Abstrakt

Lín obecný *Tinca tinca* (Linnaeus, 1758) je ceněná konzumní ryba, jejíž oblastí přirozeného výskytu jsou Evropa a Asie, ale v současnosti se díky introdukcím vyskytuje v mnoha oblastech mírného a subtropického pásma po celém světě. Prostorová genetická analýza variability sekvencí čtyř nezávislých genů (intronů tří jaderných genů a mitochondriální DNA) odhalila dvě hlavní skupiny populací, z nich každá je jen málo geograficky strukturovaná, ale které se vzájemně významně liší. Lokalizovala rovněž hlavní geografické bariéry v toku genů (shodující se ve více genech), které jsou způsobeny pouze částečně se překrývajícím rozšířením dvou relativně vzdálených evolučních linií–Západní a Východní. Tyto linie mají pravděpodobně původ v odlišných glaciálních refugiích, ze kterých kolonizovaly své současné areály. Geny obou evolučních linií jsou také přítomny v evropských kulturních liniích. Východní evoluční linie se navíc vyskytuje v příměsích vpopulacích z volných vod západní Evropy, kde v některých oblastech dokonce početně převládá nad Západní linií. Toto je s největší pravděpodobností důsledek migrace zprostředkované lidskou činností.

Ryby, lína nevyjímaje, jsou často vysazovány daleko od místa jejich původu, nehledě na genetickou podobnost a lokální adaptace. Nezřídka dokonce dochází k zarybňování volných vod populacemi z chovů, což vede k jejich křížení s původními populacemi a ke genové introgresi. Díky rozsáhlému vyšetření světové populace línů se mi podařilo navrhnout restrikční enzymy, které specificky štěpí tři diagnostické geny (1 mitochondriální a 2 jaderné), a již podle elektroforetického vzoru tak lze snadno a rychle zjistit, k jaké který jedinec patří evoluční linii. Tato metoda umožní jak vědeckým pracovníkům tak i rybářským praktikům rychle identifikovat geneticky odlišné populace lína a bude užitečná také pro monitoring lidmi zprostředkovaného šíření evolučních linií v divokých populacích, pro genetickou charakterizaci kulturních linií a pro křížící experimenty.

Populačně genetická analýza intronů jaderných genů, mikrosatelitů, alozymů a mitochondriální DNA v populacích dvou postglaciálních jezer v zóně kontaktu mezi Západní a Východní linií v Německu sice ukázala jednotlivé, statisticky významné vazebné nerovnováhy, ty však byly omezeny na jednotlivé lokusy, v naprosté většině nebyly shodné pro obě jezera, a lišily se také v závislosti na použité statistické metodě. Test byl založen na předpokladu, že v případě existence silných reprodukčních bariér budou v hybridní populaci mezi alelami a genotypy pozorovatelné nenáhodné vztahy odrážející jejich fylogenetický původ, a to i navzdory možnosti křížení v zóně kontaktu. Mé výsledky naopak ukazují, že evoluční linie lína nejsou efektivně reprodukčně izolované a nepředstavují tak samostatné biologické druhy.