

LANDSCAPE GENETICS APPLIED TO A RECOVERING OTTER (*LUTRA LUTRA*) POPULATION IN THE UK: PRE-LIMINARY RESULTS AND POTENTIAL METHODOLOGIES

GEOFFREY I. HOBBS^a, ELIZABETH A. CHADWICK,
FRED M. SLATER, MICHAEL W. BRUFORD

Cardiff University, CF10 3TL, Wales, UK

^aCorresponding author: Hobbsgi@cardiff.ac.uk

ABSTRACT - The Eurasian otter (*Lutra lutra*) has declined significantly across its European range. In the UK, the decline was particularly severe during the late 1950's and early 1960's, and by the mid 1970's the population was largely confined to strongholds in parts of Scotland, Northern Ireland, mid and West Wales and south west England. In recent years the otter population has started to recover, with otter surveys confirming an increased distribution of otters in Wales, Scotland and England. In England, population expansion and recolonisation is believed to be occurring both through breeding and by dispersal, from the west (south west England and the Welsh borders) and from the north (Scotland). However, little is known about the degree of genetic loss due to the decline, potential barriers to recolonisation, routes of dispersal, or the contribution of reintroduction programmes to population increases. This project aims to use tissues collected since 1994 (complete with geographic location) from over 500 otters found dead on roads in Wales and England, to analyse the genetic diversity and structure of otter populations. Using molecular genetic analysis of the otter population, we will identify whether and when bottlenecks occurred, whether population decline has resulted in a loss of genetic variability, and to what degree. Preliminary analysis from 177 otters has shown that observed is generally lower than expected heterozygosity, and that the population is in Hardy Weinberg equilibrium for 11 out of the 15 loci. Spatial patterns in genetic data will be analysed, to identify clines, isolation by distance and genetic boundaries to gene flow, the contribution of released animals will also be assessed. Geographical information systems (GIS) will be used to map spatial genetic patterns and to generate hypotheses about the potential cause of genetic boundaries such as landscape or environmental features.

Key words: *Lutra lutra*, microsatellites, spatial genetic patterns, barriers to dispersal, genetic variation

RIASSUNTO – *La genetica del paesaggio applicata allo studio di una popolazione di Lontra (*Lutra lutra*) in fase di espansione nel Regno Unito: risultati preliminari e metodologie potenziali.* Le popolazioni di Lontra (*Lutra lutra*) sono significativamente diminuite in tutto il loro areale europeo. Nel Regno Unito il declino è stato particolarmente severo nell'ultima parte degli anni '50 ed all'inizio degli anni '60, e a metà degli anni '70 la popolazione era sostanzialmente confinata in alcune aree della Scozia, nord Irlanda, Galles centrale ed occidentale, ed Inghilterra del sud-ovest. In anni più recenti la popolazio-

ne di Lontra ha iniziato a ri-espandersi, come indicato dai censimenti che hanno confermato la maggior presenza di lontre in Galles, Scozia ed Inghilterra. L'espansione e la ricolonizzazione in Inghilterra potrebbe essere sostenuta sia dalla riproduzione che dalla dispersione da ovest (dall'Inghilterra del sud-ovest e dai confini col Galles), e da nord (Scozia). Tuttavia si conosce poco circa il declino di diversità genetica dovuto alla contrazione demografica, alle potenziali barriere alla ricolonizzazione, le vie di dispersione, o il contributo dei programmi di reintroduzione all'incremento della popolazione. Scopo di questo progetto è di usare tessuti raccolti fin dal 1994 (completi di localizzazioni geografiche) da più di 500 carcasse di lontre raccolte a seguito di incidenti stradali in Galles ed Inghilterra, per analizzare la diversità genetica e la struttura delle popolazioni. Tramite analisi genetiche molecolari, ci si propone di identificare se e quando si siano stati *bottlenecks*, se il declino della popolazione abbia prodotto perdite di variabilità genetica, ed in quale misura. Analisi preliminari da 177 lontre hanno mostrato che l'eterozigosi osservata è generalmente minore dell'attesa, e che la popolazione è in equilibrio di Hardy-Weinberg per 11 su 15 loci. Si analizzeranno i *patterns* spaziali dei dati genetici, al fine di identificare clini, isolamento per distanza e flusso genico. Si identificherà anche l'eventuale contributo di lontre rilasciate. Sistemi informatici geografici (GIS) saranno usati per mappare i pattern geografici e per generare ipotesi sulle cause potenziali di barriere genetiche quali componenti ambientali o paesaggistiche.

Parole chiave: *Lutra lutra*, microsatelliti, *pattern* genetici spaziali, barriere al *dispersal*, variazione genetica