

Wpływ zaniku i fragmentacji siedliska na strukturę genetyczną populacji susła perełkowanego *Spermophilus suslicus* – wykorzystanie danych genetycznych do planowania ochrony gatunku

The effect of habitat fragmentation and loss on genetic structure of spotted suslik *Spermophilus suslicus* populations – the use of genetical data in species conservation

ALEKSANDRA BIEDRZYCKA

*Instytut Ochrony Przyrody PAN
31-120 Kraków, al. A. Mickiewicza 33
e-mail: biedrzycka@iop.krakow.pl*

Słowa kluczowe: suszeł perełkowany, fragmentacja siedliska, planowanie ochrony, zmienność genetyczna, mikrosatelity.

Abstrakt: W niniejszej pracy określono i porównano strukturę genetyczną oraz zmienność populacji susła perełkowanego *Spermophilus suslicus* w dwóch różnych częściach zasięgu, charakteryzujących się różnym stopniem łączności siedliska. Dzięki temu, podjęto próbę pośredniej odpowiedzi na pytanie czy i w jakim stopniu zanik i fragmentacja siedliska wpływają na zmianę struktury genetycznej populacji susła perełkowanego. Przeprowadzone badania pozwoliły również na wyciągnięcie praktycznych wniosków, które mogą być wykorzystane w planowaniu ochrony i zarządzaniu zagrożonymi populacjami susła perełkowanego w Polsce.

W analizach uwzględniono 6 populacji z terenu Polski i 4 położone za jej wschodnią granicą (region zachodni), występujące w siedlisku o wysokim stopniu fragmentacji oraz 4 populacje z okolic Odessy, występujące w siedlisku o wyższym stopniu łączności między nimi (region wschodni). Przeprowadzono analizę polimorfizmu 11 loci mikrosatelitarnych.

Analiza loci mikrosatelitarnych wykazała wyjątkowo wysoki poziom zróżnicowania ($F_{st} = 0,202$; $p = 0,001$) międzypopulacyjnego w regionie zachodnim oraz istotnie niższy niż w regionie wschodnim poziom zmienności genetycznej. Jednocześnie silna korelacja między dystansem genetycznym i geograficznym w regionie zachodnim ($r = 0,719$; $p = 0,0000008$) wskazuje na istnienie łączności między populacjami w przeszłości i strukturę genetyczną zgodną z modelem *isolation by distance*. Niska zmienność genetyczna i izolacja populacji zachodnich wynika najprawdopodobniej z nakładających się efektów położenia na skraju zasięgu gatunku oraz zaniku i fragmentacji siedliska, które doprowadziły do zaniku łączności między populacjami i ograniczenia ich efektywnej wielkości.

Struktura genetyczna populacji z regionu wschodniego jest zdecydowanie odmienna. Wykazano niewielkie zróżnicowanie między populacjami ($F_{st} = 0,032$; $p = 0,01$) oraz istotnie wyższą zmienność wewnątrzpopulacyjną. Przy użyciu bayesowskiego testu przypisania wykazano wysoki poziom migracji między populacjami, lecz brak było zależności między dystansem genetycznym i geograficznym.

W oparciu o uzyskane wyniki zaproponowano działania ochronne, które przyczynią się do utrzymania różnorodności genetycznej populacji susła perełkowanego na terenie Polski.