

VYTAUTO
DIDŽIOJO
UNIVERSITETAS

Miškų ir ekologijos
fakultetas

Sutarties Nr. F4-25

Registracijos Nr. M-10-03/26

Mokslinio tyrimo projekto
VILKŲ TYRIMAI 2026 M.
Galutinė ataskaita

Darbo vadovė

dr. Renata Špinkytė

AKADEMIJA, 2026

VYKDYTOJŲ SĄRAŠAS

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

Darbo vadovės adresas:

Vytauto didžiojo universitetas, Žemės ūkio akademija

Studentų g. 9–218, Akademija, LT– 53361, Kauno r.

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

Santrauka

Lietuvos vilkų populiacijos genetinės įvairovės tyrimas pagal 2025–2026 m. sumedžiotų 269 vilkų aukšto polimorfizmo 18 autosominių atskirai rekombinuojamų DNR mikrosatelitų lokusų parodė, kad Lietuvos vilkų populiacija po netolimoje praeityje patirto efektyvaus populiacijos dydžio kritimo yra pilnai atsistačiusi alelinę įvairovę (variacijai efektyvaus populiacijos dydžio santykis su demografiniu populiacijos dydžiu jau siekia 0,73, aukšti heterozigotiškumo rodikliai, neigimas inbrydingo koeficientas, gausu retųjų alelių).

Stebint genetinės įvairovės rodiklių kaitą 2021–2025 m., toliau stebima alelinės įvairovės didėjimo (H_e) tendencija silpnėja, o stebimas heterozigotiškumas nustojo krisit ir netgi padidėjo, kas gali būti dėl (a) migracijos barjerų, tokių kaip tvora su Baltarusija efekto silpnėjimas dėl naujų migracijos kelių (pvz. iš pietų ar šiaurės) ir/ar (b) dėl mažesnių nei 2024 m. sumedžiojimo imčių ir mažesnių į sumedžiojimą patenkančių šeimų. Pirmuoju atveju, stiprėja nukrypimai nuo atsitiktinio poravimosi dėl dalinės populiacijų izoliacijos.

Pagal DNR tyrimais, gautus retų alelių ir aukšto heterozigotiškumo geografinio pasiskirstymo duomenis, lyginant su praeitų metų sumedžiojimo populiacijomis, kaip ir 2023 – 2024 metais, 2025–2026 metų sumedžiojimo populiacijoje stebimi genų srauto kryptų pokyčiai: silpnėjęs genų srautas iš šiaurės rytų ir stipresnis iš pietų, bei iš šiaurės vakarų. Šie srautai stipriau veikia centrinės ir pietinės populiacijas ir Žemaitijos populiaciją, kuri vis stipriau genetiškai išsiskiria.

2025–2026 m. sumedžiojimo populiacijos AMOVA parodė silpnėjęs nei 2024–2025 m. genetinę diferenciaciją tarp regionų ir populiacijų, kas gali būti stiprėjančių genų srautų pasekmės. Nuo 2021 m. ši diferenciacija tarp populiacijų stiprėjo. 2025–2026 m. populiacijos genetinės struktūros analizė parodė, kad šalyje tikėtina yra trijų genetinių grupių struktūra: (a) pietų ir rytų Lietuvos, (b) centrinės Lietuvos ir (c) šiaurės vakarų Lietuvos (Žemaitijos). Žemaitijos populiacija stipriausiai genetiškai išsiskiria iš kitų regionų populiacijų. Stiprėjanti genų srauto iš pietų įtaka vis stipriau išskiria pietinės Lietuvos populiacijas. Mišri genetinė struktūra yra teigiamas dėsningumas, nes lemia retesnę poravimąsi tarp giminingų individų.

Pagal programos COLONY sibų ryšių tikimybių algoritmus 2025–2026 m. sumedžiotų individų imtyje rasta 104 pusiau sibų šeimos 269 individų populiacijoje (39 pusiau sibų šeimos 100-tui individų). Pasitvirtina tendencija, kad, didinant pametines sumedžiojimo imtis, sumedžiojamų šeimų skaičius mažėja ar lieka pastovus, bet šeimos dydis pastoviai didėja, jas mažinant, vyksta atvirkštinis procesas. Todėl, esant dabartinėmis sąlygomis, sumedžiojimo limitų didinimas/mažinimas yra sumedžiojamos šeimos dydžio sąskaita. Tačiau reikia stebėti, kaip šiuos dėsningumus paveiks vilkų migraciją stabdanti tvora su Baltarusija.

DNR tyrimas pagal 18 polimorfinių SSR lokusų parodė, kad, pagal 2025–2026 metų su-medžiojimo 269 vnt. vilkų imtį ir 40 šunų referencinę biblioteką, vilkų hibridizacijos su šunimis intensyvumas nėra aukštas tik 8 iš 269 individų rodė didesnę nei 5 proc. genetinių panašumą su šunimi, kaip hibridizacijos indikatorius. Pagal 2018–2025 m. kasmetinio sumedžiojimo duomenis, hibridizacijos atvejai turi geografinį panašumą - dažni šiaurės rytinėje Lietuvoje.

Amžiaus tyrimas ($n=273$) atskleidė, kad tarp 2025–2026 m. medžioklės sezono sumedžiotų vilkų daugiau nei pusę (57,2%) sudarė pirmų metų jaunikliai. Vyriausias sumedžiotas vilkas (patinas) ėjo dvyliktus metus.

Atliktas sumedžiotų patelių gimdų tyrimas atskleidė, kad, iš 102 į laboratoriją parsivežtų užšaldytų gimdų, tinkamai buvo išimta 71 gimda (69,6%), 15 atvejų (14,7%), kai paimta tik dalis gimdos, bei 16 atvejų (15,7%), kai paimti kiti vidaus organai. Apžiūrėjus tinkamai ir dalinai išimtas suaugusių patelių gimdas ($n=37$), galima teigti, kad 29,7% patelių pavasarį buvo vedusios jauniklius.

Genetinių ir amžiaus tyrimų pagrindu buvo nustatyta, kad sumedžioti jaunikliai (amžius iki 1 metų) dalijasi į 75 artimais giminystės ryšiais nesusijusias grupes (šeimas). Genetinių ir gimdų tyrimų pagrindu nustatytos 3 sumedžiotiems jaunikliams negiminingos patelės, kurios 2025 m. pavasarį turėjo jauniklių vadą. Vadovaujantis pranešimais apie vilkų buvimą, užregistruotais VSTT Biologinės įvairovės bei SRIS duomenų bazėse (laikotarpyje nuo 2024 m. rugsėjo 1 d. iki 2025 m. rugpjūčio 31 d.), o taip pat 2025–2026 m. žiemos apskaitomis pagal pėdsakus sniege bei atsižvelgiant į biologiškai galimus šeimų teritorijų nutolimus buvo suskaičiuota atitinkamai dar 3, 1 ir 3 atskiros vilkų šeimos. Apibendrinus rezultatus, gauta, kad Lietuvos teritorijoje gyveno ne mažiau kaip 85 vilkų šeimos.

Turinys

1. Įvadas	5
2. Medžiaga ir metodai	6
2.1. Genetinis tyrimas	6
Genetinė medžiaga	6
DNR analizės	6
Genetinės įvairovės tyrimas	11
Genetinės diferenciacijos tyrimas	13
Genetinės struktūros tyrimas	13
Sibų ryšių nustatymas	14
Hibridizacija su šunimis	15
2.2. Amžiaus tyrimas	15
2.3. Reprodukcijos tyrimas	16
2.4. Pranešimų apie didžiųjų plėšrūnų buvimą registravimo visus metus anketų duomenų analizė	16
2.5. Medžiojamųjų gyvūnų apskaitos pagal pėdsakus sniege duomenų analizė	16
3. Rezultatai ir jų aptarimas	17
Mėginių surinkimo ir grąžinimo darbų apimtys	17
3.1 Vilkų populiacijos genetinės įvairovės geografinis pasiskirstymas Lietuvoje	26
3.1.1 Mikrosatelitų lokusų charakteristika	26
3.1.2 Genetinė įvairovė ir inbrydingas	32
3.1.3 Sibų ryšiai populiacijoje	58
3.1.4 Apibendrinamas	68
3.2 Vilkų populiacijos genetinė diferenciacija ir struktūra Lietuvoje	69
3.2.1 Genetinė diferenciacija	69
3.2.2 Genetinė struktūra	73
3.2.3 Apibendrinimas	81
3.3 Hibridizacija su šunimis	81
3.4. Sumedžiotų vilkų amžius	91
3.5. Suaugusių patelių reprodukcija	93
3.6. Pranešimų apie didžiųjų plėšrūnų buvimą registravimo visus metus anketų duomenys	94
3.7. Medžiojamųjų gyvūnų apskaitos pagal pėdsakus sniege duomenys	103
Išvados	106
Rekomendacijos	108
Literatūros sąrašas	108

1. Įvadas

2025–2026 m. medžioklės sezono metu Lietuvoje sumedžiotų vilkų medžiagos pagrindu buvo vykdomi sekantys tyrimai: (a) vilkų populiacijos genetinės įvairovės ir inbrydingo laipsnio geografinio pasiskirstymo dėsningumą ištyrimas bei žemos genetinės įvairovės populiacijų ir ją lemiančių veiksnių nustatymas Lietuvoje, (b) vilkų genų migracijos dėsningumo (giminingų individų nutolimas, kryptys) nustatymas Lietuvoje, (c) vilkų populiacijos genetinės struktūros nustatymas Lietuvoje, (d) vilkų hibridizacijos su šunimis intensyvumo ištyrimas atskirose Lietuvos dalyse, (e) sumedžiotų vilkų amžiaus nustatymas, (f) suaugusių patelių reprodukcijos nustatymas.

Išanalizuoti pateikti duomenys: (a) Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos iki 2026 m. rugsėjo 1 d. surinkti pranešimai apie didžiųjų plėšrūnų buvimą registravimo visus metus anketų duomenys, populiacijos erdvinio paplitimo (arealo) nustatymui, populiacijos dydžio (vilkų šeimų ir reprodukcijos atvejų skaičių) ir kiti populiacijos parametrai, būtini priimti pagrįstus sprendimus dėl vilkų populiacijos valdymo. (b) Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos iki 2026 m. balandžio 10 d. surinkti medžiojamų gyvūnų apskaitos pagal pėdsakus sniege duomenys, kanopinių žvėrių ir didžiųjų plėšrūnų paplitimo nustatymui. Paskaičiuota santykinė gausa, įvertinti pėdsakų dažnumo indeksai, šalyje ir atskiruose rajonuose.

Darbo tikslas – atlikti 2025–2026 metų medžioklės sezono metu Lietuvoje sumedžiotų vilkų amžiaus nustatymo, genetinius ir produktyvumo tyrimus; išanalizuoti pranešimų apie didžiųjų plėšrūnų buvimą registravimo visus metus anketas bei medžiojamų gyvūnų apskaitų pagal pėdsakus sniege duomenis; siekiant įvertinti populiacijos dydį, erdvinį paplitimą, šeimų skaičių, t. y. nustatyti vilkų 2026-2027 metų medžioklės sezono kvotą, kuri būtų suderinta su vilkų populiacijos apsaugos ir valdymo ilgalaikiu tikslu.

Darbo uždaviniai:

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

2. Medžiaga ir metodai

2.1. Genetinis tyrimas

Genetinė medžiaga

2025 m. sumedžiotų vilkų individai buvo subjektyviai suskirstyti genetinei analizei į geografines populiacijas pagal teritorinio artumo sąlygotą bendro poravimosi tikimybę ir reikšmingų gamtinių-antropologinių kliūčių jų laisvam poravimuisi nebuvimą, stengiantis išlaikyti panašų populiacijų dydį (2.1.1 lent. 2.1.2 pav.). Be to, šalis buvo suskirstyta į penkis regionus siekiant išlaikyti vienodas imtis tarp regionų. Viso 2025 m. imtyje pagal DNR žymenis ištirti 269 pilkojo vilko individai, iš jų 107 patelės ir 162 patinai. Kaip referenciniai pavyzdžiai hibridizacijai ištirti buvo naudoti 40 šunų.

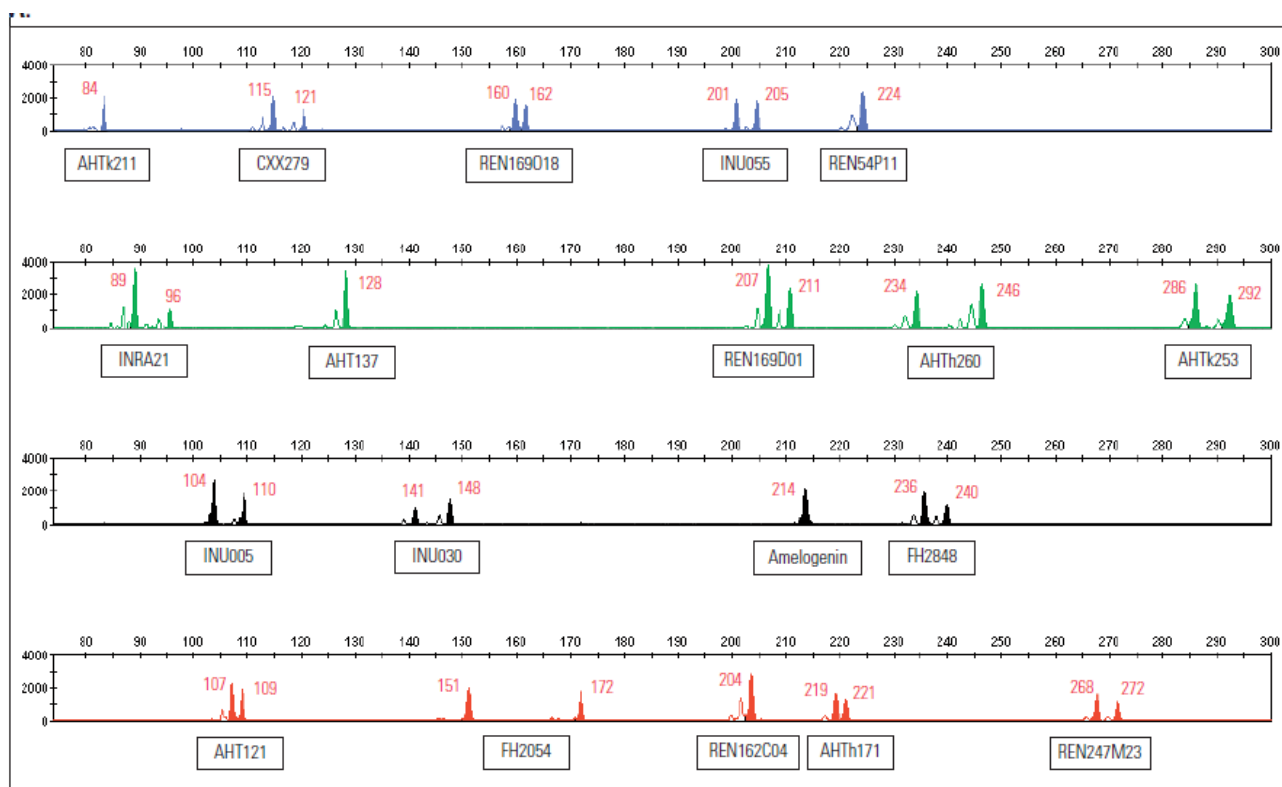
2.1.1 lent. 2025 sumedžiojimo vilkų DNR tyrimų imtys pagal geografines populiacijas ir jų genetinės įvairovės rodikliai.

Pop		N	Na	Ho	uHe	F
IGNA/22	Mean	22	6.56	0.78	0.72	-0.111
JURB/13	Mean	13	6.00	0.79	0.74	-0.119
KEDA/15	Mean	15	5.69	0.80	0.72	-0.142
MARI/20	Mean	20	6.38	0.79	0.74	-0.086
PANE/22	Mean	22	7.13	0.79	0.74	-0.097
ROKI/21	Mean	21	6.38	0.80	0.73	-0.121
SIAU/18	Mean	18	5.88	0.81	0.72	-0.152
SIRV/16	Mean	16	6.69	0.83	0.75	-0.129
TELS/18	Mean	18	6.69	0.80	0.75	-0.099
VARE/9	Mean	9	5.13	0.78	0.74	-0.117
VILN/12	Mean	12	6.00	0.77	0.76	-0.052

DNR analizės

Vilko mėsa DNR tyrimui buvo paimta iš sumedžiotu vilkų apie 100 mg. mėsos. Mėsa patalpinta į 2 ml Ependorf mėgintuvėlius. Kiekvienam vilkui suteiktas unikalus kodas. Mėsa DNR tyrimui paimta iki 2026 metų pavasario (2025–2026 metų medžioklės sezono sumedžiojimai, toliau trumpinta - 2025 m. sumedžiojimo populiacija).

DNR tyrimai atlikti Vytauto Didžiojo universitete Žemės ūkio akademijoje Miško medžių genetikos laboratorijoje. DNR tyrimams išskirta iš vilko mėsos naudojant modifikuotą ATMAB (Dumolin et al, 1995) DNR išskyrimo metodą. Išskirtos DNR koncentracija nustatyta nanofotometru, 260 nm bangos ilgyje.



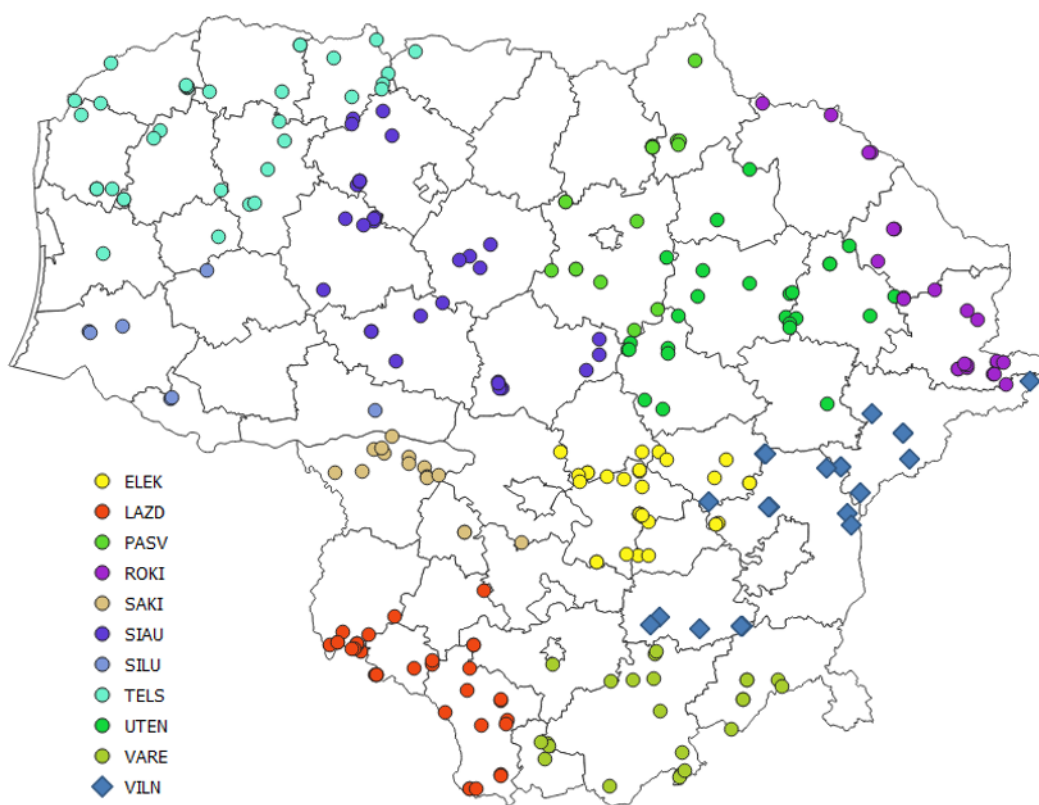
2.1.1 pav. *Canine Genotypes Panel 1.1* alelių pasiskirstymas pagal kontrolinį rinkinio pavyzdį. Lokusai yra skirtingose chromosomose, todėl išvengiame rezultatų nuokrypio dėl lokusų sąsajų sankabos grupėse.

Naudojamoje mikrosatelitų branduolio DNR žymenų sistemoje, kuri yra viena efektyviausių populiacijų genetinės įvairovės, inbrydingo rizikos ir hibridizacijos tyrimuose, efektyviai naudojama ir nepakeičiama DNR žymenų sistema žmonių ir galvijų tėvystės ar nusikaltėlių individualaus atpažinimo testuose (Thermo Scientific). Tyrimui imtas patikimas ir daugelyje kitų studijų naudotas 18 autosominių lokusų rinkinys *Canine Genotypes Panel 1.1* (Thermo Scientific), kuri sudaro 18 autosominių mikrosatelitų lokusų: AHTk211, CXX279, REN169D18, INU055, REN54P11; INRA21, AHT137; REN169D01, AHTk260; AHTk253; INU005; INU030, FH2848, AHT121, FH2054, REN162C04, AHTk171, REN247M23. Aukščiausio tikslumo tėvystės tyrimuose lokusų skaičius svyruoja nuo 15 iki 19. Šis rinkinys naudotas daugelyje tyrimų siekiant ištirti šunų ir vilkų hibridizacijos intensyvumą (pvz. Randi et al. 2014, Hulva et al. 2017, Godinho et al. 2011). Rinkinio lokusai ir reagentai parinkti taip, kad nebūtų mikrosatelitų fragmentų stuteringo ir +A problemų alelių PGR amplifikacijos metu, kas ženkliai sumažina klaidų tikimybę alelių kapiliarinės elektroforezės vertinimo metu (*Canine Genotypes Panel 1.1*, Thermo Fisher). Mūsų tyrimui naudoti lokusai yra skirtingose chromosomose, taip išvengiame rezultatų nuokrypio dėl lokusų sąsajų sankabos grupėse.

PGR pagausinimo reakcija buvo vykdoma 20 μ L mišinyje sudarytame iš komponentų: *Canine Genotypes Master Mix* 10 μ L, *Canine Genotypes Panel 1.1 Primer Mix* 10 μ L, 2 μ L DNR matrica.

Pavyzdžiai amplifikuoti termocikleryje Pene Amp PCR System 9700 Applied Biosystems. DNR PGR fragmentų pagausinimo sąlygos: pirminė denatūracija 98 °C temperatūroje – 3 min., 30 ciklų denatūracija 98 °C temperatūroje – 15 sek., pradmenų prisijungimas 60 °C temperatūroje 1,15 min., DNR sinteze 72 °C temperatūroje 30 s. ir galutinė DNR sinteze 72 °C temperatūroje po 5 min. inkubacija 4 °C temperatūroje.

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



2.1.2 pav. Pagal DNR tyrinėtų vilkų sumedžiojimo vietas 2025–2026 m. sezono metu (n=269 vilkai) ir suskirstymas į geografines populiacijas (populiacijų kodai paaiškinti 2.1.1 lent.).

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

2.1.2 lent. DNR tyrimui naudotų 18 mikrosatelitų lokusų charakteristika 2020-2025 m. Lokuso kodas pagal Canine Panel 1.1. SSR mot. yra kartotinių sekų motyvas bazių poromis. Na- bendras alelių skaičius lokuse (suma), Ne- efektyvus alelių skaičius, Ho- stebimas heterozigotiškumas, He – lauktinas heterozigotiškumas. Nulinių alelių dažnis paskutiniame stulpelyje Micro-checker programos skaičiavimo rezultatus. Lokusai yra skirtingose chromosomose. Jei nulinių alelių (nulinis alelis - vieno iš homologinių alelių amplifikacijos nebuvimas dėl mutacijų ar alelių vertinimo netikslumų) dažnis lokuse neviršija 0,01, jų poveikis stebimo heterozigotiškumo ir kitiems susijusiems rodikliams yra nereikšmingas (Van Oosterhout et al. 2006). N0- nulinių alelių dažnis.

Lokusas	M. bp	Intervalas (dažniausias alelis), bp	Na	Ho	He	N0	Na	Ho	He	N0	Na	Ho	He	N0	Na	Ho	He	N0
			2020				2021				2022				2023			
AHT121	2	64-114 (102)	19	0.89	0.91	0.01	18	0.94	0.87	0	15	0.95	0.85	0	15	-	-	0.15
AHT137	2	124-150 (144)	11	0.82	0.81	0	11	0.78	0.79	0.01	12	0.74	0.70	0	12	0.78	0.80	0.02
AHTh171	2	215-249 (227)	10	0.7	0.73	0.02	12	0.81	0.69	0	10	0.71	0.63	0	10	0.69	0.71	0.01
AHTh260	2	232-260 (242)	12	0.82	0.85	0.03	12	0.85	0.82	0	12	0.88	0.83	0	13	0.81	0.86	0.03
AHTk211	2	71-93 (87)	6	0.62	0.61	0	5	0.55	0.52	0	5	0.77	0.61	0	5	0.56	0.56	0
AHTk253	2	279-299 (285)	11	0.82	0.82	0	10	0.82	0.84	0.01	10	0.75	0.83	0.05	11	0.86	0.82	0
CXX279	2	111-127 (117)	10	0.84	0.83	0	9	0.83	0.81	0	9	0.87	0.80	0	9	0.83	0.82	0
FH2054	4	139-179 (155)	10	0.85	0.83	0	9	0.94	0.81	0	10	0.70	0.77	0.04	10	0.75	0.79	0.02
FH2848	2	220-250 (234)	9	0.87	0.78	0	9	0.9	0.83	0	10	0.70	0.78	0.06	8	0.78	0.79	0.01
INRA21	2	87-101(97)	9	0.91	0.83	0	7	0.88	0.75	0	9	0.85	0.80	0	6	0.79	0.82	0.02
INU005	2	100-132 (124)	12	0.67	0.75	0.06	9	0.74	0.72	0	14	0.86	0.84	0	11	0.83	0.79	0
INU030	2	131-155 (141)	8	0.74	0.75	0	7	0.83	0.74	0	10	0.75	0.74	0	8	0.69	0.72	0.02
INU055	2	187-207 (199)	6	0.58	0.61	0.02	9	0.61	0.66	0.04	6	0.77	0.61	0	7	0.62	0.62	0
REN162C04	2	188-210 (204)	9	0.79	0.8	0.01	9	0.89	0.76	0	10	0.87	0.80	0	9	0.81	0.81	0.01
REN169D01	2	145-171 (163)	11	0.7	0.72	0	11	0.8	0.71	0	10	0.62	0.68	0.07	12	0.83	0.83	0
REN169O18	2	196-218 (204)	9	0.8	0.81	0.01	10	0.89	0.83	0	9	0.86	0.81	0	9	0.84	0.83	0
REN247M23	2	261-283 (273)	6	0.66	0.69	0.01	9	0.68	0.66	0	7	0.64	0.61	0	6	0.68	0.68	0

REN54P11	2	225-241 (235)	9	0.65	0.74	0.06	9	0.81	0.75	0	9	0.59	0.78	0.1	7	0.77	0.74	0
Vidurkis	-	-	9.8	0.76	0.77		9.7	0.81	0.75		9.8	0.77	0.75		9.3	0.76	0.76	
Stand. pak- laida			0.6	0.02	0.02		0.6	0.03	0.02		0.6	0.02	0.02		0.57	0.02	0.02	

Lokusas	M. bp	Intervalas (dažniau- sias alelis), bp	Na	Ho	He	N0	Na	Ho	He	N0	Na	Ho	He	N0	Na	Ho	He	N0
			2024				2025				2026				2027			
AHT121	2	64-114 (102)	18	0.89	0.89	0.01	15	0.88	0.81	0.01								
AHT137	2	124-150 (144)	12	0.78	0.82	0.00	13	0.81	0.80	0.00								
AHT171	2	215-249 (227)	11	0.65	0.71	0.02	11	0.74	0.74	0.02								
AHT260	2	232-260 (242)	12	0.80	0.82	0.03	13	0.77	0.83	0.03								
AHTk211	2	71-93 (87)	8	0.64	0.63	-0.01	7	0.66	0.66	-0.01								
AHTk253	2	279-299 (285)	11	0.75	0.81	0.00	12	0.79	0.81	0.00								
CXX279	2	111-127 (117)	8	0.81	0.81	-0.01	8	0.83	0.82	-0.1								
FH2054	4	139-179 (155)	10	0.79	0.79	-0.01	10	0.83	0.81	-0.02								
FH2848	2	220-250 (234)	8	0.78	0.78	-0.06	8	0.78	0.79	-0.06								
INRA21	2	87-101(97)	8	0.82	0.81	-0.05	8	0.83	0.82	-0.04								
INU005	2	100-132 (124)	11	0.70	0.76	0.06	10	0.77	0.79	0.06								
INU030	2	131-155 (141)	9	0.72	0.71	0.00	8	0.69	0.71	0.00								
INU055	2	187-207 (199)	7	0.62	0.62	0.02	6	0.67	0.64	0.03								
REN162C04	2	188-210 (204)	10	0.80	0.83	0.01	9	0.83	0.81	0.01								
REN169D01	2	145-171 (163)	11	0.80	0.85	-0.01	13	0.83	0.85	-0.01								
REN169O18	2	196-218 (204)	9	0.84	0.85	0.01	9	0.80	0.84	0.02								
REN247M23	2	261-283 (273)	7	0.64	0.67	0.01	7	0.66	0.69	0.005								
REN54P11	2	225-241 (235)	10	0.70	0.74	0.06	9	0.68	0.76	0.05								
Vidurkis	-	-	180	0.75	0.77		176	0.77	0.78									
Stand. paklaida			0.6	0.02	0.02		0.60	0.02	0.01									

Genetinės įvairovės tyrimas

Apskaičiuoti tokie genetinės įvairovės rodikliai:

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

(b) Giminingų tėvų poravimosi ar genetinio dreifo poveikio rezultatas - stebimas heterozigotiškumas (H_o) (rodantis identiškus alelius individo lokuso motininėje ir tėvinėje chromosomoje),

$H_o = N_{hetero} / N$, kur N_{hetero} heterozigotinių lokusų skaičius, N – bendras lokusų skaičius

(c) H_e – lauktinas heterozigotiškumas (pakoreguotas pagal nevienodą imtį), rodantis lokuso alelinių dažnių vienodumą populiacijoje, t.y. ar nėra reikšmingo vieno ar kelių alelių dominavimo lokuse (alelių dominavimas veda prie inbrydingo palikuonių kartoje),

$H_e = (2N / (2N-1)) * (1 - \sum p_i^2)$, kur p_i^2 yra i -tojo alelių dažnis populiacijoje pakeltas kvadratu, $\sum$ yra suma.

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

$F_{is} = (H_e - H_o) / H_e$, kur H_e ir H_o yra mutilokusiniai H_e ir H_o vidurkiai.

(e) Programa MIGRATE_N ver. 3.6.11 (Beerli 2006) pagal koalescencijos algoritmą įvertintas istorinių populiacijų inbrydingui efektyvus populiacijos dydis (N_{ec}), programa ir NeEstimator ver. 2.1 (Do et al. 2014) įvertintas dabartinės populiacijos alelinei variacijai efektyvus populiacijos dydis (N_e). Ne tai yra idealios populiacijos dydis, kuris turėtų tą patį genetinės įvairovės paradimo dėl

inbrydingo lygį per generaciją kaip tiriamosios populiacijos. Ideali populiacija tai tokia populiacija, kurioje (a) lytiškai aktyvių negiminingų vienas kitam ir neturinčių inbrydingo patinų ir patelių skaičius yra lygus, (b) poravimasis yra atsitiktinis ir visi lytiškai brandūs populiacijos nariai veda palikuonis, (c) nėra lytinės asimetrijos, (d) besiporuojančių individų skaičius išlieka pastovus kartų kaitoje. Ne leidžia prognozuoti genetinės įvairovės erozijos greitį populiacijoje. Tikrovėje visos šios sąlygos yra retai išpildomos, todėl Ne prastai būna mažesnis nei demografinis populiacijos dydis N_d . Ne žemutine riba vilkų populiacijoje gali būti laikoma 50 arba Ne santykis su demografiniu populiacijos dydžiu $> 0,2$ (Hedrick and Fredrickson, 2008; Wayne and Hedrick, 2010). Programa Migrate_N naudoja koalescentinę teoriją pagrįstą Bajeso maksimalios tikimybės algoritmą, kuris rekonstruoja tėvinių kartų genotipus pagal specialiai sukurtą mikrosatelitų duomenims Brauno judėjimo paremtą lokusų mutacijos modelį (atitinka IAM lokusų evoliucijos modelį). Todėl koalescentinė teorija apskaičiuotas Ne rodo istorinį pradinį populiacijos fundatorių Ne, kuris tuo pačiu dalinai atspindi ir inbrydingui efektyvų populiacijos dydį, nes taip rodo vidutinį Ne per daugelį istorinių generacijų (Neigel 1996, Shwartz et al. 1999).

Migrate_M programa apskaičiuoja tikėtinus migrantų skaičius tarp regionų ir *Theta* populiacijos indeksą, kuris naudojamas apskaičiuoti Ne diploidinių individų autosominiams lokusams pagal šią formulę:

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

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

(f) vilko populiacijos butelio kaklelio efekto praeityje testavimas pagal lauktiną alelių dažnių pasiskirstymą kiekviename lokuse populiacijai esant mutacijų – dreifo pusiausvyroje programa BOTTLENECK 1.2.02 (Cornuet and Luikart 1999); skaičiavimas remiasi tuo, kad efektyvų populiacijos dydžio sumažėjimą patyrę populiacijos vienu metu praranda alelius ir kartu mažėjant lauktinam heterozigotiškumui (alelių dažnių vienodumui, t.y. Nei genetinės įvairovės indeksui, toliau es_{aHe}). Tačiau lauktinas heterozigotiškumas mažėja lėčiau nei alelinė įvairovė, todėl esamas populiacijos lauktinas heterozigotiškumas (alelių dažnių vienodumas, t.y. Nei genetinės įvairovės indeksas) būna didesnis nei tikėtinas lauktinas heterozigotiškumas populiacijai esant mutacijų – dreifo pusiausvyroje (toliau tik_{He}). Tam, kad statistiškai patvirtinti, ar populiacijoje yra reikšmingas lokusų skaičius su es_{aHe}

pertekliumi programa atlieka tris testus: standartizuotų skirtumų SIGN testą (Cornuet and Luikart 1996), Wilcoxon rangų testą (Luikart et al., 1997a) ir alelių modulio pokyčio L formos pasiskirstymo testą (Luikart et al, 1997b). Lyginant su kitais testais, alelių modulio pokyčio indikatoriaus testas rodo tik neseną butelio kalelio efektą ir remiasi dėsningumu, kad butelio kalelio efekto neturėjusios populiacijos esančios mutacijų-dreifo pusiausvyroje turi didelius žemo dažnio alelių kiekius. Testas suskirsto alelius į 10 dažnio klasių ir statistiškai testuoja ar dažniai pasikristo pagal normalią L formos dispersiją, kuriai būdingas mažų dažnių alelių dominavimas. Pagal koalescencijos procesu parmetą modeliavimą, remiantis trimis skirtingais SSR alelių matavimo (evoliucijos) modelių (IAM, TPM, SMM) algoritmais programa Bottleneck sudaro tikėtiną n dydžio populiacijoje rastų alelių dažnių pasiskirstymą šiai populiacijai esant mutacijų – dreifo pusiausvyroje. Toliau pagal minėtus statistinius metodus apskaičiuojama, ar yra reikšmingas esančios nukrypimas nuo tikėtinų.

Genetinės diferenciacijos tyrimas

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

Genetinės struktūros tyrimas

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

Tikslesniam genetinės struktūros nustatymui naudojome neparametrinę Bajeso klasterinės analizės metodą pagal Markovo grandinių iteracijas. Bajeso klasterinė analizė pagal STRUCTURE ver. 2.2.3 (Pritchard et al. 2000) programos algoritmus suskirstyto vilkų individus (99 vnt. be hibridų) į grupes, kurių skaičius K užduodamas programai (pvz. 5 grupes), apskaičiuojant tikimybes kiekvienam individui priklausyti vienai iš K grupių pagal jo DNR lokusų alelių dažnius. Bajeso algoritmas skirsto individus į grupes pagal jų genetinį panašumą iteratyviu (kartotiniu) metodu pagal Markovo grandinių iteracijos algoritmą ir Monte Carlo atsitiktinių pavyzdžių ėmimo algoritmą (vad. MCMC algoritmu).

Pradžioje algoritmas priskiria individus į užduotą grupių skaičių (K , pvz. $K=3$) atsitiktinai, po to nustato genetinių variantų dažnius grupėse ir perskirsto juos iš naujo į K grupes tačiau jau pagal jų genetinį panašumą. Šis pradinis perskirstymo ir priskyrimo analizės etapas vadinamas *burn in* periodu, kurio paskirtis yra sudaryti K grupių genetinį identitetą (stat. vad. *posterior* pasiskirstymu) tolesniam individų skirstymui. Toliau pradedamas MCMC atsitiktinių iteracijų procesas ir kartojamas apie 100 000 iteracijų, kol pasiekiamas individų pasiskirstymo į K grupes pastovumas (konvergacija) ir pagal priskyrimo tam tikrai grupei skaičių apskaičiuojama tikimybė individo priklausymui šiai grupei. Tai viena tiksliausių plačiausiai naudojamų DNR duomenų klasterinės analizės metodikų (Liliana Porras-Hurtado et al . 2013). Mūsų tyrime mes naudojome 100 000 MCMC iteracijų ir 100 000 žingsnių ilgio *burn-in* periodą tikslu suskirstyti vilkų populiaciją į K nuo 1 iki 10 grupių, po 10 pakartojimų kiekvienai grupei. Analizės atlikome pagal giminingų alelių dažnių ir admiksijos algoritmus, be *loc prior* funkcijos. Labiausiai tikėtinas genetinių grupių K skaičius nuo 2 iki 10 Lietuvos populiacijoje buvo nustatytas statistškai pagal programos STRUCTURE_HARVESTER (Earl and Von Holdt 2012) apskaičiuotą ΔK kriterijų ir individų priskyrimo tikimybių paklaidų mažėjimą, bei priskyrimo patikimumo indeksą (skaičius individų su 0,5 ir $>$ priskyrimo tam tikram grupei K tikimybė). Naudotas admiksijos statistinis modelis su susijusiais alelių dažniais.

Sibų ryšių nustatymas

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

nulinių alelių ir programos COLONY V2.0.5.3 įvertintas lokusų genotipavimo paklaidas, kurios vy-ravo tarp 0 - 4 %.

Hibridizacija su šunimis

Šios analizės tikslas buvo nustatyti genetinius panašumus tarp 2025 metų sumedžiotų vilkų ir specialiai šiam tyrimui atrinktų 18 referencinių šuns individų pagal DNR žymenis 18 mikrosatelitų lokusų ir apskaičiuojant hibridizacijos tikimybės kiekvienam vilko individui bei nustatyti šalies regio-nus, kur šios tikimybės yra santykinai didesnės. Tikimybių apskaičiavimui naudojime Bajeso genetinio priskyrimo analizę pagal GENECLASS (Piry et al. 2004). programą. Naudojome Bajeso vilko indi-vidų priskyrimo šunų populiacijai algoritmus (Rannala and Mountain 1997), kiekvienam individui apskaičiuojant priskyrimo tikimybės pagal 10000 Monte Karlo permutacijų (Peatkau et al. 2004).

Kuo didesnė vilko individui tikimybė priklausyti šunų genetinei grupei, tuo stipresnė jo protė-vių poravimosi su šunimis tikimybė. Jei tikimybė viršija 50 proc. tikėtinas poravimasis tėvinėje kar-toje. Jei mažesnei nei 50 proc. hibridizacija vyko anksčiau nei senelių kartoje, ar individai yra įvairaus lygmens hibridų palikuonys. Pagal Godinho et al. (2011), jei priskyrimo tikimybės viršija 5 proc., yra aukšta tikimybė, kad individas turi reikšmingų hibridizacijos su šunimis genetinių padarinių.

2.2. Amžiaus tyrimas

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

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

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

2.3. Reprodukcijos tyrimas

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

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

Analizei naudoti Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos iki 2026 m. rugsėjo 1 d. surinkti pranešimų apie didžiųjų plėšrūnų buvimą registravimo visus metus anketų duomenys. Į analizę įtraukti atvejai įvykę nuo 2025 m. rugpjūčio 31 d. Nustatant vilko populiacijos erdvinį paplitimą (arealą), populiacijos dydį (vilkų šeimų ir reprodukcijos atvejų skaičių) bei kitus populiacijos parametrus, taip pat naudotos ir apskaitos pagal pėdsakus sniege 2025–2026 metų žiemą bei 2025–2026 metų medžioklės sezono metu sumedžiotų vilkų genetinių, amžiaus ir reprodukcijos tyrimų duomenys.

2.5. Medžiojamųjų gyvūnų apskaitos pagal pėdsakus sniege duomenų analizė

Analizei naudoti Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos iki 2026 m. balandžio 10 d. surinkti medžiojamųjų gyvūnų apskaitos pagal pėdsakus sniege duomenys. Apskaičiuota kanopinių žvėrių ir didžiųjų plėšrūnų santykinė gausa, įvertintas pėdsakų dažnumo indeksas šalies mastu ir atskirose apskrityse. Pėdsakų dažnumo indeksas paskaičiuotas pagal Lietuvos Respublikos aplinkos ministro 2018 m. vasario 12 d. įsakymo Nr. D1-98 „Dėl Lietuvos Respublikos aplinkos ministro 2000 m. birželio 27 d. įsakymo Nr. 258 „Dėl medžioklės Lietuvos Respublikos teritorijoje taisyklių patvirtinimo“ pakeitimo 42¹ punktu Medžioklės Lietuvos Respublikos teritorijoje taisyklių 5 priedo 18.1 ir 18.2 punktus:

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

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

3. Rezultatai ir jų aptarimas

Mėginių surinkimo ir grąžinimo darbų apimtys

Vadovaujantis Lietuvos Respublikos aplinkos ministro 2025 m. spalio 16 d. įsakymu Nr. D1-151 „Dėl vilkų sumedžiojimo per 2025–2026 metų medžioklės sezoną limito patvirtinimo“ buvo patvirtintas 307 vilkų sumedžiojimo limitas. 2025–2026 metų vilkų medžioklės sezono metu buvo sumedžioti arba rasti kritę 275 vilkai. Todėl ataskaitoje maksimali paslaugų apimtis – 275 vilkų mėginiai, su kuriais dirbta šiais metais (lentelė 3.1).

Mėginių surinkimas. Vadovaujantis Medžioklės Lietuvos Respublikos teritorijoje taisyklių 9 priedo nurodymais bei pirkimo-pardavimo sutartimi Nr. F4-25, buvo susisiektas bei atvykta pas kiekvieną vilką sumedžiojusį medžiotoją. Tokiu būdu buvo surinkta 269 sumedžiotų vilkų raumens pavyzdžiai, 273 sumedžiotų vilkų apatiniai iltiniai dantys bei 102 sumedžiotų vilkų patelių gimdos (lentelė 3.1 ir lentelė 3.2). 9 medžiotojai dėl įvairių priežasčių pateikė ne visus tyrimams reikalingus sumedžiotų vilko mėginius. Viso nepateikta: 6 raumens mėginiai, 2 iltiniai dantys ir 4 patelių gimdos.

Lentelė 3.1. Sumedžiotų vilkų mėginių surinkimo ir sugrąžinimo rezultatai

Paimti mėginiai	Maksimali paslaugų apimtis, vnt.	Paimtų mėginių skaičius		Sugrąžintų mėginių skaičius	
		vnt.	dalis nuo visų sumedžiotų, %	vnt.	%
Raumens gabalėlis	275	269	97,8	–	–
Iltinis dantis	275	273	99,3	273	100
Gimda	106	102	96,2	–	–

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

Eil. Nr.	Savivaldybė	Medžioklės plotų vienetas	Sumedžiojimo data	Lytis	Raumuo	Iltis	Gimda	Gimdos atitikimas	Medžiotojas	juv/ad
1	Akmenės r. sav.	„Akmenės” MPV	2026-02-04	♂	1	1			A. Š.	juv.
2	Akmenės r. sav.	„Luokavos” MPV	2025-12-20	♀	1	1	1	Išimta ne visa	R. P.	ad.
3	Akmenės r. sav.	„Papilės” MPV	2025-11-15	♀	1	1	1	Teisingai	J. Š.	juv.
4	Akmenės r. sav.	„Vilkaičių” MPV	2025-11-07	♀	1	1	1	Kiti organai	R. R.	ad.
5	Akmenės r. sav.	„Vilkaičių” MPV	2025-11-10	♂	1	1			R. R.	ad.
6	Akmenės r. sav.	Mažeikių miškų urėdijos PMPV	2026-01-20	♂	1	1			L. A.	juv.
7	Alytaus r. sav.	„Radžiūnai” MPV	2025-12-13	♂	1	1			D. D.	ad.
8	Alytaus r. sav.	„Simnas” MPV	2026-01-05	♂	1	1			T. P.	ad.
9	Alytaus r. sav.	„Simnas” MPV	2026-02-17	♂	1	1			J. M.	ad.
10	Alytaus r. sav.	„Simnas” MPV	2026-02-19	♀	1	1	1	Teisingai	V. G.	juv.
11	Anykščių r. sav.	„Elmos” MPV	2025-11-22	♀	1	1	1	Teisingai	A. K.	juv.
12	Anykščių r. sav.	„Vašuokėnų medžiotojų būrelis” MPV	2025-10-24	♂	1	1			T. S.	juv.
13	Anykščių r. sav.	M. K. „Medeina” MPV	2026-01-14	♀	1	1	1	Kiti organai	A. Ž.	juv.
14	Anykščių r. sav.	Medžiotojų klubo „Debeikiai” MPV	2025-10-19	♀	1	1	1	Teisingai	T. P.	ad.
15	Anykščių r. sav.	Medžiotojų klubo „Debeikiai” MPV	2025-11-10	♂	1	1			R. M.	ad.
16	Anykščių r. sav.	Skiemonių medžiotojų būrelis” MPV	2025-11-09	♂	1	1			R. A.	juv.
17	Anykščių r. sav.	Troškūnų medžiotojų būrelis” MPV	2026-01-03	♂	1	1			G. M.	juv.
18	Biržų r. sav.	„Meilūnai” MPV	2025-10-18	♂	1	1			L. Š.	ad.
19	Biržų r. sav.	„Meilūnai” MPV	2025-11-08	♂	1	1			M. A.	ad.
20	Biržų r. sav.	„Meilūnai” MPV	2026-01-06	♂	1	1			A. K.	juv.
21	Biržų r. sav.	„Tamošiūnų medžioklės plotai” MPV	2026-03-21	♀	1	1	1	Teisingai	E. S.	ad.
22	Druskininkų sav.	„Leipalingis” MPV	2025-10-19	♂	1	1			A. V.	juv.
23	Druskininkų sav.	„Nemunas” MPV	2025-11-17	♀	1	1	1	Teisingai	A. Š.	juv.
24	Druskininkų sav.	„Nemunas” MPV	2026-03-26	♂	1	1			A. Š.	juv.
25	Druskininkų sav.	„Nemunas” MPV	2026-03-30	♀	1	1	1	Kiti organai	L. S.	ad.
26	Elektrėnų sav.	„Vievio (22)” MPV	2025-11-22	♂	1	1			V. B.	juv.
27	Elektrėnų sav.	„Vievio (22)” MPV	2025-12-02	♀	1	1	1	Kiti organai	J. Č.	juv.
28	Elektrėnų sav.	„Vievio (22)” MPV	2026-03-09	♂	1	1			E. M.	ad.
29	Elektrėnų sav.	„Žiežmariai” MPV	2025-11-11	♂	1	1			V. M.	ad.
30	Elektrėnų sav.	VI „Trakų miškų urėdija” PMPV	2025-12-19	♀	1	1	1	Išimta ne visa	E. A.	juv.
31	Ignalinos r. sav.	„Ažubalis” MPV	2025-11-15	♂	1	1			R. M.	ad.
32	Ignalinos r. sav.	„Ažubalis” MPV	2025-11-15	♂	1	1			R. M.	juv.
33	Ignalinos r. sav.	„Ažubalis” MPV	2025-11-16	♀	1	1	1	Teisingai	R. M.	ad.

34	Ignalinos r. sav.	„Ažubalio” MPV	2026-01-19	♀	1	1	1	Teisingai	R. M.	ad.
35	Ignalinos r. sav.	„Ažubalio” MPV	2026-03-10	♂	1	1			R. M.	ad.
36	Ignalinos r. sav.	„Didžiagirio” MPV	2025-11-24	♀	1	1	1	Teisingai	A. S.	juv.
37	Ignalinos r. sav.	„Didžiagirio” MPV	2025-11-24	♀	1	1	1	Teisingai	A. S.	juv.
38	Ignalinos r. sav.	„Mielagėnai-1” MPV	2025-10-27	♂	1	1			A. P.	ad.
39	Ignalinos r. sav.	„Mielagėnai-1” MPV	2025-10-29	♀	1	1	1	Teisingai	A. P.	juv.
40	Ignalinos r. sav.	„Mielagėnai-1” MPV	2025-11-12	♀	1	1	1	Teisingai	A. B.	juv.
41	Ignalinos r. sav.	„Miškininko” MPV	2026-03-28	♂	1	1			M. Z.	ad.
42	Ignalinos r. sav.	„Padysnio” MPV	2026-03-04	♀	1	1	1	Kiti organai	A. G.	ad.
43	Ignalinos r. sav.	„Birvėtos” MPV	2026-01-15	♀	1	1	1	Išimta ne visa	G. P.	ad.
44	Jonavos r. sav.	„Klevas” MPV	2025-10-24	♂	1	1			I. P.	juv.
45	Jonavos r. sav.	„Klevas” MPV	2025-10-24	♂	1	1			I. P.	juv.
46	Jonavos r. sav.	„Klevas” MPV	2026-02-21	♂	0	1			I. P.	ad.
47	Jonavos r. sav.	„Klevas” MPV	2026-03-09	♂	0	1			I. P.	juv.
48	Jonavos r. sav.	„Klevas” MPV	2026-03-16	♀	1	1	1	Teisingai	A. Š.	ad.
49	Jonavos r. sav.	„Kulva” MPV	2025-12-21	♀	1	1	1	Teisingai	R. B.	juv.
50	Jonavos r. sav.	„Santaka” MPV	2025-12-21	♀	1	1	1	Kiti organai	V. Č.	juv.
51	Joniškio r. sav.	„Žagarė” MPV	2025-11-02	♂	1	1			A. D.	ad.
52	Jurbarko r. sav.	„Girios” MPV	2025-11-15	♂	1	1			J. M.	ad.
53	Kaišiadorių r. sav.	„Kaišiadorių urėdijos” PMPV	2025-10-21	♀	1	1	1	Teisingai	D. S.	juv.
54	Kaišiadorių r. sav.	„Kaišiadorių urėdijos” PMPV	2025-10-28	♀	1	1	1	Teisingai	D. J.	juv.
55	Kaišiadorių r. sav.	„Kaišiadorių urėdijos” PMPV	2025-11-02	♀	1	1	1	Teisingai	M. D.	juv.
56	Kaišiadorių r. sav.	„Kaišiadorių urėdijos” PMPV	2025-12-02	♂	1	1			P. D.	juv.
57	Kaišiadorių r. sav.	„Kaišiadorių urėdijos” PMPV	2025-12-11	♂	1	1			D. Š.	ad.
58	Kaišiadorių r. sav.	„Kaišiadorių urėdijos” PMPV	2025-12-11	♀	1	1	1	Teisingai	P. B.	ad.
59	Kaišiadorių r. sav.	„Kaišiadorių urėdijos” PMPV	2026-02-26	♀	1	1	1	Teisingai	P. D.	juv.
60	Kaišiadorių r. sav.	„Lūšis” MPV	2025-10-28	♂	1	1			V. R.	ad.
61	Kaišiadorių r. sav.	„Neris” MPV	2026-01-08	♂	1	1			M. S.	juv.
62	Kaišiadorių r. sav.	„Palomenys” MPV	2026-01-24	♂	1	1			D. S.	ad.
63	Kaišiadorių r. sav.	„Sakalas” MPV	2026-02-12	♀	1	1	1	Teisingai	A. S.	ad.
64	Kaišiadorių r. sav.	„Sakalas” MPV	2026-02-12	♀	1	1	1	Teisingai	T. G.	ad.
65	Kaišiadorių r. sav.	„Švenčius” MPV	2025-11-25	♀	1	1	1	Teisingai	D. C.	juv.
66	Kaišiadorių r. sav.	„Švenčius” MPV	2025-11-25	♂	1	1			D. C.	juv.
67	Kaišiadorių r. sav.	„Žiežmariai” MPV	2025-12-16	♀	1	1	1	Teisingai	V. M.	juv.
68	Kaišiadorių r. sav.	„Palomenys” MPV	2025-10-19	♂	1	1			P. P.	ad.
69	Kalvarijos sav.	„Liubavas” MPV	2025-12-13	♂	1	1			B. J.	ad.

70	Kalvarijos sav.	„Liubavas” MPV	2025-12-13	♂	1	1			T. J.	juv.
71	Kalvarijos sav.	„Liubavas” MPV	2025-12-13	♂	1	1			Ž. D.	juv.
72	Kalvarijos sav.	„Liubavas” MPV	2026-01-17	♀	1	1	1	Teisingai	S. K.	juv.
73	Kalvarijos sav.	„Medžioklis” MPV	2026-02-19	♂	1	1			M. P.	ad.
74	Kalvarijos sav.	„Sūsainkai” MPV	2025-12-26	♂	1	1			V. V.	juv.
75	Kalvarijos sav.	„Sūsainkai” MPV	2026-02-19	♂	1	1			V. S.	ad.
76	Kalvarijos sav.	„Sūsainkai” MPV	2026-01-02	♀	1	1	1	Teisingai	V. V.	juv.
77	Kauno r. sav.	„Pajiesys” MPV	2026-03-22	♂	1	1			V. V.	ad.
78	Kazlų Rūdos sav.	„Šaknabalės” MPV	2026-02-14	♂	1	1			M. K.	ad.
79	Kazlų Rūdos sav.	„Šaknabalės” MPV	2026-02-14	♀	1	1	1	Teisingai	P. K.	ad.
80	Kazlų Rūdos sav.	„Papartis” MPV	2026-02-26	♂	0	0			E. S.	
81	Kėdainių r. sav.	„Lėdas” MPV	2025-11-02	♀	1	1	1	Teisingai	D. S.	juv.
82	Kėdainių r. sav.	„Lėdas” MPV	2025-11-07	♂	1	1			E. S.	ad.
83	Kėdainių r. sav.	„Lėdas” MPV	2025-11-15	♂	1	1			M. P.	juv.
84	Kėdainių r. sav.	„Lėdas” MPV	2025-12-15	♀	0	1	0		D. M.	juv.
85	Kėdainių r. sav.	„Miškininkas” MPV	2025-11-30	♀	1	1	1	Kiti organai	V. B.	ad.
86	Kėdainių r. sav.	„Okainiai” MPV	2025-10-17	♂	1	1			A. A.	ad.
87	Kėdainių r. sav.	„Šlapaberžė” MPV	2026-01-03	♂	1	1			S. M.	juv.
88	Kėdainių r. sav.	„Lėdas” MPV	2025-10-21	♂	1	1			V. S.	juv.
89	Kėdainių r. sav.	„Lėdas” MPV	2025-10-24	♂	1	1			V. S.	ad.
90	Kelmės r. sav.	„Gancės” MPV	2026-02-20	♂	1	1			D. R.	ad.
91	Kelmės r. sav.	„Kelmės” MPV	2025-11-29	♂	1	1			E. K.	juv.
92	Kelmės r. sav.	„Raudgirio” MPV	2025-11-30	♂	1	1			P. S.	ad.
93	Kelmės r. sav.	„Vainagių” MPV	2025-12-20	♀	1	1	1	Teisingai	R. Ž.	ad.
94	Kelmės r. sav.	„Vainagių” MPV	2026-01-04	♀	1	1	1	Teisingai	A. M.	juv.
95	Kelmės r. sav.	„Vainagių” MPV	2026-01-04	♂	1	1			E. D.	ad.
96	Klaipėdos r. sav.	„Eglės” MPV	2025-10-20	♂	1	1			R. G.	ad.
97	Kretingos r. sav.	„Lūšio” MPV	2026-02-25	♂	1	1			T. Č.	ad.
98	Kretingos r. sav.	„Šilo rago” MPV	2025-10-28	♂	1	1			A. M.	ad.
99	Kretingos r. sav.	„Šilo rago” MPV	2025-11-15	♀	1	1	1	Teisingai	A. B.	juv.
100	Kretingos r. sav.	„Šilo rago” MPV	2025-11-15	♂	1	1			A. M.	juv.
101	Kretingos r. sav.	„Šilo rago” MPV	2025-11-15	♂	1	1			J. T.	ad.
102	Kretingos r. sav.	VĮ Kretingos miškų urėdijos PMPV	2026-02-09	♂	1	1			A. M.	ad.
103	Kupiškio r. sav.	„Lėvu” MPV	2025-10-19	♀	1	1	1	Teisingai	A. J.	juv.
104	Kupiškio r. sav.	„Vidugiriai” MPV	2025-11-29	♂	1	1			P. V.	juv.
105	Lazdijų r. sav.	„Bestraigiškės” PMPV	2025-10-24	♂	1	1			E. K.	juv.

106	Lazdijų r. sav.	„Dumblio” MPV	2026-01-21	♀	1	1	1	Kiti organai	M. L.	ad.
107	Lazdijų r. sav.	„Giraitė” MPV	2026-01-03	♂	1	1			J. K.	juv.
108	Lazdijų r. sav.	„Kibirkštis” MPV	2026-01-10	♂	1	1			E. K.	ad.
109	Lazdijų r. sav.	„Kibirkštis” MPV	2026-01-10	♀	1	1	1	Teisingai	L. V.	ad.
110	Lazdijų r. sav.	„Kurkliai” MPV	2026-02-01	♂	1	1			K. G.	ad.
111	Lazdijų r. sav.	„Kurkliai” MPV	2026-02-16	♂	1	1			K. G.	juv.
112	Lazdijų r. sav.	„Paliepis” MPV	2026-02-10	♂	1	1			V. J.	juv.
113	Lazdijų r. sav.	„Paliepis” MPV	2026-02-20	♂	1	1			T. D.	juv.
114	Lazdijų r. sav.	„Pertako” MPV	2026-01-05	♂	1	1			M. K.	ad.
115	Lazdijų r. sav.	„Veisiejai” MPV	2026-01-02	♂	1	1			D. Š.	ad.
116	Lazdijų r. sav.	„Veisiejai” MPV	2026-03-04	♂	1	1			A. Š.	ad.
117	Marijampolės sav.	„Amalva” MPV	2026-01-20	♂	1	1			D. L.	ad.
118	Mažeikių r. sav.	„Purvėnų” MPV	2026-01-17	♂	1	1			P. N.	ad.
119	Mažeikių r. sav.	„Purvėnų” MPV	2026-01-17	♂	1	1			P. N.	ad.
120	Mažeikių r. sav.	„Sedos” MPV	2025-12-20	♂	1	1			J. V.	ad.
121	Mažeikių r. sav.	„Viekšnių” MPV	2026-01-14	♀	1	1	1	Išimta ne visa	A. M.	ad.
122	Molėtų r. sav.	Medžiotojų klubo „Urkis” MPV	2026-02-21	♀	1	1	1	Išimta ne visa	N. K.	juv.
123	Pagėgių sav.	„Gėgė” MPV	2025-10-20	♂	1	1			Ž. L.	ad.
124	Pagėgių sav.	„Gėgė” MPV	2025-12-01	♀	1	1	1	Teisingai	E. J.	ad.
125	Panevėžio r. sav.	„Alanta” MPV	2026-01-07	♀	1	1	1	Teisingai	R. L.	ad.
126	Panevėžio r. sav.	„Ėriškiai” MPV	2025-11-15	♀	1	1	1	Kiti organai	R. R.	ad.
127	Panevėžio r. sav.	„Girelė” MPV	2025-12-06	♀	1	1	1	Išimta ne visa	R. K.	juv.
128	Panevėžio r. sav.	„Panevėžio miškų urėdijos” PMPV	2025-12-04	♀	1	1	1	Teisingai	A. V.	juv.
129	Panevėžio r. sav.	„Panevėžio miškų urėdijos” PMPV	2025-12-04	♂	1	1			A. V.	juv.
130	Panevėžio r. sav.	„Panevėžio miškų urėdijos” PMPV	2025-12-17	♂	1	1			R. B.	ad.
131	Panevėžio r. sav.	„Poilsis” MPV	2025-10-21	♂	1	1			A. Š.	juv.
132	Panevėžio r. sav.	„Poilsis” MPV	2025-10-21	♂	1	1			A. Š.	juv.
133	Panevėžio r. sav.	„Lėvuo“ MPV	2025-11-22	♂	1	1			T. Ž.	ad.
134	Pasvalio r. sav.	„Naradava” MPV	2025-11-27	♀	1	1	1	Teisingai	E. P.	juv.
135	Pasvalio r. sav.	„Naradava” MPV	2025-11-28	♂	1	1			E. P.	juv.
136	Pasvalio r. sav.	„Naradava” MPV	2025-11-28	♂	1	1			E. P.	juv.
137	Pasvalio r. sav.	„Naradava” MPV	2025-11-28	♂	1	1			E. P.	juv.
138	Pasvalio r. sav.	„Naradava” MPV	2025-11-28	♂	1	1			E. P.	juv.
139	Plungės r. sav.	„Kontaučių” MPV	2025-11-23	♀	1	1	1	Teisingai	A. Š.	juv.
140	Plungės r. sav.	„Platelių” MPV	2025-11-08	♂	1	1			M. V.	ad.
141	Plungės r. sav.	„Platelių” MPV	2026-03-31	♀	1	1	1	Išimta ne visa	Š. M.	ad.

142	Plungės r. sav.	„Reiskių” MPV	2025-12-29	♀	1	1	1	Teisingai	M. B.	juv.
143	Plungės r. sav.	„Reiskių” MPV	2025-12-29	♂	1	1			M. B.	juv.
144	Radviliškio r. sav.	„Grinkiškio” MPV	2025-12-27	♀	1	1	1	Teisingai	M. B.	juv.
145	Radviliškio r. sav.	„Kiršino” MPV	2025-12-27	♂	1	1			V. P.	juv.
146	Radviliškio r. sav.	„Mažuolių” MPV	2026-01-20	♂	1	1			P. A.	ad.
147	Radviliškio r. sav.	„Šušvės” MPV	2025-12-20	♀	1	1	1	Teisingai	Ž. Ž.	juv.
148	Radviliškio r. sav.	A. Sulginskio universiteto MPV	2025-11-05	♂	1	1			L. L.	juv.
149	Raseinių r. sav.	„Pryšmančiai” MPV	2025-10-26	♀	1	1	1	Teisingai	K. D.	juv.
150	Raseinių r. sav.	„Pryšmančiai” MPV	2025-10-26	♂	1	1			K. D.	juv.
151	Raseinių r. sav.	„Žaiginys” MPV	2025-12-06	♀	1	1	1	Kiti organai	G. B.	ad.
152	Raseinių r. sav.	„Norgėlai” MPV	2025-04-13	♂	1	1			iš T. I. muz.	ad.
153	Rietavo sav.	„Aitros” MPV	2025-11-21	♀	1	0	1	Kiti organai	M. L.	
154	Rokiškio r. sav.	„Baranava” MPV	2025-11-01	♀	1	1	1	Kiti organai	J. P.	ad.
155	Rokiškio r. sav.	„Baranava” MPV	2025-12-10	♂	1	1			J. P.	juv.
156	Rokiškio r. sav.	„Juodupė” MPV	2025-10-28	♂	0	1			T. Č.	juv.
157	Rokiškio r. sav.	„Juodupė” MPV	2025-11-29	♀	1	1	1	Išimta ne visa	E. Š.	ad.
158	Rokiškio r. sav.	„Suvainiškis” MPV	2025-11-04	♀	1	1	1	Teisingai	D. V.	juv.
159	Skuodo r. sav.	„Aido” MPV	2025-10-18	♂	1	1			B. M.	juv.
160	Skuodo r. sav.	„Aido” MPV	2025-10-18	♀	1	1	1	Teisingai	S. V.	juv.
161	Skuodo r. sav.	„Aido” MPV	2025-10-18	♂	1	1			S. Ž.	juv.
162	Skuodo r. sav.	„Aido” MPV	2026-01-10	♂	1	1			V. L.	juv.
163	Skuodo r. sav.	„Gilzės” MPV	2026-03-25	♂	1	1			M. B.	ad.
164	Skuodo r. sav.	„Pušyno” MPV	2025-10-21	♀	1	1	1	Teisingai	V. S.	ad.
165	Šakių r. sav.	„Baltkojai” MPV	2025-11-30	♂	1	1			V. T.	juv.
166	Šakių r. sav.	„Gelgaudiškis” MPV	2025-10-17	♂	1	1			I. Ž.	juv.
167	Šakių r. sav.	„Lukšiai” MPV	2025-10-22	♂	1	1			A. G.	ad.
168	Šakių r. sav.	„Lukšiai” MPV	2025-10-29	♂	1	1			A. M.	ad.
169	Šakių r. sav.	„Lukšiai” MPV	2026-01-10	♂	1	1			A. M.	juv.
170	Šakių r. sav.	„Pankliškės” MPV	2025-11-07	♀	1	1	1	Teisingai	A. N.	juv.
171	Šakių r. sav.	„Pankliškės” MPV	2026-01-03	♂	1	1			V. A.	juv.
172	Šakių r. sav.	„Plokščiai” MPV	2026-01-17	♂	1	1			R. B.	juv.
173	Šakių r. sav.	„Slavikai” MPV	2025-10-29	♂	1	1			A. V.	juv.
174	Šakių r. sav.	„Vilkinė” MPV	2025-11-05	♂	1	1			D. K.	ad.
175	Šakių r. sav.	„Vilkinė” MPV	2025-11-22	♀	1	1	1	Kiti organai	D. K.	juv.
176	Šakių r. sav.	„Lekėčiai” MPV	2026-01-25	♀	1	1	1	Išimta ne visa	J. P.	ad.
177	Šalčininkų r. sav.	„Eišiškės” MPV	2025-11-22	♀	1	1	0		A. B.	ad.

178	Šalčininkų r. sav.	„Eišiškės” MPV	2025-11-25	♂	1	1			G. G.	juv.
179	Šalčininkų r. sav.	„Eišiškės” MPV	2025-11-25	♂	1	1			G. G.	juv.
180	Šalčininkų r. sav.	„Eišiškės” MPV	2026-01-07	♂	1	1			N. M.	ad.
181	Šalčininkų r. sav.	„Eišiškės” MPV	2026-01-07	♂	1	1			N. M.	juv.
182	Šalčininkų r. sav.	„Suopis” MPV	2026-02-27	♂	1	1			A. A.	juv.
183	Šalčininkų r. sav.	„Šalčininkų žuvininkystės ūkis” MPV	2025-11-16	♀	1	1	1	Teisingai	G. R.	juv.
184	Šiaulių r. sav.	„Miškininkų” MPV	2025-10-20	♀	1	1	1	Išimta ne visa	V. J.	ad.
185	Šiaulių r. sav.	„Miškininkų” MPV	2025-11-05	♀	1	1	1	Išimta ne visa	G. G.	ad.
186	Šiaulių r. sav.	„Šelvėnų” MPV	2025-11-08	♂	1	1			V. M.	juv.
187	Šiaulių r. sav.	„Varputėnų” MPV	2025-11-28	♀	1	1	1	Kiti organai	P. S.	juv.
188	Šiaulių r. sav.	„Varputėnų” MPV	2025-12-04	♂	1	1			E. A.	juv.
189	Šiaulių r. sav.	„Varputėnų” MPV	2025-12-05	♀	1	1	1	Teisingai	P. S.	juv.
190	Šiaulių r. sav.	„Varputėnų” MPV	2026-01-07	♂	1	1			P. S.	ad.
191	Šiaulių r. sav.	„Kuršėnų miškų urėdijos“ MPV	2025-12-13	♂	1	1			I. P.	juv.
192	Šilalės	„Ragas“ MPV	2026-01-21	♂	1	1			A. D.	ad.
193	Šilutės r. sav.	„Saugos” MPV	2025-10-18	♂	1	1			A. P.	juv.
194	Šilutės r. sav.	„Saugos” MPV	2025-10-18	♀	1	1	1	Teisingai	D. K.	juv.
195	Šilutės r. sav.	Medžiotojų klubo „Jonaičiai” MPV	2025-10-30	♂	1	1			G. K.	juv.
196	Širvintų r. sav.	„Alionys” MPV	2025-11-05	♀	1	1	1	Teisingai	A. A.	juv.
197	Širvintų r. sav.	„Alionys” MPV	2025-11-05	♂	1	1			A. A.	juv.
198	Širvintų r. sav.	„Antanava” MPV	2026-03-05	♀	1	1	1	Išimta ne visa	V. Č.	ad.
199	Širvintų r. sav.	„Čiobiškis” MPV	2026-02-26	♂	1	1			D. V.	ad.
200	Širvintų r. sav.	„Čiobiškis” MPV	2026-03-13	♀	1	1	1	Kiti organai	M. R.	juv.
201	Širvintų r. sav.	„Kieliai” MPV	2025-10-18	♀	1	1	1	Kiti organai	V. K.	juv.
202	Švenčionių r. sav.	„Asveja” MPV	2025-11-15	♀	1	1	1	Teisingai	A. J.	ad.
203	Švenčionių r. sav.	„Asveja” MPV	2025-11-15	♀	1	1	1	Teisingai	E. V.	juv.
204	Švenčionių r. sav.	„Januliškio” MPV	2025-12-03	♀	1	1	1	Teisingai	P. R.	ad.
205	Švenčionių r. sav.	„Strūnaičio” MPV	2026-03-31	♂	1	1			D. V.	ad.
206	Švenčionių r. sav.	„Švenčionėlių” MPV	2025-12-19	♀	1	1	1	Teisingai	D. A.	juv.
207	Švenčionių r. sav.	„Švenčionėlių” MPV	2025-12-19	♂	1	1			D. A.	juv.
208	Švenčionių r. sav.	„Trako broliai” MPV	2025-12-16	♂	1	1			G. Z.	juv.
209	Telšių r. sav.	„Eigirdžių” MPV	2025-11-27	♀	1	1	1	Teisingai	V. K.	juv.
210	Telšių r. sav.	„Rainių” MPV	2025-12-27	♂	1	1			R. K.	juv.
211	Telšių r. sav.	„Tryškiai 2” MPV	2025-12-05	♀	1	1	1	Teisingai	E. V.	ad.
212	Telšių r. sav.	„Žarėnų” MPV	2025-11-06	♂	1	1			L. S.	juv.
213	Telšių r. sav.	„Žarėnų” MPV	2026-02-04	♂	1	1			R. S.	juv.

214	Trakų r. sav.	„Onušio 2” MPV	2025-12-01	♂	1	1			D. P.	ad.
215	Trakų r. sav.	„Paluknio 10” MPV	2026-02-20	♀	1	1	0		I. P.	ad.
216	Trakų r. sav.	„Paluknio 10” MPV	2026-02-20	♂	1	1			P. K.	ad.
217	Trakų r. sav.	„Paluknio 10” MPV	2026-02-20	♂	1	1			A. V.	ad.
218	Trakų r. sav.	„Žėronių 11” MPV	2026-02-20	♀	1	1	1	Teisingai	M. S.	ad.
219	Trakų r. sav.	„Onušio 2“ MPV	2025-07-29	♂	1	1			iš T. I. muz.	juv.
220	Ukmergės r. sav.	„Lėnas” MPV	2025-10-28	♂	1	1			S. K.	juv.
221	Ukmergės r. sav.	„Lėnas” MPV	2025-11-14	♀	1	1	1	Teisingai	D. K.	juv.
222	Ukmergės r. sav.	„Lėnas” MPV	2025-11-22	♀	0	1	0		E. G.	juv.
223	Ukmergės r. sav.	„Lėnas” MPV	2026-03-27	♂	1	1			D. K.	ad.
224	Ukmergės r. sav.	„Veprių” MPV	2025-12-03	♂	1	1			B. Š.	juv.
225	Ukmergės r. sav.	„Veprių” MPV	2026-02-13	♂	1	1			G. B.	ad.
226	Ukmergės r. sav.	Vidiškių medžiotojų būrelis MPV	2025-12-08	♂	1	1			A. Š.	juv.
227	Ukmergės r. sav.	Vidiškių medžiotojų būrelis MPV	2026-03-25	♂	1	1			D. S.	ad.
228	Ukmergės r. sav.	„Žemdirbys“ MPV	2025-12-12	♀	1	1	1	Išimta ne visa	A. Š.	juv.
229	Utenos r. sav.	„Miškininko” MPV	2026-01-02	♂	1	1			R. U.	juv.
230	Utenos r. sav.	„Užpalių” MPV	2025-10-30	♀	1	1	1	Teisingai	R. M.	juv.
231	Utenos r. sav.	„Užpalių” MPV	2025-10-30	♂	1	1			R. M.	juv.
232	Utenos r. sav.	„Užpalių” MPV	2025-10-31	♀	1	1	1	Teisingai	D. B.	ad.
233	Utenos r. sav.	MK „Sungailiškis” MPV	2025-10-31	♂	1	1			R. M.	juv.
234	Utenos r. sav.	MK „Sungailiškis” MPV	2025-11-08	♂	1	1			R. M.	juv.
235	Utenos r. sav.	MK „Sungailiškis” MPV	2025-12-30	♂	1	1			E. T.	ad.
236	Utenos r. sav.	Medžiotojų klubo „Tauragnai” MPV	2025-11-07	♂	1	1			A. D.	ad.
237	Varėnos r. sav.	„Briedis” MPV	2026-01-08	♀	1	1	1	Teisingai	Ž. T.	ad.
238	Varėnos r. sav.	„Dainava” MPV	2026-02-21	♂	1	1			E. L.	ad.
239	Varėnos r. sav.	„Dubičiai” MPV	2025-11-14	♂	1	1			J. M.	ad.
240	Varėnos r. sav.	„Dubičiai” MPV	2026-01-12	♀	1	1	1	Teisingai	A. Š.	ad.
241	Varėnos r. sav.	„Dubičiai” MPV	2026-02-07	♂	1	1			V. P.	ad.
242	Varėnos r. sav.	„Kabeliai” MPV	2025-12-17	♂	1	1			Ž. N.	ad.
243	Varėnos r. sav.	„Merkys” MPV	2026-02-24	♂	1	1			A. Š.	ad.
244	Varėnos r. sav.	„Ūla” MPV	2025-12-31	♂	1	1			K. A.	juv.
245	Varėnos r. sav.	„Urkis” MPV	2025-10-15	♀	1	1	1	Išimta ne visa	A. S.	juv.
246	Varėnos r. sav.	„Urkis” MPV	2025-11-29	♂	1	1			A. M.	juv.
247	Varėnos r. sav.	„Varčia” MPV	2026-03-29	♂	1	1			A. Z.	ad.
248	Vilkaviškio r. sav.	„Karkliniai” MPV	2025-10-23	♀	1	1	1	Teisingai	V. R.	ad.
249	Vilkaviškio r. sav.	„Kybartai-2” MPV	2025-11-20	♂	1	1			S. K.	juv.

250	Vilkaviškio r. sav.	„Kybartai-2” MPV	2025-12-20	♂	1	1			S. K.	juv.
251	Vilkaviškio r. sav.	„Kybartai-2” MPV	2025-12-22	♀	1	1	1	Teisingai	A. V.	juv.
252	Vilkaviškio r. sav.	„Svirkalnis” MPV	2025-10-26	♂	1	1			A. D.	ad.
253	Vilkaviškio r. sav.	„Svirkalnis” MPV	2025-11-08	♂	1	1			T. B.	juv.
254	Vilkaviškio r. sav.	„Svirkalnis” MPV	2026-01-11	♂	1	1			J. J.	juv.
255	Vilkaviškio r. sav.	„Svirkalnis” MPV	2026-01-15	♀	1	1	1	Teisingai	J. J.	juv.
256	Vilkaviškio r. sav.	„Svirkalnis” MPV	2026-01-15	♂	1	1			J. J.	juv.
257	Vilkaviškio r. sav.	„Svirkalnis” MPV	2026-03-17	♂	1	1			G. E.	juv.
258	Vilkaviškio r. sav.	„Vištytis” MPV	2026-01-08	♂	1	1			R. V.	ad.
259	Vilkaviškio r. sav.	„Vištytis” MPV	2026-01-16	♂	1	1			R. R.	ad.
260	Vilkaviškio r. sav.	„Vištytis” MPV	2026-01-25	♀	1	1	1	Teisingai	R. V.	juv.
261	Vilniaus r. sav.	„Glitiškio” MPV	2025-10-25	♀	1	1	1	Išimta ne visa	V. G.	juv.
262	Vilniaus r. sav.	„Glitiškio” MPV	2025-11-07	♀	1	1	1	Teisingai	V. G.	juv.
263	Vilniaus r. sav.	„Melkio” MPV	2026-03-21	♂	1	1			T. G.	ad.
264	Vilniaus r. sav.	„Melkio” MPV	2026-03-21	♀	1	1	1	Teisingai	T. G.	ad.
265	Vilniaus r. sav.	„Ryto” MPV	2026-01-24	♂	1	1			R. J.	ad.
266	Vilniaus r. sav.	„Skalos” MPV	2025-11-29	♂	1	1			D. M.	ad.
267	Vilniaus r. sav.	„Tauras” MPV	2026-03-04	♂	1	1			V. K.	ad.
268	Vilniaus r. sav.	„Paluknio 10“ MPV	2025-12-12	♂	1	1			A. J.	juv.
269	Vilniaus r. sav.	„Taurijos“ MPV	2025-11-09	♀	1	1	1	Teisingai	E. G.	ad.
270	Zarasų r. sav.	Antazavės medžiotojų būrelis MPV	2025-10-18	♀	1	1	1	Teisingai	L. Č.	juv.
271	Zarasų r. sav.	Antazavės medžiotojų būrelis MPV	2025-10-18	♂	1	1			T. D.	ad.
272	Zarasų r. sav.	Baibių medžiotojų būrelis MPV	2025-12-14	♀	1	1	1	Teisingai	D. R.	juv.
273	Zarasų r. sav.	Medžiotojų klubo „Tolimėnai” MPV	2026-02-15	♂	1	1			R. S.	juv.
274	Zarasų r. sav.	Medžiotojų klubo „Tolimėnai” MPV	2026-03-23	♂	1	1			R. M.	ad.
275	Zarasų r. sav.	Medžiotojų klubo „Tolimėnai” MPV	2026-03-25	♀	1	1	1	Teisingai	R. M.	ad.

Mėginių gražinimas. Pagal taisykles, tyrėjai, atsipjovę tyrimams reikalingą iltinio danties šaknies dalį, per numatytą laiką sugražino medžiotojams visus tyrimams paimtus iltinius dantis. Iš viso tyrimams buvo paimti 273 iltiniai dantys bei po tyrimų gražinta 273 iltiniai dantys.

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

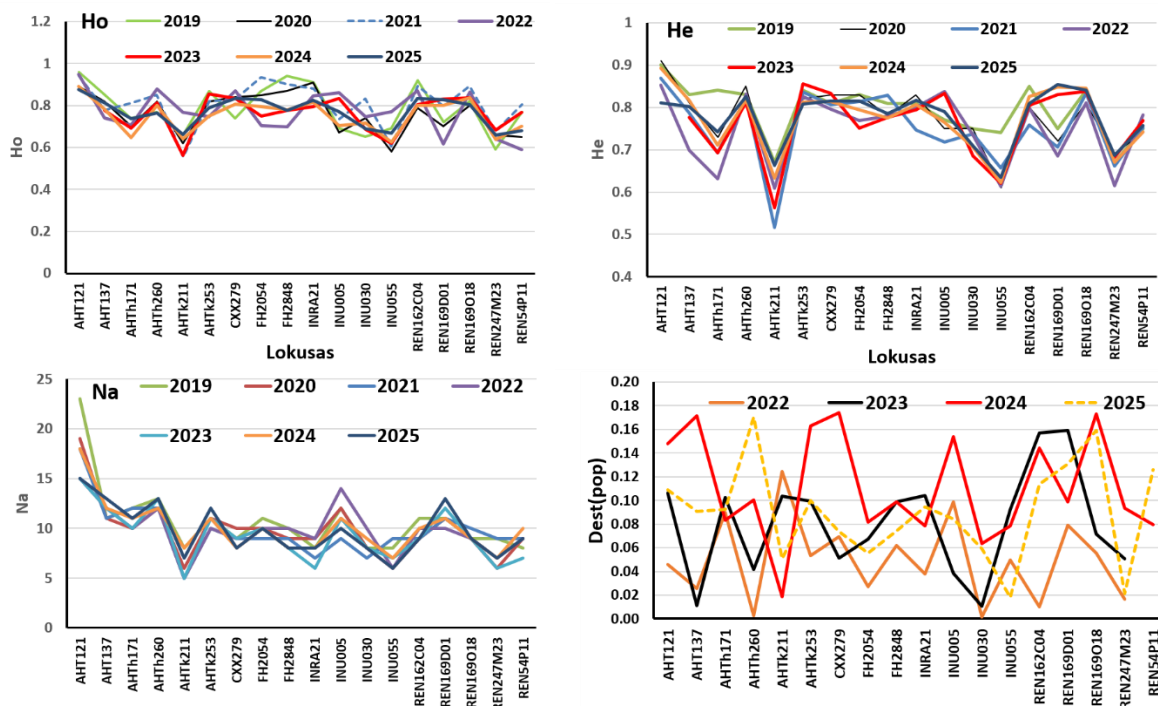
Laboratorijoje pradėjus vykdyti mėginių tyrimus, paaiškėjo, kad visi raumens gabalėliai buvo paimti ir saugoti tinkamai. Iltinių dantų šaknų nuopjovos tyrimams buvo tinkamos. Tyrimams pateiktos 102 vilkų patelių gimdos, tačiau laboratorijoje po mėginių atšildymo, pradėjus analizę, paaiškėjo, kad 71 gimda paimta teisingai.

Mėginių perdavimo–priėmimo pažymos (550 vnt.) pateiktos atskiru dokumentu.

3.1 Vilkų populiacijos genetinės įvairovės geografinis pasiskirstymas Lietuvoje

3.1.1 Mikrosatelitų lokusų charakteristika

Micro-checker testas parodė, kad 2025 m. sumedžiojimo populiacijoje 18-kos lokusų nulinių alelių dažnis buvo žemas ir neviršijo 0.1 ribos nei vienam iš 18 lokusų (3.1.1 lent). Todėl tikėtina, kad nuliniai aleliai neįnešė reikšmingų paklaidų inbrydingo ir stebimo heterozigotiškumo vertėms bei nuo jų priklausantiems indeksams (3.1.1 lent.).

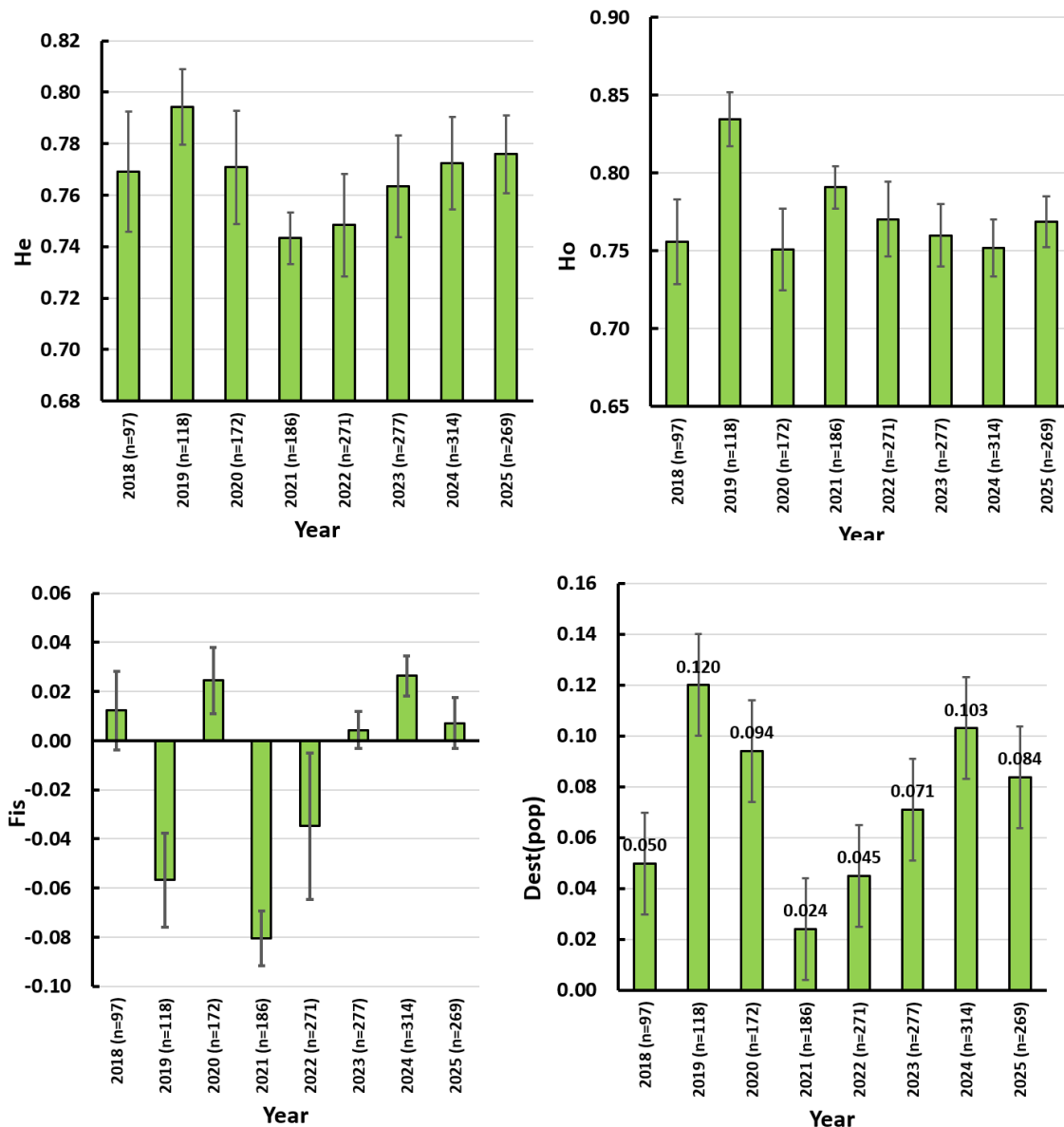


3.1.1a pav. DNR lokų genetinės įvairovės (He) ir stebimo heterozigotiškumo rodikliai (Ho), bei potencialas genetiškai diferencijuoti tarp vilkų populiacijų (Dest indekso statistinio reikšmingumo $p > 0,05$ skirtumai statistiškai nereikšmingi) 2019 ($n=118$) ir 2020 m. ($n=173$), 2021 m. ($n=186$), 2022 ($n=271$), 2023 ($n=277$), 2024 ($N=314$), 2025 ($n=269$) sumedžiojimo populiacijų genotipavimo duomenyse.

Mūsų tyrime visi 18 lokų buvo palyginti aukšto polimorfizmo nuo 6 iki 15 skirtingų alelių lokuse (3.1.1 lent.). Iš viso 2025 metų sumedžiotų 269 vilkų imties 18-koje genominių autosominių lokų rasti net 176 skirtingi aleliai (palyginimui - 2024, 2023, 2022, 2021, 2020 ir 2019 metais – atitinkamai 180, 168, 177, 175, 177, 192 aleliai. Šis aukštas skirtingų alelių skaičius rodo aukšto polimorfizmo genetinę medžiagą jų genetinės įvairovės, struktūros, tėvystės ir hibridizacijos tyrimui (Randi et al 2014). Lokų Na, Ho ir He rodiklių variacija skirtingų metų sumedžiojimo populiacijose buvo panaši (3.1.1a pav.), kas rodo aukštą lokų stabilumą. Tačiau lokų geba diferencijuoti populiacijas skyrėsi tarp sumedžiojimų metų (3.1.1a pav., 3.1.1 lent.), kas rodo, kad populiacijų struktūra yra gana dinamiška. Šis dinamiškumas gali būti lemtas skirtingai nukreiptų genų srautų ir naujų geografinių barjerų lyginant skirtingų metų populiacijas.

Lyginant skirtingų metų genetinės įvairovės rodiklius, nuo 2021 m. ryškėja ir 2025 stiprėja įdomi tendencija (3.1.1b pav.): (a) populiacijos alelinė įvairovė didėja (He rodiklis didėja, 3.1.1b pav.), tačiau (b) giminingų individų poravimasis stiprėja (Ho mažėja) ir todėl inbridingo koeficientas didėja (Fis), (c) diferenciacija tarp populiacijų stiprėja (Dest indeksas auga). Nors 2025 m. Ho kritimas sustojo, o populiacijų diferenciacija stabilizavosi ir buvo panaši kaip 2024

m. (t.y. nebe stiprėja). Darytina prielaida, kad genų srautai tebegausina alelinę įvairovę, tačiau stiprėja populiacijų fragmentacija, lemianti uždaresnes poravimosi grupes. Taip pat galimai ir genų srautai silpnėja iš svetur ir/ar šalies viduje ir ne tai efektyviai įveikia migracijos barjerus. Be to didesnės sumedžiojamų šeimos narių imtys didina H_o rodiklį. 2026 m. tyrimai parodys ar šių rodiklių kaita stabilizavosi ir krenta ar tai yra tik mažesnės 2025 m. imtis pasekmė. Čia verta atlikti išsamesnę analizę kur tai vyksta ir imtis priemonių migracijos barjerams švelninti.



3.1.1b pav. Vidutiniai metiniai 2018-2025 m. sumedžiojamų populiacijų laukinio heterozigotiškumo (H_e), stebimo heterozigotiškumo (H_o), inbrydingo koeficiento rodikliai bei diferenciacijos tarp populiacijų ($Dest(pop)$) indeksai. Paklaidos linijos rodo vidurčio standartines paklaidas apskaičiuotas lokusų lygmenyje.

3.1.1a lent. Lokusų charakteristika 2025 (n=269), 2024 (n=314) 2023 (n=277), 2022 (n=271), 2021 (n=186), 2020 m (n=173) ir 2019 m. (n=173) sumedžiojimo populiacijose. Na skirtingų alelių skaičius, Ho ir He – stebimas ir laukiamas heterozigotiškumas. Fis inbrydingo koeficientas.

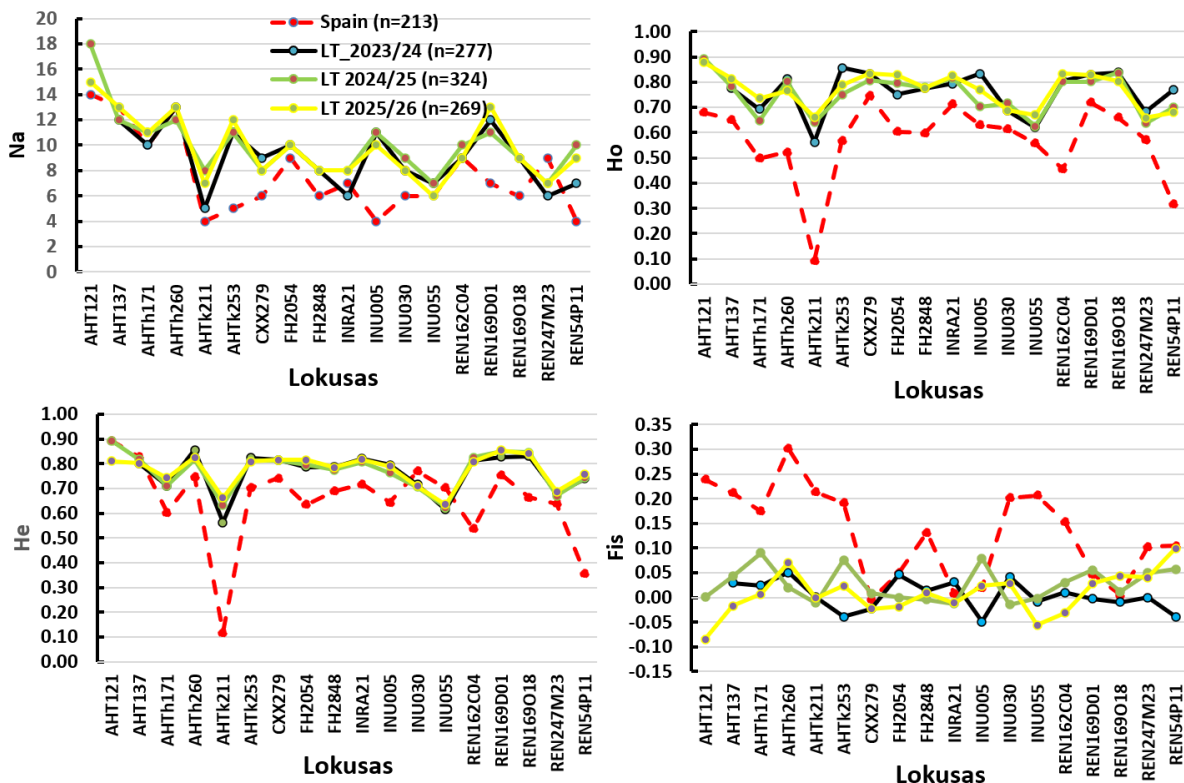
Lokusas	Na	Na	Na	Na	Na	Na	Na	Ho	Ho	Ho	Ho	Ho	Ho	Ho	He	He	He	He	He	He	He	Fis	Fis	Fis	Fis	Fis	Fis	Fis
	2025	2024	2023	2022	2021	2020	2019	2025	2024	2023	2022	2021	2020	2019	2025	2024	2022	2023	2021	2020	2019	2025	2024	2023	2022	2021	2020	2019
AHT121	15	18	15	15	18	19	23	0.88	0.89	-	0.95	0.94	0.89	0.96	0.81	0.89	0.85	-	0.87	0.91	0.9	-0.08	0.00	-	-0.11	-0.08	0.02	-0.06
AHT137	13	12	12	12	11	11	11	0.81	0.78	0.78	0.74	0.78	0.82	0.85	0.80	0.82	0.70	0.80	0.79	0.81	0.83	-0.02	0.04	0.03	-0.06	0.01	-0.01	-0.04
AHTh171	11	11	10	10	12	10	12	0.74	0.65	0.69	0.71	0.81	0.70	0.74	0.74	0.71	0.63	0.71	0.69	0.73	0.84	0.01	0.09	0.02	-0.12	-0.17	0.04	0.11
AHTh260	13	12	13	12	12	12	13	0.77	0.80	0.81	0.88	0.85	0.82	0.77	0.83	0.82	0.83	0.86	0.82	0.85	0.83	0.07	0.02	0.05	-0.06	-0.03	0.05	0.07
AHTk211	7	8	5	5	5	6	8	0.66	0.64	0.56	0.77	0.55	0.62	0.66	0.66	0.63	0.61	0.56	0.52	0.61	0.67	0.00	-0.01	0.00	-0.26	-0.07	-0.01	0.01
AHTk253	12	11	11	10	10	11	11	0.79	0.75	0.86	0.75	0.82	0.82	0.87	0.81	0.81	0.83	0.82	0.84	0.82	0.84	0.02	0.08	-0.04	0.10	0.02	0.00	-0.03
CXX279	8	8	9	9	9	10	9	0.83	0.81	0.83	0.87	0.83	0.84	0.74	0.82	0.81	0.80	0.82	0.81	0.83	0.81	-0.02	0.01	-0.02	-0.09	-0.03	-0.01	0.08
FH2054*	10	10	10	10	9	10	11	0.83	0.79	0.75	0.70	0.94	0.85	0.87	0.81	0.79	0.77	0.79	0.81	0.83	0.83	-0.02	0.00	0.05	0.08	-0.15	-0.02	-0.05
FH2848*	8	8	8	10	9	9	10	0.78	0.78	0.78	0.70	0.90	0.87	0.94	0.79	0.78	0.78	0.79	0.83	0.78	0.81	0.01	0.00	0.01	0.10	-0.09	-0.10	-0.16
INRA21	8	8	6	9	7	9	8	0.83	0.82	0.79	0.85	0.88	0.91	0.91	0.82	0.81	0.80	0.82	0.75	0.83	0.81	-0.01	-0.01	0.03	-0.06	-0.18	-0.10	-0.12
INU005	10	11	11	14	9	12	12	0.77	0.70	0.83	0.86	0.74	0.67	0.69	0.79	0.76	0.84	0.79	0.72	0.75	0.77	0.02	0.08	-0.05	-0.03	-0.02	0.11	0.11
INU030	8	9	8	10	7	8	8	0.69	0.72	0.69	0.75	0.83	0.74	0.65	0.71	0.71	0.74	0.72	0.74	0.75	0.75	0.03	-0.01	0.04	-0.01	-0.13	0.01	0.13
INU055	6	7	7	6	9	6	8	0.67	0.62	0.62	0.77	0.61	0.58	0.69	0.64	0.62	0.61	0.62	0.66	0.61	0.74	-0.06	0.00	-0.01	-0.26	0.08	0.05	0.06
REN162C04	9	10	9	10	9	9	11	0.83	0.80	0.81	0.87	0.89	0.79	0.92	0.81	0.83	0.80	0.81	0.76	0.8	0.85	-0.03	0.03	0.01	-0.09	-0.18	0.02	-0.09
REN169D01	13	11	12	10	11	11	11	0.83	0.80	0.83	0.62	0.80	0.70	0.72	0.85	0.85	0.68	0.83	0.71	0.72	0.75	0.03	0.06	0.00	0.10	-0.13	0.03	0.04
REN169O18	9	9	9	9	10	9	9	0.80	0.84	0.84	0.86	0.89	0.80	0.82	0.84	0.85	0.81	0.83	0.83	0.81	0.84	0.04	0.01	-0.01	-0.07	-0.07	0.02	0.02
REN247M23	7	7	6	7	9	6	9	0.66	0.64	0.68	0.64	0.68	0.66	0.59	0.69	0.67	0.61	0.68	0.66	0.69	0.67	0.04	0.05	0.00	-0.05	-0.02	0.04	0.11
REN54P11	9	10	7	9	9	9	8	0.68	0.70	0.77	0.59	0.81	0.65	0.77	0.76	0.74	0.78	0.74	0.75	0.74	0.75	0.10	0.06	-0.04	0.25	-0.07	0.12	-0.03
Vidurkis	176	180	168	177	175	177	192	0.77	0.75	0.76	0.77	0.81	0.76	0.79	0.78	0.77	0.75	0.76	0.75	0.77	0.79	0.01	0.03	0.00	-0.03	-0.07	0.01	0.01
St. paklaida			-	-	-	-	-	0.02	0.02	0.02	0.02	0.03	0.02	0.03	0.01	0.02	0.02	0.02	0.02	0.02	0.01	0.01	0.01	0.01	0.03	0.02	0.01	0.02

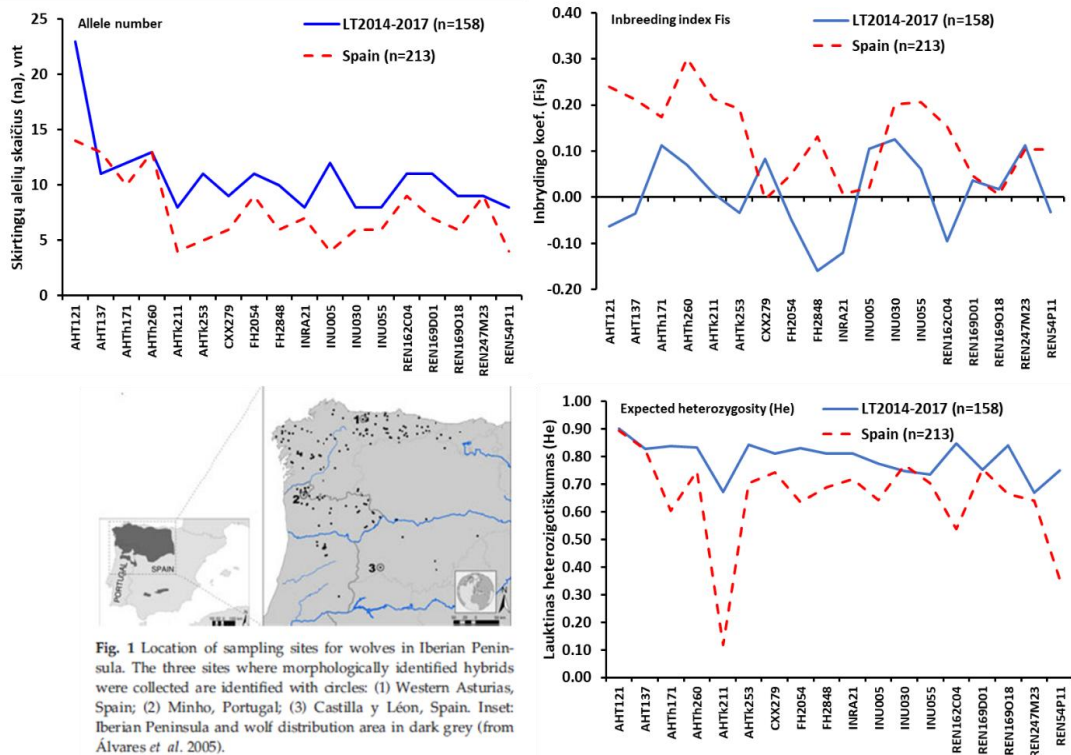
3.1.1b lent. Dest – diferenciacijos indeksai tarp vilkų populiacijų ir jų reikšmingumas (P_{Dest}).

Lokusas	D_{est}	P Dest	D_{est}	P Dest	D_{est}	P Dest	D_{est}	P Dest	D_{est}	P Dest	D_{est}	P Dest	D_{est}	P Dest
	2025	2025	2024	2024	2023	2023	2022	2022	2021	2021	2020	2020	2019	2019
AHT121	0.11	0.001	0.15	0.001	-	-	0.05	0.011	0.03	0.096	0.32	0.001	0.11	0.000
AHT137	0.09	0.005	0.17	0.001	0.11	0.000	0.05	0.001	0.00	0.419	0.09	0.005	0.16	0.000
AHTTh171	0.09	0.001	0.08	0.001	0.01	0.179	0.03	0.009	0.00	0.260	0.09	0.003	0.14	0.000
AHTTh260	0.17	0.001	0.10	0.001	0.10	0.000	0.09	0.001	0.03	0.060	0.16	0.002	0.03	0.110
AHTk211	0.05	0.008	0.02	0.036	0.04	0.000	0.00	0.302	0.02	0.008	0.04	0.014	0.15	0.000
AHTk253	0.10	0.001	0.16	0.001	0.10	0.000	0.12	0.001	0.11	0.000	0.18	0.001	0.28	0.000
CXX279	0.07	0.003	0.17	0.001	0.10	0.000	0.05	0.006	0.07	0.002	0.15	0.001	0.11	0.000
FH2054*	0.06	0.033	0.08	0.001	0.05	0.006	0.07	0.005	-	-	-	-	-	0.000
FH2848*	0.07	0.006	0.10	0.001	0.07	0.001	0.03	0.123	-	-	-	-	-	0.011
INRA21	0.09	0.005	0.08	0.002	0.10	0.000	0.06	0.002	0.02	0.047	0.07	0.012	0.13	0.001
INU005	0.08	0.007	0.15	0.001	0.10	0.000	0.04	0.068	0.05	0.002	0.07	0.018	0.04	0.070
INU030	0.06	0.007	0.06	0.001	0.04	0.011	0.10	0.001	0.03	0.045	-	-	-	0.002
INU055	0.02	0.108	0.08	0.001	0.01	0.147	0.00	0.371	0.00	0.608	0.05	0.013	0.12	0.001
REN162C04	0.11	0.001	0.14	0.001	0.09	0.000	0.05	0.007	0.00	0.440	0.09	0.006	0.16	0.000
REN169D01	0.13	0.001	0.10	0.001	0.16	0.000	0.01	0.220	0.00	0.427	0.05	0.005	0.16	0.000
REN169O18	0.16	0.001	0.17	0.001	0.16	0.000	0.08	0.002	0.07	0.003	0.15	0.001	0.06	0.033
REN247M23	0.02	0.129	0.09	0.001	0.07	0.000	0.06	0.001	0.00	0.350	0.03	0.088	0.06	0.041
REN54P11	0.13	0.001	0.08	0.001	0.05	0.002	0.02	0.238	0.02	0.063	0.11	0.001	0.23	0.000
Vidurkis	0.08	0.001	0.10	0.001	0.07	0.000	0.045	0.001	0.02	0.000	0.09	0.001	0.12	0.000
St. paklaida					0.01		-	-	-	-	-	-	-	-

Reikšmingų sąsajų tarp lokusų polimorfiškumo ir galios diferencijuoti vilkų populiacijas nenustatėme (3.1.1a pav., 3.1.1 lent.). Tai reiškia, kad vilkų populiacijos genetinės struktūros analizėje yra vertingi tiek aukšto tiek žemesnio polimorfiškumo lokusai. Visuose lokusuose diferenciacija tarp vilkų ir šunų buvo reikšmingai stipresnė nei tarp vilkų populiacijų Lietuvoje. Genetinė diferenciacija tarp Lietuvos vilkų populiacijų taip pat buvo reikšminga (3.1.1 lent.). Aukšti ir reikšmingi diferenciacijos indeksai rodo, kad mūsų naudotų lokusų rinkinys yra tinkamas tiek vilko hibridizacijos tiek genetinių skirtumų tyrimams.

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

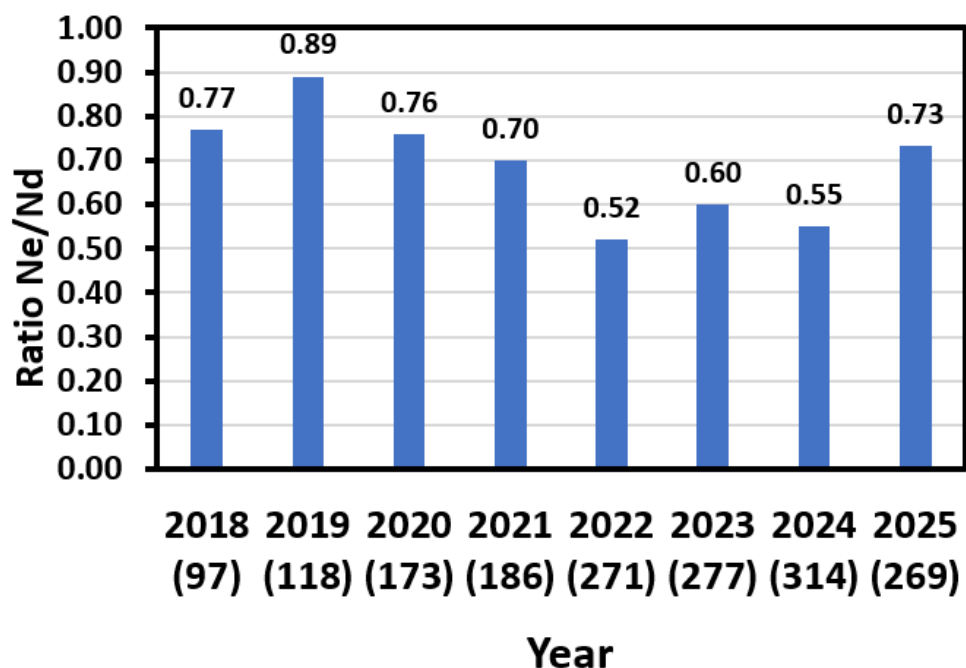




3.1.2 pav. Pagrindinių genetinės įvairovės rodiklių palyginimas tarp Lietuvos ir Ispanijos vilkų populiacijų pagal lokusus 2014-2017, 2023, 2024, 2025 m. Lietuvos populiacijos imtyse. Imties dydžiai Ispanijos populiacijoje - 213 individų (Ispanijos vilkų duomenys iš Godinho *et al.* 2011).

3.1.2 Genetinė įvairovė ir inbrydingas

Pradėsime nuo vieno iš svarbiausių populiacijos genetinės įvairovės rodiklių – efektyvaus populiacijos dydžio (N_e). Šis rodiklis parodo koks yra duotos populiacijos genetinės įvairovės atitikmuo idealiai genetinės įvairovės požiūriu populiacijai, kuri suprantama kaip atsitiktinės kryžmakaitos populiacija, kur lyčių santykis lygus, kartos nepersidengia, visi individai yra fertilūs ir veda po lygų skaičių palikuonių, yra be inbrydingo, negiminingi vienas kitam ir populiacijos dydis yra pastovus (Waples 2005). Kitaip tariant, N_e parodo kokio dydžio ideali populiacija (supaprastintas negiminingų ir be inbrydingo individų skaičius) prarastų genetinę įvairovę tokiu pačiu greičiu kaip tiriamoji populiacija. Mažo N_e dydžio populiacijai gresia genetinės įvairovės erozija dėl genetinio dreifo, adaptacinio potencialo mažėjimas ir inbrydingo depresija. 2025 m. sumedžiojimo populiacijai apskaičiavime dabartinės populiacijos N_{ed} (pagal sibų ryšių metodą, kuris pagrinde rodo populiacijos genetinės erozijos riziką dėl genų dreifo ir vadinamas genetinei variacijai efektyvus N_e).

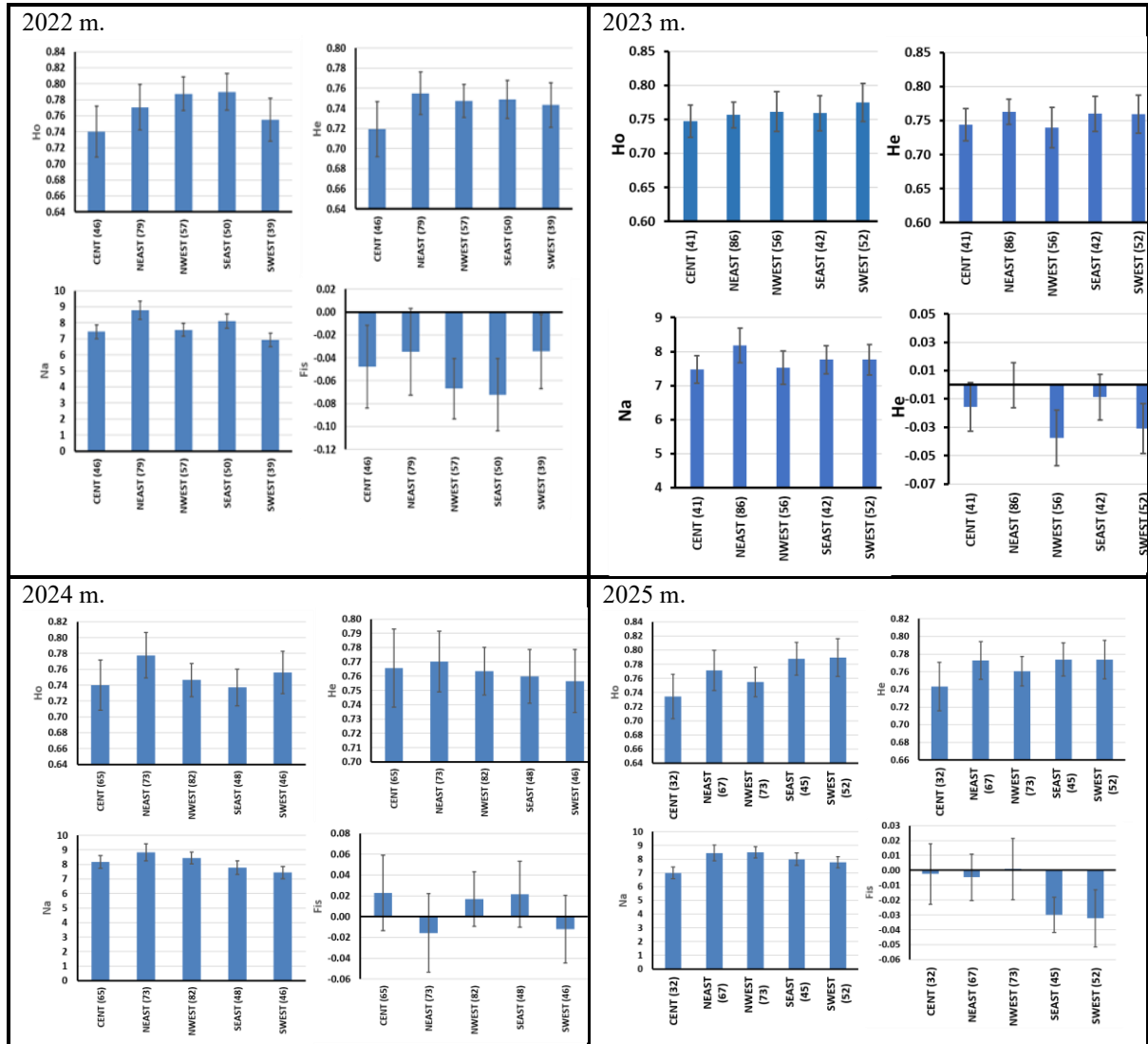


3.1.3 pav. 2018-2025 metų sumedžiojimų populiacijų efektyvaus populiacijos dydžio (Ne) santykinio su demografiniu populiacijos dydžiu (Nd) palyginimas. Skaičiai ties metais X ašyje rodo imties dydžius (Nd). Ne apskaičiuoti pagal sibų ryšių metodą programa COLONY.

Dabartinės vilkų populiacijos efektyvus dydis Ne pagal 2025 m. sumedžiojimo duomenis (kur Nd = 269 individai) buvo 197 individai (3.1.3 pav.), kas sudaro santykį tarp efektyvaus (Ne) ir demografinio (Nd) populiacijos dydžių $Ne/Nd = 0.73$ (2023 m. $Ne/Nd = 0.60$, $n=277$, 2022 m. $Ne/Nd = 0.52$ ($n=271$) 2021 m. $Ne/Nd=0.70$ ($n=121$) 2024 m. $Ne/Nd = 0.55$ ($n = 314$)). Ne/Nd santykis > 0.5 rodo spartų populiacijos atsistatymą genų srauto pagalba ir genetinio optimumo pasiekimą (Frankham 1995). Natūralios populiacijos dažnai netenkina idealios populiacijos sąlygų, todėl dabartinis Ne paprastai būna mažesnis nei Nd, klausimas yra kiek mažesnis (Palstra and Ruzzante 2008). Kritinė Ne/Nd riba yra 0,2, esant žemesnei ribai gresia išnykimas (Frankham 1995). Siektinas Ne/Nd optimumas būtų virš 0,5 (Mace and Lande 1991), kai nėra tiesioginio pavojaus populiacijos genetinės įvairovės erozijai dėl genetinio dreifo ar inbrydingo (Palstra and Ruzzante 2008). Pavyzdžiui, Suomijoje Ne/Nd rodiklis pagal 2009 m. duomenis nežymiai viršija 0,5 (Jansson 2013).

Interpretuojant Ne/Nd rodiklio kitimą metų bėgyje turime atsižvelgti į tai, kad Ne vertės stipriai priklauso nuo sumedžiotų individų tarpusavio giminystės ir vienos šeimos narių skaičiaus atskirų metų sumedžiojimų imtyse. Mūsų duomenys rodo, kad šie giminystės stiprumo rodikliai didėja, didinant sumedžiojimo imtis, kurios didėjo nuo 97 individų 2018 m. iki 314

individų 2024 m. (3.1.3 pav.), taigi ir Nd/Ne santykis galėjo mažėti būtent dėl šios priežasties. Tačiau 2023- 2024 m. matyti, kad Ne/Nd kritimas stabilizavosi, o 2025 m. pakilo, t.y. Ne padidėjo.



3.1.4 pav. 2022, 2023, 2024 ir 2025 m. populiacijos genetinės įvairovės rodiklių palyginimas tarp regionų (skaičius prie regionų X ašyje rodo imties dydžius). Regionai geografiškai apibrėžti 2.1 skyriuje. Paklaidos linijos rodo standartines paklaidas, apskaičiuotas lokusų vidurkių lygmenyje.

3.1.2a lent. 2023 (n=277), 2022 (n=271), 2021 (n=186) ir 2020 (n=173) metų sumedžiojimo sezonų populiacijų genetines įvairovės rodikliai. Vid. – vidurkis, s.p. standartinė paklaida. Na skirtingų alelių skaičius, Ho ir He – stebimas ir laukiamas heterozigotiškumas. Fis inbrydingo koeficientas.

Pop	N	Na	Ho	He	Fis	N	Na	Ho	He	Fis	N	Ho	He	Fis	N	Ho	uHe	Fis
	2023	2023	2023	2023	2023	2022	2022	2022	2022	2022	2021	2021	2021	2021	2020	2020	2020	2020
SIAU	21	6.6	0.72	0.73	-0.020	19	6.4	0.80	0.75	-0.107	18	0.81	0.72	-0.152	14	0.73	0.79	0.045
TELS	35	6.7	0.78	0.73	-0.081	24	6.9	0.78	0.75	-0.074	18	0.8	0.75	-0.099	18	0.78	0.78	-0.027
IGNA	31	7.4	0.78	0.77	-0.029	29	7.6	0.78	0.76	-0.050	22	0.78	0.72	-0.111	21	0.71	0.74	0.032
PANE	29	7.1	0.75	0.75	-0.021	23	7.5	0.77	0.74	-0.072	22	0.79	0.74	-0.097	16	0.79	0.79	-0.022
ROKI	26	6.6	0.74	0.75	-0.018	27	7.3	0.76	0.75	-0.043	21	0.8	0.73	-0.121	16	0.73	0.75	0.003
KEDA	21	6.8	0.77	0.76	-0.042	11	5.7	0.76	0.73	-0.108	15	0.8	0.72	-0.142	14	0.79	0.77	-0.059
UKME	-	-	-	-	-	19	5.6	0.75	0.67	-0.148	-	-	-	-	-	-	-	-
JURB	30	7.2	0.80	0.76	-0.065	14	6.0	0.77	0.75	-0.079	13	0.79	0.74	-0.119	15	0.76	0.76	-0.035
MARI	22	6.7	0.74	0.74	-0.021	21	6.6	0.78	0.76	-0.061	20	0.79	0.74	-0.086	14	0.74	0.73	-0.047
SAKI	-	-	-	-	-	18	5.9	0.72	0.71	-0.036	-	-	-	-	-	-	-	-
SIRV	20	6.6	0.72	0.73	-0.013	16	6.7	0.72	0.75	0.004	16	0.83	0.75	-0.129	15	0.75	0.77	-0.016
VARE	21	6.8	0.76	0.76	-0.016	27	7.6	0.78	0.76	-0.054	9	0.78	0.74	-0.117	15	0.72	0.77	0.022
VILN	21	6.7	0.76	0.75	-0.035	23	6.5	0.80	0.71	-0.153	12	0.77	0.76	-0.052	15	0.77	0.76	-0.051
Vid.		6.8	0.76	0.75	-0.033		6.6	0.77	0.74	-0.075		0.79	0.74	-0.08		0.75	0.77	-0.014
s.p.		0.1	0.01	0.01	0.009		0.2	0.01	0.01	0.012		0.01	0.01	0.011		0.01	0.01	0.011

3.1.2b lent. 2024 (n=314), metų sumedžiojimo sezonų populiacijų genetines įvairovės rodikliai. Vid. – vidurkis, s.p. standartinė paklaida. Na skirtingų alelių skaičius, Ho ir He – stebimas ir laukiamas heterozigotiškumas. Fis inbrydingo koeficientas.

Pop/imties dydis	Lat	Long	N	Na	Ho	uHe	Fis
SIAU/21	56.01854	23.52251	21	6.1	0.69	0.72	0.016
MAZE/17	56.31698	22.70682	17	6.1	0.78	0.74	-0.081
TELS/20	55.95118	22.06592	20	6.6	0.77	0.76	-0.039

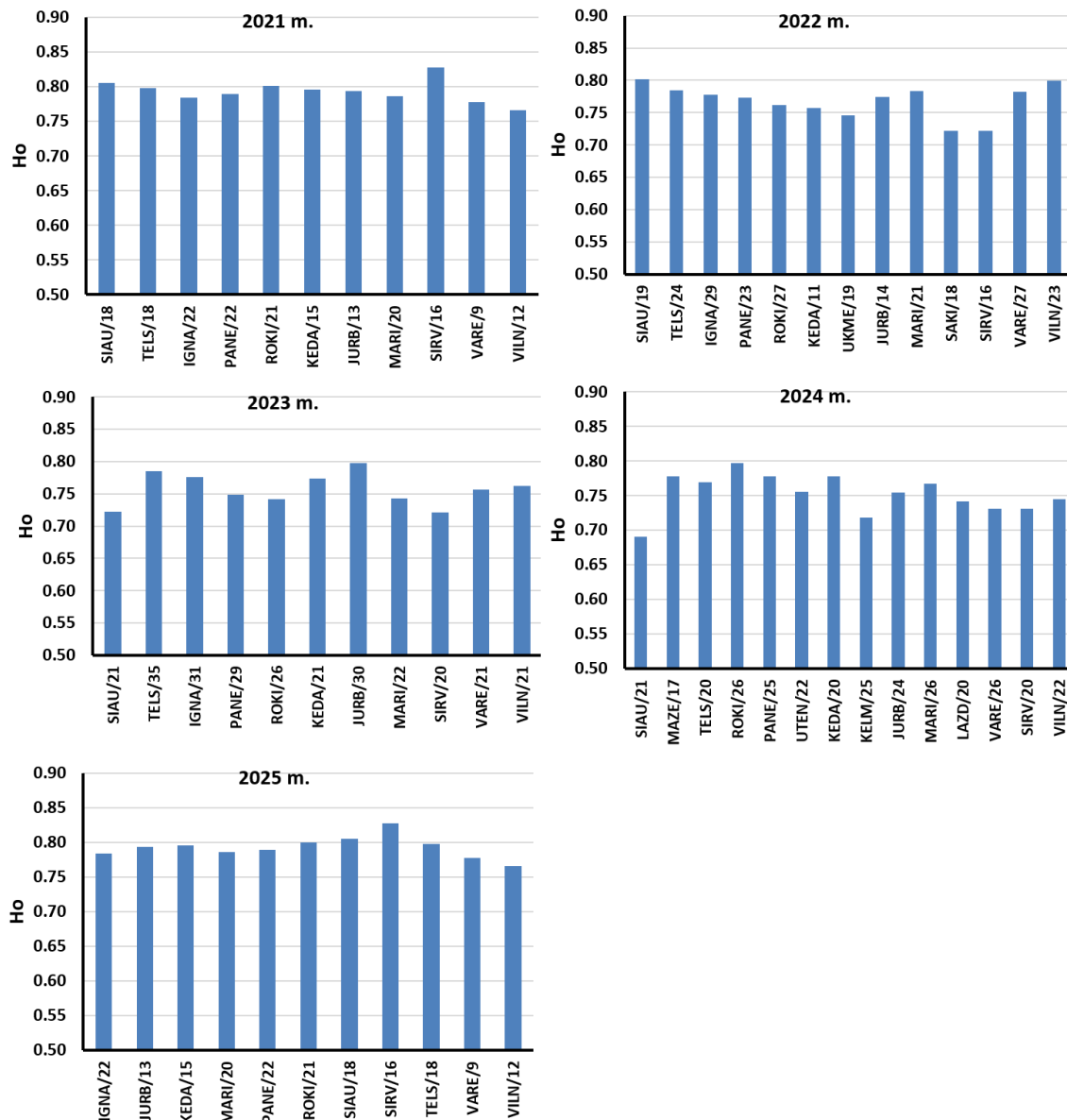
ROKI/26	55.61262	26.29976	26	7.4	0.80	0.77	-0.060
PANE/25	56.09228	24.62176	25	7.5	0.78	0.76	-0.051
UTEN/22	55.46316	25.61613	22	7.2	0.76	0.74	-0.035
KEDA/20	54.76935	23.92639	20	6.6	0.78	0.76	-0.052
KELM/25	55.54762	23.38806	25	6.4	0.72	0.74	0.011
JURB/24	55.14477	22.27567	24	7.2	0.75	0.76	-0.009
MARI/26	54.95341	23.17293	26	6.6	0.77	0.75	-0.037
LAZD/20	54.37771	23.41003	20	6.2	0.74	0.73	-0.042
VARE/26	54.17877	24.57126	26	6.5	0.73	0.74	0.007
SIRV/20	54.91486	24.64599	20	6.4	0.73	0.75	0.002
VILN/22	54.75664	25.53067	22	6.9	0.74	0.76	-0.009
Vidurkis			22.429	6.690	0.752	0.749	-0.027
St. paklaida			0.176	0.122	0.008	0.006	0.008

3.1.2c lent. 2025 (n=269), metų sumedžiojimo sezonų populiacijų genetines įvairovės rodikliai. Vid. – vidurkis, s.p. standartinė paklaida. Na skirtingų alelių skaičius, Ho ir He – stebimas ir laukiamas heterozigotiškumas. Fis inbrydingo koeficientas.

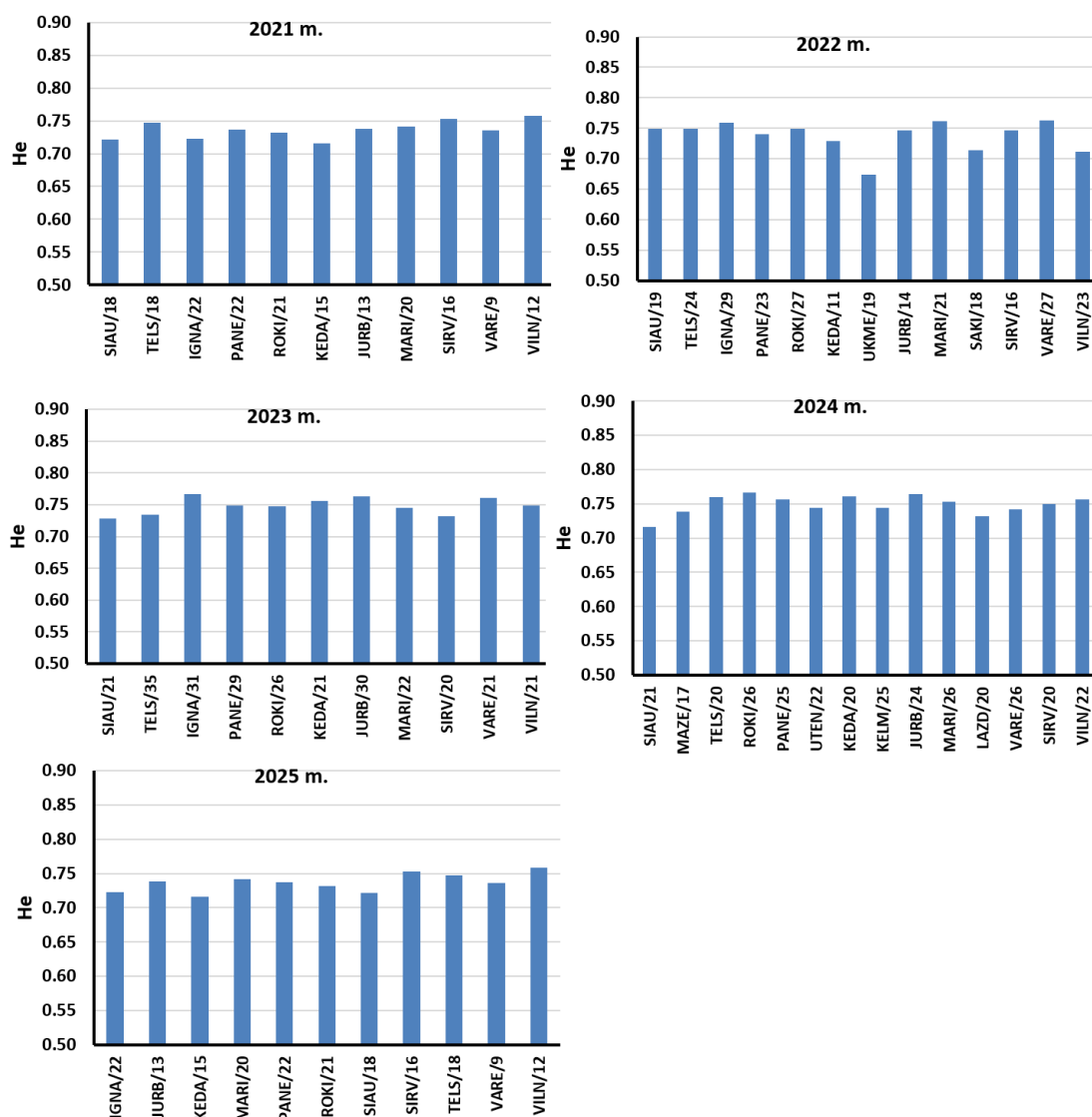
Pop		N	Na	Ho	uHe	F
IGNA	Mean	22	6.563	0.784	0.723	-0.111
	SE		0.540	0.035	0.029	0.028
JURB	Mean	13	6.000	0.793	0.738	-0.119
	SE		0.408	0.034	0.022	0.039
KEDA	Mean	15	5.688	0.796	0.716	-0.142
	SE		0.416	0.041	0.029	0.031
MARI	Mean	20	6.375	0.786	0.742	-0.086
	SE		0.427	0.031	0.024	0.020
PANE	Mean	22	7.125	0.790	0.737	-0.097
	SE		0.562	0.030	0.023	0.027
ROKI	Mean	21	6.375	0.801	0.732	-0.121
	SE		0.375	0.042	0.033	0.029
SIAU	Mean	18	5.875	0.806	0.721	-0.152
	SE		0.499	0.029	0.018	0.037
SIRV	Mean	16	6.688	0.828	0.753	-0.129
	SE		0.472	0.042	0.029	0.032
TELS	Mean	18	6.688	0.798	0.747	-0.099
	SE		0.463	0.033	0.020	0.037

VARE	Mean	9	5.125	0.778	0.736	-0.117
	SE		0.340	0.035	0.020	0.034
VILN	Mean	12	6.000	0.766	0.758	-0.052
	SE		0.354	0.036	0.020	0.037

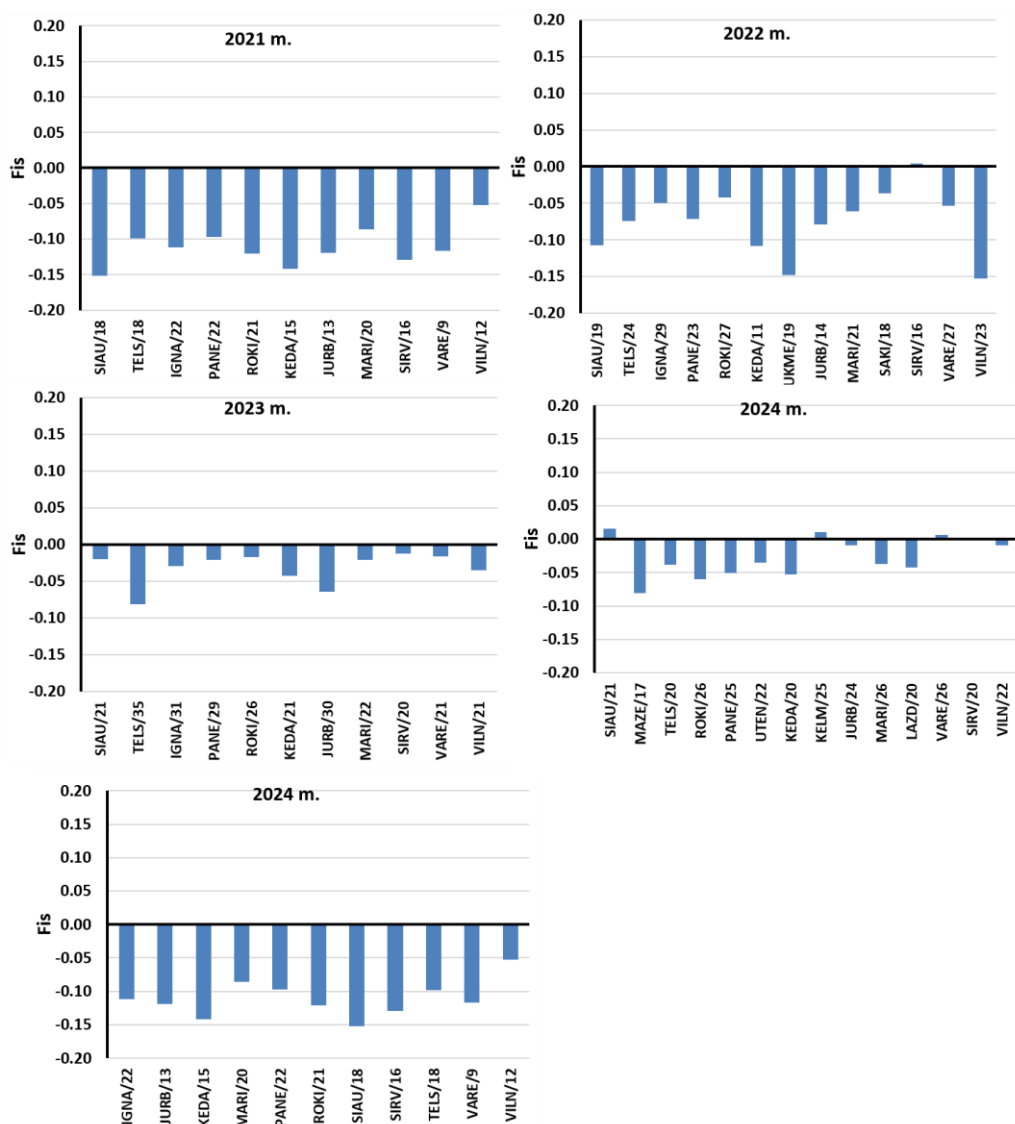
Kaip ir praeitų metų duomenyse SIGN butelio kalelio tikimybės testas Lietuvos populiacijoje parodė reikšmingą nukrypimą nuo alelių pasiskirstymo pagal mutacijų – dreifo pusiausvyros būseną Lietuvos vilkų populiacijoje ($p=0,0002$, $0,0211$ ir $0,0001$ pagal lokusų IAM, TPM, SSM mutacijos modelius ($p=0,0001$ ir $0,0065$ pagal IAM ir SMM modelį). Kitas butelio kaklelio testas pagal WILCOXON perteklinio laukтино heterozigotiškumo indeksą parodė reikšmingą butelio kaklelio efektą pagal IAM, TPM alelių mutacijų modelius: $p=0,0003$ $p=0,0016$, bet ne pagal SSM lokusų mutacijos modelį $p=0,9822$. Tai rodo, kad Lietuvos vilkų populiacija buvo patyrusi reikšmingą butelio kalelio efektą. Tačiau modulio pokyčio indikatoriaus testas (*Bottleneck* programa) parodė, kad nėra reikšmingo nukrypimo nuo „L“ formos alelių klasių ir dažnių pasiskirstymo Lietuvoje (kaip ir 2024, 2023, 2022, 2021, 2020 bei 2019 m. duomenyse). Pagal Luikart et al. (1998) modulio pokyčio indikatoriaus testas efektyviai rodo palyginti nesenus genetinės įvairovės siaurėjimo efektus keliose ankstesnėse kartose. Todėl tokie priešingi rezultatai tarp testų gaunami tada, kai butelio kaklelio efektas nebuvo labai stiprus ir pasireiškė seniau nei prieš 40-50 metų (mūsų atveju apie 1960-70 metus), o populiacija dėl pozityvios migracijos srauto yra sėkmingo genetinės įvairovės atsistatymo proceso eigoje, bet dar nėra pasiekusi pilno dreifo-mutacijų ekvilibriumo (Luikart et al. 1998). Todėl esant kintančiai aplinkai, svarbu tęsti genetinį monitoringą. Yra svarbu, kad vilkų populiacijos dydžio reguliavimas Lietuvoje būtų vykdomas pagal DNR tyrimų genetinio monitoringo rezultatus, kur reikėtų ištirti keliolikos metų populiacijų duomenis su kiek įmanoma vienodomis imtimis tarp populiacijų.



3.1.5a pav. Pagrindinių genetinės įvairovės rodiklių, kurie santykinai silpniau veikiami imties dydžio variacijos tarp populiacijų, palyginimas tarp geografinių populiacijų 2021-2025 m. duomenyse: H_o – stebimas heterozigotiškumas.



3.1.5b pav. Pagrindinių genetinės įvairovės rodiklių, kurie santykinai silpniau veikiami imties dydžio variacijos tarp populiacijų, palyginimas tarp geografinių populiacijų 2021-2025 m. duomenyse: H_e – lauktinas heterozigotiškumas.



3.1.5c pav. Pagrindinių genetinės įvairovės rodiklių, kurie santykinai silpniau veikiami imties dydžio variacijos tarp populiacijų, palyginimas tarp geografinių populiacijų 2021-2025 m. duomenyse: Fis – inbrydingo koeficientas.

Pirma aptarsime genetinės įvairovės geografinio paskirstymo dėsningumus Lietuvoje geografinės populiacijos lygmenyje. 2025 m. visų regionų ir populiacijų inbrydingo koeficiento Fis reikšmės buvo žemesnės nei praėjusių 2024 metų (3.1.4 ir 3.1.5 pav.). Lyginant su ankstesniais metais, tikėtina, kad į mažesnes 2025 m. sumedžiotas populiacijas pateko mažesnės šeimos (žr. sibų ryšių nustatymo tyrimą 3.1.3 poskyryje), kas sumažino statistinius nukrypimus nuo atsitiktinio poravimosi ir tuo pačiu sumažino inbrydingo koeficientą. 2024 m. **tendencija, kad inbrydingo koeficientas buvo reikšminiai žemesnis abeiose pietiniuose regionuose 2025 m. nebuvo stebima (3.1.4 pav.).** 2024 ir 2023 m. sumedžiojimų imtys buvo panašios, todėl reiktų atkreipti dėmesį į inbrydingo padidėjimą – ar tai taps tendencija dėl pvz.,

barjerų migracijai ties Baltarusijos siena, ar kitų barjerų šalies viduje, ar tik yra atsitiktinis didesnės šeimos narių imties efektas. Tačiau 2025 m. Fis reikšmės ne didėjo o atvirkščiai mažėjo tai rodo, kad Fis rodiklis jautrus imties dydžiui ir sumedžiotų šeimų dydžiui. Kol kas 2025 m. imtyje visų populiacijų inbrydingo koeficiento reikšmės yra neigiamos, todėl tiesioginės genetinės įvairovės išaikvojimo grėsmės nėra.

2025 m. santykinai aukštesnis inbrydingo koeficientas buvo Marijampolės ir Vilniaus rajonų populiacijose. Palyginimui, 2024 m. Žemaitijos, centrinis ir pietryčių regionai išsiskyrė santykinai aukštesniu inbrydingu (Širvintų, Varėnos, Vilniaus populiacijos), kas buvo ne kartą pastebėta ir ankstesniais metais (pvz., 2023 m. pietryčių ir centrinis regionai, 3.1.5 pav.). Skirtingai nuo 2022-2024 m., pietvakarinis regionas buvo santykinai aukštesnio inbrydingo (Marijampolė).

Kaip interpretuoti inbrydingo koeficiento reikšmes? Jei inbrydingo koeficiento reikšmės svyruoja apie nulį, tai rodo genetiškai sveiką populiaciją, kai nėra reikšmingo nukrypimo nuo atliktinio poravimosi dėl per siauros genetinės įvairovės genų dreifo poveikyje, bei nėra homozigotų pertekliaus dėl giminingų individų poravimosi. Inbrydingo koeficiento Fis reikšmės $-0,2$ ir mažesnės rodo reikšmingą heterozigotų perteklių, tikėtiną dėl genų srauto (kryptingos genų migracijos, žr. į stebimo heterozigotiškumo (H_o) geografinio pasiskyrimo rezultatus žemiau). Fis reikšmės $> 0,2$, atvirkščiai, rodo reikšmingus nukrypimus nuo atsitiktinio poravimosi, tikėtina dėl poravimosi tarp giminingų individų. Tačiau nei 2025 nei 2024, 2023, 2022, ar 2021 m. sumedžiojimo populiacijose šių slenkstinių Fis reikšmių nepasiekė nei viena geografinė populiacija.

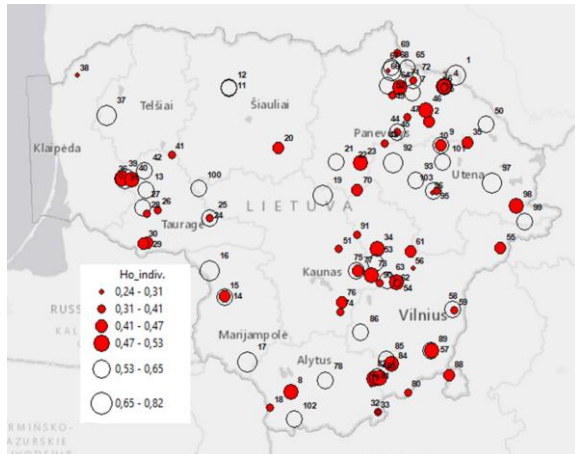
Lyginant su praeitais metais, 2025 m. populiacijų stebimo heterozigotiškumo (H_o) rodiklis (3.1.5a pav.), kurio žemos reikšmės rodo poravimąsi tarp giminingų individų dėl alelinės įvairovės susiaurėjimo, suvienodėjo tarp populiacijų. 2024 m. Žemas H_o gautas Šiaulių populiacijai. 2023 m. stebėtos aukštesnės H_o reikšmės Suvalkijoje, o žemiausios centrinėje Lietuvoje ypač Širvintų populiacijoje, kuri stebima kaip žemos H_o populiacija jau kelis sezonus (išskyrus 2021 m.). Nuo 2022 m. pastebėtinai aukštesnės Vilniaus ir Varėnos populiacijų H_o reikšmės. Šis populiacijų H_o rodiklio svyravimas tarp metų rodo, kad populiacijai apskaičiuotas H_o yra jautrus sumedžiojamų šeimų dydžiui, kuris gali atsitiktinai keistis tarp atskirų sumedžiojimo metų. Todėl patikimiau H_o geografinį H_o pasiskirstymą (arba vietas kur stebimas dažnesnis poravimasis tarp giminingų individų) atskleidžia pačių individų H_o geografinis išsidėstymas. Atmetus sumedžiotų šeimų dydžio variaciją, tikėtinai biologinės žemesnio H_o rodiklio priežastys yra geografiniai ir antropogeniniai barjerai migracijai, trukdantys genų srautus. Verta palyginti šiuos svarbius rodiklius su Suomijos vilkų populiacijos rodikliais,

kur miškingumas yra aukštas ir populiacija tvarkoma genetinės įvairovės turtinimo link: 2009 m. duomenimis Suomijos vilkų populiacijoje H_o vyraavo 0,680-0,706, H_e - apie 0,75, o F_{is} = 0,112 (Jansson 2013). Suomijos moksliniai įvardino šias F_{is} = 0,112 reikšmes kaip keliančias nerimą, kadangi visai neseniai, per vilkų populiacijos atsigavimo piką Suomijoje 1995-1997 m., F_{is} reikšmės buvo neigiamos vyraavo apie F_{is} = -0,05 ($F_{is} < 0$ reiškia aktyvų inbrydingo vengimą esant aukštai įvairovei, Jansson 2013). 21 amžiaus pradžioje Archangelsko regiono vilkų populiacijos F_{is} buvo 0,051, o Karelijos 0,094 (Aspi et al. 2009). Vilkų populiacijos Italijoje F_{is} = 0,127 (Verardi et al. 2006), Iberijos pusiasalyje F_{is} = 0,177 (Sastre et al. 2011) ir F_{is} = 0,12 Iberijos pusiasalio šiaurėje (Godinho et al. 2011). Šios pietinės populiacijos yra gana izoliuotos, todėl minėtos F_{is} reikšmės yra vienos aukščiausios vilkų rūšių Europoje. Taigi Lietuvos vilkų populiacijos inbrydingo rodikliai yra geri ir rodo, kad populiacija yra genetinio atsigavimo pike po praeities butelio kaklelio efekto.

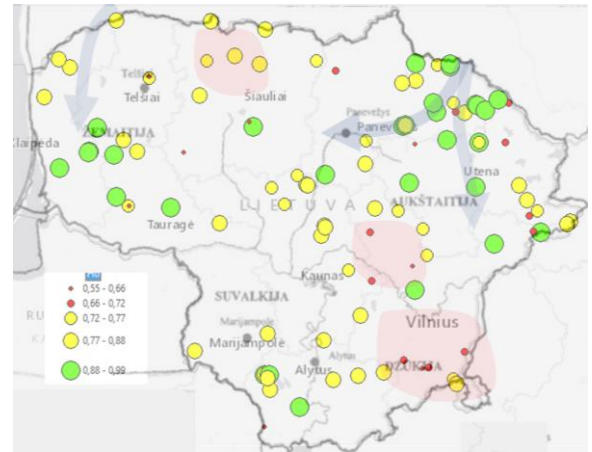
Pagrindinis alelinių dažnių tolygų pasiskirstymą rodantis genetinės įvairovės rodiklis lauktinas heterozigotiškumas (H_e) buvo panašus ir pakankamai aukštas visose 2025 m. geografinėse populiacijose, panašus kaip ankstesniais metais (3.1.2 lent.). Bendrai, Lietuvos vilkų populiacijos genetinės įvairovės indikatoriai - lauktinas heterozigotiškumas (H_e = 0,78) ir alelinis turtingumas buvo palyginti aukšti (3.1.2 lent.). Tai rodo, kad alelinė įvairovė yra aukšta ir nemažėja lyginant su pereinamais 2024 m. metais (0,77). Tačiau dažnai tokia genetinės įvairovės rodiklių kombinacija kai efektyvus populiacijos dydis nėra aukštas, o alelinė įvairovė, heterozigotiškumas, šeimų skaičius yra palyginti aukšti rodo, kad dalis šeimų yra giminingos viena kitai. Ši šeimų giminytės faktą mūsų duomenyse patvirtina gana stipriai išreikšta šeimų klasterių struktūra pateikta 3.1.3 poskyrio lentelėse. Taip yra todėl, kad populiacija patyrė ženklų genetinės įvairovės sumažėjimą (vadinamą butelio kaklelio efektu), tačiau yra jos atstatymo procese pagrįste per genų migraciją, ką patvirtina aukšti įvairovės rodikliai (Jansson 2013, Mech 1995, Luikart et al., 1998). J. Prusaitės duomenimis 1970 m. Lietuvos demografinis vilkų populiacijos dydis (N_d) tesiekė 10-60 individų ir buvo daugiau nei dešimt kartų mažesnis nei 1950 metais kai po II pasaulinio karo vilkų skaičius buvo gausus visoje šiaurės rytų Europoje (Bibikov 1985). Kaip parodė Bulgarijos atvejis, per didelis medžiojimo intensyvumas atsakant į galvijų skerdimą, privedė prie ženklaus inbrydingo padidėjimo per vilko grupių socialinės struktūros destabilizavimą pračio amžiaus septintame dešimtmetyje (Moura et al. 2013). Panašiu laikotarpiu ir kitose Europos šalyse vyko ženklus po II pasaulinio karo išaugusios vilkų populiacijos mažinimas (Mech 1995). Ypač stipriai vilkų inbrydingas pasireiškė Švedijoje, kur vilkų populiacijos inbrydingas prieš dešimtmetį buvo pasiekęs kritinę ribą, o H_o rodikliai krito ženkliu žemiau 0,5 (Ellegren 1999).

Neseniai pagal mikrosatelitų DNR žymenis ištirtų šiaurės Ispanijos, Karpatų, Čekijos, Lenkijos vilkų H_o rodikliai viršija 0,6, o H_o/H_e santykis – apie 0,8 (Pilot et al. 2014). Tuo tarpu, mūsų tyrimuose Lietuvos vilkų populiacijos H_o/H_e įverčio santykis auga: 1,06 (2021) m., 0,98 (2020 m.) ir 0,99 (2019 m.), kas rodo vis stiprėjančią poravimąsi tarp negiminingų individų ir tuo pačiu populiacijos genetinės būklės gerėjimą.

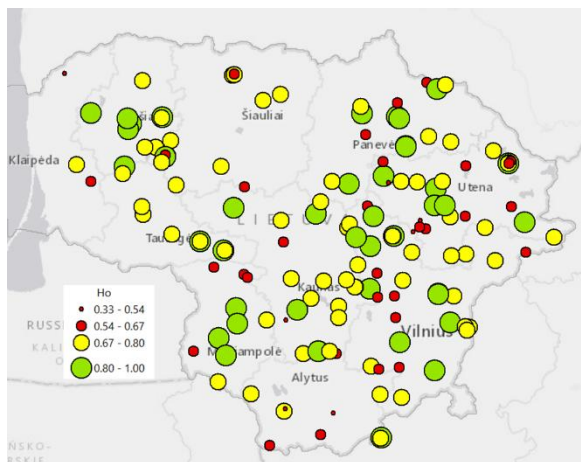
2018 m. (H_o)



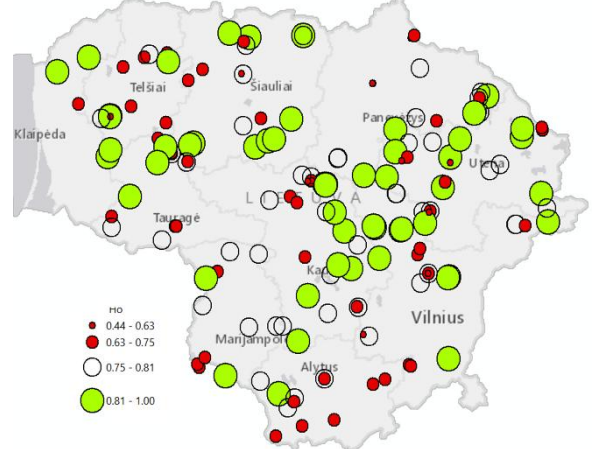
2019 m. (H_o)



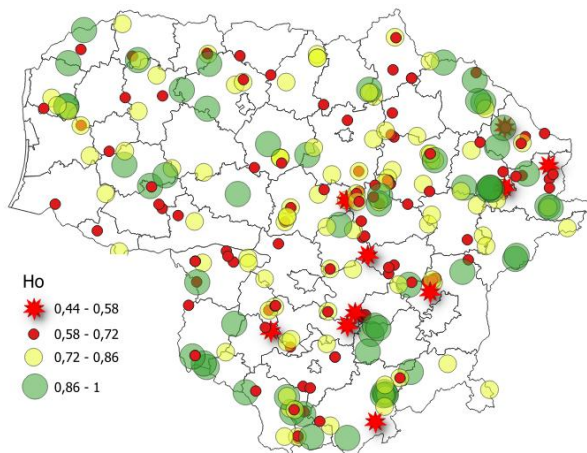
2020 m. (H_o)



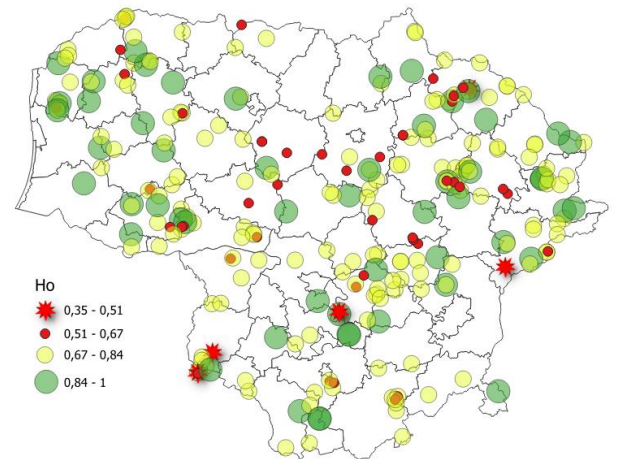
2021 m. (H_o)



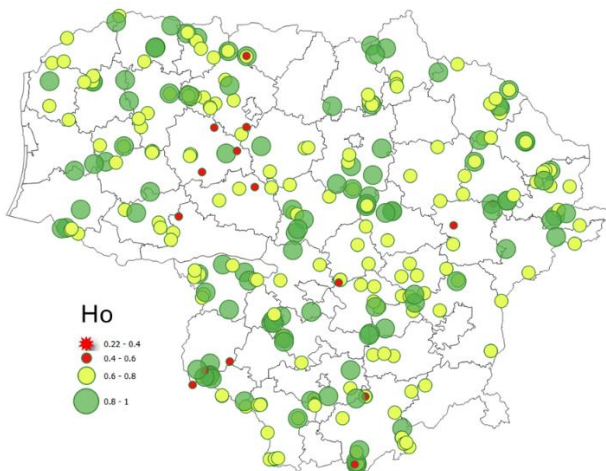
2022 m. Ho (n=271)



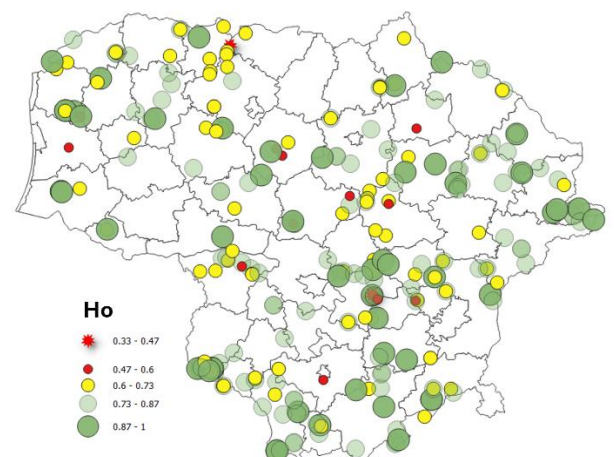
2023 m. Ho (n=277)



2024 m (n=314)

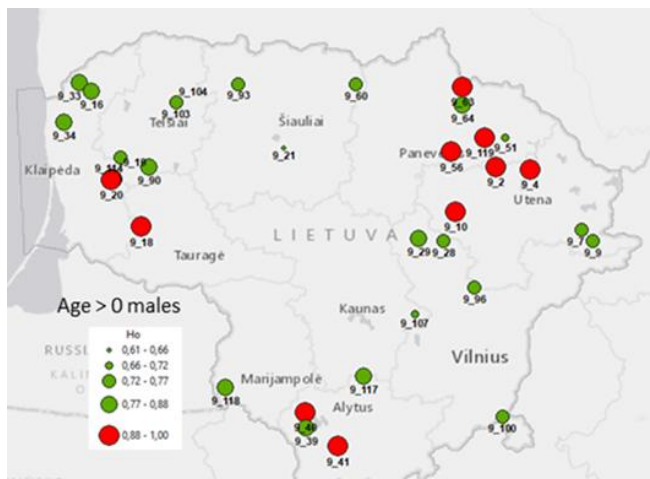


2025 (n=269)

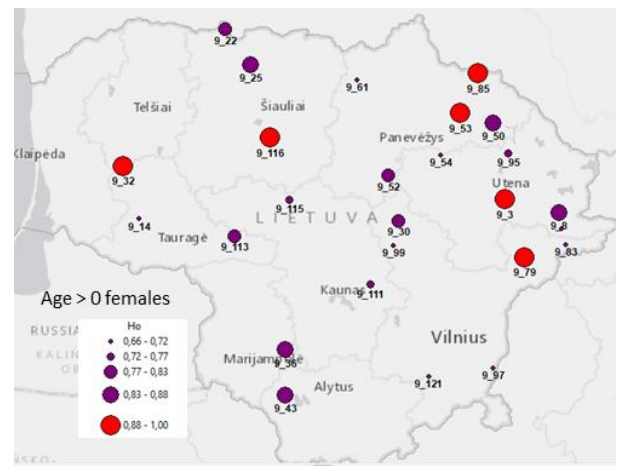


3.1.6 pav. Individų stebimo heterozigotiškumo (Ho) geografinio pasiskirstymo dėsningumai. Parodyti visi individai nepriklausomai nuo lyties. Sumedžiojimo vietos žymi Ho reikšmės: ypač žemos Ho reikšmės rodo poravimąsi tarp giminingų individų, aukštos Ho reikšmės - mažiau giminingų individų poravimąsi, tikėtina dėl migrantų iš genetiškai skirtingų populiacijų. Rodyklės 2019 m. žemėlapyje parodo hipotetines genų srauto kryptis.

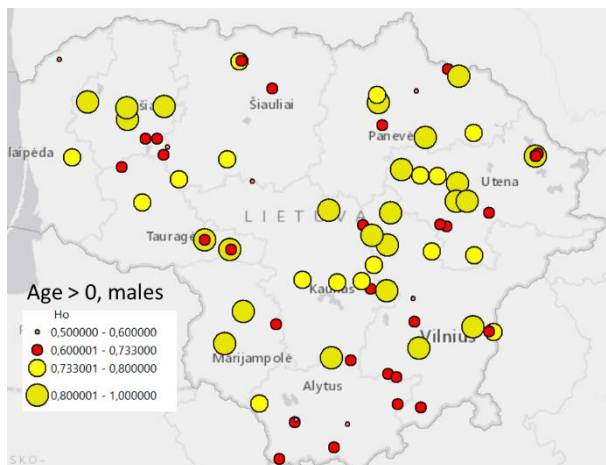
2019 m. patinai



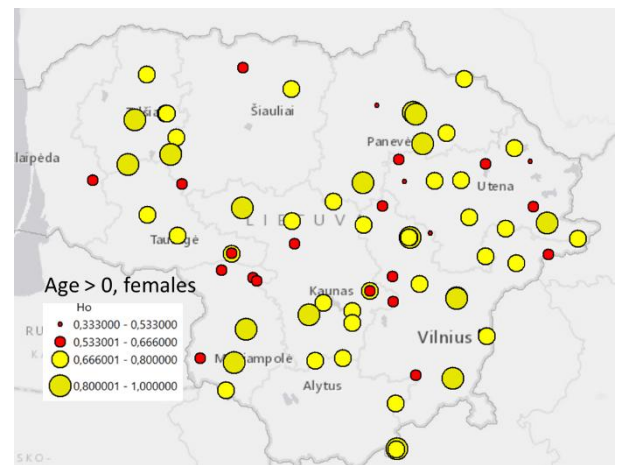
2019 m. patelės



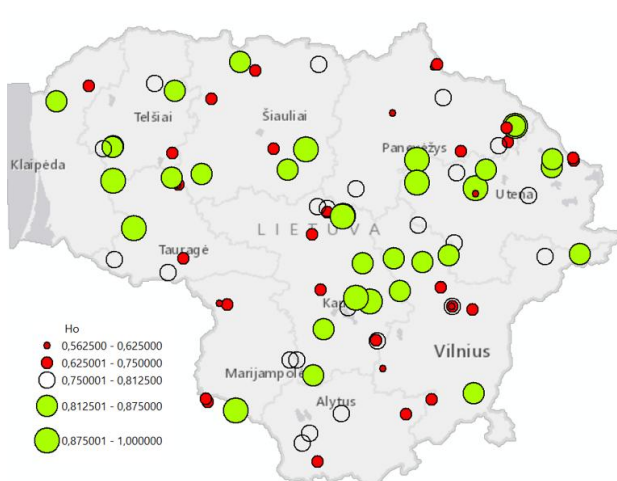
2020 m. patinai



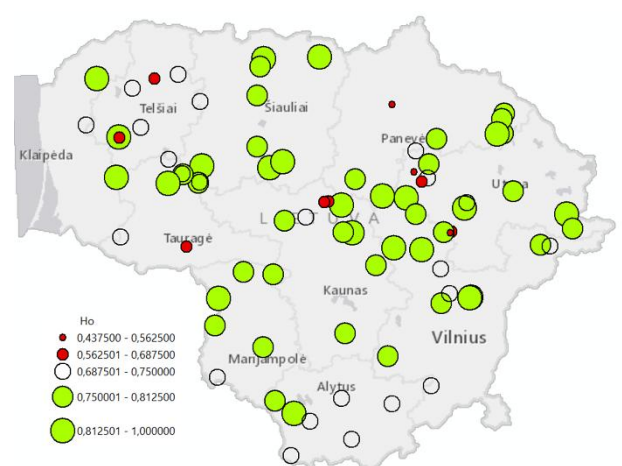
2020 m. patelės



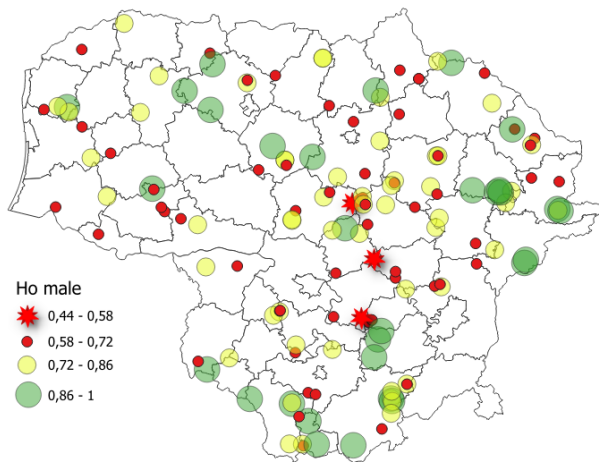
2021 m. patinai



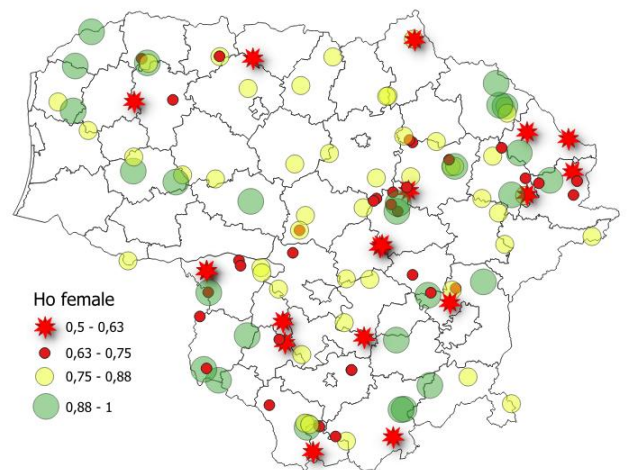
2021 m. patelės



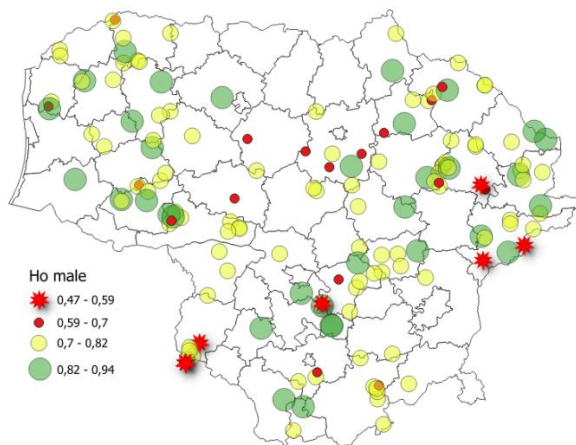
2022 m. patinai



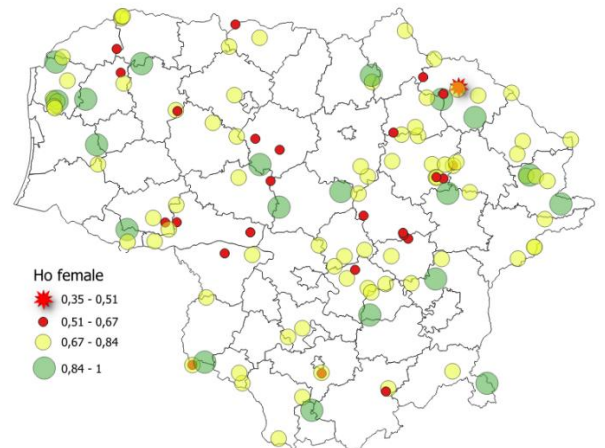
2022 m. patelės



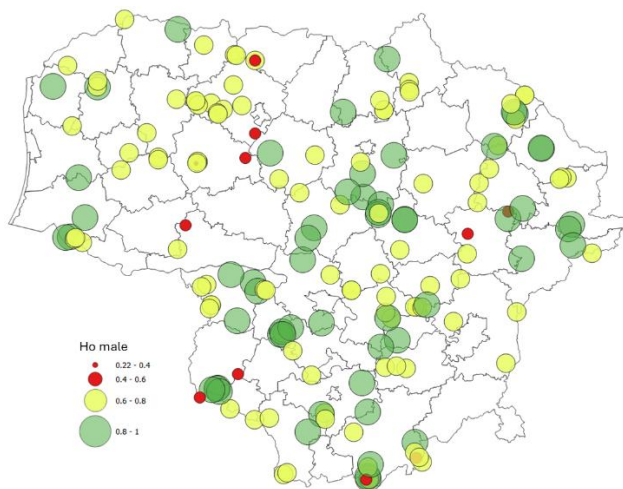
2023 m. patinai



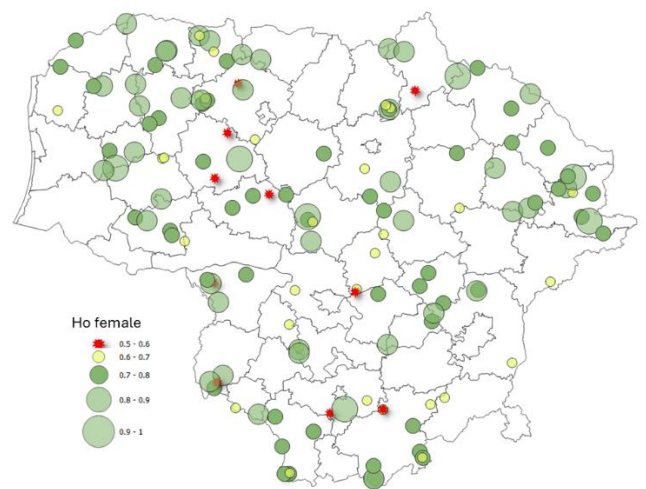
2023 m. patelės



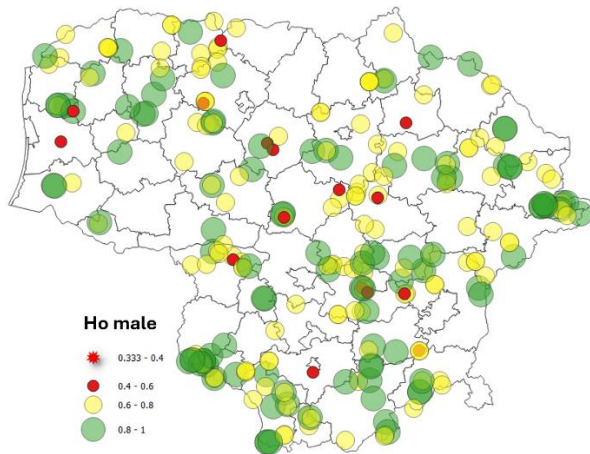
2024 m. patinai (n=170)



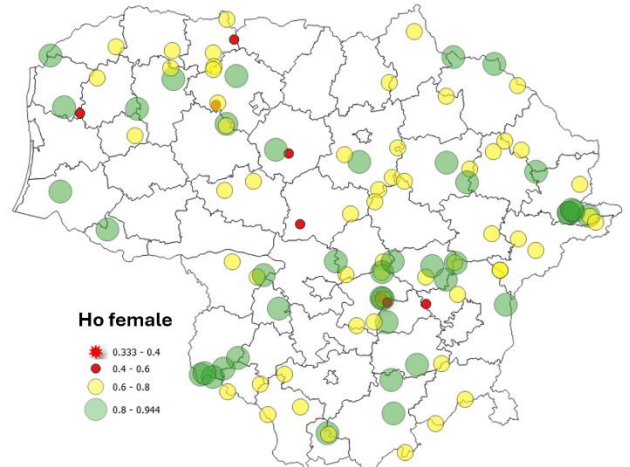
2024 m. patelės (n=144)



2025 m. patinai (n=162)

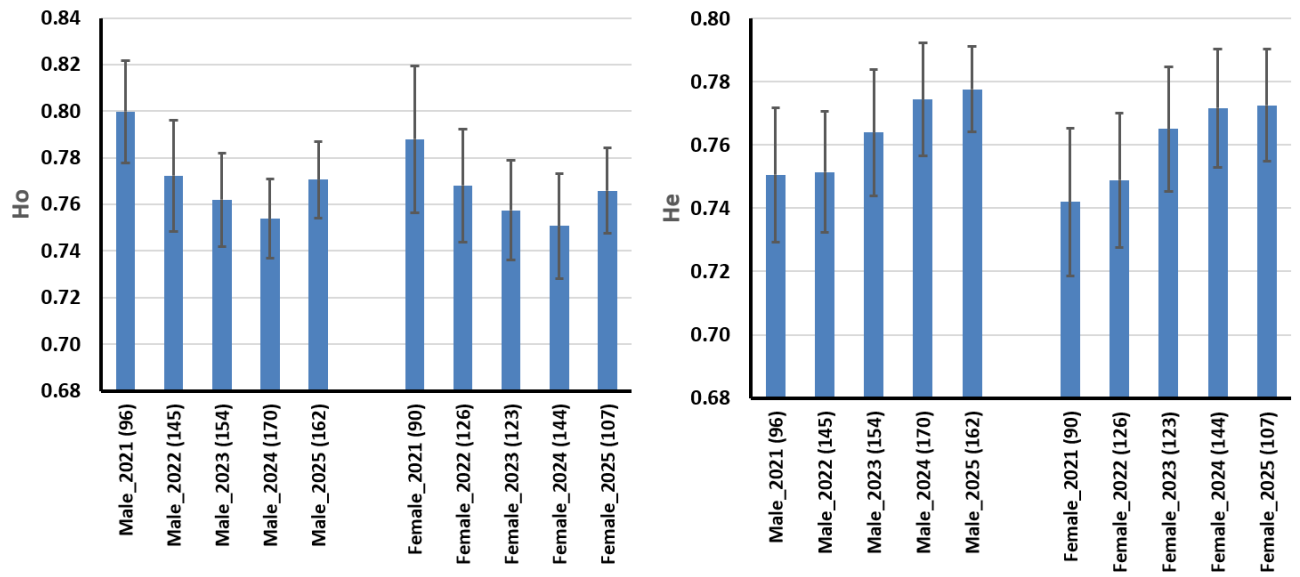


2025 m. patelės (n=107)

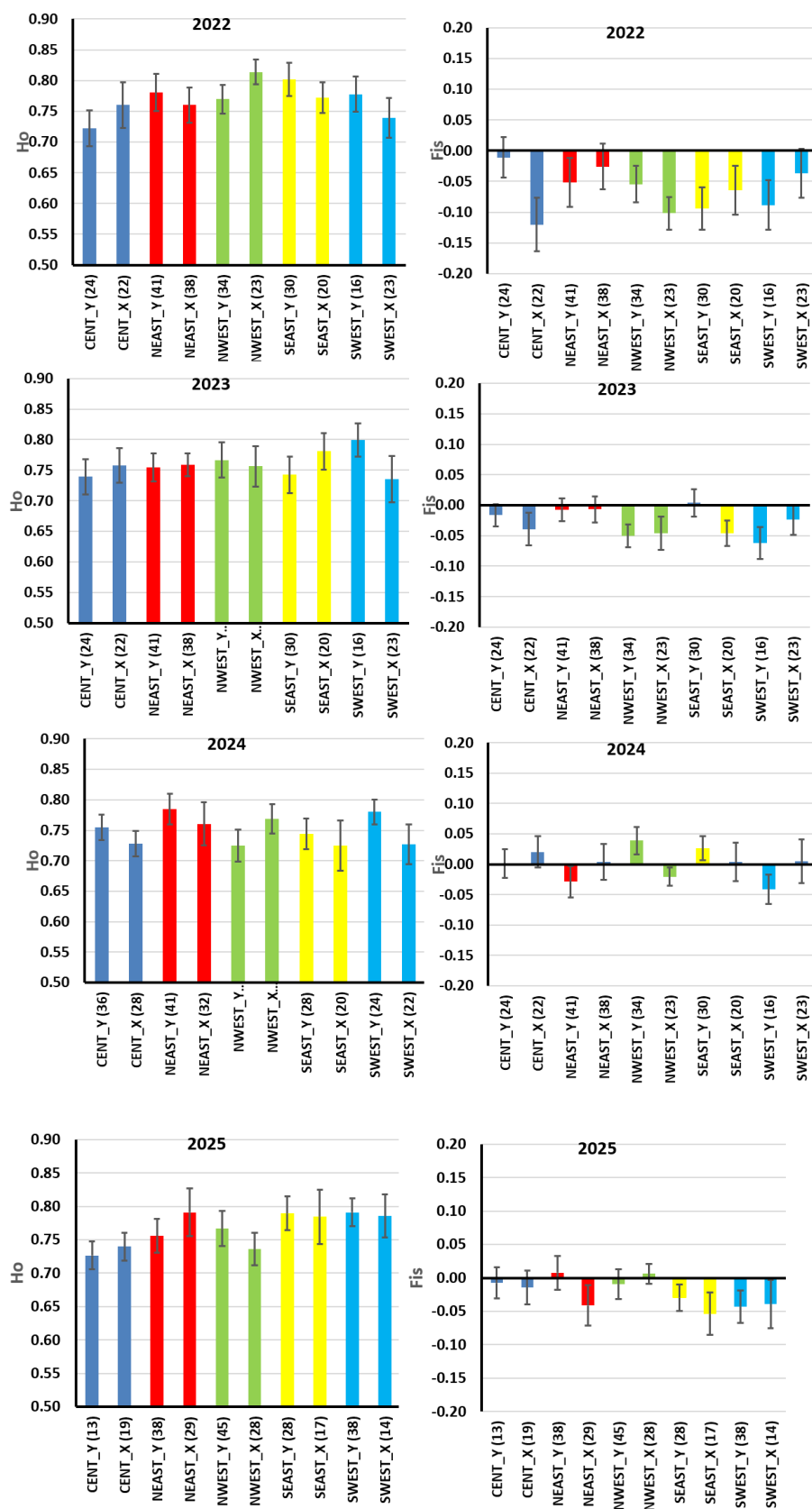


3.1.7 pav. Individų stebimo heterozigotiškumo (Ho) geografinio pasiskirstymo dėsningumai 2019 ir 2020, 2021, 2022, 2023, 2024 m., 2025 m. sumedžiojimų imtyse atskirai patinams ir patelėms. Sumedžiojimo vietas žymi Ho reikšmės. 2019-2020 m. imtims duotos vyresnių nei 1 metų amžiaus (t.y. galinčių migruoti) individų Ho reikšmės. 2021, 2022, 2023, 2024 m., 2025 m. duotos visų sumedžiotų vilkų Ho reikšmės.

Individualių vilkų stebimo heterozigotiškumo (Ho) geografinis pasiskirstymas tiksliau atskleidžia geografinius giminingų vilkų poravimosi dėsningumus, nei populiacijų vidurkiai (3.1.6 pav.). Ho rodo tėvų giminystės laipsnį dėl žemos poravimosi grupių genetinės įvairovės, kuri mūsų medžiagoje yra tikėtina migracijos barjerų pasekmė. Ho reikšmės mažesnės nei 0,4-0,5 kelia susirūpinimą, o mažesnės nei 0,2-0,3 rodo labai tikėtiną artimų giminių (pusiau sibų) poravimąsi. Kaip ir 2024 m., 2025 m. populiacijoje Ho reikšmių pasiskirstyme ženklų geografinių tendencijų nematyti, ir nėra aiškių žemų Ho koncentracijos zonų, kaip kad 2024 m. pastebėtinai mažesnio Ho grupės į pietus nuo Vilniaus ir ties Širvintais, ir ypač žemo Ho grupė Žemaitijoje (3.1.6 pav.). Aukšto heterozigotiškumo individų „koridorias“, prasidedančio šiaurės rytų Lietuvoje ties Latvijos siena ir nukreipto žemyn Kauno, Marijampolės kryptimi, kaip 2020-2021 metais, 2022-2025 m. populiacijose nematyti (3.1.6 pav.). Šios migrantų srauto tendencijos nebuvimas 2022-2025 m. duomenyse gali rodyti pokyčius genų migracijose dėsningumuose, pvz. dėl statomos tvoros ties Baltarusijos siena. Pastebėtina, kad, 2023 – 2025 m. žemo Ho ($Ho < 0,51$) individų yra santykinai mažiau pietvakarių Lietuvoje (3.1.6 pav.). Pietryčių Lietuvoje mažiau aukšto Ho individų nei pietvakarių Lietuvoje, todėl yra labiau tikėtina, kad pietinis genų srautas eina per pietvakarius, o ne per pietryčius.

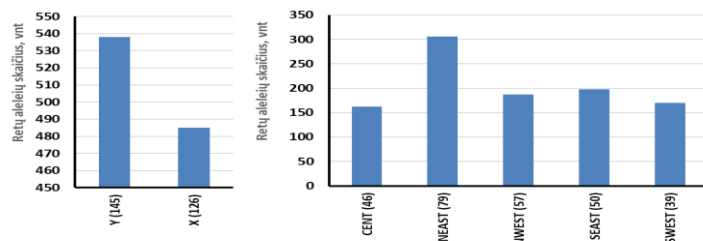


3.1.8a pav. 2021-2025 m. sumedžiojimų sezonų individų stebimo heterozigotiškumo (H_o , kur žemesnės reikšmės rodo poravimąsi tarp giminingų individų) palyginimas pagal lytį.

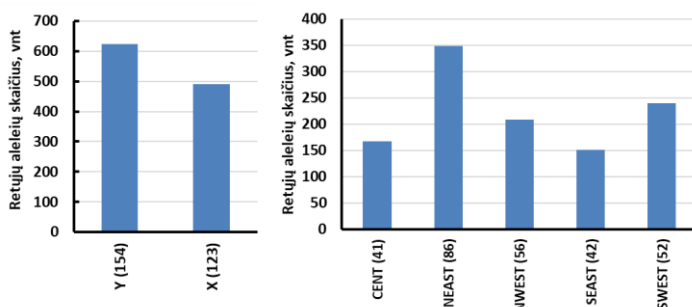


3.1.8b pav. 2022-2025 m. sumedžiojimų sezonų individų stebimo (Ho) ir laukтино (He) heterozigotiškumo palyginimas pagal regionus ir lytį.

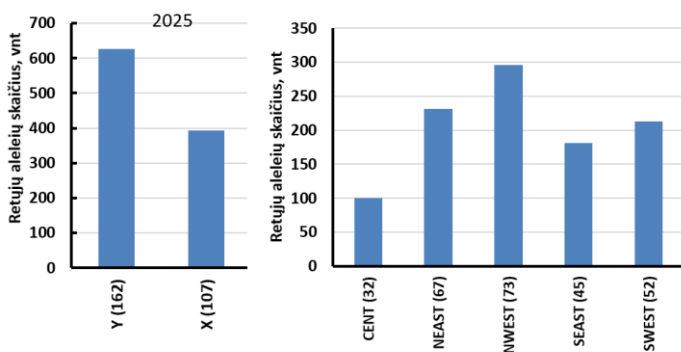
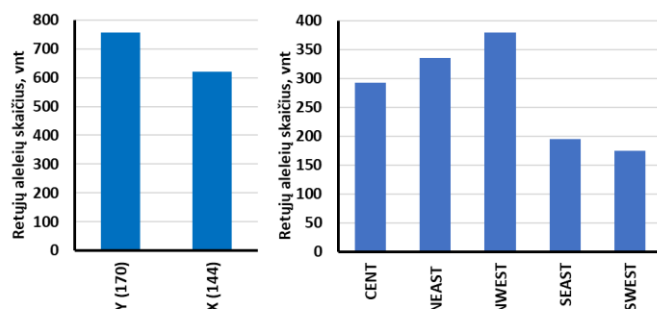
2022 m.



2023 m

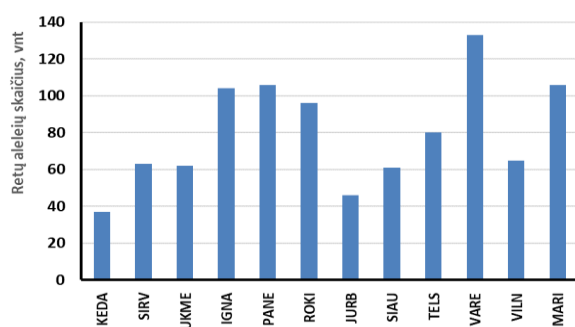


2024 m.

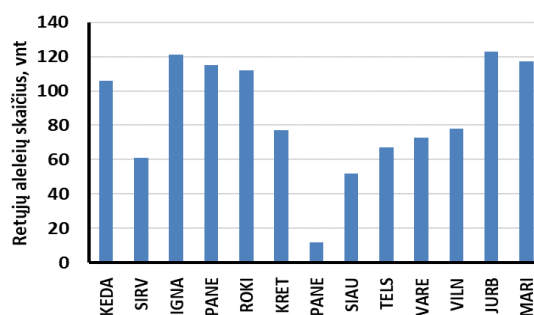


3.1.9a pav. Retų alelių (dažnis < 5%) skaičiaus palyginimas tarp lyčių, regionų 2022-2025 m. metų sumedžiojimo populiacijoje.

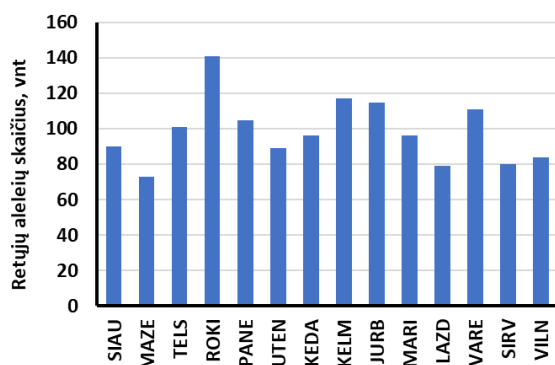
2022 m.



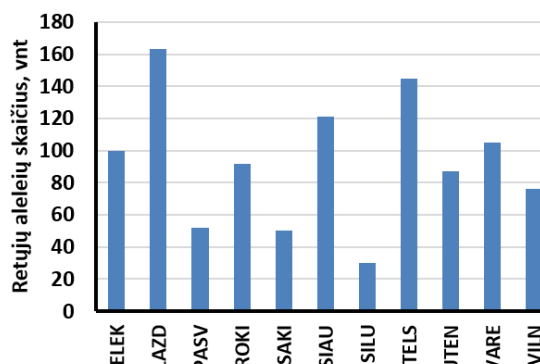
2023 m.



2024 m.



2025 m.



3.1.9b pav. Retųjų alelių (dažnis < 5%) skaičiaus palyginimas tarp populiacijų 2022- 2025 metų sumedžiojimo populiacijoje.

Atskiruose patinų ir patelių Ho geografinio pasiskirstymo žemėlapiuose (3.1.7 pav.) ir lyginant vidutines patelių ir patinų Ho reikšmes (3.1.8 pav.) matyti, kad 2025 m. populiacijoje patinų Ho ir He reikšmės nežymiai didesnės. 2025 m. žemo Ho patelių ir patinų geografinis pasiskirstymas neturi aiškių geografinių dėsnų požymių, bet pastebėtina mažesnė žemo Ho patinų individų koncentracija pietų Lietuvoje. Tai gali netiesiogiai rodyti genų srautų pokyčius tarp 2022, 2023 ir 2025 m. populiacijose.

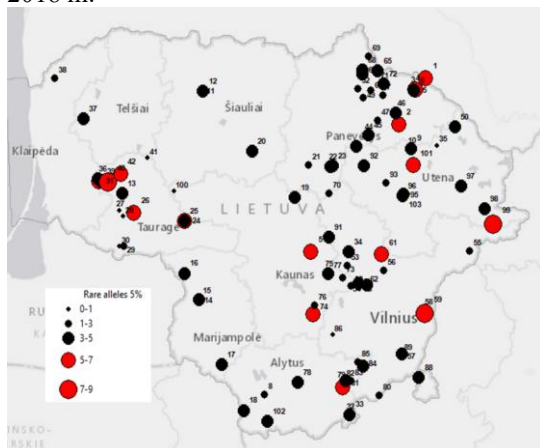
Lyginant regionų vidurkius, kaip ir 2024 m., 2025 m. šiaurės Lietuvoje rasta santykinai daugiau retųjų alelių nei pietų Lietuvoje (3.1.9a pav.), tačiau regionų vidurkiai silpniau atspindi padėtį regionų pakraščiuose taip kaip tai matyti žemėlapiuose (3.1.10 pav.). Individų Ho žemėlapiai rodo, kad kaip ir 2023 ir 2024 metais, 2025 m. ryškėja mažesnė retųjų alelių koncentracija pačioje šiaurės rytinėje Lietuvoje ir didesnė retųjų alelių koncentracija pietvakarių regione (ypač patelių, 3.1.10 pav.). Tai rodo genų srautų pokyčius šalyje ir didėjančią pietinio genų srauto įtaką.

Tarp geografinių populiacijų, kurių imtys gana vienodos, daugiausiai retų alelių rasta pietvakarių – Marijampolės-Lazdijų ir Telšių-Šiaulių populiacijose, kas patvirtina genų srautus iš šiaurės ir pietų (3.1.9 pav.).

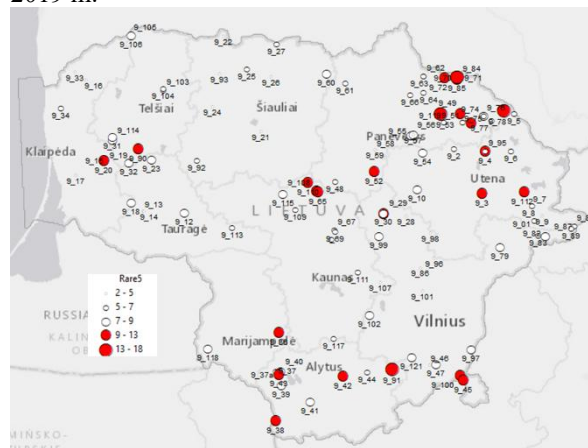
Lyginant su 2018-2022 m., 2023-2025 m. kiekvieno individualaus vilko retų alelių geografinį išsidėstymą, matyti mažesnė individų, turinčių daug retųjų alelių (>6 vnt., tikėtinų migrantų) koncentracija šiaurės rytų Lietuvoje ir didesnė - pietų Lietuvoje (3.1.10 pav.). Tai rodo šiaurės rytinio srauto silpnėjimą ir pietinio srauto stiprėjimą. 2025 m. populiacijos retų alelių geografinis išsidėstymas pagal lytį rodo didesnius retų alelių kiekius patinių populiacijoje (3.1.11). Šie skirtumai tarp 2023-2025 m. ir ankstesnių sumedžiojimo populiacijų retųjų alelių geografinio paskirstymo tikėtinais rodo geno srautų pobūdžio pokyčius Lietuvoje.

Šiuos retų alelių išsidėstymu pagrįstus genų srautų pokyčius patvirtino ir pagal koalescencijos algoritmus Migrate_N programa apskaičiuoti migrantų srautai tarp regionų Lietuvoje (3.1.12 pav.). Genų srautų analizėje yra svarbūs ne konkretūs migrantų skaičiai, o dėsningumai – t.y. kuria kryptimi veikia stipriausias genų srautas. Pagal Migrate_N analizes 2025 m. pirmiausiai matyti stiprus srautas iš pietryčių ir Žemaitijoje iš šiaurės (3.1.12 pav.). 2022-2023 m. populiacijoje genų srautai buvo pasiskirstę gana tolygiai visomis kryptimis, t.y. nėra vyraujančios krypties, kaip kad rasta ankstesnių metų populiacijose (3.1.12 pav.).

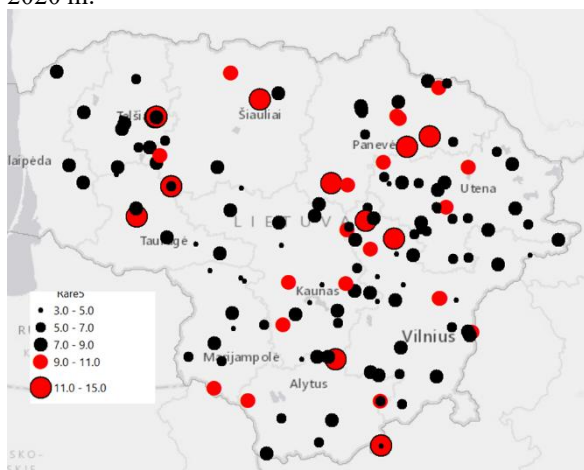
2018 m.



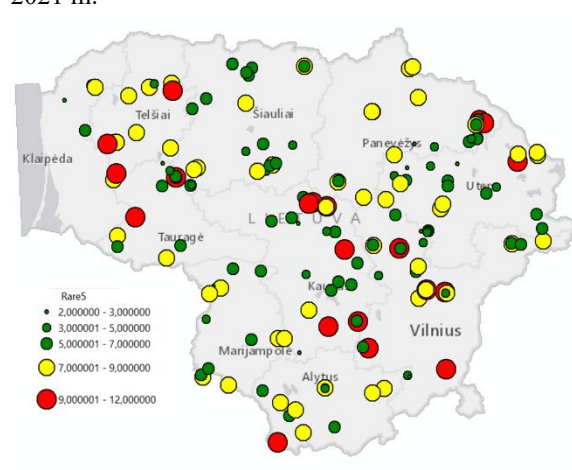
2019 m.



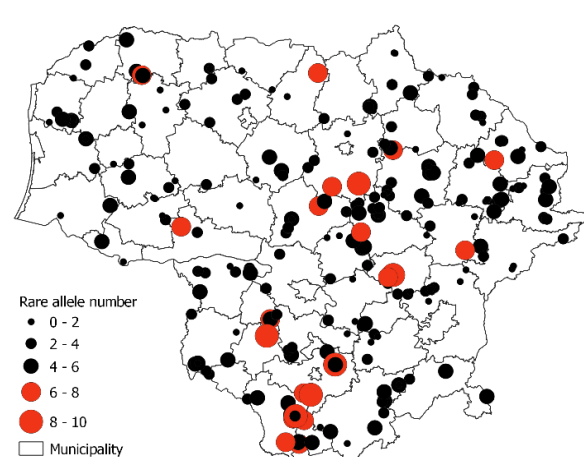
2020 m.



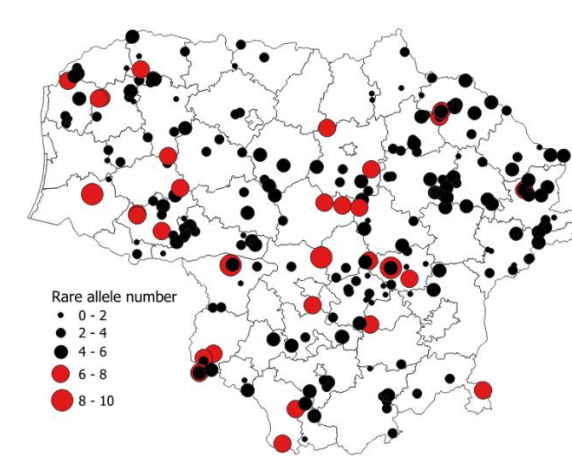
2021 m.



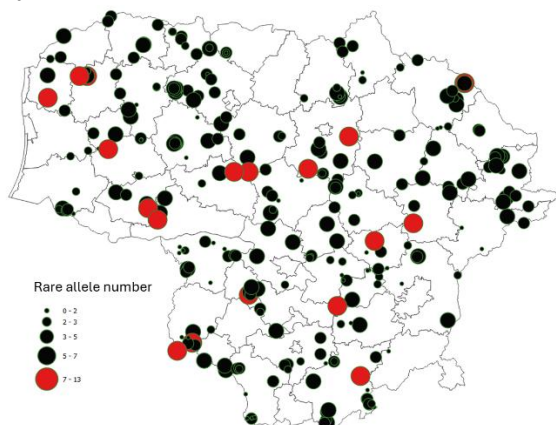
2022 m.



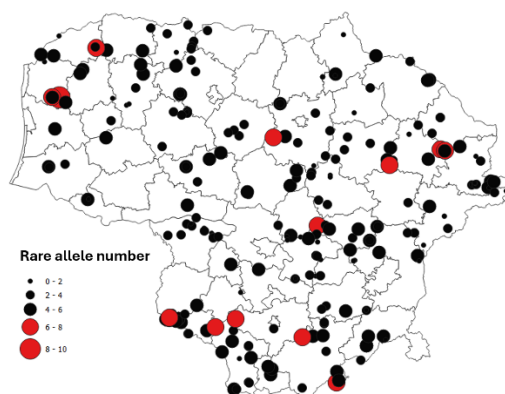
2023 m.



2024 m.

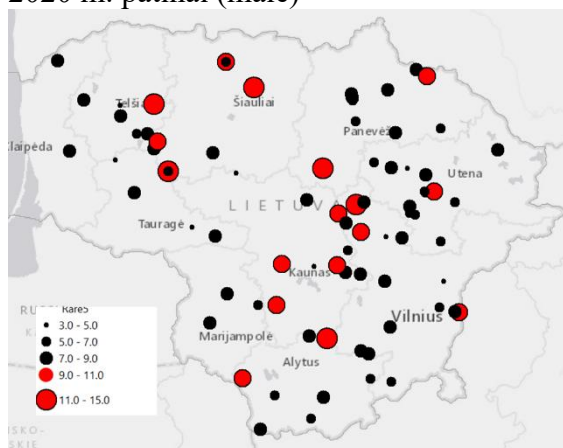


2025 m.

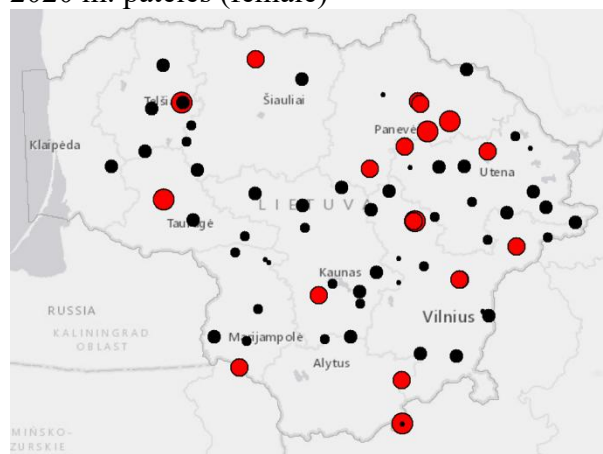


3.1.10 pav. Retų alelių, kurių dažnis mažesnis nei 5%, geografinis pasiskirstymas Lietuvoje 2018 m. (99 vnt.), 2019 m. (118 vnt.) ir 2020 m. (173 vnt.), 2022 m. (271 vnt.), 2023 m. (277 vnt.), 2024 (314 vnt.), 2025 (269 vnt.) sumedžiojimų imtyse. Taškai žymi individualaus vilko sumedžiojimo vietą, jų dydis yra proporcingas retų alelių skaičiui. Daugiau retų alelių turintys individai ar jų tėvai yra tikėtini migrantai iš tolesnio genofondo populiacijos. Tokie individai žemėlapiuose pažymėti raudonai.

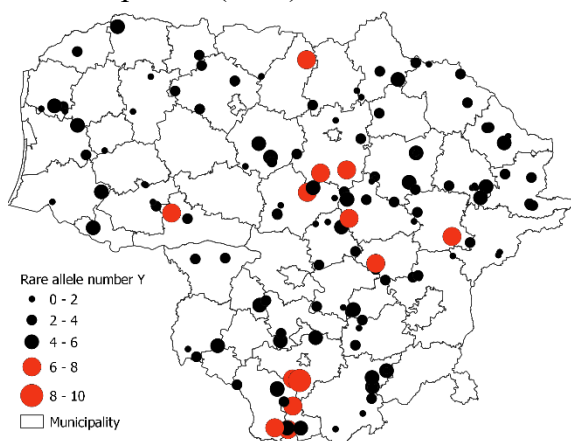
2020 m. patinai (male)



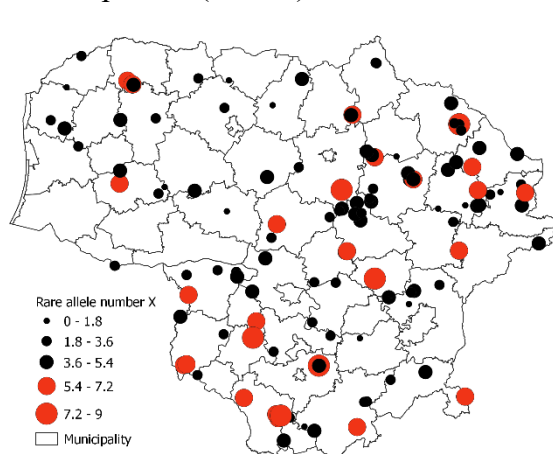
2020 m. patelės (female)



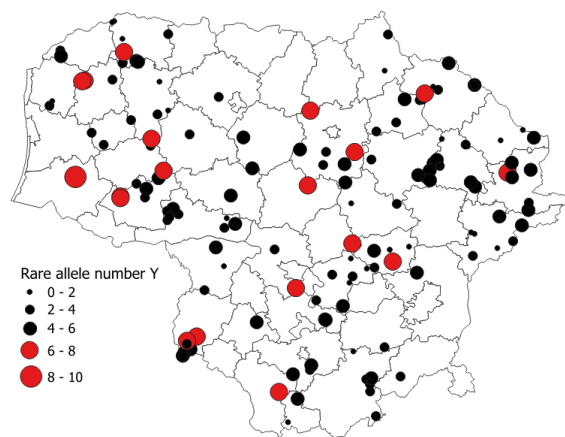
2022 m. patinai (male)



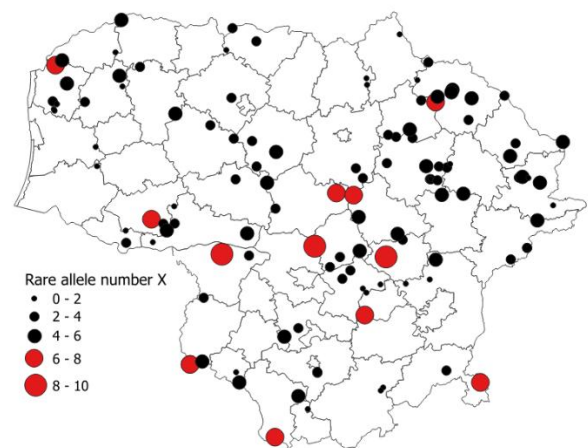
2022 m. patelės (female)



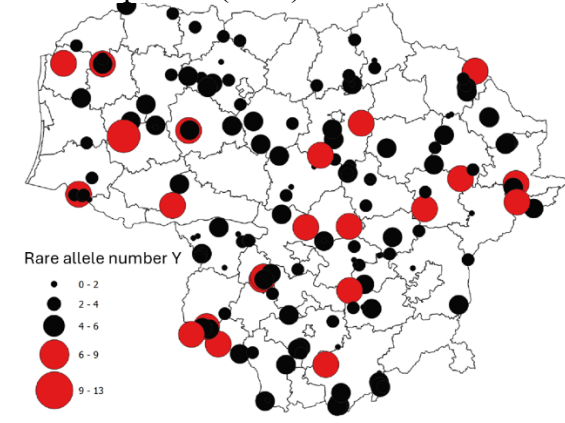
2023 m. patinai (male)



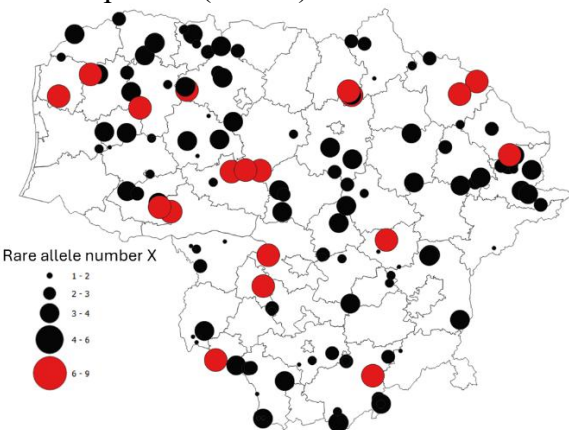
2023 m. patelės (female)



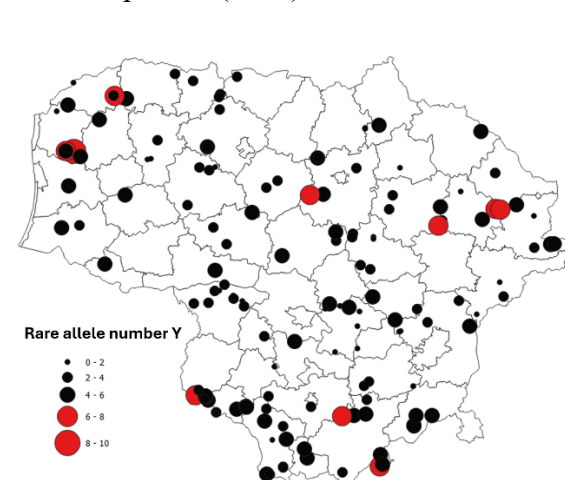
2024 m. patinai (male)



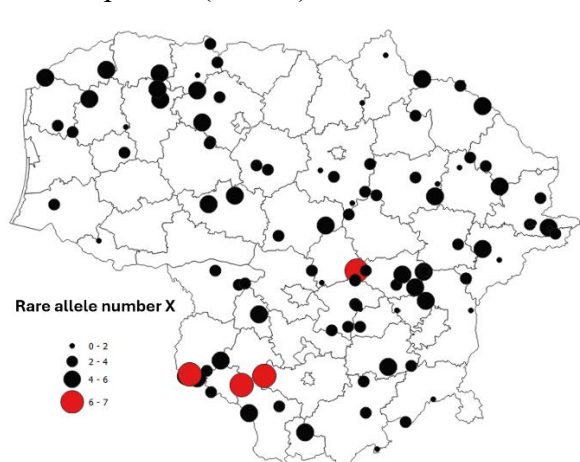
2024 m. patelės (female)



2025 m. patinai (male)

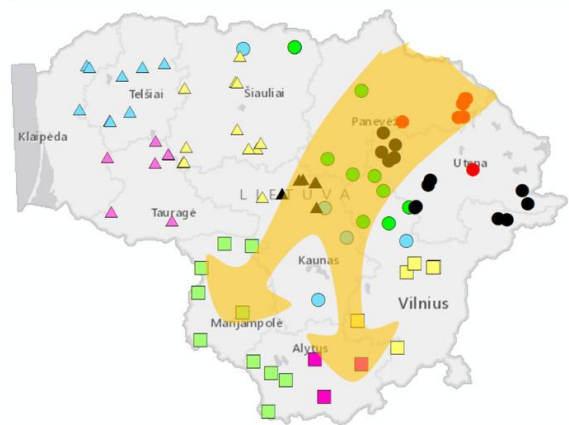
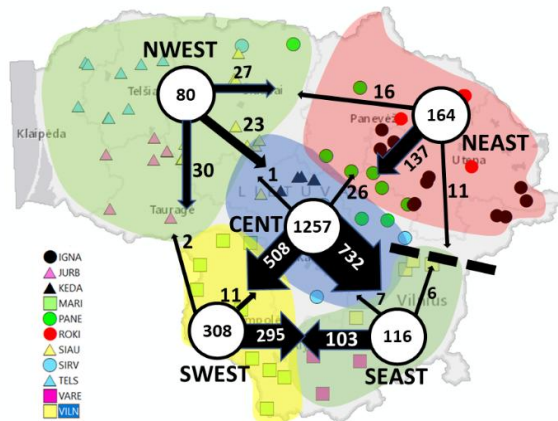


2025 m. patelės (female)

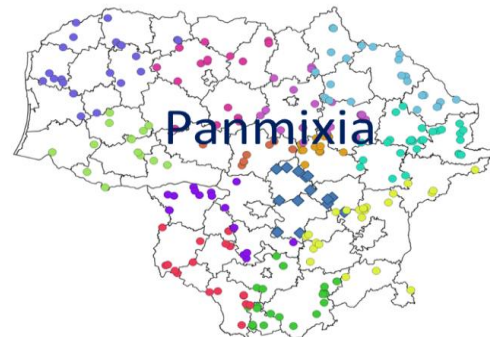
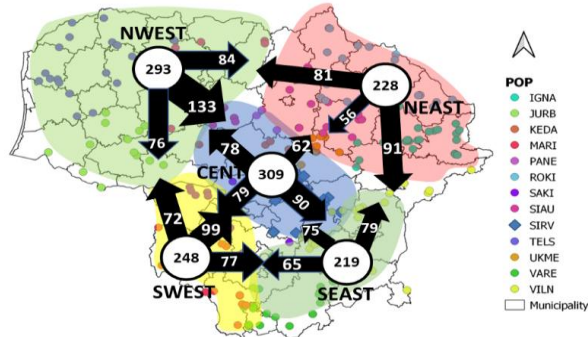


3.1.11 pav. Retų alelių, kurių dažnis mažesnis nei 5%, geografinis pasiskirstymas Lietuvoje 2020-2025 m. sumedžiojimų imtyse, atskirai patinų ir patelių populiacijose, pateiktas atskirai kiekvienam individui, kuris pažymėtas žemėlapyje pagal jo sumedžiojimo vietą. Apskritimai rodo retų alelių skaičių esant 6-10 retų alelių, reiškia, kad apie 25 % šio individo alelių buvo reti (žymėti raudonai).

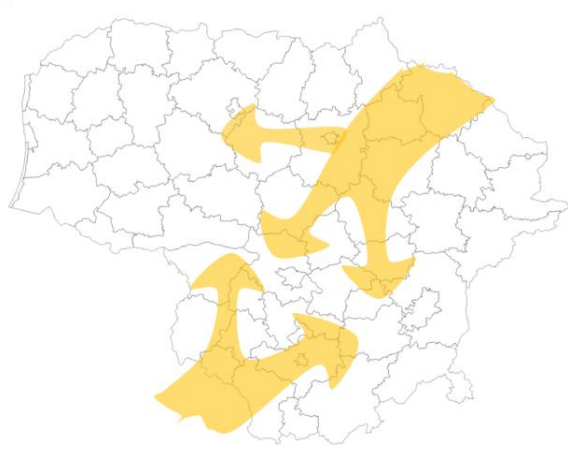
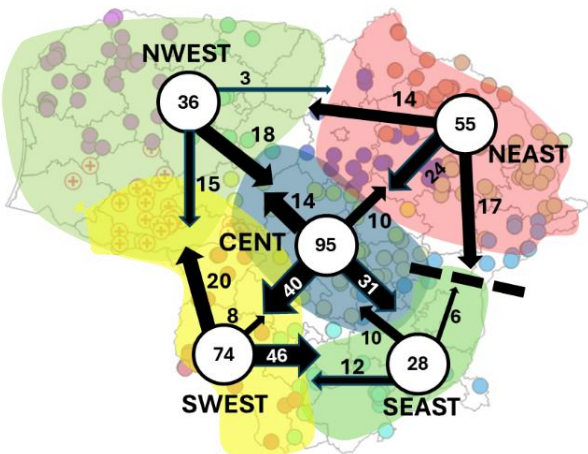
2021 m. (n= 186)



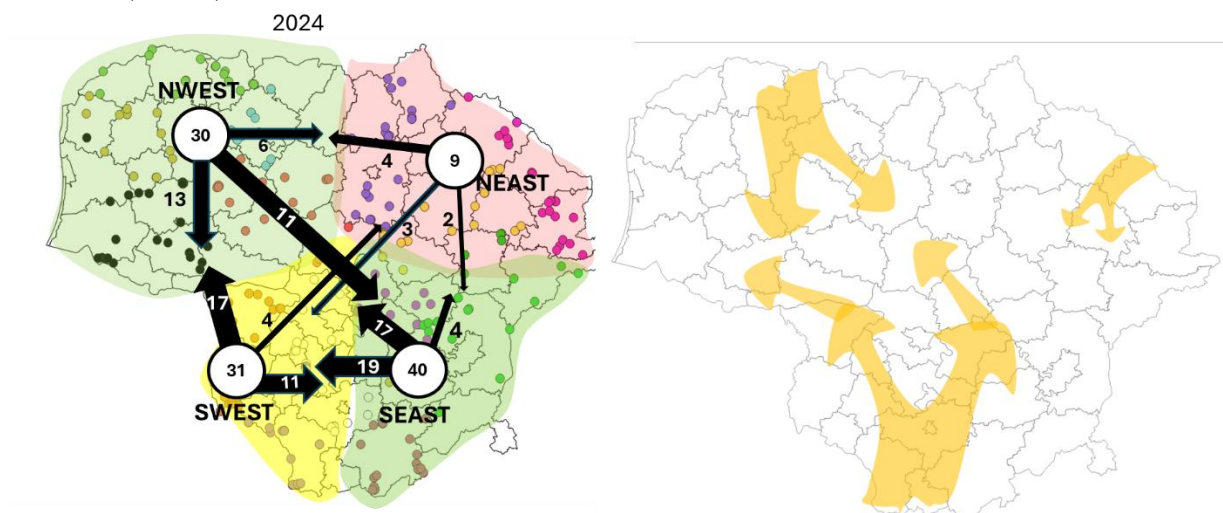
2022 m. (n=271)



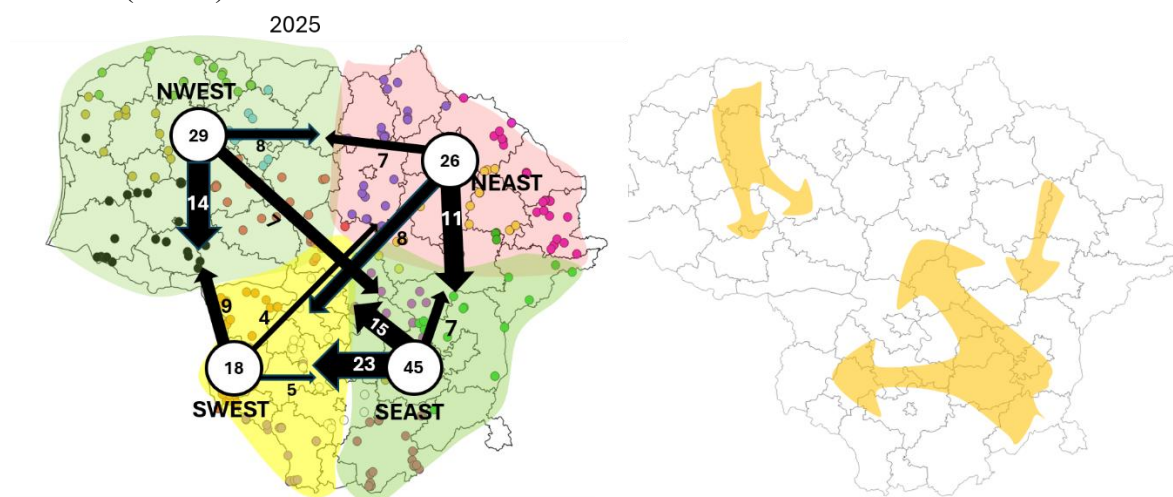
2023 m. (n= 277)



2024 m. (n=314)



2025 m. (n=269)



3.1.12 pav. Vilkų efektyvus migrantų skaičius per generaciją tarp regionų, apskaičiuotas pagal MIGRATE koalescencijos algoritmą 2021-2025 m. sumedžiojimų imtyse. Skaičius apskritimuose rodo migrantų bendrą skaičių iš tam tikro regiono, o rodyklės, rodyklių storis ir skaičius ties rodyklėmis migracijos kryptis ir stiprumą iš tam tikro regiono. Dešinėje apibendrinai parodytos pagrindinės vilkų genų srauto kryptys Lietuvoje pagal MIGRATE žemėlapiuose matomas tendencijas. 2022 m. šiaurės rytinio genų srauto tendencija dingsta ir vyrauja panmiksija (atsitiktinė migracija visomis kryptimis). 2023, 2024 ir 2025 m. šiaurės rytų srautas ženkliai silpnėjęs, stiprėja srautas iš pietų. 2024 ir 2025 m. sustiprėjo srautas iš šiaurės vakarų.

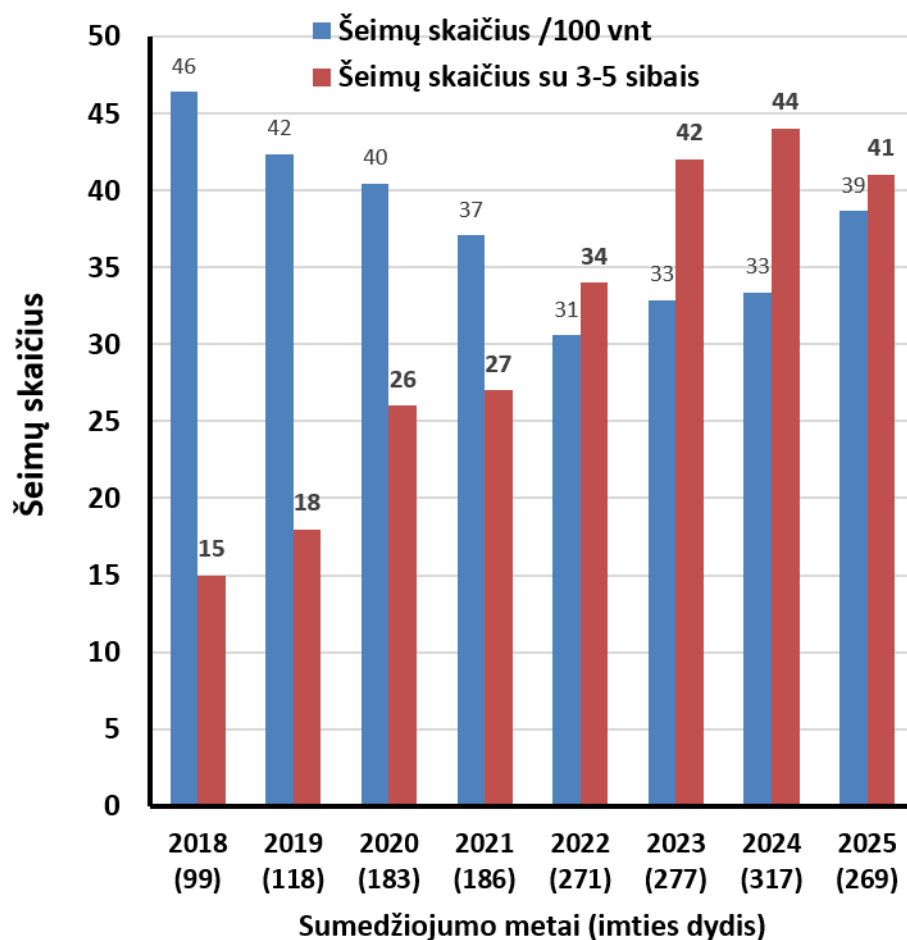
3.1.3 lent. Patinų ir patelių pagrindinių genetinės įvairovės rodiklių palyginimas 2021 - 2025 m. populiacijose.

Lytis	Rodiklis	N	Na	Ho	uHe	Fis
		2021				
Patinai	Mean	96	9.3	0.80	0.75	-0.07
Patelės	Mean	90	9.1	0.79	0.74	-0.07
Patinai	SE		0.8	0.02	0.02	0.01

Patelės	SE		0.6	0.03	0.02	0.02
		2022				
Patinai	Mean	145	9.4	0.77	0.75	-0.04
Patelės	Mean	126	9.1	0.77	0.75	-0.04
Patinai	SE		0.5	0.02	0.02	0.03
Patelės	SE		0.5	0.02	0.02	0.03
		2023				
Patinai	Mean	154	8.88	0.76	0.76	-0.001
Patelės	Mean	123	8.53	0.76	0.77	0.006
Patinai	SE		0.53	0.02	0.02	0.007
Patelės	SE		0.54	0.02	0.02	0.011
		2024				
Patinai	Mean	170	9.16	0.75	0.77	0.022
Patelės	Mean	144	9.28	0.75	0.77	0.025
Patinai	SE		0.57	0.02	0.018	0.012
Patelės	SE		0.57	0.02	0.018	0.012
		2025				
Patinai	Mean	162	9.61	0.77	0.78	0.006
Patelės	Mean	107	8.83	0.77	0.77	0.003
Patinai	SE		0.57	0.02	0.02	0.012
Patelės	SE		0.63	0.02	0.02	0.013

3.1.3 Sibų ryšiai populiacijoje

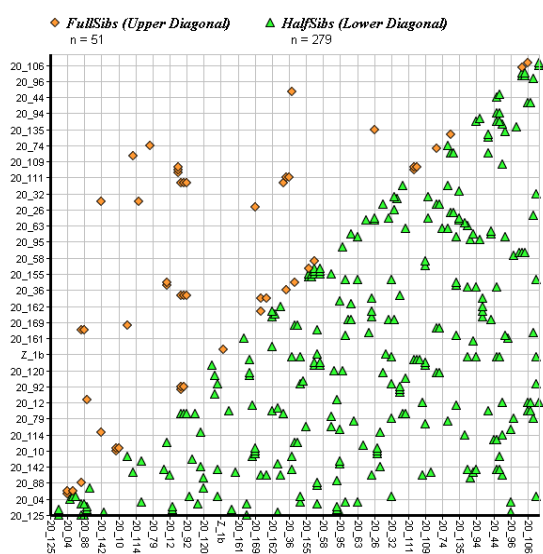
Pagal programos COLONY sibų ryšių tikimybių algoritmus 2025 m. sumedžiotų individų imtyje rasta 104 pusiau sibų šeimos 269 individų populiacijoje (2024 m. - 107 pusiau sibų šeima 314 individų populiacijoje, 2023 m. – 91 šeima 277 individų populiacijoje, 2022 m. - 83 pusiau sibų šeimos 271 individų populiacijoje, 2021 m. sumedžiotų individų imtyje rasta 69-nios pusiau sibų šeimos 186 individų populiacijoje, 2020 m. sumedžiotų individų imtyje rasta 71-na pusiau sibų šeima 173 individų populiacijoje, 2019 m. 61-na pusiau sibų šeima 118 individų populiacijoje, 2018 m. sumedžiojimo sezono - 60 pusiau sibų šeimos 99 vnt. populiacijoje) (3.1.4 lent., 3.1.15 pav.). Pusiau sibų šeimą sudaro tos pačios motinos palikuonys, kurių tėvas gali būti skirtingas, tačiau mišrios amžiaus struktūros populiacijos analizės atveju, šeima nėra poravimosi pora, o nusako tokius giminystės ryšius kaip broliai, seserys, gali pasitaikyti ir tėvų su vaikais. Todėl bendros imties sibų analizės, kur patenka įvairaus amžiaus individai, sibų ryšiai rodo šeimų skaičių, kur šeimą sudaro ne tik pusiau sibai vaikai, bet ir jų tėvai, kas labiau atitiktų artimos giminystės grupę – vilkų būrį. Tam, kad objektyviai palyginti skirtingų metų sumedžiojimų populiacijas, apskaičiavome pusiau sibų šeimų skaičių tenkantį 100-tui individų, bei, kaip šeimų dydžio rodiklį, panaudojime skaičių sumedžiotų šeimų su 3-5-kiais vilkais (3.1.14 pav.).



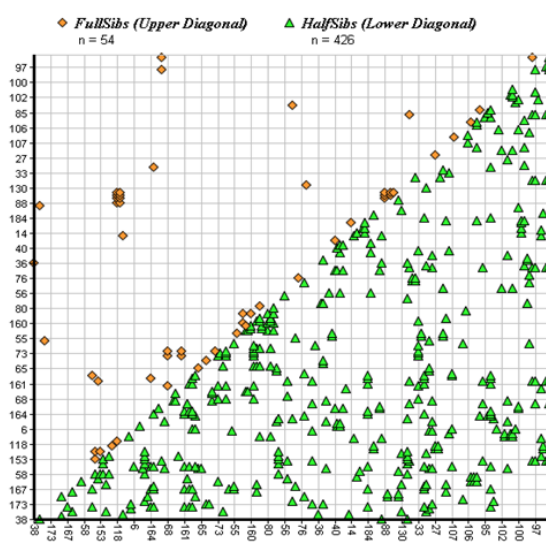
3.1.14 pav. 2018, 2019, 2020, 2021, 2022, 2023, 2024, 2025 m. sumedžiojimų pusiau sibių šeimų bendras skaičius (išreikštas 100-tui vilkų) ir šeimos dydžio rodiklis (išreikštas kaip šeimų su 3-5-kiais vilkais skaičius). Matyti šeimų skaičiaus mažėjimo ir šeimos dydžio didėjimo tendencija. Y ašis ir skaičiai ties kreivės taškais rodo kiek buvo sumedžiota atitinkamo šeimos dydžio šeimų.

Iš mūsų tyrimų aiškiai matyti tendencija, kad didinant pametines sumedžiojimo imtis, sumedžiojamų šeimų skaičius mažėja, o šeimos dydis didėja (3.1.14 pav.). 2025 m. sumažėjus sumedžiojimo imčiai, šeimų skaičius padidėjo, o jų dydis sumažėjo. Tai patvirtina hipotezę, kad esant dabartinėmis sąlygomis, sumedžiojimo limitų didinimas yra sumedžiojamos šeimos dydžio sąskaita. Tačiau neaišku kaip šiuos dėsningumus paveiks vilkų migraciją stabdanti tvora su Baltarusija? 2025 m. duomenys rodo, kad sumedžiojamų šeimų skaičius išaugo, o šeimos dydis panašus kaip 2023 m. (3.1.14 pav.).

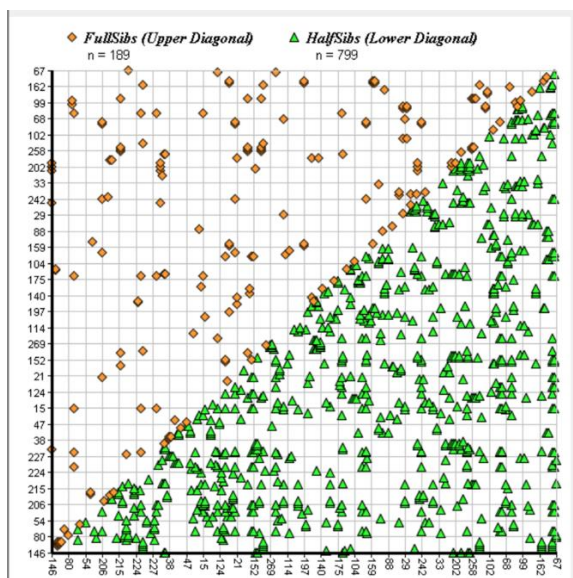
2020 m.



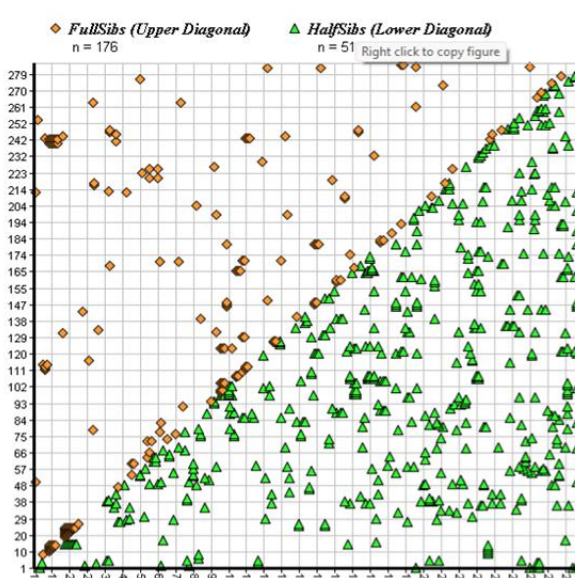
2021 m.



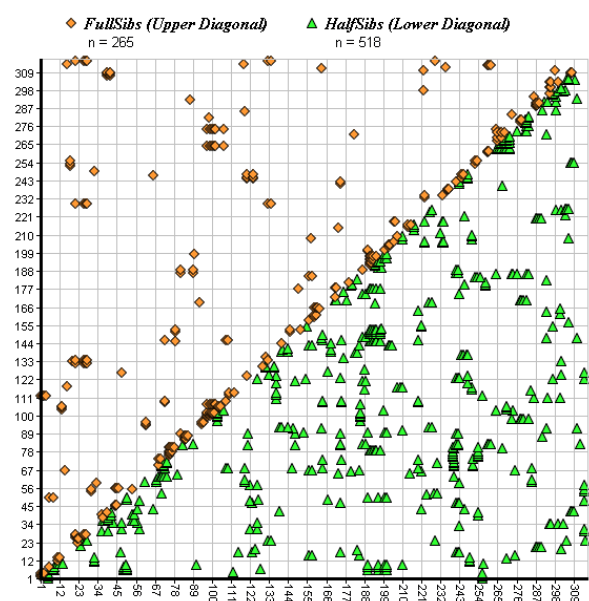
2022 m.



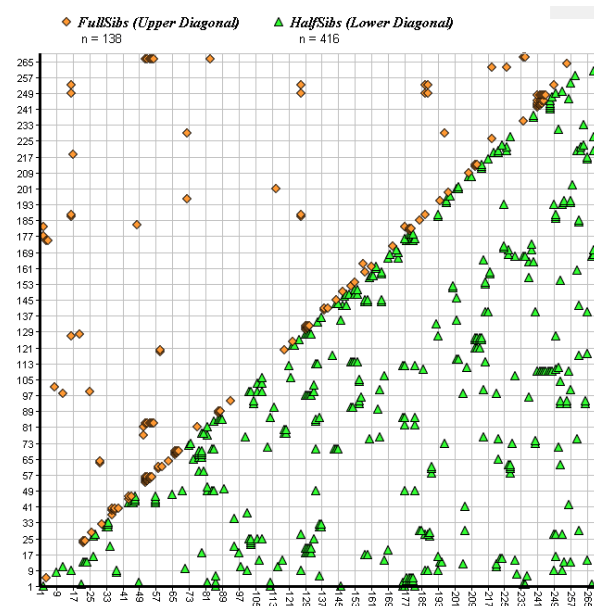
2023 m.



2024 m.



2025 m.



3.1.16 pav. COLONY sibų ryšių analizės rezultatas suaugusių 2020-2025 m. sumedžiotų vilkų populiacijose, grafiškai vaizduojantis gana dažnus giminystės ryšius tarp vilkų populiacijoje. Žemiau diagonalės, žali trikampiai rodo motininės linijos pusiau sibų, aukščiau diagonalės rudi rombai – pilnų sibų ryšius. X ir Y ašyse duoti vilkų kodai.

Pilnų sibų ryšių analizė 2025 m. populiacijoje nustatė net 21 šeimą su daugiau nei trimis nariais pilnais sibais (2024, 2023, 2022 ir 2021 m. populiacijose nustatėme 37, 26, 22 ir 6 tokias pilnų sibų šeimas su daugiau nei trimis nariais). Pilni sibai tai vienos tėvų poros vaikai, t.y. turintys tuos pačius individus kaip tėvą ir mamą. Maksimalus pilnų sibų šeimos dydis buvo 7 individai (2024, 2023, 2022 ir 2021 m. – 8, 7, 7 ir 6 individai). Šis rezultatas patvirtina išvadas iš pusiau sibų ryšių analizės. Sibų ryšių kiekybinis pavaizdavimas skirtingų metų sumedžiojimo populiacijose taip pat rodo daugiau sibų sumedžiotų 2025 - 2022 m. populiacijose, lyginti su ankstesniais metais (3.1.15 pav.).

3.1.4 lent. 2025 m. vilkų sibų šeimų struktūra: individų suskirstymas į pusiau sibų ir sibų šeimas pagal poligamijos modelį (COLONY algoritmas). Pusiau sibai- tai vienos motinos palikuonys nepriklausomai nuo tėvo. Individai priklausantys vienai šeimai turi tą patį šeimos kodą. Vilko id. tai kiekvieno individo identifikacinis numeris (vienodas mūsų tyrimo grafikuose ir lentelėse). Duoti individus charakterizuojantys rodikliai: Ho - stebimas heterozigotiškumas (individo tėvų giminystės rodiklis, artimas nuliui, tėvai stipriai giminingi, jei artimas vienetui, tėvai negiminingi), retų alelių skaičius: iš 36 alelių kiek buvo retųjų alelių pas konkretų individą, lytis. Vilkų STRUCTURE genetinė grupė rodo kokios platesnės geografinės aprėpties genetinei grupei individas priklauso pagal Bajeso klasterinės analizės rezultatus (pateikta klasifikacija su 3-5 genetinėmis grupėmis).

id	Lat	Long	POP	pWolf	pDog	sex	H-indiv	S3	MotherID ₁	Cluster	Rare5
25-001	56.30304	22.75596	TELS	1.00	0.00	Y	0.89	1	1	1	4
25-003	56.18229	22.87054	TELS	1.00	0.00	X	0.72	1	1	1	2
25-092	55.55751	22.72048	SIAU	1.00	0.00	Y	0.78	1	1	1	4
25-118	56.34245	22.56181	TELS	1.00	0.00	Y	0.78	1	1	1	1
25-184	56.09251	22.87007	SIAU	1.00	0.01	X	0.72	1	1	1	6
25-185	56.13406	23.04586	SIAU	1.00	0.00	Y	0.72	1	1	1	4
25-190	56.05568	23.10153	SIAU	1.00	0.01	X	0.83	1	1	1	4
25-002	56.36723	23.00246	TELS	1.00	0.00	X	0.72	1	2	2	3
25-242	54.38807	24.59645	VARE	1.00	0.01	X	0.83	3	2	2	4
25-243	54.39791	24.60102	VARE	1.00	0.00	Y	0.83	3	2	2	4
25-278	54.48284	24.57233	VILN	0.99	0.01	Y	0.78	2	2	2	3
25-004	56.25891	23.07322	TELS	1.00	0.00	X	0.44	1	3	3	4
25-005	56.22355	23.05005	TELS	1.00	0.00	Y	0.72	1	3	3	4
25-183	56.10874	22.87758	SIAU	0.99	0.01	X	0.67	1	3	3	4
25-006	56.20763	23.04063	TELS	1.00	0.00	Y	0.61	1	4	1	3
25-244	54.29933	24.34763	VARE	0.99	0.01	Y	0.94	1	4	1	8
25-007	54.35585	24.02495	VARE	0.99	0.01	Y	0.56	2	5	4	4
25-239	53.96416	24.3427	VARE	1.00	0.00	Y	0.78	2	5	4	3
25-008	54.34266	23.5684	LAZD	1.00	0.00	Y	0.83	2	6	5	3
25-107	54.2719	23.55518	LAZD	0.99	0.01	Y	0.72	2	6	5	5
25-009	54.41818	23.59324	LAZD	1.00	0.00	Y	0.72	2	7	5	3
25-016	55.46941	25.35253	UTEN	1.00	0.00	X	0.89	1	7	5	5
25-133	55.78378	24.51246	PASV	0.98	0.02	Y	0.78	1	7	5	3
25-195	54.93664	25.12865	ELEK	1.00	0.01	X	0.94	1	7	5	5
25-196	54.93665	25.12864	ELEK	0.99	0.01	Y	0.67	1	7	5	3
25-200B	55.7418	25.98081	ROKI	1.00	0.01	Y	0.94	1	7	5	4
25-259	55.02787	25.21635	VILN	1.00	0.00	X	0.61	1	7	5	5
25-263	54.82974	25.67371	VILN	1.00	0.01	Y	0.94	1	7	5	5
25-010	54.41879	23.59361	LAZD	0.99	0.01	X	0.67	2	8	4	7
25-011	55.5795	25.15131	UTEN	0.99	0.01	X	0.89	3	9	6	3
25-122	55.1832	25.57961	UTEN	1.00	0.00	X	0.61	3	9	6	3
25-012	55.62113	24.88802	UTEN	0.98	0.02	Y	0.67	3	10	6	3
25-104	55.78404	24.97259	UTEN	1.00	0.00	Y	0.50	3	10	6	0
25-212	55.83211	22.32177	TELS	0.99	0.01	Y	1.00	2	10	6	2
25-013	55.66418	24.6811	UTEN	1.00	0.00	X	0.78	2	11	7	3
25-022	54.09871	23.99583	VARE	1.00	0.01	X	0.94	2	11	7	4
25-023	54.05061	23.98627	VARE	1.00	0.00	Y	0.78	2	11	7	5
25-024	54.09026	24.0054	VARE	1.00	0.00	X	0.72	2	11	7	5
25-014	55.54275	25.37973	UTEN	1.00	0.00	X	0.78	3	12	2	1
25-113	53.99459	23.74546	LAZD	1.00	0.01	Y	0.78	2	12	2	4
25-175	54.96352	23.38704	SAKI	1.00	0.00	X	0.83	2	12	2	3
25-238	53.98891	24.72544	VARE	0.99	0.01	X	0.78	2	12	2	1
25-015	55.54623	25.39099	UTEN	0.99	0.01	Y	0.83	2	13	8	5

25-231	55.46483	25.41193	UTEN	1.00	0.00	Y	0.83	2	13	8	4
25-232	55.44744	25.37597	UTEN	1.00	0.01	Y	0.78	2	13	8	3
25-017	55.53842	24.85313	UTEN	1.00	0.00	Y	0.89	3	14	1	4
25-226	55.47817	24.7443	UTEN	1.00	0.00	X	0.78	3	14	1	3
25-018	56.04027	24.74886	PASV	1.00	0.00	Y	0.72	1	15	9	3
25-103	55.94477	25.16255	UTEN	1.00	0.00	X	0.78	1	15	9	4
25-135	56.02424	24.60637	PASV	1.00	0.00	Y	0.67	1	15	9	2
25-136	56.02414	24.60603	PASV	1.00	0.00	Y	0.67	1	15	9	2
25-137	56.02189	24.60294	PASV	1.00	0.00	Y	0.61	1	15	9	2
25-138	56.02184	24.60216	PASV	1.00	0.00	Y	0.67	1	15	9	2
25-019	56.04126	24.75735	PASV	1.00	0.00	Y	0.67	3	16	1	5
25-177	54.23985	25.07637	VARE	1.00	0.00	Y	0.89	2	16	1	5
25-020	56.02991	24.75489	PASV	1.00	0.00	Y	0.89	1	17	9	0
25-134	56.02204	24.605	PASV	1.00	0.00	X	0.78	1	17	9	0
25-021	56.30031	24.85679	PASV	1.00	0.00	X	0.72	1	18	2	1
25-035	55.30359	26.57967	ROKI	0.94	0.06	Y	0.89	3	18	2	6
25-101	55.8622	21.41585	TELS	0.94	0.06	Y	0.72	2	18	2	5
25-025	54.10576	23.96125	VARE	1.00	0.00	Y	0.78	2	19	7	6
25-105	54.1738	23.77873	LAZD	0.99	0.01	Y	0.94	2	19	7	4
25-109	54.24189	23.74013	LAZD	1.00	0.01	X	0.78	2	19	7	4
25-112	53.99869	23.74267	LAZD	0.99	0.01	Y	0.78	2	19	7	3
25-114	53.9523	23.60694	LAZD	1.00	0.00	Y	0.83	2	19	7	3
25-026	54.80708	24.95291	ELEK	1.00	0.00	Y	0.61	3	20	5	1
25-027	54.80336	24.93928	ELEK	1.00	0.01	X	0.50	1	20	5	2
25-028	54.80346	24.9395	ELEK	1.00	0.00	Y	0.78	1	20	5	2
25-029	54.70533	24.50468	ELEK	1.00	0.00	Y	0.67	2	21	2	2
25-192	55.40209	21.40263	SILU	1.00	0.00	Y	0.89	2	21	2	6
25-193	55.39974	21.41089	SILU	1.00	0.00	X	0.89	2	21	2	4
25-272	55.51924	26.02341	ROKI	0.99	0.02	Y	0.94	2	21	2	8
25-030	54.70707	24.56023	ELEK	0.99	0.01	X	0.89	2	22	10	3
25-066	54.68663	24.27281	ELEK	0.99	0.01	Y	0.72	2	22	10	2
25-067	54.70852	24.4369	ELEK	0.99	0.01	X	0.67	2	22	10	3
25-031	55.30371	26.54393	ROKI	0.99	0.01	Y	0.83	2	23	1	5
25-032	55.30528	26.5441	ROKI	0.94	0.06	Y	0.78	1	23	1	5
25-142	55.83202	21.57373	TELS	1.00	0.00	X	0.56	3	23	1	4
25-143	55.83203	21.57357	TELS	1.00	0.00	Y	0.89	1	23	1	6
25-033	55.26448	26.51566	ROKI	0.98	0.02	X	0.83	1	24	1	6
25-034	55.26374	26.52101	ROKI	1.00	0.00	X	0.78	1	25	1	1
25-036	55.28773	26.32185	ROKI	0.98	0.03	X	0.83	2	26	11	4
25-037	55.28773	26.32185	ROKI	0.99	0.01	X	0.89	3	26	11	1
25-039	55.29619	26.36852	ROKI	0.99	0.01	X	0.83	2	26	11	2
25-040	55.30231	26.35795	ROKI	0.99	0.01	X	0.94	3	26	11	2
25-038	55.2885	26.37254	ROKI	1.00	0.00	Y	0.83	2	27	5	3
25-041	55.47507	26.38004	ROKI	1.00	0.00	Y	0.78	2	28	2	2
25-213	54.50449	24.62255	VILN	1.00	0.00	Y	0.89	2	28	2	4

25-042	55.44156	26.43975	ROKI	0.99	0.01	X	0.61	2	29	12	3
25-266	54.79317	25.69512	VILN	1.00	0.01	X	0.83	2	29	12	2
25-043	55.23121	26.58377	ROKI	0.99	0.01	X	0.78	3	30	13	3
25-044	54.9731	24.22103	ELEK	1.00	0.00	Y	0.67	3	30	13	2
25-045	54.97452	24.22163	ELEK	1.00	0.00	Y	0.78	3	30	13	5
25-048	54.96722	24.17535	ELEK	0.99	0.01	X	0.78	3	30	13	2
25-060	54.94458	24.17933	ELEK	0.99	0.01	Y	0.89	3	30	13	2
25-049	55.0402	24.07313	ELEK	0.99	0.01	X	0.83	3	31	13	3
25-068	54.95177	24.42628	ELEK	0.99	0.01	Y	0.78	3	31	13	5
25-050	55.03804	24.53084	ELEK	0.99	0.01	X	0.72	2	32	14	7
25-191	55.60851	22.05888	SILU	0.99	0.01	Y	0.83	2	32	14	5
25-051	56.33092	23.23482	TELS	1.00	0.00	Y	0.72	1	33	1	4
25-073	54.34036	23.26522	LAZD	0.99	0.01	Y	0.83	2	33	1	5
25-088	55.26134	23.72124	SIAU	1.00	0.00	Y	0.89	2	33	1	5
25-091	55.78607	22.84474	SIAU	1.00	0.00	Y	0.72	1	33	1	3
25-140	56.05481	21.76553	TELS	1.00	0.00	Y	0.89	2	33	1	6
25-052	55.17009	23.02541	SILU	1.00	0.01	Y	1.00	1	34	13	5
25-053	54.83848	24.51017	ELEK	1.00	0.00	X	0.94	2	35	1	2
25-081	55.26547	23.7245	SIAU	1.00	0.00	Y	0.83	1	35	1	3
25-085	55.24323	23.74379	SIAU	1.00	0.00	Y	0.78	2	35	1	2
25-086	55.25076	23.72751	SIAU	1.00	0.00	Y	0.78	1	35	1	1
25-054	54.84056	24.51106	ELEK	1.00	0.00	X	0.33	3	36	15	3
25-055	54.84017	24.51253	ELEK	0.99	0.01	X	0.50	3	36	15	4
25-056	54.83947	24.51027	ELEK	1.00	0.00	Y	0.44	3	36	15	2
25-058	54.83278	24.52709	ELEK	1.00	0.00	X	0.78	3	36	15	2
25-059	54.81242	24.56501	ELEK	1.00	0.00	X	0.56	3	36	15	1
25-087	55.24555	23.73178	SIAU	1.00	0.00	X	0.56	3	36	15	3
25-277	54.97345	22.96003	SAKI	1.00	0.00	Y	0.72	3	36	15	3
25-061	54.92794	24.52835	ELEK	1.00	0.00	Y	0.78	3	37	13	2
25-063	54.9778	24.51395	ELEK	1.00	0.00	X	0.67	3	37	13	3
25-064	54.98261	24.516	ELEK	1.00	0.01	X	0.89	2	37	13	3
25-236	54.30306	24.46929	VARE	0.99	0.01	Y	0.61	1	37	13	6
25-062	54.96178	24.33132	ELEK	1.00	0.00	Y	0.78	3	38	9	2
25-125	55.50066	24.62717	PASV	1.00	0.00	X	0.72	3	38	9	3
25-126	55.58861	24.30387	PASV	1.00	0.00	X	0.83	3	38	9	4
25-065	54.68663	24.27281	ELEK	0.99	0.01	X	0.78	2	39	13	4
25-262	54.85521	25.23731	VILN	1.00	0.00	X	0.72	3	39	13	6
25-069	54.31897	23.05534	LAZD	1.00	0.00	Y	0.72	3	40	9	4
25-070	54.31751	23.05141	LAZD	1.00	0.01	Y	0.72	3	40	9	1
25-071	54.31884	23.05497	LAZD	1.00	0.00	Y	0.83	3	40	9	1
25-072	54.31985	23.05737	LAZD	1.00	0.00	X	0.72	3	40	9	3
25-082	55.30274	24.21837	SIAU	1.00	0.00	X	0.72	3	40	9	5
25-083	55.35322	24.29127	SIAU	0.99	0.01	Y	0.78	2	40	9	4
25-074	54.35609	23.36106	LAZD	1.00	0.00	Y	0.67	2	41	4	5
25-117	54.59489	23.64959	LAZD	1.00	0.01	Y	0.78	2	41	4	2

25-261	54.85491	25.23825	VILN	1.00	0.00	Y	0.78	2	41	4	3
25-075	54.35488	23.36508	LAZD	0.98	0.02	Y	0.78	2	42	2	6
25-203	55.15181	25.82852	VILN	1.00	0.01	X	0.78	2	42	2	6
25-237	53.99863	24.72726	VARE	0.99	0.01	Y	0.78	2	42	2	7
25-076	54.36565	23.36229	LAZD	0.99	0.01	X	0.67	2	43	2	7
25-077	54.74792	23.8548	SAKI	1.00	0.01	Y	0.78	2	43	2	5
25-250	54.39188	22.97001	LAZD	1.00	0.00	Y	0.83	2	43	2	5
25-078	54.77913	23.53948	SAKI	1.00	0.00	Y	0.83	2	44	13	3
25-168	55.00137	23.22325	SAKI	0.98	0.03	Y	0.56	2	44	13	4
25-271	55.54501	26.19984	ROKI	0.90	0.10	Y	0.78	2	44	13	6
25-079	54.78148	23.53455	SAKI	0.99	0.02	X	0.83	2	45	7	5
25-084	55.40299	24.29127	SIAU	1.00	0.00	Y	0.56	3	46	9	5
25-093	55.79333	23.01186	SIAU	1.00	0.01	X	0.83	1	47	1	4
25-094	55.78108	23.00659	SIAU	1.00	0.00	X	0.67	1	47	1	4
25-095	55.78691	23.00598	SIAU	0.99	0.01	Y	0.89	1	47	1	2
25-096	55.65247	21.46242	TELS	1.00	0.01	Y	0.56	1	48	13	5
25-172	54.96792	22.80561	SAKI	1.00	0.00	Y	0.67	3	48	13	3
25-097	56.09731	21.30659	TELS	1.00	0.00	Y	0.61	1	49	2	2
25-120	56.18537	22.04338	TELS	1.00	0.00	Y	0.83	2	49	2	6
25-158	56.1982	21.91941	TELS	1.00	0.00	Y	0.78	2	49	2	5
25-159	56.20232	21.90689	TELS	1.00	0.00	X	0.78	2	49	2	5
25-098	55.86208	21.50033	TELS	0.61	0.39	Y	0.89	2	50	16	10
25-099	55.86238	21.41646	TELS	0.99	0.01	X	0.89	2	51	13	4
25-100	55.86242	21.41518	TELS	1.00	0.01	Y	0.89	2	51	13	7
25-265	54.87587	24.90098	VILN	1.00	0.01	Y	0.83	2	51	13	5
25-275	54.42251	22.83861	LAZD	0.99	0.01	X	0.83	2	51	13	7
25-102	56.13716	21.41756	TELS	1.00	0.00	Y	0.67	1	52	13	5
25-163	56.14257	21.26506	TELS	1.00	0.00	X	0.94	3	52	13	5
25-245	54.01131	24.75305	VARE	0.99	0.01	Y	0.89	2	52	13	6
25-106	54.19858	23.43821	LAZD	1.00	0.00	X	0.78	2	53	7	5
25-267	54.8976	25.74635	VILN	1.00	0.00	Y	0.72	2	53	7	2
25-108	54.24026	23.74091	LAZD	1.00	0.00	Y	0.83	2	54	7	4
25-110	53.95306	23.57672	LAZD	1.00	0.00	Y	1.00	2	55	13	2
25-111	53.95305	23.57688	LAZD	0.92	0.08	Y	0.89	2	56	13	5
25-162	56.27024	21.47049	TELS	1.00	0.00	Y	0.78	3	56	13	1
25-115	54.15914	23.63476	LAZD	1.00	0.00	Y	0.83	3	57	12	2
25-251	54.41456	22.94609	LAZD	1.00	0.00	Y	0.89	3	57	12	6
25-252	54.41888	22.94231	LAZD	1.00	0.01	Y	0.89	3	57	12	6
25-253	54.41747	22.94235	LAZD	0.99	0.01	Y	0.94	3	57	12	4
25-254	54.4176	22.94234	LAZD	1.00	0.00	Y	0.89	3	57	12	6
25-255	54.44811	23.01175	LAZD	1.00	0.00	X	0.83	3	57	12	4
25-257	54.45308	22.86921	LAZD	1.00	0.00	Y	0.72	3	57	12	4
25-258	54.40231	22.91509	LAZD	1.00	0.00	X	0.89	3	57	12	6
25-116	54.16186	23.77114	LAZD	0.91	0.10	Y	0.78	2	58	5	6
25-194	55.42099	21.59128	SILU	0.99	0.01	Y	0.61	2	58	5	3

25-260	55.02688	25.22398	VILN	1.00	0.00	X	0.83	1	58	5	4
25-119	56.3425	22.56158	TELS	1.00	0.00	Y	0.67	1	59	1	3
25-121	56.19063	22.46621	TELS	1.00	0.00	X	0.61	1	60	1	5
25-208	56.03343	22.48501	TELS	1.00	0.00	X	0.83	2	60	1	6
25-123	55.19393	21.87065	SILU	0.99	0.01	Y	0.72	3	61	2	5
25-124	55.19639	21.87947	SILU	1.00	0.00	X	0.94	3	62	2	2
25-127	55.43436	24.49409	PASV	1.00	0.00	X	0.67	3	63	1	1
25-218	55.39047	24.46784	UTEN	0.99	0.01	Y	0.61	3	63	1	4
25-219	55.37032	24.45674	UTEN	1.00	0.00	X	0.78	3	63	1	3
25-221	55.36974	24.45773	UTEN	1.00	0.00	Y	0.72	3	63	1	3
25-128	55.63009	24.15961	PASV	0.99	0.01	X	0.78	1	64	7	2
25-129	55.63014	24.15967	PASV	1.00	0.00	Y	0.83	1	64	7	6
25-130	55.62538	24.01866	PASV	0.99	0.01	Y	0.89	3	64	7	7
25-131	55.84761	24.10134	PASV	0.99	0.01	Y	0.78	3	65	1	6
25-132	55.84768	24.10032	PASV	1.00	0.00	Y	0.72	3	66	1	3
25-139	55.86864	22.13024	TELS	1.00	0.00	X	0.83	2	67	7	1
25-200	55.01365	24.66847	ELEK	1.00	0.01	Y	0.89	1	67	7	6
25-141	56.0294	21.7333	TELS	0.99	0.01	X	0.72	1	68	1	5
25-152	55.71991	22.11698	TELS	0.99	0.01	X	0.72	1	68	1	3
25-209	55.94181	22.3935	TELS	1.00	0.00	Y	0.83	1	68	1	3
25-144	55.6329	23.6175	SIAU	1.00	0.00	X	0.56	3	69	17	3
25-146	55.66932	23.55687	SIAU	0.99	0.01	Y	0.56	3	69	17	4
25-147	55.65646	23.4971	SIAU	1.00	0.00	X	0.89	3	69	17	3
25-145	55.71032	23.67438	SIAU	1.00	0.01	Y	0.72	3	70	2	3
25-224	55.37286	24.68419	UTEN	1.00	0.00	Y	0.67	3	70	2	2
25-225	55.35848	24.68046	UTEN	1.00	0.00	Y	0.56	3	70	2	1
25-276	54.83386	24.52688	ELEK	1.00	0.00	X	0.83	3	70	2	4
25-148	55.51985	23.4036	SIAU	1.00	0.00	Y	1.00	1	71	2	5
25-153	55.99269	25.86357	ROKI	0.99	0.01	X	0.78	1	71	2	6
25-156	56.11549	25.6384	ROKI	1.00	0.00	X	0.83	1	71	2	3
25-149	55.42674	23.002	SIAU	1.00	0.00	X	0.78	1	72	1	6
25-150	55.42662	23.00161	SIAU	1.00	0.00	Y	0.83	2	73	1	3
25-151	55.47793	23.27877	SIAU	1.00	0.00	X	0.78	2	73	1	6
25-166	55.01965	23.2194	SAKI	1.00	0.00	Y	0.78	2	73	1	2
25-167	54.98725	23.3094	SAKI	1.00	0.00	Y	0.78	2	73	1	2
25-174	54.95436	23.32632	SAKI	1.00	0.01	X	0.72	2	73	1	3
25-154	55.99019	25.84511	ROKI	1.00	0.00	Y	0.67	1	74	2	5
25-157	56.15981	25.24047	ROKI	1.00	0.00	X	0.94	2	74	2	5
25-160	56.20079	21.91852	TELS	0.99	0.01	Y	0.72	2	74	2	7
25-161	56.20411	21.90701	TELS	1.00	0.00	Y	0.72	2	74	2	3
25-165	55.04705	23.02137	SAKI	1.00	0.00	Y	0.83	3	75	18	4
25-171	55.08684	23.12711	SAKI	1.00	0.00	Y	0.67	2	75	18	4
25-169	55.03425	23.08115	SAKI	1.00	0.00	X	0.72	2	76	18	3
25-170	55.05011	23.06953	SAKI	1.00	0.00	Y	0.78	2	76	18	2
25-173	54.95856	23.32735	SAKI	0.99	0.01	Y	0.72	2	77	7	4

25-176	54.14428	25.0093	VARE	1.00	0.01	X	0.72	2	78	13	3
25-178	54.23945	25.07628	VARE	0.99	0.01	Y	1.00	2	78	13	6
25-235	54.20341	24.6163	VARE	0.97	0.03	X	0.94	2	78	13	3
25-279	55.32865	23.14049	SIAU	0.99	0.01	Y	0.61	2	78	13	4
25-179	54.29977	25.26851	VARE	1.00	0.00	Y	0.61	3	79	5	5
25-180	54.27706	25.28947	VARE	1.00	0.00	X	0.78	3	79	5	2
25-233	55.43334	25.37142	UTEN	1.00	0.01	Y	0.78	2	79	5	7
25-181	54.30154	25.09933	VARE	1.00	0.00	Y	0.72	2	80	13	2
25-182	54.30154	25.09933	VARE	1.00	0.00	Y	0.83	2	81	1	5
25-186	55.89615	22.90323	SIAU	1.00	0.00	X	0.56	1	82	3	3
25-187	55.90722	22.92109	SIAU	1.00	0.00	Y	0.67	1	83	3	5
25-188	55.9074	22.92265	SIAU	1.00	0.00	X	0.67	1	83	3	5
25-189	55.90798	22.9222	SIAU	1.00	0.00	Y	0.61	1	83	3	4
25-197	54.95402	24.9352	ELEK	1.00	0.01	X	0.72	3	84	5	4
25-198	55.03813	24.62205	ELEK	1.00	0.00	X	0.89	2	85	13	3
25-199	55.01223	25.001	ELEK	0.98	0.02	X	0.83	2	86	19	6
25-201	54.98099	25.64605	VILN	1.00	0.01	X	0.72	2	87	7	3
25-202	54.98097	25.64602	VILN	0.99	0.01	X	0.78	2	87	7	3
25-204	55.00153	26.03199	VILN	0.96	0.04	Y	0.83	3	87	7	4
25-205	55.08583	25.99839	VILN	1.00	0.00	X	0.78	2	88	7	2
25-206	55.08623	25.99833	VILN	1.00	0.00	Y	0.78	2	88	7	0
25-207	55.23804	26.71926	VILN	0.96	0.04	Y	0.89	2	89	2	2
25-210	56.09584	22.45108	TELS	1.00	0.00	X	0.78	2	90	1	6
25-269	55.74147	25.97914	ROKI	1.00	0.00	Y	0.83	1	90	1	4
25-211	55.82593	22.2907	TELS	1.00	0.00	Y	0.83	1	91	20	0
25-214	54.47456	25.07805	VILN	0.99	0.01	X	0.67	2	92	4	3
25-215	54.47476	25.07428	VILN	1.00	0.00	Y	0.56	2	92	4	2
25-216	54.47416	25.07462	VILN	1.00	0.00	Y	0.67	2	92	4	2
25-217	54.4691	24.83934	VILN	0.98	0.02	X	0.89	2	93	21	6
25-222	55.17667	24.64955	UTEN	1.00	0.00	Y	0.72	3	94	1	3
25-223	55.20519	24.54343	UTEN	1.00	0.01	Y	0.61	2	95	7	4
25-227	55.52709	25.97528	UTEN	0.94	0.06	Y	0.83	2	96	13	7
25-228	55.63642	25.60902	UTEN	1.00	0.00	X	0.72	2	96	13	2
25-230	55.69207	25.71957	UTEN	0.96	0.04	X	0.78	2	96	13	3
25-234	55.46644	25.83053	UTEN	1.00	0.00	Y	0.78	2	96	13	5
25-273	55.51814	26.02322	ROKI	0.98	0.02	X	0.83	2	96	13	5
25-229	55.63521	25.60917	UTEN	1.00	0.01	Y	0.78	2	97	6	2
25-240	54.31008	24.58493	VARE	0.98	0.02	Y	0.83	2	98	22	6
25-241	54.06809	24.7364	VARE	0.99	0.01	Y	0.83	2	99	8	5
25-274	54.50829	23.15074	LAZD	0.99	0.01	X	0.83	2	99	8	5
25-247	54.42016	22.83797	LAZD	0.99	0.01	Y	0.89	2	100	13	7
25-249	54.41347	22.79888	LAZD	1.00	0.00	X	0.89	2	100	13	6
25-256	54.40015	22.92987	LAZD	1.00	0.00	Y	0.61	3	101	12	3
25-264	54.98052	25.56643	VILN	1.00	0.00	Y	0.78	2	102	7	4
25-270	55.63855	25.87973	ROKI	1.00	0.00	X	0.78	1	103	1	3

25-280	55.76847	22.94317	SIAU	1.00	0.00	Y	0.72	3	104	23	4
--------	----------	----------	------	------	------	---	------	---	-----	----	---

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

3.1.4 Apibendrinamas

Apibendrint Lietuvos vilkų populiacijos genetinės įvairovės tyrimas pagal 2025 m. sumedžiotų 269 vilkų DNR žymenis aukšto polimorfizmo 18 autosominių atskirai rekombinuojamų mikrosatelitų lokusų parodė, kad Lietuvos vilkų populiacija po netolimoje praeityje patirta reikšmingo efektyvaus populiacijos dydžio kritimo (pagal Sastre et al. 2010 kriterijus), dabartiniu metu per stiprius genų srautus sėkmingai atstatinėja genetinę įvairovę. Tai patvirtina ženkliai aukštesnis, lyginant su istoriniu, dabartinis - variacijai efektyvus populiacijos dydis siekiantis 197 individus, o variacijai efektyvaus populiacijos dydžio ir demografinio populiacijos dydžio įverčių santykis buvo 0,73, kas rodo pilną populiacijos alelinės įvairovės atsistatymą. 2025 m. fiksuotas reikšmingas Ne pakilimas pirmą kartą nuo 2019. Lietuvos vilkų populiacijos alelinis turtingumas yra aukštas, gausu retų alelių, inbrydingas žemesnis nei 0 ir žemesnis nei 2024 m., kas rodo visuotinę atsitiktinę poravimąsi, ir netgi genetiškai skirtingesnių individų poravimosi tendencijas. Esant tokiai įvairovei, neigiamas genų dreifo poveikis mažai tikėtinas. Lyginant su 2024 m., 2025 nėra stebima stebimo heterozigotiškumo mažėjimo ir inbrydingo didėjimo tendencija, atvirkščiai inbrydingo koeficientas sumažėjo (H_o ir F_{is} rodikliai, 3.1.3 pav.). Genų srautui gali turėti įtakos migrantus stabdanti tvora Lietuvos ir Baltarusijos pasienyje, kadangi, lyginant su praeitais metais, genų srautus atspindinčios retų alelių geografinio pasiskirstymo tendencijos ir migracijos dėsninčiai 2023-2025 m. pakito ir nerodo dominuojančio srauto iš šiaurės rytų, bei ryškėja migracijos iš Lenkijos ir net iš vakarų Latvijos požymiai. 2025 m. stebimo heterozigotiškumo (H_o) geografinis pasiskirstymas Lietuvoje buvo gana vienodas, kas patvirtina genų srautų pokyčius lyginant su ankstesniais metais. 2025 m. sumedžiojimo populiacijoje nustatytos 104 pusiau sibų šeimos (100-tui individų tenka 39 šeimos, o 2024, 2023, 2022 ir 2021 metais 100-tui individų teko 33, 33, 31 ir 37 šeimos). 2025 m. sumedžiotų pilnų ir pusiau sibų šeimų dydžio augimas stabilizavosi ir buvo žemesni nei praeitais metais. Tendencija, kad didinant pametines sumedžiojimo imtis, sumedžiojamų šeimų skaičius mažėja, o šeimos dydis didėja pasitvirtino, nes sumažėjus imčiai 2025 m., šeimų skaičius padidėjo, o jų dydis nežymiai sumažėjo, lyginant su 2024 m. Tai patvirtina ankstesnes išvadas, kad sumedžiojimo limitų didinimas yra sumedžiojamos šeimos dydžio sąskaita.

3.2 Vilkų populiacijos genetinė diferenciacija ir struktūra Lietuvoje

3.2.1 Genetinė diferenciacija

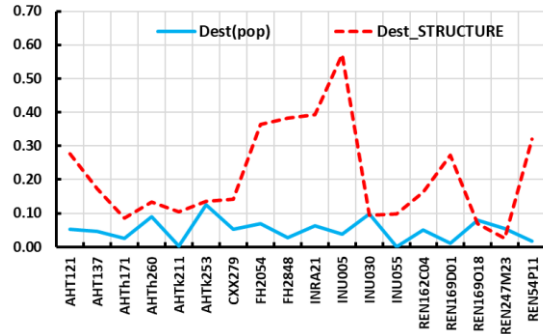
2018-2025 m. pagal alelių dažnių skirtumus apskaičiuoti vilkų genetinės diferenciacijos indeksai tarp populiacijų buvo žemi, bet statistiškai reikšmingai aukštesni už 0 (3.2.1 lent.). Tačiau 2025 m. populiacijų diferenciacijos indeksai buvo santykinai mažesni nei 2024 m. praėjusiais metais (3.2.1 lent.). **Tai rodo stiprėjančius genų srautus, mažinančius populiacijų fragmentaciją Lietuvoje.** Nuo 2020 m. matyti pastoviai stiprėjanti genetinės diferenciacijos tarp populiacijų tendencija, 2025 m. sumažėjo ir buvo panaši kaip 2024 m. (3.2.1 lent.). Vis dar reikšminga genetinė diferenciacija rodo kai kurių populiacijų izoliaciją arba stiprų nevietinių genų srautų poveikį tam tikrose šalies dalyse (3.2.1 lent.). Šios lokaliaios grupės gali formuotis esant nukrypimams nuo atsitiktinio poravimosi dėl uždarų nišų formavimosi, kas yra neišvengiamas veiksnys, didinantis inbrydingą šiose grupėse.

Analizuojant populiacijų diferenciaciją pagal Bajeso klasterinės analizės metodą, t.y. be subjektyvaus išankstinio skirstymo į geografinės populiacijas, matyti, kad geografinė vietoje pagrįsta vilko populiacijų struktūra Lietuvoje išlieka, kadangi 2023 - 2025 m. diferenciacija tarp Bajeso klasterinės analizės grupių (t.y. maksimali galima populiacijų diferenciacija) buvo apylygė su diferenciacija tarp populiacijų (3.2.1 pav.). 2022 m. tokio dėsningumo nebuvo nustatyta (3.2.1 pav.) Šis geografinės populiacijų struktūros stiprėjimas gali būti kryptingo genų srauto, pasiekiančio tik tam tikrus regionus, arba atskirų populiacijų izoliacijos pasekmė.

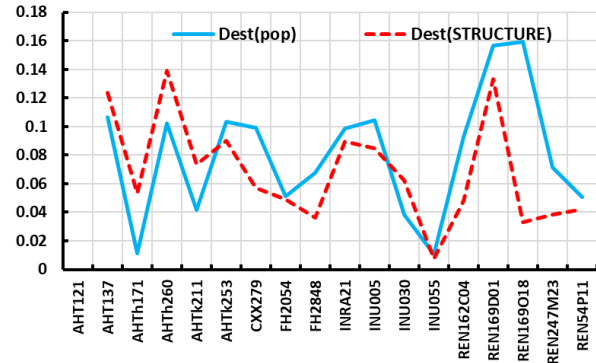
3.2.1 lent. Vilkų regioninės diferenciacijos indeksai (F_{st}/D_{st}) ir jų statistinis reikšmingumas (p pagal 1000 permutacijų) tarp Lietuvos regionų ir tarp populiacijų atskirų metų sumedžiojimų populiacijose.

Sezonas ir imties dydis	Variacijos šaltinis	Indekso reikšmė F_{st}/D_{st}	P
Viso 118 vnt. (2019m)	Populiacija	0.018/0.120	0.001/0.001
Viso 173 vnt. (2020m)	Populiacija	0.007/0.094	0.025/0.001
Viso 186 vnt. (2021m)	Populiacija	0.018/0.024	0.001/0.001
Viso 277 vnt. (2023m)	Populiacija	0.021/0.071	0.001/0.001
Viso 314 vnt. (2024m)	Populiacija	0.031/0.103	0.001/0.001
Viso 269 vnt. (2025m)	Populiacija	0.024/0.080	0.001/0.001

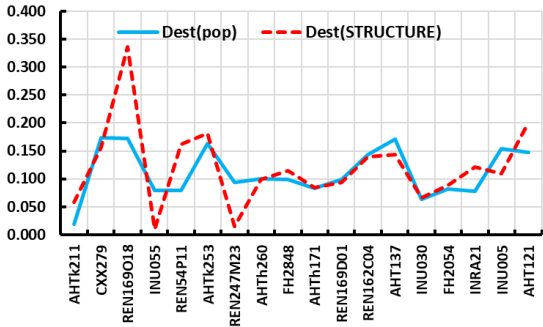
2022 m.



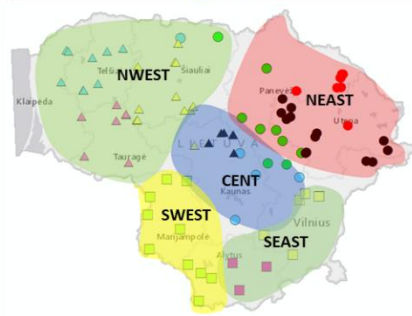
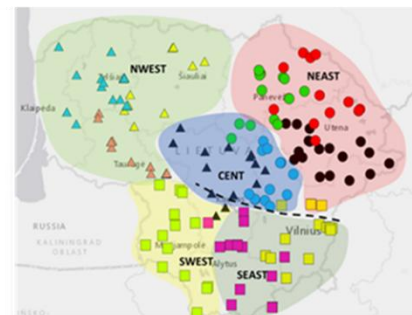
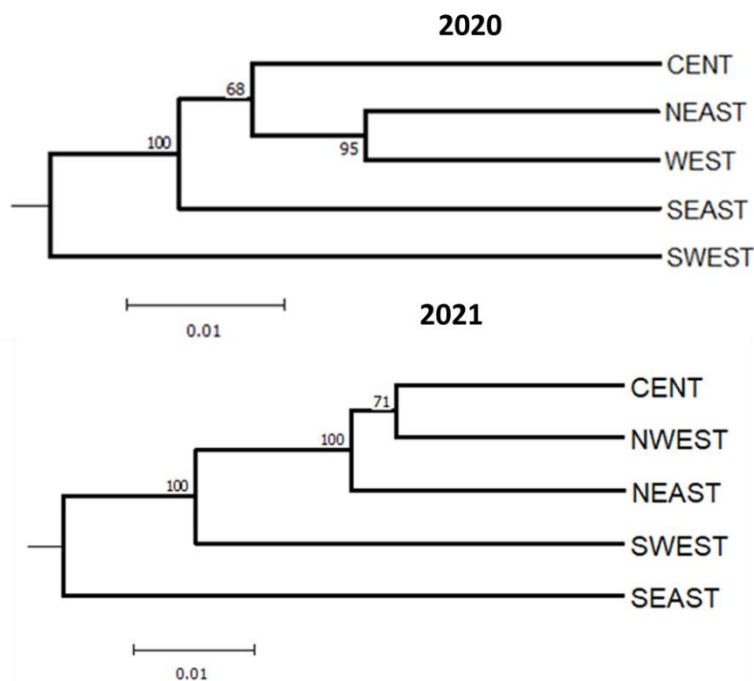
2023 m.

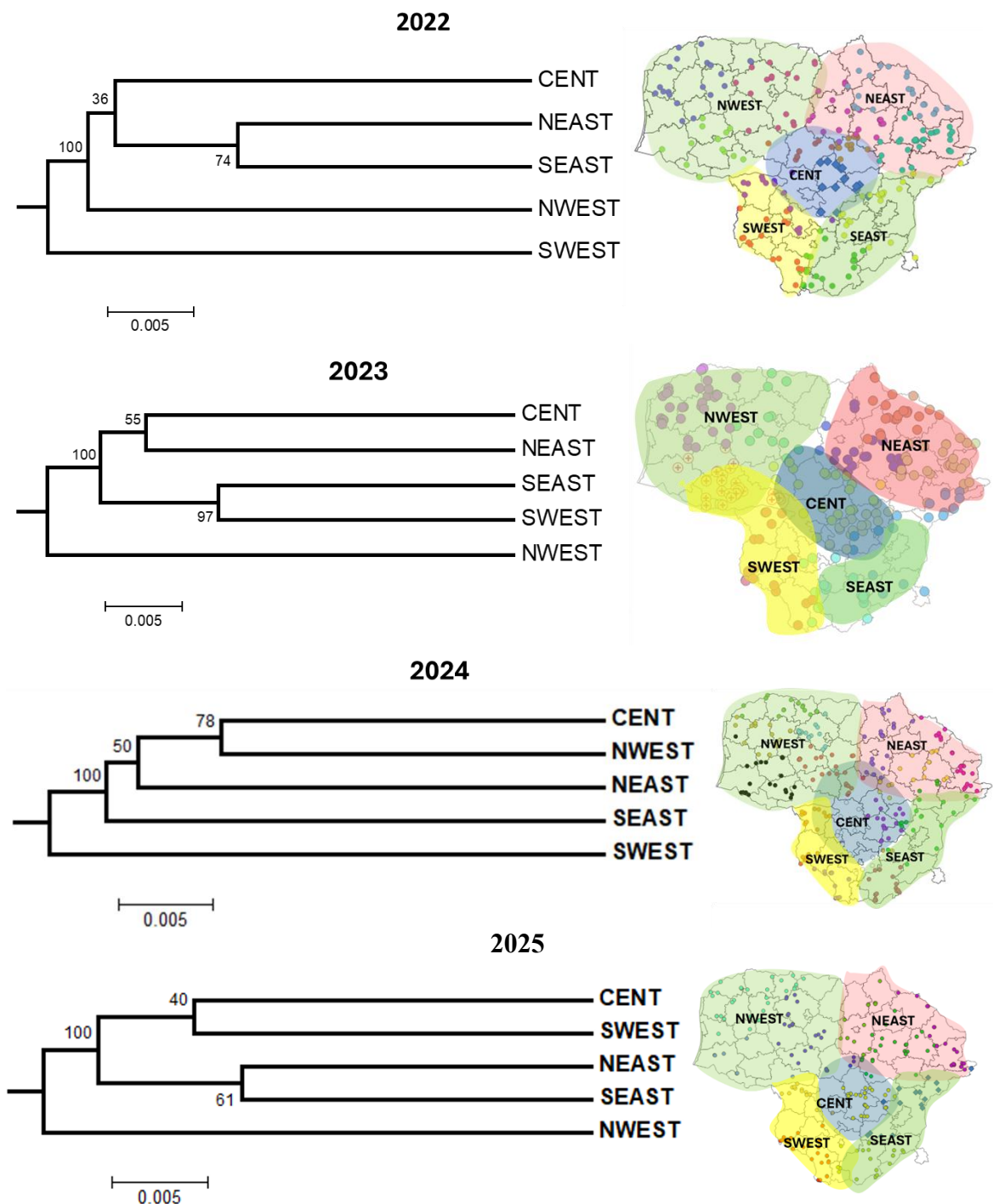


2024 m.



3.2.1 pav. Dest diferenciacijos indeksų palyginimas tarp vilkų STRUCTURE Bajeso klasterinės analizės genetinių grupių ir tarp vilkų geografinių populiacijų ATSKIRAI 2022, 2023, 2024 m.





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

Molekulinės variacijos analizė (AMOVA) yra diferenciacijos nustatymo metodas, kuris atlieka skirtumų reikšmingumo skaičiavimus pagal genetinius atstumus (ne pagal alelių dažnius kaip fiksacijos indeksai) ir gali padalinti molekulinę variaciją procentais tarp regionų

populiacijų regionuose ir tarp individų populiacijose, parodė, kad pagal Fst (IAM mutacijų modelis), įvedus populiaciją į modelį, skirtumai tarp regionų tampa nereikšmingi, kadangi skirtumai tarp populiacijų regionų viduje buvo stipresni, nei skirtumai tarp regionų (3.2.3 lent.). Taip pat ir individai variavo stipriai populiacijų viduje, kas yra sveikas genetinis rodiklis. Šie rezultato rodo, kad nėra reikšmingų barjerų tarp regionų genų migracijai imant visos šalies mastu, o gauti populiacijų skirtumai tikėtina yra stipriau lemiami migracijos pobūdžio (iš kur eina genų srautas). Panašūs rezultatai gauti ir Lietuvai dydžiu artimoje pietinėje Suomijos dalyje (Jansson 2016). Palyginus AMOVA rezultatus tarp sumedžiojimo sezonų populiacijų, matyti su metais stiprėjant skirtumų tarp regionų mažėjimo tendencija.

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

Variacijos šaltinis	LL	Dispersija	Var. %	Indeksas	Indekso reikšmė	p
2018 m.						
Tarp regionų	3	0.003	1%	Frt	0.000	0.447
Tarp populiacijų regionų viduje	8	0.278	4%	Fsr	0.043	0.000
Populiacijų viduje	186	6.223	96%			
Viso	197					
2019 m.						
Tarp regionų	3	0.000	0%	Frt	0.003	0.095
Tarp populiacijų regionų viduje	6		2%	Fsr	0.015	0.002
Populiacijų viduje	226	103.100	95%			
Viso	235					
2020 m.						
Tarp regionų	4	0.000	0%	Frt	0.000	0.731
Tarp populiacijų regionų viduje	8	0.073	1%	Fsr	0.013	0.001
Populiacijų viduje	325	5.731	99%			
Viso	337					
2021 m.						
Tarp regionų	4	0.000	0%	Frt	0.002	0.124
Tarp populiacijų regionų viduje	9	0.073	2%	Fsr	0.016	0.001
Populiacijų viduje	358	5.731	98%			
Viso	371					
2022 m.						
Tarp regionų	4	0.03	0%	Frt	0.005	0.001
Tarp populiacijų regionų viduje	8	0.069	1%	Fsr	0.010	0.001
Populiacijų viduje	529	6.69	98%			
Viso	541					
2023 m.						
Tarp regionų	4	0.03	2%	Frt	0.022	0.001
Tarp populiacijų regionų viduje	6	0.069	3%	Fsr	0.028	0.001

Populiacijų viduje	529	6.69	95%			
Viso	561					
2024 m.						
Tarp regionų	4	0.031	0%	Frt	0.004	0.001
Tarp populiacijų regionų viduje	9	0.069	3%	Fsr	0.029	0.001
Populiacijų viduje	614	6.69	97%			
Viso	627					
2025 m.						
Tarp regionų	4	0.029	0%	Frt	0.004	0.004
Tarp populiacijų regionų viduje	7	0.153	2%	Fsr	0.022	0.001
Populiacijų viduje	523	6.822	97%			
Viso	537					

3.2.2 Genetinė struktūra

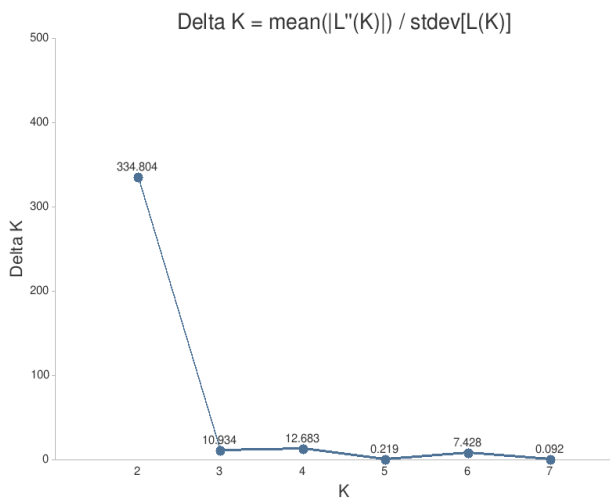
Vilkų geografinių populiacijų genetinę struktūrą ištyrėme pagal (a) Bajeso klasterinės analizės metodą (STRUCTURE programa) ir (b) pagal UPGMA klasterinę analizę (3.1.2 pav.).

UPGMA klasterinė analizė į vieną dendrogramos šaką apjungė centrinį ir pietryčių regionus ir kitą šaką - šiaurės rytų ir pietryčių regionus (rytinę Lietuvą), o Žemaitijos populiacijos buvo atskirtos į dar vieną atskirą šaką net 100 % permutacijų reikšmingumu (3.2.2 pav.). Taigi, 2025 m. stipriausiai genetiškai išsiskiria Žemaitijos regionas (100 % permutacijų reikšmingumu), ko nebuvo pastebėta ankstesniuose duomenyse. Pastebėtina, kad ir 2024 m. didėja Žemaitijos gentinis savitumas ir pietinių regionų genetinė diferenciacija (3.2.2 pav.). Tai rodo genų srautus iš vakarų Latvijos. Šie pakitę srautai gali būti tvoros rytų Lietuvoje pasekmė.

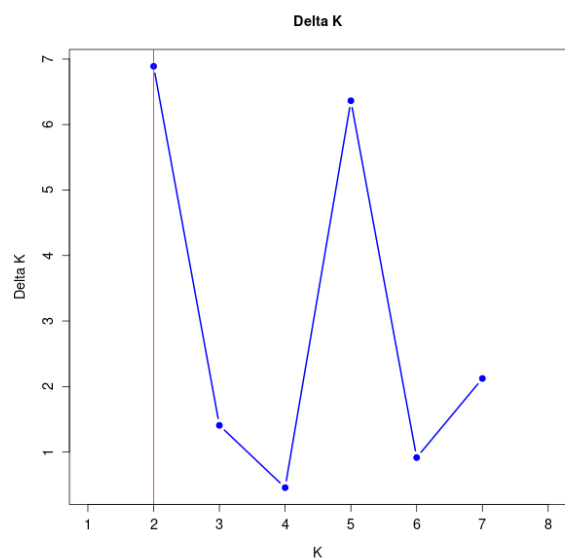
Bajeso klasterinė analizė turi vieną svarbų pranašumą prieš tradicinę UPGMA klasterinę analizę, nes pastaroji duoda bendrą evoliucinį medį ir sunku rasti vietą dendrogramoje, kur skirti genetines grupes, be to reikalauja subjektyvaus geografinio suskirstymo. Tuo tarp Bajeso sąlyginių tikimybių metodas ir MCMC atsitiktinių kartotinių ėminių algoritmas leidžia statistiniais metodais nustatyti labiausiai tikėtiną genetinių grupių skaičių ir kiekvienam individui apskaičiuoti sąlygines priskyrimo tikimybes kiekvienai iš genetinių grupių. Bajeso klasterinė analizė parodė, kad testuojant nuo 1 iki 10 genetinių grupių struktūras (po 10 kiekvienos grupės pakartojimų) pagal Earl and von Holdt (2012) metodiką, Lietuvoje yra labiausia tikėtina 3 genetiškai skirtingų vilkų grupių struktūra- DeltaK kriterijus 3-jų genetinių grupių struktūrai buvo aukščiausias (3.2.2 pav.). Tačiau Bajeso tikimybių priskyrimo histogramos rodo gana tvarias genetines struktūras ir esant 3 ar 4 genetinėms grupėms (3.2.3 pav.). Todėl pateikiame geografinius STRUCTURE genetinių grupių žemėlapius su 2-5 genetinėmis grupėmis (3.2.4 ir 2.3.5

pav.). Pirmas pastebėjimas yra, kad kaip ir 2024 m., 2025 m. populiacijoje ženkliai stipriau nei 2023 ir ankstesniais metais ryškėja savita genetinė struktūra atskirai pietų ir šiaurės Lietuvoje, bei aiškia diferenciuojasi 3 genetinės grupės – pietų Lietuva, centrinė Lietuva - rytų Žemaitija ir šiaurės rytų Lietuva (3.2.4 pav.). Užduodant išskirti daugiau Bajeso grupių, jos pagrinde skiriamos šiaurės rytų Lietuvoje. Tai rodo kompleksinę ir dinamišką šiaurės rytų Lietuvos populiacijų genetinę struktūrą. 2025 ir 2024 m. Taigi, 2025 m. Bajeso genetinių grupių teritorinis pasiskirstymas ženkliai skiriasi nuo 2022 ir ankstesnių metų, kur Bajeso grupės buvo pasiskirstę gana tolygiai šalies teritorijoje.

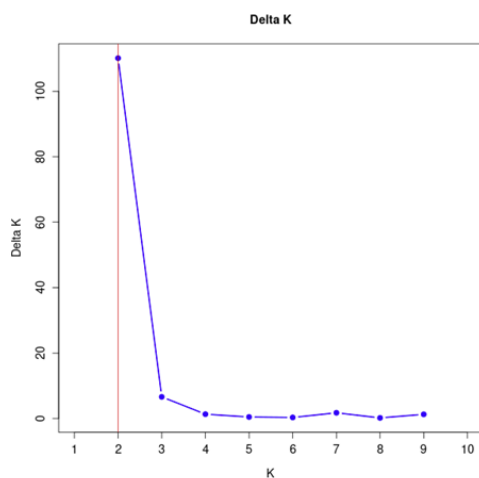
2022 m.



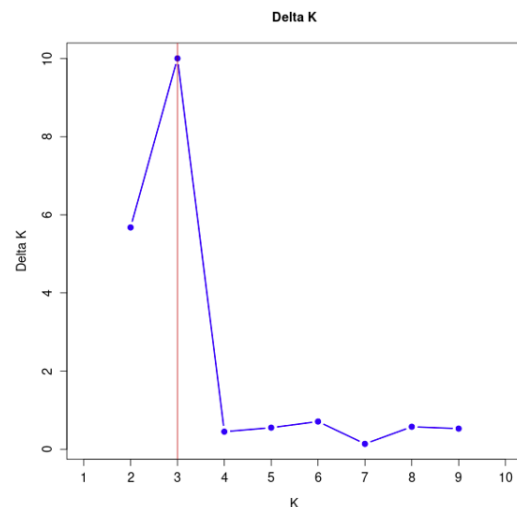
2023 m.



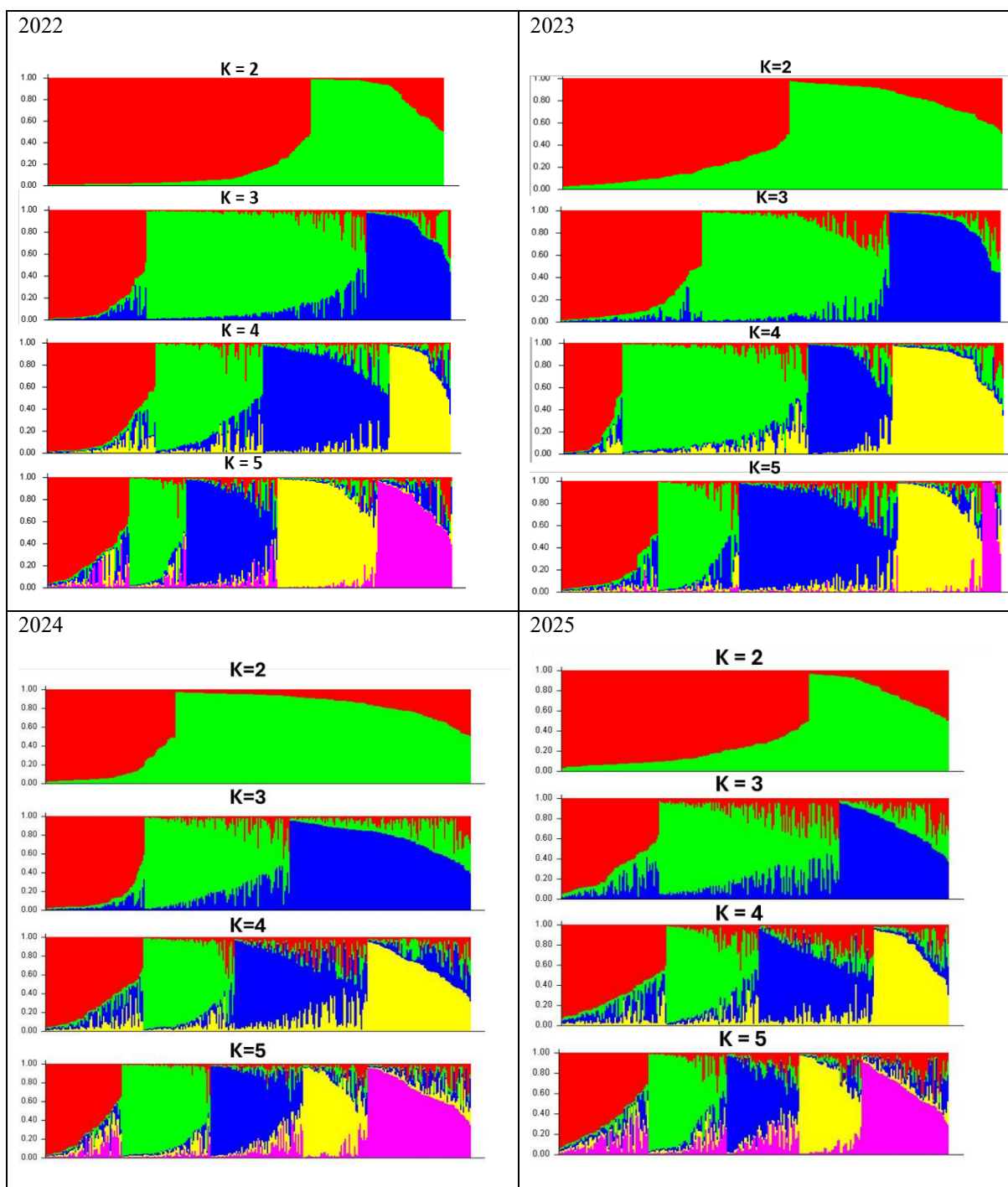
2024 m.



2025 m.

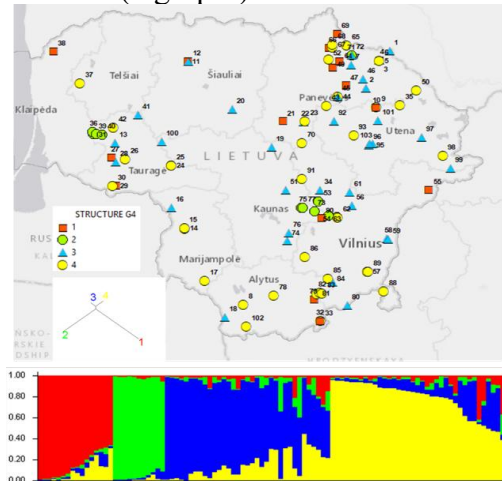


3.2.2 pav. Vilko genetinių grupių skaičiaus Lietuvoje nustatymo testo rezultatai testuojant 2 iki 8 grupių (K) struktūras 2022, 2023, 2024, 2025 sumedžiojimo populiacijose. Aukščiausias delta K kriterijus (Y ašis) rodo labiausiai tikėtiną genetinių grupių skaičių Lietuvoje.

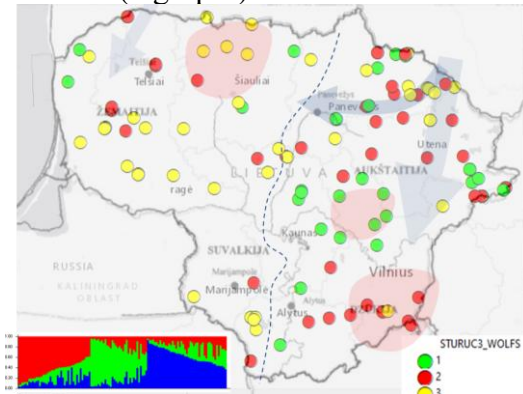


3.2.3 pav. 2022 m. populiacijos (271 vnt.) ir 2023 m. populiacijos (277 vnt.), 2024 m. populiacijos (317 vnt.) ir 2025 m. (269 vnt.) individų priskyrimo vienai iš K genetinių grupių tikimybių histogramos Bajeso klasterinės analizės metodu programa STRUCTURE. Atskirai pateiktos struktūros nuo 2 iki 5 genetinių grupių. Spalvos vienodumas rodo aukštesnę priskyrimo tikimybę. Kelios spalvos individo stulpelyje rodo priklausymą kelioms genetinėms grupėms.

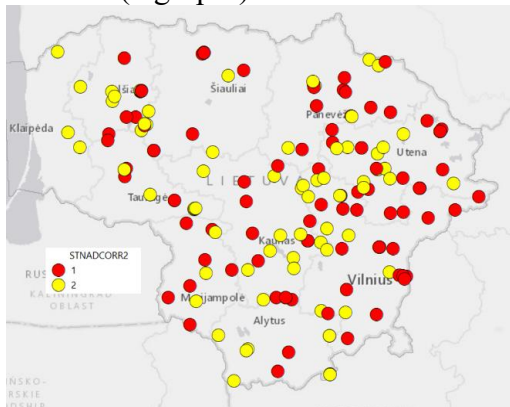
2018 m. (4 grupės)



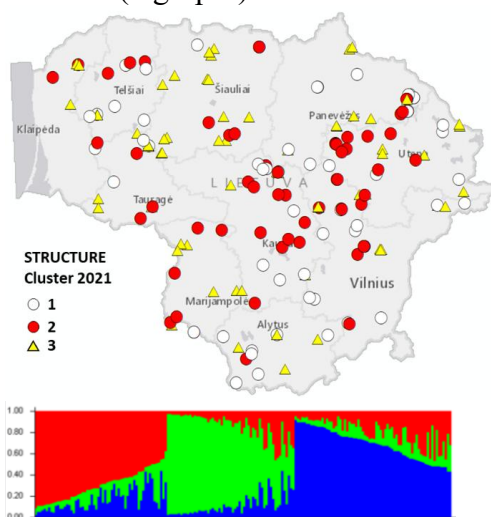
2019 m. (3 grupės)



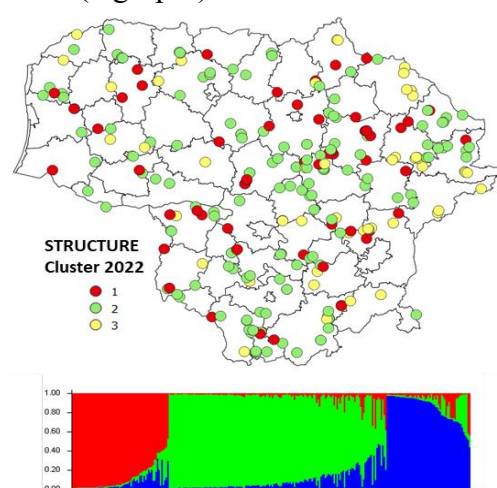
2020 m. (2 grupės)



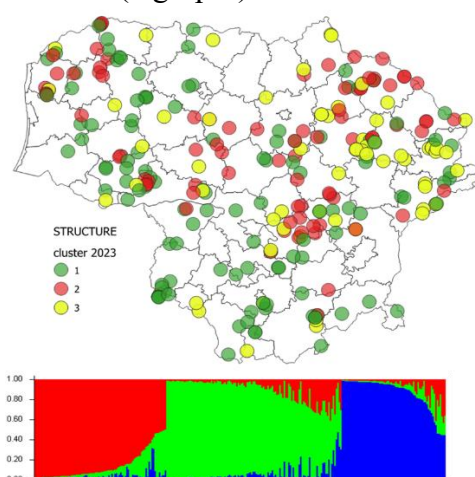
2021 m. (3 grupės)



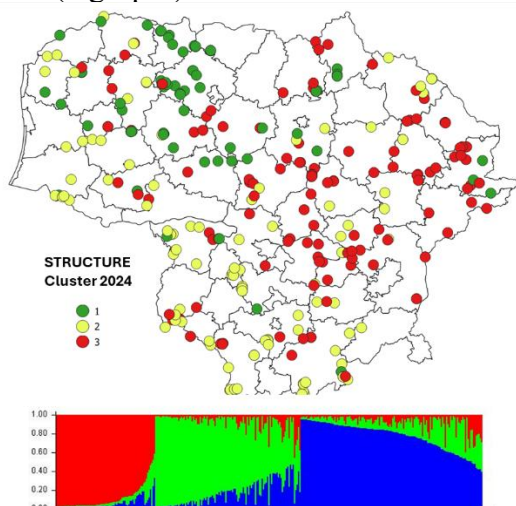
2022 (3 grupės)



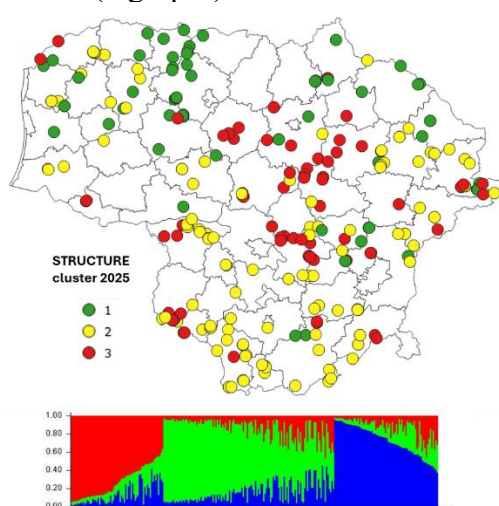
2023 m. (3 grupės)



2024 (3 grupės)



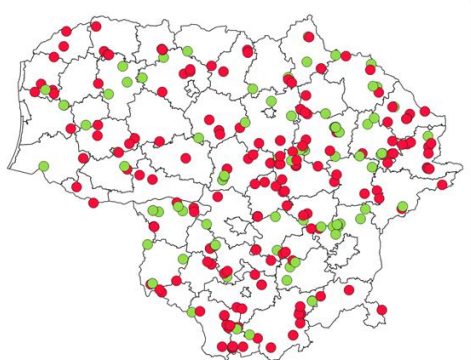
2025 (3 grupės)



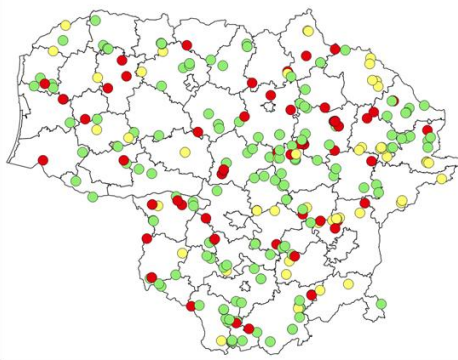
3.2.4. pav. Vilkų individų, priskirtų vienai iš STRUCTURE genetinių grupių, geografinio pasiskirstymo žemėlapis Lietuvoje pagal atskirų metų sumedžiojimo imtis. Vilkų sumedžiojimo vietas žymi genetinės grupės pažymėtas skirtingais simboliais. Rausvai pažymėtos sritys 2019 m. žemėlapyje rodo žemo stebimo heterozigotiškumo (giminių poravimosi, H_o) zonas, o rodyklės – tikėtinas genų srauto kryptis. Nuo 2023 formuojasi vis stipresnė genetinių grupių geografinė struktūrizacija.

2022 m.

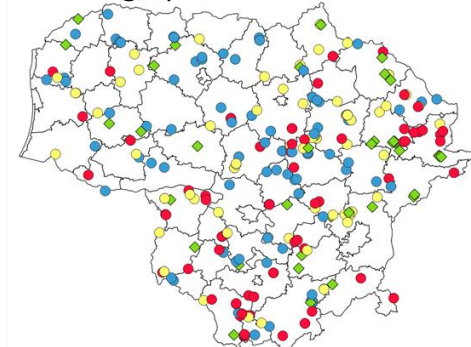
2 grupės



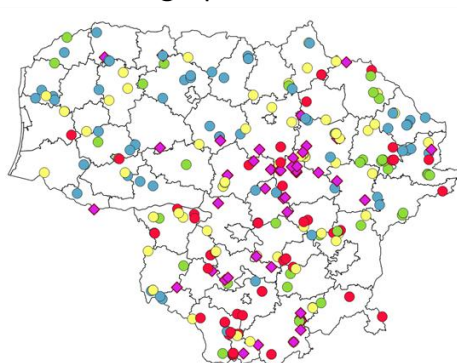
3 grupės



4 grupės

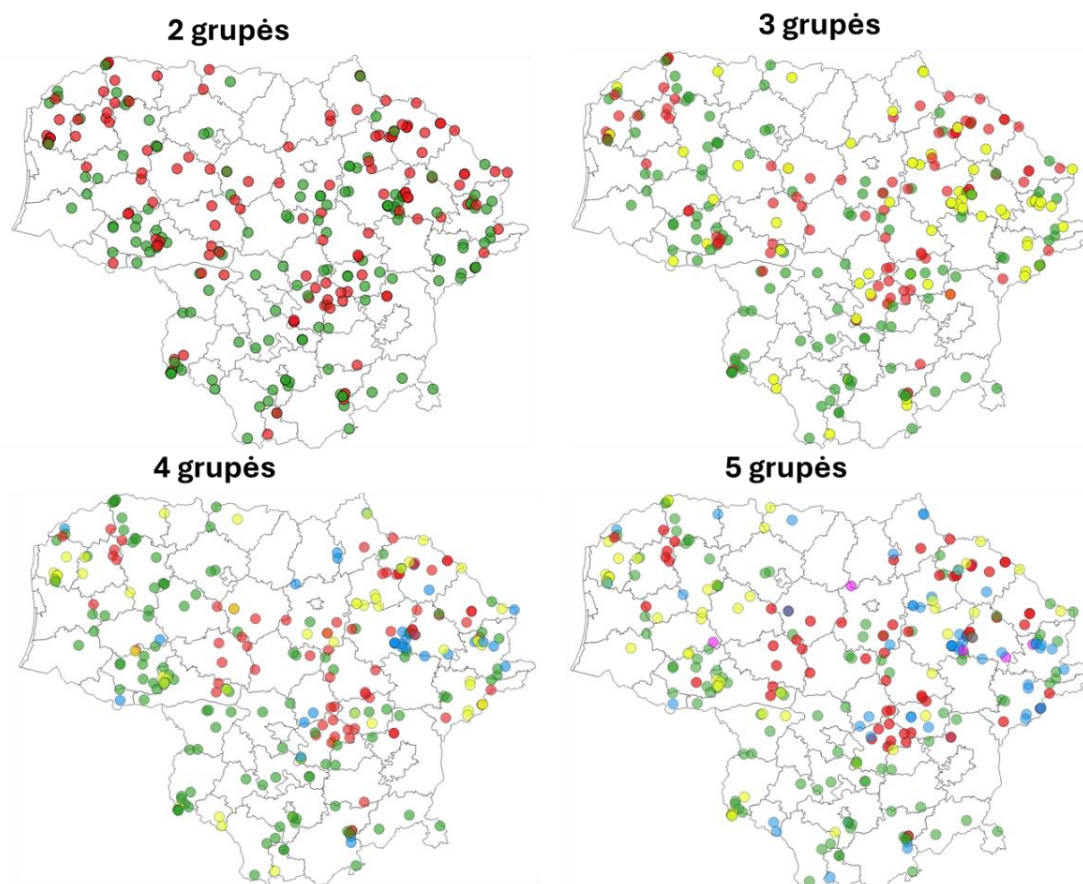


5 grupės

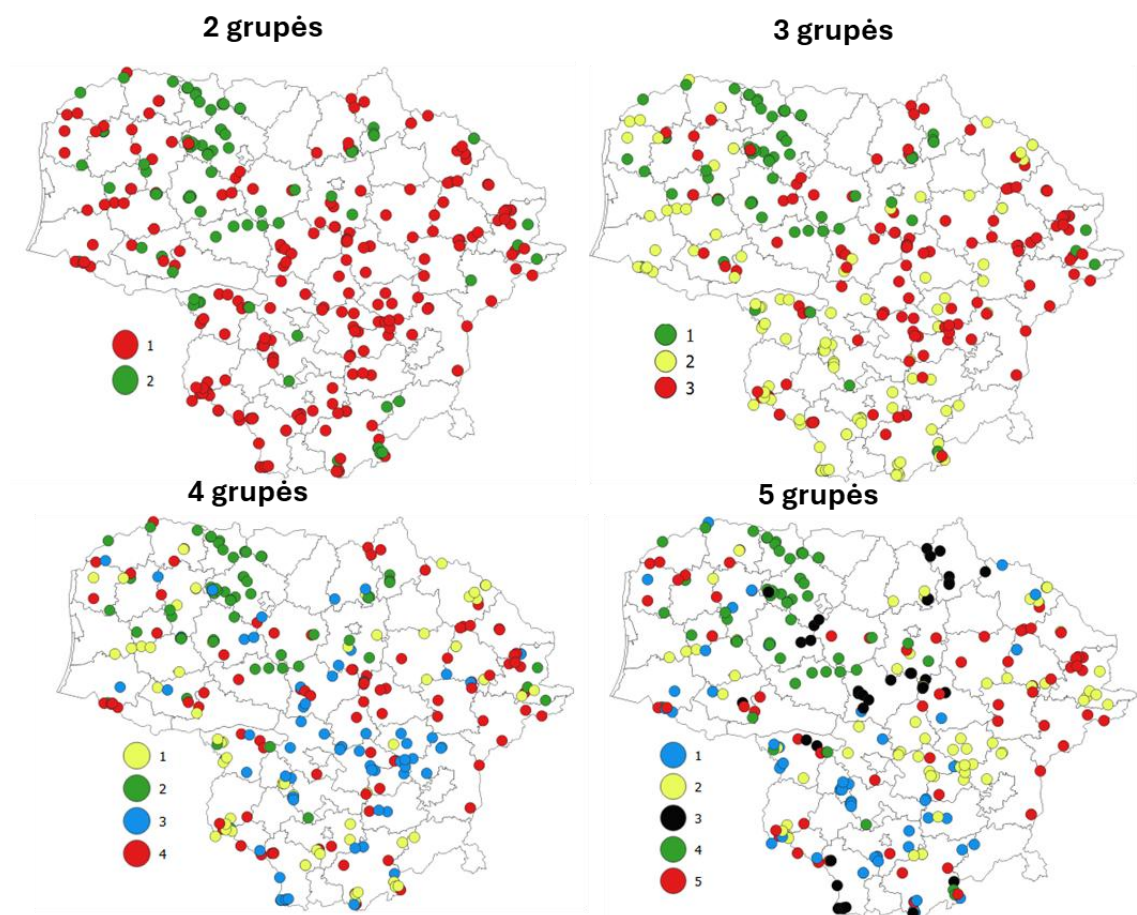


3.2.5a pav. 2022 m. sumedžiojimų vilkų individų, priskirtų vienai iš STRUCTURE genetinių grupių, geografinio pasiskirstymo žemėlapiai pagal 2, 3, 4 ir 5 genetinių grupių struktūras.

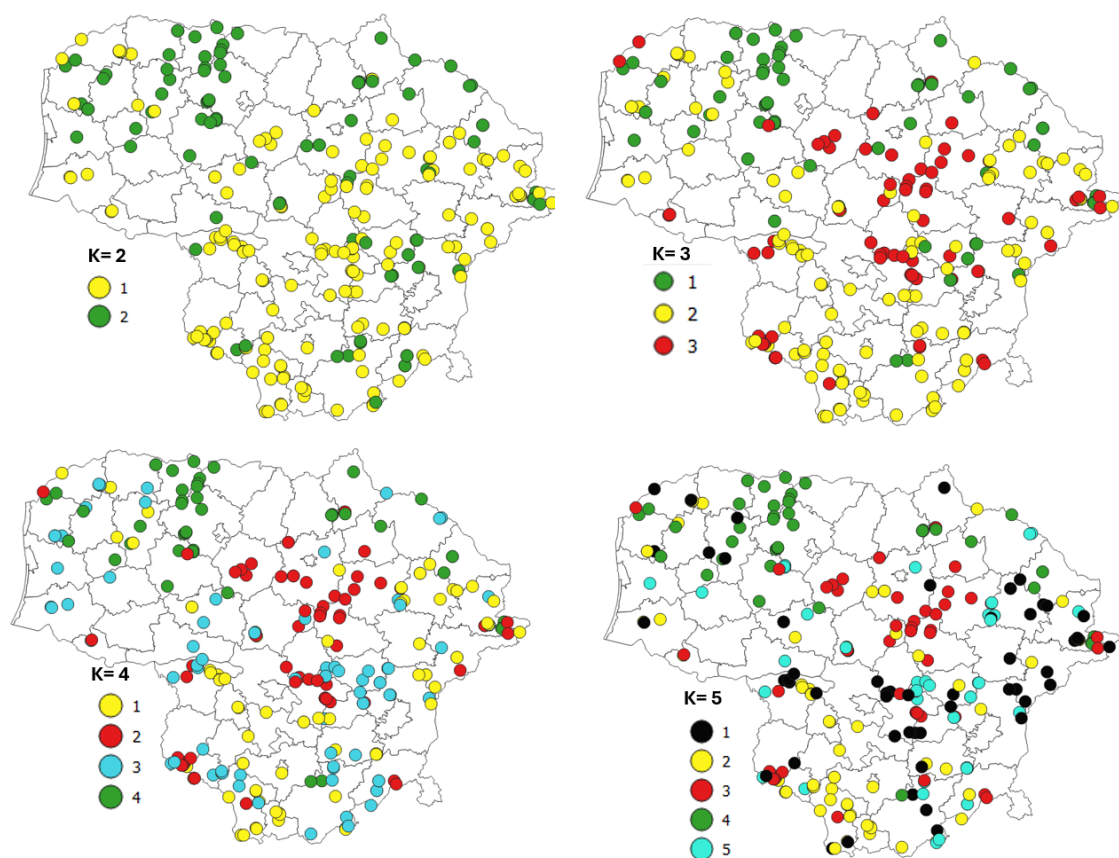
2023 m.



3.2.5b pav. 2023 m. sumedžiojimų vilkų individų, priskirtų vienai iš STRUCTURE genetinių grupių, geografinio pasiskirstymo žemėlapiai pagal 2, 3, 4 ir 5 genetinių grupių struktūras.

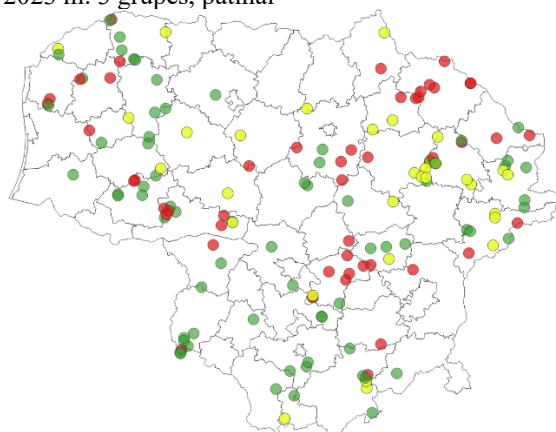


3.2.5c pav. 2024 m. sumedžiojimų vilkų individų, priskirtų vienai iš STRUCTURE genetinių grupių, geografinio pasiskirstymo žemėlapiai pagal 2, 3, 4 ir 5 genetinių grupių struktūras.

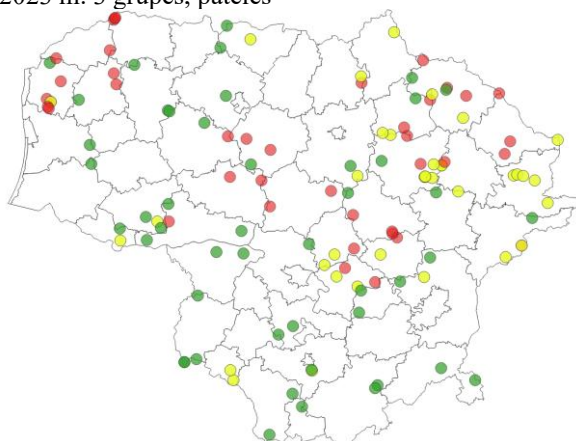


3.2.5d pav. 2025 m. sumedžiojimų vilkų individų, priskirtų vienai iš STRUCTURE genetinių grupių, geografinio pasiskirstymo žemėlapiai pagal 2, 3, 4 ir 5 genetinių grupių struktūras.

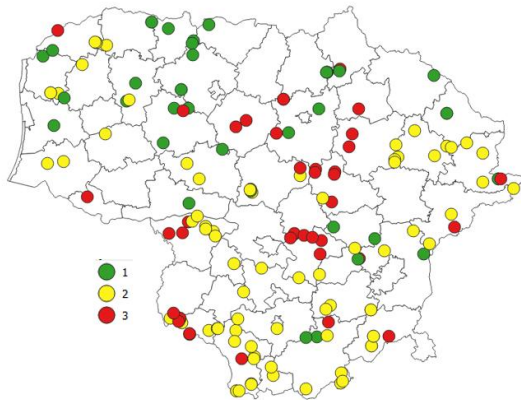
2023 m. 3 grupės, patinai



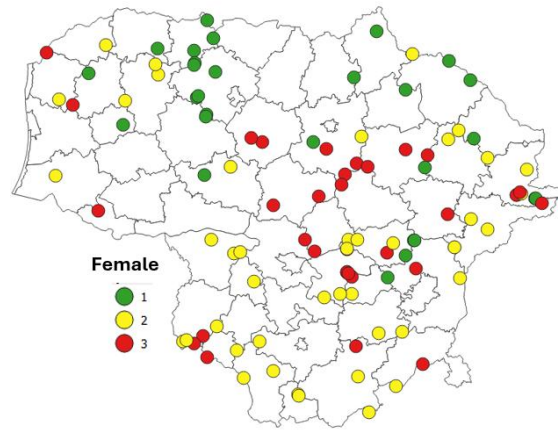
2023 m. 3 grupės, patelės



2025 m. 3 grupės, patinai



2025 m. 3 grupės, patelės



3.2.6 pav. 2023–2025 m. sumedžiojimų vilkų individų, priskirtų vienai iš STRUCTURE genetinių grupių, geografinio pasiskirstymo žemėlapiai pagal 3 genetinių grupių struktūrą atskirai patinams ir patelėms.

3.2.3 Apibendrinimas

2025 m. sumedžiojimo populiacijoje diferenciacijos indeksai parodė nežymiai silpnesnę populiaciją ir geografinių rajonų diferenciaciją nei 2024 m. Genetinės struktūros analizė pagal kelis skirtingus statistinius metodus ir eilės metų sumedžiojimo duomenis parodė, kad šalyje vilkų genetinė struktūra yra gana dinamiška, tačiau 2025 m. diferencijuojasi savitos pietų ir šiaurės Lietuvos genetinės grupės bei atskira genetinė grupė centrinėje. Lyginant su praeitų metų sumedžiojimų duomenimis, 2025–2026 m. populiacijose stiprėja genų srautai iš pietų, bei šiaurės vakarų ir silpnėja iš šiaurės rytų. Šie genų srauto pokyčiai gali sietis su naujai statoma tvora pasienyje su Baltarusija.

3.3 Hibridizacija su šunimis

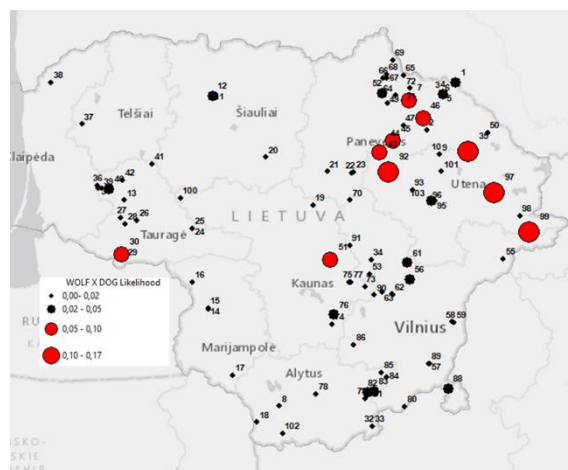
Bendra multilokusinė genetinė diferenciacija tarp 2025 m. vilkų sumedžiojimo populiacijos ir šunų populiacijos buvo ypač stipri ir statistškai reikšminga aukštu 0,001 lygmeniu ($F_{st} = 0,038^{***}$, $Dest=0,304^{***}$). Lokusų geba diferencijuoti šunis ir vilkus skyrėsi (3.3.1 lent.), tačiau visų lokusų diferenciacijos indeksai rodė statistškai reikšmingą diferenciaciją tarp vilkų ir šunų (3.3.1 pav.). Daugumos lokusų diferenciacijos indekso $Dest$ reikšmė viršijo 0,20 kas rodo reikšmingai stiprią genetinę diferenciaciją tarp vilkų ir šunų mūsų tyrime naudojamuose DNR lokusuose (sutinkamai su Godinho et al. 2011), kas rodo mūsų pasirinktos DNR žymenų sistemos efektyvumą vilko/šuns populiacijų introgresijos tyrimui. Taigi, kartu su aukštais lokusų polimorfiškumo rodikliais (žr. 3.1.1 poskyryje) šie reikšmingi diferenciacijos

indeksai rodo, kad mūsų naudotas DNR lokusų derinys statistiškai patikimai diferencijuoja ir yra tinkamas šunų - vilkų hibridizacijos tyrimui.

3.3.1 lent. 2025 m. vilko populiacijos ir šuns populiacijos genetinės diferenciacijos indeksai ir jų reikšmingumas.

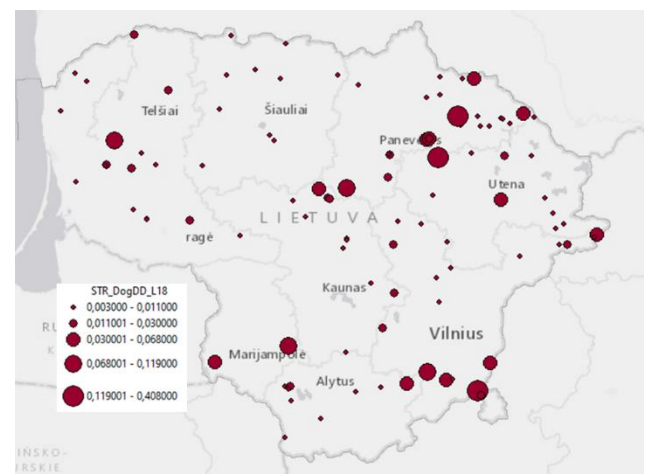
Locus	Gst	P (Gst)	Dest	P Dest	Fst	Fst
AHT121	0.056	0.001	0.563	0.001	0.061	0.001
AHT137	0.051	0.001	0.556	0.001	0.055	0.001
AHTh171	0.025	0.001	0.219	0.001	0.029	0.001
AHTh260	0.005	0.048	0.052	0.034	0.009	0.045
AHTk211	0.021	0.001	0.101	0.001	0.025	0.001
AHTk253	0.037	0.001	0.335	0.001	0.042	0.001
CXX279	0.083	0.001	0.655	0.001	0.088	0.001
FH2054	0.014	0.004	0.127	0.003	0.018	0.004
FH2848	0.042	0.001	0.423	0.001	0.047	0.001
INRA21	0.054	0.001	0.453	0.001	0.059	0.001
INU005	0.046	0.001	0.445	0.001	0.050	0.001
INU030	0.054	0.001	0.322	0.001	0.058	0.001
INU055	0.036	0.001	0.154	0.001	0.040	0.001
REN162C04	0.030	0.001	0.352	0.001	0.034	0.001
REN169D01	0.008	0.012	0.092	0.011	0.013	0.012
REN169O18	0.009	0.009	0.106	0.005	0.014	0.010
REN247M23	0.062	0.001	0.343	0.001	0.067	0.001
REN54P11	0.047	0.001	0.280	0.001	0.053	0.001
Tot	0.038	0.001	0.304	0.001	0.042	0.001

2018 m.

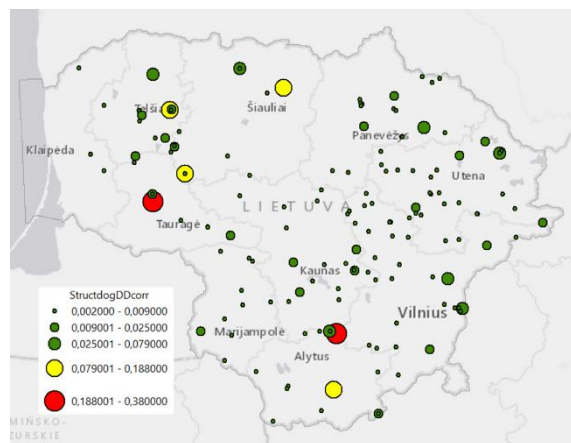


2019

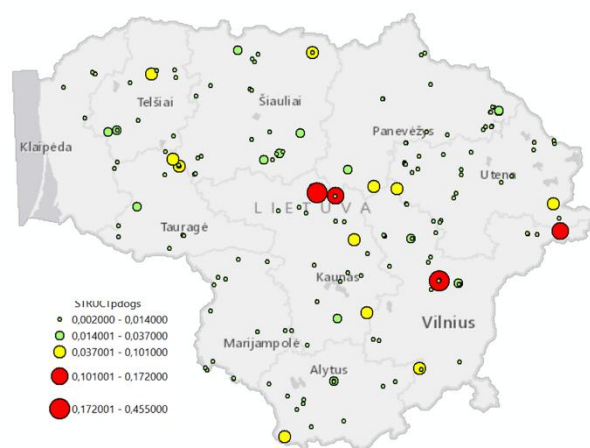
m



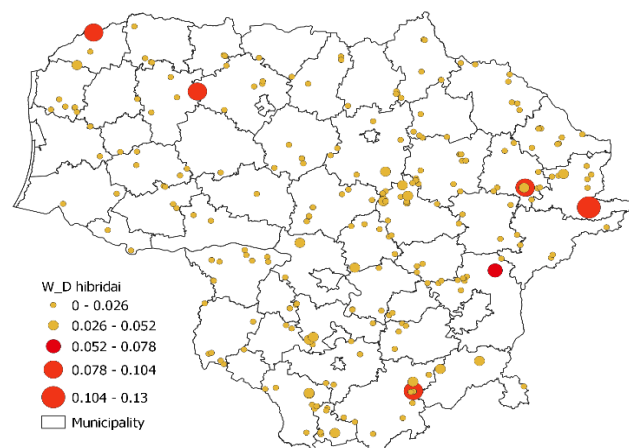
2020 m.



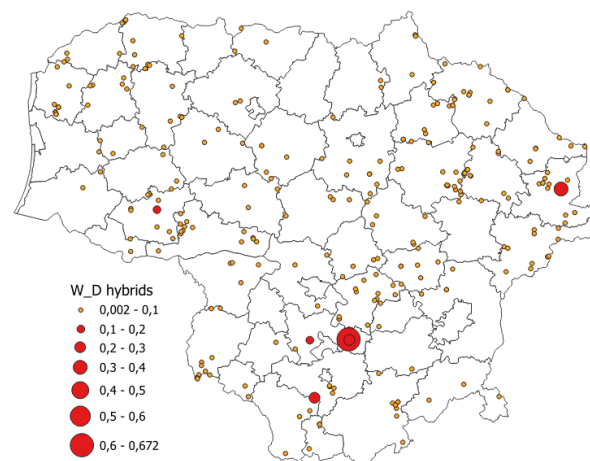
2021 m.



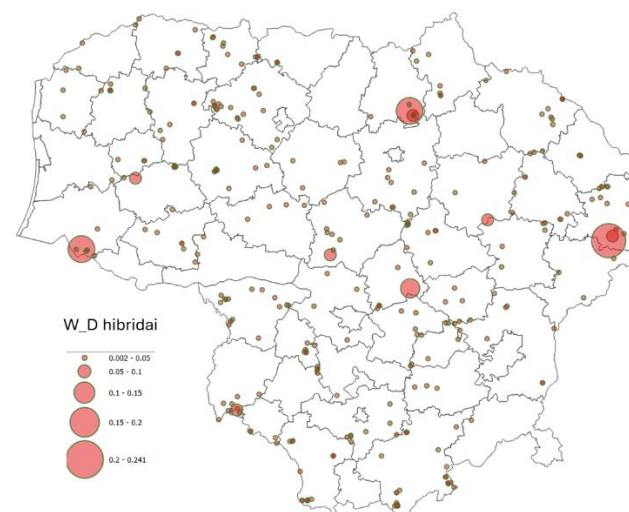
2022 m.



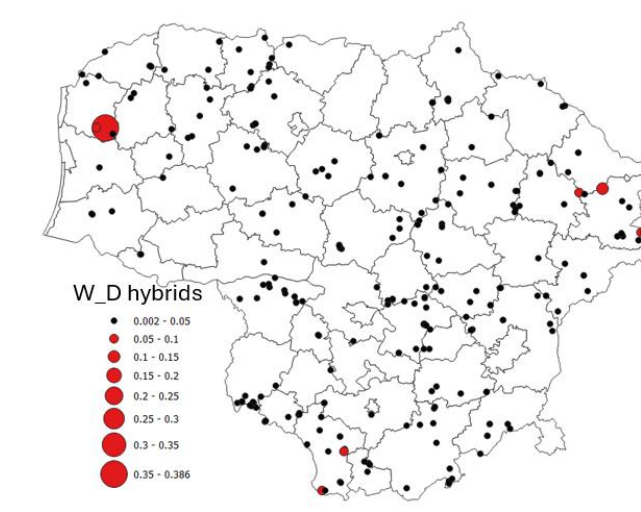
2023 m.



2024 m.



2025 m.



3.3.2 pav. STRUCTURE Bajeso vilkų-šunų klasterinė analizė pagal admiksijos ir nepriklausomų alelių dažnių pasiskirstymo algoritmą. Vilkų sumedžiojimo vietos pažymėtos apskritimais, kurių dydis parodo priskyrimo analizės šunų genetinei grupei tikimybės pagal 2018-2025 m. DNR tyrimo rezultatus. Tikimybės kinta nuo 0 iki 1. Taškai žymi vilkų sumedžiojimo vietas, jų dydis Bajeso tikimybę priklausyti šunų genetinei grupei ir taip rodo hibridizacijos su šunimis laipsnį individo tėvų ir ankstesnėse kartose. Tikėtina, kad Bajeso tikimybė priskyrimui šunų genetinei grupei didesnė nei 0.05 rodo hibridizacijos su šunimis atvejus tėvinėse kartose (Godinho et al. 2011, Dziech 2021).	

Bajeso vilkų ir šunų populiacijų klasterinės analizės rezultatai parodė, kad daugumai iš 269 individų priskyrimo tikimybės buvo mažesnės nei 0,05 (3.3.2 lent.). Tačiau 8 iš 269 vilkų individų turėjo genetinio priskyrimo šunų populiacijai koeficientus didesnius nei 0,05, o 1-nas individas turėjo 0.39 koeficientą (Telšių pop., 3.3.2 lent.). Santykinai daugiau tikėtinų hibridų palikuonių sumedžiota šalies pietinėje ir rytinėje dalyje (3.3.2 pav.). Aštuonių stipriausius panašumo su šunimis vilkų vidutinis stebimas heterozigotiškumas buvo ženkliai aukštesnis nei likusių vilkų populiacijos individų, kas patvirtina hibridizacijos tikimybę (3.3.3 pav.) Stebima tendencija, kad 2018, 2019, 2021, 2022, 2023, 2024, 2025 m. duomenyse santykinai aukštesni giminystės su šunimis koeficientai buvo aptikti rytų Lietuvoje (3.3.2 pav.). Mažas populiacijos dydis gali lemti didesnę hibridizacijos intensyvumą su kitomis rūšimis, jei savos rūšies porų skaičius mažas (Allendorf and Luikart 2007, p. 428). Tačiau mūsų atveju, populiacijos gausa tikrai nėra tokia žema, kad skatintų natūralią hibridizaciją. Mūsų tyrime gauti hibridizacijos intensyvumo rezultatai yra panašūs į Čekijoje, Lenkijoje ir Ispanijoje vykdytų hibridizacijos tyrimų rezultatus su SSR žymenų sistemomis, kur vilkų introgresijos su šunimis koeficientai neviršijo 0,15. (Godinho et al. 2011, Randi et al, 2014, Huvla et al. 2017), pvz. Ispanijos Iberijos dalyje apie 4 proc. tirtų individų turėjo introgresijos su šunimis koeficientus $q = 0.10 - 0.12$ (Godinho et al. 2011). Tokios tikimybės susidaro esant kartotiniams grįžtamosios hibridizacijos atvejams ar/ir hibridizacija vėlesnėse kartose, kaip Lietuvoje vilko populiacijai patiriant esant butelio kalelio efektą apie 1970 m (Godinho et al. 2011). Šios eilę metų gaunamos tikimybės rodo, kad jei ši hibridizacija vyko, jei natūraliai, tai tikėtinas laikmetis yra populiacijos butelio kaklelio metas, praeito amžiaus 6 ar 7-tame dešimtmetyje. Be to, galimi ir į gamtą išleistos dirbtinės hibridizacijos padariniai.

3.3.2 lent. STRUCTURE vilkų/šunų populiacijų individų Bajeso klasterinės analizės rezultatai. Dešiname stulpelyje duoti genetinio priskyrimo šunų populiacijai koeficientai (q), kurie gali vyrauti nuo 0 (gryna vilkų populiacija) iki 1 (gryna šunų populiacija). Jei $q > 0,05$ tikėtina hibridizacija ankstesnės kartose, q apie 0,5 rodo F1 kartos hibridą.

id	POP	Genetinio priskyrimo šunų populiacijai tikimybės	Lytis	H-indiv	Bajeso grupė 3	Šeima pagal motiną	Retų alelių skaičius <0.05
25-098	TELS	0.386	Y	0.889	2	50	10
25-271	ROKI	0.103	Y	0.778	2	44	6
25-116	LAZD	0.095	Y	0.778	2	58	6
25-111	LAZD	0.077	Y	0.889	2	56	5
25-032	ROKI	0.061	Y	0.778	1	23	5
25-101	TELS	0.058	Y	0.722	2	18	5
25-227	UTEN	0.058	Y	0.833	2	96	7
25-035	ROKI	0.056	Y	0.889	3	18	6
25-204	VILN	0.044	Y	0.833	3	87	4
25-207	VILN	0.04	Y	0.889	2	89	2
25-230	UTEN	0.038	X	0.778	2	96	3
25-235	VARE	0.029	X	0.944	2	78	3
25-036	ROKI	0.025	X	0.833	2	26	4
25-168	SAKI	0.025	Y	0.556	2	44	4
25-217	VILN	0.024	X	0.889	2	93	6
25-075	LAZD	0.023	Y	0.778	2	42	6
25-012	UTEN	0.022	Y	0.667	3	10	3
25-133	PASV	0.022	Y	0.778	1	7	3
25-033	ROKI	0.021	X	0.833	1	24	6
25-240	VARE	0.02	Y	0.833	2	98	6
25-273	ROKI	0.02	X	0.833	2	96	5
25-199	ELEK	0.019	X	0.833	2	86	6
25-079	SAKI	0.015	X	0.833	2	45	5
25-272	ROKI	0.015	Y	0.944	2	21	8
25-146	SIAU	0.014	Y	0.556	3	69	4
25-191	SILU	0.014	Y	0.833	2	32	5
25-237	VARE	0.014	Y	0.778	2	42	7
25-031	ROKI	0.013	Y	0.833	2	23	5
25-040	ROKI	0.013	X	0.944	3	26	2
25-065	ELEK	0.013	X	0.778	2	39	4
25-107	LAZD	0.013	Y	0.722	2	6	5
25-112	LAZD	0.013	Y	0.778	2	19	3
25-007	VARE	0.012	Y	0.556	2	5	4
25-245	VARE	0.012	Y	0.889	2	52	6
25-067	ELEK	0.011	X	0.667	2	22	3
25-083	SIAU	0.011	Y	0.778	2	40	4
25-173	SAKI	0.011	Y	0.722	2	77	4
25-105	LAZD	0.009	Y	0.944	2	19	4
25-236	VARE	0.009	Y	0.611	1	37	6

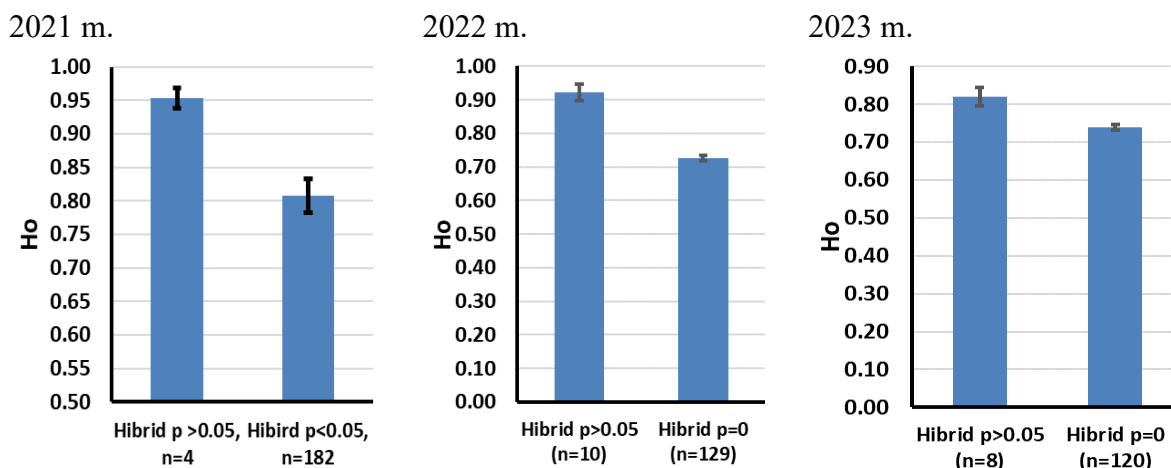
25-244	VARE	0.009	Y	0.944	1	4	8
25-011	UTEN	0.008	X	0.889	3	9	3
25-015	UTEN	0.008	Y	0.833	2	13	5
25-037	ROKI	0.008	X	0.889	3	26	1
25-039	ROKI	0.008	X	0.833	2	26	2
25-043	ROKI	0.008	X	0.778	3	30	3
25-066	ELEK	0.008	Y	0.722	2	22	2
25-178	VARE	0.008	Y	1.000	2	78	6
25-194	SILU	0.008	Y	0.611	2	58	3
25-010	LAZD	0.007	X	0.667	2	8	7
25-048	ELEK	0.007	X	0.778	3	30	2
25-049	ELEK	0.007	X	0.833	3	31	3
25-060	ELEK	0.007	Y	0.889	3	30	2
25-095	SIAU	0.007	Y	0.889	1	47	2
25-130	PASV	0.007	Y	0.889	3	64	7
25-141	TELS	0.007	X	0.722	1	68	5
25-212	TELS	0.007	Y	1.000	2	10	2
25-214	VILN	0.007	X	0.667	2	92	3
25-218	UTEN	0.007	Y	0.611	3	63	4
25-247	LAZD	0.007	Y	0.889	2	100	7
25-030	ELEK	0.006	X	0.889	2	22	3
25-042	ROKI	0.006	X	0.611	2	29	3
25-050	ELEK	0.006	X	0.722	2	32	7
25-055	ELEK	0.006	X	0.500	3	36	4
25-068	ELEK	0.006	Y	0.778	3	31	5
25-073	LAZD	0.006	Y	0.833	2	33	5
25-076	LAZD	0.006	X	0.667	2	43	7
25-099	TELS	0.006	X	0.889	2	51	4
25-123	SILU	0.006	Y	0.722	3	61	5
25-128	PASV	0.006	X	0.778	1	64	2
25-131	PASV	0.006	Y	0.778	3	65	6
25-152	TELS	0.006	X	0.722	1	68	3
25-153	ROKI	0.006	X	0.778	1	71	6
25-160	TELS	0.006	Y	0.722	2	74	7
25-183	SIAU	0.006	X	0.667	1	3	4
25-196	ELEK	0.006	Y	0.667	1	7	3
25-202	VILN	0.006	X	0.778	2	87	3
25-238	VARE	0.006	X	0.778	2	12	1
25-241	VARE	0.006	Y	0.833	2	99	5
25-253	LAZD	0.006	Y	0.944	3	57	4
25-274	LAZD	0.006	X	0.833	2	99	5
25-275	LAZD	0.006	X	0.833	2	51	7
25-278	VILN	0.006	Y	0.778	2	2	3
25-279	SIAU	0.006	Y	0.611	2	78	4
25-022	VARE	0.005	X	0.944	2	11	4
25-027	ELEK	0.005	X	0.500	1	20	2
25-052	SILU	0.005	Y	1.000	1	34	5

25-064	ELEK	0.005	X	0.889	2	37	3
25-070	LAZD	0.005	Y	0.722	3	40	1
25-077	SAKI	0.005	Y	0.778	2	43	5
25-093	SIAU	0.005	X	0.833	1	47	4
25-096	TELS	0.005	Y	0.556	1	48	5
25-100	TELS	0.005	Y	0.889	2	51	7
25-109	LAZD	0.005	X	0.778	2	19	4
25-113	LAZD	0.005	Y	0.778	2	12	4
25-117	LAZD	0.005	Y	0.778	2	41	2
25-145	SIAU	0.005	Y	0.722	3	70	3
25-174	SAKI	0.005	X	0.722	2	73	3
25-176	VARE	0.005	X	0.722	2	78	3
25-184	SIAU	0.005	X	0.722	1	1	6
25-190	SIAU	0.005	X	0.833	1	1	4
25-195	ELEK	0.005	X	0.944	1	7	5
25-197	ELEK	0.005	X	0.722	3	84	4
25-200	ELEK	0.005	Y	0.889	1	67	6
25-200B	ROKI	0.005	Y	0.944	1	7	4
25-201	VILN	0.005	X	0.722	2	87	3
25-203	VILN	0.005	X	0.778	2	42	6
25-223	UTEN	0.005	Y	0.611	2	95	4
25-229	UTEN	0.005	Y	0.778	2	97	2
25-232	UTEN	0.005	Y	0.778	2	13	3
25-233	UTEN	0.005	Y	0.778	2	79	7
25-242	VARE	0.005	X	0.833	3	2	4
25-252	LAZD	0.005	Y	0.889	3	57	6
25-263	VILN	0.005	Y	0.944	1	7	5
25-265	VILN	0.005	Y	0.833	2	51	5
25-266	VILN	0.005	X	0.833	2	29	2
25-002	TELS	0.004	X	0.722	1	2	3
25-005	TELS	0.004	Y	0.722	1	3	4
25-016	UTEN	0.004	X	0.889	1	7	5
25-017	UTEN	0.004	Y	0.889	3	14	4
25-018	PASV	0.004	Y	0.722	1	15	3
25-019	PASV	0.004	Y	0.667	3	16	5
25-025	VARE	0.004	Y	0.778	2	19	6
25-045	ELEK	0.004	Y	0.778	3	30	5
25-051	TELS	0.004	Y	0.722	1	33	4
25-054	ELEK	0.004	X	0.333	3	36	3
25-058	ELEK	0.004	X	0.778	3	36	2
25-059	ELEK	0.004	X	0.556	3	36	1
25-063	ELEK	0.004	X	0.667	3	37	3
25-084	SIAU	0.004	Y	0.556	3	46	5
25-091	SIAU	0.004	Y	0.722	1	33	3
25-094	SIAU	0.004	X	0.667	1	47	4
25-106	LAZD	0.004	X	0.778	2	53	5
25-114	LAZD	0.004	Y	0.833	2	19	3

25-120	TELS	0.004	Y	0.833	2	49	6
25-122	UTEN	0.004	X	0.611	3	9	3
25-147	SIAU	0.004	X	0.889	3	69	3
25-149	SIAU	0.004	X	0.778	1	72	6
25-151	SIAU	0.004	X	0.778	2	73	6
25-154	ROKI	0.004	Y	0.667	1	74	5
25-156	ROKI	0.004	X	0.833	1	71	3
25-157	ROKI	0.004	X	0.944	2	74	5
25-206	VILN	0.004	Y	0.778	2	88	0
25-210	TELS	0.004	X	0.778	2	90	6
25-215	VILN	0.004	Y	0.556	2	92	2
25-216	VILN	0.004	Y	0.667	2	92	2
25-219	UTEN	0.004	X	0.778	3	63	3
25-226	UTEN	0.004	X	0.778	3	14	3
25-228	UTEN	0.004	X	0.722	2	96	2
25-234	UTEN	0.004	Y	0.778	2	96	5
25-239	VARE	0.004	Y	0.778	2	5	3
25-249	LAZD	0.004	X	0.889	2	100	6
25-250	LAZD	0.004	Y	0.833	2	43	5
25-255	LAZD	0.004	X	0.833	3	57	4
25-261	VILN	0.004	Y	0.778	2	41	3
25-262	VILN	0.004	X	0.722	3	39	6
25-276	ELEK	0.004	X	0.833	3	70	4
25-277	SAKI	0.004	Y	0.722	3	36	3
25-280	SIAU	0.004	Y	0.722	3	104	4
25-003	TELS	0.003	X	0.722	1	1	2
25-004	TELS	0.003	X	0.444	1	3	4
25-006	TELS	0.003	Y	0.611	1	4	3
25-008	LAZD	0.003	Y	0.833	2	6	3
25-009	LAZD	0.003	Y	0.722	2	7	3
25-013	UTEN	0.003	X	0.778	2	11	3
25-020	PASV	0.003	Y	0.889	1	17	0
25-021	PASV	0.003	X	0.722	1	18	1
25-023	VARE	0.003	Y	0.778	2	11	5
25-024	VARE	0.003	X	0.722	2	11	5
25-028	ELEK	0.003	Y	0.778	1	20	2
25-029	ELEK	0.003	Y	0.667	2	21	2
25-034	ROKI	0.003	X	0.778	1	25	1
25-038	ROKI	0.003	Y	0.833	2	27	3
25-041	ROKI	0.003	Y	0.778	2	28	2
25-044	ELEK	0.003	Y	0.667	3	30	2
25-056	ELEK	0.003	Y	0.444	3	36	2
25-061	ELEK	0.003	Y	0.778	3	37	2
25-062	ELEK	0.003	Y	0.778	3	38	2
25-069	LAZD	0.003	Y	0.722	3	40	4
25-071	LAZD	0.003	Y	0.833	3	40	1
25-072	LAZD	0.003	X	0.722	3	40	3

25-074	LAZD	0.003	Y	0.667	2	41	5
25-078	SAKI	0.003	Y	0.833	2	44	3
25-087	SIAU	0.003	X	0.556	3	36	3
25-088	SIAU	0.003	Y	0.889	2	33	5
25-103	UTEN	0.003	X	0.778	1	15	4
25-108	LAZD	0.003	Y	0.833	2	54	4
25-118	TELS	0.003	Y	0.778	1	1	1
25-119	TELS	0.003	Y	0.667	1	59	3
25-121	TELS	0.003	X	0.611	1	60	5
25-124	SILU	0.003	X	0.944	3	62	2
25-126	PASV	0.003	X	0.833	3	38	4
25-127	PASV	0.003	X	0.667	3	63	1
25-129	PASV	0.003	Y	0.833	1	64	6
25-134	PASV	0.003	X	0.778	1	17	0
25-135	PASV	0.003	Y	0.667	1	15	2
25-137	PASV	0.003	Y	0.611	1	15	2
25-138	PASV	0.003	Y	0.667	1	15	2
25-139	TELS	0.003	X	0.833	2	67	1
25-140	TELS	0.003	Y	0.889	2	33	6
25-144	SIAU	0.003	X	0.556	3	69	3
25-148	SIAU	0.003	Y	1.000	1	71	5
25-150	SIAU	0.003	Y	0.833	2	73	3
25-158	TELS	0.003	Y	0.778	2	49	5
25-159	TELS	0.003	X	0.778	2	49	5
25-161	TELS	0.003	Y	0.722	2	74	3
25-162	TELS	0.003	Y	0.778	3	56	1
25-163	TELS	0.003	X	0.944	3	52	5
25-166	SAKI	0.003	Y	0.778	2	73	2
25-167	SAKI	0.003	Y	0.778	2	73	2
25-171	SAKI	0.003	Y	0.667	2	75	4
25-172	SAKI	0.003	Y	0.667	3	48	3
25-175	SAKI	0.003	X	0.833	2	12	3
25-177	VARE	0.003	Y	0.889	2	16	5
25-180	VARE	0.003	X	0.778	3	79	2
25-181	VARE	0.003	Y	0.722	2	80	2
25-182	VARE	0.003	Y	0.833	2	81	5
25-185	SIAU	0.003	Y	0.722	1	1	4
25-188	SIAU	0.003	X	0.667	1	83	5
25-192	SILU	0.003	Y	0.889	2	21	6
25-193	SILU	0.003	X	0.889	2	21	4
25-198	ELEK	0.003	X	0.889	2	85	3
25-205	VILN	0.003	X	0.778	2	88	2
25-209	TELS	0.003	Y	0.833	1	68	3
25-211	TELS	0.003	Y	0.833	1	91	0
25-213	VILN	0.003	Y	0.889	2	28	4
25-222	UTEN	0.003	Y	0.722	3	94	3
25-225	UTEN	0.003	Y	0.556	3	70	1

25-231	UTEN	0.003	Y	0.833	2	13	4
25-243	VARE	0.003	Y	0.833	3	2	4
25-251	LAZD	0.003	Y	0.889	3	57	6
25-254	LAZD	0.003	Y	0.889	3	57	6
25-258	LAZD	0.003	X	0.889	3	57	6
25-259	VILN	0.003	X	0.611	1	7	5
25-260	VILN	0.003	X	0.833	1	58	4
25-264	VILN	0.003	Y	0.778	2	102	4
25-267	VILN	0.003	Y	0.722	2	53	2
25-270	ROKI	0.003	X	0.778	1	103	3
25-001	TELS	0.002	Y	0.889	1	1	4
25-014	UTEN	0.002	X	0.778	3	12	1
25-026	ELEK	0.002	Y	0.611	3	20	1
25-053	ELEK	0.002	X	0.944	2	35	2
25-081	SIAU	0.002	Y	0.833	1	35	3
25-082	SIAU	0.002	X	0.722	3	40	5
25-085	SIAU	0.002	Y	0.778	2	35	2
25-086	SIAU	0.002	Y	0.778	1	35	1
25-092	SIAU	0.002	Y	0.778	1	1	4
25-097	TELS	0.002	Y	0.611	1	49	2
25-102	TELS	0.002	Y	0.667	1	52	5
25-104	UTEN	0.002	Y	0.500	3	10	0
25-110	LAZD	0.002	Y	1.000	2	55	2
25-115	LAZD	0.002	Y	0.833	3	57	2
25-125	PASV	0.002	X	0.722	3	38	3
25-132	PASV	0.002	Y	0.722	3	66	3
25-136	PASV	0.002	Y	0.667	1	15	2
25-142	TELS	0.002	X	0.556	3	23	4
25-143	TELS	0.002	Y	0.889	1	23	6
25-165	SAKI	0.002	Y	0.833	3	75	4
25-169	SAKI	0.002	X	0.722	2	76	3
25-170	SAKI	0.002	Y	0.778	2	76	2
25-179	VARE	0.002	Y	0.611	3	79	5
25-186	SIAU	0.002	X	0.556	1	82	3
25-187	SIAU	0.002	Y	0.667	1	83	5
25-189	SIAU	0.002	Y	0.611	1	83	4
25-208	TELS	0.002	X	0.833	2	60	6
25-221	UTEN	0.002	Y	0.722	3	63	3
25-224	UTEN	0.002	Y	0.667	3	70	2
25-256	LAZD	0.002	Y	0.611	3	101	3
25-257	LAZD	0.002	Y	0.722	3	57	4
25-269	ROKI	0.002	Y	0.833	1	90	4



3.3.3 pav. 2021 - 2023 m. rasti stipriausiai į šunis panašūs individai turėjo ženkliai aukštesnį H_o rodiklį nei likę vilkai, kas patvirtina hibridizacijos tikimybę. 2024 m. hibridų (10 vnt.) $H_o=0,78$, likusių $H_o=0,75$. 2025 m. hibridų 8 vnt. $H_o=0,82$, likusių- 0,76.

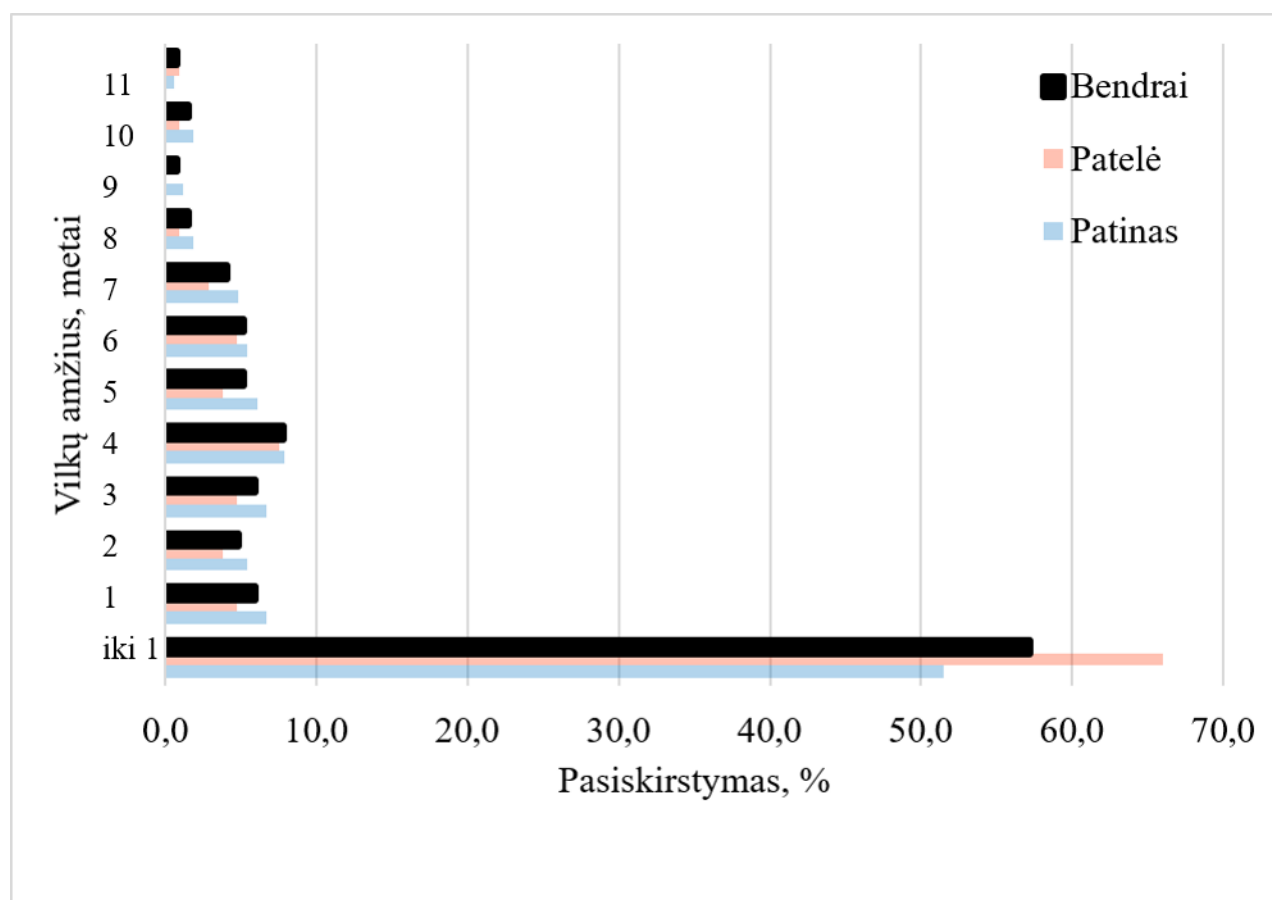
Apibendrinimas. DNR tyrimas pagal 18 polimorfinių SSR lokusų parodė, kad, pagal 2025 metų sumedžiojimo 269 vnt. vilkų imtį ir 40 šunų referencinę biblioteką, vilkų hibridizacijos su šunimis intensyvumas nėra aukštas tik 8 iš 269 individų rodė didesnę nei 5 proc. genetinį panašumą su šunimi, kaip hibridizacijos indikatorius (Godinho et al. (2011), 2018 metais - 6 iš 99 rodė 10-15 proc. tikimybes, 2019 m. 4 iš 118 rodė 10-23 proc. tikimybes, 2020 m. 1 nas individas su 16 proc. tikimybe, 2021 m. 14 iš 186 individų, 2022 m. 10 iš 271 individo, 2024 m. 10 iš 314 individų). Pagal 2018-2025 m. kasmetinio sumedžiojimo duomenis, hibridizacijos atvejai turi geografinį panašumą - dažnesni šiaurės rytinėje Lietuvoje.

3.4. Sumedžiotų vilkų amžius

Ištyrus 2025–2026 metų medžioklės sezono metu sumedžiotų vilkų apatinius iltinius dantis, nustatyta, kad 57,2% individų sudarė 3–11 mėnesių amžiaus jaunikliai (3.4.1 pav.). 2024–2025 metų medžioklės sezono metu tokio amžiaus jaunikliai sudarė 50,5% individų, o 2023–2024 metų – 51,9% individų, 2022–2023 metų – 55,6% individų, 2021–2022 metų – 59,4% individų, 2020–2021 metų – 48,3% individų, 2019–2020 metų – 55,8% individų, 2018–2019 metų – 60,8% individų. Pirmamečių jauniklių amžiaus grupėje (vilkų amžius iki metų) patinų ir patelių proporcija buvo 1 : 0,82.

Vyresnėse amžiaus grupėse vilkų buvo sumedžiota po mažiau. Atskirose amžiaus grupėse buvo sumedžiota po 0,4–7,7% individų nuo bendro visų sumedžiotų vilkų skaičiaus. Štai antramečiai jaunikliai (vilkų amžius nuo 1 iki 2 metų) sudarė 5,9% nuo visų per pastarąjį sezoną Lietuvos teritorijoje sumedžiotų vilkų. Vyriausi sumedžioti vilkai (patinas ir patelė) ėjo

dvyliktus metus. Ankstesniuose sezonuose vyriausi sumedžioti vilkai ėjo dešimtus–tryliktus metus.



3.4.1. pav. 2025–2026 metų medžioklės sezono metu sumedžiotų vilkų pasiskirstymas pagal amžių ir lytį

Nustatytas lytinis pasiskirstymas tarp sumedžiotų patinų ir patelių 2025–2026 metų medžioklės sezono metu buvo 1:0,64 (2024–2025 m. – 1:0,78; 2023–2024 m. – 1:0,81; 2022–2023 m. – 1:0,84; 2021–2022 m. – 1:0,90; 2020–2021 m. – 1:0,87; 2019–2020 m. – 1:0,85; 2018–2019 m. – 1:0,69). Taigi 2025–2026 metų sezoną patinų dalis (60,9%) populiacijoje buvo didesnė nei patelių. Palyginimui 2024–2025 metų medžioklės sezono metu sumedžioti patinai sudarė 56,3% populiacijoje, 2023–2024 metų medžioklės sezono metu sumedžioti patinai sudarė 55,3% populiacijoje, 2022–2023 metų medžioklės sezono metu sumedžioti patinai sudarė 54,4% populiacijoje, 2021–2022 metų medžioklės sezono metu sumedžioti patinai sudarė 52,7% populiacijoje, 2020–2021 metų medžioklės sezono metu sumedžioti patinai sudarė 53,4% populiacijoje, 2019–2020 metų medžioklės sezono metu sumedžioti patinai sudarė 54,1% populiacijoje, 2018–2019 metų medžioklės sezono metu sumedžioti patinai sudarė

59,2% populiacijoje, 2017–2018 metų medžioklės sezono metu – 52%, 2016–2017 metų medžioklės sezono metu – 51%, o 2015–2016 metų medžioklės sezono metu – 59%.

3.5. Suaugusių patelių reprodukcija

Atliktas sumedžiotų patelių gimdų tyrimas atskleidė, kad, iš 102 į laboratoriją parsivežtų užšaldytų gimdų, tinkamai buvo išimta 71 gimda, tai sudarė 69,6% (palyginimui ankstesniais sezonais teisingai paimtų gimdų dalis nuosekliai didėjo: 48,7%; 66,7%; 70,3%; 75,0% iki praėjusio sezono – 67,1 %). Nustatyta 15 atvejų (14,7%), kai paimta tik dalis gimdos bei 16 atvejų (15,7%), kai paimti kiti vidaus organai. Tarp teisingai išimtų gimdų ($n=71$) 46 jų buvo pirmamečių jauniklių patelių ir 4 antramečių jauniklių patelių. Pirmametės patelės nuo savo gimimo dar net nebuvo sulaukusios rujos sezono, o antrametės teoriškai taip pat neturėtų 2025 metų žiemą būti dalyvavusios rujoje, ką ir patvirtino gimdos atvėrimas.

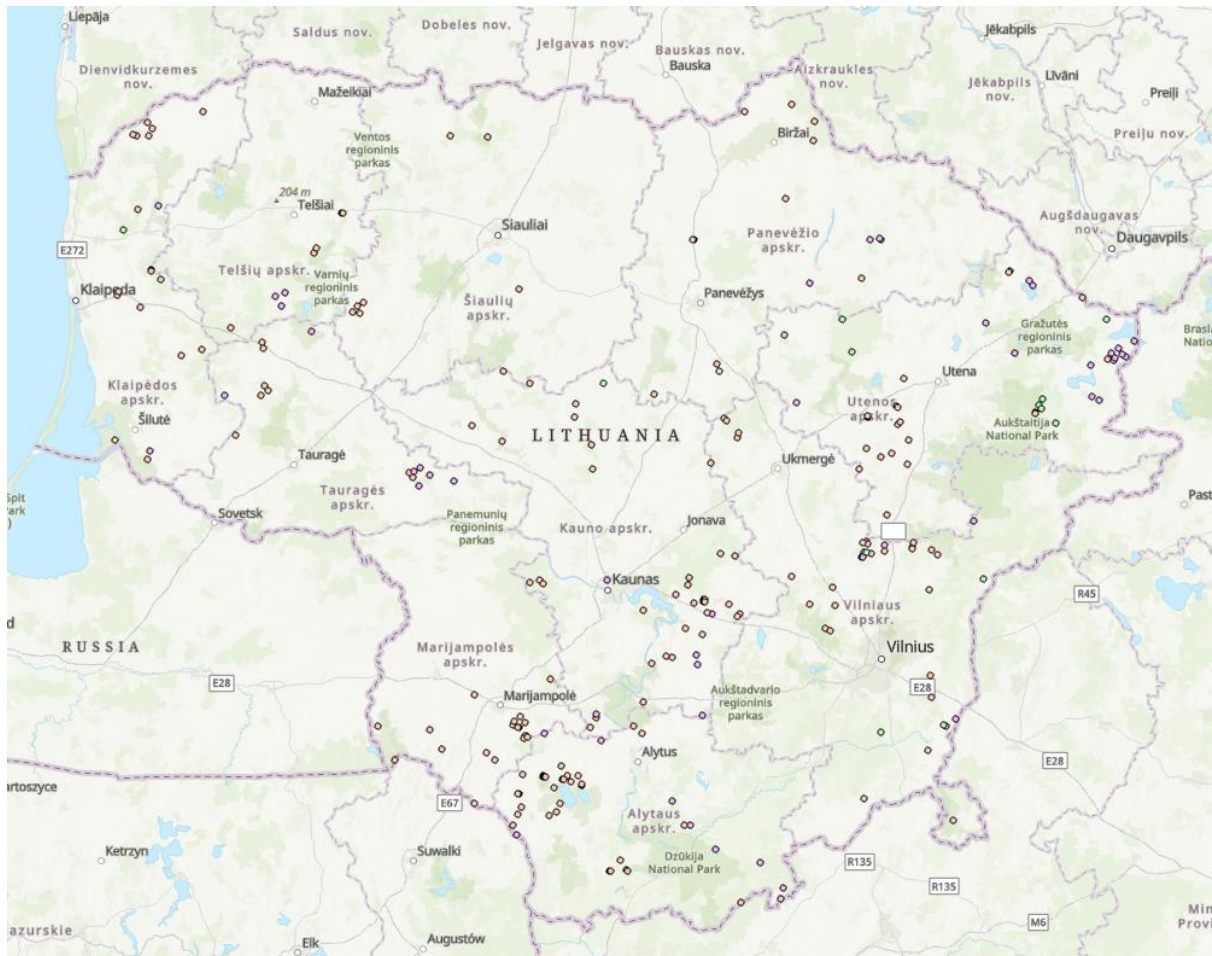
Dažniausia pasitaikiusi medžiotojų klaida buvo, kad jie paimdavo kitus vidaus organus (15,7% atvejų), tai yra dažniausiai būdavo paimama šlapimo pūslė, arba ne visą gimdą (14,7% atvejų), tai yra vienas iš gimdos ragų arba dalis jų būdavo nupjauta (jų trūkdavo). Tyrimams tinkamos gimdos turėjo būti su gimdos ragais užsibaigiančiais kiaušidėmis. Tokių atvejų, kai paimta ne visa gimda, sezonas po sezono nuosekliai kasmet mažėjo: 55,6%, 35,5%, 18,4%, 16,4%, 8,65%, tačiau pastaraisiais dviem sezonais vėl pakilo iki 12,1% ir 14,7%. Atvejų skaičius, kai buvo paimami kiti vidaus organai, kas sezoną svyravo: 18,5%; 15,8%; 14,9%, 13,3%, 17,3%, 12,1%.

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

Iš ištirtų 37 suaugusių (amžius 2–8 metai) patelių gimdų nustatyta, kad 11 patelių pavasarį buvo vedusios jauniklius. Gimdose matėsi, kad būta nuo penkių iki dešimties embrionų. Taigi apžiūrėjus tinkamai ir dalinai išimtas suaugusių patelių gimdas ($n=37$), galima teigti, kad 29,7% patelių pavasarį buvo vedusios jauniklius. Palyginimui šis rodiklis su praėjusiais sezonais, kuomet buvo ištirta, kad 2024 metų pavasarį jauniklius vedė 26,5% patelių, 2023 metų pavasarį – 31,25% patelių, 2022 metų pavasarį – 28,9% patelių, 2021 metų pavasarį – 45,8% patelių, 2020 metų pavasarį – 32% patelių, 2019 metų pavasarį – 70% patelių, o 2018 metų pavasarį – 50% patelių.

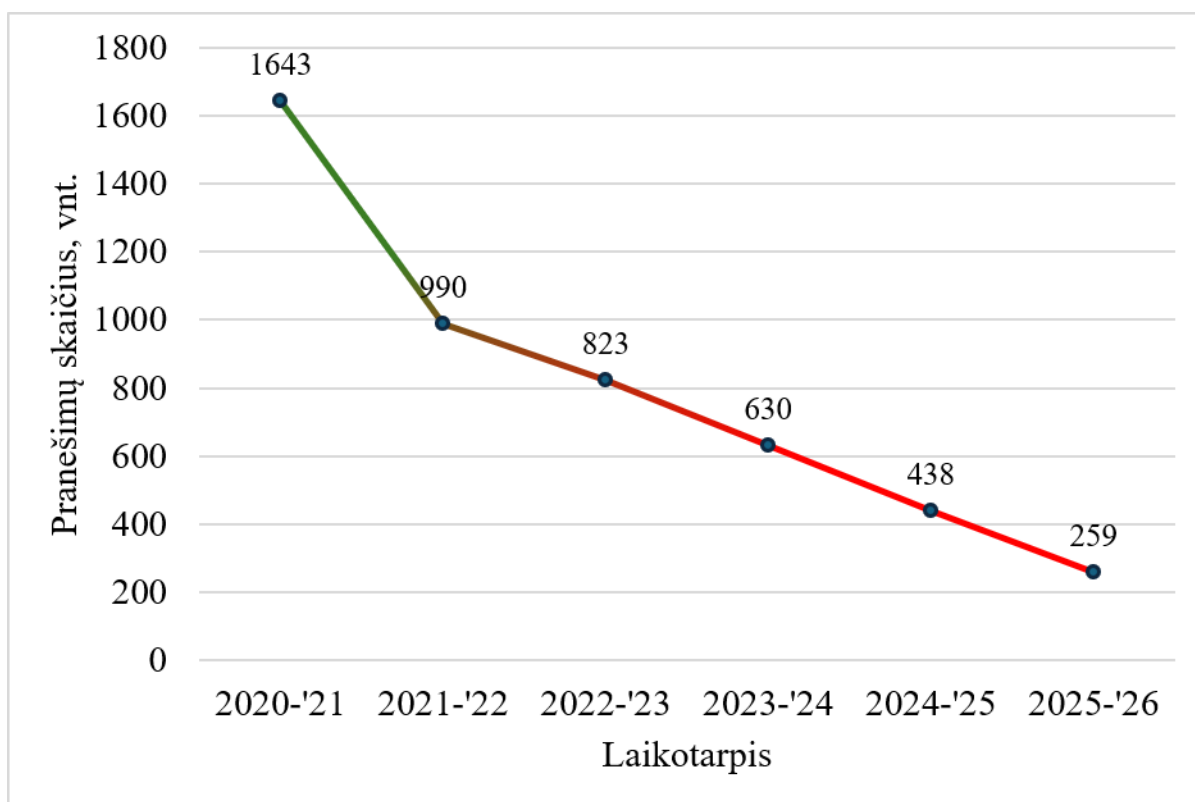
3.6. Pranešimų apie didžiųjų plėšrūnų buvimą registravimo visus metus anketų duomenys

Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos Biologinės įvairovės duomenų bazės skiltyje „Didžiųjų plėšrūnų buvimą registravimas visus metus“ buvo registruota 259 pranešimai apie stambiųjų plėšrūnų ir jų veiklos požymių stebėjimus, įvykusius laikotarpyje nuo 2025 m. rugsėjo 1 d. iki 2026 m. rugpjūčio 31 d. (3.6.1. pav.). Palyginimui, praėjusį ir ankstesniais tyrimų sezonais tokių pranešimų buvo daugiau, atitinkamai 438, 630, 823, 990 ir 1643 (3.6.2. pav.). Didžiąją dalį (63,8%) registruotų vilkų stebėjimo atvejų sudarė vilkų užpultų ūkinių gyvūnų ar naminių augintinių registracijos atvejai ($n=120$) (3.6.1. lentelė). Tačiau atkreiptinas dėmesys, kad lyginant visą šešių metų trukmės tyrimų laikotarpį, kai biomon sistemoje buvo registruojami vilkų užpulti ūkiniai gyvūnai ar naminiai augintiniai, stebimas kasmetinis žalos atvejų mažėjimas: atitinkamai 120, 206, 314, 318, 329 ir 381 atvejais. Lyginant su praėjusiu tyrimų sezonu, perpus sumažėjo atvejų, kai stebėtas gyvas individas (n = nuo 65 iki 32) ir aptikti pėdsakai (n = nuo 71 iki 29).



3.6.1. pav. Didžiųjų plėšrūnų ir jų veiklos požymių stebėjimo atvejų, registruotų Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos Biologinės įvairovės duomenų bazėje, išsidėstymas Lietuvos teritorijoje laikotarpyje nuo 2025 m. rugsėjo 1 d. iki 2026 m. rugpjūčio 31 d.

Jau ir ankstesniais metais buvo galima pastebėti, kad registruojami toli gražu ne visi vilkų, lūšių ir rudųjų lokių veiklos požymių ar tiesioginio stebėjimo atvejai sistemoje www.biomon.lt. Registracijos atvejai atspindėjo ne tiek stambiųjų plėšrūnų pasiskirstymą, kiek aktyvesnių medžiotojų, registruojančių duomenis į biomon, lankymosi vietas. Deja, 2025 m. rugsėjo 1 d. iki 2026 m. rugpjūčio 31 d. laikotarpyje stambiųjų plėšrūnų ir jų veiklos registracijos tapo pavienėmis. Visoje šalies teritorijoje per metus teuzregistruotas tik 61 atvejis kai vilkas stebėtas gyvas ar rasti jo pėdsakai, atitinkamai lūšių – 47 ir 4 atvejai, lokių – 13 ir 2.



3.6.2. pav. Didžiųjų plėšrūnų ir jų veiklos požymių stebėjimo atvejų, registruotų Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos Biologinės įvairovės duomenų bazėje, kasmetiniai kiekiai laikotarpyje nuo 2020 m. rugsėjo 1 d. iki 2026 m. rugpjūčio 31 d.

Lentelė 3.6.1. Didžiųjų plėšrūnų ir jų veiklos požymių stebėjimo atvejų skaičiai laikotarpyje nuo 2025 m. rugsėjo 1 d. iki 2026 m. rugpjūčio 31 d., registruoti Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos Biologinės įvairovės duomenų bazėje, bei pokytis lyginant su laikotarpiu nuo 2024 m. rugsėjo 1 d. iki 2025 m. rugpjūčio 31 d.

Rūšies stebėjimo faktas	Atvejų skaičius, vnt.						Viso atvejų, vnt.	
	Vil- kas	Poky- tis	Lūšis	Poky- tis	Rud. lokys	Poky- tis	St.plėš- rūnai	Poky- tis
Aptikti ekskrementai	1	0	0	0	0	0	1	0
Aptikti pėdsakai	29	-42	4	-7	2	-2	35	-51
Girdėtas balsas	0	-1	1	1	0	0	1	0
Kitos rūšies faktas	0	0	0	0	0	0	0	0
Užpulti laukiniai gyvūnai	5	1	1	1	0	0	6	2
Užpulti ūkiniai gyvūnai ar naminiai augintiniai	120	-86	3	3	0	-1	123	-84
Rastas negyvas individas	1	1	0	0	0	0	1	1
Stebėtas gyvas individas	32	-33	47	-16	13	2	92	-47
Visi atvejai	188	-160	56	-18	15	-1	259	-179

Toliau analizuojant duomenis, apie tai, kokio dydžio vilkų grupės buvo registruojamos pranešimuose, nebuvo įtraukti tie atvejai, kai buvo registruojami vilkų užpulti ūkiniai ar laukiniai gyvūnai bei naminiai augintiniai, aptikti ekskrementai, nes didžiąja dalimi tokių atvejų būna sudėtinga nustatyti plėšrūnų skaičių, todėl manome, kad skaičiai gali būti nepatikimi. Taigi, atmetus aukščiau išvardintus atvejus, didesniąją dalį 52,0% (praėjusį sezoną – 66,7%) vilkų ir jų veiklos požymių registravimo atvejų (n=50) sudarė, tokie atvejai, kai buvo registruojamas vienas vilkas (n=26). Palyginti dažnai (24,0% atvejų) buvo registruojamos grupės iš dviejų vilkų (n=12). Grupės iš keturių ar daugiau vilkų sudarė 20% (praėjusiais sezonais atitinkamai buvo 7,2% ir 14,5%) atvejų (n=10). Didžiausias registruotas vilkų grupę sudarė 6 vilkai, tokie atvejai registruoti tris kartus (patikimumas C1).

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

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

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

C3 – nepatvirtinti stebėjimai (visi stebėjimai be jų įrodymo nuotraukomis ar pan.; visi veiklos požymiai, kurie yra pernelyg seni, nepakankamai ryškūs ar nepakankamai

dokumentuoti; požymiai, kurių per mažai, kad būtų galima pasitikėti). Kategorija C3 išskirstyta į dvi subkategorijas „tikėtina“ ir „abejotina“.

Dauguma pranešimų (72,3%) buvo įvertinti C2 patikimumo kategorija (3.6.2. lentelė). Šioje kategorijoje (C2) ir vėl dominavo pranešimai, kai buvo užpulti ūkiniai gyvūnai ar naminiai augintiniai – 77,2% (palyginimui praėjusį sezoną – 71,4%) bei registruoti aptikti pėdsakai – 17,6% (praėjusį sezoną – 27,4%). C1 patikimumo kategorija įvertinta 12,8% pranešimų (praėjusį sezoną – 13,0%), kai buvo dokumentais pagrįsti gyvo vilko stebėjimai. C3 (tikėtina) patikimumo kategorija įvertinta 14,9% pranešimų, nes pildant pranešimą nebuvo pridėta fotografija, vaizdo ar garso įrašas. Tačiau reikia pastebėti, kad vertinant pranešimus susidarė įspūdis, jog visi į C3 (tikėtina) kategoriją patekę pranešimai buvo tikrų faktų deklaravimas, tiesiog, dėl įvairių priežasčių pranešimų pildytojai nepateikė įrodančių dokumentų. Realiai, jei tik būtų buvusi išpildyta sąlyga dėl įrodančių dokumentų pridėjimo, visi C3 (tikėtina) kategorijos pranešimai būtų patekę į aukštesnio patikimumo kategoriją. 3 pranešimai dubliavo anksčiau įvestus pranešimus. Tiesa, labiausiai tikėtina, kad tai netyčiniai dubliai prieš kelias minutes užpildyto analogiško pranešimo.

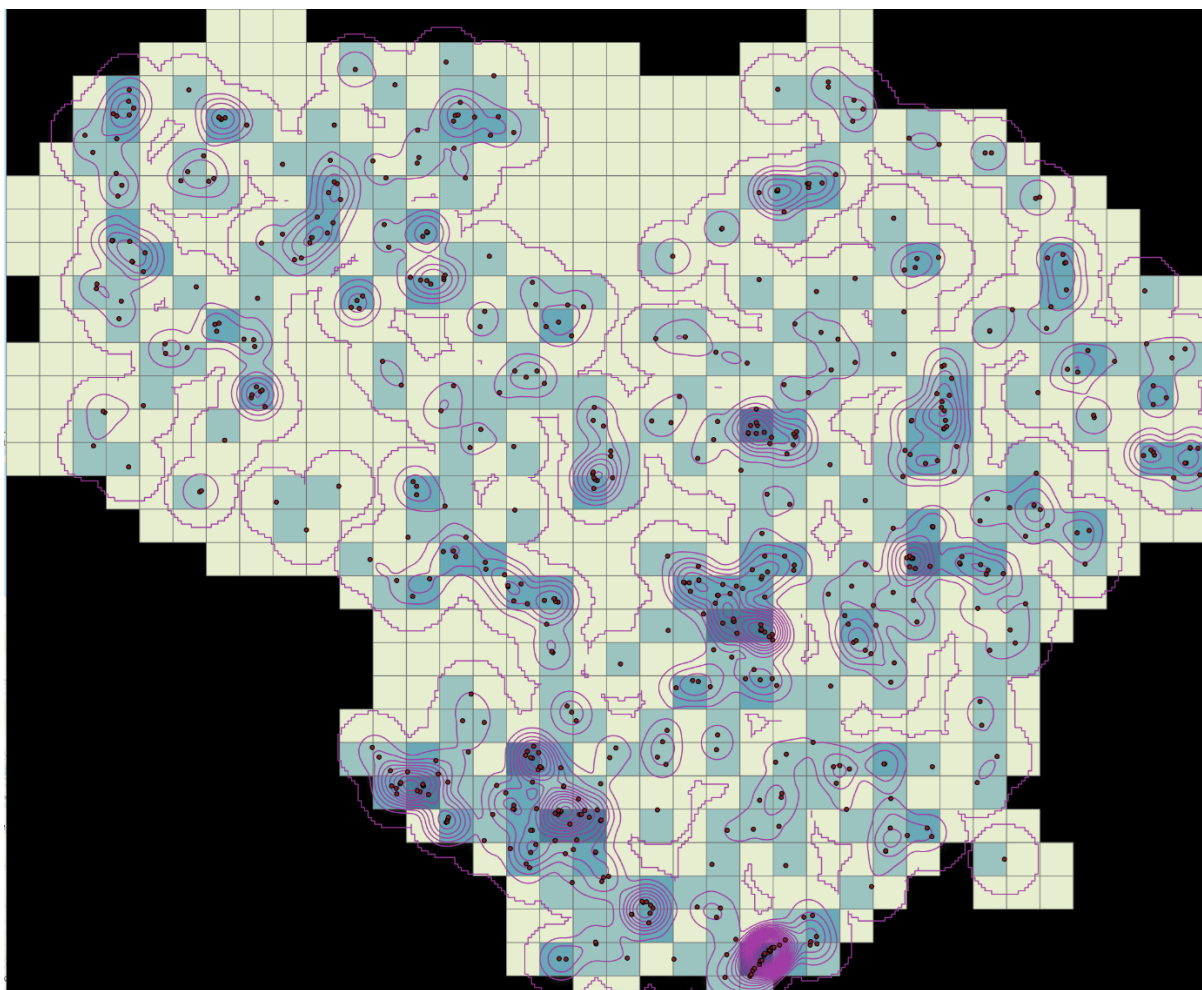
Lentelė 3.6.2. Vilkų ir jų veiklos požymių stebėjimo atvejų skaičiai pagal patikimumą laikotarpyje nuo 2025 m. rugsėjo 1 d. iki 2026 m. rugpjūčio 31 d., registruoti Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos Biologinės įvairovės duomenų bazėje

Rūšies stebėjimo faktas	Atvejų skaičius, vnt.				Viso atvejų, vnt.
	C1	C2	C3 tikėtina	C3 abejotina	
Aptikti ekskrementai	0	0	1	0	1
Aptikti pėdsakai	0	24	5	0	29
Girdėtas balsas	0	0	0	0	0
Kitos rūšies faktas	0	0	0	0	0
Užpulti laukiniai gyvūnai	0	5	0	0	5
Užpulti ūkiniai gyvūnai ar naminiai augintiniai	0	105	15	0	120
Rastas negyvas individas	0	0	1	0	1
Stebėtas gyvas individas	24	2	6	0	32
Visi atvejai	24	136	28	0	188

Per laikotarpį nuo 2025 m. rugsėjo 1 d. iki 2026 m. rugpjūčio 31 d. registruota 2 atvejai, kai vilkai papjovė šunį ir 1 atvejis, kai šunį papjovė lūšis. Šie atvejai įvertinti C2 ir C3(tikėtina) patikimumais. Praėjusiais sezonais tokių atvejų buvo registruota atitinkamai 4, 10, 8, 15 ir 8.

Tolimesnei analizei, nustatant vilko populiacijos erdvinį paplitimą (arealą), populiacijos dydį (vilkų šeimų ir reprodukcijos atvejų skaičių) bei kitus populiacijos parametrus, buvo

naudoti pranešimai apie vilkų buvimo registravimus visus metus (įvykusius laikotarpyje nuo 2025 m. rugsėjo 1 d. iki 2026 m. rugpjūčio 31 d.), o taip pat dėl išsamumo įtraukti ir 2025–2026 m. apskaitos pagal pėdsakus sniege bei 2025–2026 metų medžioklės sezono metu sumedžiotų vilkų duomenys. Šiais metais pirmą kartą pridėti duomenys iš SRIS. Remiantis šiais duomenimis, vilkų sutinkamumas Lietuvos teritorijoje atvaizduotas 10x10 km tinklelio gardelėje (3.6.3. pav.). Priklausomai nuo registracijos atvejų skaičiaus, tenkančio tinklelio gardelei, naudojama skirtinga spalva. Gardelės, kuriose per laikotarpį nebuvo registruota nei vieno vilkų buvimo atvejo sudarė 58,8%; palyginimui ankstesniais tirtais laikotarpiais tokių gardelių buvo atitinkamai: 44,5%; 43,9%; 33,6%; 46,6%; 50,3%; 51,8%.



3.6.3. pav. Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos Biologinės įvairovės ir SRIS duomenų bazėse nuo 2025 m. rugsėjo 1 d. iki 2026 m. rugpjūčio 31 d. registruotų pranešimų kiekio apie vilkus pasiskirstymas 10x10 km gardelėje

Skaičiuojant populiacijos dydį (vilkų šeimų ir reprodukcijos atvejų skaičių), pirmiausiai atsižvelgta į 2025–2026 m. medžioklės sezono metu sumedžiotų vilkų amžiaus ir genetinių

tyrimų rezultatus. Reprodukcijos atvejų skaičiui nustatyti buvo atrinkti tik 2025–2026 m. medžioklės sezono metu sumedžiotų vilkų jaunikliai (n=148), tai yra individai, kurių amžius buvo 3–11 mėnesių. Genetiniais tyrimais buvo nustatyta, kad sumedžioti jaunikliai dalijasi į 75 artimais giminystės ryšiais nesusijusias grupes (po 1–6 atstovus grupėje), tai yra sumedžioti jaunikliai pagal savo kilmę buvo iš 75 atskirų šeimų (3.6.3 lent.).

3.6.3 lentelė. Jauniklių (amžius iki 1 metų) pasidalijimas į 75 artimais giminystės ryšiais nesusijusias grupes

Šeimos eilės numeris	Šeimą atstovaujantys individai pagal kodą					
	1	2	3	4	5	6
1	25_251	25_252	25_253	25_254	25_255	25_258
2	25_103	25_135	25_136	25_137	25_138	
3	25_054	25_055	25_056	25_059	25_087	
4	25_001	25_003	25_185	25_190		
5	25_016	25_195	25_196	25_259		
6	25_036	25_037	25_039	25_040		
7	25_070	25_071	25_072	25_082		
8	25_154	25_157	25_160	25_161		
9	25_242	25_243	25_278			
10	25_012	25_104	25_212			
11	25_013	25_023	25_024			
12	25_025	25_105	25_112			
13	25_030	25_066	25_067			
14	25_032	25_142	25_143			
15	25_053	25_081	25_085			
16	25_099	25_100	25_275			
17	25_127	25_218	25_219			
18	25_145	25_224	25_276			
19	25_227	25_228	25_273			
20	25_008	25_107				
21	25_011	25_122				
22	25_231	25_232				
23	25_017	25_226				
24	25_020	25_134				
25	25_026	25_027				
26	25_192	25_193				
27	25_044	25_045				
28	25_075	25_203				
29	25_076	25_077				
30	25_168	25_271				
31	25_158	25_159				

32	25_194	25_260				
33	25_128	25_129				
34	25_144	25_147				
35	25_150	25_174				
36	25_165	25_171				
37	25_169	25_170				
38	25_178	25_235				
39	25_179	25_180				
40	25_187	25_188				
41	25_205	25_206				
42	25_247	25_249				
43	25_006					
44	25_010					
45	25_113					
46	25_177					
47	25_021					
48	25_049					
49	25_050					
50	25_091					
51	25_061					
52	25_065					
53	25_084					
54	25_094					
55	25_172					
56	25_267					
57	25_111					
58	25_208					
59	25_131					
60	25_132					
61	25_139					
62	25_209					
63	25_148					
64	25_149					
65	25_182					
66	25_186					
67	25_198					
68	25_199					
69	25_202					
70	25_207					
71	25_211					
72	25_222					
73	25_229					
74	25_241					

75	25_270					
----	--------	--	--	--	--	--

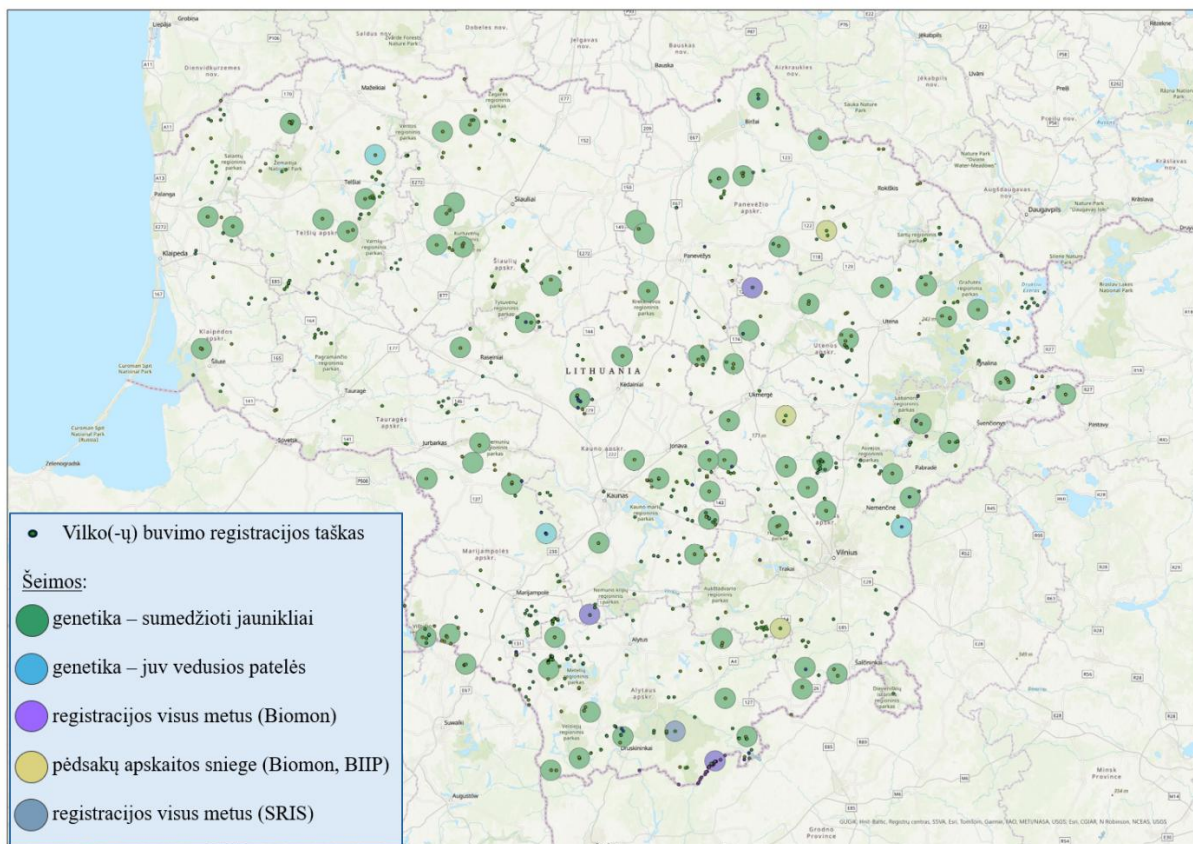
Sekančiu etapu buvo atrinktos patelės, kurios 2025 metų pavasarį buvo vedusios jaunikius (pagal gimdų tyrimus). Genetinių tyrimų rezultatai parodė, kad tarp šių patelių 3 (kodai 24_079, 24_210 ir 24_266) buvo negiminingos 2025-2026 metų sezono metu sumedžiotiems jaunikliams. Tai įrodo dar 3 atskirus reprodukcijos atvejus.

Toliau buvo išanalizuoti pranešimai iš Biomon ir SRIS sistemų apie vilkų buvimo registravimus laikotarpyje nuo 2025 m. rugsėjo 1 d. iki 2026 m. rugpjūčio 31 d. bei duomenys iš Biomon ir BIIP sistemų apie 2025–2026 m. žiemos apskaitas pagal pėdsakus sniege. Atrinkti tik tie atvejai, kai pranešimu registruoti ne mažiau kaip 4 vilkai. Atvejai, kuomet buvo registruojama žala, ekskrementai ar balsas buvo neįtraukti, kaip neturintys pakankamai įrodymų dėl vilkų skaičiaus. Taip pat neįtraukti tie atvejai, kai vilkų skaičiui pagrįsti nebuvo pridėtos nuotraukos ar vaizdo įrašai. Taigi vilkų šeimos įtrauktos į apskaitą tik tuo atveju, jei pranešime buvo registruoti 4 ir daugiau vilkų vienu metu, teikiama informaciją pagrindžiant kokybiškomis vilkų ar jų pėdsakų nuotraukomis arba vaizdo įrašais (3.6.4. pav.).



3.6.4. pav. Kokybiškais nuotraukomis ir vaizdo įrašais dokumentuoti pranešimai apie 4 ir daugiau vilkų buvimo registravimus visus metus, įvykusius laikotarpyje nuo 2025 m. rugsėjo 1 d. iki 2026m. rugpjūčio 31 d. (www.biomon.lt)

Registruojant atskirą šeimą, taip pat buvo atsižvelgiama, kad šeimų teritorijų epicentrai būtų pakankamai nutolę nuo kaimyninių šeimų. Tokiu būdu, vadovaujantis visus metus teikiamų pranešimų medžiaga, buvo papildomai nustatytos 3 šeimos, vadovaujantis apskaitų pagal pėdsakus sniege medžiaga, buvo nustatytos dar 3 vilkų šeimos, taip pat analizuoti duomenys iš SRIS sistemos, kurių pagrindu pridėta dar 1 šeima (3.6.4. pav.).



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

Genetinių, amžiau ir reprodukcijos tyrimų pagrindu, taip pat visus metus teiktų pranešimų bei žiemos apskaitų sniege pagrindu įrodytos vilkų šeimos susumuotos ir gauta, kad Lietuvos teritorijoje gyveno ne mažiau kaip 85 vilkų šeimos (3.6.4. pav.).

3.7. Medžiojamųjų gyvūnų apskaitos pagal pėdsakus sniege duomenys

Analizei naudoti Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos iki 2026 m. balandžio 10 d. surinkti medžiojamųjų gyvūnų apskaitos pagal pėdsakus sniege duomenys. Duomenis pateikė 819 (praėjusį sezoną – 736, dar ankstesniais – 771, 798) medžioklės plotų vienetų (3.7.1. lent.). Atliekant apskaitas iš viso maršrutuose buvo nueita 9633 (praėjusį sezoną – 8715, dar ankstesniais – 9283, 9294) kilometrų. Pagal medžiotojų pateiktus duomenis buvo apskaičiuoti pėdsakų dažnumo indeksai (3.7.1. ir 3.7.2. lent.).

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

Rajonai	Vilkas	Lūšis	P.ša- kalas	Šuo	R.lo- kys	Šernas	Stirna	Danie- lius	T.elnias	Briedis	Stumb- ras
Akmenės r. sav.	0,0147	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,7683	7,1618	0,0884	17,0056	0,1768	0,0000
Alytaus r. sav.	0,0917	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	2,5868	6,3417	1,4494	5,9014	0,6421	0,0000
Anykščių r. sav.	0,0287	0,0334	0,0000	0,0000	0,0000	0,6354	4,8588	0,3392	7,1998	1,0081	0,0000
Biržų r. sav.	0,0857	0,0000	0,0000	0,0214	0,0000	0,8142	3,7280	0,0357	3,6066	0,5285	0,0000
Druskininkų sav.	0,0000	0,0193	0,0000	0,0000	0,0000	1,0435	3,2077	0,0000	2,8792	1,3720	0,0000
Elektrėnų r. sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	6,5680	0,1850	5,7354	0,6475	0,0000
Elektrėnų sav.	0,0506	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,2022	2,5531	0,0000	3,7412	0,1769	0,0000
Ignalinos r. sav.	0,0481	0,1014	0,0000	0,0000	0,0053	0,6033	3,4439	0,0908	3,0808	1,8367	0,0000
Jonavos r. sav.	0,0059	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,9287	5,4540	0,2544	2,4963	0,5028	0,0000
Joniškio r. sav.	0,0232	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,8832	6,0949	0,4416	6,8503	0,1859	0,0000
Jurbarko r. sav.	0,0269	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,2534	7,7838	1,2049	6,6057	0,1937	0,0000
Kaišiadorių r. sav.	0,0379	0,0303	0,0076	0,0076	0,0076	0,8259	6,6677	0,1667	4,2961	0,7425	0,0000
Kalvarijos sav.	0,0299	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	2,5894	8,2772	0,9130	3,0534	0,3443	0,0000
Kauno r. sav.	0,0278	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,3983	12,9544	0,4966	4,8147	0,7786	0,0119
Kazlų Rūdos sav.	0,0102	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,7310	8,4319	0,0660	3,6449	0,6193	0,0000
Kėdainių r. sav.	0,0161	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	3,8308	12,0368	0,3226	13,5893	0,3549	0,0806
Kelmės r. sav.	0,0713	0,0143	0,0000	0,0000	0,0000	0,8941	10,4965	0,6658	7,1816	0,6563	0,0000
Klaipėdos m. sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,6279	1,2791	0,0000	0,0000	0,6977	0,0000
Klaipėdos r. sav.	0,0118	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,2920	6,7640	0,3986	1,8153	0,3788	0,0000
Kretingos r. sav.	0,0392	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,8170	4,2763	0,4699	6,0777	0,5013	0,0000
Kupiškio r. sav.	0,0491	0,0164	0,0000	0,0000	0,0000	3,8147	11,7960	0,2128	12,0580	1,7682	0,0000
Lazdijų r. sav.	0,0888	0,0052	0,0000	0,0000	0,0000	3,5612	5,5820	0,1671	6,3965	1,2219	0,0052
Marijampolės r. sav.	0,0487	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	3,4984	10,1705	1,9724	2,9058	0,8442	0,0000
Mažeikių r. sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	2,7707	10,9564	2,6653	9,1913	0,9564	0,0000
Molėtų r. sav.	0,0676	0,0307	0,0000	0,0000	0,0000	1,7461	4,4390	0,4427	3,7565	1,3833	0,0000
Neringos m. sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	2,2222	2,6667	0,0000	0,0000	0,2963	0,0000
Pagėgių sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,7501	4,1195	0,8885	3,2310	0,1346	0,0000

Pakruojo r. sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	2,6955	6,6051	1,0461	7,0632	0,2520	0,0000
Panevėžio r. sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0204	0,0000	1,4325	5,0187	0,7494	6,7367	0,4613	0,0000
Pasvalio r. sav.	0,0157	0,0157	0,0000	0,0157	0,0000	2,1611	9,1945	0,6130	6,6012	0,2593	0,0000
Plungės r. sav.	0,0162	0,0000	0,0000	0,0054	0,0000	1,3066	4,4974	0,3725	3,0072	0,3401	0,0000
Prienų r. sav.	0,0087	0,0044	0,0000	0,0349	0,0000	1,6309	8,1633	0,6105	3,0307	0,4448	0,0000
Radviliškio r. sav.	0,0671	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	2,7450	11,2379	0,9150	8,8144	0,3992	0,0000
Raseinių r. sav.	0,0139	0,0093	0,0000	0,0139	0,0000	2,1245	11,1188	0,7700	5,5617	0,4963	0,0000
Rietavo sav.	0,0549	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,1167	2,9937	0,0755	2,7259	0,3845	0,0000
Rokiškio r. sav.	0,0167	0,0167	0,0000	0,0000	0,0000	0,9860	5,5693	0,6727	6,3881	1,0194	0,0000
Skuodo r. sav.	0,0231	0,0000	0,0000	0,0347	0,0000	1,1910	6,4524	0,0694	5,6314	0,0694	0,0000
Šakių r. sav.	0,0231	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,4056	10,4479	1,2334	1,9755	0,0759	0,0000
Šalčininkų r. sav.	0,0681	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,1028	3,4627	0,0726	0,8850	1,6292	0,0000
Šiaulių r. sav.	0,0239	0,0027	0,0000	0,0000	0,0000	1,9547	8,9091	0,7180	10,9914	0,3643	0,0000
Šilalės r. sav.	0,0443	0,0590	0,0000	0,0000	0,0000	1,1810	8,5031	0,7824	2,3029	0,5905	0,0000
Šilutės r. sav.	0,0000	0,0037	0,0000	0,0224	0,0000	1,4801	6,6808	1,1744	2,5016	0,6189	0,0000
Širvintų r. sav.	0,0303	0,0152	0,0000	0,0000	0,0000	1,2582	5,1088	0,3638	6,1548	1,1218	0,0000
Švenčionių r. sav.	0,0119	0,0024	0,0000	0,0095	0,0000	0,8689	4,9292	0,0716	1,8476	1,5802	0,0000
Tauragės r. sav.	0,0242	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	2,3844	6,1221	2,3280	9,6343	0,8055	0,0000
Telšių r. sav.	0,1449	0,0176	0,0000	0,0351	0,0000	1,0405	5,5890	0,8781	5,7909	0,6673	0,0000
Trakų r. sav.	0,0908	0,0101	0,0000	0,0101	0,0000	1,2355	4,3974	0,2521	2,6727	0,8976	0,0000
Ukmergės r. sav.	0,0538	0,0115	0,0000	0,0000	0,0000	1,4916	5,8242	0,3767	8,5999	0,6843	0,0000
Utenos r. sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,7959	5,5946	0,1018	4,4702	1,1708	0,0000
Varėnos r. sav.	0,0909	0,0264	0,0000	0,0147	0,0000	0,8537	3,9108	0,1672	2,4468	0,9711	0,0088
Vilkaviškio r. sav.	0,0542	0,0060	0,0000	0,0181	0,0000	0,7291	10,6839	0,6207	1,6933	0,2953	0,0000
Vilniaus r. sav.	0,0263	0,0033	0,0000	0,0098	0,0000	0,9649	5,3532	0,0361	2,1137	0,7352	0,0000
Zarasų r. sav.	0,0526	0,0263	0,0000	0,0000	0,0000	1,4542	6,1758	0,4687	4,1741	2,3521	0,0000
Lietuva	0,0366	0,0089	0,0001	0,0062	0,0002	1,4616	6,9296	0,5645	5,2967	0,7499	0,0028

Lentelė 3.7.2. Pėdsakų dažnumo indeksas pagal Lietuvos Respublikos aplinkos ministro 2018 m. vasario 12 d. įsakymo Nr. D1-98 „Dėl Lietuvos Respublikos aplinkos ministro 2000 m. birželio 27 d. įsakymo Nr. 258 „Dėl medžioklės Lietuvos Respublikos teritorijoje taisyklių patvirtinimo“ pakeitimo 42¹ punktu Medžioklės Lietuvos Respublikos teritorijoje taisyklių 5 priedo 18.2 punktą "1 km pėdsakų maršruto per 24 val., kuris nustatomas aptiktų pėdsakų skaičių padalijus iš maršruto ilgio ir parų, praėjusių po sniego iškritimo, skaičiaus“

Rajonai	Vilkas	Lūšis	P.šaka-las	Šuo	R.lo-kys	Šernas	Stirna	Danie-lius	T.el-nias	Briedis	Stumb-ras
Akmenės r. sav.	0,0079	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,8938	3,6764	0,0312	7,8959	0,0919	0,0000
Alytaus r. sav.	0,0348	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,7606	4,7101	1,0476	3,7905	0,5415	0,0000
Anykščių r. sav.	0,0287	0,0311	0,0000	0,0000	0,0000	0,4021	3,6012	0,2362	5,1440	0,7922	0,0000
Biržų r. sav.	0,0452	0,0000	0,0000	0,0271	0,0000	0,4235	3,7926	0,0119	2,4634	0,3692	0,0000
Druskininkų sav.	0,0000	0,0155	0,0000	0,0000	0,0000	0,5333	2,1333	0,0000	1,9826	0,6531	0,0000
Elektrėnų r. sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	4,3787	0,1233	3,8236	0,4317	0,0000
Elektrėnų sav.	0,0506	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,1246	2,1001	0,0000	3,1660	0,1264	0,0000
Ignalinos r. sav.	0,0324	0,4458	0,0000	0,0000	0,0053	1,7577	6,6322	0,5675	8,2158	2,9996	0,0000
Jonavos r. sav.	0,0059	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,8940	4,2755	0,1674	1,8912	0,4331	0,0000
Joniškio r. sav.	0,0136	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,4700	3,2876	0,2206	3,5770	0,0938	0,0000

Jurbarko r. sav.	0,0186	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,1299	6,9662	1,2545	7,2509	0,1840	0,0000
Kaišiadorių r. sav.	0,0093	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	2,8280	9,0378	0,2760	9,7163	0,3259	0,0645
Kalvarijos sav.	0,0325	0,0126	0,0038	0,0038	0,0038	0,5119	3,8817	0,1007	2,7064	0,5542	0,0000
Kauno r. sav.	0,0299	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	2,3187	7,3941	0,9109	2,9953	0,2882	0,0000
Kazlų Rūdos sav.	0,0209	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,1611	9,0905	0,3910	3,7689	0,6156	0,0095
Kėdainių r. sav.	0,0051	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,5008	5,4313	0,0358	2,5439	0,4827	0,0000
Kelmės r. sav.	0,0773	0,0380	0,0000	0,0000	0,0000	0,6802	7,9719	0,2762	5,1953	0,4987	0,0000
Klaipėdos m. sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,6279	1,2791	0,0000	0,0000	0,6977	0,0000
Klaipėdos r. sav.	0,0101	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,1805	4,7258	0,2464	1,3716	0,2188	0,0000
Kretingos r. sav.	0,0251	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,2418	2,7577	0,3660	4,8510	0,3096	0,0000
Kupiškio r. sav.	0,0424	0,0106	0,0000	0,0000	0,0000	2,7968	8,3815	0,1459	9,6600	1,4109	0,0000
Lazdijų r. sav.	0,0648	0,0052	0,0000	0,0000	0,0000	2,6428	4,3829	0,1379	4,9913	0,8885	0,0052
Marijampolės r. sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,7354	6,4650	1,2761	6,1293	0,7536	0,0000
Mažeikių r. sav.	0,0218	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,8313	6,8076	1,4074	1,6936	0,4520	0,0000
Molėtų r. sav.	0,0533	0,0246	0,0000	0,0000	0,0000	0,9890	2,4229	0,1741	2,1702	0,6854	0,0000
Neringos m. sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,1111	1,3333	0,0000	0,0000	0,1481	0,0000
Pagėgių sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,9770	2,1906	0,4847	1,6790	0,0808	0,0000
Pakruojo r. sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,7680	4,2687	0,5577	5,0229	0,1787	0,0000
Panevėžio r. sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0159	0,0000	2,3082	7,2230	1,3612	8,7849	0,4348	0,0000
Pasvalio r. sav.	0,0140	0,0079	0,0000	0,0052	0,0000	0,8979	5,4421	0,3933	3,3996	0,1262	0,0000
Plungės r. sav.	0,0108	0,0000	0,0000	0,0017	0,0000	1,0276	3,0202	0,2959	2,0532	0,2604	0,0000
Prienų r. sav.	0,0087	0,0044	0,0000	0,0349	0,0000	1,0860	6,4780	0,4629	2,1826	0,3613	0,0000
Radvilišio r. sav.	0,0323	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	2,2398	8,5340	0,6594	6,6637	0,2578	0,0000
Raseinių r. sav.	0,0116	0,0093	0,0000	0,0139	0,0000	1,8786	11,7489	0,4972	4,8731	0,4212	0,0000
Rietavo sav.	0,0394	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0921	2,1629	0,0394	2,2140	0,2559	0,0000
Rokiškio r. sav.	0,0109	0,0119	0,0000	0,0000	0,0000	0,6830	3,5382	0,4132	4,1557	0,6693	0,0000
Skuodo r. sav.	0,0111	0,0000	0,0000	0,0278	0,0000	0,8542	4,8589	0,0509	4,4614	0,0429	0,0000
Šakių r. sav.	0,0201	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,3626	9,5590	1,0566	1,7084	0,0753	0,0000
Šalčininkų r. sav.	0,0511	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,7042	1,7316	0,0581	0,4790	0,8076	0,0000
Šiaulių r. sav.	0,0244	0,0010	0,0000	0,0000	0,0000	1,3302	5,9384	0,4744	8,5139	0,2388	0,0000
Šilalės r. sav.	0,0332	0,0429	0,0000	0,0000	0,0000	0,6690	4,4576	0,5160	1,2443	0,2843	0,0000
Šilutės r. sav.	0,0000	0,0019	0,0000	0,0112	0,0000	1,0444	4,2802	0,9311	1,7898	0,4117	0,0000
Širvintų r. sav.	0,0129	0,0055	0,0000	0,0000	0,0000	0,8138	4,0466	0,2927	5,6909	0,8687	0,0000
Švenčionių r. sav.	0,0091	0,0018	0,0000	0,0080	0,0000	0,6171	3,5741	0,0568	1,3759	1,0429	0,0000
Tauragės r. sav.	0,0199	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,5992	4,1736	1,5623	6,4410	0,5140	0,0000
Telšių r. sav.	0,1073	0,0176	0,0000	0,0291	0,0000	1,7819	5,5773	0,8958	8,3661	0,6625	0,0000
Trakų r. sav.	0,0483	0,0050	0,0000	0,0050	0,0000	0,7197	2,2673	0,1468	1,5971	0,4510	0,0000
Ukmergės r. sav.	0,0459	0,0115	0,0000	0,0000	0,0000	1,0888	4,4187	0,2734	6,4762	0,5234	0,0000
Utenos r. sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,5207	3,4879	0,0815	3,0596	0,6912	0,0000
Varėnos r. sav.	0,0550	0,0126	0,0000	0,0070	0,0000	0,5384	2,5740	0,0983	1,5086	0,5693	0,0048
Vilkaviškio r. sav.	0,0309	0,0029	0,0000	0,0116	0,0000	0,9021	8,8942	0,3905	1,6029	0,2386	0,0000
Vilniaus r. sav.	0,0154	0,0008	0,0000	0,0063	0,0000	0,5282	3,8747	0,0289	1,2146	0,4461	0,0000
Zarasų r. sav.	0,0394	0,0120	0,0000	0,0000	0,0000	1,1055	4,5167	0,3615	3,4134	1,3644	0,0000
Lietuva	0,0256	0,0140	0,0001	0,0047	0,0002	1,1297	5,2865	0,4442	4,1918	0,5445	0,0022

Išvados

1. Lietuvos vilkų populiacijos genetinės įvairovės tyrimas pagal 2025–2026 m. sumedžiotų 269 vilkų aukšto polimorfizmo 18 autosominių atskirai rekombinuojamų DNR mikrosatelitų lokusų parodė, kad Lietuvos vilkų populiacija po netolimoje praeityje patirto efektyvaus populiacijos dydžio kritimo yra pilnai atsistačiusi alelinę įvairovę (variacijai efektyvaus populiacijos dydžio santykis su demografiniu populiacijos dydžių jau siekia 0,73, aukšti heterozigotiškumo rodikliai, neigimas inbrydingo koeficientas, gausu retųjų alelių).
2. Stebint genetinės įvairovės rodiklių kaitą 2021–2025 m., toliau stebima alelinės įvairovės didėjimo (H_e) tendencija silpnėja, o stebimas heterozigotiškumas nustojo krisit ir netgi padidėjo, kas gali būti dėl (a) migracijos barjerų, tokių kaip tvora su Baltarusija efekto silpnėjimas dėl naujų migracijos kelių (pvz. iš pietų ar šiaurės) ir/ar (b) dėl mažesnių nei 2024 m. sumedžiojimo imčių ir mažesnių į sumedžiojimą patenkančių šeimų. Pirmuoju atveju, stiprėja nukrypimai nuo atsitiktinio poravimosi dėl dalinės populiacijų izoliacijos.
3. Pagal DNR tyrimais, gautus retų alelių ir aukšto heterozigotiškumo geografinio pasiskirstymo duomenis, lyginant su praeitų metų sumedžiojimo populiacijomis, kaip ir 2023 – 2024 metais, 2025–2026 metų sumedžiojimo populiacijoje stebimi genų srauto krypčių pokyčiai: silpnesnis genų srautas iš šiaurės rytų ir stipresnis iš pietų, bei iš šiaurės vakarų. Šie srautai stipriau veikia centrinės ir pietinės populiacijas ir Žemaitijos populiaciją, kuri vis stipriau genetiškai išsiskiria.
4. 2025–2026 m. sumedžiojimo populiacijos AMOVA parodė silpnesnę nei 2024–2025 m. genetinę diferenciaciją tarp regionų ir populiacijų, kas gali būti stiprėjančių genų srautų pasekmės. Nuo 2021 m. ši diferenciacija tarp populiacijų stiprėjo. 2025–2026 m. populiacijos genetinės struktūros analizė parodė, kad šalyje tikėtina yra trijų genetinių grupių struktūra: (a) pietų ir rytų Lietuvos, (b) centrinės Lietuvos ir (c) šiaurės vakarų Lietuvos (Žemaitijos). Žemaitijos populiacija stipriausiai genetiškai išsiskiria iš kitų regionų populiacijų. Stiprėjanti genų srauto iš pietų įtaka vis stipriau išskiria pietinės Lietuvos populiacijas. Mišri genetinė struktūra yra teigiamas dėsningumas, nes lemia retesnę poravimąsi tarp giminingų individų.
5. Pagal programos COLONY sibų ryšių tikimybių algoritmus 2025–2026 m. sumedžiotų individų imtyje rasta 104 pusiau sibų šeimos 269 individų populiacijoje (39 pusiau sibų šeimos 100-tui individų). Pasitvirtina tendencija, kad, didinant pametines sumedžiojimo imtis, sumedžiojamų šeimų skaičius mažėja ar lieka pastovus, bet šeimos dydis pastoviai didėja, jas mažinant, vyksta atvirkštinis procesas. Todėl, esant dabartinėmis sąlygomis, sumedžiojimo limitų

didinimas/mažinimas yra sumedžiojamos šeimos dydžio sąskaita. Tačiau reikia stebėti, kaip šiuos dėsningumus paveiks vilkų migraciją stabdanti tvora su Baltarusija.

6. DNR tyrimas pagal 18 polimorfinių SSR lokusų parodė, kad, pagal 2025–2026 metų sumedžiojimo 269 vnt. vilkų imtį ir 40 šunų referencinę biblioteką, vilkų hibridizacijos su šunimis intensyvumas nėra aukštas tik 8 iš 269 individų rodė didesnę nei 5 proc. genetinį panašumą su šunimi, kaip hibridizacijos indikatorius (Godinho et al. 2011). Pagal 2018-2025 m. kasmetinio sumedžiojimo duomenis, hibridizacijos atvejai turi geografinį panašumą - dažni šiaurės rytinėje Lietuvoje.

7. Amžiaus tyrimas (n=273) atskleidė, kad tarp 2025 –2026 m. medžioklės sezono sumedžiotų vilkų daugiau nei pusę (57,2%) sudarė pirmų metų jaunikliai. Vyriausias sumedžiotas vilkas (patinas) ėjo dvyliktus metus.

8. Atliktas sumedžiotų patelių gimdų tyrimas atskleidė, kad, iš 102 į laboratoriją parsivežtų užšaldytų gimdų, tinkamai buvo išimta 71 gimda (69,6%), 15 atvejų (14,7%), kai paimta tik dalis gimdos, bei 16 atvejų (15,7%), kai paimti kiti vidaus organai. Apžiūrėjus tinkamai ir dalinai išimtas suaugusių patelių gimdas (n=37), galima teigti, kad 29,7% patelių pavasarį buvo vedusios jauniklius.

9. Genetinių ir amžiaus tyrimų pagrindu buvo nustatyta, kad sumedžioti jaunikliai (amžius iki 1 metų) dalijasi į 75 artimais giminystės ryšiais nesusijusias grupes (šeimas). Genetinių ir gimdų tyrimų pagrindu nustatytos 3 sumedžiotiems jaunikliams negiminingos patelės, kurios 2025 m. pavasarį turėjo jauniklių vadą. Vadovaujantis pranešimais apie vilkų buvimą, užregistruotais VSTT Biologinės įvairovės bei SRIS duomenų bazėse (laikotarpyje nuo 2025 m. rugsėjo 1 d. iki 2026 m. rugpjūčio 31 d.), o taip pat 2025–2026 m. žiemos apskaitomis pagal pėdsakus sniege bei atsižvelgiant į biologiškai galimus šeimų teritorijų nutolimus buvo suskaičiuota atitinkamai dar 3, 1 ir 3 atskiros vilkų šeimos. Apibendrinus rezultatus, gauta, kad Lietuvos teritorijoje gyveno ne mažiau kaip 85 vilkų šeimos.

Rekomendacijos

- Populiacijai esant genetinės įvairovės atsistatymo procese yra svarbus šio proceso monitoringas, todėl siūlome sukurti vilko populiacijos genetinės įvairovės monitoringo (stebėsenos) metodiką ir ją įgyvendinti. Vilkų populiacijos dydžio reguliavimas Lietuvoje turėtų būti vykdomas moksliniu pagrindu pagal DNR tyrimų genetinio monitoringo rezultatus, kur ištirti keliolikos metų populiacijos duomenys su vienodomis imtimis tarp populiacijų.
- Tikėtina, kad Lietuvos upės nėra reikšmingi barjerai vilkų genų srautui, tačiau antropogeninės kliūtys gali turėti turi reikšmingos įtakos genų srauto pobūdžiui ir kryptčiai ir tokiu būdu daryti įtaka populiacijos genetinei struktūrai Lietuvoje. Tai pat, svarbu išskirti rytų Lietuvos miškų masyvų susiekiančio tinklo svarbą vilkų migracijai ir populiacijos genetinės įvairovės stabilumui.
- Atlikti kraštovaizdžio fragmentacijos ir antropogeninių-gamtinių barjerų identifikacijos tyrimus tikslu nustatyti reikšmingas kliūtis genų migracijai, ypač atkreipti dėmesį į žemesnės įvairovės priežastis rajonuose apie Vilnių.
- Tęsti hibridizacijos su šunimis intensyvumo tyrimus identifikuojančią hibridizaciją sąlygojančius veiksnius ir jos intensyvumo sąsajas su galvijų pjovimo dažniu.
- Tyrimais nustatytas 85 vilkų šeimų kiekis įpareigoja, tvirtinant ateinančio sezono vilkų sumedžiojimo limitą, vadovautis Vilko (*Canis lupus*) apsaugos plano 36.4 papunkčiu, kuriame numatoma populiacijos naudojimą planuoti taip, kad būtų užtikrintas jos tolygus sumažinimas ir išlaikymas 32–62 šeimų ribose. Planuojant sumedžiojimo limitą, rekomenduojame atsižvelgti ir į tai, kad pastaraisiais metais atliekami vilkų populiacijos genetiniai, amžiaus, reprodukcijos ir pasiskirstymo tyrimai rodo gana stabilią populiacijos būklę. Ateinančio sezono limito apskaičiavimui siūlome naudoti prieaugio vidurkio koeficientą – 3,75. Siūlome ateinančiam medžioklės sezonui svarstyti skirti 318 vilkų sumedžiojimo limitą. Rekomenduojame ir toliau stebėti situacijos pokytį.
- Lietuvos teritorijoje vilko populiacijos apsaugą ir valdymą vykdant kasmet nustatomo minimalaus vilkų šeimų kiekio pagrindu, aktualu žinoti, kokio dydžio teritoriją užima vilkų šeima. Iki šiol buvo naudojami duomenys iš tyrimų, atliktų Lenkijoje ir Estijoje.

Tačiau akivaizdu, kad aplinkos sąlygos keičiasi, todėl iškilo poreikis atnaujinti žinias bei patikslinti jas dabartinėmis sąlygomis Lietuvoje. Pastaraisiais metais atliekami tyrimai atskleidė augančios vilkų populiacijos tendencijas. Didėjant vilkų šeimų kiekiui, galimai gali kisti šeimos užimama teritorija bei buferinės teritorijos aplink šeimos naudojamą teritoriją. Plačiai naudojamas ir patikimiausias metodas vilkų šeimos naudojamos teritorijos dydžiui nustatyti yra vilkų žymėjimas GPS sekimo antkakliais. Rekomenduojame antkakliais pažymėti keletą vilkų iš skirtingų šeimų, kad būtų galima nustatyti vidutinį vilkų šeimos užimamos teritorijos plotą bei išsiaiškinti galimą tokio ploto dydžio svyravimo diapazoną. GPS tyrimas padėtų suprasti, kokia vilkų šeimų talpa galima Lietuvos teritorijoje.

- Vilkų sumedžiojimo limitu Lietuvoje apskaičiavimui buvo pasitelktas prieaugio vidurkio koeficientas, kuris buvo apskaičiuotas, atliekant Skandinavijos vilkų populiacijos tyrimus. Vėlesniais metais ekspertiniu vertinimu šis koeficientas buvo pakoreguotas ir šiuo metu taikomas kaip vidutinis vilkų jauniklių skaičius vadoje rudenį, įvertinus natūralų mirtingumą. Tačiau toks koeficientas, apskaičiuotas remiantis kitos geografinės teritorijos vilkų populiacijos duomenimis, nebūtinai tiksliai atspindi Lietuvos populiacijos biologines ir ekologines sąlygas. Todėl, siekiant objektyviai įvertinti Lietuvoje gyvenančios vilkų populiacijos metinį prieaugį, tikslinga nustatyti būtent Lietuvos sąlygoms būdingą vidutinį iki rudens išgyvenančių jauniklių skaičių vienoje reprodukuojančioje vilkų šeimoje. Toks rodiklis turėtų būti nustatomas reprezentatyviais ilgalaikiais Lietuvos populiacijos stebėjimais, apimančiais skirtingus regionus ir pakankamą metų skaičių. Tokio tyrimo rezultatai būtų ypač svarbūs todėl, kad prieaugio koeficientas yra tiesiogiai susijęs su vilkų populiacijos naudojimo intensyvumu ir sumedžiojimo limitu nustatymu.
- Šiuo metu, vadovaujantis Vilko (*Canis lupus*) apsaugos plano 36.3 papunkčiu, vilko populiacijos naudojimas planuojamas taip, kad būtų užtikrintas jos ilgalaikis stabilumas, išlaikant populiaciją 32–62 vilkų šeimų ribose. Vilko apsaugos planas buvo patvirtintas 2014 metais, o 2018 metais jo nuostatos buvo pakoreguotos. Nuo plano patvirtinimo praėjo daugiau kaip dešimt metų, per kuriuos sukaupta reikšmingai daugiau duomenų apie vilko populiacijos gausą, paplitimą, struktūrą, reprodukciją ir jos dinamiką Lietuvoje. Todėl kyla pagrįstas poreikis įvertinti, ar 2014 metais nustatytos populiacijos valdymo prielaidos ir siektinos populiacijos ribos vis dar atitinka dabartinę Lietuvos vilkų populiacijos būklę bei naujausias mokslines žinias.

Atsižvelgiant į per šį laikotarpį sukauptus duomenis apie faktinę vilkų populiacijos būklę, jos gausą ir paplitimą, taip pat tikslinga svarstyti, ar dabartiniame plane nustatyta 32–62 šeimų populiacijos intervalo riba nėra per žema ir ar siektinas bei palaikomas vilkų šeimų skaičius neturėtų būti didesnis, nei buvo numatyta ankstesniame dokumente. Atliekant tokį vertinimą tikslinga neapsiriboti vien sukaupėtų apskaitos duomenų analize, bet papildomai atlikti tikslinius tyrimus, kurie leistų patikslinti pagrindinius populiacijos valdymui naudojamus parametrus.

- Atsižvelgiant į tai, kad jau sudarytos sąlygos pradėti tikslinius rudojo lokio tyrimus ir yra pasirinktas tyrimų vykdytojas, svarbu užtikrinti jų nuoseklų įgyvendinimą ir sukaupėtų duomenų tęstinumą. Rekomenduojame vykdant tyrimus ypatingą dėmesį skirti individualių lokių identifikavimui, jų judėjimo ir teritorijų naudojimo analizei, migracijos keliams bei sezoniniams elgsenos pokyčiams nustatyti. GPS siųstuvais-antkakliais pažymėtų individų duomenys turėtų būti derinami su kitais stebėsenos metodais, siekiant kuo tiksliau įvertinti rudojo lokio pasirodymo Lietuvoje pobūdį ir mastą.

Literatūros sąrašas

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

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