

Fosilie to ví nejlépe: původ a evoluční vztahy myšovitých hlodavců

[Aghová T., Kimura Y., Bryja J., Dobigny G., Granjon L., Kergoat G. J.: Fossils know it best: Using a new set of fossil calibrations to improve the temporal phylogenetic framework of murid rodents \(Rodentia: Muridae\), *Molecular Phylogenetics and Evolution* 128 \(2018\) 98-111.](#)

V nové studii vědců z Ústavu biologie obratlovců AV ČR (ÚBO) pomáhají fosilie odhalit, kdy a jakým způsobem vznikla obrovská rozmanitost myšovitých hlodavců.

Hlodavci z čeledi myšovitých (Rodentia: Muridae) představují nejrozmanitější skupinu savců (více než 800 známých druhů rozdělených do 155 rodů), vrátane dvou nejvýznamnějších biologických savčích modelov: myš a potkan. Čelad' myšovitých je fascinující z niekoľkých hľadísk, napr. veľkosť tela u hlodavcov je v rozmedzí 5-2600g, obývajú rôzne prostredia (púšte, savany, lesy, pohoria, tundry), adaptovali sa na pohyb v stromoch, na súši alebo vo vode. A aj keď sú hlodavce väčšinou všežravé, tak sa nájdu medzi nimi byľinožravci, mäsožravci alebo špecialisti na huby, listy alebo červy. Hlodavci jsou také významným rezervoárem závažných onemocnění přenosných na člověka (např. mor, myší tyfus, leptospiróza či krvácivé horečky), a zároveň patří mezi důležité hospodářské škůdce.

Vědci z ÚBO 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 nálezů bylo vybráno 9 vymřelých druhů, které bylo možno s vysokou pravděpodobností umístit na určité místo v takzvaném fylogenetickém vývojovém stromu.

Výsledky studie, která byla před niekoľika dny 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.

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 biomedicíně.

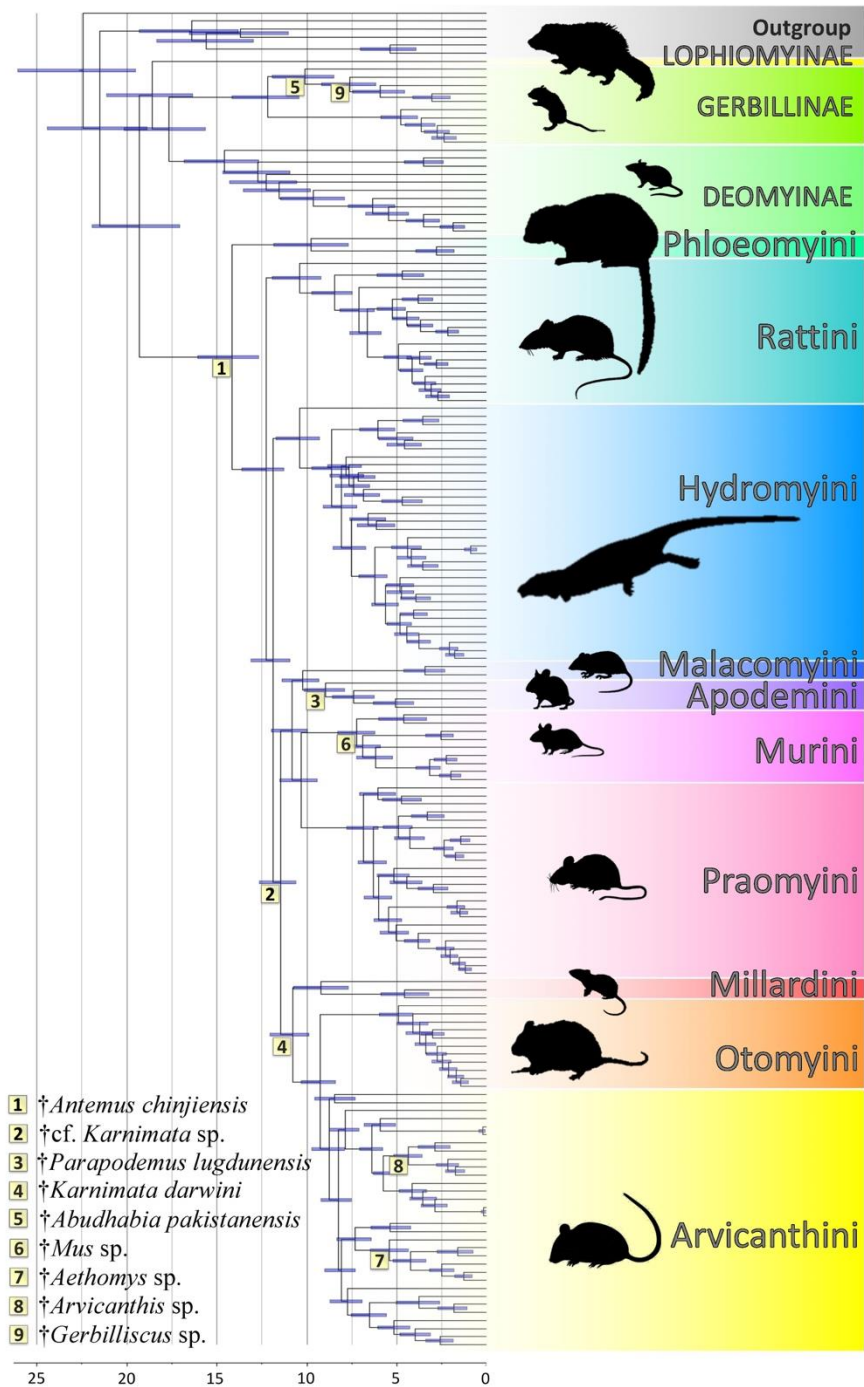


Fig. 1 Fylogenetický strom čeledě myšovitých hlodavců (4 podčeledě LOPHIOMYINAE, GERBILLINAE, DEOMYINAE a nejpočetnější čeleď MURINAE je rozdělená na 10 skupin). Na stromě je umístěných 9 fosilií.



Fig 2 Africký hlodavec rodu *Arvicanthis* (foto: Aghová)



Fig 3 Většina fosilií je známá jen na základě zubů. Horní molár †*Progonomys*, předchůdce myši z rodu *Mus*. (Obr. S. Sen)

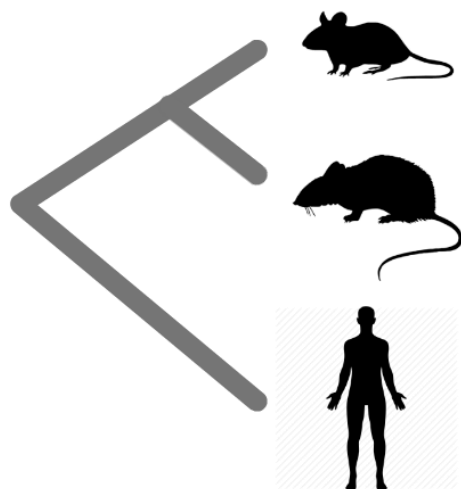


Fig. 4 Evoluční rozdělení myši a potkana je důležitým kalibračním bodem v molekulární biologii.