

Genetska povezanost in sorodstvena razmerja evropske srne v modelnem lovišču osrednje Slovenije

Genetic connectivity and relativeness of European roe deer in the model hunting ground of central Slovenia

Aja Bončina¹, Boštjan Pokorny^{2,3}, Martin Sternad¹, Elena Bužan^{1,2}

¹Univerza na Primorskem, Fakulteta za matematiko, naravoslovje in informacijske tehnologije, Glagoljaška 8, 6000 Koper; elena.buzan@famnit.upr.si

²Visoka šola za varstvo okolja, Trg mladosti 7, 3320 Velenje

³Gozdarski inštitut Slovenije, Večna pot 2, 1000 Ljubljana

Izvleček

Evropska srna (*Capreolus capreolus*) je v Sloveniji in celotnem evropskem prostoru najpomembnejša vrsta divjadi in je ena ključnih vrst kopenskih ekosistemov. Kljub temu do nedavnega pri nas ni bilo genetskih analiz te vrste, zato so genetska struktura populacije in druge lastnosti, ki jih lahko ugotovljamo z molekularnimi orodji, domala neznane. V pričujoči raziskavi smo z uporabo molekularnih označevalcev skušali določiti sorodstvena (starševska) razmerja srnjadi v modelnem lovišču (Oljka, Šmartno ob Paki; Savinjsko-Kozjansko lovskoupravljajvsko območje, osrednja Slovenija). Analizirali smo 61 vzorcev srnjadi različne starosti in obeh spolov, ki so bili zbrani v sklopu rednega odvzema v obdobju maj 2017 – februar 2018. Za potrditev zanesljivosti določanja materinstva smo analizirali tudi štiri povožene srne in sedem zarodkov. Test sorodstvenih razmerij je prepoznal pet zelo verjetnih očetov (srnjakov), šest potencialnih mater (srn) in 17 potomcev (mladičev obeh spolov, enoletnih samcev in mlajših srnjakov); samo za enega lanščaka smo v vzorec zajeli oba starša. Poznane lokacije (koordinate) odvzema, pridobljene iz lovskoinformacijskega sistema, in prepoznana sorodstvena razmerja omogočajo sklepanje o prostorskem vedenju posameznih osebkov (disperzija enoletnih samcev – lanščakov, paritveni izleti srn) ter tako pomembno prispevajo k poznavanju ekoloških značilnosti vrste. Možnost vpogleda v (sorodstvena) razmerja med osebkami, ki

so zanimiva tudi za lovce kot končne uporabnike, prispeva k popularizaciji sodobnih molekularno-genetskih orodij in metod ter posledično k njihovi vpeljavi v vsakdanjo prakso upravljanja populacij.

Ključne besede: evropska srna, genetska orodja, mikrosateliti, sorodstvena razmerja, disperzija

Abstract

*European roe deer (*Capreolus capreolus*) is one of the key species of terrestrial ecosystems and is the most important game species not only in Slovenia but rather in the majority of European countries. However, there was a lack of genetic studies in roe deer in our country until very recently, therefore population genetic structure and other features that can be identified by molecular markers are unknown. In this study, we used molecular markers to study genetic relatedness of roe deer in the model hunting ground (Oljka, Šmartno ob Paki; Savinjsko-Kozjansko hunting management district, central Slovenia). We analysed 61 samples of roe deer (of both sexes and all age classes) harvested during regular hunting allocations in the period May 2017 – February 2018. Aiming to confirm the reliability of the method for determining maternity we analysed also four road-killed females together with seven fetuses. Analysis of relatedness revealed five potential fathers (bucks), six mothers (does), and 17 offspring (fawn of both sexes, male yearlings, and young male adults, respectively); however,*

Izvirni znanstveni članek

for only one yearling we determined both parents. By knowing exact locations (coordinates) of the harvest obtained from the hunting informational system and with having relatedness data, also spatial behaviour of individuals can be recognized (e.g. dispersion of subadult males – yearlings; reproductive excursions of does). Such information enables better insight into ecological features of the species. The potential of molecular markers to clarify the relatedness among individuals, which is of high interest for hunters as end-users, may contribute to popularization of modern molecular genetic tools and methods, and consequently enables their wider implementation in the population management practices.

Keywords: roe deer, genetic tools, dispersion, microsatellites, genetic relatedness

1 Uvod

Evropska srna oz. srnjad (*Capreolus capreolus*) je razširjena po celotni Evropi, z izjemo Irske, Cipra, Korzike, Sardinije, Sicilije in manjših otokov (Apollonio in sod., 2010). Poseljuje listnate, mešane in iglaste gozdove z veliko podrasti, travišča, njive, primestna in kmetijska območja tako v gorskih kot nižinskih predelih (Danilkin, 1996). Najraje prebiva v mozaični krajini s prepletom gozdnih in kmetijskih površin, a je prilagojena tudi na precej bolj ekstremne razmere, kot so suha sredozemska in hladna borealna območja, vsaj občasno pa je prisotna tudi nad zgornjo gozdno mejo (Krže, 2000). V Sloveniji naseljuje predvsem gozdnato in kmetijsko krajino, v manjših populacijskih gostotah tudi gozdno. Kot najbolj razširjen prostoživeči parkljar (sodoprsti kopitar) velja za najpomembnejšo vrsto divjadi (Kos in Potočnik, 2008).

V Sloveniji je upravljanje s srnjadjo, ki temelji na načelu trajnostne rabe divjadi kot obnovljivega naravnega vira, že desetletja sistematično in načrtovano, pri čemer pa so tudi številne dileme, in sicer zaradi preslabega poznavanja nekaterih bioloških značilnosti te vrste v lokalnem okolju

(Pokorny, 2009). Prav zato lahko kazalniki oz. številni atributni podatki o posameznih osebkih (vključno z natančnimi lokacijami odvzema), ki jih pri nas zbiramo za trajnostno adaptivno upravljanje populacij oz. za namene t. i. kontrolne metode (Stergar in sod., 2012), zelo pomembno prispevajo k boljšemu poznavanju vrste, vključno z lastnostmi, ki so pomembne za premišljene upravljalvske odločitve. Med drugim lahko obstoj takih dragocenih podatkov ob hkratni dostopnosti različnih vzorcev (kar je posledica zelo dobrega sodelovanja med slovenskimi lovci in raziskovalci divjadi) in ob uporabi sodobnih raziskovalnih metod omogoči razumevanje prostorskih premikov (migracij, disperzije) osebkov, genetske strukture populacij ter sorodnosti med osebki. V Sloveniji do nedavnega (Sternad, 2018; Bužan in sod., 2019a, 2019b) sistematičnih genetskih raziskav srnjadi sploh ni bilo, zato nimamo relevantnih podatkov o genetski strukturi, genetskem pretoku in sorodstvenih razmerjih; slednja, npr., omogočajo poznavanje in razumevanje morebitnega večočetovstva znotraj istih legel ter dejanskega razmnoževalnega potenciala posameznih samcev oz. samic (npr. koliko njihovih potomcev je preživelo zgodnje obdobje smrtnosti). Poznavanje naštetih lastnosti je zelo pomembno, saj odločilno vplivajo na populacijsko dinamiko vrste oz. na najpomembnejše znake življenjskih strategij (angl. *life-history traits*), kot so prirastek, zgodnja smrtnost mladičev ali prostorsko vedenje osebkov in vrste (npr. Linnell in Andersen, 1995; Jarnemo, 2004; Panzacchi in sod., 2009).

Razdrobljenost (fragmentiranost) habitatov z naravnimi (npr. reke) ali antropogenimi ovirami (zlasti dolge pregrade/ograje, npr. vzdolž cest ali urbanih območij) zelo vpliva na prostorsko vedenje osebkov, populacij in vrst; posledično povzroča drobljenje in zmanjšuje funkcionalno povezanost populacij ter spreminja znake življenjskih strategij. Premiki živali so bistvenega pomena za dolgoživost (viabilnost) populacij, saj pomembno vplivajo na prostorsko razporeditev osebkov, populacijske gostote, tveganje za izumrtje, dinamiko kolonizacij in genski pretok (Hanski

in Gaggiotti, 2004; Cote, 2017). Poznavanje teh parametrov je posledično nujno za učinkovito in trajnostno upravljanje z vrsto. Za upravljanje, ki bo upoštevalo in spodbujalo ekosistemsko vlogo vrste (Pokorny in sod., 2017), trajnostno rabo srnjadi kot pomembnega obnovljivega naravnega vira in ohranjalo genetski sklad populacij, je nujno znanje o selitvenih vzorcih, a tudi poznavanje kratkih prostorskih premikov, ki so, npr., posledica paritvenih lastnosti vrste. V nasprotju z genetskimi lastnostmi srnjadi, ki jih tudi v širšem evropskem prostoru dodobra spoznavamo šele v zadnjih dveh desetletjih (npr. Hartl in sod., 1998; Hewison in Danilkin, 2001; Vernesi in sod., 2002; Baker in Hoelzel, 2013; Lorenzini in sod., 2014; Matosiuk in sod., 2014; Olano-Marin in sod., 2014), so druge biološke značilnosti srnjadi v Evropi relativno dobro znane; to velja tudi za rabo prostora, prostorsko vedenje in odnose (interakcije) med osebki ter populacijami (zbrano v Andersen in sod., 1998). Poznavanje teh lastnosti omogoča boljše razumevanje in uporabnost podatkov, ki jih pridobimo s sodobnimi molekularno-genetskimi orodji oz. metodami.

Tako je, npr., znano, da populacijska gostota pomembno vpliva na velikost območij aktivnosti osebkov srnjadi, ki so v območjih z majhnimi gostotami praviloma večja kot v območjih z velikimi (Kjellander in sod., 2004). Velikost območja aktivnosti lahko na razmnoževalno sposobnost srnjadi vpliva neposredno, prek možnosti za paritev (v območjih z majhno populacijsko gostoto in velikimi območji aktivnosti je iskanje partnerjev težje), in posredno prek razpoložljivosti virov. V Evropi in tudi Sloveniji imajo samice srnjadi visoko raven plodnosti, v večini populacij so zato oplojene skoraj vse odrasle srne in tudi večina enoletnih srn – mladice (Flajšman in sod., 2017, 2018). Z reprodukcijo so povezani tudi agresivno vedenje samcev do drugih (konkurenčnih) srnjakov, tj. teritorialno vedenje, in daljši paritveni izleti samic (Bocci in sod., 2013; Debeffe in sod., 2014). Le-te si svoj teritorij izberejo nekaj tednov pred kotitvijo mladičev, praviloma do

konca aprila in v začetku maja. Mladiči se intenzivneje začnejo premikati pri treh do štirih tednih starosti in od takrat predvsem sledijo materi, s čimer prenehajo šele naslednjo pomlad, nekaj dni, preden srna poleže druge mladiče (Krže, 2000). Tedaj si mladice praviloma poiščejo teritorij v bližini matere, enoletni samci (lanščaki) pa se lahko med disperzijo premaknejo veliko dlje, v ekstremnih primerih tudi več kot 100 km od starševskega teritorija (Wahlström, 1994; Wahlström in Liberg, 1995).

Z namenom nadaljnega spodbujanja sistematičnih genetskih raziskav divjadi v slovenskem prostoru smo skušali ugotoviti glavne genetske značilnosti srnjadi v modelnem in po krajinsko-ekoloških značilnostih tipičnem lovišču osrednje Slovenije. Poleg ocene genetske variabilnosti in strukture proučevane mikropopulacije, ki smo ju predstavili že v preteklosti (Sternad, 2018; Bužan in sod., 2019b), smo poudarek namenili določitvi sorodstvenih razmerij oz. starševstva, in sicer z namenom neposrednega sledenja prostorskemu vedenju osebkov (npr. disperziji potomcev) ter ugotavljanju morebitnega vpliva prostorskih ovir (barier) na genski pretok. Ker so na območju modelnega lovišča številne motnje in ovire (slika 1), ki potencialno vplivajo na prostorsko vedenje srnjadi, smo z genetsko analizo konkretno želeli: (i) določiti sorodstvo (delež genetske informacije, ki si jo delijo osebki) v tem lovišču; (ii) oceniti genski pretok in vpliv potencialnih antropogenih ter naravnih ovir na prostorske premike (juvenilnih) osebkov; (iii) ugotoviti morebitne razlike v vzorcu disperzije med obema spoloma in razlike v oddaljenosti lokacij odvzema potomcev od lokacij staršev (srn vs. srnjakov). Pri tem je pomembno, da je bila stopnja genotipizacije osebkov zelo visoka: analiziranih je bilo 61 živali oz. 73 % vseh odvzetih v raziskovalnem obdobju maj 2017 – februar 2018. To ob veliki intenzivnosti poseganja v populacijo srnjadi v lovišču (poglavje 2.1) in prostorski razporejenosti v raziskavo vključenih osebkov (slika 1) zagotavlja veliko reprezentativnost rezultatov.

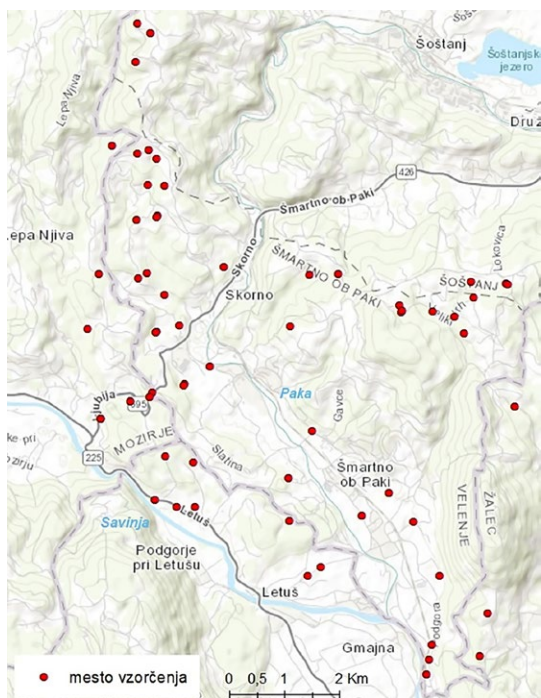
2 Material in metode

2.1 Območje raziskave

Vzorci srnjadi vseh kategorij (tj. večletnih srn in srnjakov, mladic in lanščakov, mladičev obeh spolov) so bili zbrani v obdobju maj 2017 – februar 2018 v lovišču Oljka, Šmartno ob Paki. Lovišče, ki je veliko 2.637 ha (skupna površina) oz. 2.393 ha (lovna površina), leži v severno-osrednji Sloveniji in je del Savinjsko-Kozjanskega lovskoupravljavskega območja. V lovišču je daleč najpomembnejša lovna vrsta srnjad, ki je z izjemo urbanih območij stalno ali vsaj občasno prisotna na celotni površini lovišča; povprečni letni odvzem v obdobju 2006–2018 je bil 3,94 osebk/100 ha (Oslis, 2019). Od drugih vrst velikih prežvekovalcev se v lovišču občasno pojavljajo posamezni osebki navadnega jelena (*Cervus elaphus*) in severnega oz. alpskega gamsa (*Rupicapra rupicapra*). Stalno je prisoten

divji prašič (*Sus scrofa*), za katerega je značilen izrazit trend večanja številčnosti: do leta 2009 je bil odvzet največ en osebek na leto, v obdobju 2010–2018 je bilo skupaj odvzetih 79 divjih prašičev oz. v povprečju 8,8 na leto, v letu 2019 (do 22. decembra) pa že 33. Na območju lovišča ni velikih zveri; od potencialnih plenilcev srnjadi je prisotna le lisica (*Vulpes vulpes*): v obdobju 2010–2018 je bilo odvzetih 216 osebkov te vrste oz. v povprečju 24 na leto (*ibid.*).

Za lovišče sta značilni gozdната in kmetijsko-polurbana krajina; 44 % površine (približno 1.200 ha) pokrivajo gozdovi (prevladujejo mešani gozdovi, po naravi pa različne asociacije bukovih gozdov), 36 % (960 ha) pa kmetijske površine, predvsem travniki in pašniki (550 ha) ter njive (370 ha); preostalo so razpršena in razvlečena naselja (največje naselje je mestece Šmartno ob Paki; v celotni istoimenski občini, katere meje se zelo dobro ujemajo z mejami lovišča, živi nekaj manj kot 3.000 prebivalcev). Z izjemo osrednjega ravninskega sveta (nadmorska višina Šmartno ob Paki je 314 m) je večina lovišča gričevnat svet, ki ponekod prehaja v hribovje; najvišja točka je Gora Oljka (734 m). Lovišče leži v porečju rek Savinje in Pake, ki sta glavni vodni telesi v lovišču. Medtem ko je večja Savinja jugozahodna oz. južna meja lovišča in kot taka na rezultate naše raziskave ne vpliva (vsi vzorci so bili zbrani znotraj lovišča), pa Paka, ki je hudourniškega značaja, poteka po sredini lovišča in ga v dolžino okoli 6 km deli na dva dela, in sicer v smeri severozahod–jugovzhod (slika 1). Zelo pomemben barierni učinek na premike večjih vrst živali znotraj lovišča ima tudi infrastruktura; več ali manj vzporedno z reko Pako poteka železniška proga Velenje–Celje, skozi lovišče pa poteka tudi pomembna cestna povezava med Šaleško dolino in Koroško s Savinjsko dolino, s kraki regionalnih cest Velenje–Letuš, Velenje–Mozirje in Mozirje–Letuš (Pokorny, 2002).



Slika 1: Lokacije odvzema osebkov srnjadi, za katere smo naredili genetske analize v obdobju maj 2017 – februar 2018, s prikazom najpomembnejših ovir v lovišču Oljka, Šmartno ob Paki.

Fig. 1: Sampling locations where roe deer included in the genetic analysis were harvested in the period May 2017 – February 2018, and the most important barriers in the hunting ground Oljka, Šmartno ob Paki.

Posledica razvejanega infrastrukturnega omrežja so velike izgube srnjadi v prometu; v obdobju 2006–2018 je bilo v lovišču Oljka na cestah povoženih 242 osebkov srnjadi, na železnicah pa 22. Skupaj je bilo v tem trinajstletnem obdobju odvzetih 1.211 osebkov, od katerih jih je bilo odstreljenih 801, drugi dejavniki (brez prometa) so povzročili smrt 146 osebkov. V letu 2017, ko smo prvenstveno vzorčili srnjad za genetske raziskave, je bilo odstreljenih 57 osebkov, 30 jih je bilo povoženih na cestah in dva na železnicah, drugi dejavniki (bolezen, kosilnica, neznano) so povzročili smrt šestih osebkov (Oslis, 2019).

2.2 Vzorčenje in ocenjevanje starosti analiziranih osebkov

Vzorci (po 2–3 g mišičnega tkiva, praviloma z območja vratu ali prsnega koša) smo zbrali neposredno po odvzemu posameznega osebka in jih shranili v 2,0 ml kriotubice (viale), napolnjene z etanolom, ter zamrznili na -20°C do laboratorijskih analiz, ki smo jih naredili v laboratoriju za molekularno ekologijo Fakultete za matematiko, naravoslovje in informacijske tehnologije Univerze na Primorskem. V vzorec smo skušali vključiti čim več odvzetih živali, in sicer čim bolj enakomerno razporejenih po lovišču (slika 1) ter v strukturi, ki dobro odraža celotno sestavo odvzetih osebkov. Skupaj je bilo za določitev sorodstvenih razmerij genotipiziranih 61 osebkov: 10 odraslih, tj. dve- in večletnih srn (16 %), 14 odraslih srnjakov (23 %), 5 mladic (8 %), 11 lanščakov (18 %), 11 mladičev ženskega spola (18 %) in 10 mladičev moškega spola (16 %). Podatki o analiziranih osebkih so navedeni v prilogi 1.

Starost živali smo določili (za razlikovanje med tremi osnovnimi starostnimi kategorijami, tj. mladičev, enoletnih in odraslih živali) oz. ocenili (znotraj starostne skupine odraslih živali) z makroskopskim pregledom razvojne stopnje in obrabljenosti zob na levi polovici spodnje čeljustnice, in sicer po uveljavljeni metodologiji (Ratcliffe in Mayle, 1992). Ker je ocena starosti

odraslih osebkov iz družine jelenov na podlagi pregleda obrabljenosti zob nezanesljiva (Pokorny in sod., 2012), kar še zlasti velja za srnjad (Hewison in sod., 1999), njihove starosti nismo ocenjevali na leto natančno, temveč smo jih združili v že uveljavljene starostne razrede, ki smo jih pri nas že večkrat uporabili v raziskavah ekologije srnjadi (npr. Flajšman, 2017; Flajšman in sod., 2017). Uporabili smo naslednje starostne kategorije: mladiči (oznaka 0,5; starost 4–8 mesecev v primeru odstrela oz. do 11 mesecev v primeru drugih vzrokov smrti); enoletni osebki (oznaka 1), tj. mladice in lanščaki (starost 12–19 mesecev); mladi spolno zreli osebki (ocenjena starost 2–4 leta; oznaka 2–4); srednje stari osebki (5–7 let; oznaka 5–7); stari osebki (8 in več let; oznaka 8+).

2.3 Izolacija DNA in pomnoževanje molekularnih označevalcev

Celotno DNA iz svežega tkiva smo izolirali po protokolu *PeqGold Tissue DNA Mini Kit* (VWR Instruction Manual, 2018). Za genetsko analizo smo uporabili 13 mikrosatelitnih lokusov (preglednica 1; Olano-Marin in sod., 2014). Značilnosti lokusov (temperatura prileganja, območje razpona alelov, ponovljen motiv, set začetnih oligonukleotidov in reference), postopki pomnoževanja ter genotipizacije so podrobno opisani v Sternad (2018).

2.4 Analiza mikrosatelitnih lokusov in sorodstvenih razmerij

Analizo sorodstvenih vezi oz. povezav starši–potomec smo izvedli v programu *Cervus 3.0* (Marshall in sod., 1998). To je računalniški program, ki s pomočjo določitve statistične verjetnosti na podlagi genotipa (vseh analiziranih alelov osebka) opredeli potencialno starševstvo. Na osnovi verjetnosti, da so genotipi staršev in potomcev povezani oz. t. i. verjetnosti neizključitve (angl. *non-exclusion probability*) in stopnje zaupanja v posamezno sorodstvo (LOD vrednost; angl. *likelihood ratio*), program

Izvirni znanstveni članek

samodejno opredeli potencialno starševstvo (Kalinowsky in sod., 2007). Če je vrednost LOD večja od 3, je sorodstveno razmerje (v našem primeru starševstvo/potomstvo) potrjeno s 95 % zaupanjem (verjetnostjo); če je vrednost LOD med 1 in 3, je sorodstveno razmerje potrjeno s 75 % zaupanjem. Povezav z manjšo vrednostjo LOD nismo obravnavali kot potencialnega sorodstva (Marshall in sod., 1998).

Najprej smo z vključitvijo vseh vzorcev izračunali pričakovano heterozigotnost, polimorfna mesta, povprečno verjetnost neizključitve, Hardy-Weinbergovo ravnovesje in zastopanost ničelnih alelov. Sledil je simulacijski test starševstva (materinstva in očetovstva), ki je vsakemu potencialnemu potomcu dodelil potencialnega starša. Za starševske kandidate smo izbrali vse analizirane srne in srnjake, starejše od dveh let. Preverjali smo vse vsebinsko (starševsko) mogoče kombinacije, in sicer: (i) mladi, 2- do 4-letni osebki kot starševski kandidati za mladiče in enoletne živali; (ii) srednje stari, 5- do 7-letni osebki kot potencialni starši mladičev, enoletnih in mladih odraslih; (iii) stare, 8- in večletne živali pa v kombinaciji z vsemi mlajšimi kategorijami kot njihovimi potencialnimi potomci.

Za potrditev zanesljivosti določanja materinstva smo analizirali tudi štiri povežene srne (po dve v loviščih Oljka in Velenje) in šest njihovih zarodkov. Za sedmi zarodek nismo imeli genetskega vzorca matere in smo ga genotipizirali kot »slepi vzorec«. V vseh primerih srn in pripadajočih zarodkov smo ugotovili veliko sorodstveno povezavo (LOD vrednost > 3), za slepi vzorec zarodka pa nismo ugotovili povezave z nobeno srno (LOD << 1 v vseh primerjavah). Ti rezultati potrjujejo zanesljivost uporabljene metode določanja starševstva srnjadi.

Simulacijski test smo generirali za 10.000 potomcev in 500 potencialnih kandidatov staršev. Na osnovi izračunanih LOD vrednosti smo ocenili sorodnost med osebki (po Marshall in sod., 1998). V končni analizi starševstva smo testirali

24 potencialnih kandidatov staršev (10 srn in 14 srnjakov). Pri rezultatih posebej izpostavljamo sorodstvene vezi z LOD > 3, saj so te starševske povezave zelo verjetne.

Preglednica 1: Analiza alelne variabilnosti na posameznem lokusu (število alelov na lokusu; opažena heterozigotnost – Ho; pričakovana heterozigotnost – He).

Table 1: Allele diversity on individual loci (number of alleles per locus; observed heterozygosity – Ho; expected heterozygosity – He).

Lokus	Število alelov	Ho	He
BM1818	8	0,695	0,830
BM757	7	0,476	0,638
CSSM66	5	0,695	0,621
NVHRT24	7	0,707	0,664
NVHRT48	3	0,415	0,398
NVHRT16	9	0,683	0,807
RT1	10	0,875	0,863
NVHRT21	9	0,768	0,781
ROE1	2	0,610	0,484
ETH225	7	0,366	0,798
ROE8	10	0,768	0,793
MCM64	5	0,558	0,575
MAF70	8	0,543	0,519
Vsota	90		

3 Rezultati

Podatki o variabilnosti alelov na posameznih mikrosatelitnih lokusih so navedeni v preglednici 1. Lokusi so vsebovali v povprečju 6,8 alela (razpon 2–10), kar nakazuje zmerno genetsko variabilnost populacije. To so potrdile tudi vrednosti opažene heterozigotnosti (Ho), ki so bile od 0,366 do 0,875 in niso značilno odstopale od pričakovane heterozigotnosti (He; od 0,398 do 0,863).

Prepoznali smo 18 možnih sorodstvenih razmerij med analiziranimi osebki, in sicer: (i) sedem razmerij za pet potencialnih srnjakov – očetov

Izvirni znanstveni članek

(O), od tega štiri razmerja s tremi očeti z $> 95\%$ verjetnostjo (preglednica 2); (ii) enajst razmerij za šest potencialnih srn – mater (M), od katerih jih je bilo devet s petimi materami zelo verjetnih, tj. z $LOD > 3$ (preglednica 3). Za dva srnjaka (O2 in O4) smo prepoznali po dva potomca. Srnjak O4 je bil ocenjen kot srednje star (5- do 7-letni),

kot njegova potomca sta bila (sicer z nekoliko manjšo verjetnostjo, tj. $> 75\%$) prepoznana mlajši srnjak (P19) in mladič moškega spola (P5). Star (8+) srnjak O2 je bil z veliko zanesljivostjo starš mladiču moškega spola (P3) in lanščaku (P2). Po enega potomca smo prepoznali pri treh mladih (2- do 4-letnih) srnjakih: srnjaka O1 in O5 sta

Preglednica 2: Pregled potomcev srnjadi in njihovih potencialnih očetov (srnjakov). Prikazana so le sorodstvena razmerja z dovolj veliko zanesljivostjo, tj. verjetnostjo $> 95\%$ ($LOD > 3$) oziroma $> 75\%*$ ($1 < LOD < 3$).

Table 2: Overview of roe deer offspring and their potential fathers (bucks). Only relations with high reliability, i.e. probability $> 95\%$ ($LOD > 3$) and $> 75\%*$ ($1 < LOD < 3$) are presented.

Oznaka	Potomec			Oznaka	Srnjak – oče		Razdalja (km) ^a	Vrednost LOD
	Starost	Spol	Datum		Starost	Datum		
P1	1	M	8. 6. 2017	O1	2–4	23. 6. 2017	3,6	3,74
P2	1	M	17. 9. 2017	O2	8+	5. 8. 2017	4,0	9,12
P3	0,5	M	17. 9. 2017	O2	- -	- -	3,0	7,77
P4	0,5	Ž	2. 9. 2017	O3	2–4	23. 8. 2017	4,3	2,41*
P5	0,5	M	27. 12. 2017	O4	5–7	15. 8. 2017	3,3	2,00*
P19	2–4	M	4. 5. 2017	O4	- -	- -	0,4	2,62*
P6	1	M	1. 5. 2017	O5	2–4	20. 8. 2017	4,1	3,99

^a Zračna razdalja med lokacijama odvzema potomca in njegovega verjetnega starša.

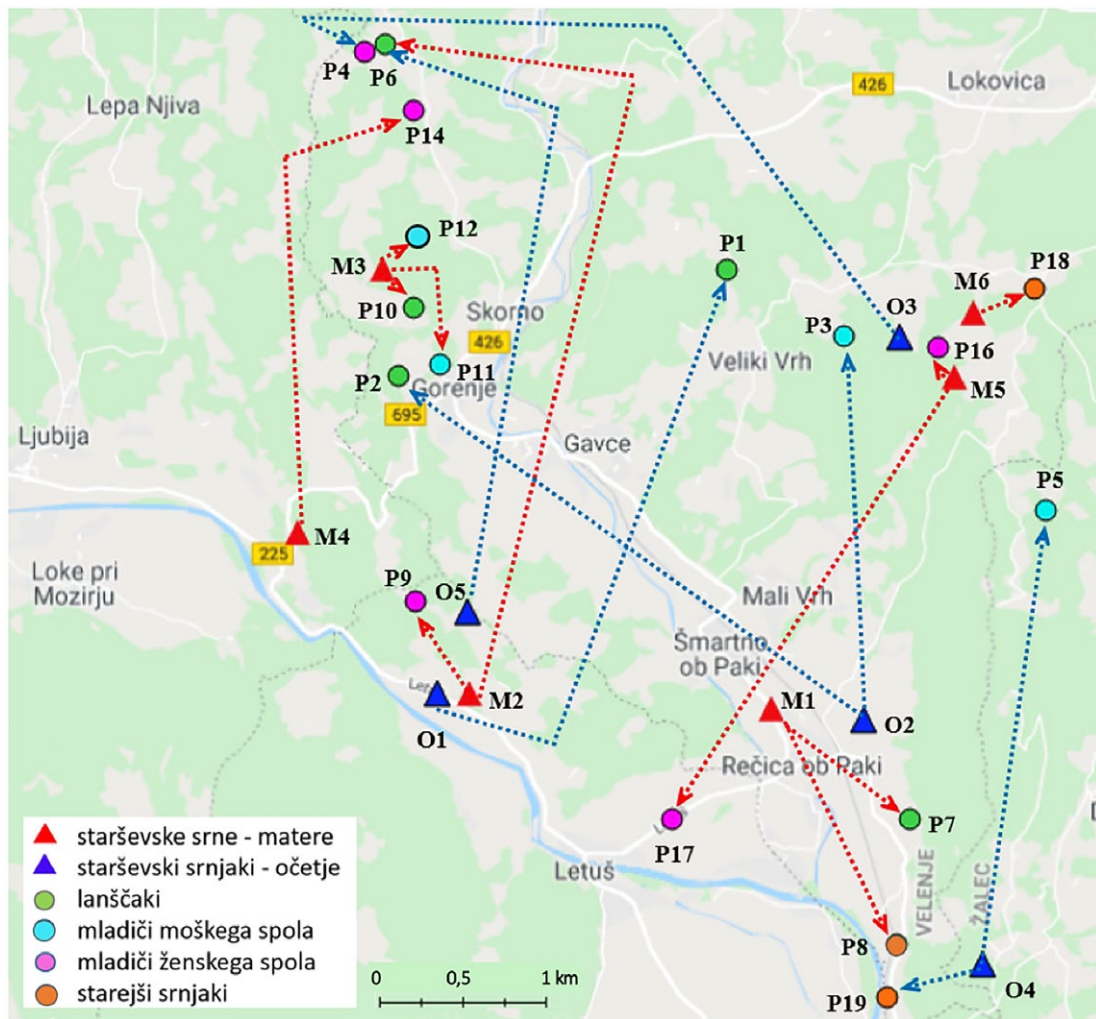
Preglednica 3: Pregled potomcev srnjadi in njihovih potencialnih mater (srn). Prikazana so le sorodstvena razmerja z dovolj veliko zanesljivostjo, tj. verjetnostjo $> 95\%$ ($LOD > 3$) oziroma $> 75\%*$ ($1 < LOD < 3$).

Table 3: Overview of roe deer offspring and their potential mothers (does). Only relations with high reliability, i.e. probability $> 95\%$ ($LOD > 3$) and $> 75\%*$ ($1 < LOD < 3$) are presented.

Oznaka	Potomec			Oznaka	Srna – mati		Razdalja (km) ^a	Vrednost LOD
	Starost	Spol	Datum		Starost	Datum		
P7	1	M	24. 6. 2017	M1	2–4	1. 10. 2017	1,1	4,04
P8	2–4	M	25. 7. 2017	M1	- -	- -	1,8	3,88
P9	0,5	Ž	3. 9. 2017	M2	2–4	30. 9. 2017	0,5	3,21
P6	1	M	1. 5. 2017	M2	- -	- -	4,3	1,69*
P10	1	M	1. 9. 2017	M3	5–7	30. 12. 2017	0,4	8,17
P11	0,5	M	13. 9. 2017	M3	- -	- -	0,9	4,32
P12	0,5	M	17. 2. 2018	M3	- -	- -	0,3	9,23
P14	0,5	Ž	3. 9. 2017	M4	8+	17. 2. 2018	3,2	4,04
P16	0,5	Ž	3. 9. 2017	M5	2–4	3. 9. 2017	0,0	8,60
P17	0,5	Ž	19. 10. 2017	M5	- -	- -	3,9	7,02
P18	2–4	M	4. 6. 2017	M6	8+	2. 9. 2017	0,4	1,03*

^a Zračna razdalja med lokacijama odvzema potomca in njegovega verjetnega starša.

Izvirni znanstveni članek



Slika 2: Lokacije odvzema osebkov srnjadi, za katere smo ugotovili starševske povezave. Rdeče črte označujejo materinsko povezavo, modre pa očetovsko. Prikazani so vsi sorodstveni odnosi z > 75 % verjetnostjo.

Figure 2: Locations of harvested roe deer for which parental relationships were determined. Red lines indicate maternal, and blue lines paternal relationships. All relationships with > 75% probabilities are shown.

bila zelo verjetna očeta po enem lanščaku (P1 oz. P6), srnjak O3 pa z nekoliko manjšo zanesljivostjo mladiču ženskega spola (P4) (preglednica 2, slika 2).

Pri snah devet ugotovljenih povezav nakazuje na zanesljivo starševstvo, za dve pa je zanesljivost povezave manjša, vsekakor pa lahko tudi v tem primeru govorimo o dokaj verjetnem sorodstvu

med osebki. Srednje stara srna M3 je bila zelo verjetna mati trem potomcem (lanščaku P10 in mladičema moškega spola P11 in P12). Tri mlajše srne so bile zelo verjetne matere po dvema potomcema: srna M5 mladičema ženskega spola (P16, P17); srna M1 lanščaku (P7) in mlajšemu srnjaku (P8); srna M2 pa mladiču ženskega spola (P9) in z nekoliko manjšo verjetnostjo tudi lanščaku (P6). Dve stari (8+) srni sta bili

potencialni materi po enemu potomcu: srna M4 mladiču ženskega spola (P14), srna M6 pa z nekoliko manjšo verjetnostjo mlajšemu srnjaku (P18) (preglednica 3, slika 2).

4 Razprava

Srnjad je teritorialna vrsta, pri kateri velikost življenjskega okoliša (angl. *home range*) odraslih osebkov le redko presega nekaj 10 ali največ 100–200 ha (zbrano v Hewison in sod., 1998; Liberg in sod., 1998). Zaradi tega in praviloma zelo kratkih dnevnih ter tudi sezonskih premikov/selitev (*ibid.*) lahko privzamemo, da lokacija odvzema določenega osebka dobro odraža območje njegovega življenjskega okoliša. Lokacije odvzema zelo verjetnih staršev (srn in srnjakov) in njihovih potencialnih potomcev ter oddaljenosti med njimi so prikazane na sliki 2. Z nje je opaziti, da so bile lokacije odvzema potomcev tako v primeru lanščakov kot tudi mladičev obeh spolov precej oddaljene od krajev odvzema srnjakov, njihovih verjetnih očetov. Za vse tri lanščake (P1, P2, P6) so zračne razdalje lokacij njihove smrti od krajev odvzema verjetnih očetov (v članku zaradi lažje berljivosti uporabljamo poenostavljen izraz: razdalja) presegale 3,6 km; za mladiče so bile razdalje od 3,0 km (P3) do 4,3 km (P4). Tako velike oddaljenosti potomcev od srnjakov – očetov, ki bistveno presegajo povprečno velikost njihovega življenjskega okoliša (poenostavimo lahko, da 100–200 ha veliko območje meri 1–1,5 x 1–1,5 km), sovpadajo s teritorialno razmnoževalno strategijo odraslih, zlasti starejših srnjakov (Sempere in sod., 1996; Liberg in sod., 1998). Le-ti spomladi vzpostavijo teritorij, ki ga aktivno branijo in ga praviloma ne zapuščajo vsaj do poznega poletja (Sempere in sod., 1996; Krže, 2000). V teritorialnem obdobju so srnjaki zelo agresivni do drugih samcev; agresivno vedenje (zlasti starejših) srnjakov je prvenstveno usmerjeno proti drugim odraslim srnjakom, zlasti v zgodnjem obdobju vzpostavljanja teritorijev pa tudi proti juvenilnim oz. spolno še nezrelim osebkom – lanščakom (Van-Moorter in sod.,

2008). Srnjaki jih tedaj pogosto preganjajo, pri čemer so bolj agresivni do lanščakov z daljšim rogovjem. Dolžina šil je namreč v pozitivni soodvisnosti z velikostjo mod, zato je velikost rogovja lanščakov kazalnik, kateri med njimi bi bili v prihodnosti lahko razmnoževalno konkurenčnejši teritorialnim srnjakom; predvsem take želijo pregnati iz svojega teritorija (Wahlström, 1994). Zato se predvsem enoletni samci med mladostno disperzijo (disperzija v ekologiji pomeni premike brez vrnitve) odseljujejo zunaj območja poleganja oz. stran od starševskega teritorija (Van-Moorter in sod., 2008), v skrajnem primeru tudi več kot 100 km daleč (Wahlström, 1994; Wahlström in Liberg, 1995).

Disperzija lanščakov, ki so v svojem drugem letu življenja v obdobju spolnega dozorevanja, je lahko pojasnilo za njihove relativno velike oddaljenosti od očetov. Vendar pa prostorski premiki, povezani z disperzijo, ne morejo pojasniti podobno velikih oddaljenosti (3,0–4,3 km) mladičev od očetov, saj so v jesenskem času mladiči še tesno povezani s srnami – materami in ne zapuščajo območij, kjer so bili poleženi (Hewison in sod., 1998; Krže, 2000). Velike oddaljenosti lokacij odvzema mladičev od krajev odvzema njihovih verjetnih očetov lahko pojasnimo z drugo prostorsko značilnostjo srnjadi: v obdobju parjenja, ko srnjaki branijo svoje teritorije, se srne pogosto odpravijo na daljše paritvene izlete izven svojih življenjskih okolišev, kamor se vrnejo takoj po oploditvi (Liberg in sod., 1998; Bocci in sod., 2013; Debeffe in sod., 2014). Zato so lahko mladiči poleženi tudi daleč stran od očetov, v samo nekaj 10 ha velikem območju poleganja oz. teritoriju matere pa nato živijo vse do disperzije, in so v jesenskem času oz. pred tvorbo zimskih tropov praviloma zelo oddaljeni od srnjakov – očetov, kar potrjujejo tudi naši rezultati (slika 2).

Pri oddaljenosti potomcev od srn – mater je slika precej drugačna. Večina potomcev (P7, P9–P12, P16, P18) je bila odvzeta na oddaljenosti

Izvirni znanstveni članek

do 1 km od lokacije odvzema srne – matere. Izjema sta dva mladiča ženskega spola, ki sta bila odvzeta na večji oddaljenosti od mater, a je bila v obeh primerih zelo specifična situacija. Zelo shirana srna (M5) z vidnimi bolezenskimi znaki (driskavost, telesna masa z glavo in nogami 10,5 kg) je bila skupaj z mladičem ženskega spola (P16) v hribovitem delu lovišča odstreljena 3. 9. 2017, drugi mladič (P17) pa je bil povožen 19. 10. 2017 v ravninskem delu lovišča, skoraj 4 km stran; očitno se je po izgubi matere premaknil zunaj območja poleganja. Tudi v drugem primeru je bila srna (M4) shirana, driskava in anemična, le da je bil v tem primeru mladič (P14) odstreljen 3. 9. 2017 na severozahodnem delu lovišča, srna v zadnjem štadiju pred smrtjo pa 17. 2. 2018 več kot 3 km stran ob reki Savinji. V obeh primerih so bili zanimivi vzročno-posledične dejavnike, ki kažejo, da je za razumevanje prostorskih premikov osebkov poleg splošnih značilnosti vrste treba upoštevati tudi individualne dejavnike, za kar je pogoj dostop do celostnih podatkov in njihovo razumevanje. Na večji oddaljenosti (4,3 km) od srne – matere (M2) je bil 1. 5. 2017 odvzet tudi lanščak (P6), ki se je tedaj na lokaciji odvzema pojavil skupaj s še dvema enoletnima srnjakoma, kar lahko pojasnimo z znano disperzijo samcev v obdobju spolnega dozorevanja tudi na daljše razdalje (Wahlström, 1994; Wahlström in Liberg, 1995).

Zanesljivost in relevantnost uporabljene metode za določitev sorodstvenih (starševskih) razmerij poleg kontrolne genotipizacije zarodkov in njihov mater (poglavje 2.4) potrjuje tudi ugotovljena bližina lokacij odvzema srn – mater in verjetnih potomcev (predvsem mladičev). Za srnjad je namreč značilno, da si mladiči v prvem letu življenja popolnoma delijo svoje območje aktivnosti z domačim okolišem matere (angl. *maternal home range*). V starosti približno enega leta pa se od njih ločijo: lahko še naprej živijo v bližini in se območja srn – mater in enoletnih osebkov prekrivajo ali pa se slednji med disperzijo odselijo v druga, bolj ali manj oddaljena območja (Coulon in sod., 2006).

Pogosto sicer ostanejo v bližini okoliša matere, a se premaknejo v habitat slabše kakovosti, kar je posledica teritorialnega vedenja starejših srn. Stopnja mladostne disperzije (angl. *natal dispersal rate*) srnjadi, tj. delež juvenilnih osebkov, ki se odseli, je od 20 % do 95 % in je predvsem odvisna od števila mladičev, populacijske gostote ter kakovosti habitata (Van-Morteer in sod., 2008). Čeprav je znano, da se ekstremno daleč odseljujejo predvsem lanščaki (Wahlström, 1994; Wahlström in Liberg, 1995), pa na splošno dolžina mladostne disperzije oz. oddaljenost drugotnega življenjskega okoliša od območja poleganja ni odvisna od spola (Coulon in sod., 2006). V naši raziskavi smo sicer poleg enajstih lanščakov genotipizirali tudi pet mladic (enoletnih srn), a za nobeno nismo ugotovili značilne sorodstvene povezave s srnjaki – očeti ali srnami – materami, zato v razpravo niso vključene. So pa za mladice bolj kot disperzija značilne sezonske migracije, ko spomladi zapustijo območje poleganja in se vanj vrnejo jeseni (Dingle in sod., 2007).

Predhodna prostorska analiza genetske strukture srnjadi v lovišču Oljka, ki je bila narejena na primerljivem vzorcu, je pokazala delno strukturiranost populacije z nakazanim vplivom prostorskih pregrad: reke Pake, železniške proge in antropogene oz. polurbane krajine v ravninskem dnu lovišča (Sternad, 2018; Bužan in sod., 2019a, 2019b). Tudi prostorski prikaz sorodstvenih povezav (slika 2) nakazuje, da se sorodni osebkovi grupirajo na eni ali drugi strani ovir (severovzhodna vs. jugozahodna skupina). Vendar smo tudi prek ovir zaznali genski pretok oz. prehajanje sorodnih osebkov (staršev in potomcev), npr. že opisan, z boleznijo povezan par M4–P14 (potomec je bila srnica), a tudi parov O1–P1, O2–P2, O5–P6 in M2–P6. V teh štirih primerih so prek krajinskih ovir prešli lanščaki (verjetno v obdobju disperzije), kar kaže na njihov velik pomen za pretok genov, posledično pa tudi na potrebo po zelo premišljenem poseganju med juvenilne samce – mladiče in lanščake (Pokorny, 2000).

Izmed 61 analiziranih živali jih je bilo 28 udeleženih v starševskih odnosih, in sicer kot starši pet srnjakov (36 % analiziranih) in šest srn (60 %), kot potomci pa trije mladi srnjaki (21 %), pet lanščakov (45 %), štiri mladiči moškega spola (40 %) in pet mladičev ženskega spola (45 %), pa nobena mladica ali odrasla srna. Oba starša smo določili le za enega lanščaka (P6). Čeprav je mnogo sorodstvenih razmerij ostalo spregledanih, pa velika intenzivnost vzorčenja vendarle omogoča pridobitev nekaterih informacij, povezanih z ekološkimi značilnostmi vrste in znaki življenjskih strategij, kot je, npr., razmnoževalni potencial posameznih osebkov in populacije. Zanimivo je, da je bilo v relativnem pomenu kot verjetnih staršev prepoznanih skoraj za polovico manj srnjakov – očetov kot srn – mater (36 % vs. 60 %). Seveda to velja le v kombinaciji s potomci, ki smo jih tudi zajeli v vzorec. Pa vendar so razlike indikativne; ob manjšem številu analiziranih srn v primerjavi s srnjaki, a večjem številu potrjenih starševstev zanje lahko sklepamo, da je razmnoževalni potencial srn zelo velik. To potrjujejo tudi domače raziskave plodnosti srn: v povprečju lahko imajo odrasle srne vsako leto v leglu skoraj dva mladiča (Flajšman, 2017; Flajšman in sod., 2017). Zdi se, da je njihov razmnoževalni potencial precej večji kot od samcev, za katere je paritveni uspeh odvisen od številnih dejavnikov (zbrano v Andersen in sod., 1998). Zaradi krajše življenjske dobe srnjakov v primerjavi s srnami, kar je poleg drugačnega lovnege pritiska (Pokorny, 2009) tudi posledica drugačne življenjske strategije, katere posledica je hitrejša obrabljanje zobovja samcev prostoživečih parkljarjev (Loe in sod., 2003; Høye, 2006), ima posamezen srnjak v povprečju manjši vseživljenjski paritveni uspeh oz. manj potomcev, na katere prenaša svoje gene. Zato je zelo pomembno, da z upravljavskimi ukrepi skrbimo za ustrezno (dovolj veliko) zastopanost starejših srnjakov v populaciji, za katere se tudi na podlagi naših rezultatov zdi, da imajo precej večji razmnoževalni potencial kot mladi (preglednica 2).

5 Zaključek

Pričujoča študija predstavlja eno prvih genetskih raziskav srnjadi v Sloveniji; čeprav je bilo vzorčenje zelo intenzivno (v analize smo vključili 73 % vseh odvzetih osebkov v proučevanem obdobju), je bilo vendarle relativno kratko (deset mesecev, od maja 2017 do februarja 2018). Zato so rezultati in ugotovitve predvsem preliminarnega značaja, glavni fokus začetne raziskave pa je bil na možnosti uporabe in kasnejše širše vpeljave (implementacije) molekularno-genetskih metod v proces upravljanja populacij divjadi. V prispevku smo se omejili na relativno ozko področje (ugotavljanje sorodnosti med osebki), ki pa je lahko zelo zanimivo in pomembno tudi za končne uporabnike. Z lahko razumljivimi in nazorno prikazanimi informacijami je namreč najlažje razumeti ves strokovni in upravljavski potencial sodobnih raziskovalnih metod (v tem primeru molekularne genetike). Poleg tega prav neposredna (sorodstvena) razmerja med osebki nudijo dober vpogled v pomembne ekološke značilnosti vrst(e), kot so razmnoževalni potencial in prostorsko vedenje osebkov in/ali populacij. Tudi zato so genetske analize, s katerimi smo začeli v modelnem lovišču, zelo pomembne za smotno in trajnostno upravljanje populacij, saj omogočajo razumevanje v preteklosti skritih odnosov, ki so ključni za ohranitev in spodbujanje čim bolj naravnih ter z okoljem usklajenih procesov v populacijah.

6 Povzetek

Evropska srna je v Sloveniji in celotnem evropskem prostoru najpomembnejša vrsta divjadi in je ena ključnih vrst kopenskih ekosistemov. Kljub temu do nedavnega pri nas ni bilo genetskih analiz te vrste, zato so genetska struktura populacije in druge lastnosti, ki jih lahko ugotavljamo z molekularnimi orodji, domala neznane. V pričujoči raziskavi smo z uporabo molekularnih označevalcev skušali določiti sorodstvena (starševska) razmerja srnjadi v modelnem in po krajinsko-ekoloških značilnostih tipičnem lovišču osrednje Slovenije

Izvirni znanstveni članek

(Oljka, Šmartno ob Paki; Savinjsko-Kozjansko lovskoupravljavsko območje). Na območju modelnega lovišča so številne motnje in ovire, ki potencialno vplivajo na prostorsko vedenje srnjadi, zato smo želeli: (i) določiti sorodstvo srnjadi v tem lovišču; (ii) oceniti genski pretok in vpliv potencialnih ovir na prostorske premike (juvenilnih) osebkov; (iii) ugotoviti morebitne razlike v vzorcu disperzije med obema spoloma in razlike v oddaljenosti lokacij odvzema potomcev od lokacij staršev (srn vs. srnjakov).

Analizirali smo 61 osebkov srnjadi oz. 73 % vseh odvzetih v obdobju maj 2017 – februar 2018. V analizo je bilo vključenih 10 odraslih, tj. dve- in večletnih srn (16 %), 14 odraslih srnjakov (23 %), 5 mladic (8 %), 11 lanščakov (18 %), 11 mladičev ženskega spola (18 %) in 10 mladičev moškega spola (16 %). Za potrditev zanesljivosti določanja materinstva smo analizirali tudi štiri povožene srne in sedem zarodkov. Celotno DNA iz svežega tkiva smo izolirali po protokolu *PeqGold Tissue DNA Mini Kit*, za genetsko analizo smo uporabili 13 mikrosatelitnih lokusov. Analizo sorodstvenih vezi oz. povezav starši–potomec smo izvedli v računalniškem programu *Cervus 3.0*, ki s pomočjo določitve statistične verjetnosti na podlagi genotipa opredeli potencialno starševstvo. Genotipizirani lokusi so v povprečju vsebovali 6,8 alela (razpon 2–10), kar nakazuje zmerno genetsko variabilnost populacije. To so potrdile tudi vrednosti opažene heterozigotnosti (H_o), ki so bile od 0,366 do 0,875 in niso značilno odstopale od pričakovane heterozigotnosti (H_e ; med 0,398 in 0,863).

Test sorodstvenih razmerij je prepoznal pet zelo verjetnih očetov (srnjakov), šest potencialnih mater (srn) in 17 potomcev (mladičev obeh spolov, enoletnih samcev – lanščakov in mlajših srnjakov); skupaj smo prepoznali 18 morebitnih sorodstvenih razmerij, samo za enega lanščaka smo v vzorec zajeli očeta in mater. Lokacije odvzema potomcev so bile tako v primeru lanščakov kot mladičev obeh spolov precej oddaljene od krajev odvzema srnjakov, njihovih verjetnih očetov: za vse lanščake so presegle 3,6 km, za mladiče pa so bile

3,0–4,3 km. Tako velike oddaljenosti potomcev od srnjakov – očetov, ki bistveno presegajo njihovo povprečno velikost življenjskega okolija, sovpadajo s teritorialnim oz. agresivnim vedenjem odraslih, zlasti starejših srnjakov do drugih samcev. Zato se predvsem enoletni srnjaki med mladostno disperzijo odseljujejo zunaj območja poganja oz. stran od teritorija srnjakov – očetov. Velike oddaljenosti lokacij odvzema mladičev od krajev odvzema njihovih verjetnih očetov so po vsej verjetnosti posledica daljših paritvenih izletov srn izven njihovih življenjskih okolijev, kamor se vrnejo takoj po oploditvi. Prostorska vez med srnami in mladiči je bistveno močnejša: večina potomcev je bila odvzetih na oddaljenosti do 1 km od lokacije odvzema srne – matere; izjema sta dva mladiča shiranih in obolelih srn, ki sta bila odvzeta na precej večji oddaljenosti. Slednje kaže, da je za razumevanje prostorskih premikov osebkov poleg splošnih značilnosti vrste treba upoštevati tudi individualne dejavnike.

Sorodni osebki so se praviloma grupirali na eni ali drugi strani najpomembnejših ovir v lovišču (reka Paka, železniška proga in polurbana krajina v ravninskem delu lovišča). Vendar smo tudi prek ovir zaznali prehajanje sorodnih osebkov, a skoraj izključno lanščakov, kar kaže na njihov velik pomen za pretok genov, posledično pa tudi na potrebo po zelo premišljenem poseganju med juvenilne samce – mladiče in lanščake. Rezultati tudi kažejo, da ima posamezen srnjak v povprečju manjši vseživljenjski paritveni uspeh oz. manjše število potomcev, kot jih imajo srne: v relativnem pomenu je bilo kot verjetnih staršev prepoznanih skoraj za polovico manj srnjakov (36 %) kot srn (60 %). Zato je zelo pomembno, da skrbimo za ustrezno (dovolj veliko) zastopanost starejših srnjakov v populaciji, saj imajo večji razmnoževalni potencial kot mladi srnjaki.

Poznane lokacije odvzema, pridobljene iz lovskoinformacijskega sistema, in prepoznana sorodstvena razmerja omogočajo sklepanje o prostorskem vedenju posameznih osebkov (disperzija enoletnih samcev – lanščakov,

paritveni izleti srn) ter tako pomembno prispevajo k poznavanju ekoloških značilnosti vrste. Možnost vpogleda v (sorodstvena) razmerja med osebki, ki so zanimiva tudi za lovce kot končne uporabnike, prispeva k popularizaciji sodobnih molekularno-genetskih orodij in metod ter posledično k njihovi vpeljavi v vsakdanjo prakso upravljanja populacij. Genetske analize, s katerimi smo začeli v modelnem lovišču, so zelo pomembne za smotno in trajnostno upravljanje populacij, saj omogočajo razumevanje v preteklosti skritih odnosov, ki so ključni za ohranitev in spodbujanje čim bolj naravnih ter z okoljem usklajenih procesov v populacijah.

7 Summary

European roe deer (*Capreolus capreolus*) is one of the key species of terrestrial ecosystems and is the most important game species not only in Slovenia but rather in the majority of European countries. However, due to a lack of genetic studies in roe deer in our country until very recently, population genetic structure and other features that can be identified by molecular markers has been unknown. In this study, we used molecular markers to study genetic relatedness of roe deer in the model and – considering landscape-ecological characteristics – a typical hunting ground of central Slovenia (Oljka, Šmartno ob Paki; Savinjsko-Kozjansko hunting management district). In this hunting ground, there are several barriers which may affect spatial behaviour of roe deer; therefore, we aimed to: (i) determine relatedness of roe deer within the hunting ground; (ii) assess the gene flow and the effect of potential barriers on movement of juveniles; (iii) determine potential differences in the dispersal pattern between sexes and differences in the distance of the harvesting locations of offspring from harvesting locations of their parents according to sex (bucks vs. does).

We analysed 61 samples of roe deer, i.e. 73% of all individuals harvested during regular hunting allocations in the period May 2017 – February 2018. The following groups were included in the

analysis: 10 adult females (16%), 14 adult males (23%), 5 yearling females (8%), 11 yearling males (18%), 11 female fawns (18%), and 10 male fawns (16%), respectively. Aiming to confirm the reliability of the method for determining maternity we analysed also four road-killed females together with seven fetuses. Total DNA was isolated from the fresh muscular sample by using PeqGold Tissue DNA Mini Kit protocol, and 13 microsatellite loci were analysed. Analysis of relatedness, i.e. parent-offspring relations was made by Cervus 3.0 software, which recognizes potential parenthood based on statistical likelihood of the comparability of genotypes. At average, genotyped loci had 6.8 alleles (range: 2–10) which indicates moderate genetic variability of the studied population. This was confirmed by the values of observed heterozygosity (H_o) which were between 0.366 and 0.875, and they did not differ significantly from the expected heterozygosity (H_e : 0.398–0.863).

Analysis of relatedness revealed five potential fathers (bucks), six mothers (does), and 17 offspring (fawn of both sexes, male yearlings, and young male adults, respectively); in total, we found 18 relationships, but for only one yearling we determined both parents. Harvesting locations of offspring were very distant from harvesting locations of their fathers: >3.6 km away for yearlings, and 3.0–4.3 km for fawns. Such distances between mortality locations of offspring and their potential fathers which are much larger than their average home range may be explained by the territorial, i.e. aggressive behaviour of adult, and particularly older bucks towards other males. Due to this, primarily yearling males disperse outside their natal home range. On the other side, long distances of harvesting locations of fawns from their potential fathers may be the consequence of long-distance mating excursions of roe deer females outside their home ranges in which they, however, return soon after the successful mating. Therefore, the spatial connection between does and their fawns is much stronger comparing to bucks; indeed, the majority of offspring was harvested <1 km from

Izvirni znanstveni članek

the harvesting locations of their potential mothers. The exceptions were two females which were in a very poor body condition (very low body mass, diarrhea, anemia); their offspring were culled on a much longer distances from mortality locations of does which indicates that individual characteristics may affect the general pattern of spatial behaviour and moving ecology of roe deer.

In our study, related individuals generally grouped on either side of the most important barriers (river Paka, railway, suburban landscape in the lower part of the hunting ground). However, we confirmed migrations also over these barriers, and vagrants were as a rule yearling male. This indicates huge importance of subadult males for the gene flow, and consequently calls for a very thoughtful management/harvest of juvenile males, both fawns and yearlings. Moreover, our results indicate that individual male has at average a lower lifetime mating success, i.e. he produces less offspring in comparison with a female; indeed, in relative terms twofold more does (60% of all analysed) as bucks (36%) were recognized as potential parents. Therefore, it is very important that adequate (i.e. large enough) number of older bucks is present in the population as they obviously have higher reproductive potential comparing to younger males.

By knowing exact locations of the harvest obtained from the hunting informational system and with having relatedness data, also spatial behaviour of individuals can be recognized (e.g. dispersion of subadult males – yearlings; reproductive excursions of does). Such information enables better insight into ecological features of the species. The potential of molecular markers to

clarify the relatedness among individuals, which is of high interest for hunters as end-users, may contribute to popularization of modern molecular genetic tools and methods, and consequently enables their wider implementation in the population management practices. As such, genetic analyses that we started recently in the model hunting ground are very important for reasonable and sustainable population management as they help to understand formerly unknown relationships which are essential for preserving evolutionary developed and harmonized processes in wildlife populations.

8 Zahvala

Izvedbo raziskave so omogočila finančna sredstva raziskovalnega programa Evropske unije Obzorje 2020 – projekt StarBios2 (Strukturne spremembe za odgovorno bioznanost), COST akcije G-Bike (Nova evropska mreža o genomski biodiverziteti za odporne ekosisteme), ciljnega raziskovalnega projekta (CRP Divjad v naseljih, na cestah in drugih nelovnih površinah: težave, izzivi in rešitve; V4–1825), ki ga financirata Ministrstvo za kmetijstvo, gozdarstvo in prehrano ter Javna agencija za raziskovalno dejavnost RS, in sredstva programskih skupin P1–0386 (Varstvena biologija od molekul do ekosistema) ter P4–0107 (Gozdna biologija, ekologija in tehnologija), katerih člana sta EB in BP. Hvaležni smo vsem lovcem Lovske družine Oljka, Šmartno ob Paki, ki so pomagali zbirati vzorce odvzete srnjadi, za pomoč pri laboratorijskem delu pa sodelavkam z UP FAMNIT, dr. Lauri Iacollini in Sandri Potušek. Zahvaljujemo se recenzentoma, dr. Maji Jelenčič in dr. Nikici Špremu, za pripombe in usmeritve, ki so bistveno izboljšale prvotno različico članka.

9 Viri

Andersen, R., Duncan, P., Linnell, J. D. C. (ur.). 1998. The European roe deer: the biology of success. Oslo, Scandinavian University Press: 376 str.

Apollonio, M., Andersen, R., Putman, R. (ur.). 2010. European ungulates and their management in the 21th century. New York, Cambridge University Press: 604 str.

- Baker, K. H., Hoelzel, A. R. 2013. Evolution of population genetic structure of the British roe deer (*Capreolus capreolus*) by natural and anthropogenic processes. *Ecology and Evolution*, 3: 89–102.
- Bocci, A., Aiello, V., Lovari, S. 2013. Excursion behaviour of female roe deer may depend on density. *Behavioural Processes*, 97: 18–20.
- Bužan, E., Flajšman, K., Pokorny, B. 2019a. Spatial patterns of immunogenetic and neutral variation influence on selected fitness parameters in roe deer. V: Borowski, Z. (ur.). 8th European Congress of Mammalogy. Book of abstracts. Warsaw, University of Warsaw: 84.
- Bužan, E., Potušek, S., Flajšman, K., Pokorny, B. 2019b. Genetska struktura srnjadi v Sloveniji: krajinsko pogojene razlike in vpliv fragmentacije prostora. V: Pokorny, B. (ur.). Spreminjanje in izgubljanje življenjskega prostora divjadi. Zbornik izvlečkov. Gornja Radgona, Lovska zveza Slovenije: 16.
- Cote, J., Bestion, E., Jacob, S., Travis, J., Legrand, D., Bagnette, M. 2017. Evolution of dispersal strategies and dispersal syndromes in fragmented landscapes. *Ecography*, 40: 56–73.
- Coulon, A., Cosson, J. F., Morellet, N., Angibault, J. M., Cargnelutti, B., Galan, M., Hewison, A. J. M. 2006. Dispersal is not female biased in a resource-defence mating ungulate, the European roe deer. *Biological Sciences*, 273: 341–348.
- Danilkin, A. 1996. Behavioural ecology of Siberian and European roe deer. London, Chapman and Hall: 278 str.
- Debeffe, L., Focardi, S., Bonenfant, C., Hewison, A. J. M., Morellet, N., Vanpè, C., Heurich, M., Kjellander, P., Linnell, J. D. C., Mysterud, A., Pellerin, M., Sustr, P., Urbano, F., Cagnacci, F. 2014. A one-night stand? Reproductive excursions of female roe deer as a breeding dispersal tactic. *Oecologia*, 176: 431–443.
- Dingle, H. 2007. What is migration? *Bioscience*, 57: 113–121.
- Flajšman, K., 2017. Effects of individual, population and environmental factors on reproductive success of roe deer. Doktorska disertacija. Ljubljana, Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta: 125 str.
- Flajšman, K., Jerina, K., Pokorny, B. 2017. Age-related effects of body mass on fertility and litter size in roe deer. *PLoS One* 12(4): e0175579.
- Flajšman, K., Borowik, T., Pokorny, B., Jedrzejewska, B. 2018. Effects of population density and female body mass on litter size in European roe deer at a continental scale. *Mammal Research*, 63: 91–98.
- Hanski, I., Gaggiotti, O. E. 2004. Metapopulation biology – past, present, and future: Ecology, genetics, and evolution of metapopulations. V: Hanski, I., Gaggiotti, O. E. (ur.). Ecology, genetics, and evolution of metapopulations. San Diego, Academic Press: 3–22.
- Hartl, G. B., Hewison, A. J. M., Apollonio, M., Kurt, F., Wiehler, J. 1998. Genetics of European roe deer. V: Andersen, R., Duncan, P., Linnell, J. D. C. (ur.). The European roe deer: the biology of success. Oslo, Scandinavian University Press: 71–90.
- Hewison, A. J. M., Danilkin, A. 2001. Evidence for separate specific status of European (*Capreolus capreolus*) and Siberian (*C. pygargus*) roe deer. *Mammalian Biology*, 66: 13–21.
- Hewison, A. J. M., Vincent, J. P., Reby, D. 1998. Social organisation of European roe deer. V: Andersen, R., Duncan, P., Linnell, J. D. C. (ur.). The European roe deer: the biology of success. Oslo, Scandinavian University Press: 189–220.

Izvirni znanstveni članek

Hewison, A. J. M., Vincent, J. P., Angibault, J. M., Delorme, D., Van Laere, G., Gaillard, J. M. 1999. Tests of estimation of age from tooth wear on roe deer of known age: variation within and among populations. *Canadian Journal of Zoology*, 77: 58–67.

Høye, T. T. 2006. Age determination in roe deer – a new approach to tooth wear evaluated on known age individuals. *Acta Theriologica*, 51: 205–214.

Jarnemo, A. 2004. Predation processes: behavioural interactions between red fox and roe deer during the fawning season. *Journal of Ethology*, 22: 167–173.

Kalinowsky, S. T., Taper, M. L., Marshall, C. 2007. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology*, 16: 1099–1106.

Kjellander, P., Hewison, A. J. M., Liberg, O., Angibault, J. M., Bideau, E., Cargnelutti, B. 2004. Experimental evidence for density-dependence of home-range size in roe deer (*Capreolus capreolus* L.): a comparison of two long-term studies. *Oecologia* 139: 478–485.

Kos, I., Potočnik, H. 2008. Pomen natančne registracije odvzema srnjadi za načrtovanje nadaljnjih odvzemov – selektivni odstrel vpliva na prirastek pri srnjadi. V: Pokorny, B., Savinek, K., Poličnik, H. (ur.). 1. slovenski posvet z mednarodno udeležbo o upravljanju z divjadjo: srnjad. Zbornik povzetkov. Velenje, ERICO: 17–19.

Krže, B. 2000. Srnjad: biologija, gojitev, ekologija (Zlatorogova knjižica, 27). Ljubljana, Lovska zveza Slovenije: 271 str.

Liberg, O., Johansson, A., Andersen, R., Linnell, J. D. C. 1998. Mating system, mating tactics and the function of male territoriality in roe deer. V: Andersen, R., Duncan, P., Linnell, J. D. C. (ur.). *The European roe deer: the biology of success*. Oslo, Scandinavian University Press: 221–256.

Linnell, J. D. C., Andersen, R. 1995. Site tenacity in roe deer: short term effects of logging. *Wildlife Society Bulletin*, 23: 31–36.

Loe, L. E., Mysterud, A., Langvatn, R., Stenseth, N. C. 2003. Decelerating age and sex-dependent tooth wear in Norwegian red deer. *Oecologia*, 135: 346–353.

Lorenzini, R., Garofalo, L., Qin, X., Voloshina, I., Lovari, S. 2014. Global phylogeography of the genus *Capreolus* (Artiodactyla: Cervidae), a Palearctic meso-mammal. *Zoological Journal of Linnean Society*, 170: 209–221.

Marshall, T. C., Slate, J., Kruuk, L. E. B., Pemberton, J. M. 1998. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Molecular Ecology*, 7: 639–655.

Matosiuk, M., Borkowska, A., Świslocka, M., Mirski, P., Borowski, Z., Krysiuk, K., Danilkin, A. A., Zvychaynaya, E. Y., Saveljev, A. P., Ratkiewicz, M. 2014. Unexpected population genetic structure of European roe deer in Poland: an invasion of the mtDNA genome from Siberian roe deer. *Molecular Ecology*, 23: 2559–2572.

Olano-Marin, J., Plis, K., Sönnichsen, L., Borowik, T., Niedziałkowska, M., Jędrzejewska, B. 2014. Weak population structure in European roe deer (*Capreolus capreolus*) and evidence of introgressive hybridization with Siberian roe deer (*C. pygargus*) in Northeastern Poland. *PLoS One*, 9(10): e109147.

Oslis. 2019. <http://oslis.gozdis.si> (datum dostopa: 3. 11. 2019).

- Panzacchi, M., Linnell, J. D. C., Odden, M., Odden, J., Andersen, R. 2009. Habitat and roe deer fawn vulnerability to red fox predation. *Journal of Animal Ecology*, 78: 1124–1133.
- Pokorny, B. 2000. Je povečan odstrel mladičev srnjadi smiseln? *Lovec*, 83: 322–325.
- Pokorny, B. 2002. Lovskogospodarski načrt za lovišče Oljka, Šmartno ob Paki, za obdobje 2002–2006. Velenje, Lovska družina Oljka: 45 str.
- Pokorny, B. 2009. Kako še izboljšati upravljanje s srnjadjo v Sloveniji? *Lovec*, 92: 130–134.
- Pokorny, B., Jerina, K., Jelenko, I. 2012. Zanesljivost makroskopskega (okularnega) ocenjevanja starosti jelenjadi (*Cervus elaphus* L.) v Sloveniji: preizkus s štetjem letnih prirastnih plasti zobnega cementa. *Zbornik gozdarstva in lesarstva*, 97: 3–18.
- Pokorny, B., Al Sayegh-Petkovšek, S., Flajšman, K. 2017. Ekosistemska vloga, pomen in vplivi prostoživečih prežvekovalcev. *Gozdarski vestnik*, 9: 360–372.
- Ratcliffe, P. R., Mayle, B. 1992. Roe deer biology and management. *Forestry Commission Bulletin*, 105: 1–28.
- Sempéré, A. J., Sokolov, V. E., Danilkin, A. A. 1996. *Capreolus capreolus*. *Mammalian Species*, 538: 1–9.
- Stergar, M., Pokorny, B., Jelenko, I., Jerina, K., 2012. Možnosti izpopolnitve kontrolne metode v Sloveniji za še boljše upravljanje z divjadjo. *Lovec*, 95: 125–128.
- Sternad, M. 2018. Populacijska struktura in ocena sorodnosti evropske srne v modelnem lovišču Oljka. Zaključna naloga. Koper, Univerza na Primorskem, Fakulteta za matematiko, naravoslovje in informacijske tehnologije: 19 str.
- Van Moorter, V., Gaillard, J. M., Hewison, A. J. M., Said, S., Coulon, A., Delorme, D. 2008. Evidence for exploration behaviour in young roe deer (*Capreolus capreolus*) prior to dispersal. *Ethology, Ecology and Evolution*, 20: 1–15.
- Vernesi, C., Pecchioli, E., Caramelli, D., Tiedemann, R., Randi, E., Bertorelle, G. 2002. The genetic structure of natural and reintroduced roe deer (*Capreolus capreolus*) populations in the Alps and central Italy, with reference to the mitochondrial DNA phylogeography of Europe. *Molecular Ecology*, 11: 1285–1297.
- VWR – Instruction Manual. 2018. [https://si.vwr.com/assetsvc/asset/sl_SI/id\(17035089\)/contents](https://si.vwr.com/assetsvc/asset/sl_SI/id(17035089)/contents) (datum dostopa: 3. 11. 2019).
- Wahlström, L. K. 1994. The significance of male-male aggression for yearling dispersal in roe deer (*Capreolus capreolus*). *Behavioral Ecology and Sociobiology*, 35: 409–412.
- Wahlström, L. K., Liber, O. 1995. Patterns of dispersal and seasonal migration in roe deer (*Capreolus capreolus*). *Journal of Zoology*, 235: 455–467.

Izvirni znanstveni članek

Priloga

Preglednica P1: Podatki o osebkih srnjadi, ki so bili vključeni v raziskavo.

Table P1: Data on roe deer which were included in the study.

Oznaka vzorca	Potomec / starši	Datum odvzema	Vzrok odvzema	Starost*	Spol	Telesna masa**	Lokacija odvzema	Kvadrant
LME-1	P1	8. 6. 2017	odstrel	1	M	14,5	Veliki Vrh (Slavc)	N2K4
LME-2	O1	23. 6. 2017	cesta	2–4	M	20,0	Slatine (Hrašan)	N0K1
LME-3	P7	24. 6. 2017	odstrel	1	M	18,0	Gora Oljka (rezerve)	N4K0
LME-4	–	24. 6. 2017	odstrel	1	M	12,0	Gora Oljka (Pižorn)	N4K0
LME-5	–	28. 6. 2017	odstrel	1	M	17,5	Slatine (Keramika)	N1K2
LME-6	–	11. 7. 2017	odstrel	1	M	14,0	Gora Oljka (Skornšek)	N0K7
LME-7	–	18. 7. 2017	cesta	1	M	17,0	Slatine (Paška vas)	N1K3
LME-8	P8	25. 7. 2017	odstrel	2–4	M	20,0	Gora Oljka (kamnolom)	N4J9
LME-9	O2	5. 8. 2017	odstrel	8+	M	19,0	Gora Oljka (Log)	N3K1
LME-10	–	5. 8. 2017	odstrel	2–4	M	18,0	Veliki Vrh (Bizovčnik)	N3K3
LME-11	O4	15. 8. 2017	odstrel	5–7	M	17,5	Gora Oljka (Vinca)	N4J9
LME-12	O5	20. 8. 2017	odstrel	2–4	M	19,0	Slatine (Zornik)	N1K1
LME-13	–	22. 8. 2017	odstrel	1	M	17,0	Skorno (Mravljak)	N0K5
LME-14	O3	23. 8. 2017	odstrel	2–4	M	18,5	Veliki Vrh (Sambor)	N4K3
LME-15	P10	1. 9. 2017	odstrel	1	M	12,0	Skorno (Ajdič)	N0K4
LME-16	–	1. 9. 2017	odstrel	5–7	M	16,5	Skorno (Skornšek)	N0K7
LME-17	–	2. 9. 2017	odstrel	0,5	Ž	8,5	Gneč (kamnolom)	N0K3
LME-18	P4	2. 9. 2017	odstrel	0,5	Ž	8,0	Skorno (lovska kočja)	N0K5
LME-19	M6	2. 9. 2017	odstrel	8+	Ž	10,0	Veliki Vrh (Poprask)	N4K4
LME-20	P14	3. 9. 2017	odstrel	0,5	Ž	8,0	Skorno (Napotnik)	N0K5
LME-21	P9	3. 9. 2017	odstrel	0,5	Ž	8,5	Slatine (Farinšek)	N0K2
LME-22	–	3. 9. 2017	odstrel	0,5	Ž	6,0	Skorno (Fuglovec)	M9K3
LME-23	M5	3. 9. 2017	odstrel	2–4	Ž	10,5	Veliki Vrh (Zajc)	N4K3
LME-24	P16	3. 9. 2017	odstrel	0,5	Ž	9,0	Veliki Vrh (Zajc)	N4K3
LME-25	–	4. 9. 2017	odstrel	0,5	M	11,5	Slatine (Keramika)	N1K2
LME-26	–	4. 9. 2017	odstrel	0,5	M	8,5	Skorno (Smodiš)	M9K4
LME-27	–	5. 9. 2017	odstrel	1	Ž	16,5	Veliki Vrh (Bizovčnik)	N3K3
LME-28	–	9. 9. 2017	odstrel	1	Ž	15,0	Slatine (Goričarjevi)	N0K2
LME-29	–	10. 9. 2017	odstrel	2–4	M	17,0	Gora Oljka (Log)	N3K1
LME-30	P11	13. 9. 2017	odstrel	0,5	M	6,5	Skorno (Ažman)	N0K3
LME-31	–	14. 9. 2017	odstrel	1	Ž	10,5	Skorno (Strnad)	N0K5
LME-32	–	16. 9. 2017	odstrel	0,5	Ž	6,0	Skorno (Mravljak)	N0K4
LME-33	P2	17. 9. 2017	odstrel	1	M	15,0	Gneč (kamnolom)	N0K3
LME-34	P3	17. 9. 2017	odstrel	0,5	M	7,0	Veliki Vrh (Bizovčnik)	N3K3

Izvirni znanstveni članek

Oznaka vzorca	Potomec / Datum starš	Datum odvzema	Vzrok odvzema	Starost*	Spol	Telesna masa**	Lokacija odvzema	Kvadrant
LME-35	–	19. 9. 2017	cesta	2–4	Ž	–	Slatine (Letuško polje)	N2K0
LME-36	–	20. 9. 2017	odstrel	5–7	Ž	17,0	Veliki Vrh (Cevzar)	N4K4
LME-37	–	21. 9. 2017	cesta	0,5	Ž	–	Slatine (Hrašán)	N0K1
LME-38	–	21. 9. 2017	odstrel	0,5	M	10,0	Veliki Vrh (Šumlak)	N2K4
LME-39	–	23. 9. 2017	odstrel	2–4	M	17,5	Skorno (Leskovšek)	N1K4
LME-40	M2	30. 9. 2017	odstrel	2–4	Ž	14,0	Slatine (Hrašán)	N1K1
LME-41	–	1. 10. 2017	odstrel	0,5	Ž	11,0	Veliki Vrh (Stanovšek)	N5K4
LME-42	M1	1. 10. 2017	cesta	2–4	Ž	17,5	Šmartno ob Paki (Žohar)	N3K1
LME-43	–	12. 10. 2017	cesta	0,5	Ž	–	Gavce (Vinopodjetje)	N2K2
LME-44	P17	19. 10. 2017	cesta	0,5	Ž	–	Slatine (Letuško polje)	N2K0
LME-45	–	3. 12. 2017	odstrel	0,5	M	11,5	Veliki Vrh (Pungarške)	N2K3
LME-46	–	3. 12. 2017	cesta	0,5	M	–	Slatine (Gorenjski klanec)	N0K2
LME-47	–	20. 12. 2017	odstrel	2–4	Ž	12,0	Skorno (Župan)	N0K5
LME-48	P5	27. 12. 2017	odstrel	0,5	M	12,0	Gora Oljka (Brezovec)	N5K2
LME-49	M3	30. 12. 2017	odstrel	5–7	Ž	17,0	Skorno (Pušnik)	N0K4
LME-50	P6	1. 5. 2017	odstrel	1	M	9,0	Skorno (Župan)	N0K5
LME-51	P19	4. 5. 2017	železnica	2–4	M	–	Gora Oljka (Lipca)	N4J9
LME-52	–	4. 5. 2017	odstrel	1	M	14,0	Skorno (Močevnik)	N0K6
LME-53	–	15. 5. 2017	odstrel	1	Ž	12,0	Skorno (Kraider)	N0K5
LME-54	–	25. 5. 2017	cesta	2–4	M	–	Gora Oljka (Lipca)	N4J9
LME-55	–	31. 5. 2017	odstrel	1	Ž	12,5	Skorno (Mravljak)	N0K5
LME-56	–	31. 5. 2017	odstrel	2–4	M	23,0	Slatine (Monika)	N2K1
LME-57	P18	4. 6. 2017	odstrel	2–4	M	16,0	Veliki Vrh (Stanovšek)	N5K4
LME-58	–	5. 1. 2018	cesta	0,5	M	–	Slatine (Gorenjski klanec)	N0K2
LME-61	P12	17. 2. 2018	neznano	0,5	M	–	Skorno (Zupan)	N0K4
LME-63	M4	17. 2. 2018	bolezen	8+	Ž	11,5	Slatine (Pečnik)	N0K2
LME-64	–	10. 3. 2018	bolezen	5–7	Ž	–	Slatine (Drev)	N2K1

OPOMBE:

*Starostne kategorije (0,5: mladič; 1: enoletna žival; 2–4: mlada odrasla žival; 5–7: srednje stara žival; 8+: stara žival).

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