

Obecná genetika

Příklady z populační genetiky lesních dřevin

Ing. Roman LONGAUER, CSc.

Ústav zakládání a pěstění lesů

LDF MENDELU Brno



evropský
sociální
fond v ČR



EVROPSKÁ UNIE



MINISTERSTVO ŠKOLSTVÍ,
MLÁDEŽE A TĚLOVÝCHOVY



OP Vzdělávání
pro konkurenceschopnost

INVESTICE DO ROZVOJE VZDĚLÁVÁNÍ

Lesní dřeviny se vyznačují **dlouhověkostí**.

Kromě toho **nemají schopnost migrace**.

Dokud dosáhnou reprodukční zřelost, musí se vypořádat s řadou obtížně předvidatelných stresových faktorů a silnými selekčními tlaky.

Rušivé faktory, kterým jsou vystaveny poslední generace lesních dřevin v důsledku lidské činnosti:

- Odlesňování = fragmentace, redukce, reprodukční izolace, až ztráta mnohých populací.
- Znečištění ovzduší doprovázeno acidifikací /eutorfizací.
- Šíření nových škůdců a patogenních organismů,
- Manipulace s genofondem při obnově /obhospodařování lesů,
- Klimatická změna.

Jak stres způsobený změnou životních podmínek ovlivňuje genofond lesních dřevin?

- **Selekce v rodičovské populaci:**

- přímá eliminace jedinců s nižším fitness,
- nepřímo: vyřazení části jedinců z reprodukčního procesu.

- **Selekce v potomstvu / nové generaci:**

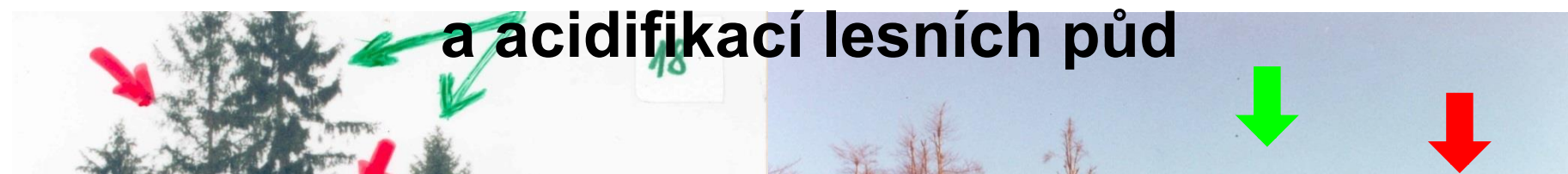
- přímá na základe aktuálního fitness.

Ovšem dřeviny žijí dlouho a na stejném místě.

Proto pozor: * dnešní životní podmínky \neq budoucím s novými stresy a jejich kombinacemi.

* fitness sazenic v lesní školce \neq jejich fitness po vysazení v lesním porostu.

Účinky selekce dlouhodobým znečištěním ovzduší a acidifikací lesních půd



SMRK, Beskydy		N	N_a	PP %	H_o	H_e
Dospělý porost Nová Bystrica	Vitální jedinci	30	2.1 (0.1)	89	0.173 (0,04)	0.174 (0,04)
	Odumírající	30	1.9 (0.2)	72	0.150 (0.04)	0.169 (0.04)
Mladý porost Vreščovka	Vitální jedinci	78	2.2 (0.1)	72	0.172 (0.04)	0.189 (0.05)
	Odumírající	78	2.3 (0.2)	72	0.156 (0.04)	0.184 (0.05)
Mladý porost Skríželné	Vitální jedinci	56	2.5(0.2)	100	0.133 (0.03)	0.146 (0.05)
	Odumírající	56	2.3(0.2)	91	0.132 (0.03)	0.139 (0.05)

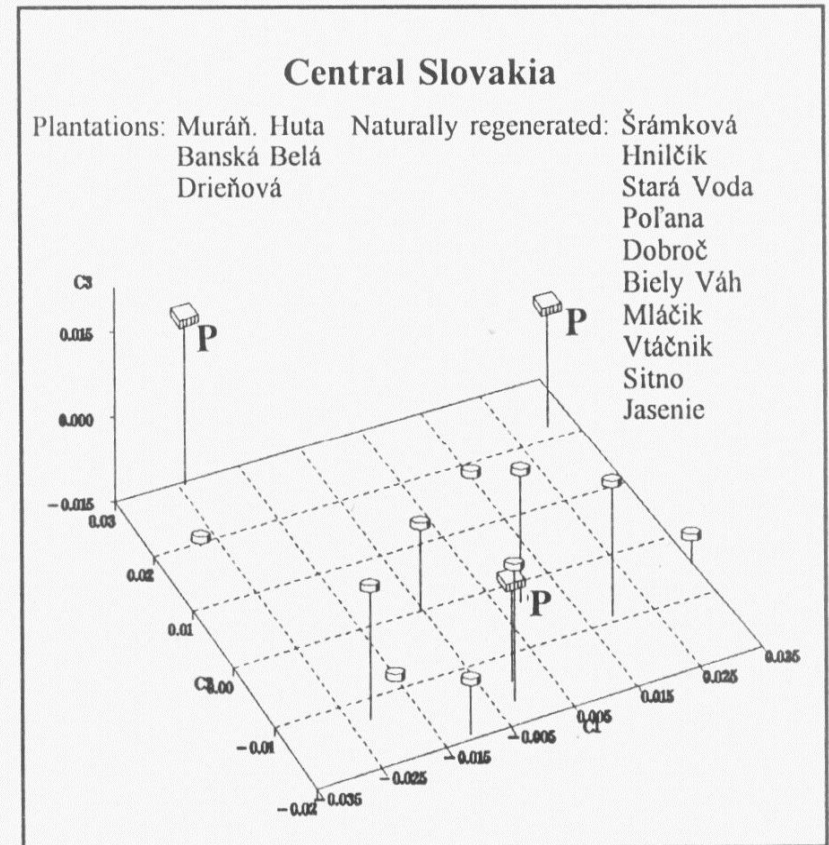
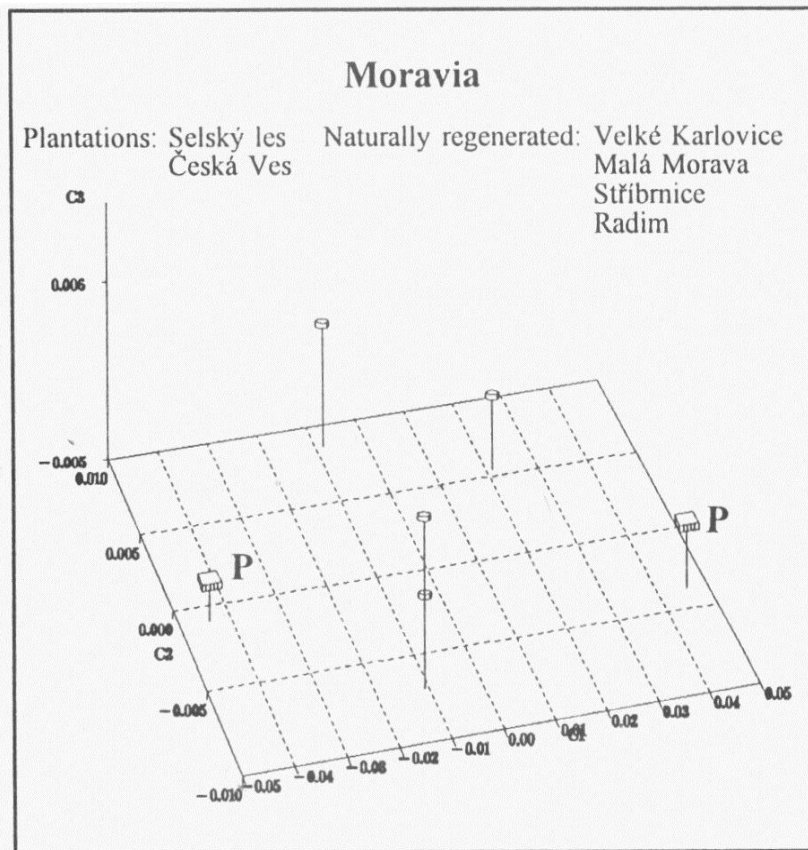
Strestolerantní a odumírající stromy nejsou geneticky rovnocenné
(Longauer et al. 2002, 2004)



Způsob obnovy lesních porostů:

- Přirozená nebo umělá obnova?
- **Přirozená obnova**
 - reprodukuje **genofond mateřské populace**,
 - udržuje **kontinuitu přirozeného výběru** a adaptace na místní podmínky,
 - **nedovoluje zvýšit druhovou diverzitu**,
 - **neumožňuje vyšší genetický zisk.**

Geneticky jsou si přirozené porosty jedle bělokoré podobnější než porosty z umělé obnovy (označeny P = planted). Interpretace alelických struktur porostů (resp. genetických vzdáleností mezi porosty) v 15 isoenzymových genových lokusech uskutečněna pomocí analýzy základních koordinát (*Longauer a kol. 2002*)



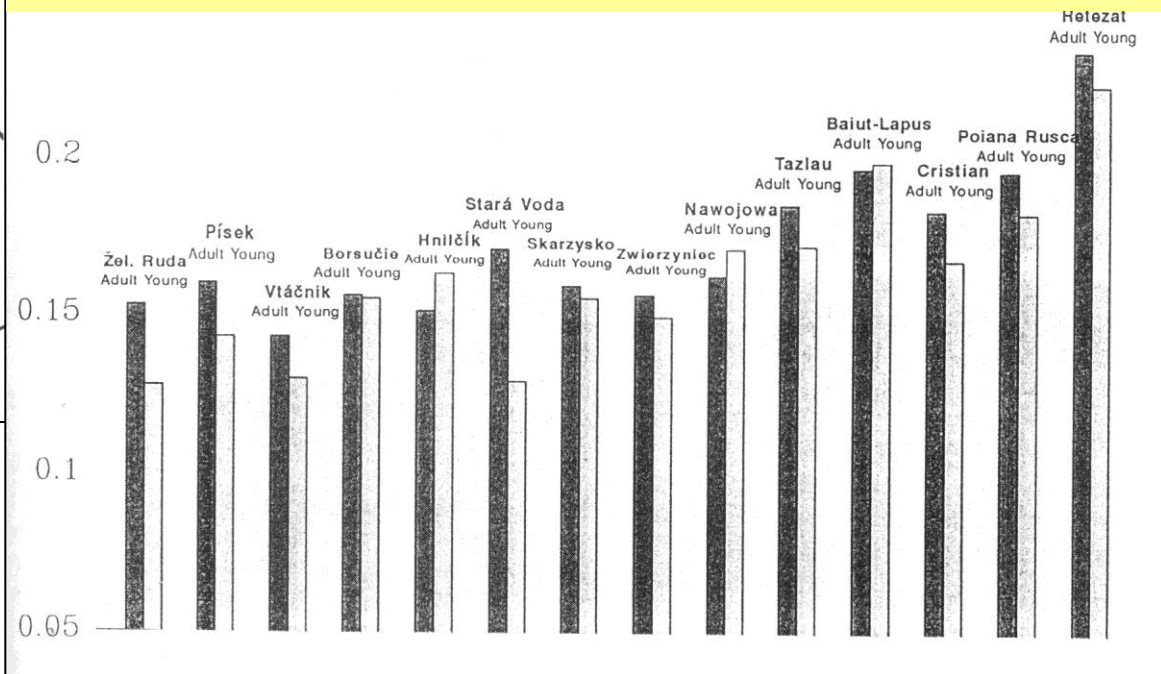
Jedle bělokorá: v přirozených populacích jsou její dospělé porosty heterozygotnější než zmlazení.

Selektivní výhoda heterozygotů = přirozený výběr zvýhodňuje geneticky variabilnější jedince, již jsou nositeli vyššího počtu alel.

Analyzované populace jedle bělokoré v ČR, Polsku, na Slovensku a v Rumunsku:



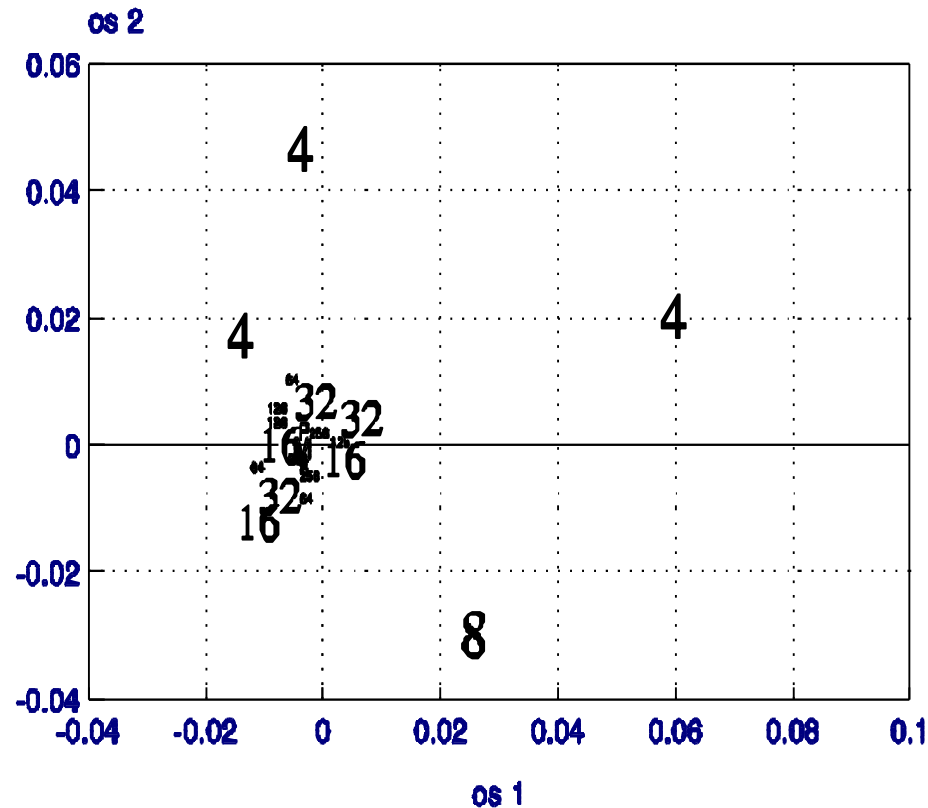
Průměrná heterozygotnost dospělých porostů („adult“) a jejich zmlazení („young“):



- **Umělá obnova**

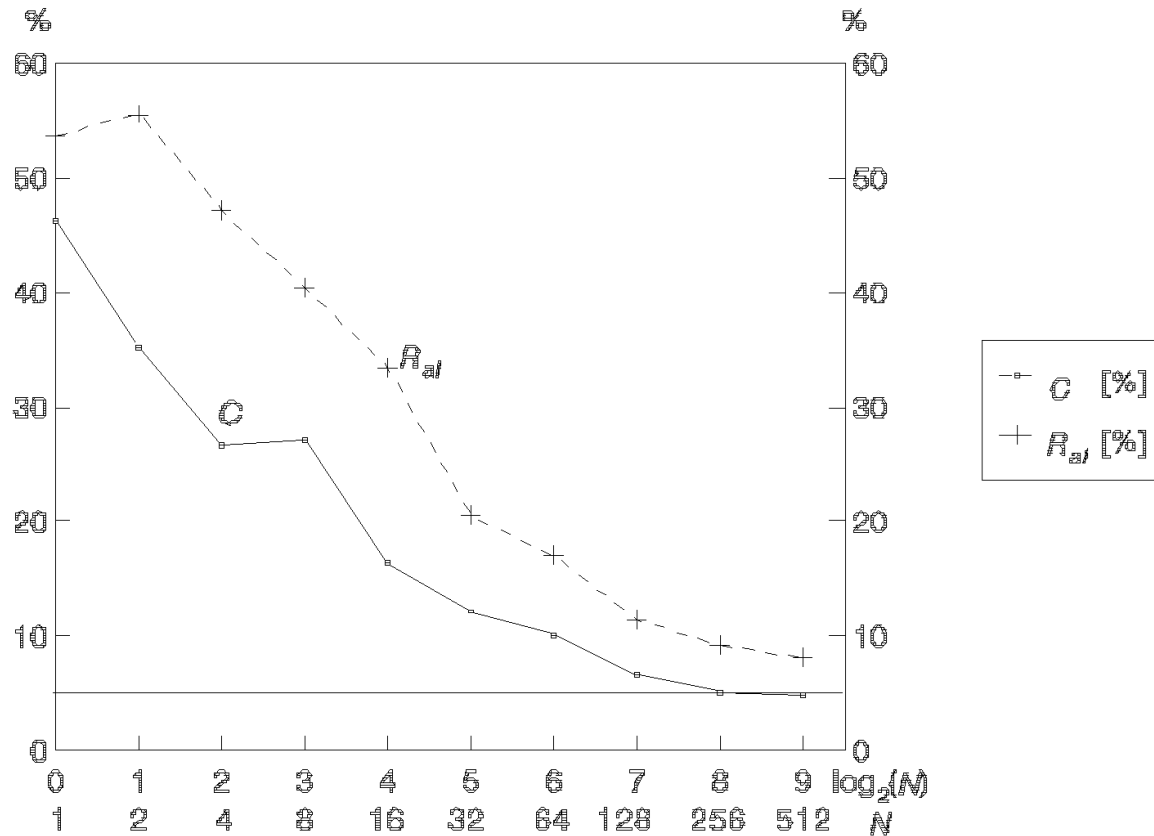
- umožňuje **zvýšit druhovou diverzitu**
- umožňuje **rychlou změnu druhového složení a genofondu** porostu
- může se použít šlechtěný materiál a dosáhnout **genetický zisk**
- pokud reprodukční materiál netvoří potomstva dostatečného počtu stromů, **nereprodukuje se genofond mateřských porostů.**

Vliv počtu mateřských stromů na alelickou strukturu sesbíraného semena ve srovnání s mateřským porostem (M) (Gömöry a kol. 1998)



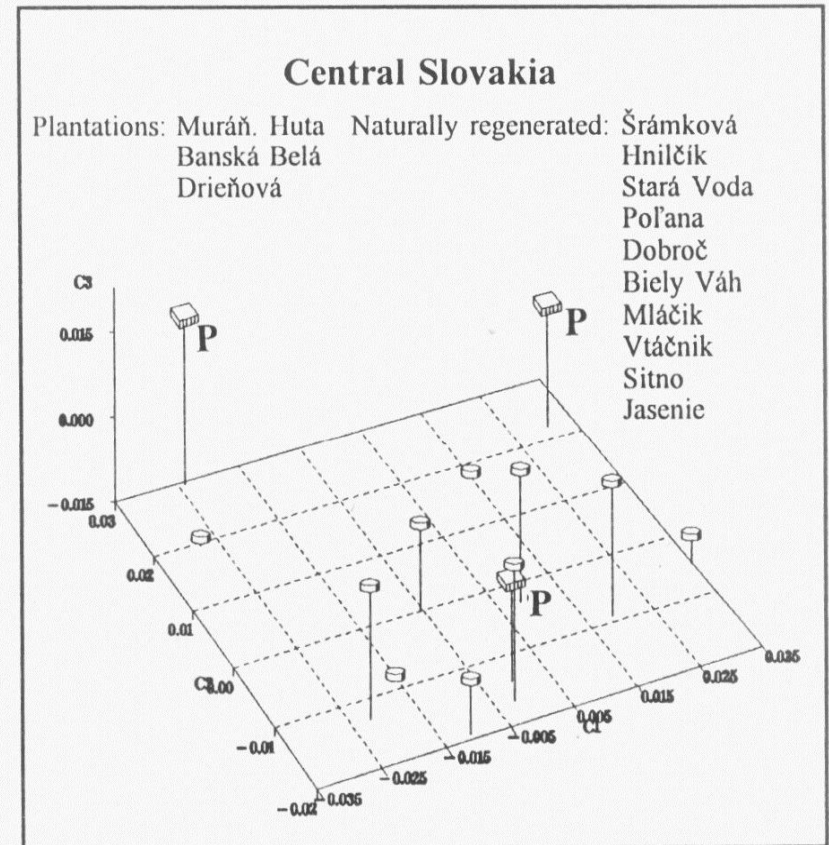
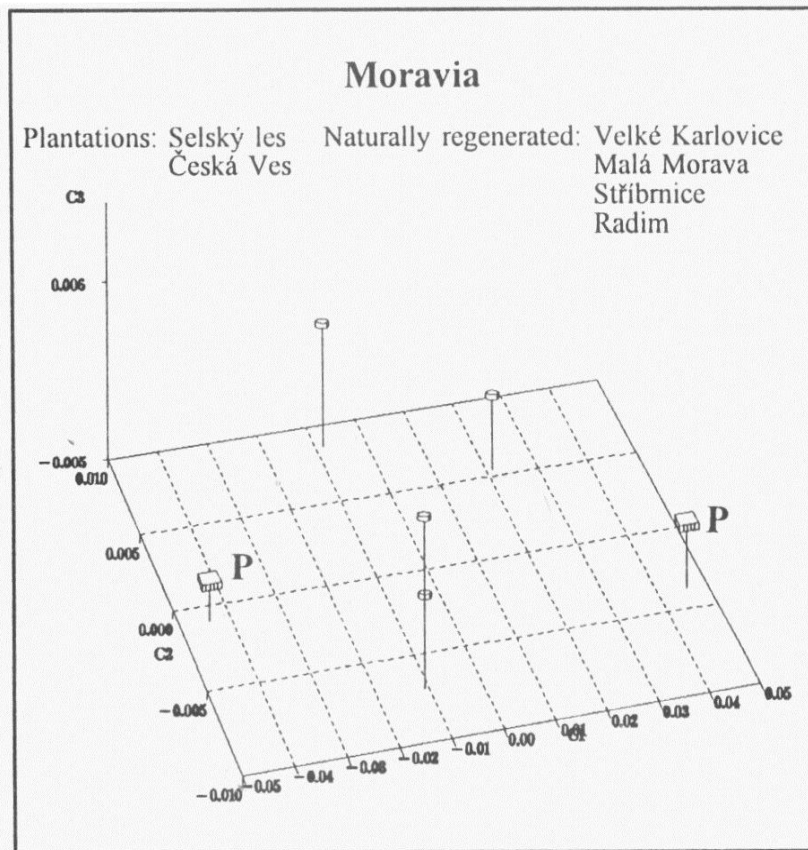
- z čím z méně stromů se semeno sbírá, tím víc se genetická lesního reprodukčního materiálu liší od mateřského porostu.

Vliv počtu stromů, z kterých se sbírá semeno (N), na změnu alelických frekvencí (C) a pravděpodobnost ztrát zřidkavých alel (R_{al}) = nežádoucích změn genetické struktury potomstva ve srovnání s jeho mateřským porostem.

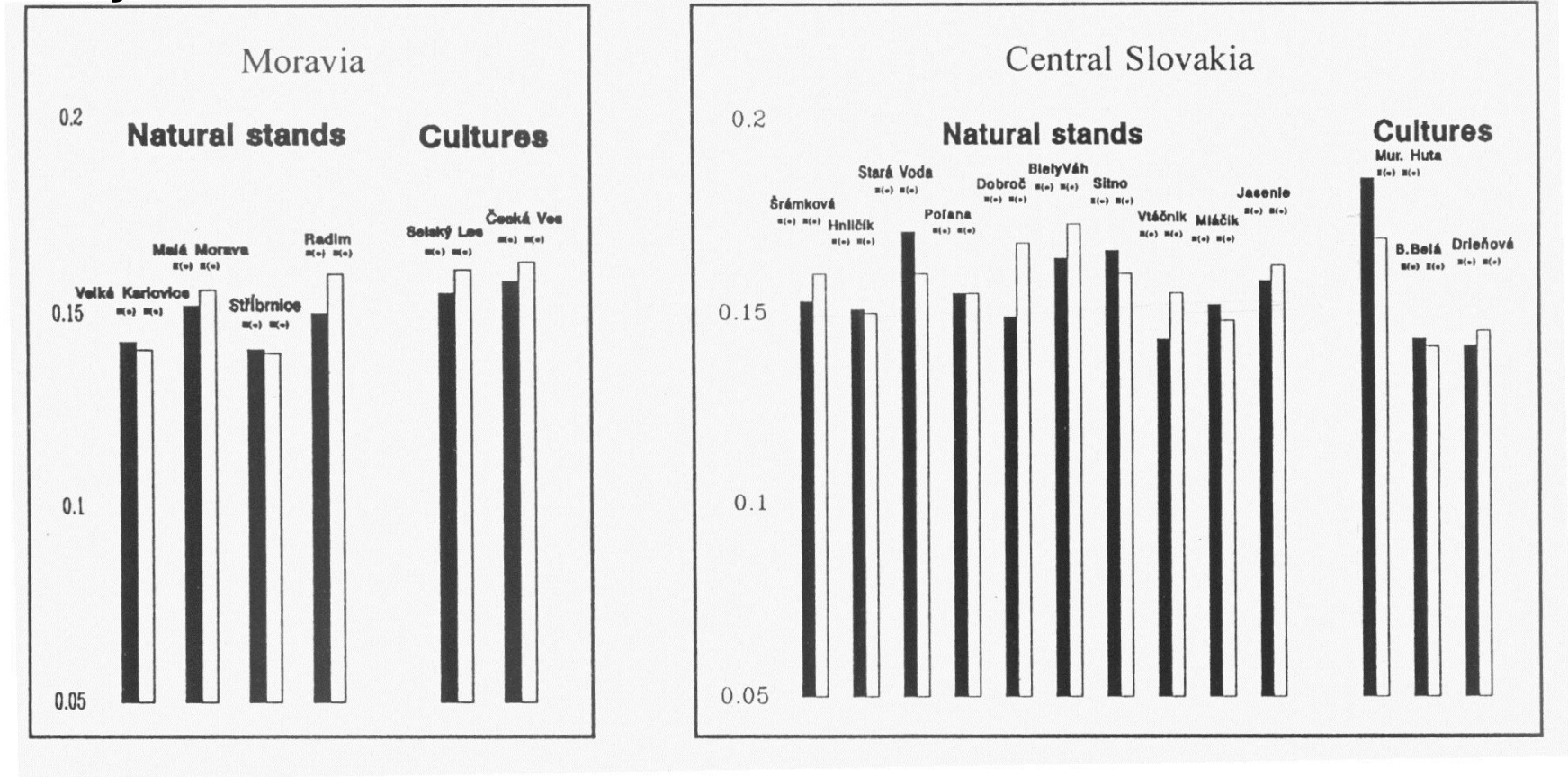


Porovnání genetické struktury dospělých porostů jedle bělokoré z přirozené a umělé obnovy na Moravě a Slovensku.

Analýza základných koordinát vycházející z alelických struktur porostů (genetických vzdáleností mezi porosty) v 15 isoenzymových genových lokusech (Longauer et al. 2002).



Srovnání heterozygotnosti dospělých porostů jedle bělokoré z přirozené obnovy (vlevo) a umělé obnovy (vlevo) ze severní Moravy a středního Slovenska.



Extrémní alelické struktury a heterozygotnosti zakládaných porostů indikují genetický drift způsoben nízkým počtem mateřských jedinců, z nichž se sesbíralo semeno na jejich založení.

Studium reprodukčních procesů lesních dřevin kombinací terénního šetření a genetických markerů



Kvetení a plození smrku a jedle ve 3 porostech v průběhu 3-5 let:

1) Stromy kvetou a plodí různě intenzivně, přičemž:

SM: 30% nejplodnějších stromů vytváří 60% samčích květenstev a 80% šišek

JD: 30% nejplodnějších stromů vytváří 70% samčích květenstev a 85% šišek

2) V různých letech do velké míry kvetou a plodí stejné stromy.

3) Skupiny najintenzivněji a nejméně kvetoucích a plodících stromů se liší:

- nejplodnější stromy jsou heterozygotnější.

- méně kvetoucí a plodící stromy mají vyšší genetickou diverzitu:

*vyšší počet alel na lokus a *stejný nebo vyšší podíl polymorfních lokusů.

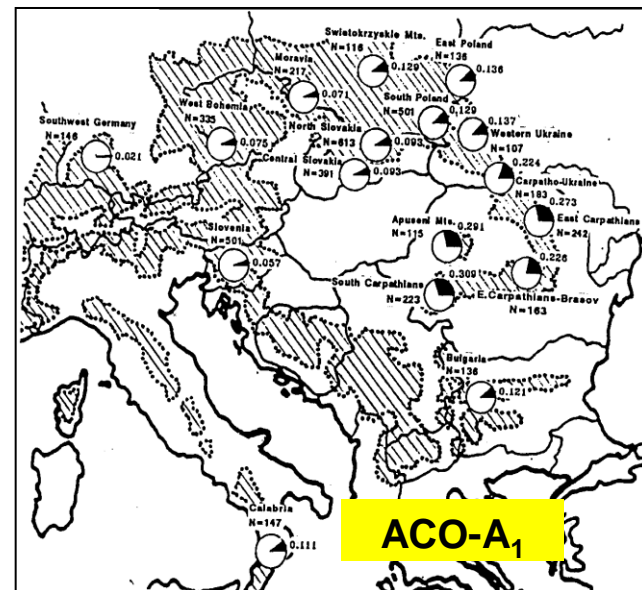
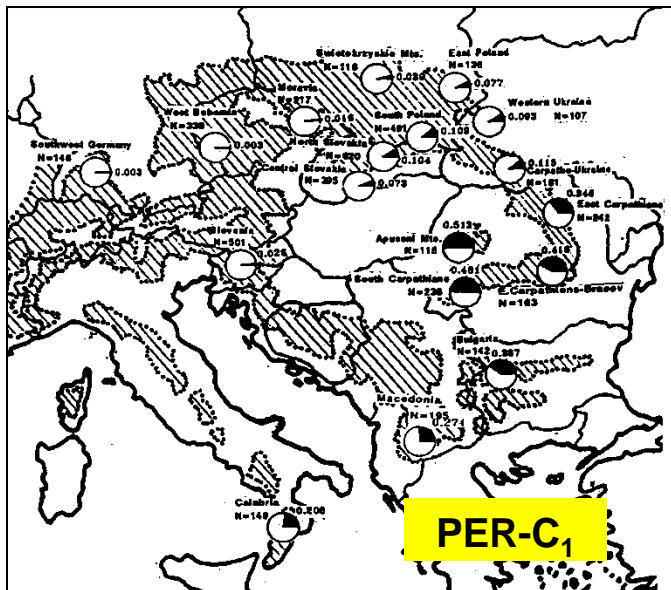
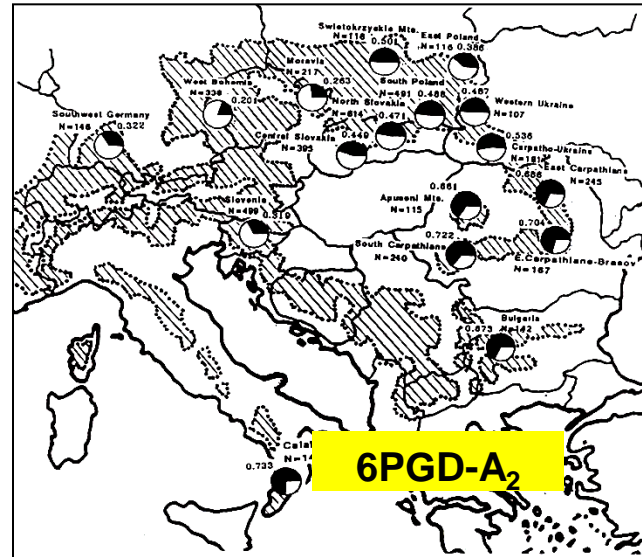
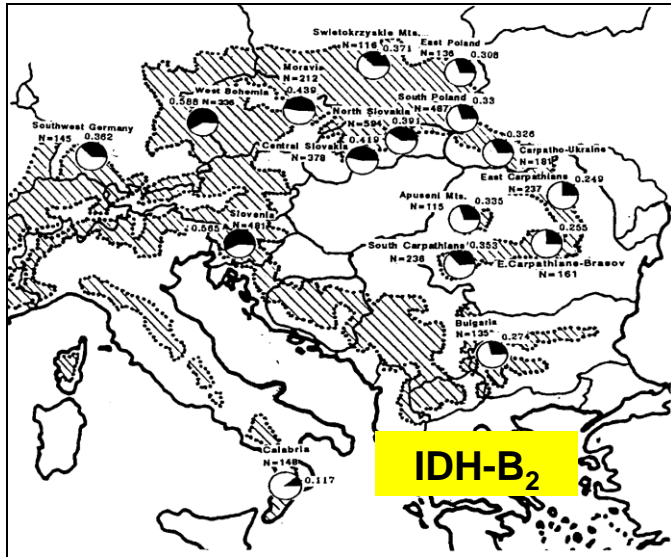
Role kořenové výmladnosti u třešně ptačí zdokumentována pomocí genetických markerů – stromy označené stejnou barvou jsou klony (*uznaný porost pro sběr semen v Belgii*)



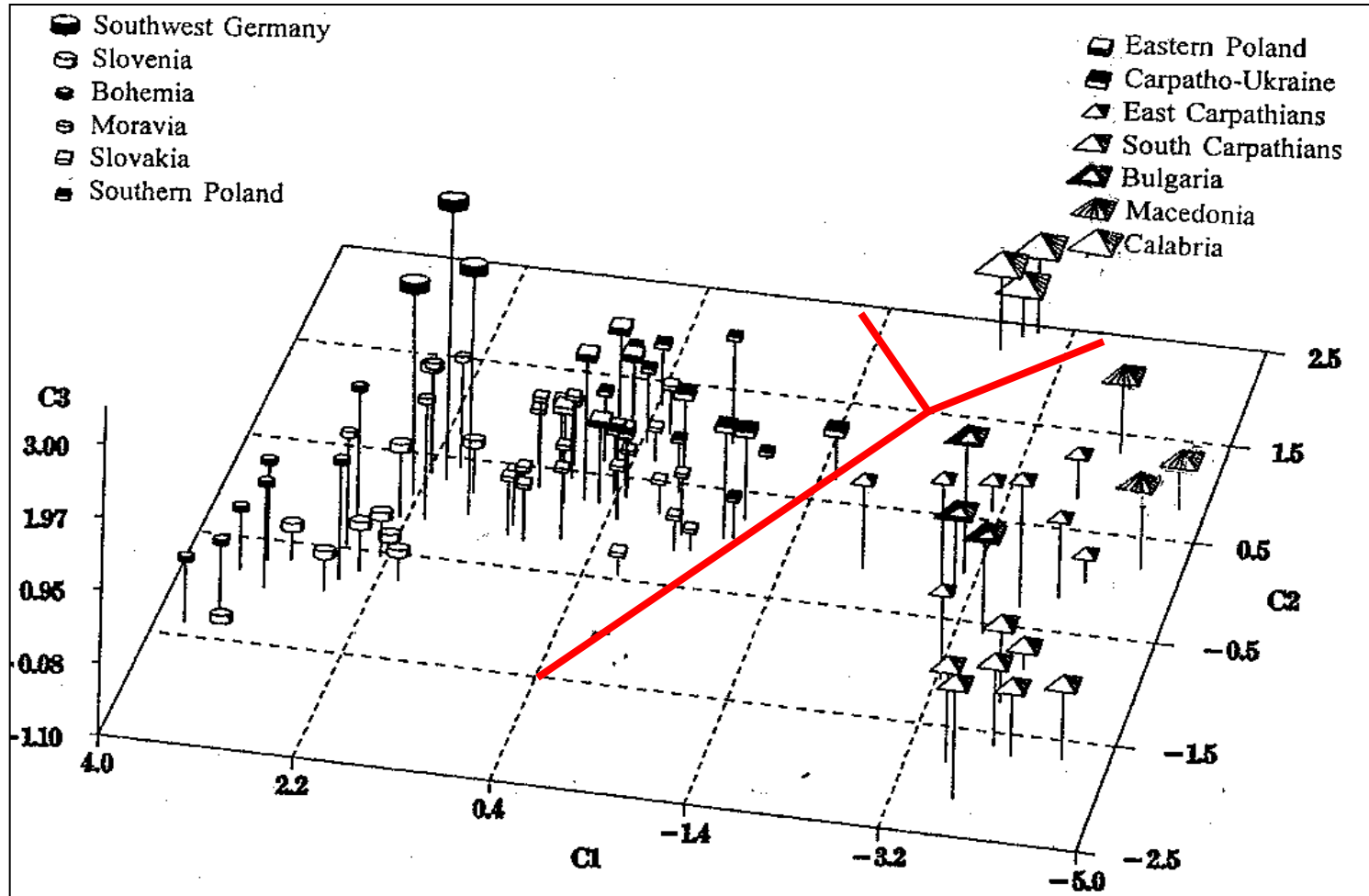
**Příklady využití genetických markerů
ke studiu genofondu
a fylogeneze lesních dřevin**

Geografické klíny četností alel v isoenzymových lokusech jedle bělokoré

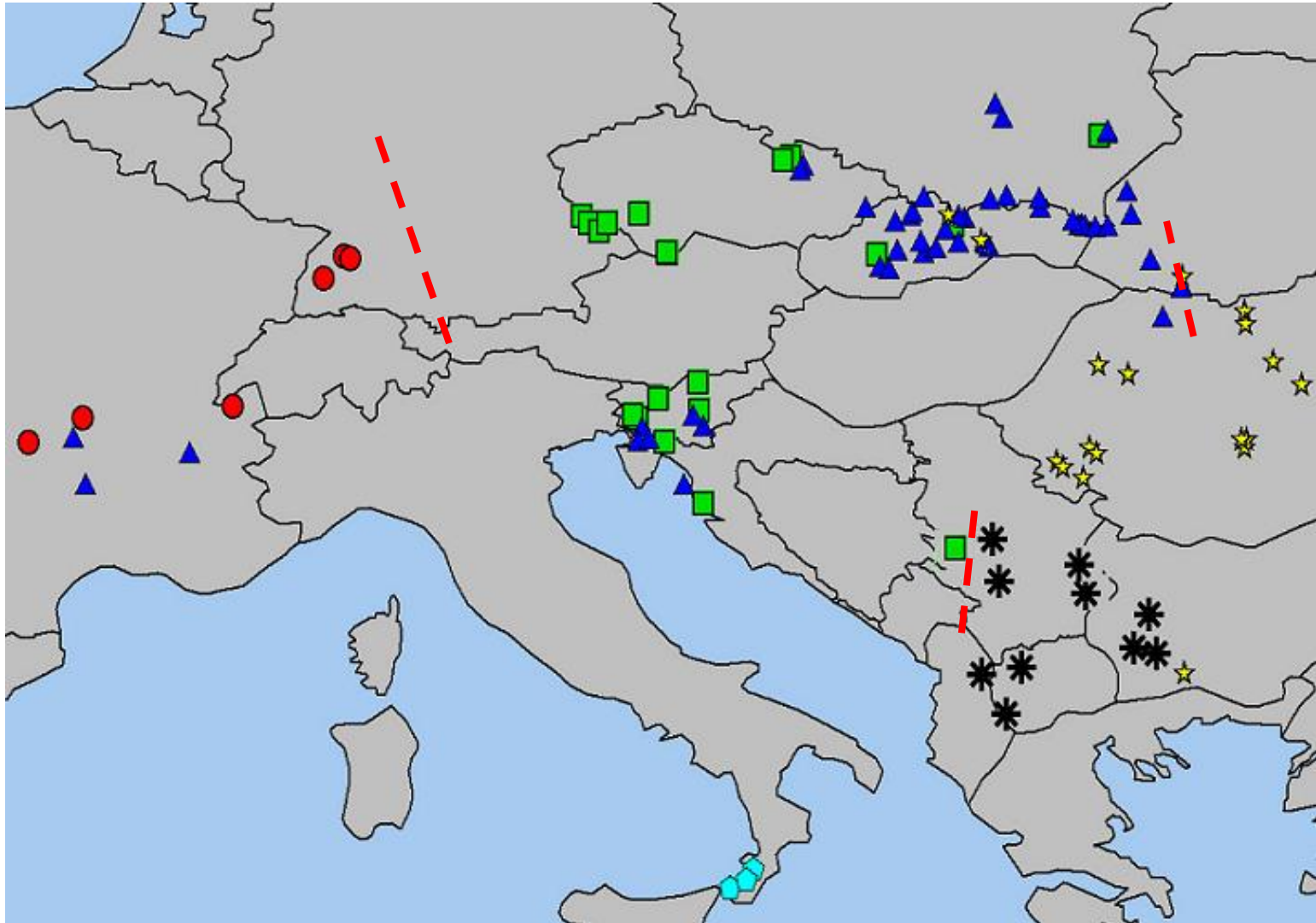
- přítomny v 7 ze 17 analyzovaných **genových lokusů**



Genetická diferenciace 89 populací jedle bělokoré z východní části jejího areálu. Zobrazení genetických vzdáleností v 17 izoenzymových genových lokusech pomocí analýzy základních koordinát (*Longauer 1997*)

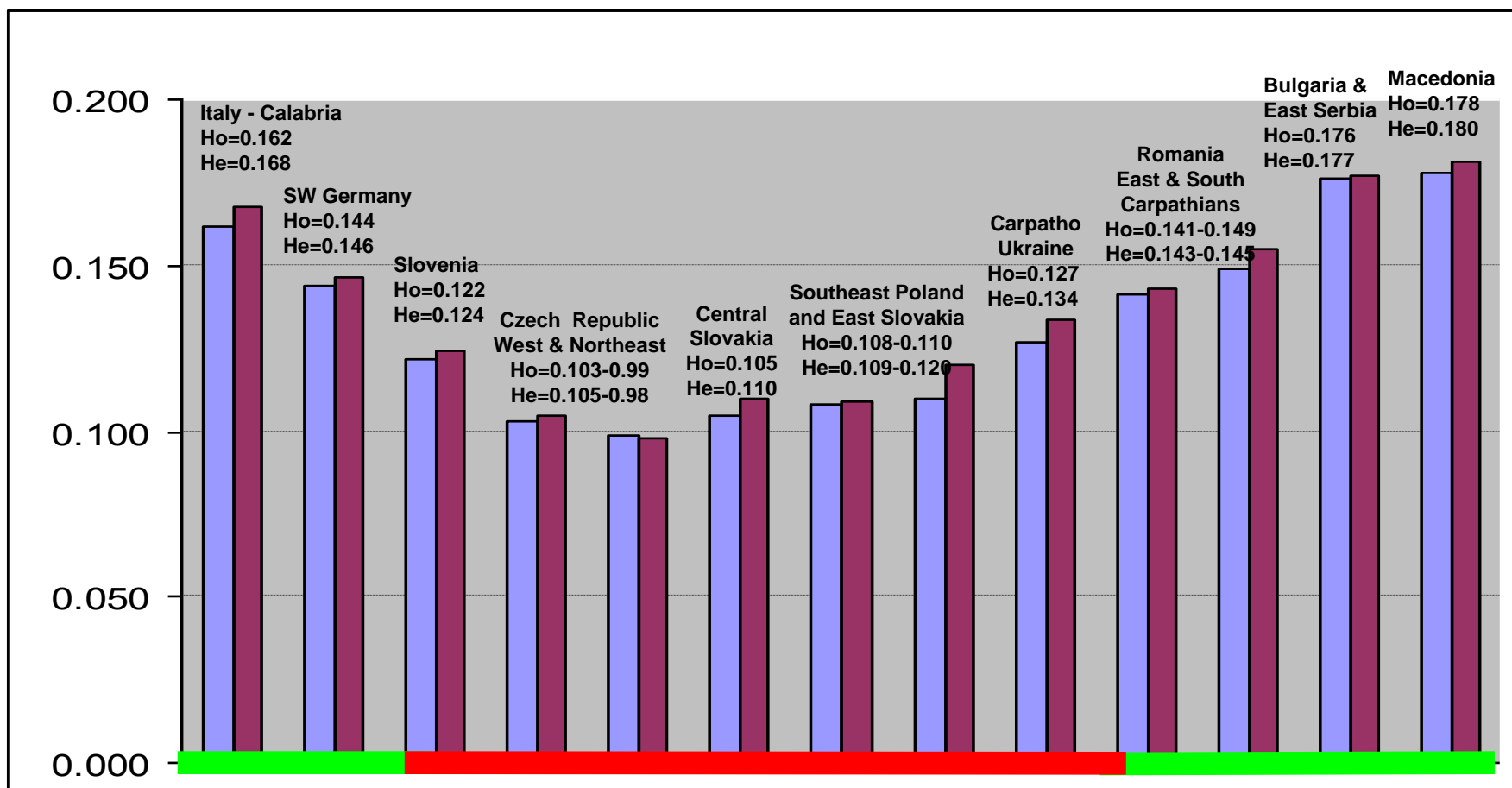


**Klasifikace genofondu jedle bělokoré
Bayesovskou analýzou na základě podobnosti alelické
struktury 94 populací v 15 isoenzymových lokusech**
(Liepelt a kol. 2009 z mých vlastních podkladů)

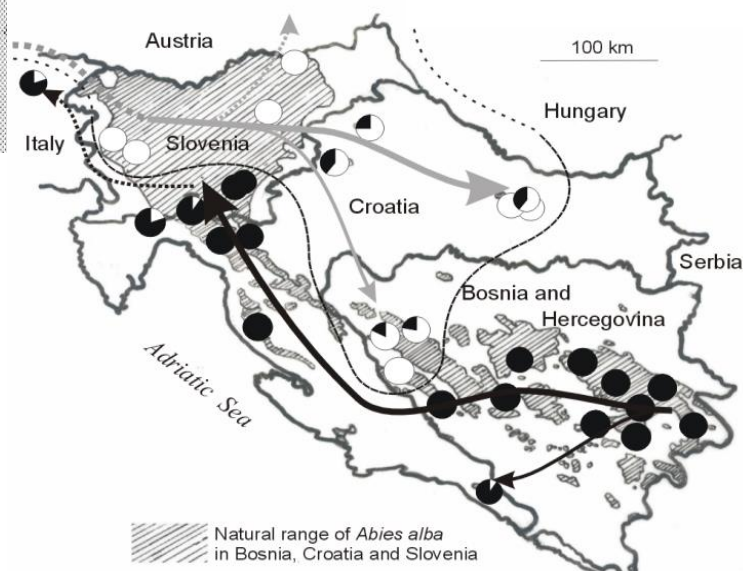
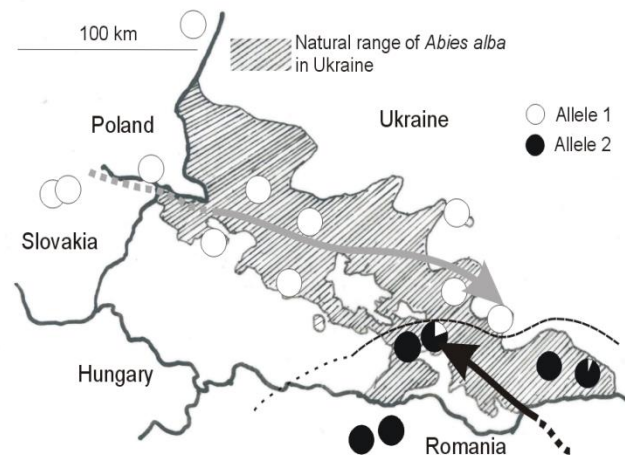
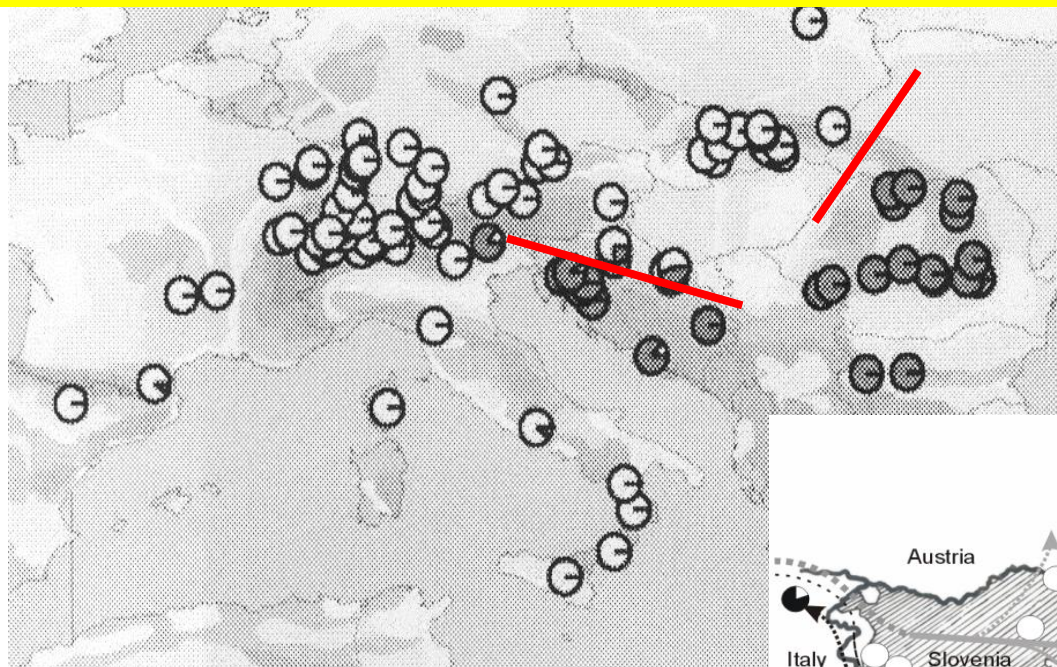


Nižší průměrná heterozygotnost jedle ve střední Evropě = potvrzení hypotézy, že příčinou jejího chřádnutí je nižší genetická variabilita (oblast chřádnutí je na osi x červeně).

V průběhu poledové migrace totiž jedle přišla o část své genetické výbavy, již dodnes disponují její jihoevropské populace (Longauer 2007)

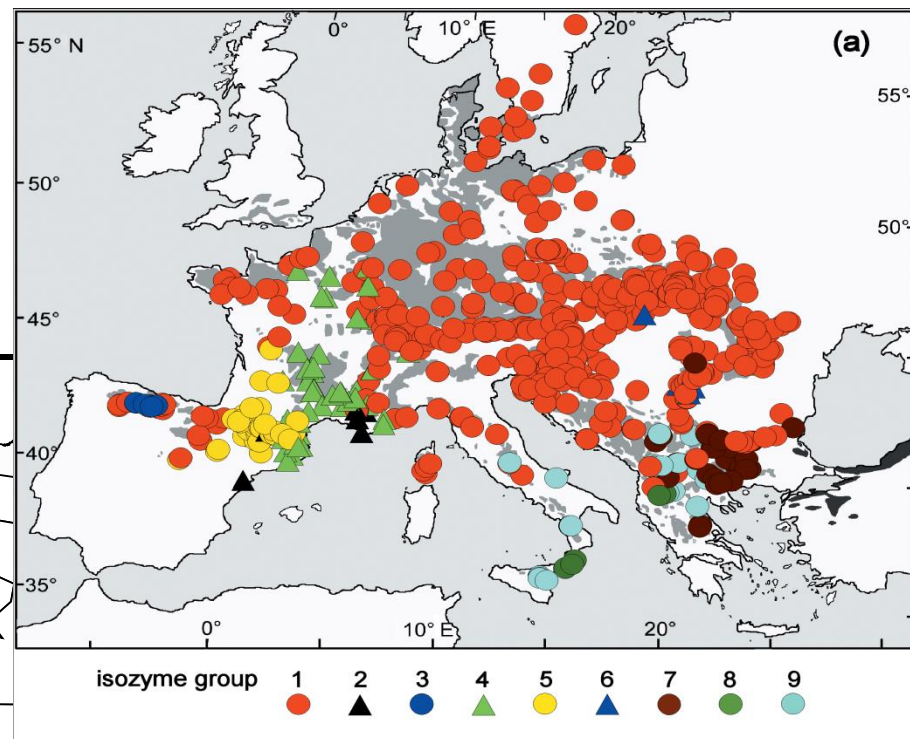
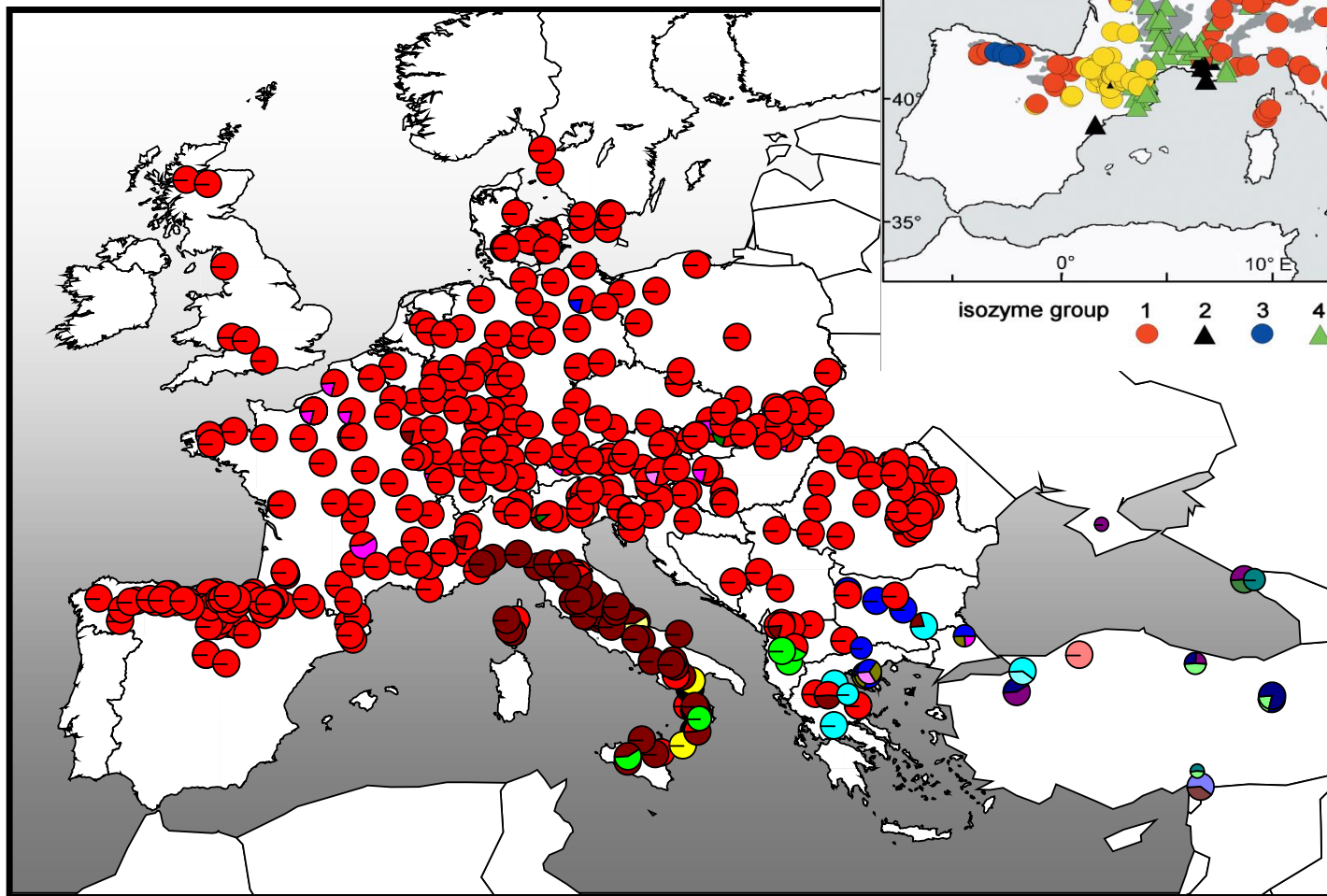


Fylogenetické linie jedle bělokoré (*Liepelt a kol. 2002*) a kontaktní zóny jejich poledových migračních proudů v ukrajinských Karpatech a na Západním Balkáně (*Gömöry a kol. 2004*) dle distribuce haplotypů mtDNA



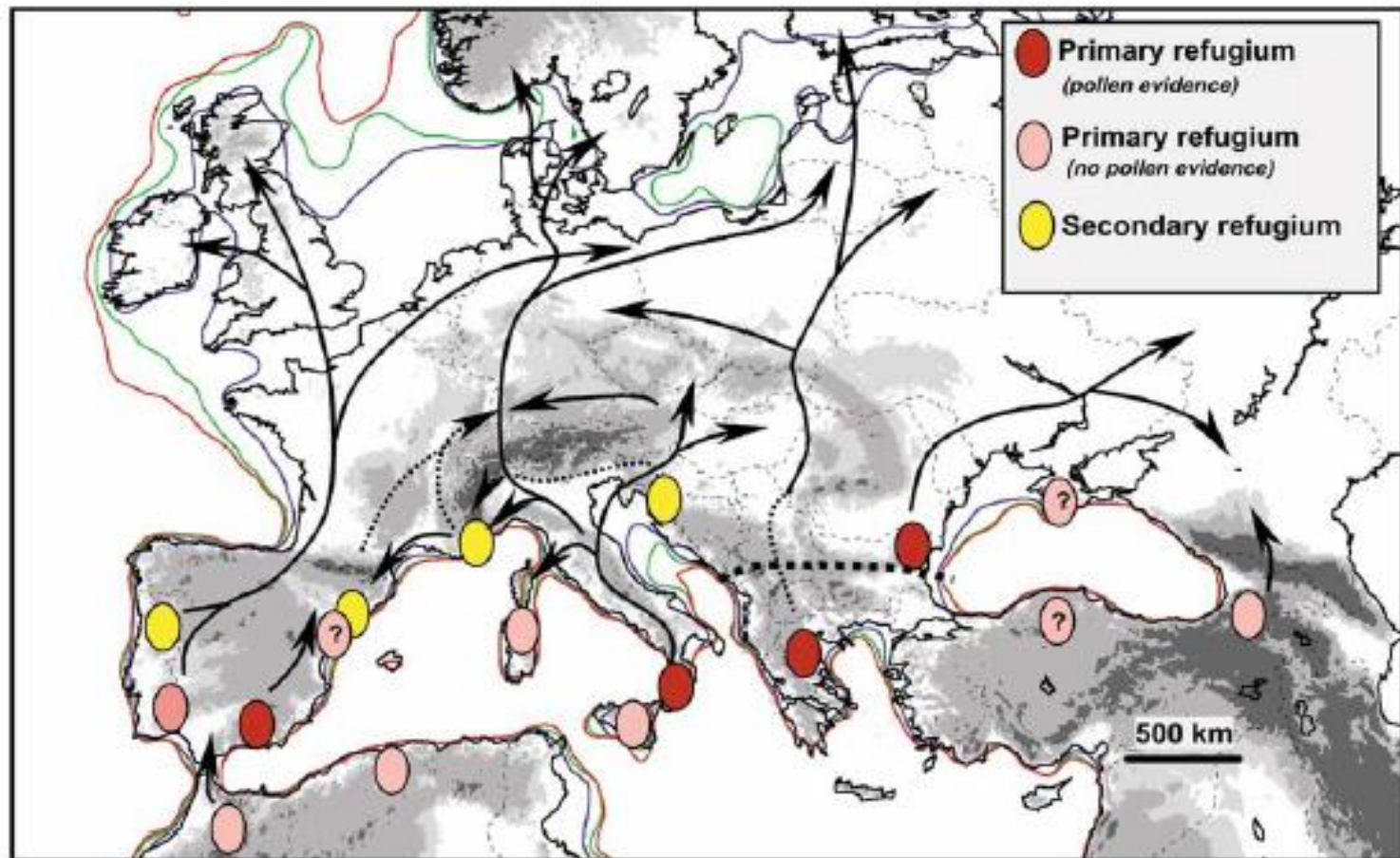
Fylogenetické linie buku

Klasifikace genofondu buku
na základě podobnosti alecké
struktury jeho populací ve 12
isoenzymových lokusech
(Magri et al 2006)

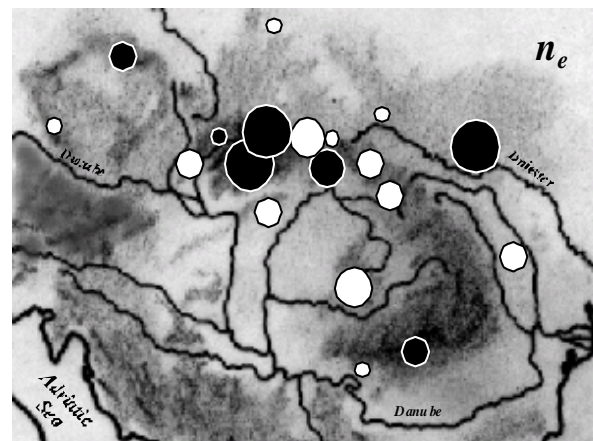
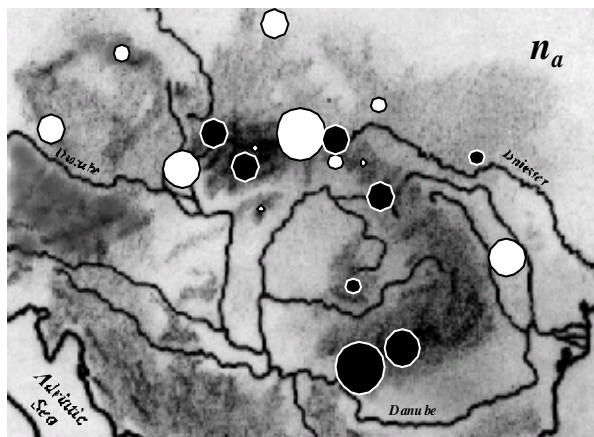


Fylogenetické
linie buku podle
struktury cpDNA
(Vendramin et al.)

**Fylogenetické linie dubu zimního a letního,
rekonstrukce polohy jejich glaciálních refugií
a poledové migrace pomocí chloroplastové DNA**
(Petit et al. 2004)



Identifikace „hot spots“ genetické diverzity lesních dřevin pomocí genetických markerů



Průměrný počet alel na lokus (n_a) a genetická diverzita (n_e) buku v Českém masivu a Karpatech (Gömöry et al. 2010). Černá barva indikuje hodnoty vyšší a bílá hodnoty nižší než průměr všech populací. Velikost kruhů je uměrná velikosti odchýlky.