



ZLATOROGOV ZBORNIK

Letnik/volume IX, številka/number 9,
strani/pages 1-88, 2022, ISSN 2232-6499



Impresum/*Impresum*

ZLATOROGOV ZBORNIK/
GOLDHORN BULLETIN

Znanstveno glasilo Lovske zveze Slovenije/*Scientific journal of the Hunters Association of Slovenia*
ISSN 2232-6499

Izdajatelj/*Publisher*: Lovska zveza Slovenije in
Strokovno-znanstveni svet pri Lovski zvezi Slovenije/
The Hunters Association of Slovenia and the Expert scientific council of the Hunters Association of Slovenia

Glavni in odgovorni urednik/*Editor-in-Chief*:
prof. dr. Ivan Kos

Tehnična urednica/*Technical editor*:
Urša Kmetec

Uredniški odbor/*Editorial board*: dr. Krunoslav Pintur,
prof. dr. Nikica Šprem, prof. dr. Boštjan Pokorný,
prof. dr. Klemen Jerina, prof. dr. Rajko Bernik.

Recenzenti/*Reviewers*: prof. dr. Boštjan Pokorný, prof.
dr. Nikica Šprem, dr. Irena Kavčič, dr. Maja Jan, dr.
Marjeta Konec, dr. Tine Grebenc.

Lektorica/*Language editor*: Marjetka Šivic

Prelom/*Typesetting*: Medias kreativ, d. o. o.

Prevodi/*Translation*:

Alkemist, prevajalske storitve, d. o. o.

Tisk/*Print*: Evrografis d.o.o.

Naklada/*Circulation*: 700 izvodov/*copies*

©Revija, vsi v njej objavljeni prispevki, preglednice, grafikoni in skice so avtorsko zavarovani. Za uporabo, ki je zakon o avtorskih pravicah ne dopušča, je potrebno soglasje izdajatelja. To posebej velja za razmnoževanje (kopiranje), obdelavo podatkov, prevajanje, shranjevanje na mikrofilme in shranjevanje ter obdelavo v elektronskih sistemih. Dovoljeno je kopiranje za osebno rabo v raziskavah in študijah, kritiko in v preglednih delih.

Mnenje avtorjev ni nujno mnenje uredništva.

©The magazine and all the articles, tables, charts and sketches published in it are protected by copyright. For any use not permitted by the Copyright Act, an approval of the issuer must be obtained. This especially concerns reproduction (copying), data processing, translation, storing on microfilms and storing and processing within electronic systems. Copying for personal use for research and studies, critique and reviews is allowed.

The opinion of the authors is not necessarily the opinion of the Editorial Board.

Revija je v PDF-obliki objavljena na spletni strani Lovske zveze Slovenije.

The journal is in PDF format published on the website of the Hunters Association of Slovenia.

Naslov/*Contact*:

Lovska zveza Slovenije – za Zlatorogov zbornik
Župančičeva ulica 9
SI-1000 Ljubljana
Slovenija

Tel.: 00 386 1 24 10 910

E-naslov: lzs@lovska-zveza.si

Ob izidu devete številke Zlatorogovega zbornika

Spoštovani,

v veliko veselje mi je, da vam lahko predstavim deveto številko Zlatorogovega zbornika, znanstvenega glasila Lovske zveze Slovenije, ki že več kot desetletje skuša slediti jasnemu poslanstvu: prenosu strokovnih in znanstvenih spoznanj s področja varstva narave, v povezavi s poznavanjem biologije prostoživečih živali, upravljanjem populacij, trajnostno rabo divjadi oziroma lovstvom nasploh. Njegova ciljna skupina bralcev so v prvi vrsti lovci, strokovnjaki in raziskovalci prej omenjenih področij, zaradi aktualnosti obravnnavanih tem pa tudi preostala zainteresirana javnost.

V več kot stoletni tradiciji slovenskega lovstva smo pri nas, v primerjavi z našimi sosednjimi državami, v lovstvu uspeli oblikovati sistem, ki v prvi vrsti koristi divjadi, drugim prostoživečim vrstam in predvsem ohranitvi čim bolj naravnega okolja zanje. Ohranitev te zavesti med lovci je ena ključnih nalog sodobnega lovstva. Na Zemlji, ki kljub nepremišljenim človekovim posegom kipi v svoji življenjski sili, ima pri ohranjanju narave velik pomen sodobno, prosvetljeno lovstvo, ki skuša s čim boljšim poznavanjem posameznih koščkov mozaika narave udejanjati načelo trajnostne rabe narave. Lov je ena najstarejših dejavnosti ljudi, katere pomen in dojemanje sta se z razvojem civilizacije spremenjala v odvisnosti od trenutnih družbenih potreb oziroma zahtev.

Nova spoznanja o biologiji prostoživečih živali, večja ekološka ozaveščenost lovcev, spremenjeno dojemanje naravnih in družbenih vrednot so v zadnjem času povzročili korenite spremembe v pojmovanju smiselnosti,

dopustnosti in nujnosti lova. Tudi uvajanje novih sodobnih metod v upravljanje je eno izmed pomembnih področij za uspešno oziroma učinkovito trajnostno upravljanje populacij divjadi ter hkrati edino merilo naše usposobljenosti v prihodnje. Že v preteklosti je bilo v Sloveniji na tem področju opravljenih kar nekaj projektov in raziskav in tako moramo tudi nadaljevati.

V pričujoči številki Zlatorogovega zbornika bi rad izpostavil dva profesorja in raziskovalca, ki sta soavtorja, vodilna avtorja oziroma (so) oblikovalca kar treh izmed petih prispevkov. To sta prof. dr. Elena Bužan, prodekanja na Fakulteti za matematiko, naravoslovje in informacijske tehnologije Univerze na Primorskem, ter prof. dr. Boštjan Pokorný, dekan Fakultete za varstvo okolja v Velenju in raziskovalec na Gozdarskem inštitutu Slovenije. Prof. Pokorný je v slovenski in širši mednarodni lovski in akademski skupnosti že tri desetletja prepoznan kot eden izmed najbolj dejavnih strokovnjakov in raziskovalcev na področju divjadi in lovstva, prof. Bužan pa v zadnjem desetletju in pol v proučevanje divjadi in drugih prostoživečih vrst pri nas intenzivno vključuje sodobne metode filogenije, populacijske in varstvene genetike.

Oba strokovnjaka svoje znanje učinkovito prenašata na mlajše kolege; tako sta skupaj s prvo avtorico Ajo Bončinjo in sodelavci izvedla genetsko študijo pri divjem prašiču, v kateri so vsi skupaj jasno pridobili prve dokaze o pogostenem pojavu večočetovstva divjih prašičev pri nas. V analizirani populaciji so namreč prepoznali kar šest legal, v katerih

Uvodnik

so mladiči zagotovo imeli različne očete. Poleg tega so z analizo sorodnosti med proučevanimi skupinami osebkov pokazali na veliko obsežnost socialne organiziranosti divjega prašiča, pri čemer so tropi vključevali tudi nesorodne živali, hkrati pa se je med sorodnimi samicami (svinjam) pokazala velika navezanost na določen skupni življenjski okoliš – t.i. matrilinealni učinek. V drugem prispevku Luka Duniš in sodelavci predstavljajo metodo, ki so jo razvili za učinkovito izolacijo DNA mikoriznih gliv iz iztrebkov parkljarjev. Mikorizne glive so simbionti velike večine kopenskih rastlin – tudi večine naših drevesnih vrst, ki so od tega odnosa z glivami življenjsko odvisne. Avtorji so ugotovili, da so iztrebki parkljarjev pomemben vir glivne DNA, ki omogoča proučevanje širjenja mikoriznih gliv z živalmi ter drugih ekoloških povezav v kopenskih ekosistemih. V tretjem prispevku Urška Gerič in sodelavci predstavljajo genetsko strukturo in njen vpliv na telesne mase ter razmnoževalni potencial mladičev srnjadi v Sloveniji, v katerem izpostavljajo vpliv genetske komponente na telesno maso, nad genetskimi pa je vseeno prevladujoč vpliv okoljskih dejavnikov, predvsem razpoložljivost prehranskih virov.

V četrtem prispevku Maša Zagorac s soavtorji predstavlja aktivnost in značilnosti rabe prostora telemetrično spremljane lisice v primestnem okolju Ljubljanskega barja. Zaradi intenzivnega širjenja mestnega okolja se morajo rastlinske in živalske vrste prilagajati na spremenjeno okolje ali pa v takem okolju ne preživijo. Redke vrste so sposobne človeško bližino izkoristiti v svoj prid, med takšne spada tudi lisica. Proučevana samica je je v času spremeljanja vzpostavila relativno majhen teritorij ($1,7 \text{ km}^2$), kar je značilno za lisice v mestnih in primestnih okoljih, kjer so viri hrane in primerna zatočišča skoncentrirani na majhni površini.

Zelo zanimiv je tudi peti prispevek, v katerem Anja Šumrada s soavtorji predstavlja turizem opazovanja prostoživečih živali na Notranjskem. Takšen način »rabe naravnih virov« postaja vse bolj razširjen tudi v Sloveniji, kjer je na Notranjskem največ ponudbe za organizirano opazovanje rjavega medveda. Avtorji z analizo intervjujev s ponudniki takšnih storitev ugotavljajo, da leti obiskovalcem – turistom ob opazovanjih poskušajo posredovati tudi nova znanja, vzbuditi čustva ter odgovornost do narave in opazovanih živali.

Želim vam prijetno branje.

doc. dr. Hubert Potočnik

Aktivnost in značilnosti rabe prostora telemetrično spremeljane lisice v primestnem okolju Ljubljanskega barja

Activity and habitat use of the GPS-collared red fox in a suburban environment of the Ljubljansko barje

Maša Zagorac¹, Ivan Kos², Hubert Potočnik²

¹ GIGA-R d.o.o., Hraše 19b, 1216 Smlednik

² Biotehniška fakulteta, Univerza v Ljubljani, Jamnikarjeva 101, 1000 Ljubljana

Izvleček

Zaradi intenzivnega širjenja mestnega okolja se morajo rastlinske in živalske vrste prilagajati na spremenjeno okolje ali pa v takem okolju ne preživijo. Redke vrste so sposobne človeško bližino izkoristiti v svoj prid. V primestnem okolju Ljubljanskega barja smo samico navadne lisice opremili z GPS-telemetrično ovratnico in spremeljali njeno aktivnost. Prostorske podatke smo obdelali v orodjih RStudio in ArcGIS. Med spremeljanjem je proučevana lisica vzpostavila relativno majhen teritorij ($1,7 \text{ km}^2$), kar je značilno za lisice v mestnih in primernih okoljih, kjer so viri hrane in primerna zatočišča skoncentrirani na majhni površini. Samica, ki smo jo spremeljali, je imela počivališča v neposredni bližini človeka, izkoriščala je nekatere antropogene vire hrane (kompost, hrana za hišne ljubljenčke). Največje razdalje in prehajene površine je naredila v času parjenja, ko je iskala potencialnega spolnega partnerja. V času vzreje mladičev je bila manj aktivna in je ostajala v bližini brloga.

Abstract

Due to increasing urbanisation, animal and plant species are forced to adapt to a new environment, with completely different characteristics and disturbances, or they cannot survive in it. There are a few species that can thrive in suburban and urban environments. In this study, we captured a female

red fox in a suburban area of the Ljubljana marshes and fitted her with a radio collar. We monitored her movements for 6 months to investigate her ability to habituate to human activity. Spatial data were processed using RStudio and ArcGis. The monitored fox was young when captured and established a territory of 1.7 km^2 during the time of our observation. The small size of the territory was an expected result, as food sources and resting places can be very concentrated in urban areas. The fox regularly stayed near humans and even had resting places in agricultural buildings. It also used anthropogenic food sources such as discarded food, compost waste and food set for pets outside. She was most active and covered the largest distances and areas during the mating season, and the least during the nursing season and when caring for young. It was about equally active during the day and night, with a slight increase in activity at dusk.

1 Uvod

Urbanizacija je civilizacijski proces širjenja mestnega načina življenja in je dandanes ena izmed glavnih oblik spreminjaanja habitatov živalskih in rastlinskih vrst (Scott in sod., 2014). Mestna in primestna okolja so popolnoma drugačna od okoliških podeželskih in sonaravnih območij ter drugače učinkujejo na prostoživeče živali zaradi prisotnosti ljudi, razdrobljenosti habitatov, omejenega gibanja zaradi ovir (ceste, ograje ipd.),

Izvirni znanstveni članek

Aktivnost in značilnosti rabe prostora telemetrično spremljane lisice v primestnem okolju Ljubljanskega barja

primanjkovanja naravnih virov hrane in dostopa do antropogenih (človekovi) struktur ter virov hrane. Naravne motnje so manj pogoste, zamenjajo jih motnje zaradi vpliva ljudi, kot so gradnja, urejanje okolice, promet in rekreacija (Mueller in sod., 2018). Zaradi urbanizacije se zapuščene kmetijske površine zaraščajo, povečuje se območje grmič in gozdov, kar privede do vse pogostejših stikov med ljudmi in prostoživečimi živalmi (Bužan in sod., 2020).

Večinoma se vrstna pestrost manjša zaradi širjenja urbanih površin, včasih pa nekatere populacije živali dosežejo večje gostote v bližini mest zaradi izkoriščanja stabilnih antropogenih virov hrane in zatočišč (Plumer in sod., 2014; Bužan in sod., 2020). Uspešni kolonizatorji mestnih in primestnih okolij imajo določene skupne značilnosti: povečan razmnoževalni potencial, večja legla in zgodnejši začetek razmnoževanja so protiutež večji umrljivosti zaradi človeka. Velike zveri so občutljive za urbanizacijo zaradi velikih domačih okolišev in velikih energetskih potreb. Širjenje mest lahko pomembno vpliva na sobivanje ceha plenilcev v takšnem okolju, saj spremjanje razširjenosti in aktivnosti plenilcev na vrhu prehranjevalne verige neposredno in posredno vpliva na srednje velike plenilce (Mueller in sod., 2018).

V začetku 20. stoletja je človekova aktivnost pogosto veljala kot glavna težava v naravnih okoljih, ki bi jo bilo treba za ohranjanje vrst odstraniti oz. čim bolj omejiti. Zdaj se od takega pogleda odmikamo in poskušamo razumeti, da je širjenje človekovega vpliva neizogibno, razumevanje kulturne in biotske raznolikosti pa je ključno za ustvarjanje odpornega in trajnostnega okolja (Niemelä in sod., 2011). Urbanizacija ustvari preplet spremenjenih tipov okolja za človekovo bivanje, gospodarstvo in industrijo, ki so med seboj povezani s prometno infrastrukture, vmes pa so območja potencialno primerenega habitata za številne vrste (Niemelä in sod., 2011).

Mestno in primestno okolje sta območji z veliko gostoto antropogenih struktur v primerjavi z naravnim okoljem, ki ju obdaja (Rees, 1997). Večja

je tudi gostota ljudi. Kritični dejavnik urbanega ekosistema je antropsfera, ki predstavlja človekove vplive prek socio-politično-ekonomskih aktivnosti. Antropsfera je središče urbanega ekosistema, med njo in drugimi dejavniki so močne interakcije. Ljudje so ustvarjalci mest in so ključna vrsta urbanega ekosistema, vplivajo na razširjenost, pogostost in vedenje prostoživečih živali. Lahko spreminjajo abiotske in biotske dejavnike, strukture in funkcije ekosistemov. Običajen učinek človekove prisotnosti je poenostavitev in destabilizacija strukture ter funkcije takšnega ekosistema. Populacije vrst, ki bivajo v takšnih okoljih, se morajo prilagoditi, umakniti ali pa izginejo iz njih (Adams in Lindsey, 2011).

Med ljudmi predstavniki redu zveri vzbujajo različna čustva, kot so prevzetost, občudovanje, strah ali sovraštvo (Kruuk, 2002). Ravno zaradi takih močnih občutkov je bilo veliko časa namenjenega raziskovanju in proučevanju teh vrst, še posebno v urbanih okoljih, kjer so v neposredni bližini (Gehrt, 2010). Zveri, ki uspešno bivajo v suburbanih ekosistemih, imajo določene skupne lastnosti: so majhne do srednje velikosti (po navadi največjih predstavnikov zveri ne najdemo v osrednjih območjih urbanih središč, lahko pa so v bližini). Imajo velik razmnoževalni potencial, kar pomeni, da so samice zgodaj spolno zrele, imajo več mladičev v leglu, ki ga imajo potencialno vsaj enkrat na leto (zbrano v Bužan in sod., 2020). Najpomembnejša lastnost zveri, ki živijo v okolju človeka, pa je, da so prehranski generalisti (Fuller in sod., 2010).

Navadna lisica (*Vulpes vulpes*) je najbolj razširjena kopenska vrsta zveri, ki jo najdemo na skoraj celotni severni hemisferi in v večjem delu Avstralije (Soulsbury in sod., 2010). Živi v zelo različnih okoljih: od tundre, puščav in gozdnih območij do obronkov ali centrov mest (Scott in sod., 2014). Globalno so vrsto tudi namenoma razširili in naseljevali zaradi lova, obnavljanja populacij ali izboljšanja kakovosti kožuhov (Soulsbury in sod., 2010). Zaradi svoje vedenjske prilagodljivosti je ena izmed redkih vrst, ki ji širjenje urbanega okolja ne povzroča težav. Ker so se populacije lisic v nekaterih

Izvirni znanstveni članek

mestih in predmestjih začele hitro povečevati, so vse pogosteje negativne in/ali pozitivne interakcije med ljudmi in lisicami (Scott in sod., 2014). Medenje uvrščamo različne škode in poškodbe na lastnini (objektih, vrtovih, vozilih itn.), konflikte s hišnimi ljubljenčki ali onesnaževanje okolja (iztrebki, razmetavanje smeti). K neposrednim interakcijam uvrščamo dejansko srečanje z osebki vrste, pri čemer je pogost strah pred napadom in širjenjem bolezni, ki pa je velikokrat neutemeljen (Bužan in sod., 2020). Razumevanje njihovega gibanja, aktivnosti in vloge v mestnih in primestnih okoljih je zato ključno za uspešno sobivanje s človekom (Scott in sod., 2014).

Najstarejši zapisi o stalni prisotnosti lisic v velikih mestih so s Poljske (Varšava, 19. stoletje; Krauze-Gryz in sod., 2019), kljub temu pa so bile v preteklosti urbane lisice predvsem britanski fenomen (Harris, 1977; Kolb 1985; Harris in Rayner, 1986). Prvič so jih opazili v Londonu okrog leta 1930. Lisice so v človekovi bližini dobro zaživele zaradi različnih virov hrane in skrivališč. V zadnjih tridesetih letih so se urbane lisice začele pojavljati tudi drugod po svetu, največ v evropskih mestih (Soulsbury in sod., 2010; Bužan in sod., 2020). Uspešna kampanja proti steklini je bila glavni vzrok za uspešno širjenje večja mesta srednje Evrope (Plumer in sod., 2014). Kolonizacija je bila najhitrejša v mestih, katerih podeželja so imela veliko gostoto lisic (Soulsbury in sod., 2010). Ljudje so z velikim zanimanjem začeli proučevati vedenje mestnih lisic v nekaterih večjih mestih, kot so Bristol (Velika Britanija), Zürich (Švica), Grünwald (Nemčija) in Varšava (Poljska). Tudi v Sloveniji lisice vse pogosteje opazijo v mestih, raziskav na to temo pa zaenkrat še ni veliko (zbrano v Bužan in sod., 2020). Ugotovili so, da se urbane lisice pogosto prehranjujejo z antropogenimi viri hrane in uživajo manj glodavcev kot tiste v naravnem okolju. V mestnih in primestnih okoljih so viri hrane bolj skoncentrirani, zato so v njih manjši domači okoliši lisic (Plumer in sod., 2014).

Človek v veliki meri vpliva na smrtnost lisic. Ljudje lisice ubijajo namenoma (lov, zastrupljanje, nastavljanje pasti) ali nehote (trki v prometu,

nenamenska zastrupitev s strupi za druge živali ali z drugimi strupenimi snovmi) (Chautan in sod., 2000).

Namen raziskave je bil proučiti aktivnost in rabo prostora lisice v primestnem okolju na območju Ljubljanskega barja. Zato smo novembra 2019 odlovali samico lisice v okolici Črne vasi in jo opremili z GPS-telemetrično ovratnico. Spremljali smo jo skoraj pol leta in na podlagi pridobljenih prostorskih podatkov pridobili vzorce njenega gibanja in aktivnosti glede na antropogene strukture v njenem domačem okolišu. To je prva takšna raziskava o tej vrsti v Sloveniji, je pa kar nekaj podobnih študij, narejenih v drugih evropskih mestih, s katerimi smo primerjali dobljene rezultate.

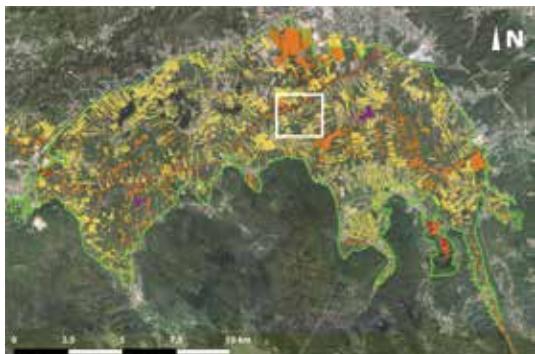
2 Metode dela

Območje telemetričnega spremljanja lisice je bilo na jugozahodnem delu Mestne občine Ljubljana in je zajemalo del Črne vasi ter vasi Lipe in njene okolice v velikosti 9 km² (Slika 1). Skozenj teče reka Ljubljanica, prečka ga večja (regionalna) cesta in več manjših (občinskih), nekaj tudi makadamskih. Večina bivalnih hiš in drugih zgradb stoji neposredno ob glavni cesti v vasi; gre za obcestno naselje.

Na proučevanem območju prevladuje kulturna krajina. Kar 42,0 % celotnega študijskega območja so njive oziroma vrtovi, sledijo barjanski oziroma vlažni travniki Ljubljanskega barja (38,8 %). Habitatnih tipov, ki nudijo naravno zavetje, je relativno malo. Drevesa in grmičevje zajemajo 6,8 % območja, gozd pa 3,1 %, sledijo pozidana in sorodna zemljišča z 2,6 %. Druga kmetijska zemljišča, plantaze drevja in sadovnjaki skupaj zavzemajo manj kot 10 % celotnega območja. Voda pokriva 1,9 % proučevane površine. To je območje z veliko rastlinsko in živalsko pestrostjo.

Na območju smo postavili prehodno zaboljno past, ki je bila opremljena z GSM-alarmnim sistemom in dodatno s fotopastjo kot dodatnim sistemom

Izvirni znanstveni članek



Slika 1: Satelitski posnetek širšega območja Ljubljanskega barja z vrisanimi mejami barja, rabe prostora in označenim območjem, kjer je potekalo telemetrično spremljanje lisice. Na karti so z rumeno in oranžno označene vse intenzivne kmetijske in urbane površine. Beli kvadrat predstavlja območje študije.

Figure 1: Satellite image of the wider area of the Ljubljana Marshes with marked border (green line) and area where telemetric monitoring of the fox took place (white square). Intensive agricultural and urban areas are coloured yellow and orange.



Slika 2: Lisica po nameščanju telemetrične ovratnice

Figure 2: Fitting fox with a telemetry collar.

alarmiranja v primeru, če bi ujeli tarčno ali netarčno vrsto. Past je bila aktivna od 10. 9. 2019 do 11. 3. 2020 in od 10. 7. 2020 do 30. 10. 2020, skupno 285 lovnih dni. 7. 11. 2019 smo uspeli odloviti in z GPS-telemetrično ovratnico (Tellus 2 Basic Ultra light, Followit) opremiti odraslo lisico, samico (oznaka: Špela; Slika 2). Lisico smo spremljali do 25. 4. 2020, ko je ovratnica prenehala delovati. Prisotnost lisice smo pozneje občasno zaznali še na fotopasteh, postavljenih na tamkajšnjem območju; 8. 1. 2022 je bila odstreljena v lovšču Ig. Podatke o lokaciji je

ovratnica zajela vsak dan 6-krat do 7-krat. Skupaj je bilo zabeleženih 993 podatkov, od katerih je bilo 787 uspešno zajetih lokacij vključenih v analizo. Od 206 zajemanj lokacij ovratnica ni uspela pridobiti koordinat. Take lokacije pri lisici v večini primerov pomenijo, da je bila tedaj v brlogu ali izredno gosti vegetaciji, kjer ni bilo dovolj signalov za izračun lokacije.

Po spremeljanju gibanja lisice s pomočjo telemetrije smo opazili, da se je redno vračala na določene točke, ki smo jih preverili na terenu, da bi ugotovili razlog rednega obiskovanja. Prav tako smo poizvedovali o videvanju lisice pri prebivalcih vasi in lastnikih hiš, v katerih bližino je pogosto zahajala. V sklopu pregledovanja terena smo poiskali tudi lisičin brlog.

Za prenos in šifriranje podatkov v želene formate datotek smo uporabili program Followit GEO (Followit Sweden AB) in GPS Plus X (Vectronic Aerospace, Nemčija). S pomočjo ključev, prejetih ob nakupu ovratnic, lahko z omenjenimi programi upravljamo z urniki zajemanja in pošiljanja podatkov na ovratnicah, upravljamo s sistemom razklenitve ovratnic (angl. drop off) in imamo vpogled nad stanjem ovratnice. V povprečju smo prejemali podatke v intervalu 24 ur ob zadnji zajeti lokaciji. Vse podatke smo prenesli in shranili tudi v besedilne datoteke (*.txt), ki smo jih uporabili za statistično obdelavo. Za obdelavo podatkov smo uporabljali program RStudio ter ArcGIS 10.2 (Esri) in QGis. Za analizo naših podatkov smo uporabili naslednje pakete v RStudio: »raster«, »chron«, »tidyverse«, »adhebitatHR«, »rgeos«, »scales« in »ggmap« (podrobnosti v Pokorný in sod., 2020).

Za analizo domačih okolišev smo uporabili metodo najmanjšega konveksnega poligona (MCP), ki je najstarejša in najpogosteje uporabljenha cenilka velikosti domačih okolišev (Seaman in sod., 1999). Temelji na oblikovanju poligona z mejami okoli zunanjih lokacij, izmerjenih za posamezni osebek. Pri oceni smo upoštevali vse lokacije in tako ocenjevali domače okoliše s 100 % MCP. Območja aktivnosti smo določili s kernelsko metodo, ki

Izvirni znanstveni članek

določa verjetnosti nahajanja osebka na določenem območju glede na razporejanje izmerjenih lokacij (Worton, 1989). Na območju zgoditev točk je verjetnost nahajanja osebka večja, kar se kaže kot območje v obliki jeder (angl. kernel), okoli katerih so območja z manjšo gostoto točk oziroma manjšo verjetnostjo nahajanja osebka. Območja aktivnosti smo določili glede na intenzivnost rabe območja, za katero obstaja 90 % oziroma 95 % verjetnost, da je na njem proučevani osebek. Območja s pogostejšim pojavljanjem osebkov smo določili s 50 % kerneli in jih poimenovali osrednja območja. Med antropogenimi dejavniki okolja smo posebej izpostavili vpliv cest in naselij oziroma naseljenih objektov. Pomen posameznih antropogenih struktur v proučevanem območju smo izračunali za ceste in naselja kot rastrsko funkcijo prostora glede na oddaljenost od najbližje avtomobilske ceste ter oddaljenost od najbližjega naseljenega oziroma aktivnega objekta. Za lokacije gibanja lisice smo nato ekstrahirali vrednosti oddaljenosti od cest in naselij/objektov iz obeh tematskih rastrskih slojev. Referenčne vrednosti smo ugotovili z generiranjem naključnih lokacij na proučevanem območju, kar ustrezira razpoložljivosti prostora drugega reda (Johnson, 1980). Analizo smo izvedli na prvem nivoju vzorčenja, kjer je vzorčna enota posamezna lokacija. Za analizo rabe oziroma izbire prostora smo uporabili standardne statistične postopke, kot sta χ^2 test in t-test.

Za posamezna časovna obdobja smo s programom RStudio izračunali (evklidske) linearne razdalje med zaporednimi lokacijami osebka in jih sešeli v intervalih enega dneva. V pričujočem prispevku sta navedeni najmanjša povprečna vrednost dnevnih razdalj spremljane lisice in povprečna dnevna razdalja med dvema lokacijama. Realno so bile razdalje občutno večje, saj je ovratnica zajemala lokacije povprečno vsake štiri ure (interval 2–8 ur). V tem času pa se osebek najverjetneje ni gibal linearno od prve do druge zajete lokacije. Tako smo ocenili relativno stopnjo »potovalne« aktivnosti lisice (podrobnosti v Pokorný in sod., 2020).

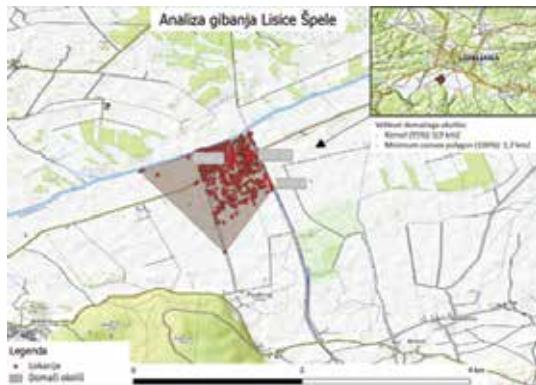
Zanimala nas je tudi spremenljivost lisičine aktivnosti v času opazovanja. Sezonsko aktivnost lisice smo razdelili na štiri obdobja, povezana z razmnoževalnim ciklom:

1. obdobje pred parjenjem (7. 11. 2019 – 15. 12. 2019),
2. paritveno obdobje (16. 12. 2019 – 20. 1. 2020),
3. obdobje brejosti (21. 1. 2020 – 12. 3. 2020),
4. obdobje kotitve in vzreje mladičev (13. 3. 2020 – 25. 4. 2020).

Okvirni datum paritve smo izračunali na podlagi časa, ko ovratnica devet dni ni uspela pridobiti nobene lokacije, prav tako ni bila v območju dosega GSM-signala, kar kaže, da je bila lisica v tem času v lisičini, kjer je skotila mladiče. Signal smo izgubili 13. marca, kar pomeni, da je kotila v naslednjih nekaj dneh. Če upoštevamo, da traja čas brejosti pri lisici v povprečju od 53 do 56 dni, je bila paritev okoli 20. januarja. Na podlagi tega smo okvirno določili tudi druga socialna obdobja.

3 Rezultati

Lisico smo spremljali 170 dni od 7. 11. 2019 do 25. 4. 2020; skupno je bilo zajetih 993 lokacij, od katerih je bilo 206 neuspešnih (koordinate in aktivnost lisice so imele vrednost 0). V analizo je bilo vključenih 787 lokacij (Slika 3).



Slika 3: Lokacije lisice, ki jih je zajela GPS-ovratnica med 7. 11. 2019 in 25. 4. 2020 ($n = 787$).

Figure 3: Locations of monitored fox that were recorded on GPS collar between 7. 11. 2019 and 25. 4. 2020 ($n = 787$).

Izvirni znanstveni članek

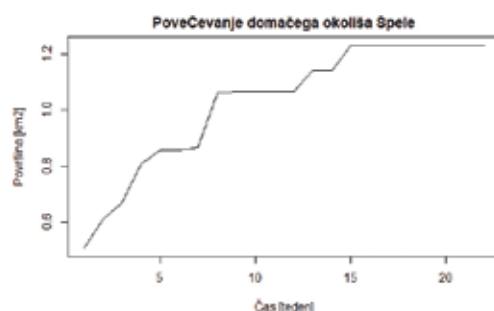
Domači okoliš lisice s cenilko najmanjšega konveksnega poligona MCP 100 % je obsegal 1,66 km². MCP 90 % je bil manjši za več kot polovico in je obsegal 0,69 km², MCP 50 % pa 0,25 km². Območje aktivnosti lisice, opredeljeno s 95 % kernelom, je obsegalo 1,1 km² (Slika 4).

Znotraj domačega lisičinega okoliša so prevladovale njive in barjanski travniki, veliko je bilo tudi pozidanih zemljišč. Območje 50 % MCP je zajemalo glavno cesto in zgradbe; tudi osrednje območje domačega okoliša lisice,



Slika 4: Domači okoliš lisice, ocenjen s cenilko kernel 95 % in MCP 100 %.

Figure 4: Home range of monitored fox estimated with 95% kernel and 100 % MCP estimation.

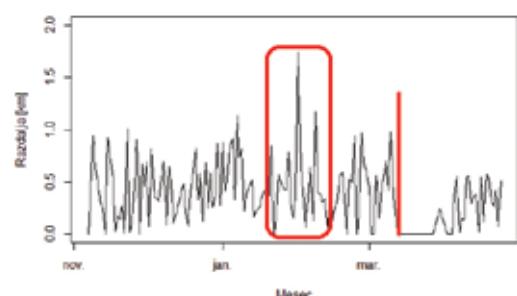


Slika 5: Povečevanje območja domačega okoliša lisice (izračunanega z metodo MCP) Špele med telemetričnim spremeljanjem. MCP-ji so izračunani kumulativno v tedenskih intervalih.

Figure 5: Increase of the home range size of monitored fox during telemetric monitoring. MCPs are calculated cumulatively at weekly intervals.

ocenjenega s 50 % cenilko kernel, je bilo ob glavni cesti, ki poteka skozi Črno vas, v neposredni bližini hiš in kmetije. Znotraj jedra je bilo dvanajst zgradb (stanovanjske hiše, kmetije, gostilna). Na podlagi MCP in cenilke kernel smo ugotovili, da je bil domači okoliš lisice na severu omejen z reko Ljubljanico (nobena lokacija ni bila na drugi strani reke), medtem ko ceste, ki potekajo skozi območje, niso opazno vplivale na njeno gibanje. Velikost domačega okoliša se je z zajemanjem lokacij povečevala do 15. tedna po odlovu in se po tem ustalila (Slika 5).

V sezonski dinamiki gibanja je bilo zaznati nekoliko večja dnevna gibanja po 20. januarju, ko se je samica parila. Na začetku opazovanja je bilo dnevno nihanje zaporednih razdalj med lokacijami bolj ali manj konstantno. Višek se je pojavil v začetku februarja med obdobjem parjenja, nato so se razdalje manjšale. Manjša aktivnost je bila marca, ko je bilo od sredine meseca (13. 3. 2020) naprej devet dni brez zajetih lokacij, kar je zelo verjetno posledica kotitve v brlogu. Aprila se je aktivnost spet povečala, vendar so bile dnevne razdalje manjše in nakazujejo na zadrževanje v bližini mesta kotitve (Slika 6).



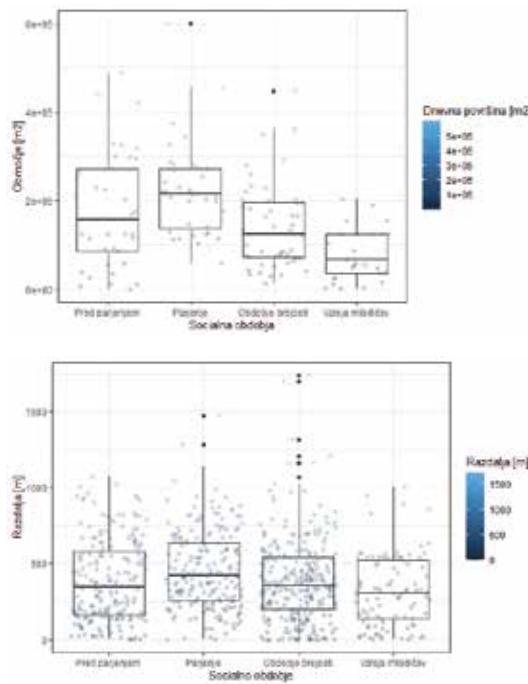
Slika 6: Izračunane prehodne dnevne razdalje lisice Špele skozi čas. Rdeči okvir označuje obdobje po ocenjeni paritvi (20. 1. 2020), rdeča črta označuje ocenjeni datum začetka kotitve (12. 3. 2020).

Figure 6: Calculated daily distances travelled by fox Špele over time. The red frame indicates the period after the estimated mating date (20. 1. 2020); the red line indicates the estimated date of the start of parturition (12. 3. 2020).

Izvirni znanstveni članek

Tudi velikost 100 % MCP se je spremenjala glede na socialno obdobje. V predparitvenem obdobju je površina domačega okoliša obsegala 0,92 km², med paritvijo 1,12 km², v obdobju brejosti je bila največja (1,49 km²), v obdobju vzreje mladičev pa najmanjša (0,54 km²). Sezonsko dinamiko aktivnosti, ki nakazuje razlike med socialnimi obdobjji, so pokazali tudi parametri dnevnih velikosti območij (dnevni MCP), na katerih se je zadrževala lisica, ter prepotovane dnevne razdalje v posameznih socialnih obdobjih letnega razmnoževalnega cikla (Slika 7). Oba parametra kažejo največjo aktivnost v obdobju parjenja in najmanjšo v obdobju zgodnje vzreje mladičev.

Primerjava med dnevnimi in nočnimi prepotovanimi razdaljami je pokazala, da je bila lisica enako aktivna podnevi in ponoči,



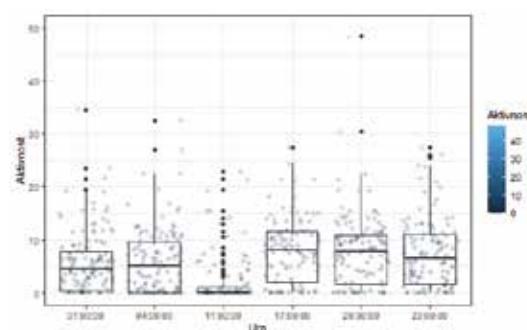
Slika 7: Spreminjanje velikosti dnevnih območij (100 % MCP), na katerih se je zadrževala lisica, in prehodnih najmanjših dnevnih razdalj med posameznimi socialnimi obdobji.

Figure 7: Variation in the size of daily areas (100 % MCP) in which the fox stayed and the minimum distances travelled between different social periods.

saj se mediane prehodne razdalje med obema deloma dneva niso razlikovale (Mann-Whitney U-test, $U = 21,4$; $P = 0,88$). Kljub temu pa je bilo podnevi zaznati krajše razdalje v prvem kvartilu razdalj, kar kaže, da je lisica v določenem delu dneva pogosteje mirovala. To je potrdila analiza aktivnosti, ki jo je beležil senzor aktivnosti v ovratnici, ki je pokazal značilno manjšo aktivnost lisice v sredini dneva (ob 11.00 po zimskem srednjeevropskem času) v primerjavi z vsemi drugimi deli dneva (Slika 8). Lisica je bila najbolj aktivna ob 17. in 20. uri, kar kaže, da je bil vrh njene aktivnosti v pozrem popoldanskem in večernem času.

Lisica se je večino časa zadrževala v neposredni bližini antropogenih struktur. Največ lokacij je bilo zajetih v bližini cest in zgradb (Slika 9), in sicer večinsko v prvih 200 m od omenjenih struktur. Nobena lokacija ni bila zajeta več kot 500 m od ceste ali 450 m od zgradbe (Slika 9). Mediana oddaljenosti lisice od človekovih bivališč je bila 104 m, od cest pa 120 m.

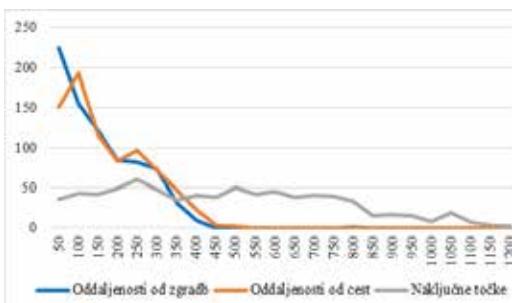
V času spremeljanja gibanja lisice smo opazili, da se je na določene lokacije vračala večkrat, na nekatere tudi skoraj vsak dan. Take t. i. »atraktivne točke« smo preverili na terenu in ugotovili, da je večina lokacij povezanih s



Slika 8: Aktivnost lisice ob posameznih urah (aktivnost izračunana na podlagi povprečja osi X in Y, ki sta jo zabeležila senzorja v ovratnici).

Figure 8: Activity of the fox at different times of the day (activity calculated based on the average X and Y axes recorded by the sensors in the collar).

človekom ali njegovo aktivnostjo. To so bile kmetije oz. kmetijska poslopja (hlev, kozolec), prostori, namenjeni shranjevanju, ali celo počitniške hiške (Slika 10, Preglednica 1).



Slika 9: Oddaljenost lokacij lisice od najbližje stavbe in ceste v primerjavi z naključno oddaljenimi točkami v prostoru kaže, da se je lisica pogosto približevala stavbam in cestam in je bila v njihovi bližini značilno pogosteje, kot bi to pričakovali pri naključni rabi prostora.

Figure 9: The distance of the fox's locations from the nearest building and road compared to randomly generated points in space shows that the fox often approached buildings and roads and was in their vicinity significantly more often than would be expected from random space use.



Slika 10: Točke vračanja oziroma točke, zanimive lisici. Na take lokacije je lisica zahajala večkrat in so bile popisane.

Figure 10: Points of return or points that were interesting for our fox. The fox visited these locations several times. We checked these locations in the field.

Na več lokacijah so bile opažene druge domače ali rejne živali, ki bi bile lahko potencialen plen za lisice (mačke, goske, kokoši), vendar za to nimamo podatkov. Na dveh lokacijah, kjer smo uspeli govoriti z lastniki posesti, smo izvedeli, da ljudje nastavljam hrano in vodo za domače živali pred hišo.

4 Razprava in zaključki

Navadna lisica je znana kot ena najbolj prilagodljivih vrst zveri na svetu, kar pojasnjuje njeno uspešnost v mestnih in primernih okoljih (Bateman in Fleming, 2012). Urbane lisice so odvisne od varnih dnevnih počivališč, prostora za razmnoževanje (primernih mest za kotitveni brlog) in količine razpoložljive hrane (Harris, 1981; Harris in Rayner, 1986; Doncaster in sod., 1990; Saunders in sod., 1993). Telemetrično spremljana lisica se je večino časa zadrževala na barjanskih travnikih in njivah, pogosto je zahajala tudi v bližino antropogenih struktur. Lisice se najpogosteje prehranjujejo z malimi glodavci (Goszczyński, 1974), kar pojasnjuje zadrževanje na njivah in travnikih zaradi lova. Ugotovili smo, da je bila lisičina raba prostora selektivna. Opazili smo večjo nagnjenost do rabe prostora z antropogenimi strukturami glede na naključno rabo, v bližini teh se je lisica namreč zadrževala skoraj 20 % časa, čeprav je habitatni tip pozidanega in sorodnega zemljišča na območju zavzemal le 2,6 % površine. Za lisice je značilno, da se v suburbanih okoljih pogosto pojavljajo na območjih bivanja ljudi; izbira počivališč v človekovi bližini lisicam namreč omogoča hiter dostop do antropogenih virov hrane ali jim nudi zavetišča (Janko in sod., 2012). Območje študije ni gosto poseljeno, je ruralno naselje, kjer je gostota hiš relativno majhna, med njimi pa je veliko zelenih površin, kar je idealen prostor za lisico, saj ima kljub človekovi bližini še vedno na voljo veliko sonaravnih površin.

Izvirni znanstveni članek

Preglednica 1: Pregled zanimivih točk oziroma točk pogostega vračanja lisice (v povezavi s Sliko 10)

Table 1: Overview of attractive points or points of frequent return of the fox (in connection with Figure 10).

Lokacija	Opis mesta	Drugo
1.	Manjša hiša s hlevom/kmetijskim prizidkom. Trenutno videti zapuščeno, ni v uporabi. Odprta vrata zgradbe, pred njim deske in drug naložen gradbeni material. V notranjosti je bil včasih prostor za živilo.	V bližini konji, cesta. Gospod pri sosednji hiši (2. lokacija) je dejal, da je hiša zapuščena, ni znano, čigava je. Na lokaciji veliko lisičjih iztrebkov.
2.	Zelo blizu prvi lokaciji. Hiša in kmetijsko poslopje, kozolec. Nekaj bližina ograje s pasemskimi konji (ponoči zaprti). Ob hiši privezan kraški ovčar, ki laja, opažena mačka.	Gospod pri hiši je povedal, da je nekajkrat videl lisico: enkrat na mostičku pri hiši, enkrat je spala med balami pod kozolcem. To je hiša, kamor lisica hodi skoraj vsak dan, večinoma dopoldan. Dopoldan in popoldan gospod pred hišo nastavi hrano za mačke.
3.	Gosto grmovje, bližina potoka. Najbližji antropogeni objekt je majhna "počitniška" hišica, oddaljena približno 100 m, ni znakov nedavne človekove aktivnosti.	Na bregovih potoka opažene nutrije (<i>Myocastor coypus</i>) in njihove luknje.
4.	Na kmetijskem poslopu, majhna hišica/skladišče do katere vodi makadamska pot, nekoliko odmaknjeno od hiše na šesti lokaciji. Veliko različnih stvari, suši se koruza, opažena mačka z mladiči. Zraven tudi rastlinjak. Od hiše oddaljeno približno 200 m, 150 m je oddaljen kokošnjak z visoko ograjo.	Pri hiši dva psa, en velik (privezan) in en manjši (spuščen), sta glasna in teritorialna. Na poti do lokacije opaženih veliko lisičjih iztrebkov, večina pred kokošnjakom.
5.	Zapuščene, razpadajoče hiške, videti je kot nekakšen kosovni odpad, zelo nametano, veliko različnih stvari (od avtov do pohištva, gradbeni material itn.). V bližini ribnik, opažena raca. Zraven tudi mlado gosto rastje, ograda, napol podrta, nekdo shranjuje drva v bližini.	Opažene stopinje, ki bi bile lahko lisičje.
6.	Hiša/kmetija na poti do četrte lokacije. Kokošnjak, štirje psi (manjši spuščen, vsi lajajo), več mačk. Med našim spremeljanjem so kokošnjak podrli in spomladini ga ni bilo več.	Gospod je rekel, da je dvakrat videl lisico z ovratnico: enkrat dopoldan, enkrat v mraku, obakrat je pobegnila. Dejal je, da je verjetno že odnesla kakšno kokoš. Na lokaciji oz. v bližini ogromno lisičjih iztrebkov.
7.	Ob malem pritoku Ljubljanice v bregovih luknje nutrij. Zraven je koruzno polje, veliko lukenj malih gladavcev, krtine.	Opaženih več lisičjih stopinj.
8.	Ob jarku z vodo (umetnem). Ob jarku so drevesa v vrsti, razmejujejo polje/travnik.	Močvirnata tla, iz zaplate dreva stekle srne (<i>Capreolus capreolus</i>). Bližina devete lokacije.
9.	Lisičji brlog. Tri luknje skopane v koreninski sistem drevesa. Pred njimi enkrat opazili belo perje (plen). Vidne tudi stečine, utrjene skozi rastje. V temem gozdu se je lisica zadrževala tik pred 12. marcem, po katerem dva tedna ni poslala skoraj nobenega signala.	V istem gozdičku postavljeni zaboljni past za lisico in fotopast. Gozdiček je za človeka težje dostopen, saj je gosto porasel, ni vidnih človekovi poti.
10.	Vrtna lopa, ki jo obkroža sistem njiv in vrtov.	Ob lopi kompost, ostanki hrane.

Izvirni znanstveni članek

Domači okoliš proučevane lisice je bil relativno majhen, ob koncu telemetričnega spremeljanja je obsegal 1,7 km². Za mlade lisice je značilno, da povečujejo domači okoliš s starostjo, dokler se ne ustalijo in vzpostavijo končnega teritorija (Janko in sod., 2012). V urbanih in suburbanih območjih je gostota populacije lisic na splošno večja kot na podeželju (Harris in Rayner, 1986). Domači okoliš oziroma območje aktivnosti proučevane lisice je glede na uporabljeno cenilko obsegalo od 70 do 90 ha, kar je blizu velikostim domačih okolišev urbanih in suburbanih lisic, ki so jih spremljali v Angliji (Harris in Smith, 1987). Njeno gibanje je bilo skoraj v celoti omejeno na antropogene prostorske strukture, kot so melioracijski jarki in ceste, kar je dalo obliki njenega teritorija videz geometrijskega lika, ki se je skladal z mozaičnostjo antropogenega prostora Ljubljanskega barja. Lisico smo sicer spremljali le pol leta, zato morda ocenjena velikost domačega okoliša ne odraža prave velikosti letnega območja aktivnosti. Vendar dinamika povečevanja domačega okoliša v času kaže, da se okoliš po 16. tednu spremeljanja ni več povečeval, kar bi lahko nakazovalo, da je to celotno območje njene aktivnosti.

Domači okoliš se je spreminjal tudi v povezavi s socialnim obdobjem. V času parjenja se je velikost območja aktivnosti povečala, kar nakazuje na občasno zahajanje z osnovnega teritorija zaradi iskanja potencialnih partnerjev za parjenje (Young in sod., 2005). V času brejosti je bil 100 % MCP največji, najverjetneje je lisica iskala primeren kraj za brlog in kotitev, prav tako so energijske potrebe v tem času večje, zato mora lisica zaužiti več hrane. Med vzrejo mladičev je bil domači okoliš najmanjši; tedaj lisica večino časa ostaja v bližini brloga in mladičev, zaušča ga le toliko, kot je nujno za iskanje hrane. Majhen domači okoliš v času laktacije nakazuje na veliko produktivnost habitata oziroma dostopnost virov hrane, saj je lisica zadovoljila svoje energijske potrebe na zelo majhnem območju. Lisice morajo v tem času zaužiti več hrane, da nadomestijo energijske

izgube zaradi laktacije (Saunders in sod., 1993). Dnevni ritmi aktivnosti navadne lisice so med manj raziskanimi vidiki biologije te vrste. Kljub temu so prejšnje študije pokazale, da so lisice pretežno aktivne v mraku ali ponoči, na kar pa vplivajo sezona, habitat, aktivnost plena in človekova aktivnost (Blanco, 1986; Cavallini in Lovari, 1994; Baker in sod., 2007). Če primerjamo aktivnost spremljane lisice po urah, opazimo povečano aktivnost v mraku, saj je bila lisica najbolj aktivna od 17. do 20. ure, najmanj pa ob 11. uri. Takrat je bila večina zajetih lokacij v neposredni bližini prve in druge točke, ki sta bili popisani v sklopu popisa zanimivih/privilačnih točk. Taki sta bili zapisana hiša in kmetija. To nakazuje, da je lisica izkoriščala antropogene strukture kot mesta za počivanje in da je človekova prisotnost pri tem očitno ni motila. Relativno velika dnevna aktivnost lisice lahko nakazuje na protiplenilsko vedenje zaradi izogibanja antropogenim motnjam (npr. Díaz-Ruiz in sod., 2015). Ker je proučevana lisica pogosto zahajala v bližino človeka in v neposredni bližini imela tudi počivališča, sklepamo, da je aktivnost v dnevnem času posledica habituacije na motnje antropogenega izvora. Tretji razlog za večjo dnevno aktivnost pa bi lahko bila večja aktivnost travniških vrst voluharic podnevi, saj so glavni plen lisic v odprtih krajini.

Iz frekvence lokacij lisice v odvisnosti od oddaljenosti od antropogenih struktur (cest in zgradb) je jasno sinantropno vedenje spremljane lisice, ki je značilno za suburbane in urbane populacije. Človekova aktivnost jim omogoča večje območje razširjenosti, saj se okoriščajo z antropogenimi viri hrane in skrivališč (Francis in Chadwick, 2011). Pregled točk, na katere se je lisica vračala, nakazuje, da je v bližini hiš iskala in izkoriščala prehranske vire, ki jih je zagotavljal človek z odlaganjem organskih odpadkov, hranjenjem domačih živali (npr. mačk), posamezne antropogene objekte pa je uporabljala tudi kot zatočišče. Veliko popisanih točk je bilo v neposredni bližini ljudi, ob hišah,

Izvirni znanstveni članek

kmetijah, počitniških hiškah ali prostorih za shranjevanje. Takim točkam je skupna lokacija sredi njiv, bližina ceste, nekakšna strnjenošč različnih struktur, ki so lahko skrivališča za lisico. Videti je, da lisice ni motila niti prisotnost psov, ki so bili privezani ali spuščeni na dvoriščih in v nekaterih primerih tudi zelo teritorialni. Edina aktivnost, pri kateri je bilo opaziti izogibanje človeku, je bila vzreja mladičev. Brlog, v katerem je lisica najverjetneje kotila, je bil v manjšem gozdičku med njivami, kjer ni bilo videti človekovih sledi. Urbane lisice kljub svoji prilagojenosti na antropogene motnje največkrat izbirajo dnevna zatočišča in kotitvene brloge v gosti vegetaciji, stran od neposredne bližine človeka (Saunders in sod., 1997; Marks in Bloomfield, 2006). Zanimivo je, da je bil gozdiček isti, v katerega se je lisica ujela v zabojno past, in opremljena s telemetrijsko ovratnico.

Biologija in vedenje (sub)urbanih lisic (in drugih vrst malih zveri) sta v naši državi še domala neraziskana, zato bi bilo v prihodnosti smiselno s telemetričnimi študijami to znanje poglobiti. Prav tako bi bilo zanimivo narediti anketo med prebivalci večjih mest v Sloveniji, ali so že prišli v stik z urbanimi lisicami in kakšna je bila njihova izkušnja. Za uspešno sobivanje z divjadjo, predvsem z zvermi, je potrebno natančno poznavanje biologije in ekologije vrst. Tako lahko ljudem predstavimo živali v pravi luči in spremenimo morebitno negativno mnenje o njih, ki velikokrat temelji na neresničnih dejstvih in prepričanjih. Glede na hitro širjenje mestnega okolja so takšne raziskave ključne za vzpostavitev ravnovesja med sodobnim človekom in naravo.

5 Summary

Expansion of cities causes reduction of natural habitats, which often leads to endangering animal and plant species, if they are not capable of quick adjustments to the anthropogenic environment.

*Some species are more sensitive to changes than others, and only a few are capable of taking advantage of these novel conditions. The goal of this research was to find out how the red fox (*Vulpes vulpes*) has adapted to living in vicinity to people in the suburban environment near Črna vas and the village Lipe, both part of the Ljubljana marshes. The study was conducted on a young female fox, which we caught in a box trap and fitted with a radio-collar in November 2019. We monitored the fox until the end of April 2020, when the collar stopped working. Spatial data from the collar was processed using RStudio and ArcGIS.*

We confirmed some of the conclusions from other similar studies on urban foxes in Europe. The red fox is capable of acclimatization to urban environments and often exploits them to its advantage. Foxes in urban environments have smaller home ranges than foxes living in more natural environments, due to high habitat productivity and options for resting sites. Home range size and activity of foxes is dependent on animal age, sex, social status, season and reproductive state. Home ranges are expanding with age, until they reach a constant size. The final size of the monitored fox's home range was 1.7 km². In mating season, males and females trespass on neighbouring territories trying to find a mating partner, which is shown with greater activity and size of the home range in this period. In our study, we determined approximate time of mating season, gestation and cub rearing based on data in the middle of March, when we did not capture any location for 9 days, meaning the fox was in her den giving birth to cubs. Our fox was the most active during mating season and the least when taking care of cubs, when she minimized her time away from the den. This shows a high productivity of the territory, since she managed to fulfil her energy needs (that are higher in lactating season) in such a small area.

In principle, red foxes are nocturnal-crepuscular species, but we noticed relatively high activity

Izvirni znanstveni članek

in the day time, which could be a consequence of human activity and avoiding different anthropogenic disturbances. However, since our fox was in close proximity to human structures on a daily basis, without being disturbed by people, roads, pets or livestock, we concluded that high daily activity is a consequence of habituation to this kind of environment. She even had her resting sites close to houses and farms. The only activity where we observed avoiding proximity to man was the rearing of cubs. Our fox had a den between dense trees and undergrowth, away from human activity. According to the villagers, the fox often took advantage of anthropogenic food sources, such as food set for pets or compost residues. The biology and behaviour of urban foxes (and other mesocarnivores) are still almost unknown in our country, so in the future it would be interesting to equip more individuals with telemetric collars, especially foxes that live in the immediate vicinity of cities or even in city centres. In addition, we could conduct a survey of residents of major cities in Slovenia about whether they have already come into contact with urban foxes and what their experience was like. Exact knowledge of the biology and ecology of the species is necessary for successful coexistence of people and wildlife, especially with carnivores. That way, we can present animals to people in the right light and change negative opinions about them, which are often based on untrue facts and beliefs. Given the rapid expansion of the urban environment, such research is crucial to establish a balance between modern man and nature.

5 Viri in literatura

Adams, E., Lindsey, K. J. 2011. Anthropogenic ecosystems: The influence of people on urban wildlife populations. V: Urban ecology: Patterns, processes and applications. Niemelä J., Breuste J., Elmquist T., Guntenspergen G., James P., McIntyre N. (ur.). New York, Oxford University Press: 116–129.

Baker, P.J., Dowding, C.V., Molony, S.E., White, P.C.L., Harris, S. 2007. Activity patterns of urban red foxes (*Vulpes vulpes*) reduce the risk of traffic-induced mortality. Behavioral Ecology, 18: 716–724.

Bateman, P.W., Fleming, P.A. 2012. Big city life: Carnivores in urban environments. Journal of Zoology, 287: 1–23.

Blanco, J. C. 1986. On the diet, size and use of home range and activity patterns of a red fox in central Spain. Acta Theriologica, 31, 40: 547–556.

Bužan, E., Lužnik, M., Alagić, A., Flajšman, K., Adamič, M., Pokorný, B. 2020. Divjad v naseljih: težave, izzivi in rešitve. Zlatorogov zbornik, 7: 3–51.

Cavallini, P., Lovari, S. 1994. Home range, habitat selection and activity of the red fox in a Mediterranean coastal ecotone. Acta Theriologica, 39: 279–287.

Chautan, M., Pontier, D., Artois, M. 2000. Role of rabies in recent demographic changes in Red fox (*Vulpes vulpes*) populations in Europe. Mammalia, 64, 4: 391–410

Doncaster, C.P., Dickman, C.R., Macdonald, D.W. 1990. Feeding ecology of red foxes (*Vulpes vulpes*) in the city of Oxford, England. Journal of Mammalogy, 71, 2: 188–194

Díaz-Ruiz, F., Caro J., Delibes-Mateos, M., Arroyo, B., Ferreras, P. 2015. Drivers of red fox (*Vulpes vulpes*) daily activity: prey availability, human disturbance or habitat structure? Journal of Zoology, 298: 128–138

Francis, R. A., Chadwick, M. A. 2012. What makes a species synurbic? Applied Geography, 32, 2: 514–521

Fuller, T.K., Destefano, S., Warren, P.S. 2010. Carnivore behavior and ecology, and relationship to urbanization. V: Urban carnivores, ecology, conflict, and conservation. Gehrt S.D., Riley S.P.D., Cypher B.L. (ur.). Baltimore, The John Hopkins university press: 13–21

Gehrt, S.D. 2010. The urban ecosystem. V: Urban carnivores, ecology, conflict, and conservation. Gehrt S.D., Riley S.P.D., Cypher B.L. (ur.). Baltimore, The John Hopkins university press: 3–13

Goszczyński, J. 1974. Studies on the food of foxes. Acta Theriologica, 19: 1–18

Harris, S. 1977. Distribution, habitat utilization, and age structure of suburban fox (*Vulpes vulpes*) population. Mammal Review, 7: 25–39

Izvirni znanstveni članek

- Harris, S. 1981. The food of suburban foxes (*Vulpes vulpes*), with special reference to London. *Mammal Review*, 11, 4: 151-168
- Harris, S., Rayner J.M.V. 1986. Urban fox (*Vulpes vulpes*) population estimates and habitat requirements in several British cities. *Journal of Animal Ecology*, 55: 575-591
- Harris, S., Smith, G.C. 1987. Demography of two urban fox (*Vulpes vulpes*) populations. *Journal of Applied Ecology*, 24: 75-86
- Janko, C., Schröder, W., Linke, S., König, A. 2012. Space use and resting site selection of red foxes (*Vulpes vulpes*) living near villages and small towns in Southern Germany. *Acta Theriologica*, 57, 3: 245-250
- Johnson, D.H. 1980. The comparison of usage and availability measurements for evaluating resource preference. *Ecology*, 61: 65-71
- Kolb, H.H. 1985. Habitat use by foxes in Edinburgh. *Revue D'Ecologie la Terre et la vie*, 40: 139-143
- Krauze-Gryz, D., Gryz, J., Jasinka K., Jackowiak, M. 2019. Red fox population dynamics in habitats of different anthropopression levels. V: The 8th European Congress of Mammalogy: Book of Abstracts. Borowski Z. (ur.). Varšava, University of Warsaw: 135
- Kruuk, H. 2002. Hunter and hunted: Relationship between carnivores and people. Cambridge, Cambridge University Press: 262 str.
- Marks, C.A., Bloomfield, T.E. 2006. Home-range size and selection of natal den and diurnal shelter sites by urban red foxes (*Vulpes vulpes*) in Melbourne. *Wildlife Research*, 33: 339-347
- Mueller, M.A., Drake, D., Allen, M.A. 2018. Coexistence of coyotes (*Canis latrans*) and red foxes (*Vulpes vulpes*) in an urban landscape. *PLoS One*, 13, 1: e0190971
- Niemelä, J., Breuste, J., Elmquist, T., Guntenspergen, G., James, P., McIntrye, N. 2011. Introduction. V: *Urban ecology: Patterns, processes and applications*. Niemelä, J., Breuste, J., Elmquist, T., Guntenspergen, G., James, P., McIntrye, N (ur.). New York, Oxford University Press: 1-5
- Plumer, L., Davison, J., Saarma, U. 2014. Rapid urbanization of red foxes in Estonia: Distribution, behaviour, attacks on domestic animals, and health-risks related to zoonotic diseases. *PLoS One*, 9, 12: e115124
- Pokorný, B., Flajšman, K., Alagić, A., Levanič, T., Potočnik, H., Črtalič, J., Kljun, F., Zagorac, M., Laharnar, R., Kos, I., Bužan, E., Gerič, U., Potušek, S., Urzi, F., Šorgo, A., Al Sayegh Petkovsek, S. 2020. Divjad v naseljih, na cestah in drugih nelovnih površinah: težave, izzivi in rešitve. Ljubljana, Gozdarski inštitut Slovenije: 218 str.
- Rees W.E. 1997. Urban ecosystems: the human dimension. *Urban Ecosystems*, 1: 63-75
- Saunders, G., White, C.L., Harris, S., Rayner, J.M.V. 1993. Urban foxes (*Vulpes vulpes*): food acquisition, time and energy budgeting of generalized predator. *Zoological Symposium*, 65: 215-234
- Scott, D.M., Berg, M.J., Tolhurst, B.A., Chauvenet, A.L.M., Smith, G.C., Neaves, K., Lockhead, J., Baker, P.J. 2014. Changes in the distribution of red foxes (*Vulpes vulpes*) in urban areas in Great Britain: Findings and limitations of a media-driven nationwide survey. *PLoS One*, 9, 6: e99059
- Seaman, D.E., Millspaugh, J.J., Kernohan, B.J., Brundige, G.C., Readeke, K.J., Gitzen, R.A. 1999. Effects of sample size on kernel home range estimates. *Journal of Wildlife Management*, 63: 739-747
- Soulsbury, C.D., Baker, P.J., Iossa, G., Harris, S. 2010. Red foxes (*Vulpes vulpes*). V: *Urban carnivores, ecology, conflict, and conservation*, Gehrt, S.D., Riley, S.P.D., Cypher, B.L. (ur.) Baltimore, The John Hopkins University Press: 63-76
- Worton, B.J. 1989. Kernel methods for estimating the utilisation, distribution in home-range studies. *Ecology* 70: 164-168
- Young, A.J., Carlson, A.A., Clutton-Brock, T. 2005. Tradeoffs between extraterritorial prospecting and helping in a cooperative mammal. *Animal Behaviour*, 70: 829-837

Turizem opazovanja prostoživečih živali na Notranjskem

Tourism of wildlife observation in Notranjska

Anja Šumrada¹, Tomi Špindler¹, Maja Turnšek¹

¹ Univerza v Mariboru, Fakulteta za turizem, Cesta prvih borcev 36, 8250 Brežice

Izvleček

Turizem prostoživečih živali vključuje različne dejavnosti, kot so opazovanje, fotografiranje, sprehajalni safariji, potapljanje na koralnih grebenih in tako naprej. Na Notranjskem je največ ponudbe za organizirano opazovanje rjavega medveda. Nekateri ponudniki ponujajo zgolj opazovanje z opazovalnice, nekateri pa omogočajo tudi daljša doživetja za obiskovalce. Namen dela je analizirati interpretacijo opazovanja prostoživečih živali izbranih ponudnikov na Notranjskem in z raziskavo ugotoviti, katerega izmed osrednjih načinov uporabljajo ponudniki. Obstajajo vsaj trije osrednji načini interpretacije – koncept znanja, koncept odgovornosti ter interpretacija s čustveno vsebinom. Odgovor na vprašanje, katere načine interpretacije uporabljajo ponudniki turizma opazovanja prostoživečih živali na Notranjskem, je pomembno, ker želimo izvedeti, kateri način interpretacije je najučinkovitejši, saj želimo, da bi obiskovalci pridobili čim več znanja ter še bolj spoštovali naravo. Z raziskavo smo žeeli ugotoviti, ali ponudniki svojim obiskovalcem ponujajo katerega od načinov interpretacije. S poglobljenimi intervjuji ponudnikov smo ugotovili, da ponudniki uporabljajo interpretacijo s konceptom znanja in s čustveno vsebinom, vsak obiskovalec pa je obravnavan individualno, zato se način interpretacije spreminja glede na zanimanje obiskovalcev.

Ključne besede: interpretacija, turizem v naravi, eko turizem, turizem opazovanja prostoživečih živali

Abstract

Wildlife tourism includes various activities such as observation, photography, walking safaris, diving on coral reefs and so on. In the Notranjska region, there is a large offer for organized bear watching. Some providers only offer observation from the bear hide; some have longer experiences for visitors. The purpose of the paper is to analyse the interpretation of wildlife observations of selected providers in the Notranjska region, and to determine which of the central types are used by providers. There are at least three central types of interpretation (concept of knowledge, concept of responsibility and emotional content) and observation without interpretation. The answer to the question of what methods of interpretation are used by providers of wildlife tourism in Notranjska is important, because we want to find out which type of interpretation is the most effective, as we want visitors to take away as much knowledge and respect for nature as possible. The aim of the research was to find out whether providers offer their visitors any of the three types of interpretation. Through in-depth provider interviews, we found that providers most commonly use interpretation with a focus on knowledge and with emotional content, and each visitor is treated individually, so the method of interpretation changes according to the interests of visitors.

Keywords: interpretation, nature tourism, eco-tourism, wildlife observation, wildlife tourism

1 Uvod

Za kakovostno in uspešno izkušnjo turista je zelo pomembna interpretacija, ki turistu pomaga razumeti predano sporočilo. Je izobraževalna dejavnost, ki je v uporabi v krajih, ki jih obiskovalci obiščejo. V rabi je kot orodje za izboljšanje izkušenj obiskovalcev in njihovega zadovoljstva. Poleg tega je interpretacija pomembna tudi za obvladovanje njihovega vedenja zaradi zmanjševanja vznemirjanja živali (Marschall in sod., 2017).

Jacobs in Harms (2014) sta proučevala učinke različnih načinov interpretacije pri ogledu prostoživečih kitov. V sklopu raziskave sta se odločila za štiri različne vrste interpretacije opazovanja, in sicer: opazovanje brez interpretacije, kjer obiskovalci niso bili izpostavljeni nobeni obliki interpretacije; opazovanje s konceptom znanja, kjer je vodnik obiskovalcem posredoval preproste informacije o kitih, kot so: v kako velikih skupinah živijo, na kateri globini in kako dolgo, koliko tehtajo itn.; opazovanje s konceptom odgovornosti, kjer so se obiskovalci seznanili z razlagom, ki je poudarjala človekov vpliv na kite in kako lahko ljudje s posameznimi dejanji vplivajo na njihovo življenje. Vodnik jim je tudi povedal, da nekaterim vrstam kitov grozi izumrtje in da vsak posameznik s svojim vedenjem pripomore k njihovi zaščiti. Zadnji način interpretacije pa je bil opazovanje s čustveno vsebino, pri kateri je bil izziv izzvati empatijo do kitov. Vodnik je obiskovalcem povedal, da so kiti, ki so okoli čolna, radovedni, se igrajo in uživajo ob opazovalcih. V skupini s konceptom znanja se je povečala le ena namera, in sicer namera za doniranje denarja za kite. V skupini s konceptom odgovornosti sta se povečali dve nameri, in sicer namera za spodbujanje drugih in namera za prostovoljstvo. V skupini s konceptom čustev pa so se povečale vse namere (doniranje denarja, spodbujanje drugih in prostovoljno delo). Po prejšnji raziskavi torej na obiskovalce najbolj učinkuje interpretacija s čustveno vsebino. Pri izvedbi vodenja vključevanje čustev pripomore, da začnejo obiskovalci na okolje gledati drugače, ga začnejo še bolj spoštovati in z ozaveščanjem,

raznimi donacijami projektov in prostovoljstvom pomagajo pri ohranjanju živalskih vrst v njem.

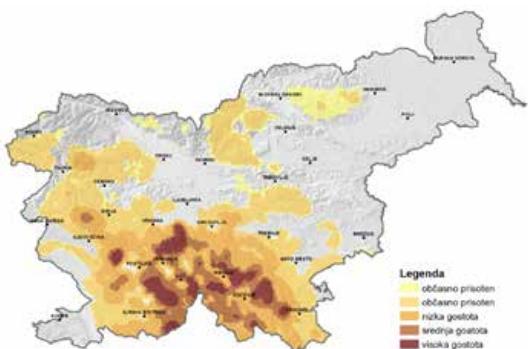
Namen raziskave je bil na podlagi raziskave po Jacobsu in Harmsu (2014) analizirati prisotnost naštetih načinov interpretacije pri izbranih ponudnikih opazovanja prostoživečih živali na Notranjskem in ugotoviti, katerega izmed osrednjih načinov uporabljajo ponudniki.

2 Metode

2.1 Območje raziskave

V Sloveniji je ponudba opazovanja prostoživečih živalih precej razširjena. Gostje imajo možnost opazovanja različnih živalskih vrst: od metuljev, ptic, dvoživk, netopirjev in vse do večjih živali, kot so srne, lisice, jeleni ter zveri, kot sta rjava medved in volk. Največ ponudbe je za ogled medvedov. Ponudbe za ogled te zveri najdemo na Notranjskem in Kočevskem, kjer je tudi največja populacija medveda v Sloveniji (Jerina in sod., 2003).

V Notranjski regiji je približno deset turističnih ponudnikov, ki nudijo organizirane oglede prostoživečih živali v notranjskih gozdovih. Večina ponudnikov ima v svojem programu zgolj opazovanje medveda na opazovalnici, nekateri pa imajo v svoji ponudbi tudi večurna doživetja, ko obiskovalce vodijo skozi dediščino območja, interpretacijo narave, ki poleg ogleda vključuje še sprehod in spoznavanje z gozdom. Raziskava je potekala na Notranjskem, kjer smo opravili poglobljene intervjuje z osmimi ponudniki, ki nudijo opazovanje prostoživečih živali v gozdovih na tamkajšnjem delu Slovenije.



Slika 1: Razširjenost in lokalne populacijske gostote rjavega medveda v Sloveniji (vir: Jerina in sod., 2013)

Figure 1: Range and local population densities of the brown bear in Slovenia

3 Rezultati

Vsi ponudniki opazovanja prostoživečih živali, ki smo jih zajeli v raziskavi ($n = 8$), omogočajo opazovanje medveda. En ponudnik ima v ponudbi Dan z medvedom, ko gostje nekaj ur (6–7 ur) spoznavajo medveda in njegov habitat, si ogledajo etnografsko zbirko, učno pot, naravo pa si lahko ogledujejo iz hiške za opazovanje narave, ki je postavljena ob jasi. Dan zaključijo z opazovanjem medveda iz opazovalnice. En ponudnik omogoča tudi gozdne trekinge, kjer si obiskovalci na poti ogledajo medvedov habitat, mesta, kje se medved zadržuje, kje se prehranjuje in giblje.

Glede na rezultate raziskave lahko ugotovimo, da izbrani ponudniki uporabljajo dva od treh osrednjih načinov interpretacije po Jacobsu in Harmsu (2014), in sicer interpretacijo s konceptom znanja, ko obiskovalcem povedo osnovne informacije o medvedu (velikost, teža, prehrana, življenjska doba itn.), predstavijo jim lovstvo v Sloveniji in da je lov nujno potreben za vzdrževanje ravnovesja med prostoživečimi živalmi in ljudmi. Ponudniki uporabljajo tudi interpretacijo s čustveno vsebino, pri kateri vodniki – lovci v razlagu vključujejo svoje osebne izkušnje.

Pri interpretaciji s čustveno vsebino vodniki dodajo še elemente zgodbarjenja in tako obiskovalcev ne prepričujejo le z dejstvi. Eden takih primerov je zgodba, zakaj se medvedje umikajo na obrobje gozda: »Medvedka se boji za svoje mladiče in jih brani pred samcem, da jih le-ta ne bi ubil, zato se z mladiči umakne na obrobje gozda, kjer jih vzbogata. Ker pa so mladiči navajeni hrane na obrobju, se nikoli več ne vrnejo v gozd, čeprav se dominantnega samca odstrani iz gozda.« S tako zgodbo vodnik lahko utemelji lov. Ker pa se obiskovalcem smilijo mladiči, lov lažje sprejmejo in ugotovijo, da je le-ta nujno potreben.

Ponudniki opazovanja ne uporabljajo interpretacije s konceptom odgovornosti. Po našem mnenju bi bilo treba v razlagu dodati tudi ta koncept, saj je pomembno, da ljudje začnejo skrbeti za naravo, četudi prihajajo iz mestnega okolja. Razložili bi jim, da tudi življenje v mestu negativno vpliva na naravo. Tako bi spodbudili bolj spoštljiv odnos ljudi do narave, da bi začeli varovati in ohranjati življenjsko okolje prostoživečih živali in živali same. Ugotovili smo, da vodniki – lovci podatke, ki jih vključujejo v razlagu, črpajo iz svojega strokovnega znanja in izkušenj, ki so si jih pridobili skozi leta.

4 Zaključki in priporočila

Izbrani ponudniki uporabljajo dva od treh osrednjih načinov interpretacije, in sicer interpretacijo s konceptom znanja in interpretacijo s čustveno vsebino, s čimer vzbudijo čustva pri obiskovalcih. Interpretacija je odvisna od zanimanja obiskovalcev in njihovih vprašanj.

Priporočamo, da bi ponudbo razširili v doživetje, kar že imata dva izmed ponudnikov, ko obiskovalce s terenskimi vozili popeljeta na polurno vožnjo po gozdovih, kjer obiskovalci,

Izvirni znanstveni članek

ki večinoma prihajajo z mest in držav ter nimajo veliko stika z gozdovi, da si znajo predstavljati, kje pravzaprav živijo živali. Bolj trajnostno bi bilo doživetje življenjskega prostora rjavega medveda, ko bi se obiskovalci v spremstvu vodnika odpravili v gozd, kjer bi iskali znake prisotnosti medveda in drugih živali (odtisi, iztrebki, opraskana drevesa ...). Predlagamo tudi, da bi ponudbo razširili v celo- ali večnevne pakete, da bi obiskovalci spoznali tudi okoliške znamenitosti (Cerkniško jezero, Rakov Škocjan, Pivška presihajoča jezera, Križno jamo itn.), se v spremstvu lokalnega vodnika odpravili na kolesarjenje po gozdovih ipd. V paket pa bi bilo vključeno tudi opazovanje medveda iz opazovalnice.

Ugotovili smo, da je lahko čakanje na opazovalnici za obiskovalce precej dolgočasno, saj se tudi več ur nič ne dogaja na krmišču. Zato priporočamo, da bi na opazovalnice npr. namestili plastificirane tablice, na katerih bi bile zapisane anekdote in prigode lovcev, povezane z medvedom. Na tablicah bi bile lahko tudi osnovne informacije o medvedu in drugih živalih, ki prihajajo na krmišče. Tako bi se obiskovalci nekoliko zaposlili v času, ko na krmišču ni živali in bi lažje pričakali prihod medveda. Na informativnih gradivih bi bile lahko tudi fotografije, ki jih lovci posnamejo s kamerami v okolini opazovalnice. Obiskovalci bi videli, da medved res pride na krmišče. Ker so obiskovalci čedalje mlajši, predlagamo, da bi v opazovanje vključili tudi sodobno tehnologijo, npr. nakup VR-očal, skozi katera bi lahko videli posnetke medveda. Za VR-očala ni potreben zvok in ne motijo medvedov, obiskovalci pa si za nekaj minut lahko zapolnijo čas na opazovalnici.

Ugotovili smo tudi, da nekateri ponudniki obiskovalce na opazovalnicah puščajo same. Pripeljejo jih na opazovalnico, povedo še zadnja navodila in uro, ko jih bodo prišli iskat, nato jih zapustijo. Glede varnosti obiskovalcev je to neodgovorno, saj lahko obiskovalci zaradi

dolgčasa sami zapustijo opazovalnico (čeprav je to prepovedano) in se nato izgubijo v gozdu. Karamanlidis in sod. (2016) poudarjajo, da mora opazovanje medvedov iz opazovalnice vedno potekati pod nadzorom izkušenega terenskega vodnika. Če je na opazovalnici, lahko obiskovalcem še kaj šepetaje pove, predvsem tedaj, ko se na krmišču nič ne dogaja in živali ni, tako pa ima izkušnja za obiskovalce dodano vrednost, saj razbije monotonomost na opazovalnici.

Kot zadnje tveganje v ponudbi je neločljivo povezano z izkušnjo turizma opazovanja prostoživečih živali, saj je prihod živali do opazovalnice težko napovedati in nadzorovati, ker je odvisen od vedenja same živali, pa tudi od interakcij ekosistemov (druge motnje v okolju, čas parjenja, izobilje hrane v naravi). Na Notranjskem večina ponudnikov to težavo rešuje tako, da svojim obiskovalcem nudi polovično ceno pri naslednjem obisku. En ponudnik pa tretji ogled nudi brezplačno, če obiskovalci tudi pri drugem ogledu ne vidijo medveda. Tako se ponudniki poskušajo izogniti nezadovoljstvu, če obiskovalci ne vidijo medveda. Z uporabo strategije za obvladovanje tveganja lahko omilimo posledice tveganja in le-ta lahko vključuje: pridobivanje in uporaba znanja, zaupanje in diverzifikacija (Heimtun in Lovelock, 2017). Znanje je predvsem odvisno od vodnika, ki bi s svojim znanjem o gozdovih in živalih znal obiskovalce animirati v času čakanja na žival. Poleg tega je pomembno tudi zaupanje med vodnikom in obiskovalci, da jih bo vodnik varno pripeljal na opazovalnico in nazaj. Pomembna je tudi diverzifikacija, ki vključuje druge dejavnosti (npr. Dan z medvedom, spoznavanje življenjskega prostora medveda).

Da bi se izognili prevelikim morebitnim razočaranjem, je zelo pomembno, da ponudniki obiskovalce že pred samim prihodom opozorijo, da medveda morda ne bodo srečali. Hkrati pa poudarijo, da se bodo kljub temu veliko naučili o njegovem življenju, habitatu,

prehrani, se naučili, kako se obnašati v gozdu in kako ravnati v primeru srečanja z medvedom in kako se vesti, da bo vznemirjanje medvedov čim manjše. Ponudniki lahko vključijo tudi pripovedi o lovnu na medveda. Ker pa ima ta besedna zveza med nekaterimi segmenti negativen prizvok, je pomembno področje fotolov na medveda, kjer je, podobno kot pri lovnu, možnost srečanja medveda odvisna tako od sreče kot od izkušenosti fotolovca. V tem primeru morajo biti vodniki tudi vsaj toliko usposobljeni, da gostom lahko ponudijo nasvete, kako najbolje fotografirati medveda, da bodo nastale lepe fotografije in bo proces varen.

Spodbujanje razvoja tovrstnega produkta v prihodnje je pomembno predvsem v okviru strategije razvoja turističnih produktov v Sloveniji. Pri tem ima opazovanje prostoživečih živali še posebno pomembno vlogo, saj obiskovalci iz prve roke spoznajo, kako živali živijo v naravi, ne samo, kako živijo v živalskih vrtovih. Hkrati so tovrstni turistični produkti pomembni tudi zato, da obiskovalci razumejo naravno vedenje živali in se tudi sami naučijo, kako se obnašati v naravi. Med drugim se obiskovalci pri opazovanju naučijo, kako se ustrezno odzvati ob morebitnem srečanju s prostoživečimi živalmi, da ne bi nastali napadi. Predvsem pa tovrstni turistični produkti skrbijo za ozaveščanje o skrbi za naravo, o načinih, na katere lahko posamezniki pripomorejo k skrbi za ohranjanje biotske raznovrstnosti, ter o vlogi slovenskega trajnostno naravnega lovstva pri tej skrbi.

5 Summary

Unspoiled nature is a limited resource; it must be taken care of and not destroyed by mass tourism. Natural tourism includes various activities, such as visiting mountains, rivers and lakes, and includes wildlife tourism. In Slovenia, the offer of wildlife observation is very widespread, and guests can

observe various animal species. There are 10 wildlife watching providers in the Notranjska region, with a focus on bear watching, of which there are many in the region.

Our research is based on the research of Jacobs and Harms (2014), who identified three types of interpretations (concept of knowledge, concept of responsibility and emotional content) in their study and analysed their effectiveness. Following the example of their research, we analysed the frequency of these types of interpretations among wildlife watching providers in the Notranjska region.

Through the analysis of the survey, we found that all interviewed wildlife tourism providers in the Notranjska region use interpretation among visitors. Selected providers use two of the three main types of interpretation according to Jacobs and Harms (2014), namely interpretation with the concept of knowledge, where visitors are told basic information about bears (size, weight, diet, lifespan, etc.) and introduced to hunting in Slovenia. They also use an interpretation with emotional content, in which the guides-hunters include their personal experiences and elements of storytelling in the explanation, thus arousing emotions in the visitors, which makes it easier for them to accept e.g. hunting. Mostly, however, the interpretation depends on the interest of the visitors and their questions.

6 Zahvala

V prvi vrsti velja zahvala Strokovno-znanstvenemu svetu Lovske zveze Slovenije, ki je v okviru razpisa za najboljša študentska dela s področja divjadi in lovstva izbral diplomsko delo Anje Šumrada z naslovom Turizem opazovanja prostoživečih živali na Notranjskem. Prav tako se iskreno zahvaljujemo vsem ponudnikom, ki so bili pripravljeni sodelovati pri raziskavi in so podali izčrpne odgovore.

Izvirni znanstveni članek

7 Viri

- Heimtun, B., Lovelock, B., 2017. Communicating paradox: Uncertainty and the northern lights. *Tourism Management*, 61, 63–69.
- Jacobs, M. H., Harms, M., 2014. Influence of interpretation on conservation intentions of whale tourists. *Tourism Management*, 42, 123–131.
- Jerina, K., Debeljak, M., Džeroski, S., Kobler, A., in Adamič, M. 2003. Modeling the brown bear population in Slovenia: a tool in the conservation management of a threatened species. *Ecological modelling*, 170(2-3), 453–469.
- Jerina, K., Jonozovič, M., Krofel, M., in Skrbinšek, T. 2013. Range and local population densities of brown bear Ursus arctos in Slovenia. *European Journal of Wildlife Research*, 59(4), 459–467.
- Karamanlidis, A., Kavčič, I., Majić, Skrbinšek, A., Bernardić, L., Blažič, M., Huber, Đ., Reljić, S. 2016. Nepotrošna raba rjavih medvedov v turizmu: smernice za odgovorno ravnanje. Ljubljana, Biotehniška fakulteta, Oddelek za biologijo: 22 str.
- Marschall, S., Granquist, S. M., Burns, G. L., 2017. Interpretation in wildlife tourism: Assessing the effectiveness of signage on visitor behaviour at a seal watching site in Iceland. *Journal of outdoor recreation and tourism*, 17, 11–19.
- Pratt, S., Suntikul, W., 2016. Can marine wildlife tourism provide an “edutaining” experience?. *Journal of Travel & Tourism Marketing*, 33(6), 867–884.
- Tilden, F., 1977. *Interpreting our heritage* (3th Ed.). Chapel Hill, NC: University of North Carolina Press.
- Wiener, C. S., Needham, M. D., Wilkinson, P. F., 2009. Hawaii's real life marine park: interpretation and impacts of commercial marine tourism in the Hawaiian Islands. *Current Issues in Tourism*, 12(5–6), 489–504.

Izolacija eksogene glivne DNA iz neinvazivnih vzorcev (iztrebkov) prostoživečih parkljarjev

Isolation of exogenous fungal DNA from non-invasive samples (faeces) of wild ungulates

Luka Duniš¹, Felicita Urzi¹, Irena Maček^{1,2}, Boštjan Pokorný^{3,4}, Elena Bužan^{1,3}

¹ Univerza na Primorskem, Fakulteta za matematiko, naravoslovje in informacijske tehnologije,
Oddelek za biodiverziteto, Glagoljaška 8, 6000 Koper

² Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za agronomijo, Jamnikarjeva ulica 101, 1000 Ljubljana

³ Fakulteta za varstvo okolja, Trg mladosti 7, 3320 Velenje

⁴ Gozdarski inštitut Slovenije, Večna pot 2, 1000 Ljubljana

Izvleček

Arbuskolarne mikorizne glive so simbionti velike večine kopenskih rastlin. Simbiotsko razmerje omogoča izmenjavo hranilnih snovi, mikoriza pa ima za rastline in glive tudi druge koristi. Veliki sesalci so s svojimi presnovnimi procesi (prehrana in izločanje, zoohorija) pomembni vektorji za prenos in širjenje gliv znotraj in med različnimi okolji. Njihovi iztrebki so pomemben vir njihove DNA, a tudi vrst DNA, s katerimi se prehranjujejo, in mikrobne DNA. Izolacija DNA iz iztrebkov je zato zelo zahtevna in velikokrat neuspešna ter je velik izzik za laboratorijsko delo. V pričujoči študiji smo razvili metodo za učinkovito izolacijo DNA arbuskularnih mikoriznih gliv iz iztrebkov parkljarjev. V molekularnem laboratoriju smo preizkusili učinkovitost dveh različnih izolacijskih kompletov (*Qiagen QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit* in *Qiagen DNeasy PowerSoil Kit*) za ekstrakcijo glivne DNA iz iztrebkov srnjadi (*Capreolus capreolus*) in jelenjadi (*Cervus elaphus*). Učinkovitost kompleta smo ocenili na podlagi količine izolirane DNA in uspešnega pomnoževanja odsekov DNA

tarčne skupine gliv. Za pomnoževanje odsekov DNA smo uporabili začetne oligonukleotide NS31 in AM1 za 18S regijo ribosomske RNA arbuskularnih mikoriznih gliv. Ugotovili smo, da sta izolacija in kakovost DNA boljši z uporabo kompleta Qiagen Dneasy PowerSoil Kit. Z analizo dolžine odsekov smo potrdili, da so iztrebki prostoživečih parkljarjev lahko koristno orodje v okoljski genetiki, na primer kot vir glivne DNA, ki omogoča proučevanje širjenja mikoriznih gliv z živalmi ter drugih ekoloških interakcij v kopenskih ekosistemih (npr. prehranske preference in uživanje gliv, vzroki za ritje divjih prašičev, prenos gliv z zoohorijo).

Ključne besede: arbuskularna mikoriza, glive, prostoživeči parkljarji, jelenjad, srnjad, DNA, PCR, molekularna ekologija

Abstract

Arbuscular mycorrhizal fungi are symbionts of a large majority of terrestrial plants. Along with other benefits of mycorrhiza, the symbiotic relationship allows exchange of nutrients among

*symbiotic partners. Large mammals with their metabolic processes (i.e., nutrition and excretion, zoohory) are important vectors for the transfer and dispersal of fungi within and between different environments. Their faeces are an important source of their DNA, as well as DNA from the species they eat and microbial DNA. However, isolating DNA from faeces is difficult and often unsuccessful and poses a major challenge for laboratory work. We tested the efficiency of two different DNA isolation kits (Qiagen QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit, and Qiagen DNeasy PowerSoil Kit) for fungal DNA extraction from faeces of European roe deer (*Capreolus capreolus*) and red deer (*Cervus elaphus*). We estimated the efficiency of the kits by measuring the concentration of isolated DNA and by amplification success using the arbuscular mycorrhizal fungal specific NS31 and AM1 primers for the 18S region of ribosomal RNA. Fragments of 550 bp arbuscular mycorrhizal DNA were isolated and amplified, and we optimized the annealing temperatures using qPCR. In terms of better PCR amplification, our results showed that the Qiagen DNeasy PowerSoil Kit performed better than the Qiagen QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit. By analysing the lengths of DNA fragments, we confirmed that wild ungulate faeces can be a useful tool in environmental genetics, for example as a source of fungal DNA, which allows us to study the potential animal dispersal of mycorrhizal fungi and other ecological interactions in terrestrial ecosystems (e.g. dietary preferences and consumption of fungi, reasons for wild boar rooting, transmission of fungi by zoohory).*

Keywords: arbuscular mycorrhiza, fungi, wild ungulates, red deer, roe deer, DNA isolation, PCR, molecular ecology

1 Uvod

Neinvazivno vzorčenje, npr. zbiranje iztrebkov, dlake, perja, kože in sline prostoživečih živali, omogoča zbiranje velikega števila genetskih vzorcev, ne ogroža osebkov ciljne vrste in je

varnejše za raziskovalce. V zadnjih dvajsetih letih so slednji razvili učinkovite genetske metode za izolacijo DNA iz neinvazivnih vzorcev, ki omogočajo identifikacijo DNA v vzorcu (Long in sod., 2008). Čeprav je takšne vzorce enostavno pridobiti, je kakovost izolirane DNA majhna, kar se odraža tudi pri uspešnosti nadaljnjih genetskih analiz. Neinvazivno zbrani vzorci namreč pogosto vsebujejo majhne količine DNA ciljne skupine, ki je pomešana z mikrobnim DNA, DNA organizmov, s katerimi se je žival hranila, in snovmi, ki lahko zavirajo verižno reakcijo s polimerazo (PCR) (Eggert in sod., 2005). V molekularni ekologiji uporabljamo izraz eksogena DNA za opis celotne DNA, ki jo najdemo v nekem organizmu, ne izvira pa iz organizma samega (Legan, 2018). Eksogena DNA izvira predvsem iz bakterij, gliv in virusov, ki živali potrebujejo za lasten cikel razmnoževanja (njihovega mikrobioma), vendar je lahko to tudi DNA rastlin in organizmov, s katerimi se žival prehranjuje (Ghasemzadeh in Namazi, 2015; Harder in Wilson, 1998; Ingold, 1953; Schupp, 1993). Glivna DNA je eden od virov eksogene DNA, ki v prebavnem traktu živali pride s prehranjevanjem (objedanje korenin, prehranjevanje z razmnoževalnimi strukturami gliv (sporami ali trosi, trosnjaki ali sporokarpi)) ali naključno, pri čemer trosi gliv praviloma preživijo skozi prebavni trakt živali in se izločijo z iztrebki (Nuske in sod., 2017).

Mikorizne glive so simbionti večine kopenskih rastlin, pri čemer je arbuskularna mikoriza na Zemlji prisotna že več kot 400 milijonov let in spada med evolucijsko najstarejše tipe mikorize (Strullu-Derrien in sod., 2018). Del organizma mikoriznih gliv je pri vseh tipih mikorize v tleh, del pa v sožitju z gostiteljsko rastlino v koreninah, s katerimi tvorijo specifične morfološke strukture, namenjene predvsem izmenjavi snovi (npr. hranil) med rastlino in glivo (Dighton in White, 2017).

Ashkannejhad in Horton (2006) sta odkrila, da evropska srna/srnjad (*Capreolus capreolus*) razširja trose ektomikoriznih (ECM) gliv, ki so pomembne za razvoj borovih sestojev na

Izvirni znanstveni članek

območjih, kjer še ni micelijske mreže ECM gliv. To kaže, da ECM glive ustvarjajo posebne ekološke prilagoditve in so pomembne za sukcesijo v neoptimalnih ali na novo nastajajočih habitatih. Večina sesalcev lahko trose gliv raznaša tudi naključno.

Arbuskularne mikorizne (AM) glive lahko na lokalnem nivoju hitro kolonizirajo nova območja, prisotnost združb gliv AM tudi v oddaljenih območjih pa kaže, da je širjenje mogoče tudi na velike razdalje (Davison in sod., 2018). Veliki sesalci, npr. nekateri predstavniki družine jelenov (*Odocoileus* sp.), snežne koze (*Oreamnos americanus*) in medvedi (*Ursus* sp.), lahko glivne trose razširjajo na velike razdalje (Luoma in sod., 2003). Tudi divji prašiči (*Sus scrofa*) so pomembni raznašalci trosov mnogih gliv (zbrano v Pokorný in Jelenko Turinek, 2013). V veliki meri pa ostaja nejasno, kako biotski in abiotiski vektorji prispevajo k naključnemu ali usmerjenemu prenosu (Finlay, 2002) ter vplivajo na raznolikost AM gliv (Bueno in Moora, 2019; Davison in sod., 2018). Dokazi, da trosi lahko preživijo tudi po prehodu skozi prebavila nevretenčarjev, kot so skakači (*Collembola*), deževniki (*Lumbricidae*), hrošči (*Coleoptera*) in mokrice (*Oniscidea*), ter vretenčarjev (ptic, plazilcev, majhnih in velikih sesalcev), pa kažejo, da se biotsko razširjanje trosov gliv AM pojavlja v raznovrstnih ekosistemih (Anslan in sod., 2016; Brown, 1995; Cooper in Vernes, 2011; Correia in sod., 2019; Hassall in sod., 1987; Houston in Bouger, 2010; Lekberg in sod., 2011; Mangan in Adler, 2002; McIlveen in Cole, 1976; Rabatin in Stinner, 1985, 1988).

Mikofagija (tj. prehranjevanje z glivami) pripomore k uspešnemu razširjanju glivnih trosov, ko fungivori razpršijo spore z uživanjem in iztrebljanjem živih spor (Maser in Maser, 1988). Trosi, razpršeni na tak način, kalijo in tvorijo nove micelijske mreže, s čimer naselijo nova območja ali potencialno povečujejo gensko raznolikost obstoječih gliv (Johnson, 1996). Mikorizne glive tvorijo simbiozo z rastlinami, kjer rastline

glivam dovajajo ogljik, asimiliran v fotosintezi, glive pa olajšajo vnos mineralnih hranil iz tal v korenine rastlin. To razmerje je bistvenega pomena za preživetje in rast večine drevesnih vrst ter grmovnic, a tudi zelnatih rastlin (Fogel in Trappe, 1978). Fungivori lahko posredno vplivajo na vegetacijsko sukcesijo z razširjanjem trosov mikoriznih gliv in tako spodbujajo širjenje ter obnovo rastlinske vegetacije (Schickmann in sod., 2012). Maser in sod. (2008) domnevajo, da bi bile brez živalskega razširjanja glivnih trosov rast, obnova in prilagoditev mreže mikoriznih gliv in dreves zelo oslabljene ali nemogoče.

Sesalci razširjajo tudi glive AM. Vitalne trose so, npr., našli v iztrebkih afriških slonov (*Loxodonta africana*) (Paugy in sod., 2004), vektorji prenosa trosov so tudi glodavci in vrečarji (Janos in sod., 1995; Vernes in sod., 2015). Severnoameriški bizon (*Bison bison*) je pomemben vektor gliv AM v Nacionalnem parku Yellowstone (Lekberg in sod., 2011). Poleg bizona so pomemben vektor tudi vavipitiji (*Cervus canadensis*); ki so, npr., pomagali pri ponovni naselitvi gliv na vulkanskem območju po izbruhu vulkana na gori St. Helens, Washington, ZDA (Allen, 1987).

V raziskavah, osredotočenih na primerjavo učinkovitosti različnih kompletov za izolacijo glivne DNA, so večinoma uporabili človeške iztrebke. Fiedorová in sod. (2019) so primerjali pet različnih kompletov za izolacijo mikrobne in glivne DNA iz človeških iztrebkov, med njimi tudi *QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit*. Problematiko izolacije DNA iz različnih vzorcev in medijev so v pregledni študiji proučili Lear in sod. (2018). Po pregledu nedavnih trendov in uporabe različnih metod so predlagali standardiziran nabor postopkov za uporabo na različnih organizmih in vzorčnih medijih; pri izolaciji glivne DNA iz iztrebkov rastlinojedih živali so predlagali uporabo kompleta *Qiagen DNeasy PowerSoil Kit*. Uporaba slednjega je priporočljiva tudi pri izolaciji DNA iz tal, sedimenta, listnega odpada in rastlinskih tkiv (Lear in sod., 2018). Za molekularne analize je poleg velike koncentracije

DNA pomembna tudi čistost in celovitost izolirane DNA. Vzorci iztrebkov vsebujejo veliko snovi, kot so polisaharidi, žolčne soli in lipidi, ki zavirajo encimske reakcije v reakciji PCR (QIAGEN, 2020). Oba kompleta zagotavlja odstranitev tovrstnih zaviralcev PCR, prisotnih v iztrebkih (QIAGEN, 2020). Kompleta za izolacijo smo izbrali na osnovi omenjenih člankov (Fiedorová in sod., 2019; Lear in sod., 2018), čeprav je v osnovi en komplet namenjen izoliranju DNA iz iztrebkov, drugi pa iz sedimenta.

Gębczyńska (1980), Pokorný in sod. (2004) ter Claridge in Trappe (2005) so dokazali, da se srnjad in navadni jelen/jelenjad (*Cervus elaphus*) prehranjujeta z različnimi skupinami mikoriznih gliv. Vendar o širjenju gliv AM s srnjadjo in jelenjadjo vemo zelo malo; primanjkuje tudi genetskih analiz, ki bi pripomogle k pojasnjevanju širjenja gliv AM z živalskimi vektorji. K proučevanju ekologije združb gliv AM so bistveno pripomogle genetske analize, pri katerih je bil v reakcijah PCR uporabljen par začetnih oligonukleotidov NS31 in AM1 (Helgason in sod., 1998). Par začetnih oligonukleotidov NS31 in AM1 pomnožuje 18S regijo ribosomske DNA, ki je dolga približno 550 baznih parov (Jiang in sod., 2015). Sekvence gliv AM iz različnih geografskih regij ali različnih ekosistemov so kasneje pogosto analizirali z uporabo prav te kombinacije začetnih oligonukleotidov in so omogočile vpogled v odnos med glivami AM ter rastlinami v različnih okoljih (Lee in sod., 2008). Zato smo v naši študiji za analizo gliv AM uporabili omenjeni par začetnih oligonukleotidov.

Čeprav je par začetnih oligonukleotidov (NS31 – AM1) zasnovan tako, da se v reakciji PCR pomnožijo odseki DNA vseh podskupin gliv AM in izključi sekvene drugih organizmov, se lahko v primeru majhne količine DNA AM gliv v izvornem substratu (npr. nizke stopnje kolonizacije rastlinskih korenin z AM glivami) pojavi težava, tj. nespecifično

pomnoževanje zaporedij, ki pripadajo drugim organizmom (Lee in sod., 2008). Uspešnost specifičnega pomnoževanja je odvisna tudi od izhodiščnega materiala, ki ga uporabimo za izolacijo DNA. Zato smo v pričujoči raziskavi že leli: (i) primerjati uspešnost izolacije DNA arbuskularnih mikoriznih gliv iz iztrebkov parkljarjev (srnjadi, jelenjadi) z uporabo dveh komercialnih kompletov; (ii) optimizirati postopek pomnoževanja 18S regije ribosomske DNA AM gliv.

2 Materiali in metode

2.1 Vzorčenje

Sveže vzorce iztrebkov srnjadi in jelenjadi smo naključno zbrali na obeh straneh avtocestnega odseka Vrhnik–Logatec v obdobju marec–april 2019 (Slika 1 in Preglednica 1), in sicer v okviru raziskave *Strokovne podlage za zagotovitev ustreznih migracijskih koridorjev velikih zveri in drugih vrst velikih sesalcev na AC odseku Vrhnika–Postojna* (Al Sayegh-Petkovšek in sod., 2019). V pričujočo raziskavo smo vključili 16 vzorcev iztrebkov srnjadi ($n = 7$) in jelenjadi ($n = 9$). Vzorce smo hranili v zamrzovalnih posodicah v zmrzovalniku pri -80°C .

2.2 Izolacija DNA

DNA smo izolirali z uporabo dveh različnih komercialnih kompletov: *Qiagen QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit* (Qiagen, Nemčija, kataloška številka 51604, leto izdelave 2019; v nadaljevanju: komplet *Stool*) in *Qiagen DNeasy PowerSoil Kit* (Qiagen, Nemčija, kataloška številka 12888-100, leto izdelave 2019; v nadaljevanju: komplet *Soil*). Za vsak komplet smo uporabili 200 mg svežih iztrebkov.

Izvirni znanstveni članek


Slika 1: Lokacije vzorečenja iztrebkov srnjadi in jelenjadi na obeh straneh avtocestnega odseka Vrhnika–Logatec. Vzorci so označeni z identifikacijsko oznako (LME); iztrebki srnjadi so označeni z trikotnikom, jelenjadi pa s kvadratom.

Figure 1: Red deer and roe deer faeces sampling locations on both sides of the Vrhnika–Logatec motorway section. Samples are marked with an identification tag (LME); roe deer faeces are marked with a triangle and red deer faeces with a square.

Preglednica 1: Podatki o vzorcih iztrebkov, vključenih v raziskavo

Table 1: Data on the faeces samples included in the study.

LME koda	Vrsta	Bližnji objekt
LME1664	navadni jelen	podhod
LME1665	navadni jelen	podhod
LME1666	navadni jelen	podhod
LME1674	navadni jelen	podhod
LME1675	navadni jelen	podhod
LME1677	navadni jelen	podhod
LME1678	evropska srna	nadhod
LME1682	navadni jelen	nadhod
LME1685	navadni jelen	nadhod
LME1687	evropska srna	nadhod
LME1696	navadni jelen	nadhod
LME1699	evropska srna	nadhod
LME1707	evropska srna	nadhod
LME1711	evropska srna	nadhod
LME1714	evropska srna	nadhod
LME1717	evropska srna	nadhod

Komplet Stool

Komplet je namenjen hitremu čiščenju celotne DNA iz vzorcev do 220 mg. Hiter in enostaven postopek obsega naslednje korake: liza celic in ločevanje nečistoč iz vzorcev iztrebkov v inhibitEX pufru ter čiščenje DNA na QIAamp Mini kolonah. Komplet vsebuje šest raztopin, epice in kolone z membrano iz silicijevega oksida. Pred začetkom smo pripravili raztopine po proizvajalčevih navodilih in sledili korakom v navodilih.

Komplet Soil

Komplet temelji na postopku odstranjevanja huminskih substanc. Postopek je učinkovit pri odstranjevanju zaviralcev reakcije PCR tudi iz najzahtevnejših tipov prsti. Okoljske vzorce damo v epico s kroglicami za homogenizacijo. Liza celic poteka z mehanskimi in kemičnimi metodami. Celotna genomska DNA je zajeta v koloni na membrani silicijevega oksida. DNA nato speremo in eluiramo z membrane. Izolirana DNA je pripravljena za analizo PCR in druge aplikacije. Komplet vsebuje šest raztopin, kolone z membrano iz silicijevega oksida, epice s kroglicami in 2 ml epice. Pred začetkom smo pripravili raztopine po proizvajalčevem navodilu in sledili korakom v navodilih.

2.3 Izbera vzorcev za prvi PCR test

Vzorce za analize PCR smo izbrali na osnovi najvišje vsebnosti izolirane DNA, saj je za uspešno PCR pomembna dovolj visoka koncentracija DNA. Zato smo izbrali set vzorcev, izoliranih s kompletom z višjo povprečno koncentracijo DNA. Po izolaciji DNA smo izmerili koncentracijo DNA v vseh 32 vzorcih (16 za vsak komplet) z uporabo reagentov Qubit® dsDNA BR (Thermo Fisher Scientific, ZDA) in fluorimetra Qubit 3.0 (Thermo Fisher Scientific, ZDA).

Preglednica 2: Nukleotidno zaporedje para začetnih oligonukleotidov za pomnoževanje 18S regije ribosomske DNA, uporabljenih v raziskavi

Table 2: Nucleotide sequence of the pair of primers for amplification of the 18S region of ribosomal DNA used in the study

Začetni oligonukleotid	Nukleotidno zaporedje
Smerni (angl. forward) (NS31)	TTGGAGGGCAAGTCTGGTGC
Protismerni (angl. reverse) (AM1)	GTTTCCCGTAAGGCGCCGAA

Preglednica 3: Reagenti, uporabljeni za reakcijo PCR

Table 3: Reagents used for the PCR reaction

Reagent	Volumen (μ L)	Koncentracija
Taq AllTaq	0,30	0,08 U
Reakcijski pufer	5,00	5 mM
MgCl ₂	1,20	1,50 μ M
dNTPs	0,50	0,25 mM
Smerni začetni oligonukleotid	0,30	0,15 μ M
Protismerni začetni oligonukleotid	0,30	0,15 μ M
Q raztopina	1,00	/
H ₂ O	8,40	/
DNA	3,00	/

Preglednica 4: Temperaturni protokol reakcije PCR

Table 4: Temperature protocol for the PCR reaction

Osnovni koraki PCR	Št. ciklov	T (°C)	Čas
Začetna stopnja	1	95	3 min
Denaturacija	30	95	30 s
Stopnja prileganja	30	55	30 s
Podaljševalna stopnja	30	72	30 s
Zaključno podaljševanje	1	72	7 min

2.5 Agarozna gelska elektroforeza

Najprej smo z uporabo agarozne gelske elektroforeze na 1,5 % gelu preverili uspešnost pomnoževanja odsekov DNA na 16 vzorcih, pri katerih smo DNA izolirali s kompletom *Soil*. Z uporabo agarozne gelske elektroforeze, pri kateri se pomnoženi odseki DNA, ki jim dodamo ustrezeno fluorescentno barvilo, ločijo po velikosti, lahko končne produkte vizualiziramo pod UV-svetlobo in tako preverimo uspešnost pomnoževanja odsekov DNA.

Pripravili smo 1,5 % gel, uporabili fluorescentno barvilo Midori Green (NIPPON Genetics, Nemčija) ter velikostni standard TrackIt™ 50 bp Plus DNA Ladder (Thermo Fisher Scientific, ZDA), ki ima pri 500 bp tudi določeno koncentracijo produkta. Koncentracijo oznake smo uporabili tudi za določevanje koncentracije produktov v izbranih vzorcih. Gelska elektroforeza je potekla na 120 V, 35 min. Preverili smo uspešnost pomnoževanja DNA na 16 vzorcih, pri katerih smo DNA izolirali s kompletom *Soil*. Koncentracijo produktov PCR smo ocenili s primerjavo intenzivnosti fluorescence fragmenta med vzorcem in velikostnim standardom, saj je koncentracija produkta dolžine 500 bp normalizirana na 26,8 ng/µL.

2.6 Izbira vzorcev za drugi PCR test

Na štirih vzorcih, pri katerih je bil prisoten odsek DNA dolžine približno 550 bp (pri drugih vzorcih ni bilo tarčnega produkta), smo ponovili PCR ter produkte reakcije uporabili za nadaljnjo primerjavo uspešnosti med kompletoma *Soil* in *Stool*.

2.7 Statistične analize

Statistične analize smo izvedli s programsko opremo SPSS različice 25 (SPSS Inc., Chicago IL). Za analizo normalnosti porazdelitve smo uporabili Shapiro-Wilkov test (Shapiro in Wilk, 1965), za

primerjalno analizo pa neparametrični Mann-Whitneyjev U-test (Mann in Whitney, 1947).

3 Rezultati

3.1 Koncentracija izolirane DNA

Z uporabljenima izolacijskima kompletoma smo uspešno izolirali DNA, in sicer iz 15 s kompletom *Soil* in iz 16 s kompletom *Stool*. Koncentracije izolirane DNA so bile, upoštevajoč oba kompleta skupaj, od 0 ng/µL do 29,4 ng/µL (povprečno $8,61 \pm 6,26$ ng/µL); vrednosti za posamezni komplet so navedene v preglednici 5.

Vrednosti koncentracije DNA, izolirane s kompletom *Stool*, niso bile normalno porazdeljene, zato smo za statistično analizo uporabili neparametrični Mann-Whitneyjev U-test. Rezultati primerjalne analize med kompletoma so pokazali, da je bila mediana koncentracije izolirane DNA značilno večja pri kompletu *Soil* kot pri kompletu *Stool* ($U = 62,0$, $p = 0,013$).

3.2 Analiza uspešnosti pomnoževanja regije male podenote ribosoma (SSU)

Za analizo uspešnosti pomnoženih produktov PCR smo uporabili agarozno gelsko elektroforezo. Rezultati uspešnosti pomnoževanja 16 vzorcev, pri katerih smo DNA izolirali s kompletom *Soil*, so prikazani na sliki 2. Pri vzorcih LME1678, LME1699, LME1707 in LME1711 je bila uspešnost pomnoževanja boljša (koncentracija višja od 67 ng/µL) v primerjavi s preostalimi dvanajstimi vzorci (prikazano z belim okvirjem).

Primerjava uspešnosti pomnoževanja regij SSU med obema kompletoma na izbranih vzorcih je prikazana na sliki 3. Jakost in položaj signala sta boljša pri vzorcih LME1678 in LME1699, kjer smo DNA izolirali s kompletom *Soil*.

Izvirni znanstveni članek

Preglednica 5: Koncentracija DNA (ng/µL) po izolaciji glede na uporabljen komplet

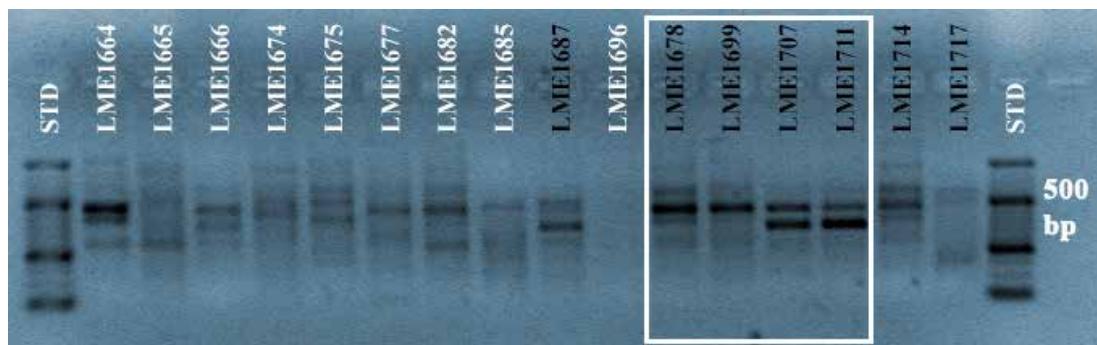
Table 5: DNA concentration (ng/µL) after isolation based on the kit used

Reagent	Komplet Stool	Koncentracija Soil
Uspešnost izolacije (%)	100	93,7
Povprečje (ng/µL)	6,67	10,6
Mediana (ng/µL)	4,07	10,5
Standardni odklon (ng/µL)	6,53	5,49
Minimum (ng/µL)	2,00	0,00
Maksimum (ng/µL)	29,4	20,2

4 Razprava

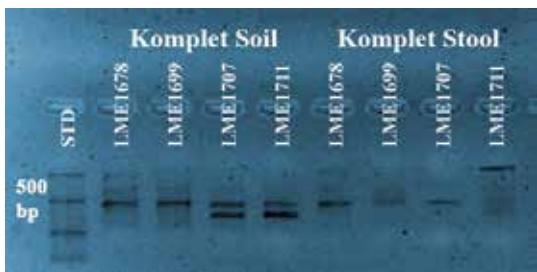
Namen raziskave je bil preizkusiti učinkovitost dveh različnih izolacijskih kompletov (*Qiagen QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit* in *Qiagen DNeasy PowerSoil Kit*) za pridobitev glivne (eksogene) DNA iz iztrebkov srnjadi in jelenjadi. Iztrebi so pogost in dostopen vir genetskega materiala, ki se uporablja v mnogih molekularnogenetskih študijah. Zato so testiranja optimalnih protokolov za izolacijo DNA gliv AM izjemno pomembna za pospeševanje raziskav pomena širjenja gliv AM z zoohorijo, a tudi za proučevanje raznolikosti glivnih vrst, njihove ekologije in interakcije s prostoživečimi živalmi.

Na podlagi koncentracije DNA in rezultatov agarozne gelske elektroforeze smo ugotovili, da je komplet *Qiagen DNeasy PowerSoil Kit* učinkovitejši za izolacijo glivne DNA v primerjavi s kompletom *QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit*. V dveh predhodnih raziskavah so že uporabili živalske iztrebke za določitev in prepoznavo DNA gliv AM (Lekberg in sod., 2011; Nielsen in sod., 2016), in sicer so v prvi uporabili komplet *Microbial DNA Isolation Kit*, v drugi pa so DNA izolirali s klasično metodo (kloroform/izopropanol) brez uporabe specifičnega kompleta. Po našem vedenju še nikoli ni bil uporabljen komplet *QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit* v raziskavah, kjer bi tarčno iskali glivno DNA v živalskih iztrebkih. Če strnemo rezultate, lahko zaključimo, da so z uporabo



Slika 2: Gelska elektroforeza vzorcev (agarozni gel), izoliranih s kompletom *Soil*. V beli barvi so napisani vzoreci jelenjadi, v črni pa srnjadi. Označe predstavljajo dolžino (bp) posameznega fragmenta DNA; STD predstavlja lestvico dolžine tisoč baznih parov. Označen je standard z dolžino 500 bp, kjer pričakujemo, da se bo pojavit pomnožek DNA pri vzorcih, ki vsebujejo DNA gliv AM. Uporabljeni standard je TrackIt™ 50 bp Plus DNA Ladder (Thermo Fisher Scientific, ZDA), volumen nanosa je 2 µL.

Figure 2: Gel electrophoresis of samples (agarose gel) isolated with the *Soil* kit. Red deer samples are in white and roe deer samples are in black. The markings represent the length (bp) of each DNA fragment; STD represents the thousand base pair length scale. A standard of 500 bp is indicated, where DNA amplification is expected to occur in samples containing AM fungal DNA. The standard used is TrackIt™ 50 bp Plus DNA Ladder (Thermo Fisher Scientific, USA), the loading volume is 2 µL.



Slika 3: Gelska elektroforeza oz. primerjava izbranih štirih vzorcev. Prvi fragment je standard (STD), ki je isti kot na sliki 2. Naslednji štirje fragmenti so fragmenti DNA, izolirani s kompletom *Soil*, zadnje štiri pa smo izolirali s kompletom *Stool*. Uporabljeni standard je TrackIt™ 50 bp Plus DNA Ladder (Thermo Fisher Scientific, ZDA), volumen nanosa je 2 µL.

Figure 3: Gel electrophoresis comparison of four selected samples. The first fragment is the standard (STD), which is the same as in Figure 2. The next four fragments are DNA fragments isolated with the Soil kit, and the last four were isolated with the Stool kit. The standard used is TrackIt™ 50 bp Plus DNA Ladder (Thermo Fisher Scientific, USA), the loading volume is 2 µL.

kompleta *Qiagen DNeasy PowerSoil Kit*, v primerjavi s kompletom *QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit*, koncentracije glivnih DNA, izoliranih iz živalskih iztrebkov, večje.

Pomnoževanje regije SSU, ki je najbolj uporabljeni regija za določitev gliv AM (Hart in sod., 2015; Œpik in sod., 2010), je bila uspešna v 69 % vzorcev. Regija SSU je bila uspešno pomnožena pri vseh štirih testnih vzorcih (LME1678, LME1699, LME1707 in LME1711), izoliranih s kompletom *Qiagen DNeasy PowerSoil*.

Dosedanje raziskave so pokazale zelo pomembno vlogo malih sesalcev pri širjenju trosov (spor) AM gliv (Paz in sod., 2021). Veliki sesalci imajo zaradi svojih po navadi obsežnih živiljenjskih okolišev, velikega vnosa hrani in njihovega dolgega časa zadrževanja v črevesju edinstveno in ključno vlogo v procesu širjenja trosov na velike razdalje (Forbes in sod., 2019). Zaradi velikega živiljenjskega okoliša, pogostega širjenja in selitev je bil navadni jelen že pred desetletji prepoznan kot pomemben vektor širjenja AM gliv (Allen, 1987). Na podlagi molekularnih analiz so Nielsen in

sod. (2016) ugotovili, da lahko tudi gosi (*Anser* sp.) pripomorejo k širjenju gliv AM med oddaljenimi otoki. Vendar raziskave, ki bi obravnavale vpliv selitev oz. prostorskega vedenja sesalcev in ptic na strukturo glivnih združb, še niso bile opravljene. Prav ptice in sesalci sta najbolj spregledani skupini potencialno pomembnih razširjevalcev trosov gliv AM; doslej so bile namreč objavljene le posamezne publikacije na to temo o pticah in velikih sesalcih, medtem ko so bili mali sesalci kot vektor širjenja gliv AM obravnavani v 120 publikacijah (zbrano v Paz in sod., 2021). Z našo raziskavo smo dokazali, da sta srnjad in jelenjad pomembna vektorja za širjenje gliv AM, saj smo z genetskimi analizami potrdili prisotnost glivne DNA v analiziranih iztrebkih.

V prihodnje bi bilo treba ugotoviti, kako prostorsko vedenje (selitve, širitve) živali vpliva na razširjanje gliv in kako učinkovito prepoznati uspešne razširjevalce gliv AM, saj je dokazovanje prisotnosti DNA gliv v iztrebkih živih organizmov težavno in zamudno zaradi morebitne hkratne določitve eksogene DNA, ki prihaja iz drugih virov (rastlin, bakterij). Ravno zato je prvi korak k uspešni določitvi tarčne DNA uspešna izolacija iz izhodnega materiala (npr. iztrebki, vsebina črevesja oz. želodca). Dokazali smo, da na učinkovitost izolacije DNA značilno vplivata protokol in uporabljeni komplet reagentov. Koncentracija skupne izolirane DNA iz iztrebkov je bila pri uporabi kompleta *Qiagen DNeasy PowerSoil* značilno večja kot koncentracija DNA, izolirana s kompletom *QIAamp Fast DNA Stool Mini Kit*. Ravno tako je bila uspešnost pomnoženih specifičnih fragmentov SSU regije AM gliv večja pri vzorcih DNA, izolirane s kompletom *Qiagen DNeasy PowerSoil*.

5 Zaključki

Arbuskularne mikorizne glive so sestavni del večine kopenskih ekosistemov in pomembno prispevajo k ekosistemskim storitvam, kot so privzem mineralnih hrani, vezava ogljika in ohranjanje raznolikosti rastlin. Ohranjanje raznolikosti mikoriznih gliv v ekosistemih je zato pomemben vidik ohranjanja

habitatov in biotske raznovrstnosti. Mikofagija (prehranjevanje z glivami), ki jo prakticirajo številne živali, naj bi v veliki meri vplivala na strukturo glivnih združb in sočasno razširjanje vrst mikoriznih gliv (Vašutová in sod., 2019). Vendar moramo biti pri posploševanju ugotovitev o odnosu med živalmi in mikoriznimi glivami pazljivi, saj je po sedaj znanih podatkih razširjanje nekaterih vrst mikoriznih gliv odvisno samo od ene ali dveh vrst vretenčarjev (Dighton in White, 2017).

Ugotovili smo, da je med dvema testiranimi protokoloma za izolacijo DNA gliv iz iztrebkov boljša uporaba kompleta *Soil*. Par začetnih oligonukleotidov, ki smo ga uporabili (NS31–AM1), se je pokazal kot ustrezен za pomnoževanje SSU regije AM-gliv iz iztrebkov prostoživečih prezvekovcev. Ugotovili smo, da v iztrebkih srnjadi in jelenjadi najdemo DNA AM-gliv (le-to smo izolirali iz prav vseh analiziranih iztrebkov). Zato lahko sklepamo, da so prostoživeči parkljarji pomembni vektorji širjenja te taksonomske skupine gliv.

6 Summary

Arbuscular mycorrhizal (AM) fungi are an integral component of most terrestrial ecosystems and contribute to many ecosystem services, such as nutrient fixation, carbon sequestration and maintenance of plant diversity. Therefore, maintaining the diversity of mycorrhizal fungal taxa in ecosystems is an important aspect of habitat conservation. Mycophagy, practiced by many widespread animals, is thought to have a major impact on fungal community structure and the coexistence of fungal taxa. However, we need to be careful in generalizing interactions between animals and mycorrhizal fungi, because some fungal taxa depend on only one or two species of vertebrates to disperse them. The objective of this study was to compare and optimize the protocol for successful DNA isolation of AM mycorrhizal fungi from deer faeces, as faeces are a common and accessible source of genetic material used in population genetics studies. The protocol would allow further research on the dispersal of mycorrhizal

fungi by ungulates while allowing the study of fungal diversity and interactions with wildlife. Our research showed that among the tested protocols, the best one for isolating fungi from faeces is to use the Soil kit and PCR annealing temperatures of 58°C. The primers we used (NS31–AM1) were found to be suitable for amplification of AM fungi from this source. We found (extracted) AM fungal DNA from all analysed faeces of (red and roe) deer; which confirms that these two species (and wild ungulates in general) are important vectors of mycorrhizal fungi.

7 Viri

Al Sayegh-Petkovšek, S., Kotnik, K., Bužan, E., Pokorný, B., (2019). Strokovne podlage za zagotovitev ustreznih migracijskih koridorjev velikih zveri in drugih vrst velikih sesalcev na AC odseku Vrhnika-Postojna: DP-VŠVO-57-01/19.

Allen, M. F. (1987). Re-establishment of mycorrhizas on Mount St Helens: Migration vectors. Transactions of the British Mycological Society, 88(3), 413–417. [https://doi.org/10.1016/S0007-1536\(87\)80019-0](https://doi.org/10.1016/S0007-1536(87)80019-0)

Anslan, S., Bahram, M., Tedersoo, L. (2016). Temporal changes in fungal communities associated with guts and appendages of Collembola as based on culturing and high-throughput sequencing. Soil Biology and Biochemistry, 96, 152–159. <https://doi.org/10.1016/j.soilbio.2016.02.006>

Ashkannejhad, S., Horton, T. R. (2006). Ectomycorrhizal ecology under primary succession on coastal sand dunes: interactions involving *Pinus contorta*, suilloid fungi and deer. New Phytologist, 169(2), 345–354. <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2005.01593.x>

Brown, G. G. (1995). How do earthworms affect microfloral and faunal community diversity? Plant and Soil, 170(1), 209–231. <https://doi.org/10.1007/BF02183068>

Bueno, C. G., Moora, M. (2019). How do arbuscular mycorrhizal fungi travel? New Phytologist, 222(2), 645–647. <https://doi.org/10.1111/nph.15722>

Claridge, A., Trappe, J. (2005). Sporocarp mycophagy: nutritional, behavioral, evolutionary, and physiological aspects. Its organization and role in the ecosystem, 599–611.

Izvirni znanstveni članek

- Cooper, T., Vernes, K. (2011). Mycophagy in the larger bodied skinks of the genera *Tiliqua* and *Egernia*: Are there implications for ecosystem health? *Australian Zoologist*, 35, 681–684. <https://doi.org/10.7882/AZ.2011.020>
- Correia, M., Heleno, R., da Silva, L. P., Costa, J. M., Rodríguez-Echeverría, S. (2019). First evidence for the joint dispersal of mycorrhizal fungi and plant diaspores by birds. *New Phytologist*, 222(2), 1054–1060. <https://doi.org/10.1111/nph.15571>
- Davison, J., Moora, M., Öpik, M., Ainsaar, L., Ducousoo, M., Hiiesalu, I., in sod. (2018). Microbial island biogeography: isolation shapes the life history characteristics but not diversity of root-symbiotic fungal communities. *The ISME Journal*, 12(9), 2211–2224. <https://doi.org/10.1038/s41396-018-0196-8>
- Dighton, J., White, J. (2017). *The Fungal Community: Its Organization and Role in the Ecosystem*. Fourth Edition, CRC Press.
- Eggert, L. S., Maldonado, J. E., Fleischer, R. C. (2005). Nucleic acid isolation from ecological samples – animal scat and other associated materials. V: Methods in Enzymology 395, 73–82. [https://doi.org/10.1016/S0076-6879\(05\)95006-4](https://doi.org/10.1016/S0076-6879(05)95006-4)
- Fedorová, K., Radvanský, M., Němcová, E., Grombičková, H., Bosák, J., Černochová, M., in sod. (2019). The impact of DNA extraction methods on stool bacterial and fungal microbiota community recovery. *Frontiers in Microbiology*, 10, 1–11. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.00821>
- Finlay, B. J. (2002). Global dispersal of free-living microbial Eukaryote species. *Science*, 296(5570), 1061–1063. <https://doi.org/10.1126/science.1070710>
- Fogel, R., Trappe, J. (1978). Fungus consumption (mycophagy) by small animals. *Northwest Science*.
- Forbes, E. S., Cushman, J. H., Burkepile, D. E., Young, T. P., Klope, M., Young, H. S. (2019). Synthesizing the effects of large, wild herbivore exclusion on ecosystem function. *Functional Ecology*, 33(9), 1597–1610. <https://doi.org/10.1111/1365-2435.13376>
- Gębczyńska, Z. (1980). Food of the roe deer and red deer in the Białowieża Primeval Forest. *Acta Theriologica*, 25(2), 487–500. <https://doi.org/10.4098/AT.arch.80-44>
- Ghasemzadeh, I., Namazi, S. H. (2015). Review of bacterial and viral zoonotic infections transmitted by dogs. *Journal of medicine and life*, 8(4), 1–5.
- Harder, L. D., Wilson, W. G. (1998). Theoretical consequences of heterogeneous transport conditions for pollen dispersal by animals. *Ecology*, 79(8), 2789–2807.
- Hart, M. M., Aleklett, K., Chagnon, P.-L., Egan, C., Ghignone, S., Helgason, T., in sod. (2015). Navigating the labyrinth: a guide to sequence-based, community ecology of arbuscular mycorrhizal fungi. *New Phytologist*, 207(1), 235–247. <https://doi.org/10.1111/nph.13340>
- Hassall, M., Turner, J. G., Rands, M. R. W. (1987). Effects of terrestrial isopods on the decomposition of woodland leaf litter. *Oecologia*, 72(4), 597–604. <https://doi.org/10.1007/BF00378988>
- Helgason, T., Daniell, T. J., Husband, R., Fitter, A. H., Young, J. P. W. (1998). Ploughing up the wood-wide web? *Nature*, 394(6692), 431–431. <https://doi.org/10.1038/28764>
- Houston, T. F., Bouger, N. L. (2010). Records of hypogeous mycorrhizal fungi in the diet of some Western Australian bolboceratine beetles (Coleoptera: Geotrupidae, Bolboceratinae). *Australian Journal of Entomology*, 49(1), 49–55. <https://doi.org/10.1111/j.1440-6055.2009.00720.x>
- Ingold, C. T. (1953). *Dispersal in fungi*. Clarendon Press.
- Janos, D. P., Sahley, C. T., Emmons, L. H. (1995). Rodent dispersal of vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi in Amazonian Peru. *Ecology*, 76(6), 1852–1858. <https://doi.org/10.2307/1940717>
- Jiang, S., Shi, G., Mao, L., Pan, J., An, L., Liu, Y., Feng, H. (2015). Comparison of different PCR primers on detecting arbuscular mycorrhizal communities inside plant roots. *Acta microbiologica Sinica*, 55(7), 916–25. <https://doi.org/10.13343/j.enki.wsxb.20140581>
- Johnson, C. N. (1996). Interactions between mammals and ectomycorrhizal fungi. *Trends in Ecology and Evolution*. [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(96\)10053-7](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(96)10053-7)

Izvirni znanstveni članek

- Lear, G. D., Banks, I., Boyer, J., Buckley, S., Buckley, H., in sod. (2018). Methods for the extraction, storage, amplification and sequencing of DNA from environmental samples. *New Zealand Journal of Ecology*, 42(1), 10-50A.
- Lee, J., Lee, S., Young, J. P. W. (2008). Improved PCR primers for the detection and identification of arbuscular mycorrhizal fungi. *FEMS Microbiology Ecology*, 65(2), 339–349. <https://doi.org/10.1111/j.1574-6941.2008.00531.x>
- Legan M. (ur.), in sod. (2018). Slovenski medicinski slovar. On-line.
- Lekberg, Y. M., Rohr, J., Redecker, D., Zabinski, C. A. (2011). Importance of dispersal and thermal environment for mycorrhizal communities: lessons from Yellowstone National Park. *Ecology*, 92(6), 1292–1302. <https://doi.org/10.1890/10-1516.1>
- Long, R. A., MacKay, P., Ray, J. C., Zielinski, W. J. (Eds.). (2008). Noninvasive Survey Methods for Carnivores. Washington: Island Press.
- Mangan, S. A., Adler, G. H. (2002). Seasonal dispersal of arbuscular mycorrhizal fungi by spiny rats in a neotropical forest. *Oecologia*, 131(4), 587–597. <https://doi.org/10.1007/s00442-002-0907-7>
- Mann, H. B., Whitney, D. R. (1947). On a test of whether one of two random variables is stochastically larger than the other. *The Annals of Mathematical Statistics*, 18(1), 50–60. <https://doi.org/10.1214/aoms/117730491>
- Maser, C., Claridge, A. W., Trappe, J. M. (2008). Trees, Truffles, and Beasts. Rutgers University Press.
- Maser, C., Maser, Z. (1988). Interactions among squirrels, mycorrhizal fungi, and coniferous forests in Oregon. *The Great Basin naturalist*, 48, 8.
- McIlveen, W. D., Cole Jr., H. (1976). Spore dispersal of Endogonaceae by worms, ants, wasps, and birds. *Canadian Journal of Botany*, 54(13), 1486–1489. <https://doi.org/10.1139/b76-161>
- Nielsen, K. B., Kjøller, R., Bruun, H. H., Schnoor, T. K., Rosendahl, S. (2016). Colonization of new land by arbuscular mycorrhizal fungi. *Fungal Ecology*, 20, 22–29. <https://doi.org/10.1016/j.funeco.2015.10.004>
- Nuske, S. J., Vernes, K., May, T. W., Claridge, A. W., Congdon, B. C., Krockenberger, A., Abell, S. E. (2017). Data on the fungal species consumed by mammal species in Australia. *Data in Brief*, 12, 251–260. <https://doi.org/10.1016/j.dib.2017.03.053>
- Öpik, M., Vanatoa, A., Vanatoa, E., Moora, M., Davison, J., Kalwij, J. M., in sod. (2010). The online database MaarJAM reveals global and ecosystemic distribution patterns in arbuscular mycorrhizal fungi (Glomeromycota). *New Phytologist*, 188(1), 223–241. <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2010.03334.x>
- Paugy, M., Baillon, F., Damien, C., Duponnois, R. (2004). Elephants as dispersal agents of mycorrhizal spores in Burkina Faso. *African Journal of Ecology*, 42, 225–227. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2028.2004.00524.x>
- Paz, C., Öpik, M., Bulascoschi, L., Bueno, C. G., Galetti, M. (2021). Dispersal of arbuscular mycorrhizal fungi: Evidence and insights for ecological studies. *Microbial Ecology*, 81(2), 283–292. <https://doi.org/10.1007/s00248-020-01582-x>
- QIAGEN. (2020). QIAamp® Fast DNA Stool Mini Handbook, (February), 44.
- Rabatin, S. C., Stinner, B. R. (1985). Arthropods as consumers of vesicular-arbuscular mycorrhizal fungi. *Mycologia*, 77(2), 320. <https://doi.org/10.2307/3793086>
- Rabatin, S. C., Stinner, B. R. (1988). Indirect effects of interactions between VAM fungi and soil-inhabiting invertebrates on plant processes. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 24(1–3), 135–146. [https://doi.org/10.1016/0167-8809\(88\)90061-8](https://doi.org/10.1016/0167-8809(88)90061-8)
- Schickmann, S., Urban, A., Kräutler, K., Nopp-Mayr, U., Hackländer, K. (2012). The interrelationship of mycophagous small mammals and ectomycorrhizal fungi in primeval, disturbed and managed Central European mountainous forests. *Oecologia*, 170(2), 395–409. <https://doi.org/10.1007/s00442-012-2303-2>
- Schupp, E. W. (1993). Quantity, quality and the effectiveness of seed dispersal by animals. *Vegetatio*, 107–108(1), 15–29. <https://doi.org/10.1007/BF00052209>

Izvirni znanstveni članek

- Shapiro, S. S., Wilk, M. B. (1965). An analysis of variance test for normality (complete samples). *Biometrika*, 52(3–4), 591–611. <https://doi.org/10.1093/biomet/52.3-4.591>
- Strullu-Derrien, C., Selosse, M.-A., Kenrick, P., Martin, F. M. (2018). The origin and evolution of mycorrhizal symbioses: from palaeomycology to phylogenomics. *New Phytologist*, 220(4), 1012–1030. <https://doi.org/10.1111/nph.15076>
- Vašutová, M., Mleczko, P., López-García, A., Maček, I., Boros, G., Ševčík, J., in sod. (2019). Taxi drivers: the role of animals in transporting mycorrhizal fungi. *Mycorrhiza*, 29(5), 413–434. <https://doi.org/10.1007/s00572-019-00906-1>
- Vernes, K., Cooper, T., Green, S. (2015). Seasonal fungal diets of small mammals in an Australian temperate forest ecosystem. *Fungal Ecology*, 18, 107–114. <https://doi.org/10.1016/j.funeco.2015.09.015>

Molekularno-genetske raziskave divjega prašiča razkrile pojav večočetovstva in matrilinealnega učinka socialnih skupin

Molecular study of wild boar revealed the phenomenon of multiple paternity and matrilineal effect of social groups

Aja Bončina¹, Boštjan Pokorný^{2,3}, Laura Iacolina¹, Sandra Potušek¹, Elena Bužan^{1,2}

¹ Univerza na Primorskem, Fakulteta za matematiko, naravoslovje in informacijske tehnologije,

Glagoljaška 8, 6000 Koper

²Fakulteta za varstvo okolja, Trg mladosti 7, 3320 Velenje

³Gozdarski inštitut Slovenije, Večna pot 2, 1000 Ljubljana

Izvleček

Divji prašič (*Sus scrofa* L.) je eden najbolj razširjenih parkljarjev v Evropi, tudi v Sloveniji. Zaradi visoke stopnje preživetja in izjemnega razmnoževalnega potenciala se v zadnjih tridesetih letih njihova številčnost povečuje tako v Sloveniji kot na celotni evrazijski celini, kar povzroča številne konflikte med uporabniki prostora in zaradi škode v kmetijski krajini. Zato je nujno potrebno boljše razumevanje razmnoževalnih, prostorskih in socio-ekoloških značilnosti vrste, saj odločilno vplivajo na populacijsko dinamiko. V pričujoči študiji smo z združevanjem natančnih lokacij odvzema in genotipov 58 divjih prašičev, odvzetih od oktobra 2017 do septembra 2020 v tipičnem slovenskem lovišču centralne Slovenije (Oljka, Šmartno ob Paki; Savinjsko-Kozjansko lovskoupravljavsko območje), pridobili vpogled v genetsko strukturiranost, kompleksnost strukture socialne organizacije in prostorsko ter razmnoževalno vedenje divjih prašičev. Z uporabo molekularnih označevalcev ($n = 13$) smo določili ožja in daljna sorodstvena razmerja. Molekularna analiza je razkrila: (i) relativno veliko stopnjo sorodnosti med osebkami; (ii) kompleksnost socialne organiziranosti divjega prašiča, pri čemer so tropi vključevali tudi nesorodne živali, kar je bilo doslej z genetskimi analizami le redko potrjeno; (iii) velik matrilinealni učinek z opazno prostorsko navezanostjo samic določenemu življenjskemu

okolišu; (iv) težnjo krajših disperzijskih razdalj mladičev. Pridobili smo tudi prve dokaze o pogostem pojavu večočetovstva divjih prašičev pri nas, saj smo v analizirani populaciji prepoznali šest legel, v katerih so mladiči zagotovo imeli različne očete.

Ključne besede: divji prašič, molekularni označevalci, mikrosateliti, sorodstvena razmerja, večočetovstvo

Abstract

*Wild boar (*Sus scrofa* L.) is the most widespread wild ungulate in the entire Europe, including Slovenia. Due to high survival rate and exceptional reproductive potential, in the last 30 years species abundance has been increasing both in Slovenia and on the entire Eurasian continent, causing several conflicts among stakeholders as well as damages in agriculture. Therefore, a better understanding of reproductive, spatial and socio-ecological behaviour/characteristics of the species is urgently needed, as they all have an important influence on the population dynamics. By combining the harvest locations and genotypes of 58 wild boar harvested during regular hunting allocations from October 2017 to September 2020 in a typical hunting ground of central Slovenia (Oljka, Šmartno ob Paki; Savinjsko-Kozjansko lovskoupravljavsko območje), we obtained insight into genetic structure, complexity of social organization and spatial and reproductive behaviour of wild boars. Using 13 molecular markers, we determined sows and their offspring, as well as distant relatives. Molecular analysis revealed: (i) relatively high degree of relatedness between individuals; (ii) complexity of social organization of wild boar, where some groups included non-relatives, which was rarely supported by previous genetic analyses; (iii) strong matrilineal effect with clear spatial dependency of females to a specific location; (iv) tendency of young males to disperse shorter distances. We also provided the first evidence of multiple paternity in wild boar population in Slovenia, as six different paternal lineages were identified, in which young males were definitely from different fathers.*

hunting management district) we provided insight into the spatial and reproductive behaviour, genetic structure and complexity of social organization of wild boar. We determined close and distant kinship relationships based on neutral microsatellites ($n = 13$). Molecular analysis revealed: (i) relatively high degree of relatedness among the harvested individuals; (ii) complexity of the social organization of the species, including existence of groups of unrelated animals, which has been rarely detected in the previous studies; (iii) high matrilineal effect with pronounced side-fidelity of females; and (iv) prevalence of only short dispersals of piglets. Moreover, we detected frequent multi-paternity in the studied population, providing the first evidence of this phenomenon in our country, as we identified six litters with offspring having different fathers.

Keywords: wild boar, relatedness, molecular markers, microsatellites, multiple paternity

1 Uvod

Divji prašič je ena najštevilčnejših in najbolj razširjenih vrst sesalcev na svetu (Keuling in sod., 2018). Vrsta izvira iz zgodnjega pleistocena z območja jugovzhodne Azije (Chen in sod., 2007), od koder je svoj naravni areal razširila od Japonske, Rusije in vzhodne Evrope pa vse do zahodne Evrope in Sredozemlja (Sjarmidi in Gerard, 1988). V zadnjih desetletjih (še zlasti po letu 1960) se številčnost in prostorska razširjenost divjega prašiča izjemno večata po vsem svetu, vključno z Evropo in Slovenijo (Apollonio in sod., 2010; Massei in sod. 2015; Johann in sod., 2020), kar je posledica njegove izjemne prilagodljivosti (Podgórski in sod., 2013; Johann in sod. 2020), odpornosti in vzdržljivosti (npr. Torres in sod., 2020), visoke stopnje plodnosti in razmnoževalnega potenciala, ki je največji med parkljarji (Servanty in sod., 2009; Frauendorf in sod., 2016), ter izjemno hitre populacijske rasti, ki ponekod znaša $r > 2$ (Bieber in Ruf, 2005; Keuling in sod., 2013). Slednje pomeni, da se lahko številčnost celo podvoji v primerjavi

z vrednostmi prejšnjega leta (Bieber in Ruf 2005; Keuling in sod. 2013).

Povečanje prostorske razširjenosti, številčnosti in populacijskih gostot divjega prašiča (Apollonio in sod., 2010; Barrios-Garcia in Ballari, 2012; Massei in sod., 2015) omogočajo njegove ekološko-biološke lastnosti, kot so kompleksno socialno življenje, oportunistična vsejeda prehranjevalna strategija z možnostjo specializacije na visoko energetske prehranjevalne vire, inteligentnost in izjemne disperzijske sposobnosti (Baubet in sod., 2004; Servanty in sod., 2011; Jerina in sod., 2014; Maselli in sod., 2014; Hartley in sod., 2015; Jánoska in sod., 2018; Johann in sod., 2020). Po drugi strani lahko izjemno povečanje številčnosti te najuspešnejše sinantropne vrste pripišemo tudi pretežno antropogeno pogojenim okoljskim spremembam, kot so: (i) opuščanje kmetijstva in zaraščanje kmetijskih površin, ki bistveno izboljšujejo habitatne razmere (Merli in Meriggi, 2006; Acevedo in sod., 2011); (ii) povečanje razpoložljivosti prehranskih virov in zatočišč kot posledica gojenja energetsko bogatih monokultur, npr. koruze, sončnic in repe (Herrero in sod., 2006; Keuling in sod., 2009; Rosell in sod., 2012); (iii) odsotnost oz. majhne gostote naravnih plenilcev (Acevedo in sod., 2006; Segura in sod., 2014); (iv) neposredni in posredni vplivi podnebnih sprememb, ki zaradi vse milejših zim omogočajo visoko stopnjo preživetja vseh starostnih kategorij divjih prašičev (Focardi in sod., 2008; Servanty in sod., 2009; Vetter in sod., 2015); (v) neustrezen način upravljanja vrste (predvsem v Evropi), ki zajema vsaj v preteklosti pogosto divjim prašičem »prijazno« lovsko zakonodajo (npr. varovanje vodečih svinj), intenzivno dopolnilno oz. zimsko krmljenje (sicer ne v Sloveniji) ter občasni (pogosto nelegalni) izpusti osebkov v naravo (Jerina, 2006; Pokorný in Jelenko, 2013; Massei in sod., 2015).

Čeprav divji prašič velja za ekološkega inženirja (npr. Barrios-Garcia in Ballari, 2012; Sandom in sod., 2013) in opravlja številne pomembne ekološke funkcije v kopenskih ekosistemih, kot so ustvarjanje pestrejših habitatnih razmer, dolgoročno večanje

Izvirni znanstveni članek

biotske raznovrstnosti, zoohorija (raznašanje spor in semen s pomočjo živali), odstranjevanje mrhovine, prehranski vir za velike zveri (Pokorný in Jelenko, 2013; Bongi in sod., 2017; Mori in sod., 2017, 2020), pa je zaradi velikih populacijskih gostot, ki ponekod presegajo ekonomsko nosilno zmogljivost okolja, njegov vpliv zelo velik, zaradi česar pogosto velja kot problematična oz. konfliktna vrsta. Najpogosteji negativni vplivi, ki jih povzročajo divji prašiči, so: gospodarska škoda na poljščinah in travniščih (npr. Herrero in sod., 2006; Jelenko in sod., 2010; Bueno in sod., 2011a, 2011b), trki z vozili (npr. Lagos in sod., 2012; Vrkljan in sod., 2020), motnje in škoda zaradi ritja (npr. Bueno in sod., 2011a, 2011b), spremicanje kemijskih in fizikalnih lastnosti tal (npr. Bueno in sod., 2011a, 2011b) ter prenos bolezni na domače živali in ljudi (Ruiz-Fons in sod., 2008; Barrios-Garcia in Ballari, 2012; Acevedo in sod., 2014; Hrazdilová in sod., 2021).

Naraščajoč trend rasti populacije divjega prašiča je opaziti tudi v Sloveniji, saj se je višina odstrela, ki velja kot dober pokazatelj številčnosti te vrste, v obdobju 1965–2005 povečevala s povprečno letno stopnjo 12,3 % (Jerina, 2006) oz. se je v obdobju 1970–2021 povečala za 41-krat s 472 uplenjenimi živali v letu 1970 na 19.377 osebkov v letu 2021 (Oslis, 2022). Skladno s tem lahko opazimo vedno večji vpliv divjega prašiča, zato je vse večja potreba po učinkovitejšem upravljanju (Jerina in sod., 2013). V Sloveniji sicer upravljanje z divjadjo (tudi z divjim prašičem) temelji na trajnostni rabi tega pomembnega obnovljivega naravnega vira in je že desetletja načrtno, urejeno, nadzorovano in sistematično; vendar so prisotne tudi številne dileme, ki so posledica preslabega poznavanja bioloških značilnosti vrste v lokalnem okolju, kot so genetska strukturiranost, razmnoževalni in prostorski vzorci (disperzije) ter sorodstvene vezi oz. struktura socialnih skupin. Številni atributni podatki o posameznih osebkih (vključno z natančnimi lokacijami odvzema), ki jih pri nas zbiramo za trajnostno adaptivno upravljanje populacij oz. za namene t. i. kontrolne metode (Stergar in sod., 2012), lahko pomembno prispevajo

k boljšemu poznavanju vrste, vključno z lastnostmi, ki so pomembne za premišljene upravljavske odločitve. Med drugim lahko obstoj dragocenih podatkov ob hkratni dostopnosti različnih vzorcev (kar je posledica zelo dobrega sodelovanja med slovenskimi lovci in raziskovalci divjadi) in ob uporabi sodobnih raziskovalnih metod omogoča razumevanje vseh prej naštetih značilnosti vrste.

Pri spoznavanju populacijskih lastnosti imajo genetske raziskave pomembno vlogo, o čemer priča vse pogostejsa uporaba molekularnih metod za raziskovanje in upravljanje divjadi (npr. Scandura in sod., 2011; Waits in sod., 2016; Safner in sod., 2019; Buzan in sod., 2020, 2022). Genetske raziskave na divjem prašiču omogočajo, npr., poznavanje in razumevanje pojava večočetovstva znotraj istih legel, razmnoževalnega potenciala samcev in samic, prostorskih vzorcev (disperzij), socialne strukture in socialnega vedenja (Frantz in sod., 2012; Keller in sod., 2015; Waits in sod., 2016; Dellicour in sod., 2019; Lecis in sod., 2022). Poznavanje naštetih lastnosti je zelo pomembno, saj odločilno vplivajo na populacijsko dinamiko vrste oz. na najpomembnejše znake življenjskih strategij (angl. life-history traits), kot so prirastek, zgodnja smrtnost mladičev in prostorsko vedenje (npr. Bieber in Ruf, 2005; Jackson in Fahrig, 2011; Benton in sod., 2018). Dandanes upravljanje populacij še vedno praviloma temelji na grobih ocenah populacijskih parametrov, čeprav je za uspešno upravljanje nujno boljše razumevanje procesov, ki so pogosto vidni le na ravni genov, kot so genetska strukturiranost in raznolikost populacij, učinek ovir (barier) na možnost disperzije ter hibridizacija med sorodnimi vrstami oz. z domačimi živalmi (Scandura in sod., 2008; Poteaux in sod., 2009; Podgórski in sod., 2013; Iacolina in sod., 2018). Molekularno-genetske analize lahko zagotovijo hitre in učinkovite odgovore, ki omogočajo trajnostno upravljanje populacij in argumentirane odločitve. Same po sebi sicer ne morejo nadomestiti klasičnih oz. terenskih raziskovalnih metod (npr. opazovanje vedenja, telemetrija, spremeljanje oplojenosti), lahko pa v kombinaciji z njimi prispevajo k boljšemu

Izvirni znanstveni članek

razumevanju ekoloških, vedenjskih in prostorskih značilnosti ter prilagoditev vrst na spremenljajoče se okolje (Deyong in Honeycutt, 2005; Waits in sod., 2016; Skrbinšek in sod., 2019).

Za boljše poznavanje genetskih značilnosti divjega prašiča v lokalnem okolju smo v pričujoči raziskavi skušali prepoznati osnovne genetske značilnosti vrste v modelnem lovišču osrednje Slovenije (Oljka, Šmartno ob Paki). Osredotočili smo se tudi na ugotavljanje prisotnosti večočetovstva (tj. pojava, ko je samica v enem paritvenem obdobju oplojena s spermalnimi celicami več samcev), za obstoj katerega v Sloveniji nimamo nobenega podatka. Večočetovstvo je sicer pogost pojav pri mnogih vrstah vrtečarjev oz. sesalcev (Dugdale in sod., 2007; Glen in sod., 2009; Vanpe in sod., 2009; Falcón in sod., 2011; Meister in sod., 2012), vključno z nekaterimi vrstami parkljarjev (Carling in sod., 2003; Vanpe in sod., 2009; Markussen in sod., 2019). V preteklosti je sicer veljalo prepričanje, da v času paritve (buka) zgolj dominantni samci divjih prašičev monopolizirajo samice in jih tudi oplajajo, zato je bil pri tej vrsti pojav večočetovstva obravnavan kot redek fenomen. Nedavne raziskave (Costa in sod., 2012; Müller in sod., 2018, Gayet in sod., 2021) pa so pokazale, da je pojav večočetovstva zelo pogost in je lahko eden glavnih razlogov za uspešno razmnoževalno strategijo divjih prašičev. Le-ti so bili namreč zaradi lova pogosto izpostavljeni selektivnemu odvzemnu večjih oz. starejših samcev (merjascev), kar je povzročilo spremembe razmnoževalne strategije, ki je iz monogamne prešla v poligamno oz. poliandrijo, kar pa posledično povečuje genetsko variabilnost in velikost zaroda (Gayet in sod., 2021). Zaznati je bilo tudi večanje velikosti legel s povečano stopnjo večočetovstva, kar bi lahko pomembno prispevalo k rasti populacij divjih prašičev (Pearse in Anderson, 2009).

V pričujoči raziskavi smo želeli: (i) določiti sorodstvene vezi (starševstvo, (pol)sestrstvo, (pol)bratstvo) med divjimi prašiči, odvetimi v modelnem lovišču; (ii) oceniti genski pretok in vpliv potencialnih ovir na prostorske premike osebkov;

(iii) ugotoviti morebitne razlike v vzorcu disperzije med spoloma in razlike v oddaljenosti lokacij odvzema potomcev od lokacij staršev; (iv) določiti socialne skupine, njihovo prostorsko porazdelitev in specifične lastnosti (npr. prisotnost nesorodnih osebkov v tropu); (v) ugotoviti, če je pri divjih prašičih v Sloveniji prisotno večočetovstvo, ki je pri tej vrsti evolucijska prilagoditev, npr. na območjih z intenzivnim lovom (npr. Müller in sod., 2018; Gayet in sod., 2021).

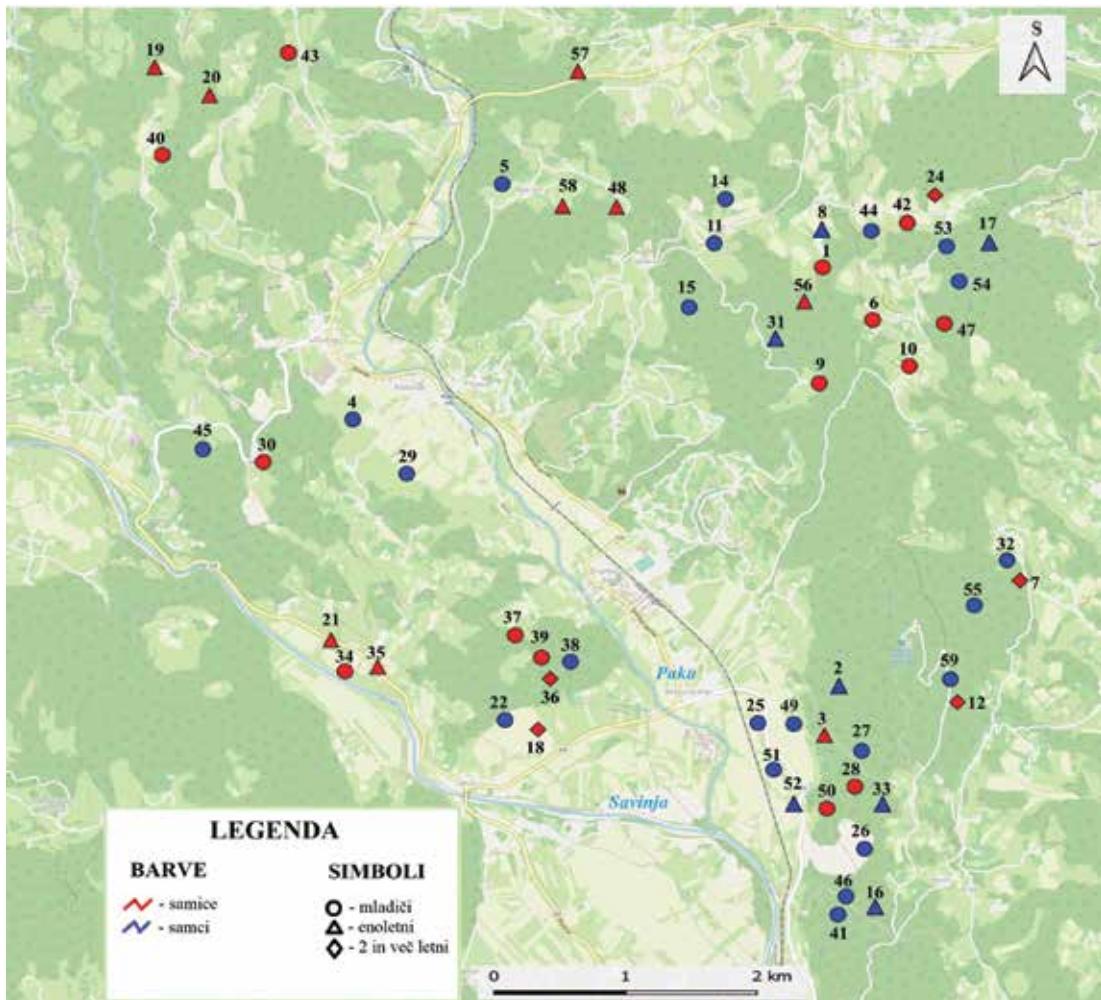
2 Metode dela

2.1 Območje raziskave

Vzorci divjih prašičev (mladičev obeh spolov, lanščakinj in lanščakov ter večletnih svinj) so bili odvzeti v sklopu rednega odvzema od oktobra 2017 do septembra 2020 v lovišču Oljka, Šmartno ob Paki, ki se nahaja v severno-osrednji Sloveniji in je del Savinjsko-Kozjanskega lovskoupravljaškega območju (LUO). Dva osebka sta bila sicer odvzeta v sosednjem lovišču (Smrekovec Šoštanj, Kamniško-Savinjsko LUO), a na sami meji lovišča Oljka, zato ju ne izpostavljamo posebej (slika 1). Natančnejši podatki o vključenih osebkih so navedeni v prilogi P2. V obdobju desetih let (2011–2021) je bilo v lovišču Oljka odvzetih 152 divjih prašičev, od katerih je bilo odstreljenih 146, trije osebki so bili povoženi na cestah, dva sta bila žrtev krivolova, eden pa je izgubil življenje zaradi neznanih razlogov (Oslis, 2022).

Za lovišče sta značilni gozdna in kmetijsko-polurbana krajina; 44 % površine pokrivajo gozdovi (prevladujejo mešani gozdovi, po naravi pa različne asociacije bukovih gozdov), 36 % pa kmetijske površine, predvsem travniki in pašniki ter njive; preostalo so razprtšena in razvlečena naselja. Z izjemo osrednjega ravninskega sveta (nadmorska višina Šmartna ob Paki je 314 m) večino lovišča predstavlja gričevnat svet, ki ponekod prehaja v hribovje; najvišja točka je Gora Oljka (734 m), zato lovišče uvrščamo

Izvirni znanstveni članek



Slika 1: Lokacije odvzema divjih prašičev, ki so bili genotipizirani v obdobju od oktobra 2017 do septembra 2020, z ovinimi v prostoru (reke, ceste, železnica) v lovišču Oljka, Šmartno ob Paki (vir: Bončina, 2021).

Fig. 1: Sampling locations of genotyped wild boar harvested in the period October 2017 – September 2020, and the most important barriers (rivers, roads, railway) in the hunting ground Oljka, Šmartno ob Paki.

med srednjegorska lovišča. V lovišču sta glavni vodni telesi reki Savinja in Paka. Večja Savinja je jugozahodna oz. južna meja lovišča in kot taka ne vpliva na rezultate naše raziskave, saj so bili vsi vzorci zbrani znotraj lovišča. Nasprotno Paka, ki ima hudourniški značaj, teče po sredini

lovišča in ga v dolžini 6 km deli na dva dela v smeri severozahod–jugovzhod (slika 1). Na premike večjih živali znotraj lovišča poleg reke Pake vpliva predvsem prometna infrastruktura; bolj ali manj vzporedno s Pako poteka železniška proga Velenje–Celje, skozi lovišče pa poteka tudi pomembna cestna povezava med Šaleško dolino in Koroško s Savinjsko dolino (Pokorný, 2002; Bončina in sod., 2019). Posledica razvezjanega infrastrukturnega omrežja so velike izgube divjadi v prometu (predvsem srnjadi), vendar pa povozi pomenijo neznaten delež (< 2 %) izgub divjih prašičev (ZGS, 2020).

2.2 Vzorčenje in ocenjevanje starosti analiziranih osebkov

Vzorce (2–3 g mišičnega tkiva) smo odvzeli takoj po odstrelu posameznega osebka in jih do laboratorijskih analiz shranili pri temperaturi –20 °C v 2,0 ml kriovialah, napolnjenih z absolutnim etanolom. Ob odvzemu smo zabeležili najpomembnejše atributne podatke (spol, starost, telesna masa, datum in natančna lokacija odvzema). V analizo smo vključili 58 osebkov, tj. 89 % vseh, ki so bili v lovišču odvzeti v raziskovalnem obdobju, kar ob dokaj enakomerni prostorski razporejenosti (slika 1) zagotavlja veliko reprezentativnost rezultatov. Med genotipiziranimi osebki je bilo 21 mladičev moškega spola (36 %), 15 ženskega (26 %), devet lansčakinj (16 %), sedem lansčakov (12 %) in šest odraslih svinj (10 %), zajeli pa nismo nobenega odraslega samca (merjasca), ki tudi sicer v zadnjih letih v raziskovalnem lovišču ni bil odvzet. Demografska struktura v vzorec vključenih osebkov tako zelo dobro svopada s strukturo odvzema divjih prašičev v lovišču.

Pri določanju starosti osebkov smo razlikovali med tremi osnovnimi starostnimi kategorijami, tj. mladiči (starost do 12 mesecev), enoletni (lansčaki oz. lansčakinje; starost od 13 do 24 mesecev) in odrasli osebki (svinje; starost nad 24 mesecev). Za mladiče in enoletne osebke smo natančejšo starost (približno na mesec natančno) ocenili z okularnim pregledom razvojne stopnje in izraščenosti zob v spodnji čeljustnici (po Pokorný in Jelenko Turinek, 2018).

2.3 Izolacija DNA in pomnoževanje molekularnih označevalcev

Laboratorijske analize smo izvedli v laboratoriju za molekularno ekologijo Fakultete za matematiko, naravoslovje in informacijske tehnologije Univerze na Primorskem. Celotno DNA smo izolirali iz svežega mišičnega tkiva

(2 x 2 mm) s kompletom reagentov PeqGold Tissue DNA Mini Kit, in sicer po navodilih proizvajalca (VWR Instruction Manual, 2018). Vsi osebki so bili genotipizirani na podlagi petnajstih mikrosatelitnih vrstno specifičnih lokusov (priloga P1), ki so se izkazali za uspešne pri molekularnih študijah divjega prašiča (npr. Scandura in sod., 2008, 2011; Iacolina in sod., 2009; Conyers in sod., 2012; Podgórski in sod., 2014a, 2014b). Lokuse smo razdelili v tri skupine (sete), z izjemo lokusov IGF1 in SW24, ki smo ju pomnoževali individualno. Alele smo uspešno pomnožili z verižno reakcijo s polimerazo (PCR) s pogoji, opredeljenimi v prilogi P1. Iz nadaljnjih analiz smo izključili dva monomorfna lokusa (S0355 in SW951), tako da vsi rezultati v nadaljevanju temeljijo na trinajstih polimorfnih lokusih (preglednica 1).

Za reakcijo PCR smo uporabili KAPA2G Fast Multiplex Mix kit (Kapa Biosystems). Vsaka reakcijska mešanica (končni reakcijski volumen 12,5 µl na vzorec) je vsebovala: 3,25 µl ddH₂O, 6,25 µl KAPA2G mastermixa, 0,25 µl začetnega oligonukleotida s koncentracijo 10 nM in 2,5 µl izolirane DNA vzorca. Dodatno smo za lokusa IGF1 in SW24 dodali 1 µl Q-Solution in zmanjšali volumen dodanega začetnega oligonukleotida na 0,2 µl. Pomnoževanje je potekalo po naslednjem temperaturnem profilu: začetna denaturacija (95 °C za 3 min), 35 ciklov izmenične denaturacije (95 °C za 15 s), 15 s prileganja začetnih oligonukleotidov (temperature za posamezne sete so opisane v prilogi P1), podaljševanje (72 °C za 30 s) in končno podaljševanje (72 °C za 10 min). Fragmentno analizo smo izvedli na SeqStudio (ThermoFischer Scientific) z uporabo GeneScan LIZ500 (–250) velikostnega standarda (Applied Biosystems).

Izvirni znanstveni članek

Preglednica 1: Genetska variabilnost raziskovane populacije divjega prašiča: število alelov na lokus; Ho – opažena heterozigotnost; He – pričakovana heterozigotnost; F – povprečne verjetnosti prisotnosti ničelnih alelov

Table 1: Genetic variability in studied population of wild boar: number of alleles per locus; Ho – observed heterozygosity; He – expected heterozygosity; F – average probabilities of null alleles.

Lokus	Število alelov	Ho	He	F (ničelní aleli)
S0090	7	0,638	0,758	0,056
SW2532	6	0,483	0,558	0,046
SW1492	4	0,345	0,515	0,115
SW122	5	0,707	0,645	0,000
IGF1	8	0,754	0,773	0,008
SW461	8	0,754	0,731	0,000
SW2021	8	0,719	0,774	0,035
SW2496	9	0,702	0,799	0,053
SW857	3	0,362	0,364	0,000
FH1733	6	0,707	0,695	0,005
SW24	6	0,621	0,788	0,090
FH2148	8	0,862	0,834	0,000
S0155	4	0,517	0,439	0,000
Vsota	82			

2.4 Analiza mikrosatelitnih lokusov in sorodstvenih razmerij

Rezultate fragmentne analize smo analizirali v programu GeneMapper 5.0 (Applied Biosystems), kjer smo odčitali dolžine mikrosatelitnih alelov. Za vsak lokus ($n = 13$) smo v programu Cervus 3.0 (Marshall in sod., 1998) izračunali število in bogastvo alelov, pričakovano (He) in opaženo heterozigotnost (Ho), odstopanje od Hardy-Weinbergovega ravnotežja, v programu Frenea (Chapuis in Estoup, 2007) pa smo izračunali diverzitetu ničelnih alelov.

Grobo analizo sorodstvenih razmerij (razlikovanje med socialnimi skupinami) smo izvedli z analizo parnih primerjav (angl. Pairwise analysis) v programu GenAlEx 6.5 (Peakall in Smouse, 2012). Kot koeficient sorodnosti smo uporabili QGM (povprečna vrednost Queller in Goodnightove cenilke; Queller in Goodnight, 1989), katere vrednosti so od -1 do $+1$, pri čemer vrednosti nad 0 označuje obstoj sorodstvene povezanosti v naključno izbranih aleilih iz populacije. Kot ožja sorodstvena razmerja (starš–potomec,

sestrstvo ali bratstvo) smo upoštevali vrednosti $QGM > 0,5$; vrednosti QGM od $0,25$ do $0,5$ pa smo privzeli za bolj oddaljena sorodstvena razmerja (npr. polbratstvo, polsestrstvo). Ta analiza, ki je bila narejena za celoten podatkovni set (58 genotipiziranih divjih prašičev), je služila kot grob oris sorodstvenih odnosov in določitev sorodstvenih (socialnih) skupin v proučevani populaciji.

Podrobnejšo in bolj informativno analizo sorodstvenih razmerij smo naredili v programu Colony 2.0.6.6 (Wang in sod., 2004), ki na podlagi metode največje verjetnosti (angl. maximum likelihood method) primerja genotipe kodominatnih ali dominantnih lokusov. Empirično kvantitativno analizo, ki temelji na Mendelejevih zakonih, smo generirali za 10.000 namišljenih potomcev z izbrano metodo full-likelihood (FL), ki se je v analizah sorodstvenih razmerij izkazala kot najbolj natančna (Wang in sod., 2012). Upoštevali smo le sorodstvena razmerja z visoko stopnjo verjetnosti ($> 0,90$ oz. $> 0,75$), medtem ko sorodstvenih razmerij z manjšo verjetnostjo ($< 0,75$) nismo obravnavali kot starševstvo, (pol)sestrstvo ali (pol)bratstvo.

Izvirni znanstveni članek

Na obstoj sorodstvenih razmerij smo testirali vse potencialno mogoče kombinacije genotipiziranih osebkov, in sicer: (i) mlade, 2- do 4-letne svinje kot potencialne matere mladičem in enoletnim živalim; (ii) srednje stare, 5- do 7-letne svinje kot potencialne matere mladičem, enoletnim in mladim odraslim osebkom; (iii) stare, 8- in večletne svinje v kombinaciji z vsemi mlajšimi kategorijami kot njihovimi potencialnimi potomci; (iv) lanščake kot potencialne očete mladičev in enoletnih živali (samo tistih, ki so bili uplenjeni v poznejših letih od uplenitve potencialnega očeta); (v) starejše mladiče moškega spola (starejše od desetih mesecev) kot potencialne očete zelo mladim mladičem (do starosti dveh mesecev); (vi) osebke istih kohort za potencialno sestrstvo/bratstvo; (vii) osebke vseh starostnih kategorij za potencialno polsestrstvo/polbratstvo. V končni analizi starševstva smo testirali 39 potencialnih kandidatov staršev (16 lanščakov in vsaj deset mesecev starih mladičev ter 23 svinj in lanščakinj).

3 Rezultati

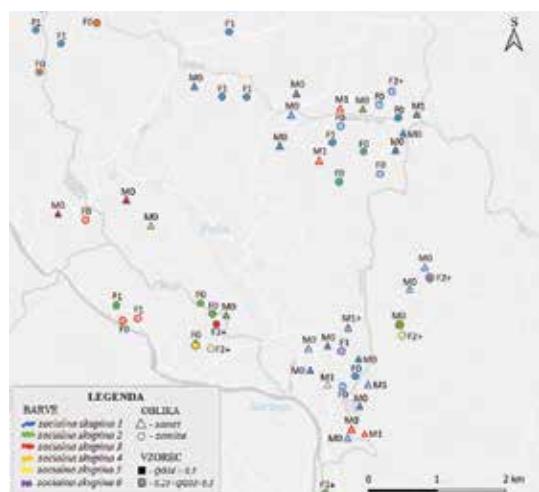
3.1 Genetska variabilnost

Podatki o variabilnosti alelov na posameznih mikrosatelitnih lokusih so navedeni v preglednici 1. V povprečju so lokusi vsebovali 6,3 alela (razpon 3–9), kar nakazuje na zmerno genetsko variabilnost v primerjavi z drugimi populacijami divjega prašiča (Veličković in sod., 2013; Mihalik in sod., 2020). To so potrdile tudi vrednosti opažene heterozigotnosti (H_o), ki so bile od 0,345 do 0,862 (povprečno 0,629) in niso značilno odstopale od pričakovane heterozigotnosti (H_e), ki je bila od 0,364 do 0,834 (povprečno 0,667). Za primerjavo: populacije divjega prašiča na območju Karpatov so imele v povprečju 7,62 alela na lokus s povprečno $H_o = 0,38$ in povprečno $H_e = 0,47$ (Mihalik in sod., 2020); populacije na območju Balkana pa so imele v povprečju 10,82 alela na lokus s povprečno $H_o = 0,69$ in povprečno $H_e = 0,77$ (Veličković in sod., 2013).

Vrednosti posameznih lokusov niso odstopale od Hardy-Weinbergovega ravnovesja (HW) pri stopnji $p < 0,05$, kar dokazuje, da so lokusi polimorfni in informativni za opravljene analize (Salanti in sod., 2005).

3.2 Prepozname socialne skupine

Na podlagi parnih primerjav (Queller in Goodnight, 1989) oz. ugotovljenega koeficiente sorodnosti ($QGM > 0,5$) smo prepoznali 36 parov živali, ki so bile v ožjem sorodstvu (tj. starš–potomec, bratstvo ali sestrstvo). Prepoznali smo tudi 173 parov osebkov v daljnem sorodstvu (polbratstvo, polsestrstvo in drugi sorodstveni odnosi; $0,25 < QGM < 0,5$). Glede



Slika 2: Lokacije odvzema divjih prašičev v lovišču Oljka (2017–2020), za katere smo ugotovili sorodstvene povezave. Vsaka barva označuje skupino osebkov, ki so bili v ožjem (polno obarvano) ali dalnjem sorodstvu (črtkano). Neobarvan je enoletni samec (lanščak), ki ni bil v sorodstvu z nobenim drugim osebkom ($QGM < 0,25$). Označke prikazujejo spol (samci – M; samice – F) in starost (mladiči – 0; enoletni – 1; večletni – 2+).

Figure 2: Locations of harvested wild boar in hunting ground Oljka (2017–2020), showing socially related groups. Each colour represents a group of related individuals, either closely (fully coloured) or more distantly related (crossed out symbols). White symbol represents male yearling which was not related with any other individual ($QGM < 0,25$). Abbreviations represent sex (males – M; females – F) and age of individuals (piglets – 0; subadults – 1; adults – 2+).

Izvirni znanstveni članek

na vsa sorodstvena razmerja smo prepoznali šest socialnih skupin (slika 2), znotraj katerih so bili osebki bodisi v ožjem bodisi v dalnjem sorodstvu. Zgolj en mladič moškega spola (M0) ni bil prepoznan v nobeni sorodstveni povezavi z drugimi osebkami. Oznake na slikah v nadaljevanju prikazujejo spol (samci – M; samice – F) in starost (mladiči – 0; enoletni – 1; večletni – 2+) analiziranih divjih prašičev.

Največjo socialno skupino sestavlja t. i. modra skupina (32 osebkov; skupine so v nadaljevanju zaradi lažje berljivosti poimenovane po barvah, kot so prikazane na sliki 2), sledijo ji rdeča (11), zelena (9), rumena (3), oranžna (2) in vijolična (2). Prepoznali smo tudi tri mladiče (dva ženskega spola – F0; enega moškega spola), ki so imeli sorodstvene vezi z dvema socialnima skupinama (šrafirani dvobarvnji simboli na sliki 2). Glede na starostno in spolno strukturo so skupine izmed odvzetih osebkov sestavljeni: (i) modro skupino ena odrasla svinja (F2+), šest enoletnih samic oz. lanščakinj (F1), dva enoletna samca oz. lanščaka (M1), štirinajst mladičev moškega spola in devet mladičev ženskega; (ii) rdečo skupino ena večletna svinja, ena lanščakinja, trije lanščaki, dva mladiča ženskega spola in štirje mladiči moškega spola; (iii) zeleno skupino ena odrasla svinja, ena lanščakinja, štirje mladiči ženskega in trije mladiči moškega; (iv) rumeno skupino dve večletni svinji, ena lanščakinja in en mladič moškega spola; (v) oranžno skupino dva mladiča ženskega spola; (vi) vijolično skupino pa lanščakinja in lanščak.

Socialne skupine so prostorsko dokaj jasno ločene med seboj (slika 2). Najštevilčnejša modra skupina se je premikala predvsem na celotnem jugovzhodnem in severnem delu lovišča, tj. v revirjih Gora Oljka, Veliki Vrh in Skorno. Osebki te velike skupine so se po opažanjih lovcev redno zadrževali tudi v sosednjih loviščih Polzela, Velenje in Smrekovec Šoštanj. Osebki preostalih socialnih skupin so bili pretežno odvzeti v jugozahodnem delu

lovišča, tj. v revirju Slatine (manjše zelena, rdeča in rumena skupina: domnevno gre za prašiče, ki v južni delu lovišča Oljka zahajajo zgolj občasno, in sicer prek Savinje iz sosednjega lovišča Braslovče, ki pa očitno niso sorodstveno povezani) ter delu revirja Skorno (oranžna skupina: verjetno gre za skupino, ki se pretežno nahaja v lovišču Mozirje). Vendar pa smo občasno zaznali tudi prepletanje socialnih skupin, npr.: (i) večletna svinja rdeče socialne skupine je bila uplenjena skupaj s tremi mladiči (F0, F0, M0) zelene skupine; (ii) večletna svinja zelene socialne skupine je bila uplenjena na skrajni južni točki lovišča (Podvin), dokaj daleč od njenih sorodnikov; (iii) mladič moškega spola zelene socialne skupine, ki je bil uplenjen na območju modre skupine (na Velikem Vrhu); (iv) mladič moškega spola, ki si je delil sorodstvene vezi z rdečo in zeleno socialno skupino, in je bil uplenjen v bližini mesta uplenitve (a ne skupaj z njo) večletne svinje rumene socialne skupine v vzhodnem delu lovišča (Letuško polje).

3.3 Sorodstveni odnosi

A. Starševstvo

Prepoznali smo 21 možnih starševskih povezav, in sicer: (i) tri razmerja za dva potencialna očeta (lanščaka in starejšega mladiča), od tega je bilo eno razmerje s >95 % verjetnostjo (preglednica 2); (ii) 21 razmerij za devet potencialnih mater (večletnih svinj in lanščakinj), od katerih je bilo 17 povezav z osmimi materami s >95 % verjetnostjo (preglednica 3).

Z potencialna očeta (št. 17 – lanščak; št. 54 – starejši mladič, ki je bil kot mladič kategoriziran zaradi ocenjene starosti 11–12 mesecev, uplenjen pa je bil 1. 4. 2020, torej je nedvomno pripadal kohorti prejšnjega leta (2019) in je kot tak lahko sodeloval v buku v zimi pred smrtjo), ki sta oba pripadala modri socialni skupini, smo prepoznali tri potomce: z nekoliko manjšo verjetnostjo (>0,75) dva zelo mlada mladiča moškega spola, odvzeta v južnem delu lovišča, in enega mladiča

Izvirni znanstveni članek

Preglednica 2: Pregled potomcev divjih prašičev in njihovih potencialnih očetov; prikazana so le sorodstvena razmerja z verjetnostjo >95 % oz. >75 %*.

Table 2: Overview of wild boar offspring and their potential fathers; only relations with probability >95% and >75%* are presented.

Oče				Potomec			
Oznaka	Starost (let)	Datum odvzema	Oznaka	Starost (let)	Spol	Datum odvzema	Verjetnost povezave
17	1+	3. 7. 2019	53	0+	Ž	7. 3. 2020	0,997
54	0+	1. 4. 2020	51	0+	M	17. 7. 2020	0,765*
54	- -	- -	49	0+	M	16. 7. 2020	0,753*

Preglednica 3: Pregled potomcev divjih prašičev in njihovih potencialnih očetov; prikazana so le sorodstvena razmerja z verjetnostjo >95 % oz. >75 %*.

Table 3: Overview of wild boar offspring and their potential mothers. Only relations with probability >90% and >75%* are presented.

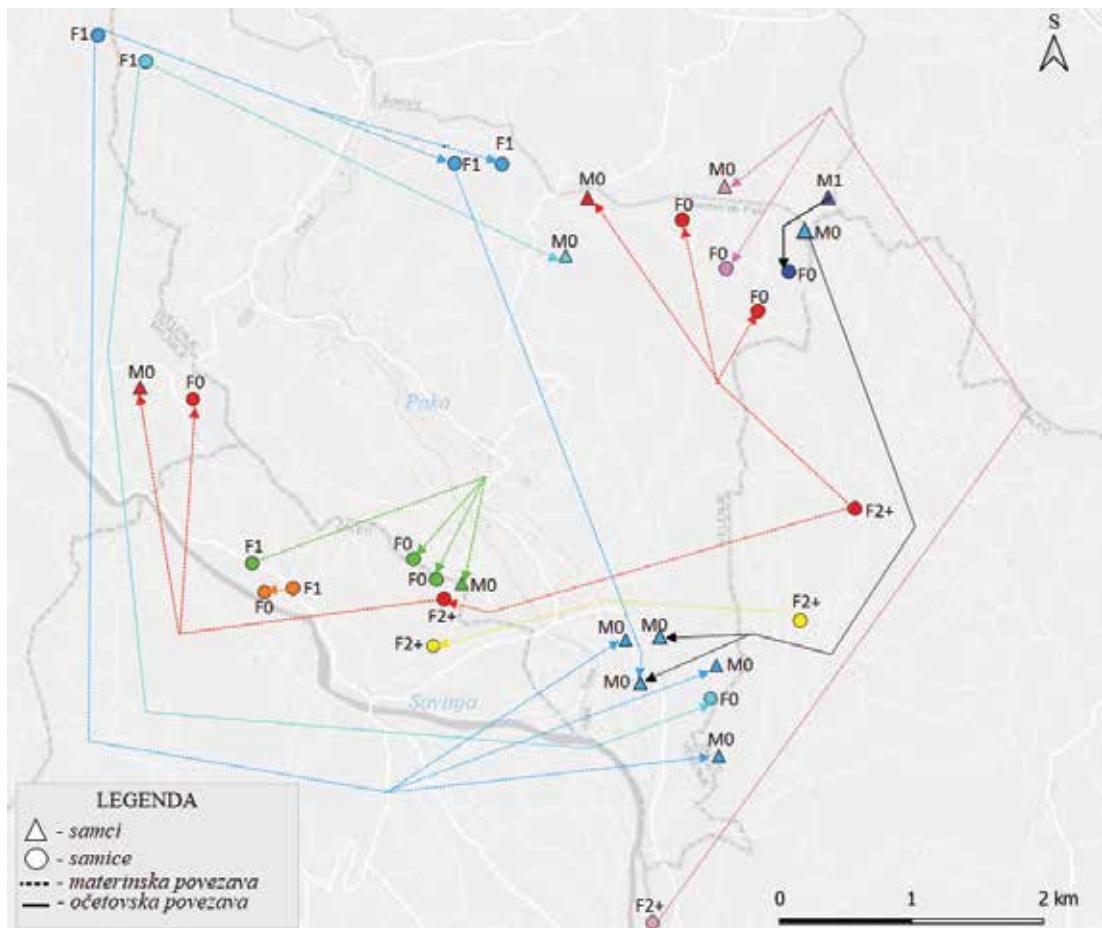
Mati				Potomec			
Oznaka	Starost (let)	Datum odvzema	Oznaka	Starost (let)	Spol	Datum odvzema	Verjetnost povezave
7	4–5	21. 10. 2018	8	0+	Ž	4. 11. 2018	0,997
7	- -	- -	10	0+	Ž	4. 11. 2018	0,997
7	- -	- -	11	0+	M	22. 12. 2018	0,997
7	- -	- -	36	2–3	Ž	17. 11. 2019	0,832*
12	8+	15. 10. 2017	18	4	Ž	12. 7. 2019	1,000
19	1+	18. 7. 2019	25	0+	M	10. 8. 2019	1,000
19	- -	- -	26	0+	M	16. 8. 2019	1,000
19	- -	- -	27	0+	M	16. 8. 2019	1,000
19	- -	- -	48	1+	Ž	3. 7. 2020	1,000
19	- -	- -	58	1+	Ž	6. 7. 2020	1,000
20	1+	19. 7. 2019	15	0+	M	22. 6. 2019	0,985
20	- -	- -	28	0+	Ž	16. 8. 2019	0,985
23	2	1. 8. 2019	6	0+	Ž	29. 9. 2018	1,000
23	- -	- -	44	0+	M	9. 12. 2019	1,000
35	1+	7. 11. 2019	34	0+	Ž	29. 10. 2019	0,999
36	2–3	17. 11. 2019	30	0+	Ž	4. 9. 2019	0,935
36	- -	- -	45	0+	M	25. 12. 2019	0,935
58	1+	6. 7. 2020	51	0+	M	17. 7. 2020	0,897*
21	2	25. 7. 2019	37	0+	Ž	17. 11. 2019	0,753*
21	- -	- -	38	0+	M	17. 11. 2019	0,753*
21	- -	- -	39	0+	Ž	17. 11. 2019	0,753*

ženskega spola (verjetnost povezave >0,95), ki je bil uplenjen v bližini lokacije odvzema očeta – lanščaka (preglednica 2, slika 3).

Kar šestnajst ugotovljenih povezav nakazuje na zanesljivo materinstvo (>0,95), za pet je bila zanesljivost povezave nekoliko manjša (>0,75) (preglednica 3). Ena lanščakinja (št. 19), ki je pripadala modri socialni skupini, je

bila mati petim potomcem (trem mladičem moškega spola in dvema lanščakinjama, ki sta bili odvzeti leto pozneje). Srednje star svinja (št. 7) iz rdeče skupine je bila mati štirim potomcem (dvema mladičema ženskega spola, enemu mladiču moškega spola in mlajši odrasli svinji). Lanščakinja (št. 21) iz zelene skupine je bila prepoznana kot potencialna mati trem potomcem (dvema mladičema ženskega spola in

Izvirni znanstveni članek



Slika 3: Lokacije odvzemja divjih prašičev v lovišču Ojka (2017–2020), za katere smo ugotovili starševske povezave. Barvne črte označujejo materinsko, črne pa očetovsko povezavo. Prikazani so vsi sorodstveni odnosi s >75 % verjetnostjo. Označke prikazujejo spol (samci – M; samice – F) in starost (mladiči – 0; enoletni – 1; večletni – 2+).

Figure 3: Locations of harvested wild boar in hunting ground Ojka (2017–2020) for which parental relationships were determined. Colourful lines indicate maternal and black lines paternal relationships. All relationships with >75% probabilities are shown. Abbreviations represent sex (males – M; females – F) and age of individuals (piglets – 0; subadults – 1; adults – 2+).

enemu moškemu). Ena lanščakinja (št. 20) in ena mlada odrasla svinja (št. 23), ki sta pripadali modri socialni skupini, sta imeli po dva potomca (mladiča moškega in ženskega spola). Prepoznali smo tudi tri potencialne matere s po enim potomcem: stara svinja (št. 12) iz rumene socialne skupine je bila mati srednje starim svinjem, lanščakinja (št. 35) iz oranžne skupine mladiču ženskega spola, lanščakinja (št. 58) iz modre skupine pa mladiču moškega spola (preglednica 3, slika 3).

B. (Pol)bratske, (pol)sestrske vezi in večočetovstvo

Prepoznali smo štiri zelo verjetne sestrske/bratske vezi (verjetnost >0,90), in sicer: (i) med mladičema ženskega (št. 10) in moškega spola (št. 11) iz rdeče socialne skupine; (ii) med lanščakinjo (št. 48), ki je bila uplenjena skoraj leto pozneje od brata (št. 26), tedaj še mladiča moškega spola iz modre socialne skupine; (iii) med lanščakinjama (št. 56 in 57) iz modre skupine; (iv) med

Izvirni znanstveni članek

Preglednica 4: Pregled bratskih in sestrskih vezi analiziranih divjih prašičev. Prikazana so le sorodstvena razmerja z verjetnostjo >90 %.
Table 4: Overview of analysed wild boar full sibling relations. Only relations with probability >90% are presented.

Bratje/sestre				Bratje/sestre				Verjetnost povezave
Oznaka	Starost (let)	Spol	Datum odvzema	Oznaka	Starost (let)	Spol	Datum odvzema	
10	0+	Ž	4. 11. 2018	11	0+	M	22. 12. 2018	1,000
26	0+	M	16. 8. 2019	48	1+	Ž	3. 7. 2020	1,000
56	1+	Ž	7. 5. 2020	57	1+	Ž	27. 4. 2020	0,963
22	0+	Ž	28. 7. 2019	29	0+	M	23. 8. 2019	0,915

Preglednica 5: Pregled polbratskih in polsestrskih vezi analiziranih divjih prašičev. Prikazana so le sorodstvena razmerja z verjetnostjo >90 %.

Table 5: Overview of wild boar half siblings, determined in the study. Only relations with probability >90% are presented.

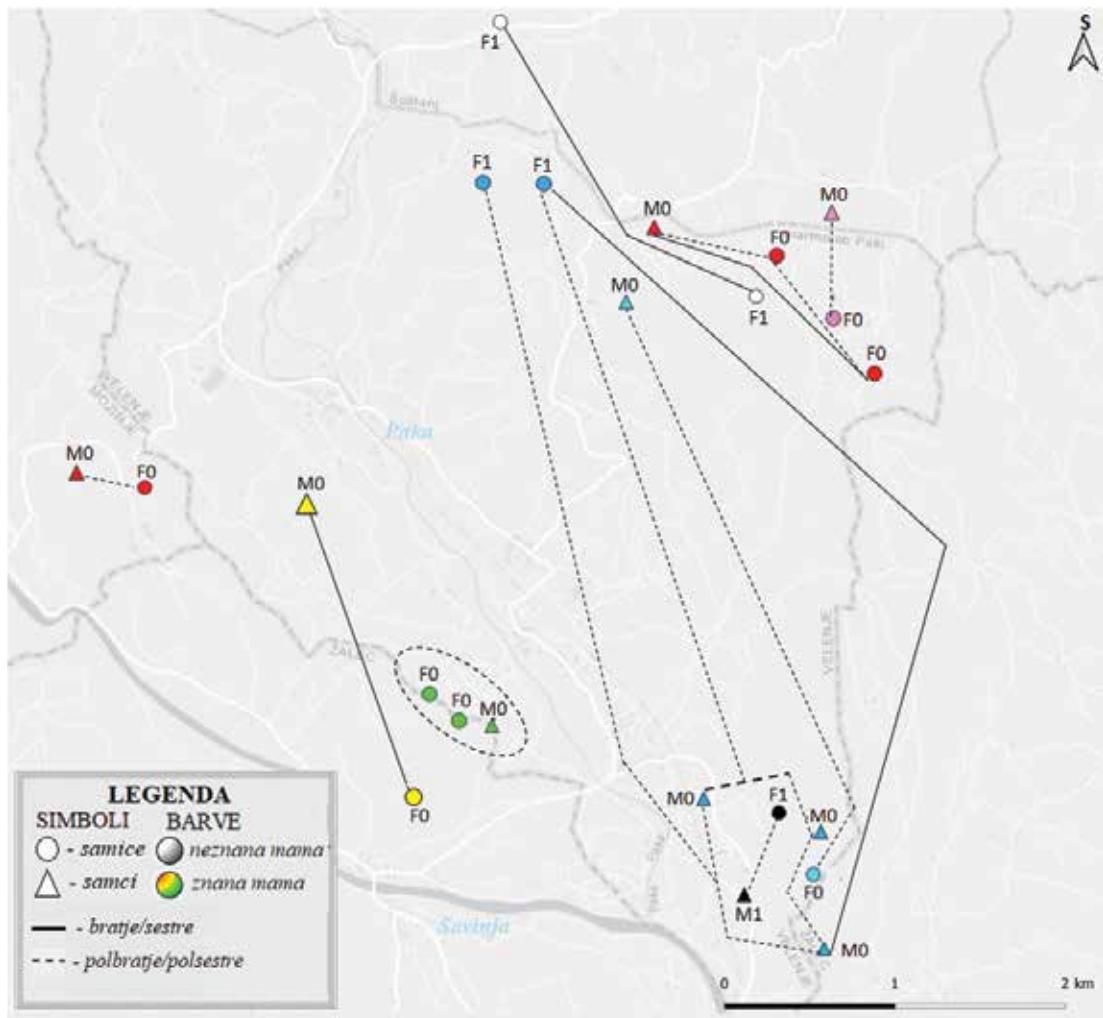
Bratje/sestre				Bratje/sestre				Identificirana mati št.
Oznaka	Starost (let)	Spol	Datum odvzema	Oznaka	Starost (let)	Spol	Datum odvzema	
8	0+	Ž	4. 11. 2018	10	0+	Ž	4. 11. 2018	1,000
8	- -	- -	- -	11	0+	M	22. 12. 2018	1,000
25	0+	M	10. 8. 2019	26	0+	M	16. 8. 2019	1,000
25	- -	- -	- -	27	0+	M	16. 8. 2019	1,000
26	0+	M	16. 8. 2019	27	- -	- -	- -	19
25	0+	M	10. 8. 2019	48	1+	Ž	3. 7. 2020	1,000
26	0+	M	16. 8. 2019	48	- -	- -	- -	19
27	0+	M	16. 8. 2019	48	- -	- -	- -	19
25	0+	M	10. 8. 2019	58	1+	Ž	6. 7. 2020	1,000
26	0+	M	16. 8. 2019	58	- -	- -	- -	19
27	0+	M	16. 8. 2019	58	- -	- -	- -	19
15	0+	M	22. 6. 2019	28	0+	Ž	16. 8. 2019	1,000
37	0+	Ž	17. 11. 2019	38	0+	M	17. 11. 2019	1,000
38	0+	M	17. 11. 2019	39	0+	Ž	17. 11. 2019	1,000
6	0+	Ž	29. 9. 2018	44	0+	M	9. 12. 2019	1,000
3	0+	Ž	25. 7. 2018	52	1+	M	8. 9. 2020	0,940
30	0+	Ž	4. 9. 2019	45	0+	M	25. 12. 2019	0,933

mladičema ženskega (št. 22) in moškega spola (št. 29) iz rumene skupine (preglednica 4, slika 4).

Prepoznali smo tudi 17 verjetnih polsestrskih/polbratskih vezi (verjetnost >0,90), od katerih je bilo 15 pravzaprav zanesljivih ($\approx 1,0$). Prepoznali smo tudi osem legel s polbrati oz. polsestrami; podatki o starosti, spolu, datumu odvzema in verjetnosti odnosa posameznih živali so navedeni v preglednici 5, polsestrske in polbratske vezi pa so prikazane na slikah 4 in 5.

Polsestrstvo/polbratstvo definiramo kot skupino živali, ki si deli zgolj enega starša. Od osmih prepoznavanih legel s polbratskimi/polsestrskimi odnosi smo za šest ugotovili, da so mladiči zagotovo imeli isto mater (smo jo tudi neposredno prepoznali z molekularno-genetsko analizo), kar pomeni, da so bili znotraj istega legla zagotovo potomci različnih očetov oz. da je šlo za t. i. večočetovstvo (preglednica 5, slika 5). Kot polsestre/polbrati, ki so imeli isto mater in različne očete, so bili prepoznani: (i) leglo dveh mladičev ženskega (št. 8 in 10) in

Izvirni znanstveni članek



Slika 4: Lokacije odvzema divjih prašičev v lovišču Oljka (2017–2020), za katere smo ugotovili (pol)sestrske in (pol)bratske vezi. Polne crte označujejo sestrstvo/bratstvo, črtkane pa polsestrstvo/polbratstvo. Prikazani so vsi sorodstveni odnosi z >90 % verjetnostjo. Znana mati posameznih legel je prikazana na sliki 3 in v preglednici 3. Označke prikazujejo spol (samci – M; samice – F) in starost (mladiči – 0; enoletni – 1; večletni – 2+).

Figure 4: Locations of harvested wild boar in hunting ground Oljka (2017–2020) for which full sibling and half sibling relations were determined. Full lines indicate full siblings and dashed lines half siblings. All relationships with >90% probabilities are shown. Known mothers of the litters are shown on Figure 3 and Table 3. Abbreviations represent sex (males – M; females – F) and age of individuals (piglets – 0; subadults – 1; adults – 2+).

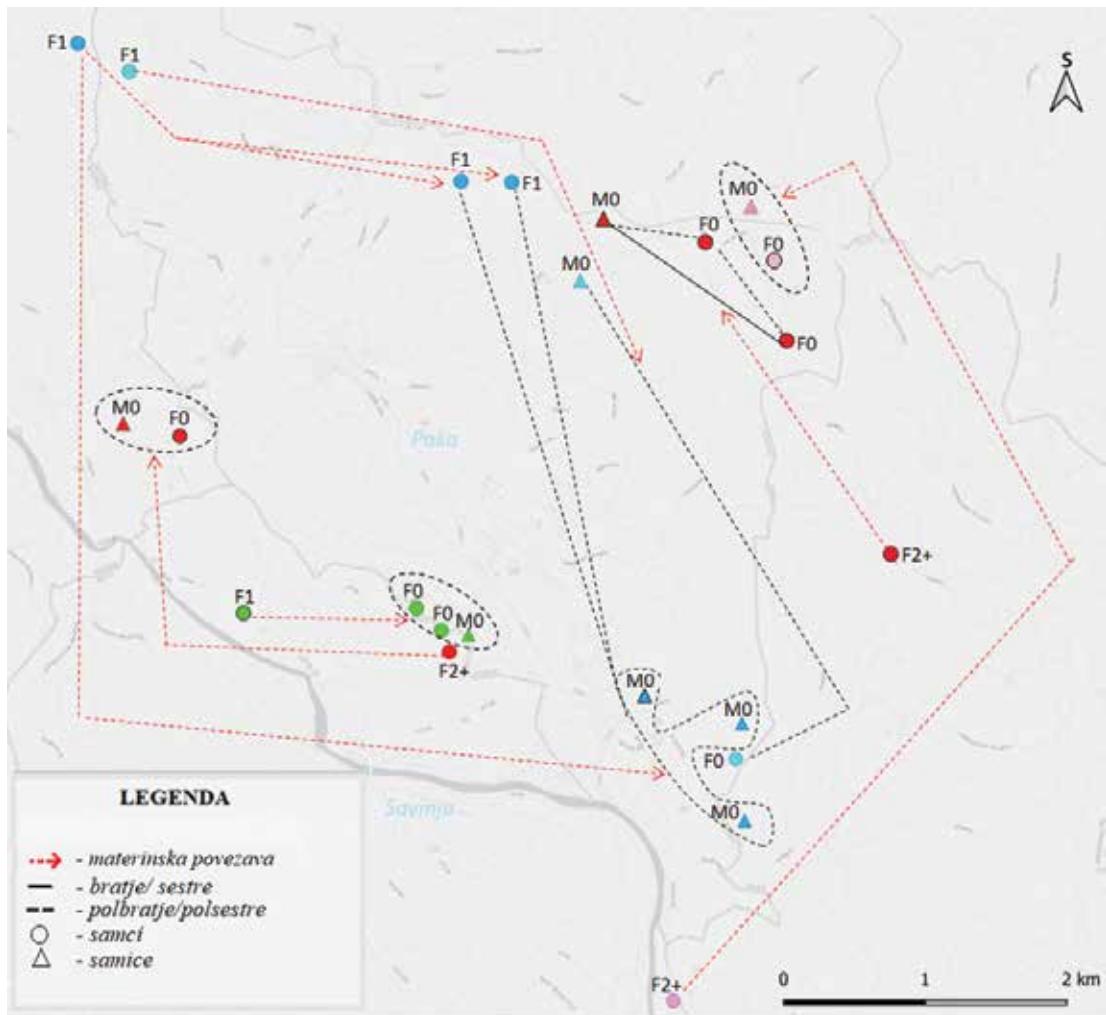
moškega spola (št. 11) rdeče socialne skupine s srednje staro svinjo kot materjo (št. 7); (ii) leglo modre socialne skupine, v katerem so bili trije mladiči moškega spola (št. 25, 26 in 27) in dve lanščakinji (št. 48 in 58; obe sta bili uplenjeni leta pozneje kot mladiči) s prepoznano lanščakinjo

(št. 19) kot materjo; (iii) leglo dveh mladičev ženskega spola (št. 37 in 39) in mladiča moškega (št. 38) zelene socialne skupine, ki so imeli mater lanščakinjo (št. 21); (iv) leglo mladičev ženskega (št. 6) in moškega spola (št. 44) zelene socialne skupine (zaradi lažjega ločevanja na slikah 4 in

Izvirni znanstveni članek

5 prikazano v roza barvi) z mlado svinjo (št. 23) kot materjo, ki je bila odvzeta v skrajnem južnem delu lovišča; (v) leglo mladičev moškega (št.

45) in ženskega spola (št. 30) iz rdeče socialne skupine, ki sta bila potomca mlade svinje (št. 36).



Slika 5: Lokacije odvzem divjih prašičev v lovišču Oljka (2017–2020), za katere smo potrdili pojav večočetovstva. Vsaka barva predstavlja posamezno leglo. Barvne črtane črte prikazujejo polsestrske/polbratske vezi, rdeča črtana črta pa njihove prepozname matere. Prikazani so vsi sorodstveni odnosi z >90 % verjetnostjo. Označke prikazujejo spol (samci – M; samice – F) in starost (mladiči – 0; enoletni – 1; večletni – 2+).

Figure 5: Locations of harvested wild boar in hunting ground Oljka (2017–2020) for which multiple paternity was determined. Each colour represents one litter. Colourful dashed lines indicate halfsibblings relationships and red dashed lines maternal relationships. All relationships with >90% probabilities are shown. Abbreviations represent sex (males – M; females – F) and age of individuals (piglets – 0; subadults – 1; adults – 2+).

4 Razprava

4.1 Prostorska navezanost in socialna organiziranost divjih prašičev

Divji prašič je dolgo veljal za neteritorialno vrsto (Keuling in sod., 2008; Allwin in sod., 2016), saj lahko velikost življenjskega okoliša samcev presega več sto hektarjev (npr. Hartley in sod., 2015), dnevni premiki (zlasti odraslih merjascev) pa lahko znašajo več 10 km na dan (Jánoska in sod., 2018). Vendar so nedavne molekularne in telemetrijske raziskave razkrile, da divji prašiči lahko odražajo tudi močno teritorialno vedenje in se življenjski okoliši različnih socialnih (tj. sorodstveno povezanih) skupin vedno ne prekrivajo. To velja predvsem za socialne skupine, ki jih vodijo dominantne večletne svinje ali lanščakinje (Podgórski in sod., 2014a, 2014b). Zato in praviloma kratkih premikov samic, ki se po navadi gibljejo znotraj prostora, velikega <33 ha (Russó in sod., 1997), lahko privzamemo, da lokacije odvzema v našo raziskavo vključenih osebkov dobro odražajo območje njihovega življenjskega okoliša.

Glede na genotipe analiziranih živali ($n = 58$) smo v raziskovalnem območju (lovišče Oljka) in obdobju (2017–2020) določili prisotnost šestih socialnih skupin, tj. skupin osebkov v ožjem in daljnem sorodstvu (slika 2). Divji prašiči so izjemno socialne živali, ki živijo v socialnih skupinah oz. tropih (angl. sounder). Osnovno socialno skupino sestavljajo svinje s potomci (tj. družinska skupina). Odrasli samci živijo praviloma ločeno od tropov, tj. solitarno (samotarsko), skupinam se pridružijo le med razmnoževalnim obdobjem (Hughes, 1985). Vendar poleg matrilinearno povezanih tropov (s kratkotrajno prisotnostjo odraslih samcev) kot osnovne socialne skupine (Allwin in sod., 2016) obstaja še več oblik socialnih skupin, ki jih lahko sestavljajo divji prašiči, npr.: skupine subadultnih osebkov (lanščakinj in/ali lanščakov); mešane skupine odraslih in subadultnih živali; družinska skupina z eno

odraslo svinjo in njenimi mladiči tekočega leta; razširjena skupina, ki zajema odrasle svinje z mladiči in subadultne osebke; sami mladiči brez matere; mešane skupine lanščakov (obeh spolov) in mladičev.

Glede na prostorske in časovne podatke odvzema osebkov ter analize sorodnosti smo v analizirani populaciji kot daleč prevladujočo prepoznali razširjeno socialno skupino na jugovzhodnem in severnem delu lovišča (predvsem Gora Oljka in Veliki Vrh, tudi Skorno; modra skupina), ki so jo sestavlja odrasle svinje z mladiči in lanščaki/lanščakinjami. Prostorski prikaz sorodstveno povezanih osebkov (slika 2) sicer na prvi pogled nakazuje, da se socialne skupine v raziskovalnem lovišču v grobem ločujejo na jugovzhodni (Slatine; različne skupine) in preostali del lovišča (modra skupina), kot manjši prostorski oviri pa jih ločujeta reka Paka in polurbana krajina Šmartna ob Paki ter sosednjih naselij (slike 1 in 2). Vendar je vpogled v oddaljene sorodstvene vezi (slika 2) in sočasni odvzem različnih osebkov pokazal, da so znotraj posameznih tropov tudi nesorodni osebki, torej so socialne skupine kompleksne in heterogene oz. jih ne sestavljajo zgolj sorodni osebki, kot je bilo dosedanje prepričanje. Temelj socialne organiziranosti divjih prašičev naj bi bile namreč filopatrične odrasle svinje s fakultativno kooperativno skrbjo za mladiče, za katere skrbijo vsi osebki v tropu, ne le mati; osnovna socialna skupina je torej matrilinealna skupina, ki jo sestavljajo ena ali več sorodstveno povezanih samic ter ena ali več kohort njihovih potomcev (npr. Briedermann, 1986). Po končanem dojenju večina potomk ostane z materami, okrog 20 % pa jih pri starosti med petimi in desetimi meseci zapusti rojstno skupino in skuša oblikovati novo socialno skupino oz. svoj trop (Kaminski in sod., 2005); veliko pogostejsa in daljša je mladostna disperzija mladičev moškega spola (Truvé in Lemel, 2003). Ko mladič ženskega spola dosežejo spolno zrelost, se torej začnejo razmnoževati in ostanejo znotraj materinske skupine ali v njeni bližini (Kaminski in sod., 2005; Tack, 2018). Zato samice odražajo

Izvirni znanstveni članek

dolgoročno zvestobo manjšemu življenjskemu okolišu in imajo pogosto prekrivajoče okoliše (Boitani in sod., 1994; Sparklin in sod., 2009; Podgórski in sod., 2014b).

Vendar pa molekularne raziskave kažejo, da je socialna organizacija divjih prašičev veliko kompleksnejša, saj so pogosto del neke socialne skupine tudi osebki, ki sorodstveno niso povezani z drugimi osebki znotraj tropa (Iacolina in sod., 2009; Podgórski in sod., 2014b). To smo zaznali tudi v naši raziskavi (sliki 2 in 3; priloga P2): (i) mladiči zelene socialne skupine (št. 37 in 39 – F0; št. 38 – M0) so bili 17. 11. 2019 uplenjeni skupaj z večletno svinjo rdeče skupine (št. 36) v Slatinah (obrobje Letuškega polja), medtem ko je bila njihova mati (lanščakinja; št. 21) nekaj mesecev prej (25. 7. 2019) povožena 2 km zahodno, v bližini reke Savinje (pri Hrašanu); (ii) mladič zelene socialne skupine (št. 44; M0) je bil 9. 12. 2019 uplenjen na krmišču (Poprask) v osrednjem delu prostorske razsirjenosti modre skupine, njegova mati (št. 23; dveletna svinja) pa je bila uplenjena štiri mesece prej (1. 8. 2019) na skrajnem jugovzhodnem delu lovišča (Obu). Vključevanje nesorodnih osebkov (mladičev) v nove socialne skupine lahko pojasnimo tako, da so njihove matere predhodno izgubile življenje, zato so se mladiči pridružili drugim tropom, ki so jih tudi sprejeli. Pri divjih prašičih je v primeru smrti matere posvojitev oz. skrb za mladiče drugih svinj sicer pogost in dobro znan pojav (npr. Andersson in sod., 2011).

Lokacije odvezema staršev (svinj/lanščakinj in lanščakov) in njihovih prepoznanih potomcev (mladičev obeh spolov, lanščakov/lanščakinj in večletnih svinj) so prikazane na sliki 3. Z nje je razvidno, da so bile lokacije odvezema potomcev praviloma oddaljene <3 km od lokacije smrti njihovih mater. Po skotitvi svinja ostane z mladiči v času dojenja in je izolirana od socialne skupine, kar po navadi traja do tretjega oz. četrtega meseca starosti mladičev. Po koncu dojenja se svinji pridružijo tudi druge svinje (lahko s potomci), ki so pogosto sorodstveno

povezane; oblikujejo matrilinealno skupino, ki ostane stabilna do naslednjega buka, ko se tropu za kratek čas pridružijo tudi samci (zbrano v Allwin in sod., 2016; Tack, 2018). Večina potomk ostane blizu svoje socialne skupine, približno 20 % pa gre v disperzijo (Kaminski in sod., 2005) oz. oblikujejo nove socialne skupine s sestrami, pogosto v bližini natalne skupine. To velja tudi za lanščakinji (št. 48 in 58), uplenjeni julija 2020 približno 3 km stran od lokacije smrti njune matere (št. 19), ki je glede na prepoznamo starost lanščakinj življenje izgubila skoraj takoj po njuni skotitvi (18. 7. 2019). Slednje kaže na relativno majhen življenjski okoliš samic, ki je tudi do štirikrat manjši od okoliša samcev (Allwin in sod. 2016; Gaston in sod., 2008). Kljub temu je bilo nekaj mladičev odvzetih >6 km od lokacije odvezema mater (slika 3): (i) mladiča moškega (št. 44) in ženskega spola (št. 6) ter večletna svinja (št. 23); (ii) trije mladiči moškega spola (št. 25, 26 in 27) in mati lanščakinja (št. 19); (iii) mladiča moškega (št. 45) in ženskega spola (št. 30) ter večletna svinja (št. 7). Za večino kombinacij velja, da je bila mati uplenjena več mesecev pred mladiči, zato so poiskali novo socialno skupino, kateri so se pridružili. Izjema je mladič ženskega spola (št. 6), ki je bil uplenjen 29. 8. 2018, skoraj leto pred smrtno (1. 8. 2019) matere – dveletne svinje (št. 23). To nakazuje, da je bil prvotni življenjski okoliš te samice (tedaj še lanščakinje) na območju Velikega Vrha v severnem delu lovišča, kjer je bil odvzet mladič.

Na sliki 5 smo prikazali prepoznane sestrskе in bratske ter polsestrskе in polbratske vezi. Večina sorodstveno povezanih mladičev je bila odvzetih na manjšem območju (<2 km²), kar sovpada z opisanimi lastnostmi socialne organizacije divjega prašiča. Pri tem izstopata lanščakinji modre socialne skupine (št. 48 in 58), ki sta bili uplenjeni leto pozneje (julija 2019) od svojih sorojencev (št. 25, 26 in 27; M0) v severnem delu lovišča (Veliki Vrh) oz. tik ob meji v sosednjem lovišču Smrekovec. Po vsej verjetnosti sta še kot mladiča po odstrelu sorojencev (avgust, 2019) oz. njihove skupne matere lanščakinje (št. 19; julij

Izvirni znanstveni članek

2019) zaradi izgube natalne socialne skupine, nadaljevali življenje z drugimi osebki razširjene (modre) socialne skupine (sliki 3 in 4).

4.2 Pojav večočetovstva pri divjih prašičih v Sloveniji

Čeprav v naš vzorec nismo zajeli nobenega odraslega merjasca, niti ne veliko enoletnih samcev (12 % vseh analiziranih), kar bi lahko bila – poleg zahtevnejšega lova – tudi posledica večjih življenjskih okolišev, disperzij in dnevnih premikov enoletnih ter odraslih samcev (Singer in sod., 1981; Sterner in sod., 1990; Choquenot in sod., 1997; Gaston in sod., 2008; Hartley in sod., 2015), smo vseeno pridobili prve dokaze za (pogost) pojav večočetovstva pri divjih prašičih v Sloveniji. Za šest od osmih prepoznavnih legel s polbratskimi oz. polsestrskimi vezmi smo namreč z >95 % zanesljivostjo določili njihove matere (preglednica 5; sliki 4 in 5), kar pomeni, da so mladiči znotraj legal imeli različne ocete.

Pojav večočetovstva ima za vrsto mnoge evolucijske prednosti, saj lahko samci zaplodijo več potomcev, samicam pa je omogočena t. i. spermalna kompeticija, ko sprošcene jajčne celice oplodijo le najbolj viabilni spermiji (Parker, 1970). Poleg tega lahko zaporedno parjenje (v enem ovulacijskem ciklu) z več samci povečuje genetsko variabilnost (Bergeron in sod., 2011), genetsko zasnovno (Jennions in Petrie, 2000) in fenotipsko variabilnost potomcev (Gamelon in sod., 2018). Pojav večočetovstva kot pogoste razmnoževalne strategije je bil pri divjih prašičih potrjen še nedavno (Delgado in sod., 2008; Gayet in sod. 2016, 2021; Müller in sod., 2018). Zato so dejavniki, ki vplivajo na pojavnost, še domala neraziskani. Najnovejša raziskava (Gayet in sod., 2021) pa potrjuje, da je večočetovstvo zelo pogosto pri divjih prašičih v Evropi in je delno odvisno od lovskega pritiska oz. je povezano s selektivnim lovljenjem večjih in večletnih samcev. Pogosto večočetovstvo lahko zelo vpliva na populacijsko dinamiko

divjega prašiča, in sicer tako zaradi prej naštetih prednosti kot tudi evolucijsko pogojene težnje za ohranjanje velikega razmnoževalnega potenciala samcev, ki naj bi kompenziral porušeno demografsko strukturo zaradi intenzivnejšega lova odraslih samcev (merjascev) v preteklosti. Razmnoževalni potencial vrste se torej povečuje tudi zaradi povečane stopnje večočetovstva, posledica česar je večanje legal divjega prašiča (Gayet in sod., 2016). Zato bi bilo treba temu pojavu v Sloveniji nameniti večjo pozornost in ga še bolj zanesljivo potrditi ter ugotoviti njegovo frekvenco tudi neposredno, tj. z genetskimi analizami zarodkov, ki bi jih pozimi pridobili od odvzetih brejih svinj oz. lanščakinj.

5 Zaključek

Pričujoča študija je ena prvih genetskih raziskav divjih prašičev v Sloveniji. Vzorčenje je bilo zelo intenzivno (v analize smo vključili 89 % vseh odvzetih osebkov v obdobju od oktobra 2017 do septembra 2020 v raziskovalnem lovišču Oljka Šmartno ob Paki). Zato smo lahko prepoznali visoko stopnjo ožjih sorodstvenih povezav (62 % vseh analiziranih živali) v proučevani populaciji. Združevanje sodobnih molekularnih analiz z natančnimi lokacijami odvzema posameznih osebkov nam je omogočilo vpogled v pomembne socialne in razmnoževalne značilnosti vrste, kot so struktura socialne organizacije, prostorska razporeditev posameznih živali in socialnih skupin ter specifične razmnoževalne značilnosti vrste, npr. pojav večočetovstva znotraj istih legel. V relativno majhnem raziskovalnem območju smo zaznali veliko sorodstveno povezanost osebkov, kar kaže na obstoj manj socialnih matriarhalnih skupin, velik matrilinealni učinek z izrazito prostorsko navezanostjo samic ter odsotnost mladostne disperzije mladičev, ki so bili praviloma uplenjeni v neposredni bližini lokacij smrti njihovih mater. Poleg osnovnega tipa socialne skupine, tj. družinske skupine (dominantna svinja s potomci in drugimi sorodstveno povezanimi svinjami), smo potrdili tudi obstoj drugačnih skupin/tropov, ki jih

lahko sestavljajo tudi nesorodne živali, kar so v preteklosti zaznale le maloštevilne študije (Iacolina in sod., 2009; Podgórski in sod., 2014b). Pridobili smo tudi prvi dokaz o obstoju večočetovstva divjih prašičev v Sloveniji, kar terja nadaljnje raziskave tega pojava, saj lahko večočetovstvo pomembno vpliva na populacijsko dinamiko vrste in povečuje že tako velik razmnoževalni potencial divjih prašičev. Tudi zato so genetske analize, s katerimi smo začeli v modelnem lovišču, zelo pomembne za smotrno, trajnostno upravljanje populacij, saj omogočajo razumevanje skritih odnosov in zakonitosti, ki so vidne le na nivoju genov in so ključne za spodbujanje čim uspenejšega, na znanju temelječega upravljanja te ekološko in ekonomsko zelo pomembne vrste.

6 Zahvala

Raziskava je potekala v sklopu ciljnih raziskovalnih projektov (CRP) Divjad v naseljih, na cestah in drugih nelovnih površinah: težave, izzivi in rešitve (V4–1825) in Vpliv zveri na parkljarje: določitev vrstno specifične stopnje plenjenja in pomena za upravljanje prostoživečih velikih sesalcev v Sloveniji (V1–2031), ki sta ju financirala Ministrstvo za kmetijstvo, gozdarstvo in prehrano ter Javna agencija za raziskovalno dejavnost RS. Izvedbo raziskave so omogočila tudi finančna sredstva projekta STEPCHANGE, ki je financiran iz programa Evropske unije za raziskave in inovacije Obzorje 2020 v okviru sporazuma o nepovratnih sredstvih, št. 101006386, ter namenjenega pospeševanju sodelovanja z lovci kot ljubiteljskimi znanstveniki pri spremljjanju in raziskovanju prostoživečih živali in biotske raznovrstnosti; ter sredstva programske skupine P1–0386 (Varstvena biologija od molekul do ekosistema). Iskreno se zahvaljujemo vsem lovcom lovske družine Oljka, Šmartno ob Paki, ki so pomagali zbirati vzorce odvzetih divjih prašičev.

7 Viri

- Acevedo, P., Farfán, M. A., Márquez, A. L., Delibes-Mateos, M., Real, R., Vargas, J. M. 2011. Past, present and future of wild ungulates in relation to changes in land use. *Landscape Ecology* 26(1): 19–31.
- Acevedo, P., Escudero, M. A., Muñoz, R., Gortázar, C. 2006. Factors affecting wild boar abundance across an environmental gradient in Spain. *Acta Theriologica* 51(3): 327–336.
- Acevedo, P., Quirós-Fernández, F., Casal, J., Vicente, J. 2014. Spatial distribution of wild boar population abundance: Basic information for spatial epidemiology and wildlife management. *Ecological Indicators* 36: 594–600.
- Allwin, B., Gokarn, N. S., Vedamanickam, S., Gopal, S. 2016. The wild pig (*Sus scrofa*) behavior - a retrospective study. *Journal of Dairy, Veterinary & Animal Research* 3(3): 115–125.
- Andersson, A., Valros, A., Rombin, J., Jensen, P. 2011. Extensive infanticide in enclosed European wild boars (*Sus scrofa*). *Applied Animal Behaviour Science* 134(4): 184–192.
- Apollonio, M., Andersen, R., Putman, R. J. 2010. European ungulates and their management in the 21st century. Cambridge, Cambridge University Press: 604 str.
- Barrios-Garcia, M., Ballari, N. S. A. 2012. Impact of wild boar (*Sus scrofa*) in its introduced and native range: A review. *Biological Invasions* 14(11): 2283–2300.
- Baubet, E., Bonenfant, C., Brandt, S. 2004. Diet of the wild boar in the French Alps. *Galemys: Boletín informativo de la Sociedad Española para la conservación y estudio de los mamíferos* 16(1): 101–113.
- Benton, C. H., Delahay, R. J., Smith, F. A. P., Robertson, A., McDonald, R. A., Young, A. J., ... Hodgson, D. 2018. Inbreeding intensifies sex- and age-dependent disease in a wild mammal. *Journal of Animal Ecology* 87(6): 1500–1511.
- Bergeron, P., Réale, D., Humphries, M. M., Garant, D. 2011. Evidence of multiple paternity and mate selection for inbreeding avoidance in wild eastern chipmunks. *Journal of Evolutionary Biology* 24(8): 1685–1694.
- Bieber, C., Ruf, T. 2005. Population dynamics in wild boar *Sus scrofa*: Ecology, elasticity of growth rate and

Izvirni znanstveni članek

- implications for the management of pulsed resource consumers. *Journal of Applied Ecology* 42(6): 1203–1213.
- Boitani, L., Mattei, L., Nonis, D., Corsi, F., Boitani, L., Mattei L., ...Corsi, F. 1994. Spatial and activity patterns of wild boars in Tuscany, Italy. *American Society of Mammalogists* 75(3): 600–612.
- Bončina, A. 2021. Določitev sorodstvenih, razmnoževalnih in prostorskih značilnosti evropske srne in divjega prašiča v modelnem lovišču z analizo genetske povezanosti osebkov: magistrsko delo. Koper, Univerza na Primorskem, Fakulteta za matematiko, naravoslovje in informacijske tehnologije.
- Bončina, A., Pokorný, B., Sternad, M., Bužan, E. 2019. Genetska povezanost in sorodstvena razmerja evropske srne v modelnem lovišču osrednje Slovenije. *Zlatorogov zbornik* 6: 10–28.
- Bongi, P., Tomaselli, M., Petraglia, A., Tintori, D., Carbognani, M. 2017. Wild boar impact on forest regeneration in the northern Apennines (Italy). *Forest Ecology and Management* 391: 230–238.
- Briedermann, L. 1986. *Schwarzwild*. Berlin, Germany: Neumann-Neudamm Verlag.
- Bueno, C. G., Barrio, I. C., García-González, R., Alados, C. L., Gómez-García, D. 2011a. Assessment of wild boar rooting on ecological and pastoral values of alpine pyrenean grasslands. *Pirineos* 166: 51–67.
- Bueno, C. G., Reiné, R., Alados, C. L., Gómez-García, D. 2011b. Effects of large wild boar disturbances on alpine soil seed banks. *Basic and Applied Ecology* 12(2): 125–133.
- Buzan, E., Gerič, U., Potušek, S., Flajšman, K., Pokorný, B. 2020. First insights into the population genetic structure and heterozygosity–fitness relationship in roe deer inhabiting the area between the alps and dinaric mountains. *Animals* 10(12): 1–25.
- Buzan, E., Potušek, S., Duniš, L., Pokorný, B. 2022. Neutral and selective processes shape MHC diversity in roe deer in Slovenia. *Animals* 12(6): 723.
- Carling, M. D., Wiseman, P. A., Byers, J. A. 2003. Microsatellite analysis reveals multiple paternity in a population of wild pronghorn antelopes (*Antilocapra americana*). *Journal of Mammalogy* 84(4): 1237–1243.
- Chapuis, M. P., Estoup, A. 2007. Microsatellite null alleles and estimation of population differentiation. *Molecular Biology and Evolution* 24(3): 621–631.
- Chen, K., Baxter, T., Muir, W. M., Groenen, M. A., Schook, L. B. 2007. Genetic resources, genome mapping and evolutionary genomics of the pig (*Sus scrofa*). *International Journal of Biological Sciences* 3(3): 153–165.
- Conyers, C. M., Allnutt, T. R., Hird, H. J., Kaye, J., Chisholm, J. 2012. Development of a microsatellite-based method for the differentiation of European wild boar (*Sus scrofa scrofa*) from domestic pig breeds (*Sus scrofa domestica*) in food. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 60(13): 3341–3347.
- Costa, V., Pérez-González, J., Santos, P., Fernández-Llario, P., Carranza, J., Zsolnai, A., ... Beja-Pereira, A. 2012. Microsatellite markers for identification and parentage analysis in the European wild boar (*Sus scrofa*). *BMC Research Notes* 5: 479.
- Delgado, R., Fernández-Llario, P., Azevedo, M., Beja-Pereira, A., Santos, P. 2008. Paternity assessment in free-ranging wild boar (*Sus scrofa*) - are littermates full-sibs? *Mammalian Biology* 73(3): 169–176.
- Dellicour, S., Prunier, J. G., Piry, S., Eloy, M. C., Bertouille, S., Licoppe, A., Flamand, M. C. 2019. Landscape genetic analyses of *Cervus elaphus* and *Sus scrofa*: comparative study and analytical developments. *Heredity* 123(2): 228–241.
- Deyong, R. W., Honeycutt, R. L. 2005. The Molecular Toolbox: Genetic Techniques Ecology Methods. *The Journal of wildlife management* 69(4): 1362–1384.
- Dugdale, H. L., Macdonald, D. W., Pope, L. C., Burke, T. 2007. Polygyny, extra-group paternity and multiple-paternity litters in European badger (*Meles meles*) social groups. *Molecular Ecology* 16(24): 5294–5306.
- Falcón, W., Goldberg, C. S., Waits, L. P., Estes-Zumpf, W. A., Rachlow, J. L. 2011. First record of multiple paternity in the pygmy rabbit (*Brachylagus idahoensis*): Evidence from analysis of 16 microsatellite loci. *Western North American Naturalist* 71(2): 271–275.
- Focardi, S., Gaillard, J. M., Ronchi, F., Rossi, S. 2008. Survival of wild boars in a variable environment: unexpected life-history variation in an unusual ungulate. *Journal of Mammalogy* 89(5): 1113–1123.

Izvirni znanstveni članek

- Frantz, A. C., Bertouille, S., Eloy, M. C., Licoppe, A., Chaumont, F., Flamand, M. C. 2012. Comparative landscape genetic analyses show a Belgian motorway to be a gene flow barrier for red deer (*Cervus elaphus*), but not wild boars (*Sus scrofa*). *Molecular Ecology* 21(14): 3445–3457.
- Fraendorf, M., Gethöffer, F., Siebert, U., Keuling, O. 2016. The influence of environmental and physiological factors on the litter size of wild boar (*Sus scrofa*) in an agriculture dominated area in Germany. *Science of the Total Environment* 541: 877–882.
- Gamelon, M., Gayet, T., Baubet, E., Devillard, S., Say, L., Brandt, S., ... Sæther, B. E. 2018. Does multiple paternity explain phenotypic variation among offspring in wild boar? *Behavioral Ecology* 29(4): 904–909.
- Gaston, W., Armstrong, J., Arjo, W., Stribling, H. 2011. Home range and habitat use of feral hogs (*Sus scrofa*) on Lowndes County WMA, Alabama. V: National Conference on Feral Hogs, St. Louis Missouri: 1–18.
- Gayet, T., Ludovic, S., Baubet, E., Devillard, S. 2021. Consistently high multiple paternity rates in five wild boar populations despite varying hunting pressures. *Mammalian Biology* 101: 321–327.
- Gayet, Thibault, Devillard, S., Gamelon, M., Brandt, S., Say, L., Baubet, E. 2016. On the evolutionary consequences of increasing litter size with multiple paternity in wild boar (*Sus scrofa scrofa*). *Evolution, international journal of organic evolution* 70(6): 1386–1397.
- Glen, A. S., Cardoso, M. J., Dickman, C. R., Firestone, K. B. 2009. Who's your daddy? Paternity testing reveals promiscuity and multiple paternity in the carnivorous marsupial *Dasyurus maculatus* (Marsupialia: Dasyuridae). *Biological Journal of the Linnean Society* 96(1): 1–7.
- Hartley, S. B., Goatcher, B. L., Sapkota, S. K. 2015. Movements of wild pigs in Louisiana and Mississippi: report 2011-2013. Virginia, U.S. Geological survey: <http://dx.doi.org/10.3133/ofr20141241>; 1–10.
- Herrero, J., García-Serrano, A., Couto, S., Ortúñoz, V. M., García-González, R. 2006. Diet of wild boar *Sus scrofa* L. and crop damage in an intensive agroecosystem. *European Journal of Wildlife Research* 52(4): 245–250.
- Hrazdilová, K., Lesiczka, P. M., Bardoň, J., Vyroubalová, Š., Šimek, B., Zurek, L., Modrý, D. 2021. Wild boar as a potential reservoir of zoonotic tick-borne pathogens. *Ticks and Tick-borne Diseases* 12(1): 101558.
- Hughes, T.W. 1985. Home range, habitat utilization, and pig survival of feral swine on the Savannah River Plant. Clemson, South Carolina, USA.
- Iacolina, L., Pertoldi, C., Amills, M., Kusza, S., Megens, H. J., Bâlteanu, V. A., ... Stronen, A. V. 2018. Hotspots of recent hybridization between pigs and wild boars in Europe. *Scientific Reports* 8(1): 1–11.
- Iacolina, L., Scandura, M., Bongi, P., Apollonio, M. 2009. Nonkin associations in wild boar social units. *Journal of Mammalogy* 90(3): 666–674.
- Jackson, N. D., Fahrig, L. 2011. Relative effects of road mortality and decreased connectivity on population genetic diversity. *Biological Conservation* 144(12): 3143–3148.
- Jánoska, F., Farkas, A., Marosán, M., Fodor, J. T. 2018. Wild boar (*Sus scrofa*) home range and habitat use in two Romanian habitats. *Acta Silvatica et Lignaria Hungarica* 14(1): 51–63.
- Jelenko, I., Kopušar, N., Stergar, M., Jerina, K., Meterc, G., Jurc, M., ... Pokorný, B. 2010. Divji prasič in škode na travinju: zaključno poročilo. Velenje, ERCo, Inštitut za ekološke raziskave: 240 str.
- Jennions, M. D., Petrie, M. 2000. Why do females mate multiply? A review of the genetic benefits. *Biological Reviews* 75(1): 21–64.
- Jerina, K., Stergar, M., Pokorný, B., Jelenko, I., Miklavčič, V., Bartol, M., Marolt, J. 2013. Določitev najbolj primernih kazalnikov za spremljanje stanja populacij divjadi in njihovega okolja pri adaptivnem upravljanju: Zaključno poročilo o rezultatih opravljenega raziskovalnega dela na projektu v okviru Ciljnega raziskovalnega programa (CRP; V4-1146). Ljubljana, Biotehniška fakulteta, Oddelek za gozdarstvo in obnovljive gozdne vire; ERCo Velenje, Inštitut za ekološke raziskave: str. 6–50.
- Jerina, K. 2006. Vplivi okoljskih dejavnikov na prostorsko razporeditev divjega prasiča (*Sus scrofa* L.) v Sloveniji. *Zbornik gozdarstva in lesarstva* 81: 3–20.
- Jerina, K., Pokorný, B., Stergar, M. 2014. First evidence of long-distance dispersal of adult female wild boar (*Sus scrofa*) with piglets. *European Journal of Wildlife Research* 60(2): 367–370.
- Johann, F., Handschuh, M., Linderöth, P., Dormann, C. F., Arnold, J. 2020. Adaptation of wild boar (*Sus scrofa*) activity in a human-dominated landscape. *BMC Ecology* 20(1): 1–14.

Izvirni znanstveni članek

- Kaminski, G., Brandt, S., Baubet, E., Baudoin, C. 2005. Life-history patterns in female wild boars (*Sus scrofa*): Mother-daughter postweaning associations. Canadian Journal of Zoology 83(3): 474–480.
- Keller, D., Holderegger, R., van Strien, M. J., Bolliger, J. 2015. How to make landscape genetics beneficial for conservation management? Conservation Genetics 16(3): 503–512.
- Keuling, O., Baubet, E., Duscher, A., Ebert, C., Fischer, C., Monaco, A., ... Thurfjell, H. 2013. Mortality rates of wild boar *Sus scrofa* L. in central Europe. European Journal of Wildlife Research 59(6): 805–814.
- Keuling, O., Podgórski, T., Monaco, A., Melletti, M., Merta, D., Albrycht, M., ... Vetter, F., Jori, R., Scalera, J. G. 2018. Eurasian wild boar *Sus scrofa* (Linnaeus, 1758). V: Ecology, conservation and management of wild pigs and peccaries. Melletti, M., Meijaard, E. (ur.). Cambridge, Cambridge University Press: str. 202–233.
- Keuling, O., Stier, N., Roth, M. 2008. Annual and seasonal space use of different age classes of female wild boar *Sus scrofa* L. European Journal of Wildlife Research 54(3): 403–412.
- Keuling, O., Stier, N., Roth, M. 2009. Commuting, shifting or remaining?: Different spatial utilisation patterns of wild boar *Sus scrofa* L. in forest and field crops during summer. Mammalian Biology 74(2): 145–152.
- Lagos, L., Picos, J., Valero, E. 2012. Temporal pattern of wild ungulate-related traffic accidents in northwest Spain. European Journal of Wildlife Research 58(4): 661–668.
- Lecis, R., Dondina, O., Valerio Orioli, J., Biosa, D., Canu, A., Fabbri, G., ... Scandura, M. 2022. Main roads and land cover shaped the genetic structure of a Mediterranean island wild boar population. Ecology and Evolution 12(4): e8804.
- Markussen, S. S., Herfindal, I., Loison, A., Solberg, E. J., Haanes, H., Røed, K. H., ... Sæther, B. E. 2019. Determinants of age at first reproduction and lifetime breeding success revealed by full paternity assignment in a male ungulate. Oikos 128(3): 328–337.
- Marshall, T. C., Slate, J., Kruuk, L. E. B., Pemberton, J. M. 1998. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. Molecular Ecology 7(5): 639–655.
- Maselli, V., Rippa, D., Russo, G., Ligrone, R., Soppelsa, O., D'Aniello, B., ... Fulgione, D. 2014. Wild boars' social structure in the Mediterranean habitat. Italian Journal of Zoology 81(4): 610–617.
- Massei, G., Kindberg, J., Licoppe, A., Gačić, D., Šprem, N., Kamler, J., ... Náhlik, A. 2015. Wild boar populations up, numbers of hunters down? A review of trends and implications for Europe. Pest Management Science 71(4): 492–500.
- Meister, B., Ursenbacher, S., Baur, B. 2012. Frequency of multiple paternity in the grass snake (*Natrix natrix*). Amphibia Reptilia 33(2): 308–312.
- Merli, E., Meriggi, A. 2006. Using harvest data to predict habitat-population relationship of the wild boar *Sus scrofa* in Northern Italy. Acta Theriologica 2006 51:4 51(4): 383–394.
- Mihalik, B., Frank, K., Astuti, P. K., Szemethy, D., Szendrei, L., Szemethy, L., ... Stéger, V. 2020. Population genetic structure of the wild boar (*Sus scrofa*) in the Carpathian basin. Genes 11(10): 1–9.
- Mori, E., Benatti, L., Lovari, S., Ferretti, F. 2017. What does the wild boar mean to the wolf? European Journal of Wildlife Research 63(1): 1–5.
- Mori, E., Ferretti, F., Lagrotteria, A., La Greca, L., Solano, E., Fattorini, N. 2020. Impact of wild boar rooting on small forest-dwelling rodents. Ecological Research 35(4): 675–681.
- Müller, B., Keuling, O., Glensk, C., Brün, J. 2018. Mother's baby, father's maybe: the occurrence and frequency of multiple paternity in the European wild boar. Evolutionary Ecology Research 19(5): 547–560.
- Parker, G. A. 1970. Sperm competition and its evolutionary consequences in the insects. Biological Reviews of the Cambridge Philosophical Society 45: 525–567.
- Peakall, R., Smouse, P. E. 2012. GenALEX 6.5: Genetic analysis in excel: population genetic software for teaching and research—an update. Bioinformatics 28(19): 2537–2539.
- Pearse, D. E., Anderson, E. C. 2009. Multiple paternity increases effective population size. Molecular Ecology 18(15): 3124–3127.

Izvirni znanstveni članek

- Molekularno-genetske raziskave divjega prašiča razkrile pojav večočetovstva in matrilinealnega učinka socialnih skupin
- Podgórski, T., Baś, G., Jędrzejewska, B., Sönnichsen, L., Śniezko, S., Jędrzejewski, W., Okarma, H. 2013. Spatiotemporal behavioral plasticity of wild boar (*Sus scrofa*) under contrasting conditions of human pressure: primeval forest and metropolitan area. Journal of Mammalogy 94(1): 109–119.
- Podgórski, T., Lusseau, D., Scandura, M., Sönnichsen, L., Jędrzejewska, B. 2014a. Long-lasting, kin-directed female interactions in a spatially structured wild boar social network. PLoS ONE 9(6): 1–11.
- Podgórski, T., Scandura, M., Jedrzejewska, B. 2014b. Next of kin next door - philopatry and socio-genetic population structure in wild boar. Journal of Zoology 294(3): 190–197.
- Pokorný B. 2002. Lovskogospodarski načrt za lovišče Oljka, Šmartno ob Paki, za obdobje 2002–2006. Velenje, Lovska družina Oljka.
- Pokorný, B., Jelenko, I. 2013. Ekosistemska vloga, pomen in vplivi divjega prašiča (*Sus scrofa* L.). Zlatorogov zbornik 2: 2–30.
- Pokorný, B., Jelenko Turinek, I. 2018. Čeljustnice prostozivečih parkljarjev. Ljubljana, Lovska zveza Slovenije: 137 str.
- Poteaux, C., Baubet, E., Kaminski, G., Brandt, S., Dobson, F. S., Baudoin, C. 2009. Socio-genetic structure and mating system of a wild boar population. Journal of Zoology 278(2): 116–125.
- Queller, D. C., Goodnight, K. F. 1989. Estimating relatedness using genetic markers. Evolution 43(2): 258.
- Rosell, C., Navàs, F., Romero, S. 2012. Reproduction of wild boar in a cropland and coastal wetland area: implications for management. Animal Biodiversity and Conservation 35(2): 209–217.
- Ruiz-Fons, F., Segalés, J., Gortázar, C. 2008. A review of viral diseases of the European wild boar: effects of population dynamics and reservoir rôle. The Veterinary Journal 176(2): 158–169.
- Russo, L., Massei, G., Genov, P. V. 1997. Daily home range and activity of wild boar in a Mediterranean area free from hunting. Ethology Ecology & Evolution 9: 287–294.
- Safner, T. Buzan, E. Rezic, A., Šprem, N. 2019. Small-scale spatial genetic structure of Alpine chamois (*Rupicapra rupicapra*) in Northern Dinarides. European Journal of Wildlife Research 65(2): 10.1007/s10344-019-1259-5.
- Salanti, G., Amountza, G., Ntzani, E. E., Ioannidis, J. P. A. 2005. Hardy-Weinberg equilibrium in genetic association studies: an empirical evaluation of reporting, deviations, and power. European Journal of Human Genetics 13(7): 840–848.
- Sandom, C. J., Hughes, J., Macdonald, D. W. 2013. Rewilding the Scottish highlands: do wild boar, *Sus scrofa*, use a suitable foraging strategy to be effective ecosystem engineers? Restoration Ecology 21(3): 336–343.
- Scandura, M., Iacolina, L., Crestanello, B., Pecchioli, E., Di Benedetto, M. F., Russo, V., ... Bertorelle, G. 2008. Ancient vs. recent processes as factors shaping the genetic variation of the European wild boar: Are the effects of the last glaciation still detectable? Molecular Ecology 17(7): 1745–1762.
- Scandura, M., Iacolina, L., Apollonio, M. 2011. Genetic diversity in the European wild boar *Sus scrofa*: Phylogeography, population structure and wild x domestic hybridization. Mammal Review 41(2): 125–137.
- Segura, A., Acevedo, P., Rodríguez, O., Naves, J., Obeso, J. R. 2014. Biotic and abiotic factors modulating wild boar relative abundance in Atlantic Spain. European Journal of Wildlife Research 60(3): 469–476.
- Servanty, S., Gaillard, J. M., Toigo, C., Brandt, S., Baubet, E. 2009. Pulsed resources and climate-induced variation in the reproductive traits of wild boar under high hunting pressure. Journal of Animal Ecology 78(6): 1278–1290.
- Servanty, S., Gaillard, J. M., Ronchi, F., Focardi, S., Baubet, É., Gimenez, O. 2011. Influence of harvesting pressure on demographic tactics: implications for wildlife management. Journal of Applied Ecology 48(4): 835–843.
- Sjarmidi, A., Gerard, J. F. 1988. Autour De La Systématique Et La Distribution Des Suidés. Italian Journal of Zoology 22(4): 415–448.
- Skrbinšek, T., Luštrik, R., Majić-Skrbinšek, A., Potočnik, H., Kljun, F., Jelenčič, M., ... Trontelj, P. 2019. From science to practice: genetic estimate of brown bear population size in Slovenia and how it influenced bear management. European Journal of Wildlife Research 65(2): 29.
- Sparklin, B. D., Mitchell, M. S., Hanson, L. B., Jolley, D., Ditchkoff, S. S. 2009. Territoriality of feral pigs in a highly persecuted population on Fort Benning, Georgia. Journal of Wildlife Management 73(4): 497–502.
- Oslis, Osrednji Slovenski lovsko informacijski sistem. 2022. <http://oslis.gozdis.si/divjadPoStrukturi> (datum dostopa: 7.7.2022).

Izvirni znanstveni članek

- Stergar, M., Pokorný, B., Jelenko, I., Jerina, K. 2012. Možnosti izpopolnitve kontrolne metode v Sloveniji za še boljše upravljanje z divjadjo. Lovec 95: 125–128.
- Tack, J. 2018. Wild boar (*Sus scrofa*) populations in Europe: a scientific review of population trends and implications for management. Brussels, European Landowners' Organization: 56 str.
- Torres, R. T., Fernandes, J., Carvalho, J., Cunha, M. V., Caetano, T., Mendo, S., ... Fonseca, C. 2020. Wild boar as a reservoir of antimicrobial resistance. Science of the Total Environment 717: 135001.
- Truvé, J., Lemel, J. 2003. Timing and distance of natal dispersal for wild boar *Sus scrofa* in Sweden. Wildlife Biology 9(1): 51–57.
- Vanpe, C., Kjellander, P., Gaillard, J. M., Cosson, J. F., Galan, M., Hewison, A. J. M. 2009. Multiple paternity occurs with low frequency in the territorial roe deer, *Capreolus capreolus*. Biological Journal of the Linnean Society 97(1): 128–139.
- Veličković, N., Đan, M., Ferreira, E., Obreht, D., Beuković, M., Fonseca, C. 2013. Estimation of genetic variability of wild boar populations in Vojvodina based on microsatellites. V: Beuković, M. (ur). 2nd International symposium on hunting - modern aspects of sustainable management of game populations. Novi Sad, University of Novi Sad: str 204.
- Vetter, S. G., Ruf, T., Bieber, C., Arnold, W. 2015. What is a mild winter? Regional differences in within-species responses to climate change. Plos One 10(7): 321–327.
- Vrkoslav, J., Hozjan, D., Barić, D., Ugarković, D., Krapinec, K. 2020. Temporal patterns of vehicle collisions with roe deer and wild boar in the Dinaric area. Croatian Journal of Forest Engineering 41(2): 1–12.
- Waits, L. P., Cushman, S. A., Spear, S. F. 2016. Applications of landscape genetics to connectivity research in terrestrial animals. V: Balkenhol, N., Cushman, S.A., Storfer, A.T., Waits, L.P. (ur). Landscape Genetics: Concepts, Methods, Applications, First Edition. London, Wiley Blackwell: str. 199–219.
- Wang, J. 2004. Sibship reconstruction from genetic data with typing errors. Genetics 166(4): 1963–1979.
- Wang, J. 2012. Computationally efficient sibship and parentage assignment from multilocus marker data. Genetics 191(1): 183–194.

Priloge

Priloga I

Preglednica P1: Podrobni opis petnajstih mikrosatelitnih lokusov, uporabljenih v molekularnih analizah divjih pravičev. Za vsak lokus je navedeno barvilo, temperatura prileganja ($^{\circ}\text{C}$), razpon alelov (bp), motiv, set in referenca. Simbol (*) označuje lokusa, ki nista bila narejena v sklopu setov.

Table P1: Detailed description of 15 microsatellite loci used for molecular analysis of wild boar. For each locus, microsatellite dye, annealing temperature ($^{\circ}\text{C}$), allele range (bp), motif, set and reference are provided. Symbol () shows loci that were not amplified in the primer set.*

Lokus	Barvilo	T prileganja ($^{\circ}\text{C}$)	Razpon alelov (bp)	Motiv (5'-3')	Set	Referenca
S0355	NED	55	230-270	F: TCT GGC TCC TAC ACT CCT TCT TG R: TTG GGT GGG TGC TGA AAA ATA GGA	1	Robic in sod., 1994
SW1492	FAM	52	110-128	F: CAG ACA ATG CAA AAG CTT TCC R: TAA CCA GGA TTT CAG TGG ATT C	1	Alexander in sod., 1996
SW2532	HEX	58	174-214	F: TTC GAC ACA CAG GTT TTA GGG R: GTG GAG GCT TCT GAA ATG TAC C	1	Alexander in sod., 1996
S0090	FAM	55-62	226-250	F: CCA AGA CTG CCT TGT AGG TGA ATA R: GCT ATC AAG TAT TGT ACC ATT AGG	1	Rohrer in sod., 1994
SW122	NED	58	111-127	F: TTG TCT TTT TAT TTT GCT TTT GG R: CAA AAA AGG CAA AAG ATT GAC A	1	Rohrer in sod., 1994
SW2021	NED	65	94-142	F: GCG ACA CAT GAG ATA AAA CTG C R: AAT CCA CAG GCT TAC TCA GAT G	2	Alexander in sod., 1996
SW2496	NED	52	182-232	F: TAT AGC ATT TGG ATG TTC CAC G R: GCC CAA ATA AAG TGG TCT ATG C	2	Alexander in sod., 1996
SW461	FAM	62	118-154	F: GTC CAG GGC AGT CTT GAG AG R: GTC TCT CTC CCT CTC CTC CC	2	Alexander in sod., 1996
SW951	PET	58	106-133	F: TTT CAC AAC TCT GGC ACC AG R: GAT CGT GCC CAA ATG GAC	2	Rohrer in sod., 1994
SW857	FAM	58	123-157	F: TGA GAG GTC AGT TAC AGA AGA CC R: GAT CCT CCT CCA AAT CCC AT	3	Rohrer in sod., 1994
S0155	PET	55	145-162	F: TGT TCT CTG TTT CTC CTC TGT TTG R: AAA GTG GAA AGA GTC AAT GGC TAT	3	Ellengren in sod., 1994
FH1733	FAM	62-47	274-314	F: AAG CCTCAA ACT CCTCATCTCA R: ACCAAAGGCATACTAGGGCTAA	3	Cherel in sod., 2011
FH2148	NED	62-47	236-376	F: TCTGGTTCTGTCCCTAGCC R: GGGCTCTCTCCCTACA	3	Cherel in sod., 2011
IGF1	FAM	55-58	185-211	F: GCT TGG ATG GAC CAT GTT G R: CAT ATT TTT CTG CAT AAC TTG AAC CT	*	Rohrer in sod., 1994
SW24	NED	55-63	75-117	F: CTT TGG GTG GAG TGT GTG C	*	Rohrer in sod., 1994

Izvirni znanstveni članek

Priloga 2

Preglednica P2: Podatki o divjih prašičih, ki so bili vključeni v raziskavo

Table P2: Data on wild boar which were included in the study.

Oznaka vzorca	Oznaka članek	Sorodstveno povezan s/z ****	Datum odvzema	Vzrok odvzema	Starost* Spol	Telesna masa**	Lokacija odvzema	Kvadrant
LME-1491	1	-	17.6.2018	odstrel	1+ M	61,0	Veliki Vrh (Sambor)	N4K3
LME-1492	2	-	21.7.2018	odstrel	1+ M	55,0	Gora Oljka (Podgora)	N4K0
LME-1493	3	52	25.7.2018	odstrel	1+ Ž	40,0	Gora Oljka (Podgora)	N4K0
LME-1494	4	-	3.8.2018	odstrel	0+ M	12,0	Slatine (Paško polje)	N1K2
LME-1495	5	-	17.9.2018	odstrel	0+ M	21,0	Veliki Vrh (Cigler)	N2K4
LME-1496	6	23, 44	29.9.2018	odstrel	0+ Ž	15,0	Veliki Vrh (Zajc)	N4K3
LME-1497	7	8, 10, 11, 36	21.10.2018	odstrel	4-5 Ž	108,0	Gora Oljka (vzhod)	N5K1
LME-1498	8	7, 10, 11	4.11.2018	odstrel	0+ Ž	27,0	Veliki Vrh (Sambor)	N4K3
LME-1499	9	-	4.11.2018	odstrel	0+ Ž	24,5	Veliki Vrh (Sambor)	N4K3
LME-1500	10	7, 8, 11	4.11.2018	odstrel	0+ Ž	27,5	Veliki Vrh (potok)	N4K3
LME-1503	11	7, 8, 10	22.12.2018	odstrel	0+ M	42,0	Veliki Vrh (Bizovčnik)	N3K3
LME-1504	12	18	15.10.2017	odstrel	8+ Ž	125,0	Gora Oljka (zahod)	N4K0
LME-1505	13	-	15.10.2017	odstrel	0+ M	17,5	Gora Oljka (zahod)	N4K0
LME-1506	14	-	4.6.2018	odstrel	0+ M	5,5	Veliki Vrh (Bizovčnik)	N3K3
LME-1558	15	20, 28	22.6.2019	odstrel	0+ M	9,5	Veliki Vrh (Bezgovca)	N3K3
LME-1559	16	-	1.7.2019	odstrel	1+ M	56,5	Gora Oljka (Vinca)	N4J9
LME-1560	17	53	3.7.2019	odstrel	1+ M	76,5	Veliki Vrh (Poprask)	N4K4
LME-1561	18	12	12.7.2019	odstrel	2-4 Ž	82,0	Slatine (Letuško polje)	N2K0
LME-1562	19	25, 26, 27, 48, 58	18.7.2019	odstrel	1+ Ž	45,0	Skorno (Višnje)	N0K5
LME-1563	20	15, 28	19.7.2019	odstrel	1+ Ž	50,0	Skorno (Višnje)	N0K5
LME-1564	21	37, 38, 39	25.7.2019	povoz	1+ Ž	-	Slatine (Hrašan)	N1K1
LME-1565	22	29	28.7.2019	odstrel	0+ Ž	15,0	Slatine (Letuško polje)	N2K0
LME-1566	23	6, 44	1.8.2019	odstrel	2-4 Ž	61,5	Gora Oljka (Obu)	N4J8
LME-1567	24	-	4.8.2019	odstrel	2-4 Ž	75,0	Veliki Vrh (Stanovšek)	N5K4
LME-1568	25	19, 26, 27, 48, 58	10.8.2019	odstrel	0+ M	10,5	Gora Oljka (rezerve)	N4K0
LME-1569	26	19, 25, 27, 48, 58	16.8.2019	odstrel	0+ M	11,5	Gora Oljka (rezerve)	N4K0
LME-1570	27	19, 25, 26, 48, 58	16.8.2019	odstrel	0+ M	13,0	Gora Oljka (rezerve)	N4K0
LME-1571	28	15, 20	16.8.2019	odstrel	0+ Ž	12,0	Gora Oljka (rezerve)	N4K0
LME-1573	29	22	23.8.2019	odstrel	0+ M	17,0	Slatine (Paško polje)	N1K2
LME-1574	30	36, 45	4.9.2019	odstrel	0+ Ž	24,0	Slatine (Gorenje)	N0K2
LME-1845	31	-	15.9.2019	odstrel	1+ M	70,0	Veliki Vrh (Sambor)	N4K3
LME-1846	32	-	8.10.2019	odstrel	0+ M	9,0	Gora Oljka (Grebenšek)	N5K1
LME-1847	33	-	19.10.2019	odstrel	1+ M	92,0	Gora Oljka (rezerve)	N4K0
LME-1848	34	35	29.10.2019	odstrel	0+ Ž	18,0	Slatine (Hrašan)	N1K1
LME-1849	35	34	7.11.2019	odstrel	1+ Ž	62,0	Slatine (Hrašan)	N1K1
LME-1850	36	7, 30, 45	17.11.2019	odstrel	2-4 Ž	112,0	Slatine (Foršt)	N2K1
LME-1851	37	21, 38, (39)	17.11.2019	odstrel	0+ Ž	21,5	Slatine (Foršt)	N2K1
LME-1852	38	21, 37, 39	17.11.2019	odstrel	0+ M	31,0	Slatine (Foršt)	N2K1
LME-1853	39	21, 38, (39)	17.11.2019	odstrel	0+ Ž	26,0	Slatine (Foršt)	N2K1
LME-1854	40	-	24.11.2019	odstrel	0+ Ž	20,0	Skorno (Graharje)	N0K4
LME-1855	41	-	1.12.2019	odstrel	0+ M	37,0	Gora Oljka (Vinca)	N4J9
LME-1856	42	-	4.12.2019	odstrel	0+ Ž	29,0	Veliki Vrh (Poprask)	N4K4
LME-1857	43	-	5.12.2019	odstrel	0+ Ž	22,0	Skorno (smučšče)	N0K5
LME-1858	44	6, 23	9.12.2019	odstrel	0+ M	34,0	Veliki Vrh (Poprask)	N4K4
LME-1859	45	30, 36	25.12.2019	odstrel	0+ M	31,0	Slatine (Goričarjevi)	N0K2
LME-1860	46	-	27.12.2019	odstrel	0+ M	33,0	Gora Oljka (Vinca)	N4J9

Izvirni znanstveni članek

LME-1861	47	-	2.01.2020	odstrel	0+	M	19,0	Veliki Vrh (Poprask)	N4K4
LME-2676	48	19, 25, 26, 27	3.7.2020	odstrel	1+	Ž	47,0	Veliki Vrh (Slavc)	N2K4
LME-2677	49	54	16.7.2020	odstrel	0+	M	5,0	Gora Oljka (rezerve)	N4K0
LME-2678	50	-	16.7.2020	odstrel	0+	Ž	4,0	Gora Oljka (rezerve)	N4K0
LME-2679	51	54, 58	17.7.2020	odstrel	0+	M	9,5	Gora Oljka (rezerve)	N4K0
LME-2680	52	3	8.9.2020	odstrel	1+	M	77,0	Gora Oljka (silosi)	N4K0
LME-2701	53	17	7.3.2020	odstrel	0+	Ž	19,5	Veliki Vrh (Poprask)	N4K4
LME-2702	54	49, 51	1.4.2020	odstrel	0+	M	30,0	Veliki Vrh (Poprask)	N4K3
LME-2703	55	-	22.04.2020	odstrel	0+	M	26,0	Gora Oljka (vzhod)	N5K1
LME-2704	56	57	7.05.2020	odstrel	1+	Ž	32,0	Veliki Vrh (Sambor)	N4K3
LME-2705	57	56	27.04.2020	odstrel	1+	Ž	41,0	Lokovica (Požarnica)	N2K5***
LME-2706	58	19, 25, 26, 27, 51	6.07.2020	odstrel	1+	Ž	34,0	Veliki Vrh (Šumlak)	N2K4***

* Starostne kategorije (0+: mladič; 1+: enoletna žival; 2–4, 4–5, 8+: ocenjena starost v letih).

** Telesna masa osebkov brez notranjih organov, a z glavo in nogami – t. i. biološka masa (v kg).

*** Odvzem v sosednjem lovišču (Smrekovec Šoštanj), a na sami meji z loviščem Oljka, zato ta osebka obravnavamo skupaj z drugimi.

**** Prepoznamo sorodstveno razmerje (starševstvo, (pol)sestrstvo ali (pol)bratstvo) med analiziranimi divjimi prašiči na podlagi analize sorodstvenih razmerij v programu Colony 2.0.6.6

Genetska struktura in njen vpliv na telesne mase in razmnoževalni potencial mladic srnjadi v Sloveniji

Genetic structure and its influence on body mass and reproductive ability of European roe deer female yearlings in Slovenia

Urška Gerič¹, Boštjan Pokorný^{2,3}, Jacopo Cerri¹, Elena Bužan^{1,2}

¹ Univerza na Primorskem, Fakulteta za matematiko, naravoslovje in informacijske tehnologije,

Oddelek za biodiverziteto, Glagoljaška 8, 6000 Koper

² Fakulteta za varstvo okolja, Trg mladosti 7, 3320 Velenje

³ Gozdarski inštitut Slovenije, Večna pot 2, 1000 Ljubljana

Izvleček

Evropska srna/srnjad (*Capreolus capreolus*) se v vseevropski razširjenosti srečuje z veliko raznolikostjo okoljskih razmer, zato znake njenih življenjskih strategij in fitnesa oblikuje več dejavnikov. V pričujoči raziskavi smo ugotavljali vpliv genetskih dejavnikov na populacijsko strukturo srnjadi v Sloveniji ter na dva pomembna parametra fitnesa (telesne mase in razmnoževalni potencial). Z uporabo 14 mikrosatelitnih lokusov v 214 vzorcih samic (enoletnih in odraslih srn) z območja celotne Slovenije smo najprej opredelili genetsko populacijsko strukturo, upoštevajoč lokacijo odvzema glede na lovskoupravljavsko območje (LUO). Razlike v genetski strukturi smo razložili s populacijsko zgodovino, povezano z različnimi pristopi k upravljanju populacij, in/ali različno povezanostjo med subpopulacijami. Jasno ločene so tri genetske gruče, prisotne v: (i) osrednji Sloveniji, (ii) submediteranskem in kraškem območju in (iii) subpanonskem delu Slovenije oz. na severovzhodu države. V vzorcu 172 enoletnih srn (mladic) smo analizirali povezavo med genetskimi značilnostmi in telesno maso ter razmnoževalno sposobnostjo (tj. plodnost oz. število rumenih teles). V vzorcu 172 enoletnih srn (mladic) smo analizirali povezavo med

genetskimi značilnostmi na telesno maso in razmnoževalno sposobnost (tj. plodnost oz. število rumenih teles). Dokazali smo vpliv genetske komponente na telesno maso, medtem ko njenega značilnega neposrednega vpliva na število rumenih teles nismo zaznali. Z vključitvijo prostorske (zemljepisna širina) kovariate smo dokazali, da na telesne mase in razmnoževalno sposobnost srn (mladic) vpliva več dejavnikov, nad genetskimi pa imajo prevladujoč vpliv okoljski oz. razpoložljivost prehranskih virov.

Ključne besede: evropska srna, mikrosateličiti, populacijska genetska struktura, telesna masa, heterozigotnost, lovskoupravljavsko območje, razmnoževalni potencial

Abstract

*Across its pan-European distribution, the European roe deer (*Capreolus capreolus*) faces a wide diversity of environmental conditions; therefore, several factors shape their life-history traits and parameters of fitness. In this study, we determined the influence of genetic factors on the population structure of deer in Slovenia and on two important fitness parameters (body mass and reproductive*

potential). Using 14 microsatellite loci in 214 samples of females (one year olds and adults) throughout Slovenia, we first defined the genetic population structure, taking into account the location of sampling according to the hunting management area (LUO). Differences in genetic structure were explained by population history associated with different approaches to population management and/or different linkages between subpopulations. There are three distinct genetic clusters, present in: (i) Central Slovenia, (ii) the sub-Mediterranean and Karst areas and (iii) the Subpannonian Region or in the northeast of the country. We analyzed the influence of genetic characteristics on body mass and reproductive ability (i.e. fertility or a number of corpora lutea) in a sample of 172 one-year-old roe deer (yearlings). We demonstrated the influence of the genetic component on body mass, while its distinctive direct effect on the number of corpora lutea has not been detected. By including the spatial (latitude) covariate, we proved that the body mass and reproductive ability of roe deer (yearlings) are influenced by several factors, and over the genetic ones, the prevailing influence is environmental including the availability of food resources.

Keywords: European roe deer, microsatellites, population genetic structure, heterozygosity, hunting management areas, body mass, reproductive potential

1 Uvod

Evropska srna/srnjad (*Capreolus capreolus* L.) je v Sloveniji splošno razširjena vrsta, ki razen predelov nad gozdno mejo in urbanih območij živi povsod po državi. Do sredine 19. stoletja je bila na slovenskem ozemlju maloštevilna in je naseljevala pretežno listnate gozdove v osrednjem delu Slovenije; zunaj tega območja je bila redkeje prisotna, z

nekaj večjimi jedri na jugu in severovzhodu držav (Kryštufek, 1991). Na začetku 20. stoletja in po drugi svetovni vojni se je zaradi obsežnejšega izsekovanja gozdov in posledično povečevanja dolžine gozdnega roba v osrednjem delu države spremenil živiljenjski prostor, kar je omogočilo večanje številčnosti in prostorsko širjenje srnjadi, npr. proti jugu v submediteransko in kraško območje, v hribovite predele na severu ter na kmetijska območja subpanonske regije (Kryštufek, 1991; Simonič, 1976). Vrsta je sredi 90-ih let prejšnjega stoletja naseljevala praktično celotno državo (Pokorný, 2009; Stergar in sod., 2012), kljub ponekod lokalnim zmanjšanjem številčnosti pa dandanes ocenjena številčnost presega 200.000 osebkov (Jerina in sod., 2010). Gradient ocenjenih populacijskih gostot srnjadi v Sloveniji je prikazan na Sliki 1.

Po izrazitem večanju številčnosti in prostorske razširjenosti srnjadi v drugi polovici prejšnjega stoletja (Krže, 2000) je v zadnjih letih v nekaterih območjih Slovenije po pričevanju upravljavcev populacij opaziti znatno zmanjšanje številčnosti, kar je lahko posledica antropogenih vplivov (npr. degradacija habitatov, urbanizacija, spodbujanje paše, različne motnje), zaraščanja krajine in vedno večjega vpliva plenilcev. Našteti dejavniki vplivajo na dinamiko, velikost in strukturo populacij srnjadi. Čeprav se okoljski in antropogeni vplivi lahko zelo hitro spreminjajo, je njihov vpliv na genetsko raznolikost lahko dolgoročen.

Prva obširnejša genetska analiza populacijske strukture srnjadi v slovenskem prostoru je bila narejena leta 2020, ko smo pri nas odkrili tri večje genetske gruče (Bužan in sod., 2020). Le-te sovpadajo z zgodovino širjenja vrste, saj opazimo največjo in najbolj mešano gručo v centralnem delu države; na Primorskem in na vzhodu države sta drugi dve gruči. V prejšnjih letih smo slovenski raziskovalci določili tudi vpliv telesnih mas in starosti na razmnoževalni

potencial srn (Flajšman in sod., 2017) oz. vpliv okoljskih dejavnikov (Flajšman, 2017). Dokazano je bilo, da je telesna masa ključnega pomena za razmnoževalni uspeh samic v Sloveniji in tudi v širšem evropskem prostoru, saj vpliva tako na verjetnost ovulacije oz. vstopa v razmnoževanje kot tudi na potencialno velikost legla (Flajšman in sod., 2013, 2017, 2018). Metaanaliza objavljenih evropskih študij o razmnoževanju srnjadi je pokazala, da se telesna masa srn in tudi število rumenih telesc (*corpora lutea*; kazalnik ovulacije v tekočem letu) povečujeta z zemljepisno širino (Flajšman in sod., 2018). Na isti zemljepisni širini so razlike v povprečni telesni masi populacij predvsem posledica odprtosti krajine, ki vpliva na dostopnost energetsko bogatejših virov hrane, npr. na travnikih in njivah (Coulon in sod., 2004). V Sloveniji imajo samice srnjadi, ki naseljujejo odprta kmetijska območja subpanonske regije, v povprečju znatno večjo telesno maso in večji razmnoževalni potencial v primerjavi s srami iz drugih, bolj gozdnatih območij, medtem ko je srnjad iz submediteranskih območij najlažja in ima najmanjše število mladičev na posamezno samico (Flajšman, 2017).

V nasprotju z mnogimi študijami, v katerih so proučevali vpliv okoljskih dejavnikov, starosti in fenotipskih značilnosti osebkov na glavne parametre vitalnosti, tj. fitnesa srnjadi, kot sta telesna masa in sposobnost razmnoževanja (zbrano v Andersen in sod., 1998; Flajšman in sod., 2013), so doslej le redko proučevali vpliv genetske spremenljivosti, npr. heterozigotnosti, na te parametre (Hewison, 1997; Kurt in sod., 1993; Quéméré in sod., 2018). Zato smo v pričujoči raziskavi poleg populacijske genetske strukture srnjadi na območju celotne Slovenije skušali določiti tudi vpliv genetskih dejavnikov (multilokusne heterozigotnosti in koeficiente pripadnosti določeni genetski gruči) na telesno maso in potencialno velikost legla (število rumenih telesc) mladič, tj. tiste starostne skupine samic,

za katero je bila v preteklosti potrjena največja spremenljivost obeh proučevanih parametrov (Flajšman, 2017; Flajšman in sod., 2017).

Testirali smo naslednji hipotezi: (i) genetska struktura populacij evropske srne v Sloveniji je določena s krajinskimi značilnostmi in dobro sovpada z lovskoupravljavskimi območji; (ii) obstaja statistično značilna povezava med genetskim ozadjem in (standardizirano) telesno maso ter razmnoževalnim potencialom mladič.

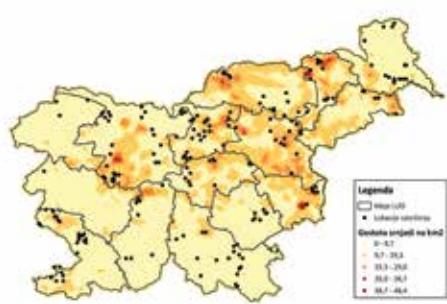
2 Metode dela

2.1 Vzorčenje in priprava vzorcev

Vzorce smo pridobili s pomočjo upravljavcev lovišč oz. posameznih lovcev, in sicer v sklopu rednega odvzema srnjadi na območju celotne Slovenije v obdobju 2013–2015. V analizo smo zajeli 214 samic (odraslih srn in mladič). Vse smo vključili v določitev populacijske strukture, za analizo soodvisnosti med genetsko komponento in fitnessom pa smo se z namenom večje standardizacije omejili na 172 vzorcev mladič (tj. samic v drugem življenjskem letu). Starost osebkov je bila določena *post mortem*, in sicer na podlagi makroskopskega pregleda razvojne stopnje zob na levi polovici spodnje čeljustnice (po Pokorný in Jelenko Turinek, 2018). Ob odvzemu so lovci vsem osebkom, vključenim v raziskavo, odvzeli rodila (maternice z jajčniki), ki so služila za določitev razmnoževalnega potenciala, tj. števila rumenih telesc v jajčnikih, ob čemer je bil del maternic shranjen v etanolu za nadaljnje analize DNA (po Flajšman, 2017).

Za vse vzorce smo prek lovskoinformacijskega sistema pridobili podatke o lokaciji odvzema v mreži kvadrantov 1 x 1 km, pri čemer smo za nadaljnje prostorske analize uporabili centroide teh kvadrantov.

Vzorce smo prostorsko razdelili v 14 skupin, ki sovpadajo z lovskoupravljavskimi območji (LUO), pri čemer smo osamljen vzorec iz Zahodnovisokokraškega LUO priključili Primorskemu LUO. Lokacije odvzema vzorcev mladic, ki smo jih vključili v oba dela raziskave, so prikazane na Sliki 1.



Slika 1: Prostorski prikaz lokacij vzorčenja mladic srnjadi. Meje označujejo 15 lovskoupravljavskih območij, rumeno oranžni odtenki pa shematsko prikazujejo gradient ocenjenih populacijskih gostot (po Stergar in sod., 2012). Podatki o populacijskih gostotah so bili pridobljeni od Zavoda za gozdove Slovenije in obdelani v programu ArcMap 10.4.1 (ESRI, 2011).

Figure 1: Spatial representation of sampling locations of roe deer female yearlings. The borders indicate 15 hunting management areas, the yellow and orange hues systematically represent the gradient of the estimated population density (Stergar et al., 2012). The population density data was obtained from the Slovenian Forest Service and processed with the program Arcman 10.4.1 (ESRI, 2011).

2.2 Molekularne metode

2.2.1 Izolacija DNA iz tkivnih vzorcev

Za DNA izolacijo iz koščkov tkiva (del maternic), velikih 2 x 2 mm, smo uporabili peqGOLD Tissue DNA-komplet reagentov (S-Line) (VWR International, Leuven, Belgija), pri čemer smo sledili navodilom proizvajalca z manjšimi modifikacijami, ki so natančno opisane v Bužan in sod., 2020. Končno koncentracijo in čistost izolirane DNA v vzorcu smo izmerili s fluorimetrom Qubit 3.0 (Life Technologies) in Qubit® dsDNA kompletom reagentov (Invitrogen BR Assay Kit).

2.2.2 Verižna reakcija s polimerazo (PCR)

S pomočjo verižne reakcije s polimerazo (PCR) smo pomnožili 14 mikrosatelitnih lokusov, specifičnih za srnjad (po Olano-Marin in sod., 2014). Lokuse smo združevali v sete po štiri (Priloga P2) v skladu s specifičnimi temperaturnimi pogoji reakcije. Reakcijska mešanica 10 µl je bila sestavljena iz seta 10 nm začetnih oligonukleotidov (4 lokusi na set), 3 µl DNA in 6 µl kompleta reagentov KAPA2G Fast Multiplex Mix (Kapa Biosystems, Wilmington, MA, ZDA). PCR reakcijo smo izvedli po sledečem temperaturnem profilu: začetna aktivacija PCR 2 min na 95 °C; sledilo ji je 35 ciklov: denaturacija 10 s na 95 °C, prileganje začetnih oligonukleotidov 30 s na 55 °C (temperaturo smo prilagajali kot je zapisano v Prilogi P2), podaljševanje fragmentov 20 s na 72 °C in končna ekstenzija za 10 min na 72 °C (povzeto po Bužan in sod., 2020; Gerič, 2020).

2.2.3 Fragmentna analiza

Fragmentna analiza je bila narejena na sekvenatorju SeqStudio (ThermoFischer Scientific) z uporabo GeneScan LIZ500 (-250) velikostnega standarda (Applied Biosystems). Rezultate smo odčitali s programom GeneMapper v.5.0 (Applied Biosystems), kjer smo uporabili optimizacijo z Bin set v oknu Panel manager, pripravljeno po navodilih programa.

2.3 Statistične analize

2.3.1 Določitev populacijske genetske strukture

Populacijsko strukturo smo določili s programom STRUCTURE 2.3.4 (Falush in sod., 2003). V modelu smo preverjali optimalni K (število gruč) od 2 do 10, za kar smo uporabili 10 neodvisnih ciklov in podatek o pripadnosti posameznega osebka

v lovskoupravljavo območje z nastavljivo LOC PRIOR (Hubisz in sod., 2009). Uporabili smo mešani model (angl. *admixture model*) s povezanimi alelnimi frekvencami (angl. *correlated allele frequencies*), saj smo predvidevali določeno mešanje osebkov z različnih območij. Rezultate desetih iteracij za posamezni K smo združili s programom STRUCTURE Harvester v0.6.94 (Earl in vonHoldt, 2012), kjer smo tudi določili optimalen K za ΔK , in sicer z metodo, ki so jo razvili Evanno in sod. (2005). Za izris slik smo najprej morali združiti vse potrebne iteracije za posamezni K s programom CLUMPP (Jakobsson in Rosenberg, 2007), nato pa smo s programom DISTRUCT (Rosenberg, 2004) izrisali končno sliko. Podrobnejše nastavitev parametrov in postopek analize so opisane v Gerič (2020).

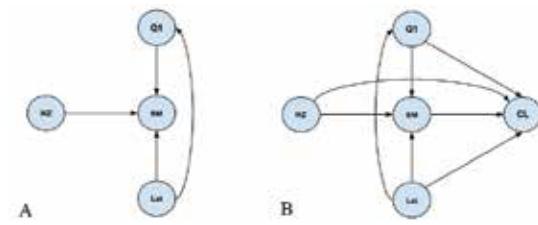
Pripadnost določeni (genetsko prepoznani) gruči se v programu izrazi kot vrednost Q, ki predstavlja koeficient pripadnosti. Matematično Q predstavlja povprečje verjetnosti, da določeni osebek pripada določeni gruči (Lawson in sod., 2018).

2.3.2 Soodvisnost med genetsko komponento in parametri fitnesa

Soodvisnost telesne mase (tehtane brez notranjih organov, a z glavo in nogami, ter standardizirane z upoštevanjem časovne korekcije glede na dan odvzema posameznega osebka; podrobnosti v Flajšman, 2017) in razmnoževalnega potenciala (števila rumenih telesc (CL) v jajčnikih) od genetske komponente smo preverjali na podlagi statističnega modela, kjer smo upoštevali več medsebojno delujočih dejavnikov; uporabili smo statistično orodje R (R Core Team, 2021). V ta del analize smo vključili samo mladice, in sicer zaradi naslednjih razlogov: (i) standardiziranje vzorca glede na starost, ki jo v nasprotju od odraslih srn pri mladičah lahko natančno določimo z makroskopskim

pregledom razvojne stopnje zob (Pokorný in Jelenko Turinek, 2018); (ii) ta starostna kategorija ima veliko večjo spremenljivost telesnih mas in razmnoževalne sposobnosti oz. stopnje plodnosti v primerjavi z odraslimi srnami (Flajšman in sod., 2017), zato je pri mladičah pričakovati večje učinke različnih vplivnih dejavnikov.

V model smo kot neodvisni spremenljivki vključili dve genetski značilnosti: (i) multilokusna heterozigotnost (HZ), pri čemer smo predvidevali, da je heterozigotnost pozitivno soodvisna s fitnesom osebka; (ii) koeficient pripadnosti določeni gruči (Q). Poleg genetskih značilnosti smo v model vključili tudi koordinate odvzema kot za ugotavljanje variabilnosti v prostoru. Zaradi medsebojne soodvisnosti med zemljepisno širino in zemljepisno dolžino smo vzeli samo zemljepisno širino, saj bolje razloži razlike med podatki v prostoru. Statistično analizo smo razdelili v dva regresijska modela, ki sta prikazana na Sliki 2.



Slika 2: Predstavitev izgradnje modelov, kjer so upoštevane relacije med uporabljenimi spremenljivkami. A) model za napovedovanje odvisnosti telesne mase (BM) od neodvisnih spremenljivk, B) model za napovedovanje odvisnosti števila rumenih teles (CL) od neodvisnih spremenljivk. Neodvisne spremenljivke: i) HZ – multilokusna heterozigotnost, ii) Q – verjetnost pripadnosti osebka prvi genetski gruči in iii) Lat – zemljepisna širina.

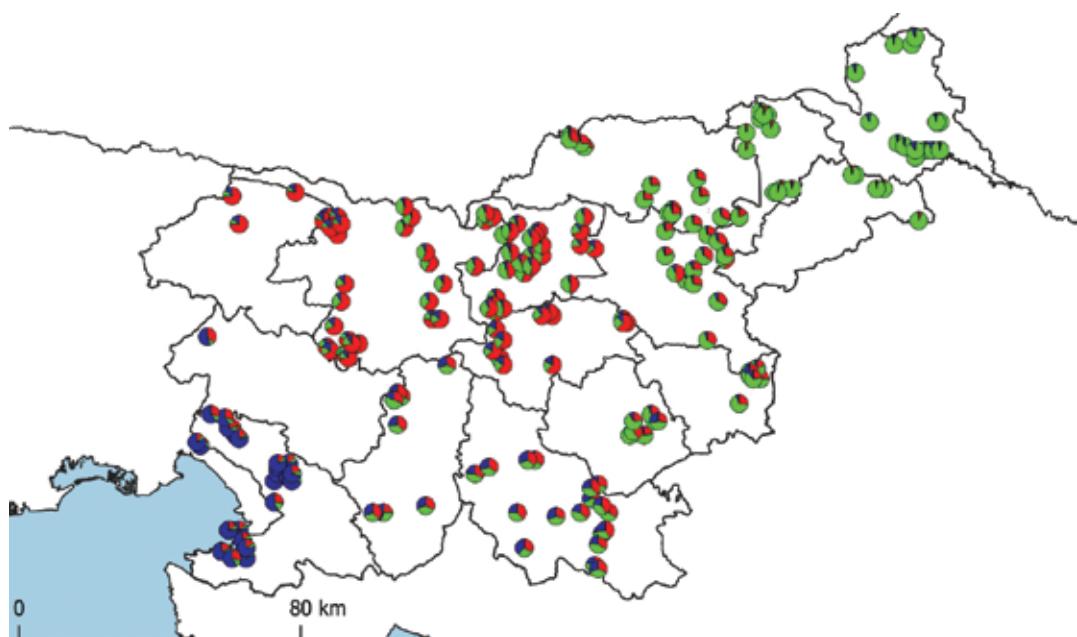
Figure 2: Representation of the model building, where we consider the correlations between used variables. A) model for predicting correlation between body mass and independent variables, B) model for predicting correlation between the number of corpora lutea and independent variables. Independent variables: i) HZ – multilocus heterozygosity, ii) Q – membership probability of the individual to the first genetic cluster iii) Lat - latitude.

Z modelom A smo preverjali odvisnost telesne mase od: (i) multilokusne heterozigotnosti, ki pove delež homozigotnih lokusov (Aparicio in sod., 2006) in je izračunana z uporabo funkcije GENHET v okolju R (Coulon, 2010); (ii) Q – verjetnosti, da osebek pripada gruči Q1 (pripadnost posameznim gručam je razvidna s Slik 3 in 4) in (iii) zemljepisne širine.

Model B napoveduje vpliv proučevanih genetskih in okoljskih dejavnikov na število rumenih telesc v jajčnikih mladic srnjadi, tj. kazalnika zgodnjega razmnoževalnega potenciala samic te vrste (Flajšman in sod., 2017). Osebke smo razdelili v tri skupine: i) osebki, ki niso imeli rumenega telesca; ii) osebki, ki so imeli eno rumeno telesce in ii) osebki, ki so imeli dve rumeni telesci. Pri tem je treba omeniti, da je bilo osebkov brez rumenega telesca samo 12

od skupno 172 vzorcev, zato smo to tudi upoštevali pri interpretaciji rezultatov, saj se tako nekoliko zmanjša statistična moč modela, v kateroga smo vključili naslednje neodvisne spremenljivke: (i) multilokusna heterozigotnost; (ii) verjetnost pripadnosti določeni gruči – Q; (iii) zemljepisna širina in (iv) telesna masa. Vpliv telesne mase na število rumenih telesc so že dokazali v predhodni študiji (Flajšman in sod., 2017), zato smo v naši študiji to odvisnost samo potrdili in jo povezali še z genetskimi dejavniki.

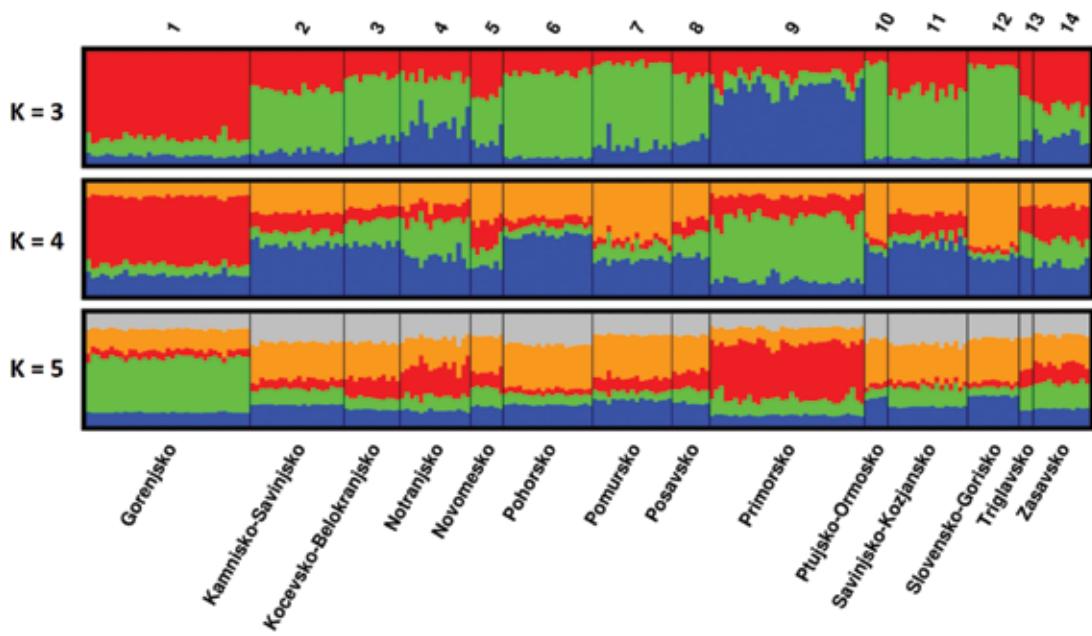
Oba modela smo zgradili z regresijsko analizo (ang. general linear model - GLM) v programu STAN (Carpenter in sod., 2017) v programskem okolju R (R Core Team, 2021).



Slika 3: Genetska struktura evropske srne v Sloveniji na podlagi vrednosti Q iz programa STRUCTURE (dopolnjeno po Bužan in sod., 2020). Barve gruč: i) rdeča – Q1; ii) modra – Q2; iii) zelena – Q3.

Figure 3: genetic structure of roe deer in Slovenia based on Q value from the STRUCTURE software (updated from Bužan et al., 2020). Cluster colours: i) Red – Q1; ii) Blue – Q2; iii) green – Q3.

Izvirni znanstveni članek



Slika 4: Genetska struktura evropske srne v Sloveniji, pridobljena s programom STRUCTURE. Prikazano je razvrščanje populacije v tri, štiri in pet gruč ($K = 3, 4, 5$). Vsaka barva ustreza eni skupini, vsak stolpec prikazuje posamezni osebek in oceno pripadnosti posamezni skupini. Črne črte ločujejo vzorce glede na lokalitet po lovskoupravljavskih območjih. Najverjetnejša je razdelitev v tri gruče.

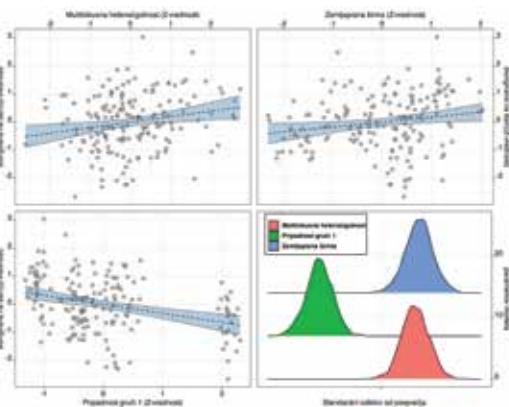
Figure 4: Genetic structure of roe deer in Slovenia from STRUCTURE software. The population clustering of three, four and five groups ($K = 3, 4, 5$) is shown. Each colour corresponds to a group, each column represents an individual and the estimation of membership to each group. The black lines divide the samples based on the location of hunter management areas. The clustering into three groups is the most probable.

Preglednica 1: Koeficienti Gausovega (GLM) modela (A)

Table 1: Gauss (GLM) coefficients of model (A).

Neodvisna spremenljivka	Ocena	Napaka ocene	Sp. 95 % CI	Zg. 95 % CI
Presek	-0,00	0,07	-0,13	0,13
Heterozigotnost	0,20	0,07	0,06	0,33
Q1	-0,32	0,07	-0,46	-0,18
Zemljepisna širina	0,17	0,07	0,04	0,31

Izvirni znanstveni članek



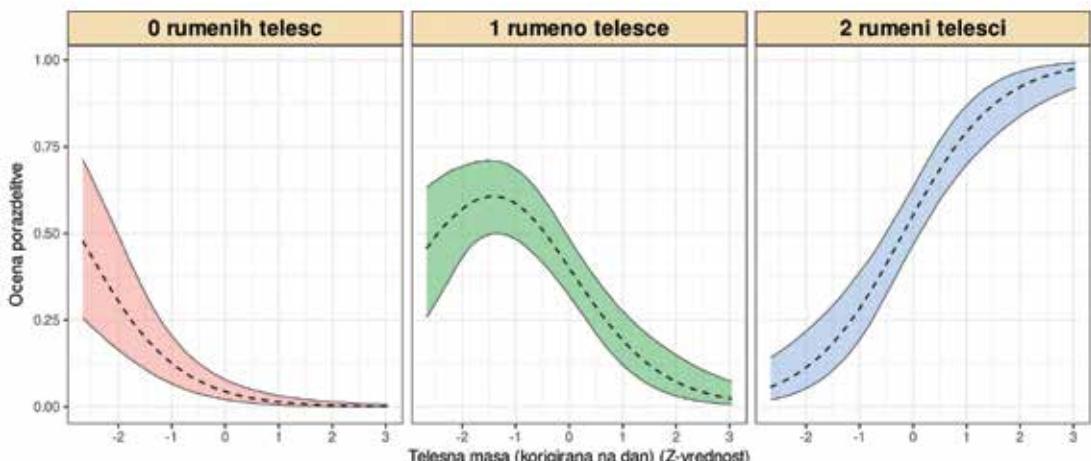
Slika 5: Razsevni grafikoni z regresijsko premico za naslednje korelacije: i) telesna masa (korigirana na dan (Z-vrednost) in multilokusna heterozigotnost (Z-vrednost); ii) telesna masa (korigirana na dan (Z-vrednost) in zemljepisna širina (Z-vrednost); iii) telesna masa (korigirana na dan (Z-vrednost) in pripadnost gruči 1 (Z-vrednost). Na četrtem grafu so prikazane posteriorne porazdelitve parametrov modela, ki povedo, kakšna je njihova soodvisnost od telesne mase.

Figure 5: Scatter plot with regression line for the following correlations: i) body mass (standardized (Z-value)) and multilocus heterozygosity (Z-value); ii) body mass (standardized (Z-value)) and latitude (Z-value); iii) Body mass (standardized (Z-value)) and membership of cluster 1 (Z-value). On the fourth graph are shown a posteriori distribution of the vmodel's parameters, which describe the correlation between them and body mass.

3 Rezultati

3.1 Populacijska genetska struktura srnjadi v Sloveniji

S programom STRUCTURE smo kot najbolj razločevalno določili razlikovanje (samic) srnjadi v tri genetske gruče, ki geografsko zavzemajo naslednja območja: (i) ravninska in gričevnata območja subpanonske severovzhodne Slovenije, ki vključujejo Pomursko, Slovenskogoriško in Ptujsko-Ormoško LUO; (ii) širšo Primorsko, tj. submediteransko Slovenijo vključno s Krasom, ki sovpada s Primorskим LUO, vanjo lahko uvrstimo tudi edini vzorec iz Zahodnovisokokraškega LUO; (iii) genetsko najbolj pestro gručo osrednje Slovenije, ki vključuje vsa preostala lovskoupravljava območja (Sliki 3 in 4). Čeprav razmejevanje LUO v Sloveniji ni temeljilo na populacijskih značilnostih srnjadi kot ciljne vrste, tudi za to vrsto meje med LUO dokaj dobro razmejujejo skupine (subpopulacije) srnjadi z različno genetsko strukturo (Slika 3). Pri tem je zanimivo, da je mikrosatelitna genetska razdalja med osebkami sicer v pozitivni



Slika 6: Robni učinki modela za število rumenih teles v odvisnosti od telesne mase.

Figure 6: Model's marginal effect of correlation between the number of corpora lutea and body mass.

Izvirni znanstveni članek

Preglednica 2: Koeficienti logističnega modela (B)

Table 2: Coefficients of logistic model (B).

Neodvisna spremenljivka	Ocena	Napaka ocene	Sp. 95 % CI	Zg. 95 % CI
Presek 1	-3,10	0,35	-3,81	-2,43
Presek 2	-0,21	0,17	-0,54	0,13
Telesna masa	1,14	0,19	0,78	1,51
Zemljepisna širina	-0,27	0,16	-0,58	0,05

soodvisnosti od geografske oddaljenosti med njimi, a je vpliv geografske oddaljenosti na populacijsko strukturo srnjadi pri nas zelo majhen, saj ta dejavnik pojasnjuje <1 % genetske spremenljivosti te vrste (Bužan in sod., 2020).

3.2 Soodvisnost med genetsko komponento in parametri fitnesa

Model A, ki napoveduje spreminjanje telesne mase, je pokazal statistično značilno soodvisnost za vse neodvisne spremenljivke, ki so bile uporabljene v modelu. Pri tem je telesna masa v pozitivni korelaciiji z multilokusno heterozigotnostjo in zemljepisno širino ter v negativni korelaciiji s pripadnostjo drugi gruči. Odvisnosti so prikazane z razsevnimi grafikonimi, ki vključujejo tudi regresijske premice, prav tako smo pokazali tudi posteriorne porazdelitve parametrov modela. Grafi so prikazani na Sliki 5.

Glede na posteriorne porazdelitve parametrov modela in Preglednice 1 vidimo, da je telesna masa (i) v rahli pozitivni korelaciiji s heterozigotnostjo ($\beta = 0,06 - 0,33$ v 95% CI); (ii) v rahli pozitivni korelaciiji z zemljepisno širino ($\beta = 0,04 - 0,31$ v 95% CI) in (iii) v negativni korelaciiji s Q1 ($\beta = (-0,46) - (-0,18)$ v 95% CI). Rezultate potrjuje tudi Priloga P3, iz katere je razvidno, da so osebki z manjšo telesno maso v večini odvzeti iz severnega dela osrednje Slovenije, prav tako pa na

omenjenem območju zaznamo tudi nekoliko manjšo heterozigotnost osebkov in večjo pripadnost gruči Q1.

Model B, ki napoveduje spreminjanje števila rumenih teles, je pokazal statistično značilno soodvisnost za vse neodvisne spremenljivke, ki so bile uporabljene v modelu. Pri tem je število rumenih teles v pozitivni korelaciiji s telesno maso in prav tako z zemljepisno širino. Slika 6 prikazuje robne učinke, kjer lahko vidimo vpliv neodvisnih spremenljivk na posamezni razred, ki predstavlja število rumenih teles. Kot so že dokazali (Flajšman in sod., 2017), je število rumenih teles zelo odvisno od telesne mase; (i) z večanjem telesne mase se verjetnost, da samica nima nobenega rumenega telesca, zelo zmanjša, (ii) pri majhnih do srednjih telesnih masah se verjetnost, da ima samica eno rumeno telesce, povečuje, potem pa se pri velikih telesnih masah ta verjetnost zelo zmanjša in (iii) verjetnost, da ima samica dve rumeni telesci, se zelo povečuje z večanjem telesne mase.

Prav tako smo ugotovili nekakšen vpliv zemljepisne širine na število rumenih teles (Priloga P4), ki sovпадa z ugotovitvijo, da imajo srne na vzhodu države večjo telesno maso kot na zahodu (Flajšman in sod., 2018). Ko upoštevamo vpliv telesne mase in zemljepisne širine na število CL skupaj, to še bolj razloži rezultat, in sicer na grafu iz Priloge P3 opazimo območje severnega dela osrednje Slovenije, kjer je največ osebkov brez rumenih

telesc in so to tudi osebki z najmanjšo telesno maso. Taka ugotovitev potrdi tudi majhen robni učinek zemljepisne širine na verjetnost, da je samica brez rumenih telesc, saj je večino spremenljivosti v prostoru zaradi prostorskega vpliva na telesno maso. Neposrednega vpliva genetske komponente (heterozigotnost in pripadnost prepoznamen genetskim gručam) na razmnoževalni potencial mladic srnjadi nismo mogli dokazati.

4 Razprava

4.1 Populacijska struktura in prostorski premiki vrste

Habitatni generalisti, ki so splošno razširjeni in med katere sodi tudi evropska srna, naj bi glede na dognanja imeli majhno strukturiranost populacij (tj. slabo izraženo populacijsko genetsko strukturo) in velik potencial za genski pretok med populacijami (Coltman, 2008). Na podlagi zgodovinskih podatkov o prisotnosti in širjenju srnjadi ter upravljanju z njim lahko sklepamo, da se je populacija širila iz osrednjega dela Slovenije na jug in na severovzhod (Kryštufek, 1991; Simonič, 1976). Takšno širjenje potrebuje tudi ugotovljena populacijska struktura, ki kaže na obstoj treh gruč (Slika 3), pri čemer je večja genska raznolikost v gruči iz osrednje Slovenije; zelo očitne so genetske razlike med osebkami iz jugozahodne Slovenije (Primorska, Kras, Istra) in tistimi iz severovzhodnega dela države oz. iz subpanonske regije.

Bužan in sod. (2020) so poleg določitve populacijske strukture srnjadi v Sloveniji naredili tudi analizo izolacije z distanco; dokazali so obstoj večje genetske razdalje med geografsko bolj oddaljenimi osebkami. Pri tej teritorialni vrsti (Krže, 2000) je izolacija z distanco pričakovana, saj imajo tako samci kot samice majhne življenjske okoliše in se praviloma premikajo na kraje razdalje (zbrano v Hewison in sod., 1998). V kulturni krajini pa so prostorski premiki osebkov dodatno omejeni z razdrobljenostjo prostora, npr. zaradi

linijske infrastrukture in mreže urbanih območij (Coulon in sod., 2004).

Očitne genetske razlike na krajših razdaljah, npr. med sosednjimi lovskoupravljavskimi območji, so posledica naravnih procesov, saj je za srnjad značilna visoka stopnja filopatrije, dokaj kratke disperzijske razdalje in majhna velikost življenjskega okoliša (zbrano v Hewison in sod., 1998; Linnell in sod., 1998). Zato je pričakovano zelo počasno prostorsko širjenje srnjadi oz. prostorsko omejen pretok genov, kar je potrdila tudi genetska analiza starševstva v 2.600 ha velikem lovišču Oljka, Šmartno ob Paki (Bončina in sod., 2019). Rezultati so skladni tudi s prejšnjimi genetskimi študijami vrste v Evropi, v katerih je bila srnjad tudi s pomočjo molekularnih orodij potrjena kot zelo teritorialna vrsta (Bonnot in sod., 2010; Coulon in sod., 2006a,b; Gaillard in sod., 2008). Velika filopatričnost pa je lahko v kulturni krajini tudi posledica antropogenih dejavnikov oz. prostorskih barier, ki še dodatno omejijo prostorske premike srnjadi. Zato v razdrobljenih habitatih stopnja urbanizacije zelo vpliva na genetsko razdaljo med osebkami te vrste, ki je večja, kot bi jo pričakovali glede na geografsko razdaljo med njimi (Wang in Schreiber, 2001).

4.2. Soodvisnost med genetskimi lastnostmi in fitnessom mladic srnjadi

Evropska srna je vrsta, ki za pomembne življenjske procese, npr. razmnoževanje, ne kopiči energetskih zalog – je t. i. *income breeder* (Andersen in sod., 2000; Apollonio in sod., 2020). Zato je telesna masa zelo dober pokazatelj vitalnosti osebkov oz. njihovega fitnessa (Debeffe in sod., 2013). Vendar so v nasprotju z različnimi okoljskimi dejavniki, za katere je znano, da vplivajo na telesno maso na celotnem območju razširjenosti srnjadi (npr. McCullough in sod., 2000; Ouhard in sod., 2013; Toigo in sod., 2006), vplivi notranjih (genetskih) dejavnikov zelo redko preučevani. Zato smo skušali določiti vpliv genetske predispozicije (heterozigotnosti; HL) skupaj z drugimi genetskimi podatki

Izvirni znanstveni članek

(pripadnost določeni genetski gruči; Q) na telesno maso mladic srnjadi v Sloveniji.

Naši rezultati potrjujejo, da na razmnoževalni potencial mladic zelo vpliva telesna masa, kar je v skladu s predhodnimi ugotovitvami v slovenskem (Flajšman in sod., 2017) in širšem evropskem prostoru (zbrano v Flajšman in sod., 2013, 2018). V Sloveniji se telesne mase srnjadi prostorsko spreminjajo s splošnim gradientom naraščanja v smeri jugozahod (Primorski LUO) – severovzhod (Pomurski LUO). Zato nas je zanimala povezava med dejavnikom genetske strukture oz. pripadnosti določeni genetsko prepoznani gruči srnjadi (Slika 3) in telesno maso. Statistični modeli so potrdili pomemben vpliv pripadnosti genetski gruči Q1 (le-ta je prevladujoča v osrednjem delu Slovenije, tj. v Gorenjski LUO) na telesno maso, pri čemer pa ne moremo izključiti prostorskega sovpadanja vpliva populacijske genetske strukture z okoljskimi dejavniki. Osebki, ki pripadajo genetski gruči Q1, so namreč živeli v energetsko manj bogatih območjih, kar lahko vpliva na manjšo telesno maso srnjadi na takem območju. Da okoljski dejavniki prevladujoče vplivajo na telesne mase srnjadi, kažeta tudi naslednji dejstvi: (i) povprečne telesne mase mladic so se v treh zaporednih letih raziskovalnega obdobja (2013–2015) značilno razlikovale; (ii) nismo ugotovili značilnega vpliva heterozigotnosti na telesne mase. Kljub temu notranji (genetski) dejavniki prispevajo k pojasnitvi spremenljivosti telesnih mas (mladic) srnjadi vzdolž gradienta prisotnosti vrste v slovenskem prostoru, kar je skladno z ugotovitvami Bužan in sod. (2020).

Povezava med genetskimi dejavniki in drugim pomembnim parametrom fitnesa, tj. razmnoževalni potencial oz. prisotnost in število rumenih teles v jajčnikih (kazalnik pričakovane velikosti legla oz. števila zarodkov), je bila manj izrazita: v končni pojasnjevalni model nista bili vključeni niti heterozigotnost niti pripadnost določeni genetski gruči. Vendar smo pri primerjavi mladic, ki so že bile plodne (tj. so

sprostile jajčne celice oz. so imele rumena telesca v jajčnikih), s tistimi, ki niso bile, opazili pomen heterozigotnosti, in sicer v obeh skrajnostih. Kar 71 % plodnih mladic je bilo namreč uvrščenih v skupino z najvišjim indeksom HL ($>0,60$). V tej skupini heterozigotnosti je kar 80 % mladic imelo dve rumeni telesci; nasprotno so imele vse še neplodne mladice $HL < 0,40$ (priloga P3). Kljub temu nismo ugotovili značilne soodvisnosti med genetsko komponento in plodnostjo mladic, kar je lahko posledica: i) neposredne povezave med heterozigotnostjo in pripadnostjo genetski gruči Q1 nismo zaznali, saj ima le-ta posredno povezavo prek telesne mase, ii) morda je majhna soodvisnost, vendar jo z našo velikostjo vzorca nismo uspeli zaznati, pri čemer so pomembne tudi razlike v velikosti skupin, saj je bilo neplodnih osebkov mnogo manj kot tistih, ki so imele v jajčnikih vsaj eno rumeno telesce.

Ne glede na to očitno tudi v primeru razmnoževalnega potenciala vpliv okoljskih dejavnikov prevlada nad genetskimi, kar kaže dejstvo, da je bilo leto odvzema osebkov prepoznano kot neodvisna spremenljivka z močnim pojasnjevalnim vplivom. Na še precej večjem vzorcu samic srnjadi, ki je vključeval tudi osebke, vključene v našo raziskavo, sta veliko medletno spremenljivost razmnoževalnega potenciala mladic ugotovila že Flajšman in Pokorný (2017). Avtorja sta precej večjo plodnost in povprečno potencialno velikost legla mladic v letih 2014 (plodnost: 97 %; povprečno število rumenih teles: 1,63) in 2015 (98 %; 1,54) v primerjavi z letom 2013 (83 %; 1,13) pojasnila z vplivom poletnih vremenskih razmer. Za leto 2013 je bilo namreč značilno mnogo bolj vroče in suho poletje (povprečni julijski podatki: temperatura $20,4^{\circ}\text{C}$; padavine: 47 mm), kot je bilo leta 2014 ($18,2^{\circ}\text{C}$; 167 mm). To zopet kaže, da čeprav genetski dejavniki delno vplivajo na vitalnost srnjadi, jih vpliv okoljskih dejavnikov preglasi oz. prekrije. V prihodnje bi bilo zato smiselno narediti več raziskav o celostnem vplivu zunanjih in notranjih dejavnikov na

izbrane parametre fitnesa in druge lastnosti srnjadi ter tako bolje razumeti dejanski vpliv genetskih značilnosti na ekološko uspešnost in populacijsko dinamiko te pomembne vrste kopenskih ekosistemov. Pri tem bi bilo smiselno uporabiti tudi druge genetske markerje, ki so pod seleksijskim pritiskom, saj tudi te dajo neko dodatno informacijo o povezavi med okoljem in genetskimi značilnostmi osebka.

5 Zaključki

V Sloveniji je srnjad razvila bolj ali manj izrazito populacijsko strukturo v skladu z geografskimi in zgodovinskimi značilnostmi. Takšna populacijska genetska struktura potrjuje izrazito teritorialnost vrste, a s prisotnim genskim pretokom med različno oddaljenimi območji. Zaznane genetske razlike med lovskoupravljavskimi območji so posledica prepleta več dejavnikov, npr. zgodovine vrste, možnosti širjenja v prostoru, razlik v upravljanju itn. Ugotovili smo rahlo povezano med genetsko komponento in telesno maso, medtem ko jasne povezave z razmnoževalnim potencialom nismo zaznali. Na telesne mase in razmnoževalno sposobnost samic srnjadi vpliva več dejavnikov, med genetskimi pa imajo prevladujoč vpliv okoljski, predvsem tisti, ki so povezani z razpoložljivostjo virov. Z vidika razumevanja ekologije in evolucije je zato treba poznati skupne oz. celostne učinke genotipa in okolja na znake življenjskih strategij vrst. Pri tem je treba upoštevati tudi razlike v pristopih k upravljanju populacij, še posebno, kadar odločitve temeljijo na spremajanju parametrov fitnesa osebkov (npr. kot kazalnika v adaptivnem upravljanju).

Ugotovitve kažejo, da bi bilo v načrtovanje upravljanja s srnjadjo priporočljivo vključiti tudi podatke o prostorski in medletni spremenljivosti telesnih mas ter razmnoževalnega potenciala, a tudi o genetski raznolikosti in značilnostih okolja v posameznem LUO. Molekularno-genetske analize so namreč zelo pomembne za

podrobnejši vpogled v stanje populacij in lahko omogočijo doseči še boljše, na znanju temelječe upravljanje z divjadjo.

6 Povzetek

V pričujoči raziskavi smo določili populacijsko genetsko strukturo srnjadi v Sloveniji (s poudarkom na razmejitvah med lovskoupravljavskimi območji; v ta del smo vključili 214 odraslih in enoletnih srn – mladic) ter proučevali vpliv genetskih dejavnikov na dva pomembna kazalnika fitnesa (telesne mase in razmnoževalni potencial) pri 172 mladic. Dokazali smo obstoj treh genetskih gruč srnjadi, prisotnih v: i) osrednji Sloveniji, ii) submediteranskem in kraškem območju in iii) subpanonskem delu Slovenije oz. na severovzhodu države. Prostorske razlike v genetski strukturi srnjadi je mogoče razložiti z zgodovino širjenja vrste, različnimi upravljavskimi pristopi in/ali različno povezljivostjo med subpopulacijami. Ugotovljena populacijska genetska struktura potrjuje izrazito teritorialnost srnjadi, hkrati pa kaže na obstoj genskega pretoka med sosednjimi območji. Potrdili smo statistično značilno soodvisnost med genetsko komponento (pripadnost gruči Q1, ki je prisotna v osrednji Sloveniji, ter heterozigotnostjo) in telesno maso, pri čemer je telesna masa v pozitivni korelaciji s heterozigotnostjo in v negativni s pripadnostjo genetski gruči Q1. Neposrednega vpliva obeh genetskih komponent na razmnoževalni potencial (število rumenih teles v jajčnikih) nismo uspeli zaznati, saj je ta vpliv posreden prek telesne mase, kar pa smo uspeli dokazati.

Vpliv genetskih dejavnikov je pogosto prikrit ali preglašen z vplivom okolja in razpoložljivostjo virov, kar potrjuje izrazita medletna spremenljivost oz. značilne razlike v povprečnih telesnih masah in razmnoževalnem potencialu mladic v treh zaporednih letih raziskovalnega obdobja (2013–2015). V prihodnje je zato treba

proučevati skupne oz. celostne učinke genotipa in okolja na značaj življenjskih strategij vrst. V načrtovanje upravljanja s populacijami pa je priporočljivo vključiti tudi podatke o prostorski in medletni spremenljivosti telesnih mas ter razmnoževalnega potenciala. Prav tako je priporočljivo vključiti podatke o genetski raznolikosti in značilnostih okolja v posameznem LUO, kar lahko omogoči še boljše upravljanje z divjadjo, ki bo temeljilo na znanju.

7 Summary

In this study, we determined the population genetic structure of European roe deer in Slovenia (with the emphasis on borders between hunting management areas; we included 214 adults and one year old females) and studied the influence of genetic factors on two important fitness indicators (body mass and reproductive potential) of 172 one year old females. We have confirmed the existence of three genetic clusters of roe deer present in: (i) the sub-Mediterranean and Karst areas, (ii) central Slovenia, (iii) the Subpannonian Region or the northeast of the country. Spatial differences in genetic structure of roe deer can be explained by the historical dispersal of species, diverse management approaches and/or diverse connection between subpopulations. The determined genetic structure of the population confirms the territorial behavior of roe deer, but also the existence of genetic flow between neighboring subpopulations. We confirmed a statistically significant correlation between the genetic component (belonging to the first cluster Q1 in northeastern Slovenia and heterozygosity) and body mass, where body mass was positively correlated with heterozygosity and negatively correlated with belonging to the first genetic cluster Q1. We could not demonstrate a direct influence of these two genetic components on reproductive potential (i.e., the number of corpora lutea in the ovaries), as this influence is probably indirect via body mass, which in turn has been demonstrated.

The influence of genetic factors is often hidden or overridden by the influence of the environment and the availability of resources, which has been confirmed by the pronounced interannual variability or characteristic differences in average body mass and reproductive potential of yearlings in three consecutive years of the research period (2013-2015). Therefore, it is necessary, in the future, to study the common or overall effects of genotype and the environment on life history traits, and it is recommended to include data on spatial and interannual variability of body mass and reproductive potential in population management planning. Additionally, it is also recommended to include data on genetic diversity and environmental characteristics in individual LUO, which could enable even better, knowledge-based game management.

8 Zahvala

Zahvaljujemo se vsem lovčem in upravljavcem lovišč, ki so sodelovali pri zbiranju vzorcev, in dr. Katarini Flajšman, ki jih je odvzela in nam omogočila dostop do njih. Za pomoč pri laboratorijskem delu se zahvaljujemo dr. Feliciti Urzi in Sandri Potušek. Lovski zvezi Slovenije izrekamo pohvalo in zahvalo za razvoj sodobnega lovskoinformacijskega sistema, ki raziskovalcem omogoča dostop do mnogih dragocenih podatkov o osebkih, vključenih v to raziskavo in podobne. Izvedbo raziskave je omogočila finančna podpora: (i) Ministrstva za kmetijstvo, gozdarstvo in prehrano (CRP projekta V4-1825 in V1-2031); (ii) Javne agencije RS za raziskovalno dejavnost (programska skupina P1-0386; omenjena CRP projekta); (iii) Evropske komisije prek projekta STEPCHANGE (*European Union's Horizon 2020 Research and Innovation Program*; No. 101006386), namenjenega pospeševanju vključevanja lovčev kot pomembnih sodelavcev na področju t. i. državljanske znanosti pri

monitoringu in raziskavah prostoživečih živali oz. biotske pestrosti; (iv) COST akcije *G-Bike Genomic Biodiversity Knowledge for Resilient Ecosystems*.

9 Viri

- Andersen, R., Duncan, P., Linnell, J. D. C. (ur). 1998. The European roe deer: the biology of success. Oslo: Scandinavian University Press: 376 str.
- Andersen, Reidar, Gaillard, J. M., Linnell, J. D. C., Duncan, P. 2000. Factors affecting maternal care in an income breeder, the European roe deer. *Journal of Animal Ecology*, 69(4): 672–682.
- Aparicio, J. M., Ortego, J., Cordero, P. J. 2006. What should we weigh to estimate heterozygosity, alleles or loci? *Molecular Ecology*, 15(14): 4659–4665.
- Apollonio, M., Merli, E., Chirichella, R., Pokorný, B., Alagić, A., Flajšman, K., Stephens, P. A. 2020. Capital-Income Breeding in Male Ungulates : Causes and Consequences of Strategy Differences Among Species. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 8: 308.
- Bončina, A., Pokorný, B., Sternad, M., Bužan, E. 2019. Genetska povezanost in sorodstvena razmerja evropske srne v modelnem lovišču osrednje Slovenije, Zlatorogov zbornik, 6: 10–28.
- Bonnot, N., Gaillard, J.M., Coulon, A., Galan, M., Cosson, J.F., Delorme, D., Klein, F., Hewison, A. J. M. 2010. No difference between the sexes in fine-scale spatial genetic structure of roe deer. *PLoS ONE*, 5(12): e14436.
- Buzan, E., Gerič, U., Potušek, S., Flajšman, K., Pokorný, B. 2020. First insights into the population genetic structure and heterozygosity–fitness relationship in roe deer inhabiting the area between the Alps and Dinaric Mountains. *Animals*, 10(12): 1–25.
- Carpenter, B., Gelman, A., Hoffman, M. D., Lee, D., Goodrich, B., Betancourt, M., Brubaker, M., Guo, J., Li, P., Riddell, A. 2017. Stan: A Probabilistic Programming Language. *Journal of Statistical Software*, 76(1): 1–32.
- Coltman, D. W. 2008. Molecular ecological approaches to studying the evolutionary impact of selective harvesting in wildlife. *Molecular Ecology*, 17: 221–235.
- Coulon, A. 2010. Genhet: An easy-to-use R function to estimate individual heterozygosity. *Molecular Ecology Resources*, 10(1): 167–169.
- Coulon, A., Cosson, J. F., Angibault, J. M., Cargnelutti, B., Galan, M., Morellet, N., Petit, E., Aulagnier, S., Hewison, A. J. M. 2004. Landscape connectivity influences gene flow in a roe deer population inhabiting a fragmented landscape: An individual-based approach. *Molecular Ecology*, 13(9): 2841–2850.
- Coulon, A., Cosson, J. F., Morellet, N., Angibault, J.M., Cargnelutti, B., Galan, M., Aulagnier, S., Hewison, A. J. M. 2006. Dispersal is not female biased in a resource-defence mating ungulate, the European roe deer. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 273(1584): 341–348
- Coulon, A., Guillot, G., Cosson, J. F., Angibault, J. M. A., Aulagnier, S., Cargnelutti, B., Galan, M., Hewison, A. J. M. 2006. Genetic structure is influenced by landscape features: Empirical evidence from a roe deer population. *Molecular Ecology*, 15(6): 1669–1679.
- Debeffe, L., Morellet, N., Cargnelutti, B., Lourtet, B., Coulon, A., Gaillard, J. M., Bon, R., Hewison, A. J. M. 2013. Exploration as a key component of natal dispersal: Dispersers explore more than philopatric individuals in roe deer. *Animal Behaviour*, 86(1): 143–151.
- Earl, D. A., vonHoldt, B. M. 2012. STRUCTURE HARVESTER: A website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources*, 4(2): 359–361.
- ESRI, 2011. ArcGis Desktop: Release 10. Redlands, CA: Environmental Systems Research Institute.
- Evanno, G., Regnaut, S., Goudet, J. 2005. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: A simulation study. *Molecular Ecology*, 14(8): 2611–2620.
- Falush, D., Stephens, M., Pritchard, J. K. 2003. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data: Linked Loci and Correlated Allele Frequencies. *Genetics*, 4(164): 1567–1587.
- Flajšman, K. 2017. Effects of individual, population and environmental factors on reproductive success of roe deer (*Capreolus capreolus* L.). Doktorska disertacija, Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta: 125 str.

Izvirni znanstveni članek

- Flajšman, K., Borowik, T., Pokorný, B., Jędrzejewska, B. 2018. Effects of population density and female body mass on litter size in European roe deer at a continental scale. *Mammal Research*, 63(1): 91–98.
- Flajšman, K., Jelenko, I., Helena, P., Pokorný, B. 2013. Reproductive potential of roe deer (*Capreolus capreolus* L.): review of the most important influential factors. *Acta Silvae et Ligni*, 102(2013): 1–20.
- Flajšman, K., Jerina, K., Pokorný, B. 2017. Age-related effects of body mass on fertility and litter size in roe deer. *PLoS ONE*, 12(4): 12–16.
- Flajšman, K., Pokorný, B. 2017. Kaj vemo o razmnoževalnem potencialu srnjadi v Sloveniji? Ljubljana: 100(1): 10–14.
- Flajšman, K., Pokorný, B., Chirichella, R., Bottero, E., Mattioli, L., Apollonio, M. 2017. I can produce more offspring as you can imagine: first records on exceptionally large litters in roe deer in central/southern Europe. *European Journal of Wildlife Research*, 63(3): 42.
- Gaillard, J. M., Hewison, A. J. M., Kjellander, P., Pettorelli, N., Bonenfant, C., Van Moorter, B., Liberg, O., Andren, H., Van Laere, G., Klein, F., Angibault, J.-M., Coulon, A., Vanpé, C. 2008. Population density and sex do not influence fine-scale natal dispersal in roe deer. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 275(1646): 2025–2030.
- Gerič, U. 2020. Genetska struktura evropske srne na stičišču med dinaridi in alpami. Magistrsko delo, Univerza na primorskem, Fakulteta za matematiko, naravoslovje in informacijske tehnologije: 39 str.
- Hewison, A. J. M. 1997. Evidence for a genetic component of female fecundity in British roe deer from studies of cranial morphometrics. *Functional Ecology*, 11: 508–517.
- Hubisz, M. J., Falush, D., Stephens, M., Pritchard, J. K. 2009. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. *Molecular Ecology Resources*, 9(5): 1322–1332.
- Jakobsson, M., Rosenberg, N. A. 2007. CLUMPP: A cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. *Bioinformatics*, 23(14): 1801–1806.
- Jerina, K., Stergar, M., Videmšek, U., Kobler, A., Pokorný, B., Jelenko, I. 2010. Prostorska razširjenost, vitalnost populacijska dinamika prostoživečih vrst parkljarjev v Sloveniji: preučevanje vplivov okoljskih in vrstno-specifičnih dejavnikov ter napovedovanje razvojnih trendov. Ljubljana, Slovenija: Biotehniška fakulteta, Oddelek za gozdarstvo in obnovljive gozdne vire: 48 str.
- Kryštufek, B. 1991. Sesalci Slovenije. Ljubljana: Prirodoslovní muzej Slovenije: 294 str.
- Krže, B. 2000. Srnjad: biologija, gojitev, ekologija (Zlatorogova knjižica, 27). Ljubljana: Lovska zveza Slovenije: 271 str.
- Kurt, F., Hartl, G. B., Völk, F. 1993. Breeding strategies and genetic variation in European roe deer *Capreolus capreolus* populations. *Acta Theriologica* 38(2): 187–194.
- Lawson, D. J., Van Dorp, L., Falush, D. 2018. A tutorial on how not to over-interpret STRUCTURE and ADMIXTURE bar plots. *Nature Communications* 9(1): 1–11.
- Linnell, J. D. C., Wahlstrom, L. K., Gaillard, J. M. 1998. From birth to independence: birth, growth, neonatal mortality, hiding behaviour and dispersal. Scandinavian University Press, Oslo: 257–284.
- McCullough, D. R., Andersen, R., Duncan, P., Linnell, J. D. C. 2000. The European Roe Deer: The Biology of Success. *The Journal of Wildlife Management*, 64(2): 608.
- Ołano-Marin, J., Plis, K., Sönnichsen, L., Borowik, T., Niedziałkowska, M., Jędrzejewska, B. 2014. Weak population structure in European roe Deer (*Capreolus capreolus*) and evidence of introgressive hybridization with Siberian roe deer (*C. pygargus*) in Northeastern Poland. *PLoS ONE*, 9(10): e109147.
- Poetsch, M., Seefeldt, S., Maschke, M., Lignitz, E. 2001. Analysis of microsatellite polymorphism in red deer, roe deer, and fallow deer - Possible employment in forensic applications. *Forensic Science International*, 116(1): 1–8.
- Pokorný, B. 2009. Kako še izboljšati upravljanje s srnjadjo v Sloveniji? Ljubljana: 92: 130–134.
- Pokorný, B., Turinek, J. I. 2018. Čeljustnice prostoživečih parkljarjev : dragocen vir informacij o osebkih, vrstah in okolju. Ljubljana : Lovska zveza Slovenije: 137 str.

Gerič, U., Pokorný, B., Cerri, J., Bužan, E., 2022. Genetska struktura in njen vpliv na telesne mase in razmnoževalni potencial mladic srnjadi v Sloveniji. Zlatorogov zbornik, 9: 61-84.

Izvirni znanstveni članek

- Quéméré, E., Gaillard, J. M., Galan, M., Vanpé, C., David, I., Pellerin, M., Kjellander, P., Hewison, A. J. M., Pemberton, J. M. 2018. Between-population differences in the genetic and maternal components of body mass in roe deer. *BMC Evolutionary Biology*, 18(1): 18-39.
- R Core Team (2021). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- Røed, K. H. 1998. Microsatellite variation in Scandinavian Cervidae using primers derived from Bovidae. *Hereditas*, 129(1): 19–25.
- Røed, K. H., Midthjell, L. 1998. Microsatellites in reindeer, *Rangifer tarandus*, and their use in other cervids. *Molecular Ecology*, 7(12): 1773–1776.
- Rosenberg, N. A. 2004. DISTRUCT: A program for the graphical display of population structure. *Molecular Ecology Notes*, 4(1): 137–138.
- Simonič, A. 1976. Srnjad: biologija in gospodarjenje. Ljubljana, Slovenija: Lovska zveza Slovenije: 606 str.
- Stergar, M., Borkovič, D., Hiršelj, J., Kavčič, I., Krofel, M., Mrakič, M., Troha, R., Videmšek, U., Vrčon, B., Jerina, K. 2012. Ugotavljanje gostot prostozivečih parkljarjev s kombinirano metodo štetja kupčkov iztrebkov in podatkov o odvzemuh. Ljubljana, Slovenija: Biotehniška fakulteta, Oddelek za gozdarstvo in obnovljive gozdne vire: 18 str.
- Toigo, C., Gaillard, J. M., Van Laere, G., Hewison, M., Morellet, N. 2006. How does environmental variation influence body mass, body size, and body condition? Roe deer as a case study. *Ecography*, 29(3): 301–308.
- Vial, L., Maudet, C., Luikart, G. 2003. Thirty-four polymorphic microsatellites for European roe deer. *Molecular Ecology Notes*, 3(4): 523–527.
- Wang, M., Schreiber, A. 2001. The impact of habitat fragmentation and social structure on the population genetics of roe deer (*Capreolus capreolus* L.) in Central Europe. *Heredity*, 86(6): 703–715.

Izvirni znanstveni članek

Priloge

Priloga 1

Preglednica P1: Podatki o vzorcih srujadi, vključenih v raziskavo

Table P1: Data of roe deer samples included in the research.

LME	Ime LUO	Datum odvzemja	Mase, ko- rigirane na dan	Št. rost	HL CL	X	Y	Q1	Q2	Q3	
LME76	Gorenjsko	25. 10. 2013	13,518	1	2	0,327383	46,22751	14,4961	0,692	0,204	0,104
LME104	Gorenjsko	7. 9. 2013	12,293	1	0	0,308522	46,37074	14,35182	0,706	0,182	0,112
LME105	Gorenjsko	1. 12. 2013	11,578	1	1	0,451966	46,39787	14,3775	0,697	0,191	0,113
LME106	Gorenjsko	16. 9. 2013	8,929	1	0	0,543675	46,39003	14,65064	0,696	0,199	0,104
LME107	Gorenjsko	18.09.2013	9,959	1	0	0,322966	46,39911	14,67659	0,683	0,189	0,128
LME108	Gorenjsko	26. 11. 2013	14,502	1	0	0,325502	46,27295	14,61246	0,692	0,196	0,112
LME122	Gorenjsko	17. 9. 2014	12,944	1	2	0,247801	46,13737	14,4581	0,701	0,176	0,123
LME123	Gorenjsko	13. 10. 2014	11,837	1	2	0,619158	46,18229	14,4447	0,675	0,177	0,148
LME124	Gorenjsko	18. 9. 2014	13,459	1	2	0,581209	46,13748	14,48398	0,669	0,212	0,119
LME144	Gorenjsko	6. 10. 2014	10,731	1	2	0,362525	46,27295	14,61246	0,731	0,152	0,117
LME145	Gorenjsko	11. 12. 2014	15,729	1	1	0,351892	46,40803	14,65053	0,679	0,169	0,152
LME146	Gorenjsko	14. 9. 2014	12,899	2	2	0,611093	46,35423	14,71584	0,634	0,154	0,211
LME147	Gorenjsko	23. 12. 2014	14,91	1	1	0,256015	46,42472	14,35118	0,704	0,178	0,118
LME170	Gorenjsko	14. 9. 2014	11,399	1	2	0,231921	46,28125	14,44371	0,693	0,188	0,119
LME171	Gorenjsko	5. 9. 2014	9,763	1	2	0,244552	46,28125	14,44371	0,721	0,166	0,113
LME172	Gorenjsko	3. 9. 2014	13,232	1	2	0,163299	46,30818	14,43045	0,694	0,195	0,11
LME189	Gorenjsko	6. 9. 2014	12,778	1	2	0,233371	46,03651	14,14902	0,695	0,204	0,101
LME230	Gorenjsko	17. 10. 2015	11,397	1	1	0,176074	46,11709	14,09603	0,682	0,201	0,117
LME231	Gorenjsko	17. 10. 2015	12,897	1	1	0,377758	46,07278	14,18725	0,714	0,169	0,117
LME236	Gorenjsko	20. 10. 2015	13,443	1	1	0,424229	46,0815	14,14833	0,724	0,17	0,105
LME237	Gorenjsko	12. 10. 2015	13,322	1	1	0,380294	46,0726	14,16139	0,696	0,197	0,108
LME273	Gorenjsko	2. 9. 2015	11,217	1	1	0,266525	46,39607	14,10445	0,716	0,178	0,106
LME274	Gorenjsko	3. 9. 2015	14,232	1	2	0,409209	46,35109	14,10518	0,696	0,189	0,115
LME275	Gorenjsko	5. 9. 2015	14,263	1	2	0,364875	46,36887	14,0789	0,677	0,213	0,11
LME276	Gorenjsko	4. 9. 2015	10,474	1	1	0,334223	46,37818	14,11774	0,692	0,211	0,097
LME334	Gorenjsko	13. 9. 2015	7,383	1	0	0,159185	46,35426	14,72883	0,696	0,185	0,119
LME1446	Gorenjsko	2. 9. 2014	16,293	3-4	2	0,222191	46,22534	14,13315	0,686	0,194	0,12
LME1447	Gorenjsko	3. 9. 2014	17,064	5-7	2	0,311671	46,18026	14,1209	0,668	0,189	0,143
LME1461	Gorenjsko	17. 9. 2014	13,796	3-4	2	0,480367	46,0629	14,07106	0,712	0,168	0,12
LME1462	Gorenjsko	3. 9. 2014	13,232	8-9	2	0,43589	46,05401	14,08414	0,664	0,223	0,114
LME1463	Gorenjsko	3. 9. 2014	12,232	8-9	3	0,38896	46,04541	14,13596	0,699	0,193	0,108
LME1464	Gorenjsko	1. 10. 2014	13,656	3-4	2	0,239126	46,04551	14,14888	0,684	0,199	0,117
LME1465	Gorenjsko	6. 9. 2014	14,778	5-7	2	0,247801	46,05451	14,14874	0,657	0,207	0,136
LME1478	Gorenjsko	/	/	/	2	0,341735	46,39575	14,06544	0,65	0,216	0,134
LME1479	Gorenjsko	/	/	/	2	0,56411	46,38665	14,05259	0,718	0,187	0,096
LME88	Kamniško-Savinjsko	2. 11. 2013	16,139	1	2	0,117798	46,39956	15,01471	0,377	0,188	0,435
LME97	Kamniško-Savinjsko	17. 9. 2013	8,443	1	0	0,324155	46,27346	14,82005	0,375	0,21	0,416

Izvirni znanstveni članek

LME109	Kamniško-Savinjsko	16. 9. 2013	13,429	1	1	0,269061	46,19221	14,69076	0,341	0,197	0,461
LME113	Kamniško-Savinjsko	2. 10. 2014	15,671	1	2	0,673377	46,22861	14,9628	0,348	0,17	0,482
LME186	Kamniško-Savinjsko	1. 12. 2014	15,078	1	2	0,065896	46,38133	14,7677	0,343	0,244	0,413
LME194	Kamniško-Savinjsko	16. 9. 2014	8,429	1	1	0,321264	46,26429	14,72927	0,348	0,201	0,45
LME196	Kamniško-Savinjsko	13. 10. 2014	16,337	1	2	0,310807	46,30045	14,81996	0,349	0,204	0,447
LME197	Kamniško-Savinjsko	16. 9. 2014	9,429	1	1	0,314342	46,25542	14,79417	0,368	0,227	0,405
LME198	Kamniško-Savinjsko	20. 9. 2014	9,989	1	1	0,213977	46,17418	14,67791	0,352	0,261	0,388
LME199	Kamniško-Savinjsko	30. 9. 2014	15,14	1	2	0,312026	46,15622	14,69096	0,39	0,218	0,392
LME200	Kamniško-Savinjsko	14. 10. 2014	12,852	1	1	0,228975	46,16529	14,71681	0,377	0,175	0,449
LME207	Kamniško-Savinjsko	4. 9. 2014	8,247	1	0	0,24591	46,36328	14,74178	0,381	0,224	0,395
LME242	Kamniško-Savinjsko	10. 11. 2015	15,26	1	0	46,16515	14,66501	0,38	0,27	0,35	0,35
LME305	Kamniško-Savinjsko	6. 9. 2015	11,278	1	0	46,28239	14,78109	0,327	0,195	0,478	0,478
LME306	Kamniško-Savinjsko	4. 9. 2015	12,247	1	0	46,30051	14,8589	0,347	0,287	0,366	0,366
LME309	Kamniško-Savinjsko	6. 9. 2015	15,278	1	0	46,3275	14,85884	0,366	0,234	0,4	0,4
LME310	Kamniško-Savinjsko	3. 9. 2015	10,732	1	0	46,3093	14,74203	0,348	0,228	0,425	0,425
LME313	Kamniško-Savinjsko	3. 10. 2015	13,686	1	0	46,36347	14,84575	0,315	0,265	0,42	0,42
LME314	Kamniško-Savinjsko	9. 9. 2015	14,323	1	0	46,35446	14,83278	0,347	0,206	0,447	0,447
LME315	Kamniško-Savinjsko	4. 9. 2015	14,247	1	0	46,34544	14,81981	0,373	0,216	0,411	0,411
LME81	Kočevsko-Belokranjsko	3. 10. 2013	12,686	1	0	45,67975	15,04017	0,253	0,392	0,354	0,354
LME93	Kočevsko-Belokranjsko	6. 10. 2013	12,731	1	0	45,66173	15,07865	0,319	0,321	0,36	0,36
LME95	Kočevsko-Belokranjsko	8. 10. 2013	10,761	1	0	45,77858	14,80877	0,283	0,385	0,332	0,332
LME136	Kočevsko-Belokranjsko	18. 12. 2013	11,835	1	0	45,70674	15,04019	0,283	0,348	0,369	0,369
LME137	Kočevsko-Belokranjsko	25. 10. 2014	14,018	1	0	45,50878	15,05284	0,307	0,306	0,387	0,387
LME164	Kočevsko-Belokranjsko	5. 9. 2014	13,263	1	0	45,64377	15,00166	0,285	0,325	0,39	0,39
LME165	Kočevsko-Belokranjsko	6. 9. 2014	11,278	1	0	45,58975	15,07855	0,318	0,325	0,357	0,357
LME166	Kočevsko-Belokranjsko	1. 9. 2014	11,202	1	0	45,56276	15,0657	0,283	0,341	0,376	0,376
LME168	Kočevsko-Belokranjsko	6. 9. 2014	13,278	1	0	45,71573	15,06589	0,276	0,355	0,368	0,368
LME175	Kočevsko-Belokranjsko	20. 10. 2014	14,443	1	0	45,7421	14,61613	0,29	0,327	0,383	0,383
LME176	Kočevsko-Belokranjsko	20. 9. 2014	14,489	1	0	45,76026	14,66743	0,293	0,366	0,341	0,341

Izvirni znanstveni članek

LME125	Kočevsko-Belokranjsko	20. 12. 2014	19,865	1	0	45,93882	14,34396	0,231	0,415	0,354	0,354
LME126	Notranjsko	5. 11. 2014	14,185	1	0	45,94775	14,33096	0,281	0,394	0,325	0,325
LME142	Notranjsko	15. 9. 2014	13,414	1	0	46,02064	14,51089	0,232	0,498	0,27	0,27
LME318	Notranjsko	13. 9. 2015	14,383	1	0	45,92968	14,31828	0,268	0,372	0,36	0,36
LME319	Notranjsko	11. 9. 2015	12,353	1	0	45,86677	14,33193	0,281	0,453	0,266	0,266
LME320	Notranjsko	2. 10. 2015	15,671	1	0	45,66038	14,43704	0,25	0,475	0,275	0,275
LME321	Notranjsko	1. 9. 2015	11,202	1	0	45,77862	14,83449	0,259	0,492	0,249	0,249
LME322	Notranjsko	8. 9. 2015	13,308	1	0	45,64354	14,77075	0,274	0,441	0,285	0,285
LME323	Notranjsko	3. 9. 2015	14,232	1	0	45,63473	14,91187	0,214	0,53	0,256	0,256
LME324	Notranjsko	5. 9. 2015	11,263	1	0	45,64372	15,10428	0,254	0,367	0,379	0,379
LME325	Notranjsko	16. 9. 2015	12,429	1	0	45,59874	15,09138	0,292	0,46	0,248	0,248
LME326	Notranjsko	5. 10. 2015	10,716	1	0	45,5536	14,79672	0,242	0,573	0,185	0,185
LME1451	Notranjsko	15. 9. 2014	18,031	3-4	0	45,64128	14,24481	0,286	0,467	0,248	0,248
LME1452	Notranjsko	26. 12. 2014	16,956	3-4	0	45,64153	14,28329	0,2	0,601	0,199	0,199
LME1453	Notranjsko	31. 12. 2014	18,031	8-9	0	45,64128	14,24481	0,282	0,477	0,241	0,241
LME259	Notranjsko	21. 9. 2015	15,504	1	0	45,84157	15,1819	0,308	0,306	0,386	0,386
LME260	Novomeško	19. 9. 2015	17,474	1	0	45,84148	15,2334	0,31	0,234	0,456	0,456
LME261	Novomeško	4. 9. 2015	14,247	1	0	45,85055	15,19481	0,309	0,284	0,406	0,406
LME262	Novomeško	10. 10. 2015	14,792	1	0	45,87738	15,2722	0,33	0,252	0,418	0,418
LME263	Novomeško	26. 9. 2015	12,58	1	0	45,87754	15,1949	0,285	0,289	0,425	0,425
LME264	Novomeško	24. 10. 2015	16,503	1	0	45,89541	15,2594	0,316	0,267	0,417	0,417
LME265	Novomeško	22. 9. 2015	13,52	1	0	45,87735	15,28508	0,252	0,389	0,359	0,359
LME77	Pohorsko	9. 10. 2013	16,776	1	0	46,40805	15,33987	0,249	0,126	0,625	0,625
LME79	Pohorsko	14. 9. 2013	13,398	1	0	46,39836	15,52187	0,283	0,13	0,587	0,587
LME83	Pohorsko	8. 9. 2013	8,808	1	0	46,59748	14,96256	0,294	0,124	0,582	0,582
LME86	Pohorsko	6. 9. 2013	14,278	1	0	46,39805	15,58689	0,246	0,143	0,611	0,611
LME87	Pohorsko	2. 10. 2013	14,171	1	0	46,39805	15,58689	0,222	0,109	0,669	0,669
LME96	Pohorsko	13. 11. 2013	10,805	1	0	46,49771	15,43163	0,272	0,134	0,595	0,595
LME111	Pohorsko	7. 12. 2013	17,668	1	0	46,5795	15,01476	0,26	0,143	0,597	0,597
LME115	Pohorsko	29. 10. 2014	13,079	1	0	46,41704	15,33993	0,277	0,113	0,61	0,61
LME116	Pohorsko	28. 10. 2014	16,064	1	0	46,40805	15,33987	0,235	0,137	0,629	0,629
LME117	Pohorsko	18. 9. 2014	15,459	1	0	46,40809	15,32686	0,271	0,156	0,573	0,573
LME181	Pohorsko	5. 9. 2014	14,263	1	0	46,4443	15,23598	0,256	0,108	0,636	0,636
LME182	Pohorsko	16. 10. 2014	14,882	1	0	46,48023	15,26218	0,252	0,129	0,619	0,619
LME238	Pohorsko	20. 9. 2015	12,489	1	0	46,3808	15,4177	0,273	0,127	0,6	0,6
LME239	Pohorsko	2. 10. 2015	12,671	1	0	46,35361	15,46947	0,263	0,142	0,594	0,594
LME255	Pohorsko	10. 9. 2015	10,838	1	0	46,59749	14,97561	0,238	0,129	0,633	0,633
LME256	Pohorsko	9. 9. 2015	11,823	1	1	0,117798	46,59748	14,96256	0,25	0,135	0,615
LME257	Pohorsko	22. 9. 2015	11,02	1	1	0,294927	46,60648	14,96255	0,248	0,127	0,624
LME258	Pohorsko	21. 10. 2015	16,458	1	2	0,276705	46,58849	15,00171	0,268	0,145	0,587
LME290	Pohorsko	6. 10. 2015	12,231	1	1	0,309136	46,45267	15,44429	0,266	0,116	0,618
LME121	Pomursko	25. 10. 2015	17,518	1	1	0,269061	46,76384	16,02289	0,167	0,245	0,588
LME138	Pomursko	11. 12. 2014	13,729	1	2	0,120688	46,63743	16,07275	0,162	0,27	0,568
LME151	Pomursko	7. 12. 2014	15,668	1	2	0,462423	46,55476	16,24066	0,147	0,234	0,619
LME152	Pomursko	27. 11. 2014	17,017	1	2	0,480172	46,63468	16,33391	0,137	0,405	0,458
LME153	Pomursko	6. 12. 2014	17,153	1	2	0,46055	46,58243	16,17605	0,176	0,209	0,616
LME154	Pomursko	7. 12. 2014	16,168	1	2	0,276091	46,54576	16,24045	0,147	0,262	0,591
LME155	Pomursko	9. 12. 2014	21,199	1	2	0,377758	46,56332	16,27999	0,169	0,204	0,627

Izvirni znanstveni članek

LME156	Pomursko	7. 12. 2014	15,668	1	2	0,498896	46,54576	16,24045	0,143	0,254	0,603
LME281	Pomursko	17. 11. 2015	18,366	1	2	0,294927	46,57317	16,20194	0,168	0,236	0,596
LME282	Pomursko	1. 12. 2015	14,578	1	1	0,597969	46,56303	16,30607	0,149	0,311	0,54
LME283	Pomursko	2. 12. 2015	16,593	1	2	0,409209	46,57317	16,20194	0,129	0,187	0,684
LME284	Pomursko	8. 12. 2015	15,183	1	1	0,284416	46,56272	16,33215	0,189	0,196	0,615
LME285	Pomursko	18. 11. 2015	15,381	1	2	0,522001	46,63483	16,32086	0,149	0,225	0,626
LME286	Pomursko	15. 11. 2015	17,336	1	2	0,331277	46,56375	16,24086	0,152	0,303	0,546
LME287	Pomursko	7. 10. 2015	14,746	1	2	0,445181	46,83373	16,23396	0,15	0,23	0,62
LME288	Pomursko	17. 10. 2015	14,897	1	2	0,303238	46,85157	16,24749	0,148	0,262	0,59
LME289	Pomursko	22. 11. 2015	16,442	1	2	0,407686	46,83441	16,16843	0,15	0,219	0,631
LME120	Posavsko	21. 10. 2014	16,958	1	2	0,248801	45,98377	15,65992	0,254	0,347	0,399
LME141	Posavsko	9. 12. 2014	17,199	1	1	0,459888	45,92121	15,58183	0,268	0,318	0,413
LME243	Posavsko	6. 9. 2015	13,278	1	2	0,500193	46,01084	15,64733	0,239	0,328	0,434
LME244	Posavsko	7. 9. 2015	14,793	1	2	0,50776	45,99299	15,62131	0,313	0,348	0,339
LME245	Posavsko	12. 9. 2015	14,368	1	2	0,294927	45,98392	15,63411	0,272	0,367	0,361
LME246	Posavsko	13. 9. 2015	14,883	1	1	0,377758	46,00198	15,62141	0,257	0,358	0,385
LME247	Posavsko	27. 9. 2015	14,595	1	1	0,201796	45,99299	15,62131	0,258	0,413	0,329
LME248	Posavsko	3. 10. 2015	15,168	1	2	0,344681	45,98392	15,63411	0,243	0,388	0,369
LME134	Primorsko	18. 10. 2014	13,413	1	2	0,390389	45,85264	13,7269	0,19	0,74	0,07
LME139	Primorsko	25. 9. 2014	12,565	1	1	0,211733	45,74643	13,89639	0,257	0,649	0,094
LME140	Primorsko	16. 9. 2014	11,929	1	1	0	46,08548	13,63105	0,295	0,631	0,074
LME143	Primorsko	29. 9. 2014	12,125	1	1	0,463125	45,75567	13,92192	0,193	0,717	0,089
LME252	Primorsko	6. 9. 2015	12,279	1	2	0,314752	45,73791	13,94796	0,273	0,655	0,072
LME253	Primorsko	8. 9. 2015	11,308	1	2	0,237409	45,73791	13,94796	0,185	0,729	0,086
LME254	Primorsko	26. 9. 2015	10,58	1	2	0,137623	45,76442	13,89604	0,161	0,769	0,07
LME1428	Primorsko	29. 9. 2014	16,411	3-4	2	0,515138	45,71931	13,88408	0,173	0,727	0,1
LME1432	Primorsko	6. 10. 2014	18,731	5-7	0	0,231204	45,53735	13,69561	0,197	0,706	0,097
LME1438	Primorsko	29. 10. 2014	13,579	5-7	2	0,337537	45,83479	13,74018	0,188	0,735	0,077
LME1439	Primorsko	26. 9. 2014	16,58	3-4	2	0,251337	45,8525	13,71403	0,216	0,704	0,08
LME1440	Primorsko	3. 11. 2014	13,654	2	1	0,319282	45,80632	13,61216	0,175	0,746	0,079
LME1441	Primorsko	23. 10. 2014	13,458	3-4	2	0,49294	45,81516	13,59907	0,147	0,783	0,07
LME1442	Primorsko	25. 11. 2014	16,487	5-7	1	0,311807	45,82594	13,75325	0,195	0,739	0,066
LME1443	Primorsko	25. 9. 2014	13,565	8-9	2	0,429991	45,74643	13,89639	0,186	0,708	0,107
LME1444	Primorsko	5. 10. 2014	11,716	3-4	2	0,136374	45,73743	13,89657	0,203	0,667	0,13
LME1445	Primorsko	24. 9. 2014	13,55	2	1	0,299344	45,66534	13,88515	0,21	0,665	0,125
LME1449	Primorsko	21. 12. 2014	17,88	5-7	2	0,250898	45,59204	13,75843	0,173	0,753	0,074
LME1450	Primorsko	17. 12. 2014	18,819	5-7	2	0,36257	45,53735	13,69561	0,183	0,738	0,079
LME1454	Primorsko	27. 12. 2014	20,471	8-9	2	0,159185	45,87934	13,70053	0,24	0,667	0,094
LME1455	Primorsko	23. 12. 2014	20,91	2	2	0,351132	45,88774	13,64879	0,203	0,701	0,096
LME1459	Primorsko	21. 12. 2014	16,38	8-9	2	0,362167	45,75542	13,89621	0,172	0,743	0,085
LME1460	Primorsko	30. 11. 2014	14,563	2	2	0,670082	45,75567	13,92192	0,161	0,74	0,1
LME1466	Primorsko	23. 12. 2015	18,91	8-9	2	0,240135	45,59162	13,71999	0,174	0,751	0,075
LME1467	Primorsko	18. 12. 2015	20,835	3-4	2	0,239126	45,54734	13,78503	0,175	0,744	0,081
LME1468	Primorsko	5. 11. 2015	17,185	3-4	2	0,220762	45,59162	13,71999	0,176	0,748	0,076
LME1470	Primorsko	4. 10. 2015	19,701	3-4	2	0,387381	45,54734	13,78503	0,184	0,743	0,073
LME1471	Primorsko	26. 9. 2015	16,58	3-4	2	0,340428	45,7288	13,93528	0,161	0,767	0,072
LME1472	Primorsko	6. 9. 2015	18,278	3-4	2	0,356031	45,76479	13,9346	0,161	0,764	0,075
LME1473	Primorsko	6. 9. 2015	16,278	3-4	2	0,307558	45,71992	13,9483	0,18	0,733	0,087

Izvirni znanstveni članek

LME1477	Primorsko	/	/	/	2	0,329918	45,51979	13,73442	0,221	0,687	0,092
LME118	Ptujsko-Ormoško	27. 9. 2014	15,095	1	2	0,248155	46,50298	16,01798	0,129	0,078	0,792
LME135	Ptujsko-Ormoško	22. 11. 2014	18,442	1	2	0,328049	46,38372	16,24977	0,153	0,085	0,761
LME298	Ptujsko-Ormoško	25. 10. 2015	17,018	1	2	0,410824	46,46602	16,12145	0,131	0,113	0,755
LME299	Ptujsko-Ormoško	20. 10. 2015	15,943	1	1	0,309136	46,50309	16,00495	0,116	0,082	0,802
LME300	Ptujsko-Ormoško	24. 10. 2015	14,503	1	2	0,414471	46,46627	16,09542	0,122	0,108	0,771
LME184	Savinjsko-Kozjansko	10. 12. 2014	16,214	1	2	0,128902	46,29934	15,53391	0,409	0,115	0,476
LME203	Savinjsko-Kozjansko	30. 9. 2014	16,14	1	2	0,237409	46,23694	15,39067	0,367	0,129	0,503
LME205	Savinjsko-Kozjansko	30. 9. 2014	17,64	1	2	0,351892	46,25506	15,35189	0,446	0,136	0,418
LME217	Savinjsko-Kozjansko	13. 12. 2015	17,259	1	2	0,505224	46,31857	15,05364	0,397	0,126	0,477
LME221	Savinjsko-Kozjansko	6. 9. 2015	14,278	1	1	0,344626	46,32758	15,0017	0,443	0,132	0,426
LME222	Savinjsko-Kozjansko	7. 9. 2015	8,793	1	0	0,24591	46,36357	15,0017	0,415	0,126	0,458
LME225	Savinjsko-Kozjansko	11. 9. 2015	12,853	1	1	0,393945	46,36357	15,0017	0,408	0,127	0,465
LME241	Savinjsko-Kozjansko	24. 12. 2015	12,925	1	2	0,394503	46,0837	15,46717	0,404	0,12	0,476
LME249	Savinjsko-Kozjansko	8. 10. 2015	13,761	1	2	0,443602	46,1825	15,50686	0,414	0,142	0,444
LME250	Savinjsko-Kozjansko	20. 9. 2015	15,489	1	2	0,334168	46,26384	15,41681	0,382	0,14	0,478
LME251	Savinjsko-Kozjansko	12. 9. 2015	12,368	1	1	0,259259	46,29968	15,45602	0,438	0,128	0,434
LME270	Savinjsko-Kozjansko	2. 10. 2015	17,171	1	1	0,424229	46,23685	15,4166	0,403	0,109	0,488
LME271	Savinjsko-Kozjansko	26. 9. 2015	17,08	1	2	0,314051	46,22785	15,41654	0,402	0,122	0,476
LME277	Savinjsko-Kozjansko	6. 9. 2015	8,778	1	2	0,293918	46,36314	15,3136	0,373	0,15	0,477
LME278	Savinjsko-Kozjansko	11. 9. 2015	13,353	1	2	0,377567	46,30016	15,31324	0,361	0,138	0,501
LME280	Savinjsko-Kozjansko	8. 9. 2015	13,308	1	2	0,282745	46,29034	15,53382	0,411	0,152	0,438
LME84	Slovensko goriško	30. 10. 2013	16,094	1	1	0,310807	46,62229	15,70683	0,159	0,11	0,731
LME85	Slovensko goriško	1. 10. 2013	12,155	1	1	0,230912	46,65843	15,68117	0,168	0,112	0,72
LME112	Slovensko goriško	31. 12. 2013	16,531	1	2	0,409209	46,65835	15,69424	0,143	0,11	0,747
LME130	Slovensko goriško	19. 12. 2014	16,35	1	2	0,633156	46,56884	15,61482	0,17	0,115	0,716
LME131	Slovensko goriško	6. 11. 2014	16,7	1	1	0,689732	46,61382	15,61533	0,146	0,103	0,75
LME133	Slovensko goriško	22. 10. 2014	13,473	1	1	0,269061	46,64951	15,66799	0,14	0,134	0,726
LME211	Slovensko goriško	30. 11. 2014	12,563	1	2	0,414471	46,46911	15,74391	0,16	0,15	0,691

Izvirni znanstveni članek

LME212	Slovensko goriško	30. 11. 2014	14,063	1	2	0,135378	46,46884	15,78297	0,143	0,154	0,702
LME213	Slovensko goriško	11. 12. 2014	15,729	1	0	0,201796	46,46019	15,73076	0,152	0,095	0,753
LME317	Slovensko goriško	27. 10. 2015	16,549	1	1	0,385489	46,6675	15,66822	0,147	0,116	0,738
LME1474	Triglavsko	/	/	/	2	0,193363	46,44632	13,71315	0,391	0,328	0,281
LME1476	Triglavsko	18. 9. 2015	16,459	5-7	2	0,31116	46,45771	13,94722	0,415	0,328	0,257
LME173	Zasavsko	12. 9. 2014	17,368	1	2	0,579687	46,02163	14,89835	0,362	0,475	0,163
LME177	Zasavsko	24. 9. 2014	14,55	1	2	0,226782	46,1476	14,89813	0,371	0,446	0,183
LME226	Zasavsko	3. 9. 2015	14,232	1	2	0,361515	46,13853	15,157	0,422	0,389	0,189
LME227	Zasavsko	5. 9. 2015	15,763	1	1	0,063006	46,12952	15,16992	0,427	0,411	0,162
LME228	Zasavsko	5. 9. 2015	13,763	1	1	0,421281	46,12954	15,15697	0,369	0,436	0,194
LME291	Zasavsko	6. 12. 2015	12,153	1	2	0,187833	46,03929	14,70453	0,365	0,43	0,205
LME292	Zasavsko	19. 12. 2015	12,35	1	1	0,452615	46,02133	14,71754	0,365	0,458	0,177
LME293	Zasavsko	19. 12. 2015	14,501	1	1	0,294927	46,11124	14,69121	0,397	0,439	0,165
LME294	Zasavsko	19. 12. 2015	12,35	1	1	0,368467	46,05722	14,67858	0,37	0,468	0,162
LME296	Zasavsko	13. 12. 2014	16,759	1	1	0,294927	46,08431	14,71722	0,355	0,466	0,18
LME327	Zasavsko	26. 9. 2015	16,08	1	1	0,543177	46,15658	14,88516	0,454	0,373	0,173
LME328	Zasavsko	2. 10. 2015	12,171	1	1	0,145837	46,14756	14,85929	0,398	0,383	0,219

Izvirni znanstveni članek

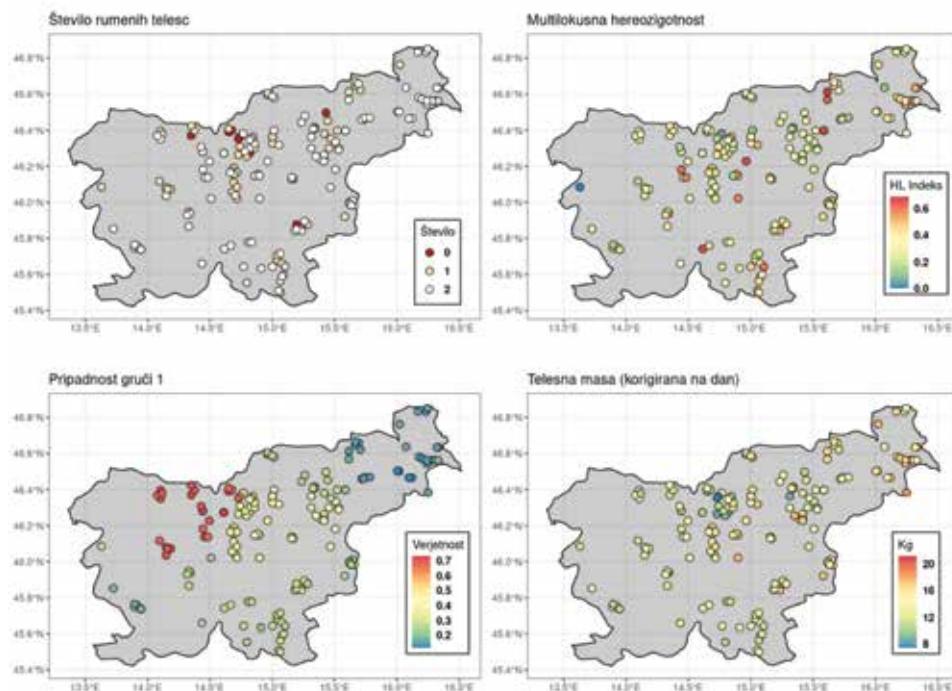
Priloga 2

Preglednica P2: Podrobni opis 14-ih mikrosatelitnih lokusov. Za vsak lokus je navedeno: temperatura prileganja, razpon alelov (bp), ponovljen motiv, set in referenca. Navedene so oznake barvila, ki je bilo dodano mikrosatelitu v setu, da smo ga lahko kasneje ločili v programu Genemapper za določanje dolžin mikrosatelitov.

Table P2: Data of roe deer samples included in the research. detailed description of 14 microsatelite loci. For each locus the annealing temperature, the range of alleles (bp), the repeated motif, set and reference are given.

Lokus	Barvilo	T prileganja (°C)	Razpon alelov (bp)	Sekvenca 5' – 3'	Set	Referenca
BM1818	PET	54	247–263	AGCTGGGAATATAACCAAAGG AGTGTTTCAAGGTCCATGC	1	(Vial in sod., 2003)
BM757	NED	54	158–211	TGGAAACAAATGTAAACCTGGG TTGAGGCCACCAAGGAACC	1	(Vial in sod., 2003)
CSSM66	FAM	54	167–185	ACACAAATCCTTCTGCCAGCTGA AATTAAATGCACTGAGGAGCTGG	1	(Røed, 1998)
NVHRT73	NED	55	210–267	CTTGCCCATTAGTGTTC TGC GTGTCATTGAATAGGAG	1	(Røed in Midthjell, 1998)
NVHRT24	FAM	55	110–150	TGTGGACTATAGGGAGC GTGTACAAAAAGTGTAGT	2	(Røed in Midthjell, 1998)
NVHRT48	PET	55	80–95	CGTGAATCTAACCGAGTCT GGTCAGCTTCATTAGAAC	2	(Røed in Midthjell, 1998)
NVHRT16	NED	55	151–175	ATTCTAAGCCCAATAATCTT TCTAAGGGGTCTGTGTCTT	2	(Røed in Midthjell, 1998)
RT1	FAM	54	210–245	TGCCTTCTTCATCCAACAA CATCTCCCATCCTCTTAC	2	(Poetsch in sod., 2001)
MCM64	PET	63	123–153	TACAGTCCATGGGTCAACAGAG TCTGAATCTACTCCCTCCTCAGAGC	3	(Røed, 1998)
Roe1	PET	45	131–133	AAATTGGCTCTGCAATCGG ACACAAAAGCCACCCAATAC	3	(Vial in sod., 2003)
ETH225	NED	45	137–155	GATCACCTTGCCACTATTTCT ACATGACAGCCAGCTGCTACT	3	(Vial in sod., 2003)
Roe8	FAM	45	59–101	AAGCCGCGCTTGAAGGAG ATCAAGCTCCCCTTCG	3	(Vial in sod., 2003)
MAF70	NED	63	117–155	GCAGGACTCTACGGGCCTTGC CACGGAGTCACAAAGAGTCAGACC	4	(Vial in sod., 2003)
NVHRT21	PET	57	152–178	GCAGCGGAGAGGAACAAAAG	4	(Røed in Midthjell, 1998)

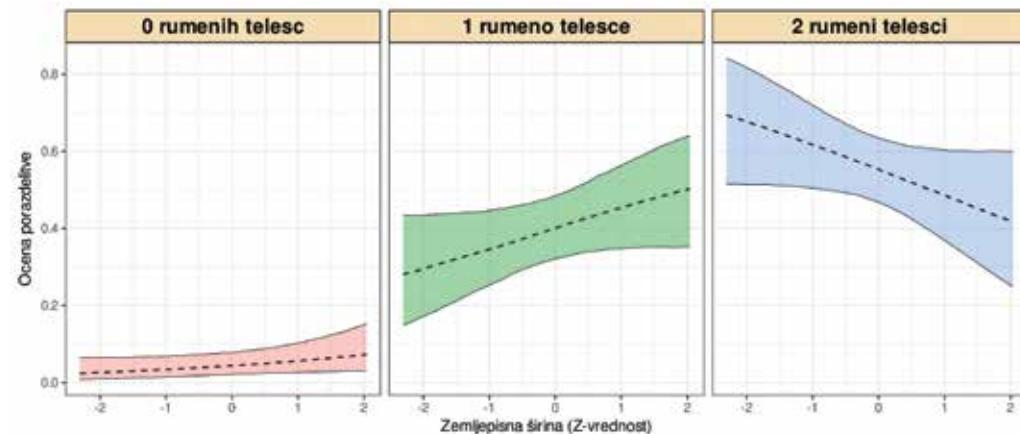
Priloga 3



Slika P1: Prostorska razporeditev uporabljenih spremenljivk v statističnih modelih

Figure P1: Spatial distribution of used variables in statistical models.

Priloga 4



Slika P2: Robni učinki modela za število rumenih teles v odvisnosti od zemljepisne širine

Figure P2: Model's marginal effect of the correlation between the number of corpora lutea and latitude.

POVABILO ZA OBJAVO V ZLATOROGOVEM ZBORNIKU

Zlatorogov zbornik je znanstveno glasilo Lovske zveze Slovenije, ki izhaja periodično. V glasilu sta objavljeni dve vrsti prispevkov: izvirni znanstveni/strokovni prispevki in pregledni znanstveni/strokovni prispevki. Prispevki se nanašajo na široko paleto področij, povezanih z biologijo in ohranjanjem prostoživečih živali, upravljanjem populacije in lovstvom.

Odgovorni urednik

Odgovorni urednik glasila je prof. dr. Ivan Kos.

Sestava izvirnega znanstvenega/strokovnega prispevka

Izvirni znanstveni/strokovni prispevek ima obliko standardnega formata tovrstnih del in praviloma vsebuje naslednja poglavja:

- Naslov (slo, ang)
- Podnaslov (slo, ang)
- Izvleček (slo, ang) s ključnimi besedami
- Uvod
- Materiali in metode
- Rezultati
- Razprava
- Zaključki
- Povzetek (slo, ang)
- Viri

Struktura preglednega znanstvenega/strokovnega prispevka

Članek naj sledi strukturi preglednega znanstvenega članka in naj praviloma obsega naslednja poglavja:

- Naslov (slo, ang)
- Podnaslov (slo, ang)
- Izvleček (slo, ang)
- Uvod
- Podpoglavlja
- Zaključki
- Povzetek (slo, ang)
- Viri

Naslov

Naslov naj bo v slovenščini in v angleščini.

Podnaslov

Podnaslov naj vsebuje podatke o avtorju prispevka ter naslov (naslov pošte in e-naslov).

Izvleček

Izvleček naj bo v slovenščini in angleščini; predlagana dolžina je 1500 znakov s presledki.

Prispevek

Prispevek naj bo napisan v pisavi Times New Roman, velikosti črk 12, z razmikom 1,5 in naj ne bo daljši od 8 strani.

Rok za oddajo prispevkov

Prispevke je treba oddati po pošti na naslov Lovska zveza Slovenije, Župančičeva ulica 9, 1000 Ljubljana ali na e-naslov lzs@lovska-zveza.si.

Prof. dr. Ivan Kos,
glavni in odgovorni urednik Zlatorogovega
zbornika



INVITATION TO PUBLISH IN THE GOLDHORN BULLETIN

The Goldhorn Bulletin is a scientific journal of the Hunters Association of Slovenia that comes out periodically. Two types of articles are published: original scientific papers and scientific review papers. The articles refer to a wide range of fields related to wildlife biology and conservation, population management and hunting..

Editor-in-Chief

The Editor-in-Chief of the bulletin is Prof. Dr. Ivan Kos.

The composition of an original scientific paper

An original scientific article follows the standard form of such articles and generally contains the following sections:

- Title (Slo, Eng)
- Subtitle (Slo, Eng)
- Abstract (Slo, Eng) with key words
- Introduction
- Materials and methods
- Results
- Discussion
- Conclusions
- Summary (Slo, Eng)

The structure of a scientific review paper

An article follows the structure of a scientific review article and shall generally contain the following sections:

- Title (Slo, Eng)
- Subtitle (Slo, Eng)
- Abstract (Slo, Eng)
- Introduction
- Subsections
- Conclusions
- Summary (Slo, Eng)

Title

The title shall be in Slovenian and English.

Subtitle

The subtitle shall contain data on the author of the article and their contact information (postal address and e-mail address).

Abstract

The abstract shall be in Slovenian and English; the proposed length is 1500 characters including spacing.

Article

The article shall be written in Times New Roman, font size 12 and 1.5 line spacing; the article shall not be longer than 8 pages.

Closing date for the submission of articles

The articles must be sent by post to the address: Lovska zveza Slovenije, Župančičeva ulica 9, 1000 Ljubljana, or by e-mail to the address: lzs@lovska-zveza.si.

Prof. Dr. Ivan Kos

Editor-in-Chief of the Goldhorn Bulletin



Aja Bočina

Aja Bončina je leta 2021 končala magistrski študij Varstva narave na Fakulteti za matematiko, naravoslovje in informacijske tehnologije (FAMNIT). Trenutno je zaposlena na UP FAMNIT na Oddelku za biodiverzitet. Njeno delo vključuje uporabo molekularnih metod pri raziskovanju naravovarstvenih in evolucijskih vprašanj, sodeluje na mednarodnih in nacionalnih projektih, znotraj katerih skupina za molekularno ekologijo uporablja genetska orodja kot pomoč pri ohranjanju biotske raznovrstnosti in upravljanju prostoživečih živali, predvsem divjadi. Skupina za molekularno ekologijo znotraj UP FAMNIT se čedalje bolj ukvarja tudi s projekti, ki poudarjajo pomen državljanske (ljubiteljske) znanosti v raziskavah, saj je le-ta pomembna za zbiranje podatkov o populacijskih trendih in prostorskih vzorcev prostoživečih živali v Sloveniji. Aja trenutno sodeluje na: i) nacionalnem projektu EDUFarm, v sklopu katerega so razvijali ekonomsko ugodni model upravljanja kmetij v naravovarstvenih območjih; ii) mednarodnem projektu Biodiversity Genomics Europe, v sklopu katerega bodo sekvencirali referenčne genome več tisoč prostoživečih vrst Evrope.

Maša Zagorac

Po dokončani osnovni šoli in gimnaziji v Mariboru je začela s študijem biologije na Biotehniški fakulteti v Ljubljani. Diplomirala je leta 2017 in nato vpisala magistrski program Ekologija in biodiverziteta. Magistrski naziv je pridobila leta 2021, tema magistrske naloge pa je tudi podlaga za nastali članek o lisici v urbanem okolju, ki ga lahko preberete v tej številki revije. Po končanem študiju se je zaposlila na Gozdarskem inštitutu Slovenije na Oddelku za varstvo gozdov, kjer je dobro leto in pol delala v laboratoriju s fitopatogenimi glivami. Nedavno si je zaželeta novih izzivov in začela z delom v zasebnem podjetju GIGA-R, ki se ukvarja s svetovanjem in iskanjem okoljsko sprejemljivih rešitev za različne projekte.

Luka Duniš

Luka Duniš je leta 2019 diplomiral kot varstveni biolog na Fakulteti za matematiko, naravoslovje in informacijske tehnologije (FAMNIT) Univerze na Primorskem. Diplomiral je z zaključno nalogo z naslovom Preizkušanje različnih metod za izolacijo eksogene DNA iz neinvazivno odvzetih vzorcev pod mentorstvom prof. dr. Elene Bužan. Trenutno je študent Varstva narave na isti fakulteti. Raziskovalno se ukvarja z molekularno ekologijo, izdelovanjem kart (GIS) in statistiko v laboratoriju za molekularno ekologijo na UP FAMNIT-u. Sodeloval je tudi na spomladanskem monitoringu dvoživk in pri raznih projektih, povezanih z molekularno ekologijo in monitoringom prostoživečih živali.

Anja Šumrada

Anja Šumrada se je po končani maturi na srednji veterinarski šoli vpisala na Fakulteto za turizem Univerze v Mariboru, smer Turizem, kjer je leta 2020 pod mentorstvom izr. prof. dr. Maje Turnšek in somentorstvom asist. Tomija Špinlerja diplomirala s temo Turizem opazovanja prostoživečih živali na Notranjskem. Istega leta je nadaljevala študij magistrskega programa Turistične destinacije in doživetja, kjer pripravlja magistrsko nalogu. Prosti čas najraje preživlja v naravi v družbi živali.

Urška Gerič

Urška Gerič je leta 2018 diplomirala na Fakulteti za matematiko, naravoslovje in informacijske tehnologije na Oddelku za aplikativno naravoslovje s temo Populacijska struktura invazivnega japonskega komarja *Aedes japonicus japonicus* (Diptera: Culicidae) v Sloveniji. Nato je nadaljevala magistrski študij varstva narave na isti fakulteti, kjer je leta 2020 diplomirala prav tako pod mentorstvom prof. dr. Elene Bužan s temo Genetska struktura evropske srne na stičišču med Dinaridi in Alpami. Trenutno obiskuje doktorski študij iz računalništva, njena tema za doktorat pa je s področja bioinformatike in se nanaša na razvijanje programskih skript za analiziranje genomov prostoživečih vrst. Poleg tega sodeluje pri številnih projektih delovne skupine za molekularno ekologijo, kjer v glavnem proučujejo genetiko divjadi in aktivno sodelujejo z Lovsko zvezo Slovenije pri ugotavljanju populacijskih vzorcev prostoživečih vrst v Sloveniji.