

Släktskap och inavel i den skandinaviska vargstammen

Olof Liberg, Staffan Bensch, Håkan Sand, Petter Wabakken, Douglas Sejberg och Hans Pedersen

Den nutida skandinaviska vargstammen är både liten och starkt isolerad från andra populationer av varg. Små populationer, oavsett om det är djur eller växter, löper en risk att dö ut på grund av genetiska problem. Denna risk är större ju mer isolerad populationen är, ju smalare genetisk bas den har och ju färre djur den består av. Vad gäller alla dessa tre faktorer har den skandinaviska vargstammen dåliga förutsättningar.

Det är främst två typer av genetisk risk en liten population löper. Den ena är långsiktig och består av att små populationer genom en helt slumpmässig process, s.k. genetisk drift, hela tiden tappar genetisk variation. Detta kan vara fatalt genom att populationen blir sämre rustad att anpassa sig till framtida problem, t.ex. nya sjukdomar eller förändrad miljö. Problemet är dock som sagt långsiktigt och det finns tid att möta det genom olika förvaltningsåtgärder, t.ex. befrämja invandring.

Det andra problemet, risk för s.k. inavelsdepression, är farligare genom att det kan slå igenom inom en relativt kort tidsperiod. Att inavel kan ge problem har att göra med att de allra flesta genetiska anlag för skadliga egenskaper, t.ex. olika former av missbildningar eller nedsatt fruktsamhet, är s.k. dolda anlag som slår igenom först när man ärver dem från både sin mor och sin far. Risken att två djur, som bär samma dåliga anlag, ska träffas och para sig är liten när populationen är

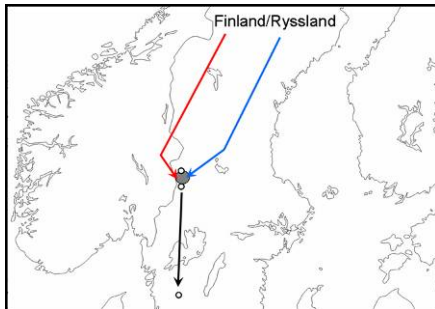
stor och den genomsnittliga släktskapsgraden låg. Men i små populationer, där alla är släkt med alla, är den tvärtom stor.

Mått på inavel

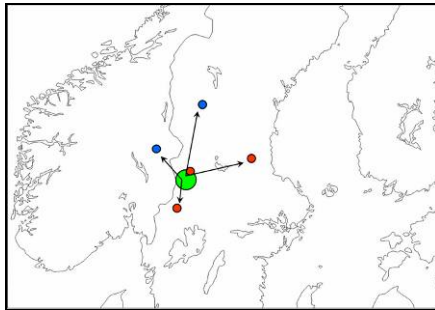
Inavel behöver inte alltid ge problem. Det kan vara så att de individer som stammen bygger på inte hade särskilt många skadliga gener med sig från början, kanske rent av inga alls. Vår skandinaviska vargstam bygger på några få invandrare. Eventuella problem vi kan få med inavel beror alltså på vad dessa individer hade i sitt genetiska bagage, vilket vi inte vet något om. I stället får vi gå direkt på effekterna av de gener som grundarna hade med sig, dvs. vi måste försöka klarlägga om man redan nu kan skönja problem med inavel i vår nuvarande vargstam. Säkraste sättet att göra detta är att undersöka samband mellan olika demografiska egenskaper (reproduktion och överlevnad) och graden av inavel (inavelskoefficienter) hos individerna. Inavelskoefficienten är ett mått på hur stor risk en viss individ löper att ärva samma egenskap från både fäder och moder.

För att mäta inavelskoefficienterna behövs en fullständig bild av hur individerna i populationen är släkt med varandra, en s.k. stamtavla eller släktskapsträd (eng. pedigree). Sådana stamtavlor upprättas lätt för tamdjur eller djur i fångenskap. För våra svenska djurparksvargar finns således

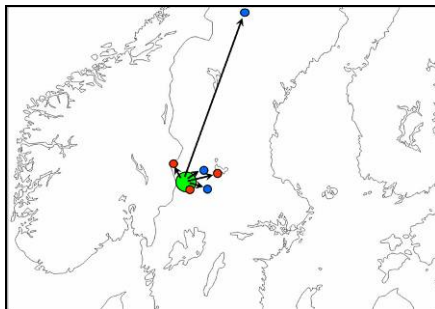
Släktskap och inavel i den skandinaviska vargstammen



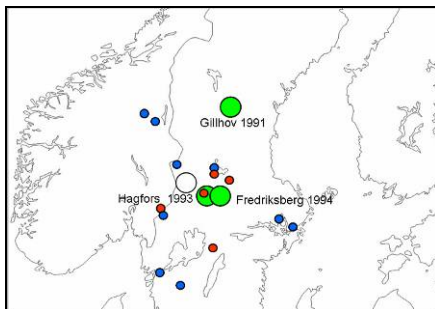
1) Första paret ynglade 1983 – 1985. DNA från honan och tre valpar. Alfahonan sköts 1985. Hanen försvann följande vinter.



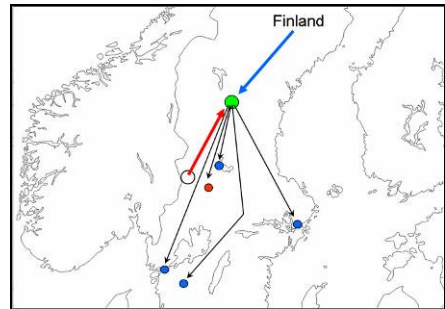
2) Nya reproduktioner i samma revir genom syskonparningar 1987 – 1989. DNA från fem valpar.



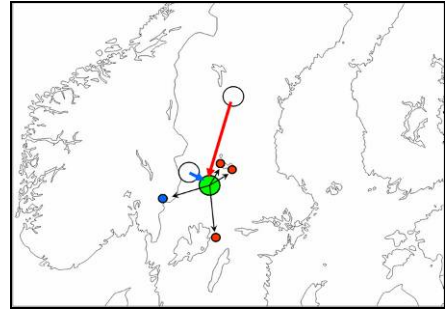
3) En tredje incestuös parning i samma revir 1990 – 1993. DNA från sex valpar.



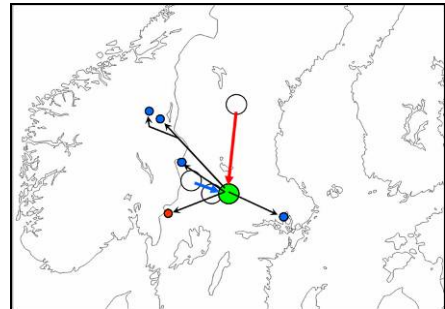
4) Tre nya revir 1991 – 1994. DNA från 14 valpar som alla innehöll nya gener.



5) Gillhov 1991 – 1993. DNA från fem valpar.



6) Hagfors I 1993 – 1994. DNA från fyra valpar.



7) Fredriksberg 1994 – 1997. DNA från fem valpar.

Figur 1. Ursprung och etableringssekvens för de första ynglande vargparen i mellersta Skandinavien 1983 – 1994. De stora ringarna anger ynglande par/revir, de grova färgade pilarna anger ursprung för de två djuren i respektive par, blått för hanar, rött för honor. De små punkterna anger fyndplatser för enskilda avkommor från dessa revir, vars DNA använts för rekonstruktion av de ynglande parens ursprung. Blå punkter anger hanar, röda honor. De tunna svarta pilarna anger utvandringssträckorna för dessa vargar.

en sådan stamtavla. För vilda djur där-
emot är det extremt svårt att upprätta
stamtavlor, eftersom man nästan aldrig
har en fullständig information om indivi-
dernas släktskapsförhållanden tillbaka till
de första grundarna av populationen. Här
är dock vår skandinaviska vargpopulation
närmast unik, eftersom detta är nästan
fullständigt klarlagt.

Vi ska i det här kapitlet visa hur vi ge-
nom att kombinera data från DNA-analy-
ser av olika typer av vargmaterial, som
samlats via ett idogt fältarbete utfört inte
minst av en stor mängd frivilliga, har
skaffat oss en detaljerad kunskap om
släktskapsförhållandena i vår vargstam.
Denna kartläggning av vilda vargar sak-
nar motstycke någonstans i världen. De
genetiska analyserna i detta arbete har
utförts vid laboratoriet för molekylär eko-
logi på Ekologihuset, Lunds Universitet.

Tidigt fältarbete och samarbete viktigt

Flera olika tursamma omständigheter har
bidragit till att vi kunnat bygga upp ett
nästan komplett släkträd av den nutida
skandinaviska vargstammen. De vikti-
gaste förutsättningarna var givetvis att
stammen är relativt nybildad, att den ba-
serats på ett fåtal grundare och att dess ut-
veckling dokumenterats mycket väl i fält
redan från början. Här har pionjärer som
Anders Bjärvall, Erik Isaksson och Jan
Wirtberg givit värdefulla bidrag.

En ytterst viktig pusselbit var att biolo-
giskt material för DNA-analys tillvara-
tagits från hela perioden. Från de tidigaste
åren har materialet huvudsakligen kommit
från vargar som återfunnits döda. Sedan
har vi efterhand fått material från hår,

löpblod och spillningar som samlas in i
samband med snöspårningar. Från 1998
har prover även tagits på vargar som sövts
för radiomärkning. Slutligen har det nära
samarbete mellan norska och svenska
forskare, och inte minst mellan ekologer
och genetiker, som organiseras inom fors-
karnätverket SKANDULV, varit en avgö-
rande förutsättning för uppbyggnaden av
vår kunskap om vargarnas släktskap.

Uppbyggnaden av släktskapsträdet

Det svåraste var att rekonstruera släktska-
pen under de första åren av vargstammens
utveckling, där vi saknar DNA-prover
från de flesta ynglande vargarna. Vi bör-
jade därför att systematiskt bygga på det
vi visste utifrån fältdata.

Utgångspunkten var att vargen i prak-
tiken var försvunnen från den skandina-
viska halvön under stor del av 1970-talet.
Som redogjorts för tidigare i denna bok,
upptäcktes dock flera vargar i Norrbotten
under 1977, och året därpå registrerades
en föryngring där, den första i Skandina-
vien sedan 1964. Den nybildade flocken
skingrades dock redan under påföljande
vinter av mänsklig förföljelse.

Samtidigt började rapporter om före-
komst av enstaka vargar strömma in från
mellersta Skandinavien, Värmland i Sve-
rige och Hedmark i Norge, och 1983 regi-
strerades en föryngring nära den lilla byn
Nyskoga i norra Värmland, som fått ge
namn åt detta första vargrevir i modern tid
så långt söderut i Skandinavien. Här
följde sedan föryngringar även de påföl-
jande två åren, men i juli 1985 sköts den
ynglande honan i en fårhage inom reviret.
Samma vinter tappade man kontakt med

hennes partner, dock först sedan han lyckats med att ensam föda upp flera av de valpar som fötts 1985. Året därpå föddes inga valpar, och alla trodde nog att detta var slutet för vargen i Skandinavien. Men vargarna ville annorlunda. Vintern 1987/88 konstateras att det återigen skett en föryngring i det gamla Nyskogareviret. Sedan fortsatte årliga föryngringar ända fram till 1993, möjligen ända till 1994.

Ett andra revir med föryngring tillkom 1991, i trakten av Gillhov i östra Jämtland. Detta nya revir producerade valpar i tre år, tills ett av alfadjuren där, förmodligen hanen, försvann 1994. Åren 1993 och 1994 bildades ytterligare två ynglande familjer, den ena norr om Hagfors i östra Värmland och den andra strax öster därom vid Fredriksberg i sydvästra Dalarna. Ytterligare ett par nya vargfamiljer bildades 1995 och 1996, och från och med 1997 började utvecklingen gå allt fortare, med flera nybildade vargpar varje år.

Med dessa fälldata som grund började vi rekonstruktionen av vargarnas släktskap. Från den första vargfamiljen i Nyskogareviret hade vi DNA från den skjutna honan och från tre andra döda vargar som fötts i perioden 1983–85, alltså valpar till detta första par (figur 1). Med hjälp av moderns och de tre valparnas DNA kunde vi rekonstruera DNA-profilen även för fadern, trots att vi inte hade något DNA direkt från honom.

Av vargar födda i perioden 1987–90, alltså efter att det gamla alfaparet försvunnit, har vi DNA från sju stycken. En av dessa var den berömda vargen Ylva, som uppehöll sig i flera år i trakterna väster om Sunne, och som så småningom blev avlivad efter tillstånd av Naturvårdsverket, därför att hon dödat flera hundar. Analyser av dessa sju vargar visar att de var avkommer från syskon i den första

familjen, som alltså genom incestuösa parningar höll den lilla vargstammen levande. De sju vargarna var inte helsyskon, vilket innebär att det skett mer än en parbildning, faktiskt inte mindre än tre, under den här perioden. Vi kan inte exakt beräkna sammansättningen av dessa olika parbildningar, vilket medför att det finns några olika alternativ. Vi har dock valt det enklaste och biologiskt mest sannolika alternativet, som innebär att det varit fråga om samma hona, som under en följd av år (1987–1993), parat sig med två olika helbröder och slutligen med en son från sin första kull.

En ny invandrare

År 1991 inträffade dock något intressant och för vargstammens fortsatta existens helt avgörande. Vi bevakade redan från början om det vid någon viss tidpunkt skulle dyka upp nya gener i materialet som indikerar att vi haft ytterligare invandring av varg. I 14 av de 18 prover vi hade från vargar födda i perioden 1991–1995 fanns avvikande gener, vilka inte påträffats hos det ursprungliga paret i Nyskoga. De fyra vargar som inte hade nya gener stämde väl med den gamla gruppen i Nyskogareviret, och kunde läggas till de sju vi redan hade från detta revir perioden innan.

Vi har alltså haft ytterligare en invandring till Skandinavien, utöver de två som kom in i början av 1980-talet. De första vargarna med nya gener var födda 1991, dvs. samma år som det nya paret i Gillhov började få valpar. En av föräldrarna i detta revir bör alltså ha varit den nya invandraren. Genom analys av gener som finns enbart på den hanliga Y-kromosomen,



Varg under uppvakning efter sövning för märkning.

Foto: Henrik Andrén

konstaterades att det var fadern som Nyskoga. Av de 14 vargarna med nya gener födda under perioden 1991 – 1995, kunde vi hänföra fem till reviret i Gillhov. De övriga nio kunde uppdelas på två olika syskongrupper. Under denna period hade mycket riktigt ytterligare två revir med åtföljande föryngringar etablerats (figur 1), nämligen Hagforsreviret (1993) och Fredriksbergsreviret (1994). Inte heller från något av dessa tidiga revir har vi DNA direkt från föräldrarna, men med hjälp av de nio vargarna födda i dessa två revir har vi kunnat rekonstruera föräldrarnas genetiska kod. Därvidlag har de gener som ligger på Y-kromsomen varit viktiga, genom att de hjälpt oss konstatera att i bägge dessa ynglande par härstammade honan från Gillhov och hanen från det gamla reviret i Nyskoga.

År 1995 eller 1996 skedde en ny parbildning i Hagforsreviret. Detta par sövde vi i SKANDULVs regi i december 1998, och det är således det första par där vi har DNA direkt från både honan och hanen. Även i detta fall visade det sig att honan kom från Gillhov och hanen från det gamla reviret i Nyskoga.

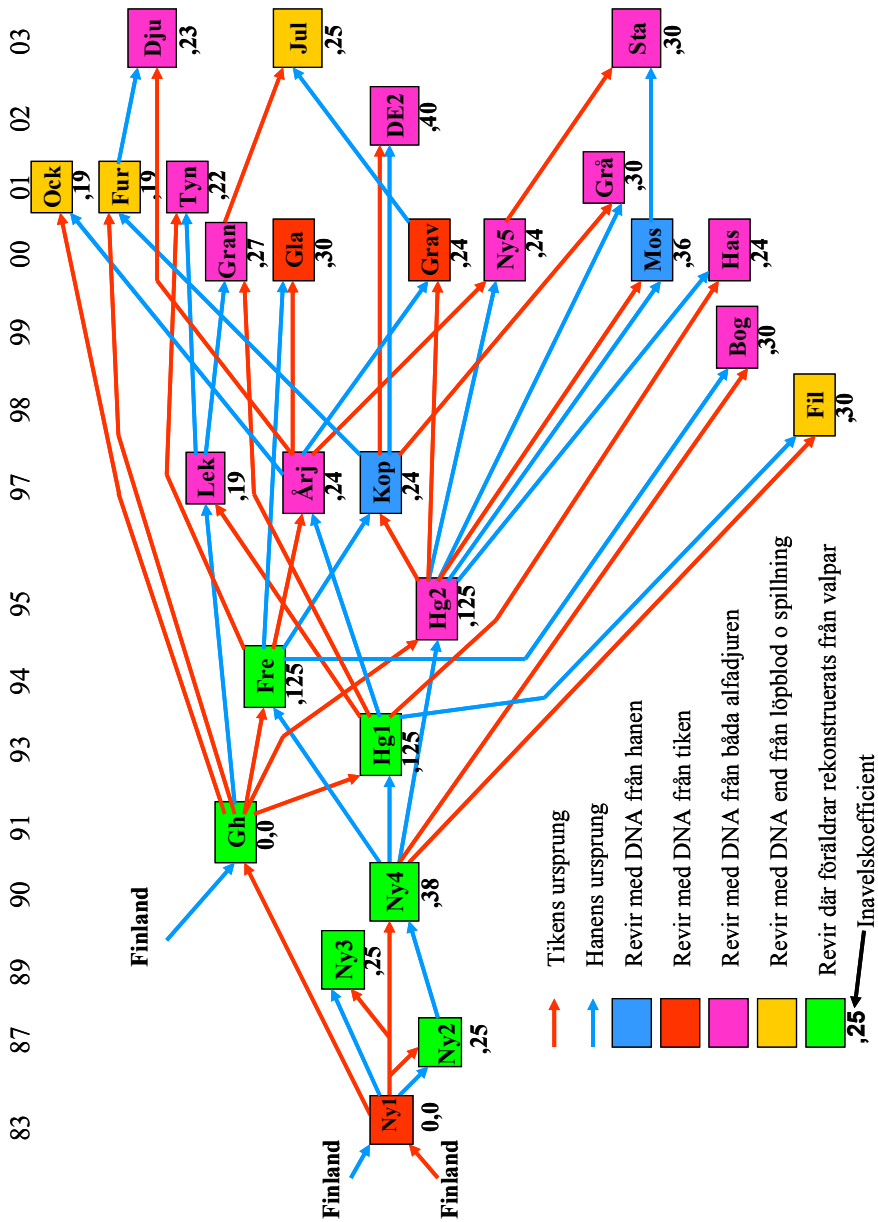
Från och med 1998 har vi DNA direkt från bägge föräldrarna i de flesta familjer som bildats efterhand i vår vargpopulation, eller åtminstone från den ena föräldern, samt från ett antal valpar vilket har hjälpt oss att rekonstruera den andra föräldern. Det märkningsprogram som SKANDULV startade 1998, har givit oss material från nästan 60 sövda vargar sedan dess. DNA-analyser av löpblod, hår och spillningar har fyllt i de sista luckorna till det nästan kompletta släktträdet för hela vår vargstam (figur 2).

Varifrån kom grundarna av vår nuvarande vargstam?

Hela den nuvarande vargpopulationen i Skandinavien bygger alltså på endast tre vargar, som uppenbarligen invandrat, nämligen det ursprungliga paret i Nyskoga och hanen i Gillhov. Genom jämförelser av deras DNA-profiler med DNA från finska och ryska vargar har vi och forskare vid Uppsala universitet, som också arbetar med genetiska studier av de skandinaviska vargarna, konstaterat att dessa tre vargar invandrat från Finland/Ryssland. Vi kan alltså med bestämdhet tillbakavisa påståenden att dessa vargar skulle komma någon annanstans ifrån, t.ex. från olika skandinaviska eller baltiska djurparker, som hävdats av dem som tror på den s.k. inplanteringsteorin, dvs. att vargarna skulle ha inplanterats av människor.

Ett argument som ansetts stödja inplanteringsteorin är att sträckan från östra Finland ned till mellersta Skandinavien skulle vara alldeles för lång för en varg att vandra. Ett stort antal data på utvandrande vargar, både från Nordamerika och Skandinavien, visar dock att det inte bara är

Släktskap och inavel i den skandinaviska vargstammen



Figur 2. Släktskapsträd för den skandinaviska vargstammen. De färgade kvadraterna symboliserar de ynglande paren. Färgade pilar anger hanens (blått) och honans (rött) ursprung för respektive par. Paren är arrangerade längs en tidsaxel (längst upp) som anger vilket år de ynglade första gången. Inlagt i figuren är inavelskoefficienterna för avkommorna till respektive par.

fullt möjligt med så långa utvandringar, utan också att det är relativt vanligt.

Vi har följt två skandinaviska vargar med radiosändare som gått mycket långt. De var bröder från samma kull födda 1998 i Hagforsreviret på gränsen mellan Dalarna och Värmland. Den ena ställde färden mot sydligaste Norge, där han stoppades först när han mötte havet, vände tillbaka upp mot Oslo, men vände tillbaka ned till norska Sörlandet där han sköts under skydds jakt.

Den andra vandrade under hösten 1999 och vintern 2000 först ned till södra Närke, sedan österut till Nyköpingstrakten, vek därpå av mot syd ända ned till Blekinge, där han vände västerut till Torekov ytterst på Bjärehalvön i nordvästra Skåne. Där stoppades han av havet, vände sedan tillbaka samma väg och mötte slutligen en illegalt avlossad kula i Torsås strax sydväst om Kalmar i januari 2000. Han hade när han dog vandrat 110 mil räknat i raka sträckor, och var uppenbarligen ännu inte färdig med sin vandring.

Förutom denna känner vi till ytterligare två vargar som vandrat ned till Skåne. Den senaste gick inte bara ned dit, utan vände hela vägen tillbaka upp till Mellansverige igen. Mycket tyder på att det var denna varg som sköts på Gräsö i Uppland i augusti 2002. I så fall hade denna varg vandrat minst 150 mil innan han miste livet.

Sedan 1987 har vi dessutom, genom att kombinera fälldata med DNA-analyser, konstaterat att minst fyra olika vargar vandrat från olika revir i södra Skandinavien upp till Norrbotten och ytterligare minst tre till Västerbotten, alltså en stor del av den sträcka som ifrågasatts av förespråkarna för inplanteringsteorin.

Under samma period har vi också noterat minst två invandringar till Norrbotten från Finland. Den ena var den berömda

Lapponiavargen, som radiomärktes vid Stora Sjöfallet där han även uppehöll sig ett år, innan han på nytt började vandra söderut. Denna varg blev förmodligen illegalt skjuten innan han hann särskilt långt på denna sin andra etapp.

Vi anser således att den enklaste förklaringen till att de vargar, som grundat vår nuvarande vargstam i mellersta Skandinavien, är att de vandrat dit på egna ben. Det är förmodligen heller ingen slump att vårt nordligaste revir, Gillhov, är det revir där en varg från vår population mötte en invandrare från nordöst. De möttes så att säga på halva vägen.

Beräkning av graden av inavel

Sedan starten 1983 och fram till och med år 2003 har det, såvitt vi vet, bildats 31 olika par i den skandinaviska vargpopulationen som också ynglat. Av dessa har vi beräknat ursprunget hos bägge djuren i 27 av paren, tillbaka ända till grundarna av populationen (figur 2). Detta innebär att vi också kan beräkna graden av inavel (s.k. inavelskoefficient) för dessa 27 par och deras avkommor.

Inavelskoefficienter beräknas för varje enskild individ och är alltså inte det samma som släktskapskoefficienter, som beräknas för par av individer och visar hur nära släkt de är. Inavelskoefficienten visar hur stor sannolikheten är för att en viss individ som ärvt en viss gen från sin ena förälder, ska ärva samma gen även från den andra. Om vi t.ex. tar avkomman till föräldrar som är helsyskon, i en i övrigt helt utavlad population, så är inavelskoefficienten 0,25. Detta inses genom följande räkneexempel; om individen har fått

en viss gen från fadern, kanske ett skadligt anlag, så är sannolikheten att även modern bär denna gen 0,5, eftersom föräldrarna är helsyskon. Men även om modern också bär på genen, så är sannolikheten bara 0,5 att avkomman verkligen ärver den också från modern, dvs den totala sannolikheten att få denna skadliga gen även från modern är $0,5 \times 0,5 = 0,25$.

I släktskapsträdet i figur 2 är några av inavelskoefficienterna för de valpar som fötts av respektive par, markerade under symbolen för paret. Koefficienten gäller alltså inte för paret, utan deras avkomma. Om vi t.ex. tar det första paret i Nyskoga-reviret så var de bägge parterna obesläktade, och därför har deras avkomma inavelskoefficienten 0, vilket står under symbolen för detta par. Därefter parade sig alltså två syskon från denna första vargfamilj, vilket är nästa symbol till höger i figuren (betecknad Ny2). Här blir inavelskoefficienten 0,25 eftersom det är fråga om en syskonparning.

I vår vargpopulation, liksom i alla små hårt inavlade populationer, stiger inavelskoefficienterna efter hand. I vår population bröts denna trend nästan direkt, men bara tillfälligt, av den hanvarg som kom in i aveln 1991. Därefter steg koefficienterna igen. Vi har dock faktiskt fått ännu ett, visserligen litet, avbrott i denna stigande trend, trots att vi inte fått in någon ny invandrare. Paren i Ockelbo- och Furudalsreviren är ju bägge relativt nyetablerade som ynglande par, men när vi analyserade DNA från spillningar i dessa revir visade det sig att honorna i bägge föräldraren är födda i Gillhovsreviret. Den senaste valpkullen i Gillhov föddes redan 1993, så honorna i Ockelbo och Furudal var bägge minst åtta år gamla när de började fortplanta sig år 2001. Det finns uppgifter om en hona i Ockelbo ända

sedan vintern 1992/93, så hon kan faktiskt vara född redan 1991, dvs. första året vi hade föryngring i Gillhov. Det innebär att vargarna i Gillhov inte är lika nära släkt med den övriga populationen som fötts senare, och att inavelsnivån i bägge dessa revir därför är lägre än genomsnittet. Den genomsnittliga inavelsnivån i populationen under de senaste tre åren ligger trots detta så högt som 0,26. Vargarna är alltså i snitt något mer släkt med varandra än efter helsyskonparningar. Flera av familjerna ligger nu faktiskt över 0,30. Framöver kommer vi att analysera relationen mellan inavelsgrad och olika egenskaper hos enskilda vargar.

Moders- och faderslinjer

En intressant aspekt som kan analyseras utifrån den kunskap vi nu har om släktskapen är s.k. moders- och faderslinjer. Vi har bara en enda moderslinje i den skandinaviska vargstammen eftersom det bara var en hona bland de tre grundarna. Det innebär att det s.k. mitokondrie-DNA, som ärvs enbart från modern, är identiskt för alla vargar i populationen.

Däremot har vi två faderslinjer, den ena från invandraren till Nyskoga, den andra från ena hanen i Gillhov. Vi kan notera att den senare faderslinjen är på väg att dö ut. Gillhovreviret producerade endast en hane, vilken dog i februari 1999, och endast två av hans söner har fortplantat sig. Den ena hann bara få två kullar, varifrån det är tveksamt om någon valp har överlevt. Den andra, hans jämnåriga bror, fick en kull i Grangärdereviret, men blev år 2000 av med tiken där efter bara en fortplantningssäsong. Ingen son tycks ha överlevt ur den kullen. Denna

Tabell 1. Utvandringsavstånd (km) från födelsereviret till etablering av eget revir hos hanar och tikar samt antalet etableringar som gränisar till födelsereviret under olika perioder under åren 1992 – 2002.

	Utvandringsavstånd (km)		Antal etableringar som gränisar till födelsereviret	
	Tikar	Hanar	Tikar	Hanar
Hela perioden	133	143	11	6
Perioden 1992 – 96	162	114	4	2
Perioden 1997 – 2002	101	155	7	4
Min avstånd	20	40		
Max avstånd	330	330		

hanen slog sig sedan ihop med honan i grannreviret Gravendal, som också blivit ensam, och bildade med henne det s.k. Ulriksbergsparet. Honan försvann dock innan någon kull hann bli född. Hanen lever för närvarande (mars 2004) ensam i Ulriksbergsreviret och är oss veterligen den siste bäraren av Gillhov-hanens faderslinje. Notervärt är dock att även om denna faderslinje skulle dö ut, så försvinner inte alla gener som Gillhov-hanen hade med sig, utan enbart den ganska begränsade mängd genetiskt material som finns på Y-kromosomen.

Andra användningar av släktskapsanalyserna

DNA-analyserna och släktskapsberäkningarna kan bli till nytta även i flera andra sammanhang av vargarnas biologi. En aspekt är den årliga beståndsuppskattningen, där man genom DNA-analys av insamlad spillning kan urskilja olika vargindivider och klarlägga deras ursprung. En synnerligen intressant aspekt är givetvis

att detektera eventuella nya invandrare från den finsk/ryska populationen, som i de två fallen i Norrbotten. Ingen av dessa nådde dock ned till den ynglande populationen i mellersta Skandinavien, men om och när något sådant inträffar har vi verktygen att omedelbart upptäcka detta.

Ett annat område där släktskapsanalyserna är mycket behjälpliga är klarläggande av utvandringsmönster och etablering av nya par, bl.a. de olika avstånd unga utvandrande vargar har tillryggalagt innan de etablerat sig.

Den korrekta definitionen av ett utvandringsavstånd är sträckan från födelseområde till det område där djuret etablerar sig för fortplantning. I många studier där man mätt utvandringsavstånd, är dock slutpunkten för utvandringen i stället den plats där djuret återfunnits dött, och man vet då inte om djuret skulle ha fortsatt sin utvandring om det överlevt längre. Detta problem har vi inte här, eftersom kännetecknet om etablerade vargars ursprung gör att hela utvandringsträckan från födelseområde till etableringsrevir kan mätas. I tabell 1 presenteras de utvandringssträckor vi mätt hittills. Vi har utslutit den första

perioden fram till 1990, då nära släktingar från samma revir parade sig med varandra och stannade i reviret. Som synes utvandrade honor och hanar i genomsnitt ungefär lika långt, 133 respektive 143 km. Det finns dock en skillnad i det att honor i början av stammens etablering, när reviren låg mer utspridda, utvandrade längre sträckor. Sedan stammen vuxit och reviren legat tätare, har honoras avstånd kortats avsevärt. För hanar var det precis tvärtom, även om tendensen var svagare. Det fanns dock en mycket stor variation i utvandringsavstånd mellan olika individer, men ungefär densamma för bägge könen, från ca 20–40 km som kortast upp till 330 km. Oavsett tidsperiod var det betydligt vanligare att honor slog sig ned direkt utanför födelsereviret. Det är slutligen

viktigt att komma ihåg att vi här endast inkluderat de djur som flyttat sig *inom* populationen. Vi vet att det finns djur som lämnat den för att ge sig iväg mycket långt, kanske ända till den finsk-ryska populationen, men de är alltså inte medräknade här.

Som synes kan släktskapsanalyser av vargstammen användas vid undersökning av en mängd olika aspekter av vargarnas biologi. Värdet av denna detaljerade kunskap om vargarnas släktförhållanden ökar också med tiden. Å andra sidan kommer det att bli allt svårare att hålla fullständig kontroll över de olika parens ursprung, efterhand som stammen växer. I takt med att släktförhållandena blir mer komplicerade, minskar dock risken att populationen ska dö ut till följd av att den är för liten.