

## Abstrakt

Se svým celosvětovým rozšířením a diverzitou téměř 400 druhů jsou zmijovití považováni za jednu z evolučně nejúspěšnějších hadích čeledí. Oprávněně tak vzbuzují zájem jak v akademických kruzích, tak i mezi laickou veřejností, nejen kvůli svému medicínálnímu významu. Populární jsou i mezi teraristy a dalšími nadšenci do plazů. Evoluční úspěch této čeledi je připisován mnohým tzv. klíčovým inovacím; znakům, které v průběhu evoluce významně přispěly k zvýšenému tempu diverzifikace. Mezi ně patří charakteristická solenoglyfní dentice, živorodost či tepločivné jamky přítomné u zástupců podčeledi Crotalinae.

Abychom však přesně zhodnotili dopad těchto evolučních novinek na diverzifikační dynamiku zmijí, je nezbytné mít dobře provzorkovanou a robustní fylogenezi. V této práci jsme zkombinovali genomická data získaná ze sekvencí UCE (ultra-conserved elements) a sekvencí Sanger-sekvenovaných lokusů, abychom vytvořili fylogenetický strom zahrnující co největší diverzitu čeledi. Výsledná topologie zahrnuje 95 % aktuálně uznávaných druhů, přičemž pro několik z nich byla genetická data vygenerována vůbec poprvé. Následně jsme strom použili ke kalkulacím speciálních rychlostí v rámci čeledi a k prozkoumání jejich korelace s výskytem klíčových inovací a makroekologickými proměnnými, jako jsou velikosti areálu rozšíření, obývané nadmořské výšky nebo velikost těla.

Tato studie tedy poskytuje unikátní náhled do evoluční historie a diverzifikační dynamiky zmijovitých hadů a vrhá světlo na faktory přispívající k jejich pozoruhodnému úspěchu.