



Grimsö 2017-07-07

Hej,

Här kommer lite information från SKANDULV. Alla publikationer hittar ni via <http://www.slu.se/skandulv>.

Vetenskaplig publikation

Hindrikson M, Remm J, Pilot M, Godinho R, Vik Stronen A, Baltrūnaitė L, Czarnomska SD, Leonard JA, Randi E, Nowak C, Åkesson M, López-Bao JV, Álvares F, Llaneza L, Echegaray J, Vilà C, Ozolins J, Rungis D, Aspi J, Paule L, Skrbinšek T, and Saarma U. 2017. Wolf population genetics in Europe: a systematic review, meta-analysis and suggestions for conservation and management. Biological Reviews 92: 1601-1629. <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/brv.12298/abstract>

Sammanfattning: Vargen i Europa har, efter att ha varit kraftigt decimerad i populationsstorlek i flera århundraden, gradvis börjat återetablera sig under senare hälften av 1900-talet. Genetiskt bär dock den europeiska vargpopulationen fortfarande med sig spåren av en historia med små och fragmenterade populationer. Detta har varit ett ämne för forskning under flera årtionden på flera ställen i Europa, men än så länge saknas det en enhetlig och jämförbar sammanställning av dessa forskningsresultat. Denna artikel är en summering från genetiska studier av varg i 19 olika länder i Europa som bedrivits på tre olika delar av vargens arvsmassa: mitokondriellt DNA (som nedärvs maternellt), Y-kromosomalt DNA (som nedärvs paternellt) och autosomalt DNA (som nedärvs från båda föräldrarna). Dessutom presenteras en metastudie baserad på mikrosatellitmarkörer från den autosomala arvsmassan, som på ett jämförbart sätt beskriver den genetiska variationen i Europa. Denna visar på att den genetiska diversiteten minskar signifikant i riktning från nordväst till sydost. Vid en uppskattning av hur den genetiska variationen i ett område påverkas av den i annat område (med s.k. rumslig autokorrelation) visar vi att områden upp till 650-850 km från varandra kan påverka varandra genetiskt. Sammanställningen avslutas med en syntes, där vi diskuterar de viktigaste hoten för vargens fortlevnad i olika delar av Europa. Dessutom adresserar vi kunskapsgapen som är relevanta för vargens genetiska status och bevarande i Europa samt förslår lämpliga lösningar för att täppa igen dessa hål. Sammanställningen avslutas med rekommendationer för en vetenskaplig och fakta-baserad vargförvaltning på regional och Europeisk nivå.

Rapporter

Svensson L, Wabakken P, Maartmann E, Åkesson M, and Flagstad Ø. 2017. Inventering av varg vintern 2016-2017/Bestandsövervakning av ulv vintern 2016-2017. Bestandsstatus för stora rovdjur i Skandinavien/Bestandsstatus for store rovdyr i Skandinavia 1-2017. 49 s.

Sammanfattning: Vargstammen i Sverige och Norge utgör en gemensam skandinavisk population med utbredning över riksgränsen. Årliga inventeringar ska genomföras vintertid i respektive land. Målen för inventeringen 2016-2017 (1 oktober - 31 mars) är att dokumentera antal och utbredning av revir med familjegrupper och revirmarkerande par. Populationens storlek i antal individer beräknas med samma metod som föregående vinter med en omräkningsfaktor från antal bekräftade valpkullar (föryngringar) till antal individer. I tillägg ska de revirmarkerande djuren i familjegrupper och par identifieras genetiskt för att dokumentera finskryska vargar, nya eller sedan tidigare kända, samt för att följa graden av inavel (inavelskoefficienten) i populationen. Inventeringen genomförs i huvudsak genom spårning på snö samt DNA-analyser av spillning och urin. Information från

radiotelemetri, forskningsdata samt döda vargar används när sådan information finns tillgänglig. Länsstyrelserna i Sverige och SNO (Statens Naturoppsyn) i samarbete med Høgskolen i Innlandet i Norge är ansvariga för att genomföra inventeringen i fält. De kontrollerar även i fält de rapporter om spår och andra observationer som allmänheten i stor utsträckning bidrar med under inventeringsarbetet. Under hela inventeringssäsongen 2016-2017 dokumenterades 46 familjegrupper i Skandinavien, varav 34 i Sverige, fem i Norge och sju gränsöverskridande. Totalt dokumenterades 28 revirmarkerande par varav 19 i Sverige, sex i Norge och tre gränsöverskridande. Efter fördelning av gränsreviren med hälften av vart revir till respektive land summeras för Sverige 37,5 familjegrupper och 20,5 revirmarkerande par. För Norge blir motsvarande summa 8,5 familjegrupper och 7,5 revirmarkerande par. 2016 dokumenterades 43 för yngningar (valpkullar) av varg Skandinavien varav 32 valpkullar i helsvenska revir, fyra i helnorska revir och sju i gränsöverskridande revir på gränsen mellan Sverige och Norge. Med samma metod som användes förra säsongen beräknas den skandinaviska populationen till 430 vargar (95% CI = 340-559). Den svenska delen av populationen, med halva gränsrevir inkluderade, beräknas med samma metod till 355 (95% CI = 281-461) vargar. Metoden baseras på antal dokumenterade för yngningar och inkluderar levande såväl som kända döda vargar under hela inventeringsperioden (1 oktober – 31 mars). Hela den norska populationen inklusive gränsreviren inventeras istället i fält. Inom Norge dokumenterades 54-56 vargar och tillsammans med hälften av de gränsöverskridande vargarna blir summan för Norge 79,5-84 vargar vintern 2016-2017. Tre sedan tidigare kända finskryska vargar dokumenterades under perioden. Två hanvargar i var sin familjegrupp med årskalpar födda 2016 (Tunturi och Prästskogen). Båda hanvargarna bedöms vara borta sedan hösten 2016. En tik fanns i ett revirmarkerande par (Tiveden). Inga nya finskryska vargar dokumenterades under inventeringssäsongen. Den genomsnittliga inavelskoefficienten som uppskattar inavelsnivån i populationen har beräknats till 0,23 för vinterns familjegrupper, vilket är en svag minskning sedan förra säsongen.

Åkesson M. 2017. Teknisk rapport över genetiska analyser på varg i Sverige år 2016. Rapport från SLU. 57 s.

Sammanfattning: DNA-analyser av prover från varg har under 2016 utförts inom ramen för en överenskommelse (NV-04027-14) mellan Naturvårdsverket och Sveriges lantbruksuniversitet (SLU, Grimsö forskningsstation). I denna rapport sammanställs resultaten för de prov som analyserats under året. Dessutom utvärderas provresultaten med avseende på med vilken framgång proven genererat information om art-, populations-, individ- och föräldratillhörighet. Under 2016 har Grimsö hanterat 1169 prov. Proven har främst levererats av landets länsstyrelser, men även av Statens veterinärmedicinska anstalt (SVA). Vissa prov analyseras med avsikt att ge snabb svarstid, s.k. akutprioriterade prov. Detta innebär att målet är att resultat rapporteras till leverantör inom fem arbetsdagar från provets inkomstdatum. Totalt analyserades 161 akutprov, fördelat på 83 enskilda ärenden. Svarstiden var i genomsnitt 4,2 dagar och vid 17 tillfällen överstegs den målsatta tiden på fem arbetsdagar (och uppgick som mest till 14 arbetsdagar). Från 114 av 161 akuta prov gick det att dra säkra slutsatser om art- och populationstillhörighet. I 103 fall rörde det sig om Skandinavisk varg, i åtta fall om hund och i tre fall om räv. Totalt 994 prov analyserades i syfte att bedöma status i vargrevir, särskilja vargrevir, identifiera revirhävdande djur samt identifiera och bestämma härkomsten för vargar som påträffats döda eller som har fällts under jakt. Även om majoriteten av proven (70%) analyserades och rapporterades under första halvåret, så var denna andel mycket mindre än året innan (83%). Förekomsten av DNA från varg kunde påvisas i 806 (81 %) prov. Av dessa kom 773 från skandinaviska vargar, 19 från finskryska vargar och de resterande tio proven kom från vargar med obekräftat ursprung. Födelseviret kunde bestämmas för 701 (91%) av de vargar som bedömdes ha Skandinaviskt ursprung. För att tillgodose länsstyrelsernas behov att individ- eller artbestämma prov som varken var akutprover eller ingick i inventeringsverksamheten har Grimsö analyserat totalt 14 prov, varav art kunde bestämmas i 7 (50%) fall. Totalt identifierades 288 individer, varav 135 inte identifierats något tidigare år. Bland de sistnämnda individerna kunde föräldraursprunget bestämmas i 130 fall (98%). Fyra individer med finsk-rysk härkomst identifierades,

varav två individer (G15-16 och G46-16) inte hade påträffats tidigare år. Under 2016 påträffades för första gången även avkommor till G15-16 i det s.k. Tunturi-reviret.

Åkesson M, och Svensson L. 2017. Sammanställning av släktträdet över den skandinaviska vargstammen fram till 2016. Rapport från SLU. 12 s.

Sammanfattning: Denna rapport redogör för uppdateringen av släktträdet över den Skandinaviska vargpopulationen och görs inom ramen för en överenskommelse mellan Naturvårdsverket och SLU, Grimsö forskningsstation (NV-08772-16). I rapporten presenteras populationens släktträd från 1983 till 2016 tillsammans med den årliga utvecklingen av familjegruppernas genomsnittliga inavelsgrad. Under inventeringsperioden 2016/2017 påvisades 45 familjegrupper av varg i Skandinavien. Inför parningssäsongen 2016 fanns i två av dessa familjegrupper en revirmarkerande immigrant och i sex av fallen en revirmarkerande F1:a, d.v.s. avkomma till immigranterna i Galven/Prästkogen eller Kynna 2. Den genomsnittliga inavelskoefficienten bland avkommorna i familjegrupperna under vintern 2016/2017 ($F = 0,228$) har minskat lite ($-0,009$) i jämförelse med 2015, vilket till viss del kan förklaras av förstagångsföringringar av en immigrant under 2016.

Debattartikel

Wikenros C, Liberg O, Åkesson M, och Sand H. 2017. Svar på kritik om ny omräkningsfaktor. Jakt & Jägare. Svar på debattartikel. <https://www.jaktojagare.se/kategorier/debatt/svar-pa-kritik-om-ny-omrkningsfaktor-20170214/>

Lyabesök

Den 28 maj gjordes ett besök vid lyan i Fulufjellet-reviret där det fanns sex stycken valpar (tre tikar och tre hannar).

Trevlig sommar!

Hälsningar,
Camilla

Camilla Wikenros
Koordinator SKANDULV
PhD

Sveriges lantbruksuniversitet
Swedish University of Agricultural Sciences

Institutionen för Ekologi
Grimsö Forskningsstation
Grimsö 152, 730 91 Riddarhyttan
Telefon: 0581-69 73 44
<http://www.slu.se/skandulv>