

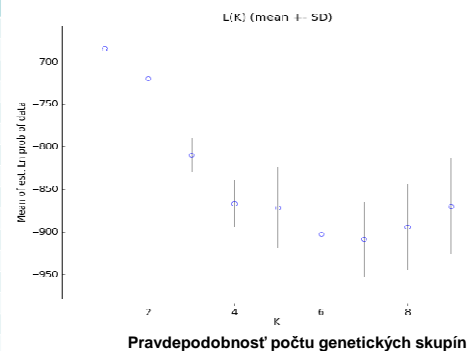
# ODHAD POČETNOSTI VYDRY V STRÁŽOVSKÝCH VRCHOCH

Diana Krajmerová<sup>1</sup>, Ladislav Paule<sup>1</sup>, Karol Pepich<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Technická univerzita vo Zvolene, T.G. Masaryka 24, 960 53 Zvolen, [krajmerova@tuzvo.sk](mailto:krajmerova@tuzvo.sk),  
<sup>2</sup>ŠOP SR Správa CHKO Strážovské vrchy, Orlové 189, 017 01 Považská Bystrica

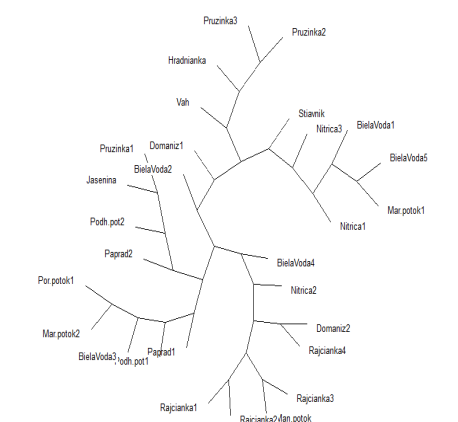
Odhadu početnosti vydry v Strážovských vrchoch bol realizovaný v rámci projektu ŠOP SR, ktorého cieľom bolo zlepšenie infraštruktúry ochrany prírody a krajiny prostredníctvom budovania a rozvoja zariadení ochrany prírody a krajiny vrátane zavedenia monitorovacích systémov. Neinvazívny spôsob zberu vzoriek bol vybraný ako vhodný spôsob v prípade vydry ako chráneného druhu živočicha. Pracovníci CHKO Strážovské vrchy zozbierali 220 vzoriek trusu z 21 vodných tokov v ich záujmovom území. Vzorky boli zozbierané v časovom úseku od 14.12.2013 do 17.3.2014. Vzorky boli uskladnené v 50 ml skúmavkách s etanolom alebo silikagélom v mrazničke do doby analýz, boli označené súradnicami, dátumom zberu, menom zberača a kódom priradeným pracovníkom ŠOP SR, z ktorého sa dá identifikovať vodný tok, lokalita, zberač a dátum zberu. Genetické analýzy boli realizované pomocou 18 mikrosatelitných markérov.

Markér	Sekvencia primeru forward 5'-3'	Sekvencia primeru reverse 5'-3'	Značenie	Dĺžka fragmentov	Zdroj
LUT435 <sup>a</sup>	TGAAGCCACGCTTGGTACTTC	CACATAGATGCCAAGAGAAGGAG*	NED	152-166	1
LUT457 <sup>a</sup>	GGTTTATGGCTTTATGGCTTTC	CCACACATGGCCTTTCTTC	PET	139-149	1
OT05 <sup>a</sup>	ATTCAGGGAGGCAGGAGAGC	TGGAGAAAAGCATTATCTACTG	VIC	166-186	2
OT14 <sup>a</sup>	CTGCCTCCTGAATGTTGTCA	GTTTCTTTTCAGGTGAATCCCATAGCA*	FAM	99-119	2
OT17 <sup>a</sup>	ATCAGGTATGAGGATACATTTACCT	GTTTCTTTTCAGTAGAAAAGTGCACTTA	VIC	170-192	2
OT22 <sup>a</sup>	CTATCTGACCATTGTCCCATGA	ACCCATGTAGGTGCCATGCT	FAM	110-134	2
LUT733 <sup>a</sup>	GATCTCATTTAAATGTTCTTACCAC	TGGTTCTCTTGCAGGATCTG	PET	169-182	1
LUT833 <sup>a</sup>	CAAATATCCTTTGGACAGTCAG	GAGGGTGAATGCCATACTA	NED	143-167	1
Lut615 <sup>c</sup>	TGCAAATAGGCATTTTCATTC	ATTCTCTTTTGCCTTTTGCTTC	VIC	255-265	1
Lut701 <sup>c</sup>	GGAACTGTAAAGGAGCTCACC	CATCCCTCCTGTGCTGACTT*	FAM	219-239	1
Lut715 <sup>c</sup>	TAGCAATCCAACTCCTGAGCATAT	CTCAGGTCCCATCCATGTCATTAC	FAM	320-334	4
Lut782 <sup>c</sup>	TCTTATGCACCAACATTAGGGC	CACAAAGACTGAGCAAACAAGC	FAM	271-285	4
Lut832 <sup>c</sup>	CCTGGGGCTGAGGACCTAC	GAATCTTAGCATATTCTATTACCAC	PET	272-284	4
Lut717 <sup>b</sup>	AGGCACCTCCACAATGTTTC	TCCCTTTTGTGCAAGGATGTA	FAM	197-219	4
Lut902 <sup>b</sup>	CAGGAGTGAATGTAAAGAGTTGG	CTTACACACCTTTGCAGACC	FAM	140-168	5
Lut914 <sup>b</sup>	GAAACTCTGAAGTCAAAGAATCATG	AGGCTCTGTAAGTGTGGAG	HEX	141-149	3
LutSR9 <sup>b</sup>	GAATCCCAAAATGCCAAAATC	GGCTCTGTAAGCATTTCAC	HEX	67	3
OT04 <sup>b</sup>	AACTGACTCTGGGTGGAGGTGT	GCCTGGGAGGCAGCATGATTAGT	VIC	179-217	2



Jedince boli považované za jednu populáciu, ale vzhľadom na možnosť rozdelenia areálu do rôznych vodných tokov sme predpokladali existenciu genetickej štruktúry. Tento predpoklad sa však nepotvrdil a všetky jedince zo záujmového územia patria do jednej genetickej skupiny.

<sup>a</sup> multiplex A, <sup>b</sup> multiplex B, <sup>c</sup> použité v multiplexe A aj B  
1 – Dallas & Pierny 1998, 2 – Huang *et al.* 2005, 3 – Dallas *et al.* 2000, 4 – Bonesi *et al.* 2013, 5 – Dallas *et al.* 1999  
\* modifikované pre túto prácu



Lokus	Vychýlený odhad	príbuzní	Nestranný odhad
Lut457	9,347e-02	4,001e-01	7,556e-02
OT05	1,197e-02	1,701e-01	8,464e-03
Lut833	1,747e-03	7,633e-02	1,065e-03
OT14	2,851e-04	3,571e-02	1,497e-04
OT22	5,353e-05	1,687e-02	2,552e-05
OT17	1,011e-05	8,078e-03	4,395e-06
Lut733	3,018e-06	4,585e-03	1,221e-06
Lut435	1,313e-06	3,113e-03	4,966e-07

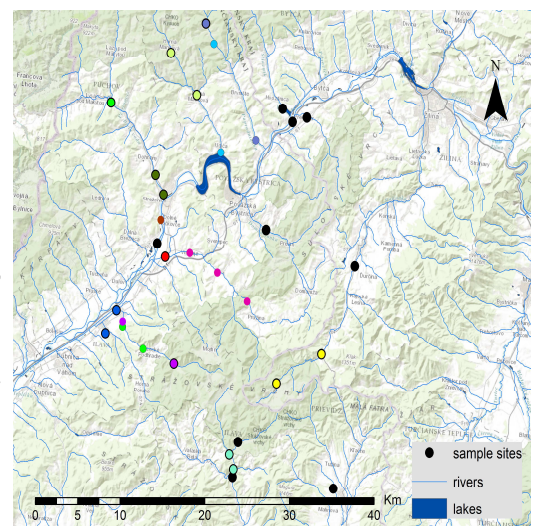
Grafické znázornenie genetických vzdialeností medzi 29 jedincami, pre ktoré bol zistený úplný genotyp pre 8 lokusov. Multilokusové hodnoty pravdepodobnosti identity pri použití 8 lokusov z multiplexu 1.

Genetické vzdialenosti medzi jedincami potvrdili malú diferenciáciu a môžeme povedať, že jedince z blízkych tokov sú si aj geneticky blízke. Pomerne variabilnými skupinami sú jedince z toku Nitrica a Biela Voda, na druhej strane podobné sú si jedince z toku Rajčianka.

Medzi dodanými vzorkami bolo identifikovaných 37 rôznych genotypov vydry riečnej, teda môžeme spoľahlivo tvrdiť, že minimálna veľkosť populácie vydry v Strážovských vrchoch je 37 jedincov, z tohto počtu je 17 samcov a 14 samíc, u 6 jedincov sa nepodarilo zistiť pohlavie. Pomocou balíka Capwire bolo vypočítané, že pri minimálnom počte jedincov 37 a zistenom počte opätovných odchytov je najpravdepodobnejší počet jedincov v danom území 48. Podobné výsledky poskytol aj program Gimlet pomocou výpočtu podľa Chessela, kde je priemerný počet jedincov 47 a maximálny počet jedincov 58. Iné druhy výpočtov v tomto programe dali podľa nás nadhodnotené výsledky (Kohn min. 55,9869 medián 77,9263, priemer 82,4746, max. 356,423, Eggert min. 39,1308, medián 49,5353, priemer 51,7664 max. 190,032).

Bonesi, L., Hale, M., Macdonald, D.W., 2013: *Acta Theriologica* 58(2): 157–168; Dallas, J.F. & Pierny, S.B., 1998: *Molecular Ecology* 7: 1247–1251; Dallas, J.F. *et al.*, 1999: *Biological Journal of the Linnean Society* 68: 73–86; Dallas, J.F., *et al.*, 2000: *Conservation Genetics* 1: 181–183.; Huang, C.C. *et al.*, 2005: *Molecular Ecology* 5: 314–316; Paetkau, D. & Strobeck, C., 1994: *Molecular Ecology* 3: 489–495.

Z 220 analyzovaných vzoriek bolo získaných 77 multilokusových genotypov, čo predstavuje úspešnosť genotypovania na úrovni 35%. Vzhľadom na to, že čerstvosť trusu je kľúčovým faktorom pre genotypovanie z trusu vydry a najvhodnejšie sú vzorky, u ktorých je predpokladaný čas od defekácie menej ako 24 hodín, je táto úspešnosť pomerne vysoká, keďže z 220 vzoriek malo odhadovaný vek menej ako 2 dni iba 78 vzoriek. Pravdepodobnosť, že dva jedince budú mať rovnaké genotypy podľa Paetkau & Strobeck (1994) je 1:761614, podľa nestranného odhadu dokonca 1:2013693, v prípade príbuzných jedincov je to 1:321. Keďže aj číslo 321 určite niekoľkonásobne prevyšuje veľkosť danej populácie, môžeme tvrdiť, že na základe daných lokusov je možné v danej populácii odlišiť aj príbuzné jedince.



Mapa odchytov jednotlivých jedincov vydry v Strážovských vrchoch, niektoré odchty sa prekrývajú z dôvodu geografickej blízkosti odchytov



Výskum bol realizovaný vďaka podpore aktivity Odhad početnosti populácie vydry riečnej (*Lutra lutra*) v pilotnom území neinvazívnou metódou rozboru DNA zo vzoriek trusu v rámci monitoringu biotopov a druhov, názov projektu: Príprava a zavedenie monitoringu biotopov a druhov a zlepšenie sprístupňovania informácií verejnosti, kód projektu: 24150120030.