# Inventering för adaptiv älgförvaltning i älgförvaltningsområden (ÄFO)
## – Genetisk övervakning av älg

*Manual nr 8*

# Inventering för adaptiv älgförvaltning i älgförvaltningsområden (ÄFO)
# – Genetisk övervakning av älg

*Manual nr 8 ▪ Version 1.0*

# Förord

Att vara adaptiv är att anpassa sig till nya förhållanden. Adaptiv förvaltning är ett koncept och förhållningssätt som fått allt större betydelse i den svenska naturresurshanteringen. Den traditionella förvaltningen har i allmänhet tagit mer hänsyn till människans och samhällets intressen än till de förhållanden som naturen och människan i kombination ger. När det sedan sker förändringar i samhället eller i naturen reagerar förvaltningen ofta för långsamt. Adaptiv älgförvaltning utgår från att resursen älg och dess omgivning ändras hela tiden. För att en adaptiv älgförvaltning ska fungera krävs att tydliga mål sätts. I den nya älgförvaltningen är det framförallt älgförvaltningsgrupper och viltförvaltningsdelegationer som sätter mål som den adaptiva förvaltningen styr emot. För att kunna sätta tydliga mål krävs självklart kunskap om systemet älg–människa–miljö. I älgförvaltningen styr vi människor, med hjälp av bland annat jakt och skogsbruk, mot uppsatta mål. För att ha uppsikt över vad som händer och hur tillståndet är i systemet älg–människa–miljö krävs bra data, som har insamlats med metoder som är testade och verifierade för älgförvaltningen.

Sedan 1939 har vi främst använt avskjutningsdata för att läsa av hur vi ligger till i älgförvaltningen. I takt med att älgpopulationerna ökade efter andra världskriget ökade också behovet att ha bättre kontroll över situationen. Ett omfattande metodutvecklingsarbete inleddes redan under 1960-talet och har sedan fortsatt vad gäller några av de metoder som idag regelmässigt används, dock inte systematiskt på alla nivåer. Med ett ökat antal älgar påverkades människorna i allt högre grad. Det blev större jaktuttag, fler trafikolyckor och större påverkan på areella näringar såsom jord- och skogsbruk. I slutet av 1970 var det tydligt att vi inte kunde följa älgpopulationens utveckling med hjälp av enbart avskjutningssiffrorna. Då intensifierades arbetet med att ta fram flera av de inventeringsmetoder som vi idag använder i modifierad form. Flyginventeringar introducerades, älgobservationsmetoden likaså, och vi började även utveckla metoder för att mäta älgarnas påverkan på sin omgivande miljö. Ett behov av konsensus kring uppskattningar av främst älgtäthet, reproduktion, populationens sammansättning, fodertillgång samt påverkan på skogsbruket, växte fram under 1980- och 1990-talen.

Den 1 december 2010 beslutade riksdagen om en ny älgförvaltning som möjliggör jakt inom större älgförvaltningsområden. Älgförvaltningsområdena ska i stort sett omfatta egna älgstammar. De nya bestämmelserna börjar gälla från den 1 januari 2012.

Inom ramen för regeringsuppdraget ”Uppdrag om framtagande av metoder för inventering av älg mm L2011/193” till SLU, Sveriges lantbruksuniversitet, har manualer för olika inventeringsmetoder för älgpopulationen tagits fram som ett led i arbetet med att utveckla en mer adaptiv och ekosystembaserad förvaltning.

FOTO DANIEL PAPIC

SLU har utgått från direktiven och tagit fasta på att inventeringsmetoderna ska vara kostnadseffektiva och kunna användas rutinmässigt inom älgförvaltningsområden (ÄFO) för att nå den kunskap om älgpopulationen som behövs. I uppdraget har vi fokuserat på inventeringsmetoder som är vetenskapligt utvärderade och som direkt kan användas inom älgförvaltningsområden (ÄFO) och sådana som kan användas för samtliga älgförvaltningsområden inom en viltförvaltningsdelegations (VFD) område. Metoderna ska kunna vara adaptiva vad gäller areal och genomförbarhet för att kunna användas rutinmässigt. SLU föreslår två typer av inventeringar:

- **Basinventeringar** som är genomförbara rutinmässigt och kostnadseffektivt i samtliga län, på nivån ÄFO:n och för VFD:n.

- **Utökade inventeringar** som kan användas om behov på ÄFO- och VFD-nivå finns.

De **basmetoder** respektive **utökade** metoder som vi nu föreslår bedömer vi redan vara tillräckligt utvärderade vetenskapligt och praktiskt för nivån ÄFO.

FOTO JANOS JURKA, NATURFOTOGRAFERNA

## Basinventeringsmetoder

Dessa metoder är redan kvalitetssäkrade och så kostnadseffektiva att vi rekommenderar att de rutinmässigt kan användas av ÄFO/VFD från 50 000 hektar och uppåt.

1. Avskjutningsstatistik för älg
2. Älgobservationer (Älgobs)
3. Spillningsinventering av älg
4. Älgkalvvikter

## Utökade inventeringsmetoder

Dessa metoder är nationellt och internationellt utvecklade och testade, men är mindre kostnadseffektiva och behöver inte användas årligen om inte särskilda behov föreligger.

5. Flyginventering av älg
6. Åldersstruktur och reproduktion för älg utifrån skjutet material
7. Hälsostatus för älg
8. Genetisk övervakning av älg

Regeringen angav också att SLU skulle beakta kvalitetssäkringen av de föreslagna metoderna. Förutom en specifik kvalitetssäkring, kopplad till respektive metod, rekommenderar SLU ett system med nationellt representativa referensområden som ska användas för metodutveckling, kalibrering, uppföljning och utbildning.

9. Nationella referensområden för älg

Uppdraget har utförts av SLU som ett fakultetsövergripande arbete mellan fakulteterna för skogsvetenskap, naturresurser och lantbruksvetenskap, samt veterinärmedicin och husdjursvetenskap. Uppdragets innehåll, utformning och slutliga val av metoder har förankrats inom ramen för den gemensamma referensgrupp som SLU, Skogsstyrelsen och Naturvårdsverket haft som stöd i arbetet med samtliga uppdrag kopplade till den nya älgförvaltningen. Det har letts av undertecknad via delegation från rektor vid SLU. Manualerna har utarbetats av forskare vid SLU i samarbete med kollegor vid Skogforsk och SVA. Manualen ”Genetisk övervakning av älg” har tagits fram av *Göran Spong*. Formgivning och slutlig redigering har gjorts av SLU:s kommunikationsavdelning.

*Umeå 21 september 2011*
*Göran Ericsson*
*Professor i viltekologi, SLU*

## Sammanfattning

Adaptiv älgförvaltning kräver goda kunskaper om den population som skall förvaltas. Att mäta populationsstorlek, reproduktion eller hur en population reagerar på ekologiska förändringar eller jakt är dock allt annat än enkelt. Flera olika typer av inventeringsmetoder används för närvarande inom älgförvaltningen. Nyare genetiska metoder används endast i begränsad omfattning. Analyser av DNA är dock ett mycket effektivt sätt att övervaka populationer samt studera processer och påverkan som annars vore mycket svåra att undersöka. Genetiska data kan därför utgöra ett mycket viktigt komplement till övriga inventeringsdata. I takt med att genetiska analyser blivit allt enklare att utföra, och kostnaden minskat, har användandet av genetiska metoder inom förvaltning av vilda populationer ökat. Fortfarande krävs dock särskild utrustning, vilket gör att genetisk övervakning kräver samarbete med ett forsknings- eller uppdragslaboratorium. Trots denna begränsning har DNA flera egenskaper som gör genetiska analyser till ett attraktivt verktyg inom förvaltningen. En individs DNA (arvsanlag) är resultatet av fortplantning mellan en hane och en hona. Eftersom vi vet hur arvsanlag nedärvs genom generationer kan vi använda denna kunskap för att mäta processer på individ- och populationsnivå till exempel fortplantningsframgång, spridningsmönster och populationsdynamik. Arvsanlaget är också unikt (undantaget enäggstvillingar) och beständigt (ofta även efter döden) vilket gör det till ett utmärkt, permanent, märke för individigenkänning. Slutligen kan vi utvinna DNA ur en mängd källor till exempel hår, avföring, vävnad, eller horn vilket gör att vi kan samla in material utan att ens behöva se djuret.

FOTO DANIEL PAPIC

Dnr SLU ua.Fe.2011-5.9-270
Produktion SLU, 2011
Projektledare produktion statskonsulent Göran Sjöberg, fakultetskansli skog
Grafisk form Viktor Wrange, AD & Mikaela Tobar
Omslag Henrik Ekman, Naturfotograferna
Upplaga PDF för egen utskrift

# Inne-hålls-förteckning

*Inledning* ▪ *2*

*Begrepp och definitioner* ▪ *3*

*Historik* ▪ *4*

*Beskrivning av metoden* ▪ *4*

- *Sammanfattning*
- *Insamling av data*
- *Sampling, dataintensitet*
- *Provregistrering*
- *Rapportering (av prov)*
- *Tolkning av data*
- *Metodens begränsning*

*Exempel* ▪ *6*

- *Frågeställning: Hur många tjurar på Öland är reproduktivt aktiva?*

*Förslag på fördjupnings-/ kompletterande läsning* ▪ *8*

*Författare* ▪ *9*

FOTO ALEXANDRA HAYDEN

## Inledning

Denna text ämnar ge en översikt av hur genetik kan användas för att övervaka vilda populationer. Här beskrivs således kortfattat förutsättningar och protokoll för genetiska analyser, provinsamling, laboratorieanalyser och beräkningar. Denna text är endast tänkt att ge en översiktlig bild av hur genetik kan användas för att svara på frågor av intresse inom förvaltningen. Beroende på frågeställning och övriga förutsättningar kräver dock varje projekt särskilda hänsyn, insamlingsstrategier och skräddarsydda analyser, så exakta detaljer kan därför inte enkelt sammanfattas. Principerna för genetisk övervakning skiljer sig dock inte från annan typ av inventering. Prover måste samlas in så att de utgör ett representativt urval av den population som önskas studeras och analyser bör innehålla uppskattning av tillförlitligheten och kvalitetskontroller.

Genetiska analyser är i grunden baserade på mätningar av genetisk variation hos individer. En individs genetiska material återfinns i cellkärnan, samt i cellens mitokondrier. Genetiska analyser baserar sig på mätningar av utvalda delar av den genetiska variationen. Vilka delar som undersöks beror helt på frågeställningen. Ibland vill man undersöka faktiska förändringar i förekomsten eller uttrycket av någon viktig gen. I andra fall används den genetiska informationen som en markör i syfte att identifiera individer eller mäta ickegenetiska processer. Även om nya tekniker ständigt ökar upplösningen och mängden genetisk data som kan analyseras är vi i grunden intresserade av att få ett mått på genetisk variation hos individer. Genetiska data innehåller flera lager av information vilket gör den särskilt värdefull. En individs genetiska uppsättning är ett resultat av två individers parning, vilket gör att vi kan använda den för att bygga upp populationens 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 genetiska data. Slutligen är individers och populationers genetiska variation ett resultat av en pågående selektion 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.

## Begrepp och definitioner

DNA (deoxyribonukleinsyra) Den molekyl som håller majoriteten av en individs DNA.

Gen en bit DNA som uttrycks, vanligen ett protein.

PCR DNA-syntetisering. Ett sätt att amplifiera (mångfaldiga) utvalda delar av en individs DNA för att få ut det i ett format och i tillräcklig koncentration för att kunna analysera.

## Historik

Trots att funktionen och strukturen hos DNA till stora delar var känd sedan 1950-talet, dröjde det till 1980-talets mitt innan PCR uppfanns vilket revolutionerade möjligheterna till genetiska analyser. Ungefär 10 år senare började de första artiklarna med genetiska analyser av vilda populationer dyka upp. Tidiga exempel använde enkla mätningar av populationers genetiska struktur och variation. Men eftersom genetisk struktur och grad av variation beror av flera samverkande faktorer var dessa resultat ofta av begränsat värde ur ett förvaltningsperspektiv. Inte heller mer avancerade populationsgenetiska modeller för beräkning av spridning och populationsstorlek är särskilt användbara eftersom de bygger på antagandet om jämvikt över lång tid, vilket gör att de fungerar dåligt för frågeställningar över de tidsramar som förvaltningen vanligen är intresserade av. Först när genetiska metoder användes för att identifiera individer (t.ex. genom avföringsanalys), ofta i kombination med fångst–återfångstberäkningar blev nyttan för förvaltningen mer påtaglig. Nya bättre genetiska metoder och minskade kostnader driver nu en utveckling mot individbaserade metoder för beräkning av demografiska parametrar på individ- och populationsnivå som är lämpliga för processer som sker över korta tidsrymder (t. ex. effekter av jaktuttag eller en svår vinter).

## Beskrivning av metoden

### *Sammanfattning*

DNA återfinns i samtliga vävnadstyper som hud, hår, eller muskulatur och kroppsutsöndringar som urin, avföring eller saliv. Även gammalt material innehåller ofta användbart DNA. Insamlat material bör konserveras med hjälp av kemikalier eller låga temperaturer (lägre än –20°C).

### *Insamling av data*

Kontaminering av prover måste förhindras genom korrekt provtagningsmetodik och sterilisering av utrustning mellan prover. Vid provinsamling krävs engångsartiklar eller utrustning som kan steriliseras exempelvis genom avbränning, samt behållare för prov som till exempel kuvert eller provrör av plast.

### *Sampling, dataintensitet*

Genetiska prov kan insamlas under alla förhållanden, under alla tider och under hela året. Fältpersonal bör utbildas i sterilteknik för att undvika kontaminering av prover.

### *Provregistrering*

Prov märks med unikt nummer. Eftersom många konserveringsvätskor som etanol (EtOH) löser upp märkpennor bör provnummer också ristas in i provröret. I databas måste provtyp/djurart, provtagningslokal, samt datum registreras. Beroende på provtyp och syfte kan även demografisk och annan information registreras som habitat och miljöbetingelser.

FOTO ISTOCKPHOTO

### *Rapportering (av prov)*

Rapporteringsprotokoll beror i hög grad på typ av prov och frågeställning. I de fall prover är instabila eller analys och återkoppling skall ske snabbt måste en effektiv distributionskedja (i vissa fall med frysta prover) etableras. I andra fall kan prover mellanlagras vid insamlande enhet för att med regelbundna intervall skickas till laboratorium.

### *Tolkning av data*

Analys av genetiska data kräver ofta särskild programvara. Vissa undersökningar baseras på enkla beräkningar och kan utföras efter endast begränsad utbildning. Många analyser och tolkning av resultat kräver dock expertkunskap inom genetik och statistik.

### *Metodens begränsning*

Genetiska metoder kräver tillgång till laboratorium och särskild utrustning.

## Exempel

### Frågeställning: Hur många tjurar på Öland är reproduktivt aktiva?

Eftersom en tjur kan betäcka flera kor så kan antalet tjurar i en population vara lägre än antalet kor utan att populationens reproduktionstakt påverkas negativt. Men antalet tjurar får inte bli för lågt. Antalet reproduktivt framgångsrika tjurar i en population är en förvaltningsfråga som inte kan besvaras utan genetiska analyser. För att svara på frågeställningen finns ett par alternativ: 1) frågan kan angripas utanför jaktsäsongen genom insamling av spillning, och 2) under jaktsäsongen finns möjligheten att ta in vävnadsprover från samtliga älgar som skjuts.

### Alternativ 1 (Genetisk analys av spillning)

Om vi väljer att samla in spillning bör vi sträva efter ett insamlingsprotokoll som gör att vi får med så många individer som möjligt. I områden med fler älgar bör insamlingen således vara mer intensiv. Antalet prover skall vara flera gånger större än det förväntade eller kända antalet individer (en del individer kommer således att förekomma med fler än ett prov). Proverna analyseras sedan och genotyp och kön bestäms. Genom släktskapsanalyser kan ett släktträd över populationen skapas. I detta släktträd kommer en del tjurar att kunna identifieras som fäder till kalvar. En del tjurar kommer däremot att sakna avkomma och en del kalvar kommer inte att ha någon fader. Det senare fallet är givetvis omöjligt och beror på att vi misslyckats med att samla in prov från vissa tjurar. Det föregående fallet kan bero på att tjuren helt enkelt inte lyckats para sig framgångsrikt, men kan igen bero på att vi helt enkelt missat att få med någon av tjurens kalvar. Vi ställs därför inför problemet att uppskatta hur många individer vi missat innan vi kan bedöma hur komplett släktträdet är. Eftersom vi samlat in mängder av prover så förekommer en del individer i flera prover. Vi kan därför göra en fångst-återfångstanalys av dessa prover för att uppskatta hur stor populationen egentligen är och hur många individer vi därför missat. Denna kvot kan sedan användas för att korrigera släktträdsanalyserna.

### Alternativ II (Genetisk analys av fällda älgar)

Insamling av vävnad från skjutna älgar har fördelen att vi kan uppskatta ålder (något som är svårt att göra genom spillningsanalys), vilket gör att vi kan vara säkra på om ett djur är förälder eller avkomma. Nackdelen är att en mindre del av populationen kan genotypas och att det blir svårt att uppskatta hur stor del av populationen som skjutits. Uppskattningen av andelen tjurar som avlat kalvar blir beroende på hur stor del av kalvarna som skjutits. Enkelt uttryckt: om endast hälften av kalvarna skjutits måste vi korrigera genom att dubbla uppskattningen av antalet tjurar som fortplantat sig. Till skillnad från det föregående alternativet, räcker det inte att använda endast vävnadsprover från skjutna älgar för att svara på vår fråga, utan kompletterande information över andelen skjutna kalvar krävs innan vi kan dra några slutsatser.

FOTO GÖRAN SPONG, SLU

## Förslag på fördjupnings-/kompletterande läsning

*Andersson, A-C, Andersson, S. & Lönn, M. 2007. Genetisk variation hos vilda växter och djur i Sverige: En kunskapsöversikt om svenska arter och populationer, teori och undersökningsmetoder. Naturvårdsverket. ISBN 91-620-5712-X.pdf, ISSN 0282-7298*

*Danell, K. & Bergström, R. (red). 2010. Vilt, människa, samhälle. Liber. ISBN 978-91-47-09418-9*



## Författare

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