

Příloha 3 – Genetická studie populace 74 – Rychnov nad Kněžnou

Populace *Gentianella praecox* subsp. *bohemica* u Rychnova nad Kněžnou – možný výsev?

Za pomoci genetické analýzy jsme se pokusili vyjádřit k možné nepůvodnosti populace druhu *Gentianella praecox* subsp. *bohemica* u Rychnova nad Kněžnou. Níže jsou shrnuty veškeré zjištěné skutečnosti. Z celku vyplývá, že pokud došlo k výsevu, byl tento výsev proveden chytře. Jednalo se o materiál ze sousedních populací a byl pravděpodobně použit materiál alespoň ze dvou populací a to s největší pravděpodobností populace Olešnice a Žídkovi. Materiál byl současně sebrán z velkého počtu jedinců a genetická diverzita populace tak odpovídá přirozeným populacím podobné velikosti. Stejně dobře se ovšem může jednat o lokalitu původní, neb svými genetickými charakteristikami nijak nevybočuje z celkového souboru populací. Naše data tak o původnosti této populace nic neříkají.

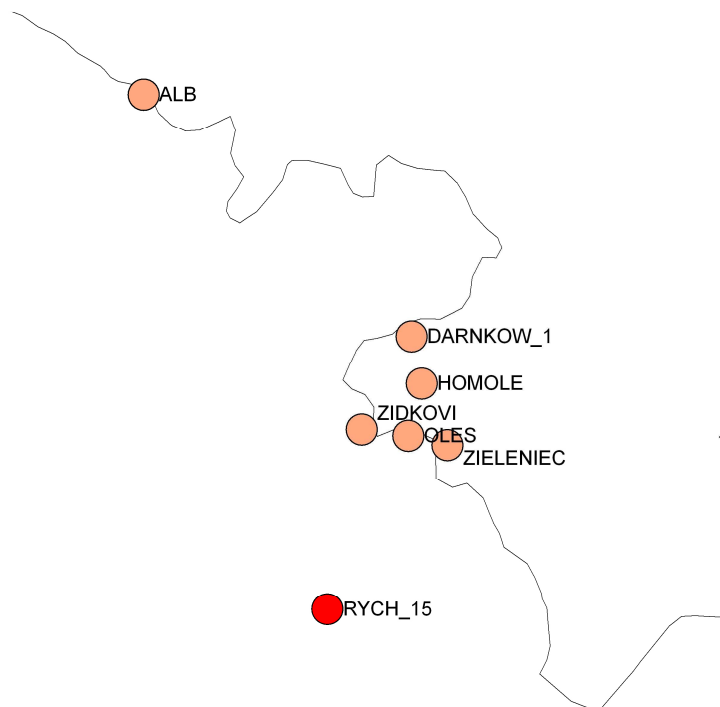
Dne 20. 4. 2016

Zpracovali Zuzana Münzbergová, Maria Šurinová a Iveta Husáková

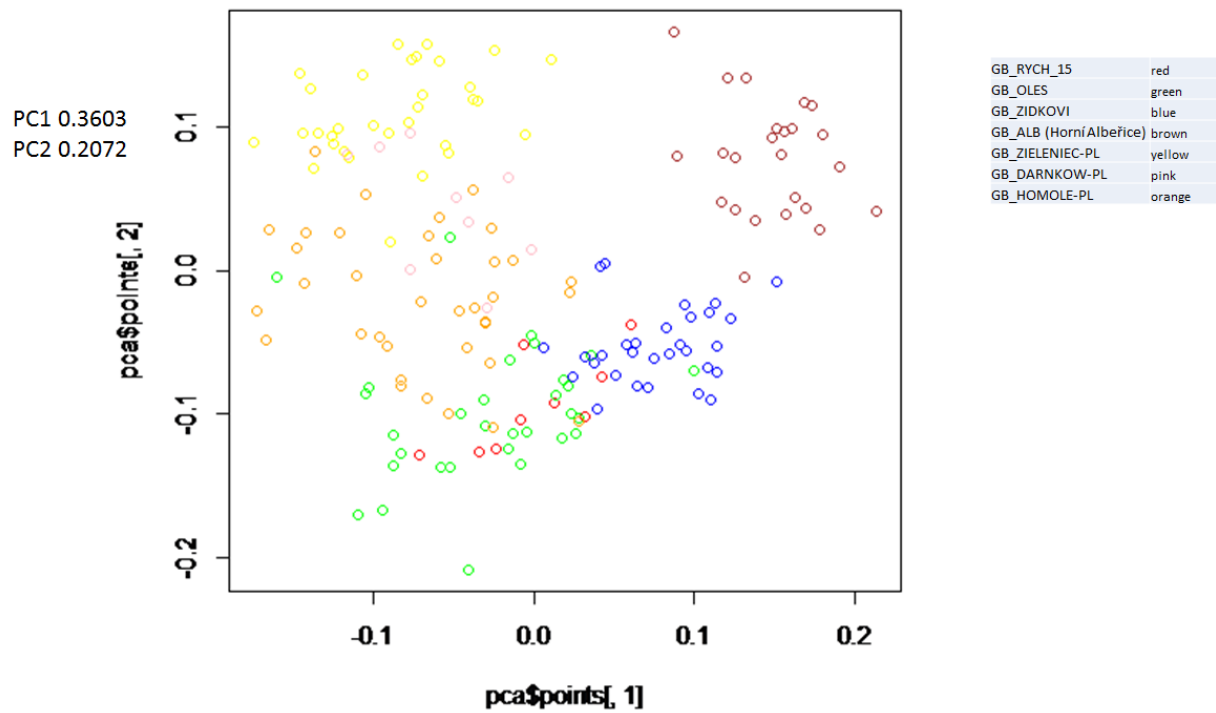
Botanický ústav AV ČR

další info na emailu zuzmun@natur.cuni.cz

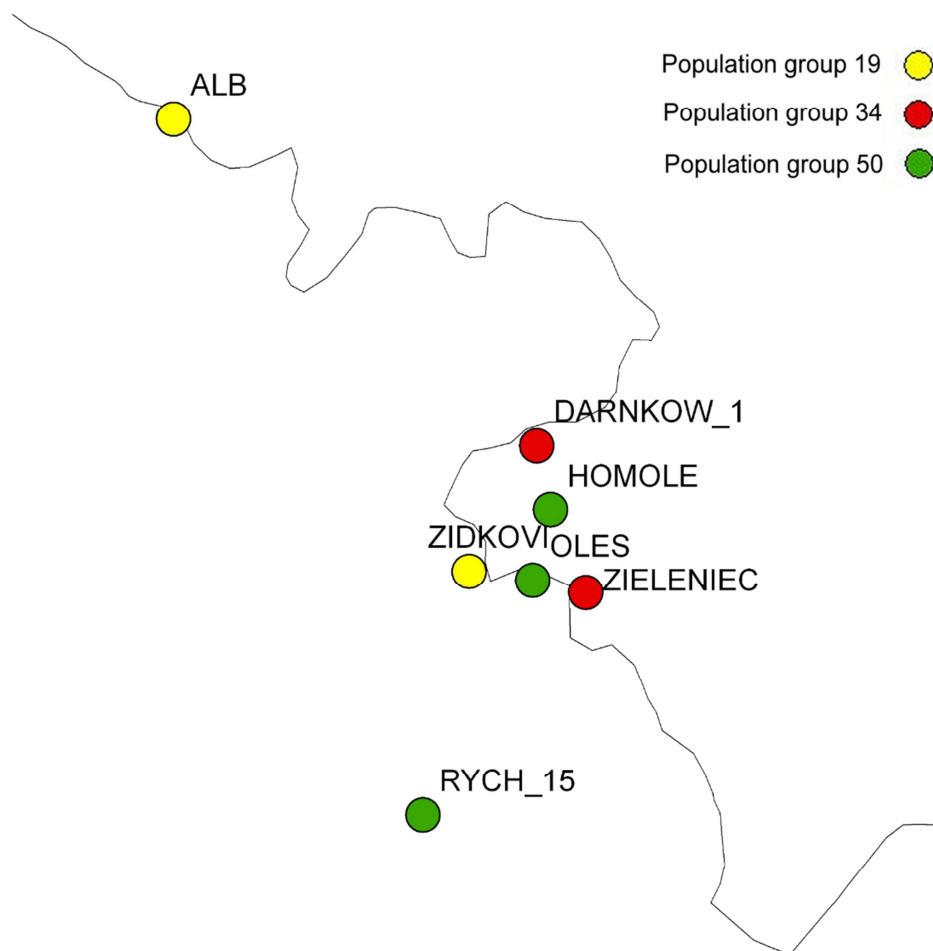
Obrázek 1. Pozice okolních lokalit hořečků, s nimiž lokalitu Rychnov srovnáváme.



Obrázek 2. PCA analýza ukazující genetickou podobnost jedinců populace Rychnov s ostatními okolními populacemi. Červeně značen Rychnov. Analýza naznačuje blízkou podobnost s lokalitami Olešnice (zelená), Židkovi (modrá) a Homole (oranžová). Teoreticky by mohla být lokalita Rychnov výsevem z těchto populací, nicméně se nejedná o žádný důkaz. I původní populace jsou si velmi podobné.



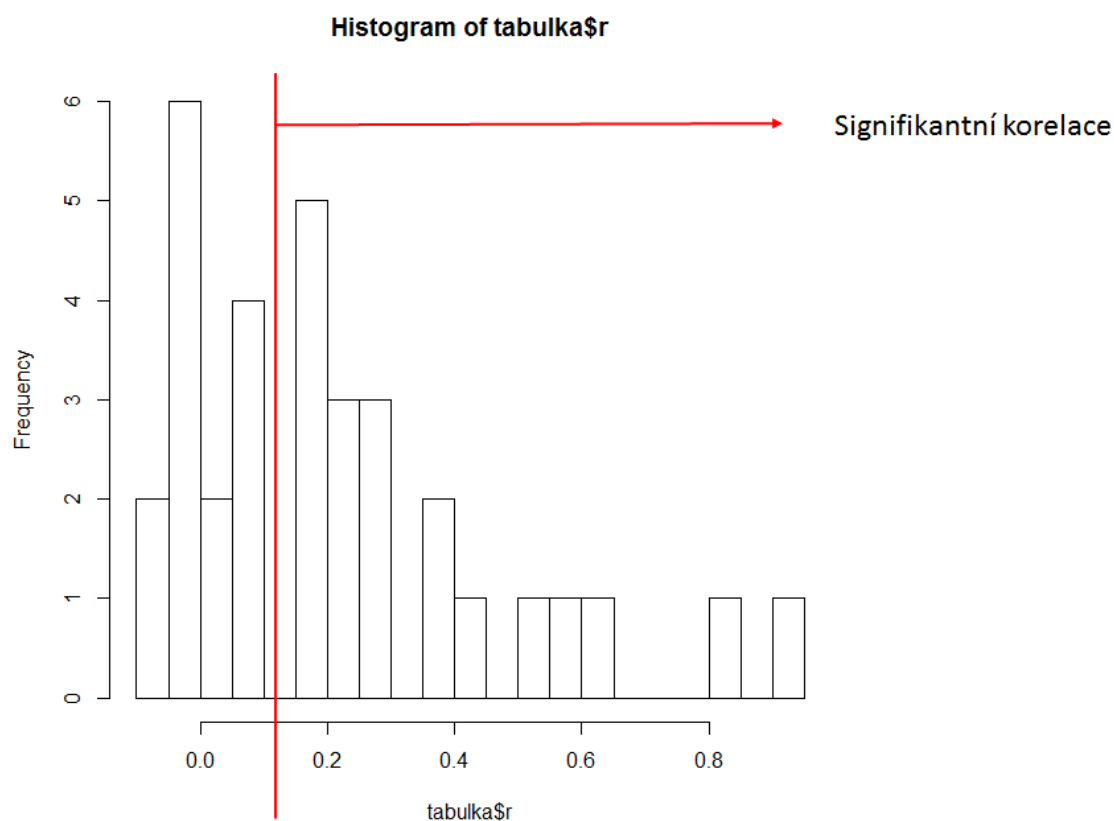
Obrázek 3. Výsledek STRUCTURE analýzy ukazující nejpravděpodobnější dělení poulací do skupin na základě genetické podobnosti. Tato analýza naznačuje příslušnost populace Rychnov k populacím Olešnice a Homole. Další skupinu tvoří populace Horní Albeřice a Žídkovi, tj. to že více populací spadá do jedné skupiny též nic o výsevu nedokazuje. Srovnání podobné analýzy napříč celým areálem druhu ukazuje, že skupiny identifikované v této části areálu, se jinde v areálu nevyskytují. Tj. určitě se nejedná o výsev z jiné části areálu. Pokud k výsevu došlo, byl proveden z nejbližších populací. Ale to, že se o výsev jedná nelze potvrdit.



Tabulka 1. Výsledky analýzy molekulární variance, ukazující % genetické variability vysvětlené populací při párovém srovnání populace Rychnov s okolními populacemi. Pro srovnání je uvedeno též párové srovnání všech ostatních populací. Žádný pár populací se od sebe průkazně neliší. Populace v tomto území jsou si tedy všechny poměrně blízké, a opět to neumožňuje říct nic původu Rychnovské populace.

	Ole	Zid	Ziel	Darn	Hom	Alb
Rych	6	50	11	17	23	69
Ole		24	0	11	10	40
Zid			32	45	19	21
Ziel				14	19	47
Darn					28	71
Hom						37
% variance between populations, NS in all cases						

Obrázek 4. Jednou z teoretických možností, jak dokázat výsev populace by byla absence prostorové genetické struktury, která by se projevila jako absence korelace mezi genetickou a geografickou vzdáleností. Ta se v populaci vytváří až po určité delší době existence populace v důsledku omezeného šíření semen a pylu. Materiál, který z této populace máme k dispozici, bohužel nemá zaznamenány geografické pozice rostlin, tj. tuto korelaci nelze stanovit. Obrázek níže ukazuje tuto korelaci napříč ostatními populacemi druhu. Jedná se o frekvenční histogram - tj. na ose Y je počet populací ukazující danou míru korelace. Populace vpravo od červené čáry vykazují průkaznou korelaci, jak by odpovídalo teoretickému předpokladu. Existuje však i řada přirozených populací, kde se tato korelace nevyskytuje (populace vlevo od červené čáry). V konkrétních populacích lze tuto absenci vysvětlit různými typem managementu, kdy dochází často k přemísťování semen v rámci lokality. Z tohoto plyne, že získávat nové vzorky s geografickou pozicí by bylo zbytečné, neb absence prostorové struktury by nic nedokazovala.



Obrázek 5. Srovnání genetické diversity jednotlivých populací druhu, ukazující pozici lokality Rychnov v pozorované škále genetické diversity napříč všemi populacemi (červená šipka). Tato populace je 29 nejbohatší populace z 57 studovaných populací. Bylo by možné očekávat, že uměle založená populace bude geneticky velmi chudá. Tato populace je geneticky poměrně bohatá. To může ukazovat buď na to, že se nejedná o výsev, či na to, že byl výsev proveden z dostatečně bohatého materiálu (pravděpodobně z materiálu z více sousedních populací – pravděpodobně Olešnice a Žídkovi – viz obrázky výše).

