

# Spørgsmål om ulve og ulvehybrider til brug for møde i Vildtforvaltningsrådet 28. marts 2019

---

Notat fra DCE - Nationalt Center for Miljø og Energi

Dato: 26. marts 2019

Kent Olsen

Naturhistorisk Museum, Aarhus

Rekvirent:  
Miljøstyrelsen  
Antal sider: 4

Faglig kommentering:  
Aksel Bo Madsen  
Kvalitetssikring, centret:  
Jesper R. Fredshavn

# Indhold

Baggrund	3
Svar	3
Referencer	4

## Baggrund

Miljøstyrelsen (MST) har i en mail af 12. marts 2019 bedt Nationalt Center for Miljø og Energi (DCE) om besvarelse af flg.:

Til brug for Vildtforvaltningsrådets møde den 28. marts 2019, hvor der, med udgangspunkt i den igangværende debat om ulve og ulvehybrider, er stillet følgende spørgsmål: *"Hvordan konstaterer man om det er fælles oprindeligt DNA eller senere indkrydsning?"*

## Svar

Ovennævnte spørgsmål ligner i stor udstrækning spørgsmål fra MST til DCE besvaret 15. marts 2019 (Olsen & Hansen 2019) og kan på samme måde omskrives til:

1) *at få afklaret, hvorvidt der historisk, startende for titusinder af år siden, er foregået udveksling af genetisk variation fra ulv til hund og fra hund til ulv?*

2) *om den nedskudte ulv er af hybridherkomst inden for de seneste få generationer (f.eks. fire generationer eller kortere tid siden, svarende til eksempelvis ca. 6% DNA fra hund i genomet ved hybridisering fire generationer tilbage i tid)?*

Man kan ved en fuld genomsekventering (metode som analyserer hele genomet, og derved opnår mange flere detaljer end ved de alm. DNA-analyser til arts- og individniveau) afklare spørgsmål 2, forudsat at et tilstrækkeligt baggrundsmateriale fra andre centraleuropæiske ulve samt repræsentative hunderacer er til stede. Man kan også give et bud på spørgsmål 1), omend det skal tages i betragtning, at resultaterne for dette kan være væsentligt sværere at tolke. Ved analyse af hele genomer kan man desuden få yderligere information om hybridisering, idet rekombination (overkrydsning) mellem kromosomer vil føre til, at evt. kromosom-stykker, der stammer fra hund, bliver kortere og kortere for hver generation.

Opmærksomheden henledes på, at der (som tidligere beskrevet i et notat af Olsen m.fl. 2019) også findes metoder, såsom SNP chips med tusinder af genetiske markører, der vil være velegnede til at besvare spørgsmål 2, men næppe spørgsmål 1.

Endvidere henledes opmærksomheden på, at det er en kompliceret sag at analysere hybridisering mellem ulv og hund, da især "hund" er en kompleks gruppe af racer, der har været gennem selektion for forskellige egenskaber og ofte med "genetiske flaskehalse" til følge, som har øget de genetiske forskelle mellem hunderacerne indbyrdes. Ligeledes har forskellige ulvebestande været igennem flaskehalse. Samlet set er det derfor vigtigt, at en undersøgelse bliver baseret på flg.:

- Der skal være et tilstrækkeligt stort genetisk datamateriale fra et tilstrækkeligt stort antal centraleuropæiske ulve.
- Der skal være et tilstrækkeligt stort genetisk datamateriale fra et tilstrækkeligt stort antal hunderacer.
- I fald man mener, at det er spørgsmål 2, som er vigtigt at afklare, er det underforstået, at de ulve man tager udgangspunkt i som reference fra den centraleuropæiske ulvebestand kan betragtes som "rene" ulve, da man ellers blot har påvist, at den nedskudte ulv har samme genomiske sammensætning som de øvrige ulve, der måske heller ikke betragtes som "rene" på grund af fortidigt genflow fra hunde.

- Det er underforstået, at man i udvalget af hunderacer har dækket de mulige hybridiseringsmuligheder, der kan være forekommet igennem en overskuelig fortid.

Det er klart, at der alene til disse forudsætninger kan stilles spørgsmålstejn ved materialet, og derfor vil selv et entydigt resultat fra en i øvrigt stor undersøgelse aldrig kunne give et absolut og endegyldigt svar, men allerhøjest en høj sandsynlighed under de givne forudsætninger for, at der er tale om en "ren" ulv eller en hybrid.

## Reference

Olsen, K., Sunde, P., Hansen, M. M., Thomsen, P. F. & Hansen, A. J. (2019). DNA-analyser og beskrivelse af den Centraleuropæiske ulvebestand, herunder identifikation af ulve og ulvehybrider. 15 s. 24. januar 2019. – Notat fra DCE - Nationalt Center for Miljø og Energi & Naturhistorisk Museum, Aarhus. [http://dce.au.dk/fileadmin/dce.au.dk/Udgivelser/Notater\\_2019/DNA\\_analyser\\_Centraleuropaeisk\\_ulvebestand.pdf](http://dce.au.dk/fileadmin/dce.au.dk/Udgivelser/Notater_2019/DNA_analyser_Centraleuropaeisk_ulvebestand.pdf)

Olsen, K. & Hansen, M. M. (2019). Spørgsmål vedr. ulvehybrider og genomsekventering. 4 s. 15 marts 2019. – Notat fra DCE - Nationalt Center for Miljø og Energi & Naturhistorisk Museum, Aarhus. [http://dce.au.dk/fileadmin/dce.au.dk/Udgivelser/Notater\\_2019/Ulvehybrider\\_og\\_genomsekventering.pdf](http://dce.au.dk/fileadmin/dce.au.dk/Udgivelser/Notater_2019/Ulvehybrider_og_genomsekventering.pdf)