



## **Sammanställning av släkträdets över den skandinaviska vargstammen fram till 2011**

Dr. Mikael Åkesson, Grimsö forskningsstation, Institutionen för ekologi, Sveriges lantbruksuniversitet (SLU), 730 91 Riddarhyttan.

Denna rapport redogör för uppdateringen av släkträdets över den skandinaviska vargstammen inom ramen för en överenskommelse (dnr 235-7585-09) mellan Naturvårdsverket och Grimsö forskningsstation. I rapporten presenteras stammens genealogi från 1983 till 2011 tillsammans med de reproducerande parens inavelsgrad och första året de reproducerade. Dessutom beskrivs inavelsutvecklingen i populationen.

### **Material och metoder**

Uppbyggandet av släkträdets bygger på den genetiska information som samlats in från vargar i Skandinavien sedan 1984. Underlaget för den nuvarande uppdateringen av släkträdets är 646 prover som samlats in och analyserats under 2011 och 2012.

För att bestämma individ, ursprung och föräldraskap har vi använt oss av 30 mikrosatellitmarkörer (Liberg m.fl. 2005; Bensch m.fl. 2006). För varje markör bär varje individ på två längdvarianter (s.k. alleler), ärvda från vardera föräldern. Alleluppsättningen på flera markörer utgör en genotyp vilken (med tillräckligt många markörer) är unik för varje individ och därmed avslöjar vargens identitet samt i viss mån även föräldraskap.

Genotyper från alla prov jämfördes och testades mot vår databas över redan tillgängliga genotyper från den skandinaviska populationen med programmet CERVUS v3.0 (Kalinowski m.fl. 2007).

Föräldraskap (och därmed släkträdets) har bestämts manuellt utifrån den genetiska informationen från mikrosatelliterna samt annan insamlad information kopplad till proven (såsom insamlingsdatum, geografisk plats, revirstatus). Se publicerade inventeringsrapporter på Viltskadecenters hemsida ([www.viltskadecenter.se/index.php?option=com\\_content&task=view&id=114&Itemid=885](http://www.viltskadecenter.se/index.php?option=com_content&task=view&id=114&Itemid=885)) för mer detaljerad information om etableringen och förekomsten av varg i Skandinavien.

Genotypen är densamma för en individ oavsett vilken typ av prov (spillning, vävnad, löpblod etc) som analyseras. Undantaget beror allra främst på förekomsten av s.k. genotypningsfel, vilket innebär att genotyper är felaktiga på grund av metodologiska skäl. Förekomsten av genotypningsfel beror på typ av DNA-prov (; spillnings-DNA genererar t.ex. mer genotypningsfel vävnads-DNA) och miljöförhållanden såsom provets ålder, temperatur och underlag (snö eller barmark) vid insamlandet. Det vanligaste genotypningsfelet är s.k. allelbortfall, vilket innebär att provet, för en viss mikrosatellit, visar en homozygot genotyp (d.v.s. förekomsten av endast en allel) trots att individen ifråga är heterozygot (d.v.s. bär på två olika alleler). Detta försvårar både

individ- och föräldraskapsbestämning avsevärt. För att undvika allelbortfall replikerades PCR för varje prov och markör fyra gånger. En individ bedöms som homozygot för en mikrosatellit då genotypen replikerats tre gånger och ingen annan allel observeras i något av replikaten. Kriteriet för en heterozygot genotyp är att varje allel observeras i minst två av replikaten. Trots denna åtgärd förekommer allelbortfall, om än i begränsad utsträckning (< 3 %). Enstaka fall av potentiellt allelbortfall har därför accepterats vid identifiering och rekonstruktionen av släkträd.

Besläktade individer bär på arvsanlag som kommer från en gemensam anfader (eller anfäder). Avkomman till besläktade föräldrar förväntas därför ärva arvsanlag med identiskt ursprung. Ju mer besläktade föräldrarna är desto större del av avkommans arvsanlag förväntas ha identiskt ursprung. Inavelskoefficienten  $F$  är ett mått på en individs inavelsgrad och varierar mellan noll (; föräldrarna är obesläktade) och ett (; föräldrarna är genetiskt identiska och bär inte på någon inbördes variation). En individs  $F$  är alltså andelen av arvsanlag som har identiskt ursprung. Inavelskoefficienterna som rapporteras har beräknats med CFC v1.0 (Sargolzaei m.fl. 2006) utifrån det framtagna släkträd.

## Resultat

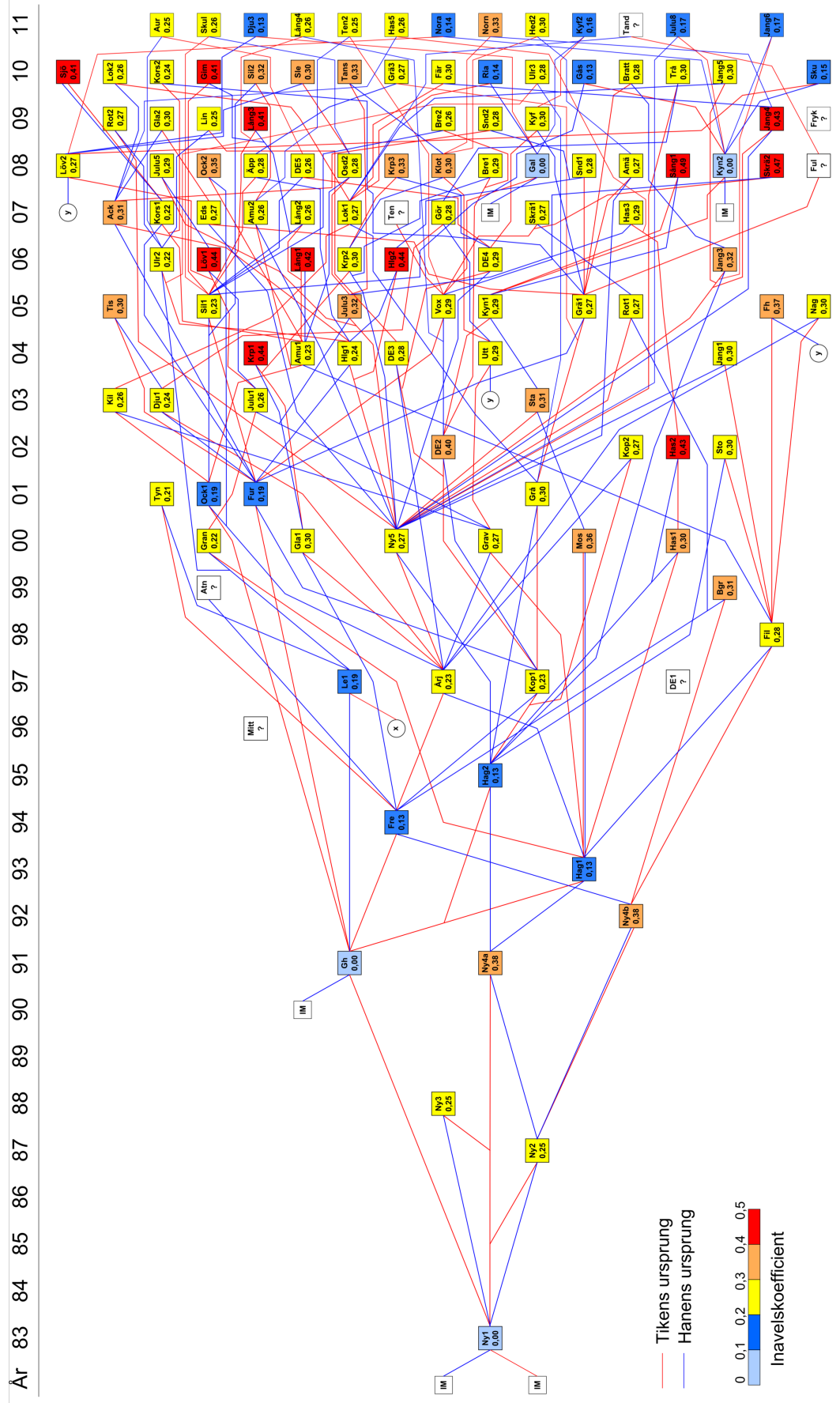
Släkträd över den skandinaviska vargstammen 1983-2011 utgörs av totalt 124 reproducerande par (Figur 1). I 20 fall har föräldring bekräftats i ett område men identiteterna för en eller båda föräldrarna är okända, vilket begränsar möjligheten att beräkna släktskapet dem emellan. I 16 fall (Nyskoga 1-4b, Gillhov, Hagfors 1, Fredriksberg, Kynna 1, Moss, Filipstad, Storfors, Glaskogen 1, Gravendal, Kilsbergen 1 och Tisjön) har föräldrarnas ursprung kunnat återskapas utifrån tillgängliga genotyper och insamlingsdata (se Liberg et al 2005, Åkesson och Bensch 2010). Resterande par (Dals Ed 1, Mittådalen, Tenskog 1 och Fryksåsen) har inte kunnat rekonstrueras eftersom tillräcklig genetisk information saknas.

Fryksåsen är ett hypotetiskt par, som rekonstruerats utifrån tre individer (D-10-62, D-10-63, D-11-20) som alla dödats i närliggande område (Figur 1) och vars ursprung inte kunnat kopplas till något känt revirmarkerande par. Analyser i Coancestry v1.0 (Wang 2010) visar att alla tre individerna visar på högt molekylärt släktskap (TrioEst; D-10-62 – D-10-63  $r=0.550$ , D-10-62 – D-11-20  $r=0.462$ , D-10-63 – D-11-20  $r=0.544$ ). Släktskapsvärdena ligger alla tre inom eller högre än det 95-procentiga konfidensintervallet (d.v.s. medelvärde  $\pm 1.96$ \*standardavvikelsen) för kända syskon under åren 2010 och 2011 ( $0.067 < r < 0.817$ ) samt utanför konfidensintervallet för individer som inte var syskon eller föräldra-avkommor 2010 och 2011 ( $0 < r < 0.383$ ). Baserat på Mendelsk nedärvning går det att utesluta att någon av de tre vargarna är förälder till de andra. Det höga släktskapet mellan de tre individerna beror alltså med hög sannolikhet på att de är helsyskon.

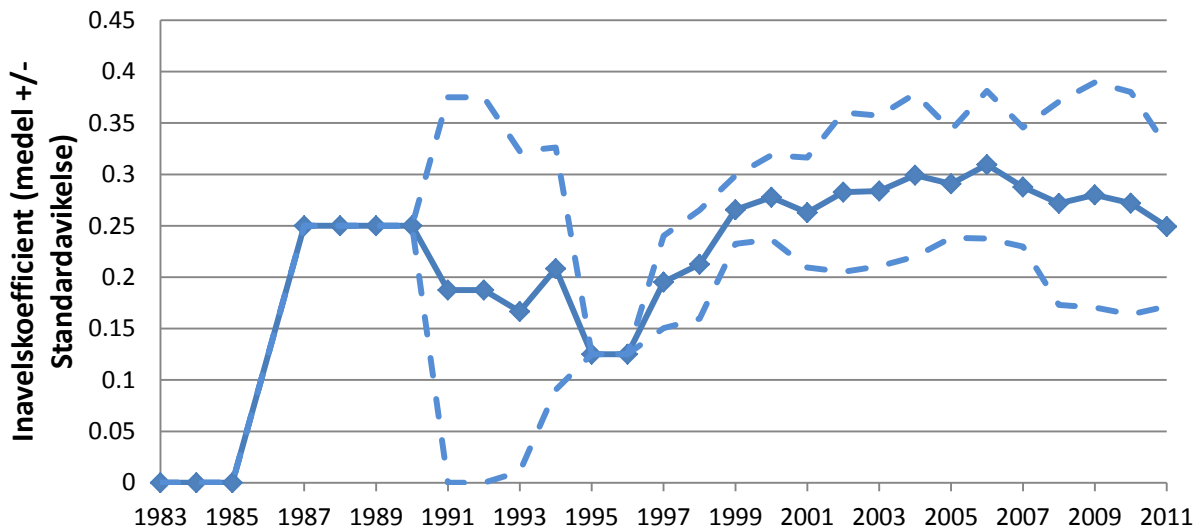
Hos ytterligare sex par har födelsereviret inte kunnat bestämmas för ena föräldern trots att det finns DNA från individen. Detta indikerar att vi inte lyckats identifiera alla reproducerande par i populationen. I fyra fall (Leksand 1, Uttersberg, Forshyttan och Lövsjön 2) har föräldraskapet för individerna rekonstruerats utifrån tillgängliga genotyper (se Liberg et al 2005, Åkesson och Bensch 2010) medan släktskapen mellan föräldraparen i Atndalen och Fulufjället fortfarande är osäkra. Även släktskapet mellan paret i Tandsjön är okänt eftersom tiken härstammar från just Fulufjället.



Figur 1. Fyndplats och fynddatum för tre döda vargar analyserade på vävnads-DNA. De tre vargarna har inte gått att koppla till något känt föräldrapar.



Figur 2. Släkträd över reproducerande föräldrapar 1883-2011. Paren är visualiserade från vänster till höger i ordning efter året för första bekräftade reproduktion. Under varje parbeteckning (t.ex. Ny1) anges inavelskoefficienten för parets avkomor. "IM" representerar individer med ett ursprung utanför den Skandinaviska populationen. Parbeteckningarnas betydelse redogörs i Bilaga 1.



Figur 3. Den genomsnittliga inavelskoefficienten bland avkommor från reproducerande revir (utan hänsyn till antalet avkommor) för åren 1983 till 2011.

Antalet reproducerande par 2011 har hittills registrerats till 25 stycken i Sverige (Svensson 2012) och ytterligare tre i Norge (Wabbakken m.fl. 2012). Av dessa är 13 par nya för populationen (Figur 2). Släktskapen är kända för 27 av 28 av paren. Som tidigare nämndes härstammar tiken i Tandsjön från Fulufjället, där föräldraskapet för hanen fortfarande är osäker. För två par (Aurskog och Tenskog 2) har ingen avkomma ännu identifierats från DNA. Bland de nya reproducerande paren består fem av ättlingar till immigranterna i Kynna 2 och Galven. Notera att ytterligare en individ (G39-11) med okänt ursprung identifierades under 2011. Individens föräldrar är okända men genotypen från G39-11 visar att individen är född från en Kynna 2-avkomma. Detta indikerar att ytterligare en ättling till Kynna 2 har reproducerat sig under 2009 eller 2010.

Den genomsnittliga inavelskoefficienten för de reproducerande parens avkommor (utan hänsyn till avkommornas antal) under 2011 är  $F = 0.249 (\pm 0.078)$  standardavvikelser. Detta är en minskning med 0.023 mot förra året (Figur 3). Bland nybildade par är den genomsnittliga inavelskoefficienten bland avkommorna 0.223 ( $\pm 0.067$ ), vilket är 0.053 enheter lägre än förra året. Notera att uppskattningarna av inaveln är något underskattade eftersom avkommorna från Tandjö-paret inte är inkluderade i analysen. Med antagande att avkommorna från Tandsjön har en inavelskoefficient på 0.29 (; vilket motsvara medelvärdet för alla avkommor från 2011 som inte är ättlingar till Kynna 2 eller Galven) blir den genomsnittliga inavelskoefficienten 0.250 ( $\pm 0.077$ ) för alla avkommor 2011 samt 0.228 ( $\pm 0.077$ ) bland avkommor till nybildade par.

### Slutsats

Under 2011 är det känt att 28 par har fått valpar. Av dessa har 13 ynglat för första gången vilket är bekräftat med valp-DNA i 11 fall. Släkträdets består idag av 124 reproducerande par. Från populationens två senaste grundare i Galven och Kynna 2 har minst 8 avkommor gått ut i aveln, vilket innebär att 28 % av alla par producerat ättlingar till de nya grundarna. Detta har resulterat i en minskning av inavelsgraden med ca 3 procentenheter under de senaste två åren.

## Referenser

Bensch, S, Andrén, H, Hansson, B, Pedersen, H C, Sand, H, Sejberg, D, Wabakken, P, Åkesson, M. och Liberg, O. 2006. Selection for heterozygosity gives hope to a wild population of inbred wolves. - PLoS ONE 1: e72

Kalinowski ST, Taper ML och Marshall TC. 2007. Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment.- Molecular Ecology 16. 1099-1006.

Liberg, O, Andrén, H, Pedersen, HC, Sand, H, Sejberg, D, Wabakken, P, Åkesson, M. och Bensch, S. 2005. Severe inbreeding depression in a wild wolf (*Canis lupus*) population. - Biology Letters 1: 17-20.

Santini, A., Lucchini, V., Fabbri, E. och Randi E. 2007 Ageing and environmental factors affect PCR success in wolf (*Canis lupus*) excremental DNA samples. Molecular Ecology Notes 7:955-961.

Sargolzaei, M, Iwaisaki H och Colleau, JJ. 2006. CFC: A tool for monitoring genetic diversity. Proc. 8th World Congr. Genet. Appl. Livest. Prod., CD-ROM Communication 27-28. Belo Horizonte, Brazil, Aug. 13-18, 2006.

Svensson, L. 2012. Varg i Sverige vintern 2011/12- Preliminär statusrapport. pr. 2012-06-01. Rapportnummer 2012-2. Viltskadecenter.

Åkesson, M. och Bensch, S. 2010. Undersökning rörande flytt och jakt på varg; delredovisning från Leverantör 4 på uppdrag av Naturvårdsverket (dnr 235-3697-10). Bilaga 3 i Genetisk förstärkning av den svenska vargstammen: svar på uppdrag om rutiner för införsel och utplantering av varg i Sverige. Naturvårdsverket.

Wabakken, P, Aronson, Å, Strømseth, TH, Sand, H, Maartmann E, Svensson, L, Åkesson, M, Flagstad, Ø, Liberg, O, Kojola, I. 2011. Ulv i Skandinavien: Statusrapport for vintern 2010-2011. Oppdragsrapport nr. 1 2011. Høgskolen i Hedmark

Wabakken, P, Maartmann, E, Strømseth, TH. 2012. Ulv I Norge Pr. 10. Mars 2012. Foreløpande konklusjoner for vintern 2011/2012. Rapport 4. Høgskolen i Hedmark.

Wang, J. 2011. COANCESTRY: A program for simulating, estimating and analysing relatedness and inbreeding coefficients. Molecular Ecology Resources 11:141-145.

## Bilaga 1

Tabell. Förkortningar på revir angivna i Figur 1.

<i>Revir</i>	<i>Förkortning</i>
Acksjön	Ack
Amungen 1	Amu1
Amungen 2	Amu2
Aamäck	Amä
Atndalen	Atn
Aurskog	Aur
Bogringen	Bgr
Brattfors	Bratt
Bredfjäll 1	Bre1
Bredfjäll 2	Bre2
Dals Ed-Halden 1	DE1
Dals Ed-Halden 2	DE2
Dals Ed-Halden 3	DE3
Dals Ed-Halden 4	DE4
Dals Ed-Halden 5	DE5
Djurskog 1	Dju1
Djurskog 3	Dju3
Drevfjället	Drev
Edsleskog	Eds
Forshyttan 1	Fh
Filipstad	Fil
Fredriksberg	Fre
Fryksåsen	Fryk
Fulufjället	Ful
Furudal	Fur
Färna	Fär
Galven	Gal
Gillhov	Gh
Gimmen	Gim
Glaskogen 1	Gla1
Glaskogen 2	Gla2
Grangärde	Gran
Gravendal	Grav
Gråfjell	Grå
Gräsmark 1	Grä1
Gräsmark 3	Grä3
Gåsborn	Gås
Görsjön	Gör
Hagfors 1	Hag1
Hagfors 2	Hag2
Hasselfors 1	Has1



<i>Revir</i>	<i>Förkortning</i>
Hasselfors 2	Has2
Hasselfors 3	Has3
Hasselfors 5	Has5
Hedbyn 2	Hed2
Halgån 1	Hlg1
Halgån 2	Hlg2
Jangen 1	Jang1
Jangen 3	Jang3
Jangen 4	Jang4
Jangen 5	Jang5
Jangen 6	Jang6
Julussa 1	Julu1
Julussa 3	Julu3
Julussa 5	Julu5
Julussa 8	Julu8
Kilsbergen 1	Kil1
Kloten	Klot
Koppang 1	Kop1
Koppang 2	Kop2
Koppang 3	Kop3
Korsån 1	Kors1
Korsån 2	Kors2
Kroppefjäll 1	Krp1
Kroppefjäll 2	Krp2
Kroppefjäll 3	Krp3
Kynnefjäll	Kyf
Kynnefjäll 2	Kyf2
Kynna 1	Kyn1
Kynna 2	Kyn2
Leksand 1	Le1
Linnekleppen	Lin
Loka	Lok
Loka 2	Lok2
Långsjön 1	Lång1
Långsjön 2	Lång2
Långsjön 3	Lång3
Långsjön 4	Lång4
Lövsjön 1	Löv1
Lövsjön 2	Löv2
Mittådalen	Mitt
Moss	Mos
Naggen 1	Nag1
Nora	Nora
Norn	Norn



<i>Revir</i>	<i>Förkortning</i>
Nyskoga 1	Ny1
Nyskoga 2	Ny2
Nyskoga 3	Ny3
Nyskoga 4	Ny4
Nyskoga 4b	Ny4b
Nyskoga 5	Ny5
Ockelbo 1	Ock1
Ockelbo 2	Ock2
Osdalen 2	Osd2
Riala	Ria
Rotna 1	Rot1
Rotna 2	Rot2
Siljansringen 1	Sil
Siljansringen 2	Sil2
Sjösveden	Sjö
Skrälldalen 1	Skrä1
Skrälldalen 2	Skrä2
Skugghöjden	Sku
Skultuna	Skul
Slettås	Sle
Sandsjön 1	Snd1
Sandsjön 2	Snd2
Stadra	Sta
Storfors	Sto
Sången 1	Sång1
Tandsjön	Tand
Tansen	Tans
Tenskog 1	Ten1
Tenskog 2	Ten2
Tisjön	Tis
Trång	Trå
Tyngsjö	Tyn
Ulriksberg 2	Ulr2
Ulriksberg 3	Ulr3
Uttersberg	Utt
Voxna 1	Vox
Par X	X
Par Y	Y
Årjäng	Årj
Äppelbo	Äpp