

# Spørgsmål vedr. ulvehybrider og genomsekventering

---

Notat fra DCE - Nationalt Center for Miljø og Energi

Dato: 15. marts 2019

Kent Olsen<sup>1</sup> og Michael Møller Hansen<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Naturhistorisk Museum, Aarhus

<sup>2</sup>Institut for Bioscience, Aarhus Universitet

Rekvirent:  
Miljøstyrelsen  
Antal sider: 4

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

# Indhold

Baggrund	3
Svar	3
Reference	4

## Baggrund

Miljøstyrelsen (MST) har i mail af 1. marts 2019 bedt Nationalt Center for Miljø og Energi (DCE) om besvarelse af flg.:

*Statsadvokaten i Viborg har bedt om, at der foretages yderligere undersøgelser af den ulv der blev skudt på en mark i Vestjylland i april 2018. Konkret har retten bedt MST om, at indhente en supplerende DNA-undersøgelse i sagen, således at der i videst muligt omfang sker "fastlæggelse af fordelingen mellem hund og ulv i det nedskudte dyr".*

*Da rettens spørgsmål kan forstås på flere måder bedes DCE som minimum at forholde sig til hvorledes en fuld genomsekventering vil kunne besvare nedenstående:*

- Som et ønske om et svar på "fordelingen mellem hund og ulv" i den centraleuropæiske ulvebestand eksemplificeret i den nedskudte ulv.
- Som et ønske om svar på hvordan "fordelingen mellem hund og ulv" i den nedskudte ulv evt. adskiller sig fra den centraleuropæiske ulvebestand.

## Svar

Ovennævnte kan 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)?

**Spørgsmål 1:** er videnskabeligt interessant og kan kaste lys over den evolutionære historie af hund og ulv og deres genetiske interaktioner under domesticeringsprocessen af hund.

**Spørgsmål 2:** er umiddelbart relevant for den verserende retssag.

Man kan ved en fuld genomsekventering 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, det er vigtigt at afklare i den vserende sag, er det underforstået, at de ulve man benytter 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\\_Centraleuropæisk\\_ulvebestand.pdf](http://dce.au.dk/fileadmin/dce.au.dk/Udgivelser/Notater_2019/DNA_analyser_Centraleuropæisk_ulvebestand.pdf)