

KVANTITATIVNÍ ZNAKY U SMRKU (*Pinus pinaster*)

- Sledované znaky u smrku:
 - Znaky související s výškou stromu a celkovým habitusem
 - Pevnost stromu
 - Produkce semen smrku
 - Sledování vazbových skupin genů (maturace, elongace kořenového systému, výška stromu)
 - Odolnost proti patogenům a stresu

- Molekulární markery a analýza QTL:
 - Analýza příbuzenských vztahů a původů a deklarace vlastností sadebního materiálu
 - Markery spojené s biotickými nebo abiotickými stresy (teplotní abnormality, reakce na těžké kovy a kyselá deště)
 - Fingerprinting
 - RFLP markery pro analýzu genomu
 - RAPD - použito celkem 124 náhodných markerů (každý primer amplifikoval v průměru 3 polymorfni markery), charakteristika jednotlivých druhů, variet a odrůd
 - AFLP markery pro specifické identifikace
 - Mikrosatelity (2-6 bp) pro určení heterozygosity, genetické vzdálenosti, stupni inbrídingu

- Genetické hledisko redukce a životaschopnosti
 - Současnost – tvorba odolných linií a náhrada zdevastovaných porostů
 - Situace – 150 let trvalo nepřírozené obhospodařování smrčín
 - Redukce velikostí populací a počtu semenáčů na ploše vedla dlouhodobě k mikroevolučním procesům s důsledky
 - genetického driftu a tzv. homogenizaci populací a ke změně genových frekvencí
 - nárůstu inbrídingu a inbrední depresi
 - snížení heterozygotnosti a zvýšení frekvence homozygotů
 - snížení adaptačního potenciálu populace tím, že některé výhodné geny nemusí malá populace vůbec obsahovat
 - U smrků došlo ke změnám genových i genotypových četností v důsledku individuálního přístupu při posuzování kvality porostů a stromů.

- Ovlivněn princip selekce (některé stromy by byly z populace přirozeně selektovány kvůli nevhodným vlastnostem)
- Méně vhodné vlastnosti ponechaných jedinců se projevily až v další generaci menší odolností, kratším věkem atd.
- Nejmenší velikost populace smrků z hlediska udržení genetické kvality kvality porostu je 100 ks/ha (avšak už při hustotě 250 ks se genetická variabilita snižuje o více jak 90%)
- Paradoxně Vyhláška 82/1996 redukuje počet sazenic pod tuto mez