



VYTAUTO DIDŽIOJO  
UNIVERSITETO  
ŽEMĖS ŪKIO  
AKADEMIJA

MIŠKŲ IR EKOLOGIJOS FAKULTETAS

Sutarties Nr. F4-40

Registracijos Nr. M-10-04/23

Mokslinio tyrimo projekto  
**VILKŲ TYRIMŲ 2023 M.**  
Galutinės ataskaitos projektas

Darbo vadovė

dr. Renata Špinkytė-Bačkaitienė

**AKADEMIJA, 2023**

## 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. Petras Adeikis (Vytauto Didžiojo universitetas)
6. Mindaugas Maksvytis (Vytauto Didžiojo universitetas)
7. Kastytis Šimkevičius (Vytauto Didžiojo universitetas)
8. dr. Artūras Kibiša (Vytauto Didžiojo universitetas)
9. dr. Jolanta Stankevičiūtė (Vytauto Didžiojo universitetas)

Darbo vadovės adresas:

Vytauto didžiojo universitetas, Žemės ūkio akademija

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

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

## Santrauka

Lietuvos vilkų populiacijos genetinės įvairovės tyrimas pagal 2022–2023 m. medžioklės sezono metu sumedžiotų 271 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 0,53, aukšti heterozigotiškumo rodikliai, neigimas inbrydingo koeficientas, gausu retųjų alelių).

Stebint genetinės įvairovės rodiklių kaitą 2018–2022 m., ryškėja nežymi stebimo ir lauktino heterozigotiškumo mažėjimo tendencija, kuri gali būti dėl (a) migracijos barjerų, tokių kaip tvora su Baltarusija ir/ar (b) dėl didesnių į sumedžiojamą patenkančių šeimų, kadangi tėvystės ryšių analizė atskleidė, jog didinant sumedžiojimo limitus, sumedžiojamų šeimų skaičius mažėja, o šeimos dydis didėja, tuo būdu giminingi individai mažina populiacijos alelinės įvairovės vidurkius.

Pagal DNR tyrimais gautus retų alelių ir aukšto heterozigotiškumo geografinio pasiskirstymo duomenis, lyginant su praeitų metų sumedžiojimo populiacijomis, 2022–2023 m. medžioklės sezono sumedžiojimo populiacijoje matyti genų srauto krypčių pokyčiai: silpnėjęs genų srautas iš šiaurės rytų ir stipresnis iš pietų, šalies viduje genų srautas yra pasiskirstęs tolygiai be reikšmingų geografinių dėsnų.

AMOVA atskleidė silpną genetinę diferenciaciją tarp regionų ir silpną, bet reikšmingą diferenciaciją tarp vilkų geografinių populiacijų Lietuvoje. Genetinės struktūros analizė parodė, kad šalyje tikėtina yra trijų genetinių grupių struktūra. Nors genetinės grupės yra pasiskirstę geografiškai mišriai, viena jų turi ženkliai žemesnį inbrydingo koeficientą (reikšmingą heterozigotų perteklių dėl negiminingų individų poravimosi) ir pagal savo geografinę išsidėstymą gali rodyti genų migracijos kryptį iš šiaurės rytų pietryčių link. Stiprėjanti genų srauto iš pietų ir šiaurės rytų, bei laisvos genų migracijos šalies viduje įtaka mažina genetinius skirtumus tarp šalies regionų. Tokia mišri genetinė struktūra yra teigiamas dėsniumas, nes lemia retesnę poravimąsi tarp giminingų individų. 2022–2023 m. medžioklės sezono duomenyse genetiškai išsiskiria rytų Lietuvos populiacijos nuo savitesnių Žemaitijos ir Suvalkijos populiacijų, kas tikėtina yra migracijos iš Lenkijos ar silpnėjęs šiaurės rytinio genų srauto pasekmė.

Pagal programos COLONY sūbų ryšių tikimybių algoritmus 2022–2023 m. medžioklės sezono sumedžiotų individų imtyje rasta 83 pusiau sūbų šeimos 271 individų populiacijoje (31 šeima 100-tui individų). Iš mūsų tyrimų aiškiai matyti tendencija, kad didinant pametines sumedžiojimo imtis, sumedžiojamų šeimų skaičius mažėja, o šeimos dydis didėja. Todėl, esant dabartinėmis sąlygomis, sumedžiojimo limitų didinimas yra sumedžiojamos šeimos dydžio sąskaita. Tačiau neaišku kaip šiuos dėsniumus paveiks vilkų migraciją stabdanti tvora su Baltarusija.

DNR tyrimas pagal 18 polimorfinių SSR lokusų parodė, kad, pagal 2022–2023 m. medžioklės sezono sumedžiojimo 271 vnt. vilkų imtį ir 18 šunų referencinę biblioteką, vilkų hibridizacijos su šunimis intensyvumas nėra aukštas tik 10 iš 271 individų rodė didesnę nei 5 proc. genetinę panašumą su šunimi, kaip hibridizacijos indikatorių. Pagal 2018–2022 m. kasmetinio sumedžiojimo duomenis, hibridizacijos atvejai turi geografinį panašumą - dažnesni rytinėje Lietuvoje.

Amžiaus tyrimas (n=276) atskleidė, kad tarp 2022–2023 m. medžioklės sezono sumedžiotų vilkų didelę dalį (55,6%) sudarė pirmų metų jaunikliai. Vyriausi sumedžioti vilkai (patelės) ėjo dvyliktus metus. Lietuvoje vidutinis sumedžiotų vilkų amžius (atmetus pirmamečius ir antramečius jauniklius) praėjusį sezoną buvo 4,85 metų.

Atliktas sumedžiotų patelių gimdų tyrimas atskleidė, kad, iš 128 į laboratoriją parsivežtų užšaldytų gimdų, tinkamai buvo išimta 90 gimdų (70,3%), 21 atvejis (16,4%), kai paimta tik dalis gimdos bei 17 atvejų (13,3%), kai paimti kiti vidaus organai. Apžiūrėjus tinkamai ir dalinai išimtas suaugusių patelių gimdas (n=38), galima teigti, kad 28,9% patelių pavasarį buvo vedusios jauniklius.

Genetinių ir amžiaus tyrimų pagrindu buvo nustatyta, kad sumedžioti jaunikliai (amžius iki 1 metų) dalijasi į 64 artimais giminytės ryšiais nesusijusias grupes (šeimas). Genetinių ir gimdų tyrimų pagrindu nustatytos 4 sumedžiotiems jaunikliams negiminingos patelės, kurios 2022 m. pavasarį turėjo jauniklių vadą. Vadovaujantis 2023 m. žiemos apskaitų pagal pėdsakus sniege medžiaga ir pranešimų apie vilkų buvimą (įvykusio laikotarpyje nuo 2022 m. rugsėjo 1 d. iki 2023 m. rugpjūčio 31 d.) registravimus visus metus (VSTT Biologinės įvairovės duomenų bazėje) pagrindu bei atsižvelgiant į biologškai galimus šeimų teritorijų nutolimus buvo suskaičiuota atitinkamai dar 14 ir 9 atskiros vilkų šeimos. Apibendrinus rezultatus gauta, kad Lietuvos teritorijoje gyvena ne mažiau kaip 91 vilkų šeima.

## Turinys

1. Įvadas .....	5
2. Medžiaga ir metodai .....	8
2.1. Genetinis tyrimas .....	8
Genetinė medžiaga .....	8
DNR analizės .....	8
Genetinės įvairovės tyrimas .....	12
Genetinės diferenciacijos tyrimas .....	14
Genetinės struktūros tyrimas.....	14
Sibų ryšių nustatymas .....	15
Hibridizacija su šunimis.....	16
2.2. Amžiaus tyrimas .....	16
2.3. Reprodukcijos tyrimas .....	17
2.4. Pranešimų apie didžiųjų plėšrūnų buvimą registravimo visus metus anketų duomenų analizė	17
2.5. Medžiojamųjų gyvūnų apskaitos pagal pėdsakus sniege duomenų analizė.....	17
3. Rezultatai ir jų aptarimas .....	19
Mėginių surinkimo ir gražinimo darbų apimtys .....	19
3.1 Vilkų populiacijos genetinės įvairovės geografinis pasiskirstymas Lietuvoje .....	30
3.1.1 Mikrosatelitų lokusų charakteristika .....	30
3.1.2 Genetinė įvairovė ir inbrydingas.....	35
3.1.3 Sibų ryšiai populiacijoje .....	50
3.1.4 Apibendrinamas .....	61
3.2 Vilkų populiacijos genetinė diferenciacija ir struktūra Lietuvoje.....	62
3.2.1 Genetinė diferenciacija .....	62
3.2.2 Genetinė struktūra .....	65
3.2.3 Apibendrinimas.....	69
3.3 Hibridizacija su šunimis.....	70
3.4. Sumedžiotų vilkų amžius.....	78
3.5. Suaugusių patelių reprodukcija.....	81
3.6. Pranešimų apie didžiųjų plėšrūnų buvimą registravimo visus metus anketų duomenys .....	82
3.7. Medžiojamųjų gyvūnų apskaitos pagal pėdsakus sniege duomenys .....	90
Išvados .....	94
Rekomendacijos.....	96
Literatūros sąrašas.....	98

# 1. Įvadas

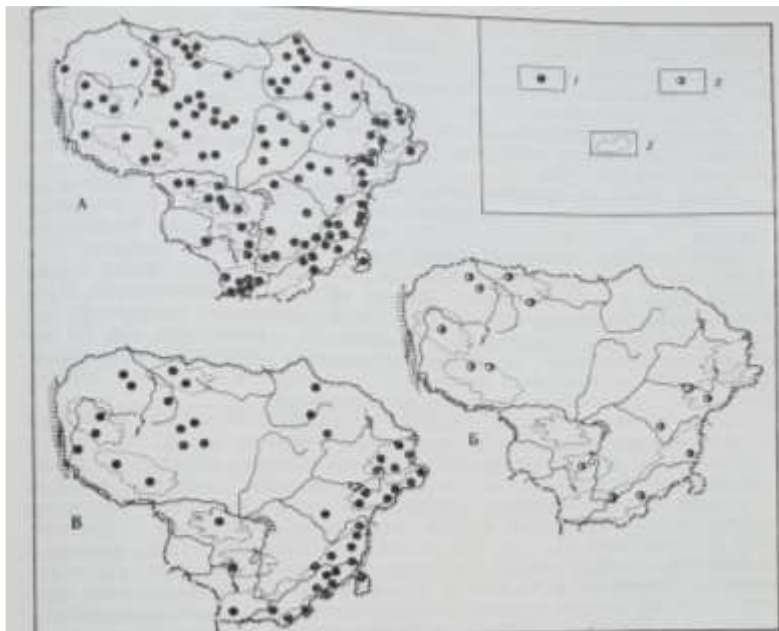
Aukšta populiacijos genetinė įvairovė yra rūšies išlikimo garantas. Trumpoje perspektyvoje genetinė įvairovė leidžia rūšiai atlaikyti aplinkos stresorių poveikį, o dar svarbiau ilgalaikėje perspektyvoje tarnauja kaip medžiaga natūraliai atrankai ir rūšies evoliucijai (Frankham 2005, Laikre et al. 2009). Todėl rengiant bet kokios rūšies sveiko vystymo planus yra būtina iširti genetinės įvairovės lygmenį ir pasiskirstymą tarp individų ir populiacijų (Laikre et al. 2009). Genetinės įvairovės rodiklių nustatymas leidžia daryti prielaidas apie populiacijų kilmę, jų evoliucijos istoriją (Carmichael et al. 2007, Yang & Jiang 2011). Neturint žinių apie genetinę įvairovę, galima klaidingai sumažinti populiacijų dydį ir įvairovę taip, kad iškilis išnykimo pavojus dėl genetinio dreifo ar inbrydingo poveikio (Allendorf and Luikart 2007). Lietuvoje jau yra buvęs drastiškas vilkų populiacijos dydžio kritimas apie 1970-tuos metus (1.1 pav.). Ar auganti Lietuvos vilkų populiacija pasiekė genetinės įvairovės optimumą lieka neaišku. Mažas populiacijos dydis gali lemti didesnę hibridizacijos intensyvumą su kitomis rūšimis, kadangi savos rūšies poravimosi porų skaičius mažas (Allendorf and Luikart 2007, p. 428).

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

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

Populiacijų genetiniai tyrimai atliekami trimis svarbiausiomis kryptimis: (a) genetinės įvairovės pasiskirstymo laiko ir geografiniuose gradientuose dėsningumų ištyrimas, (b) poravimosi dėsningumai ir evoliucinių jėgų poveikio ištyrimas, (c) genetinė diferenciacija ir genetinė struktūra regione rodo, ar populiacija susideda iš kelių geografiškai atskirų sub-populiacijų izoliuotų migracijos barjeriais ar atvirkščiai viena laisvai besiporuojančių individų grupė. Svarbiausi populiacijos genetinės

įvairovės rodikliai yra jų alelinis turtingumas (skirtingų genominių vienetų variantų skaičius), iš tėvų paveldėtas alelių giminingumas (stebimas heterozigotiškumas  $H_o$ ), alelių dažnių vienodumas (lauktinas heterozigotiškumas arba Nei genetinė įvairovė  $H_e$ ), lauktinas inbrydingas palikuonyse (Fis fiksacijos indeksas), efektyvus populiacijos dydis (negiminingų individų skaičius idealioje populiacijoje) ir genų migracijos (srauto) stiprumas, rodantis aplinkos sąlygų tinkamumą populiacijos genetiniam stabilumui (stiprių barjeru migracijai nebuvimas). Šiuos rodiklius aptarsime 99 2018 m. sumedžiotų vilkų populiacijai lygindami regionus, populiacijos ir individų DNR žymenų 17 autosominių mikrosatelitų lokusų duomenis.



1.1 pav. Vilko populiacijos dydžio pokyčiai Lietuvoje pagal J. Prusaitę (iš Bibikov 1985). Juodi apskritimai rodo 5-10 vilkų, pusiau juodi 1-5 vilkus. Viršuje-1950 m., viduryje – 1970 m., apačioje 1980 m.

Genetinių tyrimų tikslai buvo 2022–2023 m. medžioklės sezono metu Lietuvoje sumedžiotų vilkų medžiagos pagrindu (a) ištirti Lietuvos vilkų populiacijos genetinės įvairovės ir inbrydingo geografinio pasiskirstymo dėsninumus bei nustatyti žemos genetinės įvairovės genetines grupes ir jų lemiančius veiksnius, (b) ištirti genų migracijos dėsninumus Lietuvoje, (c) nustatyti vilkų populiacijos genetinę diferenciaciją ir struktūrą Lietuvoje, (d) ištirti vilkų hibridizacijos su šunimis intensyvumą atskirose Lietuvos dalyse.

**Darbo tikslas** – atlikti 2022–2023 metų medžioklės sezono metu Lietuvoje sumedžiotų vilkų amžiaus nustatymo, genetinius ir produktyvumo tyrimus; kasmet išanalizuoti pranešimų apie didžiųjų plėšrūnų buvimą registravimo visus metus anketas bei medžiojamų gyvūnų apskaitą pagal pėdsakus sniege duomenis.

**Darbo uždaviniai:**

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

## 2. Medžiaga ir metodai

### 2.1. Genetinis tyrimas

#### Genetinė medžiaga

Surinkti vilkų mėginiai iš 2022–2023 m. medžioklės sezono metu sumedžiotų individų 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 stiegiantis išlaikyti vienodas imtis tarp regionų. Viso 2022–2023 m. medžioklės sezono imtyje pagal DNR žymenis ištirti 271 pilkojo vilko individai, iš jų 126 patelės ir 145 patinai. Kaip referenciniai pavyzdžiai hibridizacijai ištirti buvo naudoti 20 šunų.

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

Populiacija	Kodas	Individu sk. 2020	Individu sk. 2021	Individu sk. 2022
Šiauliai	SIAU	14	18	19
Telšiai	TELS	18	18	24
Ignalina	IGNA	21	22	29
Panevėžys	PANE	16	<b>22</b>	<b>23</b>
Rokiškis	ROKI	16	21	27
Kėdainiai	KEDA	14	15	11
Jurbarkas	JURB	15	13	14
Marijampolė	MARI	14	20	21
Širvintai	SIRV	15	16	16
Varėna	VARE	15	9	27
Vilnius	VILN	15	12	23
Viso		173	186	271

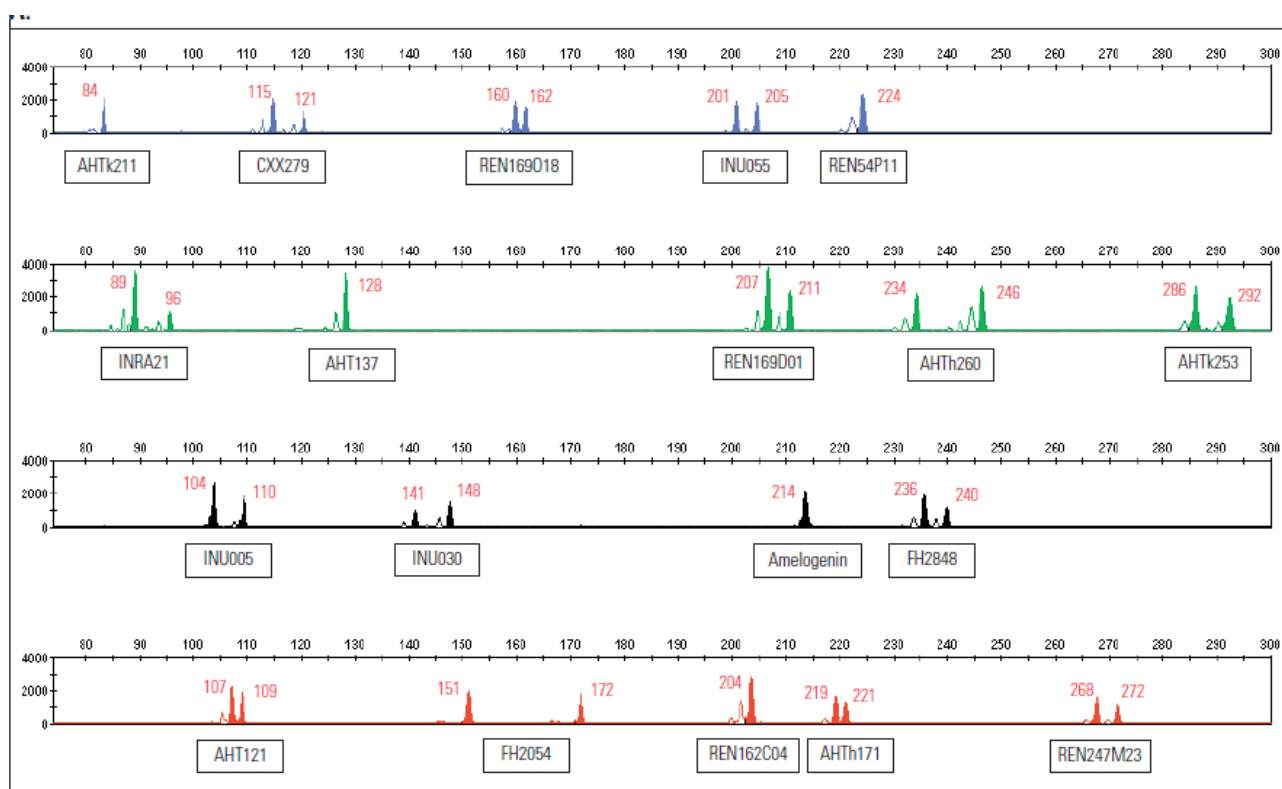
#### DNR analizės

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 2023 metų pavasario (2022 - 2023 metų sezono sumedžiojimais, toliau trumpinta - 2022 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.



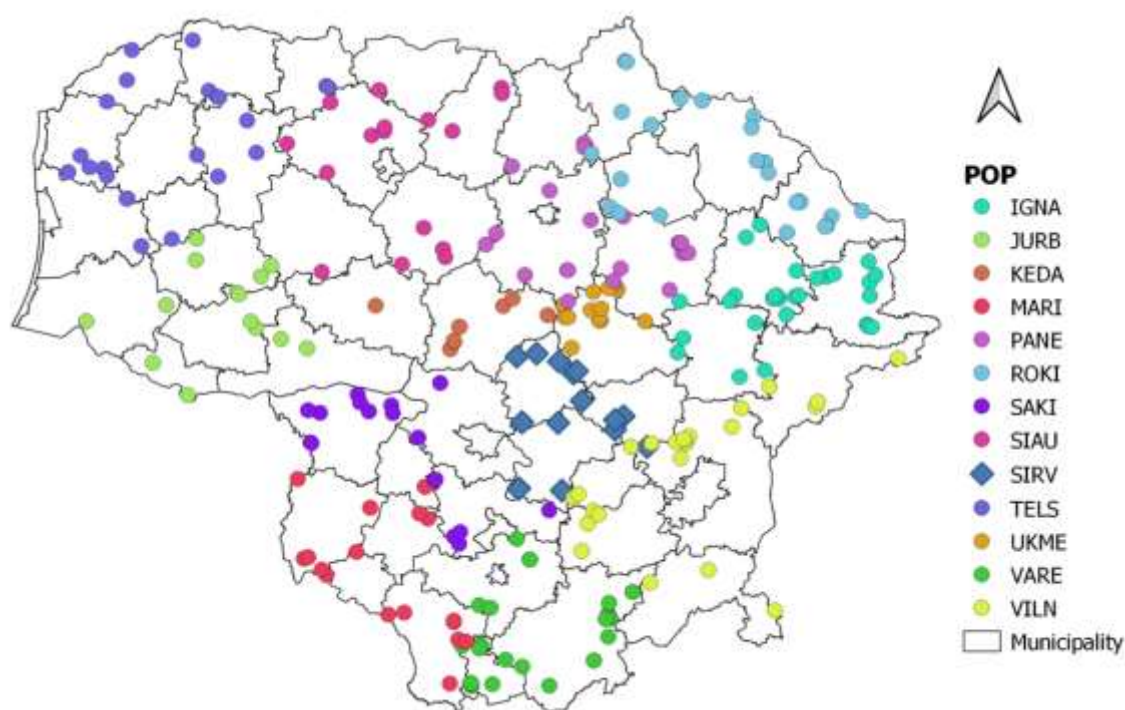
2.1.1 pav. *Canine Genotypes Panel 1.1* alelių pasiskirstymas pagal kontrolinį rinkinio pavyzdį. Lokusai yra skirtingose chromosomose, todėl išvengiame rezultatų nuokrypio dėl lokusų sąsajų sankabos grupėse.

Naudojamoje mikrosatelitų branduolio DNR žymenų sistema, kuri yra viena efektyviausių populiacijų genetinės įvairovės, inbrydingo rizikos ir hibridizacijos tyrimuose, efektyviai naudojama ir nepakeičiama DNR žymenų sistema žmonių ir galvijų tėvystės ar nusikaltėlių individualaus atpažinimo testuose (Thermo Scientific). Tyrimui imtas patikimas ir daugelyje kitų studijų naudotas 18 autosominių lokusų rinkinys *Canine Genotypes Panel 1.1* (Thermo Scientific), kuri sudaro 18 autosominių mikrosatelitų lokusų: AHTk211, CXX279, REN169018, INU055, REN54P11; INRA21, AHT137; REN169D01, AHTh260; AHTk253; INU005; INU030, FH2848, AHT121, FH2054, REN162C04, AHTh171, 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 µl mišinyje sudarytame iš komponentų: Canine Genotypes Master Mix 10 µL, Canine Genotypes Panel 1.1 Primer Mix 10 µL, 2 µL 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 2022 m. (n=271 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. 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 (2021 m. n-186, 2022 m. n=271). 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).

Lokusas	SSR mot. bp	Alelių intervalas (dažniausias alelis), bp	Na	Ho	He	Nul. alelių dažn.	Na	Ho	He	Nul. alelių dažn.	Na	Ho	He	Nul. alelių dažn.
			2020	2020	2020	2020	2021	2021	2021	2021	2022	2022	2022	2022
AHT121	2	64-114 (102)	19	0.89	0.91	0.01	18	0.94	0.87	-0.05	15	0.95	0.85	-0.068
AHT137	2	124-150 (144)	11	0.82	0.81	0	11	0.78	0.79	0.01	12	0.74	0.70	-0.037
AHTh171	2	215-249 (227)	10	0.7	0.73	0.02	12	0.81	0.69	-0.12	10	0.71	0.63	-0.082
AHTh260	2	232-260 (242)	12	0.82	0.85	0.03	12	0.85	0.82	-0.02	12	0.88	0.83	-0.031
AHTk211	2	71-93 (87)	6	0.62	0.61	-0.01	5	0.55	0.52	-0.05	5	0.77	0.61	-0.173
AHTk253	2	279-299 (285)	11	0.82	0.82	0	10	0.82	0.84	0.01	10	0.75	0.83	0.049
CXX279	2	111-127 (117)	10	0.84	0.83	-0.01	9	0.83	0.81	-0.01	9	0.87	0.80	-0.052
FH2054	4	139-179 (155)	10	0.85	0.83	-0.01	9	0.94	0.81	-0.08	10	0.70	0.77	0.044
FH2848	2	220-250 (234)	9	0.87	0.78	-0.06	9	0.9	0.83	-0.05	10	0.70	0.78	0.054
INRA21	2	87-101(97)	9	0.91	0.83	-0.05	7	0.88	0.75	-0.12	9	0.85	0.80	-0.04
INU005	2	100-132 (124)	12	0.67	0.75	0.06	9	0.74	0.72	-0.02	14	0.86	0.84	-0.013
INU030	2	131-155 (141)	8	0.74	0.75	0	7	0.83	0.74	-0.07	10	0.75	0.74	-0.015
INU055	2	187-207 (199)	6	0.58	0.61	0.02	9	0.61	0.66	0.04	6	0.77	0.61	-0.147
REN162C04	2	188-210 (204)	9	0.79	0.8	0.01	9	0.89	0.76	-0.1	10	0.87	0.80	-0.051
REN169D01	2	145-171 (163)	11	0.7	0.72	-0.01	11	0.8	0.71	-0.08	10	0.62	0.68	0.066
REN169O18	2	196-218 (204)	9	0.8	0.81	0.01	10	0.89	0.83	-0.04	9	0.86	0.81	-0.033
REN247M23	2	261-283 (273)	6	0.66	0.69	0.01	9	0.68	0.66	-0.03	7	0.64	0.61	-0.025
REN54P11	2	225-241 (235)	9	0.65	0.74	0.06	9	0.81	0.75	-0.04	9	0.59	0.78	0.100
Vidurkis	-	-	9.83	0.76	0.77		9.72	0.81	0.75		9.83	0.77	0.75	

Standartinė paklaida			0.64	0.02	0.02		0.64	0.03	0.02		0.579	0.02	0.02	
----------------------	--	--	------	------	------	--	------	------	------	--	-------	------	------	--

### Genetinės įvairovės tyrimas

Apskaičiuoti tokie genetinės įvairovės rodikliai:

(a) alelinės įvairovės rodikliai:  $N_a$  – skirtingų alelių skaičius,  $N_{eA}$  – 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,

$N_{eA} = 1 / (\sum p_i^2)$ , 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 giminytės, stiprios diferenciacijos ir izoliacijos, genų dreifo ir kt.  $F_{is}$  priklauso nuo  $H_e$  ir  $H_o$  santykio. Jei  $H_o$  ženkliai mažesnis nei  $H_e$ , reiškia kad populiacijoje nors ir esant aukštai alelinei įvairovei (aukštas  $H_e$ ) giminingi individai poruojasi giminingose grupėse, galimai dėl fenologinio suderinamumo (medžiai), geografinių barjerų ar bendros kilmės (žvėrys).  $F_{is}$  kinta nuo -1 iki +1, kur neigiamos reikšmės rodo heterozigotų (didesnės įvairovės individų) perteklių palikuonyse pagrinde dėl atsitiktinio poravimosi genetiškai įvairioje populiacijoje, teigiamos - homozigotų perteklių palikuonyse dėl inbrydingo:

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

(e) Programa MIGRATE\_N ver. 3.6.11 (Beerli 2006) pagal koalescencijos algoritmą įvertintas istorinių populiacijų inbrydingui efektyvus populiacijos dydis ( $N_{ec}$ ), programa ir NeEstimator ver. 2.1 (Do et al. 2014) įvertintas dabartinės populiacijos alelinei variacijai efektyvus populiacijos dydis ( $N_e$ ).  $N_e$  tai yra idealios populiacijos dydis, kuris turėtų tą patį 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.  $N_e$  leidžia prognozuoti genetinės įvairovės erozijos greitį populiacijoje. Tikrovėje visos šios sąlygos yra retai išpildomos, todėl  $N_e$  prastai būna mažesnis nei demografinis populiacijos dydis  $N_d$ .  $N_e$  žemutine riba vilkų populiacijoje gali būti laikoma 50 arba  $N_e$  santykis su demografiniu populiacijos dydžiu  $> 0,2$  (Hedrick and Fredrickson, 2008; Wayne and Hedrick, 2010). Programa Migrate\_N naudoja koalescentine teorija pagrįstą Bajeso maksimalios tikimybes algoritmą, kuris rekonstruoja tėvinių kartų genotipus pagal specialiai sukurtą mikrosatelitų duomenims Brauno judėjimo parentą lokusų mutacijos modelį (atitinka IAM lokusų evoliucijos modelį). Todėl koalescentine teorija apskaičiuotas  $N_{ec}$  rodo istorinį pradinių populiacijos fundatorių  $N_e$ , kuris tuo pačiu dalinai atspindi ir inbrydingui efektyvų populiacijos dydį, nes taip rodo vidutinį  $N_e$  per daugelį istorinių generacijų (Neigel 1996, Shwartz et al. 1999).

Migrate\_M programa apskaičiuoja tikėtinus migrantų skaičius tarp regionų ir *Theta* populiacijos indeksą, kuris naudojamas apskaičiuoti  $N_e$  diploidinių individų autosominiams lokusams pagal šią formulę:

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

Taip pat apskaičiavome dabartinės populiacijos  $N_e$  su programa NeEstimator ver. 2.1, kuri įvertina dabartinės populiacijos tėvinės kartos  $N_e$  pagal alelių sankibos grupių netolygumo 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  $N_e$  dar vadinamas genetinei variacijai efektyvus  $N_e$ .

(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 esaHe). Tačiau lauktinas heterozigotiškumas mažėja lėčiau nei alelinė įvairovė, todėl esamas populiacijos lauktinas heterozigotiškumas (alelių dažnių vienodumas, t.y. Nei genetinės įvairovės indeksas) būna didesnis nei tikėtinas lauktinas heterozigotiškumas populiacijai esant mutacijų – dreifo pusiausvyroje (toliau tikHe). Tam, kad statistiškai patvirtinti, ar populiacijoje yra reikšmingas lokusų skaičius su esaHe 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 indikatorius 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 esaHe nukrypimas nuo tikHe.

#### Genetinės diferenciacijos tyrimas

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

#### Genetinės struktūros tyrimas

Tradicinė neutralių lokusų tokių kai mikrosatelitai UPGMA klasterinė analizė atlikta pagal Nei (1983) genetinius atstumus tarp populiacijų, pakoreguotus pagal nevienodas populiacijų imtis programa POPTREE2, klasterių reikšmingumas testuotas  $10^5$  iteracijų tarp lokusų (atsitiktiniai imama 15 lokusų ir apskaičiuojama atstumų tarp populiacijų matrica, procesas kartojamas  $10^5$  kartų gaunant  $10^5$  atstumų matricų, nustatoma hierarchinė struktūra, kuri gauta dažniausiai ir kiekvienai

klasterinės dendrogramos šakai apskaičiuojamas procentas iteracijų davusių šią hierarchinę struktūrą, *bootstraps*).

Tikslesniam genetinės struktūros nustatymui naudojome neparametrinį Bajeso klasterinės analizės metodą pagal Markovo grandinių iteracijas. Bajeso klasterinė analizė pagal STRUCTURE ver. 2.2.3 (Pritchard et al. 2000) programos algoritmus suskirstyto vilkų individus (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 statistiškai pagal programos STRUCTURE\_HARVESTER (Earl and Von Holdt 2012) apskaičiuotą deltaK kriterijų ir individų priskyrimo tikimybių paklaidų mažėjimą, bei priskyrimo patikimumo indeksą (skaičius individų su 0,5 ir  $>$  priskyrimo tam tikram grupei  $K$  tikimybe). 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 sibus. 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 vyravo tarp 0 - 4 %.

#### Hibridizacija su šunimis

Šios analizės tikslas buvo nustatyti genetinius panašumus tarp 2022 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 regionus, kur šios tikimybės yra santykinai didesnės. Tikimybių apskaičiavimui naudojome Bajeso genetinio priskyrimo analizę pagal GENECLASS (Piry et al. 2004). programą. Naudojome Bajeso vilko individų priskyrimo šunų populiacijai algoritmus (Rannala and Mountain 1997), kiekvienam individui apskaičiuojant priskyrimo tikimybės pagal 10000 Monte Karlo permutacijų (Peatkau et al. 2004).

Kuo didesnė vilko individui tikimybė priklausyti šunų genetinei grupei, tuo stipresnė jo protėvių poravimosi su šunimis tikimybė. Jei tikimybė viršija 50 proc. tikėtinas poravimasis tėvinėje kartoje. Jei mažesnei nei 50 proc. hibridizacija vyko anksčiau nei senelių kartoje, ar individai yra įvairaus lygmens hibridų palikuonys. Pagal Godinho et al. (2011), jei priskyrimo tikimybės viršija 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 įtvirtintą dantį. Mechaninis (intensyvaus kramtymo metu) ir temperatūrinis (šiltasis/šaltasis metų laikas) stresas formuoja skirtingo tankumo ir mineralizacijos cementito sluoksnį. Šie metiniai cementito sutankėjimai sudaro „metinius“ žiedus aplink danties šaknį.

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

### **2.3. Reprodukcijos tyrimas**

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

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

Analizei naudoti Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos iki 2023 m. rugsėjo 1 d. surinkti pranešimų apie didžiųjų plėšrūnų buvimą registravimo visus metus anketų duomenys. Į analizę įtraukti atvejai įvykę nuo 2022 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 2022–2023 metų žiemą bei 2022–2023 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 2023 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 42<sup>1</sup> 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 2022 m. spalio 11 d. įsakymu Nr. D1-328 „Dėl vilkų sumedžiojimo per 2022–2023 metų medžioklės sezoną limito patvirtinimo“ buvo patvirtintas 282 vilkų sumedžiojimo limitas. 2022–2023 metų vilkų medžioklės sezono metu buvo sumedžioti arba rasti kritę 278 vilkai.

**Mėginių surinkimas.** Vadovaujantis Medžioklės Lietuvos Respublikos teritorijoje taisyklių 9 priedo nurodymais bei pirkimo-pardavimo sutartimi Nr. F4-40, buvo susisiekiama bei atvykta pas kiekvieną vilką sumedžiojusį medžiotoją. Tokiu būdu buvo surinkta 273 sumedžiotų vilkų raumens pavyzdžiai, 276 sumedžiotų vilkų apatiniai iltiniai dantys bei 128 sumedžiotų vilkų patelių gimdos (lentelė 3.1 ir lentelė 3.2). 6 medžiotojai dėl įvairių priežasčių pateikė ne visus tyrimams reikalingus sumedžiotų vilko mėginius. Viso nepateikta: 5 raumens mėginiai, 2 iltiniai dantys ir 1 patelės gimda.

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	278	273	98,2	–	–
Iltinis dantis	278	276	99,3	276	100
Gimda	129	128	99,2	–	–

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

Eil. Nr.	Savivaldybė	Medžioklės plotų vienetas	Sumedžiojimo data	Lytis	Raumuo	Iltis	Gimda	Gimdos atitikimas reikavimams	Medžiotojas
1	Akmenės r. sav.	"Kruopių" MPV	2022-11-18	Patinas	1	1			A. L.
2	Akmenės r. sav.	"Kruopių" MPV	2023-01-27	Patelė	1	1	1	Kiti organai	A. B.
3	Akmenės r. sav.	"Kruopių" MPV	2023-01-27	Patelė	1	1	1	Teisingai	S. B.
4	Alytaus r. sav.	"Dzirniškės" PMPV	2022-11-08	Patinas	1	1			T. M.
5	Alytaus r. sav.	"Dzirniškės" PMPV	2022-12-13	Patinas	1	1			V. G.
6	Alytaus r. sav.	"Tauras" MPV	2022-11-12	Patelė	1	1	1	Teisingai	T. D.
7	Alytaus r. sav.	"Tauras" MPV	2023-01-07	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa	A. D.
8	Anykščių r. sav.	"Elmos" MPV	2022-10-28	Patelė	1	1	1	Teisingai	M. P.
9	Anykščių r. sav.	"Navikai" MPV	2022-11-03	Patelė	1	1	1	Kiti organai	G. S.
10	Anykščių r. sav.	MK "Debeikiai" MPV	2022-10-16	Patinas	1	1			R. M.
11	Anykščių r. sav.	MK "Debeikiai" MPV	2022-10-23	Patelė	1	1	1	Teisingai	K. J.
12	Anykščių r. sav.	MK "Debeikiai" MPV	2022-10-30	Patelė	1	1	1	Teisingai	R. M.
13	Anykščių r. sav.	MK "Debeikiai" MPV	2022-11-01	Patinas	1	1			R. M.
14	Anykščių r. sav.	MK "Debeikiai" MPV	2022-11-04	Patelė	1	1	1	Teisingai	R. M.
15	Anykščių r. sav.	MK "Debeikiai" MPV	2022-12-10	Patinas	1	1			R. M.
16	Anykščių r. sav.	MK "Šilas" MPV	2022-11-05	Patinas	1	1			D. S.
17	Anykščių r. sav.	Traupio MB MPV	2022-11-06	Patelė	1	1	1	Teisingai	J. A.
18	Anykščių r. sav.	Vilniaus MK "Ažuolynas" MPV	2022-12-04	Patinas	1	1			D. V.
19	Biržų r. sav.	"Agluonos" MPV	2022-11-27	Patinas	1	1			Š. N.
20	Biržų r. sav.	"Anciškiei" MPV	2022-11-19	Patinas	1	1			L. A.
21	Biržų r. sav.	"Anciškiei" MPV	2022-11-19	Patinas	1	1			A. B.
22	Biržų r. sav.	"Būginiai" MPV	2022-12-23	Patinas	1	1			E. S.
23	Biržų r. sav.	"Būginiai" MPV	2022-12-29	Patinas	1	1			L. L.
24	Biržų r. sav.	"Tamošiūnų medžioklės plotai" MPV	2022-10-21	Patelė	1	1	1	Teisingai	E. P.
25	Biržų r. sav.	"Tamošiūnų medžioklės plotai" MPV	2022-10-23	Patelė	1	1	1	Teisingai	E. S.
26	Druskininkų r. sav.	"Grūtas" MPV	2023-01-17	Patinas	1	1			V. N.
27	Druskininkų sav.	"Grūtas" MPV	2022-11-28	Patinas	1	1			V. N.
28	Druskininkų sav.	"Grūtas" MPV	2023-02-01	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa	V. N.

29	Druskininkų sav.	"Leipalingis" MPV	2022-11-19	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa	M. N.
30	Druskininkų sav.	"Leipalingis" MPV	2022-11-29	Patinas	1	1			S. M.
31	Druskininkų sav.	"Leipalingis" MPV	2022-12-04	Patelė	1	1	1	Teisingai	V. D.
32	Druskininkų sav.	"Nemuno" MPV	2022-10-15	Patelė	1	1	1	Teisingai	J. Ž.
33	Druskininkų sav.	"Paliepis" MPV	2022-10-15	Patinas	1	1			T. D.
34	Druskininkų sav.	"Paliepis" MPV	2022-11-26	Patinas	1	1			T. G.
35	Druskininkų sav.	"Paliepis" MPV	2022-11-26	Patelė	1	1	1	Teisingai	V. J.
36	Elektrėnų sav.	MŽD Trakų skyriaus Elektrėjų MB	2023-02-08	Patinas	1	1			G. P.
37	Elektrėnų sav.	VĮ "Trakų miškų urėdija" PMPV	2023-01-06	Patinas	1	1			V. G.
38	Ignalinos r. sav.	"Girelės" MPV	2023-02-27	Patelė	1	1	1	Teisingai	V. D.
39	Ignalinos r. sav.	"Mielagėnai-1" MPV	2022-12-05	Patinas	1	1			A. P.
40	Ignalinos r. sav.	"Mielagėnai-1" MPV	2022-12-09	Patinas	1	1			A. P.
41	Ignalinos r. sav.	"Mielagėnai-1" MPV	2022-12-24	Patinas	1	1			A. B.
42	Ignalinos r. sav.	"Miškininko" MPV	2022-10-22	Patinas	1	1			V. G.
43	Ignalinos r. sav.	"Miškininko" MPV	2022-11-13	Patelė	1	1	1	Teisingai	E. A.
44	Ignalinos r. sav.	"Padysnio" MPV	2022-10-29	Patinas	1	1			M. V.
45	Ignalinos r. sav.	"Padysnio" MPV	2023-02-01	Patelė	1	1	1	Teisingai	N. I.
46	Ignalinos r. sav.	"Padysnio" MPV	2023-02-28	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. G.
47	Ignalinos r. sav.	"Sidabrakalnio" MPV	2023-02-23	Patelė	1	1	1	Teisingai	J. P.
48	Ignalinos r. sav.	"Sidabrakalnio" MPV	2023-02-23	Patelė	1	1	1	Teisingai	J. P.
49	Ignalinos r. sav.	"Sidabrakalnio" MPV	2023-02-23	Patelė	1	1	1	Teisingai	V. P.
50	Ignalinos r. sav.	"Žagarinės" MPV	2022-12-18	Patelė	1	1	1	Teisingai	G. I.
51	Jonavos r. sav.	"Klevas" MPV	2023-02-02	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa	I. P.
52	Jonavos r. sav.	"Klevas" MPV	2023-02-02	Patinas	1	1			I. P.
53	Jonavos r. sav.	"Klevas" MPV	2023-02-10	Patinas	0	1			I. P.
54	Jonavos r. sav.	"Lokenėliai" MPV	2022-11-05	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa	M. L.
55	Jonavos r. sav.	"Lokenėliai" MPV	2022-11-14	Patelė	1	1	1	Teisingai	V. V.
56	Jonavos r. sav.	"Lokys" MPV	2023-02-17	Patinas	1	1			L. Ž.
57	Jonavos r. sav.	"Santaka" MPV	2022-10-30	Patinas	1	1			A. M.
58	Jonavos r. sav.	"Tado Ivanausko" MPV	2023-01-08	Patinas	1	1			D. Ž.
59	Jonavos r. sav.	"Žeimiai" MPV	2023-01-21	Patinas	1	1			P. D.

60	Jurbarko r. sav.	"Vadžgirys" MPV	2023-02-01	Patinas	1	1			I. J.
61	Jurbarko r. sav.		2023-03-14	Patinas	1	1			rastas kritęs
62	Kaišiadorių r. sav.	"Kruonis" MPV	2022-10-27	Patelė	1	1	1	Teisingai	I. T.
63	Kaišiadorių r. sav.	"Kruonis" MPV	2023-02-02	Patinas	1	1			G. V.
64	Kaišiadorių r. sav.	"Palomenys" MPV	2022-10-18	Patelė	1	1	1	Teisingai	M. K.
65	Kaišiadorių r. sav.	"Žiežmariai" MPV	2022-11-16	Patinas	1	1			M. J.
66	Kalvarijos sav.	"Šleinė" MPV	2022-12-24	Patinas	1	1			R. A.
67	Kauno r. sav.	"Ova" MPV	2022-10-25	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa	M. P.
68	Kauno r. sav.	Kauno miškų urėdija PMPV	2023-01-14	Patelė	1	1	1	Teisingai	D. S.
69	Kazlų Rūdos sav.	"Jūrės" MPV	2022-11-09	Patinas	1	1			A. D.
70	Kazlų Rūdos sav.	"Jūrės" MPV	2022-11-26	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa	R. S.
71	Kazlų Rūdos sav.	"Jūrės" MPV	2022-11-26	Patinas	1	1			V. T.
72	Kėdainių r. sav.	"Ažuolotas" MPV	2023-01-07	Patelė	1	1	1	Kiti organai	D. R.
73	Kėdainių r. sav.	"Ažuolotas" MPV	2023-01-07	Patinas	1	1			D. R.
74	Kėdainių r. sav.	"Lėdas" MPV	2022-10-25	Patelė	1	1	1	Teisingai	D. S.
75	Kėdainių r. sav.	"Lėdas" MPV	2022-10-25	Patelė	1	1	1	Teisingai	D. S.
76	Kėdainių r. sav.	"Lėdas" MPV	2022-11-29	Patelė	0	1	1	Teisingai	D. S.
77	Kėdainių r. sav.	"Nevėžis" MPV	2022-11-25	Patinas	1	1			T. N.
78	Kėdainių r. sav.	"Nevėžis" MPV	2022-11-26	Patinas	1	1			V. V.
79	Kėdainių r. sav.	"Šventybrastis" MPV	2022-10-15	Patinas	1	1			M. R.
80	Kėdainių r. sav.	"Šventybrastis" MPV	2022-11-19	Patinas	1	1			A. K.
81	Kėdainių r. sav.	"Taujanka" MPV	2022-12-03	Patelė	1	1	1	Kiti organai	R. S.
82	Kėdainių r. sav.	"Taujanka" MPV	2022-12-03	Patinas	1	1			Ž. Ž.
83	Kelmės r. sav.	"Liolių" MPV	2022-12-06	Patelė	1	1	1	Teisingai	K. L.
84	Klaipėdos r. sav.	"Dariaus" MPV	2022-11-03	Patinas	1	1			L. B.
85	Kretingos r. sav.	"Minijos" MPV	2022-11-26	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. R.
86	Kretingos r. sav.	"Miškininko" MPV	2023-02-02	Patinas	1	1			A. G.
87	Kretingos r. sav.	"Šilo rago" MPV	2022-10-29	Patelė	1	1	1	Teisingai	J. T.
88	Kretingos r. sav.	"Šilo rago" MPV	2022-10-29	Patinas	1	1			N. S.
89	Kretingos r. sav.	"Šilo rago" MPV	2022-11-19	Patinas	1	1			V. G.
90	Kretingos r. sav.	"Šilo rago" MPV	2023-02-11	Patinas	1	1			rastas kritęs

91	Kupiškio r. sav.	"Antašava" MPV	2022-11-12	Patinas	1	1			G. K.
92	Kupiškio r. sav.	"Navikai" MPV	2023-01-16	Patelė	1	1	1	Kiti organai	G. S.
93	Kupiškio r. sav.	"Šimonys" MPV	2023-01-21	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. B.
94	Kupiškio r. sav.		2023-04-05	Patinas	1	1			rastas kritęs
95	Lazdijų r. sav.	"Aštrioji Kirsna" MPV	2022-11-08	Patinas	1	1			N. N.
96	Lazdijų r. sav.	"Bestraigiškės" PMPV	2022-12-08	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. Š.
97	Lazdijų r. sav.	"Dumblio" MPV	2022-10-15	Patelė	1	1	1	Teisingai	R. M.
98	Lazdijų r. sav.	"Kibirkštis" MPV	2022-11-20	Patinas	1	1			L. V.
99	Lazdijų r. sav.	"Kibirkštis" MPV	2022-11-20	Patinas	1	1			P. Š.
100	Lazdijų r. sav.	"Paliepis" MPV	2022-12-11	Patinas	1	1			T. G.
101	Lazdijų r. sav.	"Seirijai" MPV	2023-01-07	Patinas	1	1			R. D.
102	Lazdijų r. sav.	"Seirijai" MPV	2023-01-07	Patelė	1	1	1	Teisingai	V. S.
103	Marijampolės sav.	"Amalva" MPV	2023-01-09	Patelė	1	1	1	Teisingai	D. B.
104	Marijampolės sav.	"Jurgežeriai" MPV	2022-11-03	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. K.
105	Mažeikių r. sav.	"Plinkšių" MPV	2022-10-22	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa	V. S.
106	Mažeikių r. sav.	"Plinkšių" MPV	2022-11-11	Patelė	1	1	1	Kiti organai	D. K.
107	Mažeikių r. sav.	"Plinkšių" MPV	2022-11-12	Patelė	1	1	1	Kiti organai	S. B.
108	Mažeikių r. sav.	"Židikių" MPV	2022-11-13	Patinas	1	1			P. N.
109	Molėtų r. sav.	"Steponavos" MK MPV	2022-12-11	Patinas	1	1			R. U.
110	Molėtų r. sav.	"Steponavos" MK MPV	2023-01-31	Patinas	1	1			G. P.
111	Molėtų r. sav.	MB "Suginčių medžiotojai" MPV	2023-01-12	Patelė	1	1	1	Teisingai	R. M.
112	Molėtų r. sav.	MK "Alanta" MPV	2023-02-26	Patinas	1	1			D. M.
113	Molėtų r. sav.	MK "Arnionys" MPV	2022-12-09	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. A.
114	Molėtų r. sav.	MK "Inturkė" MPV	2022-11-05	Patinas	1	1			T. D.
115	Pagėgių sav.	"Gėgė" MPV	2023-01-22	Patelė	1	1	1	Kiti organai	E. J.
116	Pagėgių sav.	"Rambynas" MPV	2022-11-06	Patelė	1	1	1	Kiti organai	V. D.
117	Pakruojo r. sav.	"Gedžiūnų" PMPV	2022-12-07	Patelė	1	1	1	Kiti organai	N. B.
118	Pakruojo r. sav.	"Margių" MPV	2022-11-26	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa	D. B.
119	Pakruojo r. sav.	"Margių" MPV	2022-12-08	Patinas	1	1			R. B.
120	Pakruojo r. sav.	"Margių" MPV	2022-12-19	Patinas	1	1			R. B.
121	Pakruojo r. sav.	"Sukmedžio" MPV	2022-11-05	Patinas	1	1			V. V.

122	Panevėžio r. sav.	"Alanta" MPV	2022-12-30	Patinas	1	1			R. L.
123	Panevėžio r. sav.	"Erimaičiai" MPV	2023-01-07	Patinas	1	1			E. Ž.
124	Panevėžio r. sav.	"Girelė" MPV	2022-11-23	Patelė	1	1	1	Kiti organai	R. M.
125	Panevėžio r. sav.	"Kranklys" MPV	2022-11-23	Patinas	1	1			A. B.
126	Panevėžio r. sav.	"Panevėžio miškų urėdijos" PMPV	2022-11-08	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa	R. F.
127	Panevėžio r. sav.	"Panevėžio miškų urėdijos" PMPV	2023-01-07	Patinas	1	1			V. K.
128	Panevėžio r. sav.	"Tauras" MPV	2022-10-19	Patinas	1	1			K. M.
129	Panevėžio r. sav.	"Tauras" MPV	2022-10-19	Patelė	1	1	1	Teisingai	K. M.
130	Panevėžio r. sav.		2023-04-03	Patinas	1	1			rastas kritęs
131	Pasvalio r. sav.	"Jakuboniai" MPV	2023-01-07	Patinas	1	1			V. S.
132	Pasvalio r. sav.	"Naradava" MPV	2022-12-20	Patelė	1	1	1	Teisingai	E. P.
133	Pasvalio r. sav.	"Naradava" MPV	2022-12-22	Patinas	1	1			E. P.
134	Pasvalio r. sav.	"Naradava" MPV	2023-01-03	Patelė	1	1	1	Teisingai	E. P.
135	Plungės r. sav.	"Ažuolo" MPV	2023-01-28	Patinas	1	1			D. V.
136	Plungės r. sav.	"Ažuolo" MPV	2023-01-28	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa	G. K.
137	Plungės r. sav.	"Kontaučių" MPV	2022-11-19	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. S.
138	Prienų r. sav.	"Balbnergiris" MPV	2022-11-19	Patinas	1	1			T. M.
139	Prienų r. sav.	"Jūrės" MPV	2022-10-26	Patinas	1	1			R. S.
140	Prienų r. sav.	"Jūrės" MPV	2022-11-02	Patinas	1	1			P. K.
141	Prienų r. sav.	"Kamainė" MPV	2022-10-29	Patelė	1	1	0	Nepateikta	A. B.
142	Prienų r. sav.	"Naujoji Ūta" MPV	2022-12-18	Patelė	1	1	1	Teisingai	R. D.
143	Prienų r. sav.	"Naujoji Ūta" MPV	2023-01-28	Patinas	1	1			K. S.
144	Radviliškio r. sav.	"Baisogalos" MPV	2022-11-16	Patinas	1	1			G. Ž.
145	Radviliškio r. sav.	"Baisogalos" MPV	2022-11-21	Patelė	1	1	1	Teisingai	G. Ž.
146	Radviliškio r. sav.	"Baisogalos" MPV	2022-11-21	Patinas	1	1			G. Ž.
147	Radviliškio r. sav.	"Baisogalos" MPV	2022-12-03	Patinas	1	1			A. S.
148	Radviliškio r. sav.	"Mažuolių" MPV	2022-11-05	Patinas	1	1			L. K.
149	Radviliškio r. sav.	A. Stulginskio universiteto MPV	2022-11-25	Patinas	1	1			K. Š.
150	Raseinių r. sav.	"Dubysa" MPV	2022-11-12	Patelė	1	1	1	Teisingai	K. S.
151	Rietavo sav.	"Girėnų" MPV	2022-10-27	Patinas	1	1			L. J.
152	Rokiškio r. sav.	"Atžalynas" MPV	2023-02-24	Patelė	1	1	1	Kiti organai	T. D.



153	Rokiškio r. sav.	"Juodupė" MPV	2023-02-07	Patinas	1	1			A. S.
154	Rokiškio r. sav.	"Miškininkai" MPV	2022-12-04	Patinas	1	1			P. K.
155	Rokiškio r. sav.	"Sartai" MPV	2022-11-04	Patinas	1	1			T. K.
156	Rokiškio r. sav.	"Sartai" MPV	2022-11-04	Patelė	1	1	1	Teisingai	T. K.
157	Rokiškio r. sav.	"Sartai" MPV	2023-02-24	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. S.
158	Rokiškio r. sav.	"Stačiaragis" MPV	2022-11-26	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa	E. B.
159	Rokiškio r. sav.	"Vyžūnai" MPV	2022-10-17	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa	E. Š.
160	Rokiškio r. sav.	"Žiobiškis" MPV	2022-12-17	Patinas	0	1			I. J.
161	Skuodo r. sav.	"Aleksandrijos" MPV	2022-12-03	Patelė	1	1	1	Teisingai	R. V.
162	Skuodo r. sav.	"Mosėdis" MPV	2022-11-06	Patinas	1	1			V. V.
163	Skuodo r. sav.	VĮ Kretingos miškų urėdijos PMPV	2022-11-18	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. G.
164	Šakių r. sav.	"Baltkojai" MPV	2022-11-13	Patinas	1	1			M. D.
165	Šakių r. sav.	"Gerdžiūnai" MPV	2022-11-25	Patelė	1	1	1	Teisingai	T. B.
166	Šakių r. sav.	"Gerdžiūnai" MPV	2022-12-08	Patelė	1	1	1	Teisingai	E. B.
167	Šakių r. sav.	"Lukšiai" MPV	2023-01-28	Patinas	1	1			M. L.
168	Šakių r. sav.	"Ragas" MPV	2022-09-18	Patelė	1	1	1	Teisingai	rastas kritęs
169	Šakių r. sav.	"Slavikai" MPV	2022-12-27	Patelė	1	1	1	Teisingai	E. R.
170	Šakių r. sav.	"Slavikai" MPV	2023-01-19	Patelė	1	1	1	Teisingai	E. R.
171	Šakių r. sav.	"Turčinai" MPV	2022-10-17	Patelė	1	1	1	Teisingai	M. B.
172	Šakių r. sav.	"Turčinai" MPV	2022-11-27	Patelė	1	1	1	Teisingai	M. B.
173	Šakių r. sav.		2023-03-04	Patelė	1	1	1	Teisingai	rastas kritęs
174	Šalčininkų r. sav.	"Gauja" MPV	2023-01-22	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. K.
175	Šalčininkų r. sav.	"Merkys" MPV	2023-01-19	Patelė	1	1	1	Teisingai	V. B.
176	Šalčininkų r. sav.	"Pirčiupiai" MPV	2023-02-17	Patelė	1	1	1	Teisingai	E. M.
177	Šiaulių r. sav.	"Gilvyčiai" MPV	2022-10-31	Patinas	1	1			R. G.
178	Šiaulių r. sav.	"Gubernijos" MPV	2022-12-08	Patelė	1	1	1	Kiti organai	Š. P.
179	Šiaulių r. sav.	"Ilgšilio" MPV	2022-12-10	Patinas	0	0			V. Ž.
180	Šiaulių r. sav.	"Lygudų" MPV	2022-12-05	Patinas	1	1			R. Š.
181	Šiaulių r. sav.	"Lygudų" MPV	2023-01-29	Patinas	1	1			R. Š.
182	Šiaulių r. sav.	"Miškininkų" MPV	2022-11-26	Patinas	1	1			M. L.
183	Šiaulių r. sav.	"Šakynos" MPV	2023-01-06	Patelė	1	1	1	Kiti organai	A. L.

184	Šiaulių r. sav.	"Užpelkių" MPV	2022-10-18	Patinas	1	1			E. A.
185	Šilalės r. sav.	"Gvaldai" MPV	2022-11-12	Patelė	1	1	1	Teisingai	V. M.
186	Šilalės r. sav.	"Medelynas" MPV	2022-12-31	Patinas	1	1			M. V.
187	Šilalės r. sav.	"Medvėgalio" MPV	2022-11-19	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa	A. T.
188	Šilalės r. sav.	"Medvėgalio" MPV	2023-02-01	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. L.
189	Šilalės r. sav.	"Obelyno" MPV	2022-10-21	Patelė	1	1	1	Teisingai	rastas kritęs
190	Šilutės r. sav.	"Rusnės" MPV	2022-11-05	Patinas	1	1			A. L.
191	Šilutės r. sav.	"Vainuto" MPV	2023-02-02	Patinas	1	1			M. J.
192	Širvintų r. sav.	"Ažuolas II" MPV	2022-11-05	Patelė	1	1	1	Kiti organai	J. D.
193	Širvintų r. sav.	"Čiobiškis" MPV	2022-11-26	Patelė	1	1	1	Teisingai	M. R.
194	Širvintų r. sav.	"Musninkai" MPV	2022-11-20	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa	D. Ž.
195	Širvintų r. sav.	"Musninkai" MPV	2022-12-04	Patinas	1	1			A. M.
196	Širvintų r. sav.	"Musninkai" MPV	2022-12-04	Patinas	0	0			J. P.
197	Švenčionių r. sav.	"Adučiškio" MPV	2022-10-23	Patelė	1	1	1	Kiti organai	V. N.
198	Švenčionių r. sav.	"Miško Broliai" MPV	2023-01-21	Patinas	1	1			A. P.
199	Švenčionių r. sav.	"Strūnaičio" MPV	2022-10-31	Patinas	1	1			N. D.
200	Švenčionių r. sav.	"Strūnaičio" MPV	2023-02-21	Patinas	1	1			G. Z.
201	Švenčionių r. sav.	"Švenčionių" MPV	2022-12-04	Patinas	1	1			R. M.
202	Tauragės r. sav.	"Juodpetrių" MPV	2022-11-05	Patinas	1	1			D. K.
203	Tauragės r. sav.	"Kurtinys" MPV	2023-01-14	Patinas	1	1			V. S.
204	Tauragės r. sav.	"Medelynas" MPV	2022-10-22	Patinas	1	1			P. J.
205	Telšių r. sav.	"Eigirdžių" MPV	2022-10-29	Patinas	1	1			V. L.
206	Telšių r. sav.	"Tado Blindos" MPV	2022-10-15	Patelė	1	1	1	Teisingai	M. S.
207	Telšių r. sav.	"Žarėnų" MPV	2022-11-03	Patinas	1	1			S. R.
208	Trakų r. sav.	"Aukštadvario 4" MPV	2022-10-15	Patinas	1	1			K. K.
209	Trakų r. sav.	"Medėjas" MPV	2023-01-28	Patinas	1	1			L. D.
210	Trakų r. sav.	"Onušio 2" MPV	2022-11-19	Patinas	1	1			A. K.
211	Trakų r. sav.	"Strėvos 6" MPV	2023-01-21	Patelė	1	1	1	Teisingai	J. B.
212	Ukmergės r. sav.	"Garbinas" MPV	2022-11-16	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. Š.
213	Ukmergės r. sav.	"Garbinas" MPV	2022-11-17	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. Š.
214	Ukmergės r. sav.	"Garbinas" MPV	2022-11-21	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. Š.

215	Ukmergės r. sav.	"Garbinas" MPV	2022-11-27	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. Š.
216	Ukmergės r. sav.	"Garbinas" MPV	2022-12-19	Patinas	1	1			A. Š.
217	Ukmergės r. sav.	"Garbinas" MPV	2023-02-06	Patinas	1	1			A. Š.
218	Ukmergės r. sav.	"Laičiai" MPV	2022-10-15	Patelė	1	1	1	Teisingai	D. M.
219	Ukmergės r. sav.	"Laičiai" MPV	2022-10-16	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. B.
220	Ukmergės r. sav.	"Laičiai" MPV	2022-12-03	Patinas	1	1			D. K.
221	Ukmergės r. sav.	"Lėnas" MPV	2022-11-05	Patinas	1	1			S. K.
222	Ukmergės r. sav.	"Lėnas" MPV	2022-11-12	Patinas	1	1			T. P.
223	Ukmergės r. sav.	"Lėnas" MPV	2022-11-12	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa	A. R.
224	Ukmergės r. sav.	"Lėnas" MPV	2022-11-15	Patinas	1	1			D. K.
225	Ukmergės r. sav.	"Miškininkas" MPV	2022-11-26	Patinas	1	1			L. S.
226	Ukmergės r. sav.	"Miškininkas" MPV	2022-12-05	Patinas	1	1			D. S.
227	Ukmergės r. sav.	"Taujėnų" PMPV	2022-12-06	Patelė	1	1	1	Teisingai	V. G.
228	Ukmergės r. sav.	"Žemaitkiemis" MPV	2022-10-29	Patinas	1	1			A. B.
229	Ukmergės r. sav.	Vidiškių MB MPV	2022-11-03	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa	M. Ž.
230	Ukmergės r. sav.	Vidiškių MB MPV	2023-01-05	Patelė	1	1	1	Teisingai	K. K.
231	Utenos r. sav.	"Aiseto" MPV	2022-10-15	Patinas	1	1			T. V.
232	Utenos r. sav.	"Ažuolijos" MPV	2022-12-28	Patinas	1	1			V. L.
233	Utenos r. sav.	"Ažuolijos" MPV	2023-01-29	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa	Ž. P.
234	Utenos r. sav.	"Miškininko" MPV	2022-11-07	Patelė	1	1	1	Kiti organai	T. P.
235	Utenos r. sav.	"Užpalių" MPV	2022-12-28	Patelė	1	1	1	Teisingai	R. M.
236	Utenos r. sav.	"Užpalių" MPV	2022-12-30	Patelė	1	1	1	Teisingai	R. M.
237	Utenos r. sav.	MK "Tauragnai" MPV	2022-12-10	Patinas	1	1			J. S.
238	Utenos r. sav.	MK "Tauragnai" MPV	2023-02-09	Patinas	1	1			A. G.
239	Utenos r. sav.	MK "Tauragnai" MPV	2023-02-12	Patinas	1	1			E. V.
240	Utenos r. sav.	MK "Tauragnai" MPV	2023-02-12	Patelė	1	1	1	Teisingai	L. P.
241	Varėnos r. sav.	"Briedis" MPV	2023-03-15	Patinas	1	1			rastas kritęs
242	Varėnos r. sav.	"Giraitė" MPV	2022-11-12	Patinas	1	1			A. K.
243	Varėnos r. sav.	"Giraitė" MPV	2022-11-12	Patinas	1	1			A. K.
244	Varėnos r. sav.	"Giraitė" MPV	2022-12-07	Patinas	1	1			J. K.
245	Varėnos r. sav.	"Giraitė" MPV	2022-12-07	Patelė	1	1	1	Teisingai	M. K.

246	Varėnos r. sav.	"Giraitė" MPV	2022-12-07	Patinas	1	1			M. K.
247	Varėnos r. sav.	"Giraitė" MPV	2023-02-05	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. K.
248	Varėnos r. sav.	"Pirčiupiai" MPV	2023-01-15	Patinas	1	1			A. K.
249	Varėnos r. sav.	"Pirčiupiai" MPV	2023-02-28	Patinas	1	1			A. K.
250	Varėnos r. sav.	"Tauras" MPV	2022-11-17	Patinas	1	1			M. O.
251	Varėnos r. sav.	"Tauras" MPV	2022-11-17	Patelė	1	1	1	Teisingai	M. O.
252	Varėnos r. sav.	"Valkininkai" MPV	2023-01-11	Patinas	1	1			V. O.
253	Vilkaviškio r. sav.	"Paežeriai" MPV	2022-11-26	Patelė	1	1	1	Teisingai	D. S.
254	Vilkaviškio r. sav.	"Svirkalnis" MPV	2022-11-12	Patelė	1	1	1	Teisingai	K. J.
255	Vilkaviškio r. sav.	"Svirkalnis" MPV	2022-11-17	Patinas	1	1			J. J.
256	Vilkaviškio r. sav.	"Šūkliai" MPV	2022-10-18	Patelė	1	1	1	Teisingai	P. V.
257	Vilkaviškio r. sav.	"Vištytis" MPV	2022-12-09	Patelė	1	1	1	Teisingai	R. V.
258	Vilkaviškio r. sav.	"Vištytis" MPV	2022-12-09	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. M.
259	Vilkaviškio r. sav.	"Vištytis" MPV	2023-02-28	Patinas	1	1			A. M.
260	Vilniaus r. sav.	"Antanava" MPV	2022-11-28	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa	V. T.
261	Vilniaus r. sav.	"Ąžuolas II" MPV	2023-01-27	Patinas	1	1			J. B.
262	Vilniaus r. sav.	"Elnio" MPV	2022-11-11	Patinas	1	1			P. A.
263	Vilniaus r. sav.	"Elnio" MPV	2023-02-03	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa	A. B.
264	Vilniaus r. sav.	"Melkio" MPV	2022-10-25	Patinas	1	1			T. G.
265	Vilniaus r. sav.	"Melkio" MPV	2022-10-25	Patinas	1	1			R. M.
266	Vilniaus r. sav.	"Melkio" MPV	2022-10-27	Patelė	1	1	1	Teisingai	T. G.
267	Vilniaus r. sav.	"Melkio" MPV	2022-10-30	Patinas	1	1			T. G.
268	Vilniaus r. sav.	"Melkio" MPV	2022-10-30	Patelė	1	1	1	Teisingai	T. G.
269	Vilniaus r. sav.	"Vanagynės" MPV	2022-10-16	Patinas	1	1			S. B.
270	Vilniaus r. sav.	"Vanagynės" MPV	2023-01-29	Patelė	1	1	1	Išimta ne visa	V. T.
271	Zarasų r. sav.	Antazavės MB MPV	2022-11-01	Patelė	1	1	1	Teisingai	V. R.
272	Zarasų r. sav.	Antazavės MB MPV	2023-01-11	Patinas	1	1			G. V.
273	Zarasų r. sav.	Baibių MB MPV	2023-02-04	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. B.
274	Zarasų r. sav.	Dusetų MB MPV	2023-01-06	Patinas	1	1			V. S.
275	Zarasų r. sav.	Gražutės MB MPV	2022-11-16	Patinas	1	1			P. G.
276	Zarasų r. sav.	Gražutės MB MPV	2023-01-31	Patinas	1	1			V. Ž.

277	Zarasų r. sav.	Gražutės MB MPV	2023-01-31	Patinas	1	1			J. Č.
278	Zarasų r. sav.	Tumiškių MB MPV	2022-10-19	Patelė	1	1	1	Teisingai	A. K.

**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 276 iltiniai dantys bei po tyrimų gražinta 276 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.

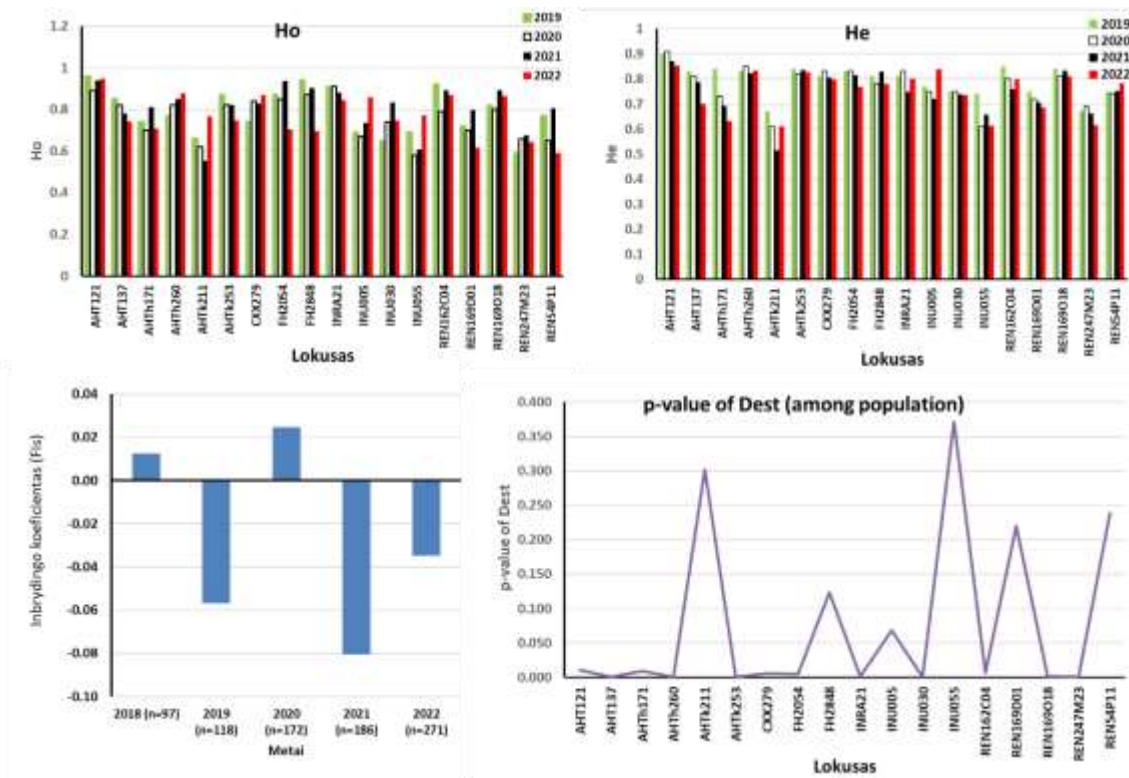
Laboratorijoje pradėjus vykdyti mėginių tyrimus, paaiškėjo, kad visi raumens gabalėliai buvo paimti ir saugoti tinkamai, išskyrus du mėginius. Šie du mėginiai buvo paimti iš medžiotojų. Paėmimo metu vizualiai mėginių pakuotės atrodė tvarkingai, mėsos gabalėliai buvo užšaldyti. Tačiau pradėjus genetinio tyrimo procedūras laboratorijoje paaiškėjo, kad DNR kokybė prasta. DNR grandinės fragmentai pradėję trūkinėti, todėl iš šių mėginių gauti genetinio laboratorinio tyrimo duomenys nebebuvo tinkami tolimesnei analizei. Iltinių dantų šaknų nuopjovos tyrimams buvo tinkamos. Tyrimams pateiktos 128 vilkų patelių gimdos, tačiau laboratorijoje po mėginių atšildymo, pradėjus analizę, paaiškėjo, kad 90 gimdų paimta teisingai.

**Mėginių perdavimo–priėmimo pažymos** (556 vnt.) pateiktos atskiru dokumentu.

### **3.1 Vilkų populiacijos genetinės įvairovės geografinis pasiskirstymas Lietuvoje**

#### 3.1.1 Mikrosatelitų lokusų charakteristika

*Micro-checker* testas parodė, kad visų 18 lokusų nulinių alelių dažnis buvo žemas ir neviršijo 0.1 ribos nei vienam iš 18 lokusų 2022 m. sumedžiojimo populiacijoje. Todėl tikėtina, kad nuliniai aleliai neįnešė reikšmingų paklaidų inbrydingo ir stebimo heterozigotiškumo vertėms bei nuo jų priklausantiems indeksams (3.1.1 lent.).



3.1.1 pav. DNR lokų genetinės įvairovės (He) ir stebimo heterozigotiškumo rodikliai (Ho), bei potencialas genetiškai diferencijuoti tarp vilkų populiacijų (Dest indekso statistinio reikšmingumo p reikšmė, jei  $p > 0,05$  skirtumai statistiškai nereikšmingi) 2019 (n=118) ir 2020 m. (n=173), 2021 m. (n=186), 2022 (n=271) sumedžiojimo populiacijų genotipavimo duomenyse. Vidutiniai metinio sumedžiojimo 2018-2022 populiacijų inbrydingo koeficientai duoti grafike kairėje apačioje.

3.1.1 lent. Lokusų charakteristika 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. Dest – diferenciacijos indeksai tarp vilkų populiacijų ir jų reikšmingumas (P<sub>Dest</sub>).

Lokusas	Na	Na	Na	Na	Ho	Ho	Ho	Ho	He	He	He	He	Fis	Fis	Fis	Fis	Dest	P Dest	Dest	P Dest	Dest	P Dest	Dest	P Dest
	2022	2021	2020	2019	2022	2021	2020	2019	2022	2021	2020	2019	2022	2021	2020	2019	2022	2022	2021	2021	2020	2020	2019	2019
AHT121	15	18	19	23	0.95	0.94	0.89	0.96	0.85	0.87	0.91	0.9	-0.11	-0.08	0.02	-0.06	0.05	0.011	0.03	0.096	0.32	0.001	0.11	0.000
AHT137	12	11	11	11	0.74	0.78	0.82	0.85	0.70	0.79	0.81	0.83	-0.06	0.01	-0.01	-0.04	0.05	0.001	0.00	0.419	0.09	0.005	0.16	0.000
AHTh171	10	12	10	12	0.71	0.81	0.70	0.74	0.63	0.69	0.73	0.84	-0.12	-0.17	0.04	0.11	0.03	0.009	0.00	0.260	0.09	0.003	0.14	0.000
AHTh260	12	12	12	13	0.88	0.85	0.82	0.77	0.83	0.82	0.85	0.83	-0.06	-0.03	0.05	0.07	0.09	0.001	0.03	0.060	0.16	0.002	0.03	0.110
AHTk211	5	5	6	8	0.77	0.55	0.62	0.66	0.61	0.52	0.61	0.67	-0.26	-0.07	-0.01	0.01	0.00	0.302	0.02	0.008	0.04	0.014	0.15	0.000
AHTk253	10	10	11	11	0.75	0.82	0.82	0.87	0.83	0.84	0.82	0.84	0.10	0.02	0.00	-0.03	0.12	0.001	0.11	0.000	0.18	0.001	0.28	0.000
CXX279	9	9	10	9	0.87	0.83	0.84	0.74	0.80	0.81	0.83	0.81	-0.09	-0.03	-0.01	0.08	0.05	0.006	0.07	0.002	0.15	0.001	0.11	0.000
FH2054*	10	9	10	11	0.70	0.94	0.85	0.87	0.77	0.81	0.83	0.83	0.08	-0.15	-0.02	-0.05	0.07	0.005	-	-	-	-	-	0.000
FH2848*	10	9	9	10	0.70	0.90	0.87	0.94	0.78	0.83	0.78	0.81	0.10	-0.09	-0.10	-0.16	0.03	0.123	-	-	-	-	-	0.011
INRA21	9	7	9	8	0.85	0.88	0.91	0.91	0.80	0.75	0.83	0.81	-0.06	-0.18	-0.10	-0.12	0.06	0.002	0.02	0.047	0.07	0.012	0.13	0.001
INU005	14	9	12	12	0.86	0.74	0.67	0.69	0.84	0.72	0.75	0.77	-0.03	-0.02	0.11	0.11	0.04	0.068	0.05	0.002	0.07	0.018	0.04	0.070
INU030	10	7	8	8	0.75	0.83	0.74	0.65	0.74	0.74	0.75	0.75	-0.01	-0.13	0.01	0.13	0.10	0.001	0.03	0.045	-	-	-	0.002
INU055	6	9	6	8	0.77	0.61	0.58	0.69	0.61	0.66	0.61	0.74	-0.26	0.08	0.05	0.06	0.00	0.371	0.00	0.608	0.05	0.013	0.12	0.001
REN162C04	10	9	9	11	0.87	0.89	0.79	0.92	0.80	0.76	0.8	0.85	-0.09	-0.18	0.02	-0.09	0.05	0.007	0.00	0.440	0.09	0.006	0.16	0.000
REN169D01	10	11	11	11	0.62	0.80	0.70	0.72	0.68	0.71	0.72	0.75	0.10	-0.13	0.03	0.04	0.01	0.220	0.00	0.427	0.05	0.005	0.16	0.000
REN169O18	9	10	9	9	0.86	0.89	0.80	0.82	0.81	0.83	0.81	0.84	-0.07	-0.07	0.02	0.02	0.08	0.002	0.07	0.003	0.15	0.001	0.06	0.033
REN247M23	7	9	6	9	0.64	0.68	0.66	0.59	0.61	0.66	0.69	0.67	-0.05	-0.02	0.04	0.11	0.06	0.001	0.00	0.350	0.03	0.088	0.06	0.041
REN54P11	9	9	9	8	0.59	0.81	0.65	0.77	0.78	0.75	0.74	0.75	0.25	-0.07	0.12	-0.03	0.02	0.238	0.02	0.063	0.11	0.001	0.23	0.000
<b>Vidurkis</b>	<b>177</b>	<b>175</b>	<b>177</b>	<b>192</b>	<b>0.77</b>	<b>0.81</b>	<b>0.76</b>	<b>0.79</b>	<b>0.75</b>	<b>0.75</b>	<b>0.77</b>	<b>0.79</b>	<b>-0.03</b>	<b>-0.07</b>	<b>0.01</b>	<b>0.01</b>	<b>0.045</b>	<b>0.001</b>	<b>0.02</b>	<b>0.000</b>	<b>0.09</b>	<b>0.001</b>	<b>0.12</b>	<b>0.000</b>
St. paklaida	-	-	-	-	0.02	<b>0.03</b>	<b>0.02</b>	<b>0.03</b>	0.02	<b>0.02</b>	<b>0.02</b>	<b>0.01</b>	<b>0.03</b>	<b>0.02</b>	<b>0.01</b>	<b>0.02</b>	-	-	-	-	-	-	-	-

\*- lokusai nenaudoti analizėje dėl santykinai didesnio dažnio genotipavimo paklaidų, tikėtina dėl alelių daugiaviršūniškumo ir atsitiktinių alelių amplifikacijos.<sup>S</sup> – suma.



Mūsų tyrime visi 18 lokusų buvo palyginti aukšto polimorfiškumo nuo 7 iki 21 skirtingų alelių lokuse, viso 2022 metų sumedžiotų 271 vilkų imties 18-koje genominių autosominių lokusų rasti net 177 skirtingi aleliai (2021, 2020 ir 2019 metais – atitinkamai, 175, 177 ir 192 aleliai), tai aukšto polimorfizmo medžiaga jų genetinės įvairovės, struktūros, tėvystės ir hibridizacijos tyrimui (Randi et al 2014).

Reikšmingų sąsajų tarp lokusų polimorfiškumo ir galios diferencijuoti vilkus-šunis, ar diferencijuoti vilkų populiacijas nenustatėme (3.1.1 pav.). Tai reiškia, kad vilkų populiacijos genetinės struktūros analizėje yra vertingi tiek aukšto tiek žemesnio polimorfiškumo lokusai. Visuose lokusuose diferenciacija tarp vilkų ir šunų buvo reikšmingai stipresnė nei tarp vilkų populiacijų Lietuvoje. (3.3.1 lent.). Genetinė diferenciacija tarp Lietuvos vilko populiacijų taip pat buvo reikšminga (3.1.1 lent.). Tai rodo, kad mūsų naudotų lokusų rinkinys yra tinkamas tiek vilko hibridizacijos tiek genetinių skirtumų tyrimams. Tačiau 2022 m. 5 lokusai iš 18, 2021 6 iš 16-kos lokusų rodė nereikšmingą diferenciaciją tarp populiacijų, kas buvo ženklai daugiau nei 2020 m., kur tik 2 lokusai rodė nereikšmingą populiacijų diferenciaciją (3.1.1 lent.). Tai rodo, kad 2021-2022 m. skirtumai tarp vilkų populiacijų atskirose Lietuvos vietose yra mažesni nei 2020 metais.

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

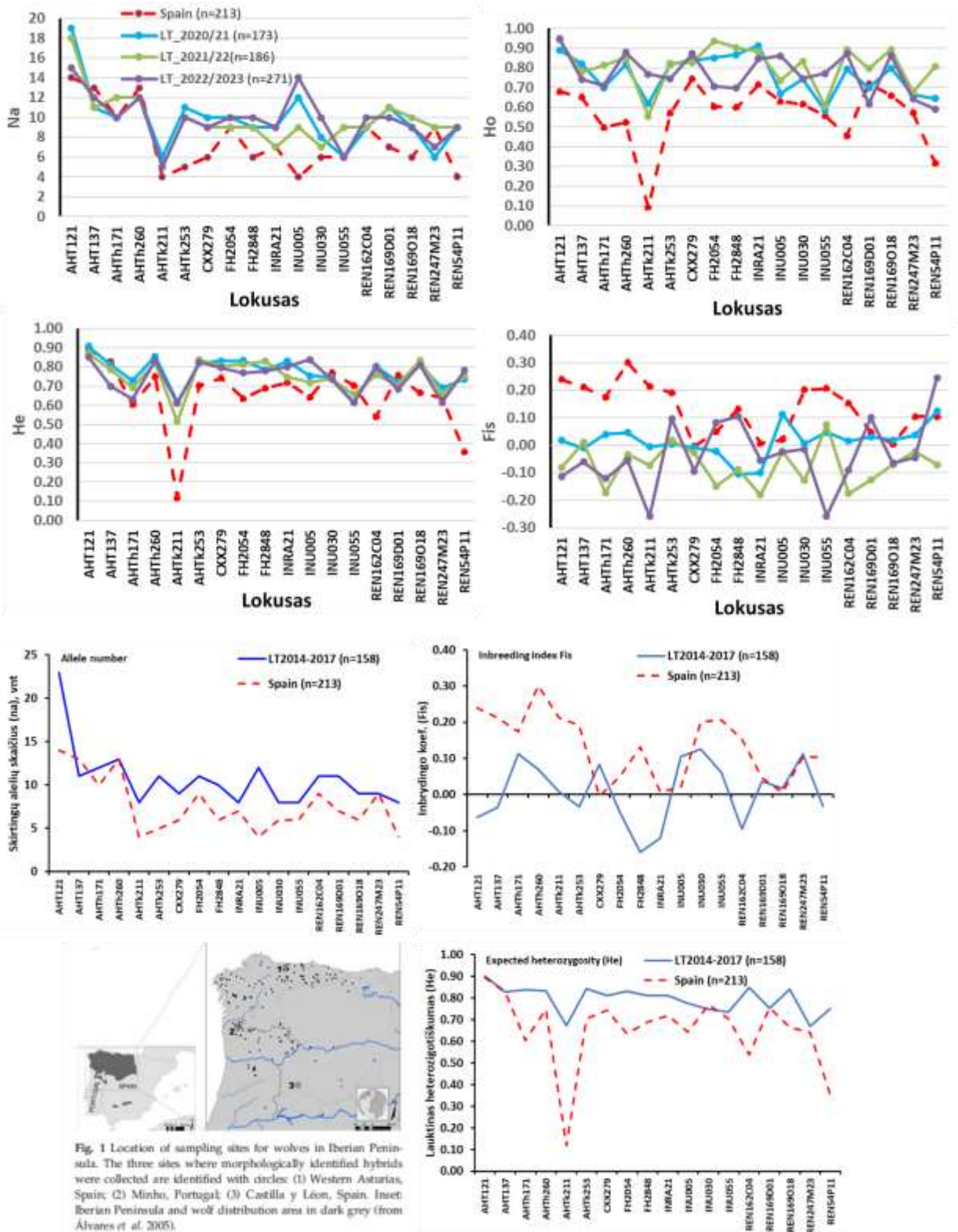
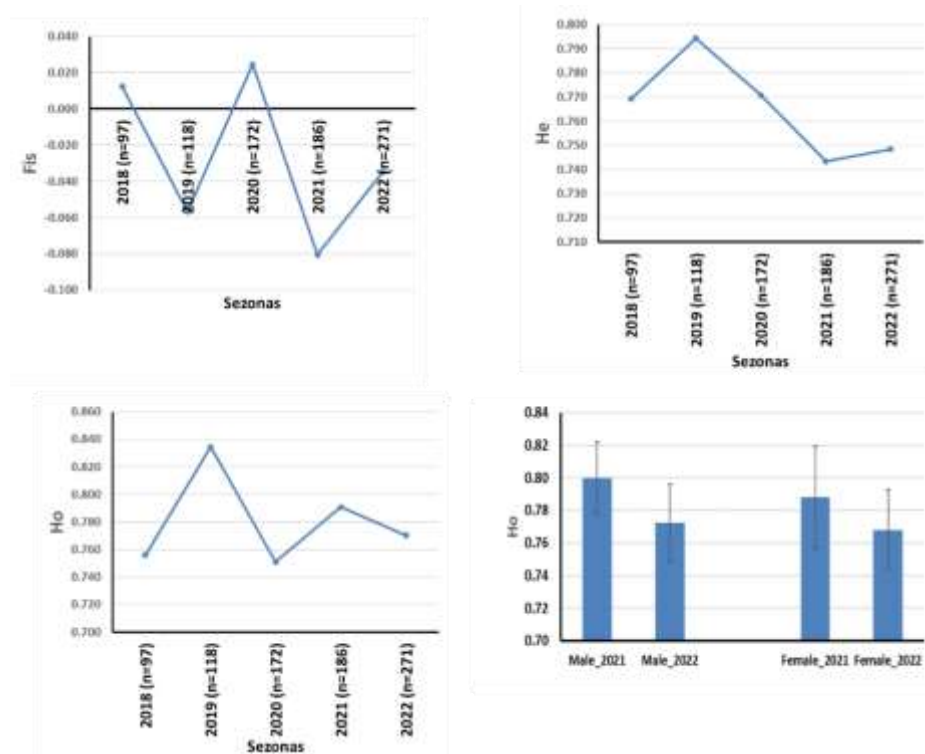


Fig. 1 Location of sampling sites for wolves in Iberian Peninsula. The three sites where morphologically identified hybrids were collected are identified with circles: (1) Western Asturias, Spain; (2) Minho, Portugal; (3) Castilla y León, Spain. Inset: Iberian Peninsula and wolf distribution area in dark grey (from Álvares et al. 2005).

3.1.2 pav. Pagrindinių genetinės įvairovės rodiklių palyginimas tarp Lietuvos ir Ispanijos vilkų populiacijų pagal lokusus 2014–2017 ir 2020, 2021 ir 2022 m. Lietuvos populiacijos imtyse. Imties dydžiai buvo 158 (2014–2017 m.), 173 (2020 m.), 186 (2021 m.) ir 270 (2022 m.) Lietuvos populiacijoje ir 213 Ispanijos poliucijoje (Ispanijos vilkų duomenys iš Godinho et al. 2011).

### 3.1.2 Genetinė įvairovė ir inbrydingas

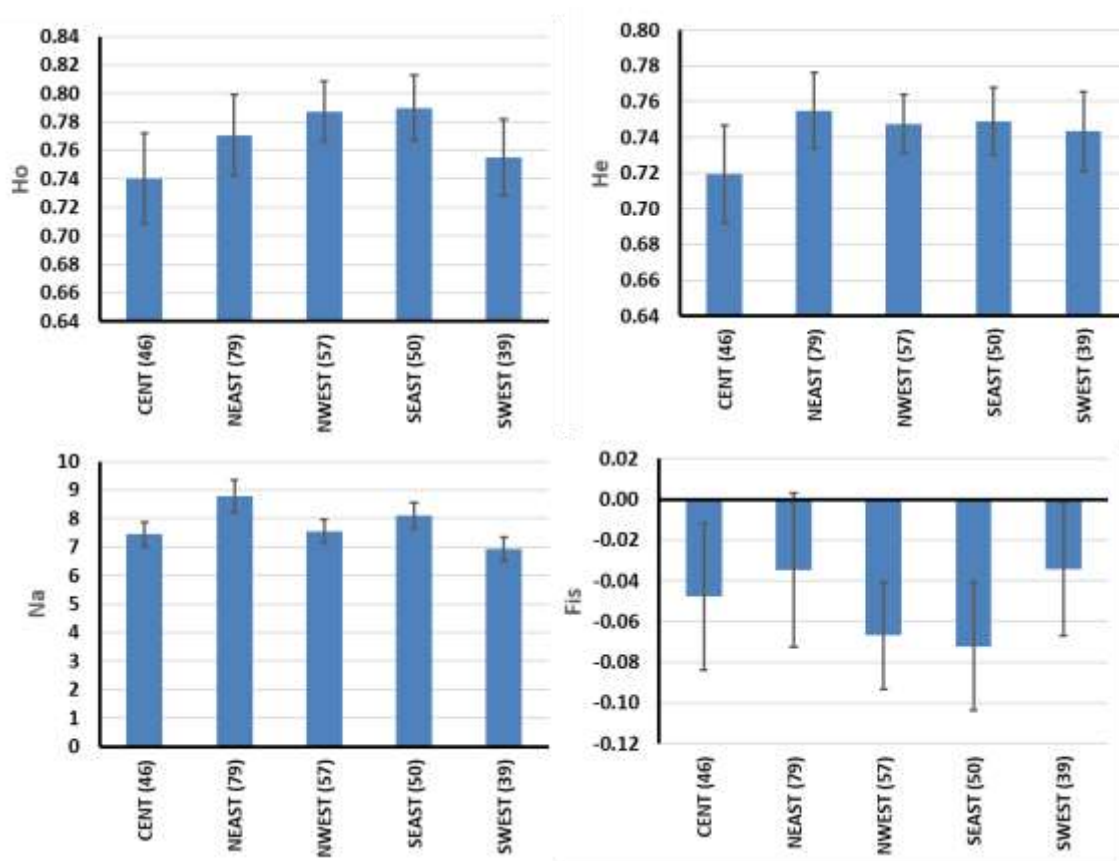
Pradėsime nuo vieno iš svarbiausių populiacijos genetinės įvairovės rodiklių – efektyvaus populiacijos dydžio ( $N_e$ ). Šis rodiklis parodo koks yra duotos populiacijos genetinės įvairovės atitikmuo idealiai genetinės įvairovės požiūriu populiacijai, kuri suprantama kaip atsitiktinės kryžmakaitos populiacija, kur lyčių santykis lygus, kartos nepersidengia, visi individai yra fertilūs ir veda po lygų skaičių palikuonių, yra be inbrydingo, negiminingi vienas kitam ir populiacijos dydis yra pastovus (Waples 2005). Kitaip tariant  $N_e$  parodo kokio dydžio ideali populiacija (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. 2022 m. sumedžiojimo populiacijai apskaičiavime dabartinės populiacijos  $N_{ed}$  (pagal sibų ryšių metodą, kuris pagrinde rodo populiacijos genetinės erozijos riziką dėl genų dreifo ir vadinimas genetinei variacijai efektyvus  $N_e$ ).



3.1.3 pav. 2018-2022 metų sumedžiojimų populiacijų vidutinių genetinės įvairovės rodiklių palyginimas. Fis - inbrydingo koeficientas, Ho – stebimas heterozigotiškumas, He – lauktinas heterozigotiškumas. Skaičiai ties X ašyse esančias metais rodo imties dydžius. Dešinėje pateiktas Ho palyginimas pagal lytį tarp 2021 ir 2022 metų populiacijų (paklaidos linijos rodo standartinės paklaidas, apskaičiuotas lokusų vidurkių lygmenyje) .

Dabartinės vilkų populiacijos efektyvus dydis Ned pagal 2022 m. sumedžiojimo duomenis (kurios  $N_d = 271$  individas) buvo 121 individas, kas sudaro  $N_e/N_d = 0,46$  (2021 m.  $N_d/N_e = 0,53$ ).  $N_e/N_d$  santykis  $> 0,5$  rodo spartų populiacijos atsistatymą genų srauto pagalba ir genetinio optimumo pasiekimą (Frankham 1995). Tikėtina, kad dabartinio Ned įvertės priklauso nuo giminingų ir vienos šeimos narių skaičiaus atskirų metų sumedžiojimų imtyse.

Natūralios populiacijos dažnai netenkina idealios populiacijos sąlygų, todėl dabartinis  $N_e$  paprastai būna mažesnis nei  $N_d$ , klausimas yra kiek mažesnis (Palstra and Ruzzante 2008). Kritinė  $N_e/N_d$  riba yra 0,2, esant žemesnei ribai gresia išnykimas (Frankham 1995). Siektinas  $N_e/N_d$  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  $N_e/N_d$  rodiklis pagal 2009 m. duomenis nežymiai viršija 0,5 (Jansson 2013).



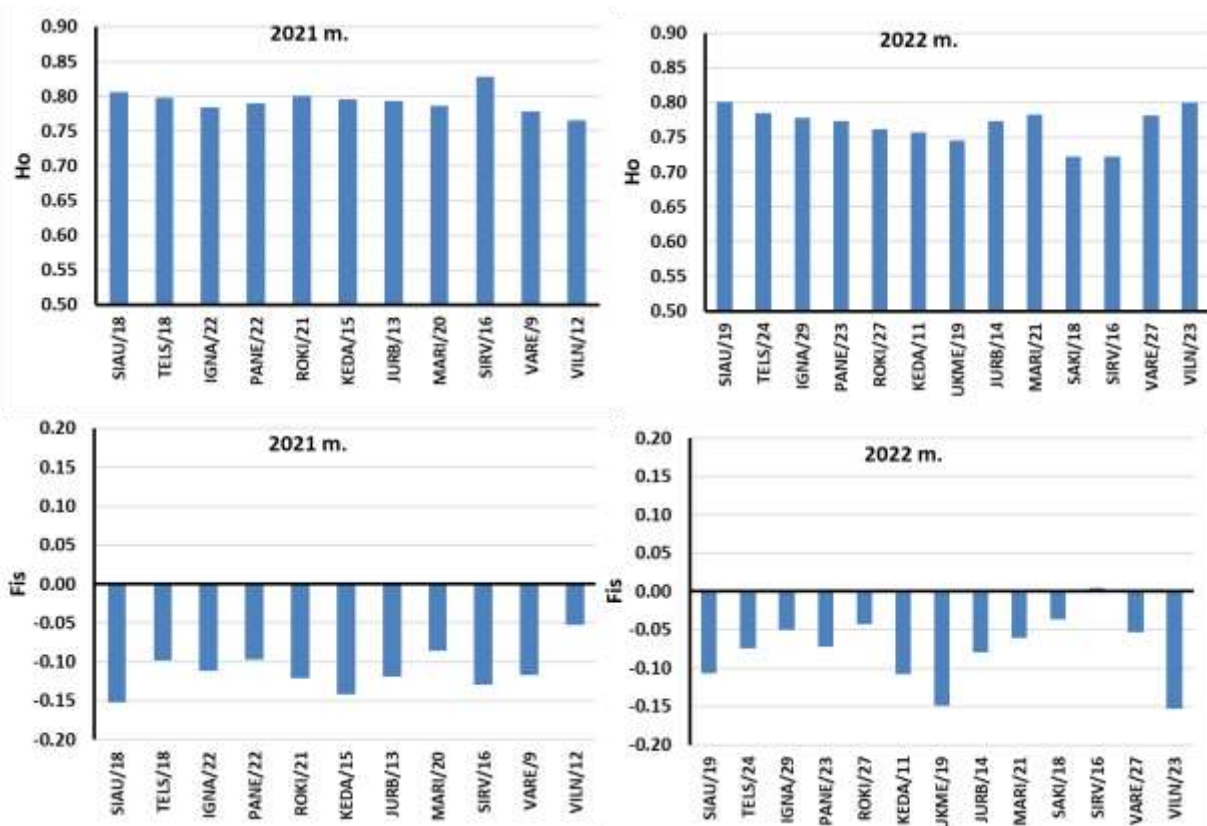
3.1.4 pav. 2022 m. populiacijos genetinės įvairovės rodiklių palyginimas tarp regionų (skaičius prie regionų X ašyje rodo imties dydžius). Regionai geografiškai apibrėžti 2.1 skyriuje. Paklaidos linijos rodo standartines paklaidas, apskaičiuotas lokusų vidurkių lygmenyje

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

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

Kaip ir praeitų metų duomenyse SIGN butelio kalelio tikimybės testas Lietuvos populiacijoje parodė reikšmingą nukrypimą nuo alelių pasiskirstymo pagal mutacijų – dreifo pusiausvyros būseną Lietuvos vilkų populiacijoje ( $p=0,0004$ ,  $0,0311$  ir  $0,0004$  pagal lokusų IAM, TPM, SSM mutacijos modelius ( $p=0,0001$  ir  $0,0070$  pagal IAM ir SMM modelį)). Kitas butelio kaklelio testas pagal WILCOXON perteklinio lauktino heterozigotiškumo indeksą parodė reikšmingą butelio kaklelio efektą pagal IAM, TPM alelių mutacijų modelius:  $p=0,0004$  ir  $p=0,0119$ , bet ne pagal SSM lokusų mutacijos modelį  $p=0,9924$ . Tai rodo, kad Lietuvos vilkų populiacija buvo patyrusi reikšmingą butelio kalelio efektą. Tačiau modulio pokyčio indikatorius testas (*Bottleneck* programa) parodė, kad nėra reikšmingo nukrypimo nuo „L“ formos alelių klasių ir dažnių pasiskirstymo Lietuvoje (kaip ir 2021, 2020 bei 2019 m. duomenyse). Pagal Luikart et al. (1998) modulio pokyčio indikatorius testas efektyviai rodo palyginti nesenus genetinės įvairovės siaurėjimo efektus keliose ankstesnėse kartose. Todėl tokie priešingi rezultatai tarp testų gaunami tada, kai butelio kaklelio efektas nebuvo labai stiprus ir pasireiškė seniau nei prieš 40-50 metų (mūsų atveju apie 1960-70 metus), o populiacija dėl pozityvios migracijos srauto yra sėkmingo genetinės įvairovės atsistatymo proceso eigoje, bet dar nėra pasiekusi pilno genetinės įvairovės optimumo (dreifo-mutacijų ekvilibriumo, Luikart et al. 1998). Populiacijai nepasiekus, ar esant netoli genetinės įvairovės optimumo, vilkų populiacijos dydžio reguliavimas Lietuvoje turėtų būti vykdomas atsargiai

pagal DNR tyrimų genetinio monitoringo rezultatus, kur ištirti keliolikos metų populiacijos duomenys su vienodomis imtimis tarp populiacijų.



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

Pirma aptarsime genetinės įvairovės geografinio paskirstymo dėsninumus Lietuvoje geografinės populiacijos lygmenyje. Bendra inbrydingo koeficiento Fis reikšmė visoje 2022 m. sumedžiotų vilkų Lietuvos populiacijoje buvo -0,04 (2021 m. Fis = -0,07, 2020 m. Fis = 0,014, 2019 m. Fis = -0,014 (3.1.4 pav.). Tikėtina, kad į santykinai didesnę 2022-tais m. sumedžiotą populiaciją pateko didesnės šeimos (žr. sibų ryšių nustatymo tyrimą 3.1.3 poskyryje), kas dirbtinai padidino statistinius nukrypimus nuo atsitiktinio poravimosi ir tuo pačiu padidino inbrydingo koeficientą. 2022 m. visų geografinių populiacijų Fis buvo žemas ir neigiamas, išskyrus centrinės Lietuvos SIRV populiacijos (3.1.5 pav.). Jei inbrydingo koeficiento reikšmės svyruoja apie nulį, tai rodo genetiškai sveiką populiaciją, kai nėra reikšmingo nukrypimo nuo atsitiktinio poravimosi dėl per siauros genetinės įvairovės genų dreifo poveikyje, bei nėra homozigotų pertekliaus dėl giminingų individų poravimosi. 2021 m. duomenyse inbrydingo koeficiento Fis reikšmės -0,2 ir mažesnės rodo reikšmingą heterozigotų perteklių, mūsų atveju, tikėtiną dėl genų srauto (kryptingos genų migracijos, žr. į stebimo



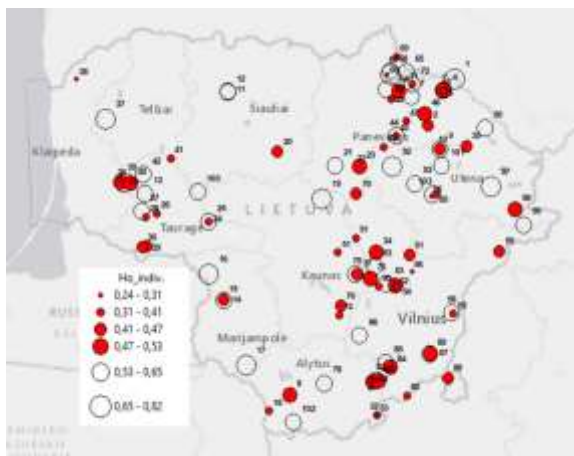
heterozigotiškumo ( $H_o$ ) geografinio pasiskyrimo rezultatus žemiau). Fis reikšmės  $> 0,2$ , atvirksčiai, rodo reikšmingus nukrypimus nuo atsitiktinio poravimosi, tikėtina dėl poravimosi tarp giminingų individų. Tačiau nei 2022, nei 2021 m, nei 2020 m. sumedžiojimo populiacijose šių slenkstinių Fis reikšmių nepasiekė nei viena geografinė populiacija.  $H_o$  rodiklis, kuris rodo poravimąsi tarp giminingų individų dėl alelinės įvairovės susiaurėjimo, geografiškai pasiskirstė nevienodai – pastebėtinai aukštesnės  $H_o$  reikšmės Žemaitijoje, Jurbarko, Marijampolėje, o žemesnės – Širvintų ir Šakių populiacijose. Tikėtinos žemesnio  $H_o$  rodiklio priežastys yra geografiniai ir antropogeniniai barjerai migracijai, trukdantys genų srautus. Verta palyginti šiuos svarbius rodiklius su Suomijos vilkų populiacijos rodikliais, kur miškingumas yra aukštas ir populiacija tvarkoma genetinės įvairovės turtinimo link: 2009 m. duomenimis Suomijos vilkų populiacijoje  $H_o$  vyraavo 0,680-0,706,  $H_e$  - apie 0,75, o  $F_{is} = 0,112$  (Jansson 2013). Suomijos mokslininkai įvardino šias  $F_{is} = 0,112$  reikšmes kaip keliančias nerimą, kadangi visai neseniai, per vilkų populiacijos atsigavimo piką Suomijoje 1995-1997 m.,  $F_{is}$  reikšmės buvo neigiamos 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 2022 m. geografinėse populiacijose (3.1.2 lent.). Bendrai, Lietuvos vilkų populiacijos genetinės įvairovės indikatoriai - lauktinas heterozigotiškumas ( $H_e = 0,75$ ) ir alelinis turtingumas buvo palyginti aukšti (3.1.2 lent.). Tai rodo, kad alelinė įvairovė yra aukšta. Tačiau dažnai tokia genetinės įvairovės rodiklių kombinacija kai efektyvus populiacijos dydis nėra aukštas, o alelinė įvairovė, heterozigotiškumas, šeimų skaičius yra palyginti aukšti rodo, kad dalis šeimų yra giminingos viena kitai. Ši šeimų giminytės faktą mūsų duomenyse patvirtina gana stipriai išreikšta šeimų klasterių struktūra pateikta 3.1.3 poskyrio lentelėse. Taip yra todėl, kad populiacija patyrė 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

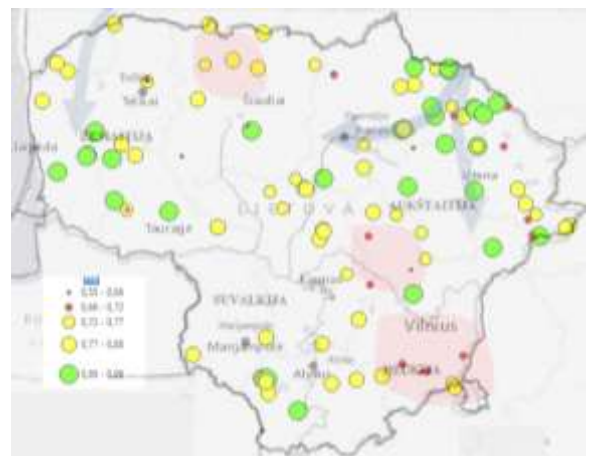
nei dešimt kartų mažesnis nei 1950 metais kai po II pasaulinio karo vilkų skaičius buvo gausus visoje šiaurės rytų Europoje (Bibikov 1985). Kaip parodė Bulgarijos atvejis, per didelis medžiojimo intensyvumas atsakant į galvijų skerdimą, privedė prie ženklaus inbrydingo padidėjimo per vilko grupių socialines struktūras destabilizavimą praėjo 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 ženkliau 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.

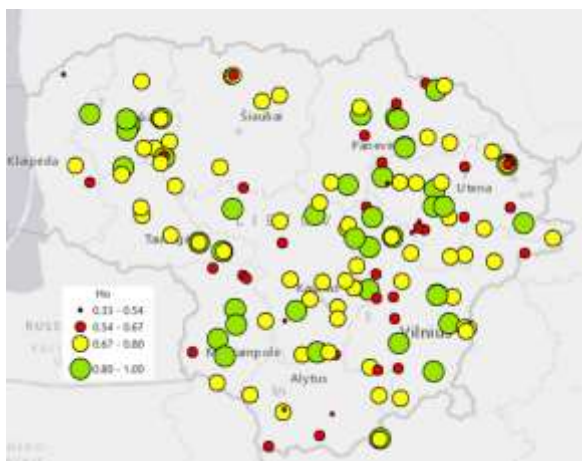
2018 m. ( $H_o$ )



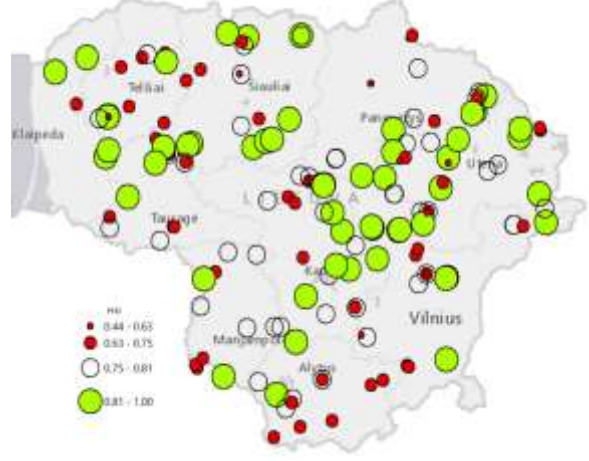
2019 m. ( $H_o$ )



2020 m. ( $H_o$ )

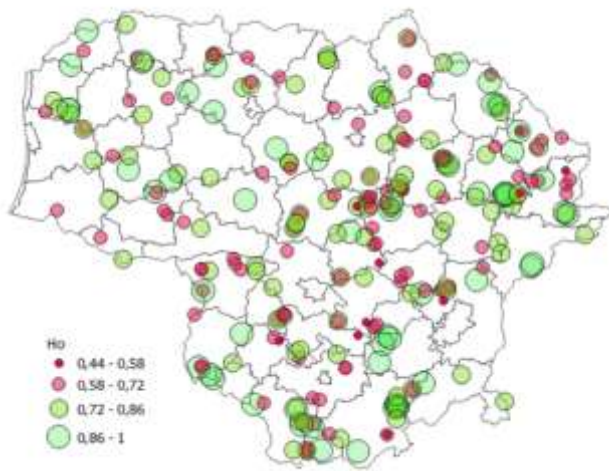


2021 m. ( $H_o$ )



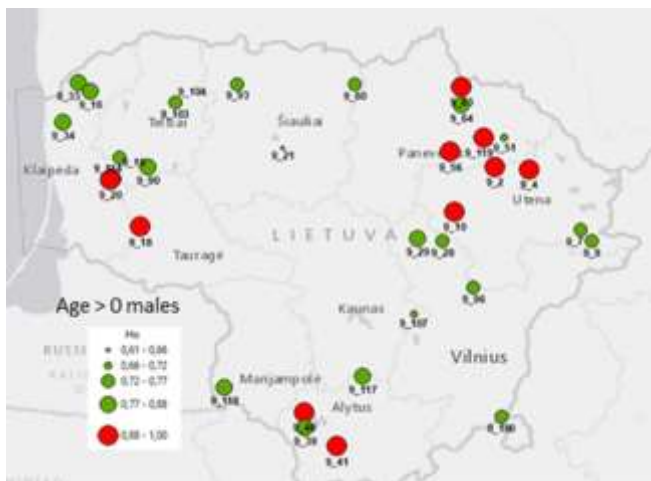


2022 m. (n=271)

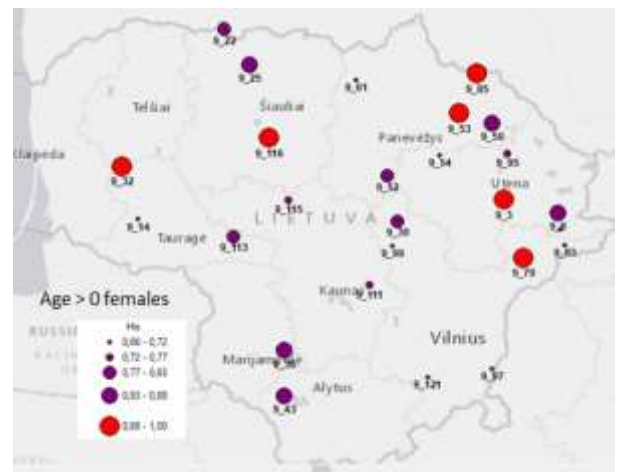


3.1.6 pav. Individų stebimo heterozigotiškumo ( $H_o$ ) geografinio pasiskirstymo dėsningumai 2019 ir 2020 m imtyse. Parodyti visi individai nepriklausomai nuo lyties (2020 m. 173 (81 mot., 90 vyr.). Sumedžiojimo vietos žymi  $H_o$  reikšmes: ypač žemos  $H_o$  reikšmės rodo poravimąsi tarp giminingų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

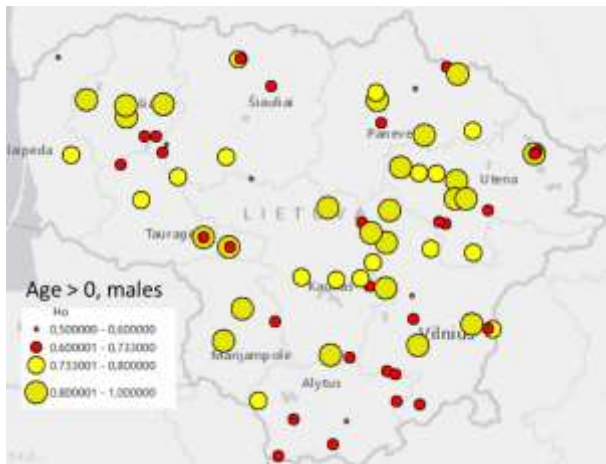
2019 m. patinai



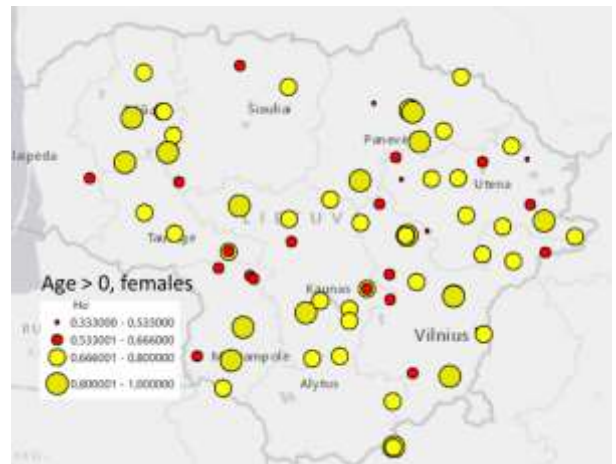
2019 m. patelės



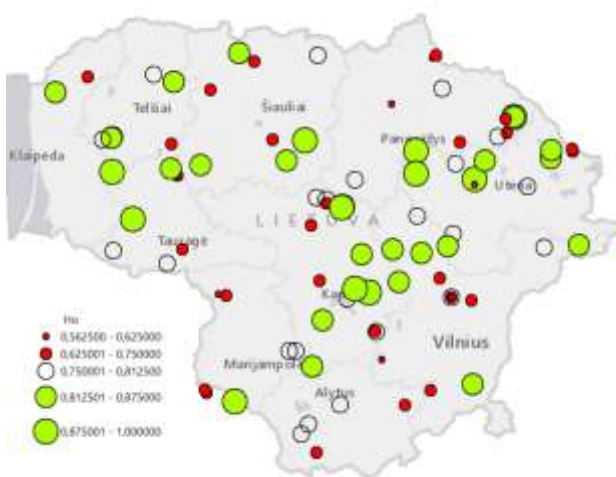
2020 m. patinai



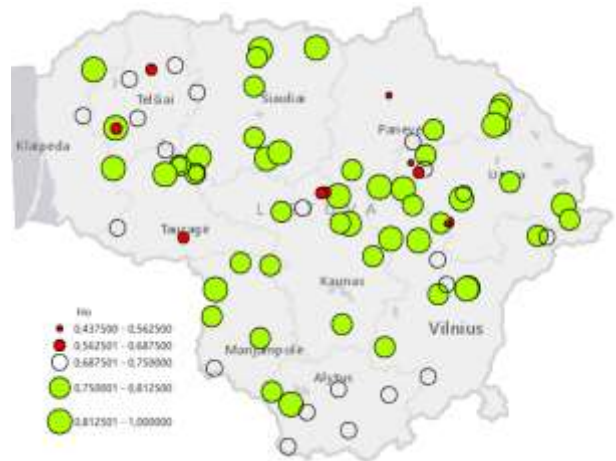
2020 m. patelės



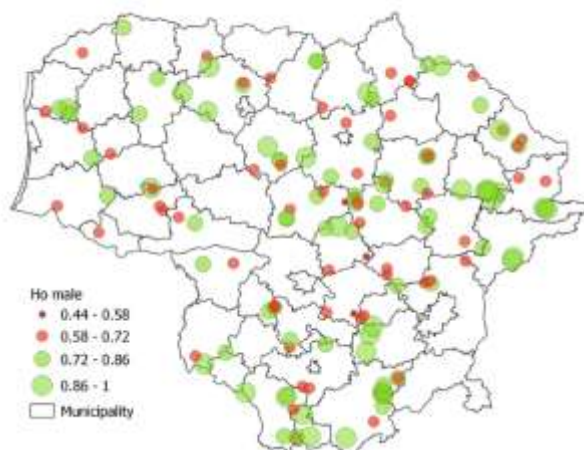
2021 m. patinai



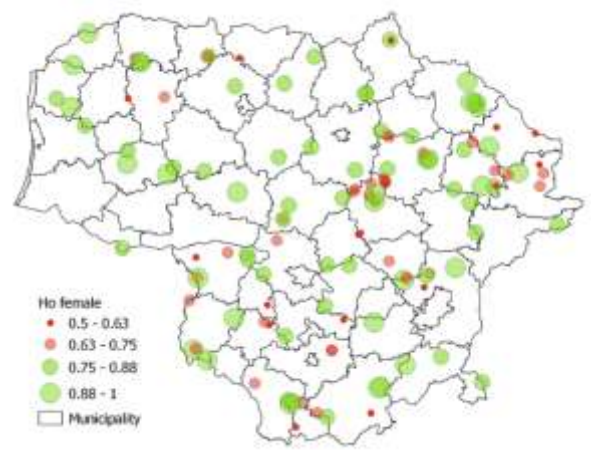
2021 m. patelės



2022 m. patinai

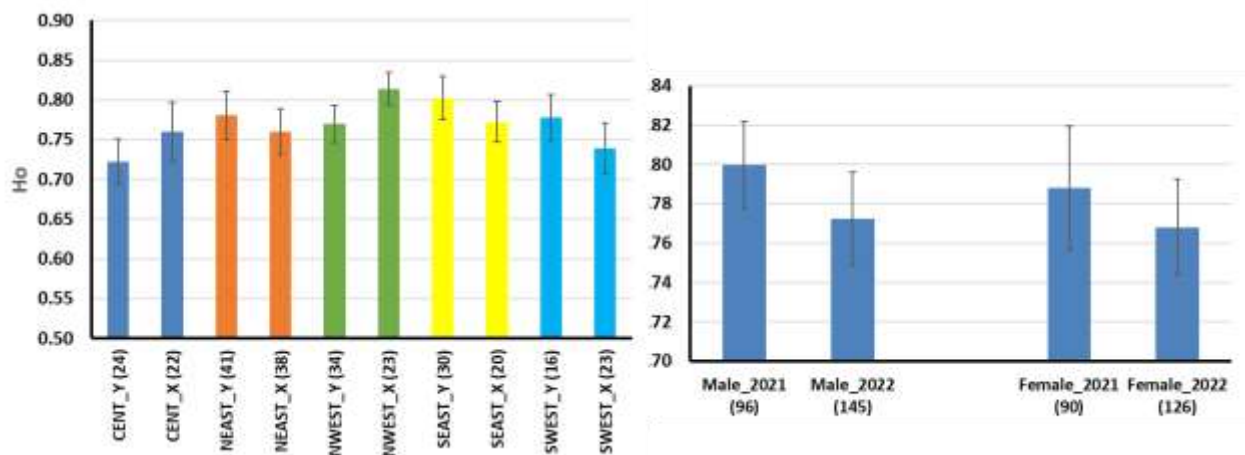


2022 m. patelės

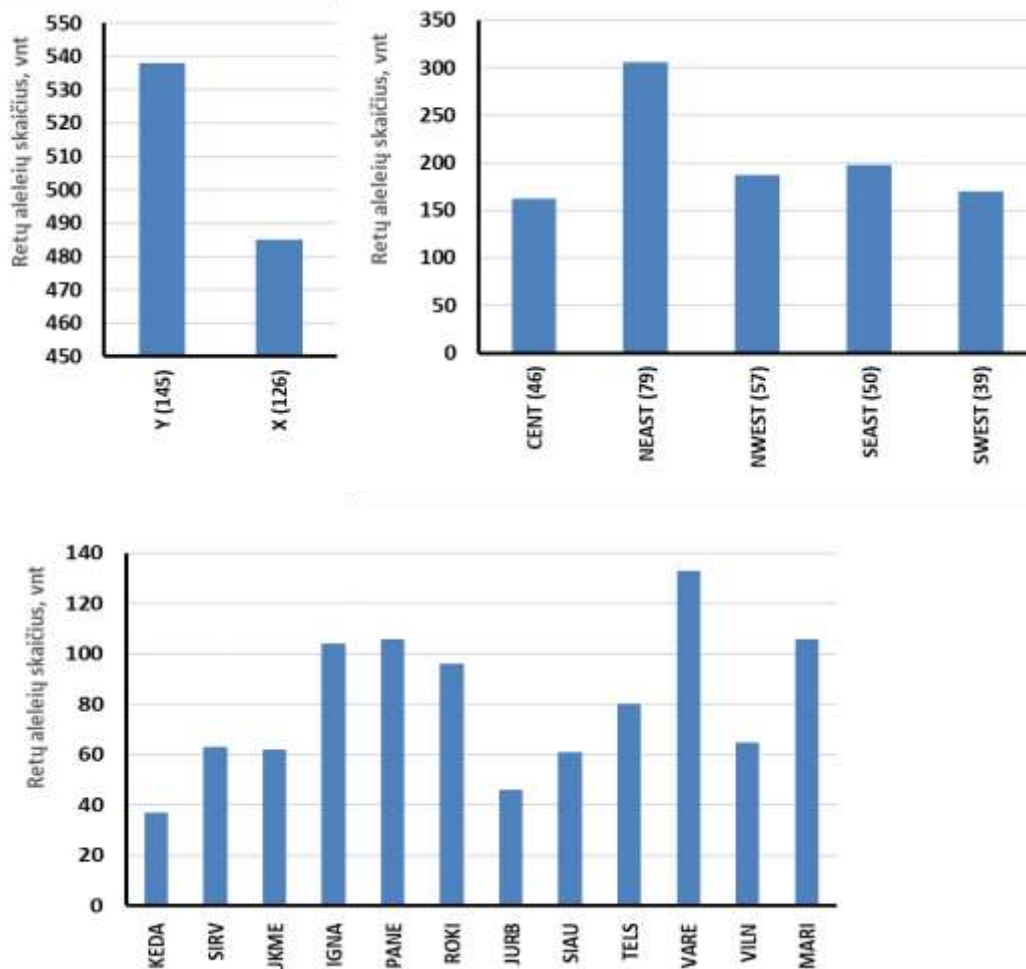


3.1.7 pav. Individų stebimo heterozigotiškumo (Ho) geografinio pasiskirstymo dėsningumai 2019 ir 2020, 2021 ir 2022 m. sumedžiojimų imtyse atskirai patinams ir patelėms. Sumedžiojimo vietas žymi Ho reikšmės. 2019-2020 m. imtims duotos vyresnių nei 0 metų amžiaus (t.y. galinčių migruoti) individų Ho reikšmės. 2021 ir 2022 m. duotos visų sumedžiotų vilkų Ho reikšmės.

Individualių vilkų stebimo heterozigotiškumo ( $H_o$ ) geografinis pasiskirstymas tiksliau atskleidžia geografinius giminingų vilkų poravimosi dėsningumus, nei populiacijų vidurkiai (3.1.6 pav.).  $H_o$  rodo tėvų giminystės laipsnį dėl žemos poravimosi grupių genetinės įvairovės, kuri mūsų medžiagoje yra tikėtina migracijos barjerų pasekmė.  $H_o$  reikšmės mažesnės nei 0,4-0,5 kelia susirūpinimą, o mažesnės nei 0,2-0,3 rodo labai tikėtiną artimų giminių (pusiau sibų) poravimąsi. 2022 m. populiacijoje  $H_o$  reikšmių pasiskirstyme geografinių tendencijų nematyti, t.y. tiek aukšto, tiek žemo  $H_o$  individai randami visose Lietuvos vietose (3.1.6 pav.). Tačiau pagal 2020 m. ir 2021 m. sumedžiojimų populiacijų individų  $H_o$  reikšmių geografinį pasiskirstymą pastebimas aukšto heterozigotiškumo individų „koridorius“, prasidedantis šiaurės rytų Lietuvoje ties Latvijos siena ir nukreiptas žemyn Kauno, Marijampolės kryptimi (3.1.6 pav.). Įdomu, kad 2020 ir 2021 m. populiacijose šis aukšto  $H_o$  koridorius geografiškai sutampa retų alelių nešėjų geografiniu išsidėstymu (3.1.10 pav.). Todėl, tikėtina, kad šie  $H_o$  ir retų alelių išsidėstymo dėsningumai 2020-2021 m duomenyse atspindi santykinai aukštesnės genetinės įvairovės genų srautą iš rytinės Latvijos ir jo kryptį Lietuvoje. Tačiau šios tendencijos nebuvimas 2022 m. duomenyse gali rodyti pokyčius genų migracijose dėsningumuose, pvz. dėl statomos tvoros ties Baltarusijos siena. Pastebėtina, kad, skirtingai nuo ankstesnių rezultatų, 2022 m. duomenyse žemesnio  $H_o$  zona į pietus nuo Vilniaus neaptikta.



3.1.8 pav. Viršuje – 2021 m. ir 2022 m. sumedžiojimų sezonų individų stebimo heterozigotiškumo ( $H_o$ , kur žemesnės reikšmės rodo poravimąsi tarp giminingų individų) palyginimas pagal lytį, apačioje - 2020 m. ir 2021 m. sumedžiojimų sezonų individų stebimo heterozigotiškumo ( $H_o$ , kur žemesnės reikšmės rodo poravimąsi tarp giminingų individų) Lietuvoje. Matyti nuoseklus  $H_o$  kritimas pietrytinėje Lietuvoje, ypač 2020 m. duomenyse.



3.1.9 pav. Retų alelių (dažnis < 5%) skaičius palyginimas tarp lyčių, regionų ir populiacijų 2022 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 panašiai kaip ir praeitų sumedžiojimo sezonų medžiagoje, 2022 m. populiacijoje aukšto Ho patinų skaičius yra didesnis nei patelių. Tikėtina, kad taip yra dėl to, kad patinų populiacija toliau migruoja ir turi žemesnę tikimybę poruotis su giminingomis patelėmis. Patinai turi ženkliai daugiau retųjų alelių nei patelės (3.1.9 pav.), kas patvirtina teiginį dėl didesnio patinų kaip migrantų mobilumo. 2022 m. medžiagoje matyti įdomi tendencija, kad vakarų Lietuvoje žemo Ho patelių yra ženkliai mažiau nei kitose Lietuvos dalyse (3.1.7 pav.). Palyginus vidutines Ho reikšmes pagal lytį atskiruose regionuose matyti, kad tik 2-juose regionuose patelių Ho yra aukštesnis nei patinų – tai yra Žemaitija ir centrinė Lietuva (3.1.8 pav.).

Lyginant regionų vidurkius, šiaurės rytų regione rasta santykinai daugiau retųjų alelių, tačiau tai gali būti didesnės imties šiame regione įtaka (3.1.9 pav.). Tarp geografinių

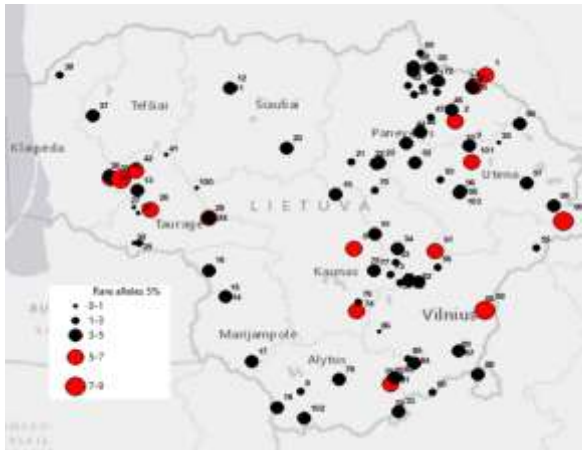
populiacijų, kurių imtys gana vienodos, daugiausiai retų alelių rasta pietų Lietuvos Marijampolės ir Varėnos populiacijose. Tai rodo galimus genų srautus iš Lenkijos (3.1.9 pav.). Lyginant 2022 m. populiacijos kiekvieno individualaus vilko retų alelių geografinį išsidėstymą, matyti didesnė retų alelių koncentracija pietų Lietuvoje (3.1.10 pav.) Taip pat ir 2022 m. populiacijos retų alelių geografinio išsidėstymas pagal lytį pavirtino didesnius retų alelių kiekius pietų nei šiaurės rytų Lietuvoje (3.1.11). Praeitų metų sumedžiojimo populiacijose santykinai didesnė retų alelių koncentracija rasta šiaurės rytų Lietuvoje (3.1.10 pav.). Šie skirtumai tarp 2022 m. ir ankstesnių sumedžiojimo populiacijų retųjų alelių geografinio paskirstymo tikėtinai 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 dėsniumai – t.y. kuria kryptimi veikia stipriausias genų srautas. Pagal Migrate\_N analizes pirmiausiai matyti, kad 2022 m. populiacijoje genų srautai pasiskirstę gana tolygiai visomis kryptimis, t.y. nėra vyraujančios krypties, kaip kad rasta ankstesnių metų populiacijose (3.1.12 pav.). Tai rodo genų migracijos dėsniumų pokyčius 2022 metais, lyginant su ankstesniais metais, kur iš šiaurės rytų Lietuvos stipriausias genų srautas buvo nukreiptas pietvakarių (Kėdainių), o ne pietų (Vilniaus) ar vakarų (Šiaulių) link (3.1.12 pav.).

Priimant, kad patinai migruoja toliau nei patelės, kitas būdas identifikuoti santykinai stipresnę migraciją patiriančius regionus yra genetinių skirtumų tarp to paties regiono patinų ir patelių nustatymas. Šiam tikslui atlikome principinių koordinačių analizę (PKA) pagal Dest diferenciacijos indeksų genetinius atstumus tarp atskirų lyčių individų tuose pačiuose regionuose. PKA analizė parodė, kad genetiškai skirtingiausi patinai ir patelės buvo pietvakariniame regione (SWEST) ir centriniame regionuose (3.1.13 pav.), o šiaurės rytų, bei kitų regionų patinai ir patelės buvo genetiškai panašūs. Šis rezultatas rodo, kad 2022 m. populiacijoje stipresnė migracija yra iš pietų nei iš šiaurės rytų. Patinų ir patelių pagrindiniai genetinės įvairovės rodikliai reikšmingai nesiskiria (3.1.3 lent.).



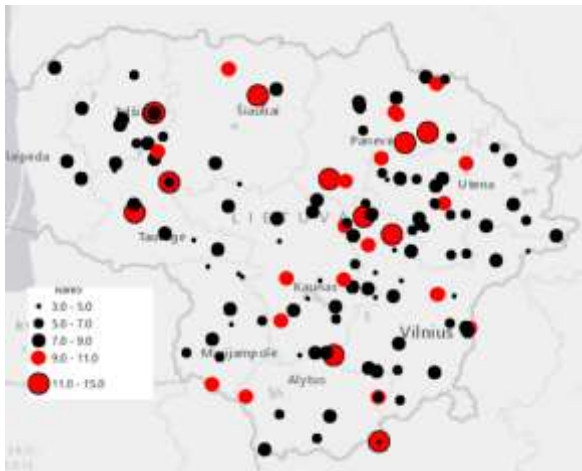
2018 m.



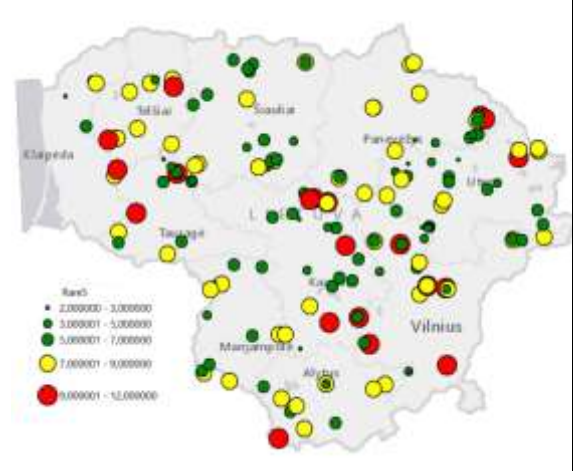
2019 m.



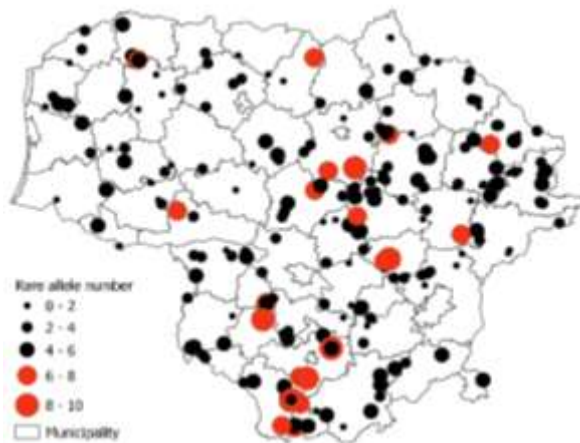
2020 m.



2021 m.

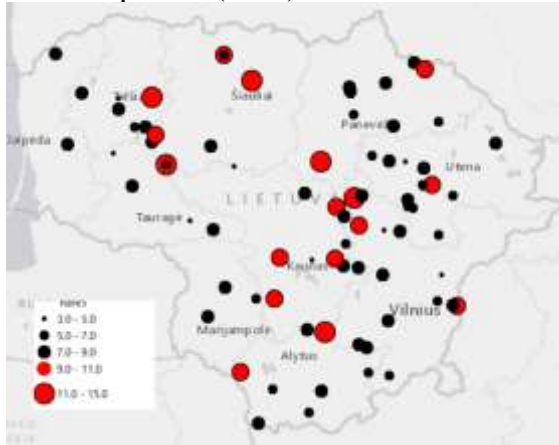


2022 m.



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.) ir 2022 m. (271 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.

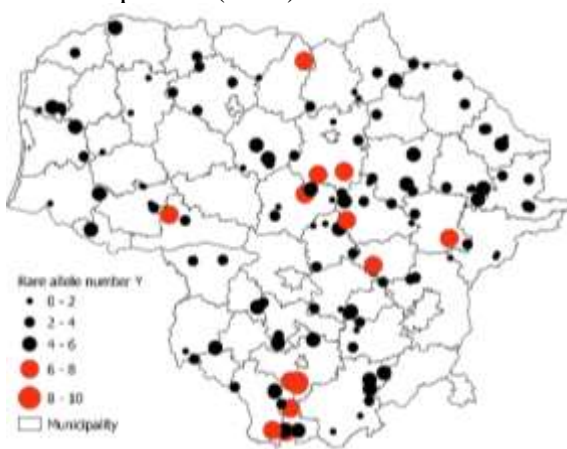
2020 m. patinai (male)



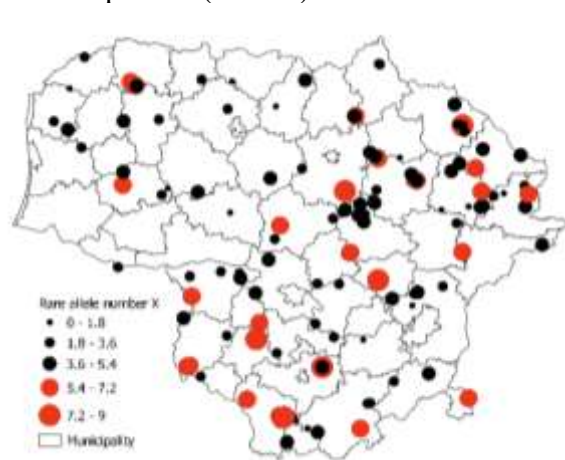
2020 m. patelės (female)



2022 m. patinai (male)

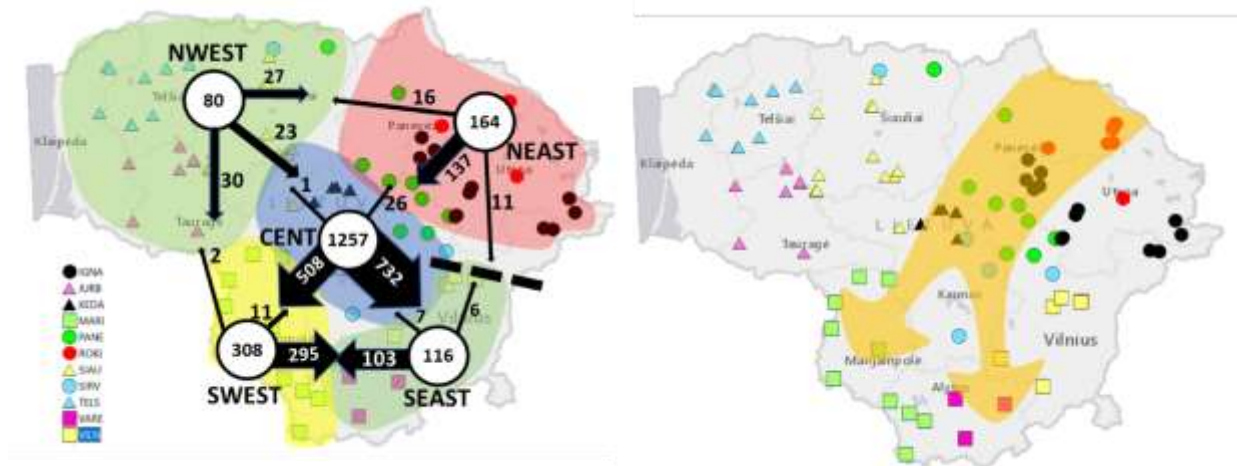


2022 m. patelės (female)

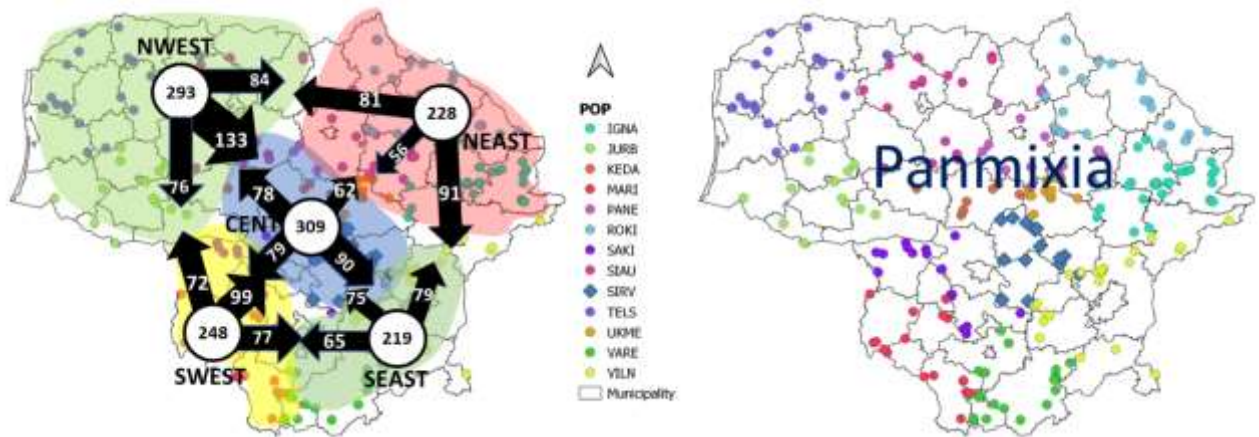


3.1.11 pav. Retų alelių, kurių dažnis mažesnis nei 5%, geografinis pasiskirstymas Lietuvoje 2020 m. ir 2022 m. sumedžiojimų imtyje atskirai patinų ir patelių populiacijose, pateiktas atskirai kiekvienam individui, kuris pažymėtas žemėlapyje pagal jo sumedžiojimo vietą. Apskritimai rodo retų alelių skaičių iš viso 30-ties alelių skaičiaus 2020 m. (15 lokusų) ir 36 alelių 2022 m (18 lokusų), todėl esant 11-15 retų alelių, reiškia, kad netoli pusės šio individo alelių buvo reti (žymėti raudonai).

2021 m. (n= 186)



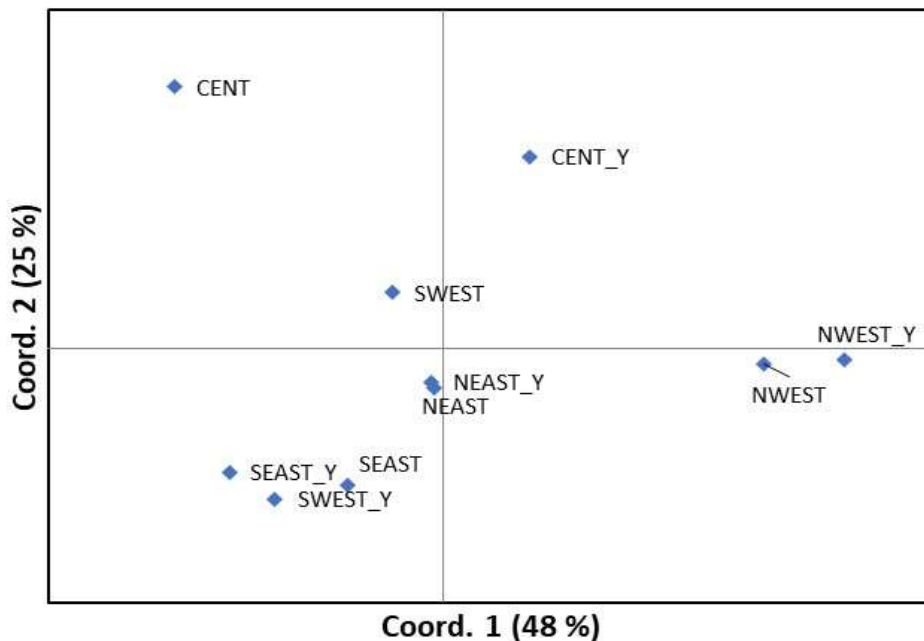
2022 m. (n=271)



3.1.12 pav. Vilkų efektyvus migrantų skaičius generaciją tarp regionų, apskaičiuotas pagal MIGRATE koalescencijos algoritmą 2021 ir 2022 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 žemėlapyje 2021 m. ir 2022 m. vilkų sumedžiojimų imtyje matomas tendencijas (skirtingų spalvų taškai žymi geografines populiacijas). Pastebėtina, kad 2022 m. šiaurės rytinio genų srauto tendencija dingsta ir vyrauja panmiksija (atsitiktinė migracija visomis kryptimis).



Principal Coordinates (PCoA) for male (Y) vs. female by region



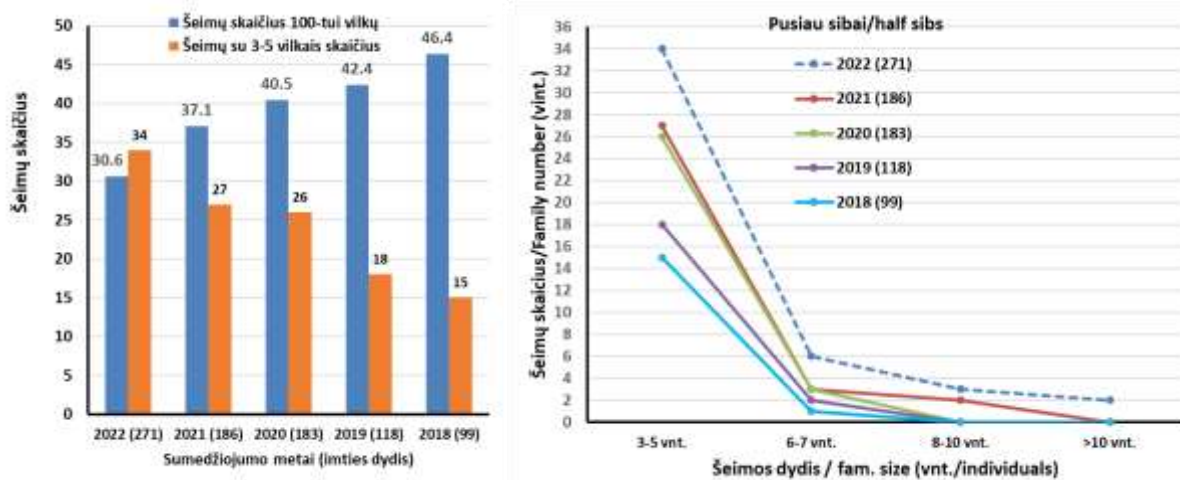
3.1.13 pav. Principinių koordinačių analizės rezultatai pagal Dest genetinius atstumus tarp atskirų lyčių tame pačiame regione. Žyma „\_Y“ ties regiono kodu rodo patinus, jei žymos ties regiono kodo nėra, tai patelės (pvz. SEAST patelės iš pietrytinio regiono, SEAST\_Y – patinai iš pietrytinio regiono). Jei patinai ir patelės genetiškai panašūs, jų kodai PKA ašyse yra netoli vienas kito. Procentai ties PKA ašimis rodo DNR polimorfizmo procentą, kurį reprezentuoja tam tikra principinių koordinačių ašis.

3.1.3 lent. Patinų ir patelių pagrindinių genetinės įvairovės rodiklių palyginimas 2021 ir 2022 m. populiacijose

Lytis	Rodiklis	N	Na	Ho	uHe	Fis
		2021	2021	2021	2021	2021
<b>Patinai</b>	<b>Mean</b>	96	9.3	0.80	0.75	-0.07
<b>Patelės</b>	<b>Mean</b>	90	9.1	0.79	0.74	-0.07
<b>Patinai</b>	<b>SE</b>		0.8	0.02	0.02	0.01
<b>Patelės</b>	<b>SE</b>		0.6	0.03	0.02	0.02
		<b>2022</b>	<b>2022</b>	<b>2022</b>	<b>2022</b>	<b>2022</b>
<b>Patinai</b>	<b>Mean</b>	145	9.4	0.77	0.75	-0.04
<b>Patelės</b>	<b>Mean</b>	126	9.1	0.77	0.75	-0.04
<b>Patinai</b>	<b>SE</b>		0.5	0.02	0.02	0.03
<b>Patelės</b>	<b>SE</b>		0.5	0.02	0.02	0.03

### 3.1.3 Sibų ryšiai populiacijoje

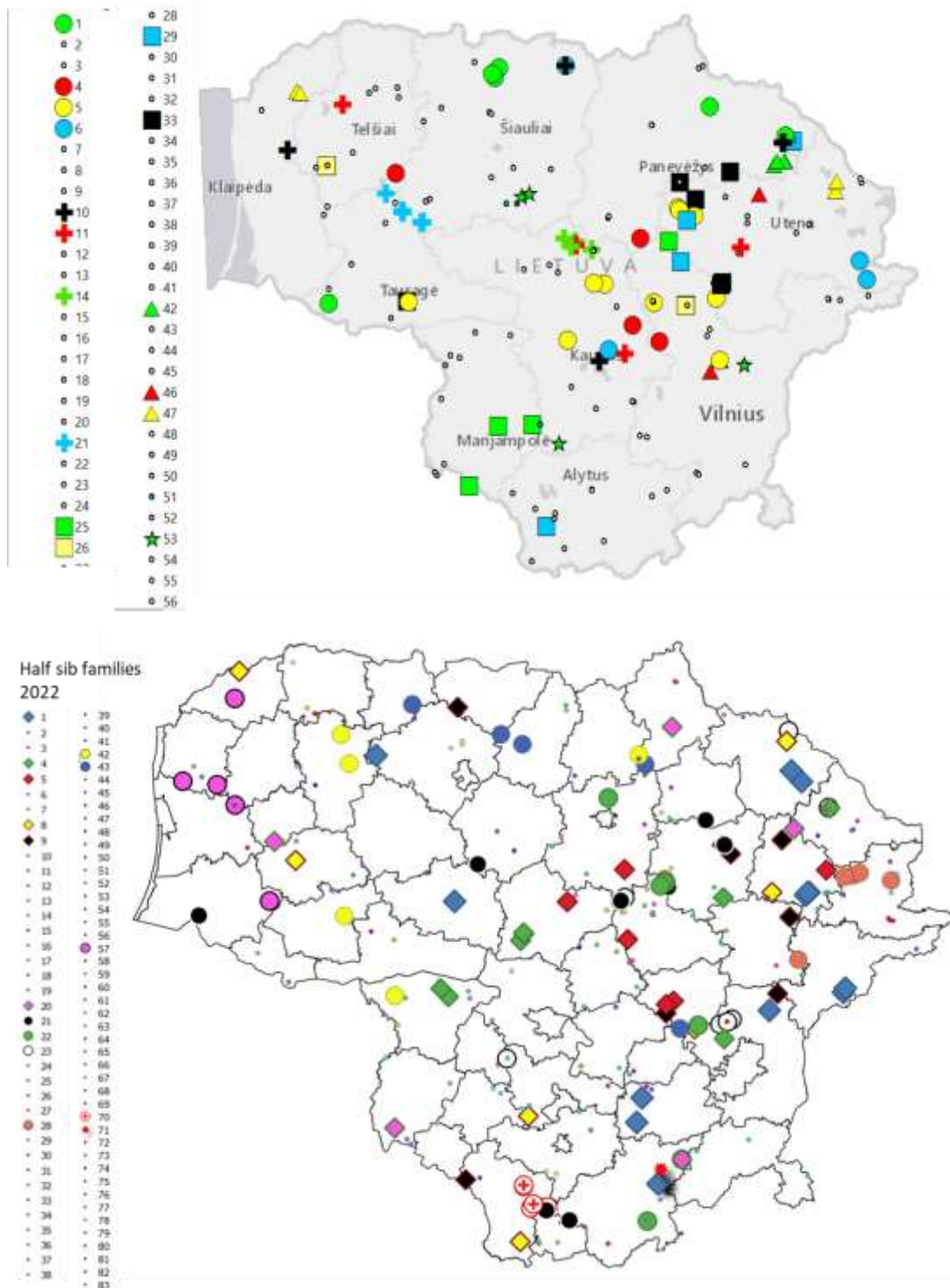
Pagal programos COLONY sibų ryšių tikimybių algoritmus 2022 m. sumedžiotų individų imtyje rasta 83 pusiau sibų šeimos 271 individų populiacijoje (2021 m. sumedžiotų individų imtyje rasta 69-nios pusiau sibų šeimos 186 individų populiacijoje, 2020 m. sumedžiotų individų imtyje rasta 71-na pusiau sibų 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, apskaičiuavome 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. Kairėje: 2018, 2019, 2020, 2021 ir 2022 m. sumedžiojimų pusiau sibų šeimų bendras skaičius (įreikštas 100-tui vilkų) ir dydžio rodiklis (išreikštas kaip šeimų su 3-5-kiais vilkais skaičius). Dešinėje: šeimų dydžio kitimas per 2018-2022 metus, šeimų dydis X ašyje rodo vienos pusiau sibų šeimos narių skaičių (pvz. 5 rodo, kad sumedžioti 5 vilkai, kurie turi bendrą motiną). Y ašis ir skaičiai ties kreivės taškais rodo kiek buvo sumedžiota atitinkamo šeimos dydžio šeimų.

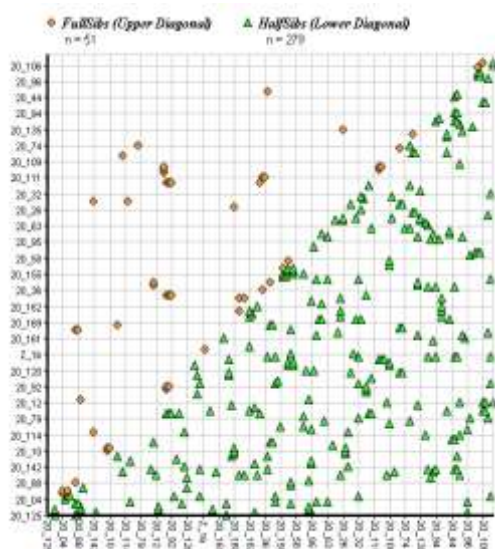
Iš mūsų tyrimų aiškiai matyti tendencija, kad didinant pametines sumedžiojimo imtis, sumedžiojamų šeimų skaičius mažėja, o šeimos dydis didėja (3.1.14 pav.). Todėl esant dabartinėmis sąlygomis sumedžiojimo limitų didinimas yra sumedžiojamos šeimos dydžio

sąskaita. Tačiau neaišku kaip šiuos dėšningumus paveiks vilkų migraciją stabdanti tvora su Baltarusija?

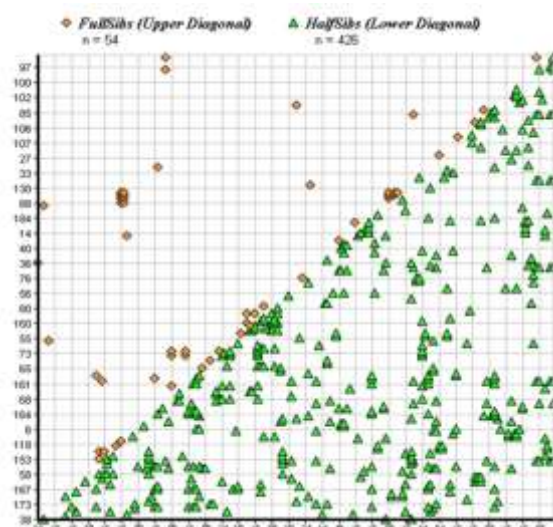


3.1.15 pav. 2021 m. (n=186, viršuje) ir 2022 m. (n=271, apačioje) sumedžiojimų pusiau sibų grupių geografinis pasiskirstymas pagal visos individų imties giminstės ryšių analizę programa COLONY. 2021 m. populiacijai ženklais parodytos šeimos su 3 ir daugiau narių. 2022 m. populiacijai parodytos šeimos su 5 ir daugiau narių. Kiti individai pažymėti taškais.

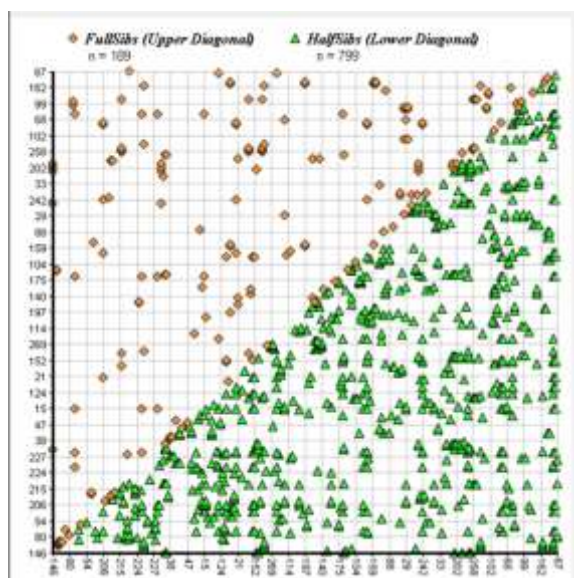
2020 m.



2021 m.



2022 m.



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

Pilnų sibus ryšių analizė 2022 m. populiacijoje nustatė net 22 šeimas su daugiau nei trimis nariais pilnais sibais (2021 m. populiacijoje nustatėme tik 6 tokias pilnų sibus 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 sibus šeimos dydis buvo 7 individai (2021 m. – 6 individai). Šis rezultatas patvirtina išvadas iš pusiau sibus ryšių analizės. Sibų ryšių kiekybinis pavaizdavimas skirtingų metų sumedžiojimo populiacijose taip pat rodo daugiau sibus sumedžiotų 2022 m. populiacijoje (3.1.15 pav.).

3.1.4 lent. 2021 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 kokias platesnės geografinės aprėpties genetinei grupei individas priklauso pagal Bajeso klasterinės analizės rezultatus (pateikta klasifikacija su 3-5 genetinėmis grupėmis). Individai lentelėje išrikiuoti pagal motinos šeimos kodą.

Reg	POP	id	cluster	Pusiau sibų šeimos kodas pagal motiną <sup>1</sup>	Pusiau sibų šeimos kodas pagal tėvą	Ho	STRUCT 3	STRUCT 4	STRUCT 5	Lytis	Retų alelių skaičius, vnt
CENT	KEDA	146	1	1	1	0.94	3	4	2	X	1
NEAST	ROKI	153	1	1	57	0.78	3	4	2	X	2
NEAST	ROKI	154	1	1	58	0.89	3	4	2	X	3
NWEST	SIAU	178	1	1	26	0.94	3	4	2	Y	3
SEAST	VILN	193	1	1	1	0.94	3	4	2	Y	2
SEAST	VILN	194	1	1	57	0.89	3	4	2	Y	2
SEAST	VILN	202	1	1	1	0.94	3	4	2	Y	1
SEAST	VILN	204	1	1	1	0.94	3	4	2	Y	3
NEAST	IGNA	231	1	1	1	0.94	3	4	2	Y	2
NEAST	IGNA	233	1	1	26	0.89	3	4	2	Y	1
NEAST	IGNA	234	1	1	26	0.89	3	4	2	X	1
SEAST	VARE	240	1	1	1	1.00	3	4	2	X	3
SEAST	VILN	256	1	1	26	0.94	3	4	2	X	2
CENT	KEDA	71	2	2	2	0.78	2	3	5	X	6
NWEST	SIAU	82	2	2	68	0.83	2	3	5	X	4
NWEST	SIAU	143	2	2	12	0.61	2	3	5	Y	3
NWEST	TELS	1	3	3	3	0.72	2	3	5	Y	3
NWEST	TELS	2	3	3	3	0.83	2	3	5	X	1
CENT	KEDA	72	3	3	3	0.67	2	3	5	Y	2
CENT	KEDA	73	4	4	4	0.72	1	1	4	X	1
CENT	KEDA	74	4	4	4	0.78	1	1	4	X	3
CENT	KEDA	76	4	4	4	0.78	1	1	4	Y	3

CENT	KEDA	77	4	4	4	0.83	1	1	4	Y	4
NEAST	IGNA	110	4	4	32	0.67	1	1	4	Y	3
SWEST	SAKI	163	4	4	32	0.72	1	1	4	Y	4
SEAST	VILN	263	4	4	32	0.56	1	1	4	X	1
NEAST	ROKI	265	4	4	32	0.72	1	1	4	Y	3
SWEST	SAKI	302	4	4	9	0.67	1	1	4	X	2
CENT	KEDA	78	2	5	5	0.83	2	2	1	Y	8
NEAST	PANE	126	2	5	49	0.78	2	2	1	X	9
CENT	SIRV	188	2	5	5	0.72	3	2	1	X	9
CENT	SIRV	189	2	5	10	0.72	2	2	1	Y	8
CENT	UKME	219	2	5	13	0.72	2	2	1	Y	7
NEAST	IGNA	228	2	5	13	0.72	2	2	1	X	6
CENT	KEDA	79	5	6	6	0.72	2	3	5	Y	6
NEAST	PANE	125	5	6	28	0.67	2	2	1	Y	7
CENT	UKME	214	5	6	23	0.78	2	3	5	Y	4
CENT	UKME	224	5	6	30	0.89	3	4	5	X	3
SWEST	SAKI	67	1	7	27	0.72	2	3	5	X	4
CENT	KEDA	80	1	7	7	0.83	2	3	5	X	3
CENT	KEDA	81	1	7	7	0.44	2	3	5	Y	0
CENT	UKME	218	1	7	26	0.83	3	2	5	Y	2
CENT	UKME	220	1	7	27	0.67	2	3	5	Y	5
SWEST	MARI	98	5	8	8	0.83	3	4	2	Y	7
SWEST	SAKI	134	5	8	8	0.72	3	4	2	Y	5
NEAST	ROKI	155	5	8	20	0.89	3	4	2	X	4
NWEST	TELS	157	5	8	63	1.00	3	4	2	X	3
NWEST	JURB	179	5	8	63	1.00	3	4	2	X	6
CENT	SIRV	186	5	8	8	0.89	3	4	2	X	4
NEAST	IGNA	226	5	8	35	0.89	3	4	2	Y	4
NEAST	PANE	11	4	9	43	0.83	1	1	4	Y	4
NEAST	PANE	15	4	9	9	0.89	1	1	4	X	5
SWEST	MARI	93	4	9	9	0.89	1	1	4	Y	4
NEAST	IGNA	109	4	9	9	0.78	1	1	4	X	2
NWEST	SIAU	177	4	9	9	0.61	1	1	4	X	1
CENT	SIRV	187	4	9	9	0.67	1	1	4	Y	3



NEAST	IGNA	229	4	9	9	0.78	1	1	4	X	4
SEAST	VILN	255	4	9	32	0.72	1	1	4	Y	2
CENT	SIRV	50	3	10	11	0.78	3	2	1	X	3
CENT	SIRV	51	3	10	11	0.72	3	2	1	Y	4
CENT	SIRV	53	2	11	12	0.61	2	3	5	X	5
CENT	SIRV	54	2	11	13	0.61	2	3	5	X	6
NEAST	IGNA	112	2	11	34	0.61	2	3	5	Y	7
CENT	SIRV	55	6	12	14	0.78	2	3	3	Y	5
NEAST	PANE	17	7	13	44	0.83	2	2	3	Y	6
CENT	SIRV	56	7	13	15	0.56	2	3	5	Y	3
NEAST	PANE	120	7	13	46	0.89	2	3	3	Y	3
CENT	SIRV	57	7	14	16	0.94	2	3	5	Y	2
CENT	UKME	212	7	14	16	0.72	2	3	5	X	2
CENT	UKME	213	7	14	16	1.00	2	3	5	X	5
CENT	UKME	215	7	14	24	0.72	2	3	5	Y	4
CENT	UKME	223	7	14	18	0.72	1	1	5	X	4
CENT	SIRV	58	5	15	17	0.83	2	3	3	Y	2
NWEST	JURB	196	5	15	65	0.67	2	3	3	Y	3
NWEST	TELS	201	5	15	17	0.78	1	1	4	Y	2
CENT	SIRV	61	4	16	9	0.78	1	1	4	X	3
NEAST	PANE	12	5	17	23	0.78	2	3	5	X	6
SEAST	VARE	34	5	17	8	0.94	2	3	5	Y	5
NWEST	JURB	59	5	17	50	0.78	2	3	3	Y	3
CENT	SIRV	62	5	17	6	0.61	2	3	5	Y	3
CENT	SIRV	63	7	18	18	0.78	3	4	2	X	2
NEAST	PANE	128	7	18	15	0.78	3	4	2	X	6
NEAST	PANE	130	7	18	15	0.78	3	4	2	X	4
NWEST	SIAU	176	7	18	67	0.94	3	4	2	Y	3
CENT	SIRV	64	5	19	19	0.56	1	1	4	Y	1
SWEST	SAKI	136	5	19	60	0.67	1	1	4	Y	3
NEAST	ROKI	20	4	20	9	0.61	1	1	4	Y	3
NWEST	TELS	147	4	20	9	0.67	1	1	4	Y	1
CENT	UKME	206	4	20	9	0.67	1	1	4	X	2
NEAST	IGNA	230	4	20	32	0.67	1	1	4	X	5

SEAST	VARE	242	4	20	9	0.61	1	1	4	Y	1
SWEST	MARI	251	4	20	9	0.72	1	1	4	X	6
SWEST	MARI	252	4	20	9	0.67	1	1	4	Y	2
NEAST	PANE	14	5	21	30	0.78	1	1	4	Y	5
NEAST	PANE	16	5	21	19	0.67	1	1	4	Y	2
SEAST	VARE	29	5	21	60	0.89	1	1	4	Y	7
SWEST	MARI	68	5	21	60	0.78	1	1	4	Y	1
NEAST	ROKI	92	5	21	60	0.78	1	1	4	X	1
NWEST	SIAU	145	5	21	30	0.72	1	1	4	Y	1
NWEST	JURB	184	5	21	19	0.67	1	1	4	Y	2
CENT	UKME	207	5	21	20	0.72	1	1	4	X	4
CENT	UKME	208	5	21	20	0.61	1	1	4	X	2
CENT	UKME	217	5	21	25	0.72	1	1	4	X	3
SEAST	VARE	305	5	21	76	0.67	1	1	4	X	1
CENT	UKME	209	7	22	21	0.72	1	1	4	X	2
CENT	UKME	210	7	22	22	0.72	1	1	4	Y	1
CENT	UKME	211	7	22	22	0.78	1	1	4	Y	2
SEAST	VARE	241	7	22	74	0.78	1	1	4	Y	6
SEAST	VARE	243	7	22	21	0.72	1	1	4	Y	2
SEAST	VILN	253	7	22	22	0.72	1	1	4	X	1
NEAST	PANE	306	7	22	18	0.61	1	1	4	Y	2
NEAST	PANE	121	5	23	47	0.67	2	2	1	X	4
SWEST	SAKI	135	5	23	25	0.61	3	2	1	Y	3
NEAST	ROKI	149	5	23	25	0.61	3	2	1	Y	4
CENT	UKME	216	5	23	25	0.78	3	2	1	Y	3
SEAST	VILN	258	5	23	25	0.67	3	1	1	Y	4
SEAST	VILN	259	5	23	25	0.67	3	1	1	X	4
SEAST	VILN	260	5	23	25	0.67	3	1	1	Y	3
NEAST	ROKI	264	5	23	25	0.56	3	1	1	X	4
CENT	UKME	221	5	24	28	0.72	2	2	5	X	4
CENT	UKME	222	8	25	29	0.67	2	3	5	Y	3
NEAST	IGNA	107	6	26	31	0.83	2	3	3	Y	2
NWEST	SIAU	116	6	26	31	0.83	2	3	3	X	4
NWEST	SIAU	117	6	26	31	0.78	2	3	3	Y	3



NEAST	IGNA	108	5	27	23	0.83	2	3	5	Y	4
NEAST	PANE	19	3	28	45	0.83	2	3	5	Y	4
NEAST	IGNA	41	3	28	38	0.72	2	2	3	Y	3
NEAST	IGNA	42	3	28	39	0.94	2	2	3	X	1
NEAST	IGNA	43	3	28	40	0.72	2	2	3	Y	4
NEAST	IGNA	49	3	28	38	0.72	2	2	3	X	2
NEAST	IGNA	111	3	28	33	0.78	2	2	3	X	6
SEAST	VILN	170	1	29	26	0.89	3	4	2	X	3
NEAST	IGNA	225	1	29	27	0.78	3	4	2	Y	5
NEAST	IGNA	232	1	29	26	0.89	3	4	2	Y	2
NEAST	IGNA	38	1	30	37	0.94	3	4	2	Y	4
NEAST	IGNA	39	1	30	37	0.78	3	4	2	Y	4
NEAST	IGNA	40	1	30	37	0.94	3	4	2	Y	3
NEAST	IGNA	227	1	30	36	0.83	3	4	2	X	1
NEAST	IGNA	37	7	31	22	0.56	1	1	4	X	3
NEAST	IGNA	44	7	32	41	0.67	2	2	1	X	5
NEAST	IGNA	45	7	32	41	0.67	2	2	5	X	6
NEAST	IGNA	46	3	33	42	0.78	2	2	1	Y	5
NEAST	ROKI	270	3	33	59	0.72	2	2	3	Y	6
NEAST	IGNA	47	3	34	42	0.78	2	2	1	X	4
NEAST	IGNA	48	3	34	42	0.56	2	2	1	X	5
NEAST	PANE	124	3	34	48	0.78	2	3	5	Y	7
SEAST	VARE	7	5	35	65	0.72	2	2	3	X	9
NEAST	PANE	9	5	35	23	0.83	2	3	5	X	5
NEAST	ROKI	24	5	35	28	0.72	2	2	1	Y	5
SEAST	VILN	192	5	35	47	0.83	2	3	3	Y	4
NEAST	PANE	10	6	36	14	0.72	2	3	3	X	7
NEAST	ROKI	91	6	36	14	0.72	2	3	3	X	5
NEAST	PANE	13	4	37	43	0.72	1	1	4	X	4
NWEST	TELS	89	4	37	43	0.83	1	1	4	Y	5
NEAST	PANE	18	2	38	12	0.78	2	3	5	X	3
NEAST	ROKI	307	2	38	13	0.78	2	3	5	X	4
NEAST	PANE	122	4	39	32	0.78	1	1	4	Y	4
SWEST	SAKI	66	4	40	9	0.78	1	1	4	X	4

NEAST	PANE	123	4	40	9	0.78	1	1	4	X	3
NEAST	ROKI	303	4	40	9	0.78	1	1	4	Y	3
NEAST	PANE	127	4	41	9	0.72	1	1	4	Y	4
NWEST	TELS	132	4	41	9	0.78	1	1	4	X	2
NEAST	ROKI	151	4	41	9	0.78	1	1	4	Y	3
NEAST	ROKI	152	4	41	9	0.89	3	1	4	X	2
NEAST	PANE	129	5	42	50	0.89	1	1	4	Y	2
SWEST	SAKI	164	5	42	50	0.61	1	1	4	X	3
SWEST	SAKI	165	5	42	50	0.61	1	1	4	X	2
NWEST	JURB	197	5	42	50	0.72	1	1	4	Y	1
NWEST	TELS	199	5	42	50	0.78	1	1	4	Y	2
NWEST	TELS	200	5	42	50	0.72	1	1	4	X	2
NWEST	TELS	3	3	43	3	0.67	2	3	3	X	2
NEAST	ROKI	21	3	43	51	0.78	2	3	3	Y	2
NWEST	SIAU	115	3	43	51	0.83	2	3	3	X	1
NWEST	SIAU	118	3	43	51	0.72	2	3	3	Y	2
SEAST	VILN	254	3	43	51	0.78	2	3	3	Y	3
NEAST	ROKI	23	2	44	52	0.72	2	2	1	Y	4
NEAST	ROKI	25	2	45	53	0.83	3	1	4	X	2
NEAST	ROKI	26	2	45	54	0.61	3	4	3	X	2
SEAST	VARE	27	2	45	68	0.78	2	3	5	X	5
NEAST	ROKI	90	2	45	52	0.72	2	2	1	Y	3
NEAST	ROKI	148	9	46	55	0.83	2	2	1	X	8
SEAST	VILN	191	9	46	79	0.78	3	2	1	X	4
NWEST	JURB	114	3	47	62	0.78	2	3	5	X	2
NWEST	SIAU	141	3	47	56	0.78	2	3	3	X	4
NWEST	SIAU	144	3	47	56	0.94	2	3	3	Y	5
NEAST	ROKI	150	3	47	56	0.89	2	3	5	Y	2
NEAST	ROKI	266	6	48	31	0.89	2	3	3	X	7
NEAST	ROKI	267	3	49	59	0.89	2	2	3	Y	4
NEAST	ROKI	268	3	49	59	0.72	2	3	3	Y	2
NEAST	ROKI	269	3	50	59	0.83	2	1	3	Y	4
NWEST	TELS	84	6	51	14	0.83	2	2	3	X	3
NEAST	ROKI	271	6	51	31	0.61	2	3	3	X	4

NWEST	JURB	113	3	52	61	0.61	2	2	3	Y	5
NWEST	TELS	133	3	52	61	0.61	3	2	3	X	5
NWEST	JURB	198	3	52	11	0.72	2	2	1	Y	2
NWEST	JURB	180	1	53	36	0.89	3	4	2	Y	2
SEAST	VILN	205	1	53	1	0.89	1	1	4	X	0
SEAST	VILN	257	1	53	1	0.83	1	1	4	Y	0
NWEST	JURB	181	3	54	45	0.78	2	3	3	X	1
SWEST	MARI	247	3	54	56	0.94	2	3	3	X	3
SWEST	MARI	248	3	54	56	0.89	2	3	3	Y	4
NWEST	TELS	159	3	55	69	1.00	3	4	2	X	1
NWEST	JURB	182	3	55	61	0.83	2	3	3	X	4
SEAST	VARE	237	3	55	73	1.00	3	4	2	Y	5
SWEST	MARI	246	3	55	48	0.94	3	4	2	X	2
NWEST	SIAU	140	3	56	59	0.83	2	3	3	Y	3
NWEST	JURB	183	3	56	64	0.89	3	4	3	X	3
NWEST	TELS	85	3	57	39	0.72	2	3	3	Y	2
NWEST	TELS	88	3	57	39	0.78	2	3	3	Y	2
NWEST	TELS	131	3	57	64	0.61	2	3	3	Y	5
NWEST	TELS	158	3	57	45	0.72	2	3	3	Y	3
NWEST	JURB	185	3	57	62	0.83	2	3	3	Y	5
NWEST	JURB	60	3	58	51	0.67	2	3	3	Y	7
SWEST	MARI	94	3	58	11	0.83	2	3	3	X	6
NWEST	SIAU	117B	6	59	31	0.83	2	3	3	Y	8
NWEST	SIAU	142	3	60	56	0.78	2	2	3	Y	5
NWEST	SIAU	171	2	61	66	0.94	2	3	3	Y	3
SWEST	MARI	250	2	61	10	0.89	2	2	3	X	6
NWEST	TELS	106	3	62	39	0.78	2	3	3	Y	6
NWEST	SIAU	172	3	62	64	0.78	2	3	3	X	3
NWEST	SIAU	174	3	62	64	0.83	2	3	3	Y	2
NWEST	SIAU	175	3	62	11	0.67	2	3	3	Y	3
NWEST	TELS	103	7	63	46	0.72	2	3	5	X	6
SEAST	VARE	32	7	64	41	0.78	2	2	1	Y	6
SWEST	MARI	69	7	64	24	0.61	2	2	1	X	7
NWEST	TELS	83	7	64	41	0.78	2	2	1	Y	4

NWEST	TELS	104	7	64	46	0.94	2	3	3	X	7
NWEST	TELS	105	7	64	46	0.78	2	3	3	X	5
NWEST	TELS	86	3	65	56	0.89	2	2	1	X	5
SWEST	SAKI	160	3	65	56	0.83	3	4	2	Y	3
NWEST	TELS	87	2	66	66	0.89	2	3	3	Y	3
SEAST	VARE	4	9	67	55	0.67	2	2	1	Y	8
SEAST	VARE	5	9	67	55	0.67	2	2	1	Y	10
SEAST	VARE	31	9	67	71	0.67	2	2	1	Y	8
SEAST	VARE	6	10	68	70	0.83	2	3	3	Y	6
SEAST	VARE	33	10	68	77	0.61	2	2	1	X	5
SWEST	SAKI	161	10	68	80	0.78	2	2	1	X	3
SEAST	VILN	168	10	68	78	0.78	2	2	1	X	6
SEAST	VARE	8	2	69	12	0.72	2	2	1	X	5
SEAST	VARE	244	2	69	12	0.56	2	2	5	X	6
SEAST	VARE	301	2	69	12	0.83	2	2	5	Y	3
SEAST	VARE	28	9	70	71	0.67	2	2	1	X	3
SEAST	VARE	30	9	70	71	0.94	2	2	1	X	7
SWEST	MARI	96	9	70	71	0.94	2	2	1	Y	6
SWEST	MARI	97	9	70	71	0.78	2	2	1	Y	6
SWEST	MARI	100	9	70	71	0.67	2	2	1	Y	4
SEAST	VARE	235	3	71	72	0.94	3	4	2	Y	3
SEAST	VARE	236	3	71	73	0.78	2	3	5	Y	3
SEAST	VARE	238	3	71	3	0.89	2	3	5	X	2
SEAST	VARE	239	3	71	73	0.78	2	3	5	Y	4
SEAST	VARE	245	3	71	73	0.78	2	3	5	Y	5
SEAST	VILN	36	5	72	35	0.67	2	2	1	Y	5
SEAST	VILN	203	5	72	19	0.89	2	2	1	Y	4
SEAST	VARE	304	5	72	75	0.89	2	2	1	Y	5
SEAST	VILN	169	5	73	28	0.83	3	2	1	X	5
SEAST	VILN	261	1	74	57	0.83	3	4	2	X	2
SEAST	VILN	35	6	75	14	0.72	2	2	1	Y	4
SWEST	MARI	101	10	76	70	0.50	2	3	5	X	3
SWEST	SAKI	138	10	76	70	0.83	2	3	5	X	3
SWEST	SAKI	139	10	76	70	0.83	2	3	5	Y	3

SWEST	MARI	102	10	77	70	0.67	2	2	1	X	9
SWEST	SAKI	300	10	77	80	0.72	2	2	1	X	7
SWEST	MARI	249	5	78	50	0.72	1	1	4	X	4
SWEST	MARI	65	9	79	71	0.78	2	2	5	Y	6
SWEST	MARI	70	10	80	80	0.83	2	2	1	Y	5
SWEST	SAKI	162	10	80	80	0.78	2	2	1	X	5
SWEST	MARI	95	9	81	71	0.72	2	2	1	X	6
SWEST	MARI	99	9	81	71	0.83	2	2	1	X	9
SWEST	SAKI	137	5	82	6	0.50	2	3	5	X	2
SWEST	SAKI	166	3	83	39	0.67	2	2	3	X	2
SWEST	SAKI	167	3	83	39	0.94	2	2	1	X	6

<sup>1</sup>- 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 2022 m. sumedžiotų 271 vilkų DNR žymenis aukšto polimorfizmo 18 autosominių atskirai rekombinuojamų mikrosatelitų lokusų parodė, kad Lietuvos vilkų populiacija po netolimoje praeityje patirto 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 124 individus, o variacijai efektyvaus populiacijos dydžio ir demografinio populiacijos dydžio įverčių santykis buvo netoli 0,5, kas rodo pilną populiacijos alelinės įvairovės atsistatymą. Lietuvos vilkų populiacijos alelinis turtingumas yra aukštas, gausu retų alelių, inbrydingas žemesnis nei 0, rodantis visuotinę atsitiktinę poravimąsi, ir netgi genetiškai skirtingesnių individų poravimosi tendencijas. Esant tokiai įvairovei, neigiamas genų dreifo poveikis mažai tikėtinas. Tačiau 2022 m. stebima nežymi laukтино heterozigotiškumo mažėjimo tendencija (He rodiklis, 3.1.3 pav.) Be to, 2022 m. sumedžiojimo populiacijos tiek vyriškų, tiek moteriškų individų stebimas heterozigotiškumas (Ho) buvo nežymiai mažesnis nei 2021 metais. Tikėtina, kad šios nežymios heterozigotiškumo mažėjimo tendencijos atspindi santykinai didesnius 2022 m. sumedžiotų šeimų dydžius (žr. žemiau). 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 koalescencijos algoritmas 2022 m. pakito ir nerodo dominuojančio srauto iš šiaurės rytų, bei ryškėja migracijos iš Lenkijos požymiai. Skirtingai nei praėjusiais metais, 2022 m. stebimo heterozigotiškumo (Ho) geografinio pasiskirstymo duomenys nerodo mažesnių reikšmių į pietus nuo Vilniaus. Šis rezultatas patvirtina pakitusių genų srautų kryptis, lyginant su praeitais metais. Genetinės įvairovės rodikliai atskirose šalies dalyse yra panašūs, tačiau pastebėtinai centrinės Lietuvos Širvintų populiacijos ir vakarų Lietuvos (Žemaitijos) populiacijų mažesnės Ho reikšmės, rodančios santykinai giminųjų individų poravimąsi arba didesnę sumedžiotų šeimų dydį. 2022 m. sumedžiojimo populiacijoje nustatytos 83 pusiau sibų šeimos (100-tui individų tenka 31 šeima, 2021 metais 100-tui individų teko 37 šeima). 2022 m. sumedžiotų pilnų ir pusiau sibų šeimų dydžiai buvo didesni nei 2021 metais. Ryškėja tendencija, kad didinant pametines sumedžiojimo imtis, sumedžiojamų šeimų skaičius mažėja, o šeimos dydis didėja (pvz., 2022 m. sumedžioti 271 vilkai, nustatyta 31 pusiau sibų šeima 100-tui individų ir 34-rios 3-5 vilkų dydžio šeimos, o 2021 metais – 186 vilkai, nustatytos 37 šeimos 100- individų ir 27 3-5 vilkų dydžio šeimos). Todėl esant dabartinėmis sąlygomis sumedžiojimo limitų didinimas yra sumedžiojamos šeimos dydžio sąskaita. Tačiau neaišku kaip šiuos dėsningumus paveiks vilkų migraciją stabdanti tvora su Baltarusija?

## **3.2 Vilkų populiacijos genetinė diferenciacija ir struktūra Lietuvoje**

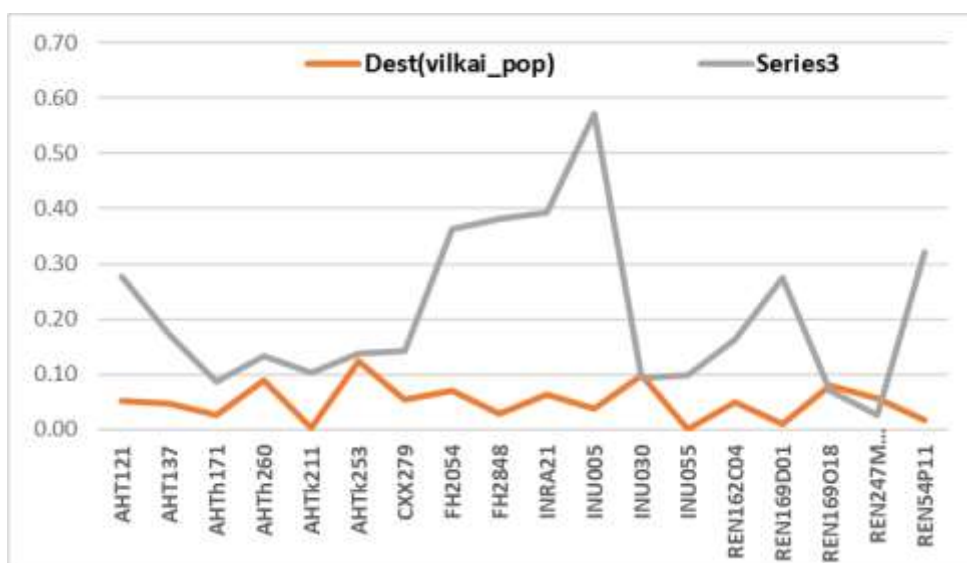
### 3.2.1 Genetinė diferenciacija

2018-2022 m. pagal alelių dažnių skirtumus apskaičiuoti vilkų genetinės diferenciacijos indeksai tarp regionų buvo ypač žemi:  $F_{st}$  kito nuo 0,001 – 0,015, bet statistškai reikšmingai aukštesni už 0 (3.2.1 lent.). Tačiau matyti mažėjanti genetinės diferenciacijos tendencija tarp regionų:  $F_{st}$  indeksas tarp regionų buvo 0.031, 0.010, 0.005, 0.008 ir 0.008 atitinkamai 2018, 2019, 2020, 2021 ir 2022 m. sumedžiojimo sezonams. Tai aiškiai rodo stiprų genų srautų poveikį, mažinantį genetinę diferenciaciją tarp regionų. Diferenciacija tarp populiacijų buvo stipresnė nei tarp regionų, kas rodo lokalių genetinių grupių formavimosi tendencijas (3.2.1 lent.). Šios lokalias grupės gali formuotis esant nukrypimams nuo atsitiktinio poravimosi dėl uždary nišų formavimosi, kas yra neigiamas veiksnys, didinantis inbrydingą šiose grupėse. Bendrai populiacijų struktūra Lietuvoje stiprėja, kadangi diferenciacija tarp 3-jų Bajeso klasterinės analizės grupių (t.y. maksimali galima populiacijų diferenciacija) buvo ženkliai aukštesnė nei diferenciacija tarp populiacijų (3.2.1 pav.). Šis populiacijų struktūros stiprėjimas gali būti kryptingo genų srauto, pasiekiančio tik tam tikros regionus, pasekmė. Kaip viršutinė

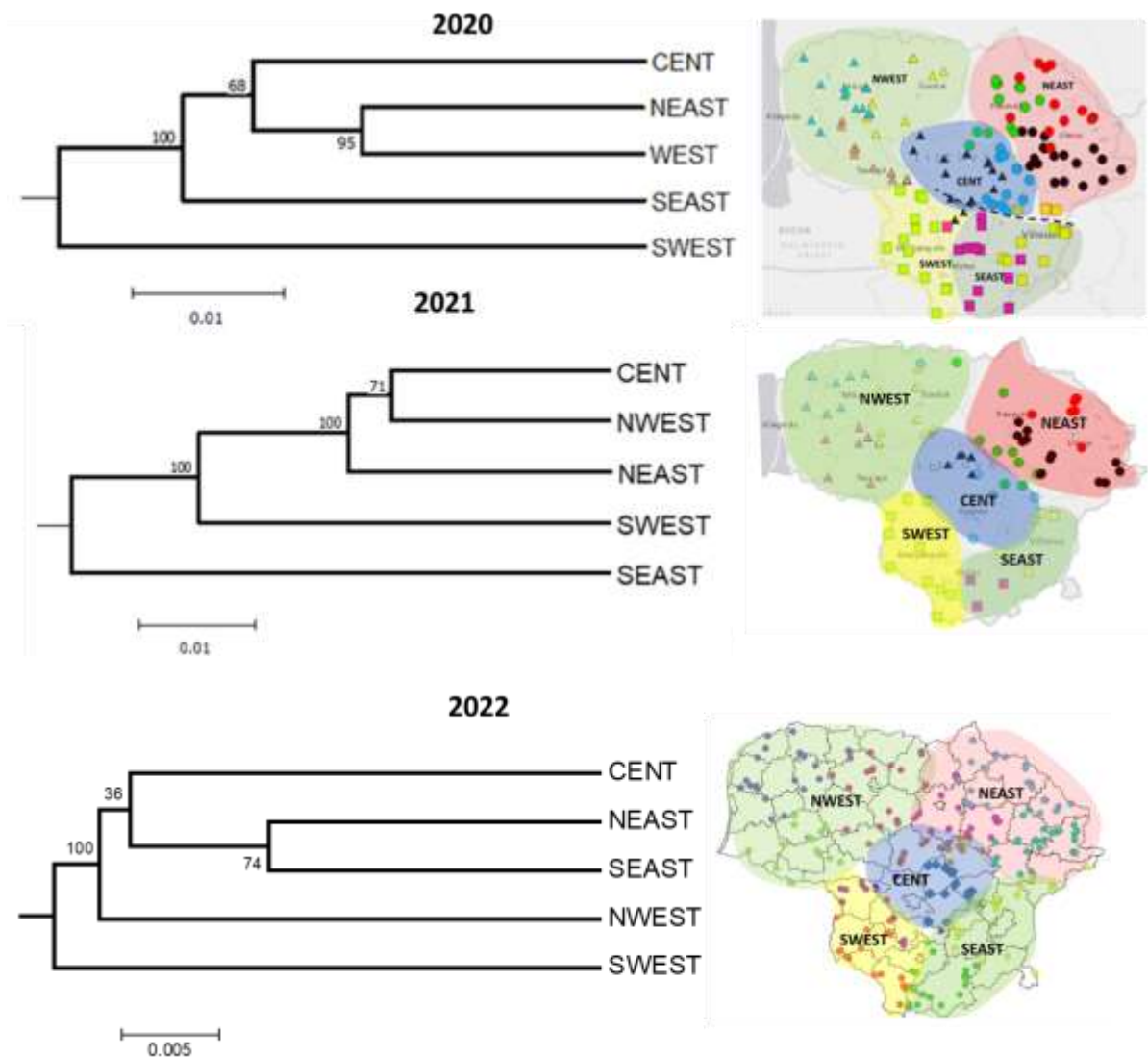
regioninės ir populiacijų diferenciacijos riba yra priimtina laikyti tarprūšinių vilkų /šunų genetinės diferenciacijos lygmenį pagal mūsų naudotus 18-ka genominių mikrosatelitų lokusų. Pavyzdžiui, 2021 m. sumedžiojimo populiacijai  $Dest(\text{regionas}) = 0,030$ ,  $Dest(\text{pop}) = 0,024$ ,  $Dest(\text{STRUCTURE grupės}) = 0,103$  ir  $Dest(\text{vilkai/šunys}) = 0,422$ . Taigi pagal mūsų duomenis, maksimalios genetinės diferenciacijos įvertė tarp genetinių grupių (t.y. Bajeso 3-jų grupių) Lietuvoje sudaro tik 24 %, o diferenciacija tarp populiacijų tik 5 % maksimalios galimos tarprūšinės diferenciacijos, (pagal  $Dest$  diferenciacijos indeksą). Šie rezultatai vėlgi patvirtina plačiu geografiniu lygmeniu laisvą vilkų migraciją šalies teritorijoje. Tačiau esamas genetinės diferenciacijos tarp Lietuvos vilkų lygmuo atspindi nežymių lokaliųjų trikdžių migracijai buvimą ar migraciją iš kitų šalių populiacijų.

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

Sezonas ir imties dydis	Indeksas	Indekso reikšmė $F_{st}/Dest$	P
Viso 118 vnt. (2019m)	$F_{st\_regionas}$	0.010	0.001
Viso 118 vnt. (2019m)	$F_{st\_populiacija}$	0.018/0.120	0.001/0.001
Viso 173 vnt. (2020m)	$F_{st\_regionas}$	0.005	0.004
Viso 173 vnt. (2020m)	$F_{st\_populiacija}$	0.007/0.094	0.025/0.001
Viso 186 vnt. (2021m)	$F_{st\_regionas}$	0.008/0.030	0.001/0.001
Viso 186 vnt. (2021m)	$F_{st\_populiacija}$	0.018/0.024	0.001/0.001
Viso 271 vnt. (2022m)	$F_{st\_regionas}$	0.008/0.021	0.001/0.001
Viso 271 vnt. (2022m)	$F_{st\_populiacija}$	0.015/0.045	0.001/0.001



3.2.1 pav.  $Dest$  diferenciacijos indeksų palyginimas tarp vilkų STRUCTURE Bajeso klasterinės analizės trijų genetinių grupių ir tarp vilkų geografinių populiacijų



3.2.2 pav. UPGMA klasterinės analizės dendrograma pagal Nei (1983) Da genetinius atstumus tarp regionų. Skaičiai prie dendrogramos atšakų rodo konkrečią dendrogramos šaką patvirtinusių permutuotų atvejų procentą iš 100 000 permutacijų. Dešinėje duotas regionų žemėlapis, kuriam skirtingais simboliais pažymėtos 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  $F_{st}$  (IAM mutacijų modelis), įvedus populiaciją į modelį, skirtumai tarp regionų tampa nereikšmingi, kadangi skirtumai tarp populiacijų regionų viduje buvo stipresni, nei skirtumai tarp regionų (3.2.3 lent.). Taip pat ir individai variavo stipriai populiacijų viduje, kas yra sveikas genetinis rodiklis. Šie



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.

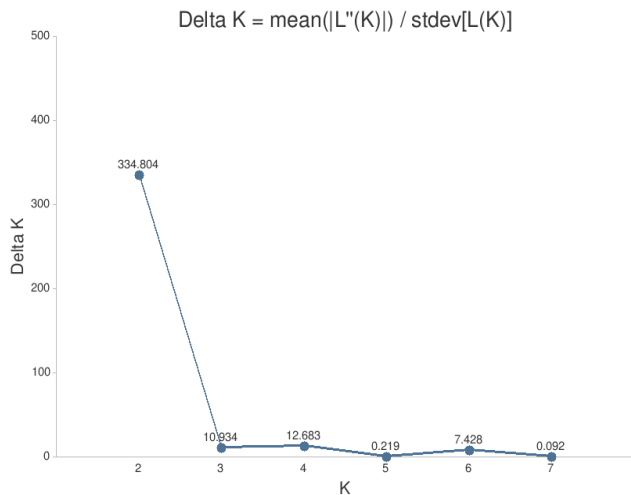
Variacijos šaltinis	LL	Dispersija	Var. %	Indeksas	Indekso reikšmė	p
2018 m.						
Tarp regionų	3	0.003	1%	Frt	0.000	0.447
Tarp populiacijų regionų viduje	8	0.278	4%	Fsr	0.043	0.000
Populiacijų viduje	186	6.223	96%			
Viso	197					
2019 m.						
Tarp regionų	3	0.000	0%	Frt	0.003	0.095
Tarp populiacijų 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					

### 3.2.2 Genetinė struktūra

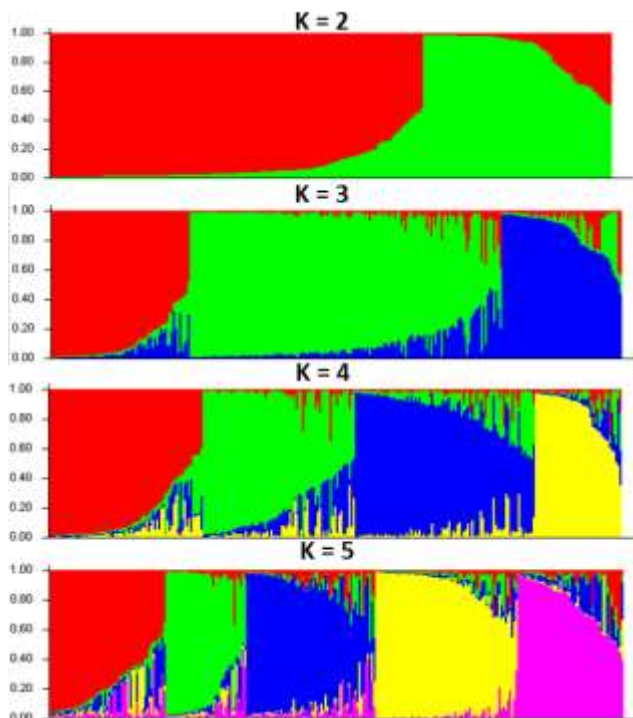
Vilkų geografinių populiacijų genetinę struktūrą ištyrėme pagal (a) Bajeso klasterinės analizės metodą (STRUCTURE programa) ir (b) pagal UPGMA klasterinę analizę (3.1.2 pav.).

Skirtingai nei 2020, 2021 m. populiacijose, 2022 m. populiacijos regionų lygmenis UPGMA klasterinė analizė į vieną dendrogramos šaką apjungė pietryčių ir šiaurės rytų regionus su 74 % permutacijų reikšmingumu (3.2.2 pav.). Šiai rytų Lietuvos grupei artimas buvo ir centrinės Lietuvos regionas. Stipriausiai su 100 % permutacijų reikšmingumu iš visų išsiskyrė pietvakarių Lietuvos regionas (Suvalkija), tikėtina dėl pietinės migracijos pasekmių (3.2.2 pav.). Pastebėtina, kad pietinės Lietuvos regionai išsiskyrė ir 2020 bei 2021 metų klasterinėje analizėje (3.2.2 pav.). Apibendrinant, pagal 2022 m. duomenis ir klasterinės analizės pagal Nei genetinius atstumus algoritmus, Lietuvos vilkų populiacijoje genetiškai išsiskiria: (a) rytų Lietuvos genetinė grupė, kartu su centrinės Lietuva, kurios genetinį homogeniškumą tikėtinai lemia migracija iš šiaurės rytų pietų link; ši migracijos kryptis buvo nustatyta ankstesnių sumedžiojimų populiacijose, (b) Žemaitijos regionas, kuris tikėtina lieka likęs nuošaliau migracijos linijų išsaugo savo genetinį savitumą ir (c) Suvalkijos regionas, kuris yra genetiškai skirtingiausias iš visų Lietuvos regionų, tikėtina dėl migrantų iš Lenkijos.

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. 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 7 genetinių grupių struktūras (po 10 kiekvienos grupės pakartojimų) pagal Earl and von Holdt (2012) metodiką, Lietuvoje yra labiausia tikėtina 2 genetiškai skirtingų vilkų grupių struktūra- DeltaK kriterijus 2-jų genetinių grupių struktūrai buvo aukščiausias (3.2.2 pav.). Tačiau tikimybių priskyrimo histogramos rodo gana tvarias genetines struktūras ir esant 3, 4 ir net 5 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.). 2022 m. populiacijoje tiek dvi, tiek trys STRUCTURE genetinės grupės gana vienodai pasiskirstė šalies teritorijoje, tačiau esant 4-5 grupių struktūrai matyti geografiškai nevienodas genetinių grupių pasiskirstymas, skiriant šalį į rytinę ir vakarinę dalis (3.2.5 pav.), panašiai kaip aukščiau parašytos regionų UPGMA klasterinės analizės atveju. Vienas iš galimų šių grupių atsidarymo paaiškinimų yra genų srautas, kur kiekviena iš kontrastuojančių genetinių grupių atstovautų tolimesnių populiacijų genotipus. Tai, kad vienos genetinės grupės nariai nesikoncentruoja vienoje vietoje, o yra pasklidę į atskirus regionus ir persimaišę su kitomis genetinėmis grupėmis yra teigiamas genų migraciją rodantis rezultatas, kuris lemia mažiau giminingų individų poravimąsi.

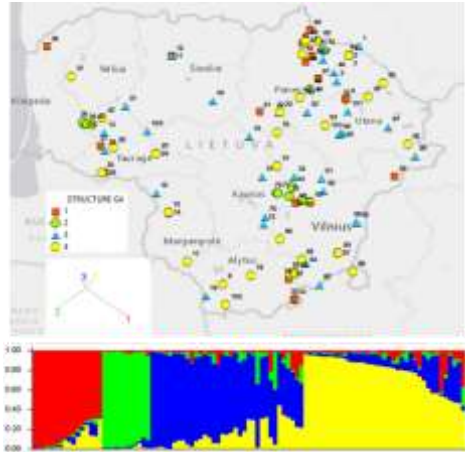


3.2.2 pav. Vilko genetinių grupių skaičiaus Lietuvoje nustatymo testo rezultatai testuojant 2 iki 7 grupių (K) struktūras 2022 sumedžiojimo imtyje. Aukščiausias delta K kriterijus (Y ašis, pav. kairėje) rodo labiausiai tikėtiną genetinių grupių skaičių Lietuvoje – 2 genetinės grupės,

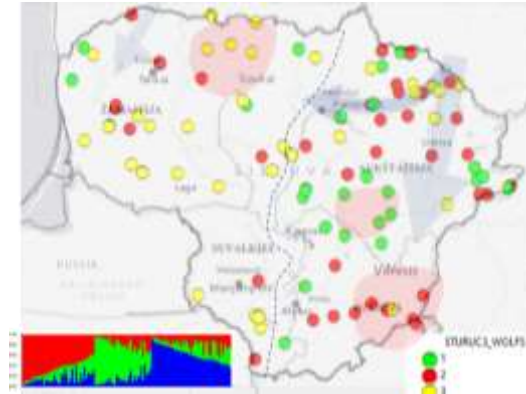


3.2.3 pav. Visų 271 individų priskyrimo vienai iš K genetinių grupių tikimybių histogramas Bajeso klasterinės analizės metodu programa STRUCTURE. Atskirai pateiktos struktūros nuo 2 iki 5 genetinių grupių. Spalvos vienodumas rodo aukštesnę priskyrimo tikimybę. Kelios spalvos individo stulpelyje rodo priklausymą kelioms genetinėms grupėms.

2018 m.



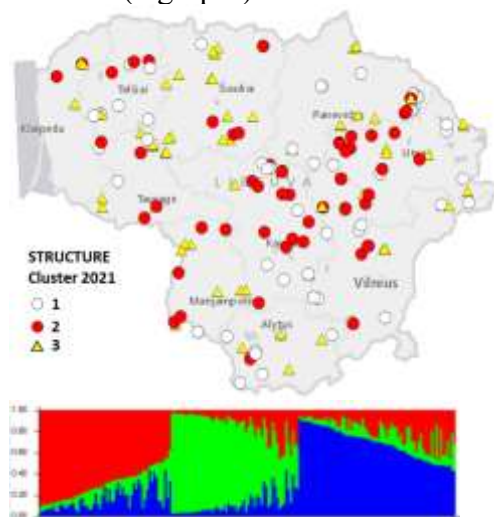
2019 m.



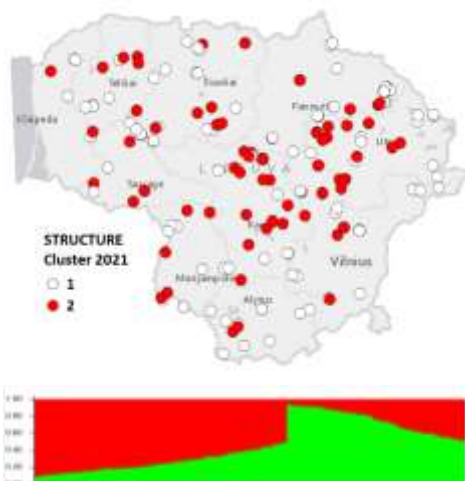
2020 m. (2 grupės)



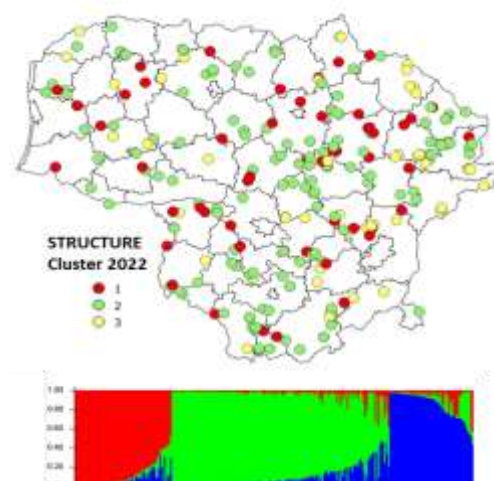
2021 m. (3 grupės)



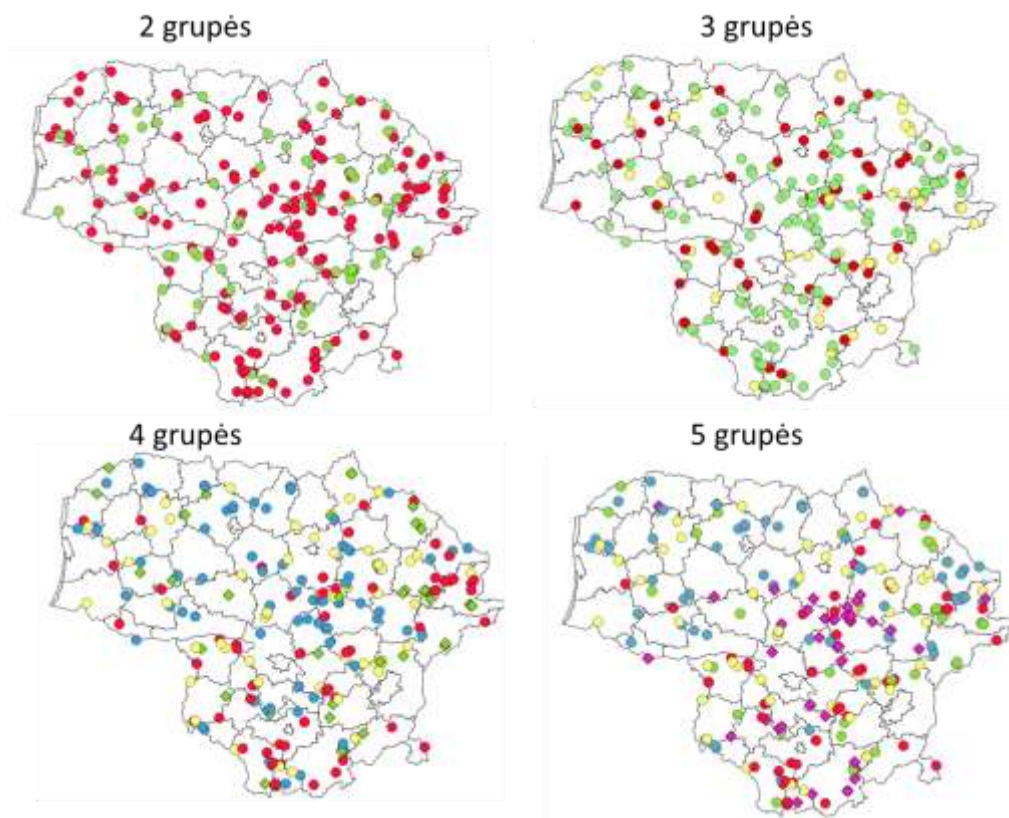
2021 (2 grupės)



2022 m. (3 grupės)



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



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

### 3.2.3 Apibendrinimas

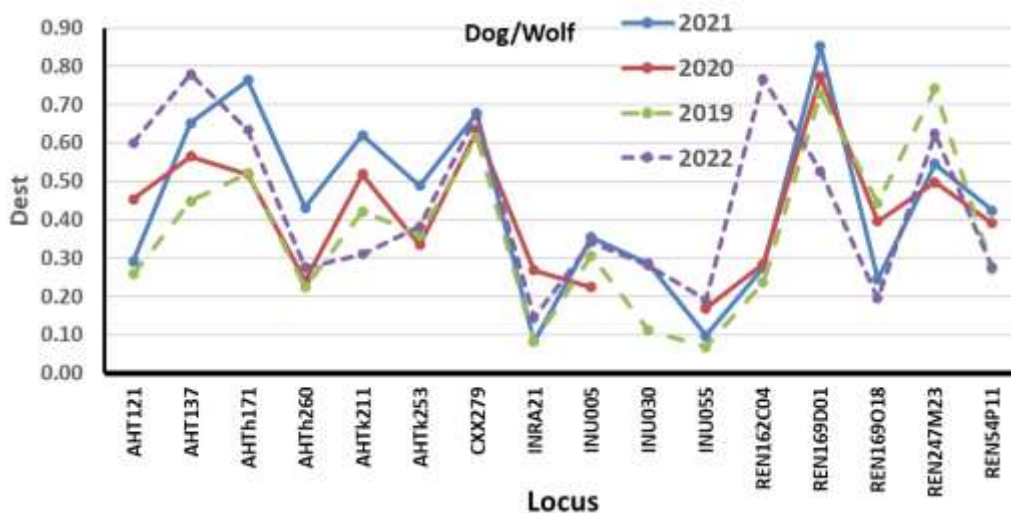
2022 m. sumedžiojimo populiacijoje diferenciacijos indeksai atkleidė žemus, bet statistškai reikšmingus skirtumus tarp Lietuvos vilkų geografinių populiacijų, bei nereikšmingą genetinę diferenciaciją tarp regionų. Genetinės struktūros analizė pagal kelis skirtingus statistinius metodus ir eilės metų sumedžiojimo duomenys parodė, kad šalyje vilkų genetinė struktūra yra gana dinamiška, pagrinde mišri ir stipriai veikiama genų srautų. Lyginant su praeitų metų sumedžiojimų duomenimis, 2022 m. populiacijoje genų srautai šalyje yra pasiskirstę atsitiktinai, nelikę ryškesnės genų srauto iš šiaurės rytų tendencijos, tačiau ryškėja stiprėjanti genų srauto iš Lenkijos į pietų Lietuvą tendencija. Šie genų srauto pokyčiai gali sietis su naujai statoma tvora pasienyje su Baltarusija. Tokia mišri genetinė struktūra yra teigiamas dėsningumas, nes lemia retesnę poravimąsi tarp giminingų individų. Tikėtina, kad dėl migracijos iš Lenkijos ar silpnesnės šiaurės rytinio genų srauto įtakos, pietinėje Lietuvoje rasta savitesnė genetinė struktūra ypač Suvalkijoje. Genetinės klasterinės analizės rodo, kad genetiškai išsiskiria rytų Lietuvos populiacijos nuo savitesnių Žemaitijos ir Suvalkijos



populiacijų. 2022 m. populiacijos genetiniai rodikliai reikšmingų geografinių migracijos kliūčių nerodo.

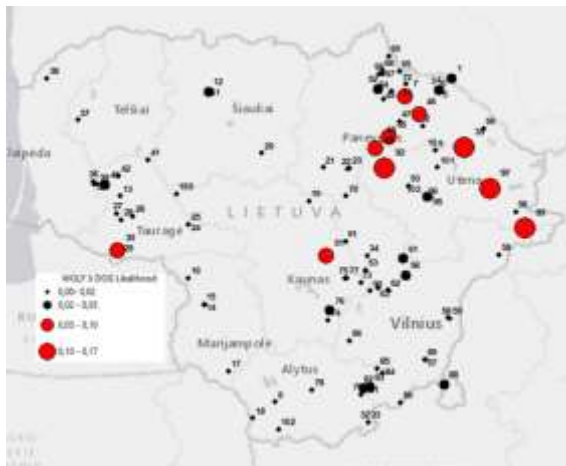
### 3.3 Hibridizacija su šunimis

Bendra multilokusinė genetinė diferenciacija tarp 2022 m. vilkų sumedžiojimo populiacijos ir šunų populiacijos buvo ypač stipri ir statistiškai reikšminga aukštu 0,001 lygmeniu ( $F_{st} = 0,057^{***}$ ,  $Dest=0,43^{***}$ ). Lokusų geba diferencijuoti šunis ir vilkus skyrėsi (3.3.1 lent.), tačiau visų lokusų diferenciacijos indeksai rodė statistiškai reikšmingą diferenciaciją tarp vilkų ir šunų (3.3.1 lent.). Daugumos lokusų diferenciacijos indekso  $Dest$  reikšmė viršijo 0,30 kas rodo reikšmingai stiprią genetinę diferenciaciją tarp vilkų ir šunų mūsų tyrime naudojamuose DNR lokusuose (sutinkamai su Godinho et al. 2011). Pagal 2022 metų duomenis, ypač stipriai ( $Dest > 0,3$ ) vilkai ir šunys skyrėsi 12 iš 18 lokusų, o lokuse REN24723 vilkų/šunų diferencijos indeksas  $Dest$  2019, 2020, 2021, 2022 m. viršijo 0,6 (3.3.1 pav.). Reikšmingų skirtumų tarp atskirų metų sumedžiojimų populiacijų lokusų diferenciacijos indeksų nebuvo, kas rodo mūsų pasirinktos DNR žymenų sistemos efektyvumą vilko/šuns populiacijų introgresijos tyrimui (3.3.1 pav.). Taigi, kartu su aukštais lokusų polimorfškumo 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.



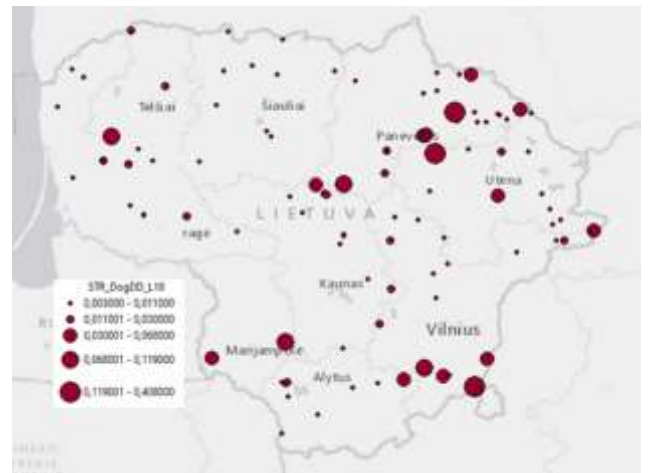
3.3.1 pav. DNR lokusų  $Dest$  diferenciacijos indeksai tarp vilkų ir šunų populiacijos 2019-2022 m. imtyse (pagal permutacijų testą visos  $Dest$  reikšmės yra reikšmingai aukštesnės už nulį, 0,001 tikimybės lygmenyje).

2018 m.

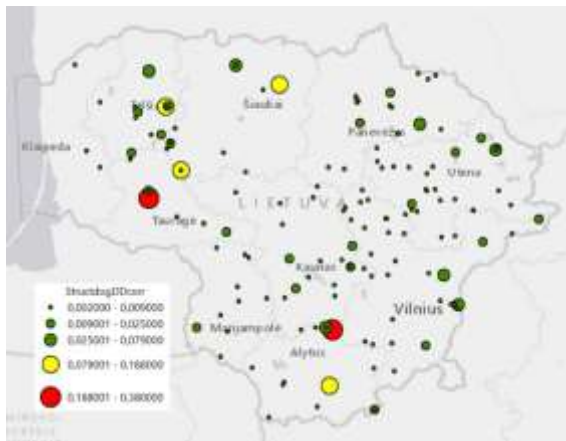


2019

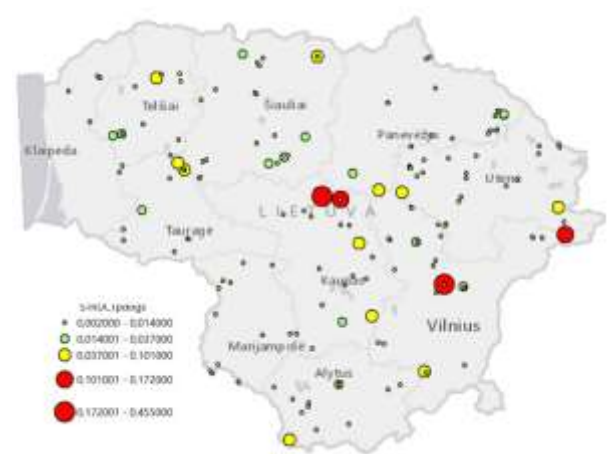
m



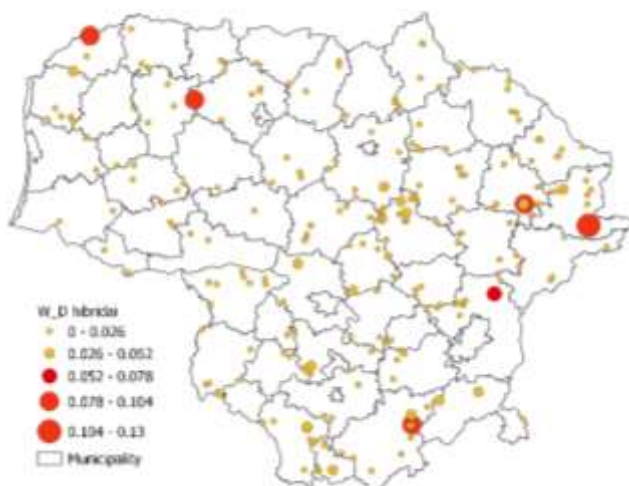
2020 m.



2021 m.



2022 m.



3.3.2 pav. STRUCTURE Bajeso vilkų-šunų klasterinė analizė pagal admiksijos ir nepriklausomų alelių dažnių pasiskirstymo algoritmą. Vilkų sumedžiojimo vietas pažymėtos apskritimais, kurių dydis parodo priskyrimo analizės šunų genetinei grupei tikimybės pagal 2018-2022 m. DNR tyrimo rezultatus. Tikimybės kinta nuo 0 iki 1. Taškai žymi vilkų sumedžiojimo vietas, jų dydis Bajeso tikimybę priklausyti šunų genetinei grupei ir taip rodo hibridizacijos su šunimis laipsnį individo tėvų ir ankstesnėse kartose. Tikėtina, kad Bajeso tikimybė priskyrimui šunų genetinei grupei didesnė nei 0,05 rodo hibridizacijos su šunimis atvejus tėvinėse kartose (Godinho et al. 2011, Dziech 2021).

3.3.1 lent. Genetinės diferenciacijos indeksas (Dest) ir jų reikšmingumas (P) tarp vilkų ir šunų populiacijų pateiktas atskirai pagal lokusus 2021 m. ir 2022 m. imtyse.

Locus	Dest(v-s) 2021	P Dest(v-s), 2021	Dest(v-s), 2022	P Dest(v-s), 2022
AHT121	0.29	0.001	0.60	0.001
AHT137	0.65	0.001	0.78	0.001
AHTh171	0.76	0.001	0.63	0.001
AHTh260	0.43	0.001	0.28	0.001
AHTk211	0.62	0.001	0.31	0.001
AHTk253	0.49	0.001	0.38	0.001
CXX279	0.68	0.001	0.67	0.001
INRA21	0.08	0.014	0.15	0.005
INU005	0.35	0.001	0.34	0.001
INU030	0.29	0.001	0.28	0.001
INU055	0.10	0.008	0.19	0.001
REN162C04	0.28	0.001	0.77	0.001
REN169D01	0.85	0.001	0.53	0.001
REN169O18	0.25	0.001	0.19	0.002
REN247M23	0.54	0.001	0.62	0.001
REN54P11	0.42	0.001	0.28	0.001
Bendras	0.45	0.001	0.43	0.001

Bajeso vilkų ir šunų populiacijų klasterinės analizės rezultatai parodė, kad daugumai iš 271 individų priskyrimo tikimybės buvo mažesnės nei 0,05 (3.3.2 lent.). Tačiau 10 iš 271 vilkų individų turėjo genetinio priskyrimo šunų populiacijai koeficientus didesnius ar lygius 0,05, o 1 individas turėjo  $>0.1$  (3.3.2 lent.). Santykinai daugiau tikėtinų hibridų palikuonių sumedžiota šalies rytinėje dalyje (3.3.2 pav.). Keturių stipriausius panašumo su šunimis vilkų vidutinis stebimas heterozigotiškumas buvo ženkliai aukštesnis nei likusių vilkų populiacijos individų, kas patvirtina hibridizacijos tikimybę (3.3.3 pav.) Įdomu, kad 2018, 2019, 2021 ir 2022 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.	Šeima pagal motiną	Šeima pagal tėvą	POP	Ho	Genetinė grupė pagal STRUCT	Lytis	Retų alelių skaičius <0.05	Genetinio priskyrimo šunų populiacijai tikimybės
40	30	37	IGNA	0.94	3	Y	3	0.13
178	1	26	SIAU	0.94	3	Y	3	0.09
233	1	26	IGNA	0.89	3	Y	1	0.09
157	8	63	TELS	1.00	3	X	3	0.08
237	55	73	VARE	1.00	3	Y	5	0.08
256	1	26	VILN	0.94	3	X	2	0.07
232	29	26	IGNA	0.89	3	Y	2	0.06
126	5	49	PANE	0.78	2	X	9	0.05
159	55	69	TELS	1.00	3	X	1	0.05
218	7	26	UKME	0.83	3	Y	2	0.05
34	17	8	VARE	0.94	2	Y	5	0.04
51	10	11	SIRV	0.72	3	Y	4	0.04
138	76	70	SAKI	0.83	2	X	3	0.04
139	76	70	SAKI	0.83	2	Y	3	0.04
170	29	26	VILN	0.89	3	X	3	0.04
221	24	28	UKME	0.72	2	X	4	0.04
234	1	26	IGNA	0.89	3	X	1	0.04
236	71	73	VARE	0.78	2	Y	3	0.04
38	30	37	IGNA	0.94	3	Y	4	0.03
42	28	39	IGNA	0.94	2	X	1	0.03
67	7	27	SAKI	0.72	2	X	4	0.03
96	70	71	MARI	0.94	2	Y	6	0.03
97	70	71	MARI	0.78	2	Y	6	0.03
169	73	28	VILN	0.83	3	X	5	0.03
224	6	30	UKME	0.89	3	X	3	0.03
235	71	72	VARE	0.94	3	Y	3	0.03
245	71	73	VARE	0.78	2	Y	5	0.03
5	67	55	VARE	0.67	2	Y	10	0.02
28	70	71	VARE	0.67	2	X	3	0.02
30	70	71	VARE	0.94	2	X	7	0.02

50	10	11	SIRV	0.78	3	X	3	0.02
57	14	16	SIRV	0.94	2	Y	2	0.02
68	21	60	MARI	0.78	1	Y	1	0.02
74	4	4	KEDA	0.78	1	X	3	0.02
86	65	56	TELS	0.89	2	X	5	0.02
107	26	31	IGNA	0.83	2	Y	2	0.02
114	47	62	JURB	0.78	2	X	2	0.02
116	26	31	SIAU	0.83	2	X	4	0.02
117	26	31	SIAU	0.78	2	Y	3	0.02
121	23	47	PANE	0.67	2	X	4	0.02
145	21	30	SIAU	0.72	1	Y	1	0.02
160	65	56	SAKI	0.83	3	Y	3	0.02
171	61	66	SIAU	0.94	2	Y	3	0.02
176	18	67	SIAU	0.94	3	Y	3	0.02
179	8	63	JURB	1.00	3	X	6	0.02
186	8	8	SIRV	0.89	3	X	4	0.02
193	1	1	VILN	0.94	3	Y	2	0.02
194	1	57	VILN	0.89	3	Y	2	0.02
203	72	19	VILN	0.89	2	Y	4	0.02
213	14	16	UKME	1.00	2	X	5	0.02
216	23	25	UKME	0.78	3	Y	3	0.02
226	8	35	IGNA	0.89	3	Y	4	0.02
2	3	3	TELS	0.83	2	X	1	0.01
4	67	55	VARE	0.67	2	Y	8	0.01
6	68	70	VARE	0.83	2	Y	6	0.01
8	69	12	VARE	0.72	2	X	5	0.01
10	36	14	PANE	0.72	2	X	7	0.01
13	37	43	PANE	0.72	1	X	4	0.01
15	9	9	PANE	0.89	1	X	5	0.01
16	21	19	PANE	0.67	1	Y	2	0.01
17	13	44	PANE	0.83	2	Y	6	0.01
18	38	12	PANE	0.78	2	X	3	0.01
19	28	45	PANE	0.83	2	Y	4	0.01
25	45	53	ROKI	0.83	3	X	2	0.01
29	21	60	VARE	0.89	1	Y	7	0.01
33	68	77	VARE	0.61	2	X	5	0.01
35	75	14	VILN	0.72	2	Y	4	0.01
39	30	37	IGNA	0.78	3	Y	4	0.01
41	28	38	IGNA	0.72	2	Y	3	0.01
43	28	40	IGNA	0.72	2	Y	4	0.01
44	32	41	IGNA	0.67	2	X	5	0.01
46	33	42	IGNA	0.78	2	Y	5	0.01
47	34	42	IGNA	0.78	2	X	4	0.01
48	34	42	IGNA	0.56	2	X	5	0.01
55	12	14	SIRV	0.78	2	Y	5	0.01
63	18	18	SIRV	0.78	3	X	2	0.01
65	79	71	MARI	0.78	2	Y	6	0.01
66	40	9	SAKI	0.78	1	X	4	0.01
70	80	80	MARI	0.83	2	Y	5	0.01
76	4	4	KEDA	0.78	1	Y	3	0.01
79	6	6	KEDA	0.72	2	Y	6	0.01
80	7	7	KEDA	0.83	2	X	3	0.01
81	7	7	KEDA	0.44	2	Y	0	0.01
84	51	14	TELS	0.83	2	X	3	0.01
87	66	66	TELS	0.89	2	Y	3	0.01
89	37	43	TELS	0.83	1	Y	5	0.01
92	21	60	ROKI	0.78	1	X	1	0.01
93	9	9	MARI	0.89	1	Y	4	0.01

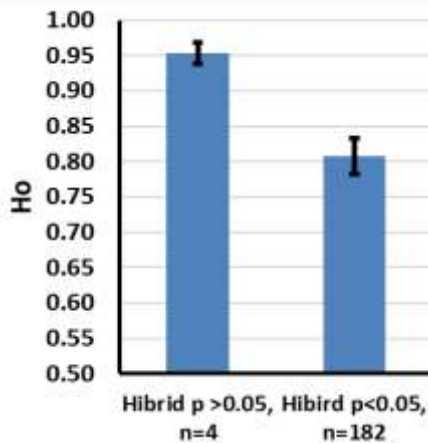
101	76	70	MARI	0.50	2	X	3	0.01
103	63	46	TELS	0.72	2	X	6	0.01
111	28	33	IGNA	0.78	2	X	6	0.01
120	13	46	PANE	0.89	2	Y	3	0.01
125	6	28	PANE	0.67	2	Y	7	0.01
128	18	15	PANE	0.78	3	X	6	0.01
130	18	15	PANE	0.78	3	X	4	0.01
132	41	9	TELS	0.78	1	X	2	0.01
134	8	8	SAKI	0.72	3	Y	5	0.01
135	23	25	SAKI	0.61	3	Y	3	0.01
140	56	59	SIAU	0.83	2	Y	3	0.01
141	47	56	SIAU	0.78	2	X	4	0.01
144	47	56	SIAU	0.94	2	Y	5	0.01
146	1	1	KEDA	0.94	3	X	1	0.01
149	23	25	ROKI	0.61	3	Y	4	0.01
150	47	56	ROKI	0.89	2	Y	2	0.01
151	41	9	ROKI	0.78	1	Y	3	0.01
152	41	9	ROKI	0.89	3	X	2	0.01
153	1	57	ROKI	0.78	3	X	2	0.01
154	1	58	ROKI	0.89	3	X	3	0.01
155	8	20	ROKI	0.89	3	X	4	0.01
161	68	80	SAKI	0.78	2	X	3	0.01
168	68	78	VILN	0.78	2	X	6	0.01
172	62	64	SIAU	0.78	2	X	3	0.01
174	62	64	SIAU	0.83	2	Y	2	0.01
181	54	45	JURB	0.78	2	X	1	0.01
183	56	64	JURB	0.89	3	X	3	0.01
184	21	19	JURB	0.67	1	Y	2	0.01
191	46	79	VILN	0.78	3	X	4	0.01
202	1	1	VILN	0.94	3	Y	1	0.01
204	1	1	VILN	0.94	3	Y	3	0.01
209	22	21	UKME	0.72	1	X	2	0.01
212	14	16	UKME	0.72	2	X	2	0.01
219	5	13	UKME	0.72	2	Y	7	0.01
220	7	27	UKME	0.67	2	Y	5	0.01
225	29	27	IGNA	0.78	3	Y	5	0.01
227	30	36	IGNA	0.83	3	X	1	0.01
228	5	13	IGNA	0.72	2	X	6	0.01
231	1	1	IGNA	0.94	3	Y	2	0.01
238	71	3	VARE	0.89	2	X	2	0.01
239	71	73	VARE	0.78	2	Y	4	0.01
240	1	1	VARE	1.00	3	X	3	0.01
246	55	48	MARI	0.94	3	X	2	0.01
250	61	10	MARI	0.89	2	X	6	0.01
258	23	25	VILN	0.67	3	Y	4	0.01
259	23	25	VILN	0.67	3	X	4	0.01
260	23	25	VILN	0.67	3	Y	3	0.01
264	23	25	ROKI	0.56	3	X	4	0.01
266	48	31	ROKI	0.89	2	X	7	0.01
301	69	12	VARE	0.83	2	Y	3	0.01
303	40	9	ROKI	0.78	1	Y	3	0.01
304	72	75	VARE	0.89	2	Y	5	0.01
307	38	13	ROKI	0.78	2	X	4	0.01
117B	59	31	SIAU	0.83	2	Y	8	0.01
1	3	3	TELS	0.72	2	Y	3	0
3	43	3	TELS	0.67	2	X	2	0
7	35	65	VARE	0.72	2	X	9	0
9	35	23	PANE	0.83	2	X	5	0

11	9	43	PANE	0.83	1	Y	4	0
12	17	23	PANE	0.78	2	X	6	0
14	21	30	PANE	0.78	1	Y	5	0
20	20	9	ROKI	0.61	1	Y	3	0
21	43	51	ROKI	0.78	2	Y	2	0
23	44	52	ROKI	0.72	2	Y	4	0
24	35	28	ROKI	0.72	2	Y	5	0
26	45	54	ROKI	0.61	3	X	2	0
27	45	68	VARE	0.78	2	X	5	0
31	67	71	VARE	0.67	2	Y	8	0
32	64	41	VARE	0.78	2	Y	6	0
36	72	35	VILN	0.67	2	Y	5	0
37	31	22	IGNA	0.56	1	X	3	0
45	32	41	IGNA	0.67	2	X	6	0
49	28	38	IGNA	0.72	2	X	2	0
53	11	12	SIRV	0.61	2	X	5	0
54	11	13	SIRV	0.61	2	X	6	0
56	13	15	SIRV	0.56	2	Y	3	0
58	15	17	SIRV	0.83	2	Y	2	0
59	17	50	JURB	0.78	2	Y	3	0
60	58	51	JURB	0.67	2	Y	7	0
61	16	9	SIRV	0.78	1	X	3	0
62	17	6	SIRV	0.61	2	Y	3	0
64	19	19	SIRV	0.56	1	Y	1	0
69	64	24	MARI	0.61	2	X	7	0
71	2	2	KEDA	0.78	2	X	6	0
72	3	3	KEDA	0.67	2	Y	2	0
73	4	4	KEDA	0.72	1	X	1	0
77	4	4	KEDA	0.83	1	Y	4	0
78	5	5	KEDA	0.83	2	Y	8	0
82	2	68	SIAU	0.83	2	X	4	0
83	64	41	TELS	0.78	2	Y	4	0
85	57	39	TELS	0.72	2	Y	2	0
88	57	39	TELS	0.78	2	Y	2	0
90	45	52	ROKI	0.72	2	Y	3	0
91	36	14	ROKI	0.72	2	X	5	0
94	58	11	MARI	0.83	2	X	6	0
95	81	71	MARI	0.72	2	X	6	0
98	8	8	MARI	0.83	3	Y	7	0
99	81	71	MARI	0.83	2	X	9	0
100	70	71	MARI	0.67	2	Y	4	0
102	77	70	MARI	0.67	2	X	9	0
104	64	46	TELS	0.94	2	X	7	0
105	64	46	TELS	0.78	2	X	5	0
106	62	39	TELS	0.78	2	Y	6	0
108	27	23	IGNA	0.83	2	Y	4	0
109	9	9	IGNA	0.78	1	X	2	0
110	4	32	IGNA	0.67	1	Y	3	0
112	11	34	IGNA	0.61	2	Y	7	0
113	52	61	JURB	0.61	2	Y	5	0
115	43	51	SIAU	0.83	2	X	1	0
118	43	51	SIAU	0.72	2	Y	2	0
122	39	32	PANE	0.78	1	Y	4	0
123	40	9	PANE	0.78	1	X	3	0
124	34	48	PANE	0.78	2	Y	7	0
127	41	9	PANE	0.72	1	Y	4	0
129	42	50	PANE	0.89	1	Y	2	0
131	57	64	TELS	0.61	2	Y	5	0

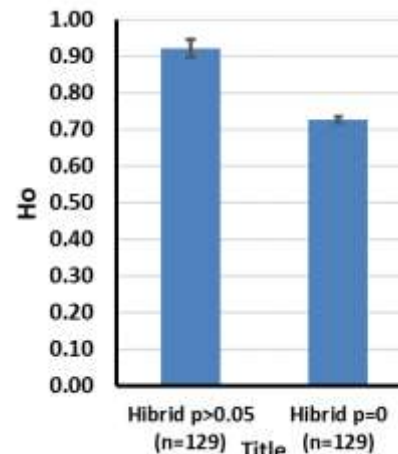
133	52	61	TELS	0.61	3	X	5	0
136	19	60	SAKI	0.67	1	Y	3	0
137	82	6	SAKI	0.50	2	X	2	0
142	60	56	SIAU	0.78	2	Y	5	0
143	2	12	SIAU	0.61	2	Y	3	0
147	20	9	TELS	0.67	1	Y	1	0
148	46	55	ROKI	0.83	2	X	8	0
158	57	45	TELS	0.72	2	Y	3	0
162	80	80	SAKI	0.78	2	X	5	0
163	4	32	SAKI	0.72	1	Y	4	0
164	42	50	SAKI	0.61	1	X	3	0
165	42	50	SAKI	0.61	1	X	2	0
166	83	39	SAKI	0.67	2	X	2	0
167	83	39	SAKI	0.94	2	X	6	0
175	62	11	SIAU	0.67	2	Y	3	0
177	9	9	SIAU	0.61	1	X	1	0
180	53	36	JURB	0.89	3	Y	2	0
182	55	61	JURB	0.83	2	X	4	0
185	57	62	JURB	0.83	2	Y	5	0
187	9	9	SIRV	0.67	1	Y	3	0
188	5	5	SIRV	0.72	3	X	9	0
189	5	10	SIRV	0.72	2	Y	8	0
192	35	47	VILN	0.83	2	Y	4	0
196	15	65	JURB	0.67	2	Y	3	0
197	42	50	JURB	0.72	1	Y	1	0
198	52	11	JURB	0.72	2	Y	2	0
199	42	50	TELS	0.78	1	Y	2	0
200	42	50	TELS	0.72	1	X	2	0
201	15	17	TELS	0.78	1	Y	2	0
205	53	1	VILN	0.89	1	X	0	0
206	20	9	UKME	0.67	1	X	2	0
207	21	20	UKME	0.72	1	X	4	0
208	21	20	UKME	0.61	1	X	2	0
210	22	22	UKME	0.72	1	Y	1	0
211	22	22	UKME	0.78	1	Y	2	0
214	6	23	UKME	0.78	2	Y	4	0
215	14	24	UKME	0.72	2	Y	4	0
217	21	25	UKME	0.72	1	X	3	0
222	25	29	UKME	0.67	2	Y	3	0
223	14	18	UKME	0.72	1	X	4	0
229	9	9	IGNA	0.78	1	X	4	0
230	20	32	IGNA	0.67	1	X	5	0
241	22	74	VARE	0.78	1	Y	6	0
242	20	9	VARE	0.61	1	Y	1	0
243	22	21	VARE	0.72	1	Y	2	0
244	69	12	VARE	0.56	2	X	6	0
247	54	56	MARI	0.94	2	X	3	0
248	54	56	MARI	0.89	2	Y	4	0
249	78	50	MARI	0.72	1	X	4	0
251	20	9	MARI	0.72	1	X	6	0
252	20	9	MARI	0.67	1	Y	2	0
253	22	22	VILN	0.72	1	X	1	0
254	43	51	VILN	0.78	2	Y	3	0
255	9	32	VILN	0.72	1	Y	2	0
257	53	1	VILN	0.83	1	Y	0	0
261	74	57	VILN	0.83	3	X	2	0
263	4	32	VILN	0.56	1	X	1	0
265	4	32	ROKI	0.72	1	Y	3	0

267	49	59	ROKI	0.89	2	Y	4	0
268	49	59	ROKI	0.72	2	Y	2	0
269	50	59	ROKI	0.83	2	Y	4	0
270	33	59	ROKI	0.72	2	Y	6	0
271	51	31	ROKI	0.61	2	X	4	0
300	77	80	SAKI	0.72	2	X	7	0
302	4	9	SAKI	0.67	1	X	2	0
305	21	76	VARE	0.67	1	X	1	0
306	22	18	PANE	0.61	1	Y	2	0

2021 m.



2022 m.



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

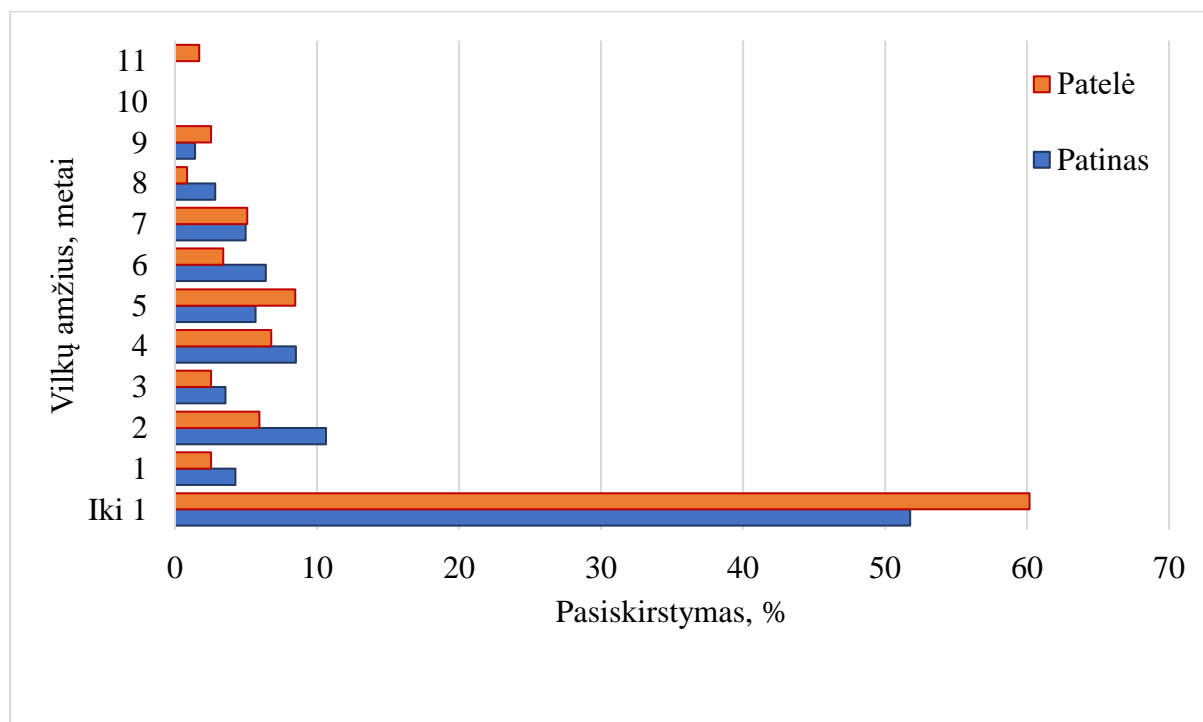
Apibendrinimas. DNR tyrimas pagal 18 polimorfinių SSR lokusų parodė, kad, pagal 2022 metų sumedžiojimo 271 vnt. vilkų imtį ir 20 šunų referencinę biblioteką, vilkų hibridizacijos su šunimis intensyvumas nėra aukštas tik 10 iš 271 individų turėjo hibridizacijos su šunimis genetinių požymių (Godinho et 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). Pagal 2018-2022 m. kasmetinio sumedžiojimo duomenis, hibridizacijos atvejai turi geografinį panašumą - dažnesni rytinėje Lietuvoje.

### 3.4. Sumedžiotų vilkų amžius

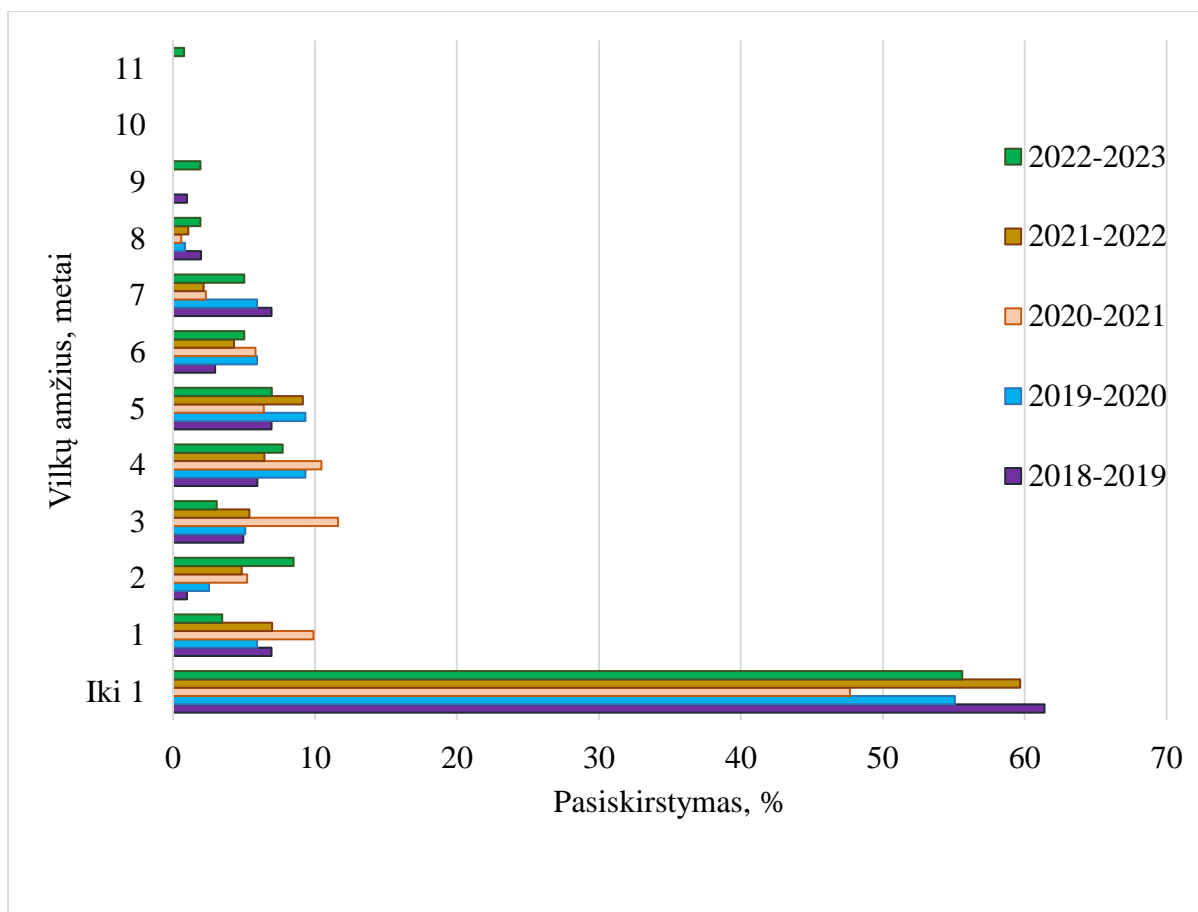
Ištyrus 2022–2023 metų medžioklės sezono metu sumedžiotų vilkų apatinius iltinius dantis, nustatyta, kad 55,6% individų sudarė 5–9 mėnesių amžiaus jaunikliai (3.4.1 pav.). 2021–2022 metų medžioklės sezono metu tokio amžiaus jaunikliai sudarė 59,4% individų, o 2020–2021 metų – 48,3% individų, 2019–2020 metų – 55,8% individų, 2018–2019 metų –

60,8%. Pirmamečių jauniklių amžiaus grupėje (vilkų amžius iki metų) patinų ir patelių proporcija buvo beveik lygi – 1 : 1,15.

Vyresnėse amžiaus grupėse vilkų buvo sumedžiota po mažiau. Atskirose amžiaus grupėse buvo sumedžiota po 0,8–8,5% individų nuo bendro visų sumedžiotų vilkų skaičiaus. Štai antramečiai jaunikliai (vilkų amžius nuo 1 iki 2 metų) sudarė 3,5% nuo visų per pastarąjį sezoną Lietuvos teritorijoje sumedžiotų vilkų, tai kiek mažesnė reikšmė nei prieš tai buvusiais sezonais (atitinkamai 6,9%, 9,8%; 5,3% ir 6,2%). Vyriausi sumedžioti vilkai (dvi patelės) ėjo dvyliktus metus. Tai vyriausi vilkai, kurie buvo sumedžioti per pastaruosius penkis sezonus, ankstesniuose sezonuose vyriausi sumedžioti vilkai ėjo devintus ir dešimtus metus (3.4.2. pav.).



3.4.1. pav. 2022–2023 metų medžioklės sezono metu sumedžiotų vilkų pasiskirstymas pagal amžių ir lytį



3.4.2. pav. 2018–2019, 2019–2020, 2020–2021, 2021–2022 ir 2022–2023 metų medžioklės sezonų metu sumedžiotų vilkų pasiskirstymas pagal amžių

Lietuvoje vidutinis sumedžiotų vilkų amžius (atmetus pirmamečius ir antramečius jauniklius) 2022–2023 metų sezoną buvo 4,85 metų (ankstesniais sezonais buvo atitinkamai 4,40; 4,12; 4,83 ir 5,25 metų).

Nustatytas lytinis pasiskirstymas tarp sumedžiotų patinų ir patelių 2022–2023 metų medžioklės sezono metu buvo 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 2022–2023 metų sezoną patinų dalis (54,4%) populiacijoje buvo didesnė nei patelių. Palyginimui 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 128 į laboratoriją parsivežtų užšaldytų gimdų, tinkamai buvo išimta 90 gimdų, tai sudaro 70,3% (palyginimui praėjusių sezoną teisingai buvo paimta 66,7%, dar ankstesnį – 48,7%). Nustatyta 21 atvejis, kai paimta tik dalis gimdos (16,4%) bei 17 atvejų (13,3%), kai paimti kiti vidaus organai. Tarp teisingai išimtų gimdų (n=90) 51 jų buvo pirmamečių jauniklių patelių ir 3 antrametės jauniklės patelės. Pirmametės patelės nuo savo gimimo dar net nebuvo sulaukusios rujos sezono, o antrametės teoriškai taip pat neturėtų 2022 metų žiemą būti dalyvavusios rujoje, ką ir patvirtino gimdos atvėrimas.

Kaip ir praėjusiais sezonais, dažniausia pasitaikiusi medžiotojų klaida buvo, kad jie paimdavo ne visą gimdą (16,4% atvejų), tai yra vienas iš gimdos ragų arba dalis jų būdavo nupjauta (jų trūkdavo). Tyrimams tinkamos gimdos turėjo būti su gimdos ragais užsibaigiančiais kiaušidėmis. Tačiau reikia pasidžiaugti, kad tokių atvejų sezonas po sezono nuosekliai mažėja: atitinkamai kasmet mažėjo 55,6%, 35,5%, 18,4%. Taip pat šiek tiek mažėjo ir atvejų skaičius, kai buvo paimami kiti vidaus organai (atitinkamai kas sezoną mažėjo 18,5%; 15,8%; 14,9%, o šiemet – 13,3%).

Išanalizavus tinkamai ir dalinai išimtas gimdas, vis dėlto galime daryti kai kurias išvadas. Apžiūrėjus visas (n=3), įskaitant ir dalinai išimtas, antramečių jauniklių patelių gimdas, galima konstatuoti, kad jos jauniklių dar nebuvo turėjusios. Tai patvirtina ir keturių praėjusių sezonų tyrimų rezultatus, kad mūsų gamtinėmis sąlygomis savo pirmąją žiemą jauniklės rujoje nedalyvauja.

Iš ištirtų 38 suaugusių (amžius 2–11 metų) patelių gimdų nustatyta, kad 11 patelių pavasarį buvo vedusios jauniklius. Gimdose matėsi, kad būta nuo dviejų iki dešimties embrionų. Taigi apžiūrėjus tinkamai ir dalinai išimtas suaugusių patelių gimdas (n=38), galima teigti, kad 28,9% patelių pavasarį buvo vedusios jauniklius. Palyginimui šis rodiklis su praėjusiais sezonais, kuomet buvo ištirta, kad 2021 metų pavasarį jauniklius vedė 45,8% patelių, 2020 metų pavasarį – 32% patelių 2019 metų pavasarį – 70% patelių, o 2018 metų pavasarį – 50% patelių.

Verta detaliau paanalizuoti susidariusią situaciją, kaip vados turėjimas ir neturėjimas 2022 metų pavasarį priklausė nuo patelės amžiaus. Skaičiai rodo, kad jauniklių buvo susilaukusios 5 metų amžiaus ir vyresnės patelės (3.5.1. lentelė).

Lentelė 3.5.1. 2022 metų pavasarį jauniklius vedusių patelių pasiskirstymas priklausomai nuo amžiaus ir palyginimas su praėjusių sezonų rezultatais

	2018-2019	2019-2020	2020-2021	2021-2022	2022-2023	Bendrai
--	-----------	-----------	-----------	-----------	-----------	---------

Am- žiaus grupė	I*	V*	I*	V*	I*	V*	I*	V*	I*	V*	I*	V*
iki 1	13	0	15	0	21	0	34	0	61	0	144	0
1	3	0	2	0	7	0	3	0	3	0	18	0
2	1	0			3	0	5	0	7	0	16	0
3	3	33	3	0	8	0	4	25	2	0	20	10
4	1	100	2	100	5	40	5	20	5	0	18	33
5			3	67	3	67	6	83	10	10	22	45
6	2	0	2	100	4	75	2	100	3	67	13	69
7			3	67	1	100	2	100	5	80	11	82
8	1	100	1	100					1	0	3	67
9	1	100							3	67	4	75
10												
11									2	100	2	100
Viso	25		31		52		61		102		271	

I\* – tyrimo imties dydis (ištirtų patelių skaičius), vnt.;

V\* – paskutinį pavasarį jauniklius vedusių patelių dalis nuo tyrimo imties, %

### 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 823 pranešimai apie stambiųjų plėšrūnų ir jų veiklos požymių stebėjimus, įvykusius laikotarpyje nuo 2022 m. rugsėjo 1 d. iki 2023 m. rugpjūčio 31 d. (3.6.1. pav.). Palyginimui, praėjusį ir užpradėjusį tyrimų sezoną tokių pranešimų buvo atitinkamai 990 ir 1643. Didžiąją dalį (82,0%) registruotų stambiųjų plėšrūnų stebėjimo atvejų sudarė vilkų ir jų veiklos pėdsakų stebėjimai (n=675) (3.6.1. lentelė). Per analizuojamą laikotarpį sistemoje buvo užregistruoti 318 atvejai, kai vilkai užpuolė ūkinius gyvūnus ar naminius augintinius (palyginimui, prieš tai buvusiais sezonais buvo atitinkamai 329 ir 381 atvejis). Tokie atvejai sudarė 47,1% nuo visų atvejų, kai buvo stebimi vilkai ar jų veikla. Palyginti dažnai (26,5%) buvo registruoti atvejai, kai stebėtas gyvas individas (n=179). Aptikti pėdsakai sudarė 21,6% stebėjimo atvejų (n=146).



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 2022 m. rugsėjo 1 d. iki 2023 m. rugpjūčio 31 d.

Lyginant du pastaruosius nagrinėjamus laikotarpius, t. y. laikotarpį nuo 2022 m. rugsėjo 1 d. iki 2023 m. rugpjūčio 31 d. ir laikotarpį nuo 2021 m. rugsėjo 1 d. iki 2022 m. rugpjūčio 31 d., ir toliau stebimi stambiųjų plėšrūnų veiklos registracijų atvejų kiekio mažėjimai (3.6.1. lentelė). Vėl sumažėjo registruotų atvejų skaičius kiekvienai rūšiai: vilkų registruota 15,8% mažiau, lūšių – 19,1% mažiau, lokių – 46,7% mažiau. Sumažėjantis medžiotojų ir visuomenės aktyvumas, registruojant stambiuosius plėšrūnus, kelia susirūpinimą. 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](http://www.biomon.lt). Žemėlapyje matomos teritorijos, kuriose vilkai gyvena, tačiau pranešimų iš ten negauta (3.6.1. pav.).

Lentelė 3.6.1. Didžiųjų plėšrūnų ir jų veiklos požymių stebėjimo atvejų skaičiai laikotarpyje nuo 2022 m. rugsėjo 1 d. iki 2023 m. rugpjūčio 31 d., registruoti Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos Biologinės įvairovės duomenų bazėje, bei pokytis lyginant su laikotarpiu nuo 2021 m. rugsėjo 1 d. iki 2022 m. rugpjūčio 31 d.

Rūšies stebėjimo faktas	Atvejų skaičius, vnt.						Viso atvejų, vnt.	
	Vilkas	Pokytis	Lūšis	Pokytis	Rud. lokys	Pokytis	St.plėšrūnai	Pokytis
Aptikti ekskrementai	3	0	0	0	0	0	3	0
Aptikti pėdsakai	146	-33	31	1	2	-5	179	-37
Girdėtas balsas	6	2	0	0	0	0	6	2
Kitos rūšies faktas	0	0	0	0	0	0	0	0
Užpulti laukiniai gyvūnai	21	-9	5	1	0	0	26	-8
Užpulti ūkiniai gyvūnai ar naminiai augintiniai	318	-11	1	1	0	0	319	-10
Rastas negyvas individas	2	-2	0	0	0	0	2	-2
Stebėtas gyvas individas	179	-74	103	-36	6	-2	288	-112
Visi atvejai	675	-127	140	-33	8	-7	823	-167

Toliau analizuojant duomenis, apie tai, kokio dydžio vilkų grupės registruojamos pranešimuose, nebuvo įtraukti tie atvejai, kai buvo registruojami vilkų užpulti ūkiniai ar laukiniai gyvūnai bei naminiai augintiniai, aptikti ekskrementai, nes didžiaja dalimi tokių atvejų būna sudėtinga nustatyti plėšrūnų skaičių, todėl manome, kad skaičiai gali būti nepatikimi. Taigi, atmetus aukščiau išvardintus atvejus, didesniąją dalį (54,7%) vilkų ir jų veiklos požymių registravimo atvejų (n=331) sudarė, tokie atvejai, kai buvo registruojamas vienas vilkas (n=181). Palyginti dažnai (23,3% atvejų) buvo registruojamos grupės iš dviejų vilkų (n=77). Grupės iš keturių ar daugiau vilkų sudarė 14,5% atvejų (n=48).

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 (53,2%) buvo įvertinti C2 patikimumo kategorija (3.6.2. lentelė). Šioje kategorijoje (C2) dominavo pranešimai, kai buvo užpulti ūkiniai gyvūnai ar naminiai augintiniai (56,4%) bei registruoti aptikti pėdsakai (35,8%). C1 patikimumo kategorija įvertinta 27,7% pranešimų, kai buvo dokumentais pagrįsti gyvo vilko stebėjimai. C3 (tikėtina) patikimumo kategorija įvertinta 19,1% pranešimų, nes pildant pranešimą nebuvo pridėta fotografija, vaizdo ar garso įrašas. Tačiau reikia pastebėti, kad vertinant pranešimus susidarė įspūdis, jog visi į C3 (tikėtina) kategoriją patekę pranešimai yra tikrų faktų deklaravimas, tiesiog, dėl įvairių priežasčių pranešimų pildytojai nepateikė įrodančių dokumentų. Realiai, jei tik būtų buvusi išpildyta sąlyga dėl įrodančių dokumentų pridėjimo, visi C3 (tikėtina) kategorijos pranešimai būtų patekę į aukštesnio patikimumo kategoriją. 16 pranešimų dubliavo anksčiau įvestus pranešimus, tiesa, labiausiai tikėtina, kad tai netyčiniai dubliai prieš kelias minutes užpildyto analogiško pranešimo.

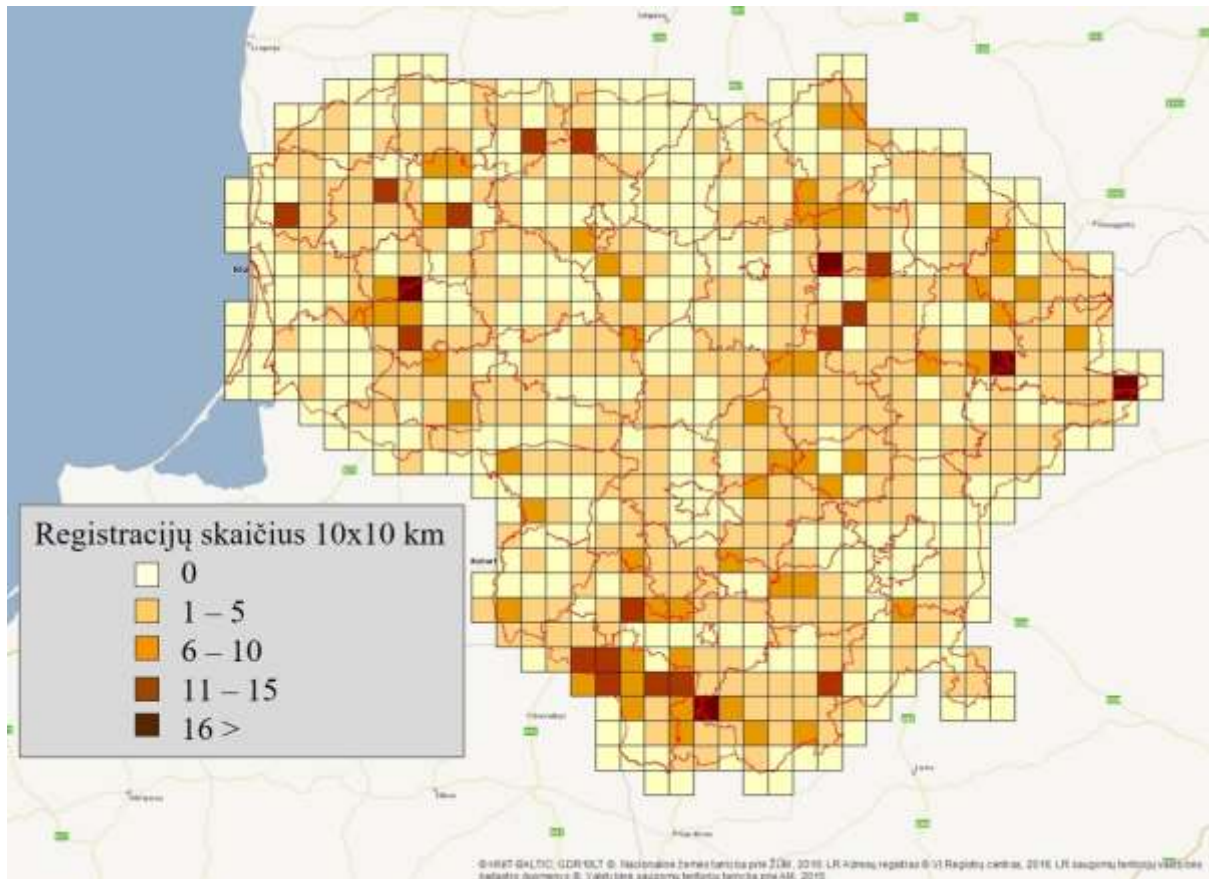
Lentelė 3.6.2. Vilkų ir jų veiklos požymių stebėjimo atvejų skaičiai pagal patikimumą laikotarpyje nuo 2022 m. rugsėjo 1 d. iki 2023 m. rugpjūčio 31 d., registruoti Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos Biologinės įvairovės duomenų bazėje

Rūšies stebėjimo faktas	Atvejų skaičius, vnt.				Viso atvejų, vnt.
	C1	C2	C3 tikėtina	C3 abejotina	
Aptikti ekskrementai	0	3	0	0	3
Aptikti pėdsakai	0	157	22	0	179
Girdėtas balsas	0	1	5	0	6
Kitos rūšies faktas	0	0	0	0	0
Užpulti laukiniai gyvūnai	0	23	3	0	26
Užpulti ūkiniai gyvūnai ar naminiai augintiniai	0	247	72	0	319
Rastas negyvas individas	1	0	1	0	2
Stebėtas gyvas individas	227	7	54	0	288
Visi atvejai	228	438	157	0	823

Per laikotarpį nuo 2022 m. rugsėjo 1 d. iki 2023 m. rugpjūčio 31 d. registruota 8 atvejai, kai vilkai papjovė šunį, šie atvejai įvertinti C2 ir C3(tikėtina) patikimumais, praėjusiais sezonais tokių atvejų buvo registruota atitinkamai 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 2022 m. rugsėjo 1 d. iki 2023 m. rugpjūčio 31 d.), o taip pat dėl išsamumo įtraukti ir 2023 m.

apskaitos pagal pėdsakus sniege bei 2022–2023 metų medžioklės sezono metu sumedžiotų vilkų duomenys. Remiantis šiais duomenimis, vilkų sutinkamumas Lietuvos teritorijoje atvaizduotas 10x10 km tinklelio gardelėse (3.6.2. pav.). Priklausomai nuo registracijos atvejų skaičiaus, tenkančio tinklelio gardelei, naudojama skirtinga spalva. Gardelės, kuriose per laikotarpį nebuvo registruota nei vieno vilkų buvimo atvejo sudarė 44,5%; palyginimui ankstesniais tirtais laikotarpiais tokių gardelių buvo atitinkamai 43,9%; 33,6%; 46,6%.



3.6.2. pav. Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos Biologinės įvairovės duomenų bazėje nuo 2022 m. rugsėjo 1 d. iki 2023 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 2022–2023 m. medžioklės sezono metu sumedžiotų vilkų amžių ir genetinių tyrimų rezultatus. Reprodukcijos atvejų skaičiui nustatyti buvo atrinkti tik 2022–2023 m. medžioklės sezono metu sumedžiotų vilkų jaunikliai (n=144), tai yra individai, kurių amžius buvo 5–9 mėnesiai. Genetiniais tyrimais buvo nustatyta, kad sumedžioti jaunikliai dalijasi į 64 artimais giminystės ryšiais nesusijusias grupes (po 1–6 atstovus grupėje), tai yra sumedžioti jaunikliai pagal savo kilmę buvo iš 64 atskirų šeimų (3.6.3 lent.).

3.6.3 lentelė. Jauniklių (amžius iki 1 metų) pasidalijimas į 64 artimais giminystės ryšiais nesusijusias grupes

Šeimos eilės numeris	Šeimą atstovaujantys individai pagal kodą					
	1	2	3	4	5	6
1	154	204	231	256		
2	1	2				
3	73	74	76	77	110	265
4	126	189	219	228		
5	125	224				
6	80	81	218	220		
7	179	186				
8	11	15	109	177	255	
9	50	51				
10	53	54				
11	120					
12	212	213				
13	196	201				
14	61					
15	12	59				
16	63	128	130			
17	136					
18	20	206	230			
19	29	68	92	145	207	208
20	306	209	210	243		
21	216	258	264			
22	221					
23	116	117				
24	19	43				
25	40	227				
26	37					
27	270					
28	9	192				
29	10	91				
30	13	89				
31	18					
32	122					
33	66	303				
34	127	151	152			
35	129	164	165	200		
36	3	115				
37	27	90				
38	141	144				
39	266					
40	267	268				
41	84					

42	113	133			
43	205	257			
44	247	248			
45	88	131	158		
46	94				
47	117B				
48	171	250			
49	174				
50	69	83	104	105	
51	86				
52	87				
53	4	5			
54	6	161			
55	244				
56	28	30	96	97	
57	235	236	239	245	
58	169				
59	261				
60	101				
61	102	300			
62	65				
63	70				
64	167				

Sekančiu etapu buvo atrinktos patelės, kurios 2022 metų pavasarį buvo vedusios jauniklius (pagal gimdų tyrimus). Genetinių tyrimų rezultatai parodė, kad tarp šių patelių 4 (kodai 47, 95, 159, 249) buvo negiminingos 2022-2023 metų sezono metu sumedžiotiems jaunikliams. Tai įrodo dar 4 atskirus reprodukcijos atvejus.

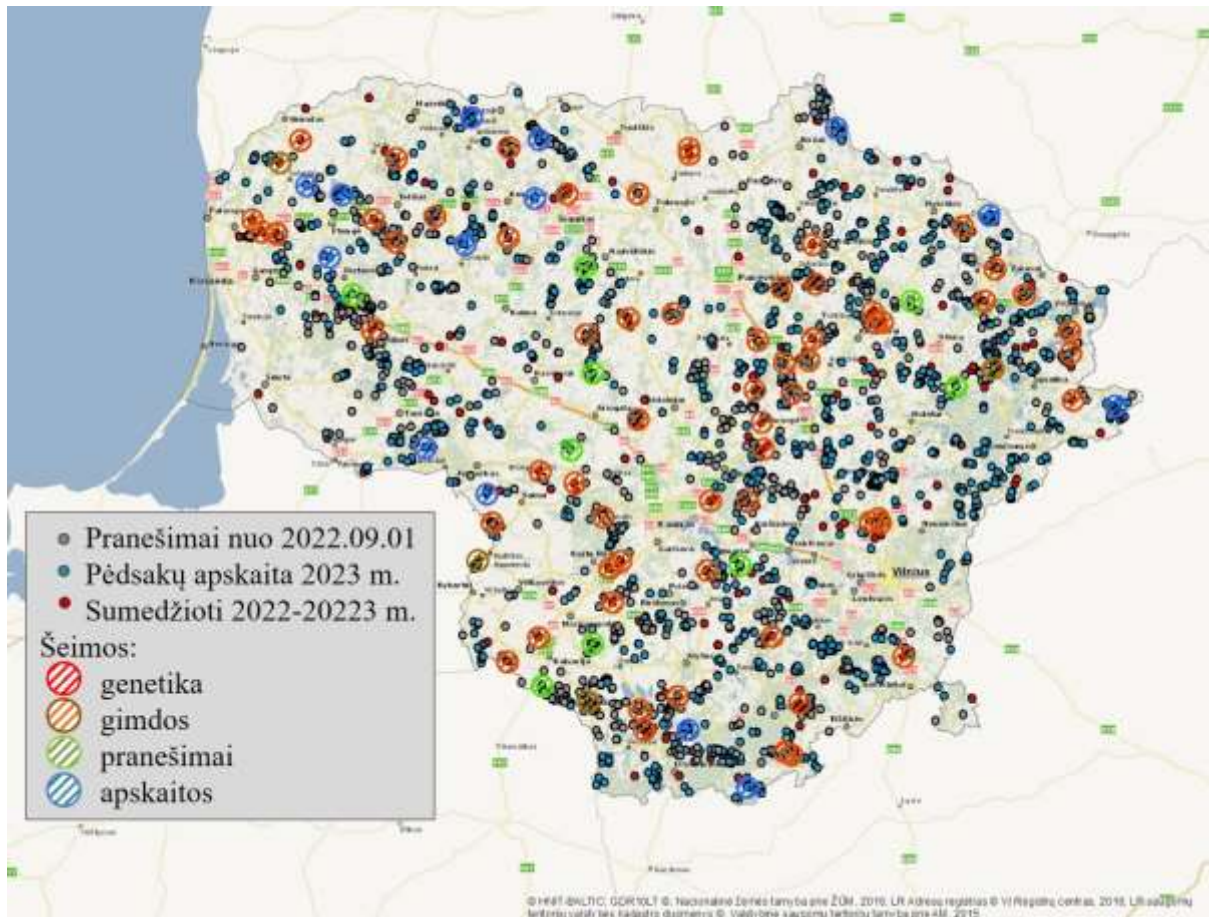
Toliau buvo išanalizuoti 2023 m. žiemos apskaitos pagal pėdsakus sniege duomenys bei pranešimai apie vilkų buvimo registravimus visus metus (įvykusius laikotarpyje nuo 2022 m. rugsėjo 1 d. iki 2023 m. rugpjūčio 31 d.). Atrinkti tik tie atvejai, kai pranešimu registruoti ne mažiau kaip 4 vilkai. Atvejai, kuomet buvo registruojama žala, buvo neįtraukti, kaip neturintys pakankamai įrodymų dėl vilkų skaičiaus. Taip pat neįtraukti tie atvejai, kai vilkų skaičiui pagrįsti nebuvo pridėtos nuotraukos ar vaizdo įrašai. Taigi vilkų šeimos skaičiuotos tik tuo atveju, jei pranešime buvo registruoti 4 ir daugiau vilkų vienu metu, teikiamą informaciją pagrindžiant kokybiškomis vilkų ar jų pėdsakų nuotraukomis arba vaizdo įrašais (3.6.3. pav.).





3.6.3. pav. Kokybiškomis nuotraukomis dokumentuoti pranešimai apie 4 ir daugiau vilkų buvimo registravimus visus metus, įvykusius laikotarpyje nuo 2022 m. rugsėjo 1 d. iki 2023 m. rugpjūčio 31 d.

Registruojant atskirą šeimą, buvo atsižvelgiama, kad šeimų teritorijų epicentrai būtų pakankamai nutolę nuo kaimyninių šeimų. Vadovaujantis apskaitų pagal pėdsakus sniege medžiaga buvo nustatyta 14 šeimų bei vadovaujantis visus metus teikiamų pranešimų medžiaga buvo nustatytos dar 9 vilkų šeimos (3.6.4. pav.).



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

Genetinių, amžiau ir reprodukcijos tyrimų pagrindu bei žiemos apskaitų sniege ir visus metus teiktų pranešimų pagrindu suskaičiuotos vilkų šeimos susumuotos ir gauta, kad Lietuvos teritorijoje gyveno ne mažiau kaip 91 vilkų šeima (3.6.4. pav.).

### 3.7. Medžiojamųjų gyvūnų apskaitos pagal pėdsakus sniege duomenys

Analizei naudoti Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos iki 2023 m. balandžio 10 d. surinkti medžiojamųjų gyvūnų apskaitos pagal pėdsakus sniege duomenys. Duomenis pateikė 798 medžioklės plotų vienetai (3.7.1. lent.). Atliekant apskaitas iš

viso maršrutuose buvo nueiti 9294 kilometrai. 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 42<sup>1</sup> 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	Šuo	P.šakas	R.lokys	Šernas	Stirna	Danielius	Telnias	Briedis	Stumbras
Akmenės r. sav.	0,1522	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	2,5677	6,0356	0,3550	12,5024	0,3931	0,0000
Alytaus r. sav.	0,0693	0,0058	0,1155	0,0000	0,0000	2,7211	5,6676	0,8782	3,9748	0,5893	0,0000
Anykščių r. sav.	0,0611	0,0306	0,0000	0,0000	0,0000	2,0169	3,8200	0,4104	5,5095	0,9954	0,0000
Biržų r. sav.	0,2109	0,2175	0,0000	0,0000	0,0000	4,7327	6,0181	0,0000	4,6866	0,5471	0,0000
Druskininkų sav.	0,1689	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,7601	3,5895	0,0845	1,9426	0,9291	0,0000
Elektrėnų r. sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	3,0527	6,7530	1,7576	6,3830	0,9251	0,0000
Elektrėnų sav.	0,0581	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	6,2137	4,9071	0,8420	7,8397	0,5807	0,0000
Ignalinos r. sav.	0,3385	0,0294	0,0074	0,0000	0,0000	0,6402	3,0466	0,0221	2,6492	1,4055	0,0000
Jonavos r. sav.	0,0828	0,0177	0,0118	0,0000	0,0000	1,3901	5,5487	0,0414	1,9284	0,4437	0,0000
Joniškio r. sav.	0,0232	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,2899	6,3564	0,2673	9,0524	0,1801	0,0000
Jurbarko r. sav.	0,1425	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,2453	6,1420	0,7018	8,1682	0,3588	0,0000
Kaišiadorių r. sav.	0,1938	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	3,2270	5,5821	0,3205	3,6369	0,7453	0,0000
Kalvarijos sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	6,7630	7,2448	1,0191	0,9264	0,5744	0,0000
Kauno r. sav.	0,0000	0,0051	0,0000	0,0000	0,0000	2,5200	9,9416	0,3995	4,3280	0,7888	0,0000
Kazlų Rūdos sav.	0,0000	0,0179	0,0596	0,0000	0,0000	2,4124	13,8492	0,1013	7,4696	1,2807	0,0000
Kėdainių r. sav.	0,0216	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	4,4016	6,7148	0,2940	12,9583	0,6702	0,0605
Kelmės r. sav.	0,0711	0,0190	0,0095	0,0000	0,0000	4,3600	6,1656	0,4407	5,3125	0,3365	0,0000
Klaipėdos r. sav.	0,0150	0,0113	0,0000	0,0000	0,0000	2,0051	5,6993	0,2633	1,5273	0,5568	0,0000
Kretingos r. sav.	0,0423	0,0071	0,0000	0,0000	0,0000	0,8533	3,0181	0,8603	4,5695	0,5500	0,0000
Kupiškio r. sav.	0,1913	0,1385	0,0000	0,0000	0,0000	2,4802	9,6042	0,1517	10,7124	1,4116	0,0000
Lazdijų r. sav.	0,1117	0,0062	0,0000	0,0000	0,0000	4,4541	6,0732	0,1675	6,3462	1,1849	0,0062
Marijampolės r. sav.	0,2352	0,0348	0,2178	0,0000	0,0000	3,2933	10,7946	1,8731	3,8508	1,7773	0,0000
Mažeikių r. sav.	0,0362	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	2,1734	10,4977	3,3761	8,4040	1,1954	0,0000
Molėtų r. sav.	0,0678	0,0509	0,0057	0,0000	0,0000	3,1884	4,0081	0,6727	3,4937	1,5151	0,0057
Pagėgių sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	2,6241	5,1675	0,9285	3,2297	0,1211	0,0000
Pakruojo r. sav.	0,0165	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,7560	10,4040	0,3298	6,6200	0,4040	0,0000
Panevėžio r. sav.	0,0348	0,0268	0,0134	0,0000	0,0000	1,8442	4,8660	0,5969	7,0207	0,4523	0,0000
Pasvalio r. sav.	0,0314	0,0079	0,0157	0,0000	0,0000	1,8389	5,3202	0,2436	2,9391	0,1493	0,0000
Plungės r. sav.	0,2288	0,0149	0,0000	0,0000	0,0000	1,8701	4,7200	0,2885	3,5014	0,2934	0,0000
Prienų r. sav.	0,0422	0,0000	0,0094	0,0000	0,0000	1,2055	7,6364	0,1313	3,9214	0,2674	0,0000
Radviliškio r. sav.	0,0589	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	6,2238	13,5474	0,7688	12,8669	0,6253	0,0000
Raseinių r. sav.	0,0630	0,0042	0,0084	0,0000	0,0000	3,1241	8,5408	0,9994	6,6639	0,4703	0,0000
Rietavo sav.	0,0639	0,0174	0,0756	0,0000	0,0000	2,3830	5,7832	0,5173	3,8652	0,5464	0,0000

Rokiškio r. sav.	0,0705	0,0274	0,0000	0,0000	0,0000	3,2056	8,5287	0,4540	5,3818	1,1742	0,0000
Skuodo r. sav.	0,0110	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,5956	5,8123	0,1434	4,6101	0,1103	0,0000
Šakių r. sav.	0,0363	0,0000	0,0066	0,0000	0,0000	1,1510	14,8605	1,5929	1,9656	0,2243	0,0000
Šalčininkų r. sav.	0,0602	0,0046	0,0000	0,0000	0,0000	1,3978	3,0919	0,0278	0,0417	1,1849	0,0000
Šiaulių r. sav.	0,0904	0,0000	0,0058	0,0000	0,0000	2,9902	7,9757	0,2567	8,4191	0,4784	0,0000
Šilalės r. sav.	0,1864	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,5283	4,2247	0,7331	1,7768	0,6710	0,0000
Šilutės r. sav.	0,0000	0,0043	0,0000	0,0000	0,0000	2,7442	6,7752	0,9076	2,6291	0,8011	0,0000
Širvintų r. sav.	0,0233	0,0311	0,0155	0,0000	0,0000	3,8447	4,1087	0,6835	4,8932	1,2350	0,0000
Švenčionių r. sav.	0,0922	0,0316	0,0053	0,0000	0,0000	0,7584	4,9294	0,0316	1,2561	1,3772	0,0000
Tauragės r. sav.	0,1858	0,0542	0,0000	0,0000	0,0000	1,1303	7,0140	0,8361	10,0255	0,4413	0,0000
Telšių r. sav.	0,1082	0,0155	0,0000	0,0000	0,0000	2,7008	5,4273	1,2937	3,9944	0,9174	0,0000
Trakų r. sav.	0,0763	0,0382	0,0164	0,0000	0,0000	5,0267	5,9099	0,1690	3,2112	1,0359	0,0000
Ukmergės r. sav.	0,0767	0,0283	0,0081	0,0000	0,0000	3,3473	5,5883	0,4603	7,8333	0,8277	0,0000
Utenos r. sav.	0,0416	0,0278	0,0000	0,0000	0,0000	1,2309	6,2749	0,1388	3,9981	1,3466	0,0000
Varėnos r. sav.	0,1858	0,0599	0,0060	0,0000	0,0000	1,2617	3,8540	0,2517	2,4125	1,5584	0,0150
Vilkaviškio r. sav.	0,0739	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,5249	10,4931	0,5374	1,4846	0,5374	0,0000
Vilniaus r. sav.	0,0324	0,0122	0,0608	0,0000	0,0000	1,0382	7,0444	0,0000	2,1210	1,0382	0,0000
Zarasų r. sav.	0,1095	0,0788	0,0000	0,0000	0,0000	1,9141	7,8446	0,1927	3,6398	1,8308	0,0000
Lietuva	0,0820	0,0225	0,0124	0,0000	0,0000	2,4243	6,8833	0,5053	5,1271	0,8108	0,0023

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 42<sup>1</sup> 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	Šuo	P.šaka- las	R.lo- kys	Šernas	Stirna	Danie- lius	T.elnias	Briedis	Stumb- ras
Akmenės r. sav.	0,1490	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	2,2697	5,0181	0,3550	9,6874	0,2980	0,0000
Alytaus r. sav.	0,0664	0,0058	0,1155	0,0000	0,0000	2,2878	5,0581	0,5228	3,3364	0,5286	0,0000
Anykščių r. sav.	0,0611	0,0262	0,0000	0,0000	0,0000	1,7343	3,4893	0,3842	4,9812	0,8906	0,0000
Biržų r. sav.	0,2109	0,2175	0,0000	0,0000	0,0000	4,5432	5,0030	0,0000	4,3570	0,4746	0,0000
Druskininkų sav.	0,1689	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,6334	2,3226	0,0845	1,2247	0,6757	0,0000
Elektrėnų r. sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,5264	3,3765	0,8788	3,1915	0,4625	0,0000
Elektrėnų sav.	0,0581	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	6,2137	4,9071	0,8420	7,8397	0,5807	0,0000
Ignalinos r. sav.	0,3385	0,0294	0,0074	0,0000	0,0000	0,6329	2,7412	0,0221	2,4579	1,2731	0,0000
Jonavos r. sav.	0,0483	0,0138	0,0118	0,0000	0,0000	0,9810	4,3981	0,0296	1,3132	0,3786	0,0000
Joniškio r. sav.	0,0145	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,7331	4,1989	0,1569	5,5178	0,1094	0,0000
Jurbarko r. sav.	0,0950	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,1556	5,9204	0,6860	6,9678	0,3272	0,0000
Kaišiadorių r. sav.	0,1938	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	3,2270	5,5821	0,3205	3,6369	0,7453	0,0000
Kalvarijos sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	6,7630	7,2448	1,0191	0,9264	0,5744	0,0000
Kauno r. sav.	0,0000	0,0051	0,0000	0,0000	0,0000	2,1461	8,0414	0,3841	3,8158	0,6658	0,0000
Kazlų Rūdos sav.	0,0000	0,0179	0,0596	0,0000	0,0000	1,6917	10,3973	0,0923	5,0899	0,9501	0,0000
Kėdainių r. sav.	0,0173	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	4,2848	6,0187	0,2940	12,4524	0,5837	0,0605
Kelmės r. sav.	0,0592	0,0118	0,0095	0,0000	0,0000	3,4975	5,2794	0,2393	4,3292	0,3033	0,0000

Klaipėdos r. sav.	0,0113	0,0113	0,0000	0,0000	0,0000	1,5261	4,7689	0,2521	1,1693	0,4301	0,0000
Kretingos r. sav.	0,0388	0,0071	0,0000	0,0000	0,0000	0,6946	2,7960	0,8356	4,5096	0,4830	0,0000
Kupiškio r. sav.	0,1429	0,0726	0,0000	0,0000	0,0000	1,6733	6,5853	0,0825	6,6458	0,9719	0,0000
Lazdijų r. sav.	0,0620	0,0031	0,0000	0,0000	0,0000	3,5380	4,4996	0,0962	5,7175	0,9357	0,0031
Marijampolės r. sav.	0,2352	0,0348	0,2178	0,0000	0,0000	3,1713	9,6663	1,8688	3,2236	1,7381	0,0000
Mažeikių r. sav.	0,0254	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	2,0141	9,8529	2,9486	7,0601	1,1374	0,0000
Molėtų r. sav.	0,0594	0,0424	0,0057	0,0000	0,0000	2,7560	3,4456	0,5286	2,9058	1,2663	0,0057
Pagėgių sav.	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	2,4021	4,6427	0,9285	3,1288	0,1211	0,0000
Pakruojo r. sav.	0,0165	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,5540	7,5227	0,2514	5,5771	0,3710	0,0000
Panevėžio r. sav.	0,0214	0,0268	0,0107	0,0000	0,0000	1,4448	4,0944	0,5576	6,2148	0,3828	0,0000
Pasvalio r. sav.	0,0236	0,0079	0,0079	0,0000	0,0000	1,2652	4,1650	0,1454	2,2790	0,1139	0,0000
Plungės r. sav.	0,1791	0,0075	0,0000	0,0000	0,0000	1,5584	3,8123	0,2661	3,0041	0,2586	0,0000
Prienų r. sav.	0,0375	0,0000	0,0094	0,0000	0,0000	1,0788	7,0407	0,1313	3,3163	0,2580	0,0000
Radvilišio r. sav.	0,0552	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	4,8217	11,1804	0,6725	10,7592	0,4904	0,0000
Raseinių r. sav.	0,0630	0,0042	0,0084	0,0000	0,0000	2,8336	7,5702	0,8818	6,0711	0,4143	0,0000
Rietavo sav.	0,0378	0,0174	0,0756	0,0000	0,0000	2,1796	4,2313	0,2935	2,8684	0,4853	0,0000
Rokiškio r. sav.	0,0568	0,0235	0,0000	0,0000	0,0000	3,0040	8,3134	0,4540	5,2076	1,0861	0,0000
Skuodo r. sav.	0,0110	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	0,5184	5,6469	0,1213	4,4667	0,1103	0,0000
Šakių r. sav.	0,0363	0,0000	0,0033	0,0000	0,0000	0,7981	8,3619	0,8206	1,1032	0,1682	0,0000
Šalčininkų r. sav.	0,0532	0,0023	0,0000	0,0000	0,0000	0,8054	1,8283	0,0278	0,0324	0,6897	0,0000
Šiaulių r. sav.	0,0707	0,0000	0,0058	0,0000	0,0000	2,7762	7,6915	0,2378	7,8233	0,4269	0,0000
Šilalės r. sav.	0,0994	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,2612	3,6282	0,5716	1,2736	0,5529	0,0000
Šilutės r. sav.	0,0000	0,0043	0,0000	0,0000	0,0000	2,3252	5,5345	0,8508	2,4317	0,7031	0,0000
Širvintų r. sav.	0,0233	0,0233	0,0155	0,0000	0,0000	2,6641	3,6155	0,6718	4,1087	1,0447	0,0000
Švenčionių r. sav.	0,0658	0,0197	0,0053	0,0000	0,0000	0,6333	4,3277	0,0316	1,1007	1,1771	0,0000
Tauragės r. sav.	0,1806	0,0394	0,0000	0,0000	0,0000	0,7619	6,2966	0,6497	8,9940	0,3090	0,0000
Telšių r. sav.	0,1005	0,0155	0,0000	0,0000	0,0000	2,4405	5,1567	1,2937	3,5331	0,8169	0,0000
Trakų r. sav.	0,0627	0,0327	0,0136	0,0000	0,0000	4,1939	4,8277	0,1690	2,6578	0,7442	0,0000
Ukmergės r. sav.	0,0680	0,0236	0,0040	0,0000	0,0000	3,0203	4,8635	0,4065	7,1604	0,7086	0,0000
Utenos r. sav.	0,0347	0,0139	0,0000	0,0000	0,0000	0,9602	5,4905	0,0879	2,8552	0,9741	0,0000
Varėnos r. sav.	0,1483	0,0450	0,0060	0,0000	0,0000	0,9920	3,3116	0,2023	2,0529	1,3501	0,0150
Vilkaviškio r. sav.	0,0649	0,0000	0,0000	0,0000	0,0000	1,4219	9,3757	0,5105	1,2898	0,4770	0,0000
Vilniaus r. sav.	0,0264	0,0061	0,0588	0,0000	0,0000	0,7928	5,4364	0,0000	1,7682	0,8841	0,0000
Zarasų r. sav.	0,0949	0,0708	0,0000	0,0000	0,0000	1,6447	7,1029	0,1489	3,1536	1,4330	0,0000
Lietuva	0,0692	0,0183	0,0118	0,0000	0,0000	2,0494	5,7303	0,4252	4,3486	0,6773	0,0022

## Išvados

1. Lietuvos vilkų populiacijos genetinės įvairovės tyrimas pagal 2022–2023 m. medžioklės sezono sumedžiotų 271 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 0,53, aukšti heterozigotiškumo rodikliai, neigimas inbrydingo koeficientas, gausu retųjų alelių).
2. Stebint genetinės įvairovės rodiklių kaitą 2018–2022 m., ryškėja nežymi stebimo ir laukto heterozigotiškumo mažėjimo tendencija, kuri gali būti dėl (a) migracijos barjerų, tokių kaip tvora su Baltarusija ir/ar (b) dėl didesnių į sumedžiojamą patenkančių šeimų, kadangi tėvystės ryšių analizė atskleidė, jog didinant sumedžiojimo limitus, sumedžiojamų šeimų skaičius mažėja, o šeimos dydis didėja, tuo būdu giminingi individai mažina populiacijos alelinės įvairovės vidurkius.
3. Pagal DNR tyrimais gautus retų alelių ir aukšto heterozigotiškumo geografinio pasiskirstymo duomenis, lyginant su praeitų metų sumedžiojimo populiacijomis, 2022–2023 m. medžioklės sezono sumedžiojimo populiacijoje matyti genų srauto krypčių pokyčiai: silpnesnis genų srautas iš šiaurės rytų ir stipresnis iš pietų, šalies viduje genų srautas yra pasiskirstęs tolygiai be reikšmingų geografinių dėsningumų.
4. AMOVA atkleidė silpną genetinę diferenciaciją tarp regionų ir silpną, bet reikšmingą diferenciaciją tarp vilkų geografinių populiacijų Lietuvoje. Genetinės struktūros analizė parodė, kad šalyje tikėtina yra trijų genetinių grupių struktūra. Nors genetinės grupės yra pasiskirstę geografiškai mišriai, viena jų turi ženkliai žemesnį inbrydingo koeficientą (reikšmingą heterozigotų perteklių dėl negiminingų individų poravimosi) ir pagal savo geografinį išsidėstymą gali rodyti genų migracijos kryptį iš šiaurės rytų pietryčių link. Stiprėjanti genų srauto iš pietų ir šiaurės rytų, bei laisvos genų migracijos šalies viduje įtaka mažina genetinius skirtumus tarp šalies regionų. Tokia mišri genetinė struktūra yra teigiamas dėsningumas, nes lemia retesnę poravimąsi tarp giminingų individų. 2022–2023 m. medžioklės sezono duomenyse genetiškai išsiskiria rytų Lietuvos populiacijos nuo savitesnių Žemaitijos ir Suvalkijos populiacijų, kas tikėtina yra migracijos iš Lenkijos ar silpnesnio šiaurės rytinio genų srauto pasekmė.



5. Pagal programos COLONY sibų ryšių tikimybių algoritmus 2022–2023 m. medžioklės sezono sumedžiotų individų imtyje rasta 83 pusiau sibų šeimos 271 individų populiacijoje (31 šeima 100-tui individų). Iš mūsų tyrimų aiškiai matyti tendencija, kad didinant pametines sumedžiojimo imtis, sumedžiojamų šeimų skaičius mažėja, o šeimos dydis didėja. Todėl, esant dabartinėmis sąlygomis, sumedžiojimo limitų didinimas yra sumedžiojamos šeimos dydžio sąskaita. Tačiau neaišku kaip šiuos dėsningumus paveiks vilkų migraciją stabdanti tvora su Baltarusija.

6. DNR tyrimas pagal 18 polimorfinių SSR lokusų parodė, kad, pagal 2022–2023 m. medžioklės sezono sumedžiojimo 271 vnt. vilkų imtį ir 18 šunų referencinę biblioteką, vilkų hibridizacijos su šunimis intensyvumas nėra aukštas tik 10 iš 271 individų rodė didesnę nei 5 proc. genetinį panašumą su šunimi, kaip hibridizacijos indikatorių (Godinho et al. 2011). Pagal 2018-2022 m. kasmetinio sumedžiojimo duomenis, hibridizacijos atvejai turi geografinį panašumą - dažnesni rytinėje Lietuvoje.

7. Amžiaus tyrimas (n=276) atskleidė, kad tarp 2022 –2023 m. medžioklės sezono sumedžiotų vilkų didelę dalį (55,6%) sudarė pirmų metų jaunikliai. Vyriausi sumedžioti vilkai (patelės) ėjo dvyliktus metus. Lietuvoje vidutinis sumedžiotų vilkų amžius (atmetus pirmamečius ir antramečius jauniklius) praėjusį sezoną buvo 4,85 metų.

8. Atliktas sumedžiotų patelių gimdų tyrimas atskleidė, kad, iš 128 į laboratoriją parsivežtų užšaldytų gimdų, tinkamai buvo išimta 90 gimdų (70,3%), 21 atvejis (16,4%), kai paimta tik dalis gimdos bei 17 atvejų (13,3%), kai paimti kiti vidaus organai. Apžiūrėjus tinkamai ir dalinai išimtas suaugusių patelių gimdas (n=38), galima teigti, kad 28,9% patelių pavasarį buvo vedusios jauniklius.

9. Genetinių ir amžiaus tyrimų pagrindu buvo nustatyta, kad sumedžioti jaunikliai (amžius iki 1 metų) dalijasi į 64 artimais giminystės ryšiais nesusijusias grupes (šeimas). Genetinių ir gimdų tyrimų pagrindu nustatytos 4 sumedžiotiems jaunikliams negiminingos patelės, kurios 2022 m. pavasarį turėjo jauniklių vadą. Vadovaujantis 2023 m. žiemos apskaitų pagal pėdsakus sniege medžiaga ir pranešimų apie vilkų buvimą (įvykusio laikotarpyje nuo 2022 m. rugsėjo 1 d. iki 2023 m. rugpjūčio 31 d.) registravimus visus metus (VSTT Biologinės įvairovės duomenų bazėje) pagrindu bei atsižvelgiant į biologiškai galimus šeimų teritorijų nutolimus buvo suskaičiuota atitinkamai dar 14 ir 9 atskiros vilkų šeimos. Apibendrinus rezultatus gauta, kad Lietuvos teritorijoje gyveno ne mažiau kaip 91 vilkų šeima.

## Rekomendacijos

- Populiacijai esant genetinės įvairovės atsistatymo procese yra svarbus šio proceso monitoringas, todėl siūlome sukurti vilko populiacijos genetinės įvairovės monitoringo (stebėsenos) metodiką ir ją įgyvendinti. Vilko populiacijos dydžio reguliavimas Lietuvoje turėtų būti vykdomas moksliniu pagrindu pagal DNR tyrimų genetinio monitoringo rezultatus, kur ištirti keliolikos metų populiacijos duomenys su vienodomis imtimis tarp populiacijų.
- Tikėtina, kad Lietuvos upės nėra reikšmingi barjerai vilko genų srautui, tačiau antropogeninės kliūtys gali turėti turinį reikšmingos įtakos genų srauto pobūdžiui ir kryptiai ir tokiu būdu daryti įtaką populiacijos genetinei struktūrai Lietuvoje. Tai pat, svarbu išskirti rytų Lietuvos miškų masyvų susisiekiančio tinklo svarbą vilko 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 identifikuojant hibridizaciją sąlygojančius veiksnius ir jos intensyvumo sąsajas su galvijų pjovimo dažniu.
- Tyrimais nustatytas 91 vilko šeimos kiekis įpareigoja, tvirtinant ateinančio sezono vilko sumedžiojimo limitą, vadovautis Vilko (*Canis lupus*) apsaugos plano 36.4 papunkčiu, kuriame numatoma populiacijos naudojimą planuoti taip, kad būtų užtikrintas jos tolygus sumažinimas ir išlaikymas 32–62 šeimų ribose. Atkreipiame dėmesį, kad atliekamų tyrimų ir populiacijos stebėsenos pagrindu kasmet pavyksta įrodyti vis didesnį šeimų skaičių, tačiau šeimų išsidėstymo žemėlapis atskleidžia, kad realiai Lietuvos teritorijoje gyvenančių vilko šeimų skaičius yra didesnis nei 91. Planuojant sumedžiojimo limitą, rekomenduojame atsižvelgti ir į tai, kad pastaraisiais metais atliekami vilko populiacijos genetiniai, amžiaus, reprodukcijos ir pasiskirstymo tyrimai rodo stabilią arba gerėjančią populiacijos būklę bei didėjančią individų kiekį. Pastaruosius keturis medžioklės sezonus, nustatant sumedžiojimo limitą, besiveisiančių šeimų skaičius buvo dauginamas iš kaimyninėse šalyse nustatyto prieaugio vidurkio 3,25 (vidutinis jauniklių skaičius vadoje rudenį, įvertinant natūralų mirtingumą), tačiau, naudojant šį perskaičiavimo koeficientą, visą aptariamą laikotarpį buvo stebimas vilko



populiacijos augimas. Tikėtina, kad prieaugio vidurkis 3,25, kuris buvo nustatytas šiauresnėse šalyse, neatitinka geresnėse gamtinėse sąlygose (gausesnė mitybinė bazė, geresnės žiemojimo sąlygos ir pan.) besiveisiančios vilkų populiacijos būklės. Tam kad sustabdyti tolimesnį vilkų populiacijos augimą, siūlome atsargiai didinti prieaugio vidurkio koeficientą iki 3,75. Rekomenduojame stebėti situacijos pokytį po siūlomo prieaugio vidurkio koeficiento koregavimo bei grįžti prie šio klausimo kitais metais.

- 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 atskleidžia augančios vilkų populiacijos tendencijas. Didėjant vilkų šeimų kiekiui, galimai mažėja 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.
- Pastaraisiais metais Lietuvos teritorijoje pradėta pastebėti anksčiau išnykusi rūšis – rudieji lokiai (*Ursus arctos*). Valstybinės saugomų teritorijų tarnybos prie Aplinkos ministerijos Biologinės įvairovės duomenų bazėje registruojami tik atsitiktiniai šios rūšies individų buvimo atvejai, tačiau nuoseklūs stebėjimai nevykdomi. Nėra žinių, kiek rudųjų lokių lankosi Lietuvos teritorijoje, ar tai migruojantys individai, kokiose teritorijose užsilaiko. Todėl rekomenduojame pradėti mokslinius tyrimus, aiškinantis rudojo lokio migracijas, užimamas teritorijas, jų naudojimo ypatumus bei ištirti individualią elgseną Lietuvos teritorijoje. Šiam tikslui įgyvendinti, rekomenduojame GPS siūstuvais-antkakliais pradėti žymėti rudojusius lokius.

## 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: eview. *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) GenAIEx 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.