



Sveriges lantbruksuniversitet
Swedish University of Agricultural Sciences

Ekologiska institutionen



Teknisk rapport över genetiska analyser på varg i Sverige från 1 maj 2024 till 30 april 2025

Mikael Åkesson

Anna Danielsson

Carlos Cardoso Palacios

Sandra Kvelland

Grimsö forskningsstation

SAMMANFATTNING

DNA-analyser av prover från varg har under 2025 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 perioden 1 maj 2024 – 30 april 2025. Dessutom utvärderas provresultaten med avseende på framgången som proven genererade information om art-, populations-, individ- och föräldratillhörighet.

Under perioden analyserades 2046 prov. Vissa prov analyserades med avsikt att ge snabb svarstid, s.k. akutprioriterade prov. Detta innebär att resultat ska rapporteras till leverantör inom sex arbetsdagar från det att provet kommit till DNA-laboratoriet i Grimsö. Totalt analyserades 237 akuta prov, fördelat på 74 enskilda ärenden. Svarstiden för ärenden var i genomsnitt 3,1 dagar och alla ärenden rapporterades inom sex arbetsdagar. Art- och populationsbestämning kunde göras för 160 (67%) av de akuta proven, däribland skandinavisk varg (n=133), finsk-rysk varg (n=5), hund (n=3) och räv (n=19).

Totalt 1809 prov analyserades i syfte att bedöma status i vargrevir, särskilja vargrevir, identifiera revirhävande djur samt identifiera, bestämma härkomsten för vargar som påträffats döda eller som har fällt under jakt samt uppskatta vargpopulationens storlek. Förekomsten av DNA från varg med känd populationstillhörighet kunde påvisas för 1351 prov, varav 1346 från skandinaviska vargar och 5 från vargar med finsk-rysk härkomst. Bland de prov som bestämdes till skandinavisk varg kunde identitet och föräldraskap bestämmas i 88 % (n=1180).

Totalt identifierades 326 vargindivider från prov analyserade under perioden 1 maj 2024 – 30 april 2025, varav 170 inte var identifierade tidigare. Totalt 322 individer var födda i Skandinavien och föräldrarnas identitet kunde bestämmas för samtliga. Fyra individer (G1-25, G139-23, G27-24, G43-25) med finsk-rysk härkomst identifierades.

Åkesson M*, Danielsson A, Cardoso Palacios C, Kvelland, S. 2025. Teknisk rapport över genetiska analyser på varg i Sverige från 1 maj 2024 till 30 april 2025. Rapport från SLU.

*Korresponderande författare: Mikael Åkesson (mikael.akeesson@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-genotypning</i>	5
<i>Art- och populationsbestämning</i>	6
<i>Individbestämning</i>	6
<i>Könsbestämning</i>	7
<i>Födelserevir</i>	7
RESULTAT OCH DISKUSSION	7
<i>Akutärenden</i>	8
<i>Normalprioriterade ärenden</i>	8
<i>Individer</i>	9
<i>Tabeller och figurer</i>	9
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 Grimsö forskningsstation (Sveriges lantbruksuniversitet, SLU) 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. Denna rapport inkluderar en sammanställning av antal prov som samlats in, antal prov som analyserats perioden 1 maj 2024 – 30 april 2025 (det så kallade reproduktionsåret), 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 provena 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 sker normalt 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 har ibland specifika behov att analysera DNA-prov som inte prioriteras inom ovanstående klasser. Svar för dessa prov sker normalt 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 renskötselområdet,
- 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 Quick-DNA™ Fecal/Soil Microbe Miniprep Kit (Zymo Research Corp.). DNA från hår extraherades med hjälp av proteinas K och natriumacetat följt av rening med etanol. DNA från salivprov från bitsår på tamdjur, från munhålan hos vargar samt små mängder blod extraherades med 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-genotypning

Framtagningen av en genetisk DNA-profil för bestämning av art, populations, individ, kön och föräldraskap gjordes genom PCR av upp till 96 SNP med en teknik utvecklad av Fluidigm Inc. (San Francisco, 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. Mer detaljerad information finns att tillgå i Åkesson m.fl. (2018) och vid förfrågan till korresponderande författare.

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 profil 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 enbart 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 markörer med identisk DNA-profil från båda replikat 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 i populationen. 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 och 2) korskontaminerade SNP-profiler ibland skenbart liknar avkommor till revirmarkerande par. Förekomsten av ”falska individer” förbyggdes genom att prov med en observerad heterozygoti 0.2 enheter högre än förväntat från familjedata eller från allelfrekvenser i populationen togs bort från vidare bestämningsförsök.

Art- och populationsbestämning

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 är vanligast (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”:

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

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 $LOD > 3$ 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. SNP-markörerna är ursprungligen utvecklade för DNA-analys av hundar och vargar, vilket medför att alla inte fungerar på rödräv, däribland tre 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.

Individbestämning

Från grundandet av den skandinaviska vargpopulation till maj 2025 identifierades 3374 individer med DNA. För bestämning av individ, kön och föräldraskap matchades provets SNP-profil med tidigare identifierade vargar i Norge och Sverige. För beräkning användes R

(R Core Team 2023) och RStudio (Posit Team 2025). För att undvika felaktig individbestämning användes endast prov som fungerade på minst 60% av autosomala SNP-markörer. En match mellan SNP-profilen från provet och tidigare identifikationer bedömdes som samma individ när mindre 5% av profilerna felmatchade. Prov med profiler som fungerade på minst 80% av markörerna och som inte matchade med någon tidigare funnen SNP-profil bedömdes komma från en ny individ.

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 de som inte går att utesluta utifrån Mendelsk nedärvningsprincip. I de fall då inget av de kända revirmarkerande paren matchade som föräldrar användes CERVUS version 3.0 (Kalinowski m.fl. 2007 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 perioden 1 maj 2024 – 30 april 2025 analyserades totalt 2046 prov. Av dessa var 2037 registrerade i Rovbase som vargprov insamlade i Sverige under reproduktionsåren 2024 (n=2025), 2023 (n=11) och 2022 (n=1). Resterande prov var registrerade som räv (n=5), järv (n=2) eller hund (n=2), insamlade i samband med tamdjursangrepp. Ingen av dessa nio visade förekomsten av DNA från varg.

Under det så kallade reproduktionsåret 2024 (1 maj 2024 – 30 april 2025) registrerades 4262 DNA-prov från Sverige efter sökning i Rovbase den 25 juni 2025. Bland de 2237 som inte analyserades kom antingen inte in till DNA-laboratoriet eller prioriterades inte för DNA-analys av länsstyrelse och viltskadecenter.

Totalt akutprioriterades 237 prov och 1809 prov normalprioriterades (Tabell B1 i Bilaga 1). Inga förvaltningsprov analyserades. Från döda kroppar analyserades totalt 82 prov från 66 individer. Saliv från sju valpar i en lya samlades in av SKANDULV och analyserades. Resten av proven (n = 1957) var DNA-spår insamlade i fält, däribland 1092 spillningar, 533 urinprov från snö, 2 hårprov, 28 blodspår, och 302 salivprov från angripna tamdjur.

Akutärenden

De 74 akuta ärendena som hanterades under reproduktionsåret 2024 inkluderade 237 prov, varav 44 spillningar, 7 urinprov, 1 blodspår och 178 salivprov och 7 prov från döda vargar. Dessa var insamlade i 14 olika län (Tabell 1, Figur 1) och med 2 till 50 prov per månad (Figur 2). Från inlämningsdatumet för det senast inkomna provet i ett ärende till rapportering av resultat tog det i genomsnitt 3,1 arbetsdagar, vara av alla rapporterades inom sex arbetsdagar (Figur 3).

Utlåtande om art- och populationstillhörighet kunde göras i 58 (78 %) av 74 akuta ärenden. Art och populationstillhörighet kunde bestämmas för 160 av 237 prov, varav 133 till skandinavisk varg, 5 till finsk-rysk varg, 3 till hund och 19 till räv. Andelen prov där art- och population bestämdes var därmed 67%, vilket är i nivå med de senaste tre årens framgång på 65–72%. Ytterligare 14 prov bestämdes till varg utan att populationstillhörighet kunde bestämmas på grund av för få fungerande SNP-markörer.

I de fall då det rörde sig om skandinavisk varg kunde identitet och födelserevir bestämmas för 109 (82 %) prov. I 24 fall kunde identitet inte bestämmas på grund av för få fungerande SNP-markörer.

Normalprioriterade ärenden

Under perioden 1 maj 2024 – 30 april 2025 analyserades 1809 prov från 18 olika län i enlighet med normal prioritering (Tabell 1, Figur 4). Under inventeringssäsongen 2024/2025 rapporterades 1542 (85 %) av dess prov (Figur 5).

Utlåtande om art- och populationstillhörighet gjordes för 1496 (83 %) prov (Tabell 1), varav 1346 till skandinavisk varg, 5 till finsk-rysk varg, 37 till hund och 108 till räv. I ytterligare 48 fall påträffades DNA från varg, men med otillräcklig genetisk information för att bestämma populationstillhörighet.

Bland de 1346 prov som bestämdes till skandinavisk varg kunde identitet och föräldraskap bestämmas i 88 % (n=1180) av fallen, vilket låg i nivå med analysframgången de senaste tre åren (85-91%). I de fall då identitet för en skandinavisk varg inte kunde bestämmas berodde det på förekomsten av DNA från mer än en individ (n=25), för få fungerande markörer (n=138) eller annan orsak (n=3).

Bland de 1727 normalprioriterade prov som utgjordes av icke-invasiva prov (spillning, urin, blodspår, hår eller saliv) kunde art- och populationstillhörighet bestämmas i 1464 fall (85 %), vilket är i nivå med de senaste tre årens framgång på 85–89%.

Individer

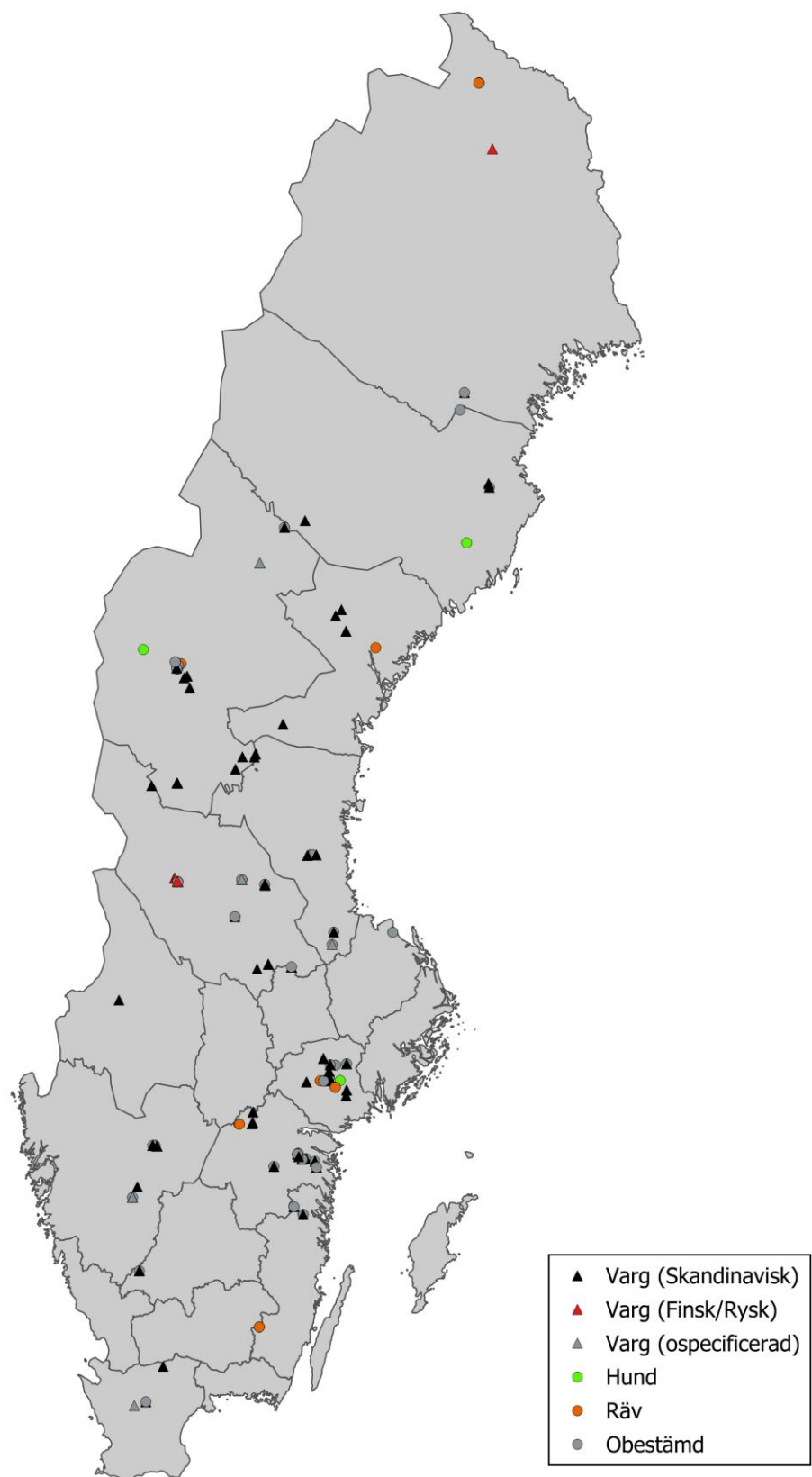
Totalt identifierades 326 vargindivider i Sverige från prov analyserade 2024-05-01 – 2025-04-30, varav 319 var observerades under reproduktionsåret 2024*. Bland dessa var 66 individer döda. Bland det totala antalet individer var 170 inte identifierade sedan tidigare. Totalt 322 vargar härstammade från den skandinaviska vargpopulationen och för dessa kunde föräldrarnas identitet bestämmas i samtliga fall. Fyra vargar hade finsk-rysk härkomst, däribland:

- G1-25; hane identifierad första gången i december i Norrbottens län och senare skjuten på skyddsjakt 28 december 2024 i samma län,
- G139-23; hane identifierad första gången i oktober 2023 i Jämtlands län och senast i Dalarna 27 augusti 2024,
- G43-25; hane identifierad första gången i augusti 2024 i Finnmark, Norge och sköts på skyddsjakt 30 november 2024 i Norrbottens län
- G27-24; tik identifierad från vävnadsprov insamlat 7 februari 2024, alltså under reproduktionsåret 2023

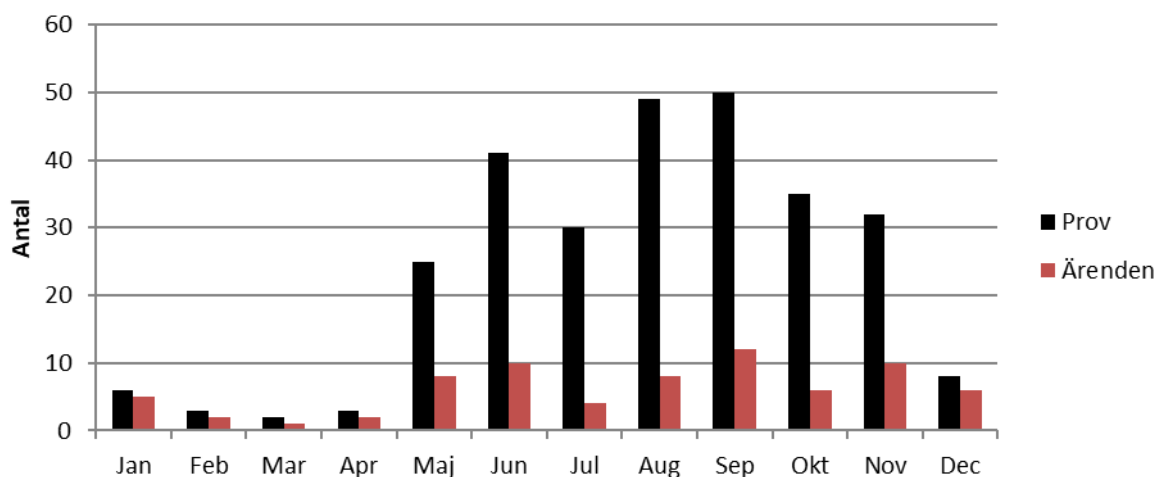
Tabell 1. Antal prov och analysframgång av akut- och normalprioriterade prov i olika län. Analysframgången anges i procent av totala antalet analyserade prov som bestämdes till art och population där andelen andra arter än varg anges inom parentes samt andelen av vargprov där födelselevir eller härkomst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

	Akutprioriterade prov			Normalprioriterade prov		
	Antal ärenden (prov)	Art / Population	Föräldraskap / Härkomst	Antal prov	Art / Population	Föräldraskap / Härkomst
Norrbotten	3 (8)	88 (100)	25	16	56 (6)	31
Västerbotten	5 (6)	67 (100)	50	13	85 (46)	0
Västernorrland	4 (7)	100 (100)	86	7	43 (0)	43
Jämtland	11 (30)	63 (100)	50	19	58 (5)	37
Gävleborg	5 (13)	54 (100)	46	110	93 (6)	62
Dalarna	9 (38)	66 (100)	55	164	88 (12)	45
Stockholm				22	95 (0)	64
Västmanland				117	86 (5)	53
Uppsala	1 (2)	0 (100)	0	63	90 (6)	30
Örebro				278	86 (3)	57
Halland				22	77 (9)	50
Värmland	1 (1)	100 (100)	100	212	80 (8)	55
Västra Götaland	4 (22)	73 (100)	41	240	84 (8)	30
Södermanland	10 (45)	78 (100)	56	156	82 (10)	38
Östergötland	14 (41)	66 (100)	51	63	86 (13)	46
Jönköping	1 (6)	50 (100)	33	98	79 (10)	47
Kronoberg				50	66 (14)	10
Kalmar	3 (13)	46 (100)	8	20	95 (0)	20
Skåne	3 (5)	60 (100)	40	132	67 (11)	10
SKANDULV				7	100 (0)	100

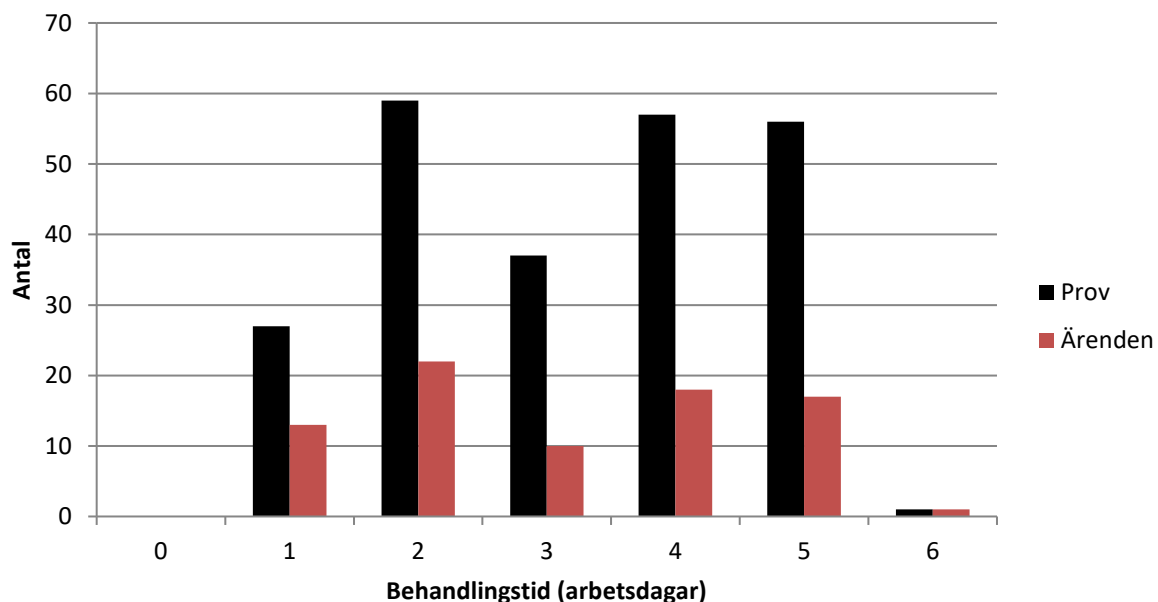
* Under reproduktionsåret 2024 identifierades ytterligare 25 individer i Sverige, observerade i samband med DNA-analys från andra uppdrag/projekt (Åkesson et al. 2025).



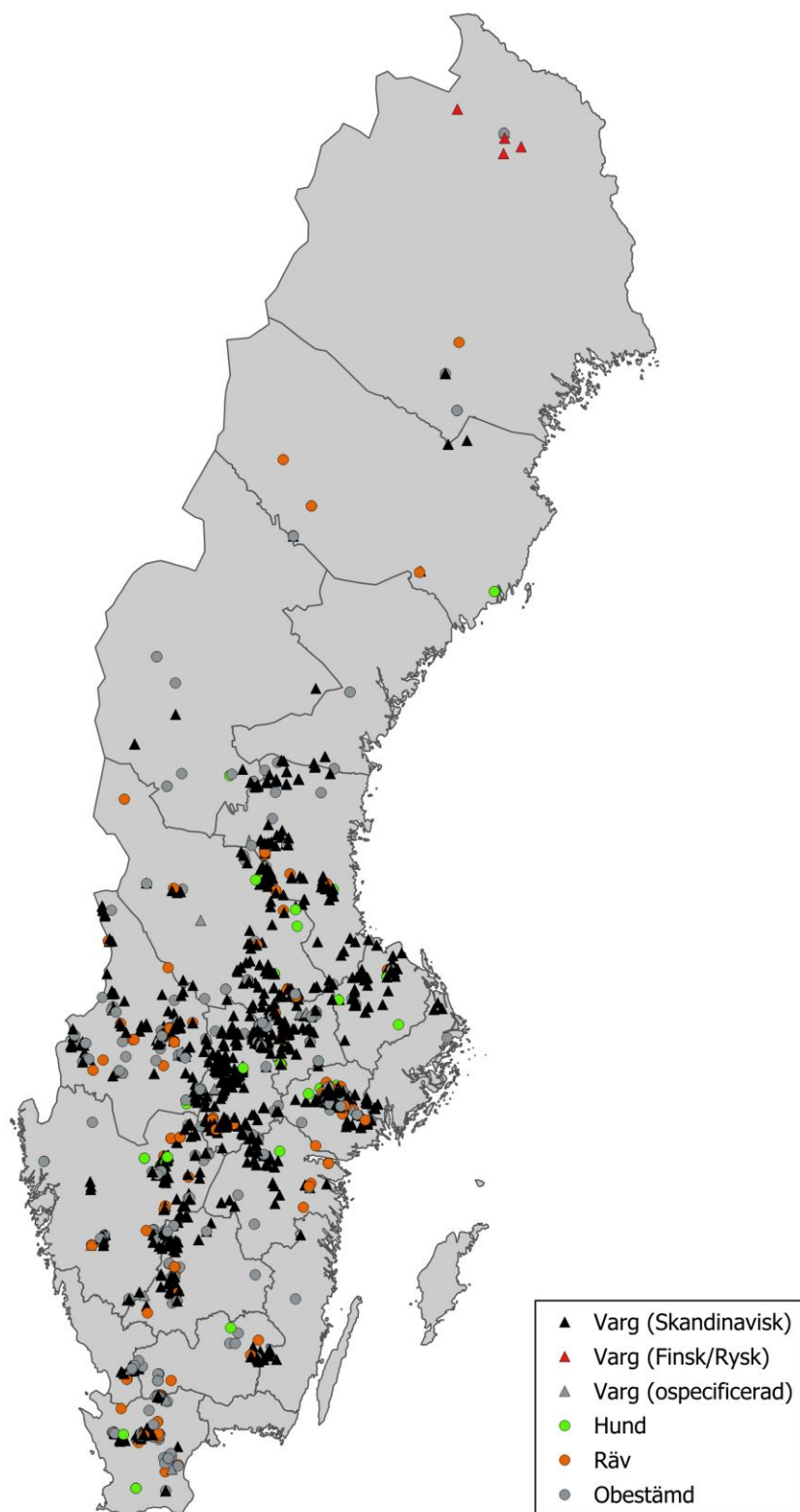
Figur 1. Insamlingsplats och art-/populationsbestämning för akutprioriterade prov under perioden 2024-05-01 – 2025-04-30.



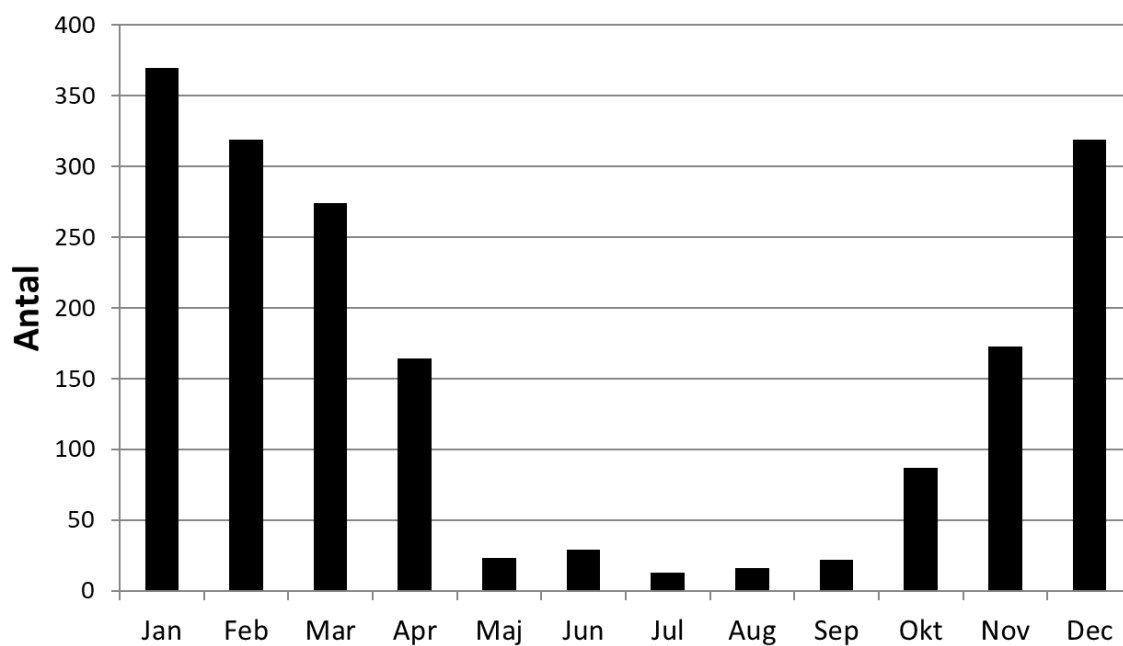
Figur 2. Antal akutprioriterade prov och ärenden som rapporterades varje månad under perioden 2024-05-01 – 2025-04-30.



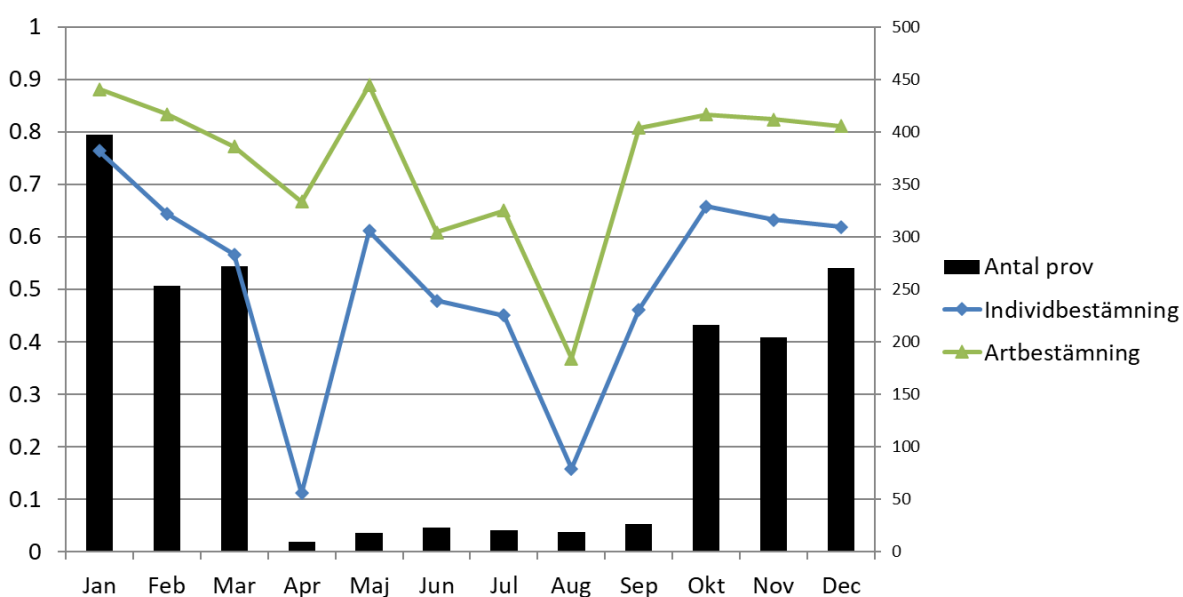
Figur 3. Behandlingstiden för akutprioriterade prov (n=237) och ärenden (n=74) under perioden 2024-05-01 – 2025-04-30. Behandlingstiden är antal arbetsdagar från att det senaste provet i ärendet anlände till DNA-laboratoriet fram till att ärendet rapporterades till berörda länsstyrelser och Naturvårdsverket.



Figur 4. Insamlingsplats och art-/populationsbestämning av normalprioriterade prov analyserade under perioden 2024-05-01 – 2025-04-30.



Figur 5. Antal analyserade och rapporterade normalprioriterade prov varje månad under perioden 2024-05-01 – 2025-04-30.



Figur 6. Analysframgången (; andel bestämda till art respektive individ) av normalprioriterade icke-invasiva prov insamlade per månad. Notera att månadskategorin kan bestå av prov från olika år.

REFERENSER

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.

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.

Åkesson M, Danielsson A, Hedmark E, och Öhrn. 2018. Teknisk rapport över genetiska analyser på varg i Sverige år 2017. Rapport från SLU. 162 s

Åkesson M, Svensson L, Cardoso Palacios C, Danielsson A. 2025 Sammanställning av släkträdets över den skandinaviska vargpopulationen fram till 2024, Rapport från SLU Viltskadecenter 2025-7.