



# Fylogenetická rekonstrukce vnitřních vztahů komplexu *Mus triton*

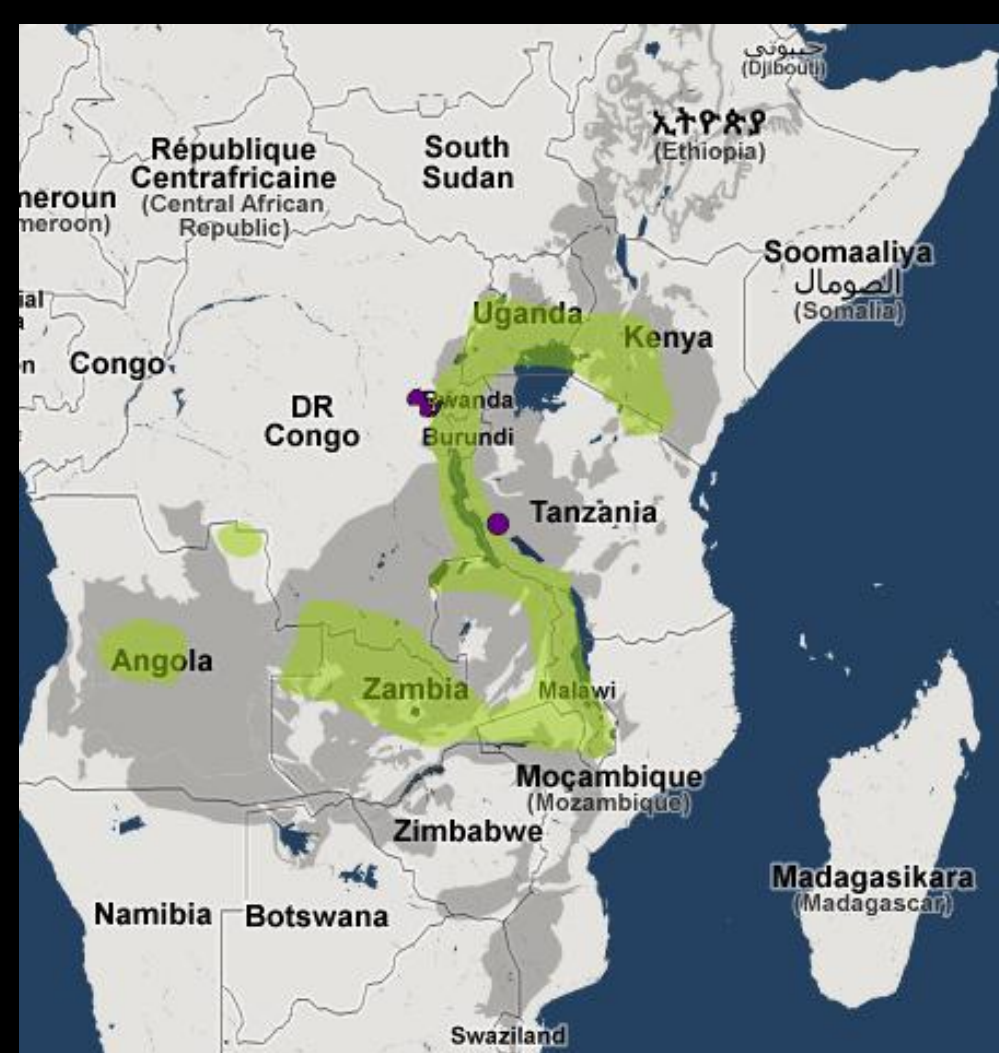


Jarmila Smiešková<sup>1</sup>, Vladimír Mazoch<sup>1</sup>,  
Hana Konvičková<sup>2</sup>, Radim Šumbera<sup>1</sup> a Josef Bryja<sup>2</sup>

1. Department of Zoology, Faculty of Science, University of South Bohemia, Branišovská 31, 37005, České Budějovice, Czech Republic
2. Department of Population Biology, Institute of Vertebrate Zoology, Academy of Sciences of the Czech Republic, Studenec 122, 67502, Czech Republic

## *Mus triton* (Thomas, 1909)

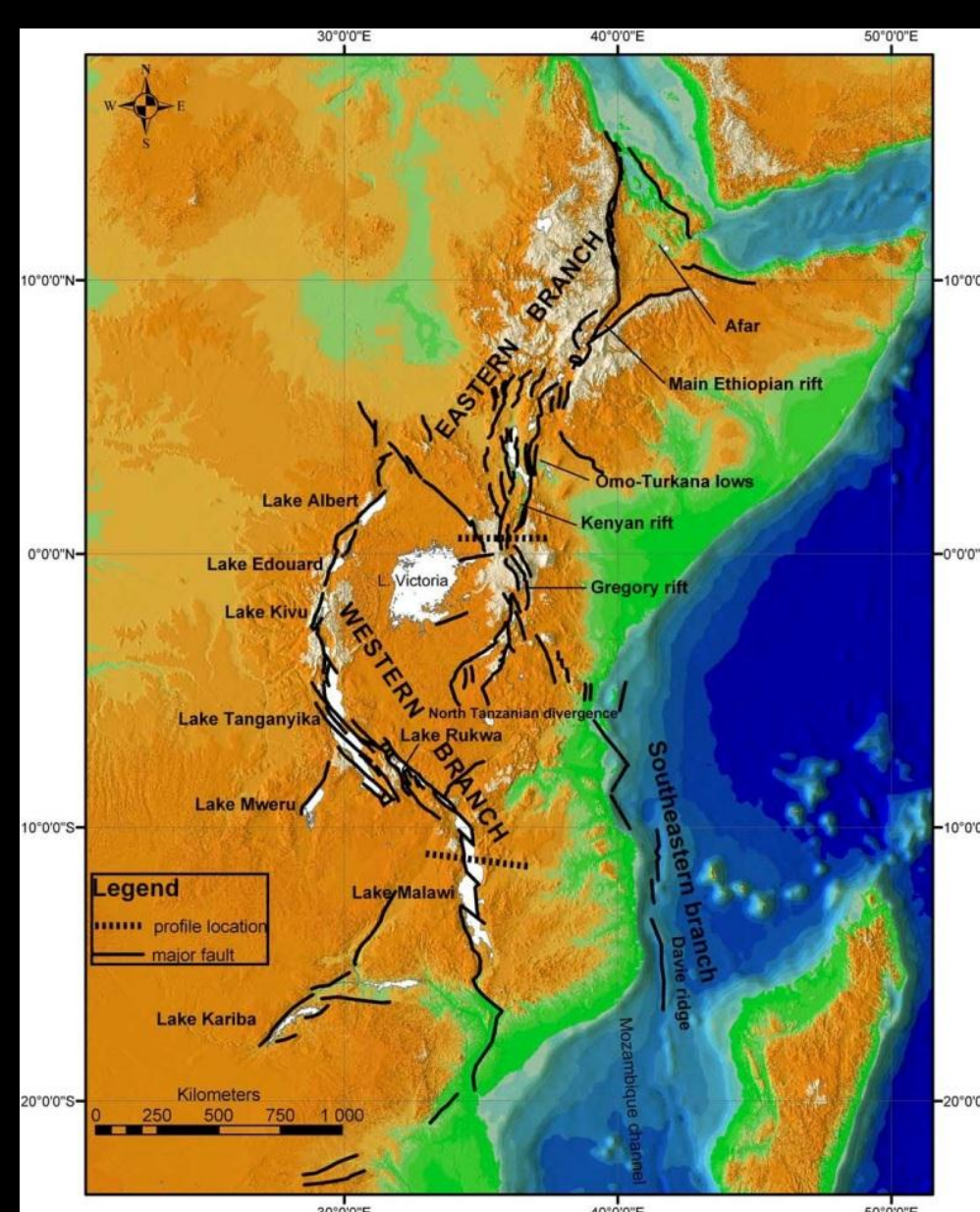
- ▶ čeleď Muridae, podčeleď Murinae,
- ▶ bazální větev podrodu *Nannomys*
- ▶ horské lesy a travnaté oblasti centrální a východní Afriky (1000 – 3000 m.n.m.)
- ▶ primárně insektivorní



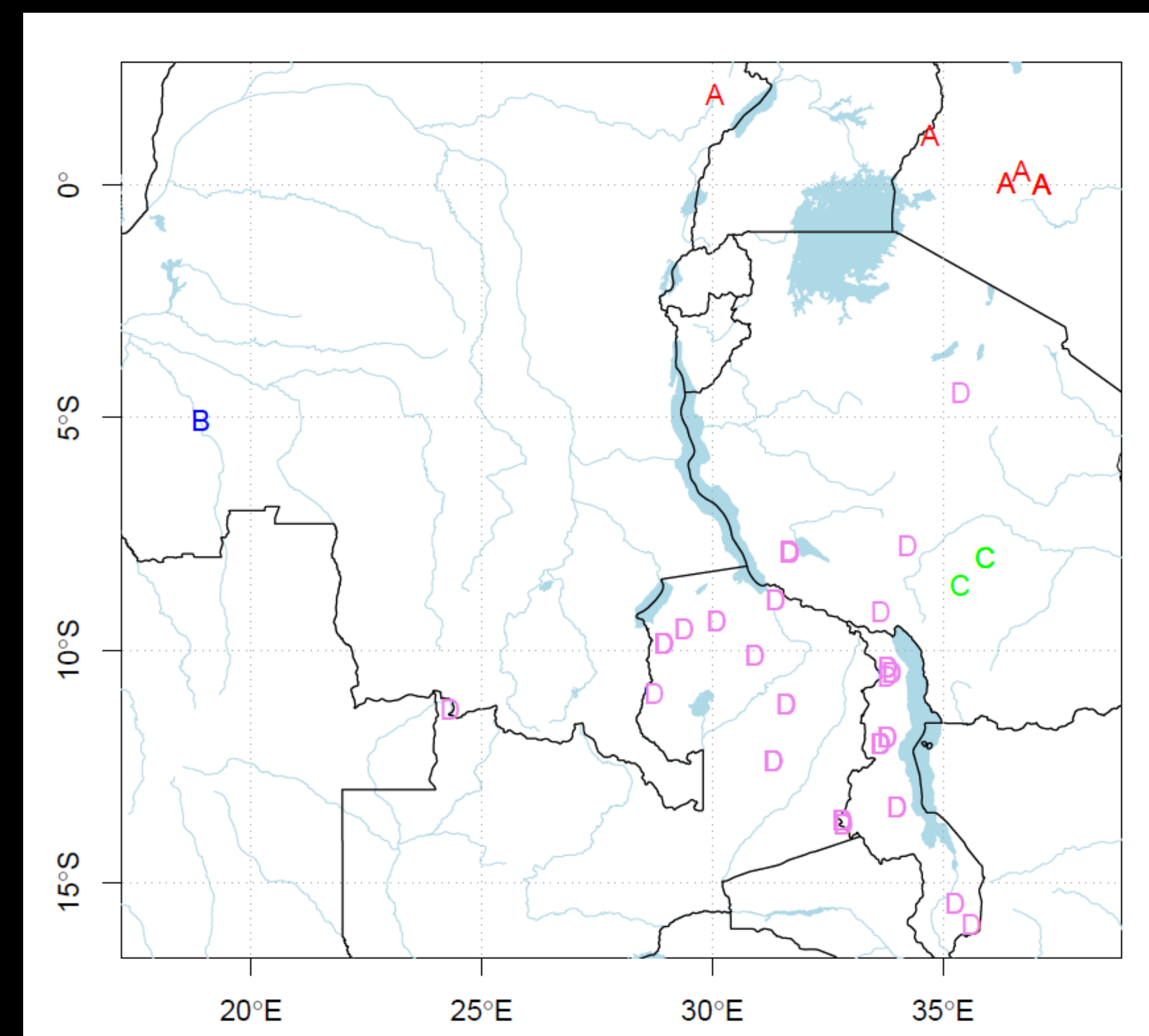
Areál rozšíření *Mus triton*  
(www.mappinglife.org).

## Materiál&Metodika

- ▶ 76 sekvencí ze 30 lokalit (sběr dat 2005-2011)  
+ 12 sekvencí z African Rodentia
- ▶ mtDNA cytochrom b (992 bp)
- ▶ GTR + Gamma, AIC = 8344.24 (FindModel)
- ▶ 39 haplotypů (FaBox, version 1.40)
- ▶ neighbor joining, maximum likelihood (MrBayes 3.2, PhyML online 3.0)
- ▶ evoluční divergence mezi klády (MEGA 4)



Východoafrický rift.



Mapa rozšíření jednotlivých kládů *Mus triton*.

	A	B	C	D
A		0.013	0.015	0.014
B	0.098		0.012	0.012
C	0.134	0.112		0.008
D	0.127	0.113	0.062	

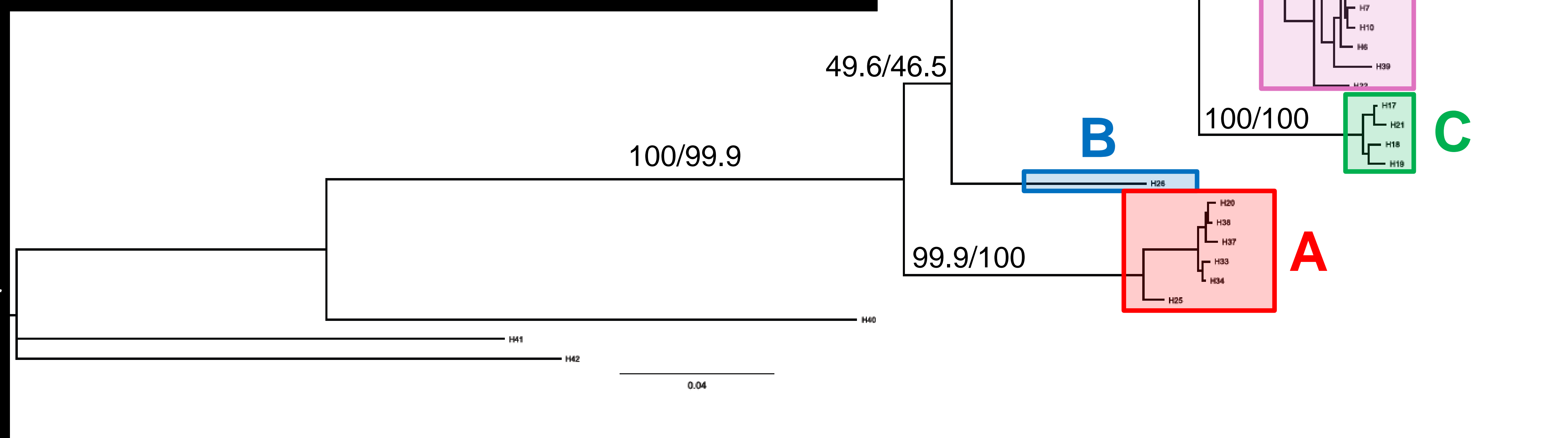
Evoluční divergence mezi klády (černě pod diagonálou), směrodatné odchylky (šedě).

## Výsledky

- ▶ čtyři významně podporované klády dle geografického výskytu:

- A) jihozápadní Keňa, Rwanda
- B) jihozápadní Kongo
- C) centrální Tanzanie
- D) Zambie, západní Tanzanie, Malawi

- ▶ vysoká genetická divergence (6 - 11.5 %)



Fylogenetický strom, maximum likelihood (MrBayes 3.2). Čísla nad větvemi jsou bootstrapová podpora / Bayesian posterior probabilities.