



Fundusze Europejskie
Infrastruktura i Środowisko



Rzeczpospolita
Polska



Główny Inspektorat
Ochrony Środowiska

Unia Europejska
Fundusz Spójności



Analiza materiału genetycznego i ocena liczebności wilka na stanowiskach monitoringowych

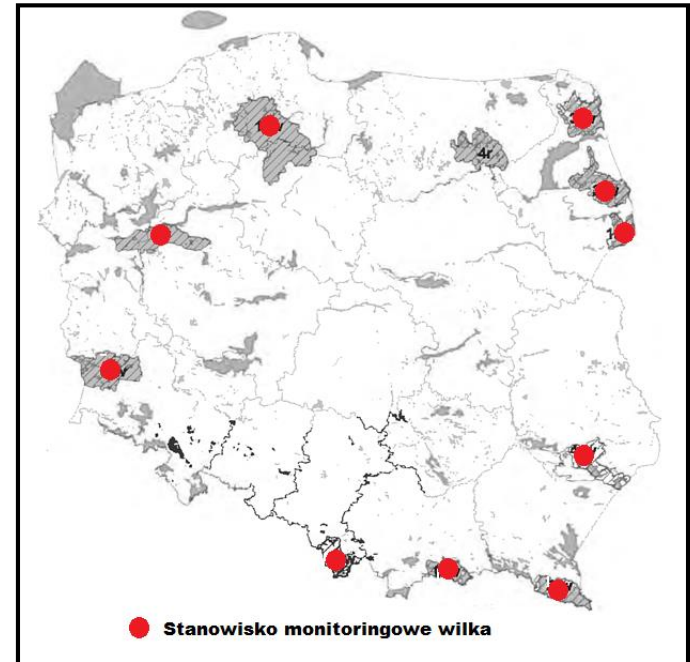
Wojciech Śmietana, Krameko Sp. z o.o.

Seminarium pn. „Pilotażowy monitoring wilka i rysia w Polsce realizowany w ramach Państwowego Monitoringu Środowiska – wstępne wyniki projektu. POIS.02.04.00-00-0040/16”

Warszawa, 15 października 2019 r.

Wprowadzenie

- Ocena liczebności wilka została przeprowadzona w ramach projektu GIOŚ pn. „Pilotażowy monitoring wilka i rysia w Polsce realizowany w ramach Państwowego Monitoringu Środowiska” POIS.02.04.00-00-0040/16
- Celem oceny liczebności było określenie zagęszczenia (parametr stanu populacji) wilka na 10 stanowiskach monitoringowych położonych w różnych częściach kraju.
- Zgodnie z przyjętą metodyką liczebność została oceniona (oszacowana) metodą ponownego odłowu (CMR) na podstawie genetycznej identyfikacji osobników z prób odchodów.





Metodyka

- Analizę genetyczną (genotypowanie) przeprowadziło Laboratorium Genetyki Molekularnej Instytutu Zootechniki PIB w Krakowie (akredytacja Państwowego Centrum Akredytacji oraz certyfikat Międzynarodowego Towarzystwa Genetyki Zwierząt- ISAG).
- Genotypowanie zostało wykonane przy użyciu zestawu Thermo Scientific Canine Genotypes (18 markerów mikrosatelitarnych autosomalnego DNA oraz marker płci).
- Spośród powyższego panelu markerów do dalszych analiz wybrano 12 markerów autosomalnych (AHT121, AHT137, AHTk211, CXX279, FH2054, FH2848, INRA21, INU005, INU055, REN162C04, REN169D01, REN247M23), które amplifikowały się najlepiej w przypadku prób pochodzących z odchodów.

Metodyka, cd.

Ocenę (oszacowanie) liczebności wilka na poszczególnych stanowiskach monitoringowych wykonano przy użyciu metody *capwire* (Miller i in. 2005, Pennell i in. 2013). Do obliczeń wykorzystano model ECM zakładający jednakowe prawdopodobieństwo wykrycia osobników.

Wyniki

- W sumie zebrano 1243 próbki. W sezonie 2017/2018 zebrano 881 próbek (w tym 49 z terenu Puszczy Piskiej) a w sezonie 2018/2019 362 próbki z terenu 5 stanowisk na których powtórzono ocenę liczebności.
- Pełne genotypy (wyselekcjonowane 12 loci mikrosatelitarnych plus marker płci) uzyskano dla 556 próbek, co stanowi 45% zebranego materiału.
- Wśród zgenotypowanych próbek 5% zidentyfikowano jako pochodzące od psa. Najwięcej (18 szt.) próbek pochodzących od psów zostało zebranych w Beskidach.

1. Bieszczady

Powierzchnia stanowiska	1 222 km ²
Sezon zbioru próbek	2017/2018
Liczba zebranych próbek	252
Liczba w pełni zgenotypowanych próbek wilka*	181
Liczba stwierdzonych odrębnych genotypów wilka	90
Oszacowana liczba osobników [N] (95% przedział ufności)**	112 (98-125)
Zagęszczenie populacji [N/100 km²]	9,2

*12 loci mikrosatelitarnych plus marker płci; ** metoda *capwire*, model ECM



2. Beskid Sądecki

Powierzchnia stanowiska	783 km ²	
Sezon zbioru próbek	2017/2018	2018/2019
Liczba zebranych próbek	51	76
Liczba w pełni zgenotypowanych próbek wilka*	7	15
Liczba stwierdzonych odrębnych genotypów wilka	5	8
Oszacowana liczba osobników [N] (95% przedział ufności)**	8 (5-19)	10 (8-16)
Zagęszczenie populacji [N/100 km²]	1,0	1,3

*12 loci mikrosatelitarnych plus marker płci; ** metoda *capwire*, model ECM

3. Beskid Żywiecki i Śląski

Powierzchnia stanowiska	1 042 km ²	
Sezon zbioru próbek	2017/2018	2018/2019
Liczba zebranych próbek	25	40
Liczba w pełni zgenotypowanych próbek wilka*	4	17
Liczba stwierdzonych odrębnych genotypów wilka	4	9
Oszacowana liczba osobników [N] (95% przedział ufności)**	-	11 (9-17)
Zagęszczenie populacji [N/100 km²]	-	1,1

*12 loci mikrosatelitarnych plus marker płci; ** metoda *capwire*, model ECM

4. Puszcza Augustowska

Powierzchnia stanowiska	1 583 km ²
Sezon zbioru próbek	2017/2018
Liczba zebranych próbek	149
Liczba w pełni zgenotypowanych próbek wilka*	53
Liczba stwierdzonych odrębnych genotypów wilka	32
Oszacowana liczba osobników [N] (95% przedział ufności)**	47 (36-62)
Zagęszczenie populacji [N/100 km²]	3,0

*12 loci mikrosatelitarnych plus marker płci; ** metoda *capwire*, model ECM

5. Puszcza Białowiecka

Powierzchnia stanowiska	769 km ²
Sezon zbioru próbek	2017/2018
Liczba zebranych próbek	79
Liczba w pełni zgenotypowanych próbek wilka*	36
Liczba stwierdzonych odrębnych genotypów wilka	18
Oszacowana liczba osobników [N] (95% przedział ufności)**	22 (18-29)
Zagęszczenie populacji [N/100 km²]	2,9

*12 loci mikrosatelitarnych plus marker płci; ** metoda *capwire*, model ECM

6. Puszcza Knyszyńska

Powierzchnia stanowiska	1 793 km ²
Sezon zbioru próbek	2017/2018
Liczba zebranych próbek	115
Liczba w pełni zgenotypowanych próbek wilka*	35
Liczba stwierdzonych odrębnych genotypów wilka	22
Oszacowana liczba osobników [N] (95% przedział ufności)**	33 (22-54)
Zagęszczenie populacji [N/100 km²]	1,8

*12 loci mikrosatelitarnych plus marker płci; ** metoda *capwire*, model ECM

7. Roztocze i Puszcza Solska

Powierzchnia stanowiska	1 499 km ²
Sezon zbioru próbek	2017/2018
Liczba zebranych próbek	87
Liczba w pełni zgenotypowanych próbek wilka*	28
Liczba stwierdzonych odrębnych genotypów wilka	15
Oszacowana liczba osobników [N] (95% przedział ufności)**	19 (15-24)
Zagęszczenie populacji [N/100 km²]	1,3

*12 loci mikrosatelitarnych plus marker płci; ** metoda *capwire*, model ECM



8. Bory Tucholskie

Powierzchnia stanowiska	1 014 km ²	
Sezon zbioru próbek	2017/2018	2018/2019
Liczba zebranych próbek	28	72
Liczba w pełni zgenotypowanych próbek wilka*	9	37
Liczba stwierdzonych odrębnych genotypów wilka	7	15
Oszacowana liczba osobników [N] (95% przedział ufności)**	15 (7-33)	16 (15-18)
Zagęszczenie populacji [N/100 km²]	1,5	1,6

*12 loci mikrosatelitarnych plus marker płci; ** metoda *capwire*, model ECM



9. Puszcza Notecka

Powierzchnia stanowiska	1 100 km ²	
Sezon zbioru próbek	2017/2018	2018/2019
Liczba zebranych próbek	20	74
Liczba w pełni zgenotypowanych próbek wilka*	3	35
Liczba stwierdzonych odrębnych genotypów wilka	3	18
Oszacowana liczba osobników [N] (95% przedział ufności)**	-	22 (18-27)
Zagęszczenie populacji [N/100 km²]	-	2,0

*12 loci mikrosatelitarnych plus marker płci; ** metoda *capwire*, model ECM



10. Bory Dolnośląskie

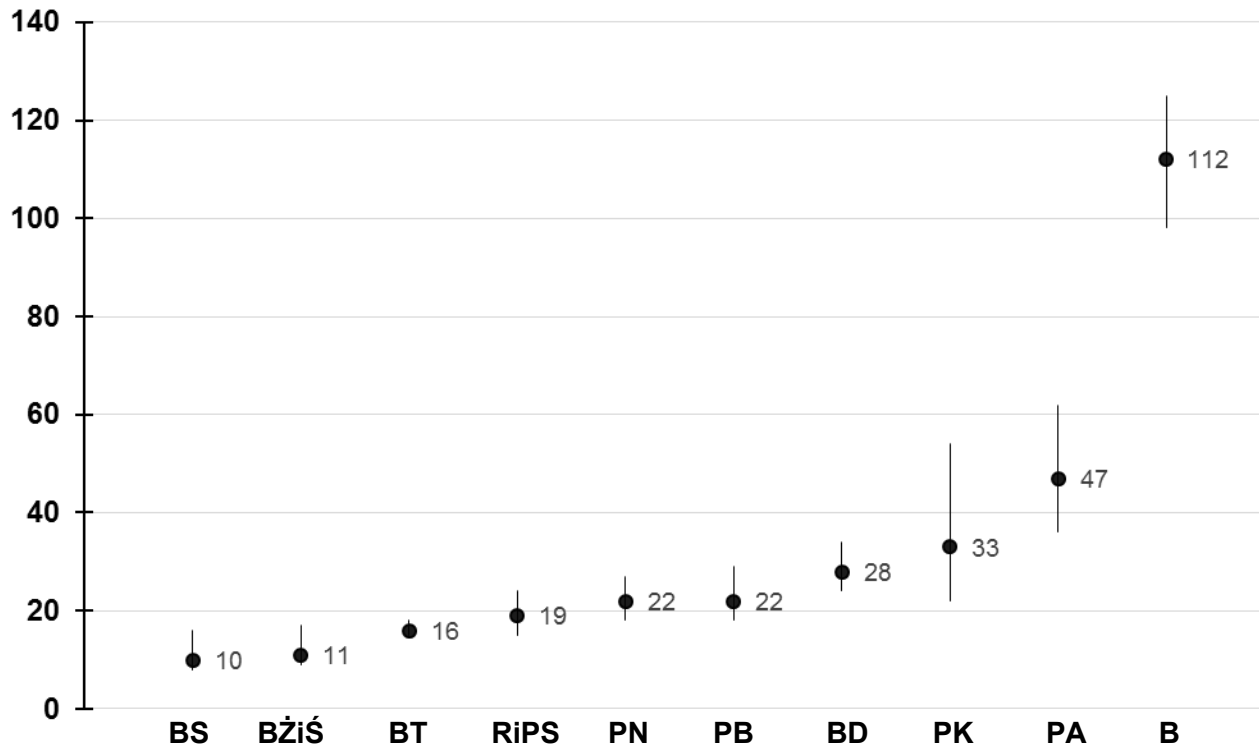
Powierzchnia stanowiska	1 049 km ²	
Sezon zbioru próbek	2017/2018	2018/2019
Liczba zebranych próbek	26	100
Liczba w pełni zgenotypowanych próbek wilka*	5	51
Liczba stwierdzonych odrębnych genotypów wilka	5	24
Oszacowana liczba osobników [N] (95% przedział ufności)**	-	28 (24-34)
Zagęszczenie populacji [N/100 km²]	-	2,7

*12 loci mikrosatelitarnych plus marker płci; ** metoda *capwire*, model ECM



Podsumowanie, cz.1

Oszacowana liczebność



- BS - Beskid Sądecki
- BŻiŚ - Beskid Żywiecki i Śląski
- BT - Bory Tucholskie
- RiPS - Roztocze i Puszcza Solska
- PN - Puszcza Notecka
- PB - Puszcza Białowieska
- BD - Bory Dolnośląskie
- PK - Puszcza Knyszyńska
- PA - Puszcza Augustowska
- B - Bieszczady

Podsumowanie, cz.2

Zagęszczenie populacji wilka (liczba osobników/100km²)

Teren badań	Wyniki aktualnego monitoringu GIOŚ	Wyniki monitoringu GIOŚ z lat 2013-2014	Dane z publikacji naukowych
Bieszczady	9,2	-	5,1*
Beskid Sądecki	1,3	-	-
Beskid Żywiecki i Śląski	1,1	-	2,1**
Góry Sanocko-Turczańskie i Pogórze Przemyskie	-	-	4,6***
Puszcza Augustowska	3,0	3,1	-
Puszcza Białowieska	2,9	2,5	2,4****
Puszcza Knyszyńska	1,8	2,8	-
Roztocze i Puszcza Solska	1,3	-	-
Bory Tucholskie	1,6	-	-
Puszcza Notecka	2,0	-	-
Bory Dolnośląskie	2,7	-	-
Puszcza Drawska	-	-	1,2*****

*Śmietana i Wajda 1997, **Nowak i in. 2008, ***Gula 2008, ****Okarma i in, 1998, *****Mysłajek i in. 2018

Prace cytowane

- Gula R. 2008. Wolf depredation on domestic animals in the Polish Carpathian Mountains. *The Journal of Wildlife Management* 72: 283-289.
- Miller C.R. i in. 2005. A new method for estimating the size of small populations from genetic mark-recapture data. *Molecular Ecology* 14: 1991–2005.
- Mysłajek i in. 2018. Spatial organization in wolves *Canis lupus* recolonizing north-west Poland: Large territories at low population density. *Mammalian Biology* 92: 37-44.
- Nowak i in. 2008. Density and demography of wolf, *Canis lupus* population in the western-most part of the Polish Carpathian Mountains, 1996–2003. *Folia Zoologica* 57: 392–402.
- Okarma i in. 1998. Home ranges of wolves in Białowieża Primeval Forest, Poland, Compared with other Eurasian populations. *Journal of Mammalogy* 79: 842-852.
- Pennell, M. W. i in. 2013. Capwire: a R package for estimating population census size from non-invasive genetic sampling. *Molecular Ecology Resources* 13: 154–157.
- Śmietana W. i Wajda J. 1997. Wolf number changes in Bieszczady National Park, Poland. *Acta theriologica* 42: 241-252
- Monitoring gatunków i siedlisk przyrodniczych Państwowy Monitoring Środowiska. Główny Inspektorat Ochrony Środowiska, <http://siedliska.gios.gov.pl/pl/wyniki-monitoringu>



Fundusze Europejskie
Infrastruktura i Środowisko



Rzeczpospolita
Polska



Unia Europejska
Fundusz Spójności



Analiza materiału genetycznego i ocena liczebności wilka na stanowiskach monitoringowych

Wojciech Śmietana, Krameko Sp. z o.o.

Koordynator Główny Monitoringu Wilka w projekcie POIS.02.04.00-00-0040/16

Projekt POIS.02.04.00-00-0040/16 pn.: „Pilotażowy monitoring wilka i rysia w Polsce realizowany w ramach Państwowego Monitoringu Środowiska” współfinansowany jest ze środków unijnych w ramach Programu Operacyjnego Infrastruktura i Środowisko 2014-2020, w ramach II Osi Priorytetowej Ochrona Środowiska, w tym adaptacja do zmian klimatu; Działanie 2.4 Ochrona przyrody i edukacja ekologiczna