



Evoluce významných druhů hospodářských zvířat

Modul č. 2: Živočišné genetické zdroje a udržitelný rozvoj

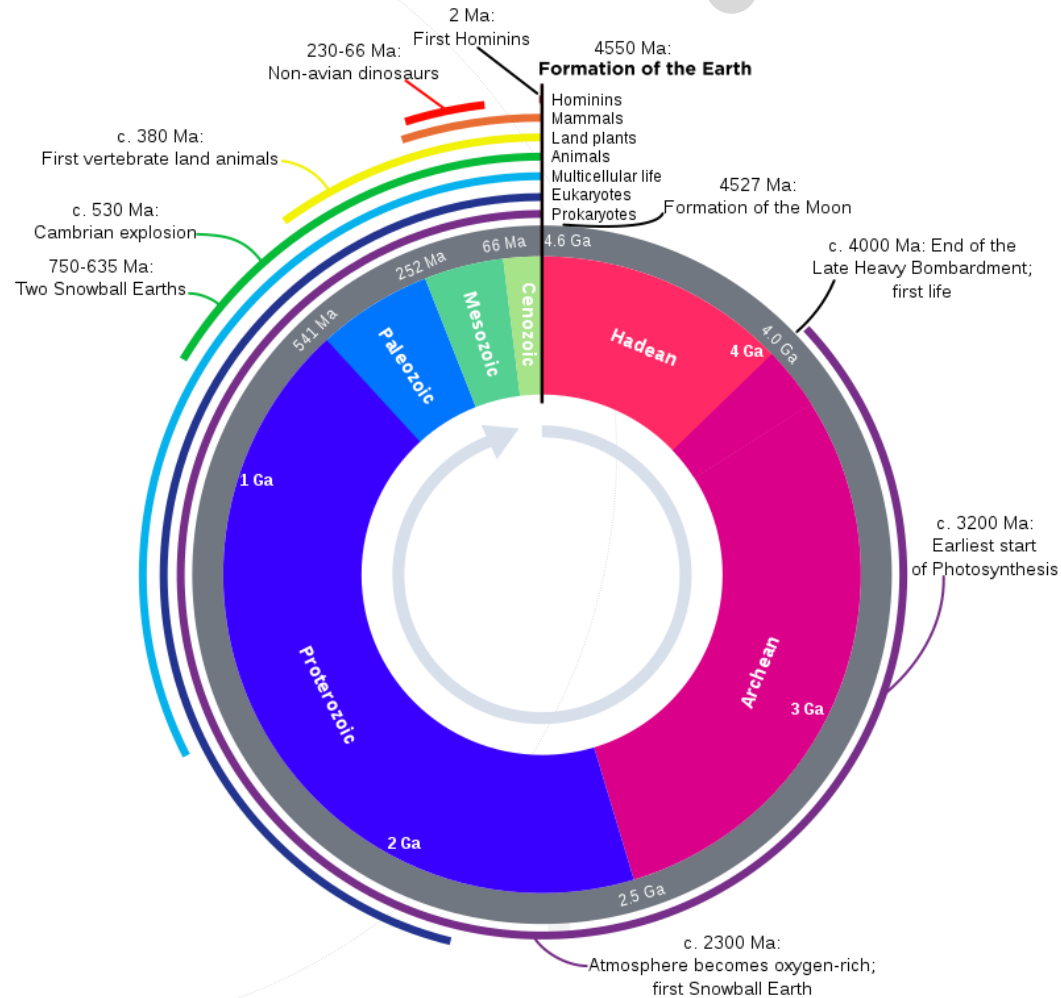
Tomáš Urban

Mendelova univerzita v Brně

Agronomická fakulta

Historie života na Zemi

ISAGREED



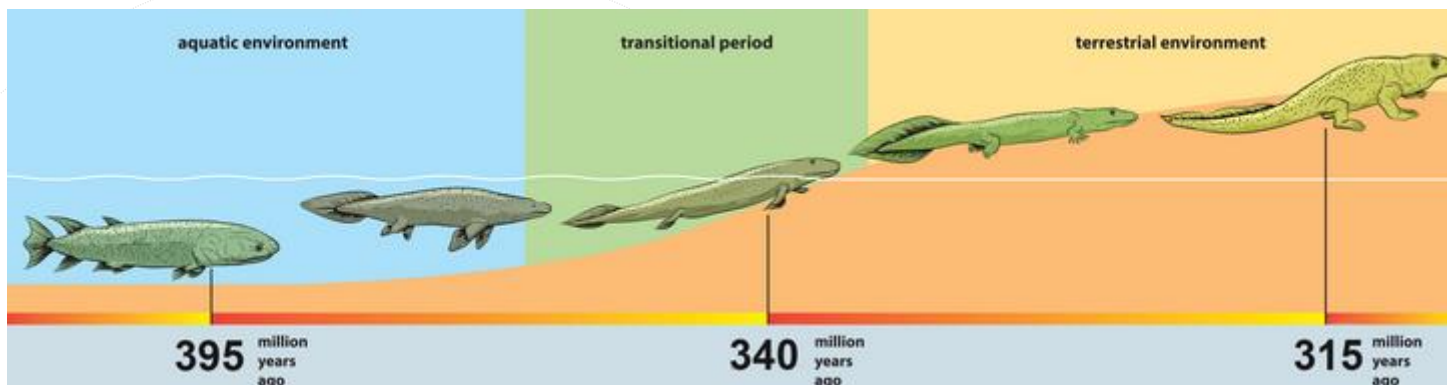
https://en.wikipedia.org/wiki/History_of_Earth

Erasmus+ project 2021-1-SK01-KA220-HED-000032068



Co-funded by
the European Union

Evoluce živočichů



Žebnatý tvor podobný medúze (*Dickinsonia*) patří mezi nejstarší známé živočichy žijící na Zemi (stáří cca 558 mil. let)

<https://www.science.org/content/article/fossil-one-world-s-earliest-animals-according-fat-molecules-preserved-half-billion>

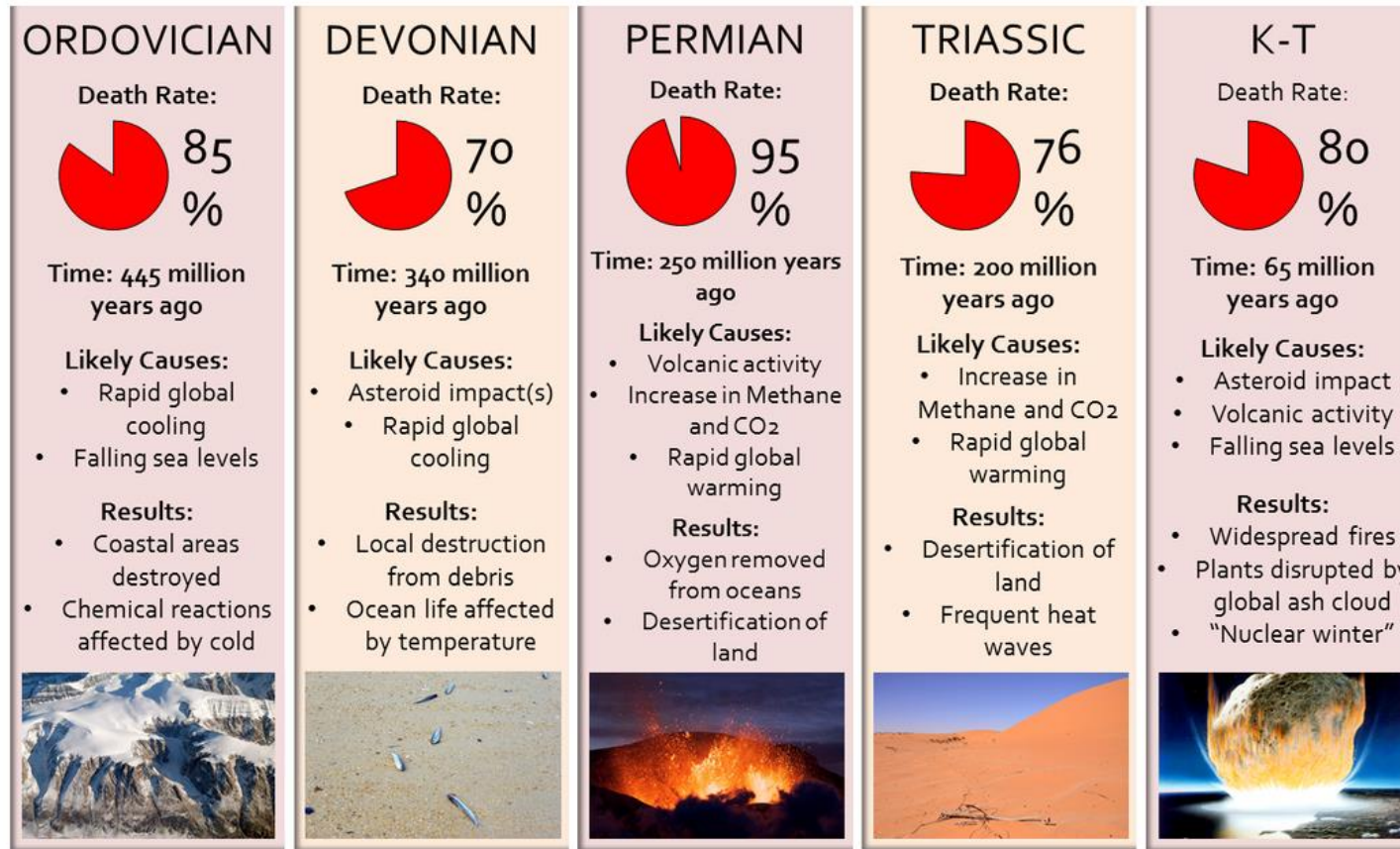


Nejstarší ryba *Metaspriggina walcotti* stará 518 milionů let byla asi 6 cm dlouhá, měla pár velkých vyčnívajících očí a malé párové nosní kapsle.

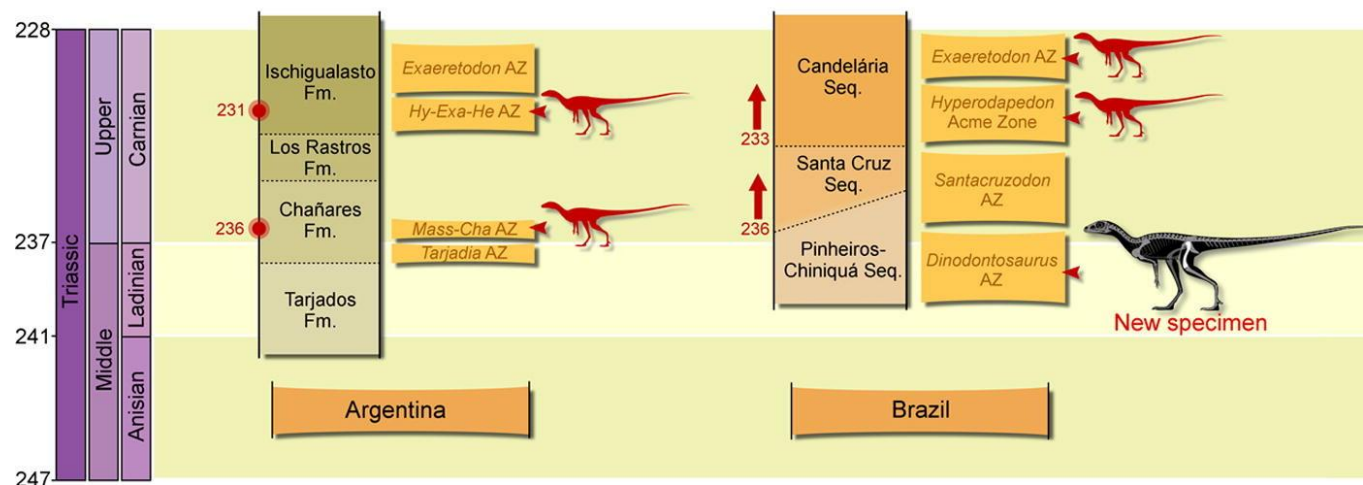
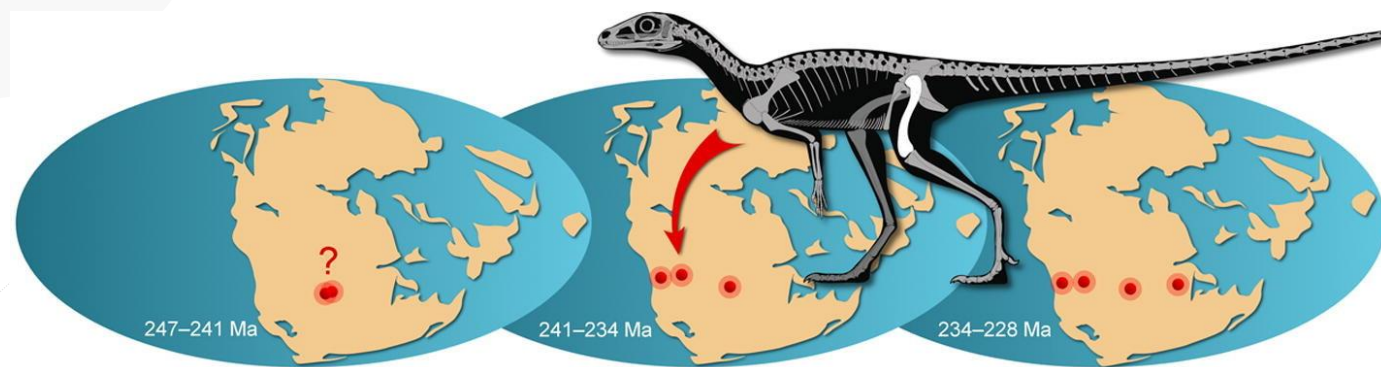
<https://theconversation.com/the-oldest-fish-in-the-world-lived-500-million-years-ago-27710>

MASS EXTINCTIONS:

The biggest disasters in history



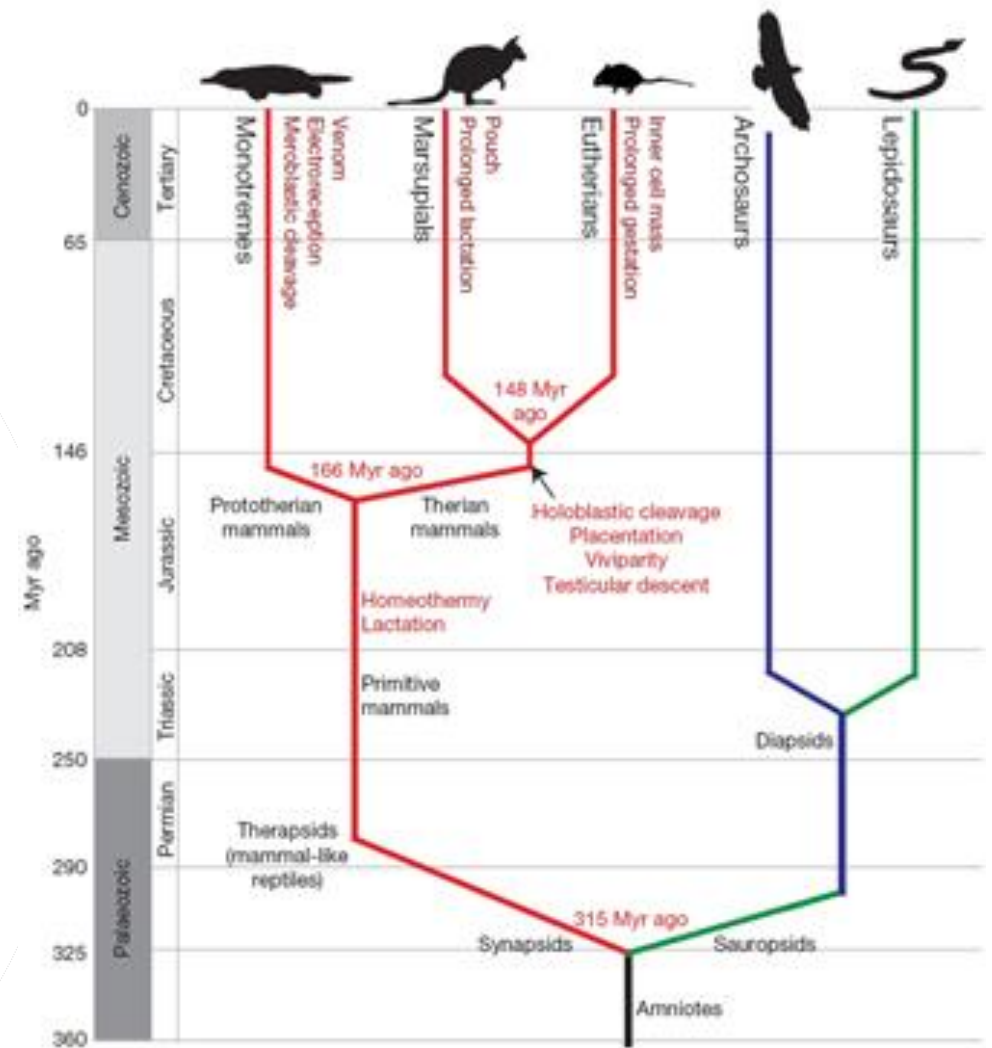
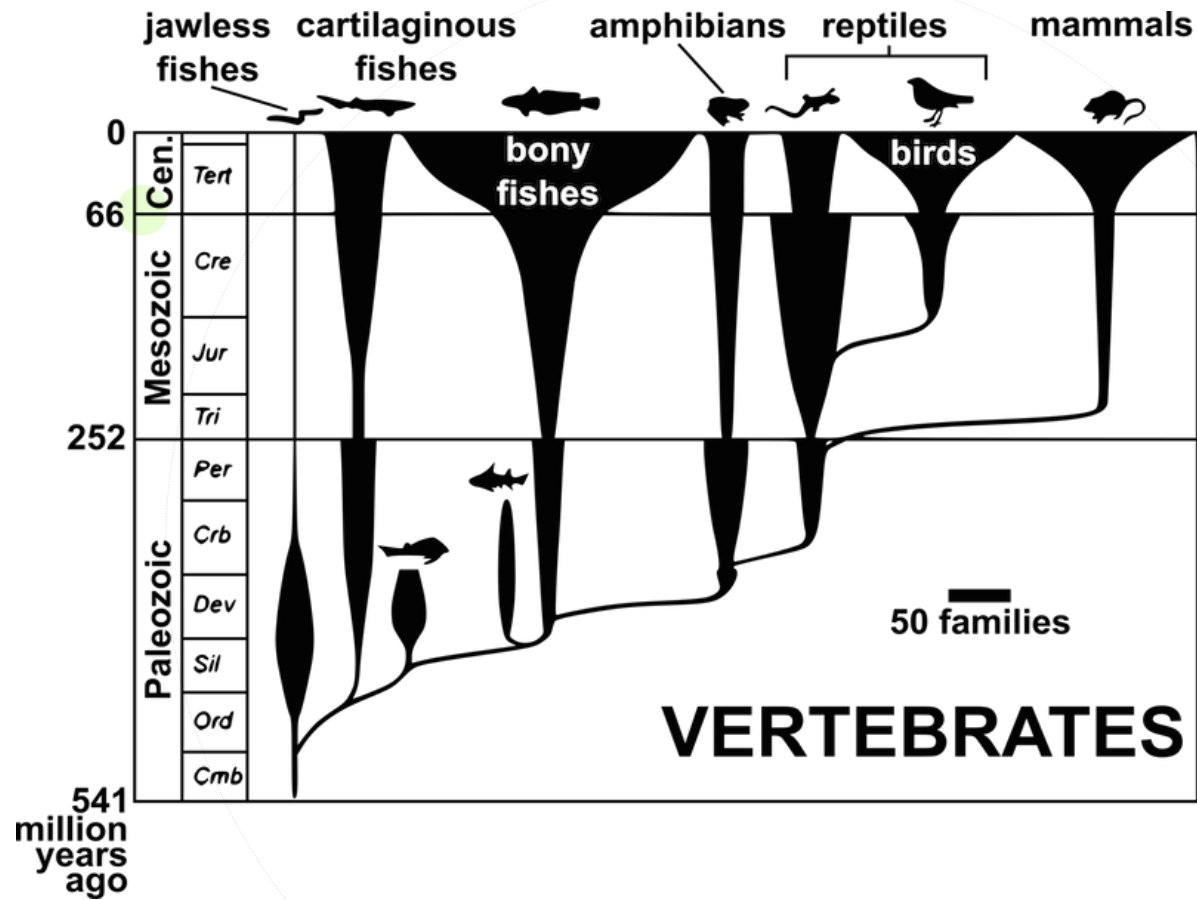
Poster by Budjarn Lambeth, Information from britannica.com and bbc.co.uk, Images from Wikimedia Commons - Feel free to redistribute

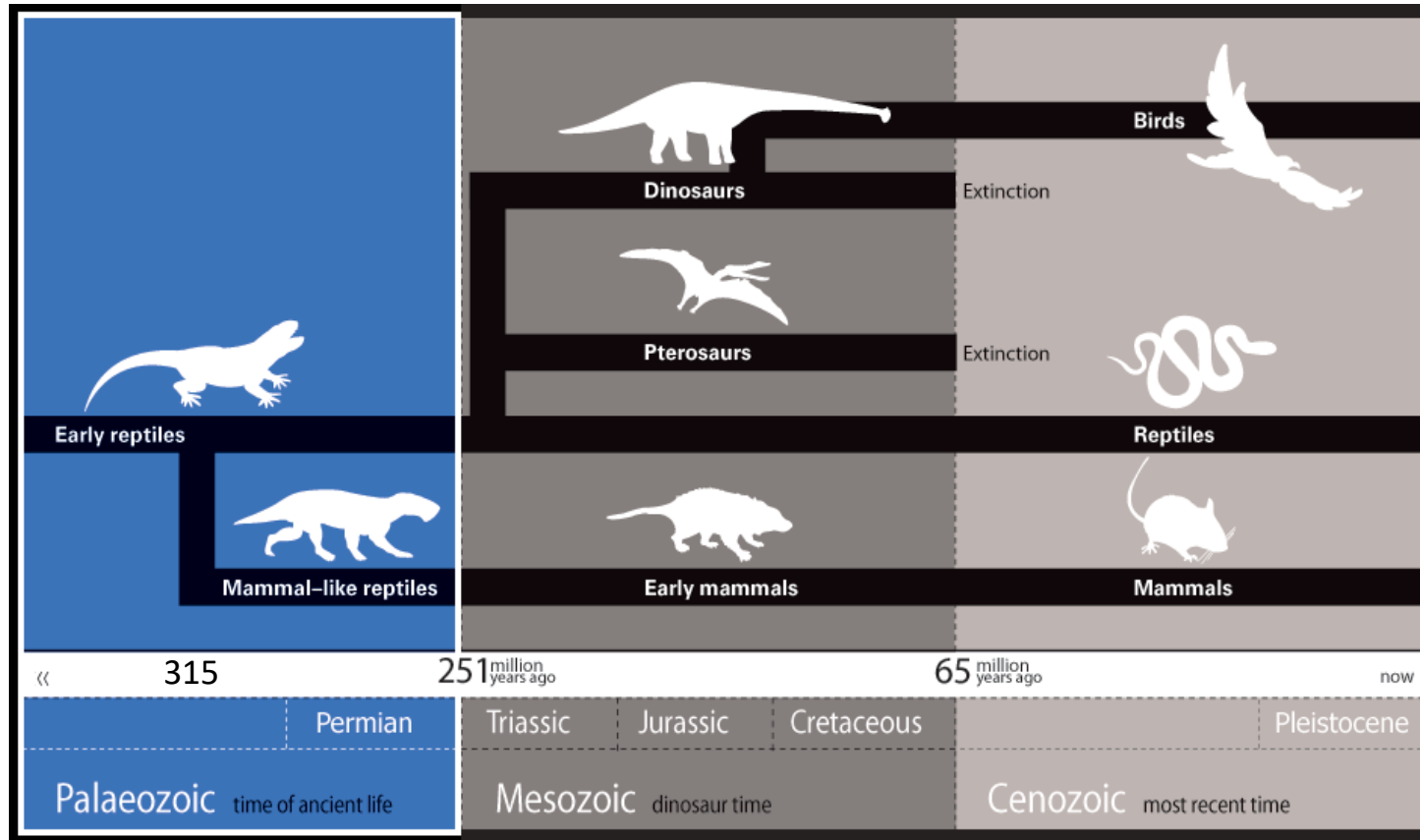


První dinosaumorf ze sedimentů středního triasu (240-230 mil. let) v Brazílii.

Nový exemplář je tedy potenciálně nejstarším dinosaumorfem z Jižní Ameriky, čímž se zmenšuje biogeografická mezera mezi Afrikou a Argentinou v období rané radiace dinosaumorfů. Kromě toho nový exemplář dokládá, že dinosaumorfové žili v Jižní Americe dříve, než se dosud předpokládalo (ladinik – střední trias).

<https://doi.org/10.1016/j.gr.2022.02.010>



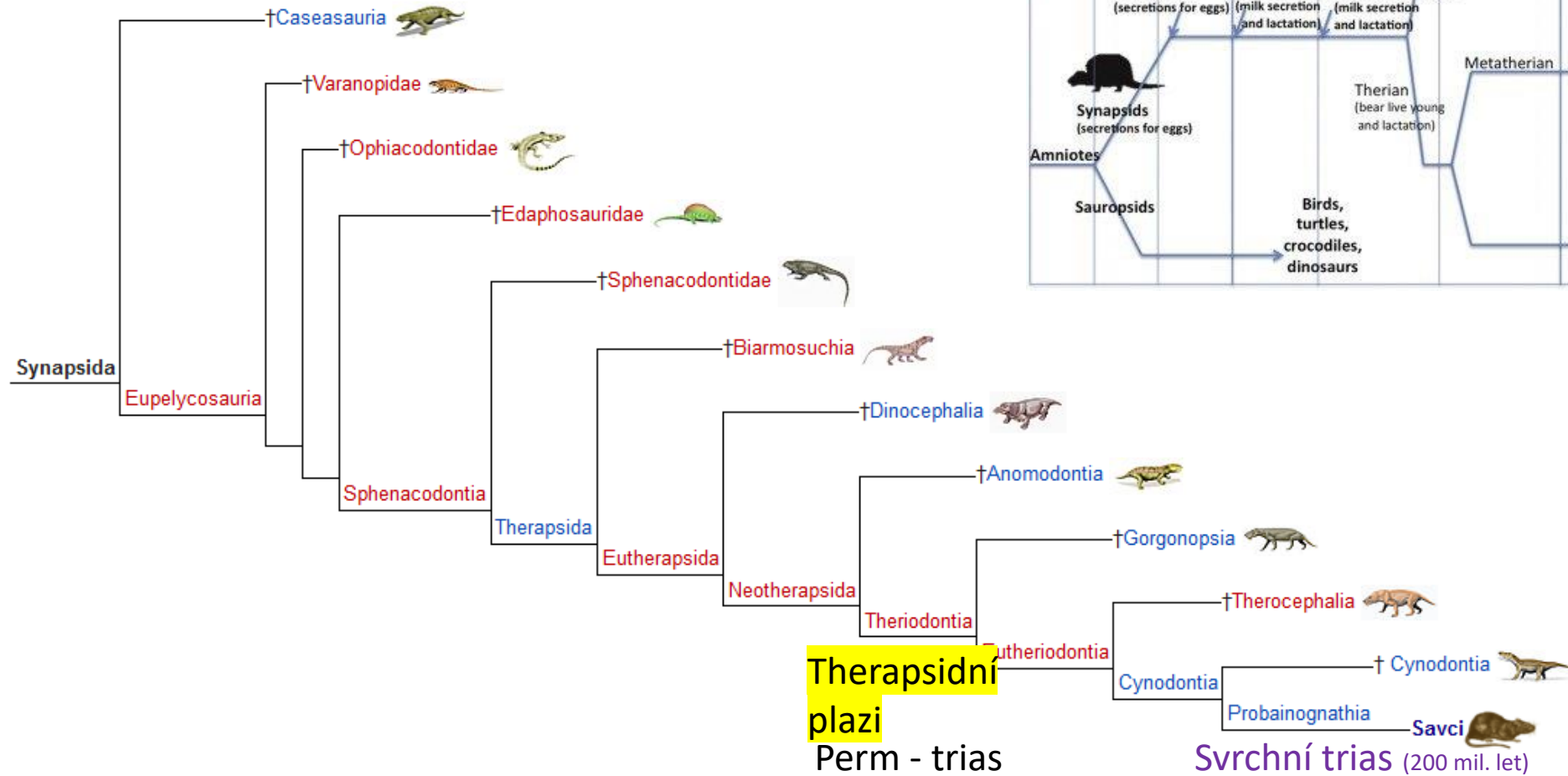


<https://museums victoria.com.au/melbournmuseum/resources/dinosaur-walk/>

- Předky savců jsou **cynodontní terapsidi** (Cynodontia, Therapsida, Synapsida), plazi, kteří byli v triasu jednou z dominantních skupin suchozemských obratlovců.
- Cynodonti vytvořili během triasu celou řadu forem, které vykazují v různé míře mozaiku "starých plazích" a "nových savčích" znaků. Je nutné si ale uvědomit, že vznik těchto znaků byl postupný. Stanovení hranice plaz/savec je v podstatě umělé a její přesné umístění je značně obtížné a subjektivní. Jinými slovy - **savci jsou pokročilí cynodonti**.

Plazi - *synapsida*

- od pozdního karbonu do spodní křídý, od té doby žijí jen v podobě savců.



Sesterská větev – *Sauropsida* -> dnešní plazi a ptáci

Rekonstrukce genomu společného předka všech savců

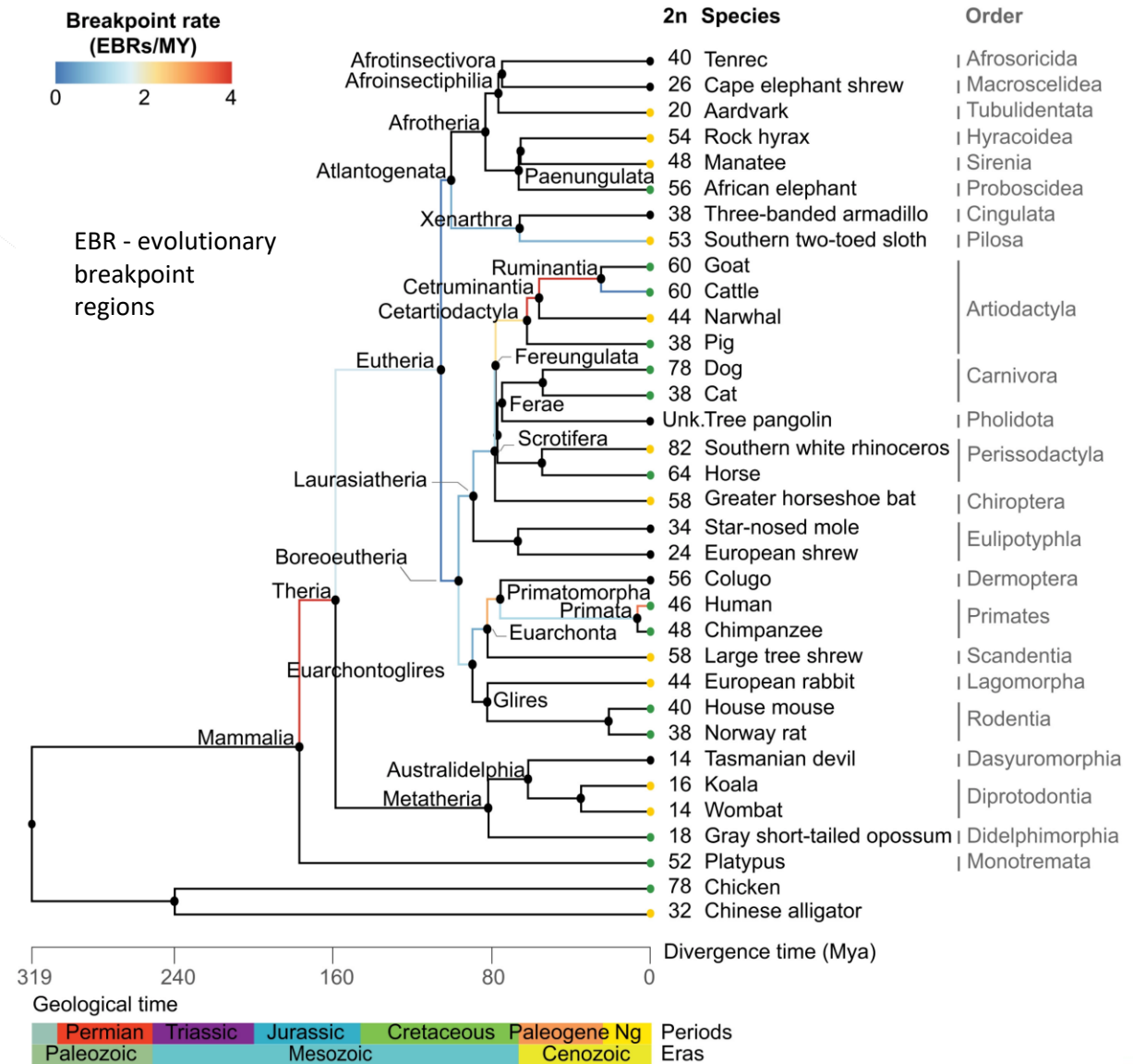


- Každý moderní savec, od ptakopyska po modrou velrybu, pochází ze společného předka, který žil asi před 180 miliony let.
- Vědci vycházeli z vysoce kvalitních sekvencí genomů 32 žijících druhů, které reprezentují 23 z 26 známých řádů savců. Byli mezi nimi lidé a šimpanzi, vombati a králíci, kapustňáci, domácí skot, nosorožci, netopýři a luskouni. Do analýzy byly jako srovnávací skupiny zahrnuty také genomy kuřat a aligátorů čínských.
- předek savců měl 19 autozomálních chromozomů ($2n = 38$) + 2 pohlavní chromozomy.
- Vědci našli u předka savců devět celých chromozomů nebo jejich fragmentů, jejichž pořadí genů je stejné jako u chromozomů moderních ptáků (320 mil. let – konzervační syntenie).

Damas J. et al., Evolution of the ancestral mammalian karyotype and syntenic regions, *Proceedings of the National Academy of Sciences* (2022). DOI: [10.1073/pnas.2209139119](https://doi.org/10.1073/pnas.2209139119)

Radiace savců

- Až v kenozoiku (před 65 mil lety, počátek třetihor) se rozrůstá diferenciace savců, zvětšují se rozměry, létající savci, mořští savci...
 - Archaičtí primáti, prakopytníci, prašelmy
- Vymřeli před 37-22,5 mil. lety a nahrazeni lichokopytníky, sudokopytníky, slony, šelmy, hlodavci, netopýří, primáti
- Koncem třetihor – modernizace savců (až do dnešní doby)
 - Specializovaní savci
 - Koně se 3 prsty -> s 1 prstem; Primitivní psi -> moderní vlky a lišky;
 - Velká různorodost – do dnešní doby se dochoval malý zbytek druhové rozmanitosti savců
 - Na 2000 známých rodů vymřelo, dnes jen 1000 rodů

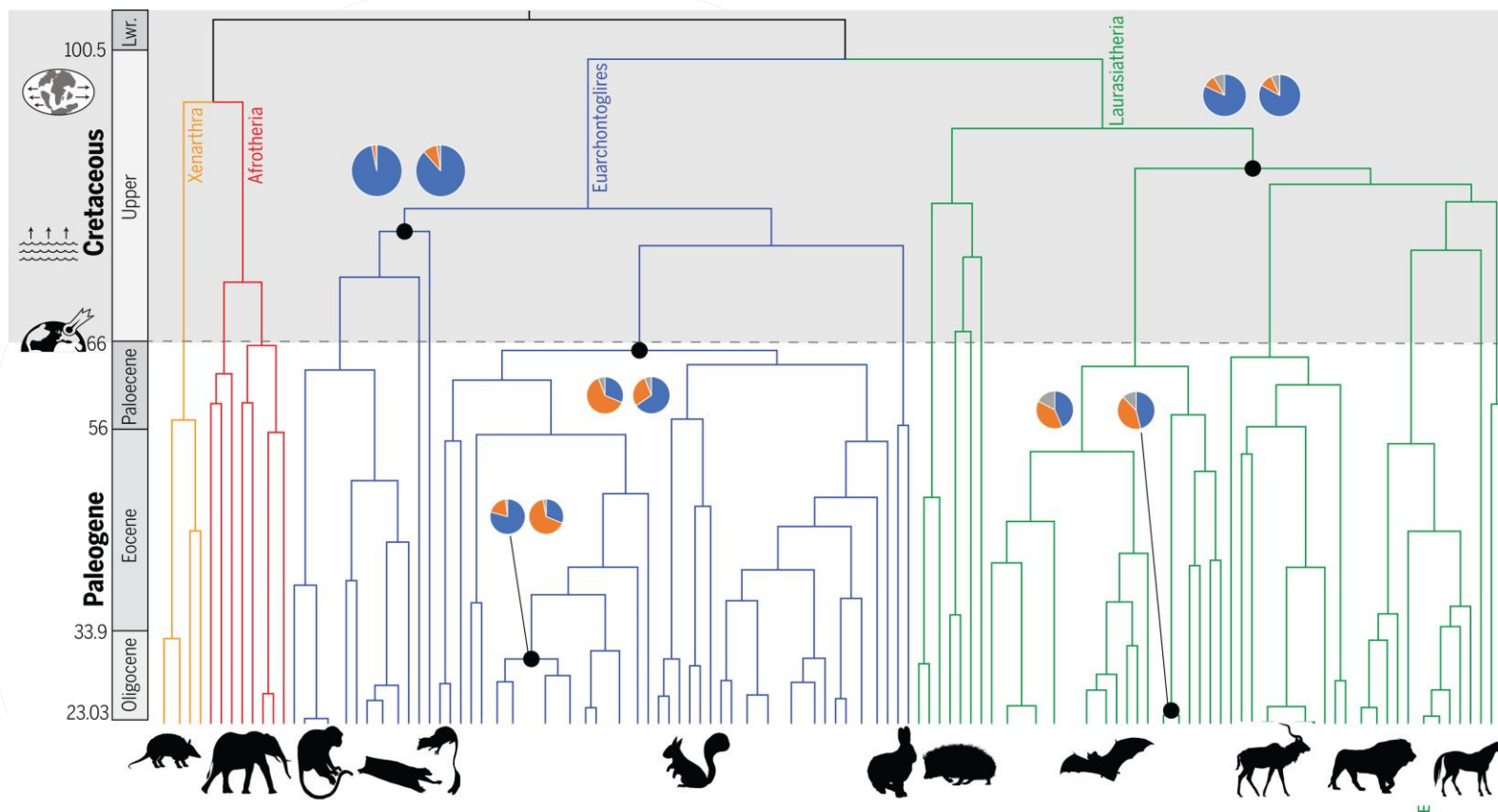


Fylogenetický strom potomků a rekonstruovaných předků. Barva větví představuje míru zlomových bodů v RACF (zlomové body na milion let). Černé větve představují neurčené míry zlomových bodů. Barvy hrotů znázorňují souslednost sestavy: černá, sestava genomu na úrovni scaffoldů; zelená, sestava genomu na úrovni chromozomů; žlutá, sestava genomu na úrovni scaffoldů v měřítku chromozomů. Číslo vedle názvů druhů označují číslo diploidního chromozomu (pokud je známo).



Co-funded by
the European Union

Načasování vývoje placentálních savců

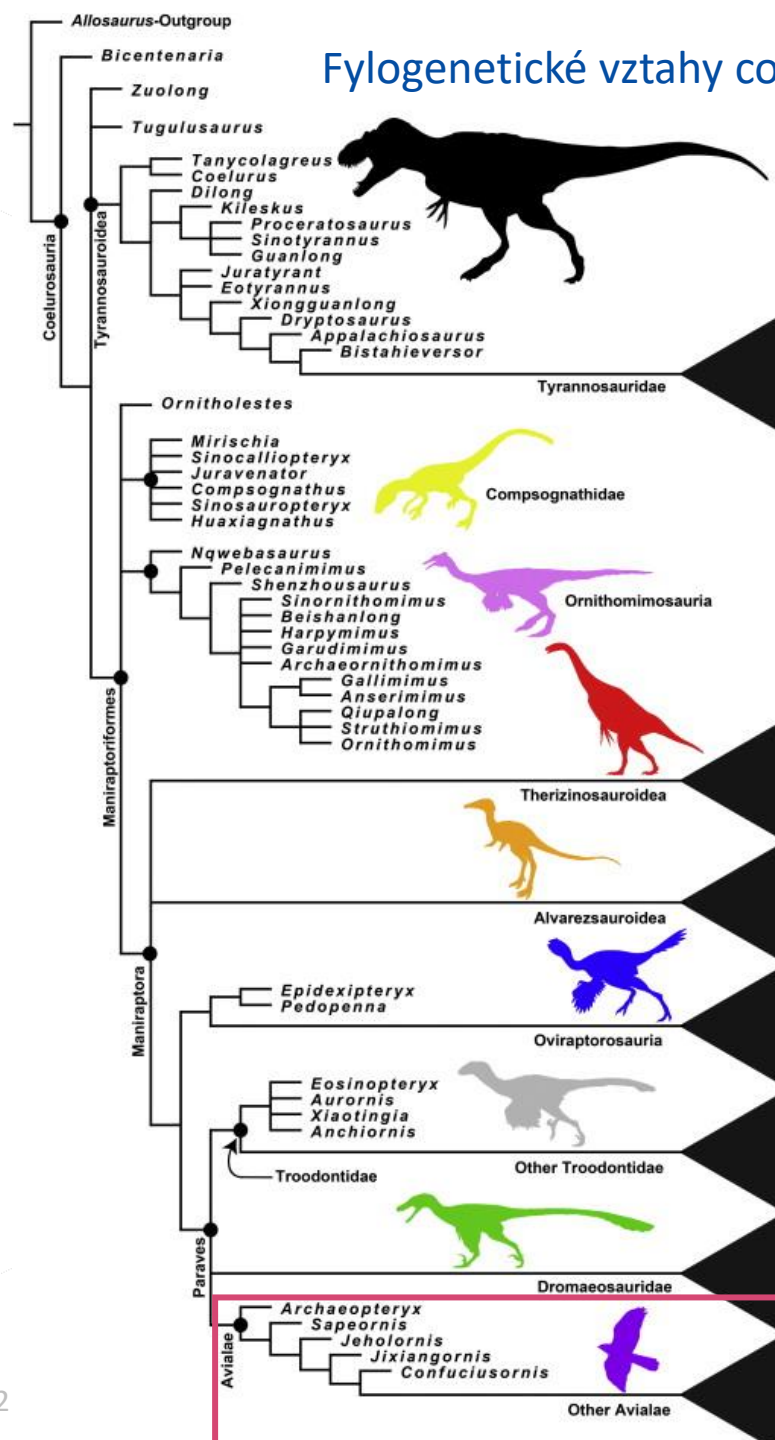


Kombinace křídové kontinentální fragmentace a izolace linií, následovaná přímým a nepřímým vlivem vymírání K-Pg v době rychlého vzniku souše, synergicky přispěla ke zrychlenému tempu diverzifikace placentálních savců během raného kenozoika.

Genomické časové stromy odhalují nahromadění kladogenních událostí před a bezprostředně po křídově-paleogenní (K-Pg) hranici, což naznačuje důležitou roli křídové kontinentální vikariance a K-Pg vymírání v placentální radiaci.

Radiace ptáků

- Moderní **ptáci** dosáhli své obrovské rozmanitosti během více než **150** milionů let trvající evoluční cesty, která začala jejich odklonem od teropodních dinosaurů, pokračovala postupným a dílčím osvojováním si letuschopného tělesného plánu a zahrnovala dva výbuchy diverzifikace: první v druhohorách, kdy se plně zformoval malý opeřený okřídlený dinosaur, a druhý, kdy přeživší druhy dostaly volnost k prosperitě po vymírání na konci křídy.



<https://doi.org/10.1016/j.cub.2014.08.034>



Co-funded by
the European Union

„Kopytníci“

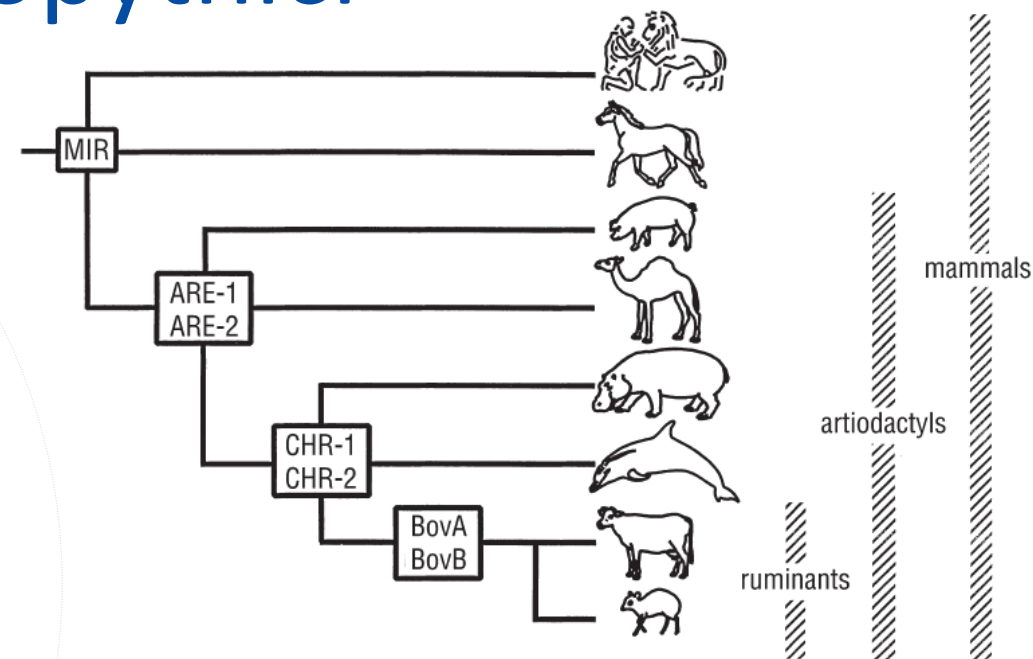
- Evolučně velmi rozdílné skupiny býložravých savců
- Křída (141-65 mil. let) – nejsou žádní kopytníci
 - Prakopytníci – malé tělo, primitivní zuby, drápy (blízko k prašelmám).
- Praví kopytníci
 - Objevují se na poč. paleocénu (65 mil. let) a rychle se rozrůžňují, v eocénu jejich vymírání, pouze někteří přežili do oligocénu (37-22,5 mil. let)
 - Čeledě: *Hyopsodontidae*, *Phenacodontidae*
- **Sudokopytníci**
 - Redukce prstů až na 2; redukce zubů (vrchní řezáky, špičáky), trávící systém – přežvykování (u podřádů velbloudovitých a přežvýkavých) – ve svrchním eocénu (40 mil. let)



Co-funded by
the European Union

Catartiodactyla - Sudokopytníci

- asi 220 druhů - zástupci žijí na celém světě mimo Austrálii a Antarktidu
- Býložravci, ojediněle všežravci
- Od ostatních placentálních savců se oddělili před 87,2 mil let.
- Podřízené taxony:
 - podřád *Suiformes* Jaekel, 1911 – **prasata, pekari**
 - podřád *Tylopoda* Illiger, 1811 – **velbloudi, lamy**
 - podřád *Ruminantia* Scopoli, 1777 – **přežvýkavci**
 - podřád *Cetancodonta* Arnason, Gullberg, Gretasdottir, Ursing & Janke, 2000 (**kytovci, hroši**)



- Vmezeřené opakující se elementy (**SINE**)
- **Mammalian-wide interspersed repeats**
 - Artiodactyl repeats (ARE)
 - Cetacean-hippopotamus-ruminant repeats (CHR)
 - Ruminant repeats (Bov)



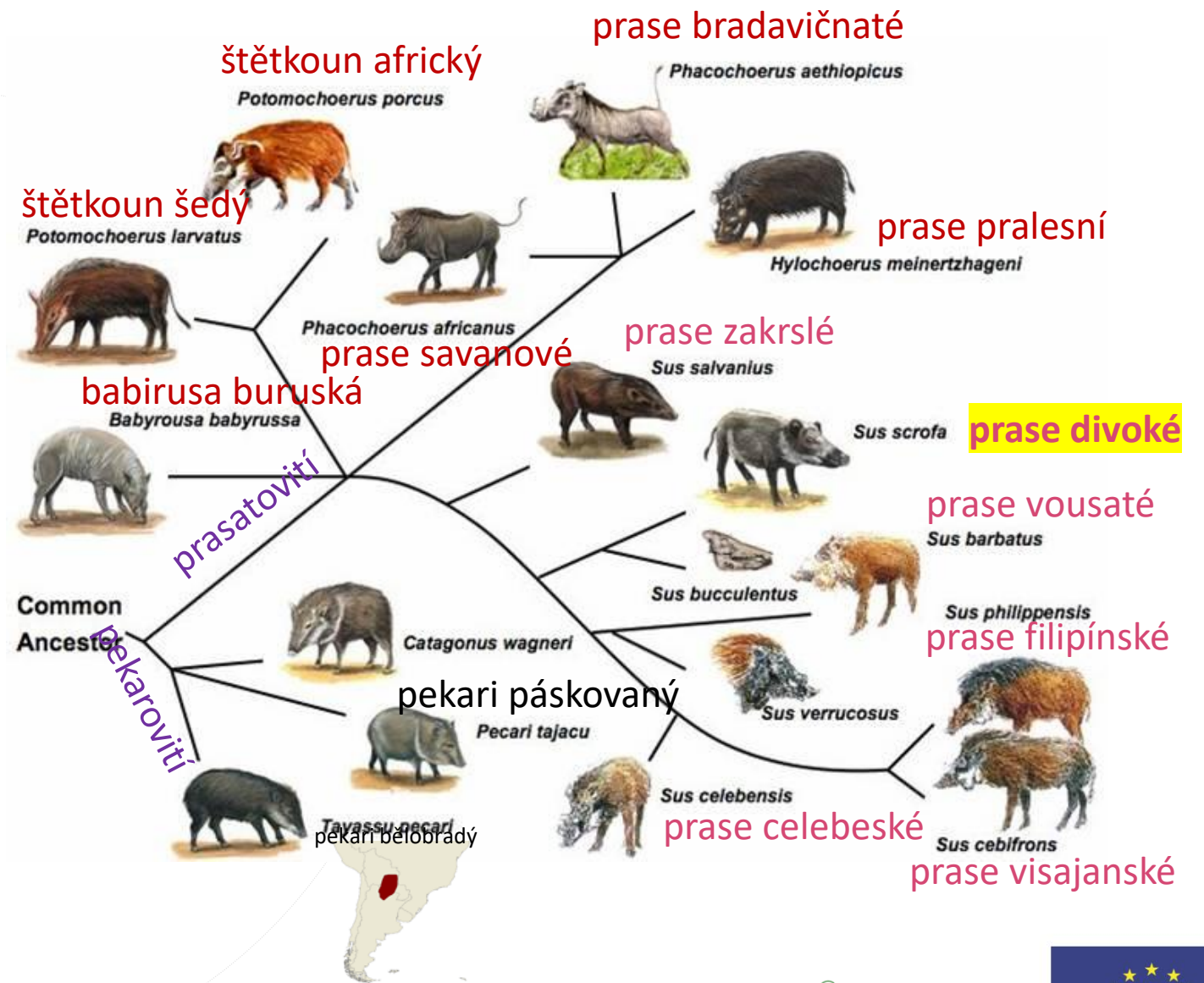
Co-funded by
the European Union

- Nadčeleď Bovoidea – tuři, buvoli, antilopy, kamzíci, pižmoni, kozy a ovce
 - Známo na 187 fosilních druhů
 - Hlavní rozšíření v pliocénu (2 mil. let)
 - Severní Evropa a Asie, od konce pliocénu na jih a do Afriky; migrace i do Severní Ameriky
- Čeleď turovití (*Bovidae*)
 - Vývoj začal ve středním oligocénu (25 mil. let); Centrum vzniku – tropy a subtropy střední Asie
 - Přímí předci - nejstarší rod Parabos (starý pliocén, 5-2 mil- let) v Euroasii, až v pleistocénu (čtvrtohory) -> Severní Amerika (do Jižní Ameriky až pomocí člověka)
 - Nálezy bizonů, turů a buvolů až v pleistocénu (v sedimentech starších meziledových dob, vhodné klima)

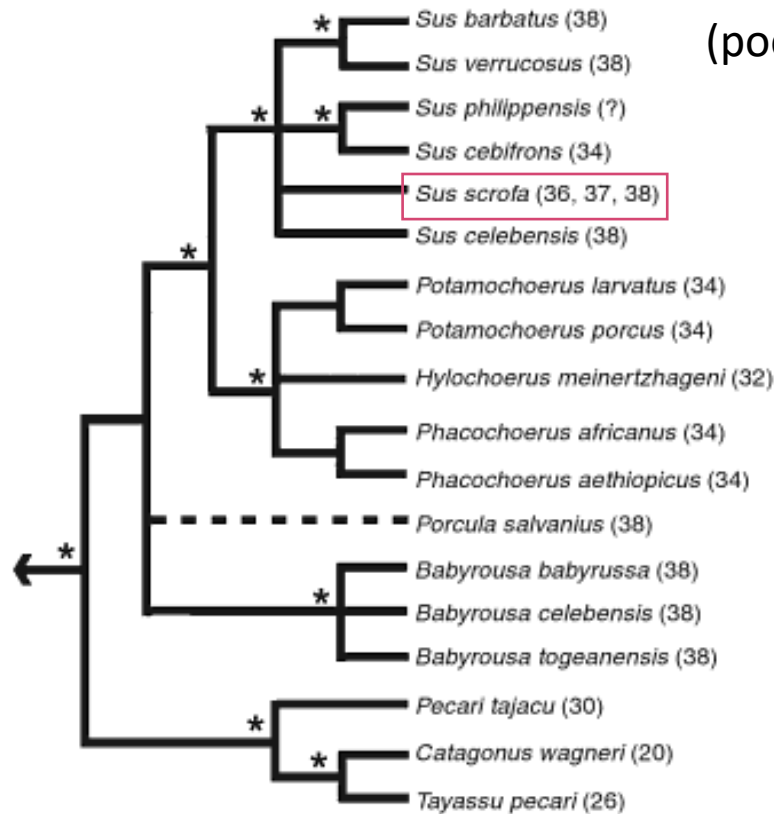
- Rod: *Tur (Bos)*
- Druh: † **pratur** (*Bos primigenius*)
Domestikovaná forma: **tur domácí** (*Bos primigenius taurus*) a **zebu** (*Bos primigenius indicus*) – skot
- Druh: **gaur** (*Bos gaurus*)
Podruh: gaur indický (*Bos g. gaurus*)
Podruh: gaur siamský (*Bos g. readei*)
Podruh: gaur malajský (*Bos g. hubbbacki*)
Domestikovaná forma: **gayal** (*Bos gaurus f. frontalis*)
- Druh: **banteng** (*Bos javanicus*)
Podruh: banteng jávský (*Bos j. javanicus*)
Podruh: banteng bornejský (*Bos j. lowi*)
Podruh: banteng barmský (*Bos j. birmanicus*)
Domestikovaná forma: **tur domácí baliský** (*Bos banteng*)
- Druh: **kuprej** (*Bos sauveli*) – hlavně Kambodža
- Druh: **jak divoký** (*Bos mutus*)
Domestikovaná forma: **jak domácí** (*Bos mutus f. grunniensis*)



- Infrařád: *Suina*
- Nadčeleď: *Suoidea*
 - Čeleď: **pekarovití** (*Tayassuidae*)
 - Rod: *Catagonus*, *Pecari*, *Tayassu* (vše označeno jako pekari)
 - Odděleny od prasat v JV Asii v pozdním eocénu, migrovali do Eurasie, Afriky a Severní Ameriky - > Jižní Amerika – jen zde žijí moderní formy pekarů
 - Čeleď: **prasatovití** (*Suidae*)
 - Horní Eocén (Thajsko, před 35-40 mil. lety)
 - Podčeleď: pravá prasata (*Suinae*)
 - Tribus:
 - *Suini*
 - *Babyrusingini*
 - *Phacochoerini*
 - *Potamochoerini*



Kladogram dle sekvencí mtDNA a jaderné DNA



(počet chromozomů)

The areas of these subspecies are close and the level of discriminating differences may be quite small, involving size, colour, proportions, skull characters and, in several cases, chromosome numbers. The variation in chromosome number is a result of two distinct Robertsonian translocations, which were found in the different geographical areas of the species (Tikhonov and Troshina, 1974; Bosma, 1976). The usual number of chromosomes in *S. scrofa* is 38 (Bosma *et al.*, 1995). However, translocation I involving chromosomes 16 and 17 and translocation II involving chromosomes 15 and 17 were found in Kyrgyzstani and European boars (Tikhonov and Troshina, 1978), and reduce the number of chromosomes to 37 in crosses (heterozygotes) and to 36 in homozygotes.

Fig. 1.1. A cladogram depicting the relationships in the suborder Suiformes. This tree amalgamates information from several recent publications that have generated mitochondrial and nuclear DNA sequences. Polytomies indicate a lack of resolution with respect to branching order, and the dashed line leading to the pygmy hog represents the current uncertainty with regard to its position within the tree. Well-supported nodes are marked by asterisks, and diploid chromosome numbers are placed within parentheses following the species name. This tree will be revised as newly elevated species are included and new genetic and morphological data resolve the branching order.

Rod *Sus*

- Původ: ostrovy JV Asie -> JV Asie - - -> Blízký Východ, Severní Afrika, Evropa
- 6–5,3 mil let.
- Dle morfologických a molekulárně genetických dat → 3 evoluční skupiny (odlišené během pliocénu):
 - *S. cebifrons*, *S. celebensis*,
 - *S. barbatus*
 - *S. verrucosus*, *S. scrofa*, *S. ahoenobarbus*



Co-funded by
the European Union

- ***Sus scrofa*** pochází z JV Asie někdy před 3 - 4 mil. let a během 1 milionu let se rozšířil do téměř celé Euroasie.
- Divoká prasata se nacházela i na severní části Sumatry, tato populace oddělila od euroasijského prasete asi před 1,5 - 2 mil. let.
- Evropská a Asijská divoká prasata divergovala před asi 1 mil. let > velmi rozdílné málo frekventní alely na milionech lokusech genomu a více než milion lokusů, které jsou fixovány pro alternativní alely.



Co-funded by
the European Union

Table 1 The time frame and geography of domestication for key vertebrate domestic species (modified from 1, 160)

Common name	Scientific name	Approximate time frame for domestication (years before present)	Geographical location
Dog	<i>Canis familiaris</i>	15,000	Eurasia
Goat	<i>Capra hircus</i>	10,500	Southwest Asia
Sheep	<i>Ovis aries</i>	11,000	Southwest Asia
Humpless cattle (taurine)	<i>Bos taurus</i>	10,300	Southwest Asia
Pig	<i>Sus scrofa</i>	10,300	Southwest Asia
Cat	<i>Felis catus</i>	9,500	Southwest Asia
Humped cattle (zebu)	<i>Bos indicus</i>	8,000	South Asia
Water buffalo	<i>Bubalus bubalis</i>	4,500	South Asia
Pig	<i>Sus scrofa</i>	8,000	East/Southeast Asia
Chicken	<i>Gallus gallus</i>	4,000	East/Southeast Asia
Duck	<i>Anas platyrhynchos</i>	1,000	East/Southeast Asia
Horse	<i>Equus caballus</i>	5,500	Central Asia
Bactrian camel	<i>Camelus bactrianus</i>	4,500	Central Asia
Dromedary camel	<i>Camelus dromedarius</i>	3,000	Arabian Peninsula
Donkey	<i>Equus asinus</i>	5,500	North Africa
Llama	<i>Lama glama</i>	6,000	South America
Alpaca	<i>Vicugna pacos</i>	5,000	South America

DOI: 10.1146/annurev-animal-022516-022747



Děkuji za pozornost!

Partners:



Mendel
University
in Brno



Siedlce University
of Natural Sciences
and Humanities



Czech University
of Life Sciences Prague

This presentation has been supported by the Erasmus+ KA2 Cooperation Partnerships grant no. 2021-1-SK01-KA220-HED-000032068 "Innovation of the structure and content of study programs in the field of animal genetic and food resources management with the use of digitalisation - Inovácia obsahu a štruktúry študijných programov v oblasti manažmentu živočíšnych genetických a potravinových zdrojov s využitím digitalizácie". The European Commission support for the production of this presentation does not constitute an endorsement of the contents which reflects the views only of the authors, and the Commission cannot be held responsible for any use which may be made of the information contained therein.



Tomáš Urban



urban@mendelu.cz



Co-funded by
the European Union