

Genetisk variation – packningen för d

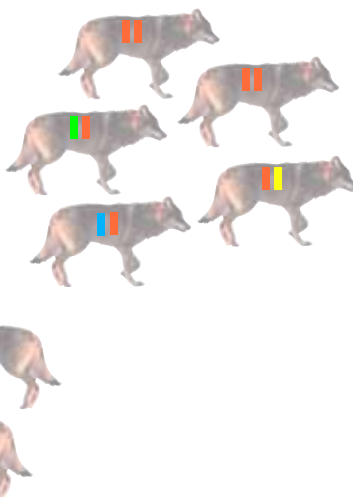
GENER MED
ANLAGSVARIANTER



INDIVIDER



POPULATIONER



Linda Laikre, genetiker.

Principskiss över genetisk variation på individnivå och populationsnivå. Att en viss variant av ett genetiskt anlag är vanligare i en population kan spegla t.ex. anpassning till lokala miljöförhållanden.

Genetisk variation är utrustningen som en art behöver för att överleva på lång sikt. Vår vargstam är genetiskt liten och förlorar därför variation med tiden och med att vargar tas bort. Det klargjorde Linda Laikre, professor i populationsgenetik vid Stockholms universitet, i en pedagogisk föreläsning på Vargsymposiet i Vålådalen i mars.

Linda Laikre lotsar oss in i genetikens dollda värld genom att ta oss med på färden till en okänd ö: ”Vi vet inte hur länge vi ska vara där, kanske många år. Vi vet inte vad vi kommer att behöva för att kunna klara oss bra och överleva på den där ön, så det är bra att ha med en stor och god utrustning med många olika verktyg. Verktygen ligger spridda i olika lådor. Om vi inte får ta med alla verktyg som finns, måste vi välja lådor med viss utrustning.



Genetisk variation i vargar kan liknas vid verktyg i lådor.

Det är inte lätt att veta i förväg vad som är viktigast för att vi ska kunna klara oss – kanske är det absolut centralt att ha med sig tändstickor, eller yxa, eller kanske tält. Om vi dessutom inte vet vad lådorna innehåller, då blir vårt val av lådor ännu svårare.”

På samma sätt kan man se på vargar och det genetiska material som de bär på, förklarar Linda Laikre. Det genetiska materialet kan man likna vid verktyg som en art eller population behöver för att överleva på lång sikt. Det är svårt att veta i förväg vilket genetiskt material som är bra att ha, vilka anlagsvarianter som är viktiga och vilka enskilda individer som är de bästa för populationens långsiktiga överlevnad. Liksom med verktygslådorna, ser man inte utanpå vilket genetiskt material individer innehåller.

”Gener med samma funktion kan se lite olika ut och genvarianterna, de så kallade allelerna, är verktygen som evolutionen kan verka på och som gör att populationen kan överleva”, tydliggör Linda Laikre.

”Den genetiska variationen utgör grunden för all biologisk mångfald, och variation på artnivå och ekosystemnivå har sin grund i variation på gennivå”, framhåller hon. Alla

individer är inte lika och den genetiska variationen mellan individer fortplantar sig i populationer inom samma art, så att vissa anlagsvarianter är vanligare i vissa populationer och ovanligare i andra. Detta speglar anpassningar till t.ex. lokala miljöförhållanden och till förändringar i miljön.

VARGSTAMMEN ÄR GENETISKT LITEN

Den svenska vargstammen är enligt Linda Laikres bedömning genetiskt liten. ”Hur mycket genetisk variation som kan finnas i en population är direkt kopplat till antal individer. Det kan inte finnas fler varianter av en viss gen än dubbla antalet individer i populationen”, gör hon klart. Varje individ bär nämligen på två exemplar av varje gen, en från mamma och en från pappa. En grupp på fem vargar kan t.ex. maximalt innehålla tio stycken anlagsvarianter för varje enskild gen.

Och fem individer är det som hittills utgör den genetiska grunden för den svenska vargstammen i dag. Ursprungligen kommer vargstammens genmaterial från Nyskogaparet på 1980-talet och senare Gillhovshannen. År 2010 stod Nyskogaparet för ungefär två tredjedelar och Gillhovshannen för nästan 30 procent av vargstammens genetiska sammansättning, får vi veta. Medan gener från de två invandrarna på senare år, Galvenhannen och Kynnahannen inte nått så stor spridning i populationen.

Linda Laikre beskriver fler problem som är förknippade med små populationer: ”Om

en långa färden

populationen är liten länge, i generation efter generation, förlorar den hela tiden genetisk variation. Och en ökning av inaveln sker. Om populationen efter att ha minskat får växa snabbt igen så avtar takten med vilken man förlorar genetisk variation och med vilken inaveln ökar. Det finns en direkt koppling mellan den genetiska skadan och populationens storlek.”

Linda Laikre visar med ett exempel hur genetisk variation försvinner när man tar bort djur ur populationen. Före vargjaket 2010 hade 17 procent av Nyskogaparets genetiska variation hunnit gå förlorad och efter jakten var förlusten uppe i 20 procent. Galven- och Kynnavargarna och deras avkommor skyddades i jakten och därför har ingenting av deras genetiska variation försvunnit.

INAVEL GER FLERA NEGATIVA EFFEKTER PÅ VARGARNA
Inaveln då – varför är den ett problem? ”Vi har sett att inavel är skadligt för vargen. Det som dokumenterats är att kullstorlek, vikt, livslängd och reproduktion minskar med inavel och att arftliga defekter kan öka. Hos varg, liksom hos många andra arter har man sett ett samband, att om inavelsgraden ökar med tio procent så minskar samtidigt enskilda så kallade fitnesskaraktärer, som har att göra med överlevnad, med ungefär tio procent. Det är en vanlig observation och vargen är väldigt typisk vad gäller känslighet för inavel”, konstaterar Linda Laikre.

I dag ligger medelvärdet för inavelskoefficienten i den vilda skandinaviska vargstammen på 0,26. Det är mycket högt. Vid helsyskonparning är inavelskoefficienten 0,25. Därför diskuteras åtgärder för genetisk förstärkning.

Linda Laikre förklarar vad det är som kan hända vid inavel. Varje förälder lämnar ifrån sig den ena av sina två anlagskopior till avkomman. Exakt samma anlagsvariant kan finnas hos både mamman och pappan om de är nära släkt och kan då hamna hos avkomman som två identiska kopior. Det finns anlagsvarianter som är skadliga för djuret i dubbel identisk uppsättning, men som inte märks om de bara finns som den ena av individens två kopior.

Det stora problemet med inavel är risken att skadliga gener kommer i dubbel uppsättning, menar Linda Laikre. ”Men har man dubbel identisk uppsättning i ett anlag kan det fortfarande finnas variation i de resterande anlagen”, påpekar hon. ”Därför behöver inte inavel betyda att individer inte har någon genetisk variation.”

Linda Laikre avslutar med en rekommendation för hur man kan skapa en genetiskt rimlig situation på sikt för vargarna: ”För bästa möjliga förutsättningar inför framtida överlevnad och för evolutionen, handlar det om att bilda sammanhängande populationer stora nog för att hålla en god mängd genetisk variation och en låg grad av inavelsökning och att se till att det kan finnas naturligt utbyte och genflöde, så som det har sett ut historiskt för den här arten.”

TEXT: TATJANA KONTIO

FOTO: HANS RING

Regeringen beställde snabbutredning om minsta livskraftiga vargstam

Analys som inte räknar med genetiken eller långsiktigt bevarande är enligt SRF och andra granskare oanvändbar.

I regeringens senaste rovdjursutredning presenterades ett vetenskapligt baserat utlåtande om vad som är gynnsam bevarandestatus för varg, framtaget av en internationell expertgrupp inom artbevarande. Utredaren Lars-Erik Liljelund lade därefter i sitt betänkande fram förslag till så kallade referensvärden för antalen rovdjur i landet.

Nu har Regeringen begärt fram nya referensvärden för gynnsam bevarandestatus för rovdjuren, denna gång från Naturvårdsverket och utifrån en helt annan, av regeringen i förväg bestämd, bedömningsmetod.

Naturvårdsverket skall redan under hösten 2012 redovisa vad som ska vara gynnsam bevarandestatus för varg. För de övriga rovdjuren skall detta vara klart till juni 2013.

Gynnsam bevarandestatus kan kortfattat beskrivas som att arten kommer att överleva på lång sikt och finnas som en livskraftig del av sin livsmiljö. Det är ett mål som Sverige ska uppfylla för skyddade arter enligt EU:s Art- och habitatdirektiv.

Enligt Liljelunds anlitate forskargrupp skulle det behövas 3000-5000 vargar sammantaget i Norge, Sverige, Finland och Ryska karelen för att vargpopulationen ska ha gynnsam bevarandestatus, med hänsyn till både de genetiska aspekterna och långsiktiga artbevarandemål. Förutsättningen är att ett utbyte kan ske mellan vargarna inom hela detta utbredningsområde. Referensvärdet för Sveriges andel som Liljelund föreslog var minst 450 vargar, som skulle uppnås långsamt under en tolvårsperiod. (Våra Rovdjur har skrivit om Rovdjursutredningens resultat i nr 1/2011, 2/2011 och 2/2012.)

Viltforskarna i Skandulv, SLU, fick i juni uppdraget från Naturvårdsverket att snabbproducera en så kallad sårbarhetsanalys för varg där man skulle ta fram en siffra på ”minsta livskraftiga population” där man utgår från att dagens genetiska problem är ”lösta”. Beställaren, som ursprungligen var regeringen, önskade en så kallad demografisk analys, där man enbart räknar med reproduktionen, dvs födslar och dödlighet.

RESULTATET HAR LEVERERATS och landade på 100 vargar. Livskraftig definieras enligt denna metod som att utdöenderisken inte får beräknas överstiga tio procent i ett 100-årsperspektiv – ett kriterium och en analysmetod bland flera.

Bedömningsgrunden som utgår från Internationella Naturvårdsunionen IUCN:s Rödlisstekriterium E, uppfyller inte kravet på långsiktigt artbevarande men är det kriteriet som regeringen vill använda.

Svenska Rovdjursföreningen liksom flera granskare påpekar att den aktuella analysen är oanvändbar för bevarandebedömningar av vargstammen, då den bortser från vargstammens genetiska verklighet. En verklighet med en liten och krympande genetisk variation samt ökande inavel.

Den genetiska variationens viktiga roll för populationers livskraft förklaras av populationsgenetikern Linda Laikre i referatet här intill.

Leverantörerna av den nya sårbarhetsanalysen lägger själva in brasklappar i sin rapport om bristerna i det begärda underlaget och skriver bl.a: ”Särskilt vill vi betona att vi enligt uppdraget endast beaktat demografisk och miljömässig stochasticitet. Våra resultat gäller endast under förutsättningen att de genetiska problem, som idag förekommer i vårvargpopulation, är lösta.” och ”De nivåer vi presenterar skall inte heller likställas med kraven på Gynnsam Bevarandestatus.”

Rapporten skickades ut, också i en mycket hastig snabbrunda, för att inhämta andra forskares kommentarer. Dessa är nästan uteslutande kraftigt skeptiska. Några exempel:

”Att bara ta hänsyn till demografiska faktorer utan att räkna med de genetiska faktorernas påverkan är inte biologiskt meningsfullt.”... ”Gynnsam bevarandestatus kräver större populationsstorlek och betydligt längre tidsperspektiv än minsta livskraftiga bestånd för 100 år...” (Prof. Linda Laikre, Stockholms universitet).

”IUCN:s riktlinjer för att använda den här typen av sårbarhetsanalyser äventyrar vår trovärdighet som forskare...” Jag avråder att använda den som bas för förvaltningsbeslut”. (Prof. Mark Boyce, University of Alberta).

TATJANA KONTIO