

# Czy przesiedlenia zwierząt są zasadne z punktu widzenia zarządzania populacją? Na przykładzie jelenia szlachetnego *Cervus elaphus* i daniela *Dama dama*

Zbigniew Borowski, Kamil Krysiuk, Marek Pudelko

**Abstrakt.** Przesiedlanie osobników różniących się fenotypem i/lub genotypem od zwierząt z lokalnej populacji jest zabiegiem mającym na celu poprawę jakości osobniczej lub zmianę struktury genetycznej miejscowej populacji. W Polsce przesiedleniom podlegały m. in. dwa gatunki zwierzyny grubej: jelen szlachetny i daniel. W przypadku obu wymienionych gatunków głównym celem przesiedleń było poprawienie jakości osobniczej byków. Warto więc zadać pytanie o zasadność takich działań, zarówno w kontekście poprawy jakości osobniczej, zmian w strukturze genetycznej populacji, jak i ochrony różnorodności genetycznej tych populacji. Na podstawie badań struktury genetycznej polskich populacji jelenia szlachetnego i daniela wyciągnięto następujące wnioski: (1) Zróżnicowanie genetyczne pomiędzy poszczególnymi lokalizacjami w populacji jelenia rozmieszczonymi na terenie całej Polski jest niewielkie, natomiast w obrębie lokalizacji stwierdzono wysoką zmienność genetyczną. Taki wzór przestrzennej zmienności genetycznej w obrębie populacji jelenia z dużym prawdopodobieństwem ilustruje wpływ historycznych przesiedleń na obecną strukturę populacji tego gatunku. Dlatego bezcelowe wydaje się wsiedlanie nowych osobników celem zwiększenia zmienności genetycznej lokalnych populacji i poprawy jakości osobniczej w populacjach tego gatunku. (2) Daniele wykazują niewielką zmienność genetyczną we wszystkich żyjących w Polsce populacjach, dlatego też wsiedlać powinno się wyłącznie osobniki pochodzące ze zróżnicowanych genetycznie populacji.

**Słowa kluczowe:** jelen szlachetny, daniel, jakość osobnicza, przesiedlania, zarządzanie zwierzyną, zróżnicowanie genetyczne

**Abstract.** Does animal translocations make a sense from the wildlife management point of view? On the red deer *Cervus elaphus* and fallow deer *Dama dama* deer examples. Animal's translocation which differ in their phenotype and/or genotype from local population is an important conservation tool increasingly used to augment declining populations or quality of local population (phenotypic or genetic). In Poland two main deer species were translocated: the red and fallow deer. The main goal of such activity was to improve the stags' individual quality. Despite its wide use and importance, we should ask the question regarding the level of efficiency of this activity, especially regarding the improving stags quality, change in the genetic structure of the population and protection of genetic biodiversity. Based on results from intensive study on genetic structure of Polish red and fallow deer populations we concluded that: 1) Population of red deer is characterised by highly variable genetic

structure, where the main source of this variation originated from intra-population level. That is why red deer translocation does not make a sense. 2) The fallow deer populations in Poland show low genetic variability that is why only individuals from populations characterized by high genetic variability should be translocated.

**Key words:** red deer, fallow deer, individual quality, translocations, game management, genetic variance

## Wstęp

Właściwe zastosowanie zabiegu przesiedlania zwierząt może przynieść wymierne korzyści zarówno w ochronie przyrody, jak i gospodarce, jednakże niewłaściwie jego użycie może przyczynić się do destabilizacji lokalnych ekosystemów. Według definicji zaproponowanej przez Międzynarodową Unię Ochrony Przyrody (IUCN), przesiedlania są to “celowe przemieszczenia żywych organizmów z jednego miejsca i wypuszczenie ich na wolność w innym miejscu” (IUCN, 1987). Czynności te były w przeszłości i są w chwili obecnej prowadzone przez człowieka z trzech podstawowych powodów: reintrodukcji, introdukcji i polepszenia jakości osobniczej lokalnej populacji. Na wstępie chcielibyśmy wyjaśnić znaczenie wyżej wymienionych pojęć, niosą one bowiem zupełnie odmienne skutki dla środowiska. Reintrodukcja jest wprowadzaniem gatunku na tereny, na których już wcześniej występował, ale z różnych przyczyn nie występuje w chwili obecnej. Introdukcja natomiast to wprowadzenia gatunku poza ramy jego naturalnego zasięgu występowania tak, że dla ekosystemów, do których się go wprowadza, jest to gatunek nowy. Trzecią i ostatnią przyczyną jest zwiększenie liczebności lokalnych populacji poprzez zasilenie ich nowymi osobnikami pochodzącymi z innych populacji i/lub hodowli lub też zwiększenie różnorodności genetycznej populacji poprzez wsiedlenie nowych genotypów.

Przykładami udanych reintrodukcji zwierząt są m. in. programy dotyczące takich gatunków jak: bóbr *Castor fiber*, żubr *Bison bonasus*, bizon *Bison bison*, koziorożec pirenejski *Capra pyrenaica*, czy kozica pirenejska *Rupicapra pyrenaica*. Natomiast jeżeli chodzi o introdukcję, to dotyczą one m. in. takich gatunków jak: daniel *Dama dama*, jeleni sika *Cervus nippon*, królik *Oryctolagus cuniculus* i bażant *Phasianus colchicus*, które nie są i nigdy nie były składnikami naszej rodzimej fauny. Dobrym przykładem przesiedleń mających na celu poprawę jakości lokalnych populacji były przesiedlenia jelenia szlachetnego, które odbywały się na terenie całej Europy w tym także Polski. Zabiegi te miały charakter zasilenia miejscowych (nisko-liczebnych) populacji dodatkowymi osobnikami, a w konsekwencji (choć wtedy nie brano tego faktu pod uwagę) także odmiennym genotypem.

W dalszej części pracy chcielibyśmy zawęzić zagadnienie dotyczące przesiedleń do dwóch gatunków: jelenia szlachetnego i daniela, celem przedyskutowania znaczenia i sensowności takich działań w Polsce. Jak już wcześniej wspomniano dwa w/w gatunki pełnią odmienne role w naszych ekosystemach, jeleni szlachetny jest gatunkiem rodzimym, stanowi więc naturalny składnik tych ekosystemów, podczas gdy daniel był i wciąż jest gatunkiem obcym inrodukowanym w Polsce. Dlatego też historia obecności tych gatunków w Polsce i dynamika liczebności ich populacji jest zupełnie inna.

## Historia występowania jelenia w Polsce

Jeleń w naszym kraju od średniowiecza był jednym z głównych gatunków łownych i aż do XVII w. uznawany był za zwierzynę pospolitą. Z niewiadomych dzisiaj przyczyn od końca XVIII do początku XIX w. liczebność tego gatunku zaczęła drastycznie spadać tak, że w XIX w. na ziemiach polskich jelenie występował wyłącznie na zachód od Wisły. Równocześnie ze spadkiem liczebności jelenia rozpoczęto proces reintrodukcji tego gatunku poprzez przesiedlenia, w trakcie których przesiedlano jelenie z różnych miejsc Europy. Na przykład na tereny Warmii i Mazur przesiedlono jelenie z Węgier, okolic Poczdamu, Berlina oraz Romnit. Podobnie sytuacja przedstawiała się w innych częściach obecnej Polski. Akcja przesiedlania jeleni przyniosła oczekiwane rezultaty i liczebność tego gatunku zaczęła szybko rosnąć, jednakże kłusownictwo występujące w okresie I i II wojny światowej ponownie zredukowało liczebność tego gatunku w Polsce. W związku z tym na początku lat 50. rozpoczęto ogólnopolską akcję przesiedlania jeleni, która trwała do lat 60 XX w. W trakcie powojennej reintrodukcji jelenia przesiedlono 1027 osobników (Dzięgielewski 1970). Liczebność tego gatunku systematycznie rosła w całym kraju. W roku 2000 oficjalne statystyki podawały stan populacji tego gatunku na 117 tys. osobników, a w roku 2011 już na 195 tys. (GUS Leśnictwo/Łowiectwo, 2012).

## Historia występowania daniela w Polsce

Daniel od średniowiecza był hodowany w Polsce w zagrodach i zwierzyńcach, introdukcje na większą skalę rozpoczęto w naszym kraju dopiero w drugiej połowie XIX i na początku XX wieku. Po II wojnie światowej przesiedlano osobniki z przegęszczonych populacji w zachodniej i północnej części kraju do środkowej i wschodniej Polski. Pomimo tego, liczebność daniela wciąż była niska, na przykład w 1972 r. wynosiła 2573 osobniki, a w roku 1990 około 5400 osobników (Włodek 1979). Dopiero w ostatnich latach gatunek ten wykazuje w Polsce tendencję wzrostową, a liczebność daniela w oficjalnych statystykach przekracza 27 tys. osobników (GUS Leśnictwo/Łowiectwo, 2012). Obecnie mniej lub bardziej licznie występuje on na większości terenów naszego kraju poza obszarem wschodniej i północno-wschodniej Polski. Największe populacje występują w Polsce zachodniej, w województwach: wielkopolskim, kujawsko-pomorskim i warmińsko-mazurskim. Należy przy tym pamiętać, że poza wolno żyjącą populacją mamy też w Polsce daniela trzymane w hodowlach zamkniętych celem uzyskania materiału do dalszych zasiedleń lub też do produkcji mięsa.

## Sterowanie jakością populacji

Sterowanie jakością populacji jeleniowatych można prowadzić na kilka sposobów. Jednym z nich jest sterowanie genotypem populacji (tzw. „odświeżanie krwi”), czyli kojarzenie spokrewnionych zwierząt z osobnikami niespokrewnionymi. W wyniku kojarzenia krewniaczego często dochodzi bowiem do obniżenia jakości fenotypowej jednej lub większej liczby cech, a nawet do degeneracji (Nowicki 1985, Nowicki & Kosowska 1995). Pomimo iż w zootechnice „odświeżanie krwi” jest zabiegiem skutecznym i powszechnie stosowanym (Nowicki 1985), to jednak możliwość skutecznego stosowania tego zabiegu w przypadku zwierząt łownych jest bardzo słabo poznana. Ponieważ jakość populacji w gospodarowaniu łowieckim jest jednym z celów zarządzania, „dosiedlanie” do populacji osobników z zewnątrz (o wyższej jakości osobniczej), mogłoby być ważnym narzędziem poprawy jakości zwierzyny.

## Zasadność wsiedleń

Spśród dwóch omawianych gatunków daniel wydaje się być idealnym przykładem zwierzęcia, na którym skuteczność odświeżania krwi można przetestować. Ze względu na fakt, iż drastyczne zmniejszenie liczebności tego gatunku na skutek ostatniego zlodowacenia, mogło pozostawić trwałe ślady genetyczne w postaci ograniczenia różnorodności genetycznej. Można zatem przypuszczać, że obecna struktura genetyczna populacji danieli jest słabo zaznaczona, dlatego też umożliwia stosunkowo łatwą obserwację potencjalnego wpływu „odświeżania krwi” na jakość populacji. Natomiast populacja jelenia szlachetnego w naszym kraju jest bardzo liczna i nadal rośnie, prawdopodobnie nie grozi jej więc drastyczny spadek liczebności, jak to miało miejsce w przeszłości. Jednym z argumentów za wsiedlaniem osobników tego gatunku jest chęć polepszenia jakości osobników w miejscowej populacji. Argument ten dotyczy się samców, które są oczekiwanym i cenionym trofeum, a których jakość osobniczą zawęża się do dwóch zaledwie parametrów: masy poroża i masy ciała. W przypadku daniela natomiast sytuacja jest diametralnie inna. Lokalne populacje tego gatunku w Polsce są nie tylko niskoliczebne, ale też cechują się niską zmiennością genetyczną, co potencjalnie prowadzić może do ich degeneracji w wyniku kojarzenia krewniaczego (tzw. inbrodu). Powstaje więc pytanie (pomijając fakt, że daniel jest gatunkiem obcym) o biologiczny sens podejmowania wsiedleń obu w/w gatunków w naszym kraju. Aby odpowiedzieć na to pytanie posłużono się wynikami badań genetycznych przeprowadzonych na polskich populacjach jelenia szlachetnego i daniela (Borowski et al. 2010, Borkowski & Pudełko 2011).

## Wyniki badań

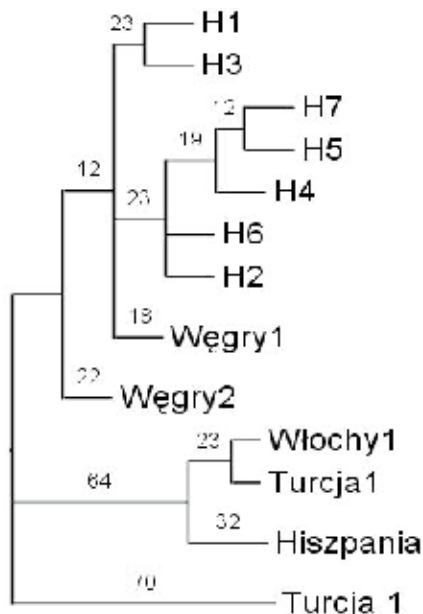
Do zweryfikowania opisanych we wstępie założeń posłużono się wynikami badań genetycznych przeprowadzonych nad strukturą genetyczną populacji jelenia i daniela w naszym kraju (Borowski et al. 2010, Borkowski & Pudełko 2011). W przypadku jelenia próby genetyczne pochodziły od 827 osobników pozyskanych z 40 lokalizacji rozmieszczonych w całym zasięgu występowania tego gatunku w Polsce. Do oznaczenia pokrewieństwa zastosowano markery DNA mikrosatelitarnego (jądrowego), analizę struktury genetycznej populacji jeleni wykonano przy użyciu program SAMOVA ver. 1.0 (Dupanloup et al. 2002), który określa podobieństwo między populacjami bazując zarówno na zróżnicowaniu genetycznym, jak i dystansie pomiędzy porównywanymi populacjami obliczonym ze współrzędnych geograficznych porównywanych populacji. Najbardziej zróżnicowany podział zmienności genetycznej populacji jelenia otrzymano w momencie, gdy wszystkie osobniki rozdzielono pomiędzy 12 oddzielnych populacji (Borowski et al. 2010). Jak wynika z tabeli 1 na zmienność genetyczną populacji jelenia w niewielkim stopniu wpływa zmienność pomiędzy grupami (populacjami), stanowi bowiem jedynie 3.82% ogólnej zmienności. Zmienność pomiędzy populacjami w obrębie grupy także nie jest wysoka 1.80%, natomiast największa zmienność występuje w obrębie populacji 94.37%.

Analizując daniela zebrano tkanki od 150 osobników pochodzących z 14 lokalizacji rozmieszczonych na terenie całego kraju. Do analiz wykorzystano region kontrolny DNA (CR mtDNA) o długości 660 par zasad, który dziedziczony jest w linii matczynej i służy przede wszystkim do porównania dystansu genetycznego pomiędzy populacjami. Do skonstruowania drzewa filogenetycznego wybrano model HKY, wskazany przez program MODELTEST na podstawie posiadanych sekwencji mtDNA. Drzewo filogenetyczne skonstruowano metodą łączenia najbliższych sąsiadów (NJ) (ryc. 1).

**Tab. 1.** Wyniki SAMOVY oszacowane dla dwunastu wydzielonych populacji (Borowski et al. 2010)  
*Table 1. Results from SAMOVA model calculated for twelve obligatory created populations (Borowski et al. 2010)*

Źródło zmienności	Suma d.f.	Komponent kwadratów zmienności		Procent zmienności
Pomiędzy grupami	11	28255.442	26.55806 Va	3.82
Pomiędzy populacjami w obrębie grup	29	34959.290	12.53474 Vb	1.80
W obrębie populacji	1597	1046864.609	655.51948 Vc	94.37
Łącznie	1637	1110079.341	694.61228	

Do skonstruowania drzewa porównano mtDNA otrzymane z polskich populacji daniela z mtDNA należącym do danieli o wyraźnie odmiennych haplotypach. Były to odcinki mtDNA danieli pochodzących z Turcji, Węgier, Włoch i Hiszpanii (na dendrogramie oznaczone kolejno, Turcja1, Turcja2, Węgry1, Węgry2, Włochy1, Hiszpania). Wszystkie wyżej wymienione odcinki mtDNA pochodziły z zasobów GeneBanku numery dostępu: AM279272, AM419027 (Fejardo 2007) oraz artykułu (Masseti 2006). Otrzymane wyniki wykazały największe podobieństwo polskich danieli do danieli pochodzących z Węgier. Wykazały też odrębność pomiędzy danielami pochodzącymi z Polski oraz danielami z Turcji, Włoch oraz Hiszpanii.



**Ryc. 1.** Dendrogram ilustrujący pokrewieństwa między badanymi haplotypami danieli w Polsce. Cyfry obok gałęzi oznaczają wskaźniki bootstrapu dla poszczególnych węzłów  
*Fig. 1. Phylogenetic relationships of the control region mtDNA haplotypes. Numbers on branches indicate bootstrap support for neighbour-joining (10,000 replicates) and maximum likelihood (100 replicates for CR) algorithms*

## Dyskusja

Jednym z podstawowych założeń przesiedleń jeleni obok restytucji gatunku była chęć polepszenia jakości osobniczej byków poprzez poprawę jakości osobników w populacji. W tym celu do populacji, w których planowano polepszenie jakości osobniczej byków przesiedlano osobniki pochodzące z populacji, w których osiągały one dużą masę ciała i masę wieńców. Pomimo iż brak jest udokumentowanych wyników takich działań, wiele osób zajmujących się dziś łowiectwem wierzy, że działania takie mogą istotnie poprawić jakość osobniczą w populacjach jeleni. Pomijają przy tym fakt ogromnej dysproporcji pomiędzy możliwą do przesiedlenia liczbą zwierząt, a liczebnością miejscowej populacji wskazujący, iż przy obecnych stanach liczebnych jeleni nie ma najmniejszych szans na sukces takich działań. Istnieją opracowania wskazujące, iż to środowisko życia (a nie genotyp!), odgrywa główną rolę w kształtowaniu fenotypu osobnika. Dobrym przykładem jest tutaj eksperyment przeprowadzony w Szkocji, w którym przesiedlono osobniki pewnego gatunku gryzonia – nornika burego (*Microtus agrestis*) z oddalonych od siebie miejsc znajdujących się w odmiennej fazie cyklu liczebności populacji i różniących się między innymi kondycją (masą ciała) żyjących tam osobników (Ergon et al. 2001). Po pewnym czasie od wsiedlenia osobniki pochodzące z populacji, różniących się masą ciała, upodobniły się zewnętrznie do lokalnej populacji. (zob. plastyczność fenotypowa). Na jakość osobniczą byków może mieć wpływ zarówno presja selekcyjna (Coltman et al. 2001), jak i jakość środowiska i klimat (Post et al. 1999). Wydaje się, iż obserwowane w Polsce wysokie zróżnicowanie struktury genetycznej lokalnych populacji jelenia jest efektem przesiedleń, które zaburzyły naturalną strukturę genetyczną jego populacji. Jak wynika z analiz, za zmienność genetyczną polskich populacji jelenia szlachetnego odpowiedzialne jest przede wszystkim wysokie wewnątrzpopulacyjne zróżnicowanie, znacznie przewyższające różnice występujące pomiędzy populacjami.

Analizując zasadność przesiedleń nie można zapomnieć o ważnej kwestii jaką jest zależność pomiędzy genotypem a szeroko rozumianą jakością osobniczą. Jak już wspomniano w gospodarce łowieckiej największą uwagę poświęca się samcom, czyli bykom pod kątem dwóch cech, na podstawie których uznaje się arbitralnie ich jakość: masy ciała i masy poroża, choć jak wskazuje Moyes et al. (2009) jakość osobnicza jest cechą niezwykle złożoną. W przeprowadzonych badaniach, ze względu na analizy sekwencji neutralnych niekodujących i nie podlegających selekcji, nie można było przyporządkować konkretnej cechy osobniczej do konkretnego genu lub kompleksu genów. Ponadto w wolno-żyjących populacjach dużych ssaków bardzo trudno jest określić pokrewieństwo pomiędzy osobnikami i na tej podstawie oszacować odziedziczalność danej cechy. Dla zilustrowania siły związku pomiędzy genotypem a fenotypem posłużono się więc wartościami odziedziczalności masy poroża oszacowanymi dla jelenia szlachetnego przez innych badaczy. Odziedziczalność w trzech analizowanych na świecie populacjach waha się w przedziale od 0,27 do 0,36 (Wang et al. 1999, van den Berg & Garrick 1997, Kruuk et al. 2002). Oznacza to, że komponent genetyczny odpowiedzialny jest w 30% za odziedziczenia przez syna masy poroża po rodzicach (samice również przekazują geny odpowiedzialne za poroże). Na pozostałe 70% prawdopodobieństwa wpływ mają inne niż genetyczne czynniki, takie jak jakość środowiska, klimat i inne. Wpływ środowiska na fenotyp byków jest na tyle silny, że środowiskowe zmiany zwiększają nawet dymorfizm płciowy u tego gatunku. Badania przeprowadzone przez Posta et al. (1999) wykazały, iż zjawisko ocieplania się klimatu (w kontekście cieplejszych zim) wpływa na szybszy wzrost byków i osiąganie przez

nie większych rozmiarów ciała, podczas gdy u łań proces ten powodował odwrotną zależność. Wydaje się więc, że to środowisko ma największy wpływ na jakość i historię życiowe osobników, znacznie większy niż komponent genetyczny (Ergon et al. 2001). Dlatego też próby przesiedlania jeleni z populacji, w których osobniki (samce) cechują się wysoką jakością do słabych jakościowo populacji nie mają naukowej podstawy. Nawet gdyby odziedziczalność cech jakościowych była znacznie wyższa, niż wskazują cytowane wyżej badania, to liczba osobników, które należałoby wpuścić do wysoko liczebnych populacji, przewyższa z pewnością dostępne możliwości logistyczne i finansowe.

Prezentowane wyniki analiz genetycznych w polskiej populacji danieli wskazują na stosunkowo niewielkie zróżnicowanie linii matczynych (CR mtDNA). W trakcie badań stwierdzono zaledwie 7 haplotypów daniela, podczas gdy w populacji jelenia szlachetnego w naszym kraju stwierdzono aż 35 haplotypów (Borowski et al. 2010). Jednakże niewielka liczba haplotypów danieli w Polsce wydaje się zrozumiała, z uwagi na fakt, iż niewielkie zróżnicowanie linii matczynych występuje w całej europejskiej populacji tego gatunku (Poetsch et al. 2001, Say et al. 2003) oraz w populacjach daniela introdukowanych w Australii i na Tasmanii (Webley et al. 2006). Populacja tego gatunku na świecie wywodzi się bowiem od niewielkiej liczby osobników. Usytuowanie wszystkich linii matczynych występujących w Polsce danieli w jednej grupie razem z populacjami węgierskimi (ryc. 1) wyraźnie wskazuje na kraj, z którego przesiedlano zwierzęta te do Polski. Wydaje się to o tyle oczywiste, że Węgry również obecnie są jednym z najważniejszych krajów, z których sprowadza się daniela do naszego kraju. Dzieje się tak głównie dlatego, że Węgry uznaje się za kraj, w którym gatunek ten osiąga „optimum rozwoju osobniczego” (Włodek 1979), czyli z łowieckiego punktu widzenia, miejsce, w którym samce osiągają wymiary optymalne pod względem trofeów. Niestety, ze względu na fakt, iż w zasobach GeneBanku brak jest danych genetycznych danieli pochodzących z Czech i Słowacji, nie można było stwierdzić na ile przesiedlenia z tych krajów miały wpływ na charakterystykę genetyczną danieli w Polsce. Niewykluczone zatem, że część osobników wsiedlanych w Polsce pochodziła właśnie z tych krajów, jednakże jak wskazują badania Włodka (1979) daniela w Czechach i na Słowacji wywodzą się głównie z populacji węgierskich.

## **Wnioski**

Stosowanie przesiedleń celem polepszenia jakości osobniczej w polskiej populacji jelenia szlachetnego wydaje się bezzasadne.

W przypadku daniela ograniczona pula genowa spowodowana historią naturalną tego gatunku może negatywnie wpływać na jego jakość osobniczą. Dlatego ewentualne przyszłe wsiedlenia należałoby poprzedzać analizą struktury genetycznej miejscowych populacji oraz tych, z których przesiedlane będą daniela. Znaczne podobieństwo genetyczne obu grup danieli pozbawia planowany zabieg większego sensu.

Należy przy tym pamiętać, że daniel wciąż jest gatunkiem obcym w naszej faunie, a przeprowadzone ostatnio w kilku miejscach Europy badania (Dolman & Wäber 2008) wskazują na potencjalny negatywny wpływ danieli na populacje saren.

## Literatura

- Apollino M. 1999. *Dama dama* (Linnaeus, 1758). W: Mitchell-Jones A.J., Amori G., Bogdanowicz W., Krystufek B., Reijnders P.J.H., Spitzenberger F., Stubbe M., Thissen J.B.M., Vohralík V. & Zima J. The atlas of European mammals. T. & A.D. Poyser Natural History, London: 1-484.
- Bobek B., Morow K., Perzanowski K., Kosobucka M. 1992. Jeleń. Monografia przyrodnicza. Wydawnictwo Świat, Warszawa, 200 ss.
- Borkowski J., Pudelko M. 2011. Wpływ danieli pochodzących z hodowli zamkniętej w Nadleśnictwie Brzeziny na jakość osobniczą i strukturę genetyczną populacji tego gatunku w miejscu ich wsiedlenia. Dok. Nauk. IBL, Sękocin Stary, ss.63.
- Borowski Z., Borkowski J., Krysiuk K., Ratkiewicz M., Świsłocka M. 2010. Charakterystyka genetyczna wybranych populacji jelenia szlachetnego jako podstawa przyszłych przesiedleń. Dok. Nauk. IBL, Sękocin Stary, ss.64.
- Coltman D. W., Festa-Bianchet M., Jorgenson J. T., Strobeck C. 2001. Age-dependent sexual selection in bighorn rams. Proc. R. Soc. London B, 269: 165-172.
- Dolman P. M., Wäber K. 2008. Ecosystem and competition impacts of introduced deer. Wildlife Research 35(3): 202-214.
- Dupanloup, I., Schneider, S. & Excoffier L. 2002. A simulated annealing approach to define the genetic structure of populations. Molecular Ecology, 11: 2571-2581.
- Dzięgielewski S. 1970. Jeleń. Państwowe Wydawnictwo Rolnicze i Leśne, ss. 200.
- Ergon T, Lambin X and Stenseth NC. 2001. Life-history traits of voles in a fluctuating population respond to the immediate environment. Nature 411, 1043-1045.
- Fejardo V., Gonzalez I., Lopezcalleja I., Martin I., Rojas M., Hernandez P. 2007. Identification of meats from red deer (*Cervus elaphus*), fallow deer (*Dama dama*), and roe deer (*Capreolus capreolus*) using polymerase chain reaction targeting specific sequences from the mitochondrial 12S rRNA gene. Meat Science.
- IUCN, I.U.f.C.o.N., 1987. Position Statement on the Translocation of Living Organisms: Introductions, Reintroductions, and Re-stocking. Species Survival Commission in collaboration with the Commission on Ecology and the Commission on Environmental Policy, Law and Administration, Gland, Switzerland.
- Łowiczw, 2012. Ważniejsze zwierzęta łowne, stan na 31 marca. Główny Urząd Statystyczny – Leśnictwo, ss. 118.
- Masetti M, Cavallaro A., Pecchioli E. & Vernesi C., 2006. Artificial occurrence of the fallow deer, *Dama dama dama* (L., 1758), on the island of Rhodes (Greece): insight from mtDNA analysis. Human Evol. 21: 167-175.
- Moyes K., Morgan B. J. T., Morris A., Morris S. J., Clutton-Brock T. H., Coulson T. 2009. Exploring individual quality in a wild population of red deer. J. Anim. Ecol. 78: 406-413.
- Mysterud A., Langvatn R., Yoccoz N. G., Stenseth N. Chr. 2001. Plant phenology, migration and geographical variation in body weight of a large herbivore: the effect of a variable topography. J. Anim. Ecol. vol. 70, issue 6, ss.915.
- Nowicki B. 1985. Genetyka i metody doskonalenia zwierząt. PwLiL Warszawa, ss. 511.
- Nowicki B., Kosowska B. 1995. Genetyka i podstawy hodowli zwierząt. PWRiL Warszawa, ss. 407.
- Poetsch M, Seefeldt S, Maschke M, Lignitz E., 2001. Analysis of microsatellite polymorphism in red deer, roe deer, and fallow deer — possible employment in forensic applications. For. Science International, 116, 1-8.
- Post E., Langvatn R., Forchhammer M. C., Stenseth N. C. 1999. Environmental variation shapes sexual dimorphism in red deer. Proc. Natl. Acad. Sci., 96: 4467-4471.
- Say L., F. Naulty F. i Hayden T.J., 2003. Genetic and behavioural estimates of reproductive skew in male fallow deer. Mol. Ecol. 12, 2793-2800.
- van den Berg G. H. J., Garrick D. J. 1997. Inheritance of adult velvet antler weights and live weights in farmed red deer. Livest. Prod. Sci., 49: 287-295.



- Wang Z., Yang R. C., Goonewardene L. A., Huedepohl C. 1999. Genetic analysis of velvet antler yield in farmed elk (*Cervus elephus*). *Can. J. Anim. Sci.*, 79: 569-571.
- Webley, L.S., Zenger, K.R., Hall, G.P. & Cooper, D.W. 2006. Genetic structure of introduced European fallow deer (*Dama dama dama*) in Tasmania, Australia. *European Journal of Wildlife Research*, vol. 53(1), pp. 40-46.
- Włodek K. 1979. Historia rozprzestrzeniania się daniela europejskiego w czasach nowożytnych i jego rozmieszczenie na świecie. *Przegląd Zoologiczny* 23: 84-91.

**Zbigniew Borowski<sup>1</sup>, Kamil Krysiuk<sup>2</sup>, Marek Pudelko<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>Zakład Ekologii Lasu, Instytut Badawczy Leśnictwa

<sup>2</sup>Katedra Genetyki i Ogólnej Hodowli Zwierząt,

Wydział Nauk o Zwierzętach SGGW

z.borowski@ibles.waw.pl