Genetické mapy ukazují, odkud mají pocházet semena pro obnovu českých luk

Datum	19.10.2026
Subjekt	Akademie věd České republiky
Autor	Hana Skálová
E-mail	hana.skalova@ibot.cas.cz
Telefon	+420 607552514
Kontakt	Markéta Růžičková vedoucí Tiskového oddělení +420 777 970 812 Eliška Zvolánková +420 739 535 007 Lucie Peřinová +420 777 728 090 Eliška Hadravová +420 737 349 484 press@avcr.cz Loga AV ČR ke stažení
Region	Česká republika
Kategorie	Zemědělství, Věda a výzkum, Ekologie, Životní prostředí

Osevní směsi používané při obnově květnatých luk by měly respektovat genetický původ rostlin. První výsledky výzkumu Botanického ústavu AV ČR a Přírodovědecké fakulty UK ukazují u sedmi dosud analyzovaných lučních druhů genetické rozdíly ve směru východ–západ. Naopak výrazné krajinné prvky, například horské celky, nemají na genetickou příbuznost populací takový vliv, jak se dříve předpokládalo. Na základě analýzy DNA vědci vytvářejí komplexní mapy genetické proměnlivosti, které mají pomoci určit, odkud je vhodné získávat osivo pro obnovu luk v jednotlivých oblastech.

Při obnově luk záleží i na původu osiva

Druhově bohaté květnaté louky patří k cenným prvkům české krajiny. Vedle rostlin poskytují životní prostor mnoha dalším organismům od půdních mikroorganismů a hmyzu až po ptáky a savce. V minulosti však velká část těchto luk z krajiny zmizela a v posledních letech proto přibývají snahy o jejich obnovu.

Jedním z používaných způsobů jsou osevní směsi. Ty však často nezohledňují genetické rozdíly mezi populacemi stejného druhu. Přenesení osiva z jiné oblasti přitom může geneticky narušit místní populace, které se dlouhodobě vyvíjely v konkrétních podmínkách.

„Při obnově luk nestačí řešit jen to, jaké druhy do směsi zařadíme. Důležitý je také původ osiva. Populace stejného druhu z různých oblastí se mohou geneticky lišit a tyto rozdíly je potřeba při obnově druhově bohatých luk zohlednit,“ říká Hana Skálová z Botanického ústavu AV ČR.

DNA odhaluje rozdíly, které nejsou vidět

Vědci proto analyzují DNA populací vybraných druhů typických pro tradiční květnaté louky. Vzorky rostlin byly sbírány na lokalitách rozmístěných po celé České republice. Analýza jejich DNA umožňuje určit genetickou podobnost a rozdílnost jednotlivých populací a vytvořit komplexní mapy jejich genetické proměnlivosti. Ty zachycují, jak se genetická struktura jednotlivých druhů mění napříč územím, a poskytují tak vědecký podklad pro vymezení oblastí, mezi nimiž je možné osivo přenášet.

První výsledky přinesly zajímavé zjištění. U všech sedmi dosud analyzovaných druhů se objevuje

gradient genetické variability ve směru východ–západ. Výrazné geomorfologické prvky, například horská pásma, se naopak neprojevily jako zásadní hranice genetické příbuznosti, jak se dříve předpokládalo. Stejně tak se nepotvrdila očekávaná odlišnost populací z nejteplejších oblastí Čech.

Výsledky tak mohou pomoci zpřesnit, jak velké oblasti by měly jednotlivé regionální osevní směsi pokrývat. V současnosti se totiž takové směsi připravují především pro relativně malá území, například Bílé Karpaty nebo Krkonošský národní park. To sice snižuje riziko zavlečení geneticky odlišných populací, jejich produkce je ale zároveň organizačně i ekonomicky náročná. Genetické mapy mohou poskytnout podklad pro vymezení regionů založených na skutečné příbuznosti rostlinných populací.

Rostliny hranice států nerespektují

Výsledky zároveň ukazují, že genetickou variabilitu rostlin je třeba sledovat v širším než národním měřítku. Genetická struktura českých populací totiž navazuje na populace v okolních zemích. Pro některé ze zkoumaných druhů lze již nyní vytvářet mapy pokrývající podstatnou část střední a západní Evropy, vedle České republiky také Německo, Belgii a severní část Francie. *„Rostliny samozřejmě nerespektují státní hranice. Pokud chceme určit oblasti, mezi kterými lze osivo bezpečně přenášet, musíme vycházet z genetické příbuznosti populací, nikoli pouze z administrativního členění krajiny,“* vysvětluje Hana Skálová.

Genetické mapy mají v budoucnu sloužit jako podklad pro tvorbu regionálních osevních směsí, které budou respektovat přirozenou genetickou strukturu lučních rostlin. Cílem je usnadnit obnovu druhově bohatých luk a současně snížit riziko, že dobře míněný zásah naruší původní místní populace. Vědci nyní pokračují v analýze dalších lučních druhů.

První výsledky výzkumu vědci představili 24. září na odborném workshopu, kterého se zúčastnila stovka botaniků, odborníků ochrany přírody i producentů osiv. Všichni zúčastnění projevili velký zájem o konečné výsledky projektu. Ty by měly zahrnovat i mapu integrující genetickou strukturu všech studovaných druhů s návazností na genetickou strukturu populací v okolních zemích. V budoucnu by tak mohla pomoci při hledání vhodných zdrojů osiva pro jednotlivé regiony. Workshop zároveň ukázal potřebu zpřístupnit výsledky co nejširšímu okruhu jejich budoucích uživatelů, včetně producentů osiv, pracovníků ochrany přírody a krajinných architektů. Dalším krokem proto bude jejich představení na odborných seminářích zaměřených na praktické využití regionálních osevních směsí.

Výzkum probíhá v rámci projektu č. SS07010388 „Genetická variabilita běžných lučních rostlin v České republice jako podklad pro regionalizaci osevních směsí a trvale udržitelnou podporu druhové diverzity“, který je podporován Technologickou agenturou České republiky

Kontakt

RNDr. Hana Skálová, CSc.
Oddělení ekologie invazí
hana.skalova@ibot.cas.cz
+420 607 552 514

Mgr. Mirka Dvořáková
PR & Marketing Manager
miroslava.dvorakova@ibot.cas.cz
+420 602 608 766

https://www.avcr.cz/cs/pro-media/tiskove-zpravy/Geneticke-mapy-ukazuji-odkud-maji-pochazet-semena-pro-obnovu-ceskych-luk