

Recentní výskyt a dynamika vlka obecného v Západních Karpatech

Miroslav Kutal^{1,2}, Barbora Černá Bolfíková³, Martin Duřa^{1,2}, Leona Kutalová², Michal Bojda² Michal Kalaš⁴, Tomáš Flajs⁴, Ľuboslav Hrdý⁵, Peter Drengubiak⁶ Sabina Nowak⁷, Robert Mysłajek⁸, Michał Figura⁷ & Pavel Hulva^{9,10}

Adresy:

¹ Lesnická a dřevařská fakulta, Mendelova univerzita v Brně, Zemědělská 3, 613 00 Brno, ČR; miroslav.kutal@hnutiduha.cz

² Hnutí DUHA Olomouc, Dolní náměstí 38, 779 00 Olomouc, ČR

³ Fakulta tropického zemědělství, Česká zemědělská univerzita v Praze, Kamýcká 129, 165 00 Praha, ČR

⁴ Správa NP Malá Fatra, Hrnčiarska 197, 1303 Varín, SR

⁵ Fatranský spolok, P. O. Hviezdoslava 516, 01303 Varín, SR

⁶ Správa CHKO Kysuce, U Tomali 1511, 022 01 Čadca, SR

⁷ Stowarzyszenie dla Natury „WILK“, Twardorzeczka 229, 34-324 Lipowa

⁸ Institute of Genetics and Biotechnology, Faculty of Biology, University of Warsaw, ul. Pawińskiego 5a, 02-106 Warszawa, Poland

⁹ Přírodovědecká fakulta Univerzity Karlovy, Viničná 7, 128 43 Praha, ČR

¹⁰ Přírodovědecká fakulta, Ostravská univerzita, Chittussiho 10, 170 00 Ostrava, ČR

Abstract

Grey wolf (*Canis lupus*) has recovered its population in Kysce and Orava region in the Western Carpathians, Slovakia, in 1980's, but the species has not been locally studied in detail, although it is a subject of legal hunting in the region. Field mapping of tracks and scat, howling records, extensive camera trapping and genetic monitoring was used to assess the species distribution, reproduction events and pack dynamics in years 2011–2017. Reproduction was confirmed in 10 of 13 squares of 10 × 10 EEA grid, two squares were evaluated as permanently occupied without reproduction and one square as sporadically occupied. In total, 13 reproduction events were recorded since summer 2012. Number of pups in six well-documented events varied between 2 and 6 (avg. $3,7 \pm 1,5$). We identified 55 unique genotypes in 65 successfully analysed samples using genetic profiles on 18 microsatellite loci (55 scat and 10 tissue samples mostly from hunted individuals). Kinship analyses revealed seven closely related groups of 2–12 individuals, most likely corresponding to pack members. The members of the same packs were

sampled 1–3 years before they were replaced by other unrelated individuals. Although number of samples analysed during 5-year period (2011–2015) was rather low, preliminary results indicate a high turn-over in the population. Since hunting was the main source of the known mortality in the study area, we discuss the impact of hunting on pack dynamic. More intensive sampling of population is needed to access the pack structure and to study processes taking place at local and regional level.

Úvod

Přestože Západní Karpaty jsou územím velmi atraktivním z hlediska výskytu velkých šelem a zajímavým pro studium jejich soužití s lidmi v kulturní krajině, vlkům na okraji jejich trvalého rozšíření na Slovensku zatím nebyla věnována dostatečná pozornost.

Trvalá přítomnost vlků je v oblasti Západního Slovenska zaznamenávána od počátku 80. let 20. století (Hell, 2003), ovšem podrobnější studie ze zájmového území s ambicí odhadnout charakter výskytu, počet smeček či frekvenci reprodukce byly zatím prováděny jen v omezené míře (Kutal et al., 2016). To je z velké části způsobeno obtížností studia šelmy s nízkou populační hustotou a rozsáhlými teritorii. Vzhledem k tomu, že vlk je ohrožovaný řadou antropogenních faktorů včetně legálního lovu, je monitoring založený na věrohodných datech nezbytnou podmínkou managementu, aby bylo zajištěno, že se populace je životaschopná a nachází se tzv. příznivém stavu z hlediska ochrany (*favorable conservation status*).

Cílem příspěvku je vyhodnotit současný výskyt vlka obecného a přispět k poznání současného stavu vlčí populace na okraji Západních Karpat pomocí kombinací tradičních i moderních metod, jako je neinvazivní vzorkování populace, molekulárně-genetické analýzy a využití fotopastí. Tyto nástroje umožňují zdokumentovat rozmnožování, identifikovat jedince či poznat příbuzenské vztahy v populaci.

Metodika

Zájmové území

Zájmové území zahrnuje horské celky Kysucké Beskydy, Kysucká vrchovina, Oravská Magura a Kriváňská Malá Fatra o rozloze zhruba 950 km². Většina terénních prací proběhla na území CHKO Kysuce a mimo území NP Malá Fatra, ale vzhledem k přímé návaznosti parku na Oravskou Maguru a Kysuckou vrchovinu hodnotíme výskyt vlka i pro Malou Fatru.

Lesnatost zájmového území je 65% a většinu porostů tvoří hospodářsky využívané lesy, pouze nepatrná část je chráněna v přírodních nebo národních přírodních rezervacích, mimo území národního parku je v rezervacích chráněno jen zhruba 8 km², tedy méně než 0,9% plochy zájmového území (1,3% z plochy lesů).

Západní Karpaty jsou pod silným antropogenním tlakem lidí. Na území CHKO Kysuce a NP Malá Fatra leží 25 obcí, kde v roce 2016 žilo 60 tis. obyvatel (Štatistický úrad SR, 2017). Průměrná hustota obyvatelstva je 72 obyvatel na 1 km².

Sběr materiálu

Terénní výzkum probíhal od zimy 2010/2011 do zimy 2016/2017 zejména pomocí monitoringu pobytových znaků, záznamů hlasových projevů (vytí) a extenzivního použití fotopastí. Od zimy 2010/2011 proběhlo 351 terénních pochůzek, kdy bylo zaznamenáno 630 pobytových znaků vlka (nejčastěji trus a stopní dráhy), 23 hlasových projevů (vytí) a 11 přímých pozorování. Od léta 2012 byly pro sledování používány fotopasti, každoročně na 4–40 lokalitách, při kterých bylo získáno 896 záběrů vlků. Některé záběry byly získány díky souběžně probíhajícímu fotomonitoringu rysů, část fotopastí byla však instalována na specifická místa využívaná jako místa průchodu vlků nebo shromaždiště, kde se v průběhu srpna-září zdržují vlčata.

Při vyhodnocení charakteru výskytu byla využita data za posledních pět let (od zimy 2012/2013 do zimy 2016/2017), aby byla zachována stejná metodika (SPOIS 2017), využitá i při hodnocení výskytu rysa ostrovida a rozčlenění na tyto kategorie výskytu: sporadický, trvalý bez reprodukce a reprodukce (detailnější popis v Duřa et al., toto vydání).

Izolace DNA a amplifikace markerů

Pro genetické analýzy bylo využito 134 neinvazivních vzorků (většinou trusu), které byly získány v rámci terénního monitoringu a 10 tkáňových vzorků z legálního odstřelu nebo nalezených mrtvých jedinců. Vzorky byly uchovány v čistém 96% ethanolu a po převozu do laboratoře skladovány při -20°C. Genomická DNA byla izolována pomocí QIAamp DNA Stool Mini Kitu (Qiagen), DNA Blood and Tissue Kitu (Qiagen), nebo Genomic DNA Mini Kit Tissue kitu (Geneaid).

Jako genetické markery byly použity jaderné mikrosatelity. Jedná se o úseky DNA tvořené opakováním velmi krátkých sekvenčních motivů (nejčastěji 2–4 báze). Příslušné lokusy mají v přírodě velkou délkovou variabilitu, protože mají vysokou mutační rychlost, a jsou proto vhodné pro analýzy populační struktury, genealogických vztahů a individuální identifikaci. Byl použit Canine Genotypes™ Panel 1.1 (Finnzymes), který obsahuje 18 mikrosatelitových lokusů (AHTk211, CXX279, REN169O18, INU055, REN54P11, INRA21, AHT137, REN169D01, AHTTh260, AHTk253, INU005, INU030, FH2848, AHT121, FH2054, REN162C04 AHTTh171 a REN247M23). V kitu jsou obsaženy primery pro amplifikaci amelogeninu, jaderného genu, který má různě dlouhé varianty na X a Y chromozomu a dá se proto použít k určení pohlaví.

Analýza dat

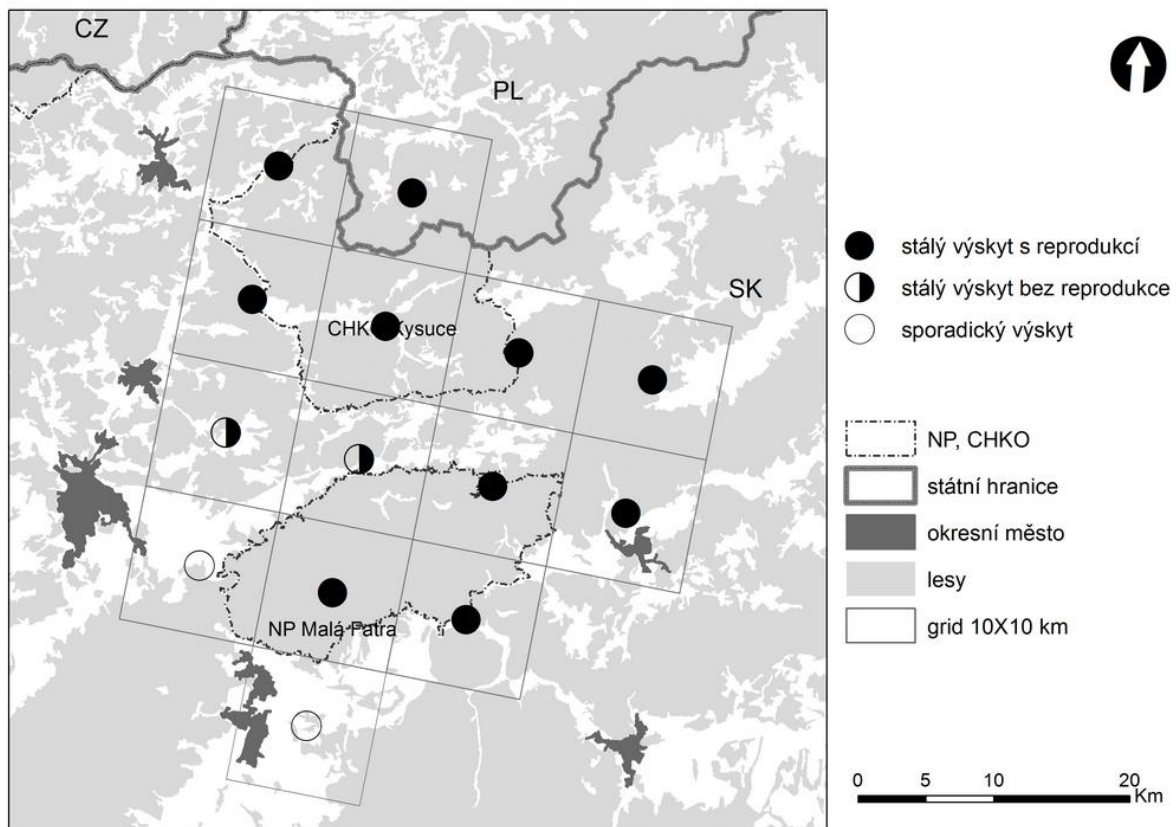
Pro správné určení genotypu jedince byl použit tzv. „multiple-tubes approach“ (Adams and Waits, 2007; Taberlet, 1996), kdy každý vzorek byl amplifikován několikrát nezávisle na sobě. Vzorek, který se nepodařilo amplifikovat ve dvou nezávislých PCR (polymerázová řetězová reakce) na celkem osmi mikrosatelitových lokusech, byl z analýzy vyřazen. Všechny ostatní vzorky byly na každém lokusu amplifikovány nejméně dvakrát a nejvíce osmkrát. Heterozygotní genotyp byl potvrzen, pokud byl pozorován nejméně ve dvou amplifikacích, homozygotní genotyp byl potvrzen po nejméně třech pozitivních opakováních. Pokud se genotyp nepodařilo získat po osmi opakováních na více než dvou lokusech, byl vzorek též vyřazen. Pro sestavení genotypu tedy bylo potřeba alespoň 86 % úspěšně amplifikovaných lokusů.

Výskyt nulových alel a dalších potenciálních artefaktů v mikrosatelitových datasetech byl analyzován v programu MicroChecker 2.2.3 (Van Oosterhout et al., 2004). Za účelem zjištění spolehlivosti zvolených markerů pro bezpečnou identifikaci jedinců byly v programu Cervus (Kalinowski et al., 2007) identifikovány shodné genotypy a následně byla zjištěna genealogická struktura populací.

Teritoria smeček (blízce příbuzných jedinců) jsme odhadovali v případě, že jsme měli k dispozici genetická data z více než 5 lokalit. Vytvořili jsme minimální konvexní polygon (MCP) na základě pozic všech jedinců z téže smečky. Velikost těchto MCP se pohybovala od 22 do 52 km² a protože bylo zřejmé, že několik bodů neumožňuje sestavit reálnou velikost vlčího teritoria, která se například v Tatrách pohybovala od 146–191 km² (Findo and Chovancová, 2004), vytvořili jsme kolem MCP obalovou zónu o šířce 2 km, která slouží ke věrohodnější vizualizaci, není však ambicí odhadovat přesnou velikost teritoria.

Výsledky

Při hodnocení výskytu v kvadrátech 10 × 10 km byla reprodukce potvrzena v 10 z 14 kvadrátů, trvalý výskyt bez reprodukce a sporadický výskyt vždy ve dvou kvadrátech (Obr. 1). Kombinací záznamů vytlí a dat z fotopastí se podařilo v zájmovém území od léta 2012 prokázat celkem 13 reprodukčních událostí. 5 v Kysuckých Beskydách, 3 v Kysucké vrchovině, 2 v Oravské Maguře 3 na Malé Fatře. V 7 případech bylo možné pomocí fotopastí se značnou jistotou určit počet mláďat, který se pohyboval od 2 do 6 (průměrně 3,7 ± 1.5).



Obr. 1. Charakter výskytu vlka obecného v zájmovém území na základě dat od 1.5.2012 do 30.4.2017.

Genotyp se podařilo získat u 55 neinvazivních vzorků (40% úspěšnost) a 10 tkáňových vzorků (100%), ve kterých bylo celkem identifikováno 55 různých jedinců. Analýzy ukázaly celkem 7 blízce příbuzných skupin (vztah rodič-potomek nebo sourozenecký vztah) o velikosti od dvou do 12 jedinců (Tab. 1, Obr. 2). Tyto skupiny považujeme za členy stejné smečky. U devíti jedinců byl zjištěn vztah dalšího stupně k některým z identifikovaných skupin, tři jedinci nevykázali příbuznost k žádnému vlku ze sledovaného území. Pouze jeden z pěti vlků, kteří byli zjištěni více než jednou, byl vzorkován v různých letech (samec ze smečky *Javorinka*, který emigroval na území smečky *Malá Rača*, Obr. 2). Blízce příbuzné skupiny byly identifikovány během čtyř let a považujeme je tedy za příslušníky téže smečky.

V Kysuckých Beskydách byla reprodukce věrohodně prokázána v létě 2012 a 2013 a předpokládáme, že toto území obývala smečka *Malá Rača*. Její členové byly v předpokládaném jádrovém území teritoria (v širším okolí Velké Rači) zjištěni naposledy v listopadu 2013. V lednu 2014 zde byli zjištěni jiní dva blízce příbuzní jedinci (smečka *Šrubitá*) a v létě 2014 zde byla opět potvrzena reprodukce, ovšem jiné smečky (*Horská smrčina*). Jeden z potomků smečky *Malá Rača* byl ještě v listopadu 2014 zjištěn v severní části někdejšího teritoria této smečky.

V oblasti Kysucké vrchoviny byla pomocí fotopastí a záznamů vytí potvrzena reprodukce v létě 2012, 2013 a 2014. Genetické analýzy zde od března 2011 až do října 2013 identifikovaly skupinu 8 blízce příbuzných jedinců, o kterých předpokládáme, že byli členové stejné smečky *Javorinka*. V zimě 2015 zde byly nalezeny stopní dráhy 5 jedinců, ovšem genetický vzorek ukázal na příbuznost se členy zcela jiné smečky (*Malá Rača*). Od léta 2015 v Kysucké vrchovině reprodukce nebyla potvrzena a v území nebyl nikdy později nalezen žádný další vzorek, který by vykazoval blízkou příbuznost s touto smečkou. Mezi březnem 2012 a březnem 2013 jsme zaznamenali rozptýl jedince D454 z této smečky do Kysuckých Beskyd (Obr. 2).

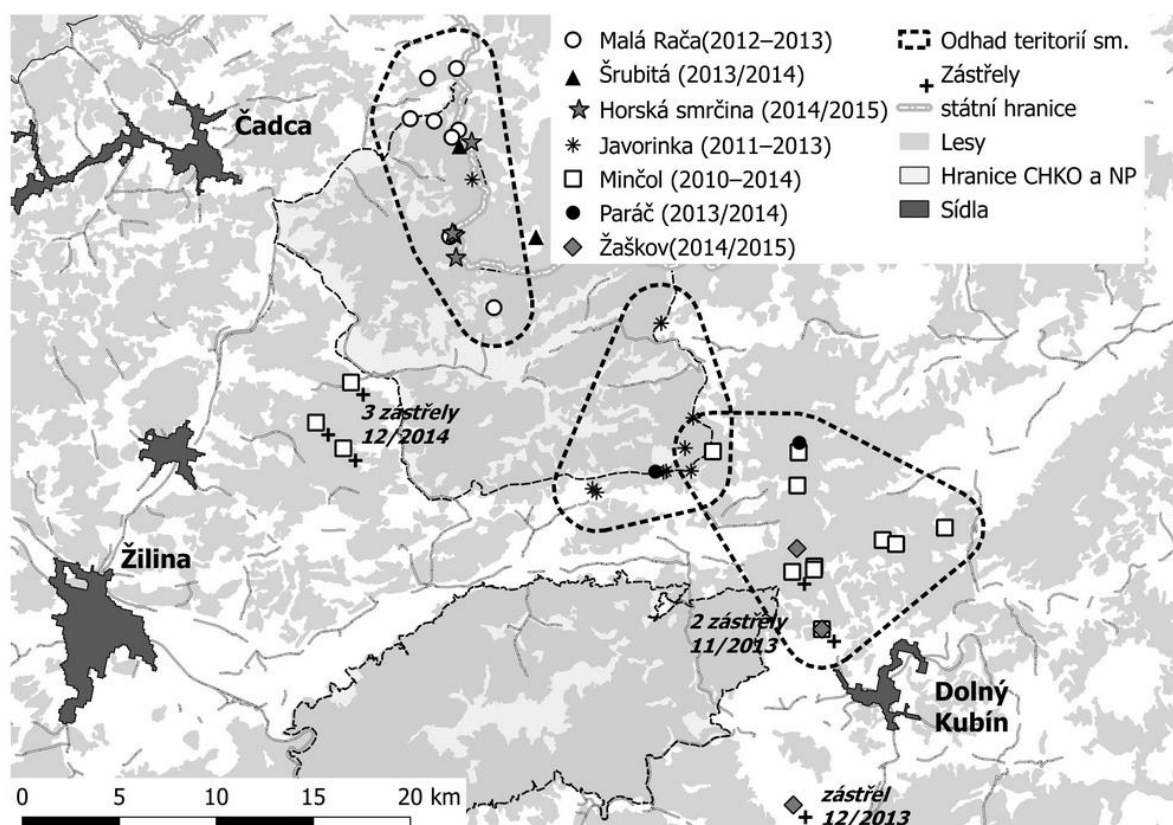
Na Oravské Maguře byla od února 2011 do března 2013 identifikována skupina celkem 9 blízce příbuzných jedinců *Minčol* (včetně 2 jedinců identifikovaných z tkáňových vzorků z legálního odstřelu v roce 2013). Tato skupina vykazovala vzdálenějšího příbuzenské vazby ke smečce *Javorinka*. Reprodukce zde byla potvrzena jen v létě 2012 a 2013. Je zajímavé, že 3 vlci legálně odstřeleni v západní části Kysucké vrchoviny (v prosinci 2014) vykazovali blízký příbuzenský vztah se členy této smečky. Na Oravské Maguře byli v zimě 2013/2014 identifikováni ještě dvě jiné skupiny blízce příbuzných vlků – v severní (*Paráč*) a jižní části (*Žaškov*).

V oblasti Malé Fatry se pomocí fotopastí podařila potvrdit reprodukce vlků v letech 2014–2016. V roce 2015 byl prokázán výskyt 2 dospělých a 3 vlčat a v roce 2016 se v dané oblasti pohybovala smečka v počtu 3 dospělých a 6 vlčat. Na základě nalezených četných pobytových znaků, zaznamenaných přímých pozorování (2011) lze předpokládat, že zde docházelo k reprodukci i v předchozích letech. Z Malé Fatry se nepodařilo získat žádný genotyp, příbuzenský vztah s dalšími smečkami tak není známý.

Tab. 1 Geneticky identifikované skupiny blízce příbuzných jedinců a v Západních Karpatech v letech 2011–2015

Smečka	Období	n
<i>Malá Rača</i>	1/2012–11/2013	7
<i>Šrubitá</i>	1/2014	2
<i>Horská smrčina</i>	7/2014–11/2014	3
<i>Javorinka</i>	3/2011–10/2013	8
<i>Minčol</i>	2/2011–3/2013	9*
<i>Paráč</i>	2–5/2014	2
<i>Žaškov</i>	12/2013–11/2014	3

* Tři vlci blízké příbuzní s touto smečkou byli uloveni v prosinci 2014 v západní části Kysucké vrchoviny (Obr. 2)



Obr. 2. Skupiny blízké příbuzných jedinců a odhadovaná teritoria tří smeček s vyšším počtem vzorkovaných jedinců (bližší v Tab. 1). Byl zaznamenán přesun jedince ze smečky *Javorinka* do teritoria smečky *Malá Rača* mezi 3/2012 a 3/2013).

Diskuze

Západní okraj Karpat sahající od Kysuckých Beskyd až po Oravskou Maguru a Malou Fatru byl ve sledovaném období oblastí trvalého výskytu a rozmnožování vlků, což je v souladu dřívějšími distribučními mapami ze Slovenska (Kaczensky et al., 2013) které však nebyly založeny na prokazatelných datech, zejména o reprodukci.

Předběžné výsledky genetických analýz naznačují, že se jedná o velmi dynamické území s velkou fluktuací jedinců. Bohužel získaný počet vzorků není dostatečný k tomu, abychom mohli odhadovat přesnou početnost nebo sestavit rodokmeny. Například Stenglein et al. (2011) doporučuje pro dostatečné vzorkování všech jedinců ve smečce o velikosti 5–8 jedinců 50–100 vzorků.

Pravděpodobná doba perzistence smeček v zájmovém území trvala pouhé 1–3 roky. V oblasti Bělověžského pralesa na severovýchodě Polska rodičovské páry fungovaly 1–4 roky, zpravidla do té doby, než došlo k zabití jednoho z rodičů v důsledku lovu a pytláctví (Jedrzejewski et al., 2005). V Severní Americe byla ztráta rodičovského páru v 77% případech příčinou rozpadu smečky – především u málo početných smeček (Borg et al., 2014). Převzít úlohu jednoho z rodičovského páru může některý z dalších příslušníků smečky (Jedrzejewski et al., 2005). V naší studii jsme rodičovské páry nebyli schopni přesně identifikovat, ale je zřejmé, že doba jejich perzistence vzhledem k celkovým změnám ve struktuře smeček byla stejně nebo velmi pravděpodobně ještě kratší než v jiných studiích.

Legální odstřel v zájmovém území je nepochybně jedním z hlavních zdrojů mortality. Pokud předpokládáme populační hustotu vlka podobnou jako v polské části zájmového území (Beskid Żywiecki), tedy 1.7 ± 2.5 jedinců /100 km² (Nowak et al., 2008), tak v širší oblasti Kysuc a Oravy, kde v průměru dochází k odstřelu 9,1 jedinců/ročně, legální lov tvoří 30–44% z odhadované populace (Kutal et al., 2016). Také menší velikost smeček na slovensko-polských hranicích a stagnace růstu ve srovnání se smečkami v polském vnitrozemí naznačuje podstatný vliv legálního odstřelu na populaci vlka (Nowak et al., 2008).

Kromě časté obměny smeček byl pozorován také občasný výskyt vzdáleně příbuzných nebo zcela nepříbuzných jedinců (min. 22 %). Nemůžeme určit, zda se jednalo o členy smečky nebo imigranty ze vzdálenějších oblastí, ovšem podrobnější analýza by mohla ukázat, zda se nejedná o důsledek rozpadu sociální struktury smeček. Například po zavedení zákazu lovu vlků v okolí národního parku Algonquin v Kanadě výrazně poklesl podíl jedinců nepříbuzných se zbytkem smečky (z 80% na 6%) což obnovilo přirozenou rodinnou strukturu smeček (Rutledge et al., 2010). Zvyšující se počty odstřelených vlků v oblasti Kysuc a Oravy vedly k častějšímu rozptylu jedinců na periferii výskytu v CHKO Beskydy (Kutal et al., 2016), což mohlo být způsobeno rozpadem smečky po smrti jednoho z rodičovského páru (Brainerd et al., 2008).

Předběžné výsledky monitoringu zatím přinášejí stále mnoho otázek. Věříme že, intenzivnější monitoring a zvýšený zájem o vlka a jeho výzkum v současném Programu péče (Antal et al., 2016) umožní přesnější odhad struktury populace na lokální úrovni, detailnější poznání jejich rodinného života a odpovědnější péči o tento evropsky chráněný druh šelmy.

Poděkování:

Velmi si vážíme pomoci dobrovolníků při terénním monitoringu vlka. Na tomto místě si poděkování zaslouží především (v abecedním pořadí): Job de Bruin, Alžběta Fodorová, Kateřna Ševčíková, Martin Špilák, Vlado Trulík, Zuzana Václavová a další dobrovolníci Vlčích hlídek. Za spolupráci na monitoringu děkujeme také Štátní ochraně přírody, Lesům SR a Okresnému úřadu v Trenčíně, který k výzkumu dal souhlas (č. j. OU-TN-OSZP1-2014/49/3475). Monitoring vlka a genetické analýzy mohly v předchozích letech probíhat díky laskavé finanční podpoře Nadace EuroNatur, grantu z Lichtenštejnska, Norska a Islandu, International Visegrad

a Fund a Evropské unii (Fond mikroprojektů programu přeshraniční spolupráce Slovenská republika – Česká republika). Práci Roberta W. Mysłajeka podpořilo National Science Centre (Polsko), grantové číslo DEC-2014/12/S/NZ8/00624.

Literatura

- Adams, J.R., Waits, L.P., 2007. An efficient method for screening faecal DNA genotypes and detecting new individuals and hybrids in the red wolf (*Canis rufus*) experimental population area. *Conserv. Genet.* 8, 123–131.
- Antal, V., Boroš, M., Čertíková, M., Ciberej, J., Dóczy, J., Find'ó, S., Kaštier, P., Kropil, R., Lukáč, J., Molnár, L., Paule, L., Rigg, R., Rybanič, R., Šramka, Š., 2016. Program starostlivosti o vlka dravého (*Canis lupus*) na Slovensku. Štátna ochrana prírody Slovenskej republiky, Banská Bystrica.
- Borg, B.L., Brainerd, S.M., Meier, T.J., Prugh, L.R., 2014. Impacts of breeder loss on social structure, reproduction and population growth in a social canid. *J. Anim. Ecol.* 84, 177–187.
- Brainerd, S.M., Andrén, H., Bangs, E.E., Bradley, E.H., Fontaine, J. a., Hall, W., Iliopoulos, Y., Jimenez, M.D., Jozwiak, E. a., Liberg, O., Mack, C.M., Meier, T.J., Niemeyer, C.C., Pedersen, H.C., Sand, H., Schultz, R.N., Smith, D.W., Wabakken, P., Wydeven, A.P., 2008. The Effects of Breeder Loss on Wolves. *J. Wildl. Manage.* 72, 89–98.
- Find'ó, S., Chovancová, B., 2004. Home ranges of two wolf packs in the Slovak Carpathians. *Folia Zool.* 53, 17–26.
- Hell, P., 2003. 1. Historické rozšírenie a populačná hustota vlka na Slovensku. In: Györgi, P., Pačenovský, S. (Eds.), *Vlky a Rysi v Oblasti Slovensko-Maďarských Hraníc*. WWF Hungary, Budapest, pp. 5–15.
- Jedrzejewski, W., Branicki, W., Veit, C., Medugorac, I., Pilot, M., Bunevich, A., Jedrzejewska, B., Schmidt, K., Theuerkauf, J., Okarma, H., Gula, R., Szymura, L., Foerster, M., 2005. Genetic diversity and relatedness within packs in an intensely hunted population of wolves *Canis lupus*. *Acta Theriol. (Warsz)*. 50, 3–22.
- Kaczensky, P., Chapron, G., von Arx, M., Huber, D., Andrén, H., Linnell, J.D.C., 2013. Status, management and distribution of large carnivores – bear, lynx, wolf & wolverine – in Europe. European Commission, Brussels.
- Kalinowski, S.T., Taper, M.L., Marshall, T.C., 2007. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Mol. Ecol.* 16, 1099–1106.
- Kutal, M., Váňa, M., Suchomel, J., Chapron, G., Lopez-Bao, J., 2016. Trans-Boundary Edge Effects in the Western Carpathians: The Influence of Hunting on Large Carnivore Occupancy. *PLoS One* 11, e0168292.
- Nowak, S., Mysłajek, R.W., Jedrzejewska, B., 2008. Density and demography of wolf, *Canis lupus* population in the western-most part of the Polish Carpathian Mountains, 1996–2003. *Folia Zool.* 57, 392–402.

- Rutledge, L., Patterson, B., Mills, K., Loveless, K., Murray, D., White, B., 2010. Protection from harvesting restores the natural social structure of eastern wolf packs. *Biol. Conserv.* 143, 332–339.
- Stenglein, J., Waits, L., Ausband, D., Zager, P., Mack, C., 2011. Estimating gray wolf pack size and family relationships using noninvasive genetic sampling at rendezvous sites. *J. Mammal.* 92, 784–795.
- Štatistický úrad SR, 2017. Databáza DATAcube.
- Taberlet, P., 1996. Reliable genotyping of samples with very low DNA quantities using PCR. *Nucleic Acids Res.* 24, 3189–3194.
- Van Oosterhout, C., Hutchinson, W.F., Wills, D.P.M., Shipley, P., 2004. MICRO-CHECKER: Software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Mol. Ecol. Notes* 4, 535–538.