

MONITORING VÝSKYTU CHYTRIDIOMYKÓZY U EVD OBOJŽIVELNÍKŮ V RÁMCI EVL

Závěrečná zpráva

Řešitelé: Jiří Vojar (hlavní řešitel aktivity), Milič Solský (oba FŽP ČZU Praha),

Spolupráce: Lenka Jeřábková (AOPK ČR), Vojtěch Baláž (VFU Brno)

Výzkum byl podpořen projektem EHP-CZ02-OV-1-024-2015.

Úvod a cíle projektu. Cílem projektu je mapování přítomnosti plísně *Batrachochytrium dendrobatidis* (*Bd*), původce závažné nemoci obojživelníků – chytridiomykózy, u kuněk *Bombina bombina* a *B. variegata* na vybraných EVL. Projekt je realizován ve spolupráci s AOPK ČR a VFU Brno. **Metodika, harmonogram a rozsah prací** je řešen v samostatném materiálu, dále je komentováno plnění jednotlivých plánovaných aktivit.

(i) Terénní práce. Cílem bylo odebrat vzorky na 20 lokalitách, cca rovnoměrně od obou druhů kuněk po celé ČR. Celkem bylo navštíveno 42 lokalit, na 27 lokalitách proběhl odběr 602 vzorků (stěrů z pokožky provedených neinvazivním způsobem), na 13 lokalitách se povedlo odebrat 30 a více vzorků. Přítomnost obojživelníků na lokalitách včetně obou druhů kuněk byla v roce 2015 negativně ovlivněna extrémním suchem a horkem, které panovalo zejména v průběhu léta. Muselo tak být navštíveno dvojnásobně než plánované množství lokalit, neboť na některých nebyli jedinci odchyceni buď v dostatečném počtu, nebo vůbec.

(ii) Analýzy na přítomnost DNA patogenu – odebrané vzorky byly dále ve spolupráci s V. Balážem podrobeny genetické analýze na přítomnost patogenu pomocí Taqman real time qPCR a dále svépomocí pomocí přístroje Genie II (detekce přítomnosti patogenu přímo v terénu). Celkem bylo analyzováno 602 vzorků, zhruba třetina oběma metodami; celkový počet analýz přesáhl 800. **Výsledky:** Celkem 86 vzorků (14,3 %) bylo pozitivních, nicméně *Bd* byla nalezena na 16 ze 27 vzorkovaných lokalit (60 %). Rozdíl v podílu infikovaných lokalit mezi kuňkami není zřejmý, současně obě kuňky, společně se skokany r. *Pelophylax*, náleží mezi nejčastější druhy s přítomností *Bd*. Celkem bylo vzorkováno 10 druhů obojživelníků. Zjištěné prevalence patogenu však byly nízké, vnější příznaky nemoci u žádného z jedinců zaznamenány nebyly. Souhrnný přehled o výsledcích analýz v tabulkové formě je přílohou č. 1 této zprávy.

(iii) Predikce výskytu onemocnění – pomocí logistické regrese v rámci zobecněných lineárních modelů (GLM) v programu R byla provedena predikce rozšíření *Bd* u nás (podrobněji k metodice v poslední dílčí zprávě). Z **výsledků** vyplývá, že neexistuje žádný jasný prediktor, který by určoval rozšíření *Bd* u nás. Důvodem je zřejmě malý rozsah environmentálních gradientů na sledovaných plochách – jednotlivé EVL se příliš neliší klimatickými ani jinými charakteristikami. Lze tedy odvodit, že v rámci sledovaných lokalit

může být plíseň potenciálně přítomná všude, resp. sledované EVL se nachází v rámci její ekologické valence.

Závěry a plnění cílů. Cíle projektu byly splněny a plánovaných výstupů bylo dosaženo: **(i)** databáze výskytu *Bd* – dodána v tabulkové formě (příloha č. 1), po dohodě s AOPK a nastavení kódu druhu *Bd* budou veškerá data o presenci/absenci *Bd* zanesena do NDOP; **(ii)** závěrečná zpráva – viz tento text + článek v Ochráně přírody (odeslání 10.6.2016); **(iii)** predikce výskytu *Bd* – s ohledem na výše uvedené, není řešeno formou mapového výstupu, ale slovním popisem ve zprávách a v Ochráně přírody. Data o výskytu obojživelníků byla vložena do NDOP.