

## Nyhetsbrev från SKANDULV

Hej,

Här kommer information om SKANDULVs senaste publikationer, årets vargmärkning och pågående predationsstudier.

### Vetenskapliga publikationer

Viluma A, Flagstad Ø, Åkesson M, Wikenros C, Sand H, Wabakken P, and Ellegren H. 2022. [Whole-genome resequencing of temporally stratified samples reveals substantial loss of haplotype diversity in the highly inbred Scandinavian wolf population](#). Genome Research. Early view.

Sammanfattning:

För att organismer ska kunna anpassa sig till miljöförändringar och därmed överleva på lång sikt är det viktigt att de bibehåller eller tillförs genetisk variation. Små populationer förlorar genetisk variation snabbare än större populationer på grund av slumpmässiga förändringar i allelfrekvenser, s.k. genetisk drift. Få studier har kvantifierat hur snabbt genetisk variation, i form av SNPs (arvsmassans byggstenar) eller antal sekvenser (haplotyper), går förlorad sett över hela arvsmassan hos vilda populationer. I denna studie rekonstruerades kromosomernas DNA-sekvenser för 76 individer, som provtogs från 1983 till 2014. Bland dessa individer fanns en tik som tillsammans med två hanar var de enda grundarna av populationen fram till 2008. Haplotyperna till hanarna (som inte provtogs), rekonstruerades utifrån provtagna ättlingar och det släkträd som fanns tillgängligt över populationen. Vi fann att mellan 10-24% av den diploida arvsmassan från de tre grundarna hade gått förlorade efter ca 20 år. Av totalt 1,5 miljoner SNPs hade totalt 160.000 gått förlorade, då främst under perioden när population växte från bara några enstaka till 15 reproducerande par (1983-2000). Ett viktigt fynd i studien var att de tre grundarna tillsammans bar på färre haplotyper än de sex olika som var teoretiskt möjliga. Istället bar de tillsammans i genomsnitt 4.2 autosomala haplotyper, vilket kunde förklaras av att grundarna delade på samma haplotyper i 12-19% av fallen samt att de två hanarna var homozygota för 23% av haplotyperna. Detta tyder på visst släktskap hos de vargar som grundade populationen. Detta innebär att vi vet mer om grundarnas faktiska genetiska bidrag till den Skandinaviska vargpopulationen, vilket är lägre än vad som förväntat under antagande att de skulle vara obesläktade.

Åkesson M, Flagstad Ø, Aspi J, Kojola I, Liberg O, Wabakken, and Sand H. 2022. [Genetic signature of immigrants and their effect on genetic diversity in the recently established Scandinavian wolf population](#). Conservation Genetics. Online.

Sammanfattning:

Genetisk variation är förutsättningen för att alla organismer ska kunna anpassa sig till sina speciella livsmiljöer. I små och uppdelade populationer kan genetisk variation minska på grund av slumpmässiga förändringar i populationen, s.k. genetisk drift. Den Skandinaviska vargpopulationen grundades i början 1980-talet och är en del av en större population i Norra Europa. Under perioden 1983-2014 har den genetiska variationen bland vargar i Skandinavien ökat i samband med att sju invandrande individer från populationen i Finland och Ryssland har lyckats reproducera sig. Detta har vi funnit från DNA-analys av 26 s.k. mikrosatelliter. Även om de sju reproducerande immigranterna medförde att den genetiska variationen ökade i populationen, så har vargar i den skandinaviska populationen fortfarande lägre variation än vargar från både Finland (n = 25) och västra Ryssland (n = 19), med 18-20% lägre grad av heterozygoti och 28-34% färre alleler. Den genetiska variationen i populationen minskade dessutom under de 16 år (1991-2007) då inga immigranter lyckades reproducera sig i Skandinavien. En analys av 20 immigranter som korsade gränsen till Sverige eller Norge under studieperioden härstammade sannolikt från både Finland och västra Ryssland. På grund av låg genetisk differentiering mellan de finska och ryska vargarna, gick det i varje enskilt fall inte att bestämma från vilken av de två nationerna en immigrant härstammade. Vi fann även ett nära släktskap (motsvande helsyskon eller halvsyskon) mellan de olika immigranterna. Detta innebär att det inte går att anta att immigranter till Skandinavien är obesläktade med varandra. Sammantaget visar vår studie att den skandinaviska vargpopulationen är beroende av immigration från närliggande länder för att den genetiska variationen inte ska minska och att denna immigration troligen sker från både Finland och Ryssland. Detta understryker vikten av att ta fram underlag och strategier för att främja den gränsöverskridande övervakningen och förvaltningen av varg i norra Europa i syfte att få bättre kunskap om den genetiska situationen för olika populationen av vargar i hela regionen.

Åkesson M, Svensson L, Flagstad Ø, Wabakken P, and Frank J. 2022. [Wolf monitoring in Scandinavia: evaluating counts of packs and reproduction events](#). The Journal of Wildlife Management. Early view.

The Journal of Wildlife Management. Early view.

Sammanfattning:

Den årliga inventeringen av den skandinaviska vargpopulationen har som mål att uppskatta antalet revirmarkerande par och familjegrupper (flockar), genetiskt identifiera revirmarkerande vargar i dessa revir, samt att dokumentera vilka par som reproducerat sig (för att uppskatta populationsstorleken). I denna studie utvärderade vi detektionen av flockar och reproduktionstillfällen under 11 inventeringssäsonger (oktober-mars) under åren 2005-2016. Under studieperioden räknades totalt 343 revir med flockar och i 323 (94%) av fallen detekterades antingen ett par eller en flock i samma område året innan. I 14 fall detekterades annan vargförekomst året innan och i endast 6 fall sakades helt uppgifter om stationära vargar i området från året innan. Detta innebär att det sannolikt var få reproduktionstillfällen som kunde ha missats året innan ett revir med flock först identifierades. Bland 328 reproduktionstillfällen som

identifierades under studien, detekterades 318 (97%) inom ett år, medan resten uppdagades senare efter att avkommor identifierats från DNA. Detta innebär att det var få par som reproducerade sig och där avkommor inte detekterades under den efterföljande inventeringsperioden från reproduktionstillfället. Sammantaget ger denna studie stöd för att metoden för att inventera vargar i Skandinavien ger tillförlitliga uppgifter om det årliga antalet flockar och reproduktionstillfällen. Detta är en förutsättning för att förvaltande myndigheter att kunna sätta specifika mål i avseende på populationens storlek och utbredning.

### **Rapport**

Åkesson M, Danielsson A, och Cardoso Palacios C. 2022. [Teknisk rapport över genetiska analyser på varg i Sverige år 2021](#). Rapport från SLU. 107 s.

Sammanfattning:

DNA-analyser av prover från varg har under 2021 utförts inom ramen för en överenskommelse mellan Naturvårdsverket och Sveriges lantbruksuniversitet. I denna rapport sammanställs resultaten för de prov som analyserades under året. Dessutom utvärderas provresultaten med avseende på framgången som proven genererade beträffande information om art-, populations-, individ- och föräldratillhörighet. Under 2021 analyserades 2492 prov insamlade av landets länsstyrelser (86%) samt andra personer och organisationer (14%). 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 195 akutprov, fördelat på 59 enskilda ärenden. Svarstiden för ärenden var i genomsnitt 3,1 dagar och vid inget tillfälle överstegs den målsatta tiden på sex arbetsdagar. Från 127 av 195 akuta prov gick det att dra säkra slutsatser om art- och populationstillhörighet, däribland skandinavisk varg (n = 97), finsk-rysk varg (n = 11), hund (n = 14) och räv (n = 5). Totalt 2286 prov analyserades i syfte att bedöma status i vargrevir, särskilja vargrevir, identifiera revirhävdande djur, bestämma härkomsten för vargar som påträffats döda eller som har fällts under jakt samt uppskatta vargpopulationens storlek. Förekomsten av DNA från varg med känd populationstillhörighet kunde påvisas för 1748 (76%) prov och av dessa kunde identitet bestämmas i 1541 (88%) fall. För att tillgodose länsstyrelsernas behov att individ- eller artbestämma prov som varken var akutprover eller ingick i inventeringsverksamheten analyserades 60 prov, varav art kunde bestämmas i 46 (77%) fall. Totalt identifierades 412 vargindivider från prov analyserade under 2021, varav 168 inte var identifierade tidigare. Totalt 406 individer var födda i Skandinavien och föräldrarnas identitet kunde bestämmas för samtliga. Fem individer med finsk-rysk härkomst identifierades.

### **Fältverksamhet**

Under årets vargmärkning har vi märkt hanen och tre hanvalpar (möjligt en fjolårsvalp) i Ulvåa-reviret, en tikvalp i Varåa-reviret, samt tiken, hanen och en tikvalp i Prästskogen-reviret. Tiken i Juvberget har fått ny sändare. Vi genomför för närvarande predationsstudier i Prästskogen-reviret och på en tikvalp i Varåa-reviret.

Bästa hälsningar,  
Camilla

Camilla Wikenros  
Koordinator SKANDULV  
Docent

**Sveriges lantbruksuniversitet**  
**Swedish University of Agricultural Sciences**

Institutionen för Ekologi  
Grimsö 152, 739 93 RIDDARHYTTAN  
Telefon: 0581-69 73 44  
[camilla.wikenros@slu.se](mailto:camilla.wikenros@slu.se), [www.slu.se](http://www.slu.se)  
[www.slu.se/skandulv](http://www.slu.se/skandulv)

