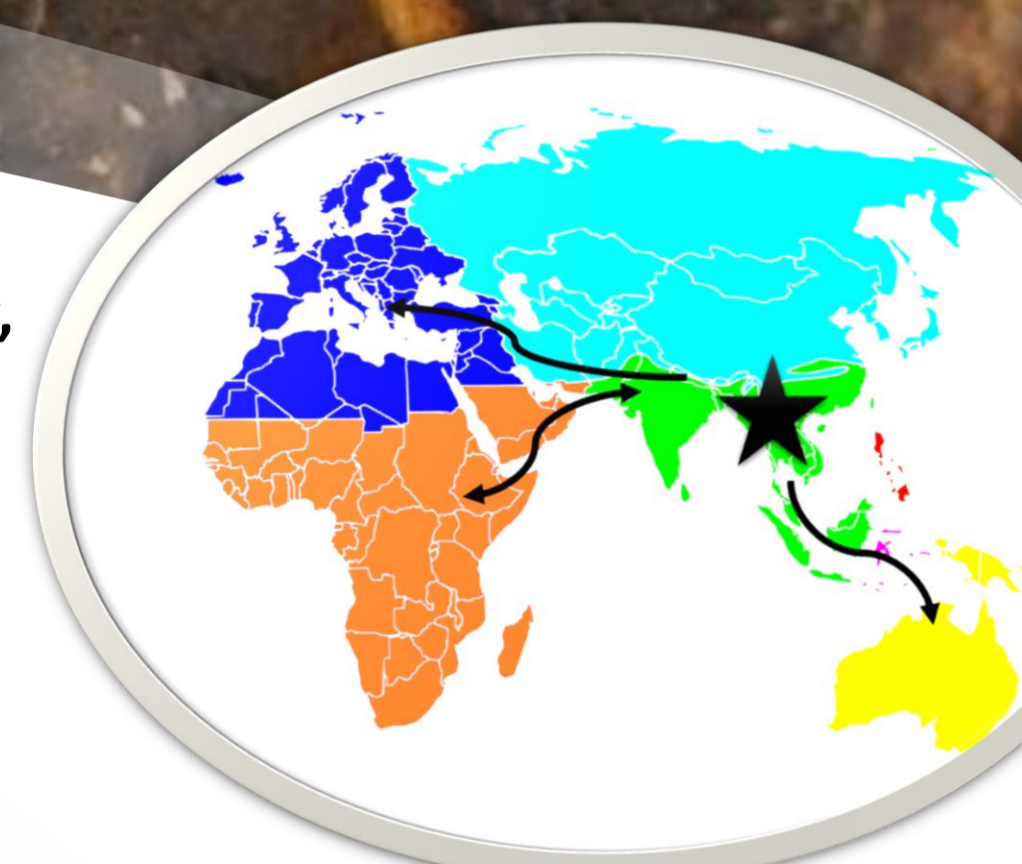


Fosilie to ví nejlépe

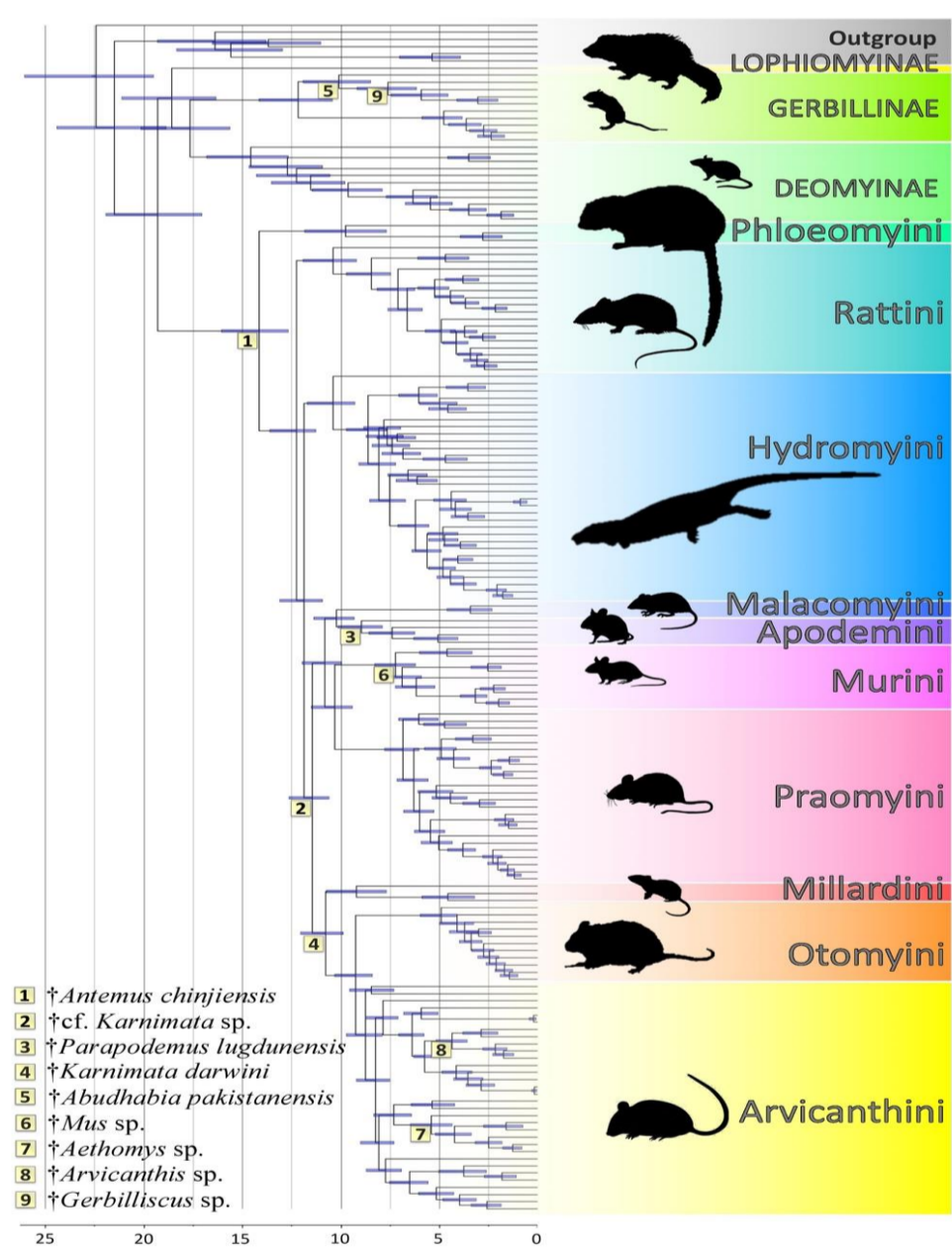
PŮVOD A EVOLUČNÍ VZTAHY MYŠOVITÝCH HLODAVCŮ



Hlodavci z čeledi myšovitých (Rodentia: Muridae) představují nejrozmanitější skupinu savců (obsahující více než 800 známých druhů rozdělených do 155 rodů), včetně dvou nejvýznamnějších savčích modelů: myši a potkana. Čeleď myšovitých je fascinující z mnoha hledisek. Například velikost těla je u těchto hlodavců v neuvěřitelném rozmezí 5 - 2600g. Rovněž jsou mistry adaptací. Zástupci myšovitých totiž obývají různé biotopy (pouště, savany, lesy, pohoří, tundry) a různé druhy se tak v průběhu evoluce přizpůsobili na pohyb ve stromech, po souši, či ve vodě. A i když hlodavci většinou patří mezi všežravce, tak se mezi myšovitými najdou i zástupci výhradně býložraví, masožraví a specialisti na houby, listy, nebo červi. Hlodavci jsou rovněž významnými rezervoáry různých závažných onemocnění přenosných na člověka (např. moru, myšího tyfu, leptospirózy či krvácivé horečky), a zároveň patří mezi důležité hospodářské škůdce.



Vědci z Ústavu biologie obratlovců AV ČR ve spolupráci se zahraničními kolegy z Francie a Japonska detailně analyzovali evoluční vývoj myšovitých hlodavců v čase. K tomu využili rozsáhlá genetická data ze 161 druhů a takzvané molekulární hodiny. Rychlost jejich tikotu byla nastavena na základě detailně revidovaných fosilií. Po důkladných analýzách každého paleontologického nálezu bylo vybráno 9 vymřelých druhů, které bylo možno s vysokou pravděpodobností umístit na určité místo v takzvaném fylogenetickém vývojovém stromu.

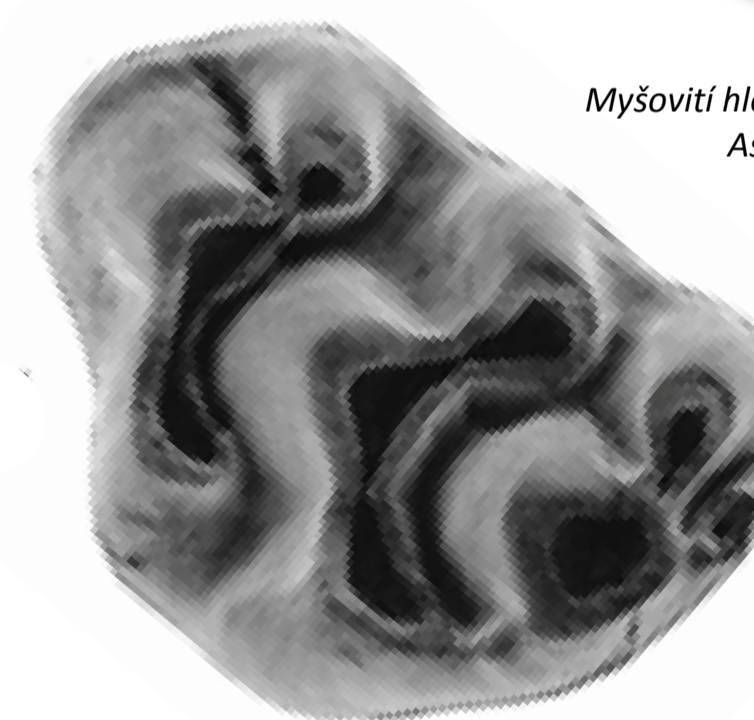


Fylogenetický strom čeledě myšovitých hlodavců (4 podčeledě LOPHIOMYINAE, GERBILLINAE, DEOMYINAE a nepočtenější podčeleď MURINAE je rozdělena na 10 skupin). Na stromě je umístěných 9 fosilií.

Výsledky této studie, která byla publikována v časopise Molecular Phylogenetics and Evolution, potvrdily monofyletický původ myšovitých hlodavců. To znamená, že jejich obrovská rozmanitost vznikla z jednoho předka, který žil zhruba před 20 miliony let v oblasti dnešní tropické jihovýchodní Asie (v této oblasti je dodnes rozmanitost myšovitých savců největší). Biogeografická analýza dále ukázala, kdy a u kterých skupin došlo k migracím do Afriky (a někdy zase zpět do Asie), palearktické oblasti (tj. Evropy a severní částí Asie) a do Austrálie.



Evoluční rozdělení myši a potkana je důležitým kalibračním bodem v molekulární biologii.



Většina fosilií je známá jen na základě zubů. Horní molár *†Pragonomys*, předchůdce myši z rodu *Mus*. (Obr. S. Sen)

Myšovití hlodavci z původního areálu jihovýchodní Asie začali před 20 mil. let osídlovat další biogeografické oblasti starého světa:

- východní palearkt
- západní palearkt
- oblast afrotropická
- oblast indomalajská
- Sahul
- Filipíny
- Wallacea

★ původní areál
→ směr migrace

Mgr. Tatiana Aghová, Ph.D., autorka článku, vystudovala doktorát na Masarykově univerzitě. Během svého studia se věnovala výzkumu diverzity a evoluce modelových skupin hlodavců v savanové oblasti Somali-Masai. Tato oblast je významná i pro evoluci dalších savanových organismů, včetně našich předků. Tato práce nám tak může ledasco prozradit i o naší historii. Tatiana Afriku v rámci terénního výzkumu několikrát navštívila.



Odhalení doby a místa vzniku dnešních myšovitých hlodavců je zásadní nejen pro další studie v oblasti evoluční biologie, ale například také pro ochranu přírody (nalezení tzv. evolučních horkých míst biodiverzity) či pro předpověď možných rizik mezidruhového přenosu nemocí. Zpřesnění odhadu doby, kdy žil společný předek laboratorních modelových hlodavců (potkana a myši domácí), pak může mít významné dopady v genomice či biomedicině.

