

Není kopretina jako kopretina aneb Genetická diverzita lučních druhů a regionální osevní směsi

Kdybychom měli hodnotit stav českých luk optikou Václava Havla, museli bychom podobně jako on v inauguračním projevu z r. 1990 říct, že naše louky nevzkvétají. Výrazně v nich ubylo barevných květů a z mnohých se stala jen jakási pole na trávu. Louky v sousedních zemích jsou na tom podobně. Nepřekvapuje tedy snaha o navrácení původních lučních bylin. Jedním z účinných prostředků je dosev pomocí regionálně specifických osevních směsí. Řada druhů vytváří regionálně adaptované populace a zanesení genotypů s jinými vlastnostmi prostřednictvím cizího osiva by mohlo stávající populace ještě více oslabit. Nejdále je s výzkumem genetické diverzity lučních druhů sousední Německo, které již může předvést konkrétní výsledky. V České republice podobný systematický výzkum započal v r. 2024.

O stavu středoevropských luk

Tradiční louky se spoustou kopretin, pryskyřníků, chrastavců, zvonků a dalších oku lahodících druhů jsou dnes v některých krajích doslova raritou. Velká část českých luk byla v minulosti přeměněna v pole nebo v rámci intenzivního zemědělství hnojena do té míry, že tyto krásné druhy vymizely. Z části luk se tak stala jednolitá pole na trávu s několika vysoce produkčními druhy. Louky a pastviny na hůře přístupných místech nebo na málo úživných půdách zůstaly často ležet ladem a postupně zarostly náletovými dřevinami.

Většinu tradičních květnatých luk tak najdeme pouze tam, kde probíhá pravidelná seč, ale produkce biomasy není prioritou (obr. 1 a na 2. str. obálky). Květnaté louky však mají v krajině nezastupitelné místo. Vedle nezpochybnitelného estetického přínosu jsou hodnotné i z hlediska kulturního dědictví středoevropské krajiny, která je ve své podstatě dlouhodobě zemědělská. Uměle vytvořené louky na místech dřívějších lesů tak dávají nový ráz kulturní krajině, který je v zájmu všech třeba udržovat. Louky představují v našich zeměpisných šířkách biotop s bezkonkurenčně nejvyšší

1 Příklad zachovalé druhově bohaté louky v okolí Malé Skály v Českém ráji.

Foto T. Chýlová

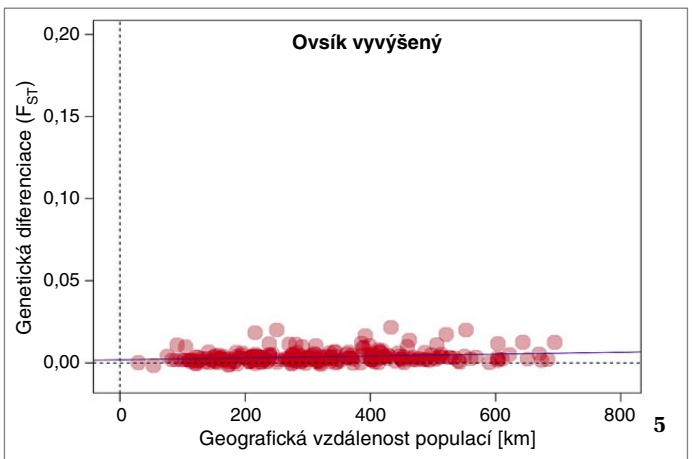
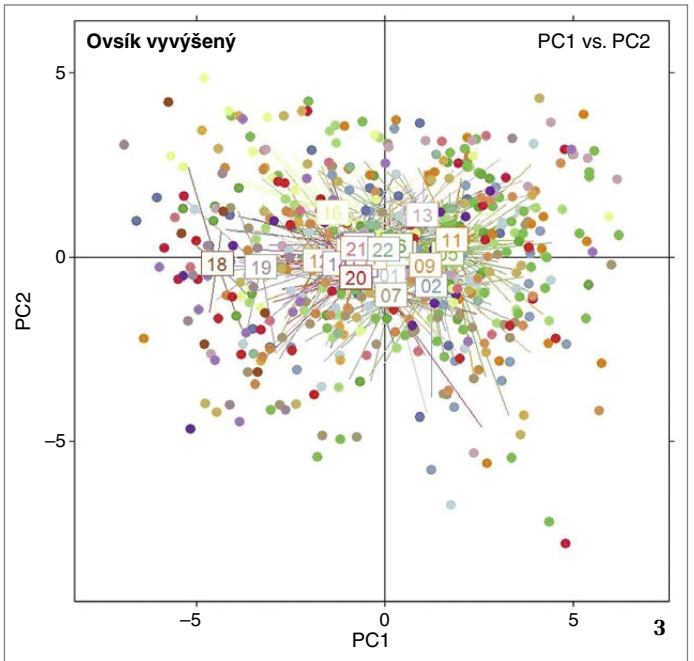
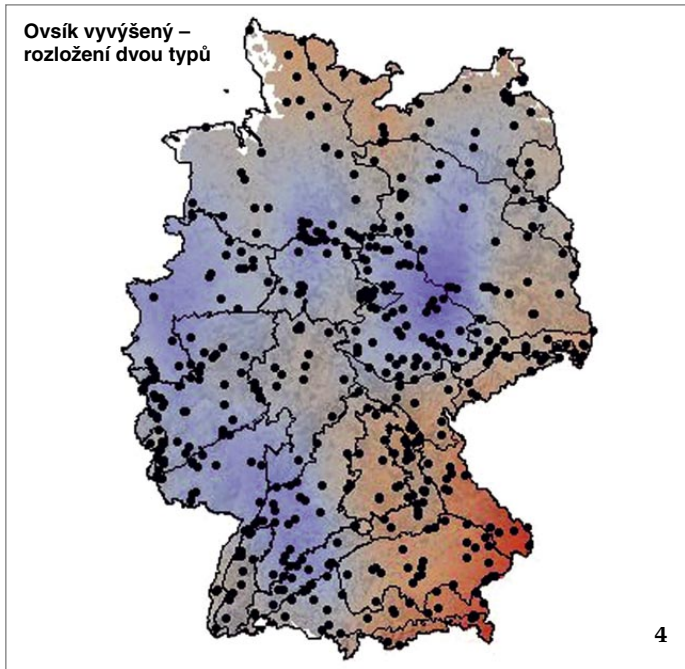
2 až 5 Ovsík vyvýšený (*Arrhenatherum elatius*, obr. 2) jako příklad druhu s malou genetickou diferenciací – výsledek vyhodnocení testů DNA pomocí ordinanční analýzy hlavních komponent (PCA): barvy odpovídají 22 geografickým regionům Německa (3), mapa rozložení dvou výsledných typů (4), vztah genetické a geografické vzdálenosti jednotlivých populací, ukazující jejich faktickou genetickou podobnost (5).

Na ose x je vynesena geografická vzdálenost, na ose y genetická vzdálenost.

Foto: Databáze Wendys (obr. 2)

druhovou rozmanitostí na malé škále. Jsou domovem mnohých, často chráněných druhů rostlin i živočichů. Na louky a jejich kvetoucí byliny je navázáno množství opylovačů i dalšího hmyzu, např. rychle mizejících motýlů. Známým příkladem je modrásek bahenní, jehož přežití je vázáno na přítomnost krvavce totenu (*Sanguisorba officinalis*). Úbytek postihl i další druhy modrásků (modráška černoskrvného, m. hořcového, m. očkovaného, m. ligrusového, m. komicového, m. vikvicového, m. stepního nebo m. pumpavového, více v Živě 2021, 1: 32–34). Mnohá druhová jména dalších mizejících motýlů ukazují na jejich vazbu na luční byliny. Jde např. o hnědásku chrastavcového, ohniváčka rdesnového nebo hnědásku diviznového. Na přítomnost luk a lučních bylin se dále váže řada ptáků a savců, kteří v jednolité agrární krajině trpí nedostatkem různorodé potravy a jejich výskyt povážlivě klesá. Jde např. o zajíce polního, jenž na loukách nachází rozmanitou potravu, zatímco po konzumaci řepky často hyne na kokcidiózu. Druhová pestrost se odráží v dobrém stavu mikroorganismů v půdě, nezbytných pro fungování půdních procesů. Není proto divu, že se v poslední době čím dál tím víc objevují snahy tradiční





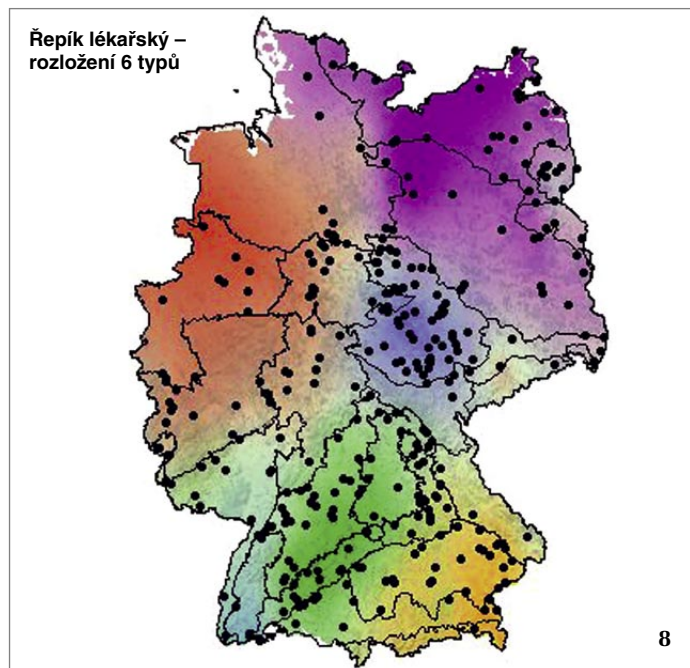
Tab. 1 Druhy přirozených travních společenstev studované v německém projektu (blíže v textu). V rámci některých druhových agregátů byly dodatečně rozlišeny další druhy a ploidní úrovně – druhy v rámci agregátů jsou uvedeny se zkráceným rodovým jménem a odsazením, ploidní úrovně za latinskými jmény.

řebříček obecný	<i>Achillea millefolium</i> agg.	svízel bílý	<i>Galium album</i>
– ř. obecný pravý	<i>A. millefolium</i> sensu stricto, 6x	prasetník kořenatý	<i>Hypochaeris radicata</i>
– ř. chlumní/luční	<i>A. collinal/pratensis</i> , 4x	chrastavec rolní	<i>Knautia arvensis</i> – 2x, 4x
řepík lékařský	<i>Agrimonia eupatoria</i>	hrachor luční	<i>Lathyrus pratensis</i>
psineček obecný	<i>Agrostis capillaris</i>	kopretina bílá	<i>Leucanthemum vulgare</i> agg.
tomka vonná	<i>Anthoxanthum odoratum</i>	– k. irkutská	<i>L. ircutianum</i> , 4x
ovsík vyvýšený	<i>Arrhenatherum elatius</i>	– k. bílá pravá	<i>L. vulgare</i> sensu stricto, 2x
rdesno hadí kořen	<i>Bistorta officinalis</i>	štírovník růžkatý	<i>Lotus corniculatus</i>
sveřep vzpřímený	<i>Bromus erectus</i>	kohoutek luční	<i>Lychnis flos-cuculi</i>
zvonek okrouhlolistý	<i>Campanula rotundifolia</i> – 2x, 4x	bedrník obecný	<i>Pimpinella saxifraga</i> – 2x, 4x
chrpa luční	<i>Centaurea jacea</i>	černohlávek obecný	<i>Prunella vulgaris</i>
paličkovec šedavý	<i>Corynephorus canescens</i>	pryskyřník prudký	<i>Ranunculus acris</i>
pohánka hřebenitá	<i>Cynosurus cristatus</i>	šalvěj luční	<i>Salvia pratensis</i>
prýšec chvojka	<i>Euphorbia cyparissias</i> – 2x, 4x	silénka nadmutá	<i>Silene vulgaris</i>
kostřava červená	<i>Festuca rubra</i> agg.	mateřídouška vejčitá	<i>Thymus pulegioides</i>
– k. červená načernalá	<i>F. rubra</i> subsp. <i>commutata</i>	kozí brada luční	<i>Tragopogon pratensis</i> agg.
– k. červená pravá	<i>F. rubra</i> sensu stricto	– k. brada luční pravá a menší	<i>T. pratensis</i> sensu stricto včetně <i>T. minor</i>
tužebník jilmový	<i>Filipendula ulmaria</i>	– k. východní	<i>T. orientalis</i>

louky a travní porosty s kvetoucími bylinami obnovit, a to jak na místech, kde se v minulosti vyskytovaly, tak i v rámci rekultivace míst poničených činností člověka, např. na výspěch. K obnově jsou často používány oseední směsi. Ve směsích jsou sice semena žádaných druhů, velká část z nich ale obsahuje semena pouze z jednoho, mnohdy značně vzdáleného zdroje, což může znamenat riziko pro místní populace.

Regionální rozdíly v rámci tradičních lučních druhů
Širší veřejnosti je dobře známo, že jednotlivé kraje mají specifické odrůdy ploidin, jež v dané oblasti dobře prosperují. V obecném povědomí je však už méně zakotveno, že se podobně specifické populace vyskytují i u planě rostoucích rostlin. Ve vědeckém světě se poznatky o existenci takových regionálních ekotypů, dobře při-

způsobených místními podmínkami, začaly objevovat od 20. let minulého století a od té doby se výzkum stále rozvíjí. Regionální přizpůsobení populací běžných lučních druhů výborně dokládají nedávné studie německých kolegů (Bucharová a kol. 2017), kteří pěstovali rostliny 7 vybraných druhů ze semen sebraných v 8 rozdílných regionech. Jejich hlavní zjištění lze shrnout v několika bodech.



● Populace z jednotlivých regionů se liší ve svém růstu a kvetení, včetně jeho načasování, což naznačuje provázanost se společenstvy hmyzu.

● Většina populací reaguje na specifické podmínky jednotlivých regionů rozdílně.

● Velká část populací si vede nejlépe ve svém domovském regionu, což naznačuje jejich přizpůsobení místním podmínkám.

Ohrožení regionálních populací a možné řešení

Pokud se prostřednictvím nespécifické oševní směsi dostanou do daného regionu rostliny odjinud, hrozí, že nebudou náležitě prospívat. Nebezpečí hrozí i místním přizpůsobeným rostlinám v okolních populacích, které křížením s nově přichozími mohou začít ztrácet své specifické vlastnosti, umožňující jim zdárný růst v daném území. Celé populace tak mohou začít chřadnout a postupně vymírat, což negativně ovlivní i další organismy vázané na příslušný druh, a tím i celý ekosystém (např. Hufford a Mazer 2003).

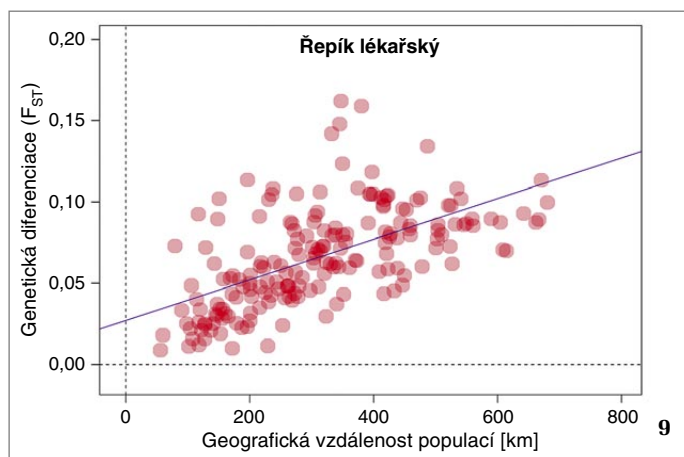
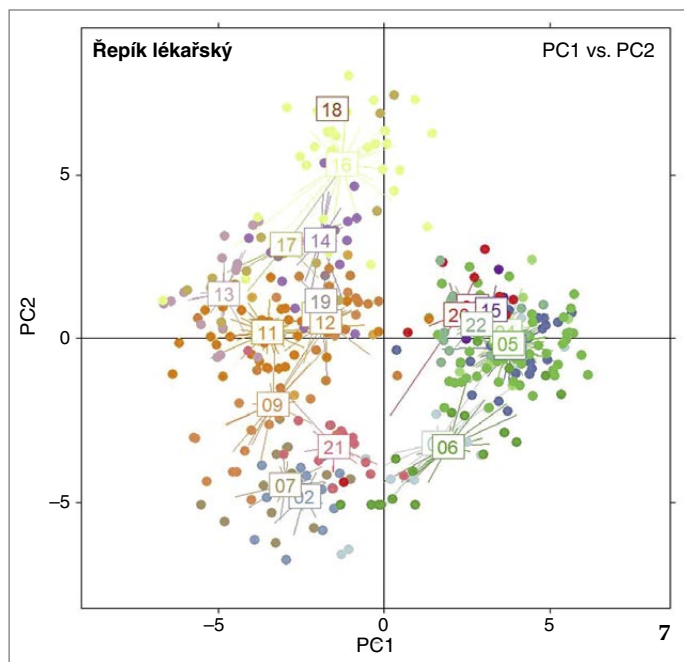
Tyto poznatky se odrazily v praxi ekologické obnovy, v níž je nejdále právě sousední Německo. Pro obnovu travních porostů ve volné krajině je zde od r. 2020 povinné užívat pouze osiva regionálního původu. Pro tento účel bylo stanoveno 22 regionů – oblastí původu (obr. 13). Dané oblasti byly vymezeny na základě obecných přírodních

kritérií, tedy klimatu, půdních vlastností a struktury krajiny. Zanesení osiva ve volné krajině mimo konkrétní, takto určený region je považováno za protizákonné.

Slabiny arbitrárního řešení a vědecké řešení problému

Zavedení závazných regionů původu bylo v ekologické obnově bezpochyby revolučním krokem. Zároveň ale nepřekvapí, že zvláště u menších regionů naráží tento systém na velké náklady pěstování regionálně specifického osiva. Zejména mezi terénními pracovníky ochrany přírody tak vyvstala otázka, zda by systém nešlo zjednodušit. Současně se objevily pochybnosti, jestli takto arbitrárně vytyčené regiony odrážejí skutečnou míru regionálního přizpůsobení populací lučních druhů. Je zcela zřejmé, že přímé testování přizpůsobení lučních druhů podmínkám v daných územích podobné dřívějšímu pokusu v Německu (viz výše) by bylo kvůli technické náročnosti stěží uskutečnitelné. Jako řešení se nabízela genetická analýza populací vybraných druhů. Metoda sice neodhalí možná regionální přizpůsobení, ale zjistíme, které populace jsou si blízké, a lze u nich tedy očekávat podobné vlastnosti.

V rámci německého projektu RegioDiv tak byla analyzována genetická variabilita 28 druhů typických pro přirozená travní společenstva. V několika případech šlo

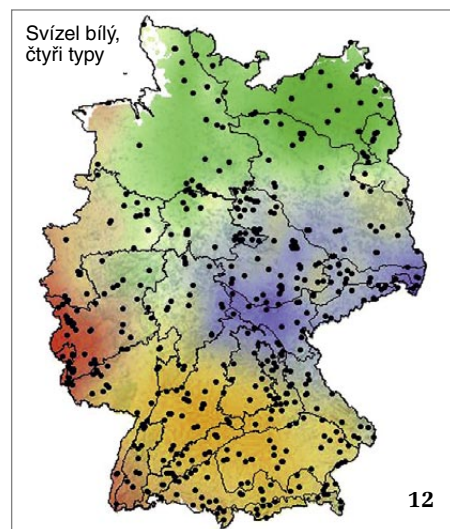
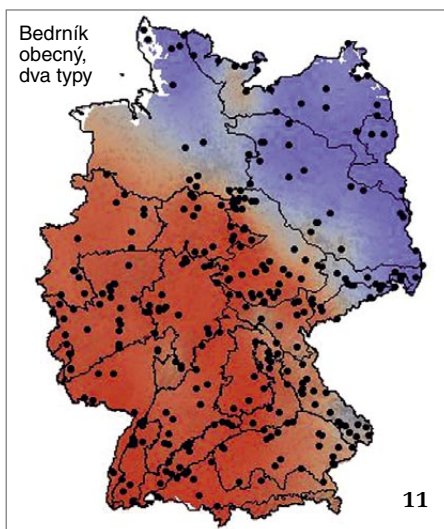
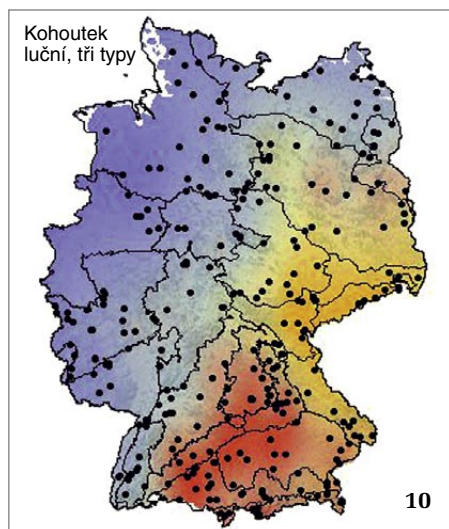


o skupiny blízké příbuzných, v terénu obtížně odlišitelných druhů (druhovité agreáty). Některé druhy kromě toho měly více ploidních úrovní (rozdílný počet kopií celého genomu, lišících se svou velikostí i metabolickými procesy, více v Živě 2021, 3: 110–113), které mohou představovat až odlišné biologické druhy (tab. 1). Jednotlivé druhy v rámci agreátů i ploidní úrovně byly následně určeny v laboratoři cytometrickými metodami a nadále analyzovány samostatně.

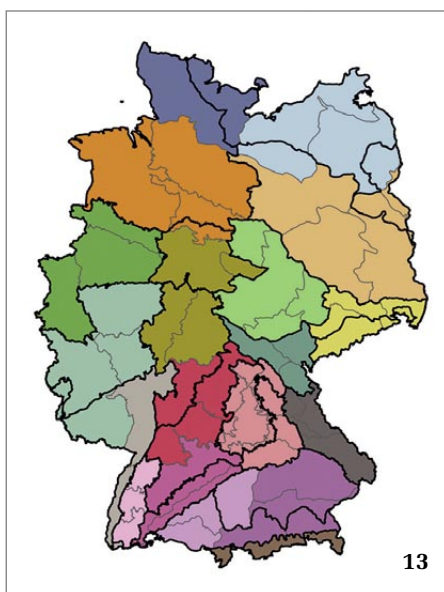
Cílem výzkumu bylo zjistit, nakolik genetická struktura populací odpovídá geografickému vymezení oblastí (obr. 13). K tomu sloužila poměrně hustá síť sběrů, která zahrnovala všechny dříve zmíněné geografické oblasti. Aby pokrytí bylo co nejlepší a nejvyváženější, některé byly ještě rozděleny na tři až čtyři podoblasti. Na sběru vzorků se podíleli převážně dobrovolníci, místní botaničtí nadšenci, kterých bylo okolo 160. Na každé lokalitě sebrali od každého druhu pět vzorků, dohromady napříč druhy účtyhodných 19 tisíc vzorků na celkově 2 500 lokalitách. Hustota pokrytí celého Německa tak odpovídala průměrně jedné lokalitě na čtverec přibližně 25 × 25 km.

Genetická analýza a její výsledky

Molekulárními technikami byl analyzován jeden vzorek pro druh a lokalitu (podrobněji v doplňující tab. na webu Živy).



6 až 9 Řepík lékařský (*Agrimonia eupatoria*, obr. 6) jako příklad druhu s vysokou genetickou diferenciací – výsledek ordinanční analýzy PCA: barvy a čísla odpovídají geografickým regionům Německa (7), mapa rozložení 6 výsledných typů (8) a vztah genetické a geografické vzdálenosti jednotlivých populací (9). Foto A. Lepší (obr. 6)
10 až 12 Druhy vykazující jasné geografické trendy. Kohoutek luční (*Lychnis flos-cuculi*) s východozápadním gradientem (obr. 10), bedrník obecný (*Pimpinella saxifraga*) se severojižním gradientem (11) a svízel bílý (*Galium album*) s kombinací obou typů gradientů (12)
13 Odborný návrh rozdělení Německa na 19 regionů (rozlišených barevně) jako kompromis mezi algoritmickým řešením a minimalizací změny hranic (silné linie – hranice současných 22 regionů). Více v textu



Získaná data byla poté dále zpracována pomocí tří stěžejních metod, užívaných ke zjištění genetické struktury populací. První z nich byla mnohorozměrná analýza, s jejíž pomocí byla definována míra podobnosti jednotlivých populací v rámci jednotlivých druhů (obr. 3 a 7). Použitím těchto dat byl pak další analýzou pro každý druh nalezen nejpravděpodobnější počet dobře odlišitelných genetických skupin. Souhrn analýz ukázal, že pro většinu druhů je možné počet regionů snížit na maximálně 8, namísto původních 22 zakotvených v zákoně. Zmíněný počet regionů na druh se však nedá jednoznačně interpretovat jako jednotlivé specifické regiony původu osiva daného druhu. Důvodem je, že někdy bývají regiony geneticky jednotné, „čisté“, jindy naopak smíšené a vyskytuje se v nich genotypů více. Barevné mapy (např. obr. 4 a 8) ukazují prostorové rozložení genetických skupin. Na základě těchto výsledků vznikly mapy ukazující prostorovou genetickou strukturu populací konkrétních druhů. Z map tak lze vyčíst, mezi kterými oblastmi je transfer osiva možný a kde naopak není žádoucí. Je třeba ale mít na paměti, že mezi oblastmi, kde dominují jednotlivé genotypy, existují plynulé přechody.

Dalším bodem bylo zkoumání izolace díky vzdálenosti (isolation-by-distance). Jeho cílem je zjistit, zda s rostoucí prostoro-

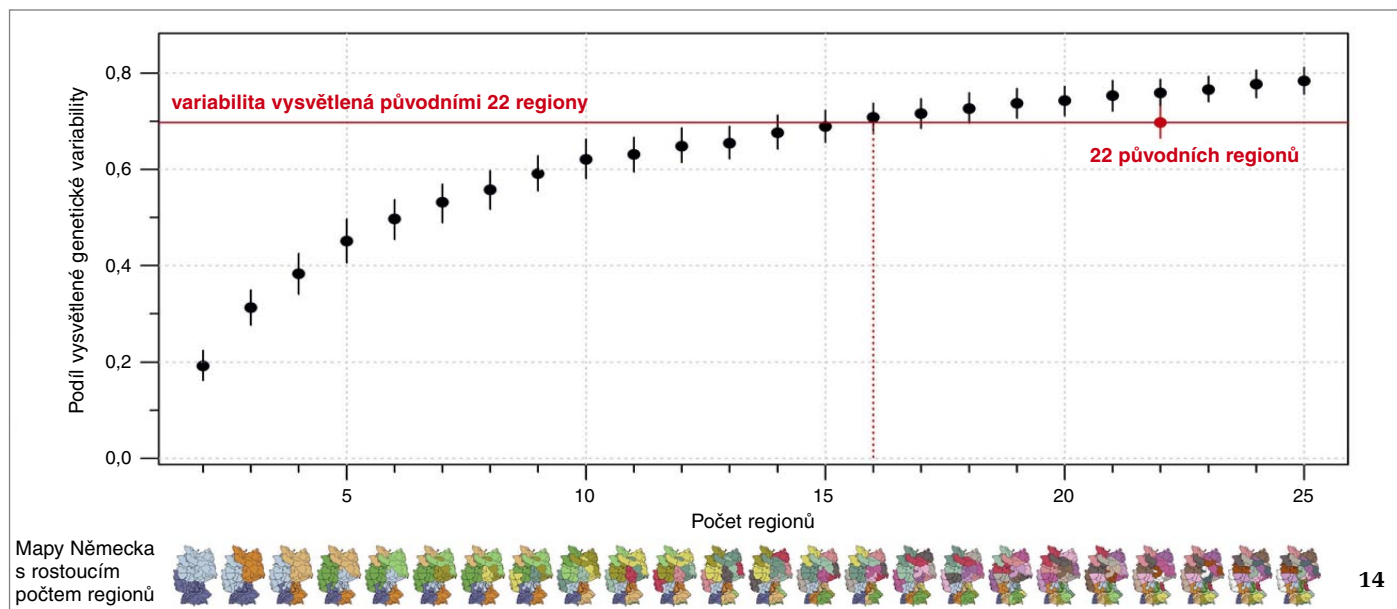
vou vzdáleností roste úměrně i genetická vzdálenost mezi populacemi. S různou intenzitou se ji podařilo prokázat u všech studovaných druhů. Znamená to tedy, že populace, které jsou si geograficky blízké, jsou si pravděpodobně blízké i geneticky. U různých druhů roste genetická odlišnost se vzdáleností různě rychle. U trav bývají obecně závislosti méně strmé (např. obr. 5), což může odrážet jejich časté vysévání bez ohledu na původ osiva, jejich hojný výskyt v krajině, ale také obecně nižší genetickou diferenciaci, danou do jisté míry cizosprašností a šířením pylu na dlouhé vzdálenosti. Výjimkou mezi travinami byl v rámci studie paličkovec šedavý (*Corynephorus canescens*), tráva s ostrůvkovitým rozšířením, vázaná svým výskytem především na specifická stanoviště písčin. Na rozdíl od trav vykazovaly byliny často mnohem strmější závislosti (obr. 9), vysvětlitelné jednak časťou vazbou na opylovače, jejichž doletová vzdálenost je typicky nižší než u pylu šířícího se větrem. Rolí může hrát i jejich častá schopnost samosprašení, která genetickou diferenciaci mezi populacemi posiluje, a sporadický výskyt v krajině poznamenané fragmentací lučních biotopů.

Výsledky zkoumání izolace díky vzdálenosti jednoznačně podpořily smysluplnost zavedení zón původu regionálního osiva. Ukázaly, že ačkoli je v rámci nově vymezených regionů transfer osiva možný, u druhů

se strmou závislostí by se podle možnosti hodilo užívat úzce regionální zdroje, sbírat semena v blízkosti zájmové lokality. Další možností je využít výdrolky z podlah skládů sena nebo seno samotné, což se v minulosti ve střední Evropě běžně dělalo a dodnes dělá v jihovýchodní části Evropy.

Vraťme se však k jednotlivým druhům a podívejme se na několik příkladů, které ukazují dva protilehlé póly spektra nízké a vysoké genetické diferenciace. Prvním z nich je tráva ovčík vyvýšený (*Arrhenatherum elatius*, obr. 2) – druh, který byl u nás stejně jako v sousedním Německu od raného novověku plošně vyséván, a v krajině je tedy hojně zastoupen. Analýzy rozlišily dvě genetické skupiny, ale i ty jsou ohraničeny jen slabě (obr. 4). Opak představuje řepík lékařský (*Agrimonia eupatoria*, obr. 6) – bylina pastvin a sušších, živinami spíše chudých stanovišť většinou na bazických geologických podkladech, indikátor mladých travníků, využívaných v nedávné minulosti jako pole, širší veřejnosti dobře známá léčivka. Rostlina je opylována hmyzem, avšak schopná i samosprašení. Druh vykazuje 6 poměrně ostře oddělených genetických skupin (obr. 8). Možné vysvětlení lze hledat v hluboké minulosti – období posledního glaciálu a následné postglaciální migrace. Řada lučních, resp. travníkových druhů se během glaciálu stáhla do několika refugií, kde se populace vyvíjely nezávisle na sobě, což vyústilo v jejich časťou genetickou odlišnost. Tato odlišnost se pak mnohdy udržovala i během migrace druhů v období postglaciálu.

Příklad dalších tří druhů ukazuje možné geografické rozložení genetických skupin. Ty mohou vykazovat gradienty – jak severojižní (bedrník obecný – *Pimpinella saxifraga*), tak východozápadní (kohoutek luční – *Lychnis flos-cuculi*), ale i kombinaci obou (svízel bílý – *Galium album*, obr. 10–12). Právě východozápadní gradient byl do jisté míry překvapením z hlediska stávajícího rozčlenění zón. Vidíme to na příkladu alpského předhůří, které bylo na základě genetických analýz rozděleno na západní a východní část. Zajímavé přitom je, že podhůří nízkých pohoří ani Alp nebyla oddělena od horských oblastí, ale naopak se s nimi propojila. S ohledem na rozdílné podmínky prostředí ve vrcholových partiích a v podhůří se totiž očekávalo rozdílné genetické složení tamních populací (obr. 13).



14

Závěrečná syntéza

Syntéza rozšíření vnitrodruhových genetických skupin u všech 33 druhů odhalila slabiny současného německého systému geograficky definovaných regionů – některé by šly sloučit, jiné je vhodné rozdělit. Na základě výsledků analýz genetické struktury jednotlivých druhů by jich stačilo 16 (obr. 14). Vedle čistě algoritmického řešení založeného na analýze hlavních komponent (PCA) je potřeba brát v úvahu i praktickou zkušenost, zejména vyhlídky na zabezpečení dostatku osiva, i biogeografickou jedinečnost některých oblastí, např. horských pásem. Na základě toho vznikl návrh 19 alternativních regionů původu osiva, propojující algoritmické řešení založené na předchozích analýzách s expertním návrhem, tedy s dalšími poznatky a praktickou zkušeností (obr. 13). Toto řešení však není konečné a je ho nutné brát hlavně jako východní bod pro další diskuzi.

Německá zkušenost jasně říká, že neexistuje jednoznačné řešení jak pro optimální počet, tak i vymezení jednotlivých regionů. Vše nasvědčuje tomu, že algoritmicky generované uspořádání zón bude jen jakýmsi prvním krokem ve vývoji možného nového uspořádání regionů původu osiva. Při vytváření případného nového uspořádání regionů by měly být zohledněny i praktické aspekty, jako např. možnosti producentů semen lučních druhů, i názory odpovědných úřadů. Ačkoliv to nebylo součástí německého projektu, první pokusy v tomto směru již byly učiněny a příslušná jednání začínají.

Situace v České republice

Na našem území není výsev domácích planých rostlin mimo rezervace nijak zvlášť zákonem regulován. Používání regionálního osiva je doporučováno Českým svazem ochránců přírody a Agenturou ochrany přírody a krajiny ČR v rámci standardu péče o přírodu a krajinu (AOPK ČR SPPK D02 001: 2017). Dodržování tohoto standardu je dobrovolné a závazný je pouze v případě, že je akce financována z veřejných peněz. Česká republika je pro tento účel rozdělena do čtyř oblastí, v jejichž rámci je žádoucí používat místní osivo – Pohoří Českého masivu a jejich podhůří, Polabí

14 Určení počtu regionů původu osiva v Německu na základě množství vysvětlené variability všech druhů (osa y) při rostoucím počtu regionů (osa x). Vodorovná červená linka značí variabilitu vysvětlenou původními 22 arbitrárně stanovenými regiony danými stávajícím zákonem. Svislá červená linka ukazuje na počet nově navržených regionů, který vysvětluje stejnou množství variability jako těch 22 arbitrárně daných. Spodní řada map ukazuje rozdělení území Německa do příslušného počtu regionů. Při vytváření syntetické mapy a testu její spolehlivosti se sloučí výsledky analýz pro všech 33 druhů a 72 podoblastí. Pomocí opakovaně klastrové analýzy jsou vytvořeny mapy s nově definovaným počtem regionů (2–25). Porovná se genetická variabilita vysvětlená různým počtem takto vytvořených regionů s variabilitou vysvětlenou původními 22 arbitrárně stanovenými oblastmi. Všechny orig. W. Durka, S. Michalski a J. Höfner

a přilehlé teplé pahorkatiny, Panonská nížina a přilehlé teplé pahorkatiny, Karpatká pohoří a jejich podhůří. Oblasti jsou stejně jako v Německu vymezeny na základě biogeografických kritérií, tedy na základě geografické konzistence, podobnosti klimatu, půdních vlastností a struktury krajiny při respektování dříve definovaných fyto geografických oblastí. Stejně jako v Německu nemají základ v genetické struktuře populací příslušných druhů. Při obnově lučních porostů je velkým problémem nedostatečná dostupnost regionálních osevních směsí. Užívání univerzálních, ve velkém produkovaných osevních směsí v sobě nese vedle možného zanesení nevhodných genotypů jednotlivých druhů (viz výše) i riziko celkové homogenizace lučních porostů a šíření nepůvodních druhů, které v nich byly opakovaně detekovány. Ti, kdo by chtěli regionální osivo použít, bývají často odkázáni na vlastní sběr. Výjimkou byly již v 80. letech Bílé Karpaty, kde lze díky nezměrnému úsilí Ivany Jongepierové a jejích spolupracovníků ze Základní organizace ČSOP Bílé Karpaty získat osevní směs na míru. Taková směs se skládá ze semen

z místních zdrojů. Výběr druhů je navíc přizpůsobený stanovišti, na kterém se má vysévat. Později přibývaly např. regionální směsi společnosti Agrostis Trávníky, s. r. o., se zaměřením na Žďárské vrchy, Vysočinu, Beskydy a Moravský kras. Tvorbou regionálních směsí se zabývá i Magistrát hl. m. Prahy nebo ZO ČSOP Šumava, další směsi jsou ve vývoji (blíže např. Ochrana přírody 2025, 1: 6–9). Pro zdokonalení jejich složení a vytváření osevních směsí pro zbytek republiky by však bylo žádoucí znát genetickou strukturu hlavních lučních druhů.

Na její zjištění se zaměřuje projekt Genetická variabilita běžných lučních rostlin v České republice jako podklad pro regionalizaci osevních směsí a trvale udržitelnou podporu druhové diverzity, který je financován Technologickou agenturou ČR. Projekt začal v dubnu 2024 a bude trvat do konce r. 2026. Zaměřuje se na 15 modelových planě rostoucích druhů. Do seznamu nejsou zahrnuty trávy, protože podle výsledků německých kolegů je jejich variabilita minimální (viz dříve zmíněný ovsík vyvýšený). Nejsou zahrnuty ani další často vysévané druhy, jejichž regionální genetická struktura může být častým dřívějším osem silně ovlivněna, nebo dokonce zcela smazána, což je případ části bobovitých (*Fabaceae*), zejména jetelů (*Trifolium* spp.). Druhy mají být sebrány v síti se srovnatelnou hustotou, jaká byla použita v Německu, každý druh by tedy měl být sebrán zhruba na 80 lokalitách. Velkou část vzorků se podařilo získat již v loňském roce, takže mohla začít extrakce DNA. Na projektu spolupracuje Botanický ústav AV ČR, který se již dříve podílel na osvětě v dané oblasti, Přírodovědecká fakulta Univerzity Karlovy a Český svaz ochránců přírody. Základní principy i metody výzkumu jsou si ale s německým projektem velmi blízké.

Další spoluautoři: Stefan Michalski a Johannes Höfner

Seznam použité literatury a tabulku s bližšími informacemi o genetické analýze uvádíme na webové stránce Živy.