



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

## TISKOVÁ ZPRÁVA

### Vědci zmapovali významné regionální populace jedle bělokoré v ČR

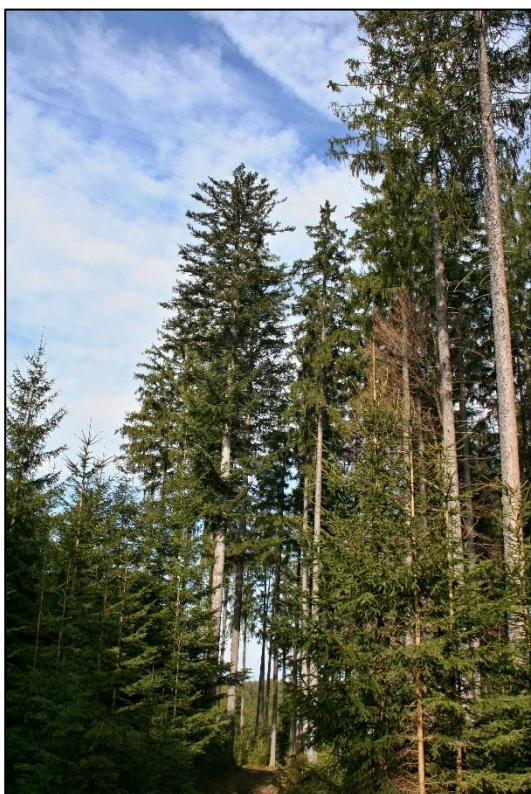
Strnady – 22. listopadu 2016 – Odborníci na biologii a šlechtění lesních dřevin z Výzkumného ústavu lesního hospodářství a myslivosti, v. v. i., zmapovali významné regionální populace jedle bělokoré v České republice. Genetická charakterizace potomstev domácích druhů lesních dřevin představuje cennou informaci, která pro území České republiky dosud nebyla k dispozici.

Výsledky projektu Národní agentury pro zemědělský výzkum (NAZV) lze považovat za jeden z prvních příspěvků k získání znalostí tohoto typu. Projekt NAZV je kromě jedle bělokoré zaměřen ještě na smrk ztepilý, borovici lesní, buk lesní, dub zimní a dub letní.

„Zpracované mapové podklady bude možno využít například při sledování změn stavu diverzity našich lesů v souvislosti s působením biotických i abiotických činitelů na lesní ekosystémy. Výsledky mohou posloužit i jako jeden ze vstupních údajů pro aktualizace oblastních plánů rozvoje lesů zpracovávaných Ústavem pro hospodářskou úpravu lesů (ÚHÚL). Do budoucna lze uvažovat i o možnosti využití při stanovování pravidel pro přenos reprodukčního materiálu jedle bělokoré v rámci ČR a při vyhlášení genových základů,“ upřesňují autoři studie.

Jedle bělokorá byla v dřívějších dobách na našem území významnou dřevinou, jejíž přirozené zastoupení před začátkem výraznějších antropogenních vlivů dosahovalo 19,8 % (Zpráva o stavu lesa a lesního hospodářství ČR 2015). Aktuálně dosahuje v ČR její zastoupení s 28 251 ha redukované plochy pouze 1,1 %. Do budoucna

se však uvažuje, že by měl její podíl vzrůst na 4,4 %. S ohledem na v minulosti silné znečištění ovzduší a na lesnické preference ostatních jehličnanů byl tedy ústup jedle z lesů v některých částech přirozeného areálu poměrně razantní.



Genová základna č. 160-3, Hofwald, LČR LS Janovice, foto J. Čáp

Genová základna č. 46, Černé údolí, LČR LS Nové Hradky, foto J. Čáp



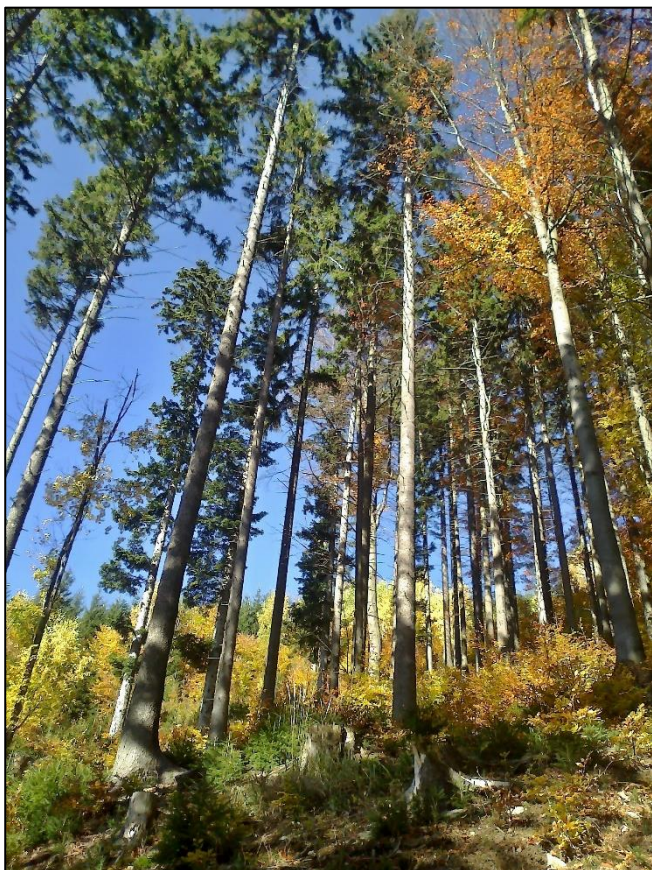


## Výzkumný ústav lesního hospodářství a myslivosti, v. v. i.

Jedním z příspěvků k záchraně jedle je i vyhlášení chráněných území různých kategorií a genových základů. Těchto specificky lesnických objektů zaměřených na zachování především autochtonních genetických zdrojů dané dřeviny však v poslední době ubylo. Ještě v roce 2006 jich bylo platně vyhlášeno 35, k 30. 4. 2016 však již aplikace ERMA 2, spravovaná ÚHÚL, evidovala pouze 15 genových základů jedle bělokoré. Změnu v tomto nepříznivém trendu by měl přinést vyhlášený Národní program ochrany a reprodukce genofondu lesních dřevin na období 2014–2018 (dále jen „Národní program“), na který budou v budoucnu postupně navazovat jeho další etapy.

Pro účely sestavení map řešitelé využili evidence genových základů jako součást webové aplikace ERMA 2 a oblastní plány rozvoje lesů – OPRL. Dalším zdrojem informací bylo pro tento konkrétní účel dotazníkové šetření (2013–2015), v rámci kterého byly osloveny všechny lesní správy a lesní závody LČR, s. p., a další významní vlastníci a správci lesních majetků (VLS, s. p., obecní a velké soukromé majetky, školní lesní podniky ap.).

Graficky jsou znázorněny lokality platně vyhlášených genových základů pro jedli bělokorou. Dále jsou uvedeny lokality s významnějším i méně významným výskytem jedle bělokoré v národních parcích, národních přírodních rezervacích, přírodních rezervacích, národních přírodních památkách a přírodních památkách.



*Genová základna č. 232, Stříbrnice, LČR LS Hanušovice,  
foto J. Čáp*



*Genová základna č. 232, Stříbrnice, LČR LS  
Hanušovice, foto J. Čáp*



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

---

Základní genetické charakteristiky populací jedle bělokoré získané pomocí analýz DNA jsou v ČR zatím k dispozici z 8 lokalit – ty jsou též uvedeny na mapě. Pomocí analýz DNA s využitím 8 jaderných mikrosatelitových markerů získali vědečtí pracovníci genetické charakteristiky vybraných populací a ověřili především úroveň jejich genetické diverzity a vzájemné genetické vzdálenosti.

Při souhrnném zhodnocení lze konstatovat, že u všech populací se projevují vyšší hodnoty genetické diverzity. Vzájemné diference mezi populacemi jsou sice malé, ale nejsou zanedbatelné a dokazují významné strukturování českých populací jedle bělokoré.

Genetické vzdálenosti sledovaných populací přibližně odpovídaly i jejich geografickým vzdálenostem.

Publikace obsahuje též tabulky s údaji o významných i méně významných výskytech jedle bělokoré na území ČR, které mají potenciálně přírodě bližší charakter a mohly by být proto zajímavé z pohledu genetického výzkumu.

Mapové přílohy jsou součástí metodiky z řady Lesnický průvodce. Certifikovaná metodika Genetická charakterizace významných regionálních populací jedle bělokoré v České republice je ke stažení zde: <http://bit.ly/2fnTcs2>

*Kontakt na autorský kolektiv:*

*Ing. Martin Fulín a kol., e-mail: [fulin@vulhm.cz](mailto:fulin@vulhm.cz)*

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

*Strnady 136, 252 02 Jíloviště*