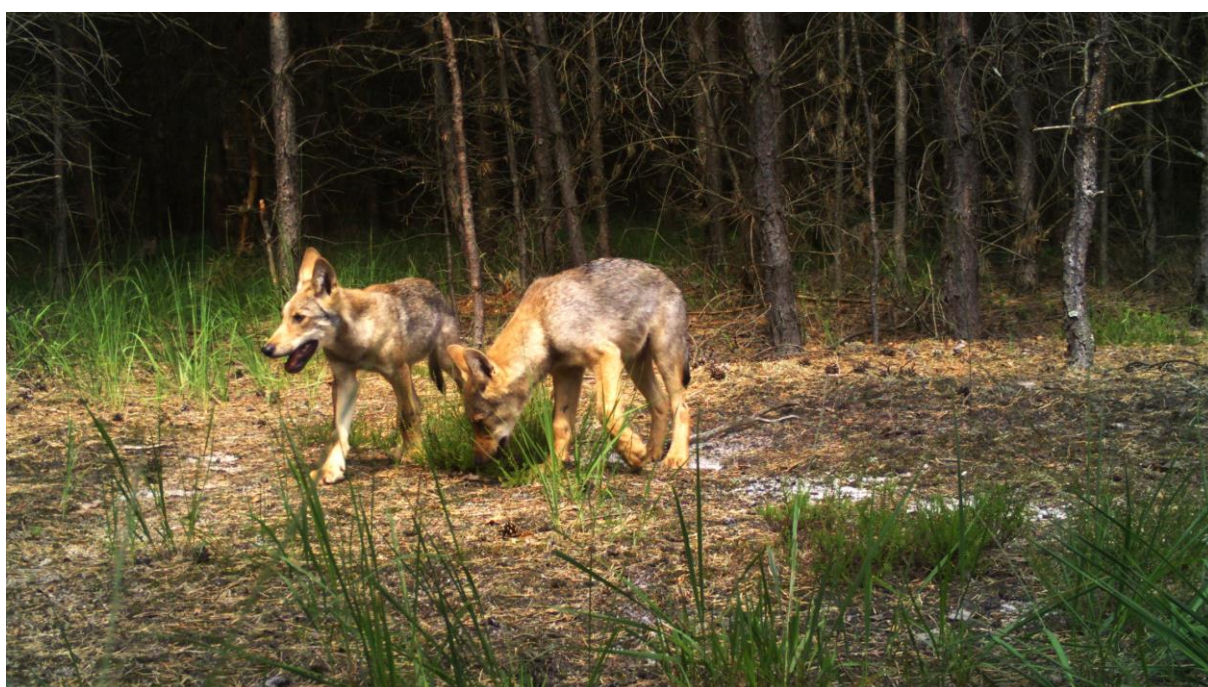


Monitoring velkých šelem a kočky divoké ve vybraných lokalitách soustavy Natura 2000



Podpořeno grantem z Islandu, Lichtenštejska a Norska v rámci EHP Fondů.



Vydalo: Hnutí DUHA Olomouc 2016, Olomouc

Editor: Miroslav Kutal

Autoři jednotlivých částí

Monitoring velkých šelem: Miroslav Kutal, Martin Váňa, Michal Bojda, Jiří Beneš, Leona Kutalová, Jana Kristianová, Jana Machková, Jiří Flousek, Jakub Šimurda, Petr Kafka, Lukáš Žák, Václav Tomášek

Monitoring kočky divoké: Jana Pospíšková

Genetika rysa ostrovida: Barbora Turbaková, Jarmila Krojerová

Genetika vlka obecného: Pavel Hulva, Barbora Černá Bolfíková, Vendula Woznicová

Habitatové analýzy: Dušan Romportl

Poděkování jednotlivcům (abecedně):

Ondřej Bačík, Dana Bartošová, Luboš Beran, Josef Bryja, Anna Bryjová, Slavomír Bušina, Pavel Dekař, Martin Duľa, Martina Dušková, Radek Červenka, Alena Fousková, Martin Gendiar, Barbora Hertlová, Milena Jindřichová, Jan Koranda, Tomáš Krajča, Michal Králík, Karla Kubíková, Michal Kudlák, Petr Kuna, Radek Kyselý, Jiří Labuda, Beňadik Machcíník, Dušan Míček, Martin Míček, Petr Orel, Václav Pavel, Tomáš Pospíšil, Ladislav Pořízek, Michal Přecechtěl, Hana Ringlová, Tomáš Sedláček, Petr Šaj, Markéta Ticháčková, Vlado Trulík, Josefa Volfová, Tomáš Vondřejc a dobrovolníci Vlčích hlídek

Poděkování partnerům projektu:

Přírodovědecká fakulta – Ostravská univerzita

Přírodovědecká fakulta Univerzity Kartovy

Správa Krkonošského národního parku

Správa národního parku České Švýcarsko

Agentura ochrany přírody a krajiny ČR

Poděkování dalším organizacím:

Česká zemědělská univerzita, ČSOP Šumperk, ČSOP Radhošť, Mendelova univerzita v Brně, Společnost přátel Jeseníků, Ústav biologie obratlovců AV ČR, v.v.i.

Podpořeno grantem z Islandu, Lichtenštejska a Norska v rámci EHP Fondů a Nadací EuroNatur a bylo využito i dat z projektů podpořených Středočeským a Libereckým krajem.



EURONATUR



Obsah

Souhrn	4
1. Úvod.....	5
2. Metodika.....	6
2.1 Zájmové území.....	6
2.2 Strukturovaný monitoring velkých šelem	7
2.3 Klasifikace nálezových dat	7
2.4 Metody monitoringu velkých šelem	10
2.4.1 Monitoring pobytových znaků	10
2.4.2 Oportunistický fotomonitoring.....	10
2.4.3 Deterministický fotomonitoring.....	11
2.4.4 Sběr dat od veřejnosti a z dalších zdrojů.....	12
2.5 Genetický monitoring.....	12
2.5.1 Izolace DNA a amplifikace markerů	12
2.5.2 Analýza dat.....	13
2.6 Monitoring kočky divoké	14
2.7. Habitatová analýza & predikční model šíření velkých šelem.....	16
3. Výsledky.....	17
3.1 Výskyt velkých šelem	17
3.1.1 Oportunistický fotomonitoring.....	17
3.1.2 Monitoring pobytových znaků	20
3.1.3 Celkové vyhodnocení výskytu velkých šelem	22
3.2 Početnost a populační hustota rysa ostrovida	24
3.3 Genetika velkých šelem	25
3.3.1 Rys ostrovid.....	25
3.3.2 Vlk obecný	33
3.4 Výskyt kočky divoké	36
3.5. Habitatová analýza výskytu šelem & predikční model šíření.....	36
3.5.1 Rys ostrovid.....	36
3.5.2 Vlk obecný	37
3.5.3 Medvěd hnědý	38
3.5.4 Kočka divoká	39
4. Diskuze	40
4.2.1 Rys ostrovid.....	40
4.2.2. Vlk obecný.....	42
4.2.3 Medvěd hnědý	43
4.2.4 Kočka divoká	43
5. Literatura.....	44

Souhrn

V letech 2015–2016 probíhal strukturovaný monitoring velkých šelem a kočky divoké v 44 evropsky významných lokalitách a v jejich okolí. Hlavním cílem bylo přinést srovnatelná data o aktuálním výskytu velkých šelem především v severních a východních Čechách a v karpatské části ČR a vytvořit základ pro strukturovaný monitoring populací, prováděný jednotnou metodikou. Mezi hlavní metody patřilo sledování pobytočných znaků, fotomonitoring, genetický monitoring a habitatové analýzy.

Hlavní zjištění:

- Celkem bylo aktivně sledováno 241 kvadrátů sítě 5 × 5 km; výskyt rysa byl věrohodně zjištěn v 37 kvadrátech, vlk v 24 a medvěd v 8 kvadrátech; dosud se jednalo o plošně nejrozsáhlejší systematický monitoring velkých šelem na území ČR.
- Mimo jihozápadní Čechy (kde monitoring nebyl zaměřen) je jedinou oblastí, kde se rys ostrovid rozmnožuje, oblast Beskyd (Moravskoslezské Beskydy a Javorníky). V zimě 2015/2016 zde bylo pomocí deterministického monitoringu rozlišeno 10 různých jedinců včetně 5 samic, kterým se během léta 2015 narodilo minimálně 11 koťat (průměrně 2,2 mláďata na samici). V severovýchodní části Moravskoslezských Beskyd a ve Vsetínských vrších se však rys vyskytuje pouze sporadicky nebo vůbec; celková populační hustota je tak relativně nízká: zhruba 1 rys na 200 km².
- Genetická variabilita beskydské populace dosahuje středních hodnot srovnatelných se slovenskou populací. Zejména jedinci z Javorníků jsou si blízce příbuzní a dochází zde ke křížení mezi rodiči a jejich potomky, na úrovni populace se však efekt inbreedingu zatím neprojevuje.
- V Jizerských horách, Krkonoších a v Jeseníkách byl rys zjištěn pouze ojedinele. Podařilo se získat vzorek jedince z Jizerských hor, který se zdá geneticky odlišný od jedinců z Beskyd, ze Slovenska nebo Šumavy a pravděpodobně se nejedná o poddruh rysa karpatského.
- Středoevropská nížinná populace vlka expanduje i na území ČR. Byla potvrzena reprodukce ve dvou smečkách: v Ralské pahorkatině a na Broumovsku. Různá míra frekvence nálezů pobytočných znaků vlka byla dále zjištěna z Beskyd, širšího okolí Jeseníků, Jizerských hor, ze Šluknovského výběžku a z Krušných hor. Genetický původ zvířat zaznamenaných mimo severní a východní Čechy nebyl zjištěn. Dlouhodobě sporadický výskyt vlků v Beskydech je pravděpodobně stále ovlivňován lovem na Slovensku.
- Byla zjištěna přítomnost křížence vlka a psa poblíž Rumburku v severních Čechách, což zřejmě souvisí s malou populační hustotou na okraji expandující populace. Jedná se o ojedinelý jev a od roku 2003 jediný potvrzený případ hybridizace zaznamenaný v rámci celé středoevropské nížinné populace. Tato populace má mírně nižší genetickou variabilitu než karpatská populace, což může souviset s efekty hrdla láhve a dalšími demografickými procesy na okraji areálu.
- Přítomnost medvěda hnědého a kočky divoké byla v rámci projektu potvrzena jen v oblasti moravsko-slovenského pomezí, na území ČR vždy jen samostatní jedinci bez známek reprodukce. Výhledově ale nelze častější výskyt zejména kočky divoké vyloučit, recentně je kočka divoká doložena také z Pošumaví.

1. Úvod

Velké šelmy v posledních desetiletích obnovují své populace ve většině evropských zemí. Nejviditelnější a nejprogresivnější je návrat vlků. Například po zavedení celoroční ochrany v roce 1998 v Polsku vlci rekolonizovali západ země a mezi lety 2002–2012 se rozrostli z několika jedinců na zhruba 140 v 30 rodinných skupinách (Nowak & Mysłajek 2016). Podobně probíhá expanze také v západním Německu, kde po první smečce v roce 2000 byl počet smeček v červenci 2016 odhadován na 44 (Wotschikowsky 2016). Vzhledem k velkým schopnostem rozptylu a adaptace na kulturní krajinu nemohli vlci minout ani Českou republiku. První náznaky postupného šíření vlka, ale i rysa, byly v období 2000–2013 zaznamenány především v severních a východních Čechách (Flousek et al. 2014a, 2014b). Bylo proto otázkou času, kdy se šelmy začnou vyskytovat častěji a jejich přítomnost začne být více viditelná.

Vlci, ryši a medvědi žijí většinou skrytým životem, udržují velké domovské okrsky nebo teritoria a dosahují přirozeně nízkých populačních hustot. Jejich monitoring není proto snadnou a levnou záležitostí; sporadický výskyt šelem tak může jistou dobu unikat pozornosti, nebo může být výskyt šelem v tradičních oblastech výskytu považován za neměnný navzdory probíhajícím změnám.

Například z oblasti Jeseníků a Kralického Sněžníku v posledních letech chyběly doložené údaje o výskytu rysa a různí autoři se podstatně liší ve svých odhadech o stabilitě této populace. Zatímco Anděra & Červený (2009) a Anděra & Gaisler (2012) jesenickou populaci rysa považovali za stálou, Uhlíková et al. (2008) ji označili za mizející a Mináriková et al. (2010) Jeseníky z výčtu hlavních oblastí výskytu rysa v ČR dokonce zcela vynechali. Kutal & Duhonský (2014) publikovali recentní údaje o výskytu rysa ostrovida z let 2006–2013 a posuzovali jejich věrohodnost. Za dobu sledování byl získán jen jeden ověřitelný důkaz o výskytu rysa (zdokumentovaný nález stopní dráhy v Hrubém Jeseníku), důslednější monitoring pro vyhodnocení početnosti a statusu jesenické populace je proto nutný.

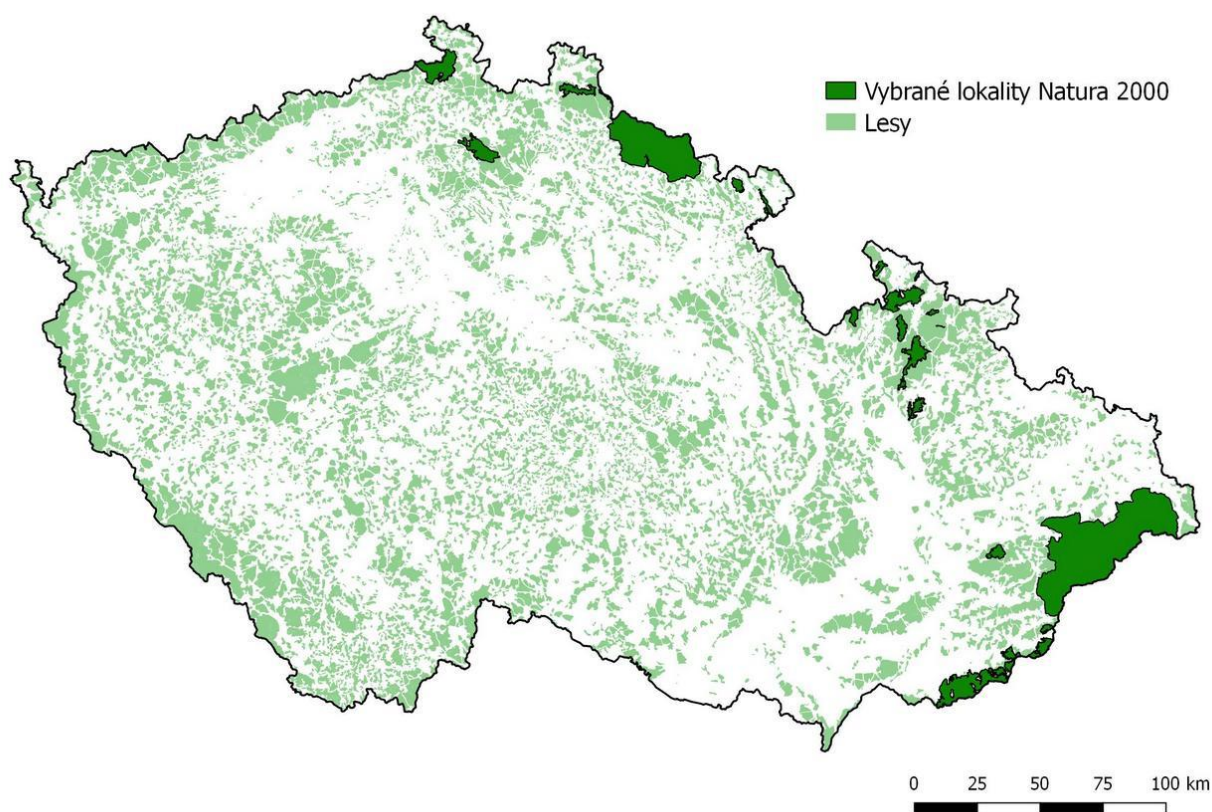
Ke studiu a lepšímu poznání skrytých žijících šelem významně přispěl rozvoj a dostupnost fotopastí, které kromě nezpochybnitelných důkazů o přítomnosti druhu mohou přinést data o reprodukci, populační hustotě či trendu (O'Connell et al. 2011). Také molekulárně genetické metody se začaly významně uplatňovat při zjišťování početnosti, příbuzenských vazeb a genetické variability populací velkých šelem. Další výzvou je vzrůstající zájem veřejnosti o vracející se druhy, možnost jejího zapojení do terénního monitoringu a obecně vyšší dostupnost dokumentační techniky – například fotoaparát v každém novém mobilním telefonu –, což může dále zvýšit věrohodnost získávaných dat.

Cílem projektu, realizovaného v letech 2015–2016, bylo využít výše popsaných příležitostí a získat věrohodná data z dosud málo prozkoumaných oblastí především v severně položených hercynských pohořích, ale také z Karpat a připravit standardizovanou metodiku strukturovaného monitoringu, která může být v dalších letech využita pro efektivní monitoring populací velkých šelem a kočky divoké.

2. Metodika

2.1 Zájmové území

Pro monitoring velkých šelem v rámci zájmového území bylo vybráno severně položené horské pásmo od Českého Švýcarska přes Jizerské hory, Ralskou pahorkatinu, Krkonoše, Broumovsko, Králický Sněžník, Rychlebské hory až po Jeseníky a dále karpatská pohoří od Slezských Beskyd přes Moravskoslezské Beskydy, Vsetínské vrchy, Hostýnské vrchy, Javorníky až po Bílé Karpaty. Tyto oblasti byly vybrány na základě biotopu i recentních, více či méně věrohodných zpráv o výskytu velkých šelem. Ve většině oblastí se nachází evropsky významné lokality (Obr. 2.1), kde předmětem ochrany jsou především lesní ekosystémy, které představují ideální biotopy pro velké šelmy, zájmové území pro monitoring však zahrnovalo i navazující lesnaté oblasti. Pro zmapování rozsáhlého území bylo během projektu využito spolupráce s projektovými partnery i s dalšími organizacemi a jednotlivci, kteří se na monitoringu podíleli a poskytli svá data pro společné vyhodnocení. Výběr lokalit pro monitoring kočky divoké se držel především biotopových charakteristik a je podrobněji popsán v kapitole 2.6.



Obr. 2.1. Vybrané evropsky významné lokality (EVL), v nichž (a v jejich okolí) probíhal monitoring velkých šelem

2.2 Strukturovaný monitoring velkých šelem

Z různé úrovně poznání populací šelem v jednotlivých regionech a rozlehlosti zájmového území při sledování rozsáhlých horských oblastí vyplývá potřeba odlišit metody a intenzitu monitoringu v jednotlivých oblastech. Z našeho zájmového území lze pouze oblast Moravskoslezských Beskyd, Javorníků a Vsetínských vrchů (dále v textu jen „Beskydy“) označit za relativně dobře prozkoumanou z hlediska výskytu šelem, v dalších oblastech byly poznatky o aktuálním výskytu šelem značně nerovnoměrné, založené většinou jen na náhodných zjištěních. Velké šelmy se také mohou vyskytnout i v jiných oblastech než v projektových územích vybraných na základě vhodných biotopových charakteristik.

Z tohoto důvodu probíhal monitoring v třech úrovních:

- 1. Pasivní sběr informací na území celé ČR (hlášení přímých pozorování nebo pobytočných znaků přes webové stránky www.selmy.cz, nebo e-mail stopy@selmy.cz, hlášené útoky šelem na hospodářská zvířata)
- 2. Monitoring ve vybraných evropsky významných lokalitách a jejich okolí (Obr. 2.1), daný minimálním mapovacím úsilím v každém kvadrátu 5×5 km, pomocí monitoringu pobytočných znaků a oportunistického fotomonitoringu, s cílem prokázat výskyt velké šelmy
- 3a. Deterministický fotomonitoring rysa ostrovida v oblasti, kde byl znám jeho častější výskyt z předchozího období, s cílem poznat jeho populační hustotu, dynamiku populace a prokázat reprodukci
- 3b. Intenzivní monitoring vlka obecného s cílem prokázání existence smečky a reprodukce.

2.3 Klasifikace nálezových dat

Při sběru a vyhodnocování terénních dat se můžeme setkat v zásadě s dvěma typy problémů. Buď může druh unikat pozornosti a my určitou lokalitu mylně považujeme za lokalitu bez výskytu, ačkoliv je druh ve skutečnosti přítomen („false negative“ – falešná negativa). Druhá možnost je, že druh se v území nevyskytuje, ale pozorovatelé jej zde uvádějí na základě chyby nebo špatné determinace („false positive“ – falešná pozitivita). Falešným pozitivním nálezům je však věnována poměrně malá pozornost (Royle & Link 2006) a řada distribučních modelů s možností této chyby ani nepočítá (MacKenzie et al. 2006). Novější studie přitom ukazují, že i malá pravděpodobnost falešných pozitiv může výrazně nadhodnotit skutečnou početnost druhu, především u vzácných a skrytě žijících druhů, jako jsou vlci nebo další velké šelmy (Miller et al. 2013; Miller et al. 2011). Jak ukázalo modelování dat o výskytu rysa z Alp, nekritické přijímání méně důvěryhodných dat může způsobit nadhodnocení území trvalého výskytu (Molinari-Jobin et al. 2012).

Bylo proto smysluplné sestavit mezinárodní kritéria a podle nich faunistická data třídit. Experti ze sedmi alpských zemí například iniciovali vznik projektu SCALP (Status and Conservation of the Alpine Lynx Population), jehož cílem je koordinovat a standardizovat monitoring rysa v Alpách (Molinari-Jobin et al. 2003).

SCALP vymezuje tři základní kategorie dat: C1 – „tvrdá data“, C2 – „objektivní data“, C3 – „nedostatečná data“ (Molinari-Jobin et al. 2006). Do první kategorie autoři řadí

nezpochybnitelné údaje o přítomnosti rysa a patří sem například zastřelení jedinci, nalezená mrtvá nebo odchycená zvířata, fotografie nebo vzorky trusu, u nichž byla genetickými analýzami potvrzena druhová příslušnost. Kategorie C2 zahrnuje všechny údaje o stopách, trusu a rysem stržených zvířatech zjištěné vyškolenými experty. Všechny tyto údaje mohou být považovány za objektivní důkaz přítomnosti rysa, přestože se mohou objevit chyby nebo dokonce podvody. Kategorie C3 obsahuje všechna těžko ověřitelná přímá pozorování, pozorování stop nebo strženou kořist (např. údaje hlášené veřejností).

Protože v ČR donedávna neexistovala dostatečně rozsáhlá síť vyškolených expertů, kteří by měli zkušenosti s terénním monitoringem rysa, kategorie C2 byla rozdělena na C2a, která zahrnuje objektivní a ověřitelné (doložené fotografií) známky o přítomnosti rysa, a C2b, zahrnující zprávy od „expertů“, od nichž však neexistuje dokladová dokumentace nebo tato není jednoznačná. Identifikace pobytových znaků není vždy zcela jednoduchá, a tak v některých případech, obzvláště v oblastech, kam rys začíná expandovat, může být těžké odlišit „experta“ od „veřejnosti“. Rozhodujícím znakem pro zařazení do kategorie C2a by měla být dokumentační fotografie. Z důvodu kompatibility dat na mezinárodní úrovni je však užitečné data získaná od důvěryhodných, ale například nevyškolených osob (C2b) evidovat samostatně od dat získaných od širší veřejnosti (C3).

Návrh klasifikačních kritérií pro ČR byl upraven také pro potřeby monitoringu dalších dvou druhů velkých šelem (vlka obecného a medvěda hnědého) a jeho čtyřúrovňová podoba byla v roce 2008 konzultována v rámci Skupiny pro ochranu velkých šelem v ČR (neformální platformy zástupců NNO, státní správy, odborníků a dalších zájemců o velké šelmy) a podrobněji rozpracována ve studii pro Ministerstvo životního prostředí (Kutal 2010). Označení kategorií C1–C3 bylo nyní upraveno s ohledem na udržení snadné převoditelnosti na tříúrovňový systém SCALP; některé pasáže byly také aktualizovány s přihlédnutím k německé metodice monitoringu (Kaczensky et al. 2009) a vlastním terénním zkušenostem.

C1 – „tvrdá“ data (dokladovaná, získaná vyškolenými nebo důvěryhodnými osobami):

- mrtvá těla šelem nebo jejich části
- chycení, opětovně vypuštění jedinci a telemetrická data o pohybu sledovaných zvířat
- fotografie a videonahrávky šelem
- vzorky trusu, moči nebo srsti (příp. tkání), u nichž genetická analýza prokázala druhovou příslušnost

C2a – „objektivní“ data (dostatečně a věrohodně zdokumentovaná, u nichž lze s velkou pravděpodobností vyloučit záměnu s jiným druhem, získaná vyškolenými nebo důvěryhodnými osobami):

- fotografie sérií stop nebo stopních drah rysa a medvěda
- věrohodné fotografie stopních drah vlka v kombinaci s dalšími pobytovými znaky, kdy lze vyloučit např. záměnu se psem (například stopování, během kterého je nalezen trus, typicky strženou kořist, případně stopování více než dvou zvířat, kdy lze s velkou pravděpodobností vyloučit psy)
- fotografie trusu nebo vzorky trusu
- zvukové záznamy hlasových projevů
- zdokumentovaná kořist

C2b – subjektivní data:

- všechna „tvrdá“ a „objektivní“ verifikovatelná data (C1 a C2), získaná z řad široké veřejnosti, u nichž nelze zaručit jejich původ
- nezdokumentovaná přímá pozorování, trus, stopní dráhy, hlasové projevy všech druhů šelem, získaná od vyškolených nebo důvěryhodných osob
- nezřetelné nebo neprůkazné fotografie pobytových znaků (s výjimkou jednotlivých stop vlka), u nichž je vyškolená nebo důvěryhodná osoba na základě terénního zjištění pevně přesvědčena o správnosti druhové determinace

Příklady: stopní dráha psovitě šelmy, při níž není nalezený žádný další pobytový znak, fragment starého trusu (se zbytky srsti a/nebo kostí), který velikostně již nelze ztotožnit s vlkem

C3 – nedostatečná data:

- nezřetelné nebo neprůkazné fotografie šelem, jejich stop, trusu a jiných pobytových znaků, které nespádají do kategorie C2b
- nezřetelné nebo neprůkazné nahrávky hlasových projevů, nejednoznačné vzorky trusu
- údaje o jednotlivých stopách vlků, pocházející z řad veřejnosti i vyškolených mapovatelů
- nezdokumentovaná přímá pozorování, trus, hlasové projevy, stopy všech druhů šelem získané širokou veřejností

Příklady: přímé (nezdokumentované) pozorování šelmy veřejností, jednotlivé stopy vlka

Pobytové znaky nebo snímky, u kterých je pravděpodobnější, že nepatří sledované velké šelmě, jsou z dalšího hodnocení vyloučeny. Rovněž jsou vyřazeny záznamy, u nichž je podezření, že jsou podvrhem nebo například zvířetem nafoceným v zajetí. U zdokumentovaných nálezů velkých šelem je doporučeno, aby validační známka ke každému nálezu přiřazovaly nezávisle na sobě dvě osoby s minimálně pětiletou zkušeností s terénním monitoringem hodnocených druhů velkých šelem. Pokud nedojde u některého údaje ke shodě na validační známce, bude výsledná známka udělena na základě konsenzu v diskuzi s pozorovatelem (autorem záznamu) nebo s další osobou s minimálně pětiletou zkušeností s monitoringem velkých šelem.

Tato metodika umožňuje objektivní a transparentní hodnocení výskytu velkých šelem na území ČR. Identifikované mezery ve věrohodnosti dat by měly stimulovat důkladnější a komplexnější monitoring zahrnující i další metody, které mohou výskyt velkých šelem věrohodně potvrdit.

2.4 Metody monitoringu velkých šelem

2.4.1 Monitoring pobytových znaků

Během vhodných podmínek pro sledování stop na sněhové obnově (min. 40 % sněhové pokrývky) i během celého roku probíhaly terénní pochůzky ve vybraných oblastech s cílem rovnoměrně pokrýt sledované území. V každé oblasti byla snaha zmapovat co nejvíce kvadrátů sítě EEA 5 × 5 km minimálně 3 návštěvami. Vyškolení nebo zkušení mapovatelé během pochůzky zaznamenávali prošlou trasu do ruční GPS nebo ji zakreslovali do map ve formátu GPX či KML. Zaznamenány byly také všechny nálezy pobytových znaků velkých šelem, které byly dokumentovány a případně odebírány na genetickou analýzu (trus, srst, moč). Vyhodnocení monitoringu po klasifikaci nálezových dat C1–C3 probíhalo v prostředí GIS, kdy byly všechny prošlé linie rozsekány kvadrátovou sítí. Kvadrát byl považován za zmapovaný v případě, že součet všech linií za jeden den byl vyšší než 2 km a během sezóny byl navštíven alespoň třikrát. Dále byly hodnoceny počty pobytových znaků, a to jako tzv. „kvadráto-nálezy“. To znamená, že pokud bylo v jednom dni nalezeno více pobytových znaků téhož druhu, byl celý kvadrát považován za „kvadráto-nález“ bez ohledu na to, kolik pobytových znaků v něm v příslušný den bylo nalezeno.

2.4.2 Oportunistický fotomonitoring

Fotopasti byly rozmístěny ve vybraných oblastech v kvadrátové síti 5 × 5 km (většinou jedna past na jeden kvadrát) ve výšce zhruba 50–100 cm nad zemí na lesních cestách, hřebenech, nebo u skalek, které odpovídaly preferovaným biotopům rysa ostrovida a vlka obecného v zájmovém území. Mapovatelé, kteří fotopasti umísťovali, prošli školením nebo instruktáží od koordinátorů monitoringu, kteří mají zkušenosti s fotomonitoringem rysa ostrovida a vlka obecného především v oblasti Západních Karpat. V naprosté většině případů byly využívány fotopasti Cuddeback C s rychlou odezvou (trigger speed) 0,3 s, nebo starší modely značky Cuddeback. Byly využívány jak fotopasti s bílým bleskem, které poskytují kvalitní fotografie umožňující bezproblémovou identifikaci i v noci, tak fotopasti s černým přísvitem (modely Cuddeback E či Browning), kde jsou snímky v noci horší kvality, ale zase je možné pořizovat v noci a za zhoršených světelných podmínek videa, která mohou ukázat například počet členů vlčí smečky.

V průběhu sezóny se mohla pozice některých fotopastí změnit, pokud se místo ukázalo jako málo perspektivní, rizikové z hlediska krádeží nebo příliš rušné například z důvodu těžby dřeva. Během léta byly některé fotopasti dočasně umístěny v místech tzv. vlčích shromaždišek z důvodů potvrzení reprodukce. Fotopasti byly pravidelně kontrolovány každých 3–8 týdnů s ohledem na typ fotopasti a použitý zdroj. Byly měněny baterie a paměťové karty. Všechny snímky zvířat byly ukládány do databáze a bylo rovněž evidováno, zda fotopasti v době kontroly fungovaly a případně nefunkčnosti v době kontroly byl odhadnut počet dnů, kdy fotopasti před kontrolou nepořizovaly záznam.

Pro vyhodnocení intenzity fotomonitoringu byl podstatný počet tzv. fotodní, kdy byly fotopasti (v souhrnu za jednotlivé kvadráty) v provozu.

2.4.3 Deterministický fotomonitoring

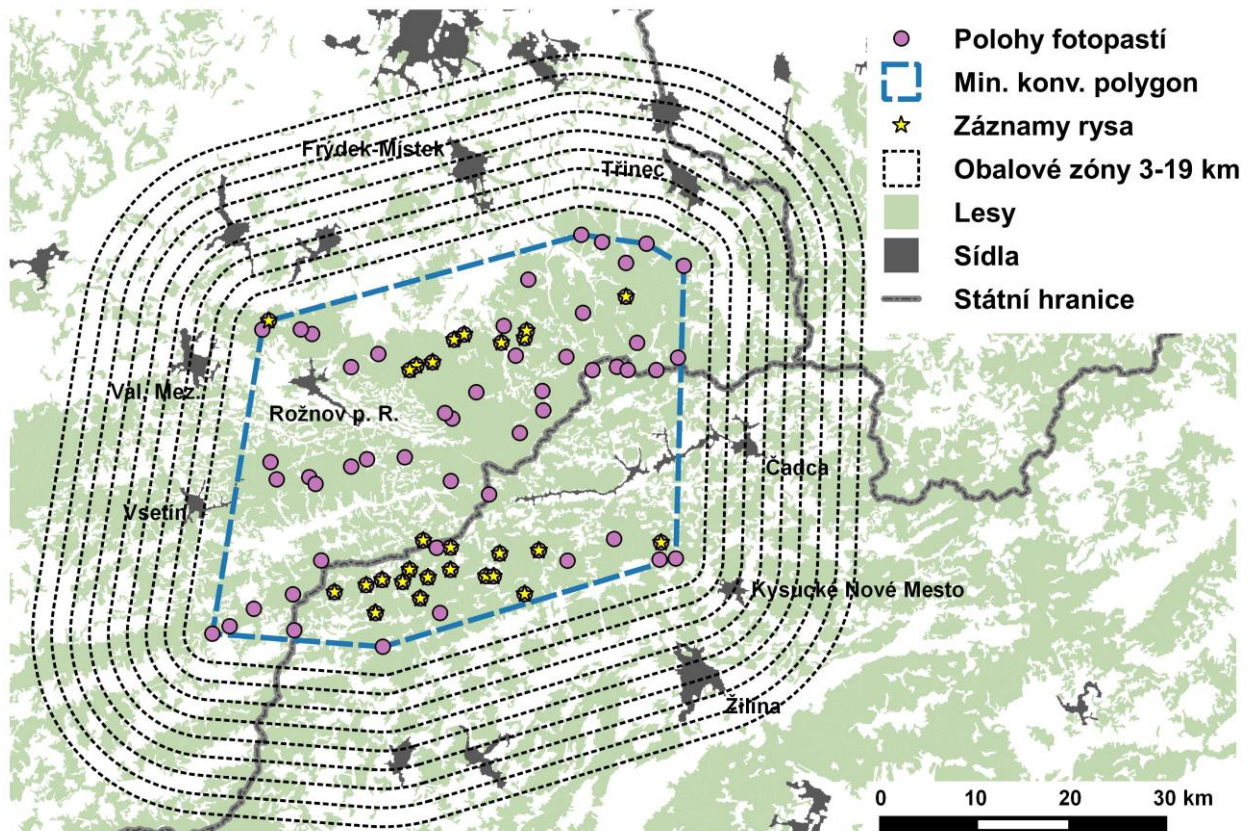
Intenzivní (deterministický) fotomonitoring, jehož cílem je získat přesný odhad velikosti populace rysa a populační hustoty s využitím capture–mark–recapture metod, probíhal v zimě 2015/2016 na území Beskyd. Vzorkovací období musí být dostatečně dlouhé, aby bylo možné vzorkovat co největší část populace, zároveň však dostatečně krátké, aby byla dodržena uzavřenost populace. Jinými slovy by během doby sledování nemělo dojít k narození, úmrtí, emigraci či imigraci jedinců. Vzhledem k rozmnožovacímu cyklu rysa – probíhajícím porodům během května a června (Zimmermann et al. 2005) - byly fotopasti instalovány v období 80-ti po sobě následující dnů od 1. 11. 2015 do 19. 1. 2016, tedy v období mimo rozmnožování.

Během období fotomonitoringu bylo na území Moravskoslezských Beskyd, Vsetínských vrchů a Javorníků („Beskydy“) instalováno celkem 77 fotopastí (lokalit), které byly pravidelně kontrolovány každých 3–8 týdnů z důvodu výměny baterií, paměťových karet a celkového prověření funkčnosti. Z důvodu technických závad, nepřízně počasí a krádeží nebyly všechny přístroje funkční během celé vzorkovací periody, ale byly v provozu 5766 fotodnů (93,6 % z maximálního možného času).

Fotopasti byly umístovány poblíž významných rysích značkovacích míst, na ochozech nebo skalnatých hřebenech, jejichž využívanost rysem byla potvrzena na základě předchozích zkušeností ze stopování. Podle doporučení v dříve publikovaných studiích (např. Karanth & Nichols, 1998) byl design rozložení (Obr. 2.4.1) navržen tak, aby každé zvíře ze sledované oblasti mělo šanci být zaznamenáno. Fotopasti byly proto rozmístěny tak, aby mezi nimi nevznikla mezera větší, než je potenciálně nejmenší domovský okrsek samice (O’Connell et al. 2011). V Karpatech je nejmenší známý okrsek samice rysa ostrovida 124 km² (Okarma et al. 2007). Jako pomůcka pro rovnoměrné rozmístění byla využita kvadrátová síť 5 ×5 km. V každém kvadrátu byly umístěny 1–2, výjimečně i 3 fotopasti (pokud nebyly v sousedním kvadrátu nalezeny vhodné lokality).

I když v některých jiných studiích (Weingarth et al. 2012; Pesenti & Zimmermann 2013) bylo využíváno dvojice fotopastí umístěných naproti sobě, nám takové osazení omezený počet fotopastí neumožnil. Poblíž značkovacích míst nebo u kořisti (kde byly fotopasti umístěny oportunisticky) však byl často rys zachycen z obou stran a postupně (od roku 2009) budovaná databáze fotografií rysů ze zájmové oblasti nám umožnila bezpečné odlišování zvířat, i když byla ve většině případů zachycena jen z jedné strany.

Neprostorová capture-mark-recapture analýza početnosti byla provedena v programu CAPTURE (Rexstad & Burnham 1991) a přesný odhad populační hustoty následně probíhal v programu R 3.3.0 (R Core Team 2016), *package* SPACECAP (Gopaldaswamy et al. 2014). V obou případech byla data analyzována v 16 po sobě následujících periodách o délce 5 dnů a pro prostorové analýzy (SECR) byla sestavena maska vhodného habitatu pomocí vrstev Corine Land Cover, zahrnující lesní a další přírodní biotopy (kódy 311–313, 321, 324, 411). Vzhledem k tomu, že vhodné biotopy pro výskyt rysa se vyskytují i mimo území, ohraničující vnější body fotopastí (Obr. 2.4.1), analyzovali jsme populační hustotu v zónách o šířce 1–19 km a testovali, v které úrovni se hodnoty populační hustoty stabilizují.



Obr. 2.4.1 Design deterministického monitoringu rysa ostrovida v Beskydech včetně obalových zón, minimálního konvexního polygonu ohraničujícího vnější body fotopastí

2.4.4 Sběr dat od veřejnosti a z dalších zdrojů

Kromě různých forem monitoringu probíhal kontinuálně sběr náhodných pozorování od veřejnosti, spolupracujících lesníků, myslivců a dalších partnerů. Informace o pozorování byly hlášeny prostřednictvím mapové aplikace na www.mapa.selmy.cz nebo přes e-mailovou schránku stopy@selmy.cz. Pro oblast Šluknovska (v blízkosti Českého Švýcarska) bylo využito monitoringu, který zde prováděl mimo tento projekt Lukáš Žák – především pobytové znaky a záběry z fotopastí, data validovaná dle metodiky, používané v Německu (Kaczensky et al. 2009). Dále byla využita hlášení o škodách na hospodářských zvířatech způsobených vlky. Všechna získaná data byla průběžně ověřována a validována podle klasifikačních kritérií C1–C3 (viz kap. 2.3).

2.5 Genetický monitoring

2.5.1 Izolace DNA a amplifikace markerů

Vzorky trusu, srsti, moči a případně tkání z náhodně nalezených jedinců (srážky s automobily apod.) byly uchovávány v čistém 96% ethanolu a po převozu do laboratoře skladovány při -20°C. Genomická DNA byla izolována pomocí QIAamp DNA Stool Mini Kitu (Qiagen), DNA Blood and Tissue Kitu (Qiagen), nebo Genomic DNA Mini Kit Tissue kitu (Geneaid). Jako genetický marker byla použita kontrolní oblast mitochondriální DNA a jaderné mikrosatelity.

Mitochondriální DNA se dědí maternálně, v případě vlka je proto vhodná k určení samičí genealogie a filopatrie; u rysa to kvůli nízké variabilitě není možné. U vlka byla použita částečná sekvenční kontrolní oblasti mtDNA. Primery byly navrženy tak, aby výsledná sekvenční obsahovala diagnostický úsek 230 bp, který obsahuje velké množství informativních míst a je srovnatelný s velkým množstvím publikovaných studií, takže je možné určit obecně rozpoznávané haplotypy a napojit výsledky na publikovaná data z okolních zemí.

Mikrosatelity jsou úseky DNA tvořené opakováním velmi krátkých sekvenčních motivů (nejčastěji 2–4 báze). Příslušné lokusy mají v přírodě velkou délkovou variabilitu, jsou proto vhodné pro analýzy populační struktury, genealogických vztahů a individuální identifikaci. U rysa bylo použito 15 mikrosatelitových lokusů (LC106, LC110, FCA001, FCA008, FCA031, FCA035, FCA077, FCA096, FCA149, FCA208, FCA232, FCA476, FCA506, F53, F115). Pro určení pohlaví byl jako marker použit gen pro amelogenin (Sullivan et al. 1993)

U vlka byl použit Canine Genotypes™ Panel 1.1 (Finnzymes), který obsahuje 19 mikrosatelitových lokusů (AHTk211, CXX279, REN169018, INU055, REN54P11, INRA21, AHT137, REN169D01, AHTh260, AHTk253, INU005, INU030, Amelogenin, FH2848, AHT121, FH2054, REN162C04 AHTh171 a REN247M23). Navíc jsou v kitu obsaženy primery pro amplifikaci amelogeninu, jaderného genu, který má různě dlouhé varianty na X a Y chromozomu a dá se proto použít k určení pohlaví.

Dále byly optimalizovány a standardizovány podmínky pro dalších 16 lokusů, které umožňují napojit výsledky na data sousedních zemí a sdílet pouze genotypy, což urychluje práci v případě potřeby provádět přeshraniční srovnání.

V případě vybraných tkáňových vzorků byl použit také genomický přístup, který spočíval v analýze 170 000 variabilních míst v genomu (takzvaných SNPs). Tato metoda umožňuje mnohem detailnější popis probíhajících mikroevočních procesů než markery klasické genetiky. Např. je možné do detailu studovat úroveň křížení se psem.

2.5.2 Analýza dat

Pro správné určení genotypu jedince byl použit tzv. „multiple-tubes approach“ (Taberlet 1996; Adams & Waits 2007), kdy každý vzorek byl amplifikován několikrát nezávisle na sobě. Vzorek, který se nepodařilo amplifikovat ve dvou nezávislých PCR (polymerázová řetězová reakce) na celkem osmi mikrosatelitových lokusech, byl z analýzy vyřazen. Všechny ostatní vzorky byly na každém lokusu amplifikovány nejméně dvakrát a nejvíce osmkrát. Heterozygotní genotyp byl potvrzen, pokud byl pozorován nejméně ve dvou amplifikacích, homozygotní genotyp byl potvrzen po nejméně třech pozitivních opakováních. Pokud se genotyp nepodařilo získat po osmi opakováních na více než dvou lokusech, byl vzorek též vyřazen. Pro sestavení genotypu tedy bylo potřeba alespoň 86 % genotypizovaných lokusů.

Pomocí sumárních statistik i koalescenčních metod byl odhadnut demografický trend populací v oblasti. Výskyt nulových alel a dalších potenciálních artefaktů v mikrosatelitových datasetech byl analyzován v programu MicroChecker 2.2.3 (Van Oosterhout et al. 2004). Za účelem zjištění spolehlivosti zvolených markerů pro bezpečnou identifikaci jedinců byly v programu Gimlet (Valière 2002) spočítány hodnoty PIsibs („probability of identity for siblings“). Popisné parametry jako alelická bohatost, očekávaná a pozorovaná heterozygotnost byly určeny v programu FSTAT 2.9.3 (Goudet 2001) a Genetix 4.03 (Belkhir et al. 1996). Dále

byl v programu Genetix zjištěn Wrightův koeficient inbreedingu F_{IS} a v programu Coancestry (Wang 2011) byly vypočítány individuální koeficienty inbreedingu. V programu GENEPOP 4.5.1. (Rousset 2008) byla testována odchylka od Hardy-Weinbergovy rovnováhy na všech sledovaných lokusech. Základní náhled na populační strukturu z výsledných genotypových dat byl získán pomocí programů Genetix a Structure 2.3.3. (Pritchard et al. 2000; Falush et al. 2003). Dále byl použit přístup krajinné genetiky (Manel et al. 2003), která umožňuje studovat genetickou variabilitu v kontextu geografické situace, a získané genotypy byly analyzovány v programu Geneland (Guillot et al. 2005). Genealogická struktura populací byla zkoumána pomocí programů ML-Relate (Kalinowski et al. 2006) a Cervus (Kalinowski et al. 2007).

Mikrosatelitová data byla v případě studie vlka využita i pro detekci potenciální hybridizace se psem a introgrese psích alel (přenášení alel psa do genofondu vlka mechanismem hybridizace a zpětného křížení). Jako základní kritérium byl použit výskyt zmixovaných genotypů určených v programu Structure, vytipované genotypy se pak ještě ověřovaly v programu NewHybrids, který umožňuje pomocí Bayesiánské statistiky určit posteriorní pravděpodobnost příslušnosti do předem daných hybridních kategorií. Vzhledem k počtu lokusů běžně používanému v populačně genetických studiích je věrohodné určení jen do kategorií F1, F2 a B1, odhalení menšího zastoupení psích alel v pozdějších fázích zpětného křížení je obtížné a může být zatížené statistickou chybou I. typu (falešně pozitivní výsledky, Randi et al. 2014). Do dalších analýz byli použiti jen jedinci, u kterých mikrosatelitová analýza potvrdila příslušnost k vlčí populaci. Jedinci, u kterých vyšla pouze mitochondriální DNA, byli z analýz vyřazeni, protože existuje velké riziko záměny se psem. Pro určení úrovně hybridizace a introgrese u vybraných tkáňových vzorků byly využity také markery SNP.

Velikost populace byla vypočtena pomocí metody Capwire (Miller et al. 2005; Pennell et al. 2013) v programu R 3.1.1 (R Core Team 2014). Tato metoda byla vyvinuta pro neinvazivní genetické vzorkování a je založena na „capture-mark-recapture“ (CMR) principu. Od tradičních CMR metod se liší v tom, že jedinci mohou být odchyceni (= genotypováni z neinvazivně sbíraných vzorků) v sezóně několikrát, avšak je možný i pouze jediný odchyt. Capwire je přesný především pro malé populace (< 100 jedinců) a zohledňuje i heterogenitu odchytů (Miller et al. 2005). Prostorová aktivita byla zpracována s využitím programu ArcGIS 10.2 (ESRI 2013). Pomocí nástroje „measure“ byly v ArcGISu měřeny vzdálenosti mezi jednotlivými vzorky zvířete. Pomocí nástroje „Minimum Bounding Geometry“ (typ geometrie „CONVEX_HULL“) byla spočítána plocha, na které byl zaznamenán pohyb jedince.

2.6 Monitoring kočky divoké

Terénní monitoring spočíval v pečlivém výběru konkrétních míst v rámci vybraných EVL, na kterých byly umístěny fotopasti spolu s chlupovými pastmi (stanice). Chlupová past (chlupovka) sestává z dřevěného kůlu, na který je aplikován atraktant v podobě tinktury z kozlíku lékařského. Ten kočky divoké přitahuje a motivuje k otírání o kůl, čímž slouží jednak ke zdržení zvířete před fotopastí a jednak slouží k získání genetického materiálu (srsti), který ulpí na kůlu.

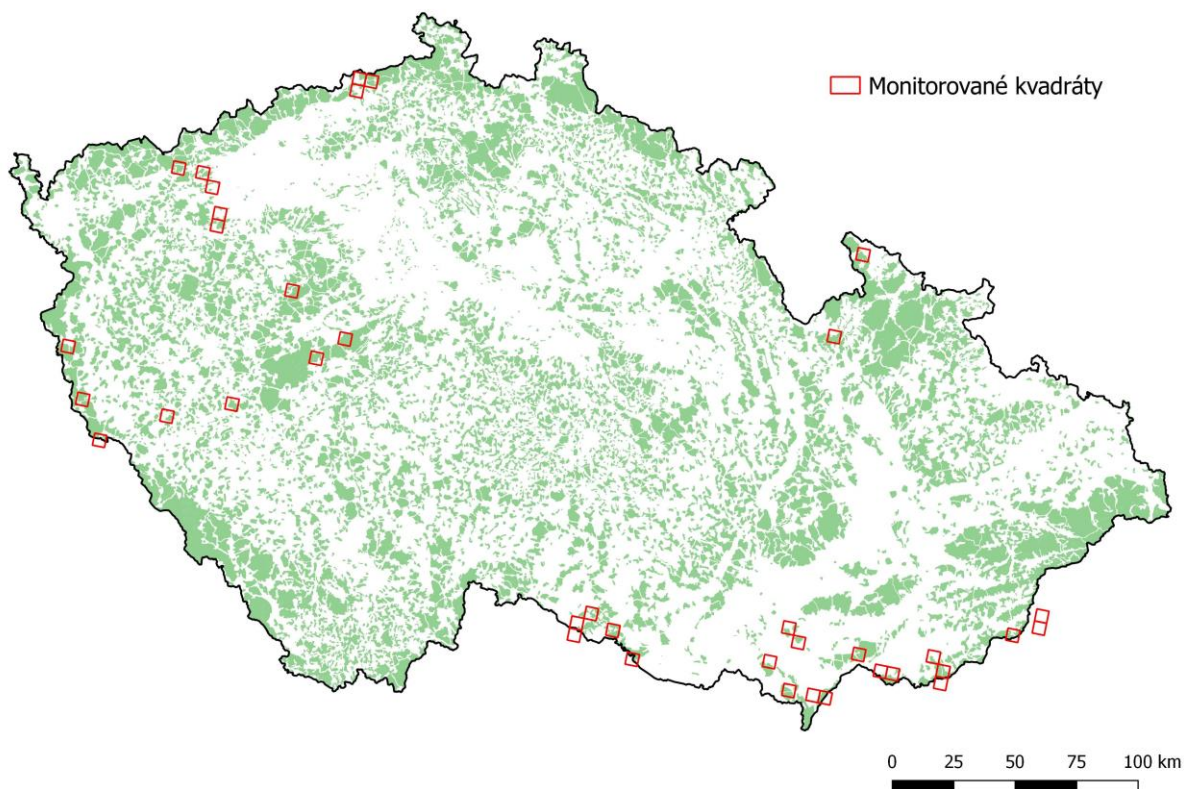
Výběr lokalit a konkrétních míst se držel několika předpokladů. Pro výzkum byly vybrány oblasti s potenciálně vhodným prostředím pro výskyt kočky divoké (lesní oblasti v nízkých nadmořských výškách, prostoupené otevřenými plochami v podobě pastvin, luk, polí, remízků

apod.). Byly vybírány lokality se statusem chráněných území (maloplošné rezervace přirozených porostů), lokality s členitým reliéfem, obzvláště ty, které vynikaly dostatkem úkrytů v podobě skal, suťových lesů, bohatého lesního podrostu, členitého lesního okraje, nebo množstvím mrtvého dřeva či doupných stromů (staré porosty).

Fotopasti pak byly přednostně umístěny na zvířecí pěšiny, vrstevnicové cesty, hřebeny a jiné terénní hrany a sedla, okraje lesa, ke zdrojům vody (bahniště, prameny, jezírka), v mnohých případech také na lesní turistické cesty a jejich křižovatky. Důraz byl kladen také na jižní orientaci reliéfu, která je kočkami divokými výrazně preferována.

Doba působení fotopasti na jednom místě byla nejméně 2 měsíce. Tuto dobu pokládáme za dostatečnou ke zjištění případného stálého výskytu kočky divoké v rámci jejího teritoria. Jednak proto, že domovský okrsek kočky divoké je relativně malý (1,8–4,6 km² (Daniels et al. 2001) a na rozdíl od velkých šelem je tak zachycení kočky v jejím teritoriu mnohem pravděpodobnější v rámci určité doby, a jednak proto, že během dvou měsíců se na fotopast pravidelně podařilo zachytit běžné druhy menších šelem, jako je liška, jezevec, nebo kuna. Dá se tedy předpokládat, že by se na stejném místě stejně jako lišku nebo kunu podařilo zachytit i kočku divokou, pokud by v daném místě trvale žila.

Terénní mapování probíhalo s různou intenzitou v různých oblastech (Obr. 2.6, Tab. 2.6) a to vzhledem k různé míře vhodnosti území pro výskyt koček divokých, rozloze území i množství či absenci záznamů o pozorování tohoto druhu na vybraných lokalitách.



Obr. 2.6. Vytipované kvadráty sítě 5 × 5 km, v nichž probíhal monitoring kočky divoké.

Tab. 2.7 Evropsky významné lokality (EVL), kde byly sledována kočka divoká a intenzita jejich monitoringu

Lokalita	Počet stanic	Počet fotodní	od	do
Bílé Karpaty	5	503	13.05.2015	13.10.2015
Doupovské hory	5	1227	17.06.2015	22.07.2016
Hradec a Kuchyňka	4	396	15.08.2015	18.05.2016
Týřov-Oupořský potok	4	397	16.08.2015	10.07.2016
Údolí Dyje	4	1206	20.06.2015	05.06.2016
Podyjí	3	412	25.10.2015	05.06.2016
Hradiště	3	612	20.09.2015	22.07.2016
Dětanský chlum	3	432	18.06.2015	20.05.2016
Čerchovský les	2	558	04.10.2015	09.07.2016
Haltravský hřeben	2	558	04.10.2015	09.07.2016
Soutok-Podluží	2	28	29.09.2015	13.10.2015
Čertoryje	2	153	12.05.2015	12.10.2015
Východní Krušnohoří	2	442	14.12.2015	22.07.2016
Kateřinský a Nivní potok	1	356	20.07.2015	10.07.2016
Libouchecké bučiny	1	221	14.12.2015	22.07.2016
Hodonínská doubrava	1	243	02.03.2016	31.10.2016
Milovický les	1	212	01.12.2015	30.06.2016
Švihovské hvozdy	1	168	23.01.2016	09.07.2016
Chejlava	1	133	27.02.2016	09.07.2016
Niva Dyje	1	58	27.02.2016	25.04.2016
Hadce a bučiny u Raškova	1	140	13.06.2016	31.10.2016
Rychlebské hory – Račí údolí	1	140	13.06.2016	31.10.2016
Přední kout	1	133	27.02.2016	09.07.2016
Kuntínov	1	212	01.12.2015	30.06.2016
24	52	8940	13.05.2015	31.10.2016

2.7. Habitatová analýza & predikční model šíření velkých šelem

V návaznosti na monitoring a sběr dat o výskytu všech zájmových druhů šelem bylo přistoupeno k řešení další aktivity v rámci projektu – habitatové analýze a přípravě predikčního modelu šíření velkých šelem v České republice. Oba přístupy jsou postaveny na komplexním hodnocení vztahu modelových druhů k relevantním faktorům prostředí s využitím metodiky ENFA (Hirzel et al. 2006), resp. MAXENT (Phillips et al. 2006).

Analýza habitatových preferencí se sestávala z několika návazných kroků:

- (1) příprava relevantních environmentálních proměnných, které zahrnují charakteristiky reliéfu, charakteristiky krajinného pokryvu a ukazatele antropogenního vlivu.
- (2) sloučení a příprava dat výskytu zájmových druhů velkých šelem s využitím databáze AOPK ČR, databáze Hnutí DUHA a zahraničních institucí

(3) standardizace všech dílčích datových vstupů, transformace do shodného souřadného systému a převod do formátu ASCII

V případě kočky divoké bylo využito expertního přístupu, kdy byla v habitatovém modelu jednotlivým proměnným prostředí přidělována váha stanovená na základě rešerše zejména zahraniční literatury a dle expertního posouzení hlavní zpracovatelky Jany Pospíškové.

Výstupem habitatových modelů jsou pak jednak tabelární výsledky o významu jednotlivých proměnných prostředí z hlediska výskytu zájmových druhů a zejména pak prostorové vyjádření míry vhodnosti habitatu na škále od 0 do 100%.

Predikční modely šíření vycházejí z konceptu hodnocení prostupnosti krajiny dle teorie „Isolation by Resistance“ (McRae 2006), kdy inverzní hodnoty vhodnosti habitatu indikují stupeň její prostupnosti. Nad takto vzniklým povrchem rezistence je analyzována konektivita vhodných habitatů pomocí specializovaného nástroje CIRCUITSCAPE (McRae et al. 2016). Výstupem analýzy je model potenciálního šíření zájmových druhů, kde lze identifikovat nejpravděpodobnější zóny disperze a migrační koridory.

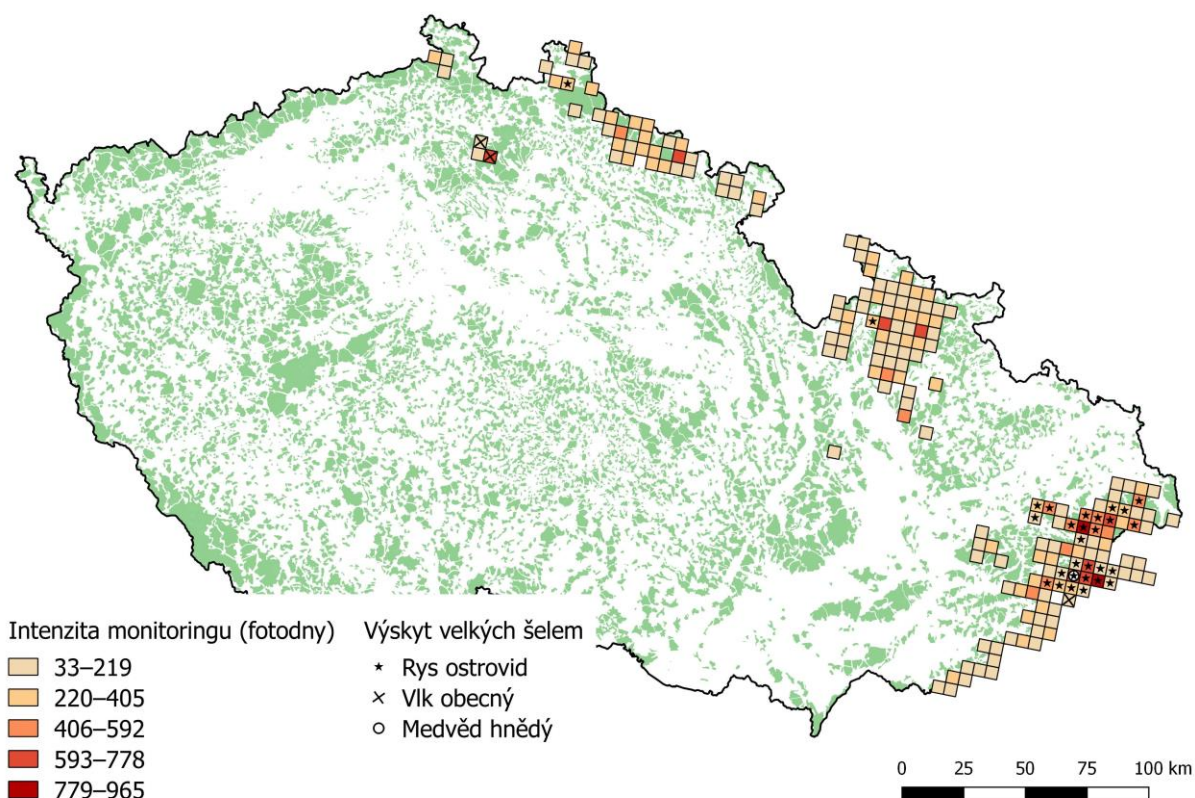
3. Výsledky

3.1 Výskyt velkých šelem

3.1.1 Oportunistický fotomonitoring

Během sezóny 2015–2016 bylo fotopastmi mapováno celkem 293 lokalit, které pokryly 190 kvadrátů sítě 5 × 5 km a byly v provozu 48 349 fotodní. Výskyt alespoň některé velké šelmy se podařilo prokázat v 32 kvadrátech (16,8 % sledovaného území), přičemž nejčastěji byl zaznamenán rys ostrovid – 295 návštěv v 29 kvadrátech (15,3 %), dále vlk – 29 návštěv ve 3 kvadrátech (1,6 %) a nejméně často medvěd – jen 3 návštěvy v jednom kvadrátu (0,5 %) v blízkosti EVL Beskydy. Všechny záznamy šelem byly kategorie C1, jedna návštěva vlka kategorie C3 (a nebyla zahrnuta do tohoto hodnocení).

Prostorové rozložení nálezů zobrazuje Obr. 3.1.1. Je zjevné, že hlavní oblast výskytu rysa ostrovida se nachází na česko-slovenském pomezí v EVL Beskydy a jejím širším okolí. V roce 2015 se zde rozmnožovalo celkem 5 samic a narodilo minimálně 11 koťat (průměrně 2,2 koťat na samici, více v Tab. 3.1.1). Celkově byla reprodukce zachycena v 7 kvadrátech. V jiných oblastech byl rys na fotopastech zjištěn jen ojediněle. Dvakrát na stejné lokalitě v Jizerských horách a jednou v Jeseníkách.



Obr. 3.1.1 Výskyt velkých šelem v kvadrátové síti 5 × 5 km, zjištěný v rámci oportunistického fotomonitoringu během sezóny 7/2015–6/2016

Tab. 3.1.1 Minimální počty koťat narozených v roce 2015 v EVL Beskydy a okolí

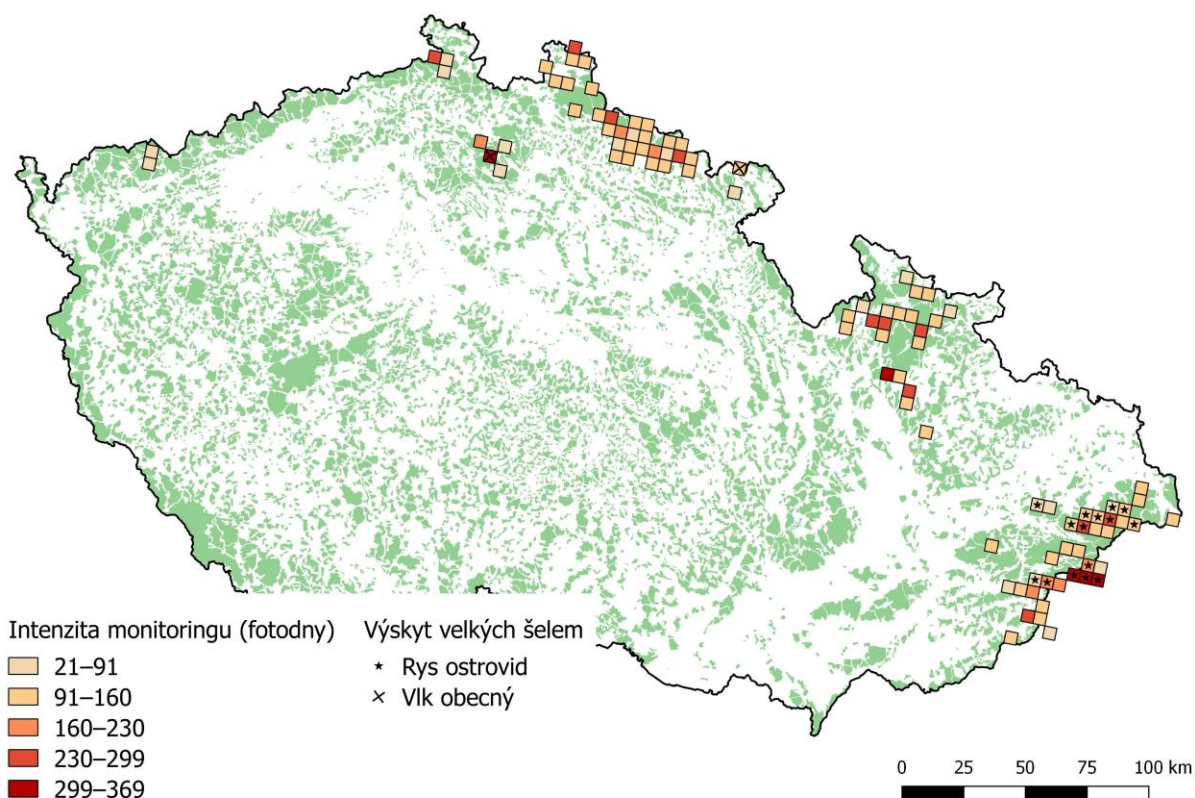
Označení rysa	Oblast	Počty mlád'at	Poznámky
Draža	MS Beskydy	2	
Lenka	MS Beskydy	3	1 mladá sraženo autem na Dolní Bečvě
Žofka	MS Beskydy	2	
Heřmína	Javorníky	3	
Anežka	Javorníky	1	Mládě nalezené sražené autem v Lidečku. Příslušnost k samici potvrzena geneticky. Dle neověřeného pozorování (C3) měla rysice 3 koťata.

Reprodukce vlků byla přímo doložena pouze v Podbezdězí (CHKO Kokořínsko - Máchův kraj), kde bylo na dvou videosekvencích (<https://youtu.be/L-tgao-HJ94>) 21. 10. 2015 zachyceno 7 vlků. Oproti pěti zvířatům zachyceným v předchozím roce tak došlo k narození minimálně 2 vlčat. Pravděpodobně však více, vzhledem k tomu, že někteří mladí vlci narození v roce 2014 mohli smečku opustit a jeden z vlků s blízkým příbuzenským vztahem k dalším členům smečky byl nalezen ještě před pořízením tohoto záběru mrtvý (6. 10. 2015).

V prvních 4 měsících sezóny 2016–17 bylo fotopastmi mapováno celkem 166 lokalit, které pokryly 98 kvadrátů sítě 5 × 5 km a byly v provozu 14.035 fotodní. Výskyt alespoň některé

velké šelmy se podařilo prokázat v 17 kvadrátech (17,3 % sledovaného území), přičemž nejčastěji byl zaznamenán rys ostrovid – 39 návštěv v 15 kvadrátech (15,3 %), dále vlk – 30 návštěv ve 2 kvadrátech (2 %) a medvěd nebyl zjištěn. Všechny záznamy šelem byly kategorie C1.

Prostorové rozložení kvadrátů ukazuje Obr. 3.1.2. Situace je obdobná jako v předchozí sezóně, během 4 měsíců se však nepodařilo prokázat výskyt rysa ostrovida mimo beskydskou oblast. Výskyt vlků včetně reprodukce se však podařilo prokázat v Podbezdězí a nově také na Broumovsku (Obr. 3.1.3). V Podbezdězí se v roce 2016 narodila minimálně 4 vlčata, na Broumovsku minimálně 2.



Obr. 3.1.2 Výskyt velkých šelem v kvadrátové síti 5 × 5 km, zjištěný v rámci oportunistického fotomonitoringu během období 7/2016–10/2016

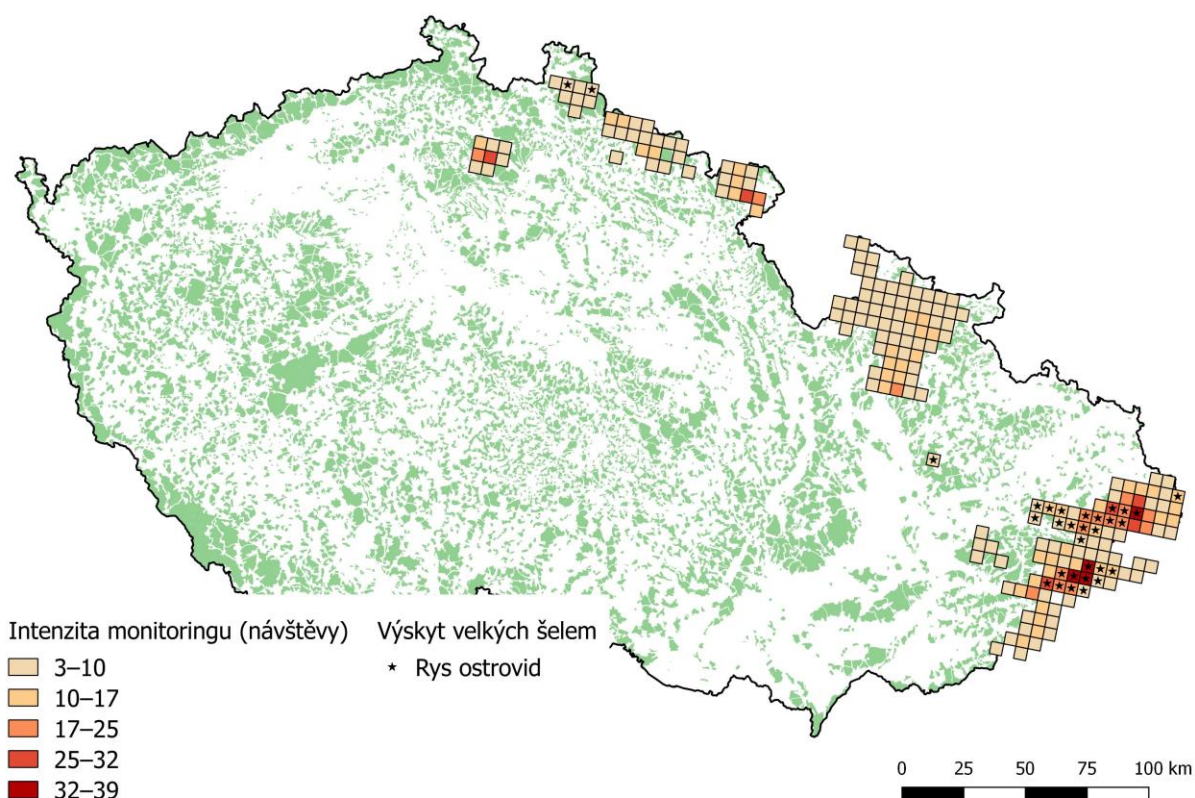


Obr. 3.1.3 Vlčata zjištěná během oportunistického fotomonitoringu v létě 2016 v Podbezdězí (vlevo) a na Broumovsku (vpravo)

3.1.2 Monitoring pobytových znaků

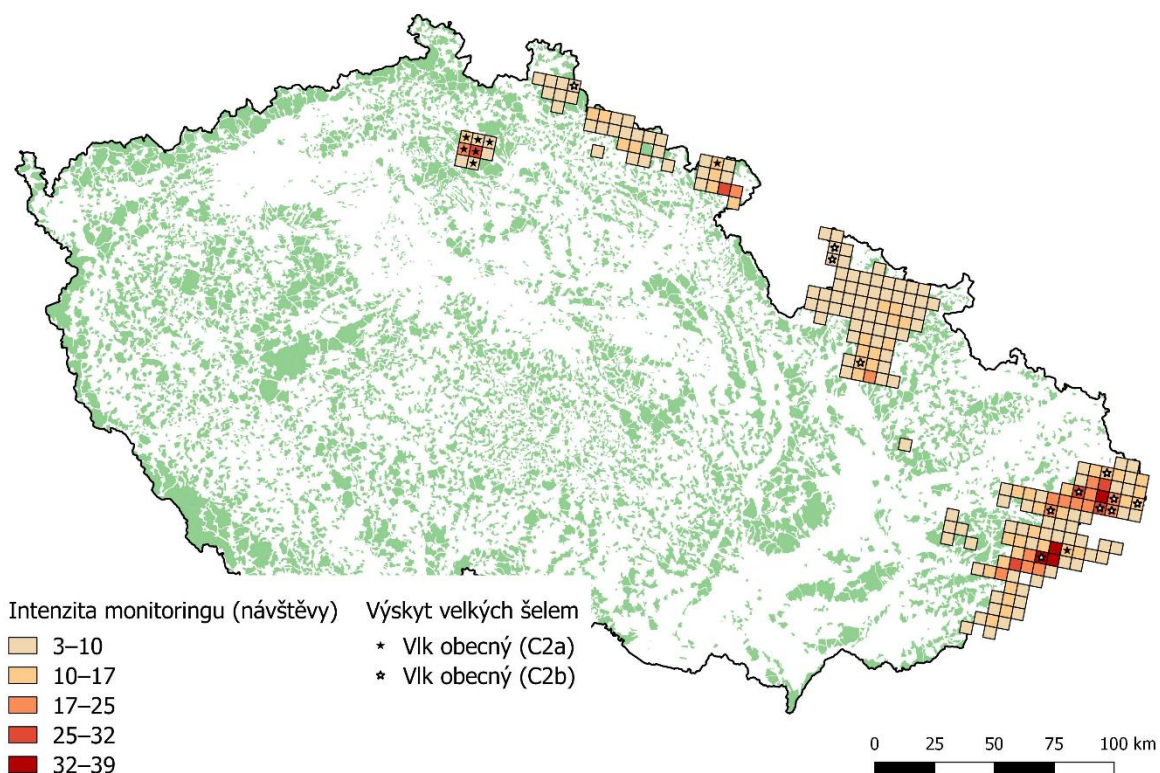
Během sezóny 2015–2016 monitoring probíhal v celkem 207 kvadrátech 5 × 5 km. Výskyt některého druhu velké šelmy byl věrohodně potvrzen v 39 kvadrátech (18,8 % sledovaného území). Rys byl zjištěn v 31 kvadrátech (15 % sledovaného území), vlk v 8 kvadrátech (3,9 %) a medvěd v 7 (3,4 %).

V případě rysa ostrovida (Obr. 3.1.4) se 90 % všech kvadrátů nacházelo v beskydské části sledovaného území. Dva kvadráty byly pozitivní v Jizerských horách a jeden v Nížkém Jeseníku. Jednalo se však vždy o ojedinělé nálezy (pouze 1 nález na kvadrát). V Beskydech se nacházelo 114 kvadráto-nálezů; průměrný počet nálezů v různých dnech na jeden kvadrát byl 3,68 ($\pm 3,42$).

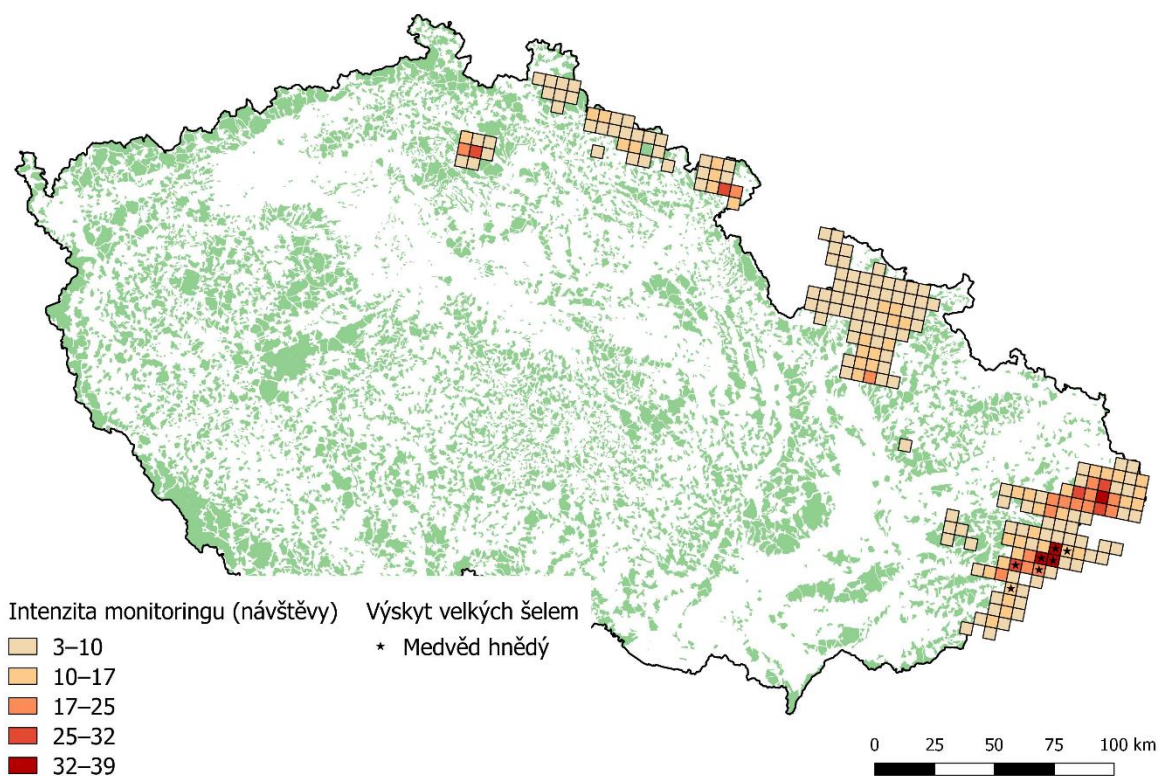


Obr. 3.1.4 Výskyt rysa ostrovida v kvadrátové síti 5 × 5 km, zjištěný během monitoringu pobytových znaků v sezóně 7/2015–6/2016 na základě C1, C2a a C2b údajů.

Věrohodné nálezy (C2a) vlka obecného (Obr. 3.1.5) byly zjištěny v 8 kvadrátech, přičemž 6 kvadrátů se nacházelo v Podbezdězí (Jestřebsko-Dokesko), kde byla také nejvyšší intenzita nálezů (celkem 21 kvadráto-nálezů, průměrně $3,5 \pm 3,8$ nálezů na kvadrát). Na Broumovsku byl pozitivní jeden kvadrát (3 kvadráto-nálezy) a v Beskydech 1 kvadrát daný jedním nálezem. Pokud bychom zahrnuli do vyhodnocení i méně věrohodné nálezy C2b (především samostatné stopní dráhy, u nichž přesná determinace druhu není možná), přibýlo by 12 kvadrátů, čili více než dvojnásobné množství obsazené plochy především v Beskydech (8 kvadrátů), Rychlebských horách (2 kvadráty) a v Jeseníkách a Jizerských horách (po 1 kvadrátu). Medvěd hnědý (Obr. 3.1.6) byl zjištěn jen v karpatské části zájmového území, v 7 kvadrátech v EVL Beskydy a jejím blízkém okolí.



Obr. 3.1.5 Výskyt vlka obecného v kvadrátové síti 5 × 5 km, zjištěný během monitoringu pobytových znaků v sezóně 7/2015–6/2016 na základě C2a a C2b údajů



Obr. 3.1.6 Výskyt medvěda hnědého v kvadrátové síti 5 × 5 km, zjištěný během monitoringu pobytových znaků v sezóně 7/2015–6/2016, na základě C1, C2a a C2b údajů

V případě, že do hodnocení zahrneme prošlé trasy, při nichž byla sněhová pokrývka alespoň 40 %, udává výsledek Tab. 3.1.2.

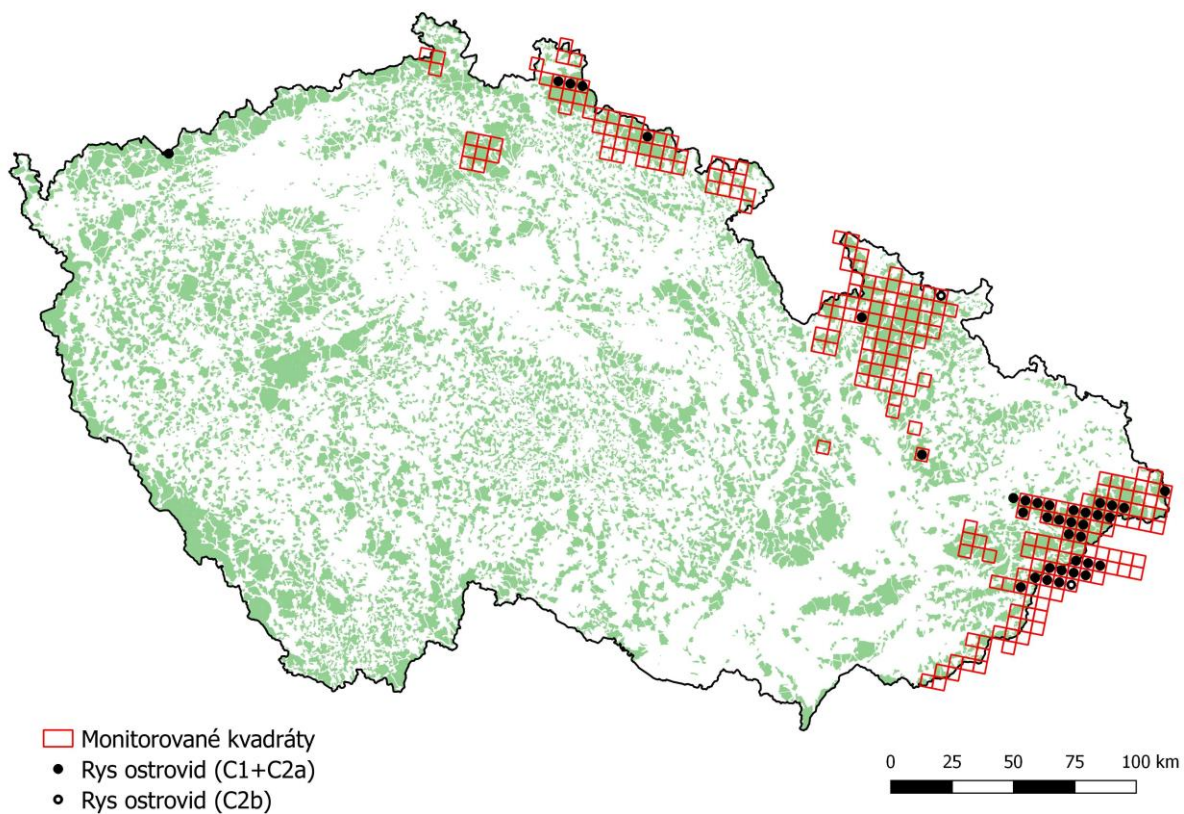
Tab. 3.1.2 Srovnání výskytu velkých šelem (počty pozitivních kvadrátů) v sezóně 2015–2016 s ohledem na sněhovou pokrývku

	Všechny pochůzky	40% sněhové pokrývky	Oblasti (a kvadráty) s pozitivními nálezy při 40% sněhové pokrývky
Monitorované kvadráty	180	170	
Rys	32 (16,8 %)	23 (13,5 %)	Beskydy (21), Jizerské hory (2)
Vlk C2a	3 (1,6 %)	3 (1,8 %)	Podbezdězí (2), Broumovsko (1)
Vlk C2b	12 (6,3 %)	11 (6,5 %)	Beskydy (5), Podbezdězí (1) Jizerské hory (1), Rychlebské hory (2), Jeseníky (1)
Medvěd	1 (0,5 %)	1(0,6 %)	Beskydy

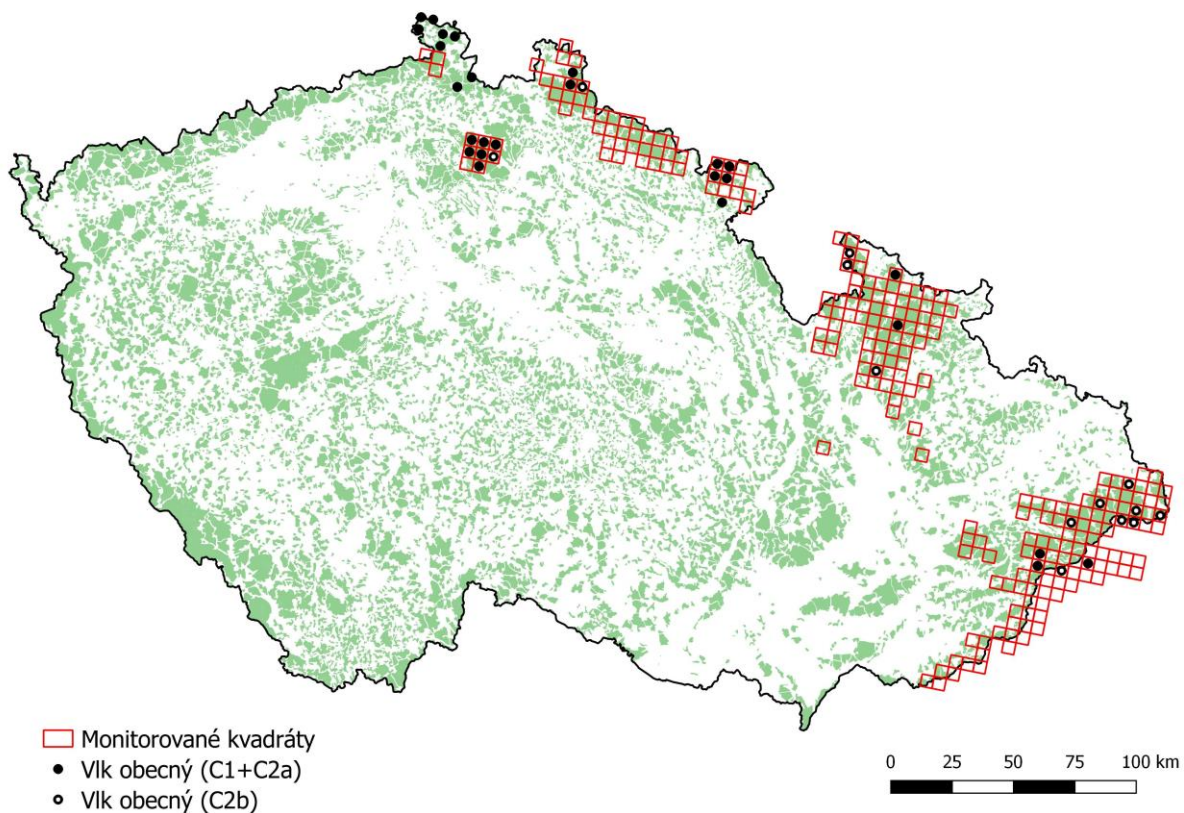
V prvních 4 měsících sezóny 2016/2017 bylo zmapováno 117 kvadrátů, přičemž výskyt rysa byl potvrzen v 10 z nich, (11,7 %), výskyt vlka (C2a) v 7 kvadrátech (C2b v dalších 6) a výskyt medvěda se nepodařilo prokázat.

3.1.3 Celkové vyhodnocení výskytu velkých šelem

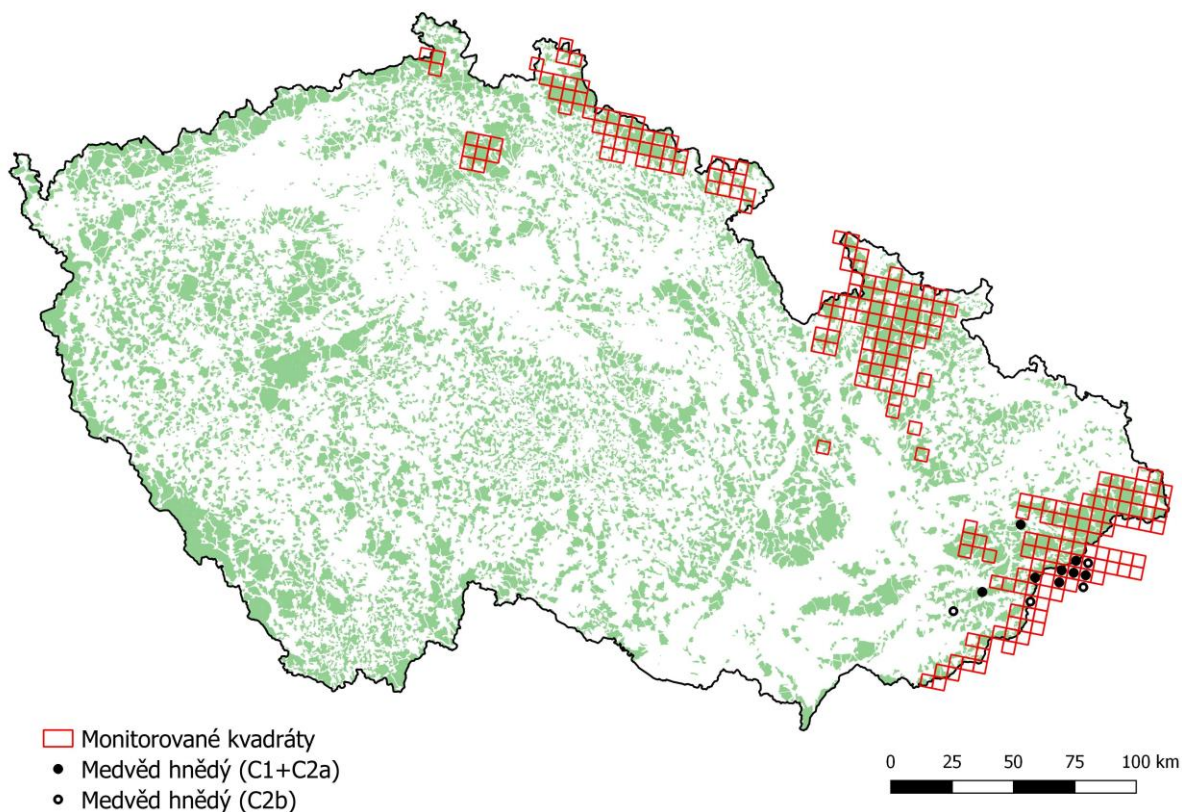
Syntézou všech dat z fotomonitoringu, monitoringu pobytových znaků a dat z jiných zdrojů jsme sestavili distribuční mapy všech tří druhů velkých šelem. V sezóně 2015/2016 bylo sledováno 241 kvadrátů, z nichž 156 (64,7 %) bylo monitorováno pomocí pobytových znaků i fotopastmi. Výskyt rysa ostrovida byl po zahrnutí dat z dalších zdrojů věrohodně (C2a) zjištěn v celkem 37 kvadrátech, z nichž externí zdroje (hlášené nálezy apod.) přinesly potvrzení výskytu v 4 kvadrátech (Jizerské hory, Krkonoše, Krušné hory, Beskydy, Obr. 3.1.7). V případě vlka obecného poskytly zdroje mimo vlastní monitoring (8 kvadrátů) obsazenost v dalších 18 kvadrátech (Beskydy 2, Jeseníky 2, Broumovsko 4, Jizerské hory 2, Lužické hory 2, Šluknovsko 6), celkem byl tedy výskyt doložen v 26 kvadrátech (Obr. 3.1.8). Medvěd hnědý byl věrohodně potvrzen v celkem 8 kvadrátech, z nichž nálezy z externích zdrojů zajistily 3 obsazené kvadráty (Obr. 3.1.9).



Obr. 3.1.7 Sledované území (kvadráty 5 × 5 km) a výskyt rýsa ostrovida v sezóně 7/2015–6/2016 zjištěný kombinací různých metod monitoringu



Obr. 3.1.8 Sledované území (kvadráty 5 × 5 km) a výskyt vlka obecného v sezóně 7/2015–6/2016 zjištěný kombinací různých metod monitoringu

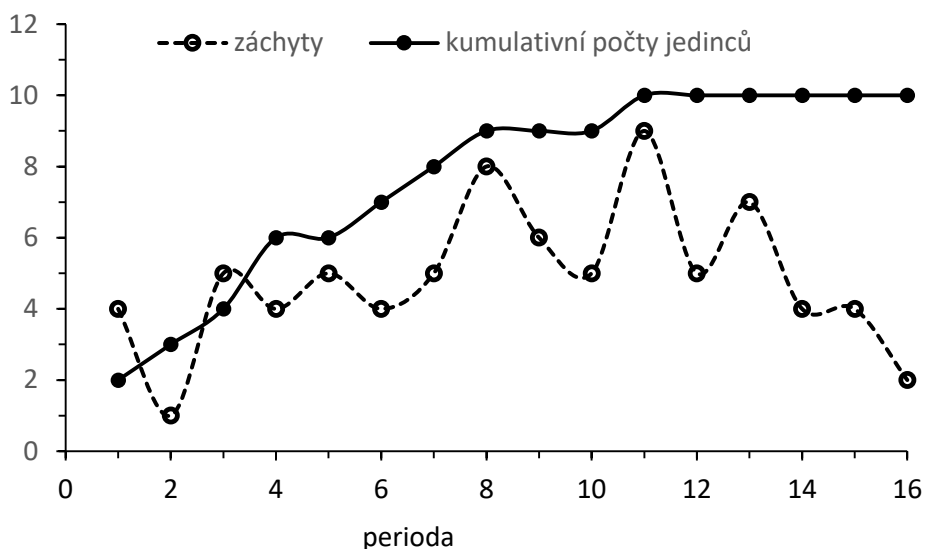


Obr. 3.1.9 Sledované území (kvadráty 5 × 5 km) a výskyt medvěda hnědého v sezóně 7/2015–6/2016 zjištěný kombinací různých metod monitoringu

3.2 Početnost a populační hustota rysa ostrovida

Během 80 dnů deterministického fotomonitoringu bylo v zimě 2015–2016 zaznamenáno 78 unikátních návštěv rysa na 28 lokalitách (36,3 % ze sledovaných). Dle jedinečné skvrnitosti snímků jsme určili 10 různých samostatných dospělých jedinců; tohoto počtu jsme dosáhli v 11. periodě (po 55 dnech) a dalším vzorkováním již se počet jedinců nezvyšoval (Obr. 3.2.1). Neprostorová analýza v programu CAPTURE za použití modelu M_0 určila počet jedinců rovněž na $10 \pm 0,1$ (pravděpodobnost zachycení $P\text{-hat}=0,356$). V Moravskoslezských Beskydech jsme identifikovali pět rysů (Licous, Jiří, Draža, Žofka, Kamila), z nichž Jiří a Kamila jsou stejně starí sourozenci (t. č. subdaulti), jejichž matka je Draža. V Javorníkách bylo identifikováno rovněž 5 rysů (Král, Olda, Ľubo, Heřmína, Hortenzia), kde z fotopastí víme, že Hortenzia je dcera Heřmíny. Podrobné rodokmeny zjištěné kombinací fotomonitoringu, genetiky a stopování jsou v Obr. 3.3.5 a 3.3.6.

Analýza v programu SPACECAP ukázala, že odhadovaná populační hustota se ustálila ve vzdálenosti 11 kilometrů od hranice polygonu, ohraničujícím vnější body fotopastí na hodnotě 0,45 (0,39–0,54) jedinců na 100 km², což znamená, že v zájmovém území se vyskytuje zhruba 1 samostatný rys na 200 km².



Obr. 3.2.1 Průběh deterministického fotomonitoringu v Beskydech v zimě 2015/2016 během 16 period (80 dnů). Od 11. periody se počet identifikovaných jedinců dále nezvyšoval.

3.3 Genetika velkých šelem

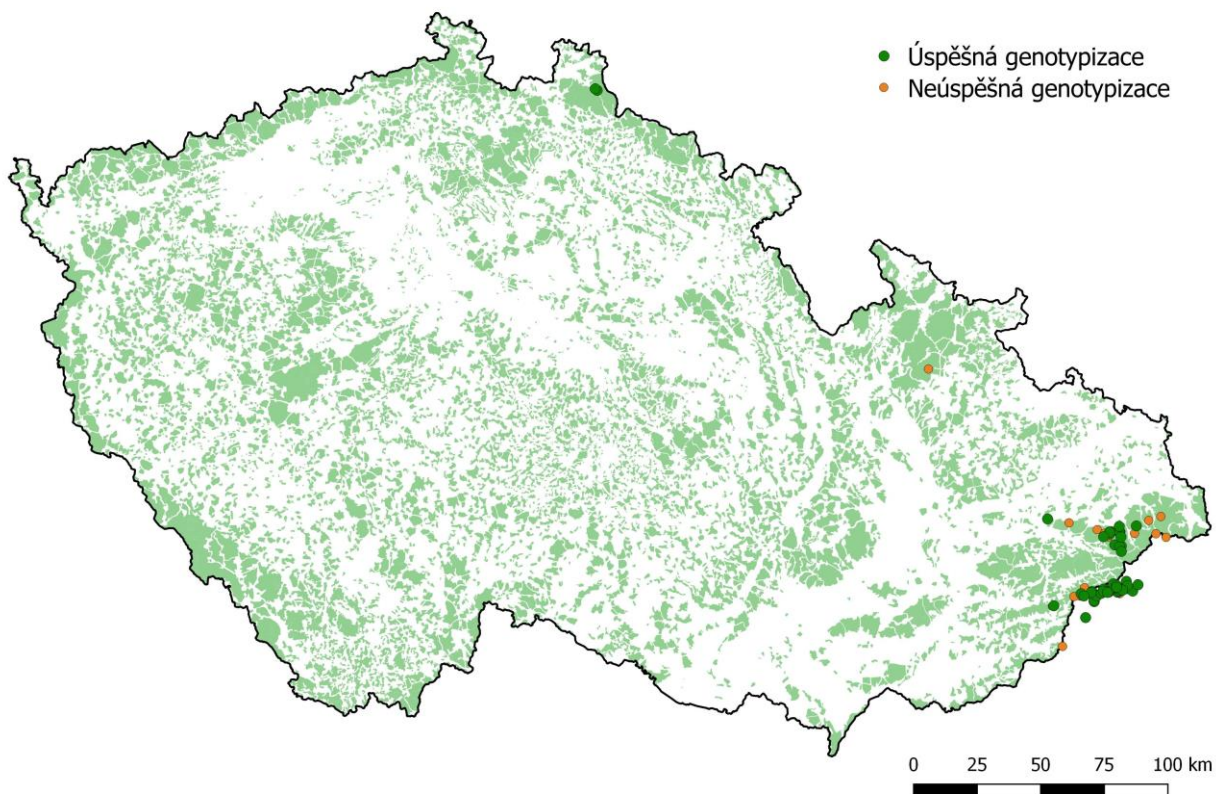
3.3.1 Rys ostrovid

Počet analyzovaných vzorků, úspěšnost izolace

Celkem bylo zanalyzováno 108 neinvazivně odebraných vzorků rysa ostrovida získaných v letech 2013–2016 ve sledovaných oblastech (Moravskoslezské Beskydy, Javorníky, Jeseníky, Bílé Karpaty a Jizerské hory (Tab. 3.3.1, Obr. 3.3.1). Zjištění kompletního individuálního genotypu a identifikace jedince byly možné u 58 vzorků. Průměrná úspěšnost analýzy všech vzorků byla tedy 53,7 %. V případě vzorků chlupů byla analýza úspěšná u 10 vzorků ze 47 (21,3 %), u vzorků trusu to bylo již 45 vzorků z 58 (77,6 %) a v případě dvou tkáňových vzorků z uhynulých jedinců byla úspěšnost 100 %. Identifikovat se podařilo 18 jedinců rysa, z čehož bylo zjištěno 8 samců a 10 samic. Testováním datasetu v programu Micro-Checker nebyla zjištěna přítomnost genotypizačních chyb na žádném z 15 mikrosatelitových lokusů. Schopnost celého panelu mikrosatelitů rozlišit blízké příbuzné jedince byla dostatečně vysoká – $PI_{sib} = 2,532 \times 10^{-4}$, přičemž byla dostatečně vysoká již při použití sedmi nejvariabilnějších lokusů.

Tab. 3.3.1 Počty analyzovaných a úspěšně genotypizovaných vzorků z jednotlivých oblastí

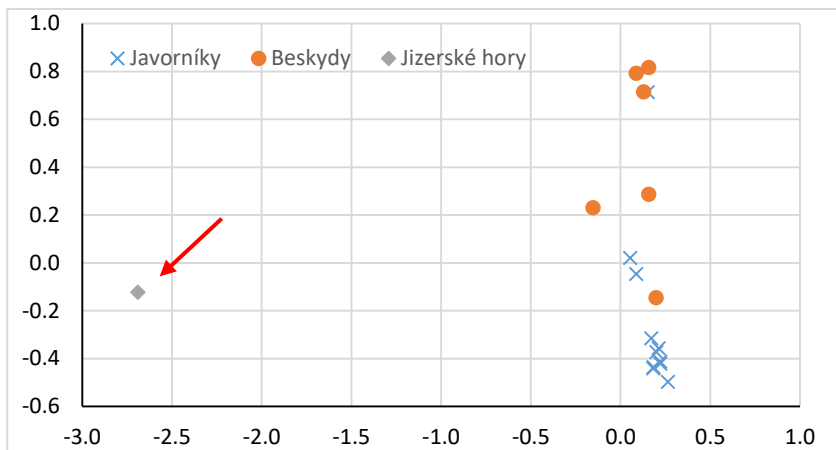
Vzorky	Javorníky	Beskydy	Jizerské hory	Bílé Karpaty	Jeseníky
Úspěšná genotypizace	38	18	2	0	0
Neúspěšná genotypizace	32	16	0	1	1
Celkem vzorků	69	34	2	1	1



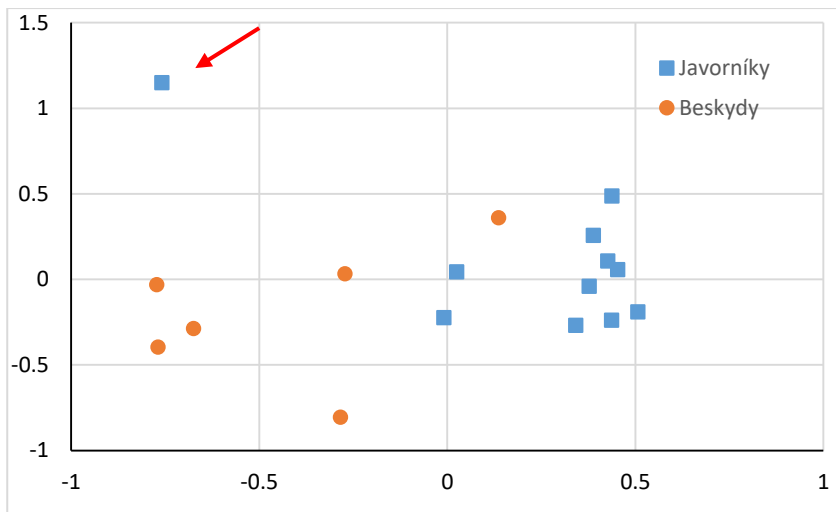
Obr. 3.3.1 Studované území s vyznačenými místy nálezů vzorků a úspěšností genotypizace

Genetická variabilita a struktura

Čtrnáct z patnácti vybraných mikrosatelitových lokusů bylo polymorfních. Lokus FCA232 byl ve sledovaném vzorku monomorfní. Analýzy genetické variability a populační struktury byly tedy založeny na 14 informativních mikrosatelitových lokusech u 16 jedinců (u dvou jedinců byl chybějící genotyp na jednom lokusu). Jedinec z Jizerských hor byl vynechán z analýzy genetické variability, protože pravděpodobně nepochází z karpatské populace, viz Obr. 3.3.2a. Počet alel se pohyboval mezi dvěma a šesti alelami na lokus (průměr 3,71). Průměrná pozorovaná heterozygotnost (H_o) byla 0,5362 a průměrná očekávaná heterozygotnost (H_e) byla 0,5073. Celková p-hodnota pro Hardy-Weinbergův test byla na hranici statistické signifikance ($P = 0,0446$), což je způsobeno mírným nadbytkem heterozygotů na dvou lokusech (FCA031 a FCA149). Po aplikaci korekce pro mnohočetné testování však odchylky signifikantní nebyly a populace je tedy v Hardy-Weinbergově rovnováze. Přítomnost nulových alel na studovaných lokusech potvrzena nebyla. Průměrná hodnota koeficientu inbreedingu $F_{IS} = 0,012$ (-0,133–0,092) není signifikantně odlišná od nuly, populace se tedy nezdá být ovlivněna recentním inbreedingem. V programu Coancestry byla třemi různými přístupy zjištěna signifikantně vysoká hodnota individuálního koeficientu inbreedingu ($F = 0,37$ –0,59) u jedince R004 (Obr. 3.3.6, kapitola Příbuznost jedinců), průměrná hodnota pro všechny jedince však byla nízká ($F = 0,077$, rozptyl = 0,01873).



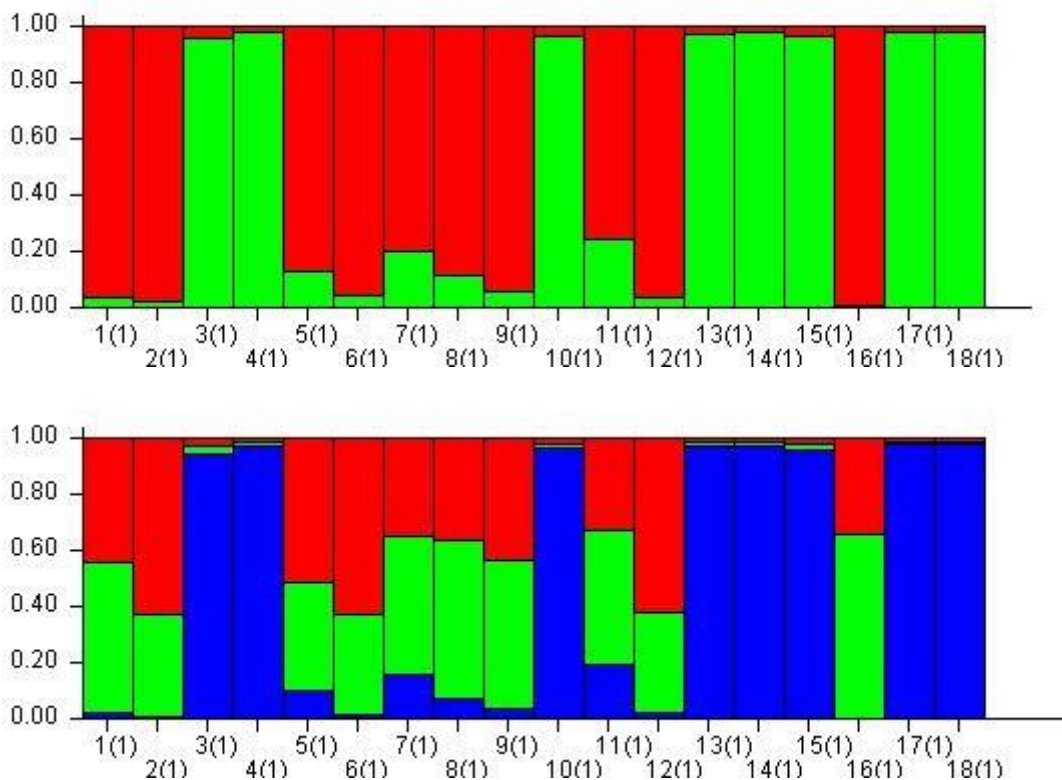
(a)



(b)

Obr. 3.3.2 Faktoriální korespondenční analýza (FCA) vypočítaná v programu Genetix. Každý bod v grafu představuje jednoho jedince, odlišné symboly indikují geografický původ jednotlivých jedinců. **(a)** Jedinec z Jizerských hor je geneticky odlišný a pravděpodobně nepochází ze západokarpatské populace. **(b)** I v beskydsko-javornické populaci lze pozorovat určitou strukturu, kde v levé části grafu převažují jedinci z Moravskoslezských Beskyd a v pravé jedinci z Javorníků. Jedinec v levém horním rohu označený šipkou je pravděpodobně rys Lubo z Kysuckých Beskyd na Slovensku, který se pohybuje až do oblasti Javorníků, jak dokazují záběry z fotopastí.

Pro základní náhled na populační strukturu byla využita faktoriální korespondenční analýza (FCA) v programu Genetix. Výsledek FCA analýzy je zobrazen ve dvourozměrném grafu, kde jsou jedinci rozmístěni ve 2D prostoru na základě alelických frekvencí a podobnosti skladby alel. Jedinec z Jizerských hor byl od všech ostatních vzorků oddělen, zdá se, že je geneticky odlišný od jedinců z Moravskoslezských Beskyd a Javorníků (Obr. 3.3.2a). Aby byla lépe viditelná struktura beskydsko-javornické populace, byl z následující analýzy tento jedinec vyřazen (Obr. 3.3.2b). Dále byl pro zjištění strukturovanosti využit program Structure, kde byla analýza provedena pro hypotetický počet populačních klastrů od $K = 2$ až po $K = 5$ a odhalila nejvyšší hodnotu věrohodnosti (delta $K = 71,95$) (Evanno et al. 2005) pro model $K = 2$. Osm z jedenácti jedinců z Javorníků bylo s vysokou pravděpodobností přiřazeno do jednoho klastru odlišeného od zbývajících jedinců (Obr. 3.3.3).



Obr. 3.3.3 Výstup z klastrovací analýzy v programu Structure pro $K = 2$ a $K = 3$ (každý jedinec je vyznačen jedním sloupečkem, proporce barvy v daném sloupečku ukazuje proporce genotypu jedince přiřazeného k danému klastru). Osm jedinců z Javorníků bylo nahoře zeleně a dole modře odlišeno (sloupeček 3, 4, 10, 13, 14, 15, 17, 18).

Počet jedinců v zájmovém území, případně pokus o odhad početnosti v zimách 2014/2015 a 2015/2016.

Celkem bylo identifikováno 18 jedinců rysa (8 samců a 10 samic) ve sledovaných územích a daných sezónách (sezóna = období od 1. 7. do 30. 6., Tab. 3.3.2 a 3.3.3). V Jizerských horách byl zjištěn pouze jeden jedinec, samec R016, a to v sezóně 2015/2016. Počty jedinců pro jednotlivé sezóny jsou uvedeny v tabulce 2. Dále je zde uveden odhad populační velikosti (N) pro každou sezónu vypočítaný pomocí metody Capwire. Pro sezónu s nejvíce daty (2014/2015) bylo odhadnuto $N = 9$ jedinců v 95% konfidenčním intervalu o šířce 8–12 jedinců. Více než v jedné sezóně bylo zachyceno pět jedinců z celkových osmnácti. Přítomnost jedinců v jednotlivých sezónách a lokalitách je vyznačena v Tab. 3.3.3.

Přesuny v rámci Moravskoslezských Beskyd a Javorníků

Ze všech 18 identifikovaných jedinců (Obr. 3.3.4) bylo více než jednou zachyceno 11 rysů. Mezi jedince zachycené v nejvíce případech patří samec Král (R013), jehož prostorová aktivita byla analyzována s využitím 17 vzorků a samec Olda (R014) se samicí Dražou (R011) byli zachyceni v sedmi případech. Nebyly zaznamenány žádné přesuny jedinců mezi horskými celky (Javorníky, Moravskoslezské Beskydy, Hostýnsko-vsetínská hornatina, Vizovická vrchovina). Avšak možný pokus o přechod mezi Javorníky a Vizovickou vrchovinou nepřezilo kotě R004, které uhynulo po srážce s automobilem na silnici I/57 nedaleko Lidečka (Obr. 3.3.4). Dalším případem je možný pokus o přechod mezi Moravskoslezskými Beskydami a Petřkovickou

horou v Přírodním parku Podbeskydí, kde byl rys R006 sražen nedaleko Valašského Meziříčí (Obr. 3.3.4). Jeho tělo však nebylo nalezeno, na místě zůstalo pouze několik chlupů.

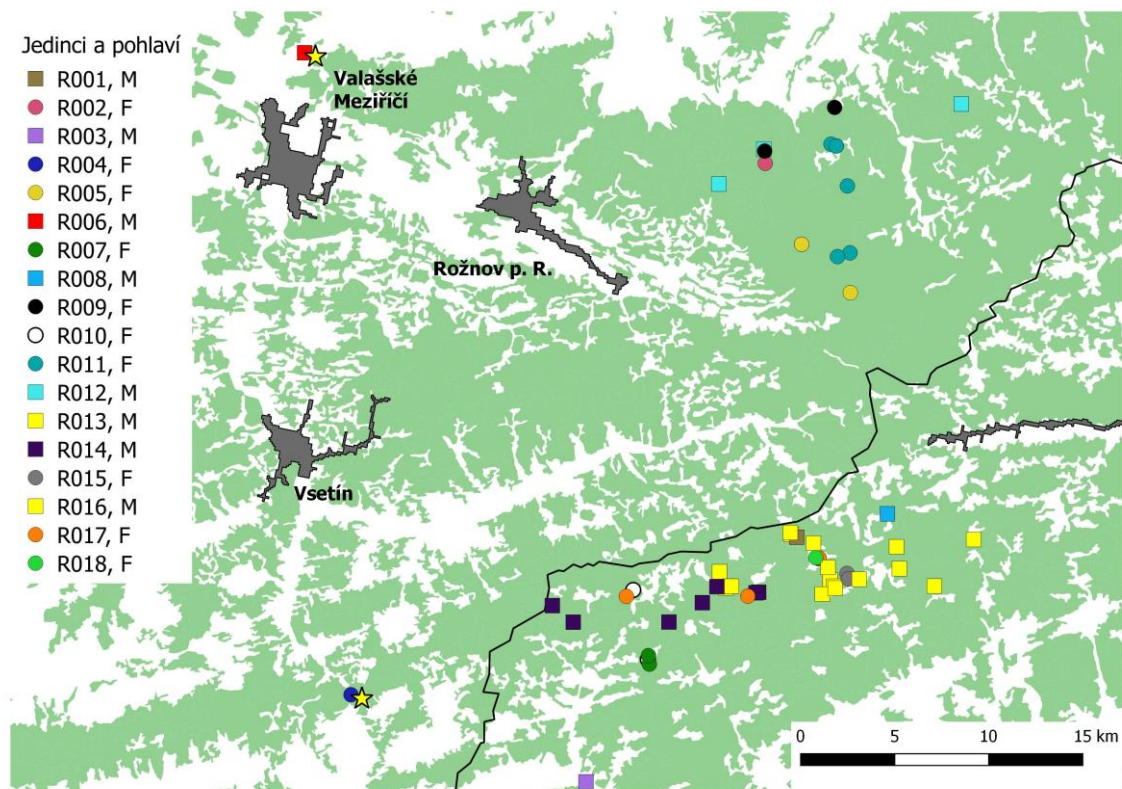
Největší vzdálenost mezi dvěma vzorky jednoho jedince byla změřena u samce Krále (R013), Licouse (R012), Oldy (R014) a samice Hortenzie (R017) – 13,6 km, 13,5 km, 10,9 km a 10,4 km.

Tab. 3.3.2 Počet jedinců v dané sezóně a lokalitě, v závorce je uveden počet samců (M) a počet samic (F). V posledním řádku je uveden odhad velikosti beskydsko-javornické populace metodou Capwire s 95 % konfidenčními intervaly.

Počet jedinců	Sezona		
	2013/2014	2014/2015	2015/2016
Jizerské hory	0	0	1 (1M)
Javorníky	5 (3 M, 2 F)	6 (3 M, 3 F)	5 (3 M, 2 F)
Moravskoslezské Beskydy	3 (3 F)	3 (1 M, 2 F)	2 (2 M)
Celkem beskydsko-javornická populace	8 (3 M, 5 F)	9 (4 M, 5 F)	7 (5 M, 2 F)
Odhad velikosti populace N (95 % CI)	10 (8–16)	9 (8–12)	8 (7–10)

Tab. 3.3.3 Přítomnost jedince v dané sezóně a lokalitě je vyznačena křížkem. Číslo před křížkem indikuje počet nálezů vzorků z daného jedince v dané sezóně. Tučně jsou zvýrazněni jedinci, kteří byli zachyceni ve více než jedné sezóně. R001–R018 = ID jedince, M = samec, F = samice.

Jedinec	Javorníky			Moravskoslezské Beskydy			Jizerské hory		
	13/14	14/15	15/16	13/14	14/15	15/16	13/14	14/15	15/16
R001, M			x						
R002, F				X					
R003, M	x								
R004, F			x						
R005, F					x				
R006, M						x			
R007, F	2x								
R008, M	x								
R009, F				2x					
R010, F		2x							
R011, F				4x	3x				
R012, M					x	2x			
R013, M	2x	11x	4x						
R014, M	2x	2x	3x						
R015, F		3x							
R016, M								2x	
R017, F		2x	2x						
R018, F	x								



Obr. 3.3.4 Studované území se specificky vyznačenými všemi identifikovanými jedinci. Každý jedinec je označen unikátní barvou a číslem, viz legenda. Hvězdičkami je vyznačen vzorek z místa srážky rýsa s motorovým vozidlem.

Příbuznost jedinců, genealogická struktura populace

V programu ML-Relate bylo zjištěno celkem 29 vztahů prvního stupně (vztah potomek-rodíč, sourozenci) a osm vztahů druhého stupně (nevlastní sourozenci, strýc-neteř). Šest vztahů prvního stupně a jeden vztah druhého stupně byl pozorován u jedinců z Moravskoslezských Beskyd a 23 vztahů prvního stupně a dva vztahy druhého stupně byly pozorovány u jedinců z Javorníků. Mezi jedinci z Beskyd a Javorníků navzájem bylo pozorováno šest vztahů druhého stupně, ale žádný vztah prvního stupně. U jedince z Jizerských hor nebyl zjištěn žádný vztah prvního ani druhého stupně s žádným z rysů z Javorníků nebo Beskyd (Tab. 3.3.4).

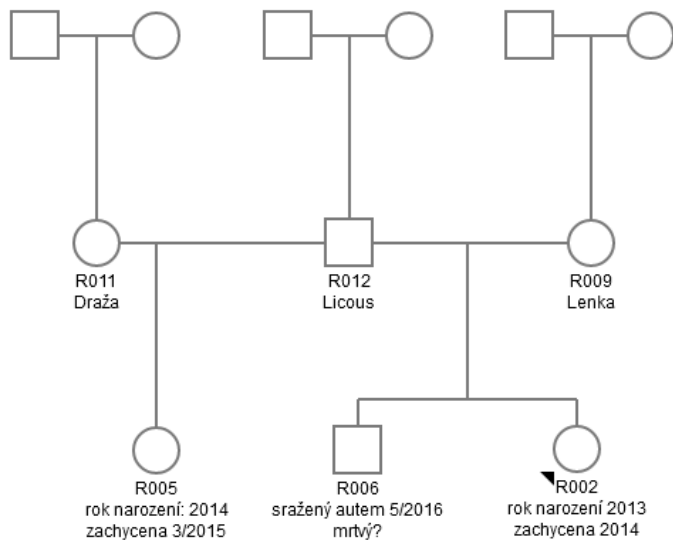
Pomocí programu Cervus byl odhalen alespoň jeden rodič pro 10 potomků (Tab. 3.3.5). Výběr možných potomků probíhal na základě informací o nálezu vzorku (např. uhynulé mládě), z monitoringu pobytových znaků (vzorek pocházel ze stopování matky s mládětem, přičemž genotyp matky byl již znám) a dat získaných pomocí fotomonitoringu. Na základě výstupů z programu ML-Relate a Cervus ve spojení s informacemi z monitoringu pobytových znaků a fotomonitoringu bylo možné sestavit dva rodokmeny – obr. 3.3.5 pro Beskydy a obr. 3.3.6 pro Javorníky.

Tab. 3.3.4 Maximální pravděpodobnostní odhady příbuzenských vztahů zjištěné v ML-Relate. 1 = vztah prvního stupně, 2 = vztah druhého stupně, N = žádný vztah. Jedinci označení písmenem J pocházejí z Javorníků, jedinci označení písmenem B z Moravskoslezských Beskyd, jedinec z Jizerských hor je označený písmenem Z. V rámečku jsou vyznačeny odhady vztahů mezi jedinci z Beskyd a Javorníků navzájem.

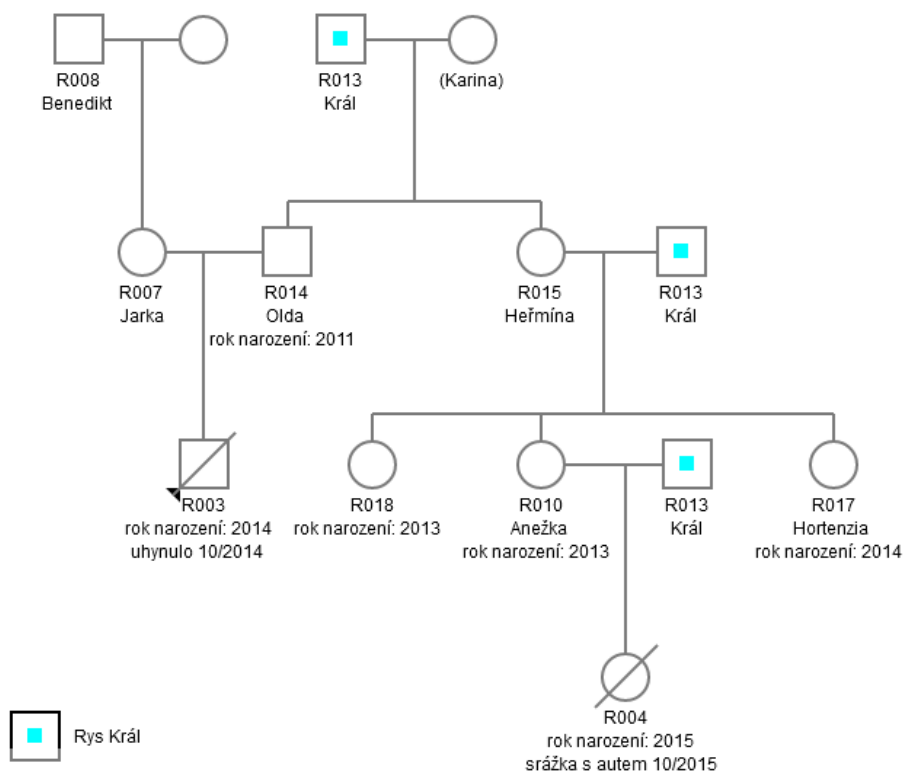
	R001J	R003J	R004J	R007J	R008J	R010J	R013J	R014J	R015J	R017J	R018J	R002B	R005B	R006B	R009B	R011B	R012B	R016Z
R001J	-																	
R003J	N	-																
R004J	N	N	-															
R007J	N	1	N	-														
R008J	N	N	N	1	-													
R010J	N	2	1	N	N	-												
R013J	N	1	1	N	N	1	-											
R014J	N	1	N	N	N	2	1	-										
R015J	N	1	N	N	N	1	1	1	-									
R017J	N	1	1	N	N	1	1	1	1	-								
R018J	N	1	N	N	N	N	1	1	1	1	-							
R002B	2	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	-						
R005B	N	N	N	N	N	N	N	2	N	N	N	N	-					
R006B	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	1	2	-				
R009B	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	1	N	N	-			
R011B	N	N	N	N	2	2	N	N	N	N	N	N	1	N	N	-		
R012B	2	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	1	1	1	N	N	-	
R016Z	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	N	-

Tab. 3.3.5 Výstup z analýzy rodičovství v programu Cervus. Rodič nalezený s pravděpodobností větší než 80 % je označen křížkem (+), rodič nalezený s pravděpodobností větší než 90 % je označen hvězdičkou (*). Rodič neoznačený žádným symbolem byl nalezen jako nejpravděpodobnější kandidát, ale vztah není signifikantní (buď jedinec opravdu není rodičem, nebo rodičem může být, ale například kvůli sdílení velmi běžných alel na většině lokusů se vztah jeví jako nepravděpodobný).

Potomek	Matka	LOD skóre		Otec	LOD skóre	
Beskydy						
R002F	R009F (Lenka)	2,397	+	R012M (Licous)	4,635	*
R005F	R011F (Dražka)	2,721	+	R012M (Licous)	2,304	+
R006M	R009F (Lenka)	-1,189		R012M (Licous)	6,894	*
Javorníky						
R003M	R007F (Jarka)	1,159		R014M (Olda)	2,933	+
R004F	R010F (Anežka)	4,693	*	R013M (Král)	3,930	*
R007F (Jarka)				R008M (Ben)	3,778	*
R010F (Anežka)	R015F (Heřmína)	2,701	+	R013M (Král)	1,180	+
R014M (Olda)				R013M (Král)	1,826	+
R015F (Heřmína)				R013M (Král)	4,976	
R017F (Hortenzie)	R015F (Heřmína)	2,293		R013M (Král)	1,859	+
R018F	R015F (Heřmína)	2,201	+	R014M (Olda)	4,176	+
				R013M (Král)	3,132	



Obr. 3.3.5 Rodokmen rysů v Moravskoslezských Beskydech. Aby bylo zřejmé, že rysice Draža, Lenka a rys Licous jsou si navzájem nepříbuzní (tab. 3.3.4), jsou zde vyznačeni i jejich rodiče, které jsme však v projektu nezachytili.



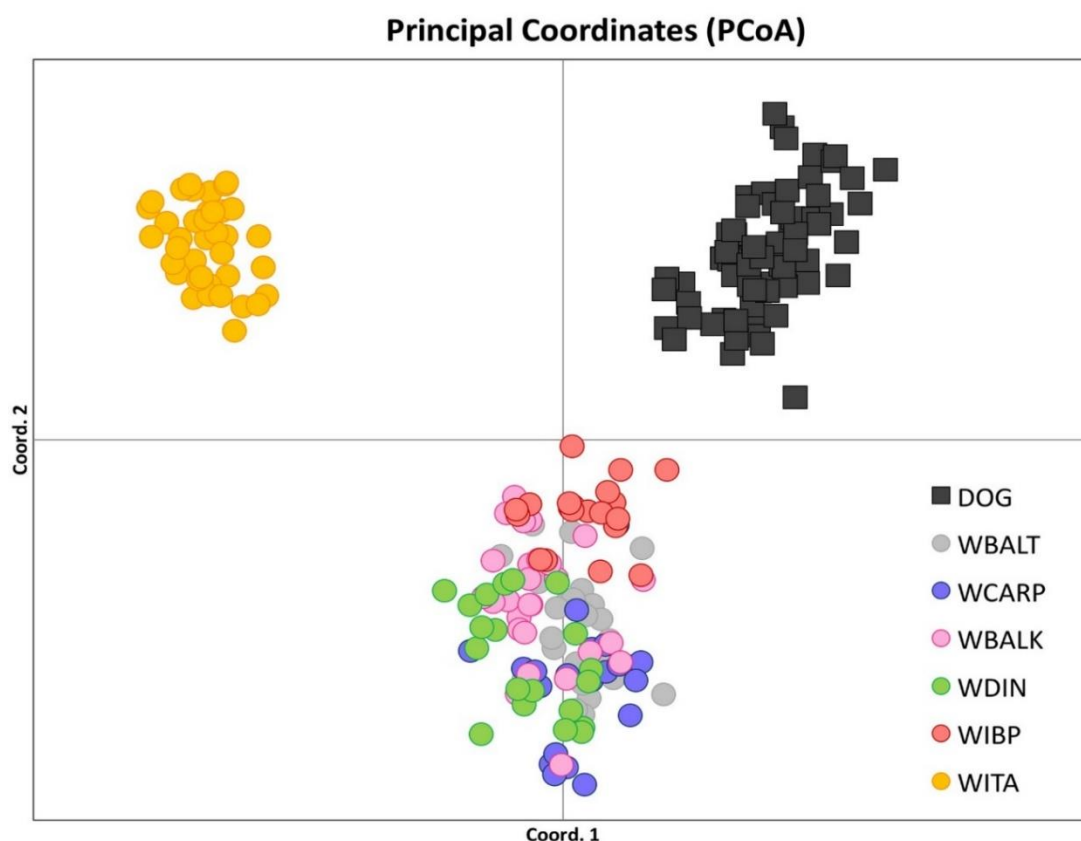
Obr. 3.3.6 Rodokmen rysů v Javorníkách. Lze si povšimnout rysa Krále, který se několikrát pářil se svými potomky, jak naznačuje i analýza v Cervusu (tab. 3.3.5).

3.3.2 Vlk obecný

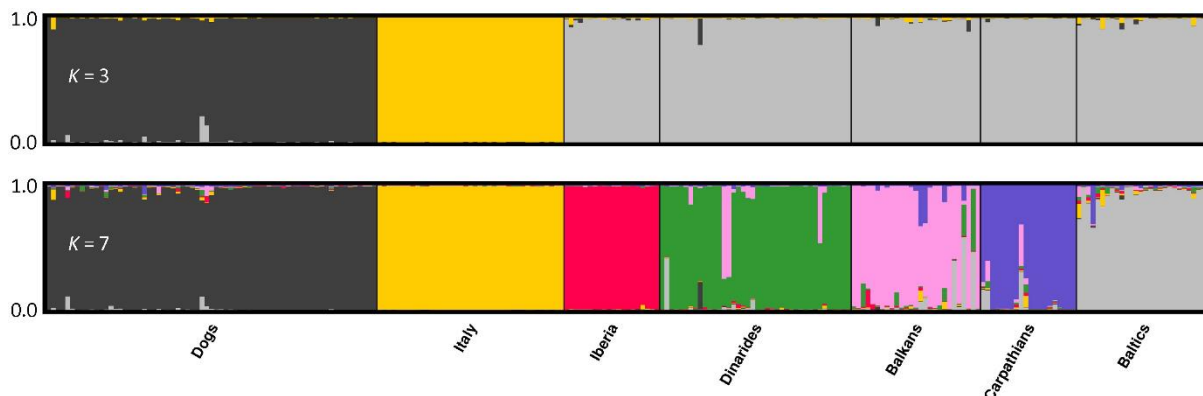
Celkově bylo zpracováno 793 vzorků ze střední Evropy. Úspěšnost amplifikace mitochondriálního markeru byla 75% a úspěšnost amplifikace mikrosatelitů 43%. Analýzy stěrů ze zbytků kořisti nepřinesly uspokojivé výsledky. Ve většině případů se jednalo o do značné míry zkonsumované kadávery.

Na naše území v současnosti zasahují svým dynamickým okrajem dvě populace vlka obecného, střeoevropská nížinná populace (odvozená z Baltské populace) a Karpatská populace. Obě tyto linie jsou bezprostředně příbuzné ostatním evropským populacím, s výjimkou populace z Apeninského poloostrova (Obr. 3.3.7), při podrobnější analýze je však zřejmé, že představují samostatné jednotky (Obr. 3.3.8). Parametry populační variability nevybočují z hodnot typických pro další evropské populace (střeoevropská nížinná a karpatská populace $H_o=0.678$ a 0.691 , $H_d=0.67$ a 0.63). Mikrosatelitová data u střeoevropské nížinné populace vykazují poněkud nižší variabilitu, což naznačuje patrně vliv efektu hrdla láhve při rychlé kolonizaci nového území – mezi zakladateli nové populace byl relativně malý počet jedinců.

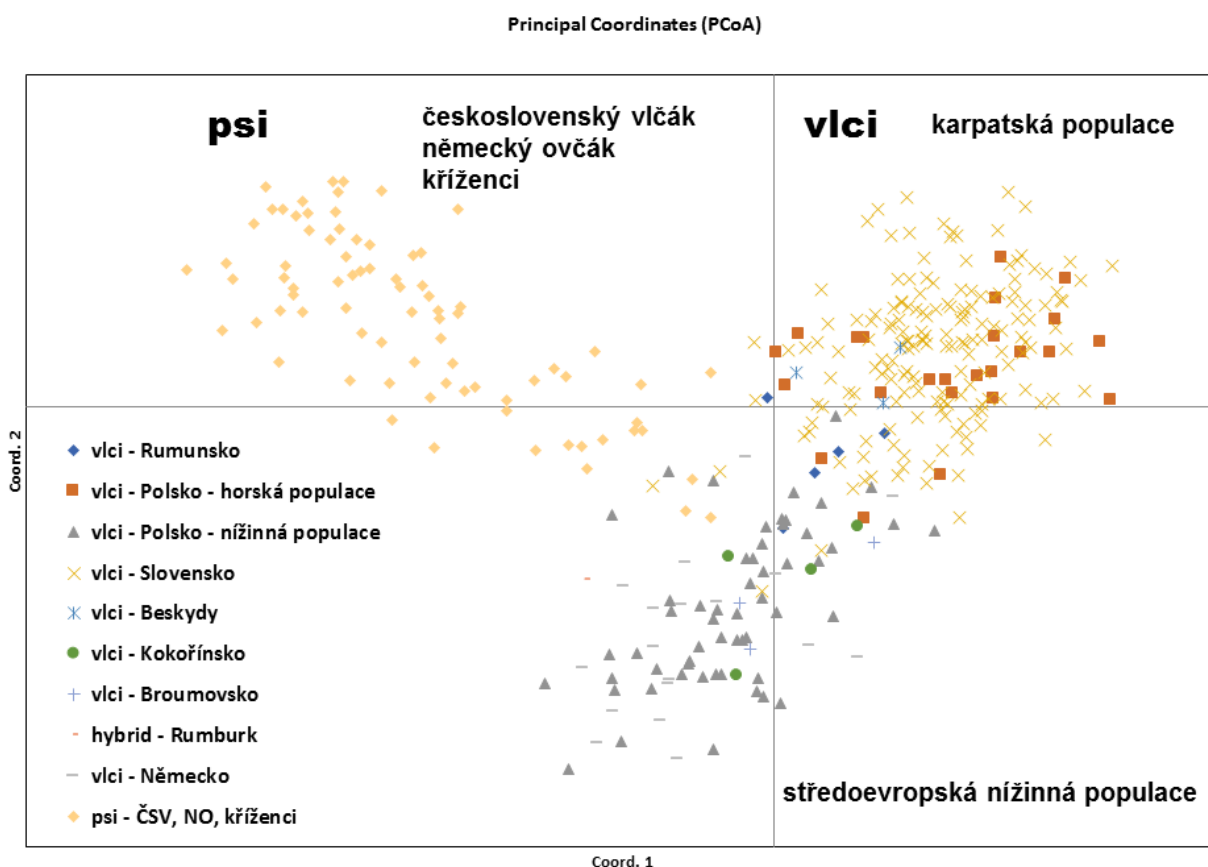
Vzhledem k velmi vzácnému výskytu reprodukce tohoto druhu na našem území se část studie zaměřila zejména na identifikaci zdrojových populací jedinců dispergujících na naše území, přičemž byla využita přeshraniční spolupráce a vzorky pro porovnání ze sousedních zemí (Obr. 3.3.9).



Obr. 3.3.7 Klastrová analýza spočtená na základě mikrosatelitových dat ukazující vzájemné vztahy evropských populací vlka a psa (Montana et al. in press). DOG (psi), WBALT (baltská populace, ze které je odvozená střeoevropská nížinná populace), WCARP (západokarpatská populace), WBALK (balkánská populace), WDIN (dinárská populace), WIBP (iberská populace), WITA (italská populace).



Obr. 3.3.8 Analýza v programu Structure ukazující vztahy a unikátní status jednotlivých evropských populací vlka (Montana et al. in press.). Karpatská populace je označena modře a baltská (která dala vzniknout středoevropské nížinné populaci) šedě.



Obr. 3.3.9 PCoA analýza vypočtená na základě mikrosatelitových dat, zobrazující vztahy zkoumaných populací a příslušnost jedinců z České Republiky ke středoevropským populacím

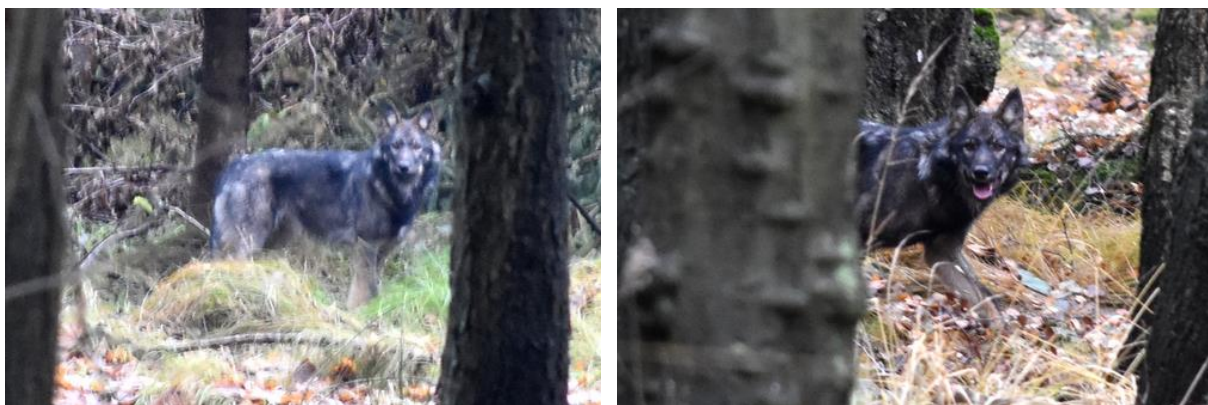
Středoevropská nížinná populace

Výskyt příslušníků středoevropské nížinné populace byl geneticky ověřen v oblasti Podbezdězí, na Broumovsku a v okolí Rumburka. V Podbezdězí byli geneticky identifikováni 4 různí jedinci. Zjištěný mitochondriální haplotyp w1 je u středoevropské nížinné populace velmi běžný (a

naprosto převažuje u německé populace). Mikrosatelity naznačují původ zakládající samice kokořínské smečky v Sasku (poblíž Daubanu). Tři jedinci byli potvrzeni v roce 2014, analýzy uhynulého jedince nalezeného v roce 2015 u Brennė vykazují s těmito zvířaty příbuzenské vztahy s 50% sdílené genetické informace (tedy vztah potomek – rodič nebo vztah mezi sourozenci).

Na Broumovsku byli pomocí mikrosatelitů potvrzeni 3 vlci ze srpna 2016 na různých místech lesního komplexu na hranici s Polskem poblíž Zdoňova. Vyskytuje se u nich haplotyp w1 a i podle mikrosatelitů patří k středoevropské nížinné populaci. Byly mezi nimi zjištěné příbuzenské vztahy prvního stupně (rodič – potomek nebo sourozenci, mezi jedinci Br01 a Br02 není žádný nesoulad (mismatch) v genetickém markeru (LOD skóre 3.6596), jedinec Br03 má jeden nesoulad k jedincům Br01 a Br02). Předběžné analýzy provedené ve spolupráci s Varšavskou univerzitou ukázaly, že tito vlci jsou blízce příbuzní se smečkami z oblasti „Bory Dolnoslaskie“, lesního komplexu při hranicích s Německem, asi 100 km severozápadně od Broumova.

Z oblasti poblíž Rumburka byl v roce 2016 analyzován vzorek jedince, který vykazoval podle zbarvení známky hybridizace mezi vlkem a psem. Genetická analýza mitochondriální DNA ukázala přítomnost haplotypu w1 a analýza mikrosatelitů (18 + 13 lokusů) potvrdila, že zvíře je pravděpodobně F1 hybrid mezi příslušníkem středoevropské vlčí populace a psem (Obr. 3.3.10). Tato hypotéza byla dále potvrzena pomocí genomického přístupu (analýza SNP markerů). Analýza mikrosatelitů naznačuje, že matka tohoto křížence pochází ze Saska (ze smečky od Daubanu). V roce 2015 byl výskyt této samice několikrát zaznamenán poblíž Cunewalde poblíž česko-německých hranic.



Obr. 3.3.10 Kříženec vlka a psa, vyfotografovaný v okolí Rumburku. Jedná se pravděpodobně o sourozence zvířete, jehož tkáň byla analyzována (Foto: R. Neckář)

Karpatská populace

Karpatská populace zasahuje na naše území jen na východě v oblasti Beskyd. Přítomnost vlka byla geneticky potvrzena u pobytových stop (trusu) z listopadu 2006 ze Vsetínských vrchů, 2014 z okolí Smrku a u mladé vlčice sražené autem 8. července 2012 na silnici u Krhové u Valašského Meziříčí. Tato data představují první přímé důkazy výskytu vlka obecného v oblasti Beskyd od roku 1914, kdy je datován poslední doložený zástřel u Bukovce (Hošek 1976). Ve dvou případech byl zjištěn haplotyp w6, který náleží do jiné větve než haplotypy běžné u

středoevropské nížinné populace a je běžný u vlků v západních Karpatech na Slovensku i v Polsku. Mezi jedinci nebyly zjištěny příbuzenské vazby. Větší variabilita mikrosatelitových markerů může souviset s jinou demografickou historií této populace bez recentní expanze. Roli však může hrát i absence trvalého výskytu a stabilních smeček v oblasti, která představuje okraj areálu a vlci se zde v poslední dekádě i během období studie objevovali jen nepravidelně (Kutal et al. 2016, tato studie, kap. 3.1.3).

3.4 Výskyt kočky divoké

Bylo zmonitorováno 24 evropsky významných lokalit pomocí 52 stanic. Celkově fotopasti monitorovaly 8940 dní. V rámci monitoringu EVL se zaměřením na kočku divokou se nepodařilo výskyt tohoto druhu prokázat na žádné z vybraných EVL.

V rámci projektu jako celku se podařilo prokázat (fotograficky) ojedinělý výskyt kočky divoké v EVL Beskydy, a sice 30. 3. 2015, ve čtverci 6775. Toto pozorování zapadá k souboru ostatních recentních pozorování a spolu s nimi naznačuje disperzní povahu výskytu koček divokých v celé této oblasti jak na české tak slovenské straně hranice.

Trvalý výskyt kočky divoké se podařilo opakovaně prokázat pouze v těsné blízkosti EVL Bílé Karpaty, a sice na Vršatecku v CHKO Biele Karpaty. Jeví se pravděpodobné, že zde žije více jedinců koček divokých. Byly pořízeny také fotografie mlád'at s podezřením na hybridizaci mezi kočkou divokou a domácí. Tato pozorování byla učiněna sice mimo rámec projektu, ale jsou velmi cenná, neboť se jedná o první důkazy trvalého výskytu koček divokých za řekou Váh, která bývá uváděna, jako hranice trvalého výskytu koček divokých na Slovensku. Tato skutečnost má samozřejmě velký vliv i na výskyt koček divokých v ČR.

Fotomonitoring EVL za účelem zjistit výskyt kočky divoké na nových lokalitách sice nepřinesl výsledky, v jaké jsme doufali, nicméně nám pomohl zjistit, že se v daných lokalitách kočka divoká nevyskytuje trvale a recentní pozorování tak s největší pravděpodobností přísluší rozptylujícím se jedincům či prvním pokusům o rekolonizaci vhodných území. Pomohl nám tedy poznat současný stav výskytu koček divokých v ČR a významně pomohl poznat i nejbližší populační zdroje pro šíření na území ČR. Cenná pak byla i možnost posoudit vhodnost vybraných území pro výskyt zájmového druhu přímo v terénu.

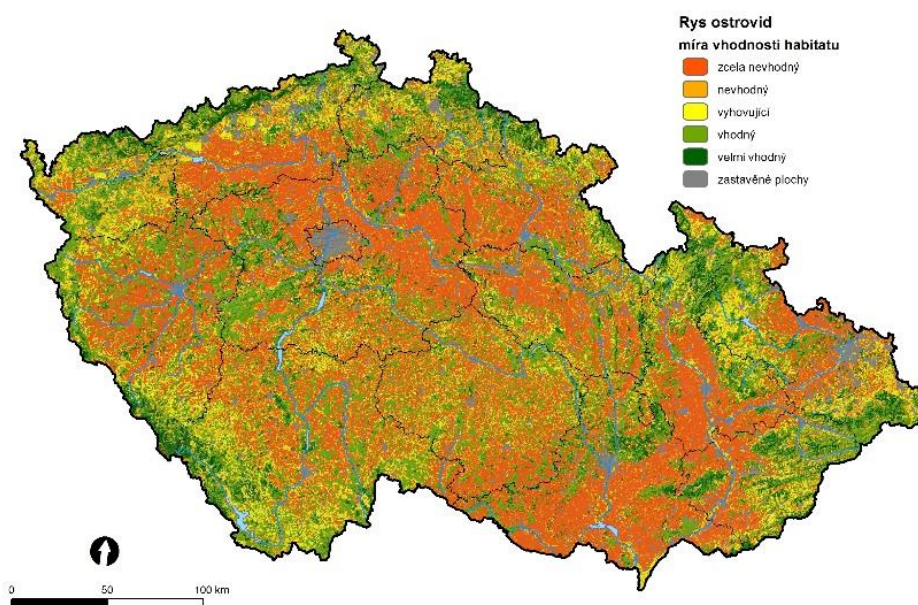
3.5. Habitatová analýza výskytu šelem & predikční model šíření

V rámci aktivity byly testovány rozdílné přístupy k hodnocení habitatových preferencí a modelování potenciálního výskytu, nakonec byl využit široce využívaný přístup „Maximum Entropy“, pro který byl vyvinut specializovaný nástroj MAXENT (Phillips et al. 2006). Uvedeným postupem byly připraveny habitatové mapy představující míru vhodnosti habitatu pro všechny velké šelmy ČR:

3.5.1 Rys ostrovid

Výsledek habitatové analýzy výskytu rysa ostrovida výrazně převyšuje ostatní výstupy robustností modelu vzhledem k násobně vyššímu počtu nálezových dat, které jsou pro tento

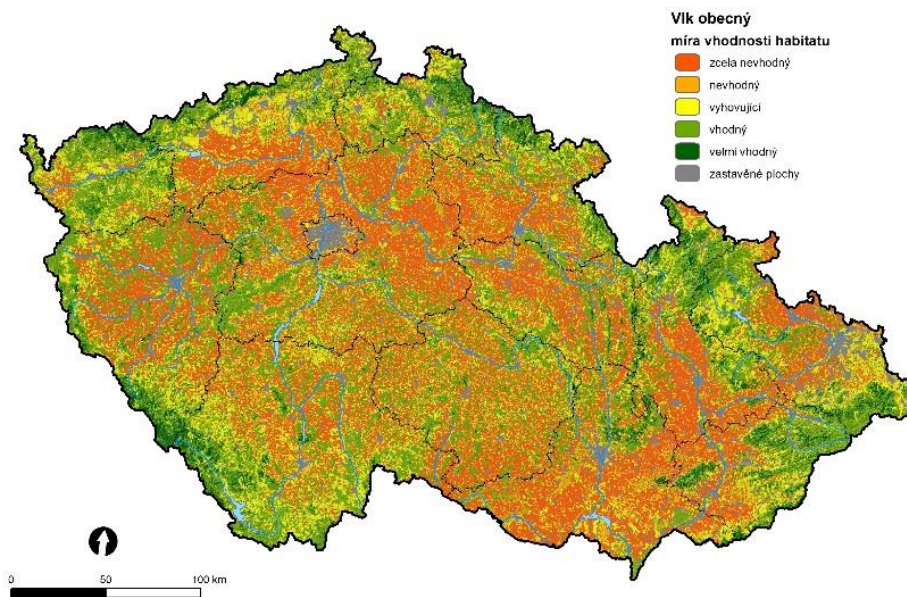
druh v ČR k dispozici. Zásadním přínosem je také dostupnost metodicky odlišně pořizovaných datasetů (nálezová databáze, monitoring pomocí fotopastí, telemetrická data), které umožňují vzájemné porovnání výsledků a především verifikaci modelu. V případě rysa ostrovida byly jako nejvhodnější habitaty definovány lesní ekosystémy s přirozenou dřevinnou skladbou, rozmanitou strukturou porostu a nízkým stupněm antropogenního rušení. Urbánní plochy, intenzivně využívaná zemědělská krajina, především s velkými půdními bloky a minimem rozptýlené vegetace se logicky ukazuje jako zcela nevhodná. Mozaika izolovaných ostrůvků vhodných habitatů ovšem obklopených maticí nevhodných ploch (typicky orné půdy) představuje z hlediska prostorových nároků rysa ostrovida rovněž nevhodné prostředí k trvalému výskytu (Obr. 3.5.1).



Obr. 3.5.1 Míra vhodnosti habitatu rysa ostrovida

3.5.2 Vlk obecný

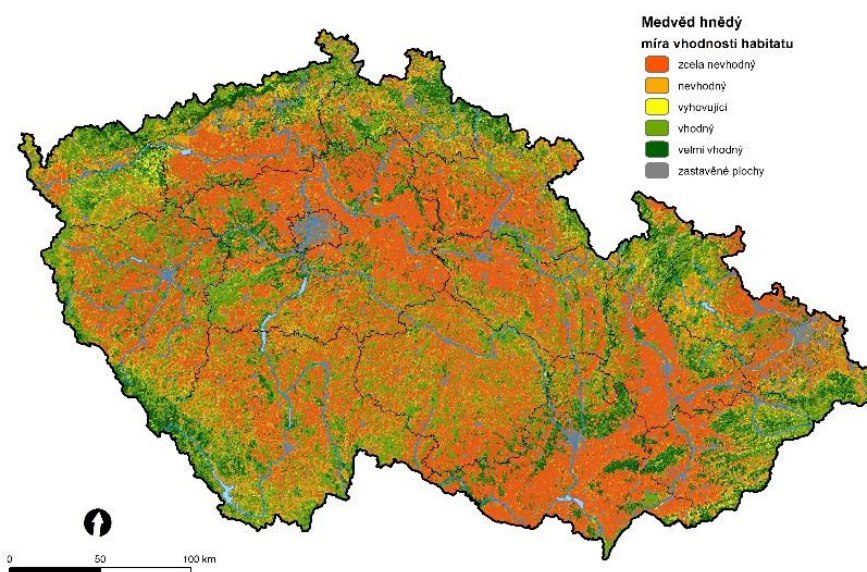
V případě vlka obecného je modelování vhodného habitatu o poznání problematičtější, protože se jedná o expandující druh, který kolonizuje nová území s často odlišnými přírodními i habitatovými podmínkami, než dosud vykazují obsazené okrsky. Navíc v případě habitatového generalisty, jakým vlk obecný je, je třeba přistupovat k interpretaci výsledků obzvlášť opatrně. Z porovnání s výstupem habitatové analýzy rysa ostrovida vyplývá, že preference vlka zahrnují širší nabídku prostředí, přesto se alespoň v rámci současného výskytu vyhýbá urbanizovaným územím a intenzivně obhospodařovaným zemědělským oblastem. Jedná se o typicky ekotonový druh, který vyhledává rozhraní lesa a extenzivně využívaného bezlesí (louky, pastviny). Proto i predikce jeho potenciálního budoucího výskytu zahrnuje nejen lesnaté komplexy, ale i rozsáhlé oblasti Českomoravské vrchoviny, Nízkého Jeseníku či podhorské polohy pohraničních hor, kterým dominuje mozaikovitá lesně-polní, resp. lesně-luční krajina (Obr. 3.5.2).



Obr. 3.5.2 Míra vhodnosti habitatu vlka obecného

3.5.3 Medvěd hnědý

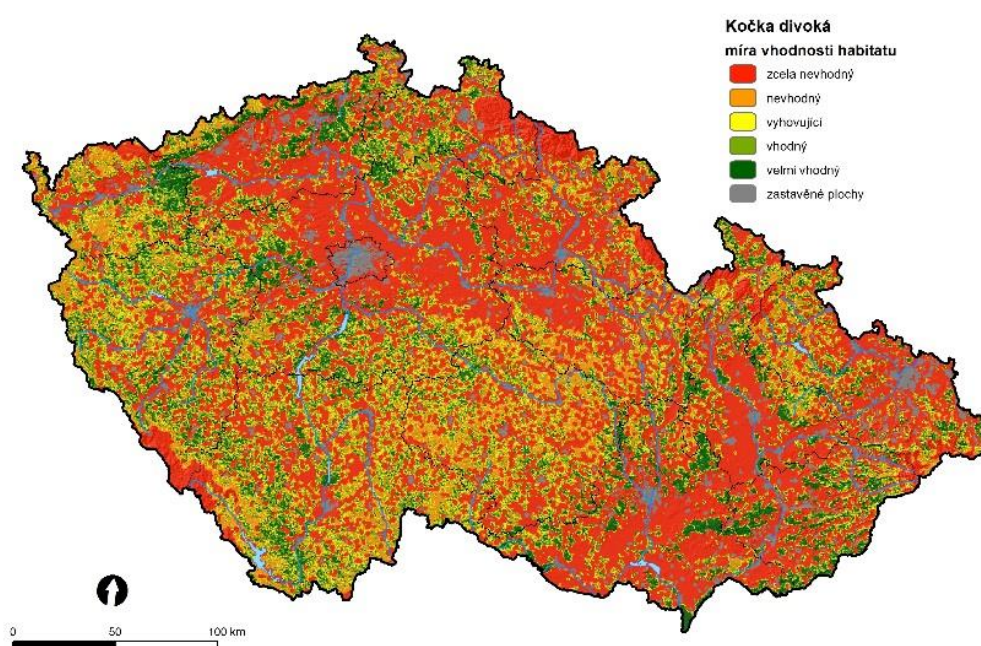
Podobně i v případě habitatového modelu medvěda hnědého je třeba upozornit na limity interpretace. Nálezová data medvěda hnědého se vyskytují téměř výlučně v oblasti Moravskoslezských Beskyd, Javorníků a na několik málo dalších lokalitách Západních Karpat. Celkově nízký a prostorově nevyvážený počet nálezových dat neumožňuje hlubší analýzu výstupů modelu, který v souladu se známými skutečnostmi ukazuje typické preferované habitaty – především smíšené či listnaté lesní komplexy s přirozenou dřevinnou skladbou, s minimálním rušivým vlivem člověka.



Obr. 3.5.3 Míra vhodnosti habitatu medvěda hnědého

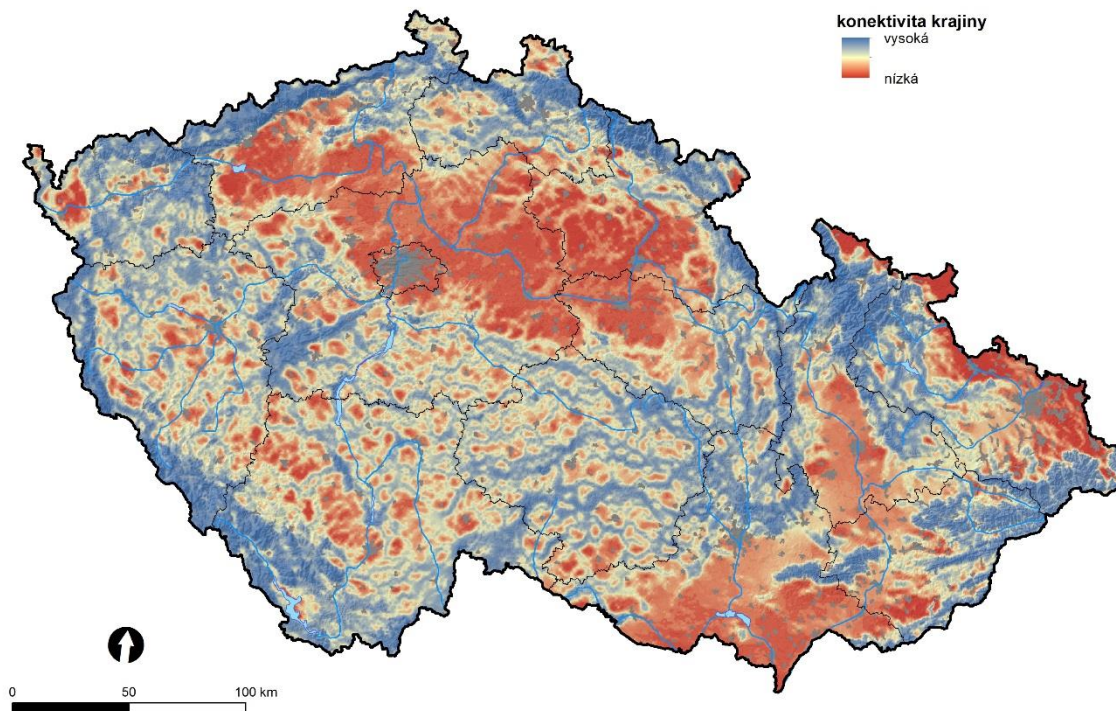
3.5.4 Kočka divoká

Nálezová databáze kočky divoké, jako skrytě žijícího druhu, neposkytuje potřebné datové možnosti pro zpracování habitatového modelu s využitím tradičních statistických postupů. Až na ojedinělé záznamy pořízené zejména v rámci tohoto projektu lze využít jen historická data, která reflektují již zaniklý charakter krajiny. Proto bylo využito expertního přístupu, který kombinoval několik základních datových podkladů, přeškálovaných dle významu vlivu na potenciální výskyt tohoto druhu. Výsledkem je mapa na obr. 3.5.4, která ukazuje oblasti s nejvhodnějšími habitaty kočky divoké – listnaté a smíšené lesy nížin, pahorkatin až vrchovin, suťové lesy s pestrou vnitřní strukturou, typicky v zaklesnutých říčních údolích.



Obr. 3.5.4 Míra vhodnosti habitatu kočky divoké

Nad jednotlivými výstupy habitatových analýz byla následně hodnocena prostupnost krajiny za účelem predikce možného šíření zájmových druhů. Vzhledem k nedostatku dat nutných pro verifikaci modelu bylo upuštěno od přípravy disperzních modelů vlka obecného, medvěda hnědého a kočky divoké, a jako modelový druh pro tento typ analýzy byl zvolen rys ostrovid. S využitím nástroje CIRCUITSCAPE byla modelována konektivita krajiny nad povrchem rezistence, kdy je cílem propojit všechna jádrová území, resp. nášlapné kameny (území vhodného habitatu splňující vedle kvality i prostorové nároky zájmového druhu). Výsledkem modelu je spojená síť, propojující všechny definované plošky vhodného habitatu, která zároveň ukazuje nejpravděpodobnější zóny budoucí disperze a možného propojení dosud izolovaných populací.



Obr. 3.5.5 Konektivita krajiny pro rysa ostrovida

4. Diskuze

4.2.1 Rys ostrovid

Rys ostrovid byl v zájmovém území častěji zjištěn pouze v Beskydech. Trvalý výskyt populace v severních či východních Čechách nebo v Jeseníkách, k čemuž dávaly předpoklad poslední rešerše (Flousek et al. 2014a, 2014b), se nepotvrdil. Navzdory intenzivnímu fotomonitoringu a sledování pobytových znaků byl rys zjištěn jen ojediněle v Jizerských horách, Jeseníkách a náhodným (zdokumentovaným) pozorováním také v Krkonoších. V případě Jizerských hor mohlo jít o jedince, který se na území v době výzkumu vyskytoval trvale, protože byl zjištěný opakovaně různými metodami. V případě Jeseníků se jednalo pouze o jeden záchyt na fotopasti následující asi 2 měsíce po nálezů stopních drah v Nízkém Jeseníku. Ani na jednom místě se již rys později neobjevil. Předpokládáme, že se tedy jednalo o rozptylující se zvíře a nelze vyloučit, že šlo o rysa, zjištěného v září 2016 v Moravském krasu (potvrzené přímé pozorování). Dobrou možnost rozptylu mezi Jeseníky a Moravským krasem předpokládá i model konektivity krajiny pro rysa ostrovida (Obr. 3.5.5).

Jediná rozmnožující se populace mimo JZ Čechy se tak nachází v Beskydech, konkrétně v Moravskoslezských Beskydech a v Javorníkách. Pět rozmnožujících se samic představuje významný nárůst ve srovnání se stavem mezi lety 2008–2013 (Kutal et al. 2013). Vzhledem tomu, že většina samic byla zjištěna pomocí fotopastí, může se částečně jednat o důsledek intenzivnějšího nasazení fotopastí, i když ty byly v klíčových oblastech využívány již od zimy 2011/2012 (Kutal 2014). Distribuční mapy ukazují relativně malou obsazenost kvadrátů na severovýchodní části Moravskoslezských Beskyd a ve Vsetínských vrších. To

odráží i celkově nízkou populační hustotu 0,4 jedinců na 100 km². V rámci obdobných studií se jedná o minimum rozsahu populačních hustot 0,4–2,9 popsanych ve Švýcarsku nebo v Německu (Weingarth et al. 2012; Zimmermann et al. 2012; Zimmermann et al. 2013; Pesenti & Zimmermann 2013). Také ve srovnání s populací v Kysuckých Beskydech a Kysucké vrchovině (Duřa 2016) je populační hustota v Beskydech významně nižší.

Na základě zjištěných hodnot genetické variability se zdá, že beskydská populace dosahuje středních hodnot, minimálně ve středoevropském prostoru (průměrná pozorovaná heterozygotnost $H_o = 0,536$, očekávaná heterozygotnost $H_e = 0,507$, průměrný počet alel na lokus $N_A = 3,71$). Hodnoty průměrné pozorované heterozygotnosti byly vyšší než u populace ze Šumavy ($H_o = 0,467$), srovnatelné s karpatskou populací na Slovensku ($H_o = 0,537$), a nižší než u populace z Ruska ($H_o = 0,657$) (Krojerová et al. 2014). Zde bylo využito stejné sady mikrosatelitů a výsledky jsou tak přímo srovnatelné. Nepřímé porovnání je možné například s populací dinárskou ve Slovinsku a Chorvatsku, která vznikla reintrodukcí čtyř rysů z karpatské populace a její variabilita zjištěná na 19 mikrosatelitech je nižší ($H_o = 0,471$, $N_A = 3,11$, (Sindičić et al. 2013). Podobných hodnot dosahuje například populace skandinávská ($H_e = 0,500$, $N_A = 3,50$), která prošla v první polovině 20. století silným bottleneckem a byla na pokraji vymření (Ratkiewicz et al. 2014). Vyšší variabilita byla naopak zaznamenána u rysů v severovýchodním Polsku ($H_o = 0,649$, $N_A = 4,33$), nebo v Lotyšsku ($H_o = 0,662$, $N_A = 5,83$) a Estonsku ($H_o = 0,613$, $N_A = 5,00$) z důsledku napojení těchto populací na zdrojovou populaci v Rusku (Schmidt et al. 2009).

Průměrný koeficient inbreedingu pro všechny lokusy se nelišil od nuly, což naznačuje, že na celopopulační úrovni se efekt inbreedingu neprojevuje, i když zde k příbuzenskému křížení s vysokou pravděpodobností dochází, jak je patrné z analýz příbuznosti a sestavených rodokmenů. Vysoká hodnota individuálního koeficientu inbreedingu byla pozorována u jedince R004. Že jde o jedince nejvíce zasaženého příbuzenským křížením je patrné i z rodokmenu (obr. 3.3.6). Bylo by proto vhodné populaci dále z tohoto ohledu sledovat a detailněji analyzovat frekvenci příbuzenského křížení a jeho dopady na fitness.

Pozorovaná genetická struktura je ovlivněna příbuzenskými vztahy, kdy analýzou v programu Structure bylo odlišeno 8 z 11 jedinců z Javorníků (R003, R004, R010, R013, R014, R015, R017, R018), kteří jsou si všichni navzájem blízce příbuzní, viz rodokmen (obr. 3.3.6). Dosud nevyřešený je původ jedince z Jizerských hor, který se zdá být od ostatních rysů geneticky velmi odlišný, jak naznačila FCA analýza. Předběžné výsledky porovnání i s dalšími jedinci ze Šumavy a Slovenska (Turbaková et al., nepublikovaná data) tento výsledek podporují. Je možné, že nejde o poddruh rysa karpatského (*L. l. carpathicus*), ale o jiný poddruh, jehož výskyt se v České republice dosud nepředpokládal. Tomu nasvědčuje i analýza jednoho vzorku srsti rysa nalezeného v Polsku nedaleko Jizerských hor a Krkonoš, kdy výsledky naznačily možný původ rysa z litevsko-estonské populace v Pobaltí (*L. l. lynx*). Vzorek srsti však byl malý a výsledky nebyly úplně spolehlivé a věrohodné (Flousek et al. 2014b). Další záznam o výskytu rysa asi 200 km vzdušnou čarou na sever od Jizerských hor pochází ze západního Polska nedaleko města Gorzów Wielkopolski (Nowak et al. 2013). Jak dokládá i zaznamenaný přesun rysa ve Skandinávii o délce 428 km, rys je schopný překonat značné vzdálenosti (Samelius et al. 2012). Ani dva vzorky získané v tomto projektu neposkytují úplně spolehlivé výsledky a pro

rozluštění této záhady by bylo potřeba získat další čerstvé vzorky, porovnat je s polskými populacemi a využít též jiné genetické markery, například mitochondriální DNA.

Velikost populace pro Moravskoslezské Beskydy a Javorníky byla odhadnuta na 8–12 jedinců na sezónu (tj. většinou zimní období, kdy probíhal sběr vzorků). V Javorníkách byl v každé sezóně zjištěn větší počet jedinců (5–6), než v Beskydech (2–3). Avšak nízký počet rysů v Beskydech zjištěných pomocí genetických analýz je spíše dán méně úspěšným ovzorkováním a genotypizací, protože na základě výsledků z fotomonitoringu se zde pohybuje o 2–3 jedince víc. I když se beskydsko-javornická populace jeví jako malá, nelze pozorovat ohrožení v důsledku ztráty genetické variability. Pravděpodobně je to díky kontaktu se zdrojovou populací na Slovensku a v Polsku. Například rys Ľubo se v průběhu fotomonitoringu pravidelně objevoval jak v Javorníkách, tak za řekou Kysuca v Kysucké vrchovině a v Kysuckých Beskydech. Dalo by se předpokládat, že i díky kontaktu se zdrojovou populací a možnému přísunu jedinců se rys bude šířit po obsazení vhodných míst v Beskydech a Javorníkách i do okolních pohoří, jako jsou Bílé Karpaty, Hostýnské vrchy nebo Slezské Beskydy, avšak toto zatím pozorováno ve větší míře nebylo. I v Beskydech a Javorníkách jsou stále vhodné, ale neobsazené oblasti (viz výše). Kromě pytláctví jsou jednou z hlavních příčin ohrožení srážky s motorovými vozidly, kdy jen v průběhu projektu byly v Beskydech zaznamenány tři srážky rysa s motorovým vozidlem.

4.2.2. Vlk obecný

Ačkoliv výskyt vlka obecného byl při zahrnutí všech metod monitoringu včetně dat z externích zdrojů zjištěn na řádově podobném množství kvadrátů jako v případě rysa ostrovida, velkou část záznamů pravděpodobně představují rozptylující se jedinci. Intenzivní fotomonitoring prokázal v létě 2015 rozmnožování jedné, v roce 2016 již dvou smeček v severních a východních Čechách, u nichž se podařilo prokázat po srovnání s daty z okolních států genetickou příbuznost ke střeoevropské nížinné populaci v Německu a Polsku. To je očekávané vzhledem k aktuální expanzi střeoevropské nížinné populace (Nowak & Mysłajek 2016) a dá se předpokládat, že podobný trend bude na našem území mít i v dalších letech.

V oblasti Šluknovska existují záznamy o pronikání vlků ze Saska od roku 2012 (J Flousek et al. 2014) a až do roku 2014 zde byla doložena přítomnost rozmnožující se smečky, označované jako Hohwald (LUPUS 2016). Původ samice hohwaldské smečky je dobře znám: jedná se o vnučku prvního páru, který se v Německu usadil v roce 2000 v oblasti Muskau a dceru reprodukčně velmi úspěšné samice ze smečky Seenland, která za život porodila minimálně 37 vlčat (G. Kluth, in litt). Samec této hohwaldské smečky pocházel pravděpodobně z jiné oblasti, protože jeho genotyp je v této části Saska velmi vzácný (G. Kluth, in litt). Existují neověřené informace, že smečka byla v letech 2014–2015 upytlačena a v současnosti území obývá pouze samice, která je potomkem původní hohwaldské smečky (LUPUS 2016). Identifikovaný kříženec byl zjištěn východněji, v okolí Rumburka a jeho matka, která se pohybovala v oblasti Cunewalde, má původ v jiné smečce – Dauban (Jarausch et al. 2016).

Ve střeoevropské nížinné populaci se jedná o jediný geneticky doložený případ hybridizace od roku 2003, kdy byla hybridizace zjištěna v okolí Neustadt v Sasku (Jarausch et al. 2016), pravděpodobně v důsledku Alee efektu, tedy problémem s nalezením partnera při nízké populační hustotě, jako je právě okraj expandující střeoevropské nížinné populace.

Pravděpodobnost podobných případů se po ustanovení stabilní populace významně snížila. Kromě rizika introgrese psích genů do vlčí populace mohou mít kříženci také zvýšenou tendenci napadat dobytek nebo se chovat méně plaše. Evropští odborníci sdružení v expertní skupině IUCN *Large Carnivore Initiative for Europe* proto doporučují urgentní eliminaci hybridů z volné přírody, hned, jak se podaří jejich přítomnost v populaci detekovat (Linnell et al. 2008; Boitani et al. 2015).

Středoevropská populace vlka byla odvozena z baltské populace a v současnosti osidluje zejména polské a východoněmecké nížiny (Pilot et al. 2010; Czarnomska et al. 2013). Zároveň má tato populace nižší genetickou diverzitu ve srovnání s populacemi se stabilní demografií, což může souviset s efekty hrdla láhve a dalšími demografickými procesy na okraji areálu.

Karpatská populace, vyskytující se v oblasti celého Karpatského oblouku, k nám zasahuje na východě našeho území v oblasti Beskyd. V posledních letech nebyla v této oblasti zjištěna přítomnost reprodukcí se jedinců navzdory blízkosti reprodukcí se smeček 10–50 km od českých hranic, což se neliší od dlouhodobého monitoringu prováděného v oblasti v letech 2003–2012 (Kutal et al. 2016). Přitom bylo prokázáno, že fluktuace na hranici souvislého areálu je ovlivňována lovem v jádrové oblasti karpatské populace na Slovensku. Bude třeba testovat, nakolik se částečné zlepšení managementu, ke kterému od roku 2013 došlo, promítá do popsané situace.

Geneticky byl v posledních letech ověřen výskyt tří různých jedinců. Tato zvířata jsou genetickou variabilitou mitochondriálních i mikrosatelitových markerů spojena s populací na západním Slovensku. Tato populace je do určité míry ekologicky adaptována na horské prostředí, také zde převládají mitochondriální haplotypy jiné větve ve srovnání se středoevropskou nížinnou populací (Pilot et al. 2010; Czarnomska et al. 2013).

4.2.3 Medvěd hnědý

Výskyt medvěda hnědého byl v letech 2015–2016 vázán jen na karpatskou oblast, což nevybočuje z dlouhodobého trendu minimálně od roku 2003 (Bojda et al. 2014). Ve sledovaném období však medvěd zcela absentoval v Moravskoslezských Beskydech a Vsetínských vrších. Ačkoliv se každoročně objevují neověřené zprávy o rozmnožování, reprodukci se zatím nepodařilo prokázat a vzhledem k značně fluktuujícímu charakteru výskytu ji zatím nepředpokládáme. V zimě 2015/2016 se však podařilo opakovaně zjistit medvěda ve východní části Javorníků a předpokládáme tedy jeho zimování a relativně trvalý výskyt v této oblasti.

4.2.4 Kočka divoká

Navzdory intenzivnímu monitoringu se výskyt kočky divoké podařilo potvrdit pouze na moravsko-slovenském pomezí (Javorníky a Vršatecko v CHKO Biele Karpaty) a v rámci souběžně probíhajícího fotomonitoringu rysa v Pošumaví se v druhé polovině roku 2016 podařilo získat záběry kočky divoké také v CHKO Šumava (J. Volfová in litt.). Výsledky tak potvrzují dřívější sporadický výskyt druhu, zjištěný v letech 2011–2013 rovněž v oblasti Javorníků a Pošumaví (Pospíšková et al. 2013) a v roce 2014–2015 v oblasti Českého lesa (Mináriková et al. 2015; Pospíšková 2016). Existence rozmnožující se populace tedy není na

území v ČR v současnosti pravděpodobná, ale vzhledem k relativně početným populacím na Slovensku i v Německu nelze do budoucna trvalejší výskyt kočky divoké vyloučit.

5. Literatura

- Adams, J.R. & Waits, L.P., 2007. An efficient method for screening faecal DNA genotypes and detecting new individuals and hybrids in the red wolf (*Canis rufus*) experimental population area. *Conservation Genetics*, 8, pp.123–131.
- Anděra, M. & Červený, J., 2009. *Velcí savci v České republice: Rozšíření, historie a ochrana. 2. Šelmy (Carnivora)*, Praha: Národní muzeum.
- Anděra, M. & Gaisler, J., 2012. *Savci České republiky: popis, rozšíření, ekologie, ochrana*, Praha: Academia.
- Belkhir, K. et al., 1996. GENETIX 4.03, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. *Laboratoire génome, populations, interactions, CNRS UMR 5000*, 5000, pp.1996–2004.
- Boitani, L. et al., 2015. *Key actions for Large Carnivore populations in Europe*, Roma: Istituto di Ecologia Applicata.
- Bojda, M. et al., 2014. Výskyt medvěda hnědého v letech 2003–2012 v karpatských pohóřích na česko-slovenském pomezí. In M. Kutal & J. Suchomel, eds. *Velké šelmy na Moravě a ve Slezsku*. Olomouc: Univerzita Palackého v Olomouci, pp. 100–108.
- Czarnomska, S.D. et al., 2013. Concordant mitochondrial and microsatellite DNA structuring between Polish lowland and Carpathian Mountain wolves. *Conservation Genetics*, 14(3), pp.573–588.
- Daniels, M.J. et al., 2001. Ecology and genetics of wild-living cats in the north-east of Scotland and the implications for the conservation of the wildcat. *Journal of Applied Ecology*, 38(1), pp.146–161.
- Duľa, M., 2016. *Početnost, populační hustota rysa ostrovida (Lynx lynx) v CHKO Kysuce a jeho potravní ekologie v porovnání s vlkem obecným (Canis lupus)*, Depon. in Masarykova univerzita, Brno.
- ESRI, 2013. ArcGIS Desktop: Release 10.2.
- Evanno, G., Regnaut, S. & Goudet, J., 2005. Detecting the number of clusters in individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology*, 14, pp.2611–2620.
- Falush, D., Stephens, M. & Pritchard, J.K., 2003. Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics*, 164, pp.1567–1587.
- Flousek, J. et al., 2014a. Současný výskyt rysa ostrovida (*Lynx lynx*) a vlka obecného (*Canis lupus*) v severním a severozápadním pohraničí České republiky. In M. Kutal & J. Suchomel, eds. *Velké šelmy na Moravě a ve Slezsku*. Olomouc: Univerzita Palackého v Olomouci, pp. 91–97.
- Flousek, J. et al., 2014b. Velké šelmy (Carnivora) v Krkonoších, Jizerských horách, Górach Stołowych a na Broumovsku. *Opera Corcontica*, 51, pp.37–59.

- Gopaldaswamy, A.M. et al., 2014. A Program to Estimate Animal Abundance and Density using Bayesian Spatially-Explicit Capture-Recapture Models.
- Goudet, J., 2001. FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices. Available at: <http://www.unil.ch/izea/software/fstat.html>.
- Guillot, G., Mortier, F. & Estoup, A., 2005. Geneland: a computer package for landscape genetics. *Molecular Ecology Notes*, 5, pp.712–715.
- Hirzel, A.H. et al., 2006. Evaluating the ability of habitat suitability models to predict species presences. *Ecological Modelling*, 199, pp.142–152.
- Hošek, E., 1976. Ještě o vlku na Moravě a ve Slezsku. *Acta musei Silesiae, Ser. A*, 25, pp.1–10.
- Jarausch, A. et al., 2016. *No Title*,
- Kaczensky, P. et al., 2009. *Monitoring of Large Carnivores in Germany* BfN-Skript., Bonn: Bundesamt für Naturschutz.
- Kalinowski, S.T., Taper, M.L. & Marshall, T.C., 2007. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular ecology*, 16, pp.1099–1106.
- Kalinowski, S.T., Wagner, A.P. & Taper, M.L., 2006. ML-RELATE: a computer program for maximum likelihood estimation of relatedness and relationship. *Molecular Ecology Notes*, 6(2), pp.576–579.
- Krojerová, J. et al., 2014. *Monitoring velkých šelem v EVL Beskydy*, Brno: Ústav biologie obratlovců Akademie věd České republiky.
- Kutal, M., 2014. *Ekologie rysa ostrovida (Lynx lynx) a vlka obecného (Canis lupus) v oblasti Západních Karpat a jejich význam v lesním ekosystému*, Mendelova univerzita v Brně, Brno, PhD Thesis.
- Kutal, M., 2010. *Monitoring velkých šelem v ČR 2009/2010*, Olomouc.
- Kutal, M. et al., 2016. Trans-Boundary Edge Effects in the Western Carpathians: The Influence of Hunting on Large Carnivore Occupancy. *PLOS ONE*, 11(12), p.e0168292.
- Kutal, M. et al., 2013. Výskyt rysa ostrovida (*Lynx lynx*) v širší oblasti CHKO Beskydy v letech 2003–2012. *Acta Musei Beskidensis*, 5, pp.121–136.
- Kutal, M. & Duhonský, D., 2014. Současný výskyt rysa ostrovida (*Lynx lynx*) a vlka obecného (*Canis lupus*) v širší oblasti Jeseníků. In M. Kutal & J. Suchomel, eds. *Velké šelmy na Moravě a ve Slezsku*. Olomouc: Univerzita Palackého v Olomouci, pp. 98–100.
- Linnell, J.D.C., Salvatori, V. & Boitani, L., 2008. *Guidelines for population level management plans for large carnivores*, Roma: A Large carnivore initiative for Europe report prepared for the European Commission (contract 070501/2005/424162/MAR/B2).
- LUPUS, 2016. Aktuelles Wolfsvorkommen Sachsen. *Wölfe in Sachsen*. Available at: <http://www.wolf-sachsen.de/de/aktuelles-wolfsvorkommen-sachsen> [Accessed October 28, 2016].
- MacKenzie, D.I. et al., 2006. *Occupancy estimation and modeling: inferring patterns and dynamics of species occurrence*, Academic Press.
- Manel, S. et al., 2003. Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics. *Trends in Ecology & Evolution*, 18, pp.189–197.

- McRae, B.H., 2006. ISOLATION BY RESISTANCE. *Evolution*, 60(8), p.1551.
- McRae, B.H., Shah, V. & Edelman, A., 2016. Circuitscape: modeling landscape connectivity to promote conservation and human health. *The Nature Conservancy*, pp.1–14.
- Miller, C.R., Joyce, P. & Waits, L.P., 2005. A new method for estimating the size of small populations from genetic mark-recapture data. *Mol Ecol*, 14(7), pp.1991–2005. Available at: <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi>
- Miller, D.A. et al., 2011. Improving occupancy estimation when two types of observational error occur: non-detection and species misidentification. *Ecology*, 92(7), pp.1422–1428.
- Miller, D.A.W. et al., 2013. Determining Occurrence Dynamics when False Positives Occur: Estimating the Range Dynamics of Wolves from Public Survey Data. *PLOS ONE*, 8(6), p.e65808.
- Mináriková, T. et al., 2010. Biologie a ekologie zájmových druhů. In P. Anděl, T. Mináriková, & M. Andreas, eds. *Ochrana průchodnosti krajiny pro velké savce*. Liberec: Evernia, pp. 7–46.
- Mináriková, T. et al., 2015. Výskyt středně velkých a velkých lesních savců v jižních a jihozápadních Čechách (Carnivora , Artiodactyla, Lagomorpha). *Lynx (Praha) n. s.*, 46, pp.43–64.
- Molinari-Jobin, A. et al., 2012. Monitoring in the presence of species misidentification: the case of the Eurasian lynx in the Alps M. Gompper & R. Ewers, eds. *Animal Conservation*, 15(3), pp.266–273.
- Molinari-Jobin, A. et al., 2006. Status and distribution of the lynx in the Swiss Alps 2000–2004. *Acta biologica Slovenica*, 49(1), pp.3–11.
- Molinari-Jobin, A. et al., 2003. The Pan-Alpine Conservation Strategy for Lynx. *Council of Europe Nature and Environment Series*, 130, pp.1–22.
- Montana, L., et al. (in press): Combining phylogenetic and demographic inferences to assess the origin of the genetic diversity in an isolated wolf population. *PLoS One*.
- Nowak, S. et al., 2013. Stwierdzenia rysia *Lynx lynx* w Puszczy Noteckiej. *Przegląd Przyrodniczy*, 24(4), pp.84–88.
- Nowak, S. & Mysłajek, R.W., 2016. Wolf recovery and population dynamics in Western. *Mammal Research*, 61(2), pp.83–89.
- O'Connell, A.F., Nichols, J.D. & Katranth, K.U., 2011. *Camera Traps in Animal Ecology: Methods and Analyses*, Tokyo: Springer.
- Okarma, H., Sniezko, S. & Smietana, W., 2007. Home ranges of Eurasian lynx *Lynx lynx* in the Polish Carpathian Mountains. *Wildlife Biology*, 13(4), pp.481–487.
- Van Oosterhout, C. et al., 2004. MICRO-CHECKER: Software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes*, 4(3), pp.535–538.