

## Příběh sekavce písečného

Petr Ráb, Joerg Böhlen, Karel Janko, Petr Kotlík

Úvod našeho příběhu by mohl znít asi takto: Byla jednou jedna malá drobná rybka, která žila v celém našem světadílu, i za našimi humny, nikdo si jí moc nevšímal, protože bývá zahrabána v písku, není k jídlu, všude, kde žije, vypadá skoro stejně, má stejné proužky, a tak lidé, kteří se zabývají rybami, odborně se jim říká ichtyologové, jí dali jediné jméno — *taenia*, česky pásek, to proto, že tak vypadá. A tak by si ta rybka žila zahrabána ve svém písku na věky věkův, kdyby na svět nepřišla bytost, která byla pojmenována Biodiverzita. Někteří z ichtyologů se snažili porozumět její nové a záhadné řeči, zatímco jiní předstírali, že žádná taková bytost na světě není, a to proto, že jim za krkem seděla potvůrka, které se od pradávna říká Ignorance. A jak to dopadlo? Tak nějak by mohl celý příběh začít. Jistě jste si všimli, že není jen o sekavci, ale jako každý plnokrevný příběh i o lidech.

### Co jsou to sekavci

Sekavci rodu *Cobitis* jsou drobné, ze stran zploštělé protáhlé rybky, které žijí zahrabány v písčitéch nebo jílovito-písčitéch nánosech dna. Nežijí tedy jako ostatní ryby. Největší z nich, *Cobitis bilselei*, endemit jezera Beyshehir ze střední Anatólie, dosahuje více než 30 cm, naproti tomu jeden z nejmenších, *C. calderoni* z Pyrenejského poloostrova, sotva 6 cm. Většina ostatních však dosahuje délky kolem 8–12 cm, samci jsou vždy zřetelně menší. Podobně jako další rody sekavcovitých ryb (*Choia*, *Koreocobitis*, *Iksookimia*, *Kotelatlímia*), mají i sekavci r. *Cobitis* zajímavý pohlavní dimorfismus — samci mají útvar zvaný *lamina circularis*, tzv. Canestriniho šupinu — plochý oválný ztlustělý útvar u základny druhého, někdy i třetího paprsku prsní ploutve. Jeho tvar je u samců různých druhů sekavců odlišný a právě tento znak vedl v 60. letech 20. stol. významné rumunské ichtyology P. Banarcesca a M. Bacesca k ustavení různých linií r. *Cobitis*. Druhy s jednou Canestriniho šupinou byly zařazeny do podrodů *Cobitis* s. str. (nesprávně *Monocanestrinia*) a *Iberocobitis*, druhy s dvěma takovými útvary do podrodu *Bicanestrinia* a druhy bez těchto cha-

rakteristických samčích útvarů do podrodu *Acanestrinia* (viz obr.). Fylogenetické vztahy těchto skupin v současnosti podrobně prostudované pomocí molekulárních znaků však ukazují něco jiného.

Zatímco *Iberocobitis* a *Bicanestrinia* jsou opravdu monofyletickými skupinami, *Acanestrinia* se svými dvěma evropskými druhy je skupina umělá — dunajský endemit *C. elongata* náleží do podrodu *Cobitis* s. str., kdežto pyrenejský *C. calderoni* je nepochybně příslušníkem podrodu *Iberocobitis*. To ukazuje, že u obou druhů došlo ke ztrátě Canestriniho šupiny nezávisle, jde tedy o znak odrazejší podobnost a nikoli příbuznost. Zda je podrod *Cobitis* s. str., jak je dnes pojímán, opravdu monofyletickou taxonomickou konstrukcí, není v současnosti ještě s určitostí vyřešeno, zdá se však, že nikoli.

Již nyní víme, že výsledky budou jistě pro mnohé odborníky překvapivé. Ostatně tomu odpovídá i zeměpisné rozšíření jednotlivých současných podrodů. Příslušníci podrodu *Iberocobitis* (*C. calderoni*, *C. maroccana*, *C. paludica* a teprve v současné době popsány *C. vettonica*) se vyskytují na Pyrenejském poloostrově a v severozápadní Africe (severní úbočí atlaských hor severní Afriky hostí mnoho

faunistických prvků evropské ichtyogeografické oblasti — např. parmy r. *Barbus*, jelce r. *Pseudophoxinus* nebo potočního pstruha *Salmo pallaryi*). Druhy podrodu *Bicanestrinia* (jejich výčet by byl vzhledem k velkým neznalostem týkajícím se jak druhové diverzity, tak nevyřešených otázek nomenklatorických nutně nekompletní, proto ho neuvádíme, ale jsou jich desítky) se vyskytují pouze v jihovýchodní Evropě — Řecku, Bulharsku, Makedonii a v Turecku, překvapivé současné nálezy jsou také z velmi dobře prozkoumaného Rumunska nebo naopak ze zcela neprozkoumané Gruzie; vždy však v úvodních řek Černého moře. Naproti tomu formy podrodu *Cobitis* s. str. jsou rozšířeny v celé palearktické oblasti — od několika lokalit na britských ostrovech na západě přes celou Evropu (ovšem mimo výskyt druhů podrodu *Bicanestrinia*), Sibir až po Japonsko, Korejský poloostrov a povodí Amuru na východě. Na jižních hranicích areálu se vyskytují v severní Sýrii (*C. levantina*), v jižních povodích Kaspického moře a někde i v úvodích Arabského zálivu (*C. linea*). Jejich skutečné rozšíření směrem k jihu v Eurasii však neznáme, poslední nálezy (*C. laensis*, *C. misgurnoides*) ukazují na jejich rozšíření v Laosu a Vietnamu; a navíc máme v naší sbírce živých sekavců jedince z ústí Mekongu, kteří neodpovídají ničemu, co bylo dosud z Asie popsáno. To vše ukazuje, že sekavci s jednou *lamina circularis* samců jsou rozšířeni prakticky v celé Eurasii (bez některých jižních oblastí) a není tedy překvapením, že pravděpodobně nejde o skupinu monofyletickou.

Dnes víme, že se počet známých druhů celého rodu pohybuje kolem 50, stejně však víme téměř o tuctu forem dosud formálně nepopsaných. Navíc se nepochybně při podrobnějších průzkumech tohoto obrovského areálu rozšíření sekavců objeví druhy nové; přitom ani nemusíme opustit Evropu — *C. hellenica*, *C. arachthosensis*, *C. punctilineata*, *C. stephanidisi* byly popsány z Řecka v r. 1996, *C. vettonica* ze Španělska v r. 1997, o nálezech asijských se zmiňovat nebudeme, bylo by jich dost.

*Sekavec písečný (Cobitis taenia) z řeky Haaven (sev. Německo), samec dlouhý 70 mm. Druh popsal C. Linné v r. 1758, dlouho se k němu řadila většina populací evropských sekavců*



## Jací sekavci vlastně žijí v Evropě?

S poznáváním sekavců bylo a stále je spojeno mnoho problémů, nejistot, ne-správných určení, stejně jako neexistence vhodných určovacích metod. Ponejvíce proto, že mají velmi podobné zbarvení a tvar těla, který je dán shodným obývaným prostředím (habitatem) — substrátem dna. Klasickým příkladem je historie sekavce písčného (*C. taenia*), tedy druhu, který popsal C. Linné. Od těch dob až po doby zcela nedávné byl považován za druh s obrovským areálem rozšíření od britských ostrovů po Japonsko a různé formy byly k tomuto druhu přiřazovány jako poddruhy. Tento názor se stále ještě udržuje v odborné literatuře, nejen u nás (např. Fauna ČR a SR — Mihulovci a ryby z r. 1995), ale i jinde a odráží se to i v ochranářské legislativě — tento druh je chráněn i tam, kde vůbec nežije!

Zmíněný rumunský ichtyolog M. Bacescu, vynikající znalec sekavců, už v r. 1962 upozornil na skutečnost, že *C. taenia* je ve skutečnosti „sběrným“ jménem pro více druhů, které si jsou navzájem velmi podobné, vývojově však zcela odlišné. Ani podrobný rozbor původního Linnéova popisu a jeho typového materiálu z různých míst Evropy nepřinesl objasnění, navíc se tento materiál nedochoval. Pak se věc ještě zkomplikovala. Profesor zoologie na univerzitě v Sarajevu A. Sofradžija (padl při obléhání Sarajeva za občanské války v 90. letech) popsal v r. 1978 z lokality Ukrinski Lug v dunajském povodí sekavce, kde všechny samice byly triploidní a měly 75 chromozomů, zatímco samci pouze 50. Vysvětlil to tak, že se samice rozmnožují gynogenezí (viz dále), otázku, jak se množí samci a odkud se tam vlastně vzali, ponechal v rozpacích stranou.

Přibližně v téže době byli objeveni sekavci v Japonsku s 96, 98 a 100 chromozomy, tedy tetraploidní, ale obou pohlaví, navíc žijící na stejných lokalitách se sekavci diploidními s 50 chromozomy. V této době

se začalo zjišťovat, že by studium chromozomů ryb mohlo přinést něco nového. A tak se V. Vasiljev, pracovník Ústavu evoluční morfologie a ekologie živočichů tehdejší sovětské AV, který vypracoval metodu preparace rybích chromozomů, z čiré zvědavosti (jak mi — P. Rábovi, pozn. red. — napsal v jednom dopise) podíval na chromozomy sekavců z říčky, která teče podle jeho rekreační chaty, asi 70 km od Moskvy. Nalezl převážující množství triploidních samic se 73 nebo 74 chromozomy, ale i diploidní samce a samice s 48 a 50, ale vzácně také tetraploidní s 98 a 99 chromozomy! Se svou ženou K. Vasiljevovou doslova propadli studiu tohoto problému a během 80. let pak publikovali sérii studií (bohužel pouze v ruštině), v nichž prokázali, že se oba diploidní druhy se značně liší obsahem DNA, diagnostickými allozymovými jadernými znaky, složením karyotypu a také mikrohabitaty, které obývají. Tyto druhy byly také identifikovány: druh s 50 chromozomy jako *C. melanoleuca* (synonyma jsou *C. granoei* a ještě dříve *C. taenia sibirica*), druh s 48 chromozomy jako *C. taenia*. Dnes víme, že je to jediný evropský druh sekavce, jenž (naštěstí) nemá 50 chromozomů, a tato jednoduchá okolnost, správněji Robertsonovská translokace, která snížila počet chromozomů na 48, zjednodušila řešení. Problém ovšem byl s polyploidními formami. Genom triploidních samic se 73 chromozomy obsahoval diploidní genom *C. taenia* a haploidní (s jednou sadou) genom druhu s 50 chromozomy (48 + 25 = 73), genom triploidních samic se 74 chromozomy obsahoval haploidní genom *C. taenia* a diploidní genom druhu s 50 chromozomy (24 + 50 = 74). Genom tohoto druhu s 50 chromozomy však byl zcela odlišný od genomu *C. melanoleuca*, který se s nimi vyskytuje! Tento záhadný sekavec, obsažený v genomech hybridních samic, byl pojmenován *Cobitis* sp. 1, jak víme dnes, jde o *C. elongatoides*. Manželé Vasiljevovi také navrhli hypotézu o způsobu množení těchto triploidních samic — páří se s nimi

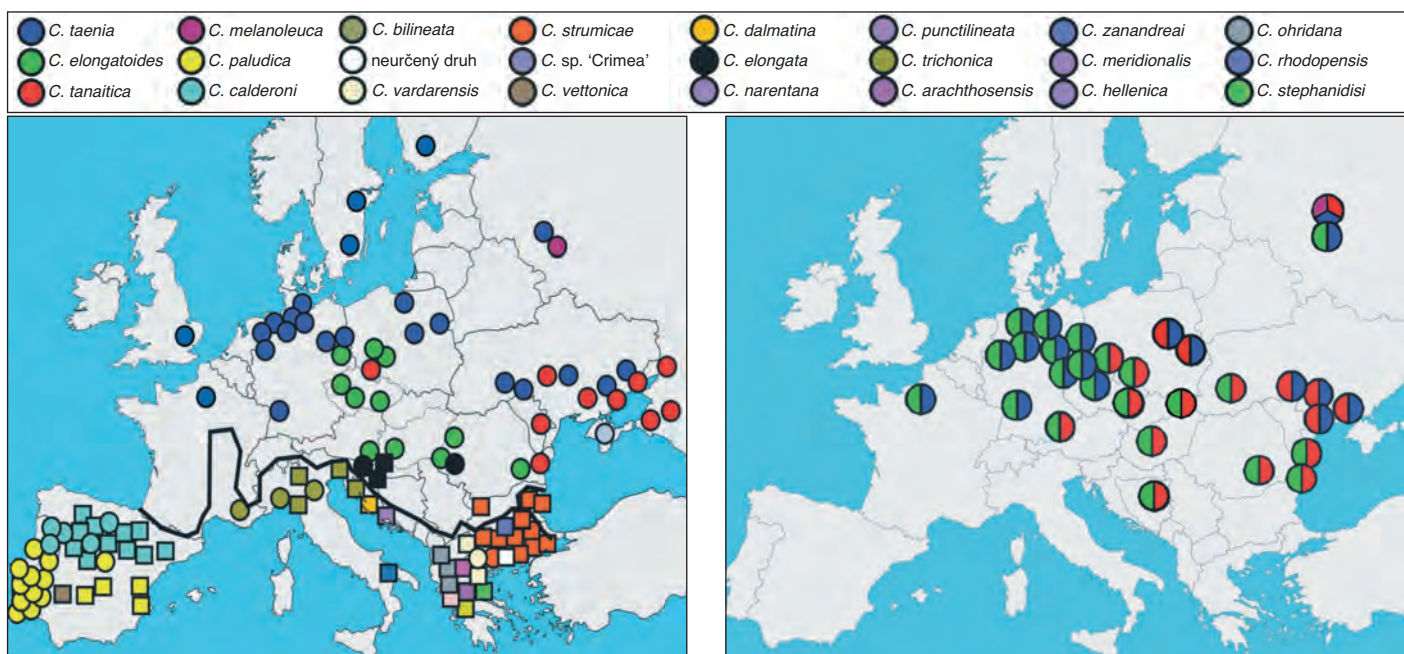
samci *C. taenia* a *C. melanoleuca* a výsledkem jsou vždy zase triploidní samice stejného genomového složení jako matka, jde tedy o klony a způsobem rozmnožování je gynogeneze, tedy rozmnožování, kdy spermie pronikne do vajíčka, avšak její genom se nerekombinuje s genomem matky, ale pouze stimuluje vajíčko k vývoji.

Vysvětlili také původ nečetných tetraploidních sekavců — jde o vzácný případ, kdy z důvodů dosud neznámých se genom spermie do genomu vajíčka inkorporuje. Vznikají tak jedinci s 97 (73 + 24), 98 (73 + 25 nebo 74 + 24) a 99 (74 + 25) chromozomy, kde se ale v posledním případě genom *C. melanoleuca* uplatňuje. Poprvé tak ukázali, že sekavci se mohou množit jinak než bisexuálně, tedy asexuálně či unisexuálně (terminologie je nejednotná), a také přiřadili ke jménu *C. taenia* jasné určovací znaky. Pak došlo k rozpadu Sovětského svazu a potíže, které tamější komunita dosud s vědeckou prací má, jejich průkopnickou práci zastavily. Poměry jinde v Evropě však zůstaly nepoznané.

## Jaká je situace v ČR?

V r. 1987 se naše laboratoř zúčastnila spolu se Správou Chráněné krajinné oblasti Kokořínsko ichtyologického průzkumu potoka Pšovky. Tak jsem poprvé spatřil živého sekavce, samici, a z čiré zvědavosti jsem (P. R.) vypreparoval její chromozomy — měla jich 74! V té době jsem se účastnil jako spoluautor sestavování monumentálního kompendia Fauna ČR a SR — Mihulovci a ryby a poukázal jsem jednomu z editorů na přítomnost triploidů u nás, a tedy na komplikovanější situaci. Dostalo se mi odpovědi „To jsou chromozomy, což je genetika a ne zoologie“, a proto také ve Fauně chybí v příslušné části rozsáhlá (snad protože ruská) literatura týkající se hybridních asexuálně se množících sekavců a zmínky o jiných druzích než *C. taenia* u nás. Podrobnější průzkum sekavců Pšovky ukázal, že se zde vyskytují samci a samice

Vlevo geografické rozšíření evropských druhů sekavců r. *Cobitis*. Většina dnes známých druhů se vyskytuje pod mediteránní linií (černá linka), zatímco nad ní (kromě dunajského endemita *C. elongata*) žijí pouze tři druhy *C. taenia*, *C. elongatoides* a *C. tanaïtica*. Čtverečky znamenají pouze morfologickou identifikaci, kolečka morfologickou i genetickou identifikaci ♦ Vpravo rozšíření unisexuálních hybridních sekavců v Evropě známé ke konci roku 2001. Barvy označují genomy jednotlivých druhů. Orig. J. Böhlens



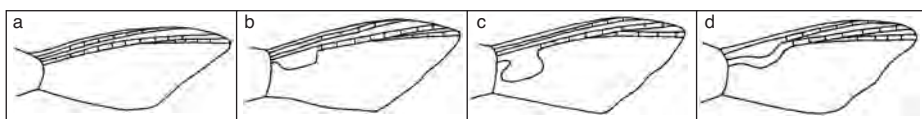
s 50 chromozomy, samice se 74 chromozomy a vzácně samice s 99 chromozomy. Rozbor karyotypu triploidů ukázal, že v genomu je obsažen haploidní genom *C. taenia*, přesně odpovídající popisu manželů Vasiljevových, a diploidní genom (50) druhu s neznámým karyotypem. Diploidní samci a samice měli rovněž tento neznámý karyotyp. Tetraploidní jedinci měli pak tři genomy neznámého druhu a haploidní genom *C. taenia* (75 + 24). Byl to první důkaz, že u nás žije jiný sekavec než *C. taenia*.

Tento objev způsobil, že jsme od manželů Vasiljevových dostali vysoce nakažlivou nemoc zvanou cobitofilie. Spolu s kolegy z Ichtyologického oddělení ÚBO AV ČR v Brně jsme začali podrobně studovat sekavce ze známých lokalit v ČR. Překvapení se dostavilo prakticky ihned. V oblasti jižní Moravy (soutok Dyje s Moravou, Dyje, Jevišovka) žijí jednak neznámí sekavci s 50 chromozomy, ale také triploidní se 75 nebo tetraploidní samice se 100 chromozomy, genom *C. taenia* (24 nebo 48) však zcela chyběl! Tento další neznámý druh, jehož genom byl obsažen v genomech hybridů, je dosti odlišný, např. složením karyotypu. Bylo zřejmé, že se na relativně malém území ČR vyskytuje neznámý druh sekavce s 50 chromozomy a v hybridních jedincích se objevují genomy dalších dvou druhů — skutečného *C. taenia* (2n = 48) a dalšího neznámého druhu (2n = 50). Souběžně jsme však shromažďovali vzorky sekavců ze všech možných míst Evropy a snažili jsme se je identifikovat. Jak jinak, zase se dostavilo překvapení — ze 4 až 5 jedinců byli 3 diploidní, triploidní a tetraploidní hybridi nejrůznějšího zastoupení těchto tří genomů. V té době jsme však již byli chytřejší, protože jsme horečně vyvíjeli druhově specifické identifikační znaky — jaderné diagnostické alely, složení karyotypu a dalších chromozomových znaků a haplotypy cytochromu c mitochondriální DNA. Výsledky pak byly podrobeny detailní fylogeografické a fylogenetické analýze, jež ostatně stále probíhá.

Nezapomněli jsme ani na jména našich neznámých sekavců a podrobný rozbor případu ukázal, že oba tyto druhy sekavců s 50 chromozomy ve skutečnosti popsali zmíněný Bacescu s Mayerem v r. 1969, jak bylo tehdy zvykem, jako poddruhy *C. taenia* — *C. t. elongatoides* a *C. t. tanaïtica*. Tak se opět potvrdila stará pravda, že naše generace má k dispozici přesné identifikační znaky, zatímco přírodovědci starší generace měli „oko“. Přitom nomenklatorická historie byla trochu zamotaná; prvním druhu dal sám Bacescu další jméno (*C. danubialis*), druh druhý znovu nadbytečně popsali manželé Vasiljevovi nedávno (*C. rossomeridionalis*). Mezinárodní kód zoologické nomenklatury však v obou případech nepřipouští jiné řešení než starší názvy *C. elongatoides* a *C. tanaïtica*.

### Co nám ukázala skládanka

Evropu nad mediteránní linií obývají pouze tři druhy sekavců r. *Cobitis* (mimo švýcarských populací uměle vysazeného severoadriatického *C. bilineata* a dunajského endemita *C. elongata*), které jsou si navzájem velmi podobné, hovoří se o tzv. „sibling“ druzích (z ang. podvojných, kryptických), jsou však evolučně značně odlišné. Třebaže zatím úplně přesné biogeografické údaje chybějí, můžeme jejich rozšíření popsat takto (viz obr.): *C. taenia*



*Shora dolů sekavci: Cobitis elongatoides (řeka Baile, Rumunsko), samice, 65 mm* ♦ *C. tanaïtica (Sinoe, Rumunsko), samec, 64 mm* ♦ *C. melanoleuca (řeka Moskva, Rusko), samice, 115 mm. Všechny snímky J. Böhlerna* ♦ *První ploutve samců s Canestriniho šupinami u poddruhů: a) Acanestrinia, b) Cobitis s. str., c) Iberocobitis, d) Bicanestrinia. Podle J. Böhlerna kreslí S. Holeček*

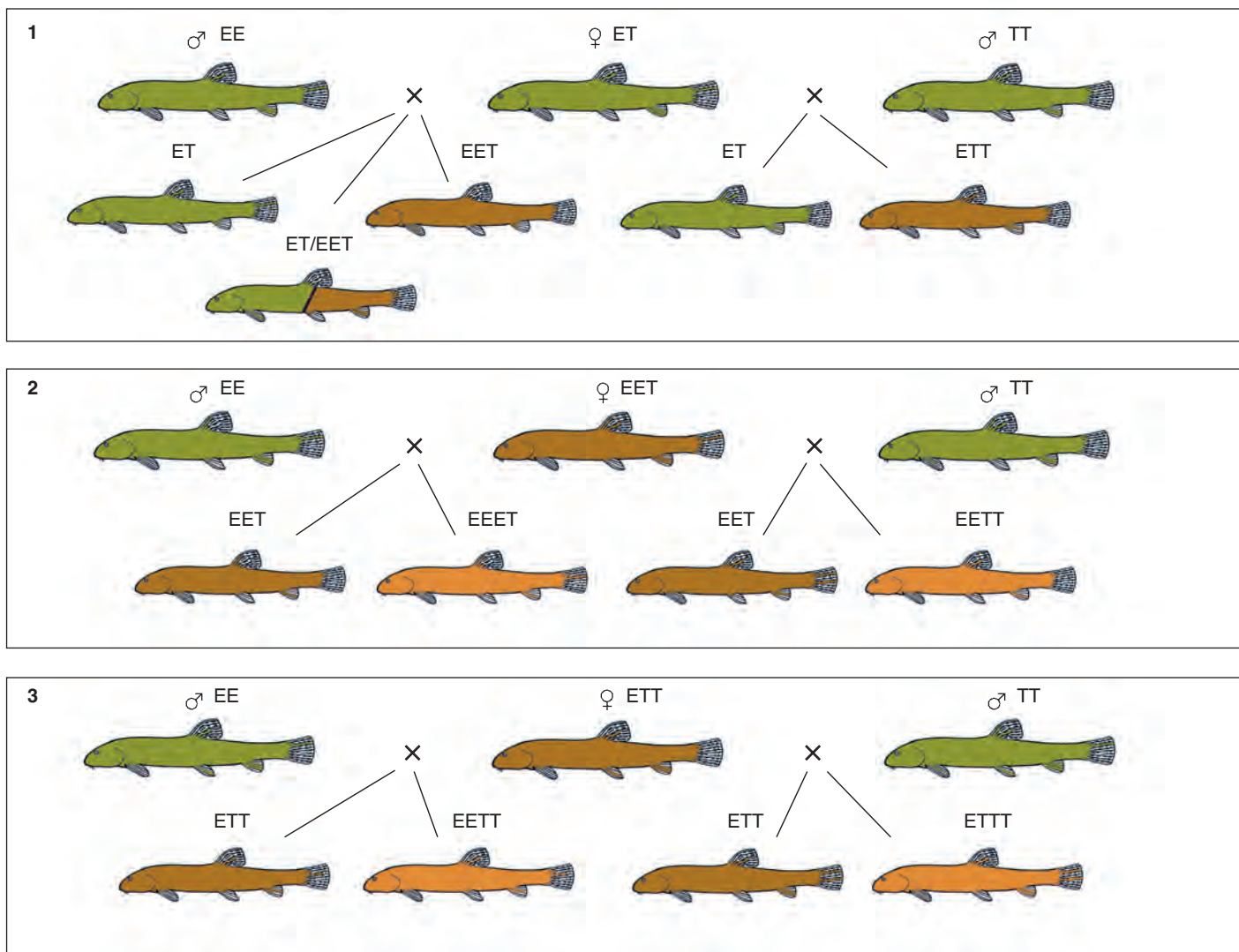
se vyskytuje v širokém pásmu severní Evropy od britských ostrovů, přes severoevropské nížiny (Německo, Polsko, baltské státy, Skandinávie), střední Rusko po jižní Ukrajinu, poslední nálezy jsou ze západního Kazachstánu východně od ústí Volhy. *C. elongatoides* je původně dunajským druhem, pronikl však i do horních toků Labe, Odry, Visly a některých řek na východ od dunajského povodí. *C. tanaïtica* je znám od ústí Dunaje na východ přes jižní Ukrajinu a Rusko, překvapivý nálezy je z okolí Wrocławu a není tedy vyloučeno, že bude objeven i jinde. Podobně jako všechny druhy sekavců (až na malé a nejasné výjimky), mají tyto tři druhy přísně alopatrické rozšíření (mají samostatné areály). Po ústupu posledního zalednění se však na více místech jejich rozšíření překrylo a mělo za následek reprodukční kontakty.

A zde je jádro celého problému a asi nejzajímavější část celého příběhu. Tyto reprodukční kontakty způsobily vznik hybridů (téměř vždy samic), kteří se dále množí unisexuálně nebo asexuálně. To znamená, že původní hybridizaci byly narušeny jinak evolučně velmi konzervativní mechanismy gametogeneze u hybridů — samic, takže rodičovské genomy se do dalších generací předávají klonálně a spermie

samce pouze spouští dělení, ale její genom nijak nepřispívá.

To však byl pouze pracovní předpoklad, který bylo nutno experimentálně ověřit, protože různých typů hybridů těchto tří druhů bylo v přírodě nalezeno mnoho. V zásadě všechny kombinace tří genomů (*C. taenia* = TT, *C. elongatoides* = EE, *C. tanaïtica* = TaTa) diploidních (TE, TTa, ETa), triploidních (TTE, TEE, EETa, ETaTa, TTTa, TTTaTa, vzácně TETa) nebo tetraploidních hybridů, u nichž se navíc vzácně uplatňuje na východě Evropy haploidní genom *C. melanoleuca* (MM). Výjimečně též byli nalezeni autotriploidní nebo autotetraploidní jedinci (např. TTT a TTTT) nehybridního původu, jejichž vznik je spojen s poruchou dělení během oplození (nikoli s hybridizací), která se u ryb vyskytuje celkem běžně. To také vysvětluje počáteční naprostou dezorientaci při studiu počtu chromozomů u jinak morfologicky velmi podobných sekavců — 48, 49, 50 (u diploidních), 72, 73, 74, 75 (u triploidních) nebo 96, 97, 98, 99, 100 (u tetraploidních forem). Použití mitochondriálních znaků při určování původu hybridů přineslo zase další velké překvapení.

Mitochondriální genom (mtDNA) se totiž do dalších generací přenáší pouze oocyty, tedy jeho znaky patří jediné mateřské linii. Proto zjištění, že hybridy stejného genomového složení, např. TEE (= triploidní jedinec s haploidním genomem *taenia* a diploidním genomem *elongatoides*) mohou mít mtDNA znaky obou druhů, vedlo k závěru, že původní mezidruhová hybridizace byla reciproká. Jinými slovy, na počáteční hybridizaci se podíleli samci



Výsledky experimentálního křížení různých hybridních biotypů sekavců (1 — ET, 2 — EET, 3 — ETT) se samci rodičovských druhů na příkladu druhů *C. taenia* (TT) a *C. elongatoides* (EE), jejichž výsledkem je opět vznik hybridních biotypů. Podobné poměry panují i mezi *C. taenia* a *C. tanaitica* nebo mezi *C. elongatoides* a *C. tanaitica* ukazující zdroj velké hybridní diverzity unisexuálních klonů sekavců. Zelenou barvou jsou označeny biotypy s diploidním genomem, hnědou barvou s triploidním a oranžovou barvou s tetraploidním genomem. Kreslil S. Holeček

i samice obou rodičovských druhů (zde např. *C. taenia* a *C. elongatoides*). Fylogenetická analýza těchto mtDNA znaků navíc také ukázala, že unisexuální hybridní samice shodného genomového složení jsou polyfyletického původu, tedy vznikly nezávisle na sobě na více místech. Reciprocita a mnohočetnost původních hybridizací je mezi unisexuálně se množícími obratlovci naprostá výjimka. Takových případů je známo kolem 80 a na počáteční hybridizaci se vždy podílela jedna samice (nebo skupina blízké příbuzných samic) pouze jednoho z rodičovských druhů. Tyto unisexuálně se množící hybridní samice sekavců, nazývané biotypy, se ukazují být evolučně velmi úspěšné a rozšířily se po areálu všech tří druhů. Přitom na mnoha lokalitách, např. v Odře, se vyskytuje vždy vlastní, jedinečná kombinace hybridních biotypů a některého z rodičovských druhů. Naproti tomu jeden hybridní biotyp se může vyskytovat i na místech velmi vzdálených, např. biotyp TTE je znám z řeky Loiry ve Francii a řeky Moskvy v Rusku. Vzhledem k tomu, že hybridní samice sekavců pro rozmnožování potřebují samce rodičovských druhů, nazývá se tento způsob rozmnožování sexuální parazitismus. Tyto molekulární znaky zároveň ukázaly, že se počáteční hybridizace udály celkem nedávno, což vcelku dobře odpovídá ústupu posledního zalednění.

### Jak vzniká a udržuje se rozsáhlá hybridní diverzita

Abychom potvrdili, že se hybridní samice sekavců rozmnožují opravdu gynogeneticky, rozhodli jsme se experimentálně pářit samce rodičovských druhů a hybridní samice s přesně určeným složením genomů (viz obr.). Přitom donutit sekavce k rozmnožování není vůbec jednoduché. Pracná a podrobná genetická analýza takového experimentálního potomstva pak vysvětlila, jak vzniká a udržuje se tak rozsáhlá hybridní diverzita.

Přes některé nejasnosti lze shrnout, že diploidní hybridní samice produkují oocyty s neredukovaným genomem, tedy opět diploidní. Při páření se samcem kteréhokoli rodičovského druhu jsou výsledkem většinou opět diploidní hybridní samice totožné s matkou. Jde tedy o klony, což bylo prokázáno molekulární metodou „fingerprinting“. Malá část samicího potomstva je však triploidní, protože se přidruží haploidní genom samce. Takto vzniklé triploidní samice produkují opět klonální triploidní samice, ve vzácných případech se však haploidní genom samce opět začlení a vzniknou tetraploidní jedinci. Jak a jestli vůbec se rozmnožují tetraploidní jedinci, v současnosti nevíme. Velkým překvapením v potomstvu diploidních hybridních samic

však byl nález mozaiky — jedinců s diploidními a triploidními tkáněmi. Vyšetření průtokovou cytometrií ukázalo, že poměr těchto tkání je přesně 1:1! Na základě tohoto objevu jsme znovu prostudovali některé nejasné dřívější případy a zjistili, že se také samice vyskytují i v přírodě! Není to tedy experimentální artefakt, ale jde o součást neuvěřitelné hybridní diverzity těchto sekavců v Evropě.

### Závěrem

Výše uvedené řádky by mohly nasvědčovat tomu, že o sekavcích a jejich neuvěřitelné biodiverzitě v Evropě známe všechno. Nic není vzdálenějšího pravdě. Je tomu naopak. Víme, že toho více nevíme, než známe. Víme však jistě, že unisexuální hybridní komplexy ryb jsou jedinečnými laboratorními evoluční biologie, které bychom uměle vytvořit nedokázali. Víme, že příběh sekavce pisečného ještě zdaleka neskončil. Každý příběh má však mít také ponaučení, a to říká, že složité řeči podivuhodné bytosti zvané Biodiverzita musíme naslouchat s velkou pokorou.

Studie diverzity evropských sekavců byly podpořeny granty GA ČR (206/97/0684 a 206/00/0668), GA AV ČR (S5045111) a FRVŠ (41-202 766).