

Genomika v ochraně hmyzu: výzvy a možnosti využití

Irena Klečková, Petr Kozel, Vojtěch Kolář, Pavla Tájková, Pedro Ribeiro,
Daniel Linke, Pável Matos-Maraví, Alena Sucháčková Bartoňová

Rozmach technologií umožňuje zavádění genomiky – čili studia téměř veškeré genetické informace jedinců – do ochrany přírody. Genomické metody se rychle rozvíjejí v základním výzkumu, výzva však spočívá v přenosu do praktické ochrany přírody. V článku popisujeme různé

přístupy k ochraně genetické diverzity, význam monitorování genetické diverzity a seznámíme čtenáře s genomikou a s možnostmi využití genomických dat v ochraně hmyzu.



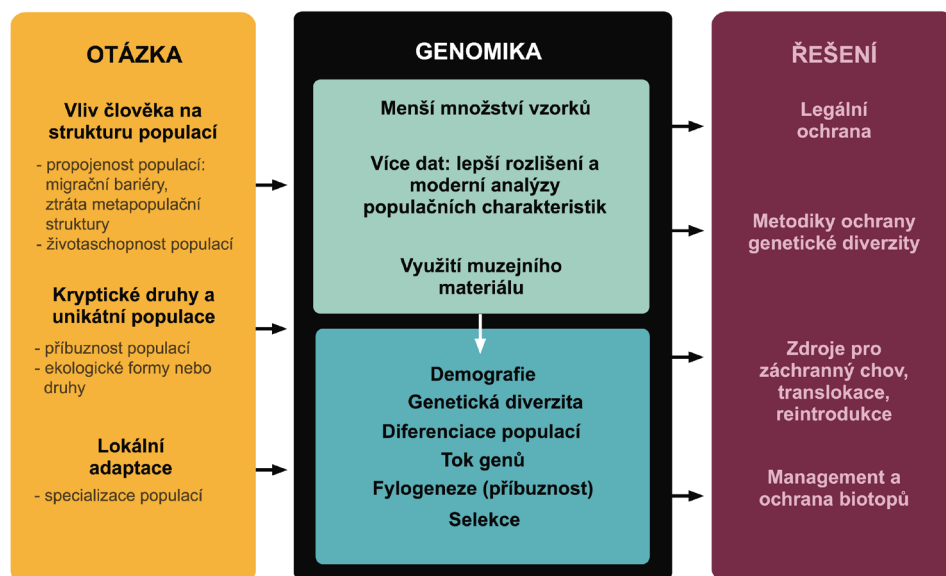
Obr. 1. Hnědásek chrastavcový (*Euphydryas aurinia*) byl úspěšně zachráněn na jedné lokalitě v Anglii pomocí záchranného chovu a reintrodukce. Genetický monitoring po několika letech ukázal, že se podařila obnovit genetická variabilita populace (Davis a kol. 2021). Foto Alena Sucháčková

Přístupy ochranné genetiky

Hlavním cílem a tradičním přístupem ochranné genetiky je zachování co nejvyšší genetické rozmanitosti druhu, odrážející vysoké či stabilní hodnoty velikosti populací. Vysoká genetická rozmanitost teoreticky zvyšuje šanci druhu adaptovat se na nové podmínky. Navíc snižuje možnost, že se v populaci prosadí škodlivé mutace. Jsou však známy i případy, kdy nízká genetická diverzita v málopočetné populaci umožní odstranit škodlivé alely (formy genů), které by se ve velké populaci dlouhodobě udržovaly. Dalším přístupem ochranné genetiky je ochrana lokálních populací, kde selekce určité skupiny genů umožnila adaptaci na místní podmínky prostředí. Do těchto populací není vhodné zanášet varianty genů odjinud, k čemuž by mohlo dojít při neřízených repatriacích. Proto je třeba při ochraně druhů zohlednit druhová a populační specifika, jak v genetické struktuře, tak v historii rozšíření a ekologii daného druhu (Plesník 2024).

Ochrana přírody využívá genetické metody při plánování péče o ohrožené obratlovce (např. Zemanová a kol. 2016), méně často pro rostliny (Brabec 2010) a jejich uplatnění pro bezobratlé je spíše výjimkou (Patzenhauerová a kol. 2011). Při ochraně obratlovců se uplatňují odhady efektivních velikostí populací, jejich změny v minulosti, odvození původu jedinců a historie populací např. pro plánované záchranné chovy nebo repatriace. Oproti obratlovcům bývají populace hmyzu početnější a běžně mají mnohem vyšší genetickou variabilitu, která je po nějaký čas zachována i u fragmentovaných populací (Webster a kol. 2024). Naopak druhy s malou schopností šířit se na nová místa mohou mít sice početné populace, ale zcela izolované od ostatních a mohou být geneticky unikátní. Pokles efektivní velikosti populace tedy nemusí u hmyzu naznačovat její kolaps. Záleží na historické populační struktuře druhu, na jeho mobilitě a ekologii. Výskyt hmyzu je často těsně vázaný na specifické biotopy, které se navíc mohou lišit mezi vývojovými stádii. Populace hmyzu jsou vystaveny většímu riziku vymření v důsledku jiných faktorů (např. ztráta biotopu, extrémní počasí), dříve než se stačí projevit negativní účinky nízké genetické diverzity.

Monitoring genetické diverzity má být součástí záchranných programů a plánů péče o druhy (Blažejová a kol. 2023). Ochranná opatření se provádějí odborně a s využitím genetické



Obr. 2. Pomocí genomiky nyní můžeme řešit různé otázky, které zajímají praktickou ochranu přírody. Schéma Jana Papp Marešová

informace, pokud jsou k dispozici, ale jejich účinnost na genetickou strukturu nebývá následně vyhodnocována. Nemáme tak dostatek informací o tom, jak se populace po opatření vyvíjejí. Jednou z mála výjimek je repatriace populace hnědáka chrastavcového (*Euphydryas aurinia*) ve Velké Británii (Davis a kol. 2021) (Obr. 1). Průběžné genetické monitorování v ochraně hmyzu v podstatě chybí, a to v celoevropském měřítku (Pearman a kol. 2024).

Genetika a genomika

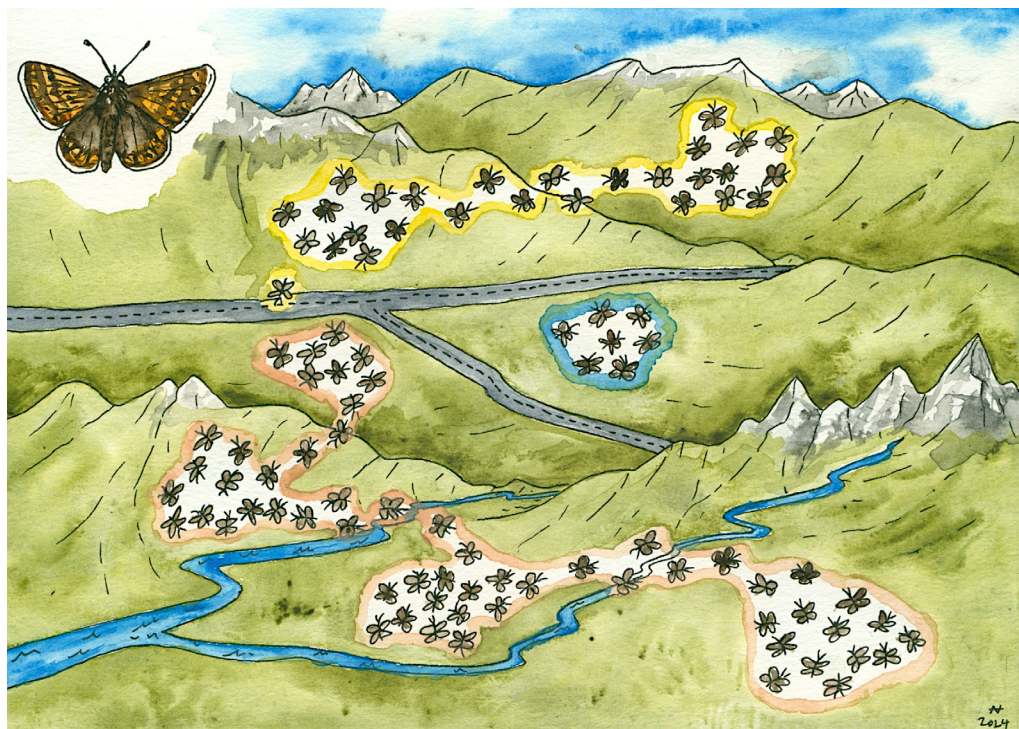
Klasické genetické přístupy jsou nyní už relativně levné, ale poskytují pouze malou část genetické informace. To může vést ke zkresleným závěrům např. pro odhady efektivní velikosti populace. Klasické sekvenování mitochondriální DNA či několika málo jaderných genů bude i nadále sloužit např. pro rychlé určení druhů, pilotní studie či při zpracování množství vzorků z různých částí areálu. Výhodou je, že pro většinu druhů existují databáze těchto genů. Tyto geny se v průběhu evoluce mění jen pomalu. Proto nejsou užitečné pro sledování genetických změn v malých prostorových a časových měřítkách, např. toku genů v rámci metapopulace nebo adaptace na změny klimatu. Současné změny genetické diverzity lze sledovat pomocí mikrosatelitů, krátkých opakujících se úseků DNA. Mikrosatelity lze získat také z muzejního materiálu. Nevýhodou je, že se liší vlivem minimálních odchylek v laboratorním zpracování vzorků na různých pracovištích.

Genomika naopak využívá sekvenování nové generace umožňující přečíst stovky až tisíce částí genomu (viz Slovník). Výhoda genomiky tedy spočívá v získání daleko rozsáhlejšího souboru genetických informací pro každého jedince (Obr. 2), což mimo jiné umožňuje snížit počet jedinců z ohrožených populací, které potřebujeme k odvození populačních charakteristik.

V současné době probíhají v Evropě první případové studie, které genomiku zavádějí do praxe ochrany druhů (např. Mazzoni a kol. 2023). Tomu také donedávna bránila vysoká cena sekvenování nové generace a také nedostatek referenčních a anotovaných genomů (viz Slovník). Cena sekvenování se odvíjí podle velikosti genomu a použité metody a pohybuje se v rozmezí několik set až pár tisíc Kč za jedince. Ceny však průběžně klesají a předpokládá se, že budou klesat i nadále. Pro porovnání, osekvenovat klasickým způsobem jeden krátký úsek DNA stojí kolem 100 Kč. Hlavní překážkou pro širší použití genomiky zůstává nezbytnost znalosti bioinformatických postupů, proto je nutná úzká spolupráce ochránců s akademickou sférou.

Vliv člověka na strukturu populací

Genomický výzkum lze využít ke studiu struktury populací, a to i na detailní krajině škále. Tyto analýzy umožňují získat informace o tom, jak si jsou populace navzájem příbuzné, jak jsou



Obr. 3. Populační genomika může zkoumat strukturu populací na velmi detailních krajinných měřítkách. Genový tok mezi populacemi ohniváčka černoskvřnného (*Lycaena tityrus*) ovlivňují horské hřbety, údolí, lesy i silnice.

Kresba Anna Vosolsobě



Obr. 4. Výzkumy pomocí nárazových pastí v posledních letech zaznamenaly zvýšený výskyt některých skupin brouků vázaných na dřevo. Foto Petr Kozel

početné, zda a jak moc se míchají, nebo je možné identifikovat bariéry omezující výměnu jedinců mezi nimi. Můžeme odhadovat změny ve velikostech populací v minulosti a určit, které se zmenšují a zda se jedná o dlouhodobý trend nebo o výkyv, i pokud to není na první pohled patrné z terénních pozorování.

Významnou výhodou genomiky představuje možnost využití muzejních exemplářů při zjišťování genetické diverzity v minulosti. Klasická sekvenace u muzejních vzorků často selhává, protože DNA v nich bývá rozlámána na kratší úseky. Genomika pak například umožňuje porovnat změny v genetické diverzitě a izolovanosti mezi historickými a současnými populacemi. Ve Finsku zkoumali, jak se fragmentace populací za posledních 80 let odrazila v genetické diverzitě hnědáka kostkovaného (*Melitaea cinxia*; Fountain a kol. 2016). Zaznamenali, že změny v zastoupení alel souvisejících s letovými schopnostmi ve vyhynulých populacích odpovídaly těm u populací mizejících z krajiny. Ve fragmentovaných populacích docházelo k selekci genů, které podporují vyšší letové schopnosti. Tyto geny tak mohou být využity pro včasné odhalení skomírajících populací.

Změny ve velikosti populací v minulosti lze také odvozovat z genomů současných vzorků. To nám umožňuje např. srovnání vlivů historických klimatických nebo antropogenních změn na vývoj populace. Velikost populace okáče hnědého (*Coenonympha hero*) ve francouzském pohoří Jura se snížila v průběhu dob ledových. K dalšímu poklesu došlo po osídlení pohoří lidmi, které vedlo ke změnám biotopů, a nyní v důsledku probíhajících klimatických změn (Sherpa a kol. 2022). Ačkoliv zbývající populace okáče stále představují velkou metapopulaci s genovým tokem, může snadno dojít k jeho přerušení kvůli vysychání biotopů. Na základě této studie ochranáři začali s obnovou mokřadů v blízkosti současných lokalit, aby zmírnili vliv vysychání krajiny (K. Kebaili, osobní sdělení). Dále genomika umožňuje hledání bariér v krajině, které mohou vést k fragmentaci populací. Propojení populací ohniváčka černoskvřnného (*Lycaena tityrus*) v Alpách více ovlivňují silnice než přirozené bariéry, jako jsou vodní toky (Trense a kol. 2021) (Obr. 3).

Další zajímavou otázkou, jež se dá odhalit pomocí populační genomiky, představuje šíření některých brouků vázaných na mrtvé dřevo. V současné době pozorujeme v České republice nárůst počtu nových, ale od sebe vzdálených

lokalit například u čeledi dřevomilovitých (Eucnemidae). Jedná se často o druhy, které jsou vzácné či uvedené na Červeném seznamu ohrožených druhů ČR (Hejda a kol. 2017). Naskytá se několik scénářů, proč se tak děje, a o jejich správnosti by mohla rozhodnout genomická studie: (1) Brouci se recentně šíří z jedné či několika málo zdrojových populací, protože došlo ke zvýšené dostupnosti mrtvého dřeva v krajině kvůli kůrovcové kalamitě a suchu. V genech bychom nenašli rozdíly mezi populacemi, možná bychom byli schopni nalézt zdrojovou populaci. (2) Tito brouci žili vždy na mnoha místech v nízkých populačních hustotách a díky tvorbě nových vhodných biotopů dochází k nárůstu jejich populací. (3) Jedná se o metodické zkreslení – velikosti populací se nemění, jen se více používají sběry např. pomocí nárazových pastí (Obr. 4).

Hledání kryptických druhů, specializovaných populací a lokálních adaptací

Ochrana druhové diverzity je obtížná pro kryptické druhy, které nelze podle morfologie snadno rozeznat (Plesník 2022), ale přitom se mohou lišit svou ekologií. Genomika rozliší nejen kryptické druhy, ale také populace uvnitř druhu nebo lokálně adaptované populace (Sherpa a kol. 2022) a definuje jednotky ochrany. To nám umožní najít zdroje pro záchranný chov, posílení populace, repatriace na určité lokality, popř. diskutované asistované translokace (Soorae 2021).

Příkladem využití může být nalezení odpovědi na otázku, zda je brouk váleček český (*Cylindromorphus bohemicus*) endemitem České republiky (Obr. 5). Tento asi 3 mm velký krasec je vývojem vázaný na kostřavu wallickou (*Festuca valesiaca*) na Žatecku a kolem Prahy a je ohrožen zarůstáním rozvolněných stepních trávníků v příkrých částech svahů (Obr. 6). Má pravděpodobně velmi omezenou mobilitu, protože mezi jeho jednotlivými lokalitami vzdálenými od sebe jen několik kilometrů je pozorovatelný rozdíl i v mitochondriální DNA (P. Kozel & L. Drag, nepubl.). Další drobní krasci se vyskytují na stepích jinde v Evropě. Fylogenetický výzkum by ukázal, zda se jedná opravdu o endemický druh a kolik druhů se ve skupině nachází.

Genomické metody mohou stanovit, zda se ekologické formy druhů liší i geneticky. Zajímavý je v tomto ohledu modrásek hořcový (*Phengaris alcon*), který je v Evropě na pokraji vymření



Obr. 5. Váleček český (*Cylindromorphus bohemicus*) je endemitem České republiky. Foto Pavel Krásenský



Obr. 6. Přírodní rezervace Stroupeč, lokalita s výskytem válečka českého. Druh má pravděpodobně velmi omezenou mobilitu a vykazuje odlišnou genetickou strukturu populací i mezi sousedními stepními fragmenty. Foto Petr Kozel



Obr. 7. Modrásek hořcový (*Phengaris alcon*) se v České republice vyskytuje ve dvou formách. Foto Přemysl Tájek



Obr. 8. Vlhkomilná forma modráška hořcového žije na posledních deseti lokalitách v západních a jižních Čechách (zde PP Kounické louky) na vlhkých loukách s výskytem hořce hořepníku (*Gentiana pneumonanthe*). Foto Přemysl Tájek

(Obr. 7). V ČR se vyskytuje ve dvou ekotypech, které se liší vazbou na suché nebo vlhké louky (Obr. 8). Jedinci ze suchých lokalit v blízkosti vlhkých v jedné geografické oblasti jsou si navzájem příbuznější než populace jednotlivých ekotypů z různých částí Evropy. Ekotypy tedy vznikly konvergentně napříč areálem druhu. Asociace s různým typem biotopů je podmíněna rozrůzněním určitých genů, což naznačuje, že zde došlo k souběžné evoluci stanovištních nároků (Koubínová a kol. 2017). Obě formy lze tedy považovat za ekologické druhy a měly by být předmětem ochrany.

Potápník dvojčárý (*Graphoderus bilineatus*) je vodní brouk chráněný evropskou směrnicí o stanovištích, v České republice byl v minulém století dlouho veden jako vyhynulý (Hájek 2004) (Obr. 9). V současnosti osídluje geograficky velmi vzdálené lokality v jižních Čechách, na Českolipsku a na jižní Moravě (Waldhauser a Kolář 2020, Kolář a Boukal 2020) (Obr. 10). Potápník dvojčárý téměř vyhynul také v Itálii, a proto byl hledán zdroj pro posílení jeho populace (Boscari a kol. 2020). Vzhledem k tomu, že studie mitochondriální DNA ukázala nízkou variabilitu v celém areálu, autoři navrhuje posílení populací ze zdrojů jinde v Evropě. Pokud ovšem původní populace ještě někde skrytě přežívá, mohlo by dojít k jejímu poškození. Genomická data by možná potvrdila to, co zmíněná studie pouze naznačila – a to, že italská populace byla unikátní, a tím pádem mohla nést specifické adaptace. Kombinací klimatického modelování a genomických dat bychom mohli určit nejvhodnější zdrojovou oblast, a tedy zvýšit šanci úspěchu zásahu.

Lokální adaptace může odhalit také srovnání populací na klimatických hranicích s populací v klimatickém optimu druhu. Populace jasoně červenookého (*Parnassius apollo*) vyskytující se ve Francii v nižších nadmořských výškách jsou dědičně adaptované na teplejší a sušší klima, které přináší současná globální změna (Després a kol. 2023), a mohly by tak být podstatné pro budoucí ochranu druhu.

Perspektivy a úskalí uplatnění genomiky v ochraně přírody

V našem článku jsme nastínili možnosti využití genomiky v ochraně hmyzu v ČR. Genomické metody pomohou zjistit příčiny úbytku některých druhů hmyzu, který přežívá

již jen v izolovaných populacích. Umožní zjistit dynamiku a propojenost populací v krajině, což usnadní vytvoření sítě vhodných biotopů. V neposlední řadě můžeme podpořit vymírající populace vysazením nových jedinců z vhodné populace. Klima a stanoviště se v současné době mění tak rychle, že translokace získávají v ochraně přírody stále větší význam (John a kol. 2020). Počítá se s využitím řízených kolonizací u některých ohrožených druhů motýlů (Vrba a kol. 2023). Genomika umožní odhadnout počet jedinců cílového druhu nezbytný pro úspěšnou repatriaci. Konečně, identifikace jedinečných populací napomůže obhájit jejich ochranu také vlastníků pozemků a hospodářům. Genomika má tedy perspektivu v souvislosti s chystanými změnami zákona o ochraně přírody a krajiny, kdy již nebude chráněn jedinec, ale právě populace.

Příkladem uvedených přístupů se stala metapopulace okáče skalního (*Chazara briseis*), jehož výskyt byl jednu dobu omezen na poslední lokalitu v Českém středohoří. Díky odhodlané práci se podařilo obnovit síť biotopů, vychovat motýly a repatriovat je na mnoha místech (John a kol. 2020). V době, kdy populace čítala několik málo posledních jedinců, vykazovala stále velkou genetickou diverzitu, která se nestihla zmenšit stejně rychle jako velikost populace (Kadlec a kol. 2010). Genomické monitorování obnovených populací by ukázalo, jak se změnily populační charakteristiky po ochranářském zásahu, do jaké míry dochází ke genovému toku mezi populacemi a zda je potřeba přidávat do populace nové jedince nebo dále vylepšovat síť biotopů.

Využití genomiky v ochraně přírody vyžaduje znalost praktické ochrany přírody, ale zároveň také specifické poznatky ze základního výzkumu (Sucháčková Bartoňová a kol. 2023). Pracovníci ochrany přírody mohou definovat potenciálně zajímavé otázky a interpretovat výsledky analýz v ekologickém kontextu. Otázky z ochranářské praxe jsou zajímavé i z pohledu základního výzkumu. Vědci mohou zvolit vhodné laboratorní metody, provést analýzu dat, navázat na celoevropské výzkumné iniciativy a publikovat výsledky společně s ochranáři. Zároveň není v možnostech vědců ověřovat všechny důležité populace hmyzu, kdy naopak mohou regionální pracovníci velmi pomoci. Zavedení genomiky do praxe se bez spolupráce mezi praktickou ochranou přírody a základním výzkumem neobejde.



Obr. 9. Potápník dvoučárý (*Graphoderus bilineatus*) vzhledem k ohroženosti biotopu ustoupil na mnoha místech Evropy. V současnosti v ČR osídluje geograficky vzdálené lokality. Ochrannářská genetika by mohla objasnit vztahy mezi zbývajících populacemi a ke kterým dalším mají nejbližší v rámci areálu rozšíření. Foto Vojtěch Kolář.



Obr. 10. Přírodním biotopem potápníka dvojčárého jsou menší tůně a druhotně rybníky a pískovny. Foto Vojtěch Kolář

Poděkování

Tento projekt je financován se státní podporou Technologické agentury ČR (TA ČR) a Ministerstva životního prostředí ČR v rámci programu Prostředí pro život, projekt Využití genomiky pro ochranu hmyzu v ČR: motýli jako modelová skupina (SS07010197;IK), Centrem pro krajinu a biodiverzitu (SS02030018 DivLand), projektem GA ČR (22–35084J; PM) a Veda Fellowship 22_010/0008117–01 (ASB). ■

Slovníček základních pojmů z genomiky je k nalezení v kuléru na str. IV

Seznam literatury najdete na www.casopis.ochranaprirody.cz