



Výzkumný ústav
lesního hospodářství
a myslivosti, v. v. i.

TISKOVÁ ZPRÁVA

Genetický výzkum se zaměřil na významné populace smrku

Strnady – 10. května 2017 – Celkem 12 významných dílčích populací smrku ztepilého z lokalit v celé České republice analyzovali vědečtí pracovníci z Výzkumného ústavu lesního hospodářství a myslivosti, v. v. i. Konkrétně zjišťovali pomocí analýz DNA jejich genetickou rozmanitost a porovnávali genetické vzdálenosti mezi jednotlivými populacemi. Výsledky přenesli do map, které v budoucnu pomohou při sledování změny stavu diverzity našich lesů, např. v souvislosti s působením biotických i abiotických činitelů na lesní ekosystémy. Výsledky lze využít i jako jeden ze vstupních údajů pro aktualizaci oblastních plánů rozvoje lesů nebo při vyhlášení genových základů.

Mapy dále zobrazují zastoupení regionálních populací smrku ztepilého v národních parcích, přírodních rezervacích a genových základnách. Jsou součástí uceleného souboru, který vznikl díky projektu Národní agentury pro zemědělský výzkum. Kromě smrku vypracovali odborníci na biologii a šlechtění lesních dřevin genetické charakterizace významných populací dalších druhů lesních dřevin, konkrétně borovice lesní, jedle bělokoré, buku lesního, dubu zimního a dubu letního. Dávají tak k dispozici cenné informace, které pro území České republiky dosud nebyly k dispozici.

V přílohách metodické příručky je i mapa zobrazující lokality aktuálně i v minulosti vyhlášených genových základů pro smrk ztepilý a jinak významné lokality této dřeviny.



Kvalitní smrkové porosty v Krušných horách na Nejedeku, foto Jan Řezáč



Výzkumný ústav lesního hospodářství a myslivosti, v. v. i.

V příručce jsou v tabelární formě shromážděny údaje o významných výskytech smrku ztepilého na území ČR, **kte**ré mají **potenciálně přírodě bližší charakter a mohly by být proto zajímavé z pohledu genetického výzkumu**. Genetická charakterizace byla zpracována **pro populace smrku ztepilého** například z Polabí, Orlických a Krušných hor, Šumavy, Beskyd nebo Českomoravské vrchoviny. Jak je patrné z map, reprezentují dané populace poměrně dobře přirozené rozšíření smrku ztepilého na našem území.

Jednou z nejvýznamnějších genetických charakteristik je zhodnocení genetických vzdáleností mezi populacemi. Z hodnocení vyplývá, že geneticky blízké jsou si populace chlumního ekotypu z Polabí a ze Středočeské pahorkatiny, stejně jako populace z Lužické pískovcové vrchoviny a z Krušných hor. Nejvyšší genetická vzdálenost byla zjištěna mezi populacemi z Orlických hor a ze Šumavy.

Při souhrnném zhodnocení lze konstatovat, že u všech populací se projevují vyšší hodnoty diverzity. Vzájemné rozrůznění mezi populacemi jsou malé, ale nejsou zanedbatelné a dokazují **významné strukturování českých populací smrku ztepilého**.

Populace smrku ztepilého, pro které je genetická charakterizace k dispozici, představují pouhý zlomek z celkového počtu regionálně či lokálně významných populací této dřeviny.

Mapy jsou součástí metodické příručky vydané VÚLHM v letošním roce. Metodika je ke stažení zde: http://www.vulhm.cz/sites/File/vydavatelska_cinnost/lesnický_průvodce/LP_2_2017.pdf

Kontakt na řešitele projektu: Ing. Jiří Čáp, e-mail: cap@vulhm.cz, Výzkumný ústav lesního hospodářství a myslivosti, v. v. i., Útvar biologie a šlechtění lesních dřevin



Přirozené zmlazení smrku v Krušných horách, foto Jan Řezáč