

GÖRAN SPONG • JULIA JANSSON • IDA-MARIA BLÅHED

Adaptiv älgförvaltning nr 8:

DNA-analyser och viltövervakning

Uppdaterad juni 2019



Foto Henrik Ebbman / N



Foto Göran Spong

- Modern viltövervakning behöver svara på frågor om populationers sammansättning, storlek och utbredning, men också om beteendemönster och hur vilda populationer påverkas och påverkas av sin omgivning och andra arter (t.ex. födotillgång, mellanartskonkurrens, predation, och effekter av olika former av mänskligt nyttjande).
- I Sverige rör sig viltet relativt fritt, utan att begränsas av stängsel. Stora delar av landskapet brukas för olika ändamål (t.ex. jord- och skogsbruk och rekreation), ofta med olika förvaltningsmål. Där olika mål och hänsyn skall sammanvägas krävs kunskapsbaserad förvaltning vilket ställer stora krav på datakvalitet och -kvantitet.
- Att samla in tillförlitlig information från skygga djur som rör sig över stora områden är dock svårt. Här erbjuder genetiska metoder utmärkta verktyg för att studera processer på individ- och populationsnivå över både tid och rum. Ofta ger dessa metoder fördjupad information som är mycket svår att studera utan genetiska data, och de kan därför utgöra ett värdefullt komplement till traditionella, observationsbaserade metoder.
- Genetiska prover kan samlas in direkt från individen eller från spår som lämnas i naturen (t. ex. bettytor, spårstämplor, hårtussar, urin eller avföring). Ett stort antal prover över stora områden kan därigenom samlas in snabbt och relativt enkelt, utan att djuren behöver störas. Fördelen med det senare, icke-invasiva, alternativet är att det är lättare att samla in representativa prover från populationen.

Adaptiv förvaltning av älg

Riksdagen införde en ny ekosystembaserad och adaptiv älgförvaltning från år 2012. Det innebär att de mål som fastställs på olika nivåer inom förvaltningen löpande följs upp och utvärderas.

Det ska finnas en tydlig återkoppling mellan beslut och utfall vad gäller avskjutning, påverkan på skog och andra faktorer som viltolyckor. SLU tog under 2011 fram ett utbildningsmaterial bl.a. kring inventeringsmetoder för att underlätta övergången och för att säkerställa en gemensam kunskapsplattform för medlemmarna i viltförvaltningsdelegationer och älgförvaltningsgrupper. Detta material kompletteras nu med nya delar för att möta utmaningar som tillkommit. Faktabladet du läser ingår i en serie. Materialet i sin helhet och fördjupningar kan hämtas från slu.se/algforvaltning



Foto Daniel Papic

Möjligheterna att använda genetiska verktyg för att studera vilda populationer förbättras i snabb takt. Det är i huvudsak två utvecklingslinjer som har förenklats: möjligheterna att använda genetiska metoder i vilda populationer. För det första är analyserna nu så känsliga att vi kan utvinna användbart DNA från en rad källor som innehåller mycket små mängder DNA (t. ex. saliv, urin, spårstämplor i snö, vatten, jord, och saliv). För det andra kan vi kostnadseffektivt läsa allt större delar av djurens DNA. Det möjliggör en allt bättre upplösning i analyserna och förbättrar förmågan att uppskatta släktskap och spridning av individer mellan populationer. Pågående forskning vid SLU drar nytta av denna utveckling i flera olika projekt

som bland annat syftar till att bättre förstå de ekologiska effekterna av bete på skogens sammansättning, konkurrens mellan växtätare, och effekterna av predation och mänskligt brukande.

Bakgrund

Genetiska analyser jämför genetisk variation mellan individer. Individer delar mer DNA ju närmare släkt de är. Enäggstvillingar har identisk genuppsättning, syskon delar hälften av sitt DNA med varandra och detsamma gäller för andelen DNA som delas mellan en förälder och dess avkomma. Eftersom en individs genetiska uppsättning är ett resultat av två individers parning kan genetiska data användas för att bygga upp släktskapsförhållanden och mäta demografiska processer. Den

genetiska strukturen i en population (och hos individer) är också resultatet av mer övergripande processer såsom spridningsmönster och ekologiska förhållanden, som därför kan uppskattas med hjälp av genetisk data. Slutligen är individers och populationers genetiska variation ett resultat av en pågående selektions- och evolutionsprocess. Den genetiska sammansättningen i en naturlig population påverkas således av en rad, ofta samverkande, processer där mänsklig påverkan kan vara en viktig del. Mätningar av denna genetiska variation och vår kunskap om hur gener nedärvs, och vad som påverkar deras utbredning i naturliga populationer, ger oss ett mycket användbart verktyg för att ta fram information av nytta för förvaltningen.

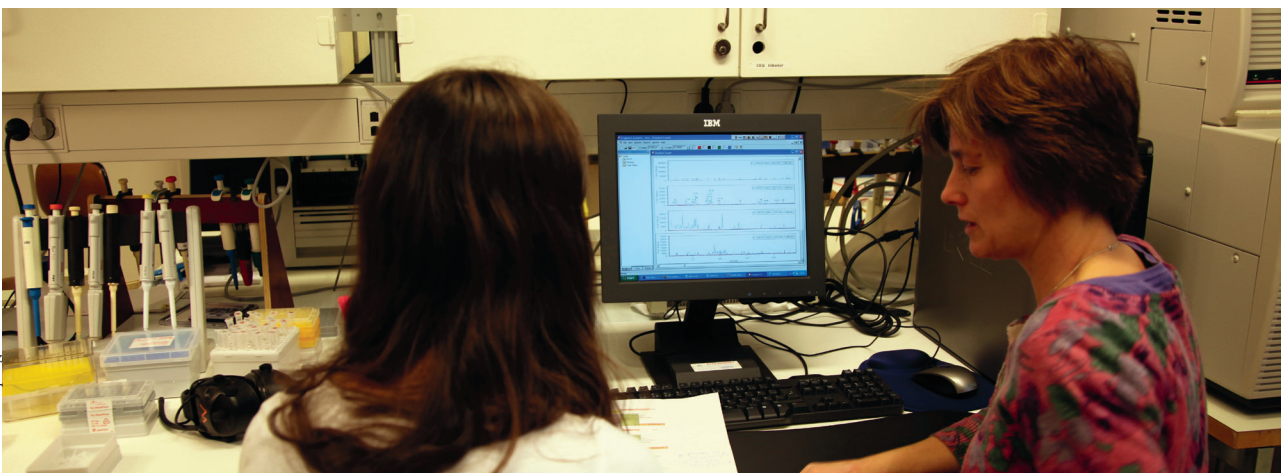


Foto Göran Spång

Begrepp och definitioner

DNA (deoxyribonukleinsyra): Den molekyl som innehåller en individs arvs massa.

eDNA: Små mängder DNA som hittas i naturen och som kan användas för att identifiera individer och arter.

Genotyp: En individs DNA-profil.

Pågående forskning

I Sverige finns stora, i flera fall ökande, populationer av stora däggdjursarter av stort förvaltningsintresse. En del växtätare är för tillfället på frammarsch, och många områden återkoloniserar nu av arter, både klövdjur och rovdjur, som varit frånvarande under lång tid, t.ex. vildsvin som snabbt sprider sig över landet. Att förstå orsaker och konsekvenser av de förändrade betesmönster, samt konkurrens- och predationsmönster som följer av denna kolonisation av skogliga ekosystem är viktigt för att kunna förvalta denna växande viltresurs. Hur påverkas älgen av de tillkommande arterna? Kommer populationen att öka, minska, ändra beteende? Vi vet idag mycket lite om konkurrens och födomönster i system med flera stora växtätare. I detta forskningsfält finns svar på grundläggande frågor om hur ekosystem fungerar och svar på frågor som påverkar hur vi väljer att förvalta viltresursen för att tillgodose olika mål (t. ex. jord- och skogsbruk, säkerställande av biologisk mångfald, och rekreationsmöjligheter).

eDNA, födoval och konkurrens

I områden med flera växtätare är det svårt att avgöra vilka delar av växten olika arter utnyttjar. Det är också svårt att veta var i landskapet olika arter föredrar att beta.



Foto: Daniel Papic

Förbättrade möjligheter att analysera eDNA har nu gjort det möjligt att studera även dessa frågor. Vid bete lämnar djuren små mängder saliv på bettstället. Vi utviner DNA ur denna saliv och kan bestämma vilken art som betat trädet. Genom ytterligare förfining av metoden kan vi nu också avgöra djurets kön och genotyp (för individigenkänning). Denna forskning syftar ytterst till att förbättra kunskapen om vad som påverkar betesmönster hos stora växtätare och vad effekterna på skogen blir i flerartssystem. Betydelsen av dessa växtätare för struktur och funktion hos ekosystem gör dem särskilt intressanta att studera. Exempelvis så påverkar de primärproduktion, näringsomsättning, och sammansättning hos växtsamhällen, alltså processer och strukturer av stor betydelse för grundläggande ekosystemtjänster och biologisk mångfald. Vår kunskap om hur dessa arter interagerar, vilka betesmönster dessa blandade populationer har och vilken effekt dessa mönster får på de ekosystem där de lever är för närvarande bristfällig.

Sådan information är dock kritisk för att kunna förvalta dessa populationer. Med hjälp av denna nya metod hoppas vi öka vår förståelse av faktorer som påverkar bete och dess effekter på populationsdynamik, artinteraktioner (djur-djur och djur-växt), biologisk mångfald och ekosystemprocesser.

Indirekta effekter av predation

Rovdjur påverkar sina bytesdjur genom direkt predation, men också genom att de får bytesdjuren att ändra sitt beteende för att försöka undvika predationen, så kallade indirekta effekter. Ett nytt projekt i samarbete med North Carolina State University syftar till att undersöka dessa frågor i svenska och amerikanska system. Olika klövdjur uppvisar olika beteenden och känslighet för predation beroende på vilket rovdjuret är. I Yellowstone i USA har vargen visats ha både direkta och indirekta effekter på populationsdynamiken hos amerikansk kronhjort. De indirekta effekterna leder till lägre reproduktion eftersom kostnaden för att undvika preda-



Foto: Daniel Papic

Populationsuppskattning Öland

Storleken på älgstammen på Öland undersöktes med hjälp av en spillningsinventering där prover samlades opportunistiskt från hela ön av jaktlag och fältpersonal. Nedanstående figur visar översiktligt utfallet av denna inventering.



Figur 1. Genetisk fångst-återfångst beräkning av antalet älgar på Öland. Efter genetiska och statistiska analyser uppskattades stammen till 135 älgar (med ett 95 % konfidensintervall på 118–156).

tion leder till sämre födointag (Creel et al. 2007). Hur svenska klövdjur förändrar sitt födointag i närvaro av rovdjur inte känt, men studier visar att lukten av björn får flera av våra klövviltsarter att ändra sitt beteende (Sahlén et al. 2016).

Populationsuppskattningar

Effektiv älgförvaltning kräver goda kunskaper om populationens storlek och utbredning, samt demografiska processer i populationen. Det är också viktigt att kunna mäta effekterna av förändringar i miljön eller förändrade förvaltningsåtgärder. Mycket av detta kan utföras med icke-genetiska metoder (även om genetiska metoder ofta är mer effektiva). En del frågor kan dock bara besvaras med hjälp av genetik, till exempel individuell reproduktionsframgång (Kleven et al. 2019) och andra genetiska processer. Möjligheterna att svara på dessa frågor i stora populationer är beroende av upplösningen och noggrannheten i de genetiska analyserna. Analyser av spillning från ett område kan användas för fångst-återfångst-analyser för att uppskatta populationens storlek. Eftersom en individs genotyp innehåller mer information, kan dessutom släktskapsförhållanden inom populationen användas för att ytterligare öka precisionen i populationsuppskattningen (Spitzer et al. 2016). Det går också att studera frågor som rör genflöde (genetiskt utbyte mellan populationer) och spridningsmönster (Norman & Spong 2015).

Ämnesord

Adaptiv förvaltning, inventering, älg, reproduktion, antal, DNA, PCR.

Läs mer

Spong, G. 2011. Inventering för adaptiv älgförvaltning (ÄFO) – Genetisk övervakning av älg. Manual nr 8. SLU. 9 sid. <http://www.slu.se/algmanual>

Creel, S., Christianson, D., Liley, S. & Winnie, J.A. 2007. Predation risk affects reproductive physiology and demography of elk. *Science* 315: 960.

Kleven, O., Ekblom, R., Spong, G., Lansink, G., Aspi, J., Creel S., Kojola, I., Kopatz, A., Koskela, A., Kvist L., Singh, N., Kindberg, J., Ellegren, H. & Flagstad. Ø. 2019. Estimation of gene flow into the Scandinavian wolverine population. NINA Report. Trondheim, Norwegian Institute for Nature Research. 1617.

Norman, A. J. & Spong, G. 2015. Single nucleotide polymorphism-based dispersal estimates using noninvasive sampling. *Ecology and Evolution* 5(15):3056–3065.

Sahlén, E., Noell, S., DePerno, C. S., Kindberg, J., Spong, G. & Cromsigt, J. 2016. Phantoms of the forest: legacy risk effects of a regionally extinct large carnivore. *Ecology and Evolution* 6(3): 791–799.

Spitzer, R., Norman, A.J., Schneider, M. & Spong, G. 2016. Estimating population size using single-nucleotide polymorphism-based pedigree data. *Ecology and Evolution* 6(10): 3174–3184.

Författare



Göran Spong är universitetslektor vid institutionen för vilt, fisk och miljö, SLU, 901 83 Umeå. goran.spong@slu.se



Julia Jansson är doktorand vid institutionen för vilt, fisk och miljö, SLU, 901 83 Umeå. julia.jansson@slu.se



Ida-Maria Blåhed är FD vid institutionen för vilt, fisk och miljö, SLU, 901 83 Umeå. ida-maria.blahed@slu.se

FAKTA SKOG • Rön från Sveriges lantbruksuniversitet

Redaktör: Göran Sjöberg, 090-786 82 96, goran.sjoberg@slu.se, SLU, 901 83 Umeå

Ansvarig utgivare: Göran Ståhl, goran.stahl@slu.se

Webb: www.slu.se/forskning/faktaskog

Prenumeration: 15 nummer per år för 340 kronor + moms.

Produktion: SLU, fakulteten för skogsvetenskap 2019.

ISSN: 1400-7789 © SLU

