

# Låg variation på Y kromosomen av lodjur (*Lynx lynx*) i Europa



Hur lätt kan genetisk data från Y kromosomen användas för att studera hanars vandringsmönster och populationsstruktur?

Frank Hailer

## Om arten som studerades - det 'Eurasiatiska lodjuret' (*Lynx lynx*)

Lodjuret är ett av våra stora rovdjur i Sverige. Sedan den sista istiden har det förekommit i stora delar av Europas skogar. Mellan sjutton- och nittonhundratalet skedde dock en dramatisk nedgång i stort sett alla europeiska lodjurspopulationer, vilket mestadels berodde på jakt. Ganska få individer överlevde i Norden samt i Karpaterna, medan lodjuret förmodligen helt dog ut i centraleuropa.

Sedan lodjuret har blivit skyddat genom flera europeiska och nationella naturvårdslagar har en tydlig återhämtning skett i Nordens lodjursstammar. I centraleuropa har olika återintroduktionsprogram lett till att flera länder kring alperna idag hyser lodjursstammar igen.

## Bevarandefrågor

Lodjuret är en högt prioriterad art inom naturvården. För att kunna formulera specifika naturvårdsmål och handlingsförslag här i Skandinavien behövs det bl.a. kunskap om effektiv populationsstorlek (dvs hur många individer verkligen fortplantar sig) och risk för inavel. En särskilt viktig fråga är om det finns invandring av lodjursindivider (dvs genflöde) från de genetiskt mer variabla lodjuren i östra Europa via Finland. Sådana genetiska frågor är relevanta eftersom minskad genetisk variation medför risken att en art dör ut.

## Vilka genetiska metoder har hittills använts för att svara på det?

De genetiska metoder som normalt används för att få information om populationsstruktur och vandringsmönster har alla nackdelen att de inte specifikt kan återspegla hanar. Tvärtom ser de 'klassiska' genetiska metoder antingen bara på honor eller på båda könen samtidigt. Men det är hos många däggdjursarter olyckligtvis just hanarna som vandrar mest och längst!

## Vad testades i detta examensarbete?

Hos däggdjur innebär Y kromosomen en unik möjlighet att kringgå de problemen jag beskrev i ovanstående avsnitt: Y kromosomen finns bara hos hanar och nedärvs därför alltid direkt från far till son. På människan, där genetiska metoder har utvecklats och använts mest, har sådana Y kromosom studier visat sig vara mycket informativa. På andra däggdjur är Y kromosom studier dock närmast oprövade.

Min uppgift under detta examensarbete var därför att

- (1) utveckla metoder för att se specifikt på DNA sekvenser från lodjurets Y kromosom,
- (2) testa om och i så fall hur bra det går att använda sådan data från Y kromosomen för att få information om lodjurs vandringsmönster i Europa.

Metoder jag använde var bl.a. DNA sekvensering och 'SSCP' (single strand conformation polymorphism; där man letar efter genetiska skillnader mellan individer).

## Reslutat och slutsatser

Rent genetiskt var arbetet en framgång, eftersom själva metoden visade sig fungera bra – det fungerade att få fram specifika DNA sekvenser från lodjurets Y kromosom. Ganska överraskande, dock, kunde jag inte hitta den minsta genetiska skillnaden på Y kromosomen på totalt 98 hanar från Sverige, Norge, Finland, Estland, Lettland, Schweiz och Frankrike, trots att mina analyser täckte mer än 2300 baspar DNA! Även om detta är ett förhållandevis stort dataset, måste alltså ännu större delar av lodjurets Y kromosom studeras innan man har upptäckt någon genetisk variation.

Vi vet att Y kromosom studier generellt sett har ett stort potential att ge viktig information om en art. Mina resultat - som kommer från en av de första Y kromosom studierna på en annan art än människan - visar att Y kromosom studier inte är så lätt genomförbara som man hittills hoppats. De kräver sannolikt intensiva pilotstudier tills det har hittats en informativ mängd av genetisk variation.



UPPSALA  
UNIVERSITET

handledare: Linda Hellborg och professor Hans Ellegren

Examensarbete i biologi (20p)  
oktober 2001  
Avdelningen för evolutionsbiologi  
Uppsala Universitet