

Bilaga 2. Formler och beräkningar för genmigration

Genomsnittlig släktskap beräknas efter migration i en population med N individer varav M är migranter som inte är inavlade och inte släkt med någon annan individ. Det genomsnittliga släktskapen, θ , är sannolikheten att två alleler i en populations genpool är kopior av samma gen genom arv, i detta sammanhang kan det tolkas som inavelskoefficient. Dock kommer inaveln efter släktskapen och genomsnittlig släktskap är alltid större än noll eftersom det beaktar individers släktskap med sig själva. Avkomme-generationen indiceras med 1 och föräldragenerationen med 0. Inavelskoefficienten i avkomman förväntas efter slumpmässig parning bli det genomsnittliga släktskapet hos föräldragenerationen. Två gånger i rad tas slumpmässigt en gen från populationens genpool. Den första termen uttrycker sannolikheten att det är samma gen (av de $2N$ i populationen) som tas två gånger. Den andra termen är sannolikheten att båda generna är kopior av samma gen hos en gemensam släkting om de kommer från den ursprungliga populationen, dvs. inte migranterna, och inte heller samma gen tas två gånger (det täcks av den första termen). I så fall är den genomsnittliga släktskapen θ_0 . Övriga fall (att åtminstone den ena genen kommer från immigranterna) ger bidraget noll.

$$[1]; \theta_I = 1/2N + (N-M)(2N-2M-1) \theta_0 / 2N^2$$

Formeln kan göras mer komplicerad. Tyvärr verkar det som Microsofts ordbehandlingsprogram och .pdf sparande inte är kompatibla, formeln syns inte. Så jag har upprepat den med bokstäver och formeln finns också i den EXCEL-fil jag hänvisar till nedan. Man kan ta hänsyn till inavelskoefficienten; man kan tillåta fertilitetsvariationer; man kan tillåta släktskap även bland immigranterna; man kan tillåta släktskap mellan immigranterna och den svenska populationen. Formeln kan ses som en förenklad och utvidgad variant av en formel för släktskap i plantagefrö som presenterats av Lindgren och Mullin (1998). Man kan tolka genomsnittligt släktskap, θ , som approximativ inavelskoefficient eller latent inavelskoefficient. Om alla individer i populationen parar sig med alla inklusive sig själva så blir inavelskoefficienten hos avkomman det genomsnittliga släktskapet hos föräldrarna. Ofta talar djurgenetiker om inavel när de egentligen menar den inavel som ligger i det genomsnittliga släktskapet. Man kan utgå från "effektiva" värden på N och M . Det är möjligt att räkna obetydligt exaktare, men formeln verkar ge tillräckligt rättvisande resultat för beslutsfattare.

Några numeriska vargrelaterade beräkningar

För varg skattar jag att N och M ligger på en fjärdedel av de numerära värdena. För varg $N=50$; $M=1$ och $\theta_0=0.300$ ger $[1]=0.295$, dvs inaveln (släktskapet) faller från 0.300 till 0.295 istället för att öka till ca 0.307 (pga. drift), dvs. en "effektiv" migrant per generation resulterar i en minskning av släktskapet.

En inplantering av 20 vargar på en generation. Effektivt $M=6$ (inplanterade vargar är förmodligen genetiskt effektivare än genomsnittsvargar, så det blir mer än 5 effektivt av 20), $M=6$ kanske är vad man skall räkna med efter vargflytt av 20 vargar varav en del valpar) ger $\theta_I=0.24$.

Inaveln varken stiger eller faller vid en viss nivå på migrationen.

Inaveln ökar vid varje generationsskifte till följd av genetisk drift och minskar vid migration. Därför finns det ett jämviktsläge mellan migration och inavelskoefficient. Denna jämvikt beror inte på populationens storlek, fast det tar färre generationer att nå jämvikten om populationen är liten. Det finns ett jämviktsvärde mellan inavel och migration per generation. För en given migration går inaveln mot ett jämviktsvärde. Den framtida inaveln är en funktion av dels genetisk drift, som blir mindre ju fler vargar det finns, och dels migration, som får mindre genomslag ju fler vargar det finns. Dessa två inflytanden av populationsstorleken tar ut varandra och balansen blir oberoende av populationsstorleken. Vid dessa beräkningar har det antagits att invandrare har samma reproduktion som de befintliga vargarna, men invandrarna har högre reproduktion eftersom de inte har kullstorleken reducerad av inavel och eftersom de skyddas från jakt.

Reproduktiva invandrare per generation (M)	Inavelsgrad (F) efter många generationer (jämvikt)
0.6	0.30
1	0.20
2	0.11
3	0.08

För närvarande är inavelsgraden i den svenska vargpopulationen 0.30. För att inaveln inte skall öka däröver fordras att det kommer 0.6 invandrare per generation. Historiskt har det kommit 5 invandrare 1982-2010, dvs. 0.9 per generation, vilket innebär att den naturliga invandringen kan förutses räcka till att marginellt sänka inaveln. Det kom två invandrare 2007/2008 och att det kom så många kanske reflekterar att vargantalet blivit så högt i Sverige att invandrarna som kommer förbi norra Sverige har en god chans att finna en partner. Om det fortsätter att komma det två reproduktiva invandrare per generation så kommer inavelsgraden att på sikt sjunka till 0.11, men detta är utomordentligt optimistiskt.

Approximativ formel

Om man sätter in $P=M/N$ som proportionen migranter och gör en approximation för stora N så kan formeln förenklas till en kvot för den relativa ökningen av släktskapen — $[3]$. ; $\Theta_1/\Theta_0=(1-P)^2$ Denna approximation är dock inte lämplig för den svensk/norska vargstammen, som sällan kan betraktas som "stor".

Jämförelser med andras resultat

Snarlika beräkningar har utförts av Laikre och Ryman (200?) **Bilaga 4 REVIEW AV GENETISKT KUNSKAPSLÄGE OCH BEVARANDEGENETISK STATUS HOS DAGENS SVENSKA VARGPOPULATION** Leverantör 3: Linda Laikre & Nils Ryman

Mina formler som jag härlett själv ger exakt samma resultat, eller snarare de eventuella urskiljbara skillnaderna är icke synliga för blotta ögat. I Figur 2a följs utvecklingen av inavelskoefficienten hos en population med 50 effektiva (reproducerande vargar med $F=0.300$ (dvs den svensk/norska stammen 2009) som en funktion av tiden för olika antal migranter per generation från en obesläktad stor population. Jämviktsläget nås inte efter 100 år. Resultat enligt Tabell 1b. Eftersom resultaten överensstämmer bekräftar de varandra och det finns ingen anledning att tro att värden är missvisande.

Liknande beräkningar av Per Forslund Leverantör . Forslund räknar på 100 år, Tabell 1 ger jämviktsnivåer. Ju lägre inavelsnivå och fler migranter ju längre tid tar det att nå jämvikt och ju lägre blir mina värden i förhållande till Forslunds, men det innebär inte att någon har fel. Jämför med 2.3. Simuleringar av prospekten för den skandinaviska vargstammen, med olika invandringsscenarier och olika jakttryck

Sammanfattning av Bilaga 3. Leverantör 2 Pär Forslund. En invandringshastighet på 1 genetiskt effektiv invandrare/år krävs för att sänka inavelsnivån till c. 10% efter 100 år, och en invandringshastighet av 0.5 invandrare/år ger en inavelsnivå på c. 15% efter 100 år. en migrant per generation ger inavelsnivå 0.24 efter 100 år (Figur1). Detta verkar i överensstämmelse med mina resultat.

Referens

Lindgren D & Mullin TJ 1998. Relatedness and status number in seed orchard crops. Canadian Journal of Forest Research, 28:276-283.

Ett EXCEL-arbetsark, som gör det möjligt att sätta in egna värden i formeln, kan nås från min "varghemsida".