



Järvstammen kan vara mer sårbar än man trott

Den skandinaviska järvstammen har extremt låg genetisk variation – i nivå med kraftigt hotade arter. Detta visar en ny studie från Uppsala universitet. Det kan få allvarliga konsekvenser för järven på både kort och lång sikt, menar forskarna bakom studien.

Den vetenskapliga studien publicerades 2018 och uppmärksammades i ett pressmeddelande från Uppsala universitet i februari 2019. Forskare vid institutionen för ekologi och genetik har genom att analysera DNA från 11 svenska och norska järvar kartlagt järvens hela arvsmassa. Kompletterande genetiska analyser har också gjorts på vävnadsprover från 234 individer och 164 spillningsprover från fält, samtliga från Sverige och Norge.

Studien redovisar en extremt låg grad av heterozygoti, som är ett mått på genetisk variation, i järvpopulationen. Forskarna påtalar att järvens genetiska variation var bland de lägsta man hittills uppmätt på naturliga däggdjurspopulationer och i nivå med kraftigt hotade arter som snöleoparden, det spanska lodjuret, geparden och den tasmanska pungdjävulen.

– Vi hade indicier från tidigare studier som tydde på att den genetiska variationen hos skandinaviska järvar är låg. Men att den var så pass låg som vi nu fann är ändå förvånande. Detta kan få allvarliga konsekvenser – på

kort sikt genom risk för inavel. Men här är det viktigt att påpeka att vi inte hittat några negativa inavelseffekter – inavelsdepression – hos skandinaviska järvar, kanske på grund av att det ännu inte undersökts ordentligt. Men låg genetisk variation kan även vara en fara för populationen på lång sikt i och med att stammen då kan ha mindre möjlighet att anpassa sig evolutionärt till en förändrad miljö, exempelvis på grund av klimatförändringar eller annan mänsklig påverkan, säger Robert Ekblom som ledde studien.

Resultaten visar också att järvarna har genomlevt en lång tid av nedgång (tiotusentals år). Till det kommer en flaskhals som populationen genomgick i och med en kraftig minskning under de senaste århundradena.

ARTENS S.K. EFFEKTIVA populationsstorlek, som betecknas N_e (se faktaruta nedan) har totalt sett minskat från 10 000 (vilket motsvarar en betydligt större verklig population) före den senaste istiden i Europa till mindre än 500 (också motsvarande en mycket större verklig population) efter istidens slut. Den nuvarande N_e är ännu lägre än så, bedömer forskarna.

DET FINNS EN ofta använd tumregel inom bevarandebiologi, att N_e behöver uppgå till minst 500 för en arts långsiktiga bevarande. I en rapport med analyser för de fyra stora rovdjuren gjorda av Torbjörn Nilsson för Naturvårdsverket 2013, skulle för järven $N_e = 500$ motsvara runt 1400 järvar. I dag finns i Sverige ca 680 järvar, vilket då inte når upp till $N_e = 500$.

EN ANNAN SÅRBARHETSFAKTOR för den skandinaviska järvpopulationen är isoleringen från södra Finland. Robert Ekblom berättar att han och några av forskarna bakom järvstudien gjort ytterligare en studie på järvpopulationen förra året tillsammans med norska forskare vid NINA (Norsk institutt for naturforskning), där de kommit fram till att det verkar vara en låg grad av genflöde från södra Finland in i den skandinaviska populationen.

TEXT OCH FOTO (hägn): HANS RING

Läs mer:

Ekblom m. fl. 2018 "Genome sequencing and conservation genomics in the Scandinavian wolverine population" *Conservation Biology*, Vol. 32.

Kleven m. fl. 2019 "Estimation of gene flow into the Scandinavian wolverine population" NINA Report 1617. Norwegian Institute for Nature Research.

Nilsson 2013 "Population viability analyses of the Scandinavian populations of bear (*Ursus arctos*), lynx (*Lynx lynx*) and wolverine (*Gulo gulo*)" Rapport 6549, Naturvårdsverket.

Effektiv populationsstorlek, N_e

Effektiv populationsstorlek (skulle kunna kallas genetisk populationsstorlek), betecknad N_e , är ett mått som beror av bl.a. variation i populationsstorlek över tid, vilka djur som deltar i reproduktionen, könkvoten, andel köns mogna individer, om individer från olika generationer kan få avkomma ihop, varierande reproduktionsframgång mellan individer, m.m. N_e motsvaras oftast av en betydligt större verklig populationsstorlek, som beräknas olika för olika arter.

...Samtidigt tillåter Naturvårdsverket licensjakt på de fridlysta järvarna

Naturvårdsverket fattade i november ett historiskt beslut om licensjakt på 15 järvar.

Motiveringen är att förebygga skador på renar och man understödjer beslutet med att järvstammen nu uppnått så kallad gynnsam bevarandestatus. 15 järvar får skjutas i tre samebyars åretruntmarker i Jämtlands län. Jakttiden är 28 november - 31 december 2019. Jakten pågår när detta skrivs.

Antalet järvar uppskattades i Skandinavien till 1011 vuxna järvar år 2019 varav antalet i Sverige beräknades vara 679 vuxna individer. Detta uppfyller den lägsta nivån som Sverige har beslutat ska gälla för "gynnsam bevarandestatus", nämligen 600 järvar i landet.

Kommentar: Mot bakgrund av de nya rönen att järvstammen är sårbar pga låg genetisk variation och en relativ isolering mot öster, borde försiktighetsprincipen tillämpas.

I stället tillåts licensjakt på en rödlistad och fridlyst art direkt när populationen med liten marginal överskridit det lägsta satta gränsvärdet för bevarande. 600 järvar ska vara ett "golv" för populationen och inte tak. Tittar man på den bevarandegenetiska tumregeln om en "effektiv populationsstorlek", N_e , på minst 500 för långsiktigt bevarande, motsvarar det att det krävs en verklig population på 1400 järvar. Läs mer om detta i artikeln ovan.

HANS RING