UNIVERZITA KARLOVA V PRAZE
PŘÍRODOVĚDECKÁ FAKULTA

Katedra zoologie

Studijní program: Biologie
Studijní obor: Zoologie



Bc. Marek Uvizl

Molekulárně genetická studie pochvorepovitých (Emballonuridae) Blízkého východu a sousedních oblastí

Molecular genetic study of the emballonurid bats (Emballonuridae) of the Middle East and adjacent regions

Diplomová práce

Školitel: doc. RNDr. Petr Benda, Ph.D.
Konzultanti: Mgr. Ing. Jiří Šmíd, Ph.D., Mgr. Tatiana Aghová

Praha 2017

Prohlášení:

Prohlašuji, že jsem závěrečnou práci zpracoval samostatně a že jsem uvedl všechny použité informační zdroje a literaturu. Tato práce ani její podstatná část nebyla předložena k získání jiného nebo stejného akademického titulu.

V Praze 28.4.2017

Podpis:

Poděkování

Nejprve bych chtěl poděkovat svému školiteli doc. RNDr. Petru Bendovi PhD., který celou práci vedl a svými radami, nápady a úpravami velmi přispěl k provedení i sepsání této práce. Stěžejním byl zároveň celý materiál, který poskytl ze sbírek Národního musea.

Dále bych rád poděkoval svému konzultantovi Mgr. Ing. Jiřímu Šmídovi PhD., který mě zasvětil do práce v molekulární laboratoři a poskytl mi mnoho nových poznatků, jak se technicky s touto prací vypořádat.

Kromě pomoci v laboratoři a zkoušení mnohých způsobů optimalizace amplifikace markerů mi pak především s fylogenetickými analýzami pomáhala Mgr. Tatiana Aghová. Díky ní a jejím konzultacím je tato práce mnohem bohatší na výsledky.

Vyčerpávajícím způsobem mi pak především s mnohými způsoby optimalizace amplifikace markerů pomohla Mgr. Zuzana Varadínová. Spolu s ní bych i rád poděkoval všem zaměstnancům Národního musea, a to především těm, kteří mají co do činění s molekulární laboratoří a díky nimž jsem měl zázemí pro provádění analýz.

Nakonec bych chtěl poděkovat všem lidem ve svém okolí, kteří měli blahodárný vliv na mou práci a především pak mé rodině, která mě podporovala mnohými způsoby, přítelkyni, která mě držela na správné cestě a kamarádům, kteři zpestřovali celé mé studium.

Abstrakt

Na Blízkém východě se vyskytují tři druhy čeledi Emballonuridae, které jsou morfologicky rozděleni do několika poddruhů, které jsou ovšem leckdy definovány pouze nejasně a vnitrodruhové taxonomické uspořádání dotyčných druhů tak není uspokojivě vyřešeno. Proto byla v této práci použita molekulárně-genetická analýza, která může pomoci toto uspořádání zrevidovat na dosud neuplatněné rovině. Na základě dat získaných sekvenací mitochondriálních i jaderných markerů byla provedena fylogenetická analýza, která doplňuje informace o vnitrodruhových i mezidruhových vztazích populací dotyčné čeledi v této oblasti.

Letouni (Chiroptera) z čeledi Emballonuridae, která je charakterizována ocasem pronikajícím skrze dorzální stranu uropatagia a redukcí prstních článků horní končetiny tvořící dlouhé a úzké křídlo, jsou rozšířeni cirkumtropicky a dělí se na dvě podčeledi. Podčeleď Emballonurinae se často dělí na dva triby, novosvětský tribus Diclidurini a starosvětský Emballonurini. Zástupci podčeledi Taphozoinae se vyskytují pouze ve Starém světě. Oblast Blízkého východu obývají tři druhy této čeledi. *Coleura afra* se vyskytuje pouze v jižní části Arabského poloostrova a zdejší populace se řadí k poddruhu *C. a. gallarum*. *Taphozous nudiventris* by se měl na Blízkém východě vyskytovat ve třech poddruzích, z nichž dva jsou rozměrově menšího morfotypu, *T. n. nudiventris* a *T. n. zayidi*, a jeden většího morfotypu *T. n. magnus*. *Taphozous perforatus* pak v této oblasti většinou bývá řazen ke dvěma poddruhům, *T. p. perforatus* a *T. p. haedinus*.

Pro molekulární analýzu byly použity tři mitochondriální markery (Cyt-*b*, D-loop, 16S) a pět jaderných markerů (Rag2 a introny ACOX, COPS, STAT a BGN). Následně byly ve fylogenetické analýze použity metody Bayesovské analýzy a metoda maximum likelihood pro vytvoření fylogenetických stromů, byly vytvořeny haplotypové sítě a rovněž bylo provedeno molekulární datování zástupců celé čeledi.

Výsledky ukázaly, že zatímco sekvence *C. afra* jsou velmi uniformní a ukazují, že jedinci na Arabském poloostrově si jsou velmi příbuzní a patří do jednoho poddruhu, u *T. nudiventris* jsou sekvence rozděleny do dvou linií, které by částečně korespondovaly s rozdělením na dva velikostní morfotypy. V rámci menšího morfotypu si jsou jedinci vzájemně velmi příbuzní, což by ukazovalo na přítomnost poddruhu *T. n. nudiventris*, přičemž *T. n. zayidi* by tak byl pouze synonymem. Větší morfotyp je především podle mitochondriálních markerů odlišen od menšího morfotypu natolik, že *T. n. magnus* může být zaručeně prohlášen za poddruh a možná i za samostatný druh. Část sekvencí většího morfotypu je ovšem příbuznější se sekvencemi menšího morfotypu, problém tedy není uzavřen a vyžaduje následné studium.

Nakonec *T. perforatus* není vnitrodruhově výrazně rozdělen, což by ukazovalo, že *T. p. haedinus* se na Blízkém východě nevyskytuje.

Další výsledky by potvrzovaly rozdělení podčeledi Emballonurinae na dva samostatné triby, naopak nepodporují rozdělení rodu *Taphozous* na dva podrody, neboť by se stal podrod *Taphozous* v současném pojetí parafyletickým taxonem, resp. podrod *Liponycteris* by byl vnitřní linií podrodu *Taphozous*.

Klíčová slova: Chiroptera, Emballonuridae, Blízký východ, molekulární fylogenetika, biogeografie

Abstract

The Middle East is occupied by three species of family Emballonuridae which are morfologically divided into several subspecies. Those could be defined only poorly and intraspecific diversity of these species is resolved unsatisfactorily. This is the reason why the molecular genetic analysis, which can revise the diversity on the new unused level, were used in this thesis. Based on data from sequencing of both mitochondrial and nuclear markers the phylogenetic analysis was performed. That analysis adds new information about interspecific and intraspecific relationships among populations of this family in this area.

Bats (Chiroptera) of the family Emballonuridae are characterised by tail perforating the uropatagial membrane on its dorsal side in the half of its lenght and by reduction of the phalangi which makes long and narrow wing. The family is widespread circumtropically and is divided into two subfamilies. The subfamily Emballonurinae could be sometimes diveded into two tribes, new-world Diclidurini and old-world Emballonurini. The representatives of the subfamily Taphozoinae occur only in the Old World. Middle East is occupied by three species of this family. *Coleura afra* inhabits only southern Arabic peninsula and the populations from this area are ranked in subspecies *C. a. gallarum*. *Taphozous nudiventris* should occur Middle East in three subspecies. Two of them belong to smaller morphotype, *T. n. nudiventris* a *T. n. zayidi*, and the third one belongs to larger morphotype *T. n. magnus*. *Taphozous perforatus* in this area is ranked mostly as two subspecies, *T. p. perforatus* a *T. p. haedinus*.

In the molecular analysis there were used three mitochondrial markers (Cyt-*b*, D-loop, 16S) and five nuclear markers (Rag2 and introns ACOX, COPS, STAT a BGN). Afterwards in the phylogenetic analysis methods were used of Bayesian analysis and Maximum likelihood analysis for creating of phylogenetic trees. Also the haplotype network were computed and the molecular dating of representatives of whole family was performed as well.

The results show, that sequences of *C. afra* are very uniform and indciate the representatives from Arabic peninsula are very related each other and they belong into one subspecies. Sequences of *T. nudiventris* are diveded into two lineages, which could be partly correspond with two size morphotypes. In smaller morphotype the individuals are very related each other. That would indicate presence of subspecies *T. n. nudiventris*, while *T. n. zayidi* would be apparently just synonym. The larger morphotype is so much distinguished from smaller morphotype, especially by mitochondrial markers, that *T. n. magnus* could be guaranteed to be declared as a subspecies and perhaps even as a separate species. But part of sequences of

larger morphotype is more related to sequences of smaller morphotype. The issue is not properly solved and it requires a following study. Species *T. perforatus* is not intraspecifally so divided as previous species. That could indicate *T. p. haedinus* does not occur Middle East.

Other results could confirm presence of two tribes in the subfamily Emballonurinae, on the other side it does not support the subgenus *Liponycteris* in the genus *Taphozous*. It is because subgenus *Taphozous* in current concept would be parafyletic taxon, respectively subgenus *Liponycteris* would lie on an inner branch of subgenus *Taphozous*.

Key words: Chiroptera, Emballonuridae, Middle East, molecular phylogenetics, biogeography

Obsah

1. Úvod ... 1
   1.1. Čeleď Emballonuridae ... 1
      1.1.1. Charakteristika ... 2
      1.1.2. Taxonomie ... 3
   1.2. Starosvětské taxony čeledi Emballonuridae ... 7
      1.2.1. Podčeleď Emballonurinae ... 7
      1.2.2. Podčeleď Taphozoinae ... 9
   1.3. Palearktičtí zástupci čeledi Emballonuridae ... 12
      1.3.1. *Coleura afra* (Peters, 1852) ... 12
      1.3.2. *Taphozous perforatus* Geoffroy, 1818 ... 15
      1.3.3. *Taphozous nudiventris* Cretzschmar, 1830 ... 19
2. Cíle práce ... 23
3. Materiál a metodika ... 24
   3.1. Materiál ... 24
   3.2. Molekulární analýza ... 31
      3.2.1. Izolace DNA ... 31
      3.2.2. Amplifikace DNA ... 32
      3.2.2.1. Mitochondriální DNA ... 32
      3.2.2.2. Jaderná DNA ... 33
      3.2.3. Elektroforéza, sekvenování DNA a alignmenty ... 36
   3.3. Fylogenetické analýzy ... 37
      3.3.1. Bayesovská analýza (BA) ... 38
      3.3.2. Maximum likelihood (ML) ... 38
      3.3.3. Haplotypové sítě ... 39
      3.3.4. Molekulární datování ... 39
   3.4. Seznam zkratek ... 40
   4. Výsledky ... 42
   4.1. Molekulární analýza ... 42
   4.2. Fylogenetická analýza ... 42
      4.2.1. Mitochondriální DNA ... 43
      4.2.2. Jaderná DNA ... 50
      4.2.3. Celková matrix ... 52
      4.2.4. Haplotypové sítě ... 54
      4.2.5. Molekulární datování ... 59
5. Diskuse ... 62
   5.1. Fylogenetické vztahy v rámci druhů čeledi Emballonuridae v palearktické oblasti 63
      5.1.1. *Coleura afra* ... 63
      5.1.2. *Taphozous nudiventris* ... 65
      5.1.3. *Taphozous perforatus* ... 68
   5.2. Fylogenetické vztahy v rámci čeledi Emballonuridae ... 70
      5.2.1. Podčeleď Taphozoinae ... 70
6. Závěr ... 72
7. Literatura ... 74

Přílohy ... 83

1. Úvod

Molekulárně genetická analýza slouží k poznání genové informace a může napomoci při studiu příbuzenských vztahů mezi jednotlivými organismy, kdy se porovnávají sekvence různých genů, podobně jako se porovnávají morfologické znaky v morfologickém studiu. V současné době navíc platí pravidlo, že má-li systematická studie mít dostatečnou vypovídací hodnotu, je vhodné, aby kombinovala výsledky jak morfologické, tak i molekulárně genetické analýzy. Letouni obecně jsou obstojně prozkoumáni morfologicky a zástupci čeledi Emballonuridae v palearktické oblasti nejsou výjimkou (Harrison 1964, Harrison et Bates 1991, Horáček et al. 2000, Benda et al. 2006, 2012), najde se zde však ještě dost problémů k řešení pomocí studia molekulárních markerů. Čeleď Emballonuridae je takto prozkoumána zatím nerovnoměrně a například populace Madagaskaru se zdají být prozkoumány obstojně či alespoň nadprůměrně (Goodman et al. 2012). Zástupci této čeledi v palearktické oblasti, podobně jako celý rod *Taphozous* však patří do skupiny letounů, kteří na svou revizi pomocí molekulárně genetické analýzy ještě čekají. Tato práce si tak dává za cíl podrobit především palearktické zástupce čeledi molekulární analýze a následně i fylogenetické a biogeografické analýze. To by mohlo vést k podrobnějším znalostem o evoluci, stejně jako výskytu a historii osídlování areálu, což by mohlo vést k důsledkům jak v systematice a taxonomii, tak i v ochraně těchto populací.

1.1. Čeleď Emballonuridae

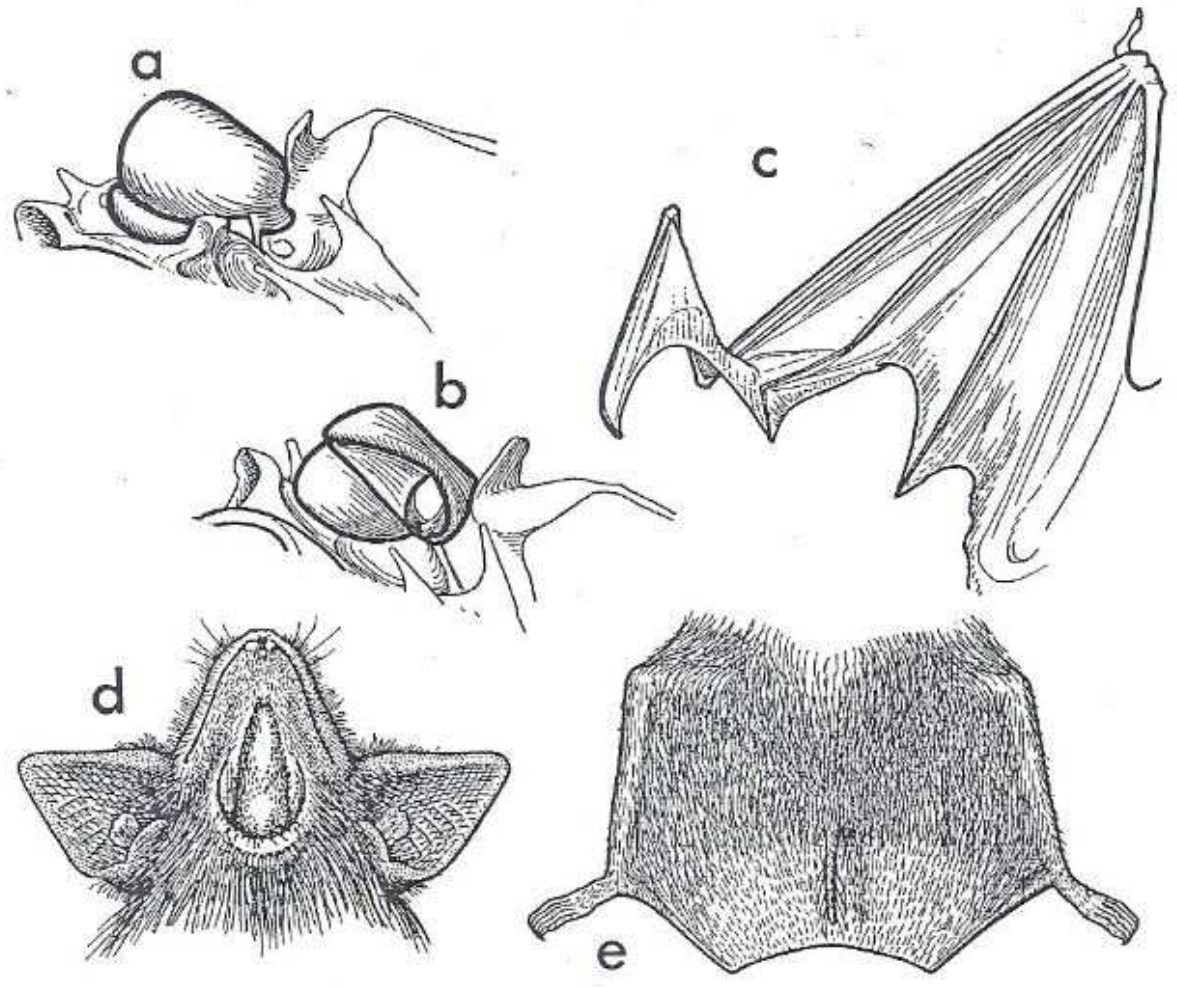
Zástupci čeledi Emballonuridae Gervais, 1855, česky nazývaní pochvorepovití, tvoří společně s čeledí Nycteridae Van Der Hoeven, 1855 jednu ze šesti nadčeledí řádu letouni – Emballonuroidea Gervais, 1855. Ta spadá spolu s dalšími dvěma nadčeleděmi (Noctilionoidea Gray, 1821 a Vespertilionoidea Gray, 1821) do podřádu Yangochiroptera Koopman, 1984 (Teeling et al. 2002, Van Den Bussche et Hoofer 2004, Simmons 2005). Druhý podřád, Yinpterochiroptera Springer, Teeling, Madsen, Stanhope et de Jong 2001, je tvořený nadčeleděmi Pteropodoidea Gray, 1821 a Rhinolophoidea Gray, 1825 a oba podřády dávají dohromady řád letounů, Chiroptera Blumenbach, 1779. Tyto dva podřády nahradily předcházející dělení letounů na Megachiroptera a Microchiroptera, na základě adaptivních morfologických znaků, podle zvýšených optických uzpůsobení u kaloňů (Megachiroptera) a laryngeálního typu echolokace u netopýrů (Microchiroptera) (Springer et al. 2001). Současný stav byl navržen na základě studia molekulárních dat, která doplnila známá data morfologická, která však byla nově interpretovaná (Simmons 2005, Teeling et al.

2005). Čeleď Emballonuridae tak tvoří evolučně poměrně významnou část celé skupiny letounů.

1.1.1. Charakteristika

Do čeledi Emballonuridae je v současné době řazeno 53 druhů ve 14 rodech (Goodman et al. 2012). Ty jsou vymezeny do dvou podčeledí, přičemž podčeleď Taphozoinae Jerdon, 1867 má výhradně starosvětské rozšíření a zahrnuje 18 druhů ve dvou rodech. Druhá podčeleď, Emballonurinae Gervais, 1855, má výskyt cirkumtropický a 35 druhů ve dvanácti rodech (Simmons 2005). Tělesná velikost netopýrů v této čeledi je různá, zahrnuje malé i poměrně velké formy, délka předloktí se pohybuje mezi 35 a 95 mm (Koopman 1994). Základní apomorfií této čeledi je především poměrně dlouhý ocas, který prochází zhruba v polovině uropatagia (interfemorální membrány) na jeho dorzální stranu (viz obr. 1e). Uropatagium je navíc vyztuženo poměrné dlouhými ostruhami patních kostí (calcaneů), čímž je vytvořena jakási kapsa či pochva, z čehož je odvozováno jak latinské, tak i české jméno (Miller 1907, Rosevear 1965, Jones et Hood 1993, Benda 2010). Dalším výrazným znakem je dlouhé a úzké křídlo, což je způsobeno redukcí prstních článků u 3., 4. a 5. prstu na pouhé dva prstní články. Redukce 5. prstu způsobuje zúžení konce křídla a také umožňuje lepší práci s křídlem při lezení po povrchu (viz obr. 1c). U 3. prstu se navíc proximální článek při odpočinku obrací na dorzální stranu křídla. Redukované jsou však i první dva prsty, kdy prstní články vůbec nenacházíme a dobře vyvinuty jsou pouze záprstní články (Rosevear 1965). Dalším znakem je výrazný trochiter na humeru, naopak trochin je redukovaný, čímž nedochází ke spojení se scapulou a tudíž zůstává hrudní končetina volná (Miller 1907). Neméně důležitými znaky jsou dlouhé a tenké postorbitální výběžky frontální kosti, přítomnost premaxil s nasálními větvemi, které nejsou srostlé navzájem a většinou ani k jiným částem lebky, a příčně rozděleným horním pyskem. Již na první pohled zaujmou na letouny velké oči a čenich bez jakýchkoli výrůstků (Miller 1907, Rosevear 1965). U některých druhů navíc můžeme nalézt radiometakarpální vak, který, jak název napovídá, můžeme nalézt na křídle v ohbí mezi radiem a metacarpem (viz obr. 5), a také hrdelní vak s produkcí sekretu v době rozmnožování (viz obr. 1d) (Rosevear 1965). Podle dostupných údajů se jedná o hmyzožravou čeleď s afinitou k tropickým a teplým temperátním oblastem, ve kterých obývají různá prostředí od tropických deštných lesů po pouště. S tím souvisí i typ rozšíření, které je cirkumtropické a najdeme je tak v tropické části Ameriky od Mexika po Brazílii, v celé Africe, na Madagaskaru, Maskarénách a Seychelách, na Blízkém východě, v jižní Asii, v Sundském

souostroví, Austrálii a na tichomořských ostrovech (viz obr. 2). V úkrytech se obvykle věší na svislé stěny nebo opírají o rovné povrchy, a to jak v otevřených prostorách, tak i ve skálních a stromových dutinách a štěrbinách, v jeskyních a podobných strukturách a občas mohou být i pod vegetací (Koopman 1994). Některé druhy jsou koloniální, tvořící menší či větší agregace, některé druhy jsou naopak samotářské (Corbet et Hill 1992). Fosílie zástupců čeledi Emballonuridae jsou známy z eocénu, oligocénu a pliocénu Evropy a z miocénu Afriky (Koopman et Jones 1970).

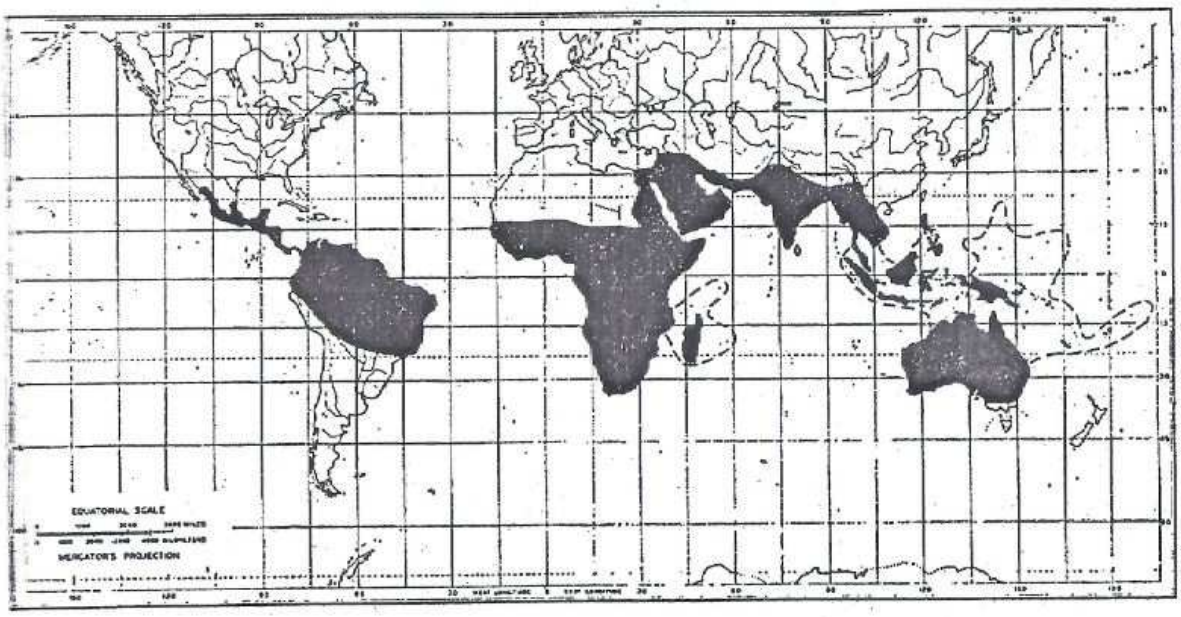


Obr. 1. Některé morfologické znaky čeledi Emballonuridae: a, b – kompletní i nekompletní bubínkové výdutě; c – ohyb proximálního článku 2. prstu; d – hrdelní vak samců rodu Taphozous; e – ocas dorsálně pronikající uropatagium (Rosevear 1965: 138).

1.1.2. Taxonomie

Pouze podčeleď Emballonurinae je rozšířena cirkumtropicky. Tu někteří autoři dělí (Robbins et Sarich 1988, Griffits et Smith 1991, McKenna et Bell 1997, Lim et al. 2008, Ruedi et al. 2012) a jiní nedělí (Barghoorn 1977, Dunlop 1998, Simmons 2005), viz obr. 3A, D, na dva triby; zástupci tribu Diclidurini Gray, 1866 mají výskyt výhradně novosvětský, všech osm

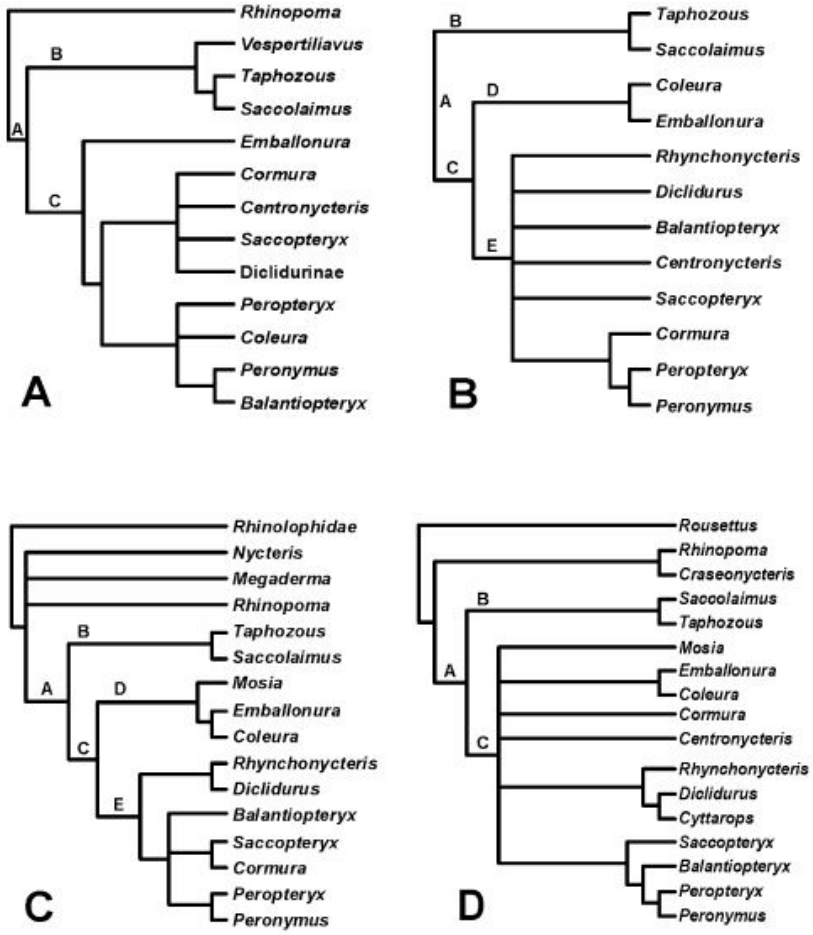
rodů žije jen na pevninské části neotropické oblasti od severního Mexika po jižní Brazílii (Koopman et Jones 1970, Jones et Hood 1993). Jmenovitě do tohoto tribu patří rody *Balantiopteryx* Peters, 1867, s druhy *Balantiopteryx infusca* (Thomas, 1897), *B. io* Thomas, 1904 a *B. plicata* Peters, 1867; *Centronycterys* Gray, 1838 s druhy *Centronycteris centralis* Thomas, 1912 a *C. maximiliani* (J. Fischer, 1829); *Diclidurus* Wied-Neuwied, 1820 s druhy *Diclidurus albus* Wied-Neuwied, 1820, *D. ingens* Hernandez-Camacho, 1955, *D. isabellus* (Thomas, 1920) a *D. scutatus* Peters, 1869; *Peropteryx* Peters, 1867 s druhy *Peropteryx kappleri* Peters, 1867, *P. leucoptera* Peters, 1867, *P. macrotis* (Wagner, 1843) a *P. trinitatis* Miller, 1899; *Saccopteryx* Illiger, 1811 s druhy *Saccopteryx antioquensis* Muñoz and Cuartas, 2001, *S. bilineata* (Temminck, 1838), *S. canescens* Thomas, 1901, *S. gymnura* Thomas, 1901 a *S. leptura* (Schreber, 1774). Spolu s nimi jsou v tomto tribu ještě tři druhy v monotypických rodech *Cormura* Peters, 1867 – *C. brevirostris* (Wagner, 1843); *Cyttarops* Thomas, 1913 – *C. alecto* Thomas, 1913; a *Rhynchonycteris* Peters, 1867 – *R. naso* (Wied-Neuwied, 1820) (Simmons 2005).



Obr. 2. Cirkumtropické rozšíření čeledi Emballonuridae (Koopman et Jones 1970: 34).

Druhým tribem podčeledi Emballonurinae je tribus Emballonurini Gervais, 1855. Ten je, na rozdíl od předešlého, čistě starosvětským taxonem. Jeho zástupci jsou rozšířeni jak v afrotropické, tak i palearktické, orientální a australské zoogeografické oblasti a jsou tak k nalezení od západní a jižní Afriky přes Madagaskar, Blízký východ, Přední i Zadní Indii až po Austrálii a tichomořské ostrovy. Tento tribus zahrnuje čtyři rody a jeho součástí je i typový rod celé čeledi, *Emballonura* Temminck, 1838 – s druhy *Emballonura alecto* (Eydoux et Gervais, 1836), *E. beccarii* Peters et Doria, 1881, *E. dianae* Hill, 1956, *E. furax* Thomas,

1911, *E. monticola* Temminck, 1838, *E. raffrayana* Dobson, 1879, *E. semicaudata* (Peale, 1848) a *E. serii* Flannery, 1994 (Koopman 1994). Dalším rodem je *Coleura* Peters, 1867 s druhy *C. afra* (Peters, 1852), *C. seychellensis* Peters, 1868 a *C. kibolamandy* Goodman, 2012 (Goodman et al. 2012); pak *Paremballonura* Goodman, 2006 s druhem *P. tiavato* Goodman, 2006 a následně dva taxony, jež byly dříve součásti rodu *Emballonura*, ale později byly vymezeny do jiných rodů (Griffits et al. 1991, Goodman et al. 2012), tedy druh *Paremballonura atrata* (Peters, 1874) (Goodman et al. 2008, 2012); a monotypický rod *Mosia* Gray, 1843 s druhem *M. nigrescens* Gray, 1843.



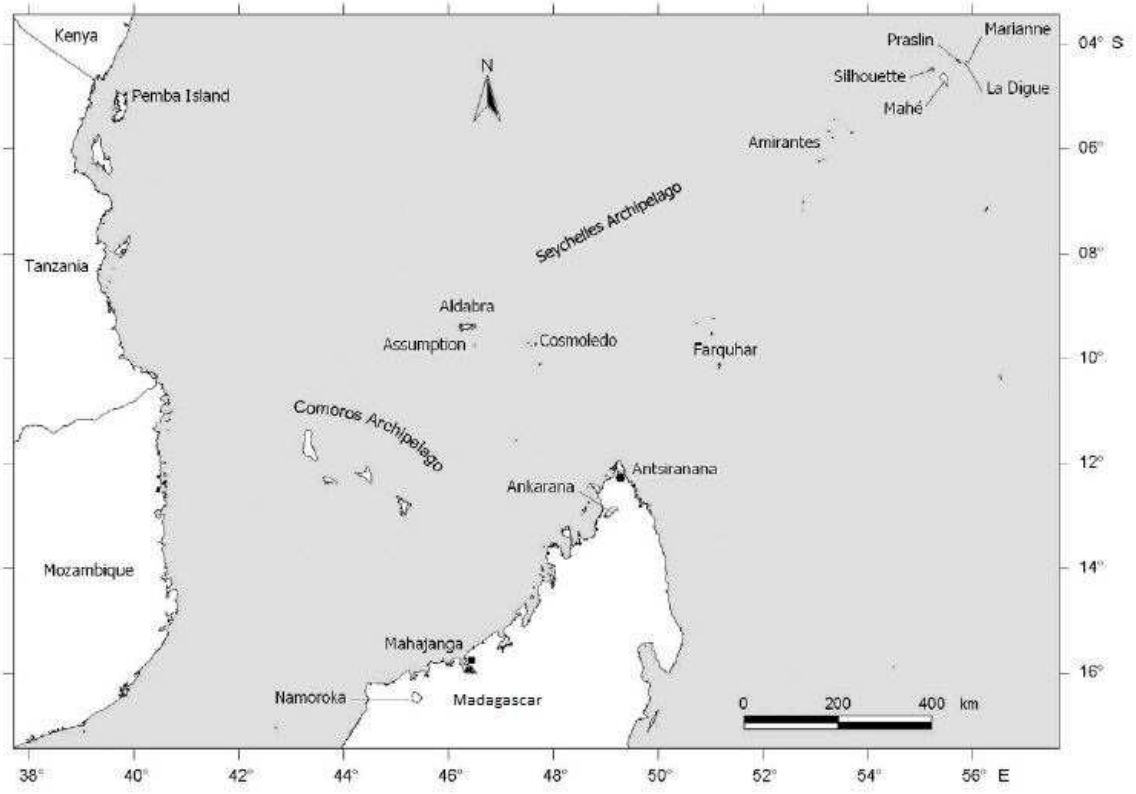
Obr. 3. Čtyři fylogenetické studie čeledi Emballonuridae. A) Barghoorn (1977); B) Robbins et Sarich (1988); C) Griffits et Smith (1991); D) Dunlop (1998). Vyšší taxony zahrnují čeleď Emballonuridae (A), podčeledi Taphozoinae (B) a Emballonurinae (C), která dále zahrnuje triby Emballonurini (D) a Diclidurini (E) (Lim et al. 2008: 191)

Jak již bylo zmíněno, zbývající podčeleď Taphozoinae je pouze starosvětského rozšíření, avšak ve Starém světě lze zástupce této podčeledi nalézt v afrotropické, palearktické, orientální i australské oblasti. Obývají tedy areál od Senegalu přes subsaharskou Afriku (v severní Africe jsou známi pouze v Maroku, v jižním Alžírsku a v Egyptě), Blízký východ, Zadní i Přední Indii až po tichomořské ostrovy (Chimimba et Kitchener 1991, Koopman

1994). Tato podčeleď je tvořena pouhými dvěma rody, které navíc původně byly pouze rodem jediným (Ellerman et Morrison-Scott 1951, Rosevear 1965, Hayman et Hill 1971, Corbet et Hill 1980, 1992, Bates et Harrison 1997). Prvním je typový rod této podčeledi, *Taphozous* Geoffroy, 1818 s poměrně početným zastoupením druhů: *Taphozous achates* Thomas, 1915, *T. australis* Gould, 1854, *T. georgianus* Thomas, 1915, *T. hamiltoni* Thomas, 1920, *T. hildegardeae* Thomas, 1909, *T. hilli* Kitchener, 1980, *T. kapalgensis* McKean et Friend, 1979, *T. longimanus* Hardwicke, 1825, *T. mauritianus* Geoffroy, 1818, *T. melanopogon* Temminck, 1841, *T. nudiventris* Cretzschmar, 1830, *T. perforatus* Geoffroy, 1818, *T. theobaldi* Dobson, 1872 a *T. troughtoni* Tate, 1952 (Koopman 1994). Druhým je rod *Saccolaimus* Temminck, 1838 se čtyřmi druhy, *Saccolaimus flaviventris* Peters, 1867, *S. mixtus* Troughton, 1925, *S. peli* (Temminck, 1853) a *S. saccolaimus* (Temminck, 1838); ten byl od předešlého rodu oddělen poměrně pozdě (Barghoorn 1977, Robbins et Sarich 1988, Chimimba et Kitchener 1991).

V pracích, které zahrnují i fosilní rod *Vespertiliavus* Schlosser, 1887 může být situace jiná, neboť tento rod je považován za bazálního zástupce čeledi a bývá řazen do podčeledi Taphozoinae, anebo bývá vyčleňován do vlastního tribu Vespertiliavini Robbins et Sarich, 1988 (Robbins et Sarich 1988). Recentní rody *Taphozous* a *Saccolaimus* jsou pak řazeny do tribu Taphozoini Jerdon, 1867 (Barghoorn 1977, McKenna et Bell 1997). Dříve se používaly ještě jiné klasifikace, kdy druh *Paremballonura atrata* byl součástí rodu *Emballonura* a až s objevem nového druhu *Paremballonura tiavato*, se kterým je předchozí druh morfologicky, geneticky i geograficky sesterský a naopak méně příbuzný s ostatními druhy rodu *Emballonura*, byl popsán nový rod *Paremballonura* (Goodman et al. 2006, 2012), do nějž byly oba druhy zařazeny. Za součást rodu *Emballonura* byl rovněž považován obsah rodu *Mosia*, který někdy byl i uznáván jako jeho podrod (Corbet et Hill 1992), ale dle studie o struktuře jazylky (Griffits et Smith 1991) byl povýšen na samostatný rod (viz obr. 3C), což bylo podpořeno i rozdílnou morfologií uší, lebky a penisu obou rodů (Griffits et al. 1991). Tato studie rovněž potvrdila sesterské postavení podčeledi Taphozoinae ke zbytku čeledi a rovněž rozlišuje triby Emballonurini a Diclidurini, podobně jako novější přehledová práce (McKenna et Bell 1997). Podobná klasifikace byla i výsledkem studie proteinové elektroforézy a imunologie, kdy tribus Emballonurini (byť v něm byly zařazeny pouze druhy *Coleura* a *Emballonura*) jevil sesterskou pozici k tribu Diclidurini (Robbins et Sarich 1988), viz obr. 3B. Podčeleď Taphozoinae, ve které byl zahrnut i vyhynulý rod *Vespertiliavus*, se jako samostatný taxon objevila i v práci o morfologii lebky (Barghoorn 1977), viz obr. 3A, byla však sesterská podčeledi Diclidurinae Gray, 1866, do které byly zahrnuty všechny ostatní

rody a rod *Coleura* byl přičleněn k novosvětským rodům (byť v nich bylo mnoho synonymických rodů, Jones et Hood 1993), namísto k rodu *Emballonura*. Ve starších pracích (Miller 1907, Simpson 1945, Koopman et Jones 1970) byly různě rozlišovány podčeledi Emballonurinae a Diclidurinae, v nichž se druhy různě seskupovaly, a bylo zde přítomno množství rodů, které jsou dnes považovány pouze za synonyma uznávaných rodů (Thomas 1913, Hussen 1962), jak je uvedeno výše.



Obr. 4. Mapa západní části Indického oceánu s vyznačením výskytu druhů *Coleura seychellensis* na Seychelách (ostrovy Mahé a Silhouette) a *Coleura kibomalandy* na Madagaskaru (oblasti Namoroka a Ankarana) (Goodman et al. 2012: 1447)

1.2. Starosvětské taxony čeledi Emballonuridae

Podle výše uvedeného přehledu obývají Starý svět zástupci obou podčeledí, avšak pouhých šest rodů – *Coleura*, *Emballonura*, *Paremballonura*, *Mosia*, *Saccolaimus* a *Taphozous*. Ty můžeme najít ve všech zoogeografických oblastech v areálu rozkládajícím se od Afriky přes Blízký východ, jižní Asii, Sundské souostroví, Austrálii po tichomořské ostrovy (Simmons 2005, Goodman et al. 2012).

1.2.1. Podčeleď Emballonurinae

Zástupci rodu *Coleura* se vyznačují menší tělesnou velikostí (délka předloktí do 55 mm), na křídlech se u nich neobjevuje radio-metakarpální vak (obr. 5), a stejně tak ani hrdelní

váček, tragus mají vysoký a úzký bez bočních výběžků. Důležitým znakem je rovněž počet zubů, kdy v dolní čelisti najdeme na každé straně tři řezáky – zubní vzorec je 1123/3123 (Rosevear 1965). Premaxilly expandují vzhůru a stáčí se dovnitř (Harrison 1964). Tento rod v současnosti zahrnuje tři druhy (Simmons 2005, Goodman et al. 2012), které jsou rozšířeny především v afrotropické oblasti s mírným přesahem do palearktické oblasti. Konkrétně to je subsaharská Afrika od Guineje-Bissau na západě po Somálsko na východě a Angolu a Mosambik na jihu, dále na jihu Arabského poloostrova v Jemenu a Ománu (Hayman et Hill 1971, Benda et al. 2011, 2013), na Seychelách a na Madagaskaru (Goodman et al. 2008, 2012). Takto velký areál obývá skoro celý pouze druh *Coleura afra*, který nenajdeme pouze na Seychelách a na Madagaskaru, zato právě tento druh proniká do palearktické oblasti (Hayman et Hill 1971, Benda et al. 2011), viz obr. 7. Endemitem pouhých dvou ostrovů v indooceánském souostroví Seychely, je, viz obr. 4, jak druhový název napovídá, *C. seychellensis* (Gerlach et Taylor 2006), jež má status kriticky ohroženého druhu (Hutson et al. 2001). Na Madagaskaru pak tento rod reprezentuje druh *C. kibomalandy*, kde byl zatím zastižen na dvou lokalitách na severozápadě ostrova (Goodman et al. 2008, 2012), viz obr. 4.

Druhově nejbohatší v podčeledi Emballonurinae je rod *Emballonura*. Ten je charakterizován většinou dlouhými a štíhlými postorbitálními výběžky, jež nejsou kryty nadočnicovými oblouky, absencí křídelního (radio-metakarpálního vaku), nerozšířenou klíční kostí a lýtkovou kostí bez podélného zářezu. Zástupci rodu jsou střední tělesné velikosti (délka předloktí 37–53 mm). Nozdry mají blízko u sebe, rostrum je poměrně dlouhé. Spodní řezáky jsou odděleny od špičáků, horní řada stoliček je srovnána rovnoběžně a zubní vzorec je 2123/3123 (Koopman 1994). Osm druhů, jež jsou zastoupeni v tomto rodu, má areál rozšíření v orientální a australské oblasti od Myanmaru přes Sundské ostrovy, Mariany, Karoliny až po Vanuatu a Samou v Tichém oceánu (Koopman 1994, Simmons 2005). Z toho v orientální oblasti se vyskytuje *Emballonura alecto*, která obývá oblast v Sundském souostroví na Borneu, Filipínách, Celebesu a Molukách; *E. monticola*, obývá jižní Myanmar, Malajský poloostrov a Sundské souostroví až po jižní Celebes (Corbet et Hill 1992). Zbylé druhy se vyskytují ve Wallacee a především v australské oblasti. Jsou to *E. beccarii* z Nové Guineje a Nového Irska v Bismarckově souostroví; *E. dianae* z Nové Guineje, Nového Irska a z Šalamounových ostrovů; *E. furax* z Nové Guineje (Flannery 1994); *E. raffrayana* z Moluk, Nové Guineje, Bismarckova souostroví a Šalamounových ostrovů; *E. semicaudata* z Marian, Karolin, Palau a východně přes Vanuatu po Samou (Koopman 1994, Simmons 2005) a *E. serii* z Nového Irska (Flannery 1994).

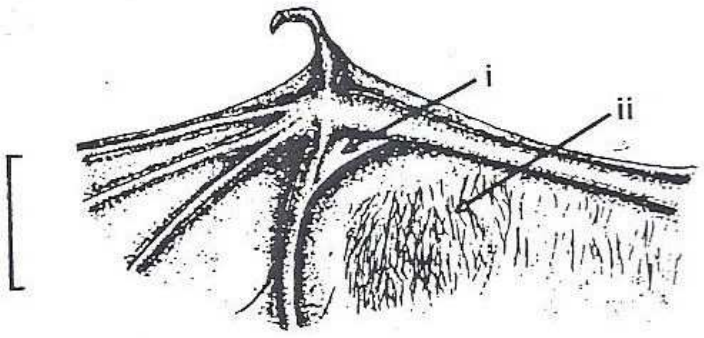
Nejpozději objeveným rodem v čeledi je rod *Paremballonura*, popsaný až roku 2012 (Goodman et al. 2012). Zástupci tohoto rodu jsou netopýři menší velikosti (délka předloktí 35–41 mm) se srstí v odstínu od šedohnědé po hnědočernou. Dalšími znaky jsou poměrně dlouhé uši s konvexním vnitřním okrajem, patní ostruhou nepatrně delší než lýtková kost a relativně úzkou diastemou mezi třenovými zuby. Zubní vzorec je 2123/3123 (Goodman et al. 2012). Rod je afrotropický, neboť je rozšířen pouze na Madagaskaru, konkrétně druh *Paremballonura atrata* obývá pás vlhkých lesů na východním pobřeží ostrova a druh *P. tiavato* je rozšířen v sušších oblastech na severozápadě Madagaskaru (Goodman et al. 2006).

Monotypický rod *Mosia* je charakterizován malou tělesnou velikostí (délka předloktí 32–37 mm), široce oddělenými nozdrami a řezáky, které plně vyplňují prostor mezi špičáky (Koopman 1994). Znaky, na základě kterých byl tento rod vymezen z rodu *Emballonura*, jsou dlouhý a štíhlý (až červovitý) penis, delší a užší tragus a odlišná stavba svalstva jazylky (Griffits et al. 1991). Areál rozšíření tohoto rodu, a tím pádem i druhu *Mosia nigrescens*, se rozkládá ve Wallacee a australské oblasti od Celebesu a Moluk přes Novou Guineu po Šalamounovy ostrovy (Corbet et Hill 1992).

1.2.2. Podčeleď Taphozoinae

Zbývající dva rody již bývají zahrnovány do podčeledi Taphozoinae. Pojetí rodu *Saccolaimus* bývalo předmětem sporu – zda jeho zástupci jsou součástí rodu *Taphozous* (Miller 1907) či zda se jedná o samostatný rod (Thomas 1915a), většinou však byli považováni za příslušníky podrodu *Saccolaimus* v rámci rodu *Taphozous* (Simpson 1945, Ellerman et Morrison-Scott 1951, Rosevear 1965, Hayman et Hill 1971, Corbet et Hill 1980, 1992, Bates et Harrison 1997). Postupně však byl vymezován na rodovou úroveň, ať už to bylo na základě lebeční morfologie (Barghoorn 1977), proteinové elektroforézy a imunologie (Robbins et Sarich 1988) či morfologie oblasti jazylky (Griffits et al. 1991). Od devadesátých let 20. století většina systematických prací (Koopman 1994, McKenna et Bell 1997, Simmons 2005) uznává rod *Saccolaimus* jako sesterský taxon k rodu *Taphozous*. Znaky, díky nimž byl odlišen, jsou především větší tělesné rozměry ve všech směrech (délka předloktí je větší než 84 mm (Monadjem et al. 2010), absence křídelního vaku, kompletní bubínkové výdutě (Thomas 1915a), basisphenoidální jámy relativně malé, basisphenoid je ve tvaru písmene V, přední třenový zub je proporcionálně větší než u ostatních druhů a dosahuje třetiny velikosti korunky zadního třenového zubu (Chimimba et Kitchener 1991). Dalšími znaky jsou lýtková kost bez podélné drážky, přítomnost hrdelního váčku a černé zbarvení srsti (Monadjem et al.

2010). Zubní vzorec je 1123/2123 (Koopman 1994). Do tohoto rodu se v současnosti řadí čtyři druhy (Simmons 2005), které jsou rozšířeny v zalesněných oblastech afrotropické, orientální a australské oblasti od Libérie po Keňu a Angolu v Africe a od Indie a Cejlonu přes Sundské souostroví včetně Filipín po Šalamounovy ostrovy a Austrálii (Hayman et Hill 1971, Koopman 1994). Jediným druhem, který se vyskytuje v afrotropech je *Saccolaimus peli*, jenž obývá zalesněnou oblast od Libérie přes DR Kongo a Gabun do západní Keni a na jih do severozápadní Angoly (Hayman et Hill 1971). Obyvatelem orientální i australské oblasti je *S. saccolaimus*, který je rozšířen od Přední Indie a Cejlonu přes Malajský poloostrov a Sundské souostroví, Filipíny, Celebes a Timor, Novou Guineu a Šalamounovy ostrovy po sever a severozápad Austrálie s možným posunem až na západ kontinentu (Chimimba et Kitchener 1991, Corbet et Hill 1992). Zbylé dva druhy nenajdeme jinde než v australské oblasti; *S. flaviventris* se vyskytuje na jihovýchodě Nové Guineje a je široce rozšířen v severní polovině Austrálie na západě se jeho areál rozšíření posouvá směrem k jihu (Chimimba et Kitchener 1991, Simmons 2005); a *S. mixtus* žije na jihu a východě Nové Guineje a také na severu australského Yorského poloostrova (Corbet et Hill 1980).

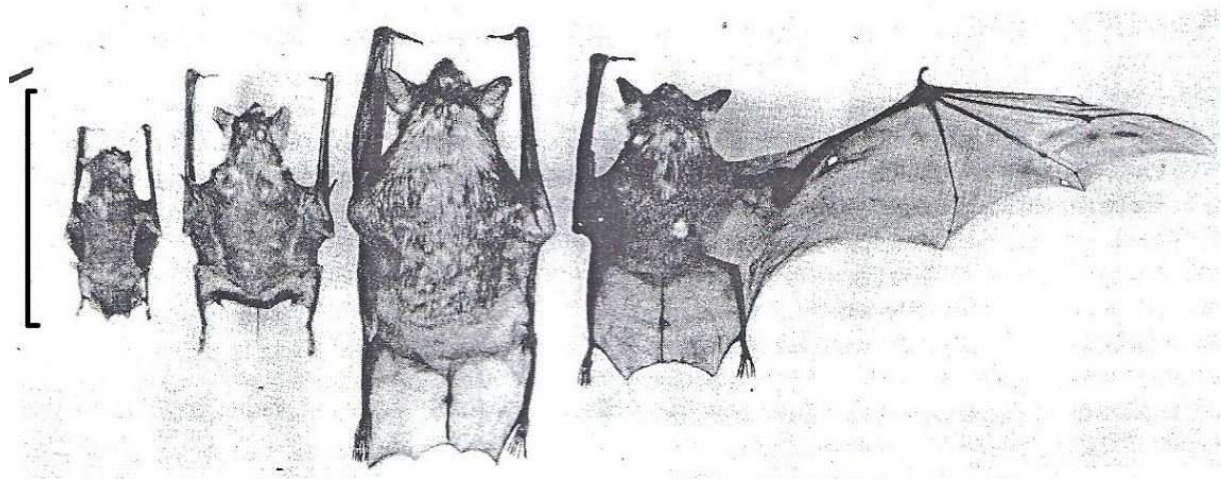


Obr. 5. Ventrální pohled na záprstí *Taphozous nudiventris*. (i) Radio-metakarpální vak, (ii) srst na létací membráně. Měřítko = 15 mm (Harrison et Bates 1991: 34)

Konečně rod *Taphozous*, který je druhově nejbohatším rodem v čeledi, se vyznačuje relativně malými až středními tělesnými rozměry (délka předloktí 55–75 mm). Významným znakem je přítomnost radio-metakarpálního vaku na spodní straně křídla (obr. 5), a většinou se pod bradou vyskytuje hrdelní váček anebo je alespoň naznačen u samců. Tragus na distálním konci expanduje do kyjovitého zakončení. Frontální část lebky je propadlá a tvoří tak prohnutý profil, basisfenoidální jámy jsou odděleny středovým septem, bubínkové výduti jsou nekompletní a premaxilly jsou expandovány nahoru. V horní čelisti je pouze jeden pár řezáků oproti dvěma párům v dolní čelisti a zubní vzorec je 1123/2123 (Harrison 1964, Rosevear 1965). I bez rodu *Saccolaimus*, který byl povýšen z původního podrodu, viz výše,

se rod *Taphozous* dělí na dva podrody, nominotypický *Taphozous* Geoffroy, 1818 a *Liponycteris* Thomas, 1922 (Simmons 2005). Ten se od předešlého podrodu liší především přítomností „okcipitální helmy“, tedy výrazným srůstem sagitálního a okcipitálního hřebene; částečně neosrstěnými plochami kůže na dorsální i ventrální straně těla a také většími tělesnými rozměry (délka předloktí 70–75 mm) oproti absenci „helmy“, normálně osrstěného těla a menší tělesnou velikostí (délka předloktí 55–70 mm) u podrodu *Taphozous* (Thomas 1922, Rosevear 1965). Celý rod, jenž zahrnuje dvanáct druhů v podrodu *Taphozous* a dva druhy v podrodu *Liponycteris*, je rozšířen ve všech starosvětských zoogeografických oblastech od Afriky (v Maroku a podél Nilu v Egyptě a Súdánu, a dále na jih od Sahary včetně Madagaskaru a Maskarén) přes Blízký východ po jižní Asii a přes Sundské souostroví po Filipíny a Austrálii (Koopman 1994, Simmons 2005). Druhem s největším areálem podrodu *Taphozous* je *T. perforatus*, který je široce rozšířen ve třech zoogeografických oblastech, v Africe od Senegalu a Mali na západě po Keňu a Somálsko na východě, Zimbabwe na jihu a Súdán a Egypt na severu Afriky, dále přes Levantu, Arabský poloostrov, jižní Írán a Pákistán po západní Indii (Meester et al. 1986, Harrison et Bates 1991, Bates et Harrison 1997). Pouze v afrotropické oblasti je možné potkat *T. hildegardeae*, který žije na pobřeží Indického oceánu v Keni a Tanzánii a na ostrovech Pemba a Zanzibar (Colket et Wilson 1998) a *T. mauritianus* z Mauricia, Madagaskaru, Reunionu a Aldabry v Indickém oceánu a v Africe z regionu savan jižně od Sahary od Senegalu po Súdán a Somálsko a po jižní Afriku (Hayman et Hill 1971). Z orientální oblasti jsou známy druhy *T. longimanus* z areálu rozprostírajícího se od Cejlonu přes Přední Indii, jihovýchodní Asii, Jávu, Sumatru, Borneo až po Flores, *T. melanopogon* z území od Cejlonu a Přední Indie přes jižní Čínu a Zadní Indii po Sundské souostroví, Filipíny, Celebes a Timor a *T. theobaldi* z oblasti od centrální Indie přes Zadní Indii po Jávu, Borneo a Celebes (Corbet et Hill 1992, Bates et Harrison 1997). Malou oblast Wallacey obývá *T. achates*, konkrétně souostroví Malé Sundy včetně Timoru (Kitchener et Suyanto 1995). Zbylé druhy jsou rozšířeny pouze v australské oblasti; jedná se o *T. australis*, který obývá ostrovy Torresova průlivu, Yorský poloostrov a severovýchod Austrálie, *T. georgianus*, který je znám ze severní a západní části Austrálie mimo velké části Yorského poloostrova, *T. hilli,* jenž obývá semiaridní oblasti na severozápadě Austrálie, *T. kapalgensis*, který žije pouze na samém severu australského poloostrova Arnhemská země a *T. throughtoni*, jenž byl zaznamenán pouze v australské oblasti Mount Isa v severozápadním Queenslandu (Chimimba et Kitchener 1991). Podrod *Liponycteris* má podobně širokou oblast rozšíření jako předchozí podrod (mimo australskou oblast), ovšem na většině území je rozšířen pouze *T. nudiventris* a to od Senegalu a Maroka

po Tanzánii, Somálsko, Súdán a Egypt v Africe, dále přes Blízký východ, Indii až po Myanmar (Harrison et Bates 1991). *T. hamiltoni* je pak obyvatelem pouze afrotropické oblasti v Jižním Súdánu, na jihu Súdánu a Čadu a na severu Keni (Koopman 1975, 1994).



Obr. 6. Zástupci čeledi Emballonuridae v palearktické oblasti. Vlevo *Coleura afra*, jižní Jemen, *Taphozous perforatus*, Egypt, *Taphozous nudiventris magnus*, Irák, *Taphozous nudiventris nudiventris*, Izrael. Měřítko = 9 cm (Harrison et Bates 1991: 33).

1.3. Palearktičtí zástupci čeledi Emballonuridae

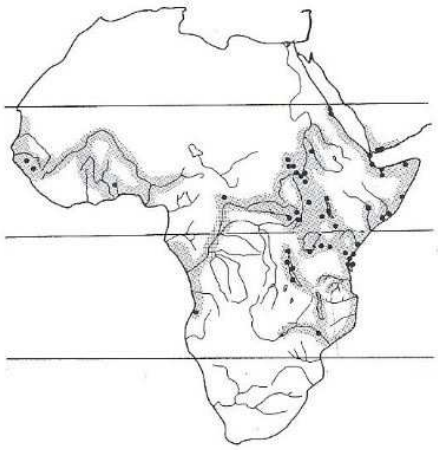
V palearktické oblasti, na kterou je tato práce změřena, se vyskytují pouhé tři druhy (obr. 6) – *Coleura afra* z podčeledi Emballonurinae a *Taphozous nudiventris* a *T. perforatus* z podčeledi Taphozoinae (Ellerman et Morrison-Scott 1951, Harrison 1964, Harrison et Bates 1991, Horáček et al. 2000). Všechny tři druhy můžeme v palearktické oblasti nalézt výhradně na Blízkém východě a v přilehlých oblastech: okolo Perského zálivu, na Arabském poloostrově, v Levantě a na východě severní Afriky. Zároveň ani jeden z těchto druhů není endemitem této oblasti a jejich rozšíření přesahuje do jiných zoogeografických oblastí, viz výše (Koopman 1994, McKenna et Bell 1997, Simmons 2005).

1.3.1. *Coleura afra* (Peters, 1852)

C. afra se vyskytuje především v rovníkové oblasti afrotropů (typovou lokalitou je Tete v Mosambiku) a do palearktické oblasti pouze přesahuje na Arabském poloostrově, kde obývá jeho jihozápadní cíp na území jižního Jemenu a jihozápadního Ománu (Harrison 1964, Horáček et al. 2000, Benda et al. 2013), viz obr. 7 a 9. Tento druh patří k menším hmyzožravým netopýrům, váží okolo 10 až 12 gramů a délka předloktí se pohybuje mezi 43 a 53 mm (Koopman 1994, Dunlop 1997) a vykazuje pohlavní dvoutvárnost ve velikosti, samice jsou o něco větší než samci (rozdíl mezi střední délkou předloktí jsou 4 mm: 49 mm u samic a 45 mm u samců, dle McWilliam 1987). Zbarvení je v odstínu tmavě hnědé, srst je

ale dvoubarevná, kdy je světlejší báze chlupů oproti tmavšímu konci. Světlejší je i ventrální strana těla. Čenich je jednoduchý, bez kožních duplikatur a jeho zakončení přesahuje dolní pysk (Dunlop 1997), viz obr. 8.

Obr. 7. Oblast rozšíření druhu *Coleura afra* v Africe a na Arabském poloostrově (Kingdon 1974: 203) ↓

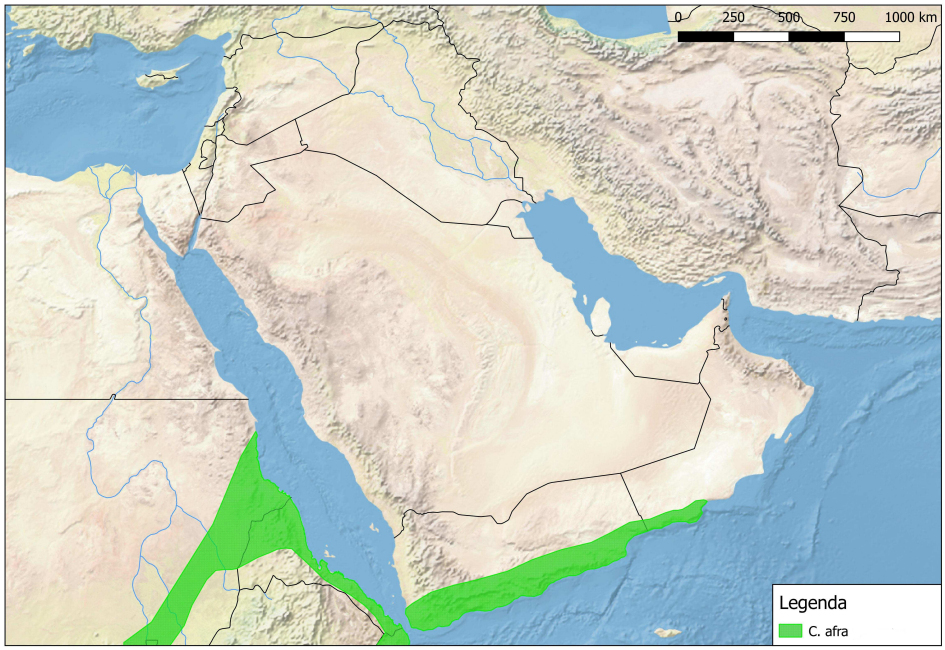




Obr. 8. Hlava druhu *Coleura afra*. Ukázka jednoduchého utváření čenichu a hnědé barvy srsti (Monadjem et al. 2010: 249) ↑

Rhinarium je černé a bez chlupů (Harrison et Bates 1991). Dolní záhyb ušních boltců, jejichž délka je od 12 do 15 mm, takřka dosahuje ústního koutku a rovnoběžně stavěný tragus (délka 3–4 mm) má na vnitřním povrchu menší výběžek, konec tragu však zesílen není (Rosevear 1965, Dunlop 1997). Patní ostruha je skoro stejně dlouhá jako holenní kost a uropatagium je osrstěné dorzálně až do místa, kde ocas z uropatagia vychází. U tohoto druhu nenacházíme ani hrdelní váček ani křídelní vaky (Harrison 1964, Dunlop 1997). Postorbitální výběžky čelní kosti se stáčejí dolů směrem k jařmovým obloukům. Sagitální hřeben je nepatrný a po lambdových hřebenech zbývají pouze stopy. Kost patrová je zpředu ohraničena předními třenovými zuby a distálně zasahuje až za poslední stoličky. Zubní vzorec je, stejně jako celého rodu, 1123/3123 (Harrison et Bates 1991). Horní řezáky (I^3) jsou pouze velmi malé,

podobně jako první horní třenové zuby (P^3), druhé třenové (P^4) ale dosahují tří čtvrtin výšky špičáků (C^1). U posledních horních stoliček (M^3) chybí hypokonus a metastyl, dolní řezáky (I_{1-3}) jsou trojhroté a poslední spodní stoličky (M_3) jsou menší než zbylé stoličky, tvar však mají stejný (Harrison 1964). Za úkryty si vyhledává jeskyně, ale také umělé struktury jakými jsou sklepy, opuštěné stavby nebo domorodé chatrče. Své úkryty často sdílí i s dalšími druhy netopýrů (Rosevear 1965, Kingdon 1974). Kolonie mohou dosáhnout až počtu 50 000 jedinců a samice mají větší tendence se shlukovat do kolonií, kdežto samci mohou žít i solitérně. Samci však často tvoří harémy a šance dominantních samců na páření se zvyšuje díky krátkému období říje. Samičí reprodukční cyklus v průběhu roku representují dvě sezóny, které odpovídají dvěma obdobím dešťů. Na konci těchto období připadají jak porody (vždy jednoho mláděte), tak začátek testikulární aktivity u samců, po kterém následuje nové páření a oplození; jedná se tedy o post partum estrus (McWilliam 1987).



Obr. 9. Oblast rozšíření *Coleura afra* na Blízkém východě (podle IUCN, upraveno, rozšířené o lokality sběru vzorků použitých v této práci v Ománu).

Na základě variability v tělesné velikosti a zbarvení bývají v rámci druhu *Coleura afra* rozlišovány tři poddruhy. Nominotypický poddruh *Coleura afra afra* (Peters, 1867) obývá většinu území, ve kterém lze nalézt zástupce celého rodu, především pak na jihu a západě areálu rozšíření. Dalším poddruhem je *Coleura afra gallarum* Thomas, 1915. Ten byl popsán ze Somálské Zeyly a je uváděn ze severovýchodní části celého areálu, v Somálsku, Súdánu a také na Arabském poloostrově (Harrison 1964, Koopman 1975), viz obr. 9. Vymezen byl na základě menší průměrné velikosti těla, světlejšího zbarvení srsti a jednotné barvy chlupů (oproti dvoubarevným chlupům *C. a. afra*) (Thomas 1915b). Třetím poddruhem je *Coleura*

afra nilosa Thomas, 1915, který byl popsán z oblasti Bahr-el-Zeraf na Bílém Nilu v dnešním Jižním Súdánu, a měl by obývat území okolo Nilu v Súdánu a Jižním Súdánu. Odlišen od ostatních poddruhů byl na základě zbarvení, kdy chlupy jsou opět dvoubarevné, přičemž báze chlupů by měla být až kontrastně bílá, zatímco konečky chlupů by měly nabývat sépiové barvy, což z celkového zbarvení tvoří šedohnědý odstín (Thomas 1915b). Původně Thomas (1915b) popsal *C. a. gallarum* jako samostatný druh a *C. a. nilosa* jako jeho poddruh. Vzhledem k přesahům měření délky různých částí těla vzorků z Keni a Malawi se však *C. gallarum* uznává pouze jako poddruh (Harrison 1964) a totéž platí po prozkoumání vzorků ze Súdánu, Somálska, Keni, Malawi a Konga pro *C. a. nilosa* (Koopman 1965). Celkově se však zdá, že jde vždy pouze o variantní jedince, a tak se poddruhy někdy uznávají, byť jako slabě definované (Koopman 1975) nebo považují za synonyma (Hayman et Hill 1971, Simmons 2005). Za synonymum se dnes považuje i jméno *Coleura kummeri* Monard, 1939, které bylo vytvořeno pro populace v oblasti Madina Boe v Guineji-Bissau, které byly řazeny velikostně mezi *C. afra* a *C. seychellensis*, avšak dnes jsou tyto znaky považovány pouze za odraz individuální variability a proto byl jako samostatný taxon odmítnut (Rosevear 1965).

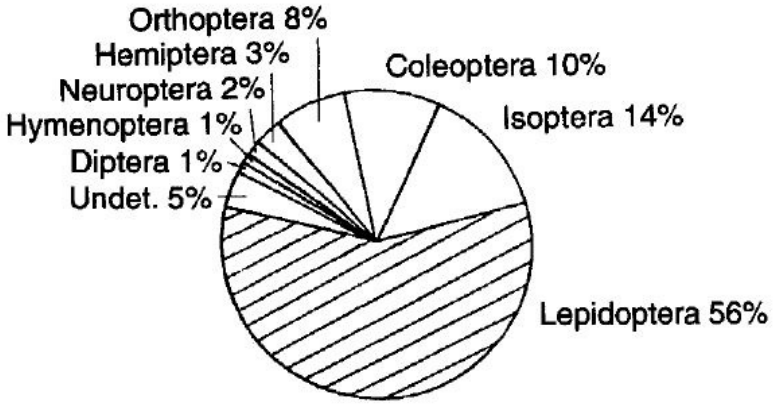


Obr. 10. Hlava druhu *Taphozous perforatus*, ukazující plochý čenich a uniformní zbarvení (Monadjem et al. 2010: 257).

1.3.2. *Taphozous perforatus* Geoffroy, 1818

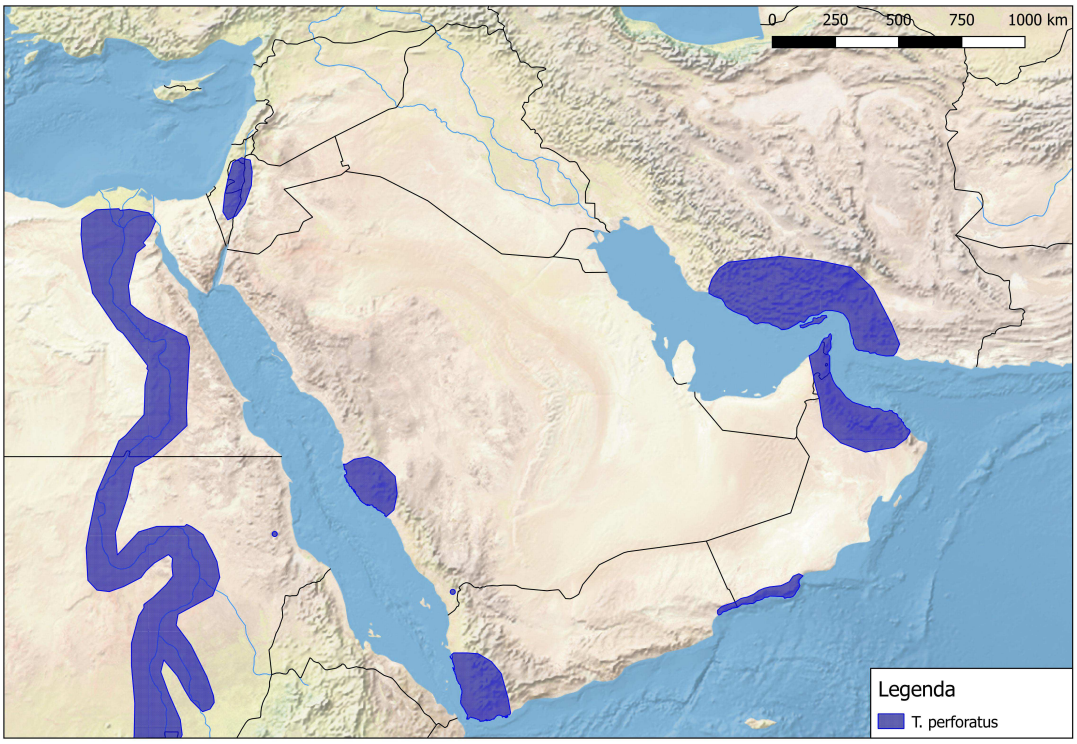
T. perforatus je široce rozšířen v afrotropické, palearktické a orientální oblasti (viz výše), popsán byl z lokality v palearktické oblasti (lokalita Kom Ombo v Horním Egyptě) a v této oblasti obývá Egypt, Izrael, Jordánsko, západ a jihozápad Saudské Arábie, západní Jemen

a jihozápadní a severovýchodní Omán a jižní Irán (Horáček et al. 2000), viz obr 12. Jedná se o středně velký druh netopýra – délka předloktí 57–67 mm (Koopman 1994), a hmotnost okolo 30 g (Monadjem et al. 2010). U některých samců je velký hrdelní váček, u některých však může být těžké vůbec nějaký objevit a samice ho postrádají úplně (Bates et Harrison 1997). Brada u obou pohlaví je plně osrstěná. Zbarvení srstí na dorsální straně těla je v odstínu světle šedé až hnědé, báze chlupů jsou bělavé. Ventrální strana těla je světle šedá, viz obr. 10. U některých jedinců může být nahnědlé hrdlo. Létací membrány jsou zbarveny světle hnědě. Na křídlech je vyvinut radio-metakarpální vak, viz obr. 5, a uropatagium, které je podpořeno calcaney, je zakončeno již na holenní kosti a nedosahuje až ke kotníku (Bates et Harrison 1997). Ušní boltce jsou dlouhé a spíše úzké, na bázi jsou trsovitě osrstěny. Záhyb antitragu je vyvinut jen minimálně, tragus je úzký na bázi a na konci je kyjovitě rozšířen. Rostrum je relativně krátké vzhledem k mozkovně, premaxilly jsou úzké, stejně jako postorbitální výběžky (Harrison et Bates 1991). Basisphenoidální jámy jsou hluboké a odděleny středovým septem (Harrison 1964). Zubní vzorec je 1123/2123, přičemž horní řezák (I^3) je nepatrný a jednoduchý zub. Naproti tomu horní špičák (C^1) je velký a silný. První třenový zub (P^3) je velmi malý a sotva dosahuje cingula špičáku (C). Druhý třenový zub (P^4) dosahuje velikosti špičáku (C^1). První dvě stoličky ($M^{1,2}$) jsou menší před nimi ležící třenový zub (P^4) a třetí stolička (M^3) postrádá třetí zářez (Harrison et Bates 1991). Za úkryty si spíše než prostorné dutiny vybírají úzké pukliny ve skalách anebo podobné prostory v kamenných stavbách, např. sklepy, neboť preferují úkryty nízko nad zemí, kde jsou skryti blízko vletového otvoru. Často byly zaznamenány kolonie o stovkách jedinců (Rosevear 1965). Samice rodí většinou v květnu jedno mládě (Bates et Harrison 1997). Jako většina zástupců čeledi představuje hmyzožravý druh, který není úzce vázán na jednu hmyzí skupinu, naopak má široké spektrum potravy, kde však více než polovinu tvoří motýli, dále pak termiti, brouci, rovnokřídlí a další (Rydel et Yalden 1996), viz obr. 11.



Obr. 11. Podíl jednotlivých hmyzích řádů v potravě druhu *Taphozous perforatus*, dle analýzy trusu (Rydel et Yalden 1996: 72)

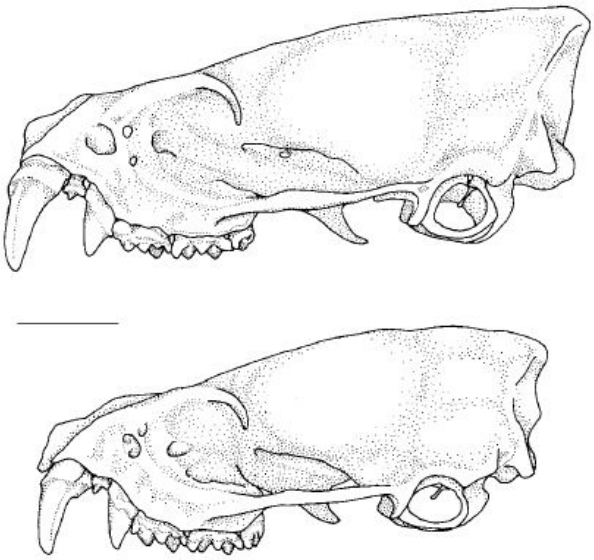
Různé zdroje uvádějí různý počet poddruhů *T. perforatus* a to v rozmezí od tří (Kock 1969, Meester et al. 1986) po šest (Hayman et Hill 1971, Koopman 1994), všechny jsou ale nejasně definovány a jejich pozice je otevřená. Poměrně jasná je přirozeně u nominotypické formy, *Taphozous perforatus perforatus* Geoffroy, 1818, méně jasné je její rozšíření – to logicky zahrnuje Egypt (typová lokalita Kom Ombo) a severní Súdán (Koopman 1994), dle některých zdrojů je tento poddruh přítomen v Indii (Ellerman et Morrison-Scott 1951) včetně Pákistánu (Bates et Harrison 1997). Druhým poddruhem, který by mohl být rozšířen v Asii je *Taphozous perforatus haedinus* Thomas, 1915. Ten by se měl přednostně vyskytovat ve východní Africe (typová lokalita Chandler's Falls, Keňa) od Tanzanie po Etiopii a v západním Jemenu (Thomas 1915, Ellerman et Morrison-Scott 1951, Harrison 1964, Kock 1969), zároveň je uváděn i v jižní Asii, včetně Indie (Koopman 1994). Vymezen byl na základě tmavší barvy srsti a tmavě hnědé barvy křídelních membrán jedinců východní Afriky ve srovnání s jedinci egyptskými i indickými (Thomas 1915). Pro tento poddruh bylo navíc vytvořeno synonymum *Taphozous maritimus* von Heuglin, 1877, ze sudánského přístavu Suakin, platnost a taxonomický status tohoto jména nejsou jasné, a je považováno spíše za *nomen dubium* než za použitelné jméno (Hayman et Hill 1971, Qumsiyeh 1985). Území mezi areály těchto poddruhů by měl vyplňovat areál formy *Taphozous perforatus sudani* Thomas, 1915, jenž by měl obývat Súdán, Jižní Súdán a východ Demokratické republiky Kongo (typová lokalita v oblasti Mongalla, Jižní Súdán), ale i Kamerun, Ghanu a Togo (Rosevear 1965, Koopman 1994).



Obr. 12. Rozšíření *T. perforatus* na Blízkém východě a v severovýchodní Africe (podle IUCN, upraveno, rozšířené o lokality sběru vzorků použitých v této práci v Íránu a dle Benda et al. 2012).

Ten byl popsán jako samostatný druh a ještě Harrison (1958) ho za druh považoval. Odlišován byl podle větší délky zadní končetiny (delší holenní kost), bílých létacích membrán a tmavší srsti, než u *T. p. perforatus*. Rozměry a dílem i zbarvení se však překrývá se stavem u *T. perforatus*, proto je dnes považován za jeho poddruh (Rosevear 1965, Kock 1969, Hayman et Hill, 1971, Koopman 1975). U dalších poddruhů se diskutuje jejich oprávnění. *Taphozous perforatus rhodesiae* Harrison, 1964, jenž by měl obývat areál na jihu Afriky v Zimbabwe a Botswaně (typová lokalita soutok řek Limpopo a Shashi v Zimbabwe) (Koopman 1994), byl popsán jako poddruh *T. sudani* a tímto byl přejmenován dříve popsaný poddruh *Taphozous perforatus australis* Harrison, 1960 (Hayman et Hill 1971, Monadjem et al. 2010), vzhledem k existenci staršího homonyma (viz výše). *Taphozous perforatus swirae* Harrison, 1958 by měl obývat tropickou Afriku od Mali po Středoafrickou republiku (typová lokalita Sokota, Nigérie) (Koopman 1994) a měl by se lišit ve zbarvení, kdy dorsální strana by měla být tmavší než u *T. p. perforatus*, zatímco břicho by mělo být zbarveno bíle až hnědo-šedě. Barva křídel by měla být variabilní a rozdíly v rozměrech nejsou (Rosevear 1965). Rosevear (1965) však vyjádřil pochyby, jestli se vůbec jedná o taxon či zde je to jen odraz individuální variability. Totéž se soudí i o možném poddruhu *Taphozous perforatus senegalensis* Desmarest, 1820, který byl popsán ze Senegalu. Tam a v Mauretánii by se měl

rozprostírat areál jeho rozšíření (Koopman 1994). Ovšem poslední jméno je nejčastěji považováno za pouhé synonymum *T. p. perforatus* (Rosevear 1965, Kock 1969).

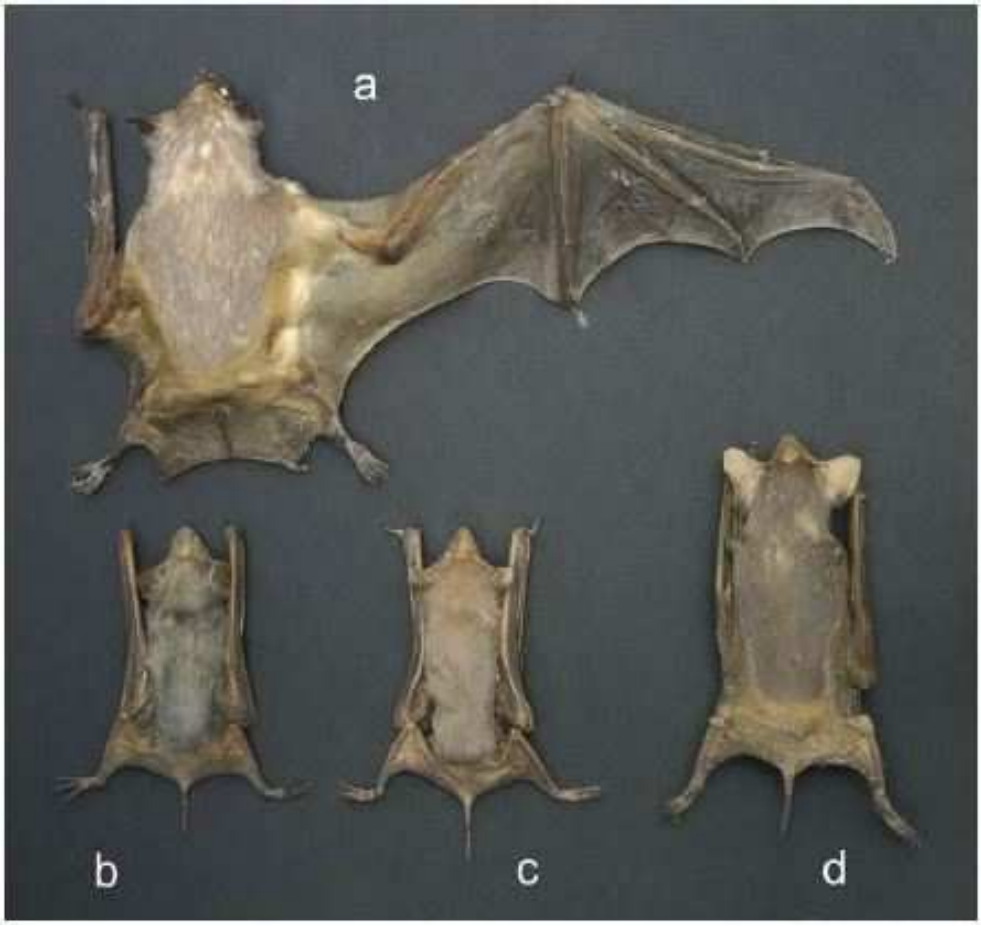


Obr. 13. Porovnání lebek *T. n. magnus*, Sýrie, nahoře a *T. n. nudiventris*, Egypt, dole. Je zde patrná absence dorsálního prohnutí rostra. Měřítko = 5 mm (Benda et al. 2006: 37).

1.3.3. *Taphozous nudiventris* Cretzschmar, 1830

T. nudiventris je podobně jako předchozí druh rozšířen v afrotropické, palearktické i orientální oblasti; typová lokalita tohoto druhu se nachází v palearktické oblasti, v egyptské Gize. Kromě Egypta obývá tento druh také Izrael a Palestinu, Jordánsko, Sýrii, celý Arabský poloostrov, Irák a také jihovýchodní Turecko (Harrison 1964, Harrison et Bates 1991, Sachanowicz et al. 1999, Horáček et al. 2000), viz obr. 15. Jedná se o poměrně velkého netopýra – délka předloktí 69–81 mm, hmotnost okolo 60 g (Kingdon 1974) – jehož zadní část břišní strany těla je neosrstěná. Bez srsti je ale i brada a horní část hrdla, kde se nachází hrdelní váček. Ten je doplněn o kruhovitou žlázu na horní části hrudi. Bez srsti je i podstatná část křídel. Osrstěné části jsou světle hnědé na dorzální části těla, na ventrální části je srst světlejší a může se vzdáleně zdát šedou (Harrison et Bates 1991, Bates et Harrison 1997), viz obr. 14. Nejspodnější část zad je však již bez srsti. Kingdon (1974) se domnívá, že je to patrně z důvodu přenosu mláďat na zádech namísto břicha, jak je tomu u ostatních netopýrů. Ušní boltce jsou dlouhé a spíše úzké, jejich špičky jsou zakulacené a na uších je možné nalézt antitragální záhyby. Tragus je zúžený u báze a ke konci se kyjovité rozšiřuje. Uropatagium je zakončeno u kotníků (Harrison et Bates 1991). Na křídle se vyskytuje radio-metakarpální vak, viz obr. 5, a na noze je knoflíkovitý mozol (Harrison 1964, Rosevear 1965). Baculum je malé, prutovité (Qumsiyeh 1985). Úkryty tohoto druhu jsou charakteristické silným a nevábným

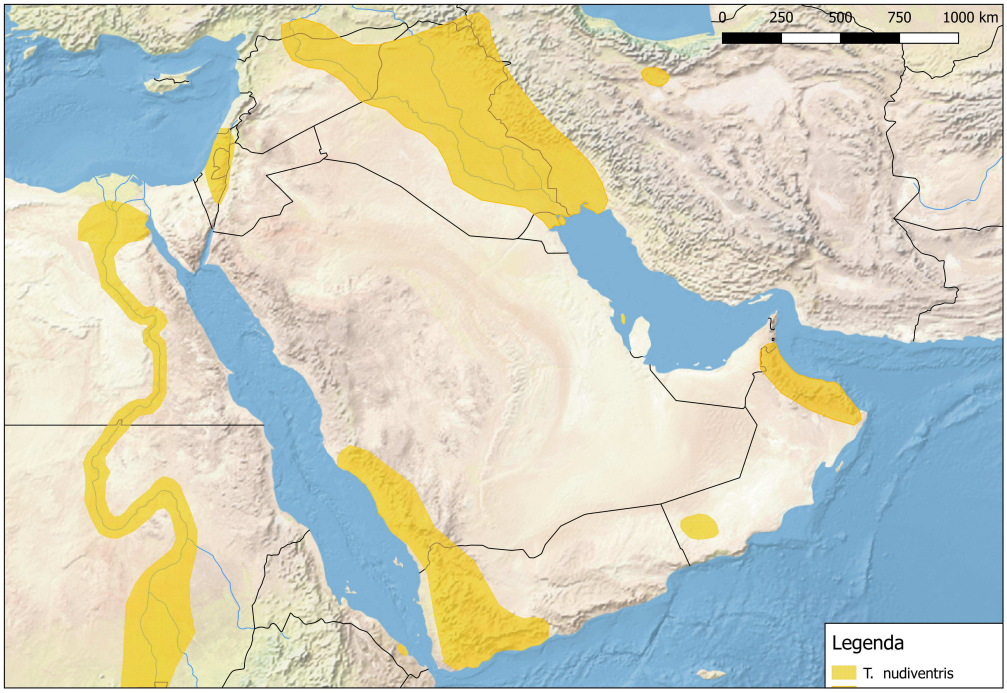
zápachem (Bates et Harrison 1997). Na rozdíl od ostatních druhů rodu *Taphozous* má tento druh plochou lebku bez prefrontálního prohnutí, viz obr. 13, také jařmové oblouky jsou poměrně široké, lambdový hřeben je dobře vyvinut a stejně jako sagitální hřeben (především u samců) a je tak vytvořena „okcipitální helma“ (Rosevear 1965, Koopman 1994, Bates et Harrison 1997). Premaxilly jsou malé, nejširší jsou ve střední části a nejsou expandovány vzhůru jako u *T. perforatus*. Patrová kost je ohraničena zepředu na úrovni malého horního třenového zubu (P^3) (Harrison 1964, Harrison et Bates 1991). Horní řezák (I^3) je malý, na preparovaných lebkách dokonce často chybí. Horní špičák (C^1) je silný. Podobně je na tom druhý třenový zub (P^4), avšak ten první (P^3) je značně redukovaný. Redukovaná je i poslední stolička (M^3), zachovány jsou protokonus, parakonus, první zářez a pouze malá část druhého zářezu (Harrison 1964). Spodní řezáky jsou blízko u sebe a druhý pár (I_2) je postaven dozadu a laterálně k prvnímu páru (I_1). První spodní třenový zub (P_3) je dobře vyvinut a dosahuje tří čtvrtin výšky druhého třenového zubu (P_4). Poslední stolička (M_3) je redukovaná (Harrison et Bates 1991). Za úkryty si vybírá především štěrbiny ve skalách a lidských stavbách, dále jeskyně a temné budovy, jako jsou chrámy, hrobky, domy nebo stodoly (Brosset 1962, Kingdon 1974, Bates et Harrison 1997). Kolonie tohoto druhu někdy čítají 200 až 1000 jedinců a během rozmnožovacího období se mění složení těchto kolonií. Samci opouštějí kolonie těsně před porodem a vracejí se, když mláďata začínají létat. Během období pozdní březosti a laktace jsou pravidlem pouze samičí kolonie, zatímco samčí kolonie mohou sídlit nedaleko. V Indii probíhá kopulace a oplodnění na pomezí března a dubna a březost trvá okolo 98 dní (Bates et Harrison 1997), v Iráku by měla ovulace probíhat v období před hibernací (ta trvá od konce listopadu do konce března), kdy je sperma uchováno v uteru a oplodnění proběhne po začátku ovulace po výletu do letních úkrytů a březost trvá devět týdnů (Al-Robaae 1968). Rodí se pouze jedno mládě a prvních pár týdnů visí na zádech samice. Po dvou týdnech začíná samice lovit a nechává mládě viset samotné na skále poblíž ostatních mláďat (Kingdon 1974). Jedná se o rychlé letce, kteří se pohybují vysoko a pro lov využívají velké oblasti (Harrison 1964). *T. nudiventris* je hmyzožravý druh a v potravě se zdá být velmi oportunistický, skladba potravy se navíc mění podle ročního období, převládají však brouci, rovnokřídlí a švábi (Benda et al. 2012).



Obr. 14. Rozdíl jednotlivých poddruhů *T. nudiventris* ve velikosti a zbarvení: a) *T. n. magnus*, Sýrie; b) *T. n. nudiventris*, Egypt; c) *T. n. nudiventris*, Egypt; d) *T. n. kachhensis*, Afgánistán (Benda et al. 2006: 39)

V poslední době se v literatuře u druhu *T. nudiventris* zmiňuje až pěti poddruhů (Koopman 1994, Simmons 2005, Benda et al. 2006, 2012). Nejvíce rozšířeným poddruhem je nominotypický *Taphozous nudiventris nudiventris* Cretzschmar, 1830, který obývá celý africký areál druhu (typová lokalita Giza, Dolní Egypt) a také jihozápad Arabského poloostrova a Levantu (Harrison et Bates 1991, Koopman 1994, Horáček et al. 2000, Benda et al. 2012), viz obr. 13 a 14b, c. Původně jako sesterský druh byl popsán poddruh *Taphozous nudiventris kachhensis* Dobson, 1872, viz obr. 14d, a to na základě údajné absence hrdelního váčku u obou pohlaví. U samců by měl zůstat alespoň polokruhovitý kožní záhyb, u samic by měl být povrch hrdla hladký (Bates et Harrison 1997). Tyto znaky však nebyly uznány vhodné samostatného druhu, resp. jejich přítomnost v této podobě byla revidována, a byl uznán pouze jako poddruh (Felten 1962, Harrison 1964). Tento poddruh by se měl vyznačovat větší velikostí (Thomas 1915) a měl by být rozšířen v Indii (typová lokalita je Kachh v indickém Gudžarátu) a Pakistánu (Koopman 1994). To, zda se poddruh *T. n . kachhensis* vyskytuje i v Afgánistánu, či tam zasahuje rozšíření poddruhu *Taphozous nudiventris magnus*

von Wettstein, 1913, Horáček et al. (2000) považovali za nejasné, ovšem absence *T. n. magnus* v Afghanistanu byla potvrzena (Benda et Gaisler 2015). Dnes by měl být *T. n. magnus* rozšířen v Iráku (typová lokalita je v Basře na jihovýchodě státu), Íránu, Sýrii, Turecku a na ostrově Bahrajn. Původně byl popsán jako samostatný druh, jeho synonymem je *T. kachhensis babylonicus* Thomas, 1915, který byl odlišen dle světlejší barvy a větší velikosti (Thomas 1915a), viz obr. 13 a 14a. Podle starších názorů byla forma *magnus* vedena jako poddruh *T. kachhensis magnus* (Ellerman et Morrison Scott 1951), později již pod současným platným jménem (Harrison 1964). V současně době se však uvažuje o povýšení na samostatný druh, dle své výrazně větší velikosti těla než činí rozdíly ve velikosti mezi ostatními poddruhy (Benda et al. 2006). Dle kratší srsti a celkově menšího pokrytí těla srstí byl popsán poddruh *Taphozous nudiventris nudaster* Thomas, 1915, který však byl popsán jako poddruh *T. kachhensis* (Thomas 1915, Ellerman et Morrison-Scott 1951). Jedná se o nejvýchodnější formu druhu s výskytem především v Myanmaru (typová lokalita v oblasti Pagan nedaleko Mount Popa) (Koopman 1994). Konečně pátým poddruhem a třetím palearktickým poddruhem je *Taphozous nudiventris zayidi* Harrison, 1955. Byl popsán podle šedého odstínu srsti (Harrison 1964) a měl by obývat území v severovýchodním Ománu a okolí (typová lokalita je Al Ain v oáze Buraimi ve Spojených arabských emirátech). Tyto znaky se však zdají přinejmenším pochybné (Harrison et Bates 1991), či se dokonce vylučuje jejich poddruhová hodnota (Benda et al. 2006).



Obr. 15. Rozšíření *T. nudiventris* na Blízkém východě a v severovýchodní africe (podle IUCN, upraveno, rozšířené o lokality sběru vzorků použitých v této práci v Íránu a dle Harrison et Bates (1991) a Benda et al. (2012).

2. Cíle práce

Z výše zmíněného je patrné, že v palearktické oblasti je ohledně letounů čeledi Emballonuridae stále ještě dost problémů, které je třeba vyřešit. U všech tří zástupců čeledi, kteří tuto oblast obývají, jsou poměrně jasně rozlišeny ekologické nároky i geografické rozšíření, byť i zde se stále objevují nové poznatky. Rovněž morfologicky se jedná o dobře definované druhy, rozdílných proporcí i tělesných struktur. Nejasnosti se objevují na vnitrodruhové úrovni, především z hlediska morfologického vymezení jednotlivých populací. U každého z výše popsaných druhů bylo popsáno a je uváděno určité množství jmen a poddruhů – tyto počty však v různých publikacích kolísají a pozice poddruhů je tak nejasná. *Coleura afra* do palearktické oblasti zasahuje pouze okrajově na jihu Arabského poloostrova. Konkrétně by tuto oblast měl obývat poddruh *C. a. gallarum*, který je však odlišen pouze dle rozdílného zbarvení chlupů a průměrné velikosti těla. Proto je možné, že tento poddruh nemusí být platný a znaky které jej vymezují, jsou dány pouhou individuální proměnivostí druhu. U dvou zástupců rodu *Taphozous* se celkový počet poddruhů pohybuje od čtyř až do šesti, v palearktické oblasti se se jedná o dva poddruhy u *T. perforatus*, respektive o tři poddruhy u *T. nudiventris*. I jejich pozice je nejasná, protože byly většinou rozlišeny opět pouze podle rozdílného zbarvení chlupů, pouze *T. n. magnus* se odlišuje od odstatních forem výrazně větší velikostí těla. Tento poddruh by navíc měl obývat oblast Mezopotámie a západního Iránu, která je oddělena od zbylého areálu výskytu celého druhu.

To ukazuje, že vnitrodruhové taxonomické uspořádání populací čeledi Emballonuridae v Palearktidě není uspokojivě vysvětleno a je potřeba provést revizi pomocí zatím neuplatněné metody, molekulárně genetické analýzy. Hlavním cílem této práce je tedy provést takovouto analýzu populací netopýrů čeledi Emballonuridae obývajících palearktickou oblast pomocí analýzy mitochondriálních a jaderných markerů a doplnit tak informace o mezidruhové a vnitrodruhové proměnlivosti těchto populací vzhledem k poznatkům z morfologických analýz. Dalším cílem je, za využití publikovaných sekvencí, doplnit informace o mezipopulačních a mezidruhových vztazích v rodě *Taphozous*, včetně odhadů stáří jednotlivých evolučních událostí.

Navazujícím cílem je pak dle výsledků analýzy náležitě revidovat taxonomické uspořádání populací čeledi Emballonuridae v Palearktidě.

3. Materiál a metodika

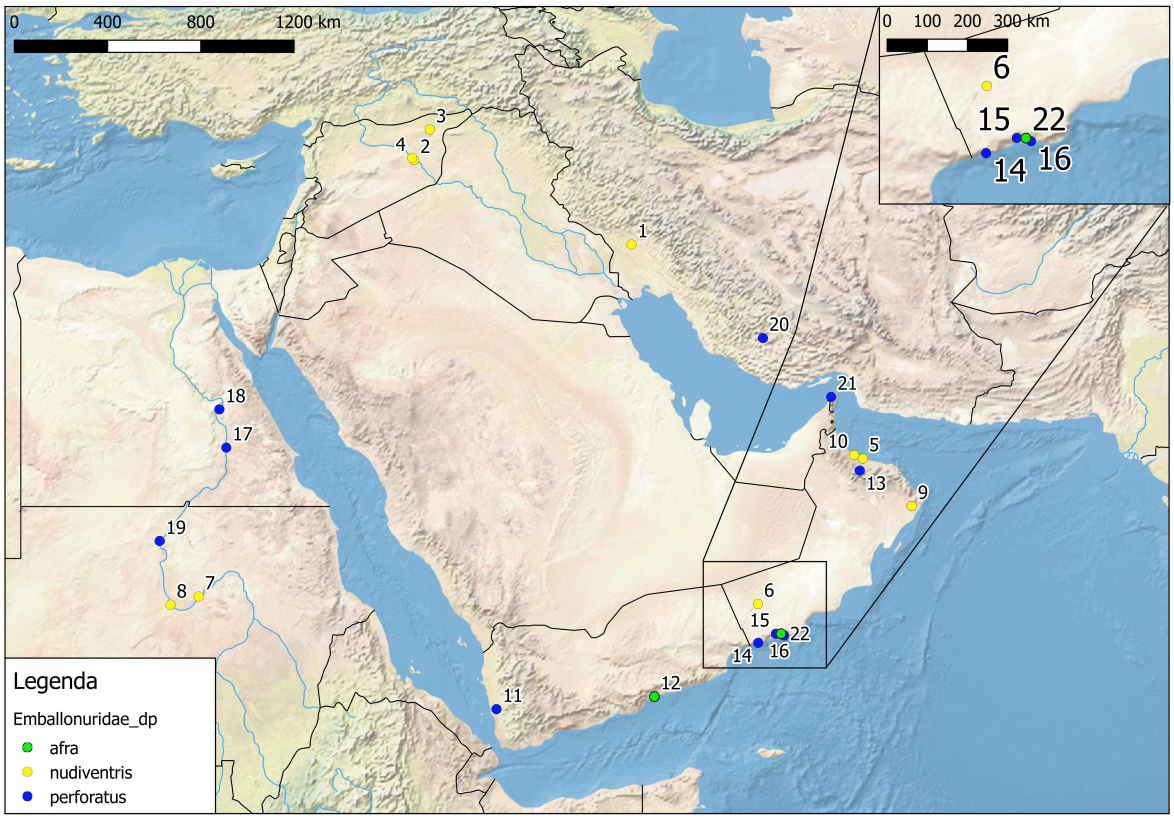
3.1. Materiál

Pro molekulárně genetickou analýzu byly použity vzorky ze sbírek Národního muzea. Konkrétně bylo použito 29 jedinců druhu *Taphozous nudiventris*, 46 jedinců druhu *T. perforatus*, tři jedinci druhu *T. mauritianus* a 12 jedinců druhu *Coleura afra* z oblasti Blízkého východu, severovýchodní Afriky a případně dalších oblastí (viz obr. 16). Pro získání genetické informace byla použitá tkáň z prsních svalů, která byla odebrána ze sbírkových jedinců uložených v 70% roztoku ethanolu. Výběr genů a sekvencí pro fylogenetickou analýzu byl učiněn na základě nejčastěji doposud analyzovaných sekvencí v rámci letounů (např. Puechmaille et al. 2011, Salicini et al. 2011, Thong et al. 2012, Dool et al. 2016). Jedná se o mitochondriální sekvence genů pro cytochrom *b* (Cyt-*b*) a 16S rRNA (16S) a kontrolního regionu D-loop (D-loop) a dále jaderné sekvence pro gen aktivující rekombinaci (Recombination activating gene, Rag2) a introny acyl-koenzym A oxidázu (ACOX), COP9 signalzóm (COPS), převaděč signálu a aktivátor transkripce (STAT) a biglycan (BGN) (viz tab. 1).

Pro fylogenetické analýzy byl dataset doplněn o genové sekvence z genové banky (GenBank, GB), viz tab. 2. Pro analýzu sekvencí genu Cyt-*b* byly přidány dvě sekvence získané z jedinců druhu *Taphozous nudiventris* z Turecka a Sýrie, dvě sekvence *T. melanopogon* z Vietnamu a po jedné sekvenci *T. perforatus* ze Saúdské Arábie, *T. longimanus* z Vietnamu a *T. mauritianus* ze Středoafrické republiky. Sekvence regionu D-loop druhů čeledi Emballonuridae nebyly publikovány. Dataset genu 16S byl rozšířen o dvě sekvence druhu *T. melanopogon* z Číny a po jedné sekvenci druhů *T. nudiventris* neznámého původu, *T. georgianus* z Austrálie, *T. australis* z Austrálie a *T. hilli* z Austrálie. Jako outgroup byly v analýzách genů Cyt-*b*, 16S a Rag2 použity sekvence druhů *Rousettus aegyptiacus* z Egypta a Mosambiku a *R. leschenaultii* z Číny.

Publikované sekvence z GB byly použity i pro analýzu molekulárního datování štěpení linií v rámci čeledi Emballonuridae, kdy byly použity dostupné sekvence genů Cyt-*b* a Rag2 i ostatních druhů z ostatních biogeografických oblastí. Pro výpočet datování byly použity pokud možno dvě sekvence, po jedné od každého z markerů. Dvě sekvence byly dostupné pro druh *Paremballonura tiavato* z Madagaskaru, *P. atrata* z Madagaskaru, *Emballonura monticola* z Malajsie, *E. alecto* z Malajsie, *E. semicaudata* z Palau a *E. dianae* z Papuy-Nové Guiney, *Cormura brevirostris* z Ekvádoru, *Peropteryx kappleri* z Guyany a konečně

Saccopteryx leptura z Guyany. Pouze jedna sekvence genu Rag2 byla přidána pro druhy *Coleura afra* z Tanzánie, *Diclidurus albus* z Mexika, *Rhynchonycteris naso* a *S. bilineata* z Francouzské Guyany. Nakonec, jako outgroup, byly přidány i dvě sekvence obou genů pro druh *Nycteris hispida* z Malawi. Podrobnosti viz tab. 2.



Obr. 16. Přehled lokalit původu analyzovaného materiálu. Čísla v obrázku se shodují s čísly v závorkách v tab. 1.

Tab. 1. Přehled vzorků použitých pro molekulárně-genetickou analýzu, čísla v závorkách značí polohu na mapě, viz obr. 16. Pod názvy genů je zaškrtnuto, pro které vzorky byla amplifikace jednotlivých genů úspěšná.

druh	země	lokalita	sbírkové číslo	název genu							
				Cyt-*b*	D-loop	16S	Rag2	ACOX	COPS	STAT5A	BGN
Taphozous nudiventris	Írán	Choqa Zanbil (1)	NMP 48188	Ano	Ano	Ano					
Taphozous nudiventris	Írán	Choqa Zanbil	NMP 48189	Ano	Ano						
Taphozous nudiventris	Sýrie	Halabiyyeh (2)	NMP 48793	Ano		Ano					
Taphozous nudiventris	Sýrie	Halabiyyeh	NMP 48795	Ano	Ano						
Taphozous nudiventris	Sýrie	Halabiyyeh	NMP 48796	Ano							
Taphozous nudiventris	Sýrie	Halabiyyeh	NMP 48798		Ano						
Taphozous nudiventris	Sýrie	Khazneh (3)	NMP 48822	Ano	Ano						
Taphozous nudiventris	Sýrie	Khazneh	NMP 48823	Ano	Ano		Ano				
Taphozous nudiventris	Sýrie	Ayyash (4)	NMP 48826	Ano	Ano	Ano					
Taphozous nudiventris	Omán	As Suwayq (5)	NMP 92645	Ano	Ano						
Taphozous nudiventris	Omán	As Suwayq	NMP 92646	Ano	Ano	Ano				Ano	
Taphozous nudiventris	Omán	As Suwayq	NMP 92647	Ano	Ano						
Taphozous nudiventris	Omán	As Suwayq	NMP 92648	Ano	Ano						
Taphozous nudiventris	Omán	As Suwayq	NMP 92649	Ano	Ano						
Taphozous nudiventris	Omán	As Suwayq	NMP 92650	Ano	Ano		Ano	Ano	Ano	Ano	
Taphozous nudiventris	Omán	Shisr (6)	NMP 92681	Ano	Ano		Ano				
Taphozous nudiventris	Omán	Shisr	NMP 92682	Ano	Ano		Ano				
Taphozous nudiventris	Súdán	Karima, Jebel Barkal (7)	NMP 93658	Ano	Ano	Ano					
Taphozous nudiventris	Súdán	Dongola Alajuz (8)	NMP 93668	Ano	Ano	Ano					
Taphozous nudiventris	Súdán	Dongola Alajuz	NMP 93669	Ano	Ano						
Taphozous nudiventris	Omán	Jaalan Bani Bu Ali (9)	NMP 93723	Ano		Ano					
Taphozous nudiventris	Omán	Jaalan Bani Bu Ali	NMP 93724	Ano							
Taphozous nudiventris	Omán	Jaalan Bani Bu Ali	NMP 93725		Ano						
Taphozous nudiventris	Omán	Jaalan Bani Bu Ali	NMP 93726	Ano	Ano						
Taphozous nudiventris	Omán	Jaalan Bani Bu Ali	NMP 93727	Ano	Ano						
Taphozous nudiventris	Omán	Al Khaburah (10)	NMP 94086	Ano	Ano						

Taphozous nudiventris	Omán	Al Khaburah	NMP 94087	Ano	Ano						
Taphozous nudiventris	Omán	Al Khaburah	NMP 94089	Ano	Ano						
Taphozous nudiventris	Ghana		NMP GH12/290	Ano	Ano	Ano	Ano				
Taphozous perforatus	Jemen	Zabid (11)	NMP pb3689	Ano	Ano		Ano	Ano		Ano	Ano
Taphozous perforatus	Jemen	Zabid	NMP pb3691	Ano		Ano					
Taphozous perforatus	Jemen	Zabid	NMP pb3692	Ano	Ano						
Taphozous perforatus	Jemen	Zabid	NMP pb3693	Ano	Ano			Ano			
Taphozous perforatus	Jemen	Zabid	NMP pb3694	Ano							
Taphozous perforatus	Jemen	Zabid	NMP pb3695	Ano	Ano						
Taphozous perforatus	Jemen	Zabid	NMP pb3699	Ano							
Taphozous perforatus	Jemen	Zabid	NMP pb3700	Ano	Ano						
Taphozous perforatus	Jemen	Zabid	NMP pb3701	Ano							
Taphozous perforatus	Jemen	Zabid	NMP pb3703	Ano							
Taphozous perforatus	Jemen	Zabid	NMP pb3705	Ano	Ano						
Taphozous perforatus	Jemen	Zabid	NMP pb3706	Ano	Ano						
Taphozous perforatus	Jemen	Shuhayr (12)	NMP pb3771	Ano							
Taphozous perforatus	Jemen	Shuhayr	NMP pb3772	Ano							
Taphozous perforatus	Omán	At Tabaqah (13)	NMP 92638	Ano	Ano		Ano	Ano	Ano	Ano	
Taphozous perforatus	Omán	Rakhyut (14)	NMP 92697	Ano	Ano						
Taphozous perforatus	Omán	Rakhyut	NMP 92698	Ano	Ano						
Taphozous perforatus	Omán	Rakhyut	NMP 92699	Ano	Ano			Ano		Ano	
Taphozous perforatus	Omán	Rakhyut	NMP 92700	Ano	Ano						
Taphozous perforatus	Omán	Rakhyut	NMP 92701	Ano	Ano						
Taphozous perforatus	Omán	Rakhyut	NMP 92702	Ano	Ano		Ano	Ano	Ano	Ano	
Taphozous perforatus	Omán	Ain Jarziz (15)	NMP 92715	Ano	Ano						
Taphozous perforatus	Omán	Ain Jarziz	NMP 92716	Ano	Ano	Ano					
Taphozous perforatus	Omán	Taqah (16)	NMP 92734	Ano	Ano						
Taphozous perforatus	Omán	Jaalan Bani Bu Ali (9)	NMP 92763	Ano		Ano					
Taphozous perforatus	Omán	Jaalan Bani Bu Ali	NMP 92764	Ano							
Taphozous perforatus	Omán	Jaalan Bani Bu Ali	NMP 92765	Ano							
Taphozous perforatus	Omán	Jaalan Bani Bu Ali	NMP 92766	Ano							

Taphozous perforatus	Omán	Jaalan Bani Bu Ali	NMP 92767	Ano	Ano						
Taphozous perforatus	Omán	Jaalan Bani Bu Ali	NMP 92768	Ano	Ano						
Taphozous perforatus	Egypt	El A'aqab (17)	NMP 92595	Ano	Ano			Ano		Ano	
Taphozous perforatus	Egypt	Luksor (18)	NMP 92609	Ano	Ano						
Taphozous perforatus	Egypt	Luksor	NMP 92610	Ano	Ano		Ano	Ano	Ano	Ano	Ano
Taphozous perforatus	Egypt	Luksor	NMP 92611	Ano			Ano	Ano		Ano	Ano
Taphozous perforatus	Egypt	Luksor	NMP 92612	Ano	Ano						
Taphozous perforatus	Egypt	Luksor	NMP 92613	Ano	Ano	Ano					
Taphozous perforatus	Súdán	Quikkah (19)	NMP 93673	Ano	Ano	Ano					
Taphozous perforatus	Súdán	Quikkah	NMP 93674	Ano	Ano						
Taphozous perforatus	Súdán	Quikkah	NMP 93675	Ano	Ano						
Taphozous perforatus	Súdán	Quikkah	NMP 93676	Ano	Ano					Ano	Ano
Taphozous perforatus	Omán	Jaalan Bani Bu Ali (9)	NMP 93722	Ano	Ano						
Taphozous perforatus	Írán	Jahrom (20)	NMP 93892	Ano	Ano		Ano	Ano	Ano	Ano	Ano
Taphozous perforatus	Írán	Jahrom	NMP 93893	Ano		Ano					
Taphozous perforatus	Omán	Hanah (21)	NMP 94005	Ano		Ano					
Taphozous perforatus	Ghana		NMP GH12/286	Ano	Ano	Ano	Ano				
Taphozous perforatus	Ghana		NMP GH12/317	Ano	Ano						
Taphozous mauritianus	Botswana	Khama Rhino Sanctuary (23)	NMP pb5742	Ano	Ano		Ano		Ano		
Taphozous mauritianus	Jižní Afrika	Musina, Limpopo Safari Farm (24)	NMP pb5860	Ano			Ano	Ano	Ano	Ano	Ano
Taphozous mauritianus	Jižní Afrika	Musina, Limpopo Safari Farm	NMP pb5861	Ano			Ano	Ano		Ano	Ano
Coleura afra	Jemen	Shuhayr (12)	NMP pb3773	Ano							
Coleura afra	Jemen	Shuhayr	NMP pb3774	Ano							
Coleura afra	Jemen	Shuhayr	NMP pb3775	Ano							
Coleura afra	Jemen	Shuhayr	NMP pb3777	Ano							
Coleura afra	Jemen	Shuhayr	NMP pb3778	Ano							
Coleura afra	Jemen	Shuhayr	NMP pb3779	Ano							
Coleura afra	Jemen	Shuhayr	NMP pb3780	Ano							
Coleura afra	Jemen	Shuhayr	NMP pb3781	Ano							
Coleura afra	Jemen	Shuhayr	NMP pb3782	Ano							

Coleura afra	Omán	Ain Hamran Cave (22)	NMP 94041	Ano								
Coleura afra	Omán	Ain Hamran Cave	NMP 94042	Ano								
Coleura afra	Omán	Ain Hamran Cave	NMP 94043	Ano								

Tab. 2. Přehled publikovaných sekvencí použitých pro fylogenetickou analýzu.

druh	země	lokalita	sbírkové číslo	GenBank číslo	gen	převzato z:
Taphozous nudiventris	Sýrie			KF218429	Cyt-*b*	Coraman et al. 2013
Taphozous nudiventris	Turecko	Gaziantep		KF218430	Cyt-*b*	Coraman et al. 2013
Taphozous nudiventris				AY395853	16S	Van Den Bussche et Hoofer 2004
Taphozous nudiventris	Irán	Choqa Zanbil	NMP48188	HQ693749	Rag2	Ruedi et al. 2012
Taphozous perforatus	Saudská Arábie	Ruiny Bisha		KF498635	Cyt-*b*	Memish et al. 2013
Taphozous melanopogon	Vietnam	Ho Chi Minh	ROM 111014	EF584220	Cyt-*b*	Lim et al. 2008
Taphozous melanopogon	Vietnam	Tam Thon Hiep	ROM 110979	EF584221	Cyt-*b*	Lim et al. 2008
Taphozous melanopogon	Čína	Kuang-Si		EF607057	16S	Wei et al. 2007, nepubl.
Taphozous melanopogon	Čína	Kuang-Si		EF607058	16S	Wei et al. 2007, nepubl.
Taphozous longimanus	Vietnam	Soc Trang	ROM 110954	EF584219	Cyt-*b*	Lim et al. 2008
Taphozous mauritianus	Středoafrická republika	Lobaye		JQ956444	Cyt-*b*	Maganga et al. 2014
Taphozous georgianus	Austrálie	Mitchell Plateau		EF607054	16S	Wei et al. 2007, nepubl.
Taphozous australis	Austrálie	Morehead River		EF607055	16S	Wei et al. 2007, nepubl.
Taphozous hilli	Austrálie	Tallering Peak		EF607056	16S	Wei et al. 2007, nepubl.
Coleura afra	Tanzanie	Tanga region	FMNH 198029	HQ693743	Rag2	Ruedi et al. 2012
Paremballonura tiavato	Madagaskar	Antsiranana	FMNH 176360	DQ178257	Cyt-*b*	Goodman et al. 2006, Ruedi et al. 2012
Paremballonura tiavato	Madagaskar	Antsiranana	FMNH 176360	HQ693738	Rag2	Goodman et al. 2006, Ruedi et al. 2012
Paremballonura atrata	Madagaskar	Toamasina	UADBA 31936	HQ693734	Cyt-*b*	Ruedi et al. 2012
Paremballonura atrata	Madagaskar	Toamasina	UADBA 31936	HQ693745	Rag2	Ruedi et al. 2012
Emballonura alecto	Malajsie	Borneo	USNM 590688	HQ693710	Cyt-*b*	Ruedi et al. 2012
Emballonura alecto	Malajsie	Borneo	USNM 590688	HQ693752	Rag2	Ruedi et al. 2012
Emballonura monticola	Malajsie		MHNG 1970.038	HQ693714	Cyt-*b*	Ruedi et al. 2012

Emballonura monticola	Malajsie		MHNG 1970.038	HQ693747	Rag2	Ruedi et al. 2012
Emballonura semicaudata	Palau	Peleliu	USNM 580435	HQ693709	Cyt-*b*	Ruedi et al. 2012
Emballonura semicaudata	Palau	Peleliu	USNM 580435	HQ693751	Rag2	Ruedi et al. 2012
Emballonura dianae	Papua-Nová Guinea		USNM 586288	HQ693716	Cyt-*b*	Ruedi et al. 2012
Emballonura dianae	Papua-Nová Guinea		USNM 586288	HQ693750	Rag2	Ruedi et al. 2012
Diclidurus albus	Mexiko	Jalisco	TTU36438	AF316446	Rag2	Baker et al. 2000
Cormura brevirostris	Ekvádor		V 1816	EF584158	Cyt-*b*	Lim et al. 2008, Ruedi et al. 2012
Cormura brevirostris	Ekvádor		V 1816	HQ693742	Rag2	Lim et al. 2008, Ruedi et al. 2012
Peropteryx kappleri	Guyana		V 1653	HQ693719	Cyt-*b*	Ruedi et al. 2012
Peropteryx kappleri	Guyana		V 1653	HQ693741	Rag2	Ruedi et al. 2012
Rhynchonycteris naso				AY834662	Rag2	Teeling et al. 2005
Saccopteryx bilineata	Francouzská Guyana	Paracou	AMNH 267057	AF316485	Rag2	Baker et al. 2000
Saccopteryx leptura	Guyana		V 1833	HQ693718	Cyt-*b*	Ruedi et al. 2012
Saccopteryx leptura	Guyana		V 1833	HQ693740	Rag2	Ruedi et al. 2012
Nycteris hispida	Malawi		MHNG 1971.040	HQ693723	Cyt-*b*	Ruedi et al. 2012
Nycteris hispida	Malawi		MHNG 1971.040	HQ693736	Rag2	Ruedi et al. 2012
Rousettus aegyptiacus	Egypt			AB085740	Cyt-*b*	Sakai et al. 2003
Rousettus aegyptiacus				AF044627	16S	Juste et al. 1999
Rousettus aegyptiacus	Mosambik	Zambezia, Mt. Namuli		EU617927	Rag2	Giannini et al. 2008
Rousettus leschenaultii	Čína			FJ489957	Cyt-*b*	Chen et al. 2010
Rousettus leschenaultii				AF044631	16S	Juste et al. 1999
Rousettus leschenaultii	Čína	Jün-nan	MVZ 176490	JN398313	Rag2	Almeida et al. 2011

3.2. Molekulární analýza

3.2.1. Izolace DNA

DNA byla izolována ze svalové tkáně prsního svalu ze sbírkových jedinců, které jsou uchovávány v 70% ethanolu. Odebraná tkáň se uchovávala v 96% ethanolu v mrazicím boxu. Na samotnou izolaci DNA z odebrané tkáně se používal komerční kit, který byl použit podle doporučeného protokolu (jedná se o kit firmy Geneaid s názvem Genomic DNA Mini Kit (Tissue), ver. 04.09.12). Odebraná tkáň se vložila do 1,5 ml mikrozkumavky, ve které byla směs 200 µl GT pufru a 20 µl proteinázy K, rozdrtila tloučkem a nechala se inkubovat při 60 °C po dobu 30 minut. Tímto tkáň lyzovala. Poté se do zpytované tkáně přidalo 200 µl GBT pufru a celá směs se protřepala a ponechala inkubovat při 60 °C po dobu 20 minut, přičemž se každých pět minut protřepala. Současně se nechal předehřát eluční pufr při 60 °C. Po inkubaci se do lyzované směsi přidalo 200 µl 96% ethanolu, směs se protřepala a přemístila do připravené 2 ml sběrné trubičky s GD kolonkou a odstřeďovala po dvě minuty při otáčkách 14000 rpm. Poté se GD kolonka umístila do čisté 2 ml sběrné trubičky a do kolonky se přidalo 400 µl W1 pufru a nechala se 30 vteřin odstřeďovat při otáčkách 14000 rpm. Poté se vylil obsah sběrné trubičky a do kolonky se přidalo 600 µl promývacího pufru, směs se nechala odstřeďovat 30 vteřin při otáčkách 14000 rpm. Poté se obsah sběrné trubičky nechal odstředit tři minuty při otáčkách 14000 rpm. Po promytí se vysušená GD kolonka umístila do 1,5 ml mikrozkumkavky a přidalo se 100 µl předehřátého elučního pufru. Tato směs se nechala pět minut odstát a nakonec se odstřeďovala 30 vteřin při otáčkách 14000 rpm. Poté v mikrozkumavce zůstala izolovaná DNA.

Od tohoto postupu se vlastní izolace odlišovala v bodu lýze tkáně, kdy se doba inkubace s inkubačním pufrem a proteinázou K zvýšila na 18 hodin, přičemž se teplota inkubace snížila na 56 °C. Po inkubaci se dále vynechal krok degradace RNA. Nakonec se v kroku vymývání DNA změnil objem předehřátého vymývacího pufru a počet cyklů odstání a centrifugace (na centrifuze Hettich Zentrifugen Mikro 22). Namísto dodržení pokynů v protokolu bylo přidáno 75 µl pufru a po odstání a odstředění byl tento krok zopakován.

Dodatečně byla DNA izolována rovněž z tkáně ledviny stejným postupem, jak je uvedeno výše. Tato DNA byla izolována pouze z iránských a syrských vzorků druhu *T. nudiventris* pro analýzu jaderného genu Rag2.

3.2.2. Amplifikace DNA

Z izolované DNA bylo pomocí polymerázové řetězové reakce (PCR, Sambrook et al. 1989) v termocykleru (Bioer XP-cycler a Bioer GenePro) amplifikováno celkem sedm genů, dva mitochondriální (mtDNA) a pět jaderných (nDNA), za použití rozdílných primerů, popsaných níže.

3.2.2.1. Mitochondriální DNA

Pro amplifikaci mitochondriálního genu pro cytochrom *b* (cyt-*b*) byly použity vnější primery mtDNAR3-F (5‘-TGGCATGAAAAATCACCGTTGT-3‘, Puechmaille et al. 2011) a CytB-H (5′-CTTTTCTGGTTTACAAGACCAG-3‘, Weyeneth et al. 2008). Výsledný fragment byl 1133 bp dlouhý. PCR reakční směs byla připravena na 25 µl a byla složena z 12,5 µl PCR mixu (PPP Master Mix, Top-Bio), 8,5 µl dvojitě destilované vody (ddH_2O), 1 µl od každého primeru a 2 µl DNA daného vzorku. Samotná amplifikace vzorků byla zahájena počáteční denaturací DNA. Poté se opakovaly cykly, které vždy začínaly denaturací, kterou následuje zchlazení pro snadnější nasedání primerů (annealing) a opětovné zvýšení teploty pro optimální práci Taq polymerázy a tedy syntézu DNA (elongation). Posledním krokem byla prodloužená elongační fáze. Pro konkrétní hodnoty v PCR postupu viz tab. 3.

Tab. 3. Popis PCR postupu pro amplifikaci genu cyt-*b*. Číslo v závorce značí, o kolik stupňů se snížila teplota v každém cyklu. D = Denaturace, A = Annealing, E = Elongation.

D	D	A	E	D	A	E	D	A	E	E
95 °C 5 min	95 °C 30 s	60 °C 105 s (-1 °C)	72 °C 1 min	95 °C 30 s	60 °C 105 s (-1 °C)	72 °C 1 min	95 °C 30 s	50 °C 30 s	72 °C 1 min	72 °C 10 min
	10×			10×			30×			

Druhou částí mtDNA, která byla amplifikována, byl D-loop region, který je součástí kontrolního regionu (CR). Ten se skládá ze dvou hypervariabilních domén (HVI a HVII), přičemž zde byla použita HVI, která se nachází na 3’ konci D-loop regionu (Vigilant et al. 1991, Castella et al. 2001). Byly použity primery L16517 (5’-CATCTGGTTCTTACTTC AGG-3’), HSC (5’-TTGTTTTAGGGGTTTGGCAAGA-3’, Fumagalli et al. 1996) a H607 (5’-AGGACCCATCTAAGCATTTTCAGTG-3‘, Worthington Wilmer et al. 1994), kdy pro *T. perforatus* byl použit zpětný primer HSC a pro *T. nudiventris* a *T. mauritianus* primer H607. Výsledný fragment byl 881 bp dlouhý. PCR reakční směs byla připravena dle stejného protokolu jako u cyt-*b*. Samotná amplifikace je znázorněna v Tab. 4.

Tab. 4. Popis PCR postupu pro amplifikaci regionu D-loop. Číslo v závorce značí, o kolik stupňů se snížila teplota v každém cyklu. D = Denaturace, A = Annealing, E = Elongation.

D	D	A	E	D	A	E	E
94 °C 5 min	94 °C 1 min	63 °C 1 min (–0,5 °C)	72 °C 1 min	94 °C 1 min	58 °C 1 min	72 °C 1 min	72 °C 5 min
	10×			25×			

Posledním amplifikovaným mitochondriálním genem byl gen 16S ribozomální RNA (16S), který kóduje ribozomální RNA v mitochondriální DNA. Byly použity primery 16S rRNAar (5'-CGCCTG TTTATCAAAAACAT-3', Palumbi et al. 1991) a 16S rRNA-Hm (5'-AGATCACGTAG GACTTTAAT-3', Querouil et al. 2001) a výsledný fragment byl 534 bp dlouhý. PCR reakční směs byla připravena na 15 µl a byla tvořena 7,5 µl PCR směsi (Multiplex PCR Kit, QIAGEN), 5,1 µl dvojitě destilované vody (ddH_2O), 0,45 µl od každého primeru a 1,5 µl DNA daného vzorku. Postup amplifikace je popsán v tab. 5.

Pro amplifikaci genu 16S bylo vybráno pouze 16 vzorků (po osmi vzorcích od druhů *T. nudiventris* a *T. perforatus*), které byly vybrány dle geografické polohy sběru vzorků a rozdělení do jednotlivých haplotypových skupin genu Cyt-*b*. Tyto vzorky slouží především k doplnění datasetu pro fylogenetické analýzy, zejména k lepší podpoře fylogenetických stromů.

Tab. 5. Popis PCR postupu pro amplifikaci genu 16S. D = Denaturace, A = Annealing, E = Elongation.

D	D	A	E	E
95 °C 15 min	94 °C 30 s	57 °C 90 s	72 °C 90 s	72 °C 10 min
	30×			

3.2.2.2. Jaderná DNA

Protože mitochondriální DNA nemusí vždy přesně odrážet fylogenezi, používají se jaderné markery pro doplnění, potvrzení či upřesnění výsledků její analýzy. Zde bylo vybráno pět genů, z nichž čtyři jsou introny a pátým je gen aktivující rekombinaci (Recombination activating gene, Rag2). Ten je oproti ostatním genům konzervativnější. Pro amplifikaci tohoto genu bylo použito osm primerů (šest předních a dva zadní) a osm kombinací mezi nimi, aby se povedlo pokrýt co největší počet vzorků. Jde o primery 179F, 428F, 968R a 1458R (Stadelmann et al. 2007), 114F a 197F (Ruedi et al. 2012) a F220-2 a F266, které

nadesignovala Zuzana Varadínová, více v tab. 6. Reakční směsi pro PCR byly stejné jako pro cyt-*b*, v rámci optimalizace byla použita i reakční směs stejná jako pro 16S. Při některých kombinacích bylo použito v celkovém objemu 25 µl pouze 6,5 µl ddH_20 namísto osmi, které doplnily 4 µl DNA místo obvyklých dvou mikrolitrů. Bylo použito i pět odlišných PCR postupů, aby se poznalo, kterým se dosáhne nejvyšších výtěžků. Interně byly nazývány rag, RAG2, RAG50, RAG48 a CypCytB, jejichž popis je pro zpřehlednění v tab. 7. Jako nejúčinnější se ukázala být kombinace primerů F266 a 968R za použití PCR postupu rag a výsledný fragment je dlouhý 686 bp.

Tab. 6. Sekvence primerů pro amplifikaci genu Rag 2.

Název primeru	Sekvence primeru	Citováno z
114F	5‘-AGATCCTGYCCYACTGGAGT-3‘	Ruedi et al. 2012
179F	5‘- CAGTTTTCTCTAAGGAYTCCTGC-3‘	Stadelmann et al. 2007
197F	5‘-GAYTCCTGCTACCTTCCTCCTC-3‘	Ruedi et al. 2012
428F	5‘-ATGTGGTATATAGTCGAGGGAAGAGC-3‘	Stadelmann et al. 2007
968R	5‘-CCCATGTTGCTTCCAAACCATA-3‘	Stadelmann et al. 2007
1458R	5‘- TTGCTATCTTCACATGCTCATTGC-3‘	Stadelmann et al. 2007
F220-2	5‘-GATTCCTGCTACCTTCCTCCTYT-3‘	tato práce
F266	5‘-TCAAAGRARGCTTAGARTCTGA-3‘	tato práce

Tab. 7. Název a popis PCR postupů pro amplifikaci genu Rag 2. Číslo v závorce značí, o kolik stupňů se snížila teplota v každém cyklu. D = Denaturace, A = Annealing, E = Elongation.

Název cyklu	D	D	A	E	D	A	E	D	A	E	E
rag	94 °C 3 min	93 °C 45 s	58 °C 45 s (–1 °C)	72 °C 1 min	93 °C 45 s	58 °C 45 s (–1 °C)	72 °C 1 min	93 °C 45 s	54 °C 45 s	72 °C 1 min	72 °C 5 min
		5×			5×			29×			
RAG2	94 °C 3 min	93 °C 45 s	58 °C 45 s	72 °C 1 min	93 °C 45 s	57 °C 45 s	72 °C 1 min	93 °C 45 s	55 °C 45 s	72 °C 1 min	
		2×			2×			2×			
		93 °C 45 s	54 °C 45 s	72 °C 1 min							72 °C 5 min
		29×									
RAG50	94 °C 3 min	93 °C 45 s	58 °C 45 s (–1 °C)	72 °C 1 min	93 °C 45 s	50 °C 45 s	72 °C 1 min				72 °C 5 min

		8×			29×					
RAG48	94 °C 3 min	93 °C 45 s	58 °C 45 s (–1 °C)	72 °C 1 min	93 °C 45 s	48 °C 45 s	72 °C 1 min			72 °C 5 min
		10×			27×					
CypCytB	94 °C 3 min	92 °C 45 s	48 °C 90 s	72 °C 105 s						72 °C 7 min
		35×								

Jako první intron byl použit acyl-koenzym A oxidáza 2 intron 3 (acyl-CoA oxidáza, ACOX2-3), jenž byl identifikován ze studie pěti savčích genomů (Igea et al. 2010). Byly použity primery ACOX2-F1 (5‘-CCTSGGCTCDGAGGAGCAGAT-3‘) a ACOX2-R1 (5‘-GGGCTGTGHAYCACAAACTCCT-3‘, dle Salicini et al. 2011). Reakční směs byla totožná jako u cyt-*b* a použity byly tři různé PCR postupy, COPS55 (mírně upravený Touchdown 55, dle Dool et al. 2016), Introni48° a COPS48m, jejichž popis je pro zpřehlednění v tab. 8. Nejúčinnějším z nich se ukázal být COPS48m a výsledný fragment je 481 bp dlouhý.

Tab. 8. Název a popis PCR postupů pro amplifikaci intronů. Číslo v závorce značí o kolik se snížila teplota v každém cyklu. D = Denaturace, A = Annealing, E = Elongation.

Název cyklu	D	D	A	E	D	A	E	D	A	E	E
COPS55	95 °C 10 min	95 °C 15 s	65 °C 30 s (–1 °C)	72 °C 1 min	95 °C 15 s	65 °C 30 s (–1 °C)	72 °C 1 min	95 °C 30 s	55 °C 30 s	72 °C 1 min	72 °C 5 min
		10×			10×			30×			
Introni48°	95 °C 10 min	95 °C 30 s	48 °C 30 s	72 °C 1 min							72 °C 5 min
		30×									
COPS48m	95 °C 10 min	95 °C 15 s	65 °C 30 s (–1 °C)	72 °C 1 min	95 °C 15 s	65 °C 30 s (–1 °C)	72 °C 1 min	95 °C 30 s	48 °C 30 s	72 °C 1 min	72 °C 5 min
		17×			17×			30×			

Druhým amplifikovaným intronem byl COP9 Signalzóm podjednotka 7A intron 4 (COP9 Signalsome subunit 7A, COPS7A-4). Na jeho amplifikaci byly použity primery COPS-F1 (5'-TACAGCATYGGRCGRGACATCCA-3') a COPS-R1 (5'-TCACYTGCTCCTCRATGCCK GACA-3', dle Igea et al. 2010). Reakční směs byla totožná jako u cyt-*b* a byly použity tři PCR postupy – COPS55, Introni48° a COPS48m, více viz tab. 8. Nejúčinnějším z nich se ukázal být COPS48m a výsledný fragment je 726 bp dlouhý.

Jako třetí intron byl amplifikován Převaděč signálu a aktivátor transkripce 5A (Signal Transducer and Activator of Transcription 5A, STAT5A). Pro jeho amplifikaci byly použity primery STAT5AF (5'-CTGCTCATCAACAAGCCCGA-3') a STAT5AR (5'-GGCTTCAGGTTCCACAGGTTGC-3', dle Eick et al. 2005). Reakční směs byla totožná jako u cyt-*b* a byly použity tři PCR postupy – COPS55, Introni48° a COPS48m, více viz tab. 8. Převažujícím a tedy nejúčinnějším z nich byl COPS48m a výsledný fragment je 753 bp dlouhý.

Posledním intronem, který byl ampifikován, je Biglycan (BGN). Pro jeho amplifikaci byly použity primery BGN-F (5'-CTCCAAGAACCACCTGGTG-3') a BGN-R (5'-TTCAAAGCC ACTGTTCTCCAG-3', dle Lyons et al. 1997). Reakční směs byla totožná jako u cyt-*b* a byly použity tři PCR postupy – COPS55, Introni48° a COPS48m, více viz tab. 8. Jediným účinným zde byl cyklus COPS48m a výsledný fragment je 628 bp dlouhý.

3.2.3. Elektroforéza, sekvenování DNA a alignmenty

Po amplifikaci bylo za pomoci agarózové elektroforézy kontrolováno množství DNA v PCR produktu. 2 μl PCR produktu se naneslo na 1% agarózový gel. Ten byl připraven ze 100 ml pufru TAE (Tris-acetát-EDTA), 1 mg agarózy (VWR Life Science AMRESCO Agarose I™) a 2 μl ethidium bromidu (EtBr, 10 mg/ml). Po ztuhnutí se tento gel vložil do elektroforézy (Labnet Power Station 300), ve které se nechal 30 minut při 100 V a 400 mA. Tím se v gelu od sebe oddělily jednotlivé složky PCR produktu dle délky a se ukázala přítomnost či absence amplifikovaného genu. Pro kontrolu byl do elektroforézy přidán délkový standard označující délku fragmentu (Thermo Scientific GeneRuler 100 bp DNA Ladder). Zda je či není gen přítomen v PCR produktu, bylo kontrolováno prosvícením gelu v UV skeneru (DNR Bio-Imaging Systéme MiniBIS) a tato kontrola byla vizualizovaná za pomoci počítačového programu GelCapture Software.

Zbylý PCR produkt (23 μl), pokud elektroforéza potvrdila přítomnost kýženého genu, byl purifikován, aby mohl být sekvenován. PCR produkt byl přepipetován do 1,5 ml zkumavky, a bylo k němu přidáno 2,3 μl roztoku octanu sodného (pH 5,2) a 23 μl zmraženého 100%

ethanolu. Tato směs byla odstředěna v centrifuze (Nüve NF 800R) po 10 minut při otáčkách 14000 rpm. Poté byl odsát supernatant a přidáno 23 μl 75% ethanolu a znovu odstřeďováno po 10 minut při otáčkách 14000 rpm. Následně byl opět odsán supernatant a nechal se vyschnout ethanol. Po vysušení bylo přidáno 20 μl ddH_2O. Kvalita a množství PCR produktu byla kontrolována pomocí přístroje Nanodrop (MaestroNano, MN-913). Sekvenaci Sangerovou metodou prováděla společnost Macrogen, Inc. (Soul, Jižní Korea).

Na prohlížení získaných sekvencí, jež byly kódovány IUPAC kódy, byl použit program Geneious 8.1.6 (Biomatters Ltd.). Zde byly rovněž spojeny sekvence prvního primeru s reverzní komplementární sekvencí dotyčného vzorku získané pomocí druhého primeru. U jaderných genů byly kontrolovány heterozygotní pozice. Pozice, ve kterých nebylo zřejmé, o jaký nukleotid se jedná, byly kódovány písmenem N. Poté byly sekvence seřazeny a byl proveden alignment pro jednotlivé geny. Jelikož se sekvence lišily v délce, byly seříznuty na největší společnou délku. V tomto programu se rovněž prováděla konkatenace, nejprve byly konkatenovány mitochondriální geny, dále jaderné geny a nakonec i všechny geny dohromady.

3.3. Fylogenetické analýzy

Pro všechny alignmenty, včetně konkatenovaných, byly pomocí programu jModelTest 2.1.7 (Darriba et al. 2012) vypočítány evoluční modely. Vždy bylo využito počítání pomocí Bayesovského informačního kritéria (BIC). Když se modely dle jednotlivých kritérií neshodovaly, byl vybrán model, který měl vyšší váhu. Především pro konkatenovaná data se dále využíval program PartitionFinder v1.1.1 (Lanfear et al. 2012, 2014), který vyhledává ideální nastavení particií v alignmentu (rozdělení markerů podle tří kodónových pozicí, pokud se jedná o kódující markery, nekódující markery rozděleny nejsou, a proto tvoří jednu particii) a substituční modely pro každou partici. Tento program vypočítává modely podle BIC a také tyto modely tvoří jednotlivě pro potřeby programů RAxML, MrBayes a BEAST (viz níže).

Následně byly pro jednotlivé alignmenty vytvořeny fylogenetické stromy pomocí metod Bayesovská analýza (BA) a Maximum Likelihood (ML), při nichž byly využity jednotlivé evoluční modely. Tyto stromy ukazují fylogenetickou strukturu jednotlivých populací. Poté byly vytvořeny haplotypové sítě zobrazující strukturu populací na úrovni haplotypů. Jako poslední byla provedena analýza molekulárního datování ukazující štěpení jednotlivých linií čeledi Emballonuridae v čase.

Pro výpočet genetických vzdáleností vyjádřených hodnatami *p*-distancí a K2P distancí byl použit program MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis v7.0 (Kumar et al. 2016).

Pro zkrácení doby výpočtu jak evolučních modelů, samotných fylogenetických stromů pomocí metod BA a ML, tak i molekulární datování byl využit CIPRES Science Gateway (Miller et al. 2010), který pracuje na více serverech, což sníží dobu výpočtu z řádu hodin a dnů na dobu několika minut.

Fylogenetické stromy byly vizualizovány v programu FigTree v1.4.2 (http://tree.bio.ed.ac.uk/).

Mapy s výskytem jednotlivých druhů v palearktické oblasti, stejně jako mapa lokalit původu materiálu a mapové zpracování haplotypových síti, byly vytvořeny v programu QGIS 2.18.0 (http://www.qgis.org, 2016)

3.3.1. Bayesovská analýza (BA)

Základem Bayesovské analýzy je výpočet posteriorních pravděpodobností různých hypotéz vzhledem k navrženému substitučnímu modelu a existujícím datům. K výpočtu je použita metoda Markov Chain Monte Carlo (MCMC, Metropolis et al. 1953, Hastings 1970, Larget et Simon 1999) a to prostřednictvím programu MrBayes v3.2.4 (Huelsenbeck et Ronquist 2001, Ronquist et Huelsenbeck 2003). Substituční model byl vybrán dle programu jModelTest, či jemu nejbližší, neboť do MrBayes lze zadat pouze omezený počet modelů. Dle toho bylo zadáno nastavení programu (příkaz *nst*). V závislosti na parametrech „I“, „G“ či „I+G“ ve zvoleném evolučním modelu bylo bráno v potaz, zda některé pozice v alignmentech byly konstantní či tyto pozice byly proměnlivé v rámci gamma distribuce nebo dokonce kdy pozice byly konstantní, avšak byla variabilní míra těchto pozic dle gamma distribuce (příkaz *rates= propinv/ gamma/ invgamma*). Počet generací byl stanoven na 10 000 000, z nichž každá tisící generace byla uložena v podobě stromu i s délkami (hodnotami posteriorních vzdáleností) větví (příkaz *mcmcp ngen=10 000 000, samplefreq=1000, savebrlens=yes*). Pokud není nastaveno jinak, program po příkazu *sump* odřízne 25 % počátečních generací, tedy generací, u nichž nebylo dosaženo ustálení frekvence určitých topologií. Ze zbylých generací se příkazem *sumt* vytvoří konsenzuální strom.

3.3.2. Maximum likelihood (ML)

Metoda maximální pravděpodobnosti počítá fylogenetické stromy, porovnává vstupní data a vybírá nejpravděpodobnější topologii podle jednotlivých hypotéz (Cavalli-Sforza et Edwards 1967, Felsenstein 1981). Substituční model byl opět vybrán programem jModelTest

a byl vložen do nastavení programu raxmlGUI 1.3.1 (Silvestro et Michalak 2012), který tvoří grafickou platformu pro RAxML (Stamatakis 2006). Zda je topologie získaných stromů správná bylo ověřeno pomocí bootstrapu, který zahrnoval 1000 pseudoreplikací.

3.3.3. Haplotypové sítě

Haplotypové sítě jsou především fylogeografický nástroj, který zobrazuje ekvivalentní spojení haplotypů, co do počtu substitucí. Pro tuto analýzu byly použity pouze sekvence cyt-*b*, kdy byly použity alignmenty pouze pro druhy *T. perforatus* a *T. nudiventris* (dohromady dva alignmenty). Pro rozklíčování počtu a samotné určení haplotypů byl použit program DnaSP v5.10.01 (Librado et Rozas 2009). K vytváření haplotypových sítí bylo použito programu Network 5.0.0.0 (Fluxus Technology Ltd.) a probíhalo dle principu maximální úspornosti (Maximal Parsimony, MP). Ten preferuje co nejjednodušší možné stromy. Z toho vychází i použitý algoritmus *median-joining*, který povoluje víceprvková data, což znamená, že na jakékoli nukleotidové pozici se může nacházet jakýkoli nukleotid (Bandelt et al. 1999). Dle tohoto byly vykresleny sítě pro oba zmíněné druhy.

3.3.4. Molekulární datování

Pro analýzu molekulárního datování, tedy pro výpočet stáří divergencí jednotlivých linií čeledi Emballonuridae, byl použit program BEAST v1.8.4 (Drummond et al. 2012). Pro účely této analýzy byl použit alignment, který byl konkatenován ze sekvencí Cyt-*b*, 16S a Rag2. Každý druh byl zastoupen jedním jedincem s minimálně jednou sekvencí od zmíněných genů, pouze u *Taphozous nudiventris* byly vybrány i dvě sekvence od genu (tab. 9). Celkem bylo vybráno 21 druhů z čeledi Emballonuridae a jako outgroup byla použita sekvence druhu sesterské čeledi Nycteridae, *Nycteris hispida*. Pro ně bylo použito 15 sekvencí Cyt-*b* (z toho čtyři z této práce), sedm sekvencí 16S (tři z této práce) a 18 sekvencí Rag2 (čtyři z této práce). Délka celého alignmentu je 2369 bp. Více v tab. 1 a 2.

Všechna nastavení proběhla v rozhraní BEAUti, které je součástí programu BEAST. Zde byly nastaveny tři particie podle výsledků programu Partition Finder (viz tab. 12, BEAST Použili jsme nekorelované relaxované molekulární hodiny (Drummond et al. 2006). Ty byly nastaveny dle nejstarší fosílie *Tachypteron franzeni* Storch, Sigé et Habersetzer, 2002, která patří do čeledi Emballonuridae. Tato fosílie byla popsána z německých středně eocenních vrstev a její stáří se odhaduje na 47 milionů roků (Storch et al. 2002). Exponencionální prior (offset 47, mean 4.0) jsme zvolili podle metodiky popsané v Ruedi et al. (2012) offset

47 milionů, mean 4.0. Jako model evoluce byl nastaven proces Birth-Death. Toto nastavení bylo použito pro výpočet 50 milionů generací.

V programu Tracer v1.6 (Rambaut et al. 2014) následně proběhla kontrola konvergence, a to především zda je efektivní velikost vzorku (ESS) vyšší než 200. Poté byl na ořez (burnin = 25 %) a spojení stromů použit LogCombiner a na vytvoření konsensuálního stromu byl použit TreeAnotator. Oba tyto programy jsou součástí balíčku BEAST.

Tab. 9. Přehled druhů a použitých sekvencí pro analýzu molekulárního datování. Čísla u každého druhu značí buď sbírkové číslo jedince, nebo GenBank číslo publikované sekvence.

	Cyt-*b*	16S	Rag2
Taphozous nudiventris	NMP 48188 NMP GH12/290	NMP 48188 NMP GH12/290	NMP 48188 NMP GH12/290
Taphozous perforatus	NMP GH12/286	NMP GH12/286	NMP GH12/286
Taphozous melanopogon	EF584220	EF584221	-
Taphozous longimanus	EF584219	-	-
Taphozous mauritianus	NMP pb5861	-	NMP pb5861
Taphozous georgianus	-	EF607054	-
Taphozous australis	-	EF607055	-
Taphozous hilli	-	EF607056	-
Coleura afra	-	-	HQ693743
Paremballonura tiavato	DQ178257	-	HQ693738
Paremballonura atrata	HQ693734	-	HQ693745
Emballonura alecto	HQ693710	-	HQ693752
Emballonura monticola	HQ693714	-	HQ693747
Emballonura semicaudata	HQ693709	-	HQ693751
Emballonura dianae	HQ693716	-	HQ693750
Diclidurus albus	-	-	AF316446
Cormura brevirostris	EF584158	-	HQ693742
Peropteryx kappleri	HQ693719	-	HQ693741
Rhynchonycteris naso	-	-	AY834662
Saccopteryx bilineata	-	-	AF316485
Saccopteryx leptura	HQ693718	-	HQ693740
Nycteris hispida	-	-	HQ693736

3.4. Seznam zkratek

16S – 16 rRNA
ACOX – acyl-koenzym A oxidáza
BA – Bayesovská analýza
BGN - biglycan
BIC – Bayesovské informační kritérium
C - špičák
COPS – COP9 signalzóm
COP9 - Constitutive photomorphogenesis 9

Cyt-*b* – Cytochrom *b*
ddH_2O – dvojitě destilováná voda
D-loop – kontrolní region D-loop
DNA – deoxyribonukleová kyselina
ESS – efektivní velikost vzorku
EtBr – Ethidium bromid
FMNH – Field Museum of Natural History, Chicago
GB - GenBank
HVI – hypervariabilní region I
HVII – hypervariabilní region II
I – řezák
IUPAC – Mezinárodní unie pro čistou a užitou chemii (International Union of Pure and Applied Chemistry)
K2P – Kimurovy 2-parametrové distance
M - stolička
MCMC – Monte Carlo metoda Markovových řetezců (Markov Chain Monte Carlo)
MHNG – Muséum d'histoire naturelle de Genève
ML – analýza maximální věrohodnosti (Maximum Likelihood)
mtDNA – mitochondriální DNA
MVZ – Museum of Vertebrate Zoology, Berkeley
nDNA – jaderná DNA
NMP – Národní museum, Praha
P – třenový zub
PCR – polymerázová řetězová reakce (Polymerase chain reaction)
Rag2 – gen aktivující rekombinaci (Recombination activating gene)
RNA – ribonukleová kyselina
ROM – Royal Ontario Museum, Toronto
Rpm – otáčky za minutu
rRNA – ribosomální ribonukleová kyselina
STAT - převaděč signálu a aktivátor transkripce (Signal Transducer and Activator of Transcription)
TAE - Tris-acetát-EDTA
TTU – Museum of Texas Tech University, Lubbock
UADBA – Université d'Antananarivo, Département de Biologie Animale
USNM – Institution, National Museum of Natural History, Washington, D.C.
UV – ultrafialový
V – F.M. Catzeflis, osobní sbírka (Ruedi et al. 2012)

4. Výsledky

4.1. Molekulární analýza

Multilokusový dataset čeledi Emballonuridae byl sestavený ze tří mitochondriálních a pěti jaderných markerů. Gen Cyt-*b* byl osekvenován z 85 jedinců (z toho 12 sekvencí z druhu *Coleura afra*), D-loop region z 56 jedinců a gen 16S z 16 jedinců. I přes problémy s amplifikací jaderných genů se nám podařilo osekvenovat Rag2 z 15 jedinců, intron ACOX z 12 jedinců, intron COPS ze sedmi jedinců, intron STAT5A ze 13 jedinců a intron BGN ze sedmi jedinců. Přehledněji viz tab. 1 a 10.

Tab. 10. Přehled úspěšně osekvenovaných jedinců rodu *Taphozous* – vybrané mitochondriální a jaderné geny.

	Cytb	D-loop	Rag2	ACOX	COPS	STAT5A	BGN
T. nudiventris	27	25	5	1	1	2	0
T. perforatus	46	32	7	9	4	9	5
T. mauritianus	3	1	3	2	2	2	2

4.2. Fylogenetická analýza

Alignmenty sekvencí jednotlivých genů a následné zkonkatenované alignmenty byly použity pro fylogenetickou analýzu. Jako první byly vyhodnoceny evoluční modely. V tab. 11 jsou uvedeny modely, které mají nejvyšší váhu podle BIC. Navrhované evoluční modely byly zadávány jako jeden z parametrů do následujících analýz.

U alignmentu, který byl konkatenován ze všech genů (celková matrix), byly pro analýzy BA i ML použity particiální evoluční modely (viz tab. 12) jako jeden z parametrů a to pouze podle kritéria BIC.

Výsledné fylogenetické stromy (ML i BA) mají stejnou topologii, rozdíl je jen v podpořených větvích (93,5 % u ML a 88 % u BA). Při porovnání jednotlivých uzlů, na kterých byla posteriorní pravděpodobnost (posterior probabability, PP) vyšší nebo rovna hodnotě 0,95 a procento bootstrapu (bootstrap percentage, BP) vyšší nebo rovno 70 %, byla vyšší podpora stromů vypočítaných metodou BA.

Tab. 11. Navržené evoluční modely dle jModelTest pro jednotlivé geny.

gen	kritérium	navrhovaný model	váha modelu
Cyt-*b*	BIC	TPM3uf+I+G	0,4097
D-loop	BIC	TrNef+G	0,7322
16S	BIC	TIM2ef+G	0,3093
Rag2	BIC	K80+I	0,3846
ACOX	BIC	K80	0,6169
COPS	BIC	K80	0,6981
STAT	BIC	K80	0,4723
BGN	BIC	K80	0,5437

Tab. 12. Navrhované evoluční modely pro jednotlivé particie celkové matrix dle PartitionFinder. V závorce jsou uvedeny kodónové pozice. Ty nejsou uvedeny u D-loop regionu a genu 16S, neboť se nejedná o kódující geny.

Analýza	Počet partícií	Substituční model	Particie
RaxML	5	GTR+G	Cyt-*b* (1), 16S
		GTR+G	Cyt-*b* (2), Rag2 (1)
		GTR+G	Cyt-*b* (3)
		GTR+G	D-loop
		GTR+G	Rag2 (2,3), ACOX (1-3), COPS (1-3), STAT (1-3), BGN (1-3)
MrBayes	7	SYM+G	Cyt-*b* (1), 16S
		HKY+G	Cyt-*b* (2)
		HKY+G	Cyt-*b* (3)
		K80+G	D-loop
		K80	Rag2 (1), ACOX (1)
		K80	Rag2 (2,3), COPS (1-3), BGN (1-3)
		K80+G	ACOX (2,3), STAT (1-3)
BEAST	3	GTR+G	Cyt-*b* (1), 16S, Rag2 (1)
		GTR+I+G	Cyt-*b* (2), Rag2 (2,3)
		GTR+I+G	Cyt-*b* (3)

4.2.1. Mitochondriální DNA

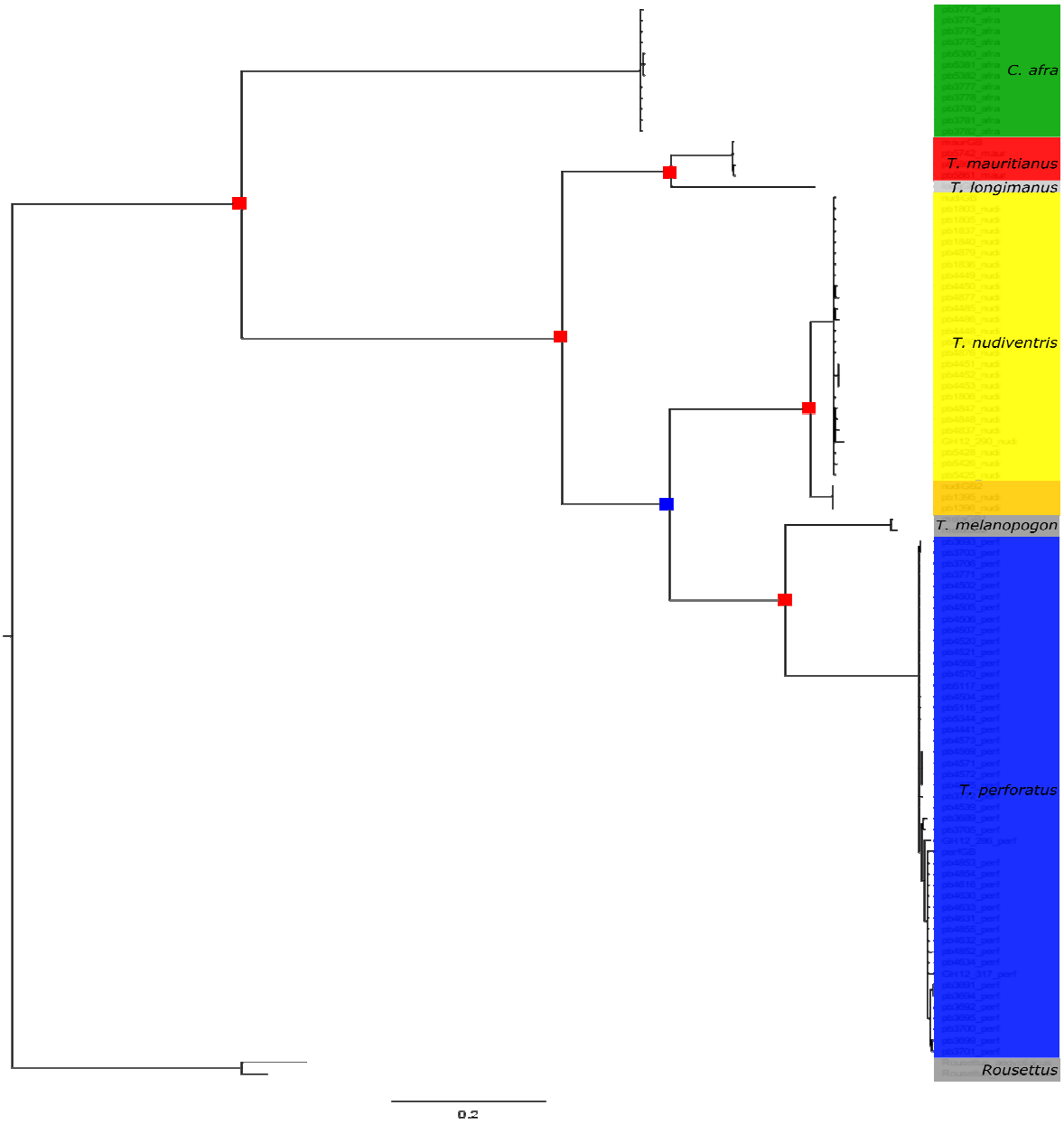
Amplifikace mtDNA probíhala poměrně jednoduše a povedlo se tak získat sekvenční data alespoň jednoho genu pro valnou většinu použitých vzorků. Nejlépe vyšla amplifikace genu Cyt-*b*, kterou jsme získali sekvence všech čtyři druhů, které byly pro tuto práci použity (98 % všech vzorků). Publikovanými sekvencemi tohoto genu se navíc dataset rozšířil o další dva druhy rodu *Taphozous* (*T. longimanus* a *T. melanopogon*).

Na výsledném fylogenetickém stromu (obr. 17) je možné, kromě kaloňů rodu *Rousettus* tvořící outgroup, pozorovat druh *Coleura afra* řazený do podčeledi Emballonurinae. Vnitrodruhově tento druh vykazuje uniformní uspořádání, ukazující velkou příbuznost jedinců

z Jemenu i Ománu. Tyto sekvence náležejí pouze čtyřem haplotypům, z nichž tři jsou z Jemenu a jen jeden pochází z Ománu; maximální rozdíl mezi nimi jsou dvě substituce.

Na bázi větve rodu *Taphozous* leží afrotropický *T. mauritianus* společně s orientálním *T. longimanus*. V rámci sekvencí *T. mauritianus* je nízká variabilita, což ukazuje blízké příbuzenství všech jedinců, i když se jedná o sekvence z poměrně vzdálených stanovišť v Jižní Africe, Botswaně a Středoafrické republice. V další pozici větvení se nachází druh *T. nudiventris*. V rámci jeho vnitrodruhového uspořádání se sekvence Cyt-*b* dělí u tohoto druhu do dvou skupin, kde první je tvořena dvěma jedinci z Íránu, jejichž výskyt koresponduje s uváděným výskytem poddruhu *T. n. magnus*, společně s publikovanou syrskou sekvencí (obr. 17 zabarveni oranžově). Zbylé vzorky z Ománu, Jemenu i Súdánu již tvoří víceméně uniformní skupinu, do které však patří i jedinci ze Sýrie i publikovaná sekvence z Turecka (na obr. 17 žlutě).

Sesterskou mu je dvojice druhů, které spojuje výskyt v Přední Indii, *T. melanopogon* a *T. perforatus*. Druhý zmíněný je vnitrodruhově uspořádán víceméně uniformně, lze zde pozorovat mírné oddělování dvou skupin, z nichž jednu tvoří jedinci z Ománu, Íránu a částečně i Jemenu. Druhé skupinu tvoří jedinci z Egypta, Súdánu a taktéž Jemenu. Toto rozestavení je lépe pozorovatelné na haplotypové síti (viz níže).



Obr. 17. Výsledný fylogenetický strom vypočítaný ze sekvencí mitochodriálního genu pro cytochromu *b* metodou BA. Červený čtvereček značí PP≥0,95 a BP≥70 %, modrý čtvereček vyjadřuje pouze PP≥0,95.

Pro výpočet *p*-distancí byly sekvence jednotlivých druhů shlučeny do skupin, každý druh tak byl zastoupen jednou skupinou, pouze *T. nudiventris* byl rozlišen na dvě skupiny, kdy jedna skupina byla zastoupena íránskými vzorky a syrskou publikovanou sekvencí (dále označovaná jako *T. nudiventris* Írán), druhá skupina pak obsahovala zbylé sekvence Afriky a Arábie (dále jako *T. nudiventris* ostatní). Průměrné hodnoty *p*-distancí uvnitř analyzovaných druhů vyšel následovně: *T. perforatus* – 0,6 %, *T. melanopogon* – 0,4 %, *T. nudiventris* (ostatní) – 0,3 %, *T. mauritianus* – 0,4 % a *C. afra* – 0,1 %. *T. nudiventris* (Írán) je tvořen jediným haplotypem a pro *T. longimanus* je pouze jedna sekvence. Výsledné hodnoty *p*-

distancí a počty vzájemných substitucí mezi jednotlivými haplotypy analyzovaných souboru jsou uvedeny v tab. 13.

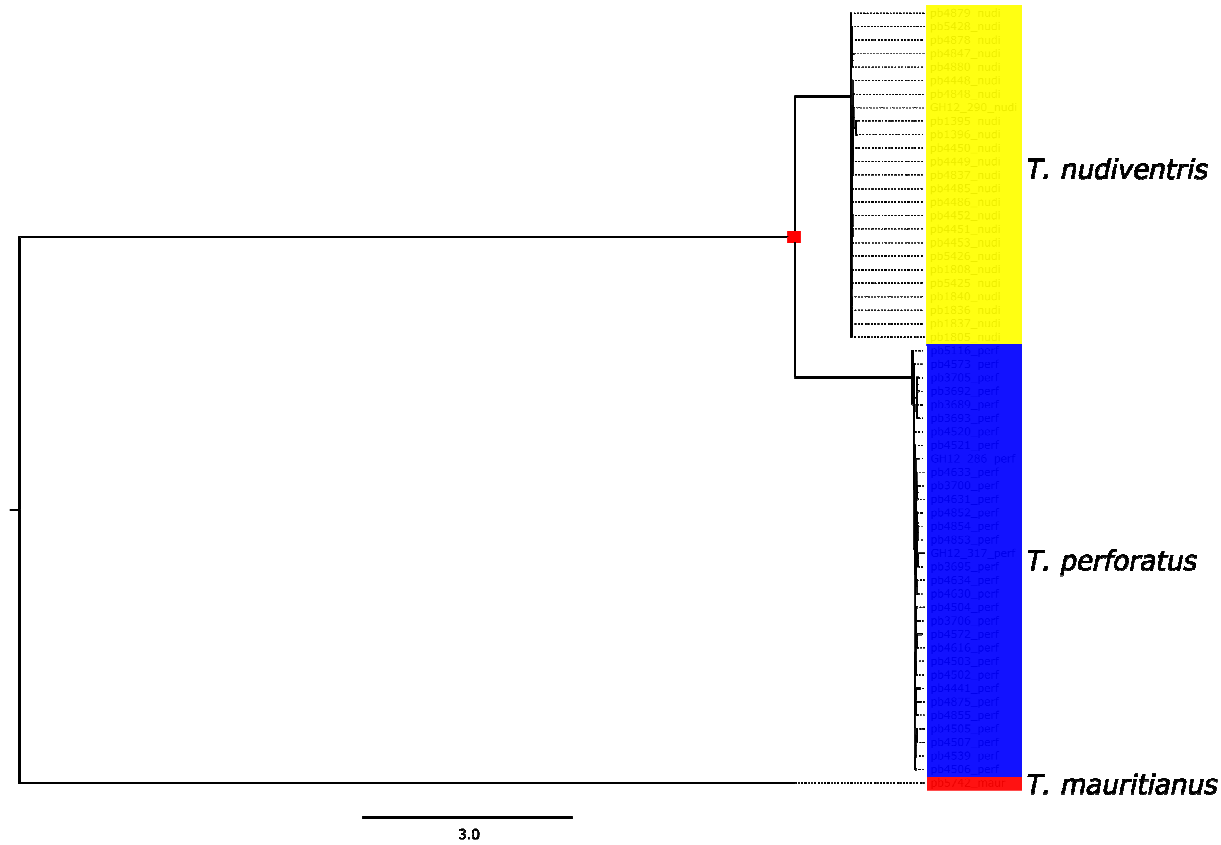
Tab. 13. Přehled vypočítaných *p*-distancí sekvencí genu Cyt-*b* v procentech. Barevné rozlišení probíhá ve spektru od zelené přes žlutou po červenou, příčemž zelená značí nejvíce příbuzné taxony, kdežto červená nejméně příbuzné.

		1	2	3	4	5	6	7
1	*T. perforatus*	x						
2	*T. melanopogon*	12,5	x					
3	*T. nudiventris* ostatní	17,7	16,7	x				
4	*T. nudiventris* Írán	17,0	16,6	3,8	x			
5	*T. mauritianus*	17,5	17,1	16,4	15,4	x		
6	*T. longimanus*	19,2	19,3	17,0	17,3	11,8	x	
7	*C. afra*	23,8	23,0	21,4	22,2	23,5	22,7	x

Amplifikace D-loop regionu se podařila pouze u zástupců rodu *Taphozous* (ovšem u takřka čtyř pětin vzorků), jediné molekulární informace o druhu *Coleura afra* jsou tak získané pouze z genu Cyt-*b*. Celkově získané sekvence D-loop regionu nebyly tak čisté jako u ostatních mitochondriálních genů, možná z důvodu nízké specificity použitých primerů.

Na výsledném stromu (obr. 18) leží na bázi jediná sekvence *Taphozous maurutianus*, který je sesterský ke skupině/dvojici *T. nudiventris* a *T. perforatus*.

Na rozdíl od výsledků sekvenace cyt-*b* není variabilita druhů *T. nudiventris* a *T. perforatus* na základě genu D-loop nijak diverzifikována a vnitrodruhové uspořádání obou druhů je uniformní a ukazuje, že v palearktické oblasti se tyto druhy vyskytují každý pouze v jediné linii regionu D-loop.



Obr. 18. Výsledný fylogenetický strom vypočítaný dle regionu D-loop metodou ML. Červený čtvereček značí PP≥0,95 a BP≥70 %.

Po předběžném spočítání *p*-distancí pro všechny sekvence byly sekvence jednotlivých druhů shloučeny do skupin, každý druh tak byl zastoupen jednou skupinou. Průměrné hodnoty *p*-distancí uvnitř analyzovaných skupin/druhů byly následovné: *T. perforatus* – 3,7 % a *T. nudiventris* – 1,6 %. Pro *T. mauritianus* je u tohoto markeru pouze jedna sekvence. Výsledné hodnoty *p*-distancí a počty vzájemných substitucí mezi jednotlivými haplotypy analyzovaných souboru jsou uvedeny v tab. 14.

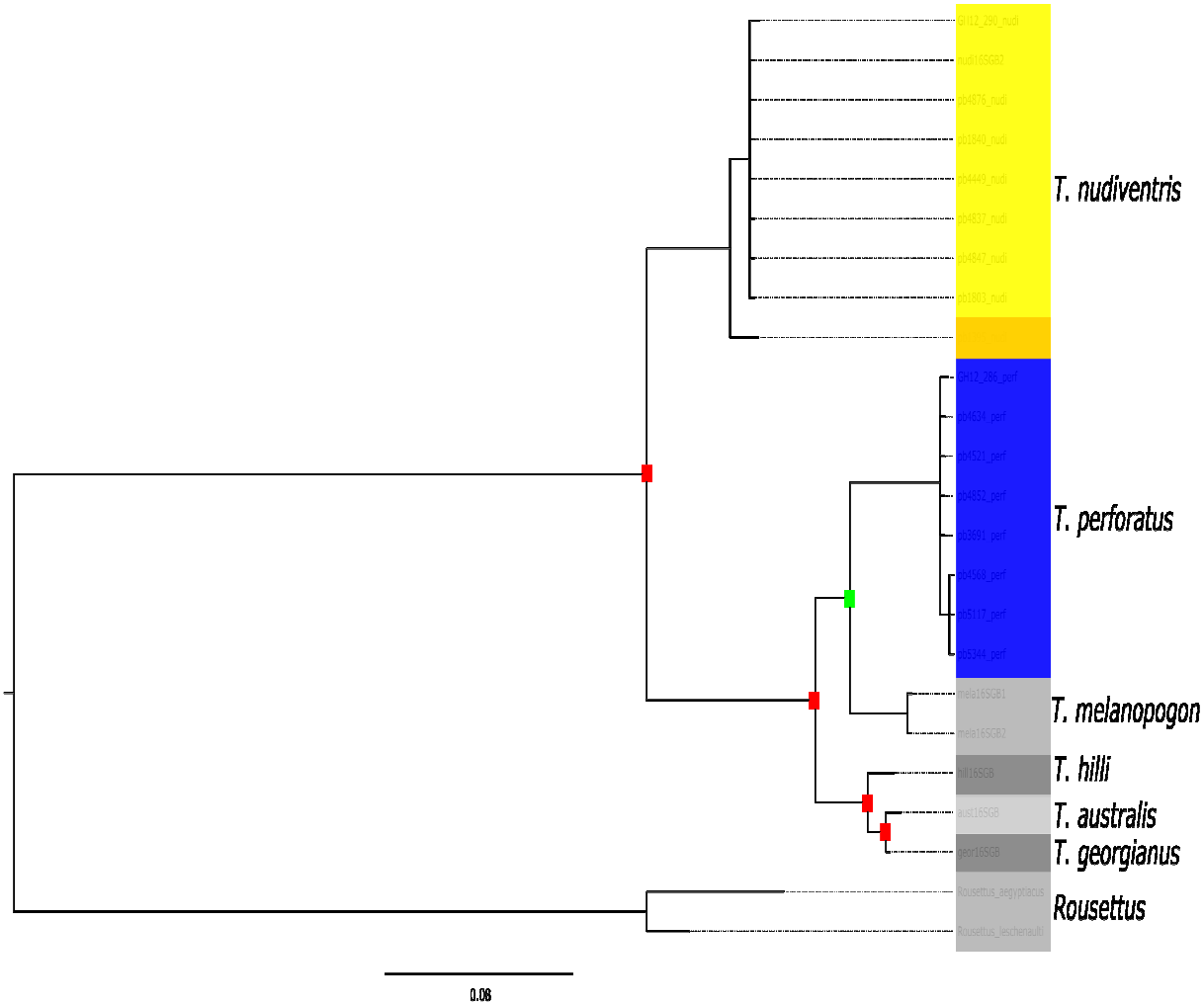
Tab. 14. Přehled vypočítaných *p*-distancí dle sekvencí pro region D-loop v procentech. Barevné rozlišení probíhá ve spektru od zelené přes žlutou po červenou, příčemž zelená značí nejvíce příbuzné taxony, kdežto červená nejméně příbuzné.

		1	2	3
1	*T. perforatus*	x		
2	*T. nudiventris*	38,45	x	
3	*T. mauritianus*	59,81	57,08	x

Na základě informací z analýz předešlých genů bylo vybráno 16 jedinců (po osmi z palearktických populací obou druhů rodu *Taphozous*) pro amplifikaci genu 16S, o které byl následně rozšířen celkový dataset, doplněny byly navíc publikované sekvence dalších tří druhů rodu *Taphozous* (*T. hilli*, *T. australis* a *T. georgianus*).

Výsledný strom (obr. 19) je podobný fylogenetickému stromu genu cyt-*b*, který je tím podpořen. Bazálním druhem rodu *Taphozous* je tentokrát *T. nudiventris*. U toho je také patrné oddělení sekvence iránského vzorku od ostatních sekvencí, pocházejících ze vzorků z Ghany, Súdánu, Ománu a Sýrie.

Zato sekvence tohoto markeru z *T. perforatus* nejsou diverzifikovány. Zato opět tvoří dvojici s *T. melanopogon*, k níž je sesterská skupina australských druhů, na jejichž bázi leží *T. hilli* a korunovou dvojici tvoří *T. australis* a *T. georgianus*.



Obr. 19. Výsledný fylogenetický strom vypočítaný z mitochondriálního genu 16S metodou BA. Červené čtverečky u jednotlivých uzlů značí PP≥0,95 a BP≥70 %, zelené čtverečky vyjadřují pouze BP≥70 %.

Po předběžném spočítání *p*-distancí pro všechny sekvence byly sekvence jednotlivých druhů shloučeny do skupin, každý druh tak byl zastoupen jednou skupinou, pouze *T. nudiventris* byl rozlišen na dvě skupiny, kdy jedna skupina byla zastoupena iránskými vzorky, druhá skupina pak obsahovala zbylé sekvence Afriky a Arabie. Průměrné hodnoty *p*-distancí uvnitř analyzovaných druhů vyšel následovně: *T. perforatus* – 0,2 % a *T. nudiventris* (ostatní) – 0,1 % (při nerozlišení na dvě skupiny byla hodnota *p*-distance uvnitř druhu 0,3%).

T. melanopogon je tvořen jediným haplotypem a pro *T. australis*, *T. georgianus*, *T. hilli* a *T. nudiventris* (Írán) je pouze jedna sekvence. Výsledné hodnoty *p*-distancí a počty vzájemných substitucí mezi jednotlivými haplotyp analyzovaných souboru jsou uvedeny v tab. 15.

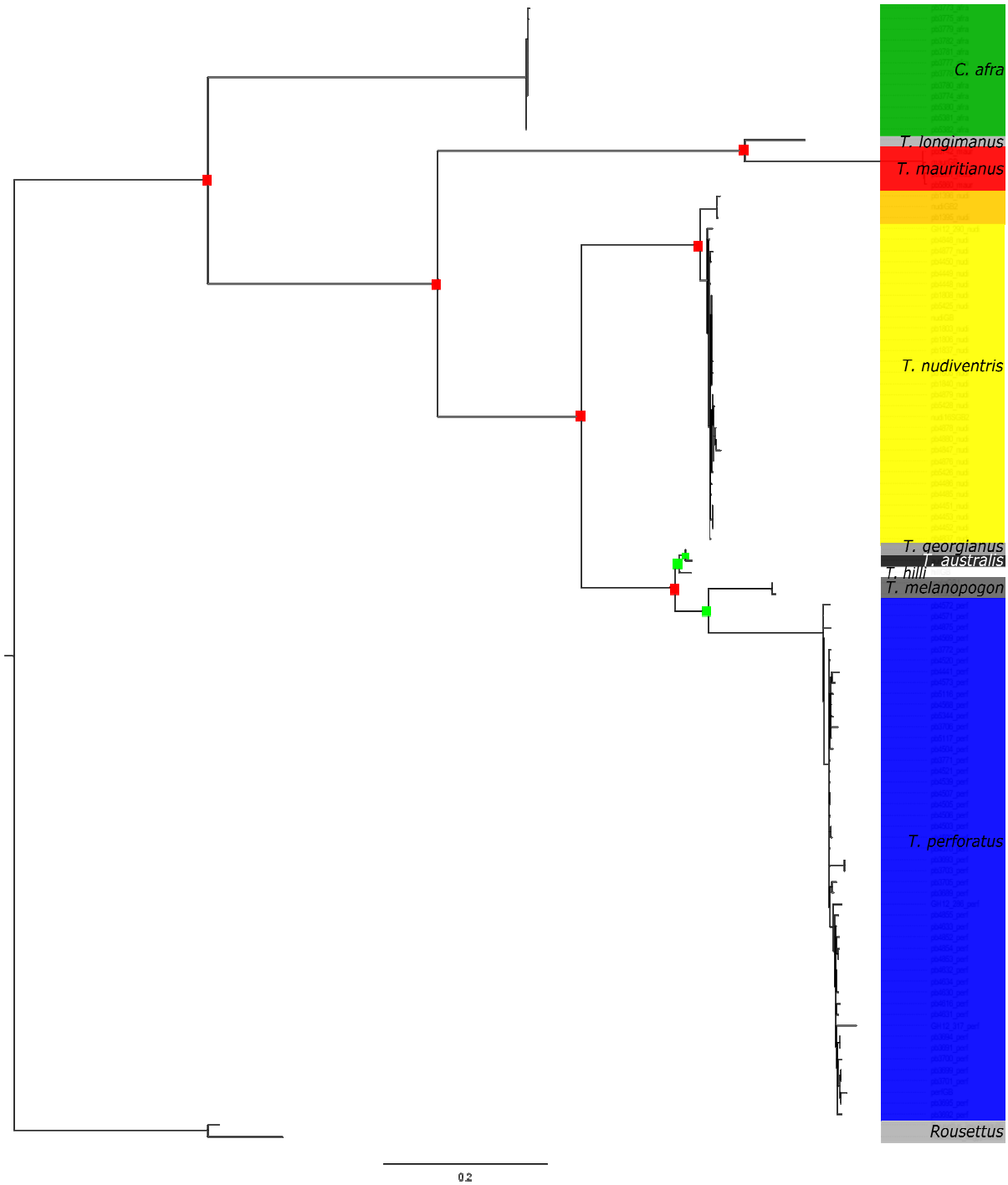
Tab. 15. Přehled vypočítaných *p*-distancí dle sekvencí pro gen 16S v procentech. Barevné rozlišení probíhá ve spektru od zelené přes žlutou po červenou, příčemž zelená značí nejvíce příbuzné taxony, kdežto červená nejméně příbuzné.

		1	2	3	4	5	6	7
1	*T. australis*	x						
2	*T. georgianus*	0,38%	x					
3	*T. hilli*	1,51%	1,13%	x				
4	*T. perforatus*	5,24%	4,86%	4,86%	x			
5	*T. melanopogon*	4,15%	3,77%	4,15%	4,06%	x		
6	*T. nudiventris* ostatní	6,85%	6,47%	6,47%	8,02%	6,47%	x	
7	*T. nudiventris* Írán	6,86%	6,86%	6,86%	8,07%	6,67%	1,16%	x

Pouze podle mitochondriálních genů je tak možné nastínit mezidruhové vztahy druhů celého rodu *Taphozous*, pro které je již dostupná molekulární evidence.

Na fylogenetickém stromu spočteném z konkatenované mitochondriální matrix (viz obr. 20) je patrná skupina *T. mauritianus* a *T. longimanus*, dále *T. nudiventris*, jenž je zde vnitrodruhově rozdělen do dvou skupin, přičemž je vidět, že celkově jsou druhy (hlavně na vnitrodruhové úrovni) méně divergovány, než tomu bylo u genu cyt-*b*. Zajímavé je, že sekvence jedinců ze Sýrie, kteří byli použiti v této práci společně s publikovaným vzorkem z Turecka, spojují jedinci z Ománu a Afriky a na druhou stranu sekvence jediného syrského publikovaného vzorku se shlukuje právě se zmíněnými íránskými vzorky. Oblast Sýrie (možná celé Mezopotámie) se tak zdá být klíčovou pro rozlišení vnitrodruhové příbuznosti druhu *T. nudiventris*.

Výše na fylogenetickém stromu jsou patrny dvě sesterské skupiny, z nichž jednu tvoří australské druhy, *T. hilli*, *T. australis* a *T. georgianus*. Druhou skupinu, pak tvoří dvojice *T. melanopogon* a *T. perforatus*. Druhý zmíněný je méně diverzifikován než druhý palearktický zástupce rodu *Taphozous*, vnitrodruhové uspořádání však kopíruje topologii spočtenou z analýz sekvencí Cyt-*b*.



Obr. 20. Výsledný fylogenetický strom vypočítaný ze všech analysovaných mitochondriálních sekvencí metodou ML. Červené čtverečky u jednotlivých uzlů značí PP≥0,95 a BP≥70 %, zelené čtverečky vyjadřují pouze BP≥70 %.

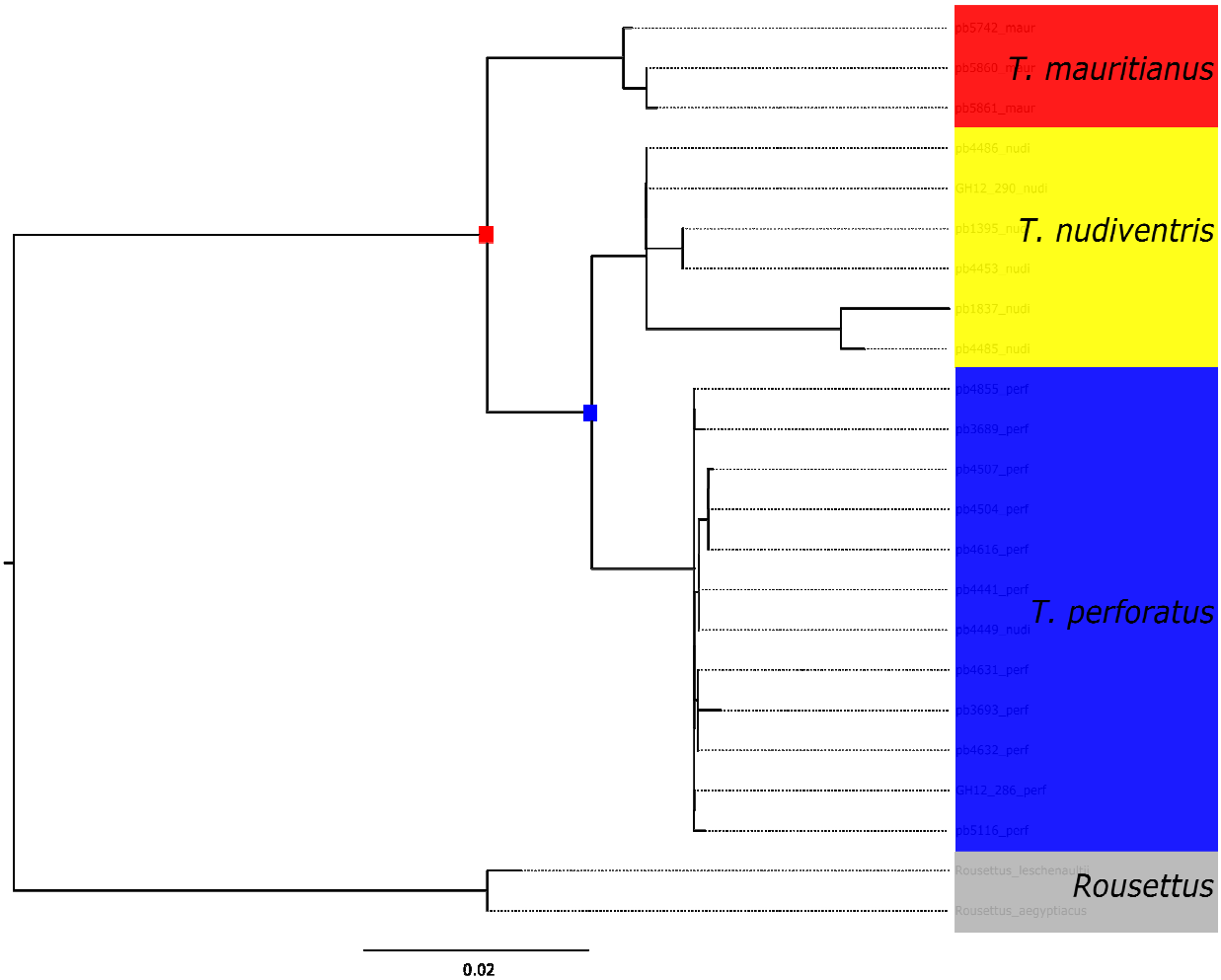
4.2.2. Jaderná DNA

I přes množství optimalizačních kroků se podařilo amplifikovat pouze menší počet vzorků, které navíc mezi sebou nevykazují rozdíly a není tak známá příčina slabého výtěžku (více viz kapitola Diskuse). Bohatší není ani databáze publikovaných sekvencí, ze které byla použita

pouze sekvence NMP48188 z práce Ruedi et al. (2012), vzorek však pochází z jedince ze sbírek Národního musea, z něhož byly mitochondriální sekvence použity až v této práci.

Jaderné geny, jak je zmíněno výše, jsou mnohem konzervativnější než geny mitochondriální, takže se výsledné fylogenetické stromy použitých jaderných markerů vzájemně neliší, a tak obecný jaderný fylogenetický strom zde dobře nahradí všechny dílčí.

Na spočteném stromě (obr. 21) není patrná žádná vnitrodruhová variabilita, najdeme zde tak pouze mezidruhové uspořádání, které naznačuje bazální postavení *T. mauritianus* vůči dvojici palearktických druhů.



Obr. 21. Výsledný fylogenetický strom vypočítaný dle jaderných genů metodou ML. Červený čtvereček značí PP≥0,95 a BP≥70 %, modrý čtvereček vyjadřují pouze PP≥0,95.

Pro výpočet *p*-distancí byly sekvence jednotlivých druhů shloučeny do skupin, každý druh tak byl zastoupen jednou skupinou. Průměrné hodnoty *p*-distancí uvnitř analyzovaných skupin/druhů vyšel následovně: *T. perforatus* – 0,2 %, *T. nudiventris* – 1,4 %, *T. mauritianus* – 0,2 %. Výsledné hodnoty *p*-distancí a počty vzájemných substitucí mezi jednotlivými haplotyp analyzovaných souboru jsou uvedeny v tab. 16.

Tab. 16. Přehled vypočítaných *p*-distancí dle sekvencí pro jadernou DNA v procentech. Barevné rozlišení probíhá ve spektru od zelené přes žlutou po červenou, příčemž zelená značí nejvíce příbuzné taxony, kdežto červená nejméně příbuzné.

		1	2	3
1	*T. perforatus*	x		
2	*T. nudiventris*	1,42%	x	
3	*T. mauritianus*	3,15%	2,67%	x

4.2.3. Celková matrix

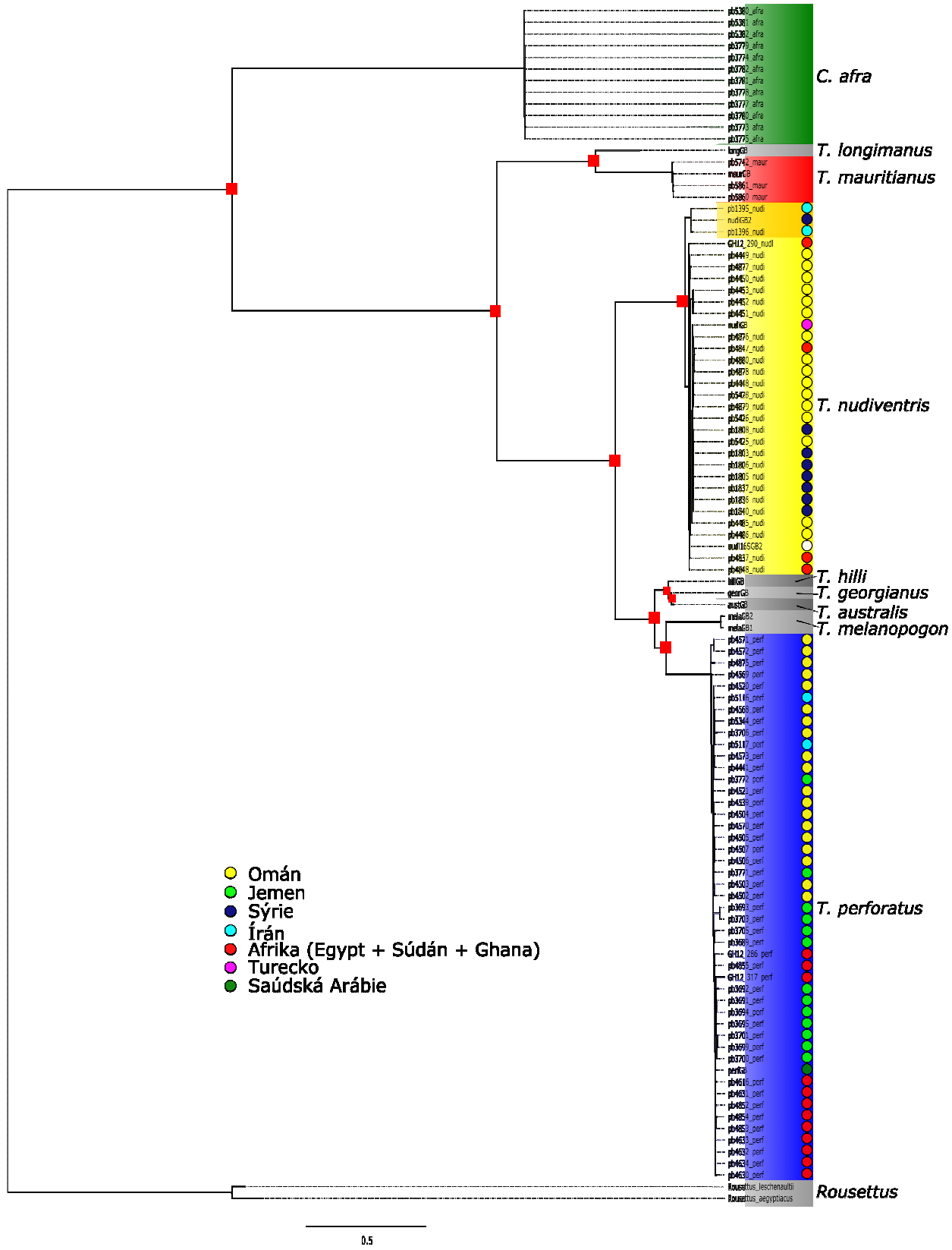
Hlavním výsledkem této práce je fylogenetický strom (obr. 22) vypočítaný z konkatenovaného alignmentu všech sekvencí všech genů. Z výsledného stromu je patrné, že *Coleura afra* je sesterská celému rodu *Taphozous*. Vnitrodruhově je tento druh uniformně uspořádaný (jedná se však o jedince jen ze dvou lokalit jižní Arábie). Na bázi stromu rodu *Taphozous* je umístěna skupina tvořená afrotropickým *T. mauritianus* a orientálním *T. longimanus*. Africké vzorky druhu *T. mauritianus* byly použity na doplnění palearktických druhů, aby zde nevznikalo pouze dichotomické dělení, které by neosvětlilo dostatečně mezidruhové vztahy. Z toho důvodu nebyl použit velký počet vzorků, a proto nelze nic říci o vnitrodruhovém uspořádání – což platí pro oba basalně umístěné druhy, *T. mauritianus* i *T. longimanus*. U *T. mauritianus* je nutno podotnout, že ačkoli nelze o vnitrodruhovém uspořádání nic říci, získané sekvence značí, že i když se jedná o jedince pocházející z Jižní Afriky, Botswany a Středoafrické republiky, blízkou příbuznost těchto jedinců.

Dalším oddělujícím se druhem je *T. nudiventris*, který vykazuje jistou vnitrodruhovou heterogenitu. Íránští jedinci, spolu s jednou publikvanou sekvencí ze syrského jedince (na obr. 21 odlišeni oranžově), jsou odděleni do samostatné větve od všech ostatních, pocházejících z jižní Arabie, Egypta a Sudanu a mezi kterými jsou rovněž vzorky ze Sýrie i Turecka. V oblasti Mezopotámie je tak přítomna nehomogenní směs haplotypů, zatímco v ostatních částech zkoumaného areálu jsou homogenní shluky haplotypů, v celkové heterogenitě tak není žádný geografický vzorec (viz Haplotypové sítě).

Koruna stromu je pak rozdělena na dvě skupiny, z nichž první je tvořena australskými druhy *T. australis*, *T. georgianus* a *T. hilli*. Ta není, na rozdíl od ostatních druhů, tak jednoznačně výrazně oddělena a druhy jsou si velmi blízké.

Sesterskou skupinou je pak dvojice druhů *T. perforatus* a *T. melanopogon*, které spojuje rozšíření v Přední Indii. *T. perforatus* není vnitrodruhově příliš výrazně členěn, přesto je zde patrné dělení na dvě větší skupiny, jedna je tvořena vzorky z Ománu a Íránu, druhá jedinci

z Egypta a Súdánu, a v obou těchto skupinách se v různé míře vyskytují jemenští jedinci (viz Haplotypové sítě).



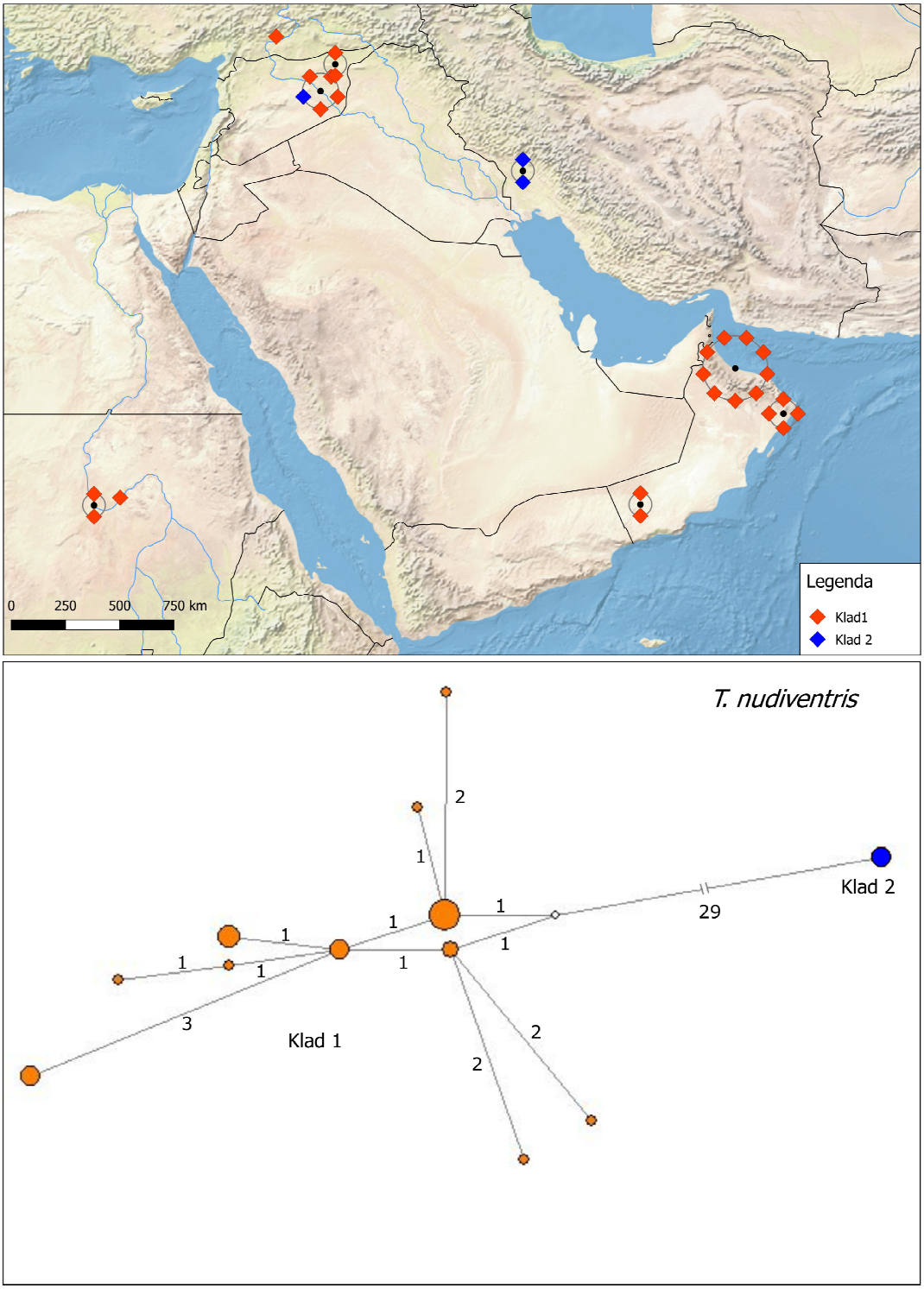
Obr. 22 - Výsledný fylogenetický strom celkové matrix vypočítaný metodou ML. Červené čtverečky značí PP≥0,95 a BP≥70 %. Barevná kolečka značí geografický původ jednotlivých sekvencí druhů *Taphozous nudiventris* a *Taphozous perforatus*, prázdné (bílé) kolečko značí sekvenci neznámého původu.

4.2.4. Haplotypové sítě

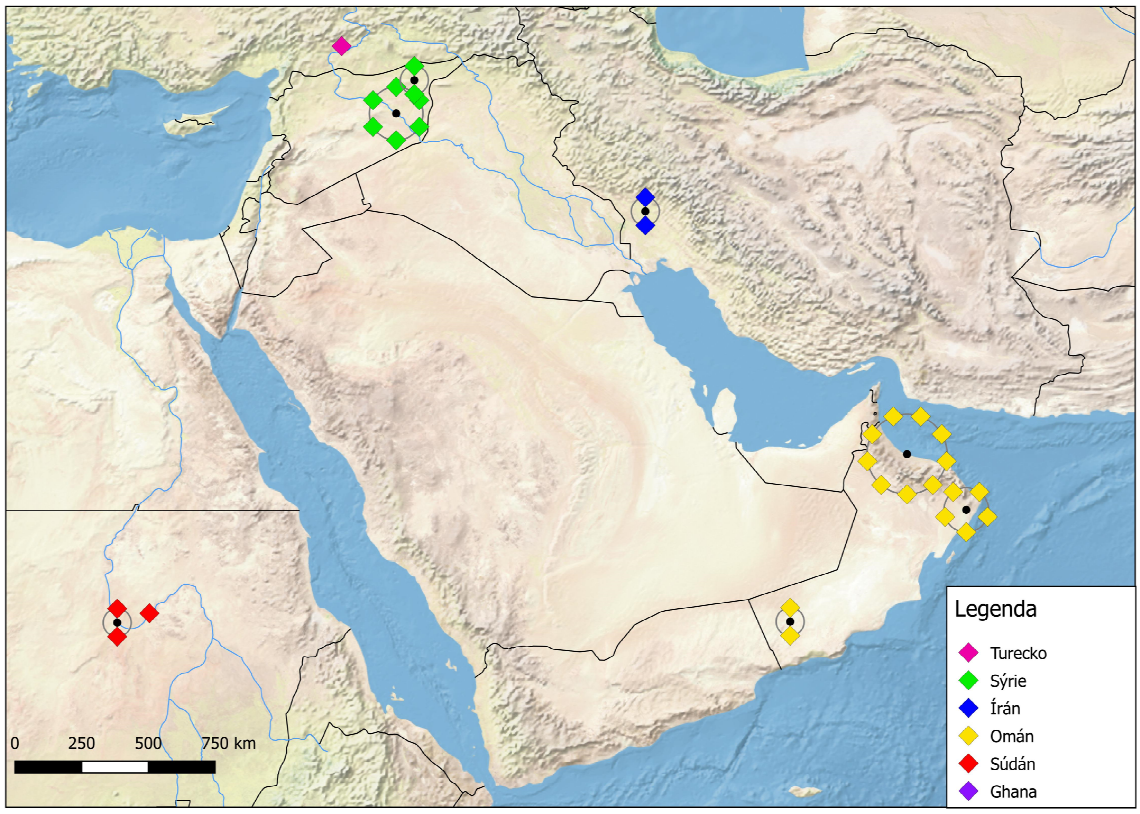
Pro vykreslení haplotypových sítí byly použity alignmenty haplotypů genů cyt-*b* a to pouze pro oba palearktické druhy rodu *Taphozous*. Tyto sítě tak odrážejí vnitrodruhové uspořádání, jak je popsáno výše a promítá ho i na mapě.

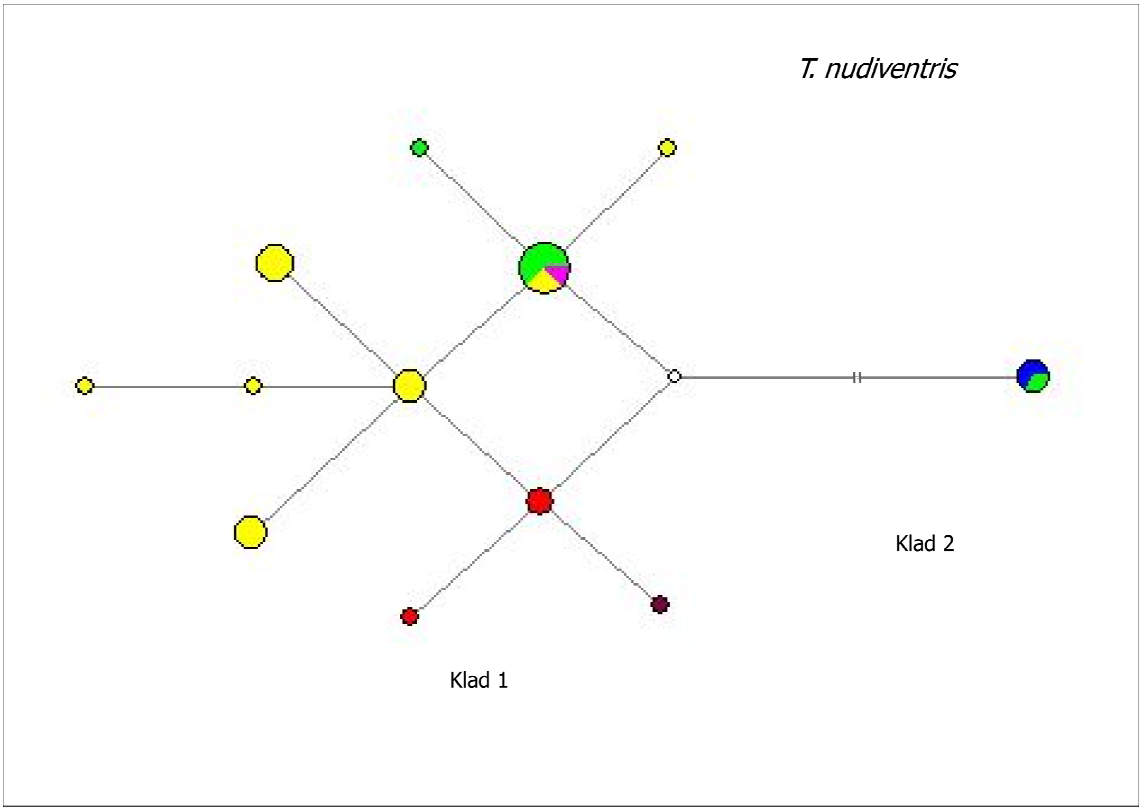
U druhu *T. nudiventris* bylo identifikováno 12 haplotypů genu cyt-*b*. Haplotypová diverzita tohoto druhu činí Hd: 0,8916 a bylo zde nalézeno 42 variabilních pozic.

Jak je patrno z haplotypové sítě (viz obr. 23 a 24), tento druh se dělí na dvě skupiny populací. Jednu tvoří íránské vzorky (na obr. 24 zabarveny modře) společně s jedním vzorkem ze Sýrie (na obr. 23 oranžově, na obr. 24 zeleně), a haplotypům ostatních jedinců jsou vzdáleni 30 substitučních kroků. Druhá skupina haplotypů (na obr. 23 žlutě), pocházející z jedinců obývajících zbylý areál včetně Sýrie a Turecka (na obr. 24 růžově), tvoří víceméně homogenní uskupení, jehož centrum leží v Ománu (na obr. 24 žlutě). Do této skupiny patří i afričtí jedinci ze Súdánu (na obr. 23 červeně) a ghanský jedinec (na obr. 24 fialově), kterého však nenajdeme na mapě.



Obr. 23. Haplotypová síť druhu *Taphozous nudiventris*. Černé tečky na mapě značí místo sběru, barevné kosočtverce značí počet jedinců a barva typ haplotypu na lokalitě. Čísla v síti značí počet substitucí rozdílu mezi jednotlivými haplotypy.

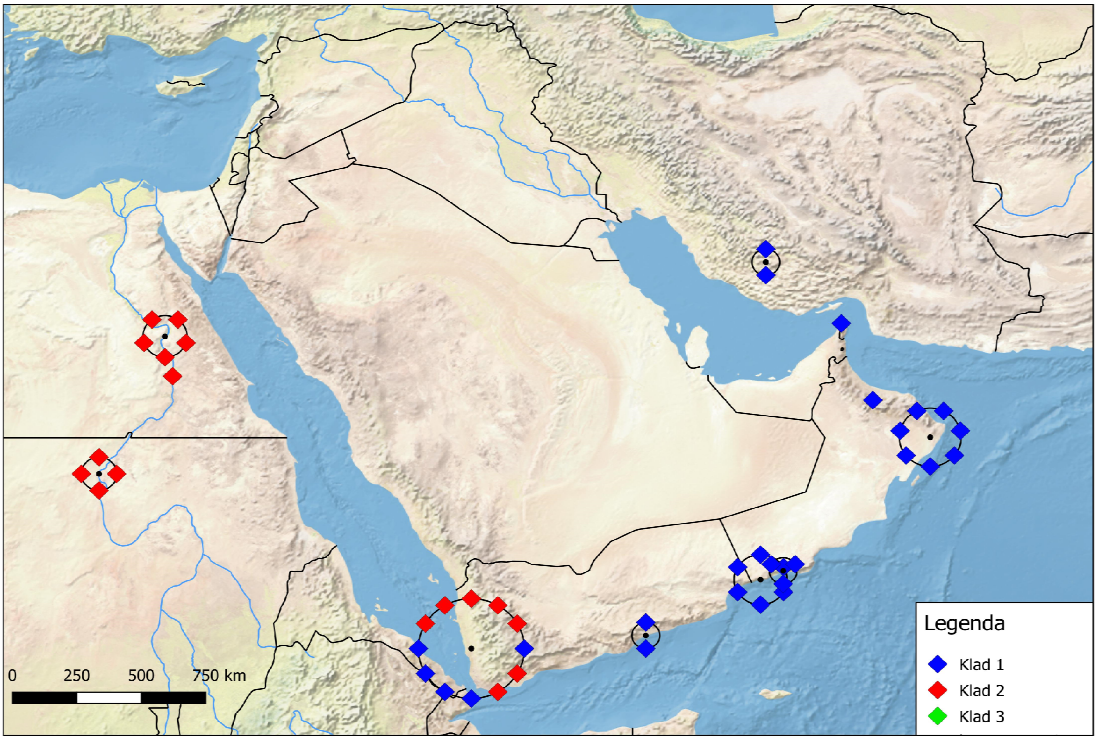


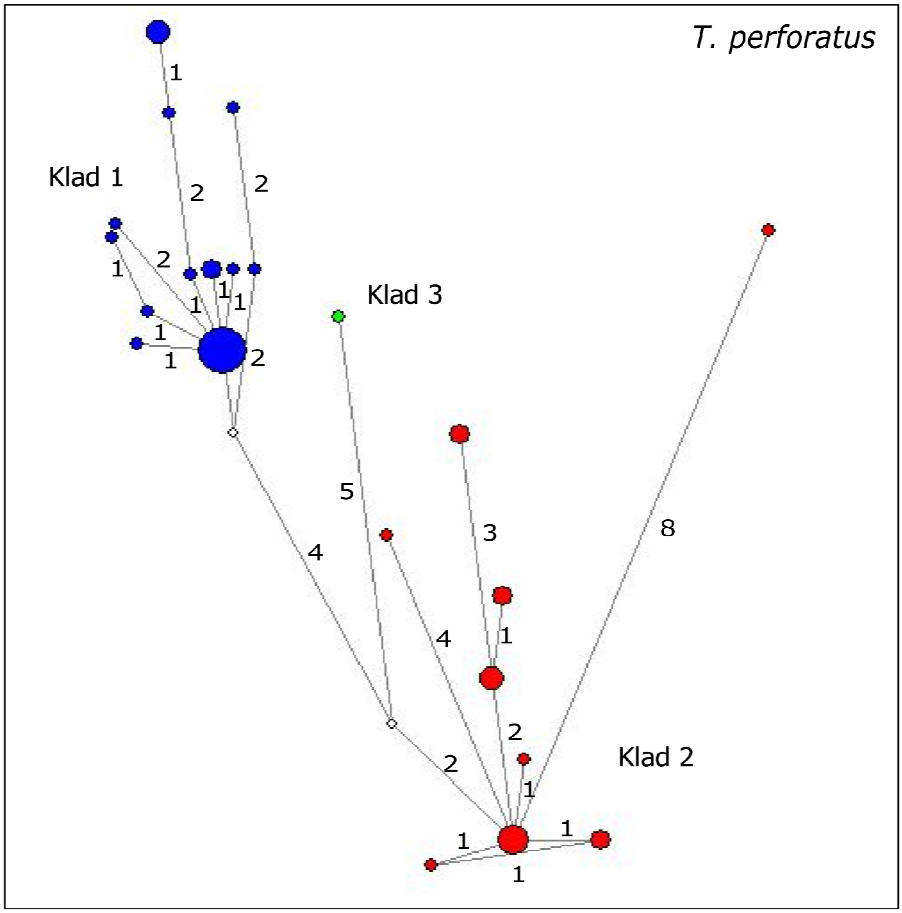


Obr. 24. Haplotypová síť druhu *Taphozous nudiventris*, upravená podle zemí výskytu. Černé tečky na mapě značí místo sběru, barevné kosočtverce značí počet jedinců a barva typ haplotypu na lokalitě. Délky linií neodpovídají počtu substitucí, pro přesné rozdíly viz obr. 22.

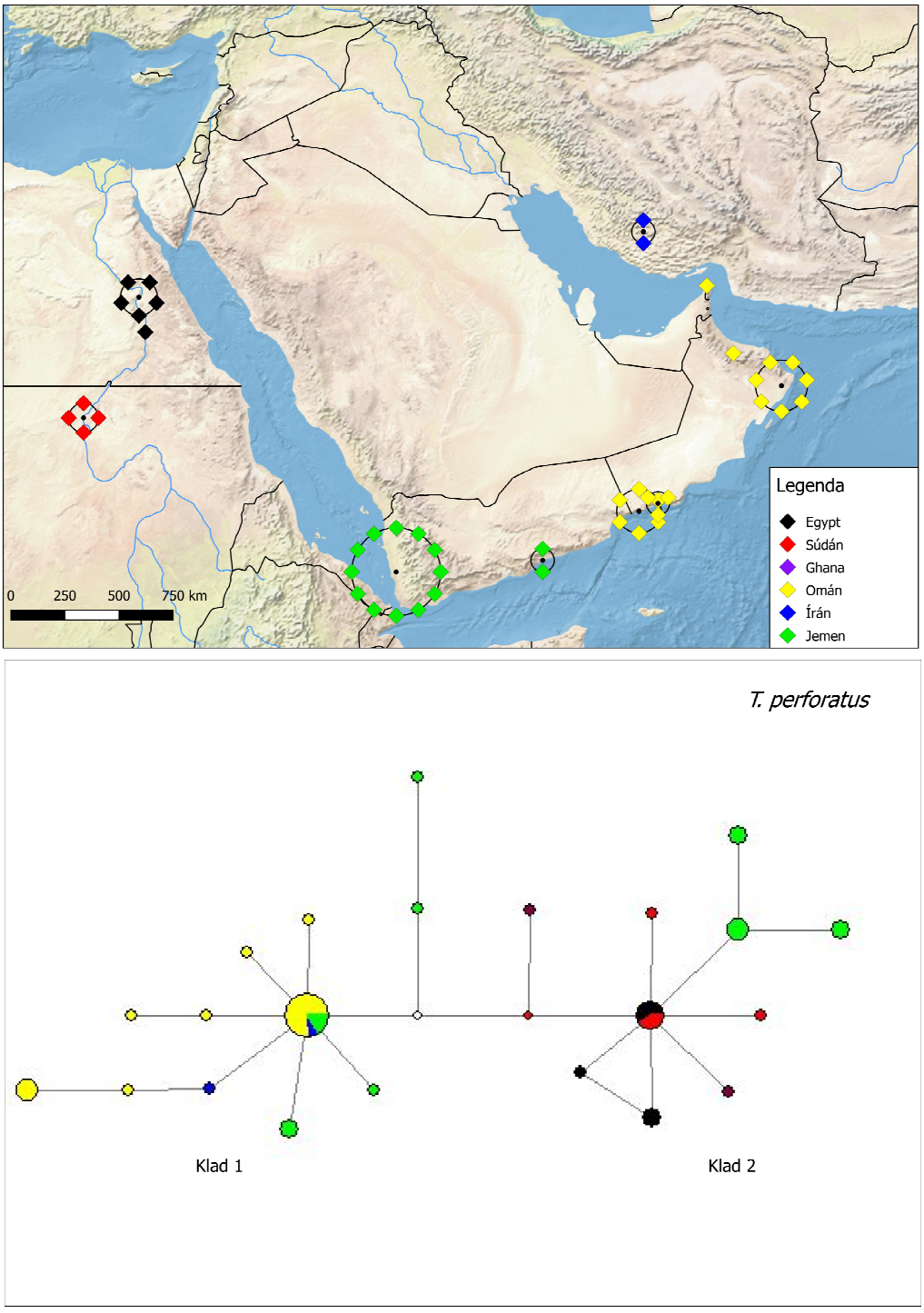
Odlišná situace panuje u druhu *T. perforatus*, ze kterého bylo identifikováno 22 haplotypů. Haplotypová diverzita u tohoto druhu činí Hd: 0,9053 a bylo nalézeno 41 variabilních pozic.

Haplotypová síť (viz obr. 25 a 26) ukazuje dvě skupiny, které jsou sice z velké části geograficky rozděleny, přesto zůstávají v překryvu v západním Jemenu. První skupina, ve které byl identifikován vyšší počet haplotypů, je zastoupena v Ománu (na obr. 25 zbarvena tmavě modře, na obr. 26 žlutě), společně s Íránem (na obr. 26 modře) a Jemenem (na obr. 26 zeleně). Zástupci druhé skupiny se pak vyskytují především v Africe, tedy v Egyptě a v Súdánu (na obr. 25 světle modře, na obr. 26 černě, resp. červeně), stejně tak ale i v Jemenu. Jemen se tak stává místem, kde se haplotypy obou skupin vyskytují společně (vzorky obou skupin byly získány z jediné kolonie). Na mapě nejsou zobrazeny ghanské vzorky, přičemž jeden haplotyp se pojí k africké skupině, byť jeho sekvence se liší v osmi nukleotidových pozicích a druhý tvoří samostatnou větev, která je ale odštěpena také od africké skupiny, neboť od africké skupiny je odlišena na sedmi nukleotidových místech a rozdíl mezi asijskou skupinou je deset substitucí (na obr. 25 v síti fialově, na obr. 26 oba haplotypy v síti fialově).





Obr. 25. Haplotypová síť druhu *Taphozous perforatus*. Černé tečky na mapě značí místo sběru, barevné kosočtverce značí počet jedinců a barva typ haplotypu na lokalitě. Čísla v síti značí počet substitucí rozdílu mezi jednotlivými haplotypy.



Obr. 26. Haplotypová síť druhu *Taphozous perforatus*, upravená podle zemí výskytu. Černé tečky na mapě značí místo sběru, barevné kosočtverce značí počet jedinců a barva typ haplotypu na lokalitě. Délky linií neodpovídají počtu substitucí.

4.2.5. Molekulární datování

Celkový alignment 22 druhů čeledi Emballonuridae a druhu *Nycteris hispida* ze sesterské čeledi Nycteridae byl složený ze sekvencí genů Cyt-*b*, 16S a Rag2 (viz tab. 9). Výsledný fylogenetický strom (obr. 26) ukazuje rozšířenou verzi podobného publikovaného stromu

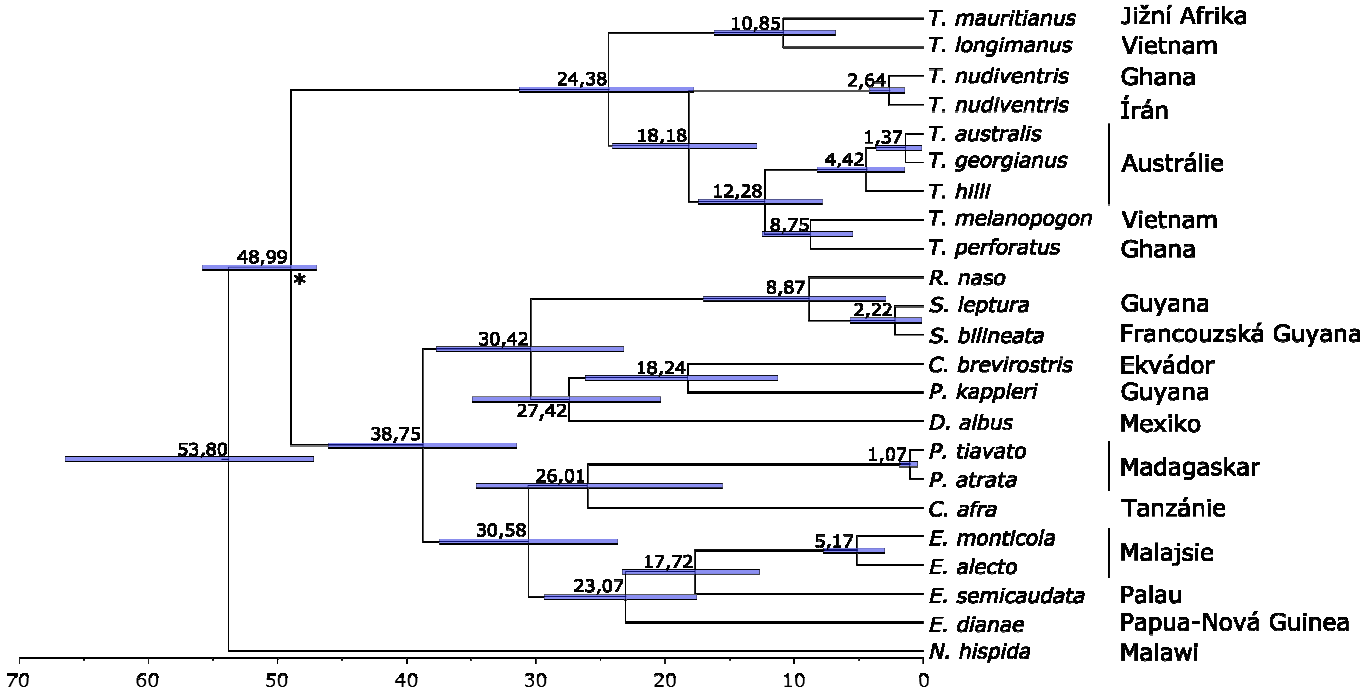
(Ruedi et al. 2012) a tím komplexnější informaci o fylogenetickém postavení zástupců celé čeledi. Tento strom byl vytvořen především kvůli molekulárnímu datování radiace linií v rámci této čeledi. Topologie stromu ukazuje monofyletické postavení předpokládaných podčeledí i tribů.

Radiace čeledi Emballonuridae (na obr. 27 označena *) byla vymezena fosilním nálezem *Tachypteron franzeni* a pomocí analýzy byla odhadnuta do období před 49 miliony let [95 % nejvyšší posteriorní hustota (highest posterior density – HPD) v rozmezí od 55,8 do 47,0 milionů let]. V té době se čeleď rozdělila na dvě linie. První linie se dále rozdělila před 38,8 miliony let (HPD v rozmezí 46 až 31,5 milionů let) na dvě skupiny, starosvětskou (obsahující rody *Paremballonura*, *Coleura* a *Emballonura*) a novosvětskou (obsahující rody *Rhynchonycteris*, *Saccopteryx*, *Cormura*, *Peropteryx* a *Diclidurus*). Ty se později dále štěpily na další linie.

V druhé linii se jednotlivé druhy rodu *Taphozous*, pro které existuje molekulární evidence, začaly štěpit před 24,4 miliony let (HPD v rozmezí 31,3 až 17,8 milionů let). V té době se od ostatních oddělila dvojice druhů *T. mauritianus* a *T. longimanus*. Samotné rozštěpení linií vedoucí k těmto dvěma druhům pak proběhlo před 10,9 miliony let (HPD v rozmezí 16,2 až 6,8 milionů let). Jako další se v rodu *Taphozous* oddělil v Palearktidě se vyskytující *T. nudiventris* a to před 18,2 miliony let (HPD v rozmezí 24 až 13 milionů let). Tento druh se dále štěpí na dvě linie, které se objevily v předchozích výsledcích. Pro první skupinu byly vybrány sekvence z Íránu, zastupující mezopotamskou skupinu. Do druhé skupiny byly vybrány sekvence z Ghany, které se však v předešlých výsledcích blízce pojí ke skupině, v jejímž jádru se nechází další afričtí a jihoarabští jedinci (ghanské sekvence byly vybrány z důvodu zastoupení sekvencí všech tří vybraných markerů). Štěpení těchto dvou liní proběhlo před 2,6 miliony let (HPD v rozmezí 4,1 až 1,5 milionů let).

Jako další se v rodu *Taphozous* oddělila linie australských forem a to před 12,3 miliony let (HPD v rozmezí 17,4 až 7,8 milionů let). Z této linie se jako první odštěpil *T. hilli* před 4,4 miliony let (HPD v rozmezí 8,2 až 1,5 milionů let). Nakonec se v této skupině rozdělily druhy *T. australis* a *T. georgianus* a to před 1,4 miliony let (HPD v rozmezí 3,6 až 1,13 milionů let).

Australská skupina se oddělila od linie vedoucí k dvojicí druhů *T. melanopogon* a *T. perforatus*. Linie těchto dvou druhů se pak rozdělily před 8,8 miliony let (HPD v rozmezí 12,5 až 5,5 milionů let). *T. perforatus* se sice vyskytuje v palearktické oblasti, pro tuto analýzu však byly použity sekvence ghanského vzorku. Stalo se tak opět z důvodu zastoupení sekvencí všech tří vybraných markerů.



Obr. 27. Chronogram zástupců čeledi Emballonuridae, založený na Bayesiánské analýze mitchondriálních (Cyt-*b* a 16S) a jaderných (Rag2) markerů. Čísla na uzlech značí střední odhad stáří rozdělení linií v milionech let, modré čáry na uzlech ukazují rozmezí těchto odhadů (95% nejvyšší posteriorní hustota). Na uzel s (*) byl položen minimální věk pro vznik čeledi Emballonuridae (viz Storch et al. 2002 a Ruedi et al. 2012).

5. Diskuse

Letouni jako velmi specifičtí živočichové se těší velkému zájmu vědců. Tento zájem však bývá poměrně nerovnoměrně směrován, což platí i pro zástupce čeledi Emballonuridae. Ti jsou obecně poměrně obstojně prozkoumáni morfologicky, v mnohých případech ale chybí průzkum na úrovni molekulárně genetické, bez které se už dnešní sytematika neobejde. To je i případ těch druhů této čeledi, které lze potkat v palearktické oblasti. Jedná se o tři druhy ze dvou podčeledí, *Coleura afra* z podčeledi Emballonurinae a *Taphozous nudiventris* a *T. perforatus* z podčeledi Taphozoinae. Tyto druhy jsou poměrně dobře definované, byť v některých znacích (např. velikost těla, zbarvení srsti) může být poměrně velká variabilita. I proto se na vnitrodruhové úrovni objevují nejasnosti, které je třeba vyřešit. Všechny tři druhy jsou v palearktické oblasti rozšířeny v několika populacích, mezi kterými se mohou objevit rozdíly a to především v tělesné velikosti nebo zbarvení srsti. Na základě těchto znaků bylo u každého druhu popsáno několik poddruhů. Mnohé z nich ale nejsou úplně jasně definovány vzhledem ke skutečné proměnlivosti a jejich počet je v různých publikacích různý. Prvním z palearktických zástupců je *C. afra*, který do palearktické oblasti zasahuje pouze okrajově na jihu Arabského poloostrova, kde by se měl vyskytovat poddruh *C. a. gallarum*. U *T. perforatus* by se v palearktické oblasti mělo jednat o dva poddruhy, prvním je nominotypický poddruh obývající většinu svého rozšíření v Palearktidě, druhým je pak *T. p. haedinus* z jižního cípu Arabského poloostrova. *T. nudiventris* by pak v této oblasti měl zahrnovat tři poddruhy. Nominotypický poddruh by měl obývat údolí Nilu s přesahem do Levanty a také jih Arabského poloostrova, *T. n. zayidi* by se měl vyskytovat na jihovýchodě Arabského poloostrova a *T. n. magnus* by měl tvořit samostatnou populaci v Mezopotámii a západním Íránu.

Cílem této práce bylo se za použití molekulárně genetických postupů zaměřit na nejasnosti v systematickém uspořádání palearktických populací čeledi a pokusit se s jejich pomocí je vyřešit. Pro genetickou analýzu byly použity mitochondriální i jaderné markery dohromady tvořící multilokusový dataset (ve zkratce mtDNA: Cyt-*b*, D-loop a 16S; nDNA: Rag2 a introny ACOX, COPS, STAT a BGN). Výsledky byly následně využity ve fylogenetické analýze včetně molekulárního datování.

5.1. Fylogenetické vztahy v rámci druhů čeledi Emballonuridae v palearktické oblasti

Výsledné genetické sekvence, tedy výsledek molekulárních analýz, byly použity ve fylogenetických analýzách, které tvoří nejdůležitější výstupy této práce. Byly vytvořeny fylogenetické stromy založené na sekvencích všech studovaných markerů, stejně jako strom, vypočítaný z konkatenovaného alignmentu všech genů. V něm se nacházejí všechny vzorky, ze kterých se podařilo získat alespoň jednu sekvenci. Je zde vytvořena rekonstrukce molekulárně genetické příbuznosti vybraného segmentu rodu *Taphozous*, která naznačuje fylogenezi této části rodu. Na tento fylogenetický strom navíc navazuje molekulární datování provedené ze všech dostupných vzorků z celé čeledi Emballonuridae, objasňující fylogenetické pozice jednotlivých druhů doplněné o datování stáří štěpení jednotlivých linií.

5.1.1. *Coleura afra*

Nejmenším druhem čeledi Emballonuridae, který obývá palearktickou oblast, je *Coleura afra*. Tento druh je zároveň jediným zástupcem podčeledi Emballonurinae, jejž lze nalézt v této oblasti (Koopman 1994, Dunlop 1997, Simmons 2005). V Palearktidě ovšem leží pouze okraj výskytu tohoto druhu, neboť je znám pouze z jižní části Arabského poloostrova, z Jemenu a Ománu (Harrison 1964, Horáček et al. 2000, Benda et al. 2011, 2013). Centrum jeho výskytu však leží v afrotropické oblasti, konkrétně v rovníkové části Afriky (Hayman et Hill 1971). Někteří autoři v rámci tohoto druhu rozlišují až tři poddruhy (Harrison 1964, 1965, Koopman 1975). Nominotypický poddruh je obyvatelem africké části rozšíření, palearktickou oblast by tak měl obývat pouze jediný z poddruhů, kterým je *C. a. gallarum* (Harrison 1964, Koopman 1975). Ten je morfologicky odlišen na základě velikosti těla a zbarvení srsti (viz úvod, Thomas 1915b, Dunlop 1997). Toto vymezení je ovšem spíše nejasné (Koopman 1975), často se dokonce mluví v souvislosti s dotyčnými znaky pouze o individuální variabilitě a tento poddruh se neuznává (Hayman et Hill 1971, Simmons 2005).

Pro molekulární analýzu tohoto druhu byly použity jedinci z Jemenu i Ománu (na obr. 16 zeleně), tedy z obou zemí v palearktické oblasti, kde se *C. afra* vyskytuje. Bohužel se pro tento druh zdárně podařilo získat sekvence pouze pro Cyt-*b*, amplifikace dalších markerů se nezdařila. Nejedná se přitom o staré vzorky (jemenské vzorky byly sebrány roku 2007, ománské roku 2012). U jaderných markerů se to zdá být obecný problém, neboť se zde příliš nedařila amplifikace ani u vzorků rodu *Taphozous*. Pro tento rod se však dařilo poměrně lehce amplifikovat d-loop region, což ovšem neplatí pro vzorky *Coleura afra*. Je tedy možné,

že by bylo potřeba použít specifičtější primery. Kvůli dosaženým výsledkům u Cyt-*b* nakonec nebyly zařazeny vzorky tohoto druhy ani mezi 16 jedinců, pro které se amplifikoval gen 16S.

Co se týče fylogeneze postavené pouze na Cyt-*b*, který je sám o sobě významným markerem používaným v mnohých pracech o molekulární fylogenetice (např. Puechmaille et al. 2011, Salicini et al. 2011, Thong et al. 2012, Dool et al. 2016), *Coleura afra* se znatelně drží na bázi fylogenetického stromu (obr. 17, 20 a 22) zástupců čeledi Emballonuridae v palearktické oblasti. Logicky je tak, díky řazení do odlišné podčeledi, v této oblasti sesterskou linií linie tvořené rodem *Taphozous*. Od druhů tohoto rodu jsou na základě *p*-distancí vzdáleni v rozmezí 21,4 % až 23,8 %. Vnitrodruhově však sekvence Cyt-*b* neukazují žádnou heterogenitu, bylo zde identifikováno pouze čtyři haplotypy. To naznačuje, že jedinci z Jemenu (tři haplotypy) a Ománu (jeden haplotyp) jsou si velmi příbuzní a náležejí do shodné linie (rozdílem mezi haplotypy jsou pouhé dvě substituce). Dá se tak říci, že obě zkoumané populace z palearktické oblasti lze zařadit do stejného poddruhu. Kvůli absenci sekvencí z Afriky však nelze o těchto populacích říci, zda se jedná o populace poddruhu *C. a. gallarum*, či zda jsou příbuzné nominotypickému poddruhu. Druhý případ by znamenal, že *C. a. gallarum* by byl pouze synonymní název. To může osvětlit další analýza rozšířená o sekvence z Afriky.

Co se týče postavení tohoto druhu v rámci celé čeledi, fylogeneticky strom pro molekulární datování (obr. 27) ukazuje jasné zařazení *Coleura afra* (použita byla publikovaná sekvence pro Rag2 z Tanzanie; Ruedi et al. 2012) do podčeledi Emballonurinae. Tato podčeleď je na zmíněném stromu zřetelně rozdělena na dva klady, jeden starosvětský a druhý novosvětský. To podporuje názor některých autorů o rozdělení této podčeledi na dva triby, Emballonurini a Diclidurini (Robbins et Sarich 1988, Griffits et Smith 1991, McKenna et Bell 1997, Lim et al. 2008, Ruedi et al. 2012). *Coleura afra* by se tak řadila do starosvětského tribu Emballonurini. Zde navíc tvoří dvojici s rodem *Paremballonura* a vytváří tak africký klad oproti indopacifickému kladu tvořenému rody *Emballonura* a *Mosia*. Ruedi et al. (2012) již tyto dvě linie zmínil v kontextu původu a šíření tohoto tribu a tento výsledek existenci takovýchto linií podporuje. K samotnému oddělení rodu *Coleura* od rodu *Paremballonura* zřejmě došlo v mladším oligocenu (chatt), před 26,0 miliony let [95 % nejvyšší posteriorní hustota (highest posterior density – HPD) je v rozmezí 34,6 až 15,6 milionů let, což představuje extrémně dlouhé období od přelomu oligocénu a eocénu po střední miocén]. Tato hodnota představuje zjevně stáří celého rodu, stáří druhu se pro absenci sekvencí sesterských druhů *C. seychellensis* a *C. kibomalandy* nedá odhadnout.

Více znalostí, které mohou nabídnout molekulární a následné fylogenetické analýzy, je možné získat jen přidáním sekvencí druhu *Coleura afra* z dalších částí areálu výskytu, jak bylo řečeno výše, jedná se o africké lokality. Dále je pak možné přidat i sekvence dalších dvou druhů z rodu *Coleura*, což by se dalo využit v hledání stáří divergence palearktického druhu.

5.1.2. *Taphozous nudiventris*

Největším netopýrem z čeledi Emballonuridae v palearktické oblasti je *Taphozous nudiventris* (Kingdon 1974). Ten je rovněž jedním z dvou druhů rodu *Taphozous*, který tuto oblast obývá, avšak jediným, který bývá řazen do podrodu *Liponycteris* (Simmons 2005). Tento podrod je odlišen na základě přítomnosti „okcipitální helmy“, což je výrazný srůst okcipitálního a sagitálního hřebene. Taktéž by jeho zástupci měli být vyšší průměrné velikosti těla a jejich ventrální a dorsální strana těla by měla být částečně olysalá (Thomas 1922, Rosevear 1965).

Taphozous nudiventris je široce rozšířeným druhem napříč afrotropickou, palearktickou a orientální oblastí (Harrison et Bates 1991). V palearktické oblasti se vyskytuje v oblasti Blízkého východu na Arabském poloostrově, v Mezopotámii od Íránu po jihovýchodní Turecko, Levantu a rovněž v Africe v údoli Nilu v Egyptě i Súdánu (Harrison 1964, Harrison et Bates 1991, Sachanowicz et al. 1999, Horáček et al. 2000). Až pět poddruhů bývá řazeno do tohoto druhu (Koopman 1994, Simmons 2005, Benda et al. 2006, 2012), přičemž tři z nich by se měli vyskytovat v palearktické oblasti. Mimo africkou část rozšíření (včetně Egypta a Súdánu) by se nominotypický poddruh měl vyskytovat v Palearktidě rovněž na jihozápadě Arabského poloostrova a v Levantě (Harrison et Bates 1991, Koopman 1994, Horáček et al. 2000, Benda et al. 2012). Populace ve východním cípu Arabského poloostrova by měly spadat do poddruhu *T. n. zayidi*, který byl odlišen dle šedého zbarvení srsti (Harrison 1964). Toto odlišení se však uznává pouze jako slabé (Harrison et Bates 1991), či se neuznává vůbec (Benda et al. 2006). Tyto dva poddruhy by pak měly patřit k velikostně menšímu morfotypu, zatímco větší morfotyp bývá řazen do poddruhu *T. n. magnus*. Ten by měl obývat Mezopotámii od Turecka po Írán (Sachanowicz et al. 1999, Horáček et al. 2000) a tento výskyt by měl být geograficky izolován od ostatních populací. Jeho odlišení od ostatních poddruhů je postaveno právě na větší tělesné velikosti a dále na světlejší srsti (Thomas 1915). Tyto rozlišovací znaky, na rozdíl od zatím zmíněných poddruhů kromě nominotypického, by dokonce mohly tento poddruh povýšit i na samostatný druh (Benda et al. 2006).

Pro molekulární analýzu byly použiti jedinci z Íránu, Sýrie, Ománu, Súdánu a Ghany. Z těchto vzorků se podařilo amplifikovat všechny použité mitochondriální markery, ovšem

jaderné markery nebyly tak lehce amplifikovatelné. Proto je od tohoto druhu pouze minimum sekvencí intronů a příliš mnoho není ani sekvencí Rag2. Důvod těchto problémů je těžko vysvětlitelný, protože zde není žádný vzor mezi jedinci, ze kterých se sekvence podařilo získat a i ve stáří vzorků existuje velký rozsah. Zajímavé je, že Ruedi et al. (2012) amplifikoval Rag2 ze shodných íránských vzorků, nám se to však nepovedlo, ani při opakování jejich postupu ze zmíněné studie. Proto byly do analýzy doplněny publikované sekvence z GenBanku, podobně jako jedna sekvence pro 16S (Van Den Bussche et Hoofer 2004) a dvě sekvence Cyt-*b* z Turecka a Sýrie (Coraman et al. 2013).

Výsledné fylogenie podle všech markerů staví *T. nudiventris* dovnitř fylogenetického stromu rodu *Taphozous*, kdy na bázi stromu leží afrotropický *T. mauritianus* společně s orientálním *T. longimanus*. To by odporovalo vymezení podrodu *Liponycteris* v současném pojetí (zahrnující *T. nudivetris* a *T. hamiltoni*), neboť by představoval vnitřní skupinu podrodu *Taphozous*, který by se tak jevil parafyletickým. To znamená, že v rámci rodu *Taphozous* zřejmě není třeba vymezovat žádné podrody, přinejmenším ne pro druh *T. nudventris*.

Vnitrodruhově tvoří sekvence Cyt-*b* dvě linie. Tyto dvě linie lze snadno interpretovat geograficky, neboť jednu linií tvoří íránské vzorky, tu druhou pak všechny ostatní vzorky. Jedinci z druhé linie se taky vyskytují na území, ve kterém by se měli vyskytovat zástupci poddruhů *T. n. nudiventris* a *T. n. zayidi*. Jelikož se mezi nimi nacházejí i jedinci z Egypta, kde leží typová lokalita území nominotypického poddruhu, měly by všechny vzorky spadat do tohoto poddruhu, *T. n. nudiventris*. A protože vzorky z této práce zahrnují i celé území uváděného výskytu *T. n. zayidi* (Harrison 1964), dá se předpokládat, že jedinci řazení k tomuto poddruhu spadají do nominotypického poddruhu, jméno *T. n. zayidi* Harrison, 1955 je tam namístě považovat za synonymum *T. n. nudiventris* Cretzschmar, 1830. Přítomnost íránské linie by naopak podporovalo platnost poddruhu *T. n. magnus*, neboť ten by se měl vyskytovat na území Mezopotámie až po Írán. Z tohoto území jsou však i syrské vzorky, jejichž sekvence jsou příbuznější vzorkům, které by měly patřit do poddruhu *T. n. nudiventris*. Komplikují to navíc publikované sekvence z Turecka a Sýrie, tedy taktéž oblasti výskytu *T. n. magnus* (podle morfologické příslušnosti). Turecká sekvence je totiž příbuzná námi vytvořeným sekvencím ze Sýrie, ale i Ománu a Súdánu. Naopak syrská sekvence náleží stejnému haplotypu jako íránské vzorky z této práce. Je tedy možné, že na území Mezopotámie, minimálně podle této práce na území Sýrie a Turecka, mohla proběhnout introgrese mitochondriální DNA mezi členy jednotlivých populací, byť v dnešní době by měly být tyto populace vzájemně izolovány. Že se u íránských vzorků jedná o populaci hodnotitelnou jako samostatný poddruh, potvrzují genetické vzdálenosti na základě *p*-distancí.

Mezi oběma populacemi je rozdíl 3,8 % v sekvencích Cyt-b, přičemž u savců by měl být rozdíl větší než pět procent, aby se mohlo mluvit o jiném druhu, zatímco nižší rozdíly mohou naznačovat poddruhové rozdíly (Baker et Bradley 2006). Na fylogenetickém stromě pro region D-loop naopak žádné rozdělení na více linií není patrné a uspořádání je homogenní. Vzorek z Íránu byl vybrán mezi osm vzorků, pro které byl amplifikován gen 16S. Zde byla vnitřní heterogenita nízká – podle *p*-distancí 0,3 %, pokud byl zahrnut íránský vzorek, ale jen 0,1 % pokud byl vyloučen, určité oddělení íránské sekvence je tedy patrné. Rozdíl od ostatních sekvencí podle *p*-distancí však činí pouhých 1,16 %, což by teoreticky nepodporovalo ani poddruhový rozdíl. To je však stále více nebo rovno rozdílu mezi australskými druhy (rozdíl mezi *T. australis* a *T. georgianus* je pouhých 0,38 %, menší rozdíl je i mezi *T. georgianus* a *T. hilli* – 1,13 %), což by naopak mohlo znamenat, že se i v případě *T. n. magnus* může jednat o samostatný druh. To i z toho důvodu, že nejvýznamnější rozdíly mezi australskými druhy jsou v tělesných rozměrech a *T. australis* jsou společně s *T. georgianus*, tedy dva nejpříbuznější australské druhy, rozšířeny sympatricky (Chimimba et Kitchener 1991).

Na fylogenetickém stromu pro mitochondriální markery je obecně patrné rozštěpení na dvě linie, navíc je dobře podpořeno jak PP (posterior probability), tak i BP (bootstrap percentage). Odlišná situace panuje u fylogenetického stromu na základě jaderné DNA. Zde druhy obecně nevytváří žádnou či pouze minimální vnitřní heterogenitu a nejinak tomu je i u *T. nudiventris*. Je zde však patrné, že jaderné markery jsou méně variabilní, než mitochondriální a *p*-distance mezi druhy jsou velmi nízké. Rozštěpení na dvě linie je však nakonec dobře patrné i na výsledném multilokusovém fylogenetickém stromě, což taxonomické vymezení podporuje podstatněji, než pouhá analýza sekvencí Cyt-*b*.

Lépe je toto rozštěpení vidět na haplotypové síti. Na základě sekvencí Cyt-*b* je jasně odlišená populace v Íránu s jedním jedincem ze Sýrie, kde rozdíl mezi nejbližšími příbuznými činí 30 substitucí. Rozdíly mezi sekvencemi z ostatních populací pak činí maximálně pouhé tři sekvence.

Vše zmíněné výše potvrzuje strom pro molekulární datování složený ze sekvencí pro Cyt-*b*, 16S a Rag2. *T. nudiventris* je znovu postaven dovnitř stromu rodu *Taphozous* a od ostatních se oddělil ve starším miocénu (burdigal) před 18,2 miliony let – 95 % nejvyšší posteriorní hustota (highest posterior density – HPD) je v rozmezí 24,0 až 13,0 milionů let, to je od přelomu miocénu a oligocénu po střední miocén. Přidáním sekvencí od íránského vzorku se navíc i zde ukázalo rozštěpení na dvě linie, kdy se íránská linie s linií, ve které jsou všechny ostatních populace, rozdělily zhruba na přelomu pleistocénu a pliocénu před 2,64

miliony let (HPD je v rozmezí 4,1 až 1,5 milionů let, to je od středního pleistocénu po střed pliocénu).

Z toho vychází, že ačkoli jsou zde navrhované tři poddruhy pro *T. nudiventris*, molekulární markery naznačují přítomnost dvou poddruhů. To znamená, že *T. n. zayidi* je namístě považovat za synonymum, kdežto pozice *T. n. magnus* jakožto poddruhu je podpořena. Z důvodu možné introgrese je však potřeba zvážit a analyzovat i jiné markery jako například mikrosatelity, které díky vyšší mutační rychlosti ukazují ještě lépe vnitrodruhové postavení jednotlivých populací, a které by mohly potvrdit případný druhový statut, jenž dosavadní studium nedokázalo potvrdit ani vyvrátit, byť by to mohla naznačovat vyšší heterogenita mezi populacemi u 16S než je heterogenita mezi australskými druhy rodu *Taphozous*.

5.1.3. *Taphozous perforatus*

Menším ze dvou druhů rodu *Taphozous* v palearktické oblasti je *Taphozous perforatus* (Koopman 1994, Monadjem et al. 2010). Tento druh, na rozdíl od předchozího, nebývá řazen do samostatného podrodu a je tak nominálně příslušníkem (a typovým druhem) nominotypického podrodu (Simmons 2005). S předchozím druhem má však blízký areál rozšíření, který se rozkládá v afrotropické, palearktické a orientální oblasti (Meester et al. 1986, Harrison et Bates 1991, Bates et Harrison 1997). V palearktické oblasti se vyskytuje v údolí Nilu, Levantě, v pobřežních oblastech Arabského poloostrova od Saúdské Arábie po Omán a na jihu Íránu (Horáček et al. 2000). V různých publikacích zahrnuje tento druh různý počet poddruhů od tří (Kock 1969, Meester et al. 1986) po šest (Hayman et Hill 1971, Koopman 1994), z nichž kromě nominotypického nemá žádný jasnou pozici a definici. Právě nominotypický poddruh je jedním ze dvou poddruhů, které by se měly vyskytovat v Palearktidě. Jeho rozšíření by mělo kopírovat rozšíření celého druhu v palearktické oblasti kromě jižního cípu Arabského poloostrova (Koopman 1994). V tomto cípu na jihozápadě Jemenu by se pak měl vyskytovat *T. p. haedinus* (Thomas 1915, Ellerman et Morrison-Scott 1951, Harrison 1964, Kock 1969), odlišený podle tmavšího odstínu srsti a hnědého zbarvení křídel (Thomas 1915). Z toho vyplývá, že ani tento poddruh neoplývá silnou definicí a bývá proto považován za sporný (Rosevear 1965).

Pro molekulární analýzu byli použiti jedinci z Íránu, Ománu, Jemenu, Egypta, Súdánu a Ghany. Z těchto vzorků se podařilo amplifikovat všechny použité mitochondriální markery, ačkoliv jaderné markery nebyly lehce amplifikovatelné. Proto není k disposici mnoho sekvencí Rag2, ani intronů, u obou typů markerů je však vyšší úspěšnost amplifikace než u předchozího druhu (viz tab. 10). Důvod těchto problémů je opět těžko vysvětlitelný, protože

zde není žádný vzor v původu jedinců, ze kterých se sekvence podařilo získat a i stáří vzorků je ve velkém rozsahu. Z GenBanku pak byla doplněna jedna sekvence Cyt-*b* ze Saúdské Arábie (Memish et al. 2013). Ta však byla příliš krátká pro využití v haplotypových sítích, kde svou délkou ubírala variabilní místa a proto nebyla při jejich tvorbě použita.

Ve všech výsledných fylogeniích patří *T. perforatus* k odvozenějším druhům rodu, kdy často vytváří korunové skupiny, ve valné většině stromů společně s *T. melanopogon*. Pokud ten není přítomen (tj. u mitchondriálního regionu D-loop), tvoří skupinu s *T. nudiventris*.

Vnitrodruhově není tento druh nijak zvlášť heterogenně rozčleněn. To odpovídá i *p*-distancím Cyt-*b* pro vnitrodruhové uspořádání, které je pouze 0,6 %. Při blízkém pohledu je však vidět, že se linie, kterou tvoří především africké vzorky, společně s částí jemenských vzorků štěpí od linie tvořenou vzorky z Ománu a Íránu, stejně jako částí jemenských vzorků. Na výsledném stromě pro D-loop je sice vyšší heterogenita v rámci vnitrodruhového členění (podle *p*-distancí 3,7 %), podobně jako u předchozího druhu však není patrné žádné určité dělení na geografické linie. Ani u genu 16S není vnitrodruhová heterogenita vysoká (podle *p*-distancí pouze 0,2 %). Je zde patrná pouze jedna vnitřní skupina, kterou tvoří vzorky ze západního Ománu a Íránu, kdežto zbytek sekvencí tvoří vzorky z východního Ománu, Jemenu, Egypta a Súdánu. Při spojení všech mitochondriálních markerů do jednoho fylogenetického stromu je situace v podstatě stejná jako u samotného Cyt-*b*. Vnitřní heterogenita je nízká, je tam však určitý náznak linie afrických populací. Nízká heterogenita je podobně i u jaderných markerů (podle *p*-distancí jen 0,2 %), zde však není tolik překvapivá, a není patrná tendence k štěpení na linie. Na výsledném fylogenetickém stromu složeném ze všech markerů je *T. perforatus* divergován opět velmi nízce, díky přidanému geografickému rozšíření na jednotlivé země je však patrná separace vzorků z Ománu a Íránu od vzorků z Afriky a mezi nimi se v různé míře vyskytují jemenské vzorky.

V haplotypových sítích je názorně vidět to, co se v předchozím odstavci stále opakovalo. Podle Cyt-*b* se haplotypy tohoto druhu dělí na slabě vymezené dva klady, kdy první z nich je tvořen jedinci z Ománu, kde by mohlo být centrum rozšíření druhu v palearktické oblasti. Do tohoto kladu navíc spadají taktéž jedinci z Íránu a společně s nimi i někteří jedinci z Jemenu. Druhý klad je pak tvořen africkými jedinci, tedy jedinci z Egypta a Súdánu. Do tohoto kladu spadají i jedinci z Ghany, byť už jsou odděleni větším počtem substitucí. A jako u předchozího kladu, i zde se vyskytují jedinci z Jemenu. Ten tak tvoří přechodné pásmo mezi oběma klady, jejich přechod je tak spíše difusní než ostře geograficky vymezen.

Přítomnost obou linií v Jemenu ukazuje, že tyto linie mají v této oblasti sympatrické rozšíření. Jak navíc *p*-distance u všech markerů, obě linie si jsou vzájemně velmi příbuzné. To

znamená, že se jedná o homogenní formu, která náleží jednomu taxonu. Rozdělení těchto linií na africkou a arabsko-íránskou tak značí spíše trend v rozšíření, než vymezení dvou taxonů.

Nejbližším příbuzným tohoto druhu je dle fylogenetických stromů i *p*-distancí *T. melanopogon*. Tyto dva druhy pojí společné rozšíření na indickém subkontinetu (Corbet et Hill 1992, Bates et Harrison 1997). To by mohlo naznačovat, že fylogenetický původ druhu *T. perforatus* leží nejspíše v Asii, odkud se šířil směrem na západ do Afriky. Tyto dva druhy se pak oddělily v mladším miocénu (torton) před 8,75 miliony let (highest posterior density – HPD) je v rozmezí 16,2 až 6,8 milionů let, to je od staršího miocénu po nejmladší miocén).

Nízká míra divergence v rámci *T. perforatus* nepodporuje dosavadní rozšířené mínění, že by u tohoto druhu v palearktické a na severu afrotropické oblasti existovalo více poddruhů. Tudíž je možné buď *T. p. haedinus* považovat za synonymní anebo je možné, že jihoarabské populace byly k tomuhoto poddruhu přiřazeny neoprávněně. Ten by namísto toho obýval pouze africký areál, kde by se měl vyskytovat ve východní Africe (Thomas 1915, Ellerman et Morrison-Scott 1951, Harrison 1964, Kock 1969). K tomu aby oprávněnost posledního poddruhu (alepsoň pro jeho africký areál) byla potvrzena anebo vyvrácena, je nutné analyzovat rovněž vzorky pocházející z této oblasti. Celkově by však pro komplexnější rozluštění vnitrodruhové fylogeneze bylo vhodné zanalyzovat vzorky kromě z Afriky i z Asie, k čemuž by mohly pomoci i sbírky jiných museí.

5.2. Fylogenetické vztahy v rámci čeledi Emballonuridae

Pro posouzení mezidruhových vztahů v obou podčeledích poslouží fylogenetický strom složený z konkatenovaného datasetu všech markerů (obr. 22) a fylogenetický strom složený z konkatenovaného datasetu z Cyt-*b*, 16S a Rag2, u kterého byla navíc provedena metoda molekulárního datování.

Vztahy v rámci podčeledi Emballonurinae jsou již diskutovány v kapitole 5.1.1; fylogenetický strom pro molekulární datování částečně kopíruje již dříve publikovaný strom (Ruedi et al. 2012), který je rozšířen o několik druhů a metoda datování byla upravena, čímž by se mělo dospět k přesnějšímu datování. Tato podčeleď není pro tuto práci stěžejní, budou zde diskutovány vztahy pouze v rámci podčeledi Taphozoinae.

5.2.1. Podčeleď Taphozoinae

V rámci podčeledi Taphozoinae se rozlišují dva rody, z nichž pro *Saccolaimus* nebyla k disposici žádná sekvence. Druhý rod *Taphozous* se dále dělí na 14 druhů, z toho pro osm z nich je dostupná molekulární evidence v námi použitých markerech a to v mitchondriálních

markerech, jaderné sekvence jsou pouze ty, které jsou získané v této práci z použitých druhů. Z těchto dostupných dat není jednoznačné datovat vznik celé podčeledi, avšak podobně jako u jednotlivých druhů, lze alespoň zjistit stáří štěpení jednotlivých linií, jak je popsáno v kapitole 4.2.5.

Co se dá lépe vyčíst z fylogenetických stromů, jsou výsledky diskutované již v kapitole 5.1.2 o druhu *Taphozous nudiventris*. Tedy že rod *Taphozous* bývá dělen na dva podrody, *Taphozous* a *Liponycteris* (Simmons 2005). Do druhého zmíněného by měl patřit *T. nudiventris*. Ten ale naše výsledky umístily dovnitř rodového stromu, což naznačuje neoprávněnost vymezení podrodu *Liponycteris*.

Původ rodu *Taphozous* je těžké odhadnout, neboť na bázi rodu stojí dvojice druhů s rozdílným rozšířením. *T. mauritianus* je totiž rozšířen v afrotropické oblasti (Hayman et Hill 1971), kdežto *T. longimanus* se vyskytuje v orientální oblasti (Corbet et Hill 1992, Bates et Harrison 1997). Nelze tak jednoznačně říci, zda je původnější africké nebo asijské rozšíření.

Další zajímavé uskupení v této podčeledi tvoří trojice druhů z Austrálie, *T. australis*, *T. georgianus* a *T. hilli* (Chimimba et Kitchener 1991). Pro ně jsou sice dostupné pouze jednotlivé sekvence pro 16S, i ty ale umožňují ukázat, jak moc jsou si tyto druhy blízké – především to platí pro dvojici *T. australis* a *T. georgianus*. Rozdíl mezi nimi v *p*-distancích je pouhých 0,38 % a jejich oddělení neproběhlo dávno, teprve před 1,37 milionem let ve spodním pleistocénu (highest posterior density – HPD) je v rozmezí 3,6 až 0,13 milionů let, to je od přelomu svrchního a středního pleistocénu po přelom mladšího (piacenz) a staršího (zancl) pliocénu.

Z toho vyplývá, že v rodu *Taphozous* je stále množství nevyřešených otázek, což platí i pro celou podčeleď Taphozoinae. Pro oba rody z této podčeledi by bylo vhodné získat další sekvence, které by umožnily kompletnější genetickou analýzu a fylogenetickou rekonstrukci.

6. Závěr

Cílem této práce bylo pomocí molekulárně genetické analýzy zrevidovat fylogenetické vztahy zástupců čeledi Emballonuridae vyskytujících se v palearktické oblasti. Touto metodou bylo dosaženo těchto výsledků:

Jedinci druhu *Coleura afra*, kteří jsou rozšířeni v oblasti Blízkého východu, tedy v jižním Jemenu a západním Ománu, si jsou vzájemně velmi příbuzní a je možné je řadit do jediného taxonu (na úrovni poddruhu). Bez porovnání s africkými populacemi se však nedá říci, zda se jedná o poddruhu *C. a. afra* či *C. a. gallarum*.

V rámci podčeledi Emballonurinae byl na základě fylogenetické analýzy molekulárního datování potvrzen názor o vhodném rozdělení této podčeledi na dva triby, na novosvětský Diclidurini a starosvětský Emballonurini. Druhý jmenovaný je navíc zřetelně dělen na dvě větve, kdy jednu tvoří dva rody z afrotropické oblasti – *Paremballnura* a *Coleura* a druhou pak tvoří rod z orientální oblasti a tichomořských ostrovů – *Emballonura*. Pro posouzení zařazení rodu *Mosia* do tohoto tribu by bylo zapotřebí použít sekvence zástupce zmíněného rodu.

Druh *Taphozous nudiventris* je na základě mitochondriálních markerů zřetelně rozdělen na dvě linie, jaderné markery však neukazují žádné štěpení. Celkový fylogenetický strom pak podporuje rozštěpení tohoto druhu na dvě linie. V první linii jsou zahrnuti všichni jedinci z velikostně menšího morfotypu (nominálně řazené nejméně ke dvěma poddruhům) z afrického a arabského areálu a společně s těmito jedinci se pojí i tato linie i většina sekvencí většího morfotypu ze Sýrie a Turecka. Jedinci z této linie si jsou vzájemně velmi příbuzní. To za přítomnosti nominotypického poddruhu v oblasti vylučuje poddruh *T. n. zayidi* jako oprávněný; toto jméno může tak být považováno za synonymum *T. n. nudivetris*. Druhá linie pak zahrnuje sekvence většího morfotypu z Íránu a jednu sekvenci ze Sýrie. Na základě *p*-distancí je ukázano, že tyto dvě linie jsou odlišeny natolik, aby mohlo být potvrzeno poddruhové postavení *T. n. magnus*. Při porovnání s jinými druhy v rámci rodu *Taphozous* (např. s australskými druhy) by se navíc dalo uvažovat i o samostatném druhu. Kvůli nepříbuznosti mitochondriálních markerů jedinců na území Mezopotámie, která je izolovaná od ostatních areálů, je možné, že mezi liniemi mohla

proběhnout introgrese mitochondriálních genů. Z tohoto důvodu by bylo vhodné, pro lepší porozumění vztahů mezi těmito dvěma liniemi, použít další markery, např. mikrosatelity.

Vnitřní postavení druhu *T. nudiventris* na fylogenetickém stromu ukazuje, že podrod *Liponycteris*, do kterého tento druh bývá řazen, je parafyletický. To by znamenalo, že toto označení by se stalo synonymem, neboť *T. nudiventris* je typovým druhem podrodu *Liponycteris*. O pozici druhého druhu, který je v tomto podrodu zahrnutý – *T. hamiltoni*, není nic známo, ale z výše uvedeného důvodu už by neměl být řazen do podrodu *Liponycteris*.

Palearktické sekvence druhu *T. perforatus* neukazují velkou míru divergence, nelze tak mluvit o více poddruzích v rámci tohoto druhu na Blízkém východě. Za přítomnosti nominotypického poddruhu je zřejmé, že v oblasti nelze nalézt zástupce poddruhu *T. p. haedinus*, který se tak stále může vyskytovat ve východní Africe. Je ovšem zjevné, že sekvence tohoto druhu se dělí na dvě blízce příbuzné sublinie, kdy jednu tvoří afričtí jedinci společně s částí jemenských jedinců, druhou pak tvoří ománští a iránští jedinci společně s druhou částí jemenských jedinců. Haplotypové sítě navíc naznačují, že centrum výskytu tohoto druhu v této oblasti leží právě v Ománu, což by dále mohlo naznačovat asijský původ druhu. K dalšímu zkoumání by ovšem byly potřeba sekvence z dalších částí areálu *T. perforatus*.

7. Literatura

Al-Robaae, K. 1968. Notes on the biology of the tomb bat, *Taphozous nudiventris magnus* v. Wettstein 1913, in Iraq. *Säugetierkundliche Mitteilungen*, 16, 21–26

Almeida, F. C.; Giannini, N. P.; DeSalle, R.; Simmons, N. B. 2011. Evolutionary relationships of the old world fruit bats (Chiroptera, Pteropodidae): Another star phylogeny?. *BMC Evolutionary Biology*, 11, 281–297.

Armstrong, K. N. 2006. Phylogeographic structure in *Rhinonicteris aurantia* (Chiroptera: Hipposideridae): implications for conservation. *Acta Chiropterologica*, 8 (1), 63–81.

Baker, R. J.; Porter, C. A.; Patton, J. C.; Van Den Bussche, R. A. 2000. Systematics of bats of the family Phyllostomidae based on RAG2 DNA sequences. *Occasional Papers, The Museum Texas Tech University.*, 202, 1–16.

Baker, R. J.; Bradley, R. D. 2006. Speciation in Mammals and the Genetic Species Concept. *Journal of Mammalogy*, 87 (4), 643–662.

Bandelt, H-J.; Forster, P.; Röhl, A. 1999. Median-Joining Networks for Inferring Intraspecific Phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 16 (1), 37–48.

Barghoorn, S. F. 1977. New material of *Vespertiliavus* Schlosser (Mammalia, Chiroptera) and Suggested Relationship of Emballonurid Bats Based on Cranial Morphology. *American Museum Novitates*, 2618, 1–29.

Bates, P. J. J.; Harrison, D. L. 1997. *Bats of the Indian Subcontinent*. Harrison Zoological Museum, 258 pp.

Benda, P. 2010. České vernakulární jmenosloví netopýrů. I. Návrh úplného jmenosloví. *Vespertilio*, 13–14, 263–308.

Benda, P.; Gaisler, J. 2015. Bats (Mammalia: Chiroptera) of the Eastern Mediterranean and Middle East. Part 12. Bat fauna of Afghanistan: revision of distribution and taxonomy. *Acta Societatis Zoologicae Bohemicae*, 79, 267–458.

Benda, P.; Andreas, M.; Kock, D.; Lučan, R. K.; Muclinger, P.; Nová, P.; Obuch, J.; Ochman, K.; Reiter, A.; Uhrin, M.; Weinfurtová, D. 2006. Bats (Mammalia: Chiroptera) of the Eastern Mediterranean. Part 4. Bat fauna of Syria: distribution, systematics, ecology. *Acta Societatis Zoologicae Bohemicae*, 70, 1–329.

Benda, P.; Al-Jumaily, M. M.; Reiter, A.; Nasher, A. K. 2011. Noteworthy records of bats from Yemen with description of a new species from Socotra. *Hystrix, the Italian Journal of Mammalogy*, n.s., 22 (1), 23–56.

Benda, P.; Faizolâhi, K.; Andreas, M.; Obuch, J.; Reiter, A.; Ševčík, M.; Uhrin, M.; Vallo, P.; Ashrafi, S. 2012. Bats (Mammalia: Chiroptera) of the Eastern Mediterranean and Middle East. Part 10. Bat fauna of Iran. *Acta Societatis Zoologicae Bohemicae*, 76, 163–582.

Benda, P.; Reiter, A; Uhrin, M. 2013. Bat fauna of the Sultanate of Oman. *Mammalian Biology*, 78S, 6.

Brosset, A. 1962. The bats of Central and Western India. Part 1.. *Journal of the Bombay Natural History Society*, 59, 1–57.

Castella, V.; Ruedi, M.; Excoffier, L. 2001. Contrasted patterns of mitochondrial and nuclear structure among nursery colonies of the bat *Myotis myotis*. *Journal of Evolutionary Biology*, 14, 708–720.

Cavalli-Sforza, L. L.; Edwards, A. W. F. 1967. Phylogenetic analysis models and estimation procedures. *American Journal of Human Genetics*, 19 (3 I), 233–257.

Chen, J.; Rossiter, S. J.; Flanders, J. R.; Sun, Y.; Hua, P.; Miller-Butterworth, C.; Liu, X.; Rajan, K. E.; Zhang, S. 2010. Contrasting genetic structure in two co-distributed species of old world fruit bat. *PLoS ONE*, 5 (11), E13903.

Chimimba, C. T.; Kitchener, D. J. 1991. A Systematic Revision of Australian Emballonuridae (Mammalia: Chiroptera). *Records of the Western Australia Museum*, 15 (1), 203–265.

Colket, E.; Wilson, D. E. 1998. Taphozous hildegardeae. *Mammalian Species*, 597, 1–3.

Coraman, E.; Furman, A.; Karatas, A.; Bilgin, R. 2013. Phylogeographic analysis of Anatolian bats highlights the importance of the region for preserving the Chiropteran mitochondrial genetic diversity in the Western Palaearctic. *Conserv. Genet.*, 14, 1205–1216.

Corbet, G. B.; Hill, J. E. 1980. *A World List of Mammalian Species*. British Museum (Natural History), London, 226 pp.

Corbet, G. B.; Hill, J. E. 1992. *The Mammals of the Indomalayan Region: A Systematic Review*. Natural History Museum, London, 488 pp.

Darriba, D.; Taboada, G. L.; Doallo, R.; Posada, D. 2012. jModelTest 2: more models, new heuristics and high-performance computing. *Nature Methods*, 9 (8), 772–775.

Dool, S. E.; Puechmaille, S. J.; Foley, N. M.; Allegrini, B.; Bastian, A.; Mutumi, G. L.; Maluleke, T. G.; Odendaal, L. J.; Teeling, E. C.; Jacobs, D. S. 2016. Nuclear introns outperform mitochondrial DNA in inter-specific phylogenetic reconstruction: Lessons from horseshoe bats (Rhinolophidae: Chiroptera). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 97, 196–212.

Drummond, A. J.; Ho, S. Y. W.; Phillips, M. J.; Rambaut, A. 2006. Relaxed phylogenetics and dating with confidence. PLoS Biology, 4 (5), 699–710.

Drummond, A. J.; Suchard, M. A.; Xie, D.; Rambaut, A. 2012. Bayesian phylogenetics with BEAUti and the BEAST 1.7. *Molecular Biology And Evolution*, 29, 1969–1973.

Dunlop, J. 1997. *Coleura afra*. *Mammalian Species*, 566, 1–4.

Dunlop, J. M. 1998. *The evolution of behaviour and ecology in Emballonuridae* (*Chiroptera*). DPhil Thesis, York University.

Eick, G. N.; Jacobs, D. S.; Matthee, C. A. 2005. A nuclear DNA phylogenetic perspective on the evolution of echolocation and historical biogeography of extant bats (Chiroptera). *Molecular Biology and Evolution*, 22 (9), 1869–1886.

Ellerman, J. R.; Morrison-Scott, T. C. S. 1951. *Checklist of Palearctic and Indian Mammals 1758 to 1946*; Trustees of the British Museum (Natural History): London, 810 pp

Felsenstein, J. 1981. Evolutionary Trees from DNA Sequences: A Maximum Likelihood Approach. *Journal of Molecular Evolution*, 17, 368–376.

Felten, H. 1962. Bemerkugen zu Fledermäusen der Gattungen *Rhinopoma* und *Taphozous* (Mammalia, Chiroptera). *Senckenbergiana Biologica*, 43, 171–176.

Flannery, T. F. 1994. Systematic revision of *Emballonura furax* Thomas, 1911 and *E. dianae* Hill, 1956 (Chiroptera: Emballonuridae), with description of new species and subspecies. *Mammalia*, 58 (4), 601–612.

Fumagalli, L.; Taberlet, P.; Favre, L.; Hausser, J. 1996. Origin and Evolution of Homologous Repeated Sequences in the Mitochondrial DNA Control Region of Shrews. *Molecular Biology and Evolution*, 13 (1), 31–46.

Gerlach, T.; Taylor, M. 2006. Habitat use, roost characteristics and diet of the Seychelles sheath-tailed bat *Coleura seychellensis*. *Acta Chiropterologica*, 8 (1), 129–139.

Giannini, G. P.; Almeida, F. C.; Simmons, N. B.; Helgen, K. M. 2008. The systematic position of *Pteropus leucopterus* and its bearing on the monophyly and relationships of Pteropus (Chiroptera: Pteropodidae). *Acta Chiropterologica*, 10 (1), 11–20.

Goodman, S. M.; Cardiff, S. G.; Ranivo, J.; Russell, A. L.; Yoder, A. D. 2006. A new species of *Emballonura* (Chiroptera: Emballonuridae) from the dry regions of Madagascar. *American Museum Novitates*, 3538, 1–24.

Goodman, S. M.; Cardiff, S. G.; Ratrimomanarivo, F. H. 2008. First record of *Coleura* (Chiroptera: Emballonuridae) on Madagascar and identification and diagnosis of members of the genus. *Systematics and Biodiversity*, 6 (2), 283–292.

Goodman, S. M.; Puechemaille, S. J.; Friedli-Weyeneth, N.; Gerlach, J.; Ruedi, M.; Schoeman, M. C.; Stanley, W. T.; Teeling, E. C. 2012. Phylogeny of the Emballonurini (Emballonuridae) with descriptions of a new genus and species from Madagascar. *Journal of Mammalogy*, 93 (6), 1440–1455.

Griffiths, T. A.; Smith, A. L. 1991. Systematic of Emballonuroid bats (Chiroptera: Emballonuridae and Rhynopomatidae), based on hyoid morphology. *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 206, 62–83.

Griffiths, T. A.; Koopman, K. F.; Starrett, A. 1991. The Systematic Relationship of *Emballonura nigrescens* to other Species *Emballonura* and to *Coleura* (Chiroptera: Emballonuridae). *American Museum Novitates*, 2996, 1–16.

Harrison, D. L. 1958. A new race of tomb bat *Taphozous perforatus* E. Geoffroy, 1818, from northern Nigeria, with some observations on its breeding biology. *Durban Museum Novitates*, 5 (2), 143–149.

Harrison, D. L. 1964. *The Mammals of Arabia. Volume, Insectivora, Chiroptera, Primates*. Ernest Benn Limited, London, 192 pp.

Harrison, D. L.; Bates, P. J. J. 1991. *The Mammals of Arabia. Second Edition*. Harrison Zoological Museum, Sevenoaks, 354 pp.

Hastings, W. K. 1970. Monte Carlo sampling methods using Markov chains and their applications. *Biometrika*, 57, 97–109.

Hayman, R. W.; Hill, J. E. 1971. Part 2. Order Chiroptera. In *The Mammals of Africa. An Identification Manual*. Meester, J., Setzer, H. W., Eds. Smithsonian Institution Press, Washington, pp 1–73.

Horáček, I.; Hanák, V.; Gaisler, J. 2000. Bats of the Palearctic region: a taxonomic and biogeographic review. In *Proceedings of the VIIIth European Bat Research Symposium. Vol. I. Approaches to Biogeography and Ecology of Bats*, Kraków: Chiropterological Information Center, Institute of Systematics and Evolution of Animals PAS; Wołoszyn, B. W., Ed.; pp. 11–157.

Huelsenbeck, J. P.; Ronquist, F. 2001. MRBAYES: Bayesian inference of phylogeny. *Bioinformatics*, 17, 754-755.

Hussen, A. M. 1962. The Bats of Surinam. *Zoologische Verhandelingen*, 58, 1–282.

Hutson, A. M.; Mickleburgh, S. P.; Racey, P. A. 2001. *Microchiropteran bats: global status survey and conservation action plan*. IUCN, Gland, 258 pp.

Igea, J.; Juste, J.; Castresana, J. 2010. Novel intron markers to study the phylogeny of closely related mammalian species. *BMC Evolutionary Biology*, 10, 369–382.

Jones, J. K.; Hood, C. S. 1993. Synopsis of South America Bats of the Family Emballonuridae. *Occasional Papers*, *The Museum Texas Tech University*, 155, 1–32.

Juste, J. B.; Álvarez, Y.; Tabarés, E.; Garrido-Pertierra, A.; Ibáñez, C.; Bautista, J. M. 1999. Phylogeography of African Fruitbats (Megachiroptera). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 13 (3), 596–604.

Kingdon, J. 1974. *East African Mammals. An Atlas of Evolution in Africa. Volume II Part A (Insectivores and Bats).* Academic Press, London, 341 pp.

Kitchener, D. J.; Suyanto, A. 1995. Morphological variation in bearded tomb bats (*Taphozous*) in Maluku Tenggara and Nusa Tenggara Timur, Indonesia. *Records of the Western Australian Museum*, 17, 213–220.

Kock, D. 1969. Die Fledermaus-Fauna des Sudan (Mammalia, Chiroptera). *Abhandlungen der Senckenbergischen Naturforschenden Gesellschaft*, 521, 1–238.

Koopman, K. F. 1965. Status of forms described or recorded by J. A. Allen in "The American Museum Congo Expedition Collection of Bats". *American Museum Novitates*, 2219, 1–34.

Koopman, K. F. 1975. Bats of the Sudan. *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 154, 353–444.

Koopman, K. F. 1994. Chiroptera: Systematics. In *Handbuch der Zoologie. Band VIII. Mammalia. Teilband 60.* Niethammer, J., Schliemann, H., Starck, D., Eds. Walter de Gruyter, Berlin and New York, pp. 1–217.

Koopman, K. F.; Jones, J. K. 1970. Zoogeography of Bats. In *About Bats. A Chiropteran Biology Symposium*. Slaughter, B. H., Walton, D. W., Eds.. Southern Methodist University Press, Dallas, pp. 29–51.

Kumar, S.; Stecher, G.; Tamura, K. 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33 (7), 1870–1874.

Lanfear, R.; Calcott, B.; Ho, S. Y. W.; Guindon, S. 2012. PartitionFinder: combined selection of partitioning schemes and substitution models for phylogenetic analyses. *Molecular Biology and Evolution*, 29 (6), 1695–1701.

Lanfear, R.; Calcott, B.; Kainer, D.; Mayer, Ch.; Stamatakis, A. 2014. Selecting optimal partitioning schemes for phylogenomic datasets. *BMC Evolutionary Biology*, 14, 82-108

Larget, B.; Simon, D. 1999. Markov chain Monte Carlo algorithms for the Bayesian analysis of phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 16, 750–759.

Librado, P.; Rozas, J. 2009. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*, 25, 1451–1452.

Lim, B. K.; Engstrom, M. D.; Bickham, J. W.; Patton, J. C. 2008. Molecular phylogeny of New World sheath-tailed bats (Emballonuridae: Diclidurini) based on loci from the four genetic transmission systems in mammals. *Biological Journal of the Linnean Society*, 93 (3), 189–209.

Lyons, L. A.; Laughlin, T. F.; Copeland, N. G.; Jenkins, N. A.; Womack, J. E.; O'Brian, S. J. 1997. Comparative anchor tagged sequences (CATS) for integrative mapping of mammalian genomes. *Nature Genetics*, 15, 47–56.

Maganga, G. D.; Bourgarel, M.; Vallo, P.; Dallo, T. D.; Ngoagouni, C.; Drexler, J. F.; Drosten, Ch.; Nakouné, R. E.; Leroy, E. M.; Morand, S. 2014. Bat distribution size or shape as determinant of viral richness in African bats. *Plos One*, 9 (6), 1–13.

McKenna, M. C.; Bell, S. K. 1997. *Classification of Mammals. Above the Species Level*. Columbia University Press, New York, 631 pp.

McWilliam, A. M. 1987. The reproduction and social biology of *Coleura afra* in a seasonal enviroment. In *Recent advances in the study of bats*. Fenton, M. B., Racey, P., Rayner, J. M. V., Eds. Cambridge University Press, Cambridge, pp 324–350.

Meester, J. A. J.; Rautenbach, I. L.; Dippenaar, N. J.; Baker, C. M. 1986. *Classification of Southern African Mammals*. Transvaal Museum, Pretoria, 359 pp.

Memish, Z. A.; Mishra, N.; Olival, K. J.; Fagbo, S. F.; Kapoor, V.; Epstein, J. H.; Al Hakeem, R.; Al Asmari, M.; Islam, A.; Kapoor, A.; Briese, T.; Daszak, P.; Al Rabeeah, A. A.; Lipkin, W. I. 2013. Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus in bats, Saudi Arabia. *Emerging Infectious Diseases*, 19 (11), 1819–1823.

Metropolis, N.; Rosenbluth A. W.; Rosenbluth, N. M.; Teller, A. H.; Teller, E. 1953. Equations of state calculations by fast computing machines. *The Journal of Chemical Physics*, 21, 1087–1091.

Miller, G. S. 1907. The families and genera of bats. *Bulletin of United States National Museum*, 57, 1–282.

Miller, M. A.; Pfeiffer, W.; Schwartz, T. 2010. Creating the CIPRES Science Gateway for inference of large phylogenetic trees. In *Proceedings of the Gateway Computing Environments Workshop (GCE)*, 14 Nov. 2010, New Orleans, LA; pp 1–8.

Monadjem, A.; Taylor, P. T.; Cotterill, F. P. D. (W.); Schoeman, M. C. 2010. *Bats of Southern and Central Africa. A Biogeographic and Taxonomic Synthesis*. Wits University Press, Johannesburg, 596 pp.

Palumbi, S. R.; Martin, A.; Romano, S.; McMillan, W. O.; Stice, L. 1991. *The Simple Fool's Guide to PCR*. University of Hawaii Press, Honolulu.

Puechmaille, S.J.; Ar Gouilh, M.; Piyapan, P.; Yokubol, M.; Mie, Khin Mie; Bates, P.J.J.; Satasook, C.; Nwe, Tin, Hla Bu; Si Si, Mackie, I.J.; Petit, E.J.; Teeling, E.C. 2011. The evolution of sensory divergence in the context of limited gene flow in the bumblebee bat. *Acta Chiropterologica*, 9 (2), 269–276.

Querouil, S.; Hutterer, R.; Barriere, P.; Colyn, M.; Peterhans, J. C. K.; Verheyen, E. 2001. Phylogeny and evolution of African shrews (Mammalia: Soricidae) inferred from 16s rRNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 20 (2), 185–195.

Qumsiyeh, M. B. 1985. The Bats of Egypt. *Special Publications*, *The Museum Texas Tech University*, 23, 1–101.

Rambaut, A.; Suchard, M. A.; Xie, D.; Drummond, A. 2014. Tracer v1.6, Available from http://beast.bio.ed.ac.uk/Tracer.

Robbins, L. W.; Sarich, V. M. 1988. Evolutionary relationships in the family Emballonuridae (Chiroptera). *Journal of Mammalogy*, 69 (1), 1–13.

Ronquist, F.; Huelsenbeck, J. P. 2003. MRBAYES 3: Bayesian phylogenetic inference under mixed models. *Bioinformatics*, 19, 1572–1574.

Rosevear, D. R. 1965. *The Bats of West Africa*. British Museum (Natural History), London, 418 pp.

Ruedi, M.; Friedli-Weyeneth, N.; Teeling, E. C.; Puechmaille, S. J.; Goodman, S. M. 2012. Biogeography of Old World emballonurine bats (Chiroptera: Emballonuridae) inferred with mitochondrial and nuclear DNA. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 64, 204–211.

Rydell, J.; Yalden, D. W. 1997. The diets of two high-flying bats from Africa. *Journal of Zoology*, 242, 69–76.

Sachanowicz, K.; Bogdanowicz, W.; Michalak, S. 1999. First record of *Taphozous nudiventris* Cretzschmar, 1830 (Chiroptera, Emballonuridae) in Turkey. *Mammalia*, 63, 105–107.

Sakai, T.; Kikkawa, Y.; Tsuchiya, K.; Harada, M.; Kanoe, M.; Yoshiyuki, M.; Yonekawa, H. 2003. Molecular phylogeny of Japanese Rhinolophidae based on variations in the complete sequence of the mitochondrial cytochrome b gene. *Genes & Genetic Systems*, 78 (2), 179–189.

Salicini, I.; Ibáñez, C.; Juste, J. 2011. Multilocus phylogeny and species delimitation within the Natterer's bat species complex in the Western Palearctic. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 61, 888–898.

Sambrook, J.; Fritsch, E. F.; Maniatistis, T. 1989. *Molecular clonning: a laboratory manual.* 2nd ed. Cold Spring Harbor, Laboratory Press.

Simmons, N. B. 2005. Order Chiroptera. In *Mammal species of the World. A Taxonomic and Geographic Reference. Third edition. Volume 1*. Wilson, D. E., Reeder, D. M., Eds. Smithsonian Institution Press, Washington, pp 312–529.

Simpson, G. G. 1945. The Principles of Classification and a Classification of Mammals. *Bulletin of the American Museum of Natural History*, 85, 1–350.

Silvestro, D.; Michalak, I. 2012. raxmlGUI: a graphical front-end for RAxML. *Organisms Diversity & Evolution*, 12, 335–337.

Springer, M. S.; Teeling, E. C.; Madsen, O.; Stanhope, M. J.; de Jong, W. W. 2001. Integrated fossil and molecular data reconstruct bat echolocation. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 98 (11), 6241–6246.

Stadelmann, B.; Lin, L.-K.; Hunz, T. H.; Ruedi, M. 2007. Molecular phylogeny of New World *Myotis* (Chiroptera, Vespertilionidae) inferred from mitochondrial and nuclear DNA genes. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 43, 32–48.

Stamatakis, A. 2006. RAxML-VI-HPC: maximum likelihood-based phylogenetic analyses with thousands of taxa and mixed models. *Phylogenetics*, 22 (21), 2688–2690.

Storch, G.; Sigé, B.; Habersetzer, J. 2002. *Tachypteron franzeni* n. gen., n. sp., earliest emballonurid bat from the Middle Eocene of Messel (Mammalia, Chiroptera). *Paläontologische Zeitschrift*, 76 (2), 189–199.

Tamura, K.; Nei, M. 1993. Estimation of the Number of Nucleotide Substitutions in the Control Region of Mitochondrial DNA in Humans and Chimpanzees. *Molecular Biology and Evolution*, 10 (3), 512–526.

Teeling, E. C.; Madsen, O.; Van Den Bussche, R. A.; de Jong, W. W.; Stanhope, M. J.; Springer, M. S. 2002. Microbat paraphyly and the convergent evolution of a key innovation in Old World rhinolophoid microbats. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 99 (3), 1431–1436.

Teeling, E. C.; Springer, M. S.; Madsen, O.; Bates, P.; O'Brien, S. J.; Murphy, W. J. 2005. A molecular phylogeny for bats illuminates biogeography and the fossil record. *Science*, 207, 580–584.

Thomas, O. 1913. VIII. – On some rare Amazonian mammals from the collection of the Para Museum. *Annals and Magazine of Natural History*, 11 (61), 130–136.

Thomas, O. 1915a. Notes on *Taphozous* and *Saccolaimus*. *Journal of the Bombay Natural History Society*, 24, 57–63.

Thomas, O. 1915b. LI. – Notes on bats of the genus *Coleura*. *Annals and Magazine of Natural History*, 15 (90), 576–579.

Thomas, O. 1922. XXXII. – The generic classification of the Taphozous Group. *Annals and Magazine of Natural History*, 9 (51), 266–267.

Thong, V. D.; Puechmaille, S. J.; Denzinger, A.; Bates, P. J. J.; Dietz, C.; Csorba, G.; Soisook, P.; Teeling, E. C.; Matsumura, S.; Furey, N. M.; Schnitzler, H. 2012. Systematics of the *Hipposideros turpis* complex and a description of a new subspecies from Vietnam. *Mammal Review*, 42 (2), 166–192.

The IUCN Red List of Threatened Species. http://www.iucnredlist.org/ (accessed March 28, 2017).

Van Den Bussche, N. A.; Hoofer, S. R. 2004. Phylogenetic relationships among recent chiropteran families and the importnace of choosing appropiate outgroup taxa. *Journal of Mammalogy*, 85 (2), 321–330.

Vigilant, L.; Stoneking, M.; Harpending, H.; Hawkes, K.; Wilson, A. C. 1991. African populations and the evolution of human mitochondrial DNA. *Science*, 253, 1503–1507.

Weyeneth, N.; Goodman, S. M.; Stanley, W. T.; Ruedi, M. 2008. The biogeography of *Miniopterus* bats (Chiroptera: Miniopteridae) from the Comoro Archipelago inferred from mitochondrial DNA. *Molecular Ecology*, 17, 5205–5219.

Worthington Wilmer, J.; Moritz, C.; Hall, L.; Toop, J. 1994. Extreme population structuring in the threatened ghost bat, *Macroderma gigas*: evidence from mitochondrial DNA. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 257, 193–198.

Přílohy

Kompletní tabulky s *p*-distancemi všech haplotypů pro všechny výše uvedené genetické markery. Z důvodu neúplného datasetu není možné vypočítat *p*-distance pro všechny haplotypy (např. haplotypy tvořené pouze sekvencemi 16S se nespojí s haplotypy, které neobsahují sekvenci tohoto markeru). Zkratky značí původ haplotypu či haplotypové skupiny: BOT=Botswana, EGY=Egypt, GHA=Ghana, IRN=Írán, KSA=Saúdská Arábie, OMN=Omán, RSA=Jihoafrická republika, SUD=Súdán, SYR=Sýrie, YEM=Jemen,

Tab. 12. *p*-distance haplotypů sekvencí Cyt-*b*

Č.	Haplotyp	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
1	Taphozous_perforatus KSA	x																													
2	Taphozous_melanopogon	11,4%	x																												
3	Taphozous_melanopogon	11,4%	0,4%	x																											
4	Taphozous_nudiventris TUR	16,9%	15,2%	15,2%	x																										
5	Taphozous_nudiventris SYR	16,4%	15,9%	16,2%	3,8%	x																									
6	Taphozous_mauritianus	18,3%	16,4%	16,6%	16,0%	15,0%	x																								
7	Taphozous_longimanes	17,8%	19,3%	19,3%	17,0%	17,5%	11,4%	x																							
8	Taphozous_perforatus YEM	1,2%	12,6%	13,0%	17,3%	17,1%	16,6%	19,5%	x																						
9	Taphozous_perforatus YEM	0,5%	12,4%	12,7%	16,9%	16,7%	16,7%	19,3%	0,3%	x																					
10	Taphozous_perforatus YEM	0,7%	12,4%	12,8%	17,1%	16,6%	16,6%	19,4%	0,4%	0,1%	x																				
11	Taphozous_perforatus YEM	0,7%	12,4%	12,8%	17,1%	16,6%	16,6%	19,4%	0,4%	0,1%	0,0%	x																			
12	Taphozous_perforatus SUD	0,7%	12,4%	12,8%	17,2%	16,7%	16,7%	19,2%	0,5%	0,3%	0,4%	0,4%	x																		
13	Taphozous_perforatus SUD	0,5%	12,4%	12,7%	17,1%	16,6%	16,6%	19,2%	0,4%	0,2%	0,3%	0,3%	0,1%	x																	
14	Taphozous_perforatus EGY	0,5%	12,3%	12,6%	17,2%	16,7%	16,6%	19,2%	0,5%	0,3%	0,4%	0,4%	0,2%	0,1%	x																
15	Taphozous_perforatus SUD	0,5%	12,4%	12,8%	17,1%	16,6%	16,6%	19,1%	0,5%	0,3%	0,4%	0,4%	0,2%	0,1%	0,2%	x															
16	Taphozous_perforatus EGY	0,5%	12,4%	12,7%	17,2%	16,7%	16,6%	19,2%	0,5%	0,3%	0,4%	0,4%	0,2%	0,1%	0,1%	0,2%	x														
17	Taphozous_perforatus SUD	0,5%	12,7%	13,1%	17,2%	16,9%	16,7%	19,5%	0,8%	0,5%	0,6%	0,6%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	x													
18	Taphozous_perforatus EGY	0,5%	12,4%	12,7%	17,2%	16,7%	16,6%	19,2%	0,5%	0,3%	0,4%	0,4%	0,2%	0,1%	0,1%	0,2%	0,0%	0,4%	x												
19	Taphozous_perforatus YEM	0,7%	12,7%	13,1%	17,5%	17,1%	16,7%	19,4%	1,3%	1,1%	1,1%	1,1%	1,0%	0,9%	1,0%	1,0%	1,0%	1,2%	1,0%	x											
20	Taphozous_perforatus YEM	0,7%	12,1%	12,4%	16,9%	16,6%	16,6%	19,3%	1,2%	1,0%	1,1%	1,1%	0,9%	0,8%	0,9%	0,9%	0,9%	1,1%	0,9%	0,6%	x										
21	Taphozous_perforatus YEM	0,5%	12,1%	12,5%	17,0%	16,6%	16,6%	19,3%	1,1%	0,9%	1,0%	1,0%	0,8%	0,7%	0,8%	0,8%	0,8%	1,1%	0,8%	0,5%	0,0%	x									
22	Taphozous_perforatus YEM	0,5%	12,2%	12,5%	17,0%	16,6%	16,6%	19,3%	1,1%	0,8%	0,9%	0,9%	0,7%	0,6%	0,7%	0,7%	0,7%	1,0%	0,7%	0,4%	0,1%	0,1%	x								
23	Taphozous_perforatus YEM	0,7%	12,2%	12,5%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	1,1%	0,9%	1,0%	1,0%	0,8%	0,7%	0,8%	0,8%	0,8%	1,1%	0,8%	0,5%	0,1%	0,1%	0,0%	x							
24	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,3%	12,6%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	1,2%	1,0%	1,1%	1,1%	0,9%	0,8%	0,9%	0,9%	0,9%	1,1%	0,9%	0,6%	0,2%	0,2%	0,1%	0,1%	x						
25	Taphozous_perforatus IRN	1,2%	12,3%	12,6%	16,8%	16,4%	16,7%	19,3%	1,3%	1,1%	1,1%	1,1%	1,0%	0,9%	1,0%	1,0%	1,0%	1,2%	1,0%	0,7%	0,3%	0,3%	0,2%	0,2%	0,3%	x					
26	Taphozous_perforatus OMN	1,0%	12,4%	12,7%	17,1%	16,7%	16,7%	19,3%	1,3%	1,1%	1,1%	1,1%	1,0%	0,9%	1,0%	1,0%	1,0%	1,2%	1,0%	0,7%	0,3%	0,3%	0,2%	0,2%	0,3%	0,4%	x				
27	Taphozous_perforatus OMN	1,0%	12,2%	12,5%	17,1%	16,7%	16,6%	19,2%	1,1%	1,1%	1,1%	1,1%	1,0%	0,9%	1,0%	1,0%	1,0%	1,2%	1,0%	0,7%	0,3%	0,3%	0,2%	0,2%	0,3%	0,4%	0,4%	x			
28	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,1%	12,4%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	1,2%	1,0%	1,1%	1,1%	0,9%	0,8%	0,9%	0,9%	0,9%	1,1%	0,9%	0,6%	0,2%	0,2%	0,1%	0,1%	0,2%	0,3%	0,3%	0,1%	x		
29	Taphozous_perforatus OMN	1,0%	12,3%	12,6%	16,9%	16,6%	16,7%	19,1%	1,4%	1,1%	1,2%	1,2%	1,1%	1,0%	1,1%	0,9%	1,1%	1,3%	1,1%	0,8%	0,4%	0,4%	0,3%	0,3%	0,4%	0,3%	0,4%	0,4%	0,4%	x	
30	Taphozous_perforatus OMN	1,0%	12,2%	12,5%	16,9%	16,6%	16,7%	19,0%	1,5%	1,2%	1,3%	1,3%	1,1%	1,1%	1,1%	1,0%	1,1%	1,4%	1,1%	0,9%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,5%	0,4%	0,3%	0,1%	x
31	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,2%	12,5%	17,0%	16,6%	16,7%	19,0%	1,4%	1,1%	1,2%	1,2%	1,1%	1,0%	1,1%	0,9%	1,1%	1,3%	1,1%	0,8%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,5%	0,4%	0,3%	0,1%	0,0%
32	Taphozous_perforatus YEM	0,5%	12,6%	12,9%	17,2%	16,8%	16,7%	19,5%	1,1%	0,9%	1,0%	1,0%	0,8%	0,7%	0,8%	0,8%	0,8%	1,1%	0,8%	0,2%	0,4%	0,4%	0,3%	0,4%	0,4%	0,5%	0,5%	0,5%	0,4%	0,6%	0,7%
33	Taphozous_perforatus YEM	0,7%	12,4%	12,7%	16,9%	16,6%	16,6%	19,4%	1,3%	1,1%	1,1%	1,1%	1,0%	0,9%	1,0%	1,0%	1,0%	1,2%	1,0%	0,7%	0,3%	0,3%	0,2%	0,2%	0,3%	0,4%	0,4%	0,4%	0,3%	0,4%	0,5%
34	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,2%	12,6%	17,0%	16,6%	16,6%	19,3%	1,1%	0,9%	1,0%	1,0%	0,8%	0,7%	0,8%	0,8%	0,8%	1,1%	0,8%	0,5%	0,1%	0,1%	0,0%	0,0%	0,1%	0,2%	0,2%	0,2%	0,1%	0,3%	0,4%
35	Taphozous_nudiventris IRN	16,3%	16,8%	17,0%	3,9%	0,0%	14,9%	17,1%	17,5%	17,3%	17,2%	17,2%	17,1%	17,1%	17,2%	17,0%	17,2%	17,4%	17,2%	17,4%	17,2%	17,2%	17,1%	17,1%	17,1%	17,1%	17,1%	17,1%	17,0%	17,0%	16,9%
36	Taphozous_nudiventris IRN	16,4%	16,8%	16,9%	3,8%	0,0%	15,0%	17,2%	17,6%	17,3%	17,2%	17,2%	17,2%	17,1%	17,2%	17,0%	17,2%	17,5%	17,2%	17,4%	17,1%	17,1%	17,0%	17,0%	17,0%	16,9%	17,0%	17,0%	16,9%	16,9%	16,9%
37	Taphozous_nudiventris YEM	16,9%	16,6%	16,6%	0,0%	3,8%	15,9%	17,0%	18,1%	17,8%	17,9%	17,9%	17,9%	17,8%	17,9%	17,7%	17,9%	18,0%	17,9%	18,0%	17,7%	17,8%	17,7%	17,7%	17,7%	17,6%	17,7%	17,7%	17,6%	17,6%	17,5%
38	Taphozous_nudiventris YEM	17,1%	16,7%	16,7%	0,1%	3,9%	16,0%	17,1%	18,2%	17,9%	18,0%	18,0%	18,0%	17,9%	18,0%	17,8%	18,0%	18,1%	18,0%	18,1%	17,8%	17,8%	17,8%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,6%

39	Taphozous_nudiventris OMN	16,7%	16,7%	16,7%	0,1%	3,9%	16,0%	16,9%	18,0%	17,7%	17,8%	17,8%	17,8%	17,7%	17,8%	17,7%	17,8%	17,9%	17,8%	17,9%	17,7%	17,7%	17,6%	17,6%	17,6%	17,5%	17,6%	17,6%	17,5%	17,5%	17,4%
40	Taphozous_nudiventris OMN	16,7%	16,8%	16,8%	0,3%	4,0%	16,1%	17,0%	17,9%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,6%	17,7%	17,8%	17,8%	17,8%	17,6%	17,6%	17,5%	17,5%	17,5%	17,4%	17,5%	17,5%	17,4%	17,4%	17,3%
41	Taphozous_nudiventris OMN	16,7%	16,8%	16,8%	0,1%	3,9%	16,1%	17,0%	18,1%	17,8%	17,9%	17,9%	17,9%	17,8%	17,9%	17,7%	17,9%	18,0%	17,9%	17,8%	17,6%	17,6%	17,5%	17,5%	17,5%	17,4%	17,5%	17,5%	17,4%	17,4%	17,3%
42	Taphozous_nudiventris OMN	16,9%	16,8%	16,8%	0,3%	4,0%	16,0%	17,0%	18,0%	17,8%	17,9%	17,9%	17,9%	17,8%	17,9%	17,7%	17,9%	18,0%	17,9%	18,0%	17,7%	17,8%	17,7%	17,7%	17,7%	17,6%	17,7%	17,6%	17,6%	17,6%	17,5%
43	Taphozous_nudiventris OMN	16,7%	16,7%	16,7%	0,1%	3,9%	16,1%	17,1%	18,0%	17,7%	17,8%	17,8%	17,8%	17,7%	17,8%	17,7%	17,8%	17,9%	17,8%	17,8%	17,5%	17,5%	17,4%	17,4%	17,4%	17,3%	17,4%	17,4%	17,3%	17,3%	17,2%
44	Taphozous_nudiventris OMN	16,2%	16,8%	16,8%	0,4%	3,9%	16,0%	17,0%	17,7%	17,4%	17,5%	17,5%	17,5%	17,4%	17,5%	17,3%	17,5%	17,6%	17,5%	17,6%	17,4%	17,4%	17,3%	17,3%	17,3%	17,2%	17,3%	17,3%	17,2%	17,2%	17,1%
45	Taphozous_nudiventris OMN	16,7%	16,9%	16,9%	0,5%	4,0%	16,4%	17,0%	18,1%	17,8%	17,9%	17,9%	17,9%	17,8%	17,9%	17,7%	17,9%	18,0%	17,9%	18,0%	17,7%	17,8%	17,7%	17,7%	17,7%	17,6%	17,7%	17,7%	17,6%	17,6%	17,5%
46	Taphozous_nudiventris YEM	16,8%	16,6%	16,6%	0,0%	3,9%	15,8%	16,9%	18,1%	17,8%	17,9%	17,9%	17,8%	17,8%	17,9%	17,7%	17,9%	18,0%	17,9%	18,0%	17,8%	17,8%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,6%	17,5%
47	TaphozousnudiventrisSUD	16,3%	16,6%	16,6%	0,3%	3,9%	15,8%	16,9%	17,9%	17,6%	17,7%	17,7%	17,6%	17,6%	17,7%	17,5%	17,7%	17,8%	17,7%	17,8%	17,6%	17,6%	17,5%	17,5%	17,5%	17,5%	17,5%	17,5%	17,5%	17,5%	17,4%
48	TaphozousnudiventrisSUD	16,3%	16,8%	16,8%	0,5%	4,1%	16,1%	17,1%	18,1%	17,8%	17,9%	17,9%	17,8%	17,8%	17,9%	17,7%	17,9%	18,0%	17,9%	18,0%	17,8%	17,8%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,6%	17,6%	17,5%
49	Taphozous_nudiventris OMN	16,8%	16,8%	16,8%	0,3%	4,1%	15,9%	16,9%	18,0%	17,8%	17,9%	17,9%	17,8%	17,8%	17,9%	17,7%	17,9%	18,0%	17,9%	18,0%	17,8%	17,8%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,6%	17,6%	17,5%
50	Taphozous_nudiventris OMN	17,0%	16,6%	16,6%	0,3%	4,1%	15,9%	16,9%	18,1%	17,8%	17,9%	17,9%	17,8%	17,8%	17,9%	17,7%	17,9%	18,0%	17,9%	18,0%	17,8%	17,8%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,6%	17,5%
51	Taphozous_nudiventris OMN	16,8%	16,7%	16,7%	0,0%	3,9%	15,8%	17,0%	18,1%	17,9%	18,0%	18,0%	17,9%	17,9%	18,0%	17,8%	18,0%	18,0%	18,0%	18,0%	17,9%	17,9%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,7%	17,6%
52	Taphozous_mauritianus BOT	17,9%	17,1%	17,3%	16,2%	15,2%	0,2%	11,7%	17,7%	17,8%	17,7%	17,7%	17,9%	17,8%	17,8%	17,7%	17,8%	18,0%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,7%	17,7%	17,8%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%
53	Taphozous_mauritianus RSA	18,6%	17,3%	17,5%	16,7%	15,7%	0,5%	12,0%	17,9%	18,0%	17,9%	17,9%	18,1%	18,0%	18,0%	17,9%	18,0%	18,2%	18,0%	17,9%	18,0%	18,0%	17,9%	17,9%	17,9%	18,0%	17,9%	17,8%	17,8%	17,9%	17,8%
54	Taphozous_mauritianus RSA	17,9%	17,1%	17,3%	16,3%	15,3%	0,4%	12,0%	17,6%	17,7%	17,6%	17,6%	17,7%	17,7%	17,7%	17,6%	17,7%	17,8%	17,7%	17,6%	17,7%	17,7%	17,6%	17,6%	17,6%	17,7%	17,6%	17,7%	17,7%	17,6%	17,7%
55	Coleura_afra YEM	23,9%	23,2%	23,2%	21,7%	22,5%	23,6%	22,6%	24,0%	23,9%	23,8%	23,8%	24,2%	24,1%	24,1%	24,1%	24,1%	24,0%	24,1%	23,7%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	24,0%	23,7%	23,9%	23,9%	23,9%	23,8%	23,8%
56	Coleura_afra YEM	23,9%	23,0%	23,0%	21,7%	22,5%	23,6%	22,5%	23,8%	23,7%	23,6%	23,6%	24,0%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,8%	23,9%	23,6%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,8%	23,5%	23,7%	23,7%	23,7%	23,6%	23,6%
57	Coleura_afra YEM	23,9%	23,1%	23,1%	21,7%	22,5%	23,6%	22,6%	23,9%	23,8%	23,7%	23,7%	24,1%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	23,9%	24,0%	23,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,9%	23,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,7%	23,7%
58	Coleura_afra OMN	23,9%	23,1%	23,1%	21,6%	22,4%	23,4%	22,5%	23,9%	23,8%	23,7%	23,7%	24,1%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	23,9%	24,0%	23,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,9%	23,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,7%	23,7%
59	Coleura_afra YEM	24,0%	23,0%	23,0%	21,8%	22,5%	23,7%	22,8%	23,8%	23,7%	23,7%	23,7%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,8%	23,9%	23,6%	23,7%	23,8%	23,8%	23,7%	23,8%	23,6%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%
60	Coleura_afra OMN	24,0%	23,1%	23,1%	21,6%	22,4%	23,6%	22,7%	23,9%	23,8%	23,7%	23,7%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	23,9%	24,0%	23,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,9%	23,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,7%	23,7%
61	Rousettus_aegyptiacus	24,6%	24,9%	24,9%	21,9%	21,7%	22,3%	24,9%	24,9%	24,7%	24,6%	24,6%	25,0%	24,9%	25,0%	25,0%	25,0%	24,8%	24,9%	24,9%	24,7%	24,7%	24,7%	24,7%	24,7%	24,6%	24,7%	24,6%	24,6%	24,6%	24,5%
62	Rousettus_leschenaultii	24,3%	24,2%	24,2%	21,0%	21,7%	21,4%	24,0%	25,4%	25,2%	25,1%	25,1%	25,2%	25,2%	25,2%	25,3%	25,3%	25,1%	25,3%	25,4%	25,3%	25,3%	25,3%	25,3%	25,3%	25,2%	25,3%	25,2%	25,2%	25,2%	25,1%
63	Taphozous_perforatus GHA	0,8%	12,2%	12,6%	17,0%	16,8%	16,9%	19,1%	1,1%	0,8%	0,9%	0,9%	0,6%	0,6%	0,7%	0,7%	0,7%	1,0%	0,7%	1,2%	1,0%	1,0%	0,9%	0,9%	1,0%	1,0%	1,1%	0,9%	0,8%	1,2%	1,1%
64	Taphozous_nudiventris GHA	16,4%	16,8%	16,8%	0,5%	4,0%	15,9%	17,3%	18,3%	18,0%	18,1%	18,1%	18,1%	18,0%	18,1%	18,0%	18,1%	18,2%	18,1%	18,2%	17,9%	17,9%	17,9%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%
65	Taphozous_perforatus GHA	1,0%	12,7%	13,1%	17,3%	17,1%	16,8%	19,4%	1,2%	0,9%	1,0%	1,0%	0,8%	0,7%	0,8%	0,8%	0,8%	1,1%	0,8%	1,4%	1,3%	1,2%	1,2%	1,2%	1,3%	1,4%	1,4%	1,2%	1,2%	1,5%	1,4%
Č.	Haplotyp	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30

Pokračování **tab. 12**

Č.	Haplotyp	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59
31	Taphozous_perforatus OMN	x																												
32	Taphozous_perforatus YEM	0,6%	x																											
33	Taphozous_perforatus YEM	0,5%	0,5%	x																										
34	Taphozous_perforatus OMN	0,4%	0,4%	0,2%	x																									
35	Taphozous_nudiventris IRN	16,9%	17,2%	17,3%	17,1%	x																								
36	Taphozous_nudiventris IRN	16,9%	17,2%	17,2%	17,1%	0,0%	x																							
37	Taphozous_nudiventris YEM	17,5%	17,9%	17,8%	17,7%	3,6%	3,5%	x																						
38	Taphozous_nudiventris YEM	17,6%	17,9%	17,9%	17,8%	3,7%	3,6%	0,1%	x																					
39	Taphozous_nudiventris OMN	17,4%	17,8%	17,7%	17,6%	3,7%	3,6%	0,1%	0,2%	x																				
40	Taphozous_nudiventris OMN	17,3%	17,7%	17,7%	17,5%	3,8%	3,7%	0,2%	0,3%	0,1%	x																			
41	Taphozous_nudiventris OMN	17,3%	17,7%	17,7%	17,5%	3,8%	3,7%	0,2%	0,3%	0,1%	0,2%	x																		
42	Taphozous_nudiventris OMN	17,5%	17,9%	17,8%	17,7%	3,8%	3,7%	0,2%	0,3%	0,1%	0,2%	0,2%	x																	
43	Taphozous_nudiventris OMN	17,2%	17,6%	17,6%	17,4%	3,8%	3,8%	0,3%	0,4%	0,2%	0,3%	0,1%	0,3%	x																
44	Taphozous_nudiventris OMN	17,1%	17,4%	17,5%	17,3%	3,6%	3,5%	0,4%	0,4%	0,3%	0,2%	0,4%	0,4%	0,4%	x															
45	Taphozous_nudiventris OMN	17,5%	17,9%	17,8%	17,7%	3,8%	3,7%	0,4%	0,4%	0,3%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,5%	x														
46	Taphozous_nudiventris YEM	17,5%	17,8%	17,9%	17,7%	3,6%	3,6%	0,0%	0,1%	0,1%	0,2%	0,2%	0,2%	0,3%	0,4%	0,4%	x													
47	TaphozousnudiventrisSUD	17,4%	17,7%	17,7%	17,6%	3,6%	3,6%	0,2%	0,3%	0,1%	0,2%	0,2%	0,2%	0,3%	0,4%	0,4%	0,2%	x												
48	TaphozousnudiventrisSUD	17,5%	17,8%	17,9%	17,7%	3,8%	3,8%	0,4%	0,4%	0,3%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,5%	0,5%	0,4%	0,2%	x											
49	Taphozous_nudiventris OMN	17,5%	17,8%	17,9%	17,7%	3,8%	3,8%	0,2%	0,3%	0,1%	0,2%	0,2%	0,0%	0,3%	0,4%	0,4%	0,2%	0,2%	0,4%	x										
50	Taphozous_nudiventris OMN	17,5%	17,8%	17,9%	17,7%	3,8%	3,8%	0,2%	0,3%	0,3%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,5%	0,5%	0,2%	0,4%	0,5%	0,4%	x									
51	Taphozous_nudiventris OMN	17,6%	17,9%	18,0%	17,8%	3,6%	3,6%	0,0%	0,1%	0,1%	0,2%	0,2%	0,2%	0,3%	0,4%	0,4%	0,0%	0,2%	0,4%	0,2%	0,2%	x								
52	Taphozous_mauritianus BOT	17,7%	17,8%	17,9%	17,8%	15,4%	15,4%	16,3%	16,4%	16,4%	16,5%	16,5%	16,4%	16,6%	16,4%	16,5%	16,3%	16,3%	16,5%	16,4%	16,5%	16,3%	x							

53	Taphozous_mauritianus RSA	17,9%	18,0%	18,1%	17,9%	15,6%	15,8%	16,7%	16,8%	16,8%	16,9%	16,9%	16,8%	17,0%	16,8%	16,9%	16,5%	16,5%	16,7%	16,6%	16,6%	16,5%	0,4%	x								
54	Taphozous_mauritianus RSA	17,7%	17,6%	17,7%	17,6%	15,6%	15,6%	16,5%	16,6%	16,6%	16,7%	16,7%	16,6%	16,8%	16,6%	16,7%	16,5%	16,5%	16,6%	16,5%	16,5%	16,5%	0,4%	0,4%	x							
55	Coleura_afra YEM	23,8%	23,9%	24,1%	23,9%	22,2%	22,1%	21,4%	21,5%	21,5%	21,5%	21,4%	21,4%	21,5%	21,6%	21,6%	21,5%	21,6%	21,8%	21,5%	21,5%	21,5%	23,4%	23,6%	23,4%	x						
56	Coleura_afra YEM	23,6%	23,8%	23,9%	23,7%	22,1%	22,0%	21,3%	21,4%	21,4%	21,4%	21,3%	21,3%	21,4%	21,5%	21,5%	21,4%	21,5%	21,7%	21,4%	21,4%	21,4%	23,4%	23,6%	23,4%	0,2%	x					
57	Coleura_afra YEM	23,7%	23,8%	24,0%	23,8%	22,2%	22,1%	21,4%	21,5%	21,5%	21,5%	21,4%	21,4%	21,5%	21,6%	21,6%	21,5%	21,6%	21,8%	21,5%	21,5%	21,5%	23,4%	23,6%	23,4%	0,3%	0,1%	x				
58	Coleura_afra OMN	23,7%	23,8%	24,0%	23,8%	22,0%	21,9%	21,2%	21,3%	21,3%	21,3%	21,2%	21,2%	21,3%	21,4%	21,4%	21,3%	21,4%	21,6%	21,3%	21,3%	21,3%	23,3%	23,6%	23,4%	0,4%	0,2%	0,3%	x			
59	Coleura_afra YEM	23,7%	23,8%	23,9%	23,7%	22,1%	22,0%	21,3%	21,4%	21,4%	21,4%	21,3%	21,3%	21,4%	21,5%	21,5%	21,4%	21,5%	21,7%	21,4%	21,4%	21,4%	23,5%	23,5%	23,5%	0,2%	0,0%	0,1%	0,2%	x		
60	Coleura_afra OMN	23,7%	23,9%	24,0%	23,8%	22,0%	21,9%	21,2%	21,3%	21,3%	21,3%	21,2%	21,2%	21,3%	21,4%	21,4%	21,3%	21,4%	21,6%	21,3%	21,3%	21,3%	23,4%	23,6%	23,5%	0,4%	0,2%	0,3%	0,0%	0,2%		
61	Rousettus_aegyptiacus	24,6%	24,8%	24,8%	24,7%	22,9%	22,8%	23,3%	23,4%	23,2%	23,3%	23,1%	23,1%	23,2%	23,3%	23,2%	23,4%	23,4%	23,5%	23,3%	23,3%	23,4%	23,0%	23,3%	23,2%	22,8%	22,6%	22,7%	22,5%	22,7%		
62	Rousettus_leschenaultii	25,1%	25,3%	25,4%	25,3%	23,0%	23,0%	22,9%	23,0%	23,0%	23,0%	22,9%	23,0%	23,0%	23,0%	23,0%	22,9%	23,0%	23,1%	23,0%	22,8%	22,9%	22,0%	22,2%	22,2%	22,2%	22,0%	22,1%	21,9%	22,0%		
63	Taphozous_perforatus GHA	1,1%	1,0%	1,1%	0,9%	17,1%	17,1%	17,6%	17,7%	17,5%	17,4%	17,6%	17,6%	17,5%	17,3%	17,5%	17,6%	17,5%	17,6%	17,6%	17,6%	17,7%	17,8%	17,8%	17,8%	23,7%	23,5%	23,6%	23,6%	23,5%		
64	Taphozous_nudiventris GHA	17,8%	18,1%	18,0%	17,9%	4,1%	4,1%	1,0%	1,1%	0,9%	1,0%	1,0%	1,0%	1,1%	1,1%	1,1%	1,0%	0,7%	1,0%	1,0%	1,2%	1,0%	16,7%	17,1%	16,9%	21,7%	21,6%	21,7%	21,5%	21,8%		
65	Taphozous_perforatus GHA	1,3%	1,2%	1,3%	1,2%	17,6%	17,6%	17,9%	18,0%	17,8%	17,7%	17,9%	17,9%	17,8%	17,6%	17,9%	17,8%	17,7%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	18,1%	18,3%	18,1%	24,2%	24,0%	24,1%	24,1%	24,1%		
Č.	Haplotyp	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59		

Pokračování **tab. 12**

Č.	Haplotyp	60	61	62	63	64	65
60	Coleura_afra OMN	x					
61	Rousettus_aegyptiacus	22,6%	x				
62	Rousettus_leschenaultii	21,9%	6,5%	x			
63	Taphozous_perforatus GHA	23,6%	24,6%	25,0%	x		
64	Taphozous_nudiventris GHA	21,5%	23,3%	23,2%	17,9%	x	
65	Taphozous_perforatus GHA	24,1%	24,6%	24,9%	1,2%	18,1%	x
Č.	Haplotyp	60	61	62	63	64	65

Tab. 13. *p*-distance haplotypů sekvencí 16S

Č.	Haplotyp	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	Taphozous_australis	x											
2	Taphozous_georgianus	0,38%	x										
3	Taphozous_hilli	1,51%	1,13%	x									
4	Taphozous_perforatus GHA	5,09%	4,72%	4,72%	x								
5	Taphozous_perforatus EGY, SUD, YEM	5,32%	4,94%	4,94%	0,19%	x							
6	Taphozous_perforatus OMN, IRN	5,25%	4,86%	4,86%	0,39%	0,19%	x						
7	Taphozous_melanopogon	4,15%	3,77%	4,15%	3,77%	3,98%	4,26%	x					
8	Taphozous_nudiventris GHA	6,99%	6,62%	6,62%	7,56%	7,81%	7,99%	6,62%	x				
9	Taphozous_nudiventris KSA, OMN, SYR, SUD	6,81%	6,43%	6,43%	7,75%	8,00%	8,19%	6,43%	0,19%	x			
10	Taphozous_nudiventris IRN	6,86%	6,86%	6,86%	7,81%	8,02%	8,22%	6,67%	1,33%	1,14%	x		
11	Rousettus_aegyptiacus	19,0%	19,0%	19,0%	18,0%	17,8%	18,7%	18,7%	17,1%	16,9%	16,9%	x	
12	Rousettus_leschenaulti	18,0%	18,0%	18,0%	17,6%	17,4%	18,2%	17,7%	17,0%	17,2%	17,0%	4,98%	x
Č.	Haplotyp	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10		12

Tab. 14. *p*-distance haplotypů sekvencí regionu d-loop

Č.	Haplotyp	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
1	Taphozous_perforatus OMN	x																													
2	Taphozous_perforatus OMN	7,3%	x																												
3	Taphozous_perforatus OMN	5,7%	6,0%	x																											
4	Taphozous_perforatus EGY	6,0%	3,5%	5,6%	x																										
5	Taphozous_perforatus YEM	7,6%	6,8%	6,9%	1,6%	x																									
6	Taphozous_perforatus EGY	6,7%	5,1%	5,5%	0,8%	2,9%	x																								
7	Taphozous_perforatus EGY	5,7%	3,9%	6,1%	1,2%	1,6%	0,6%	x																							
8	Taphozous_perforatus EGY	7,1%	5,9%	6,4%	2,1%	4,2%	2,5%	1,0%	x																						
9	Taphozous_perforatus SUD	7,7%	4,8%	5,5%	1,6%	4,5%	2,0%	1,2%	2,7%	x																					
10	Taphozous_perforatus SUD	7,0%	4,6%	6,4%	1,9%	3,0%	1,7%	1,6%	2,2%	0,4%	x																				
11	Taphozous_perforatus SUD	6,9%	4,5%	5,8%	1,6%	3,8%	0,9%	1,4%	1,8%	0,9%	1,4%	x																			
12	Taphozous_perforatus SUD	6,0%	4,5%	6,2%	1,6%	3,5%	2,8%	1,6%	3,5%	3,1%	2,0%	2,5%	x																		
13	Taphozous_perforatus OMN	4,7%	4,4%	4,8%	2,4%	2,2%	3,2%	2,3%	3,6%	3,4%	2,8%	2,6%	2,5%	x																	
14	Taphozous_perforatus OMN	5,0%	4,7%	4,5%	2,3%	3,1%	3,0%	2,3%	3,3%	3,2%	2,8%	2,4%	3,0%	0,0%	x																
15	Taphozous_perforatus OMN	5,6%	4,2%	4,3%	1,9%	2,9%	2,6%	2,0%	3,3%	2,6%	2,4%	2,0%	2,6%	1,4%	1,2%	x															
16	Taphozous_perforatus OMN	5,0%	3,0%	4,5%	2,1%	3,2%	1,8%	2,2%	2,5%	2,0%	2,5%	2,2%	2,0%	0,6%	0,5%	0,2%	x														
17	Taphozous_perforatus OMN	6,1%	4,5%	4,3%	2,3%	3,1%	3,1%	2,3%	3,5%	3,0%	2,8%	2,4%	3,3%	1,5%	1,4%	1,2%	0,5%	x													
18	Taphozous_perforatus OMN	6,7%	4,4%	5,1%	2,7%	3,6%	3,0%	2,7%	4,1%	3,3%	3,0%	2,5%	3,2%	2,4%	2,6%	2,0%	1,0%	2,5%	x												
19	Taphozous_perforatus OMN	6,5%	4,0%	5,2%	2,6%	2,6%	2,6%	2,5%	4,2%	3,1%	2,6%	2,4%	1,7%	2,3%	2,3%	2,0%	0,8%	1,2%	0,7%	x											
20	Taphozous_perforatus OMN	5,7%	3,7%	4,6%	1,9%	3,3%	3,6%	2,1%	3,8%	3,5%	3,0%	2,1%	3,1%	2,2%	2,1%	1,7%	0,2%	2,5%	3,0%	1,6%	x										
21	Taphozous_perforatus YEM	6,4%	4,1%	5,5%	2,2%	2,9%	2,7%	2,5%	3,9%	3,7%	4,1%	2,8%	3,3%	2,9%	2,9%	2,5%	1,8%	2,9%	2,9%	3,1%	2,1%	x									
22	Taphozous_perforatus YEM	9,8%	5,9%	5,9%	2,3%	2,8%	7,9%	2,3%	4,6%	7,8%	3,0%	3,1%	7,6%	6,3%	6,7%	6,9%	1,5%	7,5%	6,4%	2,1%	3,7%	2,7%	x								
23	Taphozous_perforatus YEM	6,1%	4,0%	5,4%	1,8%	2,9%	3,1%	1,8%	2,9%	3,3%	2,6%	2,2%	2,7%	2,4%	2,3%	2,0%	0,8%	2,2%	2,7%	2,6%	2,0%	2,2%	2,3%	x							
24	Taphozous_perforatus YEM	7,9%	6,0%	6,3%	2,0%	1,8%	2,8%	2,1%	4,2%	3,0%	2,6%	2,2%	3,4%	4,0%	4,0%	3,6%	2,6%	3,7%	4,0%	3,0%	3,1%	3,9%	7,0%	4,0%	x						
25	Taphozous_perforatus IRN	6,6%	3,8%	5,6%	2,2%	3,0%	3,4%	2,4%	4,3%	3,9%	3,3%	2,7%	3,5%	3,1%	3,1%	2,5%	1,4%	3,2%	3,4%	2,5%	3,0%	3,2%	3,5%	2,6%	4,6%	x					
26	Taphozous_perforatus OMN	5,8%	3,0%	4,6%	3,0%	2,8%	2,9%	3,2%	3,4%	3,3%	3,8%	3,2%	2,5%	1,4%	1,4%	1,4%	1,6%	1,8%	2,0%	2,0%	1,4%	2,6%	4,3%	2,0%	3,7%	1,9%	x				
27	Taphozous_perforatus YEM	7,0%	5,4%	5,8%	2,2%	3,3%	2,3%	2,9%	3,2%	3,0%	3,8%	2,6%	3,7%	3,5%	3,1%	3,0%	3,4%	3,3%	4,1%	4,1%	3,4%	3,1%	8,3%	3,1%	2,6%	3,6%	3,6%	x			
28	Taphozous_perforatus YEM	6,4%	4,9%	5,7%	3,8%	5,8%	3,8%	4,3%	4,2%	4,1%	5,0%	3,9%	4,5%	3,6%	3,5%	3,1%	3,3%	3,5%	3,8%	3,9%	3,3%	3,7%	8,4%	3,8%	4,9%	3,1%	3,2%	4,0%	x		
29	Taphozous_perforatus OMN	4,8%	3,0%	4,6%	2,8%	4,4%	2,4%	2,9%	3,1%	2,8%	3,4%	3,0%	3,1%	1,8%	1,7%	1,3%	1,5%	1,7%	2,2%	2,1%	1,4%	2,3%	2,8%	1,8%	3,9%	1,7%	2,7%	4,2%	4,1%	x	
30	Taphozous_perforatus GHA	7,0%	5,2%	6,6%	2,9%	4,8%	2,7%	3,0%	3,5%	2,8%	3,4%	2,9%	3,8%	4,0%	3,6%	3,4%	3,5%	3,8%	4,6%	4,3%	3,5%	3,0%	8,4%	3,2%	4,6%	3,1%	3,9%	4,0%	4,0%	3,9%	x
31	Taphozous_perforatus GHA	10,7%	8,8%	10,2%	7,4%	7,5%	6,4%	7,8%	7,6%	6,6%	8,2%	6,8%	7,4%	7,8%	7,1%	6,6%	7,4%	7,1%	7,5%	7,8%	7,6%	8,0%	12,0%	8,1%	6,9%	8,4%	7,5%	6,3%	7,1%	8,4%	8,1%
32	Taphozous_perforatus EGY	7,4%	5,5%	5,4%	1,1%	4,0%	2,5%	1,4%	3,7%	3,3%	4,1%	2,0%	2,8%	2,6%	2,8%	2,5%	1,1%	2,8%	2,6%	2,5%	2,4%	2,8%	8,7%	3,0%	2,7%	3,2%	2,8%	2,2%	3,8%	2,6%	3,8%
33	Taphozous_nudiventris OMN	40,0%	37,1%	32,6%	36,6%	40,2%	39,6%	37,6%	37,5%	37,9%	38,8%	34,4%	40,0%	41,7%	38,3%	38,8%	33,8%	39,5%	42,7%	41,7%	40,5%	37,1%	42,8%	39,8%	43,8%	42,8%	38,2%	34,2%	34,5%	33,5%	33,2%
34	Taphozous_nudiventris OMN	40,7%	38,2%	35,0%	36,4%	40,5%	39,6%	37,5%	39,9%	38,8%	38,7%	36,7%	39,5%	40,7%	39,6%	39,5%	36,0%	39,3%	40,0%	40,3%	39,1%	37,3%	39,9%	39,6%	41,0%	40,9%	36,8%	35,1%	35,7%	35,9%	33,7%
35	Taphozous_nudiventris SUD	39,1%	37,8%	35,8%	37,1%	39,1%	38,3%	37,5%	38,7%	38,5%	38,7%	37,8%	38,3%	38,2%	38,2%	38,2%	37,0%	38,2%	38,5%	38,3%	38,0%	37,3%	38,2%	38,1%	39,1%	38,8%	36,8%	36,1%	36,5%	36,9%	34,7%
36	Taphozous_nudiventris OMN	35,1%	33,5%	34,8%	34,2%	34,6%	34,4%	34,2%	34,6%	34,8%	35,1%	34,6%	34,4%	33,8%	33,8%	34,0%	34,0%	34,0%	34,2%	34,2%	34,0%	33,8%	34,0%	34,1%	34,8%	34,6%	34,0%	34,2%	34,4%	34,6%	34,6%
37	Taphozous_nudiventris OMN	36,6%	35,4%	32,8%	36,6%	38,3%	35,2%	37,6%	35,6%	35,4%	38,3%	34,6%	35,9%	38,3%	35,0%	35,0%	33,9%	35,0%	37,9%	38,5%	36,5%	37,5%	38,0%	37,6%	39,3%	39,0%	37,0%	33,0%	33,5%	33,7%	31,6%
38	Taphozous_nudiventris OMN	39,5%	36,6%	32,3%	36,6%	39,7%	39,4%	37,6%	37,3%	37,8%	38,7%	34,4%	39,9%	41,2%	37,9%	38,4%	33,4%	39,1%	42,2%	41,2%	40,0%	37,1%	42,4%	39,2%	43,3%	42,2%	37,8%	33,9%	34,5%	33,1%	33,6%
39	Taphozous_nudiventris OMN	32,8%	31,5%	31,9%	34,5%	34,3%	31,9%	35,2%	32,1%	32,1%	35,1%	32,1%	32,4%	34,3%	30,9%	31,1%	31,1%	31,1%	34,0%	34,8%	32,9%	34,3%	34,2%	34,0%	35,4%	35,2%	34,5%	31,3%	31,7%	31,6%	31,6%
40	Taphozous_nudiventris OMN	39,7%	36,8%	32,4%	36,8%	39,8%	39,6%	37,8%	37,5%	37,9%	38,8%	34,5%	40,0%	41,4%	38,0%	38,5%	33,6%	39,2%	42,3%	41,3%	40,2%	37,3%	42,5%	39,4%	43,4%	42,4%	38,0%	34,0%	34,7%	33,3%	33,7%
41	Taphozous_nudiventris OMN	39,7%	36,8%	32,4%	36,8%	39,8%	39,6%	37,8%	37,5%	37,9%	38,8%	34,5%	40,0%	41,4%	38,0%	38,5%	33,6%	39,2%	42,3%	41,3%	40,2%	37,3%	42,5%	39,4%	43,4%	42,4%	38,0%	34,0%	34,7%	33,3%	33,7%
42	Taphozous_nudiventris OMN	39,8%	36,9%	32,6%	37,0%	40,0%	39,7%	38,0%	37,7%	38,1%	39,0%	34,7%	40,2%	41,5%	38,2%	38,7%	33,8%	39,4%	42,5%	41,5%	40,3%	37,5%	42,7%	39,6%	43,6%	42,6%	38,2%	34,2%	34,9%	33,5%	33,9%
43	Taphozous_nudiventris SYR	39,8%	36,9%	32,6%	37,0%	40,0%	39,7%	38,0%	37,7%	38,1%	39,0%	34,7%	40,2%	41,5%	38,2%	38,7%	33,8%	39,4%	42,5%	41,5%	40,3%	37,5%	42,7%	39,6%	43,6%	42,6%	38,2%	34,2%	34,9%	33,5%	33,9%
44	Taphozous_nudiventris SYR	39,8%	36,9%	32,6%	37,0%	40,0%	39,7%	38,0%	37,7%	38,1%	39,0%	34,7%	40,2%	41,5%	38,2%	38,7%	33,8%	39,4%	42,5%	41,5%	40,3%	37,5%	42,7%	39,6%	43,6%	42,6%	38,2%	34,2%	34,9%	33,5%	33,9%
45	Taphozous_nudiventris SYR	41,7%	38,7%	35,0%	36,8%	40,5%	42,1%	37,8%	40,2%	40,3%	39,0%	37,1%	42,0%	41,5%	40,6%	40,9%	36,0%	41,8%	42,5%	41,5%	40,9%	37,3%	42,7%	39,6%	43,6%	42,6%	38,0%	36,5%	37,2%	35,9%	36,0%
46	Taphozous_nudiventris SYR	39,8%	36,9%	32,6%	37,0%	40,0%	39,7%	38,0%	37,7%	38,1%	39,0%	34,7%	40,2%	41,5%	38,2%	38,7%	33,8%	39,4%	42,5%	41,5%	40,3%	37,5%	42,7%	39,4%	43,6%	42,6%	38,2%	34,2%	34,9%	33,5%	33,9%
47	Taphozous_nudiventris SYR	39,5%	36,9%	32,8%	37,2%	40,0%	39,7%	38,2%	37,3%	38,1%	39,0%	34,9%	40,2%	41,5%	38,2%	38,7%	33,9%	39,4%	42,5%	41,5%	40,3%	37,7%	42,7%	39,4%	43,6%	42,6%	38,4%	34,4%	35,1%	33,7%	34,1%
48	Taphozous_nudiventris OMN	41,1%	40,0%	36,9%	38,1%	40,5%	40,3%	38,5%	40,5%	40,3%	40,3%	38,8%	40,1%	39,9%	39,9%	39,9%	38,1%	39,9%	40,3%	40,1%	39,7%	38,7%	39,9%	40,2%	40,5%	40,1%	37,9%	37,2%	37,9%	38,4%	36,0%
49	Taphozous_nudiventris SUD	39,8%	37,3%	32,6%	36,6%	39,7%	39,4%	37,6%	37,3%	37,8%	38,8%	34,4%	39,6%	41,5%	38,2%	38,7%	33,8%	39,4%	42,5%	41,5%	40,3%	37,5%	42,4%	39,6%	43,3%	42,8%	38,2%	34,2%	35,2%	33,9%	33,6%
50	Taphozous_nudiventris GHA	41,5%	38,5%	34,6%	36,5%	40,5%	42,0%	37,6%	40,0%	40,1%	38,7%	36,8%	41,8%	41,4%	40,4%	40,8%	35,7%	41,6%	42,4%	41,4%	40,8%	37,1%	42,6%	39,4%	43,5%	42,5%	37,8%	36,2%	36,9%	35,5%	35,7%

51	Taphozous_nudiventris OMN	40,0%	36,7%	32,5%	36,5%	40,0%	39,6%	37,6%	37,3%	38,1%	38,5%	34,3%	40,1%	41,8%	38,3%	38,9%	33,6%	39,6%	42,4%	41,4%	40,2%	37,5%	42,6%	39,4%	43,5%	42,5%	38,2%	34,5%	35,2%	33,4%	33,8%
52	Taphozous_nudiventris OMN	40,0%	37,1%	33,0%	37,0%	40,2%	39,6%	38,0%	37,5%	37,9%	38,8%	34,7%	40,0%	41,7%	38,3%	38,8%	34,1%	39,5%	42,7%	41,7%	40,5%	37,9%	42,8%	39,6%	43,8%	42,8%	38,6%	34,6%	35,2%	33,9%	33,9%
53	Taphozous_nudiventris OMN	40,6%	37,8%	33,4%	38,2%	40,9%	40,6%	39,2%	38,5%	38,8%	40,3%	35,8%	40,8%	42,4%	38,9%	39,6%	34,5%	40,0%	43,0%	42,4%	41,0%	38,3%	43,3%	40,5%	44,3%	43,6%	38,9%	35,3%	35,6%	34,6%	34,6%
54	Taphozous_nudiventris SUD	40,5%	37,7%	33,1%	37,2%	40,7%	40,2%	38,4%	37,9%	39,0%	39,0%	34,9%	40,7%	42,3%	38,7%	39,3%	34,2%	40,2%	43,1%	42,3%	40,9%	38,2%	43,5%	40,1%	44,3%	43,3%	38,9%	35,0%	35,8%	34,0%	34,4%
55	Taphozous_nudiventris OMN	40,3%	37,1%	33,0%	37,0%	40,2%	39,9%	38,0%	37,5%	38,2%	38,8%	34,7%	40,3%	42,0%	38,6%	39,2%	34,1%	39,8%	42,7%	41,7%	40,5%	37,9%	42,8%	39,6%	43,8%	42,8%	38,6%	34,9%	35,6%	33,9%	34,3%
56	Taphozous_nudiventris IRN	48,1%	44,6%	40,7%	42,3%	46,4%	48,0%	42,7%	45,9%	45,7%	44,6%	43,0%	47,6%	46,7%	46,7%	47,3%	41,9%	47,8%	48,3%	46,7%	47,1%	42,5%	48,3%	45,2%	48,8%	48,3%	43,1%	42,6%	43,4%	42,0%	41,8%
57	Taphozous_mauritianus BOT	60,1%	58,9%	58,8%	60,5%	60,8%	59,1%	61,4%	59,1%	59,5%	61,3%	59,3%	59,1%	61,4%	59,3%	59,1%	59,1%	58,9%	60,4%	60,9%	59,8%	60,9%	61,2%	60,9%	60,9%	61,3%	60,1%	57,6%	58,2%	58,0%	59,1%
Č.	Haplotyp	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30

Pokračování **tab. 14**

Č.	Haplotyp	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57
31	Taphozous_perforatus GHA	x																										
32	Taphozous_perforatus EGY	5,8%	x																									
33	Taphozous_nudiventris OMN	36,6%	44,9%	x																								
34	Taphozous_nudiventris OMN	37,5%	44,0%	0,2%	x																							
35	Taphozous_nudiventris SUD	38,5%	45,4%	0,2%	0,0%	x																						
36	Taphozous_nudiventris OMN	36,6%	41,3%	0,2%	0,0%	0,0%	x																					
37	Taphozous_nudiventris OMN	35,2%	43,9%	0,3%	0,2%	0,2%	0,2%	x																				
38	Taphozous_nudiventris OMN	36,3%	44,9%	0,4%	0,3%	0,2%	0,2%	0,3%	x																			
39	Taphozous_nudiventris OMN	33,4%	40,3%	0,6%	0,4%	0,4%	0,4%	0,2%	0,2%	x																		
40	Taphozous_nudiventris OMN	36,5%	44,9%	0,7%	0,7%	0,6%	0,6%	0,3%	0,3%	0,2%	x																	
41	Taphozous_nudiventris OMN	36,5%	44,9%	0,7%	0,5%	0,4%	0,4%	0,5%	0,3%	0,4%	0,6%	x																
42	Taphozous_nudiventris OMN	36,3%	44,9%	0,9%	0,7%	0,6%	0,6%	0,7%	0,4%	0,6%	0,7%	0,4%	x															
43	Taphozous_nudiventris SYR	36,3%	44,9%	0,9%	0,7%	0,6%	0,6%	0,7%	0,4%	0,6%	0,7%	0,4%	0,0%	x														
44	Taphozous_nudiventris SYR	36,3%	44,9%	0,9%	0,7%	0,6%	0,6%	0,7%	0,4%	0,6%	0,7%	0,4%	0,0%	0,0%	x													
45	Taphozous_nudiventris SYR	38,5%	45,0%	0,8%	0,3%	0,4%	0,4%	0,5%	0,6%	0,4%	0,9%	0,6%	0,5%	0,5%	0,5%	x												
46	Taphozous_nudiventris SYR	36,3%	44,9%	1,4%	1,2%	0,6%	0,6%	0,7%	1,0%	0,6%	1,3%	1,0%	0,6%	0,6%	0,6%	1,1%	x											
47	Taphozous_nudiventris SYR	36,8%	45,2%	1,6%	1,4%	0,8%	0,8%	0,9%	1,2%	0,7%	1,4%	0,9%	1,3%	1,3%	1,3%	1,5%	1,0%	x										
48	Taphozous_nudiventris OMN	38,8%	46,8%	1,3%	1,1%	1,2%	1,1%	1,3%	1,5%	1,5%	1,9%	1,7%	1,5%	1,5%	1,5%	1,1%	1,7%	2,1%	x									
49	Taphozous_nudiventris SUD	35,9%	44,9%	1,7%	1,9%	1,9%	2,1%	1,9%	1,9%	2,2%	2,2%	2,2%	2,0%	2,0%	2,0%	2,0%	2,6%	3,0%	1,7%	x								
50	Taphozous_nudiventris GHA	38,0%	44,9%	0,6%	0,4%	0,4%	0,4%	0,6%	0,5%	0,4%	0,8%	0,5%	0,3%	0,3%	0,3%	0,2%	0,9%	1,4%	1,1%	1,7%	x							
51	Taphozous_nudiventris OMN	36,8%	45,1%	2,1%	1,8%	0,4%	0,4%	0,5%	1,9%	0,8%	2,2%	1,9%	2,4%	2,4%	2,4%	2,7%	2,1%	1,6%	2,7%	3,4%	2,5%	x						
52	Taphozous_nudiventris OMN	37,0%	45,2%	1,3%	1,2%	0,6%	0,6%	0,7%	1,2%	0,9%	1,4%	1,2%	1,3%	1,3%	1,3%	1,8%	1,0%	0,9%	2,2%	2,8%	1,7%	1,3%	x					
53	Taphozous_nudiventris OMN	36,8%	45,2%	3,9%	4,7%	4,1%	4,6%	3,6%	3,9%	3,7%	3,9%	3,9%	4,1%	4,1%	4,1%	4,3%	4,6%	4,5%	3,9%	3,9%	4,2%	5,6%	4,8%	x				
54	Taphozous_nudiventris SUD	37,0%	45,5%	4,1%	4,2%	1,0%	1,1%	1,1%	3,9%	1,4%	4,2%	3,9%	4,1%	4,1%	4,1%	4,5%	3,5%	3,3%	2,9%	5,0%	4,3%	2,3%	3,3%	6,5%	x			
55	Taphozous_nudiventris OMN	37,3%	45,2%	2,0%	1,6%	0,6%	0,6%	0,7%	1,9%	0,9%	2,2%	1,9%	2,0%	2,0%	2,0%	2,6%	1,7%	1,6%	2,4%	3,3%	2,5%	0,9%	1,0%	5,4%	2,9%	x		
56	Taphozous_nudiventris IRN	44,2%	48,0%	2,9%	3,2%	2,2%	2,5%	2,2%	2,9%	2,5%	2,9%	3,1%	3,3%	3,3%	3,3%	3,3%	4,1%	4,1%	2,7%	3,3%	3,2%	5,0%	4,1%	1,2%	6,5%	4,7%	x	
57	Taphozous_mauritianus BOT	58,0%	61,3%	56,5%	57,6%	58,3%	58,3%	56,3%	56,3%	55,9%	56,1%	56,5%	56,3%	56,3%	56,3%	57,4%	56,3%	56,7%	59,5%	57,1%	57,1%	56,8%	56,7%	57,5%	56,9%	56,9%	61,2%	x
Č.	Haplotyp	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57

Tab. 15. *p*-distance haplotypů mitochondriálních sekvencí

Č.	Haplotyp	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
1	Taphozous_perforatus KSA	x																													
2	Taphozous_melanopogon	11,4%	x																												
3	Taphozous_melanopogon	11,4%	0,3%	x																											
4	Taphozous_nudiventris TUR	16,9%	15,2%	15,2%	x																										
5	Taphozous_nudiventris SYR	16,4%	15,9%	16,2%	3,8%	x																									
6	Taphozous_mauritianus	18,3%	16,4%	16,6%	16,0%	15,0%	x																								
7	Taphozous_longimanus	17,8%	19,3%	19,3%	17,0%	17,5%	11,4%	x																							
8	Taphozous_perforatus YEM	1,2%	10,0%	10,2%	17,3%	17,1%	16,6%	19,5%	x																						
9	Taphozous_perforatus YEM	1,2%	12,6%	13,0%	17,3%	17,1%	16,6%	19,5%	0,0%	x																					
10	Taphozous_perforatus YEM	0,5%	12,4%	12,7%	16,9%	16,7%	16,7%	19,3%	0,3%	0,3%	x																				
11	Taphozous_perforatus YEM	0,5%	12,4%	12,7%	16,9%	16,7%	16,7%	19,3%	0,3%	0,3%	0,6%	x																			
12	Taphozous_perforatus YEM	0,5%	12,4%	12,7%	16,9%	16,7%	16,7%	19,3%	0,3%	0,3%	1,0%	0,8%	x																		
13	Taphozous_perforatus YEM	0,7%	12,4%	12,8%	17,1%	16,6%	16,6%	19,4%	0,4%	0,4%	0,1%	0,1%	0,1%	x																	
14	Taphozous_perforatus SUD	0,7%	12,4%	12,8%	17,2%	16,7%	16,7%	19,2%	0,5%	0,5%	1,4%	0,9%	1,2%	0,4%	x																
15	Taphozous_perforatus SUD	0,5%	12,4%	12,7%	17,1%	16,6%	16,6%	19,2%	0,4%	0,4%	1,1%	1,0%	1,3%	0,3%	0,2%	x															
16	Taphozous_perforatus EGY	0,5%	12,4%	12,7%	17,1%	16,6%	16,6%	19,2%	0,4%	0,4%	1,1%	0,8%	0,7%	0,3%	0,9%	1,0%	x														
17	Taphozous_perforatus EGY	0,5%	12,4%	12,7%	17,1%	16,6%	16,6%	19,2%	0,4%	0,4%	1,3%	1,1%	1,1%	0,3%	0,7%	0,7%	0,9%	x													
18	Taphozous_perforatus EGY	0,5%	12,4%	12,7%	17,1%	16,6%	16,6%	19,2%	0,4%	0,4%	1,1%	0,8%	0,9%	0,3%	0,5%	0,5%	0,7%	0,5%	x												
19	Taphozous_perforatus EGY	0,5%	12,3%	12,6%	17,2%	16,7%	16,6%	19,2%	0,5%	0,5%	0,7%	0,8%	0,9%	0,4%	0,6%	0,7%	0,3%	0,7%	0,3%	x											
20	Taphozous_perforatus SUD	0,5%	12,4%	12,8%	17,1%	16,6%	16,6%	19,1%	0,5%	0,5%	1,4%	1,0%	1,4%	0,4%	1,0%	0,7%	0,8%	0,9%	0,7%	0,6%	x										
21	Taphozous_perforatus EGY	0,5%	12,4%	12,7%	17,2%	16,7%	16,6%	19,2%	0,5%	0,5%	0,3%	0,3%	0,3%	0,4%	0,2%	0,1%	0,1%	0,1%	0,1%	0,1%	0,2%	x									
22	Taphozous_perforatus SUD	0,5%	9,9%	10,2%	17,2%	16,9%	16,7%	19,5%	0,5%	0,8%	1,6%	1,0%	1,2%	0,6%	0,6%	0,7%	0,7%	0,8%	0,5%	0,8%	1,1%	0,4%	x								
23	Taphozous_perforatus EGY	0,5%	9,7%	9,9%	17,2%	16,7%	16,6%	19,2%	0,4%	0,5%	0,7%	0,9%	1,1%	0,4%	0,5%	0,5%	0,4%	0,4%	0,2%	0,4%	0,6%	0,0%	0,6%	x							
24	Taphozous_perforatus YEM	0,7%	12,7%	13,1%	17,5%	17,1%	16,7%	19,4%	1,3%	1,3%	1,5%	1,7%	1,7%	1,1%	1,5%	1,4%	1,4%	1,5%	1,3%	1,2%	1,3%	1,0%	1,5%	1,2%	x						
25	Taphozous_perforatus YEM	0,7%	12,1%	12,4%	16,9%	16,6%	16,6%	19,3%	1,2%	1,2%	1,5%	2,5%	3,3%	1,1%	3,0%	1,5%	2,8%	1,8%	2,9%	1,3%	2,7%	0,9%	1,8%	1,3%	0,8%	x					
26	Taphozous_perforatus YEM	0,5%	12,1%	12,5%	17,0%	16,6%	16,6%	19,3%	1,1%	1,1%	0,9%	0,9%	0,9%	1,0%	0,8%	0,7%	0,7%	0,7%	0,7%	0,8%	0,8%	0,8%	1,1%	0,8%	0,5%	0,0%	x				
27	Taphozous_perforatus YEM	0,5%	12,2%	12,5%	17,0%	16,6%	16,6%	19,3%	1,1%	1,1%	2,4%	2,1%	1,9%	0,9%	1,9%	2,0%	1,4%	1,8%	1,7%	1,7%	2,0%	0,7%	1,9%	1,8%	1,5%	2,8%	0,1%	x			
28	Taphozous_perforatus YEM	0,7%	12,2%	12,5%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	1,1%	1,1%	0,9%	0,9%	0,9%	1,0%	0,8%	0,7%	0,7%	0,7%	0,7%	0,8%	0,8%	0,8%	1,1%	0,8%	0,5%	0,1%	0,1%	0,0%	x		
29	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,2%	12,5%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	1,1%	1,1%	1,7%	1,5%	1,9%	1,0%	1,4%	1,4%	1,2%	1,5%	1,4%	1,4%	1,2%	0,8%	1,5%	1,4%	1,0%	1,7%	0,1%	1,2%	0,0%	x	
30	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,2%	12,5%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	1,1%	1,1%	1,4%	1,5%	1,9%	1,0%	1,3%	1,3%	1,1%	1,4%	1,3%	1,3%	1,1%	0,8%	1,5%	1,3%	0,8%	0,6%	0,1%	1,2%	0,0%	0,1%	x
31	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,2%	12,5%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	1,1%	1,1%	1,2%	1,5%	1,7%	1,0%	1,3%	1,4%	1,2%	1,4%	1,2%	1,3%	1,0%	0,8%	1,5%	1,3%	0,8%	1,9%	0,1%	1,1%	0,0%	0,4%	0,3%
32	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,2%	12,5%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	1,1%	1,1%	1,6%	1,5%	1,7%	1,0%	1,3%	1,4%	1,2%	1,3%	1,1%	1,3%	1,2%	0,8%	1,5%	1,3%	0,8%	2,0%	0,1%	1,2%	0,0%	0,4%	0,3%
33	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,2%	12,5%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	1,1%	1,1%	1,5%	1,5%	1,6%	1,0%	1,3%	1,4%	1,2%	1,3%	1,1%	1,3%	1,2%	0,8%	1,5%	1,3%	0,8%	2,0%	0,1%	1,2%	0,0%	0,4%	0,3%
34	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,2%	12,5%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	1,1%	1,1%	1,7%	1,6%	1,6%	1,0%	1,4%	1,4%	1,1%	1,4%	1,2%	1,2%	1,1%	0,8%	1,4%	1,2%	0,7%	0,7%	0,1%	1,0%	0,0%	0,4%	0,4%
35	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	9,7%	9,9%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	0,8%	1,1%	1,6%	1,4%	1,7%	1,0%	1,2%	1,3%	0,8%	1,3%	1,1%	1,2%	1,2%	0,8%	1,1%	0,9%	0,6%	0,5%	0,1%	1,1%	0,0%	0,3%	0,2%
36	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	9,7%	9,9%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	0,8%	1,1%	0,9%	0,9%	0,9%	1,0%	0,8%	0,7%	0,7%	0,7%	0,7%	0,8%	0,8%	0,8%	0,8%	0,6%	0,5%	0,1%	0,1%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
37	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,2%	12,5%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	1,1%	1,1%	0,9%	0,9%	0,9%	1,0%	0,8%	0,7%	0,7%	0,7%	0,7%	0,8%	0,8%	0,8%	1,1%	0,8%	0,5%	0,1%	0,1%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
38	Taphozous_perforatus IRN	0,7%	9,6%	9,9%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	0,9%	1,1%	0,9%	0,9%	0,9%	1,0%	0,8%	0,7%	0,7%	0,7%	0,7%	0,8%	0,8%	0,8%	0,8%	0,6%	0,5%	0,1%	0,1%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
39	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,3%	12,6%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	1,2%	1,2%	1,5%	1,8%	1,8%	1,1%	1,6%	1,7%	1,3%	1,6%	1,5%	1,5%	1,4%	0,9%	1,8%	1,6%	1,0%	1,5%	0,2%	1,0%	0,1%	0,7%	0,7%
40	Taphozous_perforatus IRN	1,2%	12,3%	12,6%	16,8%	16,4%	16,7%	19,3%	1,3%	1,3%	1,7%	1,9%	1,8%	1,1%	1,6%	1,6%	1,4%	1,6%	1,4%	1,4%	1,4%	1,0%	1,7%	1,4%	1,0%	0,8%	0,3%	1,1%	0,2%	0,8%	0,8%
41	Taphozous_perforatus OMN	1,0%	9,7%	10,0%	17,1%	16,7%	16,7%	19,3%	1,0%	1,3%	1,1%	1,1%	1,1%	1,1%	1,0%	0,9%	0,9%	0,9%	0,9%	1,0%	1,0%	1,0%	0,9%	0,7%	0,7%	0,3%	0,3%	0,2%	0,2%	0,2%	0,2%
42	Taphozous_perforatus OMN	1,0%	12,2%	12,5%	17,1%	16,7%	16,6%	19,2%	1,1%	1,1%	2,7%	2,4%	2,4%	1,1%	2,3%	2,1%	2,0%	2,3%	2,1%	1,8%	1,9%	1,0%	2,3%	1,9%	1,6%	1,8%	0,3%	1,7%	0,2%	1,4%	1,2%
43	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,1%	12,4%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	1,2%	1,2%	2,1%	1,9%	2,0%	1,1%	1,5%	1,6%	1,2%	1,6%	1,3%	1,5%	1,6%	0,9%	1,7%	1,5%	1,0%	1,0%	0,2%	1,4%	0,1%	0,7%	0,7%
44	Taphozous_perforatus OMN	1,0%	12,3%	12,6%	16,9%	16,6%	16,7%	19,1%	1,4%	1,4%	1,1%	1,1%	1,1%	1,2%	1,1%	1,0%	1,0%	1,0%	1,0%	1,1%	0,9%	1,1%	1,3%	1,1%	0,8%	0,4%	0,4%	0,3%	0,3%	0,3%	0,3%
45	Taphozous_perforatus OMN	1,0%	12,2%	12,5%	16,9%	16,6%	16,7%	19,0%	1,5%	1,5%	1,2%	1,2%	1,2%	1,3%	1,1%	1,1%	1,1%	1,1%	1,1%	1,1%	1,0%	1,1%	1,4%	1,1%	0,9%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%
46	Taphozous_perforatus OMN	1,0%	12,2%	12,5%	16,9%	16,6%	16,7%	19,0%	1,5%	1,5%	3,0%	2,7%	2,7%	1,3%	2,5%	2,7%	2,0%	2,8%	2,5%	2,5%	2,6%	1,1%	2,8%	2,6%	2,2%	2,1%	0,4%	2,0%	0,4%	1,8%	1,8%
47	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,2%	12,5%	17,0%	16,6%	16,7%	19,0%	1,4%	1,4%	3,2%	3,0%	3,1%	1,2%	3,1%	2,9%	2,6%	2,8%	2,7%	2,6%	2,4%	1,1%	3,1%	2,5%	2,2%	3,4%	0,4%	2,4%	0,4%	2,1%	1,9%
48	Taphozous_perforatus YEM	0,5%	12,6%	12,9%	17,2%	16,8%	16,7%	19,5%	1,1%	1,1%	1,5%	1,8%	1,5%	1,0%	1,7%	1,8%	1,2%	1,7%	1,3%	1,2%	1,6%	0,8%	1,6%	1,3%	0,8%	1,2%	0,4%	1,3%	0,4%	1,2%	1,2%
49	Taphozous_perforatus YEM	0,7%	12,4%	12,7%	16,9%	16,6%	16,6%	19,4%	1,3%	1,3%	1,1%	1,1%	1,1%	1,1%	1,0%	0,9%	0,9%	0,9%	0,9%	1,0%	1,0%	1,0%	1,2%	1,0%	0,7%	0,3%	0,3%	0,2%	0,2%	0,2%	0,2%
50	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,2%	12,6%	17,0%	16,6%	16,6%	19,3%	1,1%	1,1%	1,5%	1,4%	1,6%	1,0%	1,2%	1,3%	1,2%	1,2%	1,0%	1,2%	1,1%	0,8%	1,4%	1,2%	0,7%	1,9%	0,1%	1,1%	0,0%	0,3%	0,2%

51	Taphozous_nudiventris IRN	16,3%	13,6%	13,7%	3,9%	0,0%	14,9%	17,1%	14,6%	17,5%	24,9%	25,3%	23,3%	17,2%	24,9%	24,6%	24,4%	24,2%	24,7%	23,8%	24,7%	17,2%	19,8%	20,2%	24,6%	25,3%	17,2%	23,4%	17,1%	25,0%	24,6%
52	Taphozous_nudiventris IRN	16,4%	16,8%	16,9%	3,8%	0,0%	15,0%	17,2%	17,6%	17,6%	24,8%	25,2%	23,9%	17,2%	25,4%	24,4%	24,5%	24,6%	25,2%	23,5%	25,0%	17,2%	23,8%	23,7%	24,5%	25,2%	17,1%	24,0%	17,0%	25,0%	24,4%
53	Taphozous_nudiventris SYR	16,9%	13,4%	13,4%	0,0%	3,8%	15,9%	17,0%	15,0%	18,1%	17,8%	17,8%	17,8%	17,9%	17,9%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,9%	17,7%	17,9%	14,8%	14,8%	18,0%	17,7%	17,8%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%
54	Taphozous_nudiventris SYR	16,9%	16,6%	16,6%	0,0%	3,8%	15,9%	17,0%	18,1%	18,1%	24,9%	25,4%	23,3%	17,9%	25,0%	24,7%	24,8%	24,2%	24,8%	23,8%	24,9%	17,9%	23,5%	24,2%	24,6%	25,4%	17,8%	23,5%	17,7%	25,0%	24,6%
55	Taphozous_nudiventris SYR	16,9%	16,6%	16,6%	0,0%	3,8%	15,9%	17,0%	18,1%	18,1%	24,9%	25,4%	23,3%	17,9%	25,0%	24,7%	24,8%	24,2%	24,8%	23,8%	24,9%	17,9%	23,5%	24,2%	24,6%	25,4%	17,8%	23,5%	17,7%	25,0%	24,6%
56	Taphozous_nudiventris OMN	16,7%	16,6%	16,6%	0,0%	3,8%	15,9%	17,0%	18,0%	18,0%	24,9%	25,4%	23,3%	17,8%	25,0%	24,6%	24,8%	24,1%	24,8%	23,9%	24,9%	17,8%	23,5%	24,2%	24,5%	25,4%	17,8%	23,5%	17,7%	25,0%	24,7%
57	Taphozous_nudiventris SYR	17,1%	16,7%	16,7%	0,1%	3,9%	16,0%	17,1%	18,2%	18,2%	25,0%	25,5%	23,4%	18,0%	25,1%	24,7%	24,9%	24,3%	24,9%	23,9%	25,0%	18,0%	23,5%	24,2%	24,7%	25,5%	17,8%	23,5%	17,7%	25,1%	24,7%
58	Taphozous_nudiventris OMN	16,7%	13,4%	13,4%	0,1%	3,9%	16,0%	16,9%	15,0%	18,0%	24,9%	24,9%	23,0%	17,8%	24,6%	24,5%	24,2%	24,6%	24,6%	23,6%	24,4%	17,8%	19,9%	20,1%	24,6%	24,6%	17,7%	23,1%	17,6%	24,5%	24,6%
59	Taphozous_nudiventris OMN	16,7%	16,8%	16,8%	0,3%	4,0%	16,1%	17,0%	17,9%	17,9%	24,9%	25,3%	23,2%	17,7%	24,8%	24,5%	24,7%	24,1%	24,6%	23,6%	24,7%	17,7%	23,2%	23,9%	24,6%	25,4%	17,6%	23,2%	17,5%	25,0%	24,6%
60	Taphozous_nudiventris OMN	16,7%	16,8%	16,8%	0,1%	3,9%	16,1%	17,0%	18,1%	18,1%	24,8%	25,3%	23,2%	17,9%	24,9%	24,5%	24,8%	24,1%	24,7%	23,7%	24,8%	17,9%	23,4%	24,1%	24,4%	25,2%	17,6%	23,2%	17,5%	24,8%	24,4%
61	Taphozous_nudiventris OMN	16,9%	16,8%	16,8%	0,3%	4,0%	16,0%	17,0%	18,0%	18,0%	22,7%	22,8%	22,6%	17,9%	22,8%	22,8%	22,8%	22,7%	22,6%	22,6%	22,6%	17,9%	22,8%	22,6%	22,6%	22,4%	17,8%	22,5%	17,7%	22,4%	22,4%
62	Taphozous_nudiventris OMN	16,9%	16,8%	16,8%	0,3%	4,0%	16,0%	17,0%	18,0%	18,0%	24,8%	25,3%	23,3%	17,9%	24,9%	24,4%	24,7%	24,0%	24,7%	23,6%	24,8%	17,9%	23,2%	23,9%	24,5%	25,3%	17,8%	23,5%	17,7%	24,9%	24,5%
63	Taphozous_nudiventris OMN	16,7%	13,5%	13,5%	0,3%	4,1%	16,0%	17,0%	14,9%	17,9%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,7%	17,8%	14,8%	14,7%	17,9%	17,8%	17,8%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%
64	Taphozous_nudiventris OMN	16,7%	16,7%	16,7%	0,1%	3,9%	16,1%	17,1%	18,0%	18,0%	24,7%	25,2%	23,1%	17,8%	24,8%	24,5%	24,8%	24,1%	24,6%	23,7%	24,7%	17,8%	23,3%	24,0%	24,3%	25,1%	17,5%	23,2%	17,4%	24,7%	24,3%
65	Taphozous_nudiventris OMN	16,2%	16,8%	16,8%	0,4%	3,9%	16,0%	17,0%	17,7%	17,7%	17,4%	17,4%	17,4%	17,5%	17,5%	17,4%	17,4%	17,4%	17,4%	17,5%	17,3%	17,5%	17,6%	17,5%	17,6%	17,4%	17,4%	17,3%	17,3%	17,3%	17,3%
66	Taphozous_nudiventris OMN	16,7%	16,9%	16,9%	0,5%	4,0%	16,4%	17,0%	18,1%	18,1%	22,9%	23,0%	22,1%	17,9%	22,4%	23,0%	22,8%	22,3%	22,2%	22,8%	22,4%	17,9%	22,4%	23,0%	22,7%	22,7%	17,8%	22,1%	17,7%	22,5%	22,7%
67	Taphozous_nudiventris OMN	16,7%	16,9%	16,9%	0,5%	4,0%	16,4%	17,0%	18,1%	18,1%	24,9%	25,3%	23,3%	17,9%	25,0%	24,6%	24,8%	24,2%	24,7%	23,8%	24,9%	17,9%	23,4%	24,1%	24,6%	25,4%	17,8%	23,4%	17,7%	25,0%	24,6%
68	Taphozous_nudiventris OMN	16,7%	16,9%	16,9%	0,5%	4,0%	16,4%	17,0%	18,1%	18,1%	24,5%	24,6%	22,7%	17,9%	23,8%	24,3%	24,3%	23,8%	23,6%	23,7%	23,8%	17,9%	23,4%	24,1%	24,2%	24,2%	17,8%	22,8%	17,7%	24,1%	24,2%
69	Taphozous_nudiventris SYR	16,8%	16,6%	16,6%	0,0%	3,9%	15,8%	16,9%	18,1%	18,1%	17,8%	17,8%	17,8%	17,9%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,9%	17,7%	17,9%	18,0%	17,9%	18,0%	17,8%	17,8%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%
70	Taphozous_nudiventris SUD	16,3%	13,3%	13,3%	0,3%	3,9%	15,8%	16,9%	14,9%	17,9%	24,9%	25,4%	23,3%	17,7%	24,9%	24,4%	24,6%	24,1%	24,8%	23,6%	24,9%	17,7%	19,6%	20,0%	24,5%	25,4%	17,6%	23,6%	17,5%	25,0%	24,6%
71	Taphozous_nudiventris SUD	16,3%	16,6%	16,6%	0,3%	3,9%	15,8%	16,9%	17,9%	17,9%	24,9%	24,9%	23,4%	17,7%	24,8%	24,8%	24,6%	24,9%	24,8%	23,9%	24,7%	17,7%	24,2%	24,1%	24,9%	24,7%	17,6%	23,6%	17,5%	24,8%	24,7%
72	Taphozous_nudiventris SUD	16,3%	13,5%	13,5%	0,5%	4,1%	16,1%	17,1%	15,0%	18,1%	24,6%	24,6%	23,3%	17,9%	24,4%	24,4%	24,5%	24,4%	24,3%	23,8%	24,3%	17,9%	20,1%	20,1%	24,3%	24,3%	17,8%	23,4%	17,7%	24,3%	24,3%
73	Taphozous_nudiventris OMN	16,8%	16,8%	16,8%	0,3%	4,1%	15,9%	16,9%	18,0%	18,0%	25,0%	25,5%	23,5%	17,9%	24,9%	24,6%	24,9%	24,2%	24,8%	23,9%	24,9%	17,9%	23,5%	24,2%	24,7%	25,6%	17,8%	23,7%	17,7%	25,2%	24,8%
74	Taphozous_nudiventris OMN	17,0%	16,6%	16,6%	0,3%	4,1%	15,9%	16,9%	18,1%	18,1%	24,9%	25,4%	23,3%	17,9%	24,9%	24,6%	24,9%	24,2%	24,8%	23,8%	24,9%	17,9%	23,4%	24,2%	24,6%	25,5%	17,8%	23,5%	17,7%	25,1%	24,7%
75	Taphozous_nudiventris OMN	16,8%	16,7%	16,7%	0,0%	3,9%	15,8%	17,0%	18,1%	18,1%	25,0%	25,3%	23,7%	18,0%	24,9%	24,5%	24,7%	24,7%	25,3%	23,7%	25,2%	18,0%	23,9%	24,0%	24,6%	25,4%	17,9%	23,9%	17,8%	25,0%	24,6%
76	Taphozous_mauritianus BOT	17,9%	17,1%	17,3%	16,2%	15,2%	0,2%	11,7%	17,7%	17,7%	30,3%	29,8%	29,3%	17,7%	24,9%	30,1%	27,3%	30,1%	30,1%	29,8%	30,0%	17,8%	30,2%	29,9%	29,8%	30,1%	17,8%	29,5%	17,7%	29,8%	29,7%
77	Taphozous_mauritianus RSA	18,6%	17,3%	17,5%	16,7%	15,7%	0,5%	12,0%	17,9%	17,9%	18,0%	18,0%	18,0%	17,9%	24,9%	18,0%	18,0%	18,0%	18,0%	18,0%	17,9%	18,0%	18,2%	18,0%	17,9%	18,0%	18,0%	17,9%	17,9%	17,9%	17,9%
78	Taphozous_mauritianus RSA	17,9%	17,1%	17,3%	16,3%	15,3%	0,4%	12,0%	17,6%	17,6%	17,7%	17,7%	17,7%	17,6%	24,9%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,6%	17,7%	17,8%	17,7%	17,6%	17,7%	17,7%	17,6%	17,6%	17,6%	17,6%
79	Coleura_afra YEM	23,9%	23,2%	23,2%	21,7%	22,5%	23,6%	22,6%	24,0%	24,0%	23,9%	23,9%	23,9%	23,8%	24,9%	24,1%	24,1%	24,1%	24,1%	24,1%	24,1%	24,1%	24,0%	24,1%	23,7%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%
80	Coleura_afra YEM	23,9%	23,0%	23,0%	21,7%	22,5%	23,6%	22,5%	23,8%	23,8%	23,7%	23,7%	23,7%	23,6%	24,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,8%	23,9%	23,6%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%
81	Coleura_afra YEM	23,9%	23,1%	23,1%	21,7%	22,5%	23,6%	22,6%	23,9%	23,9%	23,8%	23,8%	23,8%	23,7%	24,9%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	23,9%	24,0%	23,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%
82	Coleura_afra OMN	23,9%	23,1%	23,1%	21,6%	22,4%	23,4%	22,5%	23,9%	23,9%	23,8%	23,8%	23,8%	23,7%	24,9%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	23,9%	24,0%	23,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%
83	Coleura_afra YEM	24,0%	23,0%	23,0%	21,8%	22,5%	23,7%	22,8%	23,8%	23,8%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	24,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,8%	23,9%	23,6%	23,7%	23,8%	23,8%	23,7%	23,7%	23,7%
84	Coleura_afra YEM	24,0%	23,0%	23,0%	21,8%	22,6%	23,6%	22,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,7%	24,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,8%	23,9%	23,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%
85	Coleura_afra YEM	24,0%	23,0%	23,0%	21,7%	22,5%	23,7%	22,7%	23,8%	23,8%	23,7%	23,7%	23,7%	23,6%	24,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,8%	23,9%	23,5%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%
86	Coleura_afra OMN	24,0%	23,1%	23,1%	21,6%	22,4%	23,6%	22,7%	23,9%	23,9%	23,8%	23,8%	23,8%	23,7%	24,9%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	23,9%	24,0%	23,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%
87	Rousettus_aegyptiacus	24,6%	23,0%	23,0%	21,9%	21,7%	22,3%	24,9%	23,0%	24,9%	24,7%	24,7%	24,7%	24,6%	24,9%	24,9%	24,9%	24,9%	24,9%	25,0%	25,0%	25,0%	22,8%	22,7%	24,9%	24,7%	24,7%	24,7%	24,7%	24,7%	24,7%
88	Rousettus_leschenaultii	24,3%	22,1%	22,1%	21,0%	21,7%	21,4%	24,0%	23,2%	25,4%	25,2%	25,2%	25,2%	25,1%	24,9%	25,2%	25,2%	25,2%	25,2%	25,3%	25,3%	25,3%	22,8%	22,7%	25,4%	25,3%	25,3%	25,3%	25,3%	25,3%	25,3%
89	Taphozous_perforatus GHA	0,8%	9,5%	9,7%	17,0%	16,8%	16,9%	19,1%	0,8%	1,1%	2,1%	1,9%	1,9%	0,9%	24,9%	1,4%	1,4%	1,5%	1,3%	1,4%	1,7%	0,7%	1,3%	1,1%	1,8%	3,3%	1,0%	1,9%	0,9%	2,1%	1,9%
90	Taphozous_nudiventris GHA	16,4%	13,5%	13,5%	0,5%	4,0%	15,9%	17,3%	15,1%	18,3%	24,9%	25,4%	23,4%	18,1%	24,9%	24,7%	25,0%	24,3%	24,8%	23,9%	24,9%	18,1%	19,7%	20,2%	24,8%	25,4%	17,9%	23,7%	17,8%	25,2%	24,8%
91	Taphozous_perforatus GHA	1,0%	12,7%	13,1%	17,3%	17,1%	16,8%	19,4%	1,2%	1,2%	3,0%	2,7%	2,7%	1,0%	24,9%	3,0%	1,9%	2,9%	2,6%	2,8%	3,0%	0,8%	2,9%	2,9%	3,4%	4,7%	1,2%	3,2%	1,2%	3,2%	3,2%
92	Taphozous_nudiventris SYR	?	?	?	?	?	?	?	?	?	39,7%	40,9%	36,5%	?	24,9%	39,0%	45,0%	39,2%	39,9%	36,8%	39,7%	?	37,1%	37,8%	38,5%	40,4%	?	37,2%	?	39,8%	39,4%
93	Taphozous_nudiventris OMN	?	?	?	?	?	?	?	?	?	39,4%	41,1%	34,9%	?	24,9%	38,8%	45,2%	36,5%	37,6%	37,0%	38,1%	?	34,7%	38,0%	38,5%	40,6%	?	35,6%	?	40,0%	39,6%
94	Taphozous_australis	?	4,2%	4,2%	?	?	?	?	5,3%	?	?	?	?	?	24,9%	?	?	?	?	?	?	?	5,3%	5,3%	?	?	?	?	?	?	?
95	Taphozous_georgianus	?	3,8%	3,8%	?	?	?	?	4,9%	?	?	?	?	?	24,9%	?	?	?	?	?	?	?	4,9%	4,9%	?	?	?	?	?	?	?
96	Taphozous_hilli	?	4,2%	4,2%	?	?	?	?	4,9%	?	?	?	?	?	24,9%	?	?	?	?	?	?	?	4,9%	4,9%	?	?	?	?	?	?	?
97	Taphozous_nudiventris	?	6,4%	6,4%	?	?	?	?	8,2%	?	?	?	?	?	24,9%	?	?	?	?	?	?	?	8,0%	8,0%	?	?	?	?	?	?	?
Č.	Haplotyp	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30

Pokračování **tab. 15**

Č.	Haplotyp	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59
31	Taphozous_perforatus OMN	x																												
32	Taphozous_perforatus OMN	0,1%	x																											
33	Taphozous_perforatus OMN	0,0%	0,1%	x																										
34	Taphozous_perforatus OMN	0,3%	0,3%	0,3%	x																									
35	Taphozous_perforatus OMN	0,2%	0,2%	0,2%	0,1%	x																								
36	Taphozous_perforatus OMN	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,1%	x																							
37	Taphozous_perforatus OMN	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	x																						
38	Taphozous_perforatus IRN	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,1%	0,0%	0,0%	x																					
39	Taphozous_perforatus OMN	0,5%	0,6%	0,5%	0,5%	0,6%	0,1%	0,1%	0,1%	x																				
40	Taphozous_perforatus IRN	0,7%	0,7%	0,7%	0,5%	0,6%	0,2%	0,2%	0,2%	0,7%	x																			
41	Taphozous_perforatus OMN	0,2%	0,2%	0,2%	0,2%	0,2%	0,1%	0,2%	0,1%	0,3%	0,4%	x																		
42	Taphozous_perforatus OMN	1,2%	1,4%	1,4%	1,1%	1,1%	0,2%	0,2%	0,2%	1,1%	1,1%	0,4%	x																	
43	Taphozous_perforatus OMN	0,6%	0,6%	0,6%	0,5%	0,5%	0,1%	0,1%	0,1%	0,9%	0,7%	0,3%	1,0%	x																
44	Taphozous_perforatus OMN	0,3%	0,3%	0,3%	0,3%	0,3%	0,3%	0,3%	0,3%	0,4%	0,3%	0,4%	0,4%	0,4%	x															
45	Taphozous_perforatus OMN	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,5%	0,4%	0,3%	0,1%	x														
46	Taphozous_perforatus OMN	1,7%	1,6%	1,7%	1,7%	1,7%	0,4%	0,4%	0,4%	1,7%	1,9%	0,5%	2,2%	1,6%	0,1%	0,0%	x													
47	Taphozous_perforatus OMN	1,9%	2,0%	2,0%	1,8%	1,9%	0,4%	0,4%	0,4%	2,1%	2,0%	0,5%	2,4%	1,7%	0,1%	0,0%	1,8%	x												
48	Taphozous_perforatus YEM	1,2%	1,2%	1,2%	0,9%	0,8%	0,4%	0,4%	0,4%	1,1%	1,3%	0,5%	1,6%	1,0%	0,6%	0,7%	2,1%	2,4%	x											
49	Taphozous_perforatus YEM	0,2%	0,2%	0,2%	0,2%	0,2%	0,2%	0,2%	0,2%	0,3%	0,4%	0,4%	0,4%	0,3%	0,4%	0,5%	0,5%	0,5%	0,5%	x										
50	Taphozous_perforatus OMN	0,1%	0,1%	0,1%	0,2%	0,1%	0,0%	0,0%	0,0%	0,5%	0,6%	0,2%	1,3%	0,5%	0,3%	0,4%	1,6%	1,9%	1,0%	0,2%	x									
51	Taphozous_nudiventris IRN	25,2%	24,4%	24,4%	24,1%	19,5%	14,3%	17,1%	14,2%	23,9%	24,7%	14,2%	24,2%	22,7%	17,0%	16,9%	22,2%	24,9%	23,8%	17,3%	24,6%	x								
52	Taphozous_nudiventris IRN	25,0%	25,0%	25,0%	24,2%	23,3%	17,0%	17,0%	17,0%	23,7%	24,4%	17,0%	24,5%	23,0%	16,9%	16,9%	22,5%	25,4%	23,7%	17,2%	25,3%	0,4%	x							
53	Taphozous_nudiventris SYR	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	14,7%	14,7%	17,7%	14,6%	17,7%	17,6%	14,6%	17,7%	17,6%	17,6%	17,5%	17,5%	17,5%	17,9%	17,8%	17,7%	2,8%	3,5%	x						
54	Taphozous_nudiventris SYR	25,2%	24,5%	24,5%	24,2%	23,0%	17,7%	17,7%	17,7%	24,0%	24,6%	17,7%	24,1%	22,7%	17,6%	17,5%	22,3%	25,0%	24,0%	17,8%	24,7%	3,7%	3,4%	0,0%	x					
55	Taphozous_nudiventris SYR	25,2%	24,5%	24,5%	24,2%	23,0%	17,7%	17,7%	17,7%	24,0%	24,6%	17,7%	24,1%	22,7%	17,6%	17,5%	22,3%	25,0%	24,0%	17,8%	24,7%	3,6%	3,2%	0,0%	0,1%	x				
56	Taphozous_nudiventris OMN	25,2%	24,5%	24,5%	24,2%	23,0%	17,7%	17,7%	17,7%	24,1%	24,6%	17,7%	24,2%	22,8%	17,6%	17,5%	22,4%	24,9%	24,0%	17,8%	24,7%	3,6%	3,4%	0,0%	0,4%	0,4%	x			
57	Taphozous_nudiventris SYR	25,3%	24,5%	24,5%	24,2%	23,0%	17,7%	17,7%	17,7%	24,1%	24,7%	17,7%	24,2%	22,8%	17,7%	17,6%	22,3%	25,1%	24,0%	17,9%	24,8%	3,6%	3,3%	0,1%	0,2%	0,1%	0,4%	x		
58	Taphozous_nudiventris OMN	24,5%	24,3%	24,3%	24,3%	19,8%	14,6%	17,6%	14,5%	23,4%	24,6%	14,5%	24,2%	23,1%	17,5%	17,4%	22,7%	24,6%	23,9%	17,7%	24,3%	3,2%	3,3%	0,1%	0,4%	0,3%	0,5%	0,4%	x	
59	Taphozous_nudiventris OMN	25,2%	24,4%	24,4%	24,1%	22,8%	17,5%	17,5%	17,5%	23,9%	24,6%	17,5%	24,1%	22,6%	17,4%	17,3%	22,2%	25,0%	23,7%	17,7%	24,6%	3,7%	3,3%	0,2%	0,5%	0,4%	0,6%	0,4%	0,1%	x
60	Taphozous_nudiventris OMN	25,0%	24,3%	24,3%	24,0%	22,7%	17,5%	17,5%	17,5%	23,8%	24,4%	17,5%	23,9%	22,5%	17,4%	17,3%	22,0%	24,8%	23,7%	17,7%	24,5%	3,7%	3,3%	0,2%	0,3%	0,2%	0,4%	0,3%	0,2%	0,3%
61	Taphozous_nudiventris OMN	22,3%	22,4%	22,3%	22,4%	22,4%	17,7%	17,7%	17,7%	22,4%	22,4%	17,7%	22,2%	22,4%	17,6%	17,5%	22,5%	22,6%	22,5%	17,8%	22,4%	4,0%	3,4%	0,2%	0,3%	0,3%	0,4%	0,4%	0,1%	0,2%
62	Taphozous_nudiventris OMN	25,3%	24,5%	24,5%	24,1%	22,8%	17,7%	17,7%	17,7%	23,9%	24,5%	17,7%	23,9%	22,6%	17,6%	17,5%	22,2%	25,0%	23,9%	17,8%	24,7%	4,2%	3,8%	0,2%	0,8%	0,8%	0,6%	0,8%	0,5%	0,7%
63	Taphozous_nudiventris OMN	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	14,7%	14,7%	17,7%	14,6%	17,7%	17,6%	14,6%	17,6%	17,6%	17,6%	17,5%	17,5%	17,5%	17,8%	17,8%	17,7%	2,9%	3,7%	0,1%	0,2%	0,2%	0,2%	0,3%	0,1%	0,2%
64	Taphozous_nudiventris OMN	24,9%	24,2%	24,2%	23,9%	22,7%	17,4%	17,4%	17,4%	23,7%	24,3%	17,4%	23,9%	22,4%	17,3%	17,2%	22,0%	24,7%	23,7%	17,6%	24,4%	3,7%	3,4%	0,3%	0,4%	0,3%	0,4%	0,3%	0,2%	0,3%
65	Taphozous_nudiventris OMN	17,3%	17,3%	17,3%	17,3%	17,3%	17,3%	17,3%	17,3%	17,3%	17,2%	17,3%	17,3%	17,2%	17,2%	17,1%	17,1%	17,1%	17,4%	17,5%	17,3%	3,6%	3,5%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,3%	0,2%
66	Taphozous_nudiventris OMN	22,5%	21,9%	21,8%	22,3%	21,9%	17,7%	17,7%	17,7%	22,6%	22,6%	17,7%	22,0%	21,9%	17,6%	17,5%	22,0%	22,3%	22,7%	17,8%	21,9%	3,8%	3,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,5%	0,5%	0,3%	0,4%
67	Taphozous_nudiventris OMN	25,2%	24,4%	24,4%	24,1%	22,9%	17,7%	17,7%	17,7%	24,0%	24,6%	17,7%	24,1%	22,6%	17,6%	17,5%	22,2%	25,0%	23,9%	17,8%	24,6%	3,7%	3,3%	0,4%	0,6%	0,4%	0,6%	0,5%	0,4%	0,5%
68	Taphozous_nudiventris OMN	24,2%	23,5%	23,5%	23,8%	23,0%	17,7%	17,7%	17,7%	23,5%	24,2%	17,7%	23,6%	22,7%	17,6%	17,5%	22,3%	23,9%	24,0%	17,8%	23,5%	3,7%	3,3%	0,4%	0,5%	0,5%	0,5%	0,5%	0,2%	0,4%
69	Taphozous_nudiventris SYR	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,6%	17,6%	17,5%	17,5%	17,5%	17,8%	17,9%	17,7%	3,6%	3,6%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,1%	0,1%	0,2%
70	Taphozous_nudiventris SUD	25,4%	24,6%	24,6%	24,2%	19,4%	14,6%	17,5%	14,5%	24,0%	24,7%	14,5%	24,1%	22,7%	17,5%	17,4%	22,2%	25,1%	23,9%	17,7%	24,8%	3,5%	4,0%	0,1%	1,0%	1,1%	0,9%	1,2%	0,7%	1,2%
71	Taphozous_nudiventris SUD	24,6%	24,6%	24,6%	24,6%	23,8%	17,5%	17,5%	17,5%	23,7%	24,7%	17,5%	24,7%	23,7%	17,4%	17,4%	23,1%	24,9%	24,2%	17,7%	24,7%	3,7%	3,3%	0,2%	0,7%	0,6%	0,8%	0,7%	0,4%	0,5%
72	Taphozous_nudiventris SUD	24,2%	24,2%	24,2%	24,1%	20,0%	14,7%	17,7%	14,6%	23,6%	24,3%	14,6%	24,1%	23,5%	17,6%	17,5%	23,0%	24,4%	24,0%	17,9%	24,2%	3,2%	3,3%	0,2%	0,4%	0,4%	0,5%	0,5%	0,1%	0,3%
73	Taphozous_nudiventris OMN	25,4%	24,6%	24,6%	24,3%	23,2%	17,7%	17,7%	17,7%	24,2%	24,8%	17,7%	24,2%	22,9%	17,6%	17,5%	22,5%	25,2%	24,1%	17,9%	24,8%	3,9%	3,6%	0,2%	0,5%	0,5%	0,4%	0,5%	0,4%	0,5%
74	Taphozous_nudiventris OMN	25,3%	24,5%	24,5%	24,2%	23,0%	17,7%	17,7%	17,7%	24,1%	24,7%	17,7%	24,2%	22,7%	17,6%	17,5%	22,3%	25,1%	24,0%	17,9%	24,7%	3,6%	3,3%	0,2%	0,4%	0,3%	0,3%	0,3%	0,4%	0,5%
75	Taphozous_nudiventris OMN	25,2%	25,0%	25,0%	24,3%	23,4%	17,8%	17,8%	17,8%	23,9%	24,7%	17,8%	24,4%	23,1%	17,7%	17,6%	22,7%	25,3%	23,8%	18,0%	25,1%	3,6%	3,2%	0,0%	0,2%	0,1%	0,4%	0,2%	0,2%	0,3%
76	Taphozous_mauritianus BOT	29,8%	30,0%	30,1%	29,9%	30,0%	17,7%	17,7%	17,7%	29,3%	29,7%	17,7%	29,9%	29,4%	17,7%	17,7%	29,4%	30,3%	29,8%	17,9%	30,1%	28,1%	25,7%	16,3%	28,3%	28,3%	28,4%	28,4%	28,2%	28,5%
77	Taphozous_mauritianus RSA	17,9%	17,9%	17,9%	17,9%	17,9%	17,9%	17,9%	17,9%	17,9%	18,0%	17,9%	17,8%	17,8%	17,9%	17,8%	17,8%	17,9%	18,0%	18,1%	17,9%	15,6%	15,8%	16,7%	16,7%	16,7%	16,7%	16,8%	16,8%	16,9%
78	Taphozous_mauritianus RSA	17,6%	17,6%	17,6%	17,6%	17,6%	17,6%	17,6%	17,6%	17,6%	17,7%	17,6%	17,7%	17,7%	17,6%	17,7%	17,7%	17,7%	17,6%	17,7%	17,6%	15,6%	15,6%	16,5%	16,5%	16,5%	16,5%	16,6%	16,6%	16,7%
79	Coleura_afra YEM	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	24,0%	23,7%	23,9%	23,9%	23,9%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,9%	24,1%	23,9%	22,2%	22,1%	21,4%	21,4%	21,4%	21,4%	21,5%	21,5%	21,5%
80	Coleura_afra YEM	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,8%	23,5%	23,7%	23,7%	23,7%	23,6%	23,6%	23,6%	23,6%	23,8%	23,9%	23,7%	22,1%	22,0%	21,3%	21,3%	21,3%	21,3%	21,4%	21,4%	21,4%
81	Coleura_afra YEM	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,9%	23,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,8%	24,0%	23,8%	22,2%	22,1%	21,4%	21,4%	21,4%	21,4%	21,5%	21,5%	21,5%
82	Coleura_afra OMN	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,9%	23,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,8%	24,0%	23,8%	22,0%	21,9%	21,2%	21,2%	21,2%	21,2%	21,3%	21,3%	21,3%

Č.	Haplotyp	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
83	Coleura_afra YEM	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,8%	23,6%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,8%	23,9%	23,7%	22,1%	22,0%	21,3%	21,3%	21,3%	21,3%	21,4%	21,4%	21,4%	
84	Coleura_afra YEM	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,8%	23,9%	23,8%	22,1%	22,1%	21,3%	21,3%	21,3%	21,4%	21,4%	21,4%	21,4%	
85	Coleura_afra YEM	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,8%	23,5%	23,7%	23,7%	23,7%	23,6%	23,6%	23,6%	23,7%	23,8%	23,9%	23,7%	22,1%	22,0%	21,3%	21,3%	21,3%	21,3%	21,4%	21,4%	21,4%	
86	Coleura_afra OMN	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,9%	23,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,9%	24,0%	23,8%	22,0%	21,9%	21,2%	21,2%	21,2%	21,2%	21,3%	21,3%	21,3%	
87	Rousettus_aegyptiacus	24,7%	24,7%	24,7%	24,7%	22,8%	22,8%	24,7%	22,7%	24,7%	24,6%	22,6%	24,6%	24,6%	24,6%	24,6%	24,5%	24,5%	24,6%	24,8%	24,8%	24,7%	21,0%	22,8%	21,3%	23,3%	23,3%	23,3%	23,4%	21,2%	23,3%
88	Rousettus_leschenaultii	25,3%	25,3%	25,3%	25,3%	23,0%	23,1%	25,3%	22,9%	25,3%	25,2%	22,8%	25,2%	25,2%	25,2%	25,1%	25,1%	25,1%	25,3%	25,4%	25,3%	21,1%	23,0%	21,1%	22,9%	22,9%	22,9%	23,0%	21,1%	23,0%	
89	Taphozous_perforatus GHA	1,9%	1,9%	1,8%	1,7%	1,4%	0,7%	0,9%	0,7%	1,9%	1,6%	0,9%	2,3%	1,8%	1,2%	1,1%	2,8%	3,1%	1,6%	1,1%	1,7%	19,4%	23,5%	14,5%	23,1%	23,1%	23,2%	23,2%	18,8%	22,7%	
90	Taphozous_nudiventris GHA	25,4%	24,6%	24,6%	24,3%	19,6%	14,8%	17,8%	14,7%	24,2%	24,8%	14,6%	24,4%	22,9%	17,8%	17,8%	22,5%	25,2%	24,1%	18,0%	24,8%	3,3%	3,7%	0,7%	1,5%	1,3%	1,6%	1,4%	1,0%	1,3%	
91	Taphozous_perforatus GHA	3,3%	3,2%	3,2%	3,2%	3,2%	1,2%	1,2%	1,2%	3,2%	3,5%	1,4%	3,7%	3,5%	1,5%	1,4%	4,2%	4,5%	3,3%	1,3%	3,1%	24,2%	24,7%	17,9%	24,2%	24,2%	24,3%	24,2%	23,8%	24,2%	
92	Taphozous_nudiventris SYR	40,3%	39,3%	39,3%	38,1%	36,0%	?	?	?	38,0%	39,9%	?	38,3%	35,9%	?	?	35,0%	40,5%	37,3%	?	39,5%	3,6%	2,3%	?	0,7%	0,3%	1,2%	0,3%	0,4%	0,5%	
93	Taphozous_nudiventris OMN	40,8%	37,4%	37,4%	37,6%	34,1%	?	?	?	38,6%	40,1%	?	36,7%	33,9%	?	?	33,0%	39,1%	37,9%	?	37,7%	4,6%	3,6%	?	1,5%	1,5%	1,4%	1,5%	1,4%	1,7%	
94	Taphozous_australis	?	?	?	?	5,1%	5,3%	?	5,3%	?	?	5,3%	?	?	?	?	?	?	?	?	?	6,9%	?	6,9%	?	?	?	?	6,8%	?	
95	Taphozous_georgianus	?	?	?	?	4,7%	4,9%	?	4,9%	?	?	4,9%	?	?	?	?	?	?	?	?	?	6,9%	?	6,5%	?	?	?	?	6,5%	?	
96	Taphozous_hilli	?	?	?	?	4,7%	4,9%	?	4,9%	?	?	4,9%	?	?	?	?	?	?	?	?	?	6,9%	?	6,5%	?	?	?	?	6,5%	?	
97	Taphozous_nudiventris	?	?	?	?	8,2%	8,2%	?	8,0%	?	?	7,9%	?	?	?	?	?	?	?	?	?	1,1%	?	0,0%	?	?	?	?	0,0%	?	
Č.	Haplotyp	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	

Pokračování **tab. 15**

Č.	Haplotyp	60	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88
60	Taphozous_nudiventris OMN	x																												
61	Taphozous_nudiventris OMN	0,2%	x																											
62	Taphozous_nudiventris OMN	0,7%	0,1%	x																										
63	Taphozous_nudiventris OMN	0,2%	0,0%	0,0%	x																									
64	Taphozous_nudiventris OMN	0,1%	0,2%	0,7%	0,3%	x																								
65	Taphozous_nudiventris OMN	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	x																							
66	Taphozous_nudiventris OMN	0,3%	0,4%	0,5%	0,4%	0,4%	0,5%	x																						
67	Taphozous_nudiventris OMN	0,3%	0,4%	0,9%	0,4%	0,4%	0,5%	0,1%	x																					
68	Taphozous_nudiventris OMN	0,4%	0,3%	0,4%	0,4%	0,4%	0,5%	0,1%	0,1%	x																				
69	Taphozous_nudiventris SYR	0,2%	0,2%	0,2%	0,2%	0,3%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	x																			
70	Taphozous_nudiventris SUD	1,1%	0,4%	0,6%	0,1%	1,2%	0,4%	0,7%	1,3%	0,6%	0,2%	x																		
71	Taphozous_nudiventris SUD	0,6%	0,4%	1,0%	0,2%	0,7%	0,4%	0,7%	0,8%	0,7%	0,2%	0,9%	x																	
72	Taphozous_nudiventris SUD	0,3%	0,3%	0,4%	0,2%	0,4%	0,5%	0,5%	0,5%	0,4%	0,4%	0,3%	0,5%	x																
73	Taphozous_nudiventris OMN	0,5%	0,2%	0,5%	0,0%	0,5%	0,4%	0,5%	0,7%	0,5%	0,2%	1,0%	0,8%	0,4%	x															
74	Taphozous_nudiventris OMN	0,3%	0,4%	0,7%	0,4%	0,3%	0,5%	0,5%	0,5%	0,5%	0,2%	1,2%	0,8%	0,5%	0,5%	x														
75	Taphozous_nudiventris OMN	0,2%	0,3%	0,8%	0,2%	0,3%	0,4%	0,4%	0,5%	0,4%	0,0%	1,1%	0,5%	0,4%	0,6%	0,3%	x													
76	Taphozous_mauritianus BOT	28,4%	27,3%	28,4%	16,4%	28,5%	16,4%	27,7%	28,4%	28,4%	16,3%	28,2%	28,3%	28,3%	28,6%	28,6%	28,1%	x												
77	Taphozous_mauritianus RSA	16,9%	16,8%	16,8%	16,8%	17,0%	16,8%	16,9%	16,9%	16,9%	16,5%	16,5%	16,5%	16,7%	16,6%	16,6%	16,5%	0,4%	x											
78	Taphozous_mauritianus RSA	16,7%	16,6%	16,6%	16,6%	16,8%	16,6%	16,7%	16,7%	16,7%	16,5%	16,5%	16,5%	16,6%	16,5%	16,5%	16,5%	0,4%	0,4%	x										
79	Coleura_afra YEM	21,4%	21,4%	21,4%	21,4%	21,5%	21,6%	21,6%	21,6%	21,6%	21,5%	21,6%	21,7%	21,8%	21,5%	21,5%	21,5%	23,4%	23,6%	23,4%	x									
80	Coleura_afra YEM	21,3%	21,3%	21,3%	21,3%	21,4%	21,5%	21,5%	21,5%	21,5%	21,4%	21,5%	21,6%	21,7%	21,4%	21,4%	21,4%	23,4%	23,6%	23,4%	0,2%	x								
81	Coleura_afra YEM	21,4%	21,4%	21,4%	21,4%	21,5%	21,6%	21,6%	21,6%	21,6%	21,5%	21,6%	21,7%	21,8%	21,5%	21,5%	21,5%	23,4%	23,6%	23,4%	0,3%	0,1%	x							
82	Coleura_afra OMN	21,2%	21,2%	21,2%	21,2%	21,3%	21,4%	21,4%	21,4%	21,4%	21,3%	21,4%	21,5%	21,6%	21,3%	21,3%	21,3%	23,3%	23,6%	23,4%	0,4%	0,2%	0,3%	x						
83	Coleura_afra YEM	21,3%	21,3%	21,3%	21,3%	21,4%	21,5%	21,5%	21,5%	21,5%	21,4%	21,5%	21,6%	21,7%	21,4%	21,4%	21,4%	23,5%	23,5%	23,5%	0,2%	0,0%	0,1%	0,2%	x					
84	Coleura_afra YEM	21,3%	21,3%	21,3%	21,4%	21,4%	21,5%	21,5%	21,5%	21,5%	21,4%	21,5%	21,6%	21,7%	21,4%	21,4%	21,4%	23,4%	23,5%	23,4%	0,2%	0,0%	0,1%	0,2%	0,0%	x				
85	Coleura_afra YEM	21,3%	21,3%	21,3%	21,3%	21,4%	21,5%	21,5%	21,5%	21,5%	21,4%	21,5%	21,6%	21,7%	21,4%	21,4%	21,4%	23,5%	23,5%	23,5%	0,2%	0,0%	0,1%	0,2%	0,0%	0,0%	x			
86	Coleura_afra OMN	21,2%	21,2%	21,2%	21,2%	21,3%	21,4%	21,4%	21,4%	21,4%	21,3%	21,4%	21,5%	21,6%	21,3%	21,3%	21,3%	23,4%	23,6%	23,5%	0,4%	0,2%	0,3%	0,0%	0,2%	0,2%	0,2%	x		
87	Rousettus_aegyptiacus	23,1%	23,1%	23,1%	21,2%	23,2%	23,3%	23,2%	23,2%	23,2%	23,4%	21,3%	23,3%	21,4%	23,3%	23,3%	23,4%	23,0%	23,3%	23,2%	22,8%	22,6%	22,7%	22,5%	22,7%	22,7%	22,6%	22,6%	x	
88	Rousettus_leschenaultii	22,9%	23,0%	23,0%	21,1%	23,0%	23,0%	23,0%	23,0%	23,0%	22,9%	21,1%	23,0%	21,2%	23,0%	22,8%	22,9%	22,0%	22,2%	22,2%	22,2%	22,0%	22,1%	21,9%	22,0%	22,0%	22,0%	21,9%	6,0%	x
89	Taphozous_perforatus GHA	23,0%	22,6%	23,0%	14,4%	22,9%	17,3%	22,0%	23,0%	22,0%	17,6%	19,3%	22,8%	18,9%	23,1%	23,0%	23,4%	29,5%	17,8%	17,8%	23,7%	23,5%	23,6%	23,6%	23,5%	23,5%	23,5%	23,6%	22,5%	22,6%
90	Taphozous_nudiventris GHA	1,3%	1,3%	1,8%	0,7%	1,4%	1,1%	1,5%	1,6%	1,4%	1,0%	1,5%	1,1%	1,0%	1,6%	1,5%	1,2%	28,8%	17,1%	16,9%	21,7%	21,6%	21,7%	21,5%	21,6%	21,6%	21,6%	21,5%	21,4%	21,2%
91	Taphozous_perforatus GHA	24,2%	23,3%	24,2%	17,8%	24,1%	17,6%	22,8%	24,2%	23,5%	17,8%	24,2%	24,0%	24,1%	24,4%	24,3%	24,4%	29,7%	18,3%	18,1%	24,2%	24,0%	24,1%	24,1%	24,1%	24,1%	24,1%	24,1%	24,6%	24,9%
92	Taphozous_nudiventris SYR	0,3%	0,4%	2,0%	?	0,3%	?	0,4%	0,7%	0,5%	?	2,9%	1,1%	0,4%	1,3%	0,5%	0,0%	57,4%	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?
93	Taphozous_nudiventris OMN	1,5%	0,6%	0,6%	?	1,5%	?	0,9%	1,9%	0,7%	?	1,8%	2,4%	0,6%	0,9%	1,4%	2,0%	56,9%	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?

| | | |

Tab. 16. *p*-distance haplotypů jaderných sekvencí

Č.	Haplotyp	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23
1	Taphozous_perforatus GHA	x																						
2	Taphozous_perforatus OMN	0,00%	x																					
3	Taphozous_perforatus OMN	0,00%	0,13%	x																				
4	Taphozous_perforatus EGY	0,00%	0,08%	0,13%	x																			
5	Taphozous_perforatus EGY	0,00%	0,12%	0,18%	0,00%	x																		
6	Taphozous_perforatus IRN	0,00%	0,17%	0,29%	0,13%	0,17%	x																	
7	Taphozous_nudiventris YEM	0,15%	0,18%	0,24%	0,13%	0,09%	0,17%	x																
8	Taphozous_nudiventris GHA	0,58%	0,58%	0,58%	0,58%	0,58%	0,58%	0,73%	x															
9	Taphozous_nudiventris OMN	0,58%	0,58%	0,58%	0,58%	0,58%	0,58%	0,73%	0,00%	x														
10	Taphozous_nudiventris IRN	0,87%	0,87%	0,87%	0,87%	0,87%	0,87%	1,02%	0,29%	0,29%	x													
11	Taphozous_nudiventris OMN	0,73%	1,79%	1,93%	1,84%	2,11%	1,92%	2,19%	0,15%	0,15%	0,00%	x												
12	Taphozous_mauritianus BOT	1,17%	1,92%	1,98%	1,92%	1,17%	1,92%	1,31%	1,46%	1,46%	1,75%	2,19%	x											
13	Taphozous_mauritianus RSA	1,38%	3,34%	3,53%	3,02%	3,14%	3,22%	3,11%	1,53%	1,53%	1,69%	3,33%	0,22%	x										
14	Taphozous_mauritianus RSA	1,31%	3,57%	3,61%	3,23%	3,23%	3,31%	3,27%	1,60%	1,60%	1,90%	3,21%	0,15%	0,09%	x									
15	Taphozous_nudiventris SYR	2,93%	2,93%	2,93%	2,93%	2,93%	2,93%	3,08%	2,34%	2,34%	2,64%	2,49%	3,37%	3,54%	3,51%	x								
16	Taphozous_nudiventris OMN	2,36%	2,36%	2,36%	2,36%	2,36%	2,36%	2,51%	1,77%	1,77%	2,06%	1,92%	3,09%	3,24%	3,24%	1,03%	x							
17	Rousettus_aegyptiacus	7,89%	7,89%	7,89%	7,89%	7,89%	7,89%	8,05%	8,19%	8,19%	8,48%	8,35%	7,75%	8,15%	7,89%	9,84%	9,60%	x						
18	Rousettus_leschenaultii	8,31%	8,31%	8,31%	8,31%	8,31%	8,31%	8,47%	8,60%	8,60%	8,89%	8,76%	8,16%	8,59%	8,31%	10,25%	10,01%	0,29%	x					
19	Taphozous_perforatus YEM	?	0,42%	0,63%	0,21%	0,21%	0,63%	0,63%	?	?	?	2,34%	?	4,83%	5,49%	?	?	?	?	x				
20	Taphozous_perforatus OMN	?	0,20%	0,10%	0,20%	0,20%	0,59%	0,20%	?	?	?	3,26%	?	5,20%	5,07%	?	?	?	?	0,42%	x			
21	Taphozous_perforatus EGY	?	0,00%	0,10%	0,20%	0,20%	0,40%	0,10%	?	?	?	3,09%	?	4,73%	5,13%	?	?	?	?	0,42%	0,00%	x		
22	Taphozous_perforatus OMN	?	0,00%	0,38%	0,00%	0,00%	0,38%	0,00%	?	?	?	3,76%	?	5,16%	5,02%	?	?	?	?	?	0,38%	0,00%	x	
23	Taphozous_perforatus SUD	?	0,00%	0,37%	0,00%	0,00%	0,17%	0,00%	?	?	?	3,68%	?	3,69%	3,51%	?	?	?	?	?	0,37%	0,00%	0,00%	x
Č.	Haplotyp	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23

Tab. 17. *p*-distance haplotypů sekvencí všech markerů

Č.	Haplotyp	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30
1	Taphozous_perforatus KSA	x																													
2	Taphozous_melanopogon	11,4%	x																												
3	Taphozous_melanopogon	11,4%	0,3%	x																											
4	Taphozous_nudiventris TUR	16,9%	15,2%	15,2%	x																										
5	Taphozous_nudiventris SYR	16,4%	15,9%	16,2%	3,8%	x																									
6	Taphozous_mauritianus	18,3%	16,4%	16,6%	16,0%	15,0%	x																								
7	Taphozous_longimanus	17,8%	19,3%	19,3%	17,0%	17,5%	11,4%	x																							
8	Taphozous_perforatus YEM	1,2%	10,0%	10,2%	17,3%	17,1%	16,6%	19,5%	x																						
9	Taphozous_perforatus YEM	1,2%	12,6%	13,0%	17,3%	17,1%	16,6%	19,5%	0,0%	x																					
10	Taphozous_perforatus YEM	0,5%	12,4%	12,7%	16,9%	16,7%	16,7%	19,3%	0,3%	0,3%	x																				
11	Taphozous_perforatus YEM	0,5%	12,4%	12,7%	16,9%	16,7%	16,7%	19,3%	0,3%	0,3%	0,6%	x																			
12	Taphozous_perforatus YEM	0,5%	12,4%	12,7%	16,9%	16,7%	16,7%	19,3%	0,3%	0,3%	1,0%	0,8%	x																		
13	Taphozous_perforatus YEM	0,7%	12,4%	12,8%	17,1%	16,6%	16,6%	19,4%	0,4%	0,4%	0,1%	0,1%	0,1%	x																	
14	Taphozous_perforatus SUD	0,7%	12,4%	12,8%	17,2%	16,7%	16,7%	19,2%	0,5%	0,5%	1,4%	0,9%	1,2%	0,4%	x																
15	Taphozous_perforatus SUD	0,5%	12,4%	12,7%	17,1%	16,6%	16,6%	19,2%	0,4%	0,4%	1,1%	1,0%	1,3%	0,3%	0,2%	x															
16	Taphozous_perforatus EGY	0,5%	12,4%	12,7%	17,1%	16,6%	16,6%	19,2%	0,4%	0,4%	1,1%	0,8%	0,7%	0,3%	0,9%	1,0%	x														
17	Taphozous_perforatus EGY	0,5%	12,4%	12,7%	17,1%	16,6%	16,6%	19,2%	0,4%	0,4%	1,3%	1,1%	1,1%	0,3%	0,7%	0,7%	0,9%	x													
18	Taphozous_perforatus EGY	0,5%	12,4%	12,7%	17,1%	16,6%	16,6%	19,2%	0,4%	0,4%	1,1%	0,8%	0,9%	0,3%	0,5%	0,5%	0,7%	0,5%	x												
19	Taphozous_perforatus EGY	0,5%	12,3%	12,6%	17,2%	16,7%	16,6%	19,2%	0,5%	0,5%	0,7%	0,8%	0,9%	0,4%	0,6%	0,7%	0,3%	0,7%	0,3%	x											
20	Taphozous_perforatus SUD	0,5%	12,4%	12,8%	17,1%	16,6%	16,6%	19,1%	0,5%	0,5%	1,4%	1,0%	1,4%	0,4%	1,0%	0,7%	0,6%	0,9%	0,7%	0,4%	x										
21	Taphozous_perforatus EGY	0,5%	12,4%	12,7%	17,2%	16,7%	16,6%	19,2%	0,5%	0,5%	0,3%	0,3%	0,3%	0,4%	0,2%	0,1%	0,1%	0,1%	0,1%	0,0%	0,1%	x									
22	Taphozous_perforatus SUD	0,5%	9,9%	10,2%	17,2%	16,9%	16,7%	19,5%	0,5%	0,8%	1,6%	1,0%	1,2%	0,6%	0,6%	0,7%	0,7%	0,8%	0,5%	0,8%	1,1%	0,4%	x								
23	Taphozous_perforatus EGY	0,5%	9,7%	9,9%	17,2%	16,7%	16,6%	19,2%	0,4%	0,5%	0,7%	0,9%	1,1%	0,4%	0,5%	0,5%	0,4%	0,4%	0,2%	0,4%	0,6%	0,0%	0,6%	x							
24	Taphozous_perforatus YEM	0,7%	12,7%	13,1%	17,5%	17,1%	16,7%	19,4%	1,3%	1,3%	1,5%	1,7%	1,7%	1,1%	1,5%	1,4%	0,9%	1,5%	1,3%	0,6%	0,7%	0,4%	1,5%	1,2%	x						
25	Taphozous_perforatus YEM	0,7%	12,1%	12,4%	16,9%	16,6%	16,6%	19,3%	1,2%	1,2%	1,5%	2,5%	3,3%	1,1%	3,0%	1,5%	2,2%	1,8%	2,9%	1,1%	2,7%	0,7%	1,8%	1,3%	0,8%	x					
26	Taphozous_perforatus YEM	0,5%	12,1%	12,5%	17,0%	16,6%	16,6%	19,3%	1,1%	1,1%	0,9%	0,9%	0,9%	1,0%	0,8%	0,7%	0,7%	0,7%	0,7%	0,8%	0,8%	0,8%	1,1%	0,8%	0,5%	0,0%	x				
27	Taphozous_perforatus YEM	0,5%	12,2%	12,5%	17,0%	16,6%	16,6%	19,3%	1,1%	1,1%	2,4%	2,1%	1,9%	0,9%	1,9%	2,0%	1,4%	1,8%	1,7%	1,7%	2,0%	0,7%	1,9%	1,8%	1,5%	2,8%	0,1%	x			
28	Taphozous_perforatus YEM	0,7%	12,2%	12,5%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	1,1%	1,1%	0,9%	0,9%	0,9%	1,0%	0,8%	0,7%	0,7%	0,7%	0,7%	0,8%	0,8%	0,8%	1,1%	0,8%	0,5%	0,1%	0,1%	0,0%	x		
29	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,2%	12,5%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	1,1%	1,1%	1,7%	1,5%	1,9%	1,0%	1,4%	1,4%	1,2%	1,5%	1,4%	1,4%	1,2%	0,8%	1,5%	1,4%	1,0%	1,7%	0,1%	1,2%	0,0%	x	
30	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,2%	12,5%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	1,1%	1,1%	1,4%	1,5%	1,9%	1,0%	1,3%	1,3%	1,1%	1,4%	1,3%	1,3%	1,1%	0,8%	1,5%	1,3%	0,8%	0,6%	0,1%	1,2%	0,0%	0,1%	x
31	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,2%	12,5%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	1,1%	1,1%	1,2%	1,5%	1,7%	1,0%	1,3%	1,4%	1,2%	1,4%	1,2%	1,3%	1,0%	0,8%	1,5%	1,3%	0,8%	1,9%	0,1%	1,1%	0,0%	0,4%	0,3%
32	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,2%	12,5%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	1,1%	1,1%	1,6%	1,5%	1,7%	1,0%	1,3%	1,4%	1,2%	1,3%	1,1%	1,3%	1,2%	0,8%	1,5%	1,3%	0,8%	2,0%	0,1%	1,2%	0,0%	0,4%	0,3%
33	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,2%	12,5%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	1,1%	1,1%	1,5%	1,5%	1,6%	1,0%	1,3%	1,4%	0,8%	1,3%	1,1%	0,6%	1,0%	0,4%	1,5%	1,3%	0,5%	1,7%	0,1%	1,2%	0,0%	0,4%	0,3%
34	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,2%	12,5%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	1,1%	1,1%	1,7%	1,6%	1,6%	1,0%	1,4%	1,4%	1,1%	1,4%	1,2%	1,2%	1,1%	0,8%	1,4%	1,2%	0,7%	0,7%	0,1%	1,0%	0,0%	0,4%	0,4%
35	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	9,7%	9,9%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	0,8%	1,1%	1,6%	1,4%	1,7%	1,0%	1,2%	1,3%	0,8%	1,3%	1,1%	1,2%	1,2%	0,8%	1,1%	0,9%	0,6%	0,5%	0,1%	1,1%	0,0%	0,3%	0,2%
36	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	9,7%	9,9%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	0,8%	1,1%	0,9%	0,9%	0,9%	1,0%	0,8%	0,7%	0,7%	0,7%	0,7%	0,8%	0,8%	0,8%	0,8%	0,6%	0,5%	0,1%	0,1%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
37	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,2%	12,5%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	1,1%	1,1%	0,9%	0,9%	0,9%	1,0%	0,8%	0,7%	0,7%	0,7%	0,7%	0,8%	0,8%	0,8%	1,1%	0,8%	0,5%	0,1%	0,1%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
38	Taphozous_perforatus IRN	0,7%	9,6%	9,9%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	0,9%	1,1%	0,9%	0,9%	0,9%	1,0%	0,8%	0,7%	0,7%	0,7%	0,7%	0,8%	0,8%	0,8%	0,8%	0,6%	0,5%	0,1%	0,1%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%
39	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,3%	12,6%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	1,2%	1,2%	1,5%	1,8%	1,8%	1,1%	1,6%	1,7%	0,8%	1,6%	1,5%	1,0%	1,1%	0,6%	1,8%	1,6%	0,7%	1,2%	0,2%	1,0%	0,1%	0,7%	0,7%
40	Taphozous_perforatus IRN	1,2%	12,3%	12,6%	16,8%	16,4%	16,7%	19,3%	1,3%	1,3%	1,7%	1,9%	1,8%	1,1%	1,6%	1,6%	1,0%	1,6%	1,4%	0,6%	0,9%	0,4%	1,7%	1,4%	0,5%	0,7%	0,3%	1,1%	0,2%	0,8%	0,8%
41	Taphozous_perforatus OMN	1,0%	9,7%	10,0%	17,1%	16,7%	16,7%	19,3%	1,0%	1,3%	1,1%	1,1%	1,1%	1,1%	1,0%	0,9%	0,9%	0,9%	0,9%	1,0%	1,0%	1,0%	0,9%	0,7%	0,7%	0,3%	0,3%	0,2%	0,2%	0,2%	0,2%
42	Taphozous_perforatus OMN	1,0%	12,2%	12,5%	17,1%	16,7%	16,6%	19,2%	1,1%	1,1%	2,7%	2,4%	2,4%	1,1%	2,3%	2,1%	1,2%	2,3%	2,1%	0,8%	1,5%	0,5%	2,3%	1,9%	0,9%	1,5%	0,3%	1,7%	0,2%	1,4%	1,2%
43	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,1%	12,4%	16,9%	16,6%	16,6%	19,2%	1,2%	1,2%	2,1%	1,9%	2,0%	1,1%	1,5%	1,6%	1,2%	1,6%	1,3%	1,5%	1,6%	0,9%	1,7%	1,5%	1,0%	1,0%	0,2%	1,4%	0,1%	0,7%	0,7%
44	Taphozous_perforatus OMN	1,0%	12,3%	12,6%	16,9%	16,6%	16,7%	19,1%	1,4%	1,4%	1,1%	1,1%	1,1%	1,2%	1,1%	1,0%	1,0%	1,0%	1,0%	1,1%	0,9%	1,1%	1,3%	1,1%	0,8%	0,4%	0,4%	0,3%	0,3%	0,3%	0,3%
45	Taphozous_perforatus OMN	1,0%	12,2%	12,5%	16,9%	16,6%	16,7%	19,0%	1,5%	1,5%	1,2%	1,2%	1,2%	1,3%	1,1%	1,1%	1,1%	1,1%	1,1%	1,1%	1,0%	1,1%	1,4%	1,1%	0,9%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%
46	Taphozous_perforatus OMN	1,0%	12,2%	12,5%	16,9%	16,6%	16,7%	19,0%	1,5%	1,5%	3,0%	2,7%	2,7%	1,3%	2,5%	2,7%	2,0%	2,8%	2,5%	2,5%	2,6%	1,1%	2,8%	2,6%	2,2%	2,1%	0,4%	2,0%	0,4%	1,8%	1,8%
47	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,2%	12,5%	17,0%	16,6%	16,7%	19,0%	1,4%	1,4%	3,2%	3,0%	3,1%	1,2%	3,1%	2,9%	2,6%	2,8%	2,7%	2,6%	2,4%	1,1%	3,1%	2,5%	2,2%	3,4%	0,4%	2,4%	0,4%	2,1%	1,9%
48	Taphozous_perforatus YEM	0,5%	12,6%	12,9%	17,2%	16,8%	16,7%	19,5%	1,1%	1,1%	1,5%	1,8%	1,5%	1,0%	1,7%	1,8%	1,2%	1,7%	1,3%	1,2%	1,6%	0,8%	1,6%	1,3%	0,8%	1,2%	0,4%	1,3%	0,4%	1,2%	1,2%
49	Taphozous_perforatus YEM	0,7%	12,4%	12,7%	16,9%	16,6%	16,6%	19,4%	1,3%	1,3%	1,1%	1,1%	1,1%	1,1%	1,0%	0,9%	0,9%	0,9%	0,9%	1,0%	1,0%	1,0%	1,2%	1,0%	0,7%	0,3%	0,3%	0,2%	0,2%	0,2%	0,2%
50	Taphozous_perforatus OMN	0,7%	12,2%	12,6%	17,0%	16,6%	16,6%	19,3%	1,1%	1,1%	1,5%	1,4%	1,6%	1,0%	1,2%	1,3%	1,2%	1,2%	1,0%	1,2%	1,1%	0,8%	1,4%	1,2%	0,7%	1,9%	0,1%	1,1%	0,0%	0,3%	0,2%

51	Taphozous_nudiventris IRN	16,3%	13,6%	13,7%	3,9%	0,0%	14,9%	17,1%	14,6%	17,5%	24,9%	25,3%	23,3%	17,2%	24,9%	24,6%	24,4%	24,2%	24,7%	17,0%	24,7%	11,0%	19,8%	20,2%	17,7%	25,3%	17,2%	23,4%	17,1%	25,0%	24,6%
52	Taphozous_nudiventris IRN	16,4%	16,8%	16,9%	3,8%	0,0%	15,0%	17,2%	17,6%	17,6%	24,8%	25,2%	23,9%	17,2%	25,4%	24,4%	24,5%	24,6%	25,2%	23,5%	25,0%	17,2%	23,8%	23,7%	24,5%	25,2%	17,1%	24,0%	17,0%	25,0%	24,4%
53	Taphozous_nudiventris SYR	16,9%	13,4%	13,4%	0,0%	3,8%	15,9%	17,0%	15,0%	18,1%	17,8%	17,8%	17,8%	17,9%	17,9%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,9%	17,7%	17,9%	14,8%	14,8%	18,0%	17,7%	17,8%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%
54	Taphozous_nudiventris SYR	16,9%	16,6%	16,6%	0,0%	3,8%	15,9%	17,0%	18,1%	18,1%	24,9%	25,4%	23,3%	17,9%	25,0%	24,7%	24,8%	24,2%	24,8%	23,8%	24,9%	17,9%	23,5%	24,2%	24,6%	25,4%	17,8%	23,5%	17,7%	25,0%	24,6%
55	Taphozous_nudiventris SYR	16,9%	16,6%	16,6%	0,0%	3,8%	15,9%	17,0%	18,1%	18,1%	24,9%	25,4%	23,3%	17,9%	25,0%	24,7%	24,8%	24,2%	24,8%	17,7%	24,9%	12,3%	23,5%	24,2%	18,4%	25,4%	17,8%	23,5%	17,7%	25,0%	24,6%
56	Taphozous_nudiventris OMN	16,7%	16,6%	16,6%	0,0%	3,8%	15,9%	17,0%	18,0%	18,0%	24,9%	25,4%	23,3%	17,8%	25,0%	24,6%	24,8%	24,1%	24,8%	23,9%	24,9%	17,8%	23,5%	24,2%	24,5%	25,4%	17,8%	23,5%	17,7%	25,0%	24,7%
57	Taphozous_nudiventris SYR	17,1%	16,7%	16,7%	0,1%	3,9%	16,0%	17,1%	18,2%	18,2%	25,0%	25,5%	23,4%	18,0%	25,1%	24,7%	24,9%	24,3%	24,9%	23,9%	25,0%	18,0%	23,5%	24,2%	24,7%	25,5%	17,8%	23,5%	17,7%	25,1%	24,7%
58	Taphozous_nudiventris OMN	16,7%	13,4%	13,4%	0,1%	3,9%	16,0%	16,9%	15,0%	18,0%	24,9%	24,9%	23,0%	17,8%	24,6%	24,5%	18,0%	24,6%	24,6%	17,9%	18,6%	12,2%	19,9%	20,1%	18,8%	24,6%	17,7%	23,1%	17,6%	24,5%	24,6%
59	Taphozous_nudiventris OMN	16,7%	16,8%	16,8%	0,3%	4,0%	16,1%	17,0%	17,9%	17,9%	24,9%	25,3%	23,2%	17,7%	24,8%	24,5%	24,7%	24,1%	24,6%	23,6%	24,7%	17,7%	23,2%	23,9%	24,6%	25,4%	17,6%	23,2%	17,5%	25,0%	24,6%
60	Taphozous_nudiventris OMN	16,7%	16,8%	16,8%	0,1%	3,9%	16,1%	17,0%	18,1%	18,1%	24,8%	25,3%	23,2%	17,9%	24,9%	24,5%	24,8%	24,1%	24,7%	17,5%	24,8%	12,1%	23,4%	24,1%	18,1%	25,2%	17,6%	23,2%	17,5%	24,8%	24,4%
61	Taphozous_nudiventris OMN	16,9%	16,8%	16,8%	0,3%	4,0%	16,0%	17,0%	18,0%	18,0%	22,7%	22,8%	22,6%	17,9%	22,8%	22,8%	22,8%	22,7%	22,6%	22,6%	22,6%	17,9%	22,8%	22,6%	22,6%	22,4%	17,8%	22,5%	17,7%	22,4%	22,4%
62	Taphozous_nudiventris OMN	16,9%	16,8%	16,8%	0,3%	4,0%	16,0%	17,0%	18,0%	18,0%	24,8%	25,3%	23,3%	17,9%	24,9%	24,4%	24,7%	24,0%	24,7%	23,6%	24,8%	17,9%	23,2%	23,9%	24,5%	25,3%	17,8%	23,5%	17,7%	24,9%	24,5%
63	Taphozous_nudiventris OMN	16,7%	13,5%	13,5%	0,3%	4,1%	16,0%	17,0%	14,9%	17,9%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,7%	17,8%	14,8%	14,7%	17,9%	17,8%	17,8%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%
64	Taphozous_nudiventris OMN	16,7%	16,7%	16,7%	0,1%	3,9%	16,1%	17,1%	18,0%	18,0%	24,7%	25,2%	23,1%	17,8%	24,8%	24,5%	24,8%	24,1%	24,6%	16,9%	24,7%	11,3%	23,3%	24,0%	17,5%	25,1%	17,5%	23,2%	17,4%	24,7%	24,3%
65	Taphozous_nudiventris OMN	16,2%	16,8%	16,8%	0,4%	3,9%	16,0%	17,0%	17,7%	17,7%	17,4%	17,4%	17,4%	17,5%	17,5%	17,4%	17,4%	17,4%	17,4%	17,5%	17,3%	17,5%	17,6%	17,5%	17,6%	17,4%	17,4%	17,3%	17,3%	17,3%	17,3%
66	Taphozous_nudiventris OMN	16,7%	16,9%	16,9%	0,5%	4,0%	16,4%	17,0%	18,1%	18,1%	22,9%	23,0%	22,1%	17,9%	22,4%	23,0%	22,8%	22,3%	22,2%	22,8%	22,4%	17,9%	22,4%	23,0%	22,7%	22,7%	17,8%	22,1%	17,7%	22,5%	22,7%
67	Taphozous_nudiventris OMN	16,7%	16,9%	16,9%	0,5%	4,0%	16,4%	17,0%	18,1%	18,1%	24,9%	25,3%	23,3%	17,9%	25,0%	24,6%	24,8%	24,2%	24,7%	23,8%	24,9%	17,9%	23,4%	24,1%	24,6%	25,4%	17,8%	23,4%	17,7%	25,0%	24,6%
68	Taphozous_nudiventris OMN	16,7%	16,9%	16,9%	0,5%	4,0%	16,4%	17,0%	18,1%	18,1%	24,5%	24,6%	22,7%	17,9%	23,8%	24,3%	16,5%	23,8%	23,6%	11,5%	19,5%	8,8%	23,4%	24,1%	13,5%	19,7%	17,8%	22,8%	17,7%	24,1%	24,2%
69	Taphozous_nudiventris SYR	16,8%	16,6%	16,6%	0,0%	3,9%	15,8%	16,9%	18,1%	18,1%	17,8%	17,8%	17,8%	17,9%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,8%	17,9%	17,7%	17,9%	18,0%	17,9%	18,0%	17,8%	17,8%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%
70	Taphozous_nudiventris SUD	16,3%	13,3%	13,3%	0,3%	3,9%	15,8%	16,9%	14,9%	17,9%	24,9%	25,4%	23,3%	17,7%	24,9%	24,4%	24,6%	24,1%	24,8%	23,6%	24,9%	17,7%	19,6%	20,0%	24,5%	25,4%	17,6%	23,6%	17,5%	25,0%	24,6%
71	Taphozous_nudiventris SUD	16,3%	16,6%	16,6%	0,3%	3,9%	15,8%	16,9%	17,9%	17,9%	24,9%	24,9%	23,4%	17,7%	24,8%	24,8%	24,6%	24,9%	24,8%	23,9%	24,7%	17,7%	24,2%	24,1%	24,9%	24,7%	17,6%	23,6%	17,5%	24,8%	24,7%
72	Taphozous_nudiventris SUD	16,3%	13,5%	13,5%	0,5%	4,1%	16,1%	17,1%	15,0%	18,1%	24,6%	24,6%	23,3%	17,9%	24,4%	24,4%	24,5%	24,4%	24,3%	23,8%	24,3%	17,9%	20,1%	20,1%	24,3%	24,3%	17,8%	23,4%	17,7%	24,3%	24,3%
73	Taphozous_nudiventris OMN	16,8%	16,8%	16,8%	0,3%	4,1%	15,9%	16,9%	18,0%	18,0%	25,0%	25,5%	23,5%	17,9%	24,9%	24,6%	24,9%	24,2%	24,8%	23,9%	24,9%	17,9%	23,5%	24,2%	24,7%	25,6%	17,8%	23,7%	17,7%	25,2%	24,8%
74	Taphozous_nudiventris OMN	17,0%	16,6%	16,6%	0,3%	4,1%	15,9%	16,9%	18,1%	18,1%	24,9%	25,4%	23,3%	17,9%	24,9%	24,6%	24,9%	24,2%	24,8%	23,8%	24,9%	17,9%	23,4%	24,2%	24,6%	25,5%	17,8%	23,5%	17,7%	25,1%	24,7%
75	Taphozous_nudiventris OMN	16,8%	16,7%	16,7%	0,0%	3,9%	15,8%	17,0%	18,1%	18,1%	25,0%	25,3%	23,7%	18,0%	25,4%	24,5%	24,7%	24,7%	25,3%	23,7%	25,2%	18,0%	23,9%	24,0%	24,6%	25,4%	17,9%	23,9%	17,8%	25,0%	24,6%
76	Taphozous_mauritianus BOT	17,9%	17,1%	17,3%	16,2%	15,2%	0,2%	11,7%	17,7%	17,7%	30,3%	29,8%	29,3%	17,7%	30,3%	30,1%	27,3%	30,1%	30,1%	16,6%	30,0%	11,5%	30,2%	29,9%	21,2%	30,1%	17,8%	29,5%	17,7%	29,8%	29,7%
77	Taphozous_mauritianus RSA	18,6%	17,3%	17,5%	16,7%	15,7%	0,5%	12,0%	17,9%	17,9%	18,0%	18,0%	18,0%	17,9%	18,1%	18,0%	12,0%	18,0%	18,0%	7,2%	10,8%	8,2%	18,2%	18,0%	8,1%	14,5%	18,0%	17,9%	17,9%	17,9%	17,9%
78	Taphozous_mauritianus RSA	17,9%	17,1%	17,3%	16,3%	15,3%	0,4%	12,0%	17,6%	17,6%	17,7%	17,7%	17,7%	17,6%	17,7%	17,7%	11,8%	17,7%	17,7%	8,0%	10,5%	8,0%	17,8%	17,7%	8,0%	14,1%	17,7%	17,6%	17,6%	17,6%	17,6%
79	Coleura afra YEM	23,9%	23,2%	23,2%	21,7%	22,5%	23,6%	22,6%	24,0%	24,0%	23,9%	23,9%	23,9%	23,8%	24,2%	24,1%	24,1%	24,1%	24,1%	24,1%	24,1%	24,1%	24,0%	24,1%	23,7%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%
80	Coleura afra YEM	23,9%	23,0%	23,0%	21,7%	22,5%	23,6%	22,5%	23,8%	23,8%	23,7%	23,7%	23,7%	23,6%	24,0%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,8%	23,9%	23,6%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%
81	Coleura afra YEM	23,9%	22,9%	22,9%	21,7%	22,5%	23,6%	22,5%	23,7%	23,7%	23,6%	23,6%	23,6%	23,5%	23,9%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,7%	23,8%	23,5%	23,6%	23,6%	23,6%	23,6%	23,6%	23,6%
82	Coleura afra YEM	23,9%	23,1%	23,1%	21,7%	22,5%	23,6%	22,6%	23,9%	23,9%	23,8%	23,8%	23,8%	23,7%	24,1%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	23,9%	24,0%	23,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%
83	Coleura afra OMN	23,9%	23,1%	23,1%	21,6%	22,4%	23,4%	22,5%	23,9%	23,9%	23,8%	23,8%	23,8%	23,7%	24,1%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	23,9%	24,0%	23,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%
84	Coleura afra YEM	24,0%	23,0%	23,0%	21,8%	22,5%	23,7%	22,8%	23,8%	23,8%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,8%	23,9%	23,6%	23,7%	23,8%	23,8%	23,7%	23,7%	23,7%
85	Coleura afra YEM	24,0%	23,0%	23,0%	21,8%	22,6%	23,6%	22,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,7%	24,0%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,8%	23,9%	23,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%
86	Coleura afra YEM	24,0%	23,0%	23,0%	21,7%	22,5%	23,7%	22,7%	23,8%	23,8%	23,7%	23,7%	23,7%	23,6%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,8%	23,9%	23,5%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%
87	Coleura afra OMN	24,0%	23,1%	23,1%	21,6%	22,4%	23,6%	22,7%	23,9%	23,9%	23,8%	23,8%	23,8%	23,7%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	24,0%	23,9%	24,0%	23,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%
88	Rousettus_aegyptiacus	24,6%	23,0%	23,0%	21,9%	21,7%	22,3%	24,9%	23,0%	24,9%	24,7%	24,7%	24,7%	24,6%	25,0%	24,9%	24,9%	24,9%	24,9%	18,5%	25,0%	18,5%	22,8%	22,7%	18,6%	24,7%	24,7%	24,7%	24,7%	24,7%	24,7%
89	Rousettus_leschenaultii	24,3%	22,1%	22,1%	21,0%	21,7%	21,4%	24,0%	23,2%	25,4%	25,2%	25,2%	25,2%	25,1%	25,2%	25,2%	25,2%	25,2%	25,2%	18,8%	25,3%	18,8%	22,8%	22,7%	18,9%	25,3%	25,3%	25,3%	25,3%	25,3%	25,3%
90	Taphozous_perforatus GHA	0,8%	9,5%	9,7%	17,0%	16,8%	16,9%	19,1%	0,8%	1,1%	2,1%	1,9%	1,9%	0,9%	1,4%	1,4%	1,4%	1,5%	1,3%	1,0%	1,7%	0,4%	1,3%	1,1%	1,3%	3,3%	1,0%	1,9%	0,9%	2,1%	1,9%
91	Taphozous_nudiventris GHA	16,4%	13,5%	13,5%	0,5%	4,0%	15,9%	17,3%	15,1%	18,3%	24,9%	25,4%	23,4%	18,1%	25,0%	24,7%	25,0%	24,3%	24,8%	17,0%	24,9%	11,5%	19,7%	20,2%	17,8%	25,4%	17,9%	23,7%	17,8%	25,2%	24,8%
92	Taphozous_perforatus GHA	1,0%	12,7%	13,1%	17,3%	17,1%	16,8%	19,4%	1,2%	1,2%	3,0%	2,7%	2,7%	1,0%	2,8%	3,0%	1,9%	2,9%	2,6%	2,8%	3,0%	0,8%	2,9%	2,9%	3,4%	4,7%	1,2%	3,2%	1,2%	3,2%	3,2%
93	Taphozous_nudiventris SYR	?	?	?	?	?	?	?	?	?	39,7%	40,9%	36,5%	?	40,0%	39,0%	45,0%	39,2%	39,9%	36,8%	39,7%	?	37,1%	37,8%	38,5%	40,4%	?	37,2%	?	39,8%	39,4%
94	Taphozous_nudiventris OMN	?	?	?	?	?	?	?	?	?	39,4%	41,1%	34,9%	?	37,9%	38,8%	45,2%	36,5%	37,6%	37,0%	38,1%	?	34,7%	38,0%	38,5%	40,6%	?	35,6%	?	40,0%	39,6%
95	Taphozous_australis	?	4,2%	4,2%	?	?	?	?	5,3%	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	5,3%	5,3%	?	?	?	?	?	?	?
96	Taphozous_georgianus	?	3,8%	3,8%	?	?	?	?	4,9%	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	4,9%	4,9%	?	?	?	?	?	?	?
97	Taphozous_hilli	?	4,2%	4,2%	?	?	?	?	4,9%	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	4,9%	4,9%	?	?	?	?	?	?	?
98	Taphozous_nudiventris	?	6,4%	6,4%	?	?	?	?	8,2%	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	8,0%	8,0%	?	?	?	?	?	?	?
Č.	Haplotyp	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30

Pokračování **tab. 17**

č.	Haplotyp	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60
31	Taphozous_perforatus OMN	x																													
32	Taphozous_perforatus OMN	0,1%	x																												
33	Taphozous_perforatus OMN	0,0%	0,1%	x																											
34	Taphozous_perforatus OMN	0,3%	0,3%	0,3%	x																										
35	Taphozous_perforatus OMN	0,2%	0,2%	0,2%	0,1%	x																									
36	Taphozous_perforatus OMN	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,1%	x																								
37	Taphozous_perforatus OMN	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	x																							
38	Taphozous_perforatus IRN	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,1%	0,0%	0,0%	x																						
39	Taphozous_perforatus OMN	0,5%	0,6%	0,3%	0,5%	0,6%	0,1%	0,1%	0,1%	x																					
40	Taphozous_perforatus IRN	0,7%	0,7%	0,5%	0,5%	0,6%	0,2%	0,2%	0,2%	0,7%	x																				
41	Taphozous_perforatus OMN	0,2%	0,2%	0,2%	0,2%	0,2%	0,1%	0,2%	0,1%	0,3%	0,4%	x																			
42	Taphozous_perforatus OMN	1,2%	1,4%	0,7%	1,1%	1,1%	0,2%	0,2%	0,2%	0,8%	0,6%	0,4%	x																		
43	Taphozous_perforatus OMN	0,6%	0,6%	0,6%	0,5%	0,5%	0,1%	0,1%	0,1%	0,9%	0,7%	0,3%	1,0%	x																	
44	Taphozous_perforatus OMN	0,3%	0,3%	0,3%	0,3%	0,3%	0,3%	0,3%	0,3%	0,4%	0,3%	0,4%	0,4%	0,4%	x																
45	Taphozous_perforatus OMN	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,5%	0,4%	0,3%	0,1%	x															
46	Taphozous_perforatus OMN	1,7%	1,6%	1,7%	1,7%	1,7%	0,4%	0,4%	0,4%	1,7%	1,9%	0,5%	2,2%	1,6%	0,1%	0,0%	x														
47	Taphozous_perforatus OMN	1,9%	2,0%	2,0%	1,8%	1,9%	0,4%	0,4%	0,4%	2,1%	2,0%	0,5%	2,4%	1,7%	0,1%	0,0%	1,8%	x													
48	Taphozous_perforatus YEM	1,2%	1,2%	1,2%	0,9%	0,8%	0,4%	0,4%	0,4%	1,1%	1,3%	0,5%	1,6%	1,0%	0,6%	0,7%	2,1%	2,4%	x												
49	Taphozous_perforatus YEM	0,2%	0,2%	0,2%	0,2%	0,2%	0,2%	0,2%	0,2%	0,3%	0,4%	0,4%	0,4%	0,3%	0,4%	0,5%	0,5%	0,5%	0,5%	x											
50	Taphozous_perforatus OMN	0,1%	0,1%	0,1%	0,2%	0,1%	0,0%	0,0%	0,0%	0,5%	0,6%	0,2%	1,3%	0,5%	0,3%	0,4%	1,6%	1,9%	1,0%	0,2%	x										
51	Taphozous_nudiventris IRN	25,2%	24,4%	17,8%	24,1%	19,5%	14,3%	17,1%	14,2%	23,9%	17,7%	14,2%	17,5%	22,7%	17,0%	16,9%	22,2%	24,9%	23,8%	17,3%	24,6%	x									
52	Taphozous_nudiventris IRN	25,0%	25,0%	25,0%	24,2%	23,3%	17,0%	17,0%	17,0%	23,7%	24,4%	17,0%	24,5%	23,0%	16,9%	16,9%	22,5%	25,4%	23,7%	17,2%	25,3%	0,4%	x								
53	Taphozous_nudiventris SYR	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	14,7%	14,7%	17,7%	14,6%	17,7%	17,6%	14,6%	17,7%	17,6%	17,6%	17,5%	17,5%	17,5%	17,9%	17,8%	17,7%	2,8%	3,5%	x							
54	Taphozous_nudiventris SYR	25,2%	24,5%	24,5%	24,2%	23,0%	17,7%	17,7%	17,7%	24,0%	24,6%	17,7%	24,1%	22,7%	17,6%	17,5%	22,3%	25,0%	24,0%	17,8%	24,7%	3,7%	3,4%	0,0%	x						
55	Taphozous_nudiventris SYR	25,2%	24,5%	18,5%	24,2%	23,0%	17,7%	17,7%	17,7%	24,0%	18,3%	17,7%	18,1%	22,7%	17,6%	17,5%	22,3%	25,0%	24,0%	17,8%	24,7%	3,3%	3,2%	0,0%	0,1%	x					
56	Taphozous_nudiventris OMN	25,2%	24,5%	24,5%	24,2%	23,0%	17,7%	17,7%	17,7%	24,1%	24,6%	17,7%	24,2%	22,8%	17,6%	17,5%	22,4%	24,9%	24,0%	17,8%	24,7%	3,6%	3,4%	0,0%	0,4%	0,4%	x				
57	Taphozous_nudiventris SYR	25,3%	24,5%	24,5%	24,2%	23,0%	17,7%	17,7%	17,7%	24,1%	24,7%	17,7%	24,2%	22,8%	17,7%	17,6%	22,3%	25,1%	24,0%	17,9%	24,8%	3,6%	3,3%	0,1%	0,2%	0,1%	0,4%	x			
58	Taphozous_nudiventris OMN	24,5%	24,3%	18,6%	24,3%	19,8%	14,6%	17,6%	14,5%	17,8%	18,7%	14,5%	18,4%	23,1%	17,5%	17,4%	22,7%	24,6%	23,9%	17,7%	24,3%	3,2%	3,3%	0,1%	0,4%	0,3%	0,5%	0,4%	x		
59	Taphozous_nudiventris OMN	25,2%	24,4%	24,4%	24,1%	22,8%	17,5%	17,5%	17,5%	23,9%	24,6%	17,5%	24,1%	22,6%	17,4%	17,3%	22,2%	25,0%	23,7%	17,7%	24,6%	3,7%	3,3%	0,2%	0,5%	0,4%	0,6%	0,4%	0,1%	x	
60	Taphozous_nudiventris OMN	25,0%	24,3%	18,2%	24,0%	22,7%	17,5%	17,5%	17,5%	23,8%	18,0%	17,5%	17,8%	22,5%	17,4%	17,3%	22,0%	24,8%	23,7%	17,7%	24,5%	3,2%	3,3%	0,2%	0,3%	0,4%	0,4%	0,3%	0,2%	0,3%	x
61	Taphozous_nudiventris OMN	22,3%	22,4%	22,3%	22,4%	22,4%	17,7%	17,7%	17,7%	22,4%	22,4%	17,7%	22,2%	22,4%	17,6%	17,5%	22,5%	22,6%	22,5%	17,8%	22,4%	4,0%	3,4%	0,2%	0,3%	0,3%	0,4%	0,4%	0,1%	0,2%	0,2%
62	Taphozous_nudiventris OMN	25,3%	24,5%	24,5%	24,1%	22,8%	17,7%	17,7%	17,7%	23,9%	24,5%	17,7%	23,9%	22,6%	17,6%	17,5%	22,2%	25,0%	23,9%	17,8%	24,7%	4,2%	3,8%	0,2%	0,8%	0,8%	0,6%	0,8%	0,5%	0,7%	0,7%
63	Taphozous_nudiventris OMN	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	14,7%	14,7%	17,7%	14,6%	17,7%	17,6%	14,6%	17,6%	17,6%	17,6%	17,5%	17,5%	17,5%	17,8%	17,8%	17,7%	2,9%	3,7%	0,1%	0,2%	0,2%	0,2%	0,3%	0,1%	0,2%	0,2%
64	Taphozous_nudiventris OMN	24,9%	24,2%	17,6%	23,9%	22,7%	17,4%	17,4%	17,4%	23,7%	17,4%	17,4%	17,2%	22,4%	17,3%	17,2%	22,0%	24,7%	23,7%	17,6%	24,4%	2,8%	3,4%	0,3%	0,4%	0,9%	0,4%	0,3%	0,2%	0,3%	0,5%
65	Taphozous_nudiventris OMN	17,3%	17,3%	17,3%	17,3%	17,3%	17,3%	17,3%	17,3%	17,3%	17,2%	17,3%	17,3%	17,2%	17,2%	17,1%	17,1%	17,1%	17,4%	17,5%	17,3%	3,6%	3,5%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,3%	0,2%	0,4%
66	Taphozous_nudiventris OMN	22,5%	21,9%	21,8%	22,3%	21,9%	17,7%	17,7%	17,7%	22,6%	22,6%	17,7%	22,0%	21,9%	17,6%	17,5%	22,0%	22,3%	22,7%	17,8%	21,9%	3,8%	3,4%	0,4%	0,4%	0,4%	0,5%	0,5%	0,3%	0,4%	0,3%
67	Taphozous_nudiventris OMN	25,2%	24,4%	24,4%	24,1%	22,9%	17,7%	17,7%	17,7%	24,0%	24,6%	17,7%	24,1%	22,6%	17,6%	17,5%	22,2%	25,0%	23,9%	17,8%	24,6%	3,7%	3,3%	0,4%	0,6%	0,4%	0,6%	0,5%	0,4%	0,5%	0,3%
68	Taphozous_nudiventris OMN	24,2%	23,5%	11,6%	23,8%	23,0%	17,7%	17,7%	17,7%	16,4%	11,8%	17,7%	11,6%	22,7%	17,6%	17,5%	22,3%	23,9%	24,0%	17,8%	23,5%	2,6%	3,3%	0,4%	0,5%	1,0%	0,5%	0,5%	1,0%	0,4%	0,8%
69	Taphozous_nudiventris SYR	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,7%	17,6%	17,6%	17,5%	17,5%	17,5%	17,8%	17,9%	17,7%	3,6%	3,6%	0,0%	0,0%	0,0%	0,0%	0,1%	0,1%	0,2%	0,2%
70	Taphozous_nudiventris SUD	25,4%	24,6%	24,6%	24,2%	19,4%	14,6%	17,5%	14,5%	24,0%	24,7%	14,5%	24,1%	22,7%	17,5%	17,4%	22,2%	25,1%	23,9%	17,7%	24,8%	3,5%	4,0%	0,1%	1,0%	1,1%	0,9%	1,2%	0,7%	1,2%	1,1%
71	Taphozous_nudiventris SUD	24,6%	24,6%	24,6%	24,6%	23,8%	17,5%	17,5%	17,5%	23,7%	24,7%	17,5%	24,7%	23,7%	17,4%	17,4%	23,1%	24,9%	24,2%	17,7%	24,7%	3,7%	3,3%	0,2%	0,7%	0,6%	0,8%	0,7%	0,4%	0,5%	0,6%
72	Taphozous_nudiventris SUD	24,2%	24,2%	24,2%	24,1%	20,0%	14,7%	17,7%	14,6%	23,6%	24,3%	14,6%	24,1%	23,5%	17,6%	17,5%	23,0%	24,4%	24,0%	17,9%	24,2%	3,2%	3,3%	0,2%	0,4%	0,4%	0,5%	0,5%	0,1%	0,3%	0,3%
73	Taphozous_nudiventris OMN	25,4%	24,6%	24,6%	24,3%	23,2%	17,7%	17,7%	17,7%	24,2%	24,8%	17,7%	24,2%	22,9%	17,6%	17,5%	22,5%	25,2%	24,1%	17,9%	24,8%	3,9%	3,6%	0,2%	0,5%	0,5%	0,4%	0,5%	0,4%	0,5%	0,5%
74	Taphozous_nudiventris OMN	25,3%	24,5%	24,5%	24,2%	23,0%	17,7%	17,7%	17,7%	24,1%	24,7%	17,7%	24,2%	22,7%	17,6%	17,5%	22,3%	25,1%	24,0%	17,9%	24,7%	3,6%	3,3%	0,2%	0,4%	0,3%	0,3%	0,3%	0,4%	0,5%	0,3%
75	Taphozous_nudiventris OMN	25,2%	25,0%	25,0%	24,3%	23,4%	17,8%	17,8%	17,8%	23,9%	24,7%	17,8%	24,4%	23,1%	17,7%	17,6%	22,7%	25,3%	23,8%	18,0%	25,1%	3,6%	3,2%	0,0%	0,2%	0,1%	0,4%	0,2%	0,2%	0,3%	0,2%
76	Taphozous_mauritianus BOT	29,8%	30,0%	17,2%	29,9%	30,0%	17,7%	17,7%	17,7%	29,3%	16,5%	17,7%	16,8%	29,4%	17,7%	17,7%	29,4%	30,3%	29,8%	17,9%	30,1%	20,2%	25,7%	16,3%	28,3%	20,9%	28,4%	28,4%	28,2%	28,5%	20,9%
77	Taphozous_mauritianus RSA	17,9%	17,9%	8,4%	17,9%	17,9%	17,9%	17,9%	17,9%	12,2%	7,4%	17,9%	8,2%	17,8%	17,9%	17,8%	17,8%	17,9%	18,0%	18,1%	17,9%	10,5%	15,8%	16,7%	16,7%	11,9%	16,7%	16,8%	13,1%	16,9%	11,9%
78	Taphozous_mauritianus RSA	17,6%	17,6%	9,2%	17,6%	17,6%	17,6%	17,6%	17,6%	11,7%	8,1%	17,6%	9,2%	17,7%	17,6%	17,7%	17,7%	17,7%	17,6%	17,7%	17,6%	10,4%	15,6%	16,5%	16,5%	11,6%	16,5%	16,6%	13,0%	16,7%	11,6%
79	Coleura afra YEM	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	23,9%	24,0%	23,7%	23,9%	23,9%	23,9%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,9%	24,1%	23,9%	22,2%	22,1%	21,4%	21,4%	21,4%	21,4%	21,5%	21,5%	21,5%	21,4%
80	Coleura afra YEM	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,8%	23,5%	23,7%	23,7%	23,7%	23,6%	23,6%	23,6%	23,6%	23,8%	23,9%	23,7%	22,1%	22,0%	21,3%	21,3%	21,3%	21,3%	21,4%	21,4%	21,4%	21,3%
81	Coleura afra YEM	23,6%	23,6%	23,6%	23,6%	23,6%	23,6%	23,6%	23,6%	23,7%	23,4%	23,6%	23,6%	23,6%	23,5%	23,5%	23,5%	23,5%	23,7%	23,8%	23,6%	22,0%	21,9%	21,2%	21,2%	21,2%	21,2%	21,3%	21,3%	21,3%	21,2%
82	Coleura afra YEM	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,9%	23,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,8%	24,0%	23,8%	22,2%	22,1%	21,4%	21,4%	21,4%	21,4%	21,5%	21,5%	21,5%	21,4%

83	Coleura afra OMN	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,9%	23,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,8%	24,0%	23,8%	22,0%	21,9%	21,2%	21,2%	21,2%	21,2%	21,3%	21,3%	21,3%	21,2%
84	Coleura afra YEM	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,8%	23,6%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,8%	23,9%	23,7%	22,1%	22,0%	21,3%	21,3%	21,3%	21,3%	21,4%	21,4%	21,4%	21,3%
85	Coleura afra YEM	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,8%	23,9%	23,8%	22,1%	22,1%	21,3%	21,3%	21,3%	21,4%	21,4%	21,4%	21,4%	21,3%
86	Coleura afra YEM	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,8%	23,5%	23,7%	23,7%	23,7%	23,6%	23,6%	23,6%	23,7%	23,8%	23,9%	23,7%	22,1%	22,0%	21,3%	21,3%	21,3%	21,3%	21,4%	21,4%	21,4%	21,3%
87	Coleura afra OMN	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,8%	23,9%	23,6%	23,8%	23,8%	23,8%	23,7%	23,7%	23,7%	23,7%	23,9%	24,0%	23,8%	22,0%	21,9%	21,2%	21,2%	21,2%	21,2%	21,3%	21,3%	21,3%	21,2%
88	Rousettus_aegyptiacus	24,7%	24,7%	18,4%	24,7%	22,8%	22,8%	24,7%	22,7%	24,7%	18,3%	22,6%	18,3%	24,6%	24,6%	24,5%	24,5%	24,6%	24,8%	24,8%	24,7%	17,3%	22,8%	21,3%	23,3%	18,2%	23,3%	23,4%	21,2%	23,3%	18,1%
89	Rousettus_leschenaultii	25,3%	25,3%	18,8%	25,3%	23,0%	23,1%	25,3%	22,9%	25,3%	18,7%	22,8%	18,7%	25,2%	25,2%	25,1%	25,1%	25,1%	25,3%	25,4%	25,3%	17,5%	23,0%	21,1%	22,9%	18,0%	22,9%	23,0%	21,1%	23,0%	18,0%
90	Taphozous_perforatus GHA	1,9%	1,9%	1,3%	1,7%	1,4%	0,7%	0,9%	0,7%	1,9%	1,1%	0,9%	1,6%	1,8%	1,2%	1,1%	2,8%	3,1%	1,6%	1,1%	1,7%	15,0%	23,5%	14,5%	23,1%	17,3%	23,2%	23,2%	18,8%	22,7%	17,0%
91	Taphozous_nudiventris GHA	25,4%	24,6%	17,9%	24,3%	19,6%	14,8%	17,8%	14,7%	24,2%	17,7%	14,6%	17,6%	22,9%	17,8%	17,8%	22,5%	25,2%	24,1%	18,0%	24,8%	2,6%	3,7%	0,7%	1,5%	1,6%	1,6%	1,4%	1,0%	1,3%	1,5%
92	Taphozous_perforatus GHA	3,3%	3,2%	3,2%	3,2%	3,2%	1,2%	1,2%	1,2%	3,2%	3,5%	1,4%	3,7%	3,5%	1,5%	1,4%	4,2%	4,5%	3,3%	1,3%	3,1%	24,2%	24,7%	17,9%	24,2%	24,2%	24,3%	24,2%	23,8%	24,2%	24,2%
93	Taphozous_nudiventris SYR	40,3%	39,3%	39,3%	38,1%	36,0%	?	?	?	38,0%	39,9%	?	38,3%	35,9%	?	?	35,0%	40,5%	37,3%	?	39,5%	3,6%	2,3%	?	0,7%	0,3%	1,2%	0,3%	0,4%	0,5%	0,3%
94	Taphozous_nudiventris OMN	40,8%	37,4%	37,4%	37,6%	34,1%	?	?	?	38,6%	40,1%	?	36,7%	33,9%	?	?	33,0%	39,1%	37,9%	?	37,7%	4,6%	3,6%	?	1,5%	1,5%	1,4%	1,5%	1,4%	1,7%	1,5%
95	Taphozous_australis	?	?	?	?	5,1%	5,3%	?	5,3%	?	?	5,3%	?	?	?	?	?	?	?	?	?	6,9%	?	6,9%	?	?	?	?	6,8%	?	?
96	Taphozous_georgianus	?	?	?	?	4,7%	4,9%	?	4,9%	?	?	4,9%	?	?	?	?	?	?	?	?	?	6,9%	?	6,5%	?	?	?	?	6,5%	?	?
97	Taphozous_hilli	?	?	?	?	4,7%	4,9%	?	4,9%	?	?	4,9%	?	?	?	?	?	?	?	?	?	6,9%	?	6,5%	?	?	?	?	6,5%	?	?
98	Taphozous_nudiventris	?	?	?	?	8,2%	8,2%	?	8,0%	?	?	7,9%	?	?	?	?	?	?	?	?	?	1,1%	?	0,0%	?	?	?	?	0,0%	?	?
Č.	Haplotyp	31	32	33	34	35	36	37	38	39	40	41	42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52	53	54	55	56	57	58	59	60

Pokračování **tab. 17**

Č.	Haplotyp	61	62	63	64	65	66	67	68	69	70	71	72	73	74	75	76	77	78	79	80	81	82	83	84	85	86	87	88	89	90
61	Taphozous_nudiventris OMN	x																													
62	Taphozous_nudiventris OMN	0,1%	x																												
63	Taphozous_nudiventris OMN	0,0%	0,0%	x																											
64	Taphozous_nudiventris OMN	0,2%	0,7%	0,3%	x																										
65	Taphozous_nudiventris OMN	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	x																									
66	Taphozous_nudiventris OMN	0,4%	0,5%	0,4%	0,4%	0,5%	x																								
67	Taphozous_nudiventris OMN	0,4%	0,9%	0,4%	0,4%	0,5%	0,1%	x																							
68	Taphozous_nudiventris OMN	0,3%	0,4%	0,4%	0,3%	0,5%	0,1%	0,1%	x																						
69	Taphozous_nudiventris SYR	0,2%	0,2%	0,2%	0,3%	0,4%	0,4%	0,4%	0,4%	x																					
70	Taphozous_nudiventris SUD	0,4%	0,6%	0,1%	1,2%	0,4%	0,7%	1,3%	0,6%	0,2%	x																				
71	Taphozous_nudiventris SUD	0,4%	1,0%	0,2%	0,7%	0,4%	0,7%	0,8%	0,7%	0,2%	0,9%	x																			
72	Taphozous_nudiventris SUD	0,3%	0,4%	0,2%	0,4%	0,5%	0,5%	0,5%	0,4%	0,4%	0,3%	0,5%	x																		
73	Taphozous_nudiventris OMN	0,2%	0,5%	0,0%	0,5%	0,4%	0,5%	0,7%	0,5%	0,2%	1,0%	0,8%	0,4%	x																	
74	Taphozous_nudiventris OMN	0,4%	0,7%	0,4%	0,3%	0,5%	0,5%	0,5%	0,5%	0,2%	1,2%	0,8%	0,5%	0,5%	x																
75	Taphozous_nudiventris OMN	0,3%	0,8%	0,2%	0,3%	0,4%	0,4%	0,5%	0,4%	0,0%	1,1%	0,5%	0,4%	0,6%	0,3%	x															
76	Taphozous_mauritianus BOT	27,3%	28,4%	16,4%	20,4%	16,4%	27,7%	28,4%	17,3%	16,3%	28,2%	28,3%	28,3%	28,6%	28,6%	28,1%	x														
77	Taphozous_mauritianus RSA	16,8%	16,8%	16,8%	11,3%	16,8%	16,9%	16,9%	8,2%	16,5%	16,5%	16,5%	16,7%	16,6%	16,6%	16,5%	0,3%	x													
78	Taphozous_mauritianus RSA	16,6%	16,6%	16,6%	11,1%	16,6%	16,7%	16,7%	8,9%	16,5%	16,5%	16,5%	16,6%	16,5%	16,5%	16,5%	0,3%	0,2%	x												
79	Coleura afra YEM	21,4%	21,4%	21,4%	21,5%	21,6%	21,6%	21,6%	21,6%	21,5%	21,6%	21,7%	21,8%	21,5%	21,5%	21,5%	23,4%	23,6%	23,4%	x											
80	Coleura afra YEM	21,3%	21,3%	21,3%	21,4%	21,5%	21,5%	21,5%	21,5%	21,4%	21,5%	21,6%	21,7%	21,4%	21,4%	21,4%	23,4%	23,6%	23,4%	0,2%	x										
81	Coleura afra YEM	21,2%	21,2%	21,2%	21,3%	21,4%	21,4%	21,4%	21,4%	21,3%	21,4%	21,5%	21,6%	21,3%	21,3%	21,3%	23,3%	23,5%	23,3%	0,2%	0,0%	x									
82	Coleura afra YEM	21,4%	21,4%	21,4%	21,5%	21,6%	21,6%	21,6%	21,6%	21,5%	21,6%	21,7%	21,8%	21,5%	21,5%	21,5%	23,4%	23,6%	23,4%	0,3%	0,1%	0,1%	x								
83	Coleura afra OMN	21,2%	21,2%	21,2%	21,3%	21,4%	21,4%	21,4%	21,4%	21,3%	21,4%	21,5%	21,6%	21,3%	21,3%	21,3%	23,3%	23,6%	23,4%	0,4%	0,2%	0,2%	0,3%	x							
84	Coleura afra YEM	21,3%	21,3%	21,3%	21,4%	21,5%	21,5%	21,5%	21,5%	21,4%	21,5%	21,6%	21,7%	21,4%	21,4%	21,4%	23,5%	23,5%	23,5%	0,2%	0,0%	0,0%	0,1%	0,2%	x						
85	Coleura afra YEM	21,3%	21,3%	21,4%	21,4%	21,5%	21,5%	21,5%	21,5%	21,4%	21,5%	21,6%	21,7%	21,4%	21,4%	21,4%	23,4%	23,5%	23,4%	0,2%	0,0%	0,0%	0,1%	0,2%	0,0%	x					
86	Coleura afra YEM	21,3%	21,3%	21,3%	21,4%	21,5%	21,5%	21,5%	21,5%	21,4%	21,5%	21,6%	21,7%	21,4%	21,4%	21,4%	23,5%	23,5%	23,5%	0,2%	0,0%	0,0%	0,1%	0,2%	0,0%	0,0%	x				
87	Coleura afra OMN	21,2%	21,2%	21,2%	21,3%	21,4%	21,4%	21,4%	21,4%	21,3%	21,4%	21,5%	21,6%	21,3%	21,3%	21,3%	23,4%	23,6%	23,5%	0,4%	0,2%	0,2%	0,3%	0,0%	0,2%	0,2%	0,2%	x			
88	Rousettus_aegyptiacus	23,1%	23,1%	21,2%	17,6%	23,3%	23,2%	23,2%	17,6%	23,4%	21,3%	23,3%	21,4%	23,3%	23,3%	23,4%	17,3%	17,8%	17,4%	22,8%	22,6%	22,5%	22,7%	22,5%	22,7%	22,7%	22,6%	22,6%	x		
89	Rousettus_leschenaultii	23,0%	23,0%	21,1%	17,4%	23,0%	23,0%	23,0%	17,6%	22,9%	21,1%	23,0%	21,2%	23,0%	22,8%	22,9%	16,7%	17,1%	16,9%	22,2%	22,0%	21,9%	22,1%	21,9%	22,0%	22,0%	22,0%	21,9%	4,3%	x	
90	Taphozous_perforatus GHA	22,6%	23,0%	14,4%	16,4%	17,3%	22,0%	23,0%	15,7%	17,6%	19,3%	22,8%	18,9%	23,1%	23,0%	23,4%	20,8%	11,7%	11,5%	23,7%	23,5%	23,4%	23,6%	23,6%	23,5%	23,5%	23,5%	23,6%	18,2%	18,4%	x
91	Taphozous_nudiventris GHA	1,3%	1,8%	0,7%	1,0%	1,1%	1,5%	1,6%	1,0%	1,0%	1,5%	1,1%	1,0%	1,6%	1,5%	1,2%	20,7%	11,4%	11,1%	21,7%	21,6%	21,5%	21,7%	21,5%	21,6%	21,6%	21,6%	21,5%	17,5%	17,4%	15,0%
92	Taphozous_perforatus GHA	23,3%	24,2%	17,8%	24,1%	17,6%	22,8%	24,2%	23,5%	17,8%	24,2%	24,0%	24,1%	24,4%	24,3%	24,4%	29,7%	18,3%	18,1%	24,2%	24,0%	23,9%	24,1%	24,1%	24,1%	24,1%	24,1%	24,1%	24,6%	24,9%	3,5%
93	Taphozous_nudiventris SYR	0,4%	2,0%	?	0,3%	?	0,4%	0,7%	0,5%	?	2,9%	1,1%	0,4%	1,3%	0,5%	0,0%	57,4%	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	36,0%

| | | |