


mu k léčbě nespavosti, protože nejméně šest firem ve vývoji v této oblasti pokračuje.

Suvorexant⁸ je antagonistou orexinových receptorů, který prokázal v klinických pokusech velmi dobrou snášenlivost a současně vysokou účinnost. Suvorexant podobně jako almorexant prokázal v klinických pokusech úplnou absenci zhoršení stavu po náhlém vysazení léku. U nekomplikované nespavosti se suvorexant zdá dle publikovaných výsledků podobně účinný jako zolpidem a eszopiklon, které jsou v současnosti považovány za léčiva volby. Vzhledem k absenci anxiolytického a antidepresivního působení lze těžko odhadnout účinnost suvorexantu u pacientů, u nichž je nespavost kombinována s úzkostnými stavy a depresemi.

Jelikož je nespavost široce rozšířeným problémem a trh s hypnotiky představuje

v dolarech mnohamiliardové objemy, dá se očekávat v případě skutečně účinného návykového léčiva velký komerční úspěch navzdory tomu, že trhu v současné době dominují generické verze benzodiazepinů, azolamů a Z-hypnotik. I když je dnes předčasné předpokládat, že zavedení suvorexantu pro léčbu nespavosti způsobí v této oblasti revoluci, pokud se potvrdí účinnost a bezpečnost dokládaná v klinických studiích i v praktickém terénu, bude to minimálně další významný krok v této oblasti. Důsledkem může být i znovuoživení výzkumu v oblasti léčiv působících přes orexinové receptory, který byl otřesen zastavením několika léčiv působících stejným mechanismem. Nejdále v klinickém hodnocení je v současné době další molekula firmy Merck: filorexant. 

DAVID STORCH

Ještě novější fylogeneze ptáků!

Ironií osudu týden poté, co vyšlo říjnové číslo Vesmíru s centrálním článkem o „konečné“ fylogenezi ptáků, vyšel v časopise Nature nový fylogenetický strom ptáků.¹ Je dosti podobný stromečku, který jsme otiskli na centrální dvoustraně Vesmíru, v několika ohledech se však liší. Především je mnohem rozsáhlejší: autoři namísto 48 druhů osekvovali 198 ptáků a díky tomu rozřešili řadu problematických příbuzenských vztahů.


Jaké jsou hlavní rozdíly oproti předchozí fylogenezi Jarvisa a kolegů?² V první řadě se nepotvrdilo primární rozdělení skupiny Neoaves (což je většina ptáků kromě „běžců“ a „drůbeže“) na skupiny Columbea a Passerea. Skupina Columbea se zcela rozpadla; plameňáci a potápky podle nového stromečku patří k velké skupině vodních ptáků, kterou Jarvis a kolegové nazvali Aequornithia, a naopak měkkozobí a jejich příbuzní (holubi, hrdličky, stepokurové, mesiti) se sdružují se skupinou Otidimorphae (dropi, turakové, kuřáky). Řád charadriiformes (bahňáci a dlouhokřídlí) se nově nejví příbuzný jeřábům a chřástalům, ale také se přidružuje k zmíněným vodním ptákům. Podle nové fylogeneze tvoří tedy prakticky všichni vodní ptáci kromě „drůbeže“ a jeřábů s chřástaly jednu velkou skupinu,

nově nazývanou Aequorlitorornithes. Oproti původním Aequornithia se rozšířila o bahňáky, plameňáky a potápky (o nichž se vědělo, že jsou příbuzní), a také o slunatce a factony, kteří ovšem i ve fylogenezi Jarvisa a kol. byli sesterskou skupinou Aequornithia.

Další velkou změnou je pozice hoacina, který nově vychází jako sesterský všem „pozemním ptákům“ (jež Jarvis a kol. nazývali Telluraves). Ovšem hoacin i předtím vycházel jako stará nezávislá linie, odštěpená spolu s řadou dalších kladů hned na začátku explozivní radiace Neoaves, a tohle se vlastně nezměnilo. Pořád totiž platí, že radiace Neoaves po vymření dinosaurů byla tak rychlá, že konkrétní sekvence odštěpování není úplně podstatná. Podstatným zdrojem rozdílu mezi oběma fylogenetickými stromy je zřejmě nekompletní třídění linií dané tím, že nové mutace se mezi častými štěpeními nestačily zafixovat (a není se tedy třeba těmito rozdíly moc znepokojovat).

Další zdroj rozdílu však může být problematičtější. Fylogenetici už dávno vědí o problému zvaném „přitahování dlouhých větví“ (long-branch attraction). Izolované evoluční linie, které se odštěpily brzy, nebo linie s velmi rychlou evolucí se často jeví jako vzájemně blízce příbuzné, i když ve skutečnosti ne-

jsou. Je totiž pravděpodobné, že právě u těchto linií se náhodou objeví nějaké shodné znaky, které jiné linie nemají. Tento artefakt vzniká pocho-pitelně také tehdy, analyzujeme-li jen málo větví vybraných tak, aby byly co nejméně příbuzné; v takovém případě totiž budou všechny vybrané větve „dlouhé“. A to je případ fylogeneze Jarvisa a kolegů. Ti například vybrali z druhově velmi bohatých skupin bahňáků a krátkokřídlých pouze po jednom zástupci, a tak vznikly dlouhé (a vlastně uměle izolované) větve, které pak vyšly jako by byly blízce příbuzné (spolu se skutečně izolovaným hoacinem). Autoři nového fylogenetického stromečku zjistili, že když v souladu s Jarvisem a kol. schválně vyberou jen 48 druhů z těch 198 analyzovaných, vyjde jim dosti jiná fylogeneze.

Přestože tedy nová fylogeneze není radikálně odlišná od té předchozí, plyne z ní poučení, že je lepší analyzovat velké množství různě příbuzných linií než vybrat jen málo vzdáleně příbuzných zástupců dané skupiny. 

1) Prum R. O. et al.: A comprehensive phylogeny of birds (Aves) using targeted next-generation DNA sequencing. *Nature online*, doi:10.1038/nature15697, 2015.

2) Jarvis E. D. et al.: Whole-genome analyses resolve early branches in the tree of life of modern birds. *Science* 346, 1320-1331, 2014.