

„Přeshraniční mapování lesních ekosystémů – cesta ke společnému managementu NP Šumava a NP Bavorský les“

Zhodnocení stavu a soubor společných strategických doporučení pro zlepšení, nebo udržení početnosti tetřevovitých -
vyhodnocení monitoringu tetřeva hlušce, jeřábka lesního a tetřívka obecného v rámci projektu č. 99 (Program
přeshraniční spolupráce Česká republika - Svobodný stát Bavorsko Cíl EÚS 2014 - 2020)



Autoři: Vondrka Aleš, Červenka Jaroslav, Rösner Sascha

Překlad: Pavel Bečka



Ziel ETZ | Cíl EÚS
Freistaat Bayern –
Tschechische Republik
Česká republika –
Svobodný stát Bavorsko
2014 – 2020 (INTERREG V)



**Europäische Union
Evropská unie**
Europäischer Fonds für
regionale Entwicklung
Evropský fond pro
regionální rozvoj



1	SHRNUTÍ	5
2	ÚVOD.....	7
2.1	Základ: projekt 2009-2011.....	7
2.2	Seznam literatury z prvního projektu 2009-2011.....	7
2.3	Přehled časového harmonogramu aktivit.....	8
3	MATERIÁL A METODY	9
3.1	Pracovní mapy a formuláře	9
3.2	Materiál pro terénní práce	9
3.3	Mapování.....	9
3.4	Koordinace analýzy vzorků DNA.....	10
3.5	Laboratorní práce (tetřev hlušec)	11
3.5.1	Extrakce DNA.....	11
3.5.2	PCR a genotypizace	11
3.5.3	Určení pohlaví	11
3.6	Laboratorní práce (jeřábek lesní a tetřívka obecná)	12
3.6.1	Extrakce DNA.....	12
3.6.2	PCR a genotypizace	12
3.6.3	Určení pohlaví	12
3.7	Velikost populace.....	12
3.8	Prostorový pohyb.....	13
3.9	Genetická struktura	14
3.10	Subpopulace a genový tok.....	14
3.11	Habitatové modely.....	14

3.11.1	Vstupy	15
3.11.2	Kalibrace.....	15
3.11.3	Validace	15
3.11.4	Predikce.....	15
3.11.5	Interpretace a limity modelu	15
4	VÝSLEDKY.....	16
4.1	Nálezy a rozšíření	16
4.1.1	Přehled nálezů, počet vzorků a rozšíření	16
4.2	Tetřev hlušec (<i>Tetrao urogallus</i>).....	19
4.2.1	Nálezy a rozšíření	19
4.2.2	Nálezy a jejich kvalita	19
4.2.3	Genetický materiál	20
4.2.4	Poměr pohlaví (odhadovaný/určený)	20
4.2.5	Genotypizace.....	21
4.2.6	Genotypy	21
4.2.7	Opětovná zachycení	22
4.2.8	Akční rádius genotypů.....	22
4.2.9	Velikost populace	24
4.2.10	Genetická diverzita.....	26
4.2.11	Genetická populační struktura	26
4.2.12	Biotopové preference tetřeva hlušce ve studijní oblasti	28
4.2.13	Genetická diverzita mezi subpopulacemi	28
4.2.14	Srovnávací analýza se studií 2009-2011.....	29
4.3	Jeřábek lesní (<i>Tetrastes bonasia</i>)	33
4.3.1	Nálezy a rozšíření	33
4.3.2	Nálezy a jejich kvalita	33
4.3.3	Genetický materiál	34
4.3.4	Poměr pohlaví (odhadovaný/určený)	34
4.3.5	Genotypizace.....	35
4.3.6	Genotypy	35
4.3.7	Opětovná zachycení	35
4.3.8	Akční rádius genotypů.....	36
4.3.9	Velikost populace	37
4.3.10	Genetická struktura, subpopulace a genový tok.....	38
4.3.11	Biotopové preference jeřábka lesního ve studijní oblasti	40
4.4	Tetřívěk obecný (<i>Tetrao tetrix</i>).....	43
4.4.1	Nálezy a rozšíření	43

4.4.2	Nálezy a jejich kvalita	43
4.4.3	Genetický materiál	44
4.4.4	Poměr pohlaví (odhadovaný/určený)	44
4.4.5	Genotypizace.....	45
4.4.6	Genotypy	45
4.4.7	Opětovná zachycení	45
4.4.8	Akční radius genotypů.....	46
4.4.9	Velikost populace	48
4.4.10	Genetická struktura, subpopulace a genový tok	49
4.4.11	Biotopové preference tetřívka obecného ve studijní oblasti	52
4.4.12	Habitatový model pro tetřívka obecného	54
4.4.13	Výběr potencionálních lokalit pro možné zlepšení biotopu Tetřívka obecného	54
5	DISKUZE A VÝHLED DO BUDOUCNA	55
6	NÁVRH OPATŘENÍ PRO PODPORU TETŘEVOVITÝCH V ÚZEMÍ	57
6.1	Návrh konkrétních opatření pro podporu tetřeva hlušce	57
6.2	Návrh konkrétních opatření pro podporu jeřábka lesního.....	58
6.3	Návrh konkrétních opatření pro podporu tetřívka obecného	59
6.3.1	Výběr potencionálních lokalit pro možné zlepšení biotopu Tetřívka obecného	60
7	REFERENCE	61
8	PŘÍLOHY	63

1 Shrnutí

V rámci projektu č. 99 (Program přeshraniční spolupráce Česká republika - Svobodný stát Bavorsko Cíl EÚS 2014 - 2020) se v období od listopadu 2016 do září 2019 (těžiště sběru bylo zimě 2016/2017 a 2017/2018) v národních parcích Šumava a Bavorský les uskutečnil monitoring výskytu tetřeva hlušce, jeřábka lesního a tetřívka obecného. Prostřednictvím mapování a neinvazivního sběru vzorků trusu byl zaznamenán výskyt těchto tří druhů a byly provedeny populační genetické studie. Práce v národních parcích byla podpořena rozsáhlým týmem dobrovolníků, kteří dodali vzorky k analýzám i z okolních stanovišť (Arber, Bischofsmais, Dreisessel). Aktivity týkající se tetřeva hlušce byly vedeny Správou NP Bavorský les, aktivity spojené s jeřábkem a tetřívkem vedla Správa NP Šumava. Ve vykazovaném období bylo v projektové oblasti zaznamenáno celkem 2464 tetřevích, 1528 jeřábčích a 614 tetřívčích nálezů (trus, stopa, peří,...). Výskyt tetřeva v projektové oblasti se soustřeďuje na horské smrkové lesy ve výškách přibližně od 900 m n. m. podél hranice mezi Německem a Českou republikou. Těžiště výskytu je v národních parcích, ale vyskytuje se i v navazujících lesních oblastech (oblast Velkého Javoru, obce Lam, Jezerní hory a Můstku na severu; oblast Třístoličníku a Smrčiny na jihu při hranici s Rakouskem; oblast Bischofsmais na západě), kde byly také zaznamenány a sebrány vzorky trusu tetřeva pro genetické analýzy. Jeřábek lesní se vyskytuje roztroušeně téměř po celé ploše NP Šumava, v případě NP Bavorský les byl nejčastěji registrován v příhraniční oblasti s ČR a v širším okolí Spiegelau. Tetřívek obecný se vyskytuje na plošně omezených lokalitách, pravidelně je zjišťován pouze na české straně pohoří, v NP Šumava, CHKO Šumava a těsně za hranicemi těchto území. Výskyty na německé straně pohoří jsou pravidelně registrovány pouze mimo NP Bavorský les, v lokalitách Haidmühle a Schnellenzipf. V obou případech je však výskyt vázán na existenci vhodných biotopů a populací v Čechách. V NP Bavorský les byli registrováni tetřívci pouze na západním svahu Luzného (2 nálezy). Genetická analýza celkového počtu 600, 315 a 207 testovaných vzorků trusu jednotlivých druhů ukázala 303 různých genotypů (jedinců) tetřeva, 203 různých genotypů jeřábka a 71 různých genotypů tetřívka. Modelové výpočty s použitím různých odhadů velikosti populace došly k průměrné velikosti populace tetřeva $N = 605,2 (+/- 130,6)$ jedinců. Tato hodnota je nad minimální velikostí populace stanovenou pro tetřevy Grimmem a Storchem (2000), která zajišťuje pravděpodobné dlouhodobé přežití populace. Potřebné velikosti populace se dosáhne pouze s jedinci z oblastí navazujících na národní parky. Vezmou-li se v potaz jen zvířata žijící v obou národních parcích je velikost populace nižší než minimální prahová hodnota. Bodový odhad velikosti jeřábka pro území obou NP je 689 jedinců s konfidenčním intervalem (95 %) 514 - 1123. Bodový odhad velikosti populace pro tetřívka je 119 jedinců, s konfidenčním intervalem (95 %) 84–137.

Víckrát zaznamenané genotypy umožňují prostorové a časové analýzy. Na základě dat ze současného průzkumu se akční prostor a překonaná vzdálenost u slepic a kohoutů vzájemně neliší. Maximální vzdálenosti mezi dvěma nálezy byly nalezeny u kohoutů a byly v rozpětí přibližně 25 km. I v tomto projektu ukazují víckrát zaznamenaní jedinci, že tetřevi migrují mezi oběma národními parky, jakož i mezi okolními lesy v České republice a v regionu Lam, respektive Velký Javor.

Pohyb mezi jižní částí Národního parku Šumava v oblasti Smrčiny a přilehlými chráněnými krajinnými oblastmi v Bavorsku a Rakousku a centrálním územím výskytu mezi Roklanem a Luzným nebyl v tomto projektu zdokumentován. Také dva genotypy nalezené v lesích u Bodenmais nebyly zachyceny v jádru projektové oblasti. V porovnání s tetřevem jsou jeřábci a tetřívci mnohem méně pohybliví, jedná se o značně usedlé druhy. Většina jedinců se pohybuje na malém prostoru, maximální zjištěná vzdálenost mezi stejnými genotypy byla 3056 pro jeřábka a 5514 m pro tetřívka (pohyb především v době toku). I přesto, že je jeřábek značně usedlý druh, byl zdokumentován krátký pohyb (920 m v oblasti Luzného) mezi národními parky Šumava a Bavorský les.

Analýza struktury genetických příbuzenských vztahů celkové populace tetřeva ukazuje velmi nízké hodnoty FST (0,005), což naznačuje souvislou (panmiktickou) populaci s volným genovým tokem napříč populací. V analytickém

rozboru (uměle) vytvořených subpopulací byly významné rozdíly v genetické struktuře pozorovány pouze v několika málo částech (4 z 36). Tyto rozdíly jsou pravděpodobně způsobeny metodikou a velmi rozdílnými počty vzorků (3 proti > 120) v rámci subpopulací. U jeřábka lesního výsledky rozboru (uměle) vytvořených (sub)populací (1-6) neodhalily genetickou strukturu analyzovaných dat. V rámci propojené populace tedy není omezen tok genů. U tetřívka byla identifikována existence dvou subpopulací tetřívka na studovaném území. Tyto subpopulace ale nejsou zřetelně vymezené a dochází mezi nimi k toku genů. U početně poměrně malé populace tetřívka se prozatím nepotvrdila zvýšená míra příbuzenského křížení.

Další analýzy rozdílů mezi pohlavími (genetická determinace) ukazují, že počet tetřevích samců byl třikrát větší než počet tetřevích samic. Změna demografie v populaci však není signifikantní, neboť může být způsobena metodikou výběru trusu pro genetické analýzy podle tloušťky (snaha byla zaslat do laboratoře stejný poměr samčích a samičích vzorků). U jeřábka a tetřívka byl trus pro genetické analýzy vybrán náhodně (podle velikosti trusu nelze odhadnout pohlaví). Poměr pohlaví identifikovaných jedinců jeřábka byl vychýlen ve prospěch samců (téměř 2/3 vzorků tvořili samci). Poměr pohlaví u identifikovaných jedinců tetřívka nebyl výrazně vychýlen. Čím jsou dány rozdíly v poměrech pohlaví jednotlivých druhů, není v současnosti možné říci, do budoucna bude nutné zaměřit naši pozornost tímto směrem.

2 Úvod

V rámci projektu č. 99 „Přeshraniční mapování lesních ekosystémů – cesta ke společnému managementu NP Šumava a NP Bavorský les“ podpořeného z Programu přeshraniční spolupráce ČR – Svobodný stát Bavorsko Cíl EÚS, byl proveden monitoring tetřeva hlušce (*Tetrao urogallus*), jeřábka lesního (*Tetrastes bonasia*) a tetřívka obecného (*Tetrao tetrix*). Tato závěrečná zpráva se zaměřuje na dokumentaci, sběr a vyhodnocení dat (rozšíření, populační genetika, atd.) o všech třech druzích.

Každý z partnerů koordinoval sběr vzorků pro jednotlivé druhy na svém území. NP Bavorský les zajistil laboratorní práce, vyhodnocení a analýza vzorků DNA (vzorky trusu) tetřeva hlušce pro oba NP. Správa NP Šumava zajistila to samé pro jeřábka lesního a tetřívka obecného. Tato zpráva byla vytvořena oběma partnery dohromady.

2.1 Základ: projekt 2009-2011

Ve tříletém projektu byla v letech 2009-2011 zkoumána preference stanoviště, velikost populace a stresové zatížení charakteristického druhu Bavorského lesa a Šumavy, tetřeva hlušce. Zapojením 70 lidí („citizen science“) mohly být v zimách 2009/2010 a 2010/2011 na celém bavorsko-českém hraničním hřebeni, v území potenciálně vhodném pro tetřeva sesbírány vzorky trusu. Tato neinvazivní metoda garantovala pro tento citlivý druh co možná nejmenší rušení (zvířata nebyla kvůli sběru vzorků či telemetrii chytána) a zároveň pokrývala celé území výskytu populace tetřeva hlušce. Zmrazené vzorky trusu poskytly základ pro populační genetické studie (populační strukturu), odhady velikosti populace a měření stresového hormonu.

Pro porovnatelnost výsledků byl současný monitoring založen na výše zmíněném monitoringu. Metodiku a výsledky lze nalézt v následujících publikacích.

2.2 Seznam literatury z prvního projektu 2009-2011

Data, metodika a výsledky z prvního monitoringu jsou publikovány v řadě publikací. Tyto články a odkazy jsou uvedeny níže a poskytují důležitý základ zejména pro metodologické podrobnosti a referenční hodnoty pro srovnávací analýzu. Popisy modelů, statistických metod a laboratorních protokolů se proto v této zprávě podrobně neřeší.

- Kortmann, M, Heurich M, Latifi H, Rösner S, Seidl R, Müller J and Thorn S (2018): Forest structure following natural disturbances and early succession provides habitat for two avian flagship species, capercaillie (*Tetrao urogallus*) and hazel grouse (*Bonasa bonasia*). *Biological Conservation* 226: 81-91.
- Rösner S, Brandl R, Palme R, Lorenc T, Mussard-Forster E, Müller J (2013) Überleben zwischen Stress und Habitat – Wildlife Management beim Auerhuhn. *Vogelwarte* 51: 318-319.
- Rösner S, Brandl R, Segelbacher G, Lorenc T, Müller J (2014a): Non-invasive genetic sampling allows estimation of capercaillie numbers and population structure in the Bohemian Forest. *Eur J Wildl Res* doi: 10.1007/s10344-014-0848-6
- Rösner S, Leibl F (2014): Wildtiermanagement in Nationalparks: Auerhühner im bayerisch-böhmischen Grenzgebirge. *Der FALKE* 7: 19-23.
- Rösner S, Mussard-Forster E, Lorenc T, Müller J (2014b): Recreation shapes a “landscape of fear” for a threatened forest bird species in Central Europe. *Landscape Ecology* 29: 55-66.
- Seibold S, Hempel A, Piehl S, Bässler C, Brandl R, Rösner S, Müller J (2013): Forest vegetation structure has more influence on predation risk of artificial ground nests than human activities. *Basic Appl Ecol*. doi: 10.1016/j.baae.2013.09.003
- Teuscher M, Brandl R, Förster B, Hothorn T, Rösner S, Müller J (2013) Forest inventories are a valuable data source for habitat modelling of forest species: an alternative to remote-sensing data. *Forestry* 86: 241-253. doi:10.1093/forestry/cps081

2.3 Přehled časového harmonogramu aktivit

Monitoring všech tří druhů začal na podzim roku 2016. Souhrn nejdůležitějších kroků shrnuje tabulka 1.

Tab.1: Časový plán monitoringu tetřeva hlušce, jeřábka lesního a tetřívka obecného

období	Aktivity	Odpovědnost
listopad 2016 – březen 2017	terénní práce, sběr vzorků (tetřev a jeřábek), všechny dílčí plochy v NP Bavorský les navštíveny dvakrát	Správa NP Bavorský les
	terénní práce, sběr vzorků na části území zaměřený na tetřeva (případně jeřábka)	Správa NP Šumava
leden – červen 2017	digitalizace nálezů vzorků v počítači, seznamy vzorků, přidělování čísel vzorků, georeferencování všech nalezených dat, převedení různých souřadnicových systémů na jednotný formát	Správa NP Bavorský les Správa NP Šumava
srpen – září 2017	výběrové řízení pro extrakci DNA, PCR a genotypizaci vzorků DNA tetřeva	Správa NP Bavorský les
září 2017	první analýza dat, tvorba map nálezů tetřevího a jeřábčího trusu v prostředí GIS, shrnutí prvních výsledků (tabulky, obrázky, mapy)	Správa NP Bavorský les
Prosinec 2017 – září 2019	terénní práce a sběr vzorků zaměřený především na tetřívka a jeřábka	Správa NP Šumava
červen – srpen 2018	digitalizace nálezů vzorků v počítači, seznamy vzorků, přidělování čísel vzorků, georeferencování všech nalezených dat, převedení různých souřadnicových systémů na jednotný formát	Správa NP Šumava
Srpen - říjen 2018	výběrové řízení pro extrakci DNA, PCR a genotypizaci vzorků DNA tetřívka a jeřábka	Správa NP Šumava
Říjen 2019	Výsledky genetických analýz pro tetřívka a jeřábka	Správa NP Šumava
Červen – prosinec 2019	Práce s daty, příprava výsledků a závěrečné zprávy	Správa NP Bavorský les Správa NP Šumava
Prosinec 2019	Představení výsledků projektu na závěrečném semináři	Správa NP Bavorský les Správa NP Šumava

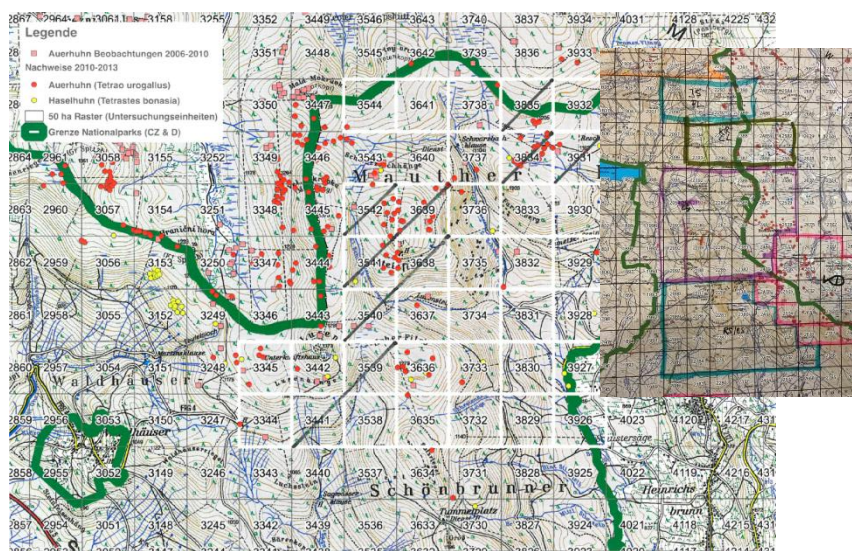
3 Materiál a metody

Pro realizaci monitoringu bylo naprosto nezbytné metodicky pokračovat podle pracovních postupů z předchozího projektu (2009-2011). Proto byly již v říjnu 2016 osloveny zainteresované osoby.

Všichni zainteresovaní byli před vlastním sběrem seznámeni s metodikou sběru a uchování vzorků, instruováni, jak s vzorky nakládat a jak ukládat a předávat související potřebné údaje, jako je lokace a okolnosti nálezu. Monitoring dílčích ploch byl rozdělen mezi více než 30 pracovníků NP Šumava, kromě pracovníků Správy Národního parku Bavorský les se na terénních pracích podílelo i mnoho dobrovolníků z řad veřejnosti. Monitoring dílčích ploch v Bavorsku byl proto rozdělený mezi více než 75 osob.

3.1 Pracovní mapy a formuláře

Na pracovních schůzkách s týmem pomocníků v roce 2016 byly jednotlivcům nebo skupinkám lidí přiděleny dílčí území (mapovací plochy). Základem mapovacích ploch byly odpovídající výřezy topografických map (1:25 000) z celoplošného 50 ha rastru. Mapové čtverce byly očíslovány. Všichni zpracovatelé dílčích území obdrželi mapové podklad a to buď mailem, nebo v tištěné podobě. Kromě toho obdrželi také digitální nebo vytištěné formuláře.



Obr. 1: Pracovní mapa konkrétního mapovatele s označením mapované oblasti (bílé ohraničené rastrové buňky). Pro snazší orientaci byly na mapách vyznačeny tetřeví záznamy z minulých let (červené body). Malý obrázek: Během koordinačních setkání byly rozděleny jednotlivé oblasti pro mapování.

3.2 Materiál pro terénní práce

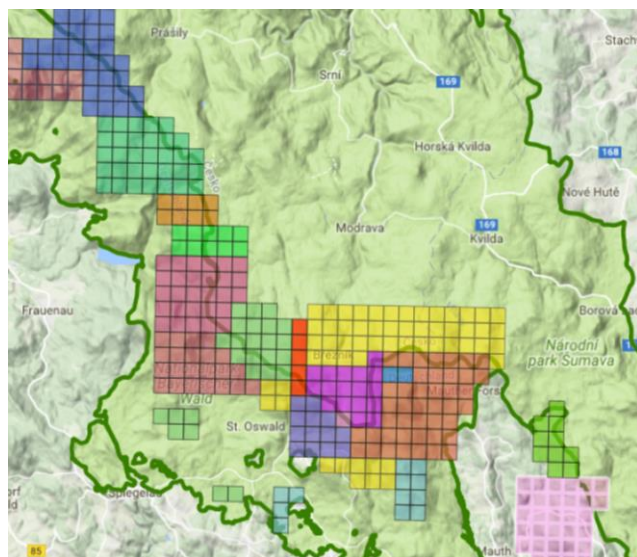
Aby se zajistily jednotné pracovní metody a byla zaručena kvalita vzorků (transportem neporušené vzorky, zamrazení, apod.) byly pomocníkům rozdány sterilní, teplotně odolné a popsatelné sběrné nádoby, nesmazatelné popisovače a mrazuvzdorné sáčky Ziplock. Pro chlazení vzorků již v terénu byly pro případ potřeby distribuovány chladicí sáčky. Během celého monitorovacího období rozděloval PM na požádání nový materiál.

3.3 Mapování

Čerstvé vzorky trusu byly v terénu evidovány po jedincích (např. podél jasně definované stopní dráhy na čerstvém sněhu nebo na odpočinkovém místě), uloženy do sběrné nádoby (1-5 válečků trusu na jedince), popsány datem, povětrnostními podmínkami a zeměpisnými souřadnicemi, přepraveny v chladících taškách a pak zamrazeny na -18°C. Vzorky byly pravidelně shromažďovány. Zaměstnanci národního parku dodávali vzorky do centrálních chladicích zařízení samostatně (např. lesní správy).

NP Bavorský les (listopad 2016 – březen 2017)

Na základě pracovních map (obr. 1) prošli pomocníci během zimních měsíců v intervalu několika týdnů dvakrát přidělené dílčí plochy a sbírali a dokumentovali vzorky trusu.



Obr. 2: Přehled mapovacích ploch rozdělených dobrovolníkům (týmům) v oblasti potenciálního výskytu tetřeva hlušce v NP Bavorský les. V některých dílčích plochách pracovali bavorští kolegové po domluvě se Správou Národního parku Šumava i na území NP Šumava. Barevné čtverce: 50 ha raster, výřez.

I mimo oblast obou národních parků se mnozí dobrovolníci podíleli na sběru, samostatně shromažďovali vzorky trusu a následně je poskytli i s relevantními popisnými údaji projektovému týmu.

Na vybraných dílčích plochách na území NP Šumava vzorky trusu sbírali bavorští pomocníci (viz obr. 2).

NP Šumava (listopad 2016 – září 2019)

Tetřev hlušec byl mapován podle stejné metodiky jako v NP Bavorský les, vybrané lokality však byly navštíveny pouze jednou. Lokality pro monitoring tetřívka a jeřábka byly vytipovány podle známých a potenciálně vhodných habitatů. Jednotlivé lokality byly navštíveny zejména během zimních měsíců. Zaznamenávali se pobytové známky (peří, stopy, popeliště), přímá pozorování jedinců a poslech s rozlišením, zdali se jednalo o samce či samici a sbírali se vzorky trusu.

3.4 Koordinace analýzy vzorků DNA

NP Bavorský les (tetřev)

V zimních měsících byla na základě výběrového řízení vybrána genetická laboratoř pro zpracování vzorků trusu. Rozsah zadaných prací: extrakce DNA ze vzorků trusu, čištění DNA, multiplexní PCR (polymerázová řetězová reakce) se známými genetickými markery (viz Rösner et al., 2014a). Rozlišení jednotlivých genotypů a genetické určení pohlaví všech 600 vzorků podle metodiky z prvního projektu. Zakázka byla udělena společnosti ecogenics GmbH, Schützenstrasse 15, 9436 Balgach, Švýcarsko (<http://www.ecogenics.ch>).

Výběr 600 vzorků z celkového množství vzorků trusu tetřeva hlušce byl proveden přesně podle postupu z předchozích let. V úvahu byly brány: prostorový rozsah monitoringu (vzorky ze všech rastrových buněk), relativní centra hustoty (pravděpodobnost výskytu) a odhad rozdělení pohlaví (1:1) (viz Rösner et al., 2014a).

NP Šumava (jeřábek a tetřívka)

V září 2018 byla na základě výběrového řízení vybrána genetická laboratoř pro zpracování vzorků trusu jeřábka lesního a tetřívka obecného. Rozsah zadaných prací: provedení extrakce DNA, čištění DNA, genotypizaci vzorků provést alespoň na 12 mikrosatelitových lokusech (markrech) vzorku, pro vyšší míru spolehlivosti stanovení genotypů u „pozitivních vzorků“ každou PCR (polymerázová řetězová reakce) opakovat minimálně 3x. U pozitivních vzorků provést genetické určení pohlaví, každou PCR opakovat minimálně 3x. Zakázka byla udělena institutu: Ústav biologie obratlovců Akademie věd České republiky, v.v.i., detašované pracoviště Studenec, Studenec 122, 675 02 Koněšín, IČO 68081766.

Výběr vzorků jeřábka lesního byl proveden pokud možno co nejbližší způsobu výběru u tetřeva hlušce. V úvahu byly brány: čerstvost trusu, prostorový rozsah monitoringu (vzorky ze všech pozitivních lokalit), relativní centra hustoty (pravděpodobnost výskytu), poměr pohlaví nebyl na rozdíl od tetřeva zohledňován pro jeho nemožnost určení u vzorků trusu. Pro území NP Bavorský les bylo vybráno 108 vzorků (z 227), pro území NP a CHKO Šumava bylo vybráno 207 vzorků (z 258 vzorků trusu, peří a tkání), dohromady 315 vzorků. Podle stejného postupu bylo vybráno 207 vzorků (z 340) tetřívka obecného. Pozdější výsledky genetických analýz prokázaly, že u některých námi vybraných vzorků byl v terénu špatně určen druh.

3.5 Laboratorní práce (tetřev hlušec)

3.5.1 Extrakce DNA

Extrakce DNA byla prováděna pomocí komerční sady: QIAamp Stool Kit (Qiagen). Extrakční protokol byl realizován podle mírně upraveného postupu Jacoba et al. (2010). Opakovaným promytím a extrakcí eventuálních inhibitorů PCR (InhibitEX, ®Qiagen) byl extrahovaný produkt vyčištěn.

3.5.2 PCR a genotypizace

Následně byly provedeny PCR analýzy pro dvanáct mikrosatelitových lokusů (páry primerů) specifických pro tetřeva hlušce. Byly použity následující dvojice primerů: TUD1, TUD3, TUD4, TUD5, TUD6, TUD7, TUT1, TUT2, TUT3 a TUT4 (Segelbacher et al 2000; Segelbacher 2002) a BG15 a BG18 (Piertney & Höglund 2001).

PCR analýzy byly prováděny na sekvenátoru ABI 3730 (Applied Biosystems) podle protokolu Jacoba et al. (2010). Vyhodnocení alel bylo provedeno pomocí programu GeneMapper v. 4,0 (Applied Biosystems).

Hodnocení alel bylo připuštěno k další analýze pouze tehdy, když dva cykly v řadě vedly ke stejným výsledkům alespoň u 9 z 10 lokusů. To znamená, že z další analýzy byly vyloučeny vzorky, při kterých se výsledky PCR analýzy neshodovaly ve více než jednom případě (allelic dropouts). Pro detekci nulových alel byl použit software Micro-Checker (van Oosterhout et al., 2004). S verzí PEDANT ver. 1.0 (Johnson & Haydon 2007) byla stanovena míra defektní genotypizace pro falešné alely nebo poškozené alely.

3.5.3 Určení pohlaví

Všechny vzorky byly určeny za použití primerů specifických pro chromozomy (P2 a P8, Griffiths et al. 1998). Pro spolehlivé stanovení pohlaví byla každá PCR amplifikace zdvojená. Pro určení pohlaví byly použity pouze ty vzorky, které vykazovaly stejné výsledky ve dvou po sobě následujících cyklech. Všechny ostatní vzorky s odporujícími si

výsledky byly vyloučeny z dalších genderových analýz. Všechny laboratorní práce byly provedeny společností ecogenics GmbH, Švýcarsko (www.ecogenics.ch).

3.6 Laboratorní práce (jeřábek lesní a tetřívěk obecný)

3.6.1 Extrakce DNA

Extrakce DNA z trusu byla prováděna pomocí QIAamp DNA Stool Mini Kit (Qiagen) a PSP Spin Stool DNA Kit (Invitex). V prvním kroku extrakce byl vzorek trusu omýván v lyzačním pufru po dobu 60 minut na vortexu. Extrakce DNA z peří byla prováděna pomocí DNeasy Blood & Tissue Kit (Qiagen), s prodlouženou dobou lyzace až na 24 hodin. V dalších krocích bylo postupováno dle manuálů dodaných výrobcí. Analyzováno bylo 13 tetranukleotidových mikrosatelitových lokusů: BG4, BG10, BG14, BG15, BG16, BG18, BG19 (Piertney & Höglund 2001), TTT1, TTT2 (Caizergues et al. 2001), TTT3 (Caizergues et al. 2003), TUT1, TUT3, TUT4 (Segelbacher et al. 2000), zařazených do tří multiplexových setů. Tetranukleotidy byly vybrány z důvodu vyšší spolehlivosti odčítání velikostí alel při fragmentační analýze v případě analýzy neinvazivně získaného materiálu.

3.6.2 PCR a genotypizace

Pro každý vzorek byla provedena minimálně tři nezávislá opakování PCR. Alela byla zaznamenána, pouze pokud byla zjištěna minimálně dvakrát („multiple tubes approach“). V případě výskytu „allelic dropout“ nebo „false alleles“ byly prováděny další opakování PCR, až dokud nebyla každá alela spolehlivě určena, nebo v opačném případě označená jako chybějící hodnota (0). Dle potřeby byla PCR pro některé vzorky opakována až 13x. Kontrola dat byla prováděna pomocí srovnávacího makra v programu Excel a dále pomocí programu GENALEX (funkce Allele frequency, Multilocus matches, Probability of identity).

Hodnota „probability of identity“, tedy pravděpodobnosti, že dva různí jedinci mají stejný genotyp, byla $3,4 \times 10^{-13}$ pro nepříbuzné jedince (PID) a $9,2 \times 10^{-6}$ pro sourozence (PIDsibs).

3.6.3 Určení pohlaví

Pohlaví bylo identifikováno pomocí markru PU/P8 mod (Pérez et al. 2011) – amplifikace dvou alel v případě samic a jedné v případě samců. Marker pro identifikaci pohlaví byl zahrnut do jednoho z multiplexových setů a analyzován stejným způsobem jako mikrosatelitové markery.

3.7 Velikost populace

Tetřev hlušec

Pro odhad velikosti populace bylo použito 13 různých statistických postupů odhadu počtu pro metodu „označení a opětovného chycení“ (mark-recapture), do kterých byly dosazeny počet jedinců (zde: genotypů) a opětovně zaznamenání jedinci. Osm z těchto metod je specifických pro odhady počtu druhů: „lower bound estimator“ (Chao 1984), dvě „coverage estimator“ od Chao & Lee (1992), „coverage duplication-estimator“ (Chao & Bunge 2002), Jackknife-odhad podle Burnham & Overton (1978, 1979), „unconditional nonparametric maximum likelihood“ (NPML) odhad (Norris & Pollock 1998), „penalized conditional NPMLE“ od Wang & Lindsay (2005) a „Poisson-Compound Gamma“-odhad od Wang (2010).

Pro všechny výpočty byl použitý program R a statistický softwarový balíček SPECIES. Příslušná výchozí nastavení odhadů byla vybrána v souladu s doporučeními autorů (Chao 1984; Chao & Lee 1992; Chao & Bunge 2002; Burnham & Overton 1978, 1979; Norris & Pollock 1998; Wang et al. 2005; Wang 2010).

Použito bylo dalších pět modelů vyvinutých explicitně pro neinvazivní sběr genetických vzorků (viz Beja-Pereira et al. 2009; Lukacs & Burnham 2005). Výpočty byly spočítány pomocí softwarového balíčku Capwire v. 1.1.4 (Pennell et al. 2013) a secr v. 2.7.0 (Efford 2011).

Z výpočtů (200 opakování) byly určeny následující charakteristiky: odhad velikost populace (N), směrodatné odchylky a 95 % intervaly spolehlivosti (CI). Ne všechny metody odhadu poskytují intervaly spolehlivosti (Wang 2010). Výsledky jsou uvedeny v tabulce pro všechny odhady. Uvedeny jsou průměrné hodnoty a směrodatné odchylky všech použitých metod (modelů) odhadu. Další podrobnosti o metodách výpočtu viz Rösner et al. (2014a). Střední hodnoty a intervaly spolehlivosti (CI) byly stanoveny pomocí 1000 opakování a bootstrapových postupů. Za účelem určení nejlepších modelů se tři modely (HN = napůl-normální, HR = míra rizika, EX = exponenciální) validovaly podle Akaikeho informačního kritéria (AIC).

Jeřábek lesní a tetřívka obecný

Pro odhad početnosti populace byl použit capture-mark-recapture přístup v programu určeném pro neinvazivní genetické analýzy, CAPWIRE. Program pracuje s daty o opakovaných záznamech jedinců a počítá i s různou pravděpodobností jejich zachycení. Na základě likelihood ratio testu je možné zvolit model s rovnoměrnou pravděpodobností zachycení jedinců (ECM), nebo se dvěma různými pravděpodobnostmi (TIRM). U jeřábka byla nejdříve analýza provedena se všemi pozitivními vzorky, protože i když sběr vzorků probíhal v rozmezí čtyř let, jednotlivé lokality byly sbírány postupně, a tedy v rámci lokalit byl splněn předpoklad uzavřenosti populace. Na základě likelihood testu byl zvolen TIRM model. Dle metodiky „zpětných odchytů“ byla spočítána velikost populace pouze pro dílčí část území (celý NP Bavorský les a 70 % NP Šumava). Tato velmi dobře ovzorkovaná část NPŠ se stala podkladem, společně s habitatovým modelem (HM), pro výpočet velikosti populace pro celou plochu NPŠ. Při porovnání zjištění velikosti populace na základě genetických metod na ovzorkované ploše, respektive dle poměru vhodnosti biotopů (dle HM) v ploše ovzorkované (s přesně zjištěnou početností) a zbytkem (neovzorkovanou plochou) jsme došli k velikosti populace pro NP Šumava. U tetřívky byla tato analýza provedena jednak se všemi pozitivními vzorky, a dále jen se vzorky z kratšího období, kdy byl lépe naplněn jeden z předpokladů analýzy – uzavřenost populace. Pro druhou analýzu byly použity vzorky z období ledna až dubna 2018, tj. z období, kdy byla sesbírána většina vzorků (vyřazeny byly jen 3 pozitivní vzorky z r. 2017 a 13 pozitivních vzorků z r. 2019). Na základě likelihood testu byl v obou případech zvolen TIRM model.

3.8 Prostorový pohyb

Pro genotypy, které byly zdokumentovány alespoň dvakrát (tzv. recaptures / opakovaně zaznamenané genotypy), mohou být zobrazeny lineární nebo prostorové vztahy. Ty zachycují pohyb (bodové záznamy) příslušných zvířat. Prostorové pohybové vzory (vzdálenosti a plochy) genotypů byly určeny pomocí minimálních konvexních polygonových výpočtů (MCP). Prostorové vzdálenosti mezi dvěma opětovnými záznamy byly vypočteny pomocí párových vzdáleností mezi prvním a opakovaným zaznamenaním jedince.

Všechny prostorové výpočty byly vypočteny pomocí QGIS (Quantum GIS Development Team 2018, Bonn) v kombinaci s programem R (R Core Team 2018) a zobrazeny v mapách.

3.9 Genetická struktura

Různé genetické parametry jako frekvence alel, Hardy-Weinbergova rovnováha a PI (Probability of Identity) byly vypočteny odpovídajícími softwarovými balíčky GenAlEx v. 6.4 (Peakall & Smouse 2006), Arlequin v. 3.5.u.a. Podrobnosti o postupech viz Rösner et al. (2014a).

K určení statistiky F_{ST} genetických příbuzenských vztahů mezi genotypy a ve vztahu k prostorovým vzdálenostem („isolation by distance“) byly pro genotypy, které byly v databázi zachyceny víckrát, zjištěny mediány zeměpisných souřadnic a odpovídajícím způsobem implementovány do křížových tabulek vzdáleností. Pro analýzu příbuzenských struktur (genetická vzdálenost) genotypů ve vztahu k prostorové vzdálenosti bylo za použití 9 999 bootstrapů rozlišováno po párech genetický příbuzenský kvocient „R“ v následujících vzdálenostních třídách: 1 km, 3 km, 5 km, 10 km, 15 km, 20 km, 50 km a 85 km (viz Rösner et al. 2014a). Porovnáním intervalů spolehlivosti náhodného rozdělení a reálných dat byly vypočteny pravděpodobnosti, že příslušné příbuzenské vztahy jsou bližší či vzdálenější než náhodné.

Pro všechny další výpočty genetických struktur byly vyloučeny genotypy, které obsahovaly nulové alely na více než jednom lokusu. Celkový počet genotypů byl tedy snížen na 275. Tím je geneticky určené pohlaví rozděleno na 161 samčích genotypů (kohouti) a 71 samičích genotypů (slepice).

Analýzy odchylek souvisejících s lokusem od Hardy-Weinbergovi-rovnováhy byly provedeny pomocí Chi-kvadrátu (chi square) testu. Lokusy, které zůstaly signifikantní i po Bonferroniho korekci hodnot p , byly vyloučeny z dalších výpočtů. Jednalo se o lokusy: TUT1 a TUD4 ($p < 0,014$). Proto se pro výpočty zohlednilo 10 lokusů, které poskytly využitelné hodnoty i v prvním projektu. Viz také Rösner et al. (2014a).

3.10 Subpopulace a genový tok

Pro studium genových toků ve zkoumaném území a případných rozdílů byly přidány subpopulace. Vymezení subpopulací bylo úzce založeno na vymezení z prvního projektu 2009-2011. Bylo rozlišováno celkem devět subpopulací.

3.11 Habitatové modely

Habitatový model je matematický model vyjadřující souvislost mezi vlastnostmi prostředí a výskytem určitého biologického druhu. V tomto případě jsme konkrétně modelovali vztah mezi strukturou lesa a výskytem tetřevovitých ptáků. Pro každý ze tří zkoumaných druhů jsme vytvořili samostatný model, neboť každý druh má specifické nároky na prostředí. Model nám umožnil na základě bodových dat nálezů z monitoringu a plošných dat o struktuře lesa z LiDARového skenování vytvořit spojitou mapu vhodnosti habitatů pro tetřevovité ptáky.

V modelech jsme využívali metodu Maxent, což je ověřená a často užívaná metoda, která je dostupná jako open source. Metoda je postavena na principu strojového učení a používá metodu Maximum Entrophy. Modelování jsme prováděli pomocí skriptů v prostředí matematického software R. Ve skriptech jsme využívali zejména funkce balíčku SDM, který je zaměřený na modelování distribuce druhů a který umožňuje z prostředí R pracovat s metodou Maxent, která je naprogramovaná v Javě. Metoda Maxent umožňuje modelovat na základě presence-only dat, s tím že si sama vnitřně generuje pseudo-absence data. To nám vyhovovalo, protože absenční data jsme z prováděného monitoringu k dispozici neměli.

3.11.1 Vstupy

Vstupní data o prostředí musí být pro potřeby modelu ve formátu rastru hodnot v pravidelném gridu pro modelované území. Využili jsme tedy data o struktuře lesa pocházející z ABA (Area Based Approach) zpracování LiDARového skenu, která tuto strukturu mají. Z 93 parametrů, které jsme měli v tomto datasetu k dispozici, jsme vybrali 20 vstupních parametrů modelu, které popisují uceleně výšku a hustotu porostu v jednotlivých patrech lesa. Jsou to tzv. výškové a hustotní parametry podle Naesseta. Jedná se o hodnoty deseti percentilů výšky odvozených z počtů prvních odrazů v daném výškovém rozmezí a k jimi určeným výškovým hladinám hustotní parametry počítané jako podíl bodů v této výškové vrstvě k celkovému počtu bodů (počítáno ze všech odrazů, nejen z prvních odrazů jako v případě výšek).

3.11.2 Kalibrace

Zájmové území jsme rozdělili na kalibrační a validační část, tak aby pokud možno všechny druhy prostředí byly zastoupeny v obou částech. A aby v obou částech byly záznamy výskytu všech zájmových druhů. Kalibrační oblast byla zvolena větší, zhruba $\frac{3}{4}$ území, aby byla kalibrace modelu co nejpřesnější.

3.11.3 Validace

Po nastavení (kalibraci) modelu jsme model spočítali pro celé zájmové území a výsledek porovnali s nálezovými daty z monitoringu. Většina nálezů se nachází v místech s vysokou modelovanou vhodností habitatu. Tato shoda ve validační části území je dobrým ověřením použitelnosti modelu.

3.11.4 Predikce

Aplikací (výpočtem) modelů pro celé zájmové území jsme získali mapy vhodnosti habitatu pro jednotlivé druhy tetřevovitých ptáků. Vhodnost habitatu je vyjádřena číslem z intervalu od 0 (pro nevhodný habitat) do 1 (pro nejvhodnější habitat) pro každou buňku výpočetního gridu. Výpočetní grid je shodný s gridem dat o struktuře lesa, velikost buňky je tedy 10x10m. Výpočet predikce přímo pro rastr celého území v tomto rozlišení je příliš náročný, proto byl výpočet rozdělen na části (makrobloky o hraně 6km) a z nich postupně složen výsledný rastr.

3.11.5 Interpretace a limity modelu

Všechny vytvořené modely jsou dobrou extrapolací diskrétních dat z monitoringu do spojitě mapy vhodnosti habitatu pro celé zájmové území. Je ale důležité zdůraznit, že jde o model vhodnosti prostředí čistě z pohledu struktury lesa. Struktura lesa je sice klíčovým faktorem výskytu tetřevovitých (což dokazuje i dobrá shoda modelu s realitou), ale svůj význam mohou mít i další faktory jako např. nadmořská výška, druhové složení bylinného patra nebo rušení lidmi. Model nezohledňuje další faktory mimo jiné proto, že nejsou odvoditelné z LiDARových dat. Výslednou vhodnost prostředí je tedy třeba chápat jako určitý potenciál prostředí z hlediska struktury lesa. Model nám takto ukazuje místa potenciálně vhodná pro rozšíření daného druhu, pokud tam vhodnými opatřeními zajistíme splnění i dalších nároků daného druhu. Model bude dále upravován a doplněn o další proměnné v rámci udržitelnosti projektu.

V období od podzimu 2016 do září 2019 byly podle metodiky předchozí studie (zima 2009/2010 a 2010/2011) mapovány potenciální místa výskytu tetřeva hlušce, jeřábka lesního a tetřívka obecného. Pro populační genetické studie byly sbírány vzorky čerstvého trusu těchto druhů.

Protože se na území Národního parku Bavorský les nevyskytuje stálá populace třetího jmenovaného druhu, tetřívka obecného (*Tetrao tetrix*), byly práce na tomto druhu provedeny výhradně projektovým partnerem Správou Národního parku Šumava, Česká republika.

Výsledky současné práce budou následně popsány, analyzovány a diskutovány podle druhů. Výsledky zahrnují geografické rozložení všech nálezů, kvalitu (typ) nálezu, popisné shrnutí a statistické analýzy rozšíření, prostorový pohyb, genetickou strukturu a odhady velikosti populace. Navíc je studie doplněna o srovnávací analýzu současných výsledků tetřeva s prvním monitoringem (2009-2011).

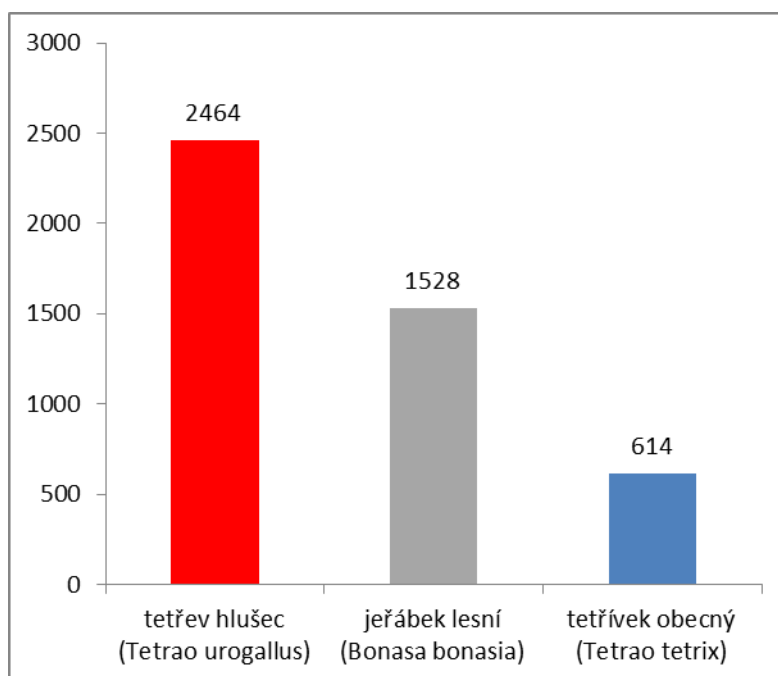
4.1 Nálezy a rozšíření

4.1.1 Přehled nálezů, počet vzorků a rozšíření

Celkem bylo zaznamenáno a zdokumentováno 4606 záznamů třech monitorovaných druhů: tetřeva hlušce, jeřábka lesního a tetřívka obecného. Kvalita nálezů se liší od přímých vizuálních pozorování, poslechu hlasových projevů, nálezů stop, jednotlivých per a trusu. Všechny nálezy jsou základem pro dokumentaci a analýzu rozšíření těchto druhů ve zkoumaném území. Přehled je uveden v tabulce 2.

Tab. 1. Počet a rozmístění nálezů (vzorky trusu, peří, atd.) tetřeva hlušce (*Tetrao urogallus*), jeřábka lesního (*Tetrastes bonasia*) a tetřívka obecného (*Tetrao tetrix*) od listopadu 2016 do září 2019.

	vzorky trusu	další nálezy	nálezy celkem
tetřev hlušec (<i>Tetrao urogallus</i>)	2018	446	2464
jeřábek lesní (<i>Tetrastes bonasia</i>)	901	627	1528
tetřívek obecný (<i>Tetrao tetrix</i>)	340	274	614
			$\Sigma = 4606$



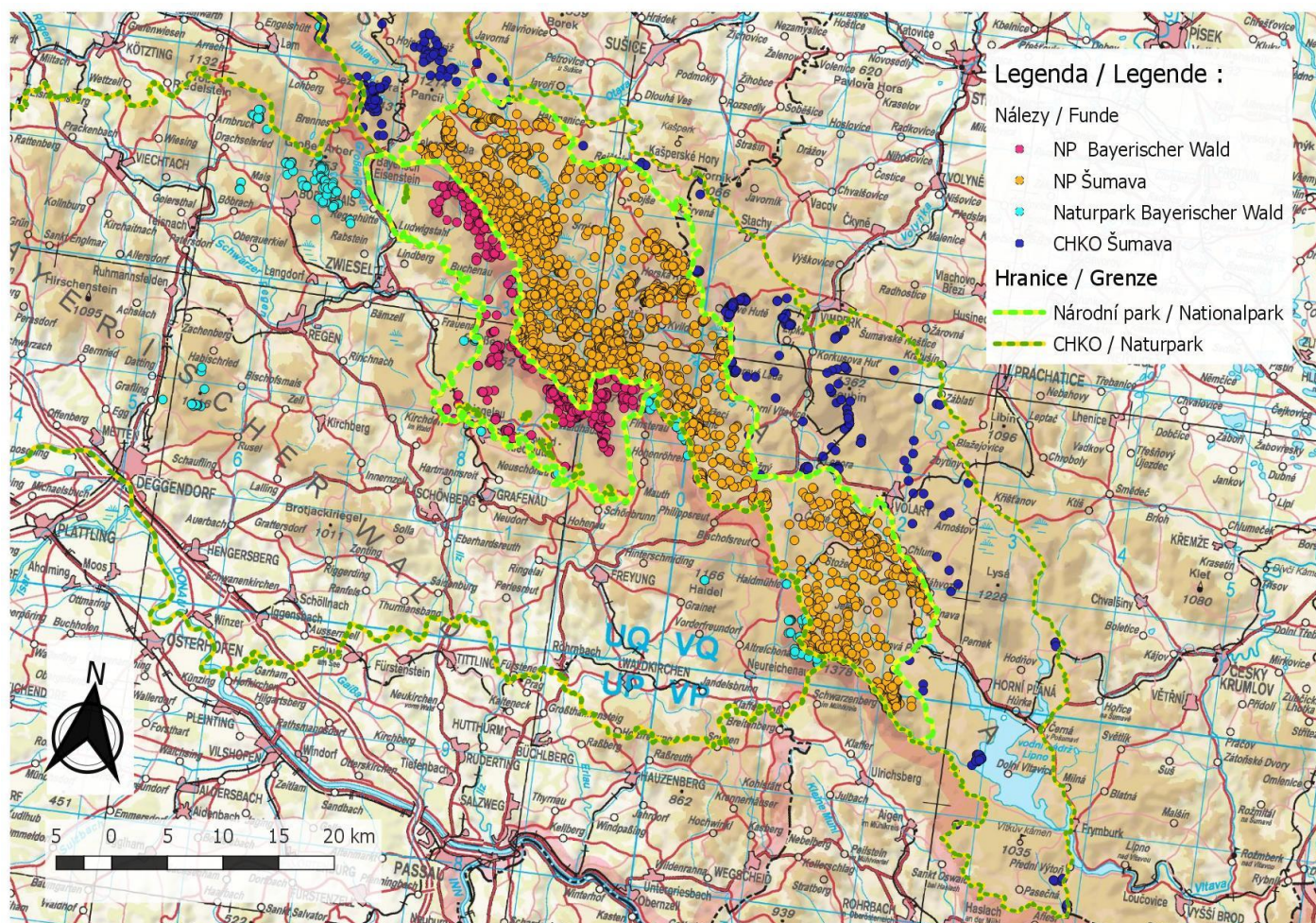
Obr. 3: Počet všech nálezů tetřívka obecného, tetřeva hlušce a jeřábka lesního z období 2016 - 2019. Jsou sečteny všechny druhy nálezů ze všech monitorovaných území (národní parky a např. CHKO).

Čistý počet nálezů je pro tetřívka obecného 614, pro jeřábka lesního 1528 a pro tetřeva hlušce 2464 (obr. 3). Díky podpoře soukromých osob bylo získáno také množství nálezů a vzorků trusu i z území mimo hranice národních parků. Rozlišujeme zde čtyři oblasti: chráněnou krajinnou oblast (CHKO) v Bavorsku, CHKO v České republice, CHKO v Rakousku a oblast jihozápadně od Bischofsmais.

Tabulka 2 a obrázek 4 shrnují rozložení počtu sebraných vzorků jednotlivých druhů v prostoru. Většina nálezů (3951, 86 %) pochází z území obou národních parků. V Národním parku Šumava bylo získáno celkem 3416 (74%) nálezů všech tří druhů. Na území Národního parku Bavorský les bylo zaznamenáno 543 nálezů (12%). Počty nálezů v jednotlivých oblastech viz. tab. 3.

Tab. 3: Počty registrací jednotlivých druhů rozdělených podle území.

	Bischofsmais	CHKO Bavorský les	CHKO Rakousko	CHKO Šumava	NP Bavorský les	NP Šumava
tetřev hlušec (<i>Tetrao urogallus</i>)	16	166	8	76	386	1812
jeřábek lesní (<i>Tetrastes bonasia</i>)	0	29	2	180	154	1163
tetřívka obecná (<i>Tetrao tetrix</i>)	0	0	0	176	2	436

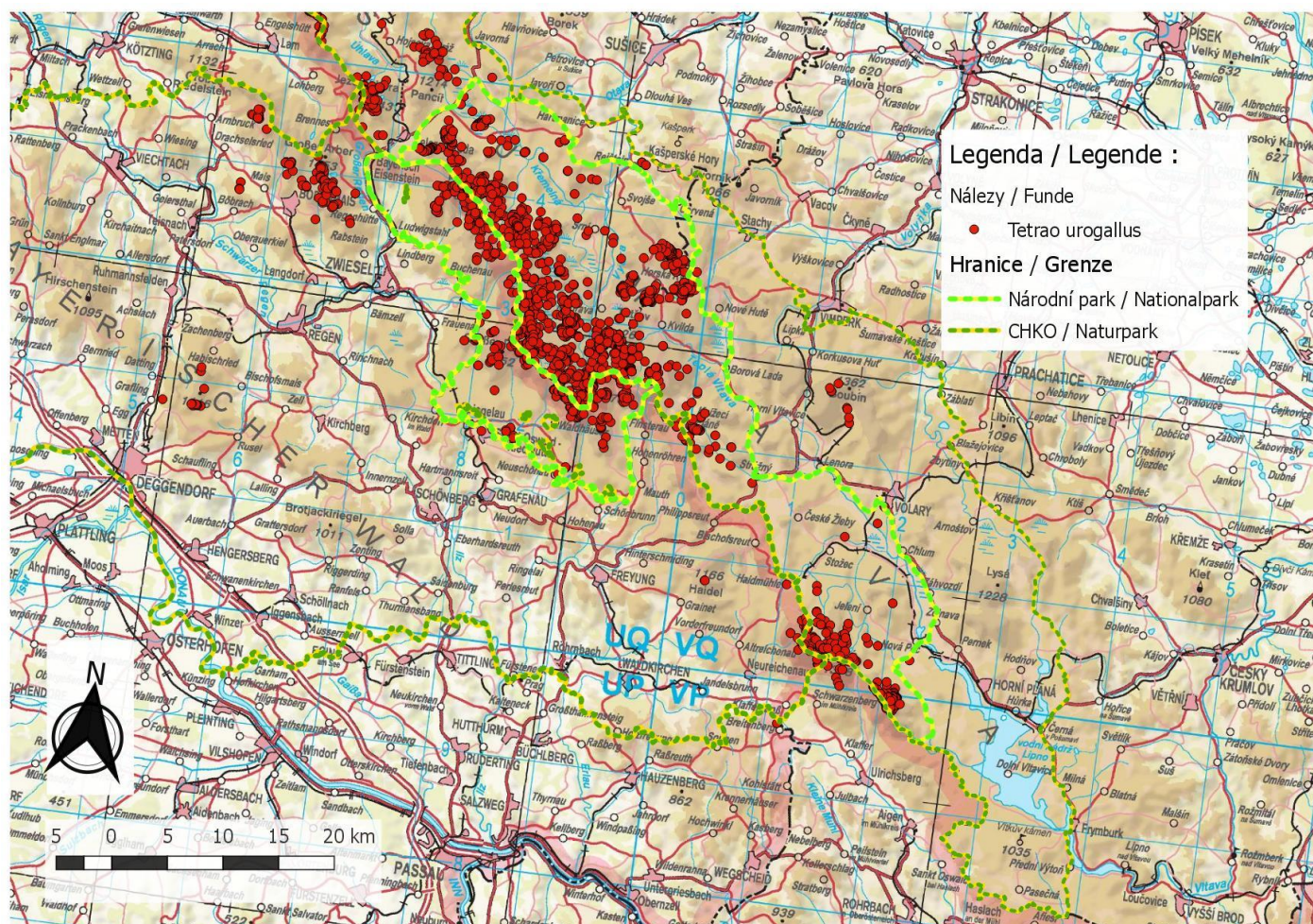


Obr. 4: Prostorové rozmístění všech 4613 nálezů (vzorky trusu, nálezy per, pozorování, atd.) tetřeva hlušce (*Tetrao urogallus*), jeřábka lesního (*Tetrastes bonasia*) a tetřívka obecného (*Tetrao tetrix*) od listopadu 2016 do září 2019 v celé projektové oblasti.

4.2 Tetřev hlušec (*Tetrao urogallus*)

4.2.1 Nálezy a rozšíření

V období od listopadu 2016 do září 2019 bylo ve zkoumané oblasti zaznamenáno celkem 2464 nálezů tetřeva hlušce (obr. 5). Z území Národního parku Šumava bylo získáno 1812 záznamů, z Národního parku Bavorský les pak 386 nálezů. Nálezy byly doplněny daty z německé (166) a české (76) chráněné krajinné oblasti. V lesích mezi Deggendorferm a Bischofsmaisem bylo shromážděno celkem 16 nálezů a bylo sebráno několik vzorků trusu. Další vzorky trusu pocházejí od kolegů z rakouského pohraničí. Ty podporují populačně genetické studie místní populace ze zkoumaného území.



Obr. 5: Rozmístění záznamů tetřeva hlušce (*Tetrao urogallus*) (N=2469) z období listopad 2016 až září 2019. Záznamy obsahují všechny kvality vzorků (vzorky trusu, nálezy per, pozorování atd.).

4.2.2 Nálezy a jejich kvalita

Celý tým byl instruován, aby během terénní práce zaznamenával všechny nálezy cílových druhů. Mimo trus byly zaznamenávány i další pobytové znaky, nebo pozorování (přímé pozorování, poslech, nálezy per, stopy ve sněhu a další). Tyto nálezy byly v NP a CHKO Šumava zaznamenány i v dalších letech.

Pro genetiku byly použity pouze vzorky ze sezóny 2016/2017. Během přípravných laboratorních prací byly vyřazeny všechny vzorky trusu, u kterých se podle tvaru nebo barvy dalo předpokládat, že vzorek nebyl čerstvý. Pro populační genetické analýzy bylo po selekci všech dat k dispozici 1048 vzorků trusu (tab. 4). Podle předem daného klíče bylo náhodně vybráno 600 vzorků, které byly použity pro genetické analýzy v laboratoři.

Tab. 4 Přehled počtů vzorků a kvality tetřevích nálezů ze zimy 2016/2017. Pro populačně genetické analýzy bylo z 1324 tetřevích nálezů vhodných 1048 vzorků trusu. V tabulce nejsou uvedeny nálezy z let 20018 a 2019 použité pro habitatové modely.

	počet	argument
nálezy celkem	1324	nálezy všech kvalit
pozorování, stopy, pera	185	žádný trus
trus slepého střeva	1	nevhodný pro laboratorní práce
georeferenční data	4	chybějící datové podklady (např. geodata) pro analýzu
stav: staré	86	vzorky trusu pro extrakci DNA pravděpodobně moc staré
stav: čerstvé	1048	čerstvý materiál se všemi relevantními údaji pro populačně genetické analýzy

4.2.3 Genetický materiál

Při mapování a sběru tetřevího a jeřábčího trusu byla snaha o sběr pokud možno čerstvých vzorků. Ty byly po terénních pracích okamžitě zmrazeny při teplotě -18°C . Ne všechny vzorky trusu byly dostatečně čerstvé. Proto nebylo možné zaručit úspěšnou extrakci DNA. Do laboratoře byly odeslaný pouze vzorky, u kterých byl předpoklad, že jsou čerstvé (kontrola konzistence, barvy,...) Z celkem 1 138 vzorků trusu bylo po zhlédnutí 1048 považováno za dostatečně čerstvé pro genetické testování (zde: DNA extrakce).

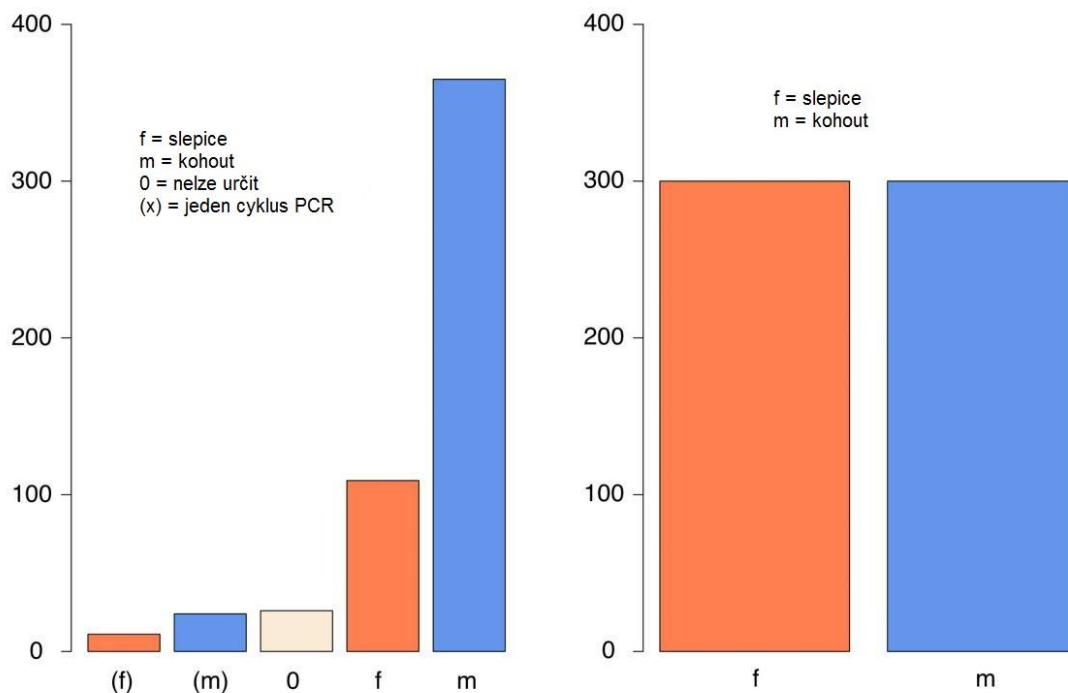
Pro laboratorní práce byl naplánován finanční rozpočet na 600 vzorků, takže z 1048 vzorků sebraných pouze v sezóně 2016/2017 bylo podle postupu stanoveného v předchozích letech vybráno 600 vzorků. Pro zaručení platnosti výsledků, byl z každého 50 ha čtverce vybrán náhodně jeden vzorek (zohlednění prostorového rozmístění tetřevů). Následně byl pro každý čtverec tažen další vzorek pokud možno opačného pohlaví. Dále byl aplikován náhodný výběr dalších vzorků (do maximálního počtu 600) tak, aby odpovídal místním hustotám nálezu pobytočných známek (např. místům s hodně nálezy).

Extrakce DNA byla úspěšná u 594 (99%) vzorků trusu. U 535 (89%) vzorků byla úspěšně provedena PCR. U 535 vzorků jsou k dispozici údaje o alelách. Celkem bylo zjištěno 302 různých genotypů. Počet "opakovaně zachycených jedinců" se pohyboval od 1 (pouze jeden nález) až po maximálně 12 opakování (celkem 13 nálezů).

4.2.4 Poměr pohlaví (odhadovaný/určený)

Na základě relativního průměru (tloušťky) trusu bylo odhadnuto a zaznamenáno pohlaví jedinců. Podle našich odhadů byl v sezóně 2016/2017 sesbírán přibližně stejný počet vzorků trusu od slepic a kohoutů. Odhad byl mimo jiné základem pro výběr 600 vzorků, které mají být geneticky zpracovány a analyzovány a odpovídá postupu z předchozího projektu. Pohlaví by mělo být zahrnuto v analýze v poměru 1:1. Odhad pohlaví podle relativní velikosti trusu lze ověřit až s výsledky genetického stanovení pohlaví (s genderově specifickými markery).

Prostřednictvím genderově specifických markerů a metodou PCR je ze vzorků DNA možné stanovit pohlaví zvířat. Použili jsme (viz Rösner et al., 2014a) chromozomálně specifický primerový pár P2 a P8 podle PCR analýz od Griffiths et al. (1998). Pro optimalizované stanovení pohlaví byly cykly PCR prováděny min. dvakrát a nezávisle. Do výsledků byla zahrnuta pouze data, která měla při obou cyklech stejný výsledek.



Obr. 6: Rozdělení pohlaví vzorků trusu podle odhadu pro laboratoř (vpravo) a výsledky chromozomálně-specifického určení pohlaví z DNA (vlevo). Pohlaví v závorce mohlo být určeno pouze u jednoho cyklu PCR.

4.2.5 Genotypizace

Extrakce DNA byla velmi úspěšná u 594 (99 %) z 600 vzorků trusu. U 535 (89 %) vzorků byly úspěšně provedeny postupy PCR. U 535 vzorků (89 %) jsou k dispozici úplná data o alelách. Přiřazení genotypů bylo prováděno firmou Ecogenics GmbH, podle metodiky Rösnera et al. (2014a).

4.2.6 Genotypy

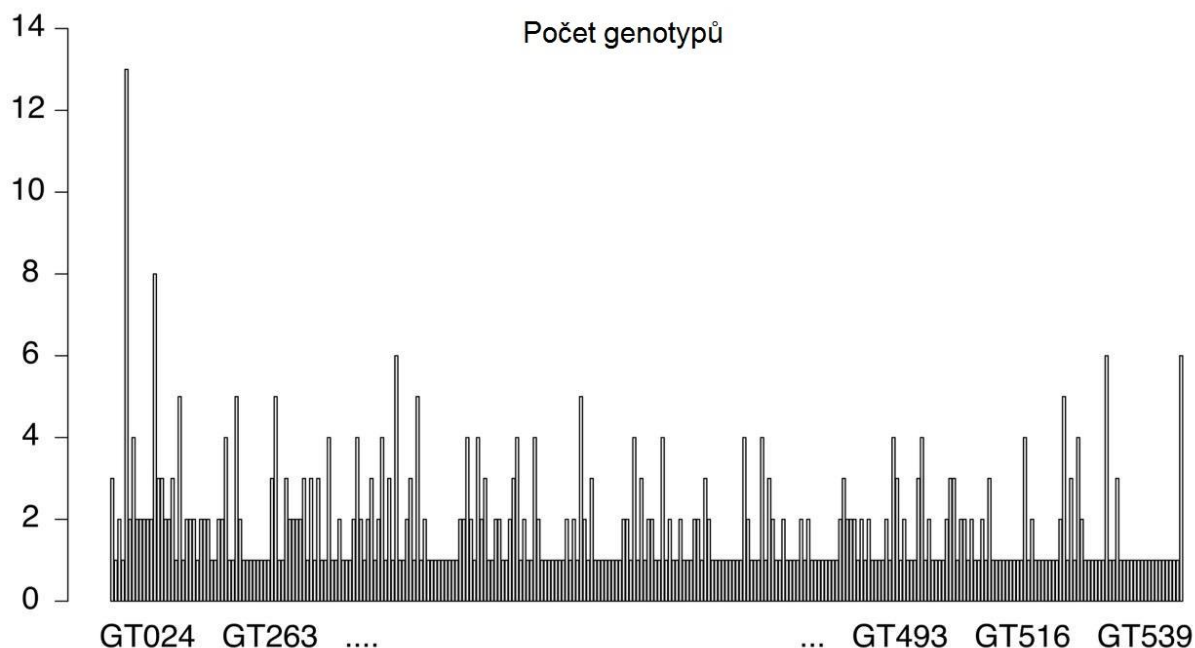
Z 535 vzorků bylo možno definovat celkově 302 různých genotypů (po odečtení vzorků, u kterých bylo získáno méně než 10 z celkového počtu 12 loků alel). Z toho vyplývá, že některé genotypy (tetřeví jedinci) byly zaznamenány opakovaně. Díky rozdílnému zaznamenání těchto jedinců v prostoru a čase bylo možné realizovat další analýzy (viz dále).

Podle výše popsaného postupu se z obou národních parků zahrnulo do analýz celkem 408 vzorků. Tyto vzorky pokrývají přibližně polovinu (58 %) genotypů zjištěných ve zkoumané oblasti. V obou národních parcích bylo zjištěno celkem 177 různých genotypů. V Národním parku Bavorský les bylo ze 162 vzorků identifikováno 82 rozdílných genotypů a v Národním parku Šumava bylo z 246 vzorků identifikováno 152 různých genotypů. Zbývající vzorky a genotypy jsou rozděleny na podoblasti mimo národní parky následovně: chráněné krajinné oblasti v Bavorsku (82, 59 genotypů), CHKO v České republice (34, 23 genotypů), oblast SW Bischofsmais (6, 3 genotypy) a Rakousko (5, 4 genotypy).

Analýza průměrného kumulativního genotypu "pravděpodobnost identity" přinesla signifikantní výsledek ($p < 0,05$). Proto lze říci, že dva genotypy znamenají dva různé tetřeví jedince.

4.2.7 Opětovná zachycení

535 úspěšně genotypizovaných vzorků trusu patřilo 302 různým tetřevím genotypům. Počet opětovně zaznamenaných jedinců se pohybuje od 1 (bez opětovného zachycení) až po maximálně 13 opětovných zachycení během sledovaného období (obrázek 7).



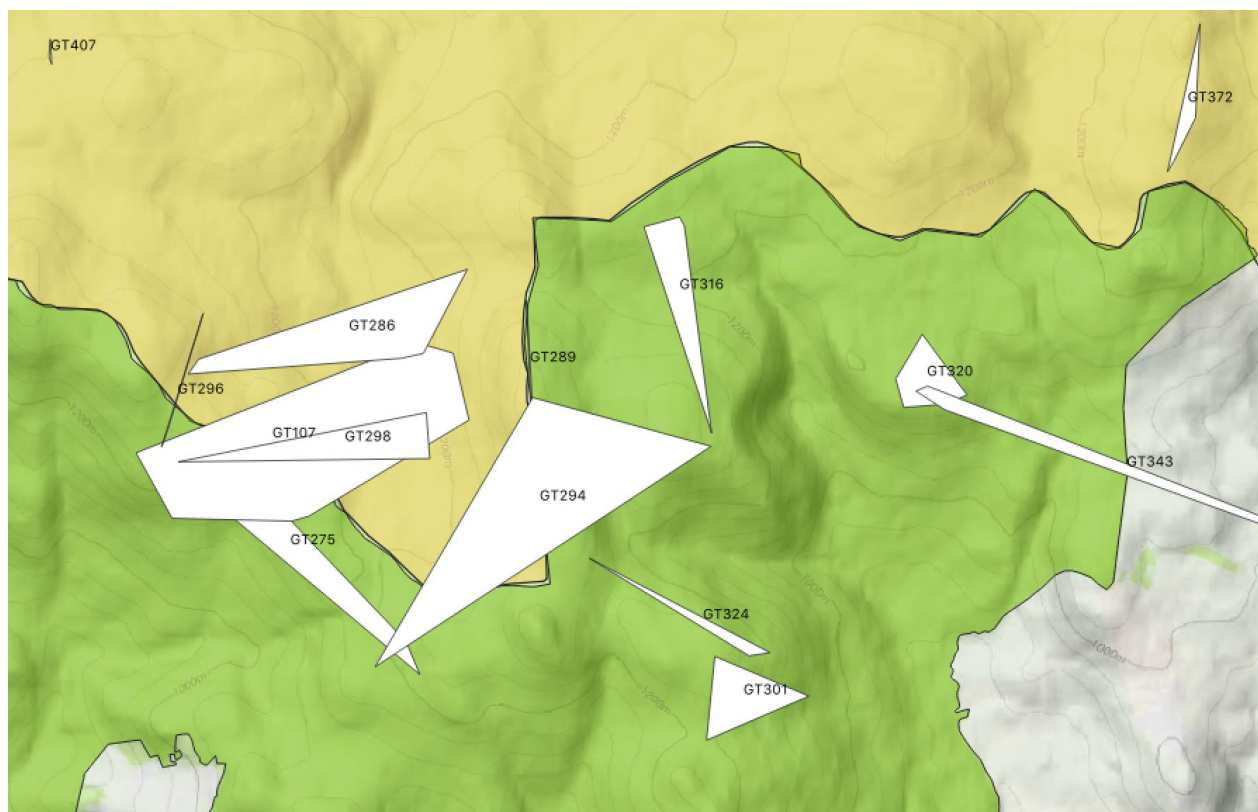
Obr. 7: Rozmístění tetřevích (*Tetrao urogallus*) – genotypů a jejich opětovných zachycení v zájmové oblasti v období 2016-2017.

Opětovným zachycením genotypů lze pozorovat a zdokumentovat pohyby jednotlivých zvířat v prostoru. Při nejméně jednom opětovném zachycení (dva nálezy) může být určen lineární pohyb a změřena vzdálenost. U minimálně dvou opětovných zachycení (3 nálezy) je možné určit akční rádius (plocha).

4.2.8 Akční rádius genotypů

Mapa opětovného zachycení genotypů ilustruje pohyb v prostoru (obr. 8). Tetřevi se v zájmové oblasti pohybují jak mezi národními parky Šumava a Bavorský les, tak mezi okolními lesy. U několika genotypů se povedlo prokázat přesuny mezi oblastí Velkého Javoru a severní části Národního parku Bavorský les. Přesuny byly prokázány i mezi územím Národního parku Šumava a státními lesy severovýchodě od Železné Rudy (obr. 9A).

Mezi nálezy z oblasti Bischofsmais respektive oblasti Třístoličníku" a jádrovými územími národních parků nebylo možné doložit opětovné nálezy. Akční rádius těchto genotypů se zdá být omezen pouze na tato území.



Obr. 8: Příklad vícenásobného „opětovného zachycení“ genetických genotypů a z toho vycházejících Minimum Convex Polygon-ploch (MCP, bílé) v příhraničním území u Luzného, NP Bavorský les (zelená plocha) a NP Šumava (žlutá plocha).

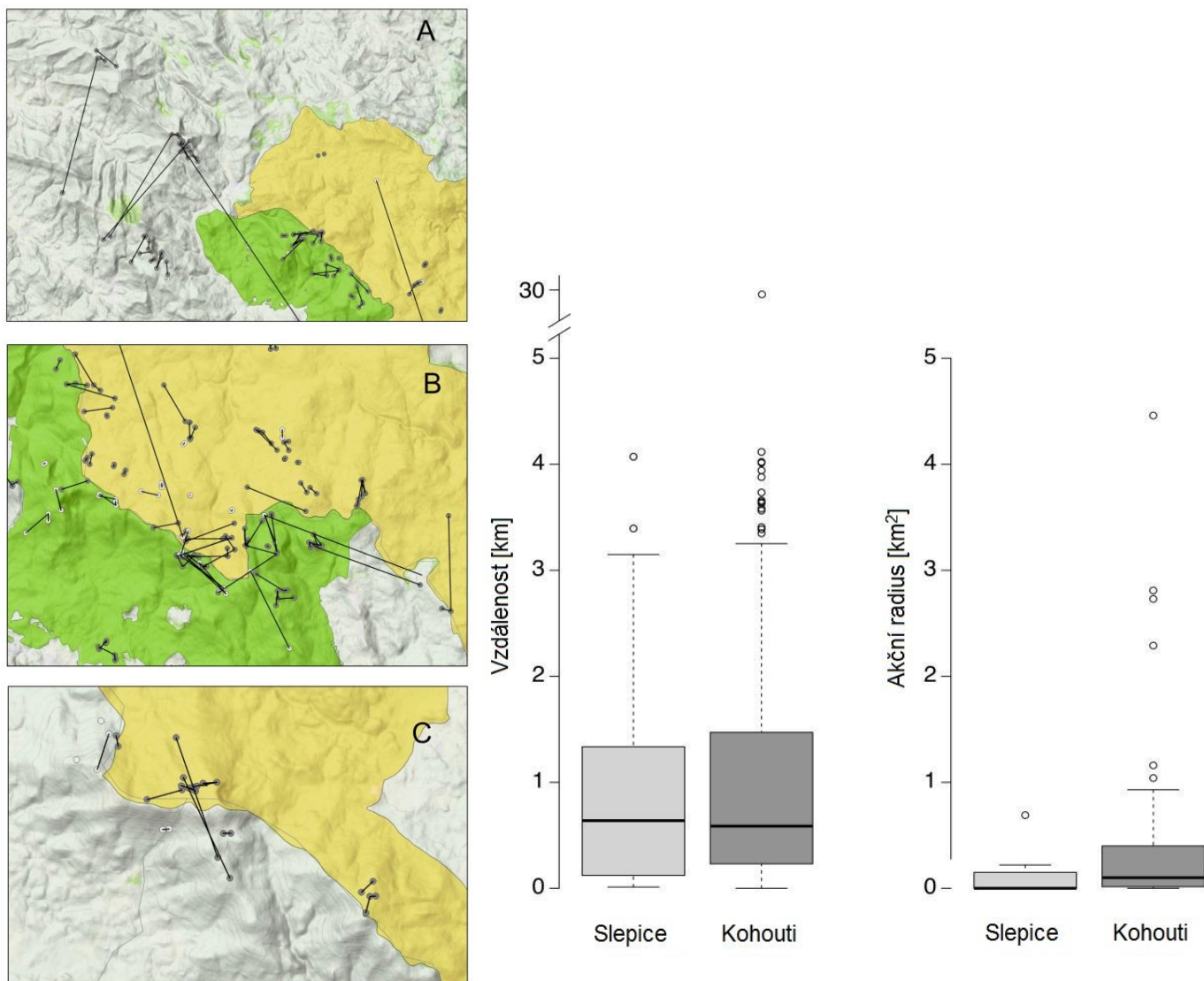
Zatímco velký počet pozorování jednoho genotypu byl na poměrně malém prostoru (vzdálenost 1,68 km nebo 0,40 km²), několik shodných genotypů bylo zjištěno poměrně daleko od sebe. Maximální zaznamenaná vzdálenost (vzdušnou čarou) mezi shodnými genotypy byla 25,9 km. Tato hodnota patřila kohoutovi, který se pohyboval od okraje centrální části Národního parku Bavorský les až k Bavorské Rudě a Velkému Javoru.

Tab. 5: Přehled akčních rádiů a vzdáleností „opětovně zachycených“ genotypů kohoutů a slepic tetřevů hluščů (*Tetrao urogallus*).

	kohouti	slepice	celkem
max. počet opět. zachycení	13	5	13
minimální vzdálenost	0,003 km	0,01 km	0,003 km
střední vzdálenost	1,68 km	1,67 km	1,68 km
maximální vzdálenost	25,9 km	19,7 km	25,9 km
akční rádius, max.	4,46 km ²	0,69 km ²	4,46 km ²
střední akční rádius	0,43 km ²	0,14 km ²	0,40 km ²

Maximální vzdálenost u slepic byla přibližně 20 km. Slepice se pohybovaly v průměru 1,67 km, kohouti 1,68 km. V průměru se obě pohlaví nijak významně neliší ($W = 33692$, $p = 0.228$).

Při nejméně dvou opětovných zachycení jednoho genotypu bylo možné vypočítat akční rádius. Akční rádia pokrývají v průměru 0,40 km². Maximální hodnoty se značně liší u kohoutů (4,46 km²) a slepic (0,69 km²), avšak v průměru nevykazují významný rozdíl ($W = 106$, $p = 0,1337$).



Obr. 9: Srovnávací znázornění vzdáleností (km) a akčních rádií (km^2) samců a samic tetřeva hlušce (*Tetrao urogallus*) založených na "opětovných zachyceních" známých genotypů. Poznámka: Pro lepší čitelnost nejsou extrémní hodnoty vzdáleností znázorněny. Velikost se v obou případech signifikantně nelišila ($p > 0,05$). A) Opětovná zachycení (čáry) v oblastech severně od národních parků (zeleně: Bavorský les, žlutě: NP Šumava), B) centrální oblast a C) hranice mezi Rakouskem a Českou republikou.

4.2.9 Velikost populace

Na základě "opětovných zachycení" genotypů je možné vypočítat odhady velikosti populace. Následující odhady jsou prezentovány v souladu s metodikou použitou v prvním projektu (viz Materiál a metody).

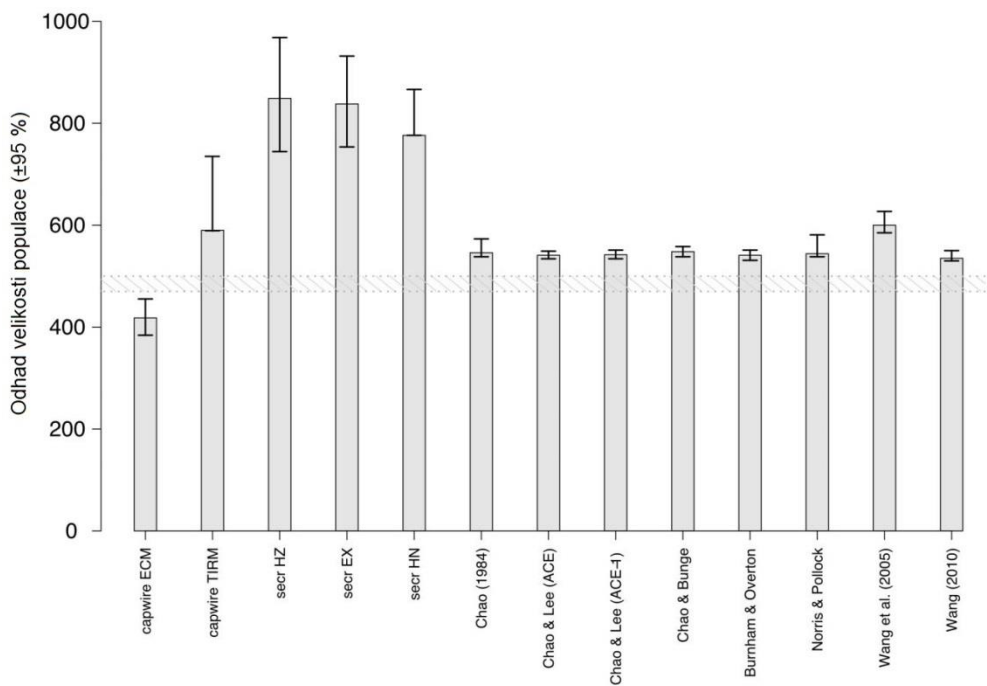
Z 600 analyzovaných vzorků sebraných v zimních a jarních měsících 2016/2017, bylo použitelných 535 vzorků s 302 různými genotypy. Bylo použito 13 různých modelů pro určení velikosti populace, které došly k následujícím výsledkům.

Ve skupině všech genetických vzorků (bez ohledu na místo nálezu) přinesly metody odhadu průměrnou velikost populace $N = 605,2 (\pm 130,6)$ (tab. 6). Toto číslo přesahuje hranici nejméně 470-500 zvířat "velikosti populace umožňující dlouhodobé přežití" (mvp) specificky určenou pro tento druh (Grimm & Storch 2000).

Tab. 6: Přehled odhadů velikosti populace tetřeva hlušce (*Tetrao urogallus*) v celé zájmové oblasti, uvedeny jsou odhadovaná velikost "N" a příslušné horní a dolní rozsahy odhadů, jakož i standardní odchylka. Odhady odpovídají softwarovým balíčkům Capwire, SECR a SPECIES.

metoda odhadu	odhad velikosti populace „N“	dolní hranice odhadu	horní hranice odahu	standardní odchylka
Capwire (ECM)	418,0	384,0	455,2	n.a.
Capwire (TRIM)	590,0	595,0	740,0	n.a.
SECR (HZ)	848,9	744,4	968,2	57.0
SECR (EX)	837,9	753,5	931,8	45.4
SECR (HN)	776,3	776,3	866,4	43.5
Chao (1984)	546,0	538,0	573,0	7.6
Chao & Lee (1922) (ACE)	541,0	534,0	549,0	3.7
Chao & Lee (1922) (ACE-1)	542,0	534,0	551,0	4.5
Chao & Bunge	548,0	538,0	558,0	5.1
jackknife, Burnham & Overton	541,0	531,0	551,0	5.1
unpml, Norris & Pollock	544,0	538,0	581,0	n.a.
pnpml, Wang et al. (2005)	600,0	585,0	627,0	n.a.
pcg, Wang (2010)	535,0	530,0	550,0	n.a.
Mittelwert (alle Modelle)	605,2 (±130,9)	583,2	654,0	n.a.

Základ dat (vzorky trusu) pro tyto výpočty nevychází pouze z výsledků monitoringu v obou národních parcích, ale je doplněn i vzorky z okolních oblastí výskytu tetřeva hlušce. Za účelem zjištění významu dvou velkých chráněných území pro místní populaci byly provedeny samostatné výpočty pro různá území. Výpočty ukázaly průměrnou velikost populace 409,0 zvířat. Přehled výsledků dílčích datových souborů je uveden v tabulce 7. Tato hodnota je tedy pod hodnotou mvp, kterou očekává Grimm & Storch (2000).



Obr. 10: Srovnávací zobrazení odhadů velikosti populace tetřeva hlušce (*Tetrao urogallus*) ze zájmové oblasti "Bavorský les a Šumava" v letech 2016 a 2017 s uvedením horních a dolních hranic odhadu. Šedě šrafovaný pruh ukazuje minimální velikost pro dlouhodobě životaschopnou populaci podle Grimm & Storch (2000).

Tab. 7: Výsledky výpočtů odhadu velikosti populace tetřeva hlušce (*Tetrao urogallus*) rozdělených podle chráněných území. Údaje jsou střední hodnoty (N). Pro podoblasti byly vzhledem k jasné menšímu počtu vzorků provedeny výpočty podle metod odhadu Chao (1984), Chao & Lee (1992), Chao & Bunge (2002) a Burnham & Overton (1978) implementovány podle Wang (2011).

	velikost populace „N“	spodní hranice odhadu	horní hranice odhadu	počet vzorků v analýze	počet nalezených genotypů
zkoumané území celkem	605,2	583,2	654,0	535	302
oba národní parky	409,2	406,0	416,0	408	224
NP Šumava	246,2	244,0	251,0	246	152
NP Bavorský les	166,0	162,0	302,0	162	82
bavorské CHKO	82,0	80,0	90,0	82	59
CHKO Šumava	34,2	32,0	42,0	34	23
Rakousko	5,2	3,0	10,0	5	4
Bischofsmais	7,2	4,0	17,0	6	3

4.2.10 Genetická diverzita

Genetická diverzita s fixačním indexem F_{ST} 0,005 byla poměrně nízká a nebyla signifikantní ($p < 0,01$). Nejvyšší genetická variabilita s hodnotou $F_{IS} = 0,020$ ($p = 0,10$) byla až s 98 % (oproti 100 %) u jedinců. Dvě procenta variability byla zjištěna mezi jednotlivci. Proporcionálně je variabilita uvnitř populace mizivě malá ($< 0,1\%$).

4.2.11 Genetická populační struktura

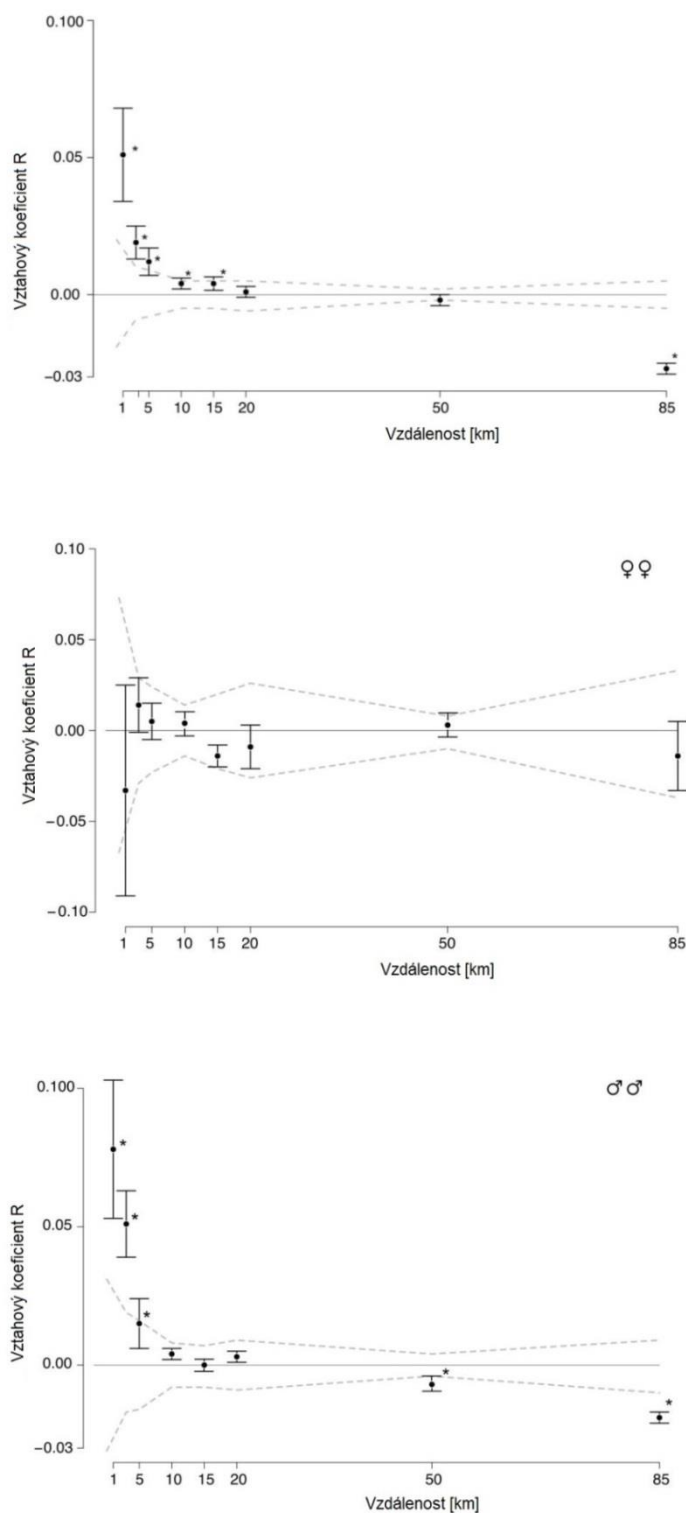
Pro analýzu genetických struktur byly použity všechny genotypy 12 lokusů popsaných společností ecogenics GmbH (viz Materiál a metody).

535 zkoumaných jedinců vykazuje při 12 locích 96 různých alel. Počet alel na lokus se pohybuje od 4 do 14.

Tab. 8: Seznam použitých lokusů a výsledky testu na odchylky od Hardy-Weinbergovi-rovnováhy (χ^2 , p, p bonferroni korigováno). X = loky byly z dalších analýz vyloučeny.

Locus-č.	Locus-jméno	DF	χ^2	Prob	signif	Sign. (bonfer.)
1	BG15	6	1,04	0,984	ns	1,000
2	TUD1	15	6,66	0,966	ns	1,000
3	TUT4	3	4,42	0,220	ns	1,000
4	TUD7	6	13,83	0,032	*	0,384
5	BG18	10	20,81	0,022	*	0,264
6	TUD5	66	62,26	0,608	ns	1,000
7	TUD6	78	71,10	0,697	ns	1,000
8	TUT2	15	10,75	0,770	ns	1,000
9	TUT3	15	6,72	0,965	ns	1,000
10	TUD3	28	29,97	0,364	ns	1,000
11	<i>TUT1_x</i>	6	99,67	0,000	***	0,000
12	<i>TUD4_x</i>	55	92,12	0,001	**	0,012

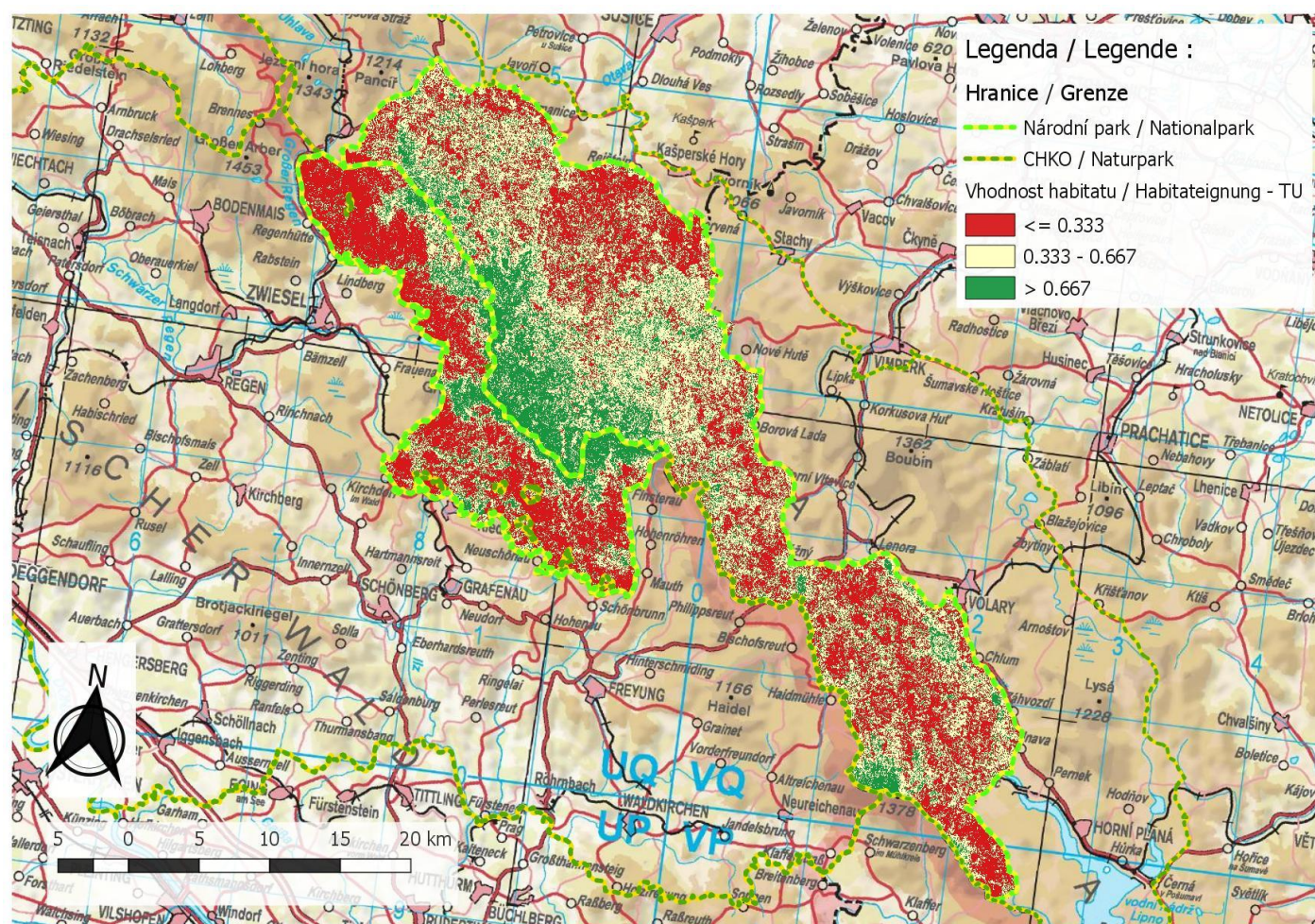
Při porovnání genetické příbuznosti všech jedinců v celkové populaci (bez subpopulací) ve vztahu k prostorové vzdálenosti se ukázal trend znázorněný na obr. 11. Genotypy, které jsou od sebe vzdáleny 1, 3, 5, 10 nebo nejvýše 15,0 km, jsou prokazatelně více příbuzné, než ty vzdálené více než 15,0 km. Zvířata, která jsou od sebe vzdálena > 85 km, si jsou statisticky navzájem méně příbuzná než u náhodného rozmístění stejných genetických charakteristik.



Obr. 11: Vztahový koeficient R ve vztahu k prostorové vzdálenosti [km] celkové populace (horní) a jednotlivých pohlaví (střední, dolní). Čárkovaná čára: horní a dolní 95 % interval spolehlivosti (CI) nad nulovou hypotézou pro neexistenci prostorové struktury náhodných dat (9 999 iterací a 9 999 bootstrapů). Černé body: datové genotypy při párových srovnáních v rámci příslušných tříd vzdálenosti +/- 95 % intervalů spolehlivosti. Hvězdy: signifikantní rozdíly ($p < 0,034$).

4.2.12 Biotopové preference tetřeva hlušce ve studijní oblasti

Habitatový model potvrzuje přítomnost největší části populace tetřeva hlušce v příhraničních oblastech. Jedná se většinou o oblasti horských smrčín, kde došlo recentně k velkoplošnému rozpadu horního stromového patra. Tyto rozvolněné biotopy nabízejí tetřevovi příhodná stanoviště (obr. 12). Z předchozích výsledků vyplývá, že pravděpodobnost celoročního výskytu tetřevů roste se stoupající nadmořskou výškou a s nárůstem množství ležícího tlejícího dřeva v kombinaci s přítomností zmlazení smrku. Tetřevům také vyhovují menší otevřené plochy s podrostem mladých smrků. Naopak turistický tlak může tetřevy vytlačovat z vhodných lokalit (Teuscher et al. 2011, Rosner et al. 2013).



Obr. 12 Zobrazení vhodnosti habitatu pro Tetřeva hlušce pro oba NP, vyjádřena číslem z intervalu od 0 (pro nevhodný habitat) do 1 (pro nejvhodnější habitat).

4.2.13 Genetická diverzita mezi subpopulacemi

Za účelem zjištění případných genetických struktur mezi subpopulacemi byly v párech vypočteny hodnoty F_{ST} mezi všemi subpopulacemi. Tabulka 9 ukazuje konzistentně nízké hodnoty F_{ST} . Čtyři z 36 párových srovnání devíti subpopulací vykazují signifikantní hodnotu. Maximální rozdíly ukazují hodnoty mezi subpopulací Pop6 a Pop3 se signifikantním rozdílem ($p = 0,017$).

Tab. 9: Přehled analýzy prostorové struktury párových hodnot je uveden pod diagonálou.

	Pop1	Pop2	Pop3	Pop4	Pop5	Pop6	Pop7	Pop8	Pop9
Pop1		0,444	0,066	0,229	0,428	0,427	0,458	0,144	0,318
Pop2	0,000		0,445	0,419	0,398	0,417	0,455	0,228	0,443
Pop3	0,025	0,000		0,021	0,239	0,017	0,225	0,137	0,027
Pop4	0,006	0,000	0,022		0,152	0,171	0,313	0,084	0,458
Pop5	0,000	0,000	0,006	0,005		0,144	0,449	0,152	0,300
Pop6	0,000	0,000	0,019	0,002	0,004		0,034	0,067	0,074
Pop7	0,000	0,000	0,006	0,001	0,000	0,006		0,437	0,132
Pop8	0,035	0,036	0,034	0,040	0,027	0,041	0,000		0,141
Pop9	0,003	0,000	0,020	0,000	0,002	0,004	0,006	0,028	

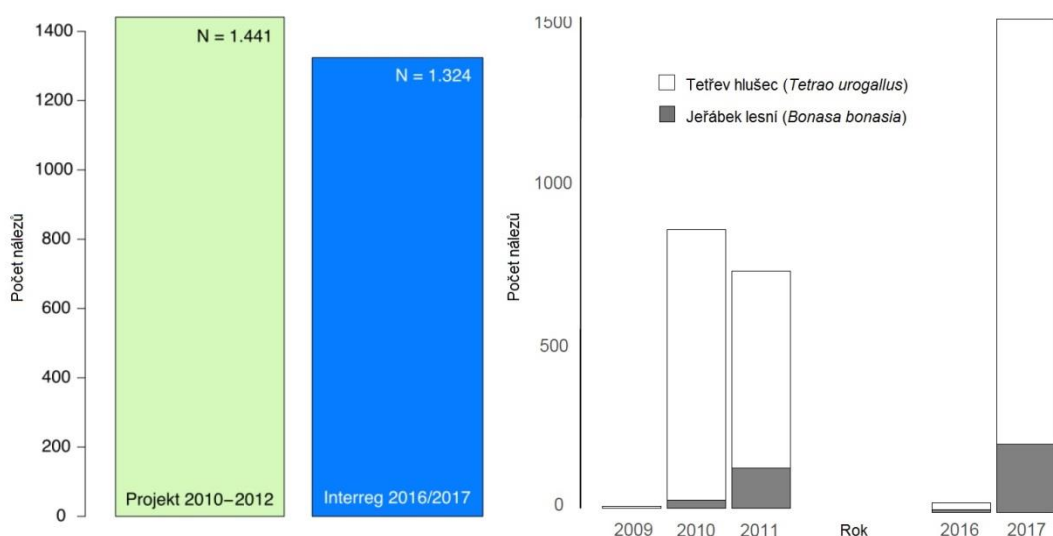
4.2.14 Srovnávací analýza se studií 2009-2011

V zimě 2009/2010 a 2010/2011 byl proveden první základní monitoring tetřeva hlušce na Šumavě (viz Rösner et al. 2014a, Rösner et al., 2014b, Teuscher et al. 2011, Teuscher et al. 2012).

Metody mapování a metodika sběru byly zachovány i pro tento projekt. V následujících kapitolách jsou výsledky této studie v rámci projektu INTERREG # 99 porovnány s údaji z let 2009-2011. Porovnání bylo provedeno pouze pro vzorky použité pro genetické analýzy, tedy vzorky zaznamenané v sezóně 2016/2017.

4.2.14.1 Počet vzorků

V rámci prvního monitoringu bylo v období od roku 2009 do roku 2011 sesbíráno celkem 1441 nálezů tetřeva hlušce. V tomto projektu bylo v prvním roce (období 2016/2017) zaznamenáno 1324 nálezů (obr. 13).



Obr. 13: Porovnání rozdělení všech nálezů (vzorky trusu, pozorování, nálezy per, atd.) podle monitorovacích let. Počet vzorků ze současného projektu (2016/2017) a z prvního monitoringu 2009-2011.

4.2.14.2 Prostorové rozmístění a pohyb

Monitorovaná oblast pro zjišťování nálezů tetřevovitých a zejména vyhledávání vzorků trusu se zaměřují na známé oblasti výskytu tří druhů a zhruba odpovídají monitorovaným oblastem z předchozích let. Rozmístění nálezů tetřeva hlušce v prostoru se významně neliší od nálezů z prvního monitoringu. Hlavní oblasti výskytu leží v horských smrkových lesech v nadmořské výšce přibližně od 900 m n. m. podél hranice Německa a České republiky. Další nálezy a vzorky trusu byly sebrány kolem Javoru a obce Lam, Hochfichtu a Třístoličníku, stejně jako v území Bischofsmais.

4.2.14.3 Genotypy

V prvním monitorovacím období bylo popsáno celkem 219 různých genotypů ze zájmové oblasti. Počet vzorků pro laboratorní analýzy byl tehdy 550 ($219/550 = 0,40$). V tomto vykazovaném období bylo z 600 vzorků popsáno 303 (51%) různých genotypů.

4.2.14.4 Genetická diverzita

Odhad celkové genetické diverzity F_{ST} byl s 0,005 relativně nízký, nevýznamný ($p = 0,005$) a tedy srovnatelný s hodnotou z prvního projektu ($F_{ST} = 0,002$, $p = 0,32$, Rösner et al. 2014a).

4.2.14.5 Prostorová struktura

Při analýze genetické struktury dat celé populace z let 2009-2011 nebyly nalezeny ve srovnání s náhodnou distribucí v prostoru žádné signifikantní rozdíly (viz obr. z Rösner et al. 2014a). Kohouti si byli až do vzdálenosti tří kilometrů signifikantně blíže příbuzní, než by se dalo očekávat z náhodného rozmístění všech genotypů.

V tomto vykazovaném období ukazují analýzy celé populace až na vzdálenost do 15 km výrazně bližší genetický vztah, než by se očekávaly s náhodně detekovanými genotypy. U kohoutků lze bližší vztah rozpoznat až do vzdálenosti 5 km. Slepice nevykazují žádnou strukturu, která by se signifikantně lišila od náhodného rozdělení.

3 z 36 párových genetických rozdílů mezi subpopulacemi ukázaly významné rozdíly. Rozdíly mezi subpopulacemi nejsou důsledkem redukovaného genového toku mezi podoblastmi, ale spíše vlivem počtu vzorků a genotypů, které jsou zahrnuty do srovnání.

4.2.14.6 Akční rádius

Akční rádius (vzdálenosti a oblasti aktivit) se podle dostupných údajů nijak významně neliší mezi slepicemi a kohouty. Maximální vzdálenosti mezi dvěma nálezy genotypu dosahují až 25 kilometrů. Maximální hodnota z prvního projektu činí 34 km (Rösner et al. 2014a). Byla to tedy vyšší hodnota, ale neodráží zásadně nový směr nebo spojení podoblastí zájmové oblasti.

Akční rádius s průměrnou hodnotou $0,4 \text{ km}^2$ je menší než průměr $1,6 \text{ km}^2$ z předchozího projektu.

4.2.14.7 Opětovně zachycení jedinci v různých letech

V současném monitorovacím období bylo zjištěno celkem devět genotypů, které byly v zájmové oblasti zachyceny již v období 2009-2011. Celkem bylo zaznamenáno 30 nálezů následujících genotypů: GT024 (3x, slepice), GT063 (1x, slepice), GT075 (2x, kohout), GT102 (1x, kohout), GT107 (13x, kohout), GT130 (2x, kohout), GT140 (4x, kohout), GT176 (2x, kohout) a GT182 (2x, slepice).

Opětovná zachycení devíti genotypů se podle výsledků genetického stanovení pohlaví dělí na tři slepice a pět kohoutů. U jednoho zvířete (GT130) nebylo možné stanovit pohlaví geneticky. Vzhledem k časovým intervalům mezi prvním a posledním zachycením příslušných genotypů lze vyvodit, že se tato zvířata v zájmové oblasti pohybují po dobu nejméně šesti až maximálně 6,5 roku. Nejdelší časový interval mezi dvěma nálezy byl u samičího genotypu (tab. 10), který byl poprvé zaznamenán v březnu 2010 a poté "pozorován" znovu na jaře roku 2017.

Tab. 10: Přehled „opětovných zachycení“ jednotlivých genotypů v obou kolech monitoringu. Uveden je počet opětovných zachycení, prostorový i časový odstup.

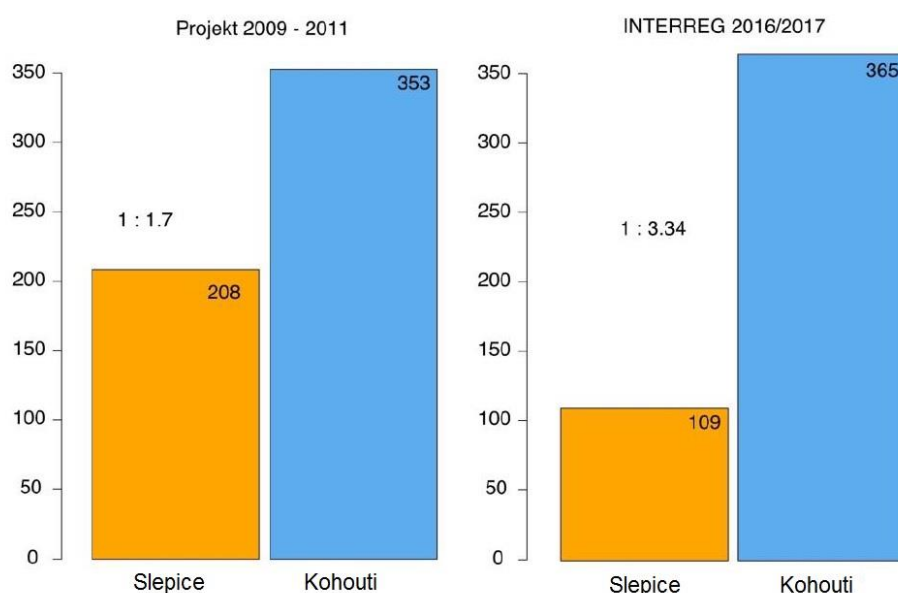
	GT024	GT063	GT075	GT102	GT107	GT130	GT140	GT176	GT182
pohlaví (f=slepice, m=kohout)	f	f	m	m	m	n.a.	m	m	f
počet nálezů (n)	6	3	3	4	14	4	5	3	3
počet opakovaných zachycení (n-1)	5	2	2	3	13	3	4	2	2
první nález [rok]	2010	2010	2011	2011	2011	2011	2011	2011	2010
poslední nález [rok]	2017	2017	2017	2017	2017	2017	2017	2017	2017
max. časový odstup [roky]	6,0	6,0	6,0	6,0	6,0	6,0	6,0	6,0	6,5
max. prostorová vzdálenost [km]	6,41	5,78	0,51	6,93	9,58	9,62	2,91	7,61	1,48

Prostorové rozmístění maximálních vzdáleností mezi dvěma opětovnými zachyceními je v průměru 5,7 kilometru. Maximum je u záznamů jednoho kohouta se vzdáleností kolem 10 km (GT107, 9,58 km, tab.10).

4.2.14.8 Poměr pohlaví

Výběr vzorků, které měly být zpracovány pro genetickou analýzu v laboratoři, zahrnoval mimo jiné i odhad pohlaví podle průměru trusu. Cílem bylo mít vyvážený poměr pohlaví (1:1).

V prvním monitoringu byl geneticky určený poměr pohlaví slepic a kohoutů 1:1,7. V současném projektu INTERREG odhalily genetické analýzy ještě jasnější převahu kohoutů. Poměr pro zimní období 2016/2017 je 1:3,34. Navzdory možné metodické chybě při optickém určení pohlaví, data naznačují převahu kohoutů v populaci (obr.14).



Obr. 14: Porovnání poměru pohlaví u dvou monitoringů. Pohlaví bylo určeno pomocí genetických metod (chromosomálně-specifické markery).

4.2.14.9 Velikost populace

Metody výpočtu odhadu velikosti populace tetřeva hlušce v zájmové oblasti jsou založeny na metodách předcházejícího monitoringu 2009-2011. Průměrná hodnota vypočítaná pro všechny odhady je $N = 605,2 (+/- 130,9)$ za projektové období 2016/2017 (tab. 11). Při přímém srovnání vykazují tři "Efford-modely" poměrně vysoké hodnoty. Výpočetní základ pro odhady dle metody SECR (Efford 2018) je založen na prostorově explicitním "modelu pastí". Prostorové vztahy jsou vyjádřeny mřížkou proloženou přes zájmové území a vzdálenosti mezi opětovnými zachycenými jedinci. Vzhledem k mírnému rozšíření zájmové oblasti do Rakouska a ostrovnímu rozmístění nálezů z

oblasti Bischofsmais se ve srovnání s prvním monitoringem mírně liší referenční plocha. Počet oblastí „s pastmi“ se proto mírně změnil. Odhady mohou být mírně nadhodnoceny kvůli nedostatku údajů z oblasti mezi Bischofsmais a národními parky.

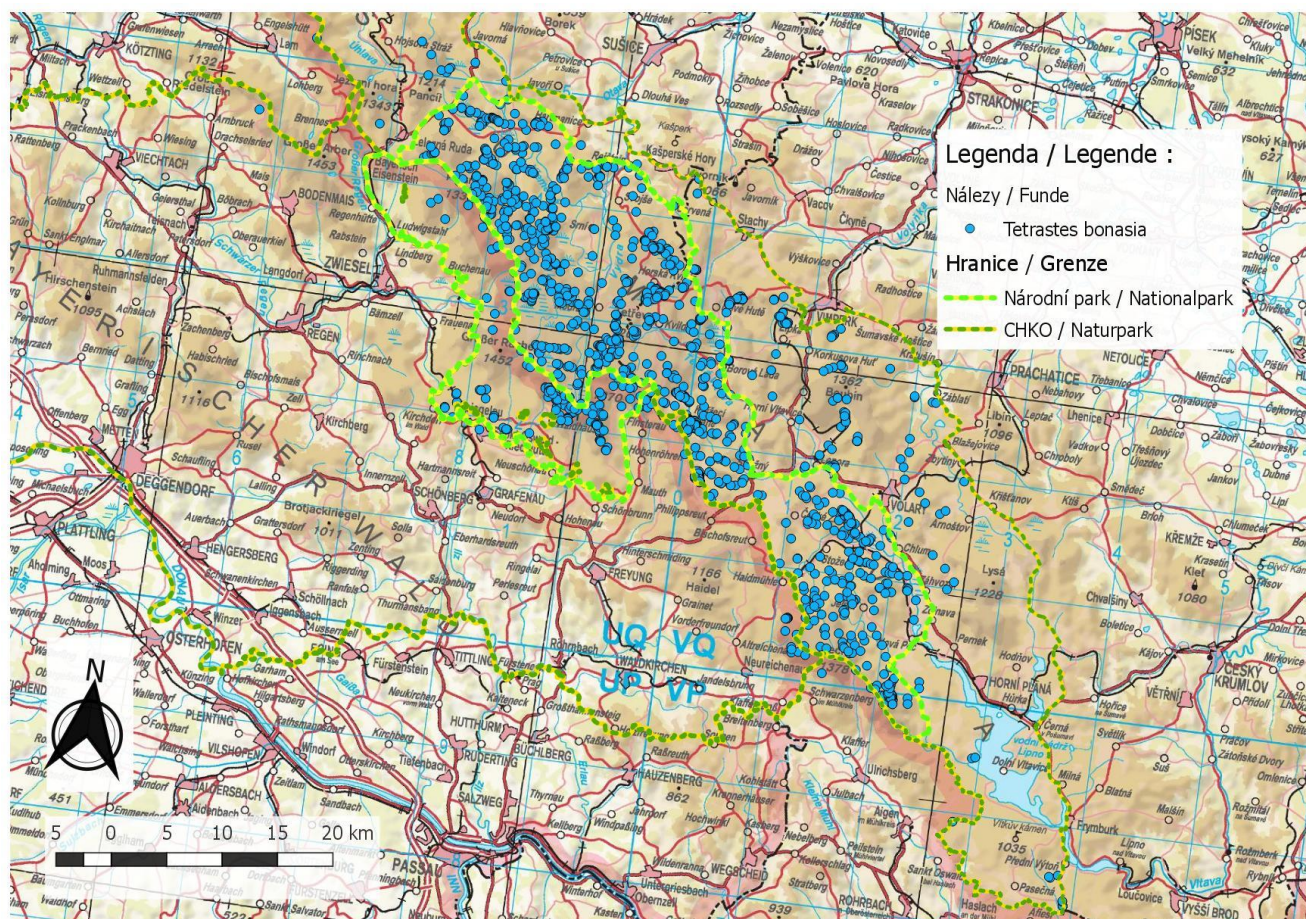
Tab. 11: Výsledky výpočtů odhadu velikosti populace tetřeva hlušce (*Tetrao urogallus*) v období 2009-2011 a INTERREG 2016/2017.

projektové období	zkoumané území celkem	NP Šumava	NP Bavorský les
2009-2011	556,0 (544,0 - 616,0)	234 (216,0 - 323,0)	154 (141,0 - 218,0)
INTERREG 2016/2017	605,2 ($\pm 130,9$)	246,2 (244,0 - 251,0)	166 (162,0 – 302,0)

4.3 Jeřábek lesní (*Tetrastes bonasia*)

4.3.1 Nálezy a rozšíření

V období od listopadu 2016 do září 2019 bylo ve sledované oblasti zaznamenáno 1528 registrací jeřábka lesního (obr. 15). Z území Národního parku Bavorský les bylo získáno 154 záznamů, z NP Šumava 1163 záznamů, z německé CHKO (29 nálezů), z rakouské CHKO (2 nálezy), z CHKO Šumava (180 nálezů).



Obr. 15: Rozmístění všech záznamů jeřábka lesního z období listopad 2016 až září 2019 (vzorky trusu, stopy, nálezy per, pozorování atd.).

4.3.2 Nálezy a jejich kvalita

Celý tým byl instruován, aby během terénní práce zaznamenával všechny nálezy cílových druhů. Kromě sebraných vzorků trusu pro genetickou analýzu bylo zaznamenáno mnoho dalších nálezů. Jednalo se o přímé pozorování, poslech, nálezy per, stopy ve sněhu a další. Pokud bylo možné určit pohlaví, bylo zaznamenáno.

Během přípravných laboratorních prací byly vyřazeny všechny vzorky trusu, u kterých se podle tvaru nebo barvy dalo předpokládat, že vzorek nebyl čerstvý. Pro populační genetické analýzy bylo po selekci všech dat k dispozici 331 vzorků trusu (tab. 12). Podle předem daného klíče bylo náhodně vybráno 315 vzorků, které byly použity pro genetické analýzy v laboratoři.

Tab. 12 Přehled počtů vzorků a kvality jeřábčích nálezů ze zimy v období od listopadu 2016 do září 2019.

	počet	argument
nálezy celkem	1528	počet registrací
nálezy trusu celkem	664	trus sebraný i nevhodný
nálezy trusu (nevhodný)	212	trus vyhodnocen jako starý či odložený výměšek slepého střeva
pozorování, stopy, pera	864	žádný trus
stav: staré	121	vzorky trusu pro extrakci DNA pravděpodobně moc staré
stav: čerstvé	331	čerstvý materiál se všemi relevantními údaji pro populačně genetické analýzy

4.3.3 Genetický materiál

Při mapování a sběru tetřevího a jeřábčího trusu byla snaha o sběr pokud možno čerstvých vzorků. Ty byly po terénních pracích okamžitě zmrazeny při teplotě $-18\text{ }^{\circ}\text{C}$. Ne všechny vzorky trusu byly dostatečně čerstvé. Proto nebylo možné zaručit úspěšnou extrakci DNA. Do laboratoře byly odeslaný pouze vzorky, u kterých byl předpoklad, že jsou čerstvé (kontrola konzistence, barvy,...) Z celkem 452 vzorků trusu bylo po zhlédnutí 331 považováno za dostatečně čerstvé pro genetické testování (zde: DNA extrakce).

Pro laboratorní práce byl naplánován finanční rozpočet na 300 vzorků, z 331 vzorků bylo podle postupu stanoveného v předchozích letech vybráno 315 vzorků, 15 vzorků bylo vybráno navíc pro případ vyřazení některých vzorků v počátku laboratorních prací (díky vstřícnosti dodavatele, byly podrobeny genetickým analýzám všechny dodané vzorky). Pro zaručení platnosti výsledků, byl z každého 50 ha jeřábkem obsazeného čtverce vybrán náhodně jeden vzorek (zohlednění prostorového rozmístění jeřábků). Dále byl aplikován náhodný výběr dalších vzorků (do maximálního počtu 300) tak, aby odpovídal místním hustotám nálezu pobytočných známek (např. místům s hodně nálezy).

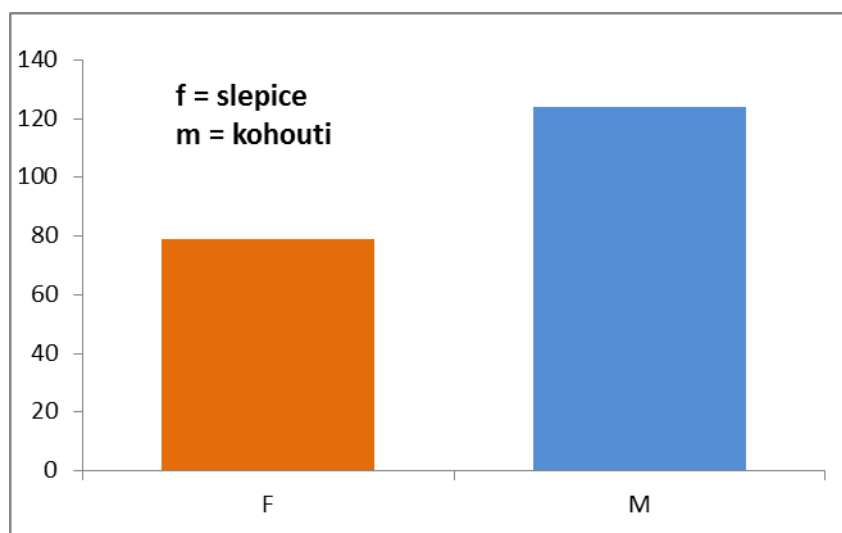
Z celkového počtu 315 vzorků bylo 277 vzorků pozitivních (včetně 8 vzorků určených v terénu jako tetřívěk obecný), 20 negativních, 3 byly vyřazeny z důvodu kontaminace, 7 vzorků patřilo tetřevu hlušci). V souboru 277 pozitivních vzorků bylo identifikováno 203 genotypů (jedinců) jeřábka, z toho 51 jedinců bylo zaznamenáno opakovaně (2-6 x) a 152 jedinců bylo zaznamenáno pouze jednou. Počet "opakovaně zachycených jedinců" se pohyboval od 1 (pouze jeden nález) až po maximálně 12 opakování (celkem 13 nálezů).

4.3.4 Poměr pohlaví (odhadovaný/určený)

U jeřábka lesního nelze z trusu usuzovat na pohlaví jedinců. Pohlaví bylo tedy v některých případech, dle zkušenosti pozorovatele a okolností registrace, zaznamenáno pouze při nálezu kadáveru, rýdovacích per, či přímém pozorování, jak vizuálním tak akustickým. Při výběru vzorků ke genetickým analýzám nebylo tedy pohlaví zohledňováno a jednalo se o náhodný výběr.

Prostřednictvím genderově specifických markerů a metodou PCR je ze vzorků DNA možné stanovit pohlaví zvířat. Pohlaví bylo identifikováno pomocí markru PU/P8mod (Pérez et al. 2011) – amplifikace dvou alel v případě samic a jedné v případě samců. Marker pro identifikaci pohlaví byl zahrnut do jednoho z multiplexových setů a analyzován stejným způsobem jako mikrosatelitové markery.

Mezi 203 jedinci bylo zjištěno 124 samců a 79 samic (obr. 16), poměr pohlaví identifikovaných jedinců byl tedy vychýlen ve prospěch samců (χ^2 , $p = 0,002$). Zdali je poměr pohlaví skutečně reálně vychýlen, či zdali se jedná o artefakt související se sběrem materiálu v současnosti nevíme a do budoucna bude nutné se na tuto skutečnost zaměřit.



Obr. 16 Grafické znázornění poměru pohlaví jeřábka lesního zjištěného na základě genetických analýz.

4.3.5 Genotypizace

Extrakce DNA byla úspěšná u 277 (tj. 88%) z 315 vzorků trusu.

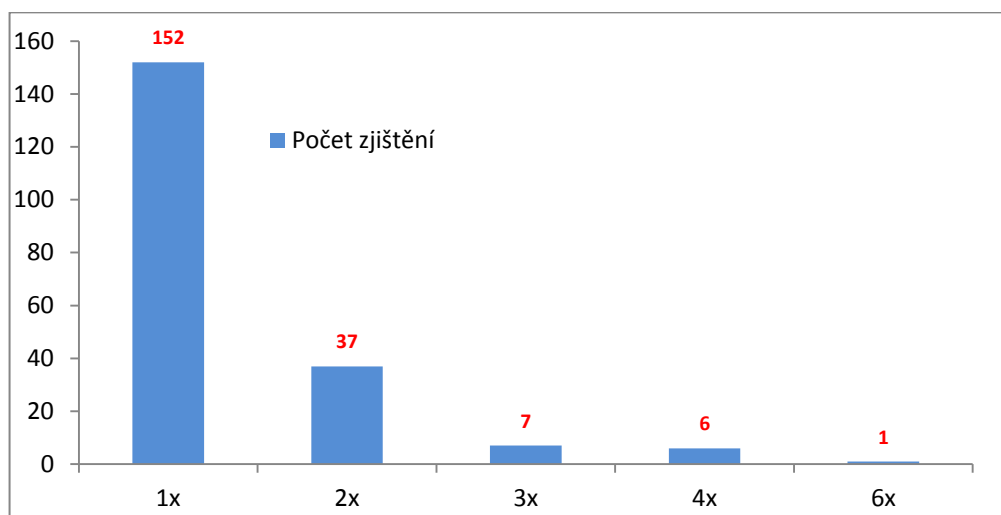
4.3.6 Genotypy

Z 277 vzorků bylo možno definovat celkově 203 různých genotypů. Z toho vyplývá, že některé genotypy (jeřábčí jedinci) byly zaznamenány opakovaně. Díky rozdílnému zaznamenání těchto jedinců v prostoru a čase bylo možné realizovat další analýzy (viz dále).

Podle výše popsaného postupu se z obou národních parků a přiléhajících území zahrnulo do analýz celkem 277 vzorků. Z těchto 277 úspěšně genotypizovaných vzorků se jich 60 nacházelo na území NP Bavorský les, 180 na území NP Šumava, 20 z CHKO Šumava, 3 za hranicí CHKOŠ a 14 vzorků pocházelo z oblasti mimo NP Bavorský les v Německu a Rakousku. V obou národních parcích bylo zjištěno celkem 174 různých genotypů. V Národním parku Bavorský les bylo z 60 vzorků identifikováno 44 rozdílných genotypů a v Národním parku Šumava bylo z 173 vzorků identifikováno 130 různých genotypů. Zbývající vzorky a genotypy jsou rozděleny na podoblasti mimo národní parky. Hodnota „probability of identity“, tedy pravděpodobnosti, že dva různí jedinci mají stejný genotyp, byla $3,8 \times 10^{-13}$ pro nepříbuzné jedince (PID) a $1,9 \times 10^{-5}$ pro sourozence (PIDsibs). Proto lze říci, že dva genotypy znamenají dva různé jeřábčí jedince.

4.3.7 Opětovná zachycení

277 úspěšně genotypizovaných vzorků trusu patřilo 203 různým jeřábčím genotypům. Počet opětovně zaznamenaných jedinců se pohybuje od 1, tj. bez opětovného zachycení (152 jedinců) až po maximálně 6 opětovných zachycení během sledovaného období. Opětovně zachyceno bylo 51 jedinců viz obr. 17).

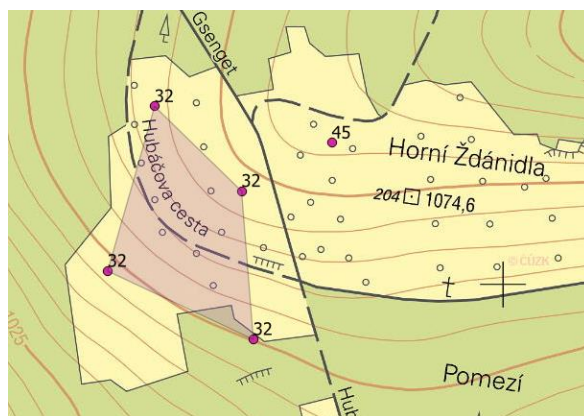
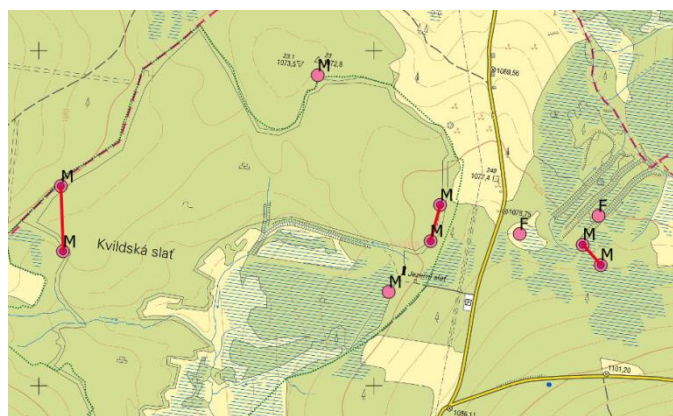


Obr. 17: Počty opětovně zachycených jeřábčích (*Tetrastes bonasia*) genotypů v zájmové oblasti v období 2016-2018.

Opětovným zachycením genotypů lze pozorovat a zdokumentovat pohyby jednotlivých zvířat v prostoru. Při nejméně jednom opětovném zachycení (dva nálezy) může být určen lineární pohyb a změřena vzdálenost. U minimálně dvou opětovných zachycení (3 nálezy) je možné určit akční rádius (plocha).

4.3.8 Akční rádius genotypů

Mapa opětovného zachycení genotypů ilustruje pohyb v prostoru (obr. 18). Jeřábci se v zájmové oblasti pohybují na omezených plochách, i přesto že se jedná o značně usedlý druh, byl zdokumentován krátký pohyb mezi národními parky Šumava a Bavorský les (920 m, v oblasti Luzného), pohyby mimo tato území nebyly dokumentovány.



Obr. 18: Příklady vícenásobného opětovného zachycení stejných genotypů jeřábka lesního. Stejný genotypy (jedinci) jsou znázorněny úsečkou, případně polygonem. Na prvním snímku zachycena situace z Jezerní slati, kdy bylo zachyceno 5 samců, z toho 3 opětovně, a 2 samice. Na druhém snímku znázorněna situace z lokality Steindlberg, zde zachyceni 2 samci, z toho 1 jednonásobně a 1 více než 3x (metodou minimálních konvexních polygonů byl vypočítán) akční rádius jedince.

Zatímco velký počet pozorování jednoho genotypu byl na poměrně malém prostoru (průměrně 320 m nebo 1,194 ha), několik shodných genotypů bylo zjištěno poměrně daleko od sebe. Maximální zaznamenaná vzdálenost (vzdušnou čarou) mezi shodnými genotypy byla 3056 m (tab. 13). Tato hodnota patřila kohoutkovi.

Tab. 13: Přehled extrémů „opětovně zachycených“ genotypů kohoutů a slepic jeřábka lesního (*Tetrastes bonasia*). Průměr je počítán z nejdelších přesunů opětovně zachycených genotypů.

Přesuny jedinců (m)	M i F společně (n= 48)	M (n=30)	F (n=18)
maximum	3056	3056	924
minimum	18	34	18
průměr max. přesunů	320	364	247

Maximální vzdálenost zjištěná u slepiček byla 924 m, u kohoutků 3056 m. Průměrná nejzazší vzdálenost u slepiček byla 247 m, u kohoutků 364 m (tab. 13). Plocha polygonů zjištěná propojením vnějších bodů zjištění byla v průměru 1,2 ha, u slepiček 0,8 ha, u kohoutků 1,7 ha (tab. 14).

Tab 14: Přehled akčních radií opětovně zachycených genotypů jeřábka lesního (*Tetrastes bonasia*)

akční rádius (ha)	M a F společně (n=14)	M (n=6)	F (n=8)
minimální	0,001	0,03	0,001
maximální	7,3	7,3	2,2
průměr	1,2	1,7	0,8

4.3.9 Velikost populace

Pro odhad početnosti populace byl použit capture-mark-recapture přístup v programu určeném pro neinvazivní genetické analýzy, CAPWIRE. Program pracuje s daty o opakovaných záznamech jedinců a počítá i s různou pravděpodobností jejich zachycení. Na základě likelihood ratio testu je možné zvolit model s rovnoměrnou pravděpodobností zachycení jedinců (ECM), nebo se dvěma různými pravděpodobnostmi (TIRM). U jeřábka byla nejdříve analýza provedena se všemi pozitivními vzorky, protože i když sběr vzorků probíhal v rozmezí čtyř let, jednotlivé lokality byly sbírány postupně, a tedy v rámci lokalit byl splněn předpoklad uzavřenosti populace. Na základě likelihood testu byl zvolen TIRM model. Bodový odhad početnosti byl 567 jedinců, s konfidenčním intervalem (95 %) 424–617. Odhad početnosti se vztahuje pouze na ovzorkované studijní území. Areál jeřábka je výrazně větší než studijní plocha. Nejedná se tedy o odhad velikosti celé populace. Vzhledem k plošně omezenému areálu druhu na německé straně, byl zde druh lépe ovzorkován a odhad velikosti populace je tedy přesnější.

4.3.9.1 Odhady početnosti pro dílčí území (program CAPWIRE):

Německá část populace – většina vzorků pocházela z ledna až dubna 2017, pouze několik vzorků z r. 2016. Pro celkový odhad početnosti jeřábka na německé části zkoumaného území byly použity všechny pozitivní vzorky kromě vzorků z r. 2016 (pět vzorků) a kromě vzorku TB314, který měl lokalizaci velmi vzdálenou od všech ostatních vzorků.

Bodový odhad početnosti pro celou německou část byl 193 jedinců, s konfidenčním intervalem (95 %) 115–268. Dále byla analýza provedena pouze pro území NP Bavorský les, které bylo nejlépe ovzorkováno. Bodový odhad početnosti pro NP Bavorský les byl 158 jedinců, s konfidenčním intervalem (95 %) 92–209.

Pro odhad početnosti na českém území byly tedy použity všechny vzorky pocházející z roku 2017 a 2018. Bodový odhad početnosti pro celou českou část populace byl 416 jedinců, s konfidenčním intervalem (95 %) 298–470. Dále byla analýza provedena pouze pro území NP Šumava, které bylo mnohem lépe ovzorkováno než území CHKO (z území NP bylo k dispozici 180 pozitivních vzorků, z území CHKO pouze 20 vzorků). Bodový odhad početnosti pro území NP Šumava byl 303 jedinců, s konfidenčním intervalem (95 %) 241–385. Všechny odhady početnosti jsou vztahovány pouze na části území, ze kterých byly získány pozitivní vzorky, tj. z NP

Bavorský les a v případě NP Šumava to je pro 70 % území. Na základě průniku habitatových modelů a neovzorkovaného území byl stanové bodový odhad populace pro celé území NP Šumava 531 jedinců.

Tab. 15: Výsledky výpočtů odhadu velikosti populace jeřábka lesního (*Tetrastes bonasia*) rozdělených podle chráněných území.

	velikost populace „N“	spodní hranice odhadu	horní hranice odhadu	počet nalezených genotypů
oba národní parky	689	514,5	1123,7	174
NP Šumava	531	422,5	914,7	130
NP Bavorský les	158	92	209	44
Bavorský les mimo NP	-	-	-	11
CHKO Šumava	-	-	-	14
Šumava mimo NP a CHKO	-	-	-	1
Rakousko	-	-	-	2

4.3.10 Genetická struktura, subpopulace a genový tok

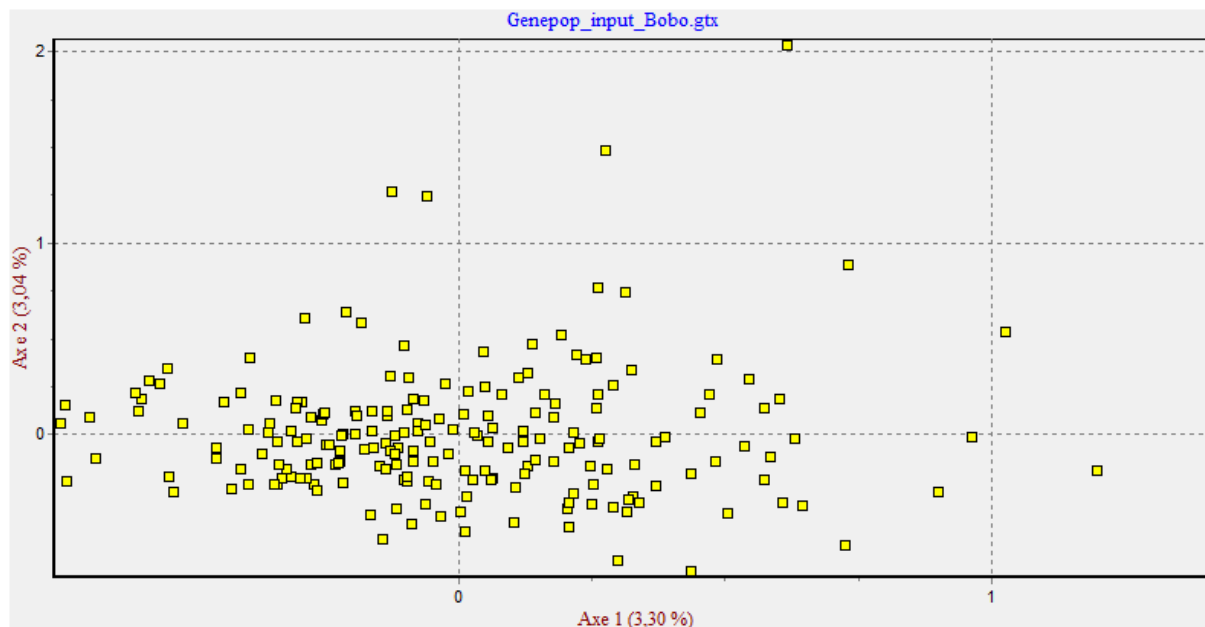
Pro populačně-genetické analýzy (analýzy genetické variability a toku genů) bylo použito 203 jedinečných genotypů. Pomocí programů FSTAT, GENALEX, GENEPOP A GENETIX byly zjištěny základní parametry genetické variability (počet alel na lokus (N_A), pozorovaná (H_O) a očekávaná (H_E) heterozygotnost; tab. 16) a proveden test Hardy-Weinbergovy rovnováhy (HWE). Dva lokusy byly mimo HWE (BG14 a TUT1), pravděpodobně z důvodu výskytu nulových alel. Po vyloučení těchto lokusů byla populace v HWE, tzn., že na základě Wrightova koeficientu inbreedingu (F_{IS}) není populace ovlivněna příbuzenským křížením. Populačně-genetická struktura byla analyzována pomocí faktoriální korespondenční analýzy (FCA) v programu GENETIX a Bayesiánské analýzy v programu STRUCTURE, která byla provedena bez lokusů TUT1 a BG14 z důvodu nesplnění předpokladu HWE.

Pro výpočty v programu STRUCTURE byly aplikovány modely *admixture ancestry* a *correlated allele frequency* a bylo provedeno vždy 200 tis. iterací MCMC pro *burn-in* periodu a dále jeden milión iterací pro každý běh (*run*). Pro každý analyzovaný počet potenciálních populací (tj. klastrů, $K = 1-5$) bylo provedeno 15 nezávislých opakování jednotlivých běhů, která byla vyhodnocena pomocí programu STRUCTURE HARVESTER a metody dle Evanna et al. (2005). Do výpočtů v programu BAPS vstupovaly navíc geografické souřadnice z genotypovaných jedinců (*spatial clustering of individuals*).

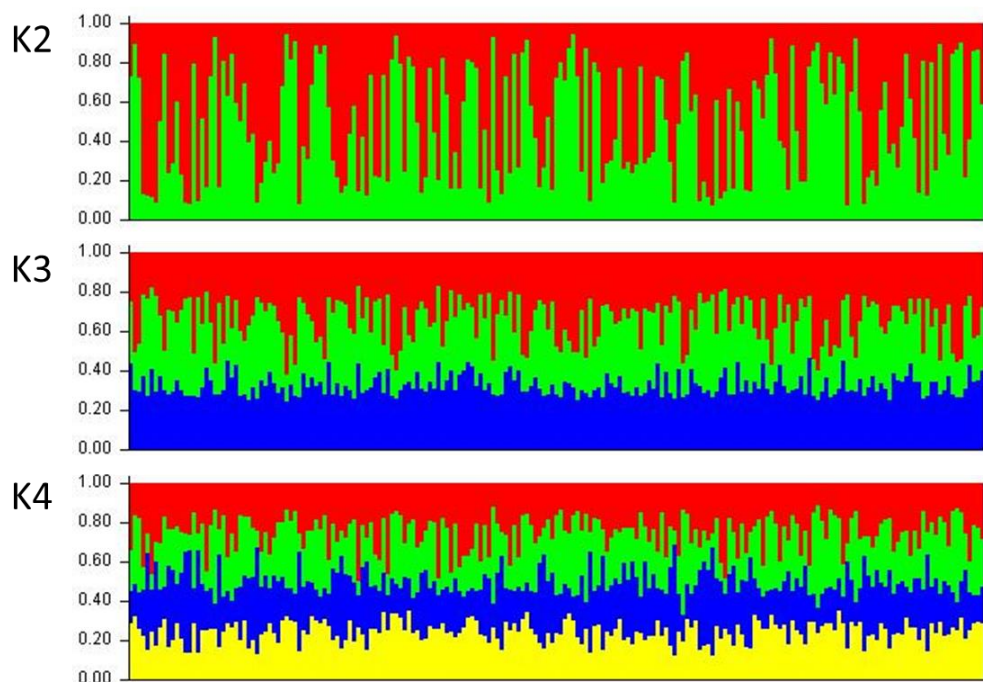
Tab. 16: Hodnoty genetické variability v populaci jeřábka lesního v NP Šumava, NP Bavorský les a přilehlých oblastech. NA = počet alel na lokus, HO = pozorovaná heterozygotnost, HE = očekávaná heterozygotnost.

Druh	jeřábek lesní		
	NA	NO	HE
BG18	5	0,649	0,702
BG15	5	0,621	0,661
TTT3	8	0,702	0,732
BG14	12	0,79	0,764
BG16	19	0,852	0,88
TUT3	8	0,906	0,832
BG19	–	–	–
BG4	5	0,584	0,617
TUT4	–	–	–
TTT2	–	–	–
TUT1	6	0,292	0,506
TTT1	8	0,803	0,794
BG10	–	–	–
LLST1	2	0,468	0,448
TUT2	9	0,813	0,833
BG6	16	0,864	0,895
Průměr	8,6	0,695	0,722

Na grafickém výstupu FCA (obr. 19) nelze pozorovat strukturovanost populace. V programu STRUCTURE bylo testováno rozdělení jedinců do 1-6 předpokládaných (sub)populací a ani tento výpočet neodhalil genetickou strukturu analyzovaných dat (obr. 20). V rámci populace ovzorkovaného území tedy není omezen tok genů.



Obr. 19: Rozmístění genotypů identifikovaných jedinců jeřábka lesního ve dvourozměrném prostoru na základě jejich genetické podobnosti pomocí faktoriální korespondenční analýzy v programu GENETIX. Nelze pozorovat genetickou strukturovanost analyzované populace.

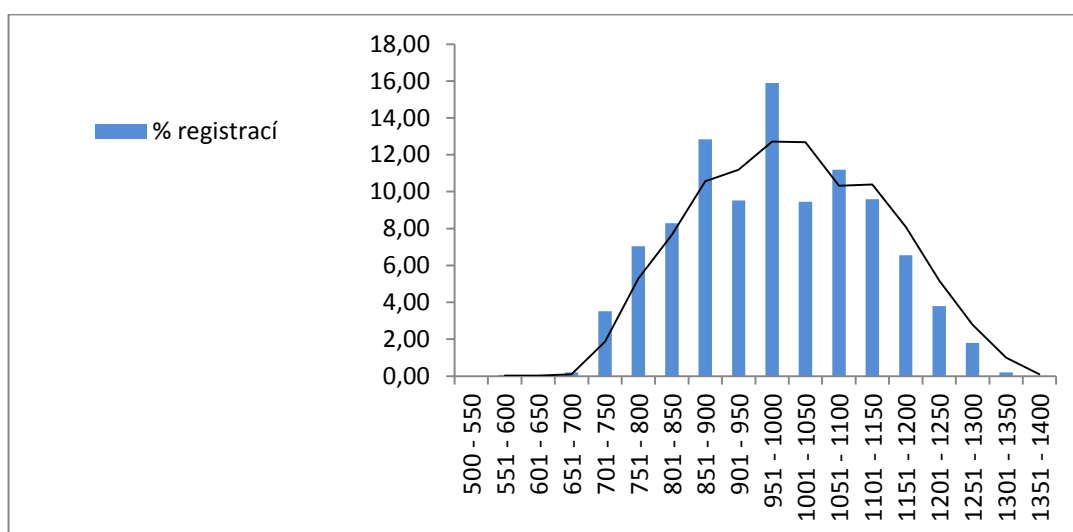


Obr. 20: Rozdělení genotypů jeřábka lesního do dvou až čtyř ($K = 2-4$) hypotetických populací na základě Bayesiánské klastrové analýzy v programu STRUCTURE. Jednotlivé sloupce odpovídají jedincům a barvy jednotlivým klastrům (subpopulacím). Ani tentokrát nelze v analyzovaných datech pozorovat genetickou strukturu.

4.3.11 Biotopové preference jeřábka lesního ve studijní oblasti

Jeřábek lesní byl zjišťován roztroušeně téměř po celé ploše NP Šumava, v případě NP Bavorský les byl nejčastěji registrován v příhraniční oblasti s ČR a v širším okolí Spiegelau. Z našich výsledků vyplývá, že jeřábek je silně sedentární druh bez výraznějších prostorových pohybů. Jeho prezence v dílčích územích je tedy úzce vázána na existenci vhodných biotopů. Vzhledem ke skutečnosti, že veškerá data výskytu byla zjišťována s co nejvyšší mírou přesnosti, bylo možno následně provést analýzu preferovaných typů prostředí v oblasti.

V území byl nalézán ve všech nadmořských výškách, nejnižší byl zaznamenán u Rejštejna v nadmořské výšce 598 m, nejvyšší nálezy byly zjišťovány v oblasti Luzného a Smrčiny (max. 1328 m n. m. - Steinfleckberg). Distribuce výskytu jeřábka lesního v závislosti na nadmořské výšce je zobrazena na obr. 21.



Obr. 21: Výskyt jeřábka lesního v závislosti na nadmořské výšce. Obrázek znázorňuje relativní početnost registrací v 50 metrových intervalech nadmořské výšky. Plná čára znázorňuje klouzavý průměr počtu registrací v procentech.

Jeřábek lesní se podle soustavy Natura 2000. V předmětném území se vyskytuje nejvíce v biotopu lesních kultur s nepůvodními jehličnatými dřevinami. Reálně se jedná o rozsáhlé, převážně smrkové porosty s příměsí břízy, lísky, olše, borovice a buku s bohatým keřovým patrem a sukcesní ekotonové okraje lesů. Takto vysoké procento zastoupení tohoto biotopu je způsobeno skutečností, že studijní oblast zahrnuje i velké oblasti zásahové části NP a CHKO, kde obsazuje i sekundární biotopy s vyhovující strukturou.

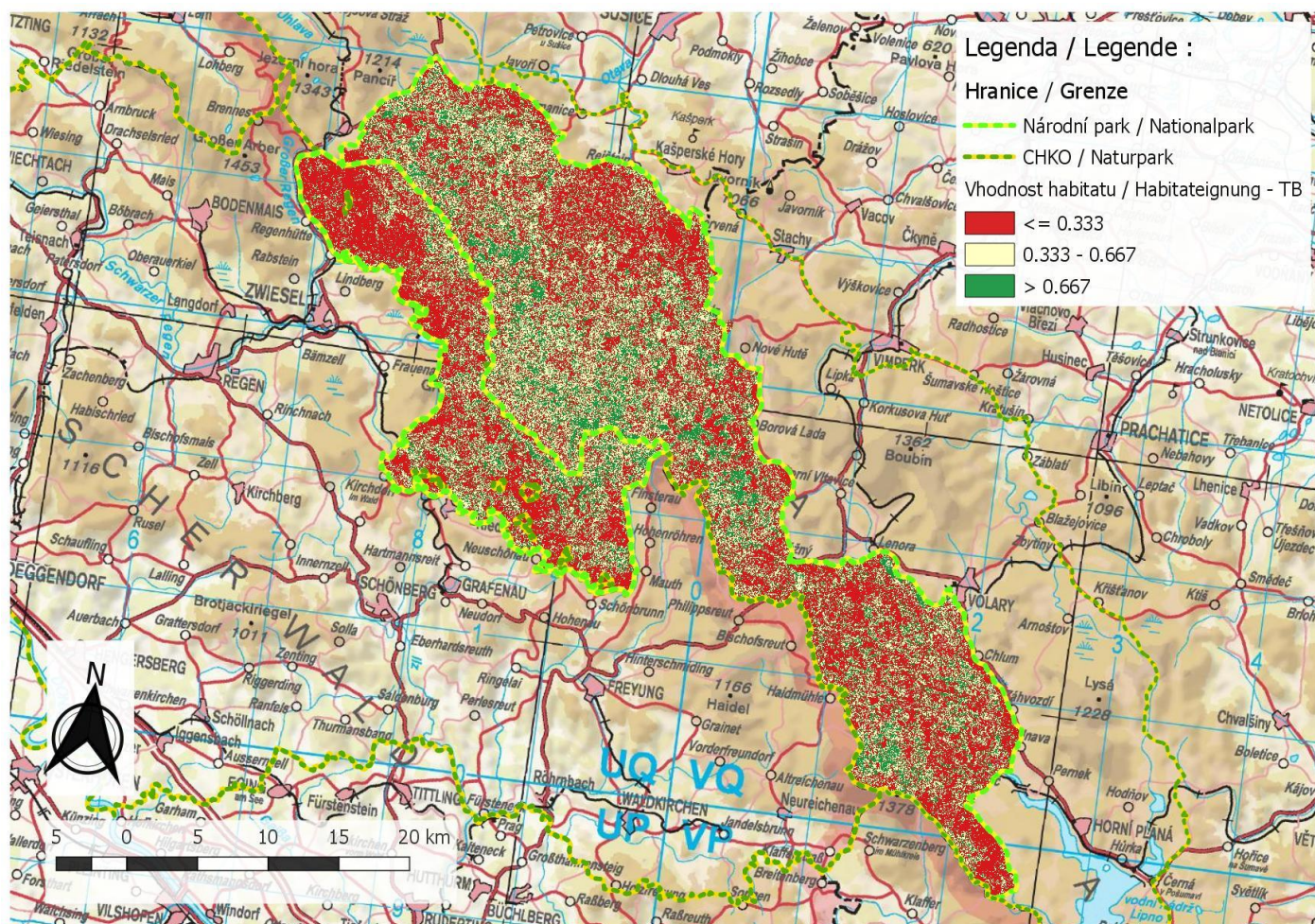
Druhým biotopem, ve kterém byl jeřábek nejčastěji registrován, představují horské třtinové smrčiny. Převážně se jednalo o rozvolněné smrčiny s vertikálně členitým stromovým patrem, ve kterém se uplatňuje, vedle smrku, zejména jeřáb ptačí (*Sorbus aucuparia*), dále bříza (*Betula pendula*, *B. pubescens*), vtroušeně buk lesní (*Fagus sylvatica*). Vedle příměsí více zmíněných listnáčů je důležitá pokryvnost spodního a keřového patra, které je tvořeno mj. třtinou chloupkatou (*Calamagrostis villosa*), brusnicí borůvkou (*Vaccinium myrtillus*) a metličkou křivolakou (*Avenella flexuosa*). V příhraničních partiích se jedná o nejčastější biotop jeřábka lesního.

Třetím nejčastějším biotopem co do četnosti zjištěných registrací jeřábka lesního je biotop podmáčených smrčin. Vedle smrku se uplatňuje v příměsí jedle bělokorá (*Abies alba*), dále zejména olše lepkavá (*Alnus glutinosa*) či bříza. Stromové patro je zpravidla rozvolněné. V podrostu se uplatňuje brusnice borůvka a zmlazující se dřeviny stromového patra, dále kapradiny.

Čtvrtým nejčastěji využívaným biotopem jsou acidofilní bučiny. Jedná se převážně o smíšené porosty s převahujícím bukem na svazích, důležitým faktorem je alespoň minoritní přítomnost smrku ztepilého a to i v podrostu. Keřové patro bývá tvořeno zmlazujícími se dřevinami horního stromového patra, třtinou chloupkatou a brusnicí borůvkou.

Posledním biotopem z pěti nejčastěji registrovaných, jsou rašelinné smrčiny. Výskyt je zde vázán na rašelinné půdy po obvodu rašelinišť. V lokalitách výskytu jeřábka se jedná o rozvolněné až nesouvislé porosty s dominancí smrku, který bývá zakrslého vzrůstu. Bývá přimíšena bříza a borovice rašelinná. Podrost je bujný, zastoupený vedle borůvky, vlohyní bahenní. V tomto typu biotopu byla zjištěna největší denzita výskytu jeřábka lesního (až 2,5 ex/10 ha).

Mezi další biotopy výskytu jeřábka lesního, ve kterých byl registrován ve více než 2% případech patří: vrchoviště s klečí, podhorské a horské smilkové trávníky – ladem ponechané louky zarůstající náletovými dřevinami, nálety pionýrských dřevin - opuštěná zemědělská půda, zarostlé meze, ale také stromové porosty na odvodněných či dříve těžných rašeliništích, květnaté bučiny, vlhké pcháčové louky – opuštěné zemědělské plochy podléhající sukcesi a lesní paseky a holiny. Zde je důležité si uvědomit, že se jedná zejména o pasekovou vegetaci, ve které převažují zejména pionýrské dřeviny (bříza, bezy, topol, osika aj.). Z výše uvedeného vyplývá, že preferované jsou biotopy s dostatečnou potravní a krytovou nabídkou – bohatost keřového patra a přítomnost sukcesních dřevin.



Obr. 22: Zobrazení vhodnosti habitatu pro jeřábka lesního pro oba NP, vyjádřena číslem z intervalu od 0 (pro nevhodný habitat) do 1 (pro nejvhodnější habitat).

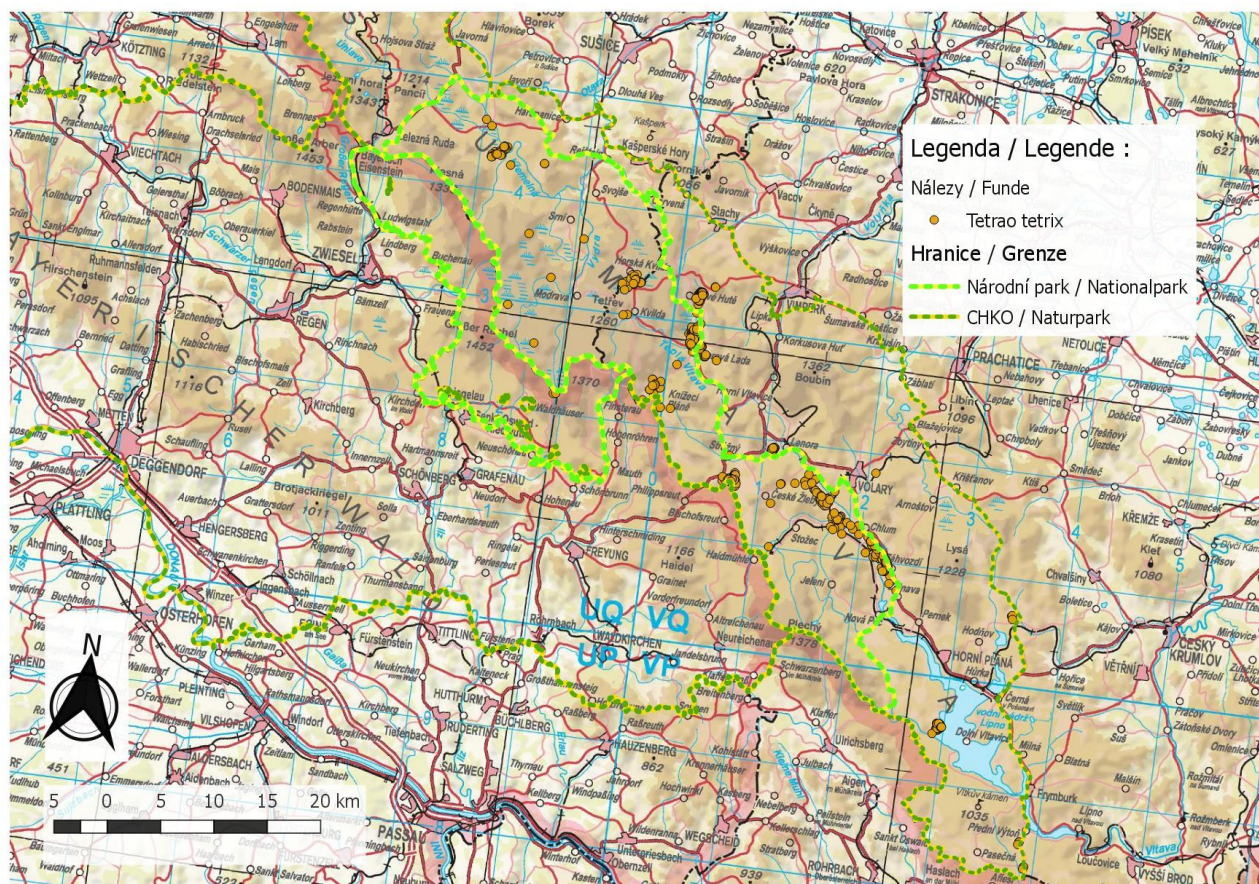
Habitatový model vytvořený na základě LIDARových dat, potvrzuje důležitost struktury lesa jako faktoru ovlivňujícího výskyt jeřábka lesního. Mapa potenciálně vhodných biotopů jeřábka lesního (obr. 22) ukazuje, že tyto biotopy se v širším měřítku vyskytují napříč celým územím. Naše výsledky ukazují, že významnost jednotlivých strukturních proměnných není příliš vyhraněná, v podrobnějším měřítku jsou nejdůležitějšími strukturními proměnnými výška nejvyššího stromového patra, výška středního stromového patra a hustota nejnižšího patra. Jako vhodné lokality lze označit porosty rozvolněné s hustým spodním keřovým patrem. Zde je předpoklad rozvinutého bylinného a keříčkového patra, které jsou společně s jinými proměnnými pro jeřábka zásadní. Z ostatních proměnných je nutno zdůraznit zejména přítomnost potravních dřevin, které by měli být zastoupeny minimálně z 5% (břízy, topoly, osiky, vrby). Habitatový model bude v rámci udržitelnosti doplněn o jiné než strukturní ukazatele, jakými mohou být nadmořská výška, orientace svahu, přítomnost ležícího mrtvého dřeva nebo druhové složení spodních pater. Mimo rozvolněné lesní porosty, byly jako další vhodné lokality vyobrazeny některé rašelinné biotopy (otevřená vrchoviště, rašeliny porostlé klečí apod.) kde strukturní parametry porostů také odpovídají ekologickým nárokům tohoto druhu.

Vzhledem k přesnosti modelu (rastr 10 x 10m), se nám při detailním přiblížení, zviditelní i plošně omezené potenciálně vhodné části území. Tento detail je zcela zásadní při plánovaném aktivním managementu tohoto silně ohroženého druhu. Vzhledem k faktu, že se jedná o silně usedlý druh (viz výsledky), je důležité pro udržení konektivity populace nevytvářet bariéry a pokud možno území propojovat. Prezentovaný model je pro tento účel zcela dostačující.

4.4 Tetřívka obecný (*Tetrao tetrix*)

4.4.1 Nálezy a rozšíření

V období od listopadu 2016 do září 2019 bylo ve sledované oblasti zaznamenáno 614 registrací tetřívka obecného (obr. 23). Z území Národního parku Bavorský les byly získány 2 nálezy trusu, původně určeného jako jeřábek lesní (geneticky ověřeno), z NP Šumava 436 záznamů, z CHKO Šumava 176 nálezu.



Obr.23 : Rozmístění záznamů tetřívka obecného (*Tetrao tetrix*) z období listopad 2016 až září 2019.

4.4.2 Nálezy a jejich kvalita

Celý tým byl instruován, aby během terénní práce zaznamenával všechny nálezy cílových druhů. Kromě sebraných vzorků trusu pro genetickou analýzu, bylo zaznamenáno mnoho dalších nálezu. Jednalo se o přímé pozorování, poslech, nálezy per, stopy ve sněhu a další. Pokud bylo možné určit pohlaví, bylo zaznamenáno.

Během přípravných laboratorních prací byly vyřazeny všechny vzorky trusu, u kterých se podle tvaru nebo barvy dalo předpokládat, že vzorek nebyl čerstvý. Pro populační genetické analýzy bylo po selekci všech dat k dispozici 259 vzorků trusu (tab. 17). Podle předem daného klíče bylo náhodně vybráno 200 vzorků, které byly použity pro genetické analýzy v laboratoři.

Tab.17: Přehled počtů vzorků a kvality jeřábčích nálezů ze zimy v období od listopadu 2016 do září 2019. Pro populačně genetické analýzy bylo z 614 tetřívčích nálezů vhodných 259 vzorků trusu.

	počet	argument
nálezy celkem	614	počet registrací
nálezy trusu celkem	340	trus sebraný i nevhodný
nálezy trusu (nevhodný)	68	trus vyhodnocen jako starý či odložený výměšek slepého střeva
pozorování, stopy, pera	274	žádný trus
stav: staré	15	vzorky trusu pro extrakci DNA pravděpodobně moc staré
stav: čerstvé	259	čerstvý materiál se všemi relevantními údaji pro populačně genetické analýzy

4.4.3 Genetický materiál

Při mapování a sběru tetřívčího trusu byla snaha o sběr pokud možno čerstvých vzorků. Ty byly po terénních pracích okamžitě zmrazeny při teplotě -18 °C. Ne všechny vzorky trusu byly dostatečně čerstvé. Proto nebylo možné zaručit úspěšnou extrakci DNA. Do laboratoře byly odeslaný pouze vzorky, u kterých byl předpoklad, že jsou čerstvé (kontrola konzistence, barvy,...) Z celkem 274 vzorků trusu bylo po zhlédnutí 259 považováno za dostatečně čerstvé pro genetické testování (zde: DNA extrakce).

Pro laboratorní práce byl naplánován finanční rozpočet na 200 vzorků, z 259 vzorků bylo podle postupu stanoveného v předchozích letech vybráno 207 vzorků, 7 vzorků bylo vybráno navíc pro případ vyřazení některých vzorků v počátku laboratorních prací (díky vstřícnosti dodavatele, byly podrobeny genetickým analýzám všechny dodané vzorky). Vzhledem k prostorově omezenému rozšíření tetřívka v oblasti jsme postupovali tak, aby vzorky určené ke genetickým analýzám pokryly všechny známé lokality výskytu tetřívka obecného v NP Šumava a dále lokality z CHKO Šumava. Vzhledem k etologii druhu nebylo možno aplikovat zásadu sběru 1 vzorku trusu z 50 ha buňky. Tetřívek obecný se v zimním období zdržuje na lokalitách jak jednotlivě, tak ve skupinách. Z tohoto důvodu bylo při nálezů trusu na hřadech (nocovištích) sbíráno několik vzorků trusu, vždy tak, aby se jednotlivé vzorky vzájemně nedotýkaly (riziko kontaminace). V případě nálezů sněhových záhrabů, byl sbírán vždy 1 vzorek z jedné rozpoznatelné cely. Dále byl aplikován náhodný výběr dalších vzorků (do maximálního počtu 207) tak, aby odpovídal místním početnostem odpovídajícím ze znalosti rozšíření a početnosti druhu v území.

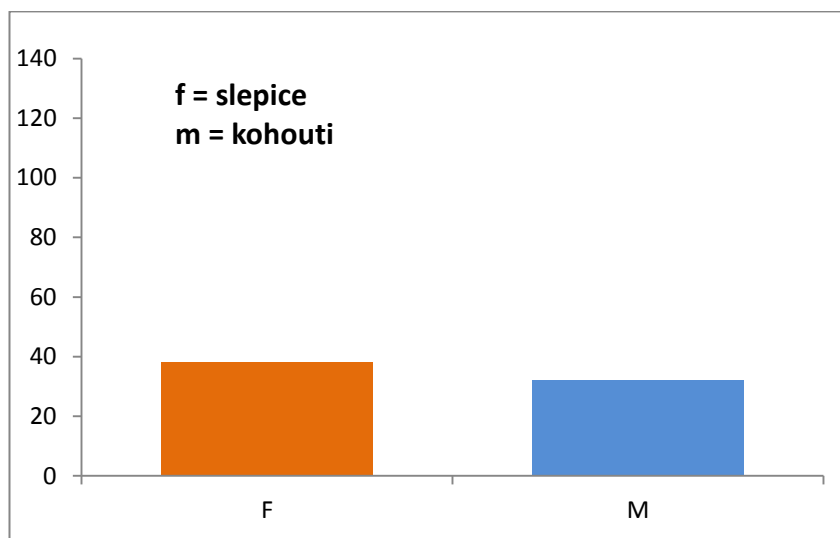
Z celkového počtu 207 analyzovaných vzorků bylo 152 vzorků pozitivních (včetně 8 vzorků určených v terénu jako jeřábek), 40 negativních, 4 byly vyřazeny z důvodu kontaminace, 4 vzorky patřily tetřevu hlušci). V souboru 152 pozitivních vzorků bylo identifikováno 71 genotypů (jedinců) tetřívka, z toho 38 jedinců bylo zaznamenáno opakovaně (2-8 x) a 33 jedinců bylo zaznamenáno pouze jednou. Počet "opakovaně zachycených jedinců" se pohyboval od "2" až po maximálně 8 opakování (celkem 1 zvíře).

4.4.4 Poměr pohlaví (odhadovaný / určený)

U tetřívka obecného nelze na základě porovnávání velikosti trusu usuzovat na pohlaví jedinců. Pohlaví bylo tedy zaznamenáno pouze při nálezů kadáveru, peří, či přímém pozorování, jak vizuálním tak akustickým. Při výběru vzorků ke genetickým analýzám nebylo tedy pohlaví zohledňováno a jednalo se o náhodný výběr.

Prostřednictvím genderově specifických markerů a metodou PCR je ze vzorků DNA možné stanovit pohlaví zvířat. Pohlaví bylo identifikováno pomocí markru PU/P8mod (Pérez et al. 2011) – amplifikace dvou alel v případě samic a jedné v případě samců. Marker pro identifikaci pohlaví byl zahrnut do jednoho z multiplexových setů a analyzován stejným způsobem jako mikrosatelitové markery.

Ze 71 identifikovaných jedinců tetřívka bylo 38 vzorků od samců a 32 vzorků od samic (obr. 24), u jednoho vzorku se nepodařilo pohlaví určit. Poměr pohlaví byl tedy vyrovnaný.



Obr. 24 Grafické znázornění poměru pohlaví Tetřívka obecná zjištěného na základě genetických analýz.

4.4.5 Genotypizace

Extrakce DNA byla úspěšná u 152 (tj. 73%) z 207 vzorků trusu. V porovnání s ostatními druhy tetranoidů se jedná o relativně nižší výtěžnost vzorků. Nižší kvalita dodaných vzorků mohla být způsobena sběrem vzorků i v předjarní a jarní době na tokaništích (období bez sněhu, vzorky vystaveny UV záření), tyto vzorky byly sbírány za účelem odhalení prostorových aktivit v době toku (největší prostorová aktivita). Na tokaniště nebyl však sběr cílen (viz. obr. 23), snahou bylo sesbírat vzorky náhodně v plochách výskytu tak, aby nedocházelo k zachycení některého pohlaví s vyšší pravděpodobností, z tohoto důvodu jsme na tokaništích sbíraly až v období výskytu slepiček. Nicméně i v této době je zde vyšší pravděpodobnost nálezu trusu kohoutků – vliv času stráveného na tokaništi.

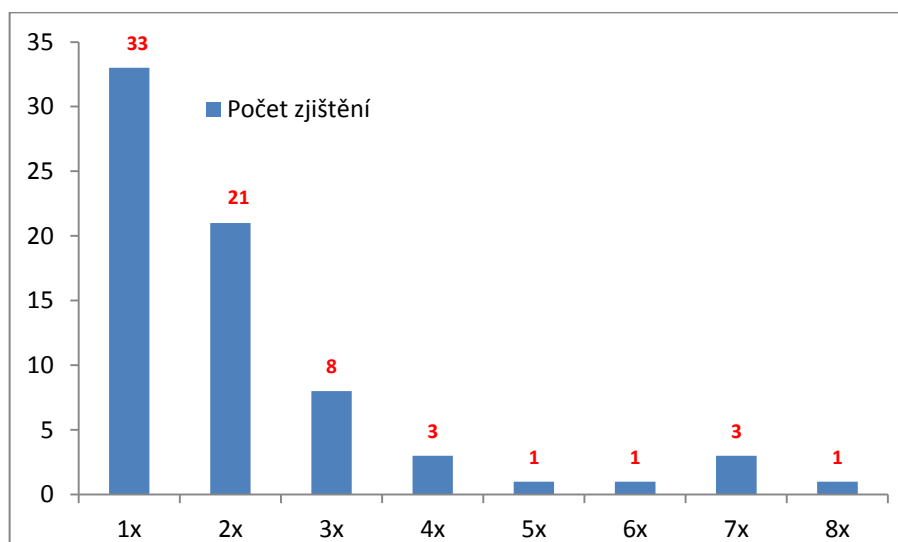
4.4.6 Genotypy

Ze 152 vzorků bylo možno definovat celkově 71 různých genotypů. Z toho vyplývá, že některé genotypy (jedinci), byly zaznamenány opakovaně. Díky rozdílnému zaznamenání těchto jedinců v prostoru a čase bylo možné realizovat další analýzy.

Podle výše popsaného postupu se z území národních parků a území CHKO Šumava zahrnuje do analýz celkem 152 vzorků. Z těchto 152 úspěšně genotypizovaných vzorků se 2 (2 rozdílné genotypy) nacházely na území NP Bavorský les, 118 vzorků (55 různých genotypů) na území NP Šumava a 32 vzorků (14 různých genotypů) v území CHKO Šumava. Celkově bylo zjištěno 71 různých genotypů. Hodnota „probability of identity“, tedy pravděpodobnosti, že dva různí jedinci mají stejný genotyp, byla $3,4 \times 10^{-13}$ pro nepříbuzné jedince (PID) a $1,9 \times 10^{-5}$ pro sourozence (PIDsibs). Proto lze říci, že dva genotypy znamenají dva různé tetřívčí jedince.

4.4.7 Opětovná zachycení

152 úspěšně genotypizovaných vzorků patřilo 71 různým tetřívčím genotypům. Počet opětovně zaznamenaných jedinců se pohybuje od 1, tj. bez opětovného zachycení (33 jedinců) až po maximálně 8 opětovných zachycení během sledovaného období. Opětovně zachyceno bylo 38 jedinců (obr. 25).

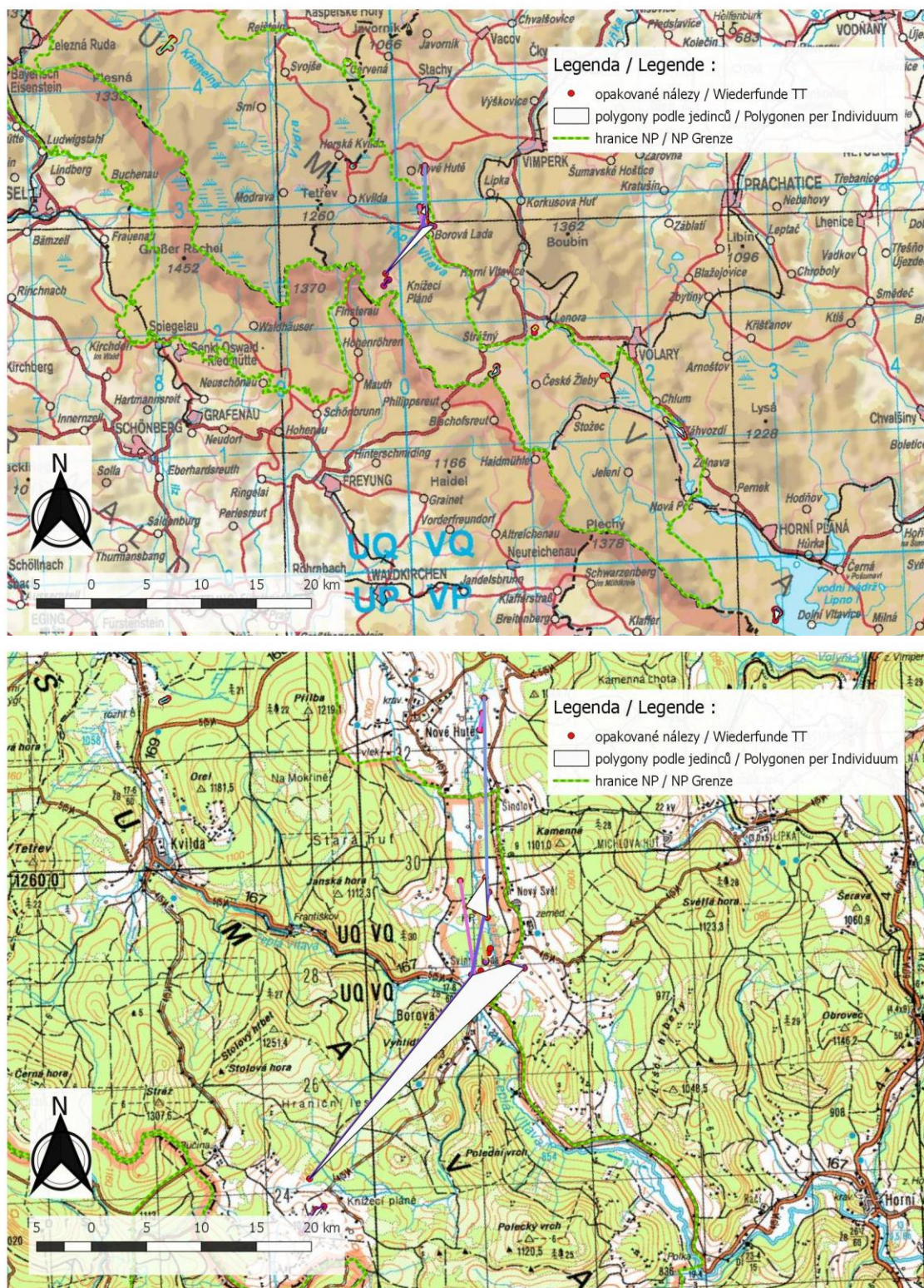


Obr. 25: Počty opětovně zachycených tetřívčích (*Tatrao tetrix*) genotypů v zájmové oblasti v období 2016-2018.

Opětovným zachycením genotypů lze pozorovat a zdokumentovat pohyby jednotlivých zvířat v prostoru. Při nejméně jednom opětovném zachycení (dva nálezy) může být určen lineární pohyb a změřena vzdálenost. U minimálně dvou opětovných zachycení (3 nálezy) je možné určit akční rádius (plocha).

4.4.8 Akční rádius genotypů

Mapa opětovného zachycení genotypů ilustruje pohyb v prostoru (obr. 26). Tetřívci se v zájmové oblasti pohybují na omezených plochách, byl zdokumentován pohyb mezi národním parkem Šumava a CHKO Šumava, pohyby mimo tato území nebyla dokumentováno. Jedná se však o značně usedlý druh (viz. níže).



Obr. 26: Příklady vícenásobného opětovného zachycení stejných genotypů tetřívka obecného. Stejné genotypy (jedinci) jsou znázorněny úsečkou, případně polygonem. Na horním snímku zachycena situace z celého území. Na spodním snímku znázorněna situace z oblasti Chalupské slati (nejdelší zjištěný prostorový pohyb tetřívka v rámci projektu). Obrázek znázorňuje pohyb jedinců mezi Chalupskou slatí a Knížecími pláněmi. Metodou minimálních konvexních polygonů byl vypočítán akční rádius jedince.

Zatímco velký počet pozorování jednoho genotypu byl na poměrně malém prostoru (průměrně 923 m nebo 21,49 ha; tab. 19), několik shodných genotypů bylo zjištěno poměrně daleko od sebe. Maximální zaznamenaná vzdálenost (vzdušnou čarou) mezi shodnými genotypy byla 5514 m (tab.18). Tato hodnota patřila kohoutkovi.

Tab. 18: Přehled extrémů „opětovně zachycených“ genotypů kohoutů a slepic tetřívka obecného (*Tetrao tetrix*). Průměr je počítán z nejdelších přesunů opětovně zachycených genotypů.

Nejvzdálenější přesuny genotypů (m)	M i F společně (n= 28)	M (n= 14)	F (n=14)
maximum	5514	5514	1744
minimum	11	11	40
průměr max. přesunů	923	1256	591

Maximální vzdálenost zjištěná u slepiček byla 1744 m, u kohoutků 5514 m (tab. 18). Průměrná nejzazší vzdálenost u slepiček byla 591 m, u kohoutků 1256 m. Plocha polygonů zjištěná propojením vnějších bodů zjištění byla v průměru 21,49 ha, u slepiček 3,77 ha, u kohoutků 39,22 ha (po vyloučení nejdelšího přeletu aritmetický průměr celkový klesl na 8,59 ha a u kohoutků na 14,37 ha). Nutno zdůraznit, že při užitém designu metodiky, není tato metoda pro zjišťování těchto proměnných vhodná a není možné z těchto výsledků vyvozovat závěry.

Tab. 19: Přehled akčních rádiů opětovně zachycených genotypů tetřívka obecného (*Tetrao tetrix*)

akční rádius (ha)	M a F společně (n=12)	M (n=6)	F (n=6)
minimální	0,01	2,18	0,01
maximální	163,45	163,45	9,83
průměr	21,49	39,22	3,77

4.4.9 Velikost populace

Pro odhad početnosti populace byl použit capture-mark-recapture přístup v programu určeném pro neinvazivní genetické analýzy, CAPWIRE. Program pracuje s daty o opakovaných záznamech jedinců a počítá i s různou pravděpodobností jejich zachycení. Na základě likelihood ratio testu je možné zvolit model s rovnoměrnou pravděpodobností zachycení jedinců (ECM), nebo se dvěma různými pravděpodobnostmi (TIRM). Tato analýza byla provedena jednak se všemi pozitivními vzorky, a dále jen se vzorky z kratšího období, kdy byl lépe naplněn jeden z předpokladů analýzy – uzavřenost populace. Pro druhou analýzu byly použity vzorky z období ledna až dubna 2018, tj. z období, kdy byla sesbírána většina vzorků (vyřazeny byly jen 3 pozitivní vzorky z r. 2017 a 12 pozitivních vzorků z r. 2019). Na základě likelihood testu byl v obou případech zvolen TIRM model. V prvním případě (všechny pozitivní vzorky) byl bodový odhad početnosti 109 jedinců, s konfidenčním intervalem (95 %) 91–143. Ve druhém případě byl bodový odhad početnosti 119 jedinců, s konfidenčním intervalem (95 %) 84–137. Za přesnější by měl být považován druhý odhad, nicméně hodnoty jsou velmi podobné.

4.4.9.1 Výsledky sčítání na tokaništích

Na jaře roku 2019 byla zkontrolována téměř všechna tokaniště (v NP Šumava všechna), ze kterých máme za posledních 10 let alespoň jeden evidovaný údaj pozorování tetřívka obecného. Celkově bylo sečteno 86 tokajících kohoutků, což při známém poměru pohlaví v populaci, vycházejícího z této studie, zpřesňuje odhad velikosti populace.

Na západní Šumavě bylo sečteno 7 kohoutků, na centrální 43 a jižní 36. Klíčovými lokalitami jsou Vltavský luh a plochy ve Vojenském výcvikovém prostoru (VVP) Boletice. V NP Šumava bylo sečteno 50 kohoutků, 33 kohoutků v CHKO a 3 mimo NP či CHKO. Nutno zdůraznit, že ptáci se mezi jednotlivými tokaništi pohybují (což dokládá i tato studie) a nelze stanovit početnost pro NP a CHKO zvlášť.

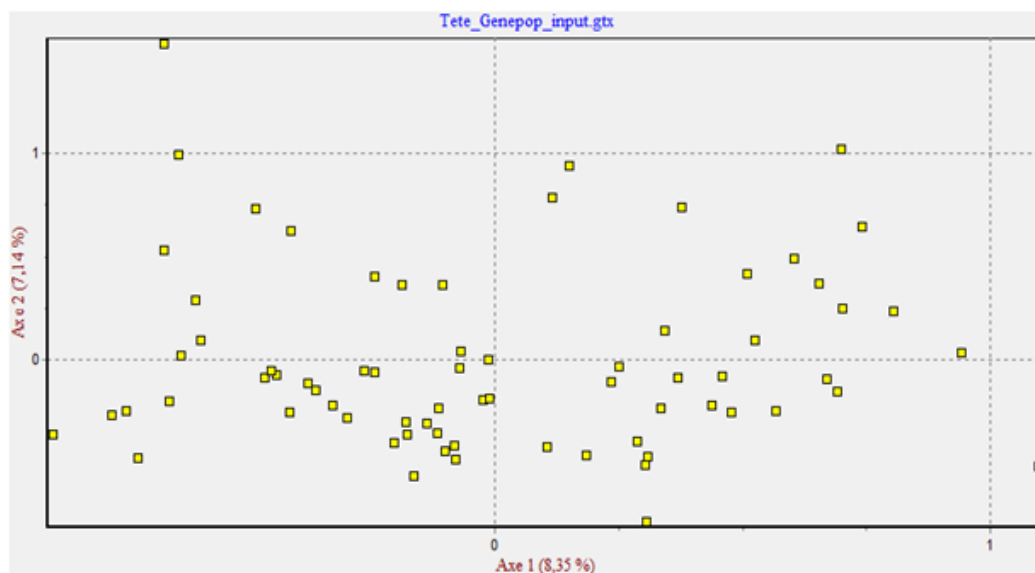
4.4.10 Genetická struktura, subpopulace a genový tok

Pro populačně-genetické analýzy (analýzy genetické variability a toku genů) bylo použito 71 jedinečných genotypů. Pomocí programů FSTAT, GENALEX, GENEPOP A GENETIX byly zjištěny základní parametry genetické variability (počet alel na lokus (N_A), pozorovaná (H_O) a očekávaná (H_E) heterozygotnost; tab. 20) a proveden test Hardy-Weinbergovy rovnováhy (HWE). Dva lokusy (TUT1 a BG10) nebyly v HWE, pravděpodobně z důvodu výskytu nulových alel. Po vyloučení těchto dvou lokusů byla populace v HWE, tzn. že pomocí Wrightova koeficientu inbreedingu (F_{IS}) nebyla zjištěna zvýšená míra příbuzenského křížení. Populačně-genetická struktura byla analyzována pomocí faktoriální korespondenční analýzy (FCA) v programu GENETIX a Bayesiánské analýzy v programech STRUCTURE a BAPS, která byla provedena bez lokusů TUT1 a BG10. Pro výpočty v programu STRUCTURE byly aplikovány modely *admixture ancestry* a *correlated allele frequency* a bylo provedeno vždy 200 tis. iterací MCMC pro *burn-in* periodu a dále jeden milión iterací pro každý běh (*run*). Pro každý analyzovaný počet potenciálních populací (tj. klastrů, $K = 1-5$) bylo provedeno 15 nezávislých opakování jednotlivých běhů, která byla vyhodnocena pomocí programu STRUCTURE HARVESTER a metody dle Evanna et al. (2005). Do výpočtů v programu BAPS vstupovaly navíc geografické souřadnice zgenotypovaných jedinců (*spatial clustering of individuals*).

Tab. 20: Hodnoty genetické variability v populaci tetřívka obecného v NP Šumava, NP Bavorský les a CHKO Šumava N_A = počet alel na lokus, H_O = pozorovaná heterozygotnost, H_E = očekávaná heterozygotnost.

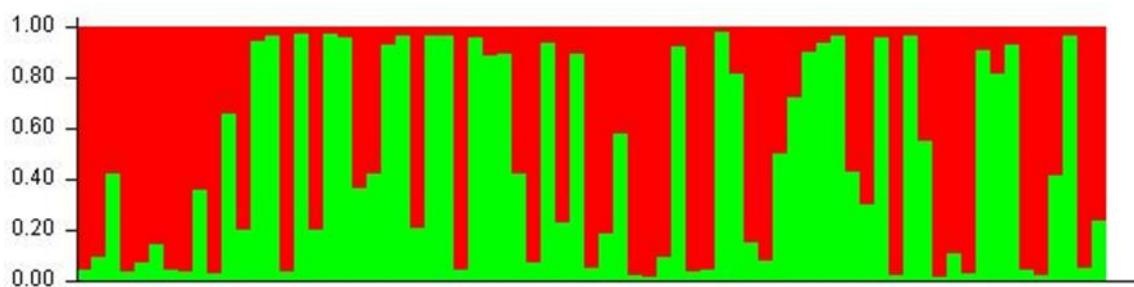
Druh	tetřívka obecný		
	N_A	H_O	H_E
BG18	6	0,786	0,783
BG15	5	0,718	0,712
TTT3	9	0,803	0,793
BG14	6	0,657	0,748
BG16	5	0,789	0,773
TUT3	6	0,718	0,726
BG19	5	0,565	0,684
BG4	5	0,614	0,704
TUT4	7	0,771	0,746
TTT2	5	0,8	0,776
TUT1	8	0,4	0,829
TTT1	5	0,62	0,622
BG10	4	0,386	0,737
LLST1	–	–	–
TUT2	–	–	–
BG6	–	–	–
Průměr	5,9	0,664	0,741

Na grafickém výstupu FCA (obr. 27) je pozorovatelná jen velmi slabá strukturovanost populace, nedošlo k seskupení jedinců do žádných zřetelných shluků:



Obr. 27: Rozmístění genotypů identifikovaných jedinců tetřívka obecného ve dvourozměrném prostoru na základě jejich genetické podobnosti pomocí faktoriální korespondenční analýzy v programu GENETIX. Lze pozorovat pouze velmi mírnou genetickou strukturovanost analyzované populace.

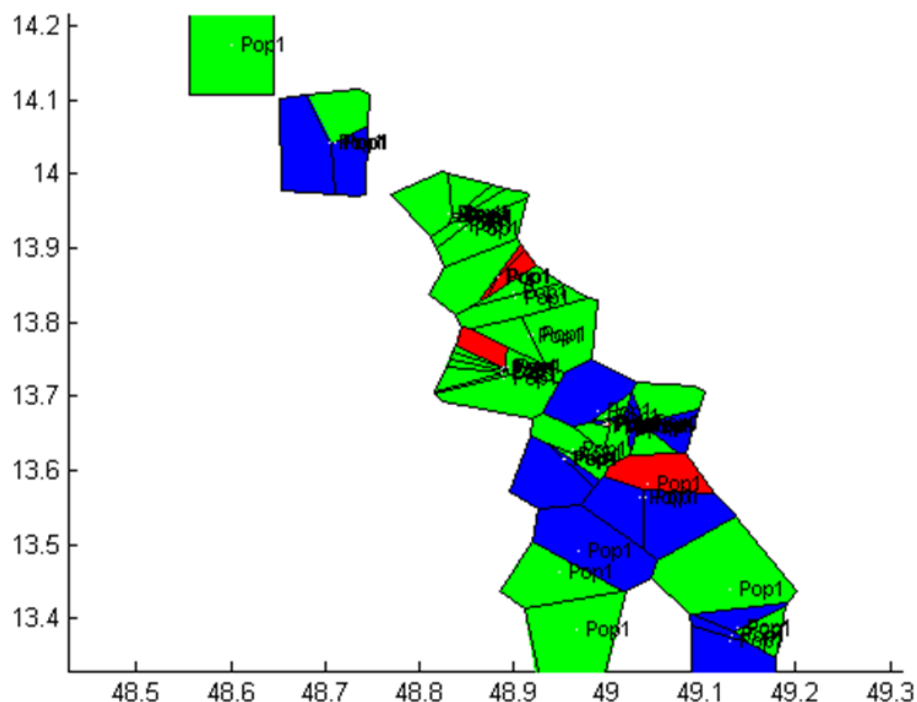
Analýza v programu STRUCTURE identifikovala jako nejpravděpodobnější existenci dvou subpopulací tetřívka na studovaném území (analýza ΔK dle Evanna et al. (2005); obr. 28, tab. 21). Tyto subpopulace ale nejsou zřetelně vymezené, dochází mezi nimi k toku genů.



Obr. 28: Podle Bayesiánské klastrové analýzy v programu STRUCTURE existují na studovaném území nejpravděpodobněji dvě subpopulace tetřívka obecného, mezi kterými však dochází k toku genů. Jednotlivé sloupce odpovídají jedincům a barvy jednotlivým klastrům (subpopulacím). Konkrétní hodnoty příslušnosti k jednotlivým klastrům (Q) jsou uvedeny v tab. 21. Pořadí jedinců na obr. 28 je stejné jako pořadí jedinců v tab. 20, tj. např. první jedinec na obrázku přísluší z přibližně 4,4 % k subpopulaci 1 a z 95,6 % k subpopulaci 2; třetí jedinec se řadí k oběma subpopulacím s hodnotami Q 42,7 % a 57,3 %. Hodnoty příslušnosti k jednotlivým klastrům teoreticky odpovídají podílům genomů náležících k dané subpopulaci.

Tab. 21: Výsledek populačně-genetické analýzy tetřívka obecného v NP Šumava a přilehlých oblastech v programu STRUCTURE. Byly identifikovány dvě subpopulace (odlišeny barevně), které ovšem nejsou izolované. Jedinci, kteří mají koeficient příslušnosti k jednomu z klastrů (Q) více než 85 %, jsou zařazeni k danému klastru (tj. subpopulaci 1 nebo 2). Přibližně 30 % jedinců se řadí k oběma klastrům (tj. oběma subpopulacím) – s hodnotami Q pro oba klastry v rozmezí 15 – 85 %.

ID	Q (podíl příslušnosti ke klastru č. 1 nebo 2)		90% interval spolehlivosti Q (pro příslušnost ke klastru č. 1 nebo 2)	
	1	2	1	2
TB171	0.044	0.956	(0.000; 0.251)	(0.749; 1.000)
TB280	0.101	0.899	(0.000; 0.529)	(0.471; 1.000)
TB322	0.427	0.573	(0.051; 0.913)	(0.087; 0.949)
TT006	0.038	0.962	(0.000; 0.215)	(0.785; 1.000)
TT008	0.075	0.925	(0.000; 0.402)	(0.598; 1.000)
TT010	0.148	0.852	(0.000; 0.659)	(0.341; 1.000)
TT022	0.053	0.947	(0.000; 0.295)	(0.705; 1.000)
TT030	0.038	0.962	(0.000; 0.209)	(0.791; 1.000)
TT032	0.367	0.633	(0.000; 1.000)	(0.000; 1.000)
TT033	0.033	0.967	(0.000; 0.189)	(0.811; 1.000)
TT037	0.659	0.341	(0.001; 1.000)	(0.000; 0.999)
TT038	0.199	0.801	(0.000; 0.994)	(0.006; 1.000)
TT039	0.949	0.051	(0.714; 1.000)	(0.000; 0.286)
TT061	0.967	0.033	(0.808; 1.000)	(0.000; 0.192)
TT064	0.042	0.958	(0.000; 0.232)	(0.768; 1.000)
TT065	0.978	0.022	(0.872; 1.000)	(0.000; 0.128)
TT066	0.200	0.800	(0.000; 0.998)	(0.002; 1.000)
TT068	0.971	0.029	(0.832; 1.000)	(0.000; 0.168)
TT071	0.960	0.040	(0.773; 1.000)	(0.000; 0.227)
TT073	0.363	0.637	(0.000; 1.000)	(0.000; 1.000)
TT074	0.425	0.575	(0.000; 1.000)	(0.000; 1.000)
TT075	0.931	0.069	(0.629; 1.000)	(0.000; 0.371)
TT076	0.969	0.031	(0.824; 1.000)	(0.000; 0.176)
TT077	0.237	0.763	(0.000; 0.767)	(0.233; 1.000)
TT079	0.968	0.032	(0.819; 1.000)	(0.000; 0.181)
TT081	0.969	0.031	(0.822; 1.000)	(0.000; 0.178)
TT098	0.053	0.947	(0.000; 0.311)	(0.689; 1.000)
TT112	0.959	0.041	(0.768; 1.000)	(0.000; 0.232)
TT113	0.891	0.109	(0.441; 1.000)	(0.000; 0.559)
TT142	0.894	0.106	(0.479; 1.000)	(0.000; 0.521)
TT148	0.421	0.579	(0.000; 1.000)	(0.000; 1.000)

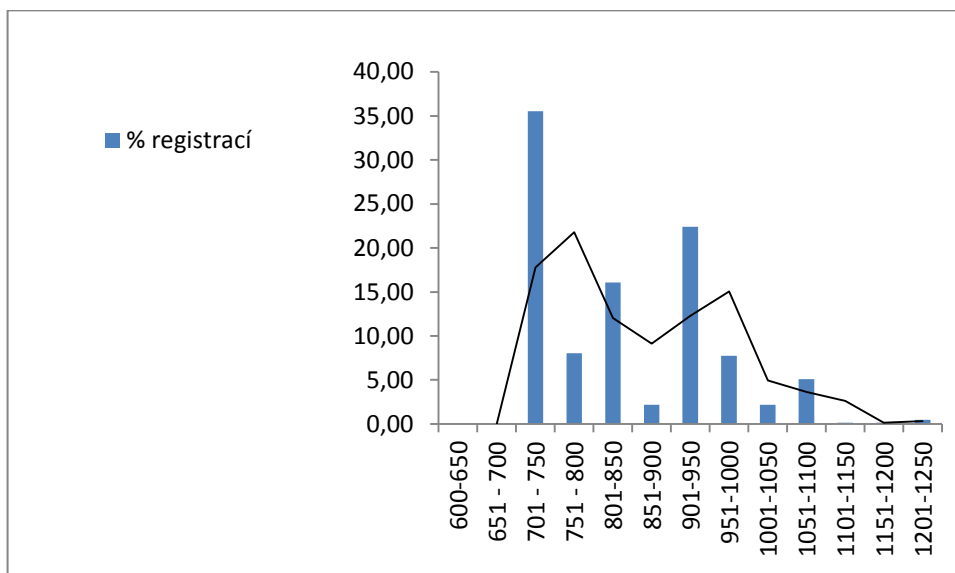


Obr. 29: Výsledek populačně-genetické analýzy tetřívka obecného v NP Šumava a přilehlých oblastech v programu BAPS, do které vstupují i geografické souřadnice jednotlivých záznamů. Byly identifikovány tři subpopulace (odlišeny barevně), které ovšem nejsou prostorově dobře vymezeny. Tento výsledek naznačuje, že genetická strukturovanost je slabá a v populaci není významně omezen tok genů, případně že je tato strukturovanost významně ovlivněna příbuzenskou strukturou. Tento grafický výstup nezobrazuje případnou příslušnost jedinců k více klastrům.

4.4.11 Biotopové preference tetřívka obecného ve studijní oblasti

Tetřívek obecný se vyskytuje na plošně omezených lokalitách, pravidelně je zjišťován pouze na české straně pohoří, v NP Šumava, CHKO Šumava a těsně za hranicemi těchto VZCHÚ. Výskyty na německé straně pohoří jsou pravidelně registrovány pouze mimo NP Bavorský les, v lokalitách Haidmühle a Schnellenzipf. V obou případech je však výskyt vázán na existenci vhodných biotopů a populací v Čechách. Na německé straně byli registrováni tetřívci pouze na západním svahu Luzného. Důležitý je údaj o pozorování na Černé hoře v biotopu rozpadlé horské smrčiny, potvrzující přítomnost druhu v území (přítomnost registrována od roku 2013).

Vzhledem ke skutečnosti, že veškerá data výskytu byla zjišťována s co nejvyšší mírou přesnosti, bylo možno následně provést analýzu preferovaných typů prostředí v oblasti. V území byl nalézán především v nadmořské výšce 700 – 850 m, v těchto výškách je druh ve studijní ploše vázán převážně na údolní rašeliniště, zejména na Vltavský luh. Při výskytech nad 900 metrů nad mořem je vázán převážně na přechodová rašeliniště a ve výškách kolem 1000 m n. m. a výše převážně na vrchoviště. Nejvýše byl tetřívek obecný zjištěn v 1253 m n. m. na Černé hoře. Ze stejné výšky (1243 a 1248 m n. m.) pochází i nálezy z Luzného. Distribuce výskytu tetřívka obecného v závislosti na nadmořské výšce je zobrazena na obr. 30.



Obr. 30: Výskyt tetřívka obecného v závislosti na nadmořské výšce. Obrázek znázorňuje relativní početnost registrací v 50 metrových intervalech nadmořské výšky. Plná čára znázorňuje klouzavý průměr počtu registrací v procentech.

Mezi hlavní biotopy výskytu tetřívka obecného na Šumavě patří primární rašelinné biotopy v mozaice s antropogenním bezleším. Pouze populace ve VVP Boletice je vázáná na sekundární stanoviště udržovaná extenzivně vojenskou činností.

Mezi hlavní typ biotopů využívaných tetřívkem (podle NATURY 2000) patří rašeliniště:

Otevřená rašeliniště, konkrétně se jedná o nelesní části, rašeliniště představující pro tetřívka optimální biotop (mimo zimní období) z hlediska potravní nabídky, přehlednosti biotopu i krytových možností v bylinném a keříčkovém patře.

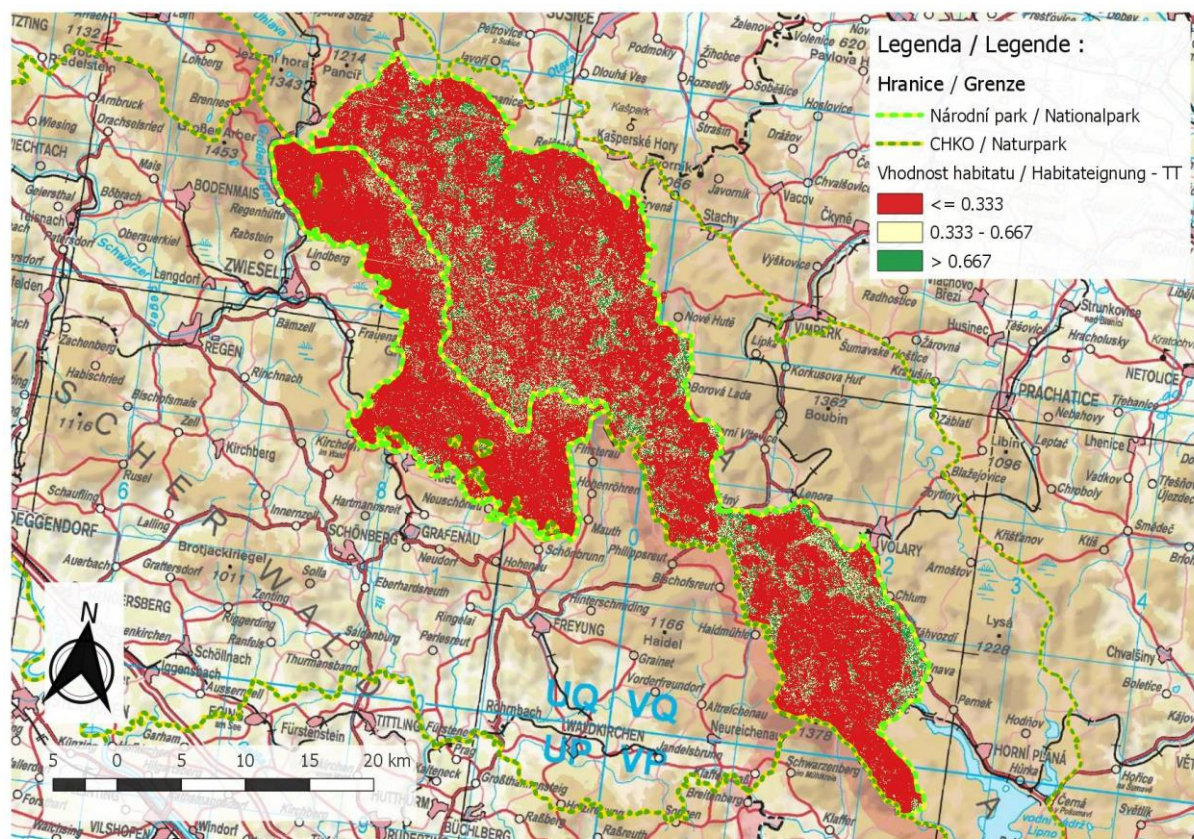
Z keříčkové vegetace se objevují zejména vřes obecný (*Calluna vulgaris*) a vlochně bahenní (*Vaccinium uliginosum*). Z potravního hlediska je dále důležitá přítomnost suchopýrů (*Eriophorum spp.*) a trav. Stromová vegetace se objevuje ojediněle, zastoupena keřovou formou smrku a borovicí rašelinnou (*Pinus x pseudopumilio*) nebo keřovou blatkou (*Pinus uncinata subsp. uliginosa*), která však nebývá vyšší než 0,5 m a dosahuje nízké pokryvnosti.

Dalším důležitým biotopem tetřívka na Šumavě jsou **degradovaná vrchoviště**, jedná se o heterogenní biotop zahrnující plošně odtěžená rašeliniště se zbytky původní flóry, narušená vrchoviště či odvodněná rašeliniště. Tento biotop poskytuje vyhovující podmínky pro druh. Na mnoha lokalitách však dochází, vlivem poklesu hladiny podzemní vody, k sukcesi dřevin a na mnoho lokalitách začíná být stav nevyhovující. Jedná se o důležitý potravní biotop v průběhu celého roku. Dále využívá **nevápnitá mechová slatiniště**, tj. ostřícovo mechová rašeliniště s bohatě vyvinutým bylinným patrem. Jedná se o důležitý potravní biotop zejména ve vegetačním období. Na lokalitách se vyskytuje v maloplošné mozaice, velmi často je využíván pro potravní nabídku i pro jeho otevřenost a přehlednost.

Rašelinné brusnicové bory s dominantní borovicí lesní, přímíšeným smrkem, břízou a borovicí blatkou. Keřové patro tvoří mladí jedinci hlavního stromového patra. Jedná se o světlé lesy, díky čemuž se v bylinném patře může rozvíjet keříčková a bylinná vegetace se zastoupením vřesu obecného, vlochně bahenní a brusnice borůvky. Jedná se o důležitý potravní (hlavně v zimě) a krytový biotop. Dalším lesním biotopem jsou **nálety pionýrských dřevin**, jedná se o přirozenou sukcesí na antropogenním bezleší typu opuštěných luk a polí. V počátečním stadiu vývoje se jedná o velmi vhodný sekundární biotop tetřívka obecného. V současné době je však většina těchto společenstev ve fázi značného zapojení a přestává tetřívku obecnému coby potravní a krytové stanoviště vyhovovat.

Nezbytnou součástí lokalit výskytu tetřívka obecného na Šumavě je sekundární bezleší, zastoupené převážně biotopem intenzivně obhospodařovaných luk. Na tomto místě je důležité zdůraznit, že tento biotop je takto vysoce zastoupen pouze díky jeho velkoplošnému rozšíření v plochách navazujících na lokality výskytu tetřívka obecného.

Podíl zastoupení tohoto biotopu zvyšuje skutečnost, že značná část Vltavského luhu, ve kterém se vyskytuje největší část tetřívčí populace, je obklopena právě tímto biotopem. Tetřívek obecný tento biotop využívá celoročně, zejména však v období toku. Důvodem je přehlednost biotopu a možnost reagovat na ohrožení. Mezi další využívané biotopy bezlesí patří mezofilní ovsíkové louky a vlhké pcháčové louky. Pro druh je v tomto typu biotopu důležitá přehlednost (nízká vegetace, bez sukcese) a klidovost ploch (plochám paseným se vyhýbá).



Obr. 31: Zobrazení vhodnosti habitatu pro tetřívka obecného pro oba NP, vyjádřena číslem z intervalu od 0 (pro nevhodný habitat) do 1 (pro nejvhodnější habitat).

4.4.12 Habitatový model pro tetřívka obecného

Habitatový model vytvořený na základě LIDARových dat, potvrzuje důležitost struktury lesa jako faktoru ovlivňujícího výskyt tetřívka obecného. Klíčovými faktory se ukazují výška nevyššího patra, kdy tetřívek vyhledává především otevřené biotopy (viz. výše) a hustota nižších pater do 1/3 hlavního stromového patra, která poskytuje tetřívce potravní nabídku. Do modelu byly zatím zahrnuty pouze strukturní parametry, mapa tak ukazuje i potenciálně vhodné biotopy, kde se tetřívek nevyskytuje.

Ze znázorněné situace distribuce vhodných biotopů pro tetřívka obecného v území je zřejmé, že nejvhodnější biotopy pro tetřívka obecného představují rašeliniště. Dále se jeví jako vhodné otevřené sukcesní plochy a porosty, ve kterých došlo k rozpadu horního stromového patra v příhraničních hřebenových partiích Šumavy.

4.4.13 Výběr potenciálních lokalit pro možné zlepšení biotopu Tetřívka obecného

Na základě zohlednění struktury lesních biotopů získané tímto projektem a ochranných doporučení, byly vybrány potenciální lokality vhodné k úpravě biotopu na podporu tetřívka obecného v území NP a CHKO Šumava. Jednotlivé lokality viz příloha.

5 Diskuze a výhled do budoucna

V období od listopadu 2016 do září 2019 byly v zájmové oblasti v souladu s dříve vyvinutou metodou monitorovány tři druhy tetřevovitých druhů ptáků (tetřev hlušec, jeřábek lesní a tetřívek obecný).

Takto sebrané vzorky trusu a údaje u tetřeva hlušce byly kvalitativně a kvantitativně srovnatelné s prvním monitoringem, a proto použitelné pro populační genetické analýzy a vyhodnocení. Poměr úspěšné extrakce DNA ze vzorků trusu byl velmi vysoký. Současné výsledky proto umožňují porovnání údajů s údaji z předchozích let. U tetřívka obecného a jeřábka lesního byly v rámci projektu uskutečněny vůbec poprvé plošné genetické analýzy a vytvořily základ pro další studie.

Počet zjištěných genotypů u tetřeva hlušce byl ve srovnání s prvním monitoringem relativně vysoký 302 versus 219. Také rozmístění opětovně zachycených jedinců se mezi monitoringy lišilo (méně opětovně zachycených, více individuálních nálezů) a to také vedlo k vyššímu odhadu průměrné velikosti populace (605 vs. 556). Tři modely ukazují ve srovnání s ostatními výpočty na výrazně vyšší velikost populace. To může být způsobeno mírným rozšířením zájmové oblasti (Bodenmais a Rakousko). Výpočet fixačních indexů (FST) ukazuje na jedné straně velmi nízké hodnoty a naznačuje propojenou, panmiktickou populaci. Pouze v přímém porovnání devíti "subpopulací" se v několika málo případech objevily signifikantně významné rozdíly. Tyto rozdíly nejsou pravděpodobně způsobeny narušením toku genů, spíše je můžeme vysvětlit počtem vzorků, které byly vybrány do uměle vymezených subpopulací. Počty genotypů z různých oblastí (subpopulací) se výrazně lišily (např. byly porovnávány oblasti se 3 zaznamenanými genotypy a oblasti se 100 různými genotypy). Přestože nebyl prokázán pohyb jedinců např. mezi oblastí Třístoličníku a jádrovým územím národních parků, data naznačují, že ke genetickému toku genů v populaci dochází. U jeřábka lesního se podařilo genotypizovat 203 jedinců a na základě provedených genetických analýz lze tvrdit, že se jedná o propojenou populaci bez zjevné strukturovanosti. Podle výsledků populačně genetických analýz a odhadu velikosti populace pro oba NP (689 jedinců) není jeřábek lesní v současnosti ve studované oblasti, jako celku, ohrožen. Habitatové modely ukázaly vhodné biotopy, většina z nich je tvořena samovolnými procesy (bezzásahový režim). Pro zachování populačně genetických parametrů v příznivém stavu je nutné zamezit fragmentaci populace. Jelikož se jedná o výrazně sedentární druh s maximálním zjištěným „přeletem“ 3 km, je nutné udržovat či iniciovat vznik vhodných biotopů (v dostatečných rozlohách) v disperzní vzdálenosti druhu (méně než 3 km). Velmi důležité je uchování propojenosti jednotlivých lokalit a zamezení jejich fragmentace. Co se týká managementových přístupů v jednotlivých lokalitách, byly v NP Bavorský les téměř všechny registrace druhu zaznamenány v Naturzone, v NP Šumava bylo 50% registrací zaznamenáno v dílčích plochách A a B, tj. v územích převážně ponechaných samovolnému vývoji. Ideálním managementem pro podporu jeřábka lesního v přírodních a přírodě blízkých biotopech, jak vychází z průniku biotopů, distribuce druhu a managementového přístupu je přístup bezzásahový, tj. při dostatečné výměře optimálních (a obnovujících či nahrazujících se) biotopů a vyloučení rušivých faktorů.

U tetřívka obecného se podařilo genotypizovat 71 jedinců a na základě genetických analýz lze vylišit 2 subpopulace, mezi nimiž však dochází k toku genů. Z výsledků proběhlých populačně genetických analýz a na základě odhadu početnosti (119 jedinců), se současná populace nachází ve zlomovém bodu, kdy ještě stále nedošlo k významnému genovému ochuzení, nedochází k nežádoucím jevům jako inbreeding apod., zároveň by však další populační pokles či fragmentace populace tato ohrožení mohli přinést. Z výsledků plyne, že pro zachování druhu v území je nutné minimálně zamezit dalšímu poklesu početnosti. Ideálně vytvořit podmínky pro zvýšení početnosti tetřívka (především úprava biotopu, viz návrh konkrétních opatření). Zásadní se ukázala potřeba uchovat konektivitu celé populace a zamezit její fragmentaci. Vzhledem ke skutečnosti, že značná část populace přežívá v primárních rašelinných biotopech, je nutné zamezit jejich další degradaci či zániku, tzn.: podporovat šetrné revitalizace rašelinišť a mokřadů, zamezit odvodňování a s tím spojené zarůstání. Jak vyplývá z habitatových analýz, tetřívek obecný je vázán

na silně heterogenní prostředí, které mu zajišťuje vhodné životní podmínky v průběhu celého roku. Velmi důležité je tedy hledisko minimálních rozloh vhodných biotopů. Z našich výsledků vyplývá, že minimální rozloha vhodného biotopu, která zaručí jeho celoroční výskyt je cca 80 ha. V této souvislosti je nutno jako velmi důležité opatření uvést, zamezení dalších fragmentací vhodného biotopu, tzn. odklonit veškeré turistické, lyžařské, cyklistické aj. stezky vedoucí přes, či v blízkosti lokalit výskytu tetřívka obecného.

Pokud se podíváme na poměr pohlaví, tak v tomto vykazovacím období byl podíl kohoutů (1:3,3) u tetřeva hlušce výrazně vyšší než u prvního monitoringu s poměrem 1:1,7. Metodicky byl použit stejný postup v obou obdobích. Při výběru vzorků trusu zaslaných do genetické laboratoře byla snaha vybrat polovinu vzorků od samic a polovina od kohoutů. Pohlaví se odhadovalo podle tloušťky trusu (průměru). V rámci tohoto projektu tak bylo vybráno 300 vzorků trusu menšího průměru (pravděpodobné samice) a 300 vzorků od kohoutů (větší průměr). Nicméně, genetické výsledky stanovení pohlaví ukázaly, že ve vzorcích bylo třikrát více kohoutů než slepic. Zda jsou tyto výsledky způsobeny nepřesným odhadem pohlaví podle relativní velikosti trusu nebo menší pravděpodobností nálezu samičího trusu v terénu (samci se s větší pravděpodobností pohybují po zemi, slepice spíše sedí schované na stromech) není dosud jasné. Podobně u jeřábka lesního byl zjištěn nápadně posunutý poměr pohlaví ve prospěch kohoutků. Ze všech genotypizovaných vzorků téměř 2/3 patřily kohoutkům. U tetřívka obecného byl poměr pohlaví téměř 1:1. U jeřábka i tetřívka nebyl vybírán trus na základě pohlaví pro nemožnost odhadu na základě velikosti. Jedná se tedy o náhodný výběr.

Pomocí opětovných záznamů stejných genotypů bylo prokázáno, že minimálně jednotliví jedinci tetřeva hlušce se v zájmové oblasti vyskytují nejméně šest let. Toto číslo zároveň ukazuje na možnou délku života tetřeva hlušce v dané oblasti. Vzhledem k tomu, že věk zvířat v době prvního nálezu nebyl znám, musíme mluvit o minimálním věku. Výzkum tetřevů v Rusku prokázal, že samčí populace je tvořena většinou ze tří až čtyřletých kohoutů (Borchtchevski & Moss 2014). Toto zjištění platí pro přirozené lesy, zatímco v hospodářských lesích dominují roční a mladí samci. Kromě toho tam byla pozorována všeobecně vysoká úmrtnost kohoutů starších čtyř let. U předkládaného monitoringu je nápadné, že jak první nálezy tak „opětovná zachycení“ byla téměř výhradně v jádrových územích národních parků (hraniční hřeben, oblast Kiesruck-Roklan-Luzný) nebo na hranici Národního parku Šumava (Smrčina) a přilehlém území. Vzhledem k rozsahu zájmového území lze průměrné vzdálenosti mezi zachycením a opětovným zachycením (cca 6 km) považovat za pohyb v malém prostoru. Takto stará zvířata nebyla v oblastech vzdálenější od národních parků prokázána.

Na rozdíl od monitoringu 2009-2011 byla pro celou populaci zjištěna prostorově výraznější genetická struktura způsobena kohouty tetřeva hlušce. V předchozím monitoringu byli jen kohouti až do vzdálenosti 3 km signifikantně více příbuzní než vzdálenější genotypy. Pozorované genotypy (kohouti i slepice) v současném projektu byly geneticky signifikantně více příbuzní až do vzdálenosti 15 km než by se dalo očekávat při jejich náhodném rozmístění. Tento trend je u samců v současném monitoringu ještě silnější (více statisticky průkazný až do vzdálenosti 5 km). Slepice neměly v obou kolech monitoringu signifikantní prostorovou strukturu genetické příbuznosti. Pro statistické porovnání však bylo vždy k dispozici výrazně méně samičích genotypů.

Mnoho studií ukázalo, například pomocí telemetrických metod, že kohouti tetřeva hlušce využívají signifikantně větší území než slepice (Gjerde & Wegge 1989, Thiel et al. 2008). Tento vzor nelze pomocí dostupných dat dokázat. Průměrný akční rádius (0,4 km²) zkoumaných genotypů zhruba odpovídá středním hodnotám známým z jižního Švédska: 0,3 km² až 0,6 km² (Gjerde & Wegge 1989), zatímco Storch (1997) a Thiel et al. (2008) uvádí větší akční rádius ve Schwarzwaldu a v Alpách v průměru 1,1 km² až 1,9 km².

Opatrně řečeno se zdá, že se nejstarší a geneticky relativně blízce příbuzní tetřevi zdržují hlavně na poměrně malých územích, v jádrovém území podél hraničního hřebene. Jestli tato pozorování ukazují na přestárlou populaci s dominancí samců, vyskytujících se kolem bývalých a současných tokanišť v nerušených oblastech není zatím jasné.

Následný monitoring by mohl toto reflektovat. Rovněž by bylo dobré uvážit zavedení nebo posouzení klidových území pro tetřeva hlušce v oblastech jeho výskytu a to zejména v národních parcích.

Prostorové pohyby zjištěné v projektu ukazují na silnou usedlost jeřábka lesního, což je v souladu se zjištěním Klauseho (2016), který udává velikost teritoria jeřábka lesního na Šumavě 18 – 70 ha. Pohyby u tetřívka obecného potvrzují také minimální pohyblivost s maximem v období toku.

Z této zprávy vyplývá, že ověřené metodologické přístupy v zájmové oblasti zajišťují srovnatelnost údajů a že je tedy důležité pokračovat v monitorování na stejném metodickém základě. Monitoring by měl být opakován v pětiletých cyklech. Následný monitoring podle stejné metodiky a se stejnou intenzitou by bylo žádoucí aplikovat v zimním období 2022/2023.

Vzhledem k tomu, že díky rozšíření zájmového území o prostorově izolované oblasti se odhady početnosti tetřeva hlušce 100% neshodují s prvním monitoringem, bylo by dobré před dalším kolem monitoringu diskutovat vymezení zájmového území. Vzhledem k tomu, že se tetřev hlušec ve střední Evropě a mimo alpské oblasti vyskytuje pouze v malých, velmi izolovaných populacích, přináší s sebou rozšíření zájmového území (Rakousku či ostrovní výskyt v lesích u Bischofsmais) hodně vynaloženého úsilí. Vzhledem k prokázanému pohybu jedinců až na 25 km se doporučuje tyto oblasti nevynechávat. Dá se předpokládat, že jedinci z těchto oblastí patří k šumavské populaci. Je však třeba poznamenat, že v této zprávě nelze prokázat žádný pohyb ve formě opětovně zaznamenaných genotypů mezi výše uvedenými oblastmi.

Tetřevovití patří mezi deštníkové druhy obou národních parků. V této zprávě byly analyzovány a dokumentovány populační trendy tetřeva hlušce a proveden odhad velikosti populace u jeřábka lesního a tetřívka obecného. Výsledky této studie mohou být reflektovány v managementových opatření tak, aby byla zajištěná udržitelná ochrana těchto třech druhů v zájmové oblasti. Důležitá není pouze velikost populace a její genetická struktura, ale zejména prostorového rozložení výskytu v rámci těchto velkoplošných chráněných území. Prostorové rozmístění může být ovlivněno dynamickými změnami (např. struktury lesa v následku přírodních disturbancí). Pro udržitelný management by měl být zvážen i návštěvní management a jeho dopady na populace tetřevovitých, případné zavedení a rozšíření klidových území. Současné výsledky opět ukazují na důležitost jádrových oblastí národních parků pro výskyt tetřeva. Jejich význam spočívá v udržení genetické diverzity a také se potvrdila zvýšená průměrná délka života u jedinců v těchto oblastech. Zavedení centrálních a velkoplošných klidových území pro tetřeva hlušce může být správnou cestou k dlouhodobé ochraně tohoto druhu. Pro taková managementová rozhodnutí poskytují výsledky dlouhodobého monitoringu cenné a spolehlivé základy.

6 Návrh opatření pro podporu tetřevovitých v území

Při ochraně tetřevovitých je třeba přistupovat komplexně ke všem negativním a ohrožujícím vlivům. Příčiny populačních trendů nejsou zcela osvětleny a je třeba v tomto směru stále provádět citlivý výzkum, který by neměl mít na populace negativní vliv. Při ochraně populací je zapotřebí zohledňovat zejména stav, rozlohu a konektivitu vhodných biotopů, které jsou základem pro udržení tetřevovitých v území. Při přihlédnutí ke specifickým nárokům jednotlivých druhů, doporučujeme následující opatření:

6.1 Návrh konkrétních opatření pro podporu tetřeva hlušce

Z proběhlých populačně genetických analýz vyplývá nutnost ochrany populace tetřeva hlušce jako celku, tzn. i v oblastech mimo národní parky. Počty jedinců zaznamenané pouze na území obou NP nedosahují početnosti zaručující dlouhodobé přežití (Grimm & Storch 2000). Tato minimální početnost byla stanovena na 470 500 jedinců.

Důraz na ochranu tetřeva hlušce je nutno klást na všech lokalitách jeho výskytu a chránit i biotopy potenciálně vhodné. Pro ochranu tetřeva hlušce v území doporučujeme zejména:

- 1) Ochrana starých a bohatě strukturovaných jehličnatých lesů v dostatečných plochách, především umožněním průběhu přirozených procesů, tzn. podpora bezzásahového managementu v lesních ekosystémech na rozsáhlých územích
- 2) Snížení stresového zatížení v důsledku rušení
- 3) Omezení fragmentace liniovými bariérami
- 4) Usměrnit pohyb návštěvníků a jiných rušivých vlivů tak, aby byl vyloučen negativní vliv na populaci a vyloučen zábor potenciálních, vhodných biotopů (i přes aktuální absenci druhu)
- 5) Zajistit pravidelný monitoring populace, genetické analýzy provádět v pěti letých cyklech, zajistit monitoring celé populace v celé přeshraniční oblasti
- 6) Vyhlášení velkoplošných klidových území s vyloučením vstupu veřejnosti v jádrových částech výskytu

6.2 Návrh konkrétních opatření pro podporu jeřábka lesního

Pokud by bylo nutné přistoupit k úpravě některých biotopů, tak aby lépe vyhovovali jeřábkovi lesnímu, ať už v území s aktivním managementem v NP Šumava, nebo oblastech výskytu jeřábka mimo národní parky NP Šumava a NP Bavorský les, konkrétní ochranná doporučení shrnují následující body:

- 1) Uplatňování maloplošného využívání porostů, především využívat clonného a výběrného hospodaření, aby mohly vzniknout mozaikovitě odstupňované struktury lesních porostů
- 2) Upuštění od velkoplošných monokultur jehličnatých porostů za pomoci přimísení listnatých dřevin, snížením zakmenění zajistit prosvětlení porostů, rozvoj a zachování bylinného a keřového patra, především bobulovitých křovin (úkryt a zásobárna potravy)
- 3) Podporovat přirozené zmlazení a sukcesi v lesních porostech, neblokovat sukcesi na sekundárním bezlesí (není-li tento postup kolizní vůči jiným ZCHD) a vhodnými zásahy udržovat dlouhodobě vysoké zastoupení listnáčů s příměsí smrků, zejména v podrostu
- 4) Proluky ponechávat přirozené sukcesi
- 5) Neprovádět zásahy u cest a otevřených ploch, jako např. odvětvování a odstraňování dospělých stromů měkkých dřevin, cílem je umožnění vzniku okrajů s bylinnou vegetací a náletem měkkých dřevin (lemy cest s dostatečným zastoupením potravních dřevin představují důležitý habitat obzvláště v mladých smrkových kulturách)
- 6) Při výsadbě hospodářských dřevin udržovat odstup od tras říčních toků a potoků a vlhkých koryt, odstraňovat jehličnatý nálet v říčních tocích, potocích a vlhkých korytech, zachovat vegetaci říčních porostů olše *Alnus glutinosa* a jejich druhového bohatství
- 7) Podporovat potravně důležité stromy, jako jsou břízy, vrby, jeřáb, olše a další dřeviny, především lísky a bezy. V případě nutnosti tyto i vysázet. V případě potřeby je uvolnit a podpořit jejich fruktifikaci
- 8) Při výsadbě jehličnatých stromů zachovávat velký odstup mezi jednotlivými stromy, při managementu je vytvářet
- 9) Upustit od odstraňování pionýrských a náletových dřevin v kulturách a v plochách s přirozeným zmlazením

- 10) Péči o mladý porost provádět co nejdříve, s vyšší intenzitou. Okrajové stromy neodvětvovat, umožnit rozvoj keřové a bylinné vegetace
- 11) V období hnízdění a vyvádění mladých, tj. od začátku dubna do konce července, neprovádět žádné práce v oblasti, kde je jeřábek usídlen
- 12) Udržovat a podporovat hustý podrost a husté keříčkové patro (výška minimálně 20 cm) s hojným zastoupením borůvčí
- 13) Zamezit fragmentaci biotopů, tj. včetně zamezení tvorby nových liniových bariér (turistické a lyžařské trasy apod.), udržovat a podporovat propojení populace
- 14) Dodržovat zásady minimálních prostorových nároků druhu, tzn. zajištění minimálních rozloh vhodných biotopů a jejich propojenosti v dílčích územích
- 15) Dlouhodobé plánování a kontrola takovýchto opatření k zajištění jejich trvale udržitelné působnosti

6.3 Návrh konkrétních opatření pro podporu tetřívka obecného

Velkým problémem šumavských lokalit výskytu tetřívka obecného je postupné zarůstání spontánní sukcesí dřevin, ke které dochází zejména na rašeliništích narušených odvodněním či na ladem ležícím sekundárním bezlesí. V souladu s výsledky analýz prostředí doporučujeme: udržet mozaiku bezlesí/mlazina/vzrostlý les v poměru zhruba 40/50/10. Mlazina je míněn porost břízy (případně s příměsí smrku či borovice) s výškovou strukturou 0,5 – 6 m. Ideální vzrostlý les je silně proředěn (zakmenění 0,3) se skupinami vhodných konifer (borovice, smrk) poskytující úkryt. Konkrétní ochranná doporučení shrnují následující body:

- 1) Chránit primární stanoviště, zamezit odvodňování a degradaci (tj. vedle působení odvodnění i vliv eutrofizace hnojením či pastvou aj.) mokřadů a rašelinišť
- 2) Pokud na primárních stanovištích dochází k zániku vhodných podmínek, podmíněných antropickou činností (zejména odvodnění), přistoupit k razantním zásahům a negativní trend biotopu zvrátit (revitalizace, odlesnění, proředění porostů, resetovaná sukcese, seč,...)
- 3) Vyloučit aplikaci hnojiv či biocidů v blízkosti lokalit výskytu tetřívka
- 4) Aktivním managementem optimalizovat stav sekundárních biotopů – tj. umělé usměrňování druhového složení dřevin ve prospěch potravních druhů, jejich věkové složení a zápoj, podporovat krytové příležitosti. Aplikovat resetovanou sukcesi – prostorový rozsah intenzivních zásahů dle rozlohy vhodných biotopů. Zajistit extenzivní management na sekundárním bezlesí (tokaniště, a potravní nabídka). Vhodná je (ne)pravidelná seč v srpnu a září, nebo požárový management. Důležité je, uchovat přehlednost biotopu.
- 5) Optimalizovat poměr bezlesí/mlaziny/vzrostlý les – viz. výše. Udržet či vytvořit mozaikovitou krajinu s porosty rozvolněného charakteru.
- 6) Přeložkou turistických, lyžařských, cyklistických, naučných aj. tras či stezek zachovat klidový režim lokalit a zamezit tak jejich fragmentaci v důsledku liniových bariér.
- 7) Zachovat vegetační hlukové bariéry od silnic apod.
- 8) Otevřené plochy vzniklé po odumření horního stromového patra v hřebenových partiích lesnický neobhospodařovat
- 9) Udržovat bezlesé enklávy

- 10) Podpořit propojení populace uchováním a vytvářením vhodných biotopů, včetně vytváření tzv. tetřivčích center (Flousek 2019 – verb. sdělení). Kvalitativně vhodné biotopy, odpovídající i rozlohou a klidovostí pro potřeby druhu by měl být od sebe vzdáleny max. 5 km
- 11) Vypouštění odchovaných tetřivků, event. translokace nejsou v současné době žádoucí (možné negativní dopady na současnou populaci)
- 12) Provádět kontinuální monitoring populace a v případě negativního populačního trendu přijmout nutná opatření i nad rámec výše uvedeného.

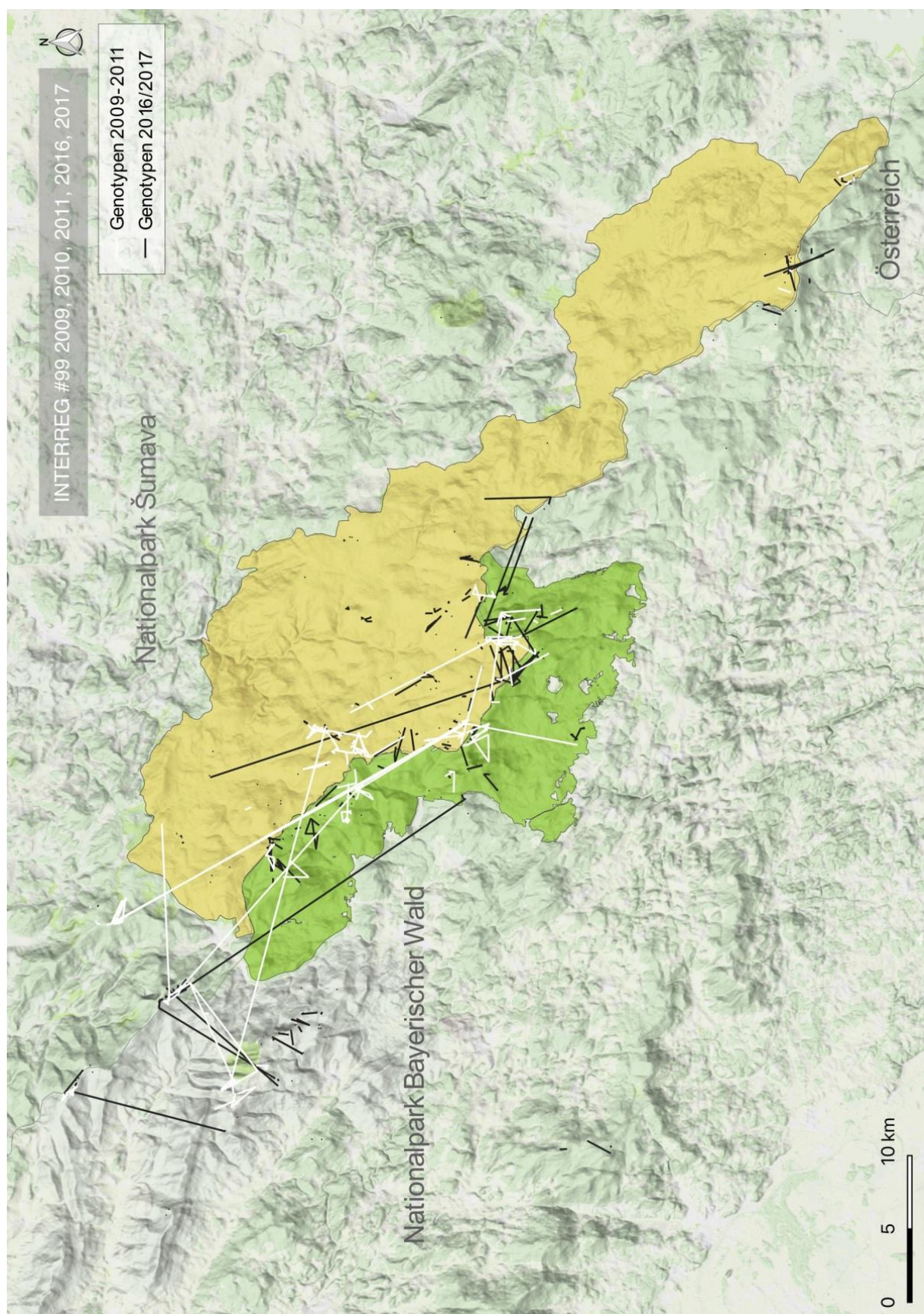
6.3.1 Výběr potencionálních lokalit pro možné zlepšení biotopu Tetřívka obecného

Na základě zohlednění struktury lesních biotopů získané tímto projektem a ochranných doporučení, byly vybrány potencionální lokality vhodné k úpravě biotopu na podporu tetřívka obecného v území NP a CHKO Šumava. Jednotlivé lokality viz příloha VI.

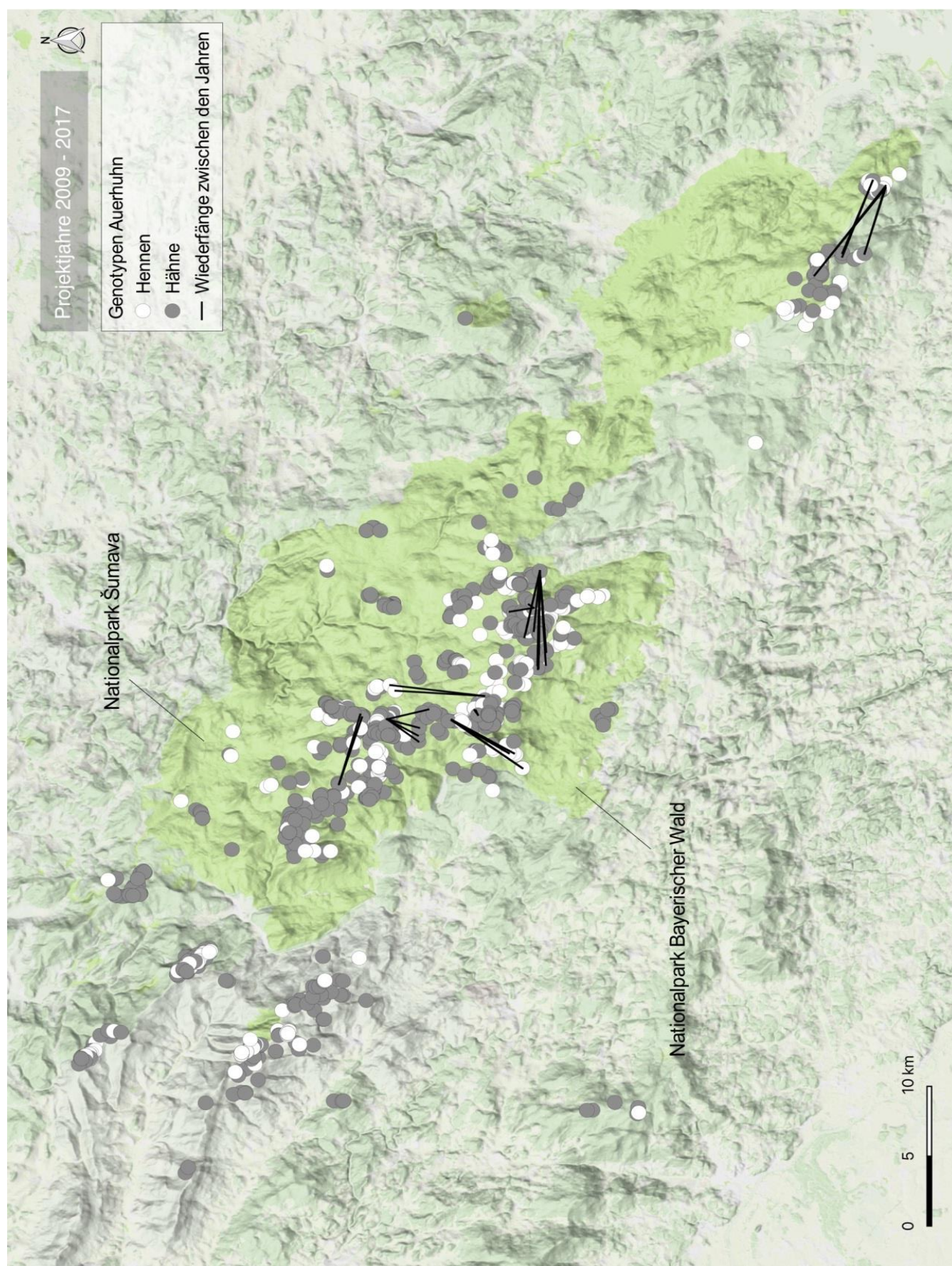
7 Reference

- Borchtchevski V, Moss (2014) Age structure of Capercaillie males (*Tetrao urogallus*) in NW Russia may reflect two-way movements - a hypothesis. *Ornis Fennica* 91:14-28.
- Caizergues A, Dubois S, Loiseau A, Mondor G & Rasplus J-Y, 2001. Isolation and characterization of microsatellite loci in black grouse (*Tetrao tetrix*). *Molecular Ecology Notes* 1: 36-38.
- Caizergues A, Rätti O, Helle P, Rotelli L, Ellison L & Rasplus J-Y, 2003. Population genetic structure of male black grouse (*Tetrao tetrix* L.) in fragmented vs. continuous landscapes. *Molecular Ecology* 12: 2297-2305.
- Chao, A., & Lee, S. M. (1992). Estimating the number of classes via sample coverage. *Journal of the American statistical Association*, 87(417), 210-217.
- Chao, A. (1984). Nonparametric estimation of the number of classes in a population. *Scandinavian Journal of statistics*, 265-270.
- Chao, A., & Bunge, J. (2002). Estimating the number of species in a stochastic abundance model. *Biometrics*, 58(3), 531-539.
- Efford, MG (2018) secr: Spatially explicit capture-recapture models. R package version 3.1.6. <https://CRAN.R-project.org/package=secr>
- Evanno G, Regnaut S & Goudet J, 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology* 14: 2611-2620.
- Gjerde I, Wegge P (1989) Spacing pattern, habitat use and survival of capercaillie in a fragmented winter habitat. *Orn Scand* 20:219–225
- Griffiths R, Double MC, Orr K, Dawson RJG (1998) A DNA test to sex most birds. *Mol Ecol* 7:1071–1075. doi:10.1046/j.1365-294x.1998.00389.x
- Ji-Ping Wang (2011) SPECIES: An R Package for Species Richness Estimation. *Journal of Statistical Software*, 40(9) 1-15. URL <http://www.jstatsoft.org/v40/i09/>.
- Krzystek P, Serebryanyk A, Schnör C, Červenka J, Heurich M (in press) Large-scale mapping of tree species and dead trees in Šumava National Park and Bavarian Forest National Park using lidar and multispectral imagery. *Remote Sensing*, 12, 661: 1-22
- Pérez T, Vázquez JF, Quirós F & Domínguez A, 2011. Improving non-invasive genotyping in capercaillie (*Tetrao urogallus*): redesigning sexing and microsatellite primers to increase efficiency on faeces samples. *Conservation Genetics Resources* 3: 483-487.
- Piertney SB & Dallas JF, 1997. Isolation and characterization of hypervariable microsatellites in the red grouse *Lagopus lagopus scoticus*. *Molecular Ecology* 6: 93-95.
- Piertney SB, Höglund J (2001) Polymorphic microsatellite DNA markers in black grouse (*Tetrao tetrix*). *Mol Ecol Notes* 1:303–304. doi:10.1046/j.1471-8278.2001.00118.x
- Rösner S, Brandl R, Palme R, Lorenc T, Mussard-Forester E, Müller J (2013) Überleben zwischen Stress und Habitat – Wildlife Management beim Auerhuhn. *Vogelwarte* 51(4): 318-319.
- Rösner S, Brandl R, Segelbacher G, Lorenc T, Müller J (2014a): Non-invasive genetic sampling allows estimation of capercaillie numbers and population structure in the Bohemian Forest. *Eur J Wildl Res* doi: 10.1007/s10344-014-0848-6
- Rösner S, Leibl F (2014): Wildtiermanagement in Nationalparks: Auerhühner im bayerisch-böhmischen Grenzgebirge. *Der FALKE* 7: 19-23.

- Rösner S, Mussard-Forster E, Lorenc T, Müller J (2014b): Recreation shapes a “landscape of fear” for a threatened forest bird species in Central Europe. *Landscape Ecology* 29: 55-66.
- Segelbacher G, Paxton RJ, Steinbrück G, Trontelis P & Storch I, 2000. Characterization of microsatellites in capercaillie *Tetrao urogallus* (AVES). *Molecular Ecology* 9: 1919-1952.
- Seibold S, Hempel A, Piehl S, Bässler C, Brandl R, Rösner S, Müller J (2013): Forest vegetation structure has more influence on predation risk of artificial ground nests than human activities. *Basic Appl Ecol.* doi: 10.1016/j.baae.2013.09.003
- Storch I (1987) Male territoriality, female range use, and spatial organization of capercaillie *Tetrao urogallus* leks. *Wildl Biol* 3:149–161
- Teuscher M, Brandl R, Rösner S, Bufka L, Lorenc T, Förster B, Hothorn T, Müller J (2011): Modelling habitat suitability for the Capercaillie *Tetrao urogallus* in the national parks Bavarian Forest and Šumava. *Ornithol. Anz.*, 50: 97–113.
- Teuscher M, Brandl R, Förster B, Hothorn T, Rösner S, Müller J (2013) Forest inventories are a valuable data source for habitat modelling of forest species: an alternative to remote-sensing data. *Forestry* 86(2): 241-253. doi:10.1093/forestry/cps081
- Thiel D, Jenni-Eiermann S, Braunisch V, Palme R, Jenni L (2008) Ski tourism affects habitat use and evokes a physiological stress response in capercaillie *Tetrao urogallus*: a new methodological approach. *J Appl Ecol* 45:845–853. doi:10.1111/j.1365-2664.2008. 01465.x



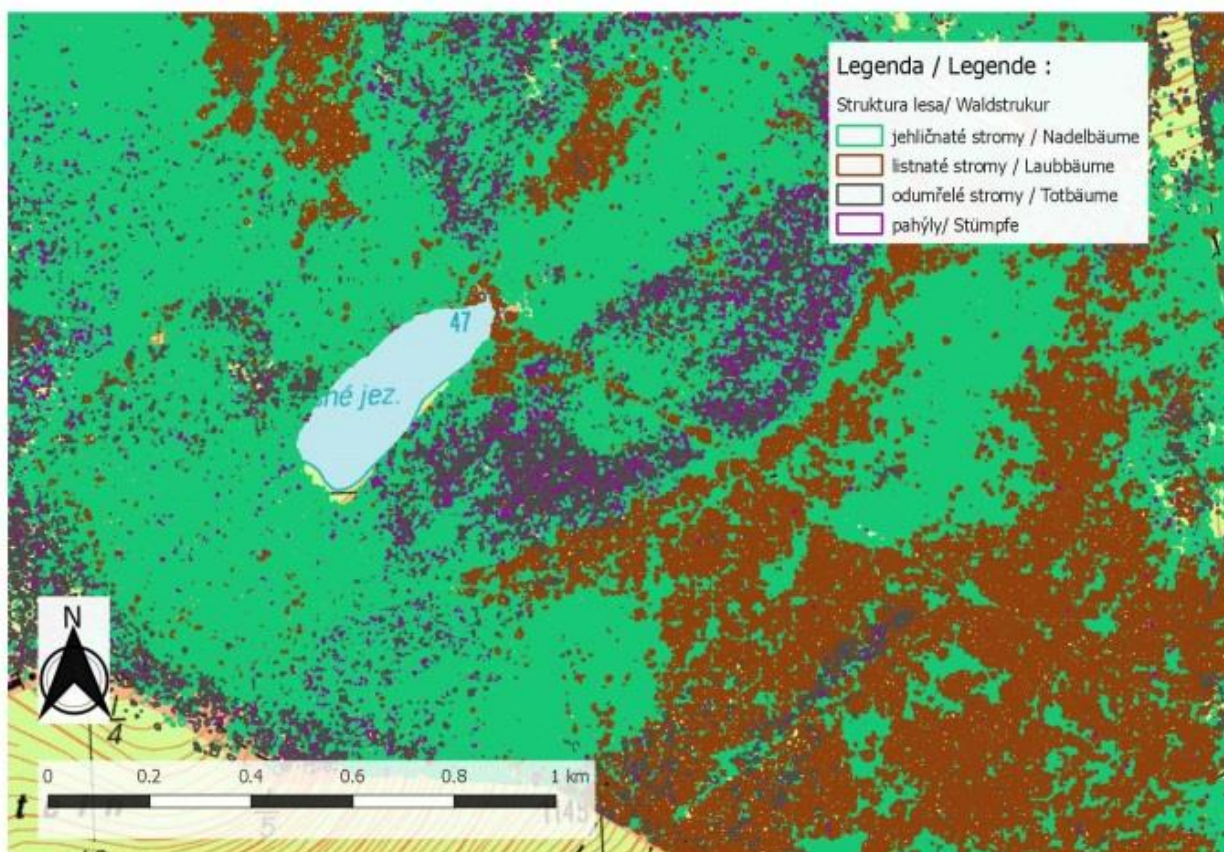
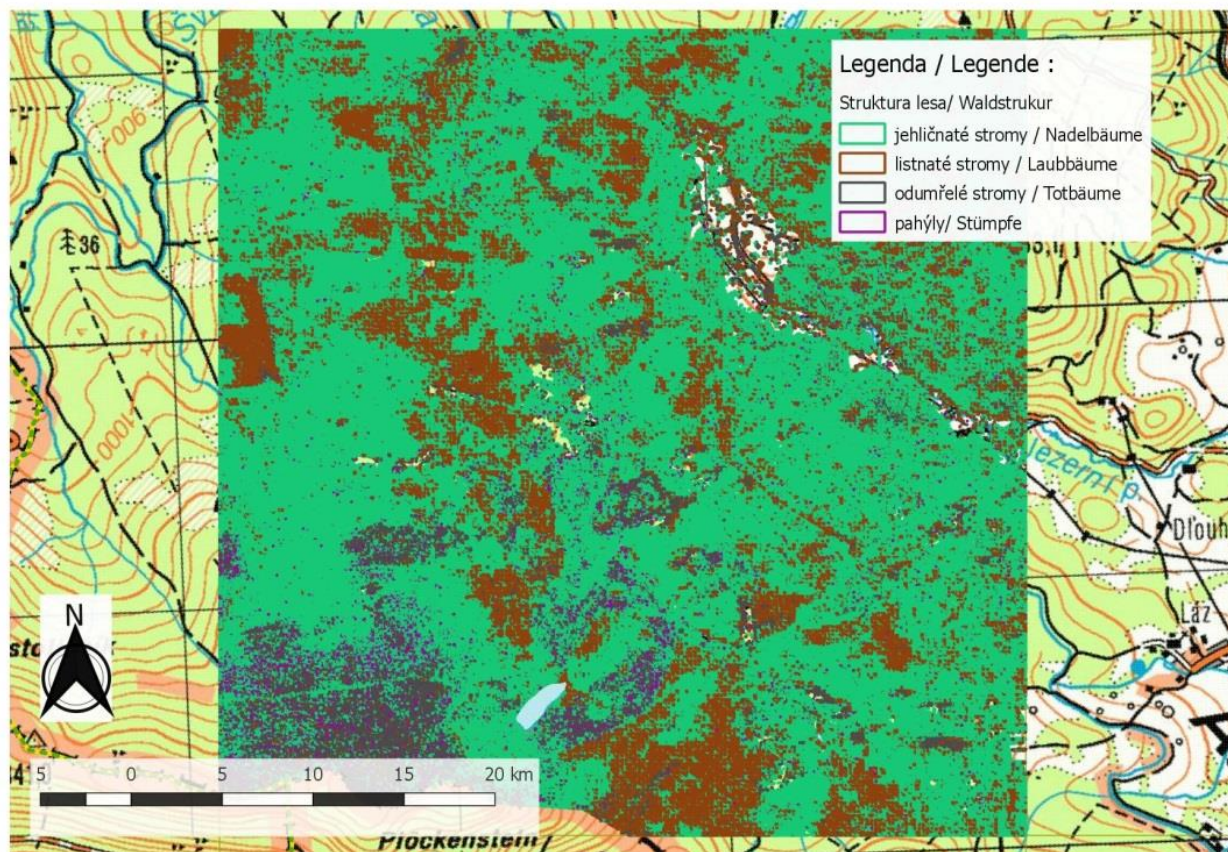
Příloha I: Přehled rozmístění všech genotypových opětovných zachycení tetřeva hlušce (*Tetrao urogallus*) v prvním a druhém monitoringu (bíle: 2009-2011, černě: 2016/2017). Každá úsečka spojuje zachycení s jedním opětovným zachycením jednoho genotypu.

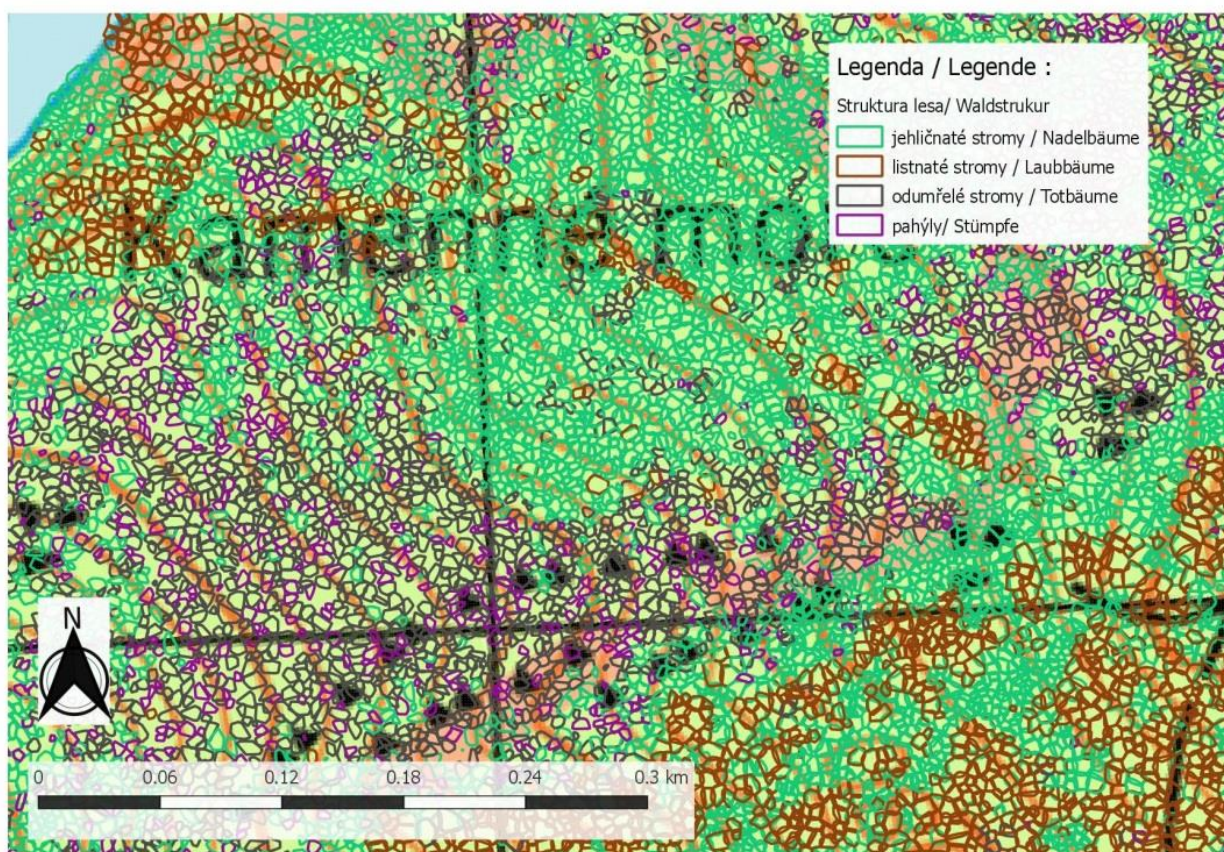
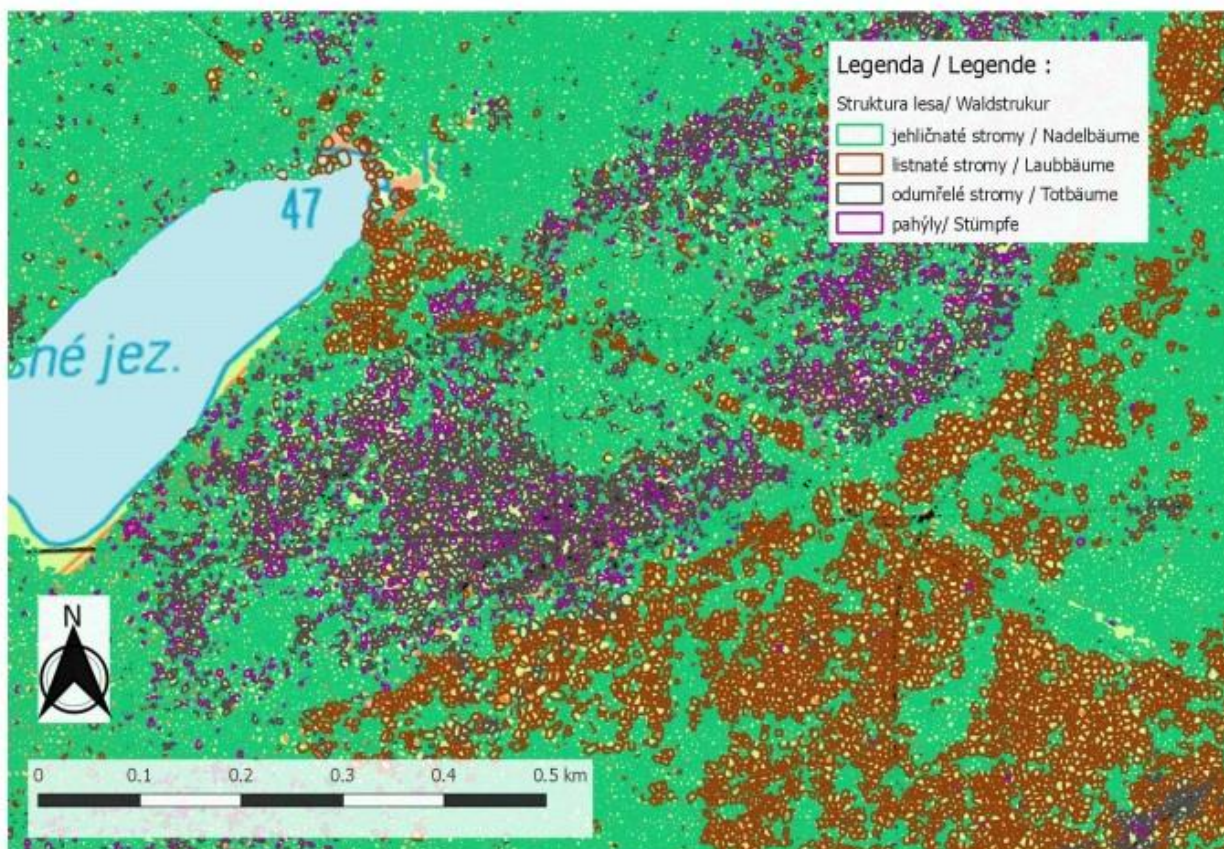


Příloha II: Přehled rozmístění všech genotypů tetřeva hlušce (*Tetrao urogallus*) v prvním a druhém monitoringu (bíle: slepice, černě: kohouti). Každá černá úsečka spojuje nález jednoho genotypu z prvního monitoringu a minimálně jedním opětovným zachycením stejného genotypu z druhého monitoringu.

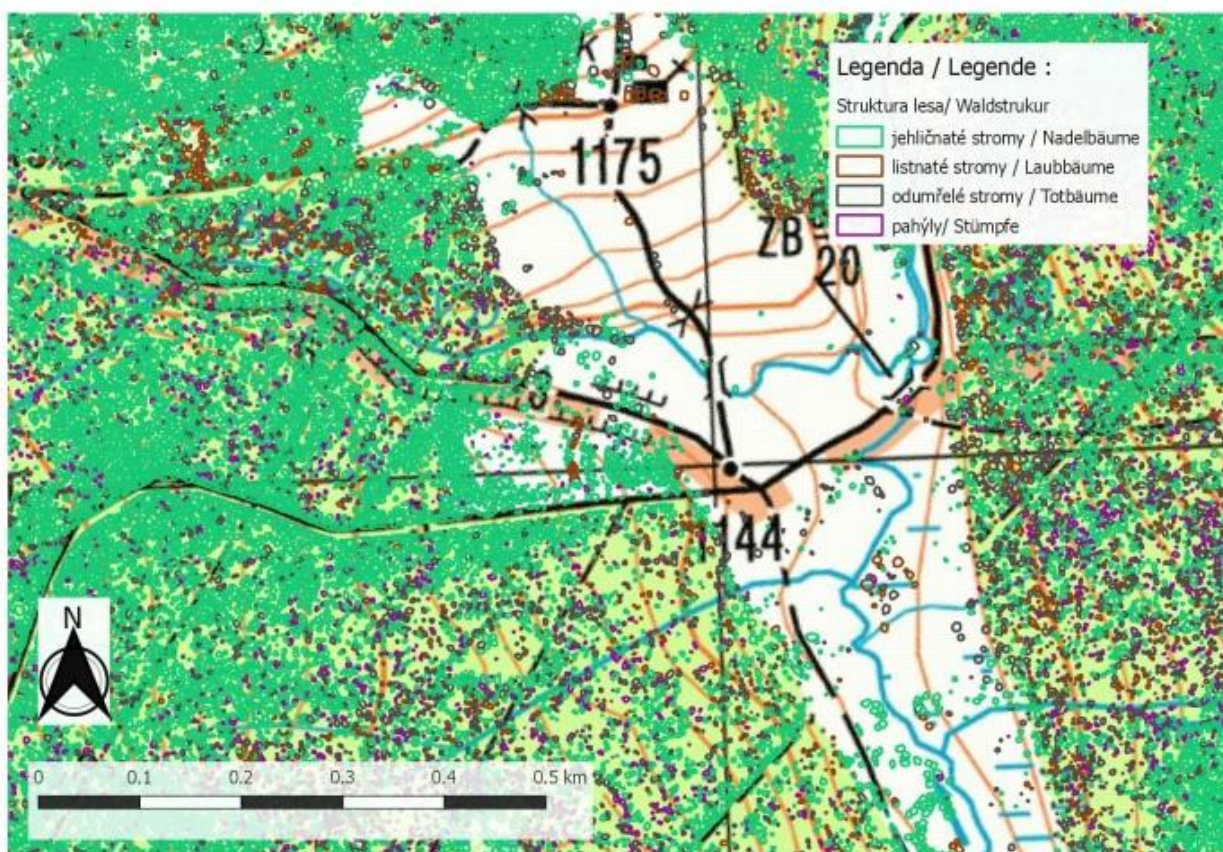
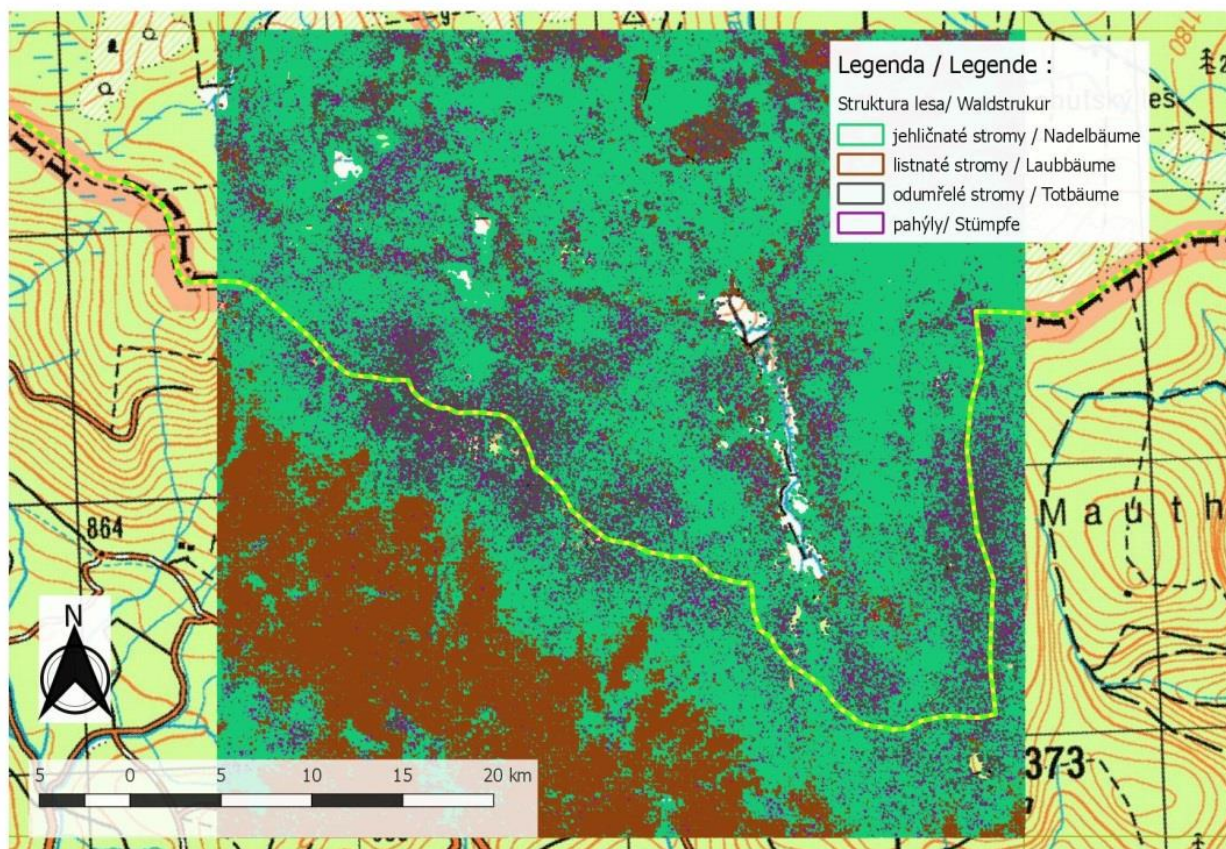
V rámci projektu získala Správa NP Šumava a NP Bavorský les informace o struktuře a druhovém složení z oblasti o rozloze 924 km². Pomocí inovativní metody laserového skenování (LIDAR) a multispektrálních snímků byly v daném území identifikovány jednotlivé stromy, celkem bylo identifikováno 27 321 962 stromů. Lidarová data byla pořízena ve vysoké kvalitě (55 bodů/m²). Pro každý strom bylo určeno, jestli se jedná o jehličnan, listnáč, stojící odumřelý strom, nebo pahýl. Klasifikace jednotlivých typů stromů byla provedena s přesností větší než 90 %. Kromě klasifikace jednotlivých stromů známe pro každý identifikovaný strom další charakteristiky: polygon průmětu koruny, výšku stromu, souřadnice, nadmořskou výšku, výšku nasazení koruny a objem koruny. Celé území bylo pro účely zpracování rozděleno do makrobloků o velikosti 6 x 6 km, veškeré zpracovávané charakteristiky byly vytvářeny pro tyto makrobloky. Makrobloky byly dále rozděleny do dvou různých sítí (10x10m a 100x100m). Pro tyto sítě pak byly spočítány lidarové metriky charakterizující jednotlivé porosty (93 parametrů pro 7 výškových hladin: 0-1.5; 1.5-5; 5-12; 12-max; 0.5-2; 0.5-5; 0-max [m]). Vybrané metriky byly posléze využity k tvorbě habitatových modelů pro jednotlivé druhy tetřevovitých ptáků. Veškerá zpracovaná data jsou uložena na serverech obou partnerů a do budoucna s nimi bude dále pracováno, níže ukázky map struktury lesa pro různá území. Jako příklad uvádíme strukturní charakteristiky pro území oblasti Plešného jezera (příloha III.). V daném makrobloku bylo identifikováno 1194019 stromů (984476 jehličnanů, 128539 listnáčů, 59773 mrtvých a 20231 pahýlů) 589986 stromů bylo vyšších než 20m (483982 jehličnanů, 82446 listnáčů, 21376 mrtvých a 2182 pahýlů). Příloha IV zobrazuje střední a maximální hodnoty výšky pro oblast Březníku. K dispozici je dalších 93 proměnných, které různým způsobem vyjadřují výšky a hustoty porostu v různých výškových hladinách porostu.

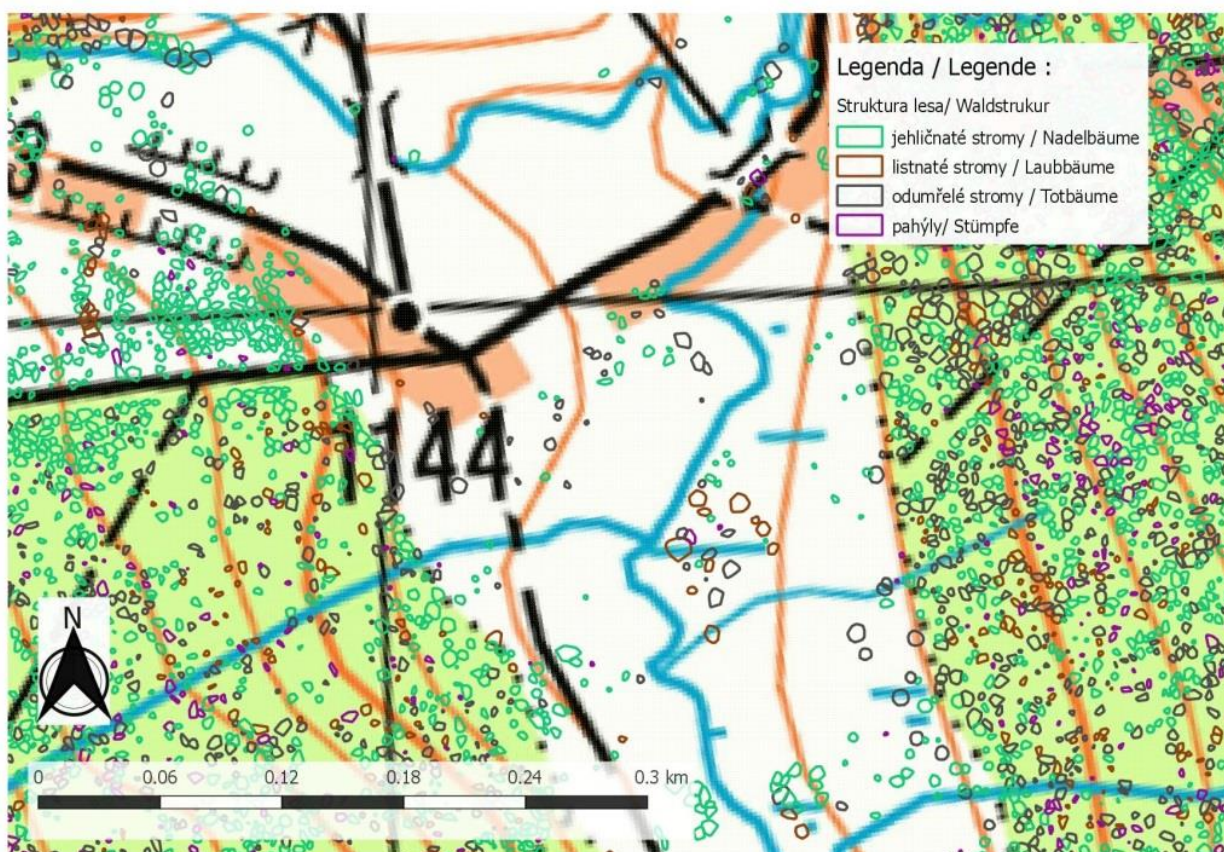
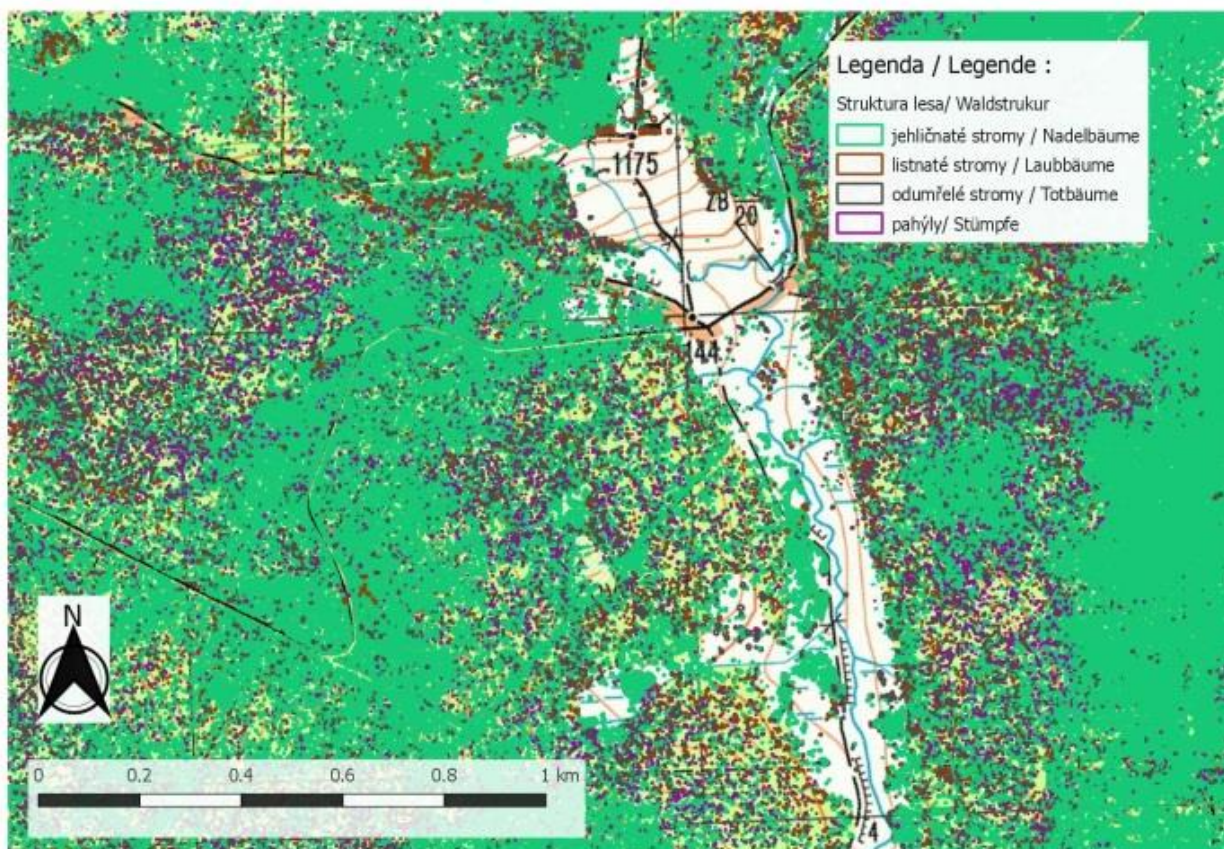
Projekt demonstruje proveditelnost rozsáhlého a přesného mapování jednotlivých jehličnanů, listnatých stromů a stojících mrtvých stromů pomocí lidarových a leteckých snímků. Celkový popis metodiky a výsledků je popsán v článku (Krzystek et al 2020).



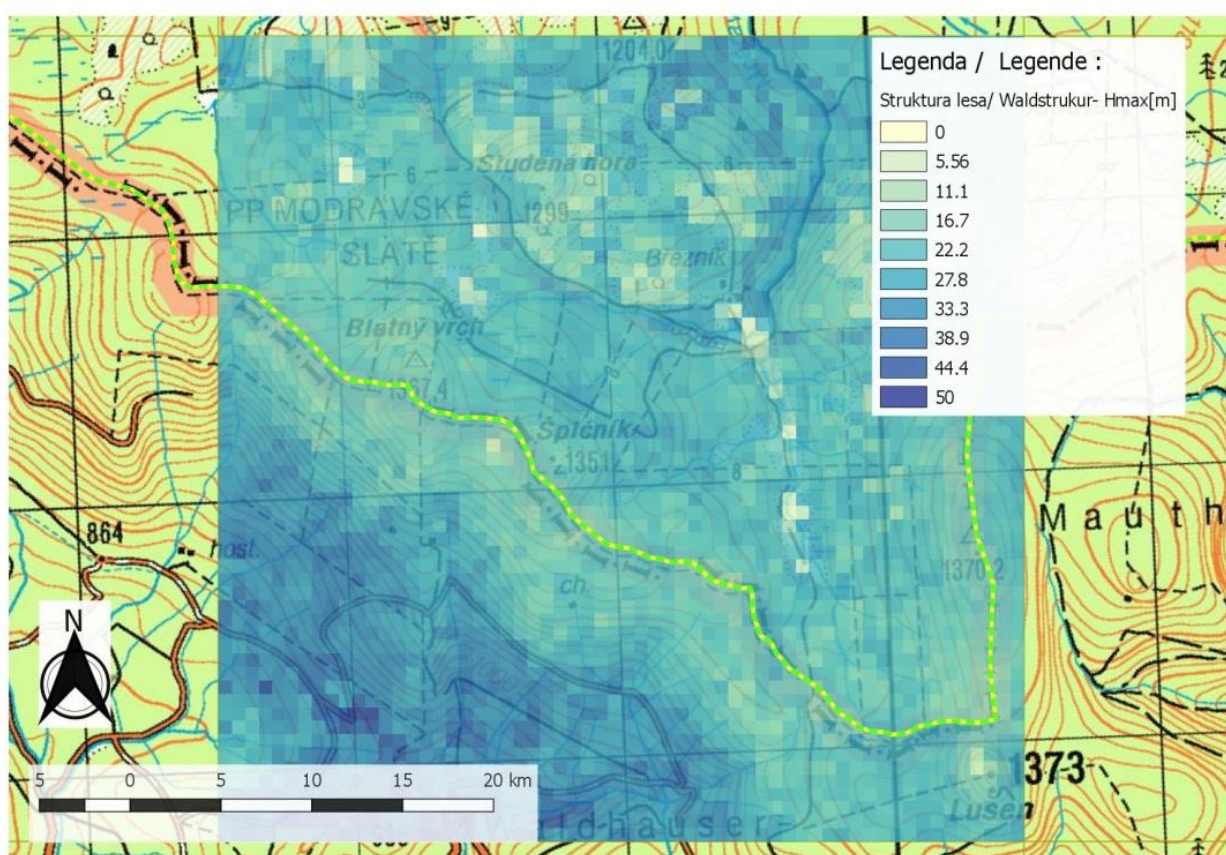
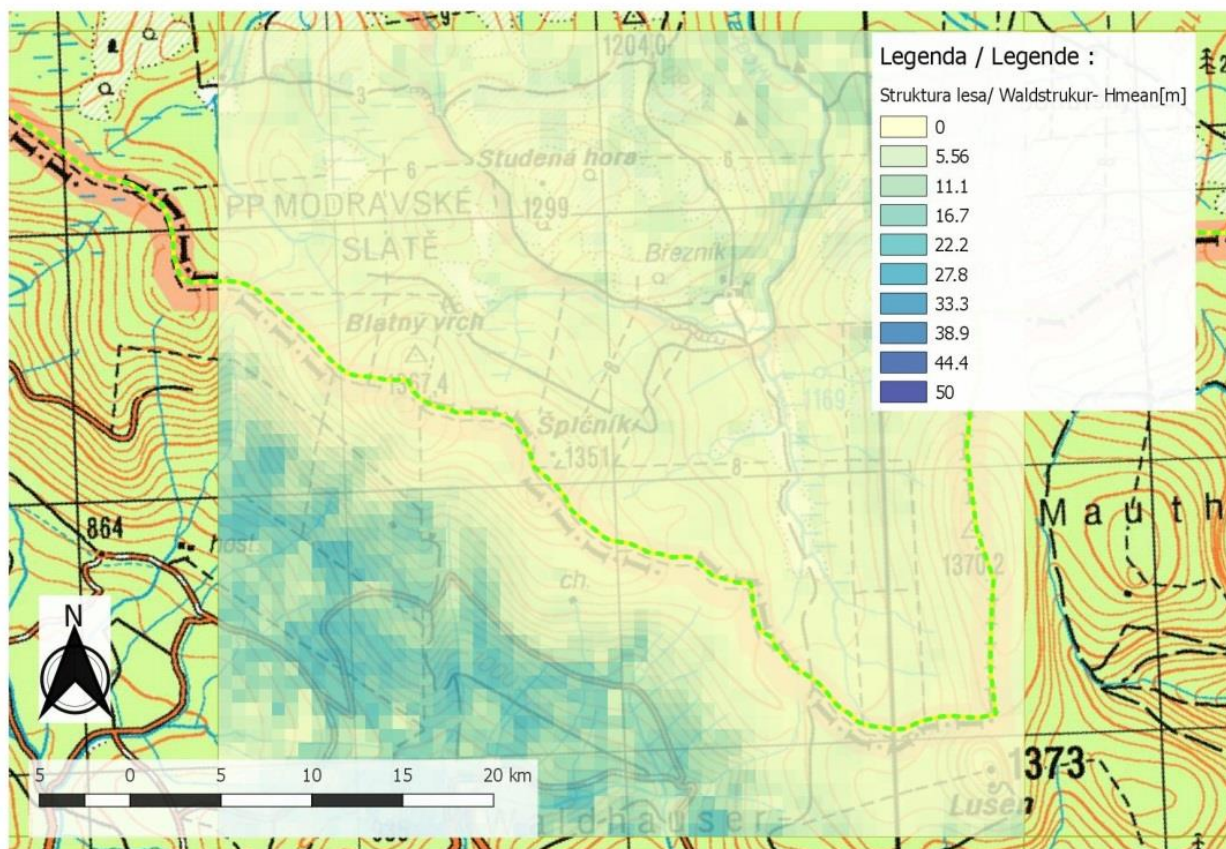


Příloha III: Mapy druhového složení oblast Plesného jezera (v různém detailu). Rozlišeny jsou jehličnaté stromy, listnaté stromy, odumřelé stojící stromy a pahýly.



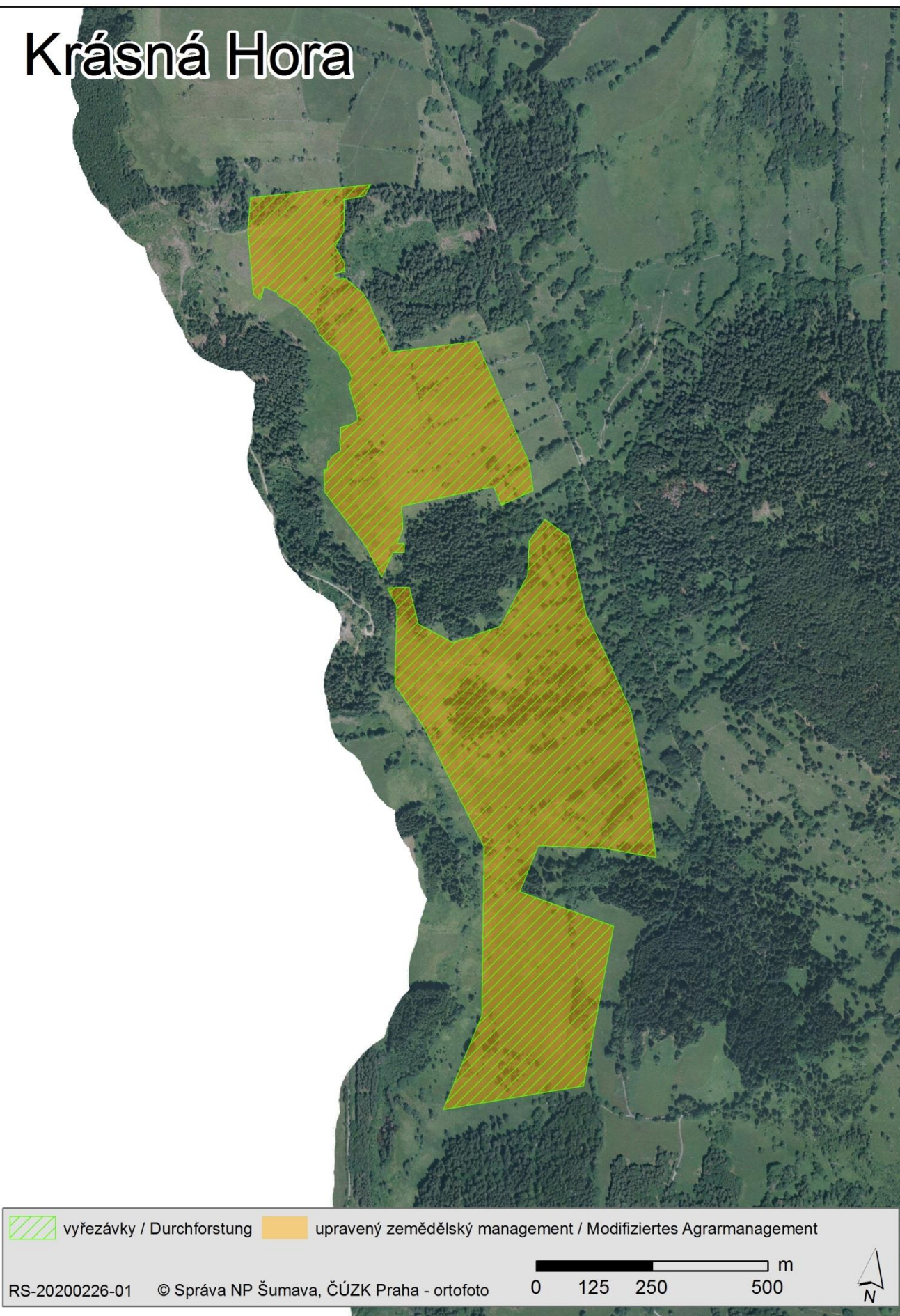


Příloha IV: Mapy druhového složení přeshraniční oblasti v blízkosti Brezníku (v různém detailu). Rozlišeny jsou jehličnaté stromy, listnaté stromy, odumřelé stojící stromy a pahýly.

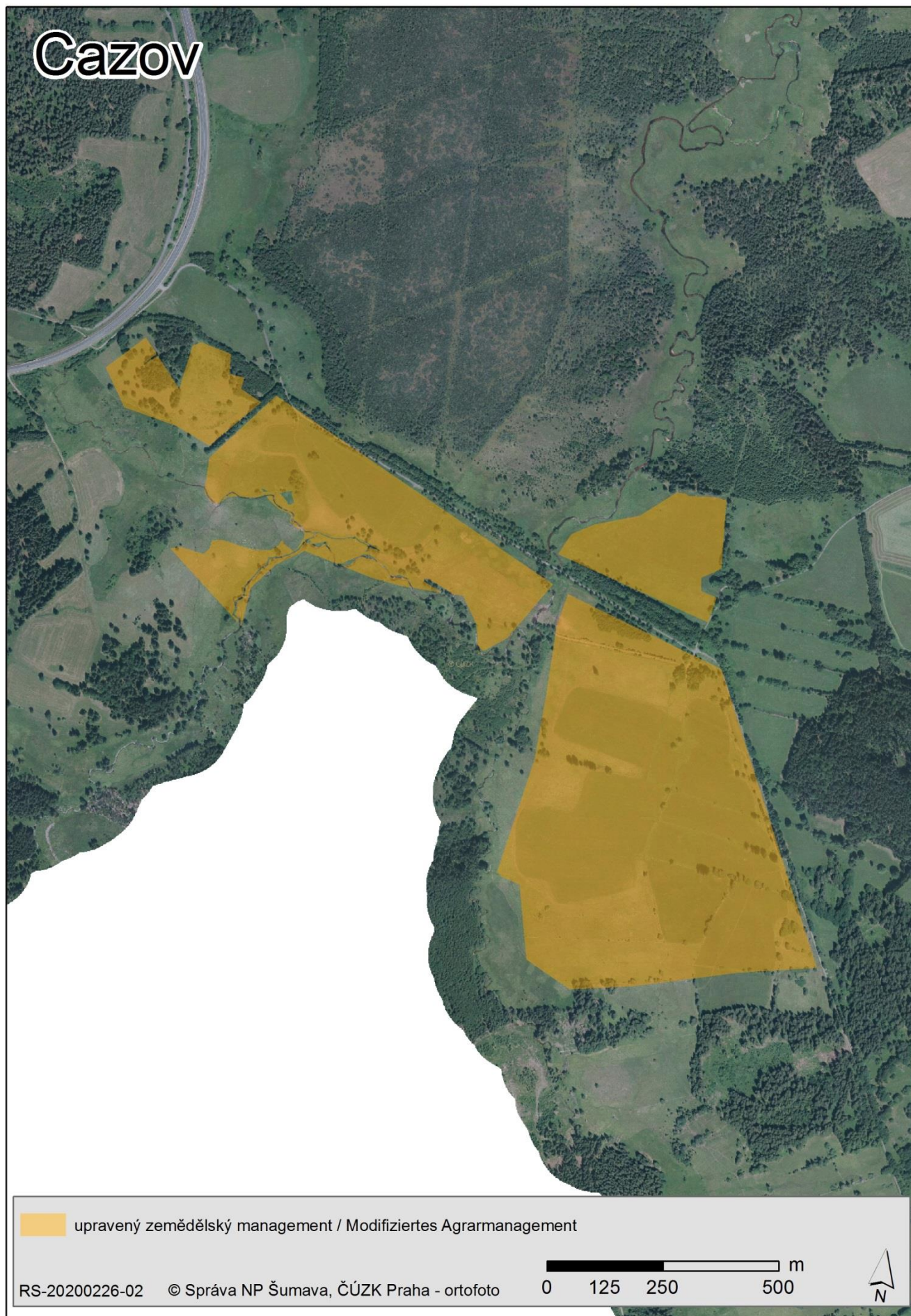


Příloha V: Mapy struktury lesa přeshraniční oblasti v blízkosti Březníku. Na barevné škále jsou znázorněny střední hodnoty výšky (horní obrázek) a maximální hodnoty výšky (dolní obrázek).

Krásná Hora



Cazov



Knížecí Pláně



Příloha VI: Potencionální lokality vhodné k úpravě biotopu (vyřezávky a úprava zemědělského managementu) na podporu tetřívka obecného v území NP a CHKO Šumava. Vybrané lokality jsou Krásná Hora, Cazov a Knížecí pláň.