



## Sammanställning av släkträdets över den skandinaviska vargstammen fram till 2010

Dr. Mikael Åkesson, Grimsö forskningsstation, Institutionen för ekologi, Sveriges lantbruksuniversitet (SLU), 730 91 Riddarhyttan.

Denna rapport redogör för uppdateringen av släkträdets över den skandinaviska vargstammen inom ramen för en överenskommelse (dnr 235-7585-09) mellan Naturvårdsverket och Grimsö forskningsstation. I rapporten presenteras släkträdets från 1983 till 2010 och med detta illustreras stammens genealogi tillsammans med de reproducerande parens inavelsgrad och första året de reproducerade. Dessutom beskrivs inavelsutvecklingen i populationen.

### Material och metoder

Uppbyggandet av släkträdets bygger på den genetiska information som samlats in från vargar i Skandinavien sedan 1984. Underlaget för uppbyggandet är av det skandinaviska släkträdets är de 635 unika DNA-genotyper som tagits fram från analyser av mer än 2000 prover tagna både direkt från döda och infångade vargar samt indirekt via insamlande avlämningar (spillning, hår, löpblod etc) från varg i fält. Under 2010 och 2011 har det hittills analyserats 1002 prover, varav

- 857 har skett i samband med överenskommelsen mellan Grimsö och Naturvårdsverket att årligen analysera prover för att bistå inventering och förvaltningsbeslut.
- 154 i samband med ett uppdrag från Miljödepartementet till Viltskadecenter i samarbete med Naturvårdsverket att undersöka möjligheter att inventera varg på barmark.
- 91 analyserades i samband med en överenskommelse mellan Lunds Universitet och Naturvårdsverket där avsikten var att komplettera släkträdets genom identifieringen av de revirmarkerande par som inte behandlats inom ramen för tidigare överenskommelser.

Dessa ligger till grund för uppdateringen av släkträdets som presenteras nedan.

För att bestämma individ, ursprung och föräldraskap har vi använt oss av 32 mikrosatellit-markörer (Liberg m.fl. 2005; Bensch m.fl. 2006). En mikrosatellit utgörs av repeterade korta (1-6 baser) DNA-sekvenser i följd som ofta, på grund av sin höga mutationsfrekvens och låga fitnesspåverkan, visar hög variation i en population. Variationen i en mikrosatellit utgörs av skillnader i antalet repetitioner och kan alltså visualiseras genom uppskattning av markörens längd. Detta sker genom att amplifiera markören med hjälp av PCR följt av separering av olika längdvarianter (s.k. alleler) med hjälp av elektrofores. Vargar är i likhet med alla däggdjur diploida och varje individ bär därför på två alleler, vilka kan vara av samma eller olika längdtyp. Den ena allelen nedärvs från modern och den andra från fadern. Alleluppsättningen på en markör utgör tillsammans med andra markörer en genotyp vilken avslöjar vargens identitet, föräldraskap och ibland även dess geografiska ursprung.

Varje genotyp har jämförts och testats mot vår databas över redan tillgängliga genotyper från den skandinaviska populationen med programmet CERVUS v3.0 (Kalinowski m.fl.2007).

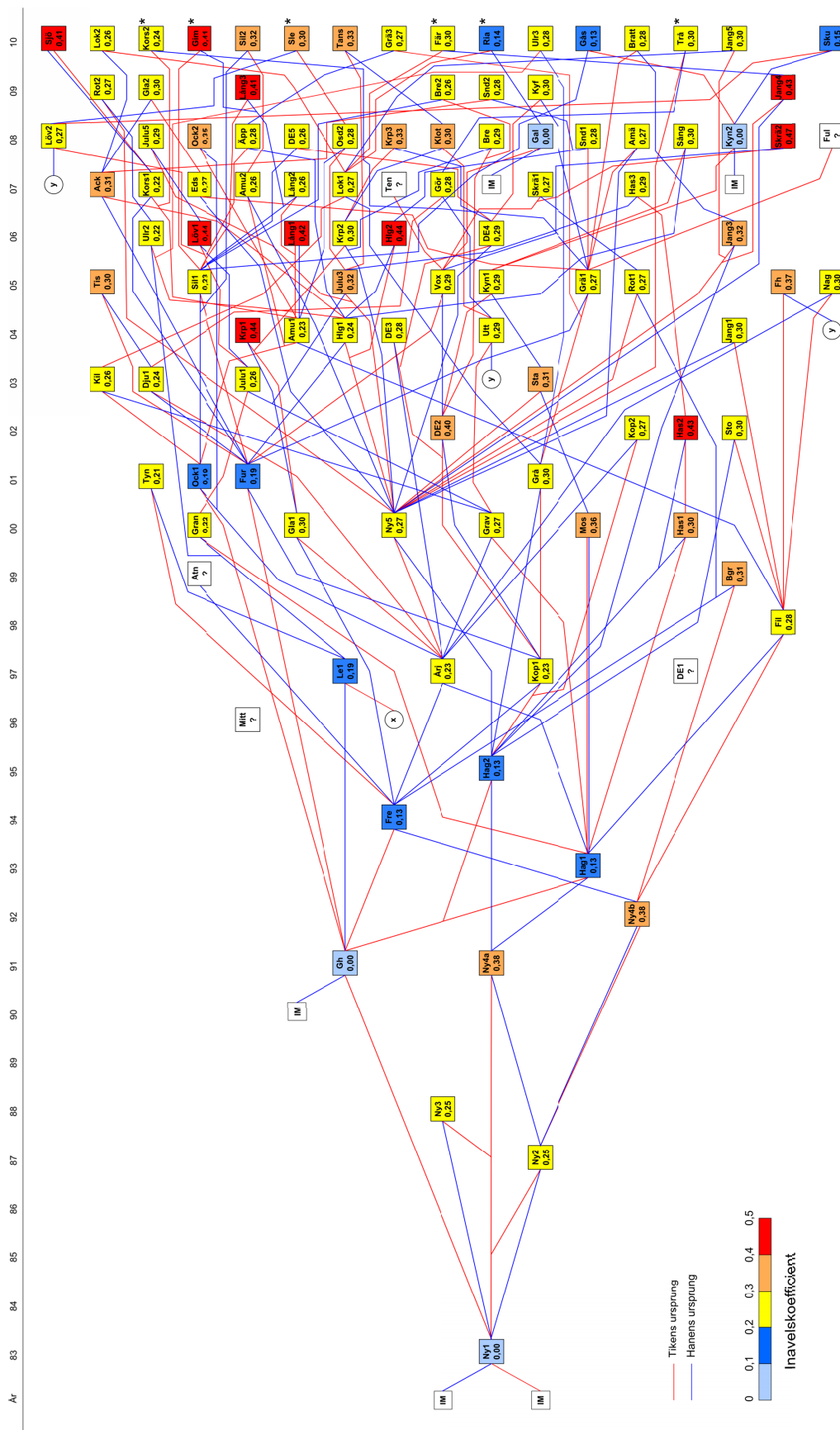
Föräldraskap (och därmed släkträd) har bestämts manuellt utifrån den genetiska informationen från mikrosatelliterna samt annan insamlad information kopplat till proverna (såsom insamlingsdatum, geografisk plats, revirstatus). Se publicerade inventeringsrapporter på Viltskadecenters hemsida ([www.viltskadecenter.se/index.php?option=com\\_content&task=view&id=114&Itemid=885](http://www.viltskadecenter.se/index.php?option=com_content&task=view&id=114&Itemid=885)) för mer detaljerad information om etableringen och förekomsten av varg i Skandinavien.

DNA-prover som legat ute i fält utsätts i varierande grad för miljöfaktorer som försämrar DNA-kvaliteten (t.ex. Santini m.fl. 2007). I och med detta löper man risken för allelbortfall, vilket innebär att provet, för en viss mikrosatellit, visar en homozygot genotyp (d.v.s. förekomsten av endast en allel) trots att individen ifråga är heterozygot (d.v.s. bär på två olika alleler). Detta försvårar både individ- och föräldraskapsbestämning avsevärt. För att undvika allelbortfall replikerades PCR för varje prov och markör fyra gånger. En individ bedöms som homozygot för en mikrosatellit då genotypen replikerats tre gånger och ingen annan allel observeras i något av replikaten. Kriteriet för en heterozygot genotyp är att varje allel observeras i minst två av replikaten. Trots denna åtgärd förekommer allelbortfall, om än i begränsad utsträckning (< 3 %). Enstaka fall av potentiellt allelbortfall har därför accepterats vid rekonstruktionen av släkträd.

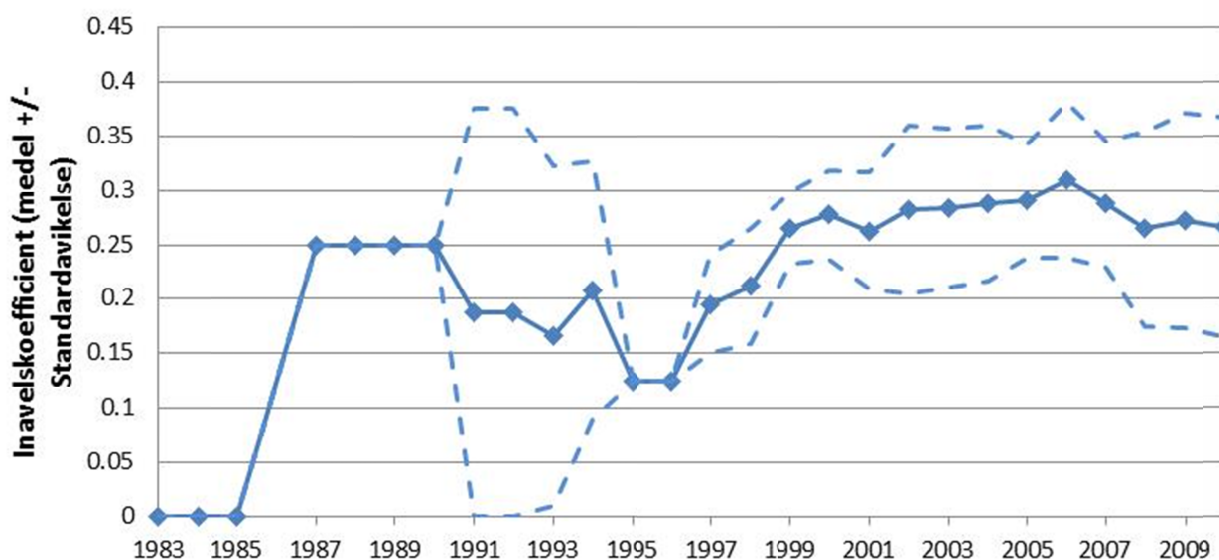
Besläktade individer bär på arvsanlag som kommer från en gemensam anfader (eller anfäder). Avkomman till besläktade föräldrar förväntas därför ärva arvsanlag med identiskt ursprung. Ju mer besläktade föräldrarna är desto större del av avkommans arvsanlag förväntas ha identiskt ursprung. Inavelskoefficienten  $F$  är ett mått på en individs inavelsgrad och varierar mellan noll (; föräldrarna är obesläktade) och ett (; föräldrarna är genetiskt identiska). En individs  $F$  är alltså andelen av arvsanlag som har identiskt ursprung. Inavelskoefficienterna som rapporteras har beräknats med CFC v1.0 (Sargolzaei m.fl. 2006) utifrån det framtagna släkträdet.

## Resultat

Släkträd över den skandinaviska vargstammen 1983-2010 utgörs av totalt 109 reproducerande par (Figur 1). I 13 fall har föräldrings bekräftats i ett område men identiteterna för en eller båda föräldrarna är okända, vilket begränsar möjligheten att beräkna släktskapet dem emellan. I nio fall (Nyskoga 2-4b, Gillhov, Hagfors 1, Fredriksberg, Kynna 1) har föräldrarnas ursprung kunnat återskapas utifrån tillgängliga genotyper och insamlingsdata (se Liberg et al 2005, Åkesson och Bensch 2010). Resterande par (Dals Ed 1, Mittådalen, Tenskog och Loka 2) har inte kunnat rekonstrueras eftersom tillräcklig genetisk information saknas. Hos ytterligare sex par har födelsereviret inte kunnat bestämmas för ena föräldern trots att det finns DNA från individen. Detta indikerar att vi inte lyckats identifiera alla reproducerande par i populationen. I fyra fall (Leksand 1, Uttersberg, Forshyttan och Lövsjön 2) har föräldraskapet för individerna rekonstruerats utifrån tillgängliga genotyper (se Liberg et al 2005, Åkesson och Bensch 2010) medan släktskapet mellan föräldrarna i Atndalen och Fulufjället fortfarande är osäkert. I Leksand 1 antas tiken (M-98-05) vara en avkomma till ett par (indikerade med "x" i Figur 1) födda i Gillhov respektive Nyskoga 4b. I reviren Uttersberg och Forshyttan/Lövsjön2 har hannarna (M-05-06 respektive M-05-05) okänt föräldraskap. Dessa hannars föräldraursprung är analyserats under antagandet de är helsyskon eftersom de påträffades under samma tidsperiod, i geografiskt närbelägna områden och visar relativt hög genetisk likhet. På detta sätt är det möjligt att utesluta de flesta potentiella föräldrarna och störst förklarandegrad erhöles med en avkomma från Filipstadsparet respektive en avkomma från Fredriksbergsparet som föräldrapar (indikerade med "x" i Figur 1).



Figur 1. Släkträd över reproducerande föräldrapar 1983–2010. Paret är visualiserade från vänster till höger i ordning efter året för första bekräftade reproduktion. Under varje parbeteckning (t.ex. Ny1) anges inavelskoefficienten för paret av avkomor. ”IM” representerar individer med ett ursprung utanför den Skandinaviska populationen. Härkomsten för hanna i Leksand, Uftersberg och Lövsjön 2 redogörs i texten. När ”?” anges bredvid födelseåret indikerar detta att ingen avkomma till paret ännu har identifierats genetiskt. Parbeteckningarnas betydelse redogörs i Bilaga 1.



Figur 2. Den genomsnittliga inavelskoefficienten bland avkommor från reproducerande revir (utan hänsyn till antalet avkommor) för åren 1983 till 2010. Notera att beräkningarna för 2010 inte inkluderar avkommor från Loka 2 eftersom släktskapet mellan föräldrarna inte var uppdagade vid beräkningstillfället.

Antalet reproducerande par 2010 har hittills registrerats till 31 stycken (Aronson 2011; Aronson och Svensson 2011), varav 16 par är nya för året (Figur 1). Släktskapen är kända för 30 av 31 av paren. I Fulufjället är båda föräldrarna identifierade, men föräldraskapet för hanen är fortfarande osäker. För åtta par har ingen avkomma ännu identifierats genetiskt. Bland de nya reproducerande paren består tre av ättlingar till immigranterna i Kynna 2 och Galven. Dessutom har vi under 2011 identifierat en individ (G39-11), vars föräldraskap är okänt men vars genotyp visar att individen är född från en Kynna 2-avkomma. Detta indikerar att ytterligare en ättling till Kynna 2 har reproducerat sig under 2009 eller 2010.

Den genomsnittliga inavelskoefficienten 2010 för de reproducerande parens avkommor (utan hänsyn till avkommornas antal) är 0,26. Denna skiljer sig marginellt från de tidigare två åren (Figur 2) trots att tre avkommor till de två reproducerande immigranterna i populationen har gått ut i aveln under 2010. Anledningen till att inavelsgraden fortfarande är relativt oförändrad är den ökande inavelsgraden bland individer som inte är ättlingar till immigranterna.

### Slutsats

Under 2010 är det hittills känt att 31 par har fått valpar. Av dessa har 16 ynglat för första gången, vilket i bekräftat med valp-DNA i tio fall. Släktträdet består idag av 109 reproducerande par. Populationen är grundad av fem individer och två av dessa har ynglat de senaste tre åren. Dessutom har minst tre avkommor till dessa immigranter för första gången 2010 gått ut i aveln. Efter en gradvis ökning i inavelsgraden bland avkommor födda mellan 1996 och 2006 har inaveln därför sjunkit från 0,33 till 0,26 under de senaste tre åren.

## Referenser

- Aronsson, Å. 2011. Vargföryngringar 2010: Lägesrapport preliminära resultat pr. 2011-05-02. Viltskadecenter.
- Aronsson, Å och Svensson, L. 2011. Varg i Sverige vintern 2010/2011 – preliminär statusrapport. Viltskadecenter.
- Bensch, S, Andrén, H, Hansson, B, Pedersen, H C, Sand, H, Sejberg, D, Wabakken, P, Åkesson, M. och Liberg, O. 2006. Selection for heterozygosity gives hope to a wild population of inbred wolves. - PLoS ONE 1: e72
- Kalinowski ST, Taper ML och Marshall TC. 2007. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment.- Molecular Ecology 16. 1099-1006.
- Liberg, O, Andrén, H, Pedersen, HC, Sand, H, Sejberg, D, Wabakken, P, Åkesson, M. och Bensch, S. 2005. Severe inbreeding depression in a wild wolf (*Canis lupus*) population. - Biology Letters 1: 17-20.
- Santini, A., Lucchini, V., Fabbri, E. och Randi E. 2007 Ageing and environmental factors affect PCR success in wolf (*Canis lupus*) excremental DNA samples. Molecular Ecology Notes 7:955-961.
- Sargolzaei, M, Iwaisaki H och Colleau, JJ. 2006. CFC: A tool for monitoring genetic diversity. Proc. 8th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., CD-ROM Communication 27-28. Belo Horizonte, Brazil, Aug. 13-18, 2006.
- Åkesson, M. och Bensch, S. 2010. Undersökning rörande flytt och jakt på varg; delredovisning från Leverantör 4 på uppdrag av Naturvårdsverket (dnr 235-3697-10). Bilaga 3 i Genetisk förstärkning av den svenska vargstammen: svar på uppdrag om rutiner för införsel och utplantering av varg i Sverige. Naturvårdsverket.

Bilaga 1

Tabell. Förkortningar på revir angivna i Figur 1.

<i>Revir</i>	<i>Förkortning</i>
Acksjön	Ack
Amungen	Amu1
Amungen 2	Amu2
Aamäck	Amä
Atndalen	Atn
Bograngen	Bgr
Brattfors	Bratt
Bredfjäll 1	Bre1
Bredfjäll 2	Bre2
Dals Ed-Halden 1	DE1
Dals Ed-Halden 2	DE2
Dals Ed-Halden 3	DE3
Dals Ed-Halden 4	DE4
Dals Ed-Halden 5	DE5
Djurskog 1	Dju1
Edsleskog	Eds
Forshyttan 1	Fh
Filipstad	Fil
Fredriksberg	Fre
Fulufjället	Ful
Furudal	Fur
Färna	Fär
Galven	Gal
Gillhov	Gh
Gimmen	Gim
Glaskogen 1	Gla1
Glaskogen 2	Gla2
Grangärde	Gran
Gravendal	Grav
Gråfjell	Grå
Gräsmark 1	Grä1
Gräsmark 3	Grä3
Gåsborn	Gås
Görsjön	Gör
Hagfors 1	Hag1
Hagfors 2	Hag2
Hasselfors 1	Has1
Hasselfors 2	Has2
Hasselfors 3	Has3
Halgån 1	Hlg1
Halgån 2	Hlg2

<i>Revir</i>	<i>Förkortning</i>
Jangen 1	Jang1
Jangen 3	Jang3
Jangen 4	Jang4
Jangen 5	Jang5
Julussa 1	Julu1
Julussa 3	Julu3
Julussa 5	Julu5
Kilsbergen 1	Kil1
Kloten	Klot
Koppang 1	Kop1
Koppang 2	Kop2
Korsån 1	Kors1
Korsån 2	Kors2
Kroppefjäll 1	Krp1
Kroppefjäll 2	Krp2
Kroppefjäll 3	Krp3
Kynnefjäll (DalsEd södra)	Kyf
Kynna	Kyn1
Kynna 2	Kyn2
Leksand 1	Le1
Linnekleppen	Lin
Loka	Lok
Loka 2	Lok2
Långsjön 1	Lång1
Långsjön 2	Lång2
Långsjön 3	Lång3
Lövsjön 1	Löv1
Lövsjön 2	Löv2
Mittådalen	Mitt
Moss	Mos
Naggen 1	Nag1
Nyskoga 1	Ny1
Nyskoga 2	Ny2
Nyskoga 3	Ny3
Nyskoga 4	Ny4
Nyskoga 4b	Ny4b
Nyskoga 5	Ny5
Ockelbo 1	Ock1
Ockelbo 2	Ock2
Osdalen 2	Osd2
Riala	Ria
Rotna 1	Rot1
Rotna 2	Rot2
Siljansringen 1	Sil

<i>Revir</i>	<i>Förkortning</i>
Siljansringen 2	Sil2
Sjösveden	Sjö
Skrälldalen 1	Skrä1
Skrälldalen 2	Skrä2
Skugghöjden	Sku
Slettås	Sle
Sandsjön 1	Snd1
Sandsjön 2	Snd2
Stadra	Sta
Storfors	Sto
Sången	Sång
Tansen	Tans
Tenskog 1	Ten1
Tisjön	Tis
Trång	Trå
Tyngsjö	Tyn
Ulriksberg 2	Ulr2
Ulriksberg 3	Ulr3
Uttersberg	Utt
Voxna 1	Vox
Par X	X
Par Y	Y
Årjäng	Årj
Äppelbo	Äpp