

Ochranářská genetika pomáhá péči o přírodu a krajinu již půlstoletí

Jan Plesník

There is nothing more deceptive than an obvious fact.

Arthur Conan Doyle: The Adventures of Sherlock Holmes (1892)

Ze tří nejčastěji uznávaných základních úrovní biologické rozmanitosti se péče o přírodní a krajinné dědictví věnuje od svého počátku ponejvíce organismům a ekosystémům. Jak druhová, tak územní ochrana se staly nezastupitelným přístupem k zachování zdravé a ke zlepšení stavu narušené přírody a krajiny. Třetí, obtížněji postižitelná hladina – genetická rozmanitost – bývá nezdůvodněně přehlížena a považována za spíše teoretickou, ryze akademickou záležitost. Přitom právě genetika

zažívá již delší dobu bouřlivý rozvoj, výrazně umocněný pokračujícím nevídaným pokrokem v molekulární biologii. Její možné uplatnění v péči o biodiverzitu vedlo zcela zákonitě ke vzniku ochranářské genetiky, jež se z pochopitelných důvodů nejčastěji soustřeďuje na málopočetné populace ohrožených taxonů. V našem článku proto poukážeme na to, proč by zmiňovaná vědní disciplína měla nacházet nemalé uplatnění v praxi a proč se tak stále ještě neděje.



Mezi organismy, u nichž byl genom přečten nejdříve, patří také hospodářsky cenné druhy stromů. Smrk ztepilý (*Picea abies*) má přibližně stejný počet genů jako člověk.
Foto Jan Plesník



Početnost bizona (*Bison bison*) v Severní Americe poklesla v důsledku tzv. Velkých jatek z 30 až 60 milionů na méně než tisícovku jedinců zaznamenaných v 90. letech 19. století. Foto Jan Plesník

Proč je genetická rozmanitost důležitá

Genetická rozmanitost představuje rozmanitost v pořadí nukleových bází dědičné hmoty (DNA, deoxyribonukleové kyseliny) a znaků v rámci druhů. Jde tedy o dědičné rozdíly mezi jedinci a populacemi zakódované v DNA: je proto vždy vnitrodruhová (FRANKHAM 1995, HOBAN *et al.* 2022, SHER 2022).

Genetická rozmanitost umožňuje druhům, společenstvům a ekosystémům přizpůsobit se okolnímu prostředí, odolávat negativním vnějším vlivům a rozvíjet se: zůstává proto nutnou podmínkou evolučních změn. Navíc pomáhá ekosystémům se po nepříznivých zásazích obnovit (BREED *et al.* 2019, RAFFARD *et al.* 2019, DES ROCHES *et al.* 2021). Současně nikoli nevýznamně podporuje zachování ekosystémových procesů, funkcí a služeb (STANGE *et al.* 2020) a lidské společnosti poskytuje řadu možností, jak zvýšit produktivitu zemědělství, lesnictví a rybolovu (BHANDARI *et al.* 2017, POTTER *et al.* 2017, HOUSTON *et al.* 2020).

Hlavní hnací síly úbytku genetické rozmanitosti, kterému říkáme také genetická eroze, zahrnují rozpad, poškozování, ničení a ztrátu biotopů, nadměrné využívání populací lidmi a změny podnebí (IPBES 2019). Všechny uvedené činitele mohou snižovat jak početnost populací, tak zmenšovat jimi osídlený prostor

(demotop). Méně početné populace přitom ztrácejí rozmanitost dědičné hmoty rychleji než početnější (HOLDEREGGER & SEGELBACHER 2016, FRANKHAM *et al.* 2017). Nižší genetická variabilita určité populace nebo druhu zvyšuje pravděpodobnost jejich vymření (WRIGHT 1931, SPIELMAN *et al.* 2004, YODER *et al.* 2018, FENG *et al.* 2019).

V dlouhodobě málopočetných nebo geograficky izolovaných populacích přírodní výběr neprobíhá v takovém rozsahu jako u početných. Vysvětlení jevu nazývaného genetický drift neboli genetický posun musíme hledat v tom, že se právě v nich mnohem více uplatňuje obyčejná náhoda. Opět přitom platí, že čím je početnost populace nižší, tím bývá vliv náhody výraznější. Protože celý genofond (soubor všech genů a alel v určité populaci) čítá v takovém případě poměrně málo alel (různých forem téhož genu), do hry vstupují i takové alely, které by v početnější populaci neměly šanci se uplatnit. Genetický drift proto může během delší doby vést ke ztrátě některých alel, a naopak k fixaci škodlivých, a ke s nimi souvisejícím nemalým problémům (LANDE 1980, CAUGHLEY 1994, ALLENDORF 2005).

Snižující se početnost a s ní klesající genetická proměnlivost s sebou přináší další zákonitost: v obdobné populaci se zvyšuje genetická příbuznost jedinců. Jinými slovy, roste v ní pravděpodobnost, že potomek od obou rodičů



Populace afrických gepardů (*Acinonyx jubatus*) prodělala drastické snížení početnosti hned dvakrát, proto tyto šelmy vynikají mimořádně vysokou genetickou příbuzností. Foto Jan Plesník

dostane stejnou variantu daného genetického znaku a s ní i nepříznivé mutace, které se u něj na rozdíl od běžné situace v této kombinaci projeví, a to někdy hodně drsně. Mutace představují kvantitativní nebo kvalitativní změnu v DNA, vnášející posuny v tomto případě do celého genofonu. Úmrtnost potomků příbuzných rodičů bývá často o 30–40 % vyšší než u nepříbuzných, a i když přežijí, vyznačují se nižší zdatností, horším zdravím, omezenější schopností čelit nemocem a změnám prostředí a u živočichů absencí některých prvků chování: v neposlední řadě trpí nižší plodností nebo neplodností (CHARPENTIER *et al.* 2007, BLOMQUIST *et al.* 2010, HEDRICK & GARCIA-DORADO 2016, NONAKA *et al.* 2019, REED & FRANKHAM 2023). Pro uvedený jev (inbreeding) se v češtině vžilo označení převzaté z plemenářství a šlechtitelství – příbuzenské křížení nebo příbuzenská plemenitba.

V některých případech vede náhlý pokles početnosti k výraznému snížení genetické rozmanitosti, přičemž populace nevymře a postupně se obnovuje. Nicméně rozrůzněnost jejího genofonu již obvykle zůstává nízká, a to se všemi dopady, zvláště pokud je izolovaná. Genetici uvedenou situaci trefně popisují jako efekt hrdla láhve nebo efekt úzkého hrdla (WRIGHT *l.c.*, FRANKEL & SOULÉ 1981). Jeho specifický případ nastává, jestliže vzniká nová populace, a to buď přirozenou cestou, kupř. kolonizací, nebo uměle, např. v lidské péči, a sestává jen



Molekulární genetiky se uplatňuje i při určování vstavačovitých (Orchidaceae).

Foto Jan Plesník



Nízká genetická rozmanitost ďábla medvědovitého (*Sarcophilus harrisii*) podpořila rychlé šíření infekce – nádorového onemocnění tváře (DFDT).

Foto Jan Plesník



Všichni v současnosti žijící koně Převalského (*Equus przewalskii*) představují potomky pouhých třinácti zvířat. Foto Jan Plesník

z malého výchozího počtu jedinců: v takovém případě se bavíme o efektu zakladatele (MAYR 1963, FRANKHAM 1980).

Jak zabránit těžkostem

Jestliže víme, že u málopočetných populací se snižuje kvalita genotypů (určitých kombinací alel konkrétního jedince) jejich příslušníků a celého genofondu, naskytá se naprosto oprávněná otázka, jak početná musí být populace, aby předešla negativním důsledkům genetického driftu a příbuzenského křížení.

Pokud hodláme udržet určitou populaci životaschopnou dlouhodobě, tedy nejméně 200 let, musí si podržet alespoň 90 % své genetické rozmanitosti (SOULÉ *et al.* 1986). Úbytek genetické proměnlivosti se snižuje, pokud účinná početnost populace (N_e), někdy označovaná i jako efektivní velikost populace, dosáhne více než 1 000 jedinců: přesné číslo ovlivňují specifické charakteristiky biologie příslušného druhu (FRANKHAM *et al.* 2014, *cf.* PLESNÍK 2015). Účinná početnost populace představuje počet jedinců z určité populace, kteří se skutečně rozmnožují. Je ovlivněna poměrem pohlaví v populaci, kolísáními její početnosti, proměnlivostí počtu potomstva, prostorovou strukturou populace nebo u živočichů hierarchií v rámci society (WANG *et al.* 2016, RYMAN *et al.* 2019, HOBAN *et al.* 2021a). Účinná početnost populace tak reálně představuje pouze desetinu až třetinu abundance určité populace, zjištěné sčítáním a dalšími

metodami terénního výzkumu, kupř. zpětnými odchytů. Aby se zabránilo ztrátě proměnlivosti dědičné hmoty, stabilní populace vyžaduje 3 000–10 000 jedinců (SAFE index, CLEMENTS *et al.* 2011).

Cílem druhové ochrany zůstává udržení dostatečně početných a tím i geneticky kvalitních populací původních druhů planě rostoucích rostlin a volně žijících živočichů a dalších organismů schopných dlouhodobé samostatné existence v dostatečně velkém a minimálně narušeném prostředí (PLESNÍK 2005). Výše uvedené číslo v řadě případů značně převyšuje početnost populací zejména kriticky ohrožených druhů. Stejně jako v případě dalších přírodních zákonitostí i z uvedeného pravidla ale existuje řada výjimek: některé přírodní málopočetné populace, zejména mikroendemitů a stenoendemitů, úspěšně přežívají dokonce stovky generací.

Četné poznatky z praxe dokazují, že vhodná ochranná opatření napomáhají zachovat genetickou diverzitu populací cílových taxonů *in situ* i *ex situ*. Na mysli máme především zvýšení počtu dlouhodobě životaschopných populací flóry a fauny ($N_e > 500$) mj. podporou výměny jedinců a tím toku genetické informace mezi nimi, kupř. zlepšováním průchodnosti krajiny či omezováním jejího rozpadu (fragmentace). Osvědčilo se také určení geneticky odlišných populací a zvýšená péče o ně, cílená ochrana málopočetných populací stejně jako přemísťování geneticky odlišných jedinců při repatriacích a posilování populací, tedy „osvěžování krve“.

Využíváme poznatky ochranné genetiky odpovídajícím způsobem?

I když první práce zabývající se genetikou málopočetných populací se objevily už v 60. letech 20. století, za zrod ochranné genetiky jako samostatného vědního oboru se obvykle považuje teprve uveřejnění článků Otty Frankela (FRANKEL 1970, 1974). Od té doby urazila ochranná genetiky pozoruhodnou cestu, ale genetická eroze se postupem času stala ještě zásadnějším problémem, než byla začátkem 70. let 20. století. Vždyť u 91 zkoumaných druhů se rozmanitost dědičné hmoty za posledních sto let snížila o 6 %, u ostrovních taxonů dokonce o 28 % (LEIGH *et al.* 2019). Řada druhů, a to nejen ohrožených, již vlivem působení člověka ztratila nejméně 10 % genetické rozmanitosti (EXPOSITO-ALONSO *et al.* 2022). Přesto uplatnění poznatků ochranné genetiky v praxi vázne, a to téměř celosvětově.

Stále častější využívání postupů molekulární biologie v ochranné genetice ji činí pro praktiky ještě abstraktnější (HOLDEREGGER *et al.* 2016, VAN OOSTERHOUT 2020). I v Evropě se rozsah a intenzita genetického monitorování v jednotlivých zemích liší: nedostatečně probíhá zejména v jihovýchodní části kontinentu (PEARMAN *et al.* 2024). Přestože IUCN (Mezinárodní unie ochrany přírody) rozvoj ochranné genetiky hlavně po odborné stránce již delší dobu intenzivně podporuje, její kritéria pro zařazování druhů do červených seznamů zatím v úvahu genetickou

rozmanitost neberou. (WILLOUGHBY *et al.* 2015, LIU *et al.* 2020, HOGG *et al.* 2022).

Úmluva o biologické rozmanitosti (CBD) se na genetické úrovni zaměřuje především na jeden ze svých tří základních cílů – rovnoprávné a spravedlivé rozdělování přínosů plynoucích z využívání genetických zdrojů včetně odpovídajícího přístupu k nim (PLESNÍK 2011, 2017, MACH & PLESNÍK 2019). Snaží se také řešit aktuální politicky ožehavé otázky související

Z ROZVOJE GENOMIKY TĚŽÍ I OCHRANA PŘÍRODY

Až donedávna se v ochranářské genetice uplatňovaly metody založené na analýze krátkých úseků genomu, obvykle tvořené jedním genem (neutrálních markerů). Uvedený přístup zůstává jistě významný, na druhou stranu jen v omezené míře odhalí evoluční minulost některých organismů.

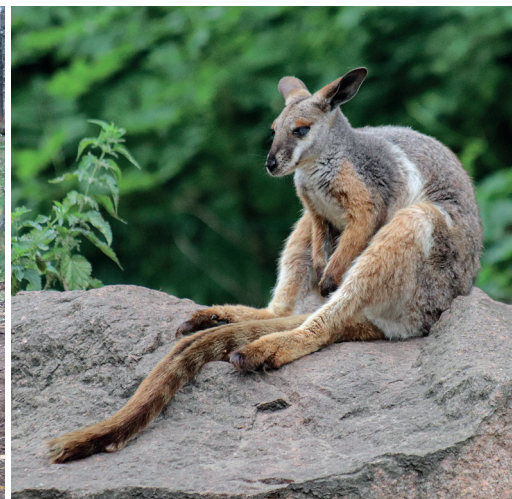
V poslední době došlo k obrovskému posunu v poznání celých genomů souvisejícímu s prudkým poklesem nákladů, snížením nároků na objem lidské práce a na laboratorní vybavení a zkrácením vlastní analýzy. Na začátku tisíciletí totiž začaly být dostupné metody sekvencování DNA další generace. Zatímco do té doby přišlo popsání genomu určitého druhu v průměru na milion USD (23,4 milionů Kč), dnes stojí 100 USD (2 340 Kč) a s velkou pravděpodobností bude dále zlevňovat (NEWBON 2024). Rozumíme tak nejen tomu, jak je genom organizován, ale i tomu, jak všechny jeho části pracují a jak dohromady fungují, a to nejen u modelových, ale i u ohrožených a přirozeně vzácných druhů (TAKACH *et al.* 2024). Uvedené znalosti proto mohou najít nemalé uplatnění v praxi, kupř. při vymezení evolučně významných linií, jimž by měla ochrana přírody věnovat zvýšenou pozornost, hodnocení jejich životaschopnosti, omezování inbrídingu a hybridizace, regulaci invazních nepůvodních druhů, obnově přírody a při péči o cílové populace (BARBOSA *et al.* 2018, SUPPLE & SHAPIRO 2018, HOHENLOHE *et al.* 2021, ROSSETTO *et al.* 2021, KUMAR *et al.* 2021, ALLENDORF *et al.* 2022, COOK *et al.* 2023, FORESTER *et al.* 2023, HEUERTZ *et al.* 2023, THEISSINGER *et al.* 2023). Někteří odborníci hovoří rovnou o ochranářské genomice (FUNK *et al.* 2019, KARDOS *et al.* 2021, ZAMUDIO 2023).



Odhaduje se, že 80 % genů v současné celosvětové populaci zubra (*Bison bonasus*) pochází z pouhých dvou zakladatelů. Foto Jan Plesník.

s možnou regulací soudobých biotechnologických postupů (PLESNÍK 2023a). Vědci a nevládní sektor proto CBD oprávněně kritizovali za to, že naopak přehlíží genetickou rozmanitost planě rostoucích rostlin, volně žijících živočichů a dalších organismů (LAIKRE 2010, LAIKRE *et al.* 2010, HOBAN *et al.* 2013, PIERSON *et al.* 2016, WILLI *et al.* 2021). Vlády při hodnocení genetické diverzity totiž používají ukazatele, které příliš nesouvisí s úbytkem genetické diverzity flóry a fauny, jako je stav odrůd a kultivarů plodin a plemen domácích a hospodářských zvířat, vyhýbají se monitorování genetické diverzity a soustředí se mnohem více na její ochranu *ex situ* než *in situ* (HOBAN *et al.* 2021b).

Vhodnou příležitostí zaběhlou situaci změn poskytl vyjednávání Kchun-mingsko-montrealského globálního rámce pro biologickou rozmanitost (GBF, MIKO & PLESNÍK 2023, PLESNÍK 2023b). Zejména nově vytvořená Koalice pro ochranářskou genetiku proto spustila rozsáhlou kampaň za začlenění uvedené problematiky do GBF (LAIKRE *et al.* 2020, HOBAN *et al.* 2020, 2021c, 2022, FRANKHAM 2021, 2022, KERSHAW *et al.* 2022). Indikátory ochranářské genetiky se skutečně staly součástí GBF, a to i díky souhlasnému stanovisku Evropské unie reprezentované v červenci až prosinci 2022 během předsednictví v Radě EU Českou republikou. Jedná se o titulkový, tedy globálně prioritní a pro smluvní strany povinný indikátor A4 (podíl populací v rámci druhu s $N_e > 500$) a o nepovinný doplňkový indikátor



Rozbor dědičné hmoty klokana žlutohnědého (*Petrogale xanthopus*) potvrdil, že se původní populace rozpadla na několik menších a vzájemně izolovaných, vyznačujících se nízkou genetickou rozmanitostí. Foto Jan Plesník

k cíli A (podíl odlišných populací udržovaných v rámci druhu, UNEP 2022a, 2022b). Uvedený krok by mohl významně podpořit úsilí smluvních stran zachovat genetickou diverzitu flóry a fauny, protože budou muset pravidelně podávat zprávy o tom, jak se jim v tomto směru (ne)daří (HOBAN *et al.* 2023a, 2023b, ROBUCHON *et al.* 2023).

V České republice se poznatky ochranářské genetiky uplatňují u většiny z dosud schválených záchranných programů a plánů péče (ZEMANOVÁ *et al.* 2016).

Využití genetiky, resp. genomiky v ochraně přírody a krajiny je mnohem širší, než představuje náš rozsahem omezený příspěvek (DESALLE & AMAYO 2004, RUSSELLO *et al.* 2020). O ochranářské genetice se v poslední době stále častěji hovoří mj. v souvislosti s probíhajícími a očekávanými změnami podnebí (SCHEFFERS *et al.* 2016, WALDVOGEL *et al.* 2019, PLESNÍK 2020, HOFFMANN *et al.* 2021, LANCASTER *et al.* 2022, BERNATCHEZ *et al.* 2023).

Ochrannářská genetika není pro péči o přírodní a krajinné dědictví ani záračným všelékem, ale ani odtážitým strašákem. Jestliže to ale s ochranou a obnovou druhů, biotopů a celých ekosystémů myslíme skutečně vážně, bez jejich zjištění se neobejdeme. ■

Seznam literatury najdete na www.casopis.ochranaprirody.cz