

Kokkuvõte

Lendorav (*Pteromys volans*) on öise eluviisiga taimtoiduline pisiimetaja, kes Euroopa Liidu aladest elutseb vaid Soome ja Eesti aladel. Nende arvukus on viimaste aastakümnete jooksul suuresti langenud tänu tänapäevasele metsandusele. Lendorav vajab pesapaigana vanade puude õõnsusi, mille lähedal peavad paiknema kuused. Kuid kuna sobivaid pesapaiku on vähe ning inimtegevuse tagajärjel sobivad elupaigad satuvad isolatsiooni, on lendorav hävimisohus ja seetõttu looduskaitse all, kuuludes I kategooria kaitsealuste liikide hulka.

Lendoravate geneetilist analüüsi kirjeldavad vähesed publikatsioonid. Suurem osa uuringuid on läbi viidud Soome lendoravate populatsiooniga ning kirjeldavad invasiivselt kogutud lihaskoe proovidel põhinevaid geneetilisi analüüse. Sellest tulenevalt oli käesoleva töö eesmärgiks välja selgitada kas mitteinvasiivselt kogutud väljaheiteproovid sobivad lendoravate geneetilise mitmekesisuse hindamiseks ja geneetilise eristumise tuvastamiseks DNA analüüsi kaudu. Selleks koguti Eestist ja Soomest lendoravate proovid, mida kasutati nii tuumse kui ka mitokondriaalse DNA analüüsimiseks ning Eesti ja Soome lendorava asurkondade geneetilise eristumise tuvastamiseks ja geneetilise varieeruvuse hindamiseks.

Teadmata aja looduslikes tingimustes olnud lendorava ekskrementidest ja Euroopa naaritsa värsketest väljaheiteproovidest eraldatud DNA kvaliteedi ja kvantideedi suhtes ei ilmnenud olulisi erinevusi. Võrreldes referentsjärjestustega ilmnemise lendoravate proovides kahe mitokondriaalse markeri, D-lingu ja CytB analüüsil nukleotiidierinevused vastavalt 27 ja 8 positsioonis. D-lingu piirkonna suurem varieeruvus võrreldes CytB piirkonnaga on kooskõlas varasemalt publitseeritud andmetega. Omavahel erinesid D-lingu järjestuste võrdlusel 4 Eesti ja 1 Soome proov ning CytB korral vaid üks Soome proov. Seega võib Eesti ja Soome populatsioonide isendeid pidada mtDNA tasemel geneetiliselt sarnasteks, kuid tuleb arvestada, et käesolevas töös oli Soome populatsiooni isendite arv väga väike (5 isendit).

Analüüsitud 38 lendorava proovist tuvastati mtDNA järjestustes võimalik heteroplasmia esinemine viies erinevas proovis ning seitsmes erinevas positsioonis. Varasemalt ei ole meile teadaolevalt heteroplasmia esinemist lendoravate mtDNA järjestuses kirjeldatud.

Kõik kolm uuritud tuumset mikrosatelliitset lookust (Pvol41, Pvol74 ja PvolE1) osutusid nii Eesti kui ka Soome lendoravapopulatsioonis polümorfseteks. Kõrvalekalle Hardy-Weinbergi seadusest esines lookuses Pvol41, mille korral tuvastati ka inbriiding. Keskmised esinenud

heterosügootsused (0,8222 Eesti populatsioonis, üks Soome populatsioonis) näitavad kõrget geneetilist mitmekesisust Eesti ja Soome lendoravapopulatsioonis, välja arvatud lookuse Pvol41 korral. F_{IS} ja F_{IT} väärtused olid negatiivsed, mis näitab, et isendite heterosügootsus on kõrgem alampopulatsioonide ja kogupopulatsiooni heterosügootsusest. Küllaliski madal keskmine F_{ST} väärtus (0,0526) näitab, et populatsioonidevaheline geneetiline mitmekesisus võrreldes kogupopulatsiooniga on madal. Samas tuleb saadud tulemustesse, eriti tuumsete markerite osas, suhtuda ettevaatlikkusega, kuna analüüsitud isendite arvud olid väga madalad ja eriti tuumsete markerite analüüsi tulemuslikkus ei olnud ühtlane.

Lendorava (*Pteromys volans*) kaitse tegevuskava (2016) kohaselt on edasiste uuringute eesmärgiks teha kindlaks Eesti lendoravapopulatsiooni suurus ja killustatus ning määrata Eestis elava lendorava võimalik alamliik. Samuti on plaanis võrrelda Eesti, Soome ja Venemaa lendoravate geneetilist erinevust ning selle põhjal hinnata, kas naaberaladelt pärit isendeid oleks võimalik kasutada Eesti lendoravapopulatsiooni tugevdamiseks. Uuringuteks on vaja koguda Eestis vähemalt saja looma proovid ning naaberaladelt vähemalt 30, võimalusel kuni 100 proovi. Käesolev töö jätkub multipleks PCR ja teise põlvkonna sekveneerimismeetodi rakendamisega lendorava geneetilises analüüsis.