



Hrvatsko biološko društvo 1885
SOCIETAS BIOLOGORUM CROATICA 1885
Croatian Biological Society

11. HRVATSKI BIOLOŠKI KONGRES
s međunarodnim sudjelovanjem
11th CROATIAN BIOLOGICAL CONGRESS
with International Participation
Šibenik, 16. – 21. IX 2012.



Šibenik, Katedrala Sv. Jakova (Foto Dario Žagar)



Nacionalni park Krka (Foto Sven Jelaska)

ZBORNİK SAŽETAKA

PROCEEDING OF ABSTRACTS



Hrvatsko biološko društvo 1885
SOCIETAS BIOLOGORUM CROATICA 1885
Croatian Biological Society

11. HRVATSKI BIOLOŠKI KONGRES
s međunarodnim sudjelovanjem
16. – 21. rujna 2012.
Šibenik, Hrvatska

11th CROATIAN BIOLOGICAL CONGRESS
With International Participation
16th – 21st September 2012
Šibenik, Croatia

ZBORNİK SAŽETAKA
PROCEEDING OF ABSTRACTS

Zagreb, 2012.

**ZBORNİK SAŽETAKA
11. HRVATSKOG BIOLOŠKOG KONGRESA**

**BOOK OF ABSTRACTS
OF THE 11TH CROATIAN BIOLOGICAL CONGRESS**

Urednici / Editors

Sven D. Jelaska
Göran I.V. Klobučar
Lucija Šerić Jelaska
Dunja Leljak Levanić
Žaklin Lukša

Odovorni tehnički urednici / Technical Editors in Chief

Sven D. Jelaska
Lucija Šerić Jelaska

Hrvatsko biološko društvo 1885
Croatian Biological Society

Zagreb, 2012.

ISSN 1848-5553

Ključni naslov: Zbornik sažetaka (Hrvatski biološki kongres s međunarodnim sudjelovanjem)
Skrraćeni ključni naslov: Zb. Sažet. (Hrvat. Biol. kongr. Međunar. Sudjel.)

Čagalj (*Canis aureus*) je jedina vrsta čagljeva koja obitava u Europi, gdje je rasprostranjen uglavnom na Balkanskom poluotoku. Nakon smanjenja brojnosti u prvoj polovici 20. stoljeća, čagalj je ponovno prisutan na većini svog prijašnjeg teritorija. Od 1980-tih godina populacija čaglja se širi prema zapadnoj i središnjoj Europi. U Hrvatskoj postoje dvije populacije čaglja, obalna i kontinentalna. Cilj ovog istraživanja je utvrditi genetičku raznolikost i populacijsku strukturu čaglja iz Hrvatske i Srbije. DNA je izolirana iz 57 uzoraka čagljeva (15 iz Dalmacije, 34 iz Slavonije i 15 iz Srbije). Sekvencirani su odsječci kontrolne regije mitohondrijske DNA dugi 507 pb i provedena je genotipizacija uzoraka korištenjem 16 mikrosatelitskih biljega. Mitohondrijska DNA nije pokazala raznolikost, dok je nuklearna raznolikost relativno niska (prosječna uočena heterozigotnost iznosi 0,46; a očekivana 0.54). Procjena postojanja subpopulacija provedena je pomoću Bayesovog pristupa, te je utvrđeno da postoje dvije genetički odvojene skupine. Uzorci iz Slavonije i Srbije se grupiraju zajedno, dok se uzorci iz Dalmacije odvajaju u zasebnu skupinu. Niska razina genetičke raznolikosti u skladu je sa činjenicom naglog širenja vrste, dok genetičko odvajanje kontinentalnih od obalnih uzoraka upućuje na različito geografsko porijeklo tih populacija.

Ključne riječi: *Canis aureus*, genetička raznolikost, struktura populacije, mikrosateliti, mitohondrijska DNA

GENETIC VARIABILITY AND STRUCTURE OF GOLDEN JACKAL (*Canis aureus*) AS REVEALED BY MITOCHONDRIAL DNA AND NUCLEAR MICROSATELLITE LOCI

A. Galov¹, H. Arbanasić¹, I. Bošković², T. Florijančić², E. Fabbri³, R. Caniglia³, E. Randi³

¹Department of Biology, Faculty of Science, University of Zagreb, Rooseveltov trg 6, 10000 Zagreb, Hrvatska (anagalov@biol.pmf.hr; haidi.arbanasic@zg.htnet.hr)

²Department for hunting, fishery and beekeeping, Faculty of Agriculture in Osijek, Kralja Petra Svačića 1d, 31 000 Osijek, Hrvatska (bivica@pfos.hr; flory@pfos.hr)

³Istituto Superiore per la Protezione e la Ricerca Ambientale, Sede Amministrativa ex INFS, Via Ca Fornacetta 9, 40064 Ozzano dell'Emilia (BO), Italy (elena.fabbri@isprambiente.it; romolo.caniglia@isprambiente.it; ettore.randi@isprambiente.it)

The golden jackal (*Canis aureus*) is the only jackal species occurring in Europe, and is distributed mainly in the Balkan peninsula. After its population decline over the first half of the 20th century, it re-colonized most of its former territories. Since 1980s, the population has been expanding towards western and central Europe. In Croatia, there are two populations of the golden jackal, coastal and continental. The aim of this study was to investigate genetic variability and population structure of golden jackal from Croatia and Serbia. DNA was extracted from 57 samples of golden jackals (15 from Dalmatia, 34 from Slavonia and 15 from Serbia). 507 bp long fragments of mitochondrial DNA control region were sequenced and the samples were genotyped using 16 canine microsatellite markers. We found no variation at all in the mitochondrial DNA, while nuclear variability was quite low (average observed and expected heterozygosity of 0.46 and 0.54, respectively). Bayesian clustering method identified that two population clusters best explain the genetic structure. Specimens from Slavonia and Serbia assigned to a single genetic cluster, while those from Dalmatia were assigned to another distinct genetic group. The low level of genetic variability is congruent with the recent range expansion of the species, while differentiation of continental and coastal samples indicate different geographic origin of the expanding populations.

Keywords: *Canis aureus*, genetic diversity, population structure, microsatellite, mitochondrial DNA

U-64

SRODNOST DINARSKE POPULACIJE EUROAZIJSKOG RISA (*Lynx lynx*) NA TEMELJU MIKROSATELITSKIH LOKUSA

M. Sindičić¹, T. Gomerčić¹, P. Polanc², N. Gembarovski¹, M. Đurčević¹, V. Slijepčević³, Đ. Huber¹

¹Veterinarski fakultet Sveučilišta u Zagrebu, Heinzelova 55, Zagreb, Hrvatska (magda.sindicic@vef.hr,

tomislav.gomercic@vef.hr, blondy_zg@hotmail.com, mdjurcevic@vef.hr, huber@vef.hr)

²Odjel za biologiju Biotehnoški fakultet Sveučilišta u Ljubljani, Večna pot 111, Ljubljana, Slovenija (primozpolanc@yahoo.com)

³Odjel lovstva i zaštite prirode Veleučilište u Karlovcu, J. J. Strossmayera 9, Karlovac, Hrvatska (vedran.slijepcevic@gmail.com)

Saznanja o rodoslovnim odnosima jedinki unutar populacije otvorila su nove mogućnosti za istraživanje ponašanja, evolucije i zaštite. Danas su dostupne brojne statističke metode za analizu srodnosti koje se temelje na Mendelovim zakonima. Pomoću molekularnih markera kao što su mikrosateliti možemo istražiti podrijetlo divljih životinja, što je nemoguće postići direktnim promatranjem. Euroazijski ris (*Lynx lynx*) je velika zvijer koja živi povučeno od ljudi, a istraživanje dinarske populacije risa je dodatno otežano malom veličinom populacije te zakonski zaštićenim statusom. Ovu reintrodiranu populaciju ugrožava krivolov, fragmentacija staništa, niska gustoća plijena te niska genska raznolikost zbog parenja u srodstvu. Budući parenje u srodstvu utječe na sposobnost preživljavanja, podatci o rodoslovnim odnosima izuzetno su važni za zaštitu populacije. Pomoću programa Colony, koji koristi metodu vjerojatnosti, istražili smo obiteljske odnose za 91 jedinku iz dinarske populacije risa genotipizirane na 19 mikrosatelitskih lokusa. Rekonstruirali smo pouzdano podrijetlo jedinki, poduprto s demografskim podacima i podacima o greškama prilikom genotipiziranja. Program je s najvišom vjerojatnošću potvrdio podrijetlo jedinki koje je bilo otprije poznato na temelju radiotelemetrijskih podataka te smo dobili nove podatke o srodstvenim odnosima, parenju i ponašanju dinarske populacije risa.

Ključne riječi: euroazijski ris, *Lynx lynx*, mikrosateliti, srodnost, Colony

KINSHIP OF EUARASIN LYNX (*Lynx lynx*) DINARIC POPULATION INFERRED FROM MICROSATELLITE LOCI

M. Sindičić¹, T. Gomerčić¹, P. Polanc², N. Gembarovski¹, M. Đurčević¹, V. Slijepčević³, Đ. Huber¹

¹Faculty of Veterinary Medicine University of Zagreb, Heinzelova 55, Zagreb, Croatia (magda.sindicic@vef.hr, tomislav.gomercic@vef.hr, blondy_zg@hotmail.com, mdjurcevic@vef.hr, huber@vef.hr)

²Department of Biology, Biotechnical Faculty, University of Ljubljana, Večna pot 111, Ljubljana, Slovenia (primozpolanc@yahoo.com)

³Department of Game keeping and Environmental Protection, University of applied sciences in Karlovac, J. J. Strossmayera 9, Karlovac, Croatia (vedran.slijepcevic@vuka.hr)

The ability to infer genealogical relationships among individuals in a population has opened up many areas of research in behavior, evolution and conservation. Numerous statistical methods for molecular-based kinship analysis are now available, all principally based on Mendelian inheritance. Molecular markers such as microsatellites provide an opportunity to infer pedigrees for wild populations for which relationship information would be difficult or impossible to achieve by direct methods. Eurasian lynx (*Lynx lynx*) is an elusive large carnivore, and research of Dinaric population is additionally complex due to its small population size and protected status. Reintroduced Dinaric lynx population is threatened by poaching, habitat fragmentation, low prey density and low genetic diversity due to the inbreeding. As inbreeding has a major influence on fitness, kinship data is essential for future population conservation. We used Colony, a computer program that implements full-pedigree likelihood methods to simultaneously infer sibship and parentage for 91 Dinaric lynx genotyped at 19 microsatellite loci. We reconstructed reliable pedigree, supported by demographic data and data on genotyping error. Program confirmed pedigrees previously known from radio telemetry studies with the highest probability, and also provided new data on kinship, giving new insight into mating system and behaviour of the Dinaric lynx population.

Keywords: Eurasian lynx, *Lynx lynx*, microsatellites, kinship, Colony