

UNIVERZA NA PRIMORSKEM
FAKULTETA ZA MATEMATIKO, NARAVOSLOVJE IN
INFORMACIJSKE TEHNOLOGIJE

MAGISTRSKO DELO

DOLOČITEV SORODSTVENIH, RAZMNOŽEVALNIH
IN PROSTORSKIH ZNAČILNOSTI EVROPSKE SRNE
IN DIVJEGA PRAŠIČA V MODELNEM LOVIŠČU Z
ANALIZO GENETSKE POVEZANOSTI OSEBKOV

AJA BONČINA

UNIVERZA NA PRIMORSKEM
FAKULTETA ZA MATEMATIKO, NARAVOSLOVJE IN
INFORMACIJSKE TEHNOLOGIJE

Magistrsko delo

**Določitev sorodstvenih, razmnoževalnih in prostorskih
značilnosti evropske srne in divjega prašiča v modelnem lovišču
z analizo genetske povezanosti**

(Determination of kinship, reproductive and spatial characteristics of European
roe deer and wild boar in a model hunting ground based
on genetic parentage analysis)

Ime in priimek: Aja Bončina

Študijski program: Varstvo narave, 2. stopnja

Mentor: prof. dr. Elena Bužan

Somentor: prof. dr. Boštjan Pokorny

Koper, september 2021

Ključna dokumentacijska informacija

Ime in PRIIMEK: Aja BONČINA

Naslov magistrskega dela: Določitev sorodstvenih, razmnoževalnih in prostorskih značilnosti evropske srne in divjega prašiča v modelnem lovišču z analizo genetske povezanosti osebkov

Kraj: Koper

Leto: 2021

Število listov: 110 Število slik: 20 Število tabel: 15

Število prilog: 2 Št. strani prilog: 2

Število referenc: 294

Mentor: prof. dr. Elena Bužan

Somentor: prof. dr. Boštjan Pokorny

UDK: 599.73:575(043.2)

Ključne besede: mikrosateliti, prostorsko vedenje, socialna struktura, divji prašič, evropska srna

Izvleček: Evropska srna/srnjad (*Capreolus capreolus*) in divji prašič (*Sus scrofa*) sta najštevilčnejši in najbolj razširjeni vrsti parkljarjev v Evropi, tudi v Sloveniji. Čeprav sta najbolj pomembni lovni vrsti Slovenije, so njune prostorske, vedenjske in predvsem genetske lastnosti v slovenskem prostoru slabo poznane. V pričujočem zaključnem delu smo z uporabo mikrosatelitnih lokusov ($n = 13$) oz. genotipizacijo posameznih osebkov srnjadi ($n = 61$) in divjega prašiča ($n = 58$) določili sorodstvena razmerja obeh vrst v tipičnem lovišču osrednje Slovenije (lovišče Oljka, Šmartno ob Paki; Savinjsko-Kozjansko lovskoupravljavsko območje). Integrativni pristop združevanja prostorskih podatkov (natančnih lokacij odvzema) in molekularnih analiz sorodstvenih razmerij oz. genetske povezanosti omogoča vpogled v mnoge prostorske (npr. prostorska navezanost svinj določenemu življenjskemu okolju, daljše disperzije mladih srnjakov – lanščakov), razmnoževalne (npr. pojav večočetovstva pri divjem prašiču) in socialne značilnosti vrst (npr. pojav nesorodnih živali v socialnih skupinah divjega prašiča), kar prispeva k boljšemu poznavanju ekologije obeh vrst ter priča o pomembnosti implementacije genetskih študij v raziskovanje divjadi za še boljše, znanstveno utemeljene upravljavske odločitve.

Key document information

Name and SURNAME: Aja BONČINA

Title of the thesis: Determination of kinship, reproductive and spatial characteristics of European roe deer and wild boar in a model hunting ground based on genetic parentage analysis

Place: Koper

Year: 2021

Number of pages: 110 Number of figures: 20 Number of tables: 15

Number of appendix: 2 Number of appendix pages: 2

Number of references: 294

Mentor: Prof. Elena Bužan, PhD

Co-Mentor: Prof. Boštjan Pokorny, PhD

UDC: 599.73:575(043.2)

Keywords: microsatellite, spatial behaviour, social structure, wild boar, European roe deer

Abstract: European roe deer (*Capreolus capreolus*) and wild boar (*Sus scrofa*) are the most numerous and widespread ungulate species in Europe, including Slovenia. Although they are the most important game species in Slovenia, their spatial, behavioural and especially genetic characteristics are poorly known in Slovenian territory. In the present thesis, we used microsatellites (n = 13) to genotyped roe deer (n = 61) and wild boar (n = 58) in order to determine detailed kinship relationships of both species in a typical hunting ground in central Slovenia (hunting ground Oljka, Šmartno ob Paki; Savinjsko-Kozjansko hunting management district). An integrative approach of combining spatial data (exact sampling locations) with molecular analyses of kinship relationships and genetic relatedness provide insight into many spatial (e.g. site fidelity of adult sows to a particular habitat, longer dispersions of male roe deer - yearlings), reproductive (e.g. occurrence of multiple-paternity in wild boar populations) and social characteristics (e.g. occurrence of unrelated animals in social groups of wild boar) of studied species. This contributes to a better knowledge of the ecology of these two species and also confirms the importance of implementation of genetic studies into the game research for enabling better, science-based population management.

ZAHVALA

Najprej se iskreno zahvaljujem mentorici prof. dr. Eleni Bužan in somentorju prof. dr. Boštjanu Pokornemu za sprejetje mentorstva, vso spodbudo, podporo, usmerjanje in pomoč tekom izdelave magistrske naloge. Iskreno sem hvaležna za vso prijaznost, prenos znanja, doslednost in pomoč, predvsem pa, da sta mi odprla vrata v čudoviti svet znanosti ter mi pokazala, kako lepo in duševno zadovoljujoče je opravljati raziskovalno delo. Zato bom večno hvaležna. Mnogi pravijo, da si v življenju sam zadolžen za svoj uspeh; jaz pa verjamem v slednje:

»Student can dream and do the things to certain limit; but good teachers and professors are the reason why ordinary students dream and do extraordinary things«.

Posebno se zahvaljujem sodelavcem Laboratorija za molekularno ekologijo Fakultete za matematiko, naravoslovje in informacijske tehnologije za omogočanje laboratorijskega in raziskovalnega dela v njihovih prostorih.

Navsezadnje gre posebna zahvala mami Nataliji, očetu Francu, bratcu Luki in fantu Samu. Iskreno se vam zahvaljujem, da ste vsa ta leta verjeli vame in moje sposobnosti ter bili moja največja podpora skozi celoten proces izobraževanja in učenja. Brez vas ne bi v življenju nikoli imela priložnosti, da sledim svojim sanjam po raziskovanju in izobraževanju, kakršno ste mi nesebično ponudili. Večno vam bom hvaležna.

Izvedbo raziskave so omogočila finančna sredstva raziskovalnega programa Evropske Unije Obzorje 2020 – projekt StarBios2 (Strukturne spremembe za odgovorno bioznanost), ciljnega raziskovalnega projekta (CRP) Divjad v naseljih, na cestah in drugih nelovnih površinah: težave, izzivi in rešitve (V4–1825), ki sta ga financirala Ministrstvo za kmetijstvo, gozdarstvo in prehrano ter Javna agencija za raziskovalno dejavnost RS, in sredstva programske skupine P1–0386 (Varstvena biologija od molekul do ekosistema). Iskreno se zahvaljujem tudi vsem lovcem lovske družine Oljka, Šmartno ob Paki, ki so pomagali zbirati vzorce odvzete srnjadi in divjega prašiča, za pomoč pri laboratorijskem delu in statistični obdelavi podatkov pa raziskovalkam doc. dr. Lauri Iacollini, Sandri Potušek in Urški Gerič.

KAZALO VSEBINE

1	UVOD	1
1.1	Evropska srna	2
1.1.1	Opis vrste in varstveni status.....	2
1.1.2	Razširjenost in taksonomija	3
1.1.3	Razmnoževanje	5
1.1.4	Prehranjevalne, socialne in prostorske značilnosti srnjadi.....	6
1.1.5	Upravljanje in dosedanje molekularne študije srnjadi v Sloveniji.....	7
1.2	Divji prašič	11
1.2.1	Opis vrste in varstveni status.....	11
1.2.2	Razširjenost in taksonomija	12
1.2.3	Razmnoževanje	16
1.2.4	Prehranjevalne, socialne in prostorske značilnosti divjega prašiča.....	18
1.2.5	Upravljanje in molekularne študije divjega prašiča v Sloveniji.....	21
1.3	Molekularne študije genetske povezanosti in sorodstvenih odnosov	22
1.3.1	Uporaba mikrosatelitnih označevalcev v analizah genetske povezanosti	25
1.3.2	Prednosti in slabosti analize msat.....	25
1.4	Namen in cilji magistrskega dela.....	26
1.5	Raziskovalne hipoteze	27
2	MATERIAL IN METODE	28
2.1	Ozadje in dosedanje objave	28
2.2	Opis raziskovalnega območja.....	28
2.2.1	Odvzem srnjadi in divjega prašiča v lovišču Oljka, Šmartno ob Paki	31
2.3	Vzorčenje in ocenjevanje starosti analiziranih osebkov	31
2.4	Molekularne metode	33
2.4.1	Izolacija DNK iz tkivnih vzorcev.....	33
2.4.2	Verižna reakcija s polimerazo (PCR).....	33
2.4.3	Fragmentna analiza in analiza mikrosatelitnih lokusov	36
2.5	Analiza sorodstvenih razmerij in genetske povezanosti.....	36
2.5.1	Analiza starševskih razmerij srnjadi	36
2.5.2	Analiza ožjih in daljnih sorodstvenih vezi ter genetske povezanosti divjega prašiča	37
3	REZULTATI.....	39
3.1	Analiza genetske pestrosti mikrosatelitnih lokusov	39
3.1.1	Evropska srna	39
3.1.2	Divji prašič	40
3.2	Analiza starševskih razmerij srnjadi.....	41
3.3	Analiza socialne strukture in genetske povezanosti divjega prašiča	43

3.4	Analiza sorodstvenih razmerij divjega prašiča	46
3.4.1	Starševstvo.....	46
3.4.2	(Pol)sestrstvo in (pol)bratstvo	49
3.4.3	Večočetovstvo	51
4	RAZPRAVA.....	53
4.1	Ekološke, razmnoževalne, socialne in prostorske značilnosti srnjadi	53
4.1.1	Opaženi prostorski vzorci srnjadi	53
4.1.2	Genetska povezanost srnjadi v modelnem lovišču	57
4.1.3	Opažene spolno pogojene razmnoževalne lastnosti srnjadi	58
4.2	Razmnoževalne, socialne in prostorske značilnosti divjega prašiča.....	59
4.2.1	Kompleksnost socialne strukture in genetska povezanost divjega prašiča....	59
4.2.2	Opažene prostorske značilnosti: prostorska zvestoba svinj, bližina mladičev starševskemu teritoriju in spolno pogojena natalna disperzija	62
4.2.3	Razmnoževalne lastnosti divjega prašiča: večočetovstvo	64
5	POVZETEK	66
6	VIRI IN LITERATURA.....	68

KAZALO PREGLEDNIC

Preglednica 1: Podatki o letnem odvzemu srnjadi po strukturi in spolu (m/ž) v obdobju od leta 2010 do 2021.	8
Preglednica 2: Podatki o letnem odvzemu divjega prašiča po strukturi in spolu v obdobju od leta 2010 do 2021.	22
Preglednica 3: Podatki o demografski strukturi v raziskavo vključenih osebkov srnjadi... ..	32
Preglednica 4: Podatki o demografski strukturi v raziskavo vključenih osebkov divjega prašiča.....	32
Preglednica 5: Podatki mikrosatelitnih lokusov (n = 13), uporabljenih pri genotipizaciji vzorcev srnjadi.	34
Preglednica 6: Podatki mikrosatelitnih lokusov (n = 13) pri genotipizaciji vzorcev divjega prašiča.....	35
Preglednica 7: Analiza alelne variabilnosti srnjadi na posameznem lokusu.....	39
Preglednica 8: Analiza alelne variabilnosti divjega prašiča na posameznem lokusu	40
Preglednica 9: Pregled potomcev srnjadi in njihovih prepoznanih očetov (srnjakov).....	41
Preglednica 10: Pregled potomcev srnjadi in njihovih potencialnih mater (srn).. ..	42
Preglednica 11: Spolna in starostna struktura divjih prašičev.....	46
Preglednica 12: Pregled potomcev divjih prašičev in njihovih potencialnih očetov.....	47
Preglednica 13: Pregled potomcev divjih prašičev in njihovih potencialnih mater.	47
Preglednica 14: Pregled bratskih in sestrskih vezi analiziranih divjih prašičev	50
Preglednica 15: Pregled polbratskih in polsestrskih vezi analiziranih divjih prašičev.. ..	51

KAZALO SLIK IN GRAFIKONOV

Slika 1: Evropska srna	2
Slika 2: Razširjenost evropske srne.	4
Slika 3: Genetska struktura evropske srne v Sloveniji, določena na podlagi analize mikrosatelitnih lokusov	10
Slika 4: Divji prašič	11
Slika 5: Razširjenost divjega prašiča	13
Slika 6: Porazdelitev populacij divjega prašiča v Evropi, Aziji in Severni Afriki na podlagi mitohondrijskega genoma (haplotipov) na tri genetske sklade	14
Slika 7: Filogeografska porazdelitev genetskih kladov divjega prašiča v Evropi.....	15
Slika 8: Ocenjena porazdelitev genetske pestrosti mitohondrijskega genoma (mtDNK) populacij divjega prašiča v Evropi	16
Slika 9: Reprodukativni letni cikel odraslih svinj	17
Slika 10: Socialna organiziranost divjega prašiča običajno vključuje odrasle samice s potomci.	19
Slika 11: Osnovni princip analize sorodstvenih odnosov.....	24
Slika 12: Lokacije odvzema osebkov srnjadi (n = 61) v obdobju maj 2017 – februar 2018, vključenih v molekularno študijo genetske povezanosti in sorodstvenih razmerij, s prikazom najpomembnejših prostorskih barrier	29
Slika 13: Lokacije odvzema divjih prašičev v obdobju oktober 2017 – september 2020 v lovišču Oljka (Šmartno ob Paki), vključenih v molekularno študijo genetske povezanosti in sorodstvenih razmerij	30
Slika 14: Lokacije odvzema osebkov srnjadi s prepoznanimi starševskimi razmerji.	43
Slika 15: Lokacije odvzema osebkov divjega prašiča, za katere smo na podlagi analize parnih primerjav definirali genetsko povezane socialne skupine.	44
Slika 16: Lokacije odvzema osebkov divjega prašiča, za katere smo na podlagi analize parnih primerjav ugotovili ožje/daljne sorodstvene povezave.	45
Slika 17: Lokacije odvzema osebkov divjih prašičev s prepoznanimi starševskimi povezavami.....	49
Slika 18: Lokacije odvzema osebkov divjih prašičev, za katere smo ugotovili (pol)sestrske in (pol)bratske vezi.	50
Slika 19: Lokacije odvzema legel, za katere smo potrdili pojav več-očetovstva.....	52
Slika 20: Genetska strukturiranost srnjadi v lovišču Oljka v tri prepoznane genotipe.....	58

KAZALO PRILOG

PRILOGA A *Podatki o osebkih srnjadi, ki so bili vključeni v raziskavo*

PRILOGA B *Podatki o osebkih divjega prašiča, ki so bili vključeni v raziskavo*

SEZNAM KRATIC

AFLP – polimorfizmi dolžine pomnoženih restrikcijskih fragmentov (angl. *amplified fragment length polymorphisms*)

DNK – deoksiribonukleinska kislina (angl. *deoxyribonucleic acid*)

Ho – opažena heterozigotnost (angl. *observed heterozygosity*)

He – pričakovana heterozigotnost (angl. *expected heterozygosity*)

HW – Hardy-Weinbergovo ravnotežje (angl. *Hardy-Weinberg equilibrium*)

Lanščak/lanščakinja – enoletni (tj. v drugem življenjskem letu) osebek srnjadi (samo za samce) oz. divjega prašiča (za oba spola), bolj natančno osebek v starosti 12–24 mesecev (za divjega prašiča) oz. 10–24 mesecev (za srnjad, v odvisnosti od časa poleganja)

LOD – vrednost verjetnosti sorodstvenega razmerja (angl. *overall likelihood ratio*)

LUO – lovskoupravljavsko območje

Mladica – enoletni (tj. v drugem življenjskem letu) osebek srnjadi ženskega spola, bolj natančno osebek v starosti 10–24 mesecev

Msat – mikrosatelitni označevalci oz. mikrosatelitni markerji (angl. *microsatellites*)

NA – število alelov na posamezen lokus (angl. *number of alleles per loci*)

Ozimec/ozimka – mladič divjega prašiča do starosti 12 mesecev

PCR – verižna reakcija s polimerazo (angl. *polymerase chain reaction*)

SNP – polimorfizmi posameznih nukleotidov (angl. *single nucleotide polymorphisms*)

QGM – povprečna vrednost Queller-Goodnight estimatorja (angl. *average Queller-Goodnight estimator value*)

1 UVOD

Evropska srna/srnjad (*Capreolus capreolus*) in divji prašič (*Sus scrofa*) sta kot predstavnika prostoživečih parkljarjev (sodoprstih kopitarjev) dve ključni vrsti kopenskih ekosistemov in najbolj pomembni lovskoupravljavski vrsti v Evropi in Sloveniji (Apollonio in sod. 2010; Carpio 2021; Langbein in sod. 2011; Putman in Apollonio 2014). V Evropi živi okrog 15 milijonov prostoživečih parkljarjev (s skupno biomaso 610.000 ton), ki pripadajo dvajsetim vrstam (Apollonio in sod. 2010), najštevilčnejši med njimi pa sta ravno srnjad in divji prašič; po ocenah v Evropi živi 10 milijonov osebkov srnjadi in štiri milijone divjih prašičev (zbrano v Apollonio in Chiricella 2016). Zaradi uspešne razmnoževalne strategije, velikega razmnoževalnega potenciala, relativno visoke stopnje preživetja in zmožnosti zasedanja različnih naravnih in antropogenih okolij se v zadnjih desetletjih prostorska razširjenost in številčnost večine vrst prostoživečih parkljarjev večata v celotnem evropskem prostoru, kar velja za večino vrst iz družine jelenov (Apollonio in sod. 2010) in še zlasti za divjega prašiča (Massei in sod. 2015). Posledično se povečuje tudi njun vpliv na okolje (škoda na kmetijskih površinah, poškodbe in škoda v gozdovih ter vedno več trkov z vozili), zato sta pogosto poimenovani kot problematični/konfliktni vrsti (Bužan in sod. 2020a; Carpio in sod. 2021; Langbein in sod. 2011). Kljub pogostemu negativnemu prizvoku teh dveh najbolj uspešnih sinantropnih vrst parkljarjev (Barrios-Garcia in Ballari 2012), pa je potrebno poudariti, da sta ključni vrsti kopenskih ekosistemov, saj opravljata številne ekosistemske storitve, kot so: ustvarjanje pestrejših habitatnih razmer in dolgoročno večanje biotske raznolikosti, vpliv na kroženje in prostorsko premeščanje hranil, razširjanje rastlinskih semen z zoohorijo; poleg tega sta tudi pomemben prehranski vir za velike zveri in mrhovinarje, zato je njuno dolgoročno trajnostno upravljanje zelo pomembno z vidika ohranjanja zdravega kopenskega ekosistema (zbrano v Csányi in sod. 2014; Pokorný in sod. 2017).

Kljub temu pri nas do nedavnega (Bončina in sod. 2019; Bužan in sod. 2019a,b; Sternad 2018) ni bilo sistematičnih genetskih raziskav teh dveh vrst, zato so genetska strukturiranost in druge lastnosti, ki jih ugotavljamo z molekularnimi orodji (npr. pojav veččetovstva, prostorska zvestoba posameznih starostnih skupin, kompleksna struktura socialnih skupin divjega prašiča, sorodstvena razmerja in povezanost skupin/osebkov) domala nepoznane. V pričujoči nalogi smo s pomočjo integrativnega pristopa združevanja prostorskih podatkov (natančnih lokacij odvzema) in molekularne analize sorodstvenih razmerij s pomočjo mikrosatelitnih označevalcev oz. genotipizacije posameznih osebkov divjega prašiča ($n = 58$) in srnjadi ($n = 61$) pridobili vpogled v številne prostorske, razmnoževalne in socialne lastnosti teh dveh vrst. S tem smo pokazali, da lahko implementacija sodobnih molekularnih analiz v raziskovanje divjadi pomembno prispeva k boljšemu poznavanju in razumevanju ekoloških značilnosti vrst ter posledično izboljšuje trajnostno, na znanstvenih spoznanjih temelječe upravljanje prostoživečih parkljarjev.

1.1 Evropska srna

1.1.1 Opis vrste in varstveni status

Evropska srna (Slika 1) sodi v red sodoprstih kopitarjev oz. parkljarjev (Artiodactyla; Kryštufek 1991), podred prežvekovalcev in je najmanjši predstavnik družine jelenov (Cervidae) in rodu srn (*Capreolus*; Groves in Grubb 2011; Lovari in sod. 2016). Srnjad je najštevilčnejši predstavnik cervidov. Je domorodna in pogosto razširjena vrsta Evrope, kjer po ocenah živi 6,2 do 9,5 milijona osebkov te vrste (Burbaite in Csányi 2009; Temple in Terry 2007). Zaradi velike številčnosti in prostorske razširjenosti je vrsta uvrščena na rdeči seznam Svetovne zveze za varstvo narave (IUCN 2021) kot vrsta zunaj neposredne nevarnosti (angl. *least concern*).



Slika 1: Evropska srna (foto: Aja Bončina)

Srnjad je visoka okrog 70 cm in zraste do 1,3 m v dolžino. Telesna masa srnjadi je odvisna od habitata in količine dostopne kakovostne hrane in znaša pri odraslih osebkih med 20 in 30 kg (žive teže oz. tehtano z notranjimi organi). Samci (srnjaki) so nekoliko težji, vendar praviloma ne tehtajo več kot 35 kg. Po zunanjem videzu je značilen smukalec, saj izraža

prilagojenost na življenje v gosti podrasti in visoki travi. Za smukalce je značilno čvrsto telo z vitkimi in dolgimi nogami, parklji pa so ozki in koničasti. Močna stegna ji omogočajo dolge in visoke skoke. Ima tanek vrat s kratko, topo in trikotno oblikovano glavo. Rep je majhen oziroma skoraj odsoten. Glavno čutilo je voh, zato ima srnjad dobro razvit in velik smrček. Samci (srnjaki) imajo na čelu kostno tvorbo, rogovje, ki je spodaj odebeljeno. Popolno razvito je sestavljeno iz veje, na kateri sta poleg zašiljenega vrha še prednji in zadnji odrastek, t. i. parožka. Na dnu veje je t. i. roža, površina veje pa je grbičasta. Srnjačku zraste prvo rogovje že novembra ali decembra, odpade pa običajno oktobra ali novembra prihodnjega leta. Novo rogovje začne rasti takoj, ko odpade predhodno (pri odrasli srnjakih praviloma decembra ali januarja), rast pa se zaključi med marcem in aprilom. Izjemoma zraste majhno rogovje tudi večletnim, starejšim srnam. Barva dlake srnjadi se spreminja skozi letne čase; poleti je temno rjavo do rdeča, pozimi pa rjavkasto siva. Mladiči so v osnovi peščeno rjavi s črnimi in belimi pegami po telesu. Pri starosti šest tednov postajajo pege manj opazne, popolnoma pa izginejo ob prvi menjavi dlake v oktobru (zbrano v Kryštufek 1991; Krže 2000; Simonič 1976).

1.1.2 Razširjenost in taksonomija

Srnjad je splošno razširjena vrsta po celotni Evropi (Slika 2), z izjemo Irske, Cipra, Korzike, Sardinije, Sicilije in manjših otokov (Stubbe 1999). Izven Evrope je domorodna tudi v delih Turčije, Bližnjega Vzhoda in Kavkaza (Wilson in Reeder 2005). Kljub temu, da je vrsta široko razširjena po Evropi, je v nekaterih državah in območjih na robu izumrtja, in sicer na območju obale Črnega morja, Egejskega dela Turčije ter nekaterih subpopulacijah na območju Mediterana; izumrla je v Libanonu in Izraelu, kjer trenutno potekajo intenzivni programi reintrodukcije oz. ponovnega naseljevanja (*ibid.*). Naseljuje nadmorske višine do 2.400 m v Alpah (von Lehmann in Sägeser 1986) in Pirenejih (González in sod. 2013). Največjo gostoto populacije dosega v centralni Evropi, s povprečjem od 1,5–2,2 živali na km² (Burbaite in Csányi 2009). Evropska srna poseljuje raznolike listnate, mešane in iglaste gozdove z veliko podrasti, ekotone, travišča, njive, primestna in kmetijska območja v gorskih in nižinskih predelih (Danilkin in Hewison 1996; Randi in sod. 2004). 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, občasno pa je prisotna tudi nad zgornjo gozdno mejo (Stubbe 1999). V južni Evropi je zaradi izgube habitata in intenzivnega lova v prvi polovici zadnjega stoletja skoraj izumrla, vendar je v zadnjih 20 do 40 letih populacija eksponentno naraščala (Gortázar in sod. 2000).

Do 19. stoletja je bila srnjad v Sloveniji maloštevilna in je naseljevala predvsem iglaste gozdove v kontaktni coni med Alpami in severozahodnimi Dinaridi (t. i. osrednje-slovenska populacija); nekatere manjše kolonije so bile prisotne tudi na severu in jugu, v ostalih predelih države pa je bila bolj ali manj odsotna. Na začetku 20. stoletja oz. po I. svetovni

vojni so izboljšani habitatni pogoji omogočili hitro populacijsko rast srnjadi. V tem času se je iz centralne osrednjo-slovenske populacije vrsta širila proti jugu v subpanonska in kraška območja, proti hribovitim predelom na severu in nazadnje v velikih skupinah (t. i. nižinskih ekotipih) naselila odprte kmetijske krajine (sub)panonske regije (Kryštufek 1991; Simonič 1976). Največjo velikost populacije je srnjad v Sloveniji dosegla sredi devetdesetih let prejšnjega stoletja (Pokorny 2009). Danes je srnjad kljub nekaterim lokalnim zmanjševanjem populacij široko razširjena po vsej državi (Stergar in sod. 2012), populacijska velikost pa je ocenjena na >200.000 osebkov (Jerina in sod. 2010; povzeto po Bužan in sod. 2020).



Slika 2: Razširjenost evropske srne. Oranžna barva označuje območje, kjer je vrsta prisotna, rdeča pa območja, kjer je izumrla (vir: Lovari in sod. 2016).

Rod *Capreolus* (srne) sestavljata dve morfološko in genetsko različni vrsti: evropska srna (*C. capreolus*) in sibirski srna (*C. pygargus*), ki sta se evolucijsko ločili pred približno tremi milijoni leti (Groves in Grubb 2011; Randi in sod. 1998); nedavne molekularne študije nakazujejo, da je na območju srednje Evrope hibridizacijski pas med tema dvema vrstama (Matosiuk in sod. 2014; Olano-Marin in sod. 2014). Molekularne analize so potrdile tudi, da poleg številčnih centralno-evropskih populacij evropske srne (*C. c. capreolus*), obstajajo še štiri podvrste evropske srne. Omejeno območje južne Toskane poseljujejo maloštevilne

populacije (cca. 10.000 osebkov) podvrste *C. c. italicus*, ki so pod hudim pritiskom hibridizacije s *C. c. capreolus* (Lorenzini in sod. 2002; Lorenzini in Lovari 2006; Lovari in sod. 2016; Mucci in sod. 2012; Randi in sod. 2004). Južno Evropo poseljuje tudi podvrsta *C. c. garganta*, in sicer na jugu Iberijskega polotoka (Lorenzini in sod. 2014). *C. c. caucasicus* zaseda gorovje Kavkaz (Lister in sod. 1998), *C. c. coxy* pa Bližnji vzhod (Harrison in Bates 1991).

Genetska struktura srnjadi v Sloveniji je podrobno predstavljena v *Poglavju 1.1.5*.

1.1.3 Razmnoževanje

Srne so monoestrične živali, kar pomeni, da imajo letno en ovulacijski cikel (Andersen in sod. 1998). Spolno dozorijo razmeroma zgodaj, praviloma pri starosti 14 mesecev, na začetek reprodukcije pa vplivajo predvsem telesna masa in vitalnost samic (Flajšman in sod. 2017a, 2018; Prior 1995). Parjenje (t. i. prsk) srnjadi se prične v sredini julija in traja do konca avgusta, kar je odvisno predvsem od vremenskih razmer (Krže in sod. 2000; Prior 1995). Z razmnoževalnim obdobjem so povezane tudi nekatere spremembe v vedenju srnjadi, kot so agresivno vedenje samcev do drugih (konkurenčnih) srnjakov, t. i. 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 oz. 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 mladiče naslednje kohorte (Krže in sod. 2000).

Pri srnjadi povprečna brejost traja 290 dni ali približno 10 mesecev. Brejost ločimo na dva dela: obdobje zadržane brejosti oz. embrionalne diapavze (traja približno pet mesecev; oplojena jajčna celica se ugnezdi v maternično steno s časovnim zamikom) in obdobje aktivne brejosti (opisano v Flajšman in sod. 2013). Embrionalna diapavza, ki se je pojavila kot sekundarna spolna prilagoditev, samicam omogoča parjenje v obdobju ugodnih klimatskih razmer (v poletnem času), mladiče pa zaradi zadržane brejosti srna poleže spomladi, ko so razmere za preživetje mladičev in za energetsko potraten proces laktacije ugodnejše (Andersen in sod. 1998). Srna v maju ali juniju (v mediteranskemu območju že aprila), skoti praviloma enega do tri mladiče, pri nas najpogosteje dva (Krže in sod. 2000), redkeje pa so lahko v leglu tudi štirje in celo pet mladičev (Flajšman in sod. 2017b). Velikost legla je poleg populacijske gostote (Nilsen in sod. 2004), vremenskih razmer in kakovosti habitata (Nilsen in sod. 2004; Toigo in sod. 2006), v močni povezavi s telesno maso srn; večje in težje samice imajo po navadi večjo leglo mladičev (Flajšman in sod. 2014), in sicer tako znotraj istih populacij kot tudi med različnimi populacijami (Flajšman in sod. 2018). V Sloveniji in Evropi imajo samice srnjadi visoko raven plodnosti, saj so v večini populacij oplojene skoraj vse odrasle srne in tudi večina enoletnih srn (Flajšman in sod. 2017a; 2018),

poleg telesne mase pa na razmnoževalni potencial vsaj delno vplivajo tudi genetske značilnosti osebkov (Bužan in sod. 2020b).

1.1.4 Prehranjevalne, socialne in prostorske značilnosti srnjadi

Evropska srna je tipičen predstavnik gozdnega roba (Cederlund 1983; König in sod. 2020); gozd, gozdne jase in gozdne zaplate predstavljajo njihov prvotni življenjski prostor (Vospernik in Reimoser 2008; Wölfel 2005). Danes srnjad ne naseljuje le značilnih gozdnih habitatov, temveč je zaradi svoje vse večje populacijske velikosti, širjenja življenjskega prostora in izjemne okoljske plastičnosti uspešno kolonizirala tudi različne antropogene habitate, kot so urbana in kmetijska krajina (Morellet in sod. 2011; Sempéré in sod. 1996; Bužan in sod. 2020a). Izbira habitatov srnjadi je odvisna predvsem od dostopnosti prehranskih virov in gostote vegetacijske pokrovnosti (Keten 2016).

Srnjad glede na prehranjevalno strategijo uvrščamo med izbiralce (angl. *concentrate selector*), ki se od pašnih vrst (npr. govedo) razlikujejo predvsem po tem, da objeda oz. išče prehranske vire z večjo hranilno vrednostjo oz. z visoko vsebnostjo beljakovin (Hofmann 1989); zaradi odsotnosti mikroorganizmov, odgovornih za razgradnjo celuloze v prebavnem traktu, se izogibajo prehranjevanju z viri z visoko vsebnostjo vlaknin (zbrano v König in sod. 2020). Prehrana srnjadi je zelo raznolika; vključuje >300 taksonov gliv, rastlin, mahov in mnogih kritosemenk (Latham in sod. 1999). Sestava prehrane srnjadi je pogojena s sezonsko dostopnostjo virov; v zimskem obdobju objedajo predvsem popke in poganjke različnih rastlinskih vrst, posegajo pa tudi po različnih vrstah trav, enoletnic in geofitov. V poletnem in spomladanskem času pride do popolnega preobrata v sestavi prehrane. V tem času posega srnjad predvsem po plodovih, sadju, cvetovih in popolnoma opustijo pašo na manj kvalitetni prehrani (travnica, geofitih in enoletnicah; Minder 2012; Wallach in sod. 2010). Srnjad večino leta živi solitarno; v jesenskem in zimskem času pa srne oblikujejo matriarhalne zimske prehranjevalne skupine/trope, ki jih sestavljajo številne odrasle srne (občasno tudi manj številčni srnjaki), mladiči in enoletne srne. Večje formacije se oblikujejo predvsem pri srnjadi, ki poseljuje odprto kmetijsko krajino (Kjellander in sod. 2004).

Prostorski premiki srnjadi so pogojeni s kvaliteto habitata, sezonsko dostopnostjo prehranskih virov in obdobjem razmnoževanja ter se razlikujejo med spoloma in različnimi življenjskimi obdobji (mladiči, enoletni osebki ali odrasli; Morellet in sod. 2011, 2013; Pagon in sod. 2017). Srnjad je značilno teritorialna vrsta (Vanpé in sod. 2008, 2009); velikost življenjskega okolija je pogojena predvsem s količino prehranskih virov v različnih sezonah (Lovari in sod. 2017). Srnjaki odražajo teritorialnost le na območju vzpostavljenega življenjskega prostora in odražajo prostorsko zvestobo prvotno izbranemu teritoriju, ki ga osvojijo med t. i. mladostno disperzijo (obdobjem iskanja in vzpostavljanja novega teritorija stran od starševskega teritorija); meje teritorija zlasti starejših srnjakov se med leti praviloma

ne spreminjajo (Melis in sod. 2004). Srne imajo manj izrazito teritorialno vedenje od srnjakov (Chapman in sod. 1993; Lamberti in sod. 2006), kljub temu pa v času razmnoževanja in poleganja mladičev izražajo močno prostorsko navezanost posameznem življenjskemu okolju (Danilkin in Hewison 1996; Lamberti in sod. 2006; Nilsen in sod. 2004; Wahlström in Liberg 1995). Novejše študije prostorskega vedenja kažejo, da je teritorialno vedenje prisotno tudi med srnami pri izbiri srnjakov med razmnoževalnim obdobjem, ko se srne pogosto odpravijo na daljše paritvene izlete (Lovari in sod. 2008). Daljši paritveni izleti srn imajo pomembno genetsko ozadje, saj s prostorskimi premiki in iskanjem partnerjev na daljših razdaljah zmanjšujejo verjetnost parjenja v sorodstvu in prispevajo k povečanju genetske variabilnosti populacij v domačem okolju (Debeffe in sod. 2014). Daljši prostorski premiki, ki lahko presegajo razdaljo tudi več 10 km od starševskega življenjskega prostora (Tóth in sod. 2010, 2016), so značilni predvsem za enoletno srnjad v času mladostne disperzije (Rossi in sod. 2003). V iskanje novega teritorija stran od starševskega se odpravijo predvsem enoletni samci (lanščaki); kljub temu pa sodobne prostorske študije kažejo, da mladostna disperzija najbrž ni spolno pogojena, temveč je odvisna od številnih populacijskih in okoljskih dejavnikov, kot so gostota populacij v domačem okolju, količina dostopnih virov ter prisotnosti teritorialnih srnjakov v neposredni bližini (Biosa in sod. 2015; Coulon in sod. 2006; Gaillard in sod. 2008).

1.1.5 Upravljanje in dosedanje molekularne študije srnjadi v Sloveniji

Ocenjeno je, da v Sloveniji živi okrog 200.000 osebkov srnjadi; gostota populacij srnjadi pri nas tako znaša povprečno okoli 10 osebkov/km (Jerina in sod. 2017). V Sloveniji je bilo v obdobju 2010–2020 iz lovišč odvzetih (t. i. skupna registrirana smrtnost) >445.000 osebkov srnjadi oz. med 37.912 in 41.869 živali letno (Oslis 2021) (Preglednica 1). Zaradi velike številčnosti srnjadi in njene razširjenosti po skoraj celotni državi, pomembnega lovsko-upravljaljskega pomena, vloge in vplivov v gozdnih ter agrarnih ekosistemih je za uravnotežen razvoj kopenskih ekosistemov in trajnostno rabo njihovih potencialov zelo pomembno učinkovito upravljanje z vrsto v skladu z ekosistemsko, ekonomsko ter socio-politično nosilno zmogljivostjo okolja (Pokorny 2008, 2009).

Preglednica 1: Podatki o letnem odvzemu srnjadi po strukturi in spolu (m/ž) v obdobju od leta 2010 do 2021 (vir: Oslis 2021).

Struktura / leto	2020	2019	2018	2017	2016	2015	2014	2013	2012	2011	2010
večletne (ž)	7978	8154	8667	8982	8645	8887	8778	8888	8480	8054	8591
večletni (m)	7975	8256	8295	8570	8455	8653	8680	8422	8595	8522	8530
mladiči (ž)	6545	6939	6635	7575	7355	7335	7573	7310	8246	7856	8140
mladiči (m)	5328	5746	5312	6102	5962	5881	6175	5938	7213	6556	7072
enoletni (m)	5904	5576	6407	6221	6169	6432	5963	6042	5229	5583	5091
enoletne (ž)	4182	4085	4472	4419	4363	4482	4239	4436	4005	4001	4244
VSOTA	37912	38756	39788	41869	40949	41670	41408	41036	41768	40572	41668

Upravljanje s srnjadjo v Sloveniji, ki temelji na načelu trajnostne rabe divjadi kot obnovljivega naravnega vira (Hlad in Skoberne 2001), je sistematično, dobro načrtovano in kontrolirano (Pokorny 2009). Zbiranje številnih atributnih podatkov, okoljskih in populacijskih kazalnikov, kot so telesne mase, objedanje gozdnega mladja, struktura in število odvzema ter kazalnikov o posameznih osebkih (npr. natančne lokacije odvzema), ki jih pri nas zbiramo za trajnostno adaptivno upravljanje populacij oz. za namene t. i. kontrolne metode (Adamič in Jerina 2006; Stergar in sod. 2012a,b), zelo pomembno prispevajo k boljšemu poznavanju vrste, vključno z lastnostmi, ki so pomembne za preišljene upravljavske odločitve. Kljub temu, da Slovenija po zbiranju številnih kakovostnih vhodnih populacijskih in ekoloških podatkov srnjadi ter razvoja celostnih podatkovnih baz, ki so na voljo v upravljavskem procesu, sodi med vodilne države na svetu (Putman 2008), pa se pri upravljanju pojavljajo tudi številne dileme, in sicer zaradi preslabega poznavanja nekaterih bioloških in genetskih značilnosti te vrste v lokalnem okolju (Buzan in sod. 2020b; Pokorny 2009).

Molekularne študije se v zadnjih letih pogosto vključujejo v vsakdanjo prakso upravljanja divjadi v Evropi (npr. Apollonio in sod. 2017; Iacolina in sod. 2021; Martchenko in sod. 2018), saj so dragoceno orodje za spremljanje genetskih sprememb, strukture in viabilnosti populacij divjadi, omogočajo pa tudi natančnejše ugotavljanje velikosti/številčnosti populacij (Giglio in sod. 2016). Združevanje molekularnih študij in prostorskih podatkov, dostopnih v lovsko upravljavskih podatkovnih bazah, omogoča vpogled v populacijsko dinamiko, odpornost, viabilnost in raznolikost populacij, prepoznavanje potencialnih ovir za

disperzije in migracije, ocenjevanje številčnosti ter stopnje hibridizacije med sorodnimi vrstami. Tako njihova implementacija v upravljanje divjadi pomembno prispeva k boljšemu razumevanju ekoloških, vedenjskih in prostorskih značilnosti ter adaptivnega prilagajanja na spreminjajoče se okolje (Deyong in Honeycutt 2005; Skrbinšek in sod. 2019; Waits in sod. 2016).

V nasprotju z genetskimi lastnostmi srnjadi, ki jih tudi v širšem evropskem prostoru dodobra spoznavamo šele v zadnjih dveh desetletjih (npr. Baker in Hoelzel 2013; Hewison in Danilkin 2001; Lorenzini in sod. 2014; Matusiuk in sod. 2014; Olano-Marin in sod. 2014), so druge biološke značilnosti srnjadi v Evropi relativno dobro poznane; to velja tudi za rabo prostora, prostorsko vedenje in odnose (interakcije) med osebki ter populacijami (zbrano v Andersen in sod. 1998). Tudi v Sloveniji do nedavnega (Bončina in sod. 2019; Bužan in sod. 2019, 2020b; Sternad 2018) genetskih raziskav srnjadi sploh ni bilo, zato nismo imeli relevantnih podatkov o genetski strukturi, genetskem pretoku in sorodstvenih razmerjih; slednja, npr., omogočajo poznavanje in razumevanje morebitnega veččetovstva znotraj istih legel in/ali dejanskega razmnoževalnega potenciala posameznih samcev ter samic. 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. Jarnemo 2004; Linnell in Andersen 1995; Panzacchi in sod. 2009).

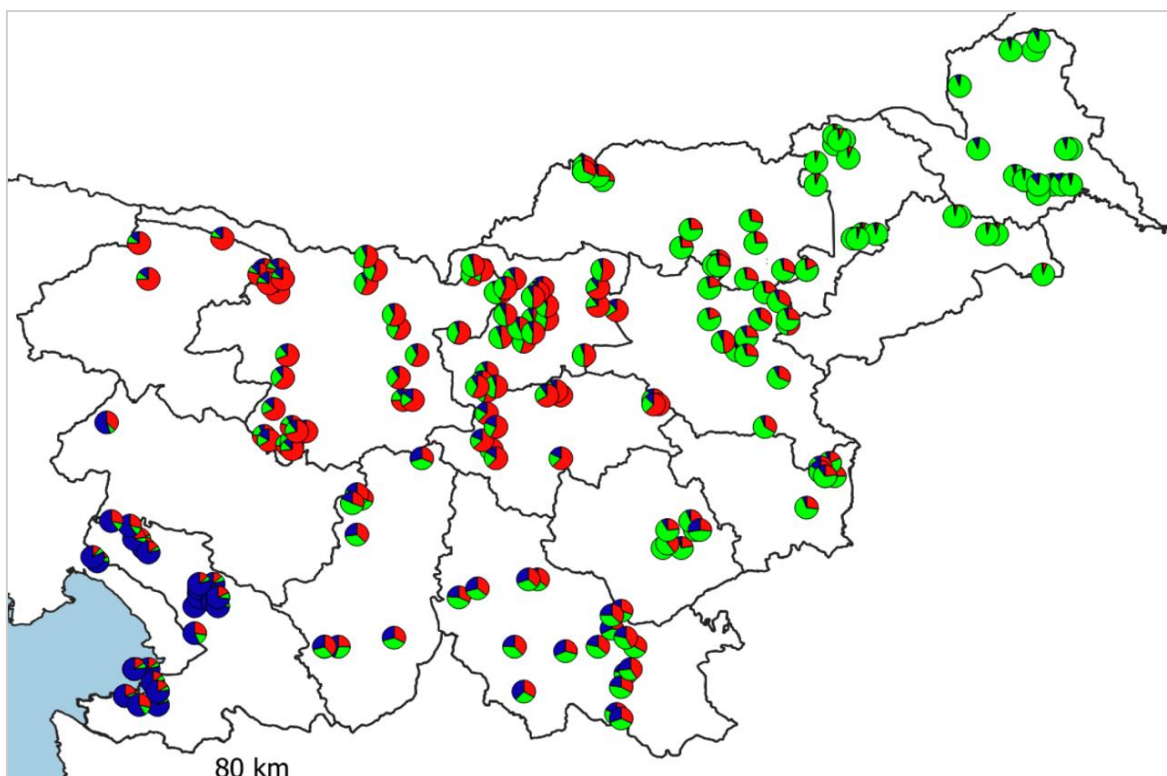
Številne študije, ki temeljijo na mitohondrijski DNK (mtDNK), so potrdile, da populacije srnjadi v Evropi pripadajo trem filogenetskim kladam: zahodni, centralni in vzhodni (Randi in sod. 2004; Vernesi in sod. 2002); Slovenija predstavlja kontaktno cono vzhodne in centralne filogenetske klade (Plis in sod. 2015). Na genetske značilnosti srnjadi v Sloveniji je vplivala predvsem pestra zgodovina vrste, ki je podrobneje opisana v *Poglavju 1.1.2*.

Prvo sistematično molekularno študijo srnjadi v slovenskem prostoru so izvedli Bužan in sod. (2020b), ki so določili genetsko pestrost, populacijsko strukturo in dejavnike genetske pestrosti, ki vplivajo na fitness oz. telesno maso in stopnjo reproduktivnega potenciala srnjadi v Sloveniji (Slika 3). S pomočjo genotipizacije mikrosatelitnih lokusov so ugotovili, da na prostorske razlike v genetski pestrosti vrste vplivajo predvsem populacijska zgodovina naseljevanja/razširjanja vrste, različni pristopi upravljanja populacij in različna stopnja povezanosti med (sub)populacijami v topografsko pestri prostorski krajini Slovenije.

Študija genetske strukture in ostalih genetskih značilnosti srnjadi v Sloveniji sta pokazali (Bužan in sod. 2020b):

- i) visoko stopnjo prostorske navezanosti vrste, a hkrati obstoj kontaktnih con pretoka/mešanja genov med populacijami v različnih geografskih območjih;

- ii) pozitivno korelacijo med genetskimi značilnostmi (t. i. stopnjo heterozigotnosti na ravni osebkov) in fitnessom posameznih osebkov, ki potrjuje, da višja stopnja heterozigotnosti pozitivno vpliva na fitness in viabilnost populacij srnjadi;
- ii) zmerno genetsko pestrost populacij ($H_o = 0.57\text{--}0.65$) slovenske srnjadi v primerjavi z evropskimi populacijami;
- iv) populacije srnjadi se po genetski strukturi glede na prostorsko umeščenost/razporeditev delijo na tri gruče: južno mediteransko-kraško, osrednje-slovensko in subpanonsko v severovzhodnem delu Slovenije (Slika 3);
- v) prostorske razlike v genetski pestrosti populacij srnjadi, ki so posledica populacijske zgodovine naseljevanja vrste, uporabe različnih upravljaljskih pristopov v Sloveniji in različno stopnjo povezanosti med (sub)populacijami v topografsko različnih geografskih območjih;
- vi) genetske razlike v pestrosti populacij so pogojene z obstojem naravnih geografskih in antropogenih ovir, kot so urbana območja in avtoceste.



Slika 3: Genetska struktura evropske srne v Sloveniji, določena na podlagi analize mikrosatelitnih lokusov; populacijska analiza je potrdila obstoj treh genetskih gruč: osrednje slovenske (rdeče), subpanonske (zeleno) in mediteransko-kraške (modro) (vir: Bužan in sod. 2020b).

1.2 Divji prašič

1.2.1 Opis vrste in varstveni status

Divji prašič (*Sus scrofa*) sodi v red sodoprstih kopitarjev (Artyodactyla), podred neprežvekovalcev (Agnarsson in May-Collado 2008; Frantz in sod. 2016; Kryštufek 1991) in je edini predstavnik družine prašičev ali svinj (Suidae) v Sloveniji (Slika 4). Divji prašič je eden izmed najštevilčnejših prostoživečih parkljarjev v Evropi (po oceni v Evropi živi >4 milijonov divjih prašičev) in je sesalec z enim največjih arealov razširjenosti na svetu (Barrios-Garcia in Ballari 2012). Ker se populacijska velikost in prostorska razširjenost po svetu kot tudi celotnem evropskem prostoru v zadnjih treh desetletjih povečujeta (Bieber in Ruf 2005; Massei in sod. 2015), je vrsta uvrščena na rdeči seznam Svetovne zveze za varstvo narave (IUCN) kot vrsta zunaj neposredne nevarnosti (angl. *least concern*) (Keuling in Leus 2019).



Slika 4: Divji prašič (foto: Aja Bončina).

Za divjega prašiča je značilen ozek in stisnjen, klinast trup, ki meri do 200 cm (Krže 1982, 1983). Telesna masa odraslih divjih prašičev je med 70 do 250 kg (Mehle in sod. 2003); ta

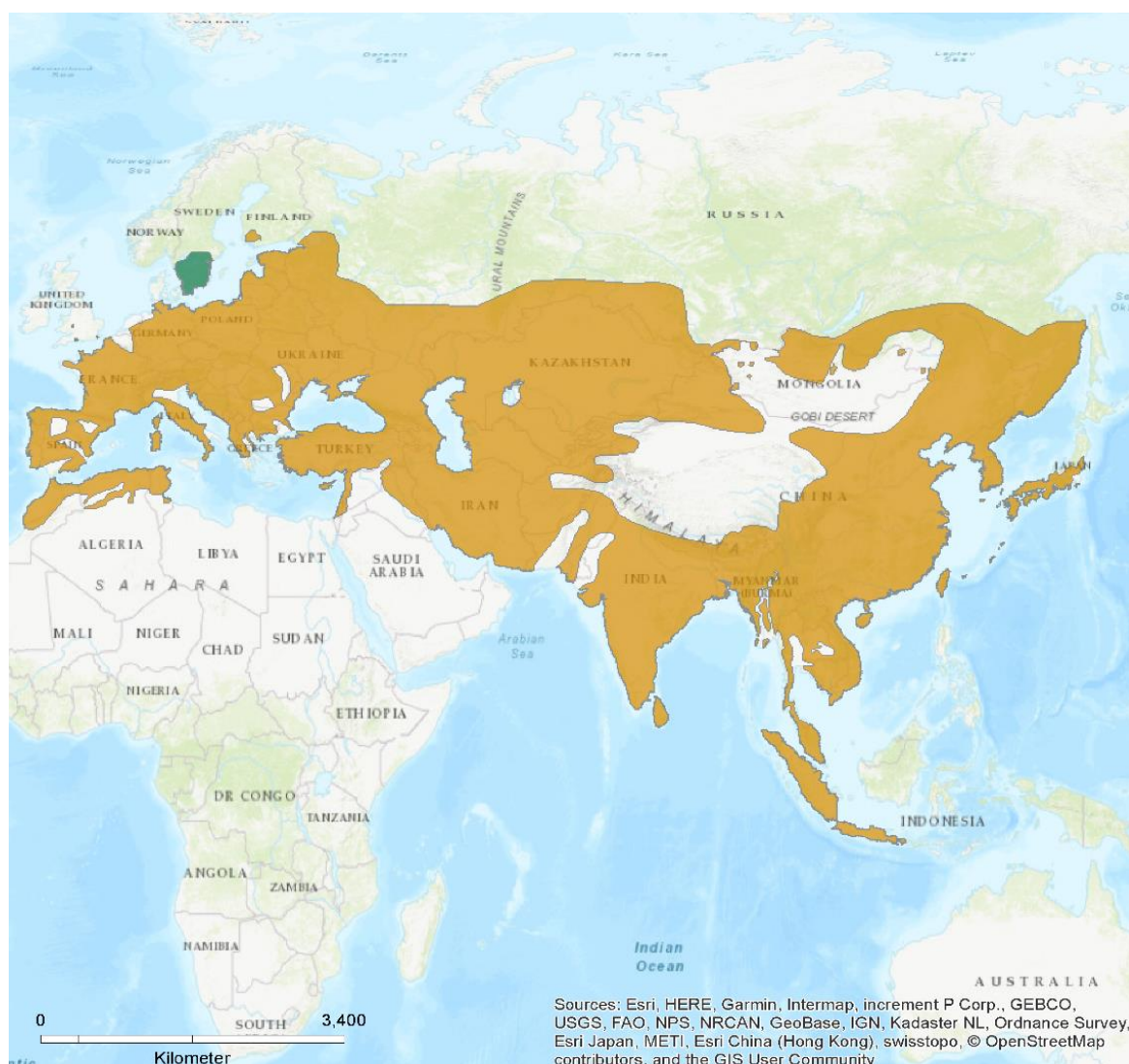
je predvsem odvisna od medletnih nihanj v letnih padavinah in predvsem od količine obroda plodonosnih listavcev ter deleža kmetijskih in travnatih površin (Stergar in sod. 2011). Ima do 20 cm dolg rep, ki se konča s čopom dlak (Kryštufek 1991). Za divje prašiče je značilen izrazit spolni dimorfizem; samci so veliko težji in od 1,3- do 1,5-krat večji od samic (Krže 1982). Divji prašič ima kratke in močne noge (LZS 2021) s po štirimi prsti; prednja prsta sta zelo močna, zadnja dva pa zakrnela (Krže 1982). Prosti členek prsta je ovit v roževinasti parkelj. Glava je značilno klinaste oblike in se postopoma zožuje v koničast rilec, na katerem se nahaja t. i. rilčeva plošča z nosnicama (Kryštufek 1991). Za divjega prašiča so značilni veliki, ostri, navzven izvihani čekani, ki so pri samcih večji in močnejši (Kryštufek 1991; Krže 1982). Površinsko in globinsko ritje, ki je značilno za divjega prašiča, omogoča močan mišičast rilec ter zelo gibljiva in močna spodnja čeljust (Krže, 1982). Ima majhne oči, uhlji so široki, kratki in pokončno naravnani (Kryštufek 1991; LZS 2021). Ker ima razmeroma majhne oči, se zanaša predvsem na odličen vonj in dober sluh (Fulgione in sod. 2017; Sheaton in Standford 2009). Telo ima poraslo z rumenkastimi, rjavkastimi in sivo črnimi ščetinami, ki so v poletnem času redkejše, pozimi pa dodatno ojačane z gosto podlanko (Krže 1982). Za mladiče so značilne rjavkasto rumene ščetine, po zgornjem delu trupa pa svetlo rjave do temnorjave vzdolžne proge (Krže 1982; LZS 2021).

1.2.2 Razširjenost in taksonomija

Divji prašič je ena najuspešnejših sinantropnih (na življenje z ljudmi prilagojenih) vrst prostoživečih živali in je ena izmed najštevilčnejših in najbolj razširjenih vrst sesalcev na svetu (Barrios-Garcia in Ballari 2012; Keuling in Leus 2019). Ta vrsta zgodnjega Pleistocena izvira iz Jugovzhodne Azije (Bosse 2019; Chen in sod. 2007), od koder je svoj naravni areal razširila skozi celotno območje Palearktike, vse od Zahodne Evrope, Sredozemlja in Severne Afrike oz. vzhodne Rusije, Indije in Japonske (Bosch in sod. 2017; Keuling in Leus 2019) (Slika 5). S pomočjo človeka se je vrsta razširila še v nekatere druge predele Afrike, Severne in Južne Amerike, Avstralije in Oceanije (Long 2003; zbrano v Stergar in Jerina 2019). Evolucija vrste sega od 5 do 1,2 milijonov let nazaj, najverjetneje pa je speciacija potekla pred 4,2 milijoni let; primarna kolonizacija je vključevala Azijski kontinent, v zgodnjem Pleistocenu (pred 1,5 – 1 milijonov let) pa se je razširila po evrazijskem in severno-ameriškem kontinentu in diferencirala v obdobju Pleistocena zaradi temperaturnih fluktuacij in podnebnih sprememb na več evlucijskih linij (zbrano v Bosse 2019).

Divji prašič je zelo prilagodljiva vrsta; zaseda široko paleto habitatov zmernega in tropskega pasu, od polpuščav, tropskih deževnih gozdov, zmernih gozdov, mokrišč, stepskih in alpskih travnišč, do odprtih habitatov urbanih in suburbanih območij. V Evropi najraje izbira listnate gozdove, še zlasti zimzelene hrastove gozdove, najdemo pa ga tudi v bolj odprtih habitatih, kot so stepe, sredozemska grmičevja in kmetijska zemljišča (Abaigar in sod. 1994; Acevedo in sod. 2006, 2014; Schley in Roper 2003). Naseljuje nadmorske višine

do 2.400 m v Pirenejih (Palomo in Gisbert 2002), še na višjih nadmorskih višinah pa ga najdemo v Aziji (Keuling in Leus 2019).



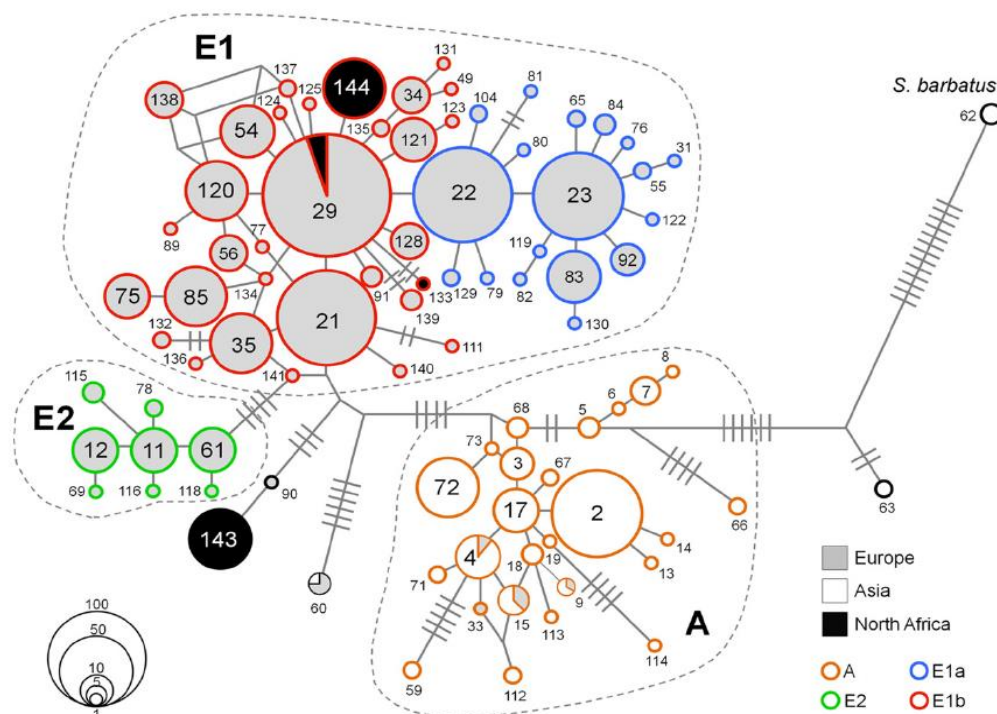
Slika 5: Razširjenost divjega prašiča. Na zemljevidu je vidna izvorna prostorska razširjenost divjega prašiča (oranžno) in območje ponovne naselitve divjega prašiča (zeleno) (vir: Keuling in Leus 2019).

V zadnjih treh desetletjih sta se številčnost in prostorska razširjenost divjega prašiča v Evropi in svetu občutno povečali (Massei in sod. 2015), kar je posledica njegove izjemne prilagodljivosti (Johann in sod. 2020; Podgórski in sod. 2013), odpornosti in vzdržljivosti (npr. Torres in sod. 2020), visoke stopnje plodnosti in razmnoževalnega potenciala, ki velja v odnosu s telesno maso za največjo med parkljarji (Fonseca in sod. 2011; Frauendorf in sod. 2016; Jelenko in sod. 2014a,b) ter izjemno hitre populacijske rasti, ki ponekod presega $r > 2$, oz. se lahko letna populacijska rast pri divjem prašiču podvoji v primerjavi s vrednostmi preteklega leta (Bieber in Ruf 2005; Keuling in sod. 2013).

Taksonomija divjega prašiča je kompleksna; vrsta je diferencirala skozi evlucijsko zgodovino v različne podvrste, ki jih je glede na morfološke značilnosti več kot 20 podvrst oz. evlucijskih linij (Groves 1981; Mayer in Brisbin 1991; zbrano v Albarella in sod. 2009). Sodobnejše molekularne analize mitohondrijskega genoma kažejo jasno filogeografsko porazdelitev genetskih kladov divjega prašiča v Evropi (Vilaça in sod. 2014), ki pa ne sovpadajo nujno z opredelitvijo podvrst, določenih na podlagi morfoloških značilnosti (Larson in sod. 2005, 2007).

V Evropi so se izoblikovali trije genetsko različni kladi divjega prašiča (Slika 6):

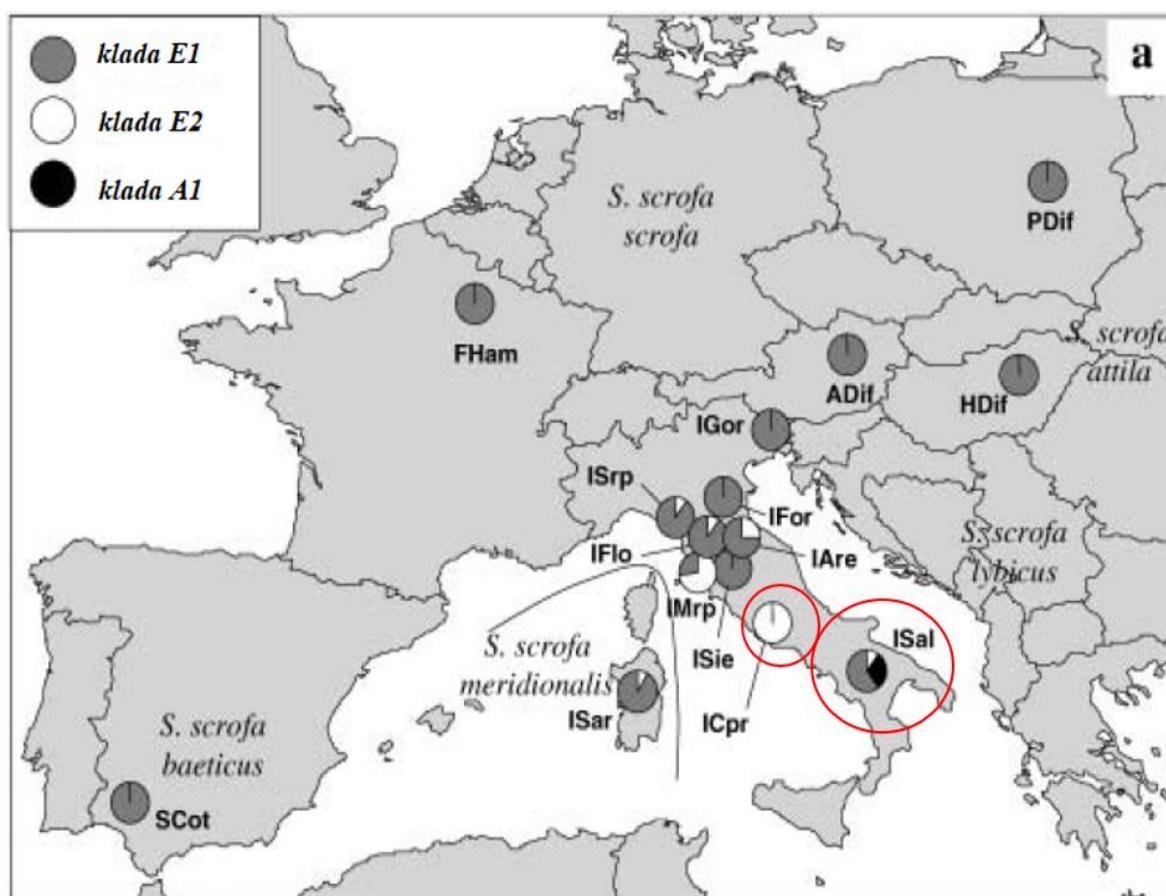
- i) edinstven genetski klad (E2) v Italiji, ki predstavlja genetsko najbolj pestre populacije divjih prašičev v Evropi;
- ii) evrazijski, splošno razširjen genetski klad (E1);
- iii) genetski klad vzhodnoazijskega haplotipa (A), ki ostaja le še v italijanskih populacijah divjih prašičev in je po vsej verjetnosti posledica introgresije alelov pasemskih domačih prašičev (Scandura in sod. 2008, 2011; Vilaça in sod. 2014).



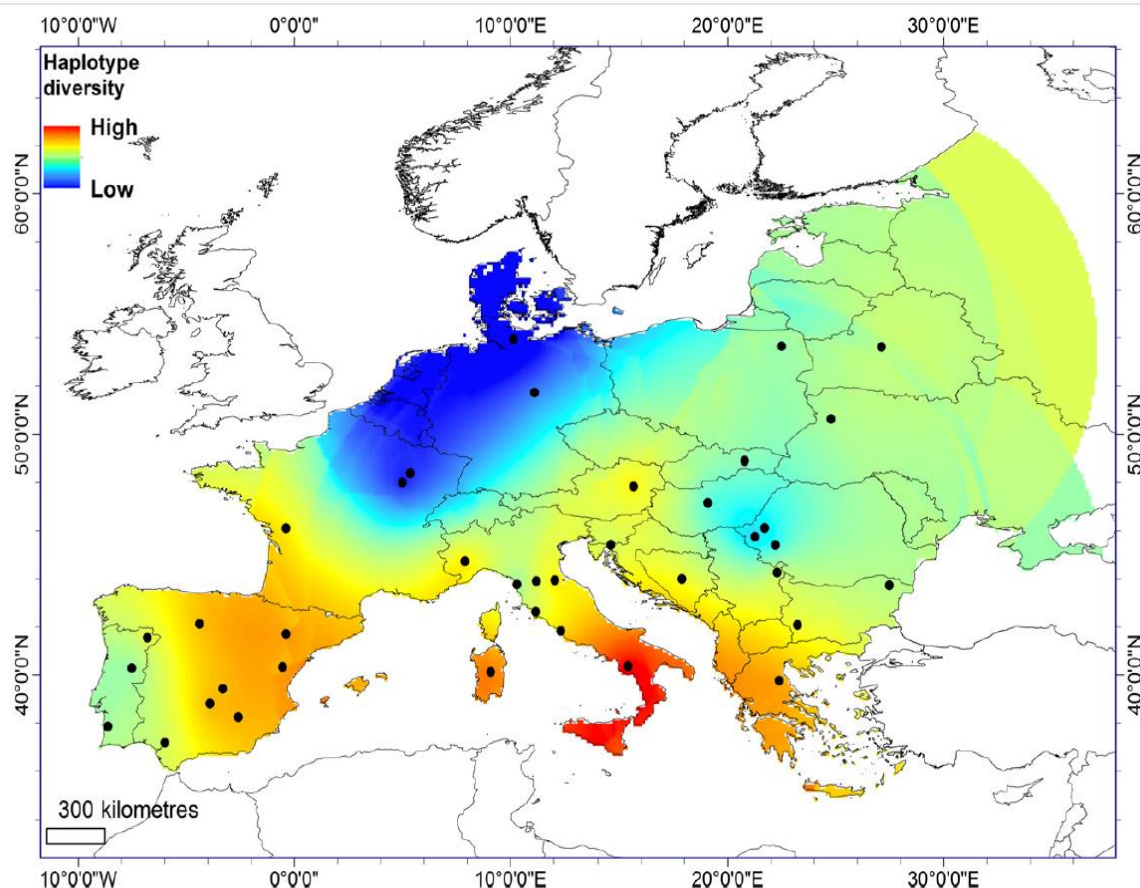
Slika 6: Porazdelitev populacij divjega prašiča v Evropi, Aziji in Severni Afriki na podlagi mitohondrijskega genoma (haplotipov) na tri genetske gruč: splošno razširjen evropski klad E1, edinstven genetski klad italijanskih populacij (E2) in azijski genetski klad (A) (vir: Vilaça in sod. 2014).

Oblikovanje genetsko različnih kladov divjega prašiča v Evropi je posledica obdobja izrednih fluktuacij v temperaturi in klimatskih razmerah v času poledenitev Paleozoika. V

tem času je bila južna Italija zaradi milejših klimatskih razmer ledenodobni refugij (zatočišče) populacijam divjih prašičev. Po poledenitvi so se vse populacije (z izjemo južnoitalijanskih) razširile po celotni Evropi, zato je evrazijski genetski klad E1 razširjen skozi celoten evropski prostor. V Italiji pa sta se zaradi obstoja naravne bariere (Alp) ohranila edinstvena genetska klada (endemičen južno italijanski genetski klad E2 ter azijski genetski klad A1); po drugi strani pa je prostorska bariera Alp onemogočila razširjanje teh populacij na ostala območja (Slika 7). Tako so italijanske populacije genetsko najbolj pestre, saj so zaradi obstoja naravne ovire ohranile visoko stopnjo izvorne jugovzhodno-azijske genetske pestrosti (Scandura in sod. 2008; Vilača in sod. 2014). Gradient genetske pestrosti se zmanjšuje v smeri od najbolj genetsko pestrih populacij na območju refugijev Južne Evrope proti manj pestrim populacijami Severne Evrope (Slika 8), kar je splošna značilnost živalskih vrst (Bužan in sod. 2010; Kryštufek in sod. 2007; Vilača in sod. 2014).



Slika 7: Filogeografska porazdelitev genetskih kladov divjega prašiča v Evropi (klad E1, E2, A1; vir: Scandura in sod. 2008). Z rdečo so označeni edinstveni genetski kladi italijanskih populacij divjega prašiča (E2 in A1).



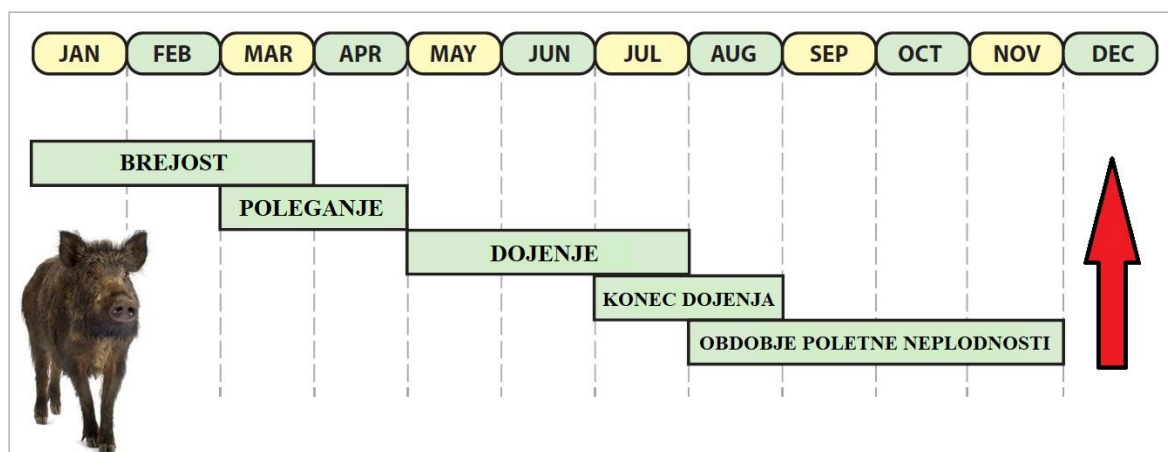
Slika 8: Ocenjena porazdelitev genetske pestrosti mitohondrijskega genoma (mtDNK) populacij divjega prašiča v Evropi. Rdeča barva prikazuje veliko genetsko variabilnost mtDNK, modra pa majhno (vir: Vilača in sod. 2014).

1.2.3 Razmnoževanje

Divji prašič je izjemno prilagodljiva vrsta (Johann in sod. 2020; Spencer in sod. 2005), z visoko stopnjo plodnosti in razmnoževalnega potenciala (Mayer in Brisbin 2010; Jelenko in sod. 2014a,b), ki velja za največjo med parkljarji (Fonseca in sod. 2011; Frauendorf in sod. 2016). Velika sposobnost razmnoževanja pri divjem prašiču je posledica zelo zgodnjega spolnega dozorevanja, razmeroma kratkega časa brejosti (praviloma od 118 do 140 dni) in velikega števila zarodkov/mladičev pri posamezni brejosti (zbrano v Jelenko in sod. 2013a). Svinje postanejo paritveno sposobne že pri telesni masi nekje med 27 in 33 kg (Servanty in sod. 2009), kar pomeni, da se lahko prvič pariyo že v starosti od 8 do 10 mesecev oz. po nekaterih ugotovitvah lahko spolno dozoriyo že pri petih mesecih (Gethöffer in sod. 2007). Na reprodukcijo in reproduktivni potencial divjih prašičev vplivajo številni dejavniki (Hebeisen 2007), kot so razpoložljivost hrane, vključno s kmetijskimi kulturami, obrodnom plodonosnih listavcev in krmljenjem (Bieber in Ruf 2005; Geisser in Reyer 2005; Gethöffer in sod. 2007; Jerina 2006), letni čas ter vremenske razmere (Gethöffer in sod. 2007; Pokorny

in sod. 2010; Servanty in sod. 2009), zemljepisna širina (Bywater in sod. 2010; Fonseca in sod. 2004) ter intenzivnost in čas lova (zbrano v Jelenko in sod. 2013a; Spencer in sod. 2005).

Razmnoževalna strategija divjega prašiča je na podlagi prostorske razporeditve reproduktivnih osebkov in stopnje spolnega dimorfizma tradicionalno opisana kot poligamna (Poteaux in sod. 2009). Samice tvorijo t. i. »družinske« trope, sestavljene iz sorodnih enoletnih in odraslih svinj s potomci, običajno solitarno živeti merjasci pa se tropom pridružijo le v obdobju razmnoževanja. Običajen letni reproduktivni cikel odraslih svinj je prikazan na Sliki 9. Parjenje ali bukanje poteka najbolj intenzivno v jesenskem času, običajno med oktobrom in decembrom. Z razmnoževanjem je povezano tudi značilno reproduktivno vedenje; merjasci se v tem času pogosto odpravijo na daljše paritvene izlete in izražajo značilno spolno teritorialnost proti ostalim samcem (Fernández-Llario 2005; Pérez-González in sod. 2014). Brejost samic traja od 114 do 130 dni pri mlajših samicah, ki so prvič sodelovale v reproduktivnem ciklu, oz. 113 do 140 dni pri starejših svinjah. Poleganje mladičev je najbolj intenzivno med marcem in majem, čeprav so posamezna legla lahko tudi v vseh drugih mesecih (Pokorny in sod. 2010); pri tem breja svinja pogosto zapusti matriarhalno skupino in zgradi posebno gnezdo iz okoliškega rastlinja, za poleg mladičev, v neposredni bližini tropa. Ponovno se tropu pridruži običajno po štirih do šestih dneh po poleganju (zbrano v Tack 2018).



Slika 9: Najbolj pogost reproduktivni letni cikel odraslih svinj. Rdeča puščica označuje višek obdobja parjenja ali bukanja (prirejeno po Tuck in sod. 2018).

Samice divjih prašičev v Sloveniji imajo velik razmnoževalni potencial. Povprečna velikost legla pri ozimkah (mladiči do starosti 12 mesecev) in lanščakinjah (osebki med starostjo 12 in 24 mesecev) je npr. v letu 2012/13 v Sloveniji znašala 3,9, pri odraslih svinjah pa 6,0 plodov (Jelenko in sod. 2013a; 2014b). Legla divjih prašičev pa lahko štejejo tudi do 12 mladičev, pri čemer je število zarodkov oz. velikost legla v tesni povezavi s telesno maso in

starostjo svinj: z večjo starostjo in/ali z večjo telesno maso matere se skoraj linearno povečuje velikost legla (zbrano v Jelenko in sod. 2014a). To pomeni, da imajo bolj vitalne in telesno močne samice večjo razmnoževalno sposobnost. V zadnjih letih pa je vedno pogostejši pojav celoletnega poleganja mladičev, pri nas še zlasti v primorski Sloveniji (Pokorny in sod. 2010); to pomeni, da so lahko samice divjih prašičev v eni od faz razmnoževanja skoraj vse leto, od pozne zime do pomladi pa so skoraj vse enoletne in odrasle svinje breje (Jelenko in sod. 2014b). Rezultati raziskav reproduktivnega potenciala divjega prašiča pri nas so pokazali visoko stopnjo plodnosti in reproduktivnega potenciala svinj, saj je bilo v letu 2012/13 kar 37 % mladičev starosti od osem do deset mesecev oplojenih, kar je veljalo tudi za skoraj vse lanščakinje (*ibid.*). Ta podatek ni presenetljiv, saj samice divjih prašičev v zadnjem obdobju praviloma spolno dozori pred prvim letom starosti (lahko celo pri petih mesecih; Bieber in Ruf 2005; Gethöffer in sod. 2007). Spolna zrelost je sicer bolj kot od starosti odvisna od telesne mase svinje – mejna vrednost je ocenjena nekje med 27 in 33 kg (Sabrina in sod. 2009).

1.2.4 Prehranjevalne, socialne in prostorske značilnosti divjega prašiča

Socialno življenje, velik reprodukcijski potencial, velika gibljivost, generalistična vsejeda prehranjevalna strategija ob zmožnosti specializacije na energetsko bogate vire hrane in inteligenca so vrstne značilnosti, ki omogočajo uspešnost, prostorsko širjenje in povečevanje velikosti populacij divjega prašiča tako v celotnem evropskem prostoru kot tudi v Sloveniji (zbrano v Jerina 2006).

Sezonske, medletne in regionalne razlike v prehrani divjih prašičev nakazujejo, da je prehranjevalna strategija divjega prašiča izjemno pestra in je odvisna predvsem od dostopnosti različnih virov hrane v različnih sezonah in geografskih legah (Schley in Roper 2003). Prisotnost določenih talnih živalskih taksonomskih skupin, kot so deževniki (Lumbricidae), polži (Gastropoda), hrošči (Coleoptera), predvsem ličinke majskih hroščev (*Melolontha melolontha*) (Baubet in sod. 2003; Cocca in sod. 2007; Drenik in Kos 2007) oz. zelo pogosto tudi čebulice pomladanskega žafrana (*Crocus vernus*) (Veternik in Mehle 2010), pomeni izjemno pomemben vir hrane za divjega prašiča, ki je po svoji prehranski strategiji oportunistični omnivor (vsejed) z afiniteto do lahko dosegljivih, a tudi energetsko bogatih virov predvsem rastlinske hrane (zbrano v Jelenko in sod. 2013b), kot so plodovi (žir, želod in kostanj), gomolji in čebulice, korenike, sadje ter semena (Baubet in sod. 2004; Herrero in sod. 2005; Massei in sod. 1996; Schley in Roper 2003). Pogosto (predvsem v zimskem času) pa posega tudi po različnih energetsko bogatih nevretenčarskih vrstah, zlasti insektih (Herrero in sod. 2006). Divji prašiči so tudi fakultativni mrhovinarji, ki se občasno prehranjujejo s trupli različnih vretenčarskih vrst (npr. srn in krav) (DeVault in Rhodes 2002).

Prehranjevalno vedenje divjega prašiča delimo na štiri načine prehranjevalnih strategij in sicer:

- i) paša različnih trav, zelišč, stebel in listov;
- ii) iskanje in prehranjevanje ob tleh z različnimi vrstami sadja, gliv in živalskih virov;
- iii) ritje oz. prehranjevanje z rizosomi, koreninami rastlin in različnimi vrstami nevretenčarjev;
- iv) plenjenje vretenčarskih vrst (zbrano v Ballari in Barrios-García 2014).

Socialna organiziranost divjega prašiča (Slika 10) običajno vključuje samce/merjasce, ki so izolirani od preostalih socialnih skupin in živijo solitarno življenje ter socialne skupine samic z njihovimi potomci (Bon in sod. 1986; Rosell in sod. 2004). Tradicionalno oblikovanje socialnih skupin divjega prašiča temelji na kohezivnih, matriarhalnih družbenih skupinah, t. i. »družinskih« tropih, ki jih sestavljajo ena ali več odraslih svinj z eno ali več kohortami potomcev (Briedermann 1986; Iacolina in sod. 2009). Pogosto se formirajo večje, matrilinealne in večgeneracijske družinske enote, ki se občasno razidejo, preoblikujejo ali izmenjujejo posamezne živali (Kaminski in sod. 2005; Poteaux in sod. 2009), najpogostejša velikost socialnih skupin pa predstavlja skupino s štirimi živalmi (Bon in sod. 1986; Podgórski in sod. 2014b).



Slika 10: Socialna organiziranost divjega prašiča običajno vključuje odrasle samice s potomci. Na sliki so vidni mladiči več kohort (foto: Aja Bončina).

Oblikovanje večjih socialnih skupin je opazno predvsem v jesenskem času oz. v obdobju bukanja, ko se matriarhalnim skupinam pridružijo tudi samci (zbrano v Maselli in sod. 2014). Po končanem dojenju, ki običajno traja približno štiri mesece, večina mladičev ženskega spola ostane pri materah; le približno 20 % enoletnih samic zapusti rojstno socialno skupino in se odpravi v natalno (mladostno) disperzijo oz. v iskanje novega življenjskega okolija (Kaminski in sod. 2005). Ko samice dosežejo spolno zrelost in se razmnožujejo, običajno s svojimi potomci ostanejo v osnovni matriarhalni skupini (*ibid.*). Struktura socialne organiziranosti divjega prašiča je predvsem odvisna od vodilnih odraslih svinj (vodnic), ki so odgovorne za povezanost/kohezijo socialnih skupin (Sodeikat in Pohlmeier 2003; Thurfjell in sod. 2009), zato lahko smrt odraslih svinj popolnoma spremeni socialno organiziranost skupine (Rosell in sod. 2004). Na stabilnost in socialne povezave divjega prašiča ima zato velik vpliv lov (odstrel), ki lahko povzroči spremembe med reproduktivnimi samicami ter posledično večje razlike v spolnem razmerju potomcev (Maselli in sod. 2014; Scillitani in sod. 2010).

Prostorski premiki divjega prašiča so pogojeni z dostopnostjo prehranskih virov, populacijsko gostoto, reproduktivno aktivnostjo, kvaliteto in porazdelitvijo virov v habitatu, sezono, socialno organiziranostjo in antropogenimi motnjami, zlasti lovnim naporom (zbrano v Allwin in sod. 2016). Divji prašič splošno ne velja za teritorialno žival, saj se življenjski okoliši tako samcev kot samic pogosto prekrivajo; kljub temu je teritorialnost občasno izrazita pri dominantnejši merjascih, predvsem v času razmnoževalnega obdobja (Allwin in sod. 2016; Jánoska in sod. 2018; Singer in sod. 2009). V tem času se merjasci približajo matriarhalnim skupinam in izražajo značilno agresivno teritorialno vedenje proti ostalim samcem, ki primarno izraža reproduktivno tekmovalnost, redkeje pa je med njimi prisotna tudi tekmovalnost za prehranske vire (Allwin in sod. 2016; Fernández-Llario 2004).

Velikost življenjskih okolišev variira v odvisnosti od prostorske porazdelitve virov, gostote vegetacijskega pokrova ter dostopnosti vodnih virov in je pri divjem prašiču običajno spolno pogojena (Allwin in sod. 2016). Povprečna velikost življenjskega okolija divjega prašiča meri 10 km² oz. variira med 1 do 9 km² (*ibid.*); največja dokumentirana velikost meri tudi več kot 3.500 ha (Fischer in sod. 2004; Jánoska in sod. 2018). Običajno merjasci prepotujejo večje dnevne razdalje, ter imajo za 2,5- do 4-krat večje življenjske okoliše od svinj (Allwin in sod. 2016; Gaston in sod. 2011).

Pri divjem prašiču je pogosta tudi prostorska navezanost (socialnih skupin) na izbrane življenjske okoliše (Jeziarski 2002; Keuling in sod. 2008; Scillitani in sod. 2010). Dolgoročna prostorska zvestoba/navezanost na relativno majhne življenjske okoliše je značilna predvsem za samice; te imajo pogosto prekrivajoče meje življenjskega okolija z ostalimi, bližnjimi svinjami (Boitani in sod. 1994), kar v teoriji pomeni, da prekrivajoči

življenjski okoliši svinj odražajo skupno genetsko linijo večjih samic ter da je genetska povezanost pogojena s prostorsko oddaljenostjo osebkov (zbrano v Iacolina in sod. 2009). Svinje imajo zelo majhen življenjski okoliš predvsem v času poleganja oz. v času skrbi za mladiče (praviloma marec–maj; Slika 9); ta meri do starosti mladičev približno treh tednov le od 0,1 do 0,5 km² (Allwin in sod. 2016). Ko mladiči dosežejo spolno zrelost, se podajo na natalno disperzijo oz. na iskanje novih prehranskih habitatov in življenjskega okoliša stran od starševskega. Pogostejša in daljša disperzija je pri divjih prašičih značilna zlasti za samce (Casas-Díaz in sod. 2013; Keuling in sod. 2010), ki se v povprečju odpravijo na razdaljo približno za 1–3 premere svojega življenjskega okoliša, lahko pa so daljše od 10 km od starševskega teritorija (Keuling in sod. 2010; Poteaux in sod. 2009; Truvé in Lemel 2003) oz. na dvakrat daljšo disperzijo od samic (Keuling in sod. 2010; Truvé in Lemel 2003).

Za samice je značilna prostorska zvestoba in krajša disperzija (<4,5 km; Truve in sod. 2004); vendar novejšje prostorske raziskave iz slovenskega okolja kažejo, da lahko posamezne svinje prepotujejo tudi zelo dolge (celo >100 km) razdalje, in sicer brez jasno znanega vzroka/prožila (Jerina in sod. 2014). Poleg natalne disperzije so za divjega prašiča značilne tudi reproduktivne disperzije v času najbolj intenzivnega razmnoževalnega obdobja oz. ko samci zapustijo svoje življenjske okoliše in se podajo na iskanje matriarhalne skupine (*ibid.*).

1.2.5 Upravljanje in molekularne študije divjega prašiča v Sloveniji

Začetek zdajšnje populacije divjega prašiča v Sloveniji predstavlja leto 1913, ko so iz obore na Gorjancih ušli svinja in štirje mladiči; v prihodnjih letih se je vrsta prostorsko širila, večala se je tudi njena številčnost (zbrano v Krže 1982). Tako se je odstrel divjih prašičev, ki velja kot dober kazalnik številčnosti vrste v Sloveniji, v obdobju 1970–2002 večal s povprečno letno stopnjo 12,3 % (Jerina 2006; Jelenko in Pokorny 2013). V zadnjih petdesetih letih se je odstrel te vrste povečal za skoraj 30-krat, s 472 uplenjenih živali v letu 1970 na 13.432 živali v letu 2019 (Oslis 2021). V Sloveniji je bilo v obdobju 2010–2021 iz lovišč odvzetih (t. i. skupna registrirana smrtnost) >114.000 osebkov divjega prašiča oz. med 7.304 in 13.432 živali letno (Preglednica 2).

Divji prašič ima značilno medletno nihanje v številčnosti, ki je predvsem pozitivno odvisno od obroda bukve in hrasta (večji obrod, večji prirast divjih prašičev) in negativno odvisno od količine snega (večja količina snega, manjši prirast v naslednjem letu). Za namene načrtovanja upravljanja s to vrsto se trenutno spremlja zgolj obseg škod v kmetijstvu, kar pa ni ustrezen parameter za natančno spremljanje populacijske dinamike (Flajšman in sod. 2019; Jerina in sod. 2013). Zaradi uspešne razmnoževalne strategije, nihajoče populacijske gostote, načina prehranjevanja, nočne aktivnosti ter dolgih disperzij je ocenjevanje številčnosti in upravljanje divjega prašiča nasploh izjemno zahtevno (Tack 2018).

Preglednica 2: Podatki o letnem odvzemu divjega prašiča po strukturi in spolu v obdobju od leta 2010 do 2021 (vir: Oslis 2021).

Struktura / Leto	2020	2019	2018	2017	2016	2015	2014	2013	2012	2011	2010
ozimci	2886	3915	2284	3503	2435	2281	2967	2281	3953	2083	2716
ozimke	2460	3547	2079	3258	2275	2135	2703	2214	3550	1908	2508
lanščaki	2583	2638	1712	2367	1879	1839	1658	1798	2432	1515	1601
lanščakinje	1655	1720	1295	1764	1295	1385	1239	1414	1847	1064	1222
svinje	743	1018	684	963	687	652	845	729	903	440	535
merjasci	526	594	427	605	476	288	519	380	472	294	375
VSOTA	1085 3	1343 2	8481	12460	9047	8580	9931	8816	13157	7304	8957

Kljub temu, da molekularne študije omogočajo širok spekter raziskovanja prostoživečih populacij (opisano v *Poglavju 1.1.5*), je bila do danes v slovenskem prostoru izvedena le ena molekularna študija divjega prašiča (Veličković in sod. 2014), kjer so preučili: i) raven genetske variabilnosti in strukturiranje populacij primerjalno z drugimi populacijami na Balkanu; ii) širjenje divjega prašiča na Balkanu in v Evropi; iii) vlogo genetskega sklada balkanskega ledenodobnega refugija pri ponovni naselitvi Evrope po obdobju zadnjega ledeniškega maksimuma v Pleistocenu (v nadaljevanju: LGM); ter iv) filogenetski položaj divjega prašiča na Balkanu v primerjavi z ostalimi populacijami v Evropi. Vendar so pomembne genetske značilnosti vrste, kot so genetska strukturiranost, populacijska struktura in ostale lastnosti, ki jih ugotavljamo z molekularnimi analizami (npr. preučevanje genetske povezanosti osebkov, pojav veččetovstva v leglih, prostorski vzorci in raba prostora posameznih strukturnih razredov) v slovenskem prostoru do sedaj domala nepoznane.

1.3 Molekularne študije genetske povezanosti in sorodstvenih odnosov

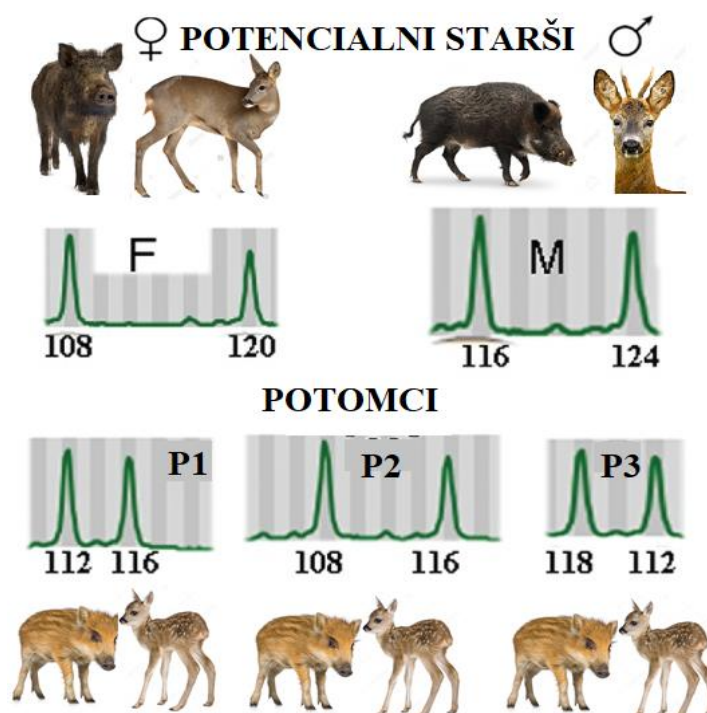
Molekularne študije so v kombinaciji z drugimi znanstvenimi pristopi izjemno pomembno orodje za preučevanje ekoloških, vedenjskih in prostorskih lastnosti, ki so pomembne za trajnostno upravljanje populacij (Deyong in Honeycutt 2005; Jones in sod. 2010). Uporaba genetskih študij se v zadnjih 20 letih eksponentno povečuje, predvsem zaradi hitrega razvoja novih genetskih markerjev in metodologij, zmanjševanja cene genetskih analiz ter vse večje avtomatizacije laboratorijskih tehnik (Deyong in Honeycutt, 2005; Waits in sod. 2016). To nam v 21. stoletju omogoča odgovore na čedalje širši spekter vprašanj, saj omogoča preučevanje na medvrstnem (npr. razlikovanje med vrstami) in znotrajvrstnem nivoju (preučevanje osebkov, populacij ter njihovih procesov). Genetske študije zato v kombinaciji z drugimi metodami prispevajo k boljšemu razumevanju ekoloških, vedenjskih in prostorskih značilnosti ter prilagoditev vrst na spreminjajoče se okolje (Deyong in Honeycutt 2005; Skrbinšek in sod. 2008; Waits in sod. 2016).

Poznavanje genetskih lastnosti vrst, kot je pojav veččetovstva ali vpliva na reproduktivni potencial in povezanost populacij, je zelo pomembno, saj vplivajo tudi na populacijsko dinamiko oz. na najpomembnejše znake življenjskih strategij (angl. *life-history traits*), kot je prirastek, ter na prostorsko vedenje vrste (npr. Barrett in sod. 2008; Benton in sod. 2018; Jackson in Fahrig 2011). Podatki o strukturiranosti in raznolikosti populacij, prepoznavanju potencialnih prostorskih barier, številčnosti, hibridizaciji med sorodnimi vrstami, razmnoževalnih značilnostih in drugih pomembnih parametrov za upravljanje, so bili do nedavnega le predmet grobih ocen (npr. Iacolina in sod. 2018; Podgórski in sod. 2014a,b; Poteaux in sod. 2009). Genetika pa nam lahko ponudi hitre in učinkovite odgovore na ta vprašanja, ki zagotavljajo trajnostno upravljanje populacij divjadi kot pomembnega naravnega vira (Deyong in Honeycutt 2005; Skrbinšek in sod. 2019; Waits in sod. 2016).

V zadnjih dveh desetletjih smo pričča razvoju sodobnih genetskih markerjev, kot so mikrosatelitni označevalci (msat; Jarne in Lagoda 1996) in polimorfizmi posameznih nukleotidov (SNP; Morin in sod. 2004), napredku analitičnih metod, razvoju genetske programske opreme (Sunnucks 2000) in avtomatizaciji sekvenciranja (zbrano v Deyong in Honeycutt 2005). Tako je molekularna ekologija, ki s pomočjo molekularnih metod odgovarja na številna ekološka vprašanja, postala pomemben del ekoloških študij. **Analiza sorodstvenih odnosov**, ki je bila prvič uporabljena v sedemdesetih in osemdesetih letih prejšnjega stoletja (Gowaty in Karlin 1984; Thompson 1975, 1976), je pomembno področje molekularne ekologije. Poznavanje sorodstvenih odnosov in starševstva omogoča preučevanje spolne selekcije (Coltman in sod. 2002; Jones in sod. 2009), evalvacijo uspešnosti vzreje ogroženih vrst (npr. Haig 1998; Planes in sod. 2009), preučevanje učinkovite velikosti populacij (Araki in sod. 2007), speciacije in naravne selekcije (Muhlfeld in sod. 2009). Analize genetske povezanosti in sorodstvenih odnosov omogočajo boljše poznavanje reproduktivnih značilnosti, saj omogočajo preučevanje vzorcev parjenja in obstoj veččetovstva pri različnih taksonih (DeYoung in sod. 2002), uspešnost razmnoževanja poligamnih vrst ter preučevanje vpliva demografskih dejavnikov na razmnoževalni uspeh (Deyong in Honeycutt 2005). Poleg analize starševstva/sorodstvenih razmerij je za določanje podrobne genetske strukturiranosti in spolno pogojenih vzorcev disperzije (npr. Coltman in sod. 2003; Moore in sod. 2014) zelo pomembna tudi **analiza genetske povezanosti** populacij (Deyong in Honeycutt 2005), ki pa za razliko od analize starševstva omogoča prepoznavanje stopnje sorodnosti, ne pa določanja vrste sorodstvenega razmerja med osebki (Blouin 2003; Van de Castelle in sod. 2001). Ta omogoča tudi preučevanje strukture sorodnosti, kvantitativno oceno dedovanja in je nepogrešljiva metoda za preučevanje vedenjske ekologije prostoživečih populacij (Deyong in Honeycutt 2005).

Osnovni princip analize sorodstvenih odnosov in genetske povezanosti temelji na Mendelejevih zakonih dedovanja. To pomeni, da pri diploidnih vrstah, kot sta srnjad in divji

prašič, potomec podeduje en materinski in en očetovski alel na vsakem lokusu (Slika 11); genotipizacija osebka zato omogoča razlikovanje sorodnih od nesorodnih razmerij (zbrano v Flanagan in Jones, 2019). Zato se za analizo sorodstvenih razmerij uporablja polimorfne molekularne označevalce oz. označevalce, ki imajo na posameznem lokusu vsaj dva alela. Prve analize genetske povezanosti in sorodstvenih odnosov so bile izvedene po letu 1970 in so temeljile na aloencimskih označevalcih (Selander 1976), desetletje kasneje pa na mitohondrijskih (mtDNK) označevalcih (Awise 2004). Vrh porasta in splošne popularizacije študij genetske povezanosti je omogočil razvoj novih molekularnih označevalcev, tj. kodominantnih, splošno dostopnih in izjemno polimorfnih mikrosatelitov (Awise 2004; Pemberton 2008), ki še vedno veljajo za ene najboljših DNK označevalcev za analize genetske povezanosti in sorodstvenih razmerij (Jones in sod. 2010; Pemberton 2008). Z razvojem različnih DNK označevalcev, kot so msat, SNP in polimorfizmov dolžine pomnoženih restrikcijskih fragmentov (AFLP – angl. *amplified fragment length polymorphisms*), ter sofisticiranih računalniških programov (npr. Cervus 3.0 in COLONY 2.0.6.6; Marshall in sod. 1998; Wang 2004), so molekularne študije genetske povezanosti in sorodnosti postale zelo pomembno ekološko orodje za preučevanje številnih taksonov (npr. Jones in sod. 2010; Yue in Xia 2014).



Slika 11: Osnovni princip analize sorodstvenih odnosov. V zgornjem delu so prikazani starševski genotipi (108/120 in 116/124 za posamezen mikrosatelitni lokus – levo potencialnih mater; desno potencialnih očetov). V spodnjem delu so prikazani genotipi potencialnih potomcev (112/116, 108/116 in 118/112). Glede na genotip je potomec potencialnih testiranih staršev P2 (vir: prirejeno po Yue in sod. 2014).

1.3.1 Uporaba mikrosatelitnih označevalcev v analizah genetske povezanosti

Mikrosatelitni označevalci so kodominantni, izjemno polimorfni markerji, z visoko mutacijsko stopnjo od 10^3 do 10^6 celic na generacijo (Bhargava in Fuentes 2010; Chistiakov in sod. 2006; Gemayel in sod. 2012). So kratke, tandemske ponovitve nekodirajočega zaporedja DNK v velikosti od enega do šest baznih parov, ki so prisotni v vseh evkariontskih in prokariontskih organizmih (Freeland in sod. 2011; Li in sod. 2002; Tautz 1989), v genomu vretenčarjev pa jih najdemo v več tisočih ali milijonih kopij (McComish in sod. 2020). Nahajajo se v jedrnem in kloroplastnem genomu, pri nekaterih vrstah tudi v mitohondrijskem genomu (Freeland in sod. 2011). Stopnja mutacije msat ni enakomerna; spreminja se med lokusi, aleli in vrstami. Msat z večjim številom ponovitev so zaradi večje verjetnosti zdrsa verig bolj podvrženi mutacijam (Bhargava in Fuentes 2010), zato so msat z daljšimi tandenskimi ponovitvami tudi bolj polimorfni (Hoshino in sod. 2012). Msat ne spadajo med ekspresivne markerje, ampak so kategorizirani kot selektivni nevtralni, saj niso v tesni povezavi s funkcionalnimi geni (Deyong in Honeycutt 2005). Kljub temu, da veljajo za ene izmed najbolj polimorfni markerjev in imajo visoko stopnjo mutacij, nedavne raziskave potrjujejo, da se nekateri mikrosatelitni lokusi (predvsem na eksonih in regulatornih regijah) ohranijo skozi dolgo evlucijsko zgodovino (>46 mio let) nespremenjeni in igrajo pomembno vlogo pri ohranjanju evlucijske plastičnosti vrst (McComish in sod. 2020).

Ker so msat zelo polimorfni markerji, se v genomu pojavljajo v več milijonih kopij, so enostavni za uporabo ter omogočajo natančno intraspecifično razlikovanje med ozko povezanimi populacijami (Abdul-Muneer 2014; Abdul Muneer in sod. 2009), so msat zelo uporabno orodje za študije populacijske genetike (npr. za določanje stopnje hibridizacije, parjenja v sorodstvu, migracijskih in disperzijskih vzorcev, stopnje heterozigotnosti populacij, sorodstvenih razmerij itd.), varstvene biologije, evlucijske zgodovine in še zlasti za analize sorodstvenih razmerij ter genetske povezanosti populacij (Bhargava in Fuentes 2010; Chistiakov in sod. 2006; Hoshino in sod. 2012; Waser in Hadfield 2011).

1.3.2 Prednosti in slabosti analize msat

Msat imajo številne prednosti pri izvedbi molekularnih analiz. Zaradi visoke stopnje polimorfizma in zastopanosti v genomu imajo msat širok spekter uporabnosti, saj omogočajo razlikovanje sorodnih populacij in osebkov, zato so eden najpomembnejših označevalcev za preučevanje populacijske genetike in povezanosti populacij (Abdul-Muneer 2014; Deyong in Honeycutt 2005; Flanagan in Jones 2019; Li in sod. 2002). Za analizo msat zadostuje majhna koncentracija celokupne DNK, ki je lahko tudi degradirana (Selkoe in Toonen 2006); analiza msat namreč bazira na pomnoževanju DNK z verižno reakcijo s polimerazo (PCR). Ko so mikrosatelitni lokusi za določeno vrsto razviti, so enostavni za uporabo in stroškovno dostopni (Bhargava in Fuentes 2010; Krehenwinkel in sod. 2019; Miah in sod. 2013).

Kljub temu imajo msat določene omejitve pri izvedbi analiz genetske povezanosti osebkov in populacij. Čeprav so uporabno orodje pri vrstah z veliko abundanco in polimorfizmi msat v genomu, pri nekaterih vrstah z majhnimi polimorfizmi msat razlikovanje med osebki in populacijami ni natančno. Prav tako so začetni stroški za identificiranje lokusov, oblikovanje specifičnih msat označevalcev in optimizacijo PCR protokolov izjemno visoki (Flanagan in Jones 2019; Hodel in sod. 2016). Pomanjkljivost uporabe msat zaradi neenotnih kriterijev vključujejo tudi težko razlikovanje med pozicijo pravih in artifiziranih alelov, napake pri določanju alelov, prisotnost ničelnih alelov (t. i. delecije ali mutacije na mestu prileganja začetnih oligonukleotidov; Dakin in Avise 2004) ter s tem povezano onemogočeno pomnoževanje in identifikacijo stopnje heterozigotnosti (Hoshino in sod. 2012), kar posledično lahko vodi do napačne interpretacije sorodnosti in genetske povezanosti osebkov (zbrano v Flanagan in Jones 2019).

1.4 Namen in cilji magistrskega dela

Ker do nedavnega pri nas ni bilo genetskih analiz sorodnosti srnjadi in divjih prašičev, smo s pomočjo analize mikrosatelitnih lokusov oz. genotipizacije divjega prašiča ($n = 58$) in evropske srne ($n = 61$) v izbranem modelnem lovišču Oljka (Šmartno ob Paki, Savinjsko-Kozjansko lovskoupravljavsko območje):

- i) določili genetsko strukturiranost populacij;
- ii) določili sorodstvena razmerja med osebki;
- iii) opredelili vpliv potencialnih prostorskih ovir (barier) za genetski pretok znotraj obeh populacij;
- iv) dopolnili predhodna dognanja o razmnoževalnih, prostorskih in ekoloških značilnosti srnjadi ter divjih prašičev v slovenskem prostoru.

Poznane lokacije (koordinate) odvzema vsakega posameznega osebka, pridobljene iz lovskoinformacijskega sistema, in prepoznana sorodstvena razmerja omogočajo sklepanje o prostorskem vedenju osebkov (npr. disperzija enoletnih samcev – lanščakov, paritveni izleti), razmnoževalnih lastnosti (npr. obstoj veččetovstva) in strukturi socialne organiziranosti divjega prašiča ter bodo doprinesla k poznavanju ekoloških značilnosti vrst. Vpogled v (sorodstvena) razmerja med osebki, ki so zanimiva tudi za lovce kot končne uporabnike, pomembno prispeva tudi k popularizaciji sodobnih molekularno-genetskih orodij in metod ter posledično k njihovi vpeljavi v vsakdanjo prakso upravljanja populacij divjadi.

1.5 Raziskovalne hipoteze

Testirali smo naslednje raziskovalne hipoteze:

- i) Krajinsko-ekološke in antropogene bariere, kot so železnica, cesta, reka Paka ali naselja, vplivajo na genetsko strukturo oz. genski pretok srnjadi, ne pa divjega prašiča.
- ii) Med demografskimi kategorijami obeh vrst obstajajo razlike v prostorskem vedenju; disperzija je značilna predvsem za enoletne samce.
- iii) Z uporabljenim pristopom lahko zanesljivo določamo sorodstvena razmerja v prvem kolenu (starševstvo/potomstvo, osebki iz istih legel), kar omogoča ugotavljanje prostorskega vedenje sorodstveno zelo povezanih osebkov.

2 MATERIAL IN METODE

2.1 Ozadje in dosedanje objave

Magistrsko delo je nastalo pod okriljem CRP projekta (št. V4-1825) »Divjad v naseljih, na cestah in drugih nelovnih površinah: težave, izzivi, rešitve« in temelji na že objavljenih oz. pripravljenih znanstvenih objavah, katerih prva avtorica je kandidatka. Študija genetske povezanosti srnjadi v modelnem lovišču Oljka z naslovom »Genetska povezanost in sorodstvena razmerja evropske srne v modelnem lovišču osrednje Slovenije« je bila leta 2019 objavljena v Zlatorogovem zborniku (Bončina in sod. 2019); študija genetske povezanosti divjega prašiča z naslovom »Molekularna analiza divjega prašiča razkrila pojav veččetovstva, matrilinelnega učinka socialnih skupin, prostorske zvestobe svinj in druge zanimive socialne lastnosti divjih prašičev« pa je pripravljena za objavo v Zlatorogovem zborniku, letnik 2021 (Bončina in sod. 2021a, še neobjavljeno). Širša tematika uporabe molekularnih študij za preučevanje populacij divjega prašiča je pripravljena za objavo v glasilu Lovec (Bončina in sod. 2021b, še neobjavljeno). Rezultati so bili predstavljeni tudi na več mednarodnih znanstvenih konferencah:

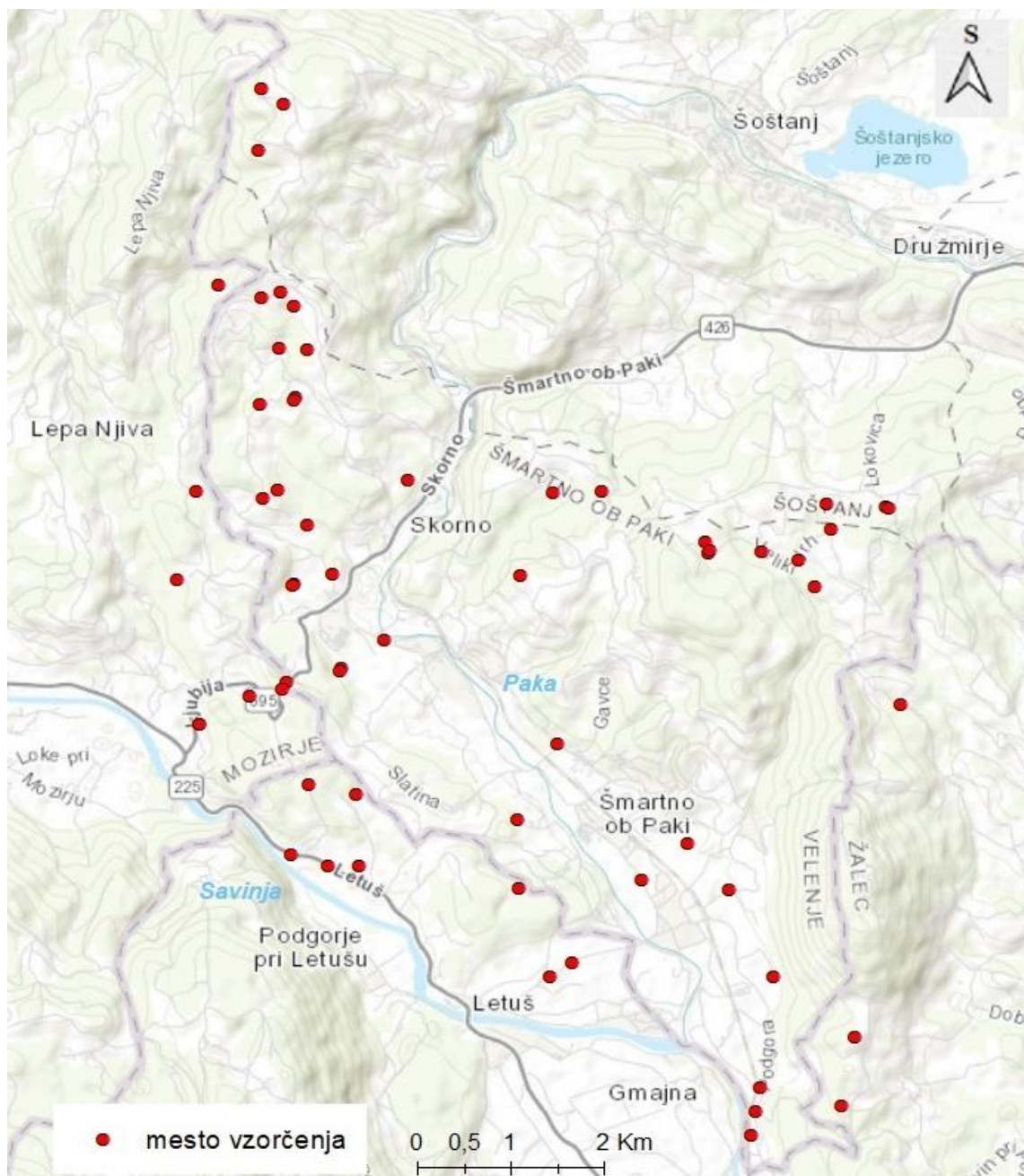
- i) 12. Slovenski lovski dan »Problematika divjadi na nelovnih površinah« (27. 3. 2021, on-line) z naslovom prispevka »Genetska povezanost in sorodstvena razmerja srnjadi in divjega prašiča v kmetijsko-suburbani krajini osrednje Slovenije« (Bončina in sod. 2021c);
- ii) 11th Baltic Theriological Conference (25 – 27. 1. 2021, on-line) z naslovom prispevka »Genetics as a useful tool for understanding relatedness, movements and social behaviour in wild boar« (Bončina in sod. 2021d);
- iii) LIFEGENMON final conference, Forest science for future forests: Forest genetic monitoring and biodiversity in changing environments (on-line) z naslovom prispevka »Genetic variability, relatedness and reproductive spatial behaviour in two highly abundant ungulate species« (Bončina in sod. 2020).

Metodologija, rezultati in razprava, ki so predstavljeni v naslednjih poglavjih, so povzetek oz. nadgradnja omenjenih znanstvenih objav; tudi vso slikovno in grafično gradivo je rezultat teh avtorskih del (Bončina in sod. 2019; 2021a, še neobjavljeno).

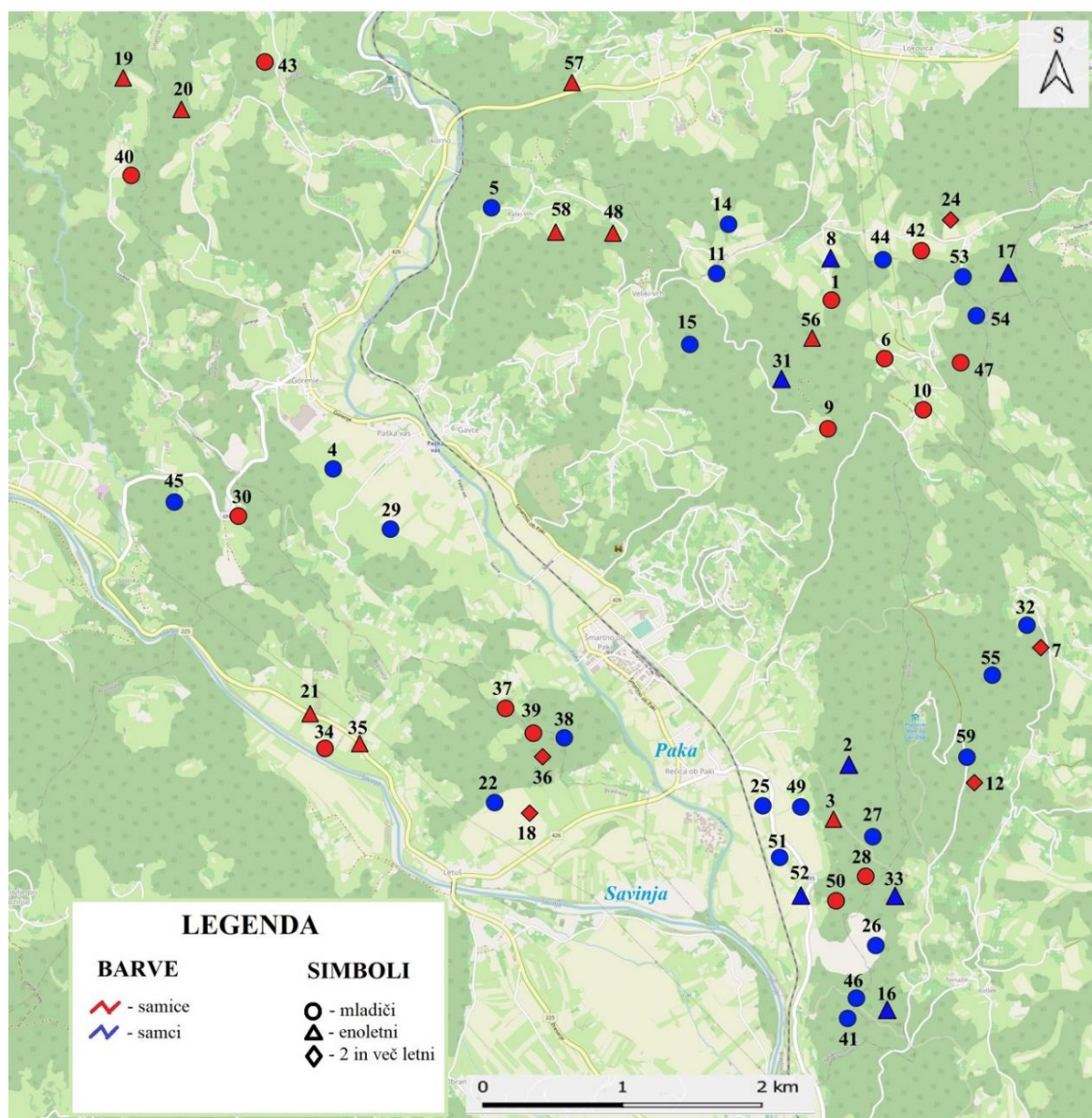
2.2 Opis raziskovalnega območja

Vzorci srnjadi vseh kategorij (večletnih srn/srnjakov, mladice in lanščakov, mladičev obeh spolov) so bili odvzeti v sklopu rednega odvzema divjadi med majem 2017 in februarjem 2018; vzorci divjih prašičev različnih strukturnih in starostnih kategorij (mladičev in enoletnih živali obeh spolov ter večletnih svinj) pa med oktobrom 2017 in septembrom 2020.

V obeh primerih je bil odvzem vzorcev opravljen v lovišču Oljka, Šmartno ob Paki (šifra lovišča: 0902), ki se nahaja v severno-osrednji Sloveniji in je del lovskoupravljaljskega območja (LUO) Savinjsko-Kozjansko (Slika 12 in 13).



Slika 12: Lokacije odvzema osebkov srnjadi ($n = 61$) v obdobju maj 2017 – februar 2018, vključenih v raziskavo, s prikazom najpomembnejših prostorskih barier (reki Paka in Savinja, regionalna cesta in železnica) lovišča Oljka, Šmartno ob Paki (vir: Bončina in sod. 2019).



Slika 13: Lokacije odvzema divjih prašičev v obdobju oktober 2017 – september 2020 v lovišču Oljka (Šmartno ob Paki), vključenih v raziskavo (vir: Bončina in sod. 2021a).

V lovišču, ki meri 2.637 ha (skupna površina) oz. 2.393 ha (lovna površina), je temeljna in upravljavsko najpomembnejša vrsta parkljaste divjadi srnjad, sledi ji divji prašič. Za lovišče sta značilni gozdnata in kmetijsko-polurbana krajina: 44 % površine pokrivajo gozdovi (prevladujejo mešani gozdovi oz. različne asociacije bukovih gozdov), 36 % kmetijske površine (travniki, pašniki in njive), ostali manjši delež pa predstavljajo razpršena in razvlečena naselja. Z izjemo osrednjega ravninskega sveta (nadmorska višina Šmartna ob Paki je 314 m) večino lovišča predstavlja gričevnat svet, ki mestoma prehaja v hribovje, zato lovišče uvrščamo med srednjegorska lovišča. Najvišja vrh je Gora Oljka (734 m). Lovišče obdaja porečje rek Savinje in Pake (Slika 12 in 13), ki sta tudi glavni vodni telesi lovišča.

Večja reka Savinja predstavlja jugozahodno oz. južno mejo lovišča in kot taka na rezultate naše raziskave ne vpliva, saj so bili vsi vzorci zbrani znotraj lovišča. Po drugi strani pa reka Paka, ki ima hudourniški značaj, poteka po sredini lovišča in ga okoli 6 km po dolžini deli na dva dela v smeri severozahod–jugovzhod (povzeto po Bončina in sod. 2019; Pokorny 2002).

Na premike večjih živali poleg gričevnatega značaja lovišča ter porečja rek vpliva predvsem pospešen razvoj infrastrukture v zadnjih treh desetletjih; 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 (Slika 12; Bončina in sod. 2019; Pokorny 2002). Posledica razvejanega in čedalje intenzivnejšega 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. Povozi divjih prašičev območja predstavlja neznamenit delež (< 2 %) izgube divjih prašičev (ZGS 2012, 2020).

2.2.1 Odvzem srnjadi in divjega prašiča v lovišču Oljka, Šmartno ob Paki

Skupaj je bilo v trinajstletnem obdobju (2006–2018) v lovišču Oljka odvzetih 1.211 osebkov srnjadi, od tega 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, ostali dejavniki (bolezen, kosilnica, neznano) so povzročili smrt šestih osebkov. V obdobju 2011–2020 je bilo v lovišču odvzetih 122 divjih prašičev, od tega je bilo odstreljenih 117 osebkov, dva sta bila povožena na cestah, dva žrtev krivolova, en osebek pa je izgubil življenje zaradi neznanih razlogov (Oslis 2021).

2.3 Vzorčenje in ocenjevanje starosti analiziranih osebkov

Vzorci (2 – 3 g mišičnega tkiva) srnjadi in divjega prašiča smo odvzeli neposredno po odvzemu posameznega osebka in jih do laboratorijskih analiz shranili v 2,0 ml posodice, napolnjene z absolutnim etanolom na -20 °C. Ob odvzemu smo zabeležili tudi najpomembnejše atributne podatke posameznega osebka (spol, starost, telesna masa, zdravstveno stanje, datum odvzema, natančna lokacija in kvadrant mesta odvzema). Laboratorijske analize smo izvedli v laboratoriju za molekularno ekologijo Fakultete za matematiko, naravoslovje in informacijske tehnologije Univerze na Primorskem. V analizo smo zajeli 89 % (n = 58) vseh odvzetih divjih prašičev v raziskovalnem obdobju oktober 2017 – september 2020 in 73 % (n = 61) vseh odvzetih osebkov srnjadi v obdobju maj 2017 in februar 2018 (Oslis 2021). To ob veliki intenziteti poseganja v populacije teh dveh vrst v lovišču in prostorski razporejenosti v raziskavo vključenih osebkov (Slika 12 in 13) zagotavlja zelo visoko stopnjo vključenosti populacije v vzorec oz. veliko reprezentativnost rezultatov (Bončina in sod. 2019, 2021a).

V raziskavo smo skušali vključiti osebke, čim bolj enakomerno porazdeljene po lovišču in spolno-starostni strukturi, da bi vzorci dobro odražali celotno strukturo populacije. Podatki o številu po posamezni strukturi in spolni kategoriji odvzetih osebkov so navedeni v Preglednici 3 in 4. Demografska struktura srnjadi je enakomerno porazdeljena, v celotnem vzorcu divjega prašiča pa prevladujejo mladiči (59 %), v manjšem številu pa smo zajeli enoletne (26 %) in večletne osebke (10%), kar pa sovпада s strukturo odvzema divjih prašičev v lovišču oz. celotnem LUO (ZGS 2020). V vzorec pa nismo uspeli zajeti odraslih, večletnih merjascev, saj ni bil v tem lovišču v zadnjih letih odvzetih noben merjasec (Oslis 2021); slednje bi lahko bila posledica večjih dnevnih premikov in večje površine domačega okoliša odraslih samcev (Hartley in sod. 2015; Johann in sod. 2020), ki se zato v modelnem lovišču zelo redko pojavljajo.

Preglednica 3: Podatki o demografski strukturi v raziskavo vključenih osebkov srnjadi.

Strukturni razred	Spol				Delež
	Samice	Delež	Samci	Delež	
mladiči	11	0,18	10	0,16	0,34
enoletni	5	0,08	11	0,18	0,26
dve- in večletni	10	0,16	14	0,23	0,39
SKUPAJ	26	0,43	35	0,57	61

Preglednica 4: Podatki o demografski strukturi v raziskavo vključenih osebkov divjega prašiča.

Strukturni razred	Spol				Delež (%)
	Samice	delež	Samci	delež	
mladiči	15	0,26	21	0,36	0,59
enoletni	9	0,16	7	0,12	0,26
dve- in večletni	6	0,10	0	0,00	0,10
SKUPAJ	30		28		58

Pri določanju starosti osebkov smo razlikovali med tremi osnovnimi in enoznačno določljivimi starostnimi kategorijami (tj. mladiči, enoletni in odrasli osebki); za odrasle smo nadalje ocenili natančnejšo starost v več razredov. Starost smo določili/ocenili z makroskopskim okularnim pregledom razvojne stopnje in obrabljenosti/izraččenosti zob na levi polovici spodnje čeljustnice, po splošno uveljavljeni metodologiji za obe vrsti (Pokorny in Jelenko Turinek 2018).

Vsi podatki o vzorcih (oznaka vzorca, prepoznana sorodstvena razmerja, vzrok smrti, starost, spol, telesna masa, lokacija odvzema in kvadrant) srnjadi in divjega prašiča, ki so bili vključeni v raziskavo, so podani v Prilogi A in Prilogi B.

2.4 Molekularne metode

2.4.1 Izolacija DNK iz tkivnih vzorcev

Odvzeta sveža tkiva (dele mišičnine, 2 x 2 mm oz. 3 g tkiva) srnjadi in divjega prašiča smo macerirali, pustili na sobni temperaturi za pet minut in prenesli v 2 ml centrifugirke. Celotno DNK iz svežega tkiva smo izolirali z izolacijskim kitom *PeqGold Tissue DNA Mini Kit* (vWR Instruction Manual 2018), pri čemer smo pri ekstrakciji DNK iz vzorcev sledili navodilom proizvajalca. Pridobljeno količino DNK smo eluirali na končni volumen 150 μ l z ustreznim elucijskim pufrom in jih shranili v mikrocentrifugirke na 4° C. S fluorometrom Quibit 3.0 (Life technologies) in dsDNK Quibit Kitom (Invitrogen BR Assay Kit) smo izmerili koncentracijo (ng/ μ l DNK v elucijskem volumnu) in čistost izolirane DNK v vzorcih. Uspešno izolirano DNK vzorcev smo uporabili za nadaljne molekularne analize.

2.4.2 Verižna reakcija s polimerazo (PCR)

S pomočjo PCR smo pomnožili 13 nevtralnih mikrosatelitnih lokusov, ki so se v molekularnih študijah srnjadi (zbrano v Olano-Marin in sod. 2014) in divjega prašiča (zbrano v Conyers in sod. 2012; Iacolina in sod. 2009; Podgórski in sod. 2014a,b; Scandura in sod. 2008; Scandura in sod. 2011) izkazali kot najbolj primerni in polimorfni za preučevanje intraspecifične genetske pestrosti. Lokuse smo razdelili v tri skupine (sete), z izjemo lokusov IGF1 in SW24 (Preglednica 6), ki smo jih zaradi specifičnih pogojev prileganja pomnoževali individualno; za vsak set posebej smo naredili PCR reakcijo, s pogoji, opredeljenimi v Preglednici 5 in 6, kjer so podani sumarni podatki uporabljenih mikrosatelitnih lokusov (temperatura prileganja, območje razpona alelov, ponovljen motiv, set začetnih oligonukleotidov in reference). Za PCR reakcijo smo uporabili KAPA2G Fast Multiplex Mix kit (Kapa Biosystems). Pri pripravi smo sledili navodilom proizvajalca.

Protokol reakcijske mešanice na vzorec:

Vsaka reakcijska mešanica (končni reakcijski volumen 12,5 μ l na vzorec) seta je vsebovala:

- 3,25 μ l ddH₂O,
- 6,25 μ l KAPA2G mastermiksa,
- 0,25 μ l začetnega oligonukletida s koncentracijo 10 nM,
- 2,5 μ l izolirane DNK vzorca.

Dodatno smo za lokusa IGF1 in SW24 (Preglednica 6) dodali 1 μ l Q – Solution in zmanjšali volumen dodanega začetnega oligonukleotida na 0,2 μ l. Pripravljene reakcijske mešanice smo dali na ciklični termostat DNK ENGINE Thermal Cycler 200 in določili naslednje temperaturne profile pomnoževanja DNK vzorcev:

Temperaturni profil PCR reakcije za vzorce srnjadi (optimiziran po Bužan in sod. 2020; Gerič 2020; Sternad 2018):

- i) začetna denaturacija (3 minute na 95 °C);
- ii) 35 ciklov izmenične denaturacije (15 s na 95 °C), prileganja začetnih oligonukleotidov (30 s na 58 °C), podaljševanje (30 s na 72 °C);
- iii) končno podaljševanje (10 minut na 72 °C).

Temperaturni profil PCR reakcije za vzorce divjega prašiča:

- i) začetna denaturacija (3 minute na 95 °C);
- ii) 35 ciklov izmenične denaturacije (15 s na 95 °C), prileganja začetnih oligonukleotidov (15 s na različnih T; T prileganja za posamezne sete so opisane v Preglednici 6), podaljševanje (30 s na 72 °C);
- iii) končno podaljševanje (10 minut na 72 °C).

Preglednica 5: Podatki mikrosatelitnih lokusov (n = 13), uporabljenih pri genotipizaciji vzorcev srnjadi: temperatura naleganja (°C), barvilo, območje razpona alelov (bp), ponovljen motiv, set in referenca. Optimizacija PCR protokola in oblikovanje setov (povzeto po Bončina in sod. 2019; Gerič 2020; Sternad 2018).

Lokus	Barvilo	T prileganja (°C)	Razpon alelov (bp)	Motiv (5' – 3')	Set	Referenca
BM1818	PET	54	247-263	(TG)n	1	Vial in sod. 2003
BM757	NED	54	158-211	(GT)14	1	Vial in sod. 2003
CSSM66	FAM	54	167-185	(AC)n	1	Kuehn in sod. 2003
NVHRT21	PET	57	152-178	(GT)16(GC)4GT	3	Reed in Mitchell 1998
NVHRT24	FAM	55	110-150	(TG)2(TA)2(CA)16(TA)3(CA)3(TA)5	3	Reed in Mitchel 1998
NVHRT48	PET	55	80-95	(GT)2 ATGTAT(GT)6 AT(GT)12	2	Gallon in sod. 2003
NVHRT16	NED	55	151-175	(CA)5 TA(CA)5(TG)2 CG(CA)19	2	Reed in Mitchell 1998
RT1	NED	54	210-245	TGCCTTCTTTTCAT CCAACAA	2	Poetsch in sod. 2001
Roe1	PET	45	131-133	(CA)4 TA(CA)7	3	Vial in sod. 2003
ETH225	NED	45	137-155	18xCA	3	Vial in sod. 2003
Roe8	FAM	45	59-101	(CA)10 CG(CA)6	3	Vial in sod. 2003
MAF70	NED	63	117-155	CACGGAGTCACA AAGAGTCAGACC GCAGGACTCTAC GGGGCCTTTGC	2	Vial in sod. 2003
MCM64	PET	63	123-153	TACAGTCCATGG GGTCACAAGAG TCTGAATCTACTC CCTCCTCAGAG	1	Reed 1998

Preglednica 6: Podatki mikrosatelitnih lokusov (n = 13) pri genotipizaciji vzorcev divjega prašiča: barvilo, temperatura prileganja (°C), območje razpona alelov (bp), motiv, set in referenca. Simbol (*) označuje lokus, ki je v PCR reakciji pomnožen individualno in ne kot del seta.

Lokus	Barvilo	T prileganja (°C)	Razpon alelov (bp)	Motiv (5'- 3')	Set	Referenca
SW1492	FAM	52	110-128	F: CAG ACA ATG CAA AAG CTT TCC R: TAA CCA GGA TTT CAG TGG ATT C	1	Alexander in sod. 1996
SW2532	HEX	58	174-214	F: TTC GAC ACA CAG GTT TTA GGG R: GTG GAG GCT TCT GAA ATG TAC C	1	Alexander in sod. 1996
S0090	FAM	55-62	226-250	F: CCA AGA CTG CCT TGT AGG TGA ATA R: GCT ATC AAG TAT TGT ACC ATT AGG	1	Rohrer in sod. 1994
SW122	NED	58	111-127	F: TTG TCT TTT TAT TTT GCT TTT GG R: CAA AAA AGG CAA AAG ATT GAC A	1	Rohrer in sod. 1994
SW2021	NED	65	94-142	F: GCG ACA CAT GAG ATA AAA CTG C R: AAT CCA CAG GCT TAC TCA GAT G	2	Alexander in sod. 1996
SW2496	NED	52	182-232	F: TAT AGC ATT TGG ATG TTC CAC G R: GCC CAA ATA AAG TGG TCT ATG C	2	Alexander in sod. 1996
SW461	FAM	62	118-154	F: GTC CAG GGC AGT CTT GAG AG R: GTC TCT CTC CCT CTC CTC CC	2	Alexander in sod. 1996
SW857	FAM	58	123-157	F: TGA GAG GTC AGT TAC AGA AGA CC R: GAT CCT CCT CCA AAT CCC AT	3	Rohrer in sod. 1994
S0155	PET	55	145-162	F: TGT TCT CTG TTT CTC CTC TGT TTG R: AAA GTG GAA AGA GTC AAT GGC TAT	3	Ellengren in sod. 1994
FH1733	FAM	62-47	274-314	F:AAGCCTCAAACCTCCTC ATCTCA R:ACCAAAGGCATACTA GGGCTAA	3	Cherel in sod. 2011
FH2148	NED	62-47	236-376	F:TCTGGTTCTGTCCCTA GCC R:GGGCTTCTCTCCTC CTACA	3	Cherel in sod. 2011
IGF1	FAM	55-58	185-211	F: GCT TGG ATG GAC CAT GTT G R: CAT ATT TTT CTG CAT AAC TTG AAC CT	*	Rohrer in sod. 1994
SW24	NED	55-63	75-117	F: CTT TGG GTG GAG TGT GTG C R: ATC CAA ATG CTG CAA GCG	*	Rohrer in sod. 1994

2.4.3 Fragmentna analiza in analiza mikrosatelitnih lokusov

Reakcijska mešanica za fragmentno analizo je vsebovala 10,7 μ l formamida in 0,3 μ l GeneScan LIZ500 liza na posamezen vzorec. Fragmentno analizo smo izvedli na ABI3130 sekvenatorju (Applied Biosystems) z uporabo GeneScan LIZ500 (-250) velikostnega standarda (Applied Biosystems).

Rezultate fragmentne analize smo analizirali v programu *GeneMapper* 5.0 (Applied Biosystems), kjer smo odčitali dolžine mikrosatelitnih lokusov. Za vsak posamezni lokus ($n = 13$) smo v programu *Cervus* 3.0 (Marshall in sod. 1998) izračunali število in bogastvo alelov, pričakovano (H_e) in opaženo heterozigotnost (H_o) ter odstopanje od Hardy-Weinbergovega ravnotežja (HW).

2.5 Analiza sorodstvenih razmerij in genetske povezanosti

2.5.1 Analiza starševskih razmerij srnjadi

Analizo sorodstvenih vezi oz. povezav starš–potomec srnjadi smo izvedli v programu *Cervus* 3.0 (Marshall in sod. 1998). To je računalniški program, ki primerja genotipe (vse analizirane alele po posameznih lokusih) posameznih osebkov in na podlagi statistične analize opredeli obstoj potencialnega starševstva. Na osnovi verjetnosti, da so genotipi staršev in potomcev v sorodstvenem razmerju oz. na podlagi t. i. verjetnosti neizključitve (angl. *non-exclusion probability*) in stopnje zaupanja v posamezno sorodstvo (LOD vrednost; angl. *likelihood ratio*), program samodejno opredeli potencialno starševstvo (Kalinowski in sod. 2007). Če je LOD vrednost večja od 3, je sorodstveno razmerje (v našem primeru starševstvo/potomstvo) potrjeno s 95 % zaupanjem (verjetnostjo); če je LOD vrednost med 1 in 3, je sorodstveno razmerje potrjeno s 75 % zaupanjem. Povezav z manjšo vrednostjo LOD nismo obravnavali za oceno potencialnega sorodstva (povzeto po Bončina in sod. 2019; Marshall in sod. 1998).

V programu smo izvedli simulacijski test starševstva (materinstva in očetovstva), ki je vsakemu potencialnemu potomcu dodelil potencialnega starša. Za potencialne starševske kandidate smo izbrali vse analizirane spolno zrele srne in srnjake, starejše od dveh let. Preverjali smo vse vsebinsko (starševsko) možne kombinacije, in sicer: (i) mladi, 2–4-letni osebki kot starševski kandidati za mladiče in enoletne živali; (ii) srednje stari, 5–7-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. Simulacijski test smo generirali za 10.000 potomcev in 500 potencialnih kandidatov staršev. Na osnovi izračunanih LOD vrednosti smo ocenili sorodnost med osebki (Marshall in sod. 1998). V končni analizi starševstva smo testirali 24 potencialnih starševskih kandidatov (10

srn in 14 srnjakov). Pri rezultatih posebej izpostavljamo sorodstvene vezi z $LOD > 3$, saj so te starševske povezave zelo verjetne (povzeto po Bončina in sod. 2019).

Dodatno smo za potrditev zanesljivosti določanja materinstva analizirali tudi štiri povežene srne (po dve v loviščih Oljka in Velenje) in šest njihovih zarodkov, en zarodek pa smo genotipizirali brez vključitve njegove matere v analizo (t. i. 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 (*ibid*).

2.5.2 Analiza ožjih in daljnih sorodstvenih vezi ter genetske povezanosti divjega prašiča

Metodologija določanja sorodstvenih odnosov in genetske povezanosti divjega prašiča se je razlikovala od metodologije, uporabljene za vzorce srnjadi. Za divjega prašiča je značilna kompleksnejša socialna struktura (*Poglavje 1.2.4*), zato smo želeli izvesti natančnejšo analizo sorodstvenih razmerij, ki bi poleg starševskih vezi vključevala tudi ostale ožje (sestrstvo, bratstvo, polsestrstvo, polbratstvo) in daljne sorodstvene vezi (identifikacija stopnje sorodnosti z analizo parnih primerjav). Na ta način smo pridobili podrobnejši vpogled v prostorsko organiziranost in strukturo socialnih skupin divjega prašiča v modelnem lovišču.

Grobo analizo sorodstvenih razmerij oz. genetske povezanosti (razlikovanje med t. i. socialnimi skupinami) smo izvedli z analizo parnih primerjav (angl. *pairwise analysis*) v programu *GenAlEx* 6.5 (Peakall in Smouse 2012), ki omogoča prepoznavanje kakršnekoli sorodstvene vezi med osebki v preučevani populaciji. Kot koeficient sorodnosti smo uporabili QGM (povprečna vrednost *Queller–Goodnight estimatorja*; Queller in Goodnight 1989), ki se gibljejo med -1 do $+1$, pri čemer vrednosti nad 0 označujejo obstoj sorodstvene povezanosti v naključno izbranih alelih iz populacije. QGM vrednosti smo izračunali za celoten podatkovni set, z vsemi razpoložljivimi genotipi ($n = 58$). Upoštevali smo vrednosti nad $0,5$, ki označujejo ožja sorodstvena razmerja, kot so starš–potomec, sestrstvo ali bratstvo; ter vrednosti med $0,25 < QGM < 0,5$, ki označujejo daljna sorodstvena razmerja, kot so npr. polbratstvo, polsestrstvo in ostala. Glede na to, da tovrstna analiza ne razlikuje med vrsto samega sorodstvenega razmerja, smo jo uporabili le kot grob oris sorodstvenih odnosov in identifikacijo socialnih skupin.

Podrobnejšo analizo sorodstvenih razmerij (starš–potomec, polsestrstvo, polbratstvo) smo izvedli v programu *Colony* 2.0.6.6 (Wang 2004), ki na podlagi metode največje verjetnosti

(angl. *Maximum likelihood method*) primerja genotipe posameznih osebkov na kodominantnih ali dominantnih lokusih. Empirično kvantitativno analizo, ki temelji na Mendelejevih zakonih dedovanja, smo generirali za 10.000 potomcev z izbrano metodo popolne podobnosti (angl. *full-likelihood (FL)*), ki se je v analizah sorodstvenih razmerij izkazala kot najbolj natančna v primerjavi z ostalimi analizami, ki temeljijo npr. na verjetnosti izključevanja in parnih primerjavah (Wang in sod. 2012). Upoštevali smo zgolj sorodstvena razmerja z visoko stopnjo verjetnosti ($>0,90$ oz. $> 0,75$), sorodstvenih razmerij z manjšo verjetnostjo nismo obravnavali kot potencialno starševstvo, (pol)sestrstvo ali (pol)bratstvo.

V analizo sorodstvenih razmerij smo vključili vse možne sorodstvene kombinacije, in sicer:

- i) mlade, 2–4 letne svinje kot potencialne matere mladičem in enoletnim živalim (lanščakom, lanščakinjam);
- ii) srednje stare, 5–7-letne svinje kot potencialne mame mladičem, enoletnim in mladim odraslim;
- iii) stare, 8- in večletne svinje v kombinaciji z vsemi mlajšimi kategorijami kot njihovimi potencialnimi potomci;
- iv) lanščake kot potencialne očete za mladiče in vse v kasnejših letih poležene enoletne živali (lanščake, lanščakinje);
- v) šest ali več mesecev stare mladiče kot potencialne očete zelo mladim, kasneje poleženim mladičem (1–2 meseca starim);
- vi) osebkke istih kohort za potencialno sestrstvo/bratstvo;
- vii) osebkke vseh starostnih kategorij za potencialno polsestrstvo/polbratstvo.

V končni analizi starševstva smo testirali 39 potencialnih starševskih kandidatov: 16 lanščakov in starejših (10-mesečnih) mladičev ter 23 svinj oz. lanščakinj.

3 REZULTATI

3.1 Analiza genetske pestrosti mikrosatelitnih lokusov

3.1.1 Evropska srna

Podatki o variabilnosti alelov srnjadi na posameznih mikrosatelitnih lokusih so podani v Preglednici 7. Lokusi so vsebovali v povprečju 6,8 alelov (razpon 2–10), kar nakazuje zmerno genetsko variabilnost populacije v primerjavi z ostalimi študijami genetske variabilnosti srnjadi v slovenskem prostoru (npr. Bužan in sod. 2020b). To so potrdile tudi vrednosti opažene heterozigotnosti (H_o), ki so bile med 0,366 in 0,875 in niso značilno odstopale od pričakovane heterozigotnosti (H_e ; med 0,398 in 0,863) (povzeto po Bončina in sod. 2019).

Analiza HW je dodatno potrdila, da vrednosti posameznih lokusov ne odstopajo od HW ravnovesja pri stopnji $p < 0,05$. Prav tako je bila frekvenca ničelnih alelov, ki so pogost vzrok odstopanja od HW ravnotežja, v večini primerov $< 0,05$, kar nakazuje na majhno stopnjo homozigotov na preučevanih mikrosatelitnih lokusih (Dakin in Avise 2004).

Preglednica 7: Analiza alelne variabilnosti srnjadi na posameznem lokusu: a) NA – število alelov na lokusu; b) H_o – opažena heterozigotnost; c) H_e – pričakovana heterozigotnost; d) frekvenca ničelnih alelov (povzeto po Bončina in sod. 2019).

Lokus	NA	H_o	H_e	Frekvenca ničelnih alelov
BM1818	8	0,695	0,830	0,0823
BM757	7	0,476	0,638	0,1493
CSSM66	5	0,695	0,621	0,0000
NVHRT24	7	0,707	0,664	0,0000
NVHRT48	3	0,415	0,398	0,0000
NVHRT16	9	0,683	0,807	0,0807
RT1	10	0,875	0,863	0,0000
NVHRT21	9	0,768	0,781	0,0067
ROE1	2	0,61	0,484	0,0000
ETH225	7	0,366	0,798	0,3710
ROE8	10	0,768	0,793	0,0078
MCM64	5	0,558	0,575	0,0078
MAF70	8	0,543	0,519	0,0000
Vsota	90			

3.1.2 Divji prašič

Podatki o variabilnosti alelov divjega prašiča na posameznih mikrosatelitnih lokusih so podani v Preglednici 8. Lokusi so vsebovali v povprečju 6,3 alelov (razpon 3–9), kar nakazuje na zmerno visoko genetsko variabilnost populacije, v primerjavi z ostalimi evropskimi populacijami divjega prašiča (npr. Mihalik in sod. 2020; Veličković in sod. 2013). To so potrdile tudi vrednosti opažene heterozigotnosti (H_o), ki so bile med 0,345 in 0,862 (povprečna stopnja 0,629) in niso značilno odstopale od pričakovane heterozigotnosti (H_e), ki je bila med 0,364 in 0,834 (povprečna stopnja 0,667).

Analiza Hardy-Weinbergovega ravnovesja (HW) je dodatno potrdila, da vrednosti posameznih lokusov ne odstopajo od HW ravnovesja pri stopnji $p < 0,05$; prav tako je bila frekvenca ničelnih alelov, ki so pogost vzrok odstopanja od HW ravnotežja, v večini primerov $< 0,05$, kar nakazuje na majhno stopnjo homozigotov na preučevanih mikrosatelitnih lokusih (Dakin in Avise 2004).

Preglednica 8: Analiza alelne variabilnosti na posameznem lokusu: a) NA – število alelov na lokus; b) H_o – opažena heterozigotnost; c) H_e – pričakovana heterozigotnost; d) povprečna verjetnost prisotnosti ničelnih alelov.

Lokus	NA	H_o	H_e	Frekvenca ničelnih alelov
S0090	7	0,638	0,758	0,056
SW2532	6	0,483	0,558	0,046
SW1492	4	0,345	0,515	0,115
SW122	5	0,707	0,645	0,000
IGF1	8	0,754	0,773	0,0084
SW461	8	0,754	0,731	0,000
SW2021	8	0,719	0,774	0,035
SW2496	9	0,702	0,799	0,053
SW857	3	0,362	0,364	0,000
FH1733	6	0,707	0,695	0,005
SW24	6	0,621	0,788	0,090
FH2148	8	0,862	0,834	0,000
S0155	4	0,517	0,439	0,000
Vsota	82			

3.2 Analiza starševskih razmerij srnjadi

Prepoznali smo 19 možnih sorodstvenih razmerij med analiziranimi osebki ($n = 61$), in sicer:

- i) sedem razmerij za pet potencialnih srnjakov – očetov (oznaka O), od tega so bila štiri razmerja s tremi očeti z $>95\%$ verjetnostjo (Preglednica 9);
- ii) enajst razmerij za šest potencialnih srn – mater (oznaka M), od katerih jih je bilo devet s petimi materami zelo verjetnih, z $LOD > 3$ (Preglednica 10).

Prepoznana starševska razmerja oče (srnjak) – potomec s pripadajočimi podatki (spol, starost, datum odvzema in prepoznana LOD vrednost) so podana v Preglednici 9 in prikazana na Sliki 14. Za dva potencialna očeta – srnjaka (O2 in O4) smo prepoznali po dva potomca. Srnjak O4 je bil ocenjen kot srednje star (5–7-letni), kot njegova potomca pa sta bila (z manjšo verjetnostjo, tj. $>75\%$) prepoznana mlajši srnjak (P19) in mladič moškega spola (P5). Starejši (8+) srnjak O2 pa je bil z veliko zanesljivostjo ($>95\%$) starš mladiču moškega spola (P3) in lanščaku (P2). Po enega potomca smo prepoznali pri treh mladih (2–4-letnih) srnjakih: srnjaka O1 in O5 sta bila zelo verjetna očeta po enemu lanščaku (P1 oz. P6), srnjak O3 pa z nekoliko manjšo zanesljivostjo mladiču ženskega spola (P4) (povzeto po Bončina in sod. 2019).

Preglednica 9: Pregled potomcev srnjadi in njihovih prepoznanih očetov (srnjakov). Prikazana so le sorodstvena razmerja z dovolj veliko zanesljivostjo, tj. verjetnostjo $>95\%$ ($LOD > 3$) oziroma $>75\%*$ ($1 < LOD < 3$).

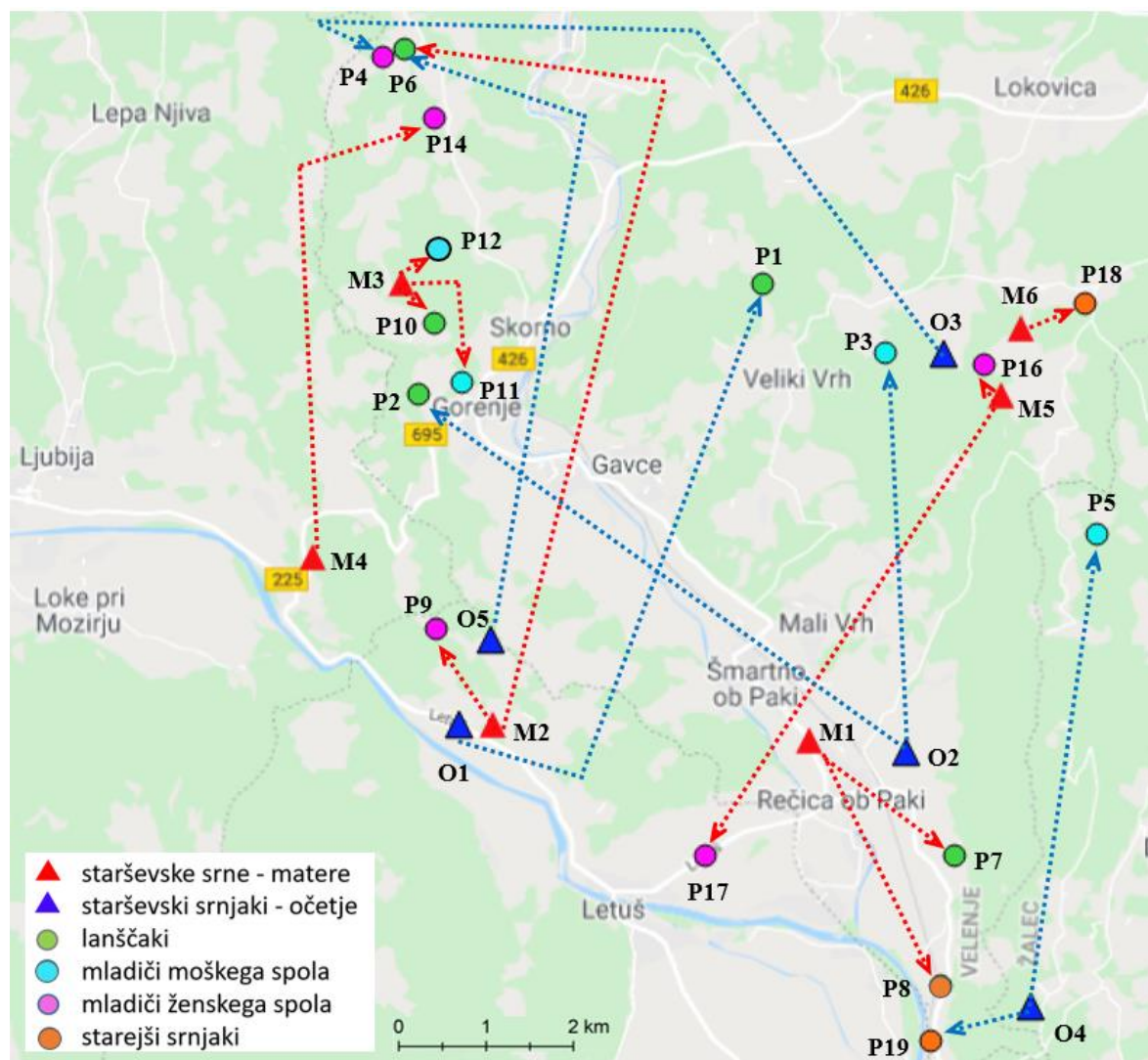
Potomec				Srnjak – oče			LOD vrednost
Oznaka	Starost	Spol	Datum	Oznaka	Starost	Datum	
P1	1	M	8. 6. 2017	O1	2–4	23. 6. 2017	3,74
P2	1	M	17. 9. 2017	O2	8+	5. 8. 2017	9,12
P3	0,5	M	17. 9. 2017	O2	- -	- -	7,77
P4	0,5	Ž	2. 9. 2017	O3	2–4	23. 8. 2017	2,41*
P5	0,5	M	27. 12. 2017	O4	5–7	15. 8. 2017	2,00*
P19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

Prepoznana starševska razmerja mati (srna) – potomec s pripadajočimi podatki (spol, starost, datum odvzema in prepoznana LOD vrednost) so podana v Preglednici 10 in prikazana na Sliki 14. Pri srnah devet ugotovljenih povezav nakazuje na zanesljivo starševstvo, za dve pa je zanesljivost povezave manjša, tj. $>75\%$ (M2–P6 in M6–P18), vsekakor pa lahko tudi v tem primeru govorimo o dokaj verjetnem sorodstvu med osebki. Srednje stara srna M3 je

bila zelo verjetna mater 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 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) (povzeto po Bončina in sod. 2019).

Preglednica 10: Pregled potomcev srnjadi in njihovih potencialnih mater (srn). Prikazana so le sorodstvena z visoko verjetnostjo >95 % (LOD > 3) oziroma >75 %* (1 < LOD < 3) (vir: Bončina in sod. 2019).

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

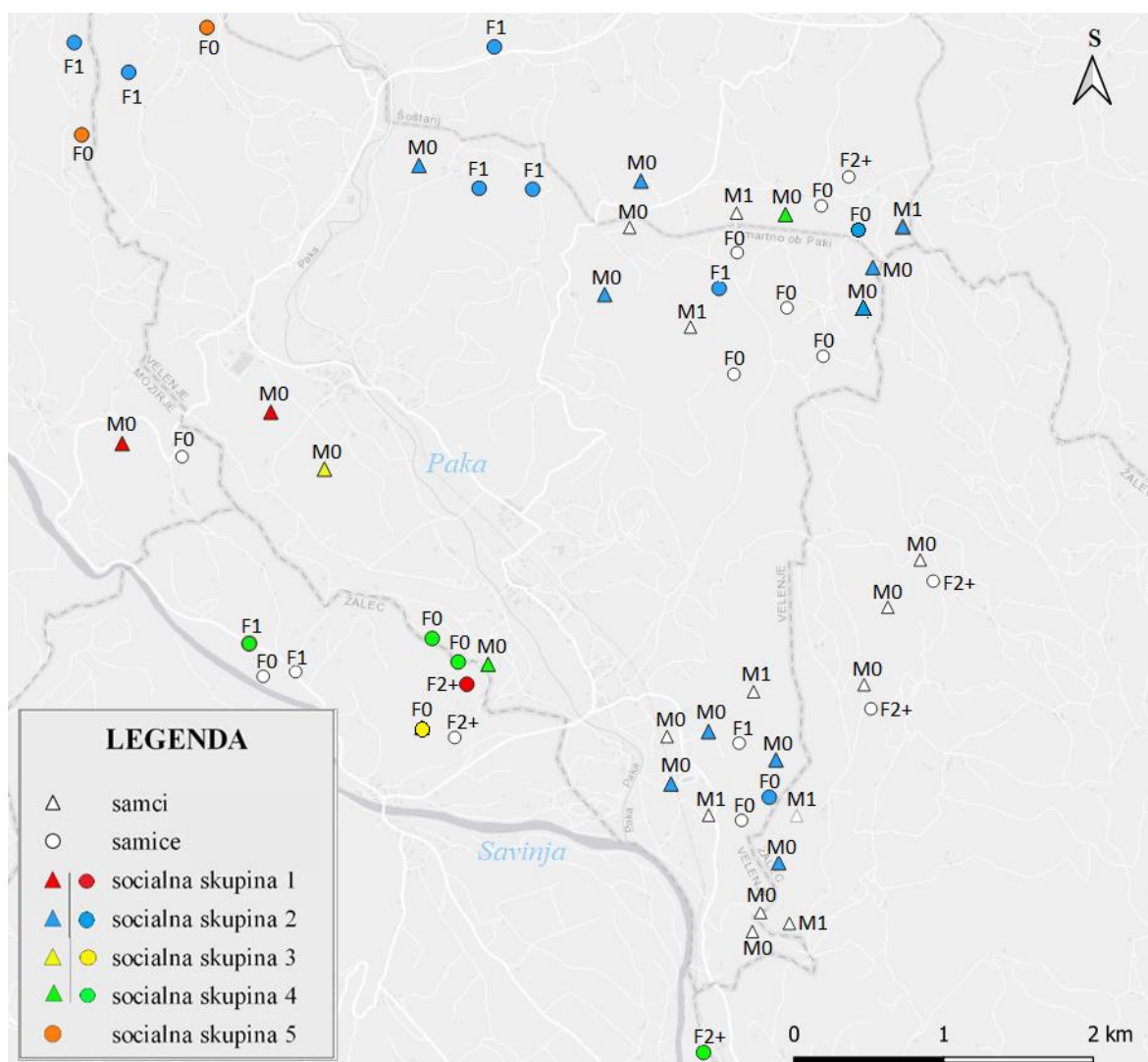


Slika 14: Lokacije odvzema osebkov srnjadi s prepoznanimi starševskimi razmerji. Rdeče črte označujejo materinsko, modre pa očetovsko povezavo. Prikazani so vsi sorodstveni odnosi z $>75\%$ verjetnostjo (vir: Bončina in sod. 2019).

3.3 Analiza socialne strukture in genetske povezanosti divjega prašiča

Na podlagi analize parnih primerjav (Queller in Goodnight 1989) oz. koeficienta sorodnosti ($QGM > 0,5$; opisano v *Poglavju 2.4.2*) smo prepoznali 36 parov živali, ki so v ožjem sorodstvu, bodisi v odnosu starš–potomec bodisi odnosu bratstva ali sestrstva. Glede na prepoznane sorodstvene pare smo prepoznali pet socialnih skupin (Slika 15), ki smo jih definirali kot skupino sorodstveno povezanih živali. Vrednosti $QGM > 0,5$ predstavljajo prepoznane sorodstvene pare osebkov, ki so v ožjem sorodstvu. Vsaka prepoznana socialna skupina na Sliki 15 tako predstavlja skupino živali, ki so bodisi v odnosu starš–potomec, bodisi v odnosu sestre/bratje. Med posameznimi prepoznanimi socialnimi skupinami

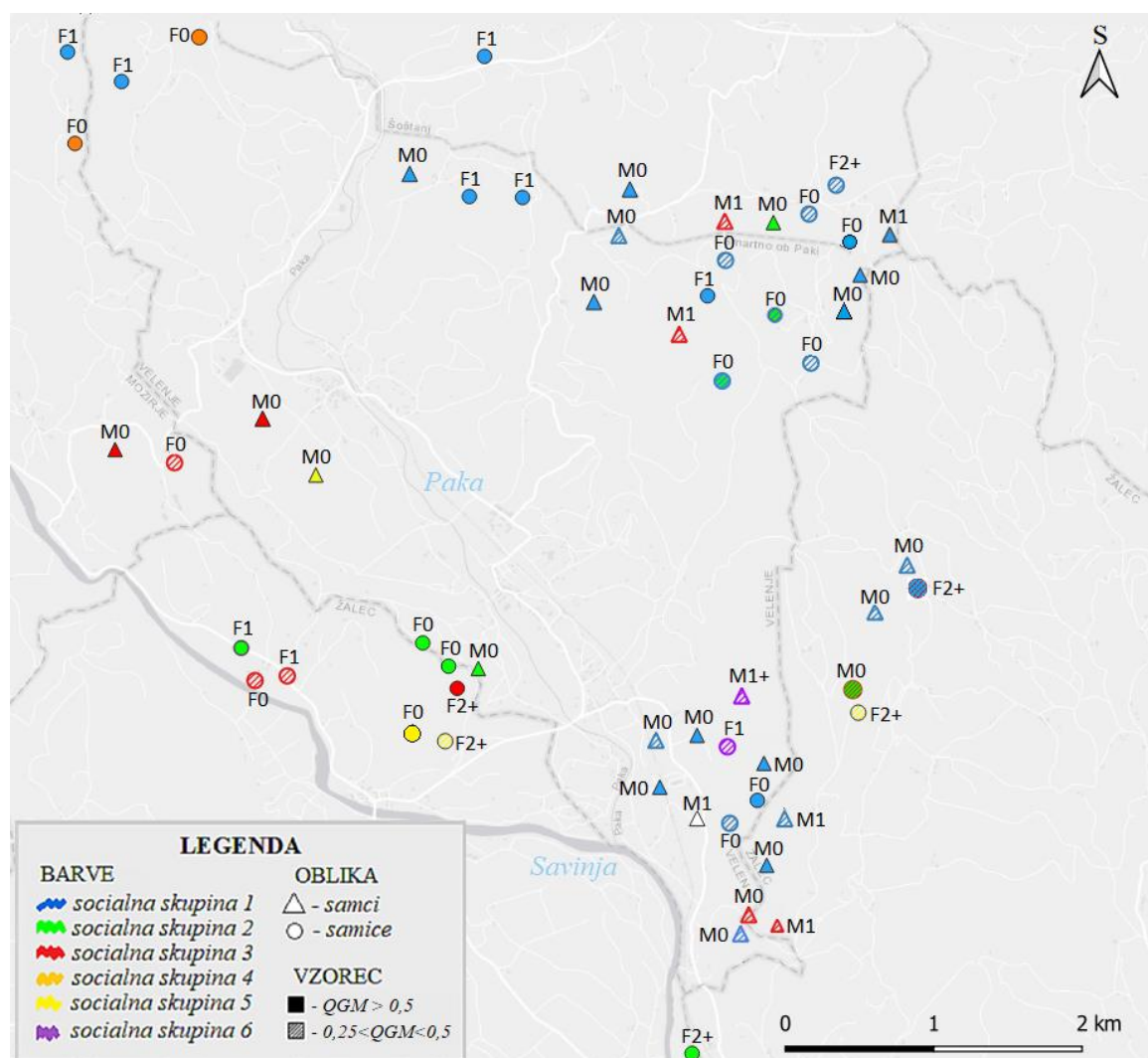
(modra, oranžna, zelena, rumena, rdeča) ne obstaja ožjih sorodstvenih odnosov ($QGM < 0,5$). Prikazane so zgolj sorodstvene vezi z visoko stopnjo verjetnosti ($>0,95$).



Slika 15: Lokacije odvzema osebkov divjega prašiča, za katere smo na podlagi analize parnih primerjav ugotovili genetsko povezane socialne skupine. Vsaka barva označuje skupino posameznikov, ki so v ožjem sorodstvu. Simboli v beli barvi označujejo osebkke, ki niso v ožjem sorodstvu s prepoznanimi socialnimi skupinami ($QGM < 0,5$). Oznake prikazujejo spolno (samci – M; samice – F) in starostno strukturo (mladiči – 0; enoletni – 1; večletni – 2+).

Prepoznali smo tudi 173 sorodstvenih parov v t. i. daljnem sorodstvu ($0,25 < QGM < 0,5$; opisano v *Poglavju 2.4.2*), ki zajema sorodstvene odnose polbratstva, polsestrstva in ostale daljne sorodstvene povezave (npr. sorodstvo v drugem in tretjem kolenu). Glede na prepoznane sorodstvene pare smo prepoznali šest socialnih skupin (modra, zelena, rdeča, oranžna, rumena, vijolična), prikazanih na Sliki 16; znotraj posameznih socialnih skupin so osebkki bodisi v ožjem sorodstvu (polna obarvanost simbolov), bodisi v daljnem sorodstvu

(šrafirani simboli). Pri tem le en enoletni samec (M1) ni bil prepoznan v nobeni sorodstveni vezi z ostalimi socialnimi skupinami.



Slika 16: Lokacije odvzema osebkov divjega prašiča, za katere smo na podlagi analize parnih primerjav ugotovili ožje/daljne sorodstvene povezave. Vsaka barva označuje skupino posameznikov, ki so v ožjem (polno obarvani simboli) ali daljnem (šrafirani simboli) sorodstvu. Simbol v beli barvi označuje osebek, ki ni v sorodstvu s prepoznanimi socialnimi skupinami ($QGM < 0,25$). Oznake prikazujejo spolno (samci – M; samice – F) in starostno strukturo (mladiči – 0; enoletni – 1; večletni – 2+).

Največjo socialno skupino predstavlja modra skupina (32 živali), sledijo ji rdeča (11), zelena (9), rumena (4), oranžna (2) in vijolična (2). Prepoznali smo tudi tri mladiče (F0, F0, M0) in večletno samico (F2+), ki imajo sorodstvene vezi z dvema socialnima skupinama (šrafirani dvobarvni simboli).

Z izjemo modre, ki je prisotna v večjem delu lovišča, se socialne skupine med seboj dokaj izrazito prostorsko ločujejo (Slika 15 in 16). Najštevilčnejša modra skupina gručasto zavzema predvsem severni in južni del lovišča Oljka, ostale socialne skupine pa so

prostorsko porazdeljene predvsem po zahodni strani lovišča (npr. rdeča socialna skupina) in so prostorsko manj jasno začrtane. Izjeme prostorskega ločevanja socialnih skupin predstavlja: i) večletna svinja rdeče socialne skupine (F2+), ki je bila uplenjena z mladiči (F0, F0, M0) zelene socialne skupine; ii) večletna svinja zelene socialne skupine (F2+), ki je bila uplenjena na skrajnem južnem delu lovišča, precej daleč stran od drugih predstavnikov njenega tropa (trije zgoraj omenjeni mladiči zelene socialne skupine, ki so se po izgubi vodnice tropa oz. njihove matere (lanščakinje; Slika 17) očitno pridružili drugi, tj. rdeči skupini); iii) mladič moškega spola (M0) zelene socialne skupine, ki je bil uplenjen na območju severne modre socialne skupine oz. v bližini dveh lanščakov rdeče skupine, kar govori v prid prejšnji ugotovitvi, da so se mladiči po smrti vodnice (zelene skupine) pridružili drugim skupinam, zelo verjetno tistim iz rdeče skupine; ter (iv) mladič moškega spola (M0), ki si deli sorodstvene vezi z rdečo in zeleno socialno skupino in je bil odvzet v bližini večletne svinje rumene socialne skupine (F2+) na vzhodnem delu lovišča; ta mladič genetsko neposredno potrjuje, da med rdečo in zeleno socialno skupino obstaja dlje časa trajajoča (tudi razmnoževalna) povezava. Spolna in starostna struktura prepoznanih osebkov po socialnih oz. sorodstveno povezanih skupinah je prikazana v Preglednici 11.

Preglednica 11: Spolna in starostna struktura divjih prašičev po socialnih, sorodstveno povezanih skupinah.

Strukturni razred/spol	Socialna skupina											
	Modra		Rdeča		Zelena		Rumena		Oranžna		Vijolična	
	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F	M	F
mladiči	14	9	4	2	3	4	1	/	/	2	/	/
enoletni	2	6	3	1	/	1	/	1	/	/	1	1
dve- in večletni	/	1	/	1	/	1	/	2	/	/	/	/
Skupaj	32		11		9		4		2		2	

3.4 Analiza sorodstvenih razmerij divjega prašiča

3.4.1 Starševstvo

Prepoznali smo 21 možnih starševskih razmerij med analiziranimi osebki ($n = 58$), in sicer:

- i) tri razmerja za dva potencialna očeta, od tega je bilo eno razmerje z $>95\%$ verjetnostjo (Preglednica 12);
- ii) 21 razmerij za devet potencialnih mater, od katerih je bilo 17 povezav z osmimi materami zelo verjetnih, tj. z $>95\%$ verjetnostjo (Preglednica 13).

Prepoznana starševska razmerja oče (lanščak/starejši mladič) – potomec s pripadajočimi podatki (spol, starost, datum odvzema in verjetnost povezave) so podani v Preglednici 12 in prikazani na Sliki 17. Za samca (oznaki 17 – enoletni samec in 54 – starejši mladič), ki pripadata modri socialni skupini, smo prepoznali tri potomce, in sicer z malo manjšo

verjetnostjo ($>0,75$) dva zelo mlada mladiča moškega spola (51 in 49), odvzeta v južnem delu lovišča, in z zelo veliko verjetnostjo ($>0,95$) enega mladiča ženskega spola (53), odvzetega v bližini enoletnega očeta (17) na severovzhodni strani lovišča.

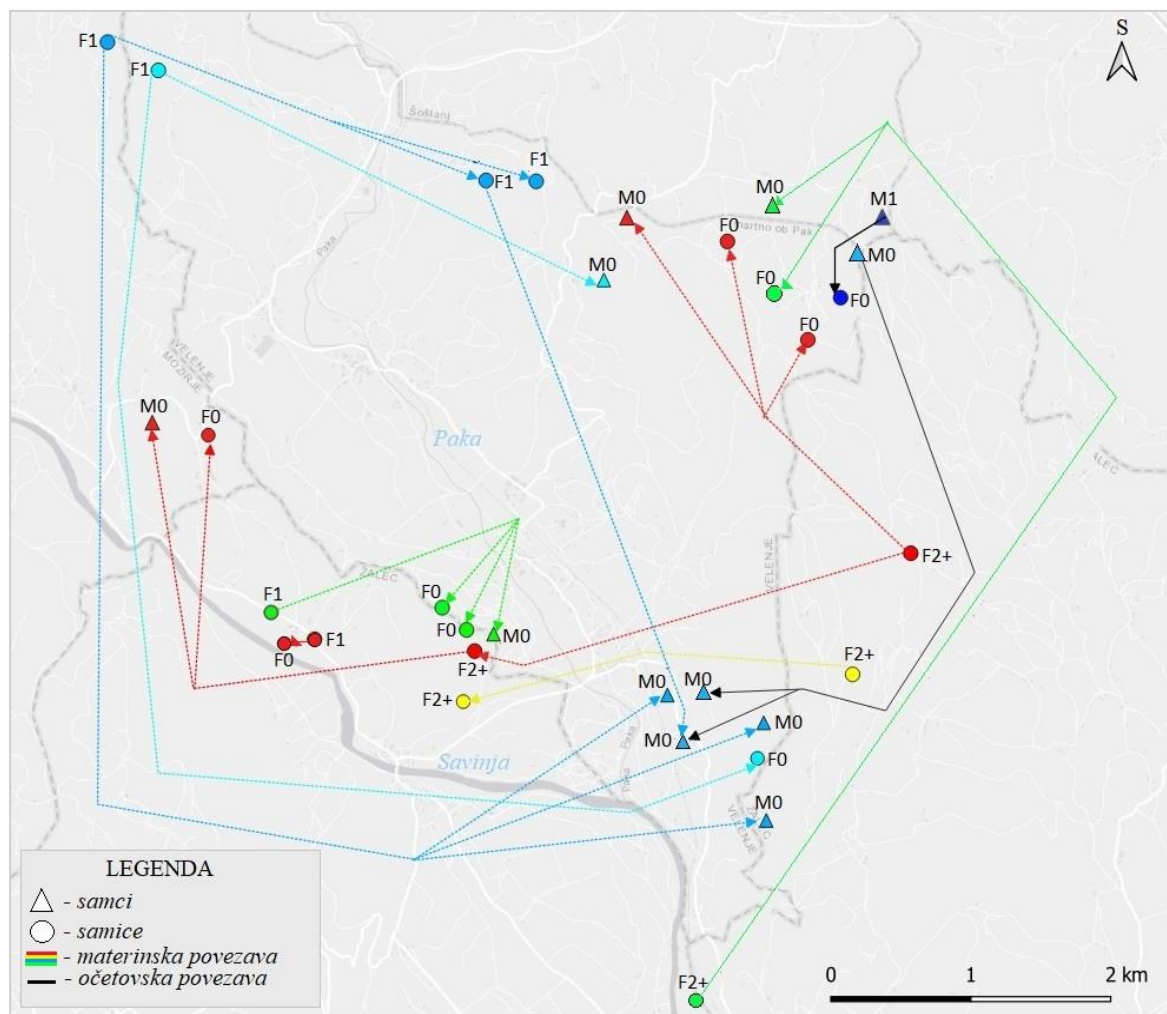
Preglednica 12: Pregled potomcev divjih prašičev in njihovih potencialnih očetov (lanščakov in starejših mladičev). Prikazana so le sorodstvena razmerja z veliko zanesljivostjo, tj. verjetnostjo $> 95\%$ oziroma $>75\%*$.

Potomec				Divji prašič - oče			Verjetnost
Oznaka	Starost	Spol	Datum	Oznaka	Starost	Datum	
53	0+	Ž	7.03.2020	17	1+	3.07.2019	0,997
51	0+	M	17.07.2020	54	0+	1.04.2020	0,765*
49	0+	M	16.07.2020	54	- -	- -	0,753

Preglednica 13: Pregled potomcev divjih prašičev in njihovih potencialnih mater (lanščakinj in večletnih svinj). Prikazana so le sorodstvena razmerja z dovolj veliko zanesljivostjo, tj. verjetnostjo $>95\%$ oziroma $>75\%*$.

Potomec				Svinja/lanščakinja - mati			Verjetnost
Oznaka	Starost	Spol	Datum	Oznaka	Starost	Datum	
8	0+	Ž	4.11.2018	7	4-5	21.10.2018	0,997
10	0+	Ž	4.11.2018	7	- -	- -	0,997
11	0+	M	22.12.2018	7	- -	- -	0,997
36	2-3	Ž	17.11.2019	7	- -	- -	0,832*
18	4	Ž	12.07.2019	12	8+	15.10.2017	1,000
25	0+	M	10.08.2019	19	1+	18.07.2019	1,000
26	0+	M	16.08.2019	19	- -	- -	1,000
27	0+	M	16.08.2019	19	- -	- -	1,000
48	1+	Ž	3.07.2020	19	- -	- -	1,000
58	1+	Ž	6.07.2020	19	- -	- -	1,000
15	0+	M	22.06.2019	20	1+	19.07.2019	0,985
28	0+	Ž	16.08.2019	20	- -	- -	0,985
6	0+	Ž	29.09.2018	23	2+	1.08.2019	1,000
44	0+	M	9.12.2019	23	- -	- -	1,000
34	0+	Ž	29.10.2019	35	1+	7.11.2019	0,999
30	0+	Ž	4.09.2019	36	2-3	17.11.2019	0,935
45	0+	M	25.12.2019	36	- -	- -	0,935
51	0+	M	17.07.2020	58	1+	6.07.2020	0,897*
37	0+	Ž	17.11.2019	21	2+	25.07.2019	0,753*
38	0+	M	17.11.2019	21	- -	- -	0,753*
39	0+	Ž	17.11.2019	21	- -	- -	0,753*

Prepoznana starševska razmerja mati (lanščakinja/starejša svinja) – potomec s pripadajočimi podatki (spol, starost, datum odvzema in verjetnost genetske povezave) so podani v Preglednici 13 in prikazani na Sliki 17. Pri prepoznanih svinjah kot potencialnih materah, 17 ugotovljenih povezav nakazuje na zanesljivo starševstvo ($>0,95$); štiri starševske povezave so manj verjetne ($>0,75$), vsekakor pa smo potrdili, da gre za zagotove sorodstvene povezave, saj sta dve različni analizi sorodnosti potrdili obstoj ožjega sorodstvenega razmerja (Preglednica 13; Slika 15). Ena lanščakinja (19), ki je pripadala modri socialni skupini, je bila mati kar petim potomcem (trem mladičem moškega spola in dvema leto kasneje poleženima lanščakinjama). Srednje stara svinja (7), ki je pripadala rdeči socialni skupini, je bila mati štirim potomcem (dvema mladičema ženskega spola in enemu moškega ter večletni svinji). Z manjšo verjetnostjo, vendar vsekakor zanesljivo povezavo, je bila prepoznana lanščakinja (21) iz zelene skupine kot potencialna mati trem potomcem (dvema mladičema ženskega spola in enemu moškega). Ena lanščakinja (20) in ena mlada odrasla svinja (23), ki sta pripadali modri socialni skupini, sta imeli v vzorcu po dva potomca (mladiča moškega in ženskega spola). Prepoznali smo tudi tri potencialne matere s po enim odvzetim potomcem: stara svinja (12) iz rumene socialne skupine, ki je bila verjetno mati srednje stari svinji (18); lanščakinja (35) iz rdeče skupine je bila mati mladiču ženskega spola; lanščakinja (58) iz modre skupine pa mladiču moškega spola (Preglednica 13; Slika 17).



Slika 17: Lokacije odvzema divjih prašičev s prepoznanimi starševskimi povezavami. Barvne črte označujejo materinsko, črna pa očetovsko povezavo. Prikazani so vsi sorodstveni odnosi z $>75\%$ verjetnostjo. Barve simbolov sovpadajo z barvo socialnih skupin, prepoznanih v analizi parnih primerjav.

3.4.2 (Pol)sestrstvo in (pol)bratstvo

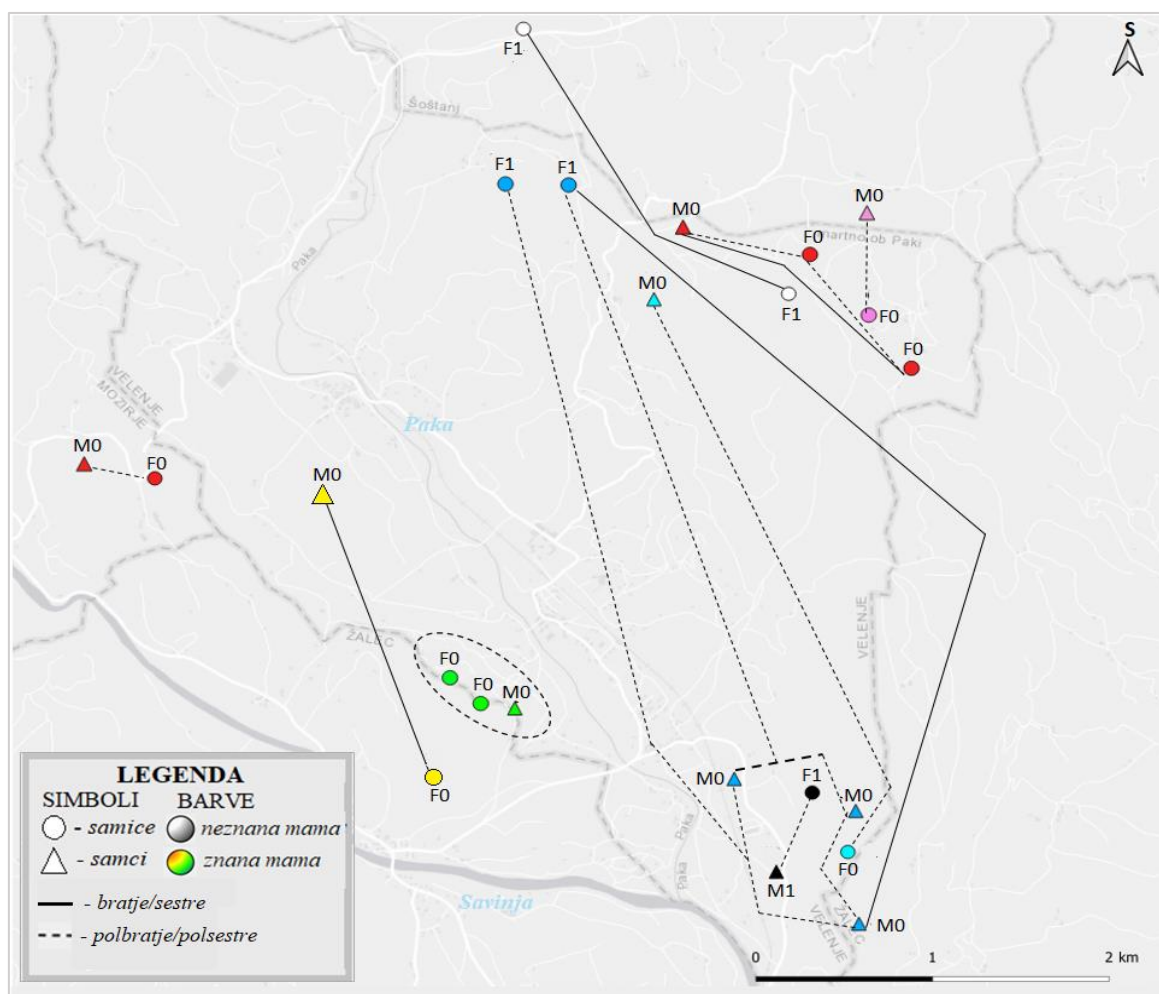
Prepoznali smo štiri zelo verjetne sestrške/bratske vezi, z veliko stopnjo zanesljivosti oziroma verjetnostjo $>90\%$ (

Slika 18; Preglednica 14), in sicer:

- i) med mladičema ženskega (10) in moškega spola (11) iz rdeče socialne skupine;
- ii) med enoletno samico (48), ki je bila odvzeta leto kasneje od brata, tedaj še mladiča moškega spola (26), iz modre socialne skupine;
- iii) med enoletnima svinjama (56 in 57) iz modre skupine;
- iv) med mladičema ženskega (22) in moškega spola (29) iz rumene skupine.

Preglednica 14: Pregled bratskih in sestrskih vezi analiziranih divjih prašičev. Prikazana so le sorodstvena razmerja z zelo veliko zanesljivostjo, tj. verjetnostjo >90 %.

Bratje/sestre				Bratje/sestre				Verjetnost
Oznaka	Starost	Spol	Datum	Oznaka	Starost	Spol	Datum	
10	0+	Ž	4.11.2018	11	0+	M	22.12.2018	1,000
26	0+	M	16.08.2019	48	1+	Ž	3.07.2020	1,000
56	1+	Ž	7.05.2020	57	1	Ž	27.04.2020	0,963
22	0+	Ž	28.07.2019	29	0+	M	23.08.2019	0,915



Slika 18: Lokacije odvzema divjih prašičev, za katere smo ugotovili (pol)sestrske in (pol)bratske vezi. Polne črte označujejo sestrstvo oz. bratstvo, črtkane pa polsestrstvo oz. polbratstvo. Prikazani so vsi sorodstveni odnosi z >90 % verjetnostjo.

Prepoznali smo tudi 17 zelo verjetnih polsestrskih oz. polbratskih vezi (>0,90), od katerih je kar 15 z absolutno stopnjo zanesljivosti oz. z verjetnostjo 1,0. Identificirali smo osem legel (tj. skupin mladičev iste kohorte); podatki o starosti, spolu, datumu odvzema in verjetnosti

odnosa posameznih živali so navedeni v Preglednici 15, polsestrske in polbratske vezi pa so prikazane na Sliki 18 in 19.

Preglednica 15: Pregled polbratskih in polsestrskih vezi analiziranih divjih prašičev. Za nekatera legla je bila prepoznana tudi potencialna mati. Prikazana so le sorodstvena razmerja z dovolj veliko zanesljivostjo, tj. verjetnostjo >90 %.

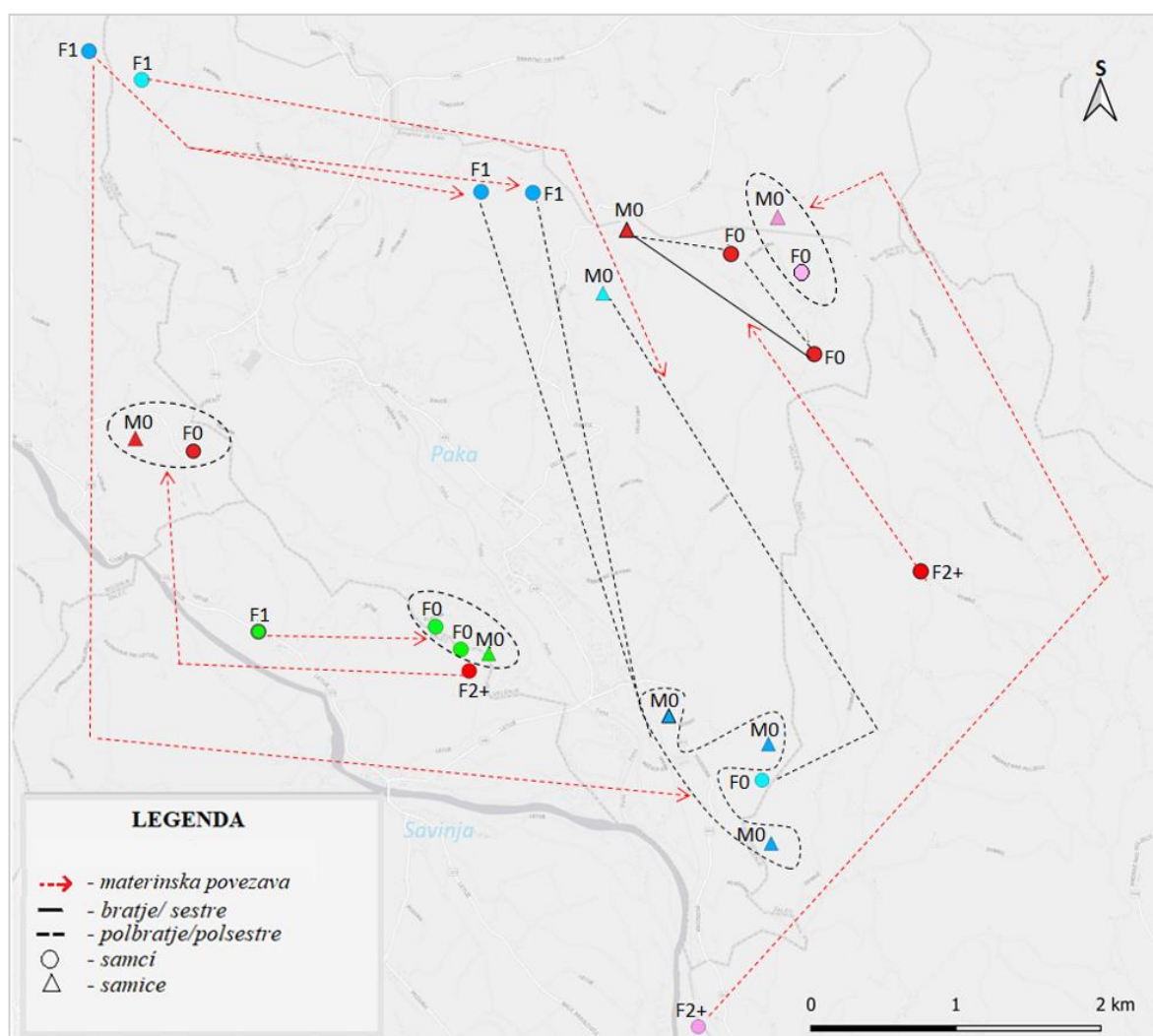
Polbratje/polsestre				Polbratje/polsestre				Verjetnost	Identificirana mati
Oznaka	Starost	Spol	Datum	Oznaka	Starost	Spol	Datum		
8	0+	Ž	4.01.2018	10	0+	Ž	4.11.2018	1,000	7
8	- -	- -	- -	11	0+	M	22.12.2018	1,000	7
25	0+	M	10.08.2019	26	0+	M	16.08.2019	1,000	19
25	- -	- -	- -	27	0+	M	16.08.2019	1,000	19
26	0+	M	16.08.2019	27	- -	- -	- -	1,000	19
25	0+	M	10.08.2019	48	1+	Ž	3.07.2020	1,000	19
26	0+	M	16.08.2019	48	- -	- -	- -	1,000	19
27	0+	M	16.08.2019	48	- -	- -	- -	1,000	19
25	0+	M	10.08.2019	58	1	Ž	6.07.2020	1,000	19
26	0+	M	16.08.2019	58	- -	- -	- -	1,000	19
27	0+	M	16.08.2019	58	- -	- -	- -	1,000	19
15	0+	M	22.06.2019	28	0+	Ž	16.08.2019	1,000	/
37	0+	Ž	17.11.2019	38	0+	M	17.11.2019	1,000	21
38	0+	M	17.11.2019	39	0+	Ž	17.11.2019	1,000	21
6	0+	Ž	29.09.2018	44	0+	M	9.12.2019	1,000	23
3	0+	Ž	25.07.2018	52	2	M	8.09.2020	0,940	/
30	0+	Ž	4.09.2019	45	0+	M	25.12.2019	0,933	36

3.4.3 Večočetovstvo

Analizo večočetovstva smo izvedli posredno, preko prepoznavanja polsestrskih in polbratskih vezi. Polsestrstvo ali polbratstvo definiramo kot skupino živali, ki si deli zgoj enega starša. Identificirali smo pet od osmih legel (Preglednica 15), za katere smo prepoznali, da si potomci znotraj legla delijo isto mater, ne pa tudi oba starša, kar pomeni, da so znotraj teh legel potomci različnih očetov (Preglednica 15; Slika 19).

Kot polsestre/polbratje, ki so si delili isto mater, so bili prepoznani:

- i) legla dveh mladičev ženskega (10 in 8) in moškega spola (11) rdeče socialne skupine, ki si delijo srednje staro mater (7);
- ii) leglo modre socialne skupine, ki ga sestavljajo trije mladiči moškega spola (25, 26 in 27) in dve, leto kasneje odvzeti, lanščakinji (48 in 58), s prepoznano že prej poleženo lanščakinjo (19) kot njihovo potencialno materjo;
- iii) leglo dveh mladičev ženskega spola (37 in 39) in enega moškega spola (38) zelene socialne skupine, ki si delijo mamo lanščakinjo (21);
- iv) mladiča ženskega (6) in moškega spola (44) zelene socialne skupine (zaradi lažjega ločevanja sta na Sliki 19 prikazana v roza barvi), ki si delita mlado odraslo mater, odvzeto v najbolj južnem delu lovišča (23);
- v) mladiča moškega (45) in ženskega spola (30) iz rdeče socialne skupine, ki si delita mlado odraslo mater (36).



Slika 19: Lokacije odvzema divjih prašičev, za katere smo potrdili pojav veččetovstva. Vsaka barva simbolov predstavlja posamezno leglo. Barvne črtkane črte prikazujejo polsestrske oz. polbratske vezi, rdeča črtkana črta pa njihove prepoznane potencialne matere. Prikazani so vsi sorodstveni odnosi z 90 % verjetnostjo.

4 RAZPRAVA

4.1 Ekološke, razmnoževalne, socialne in prostorske značilnosti srnjadi

Izmed 61 analiziranih osebkov srnjadi jih je bilo kar 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 %), kar potrjuje relativno visoko stopnjo sorodnosti med osebki preučevane populacije. V sorodstvenih (starševskih) razmerjih ni bila prepoznana nobena mladica ali odrasla srna (Slika 14), kar je lahko posledica manjšega števila v vzorec vključenih osebkov teh dveh demografskih razredov. Oba starša smo določili le za enega lanščaka (P6). Čeprav je mnogo sorodstvenih razmerij ostalo spregledanih, saj analiza sorodstvenih razmerij s pomočjo programa Cervus 3.0 omogoča preučevanje le ožjih sorodstvenih razmerij, pa velika intenzivnost vzorčenja oz. vključenost kar 73 % vse odvzete srnjadi v preučevanem obdobju, vendarle omogoča pridobitev nekaterih informacij, povezanih z ekološkimi značilnostmi vrste in znaki življenjskih strategij, kot je, npr., razmnoževalni potencial in prostorski vzorci posameznih osebkov in populacije (povzeto po Bončina in sod. 2019).

4.1.1 Opaženi prostorski vzorci srnjadi

Srnjad velja za teritorialno vrsto (Vanpé in sod. 2008, 2009), pri kateri velikost življenjskega okoliša odraslih osebkov le redko presega povprečne vrednosti 23 ha pri srnah in 16 ha pri srnjakih (Lovari in sod. 2017); največja dokumentirana velikost življenjskega okoliša meri 100–200 ha (poenostavljeno, 200 ha veliko območje meri 1 x 2 km) (Hewison in sod. 1998; Liberg in sod. 1998). Zaradi teritorialnega vedenja in praviloma kratkih dnevnih in sezonskih premikov/selitev srnjadi (*ibid.*) lahko privzamemo, da lokacija odvzema določenega osebka dobro odraža območje njegovega življenjskega okoliša. Z združevanjem prostorskih podatkov (lokacije odvzema srnjadi) in identificiranih sorodstvenih odnosov (*Poglavje 3.2*) smo pridobili vpogled v nekatere prostorske značilnosti te vrste pri nas. Lokacije odvzema identificiranih staršev (srn in srnjakov) in njihovih potencialnih potomcev ter oddaljenosti med njimi so prikazane na Sliki 14 (povzeto po Bončina in sod. 2019).

A. Teritorialnost starejših srnjakov in oddaljenost enoletnih srnjakov od identificiranih očetov

Lokacije odvzema potomcev, tako enoletnih srnjakov – lanščakov kot mladičev obeh spolov, so bile precej oddaljene od krajev odvzema njihovih identificiranih očetov – srnjakov (Slika 14), in sicer:

- i) za lanščake (P1, P2 in P6) so zračne razdalje lokacij odvzema od krajev odvzema njihovih očetov (v nadaljevanju: razdalja) presegle 6 do 7 km;
- ii) za mladiča P3 je razdalja merila 4,5 km, razdalji drugih dveh (P4, P5) pa med 5,5 km in 6,5 km.

Tako velika opažena oddaljenost potomcev od srnjakov – očetov bistveno presega povprečno velikost življenjskega okoliša, ki za srnjake v povprečju meri 16 ha (Lovari in sod. 2017). Opažene večje razdalje potomcev moškega spola od očetov lahko razložimo s teritorialno razmnoževalno strategijo odraslih srnjakov (Pagon in sod. 2017). Ti so običajno teritorialni in prostorsko navezani le na območje življenjskega prostora, ki ga osvojijo med t. i. natalno disperzijo (obdobjem iskanja in vzpostavljanja novega teritorija stran od starševskega teritorija) in med obdobjem parjenja (Melis in sod. 2004). Teritorialno vedenje zlasti starejših srnjakov je najbolj izrazito med marcem in avgustom oz. med vzpostavitvijo razmnoževalnih teritorijev in obdobjem parjenja (Liberg in sod. 1998). V tem času srnjaki vzpostavljen teritorij aktivno branijo in ga praviloma ne zapuščajo vse do poznega poletja; teritorialno obdobje evropskih populacij srnjadi traja običajno med marcem in avgustom (Krže in sod. 2000; Liberg in sod. 1998; Sempéré in sod. 1996). V tem času srnjaki izražajo močno teritorialno vedenje, ki zajema: i) spremembo prostorskih vzorcev oz. daljše razmnoževalne disperzije srnjakov (Aiello in sod. 2013); ii) značilno oglašanje, tj. bavkanje (Reby in sod. 1999); iii) markiranje razmnoževalnega teritorija (Johansson in Liberg 1996); ter iv) agresivno vedenje do ostalih samcev (Hoem in sod. 2007). Agresivno vedenje, ki vključuje odganjanje in borbe z rogovji (predvsem med teritorialnimi samci ob prisotnosti srn; Hoem in sod. 2007), je prvenstveno usmerjeno proti drugim odraslim srnjakom v zgodnjem obdobju vzpostavljanja teritorijev (marec – junij), pa tudi proti juvenilnim oz. spolno še nezrelim osebkom – lanščakom (Van Moorter in sod. 2008). Srnjaki so običajno bolj agresivni do lanščakov z daljšim rogovjem, saj je dolžina šil v pozitivni soodvisnosti z velikostjo mod, zato je velikost rogovja lanščakov kazalnik, ki opredeljuje potencialne razmnoževalno konkurenčnejše teritorialne srnjake (Wahlström 1994). Enoletni srnjaki zaradi močne teritorialnosti odraslih srnjakov običajno ne sodelujejo pri parjenju (Liberg in sod. 1998) in se pogosto podajo na mladostno disperzijo (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 in predstavljajo potencialne tekmece za parjenje odraslim, starejšim srnjakom (Melis in sod. 2005), je lahko vzrok za relativno velike oddaljenosti le-teh od očetov. Vendar prostorski premiki, povezani z disperzijo, ne morejo pojasniti podobno velikih oddaljenosti (4,5–6,5 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 odvzema očetov lahko pojasnimo z drugo prostorsko značilnostjo, t. i. paritvenimi izleti srn (Bončina in sod. 2019).

B. Daljši, paritveni izleti srn v času razmnoževanja

V obdobju parjenja, ko srnjaki branijo svoje teritorije, se srne pogosto odpravijo na daljše paritvene izlete izven svojih življenjskih okolišev, kamor se nato vrnejo takoj po oploditvi (Bocci in sod. 2013; Debeffe in sod. 2014; Lovari in sod. 2008). 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 mladostne disperzije in so zato v jesenskem času oz. pred tvorbo zimskih tropov praviloma zelo oddaljeni od srnjakov – očetov, kar potrjujejo tudi naši rezultati (Slika 14; povzeto po Bončina in sod. 2019).

Študije prostorske distribucije srn kažejo, da se srne najpogosteje pari s samci, s katerimi si delijo teritorije; kljub temu pa določene samice povečajo svoje območje aktivnosti v času parjenja. Daljši paritveni izleti srn predstavljajo alternativno razmnoževalno strategijo srn; v poletnem času se tako številne srne (tudi do 66 % iz določene populacije) lahko odpravijo tudi do 4,5 km od svojih teritorijev (Richard in sod. 2008). Lovari in sod. 2008 so dokazali, da je prvotni namen paritvenih izletov srn v času razmnoževalnega obdobja predvsem iskanje dostopnega paritvenega partnerja in ne iskanje najboljšega potencialnega samca za parjenje. Daljši paritveni izleti so negativno korelirani s populacijsko gostoto; najpogosteje se na daljše izlete odpravijo srne, ki živijo v območju nizke populacijske gostote, po vsej verjetnosti zaradi manj dostopnih samcev za parjenje v svojem domačem življenjskem okolišu (Bocci in sod. 2013), kar bi lahko bil potencialen razlog opaženih oddaljenosti mladičev od verjetnih očetov tudi v naši študiji. Daljši paritveni izleti srn imajo tudi pomembno genetsko ozadje, saj s prostorskimi premiki in iskanjem partnerjev na daljših razdaljah zmanjšujejo verjetnost parjenja v sorodstvu in prispevajo k povečanju genetske pestrosti populacije v domačem okolišu (Debeffe in sod. 2014).

C. Prostorsko-razmnoževalna strategija srn: prostorska navezanost in teritorialnost v času poleganja

Pri oddaljenosti potomcev od srn – mater je slika precej drugačna (Slika 14). Večina potomcev (P7, P9–P12, P16, P18) je bila odvzetih na oddaljenosti <1–2 km od lokacije odvzema srne – matere. To lahko razložimo s prostorsko-razmnoževalno strategijo srn v času poleganja mladičev. Čeprav je za srne značilno manj izrazito teritorialno vedenje od srnjakov (Chapman in sod. 1993; Lamberti in sod. 2006), pa v času razmnoževanja (julij–avgust) in poleganja mladičev (maj–junij) izražajo močno prostorsko navezanost posameznem življenjskemu okolišu (Danilkin in Hewison 1996; Lamberti in sod. 2006;

Nilsen in sod. 2004; Wahlström in Liberg, 1995). V tem času se srne z mladiči izolirajo in izberejo manjši življenjski areal, kar je povezano predvsem z zmanjševanjem verjetnosti plenjenja mladičev in minimizacijo motenj v okolju. V času laktacije (dojenja) srna mladiče pusti v odprtih habitatih z gosto vegetacijo (Bongi in sod. 2008), kjer ostanejo skriti; poleg krajših obiskov z namenom dojenja (3 – 7-krat na dan) mladiči ostanejo izolirani in skriti do 6–8 tednov starosti, matere pa so od njih distancirane, vendar so v neposredni bližini (Monestier in sod. 2015). Tako so opažene agresivnost srn v času laktacije in krajši dnevni premiki srn, povezani s povečanim preživetjem potomcev v fazi skrivanja v odprtih habitatih (Panzacchi in sod. 2010). V tem času si mladiči (nekje do prvega leta življenja) popolnoma delijo območje aktivnosti z življenjskim okoljem 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 habitate slabše kakovosti, kar je posledica teritorialnega vedenja starejših srn (Gaillard in sod. 2008; Van Moorter in sod. 2008).

Izjema sta dva mladiča ženskega spola, ki sta bila odvzeta na večji oddaljenosti od mater, a je bila v obeh primerih zelo specifična situacija. Skupaj z mladičem ženskega spola (P16) je bila 3. 9. 2019 odstreljena v hribovitem oz. zahodnem delu lovišča zelo shirana srna (M5) z vidnimi bolezenskimi znaki (driskavost, shiranost, telesna masa z glavo in nogami 10,5 kg); drugi mladič (P17) pa je bil mesec kasneje (19. 10. 2019) odstreljen več kot 6 km stran na južnem, ravninskem delu lovišča. Po izgubi matere se je očitno mladič premaknil daleč od območja poganja. Tudi v drugem primeru je bila srna (M4) odstreljena v zadnjem stadiju pred smrtjo (shirana, driskava in anemična; izredni odstrel izveden 17. 2. 2018), le da je bil v tem primeru njen mladič iz preteklega leta (P14) odstreljen 3. 9. 2017 na severozahodnem delu lovišča, več kot 5 km stran od kasnejšega odvzema matere. V obeh primerih je šlo za zanimive vzročno-posledične dejavnike, ki kažejo, da je za razumevanje prostorskih premikov osebkov poleg splošnih značilnosti vrste treba upoštevati tudi individualne dejavnike, kot je npr. sprememba oz. odstopanje v prostorskih vzorcih srnjadi zaradi različnih dejavnikov (npr. bolezni), za kar je predpogoj dostop do celostnih podatkov in razumevanje le-teh. Na večji oddaljenosti (8 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 (Bončina in sod. 2019), kar lahko pojasnimo z znano mladostno disperzijo samcev v obdobju spolnega dozorevanja, ko enoletni osebki prepotujejo tudi daljše razdalje (Van Moorter in sod. 2008; Wahlström in Liberg 1995).

Ugotovljena bližina lokacij odvzema srn – mater in verjetnih potomcev (predvsem mladičev) poleg kontrolne genotipizacije zarodkov in njihovih mater (*Poglavje 2.4.1*)

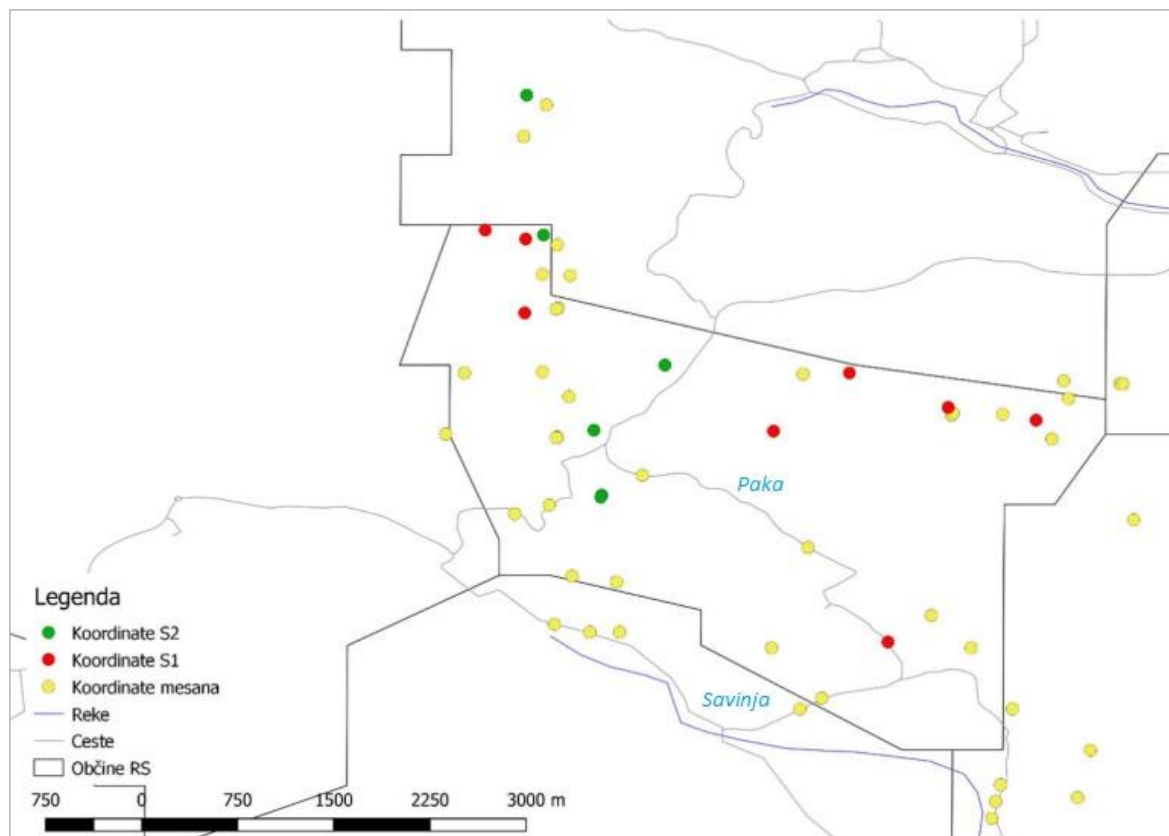
dotatno potrjuje zanesljivost uporabljene metode za določitev sorodstvenih (starševskih) razmerij srnjadi (Bončina in sod. 2019).

D. Spolne razlike v času mladostne disperzije srnjadi

Daljši prostorski premiki, ki lahko presegajo razdaljo tudi več 10 km od starševskega življenjskega okolisa (Tóth in sod. 2010, 2016), so značilni predvsem za enoletno srnjad v času mladostne disperzije (Rossi in sod. 2003). Stopnja mladostne disperzije srnjadi, tj. delež juvenilnih osebkov, ki se odseli, je med 20 % in 95 % in je predvsem odvisna od števila mladičev, populacijske gostote ter kakovosti habitata (Van Moorter in sod. 2008). Čeprav je znano, da se ekstremno daleč odseljujejo predvsem lanščaki (Wahlström 1994; Wahlström in Liberg 1995), pa v splošnem dolžina mladostne disperzije oz. oddaljenost drugotnega življenjskega okolisa od območja kotitve ni spolno pogojena (Coulon in sod. 2006), temveč je odvisna od populacijskih in okoljskih dejavnikov, kot so populacijska gostota v domačem okolisu, količina dostopnih virov ter prisotnosti teritorialnih srnjakov v neposredni bližini (Biosa in sod. 2015; Coulon in sod. 2006; Gaillard in sod. 2008). V naši študiji smo potrdili, da so lokacije genotipiziranih lanščakov ($n = 11$), za katere smo prepoznali starševske povezave ($n = 3$), v večini primerov (npr. P1 in P17) več kot 6–7 km oddaljeni od odvzema potrjenih očetov (O1 in O5) in matere (M2), kar nakazuje obstoj mladostne disperzije samcev v preučevani populaciji. V študijo smo poleg enajstih enoletnih srnjakov vključili tudi pet enoletnih srn, za katere nismo prepoznali nobene sorodstvene povezave s potencialnimi materami – srnami ali očeti – srnjaki. Zato nismo mogli opredeliti, ali imajo enoletne srne (mladice) manjše disperzijske razdalje od enoletnih srnjakov (lanščakov) (povzeto po Bončina in sod. 2019). V splošnem pa so za mladice bolj kot disperzija značilne krajše sezonske migracije, ko spomladi zapustijo območje poleganja, a se vanj jeseni vrnejo (Dingle in Alistair 2007).

4.1.2 Genetska povezanost srnjadi v modelnem lovišču

Predhodna prostorska analiza genetske strukturiranosti srnjadi v lovišču Oljka, ki je bila izvedena v letu 2018 na primerljivem vzorcu ($n = 74$), je pokazala delno strukturiranost populacije na zahodno in vzhodno stran lovišča (Slika 20), z nakazanim vplivom prostorskih pregrad: reke Pake, železniške proge in antropogene oz. polurbane krajine v ravninskem delu lovišča (Bužan in sod. 2019a, b; Sternad, 2018). Osebki mešane skupine so bili enakomerno porazdeljeni po celotnem lovišču, osebki skupine S1 (rdeče obarvani) so bili prisotni le v revirjih Skorno (severozahodni del lovišča) in Veliki Vrh (severovzhodni del), osebki skupine S2 (zeleno obarvani) pa samo severno od naselja Gorenje in magistralne ceste Velenje-Mozirje. Razporeditev osebkov po genetskih skupinah je pokazala omejen, a vendarle prisoten barierni učinek reke Pake in magistralne ceste na genetski pretok populacije srnjadi v lovišču Oljka (Sternad 2018).



Slika 20: Genetska strukturiranost srnjadi v lovišču Oljka v tri prepoznane genotipe (S1 – rdeče, S2 – zelene in mešana skupina – rumene) (prirejeno po Sternad 2018).

Za razliko od teh preliminarnih raziskav naša študija oz. prostorski prikaz sorodstvenih povezav srnjadi (Slika 14) nakazuje, da se sicer sorodni osebki grupirajo na eni ali drugi strani barier (severovzhodna vs. jugozahodna skupina), vendar pa je analiza sorodstvenih razmerij potrdila genski pretok oz. prehajanje sorodnih osebkov (staršev in potomcev). Tako so bili že opisan, z boleznijo povezan par M4–P14 (potomec srnica) ter pari O1–P1, O2–P2, O5–P6 in M2–P6 najdeni preko prostorskih barier (reke in ostalih) na obeh straneh lovišča (povzeto po Bončina in sod. 2019). V vseh teh primerih so prek krajinskih barier prešli lanščaki, kar kaže na velik pomen natalne disperzije za pretok genov (Coulon in sod. 2004), posledično pa tudi na potrebo po zelo premišljenem poseganju med juvenilne samce – mladiče in lanščake (Pokorny 2000).

4.1.3 Opažene spolno pogojene razmnoževalne lastnosti srnjadi

V relativnem smislu je bilo kot verjetnih staršev prepoznanih skoraj za polovico manj srnjakov – očetov kot srn – mater (36 % vs. 60 %), kar seveda velja v povezavi s potomci, ki smo jih zajeli v vzorec. Srnjaki bi seveda lahko imeli na preučevanem območju veliko večje število potomcev, vendar jih v vzorec morda nismo uspeli zajeti. Kljub temu so te razlike v stopnji prepoznavnosti sorodnosti po različnih spolih indikativne; ob manjšem

številu analiziranih srn v primerjavi s srnjaki, a večjem številu potrjenih starševstev zanje, lahko predpostavljamo, da je razmnoževalni potencial srn zelo velik. To potrjujejo tudi domače raziskave plodnosti srn: v povprečju lahko imajo odrasle srne vsako leto skoraj dva mladiča v leglu (Flajšman in sod. 2017a, 2018), velikost legla pa je v pozitivni povezavi s starostjo in telesno maso srn – starejše in težje samice imajo praviloma večja legla (Flajšman in sod. 2017a,b). Zdi se, da je razmnoževalni potencial samic precej večji 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, ki je poleg večjega lovnega pritiska (Pokorny 2009) tudi posledica drugačne življenjske strategije, je za srnjake značilno veliko hitrejše obrabljanje zobovja (Høye 2006); tako ima posamezen srnjak v povprečju manjši vseživljenjski paritveni uspeh oz. manjše število potomcev, na katere prenaša svoje gene. Zaradi tega 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 kakor mlajši (povzeto po Bončina in sod. 2019).

4.2 Razmnoževalne, socialne in prostorske značilnosti divjega prašiča

Divji prašič je dolgo veljal za neteritorialno vrsto (Allwin in sod. 2016; Keuling in sod. 2005), saj lahko velikost življenjskega okoliša samcev presega tudi več sto hektarjev (npr. Hartley in sod. 2014), dnevni premiki odraslih merjascev pa lahko presežejo tudi več 10 km na dan (Janoska in sod. 2018). Kljub temu so nedavne molekularne in telemetrijske raziskave razkrile, da lahko divji prašiči odražajo tudi močno teritorialno vedenje, življenjski okoliši različnih socialnih oz. sorodstveno povezanih skupin pa se pogosto prekrivajo. To velja predvsem za t. i. »družinske« skupine, ki jih vodijo dominantne večletne svinje ali lanščakinje (Podgórski in sod. 2014a; Sparklin in sod. 2009). Zaradi tega in praviloma kratkih dnevnih potovalnih razdalj samic, ki običajno ne zaidejo iz nekaj 10 ha velikega območja (Russo in sod. 2010), lahko privzamemo, da lokacije odvzema divjih prašičev dokaj dobro odražajo območje njihovega življenjskega okoliša.

4.2.1 Kompleksnost socialne strukture in genetska povezanost divjega prašiča

Divji prašiči so socialne živali, ki živijo v socialnih skupinah oz. tropih (angl. *sounders*). Dolgo je veljalo, da temelj osnovne socialne organizacije divjih prašičev predstavljajo filopatrične odrasle svinje, za katere je značilen fakultativni kooperativni način razmnoževanja¹; Briedermann (1986) je opredelil, da osnovno socialno skupino (tj. »družinsko« skupino) predstavlja matrilinealna/matriarhalna skupina, ki jo sestavljajo ena ali več sorodstveno povezanih samic z eno ali več kohort njenih/njihovih potomcev; samci

¹ Način reproduktivne strategije, pri kateri za skrb mladičev skrbi celotna socialna skupina, ne le mati.

pa večinoma živijo solitarno življenje, skupinam se pridružijo le v času razmnoževanja (Allwin in sod. 2016; Fernández-Llario 2005).

Razvoj molekularno-genetskih analiz je omogočil boljše poznavanje socialne organiziranosti divjih prašičev; te so potrdile, da poleg osnovne socialne skupine (po Briedmann 1986) obstaja še mnogo tipov socialnih skupin, ki jih lahko sestavljajo:

- i) posamezne odrasle živali; posamezne subadultne živali;
- ii) skupine subadultnih živali;
- iii) mešane skupine odraslih in subadultnih živali;
- iv) družinska skupina z eno odraslo svinjo in njenimi mladiči;
- v) razširjena skupina, ki zajema odrasle z mladiči in subadultnimi živalmi;
- vi) solitarno živeči posamezni mladiči;
- vii) skupine s subadultnimi osebki in mladiči (Allwin in sod., 2016).

S pomočjo genotipizacije analiziranih živali smo določili socialne skupine, tj. skupine v ožjem sorodstvu (Slika 15) in daljnem sorodstvu (Slika 16). Glede na prostorske in časovne podatke odvzema osebkov ter analize sorodnosti socialnih skupin smo v analizirani populaciji prepoznali več različnih tipov socialnih skupin:

- i) razširjeno pretežno modro socialno skupino na severnem delu lovišča, ki zajema tako odrasle samice z mladiči kot subadultne osebke;
- ii) skupino s subadultnimi osebki in mladiči (južna pretežno modra socialna skupina);
- iii) skupino z odraslo svinjo in mladiči (zahodna skupina treh osebkov, z odraslo svinjo rumene socialne skupine z mladičem rdečo-zelene socialne skupine);
- iv) nekaj solitarnih živali (npr. posamezna subadultna samica modre socialne skupine v severnem delu lovišča, odrasla samica zelene socialne skupine na najjužnejšem delu lovišča, posamezna mladiča oranžne socialne skupine);
- v) skupino subadultnih samic modre socialne skupine na severozahodnem delu lovišča.

Tudi naša raziskava je pokazala, da je socialna organizacija divjih prašičev veliko kompleksnejša, kot je bila sprva opisana (npr. Briedermann 1986), saj se struktura socialnih skupin lahko močno razlikuje v prostoru in času in je odvisna od številnih dejavnikov (npr. intenzitete lovnega napora, populacijske gostote in kakovosti habitata). Kljub temu, da so biološke in ekološke značilnosti te pomembne lovne vrste precej dobro raziskane, pa je učinek sorodnosti oz. sorodstvenih odnosov na oblikovanje socialne organiziranosti divjega prašiča še vedno slabo poznan (Podgórski in sod. 2014b). Nekatere raziskave potrjujejo, da s prostorsko bližino narašča stopnja sorodnosti med svinjami, kar potrjuje strogo matrilinealno urejenost socialnih skupin, tj. centralno urejenost sorodstveno povezanih živali

okoli dominantnejših, sorodstveno povezanih svinj (Poteaux in sod. 2009). Nasprotno druge raziskave kažejo na nizko stopnjo sorodnosti živali, ki tvorijo socialne skupine, neobstoje povezave med genetsko povezanostjo in prostorsko oddaljenostjo, ter pogoste asociacije socialnih skupin, ki jih tvorijo nesorodne samice, kar priča o ne nujni strogi matrilinealni organiziranosti divjih prašičev (Iacolina in sod. 2009). Takšne spremembe socialne skupine, ki jih pogosto tvorijo nesorodni osebki, so lahko posledica antropogenih dejavnikov in jih lahko opazimo predvsem v območjih z visoko intenziteto lova, drugih antropogenih motenj ter visoko stopnjo plenjenja s strani volkov; ti dejavniki po vsej verjetnosti vplivajo na spremembo običajne socialne organiziranosti divjih prašičev (*ibid.*).

Tudi v naši raziskavi smo v posameznih socialnih skupinah prepoznali osebke, ki niso izražali nobene sorodstvene povezave z drugimi socialnimi skupinami (Slika 16 in 17). Takšen primer so, npr., mladiči zelene socialne skupine (37, 39 – F0; 38 – M0), ki so bili skupaj z večletno svinjo rdeče socialne skupine (36) odvzeti hkrati (17. 11. 2019) v Forštu v bližini regionalne ceste Letuš – Šmartno ob Paki, njihova mama (21; F1) iz zelene socialne skupine pa je bila povožena 2 km vzhodno (pri Hrašanu) nekaj mesecev prej, dne 25. 7. 2019 (Slika 16 in 17). Še en takšen primer je mladič iz te iste zelene socialne skupine (44; M0), ki je bil 9. 12. 2019 odvzet na območju prevladujoče prostorske razširjenosti modre socialne skupine na severnem delu lovišča (na krmišču pri Poprasku), njegova mati – večletna odrasla svinja (23) pa je bila uplenjena par mesecev prej (1. 8. 2019) na najjužnejšem delu lovišča, ob Savinji pri Obuju (Slika 16 in 17). To lahko pojasnimo s tem, da ko so bile uplenjene dve matere iz zelene socialne skupine, tj. lanščakinja (21) in večletna odrasla svinja (23), so se njihovi mladiči pridružili drugim socialnim skupinam. Da so jih le-te sprejele v trope, ki so jih vodile z njimi nesorodne odrasle svinje (npr. 36), dokazujejo prostorski in časovni podatki sočasnega odvzema svinje 36 (rdeča socialna skupina) in mladičev 37, 38 in 39 (zelena skupina) (Slika 16 in 17; Preglednica 13). Posvojitev mladičev s strani drugih svinj v primeru smrti matere je pri divjih prašičih precej pogost fenomen, ki osebkom omogoča večjo verjetnost preživetja (Tack 2018).

Naša raziskava potrjuje tako obstoj močne matrilinealne ureditve socialnih skupin, saj je bila večina prepoznanih potomcev (mladičev), odvzetih skupaj na bližnjih lokacijah odvzema njihovih prepoznanih mater (svinj); potrjuje pa tudi kompleksnost socialne ureditve in ne nujno sorodstveno povezano socialno organiziranosti tropov, kar bi lahko bila posledica intenzivnega izvajanja odstrela in drugih antropogenih motenj (prisotnosti prostorskih barier, hrupa, športnih dejavnosti, itd.), kot so opisali Iacolina in sod. (2009).

Na prvi vidik kaže dejstvo, da se socialne skupine preučevane populacije delno genetsko oz. prostorsko strukturirajo/ločujejo na vzhodno (različne socialne skupine) in zahodno stran lovišča (modra socialna skupina; Slika 16) oz. da na delno genetsko strukturiranost zmerno

vpliva obstoj potencialnih prostorskih barier (npr. reka Paka, železniški tiri in magistralna cesta ter naselja vzdolž njih). Vendar pa je podrobnejša analiza sorodstvenih razmerij (identifikacija starševskih, bratskih in sestrskih vezi; Slika 17) potrdila povezavo oz. prehajanje sorodnih osebkov: npr. enoletna svinja modre socialne skupine (19) je bila odvzeta na skrajnem severozahodnem delu lovišča, njeni potomci (mladiči ženskega spola) pa so bili odvzeti na drugi strani omenjenih prostorskih barier, 3 km stran na severnem delu lovišča, drugi potomci (mladiči moškega spola) pa celo več kot 8 km stran na skrajnem južnem delu lovišča. Še en primer oddaljene povezave med sorodnimi osebki predstavlja večletna svinja – mati (7), ki je bila odvzeta na najbolj zahodnem delu lovišča Oljka, njeni potomci (mladiči ženskega in moškega spola) pa so bili odvzeti od 3 do 7 km stran na severnem in zahodnem delu lovišča, kar priča o že znanih daljših natalnih disperzijah divjih prašičev med mladostnim obdobjem iskanja novih življenjskih okolij stran od starševskih (Allwin in sod. 2016; Gaston in sod. 2011) ter o pomembnosti mladostne disperzije za ohranjanje visoke genetske pestrosti populacij (Ronce 2007; Saastamoinen in sod. 2018).

4.2.2 Opažene prostorske značilnosti: prostorska zvestoba svinj, bližina mladičev starševskemu teritoriju in spolno pogojena natalna disperzija

Lokacije odvzema staršev (svinj/lanščakinj in lanščakov) in njihovih prepoznanih potomcev (mladiči obeh spolov, lanščakov/lanščakinj in večletnih svinj) so prikazane na Sliki 17. Z nje je razvidno, da so bile lokacije odvzema potomcev večinoma tako v primeru mladičev obeh spolov in lanščakinj/lanščakov oddaljene <3 km od lokacije odvzema njihovih mater. To lahko razložimo z osnovnimi biološkimi in reproduktivnimi lastnostmi divjih prašičev. Po skotitvi mladičev ostane svinja z njimi v času dojenja in je izolirana od socialne skupine, kar običajno traja do nekaj mesecev starosti mladičev (Tack 2018), o čemer pričajo tudi lokacije odvzema mladičev v neposredni bližini odvzema njihovih potrjenih mater (Slika 17). Svinje imajo v času poleganja in skrbi za mladiče zelo majhen življenjski okoliš; ta meri običajno do starosti mladičev približno treh tednov le nekaj ha (Allwin in sod. 2016). Po koncu dojenja se pridružijo svinji tudi ostale svinje (lahko s svojimi potomci), ki so običajno sorodstveno povezane in formirajo stabilno matrilinealno skupino, ki ostane povezana do novega razmnoževalnega obdobja, ko se socialni skupini pridružijo samci (zbrano v Allwin in sod. 2016; Tack in sod. 2018). Ko mladiči ženskega spola določene socialne skupine dosežejo spolno zrelost, se običajno začnejo razmnoževati ter ostanejo znotraj ali v bližini matrilinealne skupine, v kateri so se skotili (Kaminski in sod. 2005; Tack in sod. 2018). Zato samice pogosto odražajo dolgoročno zvestobo manjšemu življenjskemu okolišu in imajo pogosto prekrivajoče življenjske okoliše (Boitani in sod. 1994; Podgórski in sod. 2014b; Sparklin in sod. 2009; Spitz in Janeau 1990).

Ker smo na relativno majhnem območju identificirali sorodstveno (ozko in daljno) povezane samice (Slika 15 in 16), z nadaljnjo analizo starševskih sorodnih odnosov pa tudi

bližino njihovih potomcev (Slika 17), smo tudi v našem primeru potrdili obstoj prostorske navezanosti samic na relativno majhne življenjske okoliše. Večina samic torej ostane blizu svoje socialne skupine, le 20 % se jih odpravi na mladostno disperzijo (Kaminski in sod. 2005); pogosto oblikujejo samice tudi nove socialne skupine s svojimi sestrami, v neposredni bližini natalne skupine. To velja po vsej verjetnosti tudi za lanščakinji (48 in 58), ustreljeni julija 2020, ki sta bili uplenjeni približno 3 km stran od njune matere (19; F1), kljub temu, da je bila ta uplenjena zelo kmalu po njenem rojstvu (18. 7. 2019). To posredno nakazuje na značilno manjše življenjske okoliše svinj, ki so lahko tudi od 2,5- do 4-krat manjši v primerjavi z življenjskimi okoliši merjascev (Choquetot in sod. 1997; Gaston in sod. 2008; Singer in sod. 1981; Sterner in sod. 1990) ter prekrivajoče življenjske okoliše sorodstveno povezanih samic.

Nekaj mladičev pa je bilo kljub temu odvzetih več kot 6 km od lokacije odvzema njihovih mater: i) mladiča moškega (44) in ženskega spola (6) od večletne svinje (23); ii) trije mladiči moškega spola (25, 26 in 27) od matere lanščakinje (19); iii) mladiča moškega (45) in ženskega spola (30) od večletne svinje (7). Za vse te mladiče je bila njihova mati uplenjena več mesecev pred njimi, zato so po vsej verjetnosti iskali novo socialno skupino, kateri bi se pridružili; izjemo predstavlja le mladič ženskega spola (6), ki je bil odvzet na oddaljeni lokaciji, preden je bila njena večletna mati (23) odvzeta na najjužnejšem delu lovišča. To bi lahko pomenilo, da je bil prvotni življenjski okoliš tega mladiča in njene matere v severnejšem delu lovišča, kjer je bil odvzet potomec (6).

Nasprotno od večine mladičev pa so bili enoletni samci in samice (ter tudi nekateri starejši mladiči) odvzeti daleč stran od lokacij odvzema njihovih staršev (Slika 17), kar potrjuje že znane mladostne disperzije, ko se spolno zreli osebki odpravijo na iskanje novih teritorijev stran od starševskih. Pogostejše in daljše mladostne disperzije so pri divjih prašičih značilne predvsem za samce (Casas-Díaz in sod. 2013; Keuling in sod. 2010), ki se v povprečju odpravijo na razdaljo približno za 1–3 premere svojega življenjskega okoliša, lahko pa so dolge več 10 km od starševskega teritorija (Keuling in sod. 2010; Poteaux in sod. 2009; Truvé in Lemel 2003) oz. imajo dvakrat daljšo disperzijo od samic (Keuling in sod. 2010; Truvé in Lemel 2003). To smo potrdili tudi v naši raziskavi, saj so bili prepoznani potomci moškega spola (mladiči in predvsem enoletni samci) najdeni na daljših razdaljah (v povprečju >5 km) od prepoznanih starševskih teritorijev, v primerjavi z mladiči ženskega spola in lanščakinjami, ki so bile od prepoznanega starševskega teritorija oddaljene v povprečju med 1 in 3 km. Pretekle domače prostorske (telemetrijske) raziskave sicer kažejo, da se izjemoma zgodijo tudi zelo dolge (>100 km) disperzije samic (Jerina in sod. 2014), kar bi lahko bil razlog za dokaj veliko oddaljenost lokacije odvzema svinje (23) od mladiča (6). Poleg mladostne disperzije so za divjega prašiča značilne tudi reproduktivne disperzije v času razmnoževalnega obdobja oz. ko samci zapustijo svoje življenjske okoliše in se podajo

na iskanje matriarhalne skupine (Allwin in sod. 2016; Pedro Fernández-Llario 2005). Med vrsto in dolžino disperzije samcev v naši raziskavi ne moremo razlikovati, saj je bila vključenost večletnih merjascev ničelna, število enoletnih samcev pa premajhno, da bi lahko podrobneje opisali disperzijske vzorce znotraj preučevane populacije.

Na Sliki 18 smo prikazali tudi prepoznane sestrške in bratske ter polsestrske in polbratske sorodstvene vezi. Z nje je razvidno, da je večina sorodstveno povezanih mladičev skoncentriranih na manjšem območju (< 2 km²), kar sovpada z zgoraj opisanimi lastnostmi socialne organizacije divjega prašiča. Pri tem izstopata lanščakinji modre socialne skupine (48 in 58), ki sta bili od sorojencev (25, 26 in 27; M0) ustreljeni leto kasneje, julija 2020 v severnem delu lovišča. Po vsej verjetnosti sta po odstrelu sorojencev (avgusta 2019) in njihove matere (19) v juliju 2019 zaradi izgube osnovne socialne skupine iskali novo ter se pridružili modri skupini (Slika 16, 17 in 18) na severnem delu lovišča. To je pogosta značilnost divjih prašičev, da se v primeru smrti matere mladiči pridružijo novi socialni skupini in so posvojeni s strani sorodne ali tudi nesorodne svinje (zbrano v Tack 2018).

4.2.3 Razmnoževalne lastnosti divjega prašiča: večočetovstvo

Kljub temu, da v naš vzorec nismo zajeli veliko enoletnih samcev (le 12 % vseh analiziranih osebkov) in nobenega odraslega merjasca, smo posredno vendarle pridobili prve dokaze o pogostem pojavu večočetovstva (pojav, ko je samica sočasno oplojena s spermalnimi celicami več samcev oz. imajo osebki istega legla več različnih očetov) divjih prašičev v Sloveniji. Za namen dokazovanja večočetovstva smo izvedli podrobno analizo sorodstvenih odnosov, pri čemer smo dobili vpogled tudi v polsestrske in polbratske vezi, prikazane na Sliki 18. Za šest od osmih prepoznanih legel smo z >95 % zanesljivostjo identificirali matere (Slika 19; Preglednica 15), kar pomeni, da so v posameznem leglu bili prisotni genotipi več samcev.

Veočetovstvo je pogost pojav pri mnogih taksonih (npr. Dugdale in sod. 2007; Falcón in sod. 2011; Glen in sod. 2009; Meister in sod. 2012; Vanpe in sod. 2009), vključno z mnogimi vrstami kopitarjev (Carling in sod. 2003; Sorin 2004; Vanpe in sod. 2009). Dolgo je bilo splošno sprejeto, da med razmnoževalnim obdobjem zgoj dominantni samci divjih prašičev monopolizirajo številne samice, zato je bil pojav večočetovstva obravnavan kot redek fenomen. Novejše raziskave (Costa in sod. 2012; Gayet in sod. 2016; Müller in sod. 2018) pa so pokazale, da je pojav večočetovstva pri tej vrsti lahko zelo pogost in lahko predstavlja enega od razlogov za tako uspešno reprodukcijo divjih prašičev. Divji prašiči so namreč zaradi trofejnega lova pogosto na udaru selektivnega odvzema večjih in večletnih samcev, kar povzroča popolne spremembe reproduktivne strategije, ki je po vsej verjetnosti postopoma prehajala iz monogamne v poligamno oz. poliandrijo. Takšna sprememba v razmnoževalni strategiji posledično povečuje genetsko variabilnost in velikost zaroda

(Gayet in sod. 2021). Zaznan je bil namreč pozitiven trend velikosti legel s povečano stopnjo večočetovstva, kar bi lahko vplivalo na dolgoročno povečevanje populacij divjih prašičev (Pearse in Anderson, 2009), zato je preučevanje večočetovstva v populacijah te vrste zelo pomembno.

Pojav večočetovstva ima mnoge evlucijske prednosti, vendar je pri vrsti, ki ima največji reprodukcijski potencial med sesalci, to precej alarmantno. Večkratno parjenje je evlucijsko gledano za samce zelo ugodno, saj na ta način lahko zaplodijo več potomcev. Prav tako je ugodno za samice, saj omogoča t. i. spermalno kompeticijo (Parker 1970). Na ta način si samica izbira katere spermalne celice so najbolj viabilne in primerne za njihove potomce. Poleg tega lahko večkratno parjenje povečuje genetsko diverzitetu (Bergeron in sod. 2011), genetsko kvaliteto (Jennions in Petrie 2000) in fenotipsko variabilnost potomcev (Gamelon in sod. 2018). Pojav večočetovstva kot pogosta reproduktivna strategija je bil pri divjih prašičih potrjen šele nedavno (Delgado in sod. 2008; Gayet in sod. 2016; Müller in sod. 2018), zato so dejavniki, ki vplivajo na povečano frekvenco stopnje večočetovstva še domala neraziskani (Gayet in sod. 2021). Najnovejša raziskava (*ibid.*) pa potrjuje, da je večočetovstvo zelo pogosto pri vseh populacijah divjih prašičev v Evropi, a je v manjši meri odvisno od lovne pritiska, pri čemer je lahko povezano s selektivnim odvzemanjem večjih in večletnih samcev. Kljub temu ima lahko pogosta stopnja večočetovstva velik vpliv na populacijsko dinamiko divjega prašiča. Selektivno odstranjevanje večjih večletnih samcev namreč povzroča evlucijsko pogojeno tendenco za ohranjanje visokega reproduktivnega potenciala samcev, ki bi kompenziral porušeno ravnovesje v spolni strukturi, in sicer z večkratnim parjenjem in povečano stopnjo večočetovstva, ki posledično vodi v povečanje velikosti legel divjega prašiča (Gayet in sod. 2016).

5 POVZETEK

Evropska srna/srnjad (*Capreolus capreolus*) in divji prašič (*Sus scrofa*) sta najštevilčnejši, najbolj razširjeni vrsti parkljarjev v celotnem evropskem prostoru in najpomembnejši lovskoupravljavski vrsti divjadi v Sloveniji. Kljub temu, da se na prvi pogled zdi, da vrsti nimata skupnih lastnosti, imata v resnici veliko skupnega: obe imata visok reproduktivni potencial, izjemno pomembno vlogo v kopenskih ekosistemih, izjemno prilagodljivost zasedanja različnih naravnih in (pol)urbanih okolij, pretežno poligamno razmnoževalno strategijo, značilne daljše disperzije samcev in reproduktivne disperzije samic (npr. paritveni izleti srn) ter močne socialne vezi v centralno organiziranih matriarhalnih socialnih skupinah. Prav tako ju družijo, da se zaradi uspešne razmnoževalne strategije oz. velikega razmnoževalnega potenciala, dokaj visoke stopnje preživetja in zmožnosti zasedanja različnih naravnih in antropogenih okolij v zadnjih desetletjih njuna številčnost ter prostorska razširjenost v Evropi povečujeta.

Vrsti imata dobro poznane biološke in nekatere ekološke značilnosti v naravnem okolju, po drugi strani pa so genetske značilnosti vrst, kot so genetska strukturiranost, genetska povezanost in druge lastnosti, ki jih ugotavljamo z molekularnimi orodji (npr. pojav večočetovstva, struktura socialnih skupin pri divjem prašiču, reproduktivni potencial, prostorsko-razmnoževalne značilnosti in sorodstvena razmerja) domala nepoznane v slovenskem prostoru. Pri nas do nedavnega ni bilo genetskih analiz teh dveh najbolj uspešnih sinantropnih vrst, zato smo v pričujoči študiji z namenom nadaljnega spodbujanja in vključevanja oz. popularizacije molekularnih analiz v raziskovanje ekoloških, prostorskih in upravljaljskih vprašanj divjadi v slovenskem prostoru, z združevanjem natančnih lokacij odvzema in molekularnih analiz, tj. genotipizacije divjega prašiča ($n = 58$) in evropske srne ($n = 61$), dobili podroben vpogled v genetsko strukturiranost populacij, strukturo socialnih skupin ter prostorsko-razmnoževalne lastnosti obeh vrst v tipičnem lovišču osrednje Slovenije (Oljka, Šmartno ob Paki; Savinjsko-Kozjansko lovskoupravljavsko območje). Z uporabo molekularnih označevalcev oz. mikrosatelitov ($n = 13$ za obe vrsti; različni označevalci) smo določili sorodstvena razmerja obeh vrst. V analize smo vključili kar 84 % divjih prašičev, ki so bili v proučevanem lovišču odvzeti v obdobju 2017–2020, ter 73 % odvzete srnjadi v obdobju 2017–2018.

Analiza sorodstvenih razmerij divjega prašiča je razkrila: (i) obstoj visoke stopnje sorodnosti med osebki (63 % vseh analiziranih je bilo vsaj z enim analiziranim osebkom v ožjem sorodstvu); (ii) izjemno kompleksnost socialne organiziranosti divjega prašiča, ki jo lahko sestavljajo tudi nesorodne živali, kar je bilo do sedaj zelo redko dokumentirano; (iii) izrazito matrilinealno urejene socialne skupine in opazno prostorsko navezanost samic posameznemu življenjskemu okolišu; (iv) kratko oddaljenost lokacij odvzema mladičev od

njihovih mater, kar kaže na neobstoje disperzije pri tej starostni kategoriji. Pridobili smo tudi prve dokaze o pogostem pojavu večočetovstva pri divjem prašiču v Sloveniji, saj smo v analizirani populaciji prepoznali šest legel, v katerih so osebki (mladiči) imeli genotipe več očetov. Analiza sorodstvenih razmerij evropske srne pa je razkrila mnoge prostorsko-razmnoževalne značilnosti vrste, kot so navezanost mladičev na življenjski okoliš mater, daljše disperzije enoletnih srnjakov – lanščakov, teritorialno vedenje zlasti starejših srnjakov in relativno dolgi paritveni izleti srn.

Delno smo potrdili hipotezo, da krajinsko-ekološke in antropogene bariere, kot so železnica, cesta, reka Paka ali naselja v lovišču Oljka vplivajo na genetsko strukturo srnjadi, ne pa divjega prašiča; namreč analiza sorodstvenih razmerij je pokazala delno grupiranje sorodstveno povezanih osebkov srnjadi na zahodni vs. vzhodni del lovišča; kljub temu smo tako za srnjad kot divjega prašiča potrdili prehajanje sorodstveno povezanih osebkov preko obstoječih prostorskih barier, zato po vsej verjetnosti le-te nimajo pomembnega učinka na omejevanje genskega pretoka med osebki preučevanih populacij. Potrdili smo tudi hipotezo, da med demografskimi kategorijami obeh vrst obstajajo izrazite razlike v prostorskem vedenju in da je daljša disperzija značilna predvsem za enoletne samce. Analiza sorodstvenih razmerij in genetske povezanosti je v kombinacijami s prostorskimi podatki odvzema osebkov pokazala bistveno večje oddaljenosti odvzema enoletnih samcev od identificiranih mater v primerjavi s potomci – samicami, ter tendenco prostorske navezanosti samic predvsem v času razmnoževalnega obdobja. Povsem smo potrdili tudi tretjo hipotezo, da uporabljen pristop povezovanja prostorskih podatkov z molekularnimi analizami sorodstvenih razmerij omogoča prepoznavanje prostorskih, razmnoževalnih in socialnih lastnosti divjadi. Za boljše in natančnejšo analizo se je izkazala analiza parnih primerjav z uporabo Goodnight-Quellerjevega estimatorja v kombinaciji z analizo ožjih in daljnih sorodstvenih razmerij v programu COLONY 2.0.6.6. Ta pristop nam je omogočil celo prepoznavanje pogostega pojava večočetovstva divjega prašiča, ki ga v slovenskem prostoru do sedaj še nismo zaznali.

Združevanje prostorskih podatkov in molekularnih analiz (npr. analize sorodstvenih razmerij in genetske povezanosti) omogoča boljše razumevanje razmnoževalnih (npr. obstoj večočetovstva, teritorialno vedenje), prostorskih (npr. prostorska zvestoba svinj) in socialnih lastnosti (npr. struktura in organiziranost socialnih skupin) ter tako pomembno prispeva k poznavanju ekoloških značilnosti lovnih vrst v slovenskem prostoru. Zaradi tega so genetske analize, s katerimi smo začeli v modelnem lovišču, zelo pomembne za smotrno, trajnostno upravljanje populacij, saj nam lahko omogočajo razumevanje v preteklosti skritih odnosov, ki so lahko vidni le na nivoju genov, hkrati pa so ključni za dolgoročno ohranjanje viabilnih populacij divjadi in posledično spodbujanje znanstveno utemeljenih upravljaljskih odločitev.

6 VIRI IN LITERATURA

Abaigar T., del Barrio G., Vericad J. R. 1994. Habitat preference of wild boar (*Sus scrofa* L., 1758) in a Mediterranean environment. *Mammalia* 58: 201–210.

Abdul-Muneer P. M. 2014. Application of microsatellite markers in conservation genetics and fisheries management: recent advances in population structure analysis and conservation strategies. *Genetics Research International* 10: 6–30.

Abdul Muneer P.M., Gopalakrishnan A., Musammilu K.K., Mohindra V., Lal K.K., Basheer V.S., Lakra W. S. 2009. Genetic variation and population structure of endemic yellow catfish, *Horabagrus brachysoma* (Bagridae) among three populations of Western Ghat region using RAPD and microsatellite markers. *Molecular Biology Reports* 36(7): 1779–1791.

Acevedo P., Escudero M. A., Muñoz R., Gortázar C. 2006. Factors affecting wild boar abundance across an environmental gradient in Spain. *Acta Theriologica* 51(3): 327–336.

Acevedo P., Quirós-Fernández F., Casal J., Vicente J. 2014. Spatial distribution of wild boar population abundance: Basic information for spatial epidemiology and wildlife management. *Ecological Indicators* 36: 594–600.

Adamič M., Jerina K. 2006. Monitoring - integralna sestavina odzivnega upravljanja s populacijami prostoživečih živali. V: Hladnik, D (ur.). *Monitoring gospodarjenja z gozdom in gozdnato krajino*. Ljubljana: Biotehniška fakulteta, Oddelek za gozdarstvo in obnovljive gozdne vire. *Studia forestalia Slovenica*: 247–259.

Agnarsson I., May-Collado L.J. 2008. The phylogeny of Cetartiodactyla: The importance of dense taxon sampling, missing data, and the remarkable promise of cytochrome b to provide reliable species-level phylogenies. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 48(3): 964–985.

Aiello V., Lovari S., Bocci A. 2013. Ranging behaviour and reproductive rate in the threatened population of roe deer in Gargano, South Italy. *Italian Journal of Zoology* 80(4): 614–619.

Albarella U., Dobney K., Rowley-Conwy P. 2009. Size and shape of the Eurasian wild boar (*Sus scrofa*), with a view to the reconstruction of its Holocene history. *Environmental Archaeology* 14(2): 103–136.

Allwin B., Gokarn N.S., Vedamanickam S., Gopal S. 2016. The wild pig (*Sus Scrofa*)

behavior - a retrospective study. *Journal of Dairy, Veterinary and Animal Research* 3(3): 115–125.

Andersen R., Duncan P., Linnell J.D.C. 1998. The European roe deer: the biology of success. *Journal of Wildlife Management* 64(2): 126–130.

Apollonio M., Andersen R., Putman, R.J. 2010. European ungulates and their management in the 21st century. Cambridge University Press: 604.

Apollonio M., Belkin V.V., Borkowski J., Borodin O.I., Borowik T., Cagnacci F.,... Yanuta G. 2017. Challenges and science-based implications for modern management and conservation of European ungulate populations. *Mammal Research* 62(3): 209–217.

Apollonio M., Chirichella R. 2016. Ungulates in Europe: a story of success with an uncertain future. V: Ungulates in a changing world – consequences for population dynamics, migration and management. Krasny Bor, The National Academy of Sciences of Belarus: 5–6.

Araki H., Waples R.S., Ardren W.R., Cooper B., Blouin M.S. 2007. Effective population size of steelhead trout: Influence of variance in reproductive success, hatchery programs, and genetic compensation between life-history forms. *Molecular Ecology* 16(5): 953–966.

Avise J.C. 2004. *Molecular Markers, Natural History, and Evolution*. Massachusetts, Sinauer Press.

Baker K.H., Hoelzel A.R. 2013. Evolution of population genetic structure of the British roe deer by natural and anthropogenic processes (*Capreolus capreolus*). *Ecology and Evolution* 3(1): 89–102.

Ballari S.A., Barrios-García M.N. 2014. A review of wild boar *Sus scrofa* diet and factors affecting food selection in native and introduced ranges. *Mammal Review* 44(2): 124–134.

Barrett L.G., Thrall P. H., Burdon J. J., Linde C.C. 2008. Life history determines genetic structure and evolutionary potential of host-parasite interactions. *Trends in Ecology and Evolution* 23(12): 678–685.

Barrios-Garcia M., Ballari N.S.A. 2012. Impact of wild boar (*Sus scrofa*) in its introduced and native range: A review. *Biological Invasions* 14(11): 2283–2300.

Baubet E., Bonenfant C., Brandt S. 2004. Diet of the wild boar in the French Alps. *Galemys*:

Boletín informativo de la Sociedad Española para la conservación y estudio de los mamíferos 16(1): 101–113.

Baubet E., Ropert-Coudert Y., Brandt S. 2003. Seasonal and annual variations in earthworm consumption by wild boar (*Sus scrofa scrofa* L.). *Wildlife Research* 30(2): 179–186.

Benton C.H., Delahay R.J. Smith F.A.P., Robertson A., McDonald R.A., Young A.J.,... Hodgson D. 2018. Inbreeding intensifies sex- and age-dependent disease in a wild mammal. *Journal of Animal Ecology* 87(6): 1500–1511.

Bergeron P., Réale D., Humphries M.M., Garant D. 2011. Evidence of multiple paternity and mate selection for inbreeding avoidance in wild eastern chipmunks. *Journal of Evolutionary Biology* 24(8): 1685–1694.

Bhargava A., Fuentes, F.F. 2010. Mutational dynamics of microsatellites. *Molecular Biotechnology* 44(3): 250–266.

Bieber C., Ruf T. 2005. Population dynamics in wild boar *Sus scrofa*: Ecology, elasticity of growth rate and implications for the management of pulsed resource consumers. *Journal of Applied Ecology* 42(6): 1203–1213.

Biosa D., Grignolio S., Sica N., Pagon N., Scandura M., Apollonio M. 2015. Do relatives like to stay closer? Spatial organization and genetic relatedness in a mountain roe deer population. *Journal of Zoology* 296(1): 30–37.

Blouin M.S. 2003. DNA-based methods for pedigree reconstruction and kinship analysis in natural populations. *Trends in Ecology and Evolution* 18(10): 503–511.

Bocci A., Aiello V., Lovari S. 2013. Excursion behaviour of female roe deer may depend on density. *Behavioural Processes* 97: 18–20.

Boitani L., Mattei L., Nonis D., Corsi F., Boitani L., Mattei L.,...Corsi F. 1994. Spatial and activity patterns of Wild boars in Tuscany, Italy. *American Society of Mammalogists* 75(3): 600–612.

Bon R., Campan R., Dardaillon M., Demeautis G., González G., Teillaud P. 1986. Comparative study of the seasonal variations of the social structures in three French wild ungulates. *Wissenschaftliche Zeitschrift der Humboldt-Universität zu Berlin Mathematisch-Naturwissenschaftliche Reihe* 3: 254–258.

Bončina A., Buzan E., Pokorny B., Iacolina L. 2021d. Genetics as a useful tool for understanding relatedness, movements and social behaviour in Wild boar. V: Paulauskas A. (ur). 11th Baltic Theriological Conference, 25 – 27. januar, 2021. Kaunas, Lithuania: Algimantas PauCenter of Enviromental Research, Vytautas Magnus University, Lithuania: 41.

Bončina A., Iacolina L., Pokorny B., Buzan E. 2021c. Genetska povezanost in sorodstvena razmerja srnjadi in divjega prašiča v kmetijsko-suburbani krajini osrednje Slovenije. V: Pokorny B. (ur). 12. Slovenski dan »Problematika divjadi na nelovnih površinah«, 27. marec, 2021. Ljubljana: LZS, Lovska zveza Slovenije: 20, 37.

Bončina A., Iacolina L., Potušek S., Pokorny B., Bužan E. 2020. Genetic variability, relatedness and reproductive spatial behaviour in two highly abundant ungulate species. V: Alizoti P., Aravanopoulos P., Baloh T., Bajc M., Božič G., Sonnenschein K.,... Westergren M. (ur.). LIFE GENMON final conference - Forest science for future forests: Forest genetic monitoring and biodiversity in changing environments. Založba Silva Slovenica, Gozdarski inštitut Slovenije: 68.

Bončina A., Pokorny B., Iacolina L., Potušek S., Bužan E. 2021a. Molekularna analiza divjega prašiča razkrila pojav več-očetovstva, matrilinelnega učinka socialnih skupin, prostorske zvestobe svinj in druge zanimive socialne lastnosti divjih prašičev, v recenziji. Zlatorogov zbornik: št.8.

Bončina A., Pokorny B., Sternad M., Bužan E. 2019. Genetska povezanost in sorodstvena razmerja evropske srne v modelnem lovišču osrednje Slovenije. Zlatorogov zbornik 6: 10–28.

Bongi P., Ciuti S., Grignolio S., Del Frate M., Simi S., Gandelli D., Apollonio M. 2008. Anti-predator behaviour, space use and habitat selection in female roe deer during the fawning season in a wolf area. *Journal of Zoology* 276(3): 242–251.

Bosch J., Iglesias I., Muñoz M.J., de la Torre A. 2017. A cartographic tool for managing african swine fever in Eurasia: Mapping Wild boar distribution based on the quality of available habitats. *Transboundary and Emerging Diseases* 64(6): 1720–1733.

Bosse M. 2019. A genomics perspective on pig domestication. V: Teletchea F. (ur). *Animal domestication*. Intechopen: 21–33.

Briedermann L. 1986. *Schwartzwild*. Berlin, Franckh-Kosmos.

Burbaite L., Csányi S. 2009. Roe deer population and harvest changes in Europe. *Estonian Journal of Ecology* 58(3): 169–180.

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., Gerič U., Potušek S., Flajšman K., Pokorny, B. 2020b. First insights into the population genetic structure and heterozygosity–fitness relationship in roe deer inhabiting the area between the alps and dinaric mountains. *Animals* 10(12): 1–25.

Bužan E., Lužnik M., Alagić A., Flajšman K., Adamič M., Pokorny B. 2020a. Divjad v naseljih: težave, izzivi in rešitve. *Zlatorogov zbornik* 7: 3–51.

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, Lavska zveza Slovenije: 16.

Bužan E.V., Förster D.W., Searle J.B., Kryštufek B. 2010. A new cytochrome b phylogroup of the common vole (*Microtus arvalis*) endemic to the Balkans and its implications for the evolutionary history of the species. *Biological Journal of the Linnean Society* 100(4): 788–796.

Bywater K.A., Apollonio M., Cappai N., Stephens P.A. 2010. Litter size and latitude in a large mammal: The wild boar *Sus scrofa*. *Mammal Review* 40(3): 212–220.

Carling M.D., Wiseman P. A., Byers J.A. 2003. Microsatellite analysis reveals multiple paternity in a population of wild pronghorn antelopes (*Antilocapra americana*). *Journal of Mammalogy* 84(4): 1237–1243.

Carpio A.J., Apollonio M., Acevedo P. 2021. Wild ungulate overabundance in Europe: contexts, causes, monitoring and management recommendations. *Mammal Review* 51(1): 95–108.

Casas-Díaz E., Closa-Sebastià F., Peris A., Miño A., Torrentó J., Casanovas R., ... Serrano E. 2013. Recorded dispersal of wild boar (*Sus scrofa*) in Northeast Spain: Implications for disease-monitoring programs. *Wildlife Biology in Practice* 9(3): 19–26.

Cederlund G. 1983. Home range dynamics and habitat selection by roe deer in a boreal area in central Sweden. *Acta Theriologica* 28: 443–460.

Chapman N.G., Claydon K., Claydon M., Forde P.G., Harris S. 1993. Sympatric populations of muntjac (*Muntiacus reevesi*) and roe deer (*Capreolus capreolus*): a comparative analysis of their ranging behaviour, social organization and activity. *Journal of Zoology* 229(4): 623–640.

Chen K., Baxter T., Muir W. M., Groenen M.A., Schook L.B. 2007. Genetic resources, genome mapping and evolutionary genomics of the pig (*Sus scrofa*). *International Journal of Biological Sciences* 3(3): 153–165.

Chistiakov D.A., Hellemans B., Volckaert F.A.M. 2006. Microsatellites and their genomic distribution, evolution, function and applications: A review with special reference to fish genetics. *Aquaculture* 255(1–4): 1–29.

Cocca G., Sturaro E., Dal Compare L., Ramanzin M. 2007. Wild boar (*Sus scrofa*) damages to mountain grassland. A case study in the Belluno province, eastern Italian Alps. *Italian Journal of Animal Science* 6(1): 845–847.

Coltman D.W., Festa-Bianchet M., Jorgenson J.T., Strobeck C. 2002. Age-dependent sexual selection in bighorn rams. *Proceedings of the Royal Society: Biological Sciences* 269(1487): 165–172.

Coltman D.W., Pilkington J.G., Pemberton J. M. 2003. Fine-scale genetic structure in a free-living ungulate. *Molecular Ecology* 12(3): 733–742.

Conyers C.M., Allnut T.R., Hird H.J., Kay, J., Chisholm J. 2012. Development of a microsatellite-based method for the differentiation of European wild boar (*Sus scrofa scrofa*) from domestic pig breeds (*Sus scrofa domestica*) in food. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 60(13): 3341–3347.

Costa V., Pérez-González J., Santos P., Fernández-Llario P., Carranza J., Zsolnai A.,... Beja-Pereira A. 2012. Microsatellite markers for identification and parentage analysis in the European wild boar (*Sus scrofa*). *BMC Research Notes* 5: 479.

Coulon A., Cosson J.F., Angibault J.M., Cargnelutti B., Galan M., Morellet N.,... Hewison A.J.M. 2004. Landscape connectivity influences gene flow in a roe deer population inhabiting a fragmented landscape: An individual-based approach. *Molecular Ecology*

13(9): 2841–2850.

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. *Proceedings of the Royal Society: Biological Sciences* 273(1584): 341–348.

Csányi S., Carranza J., Pokorny B., Putman R., Ryan M. 2014. Valuing ungulates in Europe. V: Putman R., Apollonio M. (ur). *Behaviour and management of European ungulates*. Dunbeath, Whittles Publishing: 13–45.

Dakin E.E., Avise J. C. 2004. Microsatellite null alleles in parentage analysis. *Heredity* 93(5): 504–509.

Danilkin A.A., Hewison A.J.M. 1996. *Behavioural ecology of Siberian and European roe deer*. London, Springer Netherlands.

Debeffe L., Focardi S., Bonenfant C., Hewison A.J.M., Morellet N., Vanpé C.,... Cagnacci F. 2014. A one night stand? Reproductive excursions of female roe deer as a breeding dispersal tactic. *Oecologia* 176(2): 431–443.

Delgado R., Fernández-Llario P., Azevedo M., Beja-Pereira A., Santos P. 2008. Paternity assessment in free-ranging wild boar (*Sus scrofa*) - Are littermates full-sibs? *Mammalian Biology* 73(3): 169–176.

DeVault T., Rhodes O.E. 2002. Fiscal justice to reduce entification of vertebrate scavengers of small mammal carcasses in a forested landscape. *Acta Theriologica* 47(2): 185–192.

Deyong R.W., Honeycutt R.L. 2005. The molecular toolbox : Genetic techniques ecology methods. *The Journal of wildlife management* 69(4): 1362–1384.

DeYoung, R.W., Demarais S., Gonzales R.A., Honeycutt R.L., Gee K.L. 2002. Multiple paternity in white-tailed deer (*Odocoileus virginianus*) revealed by DNA microsatellites. *Journal of Mammalogy* 83(3): 884–892.

Dingle H., Alistair D.V. 2007. What is migration? *BioScience* 57(2): 113–121.

Drenik K. 2007. *Prehrana divjega prašiča (Sus scrofa) na Kočevskem*. Zaključna naloga, Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta.

Dugdale H.L., Macdonald D.W., Pope L.C., Burke T. 2007. Polygynandry, extra-group paternity and multiple-paternity litters in European badger (*Meles meles*) social groups. *Molecular Ecology* 16(24): 5294–5306.

Falcón W., Goldberg C.S., Waits L.P., Estes-Zumpf W.A., Rachlow J.L. 2011. First record of multiple paternity in the pygmy rabbit (*Brachylagus idahoensis*): Evidence from analysis of 16 microsatellite loci. *Western North American Naturalist* 71(2): 271–275.

Fernández-Llario P. 2004. Environmental correlates of nest site selection by wild boar *Sus scrofa*. *Acta Theriologica* 49(3): 383–392.

Fernández-Llario, Pedro. 2005. The sexual function of wallowing in male wild boar (*Sus scrofa*). *Journal of Ethology* 23(1): 9–14.

Fischer C., Gourdin H., Obermann M. 2004. Spatial behaviour of the wild boar in Geneva, Switzerland: testing the methods and first results. *Galemys: Boletín informativo de la Sociedad Española para la conservación y estudio de los mamíferos* 16(1): 149–155.

Flajšman K., Borowik T., Pokorny B., Jędrzejewska B. 2018. Effects of population density and female body mass on litter size in European roe deer at a continental scale. *Mammal Research* 63(1): 91–98.

Flajšman K., Fležar U., Pokorny B., Jerina K. 2019. Pregled metod za določanje številčnosti prostoživečih parkljarjev. *Acta Silvae et Ligni* 118: 13–27.

Flajšman K., Jelenko I., Pokorny B. 2014. Reproductive potential of roe deer in Slovenia. *Balkan Journal of Wildlife Research* 1(1): 20–25.

Flajšman K., Jelenko I., Poličnik H., Pokorny B. 2013. Reproductive potential of Roe deer (*Capreolus capreolus* L.): Review of the most important influential factors. *Razmnoževalni potencial evropske srne (Capreolus capreolus L.): Pregled najpomembnejših vplivnih dejavnikov*. *Acta Silvae et Ligni* 102: 1–20.

Flajšman K., Jerina K., Pokorny B. 2017a. Age-related effects of body mass on fertility and litter size in roe deer. *PLoS ONE* 12(4): 12–16.

Flajšman K., Pokorny B., Chirichella R., Bottero E., Mattioli L., Apollonio M. 2017b. I can produce more offspring as you can imagine: first records on exceptionally large litters in roe deer in central/southern Europe. *European Journal of Wildlife Research* 63(3):1–8.

Flanagan S.P., Jones A.G. 2019. The future of parentage analysis: From microsatellites to SNPs and beyond. *Molecular Ecology* 28(3): 544–567.

Fonseca C., Alves da Silva A., Santos P., Bento P., Alves J., Soares A.,... Silvério A. 2004. Reproduction in the wild boar (*Sus scrofa* Linnaeus, 1758) populations of Portugal. *Galemys: Boletín informativo de la Sociedad Española para la conservación y estudio de los mamíferos* 16(1): 53–65.

Fonseca C., da Silva A.A., Alves J., Vingada J., Soares A.M.V.M. 2011. Reproductive performance of wild boar females in Portugal. *European Journal of Wildlife Research* 57(2): 363–371.

Frantz L., Meijaard E., Gongora J., Haile J., Groenen M.A.M., Larson G. 2016. The evolution of suidae. *Annual Review of Animal Biosciences* 4: 61–85.

Frauendorf M., Gethöffer F., Siebert U., Keuling O. 2016. The influence of environmental and physiological factors on the litter size of wild boar (*Sus scrofa*) in an agriculture dominated area in Germany. *Science of the Total Environment* 541: 877–882.

Freeland J.R., Kirk H., Petersen S.D. 2011. *Molecular ecology: 2th edition*. Oxford, Wiley-Blackwell.

Fulgione D., Trapanese M., Buglione M., Ripa D., Polese G., Maresca V., Maselli V. 2017. Pre-birth sense of smell in the wild boar: the ontogeny of the olfactory mucosa. *Zoology* 123: 11–15.

Gaillard J.M., Hewison A.J.M., Kjellander P., Pettorelli N., Bonenfant C., Van Moorter B., ... Vanpé C. 2008. Population density and sex do not influence fine-scale natal dispersal in roe deer. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 275(1646): 2025–2030.

Gamelon M., Gayet T., Baubet E., Devillard S., Say L., Brandt S.,... Sæther B.E. 2018. Does multiple paternity explain phenotypic variation among offspring in wild boar? *Behavioral Ecology* 29(4): 904–909.

Gaston W., Armstrong J., Arjo W., Stribling H. 2011. Home range and habitat use of feral hogs (*Sus scrofa*) on Lowndes County WMA, Alabama. V: National Conference on Feral Hogs, St. Louis Missouri, April 13-15: 1–18.

Gayet T., Ludovic S., Baubet E., Devillard S. 2021. Consistently high multiple paternity

rates in five wild boar populations despite varying hunting pressures. *Mammalian Biology* 101: 321–327.

Gayet T., Devillard S., Gamelon M., Brandt S., Say L., Baubet E. 2016. On the evolutionary consequences of increasing litter size with multiple paternity in wild boar (*Sus scrofa scrofa*). *Evolution; international journal of organic evolution* 70(6): 1386–1397.

Geisser H., Reyer H.U. 2005. The influence of food and temperature on population density of wild boar *Sus scrofa* in the Thurgau (Switzerland). *Journal of Zoology* 267(1): 89–96.

Gemayel R., Cho J., Boeynaems S., Verstrepen K.J. 2012. Beyond junk-variable tandem repeats as facilitators of rapid evolution of regulatory and coding sequences. *Genes* 3(3): 461–480.

Gerič U. 2020. Genetska struktura evropske srne na stičišču med Dinaridi in Alpami. Zaključna naloga, Univerza na Primorskem.

Gethöffer F., Sodeikat G., Pohlmeier K. 2007. Reproductive parameters of wild boar (*Sus scrofa*) in three different parts of Germany. *European Journal of Wildlife Research* 53(4): 287–297.

Giglio R.M., Ivy J.A., Jones L.C., Latch E.K. 2016. Evaluation of alternative management strategies for maintenance of genetic variation in wildlife populations. *Animal Conservation* 19(4): 380–390.

Glen A.S., Cardoso M.J., Dickman C.R., Firestone K.B. 2009. Who's your daddy? Paternity testing reveals promiscuity and multiple paternity in the carnivorous marsupial *Dasyurus maculatus* (Marsupialia: Dasyuridae). *Biological Journal of the Linnean Society* 96(1): 1–7.

González J., Herrero J., Prada C., Marco J. 2013. Changes in wild ungulate populations in Aragon, Spain between 2001 and 2010. *Galemys, Spanish Journal of Mammalogy* 25: 51–57.

Gortázar C., Herrero J., Villafuerte R., Marco J. 2000. Historical examination of the status of large mammals in Aragon, Spain. *Mammalia* 64(4): 411–422.

Gowaty P.A., Karlin A.A. 1984. Multiple maternity and paternity in single broods of apparently monogamous eastern bluebirds (*Sialia sialis*). *Behavioral Ecology and Sociobiology* 15(2): 91–95.

Groves C. 1981. Ancestors for the pigs: Taxonomy and phylogeny of the genus *Sus*. Technical Bulletin No. 3, Department of Prehistory, Research School of Pacific Studies). Canberra, Australian National University, Books Australia.

Groves C., Grubb P. 2011. Ungulate taxonomy. Baltimore, The Johns Hopkins University Press.

Haig S.M. 1998. Molecular contributions to conservation. *Ecology* 79(2): 413.

Harrison D.L., Bates P.J.J. 1991. The mammals of Arabia. Sevenoaks, Harrison Zoological Museum.

Hartley S.B., Goatcher B.L., Sapkota S.K. 2015. Movements of wild pigs in Louisiana and Mississippi, 2011-13. U.S. Geological Survey Open-File Report 2014-1241: 11.

Hebeisen C. 2007. Population size, density and dynamics, and social organization of wild boar (*Sus scrofa*) in the Basin of Geneva. Doktorska dizertacija, Universite de Neuchatel.

Herrero J., García-Serrano A., Couto S., Ortuño V.M., García-González R. 2006. Diet of wild boar *Sus scrofa* L. and crop damage in an intensive agroecosystem. *European Journal of Wildlife Research* 52(4): 245–250.

Herrero J., Irizar I., Laskurain N.A., García-Serrano A., García-González R. 2005. Fruits and roots: Wild boar foods during the cold season in the southwestern pyrenees. *Italian Journal of Zoology* 72(1): 49–52.

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 L.D. (ur). *The European roe deer: the biology of success*. Oslo, Scandinavian University Press: 189–220.

Hlad B., Skoberne P. 2001. Pregled stanja biotske raznovrstnosti in krajinske pestrosti v Sloveniji. Ljubljana, Ministrstvo za okolje in prostor, Agencija Republike Slovenije za okolje: 224.

Hodel R.G.J., Segovia-Salcedo M.C., Landis J.B., Cowl A.A., Sun M., Liu X.,... Soltis P.S. 2016. The report of my death was an exaggeration: A review for researchers using

microsatellites in the 21st century. *Applications in Plant Sciences* 4(6): 1600025.

Hoem S.A., Melis C., Linnell J.D.C., Andersen R. 2007. Fighting behaviour in territorial male roe deer *Capreolus capreolus*: The effects of antler size and residence. *European Journal of Wildlife Research* 53(1): 1–8.

Hoshino A.A., Pereira B.J., Macedo J.P., Morelli K.A. 2012. Microsatellites as tools for genetic diversity analysis. *Genetic Diversity in Microorganisms* 2: 149–170.

Høye T.T. 2006. Age determination in roe deer - A new approach to tooth wear evaluated on known age individuals. *Acta Theriologica* 51(2): 205–214.

Iacolina L., Pertoldi C., Amills M., Kusza S., Megens H.J., Bâlțeanu V.A.,... Stronen A.V. 2018. Hotspots of recent hybridization between pigs and wild boars in Europe. *Scientific Reports* 8(1): 1–11.

Iacolina L., Scandura M., Bonghi P., Apollonio M. 2009. Nonkin associations in wild boar social units. *Journal of Mammalogy* 90(3): 666–674.

Iacolina L., Buzan E., Safner T., Bašić N., Geric U., Tesija T.,... Šprem N. 2021. A mother's story, mitogenome relationships in the genus *Rupicapra*. *Animals* 11(4): 1065.

Jackson N.D., Fahrig L. 2011. Relative effects of road mortality and decreased connectivity on population genetic diversity. *Biological Conservation* 144(12): 3143–3148.

Jánoska F., Farkas A., Marosán M., Fodor J.T. 2018. Wild boar (*Sus scrofa*) home range and habitat use in two Romanian habitats. *Acta Silvatica et Lignaria Hungarica* 14(1): 51–63.

Jarne P., Lagoda P.J.L. 1996. Microsatellites, from molecules to populations and back. *Trends in Ecology and Evolution* 11(10): 424–429.

Jarnemo A. 2004. Predation processes: Behavioural interactions between red fox and roe deer during the fawning season. *Journal of Ethology* 22(2): 167–173.

Jelenko I., Flajšman K., Marolt J., Jerina K., Stergar M., Pokorny B. 2013a. Oplojenost prostoživečih parkljarjev - Končno poročilo. Velenje, ERICo.

Jelenko I., Kopusar N., Pokorny B. 2013b. Vpliv lastnosti tal na ritje divjih prašičev na travinju. *Zlatorogov zbornik* 2: 67–79.

Jelenko I., Marolt J., Flajšman K., Stergar M., Jerina K., Pokorny B. 2014a. Oplojenost samic divjih prašičev v Sloveniji v letu 2012/13. *Lovec* 97(11): 556–561.

Jelenko I., Marolt J., Poličnik H., Jerina K., Pokorny B. 2014b. Razmnoževalni potencial divjih prašičev. 1. pregled vplivnih dejavnikov. *Lovec* 97(10): 494–497.

Jennions M.D., Petrie M. 2000. Why do females mate multiply? A review of the genetic benefits. *Biological Reviews* 75(1): 21–64.

Jerina K. 2006. Vplivi okoljskih dejavnikov na prostorsko razporeditev divjega prašiča (*Sus scrofa* L.) v Sloveniji. *Zbornik gozdarstva in lesarstva* 81: 3–20.

Jerina K., Pokorny B., Flajšman K., Chirichella R., Apollonio M. 2017. Stanje in upravljanje populacij divjadi: primerjava med Slovenijo in tujino. V: Pokorny B., Žagar J. (ur). 9. Slovenski Lovski dan: Primerjava prostorske razširjenosti, gostot in populacijske dinamike parkljarjev v Sloveniji z drugimi evropskimi državami - Zbornik izvlečkov. LZS, Lovska zveza Slovenije: 4.

Jerina K., Stergar M., Pokorny B., Jelenko I., Miklavčič V., Bartol M., Marolt J. 2013. Določitev najbolj primernih kazalnikov za spremljanje stanja populacij divjadi in njihovega okolja pri adaptivnem upravljanju - Zaključno poročilo o rezultatih opravljenega raziskovalnega dela na projektu v okviru Ciljnega raziskovalnega programa (CRP; V4-1146). Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za gozdarstvo in obnovljive gozdne vire in ERICo, Velenje.

Jerina K., Sterga, M., Videmšek U., Kobler A., Pokorny B., Jelenko I. 2010. Prostorska razširjenost, vitalnost in populacijska dinamika prostoživečih vrst parkljarjev v Sloveniji: Preučevanje vplivov okoljskih in vrstno-specifičnih dejavnikov ter napovedovanje razvojnih trendov - Zaključno poročilo o rezultatih opravljenega raziskovalnega dela na projektu v okviru ciljnega raziskovalnega programa (CRP) »konkurenčnost Slovenije 2006 – 2013. Biotehniška fakulteta, Oddelek za gozdarstvo in obnovljive gozdne vire.

Jerina K., Pokorny B., Stergar M. 2014. First evidence of long-distance dispersal of adult female wild boar (*Sus scrofa*) with piglets. *European Journal of Wildlife Research* 60(2): 367–370.

Jeziński W. 2002. Elements of social and spatial organization of wild boar populations. *Scientific papers of agricultural university of Poznan. Forestry* 5: 39–67.

Johann F., Handschuh M., Linderoth P., Dormann C.F., Arnold J. 2020. Adaptation of wild boar (*Sus scrofa*) activity in a human-dominated landscape. *BMC Ecology* 20(1): 1–14.

Johann F., Handschuh M., Linderoth P., Heuric M., Dormann C.F., Arnold J. 2020. Variability of daily space use in wild boar *Sus scrofa*. *Wildlife Biology* 2020(1): št. wlb.00609.

Johansson A., Liberg O. 1996. Functional aspects of marking behavior by male roe deer (*Capreolus capreolus*). *Journal of Mammalogy* 77(2): 558–567.

Jones A.G., Small C.M., Paczolt K.A., Ratterman N.L. 2010. A practical guide to methods of parentage analysis. *Molecular Ecology Resources* 10(1): 6–30.

Jones B., Walsh D., Werner L., Fiumera A. 2009. Using blocks of linked single nucleotide polymorphisms as highly polymorphic genetic markers for parentage analysis. *Molecular Ecology Resources* 9(2): 487–497.

Kalinowski S.T., Taper M.L., Marshall T.C. 2007. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology* 16(5): 1099–1106.

Kaminski G., Brandt S., Baubet E., Baudoin C. 2005. Life-history patterns in female wild boars (*Sus scrofa*): Mother-daughter postweaning associations. *Canadian Journal of Zoology* 83(3): 474–480.

Keten A. 2016. Distribution and habitat preference of roe deer (*Capreolus capreolus* L.) in Düzce Province (Turkey). *Journal of the Faculty of Forestry Istanbul University* 67(1): 22–28.

Keuling O., Baubet E., Duscher A., Ebert C., Fischer C., Monac A.,... Thurfjell H. 2013. Mortality rates of wild boar *Sus scrofa* L. in central Europe. *European Journal of Wildlife Research* 59(6): 805–814.

Keuling O., Lauterbach K., Stier N., Roth M. 2010. Hunter feedback of individually marked wild boar *Sus scrofa* L.: Dispersal and efficiency of hunting in northeastern Germany. *European Journal of Wildlife Research* 56(2): 159–167.

Keuling O., Leus K. 2019. *Sus scrofa*. The IUCN Red List of Threatened Species 2019: št. 8235.

Keuling O., Stier N., Roth M. 2008. Annual and seasonal space use of different age classes of female wild boar *Sus scrofa* L. *European Journal of Wildlife Research* 54(3): 403–412.

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(3): 478–485.

König A., Hudler M., Dahl S.A., Bolduan C., Brugger D., Windisch W. 2020. Response of roe deer (*Capreolus capreolus*) to seasonal and local changes in dietary energy content and quality. *Animal Production Science* 60(10): 1315–1325.

Krehenwinkel H., Meese S., Mayer C., Ruch J., Schneider J., Bilde T.,... Uhl G. 2019. Cost effective microsatellite isolation and genotyping by high throughput sequencing. *Journal of Arachnology* 47(2): 190–201.

Kryštufek B. 1991. *Sesalci Slovenije*. Ljubljana, Prirodoslovni muzej Slovenije.

Kryštufek B., Buzan E.V., Hutchinson W.F., Hänfling B. 2007. Phylogeography of the rare Balkan endemic Martino's vole, *Dinaromys bogdanovi*, reveals strong differentiation within the western Balkan Peninsula. *Molecular Ecology* 16(6): 1221–1232.

Krže B. 1982. *Divji prašič*. Biologija in gospodarjenje. Ljubljana, Lovska zveza Slovenije.

Krže B. 1983. *Divji prašič*. V: Černač J., Ingolič B., Perat J., Vilfan J. (ur). *Divjad*. Ljubljana, Mladinska knjiga: 58–63.

Krže B., Iff U., Lavrič S., Rovšček M., Leskovic B. 2000. *Srnjad: biologija, gojitev, ekologija - Zlatorogova knjižica*. Ljubljana, Lovska zveza Slovenije: 271.

Lamberti P., Mauri L., Merli E., Dusi S., Apollonio M. 2006. Use of space and habitat selection by roe deer *Capreolus capreolus* in a Mediterranean coastal area: How does woods landscape affect home range? *Journal of Ethology* 24(2): 181–188.

Langbein J., Putman R., Pokorny B. 2011. *Traffic collisions involving deer and other ungulates in Europe V: Putman R., Apollonio M., Andersen A. (ur). Ungulate management in Europe*. Cambridge, Cambridge University Press: 215–259.

Larson G., Albarella U., Dobney K., Rowley-Conwy P., Schibler J., Tresset A.,... Cooper A. 2007. Ancient DNA, pig domestication, and the spread of the Neolithic into Europe.

Proceedings of the National Academy of Sciences USA 104(39): 15276–15281.

Larson G., Dobney K., Albarella U., Fang M., Matisoo-Smith E., Robins J.,... Cooper A. 2005. Worldwide phylogeography of wild boar reveals multiple centers of pig domestication. *Science* 307(5715): 1618–1621.

Latham J., Staines B.W., Gorman M.L. 1999. Comparative feeding ecology of red (*Cervus elaphus*) and roe deer (*Capreolus capreolus*) in Scottish plantation forests. *Journal of Zoology* 247(3): 409–418.

Li Y.C., Korol A.B., Fahima T., Beiles A., Nevo E. 2002. Microsatellites: genomic distribution, putative functions and mutational mechanisms: a review. *Molecular Ecology* 11: 2453–2465.

Liberg O., Johansson A., Andersen R., Linnell J.D.C. 1998. Mating system, mating tactics and the function of male territory in roe deer. V: Andersen R., Duncan P., Linnell L.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.

Lister A.M., Grubb P., Sumner S.R.M. 1998. Taxonomy, morphology and evolution of European roe deer. V: Andersen R., Duncan P., Linnell L.D.C. (ur). *The European roe deer: the biology of success*. Oslo, Scandinavian University Press: 23–46.

Long J.L. 2003. *Introduced mammals of the world: their history, distribution and influence*. Collingwood, CABI Publishing Wallingford.

Lorenzini R., Garofalo L., Qin X., Voloshina I., Lovari S. 2014. Global phylogeography of the genus *Capreolus* (Artiodactyla: Cervidae), a Palaearctic meso-mammal. *Zoological Journal of the Linnean Society* 170(1): 209–221.

Lorenzini R., Lovari S. 2006. Genetic diversity and phylogeography of the European roe deer: The refuge area theory revisited. *Biological Journal of the Linnean Society* 88(1): 85–100.

Lorenzini R., Lovari S., Masseti M. 2002. The rediscovery of the Italian roe deer: Genetic differentiation and management implications. *Italian Journal of Zoology* 69(4): 367–379.

Lovari S., Bartolommei P., Meschi F., Pezzo F. 2008. Going out to mate: Excursion behaviour of female roe deer. *Ethology* 114(9): 886–896.

Lovari S., Herrero J., Masseti M., Ambarli H., Lorenzini R., Giannatos G. 2016. *Capreolus capreolus*. The IUCN Red List of Threatened Species 8235: 1–12.

Lovari S., Serrao G., Mori E. 2017. Woodland features determining home range size of roe deer. *Behavioural Processes* 140: 115–120.

LZS, Lovska zveza Slovenije. 2021. Divji prašič. <https://www.lovska-zveza.si/prostozivece-zivali/sesalci/divji-prasic/> (datum dostopa: 6.7.2021).

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(5): 639–655.

Martchenko D., Prewer E., Latch E.K., Kyle C.J., Shafer T., Aaron B.A. 2018. V: Hohenlohe P.A., Rajora O.P. (ur). *Population genomics*. Cambridge, Springer International Publishing: 1–19.

Maselli V., Ripa D., Russo G., Ligrone R., Soppelsa O., D'Aniello B.,... Fulgione D. 2014. Wild boars' social structure in the Mediterranean habitat. *Italian Journal of Zoology* 81(4): 610–617.

Massei G., Genov P.V., Staines B.W. 1996. Diet, food availability and reproduction of wild boar in a Mediterranean coastal area. *Acta Theriologica* 41(3): 307–320.

Massei G., Kindberg J., Licoppe A., Gačić D., Šprem N., Kamler J.,... Náhlik A. 2015. Wild boar populations up, numbers of hunters down? A review of trends and implications for Europe. *Pest Management Science* 71(4): 492–500.

Matosiuk M., Borkowska A., Świsłocka M., Mirski P., Borowski Z., Krysiu, K.,... 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(10): 2559–2572.

Mayer J., Brisbin J. 1991. *Wild pigs of the United States: Their history, morphology, and current status*. Athens and London, The University of Georgia Press.

Mayer J. L., Brisbin I. 2010. Reproductive biology of an introduced wild pig population over four decades. V: Tegt J., West B., Hamrick B.,... Campbell T. (ur). International Wild Pig Conference: Science and Management, 11. - 14. april, 2010. Florida, Berryman Institute: 22.

McComish B., Charleston M., Parks M., Baroni C., Salvatore M.C., Li R.,... Lambert D. 2020. Ancient and modern genomes reveal microsatellites maintain a dynamic equilibrium through deep time. BioRxiv: <https://doi.org/10.1101/2020.03.09.972364>.

Mehle J., Leskovic B., Pičulin I. 2003. Stopinje in sledovi divjadi: Sesalci. Ljubljana, Lovska zveza Slovenije.

Meister B., Ursenbacher S., Baur B. 2012. Frequency of multiple paternity in the grass snake (*Natrix natrix*). *Amphibia Reptilia* 33(2): 308–312.

Melis C.D., Cagnacci F.R., Lovari S.A. 2004. Site fidelity of male roe deer in a Mediterranean fragmented area. *Hystrix, the Italian Journal of Mammalogy* 15(1): 63–68.

Melis C., Hoem S.A., Linnell J.D.C., Andersen R. 2005. Age-specific reproductive behaviours in male roe deer *Capreolus capreolus*. *Acta Theriologica* 50(4): 445–452.

Miah G., Rafii M.Y., Ismail M.R., Puteh A.B., Rahim H.A., Islam N.K., Latif M.A. 2013. A review of microsatellite markers and their applications in rice breeding programs to improve blast disease resistance. *International Journal of Molecular Sciences* 14(11): 22499–22528.

Mihalik B., Frank K., Astuti P.K., Szemethy D., Szendrei L., Szemethy L.,... Stéger V. 2020. Population genetic structure of the wild boar (*Sus scrofa*) in the Carpathian basin. *Genes* 11(10): 1–9.

Minder I. 2012. Local and seasonal variations of roe deer diet in relation to food resource availability in a Mediterranean environment. *European Journal of Wildlife Research* 58(1): 215–225.

Monestier C., Morellet N., Gaillard J.M., Cargnelutti B., Vanpé C., Hewison A.M. 2015. Is a proactive mum a good mum? A mother's coping style influences early fawn survival in roe deer. *Behavioral Ecology* 26(5): 1395–1403.

Moore J.A., Draheim H.M., Etter D., Winterstein S., Scribner K.T. 2014. Application of large-scale parentage analysis for investigating natal dispersal in highly vagile vertebrates:

A case study of American black bears (*Ursus americanus*). PLoS ONE 9(3): e91168.

Morellet N., Bonenfant C., Börger L., Ossi F., Cagnacci F., Heurich M.,... Mysterud A. 2013. Seasonality, weather and climate affect home range size in roe deer across a wide latitudinal gradient within Europe. *Journal of Animal Ecology* 82(6): 1326–1339.

Morellet N., van Moorter B., Cargnelutti B., Angibault J.M., Lourtet B., Merlet J.,... Hewison A.J.M. 2011. Landscape composition influences roe deer habitat selection at both home range and landscape scales. *Landscape Ecology* 26(7): 999–1010.

Morin P.A., Luikart G., Wayne R.K. 2004. SNPs in ecology, evolution and conservation. *Trends in Ecology and Evolution* 19(4): 208–216.

Mucci N., Mattucci F., Randi E. 2012. Conservation of threatened local gene pools: Landscape genetics of the Italian roe deer (*Capreolus c. italicus*) populations. *Evolutionary Ecology Research* 14(7): 897–920.

Muhlfeld C.C., Kalinowski S.T., McMahon T.E., Taper M.L., Painter S., Leary R.F., Allendorf F.W. 2009. Hybridization rapidly reduces fitness of a native trout in the wild. *Biology Letters* 5(3): 328–331.

Müller B., Keuling O., Glensk C., Brün J. 2018. Mother's baby, father's maybe: The occurrence and frequency of multiple paternity in the European wild boar. *Evolutionary Ecology Research* 19(5): 547–560.

Nilsen E.B., Linnell J.D.C., Andersen R. 2004. Individual access to preferred habitat affects fitness components in female roe deer *Capreolus capreolus*. *Journal of Animal Ecology* 73(1): 44–50.

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): 1–14.

Oslis, Osrednji Slovenski lovsko informacijski sistem. 2021. <http://oslis.gozdis.si/divjadPoStrukturi> (datum dostopa: 7.7.2021).

Pagon N., Grignolio S., Brivio F., Marcon A., Apollonio M. 2017. Territorial behaviour of male roe deer: A telemetry study of spatial behaviour and activity levels. *Folia Zoologica*

66(4): 267–276.

Palomo L.J., Gisbert J. 2002. Atlas y Libro rojo de los mamíferos terrestres de España. Madrid, Dirección General de Conservación de la Naturaleza, SECEM-SECEMU.

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(6): 1124–1133.

Panzacchi M., Herfindal I., Linnell J.D.C., Odden M., Odden J., Andersen R. 2010. Trade-offs between maternal foraging and fawn predation risk in an income breeder. *Behavioral Ecology and Sociobiology* 64(8): 1267–1278.

Parker G.A. 1970. Sperm competition and its evolutionary consequences in the insects. *Biological Reviews: Cambridge Philosophical Society* 45: 525–567.

Peakall R., Smouse P.E. 2012. GenALEX 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics* 28(19): 2537–2539.

Pearse D.E., Anderson E.C. 2009. Multiple paternity increases effective population size. *Molecular ecology* 18(15): 3124–3127.

Pemberton J.M. 2008. Wild pedigrees: The way forward. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 275(1635): 613–621.

Pérez-González J., Costa V., Santos P., Slate J., Carranza J., Fernández-Llario P.,... Beja-Pereira A. 2014. Males and females contribute unequally to offspring genetic diversity in the polygynandrous mating system of wild boar. *PLoS ONE* 9(12): 1–22.

Planes S., Jones G.P., Thorrold S.R. 2009. Larval dispersal connects fish populations in a network of marine protected areas. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 106(14): 5693–5697.

Plis K., Niedzialkowska M.J., Jedrzejewska B. 2015. Phylogeography of roe deer (*Capreolus capreolus*) in central and eastern Europe. V: Flajšman K., Pokorný B. (ur). *Proceedings of the 4th Hunting and Game Management Symposium: Abstract book*. Ljubljana, Slovenian Forestry Service, *Silva Slovenica*: 45.

Podgórski T., Baś G., Jedrzejewska B., Sönnichsen L., Śniezko S., Jedrzejewski W., Okarma H. 2013. Spatiotemporal behavioral plasticity of wild boar (*Sus scrofa*) under contrasting

conditions of human pressure: Primeval forest and metropolitan area. *Journal of Mammalogy* 94(1): 109–119.

Podgórski T., Lusseau D., Scandura M., Sönnichsen L., Jędrzejewska B. 2014a. Long-lasting, kin-directed female interactions in a spatially structured wild boar social network. *PLoS ONE* 9(6): 1–11.

Podgórski T., Scandura M., Jędrzejewska B. 2014b. Next of kin next door - philopatry and socio-genetic population structure in wild boar. *Journal of Zoology* 294(3): 190–197.

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.

Pokorny B. 2008. Razumevanje ekoloških in drugih bioloških značilnosti srnjadi kot osnova za še boljše upravljanje z vrsto. V: Pokorny B., Savinek K., Poličnik H. (ur). 1. slovenski posvet z mednarodno udeležbo o upravljanju z divjadjo: srnjad. Velenje, ERICo: 47–53.

Pokorny B. 2009. Kako še izboljšati upravljanje s srnjadjo v Sloveniji? *Lovec* 92(3): 130–134.

Pokorny B., Al Sayegh Petkovšek S., Flajšman K. 2017. Ekosistemska vloga, pomen in vplivi prostoživečih prežvekovalcev. *Gozdarski vestnik* 75(9): 360–372.

Pokorny B., Jelenko Turinek I. 2018. Čeljustnice prostoživečih parkljarjev: dragocen vir informacij o osebkih, vrstah in okolju, Strokovna knjižnica Lovske zveze Slovenije. LZS, Lovska zveza Slovenije.

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., Savinek K., Zaluberšek M., Mazej Z., Poličnik H., Kink C., Kierdorf U., Kierdorf H. 2010. Čeljusti divjih prašičev in ostalih vrst prostoživečih parkljarjev kot dragocen vir informacij o biologiji vrst. V: Poličnik H., Pokorny B. (ur). 2. slovenski posvet z mednarodno udeležbo o upravljanju z divjadjo: divji prašič. Velenje, ERICo: 28–30.

Poteaux C., Baubet E., Kaminski G., Brandt S., Dobson F.S., Baudoin C. 2009. Socio-

genetic structure and mating system of a wild boar population. *Journal of Zoology* 278(2): 116–125.

Prior R. 1995. *The roe deer: conservation of a native species*. Swan Hill Press.

Putman R. 2008. Cultural attitudes and differences in the administration of hunting and deer management in different European countries. V: Pokorny B. Savinek K. Policnik H.(ur). 1. slovenski posvet z mednarodno udeležbo o upravljanju z divjadjo: srnjad. Velenje, ERICO: 6–11.

Putman R., Apollonio M. 2014. *Behaviour and management of European ungulates*. Dunbeath, Whittles Publishing.

Queller D.C., Goodnight K.F. 1989. Estimating relatedness using genetic markers. *Evolution* 43(2): 258.

Randi E., Alves P.C., Carranza J., Milosevic-Zlatanovi S., Sfougaris A., Mucci N. 2004. Phylogeography of roe deer (*Capreolus capreolus*) populations: The effects of historical genetic subdivisions and recent nonequilibrium dynamics. *Molecular Ecology* 13(10): 3071–3083.

Randi E., Mucci N., Pierpaoli M., Douzery E. 1998. New phylogenetic perspectives on the Cervidae (Artiodactyla) are provided by the mitochondrial cytochrome b gene. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 265: 793-801.

Ratcliffe P.R., Mayle B. 1992. *Roe deer biology and management*. Forestry Commission Bulletin 105: 1–28.

Reby D., Cargnelutti B., Hewison, A.J.M. 1999. Contexts and possible functions of barking in roe deer. *Animal Behaviour* 57(5): 1121–1128.

Richard E., Morellet N., Cargnelutti B., Angibault J.M., Vanpé C., Hewison A.J.M. 2008. Ranging behaviour and excursions of female roe deer during the rut. *Behavioural Processes* 79(1): 28–35.

Ronce O. 2007. How does it feel to be like a rolling stone? Ten questions about dispersal evolution. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics* 38: 231–253.

Rosell C., Romero S., Navás F., Dalmases I. 2004. Activity patterns and social organization

of wild boar (*Sus scrofa*, L.) in a Wetland Environment: Preliminary data on the effects of shooting individuals. *Galemys: Boletín informativo de la Sociedad Española para la conservación y estudio de los mamíferos* 16(1): 157–166.

Rossi I., Lamberti P., Mauri L., Apollonio M. 2003. Home range dynamics of male roe deer *Capreolus capreolus* in a mountainous habitat. *Acta Theriologica* 48(3): 425–432.

Saastamoinen M., Bocedi G., Cote J., Legrand D., Guillaume F., Wheat C.W.,... del Mar Delgado M. 2018. Genetics of dispersal. *Biological Reviews* 93(1): 574–599.

Scandura M., Iacolina L., Crestanello B., Pecchioli E., Di Benedetto M.F., Russo V.,... Bertorelle G. 2008. Ancient vs. recent processes as factors shaping the genetic variation of the European wild boar: Are the effects of the last glaciation still detectable? *Molecular Ecology* 17(7): 1745–1762.

Scandura M., Iacolina L., Apollonio M. 2011. Genetic diversity in the European wild boar *Sus scrofa*: Phylogeography, population structure and wild x domestic hybridization. *Mammal Review* 41(2): 125–137.

Schley L., Roper T.J. 2003. Diet of wild boar *Sus scrofa* in Western Europe, with particular reference to consumption of agricultural crops. *Mammal Review* 33(1): 43–56.

Scillitani L., Monaco A., Toso S. 2010. Do intensive drive hunts affect wild boar (*Sus scrofa*) spatial behaviour in Italy? Some evidences and management implications. *European Journal of Wildlife Research* 56(3): 307–318.

Selander R.K. 1976. Genic variation in natural populations. V: Ayala F.L. (ur). *Molecular evolution*. Massachusetts, Sinauer Press Sunderland: 21–45.

Selkoe K.A., Toonen R.J. 2006. Microsatellites for ecologists: A practical guide to using and evaluating microsatellite markers. *Ecology Letters* 9(5): 615–629.

Sempéré A.J., Sokolov V.E., Danilkin A.A. 1996. *Capreolus capreolus*. *Mammalian Species* 538: 1–9.

Servanty S., Gaillard J.M., Toigo C., Brandt S., Baubet E. 2009. Pulsed resources and climate-induced variation in the reproductive traits of wild boar under high hunting pressure. *Journal of Animal Ecology* 78(6): 1278–1290.

- Simonič A. 1976. Srnjad: biologija in gospodarjenje. Ljubljana, Lovska zveza Slovenije.
- Singer F.J., Otto D.K., Tipton A.R., Hable C.P. 2009. Home ranges, movements, and habitat use of European wild boar in Tennessee. *The Journal of Wildlife Management* 45(2): 343–353.
- Skrbinšek T., Jeleničič M., Potočnik H., Trontelj P., Kos I. 2008. Analiza medvedov odvzetih iz narave in genetsko-molekularne raziskave populacije medveda v Sloveniji: Varstvena genetika in ocena številčnosti medveda - končno poročilo. Ljubljana, Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta.
- Skrbinšek T., Luštrik R., Majič-Skrbinšek A., Potočnik H., Kljun F., Jeleničič M.,... Trontelj P. 2019. From science to practice: genetic estimate of brown bear population size in Slovenia and how it influenced bear management. *European Journal of Wildlife Research* 65: 29.
- Sodeikat G., Pohlmeier K. 2003. Escape movements of family groups of wild boar *Sus scrofa* influenced by drive hunts in Lower Saxony, Germany. *Wildlife Biology* 9(4): 43–49.
- Sorin A.B. 2004. Paternity assignment for white-tailed deer (*Odocoileus virginianus*): Mating across age classes and multiple paternity. *Journal of Mammalogy* 85(2): 356–362.
- Spencer B.S.P., Lapidge S.J., Hampton J.O., Pluske J.R. 2005. The sociogenetic structure of a controlled feral pig population. *Wildlife Research* 32: 297–304.
- Stergar M., Borkovič D., Hiršel J., Kavčič I., Krofel M., Mrakič M.,... Jerina K. 2012. Ugotavljanje gostot prostoživečih parkljarjev s kombinirano metodo štetja kupčkov iztrebkov in podatkov o odvzemu - poročilo projekta LIFE SloWolf LIFE08 NAT/SLO/000244 in CRP V4-114. Ljubljana, Univerza v Ljubljani, Biotehniška fakulteta, Oddelek za gozdarstvo in obnovljive gozdne vire.
- Stergar M., Jelenko I., Pokorny B., Jerina K. 2011. Vpliv okoljskih dejavnikov in individualnih značilnosti na telesno maso divjih prašičev (*Sus scrofa* L.) v Sloveniji. V: Poličnik H., Pokorny B. (ur). *Divji prašič: zbornik prispevkov 2. slovensko-hrvaškega posveta z mednarodno udeležbo o upravljanju z divjadjo*. Velenje, ERICo: 1–11.
- Stergar M., Jerina K. 2019. Prihodnja prostorska razporeditev divjega prašiča (*Sus scrofa* L.) v Sloveniji. *Zlatorogov zbornik* 6(5): 17–34.
- 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 (*Capreolus capreolus*) v modelnem lovišču Oljka, Šmartno ob Paki. Zaključna naloga, Univerza na Primorskem.

Stubbe C. 1999. *Capreolus capreolus*. V: Mitchell-Jones A.J., Bogdanowicz W., Kryštufek B.,...Zima J. (ur). The Atlas of European Mammals. London, Academic Press: 400–402.

Sunnucks P. 2000. Efficient genetic markers for population biology. Trends in Ecology and Evolution 15(5): 199–203.

Tack J. 2018. Wild Boar (*Sus scrofa*) populations in Europe: a scientific review of population trends and implications for management. Brussels, European Landowners' Organization.

Tautz D. 1989. Hypervariability of simple sequences as a general source for polymorphic DNA markers. Nucleic Acids Research 17(16): 6463–6471.

Temple H.J., Terry A. 2007. The status and distribution of European mammals. Luxembourg, Office for Official Publications of the European Communities, Information Press.

Thompson E.A. 1975. The estimation of pairwise relationships. Annals of Human Genetics 39(2): 173–188.

Thompson E.A. 1976. Inference of genealogical structure. Social Science Information 15(2–3): 477–526.

Thurfjell H., Ball J. P., Åhlén P.A., Kornacher P., Dettki H., Sjöberg K. 2009. Habitat use and spatial patterns of wild boar *Sus scrofa* (L.): Agricultural fields and edges. European Journal of Wildlife Research 55(5): 517–523.

Toïgo C., Gaillard J.M., Van Laere G., Hewison M., Morellet N. 2006. How does environmental variation influence body mass, body size, and body condition? Roe deer as a case study. Ecography 29(3): 301–308.

Torres R.T., Fernandes J., Carvalho J., Cunha M.V., Caetano T., Mendo S.,... Fonseca C. 2020. Wild boar as a reservoir of antimicrobial resistance. Science of the Total Environment 717: št. 135001.

Tóth B., Bleier N., Lehoczki R., Schally G., Csányi S. 2010. Habitat use of roe deer in a floodplain forest and the neighbouring agricultural lands. Vadbiológia 13: 48–58.

Tóth B., Schally G., Bleier N., Lehoczki R., Csányi S. 2016. First description of spatial and temporal patterns of river crossings by European roe deer *Capreolus capreolus* (Mammalia: Cervidae): characteristics and possible reasons. *Italian Journal of Zoology* 83(3): 423–433.

Truvé J., Lemel J. 2003. Timing and distance of natal dispersal for wild boar *Sus scrofa* in Sweden. *Wildlife Biology* 9(1): 51–57.

Truve J., Soderberg J., Lemel J. 2004. Dispersal in relation to population density in wild boar (*Sus scrofa*). *Galemys* 16: 75–82.

Van de Castelle T., Galbusera P., Matthysen E. 2001. A comparison of microsatellite-based pairwise relatedness estimators. *Molecular Ecology* 10: 1539–1549.

Van Moorter B., Gaillard J.M., Hewison A.J.M., Said S., Coulon A., Delorme D.,... Cargnelutti B. 2008. Evidence for exploration behaviour in young roe deer (*Capreolus capreolus*) prior to dispersal. *Ethology Ecology and Evolution* 20(1): 1–15.

Vanpé C., Kjellander P., Gaillard J.M., Cosson J.F., Galan M., Hewison A.J.M. 2009b. Multiple paternity occurs with low frequency in the territorial roe deer, *Capreolus capreolus*. *Biological Journal of the Linnean Society* 97(1): 128–139.

Vanpé C., Kjellander P., Galan M., Cosson J.F., Aulagnier S., Liberg O., Hewison A.J.M. 2008. Mating system, sexual dimorphism, and the opportunity for sexual selection in a territorial ungulate. *Behavioral Ecology* 19(2): 309–316.

Vanpé C., Morellet N., Kjellander P., Goulard M., Liberg O., Hewison A.J.M. 2009a. Access to mates in a territorial ungulate is determined by the size of a male's territory, but not by its habitat quality. *Journal of Animal Ecology* 78(1): 42–51.

Veličković N., Đan M., Ferreira E., Obreht D., Beuković M., Fonseca C. 2013. Estimation of genetic variability of wild boar populations in Vojvodina based on microsatellites. V: Beuković M. (ur). 2nd International Symposium on Hunting - Modern aspects of sustainable management of game populations. Novi Sad, University of Novi Sad: 204.

Veličković N., Djan M., Ferreira E., Stergar M., Obreht D., Maletić V., Fonseca C. 2014. From north to south and back: The role of the Balkans and other southern peninsulas in the recolonization of Europe by wild boar. *Journal of Biogeography* 42(4): 716–728.

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(8): 1285–1297.

Veternik D., Mehle J. 2010. Ritje divjih prašičev na visokogorskih pašnikih in nižinskih travnikih. V: Poličnik H., Pokorny B. (ur). *Divji prašič: zbornik prispevkov 2. slovensko-hrvaškega posveta z mednarodno udeležbo o upravljanju z divjadjo*, 17. in 18. september, 2010. Velenje, ERICo: 77–85.

Vilaça S.T., Biosa D., Zachos F., Iacolina L., Kirschning J., Alves P.C.,... Scandura M. 2014. Mitochondrial phylogeography of the European wild boar: The effect of climate on genetic diversity and spatial lineage sorting across Europe. *Journal of Biogeography* 41(5): 987–998.

von Lehmann E., Sägeser H. 1986. *Capreolus capreolus* Linnaeus, 1758 - Reh. V: Niethammer J., Krapp F. (ur). *Handbuch der Säugetiere Europas*. Wiesbaden, Akademische Verlagsgesellschaft: 185–193.

Vospersnik S., Reimoser S. 2008. Modelling changes in roe deer habitat in response to forest management. *Forest Ecology and Management* 255(4): 530–545.

Wahlström L.K. 1994. The significance of male-male aggression for yearling dispersal in roe deer (*Capreolus capreolus*). *Behavioral Ecology and Sociobiology* 35(6): 409–412.

Wahlström, L.K., Liberg O. 1995. Patterns of dispersal and seasonal migration in roe deer (*Capreolus capreolus*). *Journal of Zoology* 235(3): 455–467.

Waits L.P., Cushman S.A., Spear S.F. 2016. Applications of landscape genetics to connectivity research in terrestrial animals. V: Balkenhol N., Cushman S.A., Storer A.T., Waits L.P. (ur). *Landscape Genetics: Concepts, Methods, Applications*, First Edition. London, Wiley Blackwell: 199–219.

Wallach A.D., Shanas U., Inbar M. 2010. Feeding activity and dietary composition of roe deer at the southern edge of their range. *European Journal of Wildlife Research* 56(1): 1–9.

Wang J. 2004. Sibship Reconstruction from Genetic Data with Typing Errors. *Genetics* 166(4): 1963–1979.

Wang J. 2012. Computationally efficient sibship and parentage assignment from multilocus marker data. *Genetics* 191(1): 183–194.

Waser P.M., Hadfield J.D. 2011. How much can parentage analyses tell us about precapture dispersal? *Molecular Ecology* 20(6): 1277–1288.

Wilson D.E., Reeder D.M. 2005. *Mammal Species of the World*. Baltimore, Johns Hopkins University Press.

Wölfel H. 2005. Biologie des Rehwildes und Konsequenzen für die jagdliche Praxis. Oder: Das Reh ist kein Ungeziefer und der Jäger kein Schädlingsbekämpfer. Proc. 11te Österreichische Jägertagung: 5–8.

Yue G.H., Xia J.H. 2014. Practical considerations of molecular parentage analysis in fish. *Journal of the World Aquaculture Society* 45(2): 89–103.

Zavod za gozdove Slovenije. 2012. Lovsko upravljavski načrt za IX. Savinjsko Kozjansko lovsko upravljavsko območje (2011 - 2020), Ur. I. RS št 87/212.

Zavod za gozdove Slovenije. 2020. Letni lovskoupravljavski načrt za IX. Savinjsko-kozjansko lovskoupravljavsko območje za leto 2020. Zavod za gozdove Slovenije, 2020.

PRILOGE

PRILOGA A Podatki o osebnih srnjadi, ki so bili vključeni v raziskavo

Oznaka vzorca	Potomec / starš	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
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 (Hrašan)	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 (Hrašan)	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 (Župan)	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

PRILOGA B Podatki o osebkih divjega prašiča, ki so bili vključeni v raziskavo.

Oznaka vzorca	Oznaka članek	Oznaka sorodstvo	Datum odvzema	Vzrok odvzema	Starost*	Spol	Telesna masa**	Lokacija odvzema	Kvadrant
LME-1491	1	-	17. 6. 2018	odstrel	1	M	61,0	Veliki Vrh (Sambor)	N4K3
LME-1492	2	-	21. 7. 2018	odstrel	1	M	55,0	Gora Oljka (Podgora)	N4K0
LME-1493	3	3	25. 7. 2018	odstrel	1	Ž	40,0	Gora Oljka (Podgora)	N4K0
LME-1494	4	-	3. 8. 2018	odstrel	0+	M	12,0	Slatine (Paško polje)	N1K2
LME-1495	5	-	17. 9. 2018	odstrel	0+	M	21,0	Veliki Vrh (Cigler)	N2K4
LME-1496	6	6	29. 9. 2018	odstrel	0+	Ž	15,0	Veliki Vrh (Zajc)	N4K3
LME-1497	7	7	21. 10. 2018	odstrel	4-5	Ž	108,0	Gora Oljka (vzhod)	N5K1
LME-1498	8	8	4. 11. 2018	odstrel	0+	Ž	27,0	Veliki Vrh (Sambor)	N4K3
LME-1499	9	-	4. 11. 2018	odstrel	0+	Ž	24,5	Veliki Vrh (Sambor)	N4K3
LME-1500	10	10	4. 11. 2018	odstrel	0+	Ž	27,5	Veliki Vrh (potok)	N4K3
LME-1503	11	11	22. 12. 2018	odstrel	0+	M	42,0	Veliki Vrh (Bizovčnik)	N3K3
LME-1504	12	12	15. 10. 2017	odstrel	8+	Ž	125,0	Gora Oljka (zahod)	N4K0
LME-1505	13	-	15. 10. 2017	odstrel	0+	M	17,5	Gora Oljka (zahod)	N4K0
LME-1506	14	-	4. 6. 2018	odstrel	0+	M	5,5	Veliki Vrh (Bizovčnik)	N3K3
LME-1558	15	15	22. 6. 2019	odstrel	0+	M	9,5	Veliki Vrh (Bezgovca)	N3K3
LME-1559	16	-	1. 7. 2019	odstrel	1	M	56,5	Gora Oljka (Vinca)	N4J9
LME-1560	17	17	3. 7. 2019	odstrel	1	M	76,5	Veliki Vrh (Poprask)	N4K4
LME-1561	18	18	12. 7. 2019	odstrel	2-4	Ž	82,0	Slatine (Letuško polje)	N2K0
LME-1562	19	19	18. 7. 2019	odstrel	1	Ž	45,0	Skomo (Višnje)	N0K5
LME-1563	20	20	19. 7. 2019	odstrel	1	Ž	50,0	Skomo (Višnje)	N0K5
LME-1564	21	21	25. 7. 2019	povoz cesta	1	Ž	-	Slatine (Hrašan)	N1K1
LME-1565	22	22	28. 7. 2019	odstrel	0+	Ž	15,0	Slatine (Letuško polje)	N2K0
LME-1566	23	23	1. 8. 2019	odstrel	2-4	Ž	61,5	Gora Oljka (Obu)	N4J8
LME-1567	24	-	4. 8. 2019	odstrel	2-4	Ž	75,0	Veliki Vrh (Stanovšek)	N5K4
LME-1568	25	25	10. 8. 2019	odstrel	0+	M	10,5	Gora Oljka (rezerve)	N4K0
LME-1569	26	26	16. 8. 2019	odstrel	0+	M	11,5	Gora Oljka (rezerve)	N4K0
LME-1570	27	27	16. 8. 2019	odstrel	0+	M	13,0	Gora Oljka (rezerve)	N4K0
LME-1571	28	28	16. 8. 2019	odstrel	0+	Ž	12,0	Gora Oljka (rezerve)	N4K0
LME-1573	29	29	23. 8. 2019	odstrel	0+	M	17,0	Slatine (Paško polje)	N1K2
LME-1574	30	30	4. 9. 2019	odstrel	0+	Ž	24,0	Slatine (Gorenjski kl.)	N0K2
LME-1845	31	-	15. 9. 2019	odstrel	1	M	70,0	Veliki Vrh (Sambor)	N4K3
LME-1846	32	-	8. 10. 2019	odstrel	0+	M	9,0	Gora Oljka (Greibenšek)	N5K1
LME-1847	33	-	19. 10. 2019	odstrel	1	M	92,0	Gora Oljka (rezerve)	N4K0
LME-1848	34	-	29. 10. 2019	odstrel	0+	Ž	18,0	Slatine (Hrašan)	N1K1
LME-1849	35	35	7. 11. 2019	odstrel	1	Ž	62,0	Slatine (Hrašan)	N1K1
LME-1850	36	36	17. 11. 2019	odstrel	2-4	Ž	112,0	Slatine (Foršt)	N2K1
LME-1851	37	37	17. 11. 2019	odstrel	0+	Ž	21,5	Slatine (Foršt)	N2K1
LME-1852	38	38	17. 11. 2019	odstrel	0+	M	31,0	Slatine (Foršt)	N2K1
LME-1853	39	39	17. 11. 2019	odstrel	0+	Ž	26,0	Slatine (Foršt)	N2K1
LME-1854	40	-	24. 11. 2019	odstrel	0+	Ž	20,0	Skomo (Graharje)	N0K4
LME-1855	41	-	1. 12. 2019	odstrel	0+	M	37,0	Gora Oljka (Vinca)	N4J9
LME-1856	42	-	4. 12. 2019	odstrel	0+	Ž	29,0	Veliki Vrh (Poprask)	N4K4
LME-1857	43	-	5. 12. 2019	odstrel	0+	Ž	22,0	Skomo (smučišče)	N0K5
LME-1858	44	44	9. 12. 2019	odstrel	0+	M	34,0	Veliki Vrh (Poprask)	N4K4
LME-1859	45	45	25. 12. 2019	odstrel	0+	M	31,0	Slatine (Goričarjevi tr.)	N0K2
LME-1860	46	-	27. 12. 2019	odstrel	0+	M	33,0	Gora Oljka (Vinca)	N4J9
LME-1861	47	-	2. 1. 2020	odstrel	0+	M	19,0	Veliki Vrh (Poprask)	N4K4
LME-2676	48	48	3. 7. 2020	odstrel	1	Ž	47,0	Veliki Vrh (Slavc)	N2K4
LME-2677	49	49	16. 7. 2020	odstrel	0+	M	5,0	Gora Oljka (rezerve)	N4K0
LME-2678	50	-	16. 7. 2020	odstrel	0+	Ž	4,0	Gora Oljka (rezerve)	N4K0
LME-2679	51	51	17. 7. 2020	odstrel	0+	M	9,5	Gora Oljka (rezerve)	N4K0
LME-2680	52	-	8. 9. 2020	odstrel	1	M	77,0	Gora Oljka (silosi)	N4K0
LME-2701	53	53	7. 3. 2020	odstrel	0+	Ž	19,5	Veliki Vrh (Poprask)	N4K4
LME-2702	54	54	1. 4. 2020	odstrel	0+	M	30,0	Veliki Vrh (Poprask)	N4K3
LME-2703	55	-	22. 4. 2020	odstrel	0+	M	26,0	Gora Oljka (vzhod)	N5K1
LME-2704	56	56	7. 5. 2020	odstrel	1	Ž	32,0	Veliki Vrh (Sambor)	N4K3
LME-2705	57	57	27. 4. 2020	odstrel	1	Ž	41,0	Požarnica	N2K5
LME-2706	58	58	6. 7. 2020	odstrel	1	Ž	34,0	Zgornji Šumlak	N2K4