



Výskum karpatskej populácie rysa ostrovida a vlka dravého s využitím neinvazívneho genetického monitoringu a múzejných exponátov

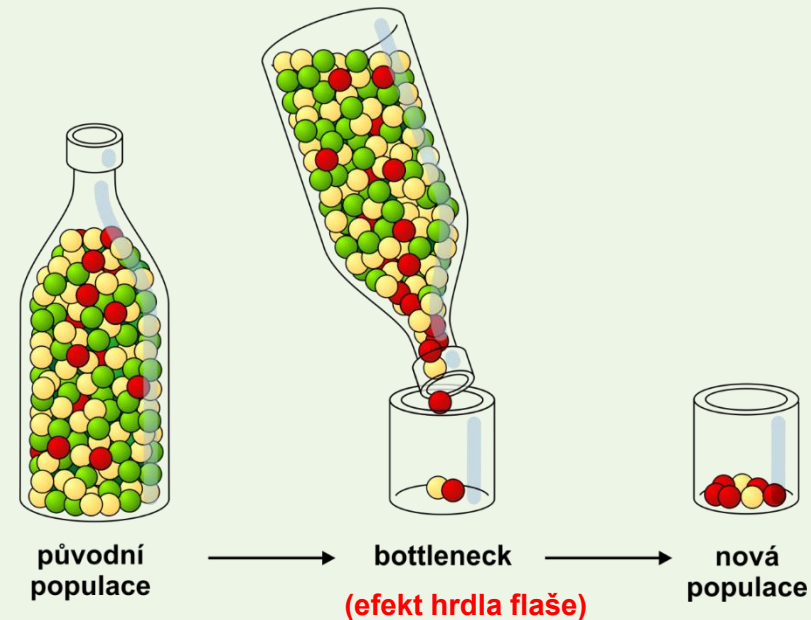
Jarmila Krojerová, Barbora Turbaková, Miroslava Barančeková,
Petr Koubek

&

Bojda Michal, Duľa Martin, Drengubiak Peter, Hrdý Ľuboslav, Kutal Miroslav,
Labuda Jiří, Machciník Beňadik a ďalší

Zmeny genetickej variability v čase

- genetická diverzita - súčasť biodiverzity (Dohovor o biologickej diverzite, 1993)
- strata genetickej diverzity - strata schopnosti sa adaptovať, prispôbiť sa meniacim sa podmienkam
- dôraz na monitoring zmien genetickej diverzity - zhodnotenie ochranných a managementových opatrení
- genetická variabilita je ovplyvnená viacerými faktormi:
 - biologické charakteristiky druhu (distribúcia, schopnosť disperzie, spôsob rozmnožovania, generačná doba)
 - vplyv človeka (fragmentácia krajiny, lov)
 - evolučné procesy (genetický drift, mutácie, selekcia)



Genetická variabilita u radu Carnivora

- nízka genetická diverzita u radu Carnivora - výsledok evolúcie (vrcholový predátori - nízka početnosť) a dlhodobého antropogénneho tlaku na ich populácie

Napr. u rysa iberského (*Lynx pardinus*) nízka genetická variabilita posledných 50 tis. rokov (Rodríguez et al. 2011)



- nedávna strata genetickej variability – väčšia zraniteľnosť populácie/druhu

Ochranárska genetika rysa a vlka v Karpatoch

- výskum ochranárskej genetiky rysa a vlka v Karpatoch od roku 2009
- dlhodobý monitoring hlavne v Západných Karpatoch ale aj rysia BBA populácia
- význam študovať zdrojovú karpatskú populáciu rysa vo vzťahu k reintrodukovaným populáciám v západnej a strednej Európe



Aktuálny projekt:

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



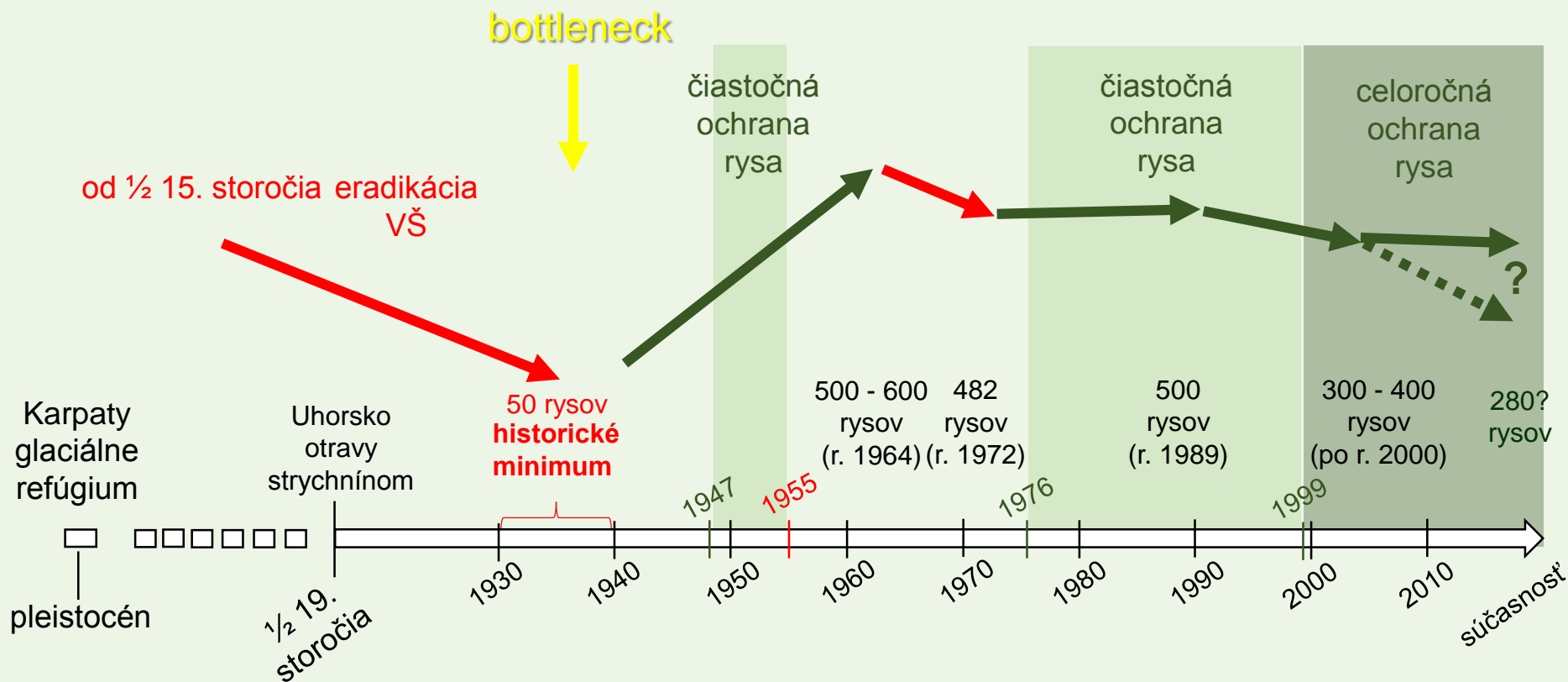
INTERREG V-A
SLOVENSKÁ REPUBLIKA
ČESKÁ REPUBLIKA



EURÓPSKA ÚNIA
EURÓPSKY FOND
REGIONÁLNEHO ROZVOJA

SPOLOČNE BEZ HRANÍC

Populácia rýsa ostrovida na Slovensku



Lov

1892 - 1909	15-32 ks/rok
1924 - 1929	18 ks/rok - klesajúci trend
1955 - 1971	72 ks/rok
1988 - 1992	111 ks /rok

1892, 1894 - 1905 a 1909	320 ks/12 let	27 ks/rok
1955 - 2001	3 184 ks/za 46 let	70 ks/rok

Populácia vlka dravého na Slovensku

od ½ 15. storočia
eradikácia
vŠ

bottleneck

lov neobmedzený,
peňažné odmeny

bottleneck

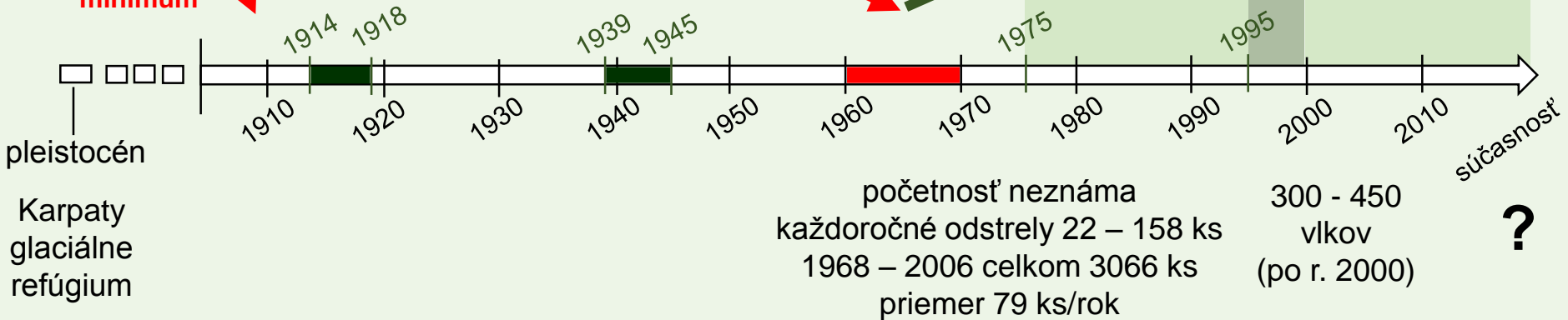
bottleneck

lov
neobmedzený
doba lovu
15.09. – 28.02.

doba lovu
01.11. – 15.01.,
resp. 1.10 –
31.1. (do 2009)
lovné kvóty

historické
minimum

celoročná
ochrana



Muzeálne zbery

- vzorkovanie hlavne v rokoch 2016-2018
- zbierky/depozitáre v ČR a SR
- odber genetického materiálu z rôznych typov exponátov
- pôvod hlavne Karpaty
ale tiež Rusko, Škandinávia, Šumava



Materiál a metodika – zber vzoriek

Navštívené depozitáre/zbierky v Českej republike:

1. Národní muzeum Praha (**doc. RNDr. Petr Benda, Ph.D.**)
2. Slezské muzeum v Opavě (**Mgr. Martin Gajdošík, Ph.D.**)
3. Zbierky Ústavu biologie obratlovců AV ČR, v.v.i., Brno

Navštívené depozitáre/zbierky na Slovensku:

1. Slovenské národné múzeum – Prírodovedné múzeum, Bratislava (**Mgr. Ján Kautman**)
2. Považské múzeum, Žilina-Budatín (**RNDr. Ladislav Hlôška, Ph.D.**)
3. Múzeum vo Svätom Antone (**Ing. Erik Petrikovič**)
4. Šarišské múzeum Bardejov (**Mgr. Tomáš Jászay, PhD.**)
5. Slovenské múzeum ochrany prírody a jaskyniarstva, Liptovský Mikuláš (**Mgr. Alena Lenková**)
6. Múzeum štátnych lesov TANAPu, Tatranská Lomnica (**Ing. Gabriela Chovancová PhD.**)

+ **súkromné zbierky poľovníkov a preparátorov**

Výsledky

- pokryté obdobie od roku 1948 do súčasnosti (rys, mačka)
- u vlka i staršie (Frič, NM Praha) ale bez lokalizácie – Slovensko, Ukrajina

typ vzorky	<i>Lynx lynx</i>			<i>Canis lupus</i>	<i>Felis silvestris</i>
	vzorky	genotyp	úspešnosť (%)	vzorky	vzorky
lebka	193	145	75.1	141	159
kostra	8	6	75.0	7	45
koža	9	7	77.8	1	8
dermoplast	2	-	-	-	-
spolu	212	158	74.5	149	212

- úspešnosť vyššia ako u neinvazívnych vzoriek (40 – 50 %)

Výsledky

zdroj vzoriek	<i>Lynx lynx</i>			<i>Canis lupus</i>	<i>Felis silvestris</i>
	vzorky	genotyp	úspešnosť (%)	vzorky	vzorky
NM Praha	16	6	37.5	24	11
Slezské muzeum Opava	17	15	88.2	3	10
ÚBO AV ČR Brno	43	29	67.4	17	77
SNM Bratislava	3	3	100.0	7	12
Považské múzeum Budatín	22	17	77.3	6	16
Múzeum vo Svätom Antone	6	6	100.0	2	10
Šarišské múzeum Bardejov	73	51	69.9	57	63
Slovenské múzeum ochrany prírody a jaskyniarstva	7	7	100.0	15	10
Múzeum Štátnych lesov TANAPu	4	3	75.0	7	3
súkromné zbierky v ČR a SR	21	21	100.0	11	0
spolu	212	158	74.5	149	212

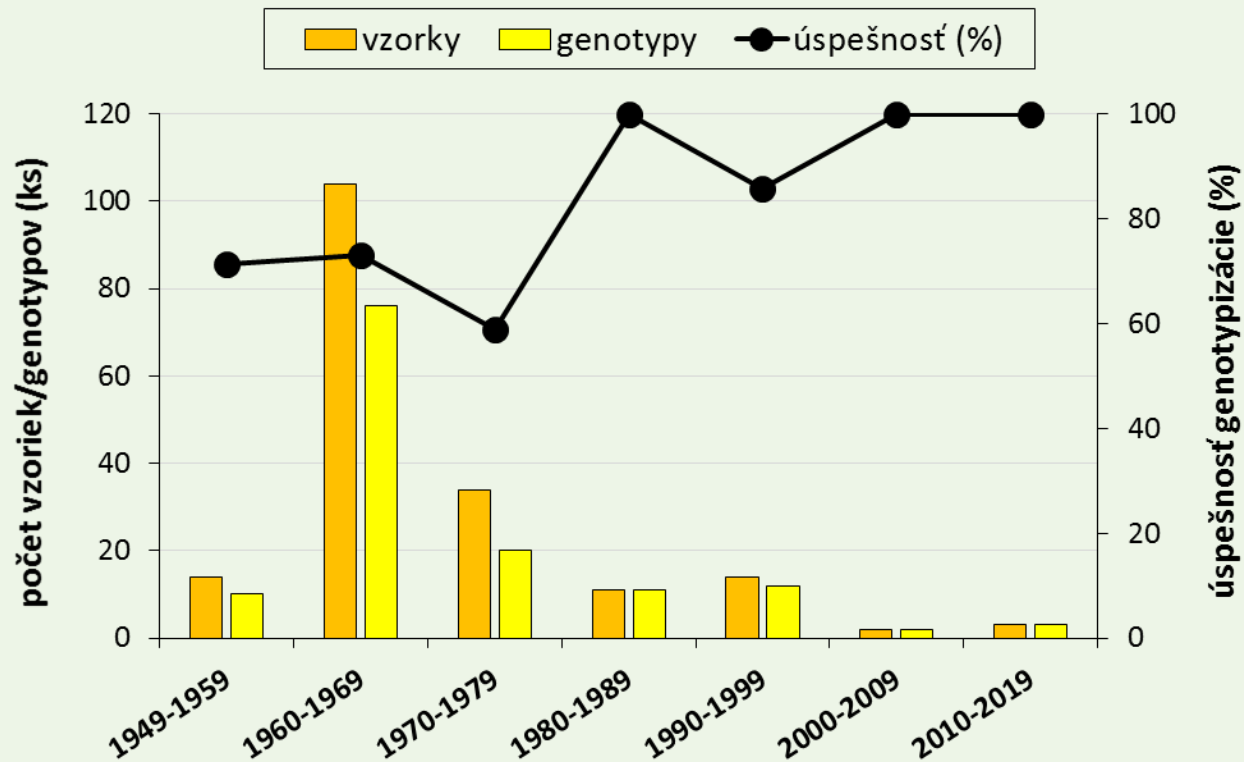
Výsledky

- pôvodná karpatská populácia rysa ostrovida (Slovensko, Beskydy)
- pomer pohlaví 77 ♂: 63 ♀

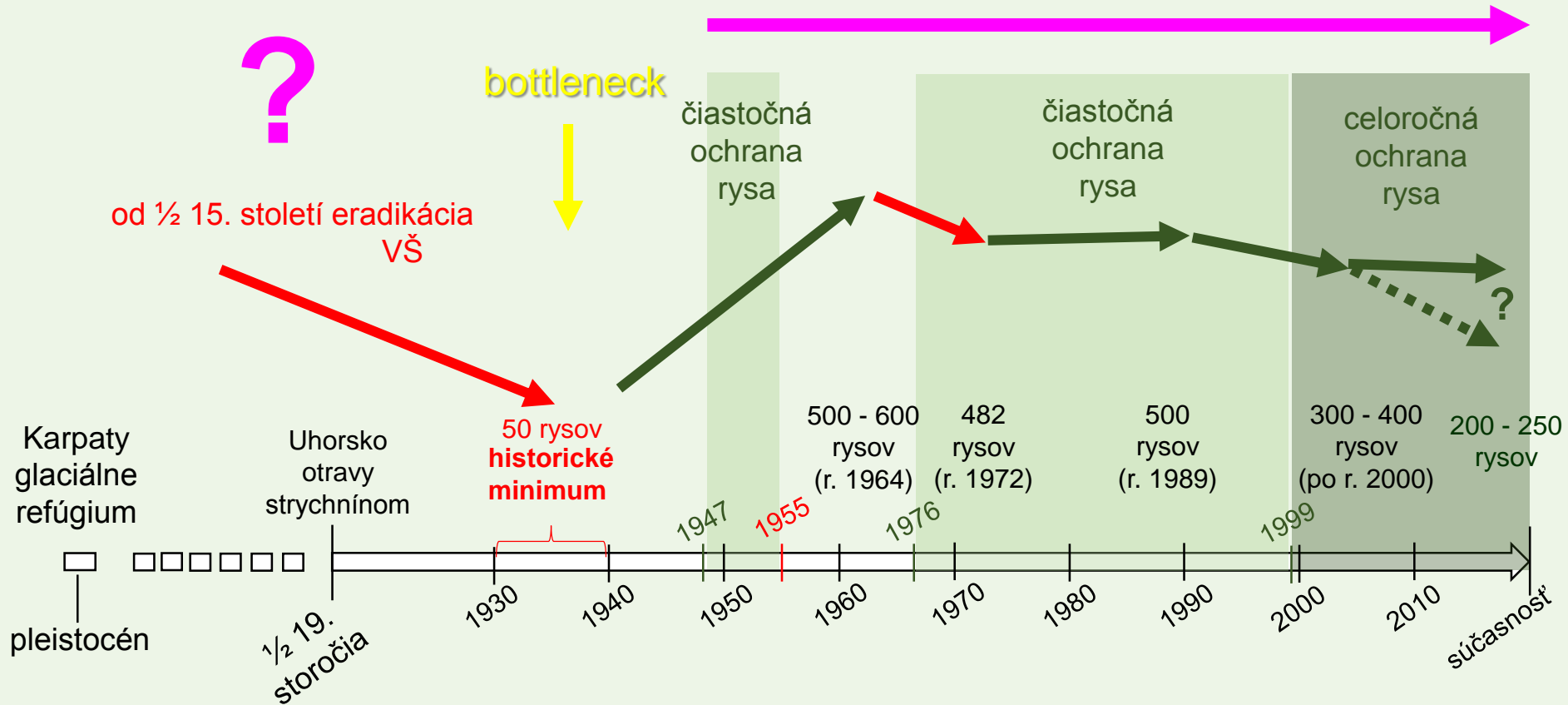
obdobie	vzorky	genotypy	úspešnosť (%)
1930-1939	1	-	-
1949-1959	14	10	71.4
1960-1969	104	76	73.1
1970-1979	34	20	58.8
1980-1989	11	11	100.0
1990-1999	14	12	85.7
2000-2009	2	2	100.0
2010-2013	3	3	100.0
bez časového údajja	7	6	85.7
celkom	190	140	73.7

Výsledky

- pôvodná karpatská populácia rysa ostrovida (Slovensko, Beskydy)



Populácia rýsa ostrovida na Slovensku



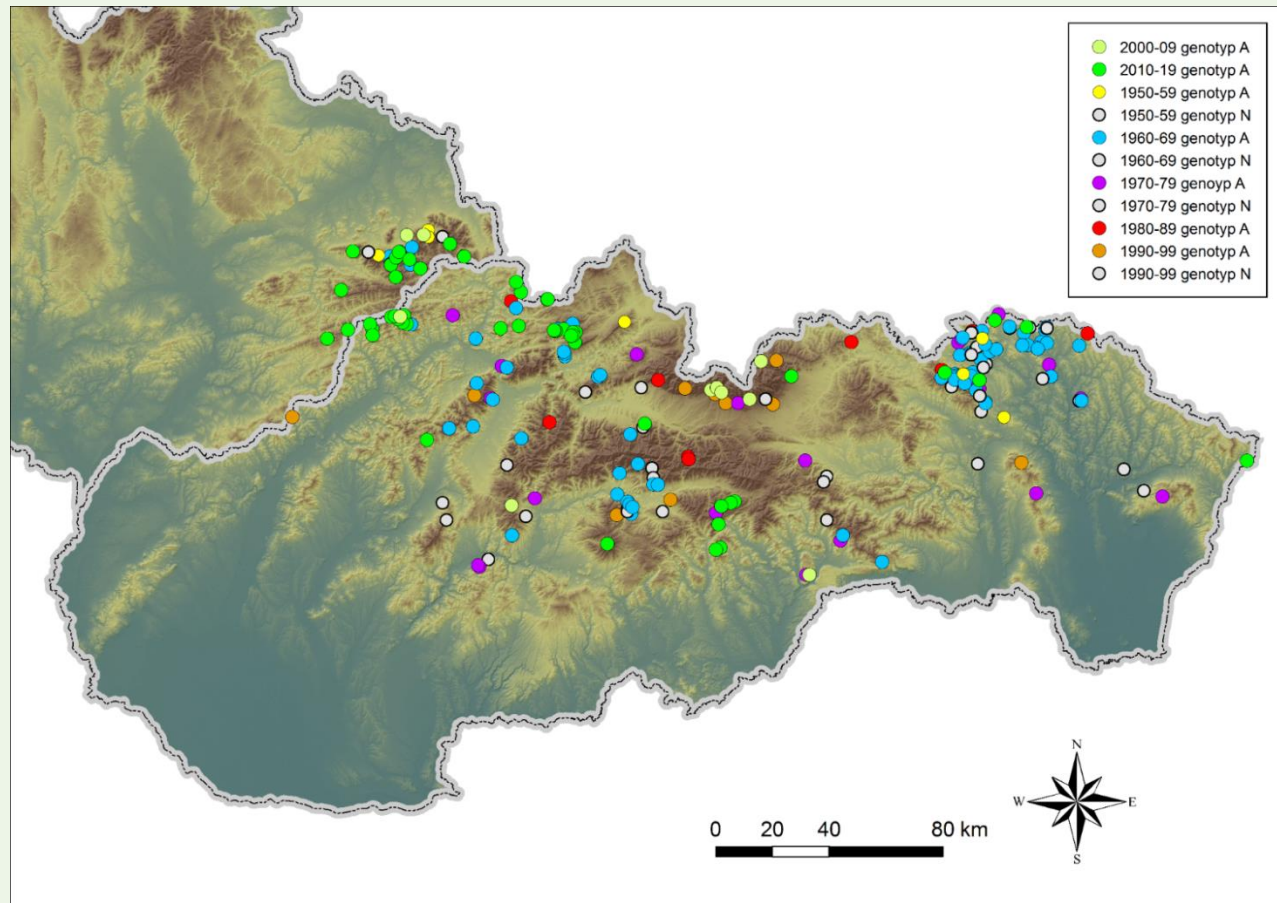
Lov

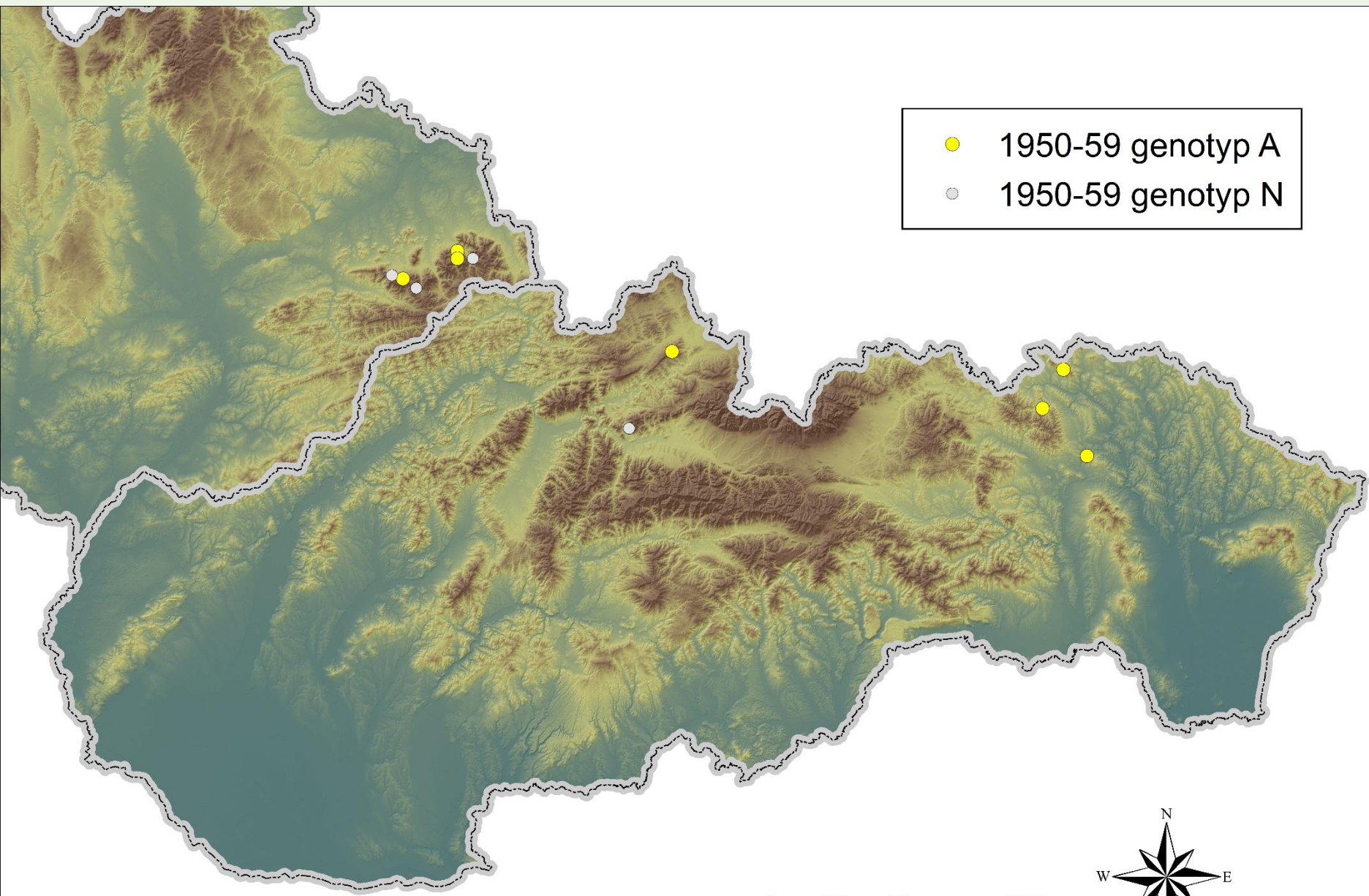
1892 - 1909	15-32 ks/rok
1924 - 1929	18 ks/rok - klesajúci trend
1955 - 1971	72 ks/rok
1988 - 1992	111 ks /rok

1892, 1894 - 1905 a 1909	320 ks/12 let	27 ks/rok
1955 - 2001	3 184 ks/za 46 let	70 ks/rok

Výsledky

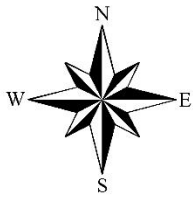
- pôvodná karpatská populácia rýsa ostrovida (Slovensko, Beskydy) – priestorová distribúcia vzoriek

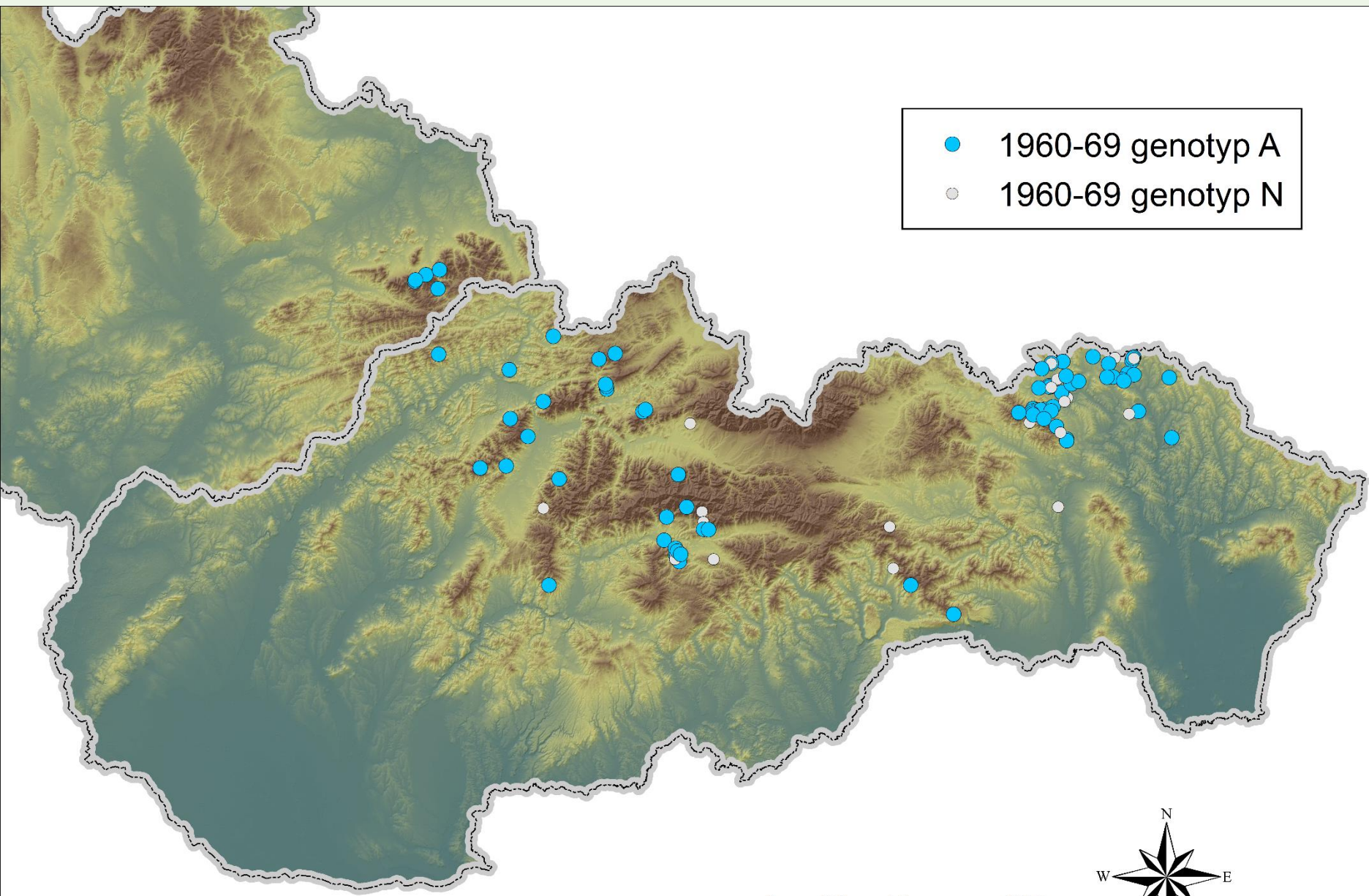




- 1950-59 genotyp A
- 1950-59 genotyp N

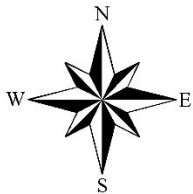
0 20 40 80 km

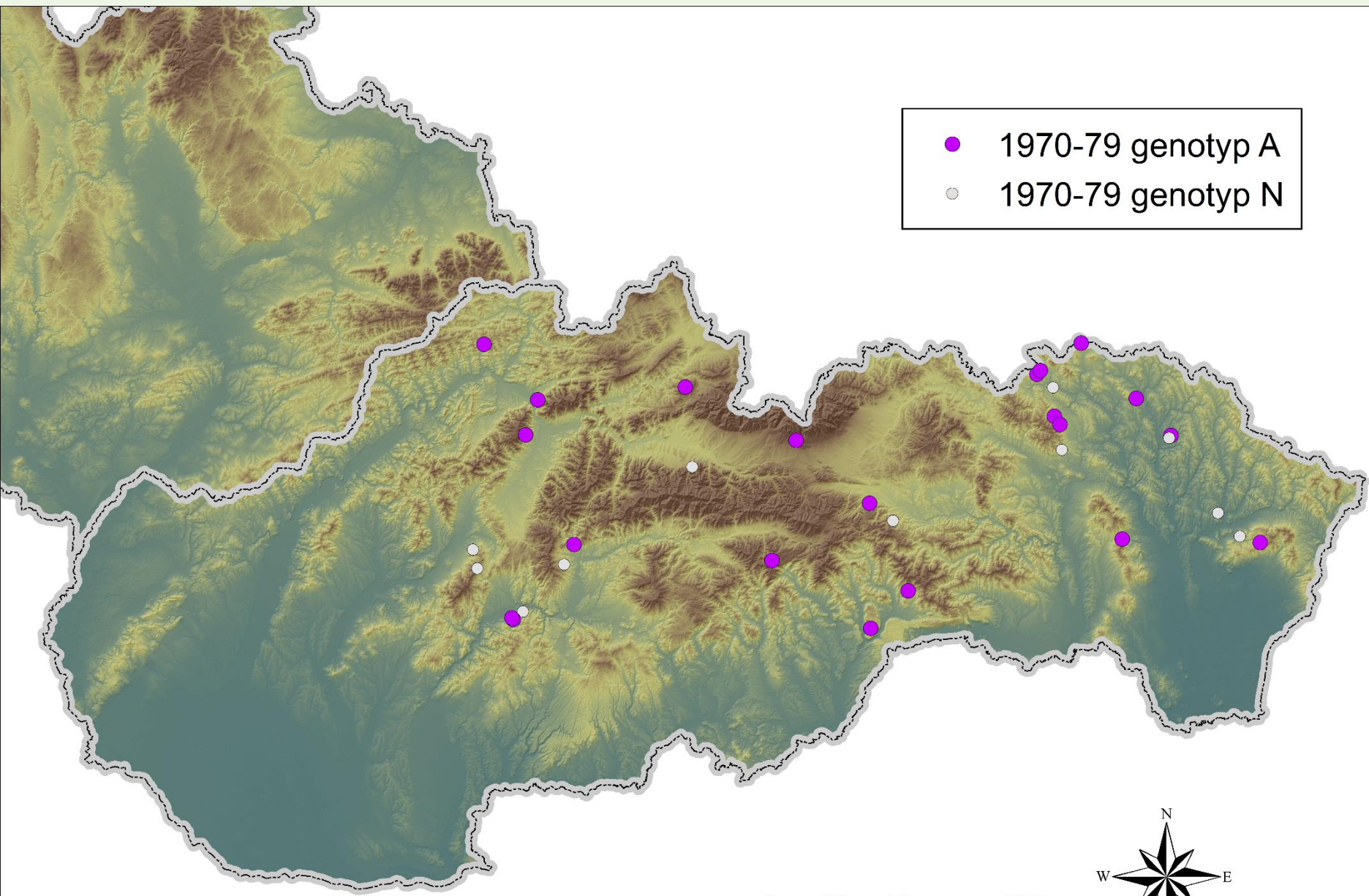




- 1960-69 genotyp A
- 1960-69 genotyp N

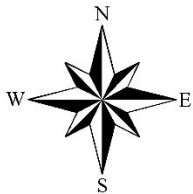
0 20 40 80 km

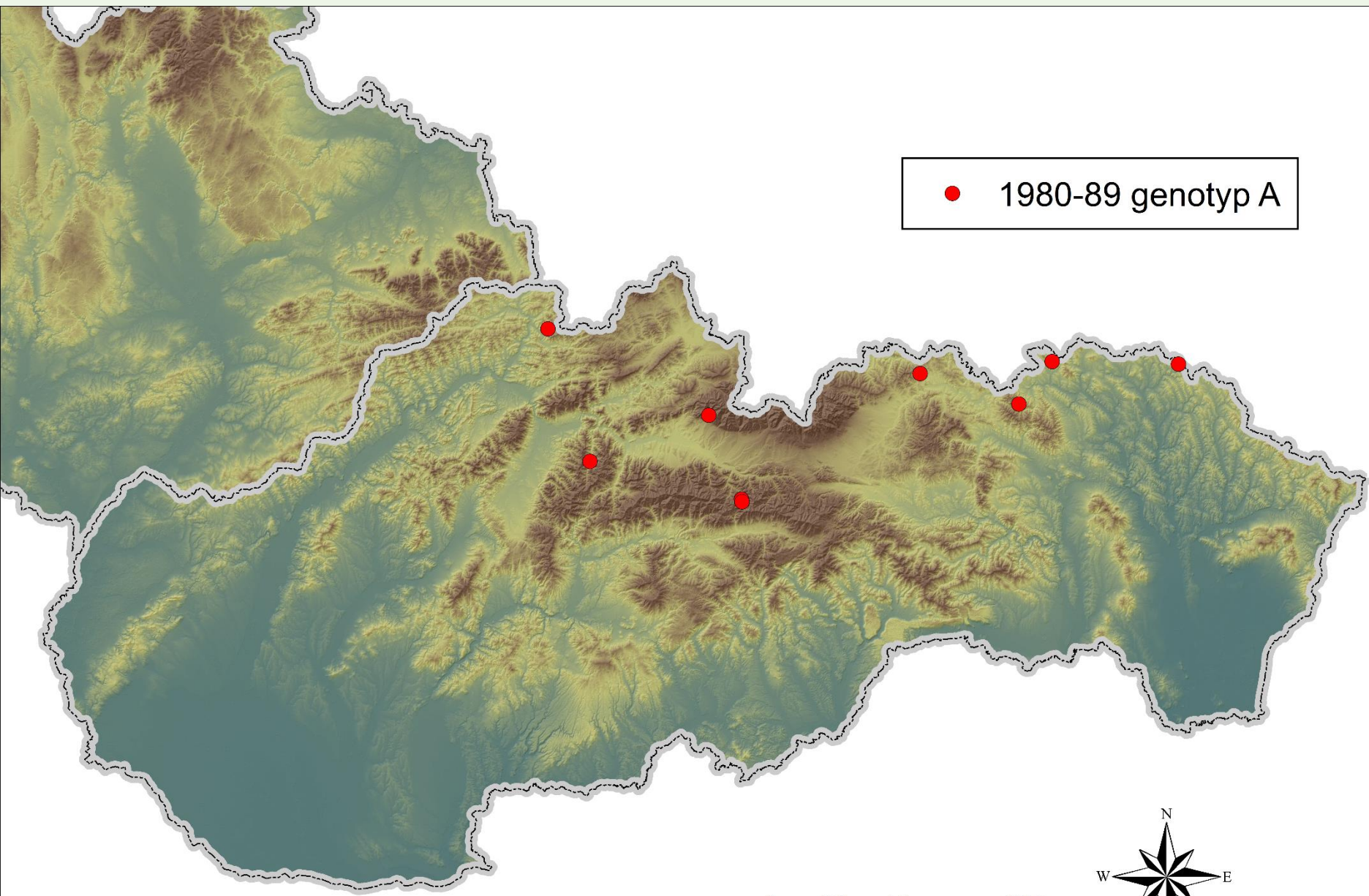




- 1970-79 genotyp A
- 1970-79 genotyp N

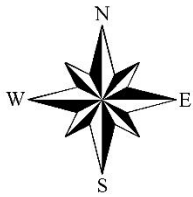
0 20 40 80 km

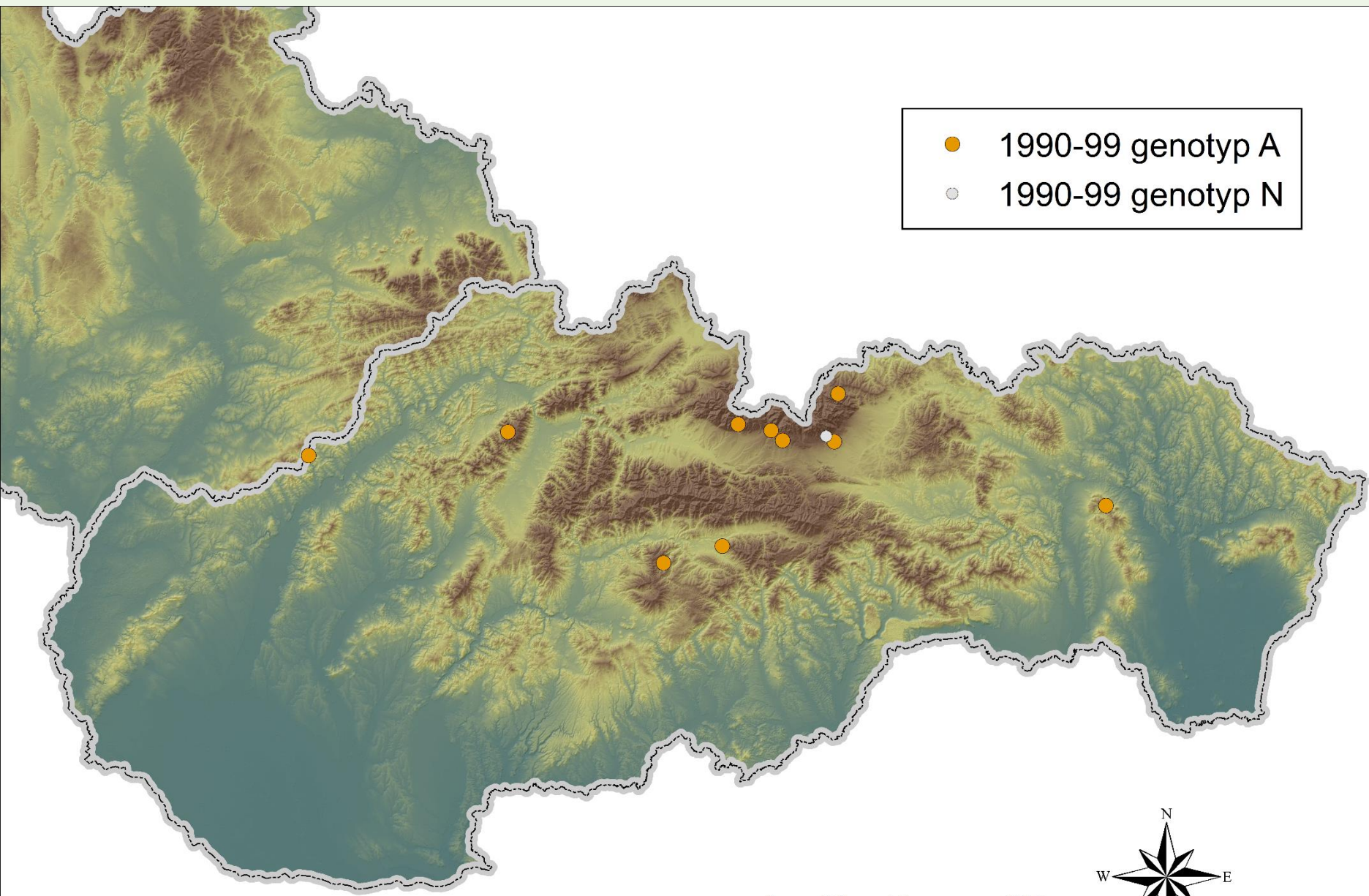




● 1980-89 genotyp A

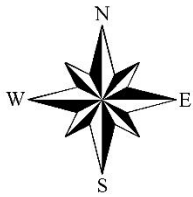
0 20 40 80 km

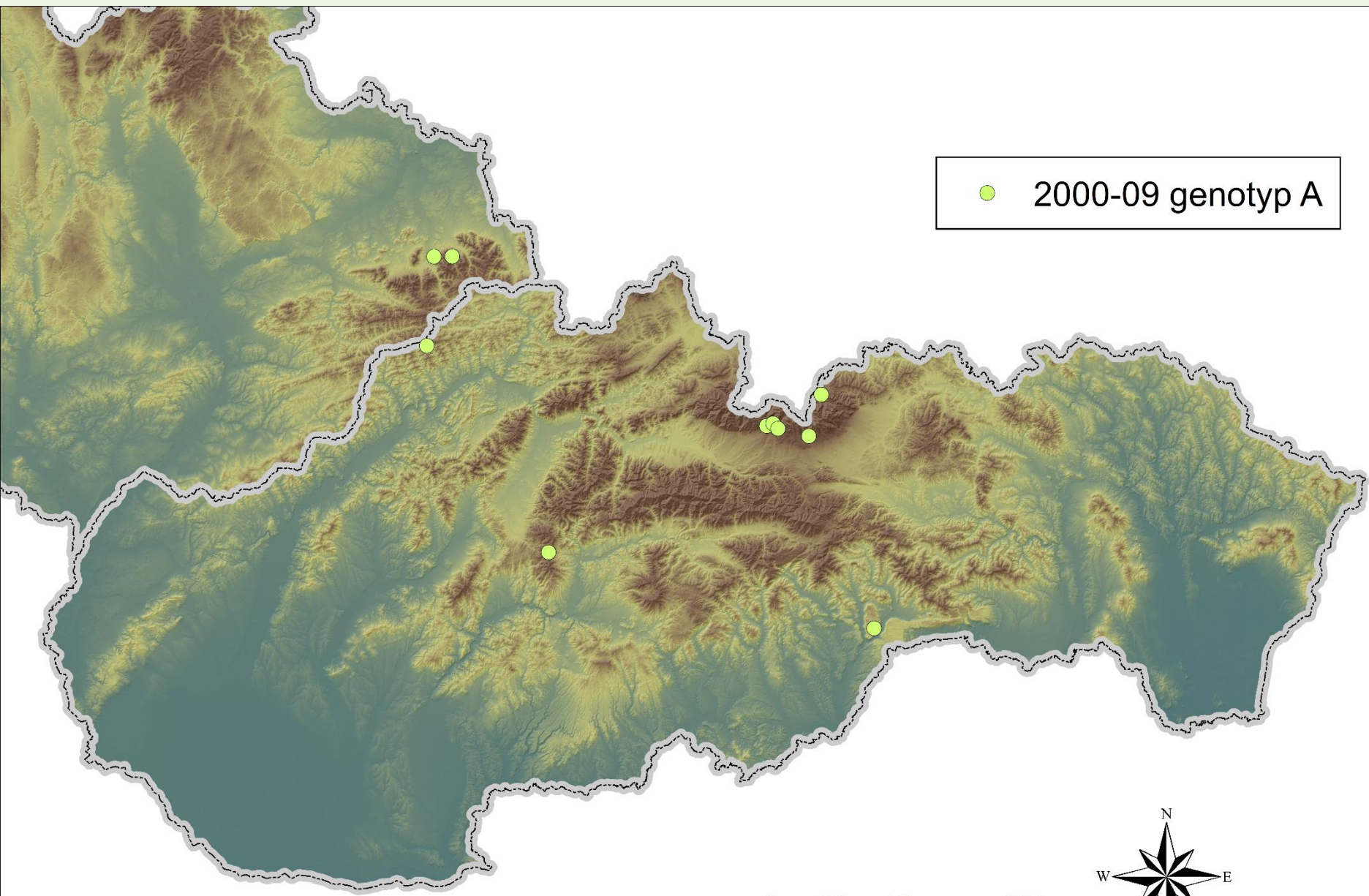




- 1990-99 genotyp A
- 1990-99 genotyp N

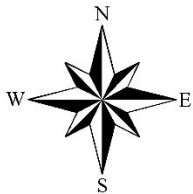
0 20 40 80 km

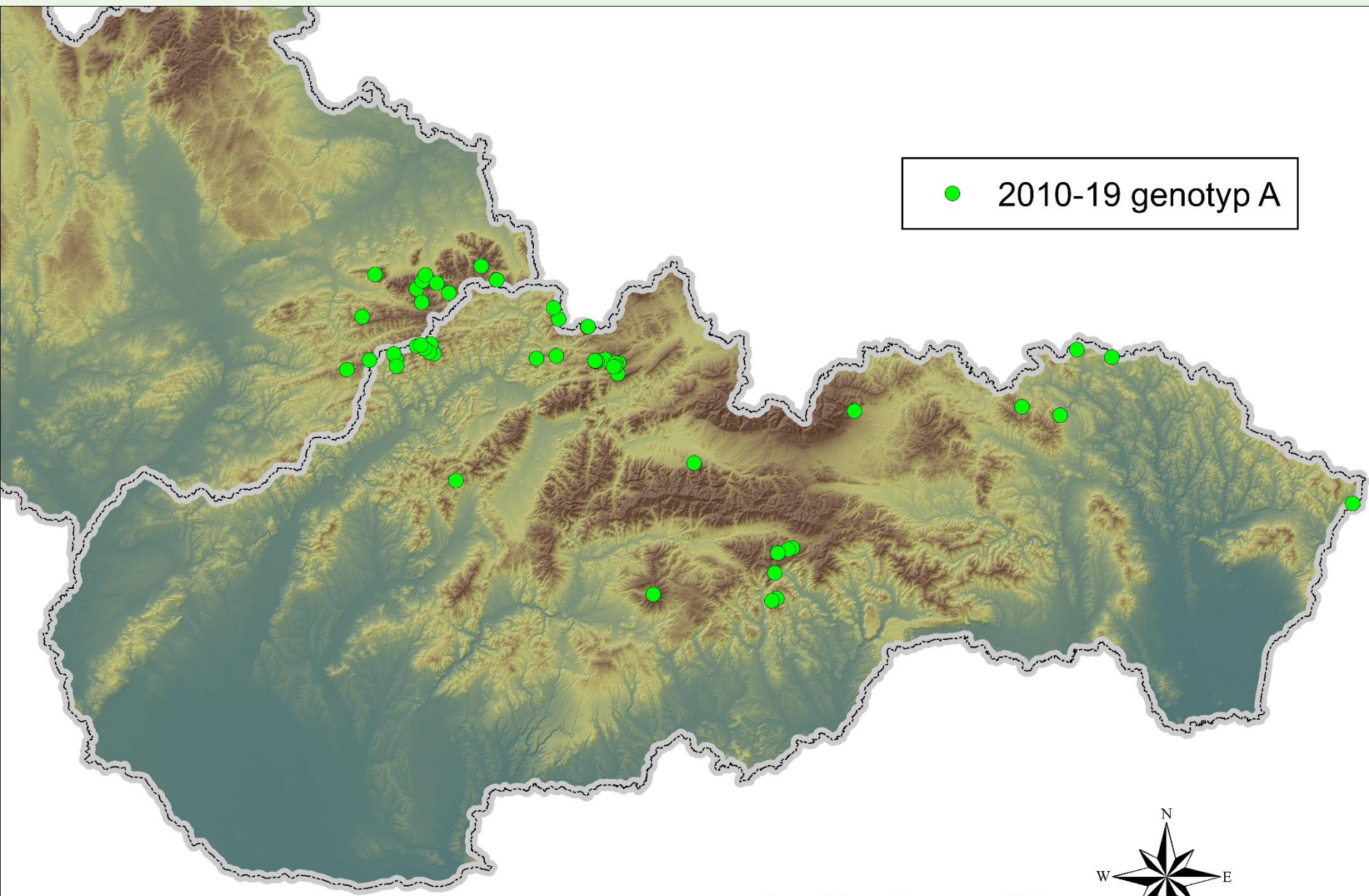




● 2000-09 genotyp A

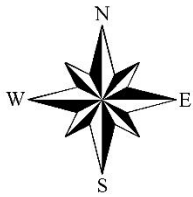
0 20 40 80 km





● 2010-19 genotyp A

0 20 40 80 km

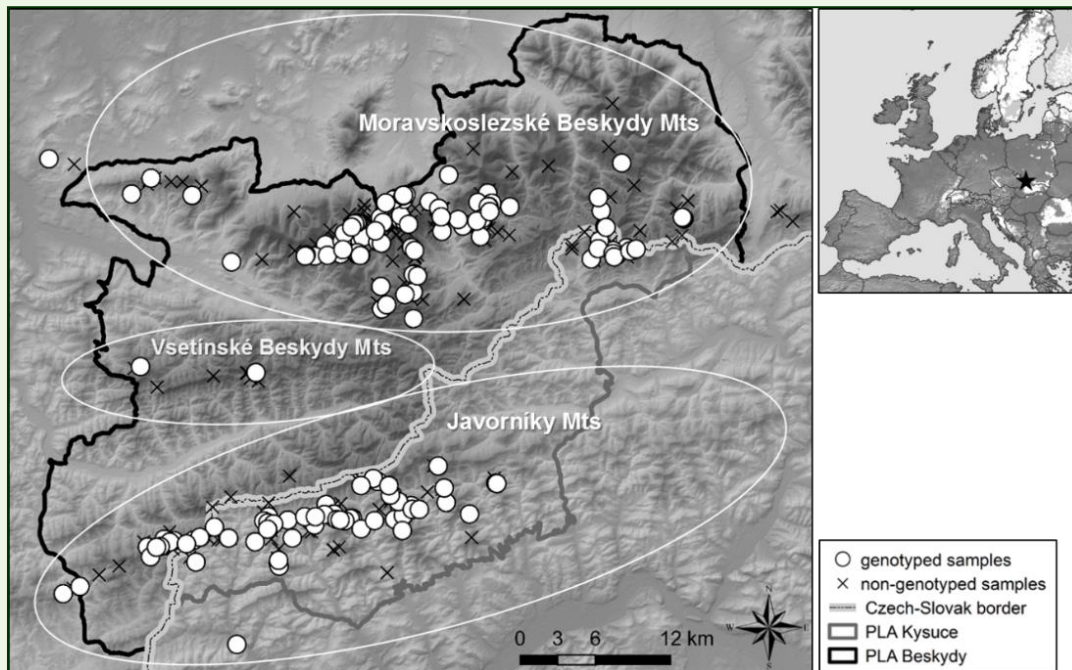


Recentný genetický monitoring

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 Beskyd 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. Kutař⁶ · T. Skrbinšek⁴ · 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

The centre–periphery hypothesis predicts a decrease in genetic variation and demographic performance of a species from the centre to the periphery of its distribution range associated with the decrease in environmental suitability (Eckert *et al.* 2008). However, in the present human-dominated landscape the range boundaries are often not the

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@vib.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

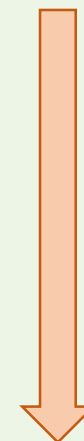
⁵ Friends of the Earth Czech Republic, Olomouc branch, Dolní náměstí 38, 779 00 Olomouc, Czech Republic

⁶ Department of Forest Ecology, Faculty of Forestry and Wood Technology, Mendel University in Brno, Zemědělská 3, 613 00 Brno, Czech Republic

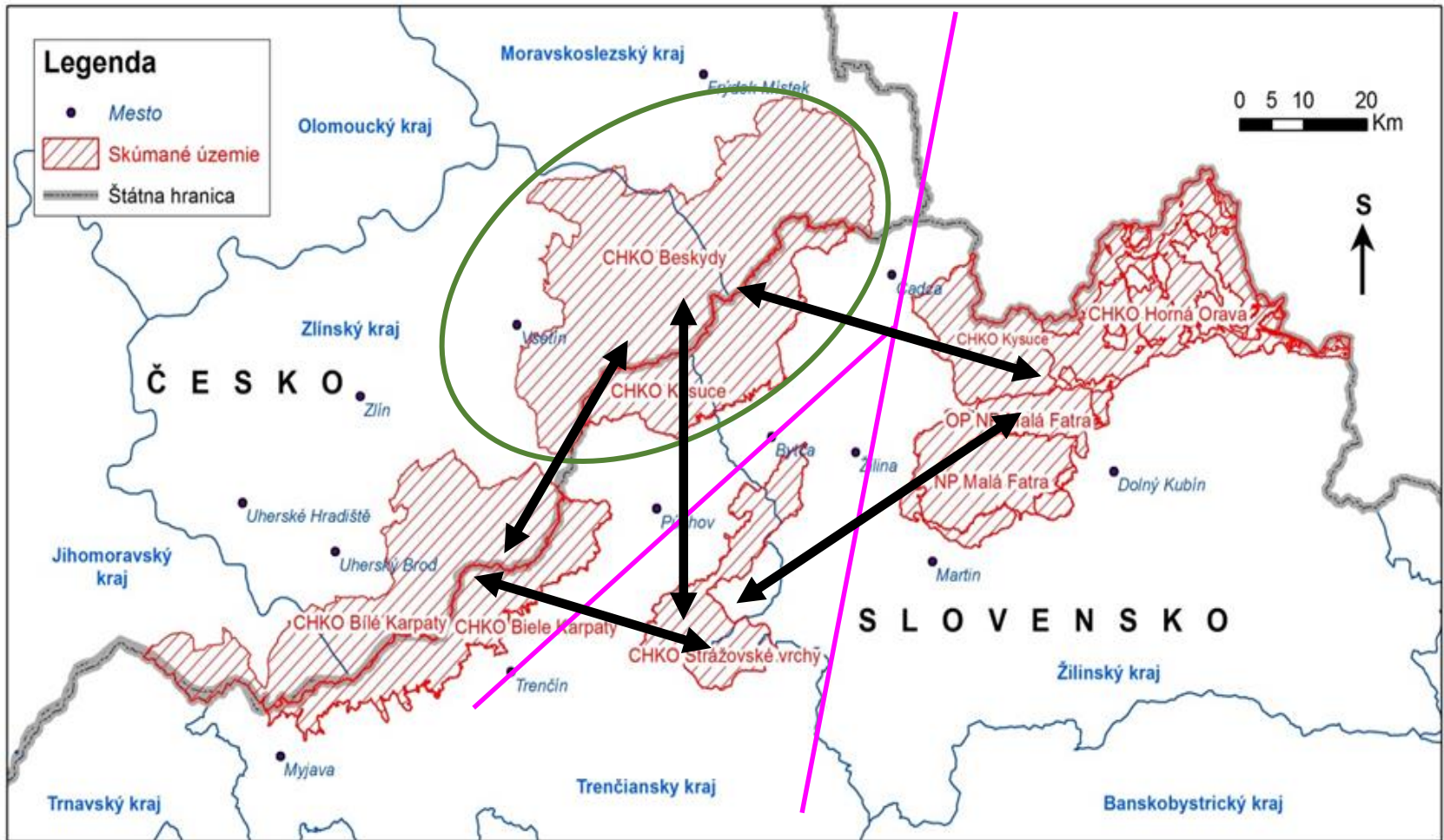
⁷ Department of Forest Protection and Game Management, Faculty of Forestry and Wood Sciences, Czech University of Life Sciences Prague, Kamýcká 1176, 165 21 Prague 6-Štěrbohov, Czech Republic

Genetická variabilita na okraji populácie

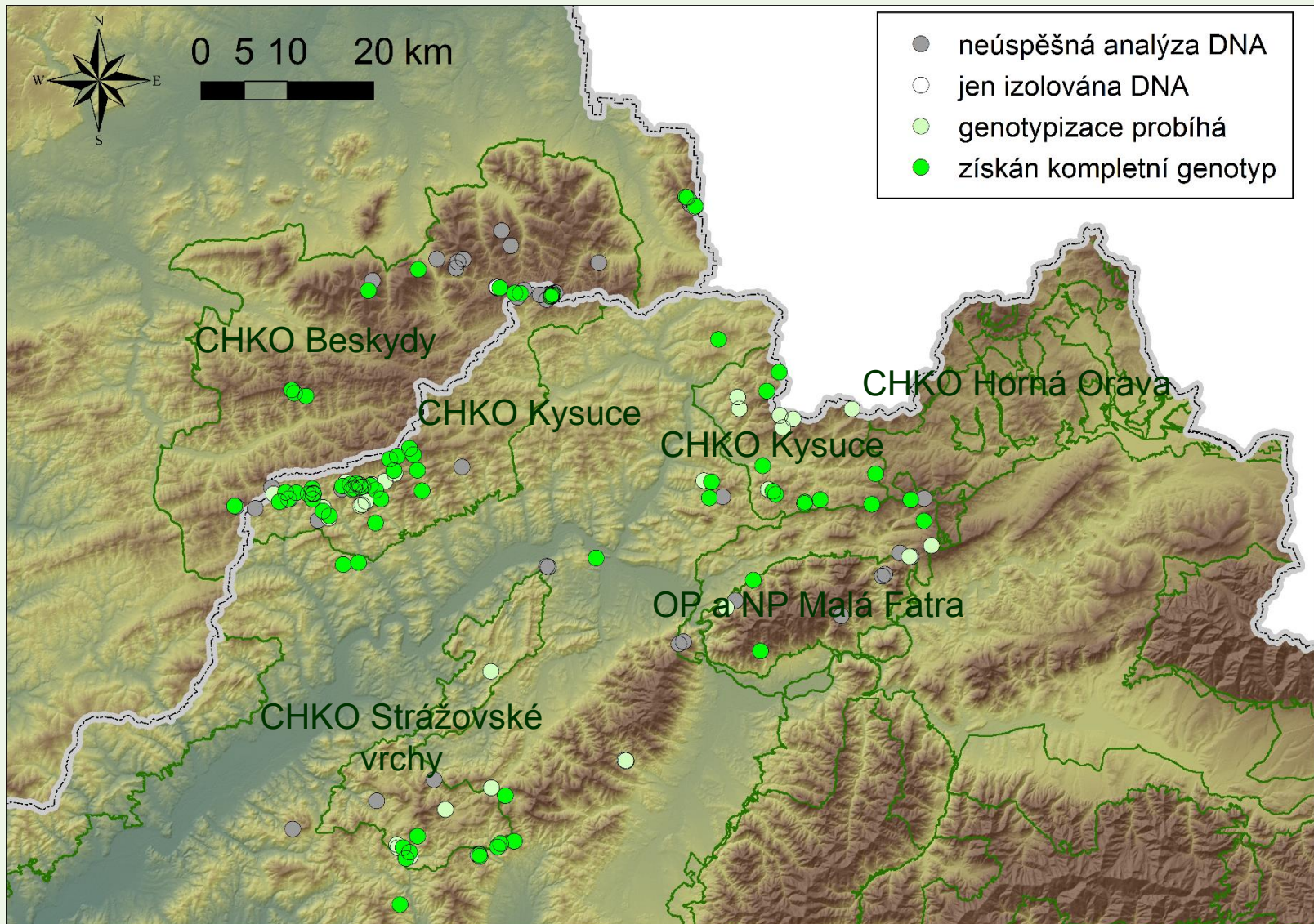
Obdobie	Jedinci	LDN _e (95% CI) ^{Pcrit}	H _e
2009-2012	14	20.7 (8.5-299.4) ^{0.05}	0.531
2012-2014	24	12.4 (7.7-20.9) ^{0.03}	0.538
2014-2016	15	2.1 (1.6-2.9) ^{0.05}	0.492
2010-2016	40	13.4 (9.7-18.6) ^{0.02}	0.531



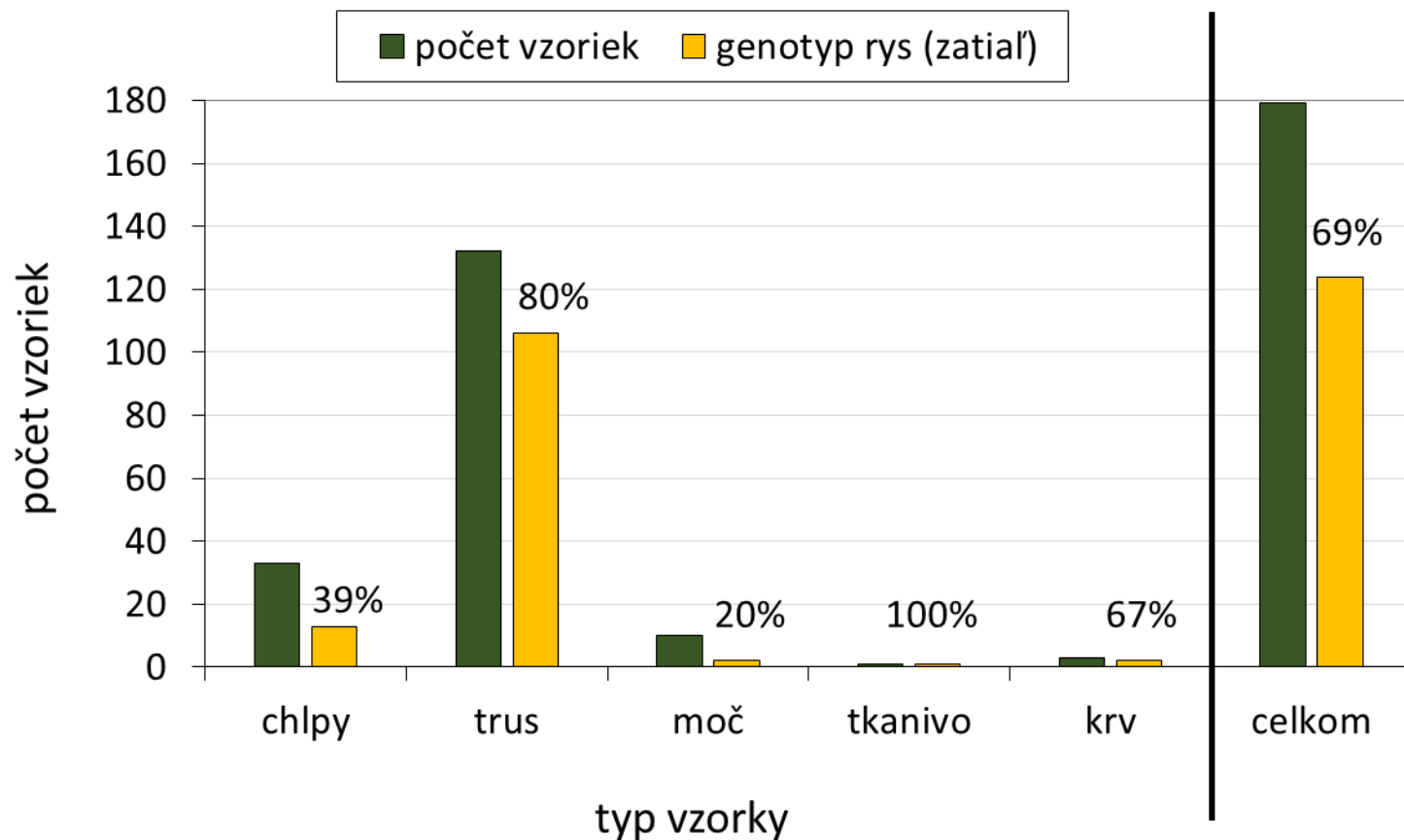
Projekt Šelmy SKCZ



Zber neininvazívnych vzoriek rysa



Úspešnosť genotypizácie rysích vzoriek



Geografická distribúcia rysích vzoriek

oblasť	počet vzoriek	genotyp rysa (doposiaľ)	úspešnosť (doposiaľ)	počet jedincov
Vsetínské Beskydy	5	4	80 %	2
Moravskoslezské Beskydy	35	12	34 %	4
Slezské Beskydy	8	4	50 %	1
Javorníky	61	52	85 %	11
Kysucké Beskydy, Kysucká vrchovina	21	20	95 %	8
Oravská Magura	10	7	70 %	3
Malá Fatra	15	6	40 %	3
Strážovské vrchy	24	18	75 %	4
celkom	179	123	69 %	29

- ❖ Celkom doposiaľ zachytených 29 jedincov, z toho len 6 samíc.
- ❖ U 15 jedincov opakované záchyty od 2x do 12x

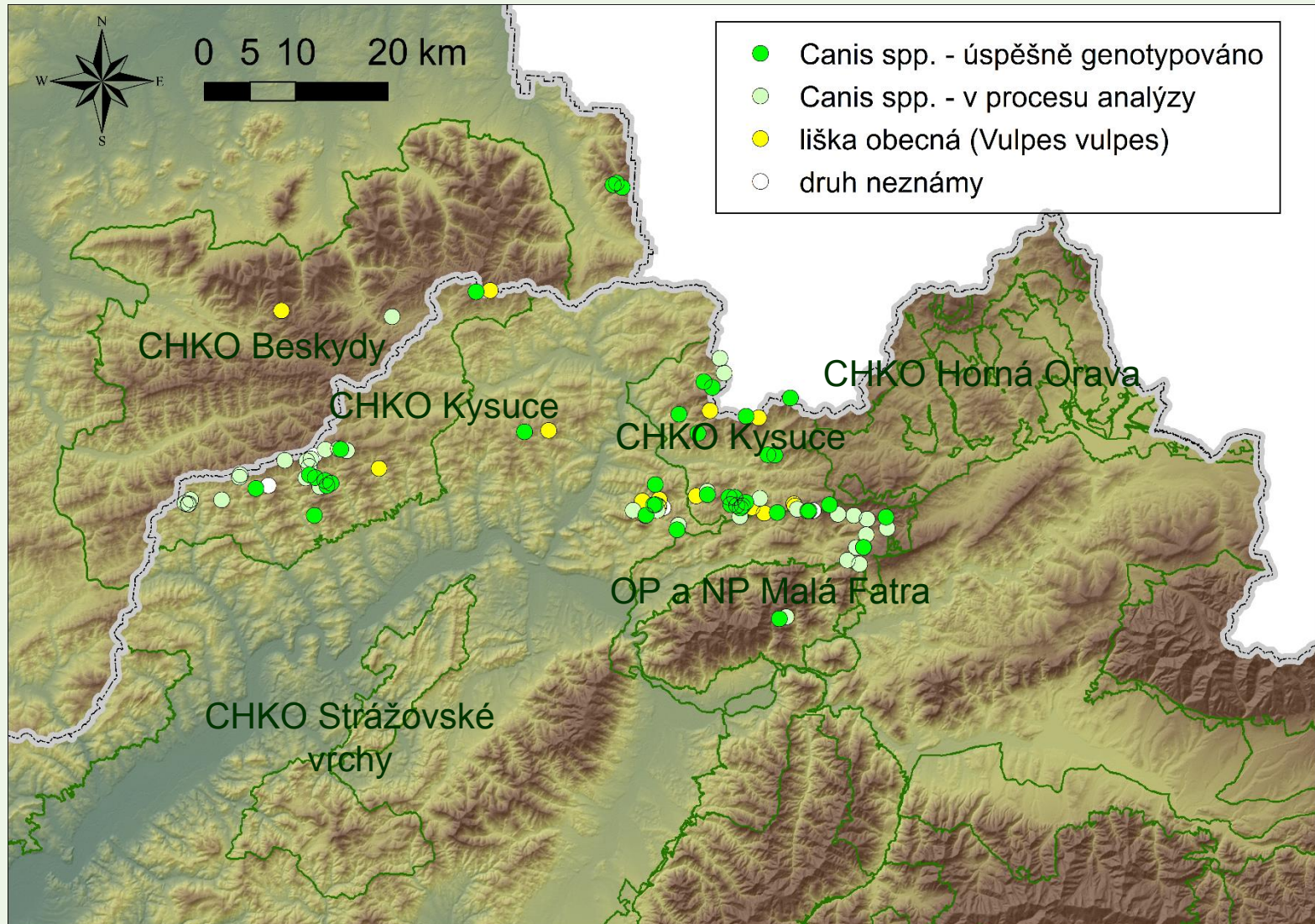
Neinvazívny genetický monitoring vlka

- ❖ nazbieraných celkom 139 vzoriek „vlka“: z toho 127x trus, 2x chlpy, 10x moč/krv
- ❖ analýza mtDNA pre určenie druhu (sekvencia kontrolného regiónu - Dloop)

druh podľa mtDNA	počet
<i>Canis</i> spp. (vlk/pes)	98
líška hrdzavá (<i>Vulpes vulpes</i>)	22
rys ostrovid (<i>Lynx lynx</i>)	2
korisť + neúspešná analýza	17
celkom	139

- ❖ analýza mikrosatelitov (21 lokusov) + marker na určenie pohlavia (Amelogenin)
- ❖ kompletný genotyp u 60 vzoriek ➔ 39 jedincov (10 z nich 2-5x)
- ❖ po dokončení genotypizácie analýza na určenie príslušnosti „vlk“ / „pes“ / „hybrid“ v spolupráci s UK (Pavel Hulva) a pre „vlčie vzorky“ populačne genetická analýza vrátane individuálnej identifikácie a analýzy príbuznosti

Zber neininvazívnych vzoriek vlka



Pod'akovanie:

mapovateľom:

Mária Apfelová	Martin Kraus
Michal Bojda	Leona Kotalová
Radek Červenka	Miroslav Kutal
Peter Drengubiak	Jiří Labuda
Martina Dušková	Beňadik Machciník
Martin Duľa	Richard Pekara
Tomáš Flajs	Peter Pecík
Martin Gendiar	Martin Špilák
Ľuboslav Hrdý	Barbora Telnarová
Lukáš Jonák	Vlado Trulík
Petr Konupka	Martin Váňa
Ján Korňan	Gabriela Váňová
Martin Kraus	Josefa Volfová

d'alším spolupracovníkom:

Jaroslav Červený, Jerguš Tesák

spolupracujúcim múzeám:

Národní muzeum Praha; Slezské muzeum v Opavě; Slovenské národné múzeum – Prírodovedné múzeum, Bratislava; Považské múzeum, Žilina-Budatín; Múzeum vo Svätom Antone; Šarišské múzeum Bardejov; Slovenské múzeum ochrany prírody a jaskyniarstva, Liptovský Mikuláš; Múzeum štátnych lesov TANAPu, Tatranská Lomnica

menovite:

Petr Benda, Martin Gajdošík, Ladislav Hlôška, Gabriela Chovancová, Tomáš Jászay, Ján Kautman, Alena Lenková, Erik Petrikovič



**Ďakujeme
za pozornosť!**

Finančne podporené:

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

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

Interreg V-A SK-CZ (304021D016)

Moravskoslezský kraj