

Pocta Petru Rábovi

Většině z nás mohou připadat ryby chladné, a tak trochu nepochopitelné. Pětice článků, vybraných z 15 příspěvků konference Life of Musing and Inspiration: A Tribute to Petr Ráb (Živa 2025, 4: CVII–CVIII), však ukazuje, že ryby mohou být zdrojem

poutavých příběhů. Dočteme se, kam může zajít zvyšování ploidie jeseterů. Karas stříbřitý odhalí paletu forem, dále komplikovanou samicemi, které se rozhodly obejít bez samců, a rozmanitost mřenek vypráví o geologické a klimatické proměně sladko-

vodní říše Eurasie od třetihor po dnešek. Piskoři v bahně skrývají tajemství genetické variability a je otázka, zda ho rozluštíme dříve, než navzdory své odolnosti a ekologickému oportunismu kvůli nám vyhynou. A sumeček černý – invazní hrozba, jejíž úspěch vyvolává mnoho otázek. Vše spojuje odkaz prof. Petra Rába, také dlouholetého člena redakční rady Živy a autora jejich článků, který by dodal, že „matka příroda má stále dost tajemství, která je třeba vyrvat.“

Barbora Vošlajerová
a redakce Živy

Martin Flajšhans

Ploidní diverzita u jeseterů

Evoluce jeseterů a veslonosů (řád *Acipenseriformes*) je neodmyslitelně spojena s polyploidizačními a hybridizačními událostmi, které vedly k rozrůznění počtu chromozomů a úrovní ploidie (počtů chromozomových sad) u současných druhů této skupiny (poznámka k taxonomii níže). Výzkumy dokazují, že alopolyloidizace i autopolyploidizace (podrobněji dále) jsou u těchto ryb probíhající procesem a v populacích jeseterů jsou relativně často pozorování jedinci s abnormálními úrovněmi ploidie. Společná práce našeho týmu na Fakultě rybářství a ochrany vod Jihočeské univerzity v Českých Budějovicích a týmu prof. Petra Rába z Ústavu živočišné fyziologie a genetiky AV ČR se ploidní diverzitou jeseterů zabývala posledních 26 let, se snahami vysvětlit příčiny vzniku abnormálních počtů chromozomových sad a odhalovat jejich možné důsledky pro organismy samotné, stejně jako pro chov a ochranu diverzity jeseterů.

Evoluční polyploidie u jeseterů

Polyploidie – zvýšení počtu chromozomových sad nad běžnou úroveň dvou, tedy diploidní – je mimořádně důležitý evoluční mechanismus přispívající k obrovské biodiverzitě současných ryb. Podobně snadnost, s jakou se polyploidie různého stupně vyskytuje přirozeně nebo může být experimentálně vyvolána pomocí různých technologických postupů, svědčí o významu tohoto biologického jevu spojeného s plasticitou genomu ryb, tedy se schopností genomu měnit se a přizpůsobovat (blíže také Živa 2013, 6: 261–264). Existuje

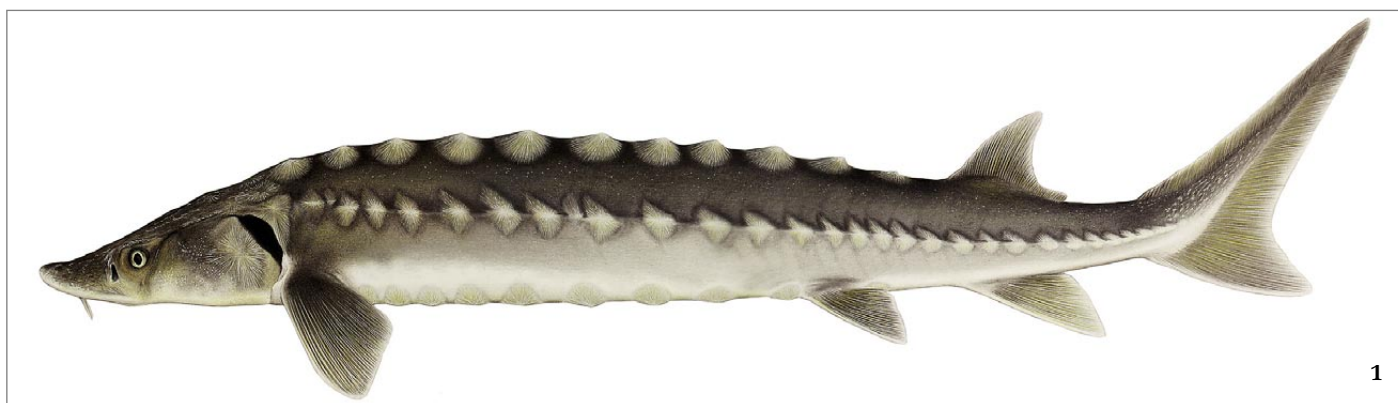
však jen málo jevů v biologii a genetice ryb, o kterých stále máme tak neúplné, fragmentární a někdy zkreslené znalosti jako o rybí polyploidii.

Živým příkladem tohoto jevu jsou jeseterovití (*Acipenseridae*) spolu s veslonosy (*Polyodontidae*; Živa 2021, 5: 251–255) jako nejstarší žijící skupina paprskoploutvých ryb, živých fosilií, které „zapomínají vyhynout“. Ještě k doplnění v úvodu naznačené poznámky k taxonomii – Chace D. Brownstein a Thomas J. Near (Bulletin of the Peabody Museum of Natural History 2025, 1: 3–24) letos na jaře na podkladě

sekvenace DNA a morfologických údajů navrhli přehodnotit fylogenetickou základnu pro taxonomii čeledi jeseterovití revolučním způsobem. Zejména z rodu *Acipenser* by tak mnoho nezůstalo. Dokud nebude jejich návrh zhodnocen dalšími autory, přidržuje se náš článek dosud používané taxonomické nomenklatury.

Od fylogenetické větve ostatních obratlovců se *Acipenseriformes* odchytili po dvou kolech duplikace genomu. Karyotypy těchto ryb také nevykazují podobnost s karyotypy jiných paprskoploutvých s výjimkou kostlínů rodů *Lepisosteus* a *Atractosteus* a svědčí o velké roli polyploidizačních událostí při formování genomu ryb z řádu jeseterů. Obecně se předpokládá, že vyhynulý společný diploidní předek všech jeseterů měl 60 chromozomů (Birstein a kol. 1997, Ráb a kol. 1999), došlo u něj k první duplikaci celého genomu (Whole Genome Duplication, WGD) a poté produkoval linii jeseterů se 120 chromozomy, která se zdá být bazální pro všechny zástupce čeledi (Ludwig a kol. 2001). Zda tato WGD proběhla před, nebo po rozdělení jeseterů a veslonosů, není v současnosti jasné. Autoři Karen D. Crow a kol. (2012) dospěli k závěru, že u veslonosů amerických (*Polyodon spathula*, obr. 2) se specificky duplikoval genom přibližně před 42 miliony let po divergenci od jeseterů datované před 180 až 140 miliony let, což naznačuje, že se veslonosovití oddělili od jeseterovitých už před první WGD jeseterů. Pro úplné zodpovězení této otázky však budou zapotřebí data, která zahrnou kompletní zastoupení jeseterů. Podle práce

1 Jeseter krátkorýpý (*Acipenser brevirostrum*) z východního pobřeží Severní Ameriky je jediným popsáním evolučně dodekaploidním (12n), resp. funkčně hexaploidním (6n) zástupcem čeledi.



1