

ROVDJUR: Genetisk övervakning

Detta dokument *ROVDJUR: Genetisk övervakning* inom Nasjonalt övervakningsprogram for rovvilt (www.rovdata.no) i Norge och inom Naturvårdsverkets metodik för inventering av stora rovdjur i Sverige (www.naturvardsverket.se) är ett av flera dokument för styrning av och vägledning kring inventeringar av stora rovdjur i Sverige och Norge.

Faktabladet riktar sig till för personer, knutna till Statens Naturoppsyn (SNO) i Norge och länsstyrelserna i Sverige samt för de svenska samebyarnas inventeringsamordnare. Dessa har alla ett ansvar för att dokumentera och kvalitetssäkra observationer med mera av stora rovdjur, och för att registrera dessa i den svensk-norska databasen Rovbase. För övriga instruktioner och faktablad som reglerar inventering av stora rovdjur i Norge och Sverige, och för vetenskaplig litteratur om rovdjursinventeringar med mera se www.rovdata.no och www.naturvardsverket.se. Faktablad och instruktioner syftar även till att visa och beskriva inventeringsarbetet för en bredare allmänhet.



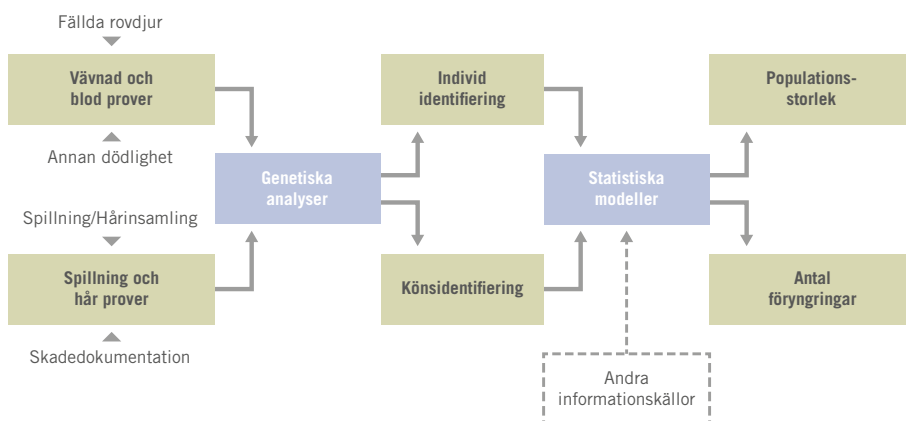
Syftet med detta faktablad är att ge en översiktlig beskrivning av den genetiska övervakningen som en del av den samlade rovdjursövervakningen i Sverige och Norge. Genetisk analys av biologiskt material från stora rovdjur är ett viktigt verktyg för viltförvaltningen

I Sverige finns också förordningar och föreskrifter som reglerar inventeringarna av stora rovdjur. Dessa finns listade sist i detta faktablad.

Vad är genetisk provtagning?

Med genetisk provtagning avses i detta sammanhang insamling av biologiskt material från stora rovdjur ur vilket sedan DNA renas fram och analyseras. Med hjälp av DNA analyserna kan art och kön bestämmas, och man kan identifiera individer utifrån deras unika genetiska profil.

Insamling av genetiska prover har varit en del av övervakningen av stora rovdjur i Sverige och i Norge sedan lång tid tillbaka. Det huvudsakliga syftet med den genetiska provtagningen av stora rovdjur har varit att identifiera individer. Denna information används vid beräkningar av populationsstorlek, vid identifiering av minimiantal individer, för att identifiera/särskilja föryngringar samt för att bygga släktskapsträd. I figur 1 visas en översiktlig bild över insamling av prover, analys och resultat.



Figur 1. Schematisk översikt över insamling av prover, analys och resultat

DNA FRÅN BIOLOGISKT MATERIAL

DNA kan renas fram från olika biologiska material, till exempel från vävnad, blod, hår, spillning, urin, saliv och sekret. Vilket material som samlas in för genetisk analys beror bland annat på art och insamlingsperiod. I både Sverige och Norge är det framför allt spillnings- och hårprover från stora rovdjur som används.

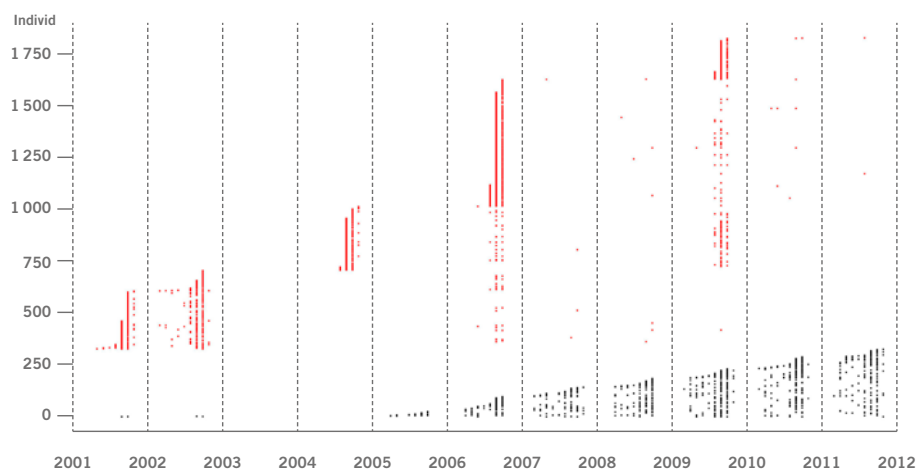


Hår från björn på trädstam.

DNA FRÅN HÅR OCH SPILLNING

Spillnings- och hårprover samlas in och analyseras med syftet att identifiera individer, vilket i förlängningen ger information om populationsstorlek, utbredning och populationens sammansättning. För björn utgörs det huvudsakliga inventeringsarbetet av riktad spillningsinsamling medan det för järv, lodjur och varg samlas prover årligen i samband med det övriga inventeringsarbetet i fält. Norge har genomfört årliga insamlingar av björns spillning inom merparten av det kända björnutbredningsområdet medan Sverige har koncentrerat sin insamling av björns spillning till olika regioner under olika år och med längre tidsintervall.

I Norge samlas merparten av rovdjursproverna in under hela året via fältbesök genomförda av personal från Statens Naturoppsyn. Björnprover lämnas även in av allmänheten, inte minst av jägare. I Sverige samlas de flesta av spillnings- och hårproverna från järv, lodjur och varg in av länsstyrelses fältpersonal under respektive inventeringsperiod, medan björnprover i huvudsak samlas in av allmänheten, ofta av älgjägare under höstens jaktsäsong under riktade insamlingar.



Figur 2: Insamling av björnspillning över tid i Norge (svarta prickar) och Sverige (röda prickar). Varje horisontell rad är associerad med en individ som upptäckts minst en gång via genetiska prover från hår/spillning. Repeterad upptäckt av samma individ resulterar i flera prickar på samma rad. Ur figuren kan man utläsa att: 1) intensiv provinsamling började tidigare i Sverige än i Norge, 2) provinsamlingen är oregelbunden i Sverige (inte varje år), 3) olika regioner (och därför olika individer) omfattas under olika provinsamlingar i Sverige, medan individer ofta återfångas över flera år i Norge, och 4) "Huvudsaklig insamling" sker under sensommar/tidig höst i både Sverige och Norge.



DNA FRÅN DÖDA ROVDJUR

Vävnadsprover (hud eller muskel) analyseras från alla döda rovdjur oavsett dödsorsak. I Sverige genomförs provtagning och registrering av prover av Länsstyrelsen i samband med besiktning av rovdjur som fälls under jakt. Statens veterinärmedicinska anstalt (SVA) (www.sva.se) är ansvarig för provtagning och registrering av prover från övriga döda stora rovdjur. I Norge är det SNO (www.naturopsyn.no) som har ansvar för detta. Data i både Norge och Sverige registreras i Rovbase (www.rovbase.se).

Individidentifiering möjliggör koppling till eventuella tidigare DNA prover från samma individ. Det medför att man kan få ytterligare kunskap om en individ såsom födelseår, spridning, hälsotillstånd, reproduktionstillstånd och dödsorsak. Mer information finns i faktabladet *ROVDJUR: Hantering av döda rovdjur*, samt i Rovdatas dokument *Instruks for ivaretagelse av døde rovdyr*.

DNA från märkta rovdjur i Sverige och i Norge analyseras vävnads- och/eller blodprover från alla stora rovdjur som märks inom ramen för olika forskningsprojekt. I likhet med information från övriga DNA källor ska denna information lagras i Rovbase. En beskrivning av hur DNA – analyserna går till finns på Viltskadeventers hemsida (www.viltskadecenter.se). Information från de individer som identifieras i dessa prover är kopplad till andra DNA-källor, så som spillnings- och hårprover. Intensiv övervakning ger den mest detaljerade informationen om rörelsemönster, reproduktion och överlevnad, vilket kan användas i populationsmodeller tillsammans med genetiska data från DNA analyser av spillning och hår.

GENETISK ANALYS

Genetiska analyser har under senare år blivit ett allt viktigare verktyg inom rovdjursövervakningen i Skandinavien och biologisk material i form av spillning etc samlas in i allt större utsträckning för DNA-analys.

Ur biologiskt material extraheras eller renas DNA med hjälp av DNA-extraktions kit speciellt utformade för olika typer av prov. Efter extraktionen amplifieras delar av DNA:t via artspecifika molekyllära markörer i en process kallad PCR (polymerase chain reaction). Identifiering av kön baseras på ett antal kromosomspecifika DNA-sekvenser som visar om provet innehåller x- och/eller y-kromosomer. Individidentifiering baseras på så kallade mikrosatellitmarkörer, som är repeterade basparsekvenser i DNA.

Antalet sekvenser/markörer som används varierar mellan olika rovdjursarter. Kön- och individgenotyp bestäms för varje prov och på så sätt kan de olika proven kopplas till en viss individ. Alla genetiska profiler lagras för framtida referens och som detektionshistorik för individuella rovdjur. För fördjupad information om hur dessa analyser går till se information på www.viltskadecenter.se.

Naturvårdsverket och Miljödirektoratet i Norge tecknar avtal, ibland gemensamt, med olika genetiska laboratorier i Sverige och Norge för att täcka både de nationella och de regionala myndigheternas behov av genetiska analyser, men även för att bidra till metodutveckling och forskning. Flera genetiska laboratorier i Sverige och Norge är idag engagerade. Evolutionsbiologisk Center vid Uppsala Universitet (www.ebc.uu.se/rovdjur/) har idag uppdrag att analysera och sammanställa resultat av DNA-analyser av prover från järv och lodjur i samarbete med NINA:s genetiska lab (Norskt Institut för Naturforskning, www.nina.no) och Grimsö forskningsstations genetiska laboratorium har motsvarande uppdrag för att tillsammans med NINA analysera DNA-prover för varg (www.slu.se). I Norge och under de senaste björnsplinningsinventeringarna i Sverige har de genetiska analyserna genomförts av Bioforsk i Svanhovd i Norge (www.bioforsk.no). Datat har sedan sammanställts och analyserat av Skandinaviska Björnprojektet. De institutioner som beskrivs ovan anger de som i dagsläget genomför genetiska analyser.

ANVÄNDNING AV DNA RESULTAT

DNA FÖR POPULATIONSBERÄKNING

DNA ger information om en individ i både tid och rum. DNA-prover representerar en typ av ”fångst”, och i likhet med data som fås från djur som är fysiskt fångade och märkta så kan DNA-data användas i så kallade fångst-återfångstanalyser. Fångst-återfångstanalyser tar hänsyn till både ekologiska variabler (till exempel populationsstorlek) och hur observationerna genomförts. Genom att ta hänsyn till sannolikheten att fånga/hitta en individ kan den totala populationsstorleken skattas, det vill säga hur många individer som finns i populationen utöver de som hittats under inventeringen. Detta sätt att använda de genetiska analyserna har främst tillämpats på björn i Sverige, men kan komma till användning även för övriga rovdjursarter.

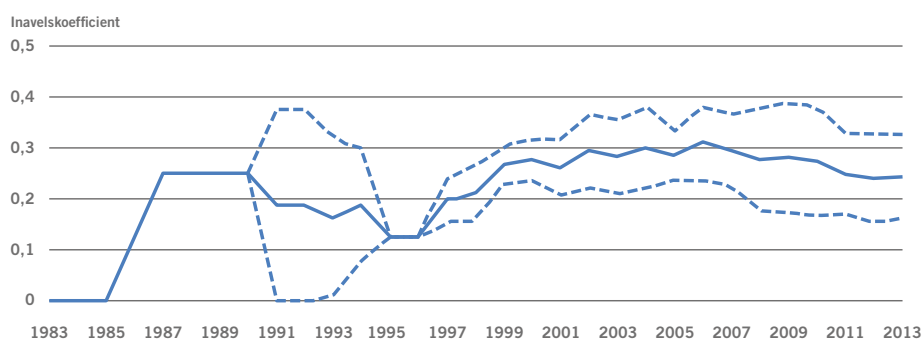
DNA FÖR SLÄKTSKAPSANALYS

Eftersom att DNA går i arv enligt ett visst mönster är det möjligt att få fram släktskapsförhållanden genom att jämföra individers DNA-strukturer. Dessa släktskapsförhållanden går sedan att använda för att se hur arterna sprids och vilket genetiskt utbyte som det finns mellan olika populationer. Genom att studera mitokondrie-DNA som endast ärvs från mor till dotter, har man till exempel kunnat konstatera att björnstammen har vandrat in på den skandinaviska halvön från två håll. Detta eftersom man sett att björnhonor på den södra delen av den skandinaviska halvön är genetiskt skilda från björnhonor i norra Sverige. Genom att invandringen skett från två håll och att det under tiden sedan den senaste istiden skett en uppblandning av de olika släktlinjerna, uppvisar den Skandinaviska björnstammen en förhållandevis stor genetisk variation. Släktskapsanalyserna går även att använda för att beräkna tillväxt och dödlighet i populationen.

DNA FÖR STUDIER AV GENETISK STATUS

Förutom att ge kunskap om hur många individer som finns och vilket släktskap de har, kan en strukturerad genetisk övervakning av rovdjurstammarna ge värdefull kunskap om till exempel inavelsgrad och genetiskt flöde mellan delpopulationer och mellan länder. Denna kunskap är mycket viktig för att långsiktigt avgöra en arts genetiska bevarandestatus på såväl europeisk, nationell som regional förvaltningsnivå.

Som exempel kan nämnas den genetiska övervakningen av varg. Genom att tillgången till genetiskt referensmaterial i den svenska vargstammen är mycket god känner vi genom våra inventeringar till de allra flesta föryngringar som förekommit i Skandinavien. De fåtal föryngringar som inte fångats upp vid inventeringar har kunnat rekonstrueras via kunskap om kända vargars genetik. Detta har i sin tur medfört att det varit möjligt att konstruera ett släkträd med alla kända skandinaviska vargar. Utifrån kännedom om släktskapet har forskarna sedan kunnat beräkna inavelsgraden över tid hos den skandinaviska vargpopulationen. Den skandinaviska vargstammen är inavlad men den genetiska statusen har förbättrats. Den genomsnittliga inavelsgraden i den skandinaviska populationen har sedan 2006 sjunkit från 0,31 till 0,24. Inavelskoefficienten är ett mått på andelen identiska gener (alleler) med gemensamt ursprung som en individ ärver från sina föräldrar. Den varierar mellan noll och ett och är högre ju mer besläktade föräldrarna är. Exempelvis är inavelskoefficienten 0,25 bland avkommor till ett syskonpar, medan den är 0,13 för avkommor till kusiner. Bland valpkullar som föddes mellan 1996 och 2007 steg den genomsnittliga inavelskoefficienten från 0,13 till 0,30. Sedan 2008 har inavelskoefficienten bland valpkullarna minskat (se figur 3).



Figur 3. Den genomsnittliga inavelskoefficienten bland valpkullar från ynglande vargpar under perioden 1983 till 2013. Streckade linjer anger inavelskoefficientens standardavvikelse, som är ett mått på variationen mellan den mest inavlade och minst inavlade valpkullen för det specifika året.

Även om den genetiska kunskapen om de andra rovdjurspopulationerna inte har samma höga detaljeringsgrad som för varg, så är det möjligt att jämföra olika populationers genetiska profil för att se om, och i vilken omfattning, det förekommer utbyte av gener via immigration.

DEM GÖR INSAMLING OCH ANALYS?

Merparten av det biologiska material från järv, lodjur och varg som används för DNA-analyser, främst spillning, insamlas av SNO och länsstyrelsens fältpersonal som en del av spårinventeringsarbetet under respektive arts inventeringsperiod. Största delen av DNA-proverna från björn kommer däremot från spillningsinsamlingar som baseras på frivilliga insatser från allmänheten, i huvudsak älgjägare och renägare, men även från andra som rör sig i naturen. Dessutom samlas DNA-prover (till exempel vävnadsprover) även in av SNO och länsstyrelser i samband med annat fältarbete, till exempel vid skadedokumentation på rovdjursdödade tamdjur (exklusive ren i Sverige). Inom flera pågående rovdjursforskningsprojekt tas DNA-prover på märkta rovdjur. SVA och SNO säkrar prover från döda rovdjur som sedan skickas till laboratorier för analys.

Björnspllningsinsamlingens administration, provregistrering och vidareändning för DNA-analys är av sådan omfattning att den bäst genomförs av den nationella koordinatoren i samråd med berörda länsstyrelser i Sverige och med SNO och Rovdata i Norge.

För järv, lodjur och varg ansvarar fältpersonalen för att sända in egna insamlade DNA-prover till berörda genetiska laboratorier. Spillningsinsamlingens administration, provregistrering och vidareändning för DNA-analys genomförs av respektive länsstyrelse i Sverige, samt av SNO och Rovdata i Norge. Resultat från DNA-analyser registreras i Rovbase av laboratoriet. Resultaten används sedan för olika statistiska analyser och beräkningar av populationsstorlek och minsta antal föryngringar.

UTVECKLINGSOMRÅDEN

Ett mål för övervakningen i Norge och Sverige är att fastställa nationella och regionala uppskattningar av rovdjurspopulationernas storlek (och/eller antalet föryngringar) och utbredning, samt genom genetisk provtagning även populationernas sammansättning. För björn är den genetiska provtagningen den huvudsakliga inventeringsmetoden och inte som för övriga rovdjursarter, ett komplement till spårningsarbete på snö. Även om de genetiska data som insamlas är lämpliga för att uppskatta ett flertal viktiga populationsparametrar så har denna möjlighet inte fullt utnyttjats. Det finns flera utvecklingsområden, till exempel att:

1. utöka analyserna av genetiska data från spillning och hår till att uppskatta populationsstorlek och andra viktiga populationsparametrar, istället för att som nu enbart registrera antal upptäckta/identifierade individer, ,
2. utöka den genetiska övervakningen av genetisk variation och genetiskt flöde mellan populationer.
3. använda existerande data i kombination med simuleringar för att jämföra alternativa provtagningsplaner och deras påverkan på noggrannhet och precision i genetiska data från spillning och hår.
4. utveckla av metodik och analyser inom laborativ verksamheten.

För ytterligare information se instruktion *ROVDJUR: Instruktion för insamling av biologiskt material* för DNA-analys.

Förordningar och föreskrifter

I Sverige finns även följande förordningar och föreskrifter som reglerar inventeringar av rovdjur och ersättningar för förekomst av rovdjur:

Viltskadeförordning (2001:724)

Förordningen om förvaltning av björn, varg, järv, lo och kungsörn (NFS 2009:1263)

Naturvårdsverkets föreskrifter och allmänna råd om inventering av björn, varg, järv, lodjur och kungsörn (NFS 2007:10)

Föreskrifter om ändring i Naturvårdsverkets föreskrifter och allmänna råd (NFS 2007:10) om inventering av björn, varg, järv, lodjur och kungsörn (NFS 2012:01)

Föreskrifter om ändring i Naturvårdsverkets föreskrifter och allmänna råd (NFS 2007:10) om inventering av björn, varg, järv, lodjur och kungsörn (NFS 2012:12)

Föreskrifter om ändring i Naturvårdsverkets föreskrifter och allmänna råd (NFS 2007:10) om inventering av björn, varg, järv, lodjur och kungsörn (NFS 2014:23)

Föreskrift om bidrag och ersättning för rovdjursförekomst i samebyar (STFS 2007:9)

Naturvårdsverkets föreskrifter och Allmänna råd om jakt och statens vilt (NFS 2002:18)

Naturvårdsverkets föreskrifter om ändring i föreskrifterna (NFS 2002:18) om jakt och statens vilt (NFS 2002:22)

Föreskrifter om ändring i Naturvårdsverkets föreskrifter och allmänna råd (NFS 2002:18) om jakt och statens vilt (NFS 2010:9)

Naturvårdsverkets föreskrifter om ändring i Naturvårdsverkets föreskrifter och allmänna råd (NFS 2002:18) om jakt och statens vilt (NFS 2012:8)