

*Genetický monitoring rysa ostrovida
v Západných Karpatoch*

*Jarmila Krojerová & Barbora Turbaková
Ústav biologie obratlovců AV ČR, v.v.i.*

Genetický monitoring rysa od roku 2009

Minulosť:

- zber vzoriek prebieha už od roku 2009
- vzorky boli zbierané v rámci niekoľkých projektov:
 - a) **projekty ÚBO AV ČR:** v rámci verejnej zákazky pre AOPK ČR, financované z Operačného programu Životní prostředí (2011-14)
- také GPS telemetrie rysa, fotomonitoring, potravná ekologie
fondy EEA v rámci prípravy *Programu péče o velké šelmy* (2015-16)
 - b) **projekty Hnutí DUHA Olomouc** – Medzinárodný višegrádsky fond (2011-12), Program švajčiarsko-českej spolupráce (2011-13, 2013-15), fondy EEA (2015-16)

Súčasnosť:

- 2018-2019 projekt ŠELMY SKCZ z programu Interreg V-A SK-CZ



INTERREG V-A
SLOVENSKÁ REPUBLIKA
ČESKÁ REPUBLIKA



EURÓPSKA ÚNIA
EURÓPSKY FOND
REGIONÁLNEHO ROZVOJA
SPOLOČNE BEZ HRANÍC

Materiál a metodika

- zber vzoriek celoročne, najviac v zimnom období
- monitoring pobytových znakov, chlповé pasce (2011-2014)
- neinvazívne vzorky - trus, chlpy, moč



Trusy

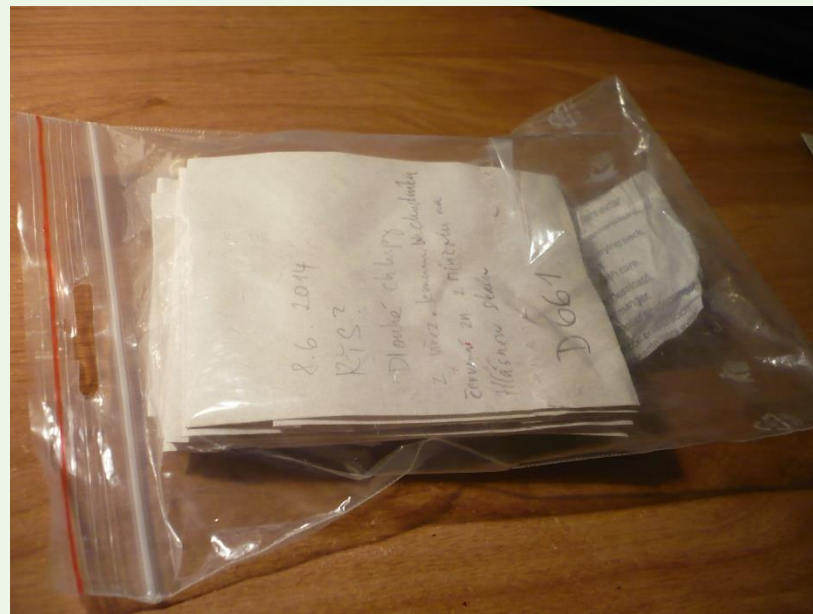
- ideálne starý maximálne 1 týždeň (tmavý, lesklý)



úspešnosť genotypizácie vzoriek trusu je 50-60 %

Chlpy, srst'

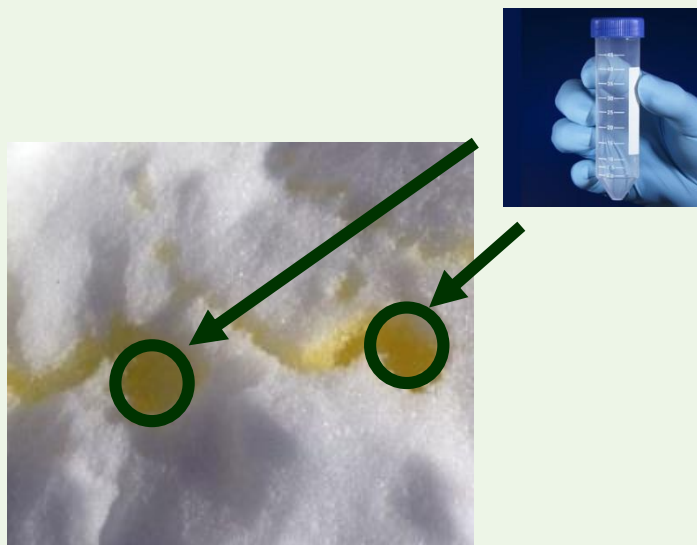
- aspoň 10 chlпов **s korigenkami** (u veľmi čerstvých stačí menej chlпов)
- vzorky staré ideálne 1 týždeň (u chlпов problematické)



úspešnosť genotypizácie vzoriek srsti je 30 %

Moč, krv

- do skúmavky bez alkoholu prenieť len najkoncentrovanejšiu časť snehu s močou/krvou a zamraziť



úspešnosť moč – 11 %
krv – 100 %

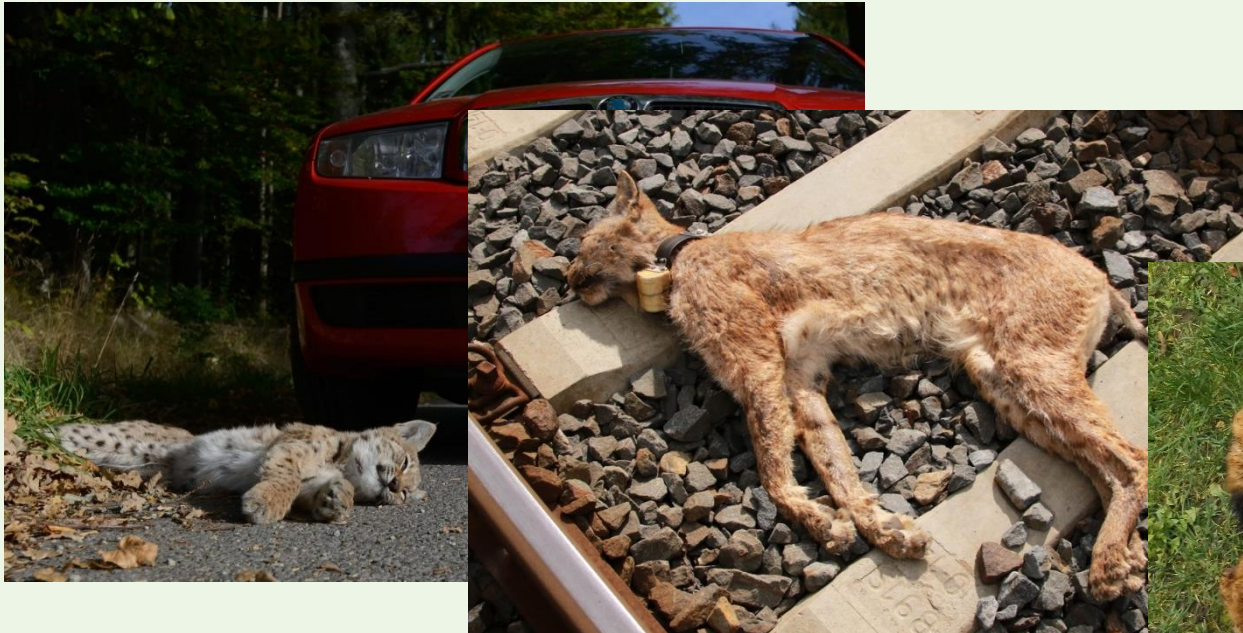
Hemofágny hmyz

- DNA stavovcov získaná z krvcicajúceho hmyzu
- príklad - napitý kliešť nájdený v brlohu rysa



Tkanivové vzorky - kadávery

- vzorka s vysokým obsahom kvalitnej DNA
- stačí odobrať malý kúsok svaloviny (1x1 cm) a vložiť do skúmavky s 96% alkoholom a uskladniť do mrazničky/chladničky, alebo kúsok tkaniva v igelitovom vrecku či skúmavke zamraziť



úspešnosť 100 %

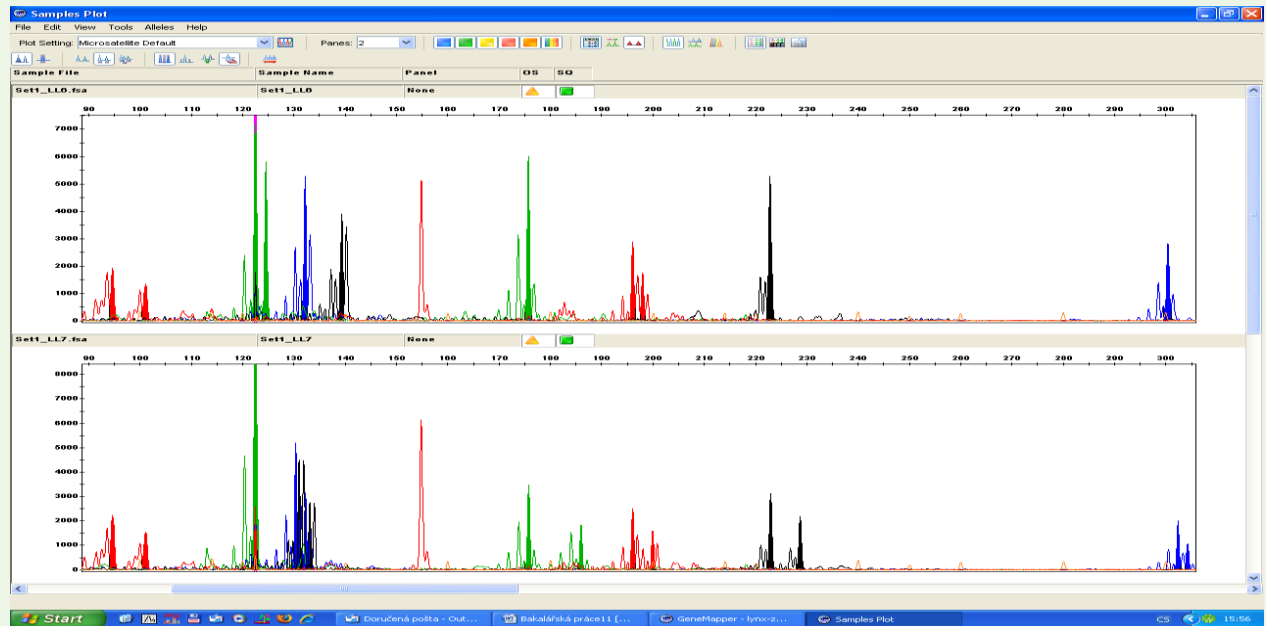
Analýza DNA

- izolácia DNA pomocou komerčne vyrábaných kitov
- genetické markéry – identifikácia druhu, jedinca
- ÚBO - analýza 15 mikrosatelitov + „amelogenin“ pre určenie pohlavia



Identifikácia jedincov, veľkosť populácie

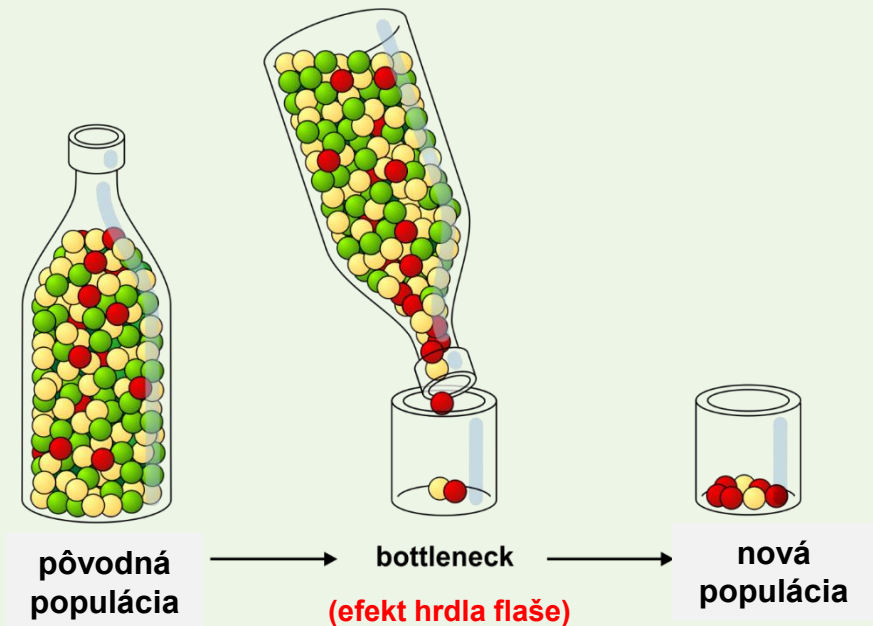
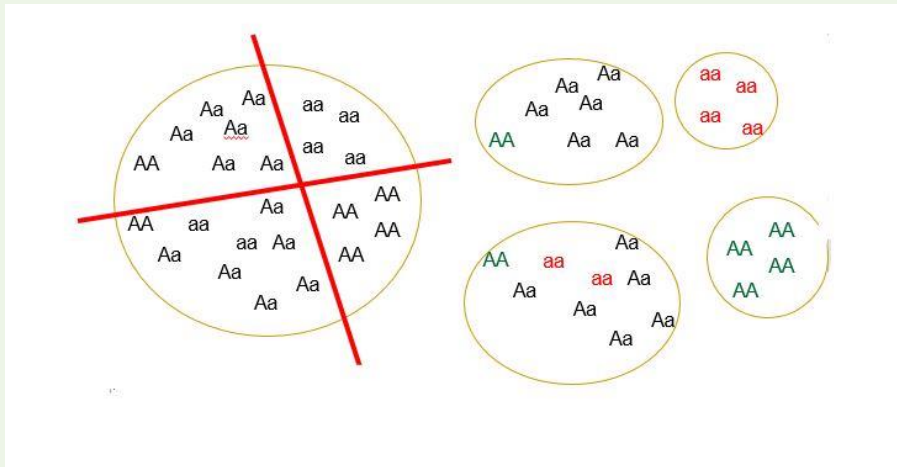
- sada mikrosatelitov (**genotyp**) je unikátna pre každého jedinca
= **genetický otláčok prstu**



- počet jedincov
- vzťahy medzi jedincami - príbuznosť
- odhad veľkosti populácie

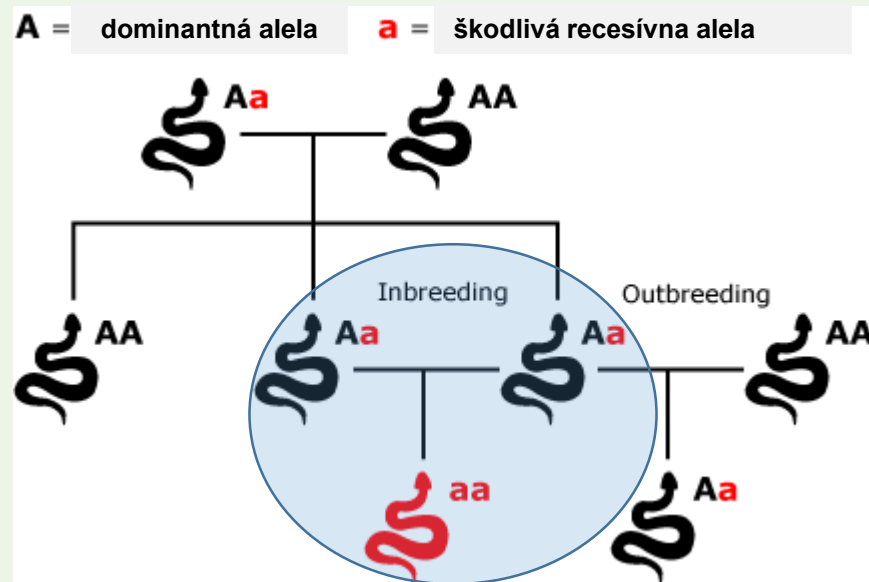
Genetická variabilita, štruktúra populácie

- životaschopnosť populácie, identifikácia bariér v krajine
- prírodné katastrofy/**fragmentácia krajiny**/lov...
- prejaví sa znížením genetickej variability (menší počet alel)

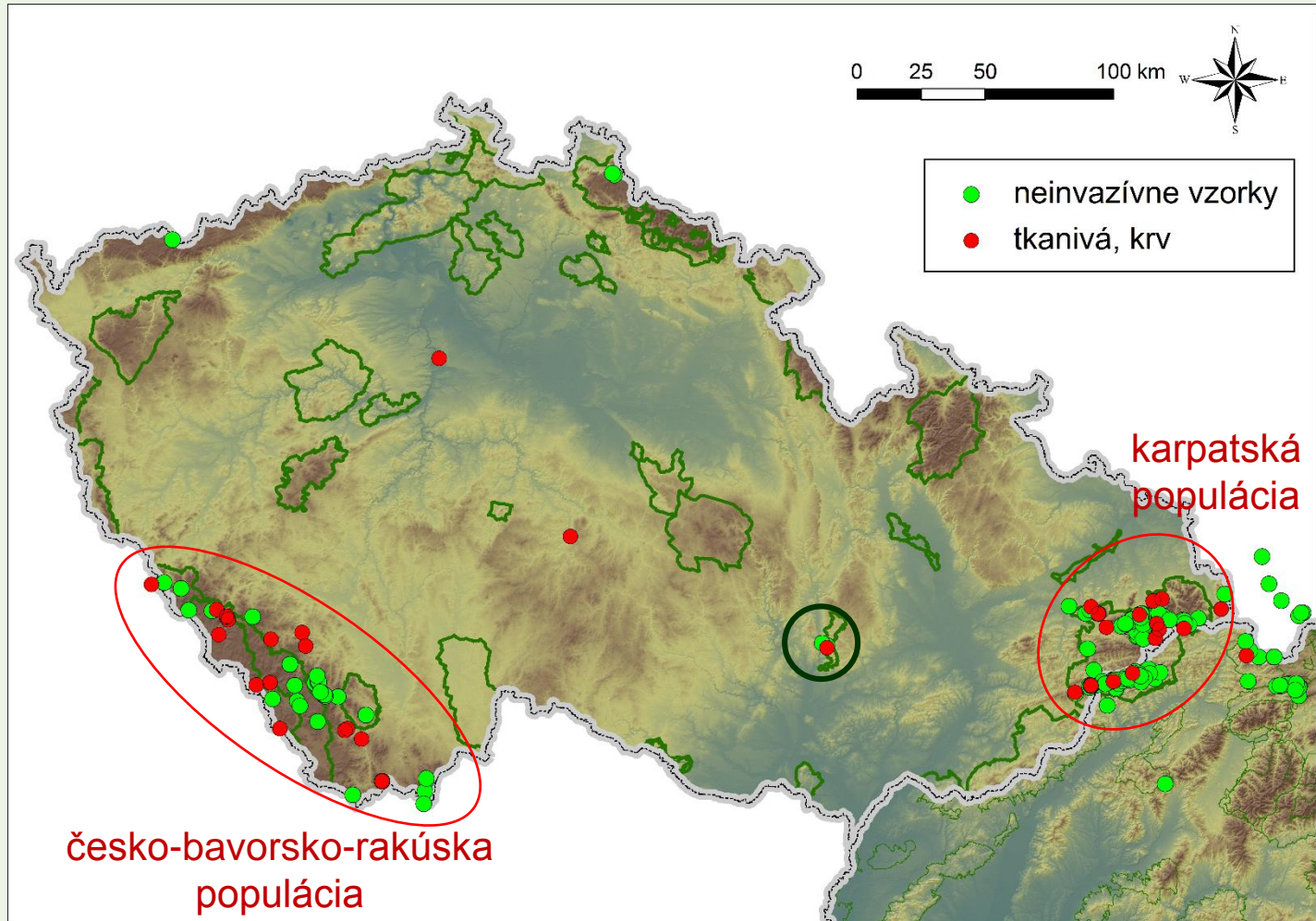


Príbuznosť a inbreeding

- určenie príbuzenských vzťahov, identifikácia potomkov a rodičov
- príbuzenské kríženie môže viesť k prejavu škodlivých mutácií, ktoré sú kódované recesívnymi alelami (**inbredná depresia**)
- výskyt defektov, zníženie plodnosti



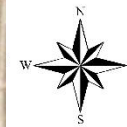
Určenie pôvodu jedinca



Určenie pôvodu jedinca

- september 2016
- CHKO Moravský kras
- pôvod z MS Beskýd
- identifikovaný rodičovský pár

Kryštof ♂



e vzorky



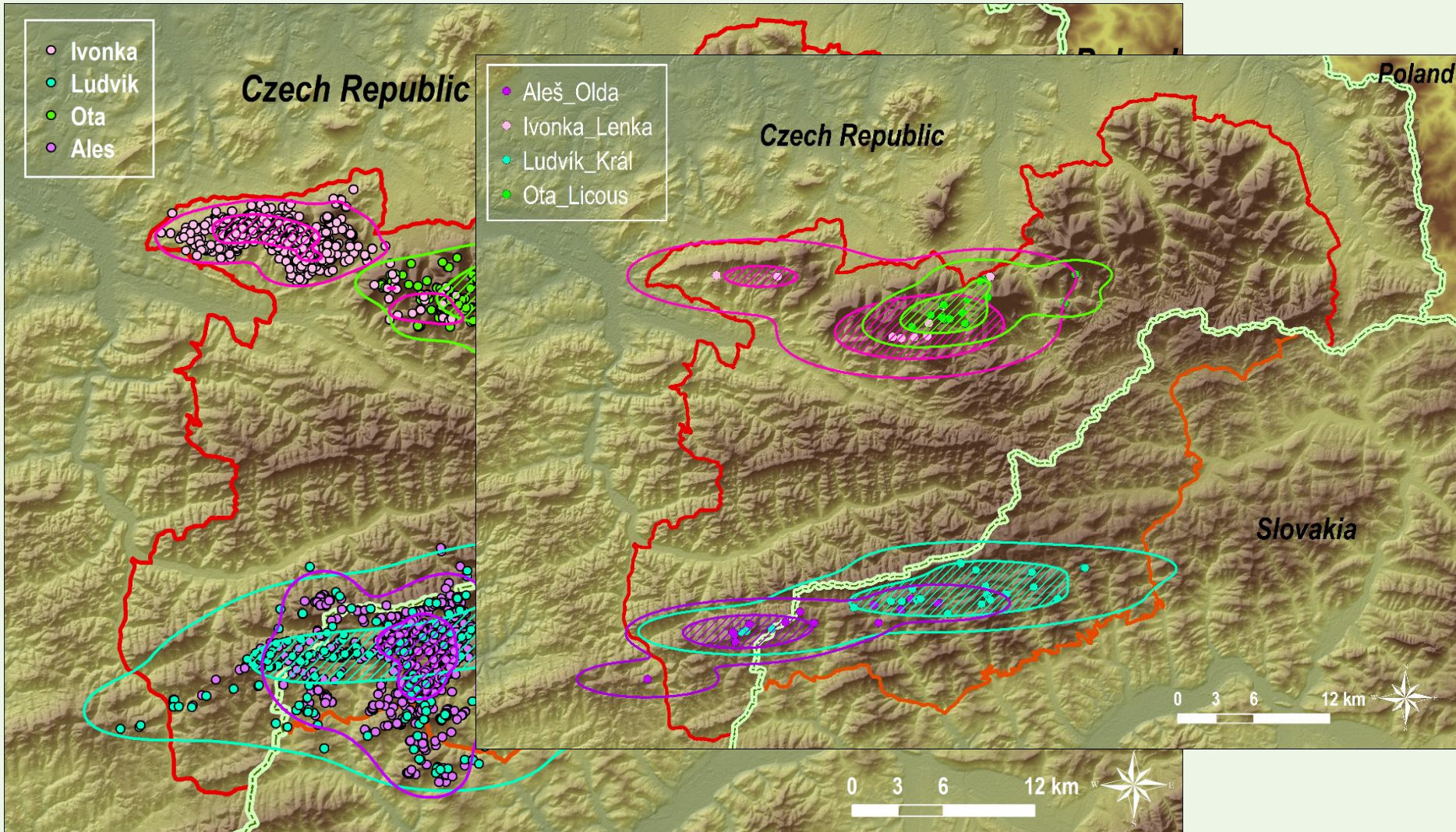
lyonka ♀

karpatská
populácia

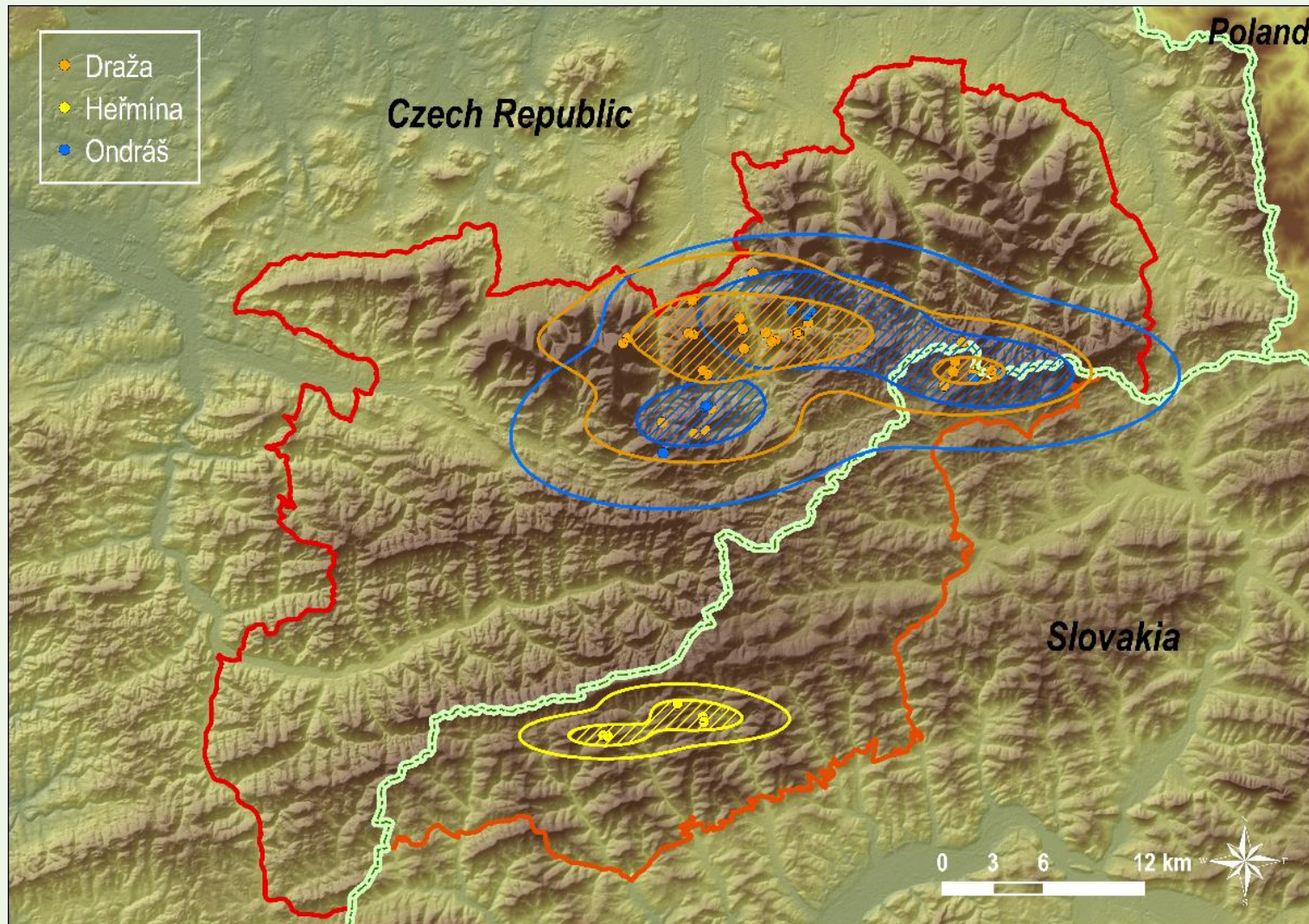
česko-bavorská
populácia



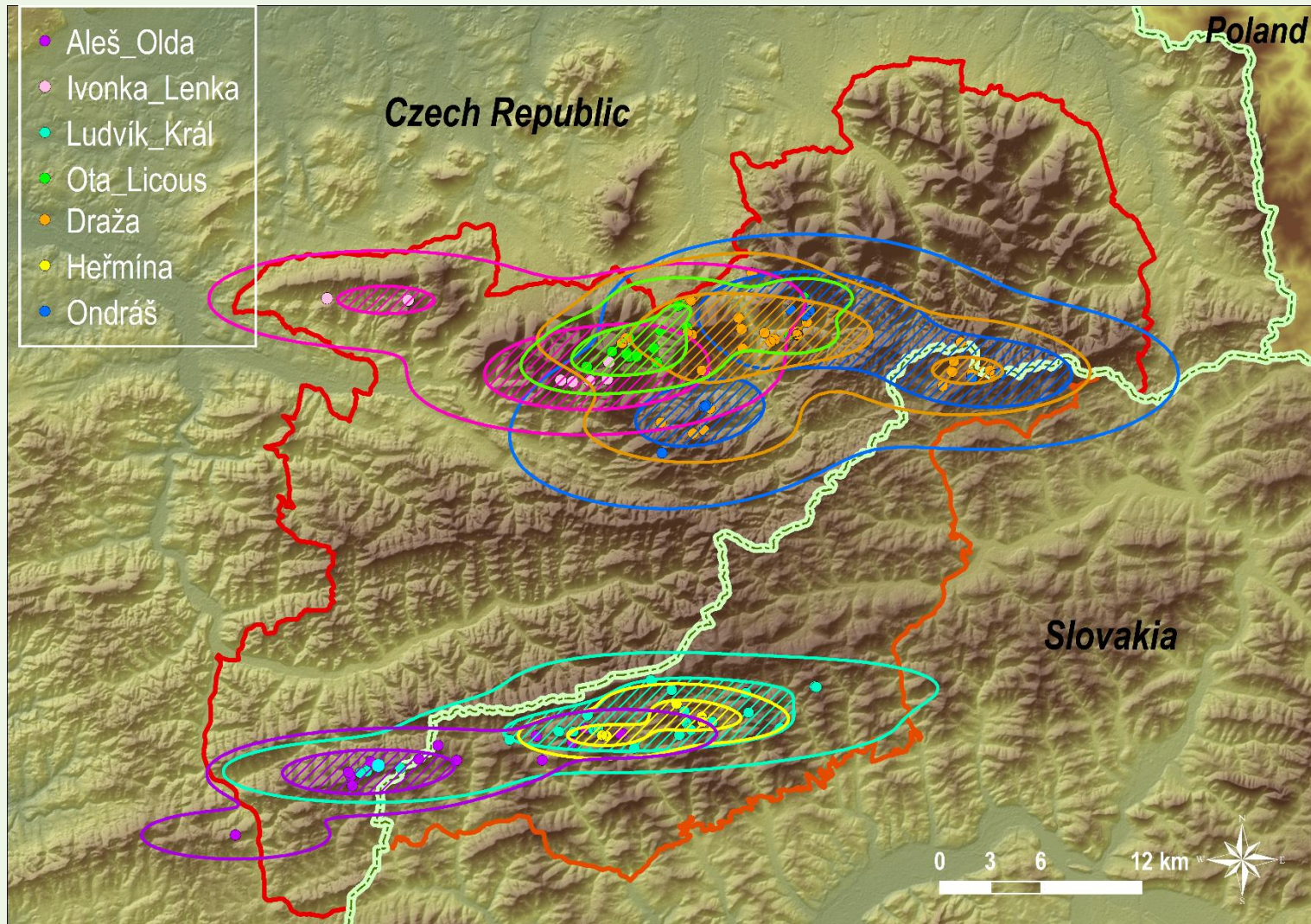
Priestorová aktivita jedincov



Priestorová aktivita jedincov



Priestorová aktivita jedincov

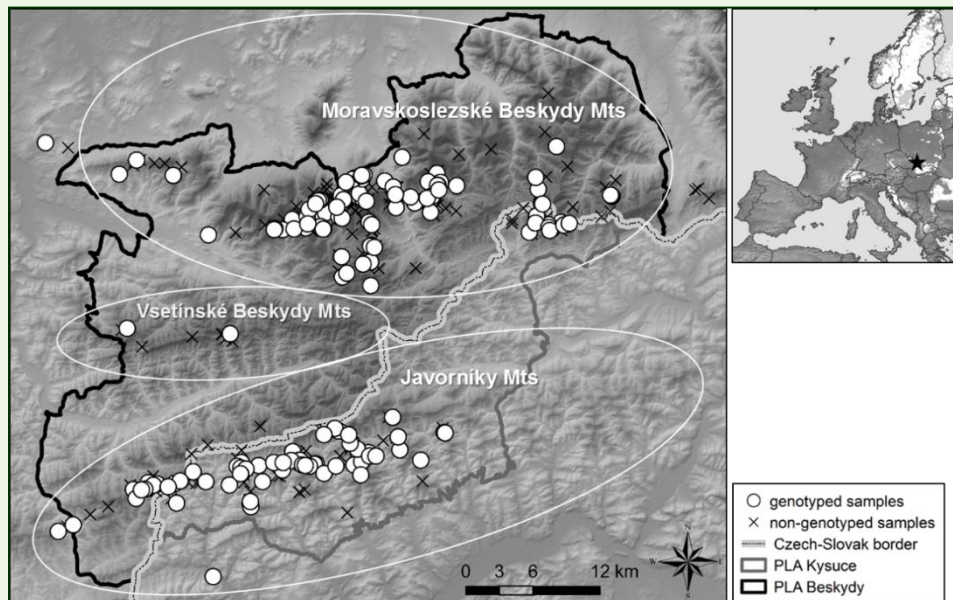


Prvé publikované údaje o ochranárskej genetike rysa v Západných Karpatoch

Genetic constraints of population expansion of the Carpathian lynx at the western edge of its native distribution range in Central Europe

Krojerová-Prokešová et al., 2019. *Heredity* 122:785-799

- genetická analýza hlavne neinvazívnych vzoriek z MS Beskydy a Javorníkov (celkom 454 vzoriek)
- dáta zo siedmich „rysích“ rokov (2009–2016)



Heredity (2019) 122:785–799
<https://doi.org/10.1038/s41437-018-0167-x>

the
geneticssociety

ARTICLE

Genetic constraints of population expansion of the Carpathian lynx at the western edge of its native distribution range in Central Europe

J. Krojerová-Prokešová^{1,2} · B. Turbaková^{1,3} · M. Jelenčík⁴ · M. Bojda⁵ · M. Kutal⁶ · T. Skrbiňšek⁴ · P. Kouček^{1,7} · J. Bryja^{1,3}

Received: 20 August 2018 / Revised: 05 November 2018 / Accepted: 6 November 2018 / Published online: 23 November 2018
© The Genetics Society 2018

Abstract

Even though populations of many large carnivores are expanding throughout Europe, the Eurasian lynx population in the Western Carpathians seems unable to spread beyond the western boundaries of its current distributional range. Many factors, both extrinsic and intrinsic, can influence the potential for range expansion: landscape fragmentation, natal philopatry, low natural fecundity and high mortality, and low and sex-biased dispersal rates. In this study we used non-invasive genetic sampling to determine population size fluctuation, sub-structuring and social organisation of the peripheral lynx population at the Czech–Slovak border. Even though the population size has been relatively stable over the period studied (2010–2016), the individual inbreeding coefficients of residents at the end of the study were much higher than those of founders at the beginning of the study. While non-resident individuals (predominantly males) occurred regularly in the study population, only resident individuals with well-established home ranges participated in breeding and produced offspring. Almost half the offspring detected in the study (predominantly females) settled in or near the natal area. Subsequent incestuous mating resulted in production of inbred individuals, reduction of effective population size of the population, and sub-structuring of the population through formation of two distinct family lineages. Our study illustrates how social constraints, such as territoriality, breeding of residents and natal philopatry of females, lead to incestuous mating in small-sized populations, especially at the periphery of their distribution. This threat should be taken into account in planning of conservation and population recovery of species with similar social structure.

Introduction

These authors contributed equally: J. Krojerová-Prokešová and B. Turbaková

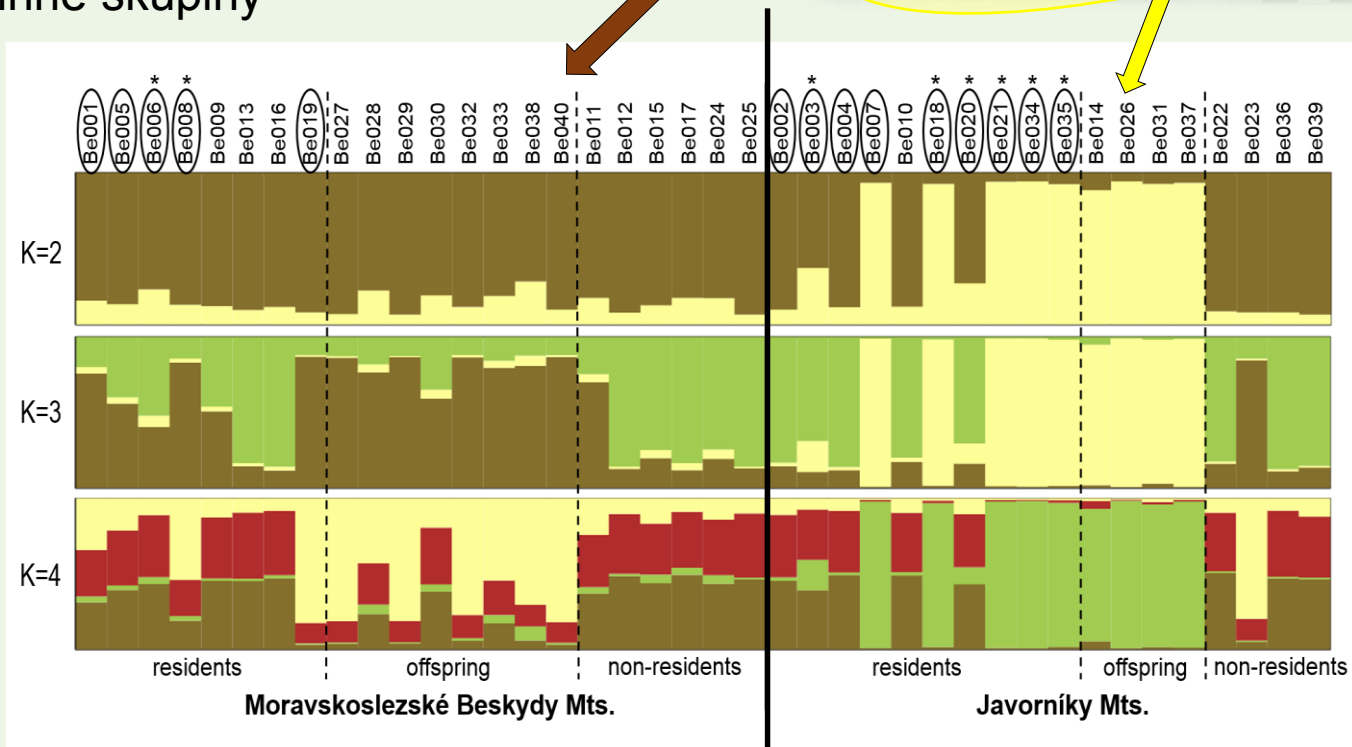
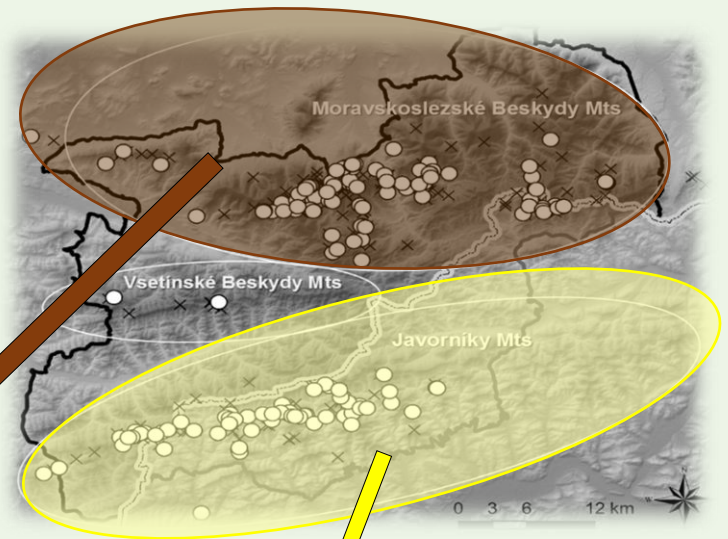
Electronic supplementary material The online version of this article (<https://doi.org/10.1038/s41437-018-0167-x>) contains supplementary material, which is available to authorized users.

✉ J. Krojerová-Prokešová
krojerova@ivb.cz

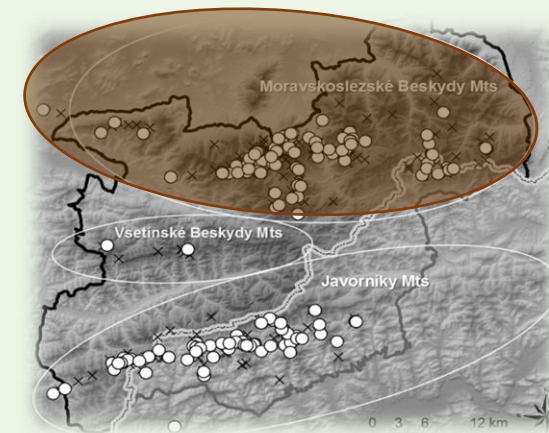
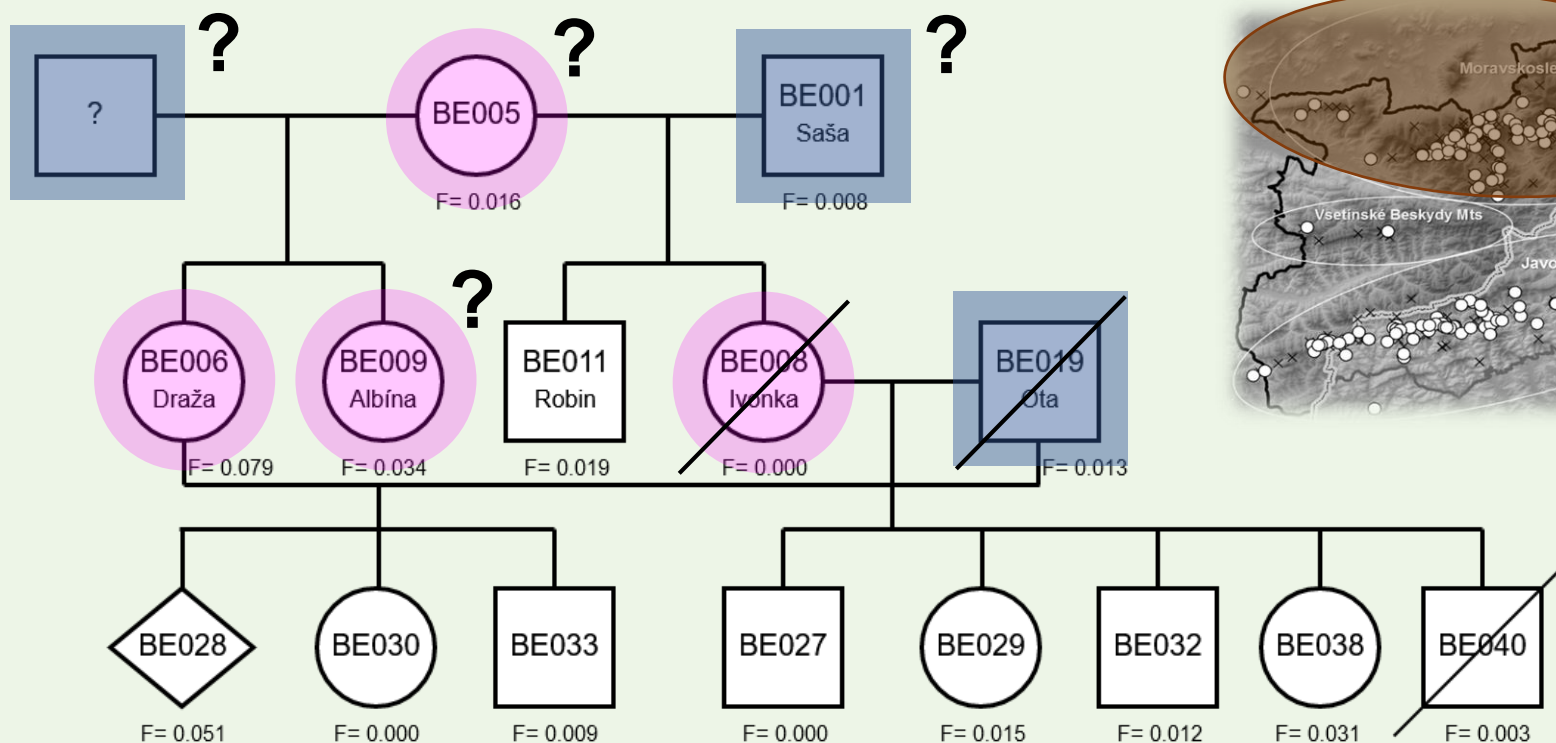
- ¹ Institute of Vertebrate Biology of the Czech Academy of Sciences, Květná 8, 603 65 Brno, Czech Republic
- ² Department of Zoology, Fisheries, Hydrobiology and Aquaculture, Faculty of AgriSciences, Mendel University in Brno, Zemědělská 1, 613 00 Brno, Czech Republic
- ³ Department of Botany and Zoology, Faculty of Science, Masaryk University, Kotlářská 2, 611 37 Brno, Czech Republic
- ⁴ Department of Biology, Biotechnical Faculty, University of

Ljubljana, Večna pot 111, 1000 Ljubljana, Slovenia
⁵ Friends of the Earth Czech Republic, Olomouc branch, Dolní náměstí 38, 779 00 Olomouc, Czech Republic
⁶ Department of Forest Ecology, Faculty of Forestry and Wood Technology, Mendel University in Brno, Zemědělská 3, 613 00 Brno, Czech Republic
⁷ Department of Forest Protection and Game Management, Faculty of Forestry and Wood Sciences, Czech University of Life Sciences Prague, Kamýcká 1176, 165 21 Prague 6-Suchbát, Czech Republic

- identifikovaných 40 jedincov
- imigranti (10 ♂, 2 ♀, 1x neurčené pohlavie)
- 4 ♂ sa usadili (HR) ale len 1 (Ota) sa zapojil do rozmnožovania
- filopatria potomkov:
 - samice: 8 zo 14(12) - (57%)
 - samci: 1 zo 7 (14%)
- dve rodinné skupiny



Situácia v Moravskoslezských Beskydách



□ samec

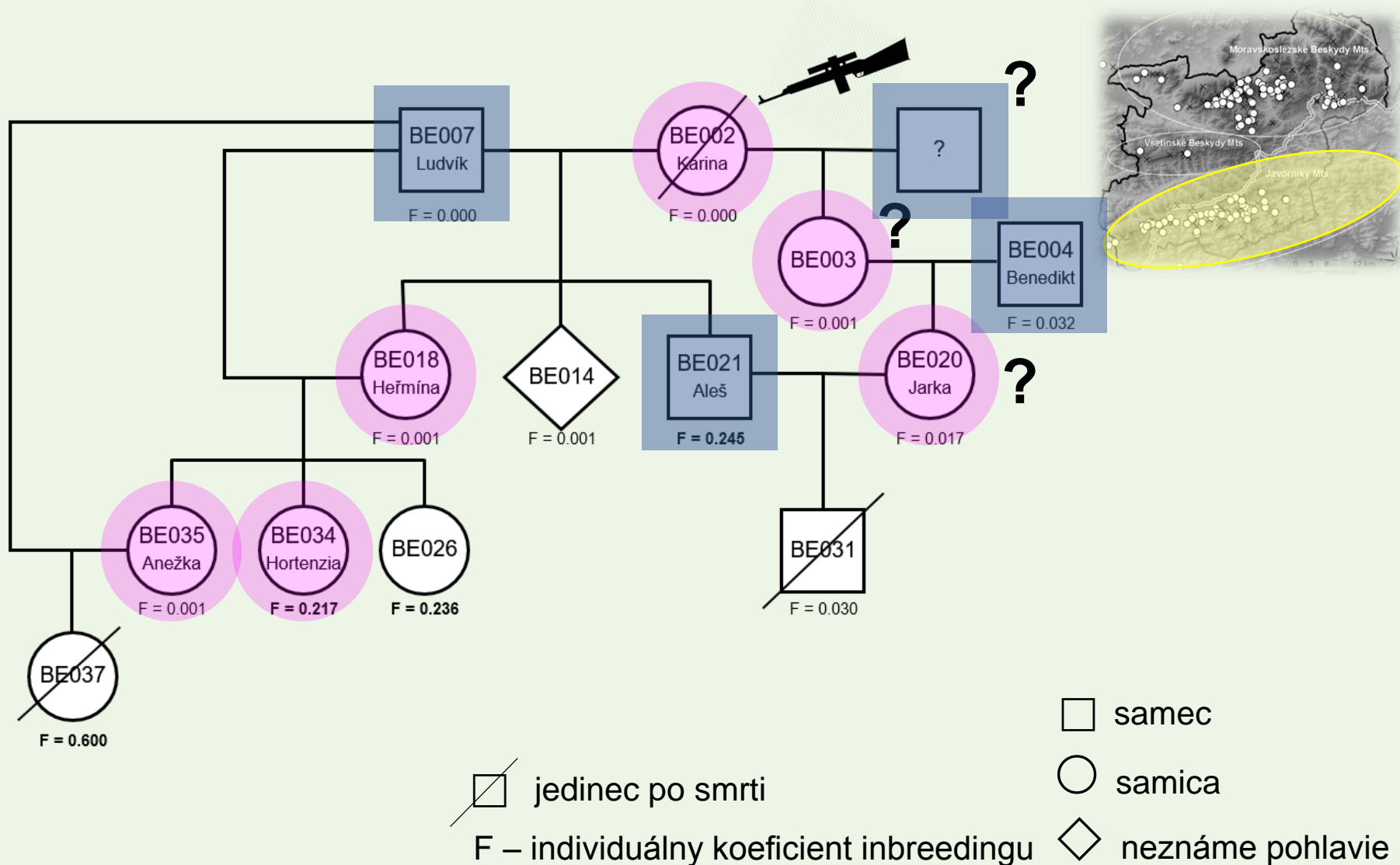
○ samica

◇ neznáme pohlavie

◻ jedinec po smrti

F – individuálny koeficient inbreedingu

Situácia v Javorníkoch



Odhad veľkosti populácie

- metóda Capwire (v prostredí R) – štatistický odhad veľkosti populácie na základe spätných odchytov v podobe nájdených neinvazívnych genetických vzoriek

rysí rok*	počet jedincov	rezidentní dospelci	N (95 % CI) všetci jedinci	N (95 % CI) rezidentní dospelci
2009/10	2	2	-	-
2010/11	7	6	9 (7-14) ^E	8 (6-12) ^E
2011/12	9	6	10 (9-12) ^E	6 (6-12) ^E
2012/13	15	10	20 (15-30) ^T	10 (10-12) ^T
2013/14	16	9	26 (20-32) ^T	9 (9-11) ^T
2014/15	10	8	15 (12-24) ^T	9 (8-13) ^T
2015/16	9	4	12 (9-18) ^E	4 (4-10) ^E
2009/16	40	18	15 (12-22) [*]	8 (7-12) [*]

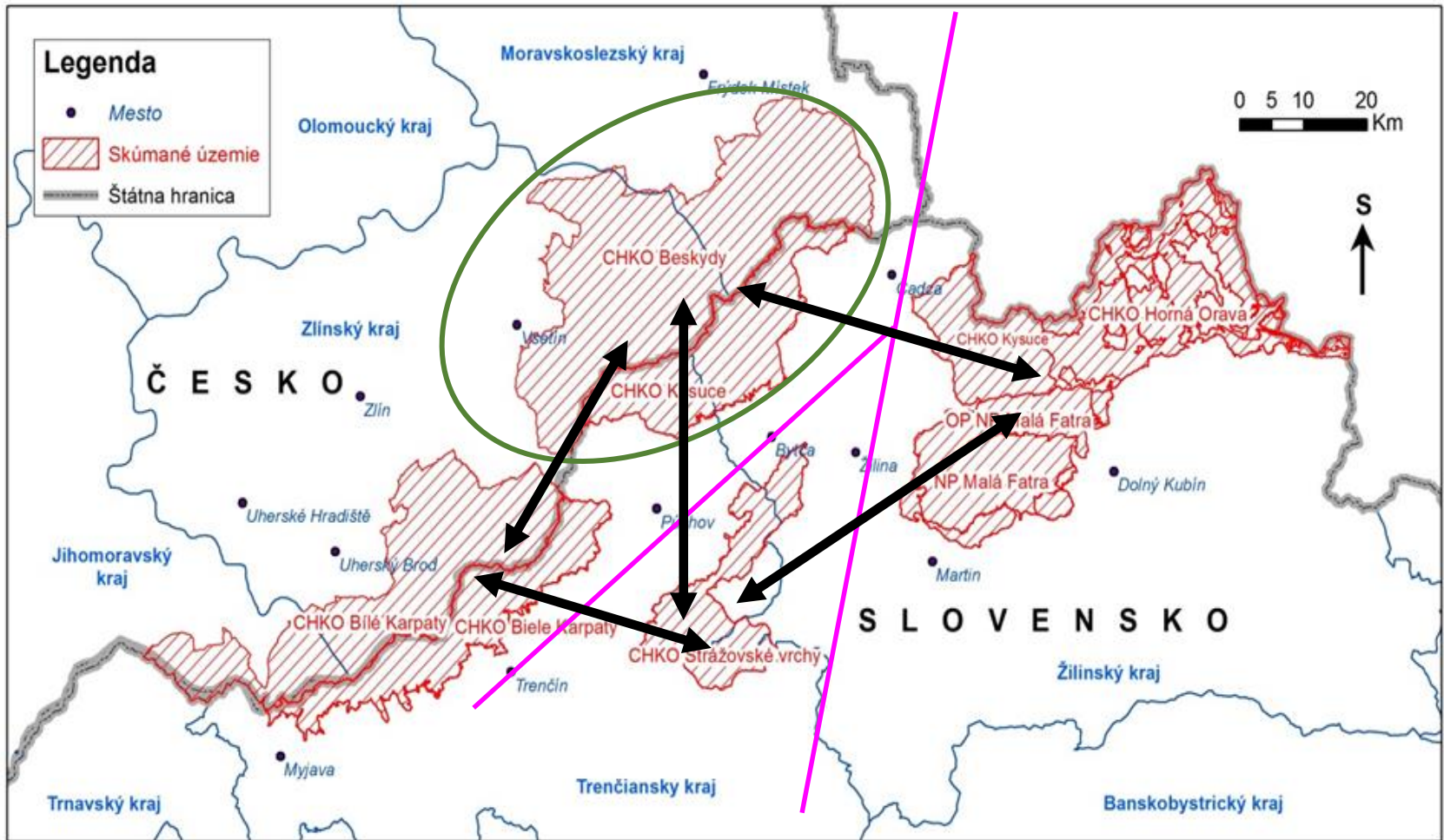
Situácia na okraji areálu výskytu rysa

- populácia rysa v MS Beskydách a Javorníkoch nie je geograficky izolovaná → **Odkiaľ a kadiaľ prichádzajú noví jedinci?**
- do reprodukcie sa zapojili len niektorí teritoriálni jedinci
- vysoká filopatria potomkov hlavne samíc zvyšuje príbuzenské kríženie a znižuje genetickú variabilitu
- početnosť stála, ale vysoká fluktuácia jedincov (len 6 rysov zo 40tich bolo pozorovaných po dobu > 4 roky)

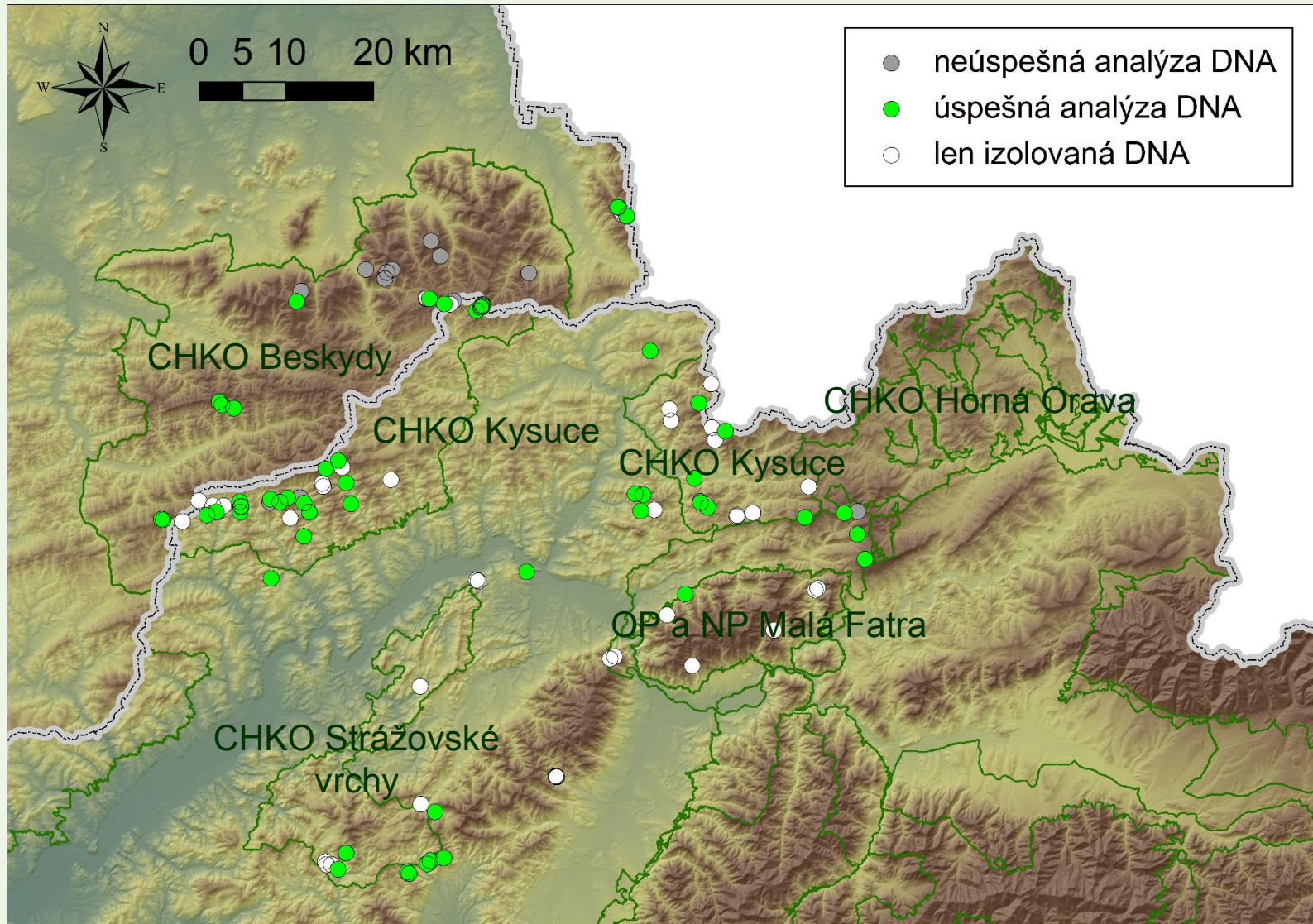


Je to dôsledok antropogénneho tlaku na populáciu rysa (pytliactvo, mortalita na cestách)? Aká je situácia v iných oblastiach výskytu?

Projekt Šelmy SKCZ



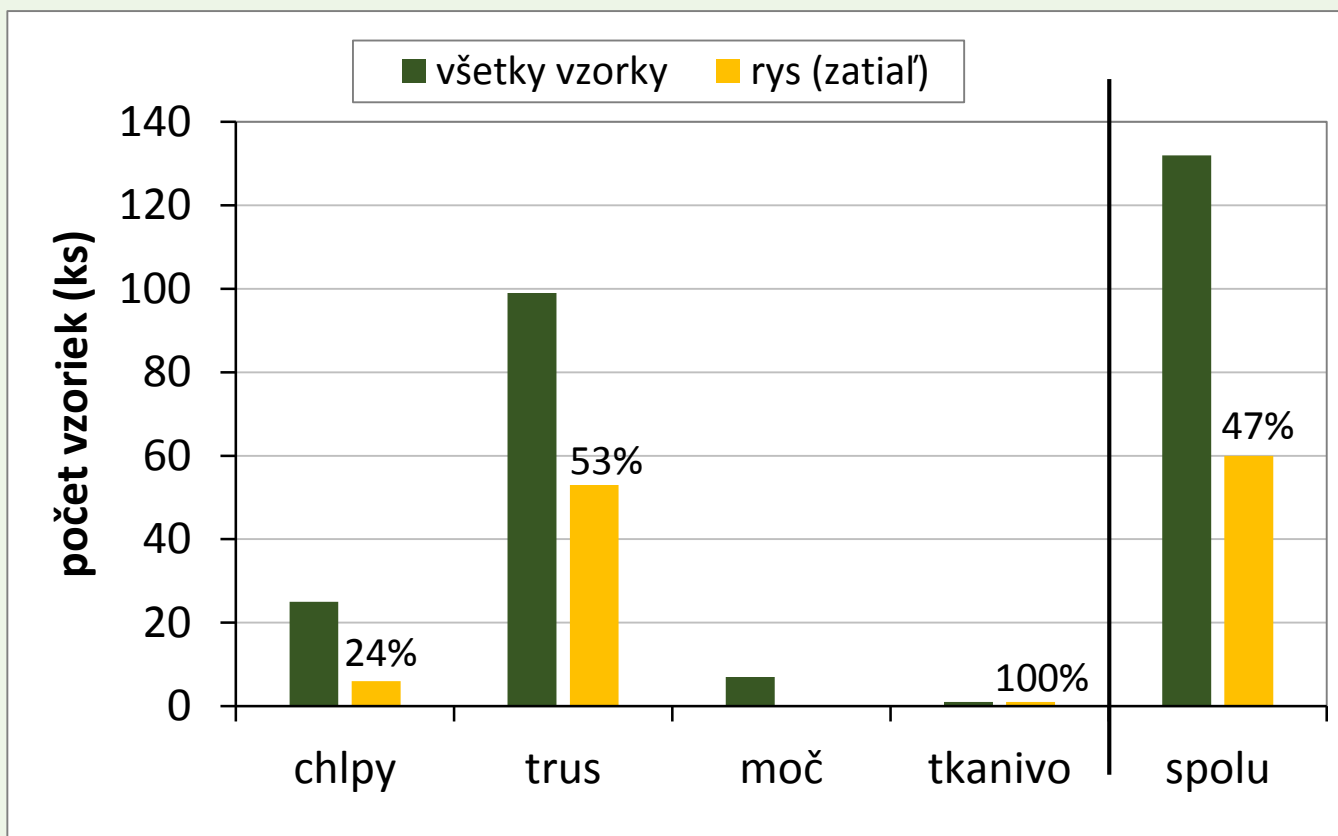
Zber neinvazívnych vzoriek



Zber neinvazívnych vzoriek

oblasť	počet vzoriek	genotyp rýsa (zatial')	úspešnosť (zatial')
Vsetínské vrchy	5	4	80 %
Moravskoslezské Beskydy	31	10	32 %
Slezské Beskydy	6	3	50 %
Javorníky	48	23	48 %
Kysucké Beskydy, Kysucká vrchovina	8	7	87.5 %
Oravská Magura	6	5	83 %
Malá Fatra	14	2	14 %
Strážovské vrchy	15	9	60 %
spolu	133	63	47 %

Zber neininvazívnych vzoriek



Pod'akovanie:

Správa CHKO Beskydy

Dana Bartošová

František Jaskula

Mapovatelia

Mária Apfelová

Michal Bojda

Radek Červenka

Peter Drengubiak

Martina Dušková

Martin Duľa

Tomáš Flajs

Martin Gendiar

L. Hrdý

Lukáš Jonák

Petr Konupka

Ján Korňan

Martin Kraus

Leona Kutalová

Miroslav Kutal

Jiří Labuda

Beňadik Machciník

Richard Pekara

Peter Pecík

Martin Špilák

Barbora Telnarová

Vlado Trulík

Martin Váňa

Gabriela Váňová

Josefa Volfová

Ďakujeme
za pozornosť!

Finančne podporené:

Operační program ŽP, SFŽP, AOPK ČR
(projekt č. 9028766)

EEA grant (EHP-CZ02-OV-1-022-2015)

Program švýcarsko-české spolupráce
Internatinal Visegrad Fund

Interreg V-A SK-CZ (304021D016)
Moravskoslezský kraj