

ZOOLOGICKÉ DNY

Brno 2015

*Sborník abstraktů z konference
12.-13. února 2015*

Editori: BRYJA Josef, ŘEHÁK Zdeněk & ZUKAL Jan

Pořadatelé konference:

Ústav biologie obratlovců AV ČR, v.v.i., Brno

Ústav botaniky a zoologie, Přírodovědecká fakulta MU, Brno

Česká zoologická společnost

Místo konání: Ekonomicko-správní fakulta MU, Lipová 41a, 602 00 Brno-Pisárky

Datum konání: 12.-13. února 2015

Řídící výbor konference:

Bryja J. (Brno)

Drozd P. (Ostrava)

Horská M. (Brno)

Kaňuch P. (Zvolen)

Krištín A. (Zvolen)

Macholán M. (Brno)

Munclinger P. (Praha)

Pekár S. (Brno)

Pižl V. (České Budějovice)

Řehák Z. (Brno)

Sedláček F. (České Budějovice)

Stanko M. (Košice)

Tkadlec E. (Olomouc)

Zukal J. (Brno)

BRYJA J., ŘEHÁK Z. & ZUKAL J. (Eds.): Zoologické dny Brno 2015. Sborník abstraktů z konference 12.-13. února 2015.

Vydal: Ústav biologie obratlovců AV ČR, v.v.i., Květná 8, 603 65 Brno

Grafická úprava: BRYJA J. & KOMÁRKOVÁ J.

1. vydání, 2015

Náklad 550 výtisků.

Doporučená cena 150 Kč.

Vydáno jako neperiodická účelová publikace.

Za jazykovou úpravu a obsah příspěvků jsou odpovědní jejich autoři.

ISBN 978-80-87189-18-4

bp) of 231 individuals of all four species from 187 localities within the Balkans was analysed using the phylogeographic framework and demographic analyses. We uncovered contrasting evolutionary histories of the four species and detected multiple potential refugia of each species. The highest genetic variation was found in the south-Balkan-endemic *A. graeca*, although without deep divergences. The Albanian Mountains showed up as an important region harbouring several haplogroups of *A. graeca*. The second endemic (*A. cephalonica*), also demonstrates complex phylogeographic structure supplemented by a divergent lineage from the Mani Peninsula. Similarly, two deeply divergent clades were detected also within the Balkan populations of *A. colchica*. The first occurring on the Black Sea coast, while the second widespread and represented by several haplogroups distributed along the Stara Planina, Banat and the Carpathians. On the contrary, the Balkan populations of *A. fragilis* show relatively shallow genetic structure (basal radiation located in Slovenia). A signature of population growth was detected in all populations, with exceptions in the Slovenian *A. fragilis* and the Carpathian *A. colchica*. These two northern areas (Slovenia, Carpathians) thus represent important refugia, which have harboured stable slow-worm populations within the Balkans and have served as source regions for spatial expansions out of the Balkans.

The study was supported by VEGA 1/0073/14 and UK/20/2014.

(POSTER)

Fylogeografie evropské linie *Natrix tessellata* se zaměřením na populace z okraje areálu ve střední Evropě

JABLONSKI D. (1), VLČEK P. (2), GVOŽDÍK V. (3,4)

(1) Katedra zoologie, Univerzita Komenského v Bratislavě; (2) Slovenská, Havířov-Město; (3) Ústav biologie obratlovců AV ČR, Studenec; (4) Zoologické oddělení, Národní muzeum, Praha

Užovka podplamatá (*Natrix tessellata*) je termofilní druh, jehož rozšíření v Evropě úzce koreluje s teplým klimatem. V České republice je tento druh rozšířen na jižní Moravě, ve středních a severních Čechách a malá populace byla nedávno objevena ve Slezsku. Jihomoravské populace navazují na kontinuální areál rozšíření druhu, zatímco české a slezské populace jsou geograficky oddělené, podobně jako populace v Německu. Užovka podplamatá je geneticky (mtDNA) velice diverzifikovaná, přičemž v Evropě je nejrozšířenější tzv. „evropská linie“ s areálem od západní Anatolie, přes střední a severní Balkán, Apeninský poloostrov až střední Evropu, kde druh vytváří několik izolovaných populací. Tato evropská linie je tvořena několika hlavními haplotypovými skupinami se zřetelnou geografickou strukturou. Izolované populace ve střední Evropě spadají do dvou haplotypových skupin. České a německé populace fylogeograficky navazují na jihomoravské a západoslovenské populace patřící do haploskupiny

rozšířené od středního Balkánu. Slezská populace patří do odlišné haploskupiny rozšířené od Slovinska a jižního Rakouska, přes Maďarsko až na střední Slovensko. S ohledem na tento fylogeografický vzor a vzhledem k subfosilním nálezům druhu ze severněji položených oblastí (Polsko) můžeme diskutovat o možnosti, že izolovaná slezská populace představuje pozůstatek po dřívějším severnějším rozšíření této haplotypové skupiny v teplejších obdobích kvártéru.

(POSTER)

Kam až lze zajít? Hybridizace u ještěrů

JANČUCHOVÁ LÁSKOVÁ J., LANDOVÁ E., FRYNTA D.

Oddělení etologie a ekologie, Katedra zoologie, PřF UK, Praha

Živočišné druhy jsou odděleny reprodukčně izolačními mechanismy (RIMs). Postzygotické RIMs jsou především výsledkem genetické rozdílnosti druhů a jejich síla roste s dobou divergence. Nicméně vztah mezi postzygotickými RIMs a genetickou divergencí se významně liší mezi jednotlivými skupinami obratlovců. V naší práci jsme shromáždili dostupnou literaturu zabývající se přirozenou nebo experimentální hybridizací mezi druhy/podruhy ještěrů. Zajímalo nás, jak moc geneticky vzdálené druhy jsou schopné se ještě křížit a schopnost jejich F1 hybridů produkovat další hybridy. Zjistili jsme, že k hybridizaci dochází ve většině hlavních skupin ještěrů. Většina výzkumu je zaměřena na partenogenetické druhy a polyploidní hybridy v čeledích Lacertidae, Teiidae a Gekkonidae. Homoploidní bisexuální hybridní převažují hlavně v rámci Lacertidae a skupině Iguania. Pro odhad genetické vzdálenosti hybridizujících druhů jsme použili HKY85 distanci nukleotidových sekvencí mitochondriálního genu cytochromu *b*. Horní limit této genetické vzdálenosti byl podobný jak u partenogenetických, tak u bisexuálních hybridů. Maximální hodnoty těchto distancí dosahovali 18 – 21%, což je srovnatelné nebo dokonce vyšší ve srovnání s hodnotami u ostatních obratlovců. Přesto jsou u ještěrů F1 hybridní většinou alespoň částečně fertilen a i u geneticky hodně divergentních druhů je tak umožněna introgrese genů. Vztah mezi genetickou distancí rodičovských druhů a fertilitou jejich hybridů se v naší studii překvapivě neprokázal.

(PŘEDNÁŠKA)