

AUSTRUMU KOKVARDES POPULĀCIJAS ATJAUNOŠANAS UN AIZSARDZĪBAS PROJEKTA PIRMIE REZULTĀTI

Elza Birbele

Rīga ZOO sugu saglabāšanas speciāliste
LU BF zooloģijas doktorante



KOKVARDE LATVIJĀ

18.-20.gs.



©Omid Mozaffari

- Neskaidru ziņu par sastopamību un izplatību pirms 21. gs.
- Tikai nepārbaudāmu liecinieku ziņojumi.
- Ziņojumi Latvijas un Lietuvas teritorijā.
- 20.gs. vidū uzskatīja par izmirušu, lai gan vēl pāris ziņojumi par koriem bija 1980tajos Kurzemē un Vidzemē.
- Par izmiršanas iemeslu tobrīd uzskatīja mitro biotopu izzušanu, lauksaimniecības intensifikāciju, bebru izzušanu.

Zvirgzds *et al.* 1995

KOKVARDES REINTRODUKCIJA

1988. - 1992.

- Dibināta Ekoloģijas laboratorija Jura Zvirgzda vadībā.
- Baltkrievijā iegūti 14 – 17 vairošanās pāri.
- Vairošanas grupa : 1 tēviņš + 2 mātītes.
- Vairošanās stimulēšana ar hormonu injekcijām.
- 1988. – 1992. gadā kopumā izlaisti 4110 juvenīli Blažģa ezera apkaimē.
- 1990. gadā pirmā tēviņu dziesma pēc izlaišanas.



©Rīga ZOO

Zvirgzds *et al.* 1995,
Dunce, Zvirgzds 2005.,
Dunce 2013.

RĪGA
ZOO

KOKVARDE LATVIJĀ

30 gadus vēlāk...

- Akcija “Meklē Eiropas kokvardi”.
- Sabiedrības ziņojumi, novērojumi.
- Izbraucieni noteikt izplatības robežas.



**MEKLĒ
EIROPAS
KOKVARDI**

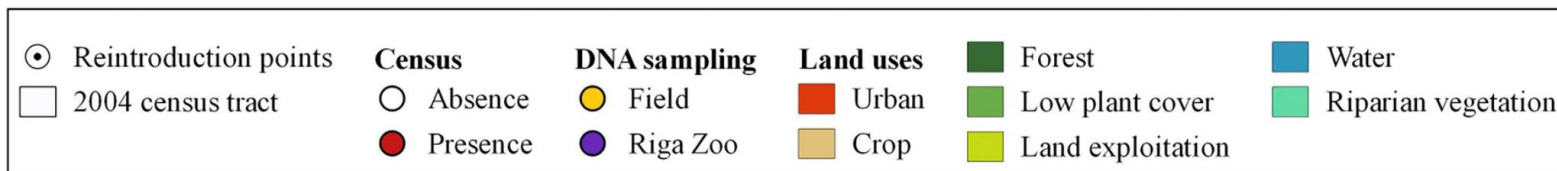
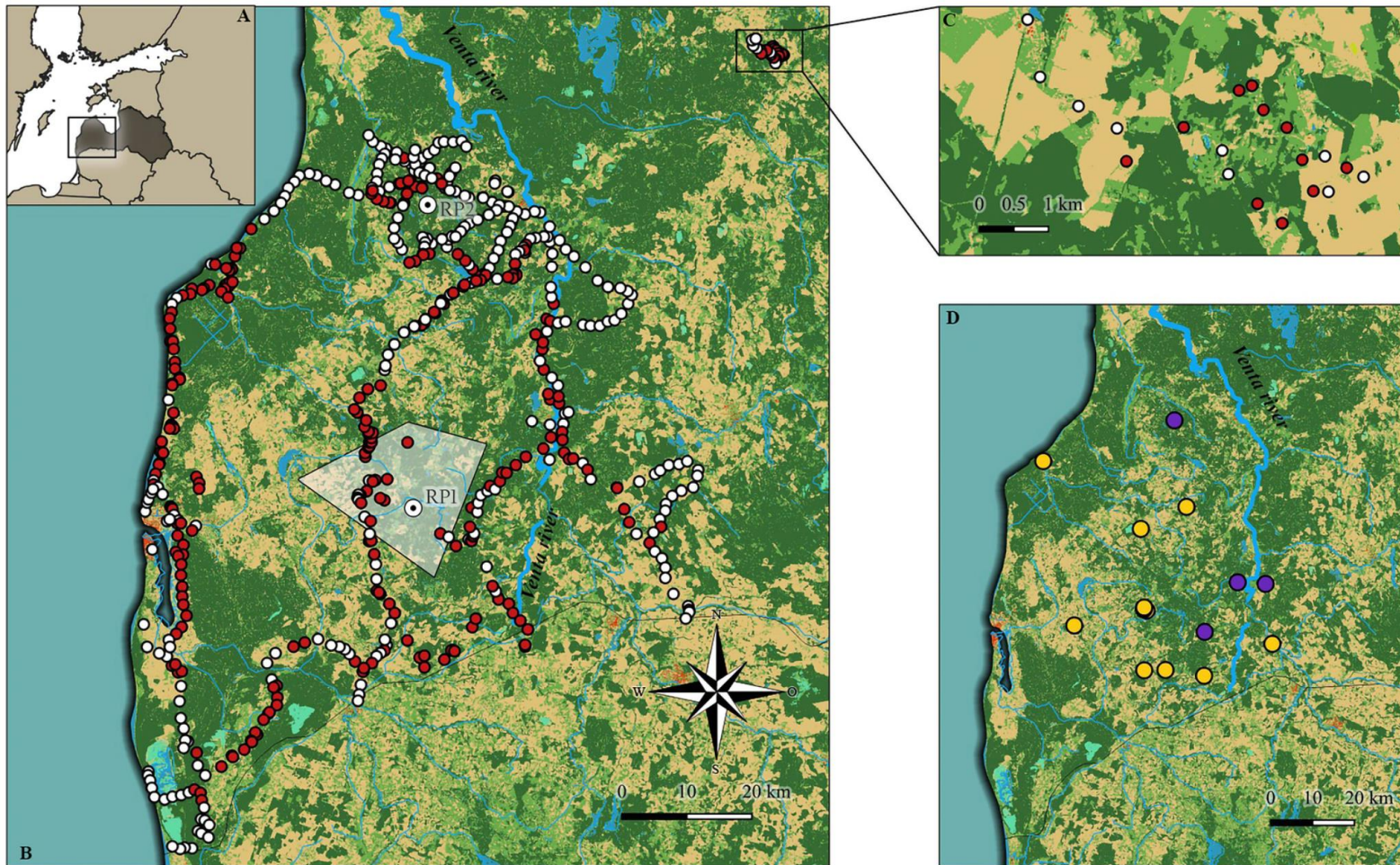


 sadzirdi kokvardes balsi	E-mail ziņo e-pastā: kokvardes@gmail.com vai pa tālruni 29294858	 norādi pēc iespējas precīzāku kokvardes atrašanās vietu	+371... lūdzu, atsūti savu tālruna numuru, lai varam precīzēt kokvardes atrašanās vietu
---	---	--	--

Dienvideiropā bieži sastopamā Eiropas kokvarde tika uzskatīta par Latvijā praktiski izzudušu sugu jau kopš 19. gadsimta beigām. 1988. gadā Rīgas zoologiskais dārzs uzsāka šīs sugas atkalatjaunošanas darbu. Pēdējo gadu laikā tika izlaisti 4110 vārdulēni. Īpaši svarīgs laiks "inventarizācijai", lai saprastu, kāds šajos 30 gados ir bijis kokvardes atgriešanās ceļš Latvijā.

ZOOLOĢISKAIS DĀRZS

Gulbe, Di Marzio 2020.



Birbele E., Gulbe, E., Šķērstiņa R., Puchades L., Dekšne G., Di Marzio A. 2023. **Treefrogs in Latvia: preliminary results of a census and a genetic analysis 30 years after reintroduction.** Herpetology Notes, volume 16: 927-935.

EIROPAS KOKVARDES SUGU KOMPLEKSS

Kriptiskās sugas

- *H. arborea*,
- *H. molleri*,
- *H. orientalis*,
- *H. intermedia*,
- *H. perrini*,
- *H. sarda*,
- *H. savignyi*,
- *H. felixarabica*,
- *H. meridionalis*,
- *H. carthaginensis*.

Hyla arborea



Hyla savignyi



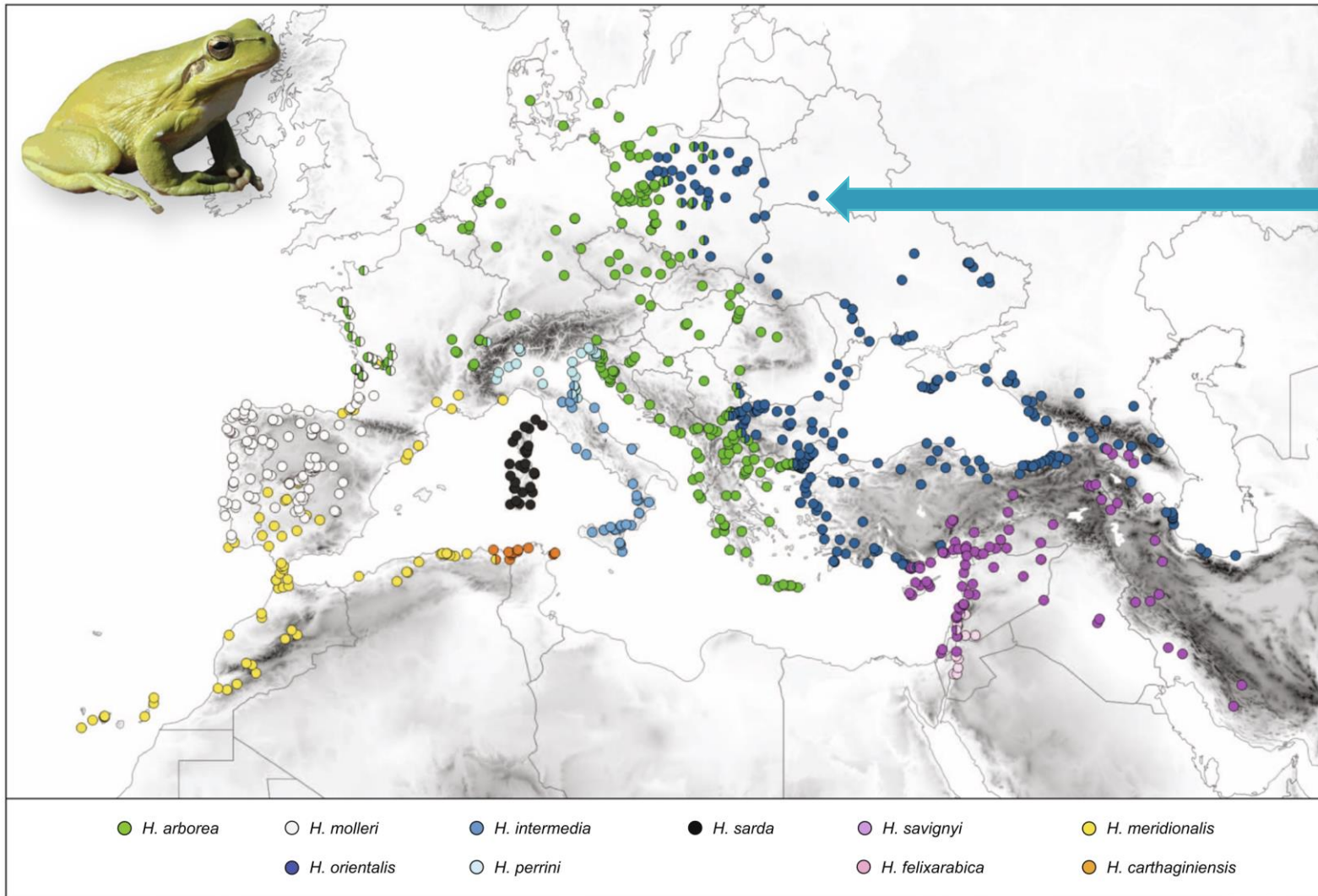
Hyla intermedia



Hyla meridionalis



HYLA KOKVARŽU SUGAS EIROPĀ



Reintrodukcijai
paņemtās vārdes

Dufresnes, C., et al. 2020. The effect of phylogeographic history on species boundaries: a comparative framework in *Hyla* tree frogs. *Sci Rep* 10, 5502.

KOKVARDE LATVIJĀ

30 gadus vēlāk...



mtDNS sekvenses



GenBank datubāze

Visi paraugi tika identificēti kā *Hyla orientalis* (Bedriaga, 1890) ar vidēji $98,5 \pm 0,3\%$ precizitāti.

Birbele *et al.* 2023

Hyla arborea

- ✓ EU Habitats Directive
- ✓ Latvian legislation

Hyla orientalis

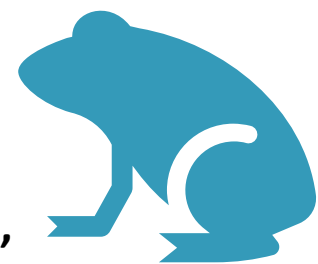
- ✗ EU Habitats Directive
- ✗ Latvian legislation

RĪGA



JAUNI JAUTĀJUMI PAR LATVIJAS KOKVARŽU POPULĀCIJU

- **Kāds ir sugas ģenētiskais stāvoklis?**
 - Kokvardēm Baltkrievijā ir viszemākā ģenētiskā daudzveidība Eiropā (Car et al. 2022).
 - Mazais pāru skaits no maza areāla → inbrīdings?
 - Reintrodukcijas process → pudeles kakla efekts?
- **Vai reintroducētās kokvaržu populācijas ģenētiskā daudzveidība ir pietiekami augsta, lai nodrošinātu ilgtspējīgu populāciju?**



ĢENĒTISKĀS DAUDZVEIDĪBAS NOZĪME SUGU SAGLABĀŠANĀ

- **Ģenētiskā daudzveidība** – raksturo populāciju izdzīvošanas spēju, spējas pielāgoties strauji mainīgiem apstākļiem, slimībām.
- No ekoloģiskā aspekta ģenētiskā daudzveidība ietekmē **sugu un populāciju izdzīvošanu** tādējādi tieši vai netieši ietekmējot ekosistēmas.
- Ģenētiskās daudzveidības novērtējums ir būtisks **populāciju ģenētikā** kā arī sugu aizsardzībā un evolūcijas bioloģijā.

Freeland *et al.* 2020

CONSERVATION GENETICS JEB SUGU SAGLABĀŠANAS ĢENĒTIKA

- Dažādi ģenētiski procesi:
 - Pudeles kakla efekts (*bottleneck effect*),
 - Inbrīdinga depresija (*inbreeding depression*),
 - Ģenētiskā erozija (*genetic erosion*),
 - Ģenētiskā tīrīšana (*purging*) u.c.
- Divi galvenie riski saistībā ar zemu ģenētisko daudzveidību:
 - Ilgtermiņa – populācijas un sugas ar zemu ģenētisko daudzveidību būs mazāka iespēja pielāgoties mainīgiem vides apstākļiem.
 - Tūlītēji – inbrīdings, kam var sekot inbrīdinga depresija.

Freeland *et al.* 2020

INBRĪDINGS UN TĀ IETEKME UZ POPULĀCIJU

- Samazina indivīda ģenētisko daudzveidību un pielāgotību (*fitness*).
- Inbrīdinga koeficients ir proporcionāls N_e koeficientam.
- Inbrīdinga depresija (*inbreeding depression*).

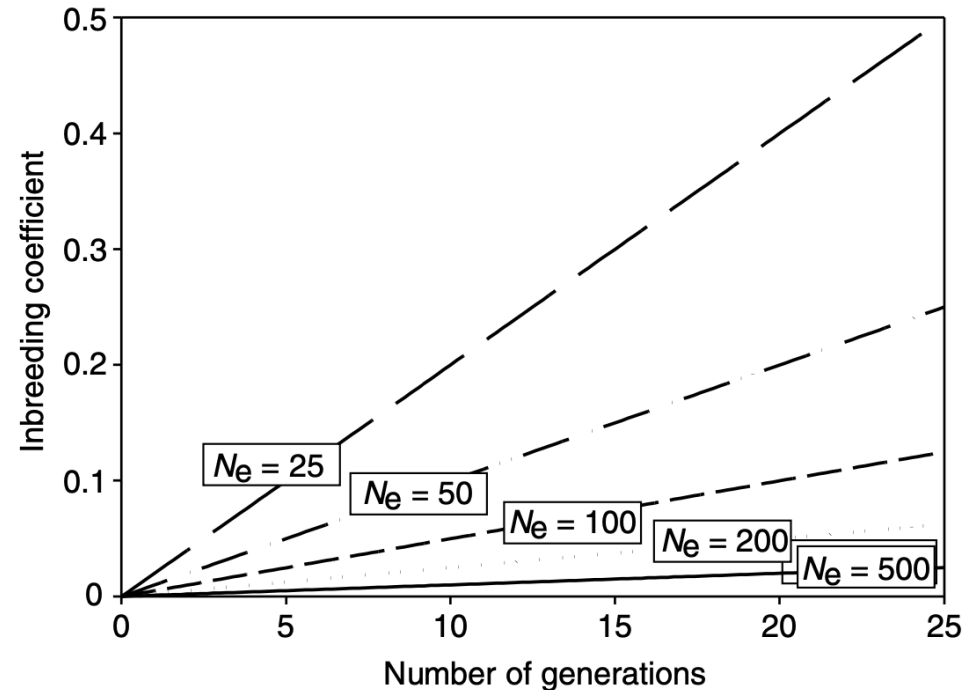


Figure 8.10 The increase over time in the inbreeding coefficients (F) of five populations of different sizes, all of which were completely outbred at time zero ($F = 0$), and all of which are closed to immigrants. The rate at which inbreeding levels increase within a population is inversely proportional to its effective size.

PUDELES KAKLA EFEKTS UN DIBINĀTĀJA EFEKTS

- **Pudeles kakla efekts** – strauja, pagaidu ģenētiskās daudzveidības samazināšanās.
- **Dibinātāja efekts** – izmaiņas alēļu frekvencē, kas bieži parādas populācijās, kas ir veidotas no maza sākuma indivīdu skaita.

Freeland *et al.* 2020

CONSERVATION GENETICS JEB SUGU SAGLABĀŠANAS ĢENĒTIKA

- Ģenētiskā glābšana (*genetic rescue*) – translokācija, populācijas papildināšana, pavairošana nebrīvē u.c.
- Ģenētiskās daudzveidības monitorings būtu jāiekļauj sugu aizsardzības plānos.
- Bioloģiskās daudzveidības konvencija (Convention on Biological diversity) uzsver ģenētikas novērtēšanas iekļaušanu arī IUCN.

Schmidt, Garroway 2021,
DeWoody *et al.* 2021

HYLA KOKVARŽU ĢENĒTISKĀ DAUDZVEIDĪBA EIROPĀ

Sistemātiskā literatūras analīze

- Augstas ģenētiskās daudzveidības rajoni:
 - Balkānu pussala – *H. arborea*
 - Melnās jūras reģions – *H. orientalis*
- Zemas ģenētiskā daudzveidība – visām *Hyla* sugām lielākoties R un Z Eiropā.
- Vēsturiski skaidrojama ar straujo populāciju post-glaciālo izplešanos no centrālās Eirāzijas ZR virzienā.
- Zemā ģenētiskā daudzveidība šajā gadījumā padara populācijas jutīgākas pret ārējiem faktoriem.

Birbele *et al.* (in production)

KOKVARDE LATVIJĀ

30 gadus vēlāk...

Datu ievākšana



Morfoloģiskie parametri:

- Ķermeņa garums
- Augšstilba garums
- Apakšstilba garums
- Galvas platums



Mutes siekalu (*buccal*)
uztriepes paraugs



Ādas uztriepes paraugs



mtDNS analīze:

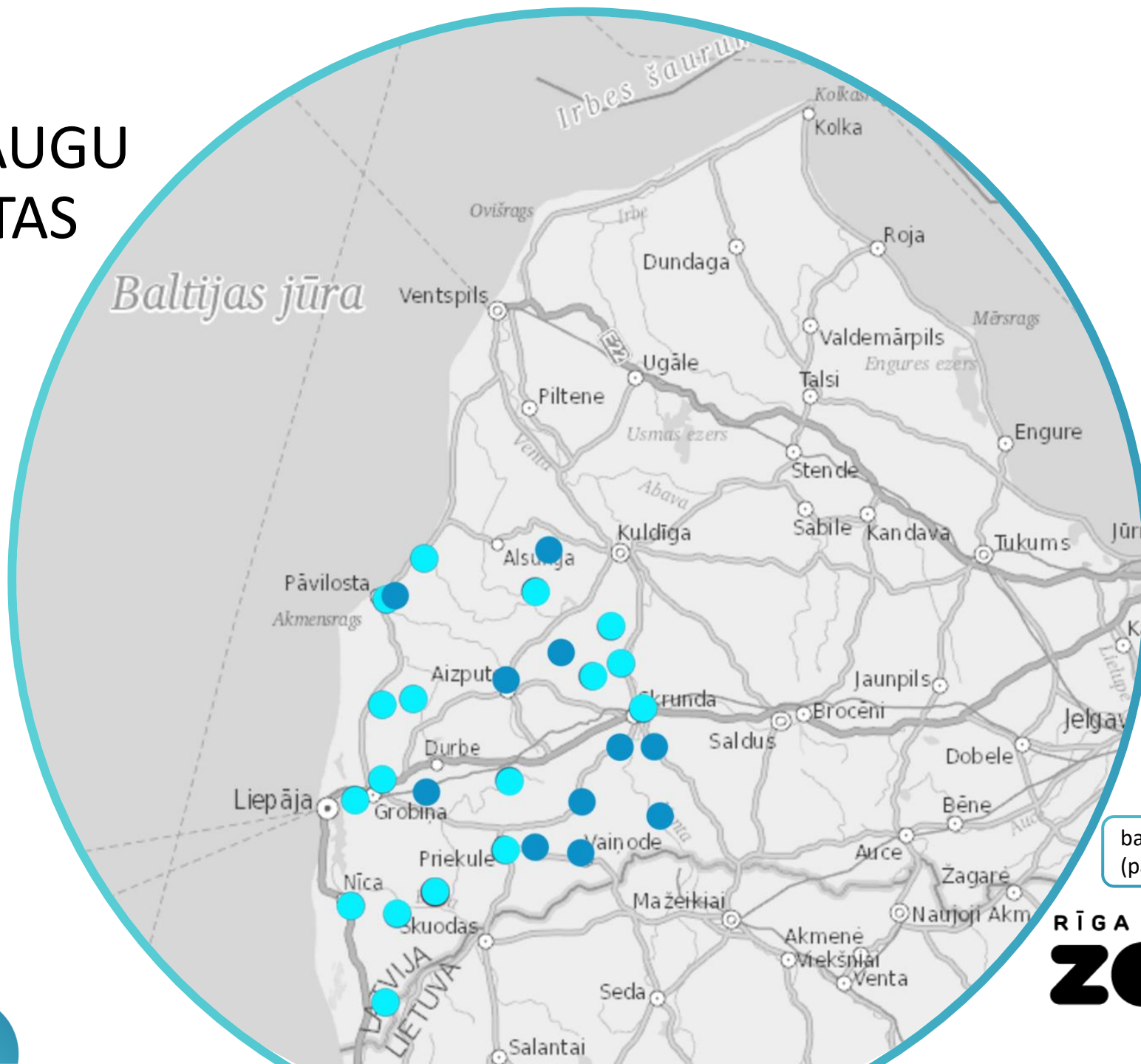
cytochrome c oxidase subunit I (COI) sekvenēšana ar
praimeriem *Chmf4* un *Chmr4*

RĪGA



ĢENĒTISKO PARAUGU IEVĀKŠANAS VIETAS

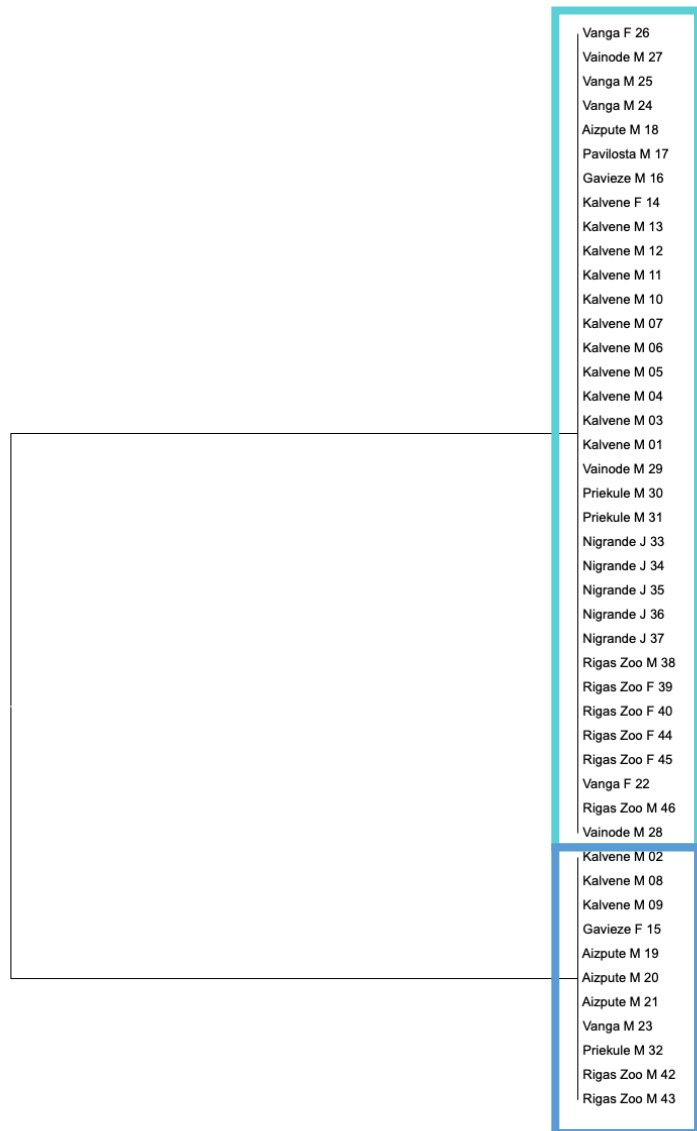
- 2021. gads
- 2023. gads



balticmaps.eu
(pārveidots)



PRIMĀRĀ FILOĢENĒTISKĀ ANALĪZE



SECINĀJUMI

- Latvijā ir ģenētiski **viena kokvaržu populācija**.
- **Divas ģenētiskās līnijas** un divi mtDNS haplotipi ar zemu diferenciāciju.
- Gandrīz pilnīga mtDNS COI **gēna vienveidība**.
- Kurzemē **nav** bijuši būtiski **ģeogrāfiskie ierobežojumi** kokvaržu izplatībai.

Birbele *et al.* 2023

PRIMĀRIE KOKVARŽU ĢENĒTISKĀS DAUDZVEIDĪBAS REZULTĀTI

- mtDNS COI gēna daudzveidības analīze (BioEdit, DnaSP).
- Zema haplotipu un ļoti zema nukleotīdu daudzveidība – zemāka nekā *H. orientalis* populācijai no Čornobiļas (UA) (Car et al. 2020).
- Tomēr mitohondriālie gēni nedod priekšskatu par neseniem ģenētiskajiem notikumiem.

Nukleotīdu daudzveidība (π)	Haplotipu daudzveidība (H_d)
0.0007	0.378

Birbele et al. 2023

GALVENIE JAUTĀJUMI UZ KURIEM TURPINĀM MEKLĒT ATBILDES

- Kāda ir Latvijas kokvaržu populācijas ģenētiskā daudzveidība?
- Kādi ģenētiskie procesi ir notikuši 30 gadu laikā?
- Vai populācijai ir nepieciešama ģenētisko līniju papildināšana?
- Kokvaržu populācija(s) Lietuvā - vai ieplūst no Latvijas?

PLĀNOTĀS ANALĪZES

- Nukleārā DNS analīze izmantojot **Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs)**.
 - Dos pilnvērtīgākus ģenētiskās daudzveidības rezultātus.
- **Morfoloģisko** datu salīdzināšana īpatņiem pirms 30 gadiem un šī gada.
 - Viena no inbrīdinga pazīmēm var būt ķermeņa izmēru izmaiņas.
 - Heterozigotātes-fitnessa korelācijas
- Potenciālās **donorpopulācijas** ģenētiskās analīzes
 - Vai izvēlētā populācija ir pietiekami ģenētiski daudzveidīga.
 - Vai ir atbilstoša suga.

**PALDIES PAR
UZMANĪBU!**

