

Univerzita Karlova
Přírodovědecká fakulta

Studijní program: Biologie
Studijní obor: Obecná biologie



Nikola Tkáčová

Moderní technologie ve výzkumu populační biologie vysoce
mobilního savce
*Modern technologies in population biology of a highly mobile
mammal*

Bakalářská práce

Vedoucí práce: doc. RNDr. Pavel Hulva, Ph.D.

Praha, 2019

Prohlášení:

Prohlašuji, že jsem závěrečnou práci zpracovala samostatně a že jsem uvedla všechny použité informační zdroje a literaturu. Tato práce ani její podstatná část nebyla předložena k získání jiného nebo stejného akademického titulu.

V Praze, 12.8.2019

.....

Nikola Tkáčová

Chtěla bych upřímně poděkovat školiteli mé bakalářské práce doc. RNDr. Pavlovi Hulvovi, Ph.D. za konzultace, užitečné rady a zejména za čas, který mi při přípravě mé bakalářské práce věnoval. Dále bych chtěla poděkovat své rodině a přátelům za podporu, trpělivost a pozitivní energii.

Abstrakt

Předkládaná bakalářská práce se věnuje metodikám vhodným k výzkumu populační biologie vysoce mobilních savců na příkladu rysa ostrovida. Rys ostrovid (*Lynx lynx*) je v rámci kočkovitých šelem jedním z nejrozšířenějších druhů. Vzhledem k jeho velkému areálu se vyskytuje v různých ekologických, klimatických a demografických podmínkách, což z něj dělá dobrý modelový druh. Jakožto vrcholový predátor se zásadně podílí na formování celého ekosystému. Návrat rysa do oblastí jeho původního výskytu má vliv na skladbu druhů. Použití vhodných metod monitoringu k získání informací ohledně areálu rozšíření, početnosti a také populačních trendů je zcela zásadní pro účinnou ochranu tohoto druhu. V případě rysů, kteří se vyznačují nízkou populační hustotou, převážně soumrácnou a noční aktivitou a rozsáhlými domovskými okrsky, vyžaduje monitoring značné úsilí. Vzhledem k náročnosti monitoringu se používají hi-tech metody (GPS telemetrie, fotopasti, genetický monitoring). Různé metody monitoringu vyhovují různým studijním cílům. Telemetrie představuje nejčastěji využívanou a pravděpodobně nejúčinnější metodu k získání detailních údajů o biologii a ekologii rysa, ale zároveň se jedná o invazivní metodu, kterou lze sledovat jen omezený počet jedinců. Pro sledování většího počtu jedinců jsou vhodným nástrojem fotopasti, kde dochází k rozpoznání jedinců na základě unikátnosti vzorů na srsti. Klíčovou roli hraje také genetický monitoring, který jako jediný umožňuje získat např. informace o původu a příbuznosti jedinců, odhady variability populace, což je stěžejní pro odhad dlouhodobé životaschopnosti populace. Molekulárně-genetické markery jsou oproti tradičním monitorovacím přístupům spolehlivější, ovšem pracnější a nákladnější. Pozitivem je také, že se potřebná data získávají bez nutnosti manipulace se zkoumanými jedinci, a nedochází tak k jejich výraznému ovlivňování. Metody se ve studiích také často kombinují, aby bylo dosaženo co nejlepších výsledků.

Klíčová slova: prostorová ekologie, fotopasti, satelitní telemetrie, habitatové modely, krajinná genetika

Abstract

This bachelor thesis is dedicated to investigate the methods applicable to research of population biology of highly mobile mammals on the example of Eurasian lynx. Eurasian lynx (*Lynx lynx*) is one of the most widespread felid species. This species is considered to be a suitable model organism due to its large range which includes various ecologic, climatic and demographic conditions. Eurasian lynx fundamentally participates in shaping the entire ecosystem as an apex predator. Its return to the areas of the past occurrence has an effect on species composition there. For the effective protection of this species, it is crucial to use appropriate monitoring methods to obtain information on the distribution area, abundance and population trends. Monitoring of this animal is quite difficult due to its low population density, mainly dusk and night activity and large home-range size. On account of this knowledge hi-tech methods (e.g. GPS telemetry, camera-traps, genetic monitoring) are used. Various methods of monitoring are utilized for various study goals. Telemetry is one of the most commonly used and probably the most effective method for obtaining detailed information about biology and ecology of the species. On the other side this method is invasive and it is possible to track only limited count of animals. Camera-traps are a suitable tool for tracking more individuals. Animals are recognized because of their unique pattern on fur. Key role in research of Eurasian lynx has also genetic monitoring, that allows us to get the information about e. g. origin and kinship of individuals and estimates of variability within population, that is crucial for estimating long-term viability of the population. Molecular-genetic markers are more reliable, but laborious and more expensive than traditional monitoring approaches. As a positive fact is considered that data are obtained without the need to manipulate with the examined individuals and thus do not significantly influence them. All of these methods are often combined to achieve the best results.

Keywords: spatial ecology, camera traps, satellite telemetry, species distribution models, landscape genetics

Obsah

1	Úvod	1
2	Charakteristika modelového taxonu	3
3	Fylogeneze.....	4
4	Prostorová ekologie.....	6
5	Monitoring pobytových znaků	9
5.1.	SCALP kritéria	9
5.2.	Pobytové znaky.....	10
6	Fotomonitoring.....	11
7	Telemetrie	14
7.1.	VHF telemetrie	14
7.2.	GPS telemetrie.....	14
8	Modely distribuce druhů	17
8.1.	Biologická data	17
8.2.	Data o charakteru prostředí	18
8.3.	Habitatová preference rysa	19
9	Genetický monitoring.....	20
9.1.	Markery	21
10	Krajinná genetika.....	22
11	Závěr	23

1 Úvod

Původně byli velcí predátoři včetně rysa ostrovida (*Lynx lynx Linnaeus, 1758*) běžnou součástí středoevropské fauny. Především vlivem člověka došlo k výraznému poklesu jejich počtu. Jako typický lesní druh obýval rys v Evropě od posledního glaciálu všechny typy lesů, od středomořských listnatých až po boreální lesy (Arx et al. 2004). Přímé pronásledování a úbytek vhodných stanovišť vedl k silné decimaci nebo zániku tohoto druhu v mnoha zemích. V polovině 20. století vymizel ze střední, jižní a západní Evropy (Breitenmoser 1998). I přes nepříznivý stav se zachovaly silné populace ve Skandinávii, na Baltském a Balkánském poloostrově a v Karpatech (Arx et al. 2004).

Pomocí reintrodukcí došlo k obnovení populací v určitých územích střední a západní Evropy, například v Alpách, Bavorském lese nebo v pohoří Vogézy (Anděra a Gaisler 2012). Zdrojem reintrodukcí byli rysové z karpatské populace ze Slovenska (Hell et al. 2004; Arx et al. 2004). V současné době jsou v Evropě populace rysů díky péči, ochraně, introdukcím a disperzím stabilní a nejsou kriticky ohrožené (Kaczensky et al. 2012). Některé populace jsou však stále v nebezpečí, a to zejména kvůli pytláctví, fragmentaci krajiny a ztráty vhodných biotopů. (Bull et al. 2016). Na území České republiky je rys nejpočetnější velkou šelmou, ale kvůli svým habitatovým preferencím je velice zranitelným druhem (Kutal et al. 2017). Další riziko představuje snížení genetické variability. V populaci solitérních kočkovitých šelem omezených na malou a izolovanou zástavu biotopů není prostorová segregace, která by bránila setkání a případnému páření mezi blízkými příbuznými (Schmidt et al. 2016). Vedle inbreedingu došlo u rysů ke snížení genetické variability v důsledku několika bottlenecků kterými prošli. Nízkou genetickou variabilitou se pro svoji izolovanost, malou populační velikost a malý počet zakladatelských zvířat vyznačují především reintrodukované subpopulace.

Populace rysů není z důvodu jejich velkých požadavků na prostor, skrytému způsobu života a nízké populační hustotě snadné detekovat. Nedostatečná znalost ekologie rysa a nevhodné zvolení metodiky monitoringu vedly ke zkreslení prostorových nároků a k nadhodnocování početnosti. (Hell et al. 2004). Využívání spolehlivých metod monitoringu je klíčové ve výzkumu populační biologie volně žijících organismů a k následnému využití pro jejich ochranu a další rozšíření. Vhodnou variantu může představovat GPS telemetrie, díky které

získáváme informace o prostorovém chování rysů, sociální struktuře, aktivitě a typech preferovaných habitatů. Také používání fotopastí v poslední době jednoznačně pomohlo ve studiu divoce žijících zvířat a ke zlepšení našeho chápání jejich ekologických vztahů a populační dynamiky. A v neposlední řadě neinvazivní metody, které využívají genetické markery k identifikaci jedinců, pohlaví, potravy a také ke zjištění genetické rozmanitosti, populační struktury a systému páření (Waits a Paetkau 2005).

Cílem této rešeršní bakalářské práce je podat přehled moderních metod, které umožňují studovat populační biologii vysoce mobilních savců a ilustrovat jejich využití na výzkumu prostorové ekologie rysa ostrovida.

2 Charakteristika modelového taxonu

Rys ostrovid je v současné době největší kočkovitou šelmou na našem kontinentu (Arx et al. 2004). Po medvědovi hnědém (*Ursus arctos* Linnaeus, 1758) a vlkovi obecném (*Canis lupus* Linnaeus, 1758) je největší evropskou šelmou vůbec (Breitenmoser et al. 2006).

Délka těla rysa ostrovida je 70–130 cm, výška v kohoutku se pohybuje okolo 65 cm (Arx et al. 2004). Váha dospělých jedinců je v rozmezí 12–35 kg. Pohlavní dimorfismus u rysů není příliš výrazný, samci jsou v průměru o 15% větší než samice. Rys ostrovid má charakteristický vzhled, mezi příznačné znaky patří dlouhé nohy a široké tlapy, krátký krk s kulatou hlavou a často výraznými licousy a nápadné trojúhelníkovité uši zakončené černými chomáčky chlupů. Mandibula je krátká a masivní. Rys má 24 dočasných a 28 trvalých zubů. V horní čelisti má pouze dva premoláry a čelist je tedy celkově kratší. Typický zubní vzorec je I3/3, C 1/1, P2/2, M 1/1 = 28 (Breitenmoser et al. 2006; Vaughan et al. 2013). V souvislosti s redukcí ocasních obratlů má rys krátký ocas, což je hlavní anatomickou zvláštností rodu *Lynx*.

Co se týká zbarvení a vzorů na srsti, tak je rys jedním z nejvíce polymorfních druhů v rámci kočkovitých šelem. Množství skvrn a jejich uspořádání je stejně jedinečné jako osobní otisk prstu a může být použito k identifikaci jednotlivců. Bylo popsáno 5 různých typů vzorování: velké skvrny, malé skvrny, srst bez skvrn, rozety a malé skvrny s rudimentárními rozetami (Thüler 2002).

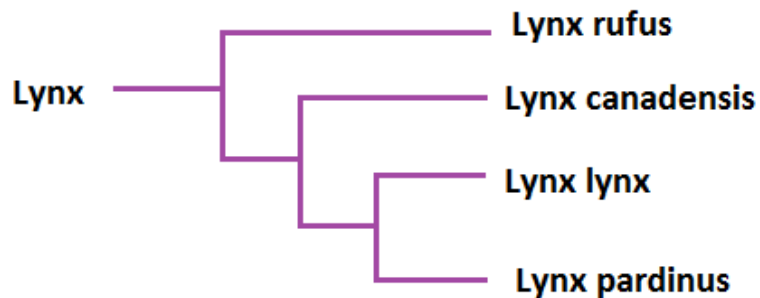
3 Fylogeneze

Podle Delisle a Strobeck (2005) se šelmy dělí na kočkovitvárné (Feliformia) a psotvárné (Caniformia). V rámci kočkovitvárných má čeleď kočkovití (Felidae) nejvýraznější adaptace k hyperkarnivorii. Krátké rostrum je adaptací zajišťující silnější skus. Mají také redukovaný počet zubů. Typický zubní vzorec je I3/3 (řezáky), C 1/1 (špičáky), P3/2 (trháky), M 1/1 (stoličky) = 30. Přední horní premoláry jsou často výrazně redukovány. Čeleď kočkovití dělíme na dvě recentní podčeledi - velké kočky (Pantheriane) a malé kočky (Felinae). Rod *Lynx*, ačkoliv jsou jeho zástupci velké šelmy na vysokých nohách, patří do podčeledi malé kočky. Tato podčeleď je v Evropě zastoupena pouze třemi druhy, a to kočkou divokou (*Felis silvestris* Screeber, 1777), rysem ostrovidem a rysem iberským (*Lynx pardinus* Temminck, 1872).

Rod *Lynx* je monofyletická skupina. K oddělení od dalších koček došlo přibližně před 7,2 miliony let. Společně s liniemi geparda (*Acinonyx jubatus* Schreber, 1775), pumy (*Puma concolor* Linnaeus, 1771) a kočkami rodů *Prionailurus* a *Felis* vytváří společnou vývojovou větev (Johnson a O'Brien 1997; Arx et al. 2004; Johnson et al. 2006). V období miocénu migrovali jejich předci do Severní Ameriky a odtud pak v období pleistocénu zpět do Asie a Evropy (Johnson et al. 2006). V pleistocénu došlo k rozštěpení evropských druhů (*Lynx pardinus*, *Lynx lynx*) pravděpodobně z fosilního taxonu (*Lynx issiodorensis* Croizet & Jobert, 1828), který byl v tomto období rozšířen napříč kontinenty (Johnson et al. 2004; Rueness et al. 2014; Sunquist & Sunquist, 2002). Rys iberský se vždy vyskytoval na Pyrenejském poloostrově. Zbývající část Starého světa, od pobřeží Atlantského oceánu v Evropě až k Tichému oceánu na Dálném východě, je oblastí výskytu rýsa ostrovida. Vzhledem k takovému velkému rozšíření, které zahrnuje několik klimatických zón a rozdílných stanovišť, lze očekávat vznik poddruhů. Diferenciace na úrovni poddruhů je důsledkem nejen geografické a ekologické vzdálenosti, ale také opakované izolace a sloučení jednotlivých oblastí výskytu během pleistocénu (Arx et al. 2004).

Do rodu *Lynx* v současné době řadíme čtyři recentní druhy (Sunquist & Sunquist, 2009). Kromě rýsa ostrovida je to rys kanadský (*Lynx canadensis* Kerr, 1792), dále rys pardálový, též iberský a nakonec rys červený (*Lynx rufus* Schreber, 1777). Rod *Lynx* má holarktické rozšíření. Rys kanadský a rys ostrovid jsou jediné kočkovité šelmy specializované na život v severských lesích a tundře.

Dělení na poddruhy je zatím stále nejasné. Například rys červený se dělí na dalších nejméně dvanáct subspecií rozlišovaných především na základě barvy a morfologických kritérií. Rys kanadský se člení na tři poddruhy, rys ostrovid na pět až osm a rys iberský není na další poddruhy rozdělován. V případě již vyhynulého rysa sardinského (*Lynx lynx sardiniae* Linnaeus, 1758), považovaného za poddruh rysa ostrovida, se ve skutečnosti nejspíše jednalo o subspecii kočky divoké, resp. kočky plavé (*Felis lybica* Forster, 1780; Arx et al. 2004; Barycka 2007; Kitchener et al. 2017)



Obrázek 1: Tento obrázek znázorňuje fylogenetický vývoj recentních druhů rodu *Lynx* (Marmesat et al. 2017, upraveno)

4 Prostorová ekologie

Disperze ovlivňuje perzistenci a dynamiku populací, pochopení prostorové ekologie je zcela zásadní pro zachování mnoha druhů a jejich ochranu. Jedním z dlouhodobých aspektů, který biologové v rámci pohybu zvířat zkoumají, je domovský okrsek. „Domovský okrsek (home range; HR) je oblast, ve které se jedinec pohybuje při běžných aktivitách, jako je získávání potravy, páření a péče o mláďata“ (Burt 1943). HR slouží k porozumění a interpretaci chování zvířat a k pochopení toho, jak zvířata vnímají své okolí. Rozlišujeme mezi přechodnými (transient home ranges; THR) a definitivními (definitive home ranges; DHR) domovskými okrsky. THR je oblast dočasně využitá disperzním jedincem poté co opustí prostor, ve kterém se narodil, zatímco DHR je oblast trvale využívaná rezistentním jedincem (Zimmermann et al. 2005). Velikost domovského okrsku poskytuje informace o vlivu prostředí na rysa a často se využívá k odhadům velikosti populace (Herfindal et al. 2005). Rozloha domovských okrsků je velice variabilní, v Evropě se pohybuje od 180 do 2780 km² u samců a od 98 do 832 km² u samic, přičemž největší rozlohu mají domovské okrsky v severní části areálu (Breitenmoser et al. 2000; Herfindal et al. 2005). Nejmenší rozsah domovských okrsků je u samic, které se starají o mláďata. Kromě pohlaví má na velikost domovského okrsku vliv také stáří jedinců, kvalita habitatu, nadmořská výška, roční období a dostupnost kořisti (Schmidt 2008; Molinari-Jobin et al. 2008; Doswald et al. 2007). Mezi sousedními jedinci se domovské okrsky překrývají, nejmenší překryv domovských okrsků je mezi samicemi, kde činí překryv méně než 10% (Breitenmoser et al. 1993; Linnell et al. 2007). Největší překryv domovských okrsků je mezi dospělými samicemi a samci. V době páření může činit překryv až 86% (Schmidt et al. 1997; Breitenmoser et al. 1993). V rámci domovského okrsku rozlišujeme teritorium, což je exkluzivní oblast, která je jedincem hájena. Rys si své teritorium značkuje otíráním a pomocí trusu a moči. Frekvence značkování se zvyšuje zejména v období páření, tedy přibližně od poloviny března do poloviny dubna, a také pokud je velká pravděpodobnost, že dojde k setkání s jiným rysem (Vogt et al. 2016). Teritorialita samců se snižuje při nižší hustotě samic (Herfindal et al. 2005). Díky teritorialitě a věrnosti domovskému okrsku je udržovaná pevná genetická struktura, a to i když se na území nevyskytují fyzické bariéry (Schmidt et al. 2016).

Rys se ve střední Evropě vyskytuje v poměrně malých populacích. Pro přetrvání těchto populací a pro rekolonizaci nových oblastí je důležitá disperze jedinců (Zimmermann et al.

2005). V důsledku filopatrie samic je podobně jako u jiných soliterních kočkovitých šelem větší disperzní vzdálenost u samců. Subadultní jedinci se osamostatňují průměrně v jednom roce života. Disperzní jedinci často zůstávají po dobu několika dní v mateřském domovském okrsku zejména kvůli znalosti terénu, která jim umožňuje snadnější lov. Poté zakládají přechodné domovské okrsky, které se mohou překrývat s původním domovským okrskem, a to zejména u samic. Při vysoké hustotě jedinců na daném území rys často zakládá domovský okrsek v blízkosti jiných rysů, protože teritorialita může bránit imigraci a ztěžovat disperznímu jedinci opuštění rodné oblasti. Omezení disperze je také způsobeno nelegálním lovem, infrastrukturou a hustotou kořisti (Zimmermann et al. 2005; Magg et al. 2016; Niedziałkowska et al. 2006). Rys je ovšem vysoce mobilní savec a při vhodných podmínkách probíhá disperze na vzdálenosti několika set kilometrů (Linnell a Andersen 2001; Huck et al. 2010). Příkladem může být disperze subadultního rysa ze Šumavy do Brd, při které urazil přibližně 432 km (Anděl et al. 2010).

Metody ke zjištění velikosti domovského okrsku, jeho tvaru a vnitřního uspořádání lze rozdělit na statistické (pravděpodobnostní) a nestatistické. Významnou nestatistickou metodou je Minimum convex polygon (MCP; Mohr 1947), což je mnohoúhelník, ve kterém žádný z jeho vnitřních úhlů nepřesahuje 180 stupňů. Jedná se o nejmenší konvexní mnohoúhelník, ve kterém jsou umístěny všechny lokalizační body. Je to jedna z prvních a nejjednodušších metod pro výpočet domovského okrsku a také patří mezi nejpoužívanější. Používá se zejména, pokud jsou k dispozici jen data o přítomnosti druhu (presence-only data). Mezi výhody MCP patří možnost snadného manuálního vyhodnocení, dále možnost srovnání mezi studii a také její přesnost i při malém množství dat. Kvůli své jednoduchosti má také řadu nevýhod. Jelikož je MCP vyhodnocován z nejbližších bodů, tak nejsou k dispozici informace ohledně míry využití vnitřního prostoru. Dále mezi nevýhody této metody patří, že může docházet k zahrnování oblastí, ve kterých se jedinec nikdy nevyskytoval. MCP se používá k hodnocení stavu ochrany druhů (Harris et al. 1990; Worton 1987; Burgman a Fox 2003).

Významnou statistickou metodou je Kernel density estimator (Kernel; KDE). Tato metoda určuje hranice domovského okrsku prostřednictvím odhadu density z lokací zvířete (Worton 1987). Byla vyvinuta s ohledem na data, která jsou založena na bodech a nevyužívají další informace, které jsou k dispozici v rámci používání GPS (př. informace o času). Pro využití

těchto dalších informací byl vytvořen lineární KDE, který je rozšířen o sekvenční GPS stopy (Steiniger a Hunter 2012).

5 Monitoring pobytových znaků

V důsledku nízkých populačních hustot a převážně soumravné a noční aktivity je přímé pozorování rysů velmi sporadické a častěji narazíme na jejich pobytové znaky: stopy, srst, trus, škrábance a také zbytky kořisti. Pobytové znaky jsou velmi často prvním zdrojem informací o výskytu rysů na daném území, které není monitorováno pomocí jiných metod. Monitoring pobytových znaků představuje levnou metodu, která je použitelná na velkém území a má za cíl ověřit přítomnost sledovaného druhu. Zimní stopování poskytuje kromě informací o výskytu rysů také informace o využití prostoru, reprodukci a počtu mláďat.

Monitoring může být prováděn lokálně a příležitostně za účelem odběru vzorků (trus, sliny atd.), které se použijí pro genetickou analýzu (Bull et al. 2016). Pomáhá také k určení vhodných míst pro fotomonitoring (Vogt et al. 2014). Fotopasti jsou často instalovány u kořisti rysa. Ve Skandinávii (především ve Švédsku), kde je dlouhopřetrvávající sněhová pokrývka, bylo stopování využito i pro rozsáhlé sčítání rysí populace. Toto sčítání bylo založeno na nereplikovatelných záznamech reprodukčních skupin (rodin), z jejichž počtu lze získat odhad celkové velikosti populace (Linnell et al. 2007; Andrén et al. 2002).

5.1. SCALP kritéria

V rámci monitoringu rysů se vyskytují falešně pozitivní a falešně negativní chyby. K falešně negativním chybám dochází, pokud nedojde k zaznamenání druhu, který se v dané lokalitě nachází, zatímco falešně pozitivní chyby vznikají v důsledku nesprávné identifikace druhu. I při malém počtu falešně pozitivních chyb může dojít k výraznému nadhodnocení skutečné početnosti druhu. Pro zamezení falešně pozitivních chyb, které vedou k nadhodnocování a zkreslování, byla vyvinuta klasifikace. V rámci této klasifikace je posuzována ověřitelnost a objektivnost nálezových dat z terénu.

- **Kategorie C1:** do této kategorie řadíme pouze objektivní důkazy o výskytu (například mrtví jedinci, fotografie z fotopastí, vzorky určené pomocí DNA analýzy)
- **Kategorie C2:** obsahuje potvrzená data (stopy ověřené odborníky, strženou kořist)
- **Kategorie C3:** zahrnuje nepotvrzená údaje (všechny typy přímého pozorování a hlášení veřejnosti bez potvrzující dokumentace (Molinari-Jobin et al. 2012)).

5.2. Pobytové znaky

Stopy rysa mají oválný tvar o velikosti šest až deset centimetrů. Většinou se otisknou jen čtyři prsty, stopy po zatažitelných drápech jsou výjimečné (například v hlubokém sněhu). Spolehlivým znakem pro rozlišení rysí stopy je rovný nebo propadlý horní vrchol patního mozolu (dlaňového polštářku). Stopní dráha je tvořena dvojotisky, kdy jsou při pohybu kladeny zadní tlapy do stop po předních tlapách. Nejčastěji detekce stop probíhá v jeden až dva dny čerstvém sněhu, kdy jsou stopy nejlépe charakterizovatelné. Kromě informací o výskytu na daném území nám detekce stop poskytuje hrubé nastínění lokální distribuce rysů (Pavanello et al. 2014; Linnell et al. 2007).

Trus rysa je tvořen jednotlivými kusy, které mají v průměru asi 2,5 centimetrů. Tyto kusy mají kulovitý nebo válcovitý tvar a zašpičatělý konec. Čerstvý trus je tmavý a lesklý později postupně světlá. Běžně se v něm vyskytuje velké množství chlupů. Vzorky trusu slouží ke genetickým analýzám DNA (Palomares et al. 2002; Pavanello et al. 2014).

Kořist rysa má zjevné hluboké otvory na krku. Často jsou viditelné také hluboké rány způsobené ostrými drápy. Kořist bývá rysem nejčastěji načatá na kýtách. Kvůli opětovnému navrácení ke kořisti je maskována pomocí trávy, listů nebo sněhu. Z kořisti se dá také získat DNA predátora relativně vysoké kvality díky jeho slinám, které se na ní nacházejí (Sundqvist et al. 2008; Pavanello et al. 2014).



Obrázek 2: stopa rysa (Skrbinšek 2017)



Obrázek 3: trus rysa (Skrbinšek 2017)



Obrázek 4: kořist rysa (Skrbinšek 2017)

6 Fotomonitoring

Fotomonitoring je úspěšnou neinvazivní metodou pro vyhodnocení stavu skrytě žijících druhů velkých savců, zejména se soumráchnou nebo noční aktivitou. Je standardní metodou využívanou pro odhad populačních trendů u kočkovitých šelem, jako je například tygr (*Panthera tigris*, Linnaeus 1758; Karanth and Nichols 1998), jaguár (*Panthera onca*, Linnaeus 1758; Silver et al. 2004), ocelot (*Leopardu pardalis*, Linnaeus 1758; Trolle and Ke'ry 2003), irbis (*Panthera Uncia*, Schreber 1775; Dillon and Kelly 2007), rys iberský (Gil-Sánchez et al. 2011), rys červený (Thornton and Pekins 2015) a samozřejmě také rys ostrovid (Zimmermann et al. 2013).

Pro fotomonitoring rysů se osvědčily fotopasti s bílým bleskem, které poskytují ostré a barevné snímky také v noci. Většinou jsou používány dvojice fotopastí umístěných naproti sobě, aby došlo k pořízení snímku zvířete z pravé i levé strany. Při použití jedné fotopasti je většinou možné rozlišit zvířata vyfotografovaná jen ze stejné strany, což může snížit efektivitu monitoringu až o polovinu. Mezi faktory ovlivňující odhady abundance patří také počet fotopastí a zejména jejich umístění. Fotopasti jsou často rozmístovány na základě dat o pohybu telemetricky sledovaných jedinců, stopování nebo náhodného pozorování. Místa mohou být určena také v závislosti na zkušenostech odborníků a na základě topografických aspektů. Například Weingarh et al. (2012) využila pro umístění fotopastí i telemetrická data preferované kořisti z dané lokality. Pomocí fotopastí je možné determinovat pohlaví zvířete, a to v případě, kdy jsou na snímku patrné pohlavní orgány nebo pokud je pořízen snímek samice s koťaty (Avgan et al. 2014). Přesný věk jedinců nelze ze snímků pořízených fotopastmi určit, lze pouze rozpoznat juvenilní jedince (stále závislé na matce) a nezávislé jedince. Jako nezávislí jedinci jsou označováni disperzní a rezidentní jedinci, které od sebe pomocí fotopastí nelze rozlišit (Zimmermann et al. 2013; Pesenti et al. 2013) Fotomonitoring probíhá většinou během zimní sezóny a začátkem jara, kdy rysové kvůli probíhajícímu období páření pokrývají širší oblast (Zimmermann et al. 2013; Kubala et al. 2017). Obvykle jsou častěji fotografováni rysí samci z důvodu vyšší pohyblivosti při hledání samic a chránění teritoria před jinými samci. Samice rysů mají také navíc menší velikost domovských okrsků, v důsledku čehož jsou detekovány menším počtem fotopastí (Sollmann et al. 2011). Podle Weingarh et al. (2015) je pro fotomonitoring rysů nejlepší období od začátku září do poloviny listopadu. V zimním období totiž sněhová pokrývka způsobuje snížení výdrže

baterie a může vést k selhání fotopasti a následnému zkreslení v odhadech velikosti populace (Foster a Harmsen 2011). Vhodnost podzimního fotomonitoringu potvrzuje i studie Avgan et al. (2014), během které klesla míra zachycení rysa pomocí fotopasti za den, z 0,44 v září na 0,10 v listopadu.

Technika rozpoznání jedinců zachycených pomocí fotopastí je založena na unikátnosti vzorů na rysí srsti. Ke správnému určení jednotlivých zvířat jsou nutné spolehlivé fotografie, ze kterých lze jedince jednoznačně identifikovat. V opačném případě může docházet ke zkreslení v odhadech velikosti populace (nahodnocení - pokud jsou dvě fotografie patřící jednomu jedinci považovány za fotografie dvou jedinců; podceňování - pokud jsou dvě fotografie různých jedinců chybně určeny jako fotografie jednoho jedince). Nejvhodnější části těla, které slouží k identifikaci jedince, jsou přední končetiny, zadní končetiny a boky, kde lze nejlépe detekovat unikátnost vzorování srsti (Zimmermann et al. 2013).

Analyzování dat z fotopastí v kombinaci s CR (capture-recapture; metoda zpětného zaznamenání) modelováním slouží pro odhad velikosti populace. Při odhadech abundance a hustoty pomocí neprostorových CR modelů jsou základními předpoklady demografická a geografická uzavřenost populace. Důležitým předpokladem je také, že každý jedinec na sledovaném území má nulovou šanci být nezaznamenán (Karanth and Nichols 1998). Dále statická velikost populace v průběhu studovaného období neodpovídá reálnému stavu, kde dochází k emigraci, imigraci, natalitě a úmrtnosti (Otis et al. 1978). Zásadním aspektem pro stanovení populační hustoty pomocí neprostorových CR modelů je určení efektivní vzorkovací oblasti. Ta je definována přidáním obalové zóny k oblasti vymezené pastmi, aby se zohlednily další oblasti, ve kterých se zachycení jedinci pohybují. Určení velikosti obalové zóny je stále předmětem diskuze, tradičně se určuje jako maximální vzdálenost pohybu zvířat (MMDM; mean maximum distance moved) nebo jako $\frac{1}{2}$ MMDM mezi snímky jedince zachyceného minimálně dvěma fotopastmi (Sharma et al. 2010, Dillon and Kelly 2007, Karanth and Nichols 1998). Šířka obalové zóny může být určena také pomocí dat z telemetricky sledovaných jedinců (Zimmermann et al. 2013).

První studie v Evropě využívající CR modelování pro odhad velikosti rysí populace byla provedena v roce 1998 v severozápadních Švýcarských Alpách (Laass 1999). Ze stejného území je i studie, která zkoumala, zda je pro odhad hustoty rysů vhodnější CR nebo SCR modelování (Pessenti and Zimmermann 2013). SCR (spatial capture-recapture; metoda prostorové vícenásobné zaznamenání) modelování nespolečá na předpoklad geografického

uzavření. SCR modelování není ovlivněno odhadem efektivní vzorkovací oblasti, zohledňuje skutečnost pohybu zvířat a to, že pravděpodobnost detekce závisí na vzdálenosti od jejich centra aktivity. Stále je zde ale předpoklad demografické uzavřenosti populace, tj. velikost populace zůstává během studie konstantní. Skutečné demografické uzavření nelze zajistit, ale je možné ho aproximovat tím, že se fotomonitoring rysů neprovádí během porodního období samic, tedy během května a června. Během vzorkovacího období se musí zajistit dostatečné množství údajů ke spolehlivým odhadům. Vzorkovací období však musí být dostatečně krátké, aby nedošlo k porušení předpokladu demografického uzavření. Jedno vzorkovací období trvá přibližně dva až tři měsíce (Weingarh et al. 2012, Zimmermann et al. 2013, Kubala et al. 2017). SCR modely se ukázaly jako robustnější metoda pro odhad hustoty, oproti tomu CR modely vykazují významný sestupný trend s rostoucí velikostí zkoumané oblasti, což vede k tendenci nadhodnocování hustoty u malých studovaných oblastí (Zimmermann et al. 2013 Pessenti and Zimmermann 2013).

V Evropě bylo k odhadu populační hustoty rysů SCR modelování zdárně využito v různých pohořích, například v severozápadních Švýcarských Alpách (Pesenti and Zimmermann 2013), Západních Karpatech (Kubala et al. 2017) nebo ve francouzské Juře (Blanc et al. 2013). Ve slovenských Karpatech se jednalo o první studii, jejíž výsledky přinesly robustní odhad abundance a density rysů na Slovensku. Výsledky této studie nejsou příliš příznivé a ukazují, že v minulosti docházelo k výraznému nadhodnocování početnosti rysů na tomto území (Kubala et al. 2017). Avgan et al. (2014) provedli první studii, která zkoumala densitu rysů v asijské části areálu (konkrétně v přírodní rezervaci Ciglikara v Turecku). Kromě kvantitativních informací o hustotě populace získali také informace o potenciální specializaci rysa na lov zajíců. Hustota populace v této oblasti byla stanovena na 4,2 jedince/100 km², což je nejvyšší hustota, jaká byla zjištěna. Pro srovnání, ve Švýcarských Alpách, kde byla provedena studie pomocí stejné metodologie, byla hustota populace stanovena na 1,47 jedince/100 km² (Pesenti and Zimmermann 2013).

7 Telemetrie

Malé množství vzorků vyplývající z používání určitých vzorkovacích metod způsobuje problémy při analýze dat. Pro zamezení těchto problémů je vhodným nástrojem k vzorkování telemetrie (Worton 1987). Telemetrické systémy umožňují získávání podrobných informací o biologii živočichů. Telemetrie umožňuje dálkový bezdrátový přenos signálu z vysílače (transmitter), který je umístěn na zvířeti, k přijímači (receiver). V rámci studií rysa ostrovida byly využívány dva druhy telemetrie - VHF (Very High Frequency) a GPS (Global Positioning System).

7.1. VHF telemetrie

Sledování a zaznamenávání pozic zvířat bylo dlouhou dobu prováděno pomocí VHF technologie (Cagnacci et al. 2010). VHF vysílače slouží pro sledování zvířat v reálném čase na denní bázi (Donovan et al. 2011). U VHF jsou zvířata vybavena vysílači, které vydávají signály na rádiových frekvencích - jsou zachyceny pomocí externích přijímačů. Každý vysílač používá jedinečnou frekvenci, díky čemuž je možné sledovat více jedinců současně. Pozice sledovaného zvířete se dá určit dohledáním nebo triangulací. Při dohledání se sleduje signál, který je tím silnější, čím blíže se zvíře s vysílačem nachází. U triangulace dochází k protnutí minimálně dvou směrových zaměření vysílače a tím k zaměření zvířete (Rempl a Rodgers 1997). I v rámci automatizovaných systémů musí být přijímače v dostatečné blízkosti zkoumaných zvířat. Sledování se tedy opírá o výzkumné pracovníky v terénu s potenciální možností ovlivnění zvířat (Cagnacci et al. 2010). Velkým nedostatkem u VHF vysílačů je jejich krátký dosah, což je u velkých savců včetně rysa problém. Možným řešením je použití letecké telemetrie k lokaci jedinců (Donovan et al. 2011).

7.2. GPS telemetrie

GPS vysílače byly vyvinuty v roce 1989 a jejich používání bylo zpočátku omezeno pouze na velká zvířata nebo zvířata, která byla schopna nést solární nabíječky baterií (Tomkiewicz et al. 2010). Zpočátku byla tato technologie prováděna na velkých obratlovcích, jako jsou sloni

(Douglas, Hamilton 1998). Velikost vysílačů postupně klesala a tím docházelo ke zvyšování rozsahu živočišných druhů, pro které lze tuto metodu použít (Cagnacci et al. 2010)

GPS telemetrie se stala jedním z nejvýznamnějších a nejpoužívanějších nástrojů v rámci studia divoce žijících zvířat (Augustine et al. 2011). GPS telemetrie poskytuje časová a prostorová data o pohybu zvířat s vysokou přesností. Data lze získat v libovolně krátkých časových úsecích. Tato metoda není ovlivněna možnostmi lidského pozorování, a proto je možné získat data za všech okolností (noc, zima atd.) Dostupnost nezávislých a vysoce přesných dat o prostorovém chování a využívání biotopu zdokonalila identifikaci vhodných habitatů a vedla k pochopení dopadů lidské aktivity (Hebblewhite a Haydon 2010; Robertson a Minot 2012). GPS telemetrie je metoda, která podstatným způsobem pomohla k pochopení potravního chování rýsa ostrovida. Díky ní se získaly informace ohledně složení potravy, preference jednotlivých predátorů k určité kořisti, vzhledem k jejímu pohlaví a věkové struktuře. Dále informace o denní a sezónní aktivitě v závislosti na dostupnosti potravy a o stanovištích, kde dochází k lovu (Mejlgard et al. 2013; Belotti et al. 2013; Odden et al. 2013; Krofel et al. 2013; Mattisson et al. 2011; Belotti et al. 2014; Podolski et al. 2013). Díky GPS datům z telemetrických obojků se dá určit poloha, kde byla usmrcena kořist, čas u ní strávený a časový horizont mezi úspěšnými lovy. Z těchto informací se dá dále vyvodit dostupnost potravy (Merrill et al. 2010). Další studie rýsa ostrovida založené na GPS telemetrii se zabývaly například vlivem vhodnosti habitatu na distribuci jedinců (Magg et al. 2016) nebo vztahem mezi značkováním a loveckým chováním (Vogt et al. 2016).

Navzdory tomu, že je GPS systém v mnoha ohledech velmi přesný, může být zdrojem chyb. V rámci GPS rozlišujeme dva typy chyb - lokalizační chyby a chybějící data. Chybějící data vznikají při neúspěšných pokusech o zaměření (Frair et al. 2010). Lokalizační chyba je rozdíl mezi reálnou lokalizací zvířete a lokalizací zvířete zaznamenanou pomocí vysílače (D'Eon a Delparte 2005). Kombinace těchto chyb může vést k mylným závěrům o prostorovém chování zvířat (Frair et al. 2010). Dalším problémem je to, že GPS signály procházejí skrz různé překážky, což způsobuje částečnou ztrátu jejich signálu. Překážky jsou přírodního (například větve stromu) nebo antropogenního (například budovy) charakteru. GPS vysílače reagují různě na různé typy překážek, síla signálu závisí na velikosti překážky, skrze kterou musí projít a také na hustotě daného materiálu (Macgougan 2003; Augustine et al. 2011). Může také docházet ke zkreslení dat způsobenému polohou obojku, kdy se anténa vysílače nevyskytuje ve svislé poloze (například když zvíře spí). Nejnižší zkreslení dat je

předpokládáno u svisle orientovaných radiových obojků a při absenci překážek, protože tak dochází k nejrychlejšímu satelitnímu snímání (D'Eon a Delparte 2005).

Nejčastěji používaný přijímač, sloužící k zachycení signálu, je u velkých savců obojek. U těchto zařízení nedochází pouze k zaznamenání polohy. Obojky mohou být vybaveny také teplotním senzorem, senzorem aktivity a senzorem mortality, případně dalšími senzory. Důležitou součástí je také drop-off mechanismus, který slouží k dálkovému odepnutí obojku (Krofel et al. 2013; Robertson a Minot 2012). Nedílnou součástí obojku je baterie, která je zároveň limitujícím faktorem. U výběru baterie nastává trade-off mezi její velikostí a životností. Informace o aktivitě jedince jsou generovány prostřednictvím dvouosého pohybového senzoru (dual-axis motion sensor), který je citlivý jak k horizontálnímu pohybu, tak k vertikálnímu pohybu hlavy a krku (Coulombe et al. 2006). Aby bylo možné studovat zvíře pomocí telemetrie, musí být napřed chyceno. Zvířata mohou být chycena pomocí pastí na nohy umístěných u čerstvé kořisti, do odchyťových klecí, pomocí vyškolených psů nebo střelením uspávací šipky (Linnell et al. 2007; Podgorski et al. 2008 (Breitenmoser a Haller 1993).

	VHF data, GPS data	Cítace
Demografické studie	Časová přesnost zjištění mortality a reprodukce jedinců	(Breitenmoser-Würsten et al. 2007; Schmidt-Posthaus et al. 2002)
Disperze	Možnost lokalizace jedinců za hranicemi studované oblasti; zjišťování emigrace	(Zimmermann et al. 2005)
Potrava	Schopnost lokalizace kořisti	(Schmidt 2008; Breitenmoser a Haller 1993)
Domovský okrsek	Získávání dat o poloze ze vzdálených nebo špatně přístupných míst	(Schadt et al. 2002 Linnell et al. 2007)
Populační dynamika	Informace o sociální struktuře, prostorovém chování, míře přežití jedinců	(Vogt et al. 2016; Breitenmoser-Würsten et al. 2007; Boutros a Breitenmoser-Würsten 2007)

Tabulka 1: Tabulka shrnuje výhody monitoringu pomocí telemetrie.

8 Modely distribuce druhů

Modely distribuce druhů (SDM; species distribution model; habitatové modely) jsou korelační modely, které pomocí geografických a environmentálních dat vysvětlují vzorce výskytu druhů. V rámci plánování ochrany přírody nás zajímá aktuální a potencionální výskyt druhu. Díky SDM, které objasňují prezenci, případně absenci jedinců v závislosti na biotických či abiotických podmínkách, se daří tyto otázky lépe řešit (Elith a Graham 2009). Mají široké využití, umožňují detekování skrytě žijících a vzácných druhů, jejichž výskyt je nesnadné zjistit (Fenández et al. 2006) používají se také pro plánování reintrodukcí, zjištění vlivu změn ve využívání krajiny a k predikování možných oblastí konfliktu s lidmi (Kramer-Schadt et al. 2005; Molinari-Jobin et al. 2012; Schadt et al. 2002a; Doswald et al. 2007). Ve své podstatě získáváme z habitatových modelů číselné zobrazení habitatových preferencí zájmového druhu. Výběr modelu závisí na biologii druhu, který studujeme, a na účelu konečného modelu. V realitě výběr modelu závisí na typu použitých environmentálních a biologických dat (Wintle et al. 2005).

8.1. Biologická data

Vstupní data, která se týkají rozšíření zájmového druhu, mají v habitatové analýze zásadní roli. Počet záznamů o výskytu a jejich přesnost mají vliv na kvalitu modelu (Romportl et al. 2010). Distribuční data zájmového druhu mohou být získána všemi způsoby, které jsou popsány v metodické části, nejčastěji pak analýzou pobytových stop.

Data týkající se distribuce druhu mohou být dvojího typu a pro každý z přístupů existují modely.

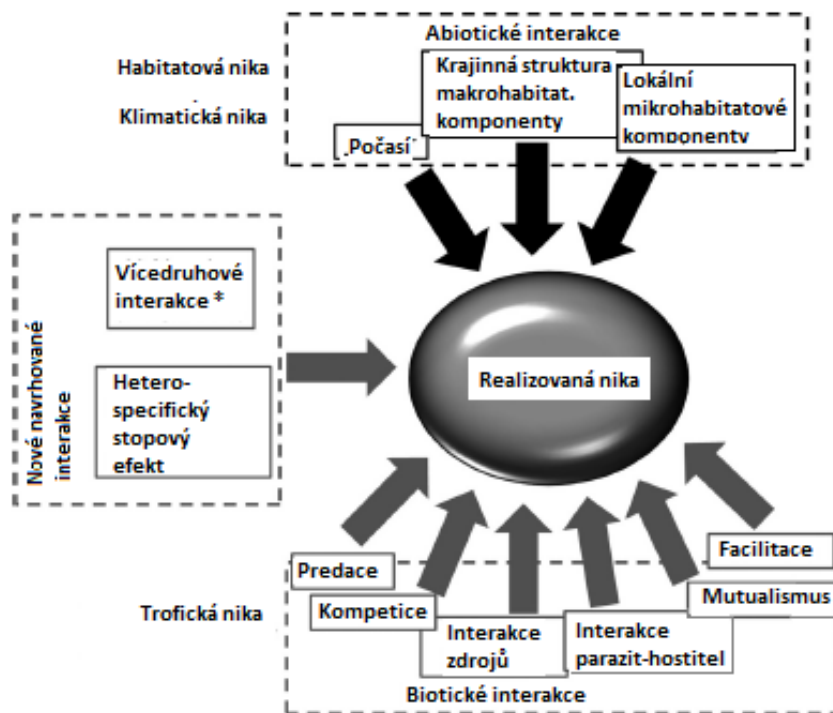
1. Data pouze pro přítomnost druhu
2. Data pro přítomnost a nepřítomnost druhu

Většina habitatových modelů je založena na přítomnosti a absenci druhu (Niedziałkowska et al. 2006; Schadt et al. 2002b). Záznamy o absenci druhu mohou zlepšovat výkon modelu, ale často nebývají dostupné nebo nejsou spolehlivé. Při modelování poté dochází k tzv. falešné

absenci, kdy je v modelu chybně označeno prostředí jako nevhodné, což vede ke zkreslení analýz. Falešné chyby jsou způsobeny nedetekováním druhu, který je přítomen nebo označením prostředí za nevhodné, i když je ve skutečnosti vhodné (například omezená disperze). Podle charakteru náleзовých dat je zvolen vhodný typ modelu (Educators 2010; Rompotl et al. 2010).

8.2. Data o charakteru prostředí

Pro habitatový model jsou nezbytná také relevantní environmentální data, která popisují krajinu, ve které se daný druh nachází. Je důležité vědět, jakou roli hrají biotické a abiotické faktory a také zda pracujeme se základní či realizovanou nikou. Podmínky na daném místě jsou ovlivňovány množstvím faktorů a ovlivňují se i navzájem mezi sebou (Guisan a Zimmermann 2000; Wintle et al. 2005; Morelli a Tryjanowski 2015).



Obrázek 5: Na tomto obrázku jsou znázorněny abiotické a biotické interakce (Morelli a Tryjanowski 2015, upraveno)

Krajinné proměnné lze v modelech rozdělit do kategorií jako je půdní kryt, bioklima a další (Bucklin et al. 2015). V rámci evropských studií se pro získání dat o krajinném pokryvu využívá databáze CORINE Land cover (CLC), která obsahuje soupis krajinných pokryvů rozdělených do 44 tříd (Schadt et al. 2002a). CLC využívá minimální mapovací jednotku (MMU) o velikosti 25 hektarů pro plošné útvary a pro lineární útvary minimální šířku 100 metrů. Základní krajinný pokryv se rozděluje na umělé povrchy, zemědělské oblasti, lesy a polopřírodní oblasti, mokřady a vodní útvary (Agency 1997).

8.3. Habitatová preference rysa

Rys ostrovid je obecně považován za lesní zvíře, optimální podmínky pro život představují zejména smíšené lesy ve středních a vyšších polohách (Anděra a Gaisler 2012). V závislosti na dostupnosti vhodné potravy může dojít k preferenci míst s nižší nadmořskou výškou (Magg et al. 2016b). Vázanost k lesnímu prostředí je patrná, ale rys je schopen tolerovat i bezlesá místa propojující vhodné prostředí. Pokud je to možné, má tendenci vyhýbat se pastvinám a zemědělské půdě (Breitenmoser 1998; Schadt et al. 2002b). Nároky na prostředí jsou podstatně nižší během disperze (Anděl et al. 2010). Důležitým charakterem je také možnost úkrytu a existence vhodných doupat. Kvalita doupat je prvním kritickým faktorem ovlivňujícím přežití mláďat (Boutros a Breitenmoser-Würsten 2007).

Selekce habitatu probíhá také v závislosti na dostupnosti kořisti. Ačkoliv je rod *Lynx* specializovaný na lov zajícovitých, došlo u rysa ostrovida k přizpůsobení na lov kopytníků (Breitenmoser et al. 2006). Rys má preferenci pro jednu kořist, ale i přesto je jeho potravní spektrum vcelku široké a závisí zejména na nabídce daného území (Molinari-Jobin et al. 2007; Anděra a Horáček 2005). Na našem území jsou hlavní složkou potravy herbivorní savci - srnec obecný (*Capreolus capreolus Linnaeus, 1758*) a jelen lesní (*Cervus elaphus Linnaeus, 1758*), následování prasetem divokým (*Sus scrofa Linnaeus, 1758*; Fejklová a Červený 2003). Potrava rysa se sezónně mění. Na jaře a v létě rys loví menší kořist a mladé kopytníky, zatímco v zimě dává přednost lovu větších kopytníků (Arx et al. 2004; Belotti et al. 2014). Zimní a letní místa pro lov jsou charakteristická nižší hustotou stromů oproti místům vyhledávaným pro odpočinek. Místa k odpočinku jsou vyhledávána tak, aby poskytovala bezpečí a ochranu před nepříznivým počasím. V zimě často k odpočinku slouží houštiny.

Díky špatné viditelnosti v těchto místech je velmi obtížné detekovat odpočívající jedince i z velmi krátké vzdálenosti (Belotti et al. 2013; Podgorski et al. 2008).

9 Genetický monitoring

Neinvazivní metody, které využívají genetické markery, mají velký význam pro výzkum a aplikaci managementu u skrytě žijících druhů. Molekulárně-genetické markery jsou oproti tradičním monitorovacím přístupům spolehlivější, ovšem pracnější a nákladnější. Pozitivem je také, že se potřebná data získávají bez nutnosti manipulace se zkoumanými jedinci a nedochází tak k jejich výraznému ovlivňování. DNA a populačně-genetické údaje poskytují důležité informace, které nejsou pomocí jiných přístupů dosažitelné. DNA se dá získat z různých zdrojů: moči, trusu, slin, krve, chlupů atd. Vzorky se využívají například k identifikaci jedinců, pohlaví, potravy a také ke zjištění genetické rozmanitosti, populační struktury a systému páření (Schwartz et al. 2006; Waits a Paetkau 2005).

Genetický monitoring rysa ostrovida byl s výjimkou několika málo studií, které zahrnovaly vzorky z Asie (Wang et al. 2009; Mengüllüoğlu a Ambarlı 2018) prováděn výhradně v evropské části jeho výskytu (Ratkiewicz et al. 2012; Davoli et al. 2012; Spong a Hellborg 2002; Rueness et al. 2003; Schmidt et al. 2009). Studie ukázaly, že má rys ostrovid nízkou až střední genetickou variabilitu. Velmi nízká genetická variabilita vzhledem k relativně velkému počtu jedinců, byla zjištěna u Skandinávské populace. To bylo způsobeno několika bottlenecky, kterými populace prošla a limitovanou imigrací jedinců pouze ze sousedního Finska (Spong a Hellborg 2002). Nízkou genetickou variabilitou se vyznačuje také autochtonní Karpatská populace, ta je pravděpodobně zcela izolovaná od jádrové populace nacházející se v evropské části Ruska. Předpokládá se také, že spolu s baltskou populací tvořily poslední glaciální refugia (Gugolz et al. 2008). Další problém představuje dopad nízké genetické diverzity u reintrodukovaných subpopulací. Zde hrají roli faktory jako izolovanost, malá populační velikost, malý počet zvířat, která subpopulaci zakládala a inbreeding. Snížení fitness v důsledku nízké genetické variability a inbreedingu bylo zkoumáno u rysů chovaných v zoologické zahradě, kde se projevilo zvýšenou mortalitou juvenilních jedinců (Laikre 1999). Hodnocením reintrodukované Dinárské subpopulace se zabývala studie od Sindičić et al. (2013) která zhodnotila stav populace jako nepříznivý, což je v rozporu s výsledky Arx et al. (2009). Pro zlepšení chápání účinku vzniku malých izolovaných subpopulací, které vznikly pomocí reintrodukcí, provedli další studii Bull et al. (2016) Tato práce odhalila nízkou

genetickou diverzitu jedinců, která může snížit možnost jejich přežití. Možným řešením tohoto problému je reintrodukce dalších rysů, kteří posílí genetickou variabilitu a udržování vhodných biotopů mezi sousedními populacemi (Magg et al. 2016b).

9.1. Markery

Zkoumání genetických procesů probíhá prostřednictvím mnoha markerů, v rámci studia rysa ostrovida jsou nejpoužívanějšími markery mitochondriální DNA a mikrosatelity.

Mitochondriální DNA (mtDNA) je jedním z nejčastěji používaných genetických markerů v populačních studiích (Davies et al. 1999). Pro populačně genetické studie je použití mtDNA výhodné z hlediska určitých genetických vlastností. Až na výjimky nedochází k rekombinaci, je pro ně typická haploidie a maternální dědičnost u většiny druhů. U mtDNA je vyšší efektivní mutační rychlost než u jaderné DNA a tedy i vyšší vývojová rychlost (Wilson et al. 1985). Na základě mitochondriálního výzkumu se dříve uvažovalo o nižší genetické variabilitě rysů oproti ostatním kočkovitým šelmám. Příčinou bylo, že v severní Evropě byly nalezeny pouze čtyři haplotypy (Hellborg et al. 2002). Postupně však docházelo ke zvyšování počtu haplotypů. Gugolz et al. (2008) objevili na Kavkazu a na Balkáně tři nové haplotypy. Díky dalším objevům nových haplotypů se prokázalo, že je rys ostrovid více geneticky variabilní, než bylo původně předpokládáno (Ratkiewicz et al. 2012).

Mikrosatelity jsou úseky DNA, které jsou tvořeny opakováním velmi krátkých sekvenčních motivů (nejčastěji o délce dvou až čtyř párů bází). Příslušné lokusy jsou vysoce polymorfní, a proto vhodné pro analýzy populační struktury, genealogických vztahů a identifikaci jednotlivců. Spektrum využití mikrosatelitů v praxi je velmi rozsáhlé. Používají se například pro studium genového toku (Spong a Hellborg 2002; Breitenmoser-Würsten a Obexer-Ruff 2003), rekonstrukci prostorové struktury populace (Davoli et al. 2012), ke zjištění struktury kryptické populace (Rueness et al. 2003). Genderová identifikace se dá provádět pomocí SRY lokusu, jenž je u savců nejvíce používaný. Tato identifikace pohlaví představuje nevýhodu u neinvazivních vzorků. Zde může docházet k nesprávnému hodnocení vlivem DNA kořisti (Murphy et al. 2003). Pro kočkovité šelmy byly k identifikaci pohlaví vyvinuty testy na základě delece chromozomu Y v oblasti zinkového prstu (zinc-finger) a amelogeninu. Tato delece se nenachází u většiny kořisti, proto u nich hrozí menší riziko kontaminace (Pilgrim et al. 2005).

Podstatný vliv na zjištění vývoje evoluční a demografické historie a také genomových erozí, které omezují životaschopnost druhu, mohou představovat genomické studie, které jsou spolehlivým nástrojem genetického monitoringu. Genomické studie poskytují přesnější odhady příbuznosti a inbreedingu. Tento typ studií už byl použit u sesterského druhu rýsa iberského (Abascal et al. 2016).

10 Krajinná genetika

Krajinná genetika vznikla sloučením krajinné ekologie s molekulární a populační genetikou. Slouží k pochopení vlivu prostředí a geografických vlastností na genetickou variaci, a to jak na úrovni populace, tak na úrovni jednotlivce. Na rozdíl od jiných genetických přístupů se soustředí na procesy s jemnějším prostorovým i časovým měřítkem. Klíčovými kroky krajinné genetiky jsou korelace genetických diskontinuit s krajinnými prvky, jako jsou bariéry-například, fyzické bariéry genového toku, jako hory, řeky, rozhraní různých suchozemských biotů nebo habitatů. Má za cíl poskytnout informace o interakci mezi krajinou a mikroevolučními procesy jako je genetický drift, selekce a genetický tok. Pomáhá k identifikaci kryptické struktury populace. Zlepšuje naše chápání vlivu globálních změn na genetické vzorce. Předpokládá náhodný odběr vzorků v celé studované oblasti.

Pro posouzení genetické variability je nutný rozsáhlý odběr vzorků. Zde mohou pomoci monitorovací programy, které poskytují údaje o životním prostředí a množství genetických vzorků (Manel et al. 2003; Manel a Holderegger 2013). Pochopení vlivu krajinných prvků na genový tok, na prostor, ve kterém působí, a na čas jejich účinku, je klíčové pro hodnocení stavu a fragmentace populace. Díky tomuto porozumění se dají např. predikovat vhodná místa pro koridory nebo ekodukty, které slouží ke krajinnému propojení pro druhy ohrožené v důsledku fragmentace. Potenciál krajinné genetiky při řešení konektivity je významný také kvůli globální změně klimatu, při níž dochází k poškození a ztrátám vhodných habitatů. Krajinná genetika hraje v ochraně přírody stále větší roli. (Segelbacher et al. 2010).

11 Závěr

Pro studium populační biologie vysoce mobilních savců se využívají nejrůznější metody, které nám poskytují informace o abundanci, densitě, velikostech domovských okrsků, sociální struktuře, ekologii, vhodnosti habitatu a dalších. V rámci monitoringu není jedna nejlepší metoda, která by se měla používat. Různé metody monitoringu vyhovují různým studijním cílům. Při správně zvolené metodě lze získat reálné údaje o sledovaném druhu. Každá ze zde popsaných metod má své výhody a nevýhody. Pro zpřesnění výsledků se různé metody často kombinují.

Monitoring pobytových znaků je většinou primárním zdrojem informací o výskytu druhu na daném území. Jedná se o levnou metodu použitelnou na velkém území. Často slouží jako doplňková metoda pro vhodné umístění fotopastí nebo pro získání vzorků pro genetický monitoring. Jako standardní metoda může být použito stopování, které slouží pro hrubý odhad velikosti populace, ale pouze na relativně velkých plochách s dlouhodobým výskytem sněhové pokrývky.

Poměrně levnou metodu představují také fotopasti, které jsou v současnosti asi nejpoužívanější metodou k získání dat pro odhad velikosti populace u rysů.

Další neinvazivní metodu představuje již zmíněný genetický monitoring. Ten poskytuje důležité informace, které nejsou pomocí jiných přístupů dosažitelné, jako například informace o původu a příbuznosti jedinců a odhady variability populace, což je stěžejní pro odhad dlouhodobé životaschopnosti populace. Mezi nevýhody této metody patří nesnadné skladování vzorků pro analýzy, srovnatelnost výsledků jen při použití stejných protokolů a také časová a finanční náročnost genetických analýz.

Poslední zde popsanou neinvazivní metodu představují modely distribuce druhu. Ty hrají klíčovou roli v rámci plánování ochrany druhu, reintrodukcí, vymezení migračních koridorů a možných oblastí konfliktu s lidmi. Pro habitatové plánování je rys dobrým modelovým druhem, protože je k dispozici dostatek informací o jeho prostorových nárocích, které jsou získávány zde uvedenými metodami monitoringu.

Díky telemetrii lze získat údaje o pohybu zvířete po jeho areálu, velikosti domovského okrsku, disperzi, reprodukci, sociálním chování, získávání potravy a mnoha dalších věcech. V současnosti představuje telemetrie asi nejúčinnější metodu, která umožňuje sběr podrobných

informací o biologii a ekologii rysa. Nevýhodou je nutnost odchyty zvířete možnost a sledování pouze omezeného počtu jedinců, finanční nákladnost vybavení a omezená délka monitoringu.

Všechny popsané metody monitoringu jsou použitelné pro získání informací o rysech, ale je zapotřebí mít na paměti různá omezení každé z nich.

12 Použitá literatura

ABASCAL, Federico, André CORVELO, Fernando CRUZ, José L. VILLANUEVA-CAÑAS, Anna VLASOVA, Marina MARCET-HOUBEN, Begoña MARTÍNEZ-CRUZ, Jade Yu CHENG, Pablo PRIETO, Víctor QUESADA, Javier QUILEZ, Gang LI, Francisca GARCÍA, Miriam RUBIO-CAMARILLO, Leonor FRIAS, Paolo RIBECA, Salvador CAPELLA-GUTIÉRREZ, José M. RODRÍGUEZ, Francisco CÂMARA, Ernesto LOWY, Luca COZZUTO, Ionas ERB, Michael L. TRESS, Jose L. RODRIGUEZ-ALES, Jorge RUIZ-ORERA, Ferran REVERTER, Mireia CASAS-MARCE, Laura SORIANO, Javier R. ARANGO, Sophia DERDAK, Beatriz GALÁN, Julie BLANC, Marta GUT, Belen LORENTE-GALDOS, Marta ANDRÉS-NIETO, Carlos LÓPEZ-OTÍN, Alfonso VALENCIA, Ivo GUT, José L. GARCÍA, Roderic GUIGÓ, William J. MURPHY, Aurora RUIZ-HERRERA, Tomas MARQUES-BONET, Guglielmo ROMA, Cedric NOTREDAME, Thomas MAILUND, M. Mar ALBÀ, Toni GABALDÓN, Tyler ALIOTO a José A. GODOY, 2016. Extreme genomic erosion after recurrent demographic bottlenecks in the highly endangered Iberian lynx. *Genome Biology*. **17**(1), 251.

AGENCY, European Enviroment, 1997. *CORINE Land Cover - Technical guide*. 2-41.

ANDĚL, Petr, Tereza MINÁRIKOVÁ a Michal ANDREAS, Anna BLÁHOVÁ, Ivana GORČICOVÁ, Václav HLAVÁČ, Dušan ROMPOTL a Martin STRNAD 2010. *Ochrana průchodnosti krajiny pro velké savce*. Evernia, Praha, 23-103.

ANDĚRA Miloš a Jiří GAISLER, 2012. *Savci České republiky*. Academia, Praha, 210-212.

ANDĚRA Miloš a Ivan Horáček, 2005 *Poznáváme naše savce*. Sobotáles, Praha, 327 pp.

ANDRÉN, Henrik, John D C LINNELL, Olof LIBERG, Per AHLQVIST, Reidar ANDERSEN, Anna DANELL, Tor KVAM, John ODDEN a Peter SEGERSTRÖM, 2002. Estimating total lynx Lynx lynx population size from censuses of family groups Estimating total lynx Lynx lynx population size from censuses of family groups. *Wildlife Biology*. 299–306.

ARX, Manuela, Christine BREITENMOSER a Urs BREITENMOSER, 2009. *Lessons from the reintroduction of the Eurasian lynx in Central and West Europe*. 8-301.

ARX, M von, Ch BREITENMOSER-WÜRSTEN, F ZIMMERMANN a U BREITENMOSER, 2004. *Status and conservation of the Eurasian lynx (Lynx lynx) in Europe in 2001*. 398-409.

AUGUSTINE, Ben C., Philip H. CROWLEY a John J. COX, 2011. A mechanistic model of GPS collar location data: Implications for analysis and bias mitigation. *Ecological Modelling*. **222**(19), 3616–3625.

- AVGAN, Authors Batur, Fridolin ZIMMERMANN, Marcel GÜNTERT a Fehmi ARIKAN, 2014. The first density estimation of an isolated Eurasian lynx population in southwest Asia The first density estimation of an isolated Eurasian lynx population in southwest Asia. *Wildlife Biology*. **20**(4), 217–221.
- BARYCKA, Ewa, 2007. Evolution and systematics of the feliform Carnivora. *Mammalian Biology*. B.m.: Urban & Fischer, **72**(5), 257–282.
- BELOTTI, E., J. KREISINGER, D. ROMPORTL, M. HEURICH a L. BUFKA, 2014. Eurasian lynx hunting red deer: Is there an influence of a winter enclosure system? *European Journal of Wildlife Research*. **60**(3), 441–457.
- BELOTTI, Elisa, Jaroslav ČERVENÝ, Pavel ŠUSTR, Jakub KREISINGER, Giorgia GAIBANI a Luděk BUFKA, 2013. Foraging sites of Eurasian lynx *Lynx lynx* : relative importance of microhabitat and prey occurrence. *Wildlife Biology*. **19**(2), 188–201.
- BLANC, Laetitia, Eric MARBOUTIN, Sylvain GATTI a Olivier GIMENEZ, 2013. Abundance of rare and elusive species: Empirical investigation of closed versus spatially explicit capture-recapture models with lynx as a case study. *The Journal of Wildlife Management*. **77**(2), 372–378.
- BOUTROS, Dominique a Christine BREITENMOSER-WÜRSTEN, 2007. Characterisation of Eurasian lynx *Lynx lynx* den sites and kitten survival. *Wildlife Biology*. **13**(4), 417–429.
- BREITENMOSER-WÜRSTEN, Christine, Jean-michel VANDEL, Fridolin ZIMMERMANN, Urs BREITENMOSER, Christine BREITENMOSER-WU a Muri BERN, 2007. Demography of lynx *Lynx lynx* in the Jura Mountains. *Wildlife Biology*. **4**(4), 381–392.
- BREITENMOSER, Urs, 1998. Large predators in the Alps: The fall and rise of man's competitors. *Biological Conservation*. **83**(3), 279–289.
- BREITENMOSER Urs, Christine BREITENMOSER, Henry OKARMA, Thomas KAPHEGYI, Ursula KAPHYGYI a Ulrich MÜLLER, 2000. *Action plan for the conservation of the Eurasian lynx in Europe (Lynx lynx)*. 15-30.
- BREITENMOSER, Urs, Christine BREITENMOSER-WÜRSTEN, Manuela VON ARX, Fridolin ZIMMERMANN, Andreas RYSER, Christof ANGST, Anja MOLINARI-JOBIN, Paolo MOLINARI, John LINNELL, Adrian SIEGENTHALER a Jean-Marc WEBER, 2006. Guidelines for the Monitoring of Lynx. *KORA Bericht Nr. 33 e.* 8–11.

- BREITENMOSER, Urs a Heinrich HALLER, 1993. Patterns of Predation by Reintroduced European Lynx in the Swiss Alps Author (s): Urs Breitenmoser and Heinrich Haller Source : *The Journal of Wildlife Management*. **57**(1), 135–144.
- BREITENMOSER, Urs, Petra KAVCZENSKY, Michael DÖTTERER, Christine BREITENMOSER-WÜRSTEN, Simon CAPT, Frank BERNHART a Martin LIBEREK, 1993. Spatial organization and recruitment of lynx (*Lynx lynx*) in a reintroduced population in the Swiss Jura Mountains. *Journal of Zoology*. **231**(3), 449–464.
- BUCKLIN, David N, Mathieu BASILLE, Allison M BENSCOTER, Laura A BRANDT, Carolina SPEROTERRA, Frank J MAZZOTTI, Stephanie S ROMA a James I WATLING, 2015. Comparing species distribution models constructed with different subsets of enviromental predictors. *Diversity and Distributions*. 23–35.
- BULL, James K., Marco HEURICH, Alexander P. SAVELJEV, Krzysztof SCHMIDT, Jörns FICKEL a Daniel W. FÖRSTER, 2016. The effect of reintroductions on the genetic variability in Eurasian lynx populations: the cases of Bohemian–Bavarian and Vosges–Palatinian populations. *Conservation Genetics*. **17**(5), 1229–1234.
- BURGMAN, Mark A. a Julian C. FOX, 2003. Bias in species range estimates from minimum convex polygons: Implications for conservation and options for improved planning. *Animal Conservation*. **6**(1), 19–28.
- BURT, William Henry, 1943. Territoriality and Home Range Concepts as Applied to Mammals. *Journal of Mammalogy*. **24**(3), 346.
- CAGNACCI, Francesca, Luigi BOITANI, Roger A POWELL a Mark S BOYCE, 2010. Animal ecology meets GPS-based radiotelemetry: a perfect storm of opportunities and challenges. *Philosophical Transactions of the Royal Society*. 2157–2162.
- COULOMBE, Marie-Lou, Ariane MASSÉ a Steeve D. COTÉ, 2006. Quantification and Accuracy of Activity Data Measured with VHF and GPS Telemetry. *Wildlife Society Bulletin*. **34**(1), 81–92.
- D’EON, Robert G. a Donna DELPARTE, 2005. Effects of radio-collar position and orientation on GPS radio-collar performance, and the implications of PDOP in data screening. *Journal of Applied Ecology*. **42**(2), 383–388.
- DAVIES, Neil, Francis X. VILLABLANCA a George K. RODERICK, 1999. Determining the source of individuals: multilocus genotyping in nonequilibrium population genetics. *Trends in Ecology & Evolution*. **14**(1), 17–21.

DAVOLI, Francesca, Krzysztof SCHMIDT, Rafał KOWALCZYK a Ettore RANDI, 2012. Hair snaring and molecular genetic identification for reconstructing the spatial structure of Eurasian lynx populations. *Mammalian Biology*. **78**(2), 118–126.

DILLON Adam, Marcela KELLY, 2007. Ocelot (*Leopardus pardalis*) in Belize: the impact of trap spacing and distance moved on density estimates. *Oryx* **41**(4), 469–477.

DILLON Adam a Marcela KELLY, 2008. Ocelot home range, overlap and density: comparing radio telemetry with camera trapping. *Journal of Zoology*. **275**(4) 391–398.

DELISLE, Isabelle a Curtis STROBECK, 2005. A phylogeny of the Caniformia (order Carnivora) based on 12 complete protein-coding mitochondrial genes. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. **37**(1), 192–201.

DONOVAN Therese, Mark FREEMAN, Hanem ABOUELEZZ, Kimberly ROYAR, Alan HOWARD a Ruth MICKEY, 2011. Quantifying home range habitat requirements for bobcats (*Lynx rufus*) in Vermont, Usa. *Biological Conservation*. 745-758.

DOSWALD, Nathalie, Fridolin ZIMMERMANN a Urs BREITENMOSER, 2007. Testing expert groups for a habitat suitability model for the lynx *Lynx lynx* in the Swiss Alps. *Wildlife Biology*. **13**(4), 430–446.

DOUGLAS-HAMILTON Ian, 1998. Tracking African elephants with a global positioning system (GPS) radio collar. *Pachyderm* , 81–92.

ELITH, Jane a Catherine H. GRAHAM, 2009. Do they? How do they? WHY do they differ? On finding reasons for differing performances of species distribution models. *Ecography*. **32**(1), 66–77.

FEJKLOVÁ, Petra a Jaroslav ČERVENÝ, 2003. Je liška mlsnější než rys? *Myslivost*. **51**, 23–25.

FENÁNDEZ, Néstor, Miguel DELIBES a Francisco PALOMARE, 2006. Landscape Evaluation In Conservation: Molecular Sampling And Habitat Modeling For The Iberian Lynx. *Ecological Applications*. **16**(3), 1037-1049.

FOSTER, Rebecca J. a Bart J. HARMSSEN, 2011. A critique of density estimation from camera-trap data. *The Journal of Wildlife Management*. **76**(2), 224–236.

FRAIR, Jacqueline L., John FIEBERG, Mark HEBBLEWHITE, Francesca CAGNACCI, Nicholas J. DECESARE a Luca PEDROTTI, 2010. Resolving issues of imprecise and habitat-biased locations in ecological analyses using GPS telemetry data. *The Royal Society*. 2187-2200.

GIL-SANCHÉZ Jose, Manuel MORAL, Javier RODRIGUEZ-SILES, José BUENO, Joaquín PERÉZ, Jose MARTÍN, Germán GARROTE, Miguel SIMON, Gerardo VALENZUELA a Bernado TORRALBA. The use of camera trapping for estimating Iberian lynx (*Lynx pardinus*) home ranges. *European Journal of Wildlife Research*. **57**(6), 1203-1211.

- GUGOLZ, D, M V BERNASCONI a P WANDELER, 2008. Historical DNA reveals the phylogenetic position of the. *Journal of Zoology*. **28** (2), 201–208.
- GUISAN, Antoine a Niklaus E. ZIMMERMANN, 2000. Predictive habitat distribution models in ecology. *Ecological Modelling*. **35**(2–3), 147–186.
- HEBBLEWHITE Mark, Daniel HAYDON, 2010. Distinguishing technology from biology: A critical review of the use of GPS telemetry data in ecology. *Philosophical transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological science*. **365**(12) 2303-2312.
- HELL, Pavel, Jaroslav SLAMEČKA a Jozef GAŠPÁRIK, 2004. *Rys a divá mačka v slovenských Karpatoch a vo svete*. PaRPRESS, Bratislava.
- HELLBORG, Linda, Christopher W WALKER, Eli Knispel RUENESS, John E STACY, Ilpo KOJOLA, Harri VALDMANN, Barbara ZIMMERMANN, Kjetill S JAKOBSEN a Hans ELLEGREN, 2002. Differentiation and levels of genetic variation in northern European lynx (*Lynx lynx*) populations revealed by microsatellites and mitochondrial DNA analysis. *Conservation Genetics*. **38**(2)(97–111).
- HERFINDAL, Ivar, John D C LINNELL, John ODDEN, Erlend Birkeland NILSEN a Reidar ANDERSEN, 2005. Prey density , environmental productivity and home-range size in the Eurasian lynx (*Lynx lynx*). *Journal of Zoology*. **1000**, 63–71.
- HUCK, Maren, Włodzimierz JĘDRZEJEWSKI, Tomasz BOROWIK, Małgorzata MIŁOSZ-CIELMA, Krzysztof SCHMIDT, Bogumiła JĘDRZEJEWSKA, Sabina NOWAK a Robert W. MYŚLAJEK, 2010. Habitat suitability, corridors and dispersal barriers for large carnivores in Poland. *Acta Theriologica*. **55**(2), 177–192.
- J. KUBALA, P. SMOLKO, F. ZIMMERMANN, R. RIGG, B. TÁM, T. ILKO, D. FORESTI, CH. BREITENMOSER-WÜRSTEN, R. KROPIL, U. Breitenmoser, 2017. Robust monitoring of the Eurasian lynx *Lynx lynx* in the Slovak Carpathians reveals lower numbers than officially reported. *Oryx*. 1–9.
- JOHNSON, W. E., J. A. GODOY, F. PALOMARES, M. DELIBES, M. FERNANDES, E. REVILLA a S. J. O'BRIEN, 2004. Phylogenetic and Phylogeographic Analysis of Iberian Lynx Populations. *Journal of Heredity*. **95**(1), 19–28.
- JOHNSON, Warren E., Eduardo EIZIRIK, Jill PECON-SLATTERY, William J. MURPHY, Agostinho ANTUNES, Emma TEELING a Stephen J. O'BRIEN, 2006. The late miocene radiation of modern felidae: A genetic assesment. *Science*. B.m.: American Association for the Advancement of Science. **311**(5757), 73–77.

- JOHNSON, Warren E. a Stephen J. O'BRIEN, 1997. Phylogenetic reconstruction of the felidae using 16S rRNA and NADH-5 mitochondrial genes. *Journal of Molecular Evolution*. **44**(1), 98–116.
- KACZENSKY, P, G CHAPRON a M Von ARX, 2012. *Status, management and distribution of large carnivores-bear, lynx, wolf & wolverine in Europe - Part 1*. 70-110.
- KARANTH, Ulas a James NICHOLS, 1998. Estimation of tiger densities in India using photographic captures and recaptures. *Ecology*. **79**(8), 2852 - 2862.
- KITCHENER, Andrew , Mark BAEUMONT a Douglas RICHARDSON, 2006. Geographical variation in the clouded leopard, *Neofelis nebulosa*, reveals two species. *Current Biology*, **16**(2), 2377–2383.
- KRAMER-SCHADT, Stephanie, Eloy REVILLA a Thorsten WIEGAND, 2005. Lynx reintroductions in fragmented landscapes of Germany: Projects with a future or misunderstood wildlife conservation? *Biological Conservation*. **125**(2), 169–182.
- KROFEL, Miha, Tomaz SKRBINŠEK a Ivan KOS, 2013. Use of GPS location clusters analysis to study predation, feeding, and maternal behavior of the Eurasian lynx. *Ecological Research*. **28**(1), 103–116.
- KUTAL, Miroslav, Luděk BUFKA, Elisa BELOTTI a Jarmila KROJEROVÁ-PROKEŠOVÁ, 2017. Výskyt velkých šelem – rýsa ostrovida (*Lynx lynx*), vlka obecného (*Canis lupus*) a medvěda hnědého (*Ursus arctos*) – a kočky divoké (*Felis silvestris*) v České republice a na západním Slovensku v letech 2012-2016 (Carnivora). *Lynx, n.s. (Praha)*. 93–107.
- LAASS Jens, 1999. *Evaluation von Photofallen für ein quantitatives Monitoring einer Luchspopulation in den Alpen*. Diplomarbeit, Universität Wien.
- LAIKRE, Linda, 1999. Conservation genetics of Nordic carnivores : lessons from zoos. *Hereditas*. **21**(6), 203–216.
- LINNELL, John D. C., John ODDEN, Reidar ANDERSEN, Henrik BRØSETH, Henrik ANDRÉN, Olof LIBERG, Per AHLQVIST, Pål MOA, Tor KVAM, Peter SEGERSTRÖM, Krzysztof SCHMIDT, Włodzimierz JĘDRZEJEWSKI a Henryk OKARMA, 2007a. Distance rules for minimum counts of Eurasian lynx *Lynx lynx* family groups under different ecological conditions. *Wildlife Biology*. **13**(4), 447–455.
- LINNELL, John D. C., John ODDEN, Reidar ANDERSEN, Henrik BRØSETH, Henrik ANDRÉN, Olof LIBERG, Per AHLQVIST, Pål MOA, Tor KVAM, Peter SEGERSTRÖM, Krzysztof SCHMIDT, Włodzimierz JĘDRZEJEWSKI a Henryk OKARMA, 2007b. Distance rules for minimum counts of Eurasian lynx *Lynx lynx* family groups under different ecological conditions. *Wildlife Biology*. **13**(4), 447–455.

LINNELL, John D C a Reidar ANDERSEN, 2001. Home Range Size and Choice of Management Strategy for Lynx in Scandinavia. *Environmental Management*. **27**(6), 869–879.

MACGOUGAN, Glenn D, 2003. *UCGE Reports High Sensitivity GPS Performance Analysis in Degraded Signal Environments*. 2-51.

MAGG, Nora, Jörg MÜLLER, Christoph HEIBL, Klaus HACKLÄNDER, Sybille WÖLFL, Manfred WÖLFL, Luděk BUFKA, Jaroslav ČERVENÝ a Marco HEURICH, 2016a. Habitat availability is not limiting the distribution of the Bohemian-Bavarian lynx *Lynx lynx* population. *Oryx*. **50**(4), 742–752.

MANEL, Stéphanie a Rolf HOLDEREGGER, 2013. Ten years of landscape genetics. *Trends in Ecology and Evolution*. **28**(10), 614–621.

MANEL, Stéphanie, Michael K. SCHWARTZ, Gordon LUIKART a Pierre TABERLET, 2003. Landscape genetics: Combining landscape ecology and population genetics. *Trends in Ecology and Evolution*. **18**(4), 189–197.

MARMESAT Elena, Krzysztof SCHMIDT, Alexandr P. SAVELJEV, Ivan V. SERYODKIN a José GODOY, 2017. Retention of functional variation despite extreme genomic erosion: MHC allelic repertoires in the *Lynx* genus. *BMC Evolutionary Biology*. 1-16.

MATTISSON, Jenny, John ODDEN, Erlend B. NILSEN, John D.C. LINNELL, Jens PERSSON a Henrik ANDRÉN, 2011. Factors affecting Eurasian lynx kill rates on semi-domestic reindeer in northern Scandinavia: Can ecological research contribute to the development of a fair compensation system? *Biological Conservation*. **144**(12), 3009–3017.

MEJLGAARD, T, L E LOE, J ODDEN, J D C LINNELL a E B NILSEN, 2013. Lynx prey selection for age and sex classes of roe deer varies with season. *Journal of Zoology*. **289**(3), 222–228.

MENGÜLLÜOĞLU, Deniz a Hüseyin AMBARLI, 2018. Foraging ecology of Eurasian lynx populations in southwest Asia : Conservation implications for a diet specialist. *Ecology and Evolution*. 9451–9463.

MERRILL, Evelyn, Håkan SAND, Barbara ZIMMERMANN, Heather MCPHEE, Nathan WEBB, Mark HEBBLEWHITE, Petter WABAKKEN a Jacqueline L. FRAIR, 2010. Building a mechanistic understanding of predation with GPS-based movement data. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*. **365**(1550), 2279–2288.

MOHR, Carl, 1947. Table of equivalent populations of North American small mammals. *Am. The American Midland Naturalist*. **37**(1), 223-249.

MOLINARI-JOBIN, A., M. KÉRY, E. MARBOUTIN, P. MOLINARI, I. KOREN, C. FUXJÄGER, C. BREITENMOSER-WÜRSTEN, S. WÖLFL, M. FASEL, I. KOS, M. WÖLFL a U. BREITENMOSER, 2012. Monitoring in the presence of species misidentification: The case of the Eurasian lynx in the Alps. *Animal Conservation*. **15**(3), 266–273.

MOLINARI-JOBIN, Anja, Fridolin ZIMMERMANN, Andreas RYSER, Christine BREITENMOSER-WÜRSTEN, Simon CAPT, Urs BREITENMOSER, Paolo MOLINARI, Heinrich HALLER a Roman EYHOLZER, 2007. Variation in diet, prey selectivity and home-range size of Eurasian lynx *Lynx lynx* in Switzerland. *Wildlife Biology*. B.m.: Nordic Board for Wildlife Research, **13**(4), 393–405.

MORELLI, Federico a Piotr TRYJANOWSKI, 2015. No species is an island: testing the effects of biotic interactions on models of avian niche occupation. *Ecology and Evolution*. 759–768.

MURPHY, Melanie A., Lisette P. WAITS a Katherine C. KENDALL, 2003. The influence of diet on faecal DNA amplification and sex identification in brown bears (*Ursus arctos*). *Molecular Ecology*. **12**(8), 2261–2265.

NIEDZIAŁKOWSKA, Magdalena, Włodzimierz JEDRZEJEWSKI, Robert W. MYSŁAJEK, Sabina NOWAK, Bogumiła JEDRZEJEWSKA a Krzysztof SCHMIDT, 2006. Environmental correlates of Eurasian lynx occurrence in Poland - Large scale census and GIS mapping. *Biological Conservation*. **133**(1), 63–69.

ODDEN, John, Erlend B. NILSEN a John D. C. LINNELL, 2013. Density of wild prey modulates lynx kill rates on free-ranging domestic sheep. *PLoS ONE*. **8**(11), 61–69.

OTIS David, Kenneth BURNHAM, Gary WHITE, David Anderson, 1978. Statistical inference from capture data on closed animal population. *Wildlife Monographs*. **62**(2), 1 – 135.

PALOMARES, F., J. A. GODOY, A. PIRIZ a S. J. O'BRIEN, 2002. Faecal genetic analysis to determine the presence and distribution of elusive carnivores: design and feasibility for the Iberian lynx. *Molecular Ecology*. **11**(10), 2171–2182.

PAVANELLO, Marco, Kateřina POLEDNÍKOVÁ, Luděk BUFKA, Lukáš POLEDNÍK, Josefa VOLFOVÁ, Elisa BELOTTI, Tereza MINÁRIKOVÁ a Sybille WÖLFL, 2014. *Jak rozpoznat kořist*, 13-25

PEARSON, G. Richard, 2010. *Species ' Distribution Modeling for Conservation Educators and Practitioners*, 54-84

PESENTI, Elias, Fridolin ZIMMERMANN a Wildlife MANAGEMENT, 2013. Density estimation of Eurasian lynx (*Lynx lynx*) in the Swiss Alps Density estimations of the Eurasian lynx (*Lynx lynx*) in the Swiss Alps. *Journal of Mammalogy*. 73–81.

PILGRIM, K. L., K. S. MCKELVEY, A. E. RIDDLE a M. K. SCHWARTZ, 2005. Felid sex identification based on noninvasive genetic samples. *Molecular Ecology Notes*. 5(1), 60–61.

PODGORSKI, Tomasz, Krzysztof SCHMIDT, Rafał KOWALCZYK a Agnieszka GULCZYNSKA, 2008. Microhabitat selection by Eurasian lynx and its implications for species conservation. *Acta Theriologica*. 53(2), 97–110.

PODOLSKI, Iris, Elisa BELOTTI, Luděk BUFKA, Holger REULEN a Marco HEURICH, 2013. Seasonal and daily activity patterns of free-living Eurasian lynx *Lynx lynx* in relation to availability of kills. *Wildlife Biology*. 19(1), 69–77.

RATKIEWICZ, M., M. MATOSIUK, R. KOWALCZYK, M. K. KONOPÍŃSKI, H. OKARMA, J. OZOLINS, P. MÄNNIL, A. ORNICANS a K. SCHMIDT, 2012. High levels of population differentiation in Eurasian lynx at the edge of the species' western range in Europe revealed by mitochondrial DNA analyses. *Animal Conservation*. 15(6), 603–612.

REMPLE Robert, Arthur RODGERS, 1997. Effect of differential correction on accuracy of a GPS animal location system. *Wildlife Management*. 61(2), 525-530

ROBERTSON Bindi a Edward Minot, 2012. Wildlife tracking technology options and cost considerations. *Wildlife research*. 38(2), 653-663.

ROMPORTL, Dušan, Michal ANDREAS, Luděk BUFKA a Eva CHUMANOVÁ, 2010. Habitatové modely vybraných druhů velkých savců. *Ochrana průchodnosti krajiny pro velké savce*. 67-131.

RUENESS, E. K., P. E. JORDE, L. HELLBORG, N. C. STENSETH, H. ELLEGREN a K. S. JAKOBSEN, 2003. Cryptic population structure in a large, mobile mammalian predator: The Scandinavian lynx. *Molecular Ecology*. 12(10), 2623–2633.

RUENESS, Eli K., Sergei NAIDENKO, Pål TROSVIK a Nils Chr STENSETH, 2014. Large-scale genetic structuring of a widely distributed carnivore - The eurasian lynx (*Lynx lynx*). *PLoS ONE*. 9(4), 1–11.

SHARMA Kumar, Yaendradev JHALA, Qamar QURESHI, Rajesh GOPAL, NYAK, 2010. Evaluating capture– recapture population and density estimation of tigers in a population with known parameters. *Animal Conservation*. 13(1), 94–103.

SCHADT, Stephanie, Eloy REVILLA, Thorsten WIEGAND, Felix KNAUER, Petra KACZENSKY, Urs BREITENMOSER, Ludek BUFKA, Jaroslav CERVENY, Petr KOUBEK, Thomas HUBER, Cvetko STANISA a Ludwig TREPL, 2002a. Assessing the suitability of central European landscape for the reintroduction of Eurasian lynx. *Journal of Applied Ecology*. **39**(2) 189–203.

SCHADT, StephanieR, Felix KNAUER, Petra KACZENSKY, Eloy REVILLA, Thorsten WIEGAND a Ludwig TREPL, 2002b. Rule-Based Assessment of Suitable Habitat and Patch Connectivity for the Eurasian Lynx Ecological Society of America. *Ecological Applications*. **12**(5), 1469–1483.

SCHMIDT-POSTHAUS, Heike, Christine BREITENMOSER-WÜRSTEN, Horst POSTHAUS, Luca BACCIARINI a Urs BREITENMOSER, 2002. Causes of mortality in reintroduced Eurasian lynx in Switzerland. *Journal of wildlife diseases*. **38**(1), 84–92.

SCHMIDT, Krzysztof, 2008. Behavioural and spatial adaption of the Eurasian lynx to a decline in prey availability. *Acta Theriologica*. **53**(1), 1–16.

SCHMIDT, Krzysztof, Francesca DAVOLI, Rafał KOWALCZYK a Ettore RANDI, 2016. Does kinship affect spatial organization in a small and isolated population of a solitary felid: The Eurasian lynx? *Integrative zoology*. **11**(5), 334–349.

SCHMIDT, Krzysztof, Włodzimierz JĘDRZEJEWSKI a Henryk K OKARMA SCHMIDT, 1997. Spatial organization and social relations in the Eurasian lynx population in Białowieża Primeval Forest, Poland. *Acta Theriologica*. **42**(3), 289–312.

SCHMIDT, Krzysztof, Rafał KOWALCZYK, Janis OZOLINS, Peep MÄNNIL a Joerns FICKEL, 2009. Genetic structure of the Eurasian lynx population in north-eastern Poland and the Baltic states. *Conservation Genetics*. **10**(2), 497–501.

SCHWARTZ, Michael K., Gordon LUIKART a Robin S. WAPLES, 2006. Genetic monitoring as a promising tool for conservation and management. *Trends in Ecology and Evolution*. **22**(1), 25–33

SEGELBACHER, Gernot, Samuel A CUSHMAN a Bryan K EPPERSON, 2010. Applications of landscape genetics in conservation biology: concepts and challenges. *Conservation Genetics*. 375–385.

SILVER Scot, Linde OSTRO, Laura MARSH, Leonardo MAFFEI, Andrew NOSS a Marecella KELLY, 2004. The use of camera traps for estimating jaguar *Panthera onca* abundance and density using capture/recapture analysis. *Oryx* **38**(2), 148–154.

SINDIČIĆ, Magda, Primož POLANC, Tomislav GOMERČIĆ, Maja JELENČIĆ, Duro HUBER, Peter TRONTELJ a Tomaž SKRBINŠEK, 2013. Genetic data confirm critical status of the reintroduced Dinaric population of Eurasian lynx. *Conservation Genetics*. **14**(5), 1009–1018.

SOLLMAN, Rahel, Mariana FURTADO, Beth GARDNER, Heribert HOFER, Anah JA'COMO, Natália TO'RRRES a Leandro SILVIERA, 2011. Improving density estimates for elusive carnivores: accounting for sex-specific detection and movements using spatial capture–recapture models for jaguars in central Brazil. *Biological Conservation*. **144**(3), 1017–1024.

SKRBINŠEK Tomaž, 2017. *Collecting lynx noninvasive genetic samples, Instruction manual for field personnel and volunteers*. Life lynx. Biotechnical Faculty, University of Ljubljana. 3-20.

SPONG, Goran a Linda HELLBORG, 2002. A near-extinction event in lynx: Do microsatellite data tell the tale? *Ecology and Society*. **6**(1), 55–61.

STEINIGER, Stefan a Andrew J S HUNTER, 2012. OpenJUMP HoRAE – A free GIS and toolbox for home range analysis. *Wildlife society Bulletin*. 1–12.

SUNDQVIST, Anna-Karin, Hans ELLEGREN a Carles VILÀ, 2008. Wolf or dog? Genetic identification of predators from saliva collected around bite wounds on prey. *Conservation Genetics*. **9**(5), 1275–1279.

SUNQUIST, Mel. and Fiona SUNQUIST, 2002. *Wild cats of the world*. University of Chicago Press, Chicago, Illinois, USA

SUNQUIST, Mel a Fiona SUNQUIST, 2009. *Handbook of the Mammals of the World*. Vol. 1. Carnivores, Barcelona: Lynx Editions.

THORNTON Daniel a Charles PEKINS, 2015. Spatially explicit capture-recapture analysis of bobcat (*Lynx rufus*) density: Implications for mesocarnivore monitoring. *Wildlife Research*. **42**(5), 394-404.

THÜLER, Karin 2002. *Spatial and temporal distribution of coat patterns of Eurasian lynx (*Lynx lynx*) in two reintroduced populations in Switzerland*. KORA Bericht Nr. 13e. KORA, Bern. 34 p

TOMKIEWICZ, Stanley M., Mark R. FULLER, John G. KIE a Kirk K. BATES, 2010. Global positioning system and associated technologies in animal behaviour and ecological research. *The Royal Society*. 2163-2176

TROLLER Mogens a Marc KÉRY, 2003. Estimation of ocelot density in the Pantanal using capture–recapture analysis of camera trapping data. *Journal of Mammalogy*. **84**(2), 607–614.

VAUGHAN, A. Terry, James M. RYAN, Nichols J. CZAPLEWSKI, 2013. *Mammalogy*. Jones & Bartlett Learning

VOGT, Kristina, Elizabeth HOFER, Andreas RYSER, Mathias KÖLLIKER a Urs BREITENMOSER, 2016. Is there a trade-off between scent marking and hunting behaviour in a stalking predator, the Eurasian lynx, *Lynx lynx*? *Animal Behaviour*. **11**(7), 59–68.

- VOGT, Kristina, Fridolin ZIMMERMANN, Mathias KÖLLIKER a Urs BREITENMOSER, 2014. Scent-marking behaviour and social dynamics in a wild population of Eurasian lynx *Lynx lynx*. *Behavioural Processes*. **10**(6), 98–106.
- WAITS, LISETTE P. a DAVID PAETKAU, 2005. Noninvasive genetic sampling tool for wildlife biologist: a review of applications and recommendations for accurate data collection. *The Journal of Wildlife Management*. **69**(4), 1419–1433.
- WANG, Xiaofang, Kun WEI, Zhihe ZHANG, Xiao XU, Wenping ZHANG, Fujun SHEN, Liang ZHANG a Bisong YUE, 2009. Major histocompatibility complex Class II DRB exon-2 diversity of the Eurasian lynx (*Lynx lynx*) in China. *Journal of Natural History*. **43**(3–4), 245–257.
- WEINGARTH, K, C HEIBL, F KNAUER, F ZIMMERMANN, L BUFKA a M HEURICH, 2012. First estimation of Eurasian lynx (*Lynx lynx*) abundance and density using digital cameras and capture – recapture techniques in a German national park. *Animal Biodiversity and Conservation*. 1631-1643.
- WEINGARTH, Kirsten, Thorsten ZEPPEFELD, Christoph HEIBL, Marco HEURICH, Luděk BUFKA, Kristina DANISZOVÁ a Jörg MÜLLER, 2015. Hide and seek: extended camera-trap session lengths and autumn provide best parameters for estimating lynx densities in mountainous areas. *Biodiversity and Conservation*. **24**(12), 2935–2952.
- WILSON, Allan C, Rebecca L CANNON, Steven M CARRI, Matthew GEORGE, Ulf B GYLLENSTENIS, Kathleen M HELM-BYCHOWSKI, Russell G HIGUCHI, Stephen R PALUMBILQ, Ellen M PRAGER, Richard D SAGE AND a Mark STONEKING', 1985. *Mitochondrial DNA and two perspectives on evolutionary genetics*. **26**(10), 375-400.
- WINTLE, Brendan A., Jane ELITH a Joanne M. POTTS, 2005. *Fauna habitat modelling and mapping: A review and case study in the Lower Hunter Central Coast region of NSW*. **30**(7), 719-738.
- WORTON, B. J., 1987. A review of models of home range for animal movement. *Ecological Modelling*. B.m.: Elsevier, **38**(3–4), 277–298.
- ZIMMERMANN, Fridolin, Christine BREITENMOSER-WÜRSTEN a Urs BREITENMOSER, 2005. Natal dispersal of Eurasian lynx (*Lynx lynx*) in Switzerland. *Journal of Zoology*. **267**(4), 381–395.
- ZIMMERMANN, Fridolin, Christine BREITENMOSER-WÜRSTEN, Anja MOLINARI-JOBIN a Urs BREITENMOSER, 2013. Optimizing the size of the area surveyed for monitoring a Eurasian lynx (*Lynx lynx*) population in the Swiss Alps by means of photographic capture-recapture. *Integrative Zoology*. **8**(3), 232–243.