

Struktura genetyczna i dyspersja wydry *Lutra lutra* w górskim krajobrazie Bieszczadów

Stanisław Pagacz

STRESZCZENIE

Zbadano wpływ krajobrazu górskiego, a w szczególności wododziału pomiędzy zlewiskami Morza Bałtyckiego i Morza Czarnego, na strukturę genetyczną i dyspersję wydry *Lutra lutra* w Bieszczadach (Polska i Słowacja). Źródłem wykorzystanych w badaniach próbek DNA były odchody i wydzieliny zapachowe wydry systematycznie zbierane w latach 2008-2011 na wybranych odcinkach rzek i potoków po obu stronach wododziału, na obszarze 3500 km². Analizy przestrzennej struktury genetycznej przeprowadzono na podstawie 48 zidentyfikowanych genotypów (34 ze zlewiska Bałtyku oraz 14 ze zlewiska M. Czarnego) złożonych z 5-11 loci mikrosatelitarnych. Do analiz wykorzystano zespół metod stosowanych w badaniach struktury genetycznej populacji: analizę wariancji molekularnej (AMOVA), analizę głównych składowych (PCoA) oraz bayesowskie metody grupowania. Wykorzystując numeryczny model badanego terenu opracowano trzy potencjalne modele dyspersji wydry, które następnie poddano weryfikacji poprzez zbadanie korelacji pomiędzy międzyosobniczymi dystansami genetycznymi i odpowiadającymi im dystansami geograficznymi charakterystycznymi dla poszczególnych modeli. Wyniki badań wskazują, że w badanej populacji wododział nie stanowi bariery dla dyspersji wydry. Potwierdziły to wszystkie zastosowane metody analizy struktury genetycznej, a także analiza rozmieszczenia próbek pochodzących od osobników blisko spokrewnionych lub zlokalizowanych wielokrotnie. Największe wsparcie uzyskano dla modelu dyspersji zakładającego, że wydry migrują przez przełęcz górskie, a więc mogą także przekraczać wododział. Strukturę genetyczną badanej populacji charakteryzowała izolacja przez dystans, co świadczy o pewnym ograniczeniu dystansów dyspersji. Równocześnie wykazano, że część osobników odbywa długodystansowe migracje (ponad 40 km). Stwierdzona zdolność do oddalania się od cieków wodnych, pokonywania znacznych dystansów w krajobrazie górskim i przekraczania granic zlewni łądem pozwala wnioskować, że populacje wydry nie są szczególnie narażone na szybki spadek różnorodności genetycznej wskutek fragmentacji i przestrzennej izolacji siedlisk.

Genetic structure and dispersal of the Eurasian otter *Lutra lutra* in the Bieszczady Mountains

ABSTRACT

The goal of this study was to determine the impact of mountainous landscape, in particular the presence of the watershed between the Baltic and Black Sea basins, on the genetic structure and dispersal of the Eurasian otter *Lutra lutra* in the Bieszczady Mountains (Poland and Slovakia). The source of the DNA samples examined in the study were otter spraints and gland secretions systematically collected from 2008 to 2011 along selected water courses on both sides of the watershed, in an area of 3500 sq. km. The analysis of spatial genetic structure was based on 48 identified individual genotypes: 34 from the Baltic basin, and 14 from the Black Sea basin, differentiated by 5-11 microsatellite loci. Several methods widely used in studies of population genetic structure were employed: the analysis of molecular variance (AMOVA), principal coordinates analysis (PCoA) and Bayesian clustering methods. In addition, a digital elevation model of the study area was adopted to develop the landscape resistance surfaces representing three potential otter dispersal models. Correlations of pair-wise individual genetic and geographic distances derived from each model and the causal modeling framework were used to select the best fitting dispersal model. The results of this study indicate that in the studied otter population, the watershed is not a barrier to dispersal. This was confirmed by all methods employed for the analysis of population genetic structure, as well as by the locations of closely related individuals and the successive positions of a single individual recorded on both sides of the watershed. In line with these findings, the best support was found for the dispersal model that assumed that otters migrate through mountain passes, away from mountain streams, thus are able to cross the watershed. The genetic structure of the studied population exhibits an isolation-by-distance pattern, which suggests generally limited dispersal distances. However, at the same time, the locations of several individuals that were recorded repeatedly revealed the occurrence of long-distance migrations (over 40 km). Confirmation of the high mobility of otters in a mountainous landscape and their ability to cross the watershed ridge suggest that otter populations are not particularly vulnerable to loss of genetic diversity caused by habitat fragmentation and isolation.