



Uppskattningar av effektiv populationsstorlek hos skandinavisk varg

Här följer en sammanställning av kunskapsläget kring effektiva populationsstorleken N_e och dess kvot i förhållande den verkliga populationsstorleken (N_e/N) i den skandinaviska vargpopulationen

Totalt tre försök har gjorts för att uppskatta N_e och (N_e/N):

1) Förändring av heterozygoti med VORTEX

I Andrén (2006) bygger uppskattningen av N_e och kvoten N_e/N på data från en stokastisk individbaserad populationsmodell simulerad i programmet VORTEX (Lacy 1995). I modellen följs individens livshistoria genom flera generationer. Genom att ge individerna i startpopulationen en genotyp bestående av två unika alleler kan varje individs genetiska bidrag till nästkommande generation uppskattas. Då en individ bär på två olika alleler sägs den vara heterozygot. Heterozygotin H_t i en population är andelen individer som är heterozygota i generation t . Med en heterozygoti $H_0 = 1$ i startpopulationen kommer $H_1 < 1$ i en isolerad ändlig population p.g.a s.k. genetisk drift. Graden av förlust beror på den effektiva populationsstorleken så att

$$H_t = \left(1 - \frac{1}{2N_e}\right)^t$$

då $H_0 = 1$. Genom att registrera H_t i VORTEX gick det alltså att uppskatta N_e genom nedanstående ekvation

$$N_e = \frac{1}{2(1 - H_t^{1/t})}$$

I Andrén (2006) användes fem olika VORTEX-modeller med olika tillväxttakt λ (1.06, 1.09, 1.15, 1.22 samt 1.32), alla enligt bedömning realistiska för den skandinaviska vargpopulationen. Individens livshistoria simulerades under en 100-årsperiod, där startpopulation bestod av 50 individer och "carrying capacity" var 200 individer. En av produkterna från VORTEX, förutom H_t var generationstiden, vilket innebar att antalet generationer t kunde uppskattas.

Simuleringen visade att kvoten N_e/N - **varierade mellan 0.34 och 0.35** och påverkas alltså lite av de olika tillväxttaktarna i simuleringen. I en tidigare liknande analys i VORTEX av Johansson och Ebenhardt (1996) gjordes 12 olika modeller som varierade i livshistorie-egenskaper och kvoten N_e/N - **varierade då mellan 0.26 och 0.41**.

2) Förändring i inavel med individbaserad populationsmodell anpassad till skandinavisk varg i synnerhet

Pär Forslund (2009) använde sig av en individbaserad populationsmodell som integrerar demografi och genetik. Att modellen är individbaserad innebär att simulerade individer följs från födsel till död. De simulerade individerna har kända släktskap (och inavelskoefficienter) och denna egenskap bestämmer kullstorleken i enlighet med Liberg et al (2005). Ingångsvärden, som överlevnad, reproduktion, livsstadiernas fördelning, baseras på empiriska data från radiomärkta djur.

I en isolerad population ökar inaveln i relation till den effektiva populationsstorleken N_e , enligt:

$$\Delta F = 1/2N_e$$

där ΔF är förändringen i inavelkoefficienten från en generation till nästa. Om ΔF är känd i en isolerad population mellan generationer går det alltså att uppskatta N_e . I Forslund (2009) användes scenarier som byggde på simuleringen av individer i en population utan invandring, en beskattning på 5 % och en maxpopulation $N = 230$ respektive $N = 400$. Ökningen i inavel från år till år registrerades under en 80-års period. Förändringen av inaveln mellan år 20 och år 100 (då populationerna låg vid maxpopulation) registrerades och

$$\Delta F = \frac{F_t - F_{t-1}}{1 - F_t} \times 5$$

för år t . Multiplikeringen med 5 är en approximering av generationstiden eftersom ΔF ska motsvara förändringen av inaveln mellan generationer (och inte år). Simuleringen visade att kvoten $N_e/N = 0.24$ oberoende av populationsstorleken då $N_e = 55$ vid den mindre populationen ($N = 250$) och $N_e = 97$ vid den större ($N = 400$). Variation i N_e/N -kvoten mellan olika simuleringar visade på en ungefärlig standardavvikelse på 0.3 (Forslund pers. komm.)

3) Genetisk drift utifrån mikrosatelliter

I Bensch et al (2006) uppskattades den effektiva populationsstorleken N_e utifrån den genetiska variationen (allelfrekvenserna) på 31 mikrosatellitmarkörer hos vargar födda mellan 1991 och 2002. Metoden bygger på att uppskatta den genetiska driften, d.v.s. förslusten av genetisk variation mellan generationer beroende på storleken av N_e . Uppskattningen gjordes i programmet NeEstimator, genom användandet av mikrosatellitgenotyper från 88 individer från sex kohortklasser (se figur 1 i Bensch m.fl. (2006)). Om N_e förändras över tiden återges det harmoniska medelvärdet på N_e över tiden i NeEstimator (Waples 1989). Metoden bygger på antaganden om icke-överlappande generationer, avsaknad migration, ingen selektion och att alleler inte muterar. Modellen har dock visat sig vara robust mot överlappande generationer förutsatt att de demografiska parametrarna är stabila över tiden. Om så inte är fallet förväntas uppskattningen av N_e underskattas.

Med NeEstimator uppskattades N_e till 45.6 och det 95-procentiga konfidensintervallet varierade mellan 20.4 och 181.2. I enlighet med figur 1 i Bensch m.fl. (2006) var det harmoniska medelvärdet på populationsstorleken $N = 41.2$. Detta skulle innebära att kvoten $N_e/N = 1.1$ och att det 95-procentiga konfidensintervallet var mellan 0.49 och 4.40. I Jansson m.fl. (2012) gjordes likande analyser på den finska vargpopulationen. Analysen visade på en stor variation i N_e/N mellan olika tidsperioder, med höga värden då population tillväxte och lägre värden då populationsstorleken minskade.

Referenser

- Andrén H (2006) in Genetic aspects of viability in small wolf populations - with emphasis on the Scandinavian wolf population, Liberg O, ed. (Naturvårdsverket), pp. 59–61.
- Bensch S, Andrén H, Hansson B, Pedersen HC, Sand H, Sejberg D., Wabakken P., Åkesson M. & Liberg O. 2006. Selection for heterozygosity gives hope to a wild population of inbred wolves. PLoS ONE 1(1): e72.
- Forslund P (2009) Modellering av den skandinaviska vargpopulationens tillväxt och inavelnivå. Bilaga 3 i Förslag på åtgärder för att stärka den genetiska situationen för den svenska vargstammen, Liberg O, Sand H, Forslund P, Laikre L, Ryman N, Åkesson M och Bensch S (Naturvårdsverket).
- Jansson E, Ruokonen M, Kojola I och Aspi J. 2012. Rise and fall of a wolf population: genetic diversity and structure during recovery, rapid expansion and drastic decline. Mol. Ecol. 21: 5178-5193.
- Johnsson, M. och Ebenhard, T. 1996. Den skandinaviska vargpopulationen: en sårbarhetsanalys. - WWF rapport nr 1:96
- Lacy RC (1995) VORTEX – a stochastic simulation of the extinction process. Chicago Zoological Society.