

Záchrana zelených pokladů:

využití metod populační genomiky v ochraně kriticky ohrožených druhů rostlin

1/ Koniklec otevřený (*Pulsatilla patens*) se u nás vyskytuje především v severních a severozápadních Čechách, kde tyto lokality tvoří západní okraj jeho areálu. Kromě střední Evropy tento druh dále roste v severní a východní části Evropy, odkud zasahuje až do oblastí ruského Uralu.

Ztráta, degradace nebo fragmentace přirozeného prostředí jsou hlavními faktory odpovědnými za celosvětový úbytek biodiverzity. Areály rostlinných druhů se v čase vyvíjejí a mění. U řady z nich dochází k rozpadu na menší enklávy, což v extrémních případech vede až k úplné izolaci stávajících populací. Dlouhodobá existence takových izolovaných populací je pak závislá především na úrovni jejich genetické diverzity a v neposlední řadě i na nastavení a realizaci vhodné ochrany druhu.

Zmenšováním celkového areálu a snižováním početnosti populací se některé druhy stávají stále vzácnějšími. Jejich přežití můžeme pomoci nastavením vhodných ochranných opatření. Pro to, abychom zjistili, kterým druhům je potřeba věnovat naši zvýšenou pozornost, slouží například tzv. **červené seznamy, do kterých jsou dle definovaných kritérií řazeny právě druhy vykazující postupný úbytek přirozených populací.** Tyto seznamy nejsou legislativně závazné, a tudíž zařazení některého druhu do národního červeného seznamu automaticky neznamená jeho zákonnou ochranu. Mohou ale sloužit k přípravě nebo aktualizaci právně závazných dokumentů. Všechny planě rostoucí druhy rostlin v České republice jsou obecně chráněny zákonem před potenciálním ohrožením. Druhy, které vyžadují zvláštní ochranu, tzv. zvláště chráněné druhy, jsou zařazeny do vyhlášky. Její součástí je seznam zákonem chráněných druhů. Ty jsou rozděleny do tří kategorií: **kriticky ohrožené** (C1, např. hořeček mnohotvarý český, šafrán bělokvětý, koukol polní, pelyněk Pančičův, zvonovec liliovitý), **silně ohrožené** (C2, např. chrpa horská, kosatec nízký, rosnatka okrouhlostá) a **ohrožené** (C3, např. hlaváček jarní, dřín obecný, brambořík nachový).



2/ Včelník rakouský (*Dracocephalum austriacum*) se v České republice zachoval pouze na několika lokalitách v Českém krasu. Na fotografii vidíme jeho výskyt na typickém stanovišti ve švýcarských Alpách – profukované hraně skalního masivu.



U několika z těchto druhů jsme prováděli **populačně genetické studie, jejichž účelem bylo zjistit úroveň genetické variability a vzájemné vztahy ve zbytkových populacích těchto druhů pro ochranné účely.** Jedním z nich byl například **pelyněk Pančičův** (*Artemisia panicii*; C1), **panonský endemit rostoucí na několika místech v teplých stepních a lesostepních oblastech jižní Moravy, Rakouska a Srbska.** Celosvětově má tento druh do deseti populací, čítajících pouze jednotky až desítky jedinců. Zjistili jsme, že tyto populace jsou **geneticky velmi málo variabilní**, a ačkoliv například na jižní Moravě od sebe nejsou populace geograficky výrazně vzdálené, nedochází mezi nimi k přenosu pylu (a tím k výměně genetické informace, tzv. toku genů, gene flow), jsou tedy vzájemně izolovány. Postupně došlo v těchto populacích k selekci genotypů (rostlin s unikátní kombinací genů), které jsou nejlépe přizpůsobeny k podmínkám prostředí panujícím na daném místě. Jak tomu ale bude v budoucnu při dnešním trendu stále překotněji se měnících podmínek? **Pro druh jako takový by bylo nejspíš nejlepší, kdyby mezi populacemi docházelo alespoň k ojedinelému přenosu genů. Zvýšila by se celková genetická diverzita, tzn. vznikaly by nové genetické varianty, a zároveň by vzrostla šance na přežití druhu v měnících se podmínkách prostředí.** V případě, že i nadále zůstanou populace izolovány, může se stát, že v horizontu několika desetiletí postupně vyhynou.

K odlišným závěrům jsme dospěli u **zvonovce liliolistého** (*Adenophora liliifolia*; C1 **4**), **teplomilného druhu světlých lesů, jehož areál sahá od střední Sibíře až do střední Evropy.** V České republice nebyl tento druh snad nikdy hojně rozšířen, ale za posledních 60 let výrazně klesl **celkový počet lokalit na pouhých šest, vyskytujících se v severních, středních a východních Čechách.** Výsledky našich studií ukázaly, že jedinci **v těchto populacích jsou geneticky relativně variabilní a současně jsou si populace vzájemně velmi podobné,** a to i přes jejich značnou geografickou izolovanost (na rozdíl od

3/ Jak odlišná bude populace zvonku hadincovitého (*Campanula cervicaria*) rostoucí na jednom z ostrůvků ledovcového jezera Eibsee v Německu po genetických analýzách? Na tuto otázku by měl odpovědět probíhající projekt zabývající se populační genomikou ohrožených druhů rostlin.



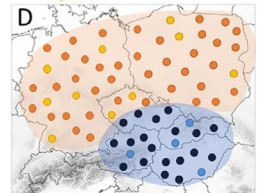
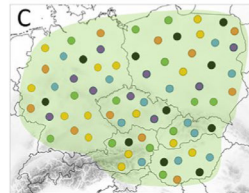
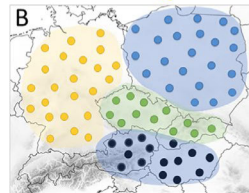
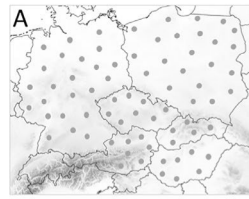
4/ Zvonovec liliolistý (*Adenophora liliifolia*) se v České republice vyskytuje na posledních šesti lokalitách. Od roku 2020 je pro tento druh realizován záchranný program, jehož hlavním cílem je zachování druhu na všech jeho stávajících přirozených lokalitách v ČR a rozšiřování těchto populací do vhodných navazujících lokalit.

pelyňku). **Vyšší celková genetická diverzita tedy dává do budoucna zvonovci větší šanci na přežití** a udržení jeho populací bude záviset především na dodržování probíhajícího managementu lokalit (vyřezávání náletových dřevin, ochrana proti okusu vysokou zvěří).

V současnosti provádíme výzkum dalších zákonem chráněných druhů, kterými jsou **koniklec otevřený** (*Pulsatilla patens*), **včelník rakouský** (*Dracocephalum austriacum*) a **zvoněk hadincovitý** (*Campanula cervicaria*). První dva druhy se řadí do kategorie kriticky ohrožených a třetí do kategorie silně ohrožených druhů. **Koniklec otevřený** 1, patří do čeledi pryskyřníkovitých, je **euroasijským kontinentálním druhem rozšířeným od středního Ruska, přes Ukrajinu do severní a střední Evropy, západní hranice jeho rozšíření probíhá naším územím a Německem.**

Jedná se o světlomilný druh rostoucí v travnatých a skalnatých stepních biotopech. Celkově je v ČR známých asi 15 lokalit, přičemž nejvíce z nich se nachází **v severních Čechách. Včelník rakouský** 2 je **hluchavkovitá bylina s ostrůvkovitým výskytem od Španělska, přes Alpy do střední a východní Evropy. Východní hranice** dosahuje druh **na Kavkazu.** Je to opět silně světlomilný druh rostoucí téměř výlučně na vápnitěm podkladu stepních a lesostepních biotopů, především obnažených výslunných strání, skalnatých stěn a kamenitých srázů. V současnosti se včelník na našem území vyskytuje pouze **v Českém krasu,** kudy zároveň prochází severní hranice celkového rozšíření. Historicky tento druh rostl také v Českém středohoří a na jižní Moravě, kde však patrně v nedávné době vyhynul. **Zvoněk hadincovitý** 3 **z čeledi zvonkovité** je nápadně kvetoucí, statná a pichlavá bylina. V celkovém areálu se **nachází roztroušeně v Mongolsku, středním Rusku, Pobaltí a jižních částech Skandinávie, roste ve střední a východní Evropě a na jihu Evropy na Balkáně. Západní hranice** rozšíření dosahuje ve **Švýcarsku a Francii.** Na rozdíl od předchozích dvou druhů nemá zvoněk hadincovitý příliš vyhraněnou vazbu na typ stanoviště a obývá široké spektrum biotopů. Nejčastěji se vyskytuje v teplomilných doubravách, světlých lesích, lesních lemech a křovinách nebo na loukách. V minulosti se tento druh vyskytoval roztroušeně na většině území ČR, dnes se s ním můžeme hojněji potkat pouze **v Bílých Karpatech,** případně na několika málo dalších lokalitách (tři lokality jsou **u Prahy,** jedna lokalita **v Karlovarském kraji** a jedna **na Šumavě**). Navzdory relativně rozsáhlým oblastem výskytu pozorujeme u všech zmíněných druhů v posledních desetiletích dramatický pokles početnosti a zánik celých populací, a to nejen v ČR, ale i v dalších částech jejich areálu. Důvodem je především změna krajiny vlivem zániku tradičního hospodaření (např. omezení pravidelné pastvy, kosení nebo vypalování, likvidace mezí a remízků v krajině, výsadba stejnověkých lesních monokultur, nadměrné využívání hnojiv apod.). Všechny tři druhy jsou konkurenčně slabé, proto

5/ Příklad genetické strukturovanosti populací:



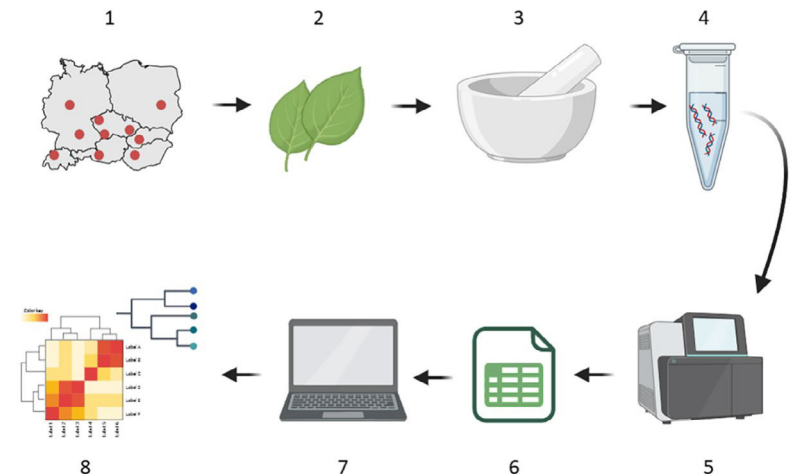
A – rovnoměrný sběr populací v rámci celého areálu studovaného druhu, tj. výchozí stav před analýzou
 B – velmi silná genetická strukturovanost populací s patrnou geografickou vazbou
 C – absence populačně genetické struktury, jednotlivé genotypy jsou promíchány napříč areálem druhu
 D – na základě přítomnosti shodných alel jsou odlišeny dvě genetické skupiny populací, příklad blíží se reálné situaci v přírodě

je z dlouhodobého hlediska pro jejich přežití a udržení v krajině nevyhnutelná ochrana a správně nastavená péče o lokality. Kromě toho se však v poslední době stává stále důležitější také znalost stavu genetické variability populací a jejich vzájemných vztahů.

Význam genetické diverzity populací a její role v ochranném managementu

Čím je v populaci vyšší počet jedinců **s různou genetickou výbavou** (populace je tedy variabilnější), tím větší je pravděpodobnost, že se v dané populaci nalezne **jedinec, který bude tolerantnější k měnícím se půdně-klimatickým podmínkám nebo se například snáze vypořádá s napadením novým patogenem.** Jedinec pak může takovou výhodnou alelu předat potomstvu, a tím dojde k jejímu postupnému zvýšenému zastoupení v populaci. **Populace pak bude mít výhodu oproti populaci s nižší genetickou diverzitou, ve které se takové alely nenacházejí. Znalost úrovně genetické diverzity populací může být tedy velmi užitečná při hodnocení rizik spojených s jejich ochranou.** Velice důležitá je také znalost vzájemných vztahů mezi dílčími populacemi napříč celým areálem studovaného druhu (populačně-genetické struktury, 5). **Jedinec když máme představu o míře genetické variability druhu v celém jeho areálu, můžeme adekvátně zhodnotit rizika plynoucí z nízké diverzity některých populací.** Zjišťujeme, zda existuje nějaká mezipopulační struktura na úrovni celého areálu. Čím vyšší počet genetických variant (genotypů) dvě populace společně sdílejí, tím jsou si podobnější

6/ Průběh genetických analýz od plánování sběrových expedic (1), odběru vzorků (2), extrakci DNA (3-4), genotypizaci (5) a bioinformatické zpracování dat (6-8).



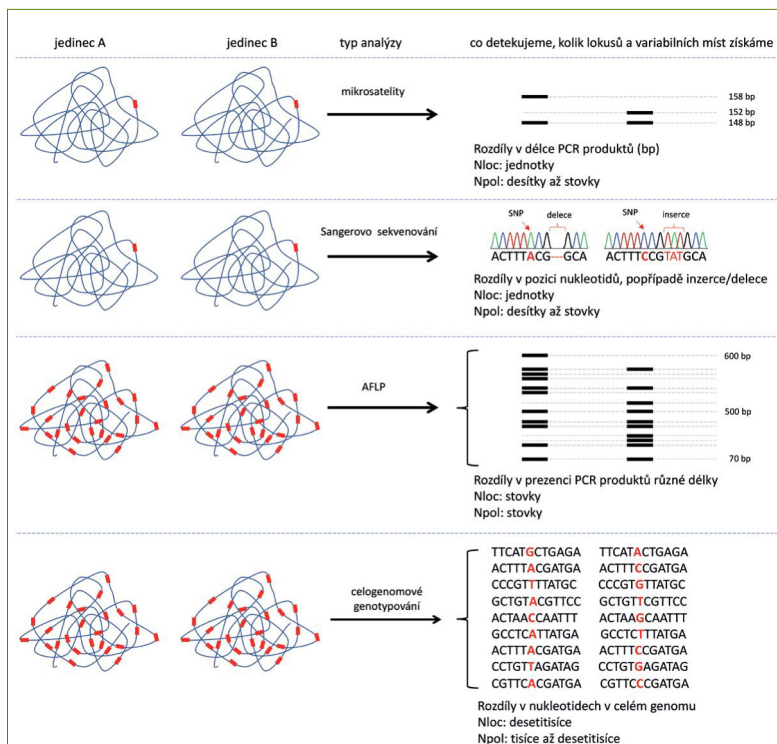
4 Zajímavé vědecké projekty

a strukturovanost v datech se hledá velmi těžko. V tomto případě je nutné jedince v populacích srovnávat vysoce citlivou metodou umožňující nalézt dostatečný počet míst v genomu, kterými lze rozdíly mezi jedinci a populacemi popsat. **Znalost úrovně genetické diverzity jednotlivých populací a jejich vzájemných vztahů umožňuje vytipovat ochrannýský prioritní území, jejichž zachování je stěžejní pro uchování dostatečné diverzity druhu v regionu nebo druhu jako takového.** Na takto vybrané území může být následně zacílen managementový zásah (např. pastva, kosení, vyřezávání náletu, narušování povrchu půdy apod., ale i výsev či výsadba nových rostlin), tzn. aktivity vedoucí k udržení vhodných podmínek stanoviště a k celkovému posílení populací. Stanovení a znalost populačně genetické struktury zbytkových populací je tedy nutným předpokladem pro nastavení efektivní ochrany ohrožených druhů.

Jak studovat genetickou diverzitu? Vývoj metodických postupů

Poznatky získané populačně genetickými studii jsou již dlouhou dobu nedílnou součástí realizace záchranných programů a práce v terénu. Vývoj metod molekulární biologie je překotný a podobně jako v oblasti výpočetní techniky platí, že tradiční postupy (např. Sangerova metoda sekvenování DNA) nebo vybavení používané před lety lze nahradit postupy, kterými je možné získat více informací při vynaložení stejných finančních prostředků. V posledním desetiletí došlo k rozvoji modernějších metod tzv. nové generace sekvenování (NGS, Next-Generation Sequencing) a vývoji metod celogenomového genotypování (WGG, Whole Genome Genotyping), které metodicky z NGS vycházejí. Zatímco u celogenomového sekvenování se snažíme sestavit informaci o pořadí nukleotidů v celém genomu daného jedince, u celogenomového genotypování si pomocí NGS technologií vybíráme pouze určitá místa, kterými se jedinci mezi sebou liší. **Jedince pak mezi sebou srovnáváme pomocí tisíců jednobodových rozdílů (SNP, Single-Nucleotide Polymorphism) napříč celým genomem.** Analýzy se stávají dostupnějšími cenově i nabídkou a výsled-

7/ Zjednodušené srovnání počtu analyzovaných míst v genomu při jedné PCR reakci pomocí různých typů molekulárních markerů používaných v populačně-genetických studiích (Nloc – počet lokusů; Npol – počet detekovaných variabilních míst; bp – délka fragmentu, base pair)



ky získané jejich pomocí se začínají využívat i v ochranné praxi. **Techniky celogenomového genotypování 6 umožňují ve srovnání se staršími přístupy detekovat velmi jemné rozdíly jak na úrovni populací, tak i samotných jedinců. Další výhodou je povaha výsledných dat. Jedná se o nukleotidové sekvence, se kterými lze opakovaně pracovat a srovnávat například vývoj genetické variability populací s časovým odstupem, případně data znovu analyzovat za pomoci bioinformatických přístupů, které budou teprve vyvinuty.**

Populační genetika vs. populační genomika

Klasické markery používané v **populační genetice** pracují s informací získanou z jednotek až desítek míst (pozic) genomu, tzv. lokusů, studovaných jedinců. V minulosti byly nejčastěji používány mikrosatelity (analyzující jednotky až desítky lokusů), AFLP markery (max. několik stovek lokusů) nebo sekvenování chloroplastových a jaderných úseků (Sangerovo sekvenování; dle druhu rostliny řádově jednotky až desítky jednobodových mutací) 7. Při použití moderních metod celogenomového genotypování již pracujeme s bohatší, obsáhlejší informací, získanou z tisíců až desetitisíců lokusů rozptýlených náhodně v celém genomu jedince, přesouváme se tedy ke slovnímu spojení **populační genomika**. Díky vyššímu počtu informativních míst jsme schopni získat přesnější odhady základních charakteristik celých populací (tzv. indexy diverzity), jako je např. heterozygotnost, efektivní velikost populace, odchylky od Hardy-Weinbergovy rovnováhy nebo úroveň inbreedingu. To nám poskytuje detailnější a komplexnější pohled na genetickou strukturu populací zájmového druhu, tedy informace důležité pro ochranné aktivity. Populačně-genetické studie mohou navíc pomoci identifikovat konkrétní pozice v genomu, které souvisejí s adaptabilitou jedinců/populací. Ve finále nám tyto **výsledky pomáhají odhadnout, do jaké míry bude populace schopna reagovat a přežít při změně podmínek prostředí, popřípadě můžeme určit vhodné populace pro případnou obnovu/posílení populací.**

Jak na to prakticky?

Jak bylo již zmíněno výše 5, **při řešení otázky konkrétního ohroženého druhu je vhodné rozmýšlet v kontextu jeho celkového rozšíření, tedy pokusit se získat vzorky z lokalit rovnoměrně rozmístěných napříč celým jeho areálem.** Tento přístup přinese komplexnější a objektivnější výsledky než analýza populace jenom z jednoho vybraného regionu (např. pouze v rámci ČR). Moderní doba opět do jisté míry představuje revoluci v současné výzkumné činnosti, a to především v dostupnější možnosti kontaktu a spolupráce se zahraniční odbornou, ale i laickou komunitou (např. webové aplikace

SLOVNÍČEK:

- **AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism)** je molekulárně genetická technika používaná k analýze genetické diverzity a polymorfismů v DNA různých organismů. Tato metoda je oblíbená pro svoji schopnost detekovat mnoho genetických markerů bez nutnosti předchozích znalostí o genomu studovaného jedince. AFLP je užitečná v mnoha oblastech včetně populační genetiky, konzervační genetiky a studia evolučních vztahů blízké příbuzných druhů.
- **Efektivní velikost populace (N_e)** je termín z populační genetiky a evoluční biologie, který vyjadřuje velikost ideální panmiktické populace, ve které by genetické procesy (např. změny ve frekvenci alel vlivem selekce či driftu) probíhaly stejnou rychlostí jako v dané reálné populaci. Zjednodušeně se jedná o počet jedinců, kteří se podílejí na tvorbě potomstva.
- **Genetický drift** je evoluční proces, při němž dochází k náhodným posunům ve frekvenci jednotlivých alel v populaci. V zásadě to znamená, že v malých populacích dochází postupem času ke ztrátě variability a v extrémním případě může pro daný znak převládnout jedna alela.
- **Genetická eroze** znamená ztrátu genetické variability. Z populace nevratně zmizí varianty určitých genů.
- **Genetic rescue** je proces, při kterém se genetická diverzita ohrožené populace/druhu zvýší prostřednictvím migrace/křížení nových jedinců s odlišným genetickým původem. Cílem je snížit negativní účinky genetické příbuznosti (inbreeding) a zvýšit celkovou životaschopnost populace.
- **Hardy-Weinbergova rovnováha** je teoretické rovnovážné rozložení alel v populaci. Popisuje frekvenci genotypů v ideální populaci.
- **Inbreeding** neboli příbuzenské křížení v biologii označuje hybridizaci mezi geneticky podobnými jedinci. V přírodě k němu dochází především v menších izolovaných populacích. Důsledkem příbuzenského křížení je hromadění škodlivých mutací a recesivních alel v populaci, čímž dochází ke zvyšování homozygotnosti v populaci. Populace s vysokou mírou inbreedingu jsou z evolučního hlediska méně životaschopné.
- **Inbrední deprese** (inbreeding depression) je snížení životaschopnosti v důsledku příbuzenského křížení.
- **Marker (genetický)** je část DNA, jejíž analýzou získáváme informace o studovaném organismu. Můžeme pracovat s informací o délce studovaného úseku DNA, přítomnosti/nepřítomnosti fragmentu DNA, popřípadě s detailní informací o pořadí nukleotidů. V populační genetice se používají různé typy molekulárních markerů (AFLP, mikrosatelity, WGS).
- **Mikrosatelity** (SSR: simple sequence repeats, STR: short tandem repeats, tzv. krátké tandemové repetice) jsou krátké repetitivní úseky v DNA, které jsou nejčastěji tvořeny opakováním mono-, di-, tri- nebo tetranukleotidů, např. (A) $_n$, (AT) $_n$, (ATC) $_n$ apod. Rozdíly mezi jedinci jsou detekovány stanovením délky výsledných PCR produktů.
- **Next Generation Sequencing (NGS)** je souhrnné označení pro moderní metody sekvenování DNA vyvíjené od 90. let 20. století. Tyto metody přinášejí oproti starším metodám zásadní výhodu, neboť umožňují rychlejší a levnější generování většího množství dat.
- **PCR (Polymerase Chain Reaction)** je zkratka pro základní metodu molekulární biologie umožňující nakopírovat určitý úsek DNA (PCR fragment), jehož další analýzou získáváme informace o studovaném organismu.
- **Sekvenování** je souhrnný termín pro metody, které umožňují stanovit konkrétní pořadí nukleotidů v zájmovém úseku DNA.
- **Whole Genome Genotyping (WGG, Genome-Wide Genotyping)** jsou metody využívající NGS technologie pro detekci jednobodových mutací (SNP). Jedince pak mezi sebou srovnáváme pomocí tisíců různých míst (SNP) rozmístěných náhodně napříč celým genomem.
- **Whole Genome Sequencing (WGS)** jsou techniky molekulární biologie umožňující sestavení kompletního genomu organismu. Poskytují komplexní pohled na genetickou informaci, identifikaci všech genů a genetických variant. WGS se využívá v medicíně např. k objevování genetických příčin nemocí.

iNaturalist, platforma ResearchGate), díky čemuž lze informace o aktuálním stavu zájmových populací získat mnohem snadněji. **Klíčovým faktorem při odběru rostlinných vzorků je jejich správné uchování tak, aby nedošlo k degradaci DNA.** Zpravidla stačí odebrat pár listů a zabezpečit jejich rychlé vysušení (např. pomocí silikagelu) nebo rychlý transport do laboratoře. Následné laboratorní zpracování zahrnuje extrakci DNA, ověření její kvality a odeslání do laboratoře, kde je provedena samotná analýza. Výstupem je soubor dat obsahující pro každého analyzovaného jedince zápis o jeho alelickém stavu na daném hodnoceném místě v genomu. Ná-

sleduje statistické hodnocení, tj. výpočet populačně genetických indexů diverzity a vizualizace výsledků pomocí různých shlukovacích analýz [6](#). Velmi zjednodušeně jde o zařazení geneticky podobných jedinců do stejné skupiny (genetického klastru) při naznačení vzájemné hierarchie. Pro ochranné účely lze tyto skupiny vnímat jako evolučně významné jednotky (ESU, Evolutionarily Significant Unit). Často se jedná o reprodukčně izolované populace (např. z důvodu přítomnosti geografické bariéry nebo značné vzdálenosti), jejichž jedinci nesou/mohou nést adaptivní vlastnosti významné pro další přežití druhu. Konkrétní lokální populace, která je

předmětem ochrany např. pro svoji dlouhodobou izolovanost, se pak nazývá *management unit* (MU) **5**.

Zachraňme pomocí genetiky

Pokud je **počet jedinců konkrétní populace velmi nízký nebo je zjištěna nízká genetická diverzita, lze uvažovat o provedení zásahu pomocí tzv. genetické záchrany (*genetic rescue*)**. Početně malé a izolované populace jsou často vystaveny náhodným nepříznivým procesům, při kterých dochází ke ztrátě genetické rozmanitosti v populaci (někdy až k převaze určitého typu alely působením genetického driftu) a **poklesu životaschopnosti jedinců z důvodu přibuzenského křížení** (tzv. inbrední deprese). V takovém případě můžeme použít *genetic rescue* jako konzervační nástroj, který se tyto negativní procesy snaží řešit zvýšením celkové genetické diverzity zájmové populace. Tyto postupy mohou mít různou podobu. Jedná se kupříkladu o posilování populací formou semenných dešťů (umělý výsev semen) nebo výsadeb nových jedinců (například napěstovaných v záchranné kultuře), pocházejících nejčastěji z geneticky variabilnějších, ale geograficky blízkých populací. Na našem území byl v minulosti výsev semen praktikován například **v rámci posílení populací matizny bahenní (*Ostericum palustre*), hořečku mnohotvarého českého (*Gentianella praecox* subsp. *bohemica*) nebo kosatce sibiřského (*Iris sibirica*)**. Dosazování rostlin je v současné době realizováno v rámci programu na obnovu a posílení populací **zvonovce lilolistého nebo rdesnu dlouholistého (*Potamogeton praelongus*)**. Často se k tomuto kroku přistupuje u populací kriticky ohrožených druhů, u kterých hrozí vysoké riziko vyhynutí. Přestože u většiny těchto pokusů platilo (a často platí) heslo „lepší než nedělat nic“, **s pomocí populační genetiky lze provést cílenější a efektivnější výběr zdrojových populací vhodných pro tento typ ochrannářského managementu**. Zároveň pak můžeme s časovým odstupem objektivně zhodnotit efekt realizovaných opatření. **Za úspěšný výsledek je považován stav, kdy se zastaví úbytek jedinců v populaci, zvýší se genetická diverzita populace, dojde ke vzrůstu početnosti jedinců populace** a tento stav bude dlouhodobě udržitelný. Do populace a na lokalitu se pak navrácí rovnováha a jako celek se stává odolnější vůči negativním faktorům.

Další možnosti využití genomických dat

Jak již bylo řečeno na začátku, **nejčastějším důvodem úbytku druhů/populací je ztráta a degradace přirozeného prostředí, zejména v důsledku změn klimatu** (změny teplot, množství srážek apod.) a **přeměna krajiny působením lidské činnosti** (odklon od tradičních forem hospodaření, kácení lesů atd.). Statistická analýza populačně-genomických dat v kombinaci

s daty popisujícími faktory prostředí, tj. klimatická data pro konkrétní lokality (např. množství srážek, rozložení teplot v průběhu roku), již v současnosti umožňuje identifikaci genetických variant (konkrétní SNP, alely), které by mohly být důležité pro přizpůsobení se měnícím se faktorům prostředí (tzv. adaptací) a přežití samotného druhu. Poskytne nám to cenné informace pro genetický management, který může vést k lepšímu výběru zdrojových populací pro posilovací aktivity (viz výše). **Hypoteticky tak například pro posílení populace ohrožené suchem budeme vybírat z populací, které ve své oblasti suchu zvládají relativně dobře (tzn. obsahují genetické varianty, které život v těchto podmínkách umožňují) a přitom jsou geneticky vysoce podobné s naší ohroženou populací**. Jeden z pionýrských projektů tohoto typu probíhá aktuálně v Austrálii na dvou druzích **blahovičniku (*Eucalyptus microcarpa* a *E. melliodora*)**. V případě druhů s kompletně sestaveným genomem lze dokonce odhalit konkrétní geny zodpovědné za dané fenotypové projevy (např. hospodaření rostliny s vodou, načasování fáze kvetení apod.). Pro potřeby budoucích studií, které budou například ověřovat situaci v průběhu let po introdukci nových jedinců, může být také navržen panel/sada relativně malého počtu markerů. Tyto markery mohou být specificky zaměřeny např. na detekci hybridizace v populacích nebo na monitorování změn frekvence alel lokusů souvisejících se schopností rostlin adaptovat se změnám prostředí. To může odpovědným orgánům pomoci relevantně reagovat na výsledný efekt prováděných záchranných aktivit, aniž by bylo nutné studii opakovat v původním rozsahu.

Závěrem

Potenciál využití metod populační genetiky v ochraně kriticky ohrožených druhů rostlin (i živočichů) je značný, a i když se **přechod od základního výzkumu populačně-genomických metod k aplikované ochraně druhů rozvíjel pomalu, nyní se stává novým standardem**. Širšímu používání celogenomového genotypování v ochrannářské praxi zatím brání především nedostatečné financování těchto projektů a absence standardizovaných postupů od vzorkování po vyhodnocení výsledných dat (např. výběr metody, počet potřebných jedinců/populací, způsob zpracování dat apod.). Nalézt řešení těchto metodických problémů si klademe jako jeden z hlavních cílů našeho projektu. 🌱

Autoři:

Mgr. Lucie Vaculná, Ph.D., RNDr. Luboš Majeský, Ph.D.,
Mgr. Lucie Koblrová, Ph.D., a RNDr. Miloslav Kitner, Ph.D.
(Katedra botaniky, Univerzita Palackého v Olomouci;
miloslav.kitner@upol.cz)

📄 (1) Jiří Doskočil; (2–7) Miloslav Kitner

📖 Fitzpatrick S.W., Funk W.C. (2019): *Genomics for genetic rescue*.
In: Rajora O.P. (Ed.). *Population genomics: Wildlife*. Springer Nature
Switzerland AG.

Grulich V., Chobot K. (2017): Červený seznam ohrožených druhů České republiky. *Cévnaté rostliny*. AOPK, Praha. *Příroda*, 35. (dostupné online
<https://www.priroda.nature.cz/index.php/priroda/article/view/31>)

Hohenlohe P.A. a další (2021): *Population genomics for wildlife conservation and management*. *Molecular Ecology*, 30: 62–82.

Práce byla podpořena projektem TAČR „Celogenomové genotypování zbytkových populací *Pulsatilla patens*, *Dracocephalum austriacum* a *Campanula cervicaria*, kriticky ohrožených druhů rostlin České republiky“ realizovaným díky spolupráci mezi Agenturou ochrany přírody krajiny ČR a Univerzitou Palackého v Olomouci (id. SS05010116).