

TISKOVÁ ZPRÁVA

Praha 13. května 2025

Akademie věd ČR
Národní 1009/3, 110 00 Praha 1
www.avcr.cz

NEJVĚTŠÍ SVĚTOVÁ SBÍRKA MYŠÍCH KMENŮ ODVOZENÝCH Z PŘÍRODY OTEVÍRÁ NOVÉ MOŽNOSTI PRO EVOLUČNÍ VÝZKUM I BIOMEDICÍNU

Unikátní sbírku kmenů myší domácích odvozených z přírodních populací, která čítá přes 90 linií, představil mezinárodní tým vědců vedený Jaroslavem Piálkem z Ústavu biologie obratlovců AV ČR. Jde o největší a nejlépe geneticky popsáný soubor svého druhu na světě. Tato revoluční alternativa k tradičním laboratorním modelům může výrazně pomoci v genetickém i biomedicínském výzkumu.

Myš domácí je nejpoužívanějším laboratorním zvířetem, využívá se ve více než 75 % biomedicínských studií. Dosavadní výzkumy většinou pracují s klasickými laboratorními kmeny, které byly odvozeny před více než 100 lety z omezeného počtu zakladatelů, a jsou si proto geneticky navzájem velmi podobné. Nová sbírka tzv. divokých kmenů myší (WDS, z anglického wild-derived strains) nabízí výrazně větší genetickou i fenotypovou variabilitu. Odpovídá rozmanitosti, jakou lze nalézt i mezi lidmi. Umožňuje tak spolehlivěji testovat výzkum biologických procesů i lidských chorob.

„Prakticky jsme převedli přírodní genetickou rozmanitost myší domácích do laboratorních podmínek,“ vysvětluje hlavní autor Jaroslav Piálek z Ústavu biologie obratlovců AV ČR. *„To umožňuje spojit přednosti přírodní variability s experimentální kontrolou nezbytnou pro opakovatelný výzkum.“* Například v genetickém kódu v mitochondriální DNA u divokých kmenů bylo zjištěno více než 2100 odlišných mutací proti pouhým šesti u laboratorních myší a 23× více variant klíčového genu pro sterilitu samců u divokých kmenů. Podobný rozdíl byl prokázán ve 14 ze 16 morfologických a reprodukčních znaků. Tato čísla dokládají, že klasické laboratorní myši zachycují jen zlomek genetické bohatosti svého druhu.

Význam divokých kmenů pro vědu

Divoké myší kmeny umožňují vědcům zkoumat, jak se v přírodě vyvíjí genetická rozmanitost, jak probíhá evoluce, jak se mění geny a jejich funkce a jak vznikají bariéry mezi geneticky odlišnými populacemi vedoucí až ke vzniku nových druhů. *„Díky těmto kmenům dnes můžeme lépe zkoumat, jak*

Kontakt pro média: **Markéta Růžičková**
Divize vnějších vztahů AV ČR
press@avcr.cz
+420 777 97 0812

Alena Fornůsková
Ústav biologie obratlovců AV ČR
fornuskova@ivb.cz
+420 605 464 704

se dědičné informace promítají do vlastností a chování v přirozeném a evolučně dobře popsaném prostředí. Sbírku těchto kmenů plánujeme využít například k výzkumu chemické komunikace a dalších strategií chování, které hrají roli při vzniku nových druhů,” vysvětluje Barbora Vošlajerová z Ústavu živočišné fyziologie AV ČR, spoluautorka studie.

Realističtější model pro testování léků

Díky vysoké genetické a fenotypové rozmanitosti, podobné lidské populaci, mohou divoké myši kmeny sloužit jako realističtější model pro testování nových léčiv. A zvýšit tím šanci na úspěšnost klinických studií.

„Vývoj léků je dlouhý, nákladný a vysoce rizikový proces trvající deset až patnáct let, s průměrnými náklady přesahujícími jednu až dvě miliardy dolarů do schválení klinického použití každého nového léku. Devět z deseti kandidátů vybraných v preklinických testech následně selhalo v jedné ze tří fází klinických studií v procesu schvalování léků,” vysvětluje Jaroslav Piálek a vyzývá k širší integraci kmenů WDS do biomedicínského a genetického výzkumu. Vědci si ale zároveň uvědomují, že prosadit nové přístupy v biomedicínské komunitě zvyklé na rychlou a snadnou reprodukovatelnost výsledků nebude snadné. *„Jedním z důvodů vysoké neúspěšnosti preklinických testů je totiž používání geneticky uniformních laboratorních myší. Naopak zapojení geneticky rozmanitých divokých kmenů, které zachycují variabilitu podobnou, jakou vidíme v lidské populaci, by mohlo významně zlepšit efektivitu a spolehlivost preklinického výzkumu,”* zdůrazňuje Jaroslav Piálek potenciál divokých kmenů zlepšit relevantnost, reprodukovatelnost a zejména přenositelnost výsledků preklinických studií na člověka.

O sbírce

Sbírka divokých kmenů myší, kterou spravuje Jaroslav Piálek na detašovaném pracovišti Ústavu biologie obratlovců AV ČR ve Studenci, vznikla spojením sbírek několika klíčových pracovišť: laboratoře Françoise Bonhomme (Université de Montpellier), Dietharda Tautze (Max Planck Institut), Jaroslava Piálka (ÚBO AV ČR) a Jiřího Forejta (Ústav molekulární genetiky AV ČR v Praze). Jedná se o největší a nejlépe geneticky charakterizovaný soubor divokých kmenů myší na světě. Právě probíhající analýza celogenomových sekvencí ještě zvýší její význam. Více informací o unikátní sbírce myších kmenů najdete na <https://housemice.cz/cs/>.

Unikátní sbírka divokých kmenů myší byla představena v nedávno publikované práci v *Scientific Reports* <https://doi.org/10.1038/s41598-025-86505-x>.

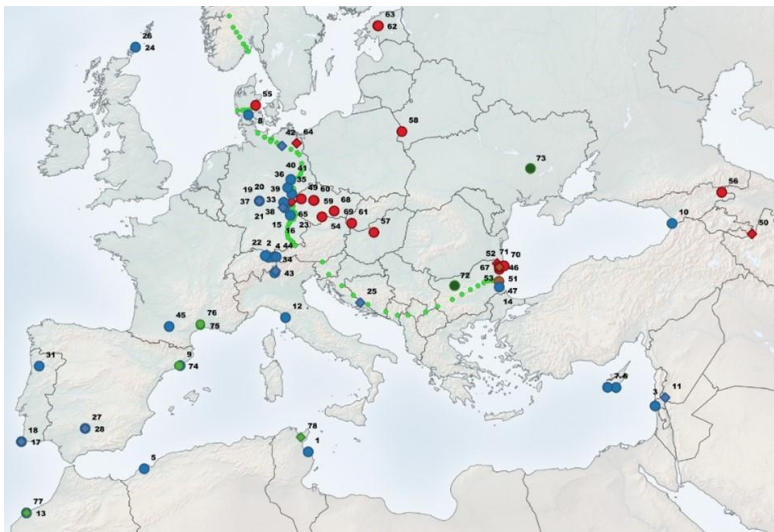
O hybridní zóně myši domácí, která je jedinečnou přírodní laboratoří studia evoluce – A / *Magazín* 1/2024: pdf.avcr.cz/A/2024-01/#page=18

Více informací:

Jaroslav Piálek
Ústav biologie obratlovců AV ČR
pialek@ivb.cz
+420 724 922 553

Barbora Vošlajerová
Ústav biologie obratlovců AV ČR
voslajerova@iapg.cas.cz
+420 608 242 415

Fotogalerie:



Sbírka divokých kmenů myší s více než 90 kmeny odvozenými od divokých populací myší z celého světa. Jen z Evropy a Blízkého východu zahrnuje kmeny odvozené od 3 odlišných myších druhů (zelená: *spretus*, hnědá: *macedonicus*, světle olivová: *spicilegus*) a dvou poddruhů komensální myši domácí (červeně: *musculus*, modrá: *domesticus*, které se ve střední Evropě setkávají a kříží v úzkém pásu hybridní zóny (na mapě vyznačena pásem malých zelených teček). V procesu inbredního křížení po několik generací ztratily některé kmeny svou životaschopnost a postupně vyhynuly (kruhy: živé divoké kmeny myší, kosočtverce: vyhynulé divoké kmeny myší). Mapa byla vytvořena pomocí otevřeného zdrojového kódu QGIS (<https://www.qgis.org/>).



Myš domácí z kmene odvozeného z místní populace ve Studenci (okres Třebíč), jež je východním poddruhem myši domácí. Kmeny reprezentující oba poddruhy, které se v přírodě kříží v oblasti hybridní zóny, jsou ideálním nástrojem pro studium evolučních procesů. Využívají se i v experimentech pachových preferencí v Y bludišti (foto (B. Vošlajerová).



Chovy myší na detašovaném pracovišti ÚBO AV ČR ve Studenci.



Jaroslav Piálek z Ústavu biologie obratlovců AV ČR. Foto: Jana Plavec.