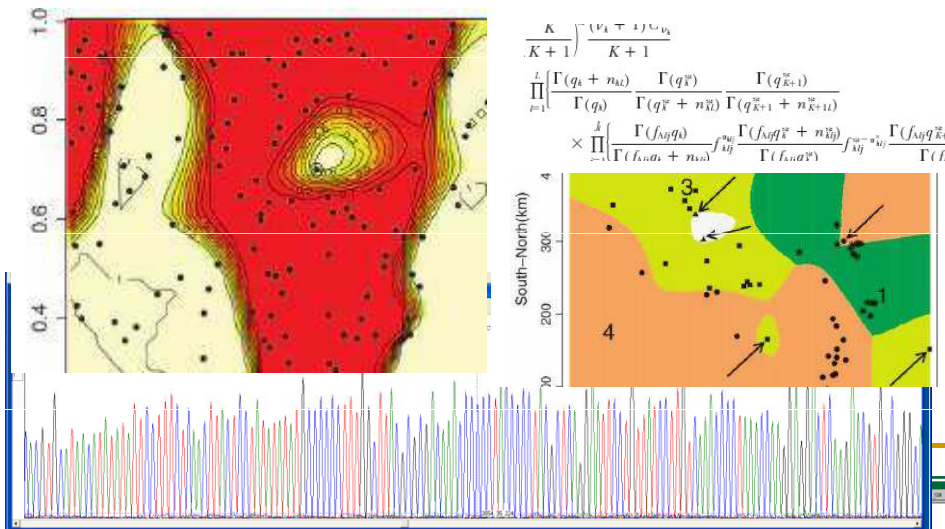
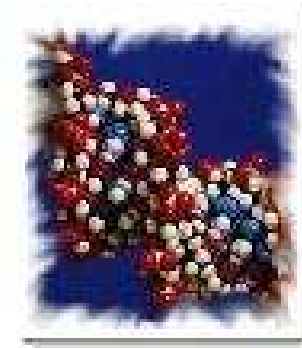
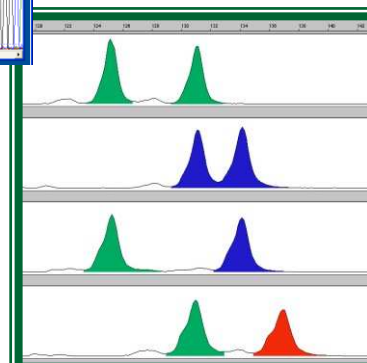


# Ochranářská genetik

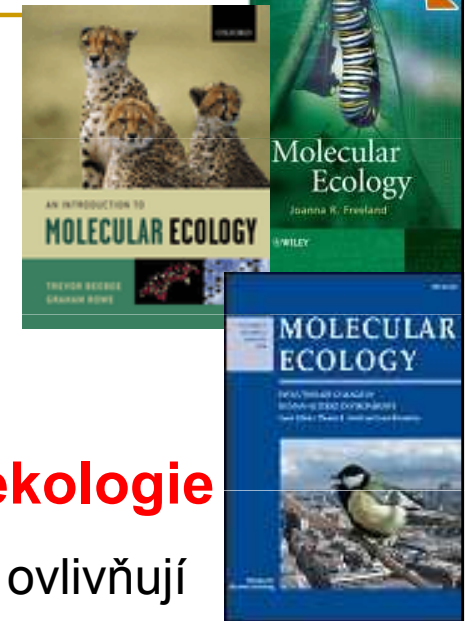
Význam genetické variability pro efektivní druhovou ochranu



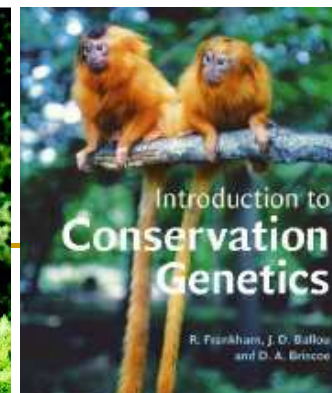
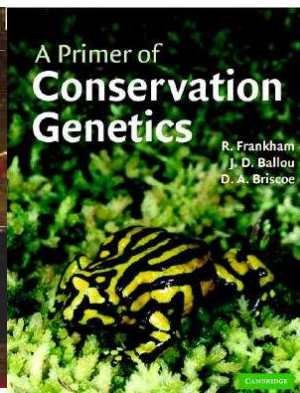
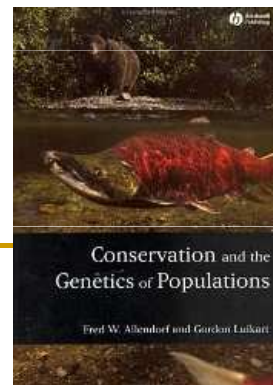
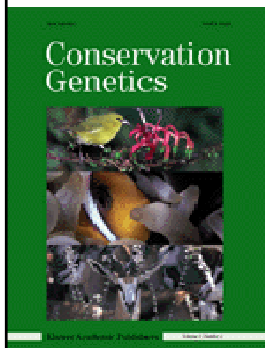
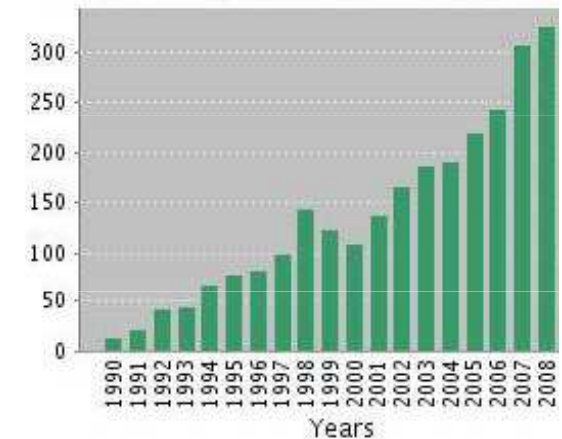
$$\frac{K}{K+1} \left( \frac{V_k + 1}{K+1} \right)^{V_k} \prod_{i=1}^k \frac{\Gamma(q_i + n_i) \Gamma(q_i^*)}{\Gamma(q_i) \Gamma(q_i^* + n_i)} \frac{\Gamma(q_{k+1}^*)}{\Gamma(q_{k+1} + n_{k+1})} \times \prod_{j=1}^k \left( \frac{\Gamma(f_{ij} q_i)}{\Gamma(f_{i,0} a_i + n_{i,0})} f_{ij}^{n_{ij}} \frac{\Gamma(f_{ij} q_i^* + n_{ij}^*)}{\Gamma(f_{i,0} a_i^*)} f_{ij}^{n_{ij}^*} \right) \frac{\Gamma(f_{ij} q_i^*)}{\Gamma(f_{ij}^*)}$$



# Ochranářská genetika („conservation genetics“)



- Využití genetických metod v ekologii = **molekulární ekologie**
- studium genetické variability přírodních populací a faktorů, které ji ovlivňují
- Využití genetických metod v ochranářské biologii = **ochranářská genetika**
- PCR (90. léta) – počátek skutečné ochranářské genetiky (neinvazivní metody - již není potřeba destruktivního vzorkování)
- od r. 2000 - Conservation Genetics
- recentní review a knihy



# Obsah přednášky

---

- Úvod – proč studovat genetickou variabilitu volně žijících druhů
  - Metody ochranné genetiky
  - Aplikace na různých úrovních genetické variability
  - Současné nedostatky a budoucnost ochranné genetiky
-

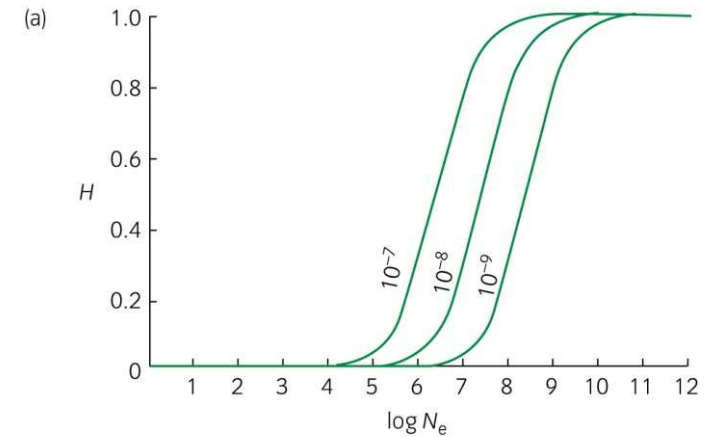
---

PROČ JE VŮBEC GENETICKÁ  
VARIABILITA DŮLEŽITÁ ?

---

# Genetická variabilita jako ukazatel efektivní velikosti populace

- neutrální genetická teorie:  
$$H_e = 4N_e\mu / [4N_e\mu + 1]$$
- mutation-drift equilibrium
- srovnání různých populací a jejich  $N_e$



# Ne - effective population size

- velikost ideální populace (náhodné páření, rovnoměrný poměr pohlaví), která ztrácí genetickou diverzitu stejnou rychlostí jako aktuální populace
  - ovlivněna genetickou a věkovou strukturou, poměrem pohlaví, intenzitou inbreedingu atd.
  - vývoj genetické variability v malých populacích závisí na  $N_e$  více než na  $N$
  - $N_e/N \approx 0.11$  (Frankham 1995), ale velká variabilita
-

# Důsledky poklesu $N_e$

Snížení pozorované variability ( $H_e$ ) – nejčastěji  
neutrální markery (mtDNA, mikrosatelity atd.)



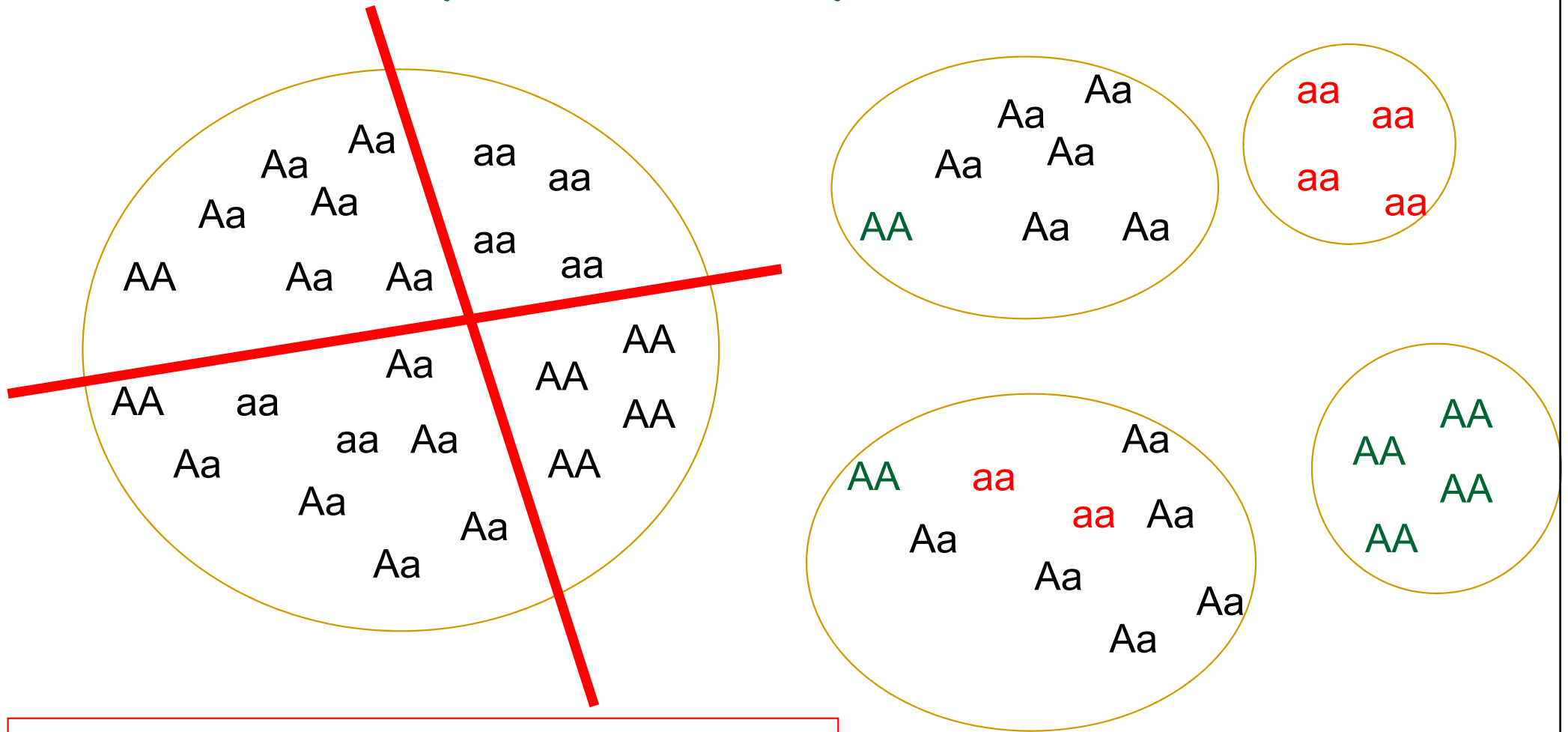
$$H_e = 4N_e\mu / [4N_e\mu + 1]$$

Pokles adaptivní variability – snížení adaptivního  
potenciálu (tj. schopnosti přizpůsobovat se změně  
prostředí)

$N_e \approx 500-1000$  = zajištění adaptivního potenciálu



# Genetický (náhodný) drift

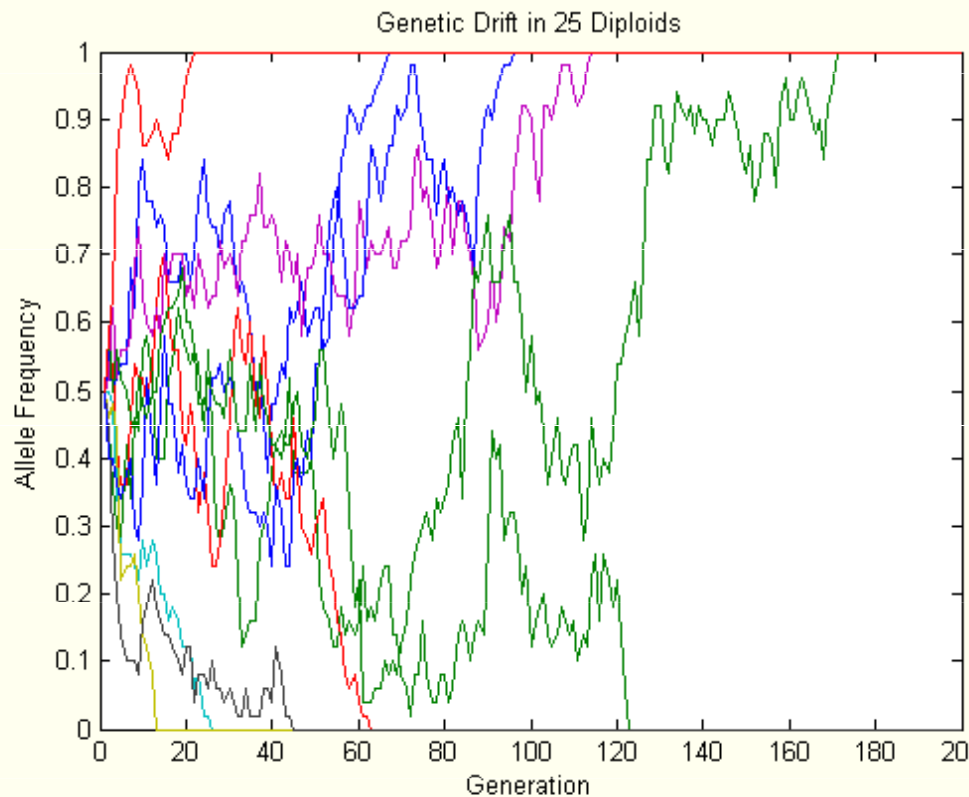


Bariéra toku genů, např. fragmentace biotopů

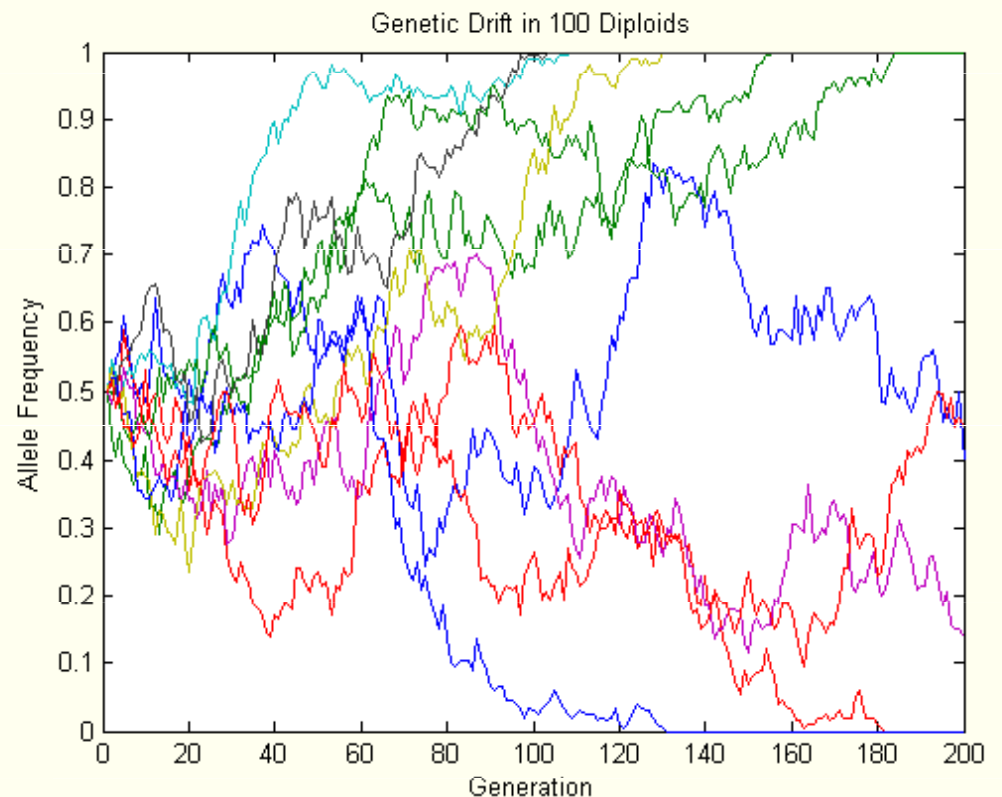
Snížení  $H_e$  a  $N_e$



# Intenzita driftu závisí na velikosti populace



25 jedinců



100 jedinců

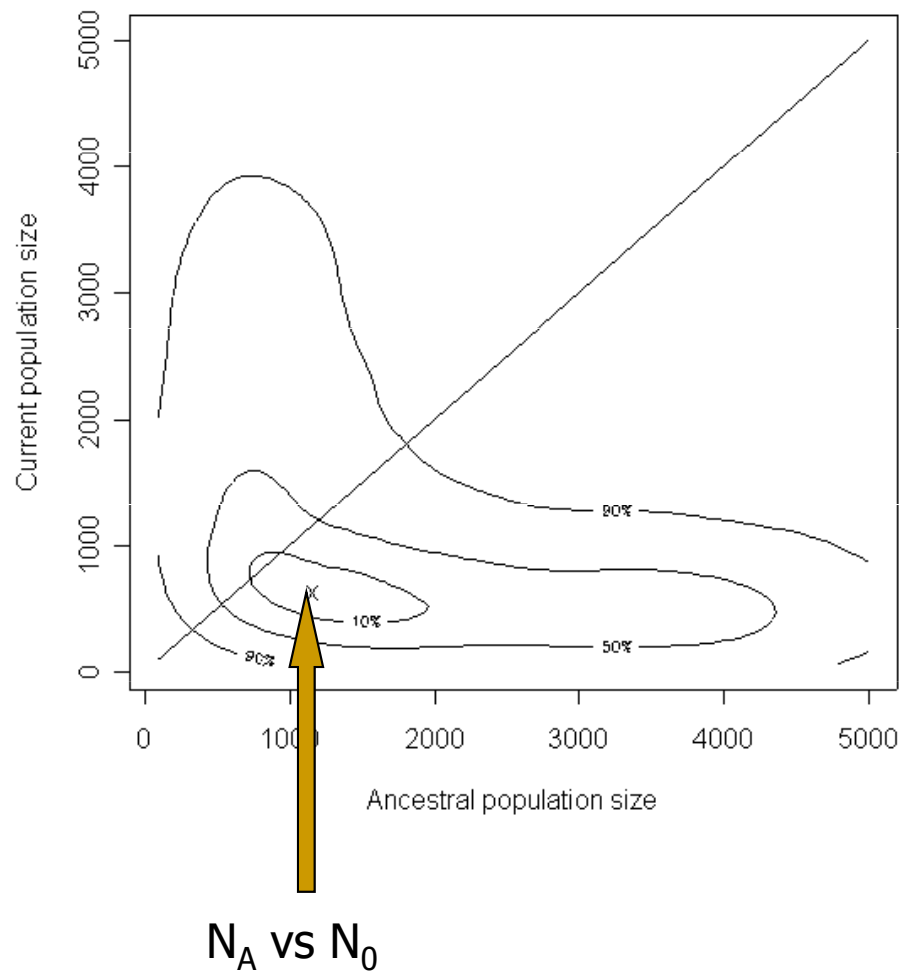
POČÍTAČOVÉ SIMULACE

**VELMI VÝZNAMNÝ VLIV V MALÝCH POPULACÍCH !!!**

# Odhady $N_e$

- $F_{ST} = 1/(4N_e \cdot m + 1)$
  - recentní přístup: coalescent theory methods
  - TMVP (Beaumont 2003)
  - CoNe (Anderson 2005)
  - MLNE (Wang and Whitlock 2003)
  - MSVAR (Beaumont 1999)
- } nejméně 2 časové vzorky populace
- } stačí 1 vzorek

# TMVP



$N_A$  – ancestral  $N_e$

$N_0$  – recent  $N_e$

- testuje i rozdíly  $N_A$  a  $N_0$
- přesnější odhady pokud je více časových vzorků, ale stačí jen dva

## MLNE

- zároveň s  $N_e$  odhaduje i  $m$

## MSVAR

- stačí jeden vzorek mikrosatelitových dat

# Metodické přístupy

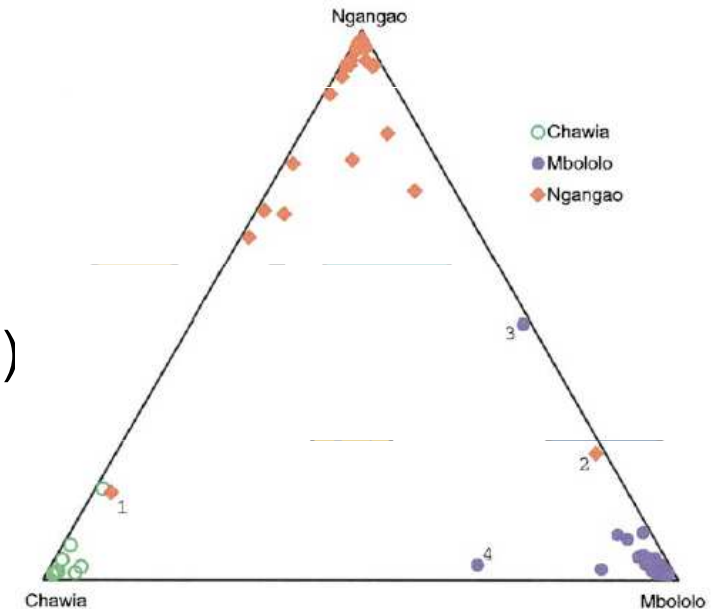
- 1) **Populační genetik**a – efektivní velikost populace, tok genů, „bottleneck“, příbuznost, atd. ... neutrální variabilita (např. mikrosatelity)
  - 2) **Fylogeografie** – historický původ populací a jejich fylogenetické vztahy, ESU ... většinou neutrální variabilita
  - 3) **Speciální přístupy** – neinvazivní genetické metody, vztah genetické diverzity a životaschopnosti populací, experimentální „conservation genetics“, selektované znaky (adaptivní i škodlivé)
-

# 1) Populační genetika

- studium struktury populací
- nejčastěji neutrální znaky - mikrosatelity
- **efektivní velikost populace  $N_e$**
- **tok genů (sex-specific)**
- **„past bottleneck“**
- **původ jedinců („assignment tests“)**
- **příbuzenské křížení (inbreeding), atd.**
- **„founder contribution“**

Bayesiánské analýzy (např. program STRUCTURE, GENELAND aj.)

- identifikace subpopulací („management units“)
- identifikace hybridů
- identifikace geografických bariér toku genů



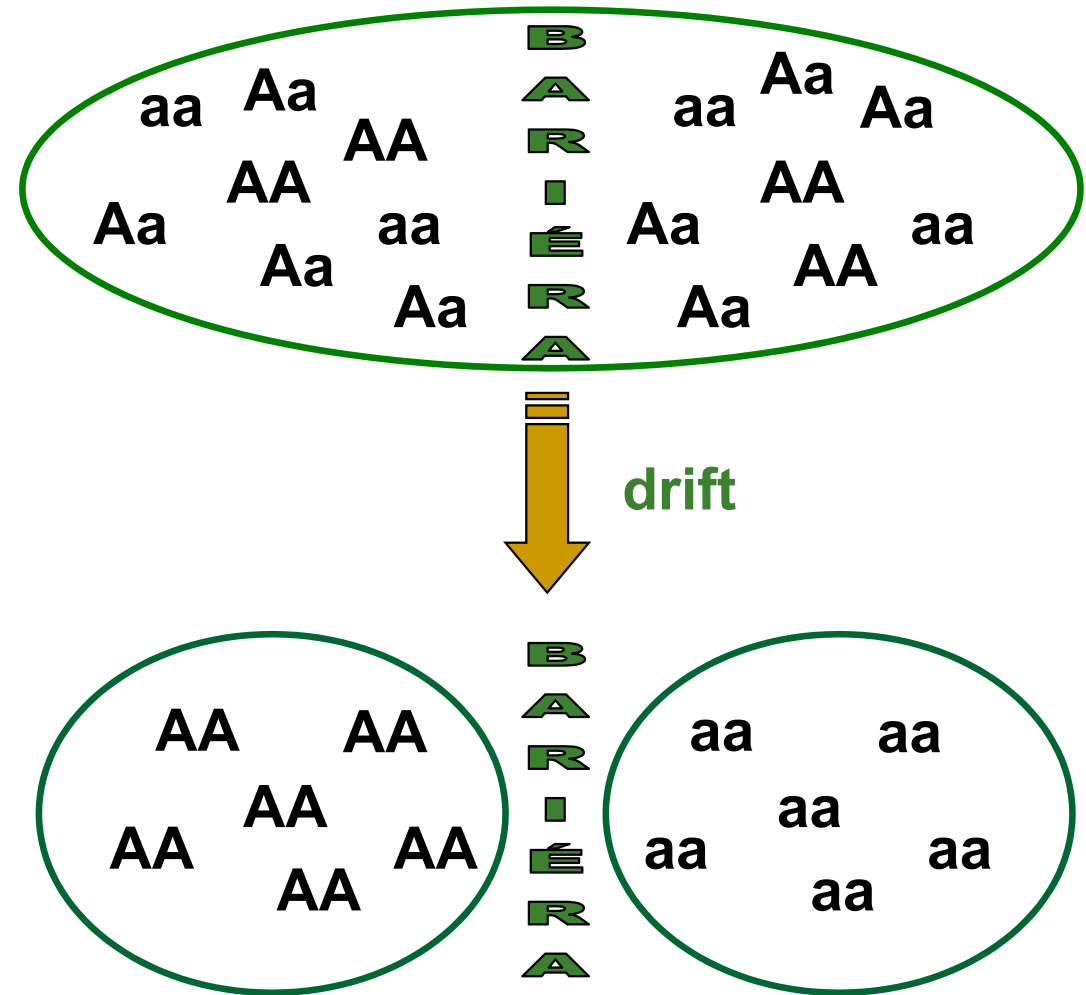
# Genetická struktura populací drift, mutace a migrace

## ■ Drift

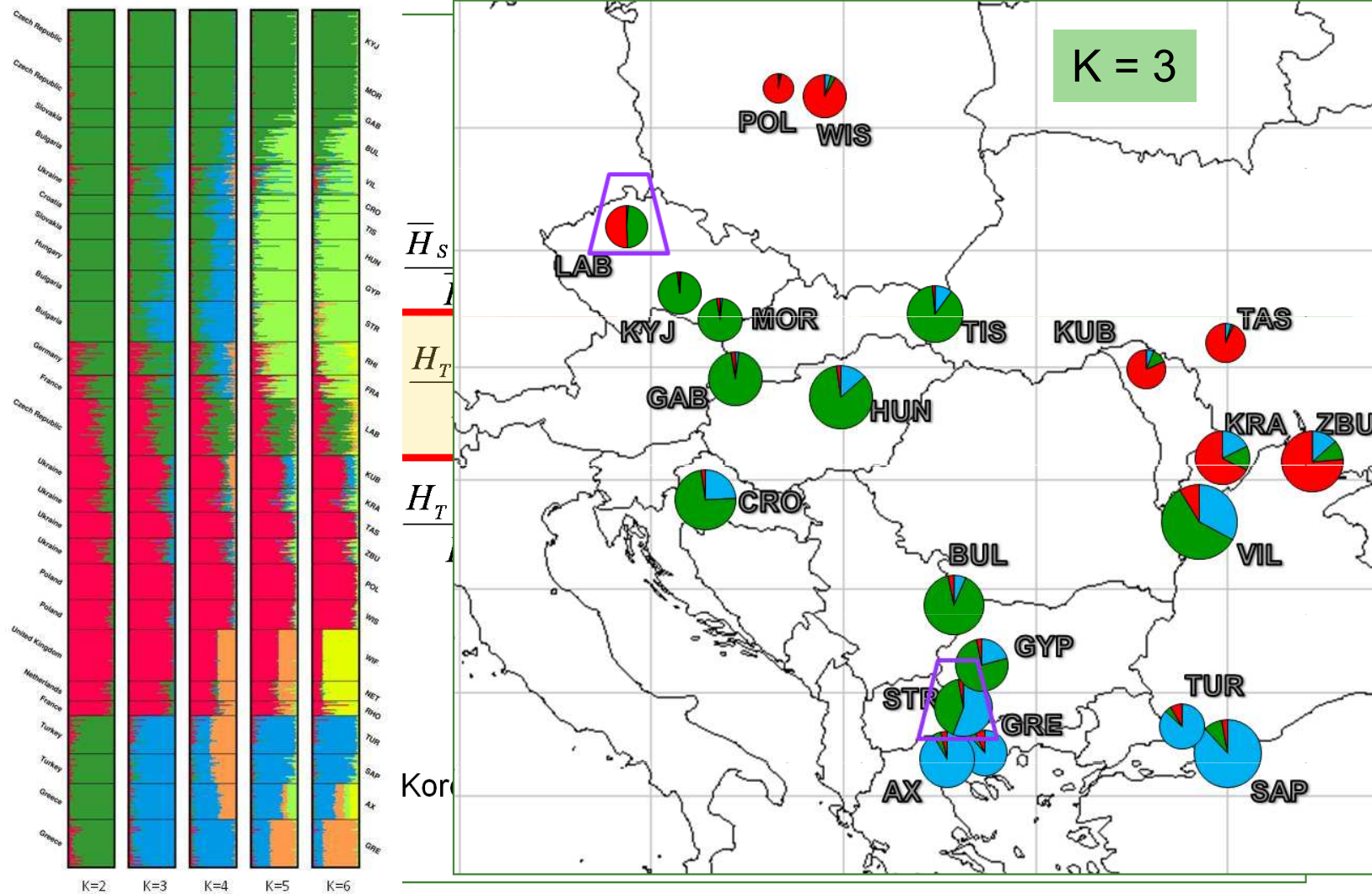
→ diferenciaci subpopulací  
díky fixaci alternativních alel

## ■ Mutace

mohou zvýšit diferenciaci  
(odlišit subpopulace)  
ale riziko homoplázií



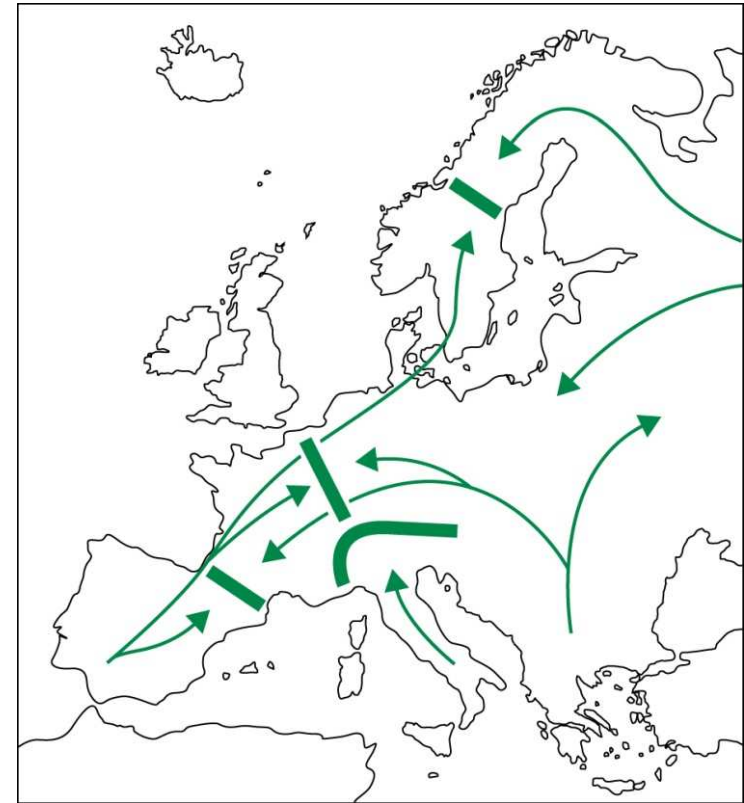
# Stanovení ESU („evolutionary significant units“) a MU („management units“)





## 2) Fylogeografie

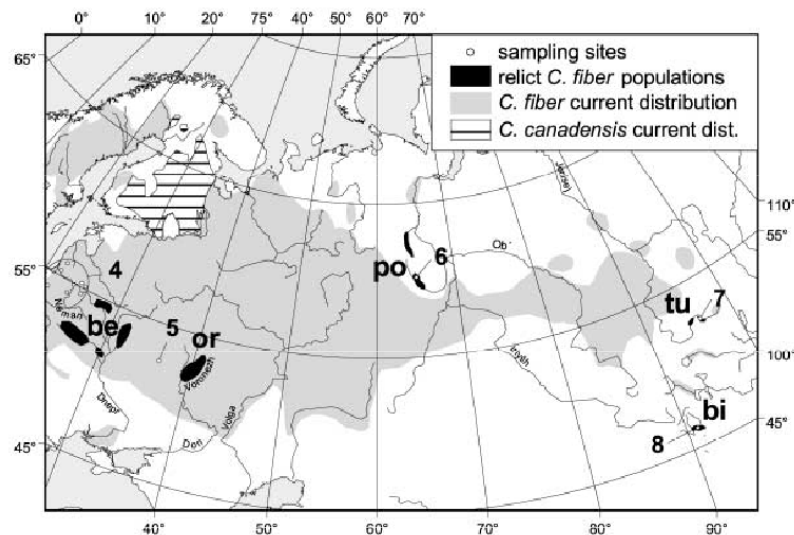
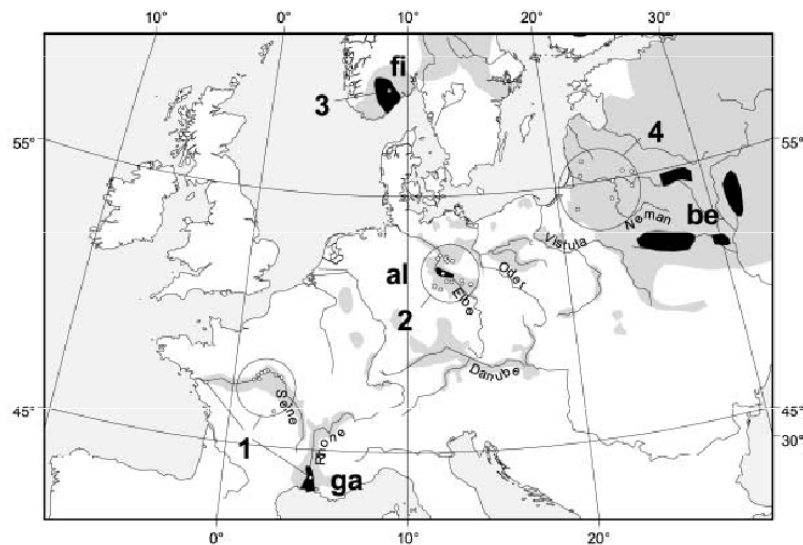
- použití fylogenetických metod na úrovni populací (nejčastěji sekvence mtDNA, jaderné markery jsou málo polymorfní)
- původ populací, jejich stáří a historické vazby
- detekce ESU („evolutionary significant units“) – lokální adaptace (mohou, ale nemusí)
- důležité pro reintrodukce



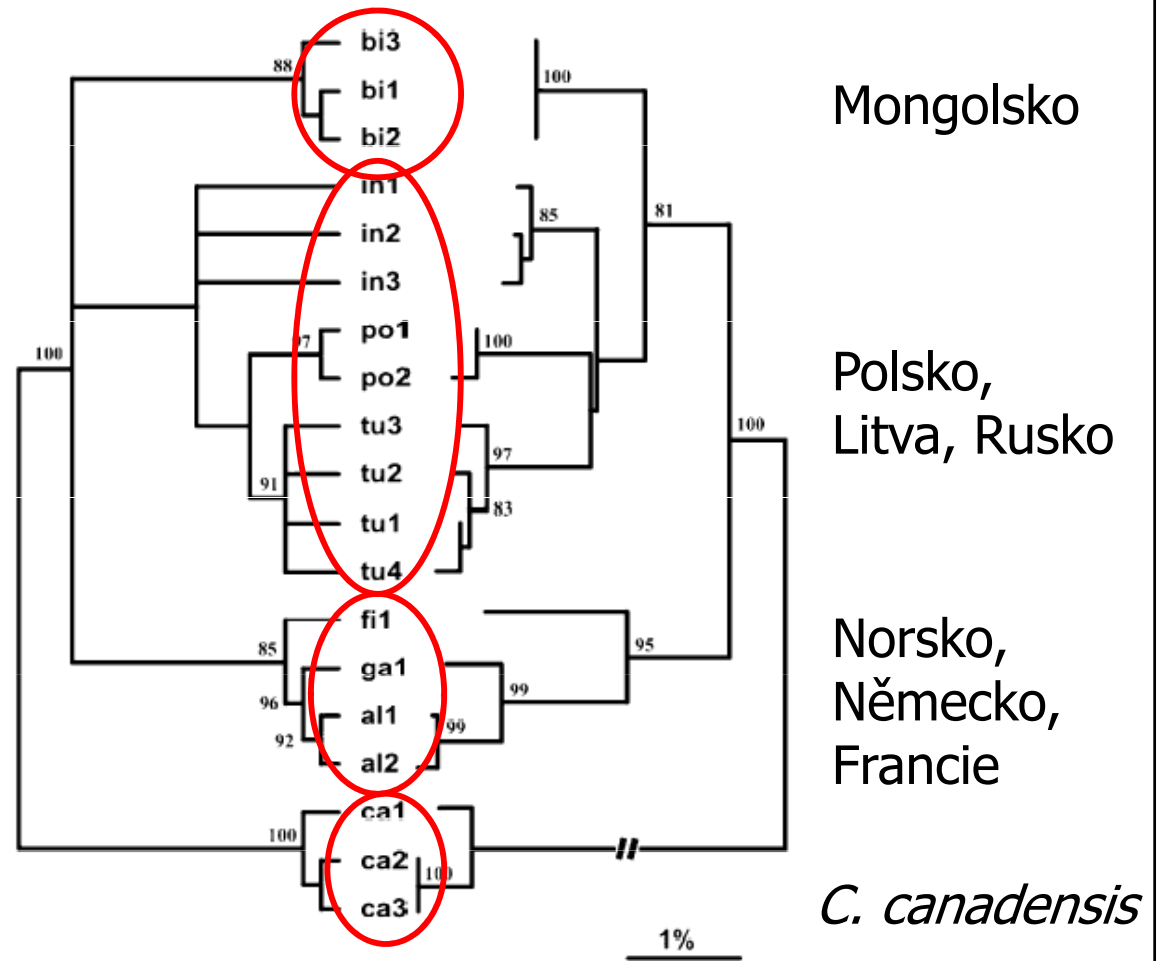
Př. Směry šíření z glaciálních refugií

# Příklad: *Castor fiber*, sekvence CR mtDNA

Durka et al., Mol.Ecol, 14: 3843-3856 (2005)



ESU, MU (spolu s populační genetikou)



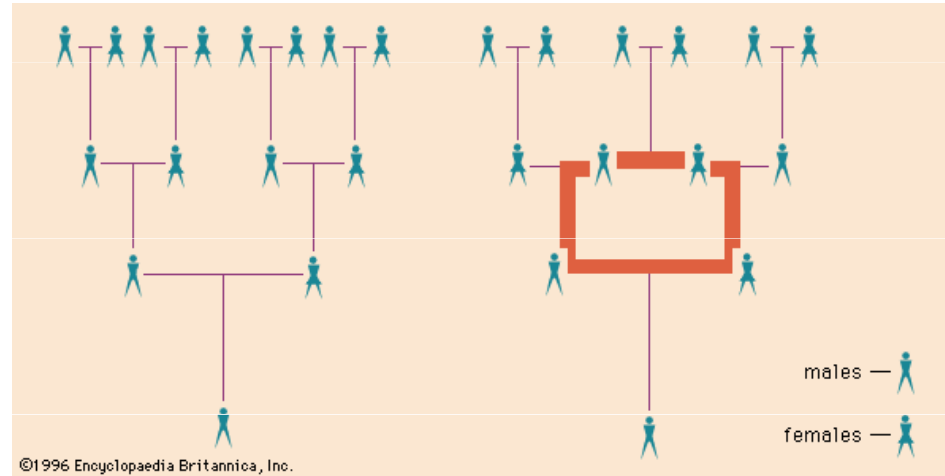
Fylogeografie

# 3) Speciální přístupy

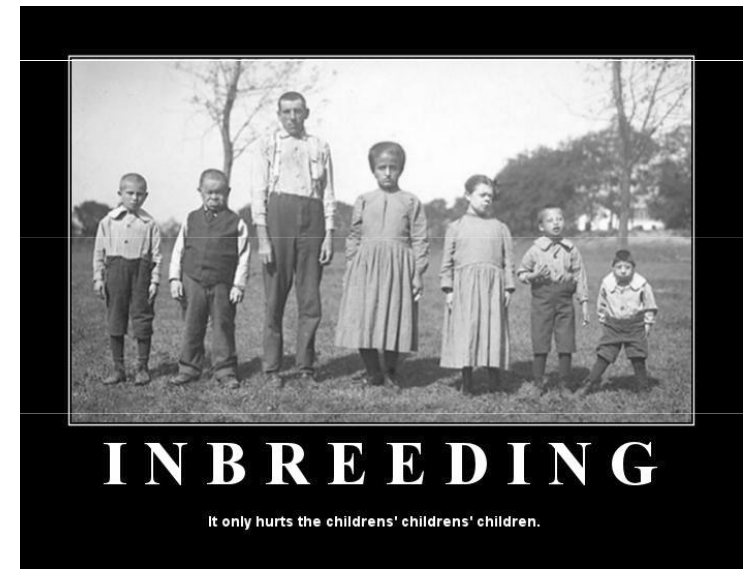
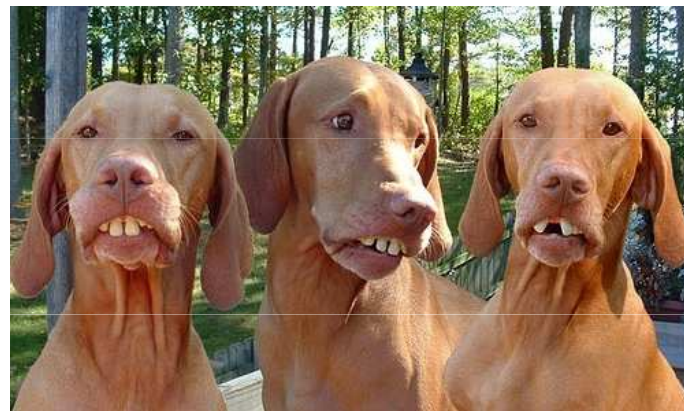
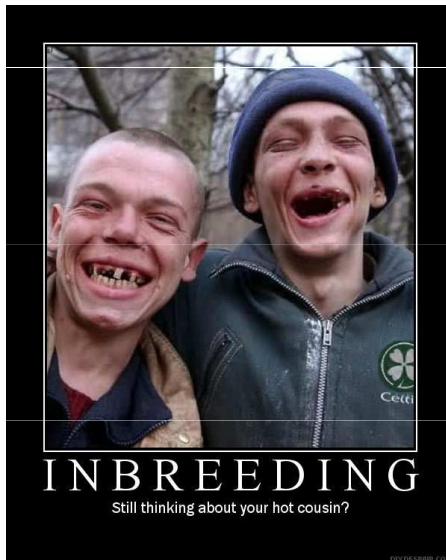
- škodlivá (detrimental) variabilita – detekce inbrední deprese
  - identifikace adaptivní variability – lokální adaptace
  - experimentální ochranářská genetika (zejména hmyz a rostliny)
  - neinvazivní genetické metody
-

# Příbuzenské křížení - inbreeding

„outbreeding“



„inbreeding“



# Příbuzenské křížení - inbreeding

A: zdravá forma genu

a: forma genu způsobující nemoc

Možné genotypy: AA Aa aa

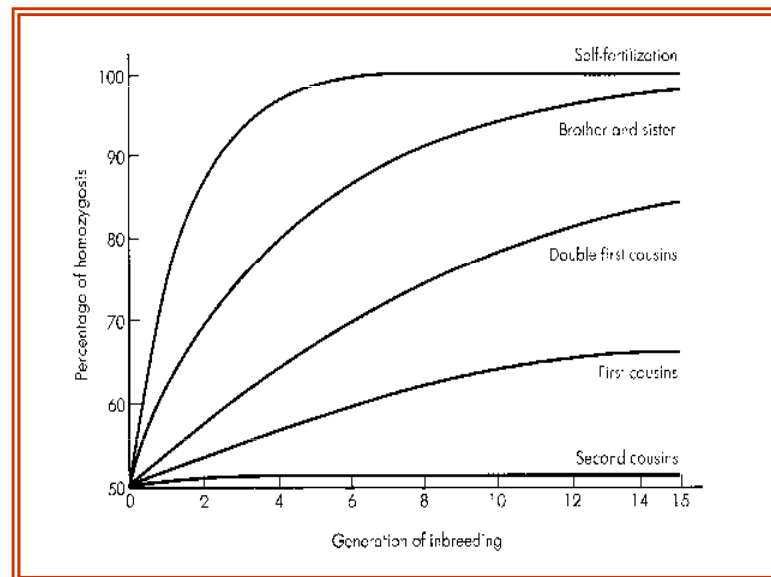
- Nárůst proporce homozygotů (odchylky od HWE) - efekt škodlivých recesivních alel



Outbreeding: AA Aa Aa aa

Inbreeding: AA AA aa aa

- Nárůst proporce homozygotů je výrazný v malých populacích



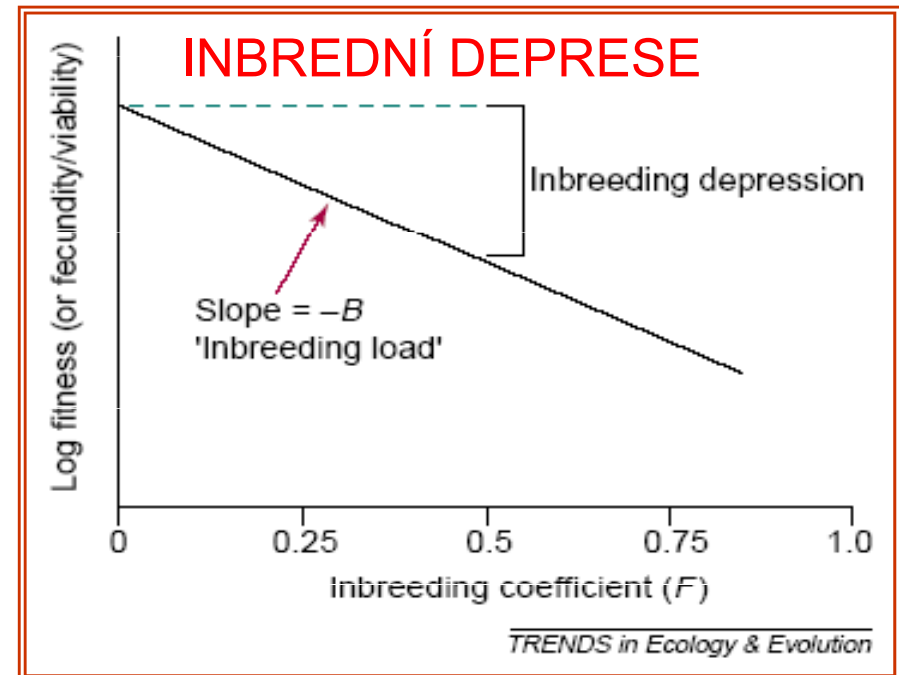
- samooplození

- bratr a sestra

- bratranec a sestřenice

# Inbreeding a fitness

- Inbrední jedinci mají nižší fitness v důsledku recesivních genetických poruch (reprodukční úspěch nebo schopnost přežít)



## OCHRANÁŘSKÁ GENETIKA

Stanovení intenzity inbreedingu a inbrední deprese v přírodních populacích



# Florida panther - fixace škodlivých alel

- cryptochordismus, poruchy vývoje ocasních obratlů, srsti a spermií – téměř fixovány genetickým driftem
- pozitivní i negativní dopady introdukce teoreticky testovány (Hedrick 1995)
- introdukce osmi pum z Texasu („*genetic rescue*“) – v následující generaci bylo 20 % genetické informace z Texasu
- ocas – 7 % vs. 88 %
- srst – 24 % vs. 93 %
- cryptochordism – 0 % vs. 68 %
- Hybrid superiority (heterosis) – rychlé šíření introdukovaných alel



*Puma concolor coryi*



*Puma concolor cougar*



# „Bottleneck“ efekt

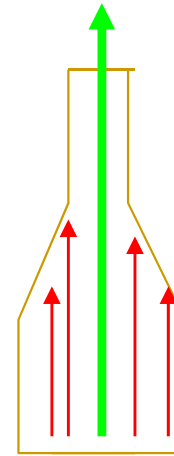
- Druhy s výrazným snížením genetické variability - prošly „hrdlem lahve“
- gepardi - snížení genetické variability o více než 90 %
- přesto se počty výrazně zvedly
- „**purging**“ – odstranění škodlivých alel v důsledku zvýšené selekce na homozygoty

1. Inbreeding: AA AA aa aa

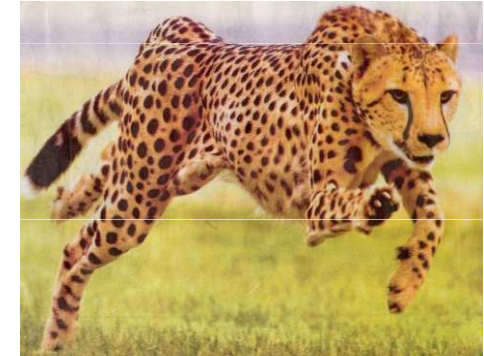
2. Selekcce: AA AA ~~aa~~ ~~aa~~

3. „Purging“: AA AA

Extrémně výjimečné případy



*Acinonyx jubatus*



*Mirounga angustirostris*

# Adaptivní variabilita

- rozdílná prostředí → diverzifikující selekce  
→ **lokální adaptace** (např. obrana proti lokálním patogenům, potravní vztahy, klimatické podmínky atd.),

## Outbrední deprese

- Intrinsic* – genetická inkompatibilita (Dobzhansky-Muller incompatibility – epistatické interakce mezi alelami více lokusů)
- Extrinsic* – narušení lokálních adaptací

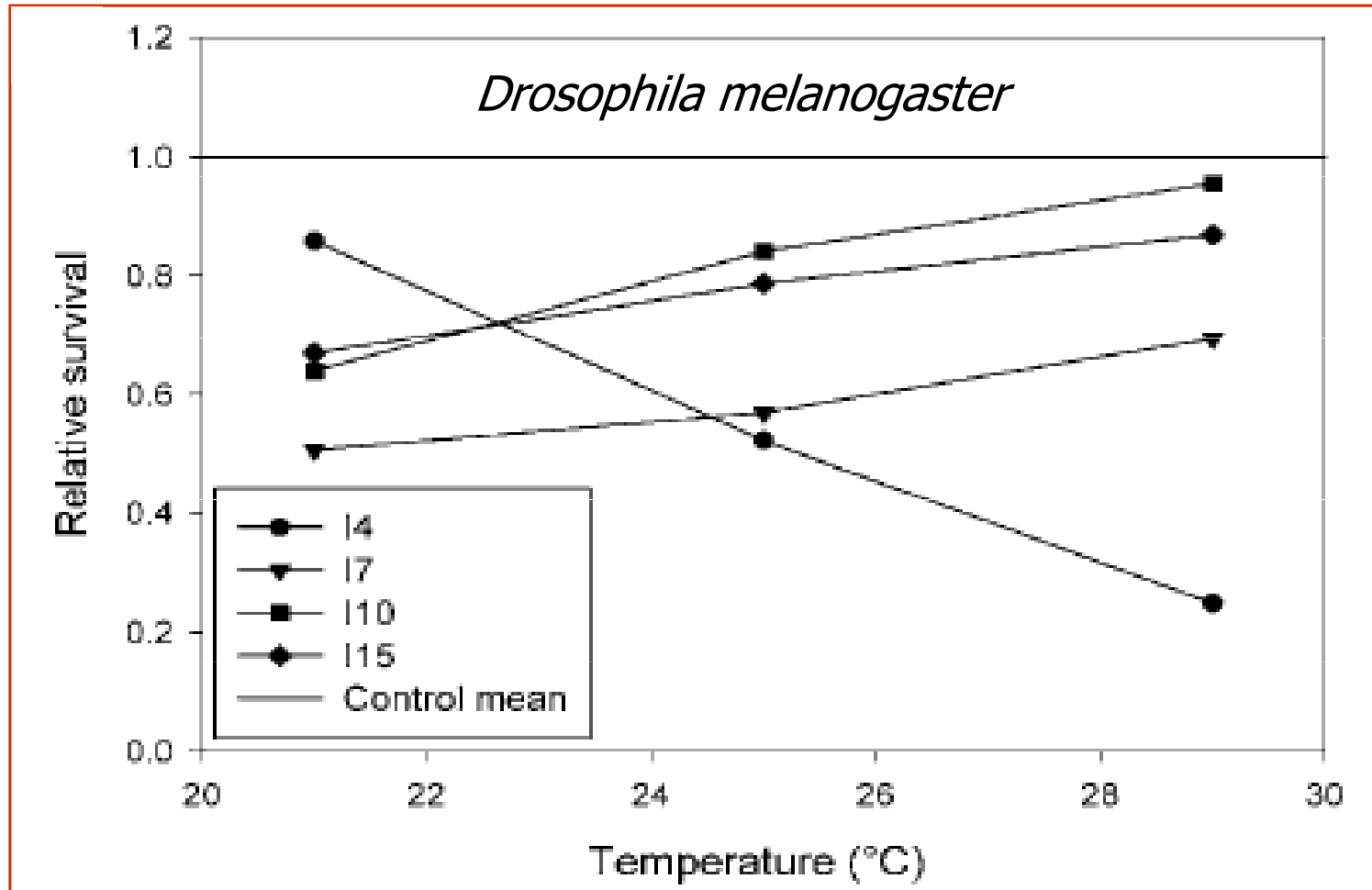


**NEMÍCHAT HODNĚ VZDÁLENÉ POPULACE !!!**

# Experimentální ochránářská genetik

- rekonstrukce historických procesů v laboratoři
- testování hypotéz
  - ztráta genetické diverzity v malých populacích
  - síla selekce a genetického driftu v malých populacích
  - význam environmentálního stresu na expresi funkčních genů
  - efekt inbreedingu na přežívání
  - apod.
- modelové organismy – převážně hmyz a rostliny

# Př.: Vztah inbreedingu a teploty



Vermeulen and Bijlsma, Heredity 2004

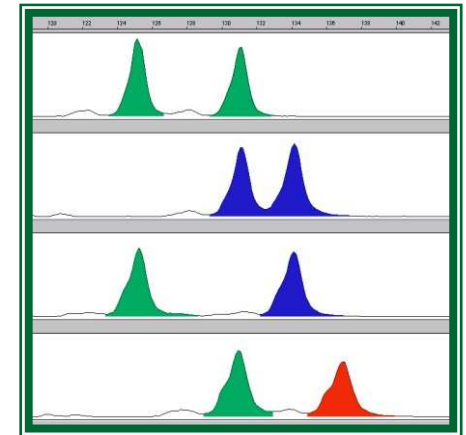
---

# METODY ZÍSKÁVÁNÍ DAT

---

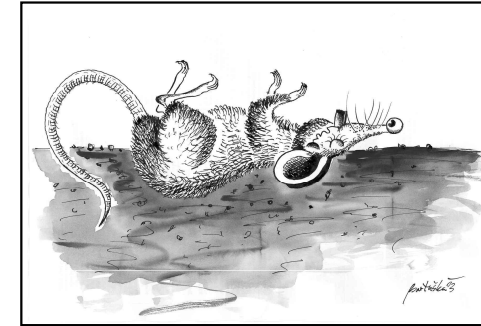
# Non-invasive genetic methods in conservation genetics

- by definition „*conservation of rare and endangered animals*“ – not possible to kill or even disturb them
- need of methods allowing collection of genetic data without direct contact
- **non-invasive genetic methods**



# Tři metody získávání vzorků pro DNA analýzy

**1. Destruktivní** – zvíře je zabito pro získání vzorku tkáně pro genetickou analýzu

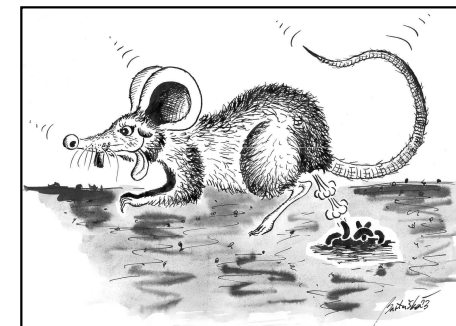


Orig. V. Bartuška

**2. Nedestruktivní (invazivní)** – zvíře je odchyceno, invazivně odebrán vzorek tkáně (prst) nebo krve



**3. Neinvazivní** – zdroj DNA je ponechán za zvířetem a může být sbírán bez nutnosti odchytit nebo ho jinak rušit





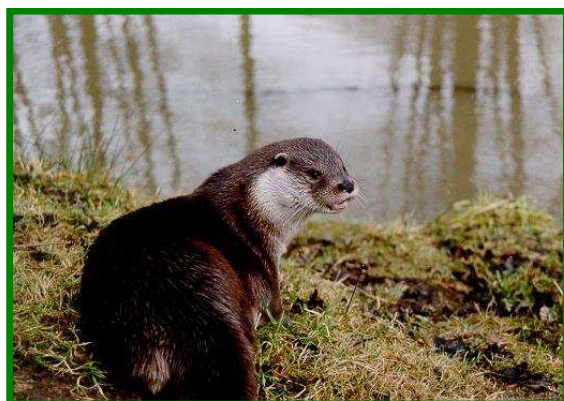
# Použití neinvazivních metod

- **skrytě žijící zvířata** – jednoduše získatelné vzorky (trus, chlupy, ...)
- **vzácné, ohrožené a chráněné druhy** – trus, moč – žádné restrikce např. CITES
- **minimální vliv na chování** zvířat – použitelné při studiu chování (prostorová aktivita atd.)

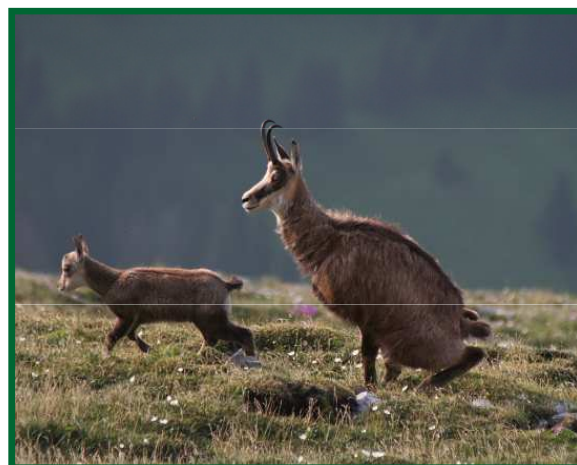
# Zdroje DNA - trus



trus (buňky střevní sliznice)  
→ „molecular scatology“



vydry



kamzíci





# Zdroje DNA - chlupy

- vlasový folikul („kořínek“)
- speciální lepidlové pasti, ostnatý drát

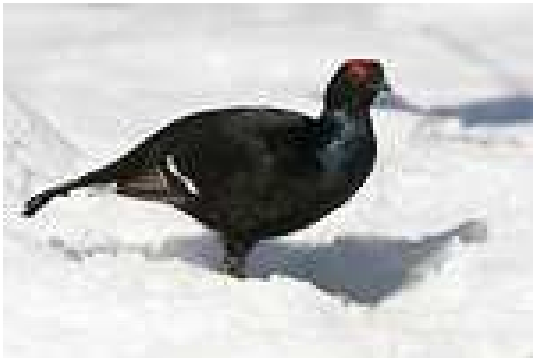


svišť  
medvěd  
rys  
srnec



# Zdroje DNA - peří

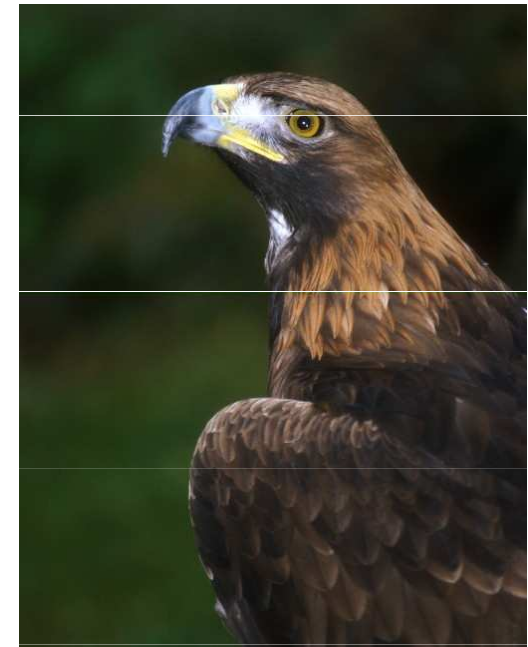
- opět folikul – „kořínek“ jednotlivého pera
- lepší vytržené pero (= pasti) než vypelichané pero (často velmi staré)



tetřívěk  
(*Tetrao tetrix*)



tetřev (*Tetrao urogallus*)



orel královský  
(*Aquila heliaca*)



# Zdroje DNA - ostatní

- **moč** – vzácně (Hausknecht et al. 2006 and references therein)
- více materiálu než trus (frekvence močení je 6 x vyšší než defekace)
- vlci – 33 vzorků s měřitelnou DNA koncentrací – 14 (42%) shodných výsledků pro všechny analyzované znaky



- **svlečená kůže** – plazi
- **ptačí skořápky**
- **buňky bukální sliznice u vývržků potravy**

## ... umělá „bug-eggs“

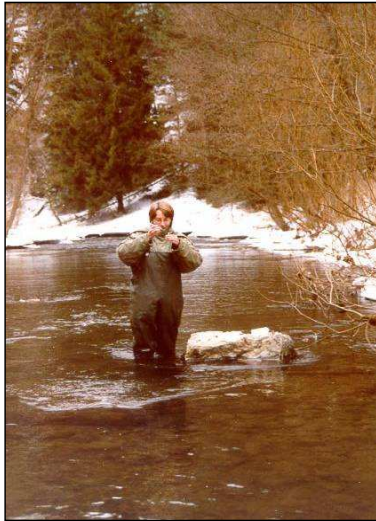


- krevsající ploštice Triatominae (Heteroptera)
- hodnocení úrovně stresu
- použitelná jako „méně invazivní“ metoda v ochranářské genetice



Becker et al. 2006

# Postup analýzy DNA, např. ze vzorků trusu



**vzorkování čerstvého ( $\leq 18$  hod.) materiálu**

(96% etanol, SilicaGel aj.)



**izolace DNA**

(komerční kity pro vzácnou DNA)

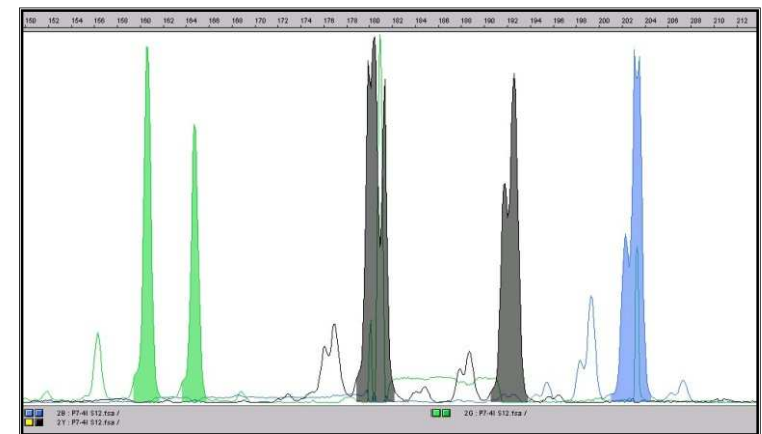
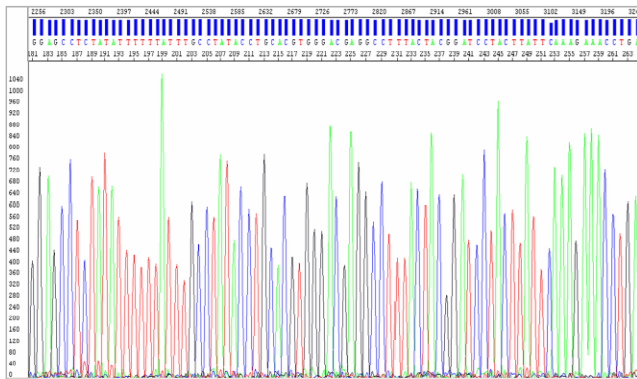


**PCR (vysoce kvalitní enzymy)**

**- stačí jedna buňka s DNA**



**analýza  
variability  
syntetizovaného  
úseku**





# Nevýhody a jejich řešení

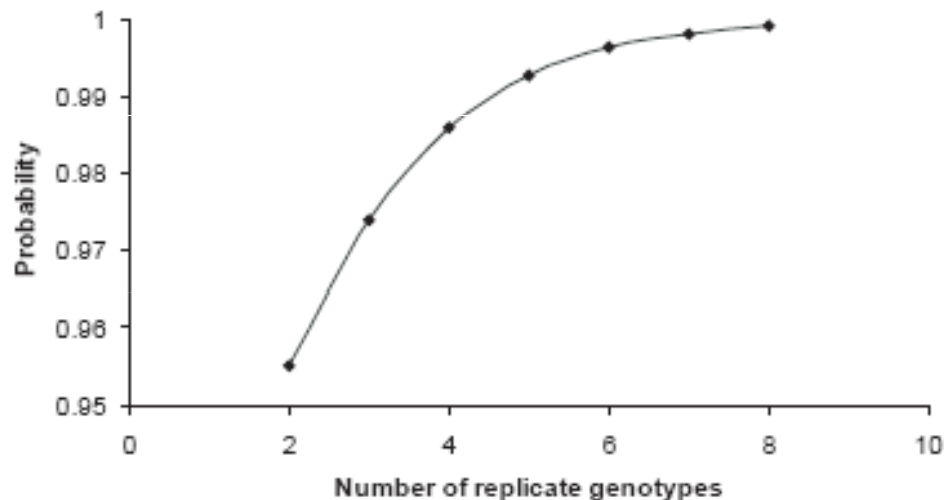
- nízká kvalita/kvantita DNA - nízká úspěšnost zjištění správného genotypu a vysoké riziko kontaminací
- vyloučení genotypizačních chyb a snížení rizika kontaminace



- identifikace faktorů pro úspěšnou analýzu

# Increase of genotyping success rate

- multi-samples, multi-extracts (Goosens et al. 2000)
- PCR - multiple-tubes approach (Taberlet et al. 1996)
- cost and time-consuming
- pilot studies are reasonable



(Parsons 2001)

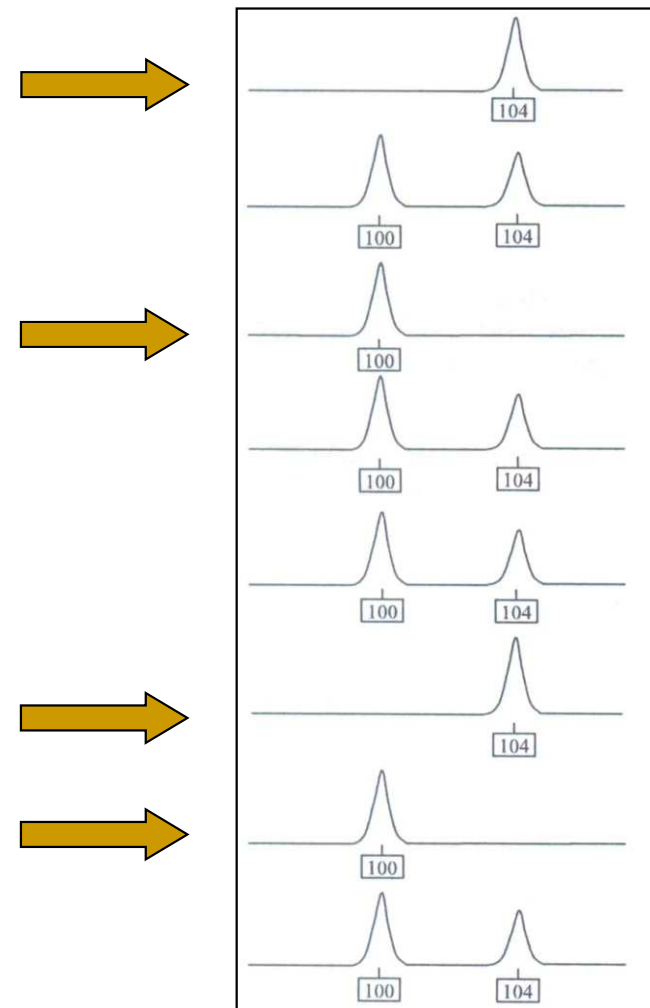


Dolphins - tissues vs. fresh faeces

100% probability of obtaining at least two correct genotypes when analysing 8 samples

# Genotyping errors I.

- **allelic drop-out**
- very low concentration of DNA in samples - only one allele in heterozygotes is amplified
- **multiple tube approach**
- **statistical correction**



Heterozygote 100/104  
(8 different PCRs)

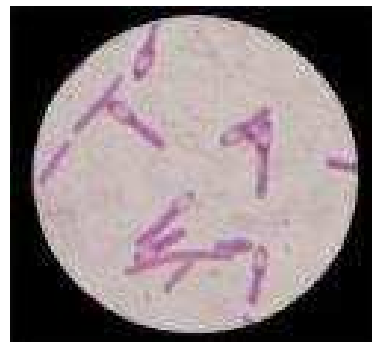
# Genotyping errors II.

- **false alleles**
- PCR artefacts – rarely replicated when using „multiple-tubes“ approach
- co-amplification of microbial DNA from faeces (Bradley & Vigilant 2002) – confusions with „real“ alleles

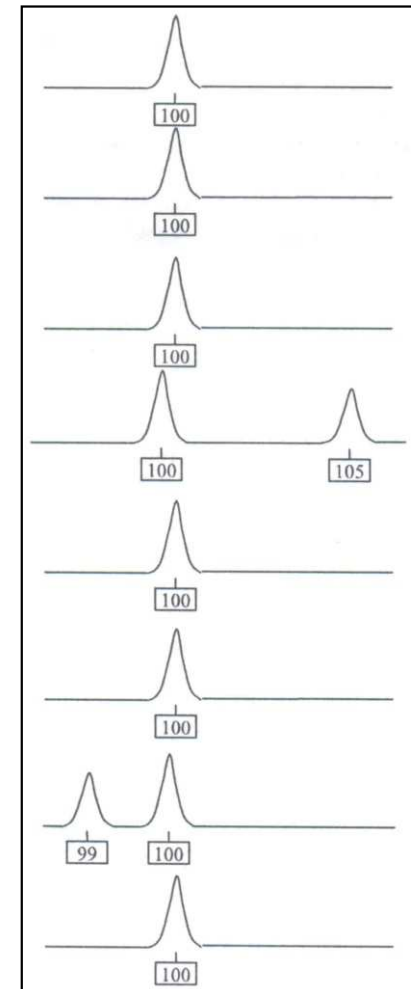


gorilla

x



Clostridium



Homozygote 100/100  
(8 different PCRs)

# Zvýšení koncentrace DNA

- pre-amplifikace (Bellemain & Taberlet 2004)

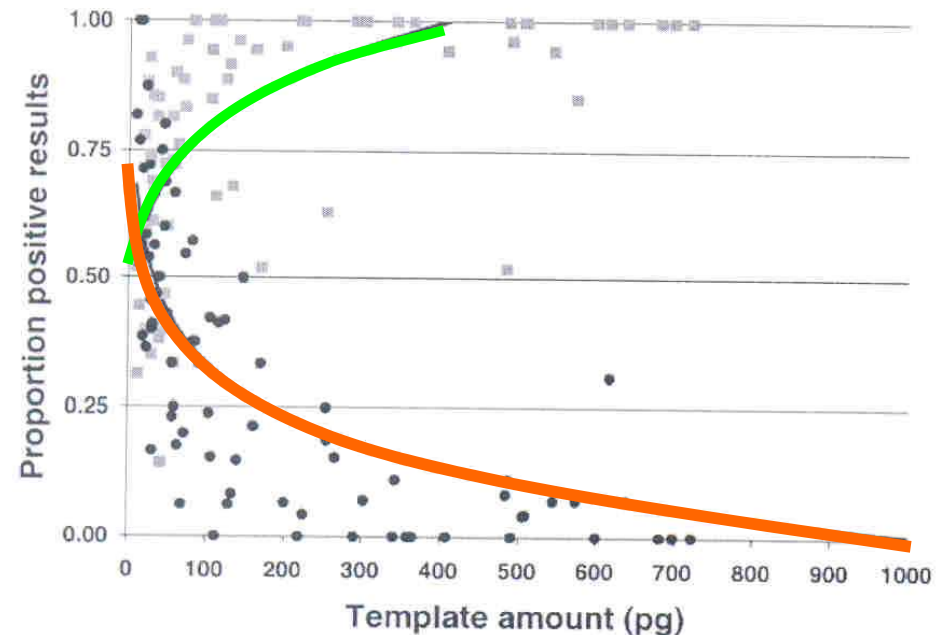


Multiplex preamplifikace  
všech lokusů – zvýšení  
koncentrace  
mikrosatelitové DNA



Semi-nested PCR pro 1-3  
lokusy

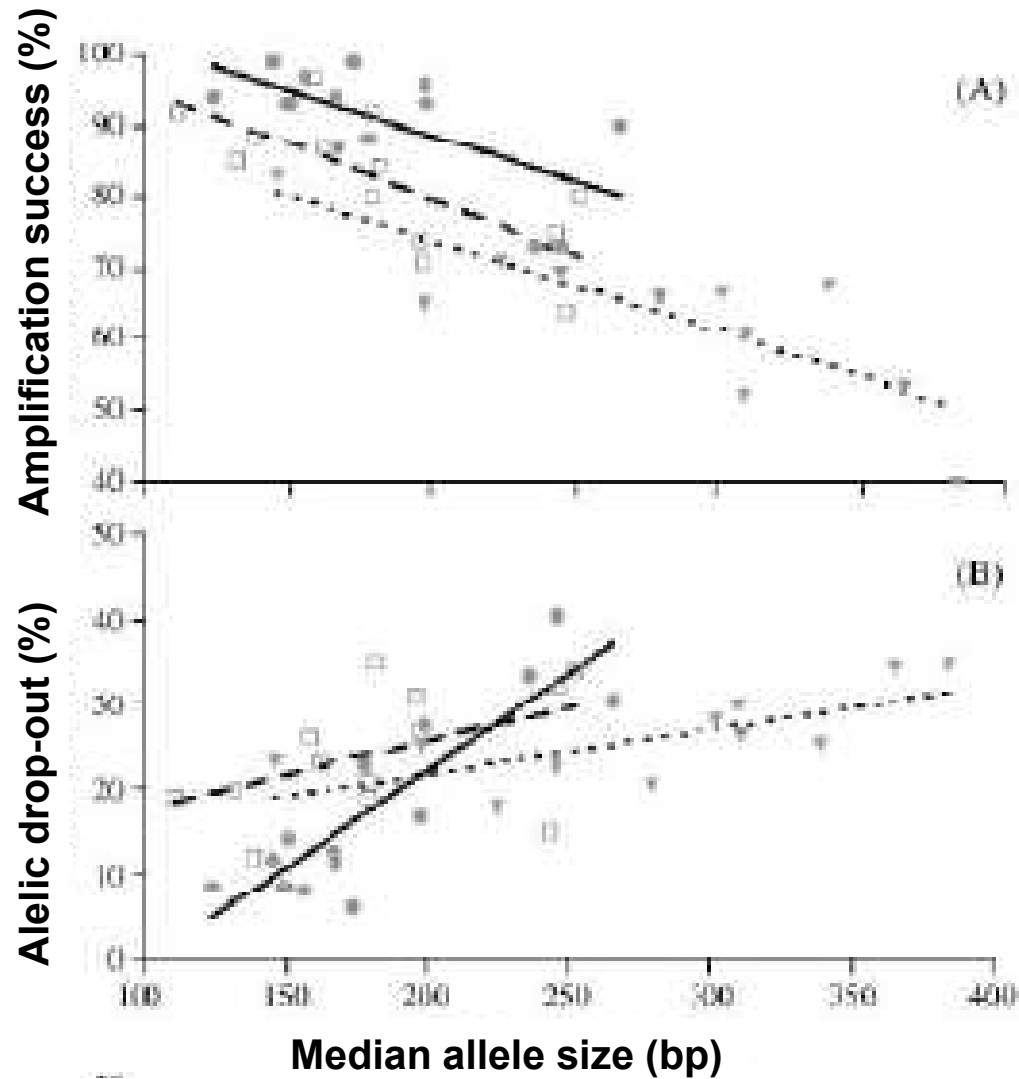
- qPCR (Morin et al. 2000, Zemanová et al., submitted)



Positivní PCR Allelic dropout

Genotypizace pouze „dobrých“ vzorků

# Effect of locus



(Buchan et al. 2005)

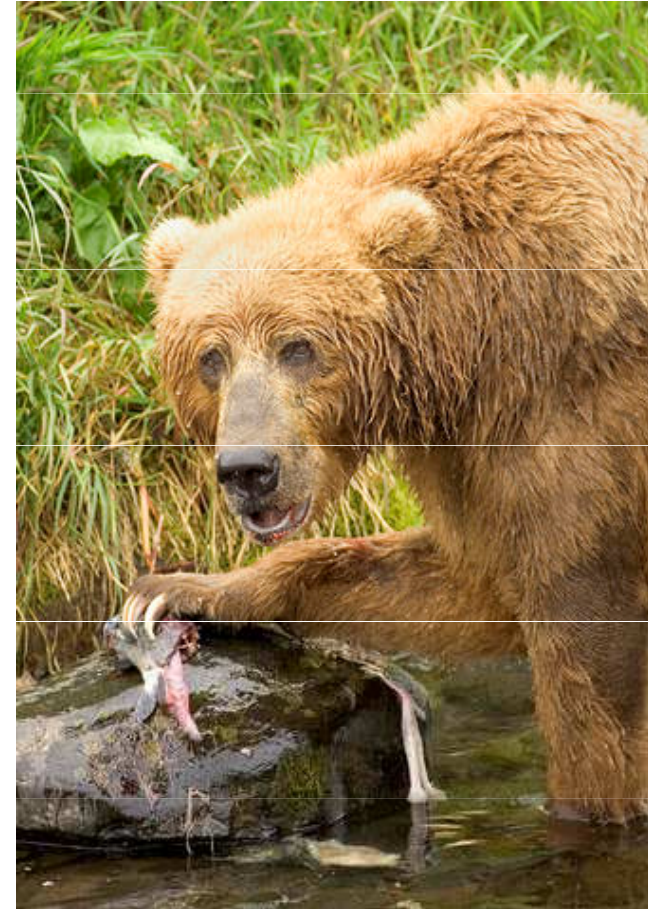


Degraded DNA → amplification of **short fragments** is preferred

Disadvantages and their solution

# Influence of diet on faecal DNA amplification

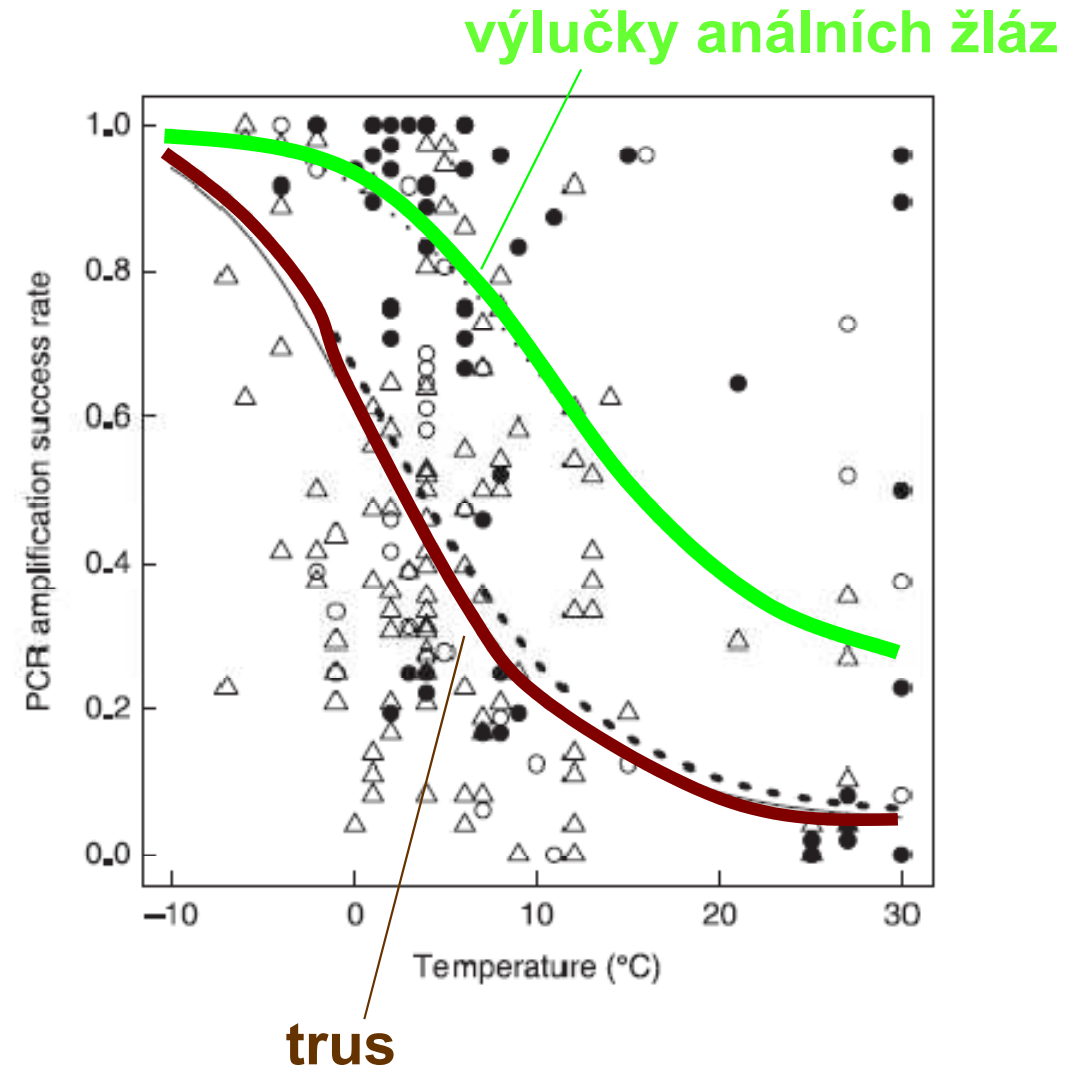
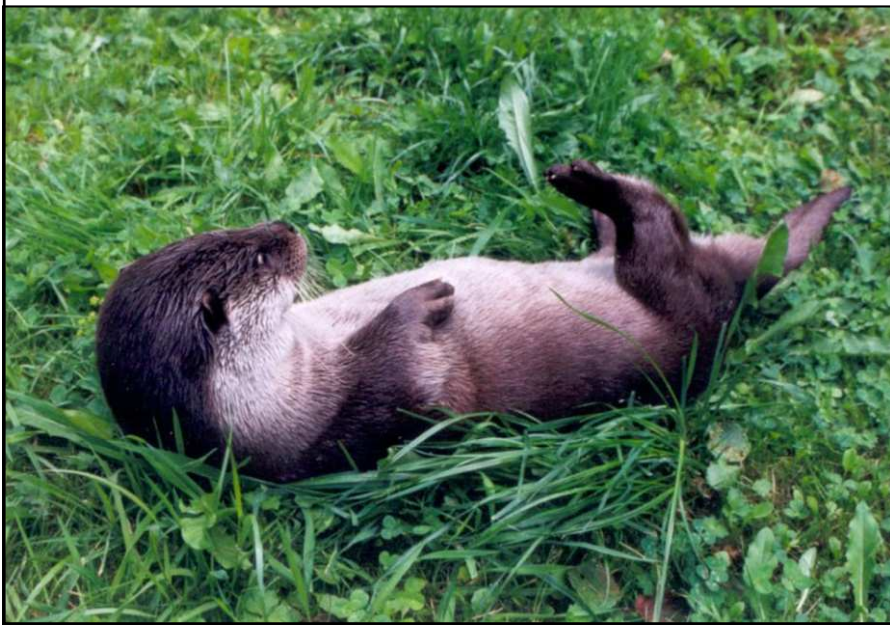
- poorly known
- Murphy et al. 2003 – brown bears
- salmons in the diet – significant decrease of amplification success
- herbivores – better results than carnivores





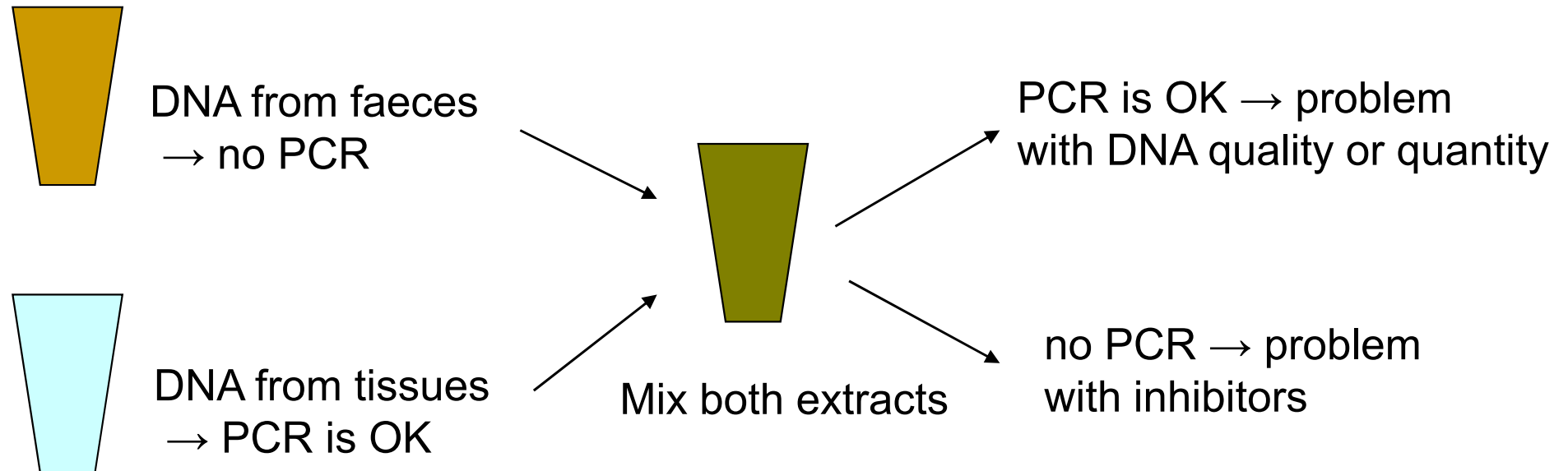
# Vliv typu vzorku a teploty

- vydry – masožravci specializovaní na ryby
- vliv typu vzorku: výlučky análních žláz (82%) vs. trus (34%) u zmraženého trusu
- výrazný vliv teploty - velmi rychlá degradace DNA v teplém prostředí



# Effect of PCR inhibitors (faeces)

- many inhibitors in faeces (products of digestion, chemicals in plants) – addition of special reagents (BSA), hot-start etc., dilution of template etc.



# High contamination risk

- avoiding of „laboratory“ contamination (tips with filters, separated pre- and post-PCR laboratories, UV sterilisation, etc.)
- „mixed samples“ – problems in social species (communal latrines, marking in fixed sites) or in sampling at broad intervals („hair traps“) – usually identified by 3 or more alleles/sample; problem in species with low genetic variability
- primates – contamination with human DNA



# Tracking of the endangered Pyrenean brown bear population

- hair and faeces
- 24 microsatellite loci
- one yearling, three adult males, one adult female
- spatial activity
- suggestions for conservation management



---

Příklady:  
IDENTIFIKACE DRUHŮ

---



# Identifikace druhů - „DNA barcoding“

- cytochrom b (mt DNA – mnoho kopií v jedné buňce) – 189 bp PCR produkt (100% úspěšnost amplifikace ze vzorků trusu)
- štěpení restriktčními enzymy:
  - vydra 80 a 189 bp
  - norek 101 a 189 bp
  - tchoř 127 a 189 bp



# Forenzní analýzy

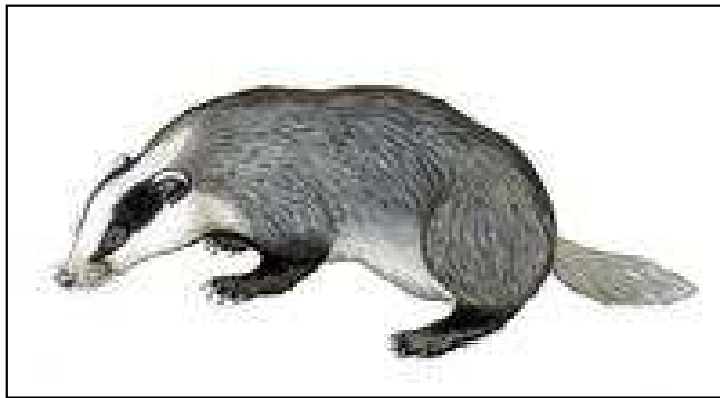
- nelegální lov a obchod
- rostoucí obchod s vydřími kožešinami v Asii (Kambodža, Indie, Čína, Nepál, Rusko; Kruuk 2006, Yoxon 2007, IOSF)





# Jezevčí chlupy v luxusních holicích štětkách

- Domingo-Roura et al., Biological Conservation (2006)



Jezevec lesní (*Meles meles*)

X



Jezevec bělohrdlý (*Arctonyx collaris*)

- 4 štětky z 8 pocházely z jezevce lesního
- 3 z nich z Holandska, kde je ilegální "*držet, prodávat, transportovat nebo používat ke komerčním účelům mrtvé jezevce lesní nebo produkty z nich odvozené*"



- identifikace chráněných druhů v různých produktech (např. tygři vs. asijská medicína)
  - analýzy mtDNA – velrybí maso legálně prodávané v J Korei a Japonsku – i chráněné druhy velryb, delfíni, sviňuchy, ale i ovčí a koňské maso (Baker et al. 1996, 2006)
-





- monitoring ilegálního obchodu se slonovinou (Comstock et al. 2003, Wasser et al. 2004), identifikace „bush-meat“ – nelegální lov velkých savců v Africe (Malisa et al. 2006)

---

Příklady:  
IDENTIFIKACE POPULACÍ A JEJICH  
VZÁJEMNÝCH VZTAHŮ

---



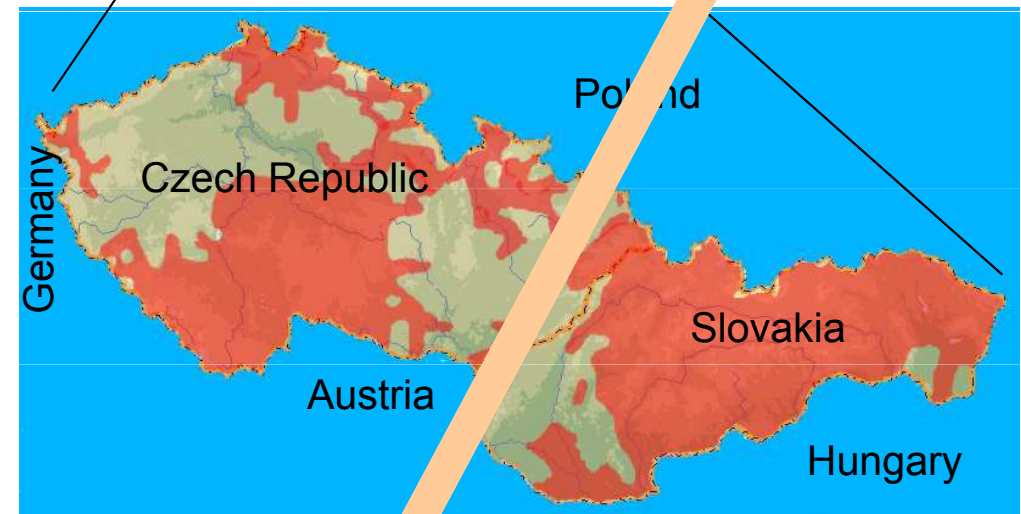
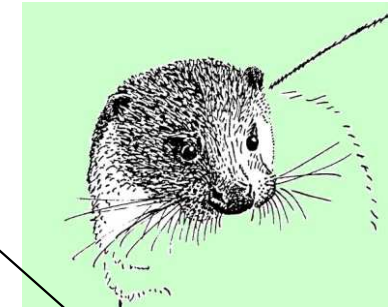
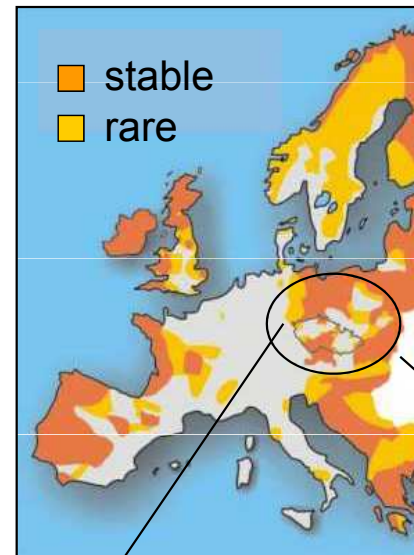
# Vydra říční ve střední Evropě

- silný pokles početnosti v minulém století
- fragmentace populací

## Cíle:

- odhad populační početnosti ze vzorků trusu
- populačně-genetická analýza – stanovení bariér toku genů,  $N_e$ , "bottlenecks" atd.

## 1. BARIÉRA MEZI ČESKOU A SLOVENSKOU POPULACÍ



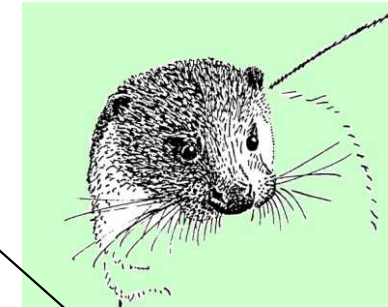
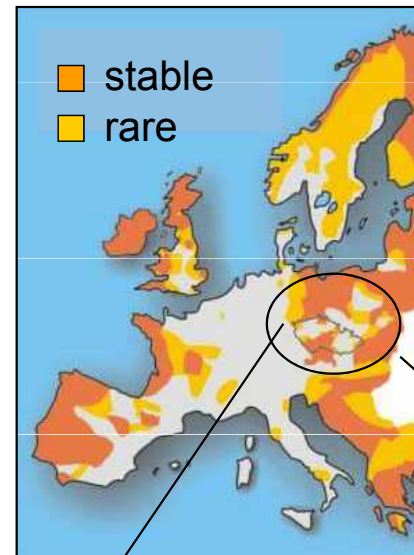
# Vydra říční ve střední Evropě

- silný pokles početnosti v minulém století
- fragmentace populací

## Cíle:

- odhad populační početnosti ze vzorků trusu
- populačně-genetická analýza – stanovení bariér toku genů,  $N_e$ , "bottlenecks" atd.

2. VÝRAZNÉ SNÍŽENÍ  $N_e$  ZHRUBA PŘED TŘICETI LETY (od té doby nárůst české populace)



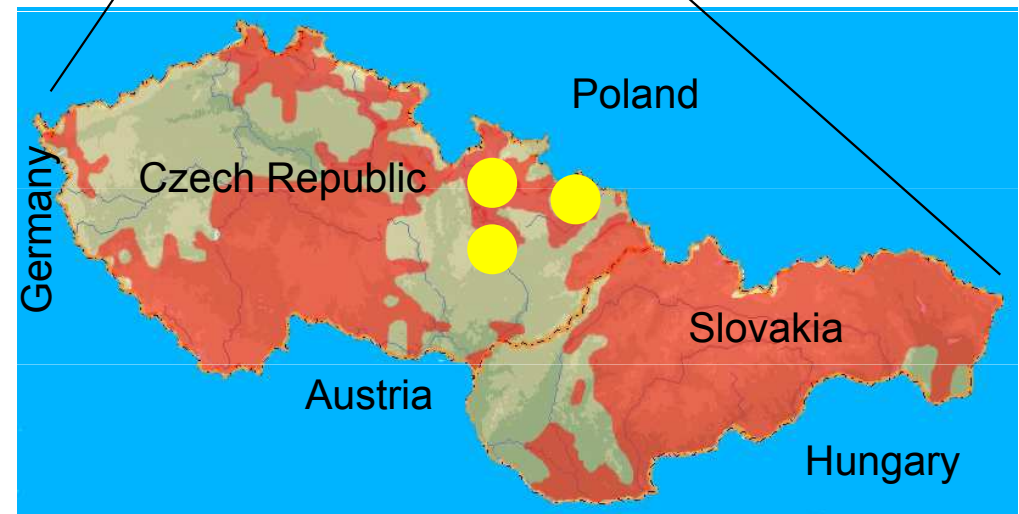
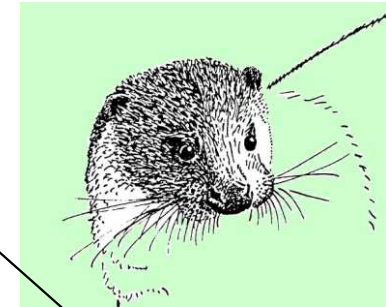
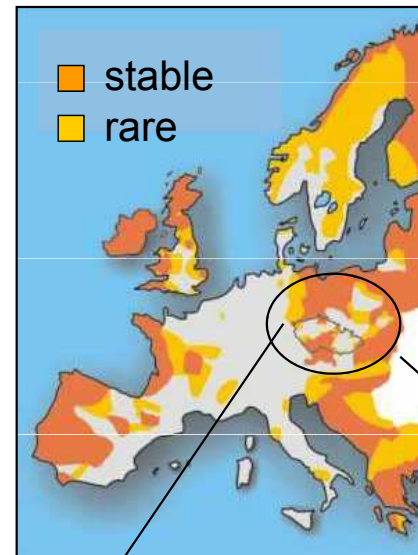


# Vydra říční ve střední Evropě

- silný pokles početnosti v minulém století
- fragmentace populací

## Cíle:

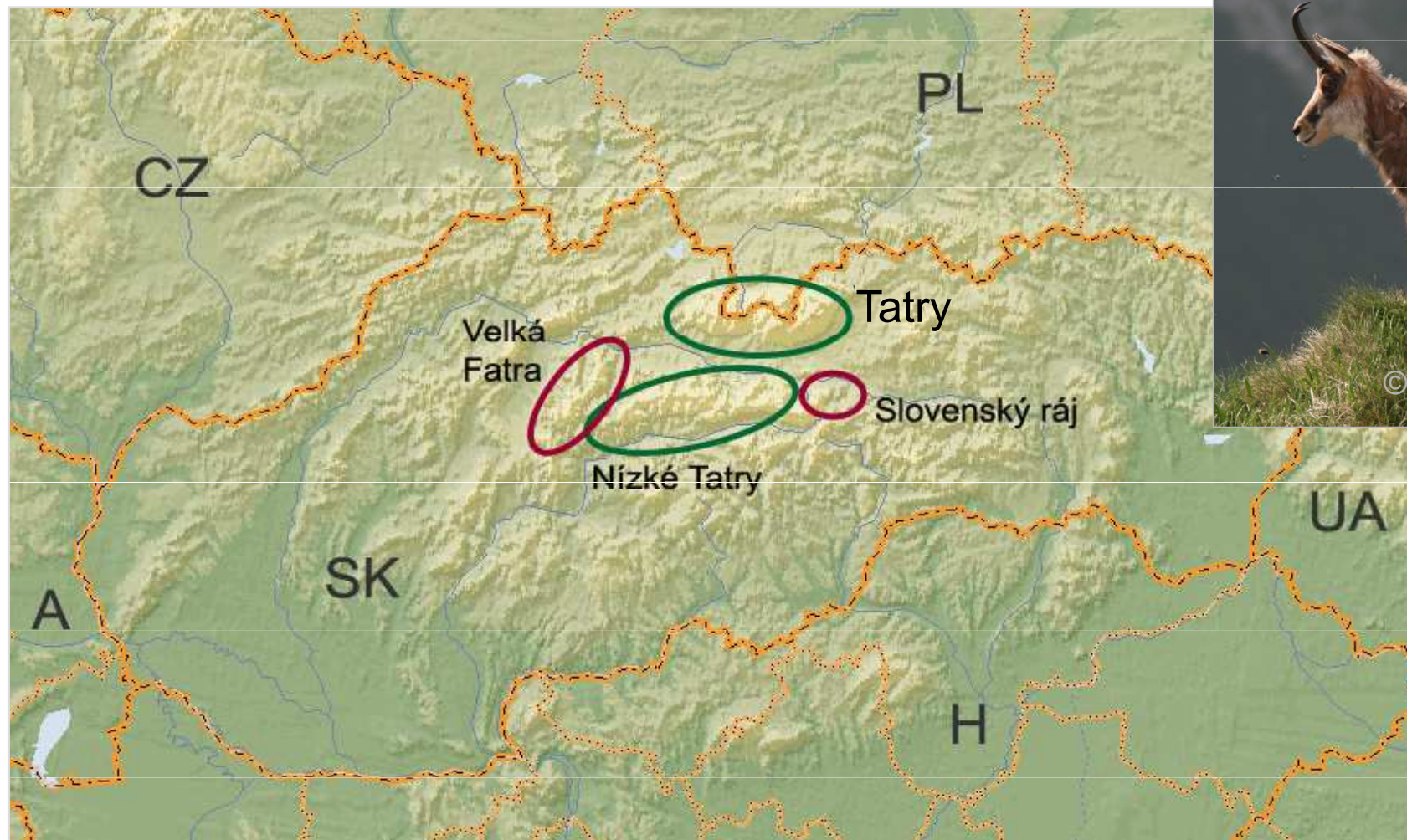
- odhad populační početnosti ze vzorků trusu
- populačně-genetická analýza – stanovení bariér toku genů,  $N_e$ , "bottlenecks" atd.



3. INTRODUKOVANÍ JEDINCI NA SEVERNÍ MORAVĚ NEPOCHÁZEJÍ Z ČESKÉ ANI SLOVENSKÉ POPULACE



# Hybridizace - sekundární kontakt dvou populací



# Hybridizace - sekundární kontakt dvou populací

*R. r. tatrica*

*R. r. rupicapra*

Tatry

Nízké Tatry

Vel. Fatra

Slovenský ráj

Structure,  $K = 2$

A horizontal bar chart representing genetic structure with K=2 clusters. The chart is divided into four vertical sections corresponding to the populations: Tatry (green), Nízké Tatry (green), Vel. Fatra (red), and Slovenský ráj (red). The Nízké Tatry section shows vertical red lines extending downwards from the top, indicating admixture between the two clusters.

Structure,  $K = 3$

A horizontal bar chart representing genetic structure with K=3 clusters. The chart is divided into four vertical sections: Tatry (green), Nízké Tatry (green), Vel. Fatra (red), and Slovenský ráj (yellow). The Nízké Tatry section shows vertical lines in red and yellow extending downwards, indicating admixture between the three clusters.

BAPS,  $K = 3$

A horizontal bar chart representing genetic structure with K=3 clusters using the BAPS method. The chart is divided into four vertical sections: Tatry (green), Nízké Tatry (green), Vel. Fatra (red), and Slovenský ráj (yellow). The Nízké Tatry section shows vertical lines in red and yellow extending downwards, indicating admixture between the three clusters.

---

Příklady:  
IDENTIFIKACE POHLAVÍ

---

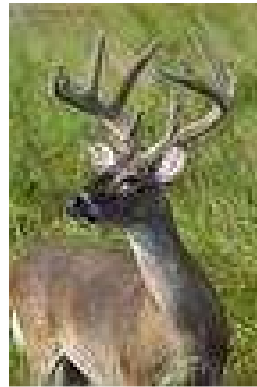


# Identification of sex

- sexual structure of population
- genetically determined sex
- markers: mammals – *SRY*, amelogenin; birds – CHD
- species-specific markers must be used (otherwise cross-amplification with species in the diet)



**X**



Murphy et al. 2003

---

Příklady:  
IDENTIFIKACE JEDINCŮ

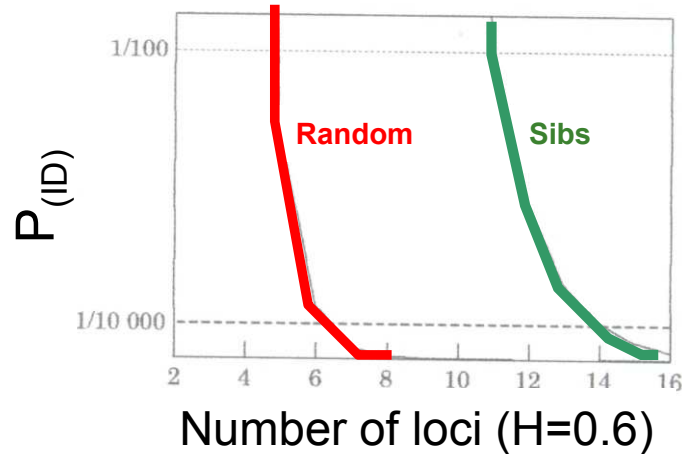
---



# Identification of individuals

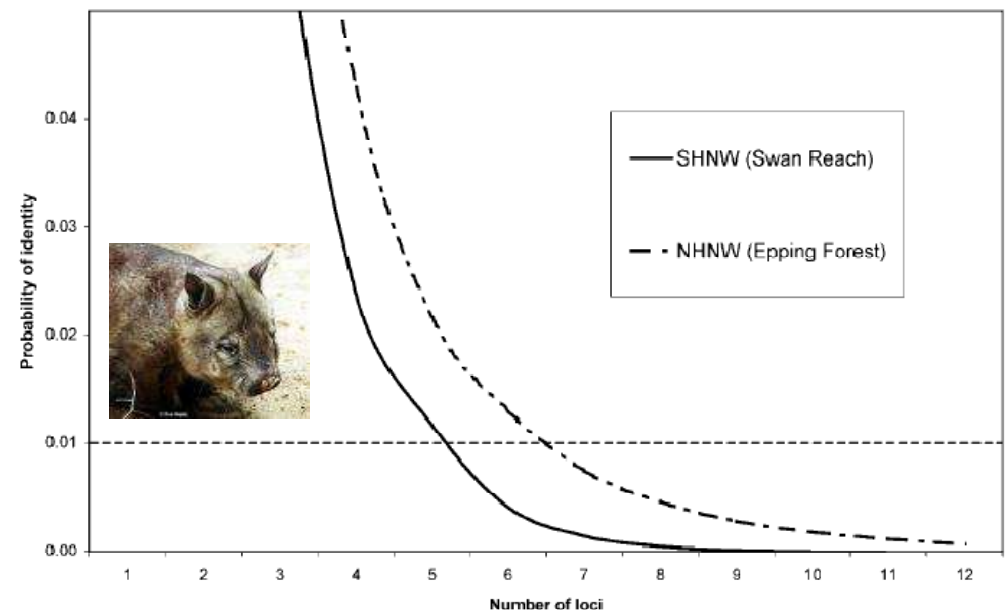
- multilocus microsatellite fingerprinting – power estimated as „probability of identity“ ( $P_{(ID)}$ ) (Waits et al. 2001)

$$P_{(ID)} = \sum p_i^4 + \sum \sum (2p_i p_j)^2$$



$$P_{(ID)sib} = 0.25 + (0.5 \sum p_i^2) + [0.5(\sum p_i^2)^2] - (0.25 \sum p_i^4)$$

- pilot studies with tissue samples are required to identify  $P_{(ID)}$  in a studied population

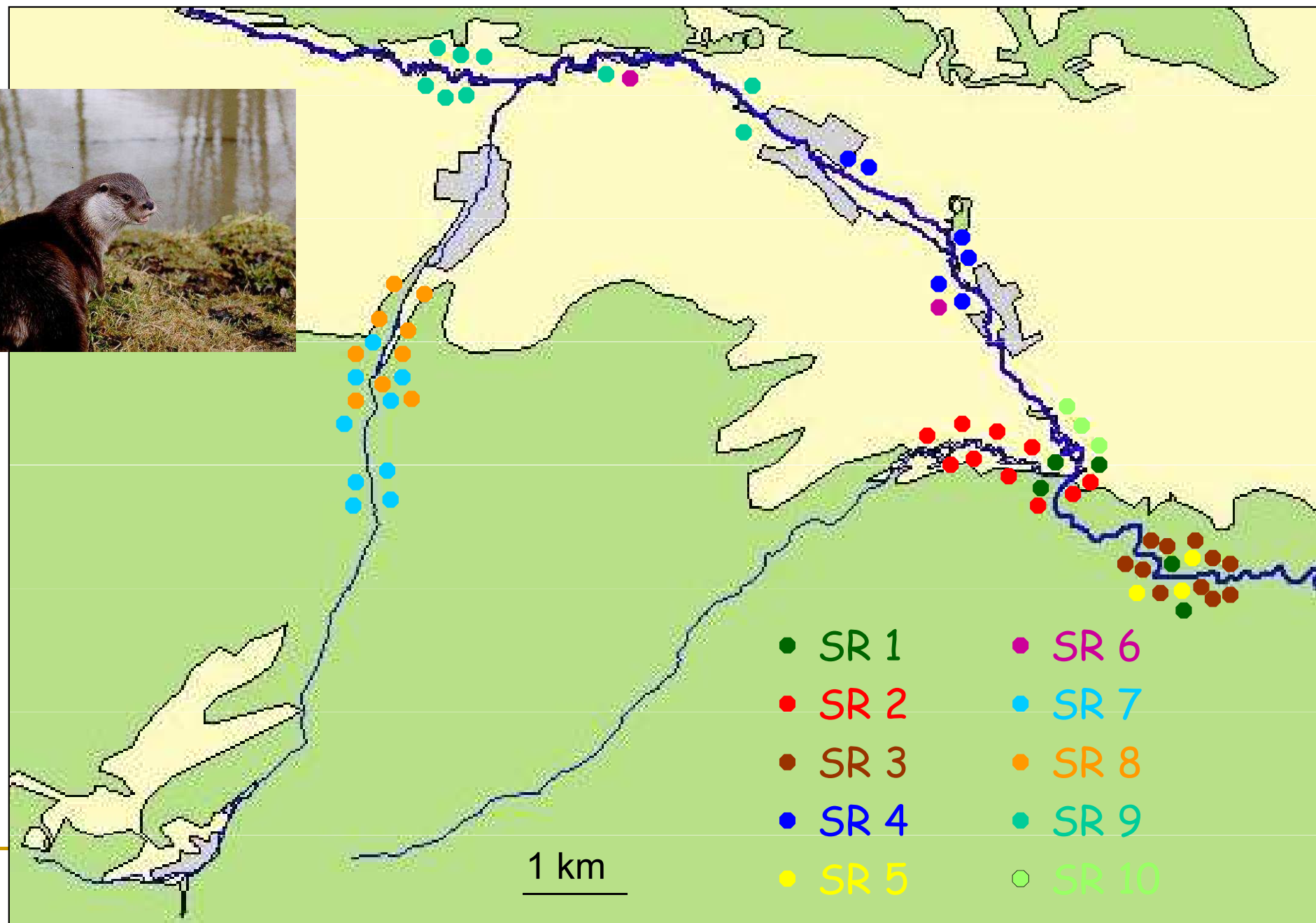


# Identifikace jedinců

- **prostorová aktivita**

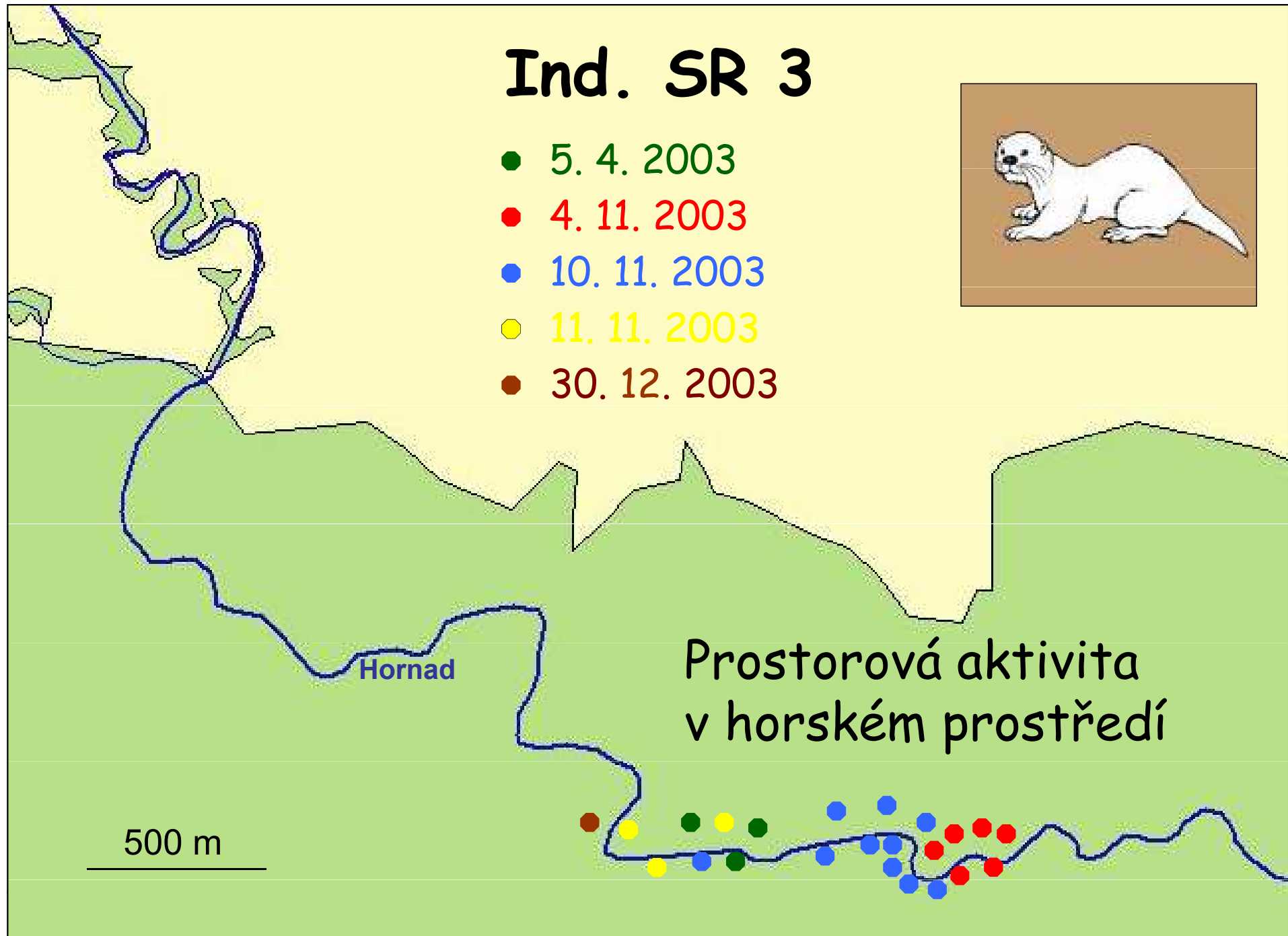
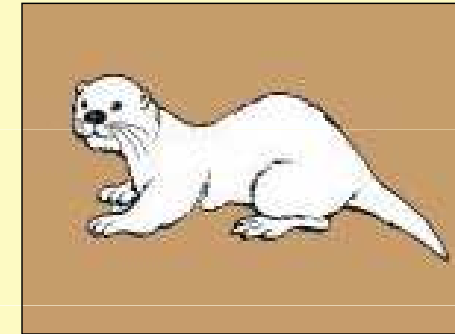


# Identifikovaní jedinci - Hornád, NP Slovenský Raj



# Ind. SR 3

- 5. 4. 2003
- 4. 11. 2003
- 10. 11. 2003
- 11. 11. 2003
- 30. 12. 2003



# Non-invasive CMR studies

- **Velikost populace**
- „Capture-Mark-Recapture“ (review in Lukacs & Burnham 2005)
- Opakované vzorkování stejného zvířete
- Přežívání, populační dynamika atd.
- Closed population models, open population models, Robust design models
- Korekce na genotypizační chyby
- Trus – analýza **individuální variability** v potravě (př. kojoti - Fedriani & Kohn 2001)

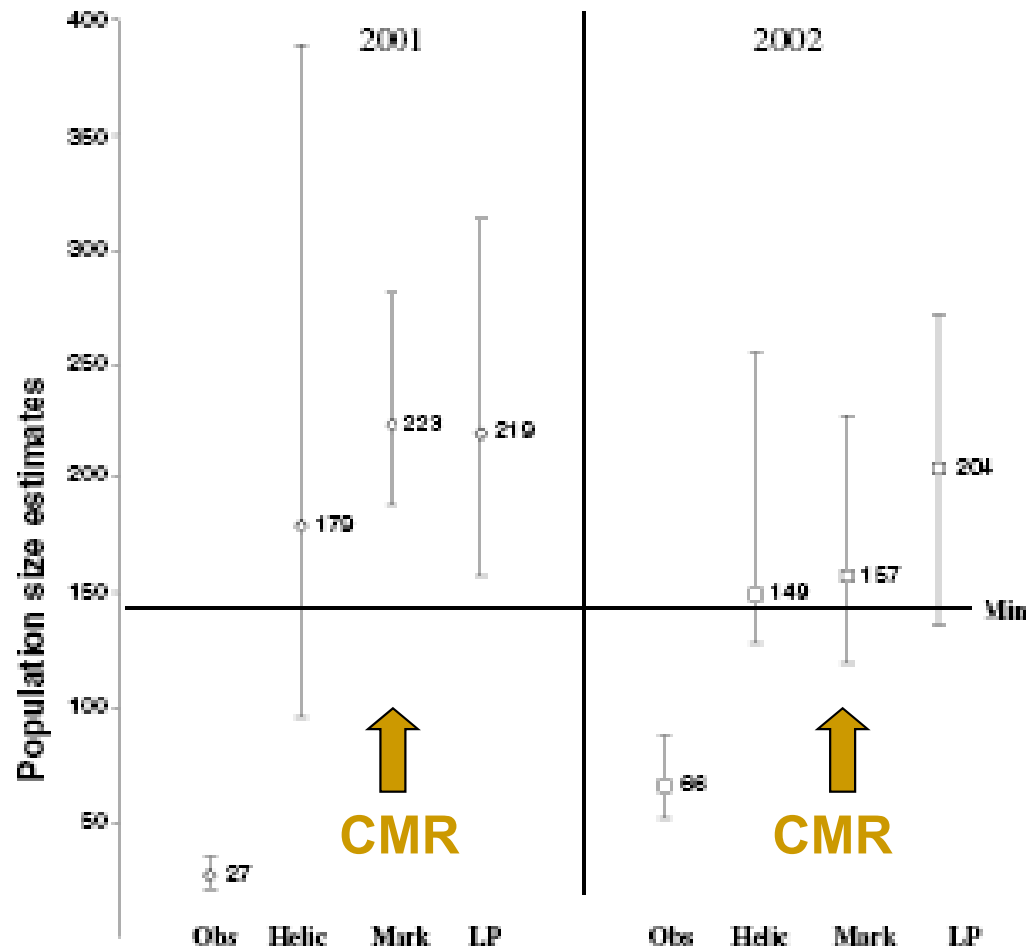


Populační dynamika kojotů  
(Prugh et al. 2005)



# Brown bears (*Ursus arctos*) in Scandinavia

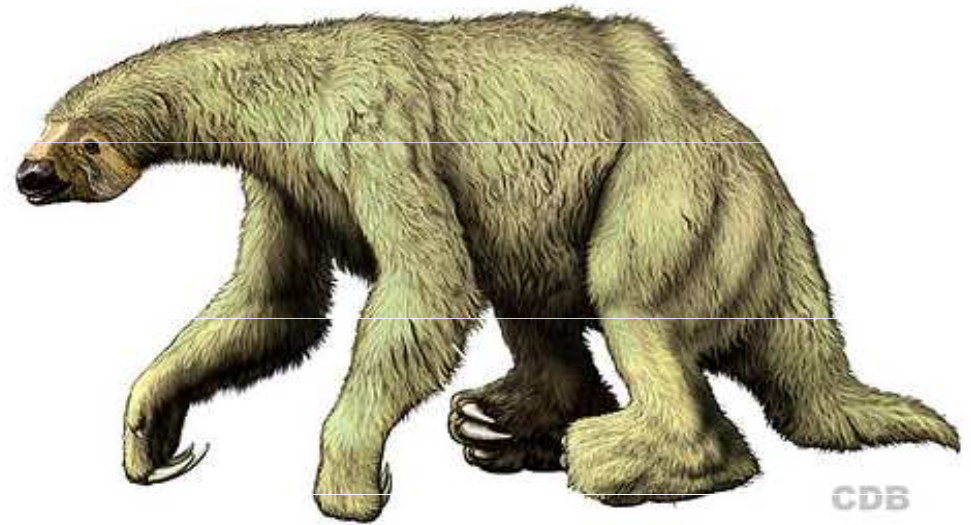
(Hakon Solberg et al. 2006, Biological Conservation)



- observations – underestimate numbers
- non-invasive CMR is cheaper and more precise than helicoptere census

# Diet of the extinct Ground Sloth (*Nothrotheriops shastensis*)

- Poinar et al. (1998) – Science
- 20 000 years ago
- chemical modification of DNA in ancient faeces before PCR
- identification of species and phylogeny to modern mammals
- cpDNA – diet of the Ground Sloth



---

# BUDOUCNOST OCHRANÁŘSKÉ GENETIKY

---

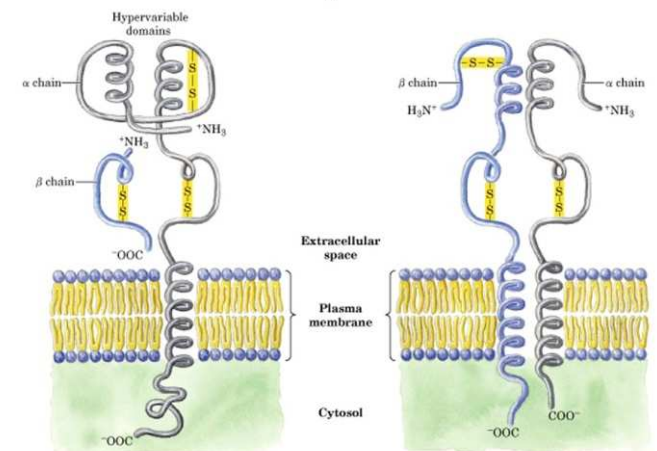
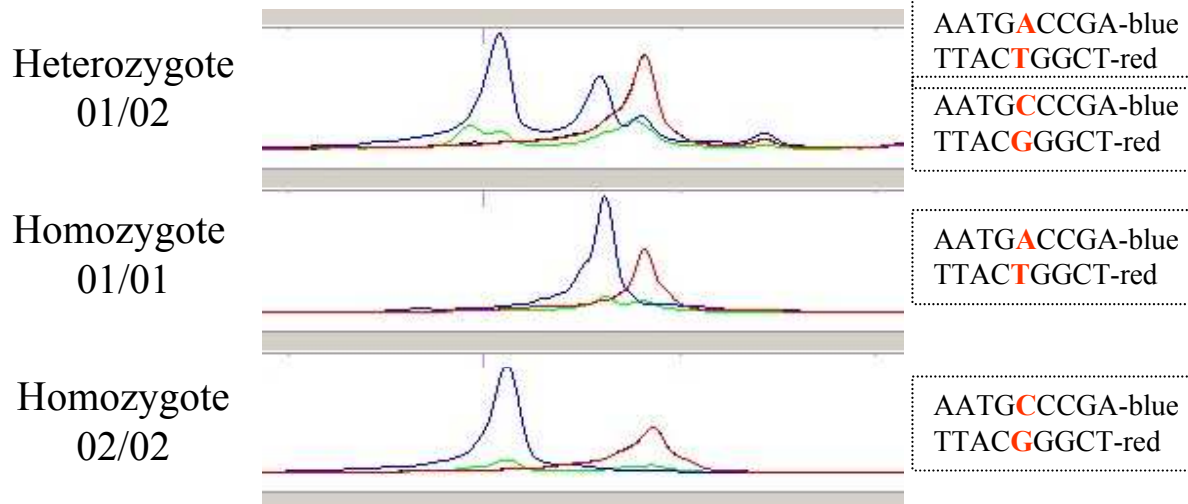
# Praktické problémy ochranářské genetiky

- mladé odvětví = mnoho problémů
- význam genetické variability pro životaschopnost populací => **experimentální ochranářská genetik**
- extrémní neznalost adaptivní variability u volně žijících druhů



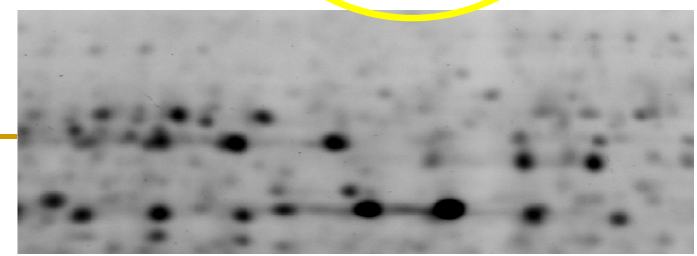
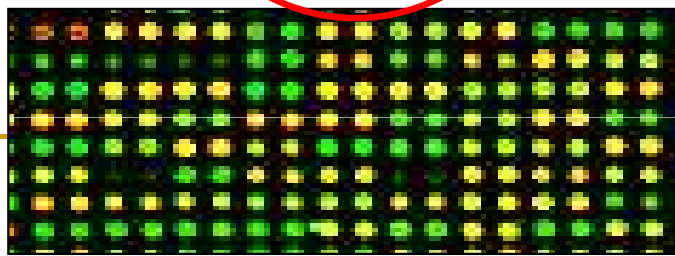
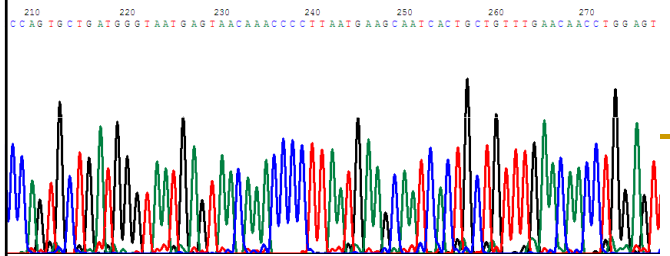
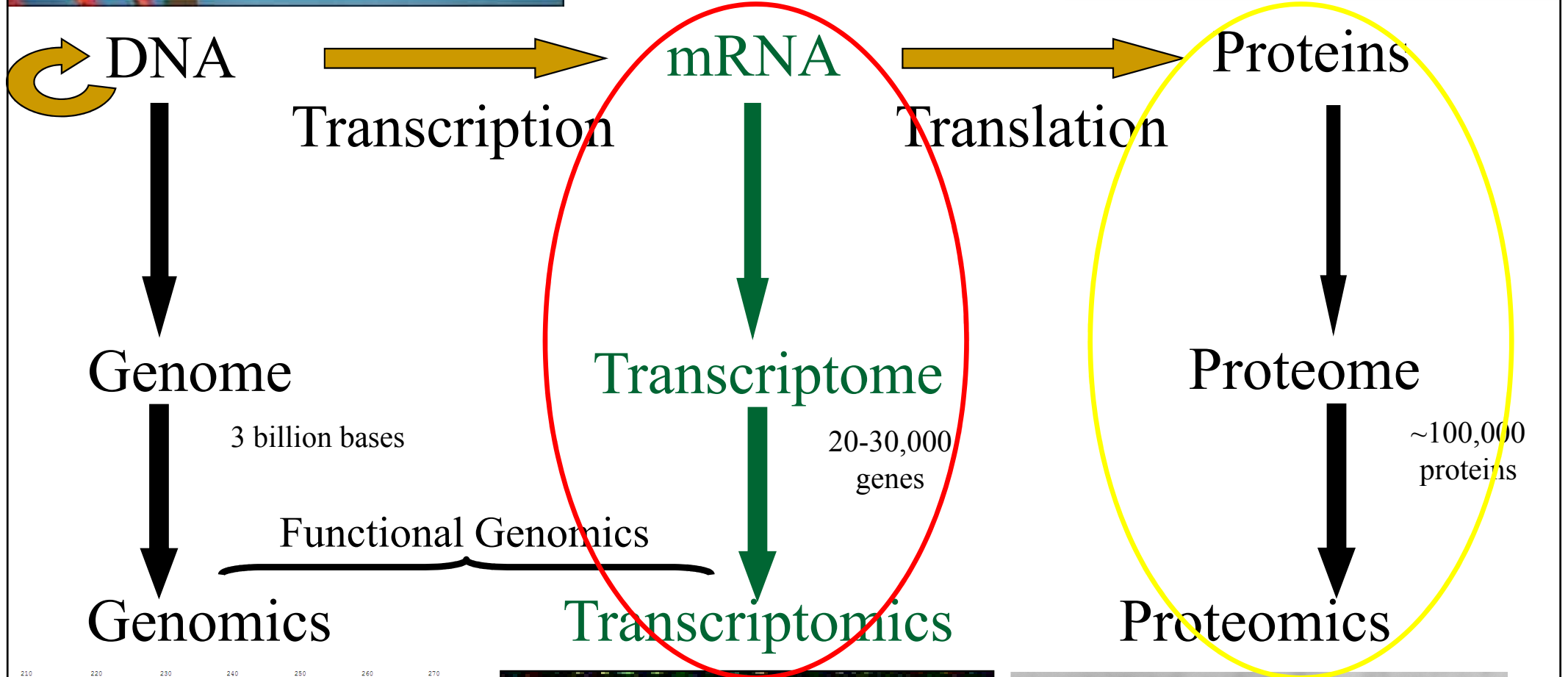
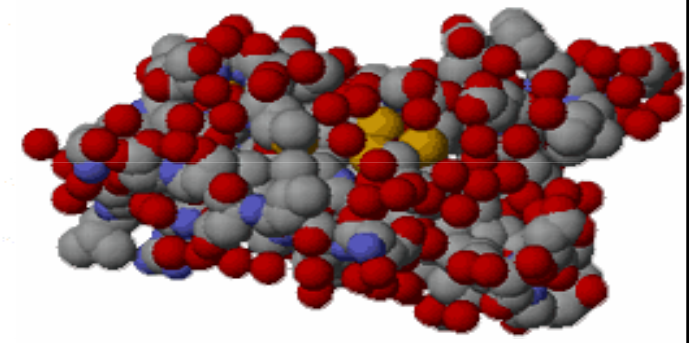
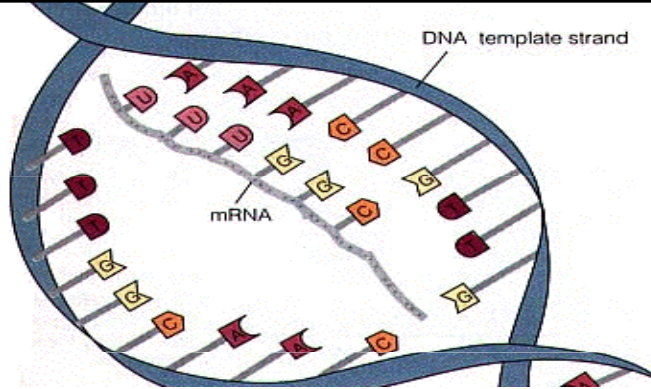
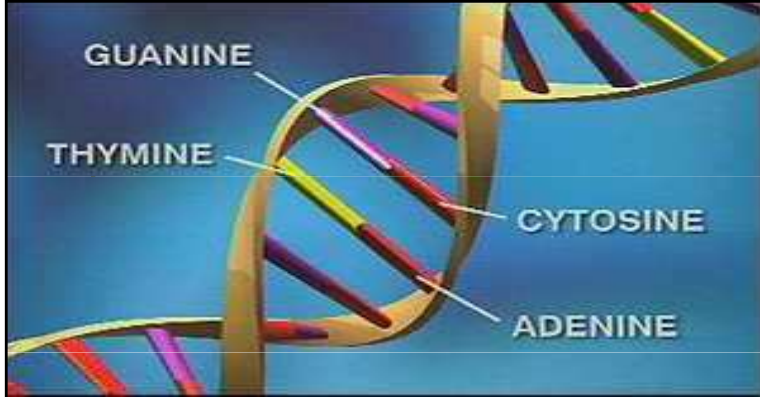
# Adaptivní variabilita imunitních genů

- MHC („major histocompatibility complex“)
- geny významné pro zahájení imunitní odpovědi
- trus – parazitologické vyšetření – asociace mezi výskytem určité MHC alely a napadením parazity



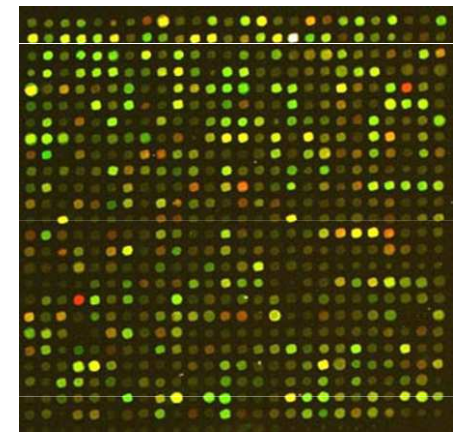
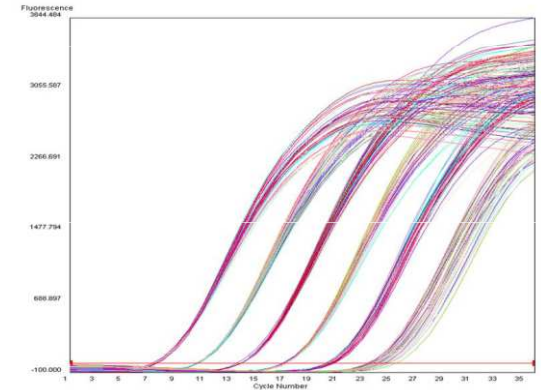
*Př. Použití metody SSCP na identifikaci MHC alel*





# Transkriptomika

- **Expresse jednotlivých genů** – quantitative real-time PCR
  - známý kandidátní gen (modelové druhy)
- **Expresse mnoha genů najednou** (genomic scale) - microarray
  - identifikace kandidátních genů – detekce jejich exprese může podat důležitou informaci o jeho funkci (různá v odlišném prostředí, vývojovém stadiu, stresu atd.)



# Praktické problémy ochranářské genetiky

- mladé odvětví = mnoho problémů
- význam genetické variability pro životaschopnost populací => **experimentální ochranářská genetik**
- extrémní neznalost adaptivní variability u volně žijících druhů
- **identifikace ochranářských jednotek na základě genetických dat → praktická ochrana**



# CONGRESS (2010-2013)

Conservation Genetic Resources for Effective Species Survival

FP7-ENV-2009-1, Coordination and support action

