



VYTAUTO DIDŽIOJO
UNIVERSITETO
ŽEMĖS ŪKIO
AKADEMIJA

MIŠKŲ IR EKOLOGIJOS FAKULTETAS

Sutarties Nr. F4-310

Registracijos Nr. M-10-04/22

Mokslinio tyrimo projekto
IŠPLĖSTINIŲ VILKŲ TYRIMŲ 2022 M.
Galutinė ataskaita

Darbo vadovė

dr. Renata Špinkytė-Bačkaitienė

AKADEMIJA, 2022

VYKDYTOJŲ SĄRAŠAS

1. prof. dr. Darius Danusevičius (Vytauto Didžiojo universitetas)
2. prof. dr. Gediminas Brazaitis (Vytauto Didžiojo universitetas)
3. dr. Jurata Buchovska (Vytauto Didžiojo universitetas)
4. Rūta Kembrytė (Vytauto Didžiojo universitetas)
5. Mantas Sabalinka (Vytauto Didžiojo universitetas)
6. Petras Adeikis (Vytauto Didžiojo universitetas)
7. Mindaugas Maksvytis (Vytauto Didžiojo universitetas)
8. Kastytis Šimkevičius (Vytauto Didžiojo universitetas)
9. dr. Artūras Kibiša (Vytauto Didžiojo universitetas)
10. dr. Jolanta Stankevičiūtė (Vytauto Didžiojo universitetas)

Darbo vadovės adresas:

Vytauto didžiojo universitetas, Žemės ūkio akademija

Studentų 11, Akademija, LT– 53361, Kauno r.

Mob. tel.: +370-615-54101, el. paštas: renata.spinkyte-backaitiene@vdu.lt

Santrauka

Lietuvos vilkų populiacijos genetinės įvairovės tyrimas pagal 2021–2022 m. medžioklės sezono metu sumedžiotų 186 vilkų aukšto polimorfizmo 16 autosominių atskirai rekombinuojamų mikrosatelitų lokusų parodė, kad Lietuvos vilkų populiacija netolimoje praeityje buvo patyrusi reikšmingą efektyvaus populiacijos dydžio kritimą, kuris vietomis gali lemti inbrydingo padidėjimą uždaresnėse grupėse. Tikėtina, kad tai butelio kalelio efekto pasėkoje vykusio poravimosi tarp giminingų individų pasekmė, kuri kai kur gali būti jaučiama net praėjus 40–50 metų, net ir esant stipriam genų srautui iš rytų, kadangi inbrydingui efektyvus populiacijos dydžio santykis su demografiniu populiacijos dydžiu siekia tik 0,13, o variacijai efektyvaus populiacijos dydžio (spartų atspindi alelinės įvairovės turtėjimą) santykis su demografiniu populiacijos dydžiu jau siekia 0,53. Šis rezultatas rodo spartų alelinės įvairovės atsistatymą. Taigi, dabartiniu metu Lietuvos vilko populiacija sėkmingai atstatinėja genetinę įvairovę ir yra genetinio atsistatymo pike.

Pagal DNR tyrimais gautus retų alelių ir aukšto heterozigotiškumo geografinio pasiskirstymo duomenis tikėtina, kad šis genetinis srautas eina šiaurės rytinę Lietuvą pietvakarių link Kėdainių iš rytų šį srautą riboja Lietuvos – Baltarusijos siena. Tikėtina, kad genetinis srautas eina miškų masyvais, kol nesusiduria su kompleksu barjerų - Neries upe, Vilniaus antropogeninių zonų sistema ir autostrada. Labai svarbu šį genetinį srautą puoselėti. Ypač svarbu vykdyti genetinį populiacijų monitoringą pastačius tvorą tarp Lietuvos ir Baltarusijos ir iš anksto galvoti, kaip saugiai ir efektyviai padaryti perlaidas gyvūnams.

AMOVA atkleidė reikšmingą genetinę diferenciaciją tarp regionų ir silpną bet reikšmingą diferenciaciją tarp vilkų geografinių populiacijų Lietuvoje. Genetinės struktūros analizė parodė, kad šalyje tikėtina yra trijų genetinių grupių struktūra. Nors genetinės grupės yra pasiskirstę geografiškai mišriai, viena jų turi ženkliai mažesnį inbrydingą ir pagal savo geografinį išsidėstymą gali rodyti genų migracijos kryptį iš šiaurės rytų pietryčių link. Stiprėjanti genų srauto iš šiaurės rytų įtaka mažina genetinius skirtumus tarp šalies regionų, ypač 2021–2022 m. tai pastebimas stiprus srautas iš šiaurės rytų į šalies centrinio ir toliau pietvakarių ir pietryčių link. Tokia mišri genetinė struktūra yra teigiamas dėsningumas, nes lemia retesnę poravimąsi tarp giminingų individų. 2021–2022 m. duomenyse pastebėta stipresnė Suvalkijos ir Dzūkijos regionų populiacijų genetinė diferenciacija, kas tikėtina yra migracijos iš Lenkijos ar silpnesnio šiaurės rytinio genų srauto pasekmė.

DNR tyrimas pagal 15 polimorfinių SSR lokusų parodė, kad, pagal 2021–2022 metų sumedžiojimo 186 vnt. vilkų imtį ir 18 šunų referencinę biblioteką, vilkų hibridizacijos su šunimis intensyvumas nėra aukštas tik 4 iš 186 individų rodė didesnę nei 10 proc. genetinį panašumą su šunimi, kaip hibridizacijos indikatorius. Pagal 2018–2022 m. kasmetinio sumedžiojimo duomenis, hibridizacijos atvejai turi geografinį panašumą - dažnesni rytinėje Lietuvoje.

Amžiaus tyrimas ($n=187$) atskleidė, kad tarp sumedžiotų vilkų didelę dalį (59,4%) sudarė pirmų metų jaunikliai. Tai prognozuoja vilkų populiacijos augimo potencialą ateityje. Vyriausi sumedžioti vilkai (patinas ir patelė) ėjo devintus metus. Lietuvoje vidutinis sumedžiotų vilkų amžius (atmetus pirmamečius ir antramečius jauniklius) praėjusį sezoną buvo 4,40 metų.

Sumedžiotų patelių gimdų tyrimas atskleidė, kad 45,8% suaugusių patelių ($n=24$) pavasarį buvo vedusios jauniklius.

Genetinių ir amžiaus tyrimų pagrindu buvo nustatyta, kad sumedžioti jaunikliai (amžius iki 1 metų) dalijasi į 57 artimais giminytės ryšiais nesusijusias grupes (šeimas). Genetinių ir gimdų tyrimų pagrindu nustatytos 3 sumedžiotiems jaunikliams negiminingos patelės, kurios 2021 m. pavasarį turėjo jauniklių vadą. Vadovaujantis 2022 m. žiemos apskaitų pagal pėdsakus sniege medžiaga ir pranešimų apie vilkų buvimą (įvykusio laikotarpyje nuo 2021 m. rugsėjo 1 d. iki 2022 m. rugpjūčio 31 d.) registravimus visus metus (VSTT Biologinės įvairovės duomenų bazėje) pagrindu bei atsižvelgiant į biologškai galimus šeimų teritorijų nutolimus buvo suskaičiuota atitinkamai dar 9 ir 18 atskirų vilkų šeimų. Apibendrinus rezultatus gauta, kad Lietuvos teritorijoje gyveno ne mažiau kaip 87 vilkų šeimos

Turinys

1. Įvadas	5
2. Medžiaga ir metodai	7
2.1. Genetinis tyrimas	7
Genetinė medžiaga.....	7
DNR analizės	7
Genetinės įvairovės tyrimas	10
Genetinės diferenciacijos tyrimas	13
Genetinės struktūros tyrimas.....	13
Sibų ryšių nustatymas	14
Hibridizacija su šunimis.....	14
2.2. Amžiaus tyrimas	15
2.3. Reprodukcijos tyrimas	15
2.4. Pranešimų apie didžiųjų plėšrūnų buvimą registravimo visus metus anketų duomenų analizė.....	15
2.5. Medžiojamųjų gyvūnų apskaitos pagal pėdsakus sniege duomenų analizė.....	16
3. Rezultatai ir jų aptarimas	17
Mėginių surinkimo ir grąžinimo darbų apimtys	17
3.1 Vilkų populiacijos genetinės įvairovės geografinis pasiskirstymas Lietuvoje	10
3.1.1 Mikrosatelitų lokusų charakteristika.....	10
3.1.2 Genetinė įvairovė ir inbrydingas.....	15
3.1.3 Sibų ryšiai populiacijoje	26
3.1.4 Apibendrinamas	32
3.2 Vilkų populiacijos genetinė diferenciacija ir struktūra Lietuvoje.....	33
3.2.1 Genetinė diferenciacija	33
3.2.2 Genetinė struktūra	37
3.2.3 Apibendrinimas.....	40
3.3 Hibridizacija su šunimis.....	41
3.4. Sumedžiotų vilkų amžius	48
3.5. Suaugusių patelių reprodukcija.....	49
3.6. Pranešimų apie didžiųjų plėšrūnų buvimą registravimo visus metus anketų duomenys	52
3.7. Medžiojamųjų gyvūnų apskaitos pagal pėdsakus sniege duomenys	60
Išvados	66
Rekomendacijos.....	68
Literatūros sąrašas.....	69
1 priedas. Detalūs sibų ryšiai visos 2020 m. imties lygmenyje.	71

1. Įvadas

Aukšta populiacijos genetinė įvairovė yra rūšies išlikimo garantas. Trumpoje perspektyvoje genetinė įvairovė leidžia rūšiai atlaikyti aplinkos stresorių poveikį, o svarbiau ilgalaikėje perspektyvoje tarnauja kaip medžiaga natūraliai atrankai ir rūšies evoliucijai (Frankham 2005, Laikre *et al.* 2009). Todėl rengiant bet kokios rūšies sveiko vystymo planus yra būtina ištirti genetinės įvairovės lygmenį ir pasiskirstymą tarp individų ir populiacijų (Laikre *et al.* 2009). Genetinės įvairovės rodiklių nustatymas taip leidžia daryti prielaidas apie populiacijų kilmę, jų evoliucijos istoriją (Carmichael *et al.* 2007, Yang & Jiang 2011). Neturint žinių apie genetinę įvairovę, galima klaidingai sumažinti populiacijų dydį ir įvairovę taip, kad iškils išnykimo pavojus dėl genetinio dreifo ar inbrydingo poveikio (Allendorf and Luikart 2007). Lietuvoje jau yra buvęs drastiškas vilkų populiacijos dydžio kritimas apie 1970-tuosius metus. Ar auganti Lietuvos vilkų populiacija pasiekė genetinės įvairovės optimumą lieka neaišku. Mažas populiacijos dydis gali lemti didesnę hibridizacijos intensyvumą su kitomis rūšimis, kadangi savos rūšies poravimosi porų skaičius mažas (Allendorf and Luikart 2007).

Genetiniuose tyimuose yra svarbi populiacijos samprata. Populiaciją suprantame: (a) geografinė prasme kaip geografinė populiacija, kaip prieš atliekant genetinius populiacijų struktūros tyrimus, grupuojame individus teritoriškai į grupes (populiacijas) pagal jų tikėtino bendro poravimosi zonas, lemtas geografiniu artumu, bei reikšmingų migracijai gamtinių-antropogeninių barjerų nebuvimu, (b) genetinė prasme populiacijai tai genetiškai panašių, laisvai besiporuojančių individų grupė, esanti pakankamo dydžio, kad jų genofondas dominuotų palikuonyse bei genetiškai reikšmingai išsiskirtų nuo kaimyninių populiacijų.

Paprastai teritorijose, kur natūralios atrankos kryptis ir intensyvumas yra panašūs, populiacijų struktūrą formuoja genų migracija ir genetinis dreifas. Genetinis dreifas veikia mažose populiacijose, kur dėl izoliacijos nėra reikšmingos genų migracijos ir vyksta atsitiktinė alelių fiksacija (alelių praradimas, išliekant dominuoti keliems aleliams lokuse), tolesnėse kartose tai lemia inbrydingą ir populiacijos nykimą. Populiacijos genetiškai stabilumui yra svarbu, kad šios evoliucinės jėgos būtų natūralioje pusiausviroje: genetinės įvairovės praradimą dėl dreifo atsvėrėtų genų migracija ir mutacijos.

Populiacijų genetiniai tyrimai atliekami trimis svarbiausiomis kryptimis: (a) genetinės įvairovės pasiskirstymo laiko ir geografiniuose gradientuose dėsningumą ištyrimas, (b) poravimosi dėsninčiai ir evoliucinių jėgų poveikio ištyrimas, (c) genetinė diferenciacija ir genetinė struktūra regione rodo ar populiacija susideda iš kelių geografiškai atskirų sub-populiacijų izoliuotų migracijos barjeriais ar atvirkščiai viena laisvai besiporuojančių individų grupė. Svarbiausi populiacijos genetinės įvairovės rodikliai yra jų alelinis turtingumas (skirtingų genominių vienetų variantų skaičius), iš tėvų paveldėtas alelių giminigumas (stebimas heterozigotiškumas H_o), alelių dažnių vienodumas (lauktinas

heterozigotiškumas arba Nei genetinė įvairovė H_e), lauktinas inbrydingas palikuonyse (Fis fiksacijos indeksas), efektyvus populiacijos dydis (negiminingų individų skaičius idealioje populiacijoje) ir genų migracijos (srauto) stiprumas, rodantis aplinkos sąlygų tinkamumą populiacijos genetiškai stabilumui (stiprių barjerų migracijai nebuvimas). Šiuos rodiklius aptarsime 186 2021–2022 m. sumedžiotų vilkų populiacijai lygindami regionus, populiacijos ir individų DNR žymenų 17 autosominių mikrosatelitų lokusų duomenis.

Genetinių tyrimų tikslai buvo 2021–2022 metais Lietuvoje sumedžiotų vilkų medžiagos pagrindu (a) ištirti Lietuvos vilkų populiacijos genetinės įvairovės ir inbrydingo geografinio pasiskirstymo dėsninumus bei nustatyti žemos genetinės įvairovės genetines grupes ir ją lemiančius veiksniai, (b) ištirti genų migracijos dėsninumus Lietuvoje, (c) nustatyti vilkų populiacijos genetinę diferenciaciją ir struktūrą Lietuvoje, (d) ištirti vilkų hibridizacijos su šunimis intensyvumą atskirose Lietuvos dalyse.

Darbo tikslas – atlikti 2021–2022 metų medžioklės sezono metu Lietuvoje sumedžiotų vilkų amžiaus nustatymo, genetinius ir produktyvumo tyrimus; kasmet išanalizuoti pranešimų apie didžiųjų plėšrūnų buvimą registravimo visus metus anketas bei medžiojamų gyvūnų apskaitų pagal pėdsakus sniege duomenis.

Darbo uždaviniai:

- Surinkti sumedžiotų vilkų mėginius tyrimams
- Atlikti surinktų mėginių laboratorinius tyrimus
- Gražinti medžiotojams po atlikto tyrimo iltinius dantis
- Išanalizuoti pateiktus duomenis
- Parengti tarpinę ir galutinę ataskaitas

2. Medžiaga ir metodai

2.1. Genetinis tyrimas

Genetinė medžiaga

2021–2022 m. surinkti vilkų individų mėginiai buvo subjektyviai suskirstyti genetinei analizei į geografines populiacijas pagal teritorinio artumo sąlygotą bendro poravimosi tikimybę ir reikšmingų gamtinių-antropologinių kliūčių jų laisvam poravimuisi nebuvimą, stengiantis išlaikyti panašų populiacijų dydį (2.1.2 pav.). Be to šalis buvo suskirstyta į penkis regionus stiegiantis išlaikyti vienodas imtis tarp regionų. Viso 2021–2022 m. imtyje pagal DNR žymenis ištirti 186 pilkojo vilko individai, iš jų 90 patelės ir 96 patinai. Kaip referenciniai pavyzdžiai hibridizacijai ištirti buvo naudoti 18 šunų.

2.1.1 lent. 2020–2021 m. ir 2021–2022 sumedžiojimo vilkų DNR tyrimų imtys pagal geografines populiacijas

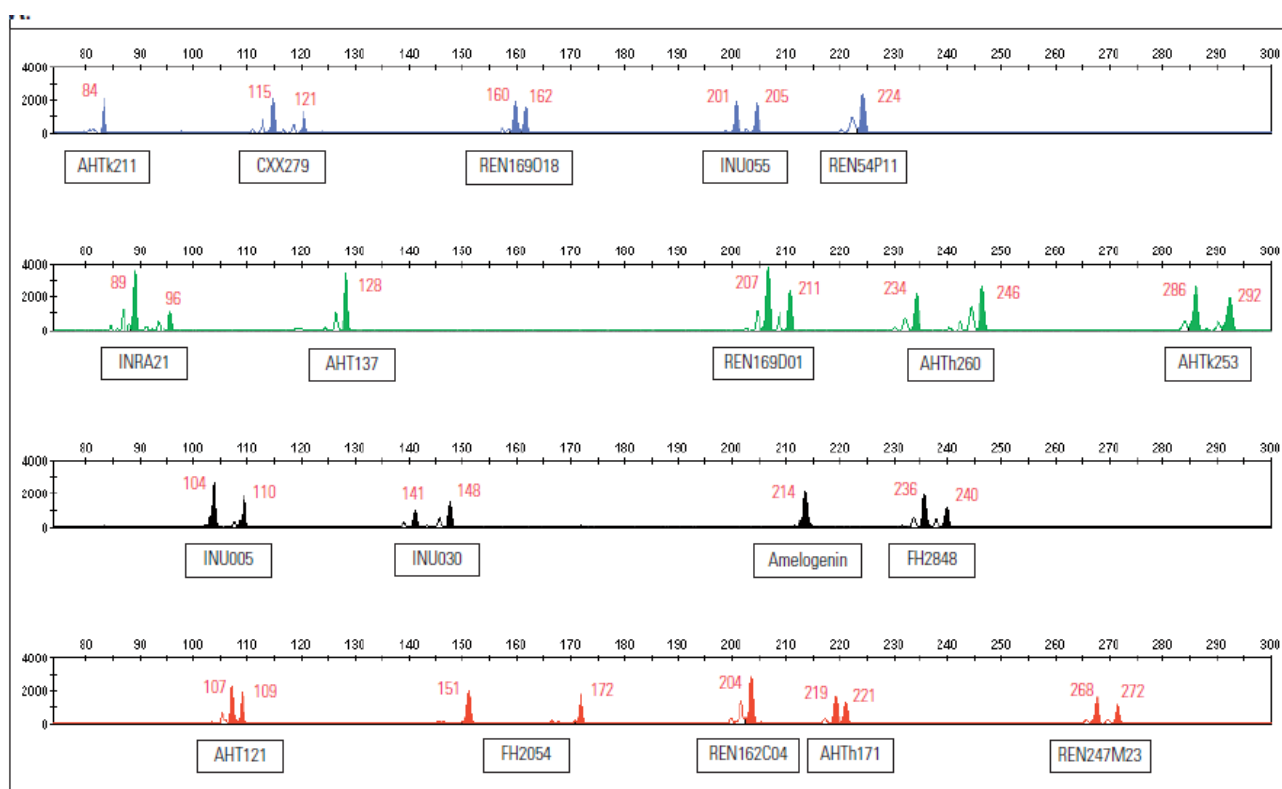
Populiacija	Kodas	Individu sk. 2020–2021	Individu sk. 2021–2022
Šiauliai	SIAU	14	18
Telšiai	TELS	18	18
Ignalina	IGNA	21	22
Panevėžys	PANE	16	22
Rokiškis	ROKI	16	21
Kėdainiai	KEDA	14	15
Jurbarkas	JURB	15	13
Marijampolė	MARI	14	20
Širvintai	SIRV	15	16
Varėna	VARE	15	9
Vilnius	VILN	15	12
Viso		173	186

DNR analizės

Vilko mėsa DNR tyrimui buvo paimta iš sumedžiotu vilkų, t.y. apie 100 mg mėsos. Mėsa patalpinta į Ependorf mėgintuvėlius. Kiekvienam vilkui suteiktas unikalus kodas. Mėsa DNR tyrimui paimta iki 2022 metų pavasario.

DNR tyrimai atlikti Vytauto Didžiojo universitete Žemės ūkio akademijoje Miško medžių genetikos laboratorijoje. DNR tyrimams išskirta iš vilko mėsos, naudojant modifikuotus ATMAB (Dumolin *et al.*, 1995) DNR išskyrimo metodą. Modifikuotas ATMAB DNR išskyrimo metodas iš vilko

mėsos (Dumolin *et al.*, 1995). Išskirtos DNR koncentracija nustatyta nanofotometru, 260 nm bangos ilgyje.



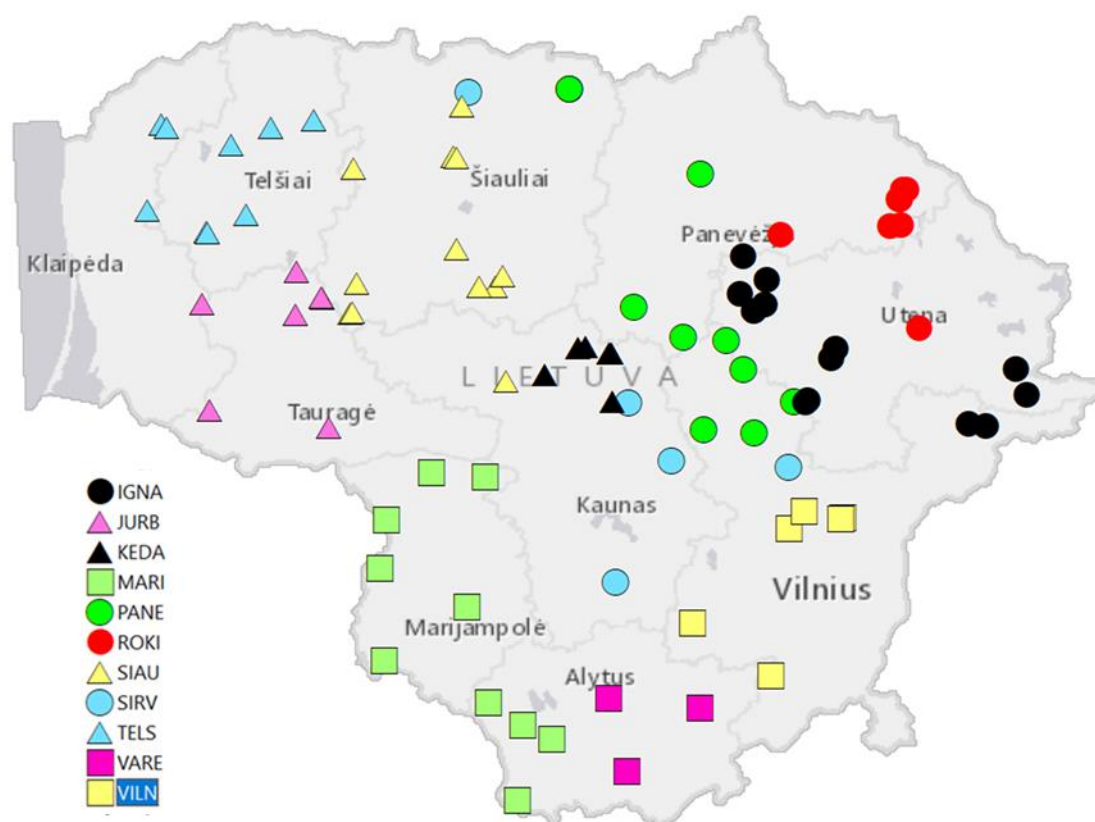
2.1.1 pav. *Canine Genotypes Panel 1.1* alelių pasiskirstymas pagal kontrolinį rinkinio pavyzdį. Lokusai yra skirtingose chromosomose, todėl išvengiame rezultatų nuokrypio dėl lokusų sąsajų sankabos grupėse

Naudojome mikrosatelitų branduolio DNR žymenų sistemą, kuri yra viena efektyviausių populiacijų genetinės įvairovės, inbrydingo rizikos ir hibridizacijos tyrimuose, efektyviai naudojama ir nepakeičiama DNR žymenų sistema žmonių ir galvijų tėvystės ar nusikaltėlių individualaus atpažinimo testuose (Thermo Scientific). Tyrimui imtas patikimas ir daugelyje kitų studijų naudotas 18 autosominių lokusų rinkinys *Canine Genotypes Panel 1.1* (Thermo Scientific), kuri sudaro 18 autosominių mikrosatelitų lokusų: AHTk211, CXX279, REN169018, INU055, REN54P11; INRA21, AHT137; REN169D01, AHT260; AHTk253; INU005; INU030, FH2848, AHT121, FH2054, REN162C04, AHT171, REN247M23. Aukščiausio tikslumo tėvystės tyrimuose lokusų skaičius svyruoja nuo 15 iki 19. Šis rinkinys naudotas daugelyje tyrimų siekiant ištirti šunų ir vilkų hibridizacijos intensyvumą (pvz. Randi *et al.* 2014, Hulva *et al.* 2017, Godinho *et al.* 2011). Rinkinio lokusai ir reagentai parinkti taip, kad nebūtų mikrosatelitų fragmentų stuteringo ir +A problemų alelių PGR amplifikacijos metu, kas ženkliai sumažina klaidų tikimybę alelių kapiliarinės elektroforezės vertinimo metu (Canine

Genotypes Panel 1.1, Thermo Fisher). Mūsų tyrimui naudoti lokusai yra skirtingose chromosomose, taip išvengiame rezultatų nuokrypio dėl lokusų sąsajų sankabos grupėse.

PGR pagausinimo reakcija buvo vykdoma 22 µl mišinyje sudarytame iš komponentų: Canine Genotypes Master Mix 10 µL, Canine Genotypes Panel 1.1 Primer Mix 10 µL, 50 ng DNR matrica. Pavyzdžiai amplifikuoti termocikleryje Pene Amp PCR System 9700 Applied Biosystems. DNR PGR fragmentų pagausinimo sąlygos: pirminė denatūracija 98 °C temperatūroje – 3 min., denatūracija 98 °C temperatūroje – 15 sek., 30 ciklai, pradmenų prisijungimas 60 °C temperatūroje 1,15 min., DNR sinteze 72 °C temperatūroje po 30 s. ir galutinė DNR sinteze 72 °C temperatūroje po 5 min. inkubacija 4 °C temperatūroje.

PGR produktai buvo analizuoti kapiliarinės elektroforezės metodu genetiniu analizatoriumi Applied Biosystems ABI 310. Naudotas standartas GeneScan 500 LIZ. Aleliai įvertinti GeneMapper 4.0 programa (Applied Biosystems). Aleliai nustatyti vizualiai pagal Canine Panel 1.1 rinkinio instrukcijas.



2.1.2 pav. Pagal DNR tyrinėtų vilkų sumedžiojimo vietas 2021–2022 m. (n=186 vilkai) ir suskirstymas į geografinės populiacijas (populiacijų kodai paaiškinti 2.1.1 lent.)

Lokusų alelių genotipavimo klaidų tikimybė buvo patikrinta programa Micro-checker (Van Oosterhout *et al.* 2004): alelių motyvų atitikimas, alelių iškritimas, nuliniai aleliai (neamplifikuoti aleliai dėl mutacijų SSR lokusų pradmenų prisijungimo vietose ar alelių nustatymo netikslumų).

2.1.2 lent. DNR tyrimui naudotų 18 mikrosatelitų lokusų charakteristika. Lokuso kodas pagal Canine Panel 1.1. SSR mot. yra kartotinių sekų motyvas bazių poromis. Na- bendras alelių skaičius lokuse (suma), Ne- efektyvus alelių skaičius, Ho- stebimas heterozigotiškumas, He – lauktinas heterozigotiškumas. Nulinių alelių dažnis paskutiniame stulpelyje Micro-checker programos skaičiavimo rezultatus. Individų skaičius generavęs šiuos rodiklius yra 186. Lokusai yra skirtingose chromosomose

Lokusas	SSR mot. bp	Alelių intervalas (dažniausias alelis), bp	Na	Ho	He	Nul. alelių dažn.	Na	Ho	He	Nul. alelių dažn.
			2020	2020	2020	2020	2021	2021	2021	2021
AHT121	2	64-114 (102)	19	0.89	0.91	0.01	18.0	0.94	0.87	-0.05
AHT137	2	124-150 (144)	11	0.82	0.81	0	11.0	0.78	0.79	0.01
AHT171	2	215-249 (227)	10	0.7	0.73	0.02	12.0	0.81	0.69	-0.12
AHT260	2	232-260 (242)	12	0.82	0.85	0.03	12.0	0.85	0.82	-0.02
AHTk211	2	71-93 (87)	6	0.62	0.61	-0.01	5.0	0.55	0.52	-0.05
AHTk253	2	279-299 (285)	11	0.82	0.82	0	10.0	0.82	0.84	0.01
CXX279	2	111-127 (117)	10	0.84	0.83	-0.01	9.0	0.83	0.81	-0.01
FH2054	4	139-179 (155)	10	0.85	0.83	-0.01	9.0	0.94	0.81	-0.08
FH2848	2	220-250 (234)	9	0.87	0.78	-0.06	9.0	0.90	0.83	-0.05
INRA21	2	87-101(97)	9	0.91	0.83	-0.05	7.0	0.88	0.75	-0.12
INU005	2	100-132 (124)	12	0.67	0.75	0.06	9.0	0.74	0.72	-0.02
INU030	2	131-155 (141)	8	0.74	0.75	0	7.0	0.83	0.74	-0.07
INU055	2	187-207 (199)	6	0.58	0.61	0.02	9.0	0.61	0.66	0.04
REN162C04	2	188-210 (204)	9	0.79	0.8	0.01	9.0	0.89	0.76	-0.10
REN169D01	2	145-171 (163)	11	0.7	0.72	-0.01	11.0	0.80	0.71	-0.08
REN169O18	2	196-218 (204)	9	0.8	0.81	0.01	10.0	0.89	0.83	-0.04
REN247M23	2	261-283 (273)	6	0.66	0.69	0.01	9.0	0.68	0.66	-0.03
REN54P11	2	225-241 (235)	9	0.65	0.74	0.06	9.0	0.81	0.75	-0.04
Vidurkis	-	-	177^s	0.76	0.77		9.72	0.81	0.75	
Standartinė paklaida				0.02	0.02		0.64	0.03	0.02	

Genetinės įvairovės tyrimas

Apskaičiuoti tokie genetinės įvairovės rodikliai:

(a) alelinės įvairovės rodikliai: Na – skirtingų alelių skaičius, Ne- efektyvus alelių skaičius (jei Ne ženkliai mažesnis nei Na alelių dažniai populiacijoje nėra vienodi, t.y. dominuoja keli dažni aleliai) ir Nar – retų alelių (dažnis visoje imtyje <5 proc.) skaičius (programa GeneAlex, Peakall and Smouse 2012) ir Ar - rarifikuotas alelinis turtingumas, leidžiantis objektyviai palyginti skirtingų imčių genetinių vienetų alelinę įvairovę, apskaičiuotas programa FSTAT V 2.9.3.2 (Goudet 1995), kaip rarifikacijos pagrindas imtas mažiausios imties populiacija ir vidutinės imties populiacija, $Nea = 1 / (\sum p_i^2)$, kur p_i^2 yra i-tojo alelių dažnis populiacijoje pakeltas kvadratu, Sum yra suma.

(b) Giminingų tėvų poravimosi ar genetinio dreifo poveikio rezultatas - stebimas heterozigotiškumas (Ho) (rodantis identiškus alelius individo lokuso motininėje ir tėvinėje chromosomoje), $Ho = N_{hetero} / N$, kur N_{hetero} heterozigotinių lokusų skaičius, N – bendras lokusų skaičius.

(c) H_e – lauktinis heterozigotiškumas (pakoreguotas pagal nevienodą imtį), rodantis lokuso alelinių dažnių vienodumą populiacijoje, t.y. ar nėra reikšmingo vieno ar kelių alelių dominavimo lokuse (alelių dominavimas veda prie inbrydingo palikuonių kartoje), $H_e = (2N / (2N-1)) * (1 - \sum p_i^2)$, kur p_i^2 yra i -tojo alelių dažnis populiacijoje pakeltas kvadratu, Sum yra suma.

(d) F_{is} – inbrydingo koeficientas (pagal *Wright* fiksacijos indeksą F_{is}), rodantis lauktiną homozigotiškumo perteklių individo viduje, lyginant su visa populiacija palikuonių kartoje dėl giminingų tėvų poravimosi (FSTAT programa). Šis rodiklis rodo nukrypimus nuo atsitiktinio poravimosi dėl giminytės, stiprios diferenciacijos ir izoliacijos, genų dreifo ir kt. F_{is} priklauso nuo H_e ir H_o santykio. Jei H_o ženkliai mažesnis nei H_e , reiškia kad populiacijoje nors ir esant aukštai alelinei įvairovei (aukštas H_e) giminingi individai poruojasi giminingose grupėse, galimai dėl fenologinio suderinamumo (medžiai), geografinių barjerų ar bendros kilmės (žvėrys). F_{is} kinta nuo -1 iki +1, kur neigiamos reikšmės rodo heterozigotų (didesnės įvairovės individų) perteklių palikuonyse pagrinde dėl atsitiktinio poravimosi genetiškai įvairioje populiacijoje, teigiamos - homozigotų perteklių palikuonyse dėl inbrydingo: $F_{is} = (H_e - H_o) / H_e$, kur H_e ir H_o yra mutilokusiniai H_e ir H_o vidurkiai.

(e) Programa MIGRATE_N ver. 3.6.11 (Beerli 2006) pagal koalescencijos algoritmą įvertintas istorinių populiacijų inbrydingui efektyvus populiacijos dydis (N_{ec}), programa ir NeEstimator ver. 2.1 (Do *et al.* 2014) įvertintas dabartinės populiacijos alelinei variacijai efektyvus populiacijos dydis (N_e). N_e tai yra idealios populiacijos dydis kuris turėtų tą patį genetinę įvairovės paradimo dėl inbrydingo lygį per generaciją kaip tiriamosios populiacijos. Ideali populiacija tai tokia populiacija kurioje (a) lytiškai aktyvių negiminingų vienas kitam ir neturinčių inbrydingo patinų ir patelių skaičius yra lygus, (b) poravimasis yra atsitiktinis ir visi lytiškai brandūs populiacijos nariai veda palikuonis, (c) nėra lytinės asimetrijos, (d) besiporuojančių individų skaičius išlieka pastovus kartų kaitoje. N_e leidžia prognozuoti genetinę įvairovės erozijos greitį populiacijoje. Tikrovėje visos šios sąlygos yra retai išpildomos, todėl N_e paprastai būna mažesnis nei demografinis populiacijos dydis N_d . N_e žemutine riba vilkų populiacijoje gali būti laikoma 50 arba N_e santykis su demografiniu populiacijos dydžiu > 0.2 (Hedrick and Fredrickson, 2008; Wayne and Hedrick, 2010). Programa Migrate_N naudoja koalescentine teorija pagrįstą Bajeso maksimalios tikimybės algoritmą, kuris rekonstruoja tėvinių kartų genotipus pagal specialiai sukurtą mikrosatelitų duomenims Brauno judėjimo paremtą lokusų mutacijos modelį (atitinka IAM lokusų evoliucijos modelį). Todėl koalescentine teorija apskaičiuotas N_{ec} rodo istorinį pradinį populiacijos fundatorių N_e , kuris tuo pačiu dalinai atspindi ir inbrydingui efektyvų populiacijos dydį, nes taip rodo vidutinį N_e per daugelį istorinių generacijų (Neigel 1996, Shwartz *et al.* 1999).

Migrate_M programa apskaičiuoja tikėtinus migrantų skaičius tarp regionų ir Θ populiacijos indeksą, kuris naudojamas apskaičiuoti N_e diploidinių individų autosominiams lokusams pagal šią

formulę: $N_e = \Theta / (4 \cdot 10^{-3})$, kur 10^{-3} mikrosatelitų mutacijos dažnis per generaciją, taikomas mikrosatelitų DNR lokusams.

Taip pat apskaičiavome dabartinės populiacijos N_e su programa NeEstimator ver. 2.1, kuri įvertina dabartinės populiacijos tėvinės kartos N_e pagal alelių sankibos grupių netolygumo algoritimą palikuonyse (t.y. vertinamas neatsitiktinės skirtingų lokusų alelių sąsajos, t.y. tarp nepriklausomai paveldimų lokusų dėl reikšmingo genetinio dreifo poveikio atsiranda sąsajos tarp nepriklausomų lokusų alelių (sankibos netolygumas) palikuonyse, kas rodo genetinio dreifo poveikį alelinei įvairovei mažo dydžio populiacijoje). Toks N_e dar vadinimas genetinei variacijai efektyvus N_e .

(f) vilko populiacijos butelio kaklelio efekto praityje testavimas pagal lauktiną alelių dažnių pasiskirstymą kiekviename lokuse populiacijai esant mutacijų – dreifo pusiausvyroje programa BOTTLENECK 1.2.02 (Cornuet and Luikart 1999); skaičiavimas remiasi tuo, kad efektyvų populiacijos dydžio sumažėjimą patyrę populiacijos vienu metu praranda alelius ir kartu, mažėjant lauktinam heterozigotiškumui (alelių dažnių vienodumui, t.y. Nei genetinės įvairovės indeksui, toliau $esaHe$). Tačiau lauktinas heterozigotiškumas mažėja lėčiau nei alelinė įvairovė, todėl esamas populiacijos lauktinas heterozigotiškumas (alelių dažnių vienodumas, t.y. Nei genetinės įvairovės indeksas) būna didesnis nei tikėtinas lauktinas heterozigotiškumas populiacijai esant mutacijų – dreifo pusiausvyroje (toliau $tikHe$). Tam, kad statistiškai patvirtinti ar populiacijoje yra reikšmingas lokusų skaičius su $esaHe$ per teklumi programa atlieka tris testus: standartizuotų skirtumų SIGN testą (Cornuet and Luikart 1996), Wilcoxon rangų testą (Luikart *et al.*, 1997a) ir alelių modulio pokyčio L formos pasiskirstymo testą (Luikart *et al.*, 1997b). Lyginant su kitais testais, alelių modulio pokyčio indikatorius testas rodo tik neseną butelio kaklelio efektą ir remiasi dėsningumu, kad butelio kaklelio efekto neturėjusios populiacijos esančios mutacijų–dreifo pusiausvyroje turi didelius žemo dažnio alelių kiekius. Testas suskirsto alelius į 10 dažnio klasių ir statistiškai testuoja ar dažniai pasiskirsto pagal normalią L formos dispersiją, kuriai būdingas mažų dažnių alelių dominavimas. Pagal koalescencijos procesu parmetą modeliavimo, remiantis trimis skirtingais SSR alelių matavimo (evoliucijos) modeliais (IAM, TPM, SMM), algoritmą programa Bottleneck sudaro tikėtiną n dydžio populiacijoje rastų alelių dažnių pasiskirstymą šiai populiacijai, esant mutacijų – dreifo pusiausvyroje. Toliau pagal minėtus statistinius metodus apskaičiuojama ar yra reikšmingas $esaHe$ nukrypimas nuo $tikHe$.

(g) migrantų skaičius tarp regionų per generaciją: $N_m = [(1 / F_{st}) - 1] / 4$, kur F_{st} yra regiono fiksacijos indeksas lygintas su visa imtimi.

Genetinės diferenciacijos tyrimas

Genetinės diferenciacijos (skirtumų) reikšmingumas tarp geografinių populiacijų ir regionų Lietuvoje buvo nustatytas pagal: (a) genetinės diferenciacijos indeksus, kurie skaičiuoti pagal alelių dažnių skirtumus tarp genetinių vienetų (Dest, Fst) ir (b) AMOVA analizę pagal genetinius atstumus tarp genetinių vienetų (regionų, populiacijų, individų,) programomis FSTAT ir GeneAlex.

Genetinės struktūros tyrimas

Tradicinė neutralių lokusų, tokių kaip mikrosatelitai UPGMA, klasterinė analizė atlikta pagal Nei (1983) genetinius atstumus tarp populiacijų, pakoreguotus pagal nevienodas populiacijų imtis programa POPTREE2, klasterių reikšmingumas testuotas 10^5 iteracijų tarp lokusų (atsitiktiniai imama 15 lokusų ir apskaičiuojama atstumų tarp populiacijų matrica, procesas kartojamas 10^5 kartų gaunant 10^5 atstumų matricų, nustatoma hierarchinė struktūra, kuri gauta dažniausiai ir kiekvienai klasterinės dendrogramos šakai apskaičiuojamas procentas iteracijų davusių šią hierarchinę struktūrą, *bootstraps*).

Tikslesniam genetinės struktūros nustatymui naudojome neparametrinį Bajeso klasterinės analizės metodą pagal Markovo grandinių iteracijas. Bajeso klasterinė analizė pagal STRUCTURE ver. 2.2.3 (Pritchard *et al.* 2000) programos algoritmus suskirstyto vilkų individus (185 vnt. be hibridų) į grupes, kurių skaičius K užduodamas programai (pvz. 5 grupes), apskaičiuojant tikimybes kiekvienam individui priklausyti vienai iš K grupių pagal jo DNR lokusų alelių dažnius. Bajeso algoritmas skirsto individus į grupes pagal jų genetinį panašumą iteratyviu (kartotiniu) metodu pagal Markovo grandinių iteracijos algoritmą ir Monte Carlo atsitiktinių pavyzdžių ėmimo algoritmą (vad. MCMC algoritmu). Pradžioje algoritmas priskiria individus į užduotą grupių skaičių (K, pvz. K=3) atsitiktinai, po to nustato genetinių variantų dažnius grupėse ir perskirsto juos iš naujo į K grupes tačiau jau pagal jų genetinį panašumą. Šis pradinis perskirstymo ir priskyrimo analizės etapas vadinamas *burn in* periodu, kurio paskirtis yra sudaryti K grupių genetinį identitetą (stat. vad. *posterior* pasiskirstymu) tolesniam individų skirstymui. Toliau pradedamas MCMC atsitiktinių iteracijų procesas ir kartojamas apie 100 000 iteracijų, kol pasiekiamas individų pasiskirstymo į K grupes pastovumas (konvergacija) ir pagal priskyrimo tam tikrai grupei skaičių apskaičiuojama tikimybė individo priklausymui šiai grupei. Tai viena tiksliausių plačiausiai naudojamų DNR duomenų klasterinės analizės metodikų (Liliana Porras-Hurtado *et al.*, 2013). Mūsų tyrime mes naudojome 100 000 MCMC iteracijų ir 100 000 žingsnių ilgio *burn-in* periodą tikslu suskirstyti vilkų populiaciją į K nuo 1 iki 10 grupių, po 10 pakartojimų kiekvienai grupei. Analizės atlikome pagal giminingų alelių dažnių ir admiksijos algoritmus, be *loc prior* funkcijos. Labiausiai tikėtinas genetinių grupių K skaičius nuo 2 iki 10 Lietuvos populiacijoje buvo nustatytas statistiškai pagal programos STRUCTURE_HARVESTER (Earl and Von Holdt 2012)

apskaičiuotą deltaK kriterijų ir individų priskyrimo tikimybių paklaidų mažėjimą, bei priskyrimo patikimumo indeksą (skaičius individų su 0,5 ir > priskyrimo tam tikram grupei K tikimybė). Naudotas admiksijos statistinis modelis su susijusiais alelių dažniais.

Sibų ryšių nustatymas

Šia analize pagal DNR duomenis siekėme nustatyti sibų ir pusiau sibų individus rekonstruoti jų tėvų genotipus pagal programos COLONY V2.0.5.3 (Jones and Wang 2010) Bajeso maksimalios tikimybės algoritmus, kurie rekonstruoja duotos populiacijos individų tėvinius genotipus ir priskiria jiems palikuonius kaip pusiau sibų ir pilnus sibų. Mes naudojome abiejų lyčių poligamijos modelį. Tėvystės priskyrimo metodas yra pagrįstas kelių tėvinių kartų DNR genotipų rekonstravimu iš stebimų (empirinių) palikuonių DNR genotipų pagal Maksimalios tikimybės algoritmus ir Mendelio paveldėjimo dėsnius ir tolesniu statistiniu palyginamu tarp stebimų ir rekonstruotų pagal Mendelio paveldėjimo dėsnius DNR genotipų dažnių statistinių pasiskirstymų (Wang 2004). Pagal Wang (2004) maksimalios tikimybės algoritmą alelio nesutapimas tarp palikuonio ir kandidato į mamą ar tėvą neatmeta jų tėvystės galimybes, tik sumažina tikrosios tėvystės tikimybę. Kuo skirtingesnis yra klaidingai genotipuotas alelis nuo motininio alelio, tuo mažesnė priskyrimo tikimybė. Tokiu būdu pat šis metodas leidžia atsižvelgti į technines DNR genotipavimo paklaidas konkrečiuose lokusuose dėl cheminių reagentų ir DNR tyrimų įrangos specifiškumo ir nėra priklausomas nuo HWE alelių skirstinio bei prielaidų apie neatsitiktinį poravimąsi populiacijoje (Wang 2004). Programoje COLONY V2.0.5.3 naudojome Micro-checker apskaičiuotas kiekvieno lokuso alelių išskirtimo tikimybės dėl nulinių alelių ir programos COLONY V2.0.5.3 įvertintas lokusų genotipavimo paklaidas, kurios vyraavo tarp 1-8 %.

Hibridizacija su šunimis

Šios analizės tikslas buvo nustatyti genetinius panašumus tarp 2021–2022 metų sumedžiotų vilkų ir specialiai šiam tyrimui atrinktų 18 referencinių šunų individų pagal DNR žymenis 18 mikrosatelitų lokusų ir apskaičiuojant hibridizacijos tikimybės kiekvienam vilko individui bei nustatyti šalies regionus, kur šios tikimybės yra santykinai didesnės. Tikimybių apskaičiavimui naudojome Bajeso genetinio priskyrimo analizę pagal GENECLASS (Piry *et al.* 2004). programą. Naudojome Bajeso vilko individų priskyrimo šunų populiacijai algoritmus (Rannala and Mountain 1997), kiekvienam individui apskaičiuojant priskyrimo tikimybės pagal 10000 Monte Karlo permutacijų (Peatkau *et al.* 2004).

Kuo didesnė vilko individui tikimybė priklausyti šunų genetinei grupei, tuo stipresnė jo protėvių poravimosi su šunimis tikimybė. Jei tikimybė viršija 50 proc. tikėtinas poravimasis tėvinėje

kartoje. Jei mažesnei nei 50 proc. hibridizacija vyko anksčiau nei senelių kartoje ar individai yra įvairaus lygmens hibridų palikuonys. Pagal Godinho *et al.* (2011), jei priskyrimo tikimybės viršija 10 proc., yra aukšta tikimybė, kad individas yra hibridas.

2.2. Amžiaus tyrimas

Pagal dantų kaitą galima nustatyti tik jauno gyvūno amžių. Gyvūno amžių pagal dantų nudilimą galima nusakyti tik apytikriai. Dantų dilimo intensyvumas susijęs su skirtinga gyvūnų gyvenamąja aplinka, skirtinga mityba, mechaniniais pažeidimais, ligomis, genetika ir danties mineraline sudėtimi. Visi šie veiksniai įtakoja nevienodą danties dilimą gyvenimo bėgyje. Norint tiksliai nusakyti amžių, tenka pasitelkti kitus, amžių nustatyti padedančius, požymius.

Danties šaknis yra padengta plonu cementito sluoksniu, kuris padeda laikyti žandikaulyje įtvirtintą dantį. Mechaninis (intensyvaus kramtymo metu) ir temperatūrinis (šiltasis/šaltasis metų laikas) stresas formuoja skirtingo tankumo ir mineralizacijos cementito sluoksnį. Šie metiniai cementito sutankėjimai sudaro „metinius“ žiedus aplink danties šaknį.

Vytauto Didžiojo universiteto, Žemės ūkio akademijos Medžioklėtyros laboratorijoje buvo atlikti sumedžiotų vilkų dantų histologiniai tyrimai amžiui nustatyti. Diskinio mikrotomo pagalba atlikti tikslūs pjūviai. Tinkamoje vietoje atpjautas plonas danties šaknies sluoksnis. Vėliau, paruošus bandinį ir jį mikroskopuojant, analizuoti cementito sluoksniai. Suskaičiuoti matomi sutankėjimo žiedai ir įvertintas amžius. Vilkų atveju prie matomų metinių rievių skaičiaus „ pridėta“ dar viena rievė (vieni metai), nes pirmąją gyvenimo žiemą rievė nesusidaro.

2.3. Reprodukcijos tyrimas

Reprodukcijos tyrimams buvo atveriamos sumedžiotų vilkų patelių gimdos. Tose gimdos vietose, prie kurių paskutinio nėštumo metu buvo prisitvirtinę embrionai, išlieka tamsesnės dėmės (Strand *et al.*, 1995; Kojola, 2005; Santicchia *et al.*, 2105). Suskaičiavus tamsias dėmes, nustatomas augusių embrionų skaičius patelės gimdoje paskutinio nėštumo metu.

2.4. Pranešimų apie didžiųjų plėšrūnų buvimą registravimo visus metus anketų duomenų analizė

Analizei naudoti Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos iki 2022 m. rugsėjo 1 d. surinkti pranešimų apie didžiųjų plėšrūnų buvimą registravimo visus metus anketų duomenys. Į analizę įtraukti atvejai įvykę nuo 2021 m. rugsėjo 1 d. Nustatant vilko populiacijos erdvinį paplitimą (arealą), populiacijos dydį (vilkų šeimų ir reprodukcijos atvejų skaičių) bei kitus populiacijos

parametrus, taip pat naudoti ir apskaitos pagal pėdsakus sniege bei 2021–2022 metų medžioklės sezono metu sumedžiotų vilkų genetinių ir amžiaus tyrimų duomenys.

2.5. Medžiojamųjų gyvūnų apskaitos pagal pėdsakus sniege duomenų analizė

Analizei naudoti Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos iki 2022 m. balandžio 10 d. surinkti medžiojamųjų gyvūnų apskaitos pagal pėdsakus sniege duomenys. Apskaičiuota kanopinių žvėrių ir didžiųjų plėšrūnų santykinė gausa, įvertintas pėdsakų dažnumo indeksas šalies mastu ir atskirose apskrityse. Pėdsakų dažnumo indeksas paskaičiuotas pagal Lietuvos Respublikos aplinkos ministro 2018 m. vasario 12 d. įsakymo Nr. D1-98 „Dėl Lietuvos Respublikos aplinkos ministro 2000 m. birželio 27 d. įsakymo Nr. 258 „Dėl medžioklės Lietuvos Respublikos teritorijoje taisyklių patvirtinimo“ pakeitimo 42¹ punktu Medžioklės Lietuvos Respublikos teritorijoje taisyklių 5 priedo 18.1 ir 18.2 punktus:

18.1. 1 km pėdsakų maršruto, kuris nustatomas aptiktų pėdsakų skaičių padalijus iš maršruto ilgio;

18.2. 1 km pėdsakų maršruto per 24 val., kuris nustatomas aptiktų pėdsakų skaičių padalijus iš maršruto ilgio ir parų, praėjusių po sniego iškritimo, skaičiaus.

3. Rezultatai ir jų aptarimas

Mėginių surinkimo ir grąžinimo darbų apimtys

Vadovaujantis Lietuvos Respublikos aplinkos ministro 2021 m. spalio 13 d. įsakymu Nr. D1-582 „Dėl vilkų sumedžiojimo per 2021–2022 metų medžioklės sezoną limito patvirtinimo“ buvo patvirtintas 190 vilkų sumedžiojimo limitas. 2021–2022 metų vilkų medžioklės sezono metu buvo sumedžioti 188 vilkai.

Mėginių surinkimas. Vadovaujantis Medžioklės Lietuvos Respublikos teritorijoje taisyklių 9 priedo nurodymais bei pirkimo-pardavimo sutartimi Nr. F4-310, buvo susisiekiama bei atvykta pas kiekvieną vilką sumedžiojusį medžiotoją. Tokiu būdu buvo surinkta 186 sumedžiotų vilkų raumens pavyzdžiai, 187 sumedžiotų vilkų apatiniai iltiniai dantys bei 87 sumedžiotų vilkų patelių gimdos (lentelė 3.1 ir lentelė 3.2). 5 medžiotojai dėl įvairių priežasčių pateikė ne visus tyrimams reikalingus sumedžiotų vilko mėginius. Viso nepateikta: 2 raumens mėginiai, 1 iltinis dantis ir 2 patelių gimdos.

Lentelė 3.1. Sumedžiotų vilkų mėginių surinkimo ir sugrąžinimo rezultatai (neįskaičiuotas 2021-04-16 rastas partrenktas automobilio vilkas, nes jo tyrimai atlikti pernai)

Paimti mėginiai	Maksimali paslaugų apimtis, vnt.	Paimtų mėginių skaičius		Sugrąžintų mėginių skaičius	
		vnt.	dalis nuo visų sumedžiotų, %	vnt.	%
Raumens gabalėlis	188	186	98,9	–	–
Iltinis dantis	188	187	99,5	187	100
Gimda	89	87	97,8	–	–

Lentelė 3.2. Kiekvieno sumedžiuoto vilko mėginių pateikimas (1 – mėginys pateiktas, 0 – mėginys nepateiktas)

Eil. Nr.	Savivaldybė	Sumedžiojimo data	Medžioklės plotų vienetas	Lytis	Raumuo	Iltis	Gimda	Gimdos atitikimas reikalavimams	Medžiotojas
1	Alytaus r. sav.	2022-01-08	„Sudvaja” MPV	Patinas	1	1	nereikia		E. K.
2	Alytaus r. sav.	2022-01-08	„Sudvaja” MPV	Patinas	1	1	nereikia		S. R.
3	Alytaus r. sav.	2022-01-08	„Sudvaja” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	D. R.
4	Anykščių r. sav.	2021-10-18	Troškūnų medžiotojų būrelis MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. K.
5	Anykščių r. sav.	2021-10-23	„Navikai” MPV	Patinas	1	1	nereikia		G. S.
6	Anykščių r. sav.	2021-11-09	„Navikai” MPV	Patelė	1	1	1	Kiti organai	M. A.
7	Anykščių r. sav.	2021-11-12	Medžiotojų klubo „Debeikiai” MPV	Patinas	1	1	nereikia		V. V.
8	Anykščių r. sav.	2021-11-17	Medžiotojų klubo „Debeikiai” MPV	Patinas	1	1	nereikia		R. M.
9	Anykščių r. sav.	2021-11-27	Troškūnų medžiotojų būrelis MPV	Patinas	1	1	nereikia		G. B.
10	Anykščių r. sav.	2021-11-28	Skiemonių medžiotojų būrelis MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. Ž.
11	Anykščių r. sav.	2021-12-19	Troškūnų medžiotojų būrelis MPV	Patinas	1	1	nereikia		A. K.
12	Anykščių r. sav.	2022-01-08	M. K. „Andrioniškis” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	Č. K.
13	Anykščių r. sav.	2022-01-18	VĮ Anykščių miškų urėdijos PMPV PMP(2)	Patelė	1	1	1	Teisingai	V. R.
14	Anykščių r. sav.	2022-01-29	Medžiotojų klubo „Puntukas-2” MPV	Patinas	1	1	nereikia		M. P.
15	Anykščių r. sav.	2022-01-31	VĮ Anykščių miškų urėdijos PMPV PMP(2)	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. S.
16	Biržų r. sav.	2021-12-14	„Būginiai” MPV	Patinas	1	1	nereikia		R. V.
17	Biržų r. sav.	2021-12-23	„Būginiai” MPV	Patinas	1	1	nereikia		E. S.
18	Biržų r. sav.	2022-01-17	„Būginiai” MPV	Patinas	1	1	nereikia		E. S.
19	Druskininkų sav.	2021-12-31	„Paliepis” MPV	Patinas	1	1	nereikia		T. G.
20	Ignalinos r. sav.	2022-01-08	„Mielagėnai-1” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. S.

21	Ignalinos r. sav.	2022-01-19	„Dysnos” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. L.
22	Jonavos r. sav.	2021-11-06	„Liepiei” MPV	Patinas	1	1	nereikia		R. P.
23	Jonavos r. sav.	2021-11-27	„Žeimiai” MPV	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa gimda	V. G.
24	Jonavos r. sav.	2022-01-15	„Santaka” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	V. V.
25	Jonavos r. sav.	2022-01-18	„Klevas” MPV	Patinas	1	1	nereikia		I. P.
26	Joniškio r. sav.	2021-12-02	„Skaistgirio” PMPV	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa gimda	A. A.
27	Joniškio r. sav.	2022-01-02	„Šakynos” MPV	Patinas	1	1	nereikia		S. G.
28	Joniškio r. sav.	2022-01-08	„Žagarė” MPV	Patinas	1	1	nereikia		D. P.
29	Jurbarko r. sav.	2021-10-23	„Girios” MPV	Patinas	0	1	nereikia		A. A.
30	Jurbarko r. sav.	2021-12-31	„Viešvilė” MPV	Patinas	1	1	nereikia		K. B.
31	Kaišiadorių r. sav.	2021-11-06	„Kruonis” MPV	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa gimda	V. K.
32	Kaišiadorių r. sav.	2021-12-04	„Palomenys” MPV	Patinas	1	1	nereikia		A. J.
33	Kaišiadorių r. sav.	2021-12-18	„Žiežmariai” MPV	Patinas	1	1	nereikia		V. V.
34	Kaišiadorių r. sav.	2021-12-18	„Žiežmariai” MPV	Patinas	1	1	nereikia		A. M.
35	Kaišiadorių r. sav.	2022-01-22	„Rumšiškės” MPV	Patinas	1	1	nereikia		Z. Ž.
36	Kalvarijos sav.	2022-01-15	„Liubavas” MPV	Patinas	1	1	nereikia		R. S.
37	Kalvarijos sav.	2022-01-31	„Liubavas” MPV	Patinas	1	1	nereikia		R. S.
38	Kauno r. sav.	2021-12-23	„Sausinė” MPV	Patinas	1	1	nereikia		I. P.
39	Kauno r. sav.	2021-12-30	„Višakis” MPV	Patinas	1	1	nereikia		S. Č.
40	Kėdainių r. sav.	2021-10-18	„Ažuolas” MPV	Patelė	1	1	0	Nepateikta	G. S.
41	Kėdainių r. sav.	2021-11-06	„Šlapaberžė” MPV	Patinas	1	1	nereikia		S. G.

42	Kėdainių r. sav.	2021-11-10	"Šlapaberžė" MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. H.
43	Kėdainių r. sav.	2021-12-04	„Šlapaberžė” MPV	Patinas	1	1	nereikia		L. V.
44	Kėdainių r. sav.	2021-12-04	„Šlapaberžė” MPV	Patinas	1	1	nereikia		V. S.
45	Kėdainių r. sav.	2021-12-04	„Šlapaberžė” MPV	Patelė	1	1	1	Kiti organai	S. G.
46	Kėdainių r. sav.	2021-12-08	„Šventybrastis” MPV	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa gimda	D. B.
47	Kėdainių r. sav.	2021-12-08	„Šventybrastis” MPV	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa gimda	A. V.
48	Kėdainių r. sav.	2021-12-08	„Šventybrastis” MPV	Patinas	1	1	nereikia		S. S.
49	Kėdainių r. sav.	2021-12-08	„Šventybrastis” MPV	Patinas	1	1	nereikia		M. J.
50	Kėdainių r. sav.	2021-12-08	„Šventybrastis” MPV	Patinas	1	1	nereikia		V. G.
51	Kėdainių r. sav.	2022-01-08	„Aras 1” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	R. A.
52	Kėdainių r. sav.	2022-01-08	„Ažuolotas” MPV	Patinas	1	1	nereikia		A. V.
53	Kelmės r. sav.	2021-10-25	„Kražių” MPV	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa gimda	P. M.
54	Kelmės r. sav.	2021-11-27	„Raudgirio” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	D. K.
55	Kelmės r. sav.	2022-01-08	„Kražių” MPV	Patinas	1	1	nereikia		M. Š.
56	Kelmės r. sav.	2022-01-29	„Raudgirio” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	E. P.
57	Klaipėdos r. sav.	2021-10-02	„Dariaus” MPV	Patinas	1	1	nereikia		O. B.
58	Kretingos r. sav.	2021-12-18	„Darbėnai” MPV	Patinas	1	1	nereikia		T. M.
59	Kretingos r. sav.	2022-01-23	„Šilo rago” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	J. P.
60	Kupiškio r. sav.	2021-10-23	„Šimonys” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	V. P.
61	Kupiškio r. sav.	2021-11-14	„Šimonys” MPV	Patinas	1	1	nereikia		V. L.
62	Lazdijų r. sav.	2021-10-25	„Ažuolynas” MPV	Patelė	1	1	1	Kiti organai	K. P.

63	Lazdijų r. sav.	2021-10-30	„Seirijai” MPV	Patinas	1	1	nereikia		T. L.
64	Lazdijų r. sav.	2021-11-02	„Kurkliai” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	K. G.
65	Lazdijų r. sav.	2021-11-20	„Morkavo” MPV	Patinas	1	1	nereikia		Ž. S.
66	Lazdijų r. sav.	2021-11-28	„Kibirkštis” MPV	Patelė	1	1	1	Kiti organai	L. V.
67	Lazdijų r. sav.	2021-11-30	„Bestraigiškės” PMPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. Š.
68	Marijampolės sav.	2021-10-16	„Amalva” MPV	Patinas	1	1	nereikia		D. B.
69	Marijampolės sav.	2021-10-25	„Marijampolės miškų urėdijos” PMPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	L. P.
70	Marijampolės sav.	2021-11-04	„Amalva” MPV	Patinas	1	1	nereikia		G. G.
71	Mažeikių r. sav.	2021-11-17	„Vieksnių” MPV	Patelė	1	1	1	Kiti organai	A. Š.
72	Mažeikių r. sav.	2021-12-11	„Plinkšių” MPV	Patelė	1	1	1	Kiti organai	V. K.
73	Molėtų r. sav.	2021-10-10	Medžiotojų klubo „Alanta” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	G. G.
74	Molėtų r. sav.	2021-11-30	„Steponavos” medžiotojų klubo MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	R. U.
75	Molėtų r. sav.	2021-12-20	„Steponavos” medžiotojų klubo MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	R. M.
76	Molėtų r. sav.	2021-12-21	„Steponavos” medžiotojų klubo MPV	Patinas	1	1	nereikia		R. M.
77	Pagėgių sav.	2021-11-05	„Gėgė” MPV	Patinas	1	1	nereikia		E. J.
78	Pakruojo r. sav.	2021-12-04	„Glebavo” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. K.
79	Pakruojo r. sav.	2021-12-04	„Glebavo” MPV	Patinas	1	1	nereikia		M. S.
80	Pakruojo r. sav.	2022-01-22	„Glebavo” MPV	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa gimda	V. N.
81	Panevėžio r. sav.	2021-10-23	„Panevėžio miškų urėdijos” PMPV	Patinas	1	1	nereikia		A. U.
82	Panevėžio r. sav.	2021-11-13	„Girelė” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	R. R.
83	Panevėžio r. sav.	2021-12-04	„Panevėžio miškų urėdijos” PMPV	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa gimda	N. N.

84	Pasvalio r. sav.	2021-10-24	„Naradava” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	D. N.
85	Pasvalio r. sav.	2021-12-15	„Naradava” MPV	Patinas	1	1	nereikia		A. J.
86	Plungės r. sav.	2021-10-28	„Stalgėnų” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	J. S.
87	Plungės r. sav.	2021-11-10	„Stalgėnų” MPV	Patinas	1	1	nereikia		J. S.
88	Plungės r. sav.	2021-11-20	„Purvaičių” MPV	Patelė	1	1	1	Kiti organai	A. P.
89	Plungės r. sav.	2021-11-23	„Stalgėnų” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	J. S.
90	Plungės r. sav.	2021-12-16	„Ažuolo” MPV	Patinas	1	1	nereikia		A. T.
91	Plungės r. sav.	2021-12-21	„Stalgėnų” MPV	Patinas	1	1	nereikia		J. S.
92	Plungės r. sav.	2022-01-10	„Alsėdžių” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	V. M.
93	Prienų r. sav.	2022-01-08	„Balbiergicis” MPV	Patinas	1	1	nereikia		V. Z.
94	Radviliškio r. sav.	2021-11-09	„Alksnupių” MPV	Patinas	1	1	nereikia		G. P.
95	Radviliškio r. sav.	2021-11-13	„Ažuolo” MPV	Patinas	1	1	nereikia		K. A.
96	Radviliškio r. sav.	2021-12-07	„Mažuolių” MPV	Patinas	1	1	nereikia		Č. P.
97	Radviliškio r. sav.	2021-12-11	„Stumbro” MPV	Patinas	1	1	nereikia		L. P.
98	Radviliškio r. sav.	2022-01-08	„Gomertos” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	R. K.
99	Radviliškio r. sav.	2022-01-08	„Šušvės” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	D. M.
100	Radviliškio r. sav.	2022-01-22	„Briedžio” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	S. A.
101	Radviliškio r. sav.	2022-01-27	„Tamašiškių” MPV	Patelė	1	1	1	Kiti organai	D. M.
102	Raseinių r. sav.	2021-10-30	„Verdenė” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. P.
103	Rokiškio r. sav.	2021-10-16	„Južintai” MPV	Patinas	1	1	nereikia		K. B.
104	Rokiškio r. sav.	2021-10-20	„Sartai” MPV	Patinas	1	1	nereikia		A. S.

105	Rokiškio r. sav.	2021-10-24	„Sartai” MPV	Patinas	1	1	nereikia		A. S.
106	Rokiškio r. sav.	2021-10-31	„Sartai” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	K. P.
107	Rokiškio r. sav.	2021-11-06	„Južintai” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	E. O.
108	Rokiškio r. sav.	2021-11-10	„Južintai” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	Š. B.
109	Rokiškio r. sav.	2021-11-12	„Sartai” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	P. K.
110	Rokiškio r. sav.	2021-11-12	„Sartai” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	P. K.
111	Rokiškio r. sav.	2021-11-12	„Sartai” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	P. K.
112	Rokiškio r. sav.	2021-11-12	„Sartai” MPV	Patinas	1	1	nereikia		P. K.
113	Rokiškio r. sav.	2021-11-13	„Stačiaragis” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	T. J.
114	Rokiškio r. sav.	2021-11-20	„Južintai” MPV	Patinas	1	1	nereikia		A. N.
115	Skuodo r. sav.	2021-11-20	„Aitros” MPV	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa gimda	J. B.
116	Skuodo r. sav.	2021-12-04	„Aitros” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	R. U.
117	Skuodo r. sav.	2022-01-09	„Aitros” MPV	Patinas	1	1	nereikia		S. K.
118	Šakių r. sav.	2021-10-17	„Gerdžiūnai” MPV	Patinas	0	1	nereikia		B. K.
119	Šakių r. sav.	2021-10-17	„Gerdžiūnai” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	B. K.
120	Šakių r. sav.	2021-10-30	„Išdagai” MPV	Patinas	1	1	nereikia		D. P.
121	Šakių r. sav.	2021-11-12	„Turčinai” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	M. B.
122	Šakių r. sav.	2021-12-01	„Išdagai” MPV	Patinas	1	0	nereikia		D. P.
123	Šakių r. sav.	2021-12-04	„Pankliškės” MPV	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa gimda	A. T.
124	Šalčininkų r. sav.	2021-12-01	„Pirčiupiai” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. K.
125	Šalčininkų r. sav.	2022-01-30	„Sakalas” MPV	Patinas	1	1	nereikia		R. M.

126	Šiaulių r. sav.	2021-10-17	„Užpelkių” MPV	Patelė	1	1	1	Kiti organai	E. A.
127	Šiaulių r. sav.	2021-10-30	„Lygudų” MPV	Patelė	1	1	1	Kiti organai	V. K.
128	Šiaulių r. sav.	2021-10-30	„Lygudų” MPV	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa gimda	Ž. K.
129	Šiaulių r. sav.	2021-12-01	„Beržėnų” MPV	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa gimda	S. B.
130	Šiaulių r. sav.	2021-12-31	„Pažiužmėlių” MPV	Patinas	1	1	nereikia		V. V.
131	Šilalės r. sav.	2021-10-23	„Akmenos” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	T. G.
132	Šilalės r. sav.	2021-11-06	„Medvėgalio” MPV	Patinas	1	1	nereikia		V. K.
133	Šilalės r. sav.	2021-11-06	„Medvėgalio” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. B.
134	Šilalės r. sav.	2021-11-06	„Medvėgalio” MPV	Patinas	1	1	nereikia		D. J.
135	Šilalės r. sav.	2021-11-06	„Medvėgalio” MPV	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa gimda	S. G.
136	Šilalės r. sav.	2021-12-27	„Medvėgalio” MPV	Patinas	1	1	nereikia		A. T.
137	Šilalės r. sav.	2022-01-08	„Medvėgalio” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. M.
138	Šilalės r. sav.	2022-01-19	„Judrės” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	M. P.
139	Šilutės r. sav.	2021-12-27	„Gėgė” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	E. J.
140	Širvintų r. sav.	2021-10-23	„Čiobiškis” MPV	Patinas	1	1	nereikia		A. S.
141	Širvintų r. sav.	2022-01-02	„Kieliai” MPV	Patinas	1	1	nereikia		A. O.
142	Širvintų r. sav.	2022-01-02	„Kieliai” MPV	Patelė	1	1	1	Kiti organai	K. M.
143	Švenčionių r. sav.	2021-12-14	„Švenčionėlių” MPV	Patelė	1	1	1	Kiti organai	D. A.
144	Švenčionių r. sav.	2021-12-14	„Švenčionėlių” MPV	Patinas	1	1	nereikia		A. R.
145	Švenčionių r. sav.	2021-12-26	„Reškutėnų” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	V. P.
146	Švenčionių r. sav.	2022-01-20	„Svirkų” MPV	Patinas	1	1	nereikia		R. Z.

147	Tauragės r. sav.	2022-01-09	„Laukėsa“	Patelė	1	1	0	Nepateikta	A. G.
148	Tauragės r. sav.	2022-01-09	„Laukėsa“	Patinas	1	1	nereikia		A. M.
149	Tauragės r. sav.	2022-01-29	„Žygaičių“ MPV	Patinas	1	1	nereikia		V. J.
150	Telšių r. sav.	2021-10-16	„Nevarėnų“ MPV	Patinas	1	1	nereikia		E. P.
151	Telšių r. sav.	2021-11-27	„Varnių“ MPV	Patinas	1	1	nereikia		Z. I.
152	Telšių r. sav.	2022-01-23	„Tryškiai 2“ MPV	Patinas	1	1	nereikia		R. Š.
153	Trakų r. sav.	2021-12-05	„Aukštadvario 4“ MPV	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa gimda	A. S.
154	Trakų r. sav.	2021-12-26	„Aukštadvario 4“ MPV	Patinas	1	1	nereikia		D. K.
155	Ukmergės r. sav.	2021-10-30	Vidiškių medžiotojų būrelio MPV	Patinas	1	1	1	Teisingai	A. D.
156	Ukmergės r. sav.	2021-11-13	„Veprių“ MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	E. B.
157	Ukmergės r. sav.	2021-11-13	„Veprių“ MPV	Patinas	1	1	nereikia		R. D.
158	Ukmergės r. sav.	2021-11-13	„Veprių“ MPV	Patinas	1	1	nereikia		R. R.
159	Ukmergės r. sav.	2021-11-20	Medžiotojų būrelio „Balninkai“ MPV	Patinas	1	1	nereikia		A. S.
160	Ukmergės r. sav.	2021-11-26	„Šešuolių-Širvintų“ PMPV	Patinas	1	1	nereikia		T. K.
161	Ukmergės r. sav.	2021-11-26	„Šešuolių-Širvintų“ PMPV	Patinas	1	1	nereikia		V. V.
162	Ukmergės r. sav.	2021-12-04	Vidiškių medžiotojų būrelio MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. G.
163	Ukmergės r. sav.	2021-12-10	„Šešuolių-Širvintų“ PMPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	V. R.
164	Ukmergės r. sav.	2022-01-08	„Garbinas“ MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. Š.
165	Ukmergės r. sav.	2022-01-09	Medžiotojų klubo „Želvelė“ MPV	Patinas	1	1	nereikia		Š. Ž.
166	Utenos r. sav.	2021-10-18	„Ažugiris“ MPV	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa gimda	T. P.
167	Utenos r. sav.	2021-10-21	„Miškininko“ MPV	Patinas	1	1	nereikia		R. U.

168	Utenos r. sav.	2021-11-15	„Dvarašilio” MPV	Patinas	1	1	nereikia		Ž. D.
169	Varėnos r. sav.	2021-11-12	„Pirčiupiai” MPV	Patinas	1	1	nereikia		E. M.
170	Varėnos r. sav.	2021-11-13	„Beržupis” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	O. D.
171	Varėnos r. sav.	2021-12-28	„Grūtas” MPV	Patelė	1	1	1	Kiti organai	V. N.
172	Varėnos r. sav.	2022-01-22	„Valkininkai” MPV	Patinas	1	1	nereikia		A. Š.
173	Vilkaviškio r. sav.	2021-10-24	„Šūkiai” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	P. V.
174	Vilkaviškio r. sav.	2021-12-07	„Vištytis” MPV	Patinas	1	1	nereikia		A. P.
175	Vilkaviškio r. sav.	2021-12-28	„Vištytis” MPV	Patinas	1	1	nereikia		A. P.
176	Vilkaviškio r. sav.	2022-01-08	„Kybartai-2” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	R. S.
177	Vilniaus r. sav.	2021-11-13	„Paberžės” MPV	Patinas	1	1	nereikia		M. J.
178	Vilniaus r. sav.	2021-11-13	„Paberžės” MPV	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa gimda	M. J.
179	Vilniaus r. sav.	2021-11-13	„Paberžės” MPV	Patinas	1	1	nereikia		A. Ch.
180	Vilniaus r. sav.	2021-11-13	„Paberžės” MPV	Patinas	1	1	nereikia		A. Ch.
181	Vilniaus r. sav.	2021-11-29	„Ažuolas II” MPV	Patinas	1	1	nereikia		A. Š.
182	Vilniaus r. sav.	2021-12-06	„Žalesa 2” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	P. F.
183	Vilniaus r. sav.	2022-01-14	„Žalesa 2” MPV	Patelė	1	1	1	Teisingai	V. T.
184	Vilniaus r. sav.	2022-01-29	„Žalesa 2” MPV	Patinas	1	1	nereikia		V. T.
185	Zarasų r. sav.	2021-10-16	Tumiškių medžiotojų būrelis MPV	Patinas	1	1	nereikia		R. D.
186	Zarasų r. sav.	2021-10-24	Gražutės medžiotojų būrelis MPV	Patinas	1	1	nereikia		J. Č.
187	Zarasų r. sav.	2022-01-19	Tumiškių medžiotojų būrelis MPV	Patinas	1	1	nereikia		A. K.
188	Zarasų r. sav.	2022-01-27	Gražutės medžiotojų būrelis MPV	Patinas	1	1	nereikia		J. Č.

Mėginių gražinimas. Pagal taisykles, tyrėjai, atsiplovę tyrimams reikalingą iltinio danties šaknies dalį, per numatytą laiką sugražino medžiotojams visus tyrimams paimtus iltinius dantis. Iš viso tyrimams buvo paimti 187 iltiniai dantys bei po tyrimų gražinta 187 iltiniai dantys.

Mėginių atitikimas reikalavimams. Surinkti raumens gabalėliai ir gimdos turėjo būti laikomi šaldiklyje iki tyrėjas atvažiuos paimti mėginių. Taigi visi šie mėginiai buvo perduoti sušaldyti, todėl nebuvo galimybės iš karto patikrinti jų būklės.

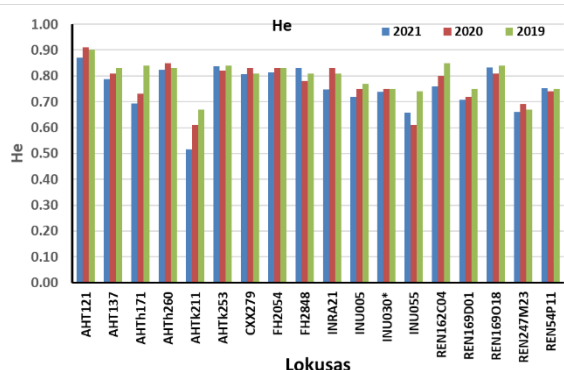
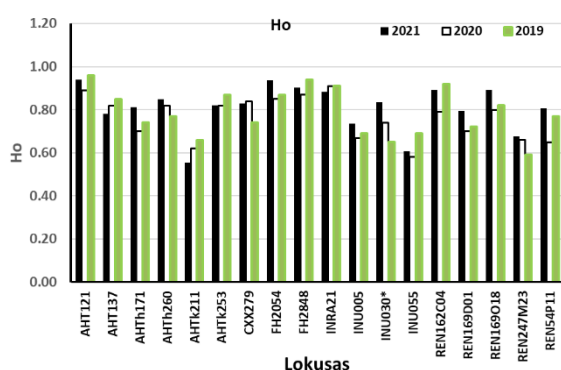
Laboratorijoje pradėjus vykdyti mėginių tyrimus, paaiškėjo, kad visi raumens gabalėliai buvo paimti ir saugoti tinkamai. Iltinių dantų šaknų nuopjovos tyrimams buvo tinkamos. Tyrimams pateikta 87 vilkų patelių gimdos. Laboratorijoje po mėginių atšildymo, pradėjus analizę, paaiškėjo, kad 58 gimdos paimtos teisingai.

Mėginių perdavimo–priėmimo pažymos (376 vnt.) pateiktos atskiru dokumentu.

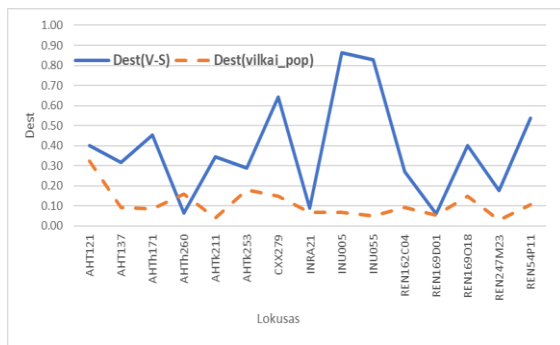
3.1 Vilkų populiacijos genetinės įvairovės geografinis pasiskirstymas Lietuvoje

3.1.1 Mikrosatelitų lokusų charakteristika

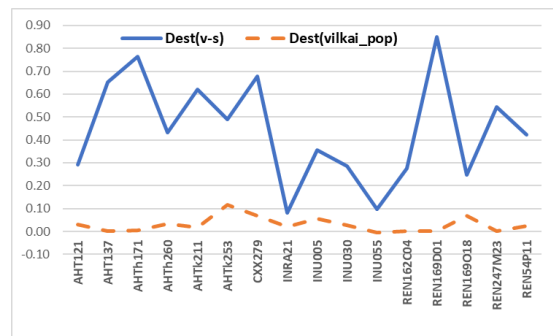
Micro-checker testas parodė, kad visų 18 lokusų nulinių alelių dažnis buvo žemas ir neviršijo 0.1 ribos nei vienam iš 18 lokusų 2021–2022 m. (trumpumo sumetimais, toliau tekste ir iliustracijose šis laikotarpis gali būti įvardijamas kaip 2021 m.) sumedžiojimo populiacijoje. Todėl tikėtina, kad nuliniai aleliai neįnešė reikšmingų paklaidų inbrydingo ir stebimo heterozigotiškumo vertėms bei nuo jų priklausantiems indeksams (3.1.1 lent.).



2020 m.



2021 m.



3.1.1 pav. DNR lokų genetinės įvairovės (H_e) ir stebimo heterozigotiškumo rodikliai (H_o) bei potencialas genetiškai diferencijuoti tarp vilkų ir šunų (Dest indeksas) 2020–2021 m. ($n=173$) ir 2021–2022 m. ($n=186$) genotipavimo duomenyse

3.1.1 lent. Lokusų charakteristika 2021–2022 (n=186), 2020–2021 m (n=173) ir 2019–2020 m. (n=118) sumedžiojimo populiacijose. Na skirtingų alelių skaičius, Ho ir He – stebimas ir laukiamas heterozigotiškumas. Fis inbrydingo koeficientas. Dest – diferenciacijos indeksai ir jų reikšmingumas (P_{Dest}) tarp vilkų - šunų ($D_{est(V-S)}$) ir tarp vilkų populiacijų ($D_{est(reg)}$). Paskutiniame stulpelyje pateiktas Micro-checker programa Van Oosterhout metodu apskaičiuotas nulinių alelių dažnis. Jei nulinių alelių (nulinis alelis - vieno iš homologinių alelių amplifikacijos nebuvimas dėl mutacijų ar alelių vertinimo netikslumų) dažnis lokuse neviršija 0.01, jų poveikis stebimo heterozigotiškumo ir kitiems susijusiems rodikliams yra nereikšmingas (Van Oosterhout et al. 2006)

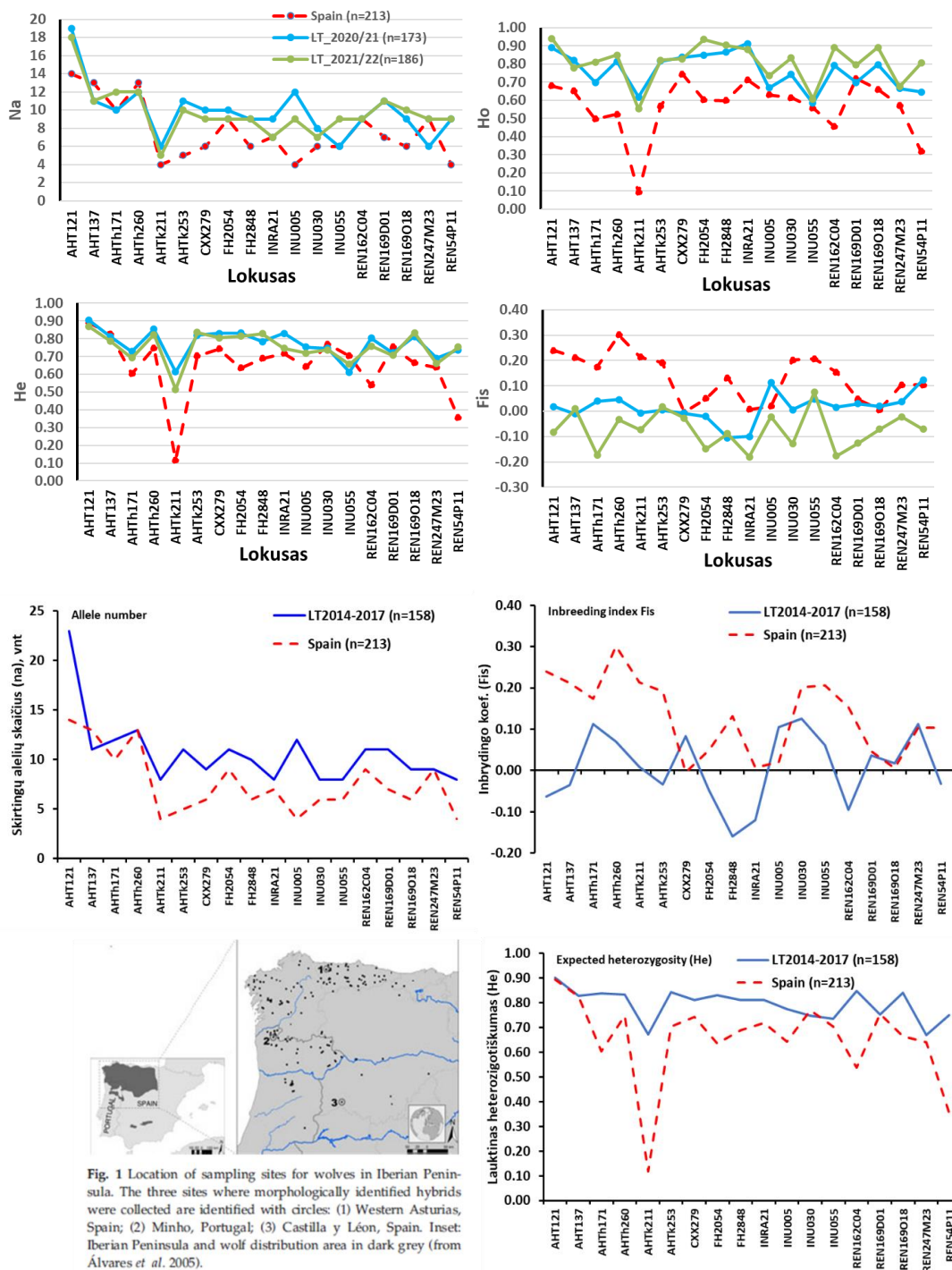
Lokusas	SSR mot. bp	Alelių interva- las (dažniausias alelis), bp	Na	Na	Na	Ho	Ho	Ho	He	He	He	Fis	Fis	Fis	$D_{est(pop)}$	P_{Dest}	$D_{est(pop)}$	P_{Dest}	$D_{est(pop)}$	P_{Dest}	N0	N0	N0
			2021	2020	2019	2021	2020	2019	2021	2020	2019	2021	2020	2019	2021	2021	2020	2020	2019	2019	2021	2020	2019
AHT121	2	64-114 (102)	18	19	23	0.94	0.89	0.96	0.87	0.91	0.9	-0.08	0.02	-0.06	0.03	0.096	0.32	0.001	0.11	0.000	-0.05	0.01	-0.03
AHT137	2	124-150 (144)	11	11	11	0.78	0.82	0.85	0.79	0.81	0.83	0.01	-0.01	-0.04	0.00	0.419	0.09	0.005	0.16	0.000	0.01	0.00	-0.02
AHTh171	2	215-249 (227)	12	10	12	0.81	0.70	0.74	0.69	0.73	0.84	-0.17	0.04	0.11	0.00	0.260	0.09	0.003	0.14	0.000	-0.12	0.02	0.05
AHTh260	2	232-260 (242)	12	12	13	0.85	0.82	0.77	0.82	0.85	0.83	-0.03	0.05	0.07	0.03	0.060	0.16	0.002	0.03	0.110	-0.02	0.03	0.03
AHTk211	2	71-93 (87)	5	6	8	0.55	0.62	0.66	0.52	0.61	0.67	-0.07	-0.01	0.01	0.02	0.008	0.04	0.014	0.15	0.000	-0.05	-0.01	0
AHTk253	2	279-299 (285)	10	11	11	0.82	0.82	0.87	0.84	0.82	0.84	0.02	0.00	-0.03	0.11	0.000	0.18	0.001	0.28	0.000	0.01	0.00	-0.02
CXX279	2	111-127 (117)	9	10	9	0.83	0.84	0.74	0.81	0.83	0.81	-0.03	-0.01	0.08	0.07	0.002	0.15	0.001	0.11	0.000	-0.01	-0.01	0.04
FH2054*	4	139-179 (155)	9	10	11	0.94	0.85	0.87	0.81	0.83	0.83	-0.15	-0.02	-0.05	-	-	-	-	-	0.000	-0.08	-0.01	-0.03
FH2848*	2	220-250 (234)	9	9	10	0.90	0.87	0.94	0.83	0.78	0.81	-0.09	-0.10	-0.16	-	-	-	-	-	0.011	-0.05	-0.06	-0.08
INRA21	2	87-101(97)	7	9	8	0.88	0.91	0.91	0.75	0.83	0.81	-0.18	-0.10	-0.12	0.02	0.047	0.07	0.012	0.13	0.001	-0.12	-0.05	-0.06
INU005	2	100-132 (124)	9	12	12	0.74	0.67	0.69	0.72	0.75	0.77	-0.02	0.11	0.11	0.05	0.002	0.07	0.018	0.04	0.070	-0.02	0.06	0.05
INU030	2	131-155 (141)	7	8	8	0.83	0.74	0.65	0.74	0.75	0.75	-0.13	0.01	0.13	0.03	0.045	-	-	-	0.002	-0.07	0.00	0.06
INU055	2	187-207 (199)	9	6	8	0.61	0.58	0.69	0.66	0.61	0.74	0.08	0.05	0.06	0.00	0.608	0.05	0.013	0.12	0.001	0.04	0.02	0.03
REN162C04	2	188-210 (204)	9	9	11	0.89	0.79	0.92	0.76	0.8	0.85	-0.18	0.02	-0.09	0.00	0.440	0.09	0.006	0.16	0.000	-0.10	0.01	-0.05
REN169D01	2	145-171 (163)	11	11	11	0.80	0.70	0.72	0.71	0.72	0.75	-0.13	0.03	0.04	0.00	0.427	0.05	0.005	0.16	0.000	-0.08	-0.01	0.02
REN169O18	2	196-218 (204)	10	9	9	0.89	0.80	0.82	0.83	0.81	0.84	-0.07	0.02	0.02	0.07	0.003	0.15	0.001	0.06	0.033	-0.04	0.01	0.01
REN247M23	2	261-283 (273)	9	6	9	0.68	0.66	0.59	0.66	0.69	0.67	-0.02	0.04	0.11	0.00	0.350	0.03	0.088	0.06	0.041	-0.03	0.01	0.05
REN54P11	2	225-241 (235)	9	9	8	0.81	0.65	0.77	0.75	0.74	0.75	-0.07	0.12	-0.03	0.02	0.063	0.11	0.001	0.23	0.000	-0.04	0.06	-0.02
Vidurkis	-	-	175	177	192	0.81	0.76	0.79	0.75	0.77	0.79	-0.07	0.01	0.01	0.02	0.000	0.09	0.001	0.12	0.000			
St. paklaida						0.03	0.02	0.03	0.02	0.02	0.01	0.02	0.01	0.02									

*- lokusai nenaudoti analizėje dėl santykinai didesnio dažnio genotipavimo paklaidų, tikėtina dėl alelių daugiaviršūniškumo ir atsitiktinių alelių amplifikacijos.^S – suma.

Tačiau *Micro-checker* testas parodė, kad du lokusai FH2054, FH2848 turi reikšmingų paklaidų dėl alelių daugiaviršūniškumo (stutering) ir ilgų fragmentų iškritimo. Kadangi numatytos tėvystės ir sibų ryšių analizės reikalaujančios DNR genotipavimo tikslumo, šiuos tris lokusus išėmėme iš tolesnių analizių. Mūsų tyrime visi 18 lokusų buvo palyginti aukšto polimorfiškumo nuo 7 iki 21 skirtingų alelių lokuse, viso 2021–2022 metų sumedžiotų 186 vilkų imties 18-koje genominių autosominių lokusų rasti net 175 skirtingi aleliai (2020 ir 2019 metais – atitinkamai, 177 ir 192 aleliai), tai aukšto polimorfizmo medžiaga jų genetinės įvairovės, struktūros, tėvystės ir hibridizacijos tyrimui (Randi *et al* 2014).

Reikšmingų sąsajų tarp lokusų polimorfiškumo ir galios diferencijuoti vilkus-šunis ar diferencijuoti vilkų populiacijas nenustatėme (3.1.1 pav.). Tai reiškia, kad vilkų populiacijos genetinės struktūros analizėje yra vertingi tiek aukšto, tiek žemesnio polimorfiškumo lokusai. Visuose lokusuose diferenciacija tarp vilkų ir šunų buvo reikšmingai stipresnė nei tarp vilkų populiacijų Lietuvoje. (3.1.1 pav.). Genetinė diferenciacija tarp Lietuvos vilko populiacijų taip pat buvo reikšminga (3.1.1 lent.). Tai rodo, kad mūsų naudotų lokusų rinkinys yra tinkamas tiek vilko hibridizacijos tiek genetinių skirtumų tyrimams. Tačiau 7 lokusai iš 18 rodė nereikšmingą diferenciaciją, kas buvo ženklai daugiau nei 2020 m., kur tik 2 lokusai rodė nereikšmingą populiacijų diferenciaciją (3.1.1 lent.). Tai rodo, kad 2021–2022 m. skirtumai tarp vilkų populiacijų atskirose Lietuvos vietose yra mažesni nei 2020 metais.

Palyginome mūsų medžiagos ir Ispanijoje Godinho *et al.* (2011) atlikto vilkų tyrimo tais pačiais mikrosatelitų lokusais lokusų genetinio polimorfizmo rodiklius (3.1.2 pav.). Palyginimas parodė, kad (a) alelių skaičiaus ir bendros genetinės įvairovės indekso (H_e) lokusų reikšmės stipriai siejasi tarp Lietuvos ir Ispanijos medžiagos, kas rodo panašų lokusų genominę priklausomybę, bei laboratorinių analizių patikimumą, (b) inbrydingo koeficiento (F_{is}) reikšmės tarp Lietuvos ir Ispanijos lokusų skiriasi, kas rodo skirtumus tarp šalių vilkų populiacijų poravimosi dėsningumą ir evoliucinių jėgų poveikio ir (c) Ispanijos vilkų populiacija nusileidžia visose keturiuose pagrindiniuose genetinės įvairovės rodikliuose: žemesnė alelinė įvairovė, mažesnis Nei genetinės įvairovės indeksas (H_e), žemesnis stebimas heterozigotiškumas (rodantis dažnesnį giminingų individų poravimąsi) ir stipresnis inbrydingas, rodantis stipresnius nukrypimus nuo atsitiktino poravimosi Ispanijos populiacijoje (3.1.2 pav.).



3.1.2 pav. Pagrindinių genetinės įvairovės rodiklių palyginimas tarp Lietuvos ir Ispanijos vilkų populiacijų pagal lokusus 2014-2017 ir 2020, 2021 m. Lietuvos populiacijos imtyse. Imties dydžiai buvo 158 (2014-2017 m), 173 (2020 m.) 186 (2021 m.) Lietuvos populiacijoje ir 213 Ispanijos poliucijoje (Ispanijos vilkų duomenys iš *Godinho et al. 2011*).

3.1.2 Genetinė įvairovė ir inbrydingas

Pradėsime nuo vieno iš svarbiausių populiacijos genetinės įvairovės rodiklių– efektyvaus populiacijos dydžio (N_e). Šis rodiklis parodo, koks yra duotos populiacijos genetinės įvairovės atitikmuo idealiai genetinės įvairovės požiūriu populiacijai, kuri suprantama kaip atsitiktinės kryžmakaitos populiacija, kur lyčių santykis lygus, kartos nepersidengia, visi individai yra fertilūs ir veda po lygų skaičių palikuonių, yra be inbrydingo, negiminingi vienas kitam ir populiacijos dydis yra pastovus (Waples 2005). Kitaip tariant N_e parodo kokio dydžio ideali populiacija (supaprastinai negiminingų ir be inbrydingo individų skaičius) prarastų genetinę įvairovę tokiu pačiu greičiu kaip tiriamoji populiacija. Mažo N_e dydžio populiacijai gresia genetinės įvairovės erozija dėl genetinio dreifo, adaptacinio potencialo mažėjimas ir inbrydingo depresija. Apskaičiavime dviejų kategorijų N_e : (a) istorinį, t.y. fundatorinės populiacijos pagal koelescencijos Migrate_N algoritmą (N_{ec}) ir (b) dabartinės populiacijos N_{ed} (pagal alelių sankabos netolygumo metodą, kuris pagrinde rodo populiacijos genetinės erozijos riziką dėl genų dreifo ir vadinamas genetinei variacijai efektyvus N_e).

Mūsų skaičiavimai pagal Migrate_N algoritmą parodė, kad 2021–2022 m. sezono demografiniai imčiai su $N_d = 186$ individais, N_{ec} yra 24,7. Paprastai lyginimas demografinis (imties) populiacijos dydis N_d su N_e apskaičiuojant jų santykį (N_e/N_d), mūsų atveju 2021–2022 metų imčiai $N_{ec}/N_d = 0.13$. 2020 m. sezono demografiniai imčiai su $N_d = 173$ vnt., $N_{ec} = 24.6$ individai, o $N_{ec}/N_d = 0.14$. 2019 m. sezono demografiniai imčiai su $N_d = 118$ vnt., $N_{ec} = 36$ individai, o $N_{ec}/N_d = 0.31$. 2018 m. sezono demografiniai imčiai su $N_d = 99$ vnt., $N_{ec} = 24$ individai, o $N_{ec}/N_d = 0.25$. Šios istorinės N_e įvertės rodo, kad dabartinė Lietuvos vilkų populiacija yra kilusi iš gana mažos 24-36 negiminingų vilkų fundatorių populiacijos, kas atitinka demografinius vilkų populiacijos stebėjimo duomenis Lietuvoje. Santykinai žemesnė 2020 m. sezono populiacijos N_{ec}/N_d reikšmė, rodo, kad sumedžiojus daugiau individų nei 2018-2019 m. (173 vilkai 2020 m., vietoje 99-118 2018-2019 m. imtyse), sumedžiota daugiau būtent giminingų individų (kas taip pat matosi per didesnes sibų šeimas 2020 m imtyje, žr. sibų ryšių poskyryje). Toks rezultatas reiškia, kad medžioklės limitų didinimas, tikėtina didina ne skirtingų sumedžiotų šeimų, o sumedžiotų šeimos narių skaičių (taip žr. 3.1.10 ir 3.1.13 pav., kur matyti šeimų dydžio augimas 2021 ir 2020 m imtyse lyginant su 2019 m.).

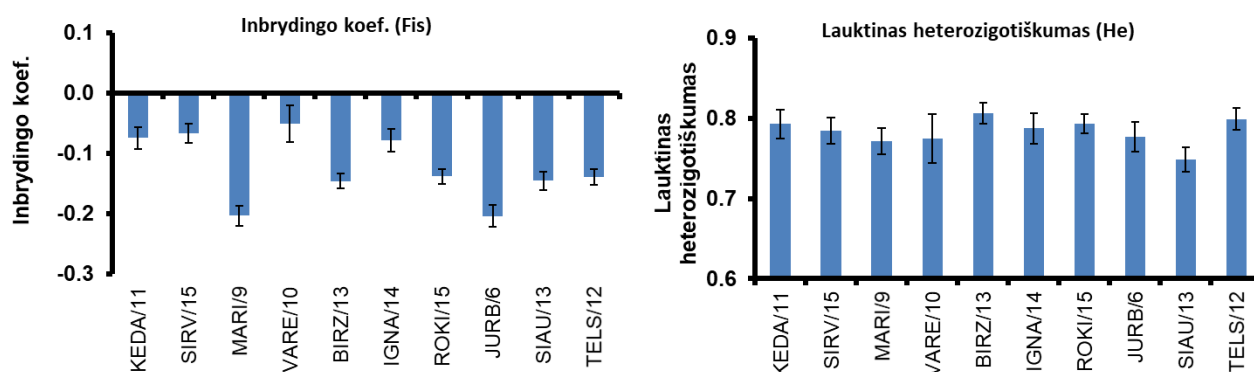
Tuo tarpu dabartinės vilkų populiacijos N_{ed} pagal 2021 m. sumedžiojimo duomenis buvo 99 individai (pagal alelių sankibos grupių netolygumo metodą su kritine retų alelių eliminacijos riba <0.05 , NeEstimator ver. 2.1), kas sudaro $N_e/N_d = 0.53$. N_e/N_d santykis > 0.5 rodo spartų populiacijos atsistatymą genų srauto pagalba ir genetinio optimumo pasiekimą

(Frankham 1995). Kaip ir Nec atveju, yra tikėtina, kad dabartinio Ned įvertės taip pat priklauso nuo giminingų ir vienos šeimos narių skaičiaus atskirų metų sumedžiojimų imtyse.

3.1.2 lent. 2021–2022 m. (n=186) ir 2020–2021 m sumedžiojimo sezonų (n=173) populiacijų genetines įvairovės rodikliai. Vid. – vidurkis, s.p. standartinė paklaida. Na skirtingų alelių skaičius, Ho ir He – stebimas ir laukiamas heterozigotiškumas. Fis inbrydingo koeficientas. Ar yra alelinis turtingumas.

Pop	N	Na	Ar (9)	Ho	uHe	Fis	N	Na	Ar(14)	Ho	uHe	Fis
	2021	2021	2021	2021	2021	2021	2020	2020	2020	2020	2020	2020
SIAU	18	5.9	5.0	0.81	0.72	-0.152	14	7.2	7.04	0.73	0.79	0.045
TELS	18	6.7	5.6	0.80	0.75	-0.099	18	7.4	6.82	0.78	0.78	-0.027
IGNA	22	6.6	5.2	0.78	0.72	-0.111	21	7.0	6.3	0.71	0.74	0.032
PANE	22	7.1	5.6	0.79	0.74	-0.097	16	7.0	6.66	0.79	0.79	-0.022
ROKI	21	6.4	5.3	0.80	0.73	-0.121	16	6.3	6.05	0.73	0.75	0.003
KEDA	15	5.7	5.0	0.80	0.72	-0.142	14	6.6	6.48	0.79	0.77	-0.059
JURB	13	6.0	5.4	0.79	0.74	-0.119	15	7.1	6.74	0.76	0.76	-0.035
MARI	20	6.4	5.3	0.79	0.74	-0.086	14	6.3	6.19	0.74	0.73	-0.047
SIRV	16	6.7	5.7	0.83	0.75	-0.129	15	6.5	6.32	0.75	0.77	-0.016
VARE	9	5.1	5.1	0.78	0.74	-0.117	15	7.0	6.76	0.72	0.77	0.022
VILN	12	6.0	5.5	0.77	0.76	-0.052	15	6.5	6.24	0.77	0.76	-0.051
Vid.		7.61	5.36	0.79	0.74	-0.080		6.8	6.72	0.75	0.77	-0.014
sp		0.26	0.41	0.01	0.01	0.011		0.15	0.43	0.01	0.01	0.011

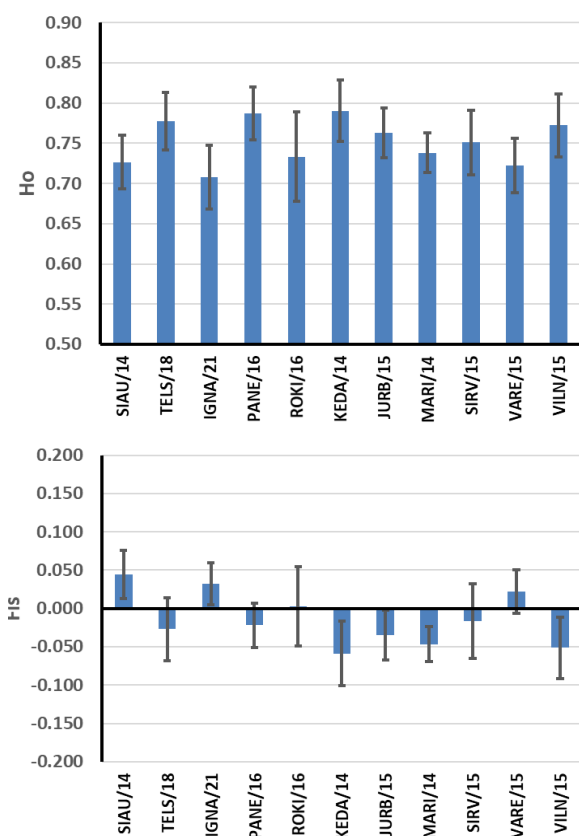
Natūralios populiacijos dažnai netenkina idealios populiacijos sąlygų, todėl dabartinis Ne paprastai būna mažesnis nei Nd, klausumas yra kiek mažesnis (Palstra and Ruzzante 2008). Kritinė Ned/Nd riba yra 0.2, esant žemesnei ribai gresia išnykimas (Frankham 1995). Siektinas Ne/Nd optimumas būtų virš 0.5 (Mace and Lande 1991), kai nėra tiesioginio pavojaus populiacijos genetinės įvairovės erozijai dėl genetinio dreifo ar inbrydingo (Palstra and Ruzzante 2008). Pavyzdžiui, Suomijoje Ned/Nd rodiklis pagal 2009 m. duomenis nežymiai viršija 0.5 (Jansson 2013).



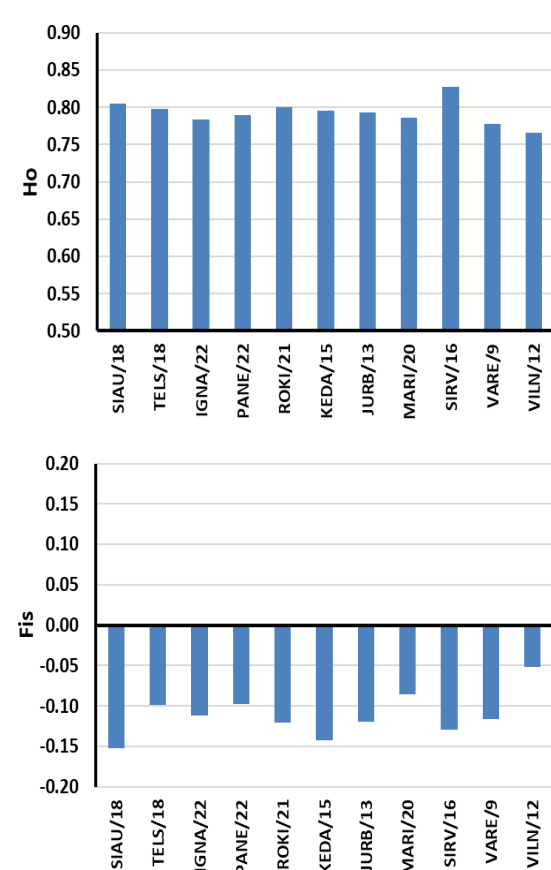
3.1.3 pav. Lietuvos vilkų geografinių populiacijų genetinės įvairovės rodikliai 2019 m: inbrydingo koeficientas (Fis) ir pagrindinis genetinės įvairovės rodiklis - lauktinas heterozigotiškumas (žr. 2.1 poskyryje rodiklių pasakinimus). Populiacijos imties dydis duotas po pasvirojo brūkšnio ties populiacijos kodu X ašyje. Populiacijos suskirstytos pagal regionus

Kaip ir praeitų metų duomenyse SIGN butelio kalelio tikimybės testas Lietuvos populiacijoje parodė reikšmingą nukrypimą nuo alelių pasiskirstymo pagal mutacijų – dreifo pusiausvyros būseną Lietuvos vilkų populiacijoje ($p=0.0004$, 0.0311 ir 0.0004 pagal lokusų IAM, TPM, SSM mutacijos modelius ($p=0.0001$ ir 0.0070 pagal IAM ir SMM modelį). Kitas butelio kaklelio testas pagal WILCOXON perteklinio lauktino heterozigotiškumo indeksą parodė reikšmingą butelio kaklelio efektą pagal IAM, TPM alelių mutacijų modelius: $p=0.0003$ ir $p=0.0118$, bet ne pagal SSM lokusų mutacijos modelį $p=0.9944$ (2019 m. duomenyse, $p=0.00001$ ir $p=0.003$ pagal IAM ir SMM lokuso mutacijos modelius). Tai rodo, kad Lietuvos vilkų populiacija buvo patyrusi reikšmingą butelio kalelio efektą. Tačiau modulio pokyčio indikatorius testas (*Bottleneck* programa) parodė, kad nėra reikšmingo nukrypimo nuo „L“ formos alelių klasių ir dažnių pasiskirstymo Lietuvoje (kaip ir 2020 bei 2019 m. duomenyse). Pagal Luikart *et al.* (1998) modulio pokyčio indikatorius testas efektyviai rodo palyginti nesenus genetinės įvairovės siaurėjimo efektus keliose ankstesnėse kartose. Todėl tokie priešingi rezultatai tarp testų gaunami tada, kai butelio kaklelio efektas nebuvo labai stiprus ir pasireiškė seniau nei prieš 40-50 metų (mūsų atveju apie 1960-70 metus), o populiacija dėl pozityvios migracijos srauto yra sėkmingo genetinės įvairovės atsistatymo proceso eigoje, bet dar nėra pasiekusi pilno genetinės įvairovės optimumo (dreifo-mutacijų ekvilibriumo, Luikart *et al.* 1998). Populiacijai nepasiekus ar esant netoli genetinės įvairovės optimumo, vilkų populiacijos dydžio reguliavimas Lietuvoje turėtų būti vykdomas atsargiai pagal DNR tyrimų genetinio monitoringo rezultatus, kur ištirti keliolikos metų populiacijos duomenys su vienodomis imtimis tarp populiacijų.

2020 m.



2021 m.



3.1.4 pav. Pagrindinių genetinės įvairovės rodiklių, kurie santykinai silpniau veikiami imties dydžio variacijos tarp populiacijų, palyginimas tarp geografinių populiacijų 2021–2022 m. ir 2020–2021 m. duomenyse. Ho – stebimas heterozigotiškumas, Fis – inbrydingo koeficientas

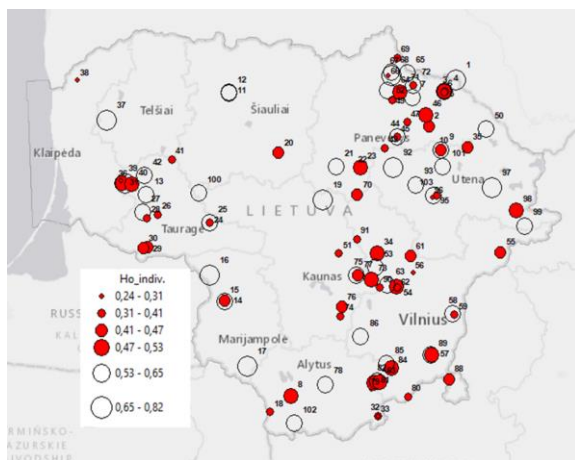
Pirma aptarsime genetinės įvairovės geografinio paskirstymo dėsningumus Lietuvoje geografinės populiacijos lygmenyje. Bendra inbrydingo koeficiento Fis reikšmė visoje 2021–2022 m. sumedžiotų vilkų Lietuvos populiacijoje buvo -0,07; 2020 m. Fis (173 vilkų) siekė 0.014; 2019 m. Fis siekė -0.014 (3.1.4 ir 3.1.5 pav.). Tikėtina, kad į santykinai didesnę 2020-tais m. sumedžiotą populiaciją (173 vilkai 2020 m., 118 vilkų 2019 m.) pateko didesnės šeimos (žr. sibų ryšių nustatymo tyrimą 3.1.3 poskyryje), kas dirbtinai padidino statistinius nukrypimus nuo atsitiktinio poravimosi ir tuo pačiu padidino inbrydingo koeficientą. 2021–2022 m. visų populiacijų Fis buvo neigiamas, mažiausias SIAU ir KEDA populiacijose, didžiausias VILN populiacijoje (3.1.2 lent., 3.1.4 pav.). Jei inbrydingo koeficiento reikšmės svyruoja apie nulį, tai rodo genetiškai sveiką populiaciją, kai nėra reikšmingo nukrypimo nuo atsitiktinio poravimosi dėl per siauros genetinės įvairovės genų dreifo poveikio, bei nėra nei homozigotų pertekliaus dėl giminingų individų poravimosi. 2021–2022 m. duomenyse inbrydingo

koeficiento F_{is} reikšmės -0.2 ir mažesnės rodo reikšmingą heterozigotų perteklių, mūsų atveju, tikėtina dėl genų srauto (kryptingos genų migracijos, žr. į stebimo heterozigotiškumo (H_o) geografinio pasiskyrimo rezultatus žemiau). F_{is} reikšmės > 0.2 , atvirkščiai, rodo reikšmingus nukrypimus nuo atsitiktinio poravimosi, tikėtina dėl poravimosi tarp giminingų individų. Tačiau nei 2021–2022 m., nei 2020–2021 m. sumedžiojimo populiacijoje šių slenkstinių F_{is} reikšmių nepasiekė nei viena geografinė populiacija. Nežymiai žemesnės 2020–2021 m. nei 2021–2022 m. genetinių rodiklių reikšmės galėjo įtakuoti santykinai didesnės sibų šeimų imtys (žr. žemiau). H_o rodiklis kuris rodo poravimąsi tarp giminingų individų dėl alelinės įvairovės susiaurėjimo geografiškai pasiskirstė nevienodai – pastebėtinai aukštesnės H_o reikšmės SIRV, o žemesnės – VILN ir VARE populiacijoje. Tikėtinos žemesnio H_o rodiklio priežastys yra geografiniai ir antropogeniniai barjerai migracijai, trukdantys genų srautus. Verta palyginti šiuos svarbius rodiklius su Suomijos vilkų populiacijos rodikliais, kur miškingumas yra aukštas ir populiacija tvarkoma genetinės įvairovės turtinimo link: 2009 m. duomenimis Suomijos vilkų populiacijoje H_o vyravo apie 0.70 , H_e - apie 0.75 , o $F_{is} = 0.112$ (Jansson 2013). Suomijos mokslininkai įvardino šias $F_{is} = 0.112$ reikšmes kaip keliančias nerimą, kadangi visai neseniai, per vilkų populiacijos atsigavimo piką Suomijoje 1995–1997 m., F_{is} reikšmės buvo neigiamos vyravo apie $F_{is} = -0.05$ ($F_{is} < 0$ reiškia aktyvų inbrydingo vengimą esant aukštai įvairovei, Jansson 2013). Vilkų populiacijos Italijoje $F_{is} = 0.127$ (Verardi *et al.* 2006), Iberijos pusiasalyje $F_{is} = 0.177$ (Sastre *et al.* 2011) ir $F_{is} = 0.12$ Iberijos pusiasalio šiaurėje (Godinho *et al.* 2011). Taigi Lietuvos vilkų populiacijos inbrydingo rodikliai yra geri ir rodo, kad populiacija yra genetinio atsigavimo pike po praeities butelio kaklelio efekto.

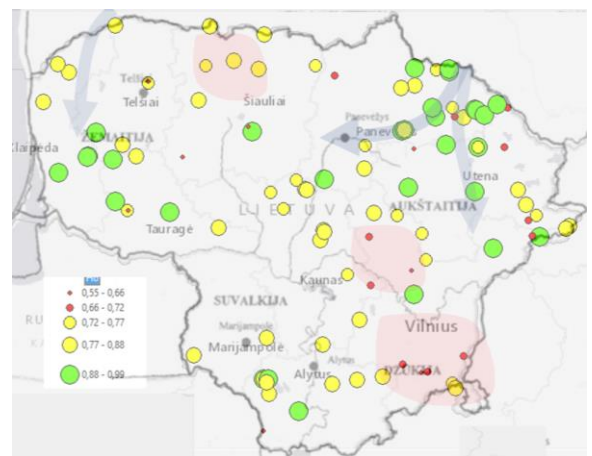
Pagrindinis alelių dažnių įvairovę rodantis genetinės įvairovės rodiklis lauktinas heterozigotiškumas (H_e) buvo panašus ir pakankamai aukštas visose 2021–2022 m. geografinėse populiacijose (3.1.2 lent.). Bendrai, Lietuvos vilkų populiacijos genetinės įvairovės indikatoriai - lauktinas heterozigotiškumas ($H_e = 0.75$) ir alelinis turtingumas buvo palyginti aukšti (3.1.2 lent.). Tai rodo, kad alelinė įvairovė yra aukšta. Tačiau dažnai tokia genetinės įvairovės rodiklių kombinacija kai efektyvus populiacijos dydis nėra aukštas, o alelinė įvairovė, heterozigotiškumas, šeimų skaičius yra palyginti aukšti rodo, kad dalis šeimų yra giminingos viena kitai. Ši šeimų giminytės faktą mūsų duomenyse patvirtina gana stipriai išreikšta šeimų klasterių struktūra pateikta 3.1.3 poskyrio lentelėse. Taip yra todėl, kad populiacija patyrė ženklių genetinės įvairovės sumažėjimą (vadinamą butelio kaklelio efektu), tačiau yra jos atstatymo procese pagrinde per genų migraciją, ką patvirtina aukšti įvairovės rodikliai (Jansson 2013, Mech 1995, Luikart *et al.*, 1998). J. Prusaitės duomenimis 1970 m. Lietuvos demografinis vilkų populiacijos dydis (N_d) tesiekė 10–60 individų ir buvo daugiau nei dešimt kartu mažesnis nei 1950

metais kai po II pasaulinio karo vilkų skaičius buvo gausus visoje šiaurės rytų Europoje (Bibikov 1985). Kaip parodė Bulgarijos atvejis, per didelis medžiojimo intensyvumas, atsakant į galvijų skerdimą, privedė prie ženklaus inbrydingo padidėjimo per vilko grupių socialines struktūros destabilizavimą praėjo amžiaus septintame dešimtmetyje (Moura *et al.* 2013). Panašiu laikotarpiu ir kitose Europos šalyse vyko ženklaus po II pasaulinio karo išaugusios vilkų populiacijos mažinimas (Mech 1995). Ypač stipriai vilkų inbrydingas pasireiškė Švedijoje, kur vilkų populiacijos inbrydingas prieš dešimtmetį buvo pasiekęs kritinę ribą, o Ho rodikliai krito ženklaus žemiau 0.5 (Ellegren 1999).

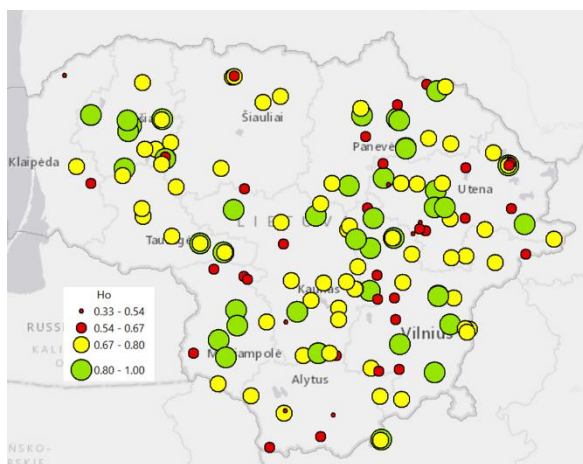
2018 m. (Ho)



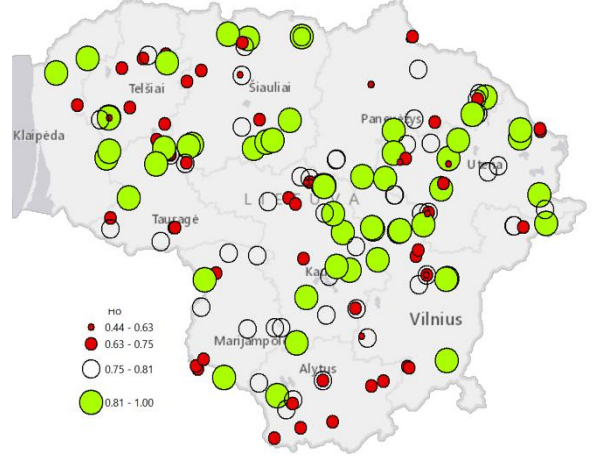
2019 m. (Ho)



2020 m. (Ho)

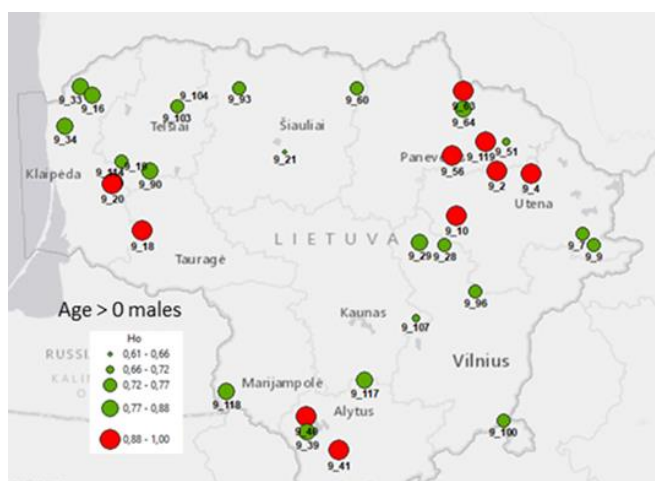


2021 m. (Ho)

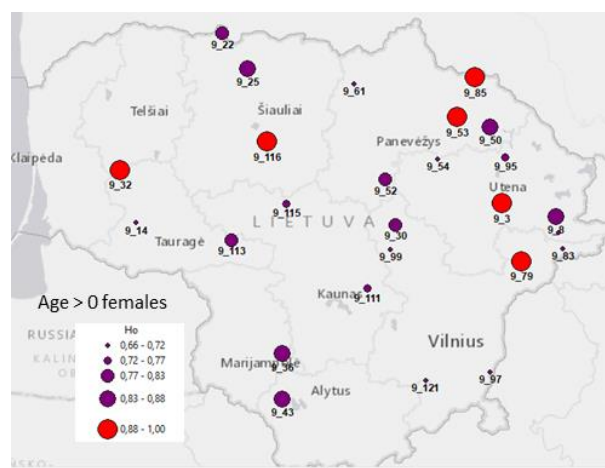


3.1.5a pav. Individų stebimo heterozigotiškumo (Ho) geografinio pasiskirstymo dėsningumai 2019 ir 2020 m imtyse. Parodyti visi individai nepriklausomai nuo lyties (2020 m. -173 (81 mot., 90 vyr.). Sumedžiojimo vietos žymi Ho reikšmės: ypač žemos Ho reikšmės rodo poravimąsi tarp giminingų individų, aukštos Ho reikšmės - negiminingų individų poravimąsi, tikėtina dėl migrantų iš genetiškai skirtingų populiacijų. Rodyklės 2019 m. žemėlapyje parodo hipotetines genų srauto kryptis.

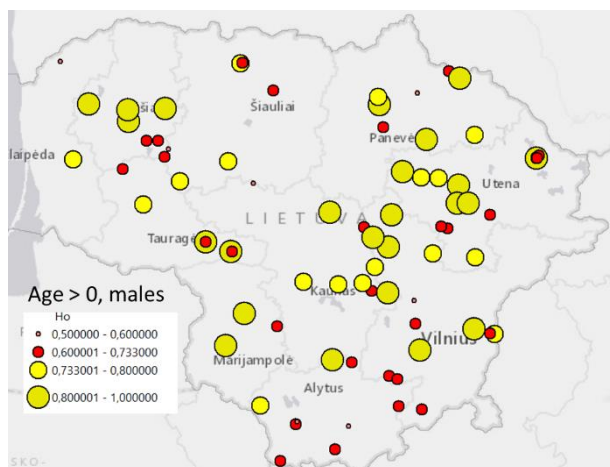
2019 m. patinai



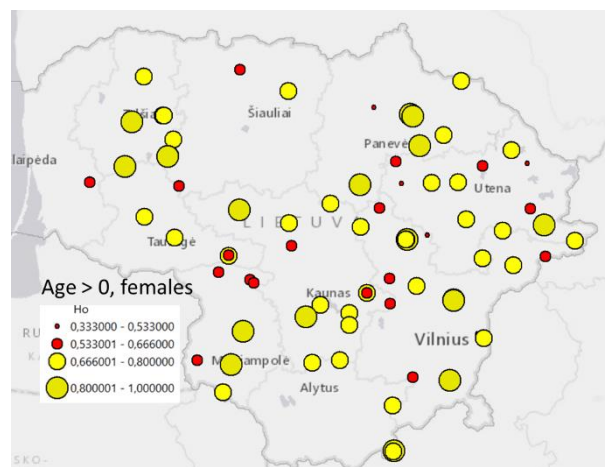
2019 m. patelės



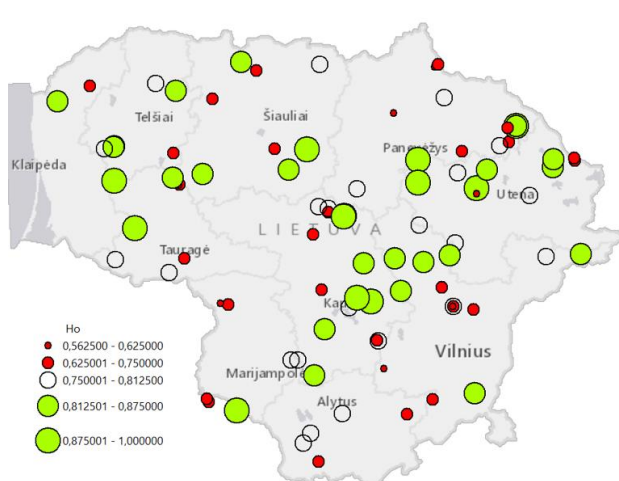
2020 m. patinai



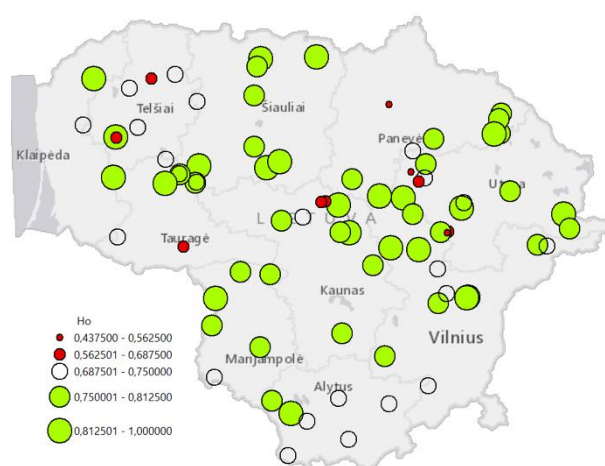
2020 m. patelės



2021 m. patinai



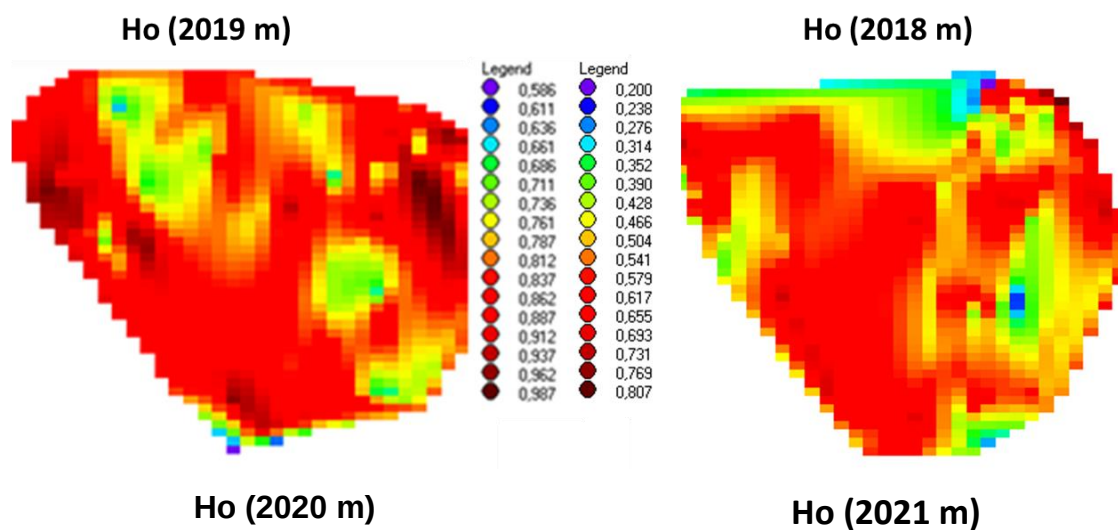
2021 m. patelės

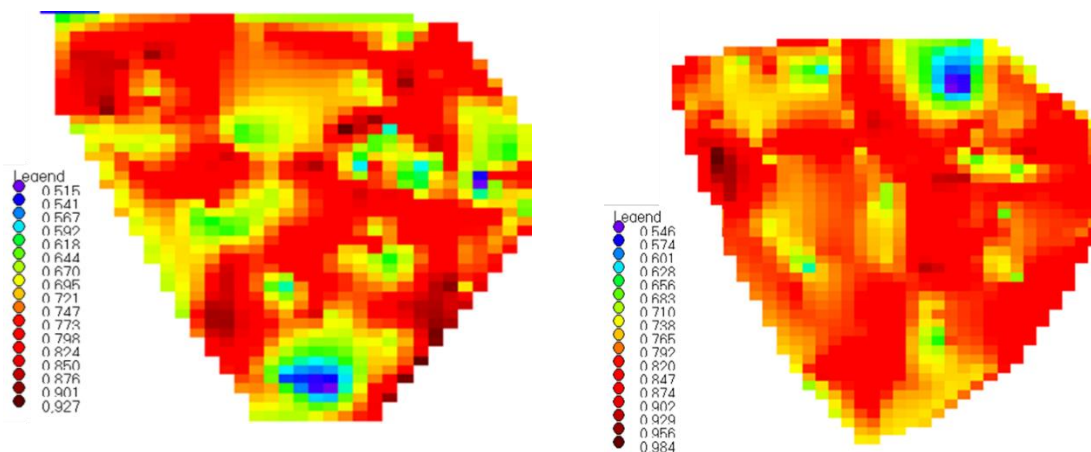


3.1.5b pav. Individų stebimo heterozigotiškumo (Ho) geografinio pasiskirstymo dėsningumai 2019 ir 2020 m ir 2021 m. sumedžiojimų imtyse atskirai patinams ir patelėms. Sumedžiojimo vietas žymi Ho reikšmės. 2019-2020 m. imtims duotos vyresnių nei 0 metų amžiaus (t.y. galinčių migruoti) individų Ho reikšmės. 2021 m. duotos visų sumedžiotų vilkų Ho reikšmės (n=186)

Neseniai pagal mikrosatelitų DNR žymenis ištirtų šiaurės Ispanijos, Karpatų, Čekijos, Lenkijos vilkų Ho rodikliai viršija 0.6, o Ho/He santykis – apie 0.8 (Pilot *et al.* 2014). Tuo tarpu, mūsų tyrimuose Lietuvos vilkų populiacijos Ho/He įverčio santykis auga: 1.06 (2021) m., 0.98 (2020 m.) ir 0.99 (2019 m.), kas rodo vis stiprėjantį poravimąsi tarp negiminingų individų ir tuo pačiu populiacijos genetinės būklės gerėjimą.

Individualių vilkų stebimo heterozigotiškumo (Ho) geografinis pasiskirstymas tiksliau atskleidžia geografinius giminingų vilkų poravimosi dėsningumus (3.1.5ab, 3.1.6 pav.). Ho rodo tėvų giminystės laipsnį dėl žemos poravimosi grupių genetinės įvairovės, kuri mūsų medžiagoje yra tikėtina migracijos barjerų pasekmė. Ho reikšmės mažesnės nei 0.4-0.5 kelia susirūpinimą, o mažesnės nei 0.2-0.3 rodo labai tikėtiną artimų giminių (pusiau sibų) poravimąsi. Pagal 2020–2021 m. ir 2021–2022 populiacijos individų Ho reikšmių geografinį pasiskirstymą pastebimas aukšto heterozigotiškumo individų „koridorius“, prasidedantis šiaurės rytų Lietuvoje ties Latvijos siena (įdomu, kad ne ties Baltarusijos siena netoli Ignalinos) ir nukreiptas žemyn Kauno, Marijampolės kryptimi. Įdomu, kad šis aukšto Ho koridorius geografiškai sutampa su patinų Ho išsidėstymu (3.1.5b pav.) ir retų alelių nešėjų geografiniu išsidėstymu (3.1.7a pav.). Todėl, tikėtina, kad šie Ho ir retų alelių išsidėstymo dėsningumai atspindi santykinai aukštesnės genetinės įvairovės genų srautą iš rytinės Latvijos ir jo kryptį Lietuvoje. Lyginant 2017, 2018 ir 2019 m. sumedžiojimo populiacijų Ho geografinius pasiskirstymus, dėsningumai išlieka panašūs (3.1.5a pav.): (a) aukštesnis Ho šiaurės rytų Lietuvoje ties Latvijos, bet ne ties Baltarusijos siena, (b) žemos Ho individų grupės į pietvakarius nuo Vilniaus link Varėnos.

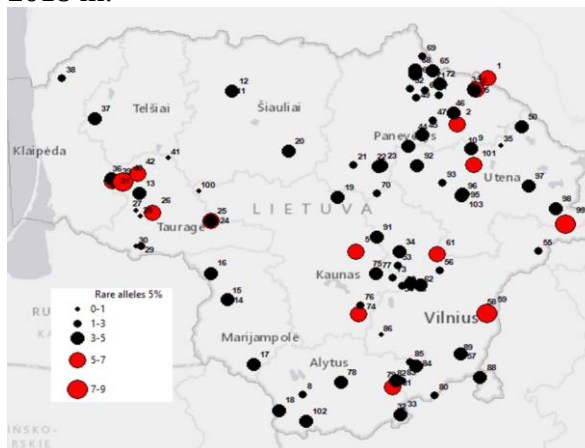




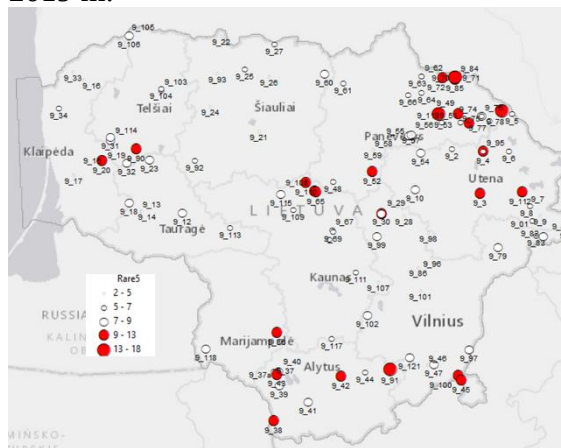
3.1.6 pav. Viršuje - 2018 m. ir 2019 m., apačioje - 2020 m. ir 2021 m. sumedžiojimų sezonų individų stebimo heterozigotiškumo (Ho, kur žemesnės reikšmės rodo poravimąsi tarp giminingų individų) interpoliuotų reikšmių geografinis pasiskirstymas Lietuvoje. Matyti nuoseklus Ho kritimas pietrytinėje Lietuvoje, ypač 2020 m. duomenyse

Tikėtina, kad šie aukštesnio Ho geografinio išsidėstymo dėsninčiai parodo genų srautus per šiaurės rytų Lietuvą miško masyvais pietų link (rodyklės 3.1.5 pav. ir 3.1.6 pav.). Iš vakarų ši srautą pietų link gali kreipti Nevėžio upė ir via Baltikos magistralė, o iš rytų ši srautą tikėtina riboja Lietuvos – Baltarusijos siena. Tikėtina, kad genų srautas eina miškų masyvais, kol nesusiduria su kompleksu barjerų - Neries upe, Vilniaus antropogeninių zonų sistema ir autostrada, ką patvirtina ir retų alelių bei genų srautų skaičiavimai pateikti žemiau. Šie barjerai gali formuoti uždaresnes populiacijas Varėnos masyve (nors čia yra didžiausias Lietuvoje miško masyvas), kur barjerai gali būti Baltarusijos siena iš rytų ir pietų, Vilniaus antropogeninė zona iš šiaurės. Atskiruose patinų ir patelių Ho geografinio pasiskirstymo žemėlapiuose matyti, kad panašiai kaip 2019 m medžiagoje, 2020 m. populiacijoje aukšto Ho patinų dažnis yra didesnis nei patelių, tikėtina dėl to, kad patinų populiacija toliau migruoja ir turi žemesnę tikimybę poruotis su giminingomis patelėmis. Tai pat paminėtinas aukštesnės Ho individų klasteris Tauragės – Klaipėdos rajonuose (3.1.5 pav., 3.1.6 pav.). Todėl galimi ir kiti genų srauto šaltiniai iš vakarų Latvijos ar net šiaurės rytų Lenkijos (tam patvirtinti reikia tolesnių tyrimų).

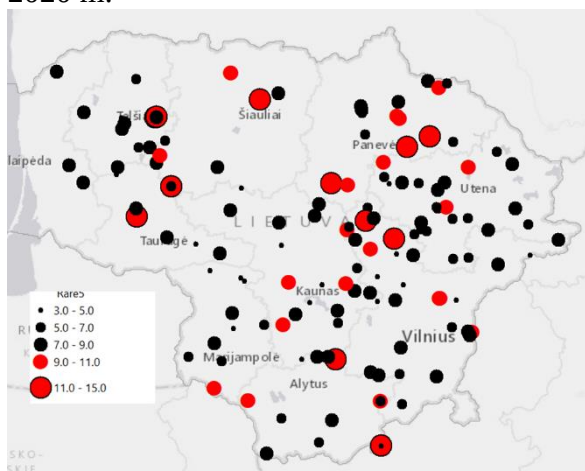
2018 m.



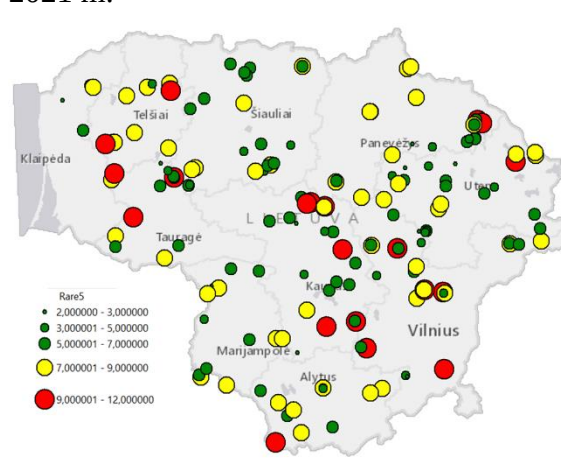
2019 m.



2020 m.



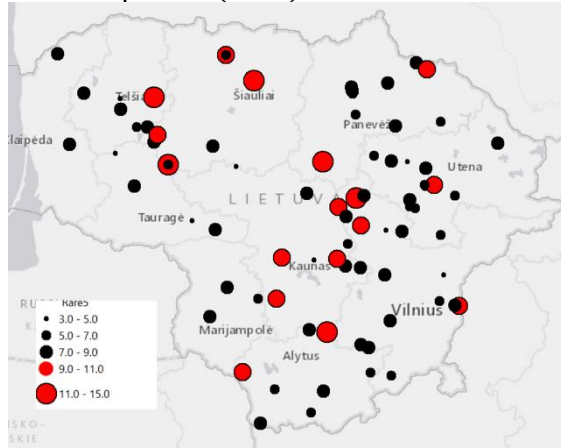
2021 m.



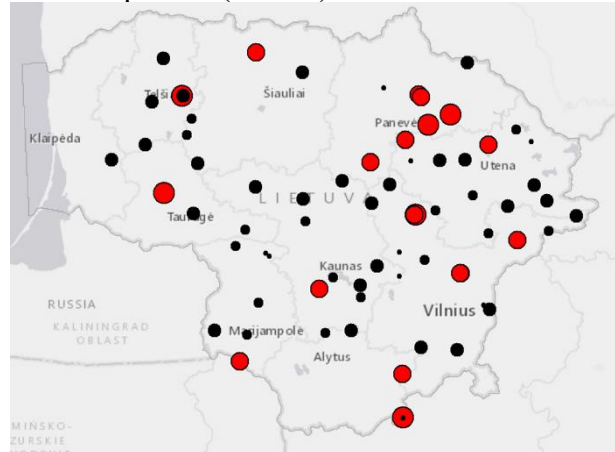
3.1.7a pav. Retų alelių, kurių dažnis mažesnis nei 5%, geografinis pasiskirstymas Lietuvoje 2018 m. (99 vnt.), 2019 m. (118 vnt.) ir 2020 m. (173 vnt.) sumedžiojimų imtyse. Taškai žymi individualaus vilko sumedžiojimo vietą, jų dydis yra proporcingas retų alelių skaičiui nuo bendro 30-ties alelių skaičiaus 15-oje lokusų. Daugiau retų alelių turintys individai ar jų tėvai yra tikėtini migrantai iš tolesnio genofondo populiacijos. Tokie individai žemėlapiuose pažymėti raudonai

Kito svarbus individo lygmens genetinės įvairovės rodiklio – individo retų alelių skaičiaus geografinis pasiskirstymas Lietuvoje parodė didesnę retų alelių koncentraciją šiaurės rytinėje Lietuvos dalyje ties Latvijos siena (3.1.7a pav.). Panašūs retų alelių geografinio pasiskirstymo dėsningumai gauti ir 2018–2019 m. duomenyse (3.1.7a pav.). Pagal patinų retų alelių išsidėstymą, galima prielaida, kad vilkų migracija iš rytų stipriau vyksta per Latvijos sieną nei per Baltarusijos sieną ir eina žemyn iki Neris (3.1.7b pav.). Kaip ir 2018 m.–2019 m., 2020 m. aptikta negausi retų alelių koncentracija Žemaitijoje ties Rietavu. Mažiausiai retų alelių rasta Ignalinos, Varėnos ir Klaipėdos rajonuose.

2020 m. patinai (male)

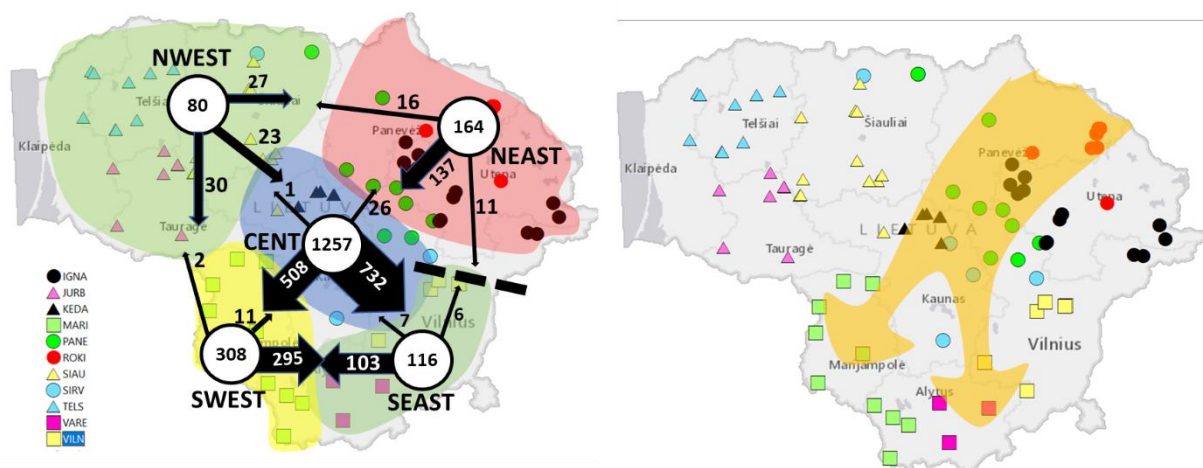


2020 m. patelės (female)



3.1.7b pav. Retų alelių, kurių dažnis mažesnis nei 5%, geografinis pasiskirstymas Lietuvoje 2020 m. sumedžiojimų imtyje atskirai patinų ir patelių populiacijose, pateiktas atskirai kiekvienam individui, kuris pažymėtas žemėlapyje pagal jo sumedžiojimo vietą. Apskritimai rodo retų alelių skaičių iš viso 30-ties alelių skaičiaus 15 lokusų, todėl esant 11-15 retų alelių, reiškia kad netoli pusės šio individo alelių buvo reti (žymėti raudonai)

Šiuos retų alelių išsidėstymu pagrįstus genų srautų pasiskirstymo dėsningumus patvirtino ir pagal koalescencijos algoritmus Migrate_N programa apskaičiuoti migrantų srautai tarp regionų Lietuvoje (3.1.8 pav.). Genų srautų analizėje yra svarbūs ne konkretūs migrantų skaičiai, o dėsningumai – t.y. kuria kryptimi veikia stipriausias genų srautas. Pagal Migrate_N analizės pirmiausiai matyti, kad iš šiaurės rytų Lietuvos stipriausias genų srautas yra nukreiptas pietvakarių (Kėdainių), o ne pietų (Vilniaus) ar vakarų (Šiaulių) link (3.1.8 pav.). Kadangi iš centrinio rajono stipriausias srautas taip pat yra į šiaurės rytus, tikėtina, kad pagrindinį srautą centrinėje Lietuvoje nuo tolesnės migracijos į kitus rajonus pristabdo įvairūs barjerai. Labai aiškiai Migrate_N parodė, kad iš šiaurės rytų genų srautas pietų kryptimi stoja ties Vilniaus antropogenine zona ir į pietryčių Lietuvą (Varėnos rajonas) patenka santykiniam mažiau migrantų. Pietryčių Lietuva gauna ženkliai stipresnį genų srautą iš pietvakarių Lietuvos (Suvalkijos), nei iš šiaurės rytų Lietuvos. Tai rodo, kad Nemuno upė yra silpnesnis barjeras migracijai nei Vilniaus antropogeninė zona. Taip pat yra įdomu, kad iš Žemaitijos į Suvalkiją abipusis genų srautas yra labai stiprus, todėl autostrada ir Nemuno upė neturėtų būti stiprūs barjerai migracijai. Taigi Lietuvoje antropogeniniai barjerai tikėtina yra stipresnę įtaką vilkų genų srautui nei gamtinės kliūtys.



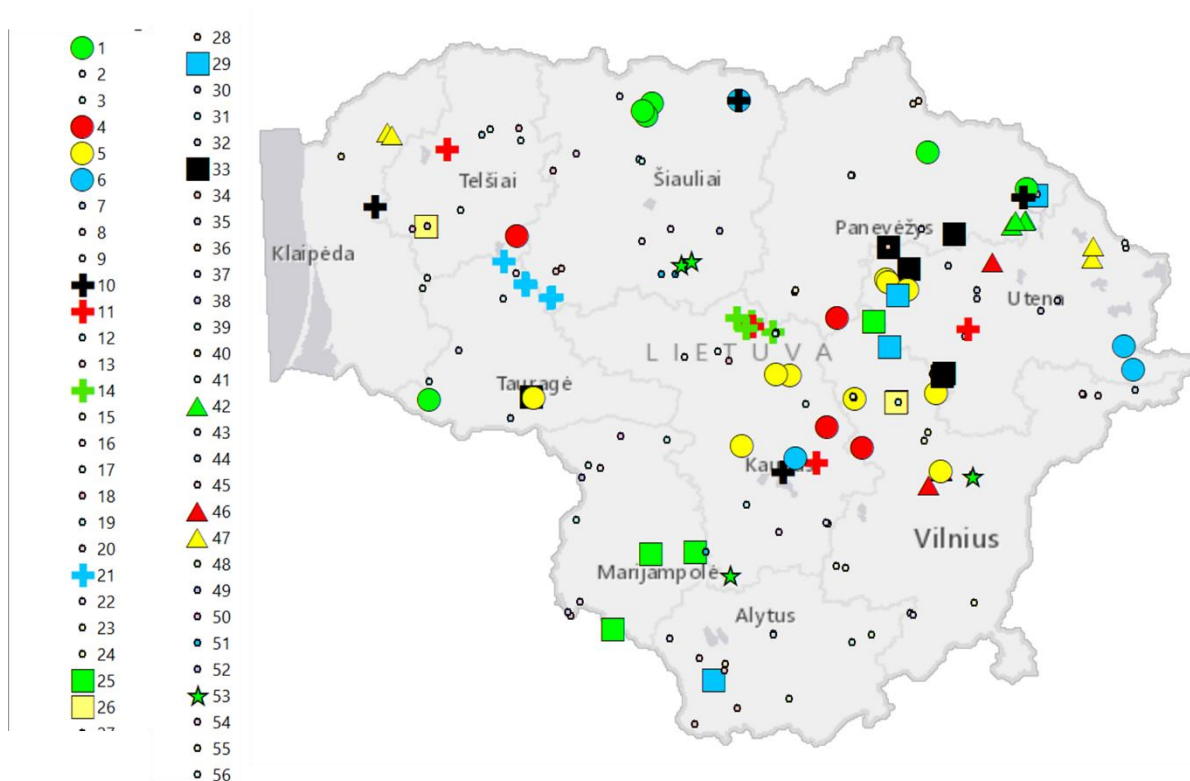
3.1.8 pav. Vilkų efektyvus migrantų skaičius generaciją tarp regionų, apskaičiuotas pagal MIGRATE koalescencijos algoritmą 2021–2022 m. imtyje. Skaičius apskritimuose rodo migrantų bendrą skaičių iš tam tikro regiono, o rodyklės, rodyklių storis ir skaičius ties rodyklėmis migracijos kryptis ir stiprumą iš tam tikro regiono. Dešinėje apibertinai parodytos pagrindinės vilkų genų srauto kryptys Lietuvoje pagal žemėlapyje 2021–2022 m. vilkų sumedžiojimų imtyje matomas tendencijas

3.1.3 lent. Patintinių ir patelių pagrindinių genetinės įvairovės rodiklių palyginimas 2021 m.

Pop		N	Na	Ho	uHe	Fis
Patina	Mean	96	9.313	0.800	0.751	-0.073
	SE	0	0.762	0.022	0.021	0.015
Patelės	Mean	90	9.125	0.788	0.742	-0.066
	SE	0	0.638	0.031	0.023	0.025

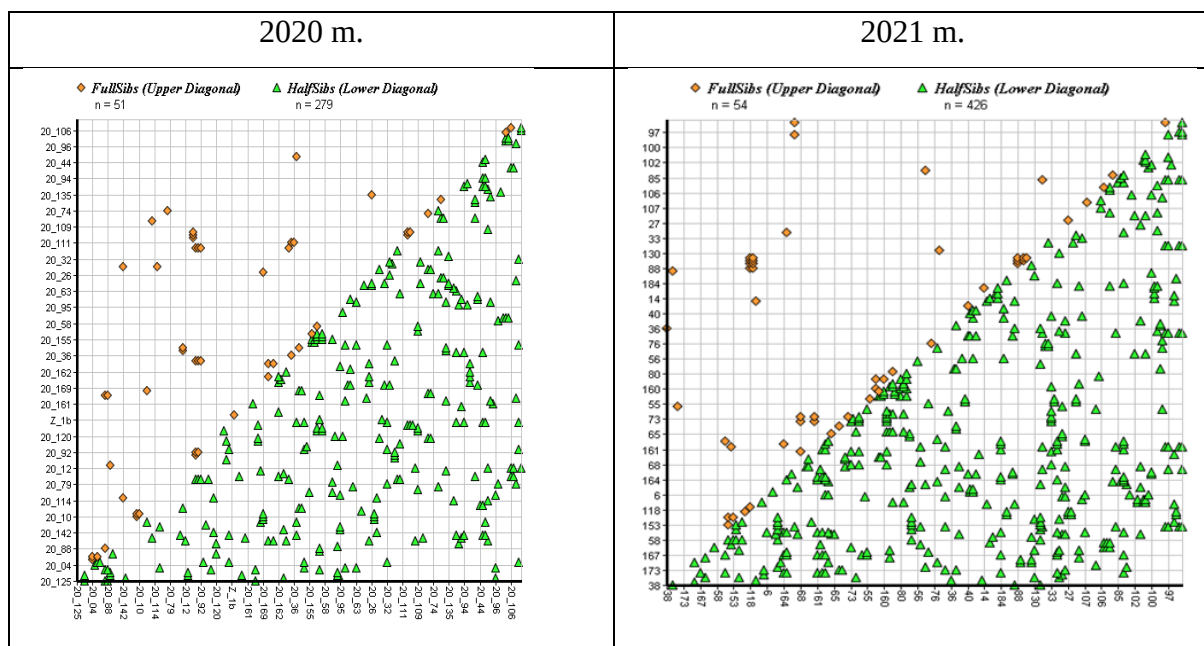
3.1.3 Sibų ryšiai populiacijoje

Pagal programos COLONY sibų ryšių tikimybių algoritmus 2021–2022 m. sumedžiotų individų imtyje rasta 69-nios pusiau sibų šeimos 186 individų populiacijoje (2020 m. sumedžiotų individų imtyje rasta 71-na pusiau sibų šeima 173 individų populiacijoje, 2019 m. 61-na pusiau sibų šeima 118 individų populiacijoje, 2018 m. sumedžiojimo sezono - 60 pusiau sibų šeimos 99 vnt. populiacijoje) (3.1.9 pav., 1 priedas). Pusiau sibų šeimą sudaro tos pačios motinos palikuonys, kurių tėvas gali būti skirtingas, tačiau mišrios amžiaus struktūros populiacijos analizės atveju, šeima nėra poravimosi pora, o nusako tokius giminystės ryšius kaip broliai, seserys, gali pasitaikyti ir tėvų su vaikais. Todėl bendros imties sibų analizės, kur patenka įvairaus amžiaus individai, sibų ryšiai rodo šeimų skaičių, kur šeimą sudaro ne tik pusiau sibai vaikai, bet ir jų tėvai, kas labiau atitiktų artimos giminystės grupę – vilkų šeimą.



3.1.9 pav. 2021–2022 m imties pusiau sibių grupių geografinis pasiskirstymas pagal visos 186 individų imties giminystės ryšių analizę programa COLONY. Ženkais parodytos šeimos su 3 ir daugiau narių. Kiti individai pažymėti taškais

Pilnų sibių analizė aptiko šešias šeimas su daugiau nei trimis nariais (3.14 lent.). Pilni sibai tai vienos tėvų poros vaikai, t.y. turintys tuos pačius individus kaip tėvą ir mamą. Maksimalus sibių šeimos dydis – 6 individai.



3.1.10 pav. COLONY sibų ryšių analizės rezultatas suaugusių 2020–2021 m. (kairėje) ir 2021–2022 m. (dešinėje) sumedžiotų vilkų populiacijoje, grafiškai vaizduojantis gana dažnus giminytės ryšius tarp vilkų populiacijoje. Žemiau diagonalės, žali trikampiai rodo motininės linijos pusiau sibų, aukščiau diagonalės rudi rombai – pilnų sibų ryšius. X ir Y ašyse duoti vilkų kodai

3.1.3 lent. 2021–2022 m. vilkų sibų šeimų struktūra: individų suskirstymas į pusiau sibų ir sibų šeimas pagal poligamijos modelį (COLONY algoritmas). Pusiau sibai tai vienos motinos palikuonys nepriklausomai nuo tėvo. Individai priklausantys vienai šeimai turi tą patį šeimos kodą. Vilko id. tai kiekvieno individo identifikacinis numeris (vienodas mūsų tyrimo grafikuose ir lentelėse). Duoti individus charakterizuojantys rodikliai: Ho - stebimas heterozigotiškumas (individo tėvų giminystės rodiklis, artimas nuliui, tėvai stipriai giminingi, jei artimas vienetui, tėvai negiminingi), retų alelių skaičius: iš 30-ties alelių kiek buvo retųjų alelių pas konkretų individą, tikimybė priskyrimo šunų rūšiai (t.y. hibridizacijos su šunimis tikimybė, jei >0.1 tikėtina hibridizacija pagal Godinho *et al.* (2011), lytis. Vilkų STRUCTURE genetinė grupė rodo kokias platesnės geografinės aprėpties genetinei grupei individas priklauso pagal Bajeso klasterinės analizės rezultatus. Individai lentelėje išrikiuoti pagal motinos šeimos kodą.

Id	REG	POP	Ho	Lytis	Pusiau sibų šeimos kodas pagal tėvą ¹	Pusiau sibų šeimos kodas pagal motiną ¹	Vilkų genetinė grupė (Structure 2 gr.)	Vilkų genetinė grupė (Structure 3 gr.)	Tikimybė priklausymui šuns rūšiai pagal GeneClass (Nei DA)	Reti 5%
36	NWEST	JURB	0.81	Y	1	1	2	3	0.02	7
38	CENT	SIRV	0.88	X	1	1	1	3	0.01	7
66	NEAST	PANE	0.81	Y	36	1	2	1	0.00	9
86	NEAST	ROKI	0.81	X	40	1	2	1	0.00	6
114	NWEST	SIAU	0.81	X	3	1	2	3	0.01	7
115	CENT	SIRV	0.75	Y	3	1	2	3	0.00	7
34	CENT	SIRV	0.69	Y	10	2	2	1	0.01	6
113	CENT	SIRV	0.88	Y	2	2	2	1	0.00	7
10	CENT	SIRV	0.88	Y	4	3	2	1	0.00	11
29	NEAST	PANE	0.94	X	5	4	2	1	0.03	9
94	CENT	SIRV	0.88	Y	7	4	1	1	0.03	5
120	CENT	SIRV	0.81	X	5	4	1	2	0.01	6

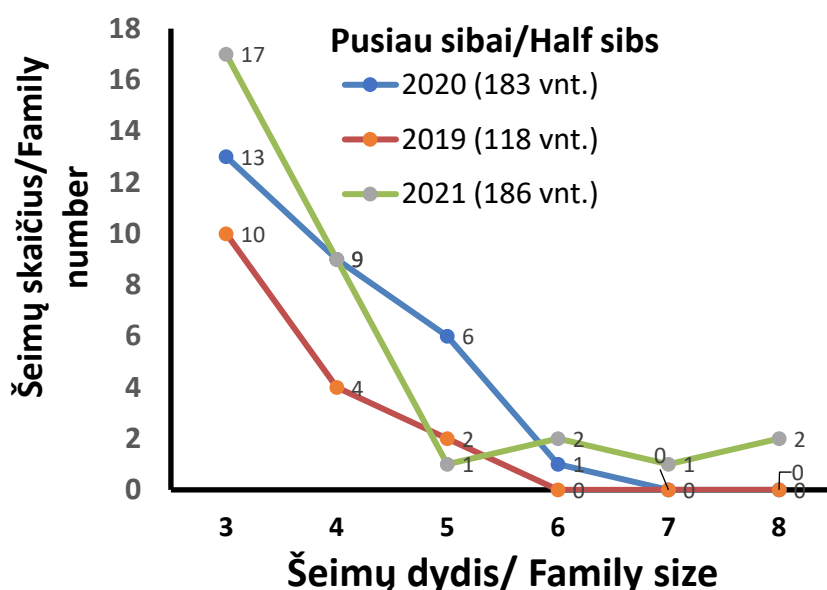
131	NWEST	TELS	0.75	Y	17	4	1	1	0.00	9
91	SEAST	VILN	0.63	Y	28	5	1	2	0.00	8
139	NWEST	JURB	0.75	Y	13	5	1	2	0.01	6
141	CENT	SIRV	0.88	X	6	5	1	2	0.01	6
150	CENT	KEDA	0.81	X	18	5	1	2	0.03	5
161	NEAST	IGNA	0.75	Y	34	5	1	2	0.02	3
163	NEAST	IGNA	0.94	Y	29	5	1	2	0.01	5
164	CENT	PANE	0.88	Y	29	5	1	2	0.01	5
170	CENT	PANE	0.88	X	13	5	1	2	0.01	6
172	CENT	KEDA	0.75	Y	8	5	1	2	0.01	5
185	NEAST	IGNA	0.75	X	18	5	1	2	0.01	6
50	NEAST	IGNA	0.88	X	37	6	2	1	0.01	7
53	NEAST	IGNA	0.81	X	37	6	2	3	0.01	6
112	NWEST	PANE	0.94	X	55	6	2	1	0.00	7
173	CENT	SIRV	0.94	Y	7	6	1	2	0.12	6
140	CENT	SIRV	0.81	Y	8	7	1	2	0.00	8
1	CENT	SIRV	0.81	X	9	8	2	1	0.00	11
32	CENT	SIRV	0.81	Y	10	9	2	3	0.00	10
60	NEAST	ROKI	0.69	Y	51	9	2	3	0.00	8
77	NEAST	ROKI	0.69	Y	51	9	2	3	0.00	9
78	NEAST	ROKI	0.69	X	40	10	1	1	0.00	11
125	CENT	SIRV	0.81	Y	11	10	1	2	0.01	7
133	NWEST	TELS	0.75	X	36	10	2	3	0.00	7
157	NEAST	ROKI	0.75	X	40	10	1	1	0.00	6
158	NEAST	ROKI	0.75	X	41	10	1	2	0.00	6
159	NEAST	ROKI	0.81	X	41	10	1	2	0.01	8
160	NEAST	ROKI	0.75	Y	42	10	2	3	0.01	7
174	NWEST	PANE	0.81	Y	56	10	1	2	0.01	7
44	NWEST	TELS	0.75	X	33	11	1	2	0.00	8
145	NEAST	IGNA	0.75	X	33	11	1	2	0.02	9
154	CENT	KEDA	0.63	X	19	11	2	1	0.00	10
167	CENT	SIRV	0.94	Y	12	11	1	2	0.05	6
8	CENT	KEDA	0.88	Y	13	12	1	1	0.01	8
11	NWEST	SIAU	0.56	X	60	12	2	3	0.00	7
13	NWEST	SIAU	0.81	X	22	12	2	3	0.02	8
15	CENT	KEDA	0.81	X	14	13	2	3	0.00	4
103	SWEST	MARI	0.88	X	25	13	2	3	0.01	8
19	CENT	KEDA	0.94	X	14	14	2	3	0.01	8
58	CENT	KEDA	0.69	Y	15	14	2	1	0.00	8
151	CENT	KEDA	0.81	Y	19	14	1	2	0.02	7
153	CENT	KEDA	0.81	Y	19	14	1	1	0.02	6
188	CENT	KEDA	0.63	X	19	14	1	1	0.01	10
37	CENT	KEDA	0.81	Y	14	15	2	3	0.00	5
59	CENT	KEDA	0.94	Y	16	16	2	1	0.02	10
129	NWEST	JURB	0.88	Y	10	16	2	1	0.03	5
123	CENT	KEDA	0.75	X	17	17	1	2	0.01	7
169	NWEST	TELS	0.81	Y	7	17	1	2	0.04	4
21	SWEST	TELS	0.75	X	54	18	1	2	0.01	8
23	NWEST	SIAU	0.75	X	30	18	2	3	0.00	7
152	CENT	KEDA	0.69	Y	20	18	1	2	0.00	2
35	NWEST	JURB	0.75	X	1	19	1	3	0.02	8
183	CENT	KEDA	1.00	Y	21	19	1	2	0.00	8
116	CENT	SIAU	0.88	Y	22	20	2	3	0.02	8
117	CENT	SIAU	0.94	X	22	20	1	3	0.01	8
88	NWEST	JURB	0.75	X	23	21	2	3	0.00	2

118	CENT	SIAU	0.81	X	23	21	2	3	0.00	7
119	CENT	SIAU	0.75	X	23	21	2	3	0.00	4
126	NWEST	JURB	0.81	X	23	21	2	3	0.01	6
127	NWEST	JURB	0.56	Y	23	21	2	3	0.00	3
128	NWEST	JURB	0.75	X	23	21	2	3	0.01	6
2	CENT	SIAU	0.81	X	24	22	2	3	0.01	7
12	NWEST	SIAU	0.75	Y	24	22	1	3	0.00	7
18	NWEST	SIAU	0.81	X	24	22	1	2	0.01	5
83	CENT	SIRV	0.75	Y	25	23	2	1	0.02	6
176	CENT	PANE	0.88	Y	30	23	2	3	0.00	7
89	SEAST	VILN	0.88	Y	57	24	2	1	0.01	10
93	CENT	SIRV	0.75	X	25	24	2	1	0.00	8
5	SWEST	MARI	0.81	Y	69	25	2	3	0.00	8
6	CENT	PANE	0.94	X	18	25	2	1	0.03	9
100	SWEST	MARI	0.81	X	43	25	2	3	0.00	6
124	SWEST	MARI	0.94	Y	66	25	2	1	0.02	8
30	CENT	PANE	0.81	Y	19	26	2	1	0.01	7
31	CENT	PANE	0.88	Y	26	26	2	1	0.00	10
41	NWEST	TELS	0.88	Y	58	26	2	3	0.00	7
42	NWEST	TELS	0.88	Y	16	26	2	3	0.01	8
51	NEAST	IGNA	0.81	X	35	27	2	3	0.00	8
87	CENT	PANE	0.81	X	27	27	1	3	0.03	3
147	CENT	PANE	0.81	X	19	28	1	2	0.01	5
79	NEAST	ROKI	0.94	Y	46	29	2	1	0.01	7
148	CENT	PANE	0.81	Y	28	29	1	2	0.00	7
155	SWEST	MARI	0.81	Y	8	29	1	2	0.01	7
187	NEAST	IGNA	0.63	X	18	29	1	2	0.00	8
40	NWEST	TELS	0.88	X	58	30	2	1	0.00	6
43	NWEST	TELS	0.63	X	58	30	2	3	0.00	9
175	CENT	PANE	0.56	Y	30	30	2	3	0.00	9
96	SWEST	MARI	0.81	X	20	31	1	2	0.01	6
156	SWEST	MARI	0.81	X	20	31	1	2	0.01	5
181	CENT	PANE	0.88	X	20	31	1	2	0.00	7
61	NEAST	IGNA	1.00	Y	4	32	2	3	0.01	7
72	NEAST	IGNA	0.63	Y	32	32	2	3	0.00	6
144	NEAST	IGNA	0.81	Y	32	32	1	2	0.01	5
33	NWEST	JURB	0.69	X	57	33	2	3	0.03	3
67	NEAST	ROKI	0.75	Y	27	33	1	3	0.00	5
68	NEAST	IGNA	0.75	X	27	33	1	3	0.01	4
73	NEAST	IGNA	0.81	Y	14	33	1	3	0.00	6
74	NEAST	IGNA	0.69	X	27	33	1	3	0.01	4
146	NEAST	IGNA	0.81	X	27	33	1	2	0.03	3
178	NEAST	IGNA	0.56	X	38	33	1	2	0.00	4
69	NEAST	IGNA	0.94	Y	31	34	2	3	0.01	8
142	NEAST	ROKI	0.81	Y	49	35	1	3	0.01	5
143	NEAST	ROKI	0.81	X	50	35	1	2	0.00	7
162	NEAST	IGNA	0.56	X	20	35	1	2	0.00	2
64	NEAST	PANE	0.63	Y	35	36	2	3	0.00	9
65	NEAST	PANE	0.75	Y	35	36	2	3	0.00	9
135	NWEST	TELS	0.88	Y	20	36	1	2	0.00	3
49	NEAST	ROKI	0.81	X	32	37	2	3	0.00	3
70	NEAST	IGNA	0.94	X	33	38	2	1	0.00	9
138	NWEST	JURB	0.94	Y	16	38	2	1	0.00	10
7	NEAST	PANE	0.81	X	12	39	1	3	0.00	9
26	SWEST	MARI	0.56	Y	51	39	2	3	0.00	3

28	SEAST	VARE	0.75	X	9	39	2	3	0.00	8
55	NEAST	PANE	0.81	Y	12	40	2	1	0.01	7
39	NWEST	TELS	0.75	X	57	41	2	1	0.00	8
62	NEAST	PANE	0.44	X	39	41	2	1	0.00	8
63	NEAST	PANE	0.56	Y	33	41	1	1	0.00	8
71	NEAST	ROKI	0.75	Y	45	42	2	1	0.00	7
81	NEAST	ROKI	0.81	X	45	42	2	1	0.00	6
166	NEAST	ROKI	0.81	Y	43	42	1	2	0.03	6
171	NEAST	ROKI	0.88	X	44	42	1	2	0.01	5
80	NEAST	ROKI	0.88	Y	40	43	2	1	0.00	11
46	NWEST	TELS	0.69	X	54	44	2	1	0.00	8
52	NEAST	IGNA	0.88	Y	19	44	2	1	0.01	9
3	SWEST	MARI	0.69	Y	48	45	2	3	0.00	8
54	NEAST	IGNA	0.81	Y	47	45	2	1	0.01	7
56	NEAST	IGNA	0.75	X	48	45	2	3	0.00	7
82	SEAST	VILN	0.81	X	28	46	1	2	0.00	8
85	SEAST	VILN	0.75	X	65	46	2	1	0.00	11
90	SEAST	VILN	0.81	Y	28	46	1	2	0.00	5
99	SWEST	MARI	0.75	Y	34	46	1	2	0.01	4
182	NEAST	ROKI	0.88	Y	34	46	1	2	0.02	2
48	NWEST	TELS	0.75	X	42	47	2	3	0.00	7
75	NEAST	ROKI	0.88	Y	52	47	2	1	0.00	10
76	NEAST	ROKI	0.88	Y	52	47	2	1	0.00	8
132	NWEST	TELS	0.88	X	21	47	2	3	0.00	8
134	NWEST	JURB	1.00	X	53	48	2	1	0.01	9
136	NWEST	TELS	1.00	Y	53	48	1	2	0.02	10
111	NWEST	PANE	0.75	X	55	49	2	1	0.00	8
137	NWEST	TELS	0.81	Y	48	50	2	1	0.00	11
14	NWEST	SIAU	0.75	Y	59	51	2	3	0.00	8
20	NWEST	SIAU	0.69	X	59	51	2	3	0.00	4
122	SWEST	MARI	0.81	Y	13	51	2	3	0.01	8
149	NWEST	SIAU	0.88	X	59	51	2	3	0.02	8
110	NWEST	SIAU	0.94	Y	3	52	2	3	0.06	5
24	SEAST	VILN	0.88	X	64	53	2	3	0.00	5
168	NWEST	SIAU	1.00	X	44	53	1	2	0.04	7
180	SEAST	VARE	0.88	Y	44	53	1	2	0.01	3
184	NWEST	SIAU	0.88	Y	44	53	1	2	0.00	6
22	NWEST	SIAU	0.69	Y	30	54	2	3	0.00	7
121	NWEST	JURB	0.75	Y	10	55	2	1	0.00	11
45	NWEST	TELS	0.88	Y	54	56	1	1	0.00	10
130	NWEST	JURB	0.88	X	30	56	1	2	0.01	6
47	NWEST	TELS	0.67	Y	20	57	1	2	0.00	6
84	SEAST	VILN	0.69	Y	20	57	1	2	0.00	6
27	SEAST	VARE	0.81	Y	61	58	2	1	0.01	9
57	SEAST	VARE	0.81	Y	61	58	2	3	0.03	5
105	SEAST	VARE	0.75	X	42	58	2	3	0.00	5
102	SWEST	MARI	0.75	X	68	59	2	1	0.00	12
104	SEAST	VARE	0.75	Y	50	59	2	1	0.00	8
186	SWEST	MARI	0.75	X	25	59	1	1	0.00	9
101	SWEST	MARI	0.81	X	67	60	2	1	0.04	7
106	SEAST	VARE	0.75	Y	63	60	2	1	0.01	4
107	SEAST	VILN	0.75	X	18	60	1	2	0.01	3
108	SEAST	VILN	0.81	X	62	61	2	1	0.00	11
109	SEAST	VILN	0.63	Y	62	61	2	1	0.00	7
9	SEAST	VARE	0.75	Y	63	62	2	1	0.00	8

92	SEAST	VARE	0.75	X	46	62	2	3	0.01	7
16	SEAST	VILN	0.69	Y	64	63	2	3	0.01	10
17	SEAST	VILN	0.88	X	64	63	2	3	0.00	9
179	SWEST	MARI	0.81	Y	25	64	2	1	0.03	5
25	SWEST	MARI	0.73	Y	70	65	2	3	0.00	9
97	SWEST	MARI	0.81	X	20	66	1	2	0.02	7
98	SWEST	MARI	0.87	X	67	67	2	3	0.01	9
4	SWEST	MARI	0.75	Y	22	68	1	2	0.01	7
177	SWEST	MARI	0.75	X	20	69	1	2	0.00	6

¹ Šeima pagal motiną rodo, kad jos nariai yra vienos mamos vaikai. Jei šių vaikų tėvas turi tą patį kodą tai reiškia, kad šie vaikai yra vieno tėvo (pilni sibai), jei tėvo kodas skirtingas - skirtingų tėvų. Jei panašaus amžiaus patinas ir patelė yra priskirti vienai šeimai, tai rodo, kad jie yra brolis ir sesuo (ne lytinio poravimosi pora). Kai sumaišomos kartos ir lytiškai brandi patelė ar patinas papuola į vieną šeimą su jaunikliais jie gali būti jauniklių tėvai. Pilnų sibų šeimos kodas 0 reiškia, kad buvo tik vienas tokios šeimos narys.



3.1.13 pav. 2021 m., 2020 m. ir 2019 m. sumedžiojimo pusiau sibų šeimų dydis. Šeimų dydis X ašyje rodo vienos pusiau sibų šeimos narių skaičių (pvz. 5 rodo, kad sumedžioti 5 vilkai, kurie turi bendrą motiną). Y ašis ir skaičiai ties kreivės taškais rodo, kiek buvo sumedžiota atitikinamo šeimos dydžio šeimų.

3.1.4 Apibendrinamas

Apibendrintas Lietuvos vilkų populiacijos genetinės įvairovės tyrimas pagal 2021–2022 m. sumedžiotų 186 vilkų DNR žymenis aukšto polimorfizmo 16 autosominių atskirai rekombinuojamų mikrosatelitų lokusų parodė, kad Lietuvos vilkų populiacija netolimoje praeityje buvo patyrusi reikšmingą efektyvaus populiacijos dydžio kritimą (pagal Sastre *et al.* 2010 kriterijus), tačiau dabartiniu metu per stiprius genų srautus iš rytų sėkmingai atstatinėja genetinę įvairovę ir pagal kelių praeitų sumedžiojimo sezonų genetinio testavimo duomenis yra genetinio atsistatymo pike (lauktinas heterozigotiškumas H_e 0.77, aukštas alelinis turtinumas, gausu retų alelių, inbrydingas žemas, rodantis visuotinę artimai negiminingų individų poravimosi tendenciją be to inbrydingas turi tendenciją žemėti pagal 2018-2021 m. duomenis).

Esant tokiai įvairovei, neigiamas genų dreifo poveikis mažai tikėtinas. Variacijai efektyvaus populiacijų dydis pagal ir demografinio populiacijų dydžio įverčių santykis viršijo 0.5, kas rodo pilną populiacijos alelinės įvairovės atsistatymą. Įdomu, kad į 2020–2021 ir 2021–2022 m. m. sumedžiojimo populiacijas pateko ženkliai didesnės šeimos, tai galėjo lemti didesnis sumedžiojimas (186 vnt. 2021 m., 173 vnt. 2020 m. iki 118 vnt. 2017, 2018 ir 2019 m.). Taigi didinant sumedžiojimą, reikšmingai daigiau patenka šeimos atstovų, o ne atskirtų šeimų narių. Taigi genetiniai rodikliai rodo, kad populiacija sparčiai atsistatinėja pagrinde dėka stipraus genų srauto, kuris kaip rodo koalescencijos algoritmai ir retų alelių dažnio pasiskirstymas, eina per šiaurės rytų Lietuvą miško masyvais pietvakarių link. Pagal DNR tyrimais gautus retų alelių ir aukšto heterozigotiškumo geografinio pasiskirstymo duomenis yra tikėtina, kad iš vakarų šį srautą pietvakarių link gali kreipti miško masyvių išsidėstymas, Nevėžio upė ir tvoromis aptvertos via Baltikos magistralės dalys, o iš rytų šį srautą riboja Lietuvos – Baltarusijos siena. Labai svarbu šį genų srautą puoselėti ir įvertinti kokią įtaką turės naujos tvoros su Baltarusija. Tikėtina, kad genų srautas eina miškų masyvais, kol nesusiduria su kompleksu barjerų - Neries upė, Vilniaus antropogeninių zonų sistema ir autostrada ir žemiau Vilniaus Varėnos link reikšmingai nepereina. Tai patvirtina žemas stebimas heterozigotiškumas ir aukštesnis inbrydingo koeficientas į pietus nuo Vilniaus, kur abu šie rodikliai rodo reikšmingus nukrypimus dėl nuo atsitiktinio poravimosi dėl santykinai dažnesnio kryžminimosi giminingų individų grupėse. Žemo stebimo heterozigotiškumo zona už Vilniaus pietų link buvo patvirtinta tiek 2018 - 2019 m. tiek 2020 m. DNR tyrimais, kas patvirtina galimus barjerus genų srautui.

3.2 Vilkų populiacijos genetinė diferenciacija ir struktūra Lietuvoje

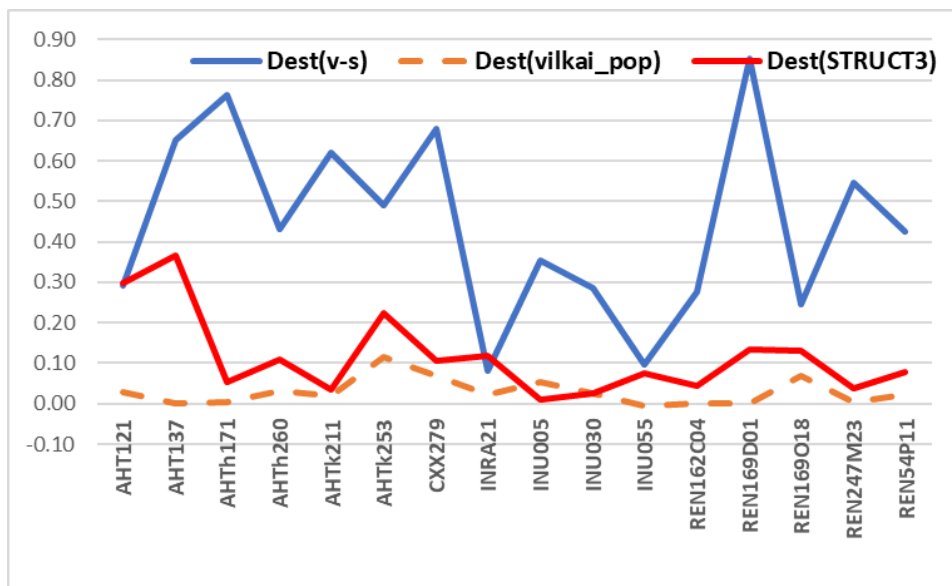
3.2.1 Genetinė diferenciacija

2018-2021 m. pagal alelių dažnių skirtumus apskaičiuoti vilkų genetinės diferenciacijos indeksai tarp regionų nebuvo ypač žemi: F_{st} nuo 0.01 - 0.005, bet statistškai reikšmingai aukštesni už 0 (3.2.1 lent.). Tačiau matyti mažėjanti genetinės diferenciacijos tendencija tarp regionų: F_{st} indeksas tarp regionų buvo 0.031, 0.010, 0.005, 0.008 atitinkamai 2018, 2019, 2020 ir 2021 m. sumedžiojimo sezonams. Tai aiškiai rodo stiprų genų srautų poveikį, mažinantį genetinę diferenciaciją tarp regionų. Diferenciacija tarp populiacijų buvo stipresnė nei tarp regionų, kas rodo lokalių genetinių grupių formavimosi tendencijas (3.2.1 lent.). Šios lokals grupės gali formotis esant nukrypimams nuo atsitiktinio poravimosi dėl uždarytų nišų formavimosi, kas yra neigiamas veiksnys, didinantis inbrydingą šiose grupėse. Tačiau bedrai populiacijų struktūra Lietuvoje yra silpna, kadangi diferenciacija tarp 3-jų Bajeso klasterinės analizės

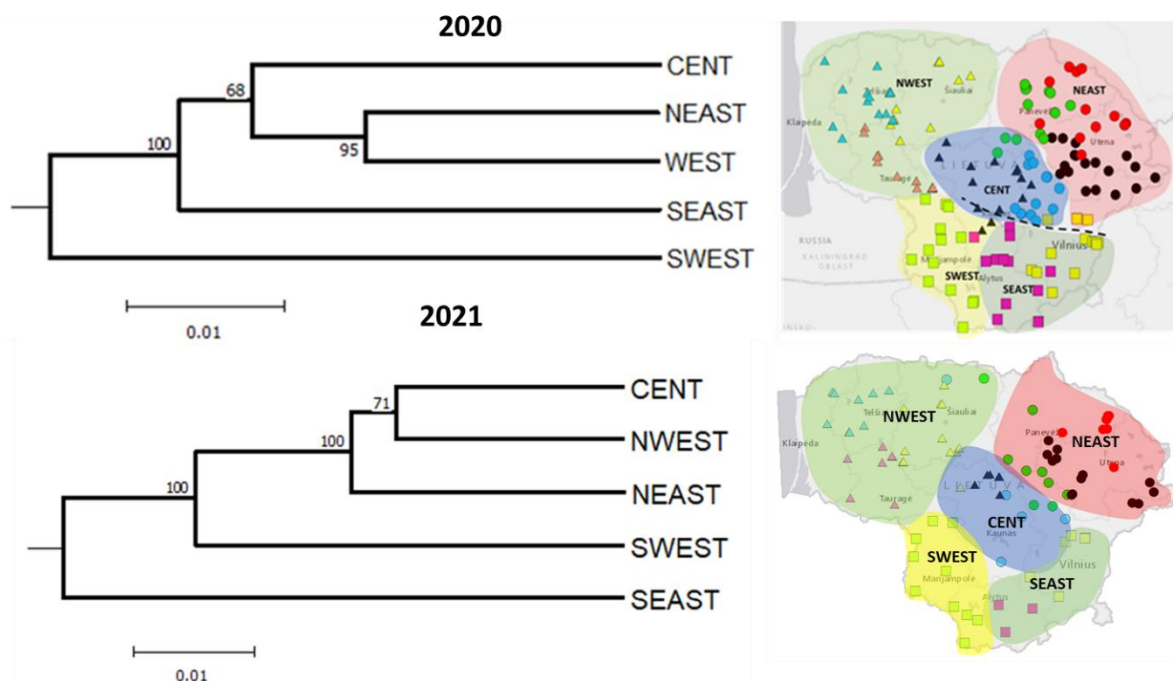
grupių (t.y. maksimali galima populiacijų diferenciacija) nebuvo ženkliai aukštesnė nei diferenciacija tarp populiacijų (3.2.1 lent.) ir buvo lemta tik 2-jų iš 16 lokusų (3.2.1 pav.). Kaip viršutine regioninės ir populiacijų diferenciacijos riba yra priimtina laikyti tarprūšinį vilkų /šunų genetinės diferenciacijos lygmenį pagal mūsų naudotus 16-ka genominių mikrosatelitų lokusų. Pavyzdžiui, 2021–2022 m. sumedžiojimo populiacijai $Dest(\text{regionas}) = 0.030$, $Dest(\text{pop}) = 0.024$, $Dest(\text{STRUCTURE grupės}) = 0.103$ ir $Dest(\text{vilkai/šunys}) = 0.422$. Taigi pagal mūsų duomenis, maksimalios genetinės diferenciacijos įvertė tarp genetinių grupių (t.y. Bajeso 3-jų grupių) Lietuvoje sudaro tik 24 %, o diferenciacija tarp populiacijų tik 5 % maksimalios galimos tarprūšinės diferenciacijos, (pagal $Dest$ diferenciacijos indeksą). Šie rezultatai vėlgi patvirtina plačiu geografiniu lygmeniu laisvą vilkų migraciją šalies teritorijoje. Tačiau esamas genetinės diferenciacijos tarp Lietuvos vilkų lygmuo atspindi nežymių lokalinių trikdžių migracijai buvimą ar migraciją iš kitų šalių populiacijų.

3.2.1 lent. Vilkų regioninės diferenciacijos indeksas (F_{st}) ir jų statistinis reikšmingumas (p pagal 1000 permutacijų) tarp Lietuvos regionų ir tarp populiacijų atskirų metų sumedžiojimų populiacijose

Sezonas ir imties dydis	Indeksas	Indekso reikšmė $F_{st}/Dest$	P
Viso 118 vnt. (2019m)	$F_{st_regionas}$	0.010	0.001
Viso 118 vnt. (2019m)	$F_{st_populiacija}$	0.018/0.120	0.001/0.001
Viso 173 vnt. (2020m)	$F_{st_regionas}$	0.005	0.004
Viso 173 vnt. (2020m)	$F_{st_populiacija}$	0.007/0.094	0.025/0.001
Viso 186 vnt. (2021m)	$F_{st_regionas}$	0.008/0.030	0.001/0.001
Viso 186 vnt. (2021m)	$F_{st_populiacija}$	0.018/0.024	0.001/0.001
Viso 186 vnt (2021 m)	$F_{st}(\text{tarp 3-jų STRUCTURE genetinių grupių})$	0.025/0.103	0.001/0.001
Tarp vilkų (186 vnt 2021 m.) ir šunų pop.	$F_{st}/Dest$	0.047/0.422	0.001/0.001



3.2.1 pav. Dest diferenciacijos indeksų palyginimas tarp vilkų/šunų (aukščiausi Dest indeksai rodo spariausią galimą tarprūšinį diferenciacijos lygmenį), bei tarp vilkų STRUCTURE Baseso klasterinės analizės trijų genetinių grupių ir tarp vilkų geografinių populiacijų



3.2.2 pav. UPGMA klasterinės analizės dendrograma pagal Nei (1983) Da genetinius atstumus tarp regionų. Skaičiai prie dendrogramos atšakų rodo konkrečią dendrogramos šaką patvirtinusių permutojų atvejų procentą iš 100 000 permutojų. Dešinėje duotas regionų žemėlapis, kuriam skirtingais simboliais pažymėtos geografinės populiacijos, o spalvomis geografiniai regionai

Kaip ir 2020–2021 m. populiacijoje, 2021–2022 m. populiacijos regionų lygmenis UPGMA klasterinė analizė į vieną dendrogramos šaką apjungė centrinį ir šiaurės rytų bei šiaurės vakarų regionus su 100% permutojų reikšmingumu (2020 m. su 68% permutojų reikšmingumu) (3.2.2 pav.). Aukščiausia diferenciacija išsiskyrė pietryčių rajonas net 100%

permutacijų reikšmingumu (regionas į pietus nuo Vilniaus, kuriame gautas aukščiausias inbrydingas ir spėjama dalinė izoliacija lemianti mažesnius migrantų srautus). Be to, tokią genetinę populiacijų struktūrą dalinai galima paaiškinti genų srautų kryptimis šalyje: (a) tikėtina, kad, kaip ir parodė genetinės įvairovės rodiklių geografinio pasiskyrimo dėsninukai (3.1 poskyris), genų srautas iš šiaurės rytų didžia dalimi patenka į centrinę ir vakarinę dalis, todėl efektyviai mažina genetinius skirtumus tarp šių regionų, (b) pietvakarių ir pietryčių populiacijos gali išsiskirti dėl genų srautų iš Lenkijos. Tai rodo, kad atskirų metų sumedžiojimo sezonų populiacijos gali skirtis pagrįste dėl genų srautų stiprumo, dalinės lokalinės izoliacijos ir sumedžiotų šeimų dydžio, todėl populiacijų struktūrą reiktų vertinti pagal daugiamačius duomenis, priimant dėmesin reikšmingą genų srautų įtaką palyginti nedidelėje teritorijoje kaip Lietuva be ženklių gamtinių barjerų migracijai (žr. į genetinės struktūros analizę žemiau).

Molekulinės variacijos analizė (AMOVA) yra diferenciacijos nustatymo metodas, kuris atlieka skirtumų reikšmingumo skaičiavimus pagal genetinius atstumus (ne pagal alelių dažnius kaip fiksacijos indeksai) ir gali padalinti molekulinę variaciją procentais tarp regionų tarp populiacijų regionuose ir tarp individų populiacijose, parodė, kad pagal F_{st} (IAM mutacijų modelis), įvedus populiaciją į modelį, skirtumai tarp regionų tampa nereikšmingi, kadangi skirtumai tarp populiacijų regionų viduje buvo stipresni, nei skirtumai tarp regionų (3.2.3 lent.). Taip pat ir individai variavo stipriai populiacijų viduje, kas yra sveikas genetinis rodiklis. Šie rezultatai rodo, kad nėra reikšmingų barjerų tarp regionų genų migracijai imant visos šalies mastu, o gauti populiacijų skirtumai tikėtina yra stipriai lemiami migracijos pobūdžio (iš kur eina genų srautas). Panašūs rezultatai gauti ir Lietuvai dydžiu artimoje pietinėje Suomijos dalyje (Jansson 2016). Palyginus AMOVA rezultatus tarp sumedžiojimo sezonų populiacijų, matyti su metais stiprėjant skirtumų tarp regionų mažėjimo tendencija.

3.2.3 lent. Molekulinės variacijos (AMOVA) analizės rezultatai (GenAlex). LL – laisvės laipsniai. P- indekso reikšmingumas pagal 1000 permutacijų

Variacijos šaltinis	LL	Dispersija	Var. %	Indeksas	Indekso reikšmė	p
2018 m						
Tarp regionų	3	0.003	1%	F _{rt}	0.000	0.447
Tarp populiacijų regionų viduje	8	0.278	4%	F _{sr}	0.043	0.000
Populiacijų viduje	186	6.223	96%			
Viso	197					
2019 m.						
Tarp regionų	3	0.000	0%	F _{rt}	0.003	0.095
Tarp populiacijų regionų viduje	6		2%	F _{sr}	0.015	0.002
Populiacijų viduje	226	103.100	95%			

Viso	235					
2020 m.						
Tarp regionų	4	0.000	0%	Frt	0.000	0.731
Tarp populiacijų regionų viduje	8	0.073	1%	Fsr	0.013	0.001
Populiacijų viduje	325	5.731	99%			
Viso	337					
2021 m.						
Tarp regionų	4	0.000	0%	Frt	0.002	0.124
Tarp populiacijų regionų viduje	9	0.073	2%	Fsr	0.016	0.001
Populiacijų viduje	358	5.731	98%			
Viso	371					

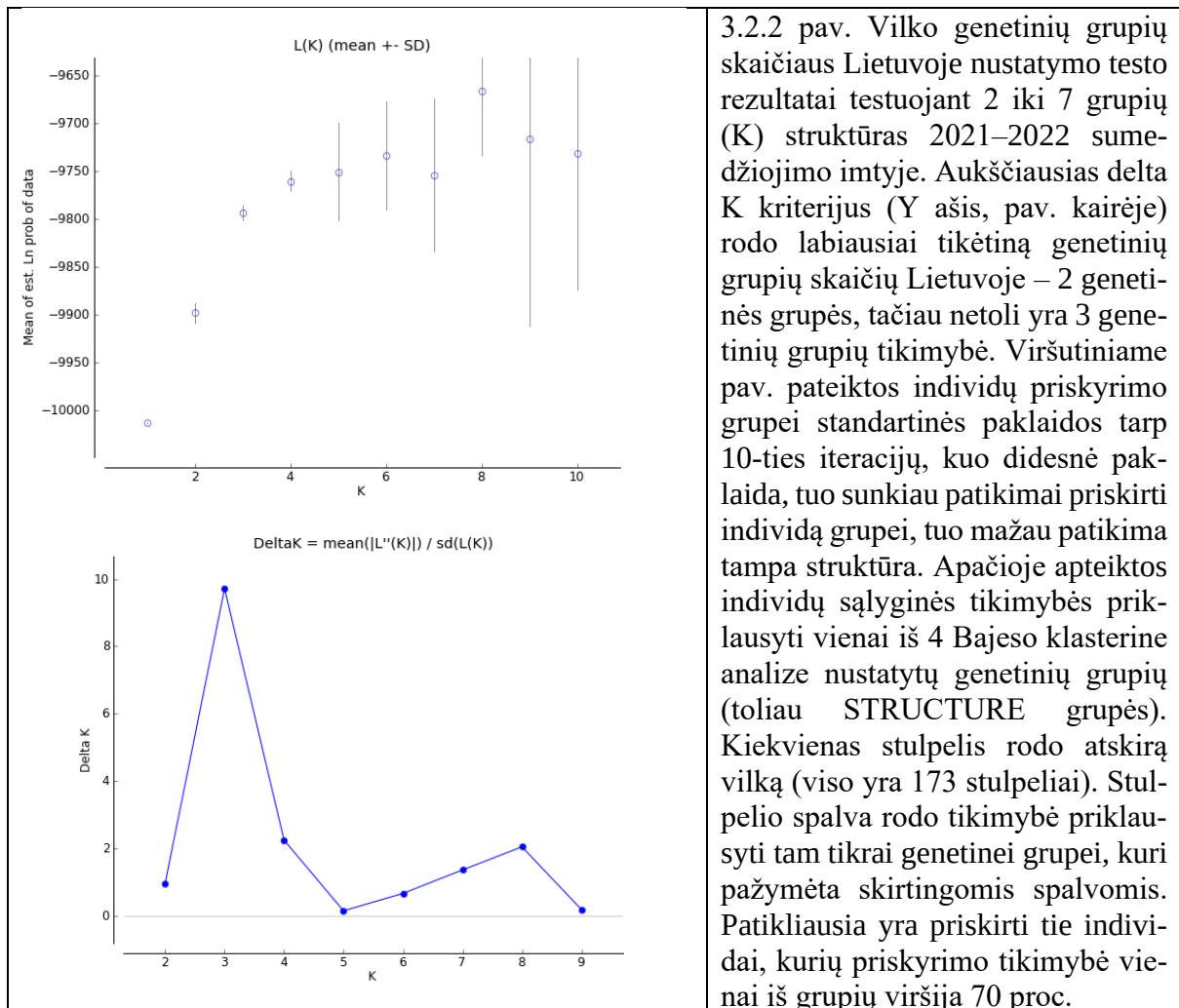
3.2.2 Genetinė struktūra

Vilkų geografinių populiacijų genetinę struktūrą ištyrėme pagal (a) Bajeso klasterinės analizės metodą (STRUCTURE programa) ir (b) pagal UPGMA klasterinę analizę (3.2.2 pav.).

Bajeso klasterinė analizė turi vieną svarbų pranašumą prieš tradicinę klasterinę analizę, nes pastaroji duoda bendrą evoliucinį medį ir sunku rasti vietą dendrogramoje, kur skirti genetines grupes, tuo tarp Bajeso sąlyginių tikimybių metodas ir MCMC atsitiktinių kartotinių ėminių algoritmas leidžia statistiniais metodais nustatyti labiausiai tikėtiną genetinių grupių skaičių ir kiekvienam individui apskaičiuoti sąlygines priskyrimo tikimybes kiekvienai iš genetinių grupių. Bajeso klasterinė analizė parodė, kad testuojant nuo 1 iki 8 genetinių grupių struktūras (po 10 kiekvienos grupės pakartojimų) pagal Earl and von Holdt (2012) metodiką, Lietuvoje yra labiausia tikėtina 3 genetiškai skirtingų vilkų grupių struktūra- DeltaK kriterijus 3-rių genetinių grupių struktūrai buvo aukščiausias (3.2.2 pav.). Todėl geografinį genetinių grupių pasiskirstymą pateikėme pagal 2 ir 3 genetines grupes. Ženkliai didesnės deltaK kriterijaus tikimybių paklaidos rodo, kad 5 ir daugiau genetinių grupių struktūra Lietuvoje yra mažiau tikėtina (3.2.2 pav., dešinėje). Didesnės priskyrimo grupei tikimybių paklaidos rodo struktūros nepatikimumą, kai vienas individas yra priskiriamas beveik lygiomis tikimybėmis kelioms genetinėms grupėms ir tarp iteracijų šios tikimybės pradeda duoti priskyrimo paklaidas, nes priskyrimas tampa atsitiktinis, genetiškai nepagrįstas (šių priskyrimo tikimybių degradaciją galima aiškiau matyti skirtingo grupių skaičiaus tikimybių histogramose, kai didėjant genetinių grupių skaičiui vis sunkiau tampa patikimai priskirti individus tam tikrai vienai genetinei grupei).

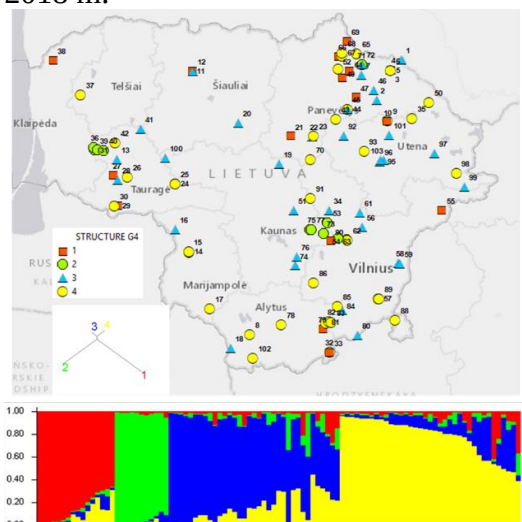
2021–2022 m. duomenyse dvi STRUCTURE genetinės grupės gana vienodai pasiskirstė šalies teritorijoje (3.2.3 pav.). Vienas iš galimų šių grupių atsidarymo paaiškinimų genų srautas, kur viena iš grupių atstovautų tolimesnių populiacijų genotipus. Įdomus yra 2-jo genetinio

klasterio individų nebuvimas į pietus nuo Vilniaus (3.2.3 pav.). Pastebėtina, kad 2- ras klasteris pasižymi ženkliai žemesniu inbrydingu, todėl gali būti genų srauto klasteris Lietuvoje (3.2.4 pav.). Tai, kad vienos genetinės grupės nariai nesikoncentruoja vienoje vietoje, o yra pasklidę į atskirus regionus ir persimaišę su kitomis genetinėmis grupėmis yra teigiamas genų migraciją rodantis rezultatas, kuris lemia mažiau giminingų individų poravimąsi.

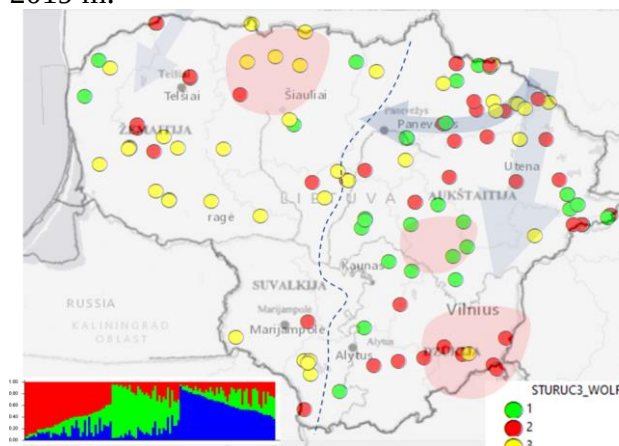


3.2.2 pav. Vilko genetinių grupių skaičiaus Lietuvoje nustatymo testo rezultatai testuojant 2 iki 7 grupių (K) struktūras 2021–2022 sumedžiojimo imtyje. Aukščiausias delta K kriterijus (Y ašis, pav. kairėje) rodo labiausiai tikėtiną genetinių grupių skaičių Lietuvoje – 2 genetinės grupės, tačiau netoli yra 3 genetinių grupių tikimybė. Viršutiniame pav. pateiktos individų priskyrimo grupei standartinės paklaidos tarp 10-ties iteracijų, kuo didesnė paklaida, tuo sunkiau patikimai priskirti individą grupei, tuo mažiau patikima tampa struktūra. Apačioje pateiktos individų sąlyginės tikimybės priklausyti vienai iš 4 Bajeso klasterine analize nustatytų genetinių grupių (toliau STRUCTURE grupės). Kiekvienas stulpelis rodo atskirą vilką (viso yra 173 stulpeliai). Stulpelio spalva rodo tikimybę priklausyti tam tikrai genetinei grupei, kuri pažymėta skirtingomis spalvomis. Patikliausia yra priskirti tie individai, kurių priskyrimo tikimybė vienai iš grupių viršija 70 proc.

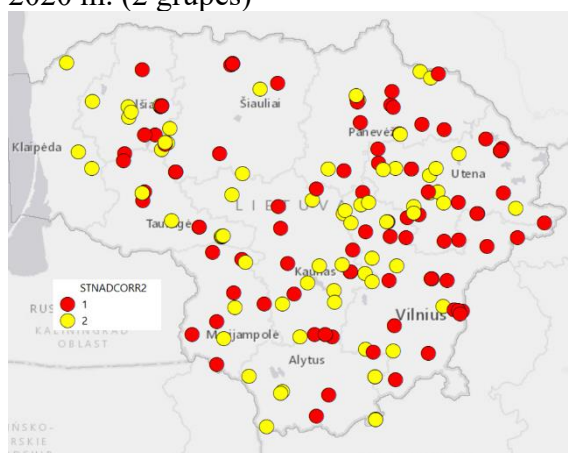
2018 m.



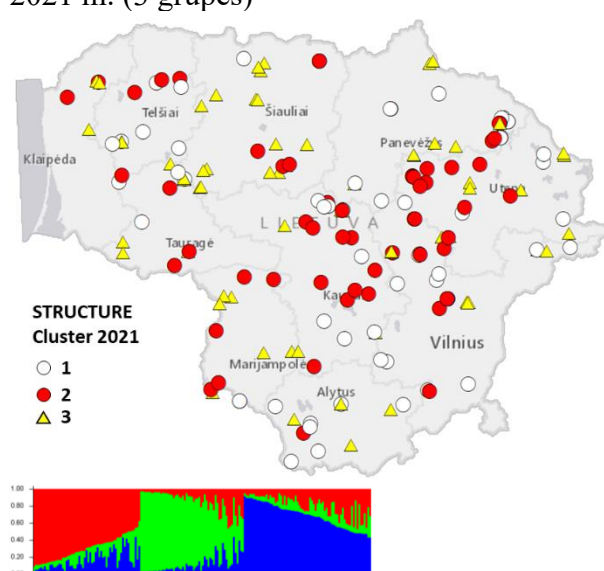
2019 m.



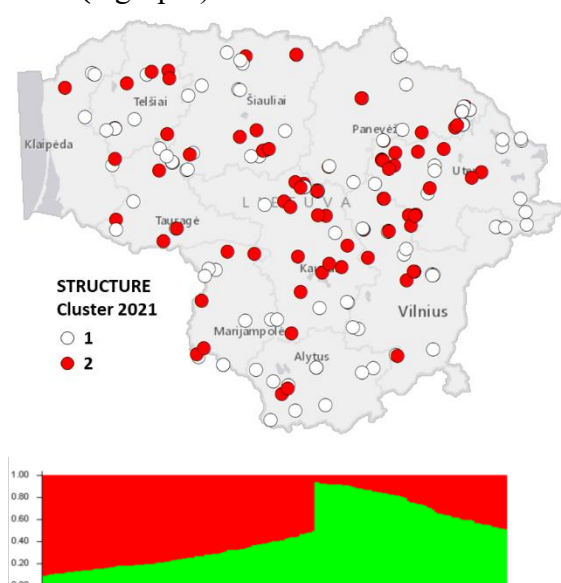
2020 m. (2 grupės)



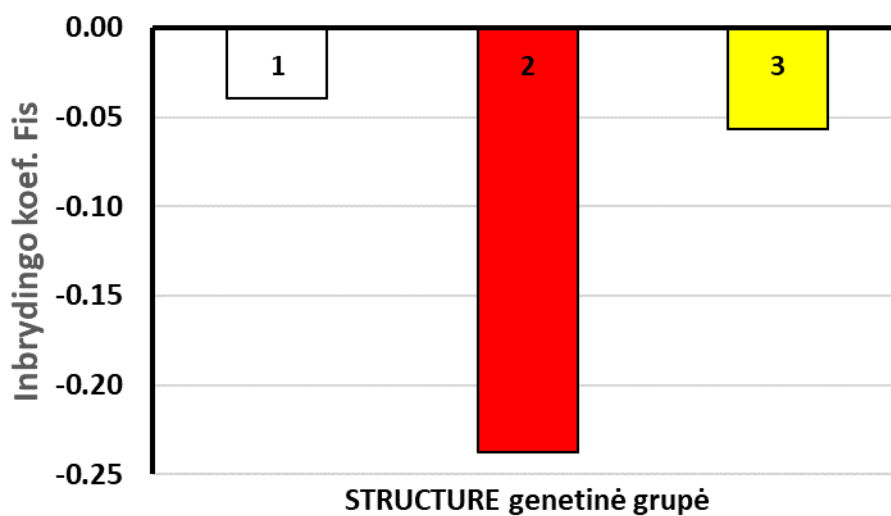
2021 m. (3 grupės)



2021 (2 grupės)



3.2.3. pav. Viršuje - vilkų individų, priskirtų vienai iš 4-rių STRUCTURE genetinių grupių, geografinis pasiskirstymo žemėlapis Lietuvoje pagal atskirų metų sumedžiojimo imtis. Vilkų sumedžiojimo vietos žymi genetinės grupės pažymėtas skirtingais simboliais. Rausvai pažymėtos sritys 2019 m. žemėlapyje rodo žemo stebimo heterozigotiškumo (giminių poravimosi, H_o) zonas, o rodyklės – tikėtinas genų srauto kryptis



3.2.4 pav. STRUCTURE genetinių grupių inbrydingo koeficientas 2021–2022 m. sumedžiojimo imtyje (n=186). Stulpelių spalvos atitinka 3-jų grupių spalvas 2021–2022 m. imties žemėlapyje 3.2.3 pav.

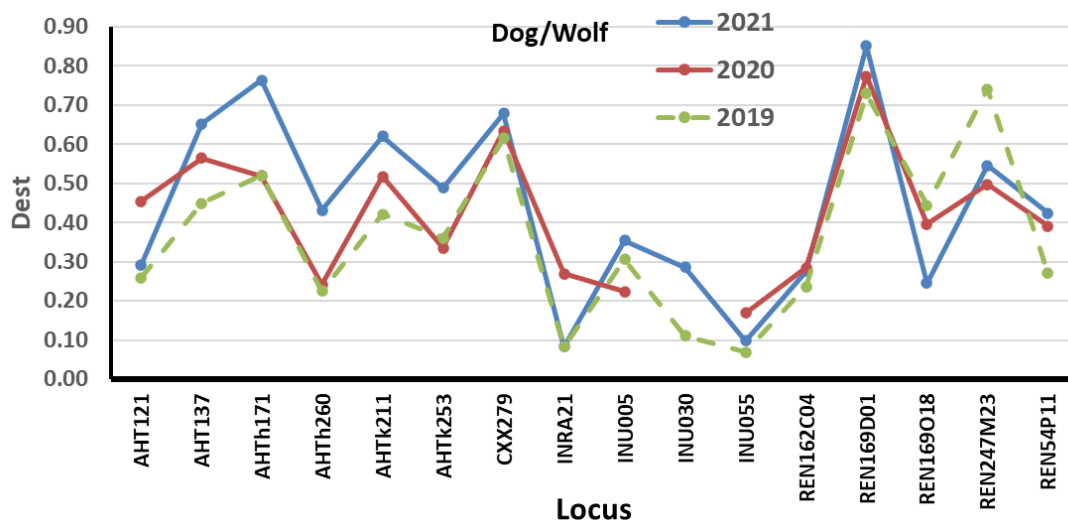
3.2.3 Apibendrinimas

2021–2022 m imtyje diferenciacijos indeksai atkleidė žemus bet statistškai reikšmingus skirtumus tarp Lietuvos vilkų geografinių populiacijų, bei nereikšmingą genetinę diferenciaciją tarp regionų. Genetinės struktūros analizė pagal kelis skirtingus statistinius metodus ir eilės metų sumedžiojimo duomenys parodė, kad šalyje vilkų genetinė struktūra yra gana dinamiška, pagrinde mišri ir stipriai įtakuojama genų srautų. Genų srautai šalyje nėra pasiskirstę atsitiktinai, pastebimos tendencijos sietinos su antropogeniniais barjeriais ir tikėtina miško masyvų išdėstymu ir taip turi įtaką populiacijos genetinės struktūros formavimuisi. Stiprėjanti genų srauto iš šiaurės rytų įtaka mažina genetinius skirtumus tarp šalies regionų, ypač 2021–2022 m. tai pastebima tarp šiaurės rytų, centinio ir šiaurės vakarų (Žemaitijos) regionų. Pavyzdžiui, šiaurės rytinis genų srautas yra stipresnis pietvakarine nei pietrytine kryptimis. Tokia mišri genetinė struktūra yra teigiamas dėsningumas, nes lemia retesnę poravimąsi tarp giminingų individų. Tikėtina, kad dėl migracijos iš Lenkijos ar silpnesnės šiaurės rytinio genų srauto įtakos, pietinėje Lietuvoje galima savitesnė genetinė struktūra ypač Suvalkijoje. Pastebėtina, kad migracijos kliūtys lemia mažesnės geografinės apimties vienos genetinės grupės individų klasterius į pietus nuo Vilniaus, ką patirvina eilės metų genetinės įvairovės rodikliai. Tikėtina, kad Lietuvos upės nėra reikšmingi barjerai vilkų genų srautui, tačiau antropologinės kliūtys gali turėti arba turi reikšmingos įtakos genų srauto pobūdžiui ir kryptiai ir tokiu būdu gali daryti įtaką

populiacijos genetiniai struktūrai Lietuvoje. Tai pat, svarbu išskirti rytų Lietuvos miškų masių susiekančio tinklo svarbą vilkų migracijai ir populiacijos genetinės įvairovės stabilumui.

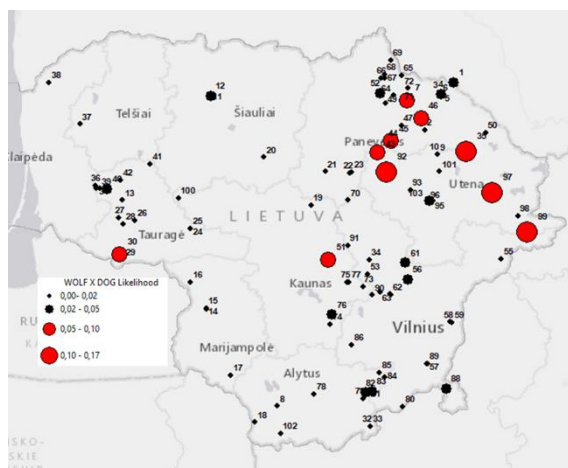
3.3 Hibridizacija su šunimis

Bendra multilokusinė genetinė diferenciacija tarp 2021–2022 m. vilkų sumedžiojimo populiacijos ir šunų populiacijos buvo ypač stipri ir statistškai reikšminga aukštu 0.001 lygmeniu ($F_{st} = 0.052^{***}$, $Dest = 0.414^{***}$). Lokusų geba diferencijuoti šunis ir vilkus skyrėsi (3.3.1 lent.), tačiau visų lokusų diferenciacijos indeksai rodė statistškai reikšmingą diferenciaciją tarp vilkų ir šunų (3.3.1 lent.). Daugumos lokusų diferenciacijos indekso $Dest$ reikšmė viršijo 0.30 kas rodo reikšmingai stiprią genetinę diferenciaciją tarp vilkų ir šunų mūsų tyrime naudojamuose DNR lokusuose (sutinkamai su Godinho *et al.* 2011). Pagal 2019–2021 metų duomenis, ypač stipriai ($Dest > 0.3$) vilkai ir šunys skyrėsi 9 iš 16 lokusų, o lokuse REN24723 vilkų/šunų diferencijuos indeksas $Dest$ 2019, 2020 ir 2021 m. viršijo 0.7 (3.3.1 pav.). Reikšmingų skirtumų tarp atskirų metų sumedžiojimų populiacijų lokusų diferenciacijos indeksų nebuvo, kas rodo mūsų pasirinktos DNR žymenų sistemos efektyvumą vilko/šuns populiacijų introgresijos tyrimui (3.3.1 pav.). Taigi, kartu su aukštais lokusų polimorfiškumo rodikliais (žr. 3.1.1 poskyryje) šie reikšmingi diferenciacijos indeksai rodo, kad mūsų naudotas DNR lokusų derinys statistškai patikimai diferencijuoja ir yra tinkamas šunų - vilkų hibridizacijos tyrimui.

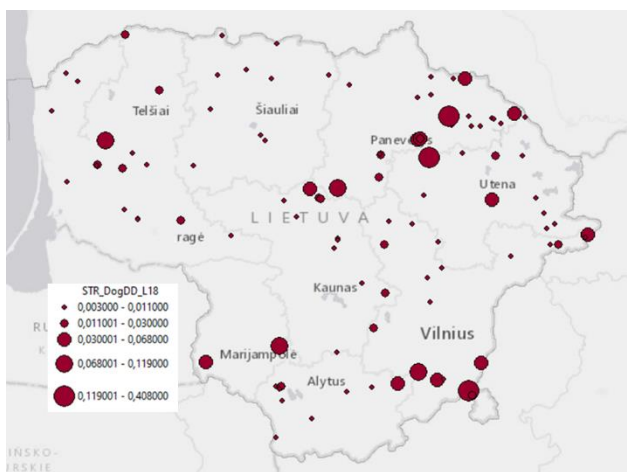


3.3.1 pav. DNR lokusų $Dest$ diferenciacijos indeksai tarp vilkų ir šunų populiacijos 2019–2021 m. imtyse (pagal permutacijų testą visos $Dest$ reikšmės yra reikšmingai aukštesnės už nulį, 0.001 tikimybės lygmenyje)

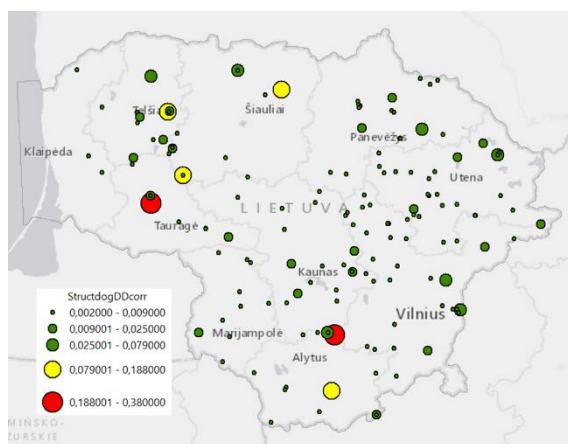
2018 m. (STRUCTURE)



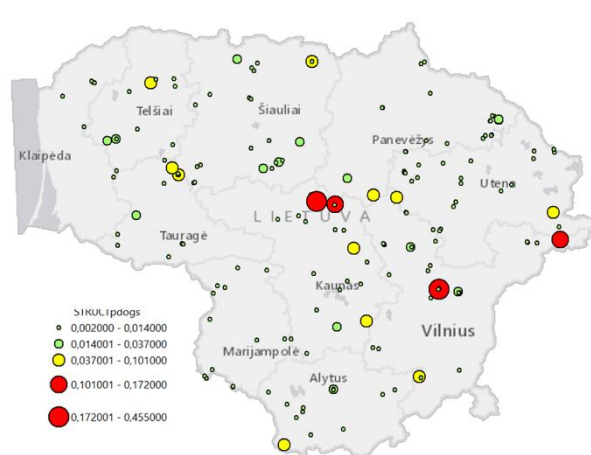
2019 m. (STRUCTURE)



2020 m. (STRUCTURE)



2021 m. (STRUCTURE)



3.3.2 pav. STRUCTURE Bajeso vilkų-šunų klasterinė analizė pagal admiksijos ir nepriklausomų alelių dažnių pasiskirstymo algoritmą. Vilkų sumedžiojimo vietos pažymėtos apskritimais, kurių dydis parodo priskyrimo analizės šunų genetinei grupei tikimybės pagal 2018-2021 m. DNR tyrimo rezultatus. Tikimybės kinta nuo 0 iki 1. Taškai žymi vilkų sumedžiojimo vietas, jų dydis Bajeso tikimybę priklausyti šunų genetinei grupei ir taip rodo hibridizacijos su šunimis laipsnį individo tėvų ir ankstesnėse kartose. Tikėtina, kad Bajeso tikimybė priskyrimui šunų genetinei grupei didesnė nei 0.05 rodo hibridizacijos su šunimis atvejus tėvinėse kartose (Godinho *et al.* 2011, Dziech 2021)

3.3.1 lent. Genetinės diferenciacijos indeksas (Dest) ir jų reikšmingumas (P) tarp vilkų ir šunų pagal lokusus 2021–2022 m. imtyje

Locus	Dest(v-s)	P Dest(v-s)
AHT121	0.29	0.001
AHT137	0.65	0.001
AHTh171	0.76	0.001
AHTh260	0.43	0.001
AHTk211	0.62	0.001
AHTk253	0.49	0.001
CXX279	0.68	0.001
INRA21	0.08	0.014

INU005	0.35	0.001
INU030	0.29	0.001
INU055	0.10	0.008
REN162C04	0.28	0.001
REN169D01	0.85	0.001
REN169O18	0.25	0.001
REN247M23	0.54	0.001
REN54P11	0.42	0.001
Bendras	0.45	0.001

Bajeso vilkų ir šunų populiacijų klasterinės analizės rezultatai programoje STRUCTURE parodė, kad daugumai iš 186 individų priskyrimo tikimybės buvo mažesnės nei 0.05 (3.3.2 lent.). Tačiau 14 iš 186 vilkų individų turėjo genetinio panašumo šunų populiacijai koeficientus q didesnius ar lygius 0.05, o 4 individai turėjo $q > 0.1$ ir 1-nas individas tikėtinas F1 hibridas su $q = 0.44$ (3.3.2 lent.). Šio F1 kartos hibridinio individo Nr.85 amžius yra 4 metai, sumedžiotas šiaurinėje Vilniaus raj. dalyje ties Nemenčine. Santykinai daugiau tikėtinų hibridų palikuonių sumedžiota šiaurės rytuose (3.3.2 pav.). Keturių stipriausius panašumo su šunimis vilkų vidutinis stebimas heterozigotiškumas buvo ženkliai aukštesnis nei likusių vilkų populiacijos individų, kas patvirtina hibridizacijos tikimybę (3.3.3 pav.). Įdomu, kad tiek 2018 ir 2019 m. tiek 2020 m. duomenyse santykinai aukštesni giminystės su šunimis koeficientai buvo aptikti rytų Lietuvoje (3.3.2 pav.). Mažas populiacijos dydis gali lemti didesnę hibridizacijos intensyvumą su kitomis rūšimis, jei savos rūšies porų skaičius mažas (Allendorf and Luikart 2007, p. 428). Tačiau mūsų atveju, populiacijos gausa tikrai nėra tokia žema, kad skatintų natūralią hibridizaciją. Mūsų tyrime gauti hibridizacijos intensyvumo rezultatai yra panašūs į Čekijoje, Lenkijoje ir Ispanijoje vykdytų hibridizacijos tyrimų rezultatus su SSR žymenų sistemomis, kur vilkų introgresijos su šunimis koeficientai neviršijo 0.15. (Godinho *et al.* 2011, Randi *et al.* 2014, Huvla *et al.* 2017), pvz. Ispanijos Iberijos dalyje apie 4 proc. tirtų individų turėjo introgresijos su šunimis koeficientus $q = 0.10 - 0.12$ (Godinho *et al.* 2011). Tokios tikimybės susidaro, esant kartotiniams grįžtamosios hibridizacijos atvejams ar/ir hibridizacija vėlesnėse kartose, kaip Lietuvoje vilko populiacijai patiriant butelio kalelio efektą apie 1970 m (Godinho *et al.* 2011). Šios eilę metų gaunamos tikimybės rodo, kad jei ši hibridizacija vyko, jei natūraliai, tai tikėtinas laikmetis yra populiacijos butelio kaklelio metas, praeito amžiaus 6 ar 7-tame dešimtmetyje. Be to, galimi ir į gamtą išleistos dirbtinės hibridizacijos padariniai.

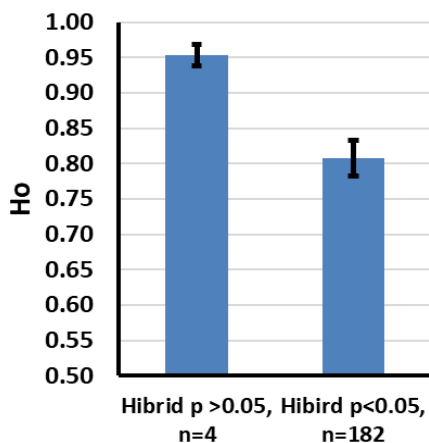
3.3.2 lent. STRUCTURE vilkų/šunų populiacijų individų Bajeso klasterinės analizės rezultatai. Dešiniame stulpelyje duoti genetinės giminytės šunų populiacijai koeficientai (q), kurie gali vyrauti nuo 0 (gryna vilkų populiacija) iki 1 (gryna šunų populiacija). Jei $q > 0.05$ tikėtina hibridizacija ankstesnės kartose, q apie 0.5 rodo F1 kartos hibridą.

Id	Amžius	POP	Ho	Lytis	Šeima pagal tėvą	Šeima pagal motiną	Genetinė grupė pagal STRUCT	Retų alelių skaičius <0.05	Genetinio panašumo šunų populiacijai koef. q (STRUCT)
85	5	VILN	0.75	X	65	46	1	11	0.44
59	0	KEDA	0.94	Y	16	16	1	10	0.17
52	1	IGNA	0.88	Y	19	44	1	9	0.14
121	0	JURB	0.75	Y	10	55	1	11	0.10
29	1	PANE	0.94	X	5	4	1	9	0.08
6	6	PANE	0.94	X	18	25	1	9	0.07
34	0	SIRV	0.69	Y	10	2	1	6	0.07
46	0	TELS	0.69	X	54	44	1	8	0.06
129	0	JURB	0.88	Y	10	16	1	5	0.06
50	2	IGNA	0.88	X	37	6	1	7	0.05
106	0	VARE	0.75	Y	63	60	1	4	0.05
10	0	SIRV	0.88	Y	4	3	1	11	0.05
102	0	MARI	0.75	X	68	59	1	12	0.05
112	0	PANE	0.94	X	55	6	1	7	0.05
149	0	SIAU	0.88	X	59	51	3	8	0.04
31	5	PANE	0.88	Y	26	26	1	10	0.03
113	4	SIRV	0.88	Y	2	2	1	7	0.03
137	0	TELS	0.81	Y	48	50	1	11	0.03
27	7	VARE	0.81	Y	61	58	1	9	0.03
14	0	SIAU	0.75	Y	59	51	3	8	0.03
16	6	VILN	0.69	Y	64	63	3	10	0.03
79	4	ROKI	0.94	Y	46	29	1	7	0.03
80	4	ROKI	0.88	Y	40	43	1	11	0.03
1	0	SIRV	0.81	X	9	8	1	11	0.02
40	0	TELS	0.88	X	58	30	1	6	0.02
110	0	SIAU	0.94	Y	3	52	3	5	0.02
42	0	TELS	0.88	Y	16	26	3	8	0.02
55	0	PANE	0.81	Y	12	40	1	7	0.02
138	0	JURB	0.94	Y	16	38	1	10	0.02
101	0	MARI	0.81	X	67	60	1	7	0.01
173	2	SIRV	0.94	Y	7	6	2	6	0.01
45	0	TELS	0.88	Y	54	56	1	10	0.01
92	0	VARE	0.75	X	46	62	3	7	0.01
21	0	TELS	0.75	X	54	18	2	8	0.01
98	0	MARI	0.87	X	67	67	3	9	0.01
108	0	VILN	0.81	X	62	61	1	11	0.01
134	0	JURB	1.00	X	53	48	1	9	0.01
154	0	KEDA	0.63	X	19	11	1	10	0.01
179	0	MARI	0.81	Y	25	64	1	5	0.01
41	0	TELS	0.88	Y	58	26	3	7	0.01
83	0	SIRV	0.75	Y	25	23	1	6	0.01
123	3	KEDA	0.75	X	17	17	2	7	0.01
187	0	IGNA	0.63	X	18	29	2	8	0.01
109	0	VILN	0.63	Y	62	61	1	7	0.01
3	0	MARI	0.69	Y	48	45	3	8	0.01
35	2	JURB	0.75	X	1	19	3	8	0.01
97	5	MARI	0.81	X	20	66	2	7	0.01

99	5	MARI	0.75	Y	34	46	2	4	0.01
124	5	MARI	0.94	Y	66	25	1	8	0.01
166	0	ROKI	0.81	Y	43	42	2	6	0.01
5	6	MARI	0.81	Y	69	25	3	8	0.01
13	0	SIAU	0.81	X	22	12	3	8	0.01
25		MARI	0.73	Y	70	65	3	9	0.01
36	1	JURB	0.81	Y	1	1	3	7	0.01
54	0	IGNA	0.81	Y	47	45	1	7	0.01
62	0	PANE	0.44	X	39	41	1	8	0.01
70	0	IGNA	0.94	X	33	38	1	9	0.01
90	0	VILN	0.81	Y	28	46	2	5	0.01
114	0	SIAU	0.81	X	3	1	3	7	0.01
136	0	TELS	1.00	Y	53	48	2	10	0.01
8	3	KEDA	0.88	Y	13	12	1	8	0.01
9	ad.	VARE	0.75	Y	63	62	1	8	0.01
17	0	VILN	0.88	X	64	63	3	9	0.01
38	0	SIRV	0.88	X	1	1	3	7	0.01
57	4	VARE	0.81	Y	61	58	3	5	0.01
71	0	ROKI	0.75	Y	45	42	1	7	0.01
75	1	ROKI	0.88	Y	52	47	1	10	0.01
81	0	ROKI	0.81	X	45	42	1	6	0.01
82	0	VILN	0.81	X	28	46	2	8	0.01
100	4	MARI	0.81	X	43	25	3	6	0.01
116	0	SIAU	0.88	Y	22	20	3	8	0.01
160	0	ROKI	0.75	Y	42	10	3	7	0.01
188	0	KEDA	0.63	X	19	14	1	10	0.01
2	4	SIAU	0.81	X	24	22	3	7	0.01
30	0	PANE	0.81	Y	19	26	1	7	0.01
33	8	JURB	0.69	X	57	33	3	3	0.01
66	1_2	PANE	0.81	Y	36	1	1	9	0.01
69	3	IGNA	0.94	Y	31	34	3	8	0.01
76	0	ROKI	0.88	Y	52	47	1	8	0.01
87	3	PANE	0.81	X	27	27	3	3	0.01
93	5	SIRV	0.75	X	25	24	1	8	0.01
94	8	SIRV	0.88	Y	7	4	1	5	0.01
104	5	VARE	0.75	Y	50	59	1	8	0.01
111	0	PANE	0.75	X	55	49	1	8	0.01
157	0	ROKI	0.75	X	40	10	1	6	0.01
167	0	SIRV	0.94	Y	12	11	2	6	0.01
11	0	SIAU	0.56	X	60	12	3	7	0.00
12	5	SIAU	0.75	Y	24	22	3	7	0.00
24	1	VILN	0.88	X	64	53	3	5	0.00
28	7	VARE	0.75	X	9	39	3	8	0.00
39	0	TELS	0.75	X	57	41	1	8	0.00
47	1	TELS	0.67	Y	20	57	2	6	0.00
56	7	IGNA	0.75	X	48	45	3	7	0.00
58	0	KEDA	0.69	Y	15	14	1	8	0.00
60	0	ROKI	0.69	Y	51	9	3	8	0.00
61	0	IGNA	1.00	Y	4	32	3	7	0.00
86	0	ROKI	0.81	X	40	1	1	6	0.00
103	0	MARI	0.88	X	25	13	3	8	0.00
105	0	VARE	0.75	X	42	58	3	5	0.00
107	0	VILN	0.75	X	18	60	2	3	0.00
120	3	SIRV	0.81	X	5	4	2	6	0.00
122	5	MARI	0.81	Y	13	51	3	8	0.00

126	0	JURB	0.81	X	23	21	3	6	0.00
128	0	JURB	0.75	X	23	21	3	6	0.00
131	6	TELS	0.75	Y	17	4	1	9	0.00
140	6	SIRV	0.81	Y	8	7	2	8	0.00
144	0	IGNA	0.81	Y	32	32	2	5	0.00
145	3	IGNA	0.75	X	33	11	2	9	0.00
159	0	ROKI	0.81	X	41	10	2	8	0.00
168	0	SIAU	1.00	X	44	53	2	7	0.00
169	5	TELS	0.81	Y	7	17	2	4	0.00
174	0	PANE	0.81	Y	56	10	2	7	0.00
4	0	MARI	0.75	Y	22	68	2	7	0.00
7	0	PANE	0.81	X	12	39	3	9	0.00
15	5	KEDA	0.81	X	14	13	3	4	0.00
18	2	SIAU	0.81	X	24	22	2	5	0.00
19	0	KEDA	0.94	X	14	14	3	8	0.00
20	1	SIAU	0.69	X	59	51	3	4	0.00
22	0	SIAU	0.69	Y	30	54	3	7	0.00
23	0	SIAU	0.75	X	30	18	3	7	0.00
32	0	SIRV	0.81	Y	10	9	3	10	0.00
43	0	TELS	0.63	X	58	30	3	9	0.00
44	6	TELS	0.75	X	33	11	2	8	0.00
48	5	TELS	0.75	X	42	47	3	7	0.00
49	0	ROKI	0.81	X	32	37	3	3	0.00
51	0	IGNA	0.81	X	35	27	3	8	0.00
53	1	IGNA	0.81	X	37	6	3	6	0.00
63	0	PANE	0.56	Y	33	41	1	8	0.00
64	2	PANE	0.63	Y	35	36	3	9	0.00
68	4	IGNA	0.75	X	27	33	3	4	0.00
72	0	IGNA	0.63	Y	32	32	3	6	0.00
74	5	IGNA	0.69	X	27	33	3	4	0.00
78	0	ROKI	0.69	X	40	10	1	11	0.00
84	0	VILN	0.69	Y	20	57	2	6	0.00
88	0	JURB	0.75	X	23	21	3	2	0.00
89	1	VILN	0.88	Y	57	24	1	10	0.00
91	6	VILN	0.63	Y	28	5	2	8	0.00
96	0	MARI	0.81	X	20	31	2	6	0.00
115	0	SIRV	0.75	Y	3	1	3	7	0.00
117	0	SIAU	0.94	X	22	20	3	8	0.00
118	0	SIAU	0.81	X	23	21	3	7	0.00
125	1	SIRV	0.81	Y	11	10	2	7	0.00
127	0	JURB	0.56	Y	23	21	3	3	0.00
130	4	JURB	0.88	X	30	56	2	6	0.00
132	0	TELS	0.88	X	21	47	3	8	0.00
141	0	SIRV	0.88	X	6	5	2	6	0.00
142	4	ROKI	0.81	Y	49	35	3	5	0.00
143	5	ROKI	0.81	X	50	35	2	7	0.00
146	3	IGNA	0.81	X	27	33	2	3	0.00
147	0	PANE	0.81	X	19	28	2	5	0.00
150	0	KEDA	0.81	X	18	5	2	5	0.00
151	7	KEDA	0.81	Y	19	14	2	7	0.00
152	3	KEDA	0.69	Y	20	18	2	2	0.00
153	4	KEDA	0.81	Y	19	14	1	6	0.00
155	5	MARI	0.81	Y	8	29	2	7	0.00
161	3	IGNA	0.75	Y	34	5	2	3	0.00
171	0	ROKI	0.88	X	44	42	2	5	0.00

177	1(2)	MARI	0.75	X	20	69	2	6	0.00
180	0	VARE	0.88	Y	44	53	2	3	0.00
181	2	PANE	0.88	X	20	31	2	7	0.00
182	0	ROKI	0.88	Y	34	46	2	2	0.00
185	0	IGNA	0.75	X	18	5	2	6	0.00
186	0	MARI	0.75	X	25	59	1	9	0.00
26	0	MARI	0.56	Y	51	39	3	3	0.00
37	0	KEDA	0.81	Y	14	15	3	5	0.00
65	0	PANE	0.75	Y	35	36	3	9	0.00
67	0	ROKI	0.75	Y	27	33	3	5	0.00
73	0	IGNA	0.81	Y	14	33	3	6	0.00
77	0	ROKI	0.69	Y	51	9	3	9	0.00
119	0	SIAU	0.75	X	23	21	3	4	0.00
133	2	TELS	0.75	X	36	10	3	7	0.00
135	0	TELS	0.88	Y	20	36	2	3	0.00
139	1	JURB	0.75	Y	13	5	2	6	0.00
148	0	PANE	0.81	Y	28	29	2	7	0.00
156	3	MARI	0.81	X	20	31	2	5	0.00
158	0	ROKI	0.75	X	41	10	2	6	0.00
162	0	IGNA	0.56	X	20	35	2	2	0.00
163	5	IGNA	0.94	Y	29	5	2	5	0.00
164	1	PANE	0.88	Y	29	5	2	5	0.00
170	4	PANE	0.88	X	13	5	2	6	0.00
172	6	KEDA	0.75	Y	8	5	2	5	0.00
175	5	PANE	0.56	Y	30	30	3	9	0.00
176	0	PANE	0.88	Y	30	23	3	7	0.00
178	4	IGNA	0.56	X	38	33	2	4	0.00
183	1	KEDA	1.00	Y	21	19	2	8	0.00
184	0	SIAU	0.88	Y	44	53	2	6	0.00



3.3.3 pav. 2021–2022 m. imtyje rasti stipriausiai į šunis panašūs 4 individai turėjo ženkliai aukštesnį H_o rodiklį nei likę vilkai, kas patvirtina hibridizacijos tikimybę ankstesnėse kartose

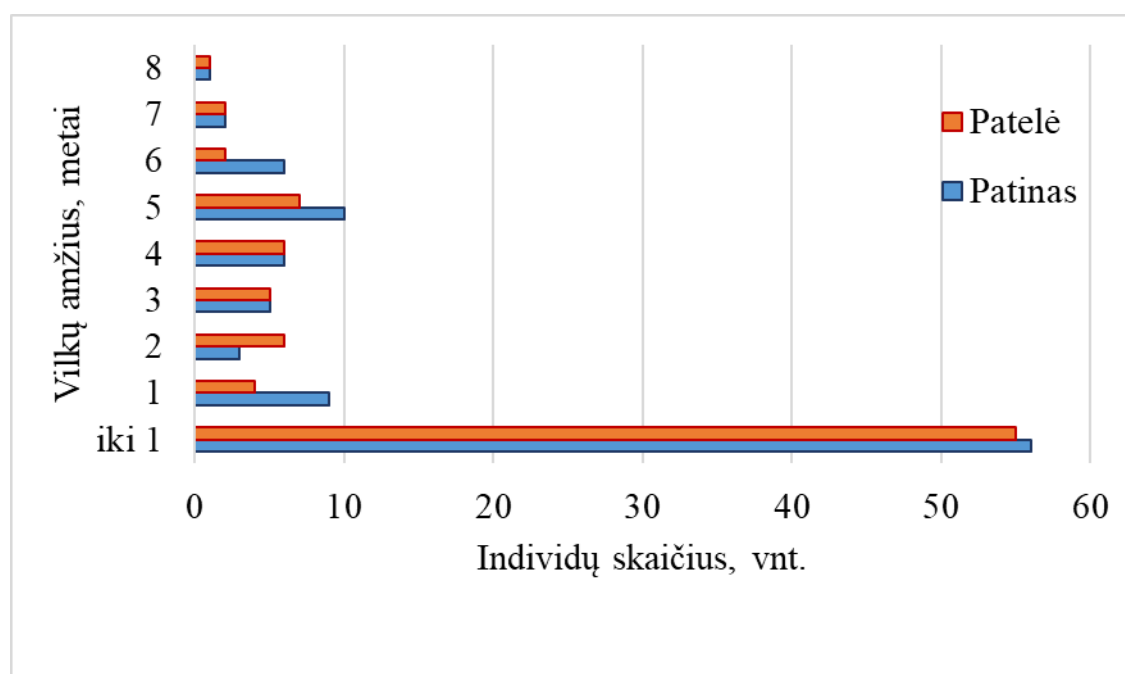
Apibendrinimas. DNR tyrimas pagal 16 polimorfinių SSR lokusų parodė, kad, pagal 2021–2022 metų sumedžiojimo 186 vnt. vilkų imtį ir 18 šunų referencinę biblioteką, vilkų hibridizacijos su šunimis intensyvumas nėra aukštas tik 14 iš 186 individų turėjo hibridizacijos su šunimis genetinių požymių (Godinho *et al.* 2011, 2018 metais - 6 iš 99 rodė 10-15 proc.

tikimybės, 2019 m. 4 iš 118 rodė 10-23 proc. tikimybės, 2020 m. 1 nas individas su 16 proc. tikimybe). Pagal 2018-2021 m. kasmetinio sumedžiojimo duomenis, hibridizacijos atvejai turi geografinį panašumą – dažnesni rytinėje Lietuvoje.

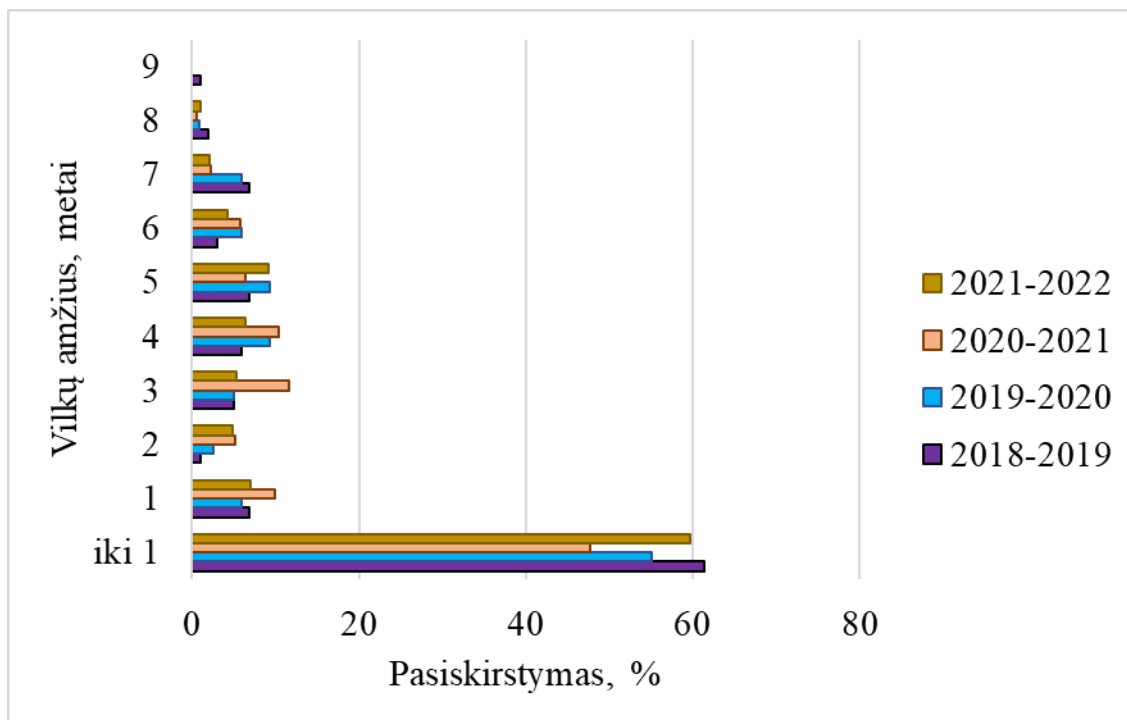
3.4. Sumedžiotų vilkų amžius

Ištyrus 2021–2022 metų medžioklės sezono metu sumedžiotų vilkų apatinius iltinius dantis, nustatyta, kad 59,4% individų sudarė 5–9 mėnesių amžiaus jaunikliai (3.4.1 pav.). 2020–2021 metų medžioklės sezono metu tokio amžiaus jaunikliai sudarė 48,3% individų, o 2019–2020 metų – 55,8% individų, 2018–2019 metų – 60,8%. Pirmamečių jauniklių amžiaus grupėje (vilkų amžius iki metų) patinų ir patelių proporcija buvo beveik lygi – 1 : 0,98.

Vyresnėse amžiaus grupėse vilkų buvo sumedžiota po mažiau. Atskirose amžiaus grupėse buvo sumedžiota po 1,1–9,1% individų nuo bendro visų sumedžiotų vilkų skaičiaus. Štai antramečiai jaunikliai (vilkų amžius nuo 1 iki 2 metų) sudarė 6,9% nuo visų per pastarąjį sezoną Lietuvos teritorijoje sumedžiotų vilkų, tai panaši reikšmė, kaip ir prieš tai buvusiais sezonais (atitinkamai 9,8%; 5,3% ir 6,2%). Vyriausi sumedžioti vilkai (patinas ir patelė) ėjo devintus metus. Tai vėl panašus rezultatas į prieš tai buvusius sezonus, kai vyriausi sumedžioti vilkai ėjo devintus ir dešimtus metus (3.4.2. pav.).



3.4.1. pav. 2021–2022 metų medžioklės sezono metu sumedžiotų vilkų pasiskirstymas pagal amžių ir lytį



3.4.2. pav. 2018–2019, 2019–2020, 2020–2021 ir 2021–2022 metų medžioklės sezonų metu sumedžiotų vilkų pasiskirstymas pagal amžius

Lietuvoje vidutinis sumedžiotų vilkų amžius (atmetus pirmamečius ir antramečius jauniklius) 2021–2022 metų sezoną buvo 4,40 metų (ankstesniais sezonais buvo atitinkamai 4,12; 4,83 ir 5,25 metų).

Nustatytas lytinis pasiskirstymas tarp sumedžiotų patinų ir patelių 2021–2022 metų medžioklės sezono metu buvo 1:0,90 (2020–2021 m. – 1:0,87; 2019–2020 m. – 1:0,85; 2018–2019 m. – 1:0,69). Taigi 2021–2022 metų sezoną patinų dalis (52,7%) populiacijoje buvo didesnė nei patelių. Palyginimui 2020–2021 metų medžioklės sezono metu sumedžioti patinai sudarė 53,4% populiacijoje 2019–2020 metų medžioklės sezono metu sumedžioti patinai sudarė 54,1% populiacijoje, 2018–2019 metų medžioklės sezono metu sumedžioti patinai sudarė 59,2% populiacijoje, 2017–2018 metų medžioklės sezono metu – 52%, 2016–2017 metų medžioklės sezono metu – 51%, o 2015–2016 metų medžioklės sezono metu – 59%.

3.5. Suaugusių patelių reprodukcija

Atliktas sumedžiotų patelių gimdų tyrimas atskleidė, kad, iš 87 į laboratoriją parsivežtų užšaldytų gimdų, tinkamai buvo išimtos 58 gimdos, tai sudaro 66,7% (palyginimui praėjusį sezoną teisingai buvo paimta 48,7%). Nustatyta 16 atvejų, kai paimta tik dalis gimdos (18,4%) bei 13 atvejų (14,9%), kai paimti kiti vidaus organai. Tarp teisingai išimtų gimdų (n=58) 34 jų buvo pirmamečių jauniklių patelių ir 3 antrametės jauniklės patelės. Pirmametės patelės nuo

savo gimimo dar net nebuvo sulaukusios rujos sezono, o antrametės teoriškai taip pat neturėtų 2021 metų žiemą būti dalyvavusios rujoje, ką ir patvirtino gimdos atvėrimas.

Kaip ir praėjusiais sezonais, dažniausia pasitaikiusi medžiotojų klaida buvo, kad jie paimdavo ne visą gimdą, tai yra vienas iš gimdos ragų arba dalis jų būdavo nupjauta (jų trūk-davo). Tyrimams tinkamos gimdos turėjo būti su gimdos ragais užsibaigiančiais kiaušidėmis. Tačiau reikia pasidžiaugti, kad tokių atvejų sezonas po sezono ženkliai mažėja – užpraėjusį sezoną tokie atvejai sudarė 55,6%, praėjusį – 35,5%, o šį sumažėjo iki 18,4%. Taip pat šiek tiek mažėjo ir atvejų skaičius, kai buvo paimami kiti vidaus organai (atitinkamai kas sezoną mažėjo 18,5%; 15,8%; 14,9%).

Išanalizavus tinkamai ir dalinai išimtas gimdas, vis dėlto galime daryti kai kurias išva-das. Apžiūrėjus visas (n=4), įskaitant ir dalinai išimtas, antramečių jauniklių patelių gimdas, galima konstatuoti, kad jos jauniklių dar nebuvo turėjusios. Tai patvirtina ir trijų praėjusių se-zonų tyrimų rezultatus, kad mūsų gamtinėmis sąlygomis savo pirmąją žiemą jauniklės rujoje nedalyvauja.

Iš tinkamai išimtų 18 suaugusių (amžius 2–7 metai) patelių gimdų nustatyta, kad 7 pa-telės pavasarį buvo vedusios jauniklius. Gimdose matėsi, kad būta dviejų, keturių, septynių (dviejose gimdose), aštuonių (dviejose gimdose) ir vienuolikos embrionų (3.5.1 pav.).



3.5.1 pav. Teisingai išimta šešių metų amžiaus sumedžiotos vilko patelės gimda, kurią atvėrus matosi, kad tų metų pavasarį patelė atsivedė vienuolika jauniklių

Apžiūrėjus tinkamai ir dalinai išimtas suaugusių patelių gimdas (n=24), galima teigti, kad 45,8% patelių pavasarį buvo vedusios jauniklius (3.5.2 pav.). Palyginimui šis rodiklis su praėjusiais sezonais, kuomet buvo ištirta, kad 2020 metų pavasarį jauniklius vedė 32% patelių, 2019 metų pavasarį – 70% patelių, o 2018 metų pavasarį – 50% patelių.



3.5.2 pav. Teisingai išimta šešių metų amžiaus sumedžiotos vilko patelės gimda, kurią atvėrus matosi, kad tų metų pavasarį patelė atsivedė aštuonis jauniklius

Verta detaliau paanalizuoti susidariusią situaciją, kaip vados turėjimas ir neturėjimas 2021 metų pavasarį priklausė nuo patelės amžiaus. Skaičiai rodo, kad jauniklių buvo susilaukusios 3 metų amžiaus ir vyresnės patelės (3.5.1. lentelė).

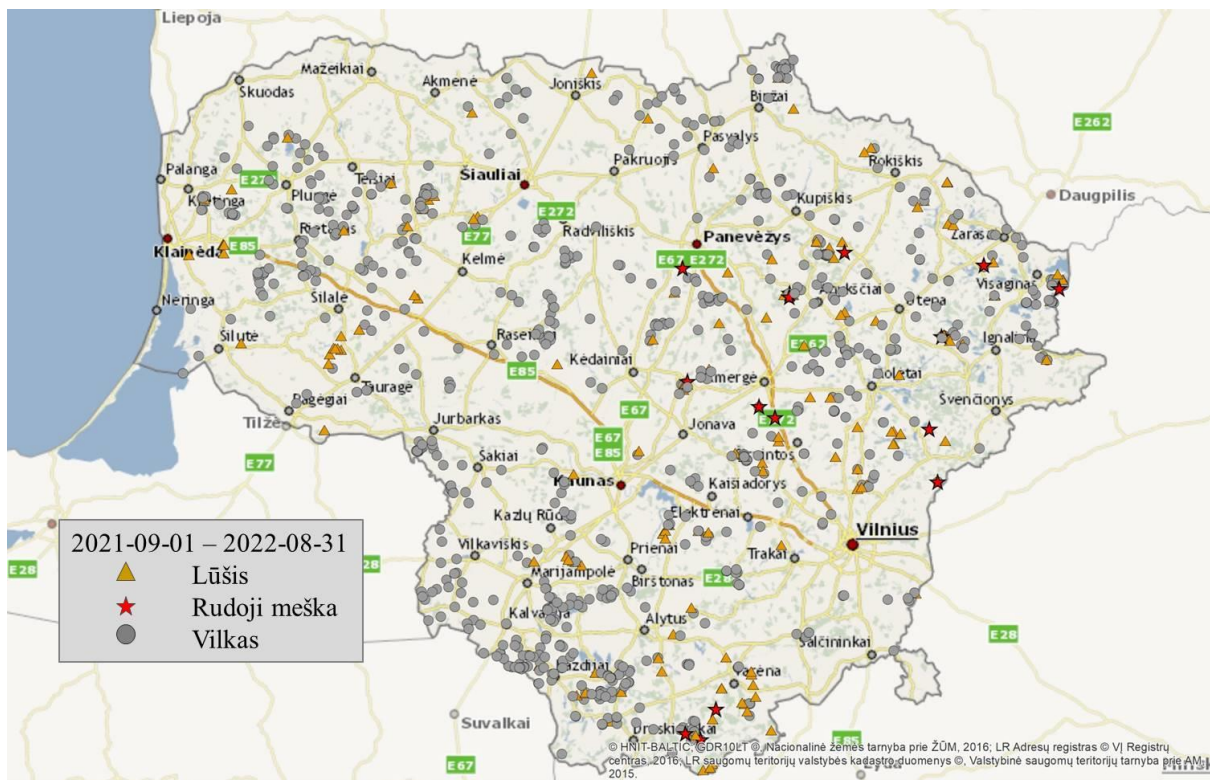
Lentelė 3.5.1. 2021 metų pavasarį jauniklius vedusių patelių pasiskirstymas priklausomai nuo amžiaus ir palyginimas su praėjusių sezonų rezultatais

Amžiaus grupė	2018-2019		2019-2020		2020-2021		2021-2022		Bendrai	
	Imtis, vnt.	Vedusios juv., %	Imtis, vnt.	Vedusios juv., %	Imtis, vnt.	Vedusios juv., %	Imtis, vnt.	Vedusios juv., %	Imtis, vnt.	Vedusios juv., %
iki 1	13	0	15	0	21	0	34	0	83	0
1	3	0	2	0	7	0	3	0	15	0

2	1	0	0		3	0	5	0	9	0
3	3	33	3	0	8	0	4	25	18	7
4	1	100	2	100	5	40	5	20	13	63
5	0		3	67	3	67	6	83,3	12	67
6	2	0	2	100	4	75	2	100	10	63
7	0		3	67	1	100	2	100	6	75
8	1	100	1	100					2	100
9	1	100							1	100
Viso	25		31		52		61		169	

3.6. Pranešimų apie didžiųjų plėšrūnų buvimą registravimo visus metus anketų duomenys

Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos Biologinės įvairovės duomenų bazės skiltyje „Didžiųjų plėšrūnų buvimą registravimas visus metus“ buvo registruota 990 pranešimų apie stambiųjų plėšrūnų ir jų veiklos požymių stebėjimus, įvykusius laikotarpyje nuo 2021 m. rugsėjo 1 d. iki 2022 m. rugpjūčio 31 d. (3.6.1. pav.). Palyginimui, praėjusį ir užpradėjusį tyrimų sezoną tokių pranešimų buvo atitinkamai 1643 ir 991. Didžiąją dalį (81,0%) registruotų stambiųjų plėšrūnų stebėjimo atvejų sudarė vilkų ir jų veiklos pėdsakų stebėjimai (n=802) (3.6.1. lentelė). Per analizuojamą laikotarpį sistemoje buvo užregistruoti 329 atvejai, kai vilkai užpuolė ūkinius gyvūnus ar naminius augintinius (palyginimui, prieš tai buvusį sezoną buvo 381 atvejis). Tokie atvejai sudarė 41,0% nuo visų atvejų, kai buvo stebimi vilkai ar jų veikla. Palyginti dažnai (31,5%) buvo registruoti atvejai, kai stebėtas gyvas individas (n=253). Aptikti pėdsakai sudarė 22,3% stebėjimo atvejų (n=179).



3.6.1. pav. Didžiųjų plėšrūnų ir jų veiklos požymių stebėjimo atvejų, registruotų Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos Biologinės įvairovės duomenų bazėje, išsidėstymas Lietuvos teritorijoje laikotarpyje nuo 2021 m. rugsėjo 1 d. iki 2022 m. rugpjūčio 31 d.

Lyginant du pastaruosius nagrinėjamus laikotarpius, t. y. laikotarpį nuo 2021 m. rugsėjo 1 d. iki 2022 m. rugpjūčio 31 d. ir laikotarpį nuo 2020 m. rugsėjo 1 d. iki 2021 m. rugpjūčio 31 d., pastebėti kai kurie ryškūs pokyčiai (3.6.1. lentelė). Ženkliai sumažėjo registruotų atvejų skaičius kiekvienai rūšiai: vilkų registruota 38,9% mažiau, lūšių – 44,0% mažiau, lokių – 28,6% mažiau. Sumažėjęs medžiotojų ir visuomenės aktyvumas, registruojant stambiuosius plėšrūnus, kelia susirūpinimą. Praėjusį sezoną aktyvumo pakilimą, kai vilkų registruota 47,7% daugiau, lūšių – 221,9% daugiau, lokių – 250% daugiau, galėjo įtakoti aktyviai vykdyta informacijos sklaida apie Biologinės įvairovės duomenų bazę. Šį sezoną nebebuvo vykdomi tiksliniai susitikimai su medžiotojais, nebebuvo rašomi tiksliniai straipsniai, kuriami video reportažai ir taip toliau. Tai ir galėjo įtakoti motyvacijos nuosmukį bei sumažėjusį įkeliamų pranešimų skaičių. Jau ir ankstesniais metais buvo galima pastebėti, kad registruojami toli gražu ne visi vilkų, lūšių ir rudųjų lokių veiklos požymių ar tiesioginio stebėjimo atvejai sistemoje www.biomon.lt. Deja, po šio sezono dar akivaizdžiau matomos teritorijos, kuriose vilkai gyvena, tačiau pranešimų iš ten negauta.

Lentelė 3.6.1. Didžiųjų plėšrūnų ir jų veiklos požymių stebėjimo atvejų skaičiai laikotarpyje nuo 2021 m. rugsėjo 1 d. iki 2022 m. rugpjūčio 31 d., registruoti Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos Biologinės įvairovės duomenų bazėje, bei pokytis lyginant su laikotarpiu nuo 2020 m. rugsėjo 1 d. iki 2021 m. rugpjūčio 31 d.

Rūšies stebėjimo faktas	Atvejų skaičius, vnt.						Viso atvejų, vnt.	Poky-tis
	Vilkas	Pokytis	Lūšis	Poky-tis	Ruda-sis lo-kys	Poky-tis		
Aptikti ekskrementai	3	-8	0	-2	0	0	3	-10
Aptikti pėdsakai	179	-322	30	-65	7	-1	216	-388
Girdėtas balsas	4	-6	0	-3	0	0	4	-9
Kitos rūšies faktas	0	0	0	0	0	0	0	0
Užpulti laukiniai gyvūnai	30	-35	4	-6	0	0	34	-41
Užpulti ūkiniai gyvūnai ar naminiai augintiniai	329	-52	0	0	0	0	329	-52
Rastas negyvas individas	4	3	0	-2	0	0	4	1
Stebėtas gyvas individas	253	-91	139	-58	8	-5	400	-154
Visi atvejai	802	-511	173	-136	15	-6	990	-653

Toliau analizuojant duomenis, apie tai, kokio dydžio vilkų grupės registruojamos pranešimuose, nebuvo įtraukti tie atvejai, kai buvo registruojami vilkų užpulti ūkiniai ar laukiniai gyvūnai bei naminiai augintiniai, aptikti ekskrementai, nes didžiąja dalimi tokių atvejų būna sudėtinga nustatyti plėšrūnų skaičių, todėl manome, kad skaičiai gali būti nepatikimi. Taigi, atmetus aukščiau išvardintus atvejus, didesniąją dalį (53,8%) vilkų ir jų veiklos požymių registravimo atvejų (n=437) sudarė, tokie atvejai, kai buvo registruojamas vienas vilkas (n=235). Palyginti dažnai (22,9% atvejų) buvo registruojamos grupės iš dviejų vilkų (n=100). Grupės iš keturių ar daugiau vilkų sudarė 13,7% atvejų (n=60).

Didžiųjų plėšrūnų buvimo registravimo visus metus duomenys buvo įvertinti pagal patikimumą:

C1 – nepaneigiami faktai, kurie vienareikšmiškai patvirtina vilko buvimą (vilko nuotraukos, gyvūno sugavimas, genetiniai duomenys, sumedžiotas ar rastas žuvęs gyvūnas, telemetriniai duomenys);

C2 – tai dokumentais pagrįsti (fotografijos, vaizdo ar garso įrašai) vilkų buvimą įrodantys jų veiklos požymiai (išgirsti staugimai, pėdsakai, ekskrementai, urinacijos, grobio likučiai, vilkų guoliai ir urvai);

C3 – nepatvirtinti stebėjimai (visi stebėjimai be jų įrodymo nuotraukomis ar pan.; visi veiklos požymiai, kurie yra pernelyg seni, nepakankamai ryškūs ar nepakankamai dokumentuoti; požymiai, kurių per mažai, kad būtų galima pasitikėti). Kategorija C3 išskirstyta į dvi subkategorijas „tikėtina“ ir „abejotina“.

Dauguma pranešimų (58,7%) buvo įvertinti C2 patikimumo kategorija (3.6.2. lentelė). Šioje kategorijoje (C2) dominavo pranešimai, kai buvo užpulti ūkiniai gyvūnai ar naminiai augintiniai (58,2%) bei registruoti aptikti pėdsakai (33,5%). C1 patikimumo kategorija įvertinta 23,7% pranešimų, kai buvo dokumentais pagrįsti gyvo vilko stebėjimai. C3 (tikėtina) patikimumo kategorija įvertinta 17,6% pranešimų, nes pildant pranešimą nebuvo pridėta fotografija, vaizdo ar garso įrašas. Tačiau reikia pastebėti, kad vertinant pranešimus susidarė įspūdis, jog visi į C3 (tikėtina) kategoriją patekę pranešimai yra tikrų faktų deklaravimas, tiesiog, dėl įvairių priežasčių pranešimų pildytojai nepateikė įrodančių dokumentų. Realiai, jei tik būtų buvusi išpildyta sąlyga dėl įrodančių dokumentų pridėjimo, visi C3 (tikėtina) kategorijos pranešimai būtų patekę į aukštesnio patikimumo kategoriją. 19 pranešimai dubliavo anksčiau įvestus pranešimus, tiesa, labiausiai tikėtina, kad tai netyčiniai dubliai prieš kelias minutes užpildyto analogiško pranešimo.

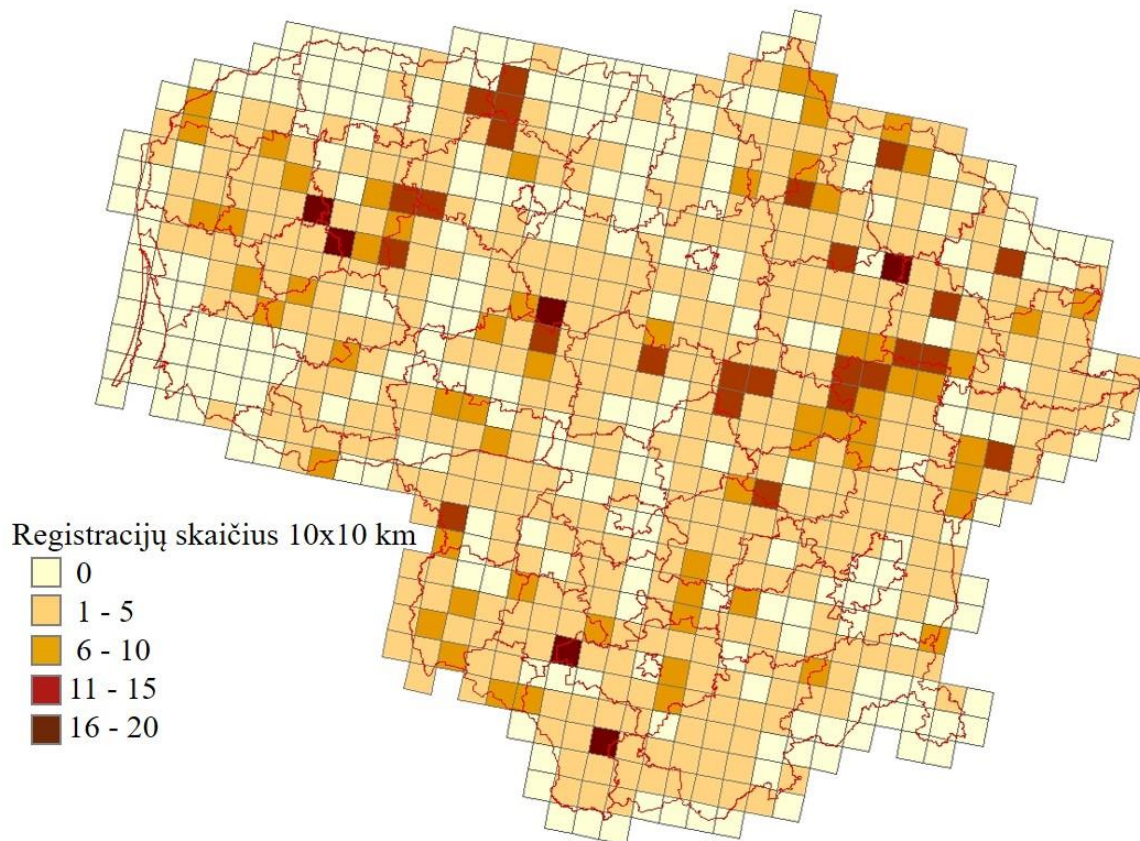
Lentelė 3.6.2. Vilkų ir jų veiklos požymių stebėjimo atvejų skaičiai pagal patikimumą laikotarpyje nuo 2021 m. rugsėjo 1 d. iki 2022 m. rugpjūčio 31 d., registruoti Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos Biologinės įvairovės duomenų bazėje

Rūšies stebėjimo faktas	Atvejų skaičius, vnt.				Viso atvejų, vnt.
	C1	C2	C3 tikėtina	C3 abejotina	
Aptikti ekskrementai	0	2	1	0	3
Aptikti pėdsakai	0	158	21	0	179
Girdėtas balsas	0	1	3	0	4
Kitos rūšies faktas	0	0	0	0	0
Užpulti laukiniai gyvūnai	0	26	4	0	30
Užpulti ūkiniai gyvūnai ar naminiai augintiniai	0	274	55	0	329
Rastas negyvas individas	3	0	1	0	4
Stebėtas gyvas individas	187	10	56	0	253
Visi atvejai	190	471	141	0	802

Per laikotarpį nuo 2021 m. rugsėjo 1 d. iki 2022 m. rugpjūčio 31 d. registruota 15 atvejų, kai vilkai paprovė šunį, šie atvejai įvertinti C2 ir C3(tikėtina) patikimumais, praėjusį sezoną tokių atvejų buvo 8.

Tolimesnei analizei, nustatant vilko populiacijos erdvinį paplitimą (arealą), populiacijos dydį (vilkų šeimų ir reprodukcijos atvejų skaičių) bei kitus populiacijos parametrus, buvo naudoti pranešimai apie vilkų buvimo registravimus visus metus (įvykusius laikotarpyje nuo 2021 m. rugsėjo 1 d. iki 2022 m. rugpjūčio 31 d.), o taip pat dėl išsamumo įtraukti ir 2022 m. apskaitos pagal pėdsakus sniege bei 2021–2022 metų medžioklės sezono metu sumedžiotų vilkų duomenys. Remiantis šiais duomenimis vilkų sutinkamumas Lietuvos teritorijoje

atvaizduotas 10x10 km tinklelio gardelėse (3.6.2. pav.). Priklausomai nuo registracijos atvejų skaičiaus, tenkančio tinklelio gardelei, naudojama skirtinga spalva. Gardelės, kuriose per laikotarpį nebuvo registruota nei vieno vilkų buvimo atvejo sudarė 43,9%; palyginimui 2020 m. rugsėjo 1 d. – 2021 m. rugpjūčio 31 d. laikotarpyje tokių gardelių buvo 33,6%, dar ankstesniame sezone – 46,6%.



3.6.2. pav. Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos Biologinės įvairovės duomenų bazėje nuo 2021 m. rugsėjo 1 d. iki 2022 m. rugpjūčio 31 d. registruotų pranešimų kiekio apie vilkus pasiskirstymas 10x10 km gardelėje

Skaičiuojant populiacijos dydį (vilkų šeimų ir reprodukcijos atvejų skaičių), pirmiausiai atsižvelgta į 2020–2021 m. medžioklės sezono metu sumedžiotų vilkų amžių ir genetinių tyrimų rezultatus. Reprodukcijos atvejų skaičiui nustatyti buvo atrinkti tik 2021–2022 m. medžioklės sezono metu sumedžiotų vilkų jaunikliai ($n=111$), tai yra individai, kurių amžius buvo 5–9 mėnesiai. Genetiniais tyrimais buvo nustatyta, kad sumedžioti jaunikliai dalijasi į 57 artimais giminystės ryšiais nesusijusias grupes (po 1–6 atstovus grupėje), tai yra sumedžioti jaunikliai pagal savo kilmę buvo iš 57 atskirų šeimų (3.6.3 lent.).

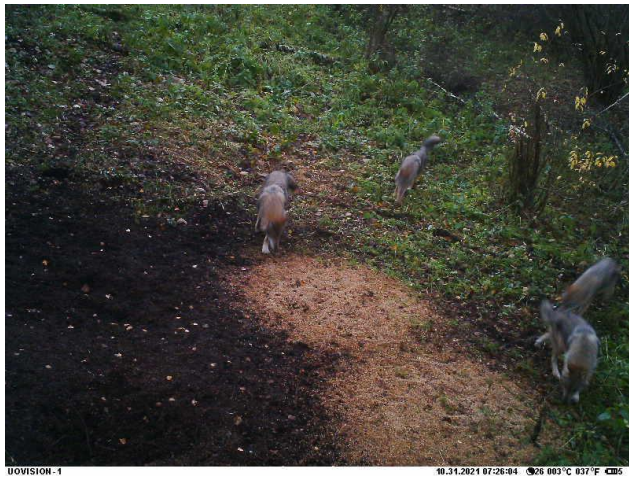
3.6.3 lentelė. Jauniklių (amžius iki 1 metų) pasidalijimas į 57 artimais giminystės ryšiais nesusijusias grupes

Šeimos eilės numeris	Šeimą atstovaujantys individai pagal kodą					
	1	2	3	4	5	6
1	38	86	114	115		
2	34					
3	10					
4	141	150	185			
5	112					
6	1					
7	32	60	77			
8	78	157	158	159	160	174
9	154	167				
10	11	13				
11	103					
12	19	58	188			
13	37					
14	59	129				
15	21	23				
16	116	117				
17	88	118	119	126	127	128
18	83	176				
19	30	41	42			
20	51					
21	147					
22	148	187				
23	40	43				
24	96					
25	61	72	144			
26	67	73				
27	162					
28	65	135				
29	49					
30	70	138				
31	7	26				
32	55					
33	39	62	63			
34	71	81	166	171		
35	46					
36	3	54				
37	82	90	182			
38	76	132				
39	134	136				

40	111					
41	137					
42	14	149				
43	110					
44	168	180	184			
45	22					
46	121					
47	45					
48	84					
49	105					
50	102	186				
51	101	106	107			
52	108	109				
53	92					
54	17					
55	179					
56	98					
57	4					

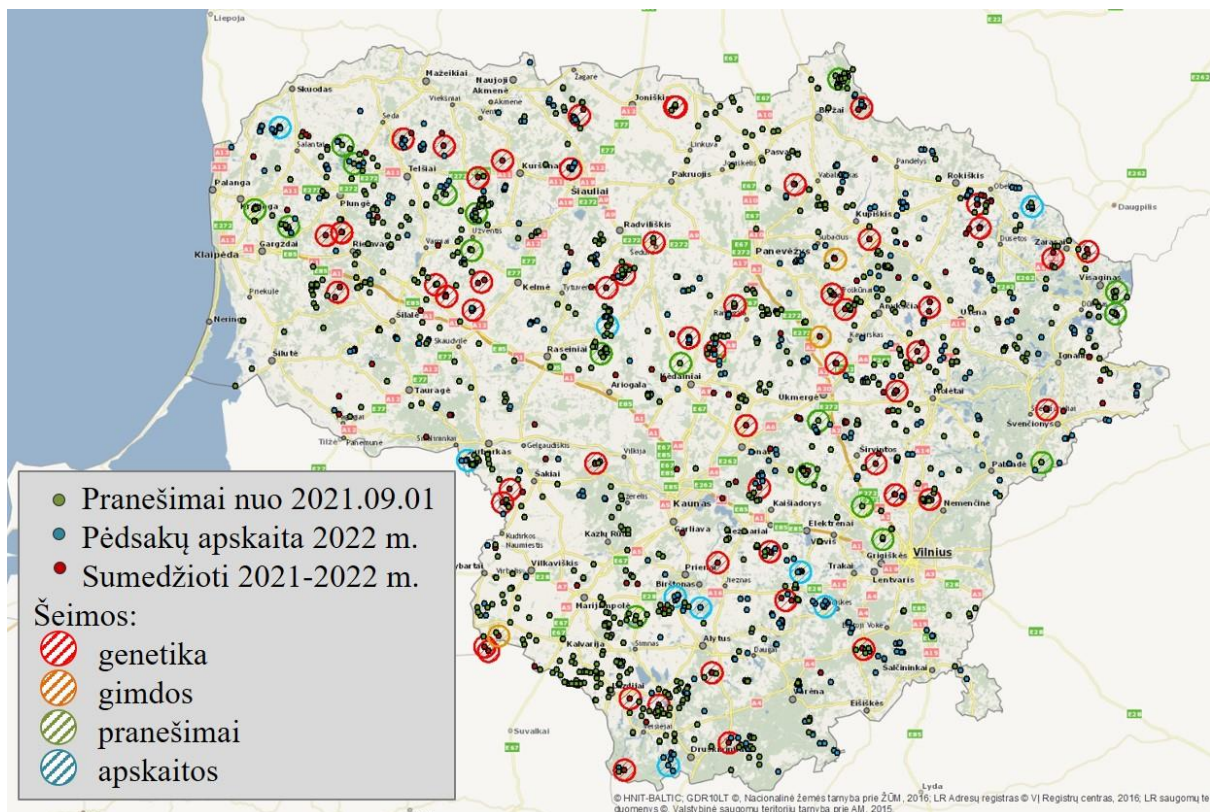
Sekančiu etapu buvo atrinktos patelės, kurios 2021 metų pavasarį buvo vedusios jaunikius (pagal gimdų tyrimus). Genetinių tyrimų rezultatai parodė, kad tarp šių patelių 3 buvo negiminingos 2021-2022 metų sezono metu sumedžiotiems jaunikiams. Tai įrodo dar 3 atskirus reprodukcijos atvejus.

Toliau buvo išanalizuoti 2022 m. žiemos apskaitos pagal pėdsakus sniege duomenys bei pranešimai apie vilkų buvimo registravimus visus metus (įvykusius laikotarpyje nuo 2021 m. rugsėjo 1 d. iki 2022 m. rugpjūčio 31 d.). Atrinkti tik tie atvejai, kai pranešimu registruoti ne mažiau kaip 4 vilkai. Atvejai, kuomet buvo registruojama žala, buvo neįtraukti, kaip neturintys pakankamai įrodymų dėl vilkų skaičiaus. Taip pat neįtraukti tie atvejai, kai vilkų skaičiui pagrįsti nebuvo pridėtos nuotraukos ar vaizdo įrašai. Taigi vilkų šeimos skaičiuotos tik tuo atveju, jei pranešime buvo registruoti 4 ir daugiau vilkų vienu metu, teikiamą informaciją pagrindžiant kokybiškomis vilkų ar jų pėdsakų nuotraukomis arba vaizdo įrašais (3.6.3. pav.).



3.6.3. pav. Kokybiškomis nuotraukomis dokumentuoti pranešimai apie 4 ir daugiau vilkų buvimo registravimus visus metus, įvykusius laikotarpyje nuo 2021 m. rugsėjo 1 d. iki 2022 m. rugpjūčio 31 d.

Registruojant atskirą šeimą, buvo atsižvelgiama, kad šeimų teritorijų epicentrai būtų pakankamai nutolę nuo kaimyninių šeimų. Vadovaujantis apskaitų pagal pėdsakus sniege medžiaga buvo nustatytos 9 šeimos bei vadovaujantis visus metus teikiamų pranešimų medžiaga buvo nustatyta dar 18 vilkų šeimų (3.6.4. pav.).



3.6.4. pav. Vilkų buvimo registracijos taškai pagal pranešimų registravimą visus metus, apskaitas pagal pėdsakus sniege bei sumedžiojimus. Genetinių ir amžiaus tyrimų pagrindu bei pateiktų pranešimų pagrindu išskirtas minimalus vilkų šeimų kiekis

Genetinių, amžiaus ir reprodukcijos tyrimų pagrindu bei žiemos apskaitų sniege ir visus metus teiktų pranešimų pagrindu suskaičiuotos vilkų šeimos susumuotos ir gauta, kad Lietuvos teritorijoje gyveno ne mažiau kaip 87 vilkų šeimos (3.6.4. pav.).

3.7. Medžiojamųjų gyvūnų apskaitos pagal pėdsakus sniege duomenys

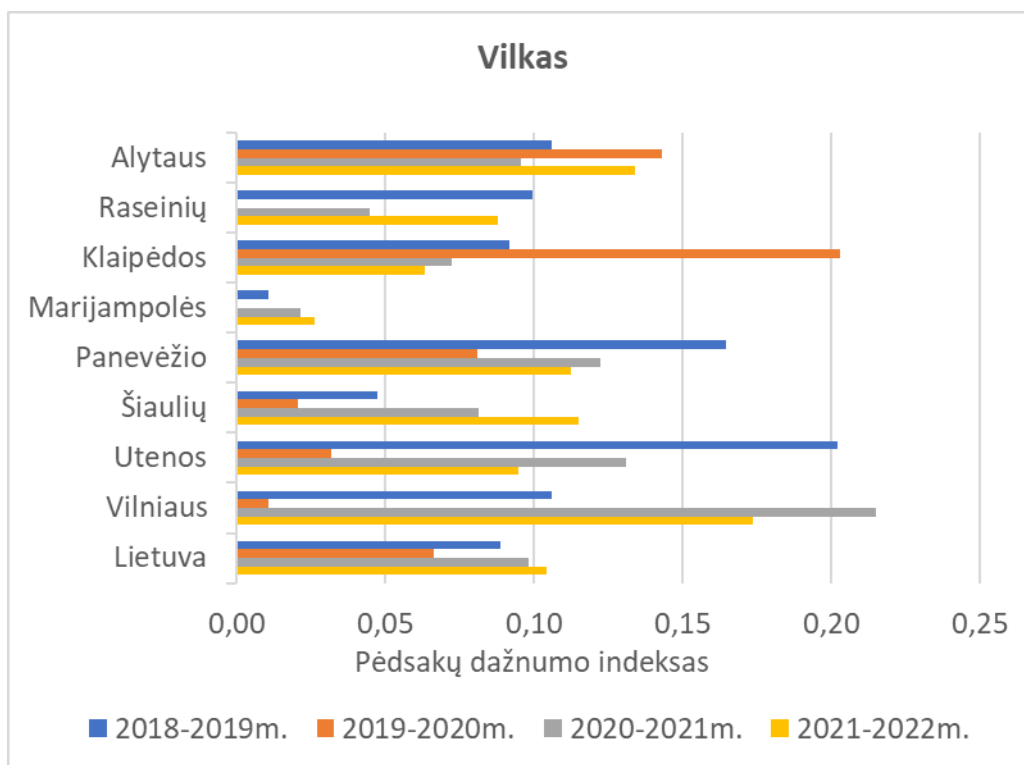
Analizei naudoti Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos iki 2022 m. balandžio 10 d. surinkti medžiojamųjų gyvūnų apskaitos pagal pėdsakus sniege duomenys. Duomenis pateikė 793 medžioklės plotų vienetai (3.7.1. lent.). Atliekant apskaitas iš viso maršrutuose buvo nueiti 8395 kilometrai.

Lentelė 3.7.1. Pėdsakų dažnumo indeksas pagal Lietuvos Respublikos aplinkos ministro 2018 m. vasario 12 d. įsakymo Nr. D1-98 „Dėl Lietuvos Respublikos aplinkos ministro 2000 m. birželio 27 d. įsakymo Nr. 258 „Dėl medžioklės Lietuvos Respublikos teritorijoje taisyklių patvirtinimo“ pakeitimo 42¹ punktu Medžioklės Lietuvos Respublikos teritorijoje taisyklių 5 priedo 18.1 punktą "1 km pėdsakų maršruto, kuris nustatomas aptiktų pėdsakų skaičių padalijus iš maršruto ilgio“

Rajonai	Vilko	Lūšies	Nami- nio šuns	Pap- ras- tojo šakalo	Rudojo lokio	Šerno	Stirnos	Tau- riojo elnio	Da- nie- liaus	Brie- džio	Stumbr o
Akmenės r. sav.	0,1729	0,0102	0,0000	0,0000	0,0000	2,5941	6,9990	15,4323	0,7325	0,5392	0,0000
Alytaus r. sav.	0,0970	0,0182	0,0243	0,0000	0,0000	2,6981	8,6764	3,4924	0,9155	0,6063	0,0000
Anykščių r. sav.	0,1038	0,0271	0,0000	0,0000	0,0000	1,6475	3,4213	5,6014	1,0878	1,1194	0,0000
Biržų r. sav.	0,1748	0,0909	0,0000	0,0000	0,0000	3,8943	7,5648	4,3837	0,0419	0,8739	0,0000
Druskininkų sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,3671	3,5012	3,9680	0,0000	1,3671	0,0000
Elektrėnų sav.	0,0663	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	4,4862	4,1768	7,7127	0,5746	0,5746	0,0000
Ignalinos r. sav.	0,1385	0,0726	0,0000	0,0000	0,0000	0,1913	3,8000	2,0055	0,0792	1,2535	0,0000
Jonavos r. sav.	0,1029	0,0343	0,0000	0,0000	0,0000	1,4755	6,5368	1,7586	0,0172	0,5576	0,0000
Joniškio r. sav.	0,0185	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,0394	7,9951	9,3850	0,7196	0,1907	0,0000
Jurbarko r. sav.	0,0269	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	3,3831	8,3602	9,2279	0,4843	0,3497	0,0000
Kaišiadorių r. sav.	0,1118	0,0075	0,0000	0,0000	0,0000	3,1376	6,9981	6,9459	0,1565	1,0061	0,0000
Kalvarijos sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	3,6872	5,1695	0,9450	0,1853	0,3891	0,0000
Kauno r. sav.	0,0000	0,0000	0,0138	0,0000	0,0000	2,7601	14,759 9	7,7215	0,1242	0,6348	0,0000
Kazlų Rūdos sav.	0,0102	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,9036	10,112 2	4,4266	0,1320	1,0508	0,0000
Kėdainių r. sav.	0,1429	0,0138	0,0046	0,0000	0,0000	3,4305	8,0229	11,8729	0,3135	0,4795	0,0369
Kelmės r. sav.	0,2085	0,0505	0,0000	0,0000	0,0000	2,8812	8,5929	5,3011	0,1769	0,3728	0,0000
Klaipėdos r. sav.	0,0704	0,0044	0,0000	0,0000	0,0000	1,7461	6,0430	1,0292	0,4706	0,5630	0,0000
Kretingos r. sav.	0,1596	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,9424	4,1153	4,2306	0,0000	0,5942	0,0000
Kupiškio r. sav.	0,2348	0,0303	0,0000	0,0000	0,0000	3,9697	8,9697	7,7424	0,1591	1,2576	0,0000
Lazdijų r. sav.	0,3227	0,0329	0,0000	0,0000	0,0000	4,1164	9,2538	6,1319	0,1515	1,0670	0,0000
Marijampolės r. sav.	0,0171	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	3,1551	11,639 8	4,8094	1,5861	0,8613	0,0000
Mažeikių r. sav.	0,0078	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	2,3656	14,317 8	9,6874	3,5911	1,2022	0,0000
Molėtų r. sav.	0,1131	0,0283	0,0226	0,0000	0,0000	2,1708	5,4780	3,0754	0,1131	1,3907	0,0000
Pagėgių sav.	0,0404	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	3,2297	4,1583	2,2608	1,1304	0,4037	0,0000
Pakruojo r. sav.	0,0079	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,3133	10,097 5	5,6386	0,5426	0,3617	0,0000
Panevėžio r. sav.	0,0520	0,0192	0,0000	0,0000	0,0000	1,7933	5,8782	7,1403	0,8706	0,5366	0,0000
Pasvalio r. sav.	0,0344	0,0172	0,0000	0,0000	0,0000	0,9453	8,4995	3,5579	0,2063	0,1891	0,0000
Plungės r. sav.	0,2149	0,0220	0,0000	0,0000	0,0000	1,5756	7,6465	3,6800	0,1543	0,3195	0,0000
Prienų r. sav.	0,0846	0,0149	0,0149	0,0000	0,0000	1,6067	9,7199	4,8600	0,4228	0,7760	0,0000
Radviliškio r. sav.	0,1393	0,0000	0,0164	0,0000	0,0000	4,9025	14,248 9	12,8358	0,8601	0,6676	0,0000
Raseinių r. sav.	0,1428	0,0000	0,0136	0,0000	0,0000	3,8820	10,714 5	7,1113	0,5167	0,3943	0,0000
Rietavo sav.	0,0263	0,0525	0,0000	0,0000	0,0000	2,6188	3,4917	1,8771	0,0591	0,6367	0,0000
Rokiškio r. sav.	0,0661	0,0441	0,0037	0,0000	0,0000	2,4877	9,8699	5,6074	0,2756	1,0105	0,0000

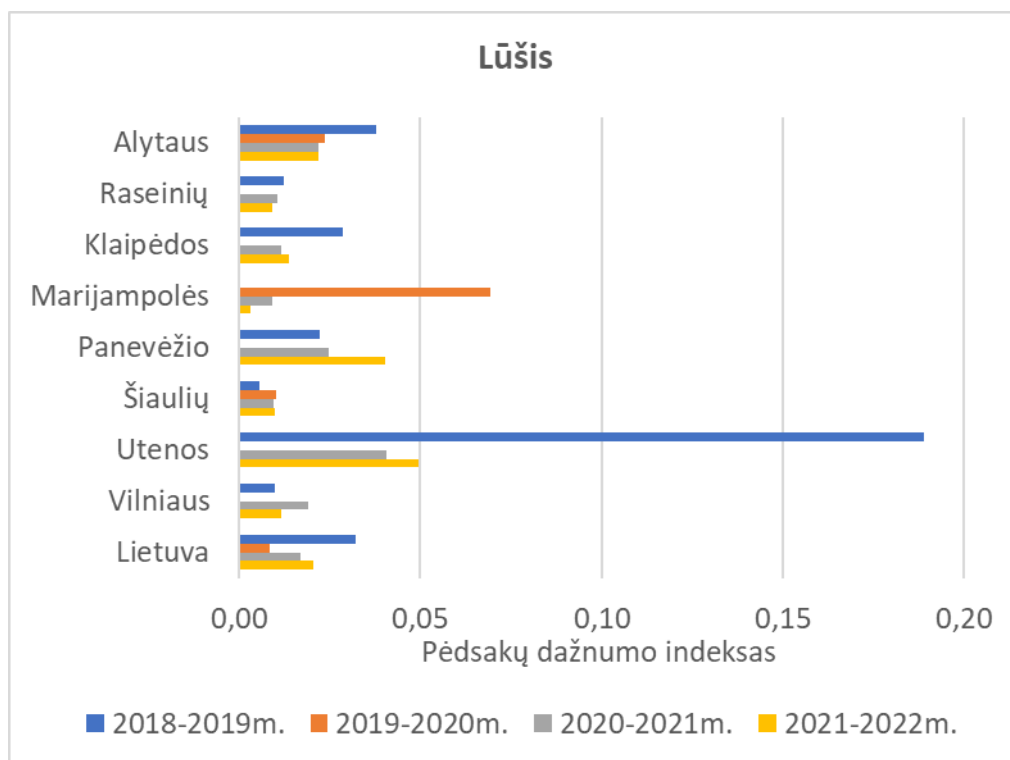
Skuodo r. sav.	0,0242	0,0000	0,0726	0,0000	0,0000	1,5977	11,232 1	7,5769	0,2179	0,0000	0,0000
Šakių r. sav.	0,0518	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,8315	16,393 7	2,3982	2,2635	0,2143	0,0000
Šalčininkų r. sav.	0,1311	0,0146	0,0000	0,0000	0,0000	1,0004	3,3411	0,1360	0,0389	0,9275	0,0000
Šiaulių r. sav.	0,1138	0,0076	0,0076	0,0000	0,0000	2,3739	10,019 0	12,5484	0,2086	0,5764	0,0000
Šilalės r. sav.	0,0870	0,0124	0,0000	0,0000	0,0000	4,5850	6,7470	2,9821	0,3852	0,7828	0,0000
Šilutės r. sav.	0,0361	0,0052	0,0000	0,0000	0,0000	3,2325	5,8617	1,9694	0,9074	0,8403	0,0000
Širvintų r. sav.	0,2138	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	3,6166	4,8281	8,3912	0,7839	1,3896	0,0000
Švenčionių r. sav.	0,0458	0,0135	0,0000	0,0000	0,0000	0,5631	4,3107	1,0373	0,0404	1,1747	0,0000
Tauragės r. sav.	0,0608	0,0347	0,0000	0,0000	0,0000	4,0813	5,9135	5,9135	0,6426	0,4689	0,0000
Telšių r. sav.	0,1521	0,0000	0,0061	0,0000	0,0000	1,9526	5,9367	5,6265	0,6752	0,6569	0,0000
Trakų r. sav.	0,6138	0,0172	0,0057	0,0000	0,0000	3,8548	6,1779	3,1951	0,5163	1,7897	0,0000
Ukmergės r. sav.	0,0797	0,0094	0,0047	0,0000	0,0000	1,3451	4,6023	4,9070	0,3749	0,6983	0,0000
Utenos r. sav.	0,0421	0,0234	0,0000	0,0000	0,0000	1,0949	7,0703	4,1505	0,1965	1,2260	0,0000
Varėnos r. sav.	0,1649	0,0436	0,0000	0,0000	0,0000	1,0268	4,9067	2,5887	0,1836	1,4032	0,0311
Vilkaviškio r. sav.	0,0524	0,0150	0,0075	0,0000	0,0000	3,6335	8,9077	2,5472	0,4270	0,5244	0,0000
Vilniaus r. sav.	0,0646	0,0266	0,0076	0,0000	0,0000	1,0678	6,4146	1,3756	0,0114	0,5966	0,0000
Zarasų r. sav.	0,0748	0,0967	0,0044	0,0000	0,0000	1,7414	9,6306	3,8215	0,2331	2,0185	0,0000
Lietuva	0,1042	0,0205	0,0039	0,0000	0,0000	2,2320	7,7770	5,1220	0,4972	0,8126	0,0021

2022 metų žiemą, vykdytų apskaitų pagal pėdsakus sniege metu, apskaitų maršrutuose gauti vilkų pėdsakų dažnumo indeksai buvo didesni nei pastarųjų trijų metų (3.7.1. pav.). Didžiausio apskaitų intensyvumo medžioklės plotų vienetuose 2020-2021 metais, vilkai buvo registruoti 281 apskaitos maršrutuose (viso duomenys buvo pateikti iš 1284 apskaitos maršrutų). Apskaičiuoti stambiojo plėšrūno pėdsakų dažnumo indeksai 2019-2022 metų žiemomis (0,0884, 0,0660, 0,0981, 0,1042) parodo augančią vilkų populiaciją šalyje.



3.7.1 pav. Skirtingais metais atliktų apskaitų, vilkų pėdsakų dažnumo indeksų vidutinės reikšmės, Aplinkos apsaugos departamento valdybų teritorijose ir Lietuvoje

Lūšies pėdsakų daugiausia aptinkama rytinėje šalies dalyje, Utenos rajone. Anykščių, Ignalinos, Molėtų, Utenos, Visagino, Zarasų, Anykščių rajonų miškų masyvuose. Kiek mažiau Alytaus rajone, Alytaus, Birštono, Druskininkų, Lazdijų, Prienų, Varėnos rajonuose – pietinėje šalies dalyje. Palyginus lūšies pėdsakų indeksų duomenis, gautus vykdant apskaitas 2019-2022 metų žiemomis (0,0321, 0,0083, 0,0170, 0,0205) galima daryti išvadą, kad populiacijos dydis stabilus (3. 7. 2. pav.).



3.7.2 pav. Skirtingais metais atliktų apskaitų, lūšių pėdsakų dažnumo indeksų vidutinės reikšmės, Aplinkos apsaugos departamento valdybų teritorijose ir Lietuvoje

Lentelė 3.7.3. Pėdsakų dažnumo indeksas pagal Lietuvos Respublikos aplinkos ministro 2018 m. vasario 12 d. įsakymo Nr. D1-98 „Dėl Lietuvos Respublikos aplinkos ministro 2000 m. birželio 27 d. įsakymo Nr. 258 „Dėl medžioklės Lietuvos Respublikos teritorijoje taisyklių patvirtinimo“ pakeitimo 42¹ punktu Medžioklės Lietuvos Respublikos teritorijoje taisyklių 5 priedo 18.2 punktą "1 km pėdsakų maršruto per 24 val., kuris nustatomas aptiktų pėdsakų skaičių padalijus iš maršruto ilgio ir parų, praėjusių po sniego iškritimo, skaičiaus“

Savivaldybės	Briedis	Danielius	Lūšis	Naminis šuo	Papras-tasis ša-kalas	Rudasis lokys	Stirna	Stumbras	Tauru-sis el-nias	Vilkas	Šer-nas
Akmenės r. sav.	0,4906	0,5354	0,0081	0,0000	0,0000	0,0000	6,6513	0,0000	13,8977	0,1732	2,4256
Alytaus r. sav.	0,5213	0,4156	0,0089	0,0165	0,0000	0,0000	14,4276	0,0000	2,4856	0,1438	2,1485
Anykščių r. sav.	0,9952	0,8622	0,0209	0,0000	0,0000	0,0000	2,9749	0,0000	4,6474	0,0892	1,9247
Biržų r. sav.	0,6354	0,0334	0,0505	0,0000	0,0000	0,0000	5,8915	0,0000	3,1514	0,1351	2,9566
Druskininkų sav.	1,1617	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	3,1025	0,0000	2,5186	0,0000	1,0877
Elektrėnų sav.	0,4607	0,4446	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	5,6892	0,0000	9,5986	0,0477	3,6983
Ignalinos r. sav.	1,0003	0,0658	0,0687	0,0000	0,0000	0,0000	3,0976	0,0000	1,7974	0,1417	0,1488
Jonavos r. sav.	0,5053	0,0034	0,0257	0,0000	0,0000	0,0000	6,5109	0,0000	1,6648	0,1032	1,2053
Joniškio r. sav.	0,1401	0,6175	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	6,3125	0,0000	6,4125	0,0200	0,8282
Jurbarko r. sav.	0,2972	0,4258	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	9,9404	0,0000	9,4468	0,0266	3,0454
Kaišiadorių r. sav.	0,9499	0,1720	0,0200	0,0000	0,0000	0,0000	7,7239	0,0000	6,6286	0,1593	2,9869
Kalvarijos sav.	0,2886	0,1513	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	4,3941	0,0000	0,5859	0,0000	2,8925
Kauno r. sav.	0,5627	0,1065	0,0000	0,0167	0,0000	0,0000	15,0867	0,0000	8,3676	0,0000	3,2421
Kazlų Rūdos sav.	0,7797	0,0743	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	8,3169	0,0000	3,6197	0,0080	0,7329
Kėdainių r. sav.	0,4359	0,1899	0,0121	0,0040	0,0000	0,0000	8,3173	0,0213	11,9980	0,1325	3,3257
Kelmės r. sav.	0,3072	0,1206	0,0293	0,0000	0,0000	0,0000	7,8363	0,0000	5,1592	0,1054	2,8795

Klaipėdos r. sav.	0,4674	0,4586	0,0031	0,0000	0,0000	0,0000	4,8721	0,0000	0,7666	0,0484	1,3793
Kretingos r. sav.	0,6023	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	3,7821	0,0000	3,2114	0,1089	1,6383
Kupiškio r. sav.	0,8581	0,4900	0,0079	0,0000	0,0000	0,0000	7,0537	0,0000	6,5670	0,2130	2,1298
Lazdijų r. sav.	0,8489	0,2252	0,0333	0,0000	0,0000	0,0000	8,1989	0,0000	4,6307	0,2925	3,2314
Marijampolės r.	0,5123	0,7544	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	7,2982	0,0000	3,4618	0,0038	1,6743
Mažeikių r. sav.	1,1271	4,9101	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	18,9060	0,0000	11,3437	0,0042	3,0758
Molėtų r. sav.	1,1218	0,1357	0,0310	0,0061	0,0000	0,0000	4,3755	0,0000	2,7207	0,1253	1,8994
Pagėgių sav.	0,2996	0,4944	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	2,8016	0,0000	1,4344	0,0177	1,6474
Pakruojo r. sav.	0,2426	0,4166	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	7,3928	0,0000	3,7219	0,0021	0,8063
Panevėžio r. sav.	0,4483	0,7026	0,0123	0,0000	0,0000	0,0000	5,0015	0,0000	6,2961	0,0408	1,7538
Pasvalio r. sav.	0,1257	0,1076	0,0113	0,0000	0,0000	0,0000	7,0617	0,0000	2,4240	0,0227	0,8913
Plungės r. sav.	0,2392	0,1362	0,0181	0,0000	0,0000	0,0000	5,1952	0,0000	2,7377	0,1505	1,1147
Prienų r. sav.	0,6366	0,4622	0,0144	0,0101	0,0000	0,0000	10,3610	0,0000	4,1805	0,0906	1,6995
Radviškio r. sav.	0,4341	0,5631	0,0000	0,0066	0,0000	0,0000	8,6530	0,0000	7,5723	0,0936	2,9699
Raseinių r. sav.	0,3678	0,4160	0,0000	0,0131	0,0000	0,0000	11,5473	0,0000	6,2768	0,1233	3,2391
Rietavo sav.	0,4627	0,0417	0,0359	0,0000	0,0000	0,0000	2,6405	0,0000	1,5049	0,0281	1,9460
Rokiškio r. sav.	0,9284	0,1977	0,0397	0,0027	0,0000	0,0000	8,2653	0,0000	4,7744	0,0524	1,9946
Skuodo r. sav.	0,0000	0,1962	0,0000	0,0289	0,0000	0,0000	11,5512	0,0000	7,6232	0,0096	1,5626
Šakių r. sav.	0,2097	2,1630	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	14,7132	0,0000	2,0517	0,0546	1,6861
Šalčininkų r. sav.	0,6491	0,0410	0,0276	0,0000	0,0000	0,0000	2,6812	0,0000	0,0927	0,1527	0,8595
Šiaulių r. sav.	0,5508	0,1469	0,0099	0,0095	0,0000	0,0000	9,4032	0,0000	10,7500	0,0788	1,7454
Šilalės r. sav.	0,5939	0,2640	0,0050	0,0000	0,0000	0,0000	6,0134	0,0000	3,1473	0,0704	4,2067
Šilutės r. sav.	0,6260	0,2058	0,0022	0,0000	0,0000	0,0000	5,1012	0,0000	1,3513	0,0312	2,1755
Širvintų r. sav.	0,9794	1,0788	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	4,4472	0,0000	6,5444	0,1464	2,9208
Švenčionių r. sav.	1,0129	0,0626	0,0130	0,0000	0,0000	0,0000	4,2641	0,0000	0,8964	0,0432	0,4795
Tauragės r. sav.	0,3989	0,4268	0,0336	0,0000	0,0000	0,0000	4,5705	0,0000	5,1169	0,0659	3,2511
Telšių r. sav.	0,7289	0,6673	0,0000	0,0043	0,0000	0,0000	7,7708	0,0000	6,1881	0,1119	1,8417
Trakų r. sav.	0,7060	0,4991	0,0072	0,0016	0,0000	0,0000	3,9908	0,0000	2,5652	0,4071	2,0340
Ukmergės r. sav.	0,6790	0,4133	0,0071	0,0020	0,0000	0,0000	4,2603	0,0000	4,6394	0,0513	1,2264
Utenos r. sav.	1,0739	0,2053	0,0148	0,0000	0,0000	0,0000	5,6158	0,0000	2,9405	0,0211	0,8863
Varėnos r. sav.	1,2814	0,1561	0,0496	0,0000	0,0000	0,0000	5,1214	0,0311	2,8217	0,1481	1,2041
Vilkaviškio r. sav.	0,4317	0,3763	0,0153	0,0034	0,0000	0,0000	8,1371	0,0000	2,1659	0,0640	3,0530
Vilniaus r. sav.	0,8210	0,0394	0,0169	0,0047	0,0000	0,0000	9,2634	0,0000	3,2406	0,1318	1,7495
Zarasų r. sav.	1,4794	0,1855	0,0722	0,0021	0,0000	0,0000	7,2662	0,0000	2,9556	0,0584	1,2266
Lietuva	0,6295	0,4372	0,0145	0,0026	0,0000	0,0000	7,0770	0,0010	4,6139	0,0870	2,0146

Išvados

1. Lietuvos vilkų populiacijos genetinės įvairovės tyrimas pagal 2021–2022 m. sumedžiotų 186 vilkų aukšto polimorfizmo 16 autosominių atskirai rekombinuojamų mikrosatelitų lokusų parodė, kad Lietuvos vilkų populiacija netolimoje praeityje buvo patyrusi reikšmingą efektyvaus populiacijos dydžio kritimą, kuris vietomis gali lemti inbrydingo padidėjimą uždaresnėse grupėse. Tikėtina, kad tai butelio kalelio efekto pasekoje vykusio poravimosi tarp giminingų individų pasekmė, kuri kai kur gali būt jaučiama net praėjus 40-50 metų, net ir esant stipriam genų srautui iš rytų, kadangi inbrydingui efektyvus populiacijos dydžio santykis su demografiniu populiacijos dydžiu siekia tik 0,13, o variacijai efektyvaus populiacijos dydžio (spartų atspindi alelinės įvairovės turtėjimą) santykis su demografiniu populiacijos dydžiu jau siekia 0.53. Šis rezultatas rodo spartų alelinės įvairovės atsistatymą, bei kartu potencialias inbrydingo rizikas staiga sumažėjus populiacijos genetinei įvairovei. Taigi, dabartiniu metu sėkmingai Lietuvos vilko populiacija atstatinėja genetinę įvairovę yra genetinio atsistatymo pike (lauktinas heterozigotiškumas H_e 0.72-0.76, stiprus genų srautas, aukštas alelinis turtingumas, gausu retų alelių, inbrydingas žemas, dabartinis efektyvus populiacijos dydis viršija 50 % demografinio populiacijos dydžio).

2. Pagal DNR tyrimais gautus retų alelių ir aukšto heterozigotiškumo geografinio pasiskirstymo duomenis tikėtina, kad šis genetinis srautas eina šiaurės rytinę Lietuvą pietvakarių link Kėdainių iš rytų šį srautą riboja Lietuvos – Baltarusijos siena. Tikėtina, kad genetinis srautas eina miškų masyvais, kol nesusiduria su kompleksu barjerų - Neries upe, Vilniaus antropogeninių zonų sistema ir autostrada. Labai svarbu šį genetinį srautą puoselėti. Žemo stebimo heterozigotiškumo zona už Vilniaus pietų link buvo patvirtinta tiek 2018 tiek 2019 m. tiek 2020 m. ir 2021 m. DNR tyrimais, kas rodo galimus barjerus genų srautui. Ypač svarbu vykdyti genetinį populiacijų monitoringą pastačius tvorą tarp Lietuvos ir Baltarusijos ir iš anksto galvoti kaip saugiai ir efektyviai padaryti perlaidas gyvūnams.

3. AMOVA atkleidė silpną genetinę diferenciaciją tarp regionų ir silpną bet reikšmingą diferenciaciją tarp vilkų geografinių populiacijų Lietuvoje. Genetinės struktūros analizė parodė, kad šalyje tikėtina yra trijų genetinių grupių struktūra. Nors genetinės grupės yra pasiskirstę geografiškai mišriai, viena jų turi ženkliai žemesnį inbrydingo koeficientą (reikšmingą heterozigotų perteklių dėl negiminingų individų poravimosi) ir pagal savo geografinį išsidėstymą gali rodyti genų migracijos kryptį iš šiaurės rytų pietryčių link. Stiprėjanti genų srauto iš šiaurės rytų įtaka mažina genetinius skirtumus tarp šalies regionų, ypač 2021 m. tai pastebimas stiprus srautas iš šiaurės rytų į šalies centinio ir toliau pietvakarių ir pietryčių link. Tokia mišri genetinė

struktūra yra teigiamas dėsningumas, nes lemia retesnę poravimąsi tarp giminingų individų. 2021 m. duomenyse pastebėta stipresnė Suvalkijos ir Dzūkijos regionų populiacijų genetinė diferenciacija, kas tikėtina yra migracijos iš Lenkijos ar silpnesnio šiaurės rytinio genų srauto pasekmė.

4. DNR tyrimas pagal 15 polimorfinių SSR lokusų parodė, kad, pagal 2021–2022 metų sumedžiojimo 186 vnt. vilkų imtį ir 18 šunų referencinę biblioteką, vilkų hibridizacijos su šunimis intensyvumas nėra aukštas tik 4 iš 186 individų rodė didesnę nei 10 proc. genetinį panašumą su šunimi, kaip hibridizacijos indikatorius (Godinho *et al.* 2011, 2018 metais - 6 iš 99 rodė 10-15 proc. tikimybes, 2019 m. 4 iš 118 rodė 10-23 proc. tikimybes). Pagal 2018-2021 m. kasmetinio sumedžiojimo duomenis, hibridizacijos atvejai turi geografinį panašumą - dažnesni rytinėje Lietuvoje.

5. Amžiaus tyrimas (n=187) atskleidė, kad tarp sumedžiotų vilkų didelę dalį (59,4%) sudarė pirmų metų jaunikliai. Tai prognozuoja vilkų populiacijos augimo potencialą ateityje. Vyriausi sumedžioti vilkai (patinas ir patelė) ėjo devintus metus. Lietuvoje vidutinis sumedžiotų vilkų amžius (atmetus pirmamečius ir antramečius jauniklius) praėjusį sezoną buvo 4,40 metų.

6. Atliktas sumedžiotų patelių gimdų tyrimas atskleidė, kad, iš 87 į laboratoriją parsivežtų užšaldytų gimdų, tinkamai buvo išimtos 58 gimdos (66,7%), 16 atvejų (18,4%), kai paimta tik dalis gimdos bei 13 atvejų (14,9%), kai paimti kiti vidaus organai. Apžiūrėjus tinkamai ir dalinai išimtas suaugusių patelių gimdas (n=24), galima teigti, kad 45,8% patelių pavasarį buvo vedusios jauniklius. Iš tinkamai išimtų suaugusių patelių gimdų (n=18) nustatyta, kad 7 patelės pavasarį buvo vedusios jauniklius. Gimdose matėsi, kad būta dviejų, keturių, septynių (dviejose gimdose), aštuonių (dviejose gimdose) ir vienuolikos embrionų.

7. Genetinių ir amžiaus tyrimų pagrindu buvo nustatyta, kad sumedžioti jaunikliai (amžius iki 1 metų) dalijasi į 57 artimais giminystės ryšiais nesusijusias grupes (šeimas). Genetinių ir gimdų tyrimų pagrindu nustatytos 3 sumedžiotiems jaunikliams negiminingos patelės, kurios 2021 m. pavasarį turėjo jauniklių vadą. Vadovaujantis 2022 m. žiemos apskaitų pagal pėdsakus sniege medžiaga ir pranešimų apie vilkų buvimą (įvykusio laikotarpyje nuo 2021 m. rugsėjo 1 d. iki 2022 m. rugpjūčio 31 d.) registravimus visus metus (VSTT Biologinės įvairovės duomenų bazėje) pagrindu bei atsižvelgiant į biologiškai galimus šeimų teritorijų nutolimus buvo suskaičiuota atitinkamai dar 9 ir 18 atskirų vilkų šeimų. Apibendrinus rezultatus gauta, kad Lietuvos teritorijoje gyveno ne mažiau kaip 87 vilkų šeimos.

Rekomendacijos

- Populiacijai esant genetinės įvairovės atsistatymo procese yra svarbus šio proceso monitoringas, todėl siūlome sukurti vilko populiacijos genetinės įvairovės monitoringo (stebėsenos) metodiką ir ją įgyvendinti. Vilko populiacijos dydžio reguliavimas Lietuvoje turėtų būti vykdomas moksliniu pagrindu pagal DNR tyrimų genetinio monitoringo rezultatus, kur ištirti keliolikos metų populiacijos duomenys su vienodomis imtimis tarp populiacijų. Pagal 2018-2020 m. duomenis stebima stabili genetinės įvairovės didėjimo ir skirtumų tarp populiacijų mažėjimo tendencija.
- Tikėtina, kad Lietuvos upės nėra reikšmingi barjerai vilkų genų srautui, tačiau antropoginės kliūtys gali turėti ir turi reikšmingos įtakos genų srauto pobūdžiui ir kryptčiai ir tokiu būdu gali daryti įtaką populiacijos genetinei struktūrai Lietuvoje. Taip pat, svarbu išskirti rytų Lietuvos miškų masių susiekiančio tinklo svarbą vilkų migracijai ir populiacijos genetinės įvairovės stabilumui.
- Atlikti kraštovaizdžio fragmentacijos ir antropogeninių-gamtinių barjerų identifikacijos tyrimus tikslu nustatyti reikšmingas kliūtis genų migracijai, ypač atkreipti dėmesį žemesnės įvairovės priežastis rajonuose apie Vilnių.
- Tęsti hibridizacijos su šunimis intensyvumo tyrimus identifikuojant hibridizaciją sąlygojančius veiksnius ir jos intensyvumo sąsajas su galvijų pjovimo dažniu.
- Tyrimais nustatytas 87 vilkų šeimų kiekis įpareigoja, tvirtinant ateinančio sezono vilkų sumedžiojimo limitą, vadovautis Vilko (*Canis lupus*) apsaugos plano 36.4 papunkčiu, kuriame numatoma populiacijos naudojimą planuoti taip, kad būtų užtikrintas jos tolygus sumažinimas ir išlaikymas 32–62 šeimų ribose. Atkreipiame dėmesį, kad atliekamų tyrimų ir populiacijos stebėsenos pagrindu kasmet pavyksta įrodyti vis didesnį šeimų skaičių, tačiau šeimų išsidėstymo žemėlapis atskleidžia, kad realiai Lietuvos teritorijoje gyvenančių vilkų šeimų skaičius yra didesnis nei 87. Planuojant sumedžiojimo limitą, rekomenduojame atsižvelgti ir į tai, kad pastaraisiais metais atliekami vilkų populiacijos genetiniai, amžiaus, reprodukcijos ir pasiskirstymo tyrimai rodo stabilią arba gerėjančią populiacijos būklę. Nustatant sumedžiojimo limitą, rekomenduojame besiveisiančių šeimų skaičių dauginti iš kaimyninėse šalyse nustatyto prieaugio vidurkio 3,25 (vidutinis jauniklių skaičius vadoje rudenį, įvertinant natūralų mirtingumą).

Literatūros sąrašas

- Allendorf FW and Luikart G. 2007. Conservation and the genetics of populations. Blackwell Publishing.
- Bibikov L.I. 1985. Volk (Wolf). Nauka, Moscow pp. 413 (in Russian).
- Beerli P., 2006. Comparison of Bayesian and maximum-likelihood inference of population genetic parameters. *Bioinformatics* 22:341-345
- Beerli P., 2009. How to use MIGRATE or why are Markov chain Monte Carlo programs difficult to use? In *Population Genetics for Animal Conservation*, G. Bertorelle, M. W. Bruford, H. C. Hauffe, A. Rizzoli, and C. Vernesi, eds., vol. 17 of *Conservation Biology*, Cambridge University Press, Cambridge UK, pp. 42-79.
- Cornuet J.M. and Luikart G., 1997 Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. *Genetics* 144:2001-2014.
- Do, C., Waples, R. S., Peel, D., Macbeth, G. M., Tillett, B. J. & Ovenden, J. R. (2014). NeEstimator V2: re-implementation of software for the estimation of contemporary effective population size (N_e) from genetic data. *Molecular Ecology Resources*. 14, 209-214.
- Dumolin S., Demesure B., Petit R. J. 1995. Inheritance of chloroplast and mitochondrial genomes in pedunculated oak investigated with an efficient PCR method. *Theoretical and Applied Genetic*. 91:1253-1256.
- Earl, Dent A. and vonHoldt, Bridgett M. (2012) STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources* vol. 4 (2) pp. 359-361 doi: 10.1007/s12686-011-9548-7
- Ellegren H. 1999. Inbreeding and relatedness in Scandinavian grey wolves *Canis lupus*. *Hereditas* 130: 239-244.
- Frankham R (1995) Effective population size/ adult population size ratios in wildlife: a review. *Genetics Research* 66: 95–107.
- Godinho, R. et al. 2011. Genetic evidence of multiple events of hybridization between wolves and domestic dogs in Iberian Peninsula. *Molecular Ecology* 20:5154-5166.
- Hedrick, P.W., Fredrickson, R.J., 2008. Captive breeding and the reintroduction of Mexican and red wolves. *Mol. Ecol.* 17, 344–350.
- Hulva P. et al. Wolves at the crossroad: Fission–fusion range biogeography in the Western Carpathians and Central Europe. *BIO DIVERSITY RESEARCH* DOI: 10.1111/ddi.12676
- Luikart G, Allendorf FW, Cornuet JM, Sherwin WB. 1998. Distortion of allele frequency distributions provides a test for recent population bottlenecks. *J. Hered.* 89: 238–247.
- Laikre L, Nilsson T, Primmer CR, Ryman N & Allendorf FW .2009. Importance of genetics in the interpretation of favourable conservation status. *Conservation Biology* 23: 1378–1381.
- Jansson E. 2013. PAST AND PRESENT GENETIC DIVERSITY AND STRUCTURE OF THE FINNISH WOLF POPULATION. *ACTA UNIVERSITATIS OULUENSIS A Sci e n t i a e Rerum Nat u r a l i u m* 608, PhD thesis, 77 p. (and 4 papers)
- Mace, G. M. & Lande, R. (1991). Assessing extinction threats: towards a reevaluation of IUCN threatened species categories. *Conservation Biology* 5, 148-157.

- Mech LD, (1995). The challenge and opportunity of recovering wolf populations. *Conserv. Biol.* 9: 270-278.
- Moura AE, Tsingarska E, Dąbrowski M, Czarnomska SD, Jędrzejewska B, et al. (2013) Un-regulated hunting and genetic recovery from a severe population decline: the cautionary case of Bulgarian wolves. *Conservation Genetics* (01 November 2013).
doi:<https://doi.org/10.1007/s10592-013-0547-y>.
- Peakall, R. and Smouse P.E. (2012) GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics* 28, 2537-2539.
- Pilot, Małgorzata Michał J. Dąbrowski, Vahram Hayrapetyan, Eduard G. Yavruyan, Natia Kopaliani, Elena Tsingarska, Barbara Bujalska, Stanisław Kamiński, Wiesław Bogdanowicz 2014. Genetic Variability of the Grey Wolf *Canis lupus* in the Caucasus in Comparison with Europe and the Middle East: Distinct or Intermediary Population?
2014<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0093828>.
- Randi, E. et al. 2014. Multilocus detection of wolf x dog hybridization in Italy and guidelines form marker selection. *PLos One* 9(1): doi 10.1371.
- Sastre Natalia, Carles Vila, Maria Salinas, Vladimir V. Bologov, Vicente Urios, Armand Sanchez, Olga Francino, Oscar Ramirez. 2010. Signatures of demographic bottlenecks in European wolf populations. *Conserv Genet* DOI 10.1007/s10592-010-0177-6
- Wang J. 2004. Sibship reconstruction from genetic data with typing errors. *Genetics*, 166: 1963-1979.
- Wang J. 2009. A new method for estimating effective population sizes from a single sample of multilocus genotypes. *Molecular Ecology* 18: 2148-2164.
- Wayne, R.K., Hedrick, P.W., 2010. Genetics and wolf conservation in the American West: lessons and challenges. *Heredity* 107, 16–19.

1 priedas. Detalūs sibų ryšiai visos 2020 m. imties lygmenyje.

2020 m. vilkų imties sibų šeimų struktūra: individų suskirstymas į pusiau sibų ir sibų šeimas pagal poligamijos modelį (COLONY algoritmas). Pusiau sibai tai vienos motinos palikuonys nepriklausomai nuo tėvo. Individai priklausantys vienai šeimai turi tą patį šeimos kodą. Vilko id. tai kiekvieno individo identifikacinis numeris (vienodas mūsų tyrimo grafikuose ir lentelėse). Šeimų grupė rodo giminystę tarp šeimų (t.y. vieno klasterio šeimos yra giminingos pagal COLONY algoritmą). Taip pat duoti individus charakterizuojantys rodikliai: Ho - stebimas heterozigotiškumas (individo tėvų giminystės rodiklis, artimas nuliui, tėvai stipriai giminingi, jei artimas vienetui, tėvai negiminingi), retų alelių skaičius: iš 30-ties alelių kiek buvo retųjų alelių pas konkretų individą. tikimybė priskyrimo šunų rūšiai (t.y. hibridizacijos su šunimis tikimybė, jei >0.1 tikėtina hibridizacija pagal Godinho et al. (2011), lytis. Vilkų STRUCTURE genetinė grupė rodo kokias platesnės geografinės aprėpties grupei individas priklauso pagal Bajeso klasikinės analizės rezultatus. Individai lentelėje išrikiuoti pagal motinos šeimos kodą.

id	x	y	POP	Gender	Am-Žius, m	Pusiau sibų šeimos kodas pagal motiną ¹	Pusiau sibų šeimos kodas pagal tėvą ¹	Ho	Reti aleliai 5%	Vilkų genetinė grupė (Structure2 gr.) STNADCORR2	Vilkų genetinė grupė (Structure 4 gr) ST100ADCORR4	Tikimybė priklausymui šuns rūšiai pagal GeneClass (Nei GA).DDNeiDa
20_125	25.1726562	55.5574179	IGNA	Male	Juv	1	1	0.80	3	2	2	0.01
20_27	25.3564602	55.4184728	IGNA	Male	Juv	1	3	0.87	7	1	2	0.02
20_126	25.1730306	55.5575791	IGNA	Female	Juv	2	2	0.80	7	1	4	0.01
20_143	25.8891373	55.2848703	IGNA	Female	Juv	2	12	0.80	8	1	4	0.00
20_93	24.8129535	55.6800795	ROKI	Female	Juv	2	27	0.67	10	1	4	0.00
20_95	23.2421748	56.1964068	SIAU	Female	Juv	2	13	0.60	10	1	4	0.00
20_146	25.3725565	55.5199314	IGNA	Male	Juv	3	3	0.87	8	2	2	0.01
20_165	24.8187488	55.5949593	PANE	Male	Juv	3	39	1.00	7	1	2	0.02
20_88	25.5224358	55.3488446	IGNA	Female	1	4	1	0.80	6	2	2	0.01
20_145	26.3065058	55.3184603	IGNA	Female	6	4	4	0.87	7	2	2	0.01
20_159	26.1603916	55.6821839	ROKI	Male	Juv	4	37	0.67	5	1	1	0.00
20_166	24.6065238	55.9764971	PANE	Male	Juv	4	1	0.80	6	2	2	0.00
20_87	25.2006816	55.2890961	IGNA	Male	Juv	4	1	0.67	6	2	2	0.00
20_153	26.1706596	55.4112130	IGNA	Female	3	5	5	0.60	8	1	1	0.01
20_65	22.0780115	55.6508218	JURB	Female	3	5	13	0.93	8	1	1	0.02
20_96	24.9904258	54.5881847	VILN	Male	3	5	2	0.87	8	1	4	0.00
20_04	25.2605594	55.2789077	IGNA	Male	Juv	6	6	0.67	7	1	4	0.00
20_152	25.6827020	55.3547831	IGNA	Male	Juv	6	6	0.67	7	1	4	0.00
20_85	25.1304788	55.2596516	IGNA	Female	Juv	6	6	0.47	6	1	4	0.00
20_133	25.4684592	56.1346510	ROKI	Female	1	7	5	0.80	7	1	4	0.00
20_25	23.2575507	54.7965131	MARI	Male	4	7	10	0.87	8	1	4	0.01
20_32	25.1175726	55.1374182	SIRV	Male	6	7	23	0.80	9	1	4	0.00
20_141	25.6868794	55.1240161	IGNA	Female	Juv	7	6	0.80	6	1	4	0.01
20_31	24.6783261	55.1736346	KEDA	Male	Juv	7	32	0.87	10	1	4	0.01
20_48	24.9336488	54.8727482	VILN	Male	Juv	7	75	0.60	8	1	4	0.00
20_86	25.2020486	55.3267667	IGNA	n	Juv	8	7	0.54	8	2	4	0.01
20_19	24.1052145	55.3678572	KEDA	Male	1	9	3	0.93	8	2	2	0.00
20_89	25.5330718	55.1140968	IGNA	Male	4	9	3	0.80	6	1	2	0.00
20_11	25.0021602	55.5619026	IGNA	Male	Juv	10	7	0.80	8	2	4	0.01

20_41	24.2460919	54.5335223	VARE	Female	Juv	10	55	0.73	8	1	4	0.02
20_33	25.3568042	54.4171054	VILN	Female	1	11	19	0.93	8	1	4	0.01
20_12	23.7351901	55.3285763	KEDA	Female	3	11	29	0.73	8	1	1	0.00
20_108	21.4477540	56.2015488	TELS	Male	4	11	63	0.53	9	2	2	0.01
20_124	25.3745938	55.4125130	IGNA	Male	Juv	11	8	0.53	6	2	2	0.01
20_37	23.9687246	54.5196699	VARE	Female	4	12	56	0.73	5	2	3	0.00
20_97	25.8880645	55.2846137	IGNA	Female	6	12	9	0.33	5	1	2	0.01
20_46	24.8723186	55.5548704	PANE	Female	Juv	12	40	0.53	4	2	3	0.00
20_173	23.8410044	54.9761804	KEDA	Male	4	13	27	0.80	11	1	4	0.00
20_99	26.6171657	55.2285292	IGNA	Female	8	13	10	0.79	8	1	1	0.01
20_06	23.7818540	54.1780329	MARI	Male	6	14	34	0.53	4	2	2	0.00
20_115	22.2662289	55.4109006	JURB	Male	Juv	14	11	0.80	4	2	2	0.00
20_142	26.3208226	55.1380434	IGNA	Female	Juv	14	11	0.60	5	1	2	0.00
20_149	24.7488273	55.0087539	SIRV	Female	Juv	14	11	0.67	3	2	2	0.00
20_144	25.9956091	55.0840628	IGNA	Female	1	15	13	0.80	9	1	4	0.01
20_176	24.9461895	55.1439395	JURB	Male	2	16	14	0.67	5	1	4	0.00
20_08	23.1237840	55.1428786	JURB	Male	1	17	15	0.80	6	1	1	0.02
20_02	25.0068371	54.2514996	VILN	Male	2	17	10	0.73	7	1	1	0.00
20_29	25.5280897	55.7972709	ROKI	Male	Juv	17	10	0.80	6	1	1	0.05
20_34	24.7519351	54.8636283	SIRV	Female	2	18	44	0.67	4	2	2	0.00
20_116	22.8808819	55.2029903	JURB	Male	6	18	16	0.87	5	2	3	0.01
20_09	23.1236840	55.1413578	JURB	Female	Juv	18	16	0.73	4	2	2	0.01
20_10	23.1261922	55.1438395	JURB	Female	Juv	18	16	0.67	5	2	4	0.00
20_169	24.5914784	55.9651234	PANE	Male	Juv	18	44	0.87	7	1	4	0.00
20_136	24.6729929	54.9149727	SIRV	Male	4	19	59	0.93	8	2	3	0.01
20_164	23.1284148	55.1476292	JURB	Male	Juv	19	17	0.86	9	2	3	0.01
20_175	22.8821021	55.2024370	JURB	Male	2	20	15	0.73	5	1	1	0.01
20_168	24.5876031	55.9858982	PANE	Male	3	20	15	0.80	8	1	1	0.02
20_132	25.3842812	56.1095047	ROKI	Male	4	20	28	0.87	11	2	3	0.00
20_172	23.3505836	55.5294588	KEDA	Male	4	20	28	0.60	4	2	3	0.00
20_131	25.2723580	56.1479647	ROKI	Male	5	20	28	0.67	9	2	3	0.00
20_35	23.1388862	55.1468444	JURB	Male	4	21	18	0.73	7	2	2	0.01
20_44	24.9809260	54.4330413	VARE	Female	5	21	71	0.67	7	2	2	0.04
20_18	24.7865535	53.9985279	VARE	Female	Juv	21	10	0.80	4	2	3	0.02
20_68	22.5108150	55.7081300	TELS	Female	1	22	9	0.87	6	1	2	0.01
20_112	22.2886575	55.4188682	JURB	Male	Juv	22	9	0.67	5	1	2	0.02
20_114	22.2648557	55.4113879	JURB	Male	Juv	23	19	0.67	8	1	4	0.00
20_66	22.0633692	55.6096611	JURB	Male	7	24	20	0.73	5	1	4	0.02
20_109	22.4627978	55.9364318	TELS	Female	Juv	25	36	0.67	8	1	1	0.00
20_113	22.2738853	55.3642374	JURB	Female	n	25	21	0.80	14	1	1	0.00
20_24	22.5817724	55.2433325	JURB	Female	5	26	22	0.80	8	2	4	0.01
20_62	22.6270627	55.5398394	SIAU	Female	Juv	26	57	0.67	7	1	1	0.01
20_74	22.4769737	55.9424473	TELS	Male	Juv	26	22	0.87	7	2	2	0.00
20_76	22.4626465	55.9442285	TELS	Male	Juv	26	61	0.73	10	2	4	0.00
20_140	25.5620179	54.8725418	VILN	n	4	27	43	0.71	5	1	1	0.16

20_101	25.5200008	54.7097062	VILN	Male	Juv	27	52	0.93	7	2	2	0.01
20_79	24.1814886	54.9626688	KEDA	Male	Juv	27	23	0.80	5	2	2	0.02
20_90	24.5432914	55.0597605	KEDA	Male	1	28	24	0.80	6	1	1	0.01
20_53	23.2216082	56.1895014	SIAU	Male	6	28	20	0.80	6	1	1	0.03
20_1	21.7228584	55.5604560	TELS	Female	4	29	57	0.67	8	2	4	0.01
20_121	23.6112023	53.9516421	MARI	Male	Juv	29	33	0.67	9	2	3	0.00
20_01G	24.0539410	54.8569810	KEDA	Female	n	29	25	0.80	5	2	3	0.01
20_05	23.9073156	54.7872560	KEDA	Female	5	30	26	0.87	9	1	1	0.01
20_14	24.7814340	54.2684262	VARE	Female	5	30	65	0.73	10	1	1	0.00
20_106	25.3920818	54.8831132	VILN	Female	Juv	30	29	0.73	11	1	1	0.00
20_107	25.3945399	54.8837886	VILN	Female	Juv	30	29	0.93	10	1	1	0.00
20_50	23.7619359	55.1964521	KEDA	Female	3	31	30	0.67	5	1	1	0.02
20_110	21.7276481	55.9684064	TELS	Male	1	32	31	0.87	8	2	3	0.00
20_51	23.2370663	55.4018290	KEDA	Female	3	32	31	0.87	8	2	3	0.00
20_70	22.1193575	55.8715986	TELS	Male	Juv	32	31	0.87	8	2	3	0.00
20_72	22.1137948	55.9354304	TELS	Male	Juv	32	31	0.87	5	2	3	0.00
20_82	24.9123791	55.2339612	SIRV	Female	2	33	61	0.73	11	2	3	0.00
20_84	24.7125386	55.3524867	SIRV	Male	3	33	25	0.87	8	2	3	0.04
20_150	25.4399110	55.5608267	ROKI	Female	4	33	25	0.79	8	2	3	0.00
20_100	24.4408324	55.2850887	KEDA	Male	Juv	33	25	0.73	10	2	3	0.02
20_83	24.4602019	55.3048406	KEDA	Female	Juv	33	25	0.73	7	2	3	0.02
20_92	24.5255274	55.2280670	KEDA	Male	Juv	33	25	0.87	8	2	3	0.07
20_45	23.0704907	54.3473326	MARI	Female	3	34	14	0.80	10	1	1	0.00
20_154	25.9796042	55.7422079	ROKI	Female	5	34	50	0.80	6	1	1	0.03
20_167	24.5878245	55.9858326	PANE	Female	1	35	34	0.47	4	2	2	0.01
20_123	23.7637807	54.1641928	MARI	Male	3	35	4	0.73	7	2	2	0.00
20_22	23.3818526	54.9843700	MARI	Female	4	35	31	0.67	4	2	2	0.01
20_56	23.1007696	55.6514725	SIAU	Male	3	36	55	0.80	8	1	1	0.01
20_120	23.4205322	54.2726733	MARI	Male	7	36	7	0.80	10	2	3	0.00
20_54	23.2418213	56.1961156	SIAU	Male	Juv	36	54	0.73	10	1	1	0.01
20_119	23.5825075	54.7240492	MARI	Male	Juv	37	35	0.73	6	1	4	0.00
20_13	23.0239332	55.0474012	MARI	Female	Juv	38	36	0.60	5	1	1	0.01
20_21	23.3438655	55.0034909	MARI	Female	Juv	39	36	0.60	3	1	1	0.01
20_07	24.6483804	55.4138650	SIRV	Female	7	40	60	0.60	7	1	2	0.00
Z_1b	23.0724150	54.6149400	MARI	Male	n	40	37	0.87	8	1	1	0.01
20_118	23.1485850	54.5074105	MARI	Female	6	41	38	0.93	6	2	3	0.01
20_117	23.2698762	54.7031385	MARI	Female	Juv	41	38	0.87	5	2	3	0.01
20_49	22.8076873	54.5346244	MARI	Female	6	42	26	0.67	7	1	1	0.00
20_161	24.6257002	55.8390870	PANE	Male	3	43	41	0.67	7	1	1	0.01
20_98	24.4482222	55.5479776	PANE	Female	3	43	43	0.93	11	1	1	0.02
20_134	24.3416358	54.8101907	VARE	Female	1	44	28	0.73	8	2	3	0.01
20_42	24.6828454	54.4430981	VILN	Male	1	44	72	0.73	8	2	3	0.01
20_59	22.5660319	55.8051365	SIAU	Female	4	44	5	0.73	6	2	3	0.00
20_20	24.1502393	55.4377895	PANE	Female	Juv	44	42	0.73	8	1	3	0.00
20_15	24.7818750	54.2683851	VARE	Male	4	45	70	0.73	6	2	3	0.00

20_60	22.5358720	55.7143665	SIAU	Female	6	45	56	0.73	4	2	3	0.00
20_47	24.5783263	56.0056173	PANE	Male	Juv	45	45	0.80	9	2	3	0.00
20_61	22.6264822	55.5404317	SIAU	Male	Juv	45	48	0.73	15	2	3	0.00
20_129	24.9566757	55.9473955	PANE	Female	3	46	8	0.87	10	1	4	0.01
20_162	24.9802276	55.9346624	PANE	Female	7	46	26	0.87	10	1	4	0.01
20_127	25.0501538	55.7714809	PANE	Male	Juv	46	8	0.93	9	1	1	0.00
20_17	24.7902913	54.0006395	VARE	Female	Juv	46	68	0.93	13	2	3	0.00
20_3	24.9642650	56.0273340	ROKI	Male	Juv	46	8	0.60	9	1	4	0.03
20_163	24.2743675	55.5599444	PANE	n	3	47	48	0.73	14	2	3	0.00
20_128	25.0529004	55.7702256	PANE	Female	Juv	47	46	0.87	13	2	1	0.00
20_130	25.2915372	55.8310723	PANE	Female	Juv	48	47	0.73	12	1	1	0.02
20_151	25.4625577	55.4192943	ROKI	Male	1	49	49	0.87	10	2	3	0.02
20_111	21.5744849	55.6605745	TELS	Male	2	49	49	0.80	8	2	3	0.01
20_36	25.6881380	55.6530343	ROKI	Female	4	49	49	0.67	11	2	3	0.01
20_155	26.1392204	55.6688316	ROKI	Male	Juv	50	20	0.87	8	1	1	0.02
20_156	26.1396684	55.6698831	ROKI	Female	Juv	50	50	0.53	4	1	1	0.01
20_157	26.1399227	55.6710010	ROKI	Male	Juv	50	50	0.73	7	1	1	0.01
20_158	26.1378966	55.6681290	ROKI	Male	Juv	50	36	0.73	5	1	1	0.00
20_160	26.1399694	55.6702128	ROKI	Male	Juv	50	36	0.67	7	1	1	0.01
20_58	23.7306161	56.0792440	SIAU	Female	Juv	51	51	0.80	8	1	1	0.02
20_170	23.5426168	56.0442014	SIAU	Male	Juv	52	52	0.73	12	2	3	0.01
20_105	25.7011517	54.6641613	VILN	Female	1	53	73	0.80	8	1	1	0.01
20_52	23.2422606	56.1967411	SIAU	Female	4	53	53	0.60	3	1	1	0.01
20_103	25.6388427	54.6870480	VILN	Female	5	53	74	0.53	3	1	1	0.00
20_104	25.6828976	54.6839056	VILN	Male	Juv	53	73	0.73	9	1	1	0.00
20_55	23.2415638	56.1960201	SIAU	Male	Juv	54	3	0.71	6	1	2	0.01
20_40	24.1281717	54.5345712	VARE	Male	5	55	10	0.93	8	1	4	0.03
20_63	22.6267951	55.5404417	SIAU	Male	Juv	55	5	0.80	7	1	2	0.02
20_39	24.2441077	54.5357211	VARE	Female	Juv	56	19	0.67	6	1	4	0.01
20_64	22.4745367	55.6760315	SIAU	Male	Juv	56	58	0.73	9	2	3	0.00
20_67	22.4088315	55.7653693	TELS	Male	2	57	64	0.73	9	1	4	0.02
20_137	24.5174683	54.9248275	SIRV	Female	3	57	59	0.80	6	2	3	0.00
20_28	24.6326835	55.3378280	SIRV	Male	Juv	57	45	0.53	12	2	3	0.00
20_138	24.5187622	54.9244071	SIRV	Female	5	58	43	0.60	7	1	1	0.04
20_139	24.5155851	54.9273746	SIRV	Male	Juv	59	8	0.73	9	1	4	0.01
20_77	22.4773724	55.9430158	TELS	Male	Juv	59	65	0.93	13	2	4	0.02
20_78	22.4752129	55.9402875	TELS	Female	Juv	59	65	0.80	8	1	1	0.01
20_135	24.3448816	54.7379244	VARE	Female	2	60	59	0.80	6	2	3	0.01
20_26	24.4260034	54.9699451	SIRV	Male	4	60	59	0.80	10	2	3	0.00
20_80	24.9235150	55.2336172	SIRV	Female	5	60	45	1.00	12	2	3	0.00
20_71	22.2946835	55.7642695	TELS	Male	1	61	34	0.73	7	1	2	0.01
20_73	22.1480144	55.9050395	TELS	Female	6	61	34	0.93	8	2	2	0.03
20_148	25.0190740	54.9639076	SIRV	Female	Juv	61	11	0.80	5	2	2	0.01
20_81	24.9167803	55.2354102	SIRV	Female	2	62	60	0.73	7	1	4	0.00
20_57	22.2691440	56.1605054	TELS	Female	5	63	62	0.73	7	1	1	0.02

20_69	22.5113780	55.7184026	TELS	Male	Juv	64	65	0.60	10	2	3	0.00
20_75	22.4626465	55.9396140	TELS	Female	Juv	65	66	0.80	13	1	1	0.01
20_102	25.7249434	54.6807616	VILN	Male	1	66	73	0.80	10	1	1	0.01
20_38	24.3191994	54.5194288	VARE	Male	Juv	66	67	0.67	13	1	4	0.01
20_94	24.1500599	54.0198338	VARE	Male	1	67	10	0.67	7	1	1	0.01
20_30	23.7840484	54.7257130	VARE	n	4	68	55	0.50	11	2	4	0.01
20_122	24.2839621	54.1541916	VARE	Male	Juv	69	69	0.50	9	1	4	0.02
20_43	24.7656063	54.4236826	VILN	Male	Juv	70	41	0.67	8	1	1	0.00
20_91	25.3928942	54.8824254	VILN	Female	Juv	71	29	0.87	10	1	1	0.00

