



PostDoc
Latvia



Finansē
Eiropas Savienība
NextGenerationEU



Eiropas Savienības Kohēzijas politikas programmas 2021.–2027. gadam 1.1.1. specifiskā atbalsta mērķa “Pētniecības un inovāciju kapacitātes stiprināšana un progresīvu tehnoloģiju ieviešana kopējā P&A sistēmā” 1.1.1.9. pasākuma “Pēcdoktorantūras pētījumi” pētniecības pieteikums Nr. 1.1.1.9/LZP/1/24/041
“Medībām pakļautas pelēko vilku populācijas ekoloģisko funkciju saglabāšana apsaimniekotos mežos”

01.04.2026.

PĀRSKATS PAR LATVIJAS VILKU POPULĀCIJAS ĢENĒTISKĀS UN RADNIECĪBAS STRUKTŪRAS IZPĒTI

Ievads

Molekulārās ģenētikas metodes mūsdienās daudzviet ir kļuvušas par standarta metodēm sugu izpētē un lielo plēsēju sugu monitoringos (Taberlet et al. 2001, Mills 2007). Ģenētiskais materiāls no dzīvniekiem var tik iegūts gan neinvazīvā veidā, gan no legāli vai nelegāli nomedītiem vai nejauši bojāgājušiem dzīvniekiem (Ellegren 1999, Taberlet et al. 2001, Lucchini et al. 2002, Gomerčić et al. 2010, Stenglein et al. 2011, Galaverni et al. 2012, Caniglia et al. 2014, Rick et al. 2017, Szewczyk et al. 2019, Shakarashvili et al. 2020, Boitani et al. 2022, Pirog et al. 2025). Latvijā ģenētiskais materiāls tiek iegūts invazīvā ceļā – no nomedītiem vai citādi bojā gājušiem dzīvniekiem.

Vilku izpētē ģenētiskās metodes var tikt izmantotas populāciju izplatības, dzīvnieku sastopamības, skaita, baru lieluma un teritoriju novērtēšanai, indivīdu atpazīšanai un radniecības noteikšanai, vairošanās gadījumu konstatēšanai (Wayne and Vilà 2003, Rutledge et al. 2010, Liberg et al. 2012, Caniglia et al. 2014, Reinhardt et al. 2015, Rick et al. 2017, Mysłajek et al. 2018, Pirog et al. 2025), izplatīšanās paradumu raksturošanai (Waser et al. 2001, Luchini et al. 2002, Valière et al. 2003, Andersen et al. 2015), kā arī populācijas ģenētisko parametru, filoģenētisko un sistemātikas jautājumu izpētei (Wayne and Vilà 2003, Pilot et al. 2014, Szewczyk et al. 2019, Jan et al. 2023, Pirog et al. 2025) un hibridizācijas konstatēšanai starp dažādām sugām (Wayne and Brown 2001, Andersone et al. 2002, Hindrikson et al. 2012). Iegūtā ģenētiskā informācija var būt noderīga populāciju apsaimniekošanas lēmumu pieņemšanai, it sevišķi, ja populācijas tiek apmedītas.

Vilki lielākoties dzīvo baros, ko veido radniecīgi dzīvnieki – vecāku pāris un viņu pēcnācēji (Mech 1970, Mech and Boitani 2003). Vientuļo vilku īpatsvars populācijā ir zems, un tie parasti ir jaunie dispersējušie dzīvnieki, kas meklē partneri, vai bara izjukšanas dēļ izklīdušie dzīvnieki. No dzimtā bara atdalījušies dzīvnieki nereti pievienojas kaimiņu bariem vai izveido jaunus barus netālu no sākotnējā bara, līdz ar to netraucētās populācijās radniecības pakāpe ar kaimiņu bariem nereti ir lielāka, nekā ar attālu esošiem bariem (Lehman et al. 1992).

Daudzām dzīvnieku sugām sabiedriska dzīvesveids ģimenēs vai grupās uzlabo medību un reprodukcijas sekmes, veicina mazuļu izdzīvotību, kā arī radniecīgu dzīvnieku starpā biežāk vērojama altruistiska uzvedība (Silk 2007, Cassidy and McIntyre 2016). Vienots, netraucēts bars, dzīvojot pazīstamā vidē, spēj pilnvērtīgāk veikt savas ekoloģiskās funkcijas un

veiksmīgāk pielāgoties dažādu ārējo apstākļu izmaiņām. Populācijas sociālās struktūras ietekmēšana (medību vai citu traucējumu rezultātā) atstāj ne tikai negatīvas sekas uz populācijas stāvokli un nākotnes izdzīvotības iespējām, bet var arī novest pie konfliktsituācijām ar cilvēku interesēm un aktivitātēm. Tādejādi vilku baru stabilitātei un saglabāšanai jāpievērš uzmanība, plānojot vilku populāciju apsaimniekošanas pasākumus.

Viena vai abu vecāku zaudējums (medību vai citas mirstības dēļ) var veicināt bara izjukšanu, tā apdzīvotās teritorijas pamešanu vai bara lieluma samazināšanos (Brainerd et al. 2008). Nestabila populācijas sociālā struktūra var arī veicināt inbrīdingu bara locekļu starpā vai hibridizāciju ar citām sugām (vonHoldt et al. 2008, Rutledge et al. 2010). Traucējumu rezultātā ietekmēta populācijas sociālā struktūra var radīt negatīvas sekas populācijas dzimuma-vecuma struktūrā, izmaiņas dzīvnieku uzvedībā, vairošanās, dispersijas un medību paradumos, kā arī indivīdu izplatībā un gēnu plūsmā starp bariem, kas var novest pie izmaiņām populācijas ģenētiskajā struktūrā (Frank and Woodroffe 2001, Adams et al. 2008, Brainerd et al. 2008, vonHoldt et al. 2008, Caniglia et al. 2014, Rick et al. 2017). Sekojošās izmaiņas populācijas ģenētiskajā struktūrā (piemēram, daudzveidības samazināšanās, inbrīdings) var negatīvi ietekmēt populācijas ilgtspējīgu pastāvēšanu (Ellegren 1999, Jędrzejewski et al. 2005, Mills 2007, Allendorf et al. 2008, Caniglia et al. 2014).

Hibridizācija ar suņiem, it sevišķi, ja tā ir izplatīta un notiek hibrīdu atpakaļkrustošanās ar vilkiem, var novest pie suņu gēnu introgresijas vilku populācijā, kas var kļūt par apdraudējumu vilku sugas integritātei (Santostasi et al. 2024). Suņu gēnu “piesārņojums” vilku populācijās var izraisīt adaptīvu gēnu kombināciju un unikālu genotipu zudumu, un tādejādi indivīdu pielāgotības un adaptīvo spēju samazināšanos, kam ilgtermiņā var būt negatīvas evolucionārās sekas. Pirmie ģenētiski apstiprinātie hibridizācijas gadījumi Latvijā konstatēti 1999. gadā (Andersone et al. 2002).

Vilku medības var gan samazināt populācijas ģenētisko daudzveidību, gan arī pārmērīgi palielināt to, jo medību rezultātā var palielināties indivīdu imigrācija no blakus populācijām, kas var mazināt indivīdu pielāgotību konkrētās vides apstākļiem vai ietekmēt dzīvotnei raksturīgo dzīvnieku uzvedību vai sociālo struktūru (Mills 2007, Allendorf et al. 2008). Medību radītās izmaiņas populācijas sociālajā struktūrā var arī palielināt hibridizācijas risku (Rutledge et al. 2010, Santostasi et al. 2024). Lai nodrošinātu veiksmīgu sugas saglabāšanu un efektīvu populācijas apsaimniekošanu, ir nepieciešams saprast, kādā veidā medības ietekmē populāciju sociālo un ģenētisko struktūru (Linnell et al. 2008, Rick et al. 2017).

1. Materiāls un metodika

Ģenētiskais materiāls (muskulaudi vai retos gadījumos mati) no likumīgi nomedītiem vai citādi bojā gājušiem (satiksmes negadījumi, kašķis) vilkiem tiek ievākts un analizēts kopš 2009. gada. Sākotnēji medību sezonas laikā ievākto paraugu apjoms bija neliels, taču pēdējās piecās sezonās ģenētiskais materiāls tiek ievākts no 74-77 % nomedīto indivīdu. Laikā no 2009. gada 15. jūlijam līdz 2025. gada 31. martam ievākti un analizēti 2260 DNS paraugi. No tiem 2249 dzīvniekiem bija zināms dzimums (1053 mātītes, 1196 tēviņi), 1614 dzīvniekiem bija zināms vecums. Nomedītajiem indivīdiem zināms arī nomedīšanas datums un pagasts. Kartēs nomedīto vilku izplatības atainošanai izvēlēts atzīmēt pagastus, jo precīzas nomedīšanas koordinātas tiek fiksētas tikai no 2015. gada.

No dzīvniekiem ievāktie muskuļaudu paraugi tiek uzglabāti -20°C temperatūrā. DNS izdalīts no aptuveni 30 mg muskuļaudu, izmantojot modificētu CTAB metodi (Porebski et al. 1997). Analizēti 16 autosomālie mikrosatelītu lokusi, kas ir iepriekš izmantoti Latvijas vilku populāciju analīzēs (Shibuya et al. 1994, Holmes et al. 1995, Fredholm and Winterø 1995,

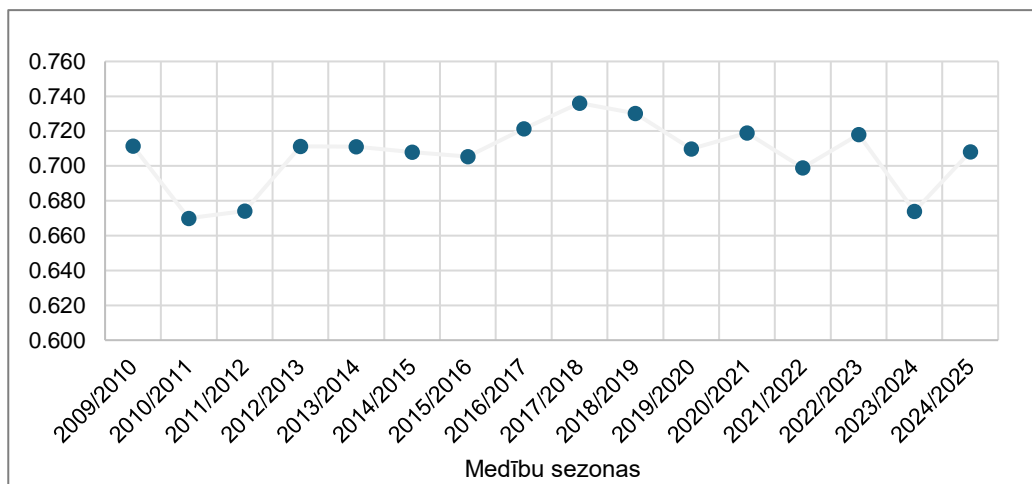
Ostrander et al. 1995, Francisco et al. 1996, Hindrikson et al. 2013). Molekulārās analīzes veiktas LVMI “Silava” Ģenētisko resursu centra laboratorijā.

Katru medību sezonu tiek aprēķināti populācijas ģenētiskie rādītāji (sagaidāmā un novērotā heterozigotāte, inbrīdīngs koeficients) un analizēta indivīdu savstarpējā radniecība. Radniecības analīzes veiktas gan konkrētās sezonas paraugiem, gan visiem līdz šim ievāktajiem paraugiem. Populācijas ģenētiskie rādītāji aprēķināti izmantojot GenAEx 6.5 programmu (Peakall and Smouse 2012). Savstarpējās radniecības indeksi aprēķināti izmantojot QGM (Queller and Goodnight 1989) novērtējumu. Radniecības analīzes veiktas izmantojot COLONY 2.0.5 (Jones and Wang 2010) un CERVUS (Kalinowski et al. 2007) programmas. Pieļauta tēviņu un mātišu poligāmija, bet, ka nepastāvēja inbrīdīngs. Alēļu izkrišana un citu genotipēšanas kļūdu (tajā skaitā mutāciju) apmērs katram marķierim noteikts attiecīgi kā 0,005 un 0,005. Visa paraugkopa analizēta radniecīgo attiecību konstatēšanai, neatkarīgi no zināmā dzīvnieku vecuma. Radniecīgo indivīdu grupas veido dažādas pakāpes radnieki. Radniecības analīzēs apskatītas arī tiešās brāļu-māsu attiecības un vecāku-pēcnācēju attiecības. Vecāku-pēcnācēju radniecības analīzēs izmantota informācija par zināmo dzīvnieku vecumu, pieņemot, ka potenciālie vecāki ir vismaz divus gadus vecāki par pēcnācējiem.

2. Rezultāti un diskusija

2.1. Latvijas vilku populācijas ģenētiskie rādītāji

Latvijas vilku populācijas ģenētiskā daudzveidība visā izpētes periodā bijusi samērā augsta (novērotā heterozigotāte (H_o) no $0,670 \pm 0,024$ līdz $0,736 \pm 0,027$) (1. att.), inbrīdīngs koeficients (F) – zems (no $-0,052 \pm 0,058$ līdz $0,069 \pm 0,02$). 2024./2025. gada medību sezonā šie rādītāji bija attiecīgi – $H_o = 0,708 \pm 0,018$ un $F = 0,025 \pm 0,011$. Šādi rādītāji uzskatāmi par populācijai labvēlīgiem. Heterozigotāte ir līdzīga Lietuvā un Igaunijā (Baltrūnaitė et al. 2013, Remm and Hindrikson 2022) konstatētai un augstāka, nekā Eiropas rietumos un dienvidos konstatēta (Hindrikson et al. 2017, Pirog et al. 2025).



1. attēls. Novērotā heterozigotāte (H_o) Latvijas vilku populācijā laikā no 2009. līdz 2025. gadam.

Novērotie ģenētiskie rādītāji apliecina, ka Latvijas vilku populācija visā izpētes periodā saglabājusi augstu ģenētisko daudzveidību, un tā nav pakļauta inbrīdīngs riskam. Šādu situāciju nodrošina gan lielā indivīdu mainība vietējās populācijas ietvaros, gan imigrantu ienākšana no kaimiņvalstu populācijām. Indivīdu un gēnu apmaiņa ar Lietuvas un Igaunijas populācijām (skat. 2.3.) ir sagaidāma arī nākotnē, taču turpmākajos gados jāpievērš uzmanība potenciāli

negatīvai Krievijas un Baltkrievijas robežu žogu ietekmei uz indivīdu migrācijām un populācijas ģenētiskās daudzveidības saglabāšanu.

Laikā no 2012. līdz 2024. gadam nomedīto indivīdu vidū konstatēti 15 vilku-suņu hibrīdi. Šobrīd hibridizācija ar suņiem nav uzskatāma par nozīmīgu problēmu vietējās vilku populācijas saglabāšanā, taču šādus gadījumus jāturpina apsekot, jo hibridizācijas gadījumi norāda uz iespējamām problēmām populācijas sociālās un teritoriālās struktūras stabilitātē.

2.2. Latvijas vilku populācijas radniecības struktūra

Radniecības datu analīzes parāda tipisko vilku baru struktūru un ilgstoši pastāvošas radniecīgu dzīvnieku grupas populācijā. Līdz šim konstatētas 424 radniecīgo dzīvnieku grupas, kuras sastāv no diviem līdz 14 indivīdiem. Vienu grupu var veidot vairāki bari, par ko liecina tas, ka vairāku grupu ietvaros daļa radnieku nomedīti ar lielu laika intervālu un vairāku desmitu vai pat simtu km attālumā, kas radies dzīvniekiem izklīstot gan dabiskās dispersijas, gan medību ietekmes rezultātā.

Līdz 2015./2016. gada medību sezonai ievākto ģenētisko paraugu apjoms vienas sezonas ietvaros bija mazāks par 50% no nomedītajiem vilkiem, tādēļ šīs sezonas netiek apskatītas radniecīgo grupu skaita analizē. Vienas sezonas ietvaros konstatēto radniecīgo grupu skaits (1. tab.) varētu tikt uzskatīts par minimālo dabā dzīvojošo baru skaitu tajā sezonā. Interpretējot šos datus, jāņem vērā ievākto paraugu īpatsvars no nomedīto vilku skaita, jo lielāka paraugkopa dod lielākas iespējas konstatēt radniecīgus dzīvniekus. Kā arī tas, ka nav zināms, vai no visiem dabā dzīvojošajiem bariem tiek iegūti paraugi, attiecīgi – vai visas radniecīgās grupas tiek konstatētas. Grupu skaita pieaugumu pa gadiem nevar tiešā veidā uzskatīt par vilku skaita pieauguma apliecinājumu. Tas vairāk ataino radniecības daudzveidību un radnieku grupu nomaiņu, vienas grupas vietā ienākot citai, kad radnieku grupas un tās veidojošie bari medību vai citu traucējumu dēļ kādā reģionā izjūk, izklīst, zaudē bara teritorijas un tajās ienāk imigranti no neradniecīgām, agrāk nekonstatētām grupām. Radniecīgo grupu skaita pieaugums daļēji skaidrojams arī ar ievākto paraugu apjoma palielināšanos.

1. tabula.

Radniecīgo grupu skaits un indivīdu, kam konstatēti radnieki, īpatsvars medību sezonā laikā no 2015. līdz 2025. gadam.

Medību sezona (ģenētisko paraugu skaits)	Radniecīgo grupu skaits (radniecīgo indivīdu īpatsvars %)	Neradniecīgo indivīdu īpatsvars (%)
2015./2016. (n=193)	37 (78,2%)	21,8%
2016./2017. (n=171)	37 (81,8%)	18,2%
2017./2018. (n=186)	19 (67,2%)	32,8%
2018./2019. (n=167)	29 (64,1%)	35,9%
2019./2020. (n=146)	24 (64,5%)	35,5%
2020./2021. (n=218)	35 (75,6%)	24,4%
2021./2022. (n=217)	42 (81,3%)	18,7%
2022./2023. (n=230)	41 (68,0%)	32,0%
2023./2024. (n=223)	51 (71,8%)	28,2%
2024./2025. (n=227)	61 (73,6%)	26,4%

Vidējais radniecīgo dzīvnieku īpatsvars pēdējās 10 medību sezonās bija 72,6%. Jo lielāks ir radniecīgo indivīdu īpatsvars nomedīto vilku vidū vienas sezonas ietvaros, jo plašāk populācija ir apmedīta – vairāk baru ir piedzīvojuši medību traucējumu un zaudējuši daļu no saviem indivīdiem. Attiecīgi medību ietekme uz populācijas sociālās struktūras stabilitāti ir ievērojamāka un ar lielāku potenciālu radīt no izjauktas sociālās struktūras izrietošās negatīvās sekas.

Radniecīgo grupa pastāvēšanas ilgums (noteikts rēķinot no grupas vecākā vilka dzimšanas gada līdz pēdējā vilka nomedīšanas gadam) ļauj spriest par populācijas iekšējo radniecību un populācijas spēju pašai sevi uzturēt. Lielā daļā grupu radniecīgie indivīdi konstatēti tikai vienas līdz četrus medību sezonu garumā (59,4% no visām grupām) (2. tab.).

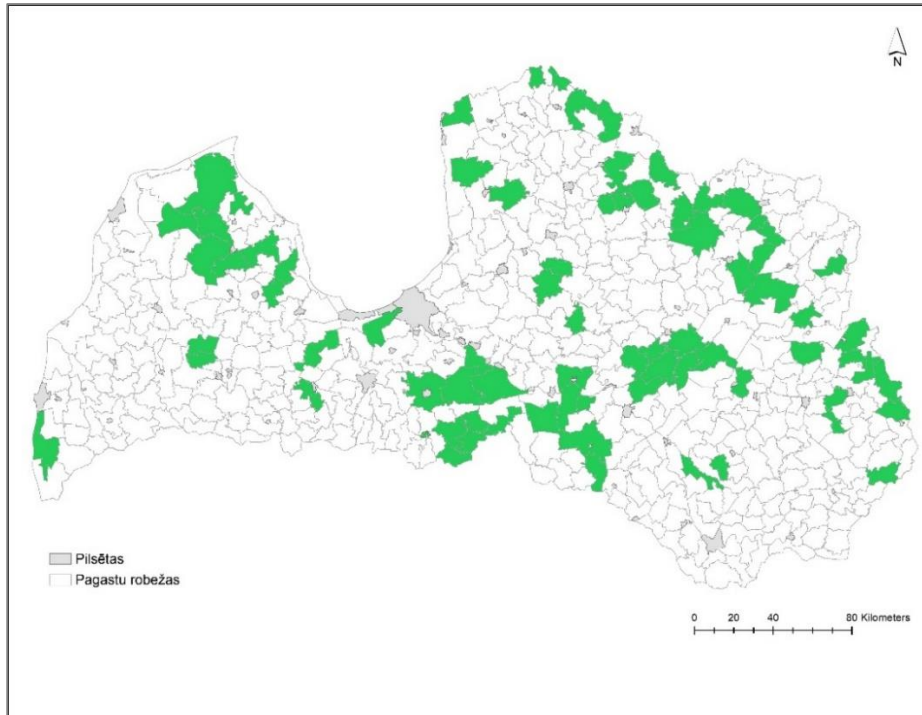
2. tabula.

Vilku radniecīgo grupu pastāvēšanas ilgums (sezonu skaits) un īpatsvars (%) laikā no 2009. līdz 2025. gadam.

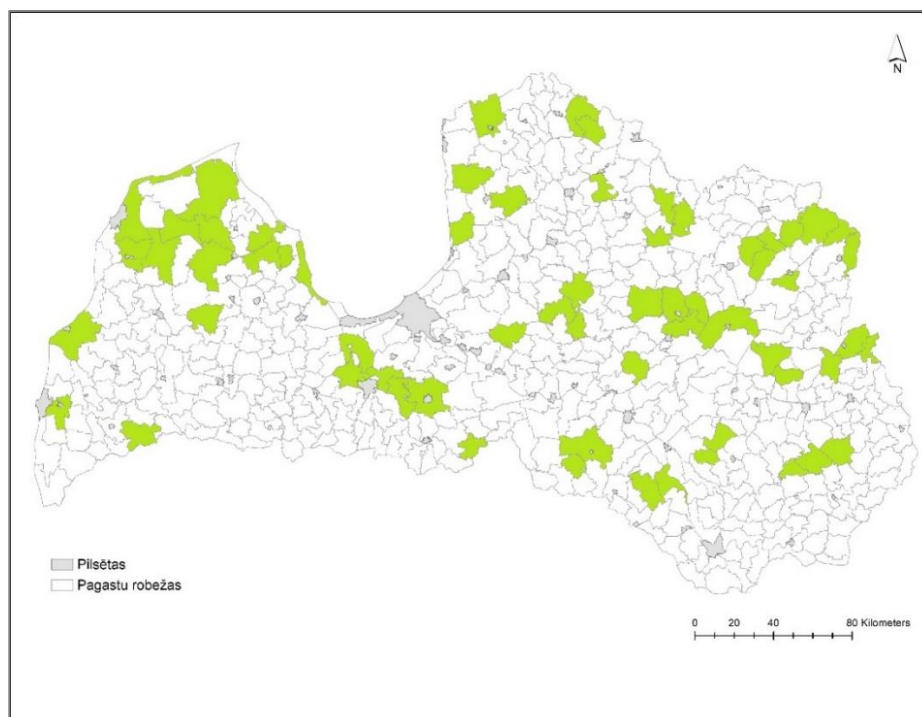
Sezonu skaits	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	15	16	18
Grupu skaits	71	57	59	65	44	37	29	17	13	14	6	6	3	1	1	1
%	16.7	13.4	13.9	15.3	10.4	8.7	6.8	4.0	3.1	3.3	1.4	1.4	0.7	0.2	0.2	0.2

Daudzo grupu salīdzinoši īsais pastāvēšanas ilgums norāda uz samērā biežu un ātru radniecīgo grupu un to veidojošo indivīdu nomainīgu populācijā. Netraucētos apstākļos vilku pāris var pastāvēt vienu līdz astoņus gadus, bet biežāk trīs līdz četrus gadus (Packard 2003), savukārt apmedītās populācijās novērots, ka pāru attiecības saglabājas vienu līdz četrus gadus, un parasti tās izbeidz viena dzīvnieka bojāeja (Jędrzejewski et al. 2005). Pēc līdzšinējiem datiem Latvijā baros, kur varēja izsekot vairošanās partneru nomainīgu, pāri saglabājas vienu līdz trīs gadu garumā, taču tas neizslēdz, ka dabā pāri pastāvējuši arī ilgāku laiku. Nomedītos vai citādi zaudētos indivīdus aizvieto no citām teritorijām ienākošie imigranti, tādējādi samazinot iekšējo radniecību gan baru ietvaros, gan starp kaimiņu bariem, un ģenētiskajās analīzēs pēc dažiem gadiem bieži vien vairs nav konstatējami agrāko grupu radinieki. Lai arī katru sezonu, palielinoties ģenētiskā materiāla paraugkopai, dažu grupu pastāvēšanas ilgums pagarinās (tiek konstatēti jauni radinieki), kopumā īslaicīgo grupu pārsvars saglabājas. Šāda aina ir raksturīga apmedītām populācijām, kurās radniecības pakāpe starp bariem ir mazāka, nekā neapmedītām populācijām (Lehman et al. 1992, Frank and Woodroffe 2001, Wayne and Vilà 2003).

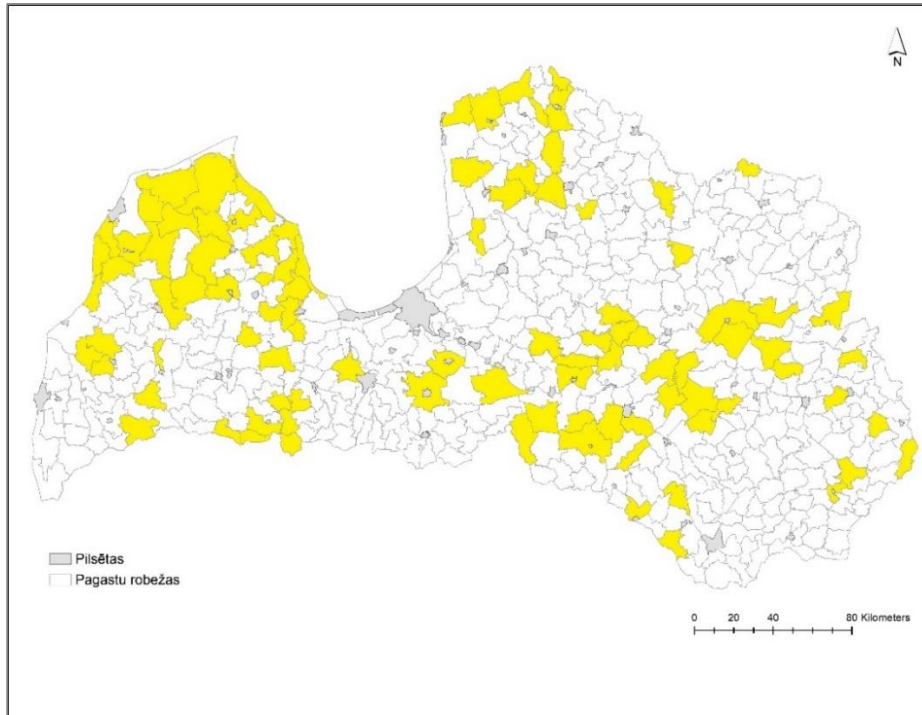
Līdz četrām sezonām pastāvējušās radinieku grupas ir izplatītas visā Latvijas teritorijā (2.-5. att.), parādot, ka biežā indivīdu un grupu nomainīgu nav tikai atsevišķu reģionu problēma.



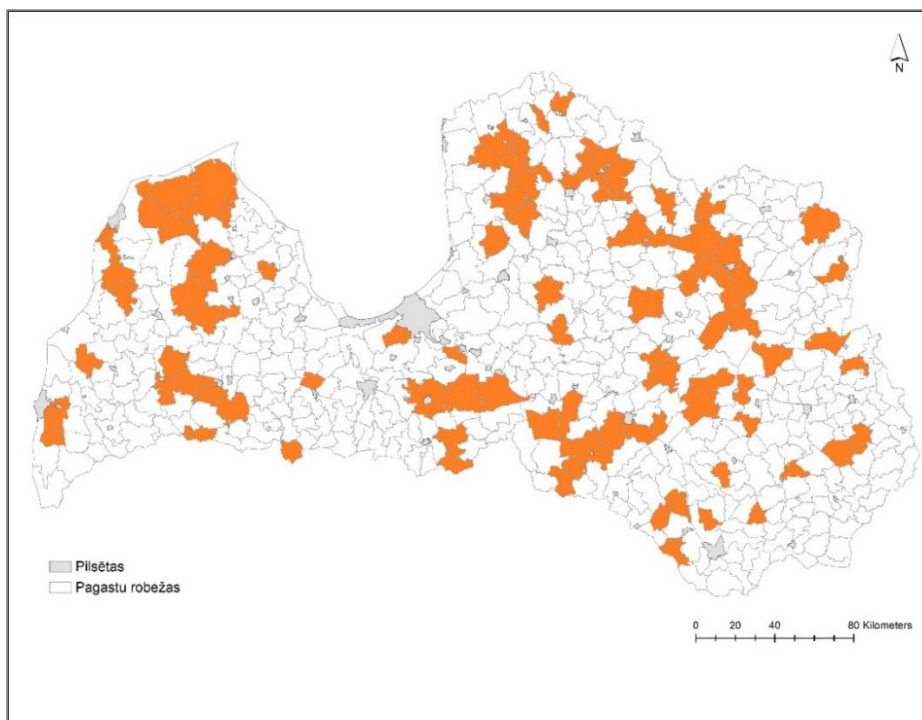
2. attēls. Nomedīto vilku izplatība, kuriem radniecība starp jaunāko un vecāko radniecības grupas indivīdu pastāvējusi vienas medību sezonas garumā. Kartē atainoti pagasti, kuros laikā no 2009. līdz 2025. gadam nomedīti 71 radniecības grupai piederīgie indivīdi.



3. attēls. Nomedīto vilku izplatība, kuriem radniecība starp jaunāko un vecāko radniecības grupas indivīdu pastāvējusi divu medību sezonu garumā. Kartē atainoti pagasti, kuros laikā no 2009. līdz 2025. gadam nomedīti 57 radniecības grupām piederīgie indivīdi.

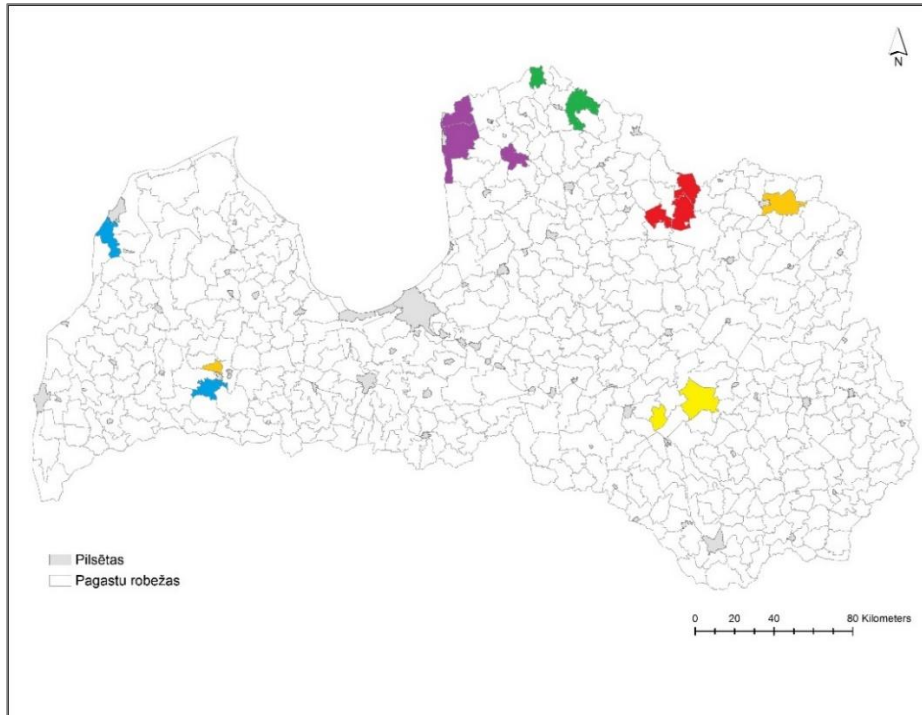


4. attēls. Nomedīto vilku izplatība, kuriem radniecība starp jaunāko un vecāko radniecības grupas indivīdu pastāvējusi trīs medību sezonu garumā. Kartē atainoti pagasti, kuros laikā no 2009. līdz 2025. gadam nomedīti 59 radniecības grupām piederīgie indivīdi.

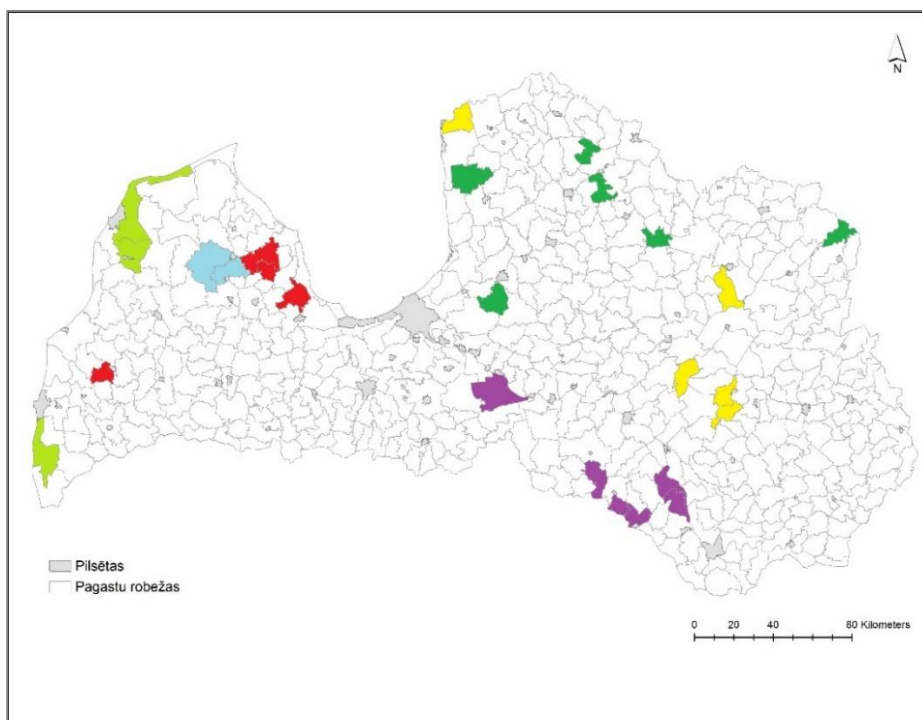


5. attēls. Nomedīto vilku izplatība, kuriem radniecība starp jaunāko un vecāko radniecības grupas indivīdu pastāvējusi četrus medību sezonu garumā. Kartē atainoti pagasti, kuros laikā no 2009. līdz 2025. gadam nomedīti 65 radniecības grupām piederīgie indivīdi.

Ilgāk pastāvošajām radnieku grupām, ar atsevišķiem izņēmumiem, vērojama tendence koncentrēties Kurzemē un Vidzemē (6.-8. att.).

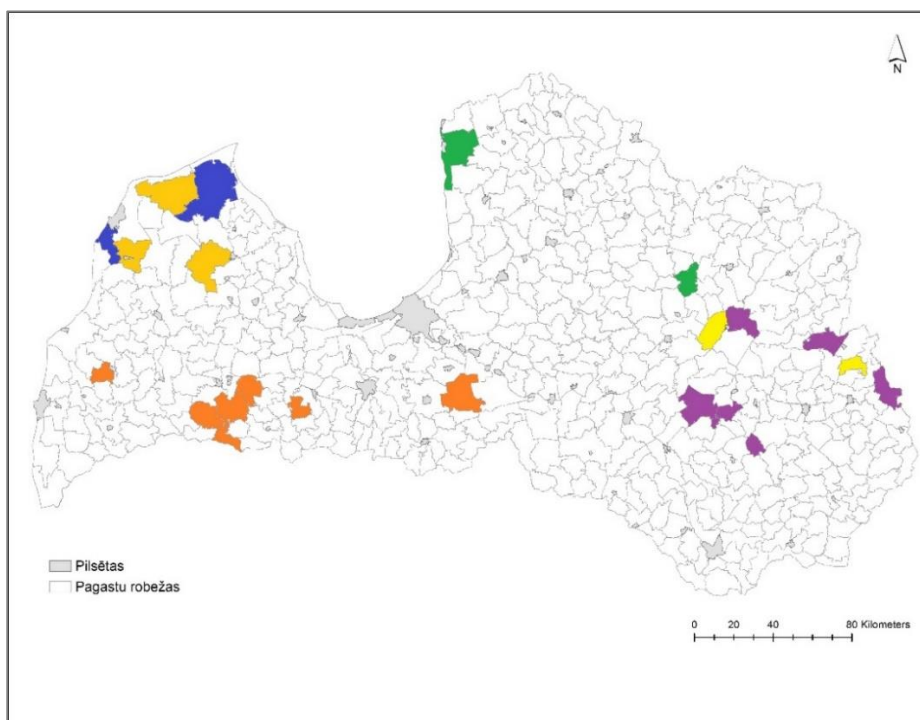


6. attēls. Nomedīto vilku izplatība (atainots nomedīšanas pagasts), kuriem radniecība starp jaunāko un vecāko radniecības grupas indivīdu pastāvējusi 11 medību sezonu garumā. Katra krāsa apzīmē vienu radniecīgo grupu.



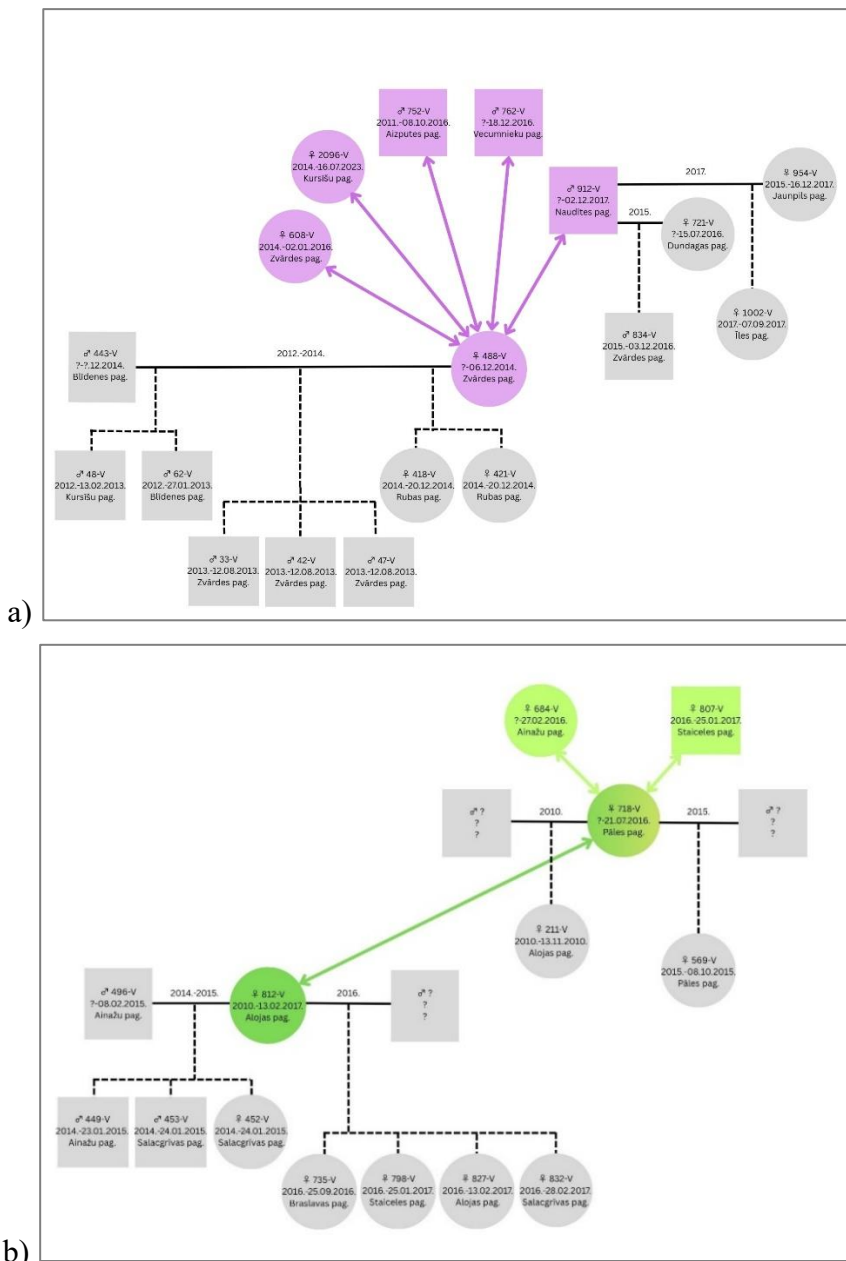
7. attēls. Nomedīto vilku izplatība (atainots nomedīšanas pagasts), kuriem radniecība starp jaunāko un vecāko radniecības grupas indivīdu pastāvējusi 12 medību sezonu garumā. Katra krāsa apzīmē vienu radniecīgo grupu.

Šobrīd ilgākā konstatētā radnieku grupa pastāvējusi 18 medību sezonas no 2005. gada līdz 2022. gadam Vidzemē (8. att.). 16 sezonas ilga grupa pastāvējusi no 2006. līdz 2021. gadam Ziemeļkurzemē.



8. attēls. Nomedīto vilku izplatība (atainots nomedīšanas pagasts), kuriem radniecība starp jaunāko un vecāko radniecības grupas indivīdu pastāvējusi 13 (dzeltens, oranžs), 15 (violets), 16 (zils) un 18 (zaļš) medību sezonu garumā. Katra krāsa apzīmē vienu radniecīgo grupu.

Vairākām no ilgi pastāvējušām grupām vērojama salīdzinoši neliela teritoriālā izkliede. Vilki ir teritoriāli dzīvnieki, to apdzīvotās teritorijas lielākoties ir diezgan stabilas, un, ja pēc traucējuma (medībām) viens no vecāku pāra un daļa baru dzīvnieku ir spējuši izdzīvot, bars parasti saglabā līdzšinējo teritoriju (Caniglia et al. 2014). Radniecīgo grupu teritoriālā izplatība un atsevišķu baru rekonstrukcija parāda, ka arī daļai Latvijas vilku populācijas baru ir raksturīgi uzturēties vienās un tajās pašās teritorijās vairāku gadu garumā, neraugoties uz cilvēka radītiem traucējumiem (medībām) (9. att.). Visbiežāk tas novērots Kurzemē un Ziemeļvidzemē. Gan dispersējošie indivīdi, gan pēc traucējuma izkliedēto baru indivīdi pēc iespējas apmetas no dzimtajām vietām netālās teritorijās, jo pazīstama apkārtnē rada drošākus dzīves apstākļus, kas sekmē izdzīvošanu un pēcnācēju izaudzināšanu.



9. attēls. Radniecības attiecības Kurzemes-Zemgales (a) un Ziemeļvidzemes (b) vilku bars. Nepārtrauktās līnijas apzīmē vecāku pāru attiecības, gadu skaitļi virs tām – zināmo pāru pastāvēšanas ilgumu. Raustītās līnijas apzīmē pēcnācējus. Par katru vilku norādīts parauga numurs, dzimšanas gads, nomedīšanas datums un nomedīšanas vieta. Ar “?” atzīmēti indivīdi, no kuriem nav ievākti paraugi, vai arī esošo paraugu nezināmā informācija. Iekrāsotie indivīdi un tos savienjojošās bultas parāda radniecības attiecības starp dažādiem bariem (konkrēta radniecības pakāpe nav noteikta).

Tomēr konstatēti arī daudzi gadījumi, kad pēc medībām bara indivīdi aizklejojuši vairākus desmitus km tālu (piemērs redzams 9.b attēlā, kad mātītes 488-V, kura nomedīta Zvārdes pagastā, radinieki nomedīti Aizputes un Vecumnieku pagastos). Lai arī tālas migrācijas un dispersijas veicina gēnu apmaiņu populācijā, pārāk liela dzīvnieku izkliede rada sociālo un teritoriālo nestabilitāti populācijā.

Gadījumiem, kad izjūk bari, tiek pamestas to teritorijas, bars zaudē daļu savu indivīdu, jaunie dzīvnieki pārāgri zaudē vecākus vai ir spiesti ātri pamest dzimto baru, var būt dažādas sekas. Maz pieredzējuši dzīvnieki, nonākot nepazīstamā vidē, vai partneri zaudējis vecāks, aprūpējot kucēnus, var radīt konfliktsituācijas, uzbrūkot mājlopiem vai mājdzīvniekiem. Teritoriālā nestabilitāte, partnera zaudējums, kā arī jauno dzīvnieku agrā dispersija ar sekojošu

agru vairošanās uzsākšanu rada iespējas atbrīvotajās teritorijās ātri izveidoties jauniem pāriem, un tas var palielināt populācijas vairošanās intensitāti, it sevišķi pie labvēlīgiem barošanās apstākļiem. Zaudēto indivīdu vietā ienāk imigranti no citām vietējās populācijas daļām vai kaimiņvalstu populācijām, mazinot līdzšinējo radniecības pakāpi populācijā un potenciāli palielinot ģenētisko daudzveidību. Lai arī līdz noteiktam līmenim šāda gēnu plūsma ir vēlama, kādā brīdī tā var kļūt nelabvēlīga populācijas ilgtspējīgai pastāvēšanai, radot riskus indivīdu pielāgotībai konkrētās vides apstākļiem. Šie procesi līdz šim vairāk bijuši raksturīgi Latvijas austrumu daļai, kur zaudēto indivīdu aizvietošanu visticamāk atbalstījusi imigrantu ienākšana no kaimiņvalstīm. Turpmākajos gados jāseko līdzi iespējamām izmaiņām vilku populācijas ģenētiskajos parametros un sociālās struktūras dinamikā, ko varētu ietekmēt Krievijas un Baltkrievijas robežu žogi.

2.3. Latvijas vilku populācijas radniecība ar Lietuvas un Igaunijas vilku populācijām

Lielo plēsēju populācijas parasti apdzīvo vairāku valstu teritorijas, tādēļ to saglabāšanai, ģenētiskās daudzveidības uzturēšanai, gēnu apmaiņas nodrošināšanai un atbilstošu apsaimniekošanai pasākumu izvēlē vēlama izpēte un sadarbība sugas apsaimniekošanā ne tikai nacionālā, bet arī bioloģisko populāciju līmenī.

Lai gūtu ieskatu par Latvijas vilku populācijas radniecību ar kaimiņvalstu populācijām, pirmo reizi veiktas radniecības analīzes visas Baltijas vilku populācijas ietvaros, analizējot Latvijā nomedīto vilku DNS paraugus kopā ar Lietuvā un Igaunijā divu medību sezonu laikā (2022./2023. un 2023./2024.) nomedīto vilku paraugiem.

Divu medību sezonu laikā Latvijā un Lietuvā nomedītajiem vilkiem konstatētas 26 kopīgas radniecīgo indivīdu grupas, savukārt ar Igaunijā nomedītajiem vilkiem – 33 kopīgas radniecīgo indivīdu grupas, tādejādi apliecinot Latvijas vilku populācijas ģenētisko saistību ar kaimiņvalstu populācijām. Šos datus plānots papildināt ar 2024./2025. gadā Lietuvā un Igaunijā nomedīto vilku DNS paraugu datiem, lai tālāk apskatītu radniecības attiecības un populācijas sociālās un teritoriālās struktūras dinamiku Baltijas reģionā.

Literatūra

Adams L. G., Stephenson R. O., Dale B. W., Ahgook R. T., Demma D. J. 2008. Population dynamics and harvest characteristics of wolves in the Central Brooks Range, Alaska. *Wildlife Monogr.*, 170: 1 – 25. <https://doi.org/10.2193/2008-012>

Allendorf F. W., England P. R., Luikart G., Ritchie P. A., Ryman N. 2008. Genetic effects of harvest on wild animal populations. *Trends Ecol Evol.*, 23(6): 327 – 337. [doi: 10.1016/j.tree.2008.02.008](https://doi.org/10.1016/j.tree.2008.02.008)

Andersen L. W., Harms V., Caniglia R., Czarnomska S. D., Fabbri E., Jędrzejewska B., Kluth G., Madsen A. B., Nowak C., Pertoldi C., Randi E., Reinhardt J., Stronen A. V. 2015. Long-distance dispersal of a wolf, *Canis lupus*, in northwestern Europe. *Mammal Research*, 60: 163 – 168. [doi: 10.1007/s13364-015-0220-6](https://doi.org/10.1007/s13364-015-0220-6)

Andersone Z., Lucchini V., Randi E., Ozolins J. 2002. Hybridisation between wolves and dogs in Latvia as documented using mitochondrial and microsatellite DNA markers. *Mammal Biology*, 67: 79 – 90. <https://doi.org/10.1078/1616-5047-00012>

Baltrūnaitė L., Balčiauskas L., Åkesson M. 2013. The genetic structure of the Lithuanian wolf population. *Centr. Eur. J. Biol.*, 8(5): 440 – 447. <https://doi.org/10.2478/s11535-013-0154-9>

Boitani L., Kaczensky P., Alvares F., Andrén H., Balys V., Blanco J. C., Chapron G., Chiriac S., Cirovic D., Drouet-Houguet N., Groff C., Huber D., Iliopoulos Y., Ionescu O., Kojola I., Krofel M., Kutal M., Linnell J., Majic A., Mannil P., Marucco F., Melovski D., Mengüllüoglu D., Mergeay J., Nowak S., Ozolins J., Perovic A., Rauer G., Reinhardt I., Rigg R., Salvatori V., Sanaja B., Schley L., Shkvyria M., Sunde P., Tirronen K., Trajce A., Trbojevic I., Trouwborst A., von Arx M., Wolf M., Zlatanova D., Patko L. 2022. *Assessment of the conservation status of the Wolf (Canis lupus) in Europe*. Strasbourg, 25 p.

Brainerd S. M., Andren H., Bangs E. E., Bradley E. H., Fontaine J. A., Hall W., Iliopoulos Y., Jimenez M. D., Jozwiak E. A., Liberg O., Mack C. M., Meier T. J., Niemeyer C. C., Pedersen H. C., Sand H., Schultz R. N., Smith D. W., Wabakken P., Wydeven A. P. 2008. The effects of breeder loss on wolves. *Journal of Wildlife Management* 72: 89 – 98. doi: [10.2193/2006-305](https://doi.org/10.2193/2006-305)

Caniglia R., Fabbri E., Galaverni M., Milanese P., Randi E. 2014. Noninvasive sampling and genetic variability, pack structure, and dynamics in an expanding wolf population. *Journal of Mammalogy*, 95(1): 41 – 59. <https://doi.org/10.1644/13-MAMM-A-039>

Cassidy K. A., McIntyre R. T. 2016. Do gray wolves (*Canis lupus*) support pack mates during aggressive inter-pack interactions? *Animal Cognition*, 19: 939 – 947. <https://doi.org/10.1007/s10071-016-0994-1>

Ellegren H. 1999. Inbreeding and relatedness in Scandinavian grey wolves *Canis lupus*. *Hereditas*, 130(3): 239 – 244. doi: [10.1111/j.1601-5223.1999.00239.x](https://doi.org/10.1111/j.1601-5223.1999.00239.x). PMID: 10509138

Francisco L. V., Langsten A. A., Mellersh C. S., Neal C. L., Ostrander E. A. 1996. A class of highly polymorphic tetranucleotide repeats for canine genetic mapping. *Mammalian Genome*, 7(5): 359 – 362. doi: [10.1007/s003359900104](https://doi.org/10.1007/s003359900104)

Frank L. G., Woodroffe R. 2001. Behaviour of carnivores in exploited and controlled populations. In: Gittleman J. L., Funk S. M., Macdonald D. W., Wayne R. K. (eds), *Carnivore conservation*. Cambridge: Conservation Biology Series, Cambridge University Press, 419 – 442.

Fredholm M., Winterø A.K. 1995. Variation of short tandem repeats within and between species belonging to the Canidae family. *Mammalian Genome*, 6(1): 11 – 18. doi: [10.1007/BF00350887](https://doi.org/10.1007/BF00350887)

Galaverni M., Palumbo D., Fabbri E., Caniglia R., Greco C., Randi E. 2012. Monitoring wolves (*Canis lupus*) by non-invasive genetics and camera trapping: a small-scale pilot study. *European Journal of Wildlife Research*, 58: 47 – 58. <https://doi.org/10.1007/s10344-011-0539-5>

Gomerčić T., Sindičić M., Galov A., Arbanasić H., Kusak J., Kocijan I., Gomerčić M., Huber Đ. 2010. High genetic variability of the grey wolf (*Canis lupus* L.) population from Croatia as revealed by mitochondrial DNA control region sequences. *Zool. Studies*, 49: 816 – 823.

Hindrikson M., Männil P., Ozolins J., Krzywinski A., Saarma U. 2012. Bucking the Trend in Wolf-Dog Hybridization: First Evidence from Europe of Hybridization between Female Dogs and Male Wolves. *PLOS ONE* 7(10): e46465. doi: [10.1371/journal.pone.0046465](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0046465)

Hindrikson M., Remm J., Männil P., Ozolins J., Tammeleht E., et al. 2013. Spatial Genetic Analyses Reveal Cryptic Population Structure and Migration Patterns in a Continuously Harvested Grey Wolf (*Canis lupus*) Population in North-Eastern Europe. *PLoS ONE* 8(9): e75765. doi: [10.1371/journal.pone.0075765](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0075765)

Hindrikson M., Remm J., Pilot M., Godinho R., Stronen A. V., Baltrūnaitė L., Czarnomska S. D. et al. 2017. Wolf population genetics in Europe: a systematic review, meta-analysis and suggestions for conservation and management. *Biological Reviews*, 92: 1601 – 1629. <https://doi.org/10.1111/brv.12298>

Holmes N. G., Dickens H. F., Parker H. L., Binns M. M., Mellersh C. S., Sampson J. 1995. Eighteen canine microsatellites. *Animal Genetics*, 26(2): 132a – 133. doi: [10.1111/j.1365-2052.1995.tb02659.x](https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1995.tb02659.x)

Jan M., Stronen A.V., Boljte B. *et al.* 2023. Wolf genetic diversity compared across Europe using the yardstick method. *Scientific Reports*, 13, 13727. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-40834-x>

Jędrzejewski W., Branicki W., Veit C., MeDugorac I., Pilot M., Bunevich A. N., Jędrzejewska B., Schmidt K., Theuerkauf J., Okarma H., Gula R., Szymura L., Förster M. 2005. Genetic diversity and relatedness within packs in an intensely hunted population of wolves *Canis lupus*. *Acta Theriologica*, 50: 3 – 22. <https://doi.org/10.1007/BF03192614>

Jones O. R., Wang J. 2010. COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Mol Ecol Resour*, 10: 551 – 555. doi: [10.1111/j.1755-0998.2009.02787.x](https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02787.x)

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: 1099 – 1106. doi: [10.1111/j.1365-294X.2007.03089.x](https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2007.03089.x)

Lehman N., Clarkson P., Mech L. D., Meier T. J., & Wayne R. K. 1992. A study of the genetic relationships within and among wolf packs using DNA fingerprinting and mitochondrial DNA. *Behavioral Ecology and Sociobiology*, 30 (2), 83 – 94. <https://doi.org/10.1007/BF00173944>

Liberg O., Aronson A., Sand H., Wabakken P., Maartmann E., Svensson L., Åkesson M. 2012. Monitoring of wolves in Scandinavia. *Hystrix, It. J. Mamm.* 23(1): 29 – 34. <https://doi.org/10.4404/hystrix-23.1-4670>

Linnell J., Salvatori V., Boitani L. 2008. Guidelines for Population Level Management Plans for Large Carnivores. LCIE report prepared for the European Commission (contract nr. 070501/2005/424162/MAR/B2), Rome: 85 pp.

Lucchini V., Fabbri E., Marucco F., Ricci S., Boitani L., Randi E. 2002. Noninvasive molecular tracking of colonizing wolf (*Canis lupus*) packs in the western Italian Alps. *Molecular Ecology*, 11: 857 – 868. doi: [10.1046/j.1365-294x.2002.01489.x](https://doi.org/10.1046/j.1365-294x.2002.01489.x)

Mech L. D. 1970. *The Wolf: the ecology and behaviour of an endangered species*. Minneapolis, London: University of Minnesota Press, 384 pp.

Mech L. D., Boitani L. 2003. *Wolf Social Ecology*. In: Mech L. D., Boitani L. (eds), *Wolves: Behavior, Ecology and Conservation*. The University of Chicago Press: 1 – 34.

Mills S. L. 2007. *Conservation of Wildlife Populations: Demography, Genetics, and Management*. Malden (MA): Wiley-Blackwell Publishing, 424 pp.

Mysłajek R. W., Tracz M., Tracz M., Tomczak P., Szewczyk M., Niedźwiecka N., Nowak S. 2018. Spatial organization in wolves *Canis lupus* recolonizing north-west Poland: Large territories at low population density. *Mammalian Biology*, 92: 37 – 44. <https://doi.org/10.1016/j.mambio.2018.01.006>

Ostrander E. A., Mapa F. A., Yee M., Rine J. 1995. One hundred and one new simple sequence repeat-based markers for the canine genome. *Mamm Genome*, 6: 192 – 195. doi: [10.1007/BF00293011](https://doi.org/10.1007/BF00293011)

Packard J. M. 2003. Wolf behavior: reproductive, social, and intelligent. In: Mech L. D., Boitani L. (eds), *Wolves: Behavior, Ecology and Conservation*. The University of Chicago Press: 35 – 65.

Peakall R., Smouse P. E. 2012. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics*, 28: 2537 – 2539. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>

Pilot M., Greco C., Von Holdt B. M., Jędrzejewska B., Randi E., Jędrzejewski W., Sidorovich V. E., Ostrander E. A., Wayne R. K. 2014. Genome-wide signatures of population

bottlenecks and diversifying selection in European wolves. *Heredity*, 112: 428 – 442. doi: [10.1038/hdy.2013.122](https://doi.org/10.1038/hdy.2013.122)

Pirog A., Duchamp C., Kaerle C., Dufaure de Citres C., Rousselot S., Lavarec J., Queney G. 2025. Standardization of a High-Quality Methodological Framework for Long-Term Genetic Monitoring of the French Wolf Population. *Ecology and Evolution*, 15(4): e71345. doi: [10.1002/ece3.71345](https://doi.org/10.1002/ece3.71345)

Porebski S., Bailey L. G., Baum B. R. 1997. Modification of a CTAB DNA extraction protocol for plants containing high polysaccharide and polyphenol components. *Plant Molecular Biology Reporter*. <https://doi.org/10.1007/BF02772108>

Queller D. C., Goodnight K. F. 1989. Estimating relatedness using genetic markers. *Evolution*, 43: 258 – 275. doi: [10.1111/j.1558-5646.1989.tb04226.x](https://doi.org/10.1111/j.1558-5646.1989.tb04226.x)

Reinhardt I., Kluth G., Nowak S., Mysłajek R.W. 2015. Standards for the monitoring of the Central European wolf population in Germany and Poland. Bonn: Bundesamt für Naturschutz, 43 pp.

Remm J., Hindrikson M. 2022. Estonian conservation and management plan of large carnivores 2022-2031. Environmental Board, 110 p.

Rick J. A., Moen R. A., Erb J. D., Strasburg J. L. 2017. Population structure and gene flow in a newly harvested gray wolf (*Canis lupus*) population. *Conservation Genetics*, 18: 1091 – 1104. doi: [10.1007/s10592-017-0961-7](https://doi.org/10.1007/s10592-017-0961-7)

Rutledge L.Y., Patterson B. R., Mills K. J., Loveless K. M., Murray D. L., White B. N. 2010. Protection from harvesting restores the natural social structure of eastern wolf packs. *Biological Conservation*, 143: 332 – 339. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2009.10.017>

Shakarashvili M., Kopaliani N., Gurielidze Z., Dekanoidze D., Ninua L., Tarkhnishvili D. 2020. Population genetic structure and dispersal patterns of grey wolf (*Canis lupus*) and golden jackal (*Canis aureus*) in Georgia, the Caucasus. *Journal of Zoology*, 312(4): 227 – 238. <https://doi.org/10.1111/jzo.12831>

Shibuya H., Collins B. K., Huang T. M., Johnson G. S. 1994. A polymorphic (AGGAAT), tandem repeat in an intron of the canine von Willebrand factor gene. *Animal Genetics*, 25(2): 122 – 122. doi: [10.1111/j.1365-2052.1994.tb00094.x](https://doi.org/10.1111/j.1365-2052.1994.tb00094.x)

Silk J. B. 2007. The adaptive value of sociality in mammalian groups. *Philos. Trans. R. Soc. Lond. B, Biol. Sci.*, 362(1480): 539 – 559. doi: [10.1098/rstb.2006.1994](https://doi.org/10.1098/rstb.2006.1994)

Santostasi, N. L., Bauduin, S., Grente, O., Gimenez, O., & Ciucci, P. (2025). Simulating the efficacy of wolf–dog hybridization management with individual-based modeling. *Conservation Biology*, 39, e14312. <https://doi.org/10.1111/cobi.14312>

Stenglein J. L., Waits L. P., Ausband D. E., Zager P., Mack C. M. 2011. Estimating gray wolf pack size and family relationships using noninvasive genetic sampling at rendezvous sites. *Journal of Mammalogy*, 92(4): 784 – 795. <https://doi.org/10.1644/10-MAMM-A-200.1>

Szewczyk M., Nowak S., Niedźwiecka N., Hulva P., Špinkytė-Bačkaitienė R., Demjanovičová K., Bolfiková B. Č., Antal V., Fenchuk V., Tomczak M. P., Stachyra P., Stępnia K. M., Zwijacz-Kozica T., Mysłajek R. W. 2019. Dynamic range expansion leads to establishment of a new, genetically distinct wolf population in Central Europe. *Sci Rep*, 9: 19003. <https://doi.org/10.1038/s41598-019-55273-w>

Taberlet P., Luikart G., Geffen E. 2001. New methods for obtaining and analyzing genetic data from free-ranging carnivores. In: Gittleman J. L., Funk S. M., Macdonald D. W., Wayne R. K. (eds), *Carnivore conservation*. Cambridge: Conservation Biology Series, Cambridge University Press, 313 – 334.

Valière N., Fumagalli L., Gielly L., Miquell C., Lequette B., Poulle M. L., Weber J., Arlettaz R., Taberlet P. 2003. Long-distance wolf recolonization of France and Switzerland inferred from non-invasive genetic sampling over a period of 10 years. *Animal Conservation*, 6: 83 – 92. <https://doi.org/10.1017/S1367943003003111>

VonHoldt B. M., Stahler D. R., Smith D. W., Earl D. A., Pollinger J. P., Wayne R. K. 2008. The genealogy and genetic viability of reintroduced Yellowstone grey wolves. *Molecular Ecology*, 17(1): 252 – 274. doi: [10.1111/j.1365-294X.2007.03468.x](https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2007.03468.x)

Wayne R. K., Brown D. M. 2001. Hybridization and conservation of carnivores. In: Gittleman, J. L., Funk, S. M., Macdonald, D. W., Wayne, R. K. (eds), *Carnivore conservation*. Cambridge: Conservation Biology Series, Cambridge University Press, 145 – 162.

Wayne R. K., Vilà C. 2003. Molecular genetic studies of wolves. In: Mech L. D., Boitani L. (eds), *Wolves: Behavior, Ecology and Conservation*. The University of Chicago Press: 218 – 238.

Waser P. M., Strobeck C., Paetkau D. 2001. Estimating interpopulational dispersal rates. In: Gittleman, J. L., Funk, S. M., Macdonald, D. W., Wayne, R. K. (eds), *Carnivore conservation*. Cambridge: Conservation Biology Series, Cambridge University Press, 484 – 497.