

GENETIKA V OCHRANĚ VŠEMOCNÁ NENÍ, ALE POSLOUŽIT UMÍ

BARBORA ZEMANOVÁ, PETRA HÁJKOVÁ, JOSEF BRYJA

Mgr. BARBORA ZEMANOVÁ, Ph.D.
Vystudovala zoologii na Přírodovědecké fakultě Masarykovy univerzity.
Věnuje se výzkumu v oblasti populační a ochranné genetiky, a to na Ústavu biologie obratlovců AV ČR, v. v. i. v Brně.
Dosavadní výzkumné projekty byly zaměřeny na obratlovcí modelové organismy (vydra říční, kamzík horský).

Mgr. PETRA HÁJKOVÁ, Ph.D.
Pracuje v Ústavu biologie obratlovců AV ČR v Brně. Věnuje se zejména ochranné genetice a využití genetických metod ve výzkumu a ochraně savců. Podílela na se na založení Národní genetiké banky živočichů a tomuto projektu se nadále věnuje.

Doc. Mgr. et Mgr. JOSEF BRYJA, Ph.D.
Je vedoucím detašovaného pracoviště Ústavu biologie obratlovců AV ČR ve Studenci. Ve své vědecké práci se snaží propagovat molekulárně-genetické přístupy při řešení otázek evoluční ekologie a ochrany druhů. V posledních letech se zaměřuje na studium biologické rozmanitosti drobných savců (zejména na otázky spojené se vznikem druhů) a jejich parazitů (včetně původců nemocí přenositelných na člověka) v subsaharské Africe. Je hlavním organizátorem pravidelné každoroční konference Zoologické dny.

Genetické metody se dnes uplatňují ve všech oborech lidského bádání, které se týkají živých organismů, a v posledních desetiletích se navíc bouřlivě rozvíjejí. Například získání informací o kompletním genomu dnes již není otázkou let či desetiletí, ale spíše dnů či týdnů, a to vše za zlomek dřívějších nákladů. U člověka se analýzy DNA využívá například k odhalení geneticky podmíněných chorob, k usvědčení pachatele trestného činu nebo k určení otcovství. Podobné využití je sice možné i v případě jiných druhů živočichů, ale otázky, které si v zoologickém výzkumu klademe, jsou většinou jiné. Mnohé živočišné druhy dnes vymírají; vznikají také nové? A za jakých podmínek druhy vznikají? Jakými směry se šířily jednotlivé živočišné druhy po planetě Zemi a ve kterých historických dobách? Kde jsou centra jejich největší biodiverzity? Jak probíhají „závody ve zbrojení“ mezi hostiteli a jejich parazity? Jaké jsou mechanismy stárnutí organismu a které faktory rychlost stárnutí ovlivňují? V těchto a dalších případech pomáhá DNA živočichů odpovědět na otázky týkající se obecných principů fungování přírody. Uplatňuje se však také při řešení praktičtějších problémů, neboť genetické

analýzy mohou poskytnout třeba i velmi cenné informace pro plánování opatření na ochranu vzácných a ohrožených druhů rostlin a živočichů.

Soubor druhů často nazýváme biodiverzitou. Pokud nechceme, aby nám biodiverzita na Zemi ubývala, je třeba jednotlivé druhy chránit. Ve skutečnosti však biodiverzita neznamená pouze rozmanitost druhů, ale zahrnuje rozmanitost života na všech úrovních. Její součástí jsou tedy i genetické rozdíly mezi jedinci či populacemi, tj. takzvaná genetická diverzita. Ta samozřejmě další úroveň biodiverzity ovlivňuje, a pokud tedy chceme chránit biodiverzitu, je třeba chápat a chránit také její genetickou úroveň. I proto má genetika v ochraně přírody své místo. Na rozdíl od rozmanitosti druhů a ekosystémů je však svým způsobem neviditelná, tedy hůře uchopitelná i zkoumatelná, a proto byl její význam donedávna poněkud opomíjen.

LEKCE OCHRANÁŘSKÉ GENETIKY

Tématem, ke kterému bývá v ochraně přírody často nejednotný či nejednoznačný postoj a jež má i své genetické souvislosti, jsou introdukce (zahrnující také reintrodukce a restituce). Je pravdou,



Většinu genetického materiálu pro kamzičí studii tvořil trus, který je získáván neinvazivně a také poskytuje kamzičí DNA. Vzorky tkání, které byly pro projekt získány z uhynulých jedinců (a v případě alpských kamzíků také z legálních odstřelů), jsou nyní ukládány do Národní genetiké banky živočichů, kde budou k dispozici pro další výzkum. Foto Jozef Kormančík

Jedním z ústředních témat ochranné genetiky, tj. vědeckého oboru, který může být charakterizován využíváním genetických metod pro ochranu přírody, je právě **studium úrovně genetické diverzity v populacích**. Genetická rozmanitost je totiž nezbytným předpokladem adaptivní evoluční odpovědi, tj. přizpůsobení se změnám okolního prostředí. Pokud dojde k významnému snížení genetické diverzity, nemusí být populace schopna přizpůsobit se těmto změnám (např. klimatickým změnám nebo novému patogenu) a v extrémním případě může dojít až k jejímu vyhynutí. Protože se ochranná genetika věnuje především vzácným a ohroženým druhům, je jejím dalším zásadním tématem zkoumání genetických a evolučních procesů v malých a izolovaných populacích, jež jsou pro tyto druhy charakteristické. Zatímco ve velkých populacích se může dobře uplatňovat přírodní výběr, v malých populacích hraje zásadní roli náhoda, tj. náhodný genetický posun neboli genetický drift. Ten souvisí s výběrem gamet při pohlavním rozmnožování, při kterém může v důsledku malé početnosti jedinců dojít k náhodnému vymizení některých alel z populace. Následkem toho pak dochází ke snížení genetické diverzity (v extrémním případě až k fixaci jediné genetické varianty), k významným změnám v genetickém složení populace mezi generacemi a k rychlejší diverzifikaci fragmentovaných populací. Populace s nízkou genetickou diverzitou a malé populace mohou být ohroženy také příbuzenským křížením – inbreedingem. Křížení mezi příbuznými jedinci zvyšuje homozygotnost, tj. pravděpodobnost, že potomek získá od otce i od matky stejnou variantu daného genetického znaku. V takovém případě se dostávají do homozygotního stavu také škodlivé mutace, jež pak projevují své negativní účinky. Tyto mutace jsou v populacích běžně přítomny, ale v naprosté většině ve formě vzácných recesivních alel, které se v heterozygotním stavu neprojevují. Stav, kdy inbreeding dospěje až ke snížení přežívání a/nebo reprodukční schopnosti jedinců (např. v podobě zhoršeného přežívání mláďat, snížené kvality a kvantity spermií apod.), říkáme inbreední deprese.

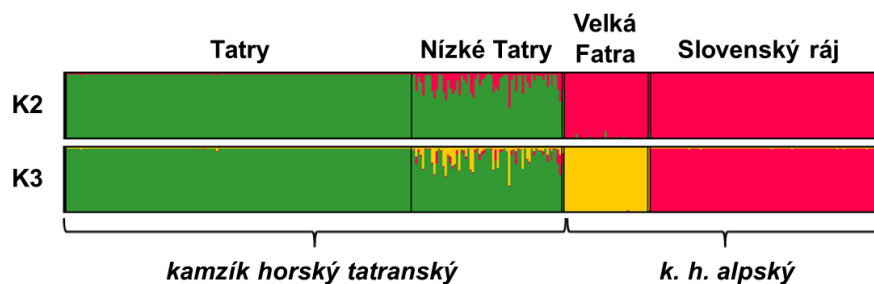
že vysadíme-li do areálu druhu (poddruhu, populace) geneticky odlišné jedince z jiné lokality a dojde-li ke křížení obou skupin, genetická jedinečnost původní populace zanikne a globální biodiverzita může být ochuzena. Zásadnější je však toto téma s ohledem na riziko tzv. outbreední deprese. Je-li původní populace geneticky přizpůsobena svým lokálním podmínkám, mohou být tyto tzv. lokální adaptace narušeny křížením s introdukovanými jedinci z jiného prostředí, což může způsobit až kolaps původní populace. Přestože riziko outbreední deprese jistě existuje, bývá často poněkud přeceňováno. Frankham a kol. (2011, *Conserv Biol*) vyhodnotili, že pravděpodobnost vzniku outbreední deprese u potomků křížení mezi dvěma různými populacemi je zvýšená, pokud tyto populace splňují alespoň jednu z následujících podmínek: jsou to rozdílné druhy, mají zafixované chromozomální rozdíly, v posledních 500 letech mezi nimi nedošlo k výměně genů nebo obývají odlišná prostředí. Obavy ze vzniku outbreední deprese při křížení jedinců z recentně oddělených populací považují autoři za přehnané. Navíc je-li původní populace ohrožena vyhynutím v důsledku genetických faktorů (např. inbreedingu), může jí příliv „nové krve“ zachránit („genetic rescue“ nebo heterózní efekt). Nicméně vždy je třeba pečlivě zvažovat nezbytnost introdukce, její další okolnosti (včetně genetických) a také ji dobře naplánovat. Další oblastí, ke které má genetika co říci, je zkoumání struktury populací v rámci areálu

druhu. Geneticky je totiž možné zjistit, které populace jsou izolované a mezi kterými naopak dochází k toku genů, tedy k migraci jedinců. Také lze odhalit, jaké faktory (např. které struktury v krajině) toku genů mezi populacemi brání. Taková zjištění mohou být pro plánování efektivních opatření na ochranu druhu velmi užitečná.

SYSEL A KAMZÍK: PŘÍKLADY VYUŽITÍ GENETIKY V OCHRANĚ PRAXI

V řadě evropských zemí (nejvíce asi ve Skandinávii) je genetický průzkum běžnou součástí příprav záchranných programů a plánů péče. Také pro ochranu naší flóry a fauny již poskytla genetika cenné poznatky. Dosud byla součástí sedmi

získání výsledků užitečných pro plánování účinného ochranného managementu probíhají také u dalších druhů. Geneticky nejvíce prozkoumaným ohroženým druhem je u nás asi **sysel obecný**. Genetická variabilita a struktura u něj byly analyzovány na základě vzorků z celého jeho areálu, od západních Čech až po evropskou část Turecka (Řičanová a kol. 2013, *Mol Ecol*). Bylo zjištěno, že populace ve střední Evropě vznikly v důsledku jediné relativně nedávné kolonizační vlny z panonské oblasti, a že tedy zřejmě nebudou výrazně evolučně adaptovány na lokální podmínky. Proto je velmi pravděpodobné, že by při introdukci jedinců z dalších zemí střední Evropy nedošlo v českých populacích sysla k outbreední depresi a je tedy možné použít další



Genetická struktura slovenských kamzičích populací. Sloupce odpovídají jedincům a barvy jednotlivým klastrům. V genomech jedinců z Nízkých Tater je patrná příměs genetické informace pocházející z populací alpských kamzíků. Převzato a upraveno podle Zemanová a kol. (2015, *Conserv Genet*).

z 11 schválených záchranných programů (hvozdík písečný český, hořec jarní, perlorodka říční, hnědásek osikový, sysel obecný) a programů péče (bobr evropský, vydra říční) a genetické studie zaměřené na

středoevropské populace pro ozdravení těch českých, jež mají v rámci celého areálu nejnižší genetickou diverzitu. Příkladem, kde by naopak mohla neuvážená introdukce outbreední depresi způsobit,

je situace v Makedonii. Na severu země se vyskytuje populace, která je po dlouhou dobu (desítky až stovky tisíc let) izolována od ostatních a zároveň obývá pro systy poměrně netypické prostředí horských luk, kterému je zřejmě evolučně (tj. geneticky) přizpůsobena. Populace v jižní Makedonii žijí ve značně odlišných podmínkách nížinných stepí a patří navíc k velmi odlišné a nepřibuzné genetické linii. Za těchto podmínek by bylo přenašeni jedinců mezi severními a jižními makedonskými populacemi značně rizikové.

Kamzík horský, který se obvykle vyskytuje na strmých a skalnatých horských stanovištích, horských loukách a v horských lesích, není v České republice původní. Proto jsou v ochraně přírody zdejší populace (hlavně ta v Jeseníkách) diskutovány většinou v souvislosti s jejich negativním vlivem na vzácnou subalpínskou vegetaci. Na Slovensku je situace jiná a právě slovenským populacím kamzíka se věnovala studie provedená na Ústavu biologie obratlovců Akademie věd ČR (ÚBO), kde má ochrannásko-genetický výzkum již svou tradici (Zemanová a kol. 2015, *Conserv Genet*). Kamzík horský se na Slovensku vyskytuje ve dvou poddruzích a čtyřech populacích. Původní kamzík horský tatranský – kriticky ohrožený endemický poddruh – žije v Tatrách a v 70. letech minulého století byl vysazen také do Nízkých Tater. Avšak ještě dříve než byl samostatný tatranský poddruh rozeznán, byl za účelem lovu na Slovensko introdukovan kamzík horský alpský. Populace alpského kamzíka jsou ve Velké Fatře a ve Slovenském ráji, přičemž obě tato pohoří bezprostředně sousedí s Nízkými Tatrami. Genetickými metodami bylo zjištěno, že všechny čtyři slovenské populace mají nízkou genetickou diverzitu, nejnižší pak právě původní tatranská populace. To je pravděpodobně důsledkem jejich recentního demografického vývoje, o kterém máme z literatury relativně dobrý přehled. Obě populace alpského kamzíka i populace tatranského kamzíka v Nízkých Tatrách vznikly v 60.–70. letech minulého století na základě introdukce malého počtu jedinců (v případě Slovenského ráje dokonce pouze šesti) a genetická diverzita byla zřejmě snížena jak přenesením pouze části diverzity zdrojové populace při samotné introdukci, tak působením genetického driftu ve vytvořených populacích s nízkou početností („founder effect” – efekt zakladatele). Vývoj původní populace v Tatrách byl v mi-

nulém století pro změnu ovlivněn značným kolísáním početnosti, kdy zejména po obou světových válkách došlo především vlivem pytláctví k náhlému a výraznému poklesu početnosti (demografický bottleneck) až na pouhých 200–300 jedinců (maximální odhady početnosti ve 20. století byly kolem 1600 jedinců). Od poloviny 60. let pak početnost klesala opět a byla relativně nízká pod dobu několika desetiletí. V souvislosti s těmito opakovanými poklesy početnosti v populaci silně působil genetický drift, v jehož důsledku došlo k redukci genetické diverzity (genetický bottleneck). Genetickou rozmanitost kamzíků v Tatrách je možno označit až za extrémně nízkou, neboť například u jednoho z genů hlavního histokompatibilního komplexu (MHC II. třídy, gen *DRB*) byla na základě analýzy 140 jedinců v populaci objevena pouze jediná jeho varianta – alela. Přitom MHC geny se uplatňují v imunitní odpovědi při rozpoznávání patogenů a v populacích tedy obvykle mívají mnoho alel (například v populacích kamzíků v italských Alpách bylo na stejném genu nalezeno průměrně devět alel). Jejich snížená diverzita může znamenat velkou zranitelnost při napadení novými patogeny. Dále bylo zjištěno, že v Nízkých Tatrách došlo nebo dochází ke křížení mezi oběma poddruhy. U 69 % analyzovaných nízkotatranských jedinců byla nalezena příměs alpského genomu. V původní populaci v Tatrách známky hybridizace nalezeny nebyly. Zatímco tedy k migraci kamzíků

z Velké Fatry a Slovenského ráje do Nízkých Tater dochází, Podtatranská kotlina, která funguje jako dopravní tepna a je hustě osídlena člověkem, zřejmě tvoří úplnou bariéru toku genů mezi tatranskou populací a ostatními populacemi kamzíků na Slovensku. Na hybridizaci v Nízkých Tatrách lze nahlížet různě. Je pravdou, že jedinečné genetické uspořádání tatranského poddruhu, které se vyvíjelo samostatně minimálně po dobu holocénu, v nízkotatranské populaci vlivem introgrese zaniká. Jenže genom nízkotatranských kamzíků byl již pozměněn také vlivem efektu zakladatele. Navíc vzhledem ke skutečně velmi nízké genetické diverzitě a relativně vysokému stupni příbuzenského křížení v populaci v Tatrách, která sloužila jako zdroj pro vytvoření nízkotatranské populace, může být částečná introgrese alpského genomu do nízkotatranské populace prospěšná. Znamená totiž zvýšení její genetické diverzity a tedy potenciálně i její schopnosti adaptace ke změnám životního prostředí. Což v tomto případě nemusí být čistě teoretická úvaha. Například jedna z alel MHC genu *DRB* (*Ruru-DRB01*), která nebyla v Tatrách zjištěna, ale je přítomna v Nízkých Tatrách, kam se tedy velmi pravděpodobně dostala v důsledku hybridizace s alpskými kamzíky, je v literatuře spojována s možnou odolností vůči prašivině. Pokud by se tato nemoc na Slovensku objevila, mohla by být šance na úspěšné přestání epidemie v případě nízkotatranských kamzíků větší než



Genetický výzkum systa obecného provedený v České republice je jedinečný tím, že v něm byl analyzován materiál z celého areálu druhu. Znalost genetické struktury v rámci celého areálu znamená ideální podmínky pro navržení managementových opatření pro péči o ohrožený druh. Foto Jan Matějů

v původní tatranské populaci. Na základě výše popsaných zjištění vyvozují autoři studie doporučení pro management slovenských kamzičích populací. Ve snaze o ochranu maximální biologické rozmanitosti má smysl chápat populace v Tatrách a v Nízkých Tatrách jako dvě rozdílné managementové jednotky, protože populace v Tatrách představuje „čistý“ jedinečný tatranský poddruh, zatímco v Nízkých Tatrách už tomu tak není. Na rozdíl od názorů na likvidaci populací alpských kamzíků a dokonce i nízkotatranské populace tatranských kamzíků, jež byly ve slovenské ochraně přírody v minulosti diskutovány, je však doporučeno zachování všech stávajících populací.

A S POUŽITÝMI VZORKY DO GENETICKÉ BANKY...

Genetické vzorky z těchto a jiných studií jsou na ÚBO nyní ukládány do Národní genetické banky živočichů (NGBŽ), která vznikla v ČR v roce 2015 (viz [článek](#) v časopise FOP 1/2015). NGBŽ funguje jako síť institucí, jejichž společným zájmem je dlouhodobé uchování genetického materiálu reprezentujícího biodiverzitu živočichů na Zemi, a zejména v České republice, pro potřeby výzkumu a ochrany přírody. Proto-



Genetická banka neshromažďuje pouze vzorky z ukončených vědeckých projektů, ale usiluje také o kontinuální sběr dostupných vzorků našich obratlovců. Za tímto účelem je tvořena síť poskytovatelů genetických vzorků, kterými jsou zejména organizace, jejichž pracovníci se dostávají do kontaktu s uhynulými jedinci naší obratlovčí fauny (např. záchranné stanice živočichů, přírodovědná muzea, pracoviště AOPK ČR, myslivecké spolky). Foto Jan Roleček

že jedním z hlavních cílů genetické banky je kontinuálně shromažďovat a uchovávat reprezentativní kolekci vzorků širokého spektra druhů naší obratlovčí fauny, jež umožní monitoring vývoje jejich genetické diverzity v čase, věříme, že existence NGBŽ

bude pro ochranu přírody ČR prospěšná. Její kvalita a potažmo užitečnost však velmi závisí na ochotě potenciálních přispěvatelů genetické banky ke spolupráci. Všem, kteří již prvními vzorky přispěli, děkujeme.

Vznik NGBŽ byl podpořen Fondy EHP 2009-2014 (projekt BIOM, č. EHP-CZ02-OV-1-025-2015), Krajem Vysočina a Strategii AV21.