



Na rozdíl od většiny druhů zevarů je zevar vzpřímený velmi tolerantní k disturbancím a dokáže přežít i značné poškození při povodních nebo vlivem vodní dopravy. Soliterní rostliny mají listy vějířovitě rozprostřené nad vodní hladinou, zatímco v hustém porostu tvoří listy téměř přímé. Zevar vzpřímený se vyskytuje ve vodách kyselých i brakických, ale zvládne růst dokonce v silně znečištěných kanalizačních vodách. Ideální podmínky pro tento druh poskytují mezotrofní až eutrofní vody

s pravidelným narušováním (záplavy, kolísání vodní hladiny). V pomalu proudících řekách a kanálech, kde se hromadí bahno a zanášejí se toky, se stává obtížným druhem (obr. 1).

#### Cestování po vodních tocích

Nažky zevarů jsou pokryté hydrofobní vrstvou a mohou plavat na vodní hladině déle než rok. Šíří se tak po vodních tocích na vzdálenost i několika desítek kilometrů. Obvykle však mráz v průběhu zimy naruší

vnější vrstvu oplodí. Na jaře se pak mokrá houbovitá střední vrstva oplodí rozloží a uvolní semeno, které klesá ke dnu, kde začne klíčit. Semenačky však za nepříznivých podmínek (zastínění, přítomnost řas) hynou; větší příležitosti k přežití mají při osídlování nových nezarostlých stanovišť. Zevary se také šíří vegetativně prostřednictvím oddenků odtržených od mateřské rostliny, ale tento případ není tak častý. Přenos diaspor probíhá vodním proudem, ptactvem nebo lodní dopravou. Nejčastěji se šíří jednosměrně po vodních tocích pomocí proudu, což vede ke zvyšování genetické diverzity v dolních částech řek. Nažky navíc slouží jako potrava pro vodní ptactvo, které zevarům umožňuje rozšířit se proti proudu a mezi řekami (blíže např. Živa 2013, 1: 11–14).

Ačkoliv jsme potvrdili současné rozlišování jednotlivých poddruhů zevaru vzpřímeného, rádi bychom pokračovali v našem výzkumu i s dalšími druhy zevarů.

*Studium bylo podpořeno výzkumným záměrem Ministerstva školství mládeže a tělovýchovy (MSM0021620828) a projektem 14-36079G Centrum excellence PLADIAS a probíhá ve spolupráci s Botanickým ústavem AV ČR, v. v. i. (projekt RVO 67985939, výzkumný záměr AV0Z60050516).*

Seznam použité literatury najdete na webové stránce Živy.

Hana Šimková

## Nové poznatky v genetice rostlin V. Genomy obilovin (téměř) dočteny

**Žijeme v převratné době, tedy alespoň z pohledu genomiky. V dubnu 2017 byla v časopise Nature publikována referenční sekvence genomu ječmene o velikosti téměř pět miliard párů bází. Projekt sekvenování byl zahájen před 12 lety a sekvence byla dokončena v r. 2015. Obdobný projekt pro genom pšenice o velikosti třikrát větší odstartoval v témže roce a v lednu 2017 bylo oznámeno dokončení sekvence, kterou lze v genomické terminologii označit za zlatý standard. Projekt sekvenování genomu žita o velikosti 8 miliard párů bází začal letos a v tomto roce by měl být také dokončen. Ne, není to omyl. Žijeme totiž v převratné době.**

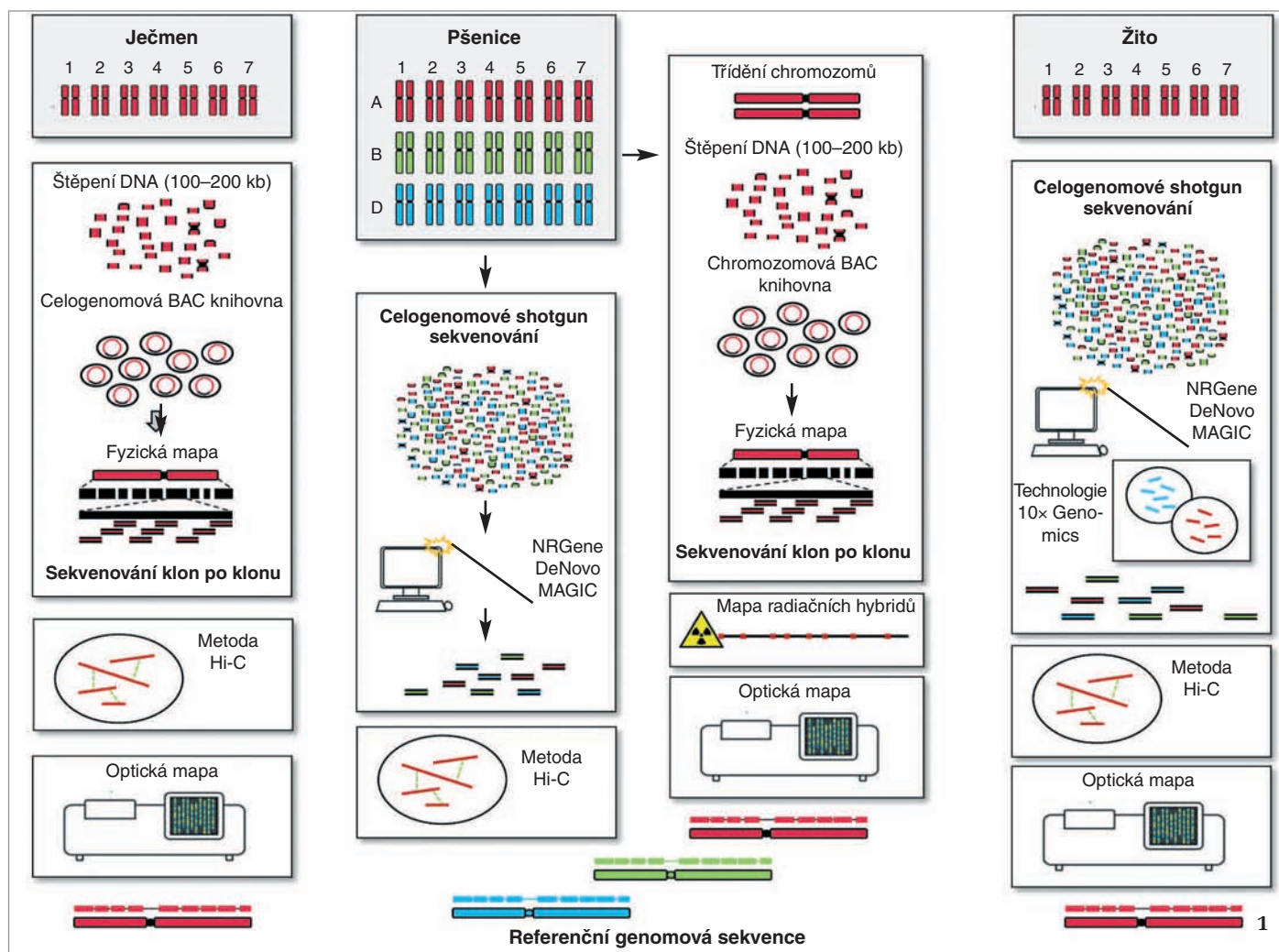
#### Jak se čtou velké genomy

Na počátku třetího tisíciletí, po dokončení celogenomové sekvence člověka (blíže viz Živa 2016, 5: 203–206), se projekty sekvenování nejrůznějších organismů rozjely rychlým tempem. Mezi prvními dokončenými se objevily malé genomy obilovin, jako jsou rýže setá (*Oryza sativa*, 466 Mb; Mb – milion párů bází) nebo čirok obecný (*Sorghum bicolor*, 770 Mb), o několik let později je následovala kukuřice setá (*Zea mays*) s genomem již přesahujícím dvě miliardy párů bází (2 Gb) a v r. 2012 také

proso seté (*Panicum miliaceum*, 1 Gb). Velké genomy našich nejvýznamnějších obilovin, jimiž jsou pšenice setá (*Triticum aestivum*) a ječmen setý (*Hordeum vulgare*), dlouho odolávaly, a tak se na jejich konečné podobě podepsala řada strategií a technologií.

Sekvenování velkých genomů, dosahujících velikosti v řádech miliard párů bází, bylo v minulosti spojeno s využitím přístupu klon na klonu (clone-by-clone sequencing; Živa 2012, 4: 155–157). Tato strategie, použitá např. pro získání celogenomové

sekvence člověka, ale i huseničku rolního (*Arabidopsis thaliana*), rýže nebo kukuřice, zahrnuje fragmentaci genomu na úseky o velikosti 100–200 tisíc párů bází (kb, kilobází – tisíc párů bází), jejich klonování v umělém bakteriálním chromozomu (Bacterial Artificial Chromosome, BAC), uspořádání klonovaných úseků do tzv. fyzické mapy rekonstruující jednotlivé chromozomy, sekvenování jednotlivých klonů a konečné sestavení a ověření celogenomové sekvence (obr. 1). Jak lze tušit z uvedeného (a ne zcela úplného) výčtu jednotlivých kroků, šlo o proceduru velmi pracnou a zdlouhavou. Odměnou za náročnou fázi předcházející sekvenování bylo relativně snadné sestavení získaných sekvenačních dat do podoby celogenomové sekvence. Alternativní strategie pro získání úplné genomové sekvence byla anglicky nazývána shotgun sekvenování, protože začínala rozbitím genomu na malé části, což připomínalo spoušť vyvolanou výstřelem z brokovnice. Krátké úseky DNA o délce několika kilobází se pak klonovaly v bakteriálních plazmidech a bez dalšího uspořádávání sekvenovaly. Ze získaných krátkých fragmentů přečtené DNA (anglicky reads) se bezprostředně sestavovala genomová sekvence. Po nástupu sekvenačních technologií nové generace (Next Generation Sequencing – NGS, viz Živa 2016, 2: 61–63 a také články na str. 118–120 a LXXIX–LXXXII tohoto čísla) bylo možné vypustit z celé procedury klonování v bakteriích a nahradit ho činností enzymů, s jejichž pomocí se DNA namnožila a opatřila adaptéry nutnými pro sekvenování. Tento neuspořádaný přístup se však jevil jako nevhodný pro velké genomy



plně opakujících se (repetitivních) sekvencí DNA, protože algoritmy používané pro sestavování genomové sekvence si neuměly poradit s obrovským množstvím dat a zejména se sestavením zmíněných repetitivních úseků.

### Ječmen, pšenice a žito – různé strategie, stejný cíl

#### ● Ječmen – první v cíli

Vzhledem ke zmíněným problematickým rysům genomů našich nejvýznamnějších obilovin se sekvenační projekty pšenice a ječmene, které odstartovaly téměř současně v r. 2005, vydaly osvědčenou cestou klon po klonu. Důvodů bylo hned několik: značná velikost genomů (pět miliard párů bází pro ječmen a více než 15 miliard párů bází pro pšenici), velký podíl repetitivních sekvencí, které tvoří přes 80 % jejich genomů, a u pšenice navíc polyploidie, tedy spojení tří genomů předchůdců pšenice do jednoho celku (Živa 2012, 4: 155–157).

U ječmene s diploidním genomem byl postup sekvenování poměrně přímočarý (obr. 1). Sekvenační projekt, koordinovaný Mezinárodním konsorciem pro sekvenování ječmene (IBSC, International Barley Sequencing Consortium), jež v konečné fázi sdružovalo laboratoře z 10 států, začal přípravou genomových knihoven klonovaných v bakteriálním vektoru BAC. Z fragmentů DNA uložených v jednotlivých klonech se na základě překryvů sestavila fyzická mapa, skládající se z téměř 10 tisíc kontinuálních úseků – kontigů. Byla vybrána minimální sestava klonů schop-

ná pokrýt všech 7 chromozomů ječmene a tyto vybrané klony byly postupně sekvenovány technologií Illumina. Zároveň bylo třeba ukotvit jednotlivé kontigy na jejich místo na příslušném chromozomu. K tomu se nejčastěji používají markery uspořádané v genetických mapách, sestavovaných na základě frekvence rekombinací, ke kterým dochází mezi jednotlivými úseky na chromozomu v průběhu meiózy. Zde se však vynořil problém. Zatímco na koncích chromozomů probíhají rekombinace poměrně hojně, v okolí centromery jsou zcela potlačeny. Oblast s nízkou frekvencí rekombinací pak sahá téměř do poloviny ramen chromozomů. Proto není snadné v těchto místech stanovit pořadí genetických markerů, a tedy ani kontigů, jež tyto markery obsahují. Bylo třeba najít jiný způsob, jak kontigy v problematických úsecích genomu seřadit a určit jejich orientaci.

Řešení přišlo v podobě zcela nového přístupu, využívajícího trojrozměrné uspořádání chromatinu v buněčném jádře. Metoda nazvaná Hi-C (obr. 2) patří do skupiny tzv. 3C metod, což je zkratka z anglického názvu Chromatin Conformation Capture neboli zachycení konformace chromatinu. Kontakty mezi vlákny chromatinu, jež se nacházejí v buněčném jádře ve vzájemné blízkosti, se zachytí díky jejich převedení na kovalentní vazby, které se v místech kontaktů vytvoří působením formaldehydu. Tím dochází k propojení úseků genomu, jež se v rámci lineárního vlákna DNA mohou nacházet i ve vzdálenosti několika stovek kilobází. Po fixaci proteinů následuje štěpení restriční endonukleázou a intramolekulární ligace (za účasti enzymu ligázy), která propojí původně ne-sousedící úseky DNA. V případě metody Hi-C se vzniklé spoje označí biotinem – ten umožní jejich oddělení od „obyčejné“ DNA – a sekvenují se (Lieberman-Aiden a kol. 2009). Získaná místa kontaktů jsou pak vyhledána v dostupné genomové sekvenci a na základě analýzy velkého množství takových propojených úseků lze vytvářet modely uspořádání chromatinu v interfázním jádře nebo v mitotických chromozomech.

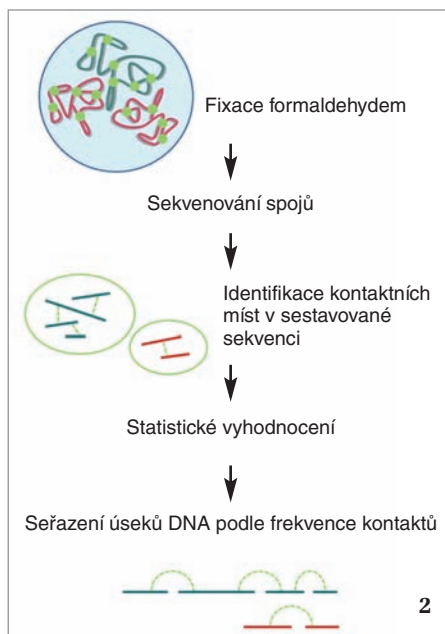
V r. 2013 přišly dvě americké skupiny vědců (N. Kaplan a J. Dekker, J. N. Burton a kol.) prakticky současně na nápad, jak metodu Hi-C využít i pro sestavování celogenomové sekvence (obr. 2). Frekvence interakcí je totiž nepřímo úměrná vzdálenosti v rámci genomu, tedy je nejvyšší mezi bezprostředně sousedícími místy a se vzrůstající vzdáleností na vlákně DNA klesá. Na základě Hi-C dat tak lze snadno odlišit úseky DNA patřící různým chromozomům, ale i seřadit je podle jejich vzájemné vzdálenosti. Tento inovativní přístup byl poprvé ve velkém měřítku použit právě pro sestavování genomu ječmene a umožnil poskládat sekvenci DNA i v nerekombinujících oblastech chromozomů. Další moderní technikou, která propojila úseky DNA do větších celků a zároveň poskytla kontrolu sestavené sekvence, bylo optické mapování, o kterém se podrobně psalo v Živě v loňském roce (viz 2016, 6: 302–304). Výsledkem desetiletého úsilí

více než 70 vědců z celého světa, při kterém se vygenerovalo 4,5 terabáze ( $10^{12}$ ) sekvenčních dat, se stala sekvence DNA o celkové délce 4,79 Gb, pokrývající přibližně 95 % z velikosti genomu ječmene. Sekvence se skládá z 6 347 dlouhých úseků, z nichž 95 % bylo pomocí Hi-C ukotveno na určité místo v genomu. Svou kvalitou tak referenční sekvence ječmene může směle konkurovat mnohem menším genomům.

Sestavením sekvence však čtení genomu nekončí, ale začíná. Chceme přece zjistit, jaké informace dlouhá řada písmen genetické abecedy ukrývá. První kapitoly z genomu ječmene si můžeme přečíst v aktuálním článku v časopise Nature (Mascher a kol. 2017). Aplikace metody Hi-C nejen umožnila efektivní uspořádání genomové sekvence, ale poskytla i první náhled do trojrozměrné struktury velkého rostlinného genomu. Laickou veřejnost bude asi nejvíce zajímat, že v genomu ječmene najdeme více než 39 tisíc genů kódujících proteiny, což je přibližně dvakrát tolik co v genomu člověka. Řada z těchto genů je zde navíc přítomna v mnoha kopiích a variantách. K takovým patří i geny pro amylázy, enzymy důležité pro výrobu piva. Značná variabilita těchto genů, pozorovaná dokonce v elitních odrůdách ječmene, byla pro vědce velkým překvapením. Kromě genů, které tvoří méně než 2 % dědičné informace, je genom ječmene osídlen množstvím cizorodých transponovatelných elementů, které se v něm zabydlovaly po miliony let a některé si dokonce oblíbily specifické oblasti chromozomů. Genomová sekvence a další studie s ní spojené přinesly rovněž poznatky zajímavé pro šlechtitele. Byly přesně popsány úseky genomu, v nichž nedochází k rekombinacím a kde tedy nelze očekávat pro šlechtitele tak důležitou kombinovatelnost vloh. Geny nalezené v genomové sekvenci umožní vývoj vysoce specifických markerů, které urychlí šlechtitelský proces. Pojem genomics-assisted breeding (šlechtění za pomoci genomiky) se tak pomalu stává realitou.

### ● Pšenice – tradice i moderna

O úskalích sekvenování genomu pšenice se v Živě podrobně psalo již ve zmiňovaném článku z r. 2012. Optimálním řešením pro velký a polyploidní genom se tehdy jevila chromozomová strategie, která využila speciální telosomické linie, postrádající jedno z ramen u vybraného páru chromozomů, a průtokovou cytometrii k rozdělení genomu na jednotlivá ramena. Díky tomu bylo možné analyzovat pšeničný genom po částech odpovídajících velikostí malému genomu rýže. Chromozomový přístup byl použit Mezinárodním konsorciem pro sekvenování genomu pšenice (IWGSC, International Wheat Genome Sequencing Consortium) hlavně při vytváření hrubé genomové sekvence (draft sequence), která byla publikována před třemi lety v časopise Science (IWGSC 2014) jakožto první komplexní náhled do složitěho genomu pšenice. Hrubá sekvence poskytovala zejména informaci o genech, nikoli však o jejich úplném genomovém kontextu. Proto se zároveň v řadě laboratoří na celém světě horečně pracovalo na vytvoření kvalitní referenční genomové sekvence (obr. 1). Jejím základem se staly



1 Schéma strategií a genomických zdrojů použitých pro získání referenčních genomových sekvencí ječmene setého (*Hordeum vulgare*), pšenice seté (*Triticum aestivum*) a žita setého (*Secale cereale*). Ve schématech nejsou znázorněny genetické mapy, které představují první vodičko pro umístění kontigů (kontinuálních úseků) fyzické mapy nebo sekvencí DNA na chromozomy. Blíže v textu

2 Využití metody Hi-C pro sestavení genomové sekvence. Inkubace listů rostliny ve formaldehydu vede k vytvoření kovalentních vazeb mezi proteiny chromatinu, jež zachytí kontakty mezi vlákny DNA ležícími v těsné blízkosti. Místa spojů jsou sekvenována a vyhledána v dostupných úsecích sestavované sekvence. Statistické vyhodnocení frekvence kontaktů mezi jednotlivými úseky DNA je vodičkem pro jejich vzájemné uspořádání v rámci celogenomové sekvence. Všechny orig. H. Šimková a H. Toegelová

BAC knihovny zkonstruované pro jednotlivá chromozomová ramena, jejichž příprava zabrala celkem 12 let. Z nich se pak poměrně snadno sestavovaly fyzické mapy. V době, kdy byly dokončeny mapy pro všechny chromozomy a u velké části z nich se již podařilo získat sekvenci, došlo ke zlomu. Izraelská firma NRGene přišla s naprosto inovativním softwarem, který zvládl to, s čím si jiné programy pro sestavování sekvencí neuměly poradit. Vyrovnal se nejen s obrovskou velikostí genomů, množstvím repetice a četnými duplikacemi, ale také s polyploidií, a dokázal z krátkých čtení produkovaných technologií Illumina sestavit téměř kontinuální sekvence (scaffolds) o délce několika megabází, jež svou kvalitou předčily i sestavy získávané drahými technologiemi dlouhých čtení (Živa 2016, 2: 61–63). Software firma nazvala příznačně NRGene DeNovo MAGIC a jeho podstatu z pochopitelných důvodů pečlivě tají. Výhodou použití „záračného“ software je nejen kvalita, ale i rychlost získání genomové sekvence. To, spolu s vynořujícími se konkurenčními projekty se stejným cílem – co nejdříve získat kompletní genom

pšenice, vedlo mezinárodní konsorcium k pozměnění dosavadní strategie a začlenění tohoto celogenomového přístupu. Zkombinování všech dosavadních chromozomových zdrojů, hustých genetických map, map radiačních hybridů a optických map s celogenomovou sekvencí a nově vytvořenou Hi-C mapou pak již v krátké době vyústilo v dokončení vysoce kvalitní sekvence, kde každý z 21 chromozomů o délce tři čtvrtě miliardy párů bází je pokryt v průměru pouhými 75 sekvenčními úseky, odborně nazývanými scaffolds (viz výše). Desítky vědců z mezinárodního konsorcia v této knize o délce přes 14 miliard písmen právě listují a slibují, že se s veřejností o své poznatky podělí už v příštím roce.

### ● Žito – dožene a přežene?

Konsorcium pro sekvenování genomu žita setého (*Secale cereale*) se začalo formovat teprve koncem r. 2016. Vzhledem k poněkud okrajovému významu této plodiny se zatím podařilo shromáždit finanční částku výrazně nižší než u ječmene nebo pšenice, přesto ale dostatečnou pro realizaci plánované strategie. Měla by být založena na celogenomovém shotgun sekvenování a k sestavování sekvencí by měl být opět použit osvědčený software firmy NRGene. Novinkou bude začlenění GemCode technologie firmy 10x Genomics, jež umí přidělovat společný čárový kód krátkým fragmentům vzniklým z úseků DNA o délce kolem 100 kb. Ty jsou sekvenovány technologií Illumina, která zvládne produkovat pouze krátká čtení o délce kolem 200 párů bází. Díky čárovému kódu jsme však schopni k sobě přiřadit fragmenty pocházející z jednoho úseku DNA a vytvořit tzv. svázaná čtení (linked reads) o délce odpovídající velikosti původního úseku DNA. Tím by se měla ještě zvýšit kvalita primární sekvence. Základem sestavování sekvence na celochromozomové úrovni pak bude Hi-C, jako doplněk a kontrola bude použita optická mapa. Koordinace projektu se ujal Nils Stein z Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research v Gatersleбену v Německu. Předpokládá, že díky spojení špičkového softwaru s několika moderními technologiemi konsorcium získá za poměrně nízkou cenu v době kratší než jeden rok sekvenci, která se svou kvalitou minimálně vyrovná privilegovaným příbuzným obilovinám. Vzhledem k jeho zkušenostem ve vedení Mezinárodního konsorcia pro sekvenování ječmene i významné roli, kterou sehrál od r. 2015 v konsorciu pšeničném, se tomu dá věřit.

### Geny snadno a rychle

Genomová sekvence bude tedy brzy dostupná pro všechny důležité obiloviny, a to umožní identifikaci řady agronomicky významných genů. Referenční sekvence však popisuje genom pouze jedné vybrané linie či odrůdy, která zdaleka nemusí obsahovat všechny geny, o něž se šlechtitelé zajímají. Typickým příkladem jsou geny pro odolnost k různým abiotickým (sucho, mráz) nebo biotickým stresům (choroby, škůdci). Obvykle se přenášejí do elitních kultivarů z méně výnosných odrůd či dokonce planých příbuzných obilovin (např. Živa 2013, 4: 149–153). Taková introgrese často není jednoduchá a šlechtitelé by

uvítali, kdyby mohli přenos atraktivního znaku sledovat za pomoci vysoce specifického DNA markeru. A vědce také zajímá podstata znaku – tedy gen, který ho podmiňuje – aby poodhalili mechanismus, jakým třeba uvedená rezistence probíhá. Dostupnost širšího spektra genů by mohly vyřešit projekty zaměřené na zjednodušené sekvenování desítek až stovek elitních i krajových odrůd a dokonce příbuzných druhů, jež se právě rozbíhají v návaznosti na ukončené genomové projekty obilovin. Na jejich výsledky si ale ještě nějakou chvíli počkáme. Navíc hledání genu pro jeden znak v obrovském genomu pšenice je horší než příslovečné hledání jehly v kupce sena. Proto výzkumníci nezahálají a snaží se najít vlastní cesty, jak se co nejrychleji dostat ke „svým“ genům. A využívají samozřejmě i sekvenování.

Vědci ze Švýcarska a Anglie s vydatným přispěním svých kolegů z Olomouce přišli v r. 2016 s novým způsobem, jak obejít tradiční, ale dosti pracnou metodu pozičního klonování a rychlým a efektivním postupem najít pro ně zajímavý gen ve zvoleném kultivaru (Sánchez-Martín a kol. 2016). Pro metodu vymysleli zkratku MutChromSeq, protože kombinuje přístupy mutační genetiky a sekvenování tříděných chromozomů, na které se specializují právě v Centru strukturní a funkční genomiky rostlin Ústavu experimentální botaniky AV ČR, v. v. i., v Olomouci. Při tomto přístupu, který byl demonstrován jak na pšenici, tak na ječmeni, vědci nejprve provedli chemickou mutagenézi (viz Živa 2017, 2: XLIV–XLVI) u linie nesoucí zkoumaný znak a vybrali



3 Pšenice ve skleníku Ústavu experimentální botaniky AV ČR v Olomouci. Kvalitní umělé osvětlení umožňuje získat až dvě sklizně ročně. Foto P. Cápala

mutantní jedince, u nichž se znak ztratil. Současně jednoduchým genetickým mapováním určili přibližnou polohu lokusu podmiňujícího znaku na některém z chromozomů. Tento typ chromozomu byl za pomoci průtokové cytometrie vytríděn jak z původní linie, tak ze všech vybraných mutantů. DNA chromozomů byla enzymaticky namnožena, sekvenována a byly sestaveny

hrubé sekvence zvoleného chromozomu pro všechny zkoumané jedince. Porovnáním chromozomových sekvencí mutantů s rodičovskou linií byl identifikován gen, který u všech mutantů nesl nějakou změnu vůči linii se standardním fenotypem. Tak se podařilo v obou případech nalézt ve velmi krátké době gen podmiňující vybraný znak.

### Příspěvek z Olomouce

Využití tříděných chromozomů pro izolaci agronomicky významných genů není jediným příspěvkem ke genomice obilovin ze strany olomouckých vědců pod vedením prof. Jaroslava Doležela. Právě tato skupina stála za chromozomovou strategií, která se uplatnila nejen při sekvenování genomu pšenice (obr. 3), ale také již dříve při vytváření hrubé genomové sekvence ječmene (Mayer a kol. 2011) nebo žita (Martis a kol. 2013). Vědci z Centra strukturní a funkční genomiky rostlin jsou aktivními členy všech tří konsorcií, kde se kromě třídění chromozomů, konstrukce chromozomových BAC knihoven a sekvenování dvou chromozomových ramen pšenice specializují na přípravu optických map. V současné době se do centra jejich pozornosti dostávají kromě obilovin také plání příbuzní z rodu žitník (*Agropyron*), mnohoštět (*Aegilops*) nebo kosmáč (*Dasypyrum*), kteří jsou příslibem pro obohacení genofondu pšenice i ječmene.

*Tato práce byla podpořena grantem Národního programu udržitelnosti č. LO 1204.*

Použitá literatura uvedena na webu Živy.

Jan Korba

## Suché tropické lesy Ekvádoru – klenot mizející před očima

**Suchým tropickým lesům (anglicky seasonally dry tropical forests) se ve vědeckém i mediálním prostoru dostává mnohem méně pozornosti než tropickým deštným lesům. Nejsou sice tak biologicky bohaté, nicméně ve světovém měřítku je jejich stav mnohem více alarmující a dnes patří dokonce k ohroženějším biotům než tropické deštné lesy. Právě do oblastí suchých lesů totiž lidé v tropech nejvíce rozšířili svou zemědělskou a jinou činnost.**

### Suché lesy v Jižní Americe

Jeden z důvodů, proč máme o těchto lesích doposud málo informací, je jejich velká strukturní diverzita – zahrnují výrazně odlišné ekosystémy od keřovitých porostů až po téměř zapojené opadavé lesy. Tato rozmanitost často vedla k záměně s jinými suchými biomy Jižní Ameriky, jako třeba se savanami (převážně brazilské Cerrado) nebo s vegetací Chaco. Cerrado se liší větší dominancí trav, chudšími půdami a častý-

mi požáry; vegetaci Chaco zase postihují pravidelné mrazy, navíc se již nachází v subtropickém pásu. Suché tropické lesy se vyznačují nízkými ročními úhrny srážek (méně než 1 500 mm/rok) s jasně ohraničenou sezonou sucha (do 100 mm) po dobu alespoň pěti měsíců, během níž velká část druhů dřevin shazuje listy. Takto ekologicky vymezený biot najdeme v Jižní Americe roztroušený do 18 geograficky oddělených fragmentů (Pennigton

a kol. 2000). Mezi nejrozsáhlejší z nich patří Caatinga (severovýchodní Brazílie), atlantský les horního toku Paraná (Paraguay, jižní Brazílie), suché lesy regionu Chiquitanos v Bolívii nebo suché lesy karibské oblasti Kolumbie a Venezuely. Jedním z nejmenších, avšak možná také nejohroženějších a floristicky nejzajímavějších regionů jsou suché tichomořské lesy severního Peru a západního Ekvádoru.

### Suché lesy v Ekvádoru

Ekvádor se řadí mezi 10 zemí s největším počtem známých živočišných a rostlinných druhů na Zemi (např. Živa 2005, 5: 237–240). Na jeho území najdeme tři horká místa světové biodiverzity – západní Amazonii, jejíž součástí je např. národní park Yasuní, tropické Andy s velkou biodiverzitou cévnatých rostlin (např. NP Podocarpus, NP Sangay) a v neposlední řadě oblast Tumbes-Chocó-Magdalena, jež se v Ekvádoru rozkládá na pobřeží Tichého oceánu a zahrnuje deštné lesy Chocó na severu a právě tropické suché lesy na jihu. Světový fond na ochranu přírody (WWF, World Wide Fund for Nature) tento ekoregion nazývá Suché lesy západního Ekvádoru (provincie Guyas a Manabí) a odlišuje je od ekoregionu Tumbesských suchých lesů na úplném jihu země (provincie El Oro a Loja), které pak dále pokračují do severního Peru až po region Lambayaca a jsou mírně floristicky odlišné. Pro zjednodušení však v tomto článku budeme brát suché lesy Ekvádoru jako jeden ekoregion.