

Entomologické přednášky ČSE za rok 2024

V roce 2024 se opět konaly Přednáškové cykly ČSE, a to u příležitosti obou Výměnných dnů ČSE. Od obnovení těchto cyklů již bylo předneseno 15 přednášek a v letošním roce k nim přibýly další čtyři. Každou z nich shlédlo zhruba 25 diváků. Pojďme se podívat na souhrny jednotlivých vystoupení.

120 let České společnosti entomologické (Petr Kment, 17.2.2024)

Přednáška Petra Kmenta se zaměřila na historii ČSE od jejího vzniku až po současnost. Neshrnujeme ji zde v krátkém reportu, neboť její souhrn vyšel jako dvojdielný seriál v časopise *Živa* (Sommer et al. 2024, 2025) a vyjde též jako samostatný článek v časopise *Podušťák* (1–2/2024).

Hmyz roku 2024 – samotářské včely (Albert František Damaška, 17.2.2024)

Kampaň Hmyz roku přibližuje každoročně již od roku 2021 veřejnosti některý ze zajímavých druhů hmyzu. Pomocí prospektů, veřejných akcí, a především obsahu na sociálních sítích získává veřejnost informace o hmyzu i aktuálních otázkách propojujících entomologii s ochranou přírody a péčí o krajinu. V sezoně 2024 byla kampaň Hmyz roku pojata do té doby poněkud netradiční formou – namísto jednoho druhu hmyzu jsme Hmyzem roku vyhlásili rovnou celou jednu ekomorfologickou skupinu organismů, a to samotářské včely (obr. 1). V přednášce jsme vysvětlili, proč jsme se takto rozhodli, jaké byly hlavní cíle kampaně a potenciál tohoto ročníku. Samotářské včely byly vybrány s ohledem na řadu témat, která v posledních letech hýbou společností. V první řadě jde o probíhající diskusi na téma opylovačů a jejich ochrany, která probíhá na širší společenské úrovni v rámci celé Evropské unie. Proto jsme ostatně také s přednáškou na téma samotářských včel v témže roce (ovšem až po konání přednášky) vystoupili na schůzi k diskusi o opylovačích na půdě Ministerstva životního prostředí. Dalším důležitým tématem, které jsme v kampani akcentovali, pak byl široce rozšířený fenomén tzv. beewashingu. Beewashing představuje přístup ke komunikaci tématu opylovačů a hmyzu v krajině směrem k veřejnosti, který dezinformativním způsobem akcentuje údajně klíčový význam včely medonosné (*Apis mellifera* Linnaeus, 1758) pro ekosystémy a nepravdivě přehlíží, že většinu ekosystémových služeb opylování rostlin v ekosystémech zajišťují jiné organismy. Kromě dvoukřídlých či motýlů tvoří významnou část těchto organismů právě ostatní druhy včel. V reakci na beewashingové kampaně, často široce podporované různými včelařskými spolky a zemědělskými podniky, jsme v kampani ukázali, že včelaři zaměřují ve veřejné debatě ochranu přírody a zemědělskou agendu. Chov včel medonosných je zemědělskou činností, zatímco ochrana přírody by se měla starat především o volně žijící organismy a biodiverzitu. S tím souvisí také důraz kampaně na velkou ekologickou i morfologickou rozmanitost, a také druhovou diverzitu samotářských včel.

Hmyz roku 2024: samotářské včely.



Obr. 1. Hmyzem roku 2024 byly vyhlášeny samotářské včely.

V článcích, které se v době přednášky chystaly a později vyšly např. v *Živě*, jsme ukázali veřejnosti, jak rozmanité včely jsou, že jich u nás žijí stovky druhů a jak některé z nich vypadají. Veřejnosti jsme také přiblížili, že zdaleka ne všechny volně žijící včely jsou tak docela „samotářské“. Mnohé mají místo toho různě komplexní typy sociálních struktur, a to od rodinných společenství až po hnízda se stovkami jedinců.

Když už je včel v krajině tolik, jak je ale může veřejnost pozorovat? Jedním z výborných způsobů je výstavba a instalace tzv. hmyzího hotelu, tedy zahradního prvku obsahujícího substrát pro hnízdění včel a dalších druhů hmyzu. V kampani jsme proto veřejnosti ukázali, jak by takový hmyzí hotel měl (a neměl) vypadat, jaké druhy substrátu se do něj hodí i kam jej umístit. To vše mimo jiné zaznělo v reportáži o hmyzích hotelech vysílané na jaře 2024 v pořadu České televize *Hobby naší doby*. Na tomto místě se sluší zmínit, že ČSE tvůrce pořadu zaujala, takže od jara 2024 byly pro tento pořad natočeny a odvysílány i dvě další entomologické reportáže. Agenda hmyzích hotelů pak v rámci Hmyzu roku měla ještě jeden zajímavý přesah – v roce 2024 jsme se pokusili veřejnost vyzvat k mapování hmyzích hotelů, a to s cílem získat data o tom, kolik hotelů se zhruba v Česku nachází, a jak moc jsou které z nich efektivní pro úspěšné hnízdění hmyzu. Článek na toto téma by měl vyjít v číslo 1–2/2025 časopisu *Podušťák*.

Nosorožík kapucínek: může nás tento „dobře prozkoumaný“ brouk ještě něčím překvapit? (Dominik Vondráček, 19.10.2024)

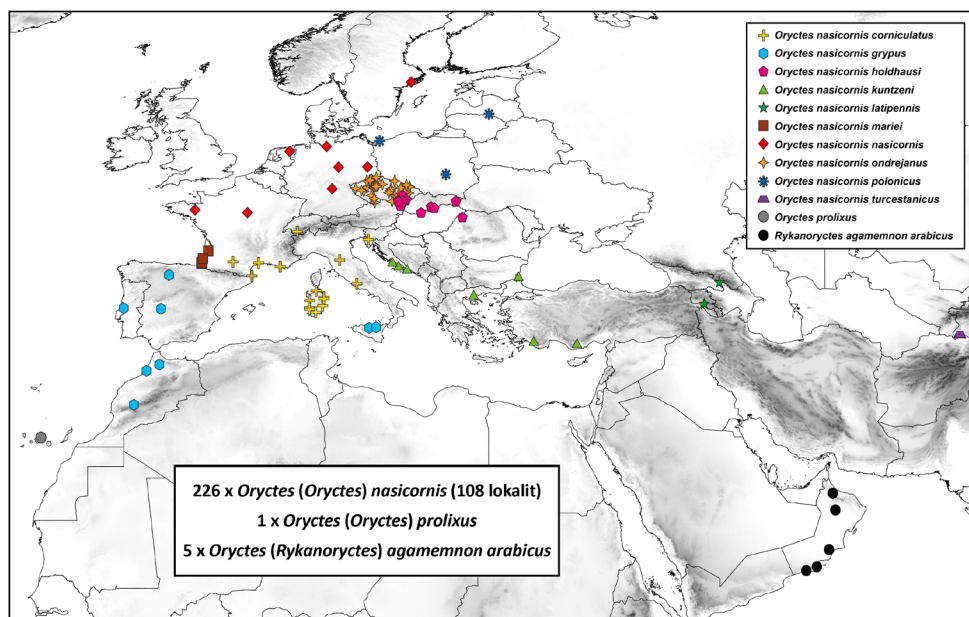
Atraktivní, nápadně velký a zřejmě všem dobře známý. I tak by se dal představit nosorožík kapucínek *Oryctes nasicornis* (Linnaeus, 1758), jeden ze dvou druhů nosorožíkovitých brouků (Coleoptera: Scarabaeidae: Dynastinae) vyskytujících se v ČR (obr. 2). Tím druhým je nosorožík *Pentodon idiota* (Herbst, 1789), který je však považován na našem území za již nezvěstný druh. Nosorožík kapucínek je oproti tomu běžný brouk, kterého najdeme nejen v nížinách, ale i ve vyšších polohách Čech i Moravy. Pouze v západních a jižních Čechách je jeho výskyt méně častý. Dokáže nás však tento po několik staletí studovaný druh ještě něčím překvapit?

Nosorožík kapucínek se v rámci svého rozšíření vyskytuje napříč téměř celou Evropou a jeho areál zasahuje dále do části severní Afriky a západní i střední Asie. V minulosti bylo formálně popsáno 20 dodnes validních poddruhů, z nichž na území ČR entomologové rozlišují tři: *Oryctes nasicornis ondrejanus* Minck, 1918 je považován za endemita ČR a části severního Rakouska, *Oryctes nasicornis holdhausi* Minck, 1914 se vyskytuje v ČR pouze na jižní Moravě (zasahuje k nám z jihovýchodu Evropy) a poslední *Oryctes nasicornis polonicus* Minck, 1918 zasahuje na naše území z Polska do oblasti Slezska. Poslední jmenovaný poddruh ale v recentních pracích už není v rámci ČR uváděn. Morfologické rozdíly mezi jednotlivými poddruhy jsou poměrně těžko uchopitelné (mikroskulptura krovek, tvar clypeu či samčích paramer) nebo jsou použitelné pouze u velkých samců (např. tvar *areola apposita* = specifická zvrásněná plocha na samčím štítě).

V probíhajícím výzkumu entomologických oddělení Národního muzea a Přírodovědecké fakulty Univerzity Karlovy jsme se zaměřili právě na složitou a těžko uchopitelnou taxonomii nosorožíka kapucínka s použitím kombinace molekulárních a morfologických dat. Molekulární



Obr. 2. Samec nosorožíka kapucínka *Oryctes nasicornis* (Linnaeus, 1758) s nápadným rohem na hlavě patří k dominantám české broučí fauny. Fotografie D. Vondráček.



Obr. 3. Mapa lokalit, ze kterých byly použity vzorky různých poddruhů nosorožka kapucínka *Oryctes nasicornis* (Linnaeus, 1758) do molekulárních analýz.

data nebyla nikdy u zmíněného druhu studována a mohla by přinést robustní a dobře podpořené výsledky, které by korespondovaly s morfologií jedinců. Během let 2021–2022 se nám podařilo nashromáždit více jak 220 jedinců napříč areálem výskytu a zahrnuli jsme tak do studie deset z dvaceti známých poddruhů, především pak z Evropy (obr. 3). Fylogenetickým a fylogeografickým analýzám jsme podrobili dva genetické markery získané v molekulárně genetické laboratoři Národního muzea. Jde o mitochondriální cytochrom oxidázu 1 (cox1) a jaderný internal transcribed spacer 1 (its1). Oba markery jsou standardně využívány k řešení otázek na úrovni jednoho druhu nebo komplexu blízce příbuzných druhů.

Získané výsledky byly doslova překvapující, nosorožek kapucínek byl totiž rozčleněn do dvou velmi výrazně oddělených genetických linií. Genetický rozdíl mezi liniemi je 8,7 % (cox1), respektive 4,6 % (its1). Naopak pro poddruhové členění kapucínek nebyla nalezena žádná podpora. V kombinaci s morfologií studovaných dospělců byla navrhována hypotéza dvou odlišných druhů, nikoliv jednoho, a synonymizace studovaných poddruhů s těmito dvěma nově definovanými druhy. Hranice mezi těmito taxony vede napříč Evropou od západu na východ včetně ČR. Taxonomické změny se tedy výrazně dotknou i našich kapucínek. Publikace těchto výsledků i s dalšími zajímavými detaily je právě sepisována. Brzy se tak dozvíte více.

Využití DNA ve fylogenetice a pro asociaci larválních stádií s dospělci (Karolina Mahlerová, 19.10.2024)

Za několik posledních desetiletí se stala genetika téměř standardní součástí entomologických výzkumů. Díky DNA jsme schopni určit druhovou příslušnost jedince pomocí tzn. barcodingu, či se zaměřit na pozici daného druhu v rámci širších příbuzenských vztahů, zkoumat populace a jejich genetickou diverzitu, adaptace, specializace či sledovat vývoj potravních strategií. Zároveň má také genetika již svoje pevné místo i v aplikovaných vědách jako je například ochránářská genetika či forenzní entomologie.

V současné době, je k dispozici obrovské množství genetických dat ve veřejně přístupných databázích, jako jsou například databáze NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) či BOLD systems (<https://boldsystems.org/>). Tyto databáze jsou volně přístupné, každý si může data prohlížet, stahovat a eventuálně i nová data přidávat. Jedním ze způsobů, jak integrovat genetická data do entomologického výzkumu bez nutnosti vytvářet vlastních sekvencí, je právě využití těchto zdrojů. V řadě případů se však bez vlastních dat neobejdeme. Ať už jde o druh či skupinu, pro kterou data nejsou k dispozici, či řešení složitějších taxonomických otázek, je často nezbytné sekvenovat studovaný materiál. Získaná data lze následně kombinovat s již existujícími záznamy a dále analyzovat například pro rekonstrukci fylogenetických vztahů ve studované skupině. Pro generování nových sekvencí je základem (téměř) vždy izolace DNA, která by měla být provedena metodou, která odpovídá stavu zkoumaného vzorku. Vhodně zvolená metoda izolace DNA je základem úspěchu všech následujících kroků ať už se jedná o Sangerovo sekvenování nebo sekvenování dalších generací (například pomocí platformy Illumina nebo Oxford Nanopore).

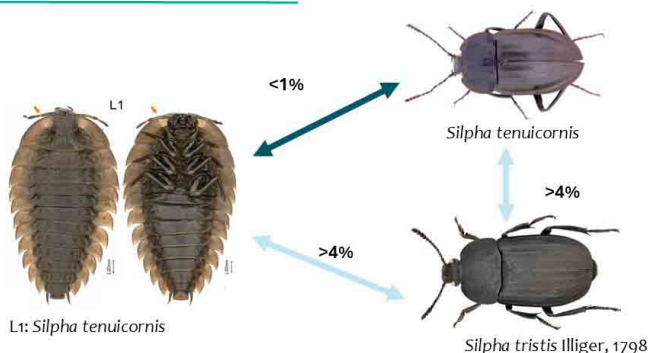
Genetická data lze využít nejen ke komplexním fylogenetickým studiím, ale například i k asociaci larválních stádií s dospělci. V tomto případě, je důležité se podívat na genetickou vzdálenost zkoumaných larev s porovnávaným dospělcem a zároveň si udělat představu o tom, jak velká vnitrodruhová a mezidruhová genetická vzdálenost je v rámci dané skupiny. Toto lze uvést na příkladu druhu *Silpha tenuicornis* Brullé, 1836 z Kanárských ostrovů. V roce 2021 se nám podařilo popsat všechny tři larvální instary tohoto druhu (Mahlerová et al. 2021). Larvální materiál však nebyl k dispozici živý a nebylo tedy možné larvy dochovat do dospělosti. Abychom mohli larvy, dosud druhově neidentifikované, přiřadit k dospělcům, ověřovali jsme jejich druhovou příslušnost pomocí analýzy mitochondriální DNA. Porovnáním genetické vzdálenosti mezi larvami, dospělci stejného druhu a dalšími druhy a rody podčeledi Silphinae jsme došli k závěru, že larvy skutečně náleží druhu *S. tenuicornis*, neboť vnitrodruhová vzdálenost byla nižší než 1 %, zatímco vzdálenost mezi druhy v rámci rodu *Silpha* překračovala 4 % (obr. 4).

Pro genetické analýzy je obecně nejvhodnější takový materiál, u něhož lze očekávat dobré uchování DNA, například u brouků zamražených nebo uložených ve 96% EtOH, ideálně skladovaných ve tmě a chladu. Naproti tomu práce s muzejními vzorky může být leckdy výzvou, jelikož čas, sluneční záření, chemikálie, vlhkost a další faktory mohou DNA fragmentovat, a tedy zkomplikovat získání dat. Díky pokroku, který se v oblasti genetiky odehrává jsme již teď schopni generovat obrovské množství genetických dat za zlomek ceny a času předešlé dekády. Avšak bezhlavé produkování genetických dat nemusí vést vždy k úspěchu. Genetická data je vhodné nebrat jen jako samostatnou entitu, ale je třeba je interpretovat v širším kontextu. Dobrou praxí je nejprve ověřit co již bylo publikováno, jakými metodami byla data získána či z jakých geografických oblastí materiál pochází, aby byly prostředky vždy využity co nejefektivněji.

Asociace larválních stádií s dospělcem *Silpha tenuicornis* Brullé, 1836



Kanárské ostrovy, Španělsko



Obr. 4. Asociace larválních stádií *Silpha tenuicornis* Brullé, 1836 s dospělcem; fotografie prostředí, Kanárské ostrovy, Španělsko. Fotografie P. Jakubec.

LITERATURA

- MAHLEROVÁ K., JAKUBEC P., NOVÁK M. & RŮŽIČKA J. 2021: Description of larval morphology and phylogenetic relationships of *Heterotemna tenuicornis* (Silphidae). *Scientific Reports* **11** (1): 16973.
- SOMMER D., KMENT P. & KRÁL D. 2024: Sto dvacet let České společnosti entomologické I. [One hundred and twenty years of the Czech Entomological Society I.]. *Živa* **72** (6): CLII–CLIII (in Czech).
- SOMMER D., KMENT P. & KRÁL D. 2025: Sto dvacet let České společnosti entomologické II. [One hundred and twenty years of the Czech Entomological Society II.]. *Živa* **73** (1): II–V (in Czech).

Karolina MAHLEROVÁ, Fakulta životního prostředí, Česká zemědělská univerzita v Praze

Dominik VONDRÁČEK, Entomologické oddělení Národního muzea, Praha

Albert F. DAMAŠKA, Přírodovědecká fakulta Univerzity Karlovy, Praha

David SOMMER, Přírodovědecká fakulta Univerzity Karlovy, Praha & Fakulta životního prostředí, Česká zemědělská univerzita v Praze