

# Genetická diverzita volně žijících savců

**Biologická diverzita je pojem, který postihuje přírodní rozmanitost života na planetě Zemi. Všechny úrovně biodiverzity jsou navzájem propojeny kauzálními vztahy a zpětnými vazbami, takže jejich přísné odlišování je alespoň zčásti podmíněno metodologickými aspekty lidského nazírání. Genetická rozmanitost zahrnuje proměnlivost materiální základny dědičnosti, tedy nukleových kyselin, alel genů, genotypů a genofondů. Ztráty a poškozování genetické rozmanitosti jsou pro přírodu Země stejně neblahé, jako zjevné projevy ničení a narušování krajiny a životního prostředí.**

Pro jedince, populace a druhy je přiměřená genetická diverzita nutným předpokladem úspěšného rozmnožování a přežívání. Omezení dědičné rozmanitosti může v krátkodobém aspektu vést ke snížení plodnosti dospělců, zvýšení mortality mláďat a jiným bezprostředním potížím. Ještě závažnější však jsou dlouhodobé důsledky ztrát diverzity, které souvisejí s tím, že dědičná proměnlivost je materiálem pro působení přírodního výběru a její přítomnost je podmínkou vyjádření adaptivní odpovědi populací na změny prostředí. Ztráta rozmanitosti genů a genotypů tak omezuje další evoluční pohyb a může se stát i příčinou vymření populace, druhu nebo celé linie.

## Indikátory dědičné rozmanitosti

Genetickou variabilitu přírodních populací je možné hodnotit studiem diskretních dědičně podmíněných fenotypových znaků, jakým je například zbarvení těla. Podobných znaků je však poměrně málo. Poznání dědičných základů a jejich proměnlivosti proto vyžaduje použití rozličných složitějších cytologických, biochemických nebo molekulárních postupů. Genetická charakteristika jedinců, populací a druhů obvykle začíná stanovením charakteristik karyotypu, tedy počtu a tvarových vlastností chromosomů v buňce. Hlavním pramenem poznatků o genetické struktuře a variabilitě přírodních populací jsou prozatím biochemické metody. Nejčastěji se používá elektroforetická separace dědičných variant proteinů a enzymů ve vhodném gelu. Biochemické postupy jsou v posledních letech doplňovány nebo nahrazovány pokročilými technikami molekulární analýzy. Ty již umožňují přímý pohled na kvantitativní i kvalitativní stavbu nukleových kyselin, genů i nekódujících sekvencí.

Technická náročnost metod výzkumu genetické variability je nepochybně hlavní příčinou toho, že znalosti o přírodních populacích a druzích jsou stále nedokonalé a neúplné. Celkový počet druhů podrobně prozkoumaných moderními technikami dosahuje jen několik stovek, což je jen nepatrnou částí celového bohatství života na Zemi. Nejednou proto úplně chybí konkrétní poznatky, které by se mohly stát základem opatření a akcí pro praktickou ochranu genetické diverzity. Mezi relativně lépe prozkoumané skupiny patří savci. Příčinou je jistě jednak přitažlivost a nápadnost mnoha divokých savců, ale také to,

že u savců lze snadno aplikovat moderní výzkumné postupy, vyvinuté pro oblast humánní biologie a medicíny. Savci se proto stávají významným modelovým vzorem pro posouzení situace u jiných organismů. Na různých příkladech savčích druhů je možné vhodně ilustrovat význam a užitečnost genetických přístupů.

## Genetická variabilita přírodních populací

Studium dědičných znaků a vlastností přineslo poznatky o šíři genetické variability i o struktuře a vzájemných vztazích jednotlivých druhů a vývojových linií. Publikované údaje o genetické proměnlivosti vybraných druhů savců jsou shrnuty v tab. 1.

Zajímavou a dosud jednoznačně nevyřešenou otázkou je příčina rozdílnosti v šířce variability mezi jednotlivými druhy, z nichž některé vykazují značnou proměnlivost, jiné jsou poměrně homogenní. Zastánci neutrální teorie (Kimura, 1983; Nei, 1987) přikládají hlavní význam v utváření dědičné proměnlivosti náhodným faktorům ovlivňujícím frekvence výskytu různých alel (například genetický drift). Adaptivní hodnotu různých alel a jejich kombinací naopak pokládají za rozhodující faktor evoluce proměnlivosti příznivci selekčních koncepcí (Nevo, 1978, 1988, 1990). Podle tohoto názoru úroveň genetické variability primárně určují selekční tlaky prostředí, mezi proměnlivostí a strukturou prostředí tedy existují pozitivní korelace. U druhů a populací žijících v proměnlivém prostředí a vytvářejícím širokou ekologickou niku je proto nutné předpokládat širokou genetickou proměnlivost. Usedlé druhy by analogicky měly mít širší rozsah proměnlivosti ve srovnání s druhy pohyblivými, které na změnu podmínek prostředí mohou reagovat přesunem na jiné stanoviště.

Mezi studovanými savci jsou zastoupeny druhy s vysokou, nízkou, nebo dokonce nulovou úrovní dědičné proměnlivosti. Hodně pozornosti vzbudil případ geparda. V rozsáhlém vzorku jedinců pocházejících z jižní Afriky nebyla nalezena vůbec žádná dědičná proměnlivost a i jiné biologické vlastnosti naznačují zcela výjimečnou genetickou uniformitu. Extrémní ztráta genetické rozmanitosti u jihoafrických gepardů byla vysvětlena opakovaným prudkým snížením početnosti populací a následným příbuzenským křížením, které mělo celý druh postihnout v nedávné evoluční minulosti. Narušením přiroze

**Tab. 1. Úroveň genetické proměnlivosti vybraných druhů savců vyjádřená podílem polymorfních lokusů (P) a průměrnou heterozygotností na lokusu (H). N znamená počet vyšetřených jedinců. Údaje převzaty z přehledů Neva (1978) a Waynea a kol. (1986).**

Druh	N	P	H
lvíček zlatý ( <i>Leontopithecus rosalia</i> )	74	0,04	0,010
makak červenolící ( <i>Macaca fuscata</i> )	1063	0,37	0,014
kočkodan obecný ( <i>Cercopithecus aethiops</i> )	422	0,38	0,034
pavián pláštíkový ( <i>Papio hamadryas</i> )	350	0,11	0,032
psoun prériový ( <i>Cynomys ludovicianus</i> )	592	0,43	0,122
tarbíkomyš Ordova ( <i>Dipodomys ordii</i> )	405	0,03	0,008
křeččík ( <i>Peromyscus polionotus</i> )	647	0,23	0,069
myš domácí ( <i>Mus musculus</i> )	338	0,34	0,085
myš bodlinatá ( <i>Acomys cahirinus</i> )	178	0,13	0,024
slepec egyptský ( <i>Spalax ehrenbergi</i> )	162	0,12	0,066
hranostaj ( <i>Mustela erminea</i> )	39	0,00	0,000
kuna skalní ( <i>Martes foina</i> )	121	0,00	0,000
mýval severní ( <i>Procyon lotor</i> )	526	0,33	0,035
baribal ( <i>Ursus americanus</i> )	233	0,18	0,011
medvěd lední ( <i>Thalartos maritimus</i> )	52	0,00	0,000
liška obecná ( <i>Vulpes vulpes</i> )	282	0,00	0,000
kočka domácí ( <i>Felis catus</i> )	56	0,21	0,082
lev ( <i>Panthera leo</i> )	42	0,18	0,050
tygr ( <i>Panthera tigris</i> )	50	0,10	0,035
gepard ( <i>Acinonyx jubatus</i> )	55	0,00	0,000
mrož ( <i>Odoboenus rosmarus</i> )	102	0,09	0,033
tuleň kroužkovaný ( <i>Pusa hispida</i> )	82	0,19	0,010
rypouš sloní ( <i>Mirounga leonina</i> )	42	0,28	0,028
rypouš severní ( <i>Mirounga angustirostris</i> )	159	0,00	0,000
wapiti východní ( <i>Cervus elaphus canadensis</i> )	249	0,07	0,081
srnec ( <i>Capreolus capreolus</i> )	24	0,11	0,053
jelenec běloocasý ( <i>Odocoileus virginianus</i> )	783	0,50	0,087
los ( <i>Alces alces</i> )	2303	0,23	0,019

né genetické rozmanitosti by pak bylo možné vysvětlit obtížně při rozmnožování gepardů v zajetí. Poslední výsledky však ukazují, že populace gepardů z východní Afriky se mírně odlišují od jihoafrických. Druh tedy není geneticky naprosto homogenní. Žádné poznatky bohužel nejsou k dispozici o gepardech na asijském kontinentu.

Absence genetické variability však byla zjištěna i u jiných savců, zvláště šelem. V těchto případech již není možné použít podobná vysvětlení jako u gepardů. Celý problém tedy zatím není uspokojivě vyřešen a není vyloučeno, že některé výsledky jsou alespoň částečně ovlivněny metodickými nepřesnostmi.

Otázka vztahu genetické variability a ekologických adaptivních strategií zůstává nadále otevřená a aktuální.

Celkově patří savci mezi skupiny s nižší průměrnou úrovní genetické variability (tab. 2).

**Tab 2. Průměrný podíl heterozygotních lokusů (P) a průměrná heterozygotnost lokusu (H) ve vyšetřené části různých skupin organismů (podle Neva, 1978)**

Skupiny organismů	P	H
rostliny	0,26	0,071
bezobratlí (bez hmyzu)	0,40	0,100
hmyz (bez octomilek)	0,33	0,074
octomilky, rod <i>Drosophila</i>	0,43	0,140
ryby	0,15	0,051
obojživelníci	0,27	0,079
plazi	0,22	0,047
ptáci	0,15	0,047
savci	0,15	0,047

Druhy rostlin a obratlovců mají obecně nižší proměnlivost ve srovnání s bezobratlými, mezi kterými jsou širokou genetickou variabilitou známy zvláště mušky octomilky z rodu *Drosophila*. Z údajů v tab. 2 vyplývá, že savci mají nejnižší průměrnou proměnlivost mezi všemi obratlovci, ale rozdíly mezi třídami nejsou statisticky průkazné. Je potřebné znovu připomenout, že tyto závěry jsou odvozeny ze zobecnění konkrétních údajů získaných pouze u nepatrného zlomku žijících organismů. Přesvědčivost a platnost různých obecných interpretací a výkladů tedy závisí na dalším získávání empirických dat.

### Genetická struktura druhů

Vnitřní strukturu druhů tradičně charakterizovala soustava poddruhů, které byly zpravidla popisovány na základě odlišností v jednotlivých morfologických znacích fenotypu. Genetické výzkumy ukazují, že toto členění je příliš zatíženo subjektivními faktory hodnocení. Skutečná genetická struktura druhů, odrážející evoluční proces divergence populací, je obvykle jiná a složitější než zobrazuje tradiční poddruhovú klasifikace. Genetické metody umožňují identifikaci biologicky unikátních populací, stanovení evolučních vzdáleností mezi populacemi i odhalení dosud neznámých kryptických druhů. Cytogenetické a biochemické rozbory tak ukázaly například zásadní evoluční odlišnost orangutanů z ostrovů Sumatry a Bornea, potvrdily druhovou samostatnost šimpanze bonobo, upozornily na rozdílnosti mezi domácím koněm a koněm Převalského. Výzkum karyotypů přírodních populací savců vedl jen v palearktické oblasti k objevu 43 zcela nových druhů. Nové druhy byly objeveny mezi africkými antilopami i jihoamerickými primáty. Podobné příklady je možné uvést i z území našich dvou republik. Elektroforetickým sledováním bílkovin a enzymů se v minulém roce podařilo v západních Čechách prokázat přítomnost dvou druhů domácích myší - *Mus domesticus* a *M. musculus* (Ma-



cholán, 1992). V našich teplých nížinných oblastech nebyl proti tomu potvrzen výskyt dalšího druhu myši, *M. spicilegus*, který ve střední Evropě dnes přežívá pravděpodobně jen na malém území u Nežiderského jezera a populace ve východní Evropě jsou zřejmě ohroženy. Populace rejska horského (*Sorex alpinus*) z Karpat a Jeseníků se počtem chromosomů odlišují od populací alpských a vzhledem ke geografické izolaci je možné připustit jejich evoluční samostatnost. Několik karyotypových ras na území Čech, Moravy a Slovenska vytváří také rejssek obecný (*Sorex araneus*). Cytogenetické rozborů naznačují, že ohrožený vrápenec malý (*Rhinolophus hipposideros*) je pravděpodobně evropským endemitem a morfologicky podobné populace z Asie náleží k jinému druhu.

Genetické poznatky o variabilitě a vnitřní struktuře populací, druhů a dalších taxonů nemají jen význam teoretický, ale jsou neobyčejně závažné také pro praktické úkoly ochrany.

### Geny a ochrana druhů

V celosvětovém červeném seznamu ohrožených a vzácných druhů je zařazeno 555 savců (IUCN, 1988). Areály rozšíření mnoha savčích druhů se rychle zmenšují a nabývají ostrůvkovitěho charakteru. Zároveň s tím prudce klesá početnost populací a podmínkou jejich přežití se vedle zachování vhodných stanovišť a biotopů stává udržení dostatečné genetické rozmanitosti. Naléhavé problémy vznikají zvláště u velkých savců, mezi kterými již dnes existuje řada druhů odkázaných na život v zajetí. Odhaduje se, že v krátké době bude nezbytné tímto způsobem zachránit před vyhynutím 160 druhů primátů, 100 velkých šelem a 100 sudokopytníků (Allendorf, Servheen, 1986). Malý počet jedinců v populaci nebo chovné skupině je kritickým faktorem úspěšnosti chovu, neboť vytváří podmínky pro nástup omezování genetické variability (Zima, 1989 a,b). Při chovu v zajetí je počet zvířat vždy limitován praktickými důvody a je nezbytné určitým řízením bránit ztrátám dědičné proměnlivosti. Celý dnešní chov koně Převalského pochází ze 13 zakladatelů, mezi kterými bylo 12 skutečně divokých koní

a jedna domácí klisna. Dvě třetiny žijících koní Převalského zdědily po této klisně genetické vlohy. K odstranění tohoto dědictví byl navržen chovný program, jeho realizace ovšem může mít také vedlejší nežádoucí důsledky (Read, Harvey, 1986). U některých druhů byly zahájeny pokusy selektovat v ohrožené skupině zvířata jedince tolerantní k vlivům inbrídingu (příbuzenského křížení).

Ovlivňování variability a struktury genetickými programy však dnes není důležité jenom v zoologických zahradách, ale i u malých populací přežívajících v přírodě. Areál medvěda grizzlyho se ve Spojených státech zmenšil na méně než 1% původního stavu a grizzly se dnes vyskytuje pouze v šesti nevelkých izolovaných oblastech. Minimální životaschopná populace se odhaduje na 60-90 jedinců a genetické úvahy i počítačové simulace naznačily nezbytnost výměny alespoň jednoho jedince mezi izolovanými populacemi v průběhu každé generace (Allendorf, Servheen, 1986). Genetický management je nezbytný i u mnoha jiných druhů, jejichž poslední populace přežívají ve volné přírodě. U nás by si z tohoto hlediska jistě zasloužily pozornost karpatské populace sviště horského, kamzíka horského a velkých šelem. U ohrožených populací je potřebné provést základní genetická vyšetření, jejichž výsledky umožní postavit strategii ochrany nebo záchrany na solidní základy.

Záchrana komponent genetické rozmanitosti je v nutných případech možná i v genových bankách uchovávajících zmrazené či jinak konzervované buňky a tkáně, které lze v budoucnosti podrobit dalšímu studiu. Z hlediska ortodoxních ochrannářů tento přístup jistě nebude pokládán za ideální, ale jeho význam může být dalekosáhlý, zejména s přihlédnutím k ohromnému tempu rozvoje metod molekulární biologie.

### Literatura

- Allendorf, F. W., Servheen, C., 1986: Genetics and conservation of grizzly bears. *TREE*, 1, p. 88-89.
- IUCN, 1988: 1988 IUCN red list of threatened animals. IUCN, Gland and Cambridge.
- Kimura, M., 1983: The neutral theory of molecular evolution. Cambridge Univ. Press, Cambridge.
- Macholán, M., 1992: Systematika rodu *Mus* v Evropě. Disertační práce, ÚSEB AV ČR.
- Nei, M., 1987: Molecular evolutionary genetics. Columbia Univ. Press, New York.
- Nevo, E., 1978: Genetic variation in natural populations: patterns and theory. *Theoret. Popul. Biology*, 13, p. 121-177.
- Nevo, E., 1988: Genetic diversity in nature: patterns and theory. *Evol. Biology*, 13, p. 217-246.
- Nevo, E., 1990: Molecular evolutionary genetics of isozymes: pattern, theory and applications. *Isozymes: structure, function, and use in biology and medicine*, Wiley-Liss, p. 701-742.
- Read, A. F., Harvey, P. H., 1986: Genetic management in zoos. *Nature*, 322, p. 408-410.
- Wayne, R. K., Forman, L., Newman, A. K., Simonson, J. M., O'Brien, S. J. O., 1986: Genetic monitors of zoo populations: morphological and electrophoretic assays. *Zoo Biology*, 5, p. 215-232.
- Zima, J., 1989a: Stanovení poklesu dědičné rozmanitosti v malých populacích. *Zprávy ÚSEB*, 1898, p. 65-70.
- Zima, J., 1989b: Genetické problémy záchranných chovů a odchovů. Sborník referátů Záchranné chovy a odchovy, Nový Jičín, p. 344-352.