

ČÁROVÝ KÓD PRO BROUČKY

Nové DNA metody skokově zvyšují naše znalosti o přírodě. Čeští vědci díky nim nyní identifikovali tisíc nových druhů v jediné skupině tropických brouků

Pavla Hubálková
archiv

„Některé samice jsou větší a pestře zbarvené. Jejich samci jsou v podstatě pouze létající schránky na sperma – vypadají tedy úplně jinak, jsou mnohem menší, černí... Bez znalosti DNA je nejsme schopni k sobě přiřadit a dříve byli chybně zařazeni do odlišných skupin,“ říká vedoucí výzkumné skupiny Ladislav Bocák z Českého institutu výzkumu a pokročilých technologií CATRIN Univerzity Palackého v Olomouci.

Čeští vědci provedli velkou analýzu hmyzu z více než 800 lokalit v Asii, Africe a Austrálii a v jediné skupině brouků „dlouhoustcovitých“ našli asi dva tisíce druhů, z toho polovinu dosud neznámých.

Využili k tomu „DNA přístup“, kdy spojili dvě metody: „Takzvané sekvenování krátkých úseků mitochondriální DNA slouží jako ‚čárový kód‘ pro identifikaci druhů,“ vysvětluje Bocák. Pro klasifikaci je ale nutné sestojit „evoluční strom“ – mapu příbuznosti jednotlivých druhů, k jeho vytvoření vědci použili sekvenování nové generace, které poskytuje nesrovnatelně větší objemy dat z celého genomu. „Podařilo se nám vytvořit fylogenetickou klasifikaci, která je nezbytná pro výzkum ve všech biologických disciplínách,“ říká Bocák, podle kterého je to výsledek práce mnoha lidí a dvaceti let sběru vzorků.

Sbírka v lihu

„Ve výzkumu se soustředíme na jednu skupinu brouků, ale v terénu sbíráme

i jiné druhy pro kolegy – navzájem si pomáháme,“ popisuje Bocák. Exempláře ukládají do lihu a skladují při teplotě -20 °C, tím se uchová neporušená DNA. Po návratu z výpravy z malého kousku hmyzí svaloviny izolují DNA, kterou osekvenují (přečtou) a dále analyzují. „Brouk po ‚přečtení DNA‘ zůstává ve sbírce, můžeme se k němu kdykoli vrátit, a tím propojujeme morfologii, jak daný

Známe jen zlomek

„Poznání biodiverzity a vzdálených galaxií je podobné, jejich velikost pouze odhadujeme,“ přirovnává Ladislav Bocák. Podle odhadů v současnosti známe jen mezi čtvrtinou a desetinou všech živočichů, hmyz přitom tvoří zhruba dvě třetiny celkového počtu. Dosud bylo popsáno asi 400 tisíc druhů brouků, jejich skutečný počet se odhaduje na zhruba 1,3 milionu druhů. Pro srovnání, počet druhů savců se odhaduje na 5400 a ptáků na necelých deset tisíc.

Český hmyz

„Pojmenování nového druhu v české přírodě je zcela mimořádná událost. Ročně ale zaznamenáme zhruba padesát až sto druhů hmyzu, které z našeho území dříve nebyly hlášeny,“ říká Ladislav Bocák a dodává, že DNA přístup, který používají v tropech, by šlo aplikovat i na českou přírodu. „Výhodou by bylo, že pro určování můžeme využít německou DNA databázi. Zatím se nám pro takový projekt nepodařilo získat podporu.“

Popisek brouci:





Popisek Nova Guinea:

dnes hustě osídlené nebo využívané k intenzivnímu zemědělství, včetně velmi rozvinuté produkce palmového oleje, což vede ke zničení přirozených lokalit.

„V dnešní době, poznamenané rychlým úbytkem a degradací řady přírodních stanovišť, je poznání biodiverzity velmi potřebné pro zjištění výchozího stavu a stanovení priorit pro ochranu přírody. DNA je způsob, jak přírodu poznat předtím, než ji zničíme, a jak na základě tvrdých dat dokumentovat ztrátu biodiverzity,“ míní Bocák.

Nevracím se

„Nerad se vracím na místa, kde jsem dříve sbíral. Je bolestné na vlastní oči pozorovat, jak dochází k ničení přírody,“ říká Ladislav Bocák a jako příklad uvádí Filipíny. „Když jsme přijeli do jedné vesnice na ostrově Mindanao poprvé v roce 1991, les byl vzdálený tři kilometry od vesnice, při další návštěvě deset kilometrů a potřetí, v roce 2007, tam již žádný nebyl.“

Kromě toho výzkum na řadě míst komplikuje i nestabilní bezpečnostní a politická situace. Studium biodiverzity se potom soustřeďuje na omezené studijní plochy, kde je to možné, a nikoli tam, kde by to bylo potřeba. „V některých státech není šance získat povolení k výzkumu nebo jsou některé oblasti příliš nebezpečné. Ovšem jiné země jsou velmi vstřícné, například na Papui Nové Guineji, kde sídlí výzkumné centrum Akademie věd ČR vedené kolegou Vojtěchem Novotným z Českých Budějovic, je výzkum podporován a místním orgánům poskytujeme data pro ochranu přírody,“ říká původně vystudovaný lesní inženýr, kterého ke genetickému studiu brouků přivedl zájem o přírodu a nové technologie.

„Dnešní možnosti, to je něco naprosto neuvěřitelného, za třicet let praxe se vše významně posunulo. Máme zcela jiné znalosti a od pouhé identifikace nyní přecházíme k funkční genomice, kdy zkoumáme, co dělají konkrétní geny,“ dodává Bocák a zdůrazňuje, že tyto informace jsou zásadní i v kontextu dalších oborů, jako například tektoniky, evoluční biologie a ekologie, a přispívají tak k celkovému poznání a ochraně naší planety. ×

Autorka je spolupracovnicí redakce, působí na Univerzitě Karlově

druh vypadá, s genetickou informací,“ popisuje vedoucí týmu.

DNA přístup tak rychle mění znalosti o biodiverzitě (druhové rozmanitosti) a oproti tradičním metodám „pozorují a určují“ lze získat rychleji a levněji mnohonásobně více informací. „Pokud bychom druhy popisovali dosavadním tempem a způsobem, trvalo by zaznamenání tisíce druhů v takové skupině hmyzu více než sto let. Nyní máme šanci poměrně rychle zjistit, kolik se vyskytuje v dané oblasti druhů, jak jsou si příbuzné a jak velký areál obývají, což je podstatné pro management ochrany přírody,“ říká Bocák a vysvětluje, že pro hodnocení biodiverzity je důležité identifikovat nejen, kolik je tam druhů, ale i počet samostatných linií. Je totiž rozdíl, pokud je na jednom místě sto druhů mandelinek, nebo sto druhů hmyzu ze vzdáleně příbuzných skupin – jeden druh mandelinky, jeden druh nosatce, jeden druh motýla...

Díky vytvořené DNA databázi nyní bude vědcům stačit odebrat například vzorky půdy nebo vody a podle analýzy „čárových kódů“ bude možné určit dříve sekvenované druhy, které na daném místě žijí, aniž by je museli přímo sbírat. To mimo jiné umožní sledovat změny biodiverzity konkrétních lokalit v čase.

Milá i nemilá překvapení

„Očekávali jsme, že nalezneme nové druhy, ale překvapilo nás, že jich bylo tolik – polovina identifikovaných druhů,“ říká Ladislav Bocák. Největším překvapením byla druhová rozmanitost hmyzu na Nové Guineji, kde vědci našli více než tisíc druhů, což je třikrát více, než bylo v této oblasti dosud pojmenováno. Většina poznatků využívaných v ochraně přírody dosud vycházela z výzkumů

méně rozmanitých skupin ptáků a savců, a proto nebyla Nová Guinea považována za centrum biodiverzity. Studium DNA hmyzu ale nyní poskytuje nová data, a mění tak naše představy o biodiverzitě v různých oblastech.

Naopak v některých regionech, jako jsou Filipíny a nížiny Velkých Sund, na vědce čekalo zklamání – druhy hmyzu popsané v 19. a 20. století, které jsou uloženy v přírodovědných sbírkách muzeí, se vědcům na původních místech již nasbírat nepodařilo. Tyto oblasti jsou



Prof. Ing. Ladislav Bocák, Ph.D.

Vystudoval lesní inženýrství na Mendelově univerzitě v Brně, titul Ph.D. získal v oboru entomologie na Univerzitě Karlově v Praze. Profesorem v oboru zoologie byl jmenován na Univerzitě Palackého v Olomouci. Působil jako vědecký pracovník na Osaka Prefecture University v Japonsku a v Přírodovědeckém muzeu v Londýně. Dnes je vedoucím výzkumné skupiny Biodiverzita a molekulární evoluce na Českém institutu výzkumu a pokročilých technologií CATRIN Univerzity Palackého v Olomouci.