

Co prozradily hlasy, kroužky a geny o disperzi, přežívání a genetickém stavu české populace sýčka obecného

Martin Šálek a kol.

Sýček obecný patří mezi nejohroženější druhy ptáků České republiky, přičemž jeho početnost nepřesahuje 120 hnízdních párů. Z toho důvodu u nás od roku 2020 probíhá – jako u prvního ptačího druhu – záchranný program, jehož cílem je zastavit dlouhodobý pokles

početnosti a zabránit jeho úplnému vymizení z naší krajiny, které reálně hrozí. Realizaci „Záchranného programu pro sýčka obecného v ČR“ koordinuje Agentura ochrany přírody a krajiny ČR.



Obr. 1: Sýčkům vyhovuje pestrá krajina s krátkostébelnými porosty, jakými jsou kosené louky či pastviny. Foto Jiří Hornek

Pro účinnou ochranu však nestačí pouze vědět, kde se sýčci v současnosti vyskytují, ale je nutné znát také jejich prostorové chování, míru přežívání a propojenost jednotlivých subpopulací – například kam se mladí ptáci po opuštění rodičů rozptylují a jak úspěšně přežívají, zda dospělí sýčci zůstávají věrní svým okrskům a také jestli mezi posledními zbytky populace stále dochází k pohybu jedinců a toku genů. Právě tyto informace jsou důležité pro rozhodování, kde a jaká opatření záchranného programu mají být prioritně realizována.

Na některé z těchto otázek se snažili autoři článku odpovědět v rámci projektu, který byl součástí realizace záchranného programu. Projekt byl zaměřen na analýzu rozsáhlých dlouhodobých datových souborů získaných především z poslední biologicky fungující subpopulace sýčka v severozápadních Čechách. Využity byly tři hlavní zdroje informací: akustické nahrávky, data z kroužkování a genetické analýzy. Jednotlivé datové soubory byly často shromažďovány více než deset let, což umožnilo sledovat nejen aktuální stav, ale také změny v čase.

Sýčci promlouvají: patnáct let akustického monitoringu

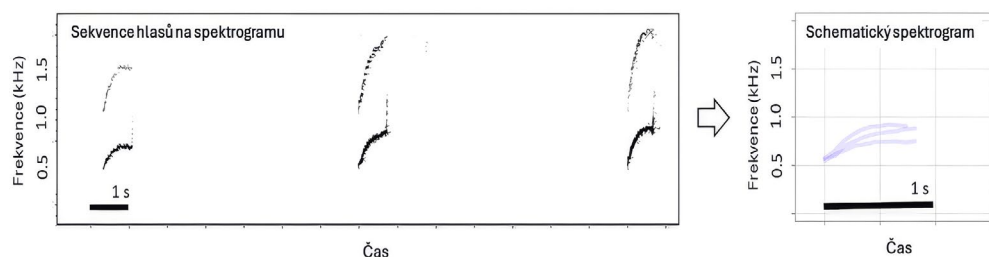
Sovy jsou noční živočichové a kvůli omezeným možnostem využívání zraku za tmy jsou ve srovnání s denními ptáky více odkázány na akustickou komunikaci. Proto představují vhodnou modelovou skupinu pro akustický monitoring. Jejich teritoriální hlasy jsou většinou hlasité a výrazné a jejich charakteristické rysy se mohou mezi jedinci lišit. To vytváří dobré předpoklady pro rozlišování jedinců podle hlasu – tzv. akustickou diskriminaci. Cílem projektu tedy nebylo pouze zjistit, zda se sýček na lokalitě vyskytuje, ale také ověřit, zda lze z nahrávek rozlišit jednotlivé samce, sledovat jejich přítomnost v průběhu let a objasnit, jak sociální prostředí a genetická příbuznost ovlivňují hlasovou variabilitu sýčků.

Zdrojem dat pro tyto analýzy byly akustické nahrávky pořízené v letech 2011–2025 při každoročním sčítání sýčků v severozápadních Čechách. Při monitoringu se výzkumníci vždy snažili nahrát všechny zjištěné samce, přičemž teritoriální odpověď samce na playback byla zaznamenávána směrovým mikrofonom po dobu přibližně tří až pěti minut. Aby bylo možné hlas spolehlivě analyzovat, musí nahrávka obsahovat alespoň 30 zřetelných zahoukání. Jednotlivá zahoukání jsou následně detekována pomocí



Obr. 2: Berličky výrazně zvyšují efektivitu lovu potravy, zejména na homogenních plochách s nedostatkem přirozených vyvýšených posedů. Foto Jiří Hornek

Obr. 3: Tvorba schematického spektrogramu. Pomocí charakteristik frekvenčního průběhu spektrogramu jsou v celém zvukovém záznamu popsány melodie, délka a tvar jednotlivých houkání. Výsledkem je specifický „hlasový otisk“, který zachycuje převládající melodii i variabilitu jednotlivých zahoukání každého ze samců



automatického skriptu v programu R. K jejich nalezení jsou využity vzorové spektrogramy a jejich vzájemná korelace s nahrávkou. Pomocí charakteristik frekvenčního průběhu spektrogramu jsou v celém zvukovém záznamu popsány melodie, délka a tvar jednotlivých houkání. Výsledkem je specifický „hlasový otisk“, který zachycuje převládající melodii i variabilitu jednotlivých zahoukání každého ze samců (obr. 3). Právě tato charakteristická melodie je u řady z nich natolik výrazná, že podle ní lze jednotlivé jedince rozlišit. Díky tomu lze odhadnout, zda byl na lokalitě zaznamenán stejný samec jako v předchozích letech (obr. 2). Vizualizace se ukládají do katalogu hlasů a na řadě lokalit tak vznikají dlouhodobé časové řady. Ty pak mohou ukázat, zda na lokalitě dlouhodobě přežívá stejný samec, nebo zda je pravděpodobné, že došlo k jeho výměně.

Za patnáct let monitoringu byli sýčci zaznamenáni na 112 různých lokalitách. Celkem bylo analyzováno 474 nahrávek, přičemž většina lokalit byla nahrána pouze v jednom roce. Naopak na třech lokalitách jsou k dispozici nahrávky ze 13 let, což umožňuje sledovat jejich hlasovou historii skutečně dlouhodobě. Tento postup umožnil na sledovaných lokalitách identifikovat celkem 194 samců. Nejčastěji byl konkrétní samec na lokalitě zaznamenán pouze v jednom roce. Přítomnost některých samců však byla sledována po několika letech, v rekordním případě osm. Akustické záznamy přinesly také informace o opětovném obsazování lokalit novými jedinci. Pokud byla lokalita znovu obsazena, došlo k rekolonizaci nejčastěji již v následujícím roce. Naopak nejdelší zjištěná doba do opětovného obsazení lokality byla deset



Obr. 5. Hlasy samců jsou nahrávány směrovým mikrofonem po reakci domácího samce na přehrávaný playback používaný při monitoringu. Foto Jana Plavec

osamostatnění vydávají dále od svého rodiště, čímž snižují riziko inbreedingu. K rozdílu může přispívat také skutečnost, že samci mohou být vázanější na vlastní teritorium, zatímco samice jsou po osamostatnění pohyblivější a mohou mít tendenci prozkoumávat kvalitu teritorií více samců.

Zajímavým výsledkem byla také změna disperzních vzdáleností v čase. Průměrná vzdálenost natální disperze byla výrazně vyšší před rokem 2000, kdy dosahovala 37,8 km, než po roce 2000, kdy to bylo 16,1 km (tab. 1). Příčiny tohoto poklesu zatím nejsou jasné. Mohou souviset jak se změnami v disperzním chování sýčků, tak se změnami početnosti a prostorového rozmístění populace či pravděpodobnosti zpětného nálezu.

Jak dlouho sýčci přežívají?

Kroužkování neukazuje pouze to, kam se sýčci vydávají, ale také umožňuje zjistit, jak dlouho přežívají. K tomuto cíli byl použit datový soubor s více než 3700 záznamy o kroužkovaných jedincích z celého území České republiky a 296 zpětných hlášení od roku 1934. Pro detailní analýzu však byla vzhledem k nerovnoměrnému kroužkovacímu úsilí napříč republikou a nízké návratnosti zpětných hlášení vybrána systematicky sledovaná populace ze severozápadních Čech v období

2010–2025. Tu pokrývalo 704 okroužkovaných jedinců a 139 zpětných hlášení.

Výsledky ukázaly, že první rok života představuje pro sýčky období s nejvyšším rizikem úhynu. Podle odhadů meziročně přežívalo pouze 28,6 % mladých jedinců, zatímco u dospělých byla pravděpodobnost přežití výrazně vyšší a dosahovala 70,3 %. Na základě těchto hodnot byla také simulována očekávaná délka života sýčků ve sledované oblasti. Průměrná délka života sýčků činila přibližně 2 roky, medián pouze 1 rok, což opět odráží velmi vysokou mortalitu mladých sýčků během prvního roku života.

Období bezprostředně po osamostatnění je tedy pro sýčky kritické. Nicméně pro udržení a růst populace nemusí být klíčové pouze přežívání místních jedinců, ale také možnost přílivu sýčků s novými geny z okolních populací. Na význam imigrace ukazují výsledky genetických analýz.

Je podle genetiky česká populace stále životaschopná?

Třetí část studie se zaměřila na genetickou strukturu, variabilitu, příbuznost, míru inbreedingu a efektivní velikost populace sýčků nejen v České

republice, ale také na Slovensku a v Maďarsku (NP Hortobágy). Širší geografický kontext umožňuje získat lepší obrázek o populační struktuře a srovnání s prosperující maďarskou populací zase o genetické kondici českých sýčků. Celkem se podařilo shromáždit 383 unikátních genotypů. A přestože to nebylo cílem studie, některé genotypy (tj. jedinci) byly zachyceny také opakovaně, což umožnilo podobně jako v případě zpětných odchytů kroužkovaných sýčků získat další informace o pohybu jedinců.

Analýzy populační struktury rozdělily sýčky do dvou populací, a to české a maďarské (včetně Slovenska). V rámci České republiky pak již nebyla zjištěna detailnější prostorově daná struktura, což ukazuje, že mezi českými subpopulacemi sýčků dochází k přeletům a přenosu genů. A naopak to, že v různých částech české populace byla patrná příměs genetické informace z Maďarska, naznačuje, že tento genetický tok může probíhat také na větší vzdálenosti. Jiné naše analýzy z posledních let poukazují na to, že se do České republiky zřejmě rozšiřuje či posouvá kontaktní zóna mezi dvěma evropskými mitochondriálními liniemi sýčků, která byla dříve spíše v Maďarsku.

Ani genetická variabilita, která byla srovnávána nejen mezi českými a „referenčními“ maďarskými sýčky, ale také v různých časových obdobích, se dosud nezdá v české populaci, navzdory recentnímu výraznému poklesu její početnosti, významně snižená. Ovšem analýzy příbuznosti a míry inbreedingu přinášejí varovné signály. Pro období 2020–2022 byl v severozápadočeské populaci poprvé zjištěn statisticky významný nárůst ohrožujícího příbuzenského páření. To, že v následujícím období (2023–2025) tento signál opět patrný nebyl, však nemusí nutně znamenat skutečné zlepšení situace. Výsledný vzorec totiž může být ovlivněn blahodárným přílivem „nové krve“ z Maďarska a dále z jihovýchodu, ale nelze vyloučit ani vliv organizovaného či neorganizovaného vypouštění sýčků do volné přírody v České republice i okolních zemích (například v Německu). Ne vždy je navíc známo, odkud vypouštění jedinci skutečně pocházejí a do jaké míry se následně zapojují do rozmnožování. Je možné, že v lokálním měřítku ovlivňují českou populaci oba procesy. Na některých lokalitách může z důvodu příliš malé velikosti populace, a tedy nemožnosti najít nepříbuzného partnera, docházet k inbreedingu, zatímco na jiných může přirozený nebo člověkem zprostředkovaný přísun



Obr. 6: Dobrá spolupráce s farmáři je klíčová pro ochranu sýčků, protože přibližně dvě třetiny všech párů hnízdí právě na farmách. Foto Tereza Valchařová

jedinců z jiných populací přinášet nové genetické varianty a tím chránit tamní sýčky před devastujícím poklesem genetické variability.

Získaný obraz doplňují analýzy příbuznosti konkrétních jedinců. Z 63 známých mláďat byl pro 22 nalezen pravděpodobný rodičovský pár a pro dalších 27 alespoň jeden pravděpodobný rodič. Některé z těchto případů, podobně jako výsledky z kroužkování, dokládají, že jsou sýčci schopni přesunů na relativně velké vzdálenosti. Například jeden ze sýčků se pravděpodobně rozmnožil na lokalitě vzdálené více než 110 km od místa, kde byl dříve zachycen (obr. 4). A přestože relativně malá provzorkovanost slovenské a maďarské populace neumožnila nalezení konkrétních blízkých příbuzenských vztahů mezi sýčky z ČR a ostatních zemí metodou v programu Cervus, analýza párové příbuznosti, která není na provzorkování populace tolik náročná, i vysoké hodnoty ($r = 0,5$ – příbuznost na úrovni rodič–potomek) mezi českými a maďarskými sýčky našla. A genetika přinesla ještě další střípek k poznání dynamiky populace – a konkrétně opakované záznamy stejných jedinců. Většina opakovaných záznamů byla z téže lokality, a to v rozmezí až sedmi let. Jen čtvrtina opakovaně zaznamenaných jedinců (zejména mláďat) byla „spatřena“ na různých lokalitách, přičemž maximální vzdálenost mezi nimi, kterou tedy musel jedinec urazit, byla 21 km.

Co tedy z výsledků vyplývá pro ochranu sýčka?

Autoři věří, že jsou to důležitá a potenciálně velmi užitečná doporučení, která mohou být realizována jak v rámci záchranného programu, tak i mimo něj. Modely přežívání ukázaly, že první rok života představuje pro sýčky kritické období. Proto by i relativně malé zvýšení přežívání mladých ptáků mohlo mít významný pozitivní dopad na populační trajektorie druhu. Opatření na ochranu hnízdních a potravně bohatých lokalit během období vylétnutí mláďat, včetně dočasných podpurných opatření, jako je přikrmování v tomto kritickém období, by mohla přežití mladých jedinců zvýšit. Osud mladých sýčků po opuštění hnízda však zatím zůstává do značné míry neznámý. Jejich sledování pomocí GPS by mohlo odhalit, kde a proč mladí jedinci nejčastěji hynou, a umožnit tak ještě lépe zacílit ochranná opatření.

Dále se pro dlouhodobé přežití druhu jeví jako zásadní umožnit pohyb jedinců (a jejich genů) mezi jednotlivými populacemi. Právě dostatečná propojenost populací může významně přispívat k prevenci ztráty genetické variability a příbuzenského křížení, které se již v některých částech české populace začíná projevovat. Mírnou naději přinášejí výsledky kroužkování i genetických analýz, které ukazují, že jsou někteří sýčci schopni překonávat značné vzdálenosti a že mezi jednotlivými subpopulacemi



Obr. 7: Přímý kontakt se sýčky, například při kroužkování mláďat, posiluje vztah farmářů k jejich ochraně. Foto Martin Šálek

v Česku, ale i na větší vzdálenosti dochází k toku genů. To, zda je tento tok genů dostatečný pro to, aby udržel naši sýččí populaci životaschopnou v dlouhodobém měřítku, zůstává otázkou. Z toho důvodu by měla být velká pozornost věnována propojování jednotlivých subpopulací, a to vytvářením koridorů s vhodnými biotopovými podmínkami či instalací hnízdních budek.

V neposlední řadě je třeba pokračovat v detailním monitoringu a aplikovaném výzkumu naší populace sýčků, abychom získali další potřebné poznatky pro jejich efektivní ochranu. Jen propojení dlouhodobého monitoringu, cíleného výzkumu a praktické ochrany umožní průběžně vyhodnocovat účinnost jednotlivých opatření a flexibilně je upravovat tak, aby ochrana sýčka měla co největší šanci současný nepříznivý trend zvrátit.

Studie byla zhotovena v rámci Integrovaného projektu LIFE – Jedna příroda (LIFE17 IPE/CZ/000005 LIFE-IP: N2K Revisited). Evropská komise neodpovídá za obsah studie. ■

www.zachranneprogramy.cz

Kolektiv autorů: Martin Šálek, Barbora Rolečková, Pavel Linhart, Malavika Madhavan, Petr Procházka, Sangeeth Sailas, Radka Valterová