



Sveriges lantbruksuniversitet
Swedish University of Agricultural Sciences

Ekologiska institutionen



Teknisk rapport över genetiska analyser på varg i Sverige under perioden 20230101–20240430

Mikael Åkesson

Anna Danielsson

Carlos Cardoso Palacios

Grimsö forskningsstation

SAMMANFATTNING

DNA-analyser av prover från varg har under perioden 20230101–20240430 utförts inom ramen för en överenskommelse (NV-00524-23) mellan Naturvårdsverket och Sveriges lantbruksuniversitet (SLU, Grimsö forskningsstation). I denna rapport sammanställs resultaten för de prov som analyserades under januari-april 2023 samt reproduktionssäsongen maj 2023-april 2024. Dessutom utvärderas provresultaten med avseende på framgången som proven genererade information om art-, populations-, individ- och föräldratillhörighet.

Under perioden 20230101–20240430 analyserades 3096 prov insamlade av landets länsstyrelser (92 %) samt av allmänhet och organisationer (8 %). Vissa prov analyserades med avsikt att ge snabb svarstid, så kallade akutprioriterade prov. Detta innebär att resultat ska rapporteras till leverantör inom sex arbetsdagar från det att provet kommit till DNA-laboratoriet i SLU Grimsö forskningsstation. Totalt analyserades 329 akutprov, fördelat på 84 enskilda ärenden. Svarstiden för ärenden var i genomsnitt 2,9 dagar och vid inget tillfälle överstegs den målsatta tiden på sex arbetsdagar. Från 226 (69 %) av 329 akuta prov gick det att dra säkra slutsatser om art- och populationstillhörighet, däribland skandinavisk varg (n=184), finsk-rysk varg (n=9), hund (n=11) och räv (n=22).

Totalt 2767 prov analyserades i syfte att bedöma status i vargrevir, särskilja vargrevir, identifiera revirhävdande djur samt identifiera, bestämma härkomsten för vargar som påträffats döda eller som har fällts under jakt samt uppskatta vargpopulationens storlek. Förekomsten av DNA från varg med känd populationstillhörighet kunde påvisas för 2368 (88%) prov och av dessa kunde identitet bestämmas i 1957 (91%) fall.

Totalt identifierades 525 vargindivider från prov analyserade under rapporteringsperioden, varav 303 inte var identifierade tidigare. Totalt 518 individer var födda i Skandinavien och föräldrarnas identitet kunde bestämmas för samtliga. Sju individer (G127-22, G187-19, G151-23, G139-23, G27-24, G103-24, G104-24) med finsk-rysk härkomst identifierades. En hybridindivid varg-hund (G147-23) identifierades under perioden.

Åkesson M*, Danielsson A. och Cardoso Palacios C. 2024. Teknisk rapport över genetiska analyser på varg i Sverige under perioden 20230101–20240430.

*Mikael Åkesson (mikael.akesson@slu.se), Grimsö forskningsstation, Sveriges lantbruksuniversitet (SLU), 739 93 Riddarhyttan.

INNEHÅLL

SAMMANFATTNING	2
INNEHÅLL	3
INLEDNING	4
METODIK	4
<i>Extraktion av DNA</i>	5
<i>SNP</i>	5
<i>Art- och populationsbestämning med SNP</i>	6
<i>Artbestämning med mitokondrie-DNA</i>	7
<i>Individbestämning</i>	7
<i>Könsbestämning</i>	8
<i>Födelserevir</i>	8
RESULTAT OCH DISKUSSION	8
<i>Akutärenden</i>	9
<i>Normalprioriterade ärenden</i>	11
<i>Individer</i>	14
<i>Hybrider</i>	14
REFERENSER	14

INLEDNING

DNA-analys används vid inventeringen av den skandinaviska vargpopulationen, vars utbredning i Sverige och Norge är geografiskt avgränsad från övriga vargpopulationer. Analyserna av svenska prov görs på DNA-laboratoriet vid SLU Grimsö forskningsstation på uppdrag av Naturvårdsverket (NV-00524-23). Uppdraget är att under perioden 2023 – 2025, bistå förvaltande myndigheter i Sverige med DNA-analyser av prov insamlade från varg. I Sverige ansvarar länsstyrelserna för den årliga inventeringen av varg och denna kvalitetssäkras, utreds och sammanställs av Viltskadecenter (SLU). Resultat från DNA-analyser rapporteras i Rovbase, en gemensam databas för stora rovdjur i Sverige, Norge och till viss del Finland. Enligt uppdraget ska Grimsö forskningsstation sammanställa och utvärdera resultaten för de prov som analyserades på SLU under det gångna året. Detta inkluderar en sammanställning av antal prov som samlats in, antal prov som analyserats under året, var proven har samlats in samt vilka slutsatser vi kunnat dra från proven med avseende på art, population, individ, kön och föräldraskap. Dessutom presenteras översiktliga kartor som beskriver var proverna samlats in och analysresultaten som är kopplade till dessa.

METODIK

De analyserade proven har i enlighet med överenskommelsen med Naturvårdsverket prioriterats enligt följande klasser:

- Akut: För att kunna vidta direkta förvaltningsåtgärder sker löpande analyser och rapportering av prover från misstänkta skadevällande vargar samt vargar som befinner sig i renskötselområden. Svar skall normalt ske inom 6 arbetsdagar från inlämningsdatum. Vid situationer där varg och ren förekommer i samma område samtidigt kan prov analyseras med extra akut prioritet med provsvar inom 3 arbetsdagar.
- Normal: Omfattar prov som främst samlas in under inventeringssäsongen 1 oktober – 31 mars och dessa analyseras och rapporteras löpande.
- Förvaltningsprov: länsstyrelserna från framför allt södra och mellersta rovdjursförvaltningsområdet har ibland specifika behov att analysera DNA-prov som inte prioriteras inom ovanstående klasser. Svar för dessa prov ska normalt ges inom 15 arbetsdagar.

DNA-analyserna skall, om inte annat anges i denna överenskommelse, ge svar på en eller flera av följande frågeställningar:

1. arttillhörighet, inklusive förväxlingsarterna hund och räv. Visar det sig ett prov inte visar på förekomst av DNA från varg, hund eller räv kan det ibland vara angeläget att undersöka om det finns DNA från andra arter såsom lodjur, järv och björn;
2. populationstillhörighet;
3. könstillhörighet;
4. identitet;

5. föräldraidentitet, med särskild angivelse av första och andragenerationens avkommor (s.k. F1 och F2) till immigranter

Provresultaten för analyserade prov används för att bland annat:

- bedöma status och särskilja stationär förekomst av varg,
- identifiera revirhävande vargar,
- bekräfta föryngring,
- bestämma individ och härkomst för vargar som påträffats döda eller fällts under jakt,
- bestämma art och individ vid angrepp på tamdjur,
- bestämma art, populationstillhörighet och individ vid misstänkt förekomst av varg i renskötseområdet,
- bistå riktade sök efter invandrande vargar,
- uppskatta populationsstorlek utifrån fångst-återfångstmodeller.

Extraktion av DNA

All genetisk analys föregicks av att extrahera och rena DNA med ändamålsenliga metoder. För spillning användes ISOLATE Fecal DNA Kit (Nordic Biosite) eller Quick-DNA™ Fecal/Soil Microbe Miniprep Kit (Zymo Research Corp.). För hårprov användes ett protokoll där DNA-extraherades med hjälp av proteinas K och natriumacetat följt av rening med etanol. För salivprov från bitsår på tamdjur, från munhålan på döda vargar samt små mängder blod användes QIAamp DNA Investigator Kit (Qiagen Inc.). DNA från urin samt blodspår i snö extraherades med BIOTEK Urine DNA Isolation kit (Norgen Biotek Corp.). DNA från vävnad och rikliga mängder blod extraherades med proteinas K, fenol och kloroform-isoamylalkohol, följt av rening med etanol.

SNP

Från och med 1 januari 2017 används för samtliga prov en metod som bygger på att ta fram en genetisk profil genom PCR av upp till 96 SNP (Single Nucleotide Polymorphism) och diagnostiska markörer med en teknik utvecklad av Fluidigm Inc. (San Fransisco, USA). PCR-processen sker i två steg med en inledande lokus-specifik multiplex-PCR (kallad specific target reaction eller STA) följt av en allelspecifik PCR inuti ett nanoteknologiskt chip (s.k. 96.96 Dynamic Array™ IFC) med 9216 (96x96) kammare (6 nl i volym) för enskilda PCR-reaktioner för varje kombination av prov och markör. Sedan 1 oktober 2021 används en uppsättning markörer (Scandwolf v.1.4), bestående av 90 autosomala SNP-markörer, fem X-kopplade SNP-markörer samt en Y-kopplad markör.

En utmaning med analysen av icke-invasiva DNA prov (till exempel spillning och urin) är att den framtagna genetiska profilen ibland inte är identisk med den verkliga profilen som individen bär på. Detta beror främst på förekomsten av metodologiskt betingade allelbortfall eller att provet är korskontaminerat med DNA från en annan individ. Allelbortfall innebär att provet, för en viss markör, visar en homozygot genotyp (d.v.s. förekomsten av endast en allel på båda kromosomerna) trots att individen i fråga är heterozygot (d.v.s. bär på två olika alleler). Detta försvårar både individ- och föräldraskapsbestämning. För att ta hänsyn till allelbortfall

analyserades två replikat av samtliga prov och endast de markörer där båda replikaten visade identisk genotyp användes i bestämningsanalyserna.

Ibland innehåller prov DNA från mer än en individ. Detta kan resultera i en genetisk profil som skenbart kommer från en ny individ men i själva fallet är sammanslagning av alleler från flera individer, här kallat korskontamination. Korskontaminerade prov utmärks av att profilen innehåller en högre andel heterozygoter än förväntat och att vissa markörer kan visa på förekomsten av mer än två alleler. Identifieringen av prov som innehåller DNA från flera individer är en utmaning med SNP-markörer eftersom 1) förekomsten av markörer med >2 alleler inte är möjlig (till skillnad från mikrosatelliter) och 2) korskontaminerade SNP-profiler ibland skenbart liknar avkommor till revirmarkerande par. Förekomsten av ”falska individer” förbyggdes genom att 1) ”nya” individer även typades på mikrosatelliter och 2) prov med en observerad heterozygoti 0.2 enheter högre än förväntat från familjedata eller från allelfrekvenser i populationen direkt avfärdades som korskontaminerade.

Art- och populationsbestämning med SNP

För att särskilja genetiska profiler från räv, hund, finsk-rysk varg och skandinavisk varg användes grupperingstest, som bygger på principen att det är mer sannolikt att en individ härstammar från en population där allelerna som individen bär på är mer vanligt förekommande (Piry m.fl. 2004). Den samlade sannolikheten (L_i) att en individ härstammar från en viss population baseras på allelfrekvenser i respektive ursprungspopulation. Förutsatt att allelfrekvenser skiljer sig mellan de olika populationerna kommer därmed populationen med högst L_i utgöra den mest sannolika ursprungspopulationen. Alla analyser gjordes i GeneClass2 (Piry m.fl. 2004) med uträkning av L_i i enlighet med Rannala & Mountain (1997). För att uppskatta den statistiska säkerheten på den mest sannolika populationen beräknades ”log of odds (LOD) ratio scores”:

$$\text{LOD} = 2 * \ln(L_i/L_j)$$

där L_i och L_j är grupperingsindex för genotypen i den mest sannolika respektive näst mest sannolika populationen. Då LOD går mot värdet 1, vilket innebär att L_i och L_j närmar sig varandra, kan ingen säker slutsats dras om vilken av de två populationerna som individen kommer ifrån. Då $\text{LOD} > 3$ bedömde vi grupperingen till en population vara statistiskt säkerställd, vilket motsvarar en chans på tusen att resultatet ger en felaktig uppskattning av populationstillhörighet.

Som referensmaterial för SNP analyser användes profilerna från 11 rävar, 29 hundar, 51 vargar från Finland eller Ryssland, samt 131 vargar födda i Skandinavien. För mikrosatelliter användes 9 rävar, 29 hundar, 51 vargar från Finland eller Ryssland, samt 120 vargar födda i Skandinavien. SNPmarkörerna är ursprungligen utvecklade för DNA-analys av hundar och vargar, vilket medför att alla inte fungerar på rödräv, vilket gäller för 3 av 95 SNP. Eftersom analysen bygger på att alleler för samtliga markörer finns representerade i alla referenspopulationer, gjordes två olika uträkningar av LOD; en med och en utan räv. För profiler som med signifikant säkerhet kunde uteslutas vara från räv, användes vid behov

LOD-värdet uträknat utan räv för att bättre kunna särskilja mellan skandinavisk varg, finsk-rysk varg och hund.

Artbestämning med mitokondrie-DNA

I de fall då artbestämning var angeläget och resultaten från autosomala markörer (SNP) inte levererade tillräcklig information, analyserades proven på mitokondriellt DNA (mtDNA). Eftersom levande celler kan innehålla mer än 1000 mitokondrier, alla med en mtDNA-molekyl, är sannolikheten för att lyckas ta fram analyserbara markörer från mitokondriellt DNA större än för kärn-DNA. Variationen på dessa markörer studerades genom sekvensering. Tre av fyra markörer finns på genen för cytokrom *b* (cytb) och den sista finns på kontrollregionen (även kallad d-loop). Markörerna på cytb utgjordes av:

- cytb_[lo] som indikerar förekomst av mtDNA från lodjur
- cytb_[björn] som indikerar förekomst av mtDNA från järv och björn
- cytb_[räv] indikerar förekomst av mtDNA från räv.

För alla dessa markörer används primers (d.v.s. en kort syntetiskt framställd DNA-kedja som utgör startpunkten för syntesen av DNA under PCR) som är utvecklade för att fungera på respektive art så specifikt som möjligt (López-Bao m.fl. 2017) vilket innebär att de inte ger produkter från DNA av de övriga rovdjuren (inklusive varg och hund) samt ett urval av potentiella bytesdjur (t.ex. älg, rådjur och ren). Sekvensen av d-loop (d-loop_[varg]) togs fram med primers som binder hunddjurspecifikt till kontrollregionen och lämpar sig särskilt för särskiljningen mellan varg och hund (López-Bao m.fl. 2017), samt till viss del även särskiljningen mellan skandinavisk och icke-skandinavisk varg. Sekvenserna jämfördes mot kända sekvenser i databasen NCBI's Genbank (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/blast/Blast.cgi>). Samtliga analyser replikerades av proven tillsammans med lämpliga referensprov från lo, järv, räv eller varg samt en negativ kontroll. Referensproven användes för att kontrollera att PCR fungerade och den negativa kontrollen användes för att kontrollera att eventuellt DNA från omgivningen (d.v.s. labbet) inte hamnat i proven.

Individbestämning

Den 30 april 2024 fanns det 3348 vargindivider från Skandinavien bland de profiler som tagits fram från populationen, varav 2782 var typade på >4 mikrosatelliter och 2611 var typade på >50 SNPs. Alla genetiska profiler från varg matchades mot den vid tiden befintliga och mest uppdaterade listan av individer. Denna lista av individer och genetiska profiler delas med Norsk institutt for naturforskning (NINA), som har motsvarande uppdrag att bedriva DNA-analyser av varg i Norge.

Potentiellt matchande profiler identifierades genom ”individual assignment” i CERVUS version 3.0 (Kalinowski m.fl. 2007). Med hänsyn till att vissa markörer kan vara feltypade har vi valt en inställning i programmet där viss felmatchning tolereras. Därefter utvärderade vi matchningarna manuellt.

Könsbestämning

Könsbestämningar gjordes med 6–7 könskopplade markörer (varav 5–6 SNP kopplade till X-kromosomen och en diagnostisk markör på Y-kromosomen). Kriteriet för bestämning av ett prov till hona var att minst en X-kromosommarkör var heterozygot samt att den diagnostiska Y-kromosommarkören inte kunde påvisas. Kriteriet för bestämning till hane var att DNA från den diagnostiska Y-kromosommarkören kunde påvisas och att samtliga X-markörerna var homozygota. Alla andra resultat gav obestämt kön. Liksom ovan användes vid könsbestämningen endast markörer där de två oberoende replikaten uppvisat identisk genotyp.

Födelserevir

Föräldraskapsbestämning bygger på principen att, bland kända föräldrapar, hitta par som inte går att utesluta utifrån Mendelsk nedärvningsprincip. I de fall då inget av de kända revirmarkerande paren matchade som föräldrar användes CERVUS föräldraskapsanalys med föräldrapar utan hänsyn till kön. Detta följdes av en statistisk jämförelse mellan olika potentiella föräldrapar samt manuell kontroll av eventuella felmatchande markörer.

RESULTAT OCH DISKUSSION

Under 20230101–20240430 analyserades totalt 3096 prov. Av dessa var 3088 registrerade i Rovbase som vargprov insamlade i Sverige. De resterande 8 proven som analyserades under perioden bestod av två prov registrerade i Rovbase som vargprov insamlade i Norge, två prov registrerade som hund, två prov registrerade som rödräv samt två prov registrerade som björn. Bland de analyserade proven, var 92 % var insamlade av länsstyrelserna och 8 % av allmänhet/organisationer/forskningen. Samtliga analysresultat för dessa prov återfinns i Rovbase.

Under perioden 20230101–20240430 registrerades 5525 DNA-prov insamlade i Sverige i Rovbase från vad som misstänktes komma från varg, (sökning gjord i Rovbase den 6 juni 2024). Bland de 2429 prov som inte analyserades inom ramen för denna överenskommelse analyserades istället 8 prov i Norge och 531 prov av SKANDULVs projekt för dietanalys av vargspilling. De prov som inte har analyserats kom antingen inte in till DNA-laboratoriet eller prioriterades inte för DNA-analys av länsstyrelse och SLU Viltskadecenter. Proverna finns sparade för eventuella senare analyser.

Totalt prioriterades 329 prov som akuta och 2767 prov prioriterades som normala. Bland de normalprioriterade proven ingår även prov som analyserats på direkt förfrågan av länsstyrelsen, så kallade förvaltningsprov. Från döda individer analyserades totalt 108 prov från 99 individer. Vissa individer analyserades på vävnader tagna i samband med obduktion och vissa analyserades från salivprov tagna i fält i samband med en efterfrågan från länsstyrelserna att få snabbare svar på vargens identitet. Resten av proven n=2988 var DNA-spår insamlade i fält, däribland 1534 spillningar, 1011 urinprov från snö, 6 hårprov, 61 blodspår, och 376 salivprov.

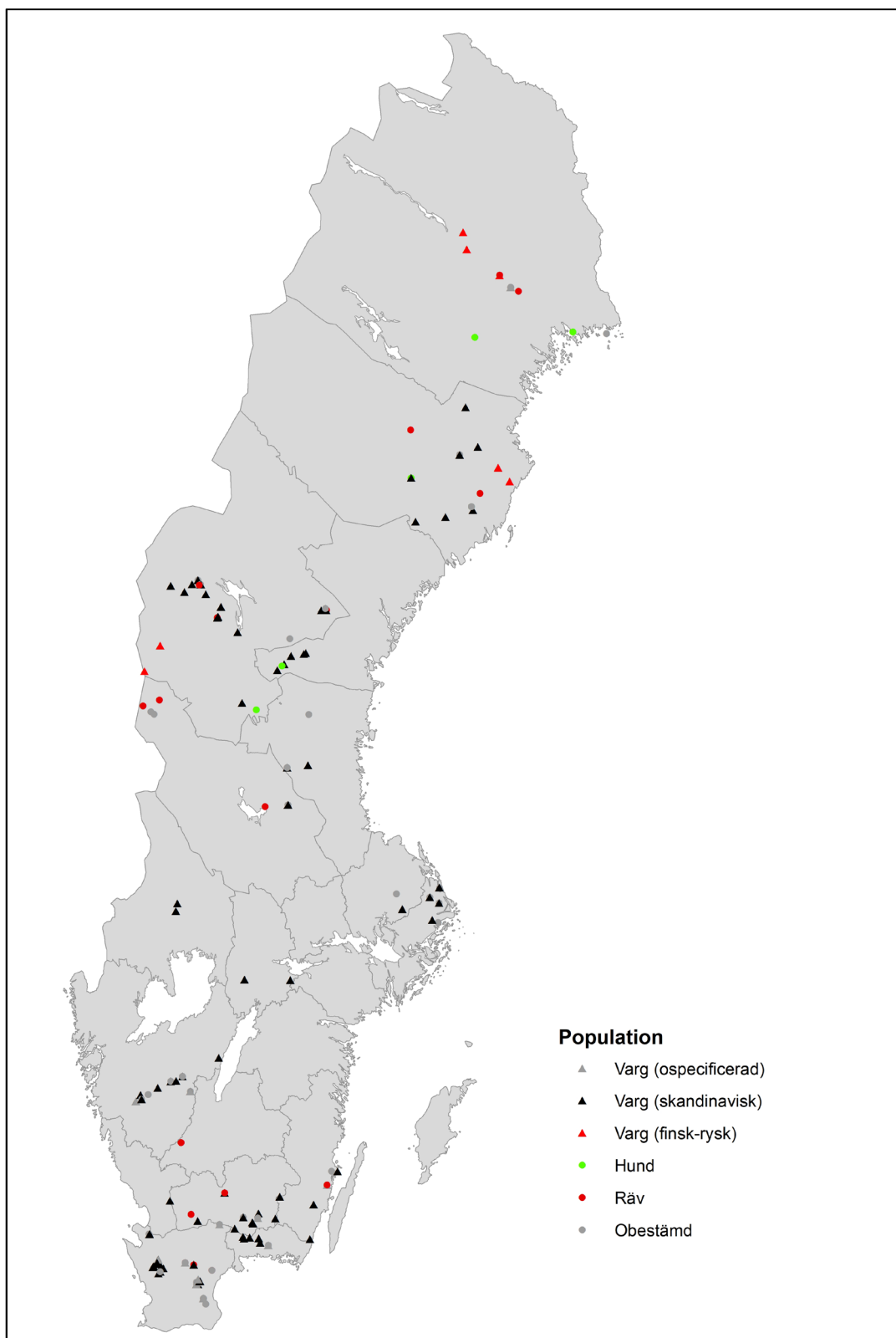
Akutärenden

De 84 akuta ärendena som hanterades under 20230101–20240430 inkluderade 329 prov, varav 60 spillningar, 13 urinprov, 2 blodspår, 2 hårprov, 246 salivprov och 6 prov från döda vargar. Dessa var insamlade från 16 olika län (Tabell 1, Figur 1) och kom in till labbet varje månad under perioden (Figur 2). Från inlämningsdatumet för det senast inkomna provet i ett ärende till rapportering av resultat tog det i genomsnitt 2,9 arbetsdagar och i inga fall överstegs den målsatta behandlingstiden på sex arbetsdagar (Figur 3).

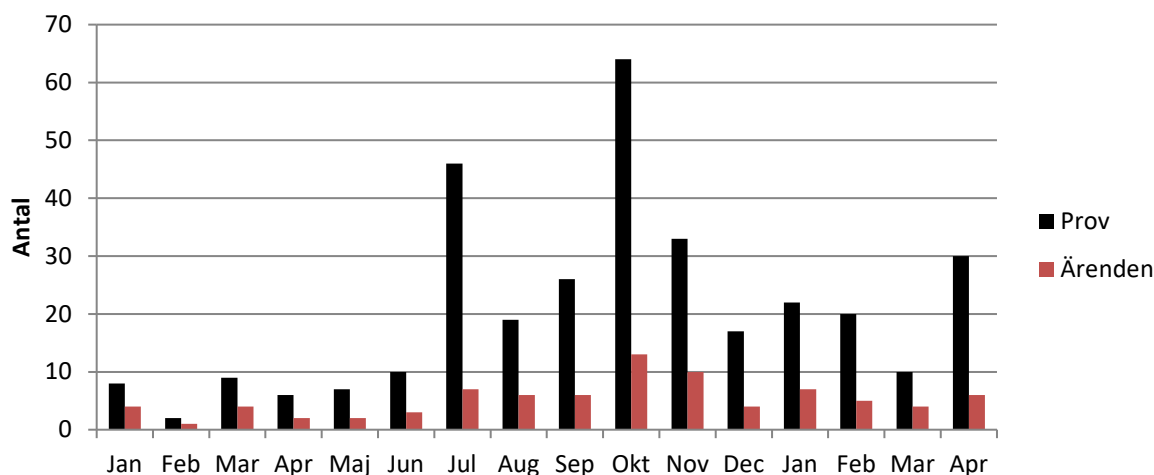
Utlåtande om art- och populationstillhörighet kunde göras i 77 (92 %) av 84 akuta ärenden. Art och populationstillhörighet kunde bestämmas för 226 (69 %) av 329 prov. Bland 249 prov som resulterade i ett utlåtande om art, bestämdes 184 till skandinavisk varg, 9 till finsk-rysk varg, 23 till varg med obestämt ursprung (där populationstillhörighet inte gick att bestämma p.g.a. för få fungerande markörer), 11 till hund och 22 till räv. I de fall då det rörde sig om skandinavisk varg kunde identitet och födelseprov bestämmas i 157 (85 %) fall direkt från provets genetiska profil eller indirekt från tidigare analyser av samma individ.

Tabell 1. Antal prov och analysframgång av akut- och normalprioriterade prov i olika län. Analysframgången anges i procent av totala antalet analyserade prov som bestämdes till art och population där andelen andra arter än varg anges inom parentes samt andelen av vargprov där födelseprov eller härkomst från finsk-ryska vargpopulationen bestämdes.

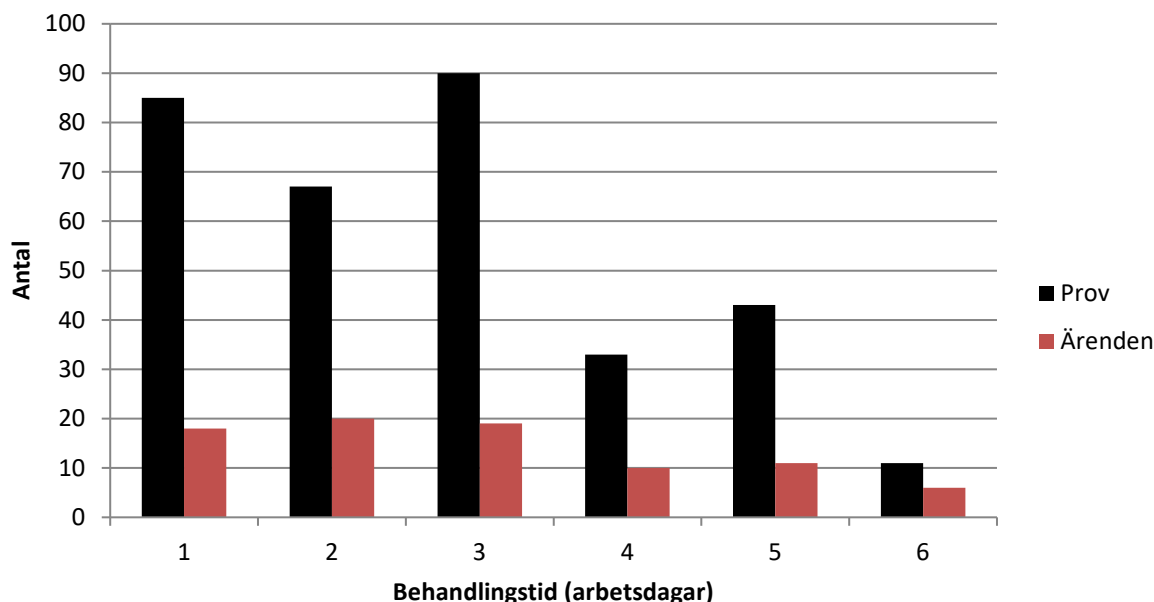
	Akutprioriterade prov			Normalprioriterade prov		
	Antal ärenden (prov)	Art / Population	Föräldraskap / Härkomst	Antal prov	Art / Population	Föräldraskap / Härkomst
Norrbottn	5 (16)	63 (38)	19	18	72(28)	39
Västerbotten	11 (23)	70 (22)	48	5	60 (0)	40
Västernorrland	3 (6)	100 (17)	83	43	95 (14)	67
Jämtland	11 (38)	89 (18)	71	27	93(7)	78
Gävleborg	2 (6)	33 (0)	17	206	89 (7)	71
Dalarna	4 (11)	64 (27)	18	325	93 (7)	80
Stockholm	4 (22)	68 (0)	27	33	94 (18)	73
Västmanland				105	84 (6)	67
Uppsala	2 (6)	67 (0)	67	54	91 (0)	81
Örebro	2 (6)	100 (0)	100	390	93 (4)	80
Halland				25	68 (4)	56
Värmland	1 (2)	100 (0)	100	415	90 (7)	76
Västra Götaland	7 (39)	64 (0)	41	376	85 (10)	65
Södermanland				303	86 (8)	67
Östergötland				95	95 (5)	80
Jönköping	1 (4)	75 (75)	0	131	85 (8)	68
Kronoberg	8 (27)	89 (11)	67	42	79 (7)	69
Kalmar	1 (8)	88 (13)	63	31	58 (13)	29
Skåne	17 (88)	73 (5)	49	134	74 (19)	49
Blekinge	5 (27)	85 (0)	63	7	71 (29)	43
Norge				2	100 (0)	100



Figur 1. Insamlingsplats och art-/populationsbestämning för akutprioriterade prov under perioden 20230101–20240430.



Figur 2. Antal akutprioriterade prov och ärenden som rapporterades varje månad under perioden 20230101–20240430.

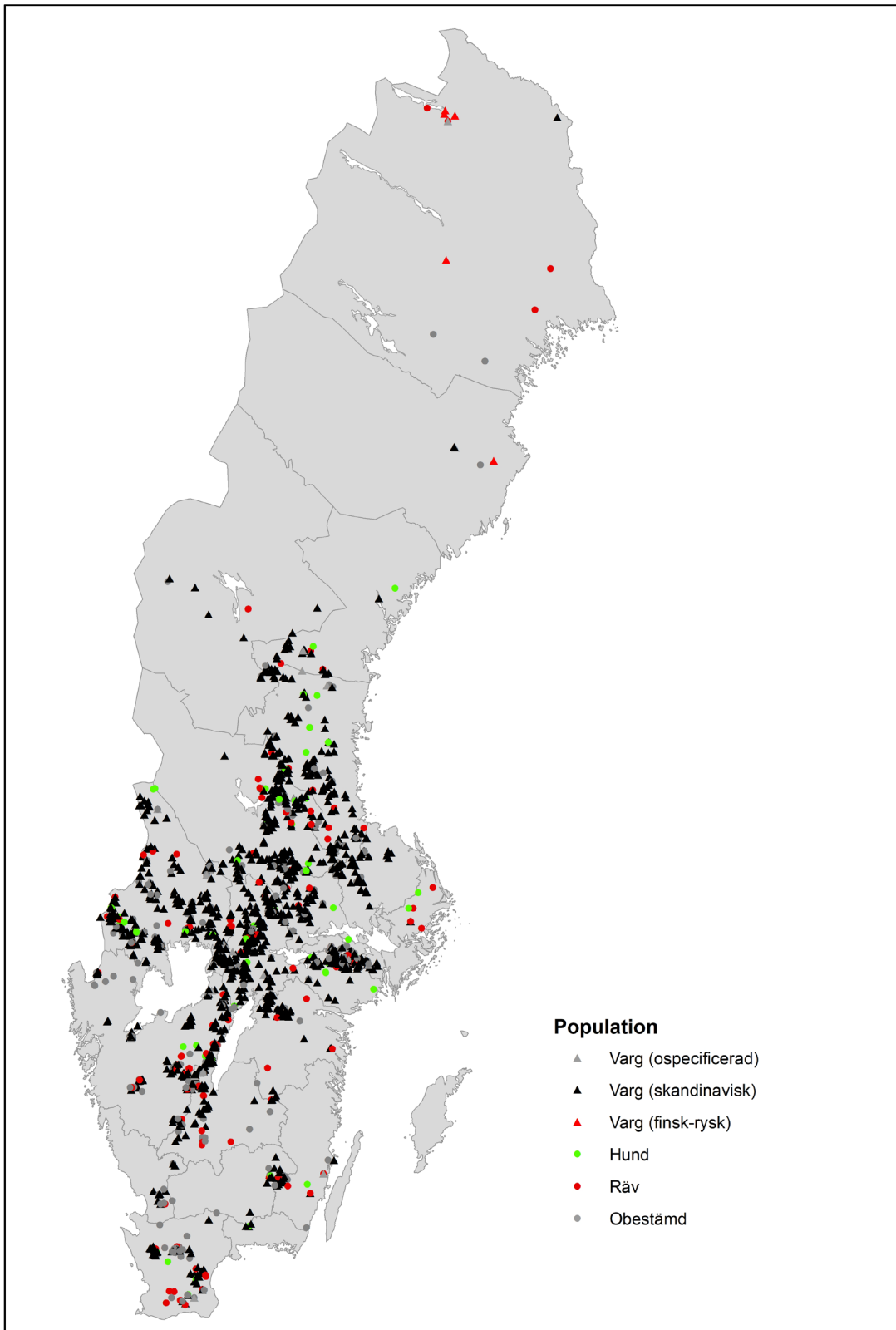


Figur 3. Behandlingstiden för akutprioriterade prov (n=329) och ärenden (n=84) under perioden 20230101–20240430. Behandlingstiden är antal arbetsdagar från att provet anlände, alternativt från att det senaste provet anlände för ärenden, till DNA-laboratoriet fram tills att ärendet rapporterades till berörda länsstyrelser och Naturvårdsverket.

Normalprioriterade ärenden

Under perioden 20230101–20240430 analyserades 2767 prov från 20 olika län samt Norge i enlighet med normal prioritering (Tabell 1, Figur 4, Figur 5).

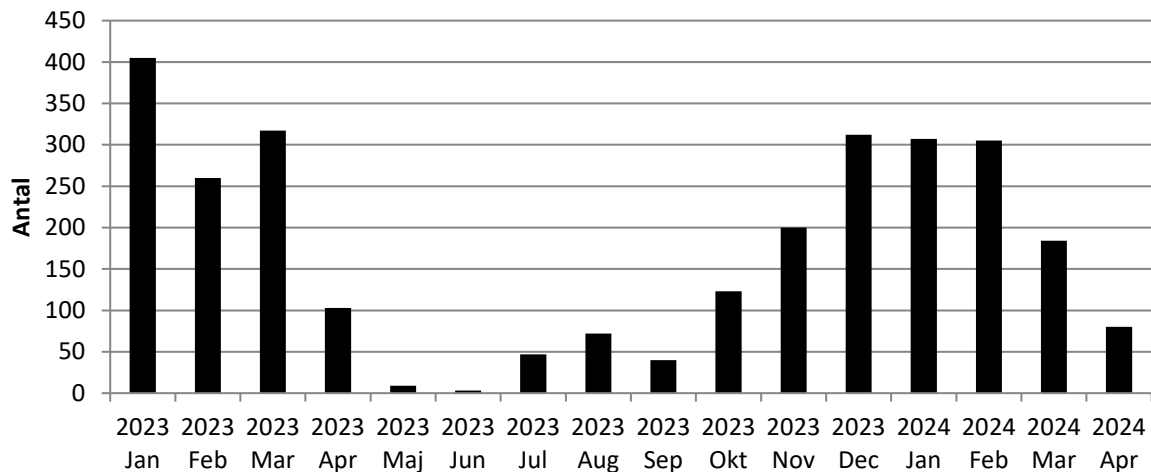
Utlåtande om art- och populationstillhörighet gjordes för 2368 (88 %) prov (Tabell 1, Figur 6), varav 2141 skandinavisk varg, 7 finsk-rysk varg, 72 hund, 148 räv. I ytterligare 61 fall påträffades DNA från varg, men med otillräcklig genetisk information för att bestämma populationstillhörighet.



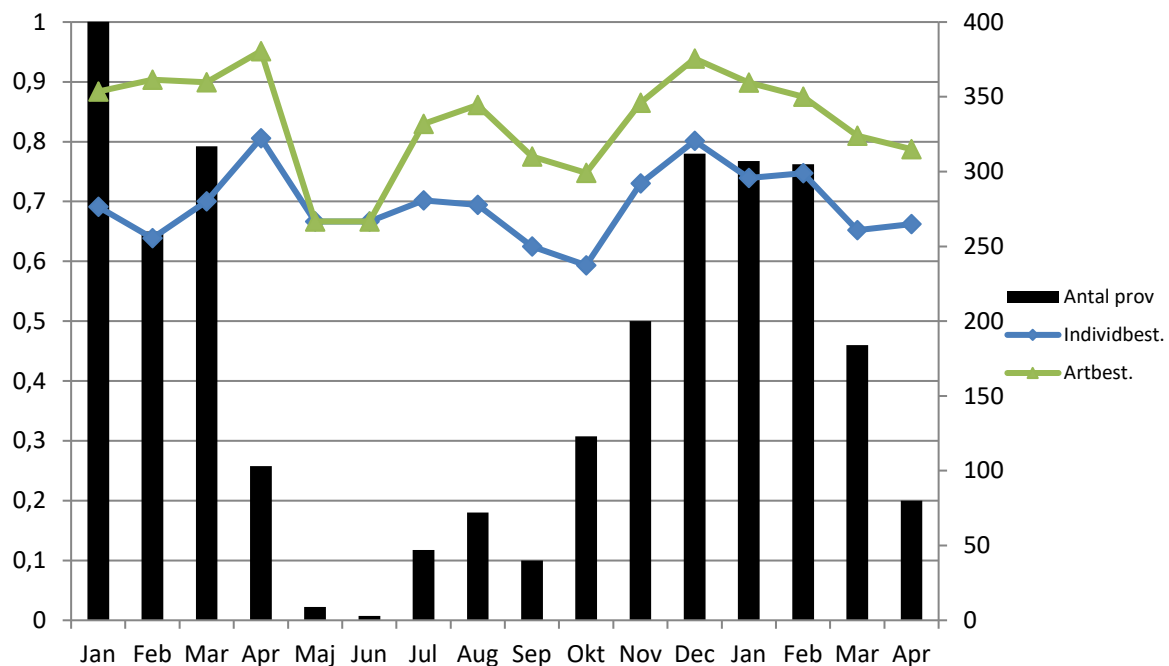
Figur 4. Insamlingsplats och art-/populationsbestämning av normalprioriterade prov analyserade under 20230101–20240430.

Bland de prov som bestämdes till skandinavisk varg kunde identitet och föräldraskap bestämmas i 91 % (1957 av 2141) av fallen, vilket är en jämförbar analysframgång i förhållande till de senaste åren (88% under 2021 och 2022) (Figur 6). I de fall då identitet för en skandinavisk varg inte kunde bestämmas berodde det på förekomsten av DNA från mer än en individ (n=64) eller för få fungerande markörer (n=120).

Bland de 2665 normalprioriterade prov som utgjordes av icke-invasiva prov (såsom spillning, urin, blodspår, hår och saliv) kunde art- och populationstillhörighet bestämmas i 2269 fall (85 %), vilket är ungefär i sammanivå som de senaste fem årens framgång på 86–89%.



Figur 5. Antal analyserade och rapporterade normalprioriterade prov varje månad under 20230101–20240430.



Figur 6. Analysframgången (andel bestämda till art respektive individ) av normalprioriterade icke-invasiva prov under månader för insamling under perioden 20230101–20240430.

Individer

Totalt identifierades 525 vargindivider i Skandinavien från prov analyserade under perioden 20230101–20240430 och 99 av dessa individer analyserades som döda. Bland det totala antalet individer var 303 inte identifierade sedan tidigare. Totalt 518 vargar härstammade från den skandinaviska vargpopulationen och för dessa kunde föräldrarnas identitet bestämmas i samtliga fall. Sju vargar identifierade i Skandinavien under perioden 20230101–20240430 hade finsk-rysk härkomst, däribland:

- G127-22; hane, senast identifierad Västerbottens län den 14 januari 2023
- G187-19; hane i Setten-reviret, senast identifierad i Norge den 27 mars 2024
- G151-23; hane, senast identifierad i Norrbottens län den 30 oktober 2023
- G139-23; hane senast identifierad i Norge den 18 december 2023
- G27-24; tik fälld i Norrbotten vid skydds jakt den 7 februari 2024
- G103-24; tik senast identifierad i Norge den 10 februari 2024
- G104-24; tik senast identifierad i Norge den 25 mars 2024

Hybrider

- G147-23; hane, hybrid varg-hund, identifierad i Norrbotten den 23 oktober 2023

REFERENSER

Francisco LV, Langston AA, Mellersh CS, Neal CL & Ostrander E.A. .1996. A class of highly polymorphic tetranucleotide repeats for canine genetic mapping. *Mammalian Genome* 7: 359–362.

Holmes NG, Strange NJ, Binns MM & Mellersh CS 1994. Three polymorphic canine microsatellites. *Animal Genetics* 25:200.

Holmes NG, Mellersh CS, Humpreys SJ, Binns MM, Holliman A, Curtis R & Sampson J. 1993. Isolation and characterization of microsatellites from the canine genome. *Animal Genetics* 24: 289–292.

Holmes NG, Dickens HF, Parker HL, Binns MM, Mellersh CS & Sampson J. 1995. Eighteen canine microsatellites. *Animal Genetics* 26:132–133.

Kalinowski ST, Taper ML & Marshall TC. 2007. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology* 16:1099–1006.

López-Bao JV, Frank J, Svensson L, Åkesson M & Langefors Å. 2017. Building public trust in compensation programs through accuracy assessments of damage verification protocols. *Biological Conservation* 213:36–41.

Neff MW, Broman KW, Mellersh CS, Ray K, Acland GM, Aguirre GD, Ziegle, JS, Ostrander EA & Rine, J. 1999 A Second-Generation Genetic Linkage Map of the Domestic Dog, *Canis familiaris*. *Genetics* 151:803–820.

Ostrander EA, Sprague GF & Rine J. 1993. Identification and characterization of dinucleotide repeat (ca)_n markers for genetic-mapping in dog. *Genomics* 16, 207–213.

Piry S, Alapetite A, Cornuet JM, Paetkau D, Baudouin L & Estoup A. 2004. GeneClass2: a software for genetic assignment and first-generation migrant detection. *Journal of Heredity* 95:536–539.

Rannala B & Mountain JL. 1997. Detecting immigration by using multilocus genotypes. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* 94:9197–9201.

Seddon JM. 2005. Canid-specific primers for molecular sexing using tissue or non-invasive samples. *Conservation Genetics* 6:147–149.

Shibuya H, Collins BK, Huang THM & Johnson GS. 1994. A polymorphic (AGGAAT)_n tandem repeat in an intron of the canine von Willebrand factor gene. *Animal Genetics* 25: 122.

Sundqvist AK, Ellegren H, Olivier M & Vila C. 2001. Y chromosome haplotyping in Scandinavian wolves (*Canis lupus*) based on microsatellite markers. *Molecular Ecology* 10:1959–1966.

Åkesson M, Danielsson A & Cardoso Palacios C. 2023. Teknisk rapport över genetiska analyser på varg i Sverige år 2022.