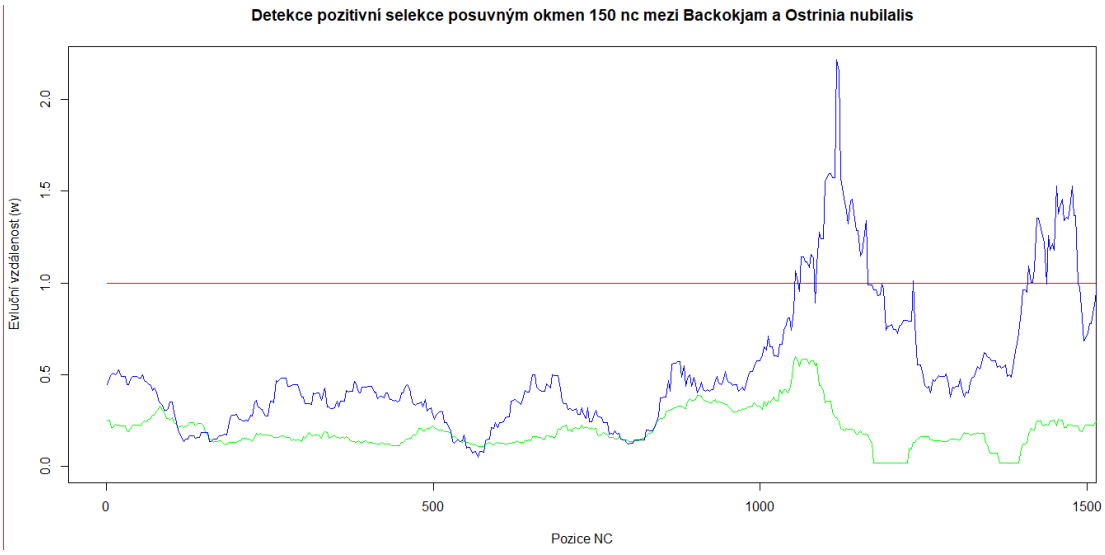
Po analýze genu ND5 organismů *Balaenoptera bonaerensis* a *Megaptera novaengliae* je možné konstatovat, že ani porovnávání celých sekvencí modely NG86 a LWL85 ani analýza pomocí posuvného okna neprokázaly přítomnost pozitivní selekce.

V následující Tab. 3.2 jsou uloženy hodnoty organismů, které patří do živočišné třídy motýlů, konkrétně se jedná o gen ND5. Hodnoty byly vypočítány pomocí vytvořených funkcí a pro porovnání jsou, obdobně jako u Tab. 3.1, přidány hodnoty z programového nástroje PAML.

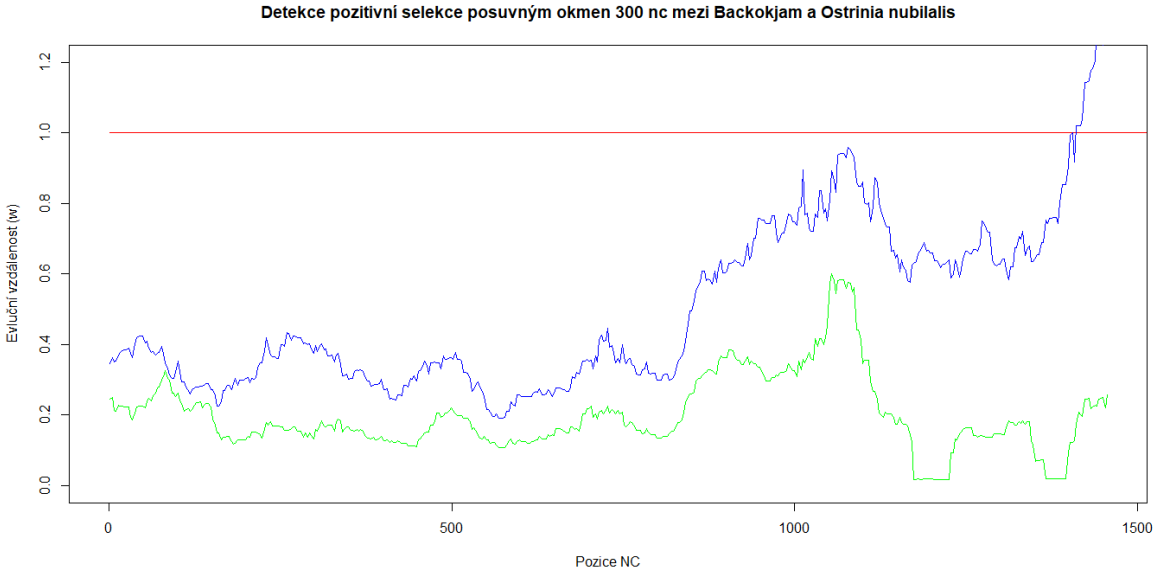
Tab. 3.2:Hodnoty evolučních vzdáleností dle modelů NG86, LWL85 a programu PAML pro organismy živočišné třídy motýlů

Evoluční vzdálenost	***Ostrinia nubilalis***	***Ostrinia furnacalis***	***Bombyx mandarina***	***Antheraea pernyi***	***Danaus plexippus***
Backokjam	w	w	w	w	w
NG	0,4800	0,5102	0,1014	0,3886	0,4535
NGjc	0,4227	0,4551	0,0924	0,3281	0,3787
LWL	0,0111	0,9695	0,3896	0,6523	0,1036
NG PAML	0,3923	0,4264	0,0845	0,2961	0,4018
LWL PAML	0,3553	0,3799	0,0828	0,2537	0,2870
		Ostrinia furnacalis	***Bombyx mandarina***	***Antheraea pernyi***	***Danaus plexippus***
	Ostrinia nubilalis	w	w	w	w
	NG	0,1254	0,4901	0,4157	0,5009
	NGjc	0,1220	0,4343	0,3610	0,4395
	LWL	0,0000	0,7012	0,7623	0,9958
	NG PAML	0,1200	0,4035	0,3291	0,4568
	LWL PAML	0,1135	0,3644	0,2833	0,3716
			Bombyx mandarina	***Antheraea pernyi***	***Danaus plexippus***
		Ostrinia furnacalis	w	w	w
		NG	0,5201	0,4330	0,5180
		NGjc	0,4667	0,3804	0,4593
		LWL	0,7181	0,8110	0,1001
		NG PAML	0,4391	0,3435	0,4932
		LWL PAML	0,3897	0,2886	0,3979
	Antheraea pernyi	***Danaus plexippus***		***Danaus plexippus***	
Bombyx mandarina	w	w	***Antheraea pernyi***	w	
NG	0,3626	0,4549	**NG**	0,4587	
NGjc	0,2977	0,3784	**NGjc**	0,3868	
LWL	0,5483	0,9187	**LWL**	0,9046	
NG PAML	0,2587	0,4025	**NG PAML**	0,3725	
LWL PAML	0,2309	0,3091	**LWL PAML**	0,2815	

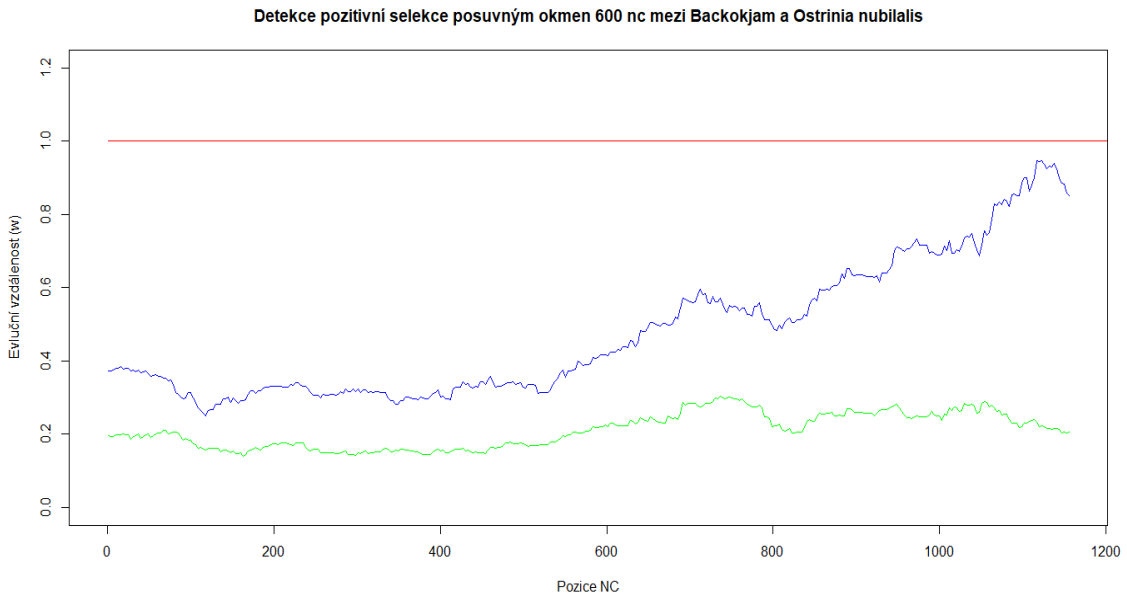
Dle hodnot z Tab. 3.2 je patrné, že ani v jediném případě nedochází k pozitivní selekci, jelikož ani jediná vypočítaná hodnota nepřesahuje hodnotu $\omega = 1$. V některých případech se hodnoty evoluční vzdálenosti k hranici blíží. Například při porovnávání *Ostrinia nubilalis* a *Danaus plexippus* je dosažená hodnota rovna 0,9958, jelikož se jedná o hodnotu získanou navrženým a zjednodušeným modelem LWL85 a výrazně se liší od ostatních vypočítaných hodnot, je velmi pravděpodobné, že výpočet je zkreslený zavedeným zjednodušením. To samé platí i pro ostatní hodnoty LWL85, které se výrazně odlišují od hodnot vypočítaných dle ostatních modelů.



Obr. 3.8: Detekce pozitivní selekce plovoucím oknem 150 nc mezi *Bombix mori* (Bacockjam) a *Ostrinia nubilalis*, gen ND5



Obr. 3.9: Detekce pozitivní selekce plovoucím oknem 300 nc mezi *Bombix mori* (Bacockjam) a *Ostrinia nubilalis*, gen ND5



Obr. 3.10: Detekce pozitivní selekce plovoucím oknem 600 nc mezi *Bombix mori* (Bacockjam) a *Ostrinia nubilalis*, gen ND5

Na Obr. 3.8 je detekována pozitivní selekce mezi organismem *Bombix mori* (bourec morušový) a *Ostrinia nubilalis* (zavíječ kukuřičný) pro gen ND5 pomocí plovoucího okna o délce 150 nukleotidů. Červená přímka značí hranici, která naznačuje přítomnost pozitivní selekce, pokud je hranice překročena. Na Obr. 3.8 je hranice překročena v okolí nukleotidů na pozici 1100, hodnota evoluční vzdálenosti dosahuje v těchto místech cca 2,1. Dále hodnota ω nabývá hodnoty cca 1,5 v okolí pozice 1400. Hodnoty ω, které překročili hodnotu $\omega = 1$, byly vypočítány modelem Nei-Gojobori. Na těchto pozicích pravděpodobně došlo k pozitivní selekci. Data získaná modelem LWL85 hodnotu $\omega = 1$ nepřesáhla v jediném případě, ale okolo pozice 1100 hodnota evoluční vzdálenosti dosahuje vyšších hodnot.

Obr. 3.9 zobrazuje analýzu genu ND5 mezi organismy *Bombix mori* (bourec morušový) a *Ostrinia nubilalis* (zavíječ kukuřičný). Sekvence jsou prohledávány oknem o délce 300 nukleotidů. Při použití plovoucího okna 300 nukleotidů výpočet dosahuje o poznání nižších hodnot v úsecích, ve kterých při použití plovoucího okna 150 nukleotidů překročil hodnotu $\omega = 1$. Pouze v okolí pozice 1400 hodnota ω překračuje hranici. Metoda LWL85, obdobně jako v prvním případě, nepřekročila hodnotu evoluční vzdálenosti větší než 1. Obě metody získávají nižší hodnoty, něž při použití okna zabírajícího 150 nukleotidů.

Detekce pozitivní selekce v genu ND5 mezi zástupci živočišné třídy motýlů *Bombix mori* a *Ostrinia nubilalis*, při použití okna dlouhého 600 nukleotidů, je zobrazena na Obr. 3.10. Hodnoty získané oběma modely (NG86 a LWL85) v žádné části sekvence nepřesahují hodnotu $\omega = 1$. Ke konci sekvence hodnoty ω získané modelem NG86 rostou a dosahují hodnoty ω cca 0,9. Výsledky získané použitím okna 600 neodhalili přítomnost pozitivní selekce.

Páry organismů, mezi kterými byla odhalena přítomnost pozitivní selekce jsou zobrazeny v Tab. 3.3.

Tab. 3.3: Páry organismů s přítomnou pozitivní selekcí

ATP6	*Cervus nippon centralis*	ND6	*Heterololigo bleekeri*
Cervus nippon yesoensis	w	*Cepaea nemoralis*	w
NG	1,0052	NG	1,0401
NGjc*	1,0052	NGjc*	1,0869
LWL	0,4951	LWL	0,9852
NG PAML	1,0365	NG PAML	0,9594
LWL PAML	1,0089	LWL PAML	1,1369
ATP8	*Heterololigo bleekeri*	COX1	*Cepaea nemoralis*
Albinaria caerulea	w	*Albinaria caerulea*	w
NG	1,3286	NG	1,4517
NGjc*	1,7324	NGjc*	2,7632
LWL	1,0945	LWL	0,9497
NG PAML	1,2045	NG PAML	1,3884
LWL PAML	0,0000	LWL PAML	1,3468
ATP8	*Danaus plexippus*		
Bombix mori	w		
NG	1,4955		
NGjc*	1,5848		
LWL	1,0511		
NG PAML	1,0047		
LWL PAML	2,3011		

** metoda NG86 s použitím korekce pomocí modelu Jukes-Cantor*

Přítomnost pozitivní selekce byla zjištěna u 16 párů organismů (z celkového počtu cca 1 170 porovnávaných sekvencí) pomocí vytvořených algoritmů. Výsledky těchto párů byly porovnány s výsledky získanými nástrojem PAML.

Pouze u pěti párů byla přítomnost pozitivní selekce potvrzena, viz Tab. 3.3. Jedná se o jeden pár sudokopytníků *Cervus nippon yesoensis* a *Cervus nippon centralis* selekce proběhla v genu ATP6. Hodnotu selekčního tlaku větší než 1 prolomily tři páry měkkýšů. Konkrétně to jsou *Cepaea nemoralis* a *Heterololigo bleekeri* (ND6), *Albinaria caerulea* a *Heterololigo bleekeri* (ATP8) a posledním párem je *Albinaria caerulea* a *Cepaea nemoralis* (COX1). Pátým párem, u kterého byl potvrzen výskyt pozitivní selekce, je *Bombix mori* a *Danaus plexippus* v genu ATP8.

Ostatní páry sekvencí mají hodnoty $\omega < 1$, to znamená, že mezi těmito sekvencemi došlo k negativní selekci.Toto zjištění potvrzuje předpoklad, že k pozitivní selekci dochází jen velmi zřídka oproti negativní selekci.

Vytvořený algoritmus pro výpočet metody LWL85 získává chybné hodnoty, pokud jsou porovnávané sekvence výrazně odlišné a obsahují větší zastoupení porovnávaných kodonů s dvěmi či třemi mutacemi, z důvodu zavedeného zjednodušení při výpočtu parametrů L_i, P_i, Q_i. Získané výsledky jsou obecně ovlivněny vysokou diverzitou porovnávaných sekvencí.

Veškerá data evolučních vzdáleností jsou obsažena v příloze bakalářské práce

4. Závěr

Cílem balkalářské práce bylo vytvořit soubor funkcí, určenýck k analýze mitochondriální DNA a detekovat přítomnost pozitivní či negativní selekce. Práce je rozdělena do dvou částí. První část se věnuje seznámení se základy genetiky, pojmem evoluce, vznikem mutací, evolučními modely a s přirozenou selekcí. Druhá část se zaměřuje na samotnou realizaci algoritmů v programovém prostředí *RStudio*.

Pro zpracování a následnou analýzu souborů *gbk* obsahujících mitochondriální DNA živočichů byla vytvořena řada funkcí. Účelem funkcí je výpočet zastoupení synonymních a nesynonymních mutací mezi párem sekvencí. Vzorem pro výpočet jsou modely NG86 a LWL85. Následně byla vypočítána hodnota selekčního tlaku (ω). Získaná data se pro ověření správnosti porovnávala s výsledky získanými pomocí nástroje PAML.

Analyzovaná data byla, vzhledem k výpočetní náročnosti, rozdělena do šesti skupin. Každá skupina obsahovala šest zástupců stejné živočišné třídy. Konkrétně se jedná o třídy sudokopytníci, ptáci, kytovci, ryby, měkkýši a motýli. První čtyři třídy jsou zástupci obratlovců a poslední dvě třídy zastupují bezobratlé. V případě, že každý z porovnávaných organismů má ve své mitochondriální DNA 13 genů jedná se o 1 170 kombinací porovnávaných párů dohromady (195 možných párů v každé skupině).

Pozitivní selekce byla prokázána vytvořenými funkcemi a zároveň potvrzena výsledky získanými nástrojem PAML pouze u 5 párů organismů, viz Tab. 3.3. Nejvyšších hodnot dosahovaly páry *Bombix mori* (bourec morušový) a *Danaus plexippus* (monarcha stěhovavý), konkrétně NG86 = 1,4955, NGjc=1,5848, LWL85 = 1,0511, NG PAML = 1,0047, LWL PAML = 2,3011. Druhým párem jsou *Albinaria caerulea* (sivěnka namodralá) a *Capaea nemoralis* (pásovka hajní), dosahuje hodnot NG86 = 1,4517, NGjc = 2,7632, LWL85 = 0,9497, NG PAML = 1,3884 a LWL PAML = 1,3468. U ostatních porovnávaných párů (viz Příloha) hodnota ω nepřesáhla hodnotu 1, z čehož lze usoudit, že mezi nimi došlo k purifikační selekci. Toto zjištění jenom potvrzuje teorii, že k pozitivní selekci dochází jenom velmi ojediněle.

Hodnoty získané vytvořeným modelem NG86, jehož hodnoty byly korigovány pomocí modelu JC69, se až na výjimky, výrazně neodlišovaly od výsledků získaných modelem NG86 z nástroje PAML. Z toho lze usuzovat, že algoritmus funguje adekvátně. Potíže s výpočtem začinají, pokud jsou porovnávány výrazně odlišné sekvence.

V případě vytvořeného algoritmu pro model LWL85 dochází k značně vyšší odchylce od hodnot získaných nástrojem PAML. Pravděpodobně k chybám dochází kvůli zavedenému zjednoduššení výpočtu parametrů *Li*, *Pi* a *Qi*, které následovně ovlivňují i konečný výsledek.

5. Literatura

[1] ALBERTS, Bruce, JOHNSON, Alexander a aj. Molecular Biology of the Cell. New York : Garland Science, 2002. 0-8153-3218-1.

[2] BISWAS, Shameek a AKEY, Joshua M. Genomics insights into positive selection. TRENDS in Genetics. 2006, Sv. 22, 8.

[3] BOORE, Jeffrey L. Animal mitochondrial genomes. Nucleic Acids Research. 1999, Sv. 27, 8, stránky 1767-1780.

[4] COMERON, Josaph M. A method for estimating the numbers of synonymous and nonsynonymous substitutions per site. Journal of Molecular Evolution. 1995, Sv. 41, 6, stránky 1152-1159.

[5] ELLEGREN, Hans. Comparative genomics and the study of evolution by natural selection. Molecular Ecology. 2008, Sv. 17, stránky 4586-4596.

[6] EMBL-EBI. 2018. Clustal Omega. EMBL-EBI. [Online] EMBL-EBI, 2018. https://www.ebi.ac.uk/Tools/msa/clustalo/.

[7] EZANOWSKI, Andrzej a OTELL, Jim. NCBI: The Genetic Codes. NCBI. [Online] National Center for Biotechnology Information. 2016. https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Utils/wprintgc.cgi.

[8] GERRISH, Philip J., COLATO, Alexandre a SNIEGOWSKI, Paul D. Genomic mutation rates that neutralize adaptive evolution and natural selection. Journal of the Royal Society Interface. 2013, Sv. 85, 10.

[9] GOJOBORI, Takashi, LI, Wen-Hsiung a Dan, GRAUR. Patterns od nucleotide substitution in pseudogenes and functional genes. Journal of Molecular Evolution. 1982, Sv. 18, 5, stránky 360-369.

[10] HIGGINS, Des. Multiple Sequence Alignment. Biological Techniques Series. 1997, stránky 165-183.

[11] CHATUVERDI, Lakshmi S., a další. Point mutation and polymorphism in Duchenne/Becker muscular dystrophy (D/BMD) patients. EXPERIMENTAL and MOLECULAR MEDICINE. 2001, Sv. 33, 4, stránky 251-256.

[12] CHENNA, Ramu, a další. Multiple sequence alignment with the Clustal series of programs. Nucleic Acids Research. 2003, Sv. 31, 13, stránky 3497-3500.

[13] CHOR, Benny, HENDY, Michael D. a SNIR, Sagi. Maximum Likelihood Jukes-Cantor Triplets: Analytic Solutions. Molecular Biology and Evolution. 2005, Sv. 23, 3, stránky 626-632.

[14] KIMURA, Motoo. Evolutionary Rate at the Molecular Level. Nature. 1968, 217, stránky 624-626.

[15] KOSAKOVSKY, Sergei, FROST, Pond a FROST Simon D. W. Not So Different After All: A Comparism of Methods for Detecting Amino Acids Sites Under Selection. Molecular Biology and Evolution. 2005, Sv. 22, 5, stránky 1208-1222.

[16] LI, Wen-Hsiung, WU, Chung-I a LUO, Chi-Cheng. A New Method for Estimating Synonymous and Nonsynonymous Rates of Nucleotide Substitution Considering the Relative Likelihood of Nucleotide and Codon Changes. Molecular Biology and Evolution. 1985, Sv. 2, 2, stránky 150-174.

[17] NACHMAN, Michael W. Detecting Selection at the Molecular Level. [Dokument] Oxford : Oxford University Press, 2006.

[18] NEI, Masatoshi a GOJOBORI, Takashi. Simple Method for Estimating the Numbers of Synonymous and Nonsynonymous Nucleotide Substitution. Molecular Biology and Evolution. 1986, Sv. 3, 5, stránky 418-426.

[19] NEI, Masatoshi a KUMAR, Sudhir. Molecular Evolution and Phylogenetics. Oxford : Oxford university press, 2000. 9780195135855.

[20] NISHANT, Koodali T., SINGH, Nadia D. a ALANI, Eric. Genomic mutation rates: What high-throughput methods can tell us. BioEssays. 2009, Sv. 9, 31.

[21] PAMILO, Pekka a BINACHI, Nestor O. Evolution of the Zfx and Zfy Genes: Rates and Interdependence between the Genes. Molecular Biology and Evolution. 1993, Sv. 10, 2, stránky 271-281.

[22] ROSYPAL, Stanislav a aj. Nový přehled biologie. Praha : Scientia, 2003. stránky 627-628. 80-7183-268-5.

[23] ROSYPAL, Stanislav, a další. Úvod do molekulární biologie. Brno: 2002. 80-902562-4-4.

[24] SAITOU, Naruya. Introduction to Evolutionary Genomics. London : Springer, 2013. 978-1-4471-5303-0.

[25] SCHEFFER, Immo E. Mitochondria. New Jersey : John Wiley & Sons, 2008. 978-0-470-04073-7.

[26] ŠÍPEK, Antonín jr. Genetika - biologie: Váš zdroj informací o genetice a biologii. Genetika - biologie. [Online] Šípek, Antonín, 2014. [Citace: 3. Březen 2018.] http://www.genetika-biologie.cz/mutace.

[27] TEPLÁ, Milada. Studiumbiochemie: nukleové kyseliny a proteosyntéza. Studiumbiochemie. [Online] Přírodovědecká fakulta Univerzity Karlovy v Praze, 21. Listopad 2013. [Citace: 27. Leden 2018.] http://www.studiumbiochemie.cz/na.html.

[28] THOMPSON, Julie D., HIGGINS, Desmond G. a GIBSON, Toby J. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. Nucleic Acids Research. 1994, Sv. 22, 22, stránky 4673-4680.

[29] VALLENDER, Eeic J. a LAHN, Bruce T. Positive selection on the human genome. Human Molecular Genetics. 2004, Sv. 13, 2, stránky 245-254.

[30] WANG, Da-Peng, a další. User's Manual: KaKs_Calculator Toolbox 2.0. [Dokument] Beijing : Chinese Academy of Sciences, 1. Červen 2009. Dokument soušástí toolboxu.

[31] WEI, Xinzhu a ZHANG, Jianzhi. A Simple Method for Estimating the Strength of Nature. Genome Biology and Evolution. 2014, Sv. 7, 1, stránky 381-390.

[32] WANG, Da-Peng, a další. Gensoft: KaKs Calculator. Gensoft. [Online] 1.2, 26. Říjen 2014. [Citace: 21. Březen 2018.] http://gensoft.pasteur.fr/docs/KaKs_Calculator/1.2/KaKs_CalculatorDOC.pdf.

[33] YANG, Ziheng a NIELSEN, Rasmus. Estimating Synonymous and Nonsynonymous Substitution Rates Under. Molecular Biology and Evolution. 2000, Sv. 17, 1, stránky 32-43.

[34] YANG, Ziheng a REIS, Mario des. Statistical Properties of the Branch-Site Test of Positive Selection. Molecular Biology and Evolution. 2010, Sv. 28, 3, stránky 1217-1228.

[35] YANG, Ziheng. PAML 4: Phylogenetic Analysis by Maximum Likelihood. Molecular Biology and Evolution. 2007, Sv. 24, 8, stránky 1586-1591.

[36] YANG, Ziheng. PAML: Phylogenetic Analysis by Maximum Likelihood. Molecular Biology and Evolution. 2004, Sv. 24, 8, stránky 1586-1591.

[37] YANG, Ziheng. PAML: Phylogenetic Analysis by Maximum Likelihood. [dokument] London : University College London, 2018.

Seznam obrázků

Obr. 1.1: Komplementarita bází DNA, [27] 2
Obr. 1.2: Základní struktura genu, [26] 3
Obr. 1.3: Základní postup vzniku proteinu od začátku transkripce až po translaci, [19] 4
Obr. 1.4: Centrální dogma molekulární biologie, [26] 4
Obr. 1.5: Inverze nukleotidového řetězce, [19] 8
Obr. 1.6: Substituční mutace, [19] 10
Obr. 1.7: Rozdělení bodových mutací, [26] 11
Obr. 1.8: Obecné schéma přenosu mutací do dalších generací, [24] 11
Obr. 1.9: Fixace zvýhodňující mutace do populace, [2] 12
Obr. 3.1: Obecné schéma vytvořených funkcí 24
Obr. 3.2: Zarovnání aminokyselinového řetězce pomocí nástroje ClustalW, [6] 26
Obr. 3.3: Příklad nuc formátu zarovnaných sekvencí pro PAML, [35] 28
Obr. 3.4: Nastavení nástroje PAML 28
Obr. 3.5: Detekce pozitivní selekce plovoucím oknem 150 nc mezi Balaenoptera bonaerensis a Megaptera novaengliae, gen ND5 30
Obr. 3.7: Detekce pozitivní selekce plovoucím oknem 600 nc mezi Balaenoptera bonaerensis a Megaptera novaengliae, gen ND5 31
Obr. 3.6: Detekce pozitivní selekce plovoucím oknem 300 nc mezi Balaenoptera bonaerensis a Megaptera novaengliae, gen ND5 31
Obr. 3.8: Detekce pozitivní selekce plovoucím oknem 150 nc mezi Bombix mori (Bacockjam) a Ostrinia nubilalis, gen ND5 33
Obr. 3.9: Detekce pozitivní selekce plovoucím oknem 300 nc mezi Bombix mori (Bacockjam) a Ostrinia nubilalis, gen ND5 33
Obr. 3.10: Detekce pozitivní selekce plovoucím oknem 600 nc mezi Bombix mori (Bacockjam) a Ostrinia nubilalis, gen ND5 34

Seznam tabulek

Tab. 1.1: Standartní genetický kód, [19] 5
Tab. 1.2: Rozdíly mezi mitochondriálním kódem obratlovců a standartním genetickým kódem, [7] 6
Tab. 1.3: Rozdíly mezi standartním genetickým kódem a mitochondriálním gen. kódem sumek, [7] 6
Tab. 1.4: Rozdíly mezi standartním kódem a mitochondriálním gen. kódem ostnokožců, [7] 7
Tab. 1.5: Rozdíly mezi standartním kódem a mitochondriálním gen. kódem kvasinek, [7] 7
Tab. 1.6: Příklad inzerce jednoho nukleotidu, [19] 9
Tab. 1.7: Příklad delece jednoho nukleotidu, [19] 9
Tab. 2.1: Matice míry substituce mezi nukleotidy pro jednoparametrický model Jukes-Cantor. [19] 16
Tab. 2.2: Matice míry substituce mezi nukleotidy pro dvouparametrický model Kimura, [19] 18
Tab. 3.1: Hodnoty evolučních vzdáleností dle modelů NG, LWL85 a programu PAML pro organismy živočišné třídy kytovců 29
Tab. 3.2:Hodnoty evolučních vzdáleností dle modelů NG, LWL85 a programu PAML pro organismy živočišné třídy motýlů 32
Tab. 3.3: Páry organismů s přítomnou pozitivní selekcí 35

Seznam zkratek

A - Adenin

Arg - Arginin

Asn - Asparagin

Asp - Kyselina asparagová

C - Cytosin

CDS - Kódující úsek DNA

Cys - Cystein

DNA - Deoxyribonukleová kyselina

G - Guanin

Gln - Glutamin

Glu - Kyselina glutamová

Gly - Glycin

His - Histidin

Ile - Izoleucin

Leu - Leucin

Lys - Lyzin

LWL85 - Metoda Li-Wu-Luo

Met - Metionin

mRNA - Mediátorová RNA

msa - vícenásobné zarovnávání sekvencí

mtDNA - Mitochondriální DNA

NCBI - Národní centrum pro biotechnologické informace (National Center for Biotechnology Information)

NG86 - Metoda Nei-Gojobori

PAML - Nástroj pro fylogenetickou analýzu (Phylogenetic analysis by maximum likelihood)

Phe	-	Fenylalanin
Pro	-	Prolin
RNA	-	Ribonukleová kyselina
rRNA	-	Ribozomální RNA
Ser	-	Serin
T	-	Tymin
Thr	-	Treonin
tRNA	-	Transferová RNA
Trp	-	Tryptofan
Tyr	-	Tyrozin
U	-	Uracil
Val	-	Valin

Přílohy

Příloha I

Tab. 0.1: Evoluční vzdálenost, kopytníci. gen ND1

Evoluční vzdálenost	Cervus nippon centralis	Aphrodroma brevirostris	Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
Cervus nippon yesoensis	w	w	w	w	w
NG	0,4941	0,2964	0,0324	0,0404	0,0808
NGjc	0,4927	0,1404	0,0277	0,0291	0,0524
LWL	0,0000	0,0365	0,0685	0,0438	0,0338
NG PAML	0,5193	0,1236	0,0292	0,0294	0,0471
LWL PAML	0,4845	0,1206	0,0271	0,0275	0,0470
		Aphrodroma brevirostris	Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
	Cervus nippon centralis	w	w	w	w
	NG	0,2961	0,0516	0,0485	0,0816
	NGjc	0,1434	0,0443	0,0352	0,0527
	LWL	0,0411	0,0423	0,0446	0,0382
	NG PAML	0,1278	0,0469	0,0326	0,0490
	LWL PAML	0,1243	0,0437	0,0301	0,0490
			Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
		Aphrodroma brevirostris	w	w	w
		NG	0,3144	0,2979	0,3046
		NGjc	0,1639	0,1347	0,1524
		LWL	0,0436	0,0404	0,0385
		NG PAML	0,1348	0,1170	0,1296
		LWL PAML	0,1351	0,1198	0,1092
	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus		Bison bonasus	
Cervus nippon taiouanus	w	w	Muntiacus reevesi micrurus	w	
NG	0,0440	0,0920	NG	0,0858	
NGjc	0,0318	0,0610	NGjc	0,0570	
LWL	0,0456	0,0353	LWL	0,0351	
NG PAML	0,0321	0,0526	NG PAML	0,0534	
LWL PAML	0,0305	0,0521	LWL PAML	0,0537	

Tab. 0.2: Evoluční vzdálenost, kopytníci. gen ND2

Evoluční vzdálenost	Cervus nippon centralis	Aphrodroma brevirostris	Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
Cervus nippon yesoensis	w	w	w	w	w
NG	0,0000	0,8024	0,0789	0,0825	0,1148
NGjc	0,0000	0,6885	0,0741	0,0566	0,0711
LWL	0,0000	0,5749	0,0556	0,0471	0,0444
NG PAML	-1,0000	0,4844	0,0781	0,0494	0,0622
LWL PAML	0,0000	0,4098	0,0715	0,0469	0,0615
		Aphrodroma brevirostris	Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
	Cervus nippon centralis	w	w	w	w
	NG	0,8092	0,1187	0,0934	0,1244
	NGjc	0,6986	0,1119	0,0647	0,0778
	LWL	0,4727	0,0365	0,0435	0,0428
	NG PAML	0,4869	0,1178	0,0560	0,0674
	LWL PAML	0,4107	0,1079	0,0531	0,0665
			Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
		Aphrodroma brevirostris	w	w	w
		NG	0,8182	0,7500	0,7631
		NGjc	0,7127	0,5948	0,6208
		LWL	0,5891	0,5874	0,5354
		NG PAML	0,4980	0,3794	0,3812

		LWL PAML	0,4170	0,3344	0,3262
	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus		Bison bonasus	
Cervus nippon taiouanus	w	w	Muntiacus reevesi micrurus	w	
NG	0,0814	0,1124	NG	0,0969	
NGjc	0,0576	0,0689	NGjc	0,0581	
LWL	0,0475	0,0527	LWL	0,0356	
NG PAML	0,0492	0,0564	NG PAML	0,0486	
LWL PAML	0,0464	0,0555	LWL PAML	0,0486	

Tab. 0.3: Evoluční vzdálenost, kopytníci. gen COX1

Evoluční vzdálenost	Cervus nippon centralis	Aphrodroma brevirostris	Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
Cervus nippon yesoensis	w	w	w	w	w
NG	0,0000	0,1090	0,0382	0,0138	0,0170
NGjc	0,0000	0,0458	0,0360	0,0093	0,0085
LWL	0,0000	0,3984	0,3944	0,3645	0,3695
NG PAML	0,0000	0,0453	0,0368	0,0074	0,0097
LWL PAML	0,0000	0,0526	0,0343	0,0068	0,0098
		Aphrodroma brevirostris	Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
	Cervus nippon centralis	w	w	w	w
	NG	0,1108	0,0286	0,0118	0,0163
	NGjc	0,0465	0,0269	0,0079	0,0081
	LWL	0,3599	0,6107	0,3610	0,3257
	NG PAML	0,0457	0,0275	0,0060	0,0089
	LWL PAML	0,0533	0,0257	0,0056	0,0091
			Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
		Aphrodroma brevirostris	w	w	w
		NG	0,1113	0,1013	0,1178
		NGjc	0,0492	0,0393	0,0568
		LWL	0,4657	0,3919	0,3976
		NG PAML	0,0463	0,0367	0,0537
		LWL PAML	0,0531	0,0459	0,0593
	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus		Bison bonasus	
Cervus nippon taiouanus	w	w	Muntiacus reevesi micrurus	w	
NG	0,0141	0,0150	NG	0,0123	
NGjc	0,0096	0,0081	NGjc	0,0062	
LWL	0,3419	0,3287	LWL	0,3449	
NG PAML	0,0077	0,0093	NG PAML	0,0078	
LWL PAML	0,0069	0,0095	LWL PAML	0,0080	

Tab. 0.4: Evoluční vzdálenost, kopytníci. gen COX2

Evoluční vzdálenost	Cervus nippon centralis	Aphrodroma brevirostris	Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
Cervus nippon yesoensis	w	w	w	w	w
NG	0,0000	0,3526	0,0486	0,0208	0,0175
NGjc	0,0000	0,1998	0,0461	0,0136	0,0098
LWL	0,0000	0,3871	0,6494	0,5681	0,3875
NG PAML	-1,0000	0,1555	0,0471	0,0108	0,0080
LWL PAML	0,0000	0,1618	0,0433	0,0105	0,0080
		Aphrodroma brevirostris	Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
	Cervus nippon centralis	w	w	w	w
	NG	0,3565	0,0421	0,0208	0,0179
	NGjc	0,2056	0,0396	0,0136	0,0103
	LWL	0,4039	0,5275	0,4275	0,3983
	NG PAML	0,1600	0,0405	0,0108	0,0083
	LWL PAML	0,1643	0,0372	0,0105	0,0083
			Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
		Aphrodroma brevirostris	w	w	w

		NG	0,3175	0,2892	0,2970
		NGjc	0,1487	0,1013	0,1100
		LWL	0,4129	0,4405	0,5020
		NG PAML	0,1444	0,0963	0,1022
		LWL PAML	0,1573	0,1248	0,1259
	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus		Bison bonasus	
Cervus nippon taiouanus	w	w	Muntiacus reevesi micrurus	w	
NG	0,0200	0,0179	NG	0,0084	
NGjc	0,0127	0,0103	NGjc	0,0045	
LWL	0,4483	0,3800	LWL	0,2953	
NG PAML	0,0101	0,0083	NG PAML	0,0057	
LWL PAML	0,0098	0,0085	LWL PAML	0,0055	

Tab. 0.5: Evoluční vzdálenost, kopytníci. gen ATP8

Evoluční vzdálenost	Cervus nippon centralis	Aphrodroma brevirostris	Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
Cervus nippon yesoensis	w	w	w	w	w
NG	0,0000	0,6985	0,1365	0,1465	0,1831
NGjc	0,0000	0,5027	0,1213	0,1044	0,1290
LWL	0,0000	0,6490	0,6916	0,3343	0,3039
NG PAML	-1,0000	0,5027	0,1900	0,0835	0,1141
LWL PAML	0,0000	0,3601	0,1704	0,0810	0,1156
		Aphrodroma brevirostris	Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
	Cervus nippon centralis	w	w	w	w
	NG	0,6985	0,1365	0,1465	0,1831
	NGjc	0,5027	0,1213	0,1044	0,1290
	LWL	0,6490	0,6916	0,3343	0,3039
	NG PAML	0,5027	0,1900	0,0835	0,1141
	LWL PAML	0,3601	0,1704	0,0810	0,1156
			Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
		Aphrodroma brevirostris	w	w	w
		NG	0,6671	0,9953	0,7279
		NGjc	0,4160	0,9923	0,5771
		LWL	0,6618	0,8856	0,7980
		NG PAML	0,3359	0,9332	0,5425
		LWL PAML	0,0000	0,8351	0,4704
	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus		Bison bonasus	
Cervus nippon taiouanus	w	w	Muntiacus reevesi micrurus	w	
NG	0,1386	0,2382	NG	0,2710	
NGjc	0,0980	0,1781	NGjc	0,1928	
LWL	0,2846	0,2794	LWL	0,3923	
NG PAML	0,0661	0,1132	NG PAML	0,1069	
LWL PAML	0,0641	0,1157	LWL PAML	0,1158	

Tab. 0.6: Evoluční vzdálenost, kopytníci. gen ATP6

Evoluční vzdálenost	Cervus nippon centralis	Aphrodroma brevirostris	Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
Cervus nippon yesoensis	w	w	w	w	w
NG	1,0052	0,5686	0,1115	0,0460	0,0736
NGjc	1,0052	0,3939	0,1056	0,0325	0,0426
LWL	0,4951	0,3893	0,4877	0,0333	0,0325
NG PAML	1,0365	0,2831	0,1091	0,0321	0,0406
LWL PAML	1,0089	0,2796	0,1060	0,0319	0,0000
		Aphrodroma brevirostris	Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
	Cervus nippon centralis	w	w	w	w
	NG	0,5881	0,1252	0,0500	0,0815
	NGjc	0,4175	0,1181	0,0351	0,0477
	LWL	0,3536	0,0740	0,0421	0,0381
	NG PAML	0,2930	0,1224	0,0350	0,0429
	LWL PAML	0,2900	0,1189	0,0347	0,0431

			Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
		Aphrodroma brevirostris	w	w	w
		NG	0,5550	0,5313	0,5685
		NGjc	0,3779	0,3507	0,3987
		LWL	0,4772	0,5628	0,5381
		NG PAML	0,2673	0,2514	0,2662
		LWL PAML	0,2668	0,2501	
	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus		Bison bonasus	
Cervus nippon taiouanus	w	w	Muntiacus reevesi micrurus	w	
NG	0,0403	0,0706	NG	0,0689	
NGjc	0,0281	0,0421	NGjc	0,0398	
LWL	0,0407	0,0351	LWL	0,0352	
NG PAML	0,0273	0,0409	NG PAML	0,0356	
LWL PAML	0,0269	0,0457	LWL PAML	0,2737	

Tab. 0.7: Evoluční vzdálenost, kopytníci. gen COX3

Evoluční vzdálenost	Cervus nippon centralis	Aphrodroma brevirostris	Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
Cervus nippon yesoensis	w	w	w	w	w
NG	0,3226	0,2655	0,0268	0,0243	0,0451
NGjc	0,3219	0,1144	0,0245	0,0168	0,0240
LWL	0,0000	0,4032	0,5231	0,3700	0,3680
NG PAML	0,3199	0,0847	0,0243	0,0135	0,0235
LWL PAML	0,2968	0,0000	0,0226	0,0130	0,0242
		Aphrodroma brevirostris	Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
	Cervus nippon centralis	w	w	w	w
	NG	0,2638	0,0129	0,0201	0,0419
	NGjc	0,1142	0,0117	0,0137	0,0221
	LWL	0,3595	0,5234	0,3703	0,3679
	NG PAML	0,0844	0,0116	0,0106	0,0216
	LWL PAML	0,0000	0,0108	0,0102	0,0222
			Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
		Aphrodroma brevirostris	w	w	w
		NG	0,2591	0,2643	0,2544
		NGjc	0,1041	0,1091	0,0953
		LWL	0,4034	0,3878	0,4888
		NG PAML	0,0723	0,0747	0,0762
		LWL PAML	0,0000	0,0000	0,0000
	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus		Bison bonasus	
Cervus nippon taiouanus	w	w	Muntiacus reevesi micrurus	w	
NG	0,0139	0,0415	NG	0,0518	
NGjc	0,0094	0,0235	NGjc	0,0292	
LWL	0,3447	0,3685	LWL	0,3570	
NG PAML	0,0079	0,0229	NG PAML	0,0276	
LWL PAML	0,0076	0,0234	LWL PAML	0,0280	

Tab. 0.8: Evoluční vzdálenost, kopytníci. gen ND4L

Evoluční vzdálenost	Cervus nippon centralis	Aphrodroma brevirostris	Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
Cervus nippon yesoensis	w	w	w	w	w
NG	0,3480	0,7386	0,0943	0,0565	0,0818
NGjc	0,3450	0,5386	0,0901	0,0338	0,0512
LWL	0,3461	0,4501	0,2307	0,5858	0,3041
NG PAML	0,1760	0,2908	0,0562	0,0319	0,0453
LWL PAML	0,1635	0,0000	0,0530	0,0320	0,0473
		Aphrodroma brevirostris	Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
	Cervus nippon centralis	w	w	w	w
	NG	0,7309	0,0000	0,0432	0,0660

	NGjc	0,5165	0,0000	0,0255	0,0399
	LWL	0,3824	0,3460	0,4949	0,3615
	NG PAML	0,2465	-1,0000	0,0265	0,0377
	LWL PAML	0,0000	0,0000	0,0261	0,0396
			Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
		Aphrodroma brevirostris	w	w	w
		NG	0,7748	0,7383	0,7601
		NGjc	0,6055	0,5495	0,5932
		LWL	0,4411	0,3819	0,4526
		NG PAML	0,3432	0,3895	0,3221
		LWL PAML	0,0000	0,3397	0,3192
	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus		Bison bonasus	
Cervus nippon taiouanus	w	w	Muntiacus reevesi micrurus	w	
NG	0,0517	0,0727	NG	0,0422	
NGjc	0,0329	0,0454	NGjc	0,0217	
LWL	0,5773	0,3840	LWL	0,3787	
NG PAML	0,0382	0,0471	NG PAML	0,0249	
LWL PAML	0,0376	0,0494	LWL PAML	0,0269	

Tab. 0.9: Evoluční vzdálenost, kopytníci. gen ND4

Evoluční vzdálenost	Cervus nippon centralis	Aphrodroma brevirostris	Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
Cervus nippon yesoensis	w	w	w	w	w
NG	0,2210	0,5306	0,0444	0,0437	0,0768
NGjc	0,2200	0,3449	0,0402	0,0293	0,0436
LWL	0,0000	0,4313	0,3383	0,4660	0,4240
NG PAML	0,2213	0,2286	0,0370	0,0281	0,0380
LWL PAML	0,2044	0,2141	0,0345	0,0267	0,0388
		Aphrodroma brevirostris	Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
	Cervus nippon centralis	w	w	w	w
	NG	0,5266	0,0302	0,0397	0,0743
	NGjc	0,3389	0,0273	0,0267	0,0429
	LWL	0,4094	0,4289	0,4981	0,4189
	NG PAML	0,2252	0,0241	0,0253	0,0372
	LWL PAML	0,2084	0,0224	0,0239	0,0376
			Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
		Aphrodroma brevirostris	w	w	w
		NG	0,4888	0,5109	0,5432
		NGjc	0,2886	0,3295	0,3724
		LWL	0,5007	0,4759	0,5424
		NG PAML	0,2207	0,2531	0,2670
		LWL PAML	0,2099	0,2106	0,2579
	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus		Bison bonasus	
Cervus nippon taiouanus	w	w	Muntiacus reevesi micrurus	w	
NG	0,0408	0,0740	NG	0,0752	
NGjc	0,0265	0,0400	NGjc	0,0453	
LWL	0,4310	0,5043	LWL	0,4193	
NG PAML	0,0245	0,0331	NG PAML	0,0404	
LWL PAML	0,0233	0,0336	LWL PAML	0,0412	

Tab. 0.10: Evoluční vzdálenost, kopytníci. gen ND5

Evoluční vzdálenost	Cervus nippon centralis	Aphrodroma brevirostris	Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
Cervus nippon yesoensis	w	w	w	w	w
NG	0,2053	0,5303	0,0527	0,0726	0,1147
NGjc	0,2046	0,3328	0,0485	0,0496	0,0728
LWL	0,0000	0,5212	0,3225	0,3542	0,4218
NG PAML	0,2074	0,2373	0,0497	0,0447	0,0649
LWL PAML	0,1933	0,1992	0,0465	0,0431	0,0668

		Aphrodroma brevirostris	Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
	Cervus nippon centralis	w	w	w	w
	NG	0,5311	0,0417	0,0686	0,1101
	NGjc	0,3339	0,0384	0,0469	0,0689
	LWL	0,4893	0,2314	0,4651	0,3577
	NG PAML	0,2361	0,0394	0,0427	0,0613
	LWL PAML	0,1963	0,0369	0,0414	0,0635
			Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
		Aphrodroma brevirostris	w	w	w
		NG	0,5079	0,5191	0,5063
		NGjc	0,3022	0,3205	0,3121
		LWL	0,5034	0,5522	0,5042
		NG PAML	0,2305	0,2385	0,2340
		LWL PAML	0,2132	0,1957	0,1867
	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus		Bison bonasus	
Cervus nippon taiouanus	w	w	Muntiacus reevesi micrurus	w	
NG	0,0678	0,1156	NG	0,1188	
NGjc	0,0480	0,0733	NGjc	0,0743	
LWL	0,4103	0,3915	LWL	0,4051	
NG PAML	0,0447	0,0644	NG PAML	0,0655	
LWL PAML	0,0429	0,0664	LWL PAML	0,0679	

Tab. 0.11: Evoluční vzdálenost, kopytníci. gen CYTB

Evoluční vzdálenost	Cervus nippon centralis	Aphrodroma brevirostris	Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
Cervus nippon yesoensis	w	w	w	w	w
NG	0,0000	0,3117	0,0641	0,0424	0,0974
NGjc	0,0000	0,1634	0,0592	0,0290	0,0636
LWL	0,0000	0,3818	0,3748	0,4641	0,3858
NG PAML	-1,0000	0,1110	0,0544	0,0265	0,0592
LWL PAML	0,0000	0,1277	0,0510	0,0244	0,0603
		Aphrodroma brevirostris	Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
	Cervus nippon centralis	w	w	w	w
	NG	0,3117	0,0661	0,0424	0,0981
	NGjc	0,1634	0,0613	0,0290	0,0645
	LWL	0,3819	0,3619	0,4641	0,3485
	NG PAML	0,1110	0,0563	0,0265	0,0600
	LWL PAML	0,1277	0,0526	0,0244	0,0610
			Cervus nippon taiouanus	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus
		Aphrodroma brevirostris	w	w	w
		NG	0,2988	0,3183	0,3500
		NGjc	0,1496	0,1790	0,2192
		LWL	0,3840	0,4135	0,4325
		NG PAML	0,1060	0,1287	0,1617
		LWL PAML	0,1247	0,1383	0,1559
	Muntiacus reevesi micrurus	Bison bonasus		Bison bonasus	
Cervus nippon taiouanus	w	w	Muntiacus reevesi micrurus	w	
NG	0,0494	0,1044	NG	0,0894	
NGjc	0,0332	0,0667	NGjc	0,0582	
LWL	0,4582	0,4334	LWL	0,4624	
NG PAML	0,0289	0,0608	NG PAML	0,0528	
LWL PAML	0,0269	0,0608	LWL PAML	0,0535	

Tab. 0.12: Evoluční vzdálenost, kytovci, gen ND1

Evoluční vzdálenost	Megaptera novaeangliae	Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
Balaenoptera bonaerensis	w	w	w	w	w
NG	0,0501	0,0539	0,0611	0,0648	0,0771
NGjc	0,0408	0,0448	0,0473	0,0501	0,0493
LWL	0,0368	0,0442	0,0392	0,0366	0,0430

NG PAML	0,0341	0,0428	0,0422	0,0410	0,0467
LWL PAML	0,0318	0,0403	0,0398	0,0385	0,0471
		Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
	Megaptera novaeangliae	w	w	w	w
	NG	0,0429	0,0587	0,0613	0,0695
	NGjc	0,0356	0,0443	0,0464	0,0421
	LWL	0,0355	0,0312	0,0326	0,0376
	NG PAML	0,0337	0,0379	0,0381	0,0355
	LWL PAML	0,0312	0,0346	0,0344	0,0358
			Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
		Balaenoptera brydei	w	w	w
		NG	0,0589	0,0626	0,0749
		NGjc	0,0457	0,0484	0,0509
		LWL	0,0352	0,0330	0,0388
		NG PAML	0,0430	0,0459	0,0478
		LWL PAML	0,0399	0,0422	0,0475
	Eubalaena japonica	Orcinus orca		Orcinus orca	
Eubalaena australis	w	w	Eubalaena japonica	w	
NG	0,0386	0,0698	NG	0,0748	
NGjc	0,0377	0,0439	NGjc	0,0482	
LWL	0,0389	0,0407	LWL	0,0363	
NG PAML	0,0385	0,0404	NG PAML	0,0444	
LWL PAML	0,0358	0,0404	LWL PAML	0,0442	

Tab. 0.13: Evoluční vzdálenost, kytovci, gen ND2

Evoluční vzdálenost	Megaptera novaeangliae	Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
Balaenoptera bonaerensis	w	w	w	w	w
NG	0,1106	0,1055	0,0897	0,0824	0,2090
NGjc	0,0937	0,0857	0,0726	0,0655	0,1486
LWL	0,0368	0,0392	0,0336	0,0392	0,0439
NG PAML	0,0971	0,0788	0,0700	0,0652	0,1327
LWL PAML	0,0892	0,0731	0,0658	0,0614	0,1307
		Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
	Megaptera novaeangliae	w	w	w	w
	NG	0,1065	0,0937	0,0994	0,1814
	NGjc	0,0871	0,0741	0,0776	0,1249
	LWL	0,0387	0,0331	0,0389	0,0516
	NG PAML	0,0794	0,0709	0,0728	0,1152
	LWL PAML	0,0728	0,0658	0,0677	0,1124
			Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
		Balaenoptera brydei	w	w	w
		NG	0,0896	0,0903	0,2123
		NGjc	0,0675	0,0672	0,1536
		LWL	0,0441	0,0409	0,0493
		NG PAML	0,0683	0,0641	0,1340
		LWL PAML	0,0619	0,0579	0,1311
	Eubalaena japonica	Orcinus orca		Orcinus orca	
Eubalaena australis	w	w	Eubalaena japonica	w	
NG	0,0375	0,1990	NG	0,1962	
NGjc	0,0358	0,1403	NGjc	0,1376	
LWL	0,0667	0,4633	LWL	0,0436	
NG PAML	0,0373	0,1263	NG PAML	0,1250	
LWL PAML	0,0344	0,0122	LWL PAML	0,1216	

Tab. 0.14: Evoluční vzdálenost, kytovci, gen COX1

Evoluční vzdálenost	Megaptera novaeangliae	Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
Balaenoptera bonaerensis	w	w	w	w	w
NG	0,0158	0,0127	0,0183	0,0188	0,0408
NGjc	0,0127	0,0103	0,0133	0,0137	0,0231
LWL	0,0411	0,0420	0,0384	0,0361	0,0428
NG PAML	0,0131	0,0106	0,0156	0,0160	0,0213
LWL PAML	0,0122	0,0100	0,0147	0,0152	0,0217
		Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
	Megaptera novaeangliae	w	w	w	w
	NG	0,0033	0,0142	0,0144	0,0374
	NGjc	0,0027	0,0105	0,0106	0,0210
	LWL	0,0327	0,0367	0,0362	0,0517

	NG PAML	0,0028	0,0108	0,0109	0,0192
	LWL PAML	0,0026	0,0102	0,0103	0,0196
			Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
		Balaenoptera brydei	w	w	w
		NG	0,0130	0,0133	0,0405
		NGjc	0,0095	0,0099	0,0246
		LWL	0,0354	0,0409	0,0518
		NG PAML	0,0107	0,0111	0,0223
		LWL PAML	0,0102	0,0105	0,0225
	Eubalaena japonica	Orcinus orca		Orcinus orca	
Eubalaena australis	w	w	Eubalaena japonica	w	
NG	0,0000	0,0360	NG	0,0364	
NGjc	0,0000	0,0202	NGjc	0,0207	
LWL	0,1596	0,0388	LWL	0,4245	
NG PAML	-1,0000	0,0184	NG PAML	0,0188	
LWL PAML	0,0000	0,0186	LWL PAML	0,0190	

Tab. 0.15: Evoluční vzdálenost, kytovci, gen COX2

Evoluční vzdálenost	Megaptera novaeangliae	Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
Balaenoptera bonaerensis	w	w	w	w	w
NG	0,0363	0,0243	0,0237	0,0236	0,0907
NGjc	0,0281	0,0180	0,0166	0,0165	0,0556
LWL	0,0636	0,0456	0,0334	0,0436	0,0445
NG PAML	0,0235	0,0160	0,0132	0,0132	0,0473
LWL PAML	0,0222	0,0150	0,0125	0,0127	0,0482
		Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
	Megaptera novaeangliae	w	w	w	w
	NG	0,0304	0,0446	0,0438	0,0884
	NGjc	0,0236	0,0329	0,0312	0,0511
	LWL	0,0411	0,0366	0,0313	0,0312
	NG PAML	0,0241	0,0315	0,0322	0,0406
	LWL PAML	0,0222	0,0304	0,0312	0,0420
			Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
		Balaenoptera brydei	w	w	w
		NG	0,0356	0,0373	0,1134
		NGjc	0,0242	0,0243	0,0740
		LWL	0,0422	0,0396	0,0456
		NG PAML	0,0212	0,0217	0,0625
		LWL PAML	0,0203	0,0212	0,0626
	Eubalaena japonica	Orcinus orca		Orcinus orca	
Eubalaena australis	w	w	Eubalaena japonica	w	
NG	0,0000	0,0982	NG	0,0941	
NGjc	0,0000	0,0625	NGjc	0,0597	
LWL	0,0755	0,0343	LWL	0,0373	
NG PAML	-1,0000	0,0517	NG PAML	0,0527	
LWL PAML	0,0000	0,0502	LWL PAML	0,0524	

Tab. 0.16: Evoluční vzdálenost, kytovci, gen ATP8

Evoluční vzdálenost	Megaptera novaeangliae	Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
Balaenoptera bonaerensis	w	w	w	w	w
NG	0,2716	0,3729	0,3474	0,3739	0,2608
NGjc	0,2342	0,3432	0,2967	0,3258	0,1728
LWL	0,7047	0,7513	0,4706	0,5517	0,3591
NG PAML	0,2166	0,2943	0,2856	0,3118	0,1948
LWL PAML	0,1942	0,2668	0,2513	0,2765	0,1675
		Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
	Megaptera novaeangliae	w	w	w	w
	NG	0,2662	0,2469	0,2288	0,2393
	NGjc	0,2388	0,2004	0,1809	0,1433
	LWL	0,7009	0,3935	0,5034	0,2870
	NG PAML	0,2331	0,1478	0,1349	0,1855
	LWL PAML	0,2143	0,1406	0,1276	0,1630
			Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
		Balaenoptera brydei	w	w	w
		NG	0,3057	0,3335	0,3032

		NGjc	0,2657	0,2954	0,2166
		LWL	0,3760	0,2828	0,4531
		NG PAML	0,2392	0,2630	0,2916
		LWL PAML	0,2114	0,2342	0,2649
	Eubalaena japonica	Orcinus orca		Orcinus orca	
Eubalaena australis	w	w	Eubalaena japonica	w	
NG	0,0000	0,3518	NG	0,3283	
NGjc	0,0000	0,2788	NGjc	0,2519	
LWL	0,0000	0,5654	LWL	0,5805	
NG PAML	-1,0000	0,3141	NG PAML	0,2863	
LWL PAML	0,0000	0,2850	LWL PAML	0,2608	

Tab. 0.17: Evoluční vzdálenost, kytovci, gen ATP6

Evoluční vzdálenost	Megaptera novaeangliae	Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
Balaenoptera bonaerensis	w	w	w	w	w
NG	0,0857	0,0692	0,0894	0,0995	0,1992
NGjc	0,0677	0,0528	0,0637	0,0727	0,1177
LWL	0,0393	0,0437	0,0412	0,0450	0,4521
NG PAML	0,0677	0,0496	0,0629	0,0711	0,0986
LWL PAML	0,0642	0,0469	0,0604	0,0682	0,1026
		Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
	Megaptera novaeangliae	w	w	w	w
	NG	0,0407	0,0885	0,0961	0,2206
	NGjc	0,0293	0,0635	0,0689	0,1344
	LWL	0,0415	0,0448	0,0436	0,0547
	NG PAML	0,0288	0,0600	0,0624	0,1185
	LWL PAML	0,0276	0,0541	0,0572	0,1245
			Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
		Balaenoptera brydei	w	w	w
		NG	0,0824	0,0867	0,1936
		NGjc	0,0548	0,0566	0,1005
		LWL	0,0369	0,0392	0,0409
		NG PAML	0,0545	0,0541	0,0832
		LWL PAML	0,0506	0,0503	0,0892
	Eubalaena japonica	Orcinus orca		Orcinus orca	
Eubalaena australis	w	w	Eubalaena japonica	w	
NG	0,0776	0,1832	NG	0,1778	
NGjc	0,0757	0,1160	NGjc	0,1115	
LWL	1,1626	0,4349	LWL	0,6073	
NG PAML	0,0481	0,1049	NG PAML	0,1002	
LWL PAML	0,0456	0,1101	LWL PAML	0,1054	

Tab. 0.18: Evoluční vzdálenost, kytovci, gen COX3

Evoluční vzdálenost	Megaptera novaeangliae	Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
Balaenoptera bonaerensis	w	w	w	w	w
NG	0,03177	0,01427	0,03152	0,03194	0,09869
NGjc	0,02527	0,01126	0,02228	0,02273	0,05656
LWL	0,04826	0,04606	0,04037	0,04846	0,04434
NG PAML	0,02050	0,00900	0,02270	0,02310	0,04700
LWL PAML	0,01900	0,00830	0,02100	0,02120	0,04830
		Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
	Megaptera novaeangliae	w	w	w	w
	NG	0,03108	0,03542	0,03687	0,08699
	NGjc	0,02519	0,02494	0,02647	0,05184
	LWL	0,04381	0,39495	0,39940	0,03743
	NG PAML	0,02260	0,02360	0,02510	0,04900
	LWL PAML	0,02070	0,02220	0,02350	0,04950
			Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
		Balaenoptera brydei	w	w	w
		NG	0,02205	0,02178	0,09760
		NGjc	0,01517	0,01488	0,06047
		LWL	0,04470	0,40182	0,03582
		NG PAML	0,01540	0,01510	0,05390
		LWL PAML	0,01430	0,01400	0,05290
	Eubalaena japonica	Orcinus orca		Orcinus orca	
Eubalaena australis	w	w	Eubalaena japonica	w	

NG	0,00000	0,08899	NG	0,08797	
NGjc	0,00000	0,05886	NGjc	0,05773	
LWL	0,00000	0,04058	LWL	0,04976	
NG PAML	-1,00000	0,04790	NG PAML	0,04700	
LWL PAML	0,00000	0,04760	LWL PAML	0,04680	

Tab. 0.19: Evoluční vzdálenost, kytovci, gen ND3

Evoluční vzdálenost	Megaptera novaeangliae	Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
Balaenoptera bonaerensis	w	w	w	w	w
NG	0,0485	0,0759	0,0337	0,0449	0,1823
NGjc	0,0376	0,0614	0,0219	0,0305	0,1312
LWL	0,0293	0,0304	0,0204	0,0228	0,0406
NG PAML	0,0392	0,0641	0,0232	0,0323	0,1122
LWL PAML	0,0370	0,0594	0,0223	0,0311	0,1107
		Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
	Megaptera novaeangliae	w	w	w	w
	NG	0,0685	0,0305	0,0424	0,1573
	NGjc	0,0522	0,0183	0,0277	0,1031
	LWL	0,0401	0,0308	0,0205	0,0249
	NG PAML	0,0538	0,0190	0,0287	0,0884
	LWL PAML	0,0495	0,0173	0,0267	0,0871
			Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
		Balaenoptera brydei	w	w	w
		NG	0,0545	0,0646	0,2394
		NGjc	0,0373	0,0448	0,1807
		LWL	0,0338	0,0444	0,4021
		NG PAML	0,0394	0,0474	0,1360
		LWL PAML	0,0376	0,0459	0,1368
	Eubalaena japonica	Orcinus orca		Orcinus orca	
Eubalaena australis	w	w	Eubalaena japonica	w	
NG	0,0597	0,1363	NG	0,1557	
NGjc	0,0572	0,0949	NGjc	0,1110	
LWL	0,0435	0,0313	LWL	0,0348	
NG PAML	0,0581	0,0750	NG PAML	0,0833	
LWL PAML	0,0545	0,0757	LWL PAML	0,0836	

Tab. 0.20: Evoluční vzdálenost, kytovci, gen ND4L

Evoluční vzdálenost	Megaptera novaeangliae	Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
Balaenoptera bonaerensis	w	w	w	w	w
NG	0,0307	0,0588	0,0705	0,0744	0,1662
NGjc	0,0244	0,0407	0,0475	0,0497	0,1072
LWL	0,0416	0,0331	0,0511	0,0460	0,3846
NG PAML	0,0244	0,0371	0,0438	0,0417	0,0913
LWL PAML	0,0232	0,0338	0,0419	0,0395	
		Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
	Megaptera novaeangliae	w	w	w	w
	NG	0,1272	0,0678	0,0657	0,1682
	NGjc	0,1056	0,0466	0,0443	0,1198
	LWL	0,0390	0,0383	0,0595	0,0436
	NG PAML	0,0998	0,0433	0,0412	0,1059
	LWL PAML	0,0952	0,0428	0,0406	0,0941
			Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
		Balaenoptera brydei	w	w	w
		NG	0,0813	0,0851	0,2230
		NGjc	0,0551	0,0573	0,1558
		LWL	0,0393	0,0503	0,0374
		NG PAML	0,0471	0,0449	0,1236
		LWL PAML	0,0463	0,0439	0,1216
	Eubalaena japonica	Orcinus orca		Orcinus orca	
Eubalaena australis	w	w	Eubalaena japonica	w	
NG	0,0000	0,2122	NG	0,2025	
NGjc	0,0000	0,1380	NGjc	0,1239	
LWL	0,0334	0,0385	LWL	0,0370	
NG PAML	-1,0000	0,1150	NG PAML	0,0991	
LWL PAML	0,0000	0,1029	LWL PAML	0,0834	

Tab. 0.21: Evoluční vzdálenost, kytovci, gen ND4

Evoluční vzdálenost	Megaptera novaeangliae	Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
Balaenoptera bonaerensis	w	w	w	w	w
NG	0,0505	0,0429	0,0465	0,0489	0,1235
NGjc	0,0400	0,0341	0,0335	0,0348	0,0823
LWL	0,0384	0,0441	0,0424	0,0490	0,0343
NG PAML	0,0359	0,0345	0,0308	0,0313	0,0701
LWL PAML	0,0338	0,0319	0,0290	0,0294	0,0612
		Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
	Megaptera novaeangliae	w	w	w	w
	NG	0,0374	0,0464	0,0523	0,1222
	NGjc	0,0291	0,0325	0,0375	0,0794
	LWL	0,0372	0,0474	0,0428	0,0412
	NG PAML	0,0266	0,0302	0,0339	0,0611
	LWL PAML	0,0248	0,0288	0,0323	0,0653
			Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
		Balaenoptera brydei	w	w	w
		NG	0,0576	0,0576	0,1211
		NGjc	0,0431	0,0420	0,0806
		LWL	0,0446	0,0389	0,0412
		NG PAML	0,0415	0,0395	0,0658
		LWL PAML	0,0393	0,0373	0,0545
	Eubalaena japonica	Orcinus orca		Orcinus orca	
Eubalaena australis	w	w	Eubalaena japonica	w	
NG	0,0181	0,1115	NG	0,1130	
NGjc	0,0174	0,0685	NGjc	0,0679	
LWL	0,0669	0,0411	LWL	0,0371	
NG PAML	0,0175	0,0541	NG PAML	0,0518	
LWL PAML	0,0163	0,0545	LWL PAML	0,0522	

Tab. 0.22: Evoluční vzdálenost, kytovci, gen ND5

Evoluční vzdálenost	Megaptera novaeangliae	Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
Balaenoptera bonaerensis	w	w	w	w	w
NG	0,0814	0,0842	0,0895	0,0828	0,2014
NGjc	0,0636	0,0665	0,0659	0,0609	0,1294
LWL	0,0454	0,0407	0,0343	0,0410	0,0489
NG PAML	0,0560	0,0569	0,0545	0,0516	0,1066
LWL PAML	0,0525	0,0532	0,0532	0,0509	0,1020
		Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
	Megaptera novaeangliae	w	w	w	w
	NG	0,0834	0,0957	0,0866	0,1877
	NGjc	0,0678	0,0701	0,0632	0,1225
	LWL	0,3968	0,0365	0,0370	0,0416
	NG PAML	0,0629	0,0567	0,0530	0,1092
	LWL PAML	0,0593	0,0547	0,0453	0,1092
			Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
		Balaenoptera brydei	w	w	w
		NG	0,0810	0,0749	0,1692
		NGjc	0,0581	0,0537	0,0996
		LWL	0,0375	0,0398	0,0455
		NG PAML	0,0505	0,0469	0,0857
		LWL PAML	0,0489	0,0697	0,0868
	Eubalaena japonica	Orcinus orca		Orcinus orca	
Eubalaena australis	w	w	Eubalaena japonica	w	
NG	0,0757	0,1595	NG	0,1585	
NGjc	0,0734	0,0975	NGjc	0,0958	
LWL	0,0317	0,0475	LWL	0,0426	
NG PAML	0,0744	0,0897	NG PAML	0,0889	
LWL PAML	0,0501	0,0902	LWL PAML	0,0893	

Tab. 0.23: Evoluční vzdálenost, kytovci, gen ND6

Evoluční vzdálenost	Megaptera novaeangliae	Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
Balaenoptera bonaerensis	w	w	w	w	w
NG	0,1633	0,1516	0,1844	0,1709	0,2871
NGjc	0,1395	0,1281	0,1426	0,1299	0,2257

LWL	0,0476	0,0337	0,0361	0,0369	0,0395
NG PAML	0,1195	0,1168	0,1303	0,1177	0,2070
LWL PAML	0,1103	0,1104	0,1235	0,1112	0,1992
		Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
	Megaptera novaeangliae	w	w	w	w
	NG	0,1543	0,1437	0,1234	0,2980
	NGjc	0,1316	0,1108	0,0949	0,2314
	LWL	0,2580	0,3220	0,0279	0,0389
	NG PAML	0,1254	0,1112	0,0938	0,1894
	LWL PAML	0,1167	0,1032	0,0873	0,1783
			Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
		Balaenoptera brydei	w	w	w
		NG	0,1856	0,1633	0,2687
		NGjc	0,1494	0,1311	0,2062
		LWL	0,0378	0,0323	0,0507
		NG PAML	0,1338	0,1144	0,1726
		LWL PAML	0,1265	0,1072	0,1654
	Eubalaena japonica	Orcinus orca		Orcinus orca	
Eubalaena australis	w	w	Eubalaena japonica	w	
NG	0,5804	0,2487	NG	0,2422	
NGjc	0,5753	0,1805	NGjc	0,1783	
LWL	0,0716	0,0313	LWL	0,0371	
NG PAML	0,5796	0,1762	NG PAML	0,1691	
LWL PAML	0,5336	0,1712	LWL PAML	0,1593	

Tab. 0.24: Evoluční vzdálenost, kytovci, gen CYTB

Evoluční vzdálenost	Megaptera novaeangliae	Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
Balaenoptera bonaerensis	w	w	w	w	w
NG	0,0526	0,0855	0,0544	0,0570	0,1311
NGjc	0,0416	0,0703	0,0415	0,0438	0,0882
LWL	0,0390	0,0495	0,0449	0,0568	0,0440
NG PAML	0,0367	0,0647	0,0350	0,0355	0,0769
LWL PAML	0,0346	0,0596	0,0332	0,0337	0,0770
		Balaenoptera brydei	Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
	Megaptera novaeangliae	w	w	w	w
	NG	0,1209	0,0530	0,0570	0,1112
	NGjc	0,1035	0,0402	0,0435	0,0726
	LWL	0,0569	0,0440	0,0566	0,0431
	NG PAML	0,1031	0,0346	0,0346	0,0621
	LWL PAML	0,0946	0,0324	0,0325	0,0612
			Eubalaena australis	Eubalaena japonica	Orcinus orca
		Balaenoptera brydei	w	w	w
		NG	0,0875	0,0854	0,1380
		NGjc	0,0664	0,0646	0,0921
		LWL	0,0382	0,0354	0,0516
		NG PAML	0,0519	0,0519	0,0814
		LWL PAML	0,0477	0,0482	0,0798
	Eubalaena japonica	Orcinus orca		Orcinus orca	
Eubalaena australis	w	w	Eubalaena japonica	w	
NG	0,0000	0,1088	NG	0,1121	
NGjc	0,0000	0,0700	NGjc	0,0737	
LWL	0,0422	0,0431	LWL	0,0454	
NG PAML	-1,0000	0,0651	NG PAML	0,0685	
LWL PAML	0,0000	0,0668	LWL PAML	0,0700	

Tab. 0.25: Evoluční vzdálenost, motýli, gen COX3

Evoluční vzdálenost	Ostrinia nubilalis	Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
Backokjam	w	w	w	w	w
NG	0,3054	0,2975	0,0238	0,2067	0,2576
NGjc	0,2470	0,2378	0,0199	0,1374	0,1779
LWL	0,7049	0,9461	0,4354	0,5930	0,0706
NG PAML	0,2300	0,2175	0,0167	0,1412	0,1604
LWL PAML	0,2250	0,2098	0,0166	0,1306	0,0967
		Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
	Ostrinia nubilalis	w	w	w	w
	NG	0,0667	0,2591	0,2254	0,2623
	NGjc	0,0647	0,1965	0,1503	0,1968

	LWL	0,0606	0,6126	0,5859	0,4390
	NG PAML	0,0640	0,1994	0,1431	0,1680
	LWL PAML	0,0619	0,1985	0,1215	0,1451
			Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
		Ostrinia furnacalis	w	w	w
		NG	0,2505	0,2168	0,2448
		NGjc	0,1870	0,1439	0,1787
		LWL	0,6611	0,6017	0,5108
		NG PAML	0,1892	0,1368	0,1524
		LWL PAML	0,1860	0,1158	0,1352
	Antheraea pernyi	Danaus plexippus		Danaus plexippus	
Bombyx mandarina	w	w	Antheraea pernyi	w	
NG	0,2015	0,2470	NG	0,2022	
NGjc	0,1279	0,1673	NGjc	0,1186	
LWL	0,6938	0,5951	LWL	0,6158	
NG PAML	0,1270	0,1440	NG PAML	0,1085	
LWL PAML	0,1258	0,1019	LWL PAML	0,0000	

Tab. 0.26: Evoluční vzdálenost, motýli, gen ND3

Evoluční vzdálenost	Ostrinia nubilalis	Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
Backokjam	w	w	w	w	w
NG	0,4063	0,4257	0,0932	0,3573	0,4016
NGjc	0,3285	0,3510	0,0868	0,2702	0,3022
LWL	0,1631	0,1328	0,4547	0,4900	0,1179
NG PAML	0,3185	0,3384	0,0921	0,2599	0,3258
LWL PAML	0,2886	0,3101	0,0905	0,0000	0,2773
		Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
	Ostrinia nubilalis	w	w	w	w
	NG	0,0000	0,4179	0,3399	0,3802
	NGjc	0,0000	0,3413	0,2492	0,2815
	LWL	0,0000	0,1636	0,1002	0,2156
	NG PAML	-1,0000	0,3336	0,2587	0,2998
	LWL PAML	0,0000	0,3137	0,1975	0,2276
			Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
		Ostrinia furnacalis	w	w	w
		NG	0,4380	0,3702	0,4141
		NGjc	0,3645	0,2850	0,3223
		LWL	0,1117	0,1023	0,9754
		NG PAML	0,3546	0,2898	0,3362
		LWL PAML	0,3333	0,2163	0,2516
	Antheraea pernyi	Danaus plexippus		Danaus plexippus	
Bombyx mandarina	w	w	Antheraea pernyi	w	
NG	0,3711	0,3777	NG	0,3902	
NGjc	0,2865	0,2760	NGjc	0,2942	
LWL	0,7503	0,1061	LWL	0,9973	
NG PAML	0,2700	0,3022	NG PAML	0,3042	
LWL PAML	0,0000	0,2658	LWL PAML	0,2289	

Tab. 0.27: Evoluční vzdálenost, motýli, gen ND5

Evoluční vzdálenost	Ostrinia nubilalis	Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
Backokjam	w	w	w	w	w
NG	0,4800	0,5102	0,1014	0,3886	0,4535
NGjc	0,4227	0,4551	0,0924	0,3281	0,3787
LWL	1,1114	0,9695	0,3896	0,6523	1,0355
NG PAML	0,3923	0,4264	0,0845	0,2961	0,4018
LWL PAML	0,3553	0,3799	0,0828	0,2537	0,2870
		Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
	Ostrinia nubilalis	w	w	w	w
	NG	0,1254	0,4901	0,4157	0,5009
	NGjc	0,1220	0,4343	0,3610	0,4395
	LWL	0,0000	0,7012	0,7623	0,9958
	NG PAML	0,1200	0,4035	0,3291	0,4568
	LWL PAML	0,1135	0,3644	0,2833	0,3716
			Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
		Ostrinia furnacalis	w	w	w
		NG	0,5201	0,4330	0,5180
		NGjc	0,4667	0,3804	0,4593
		LWL	0,7181	0,8110	1,0015
		NG PAML	0,4391	0,3435	0,4932
		LWL PAML	0,3897	0,2886	0,3979
	Antheraea pernyi	Danaus plexippus		Danaus plexippus	

Bombyx mandarina	w	w	Antheraea pernyi	w	
NG	0,3626	0,4549	NG	0,4587	
NGjc	0,2977	0,3784	NGjc	0,3868	
LWL	0,5483	0,9187	LWL	0,9046	
NG PAML	0,2587	0,4025	NG PAML	0,3725	
LWL PAML	0,2309	0,3091	LWL PAML	0,2815	

Tab. 0.28: Evoluční vzdálenost, motýli, gen ND4

Evoluční vzdálenost	Ostrinia nubilalis	Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
Backokjam	w	w	w	w	w
NG	0,3776	0,3617	0,3480	0,4332	0,6251
NGjc	0,3164	0,3007	0,3195	0,3584	0,5589
LWL	0,9259	0,9791	0,6156	0,1067	0,9212
NG PAML	0,2654	0,2515	0,2315	0,2784	0,4126
LWL PAML	0,2118	0,1979	0,2238	0,0000	0,0000
		Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
	Ostrinia nubilalis	w	w	w	w
	NG	0,0480	0,4508	0,5538	0,6321
	NGjc	0,0456	0,3780	0,4814	0,5708
	LWL	0,4944	0,9247	0,9842	0,9997
	NG PAML	0,0436	0,3167	0,3910	0,4413
	LWL PAML	0,0413	0,2490	0,2609	0,3418
			Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
		Ostrinia furnacalis	w	w	w
		NG	0,4261	0,5402	0,6136
		NGjc	0,3508	0,4661	0,5495
		LWL	0,1068	0,8713	0,9648
		NG PAML	0,3011	0,3831	0,4255
		LWL PAML	0,2442	0,2518	0,3427
	Antheraea pernyi	Danaus plexippus		Danaus plexippus	
Bombyx mandarina	w	w	Antheraea pernyi	w	
NG	0,3413	0,4974	NG	0,5104	
NGjc	0,2762	0,4303	NGjc	0,4428	
LWL	0,1246	0,1038	LWL	0,8928	
NG PAML	0,2359	0,3545	NG PAML	0,3996	
LWL PAML	0,0000	0,1953	LWL PAML	0,2717	

Tab. 0.29: Evoluční vzdálenost, motýli, gen ND4L

Evoluční vzdálenost	Ostrinia nubilalis	Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
Backokjam	w	w	w	w	w
NG	0,6538	0,6560	0,0354	0,6373	0,6365
NGjc	0,6072	0,6141	0,0311	0,5922	0,5739
LWL	0,1485	0,1806	0,3231	0,1457	0,7679
NG PAML	0,5396	0,5492	0,0198	0,4560	0,5125
LWL PAML	0,5139	0,5230	0,0197	0,4249	0,3764
		Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
	Ostrinia nubilalis	w	w	w	w
	NG	0,5904	0,6806	0,5778	0,6696
	NGjc	0,5845	0,6359	0,5239	0,6257
	LWL	0,0000	0,1221	0,2640	0,2267
	NG PAML	0,4581	0,4902	0,4393	0,4853
	LWL PAML	0,4324	0,4661	0,3370	0,3954
			Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
		Ostrinia furnacalis	w	w	w
		NG	0,6434	0,5557	0,8427
		NGjc	0,5988	0,5037	0,8202
		LWL	0,1851	0,4244	0,6228
		NG PAML	0,4966	0,4058	0,6121
		LWL PAML	0,4685	0,3037	0,4679
	Antheraea pernyi	Danaus plexippus		Danaus plexippus	
Bombyx mandarina	w	w	Antheraea pernyi	w	
NG	0,6662	0,7598	NG	1,0259	
NGjc	0,6264	0,7176	NGjc	1,0294	
LWL	0,3474	0,3431	LWL	0,9384	
NG PAML	0,4750	0,6401	NG PAML	0,8403	
LWL PAML	0,4282	0,3767	LWL PAML	0,6934	

Tab. 0.30: Evoluční vzdálenost, motýli, gen ND6

Evoluční vzdálenost	Ostrinia nubilalis	Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
Backokjam	w	w	w	w	w
NG	0,8016	0,9029	0,1564	0,7660	0,8537
NGjc	0,7556	0,8811	0,1505	0,7133	0,8084

LWL	0,8212	0,7886	0,4615	0,7981	0,9740
NG PAML	0,6823	0,7322	0,1260	0,7845	0,6790
LWL PAML	0,6132	0,6472	0,1206	0,5007	0,0000
		Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
	Ostrinia nubilalis	w	w	w	w
	NG	0,0587	0,7220	0,6062	0,5879
	NGjc	0,0572	0,6549	0,5255	0,4999
	LWL	0,6460	0,6177	0,5563	0,7466
	NG PAML	0,1193	0,5616	0,4627	0,4951
	LWL PAML	0,1136	0,5276	0,4028	0,4167
			Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
		Ostrinia furnacalis	w	w	w
		NG	0,7939	0,5933	0,6157
		NGjc	0,7457	0,5104	0,5363
		LWL	0,8446	0,6086	1,1591
		NG PAML	0,5978	0,4656	0,5255
		LWL PAML	0,5571	0,4102	0,4263
	Antheraea pernyi	Danaus plexippus		Danaus plexippus	
Bombyx mandarina	w	w	Antheraea pernyi	w	
NG	0,6586	0,7668	NG	0,6065	
NGjc	0,5806	0,6921	NGjc	0,5284	
LWL	0,9737	0,9637	LWL	0,6279	
NG PAML	0,6616	0,6022	NG PAML	0,5566	
LWL PAML	0,4456	0,0000	LWL PAML	0,5212	

Tab. 0.31: Evoluční vzdálenost, motýli, gen CYTB

Evoluční vzdálenost	Ostrinia nubilalis	Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
Backokjam	w	w	w	w	w
NG	0,2394	0,2492	0,0150	0,1885	0,2620
NGjc	0,1808	0,1915	0,0128	0,1257	0,1906
LWL	0,7139	0,5810	0,5858	0,6941	0,8207
NG PAML	0,1674	0,1737	0,0127	0,1269	0,1730
LWL PAML	0,1687	0,1736	0,0126	0,1101	0,1484
		Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
	Ostrinia nubilalis	w	w	w	w
	NG	0,0385	0,2748	0,2107	0,2397
	NGjc	0,0371	0,2182	0,1447	0,1730
	LWL	2,3575	0,7249	0,6792	0,6546
	NG PAML	0,0368	0,2035	0,1281	0,1738
	LWL PAML	0,0354	0,1963	0,0948	0,1226
			Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
		Ostrinia furnacalis	w	w	w
		NG	0,2620	0,2122	0,2355
		NGjc	0,2041	0,1480	0,1658
		LWL	0,7482	0,6857	0,6392
		NG PAML	0,1886	0,1310	0,1632
		LWL PAML	0,1834	0,0938	0,1135
	Antheraea pernyi	Danaus plexippus		Danaus plexippus	
Bombyx mandarina	w	w	Antheraea pernyi	w	
NG	0,1830	0,3003	NG	0,3040	
NGjc	0,1202	0,2329	NGjc	0,2305	
LWL	0,5986	0,7291	LWL	0,6948	
NG PAML	0,1197	0,2172	NG PAML	0,2166	
LWL PAML	0,0933	0,1737	LWL PAML	0,1893	

Tab. 0.32: Evoluční vzdálenost, motýli, gen ND1

Evoluční vzdálenost	Ostrinia nubilalis	Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
Backokjam	w	w	w	w	w
NG	0,4661	0,4453	0,0462	0,4327	0,5336
NGjc	0,4018	0,3805	0,0432	0,3657	0,4613
LWL	0,4906	0,7925	0,2286	0,4866	0,8575
NG PAML	0,3690	0,3607	0,0358	0,3215	0,4441
LWL PAML	0,3291	0,3206	0,0343	0,2730	0,3854
		Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
	Ostrinia nubilalis	w	w	w	w
	NG	0,0428	0,4717	0,3867	0,4259
	NGjc	0,0410	0,4076	0,3229	0,3524
	LWL	0,0000	0,6539	0,8155	0,6727
	NG PAML	0,0408	0,3742	0,2645	0,3316
	LWL PAML	0,0373	0,3322	0,1947	0,2791
			Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus

		Ostrinia furnacalis	w	w	w
		NG	0,4469	0,3731	0,4383
		NGjc	0,3820	0,3103	0,3671
		LWL	0,6138	0,7236	0,6299
		NG PAML	0,3659	0,2628	0,3521
		LWL PAML	0,3232	0,1916	0,2986
	Antheraea pernyi	Danaus plexippus		Danaus plexippus	
Bombyx mandarina	w	w	Antheraea pernyi	w	
NG	0,4527	0,5721	NG	0,4970	
NGjc	0,3881	0,5026	NGjc	0,4215	
LWL	0,8032	0,7344	LWL	0,9123	
NG PAML	0,3336	0,4590	NG PAML	0,3938	
LWL PAML	0,2740	0,3980	LWL PAML	0,2811	

Tab. 0.33: Evoluční vzdálenost, motýli, gen ND2

Evoluční vzdálenost	Ostrinia nubilalis	Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
Backokjam	w	w	w	w	w
NG	0,5378	0,5338	0,0668	0,4615	0,6330
NGjc	0,4722	0,4669	0,0610	0,3800	0,5562
LWL	0,8436	0,6366	2,3551	0,7600	0,1018
NG PAML	0,3985	0,3857	0,0459	0,3129	0,5039
LWL PAML	0,3527	0,3480	0,0449	0,2288	0,0000
		Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
	Ostrinia nubilalis	w	w	w	w
	NG	0,1449	0,5818	0,5407	0,7203
	NGjc	0,1435	0,5243	0,4671	0,6689
	LWL		0,7572	0,7568	0,9729
	NG PAML	0,1487	0,4418	0,3953	0,5681
	LWL PAML	0,1419	0,3665	0,3541	0,5017
			Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
		Ostrinia furnacalis	w	w	w
		NG	0,5809	0,5285	0,7078
		NGjc	0,5226	0,4537	0,6542
		LWL	1,0966	0,7782	0,8917
		NG PAML	0,4268	0,3845	0,5403
		LWL PAML	0,3631	0,3476	0,4825
	Antheraea pernyi	Danaus plexippus		Danaus plexippus	
Bombyx mandarina	w	w	Antheraea pernyi	w	
NG	0,4961	0,6869	NG	0,5483	
NGjc	0,4198	0,6244	NGjc	0,4668	
LWL	0,6566	0,9886	LWL	0,8501	
NG PAML	0,3476	0,6091	NG PAML	0,3802	
LWL PAML	0,2250	0,4078	LWL PAML	0,3659	

Tab. 0.34: Evoluční vzdálenost, motýli, gen COX2

Evoluční vzdálenost	Ostrinia nubilalis	Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
Backokjam	w	w	w	w	w
NG	0,1006	0,0983	0,0119	0,1195	0,1276
NGjc	0,0688	0,0679	0,0107	0,0811	0,0812
LWL	0,0628	0,0481	0,0519	0,0708	0,0909
NG PAML	0,0662	0,0694	0,0106	0,0729	0,0805
LWL PAML	0,0629	0,0655	0,0104	0,0578	0,0596
		Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
	Ostrinia nubilalis	w	w	w	w
	NG	0,0961	0,1137	0,1709	0,2201
	NGjc	0,0927	0,0809	0,1294	0,1680
	LWL	0,0678	0,5264	0,1000	0,5514
	NG PAML	0,0917	0,0755	0,1186	0,1586
	LWL PAML	0,0884	0,0694	0,1060	0,1305
			Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
		Ostrinia furnacalis	w	w	
		NG	0,1074	0,1610	0,1930
		NGjc	0,0765	0,1209	0,1432
		LWL	0,4674	0,0968	0,5390
		NG PAML	0,0738	0,1139	0,1380
		LWL PAML	0,0670	0,1007	0,1145
	Antheraea pernyi	Danaus plexippus		Danaus plexippus	
Bombyx mandarina	w	w	Antheraea pernyi	w	
NG	0,1317	0,1307	NG	0,2087	
NGjc	0,0975	0,0888	NGjc	0,1632	
LWL	0,7839	0,6961	LWL	0,6874	

NG PAML	0,0802	0,0952	NG PAML	0,1792	
LWL PAML	0,0519	0,0579	LWL PAML	0,1697	

Tab. 0.35: Evoluční vzdálenost, motýli, gen ATP8

Evoluční vzdálenost	Ostrinia nubilalis	Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
Backokjam	w	w	w	w	w
NG	0,8958	0,8750	0,1390	0,6643	1,4955
NGjc	0,8692	0,8441	0,1237	0,6193	1,5848
LWL	1,4198	2,3363	0,8565	1,8656	1,0511
NG PAML	0,4733	0,4419	0,1044	0,4906	1,0047
LWL PAML	0,4969	0,4524	0,1072	0,4685	2,3011
		Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
	Ostrinia nubilalis	w	w	w	w
	NG	0,0000	1,4535	1,0185	1,4172
	NGjc	0,0000	1,5693	1,0216	1,4773
	LWL	0,0000	1,3790	0,7400	0,7922
	NG PAML	-1,0000	0,7034	0,8920	0,8449
	LWL PAML	0,0000	0,7632	0,0000	1,0239
			Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
		Ostrinia furnacalis	w	w	w
		NG	1,3946	0,9688	1,7078
		NGjc	1,4921	0,9637	1,8110
		LWL	1,0008	1,2417	0,7577
		NG PAML	0,6590	0,8345	0,9720
		LWL PAML	0,6776	0,0000	1,3015
	Antheraea pernyi	Danaus plexippus		Danaus plexippus	
Bombyx mandarina	w	w	Antheraea pernyi	w	
NG	1,0032	1,2742	NG	0,7813	
NGjc	1,0036	1,3231	NGjc	0,7550	
LWL	1,3330	1,3556	LWL	1,0673	
NG PAML	0,6198	1,3207	NG PAML	1,0047	
LWL PAML	0,5682	1,9279	LWL PAML	0,0000	

Tab. 0.36: Evoluční vzdálenost, motýli, gen ATP6

Evoluční vzdálenost	Ostrinia nubilalis	Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
Backokjam	w	w	w	w	w
NG	0,2586	0,2428	0,0129	0,2815	0,2457
NGjc	0,1839	0,1653	0,0116	0,2024	0,1570
LWL	0,6639	0,6295	0,4982	0,7607	0,5421
NG PAML	0,2056	0,1856	0,0116	0,1951	0,1581
LWL PAML	0,1860	0,1743	0,0113	0,0000	
		Ostrinia furnacalis	Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
	Ostrinia nubilalis	w	w	w	w
	NG	0,0000	0,2344	0,2637	0,3056
	NGjc	0,0000	0,1596	0,1890	0,2333
	LWL	0,6440	0,6762	0,6412	0,5132
	NG PAML	0,0000	0,1854	0,2300	0,2530
	LWL PAML	0,0000	0,1647	0,1993	0,0000
			Bombyx mandarina	Antheraea pernyi	Danaus plexippus
		Ostrinia furnacalis	w	w	w
		NG	0,2275	0,2516	0,3170
		NGjc	0,1515	0,1757	0,2463
		LWL	0,6621	0,7354	0,7265
		NG PAML	0,1761	0,2187	0,2556
		LWL PAML	0,1604	0,1932	0,2382
	Antheraea pernyi	Danaus plexippus		Danaus plexippus	
Bombyx mandarina	w	w	Antheraea pernyi	w	
NG	0,2580	0,2511	NG	0,3563	
NGjc	0,1755	0,1674	NGjc	0,2803	
LWL	0,8515	0,7458	LWL	0,6334	
NG PAML	0,1671	0,1756	NG PAML	0,2751	
LWL PAML	0,0000	0,2374	LWL PAML	0,0000	

Tab. 0.37: Evoluční vzdálenost, měkkýši, gen ND6

Evoluční vzdálenost	Cepaea nemoralis	Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
Albinaria caerulea	w	w	w	w	w
NG	0,9492	0,8937	0,8950	0,8788	1,0615
NGjc	0,8880	0,8045	0,7858	0,7676	1,1338
LWL	0,6979	0,8173	0,6735	0,7722	0,7341
NG PAML	0,4249	0,5330	0,3215	0,5864	0,6236
LWL PAML	0,0000	0,5300	0,0000	0,0000	0,0000
		Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa

	Cepaea nemoralis	w	w	w	w
	NG	1,0743	1,1405	1,0401	1,0713
	NGjc	1,1743	1,3173	1,0869	1,1802
	LWL	0,9954	0,6541	0,9852	0,6758
	NG PAML	0,5253	0,8917	0,9594	0,6535
	LWL PAML	0,4684	0,0000	1,1369	0,0000
			Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
		Pupa strigosa	w	w	w
		NG	1,0803	1,0875	0,9309
		NGjc	1,1565	1,1921	0,8282
		LWL	0,6198	0,7778	0,8653
		NG PAML	0,7625	0,6602	0,3218
		LWL PAML	0,6328	0,0000	0,0000
	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa		Terebratalia transversa	
Laqueus rubellus	w	w	Heterololigo bleekeri	w	
NG	0,9464	0,6223	NG	1,0379	
NGjc	0,8856	0,4526	NGjc	1,0769	
LWL	0,7769	0,5040	LWL	0,7537	
NG PAML	0,7034	0,3760	NG PAML	0,6391	
LWL PAML	0,0000	0,0000	LWL PAML	0,0000	

Tab. 0.38: Evoluční vzdálenost, měkkýši, gen COX1

Evoluční vzdálenost	Cepaea nemoralis	Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
Albinaria caerulea	w	w	w	w	w
NG	1,4517	0,1636	0,3380	0,3478	0,3271
NGjc	2,7632		0,0963	0,1664	0,1113
LWL	0,9497	0,3785	0,4272	0,3935	0,4334
NG PAML	1,3884	-1,0000	0,0798	0,1158	0,1139
LWL PAML	1,3468	0,0614	0,1383	0,0000	0,1498
		Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
	Cepaea nemoralis	w	w	w	w
	NG	0,5935	0,5846	0,6599	0,5796
	NGjc	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000
	LWL	0,8113	0,8840	0,7468	0,7293
	NG PAML	1,0034	0,8198	1,1893	1,1623
	LWL PAML	0,8558	0,0000	0,0000	1,2169
			Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
		Pupa strigosa	w	w	w
		NG	0,3311	0,3060	0,3149
		NGjc	0,1281	0,0000	0,0000
		LWL	0,3761	0,4406	0,4559
		NG PAML	0,1187	-1,0000	-1,0000
		LWL PAML	0,1528	0,0000	0,1180
	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa		Terebratalia transversa	
Laqueus rubellus	w	w	Heterololigo bleekeri	w	
NG	0,3369	0,1688	NG	0,3290	
NGjc	0,0000	0,0797	NGjc	0,0000	
LWL	0,4269	0,5002	LWL	0,4377	
NG PAML	-1,0000	0,0720	NG PAML	-1,0000	
LWL PAML	0,1081	0,0850	LWL PAML	0,0000	

Tab. 0.39: Evoluční vzdálenost, měkkýši, gen ND2

Evoluční vzdálenost	Cepaea nemoralis	Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
Albinaria caerulea	w	w	w	w	w
NG	0,7145	0,7106	0,7043	0,8647	0,7014
NGjc	0,4936	0,5064	0,4957	0,7692	0,3868
LWL	0,8865	0,7868	0,7116	1,0539	0,8799
NG PAML	0,4567	0,4462	0,4399	0,7660	0,2248
LWL PAML	0,4320	0,0000	0,4048	0,0000	0,0000
		Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
	Cepaea nemoralis	w	w	w	w
	NG	0,7548	0,6475	0,7632	0,7071
	NGjc	0,5861	0,3796	0,5462	0,4563
	LWL	0,6458	0,6725	0,6919	0,7799
	NG PAML	0,5040	-1,0000	0,6154	-1,0000
	LWL PAML	0,4451	0,0000	0,0000	0,0000
			Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
		Pupa strigosa	w	w	w
		NG	0,5771	0,6967	0,6831

		NGjc	0,2875	0,4544	0,4396
		LWL	0,9228	0,7119	0,7601
		NG PAML	-1,0000	0,5304	0,4347
		LWL PAML	0,0000	0,0000	0,0000
	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa		Terebratalia transversa	
Laqueus rubellus	w	w	Heterololigo bleekeri	w	
NG	0,6781	0,5958	NG	0,7683	
NGjc	0,4493	0,4538	NGjc	0,5451	
LWL	0,5877	0,5909	LWL	0,8417	
NG PAML	-1,0000	0,4119	NG PAML	0,2480	
LWL PAML	0,0000	0,3937	LWL PAML	0,2919	

Tab. 0.40: Evoluční vzdálenost, měkkýši, gen COX3

Evoluční vzdálenost	Cepaea nemoralis	Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
Albinaria caerulea	w	w	w	w	w
NG	0,3652	0,3583	0,5051	0,4953	0,5544
NGjc	0,0000	0,0000	0,2641	0,2882	0,2891
LWL	0,3640	0,4708	0,3966	0,4305	0,4660
NG PAML	0,0949	-1,0000	0,1987	0,1723	0,2163
LWL PAML	0,1599	0,0000	0,0000	0,2104	0,0000
		Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
	Cepaea nemoralis	w	w	w	w
	NG	0,4409	0,5068	0,5382	0,5856
	NGjc	0,0000	0,0000	0,0000	0,2747
	LWL	0,4281	0,4645	0,4527	0,5341
	NG PAML	-1,0000	-1,0000	-1,0000	0,1434
	LWL PAML	0,1219	0,1798	0,0000	0,2242
			Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
		Pupa strigosa	w	w	w
		NG	0,4838	0,4127	0,5184
		NGjc	0,1990	0,0000	0,2516
		LWL	0,4754	0,4852	0,5352
		NG PAML	0,1271	1,0000	0,1772
		LWL PAML	0,0000	0,1430	0,2321
	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa		Terebratalia transversa	
Laqueus rubellus	w	w	Heterololigo bleekeri	w	
NG	0,4029	0,5028	NG	0,4135	
NGjc	0,0000	0,3296	NGjc	0,0000	
LWL	0,4487	0,4983	LWL	0,6485	
NG PAML	-1,0000	0,2878	NG PAML	-1,0000	
LWL PAML	0,0000	0,3003	LWL PAML	0,0000	

Tab. 0.41: Evoluční vzdálenost, měkkýši, gen ND3

Evoluční vzdálenost	Cepaea nemoralis	Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
Albinaria caerulea	w	w	w	w	w
NG	0,7714	0,5313	0,6866	0,8183	0,8934
NGjc	0,4987	0,0000	0,3301	0,6959	0,7898
LWL	0,6693	0,4769	0,7900	0,7635	0,6657
NG PAML	-1,0000	-1,0000	1,0000	0,7061	0,5600
LWL PAML	0,0000	0,0000	0,0000	0,6331	0,5008
		Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
	Cepaea nemoralis	w	w	w	w
	NG	0,6993	0,7749	0,7714	0,9288
	NGjc	0,4308	0,5487	0,5020	0,8580
	LWL	0,5601	0,6066	0,9852	0,5608
	NG PAML	-1,0000	0,2605	-1,0000	0,7796
	LWL PAML	0,0000	0,0000	0,0000	0,6946
			Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
		Pupa strigosa	w	w	w
		NG	0,5847	0,5413	0,5803
		NGjc	0,1998	0,1963	0,2247
		LWL	0,5118	0,6238	0,6404
		NG PAML	-1,0000	0,1899	-1,0000
		LWL PAML	0,0346	0,2328	0,0000
	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa		Terebratalia transversa	
Laqueus rubellus	w	w	Heterololigo bleekeri	w	
NG	0,5083	0,4215	NG	0,6804	
NGjc	0,0000	0,2475	NGjc	0,4607	

LWL	0,4161	0,3865	LWL	0,6268	
NG PAML	-1,0000	0,2728	NG PAML	0,4030	
LWL PAML	0,0000	0,2822	LWL PAML	0,3829	

Tab. 0.42: Evoluční vzdálenost, měkkýši, gen ATP6

Evoluční vzdálenost	Cepaea nemoralis	Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
Albinaria caerulea	w	w	w	w	w
NG	0,5641	0,5456	0,7476	0,7533	0,6539
NGjc	0,2765	0,2891	0,5500	0,5871	0,3073
LWL	0,5218	0,6986	0,7367	0,7488	0,5924
NG PAML	0,2119	0,2196	0,5363	0,5309	-1,0000
LWL PAML	0,2511	0,2524	0,4642	0,4428	0,0000
		Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
	Cepaea nemoralis	w	w	w	w
	NG	0,4670	0,6734	0,6573	0,6509
	NGjc	0,2082	0,4482	0,4331	0,4010
	LWL	0,4510	0,6262	0,5545	0,4516
	NG PAML	0,2591	0,5123	0,3681	0,3870
	LWL PAML	0,0394	0,0000	0,3729	0,3780
			Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
		Pupa strigosa	w	w	w
		NG	0,7095	0,7573	0,8347
		NGjc	0,4487	0,5522	0,6845
		LWL	0,5931	0,6032	0,6679
		NG PAML	-1,0000	0,3319	0,5788
		LWL PAML	0,0000	0,0000	0,4918
	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa		Terebratalia transversa	
Laqueus rubellus	w	w	Heterololigo bleekeri	w	
NG	0,6888	0,6203	NG	0,7752	
NGjc	0,3795	0,4513	NGjc	0,5166	
LWL	0,5041	0,5775	LWL	0,6592	
NG PAML	0,3198	0,3691	NG PAML	0,2817	
LWL PAML	0,0000	0,3476	LWL PAML	0,0000	

Tab. 0.43: Evoluční vzdálenost, měkkýši, gen ATP8

Evoluční vzdálenost	Cepaea nemoralis	Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
Albinaria caerulea	w	w	w	w	w
NG	0,9212	1,0636	1,1011	1,3286	1,0758
NGjc	0,7886	1,1362	1,2504	1,7324	1,1592
LWL	0,6739	0,6860	0,9759	1,0945	1,2190
NG PAML	-1,0000	0,2972	0,8700	1,2045	0,5344
LWL PAML	0,0000	0,0000	0,5634	0,0000	0,4935
		Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
	Cepaea nemoralis	w	w	w	w
	NG	0,9064	0,8352	0,6897	0,9643
	NGjc	0,7212	0,0000	0,0000	0,9186
	LWL	0,8380	1,0109	1,1576	0,8427
	NG PAML	0,2811	-1,0000	-1,0000	0,9253
	LWL PAML	0,0000	0,0000	0,0000	0,6515
			Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
		Pupa strigosa	w	w	w
		NG	0,8374	0,9863	1,1266
		NGjc	0,5147	0,9639	1,3214
		LWL	0,8249	0,6541	1,1057
		NG PAML	0,4646	0,5981	1,6021
		LWL PAML	0,0000	0,0000	0,0000
	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa		Terebratalia transversa	
Laqueus rubellus	w	w	Heterololigo bleekeri	w	
NG	0,6553	0,6735	NG	0,7624	
NGjc	0,3105	0,5362	NGjc	0,5509	
LWL	0,5841	0,5857	LWL	0,5591	
NG PAML	0,2022	0,3992	NG PAML	0,3239	
LWL PAML	0,2558	0,3620	LWL PAML	0,0000	

Tab. 0.44: Evoluční vzdálenost, měkkýši, gen COX2

Evoluční vzdálenost	Cepaea nemoralis	Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
Albinaria caerulea	w	w	w	w	w
NG	0,4870	0,2997	0,5300	0,5855	0,5678
NGjc	0,0000	0,0000	0,1114	0,3942	0,2016
LWL	0,4318	0,4649	0,5508	0,6012	0,5553

NG PAML	0,1379	-1,0000	-1,0000	0,3323	-1,0000
LWL PAML	0,2204	0,0000	0,0000	0,3410	0,2021
		Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
	Cepaea nemoralis	w	w	w	w
	NG	0,5259	0,5167	0,6254	0,6421
	NGjc	0,0000	0,0000	0,0000	0,2369
	LWL	0,5587	0,6363	0,5035	0,5718
	NG PAML	-1,0000	-1,0000	-1,0000	-1,0000
	LWL PAML	0,1465	0,0000	0,0000	0,0000
			Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
		Pupa strigosa	w	w	w
		NG	0,5069	0,5303	0,5930
		NGjc	0,2020	0,2354	0,3255
		LWL	0,7254	0,4551	0,5048
		NG PAML	-1,0000	-1,0000	-1,0000
		LWL PAML	0,0000	0,1870	0,2275
	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa		Terebratalia transversa	
Laqueus rubellus	w	w	Heterololigo bleekeri	w	
NG	0,4527	0,4194	NG	0,4825	
NGjc	0,1575	0,3032	NGjc	0,1811	
LWL	0,4679	0,4373	LWL	0,5974	
NG PAML	-1,0000	0,2406	NG PAML	-1,0000	
LWL PAML	0,1603	0,2358	LWL PAML	0,1293	

Tab. 0.45: Evoluční vzdálenost, měkkýši, gen CYTB

Evoluční vzdálenost	Cepaea nemoralis	Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
Albinaria caerulea	w	w	w	w	w
NG	0,3859	0,3643	0,4991	0,6308	0,4952
NGjc	0,0000	0,0000	0,2219	0,4460	0,1651
LWL	0,4198	0,4257	0,5597	0,5267	0,5981
NG PAML	-1,0000	-1,0000	0,1877	0,3576	-1,0000
LWL PAML	0,0000	0,1261	0,1819	0,2769	0,1612
		Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
	Cepaea nemoralis	w	w	w	w
	NG	0,4450	0,5249	0,5771	0,5810
	NGjc	0,0000	0,2397	0,3010	0,2589
	LWL	0,4051	0,4689	0,5250	0,4705
	NG PAML	-1,0000	0,1887	-1,0000	-1,0000
	LWL PAML		0,2306	0,0000	0,1698
			Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
		Pupa strigosa	w	w	w
		NG	0,5185	0,5811	0,5754
		NGjc	0,1534	0,3273	0,3166
		LWL	0,5593	0,5594	0,5480
		NG PAML	-1,0000	0,2001	0,1947
		LWL PAML	0,1261	0,2080	0,2064
	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa		Terebratalia transversa	
Laqueus rubellus	w	w	Heterololigo bleekeri	w	
NG	0,5820	0,3335	NG	0,5189	
NGjc	0,3698	0,1632	NGjc	0,2359	
LWL	0,5429	0,4491	LWL	0,5841	
NG PAML	0,2778	0,1415	NG PAML	0,1605	
LWL PAML	0,2690	0,1602	LWL PAML	0,1791	

Tab. 0.46: Evoluční vzdálenost, měkkýši, gen ND4L

Evoluční vzdálenost	Cepaea nemoralis	Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
Albinaria caerulea	w	w	w	w	w
NG	0,7682	0,7725	0,8225	0,8107	0,6805
NGjc	0,5642	0,6145	0,7026	0,6928	0,4112
LWL	0,7587	0,9703	0,7279	0,8683	0,6079
NG PAML	0,6250	0,6560	0,6058	0,5694	0,5052
LWL PAML	0,6532	0,6657	0,5057	0,0000	0,4059
		Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
	Cepaea nemoralis	w	w	w	w
	NG	0,8654	0,7220	0,7799	0,7053
	NGjc	0,7581	0,5208	0,6004	0,4362
	LWL	0,7521	0,9766	0,8283	0,7038
	NG PAML	1,0566	0,5159	0,7213	0,2282
	LWL PAML	0,8857	0,4915	0,0000	0,0000

			Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
		Pupa strigosa	w	w	w
		NG	0,5899	0,7179	0,7059
		NGjc	0,3167	0,5033	0,4610
		LWL	0,6343	0,6411	0,5514
		NG PAML	0,3737	0,3583	0,3123
		LWL PAML	0,0000	0,0000	0,0000
	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa		Terebratalia transversa	
Laqueus rubellus	w	w	Heterololigo bleekeri	w	
NG	0,7577	0,5163	NG	0,7742	
NGjc	0,5896	0,2994	NGjc	0,6141	
LWL	0,7025	0,5449	LWL	0,8376	
NG PAML	0,5808	0,2345	NG PAML	0,7794	
LWL PAML	0,5335	0,2433	LWL PAML	0,6813	

Tab. 0.47: Evoluční vzdálenost, měkkýši, gen ND1

Evoluční vzdálenost	Cepaea nemoralis	Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
Albinaria caerulea	w	w	w	w	w
NG	0,5111	0,5215	0,5566	0,7201	0,6562
NGjc	0,2133	0,2816	0,2493	0,5569	0,4080
LWL	0,4032	0,5111	0,5585	0,5493	0,4748
NG PAML	0,1420	0,2285	-1,0000	0,3690	0,2857
LWL PAML	0,0000	0,2556	0,1905	0,3315	0,0000
		Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
	Cepaea nemoralis	w	w	w	w
	NG	0,5126	0,5325	0,6016	0,6205
	NGjc	0,2206	0,1487	0,3217	0,3606
	LWL	0,5620	0,5757	0,5886	0,5167
	NG PAML	-1,0000	-1,0000	0,1877	0,2035
	LWL PAML	0,0000	0,2105	0,2101	0,0000
			Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
		Pupa strigosa	w	w	w
		NG	0,4749	0,5525	0,5550
		NGjc	0,0000	0,3344	0,2479
		LWL	0,4308	0,6306	0,6143
		NG PAML	-1,0000	0,2393	-1,0000
		LWL PAML	0,0000	0,2482	0,1653
	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa		Terebratalia transversa	
Laqueus rubellus	w	w	Heterololigo bleekeri	w	
NG	0,5704	0,4174	NG	0,5558	
NGjc	0,3522	0,2505	NGjc	0,2845	
LWL	0,5425	0,5297	LWL	0,5158	
NG PAML	0,2364	0,2227	NG PAML	0,2090	
LWL PAML	0,2482	0,2292	LWL PAML	0,2298	

Tab. 0.48: Evoluční vzdálenost, měkkýši, gen ND5

Evoluční vzdálenost	Cepaea nemoralis	Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
Albinaria caerulea	w	w	w	w	w
NG	0,7610	0,6623	0,7683	0,9037	0,8838
NGjc	0,5422	0,4206	0,5023	0,8273	0,7582
LWL	0,5249	0,4712	0,5445	0,7080	0,8052
NG PAML	0,3407	0,3125	0,2222	0,6234	0,4745
LWL PAML	0,3427	0,3197	0,2500	0,5732	0,0000
		Pupa strigosa	Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
	Cepaea nemoralis	w	w	w	w
	NG	0,6431	0,8080	0,8677	0,8317
	NGjc	0,3531	0,5368	0,7124	0,5802
	LWL	0,5411	0,6558	0,7362	0,6342
	NG PAML	0,2724	-1,0000	0,3406	0,1860
	LWL PAML	0,3297	0,0000	0,0000	0,0000
			Laqueus rubellus	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa
		Pupa strigosa	w	w	w
		NG	0,6801	0,7830	0,8341
		NGjc	0,3798	0,6010	0,6884
		LWL	0,6707	0,7819	0,7535
		NG PAML	0,3713	0,4870	0,5254

		LWL PAML	0,3608	0,0000	0,5024
	Heterololigo bleekeri	Terebratalia transversa		Terebratalia transversa	
Laqueus rubellus	w	w	Heterololigo bleekeri	w	
NG	0,7466	0,5468	NG	0,8481	
NGjc	0,5374	0,3671	NGjc	0,7377	
LWL	0,6612	0,5695	LWL	0,6462	
NG PAML	0,3673	0,2852	NG PAML	0,4958	
LWL PAML	0,3610	0,2831	LWL PAML	0,4666	

Tab. 0.49: Evoluční vzdálenost, ptáci, gen ND6

Evoluční vzdálenost	Gavia stellata	Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
Larus dominicanus	w	w	w	w	w
NG	0,0553	0,1011	0,0397	0,0662	0,0993
NGjc	0,0283	0,0504	0,0203	0,0408	0,0647
LWL	0,0329	0,0344	0,0377	0,0414	0,0356
NG PAML	0,0620	0,1178	0,0489	0,0909	0,1261
LWL PAML	0,0661	0,1258	0,0508	0,0905	0,1188
		Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
	Gavia stellata	w	w	w	w
	NG	0,1344	0,0570	0,0740	0,1106
	NGjc	0,0813	0,0330	0,0406	0,0680
	LWL	0,0300	0,0323	0,0322	0,0337
	NG PAML	0,1487	0,0632	0,0710	0,1483
	LWL PAML	0,1523	0,0647	0,0763	0,1459
			Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
		Branta canadensis	w	w	w
		NG	0,1154	0,1321	0,1513
		NGjc	0,0625	0,0784	0,0886
		LWL	0,0346	0,0440	0,0416
		NG PAML	0,1364	0,1570	0,1967
		LWL PAML	0,1332	0,1582	0,1900
	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis		Micrastur gilvicollis	
Thalassarche melanophrys	w	w	Aphrodroma brevirostris	w	
NG	0,0767	0,0910	NG	0,1142	
NGjc	0,0528	0,0528	NGjc	0,0761	
LWL	0,0382	0,0440	LWL	0,0333	
NG PAML	0,1051	0,1091	NG PAML	0,1568	
LWL PAML	0,1026	0,1026	LWL PAML	0,1531	

Tab. 0.50: Evoluční vzdálenost, ptáci, gen CYTB

Evoluční vzdálenost	Gavia stellata	Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
Larus dominicanus	w	w	w	w	w
NG	0,0947	0,1318	0,0683	0,0800	0,1266
NGjc	0,0610	0,0831	0,0422	0,0508	0,0827
LWL	0,0333	0,0372	0,0314	0,0366	0,0362
NG PAML	0,0553	0,0703	0,0396	0,0427	0,0714
LWL PAML	0,0577	0,0699	0,0412	0,0439	0,0724
		Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
	Gavia stellata	w	w	w	w
	NG	0,1343	0,1441	0,1109	0,1473
	NGjc	0,0875	0,1022	0,0762	0,1019
	LWL	0,0350	0,0369	0,0389	0,0348
	NG PAML	0,0727	0,0835	0,0670	0,0841
	LWL PAML	0,0760	0,0831	0,0689	0,0877
			Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
		Branta canadensis	w	w	w
		NG	0,1282	0,1156	0,1437
		NGjc	0,0798	0,0724	0,0987
		LWL	0,0420	0,0438	0,0351
		NG PAML	0,0681	0,0587	0,0853
		LWL PAML	0,0701	0,0618	0,0847

	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis		Micrastur gilvicollis	
Thalassarche melanophrys	w	w	Aphrodroma brevirostris	w	
NG	0,0814	0,1434	NG	0,1267	
NGjc	0,0571	0,0976	NGjc	0,0883	
LWL	0,0435	0,0302	LWL	0,0388	
NG PAML	0,0500	0,0819	NG PAML	0,0770	
LWL PAML	0,0506	0,0838	LWL PAML	0,0798	

Tab. 0.51: Evoluční vzdálenost, ptáci, gen ND5

Evoluční vzdálenost	Gavia stellata	Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
Larus dominicanus	w	w	w	w	w
NG	0,1733	0,2682	0,1570	0,1820	0,2428
NGjc	0,1114	0,1682	0,0991	0,1207	0,1599
LWL	0,0399	0,0359	0,0386	0,0425	0,0383
NG PAML	0,1080	0,1445	0,0910	0,1112	0,1386
LWL PAML	0,1103	0,1476	0,0933	0,1119	0,1421
		Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
	Gavia stellata	w	w	w	w
	NG	0,2793	0,1615	0,1779	0,2338
	NGjc	0,1857	0,1120	0,1211	0,1621
	LWL	0,0403	0,0408	0,0416	0,0481
	NG PAML	0,1615	0,1051	0,1139	0,1447
	LWL PAML	0,1568	0,1043	0,1132	0,1431
			Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
		Branta canadensis	w	w	w
		NG	0,2499	0,2679	0,2843
		NGjc	0,1606	0,1723	0,1846
		LWL	0,0369	0,0438	0,0427
		NG PAML	0,1461	0,1535	0,1583
		LWL PAML	0,1455	0,1532	0,1563
	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis		Micrastur gilvicollis	
Thalassarche melanophrys	w	w	Aphrodroma brevirostris	w	
NG	0,1551	0,2308	NG	0,2192	
NGjc	0,1116	0,1638	NGjc	0,1519	
LWL	0,0398	0,0382	LWL	0,0425	
NG PAML	0,1082	0,1473	NG PAML	0,1294	
LWL PAML	0,1057	0,1445	LWL PAML	0,1289	

Tab. 0.52: Evoluční vzdálenost, ptáci, gen ND4

Evoluční vzdálenost	Gavia stellata	Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
Larus dominicanus	w	w	w	w	w
NG	0,1234	0,1737	0,1336	0,1253	0,1836
NGjc	0,0777	0,1114	0,0846	0,0768	0,1254
LWL	0,0334	0,0370	0,0376	0,0396	0,0413
NG PAML	0,0676	0,1041	0,0717	0,0631	0,1169
LWL PAML	0,0686	0,1043	0,0745	0,0672	0,1162
		Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
	Gavia stellata	w	w	w	w
	NG	0,1806	0,1164	0,1371	0,1573
	NGjc	0,1135	0,0774	0,0894	0,1021
	LWL	0,0377	0,0384	0,0456	0,0308
	NG PAML	0,0988	0,0592	0,0768	0,0898
	LWL PAML	0,0982	0,0612	0,0785	0,0896
			Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
		Branta canadensis	w	w	w
		NG	0,1670	0,1879	0,2183
		NGjc	0,1089	0,1170	0,1432
		LWL	0,0365	0,0413	0,0378
		NG PAML	0,0976	0,0911	0,1322
		LWL PAML	0,0988	0,0946	0,1316
	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis		Micrastur gilvicollis	
Thalassarche melanophrys	w	w	Aphrodroma brevirostris	w	
NG	0,1170	0,1668	NG	0,1926	

NGjc	0,0777	0,1093	NGjc	0,1303	
LWL	0,0368	0,0354	LWL	0,0343	
NG PAML	0,0649	0,1046	NG PAML	0,1169	
LWL PAML	0,0654	0,1039	LWL PAML	0,1177	

Tab. 0.53: Evoluční vzdálenost, ptáci, gen ND4L

Evoluční vzdálenost	Gavia stellata	Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
Larus dominicanus	w	w	w	w	w
NG	0,1423	0,2810	0,1693	0,1478	0,2223
NGjc	0,0996	0,1755	0,1196	0,0844	0,1445
LWL	0,0544	0,0477	0,0382	0,0336	0,0349
NG PAML	0,0883	0,1148	0,1109	0,0591	0,1341
LWL PAML	0,0897	0,1249	0,1100	0,0602	0,1409
		Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
	Gavia stellata	w	w	w	w
	NG	0,1981	0,1028	0,1433	0,1466
	NGjc	0,1231	0,0741	0,1063	0,0919
	LWL	0,0312	0,0464	0,0340	0,0346
	NG PAML	0,0842	0,0699	0,0828	0,0866
	LWL PAML	0,0914	0,0686	0,0800	0,0949
			Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
		Branta canadensis	w	w	w
		NG	0,1717	0,2264	0,2607
		NGjc	0,0833	0,1316	0,1569
		LWL	0,0455	0,0459	0,0698
		NG PAML	0,0590	0,0910	0,1093
		LWL PAML	0,0732	0,1044	0,1260
	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis		Micrastur gilvicollis	
Thalassarche melanophrys	w	w	Aphrodroma brevirostris	w	
NG	0,0623	0,1507	NG	0,1764	
NGjc	0,0380	0,0952	NGjc	0,1096	
LWL	0,0350	0,0340	LWL	0,0375	
NG PAML	0,0286	0,0906	NG PAML	0,0920	
LWL PAML	0,0296	0,0885	LWL PAML	0,0983	

Tab. 0.54: Evoluční vzdálenost, ptáci, gen COX3

Evoluční vzdálenost	Gavia stellata	Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
Larus dominicanus	w	w	w	w	w
NG	0,0379	0,0467	0,0449	0,0769	0,0560
NGjc	0,0249	0,0265	0,0256	0,0474	0,0293
LWL	0,0363	0,0373	0,0410	0,0466	0,0410
NG PAML	0,0235	0,0249	0,0239	0,0404	0,0294
LWL PAML	0,0239	0,0263	0,0256	0,0411	0,0317
		Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
	Gavia stellata	w	w	w	w
	NG	0,0671	0,0670	0,0943	0,0803
	NGjc	0,0442	0,0468	0,0667	0,0532
	LWL	0,0372	0,0318	0,0389	0,0458
	NG PAML	0,0420	0,0420	0,0515	0,0465
	LWL PAML	0,0405	0,0422	0,0516	0,0462
			Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
		Branta canadensis	w	w	w
		NG	0,0766	0,0886	0,0858
		NGjc	0,0461	0,0539	0,0500
		LWL	0,0461	0,0480	0,0494
		NG PAML	0,0384	0,0451	0,0393
		LWL PAML	0,0418	0,0478	0,0406
	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis		Micrastur gilvicollis	
Thalassarche melanophrys	w	w	Aphrodroma brevirostris	w	
NG	0,0842	0,0838	NG	0,0908	
NGjc	0,0580	0,0512	NGjc	0,0547	
LWL	0,0478	0,0402	LWL	0,0414	

NG PAML	0,0461	0,0438	NG PAML	0,0473	
LWL PAML	0,0457	0,0461	LWL PAML	0,0491	

Tab. 0.55: Evoluční vzdálenost, ptáci, gen ATP6

Evoluční vzdálenost	Gavia stellata	Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
Larus dominicanus	w	w	w	w	w
NG	0,0944	0,1569	0,0896	0,1315	0,1558
NGjc	0,0577	0,0870	0,0536	0,0752	0,0919
LWL	0,0377	0,0354	0,0320	0,0483	0,0334
NG PAML	0,0536	0,0743	0,0465	0,0683	0,0915
LWL PAML	0,0539	0,0768	0,0514	0,0732	0,0940
		Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
	Gavia stellata	w	w	w	w
	NG	0,1553	0,1075	0,1416	0,1658
	NGjc	0,1047	0,0758	0,0960	0,1090
	LWL	0,0409	0,0352	0,0541	0,0463
	NG PAML	0,0876	0,0674	0,0965	0,0996
	LWL PAML	0,0853	0,0665	0,0960	0,0999
			Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
		Branta canadensis	w	w	w
		NG	0,1723	0,1605	0,2417
		NGjc	0,1011	0,0987	0,1560
		LWL	0,0366	0,0385	0,0384
		NG PAML	0,0976	0,0982	0,1437
		LWL PAML	0,0960	0,0980	0,1387
	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis		Micrastur gilvicollis	
Thalassarche melanophrys	w	w	Aphrodroma brevirostris	w	
NG	0,1478	0,1671	NG	0,2107	
NGjc	0,0995	0,1089	NGjc	0,1425	
LWL	0,0482	0,0377	LWL	0,0340	
NG PAML	0,0961	0,0952	NG PAML	0,1417	
LWL PAML	0,1005	0,0977	LWL PAML	0,1419	

Tab. 0.56: Evoluční vzdálenost, ptáci, gen ATP8

Evoluční vzdálenost	Gavia stellata	Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
Larus dominicanus	w	w	w	w	w
NG	0,2013	0,4032	0,2692	0,1483	0,2280
NGjc	0,1071	0,2767	0,1622	0,0793	0,1150
LWL	0,0427	0,1227	0,0792	0,0598	0,0727
NG PAML	0,0923	0,1744	0,1129	0,0783	0,1157
LWL PAML	0,1053	0,1665	0,1197	0,0826	0,1214
		Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
	Gavia stellata	w	w	w	w
	NG	0,2917	0,2930	0,2163	0,4393
	NGjc	0,1432	0,1923	0,1592	0,3158
	LWL	0,0962	0,0764	0,0699	0,0768
	NG PAML	0,1141	0,1732	0,1607	0,3018
	LWL PAML	0,1030	0,1417	0,1599	0,2761
			Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
		Branta canadensis	w	w	w
		NG	0,3018	0,2631	0,3204
		NGjc	0,0827	0,1252	0,1097
		LWL	0,0400	0,0463	0,0474
		NG PAML	-1,0000	0,0991	0,1547
		LWL PAML	0,0953	0,0000	0,1492
	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis		Micrastur gilvicollis	
Thalassarche melanophrys	w	w	Aphrodroma brevirostris	w	
NG	0,2865	0,4855	NG	0,4589	
NGjc	0,2113	0,3416	NGjc	0,3531	
LWL	0,0502	0,0528	LWL	0,1129	

NG PAML	0,1714	0,2384	NG PAML	0,2707	
LWL PAML	0,1619	0,2428	LWL PAML	0,2647	

Tab. 0.57:Evoluční vzdálenost, ptáci, gen COX2

Evoluční vzdálenost	Gavia stellata	Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
Larus dominicanus	w	w	w	w	w
NG	0,0319	0,0826	0,0591	0,0847	0,0510
NGjc	0,0194	0,0364	0,0386	0,0528	0,0295
LWL	0,0685	0,0394	0,0449	0,0376	0,0394
NG PAML	0,0188	0,0289	0,0338	0,0472	0,0270
LWL PAML	0,0196	0,0346	0,0338	0,0489	0,0262
		Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
	Gavia stellata	w	w	w	w
	NG	0,0967	0,0606	0,0834	0,0729
	NGjc	0,0457	0,0364	0,0539	0,0431
	LWL	0,0327	0,0383	0,0531	0,0459
	NG PAML	0,0360	0,0330	0,0529	0,0450
	LWL PAML	0,0420	0,0341	0,0545	0,0474
			Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
		Branta canadensis	w	w	w
		NG	0,0771	0,0803	0,1107
		NGjc	0,0326	0,0305	0,0542
		LWL	0,0410	0,0366	0,0370
		NG PAML	0,0284	0,0301	0,0487
		LWL PAML	0,0348	0,0385	0,0491
	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis		Micrastur gilvicollis	
Thalassarche melanophrys	w	w	Aphrodroma brevirostris	w	
NG	0,0827	0,0853	NG	0,0966	
NGjc	0,0529	0,0525	NGjc	0,0551	
LWL	0,0512	0,0478	LWL	0,0379	
NG PAML	0,0408	0,0475	NG PAML	0,0538	
LWL PAML	0,0422	0,0497	LWL PAML	0,0574	

Tab. 0.58: Evoluční vzdálenost, ptáci, gen COX1

Evoluční vzdálenost	Gavia stellata	Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
Larus dominicanus	w	w	w	w	w
NG	0,0092	0,0314	0,0143	0,0209	0,0270
NGjc	0,0054	0,0163	0,0081	0,0116	0,0154
LWL	0,0366	0,0397	0,0422	0,0481	0,0441
NG PAML	0,0072	0,0181	0,0084	0,0126	0,0160
LWL PAML	0,0074	0,0191	0,0090	0,0132	0,0167
		Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
	Gavia stellata	w	w	w	w
	NG	0,0268	0,0113	0,0181	0,0246
	NGjc	0,0147	0,0070	0,0110	0,0153
	LWL	0,0405	0,0373	0,0455	0,0461
	NG PAML	0,0148	0,0077	0,0096	0,0145
	LWL PAML	0,0157	0,0078	0,0097	0,0149
			Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
		Branta canadensis	w	w	w
		NG	0,0349	0,0386	0,0334
		NGjc	0,0183	0,0207	0,0181
		LWL	0,0432	0,0443	0,0554
		NG PAML	0,0187	0,0194	0,0180
		LWL PAML	0,0203	0,0208	0,0189
	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis		Micrastur gilvicollis	
Thalassarche melanophrys	w	w	Aphrodroma brevirostris	w	
NG	0,0163	0,0264	NG	0,0353	
NGjc	0,0103	0,0152	NGjc	0,0208	
LWL	0,0412	0,0522	LWL	0,0391	

NG PAML	0,0094	0,0153	NG PAML	0,0200	
LWL PAML	0,0096	0,0162	LWL PAML	0,0210	

Tab. 0.59: Evoluční vzdálenost, ptáci, gen ND2

Evoluční vzdálenost	Gavia stellata	Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
Larus dominicanus	w	w	w	w	w
NG	0,1537	0,2391	0,1471	0,1378	0,1732
NGjc	0,0938	0,1179	0,0772	0,0718	0,0866
LWL	0,0394	0,0392	0,0444	0,0405	0,0376
NG PAML	0,0912	0,1051	0,0707	0,0738	0,0820
LWL PAML	0,0949	0,1028	0,0744	0,0777	0,0909
		Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
	Gavia stellata	w	w	w	w
	NG	0,2760	0,1258	0,1381	0,1840
	NGjc	0,1628	0,0768	0,0838	0,1068
	LWL	0,0406	0,0439	0,0417	0,0441
	NG PAML	0,1353	0,0680	0,0772	0,1087
	LWL PAML	0,1367	0,0692	0,0790	0,1119
			Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
		Branta canadensis	w	w	w
		NG	0,2633	0,2623	0,2904
		NGjc	0,1524	0,1680	0,1632
		LWL	0,0454	0,0379	0,0458
		NG PAML	0,1252	0,1555	0,1590
		LWL PAML	0,1195	0,1526	0,1499
	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis		Micrastur gilvicollis	
Thalassarche melanophrys	w	w	Aphrodroma brevirostris	w	
NG	0,1427	0,2146	NG	0,2077	
NGjc	0,0922	0,1323	NGjc	0,1231	
LWL	0,0439	0,0463	LWL	0,0392	
NG PAML	0,0789	0,1147	NG PAML	0,1098	
LWL PAML	0,0796	0,1161	LWL PAML	0,1172	

Tab. 0.60: Evoluční vzdálenost, ptáci, gen ND1

Evoluční vzdálenost	Gavia stellata	Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
Larus dominicanus	w	w	w	w	w
NG	0,1161	0,1910	0,0965	0,0861	0,1074
NGjc	0,0699	0,1120	0,0613	0,0477	0,0650
LWL	0,0356	0,0344	0,0441	0,0421	0,0372
NG PAML	0,0536	0,0743	0,0465	0,0683	0,0915
LWL PAML	0,0539	0,0768	0,0514	0,0732	0,0940
		Branta canadensis	Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
	Gavia stellata	w	w	w	w
	NG	0,2139	0,0936	0,0970	0,1111
	NGjc	0,1384	0,0622	0,0619	0,0668
	LWL	0,0443	0,0384	0,0419	0,0319
	NG PAML	0,0876	0,0674	0,0965	0,0996
	LWL PAML	0,0853	0,0665	0,0960	0,0999
			Thalassarche melanophrys	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis
		Branta canadensis	w	w	w
		NG	0,1716	0,1975	0,1997
		NGjc	0,0888	0,1208	0,1092
		LWL	0,0366	0,0457	0,0423
		NG PAML	0,0976	0,0982	0,1437
		LWL PAML	0,0960	0,0980	0,1387
	Aphrodroma brevirostris	Micrastur gilvicollis		Micrastur gilvicollis	
Thalassarche melanophrys	w	w	Aphrodroma brevirostris	w	
NG	0,0721	0,1067	NG	0,1127	
NGjc	0,0449	0,0586	NGjc	0,0660	
LWL	0,0371	0,0339	LWL	0,0390	
NG PAML	0,0961	0,0952	NG PAML	0,1417	

LWL PAML	0,1005	0,0977	LWL PAML	0,1419	

Tab. 0.61: Evoluční vzdálenost, ryby, gen ND1

Evoluční vzdálenost	Mustelus manazo	Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
Salvelinus alpinus	w	w	w	w	w
NG	0,2300	0,2395	0,1450	0,0655	0,1813
NGjc	0,0991	0,0774	0,0000	0,0156	0,0756
LWL	0,3775	0,3765	0,3144	0,3395	0,3182
NG PAML	0,0917	0,0645	-1,0000	0,0227	0,0635
LWL PAML	0,0755	0,0852	0,0000	0,0270	0,0709
		Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
	Mustelus manazo	w	w	w	w
	NG	0,1383	0,2187	0,2193	0,2423
	NGjc	0,0514	0,0000	0,0704	0,0944
	LWL	0,3833	0,3415	0,4177	0,3607
	NG PAML	0,0573	-1,0000	0,0673	0,0823
	LWL PAML	0,0689	0,0000	0,0866	0,0976
			Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
		Amblyraja radiata	w	w	w
		NG	0,2363	0,2347	0,2640
		NGjc	0,0000	0,0000	0,1145
		LWL	0,3309	0,3664	0,3217
		NG PAML	-1,0000	-1,0000	0,0974
		LWL PAML	0,0000		0,1120
	Salanx ariakensis	Scleropages formosus		Scleropages formosus	
Jenkinsia lamprotaenia	w	w	Salanx ariakensis	w	
NG	0,1611	0,2273	NG	0,2149	
NGjc	0,0567	0,0748	NGjc	0,1114	
LWL	0,3323	0,3433	LWL	0,3251	
NG PAML	0,0503	0,0457	NG PAML	0,0934	
LWL PAML	0,0633	0,0000	LWL PAML	0,0000	

Tab. 0.62: Evoluční vzdálenost, ryby, gen ND2

Evoluční vzdálenost	Mustelus manazo	Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
Salvelinus alpinus	w	w	w	w	w
NG	0,4159	0,4129	0,3759	0,3466	0,3096
NGjc	0,2166	0,2139	0,1772	0,1500	0,1569
LWL	0,4167	0,4026	0,3749	0,4148	0,4017
NG PAML	0,1802	0,1811	0,1548	0,0896	0,1364
LWL PAML	0,0000	0,1876	0,1447	0,1146	0,1429
		Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
	Mustelus manazo	w	w	w	w
	NG	0,2431	0,4545	0,4350	0,3582
	NGjc	0,1141	0,1769	0,1719	0,1694
	LWL	0,3375	0,4230	0,3464	0,4481
	NG PAML	0,0989	0,1237	0,1179	0,1403
	LWL PAML	0,1111	0,1515	0,1516	0,1489
			Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
		Amblyraja radiata	w	w	w
		NG	0,4157	0,4459	0,3788
		NGjc	0,1216	0,1948	0,2078
		LWL	0,4295	0,4000	0,4963
		NG PAML	0,1203	0,1310	0,1607
		LWL PAML	0,0000	0,1643	0,1619
	Salanx ariakensis	Scleropages formosus		Scleropages formosus	
Jenkinsia lamprotaenia	w	w	Salanx ariakensis	w	
NG	0,4176	0,4128	NG	0,4242	
NGjc	0,1965	0,2104	NGjc	0,2270	
LWL	0,4216	0,3612	LWL	0,4590	
NG PAML	0,1437	0,1795	NG PAML	0,1738	
LWL PAML	0,1476	0,1739	LWL PAML	0,1888	

Tab. 0.63: Evoluční vzdálenost, ryby, gen COX1

Evoluční vzdálenost	Mustelus manazo	Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
Salvelinus alpinus	w	w	w	w	w
NG	0,0744	0,0667	0,0265	0,0279	0,0515
NGjc	0,0000	0,0000	0,0000	0,0053	0,0000
LWL	0,4226	0,4577	0,3627	0,3741	0,3336

NG PAML	-1,0000	-1,0000	-1,0000	0,0079	-1,0000
LWL PAML	0,0224	0,0268	0,0104	0,0132	0,0172
		Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
	Mustelus manazo	w	w	w	w
	NG	0,0589	0,0725	0,0722	0,0905
	NGjc	0,0248	0,0000	0,0000	0,0000
	LWL	0,4560	0,3702	0,3311	0,3826
	NG PAML	0,0218	-1,0000	-1,0000	-1,0000
	LWL PAML	0,0265	0,0211	0,0235	0,0297
			Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
		Amblyraja radiata	w	w	w
		NG	0,0780	0,0758	0,0924
		NGjc	0,0000	0,0000	0,0266
		LWL	0,3648	0,3068	0,3293
		NG PAML	-1,0000	-1,0000	0,0233
		LWL PAML	0,0207	0,0269	
	Salanx ariakensis	Scleropages formosus		Scleropages formosus	
Jenkinsia lamprotaenia	w	w	Salanx ariakensis	w	
NG	0,0317	0,0000	NG	0,0656	
NGjc	0,0076	0,0000	NGjc	0,0235	
LWL	0,3745	0,3852	LWL	0,3648	
NG PAML	0,0074	-1,0000	NG PAML	0,0188	
LWL PAML	0,0124	0,0348	LWL PAML	0,0000	

Tab. 0.64: Evoluční vzdálenost, ryby, gen COX2

Evoluční vzdálenost	Mustelus manazo	Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
Salvelinus alpinus	w	w	w	w	w
NG	0,0876	0,1163	0,0384	0,0349	0,2055
NGjc	0,0000	0,0390	0,0000	0,0117	0,0827
LWL	0,3922	0,4536	0,3463	0,3408	0,3674
NG PAML	-1,0000	0,0341	0,0048	0,0106	0,0598
LWL PAML	0,0322	0,0494	0,0145	0,0154	0,0839
		Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
	Mustelus manazo	w	w	w	w
	NG	0,0760	0,0671	0,0745	0,2077
	NGjc	0,0297	0,0000	0,0000	0,0853
	LWL	0,3973	0,3914	0,3566	0,3786
	NG PAML	0,0259	-1,0000	-1,0000	0,0531
	LWL PAML	0,0356	0,0216	0,0212	0,0768
			Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
		Amblyraja radiata	w	w	w
		NG	0,0937	0,1044	0,2196
		NGjc	0,0000	0,0000	0,0834
		LWL	0,4013	0,4070	0,3734
		NG PAML	-1,0000	-1,0000	0,0445
		LWL PAML	0,0266	0,0000	0,0000
	Salanx ariakensis	Scleropages formosus		Scleropages formosus	
Jenkinsia lamprotaenia	w	w	Salanx ariakensis	w	
NG	0,0406	0,1934	NG	0,2069	
NGjc	0,0115	0,0632	NGjc	0,0976	
LWL	0,3476	0,4000	LWL	0,4577	
NG PAML	0,0082	-1,0000	NG PAML	0,0715	
LWL PAML	0,0152	0,0000	LWL PAML	0,0857	

Tab. 0.65: Evoluční vzdálenost, ryby, gen ATP8

Evoluční vzdálenost	Mustelus manazo	Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
Salvelinus alpinus	w	w	w	w	w
NG	0,4613	0,5710	0,2084	0,1221	0,4453
NGjc	0,3412	0,4209	0,0420	0,0588	0,2942
LWL	0,7704	0,2627	0,2979	0,4764	0,5043
NG PAML	0,3493	0,3087	0,0947	0,0489	0,2204
LWL PAML	0,3297	0,0258	0,1019	0,0412	0,1887
		Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
	Mustelus manazo	w	w	w	w
	NG	0,2623	0,3927	0,3286	0,4039
	NGjc	0,0000	0,1309	0,0000	0,1340
	LWL	0,5124	0,4425	0,4272	0,6196

	NG PAML	-1,0000	0,0723	-1,0000	0,1644
	LWL PAML	0,1071	0,1353	0,0000	0,2002
			Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
		Amblyraja radiata	w	w	w
		NG	0,6571	0,7167	1,1414
		NGjc	0,4463	0,5684	1,1967
		LWL	0,5247	0,5581	0,3973
		NG PAML	0,2429	0,1904	0,8549
		LWL PAML	0,2357	0,0000	0,7823
	Salanx ariakensis	Scleropages formosus		Scleropages formosus	
Jenkinsia lamprotaenia	w	w	Salanx ariakensis	w	
NG	0,2546	0,5337	NG	0,4924	
NGjc	0,1362	0,3301	NGjc	0,3357	
LWL	0,3664	0,4565	LWL	0,4453	
NG PAML	0,1369	0,2755	NG PAML	0,2670	
LWL PAML	0,1404	0,2836	LWL PAML	0,2661	

Tab. 0.66: Evoluční vzdálenost, ryby, gen ATP6

Evoluční vzdálenost	Mustelus manazo	Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
Salvelinus alpinus	w	w	w	w	w
NG	0,2086	0,1748	0,1144	0,0615	0,2901
NGjc	0,0728	0,0417	0,0000	0,0000	0,1367
LWL	0,4003	0,4390	0,3630	0,3399	0,4351
NG PAML	0,0846	0,0633	0,0171	-1,0000	0,1053
LWL PAML	0,0858	0,0824	0,0454	0,0232	0,1210
		Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
	Mustelus manazo	w	w	w	w
	NG	0,1570	0,2098	0,2107	0,3488
	NGjc	0,0663	0,0000	0,0000	0,1625
	LWL	0,4292	0,3617	0,4477	0,4733
	NG PAML	0,0748	-1,0000	0,0655	0,1426
	LWL PAML	0,0839	0,0000	0,0872	0,1487
			Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
		Amblyraja radiata	w	w	w
		NG	0,2096	0,1770	0,3584
		NGjc	0,0000	0,0000	0,1946
		LWL	0,3698	0,3194	0,4660
		NG PAML	-1,0000	-1,0000	0,1268
		LWL PAML	0,0000	0,0523	0,1456
	Salanx ariakensis	Scleropages formosus		Scleropages formosus	
Jenkinsia lamprotaenia	w	w	Salanx ariakensis	w	
NG	0,1204	0,2657	NG	0,3554	
NGjc	0,0000	0,1068	NGjc	0,2349	
LWL	0,3667	0,4190	LWL	0,4062	
NG PAML	-1,0000	0,0864	NG PAML	0,1847	
LWL PAML	0,0365	0,1051	LWL PAML	0,1847	

Tab. 0.67: Evoluční vzdálenost, ryby, gen COX3

Evoluční vzdálenost	Mustelus manazo	Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
Salvelinus alpinus	w	w	w	w	w
NG	0,1067	0,1196	0,0999	0,0894	0,1273
NGjc	0,0299	0,0342	0,0248	0,0380	0,0601
LWL	0,3085	0,4406	0,3145	0,2723	0,3427
NG PAML	0,0260	0,0303	-1,0000	0,0302	0,0488
LWL PAML	0,0409	0,0000	0,0284	0,0364	0,0544
		Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
	Mustelus manazo	w	w	w	w
	NG	0,1187	0,1203	0,1119	0,1408
	NGjc	0,0637	0,0000	0,0281	0,0618
	LWL	0,4035	0,3065	0,3395	0,3124
	NG PAML	0,0570	-1,0000	0,0250	0,0533
	LWL PAML	0,0583	0,0381	0,0419	0,0612
			Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
		Amblyraja radiata	w	w	w
		NG	0,1332	0,1365	0,1453
		NGjc	0,0000	0,0527	0,0604
		LWL	0,3057	0,3587	0,3063

		NG PAML	-1,0000	0,0482	0,0511
		LWL PAML	0,0000	0,0600	0,0613
	Salanx ariakensis	Scleropages formosus		Scleropages formosus	
Jenkinsia lamprotaenia	w	w	Salanx ariakensis	w	
NG	0,0847	0,1502	NG	0,1425	
NGjc	0,0265	0,0691	NGjc	0,0604	
LWL	0,3308	0,3641	LWL	0,4013	
NG PAML	0,0217	0,0563	NG PAML	0,0503	
LWL PAML	0,0296	0,0660	LWL PAML	0,0602	

Tab. 0.68: Evoluční vzdálenost, ryby, gen ND3

Evoluční vzdálenost	Mustelus manazo	Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
Salvelinus alpinus	w	w	w	w	w
NG	0,2951	0,3789	0,1974	0,1773	0,2627
NGjc	0,0844	0,2101	0,0000	0,0771	0,0990
LWL	0,3935	0,3755	0,3048	0,2954	0,4079
NG PAML	0,1006	0,1882	-1,0000	0,0684	0,1014
LWL PAML	0,1153	0,1986	0,0000	0,0825	0,1074
		Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
	Mustelus manazo	w	w	w	w
	NG	0,1728	0,2542	0,2332	0,2711
	NGjc	0,0825	0,0000	0,0000	0,0000
	LWL	0,2982	0,3215	0,2991	0,3266
	NG PAML	0,0827	-1,0000	-1,0000	-1,0000
	LWL PAML	0,0872	0,0000	0,0000	0,0000
			Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
		Amblyraja radiata	w	w	w
		NG	0,2756	0,2522	0,2548
		NGjc	0,0000	0,0000	0,0710
		LWL	0,4123	0,4120	0,3062
		NG PAML	-1,0000	0,0835	0,0741
		LWL PAML	0,0941	0,1188	0,0000
	Salanx ariakensis	Scleropages formosus		Scleropages formosus	
Jenkinsia lamprotaenia	w	w	Salanx ariakensis	w	
NG	0,2119	0,2608	NG	0,2030	
NGjc	0,0000	0,0000	NGjc	0,0631	
LWL	0,4140	0,3820	LWL	0,3012	
NG PAML	-1,0000	-1,0000	NG PAML	0,0761	
LWL PAML	0,0000	0,0000	LWL PAML	0,0867	

Tab. 0.69: Evoluční vzdálenost, ryby, gen ND4L

Evoluční vzdálenost	Mustelus manazo	Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
Salvelinus alpinus	w	w	w	w	w
NG	0,3372	0,2801	0,1701	0,0974	0,1013
NGjc	0,1813	0,0953	0,0450	0,0000	0,0417
LWL	0,4601	0,3023	0,4120	0,4029	0,3381
NG PAML	0,1462	0,0643	-1,0000	0,0177	0,0480
LWL PAML	0,1336	0,0000	0,0000	0,0000	0,0535
		Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
	Mustelus manazo	w	w	w	w
	NG	0,2383	0,2918	0,3559	0,2850
	NGjc	0,1150	0,0000	0,2045	0,0000
	LWL	0,4652	0,3005	0,4506	0,4538
	NG PAML	0,0881	-1,0000	0,1591	-1,0000
	LWL PAML	0,1047	0,0000	0,1756	0,0000
			Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
		Amblyraja radiata	w	w	w
		NG	0,3020	0,3100	0,3103
		NGjc	0,0857	0,1321	0,1057
		LWL	0,3430	0,2963	0,3117
		NG PAML	-1,0000	0,1092	0,0993
		LWL PAML	0,0000	0,1332	0,1290
	Salanx ariakensis	Scleropages formosus		Scleropages formosus	
Jenkinsia lamprotaenia	w	w	Salanx ariakensis	w	
NG	0,2192	0,1997	NG	0,1506	

NGjc	0,0874	0,0365	NGjc	0,0389	
LWL	0,4704	0,3075	LWL	0,4677	
NG PAML	0,0916	0,0491	NG PAML	0,0452	
LWL PAML	0,1039	0,0766	LWL PAML	0,0000	

Tab. 0.70: Evoluční vzdálenost, ryby, gen ND4

Evoluční vzdálenost	Mustelus manazo	Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
Salvelinus alpinus	w	w	w	w	w
NG	0,2469	0,2967	0,1918	0,1016	0,1682
NGjc	0,0967	0,1472	0,0000	0,0000	0,0642
LWL	0,4621	0,4175	0,3120	0,3486	0,3253
NG PAML	0,0864	0,1372	0,0289	-1,0000	0,0554
LWL PAML	0,1039	0,1461	0,0690	0,0333	0,0630
		Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
	Mustelus manazo	w	w	w	w
	NG	0,2194	0,2693	0,2472	0,2551
	NGjc	0,0988	0,0000	0,0000	0,1249
	LWL	0,3985	0,3700	0,3909	0,3752
	NG PAML	0,1015	-1,0000	-1,0000	0,1156
	LWL PAML	0,1129	0,0847	0,0732	0,1185
			Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
		Amblyraja radiata	w	w	w
		NG	0,2877	0,3066	0,2870
		NGjc	0,0000	0,1236	0,1515
		LWL	0,4048	0,4032	0,3643
		NG PAML	-1,0000	0,1036	0,1224
		LWL PAML	0,0719	0,1226	0,1263
	Salanx ariakensis	Scleropages formosus		Scleropages formosus	
Jenkinsia lamprotaenia	w	w	Salanx ariakensis	w	
NG	0,1935	0,2108	NG	0,1944	
NGjc	0,0675	0,0702	NGjc	0,0821	
LWL	0,3709	0,3075	LWL	0,2953	
NG PAML	0,0682	0,0584	NG PAML	0,0704	
LWL PAML	0,0814	0,0787	LWL PAML	0,0775	

Tab. 0.71: Evoluční vzdálenost, ryby, gen ND5

Evoluční vzdálenost	Mustelus manazo	Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
Salvelinus alpinus	w	w	w	w	w
NG	0,2520	0,2871	0,2038	0,1515	0,1948
NGjc	0,0543	0,0976	0,0000	0,0434	0,0803
LWL	0,4477	0,4948	0,3558	0,3948	0,3792
NG PAML	0,0414	0,0830	-1,0000	0,0384	0,0733
LWL PAML	0,0921	0,1034	0,0637	0,0595	0,0880
		Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
	Mustelus manazo	w	w	w	w
	NG	0,1579	0,2801	0,2817	0,2501
	NGjc	0,0621	0,0000	0,0810	0,0895
	LWL	0,4381	0,4202	0,4350	0,4026
	NG PAML	0,0574	-1,0000	-1,0000	0,0749
	LWL PAML	0,0727	0,0717	0,0934	0,1004
			Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
		Amblyraja radiata	w	w	w
		NG	0,3104	0,2992	0,2866
		NGjc	0,0000	0,0889	0,1182
		LWL	0,4463	0,4054	0,3926
		NG PAML	-1,0000	-1,0000	0,0981
		LWL PAML	0,1026	0,1018	0,1171
	Salanx ariakensis	Scleropages formosus		Scleropages formosus	
Jenkinsia lamprotaenia	w	w	Salanx ariakensis	w	
NG	0,2528	0,2746	NG	0,2559	
NGjc	0,0939	0,1025	NGjc	0,1288	
LWL	0,4101	0,4071	LWL	0,4293	
NG PAML	0,0661	0,0809	NG PAML	0,1156	
LWL PAML	0,0928	0,1067	LWL PAML	0,1240	

Tab. 0.72: Evoluční vzdálenost, ryby, gen ND6

Evoluční vzdálenost	Mustelus manazo	Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
Salvelinus alpinus	w	w	w	w	w

NG	0,4139	0,4286	0,4379	0,1664	0,2877
NGjc	0,1765	0,2245	0,2307	0,0000	0,1250
LWL	0,4941	0,5941	0,4159	0,3620	0,3914
NG PAML	0,1473	0,2032	0,1694	-1,0000	0,1190
LWL PAML	0,1480	0,1666	0,1200	0,0090	0,0000
		Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
	Mustelus manazo	w	w	w	w
	NG	0,3657	0,5129	0,4211	0,4723
	NGjc	0,2256	0,0000	0,1790	0,3121
	LWL	0,4207	0,4415	0,5052	0,5726
	NG PAML	0,2066	-1,0000	0,1124	0,2616
	LWL PAML	0,2027	0,1266	0,0000	0,2376
			Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
		Amblyraja radiata	w	w	w
		NG	0,5265	0,4784	0,4829
		NGjc	0,2485	0,2307	0,3005
		LWL	0,3975	0,4171	0,4061
		NG PAML	-1,0000	0,1240	0,1987
		LWL PAML	0,1121	0,0000	0,2011
	Salanx ariakensis	Scleropages formosus		Scleropages formosus	
Jenkinsia lamprotaenia	w	w	Salanx ariakensis	w	
NG	0,4472	0,5398	NG	0,2982	
NGjc	0,2146	0,3237	NGjc	0,1530	
LWL	0,5302	0,4571	LWL	0,4051	
NG PAML	0,0974	0,2282	NG PAML	0,1151	
LWL PAML	0,0000	0,2050	LWL PAML	0,1201	

Tab. 0.73: Evoluční vzdálenost, ryby, gen CYTB

Evoluční vzdálenost	Mustelus manazo	Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
Salvelinus alpinus	w	w	w	w	w
NG	0,2347	0,2160	0,0952	0,1487	0,1568
NGjc	0,1060	0,0852	0,0301	0,0652	0,0697
LWL	0,4558	0,4092	0,4232	0,3582	0,3789
NG PAML	0,0797	0,0645	0,0263	0,0552	0,0535
LWL PAML	0,1006	0,0869	0,0373	0,0655	0,0608
		Amblyraja radiata	Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
	Mustelus manazo	w	w	w	w
	NG	0,1508	0,2042	0,2395	0,2208
	NGjc	0,0000	0,0000	0,0780	0,0863
	LWL	0,4325	0,3421	0,3749	0,3374
	NG PAML	-1,0000	-1,0000	0,0404	0,0612
	LWL PAML	0,0526	0,0612	0,0728	0,0859
			Jenkinsia lamprotaenia	Salanx ariakensis	Scleropages formosus
		Amblyraja radiata	w	w	w
		NG	0,1913	0,2335	0,2212
		NGjc	0,0000	0,0763	0,0962
		LWL	0,4452	0,5046	0,3912
		NG PAML	-1,0000	0,0511	0,0728
		LWL PAML	0,0537	0,0864	0,0892
	Salanx ariakensis	Scleropages formosus		Scleropages formosus	
Jenkinsia lamprotaenia	w	w	Salanx ariakensis	w	
NG	0,1531	0,1361	NG	0,2039	
NGjc	0,0721	0,0475	NGjc	0,0943	
LWL	0,3604	0,3551	LWL	0,3331	
NG PAML	0,0578	0,0303	NG PAML	0,0701	
LWL PAML	0,0641	0,0453	LWL PAML	0,0648	