Głównym celem badań była wstępna weryfikacja hipotezy o zmniejszeniu zmienności genetycznej dzikiej populacji wizona amerykańskiego *Neogale vison* w południowo-wschodniej Polsce. Ponadto sprawdzono hipotezę o podobieństwie genetycznym populacji z tej części Polski z populacjami dzikich i hodowlanych wizonów ze wschodniej Polski. W związku z tym, że zwierzęta hodowlane charakteryzują się większymi rozmiarami niż osobniki dzikie analizowano również zmienność morfologiczną wizona amerykańskiego.

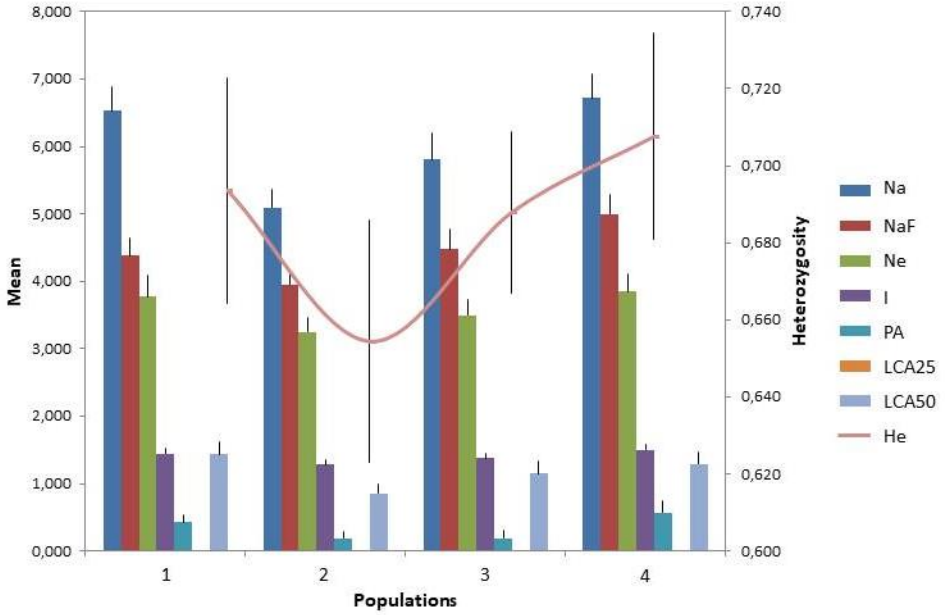
Wizony amerykańskie odławiano w pobliżu stawów rybnych, zbiorników retencyjnych, kanałów i rzek w południowej części Niziny Południowopodlaskiej, na Wyżynie Lubelskiej i Polesiu Zachodnim. Badania prowadzono we współpracy z zarządcami stawów rybnych oraz z Kołami Łowieckimi i Zarządami Okręgowymi Polskiego Związku Łowieckiego w Lublinie, Chełmie i Białej Podlaskiej oraz naukowcami z Wydziału Biologii Uniwersytetu Warszawskiego i Wydziału Medycyny Weterynaryjnej Uniwersytetu Przyrodniczego w Lublinie. Wizony odławiano w okresie od lutego do kwietnia w 2021 roku oraz od grudnia w 2021 roku do lutego w 2022 roku metodą pułapek żywołownych[1]. W sezonie badawczym 2021/22 odłowy prowadzono zarówno na nowych stanowiskach jak i na stawach rybnych, na których schwytano wizony podczas poprzedniego okresu odłowów. Na każdym obiekcie pozostawiano na co najmniej 4 noce od kilku do kilkunastu pułapek, które codziennie kontrolowano. Przynętą w pułapkach były ryby pozyskane z gospodarstwa rybackiego. Zmienność morfologiczna wizona amerykańskiego została określona na podstawie pomiarów długości i masy ciała[2]. Zmienność genetyczna schwytanych zwierząt została określona na podstawie analizy 21 markerów jądrowego DNA[3]. Pozyskano próbki z 33 wizonów amerykańskich (24 samce i 9 samic), w tym od czterech osobników o nietypowym ubarwieniu futra (dwa szare samce, brązowo-beżowy samiec, czarno-biała samica). Uzyskane wyniki zostały porównane ze strukturą genetyczną dzikich wizonów amerykańskich z północno-wschodniej Polski (30 osobników), środkowej Wisły (18 osobników) oraz z hodowlanymi wizonami amerykańskimi z południowo-wschodniej Polski (29 osobników). Analizy genetyczne wykonano w laboratorium Instytutu Biologii Ssaków Polskiej Akademii Nauk w Białowieży.

Zakres zmienności masy i długości ciała schwytanych wizonów, podobnie jak u innych dzikich populacji wizona amerykańskiego był mocno zróżnicowany[2]. Masa i długość ciała schwytanych samców i samic wynosiła odpowiednio: 830-1800 g (średnia ± SE, 1289,5 ± 68,5 g), 39,5-55,0 cm (średnia ± SE, 42,5 ± 0,7 cm) oraz 350-770 g (663,3 ± 44,8 g), 33,0-40,0 cm (36,1 ± 0,7 cm). Wśród trzech najcięższych samców były dwa osobniki o nietypowym ubarwieniu, które ważyły 1750 g i 1800 g. Masa ciała badanych samców była większa niż u samców z Polski północno-wschodniej (średnio 1020 g, zakres: 650-1450 g). Natomiast masa ciała samic była dwukrotnie niższa niż samców i zbliżona do danych z Polski północno-wschodniej (średnio 620 g, zakres: 450-900 g)[4]. Z kolei, wizony hodowlane ważą co najmniej dwukrotnie więcej niż schwytane zwierzęta (średnio samce - 3100 g, samice - 1800 g)[5]. Uzyskana średnia długość ciała była typowa dla dzikich wizonów. Średnia długość ciała różnych dzikich populacji występujących w Polsce wynosiła 39,9-46,9 cm u samców i 34,1-39,8 cm u samic[2]. Natomiast hodowlane wizony amerykańskie osiągają długość ciała 48-68 cm (średnio 52,1 cm) u samców i 40-50 cm (średnio 44 cm) u samic[6].

Przeprowadzone badania genetyczne schwytanych wizonów nie potwierdziły hipotezy o zmniejszeniu się zmienności genetycznej zbadanej populacji. Całkowita liczba alleli na locus (Na) u wizonów amerykańskich z terenu badań wahała się od 4 (Mvi027, Mvi072) do 11 (Mvi099), przy czym średnia liczba alleli (±SE) wyniosła 6,5 ± 0,4. Natomiast w porównywanych populacjach dzikich i hodowlanej całkowita liczba alleli na locus wahała się od 2 do 11, a średnia liczba alleli na locus wynosiła od 5,1 ± 0,3 (środkowa Wisła) do 6,7 ± 0,4 (wizony hodowlane) (ryc. 1.). Uzyskane dla badanych wizonów wskaźniki genetyczne takie jak średnia liczba efektywnych alleli na locus (Ne = 3,768 ± 0,323), indeks Shannona (I = 1,445 ± 0,077), oczekiwana heterozygotyczność (He = 0,694 ± 0,029) również osiągnęły wartości pośrednie w porównaniu z pozostałymi populacjami (ryc. 1.). Analiza dystansu genetycznego pomiędzy porównywanymi populacjami wizonów wykazała, że zbadane wizony amerykańskie różnią się od wizonów z północno-wschodniej Polski oraz zwierząt hodowlanych, natomiast są podobne do populacji ze środkowej Wisły (ryc. 2.). Struktura genetyczna ośmiu schwytanych wizonów wskazywała na ich przynależność do populacji nadwiślańskiej (ryc. 3, poziom 3, zielony klaster), wśród których cztery wizony zostały schwytane w dolinie Wisły, a kolejne cztery wizony pochodziły ze stawów położonych w dolinach dolnych odcinków rzek będących dopływami Wisły.

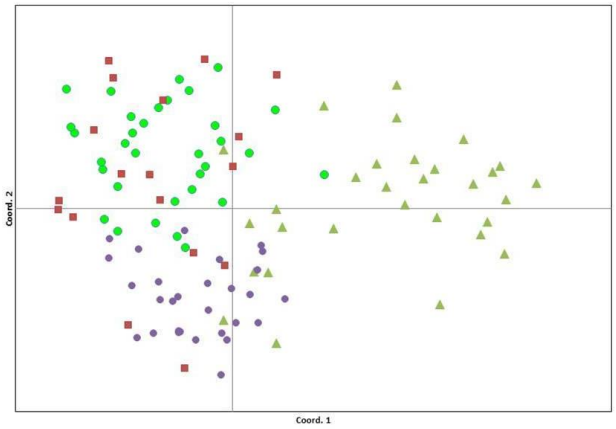
Analiza struktury genetycznej pozyskanych osobników wizona amerykańskiego z Polski południowo-wschodniej wykazała, że stanowią one odrębną grupę genetyczną na skutek krzyżowania się osobników migrujących z różnych kierunków. Profile genetyczne zbadanej populacji oraz osobników z Polski północno-wschodniej różnią się diametralnie. Największe podobieństwo genetyczne stwierdzono z populacją pochodzącą ze środkowej Wisły. Wysokie zróżnicowanie genetyczne zbadanych wizonów świadczy o występującym napływie nowych osobników, który odbywa się prawdopodobnie z dwóch kierunków. Zbadany obszar został częściowo skolonizowany przez wizony migrujące dopływami Wisły w kierunku wschodnim. Z kolei wyróżniająca się populacja z Polesia Zachodniego mogła powstać w wyniku migracji wizonów zza wschodniej granicy Polski.

Realizacja działania naukowego umożliwiła rozwój współpracy z Instytutem Biologii Ssaków Polskiej Akademii Nauk w Białowieży, co wpłynęło na poszerzenie wiedzy na temat biologii inwazyjnych gatunków ssaków i nabycie nowych doświadczeń z zakresu genetyki populacyjnej i metod badawczych ssaków. Zaplanowano dalszą współpracę podczas przygotowywania i realizacji projektu badawczego będącego kontynuacją badań dotyczących mechanizmów kolonizacji obszarów przez wizona amerykańskiego. Planowane jest również rozpoczęcie wspólnych badań dotyczących biologii innego gatunku inwazyjnego jakim jest szop pracz *Procyon lotor*.

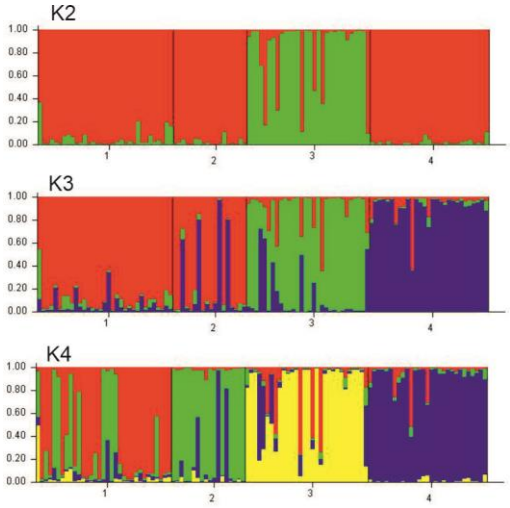


Parametry:
Na – liczba alleli, NaF – liczba alleli o frekwencji ≥ 5%, Ne – efektywna liczba alleli, I – indeks Shannona, PA – liczba prywatnych alleli, LCA25 – liczba alleli wspólnych o frekwencji ≤ 25%, LCA50 – liczba alleli wspólnych o frekwencji ≤ 50%, He – oczekiwana heterozygotyczność.

Ryc. 1. Wskaźniki zróżnicowania genetycznego trzech populacji dzikich wizonów amerykańskich z terenu badań (1), środkowej Wisły (2), północno-wschodniej Polski (3) i wizonów hodowlanych (4).



Ryc. 2. Analiza głównych współrzędnych (PCoA) na podstawie dystansu genetycznego pomiędzy czterema populacjami wizona amerykańskiego: dzikie osobniki z terenu badań (zielone kółka), środkowej Wisły (kwadraty), północno-wschodniej Polski (trójkąty) i wizony hodowlane (fioletowe kółka).



Ryc. 3. Wyniki analizy w programie STRUCTURE przedstawiające rozmieszczenie i udział klastrów mikrosatelitarnego DNA (K = 4) czterech populacji: dzikich wizonów amerykańskich z terenu badań (1), środkowej Wisły (2), północno-wschodniej Polski (3) i hodowlanych wizonów (4).

[1]Brzeziński M. et al. 2019. Biol. Invasions 21: 531-545; [2]Zalewski A., Bartoszewicz M. 2012. Biol. J. Linnean Soci. 105: 681-693; [3]Zalewski A. et al. 2016. PLoS ONE 11(6): e0157972; [4]Zalewski A., Brzeziński M. 2014. Norka amerykańska. Biologia gatunku inwazyjnego; [5]Gugołek et al. 2013. J. Anim. Physiol. Anim. Nutr. 97: 1030–1035; [6]Pagh et al. 2019. PLoS ONE 14(11): e0224559.