



## Hoten mot fjällräven

Ovan fjällräv, t h rödräv, nedan järv.

Bildkälla: Pixabay

De arter som lever i arktiska miljöer utsätts för stora påfrestningar beroende på klimatet. Det gör att förhållandet mellan rovdjur och bytesdjur lätt kan rubbas. I svenska fjällen finns både fjällräv och rödräv. Fjällräven har länge varit starkt hotad och blev fridlyst i Sverige 1928, men trots det har den inte återhämtat sig. En orsak är att det periodvis varit brist på smågnagare. Konkurrensen från rödräv har också betydelse och kan förväntas öka. En hypotes är att om temperaturen ökar, beroende på klimatförändringarna, klarar rödräven att leva på högre höjder i fjällen. Eftersom den är större och kraftigare än fjällräven vinner den kampen om bytesdjur och kan även bita ihjäl fjällrävsungar. Fjällräven tvingas därför att flytta till områden med sämre förutsättningar och på sikt riskerar fjällräven att helt försvinna från de svenska fjällen.

Efter några bra lämmelår 2009-2011 (lämmel är en av fjällrävens viktigaste bytesdjur) och efter insatser i det Svenska Fjällrävsprojektet har antalet fjällrävar ökat de senaste åren. För att kunna följa utvecklingen av fjällrävs- och rödrävsstammarna i fjälltrakterna behöver man ta reda på hur många individer det finns av varje art och i vilka områden de båda arterna förekommer. En metod för att göra en sådan inventering är att söka efter spillning, men hur kan man veta vilken art som lämnat spillningen?



Foto: Tobias Klenze, Wikimedia Commons

Ett djur har lämnat en hög med spillning på en sten. Vilket djur kan det vara?

## Så här kan du ta reda på vilken art som lämnat spillningen

Spillningen på stenen bör komma från antingen rödräv, fjällräv eller järv, tre arter som lever i samma område. I spillningen kan man se rester från päls och ben. Där finns också celler från djurets tarmkanal som kan användas för identifiering av djuret som lämnat spillningen.

En metod, som forskare använder för att ta reda på hur många individer det finns av en viss art, är att inventera spillningshögar och sedan göra DNA-tester på celler i spillningen för att ta reda på vilka högar som lämnats av fjällräv.

Ta först reda på DNA-fragmentens längd:

1. DNA från celler som finns i spillningen extraheras.
2. DNA masskopieras (amplifieras) med PCR:

Tre olika primers används – en för att identifiera fjällräv, en annan för att identifiera rödräv och en tredje för att identifiera järv. En fjärde primer binder till DNA från alla de tre arterna och även till många fler däggdjur. Den användes som en avslutande primer (reverse primer).

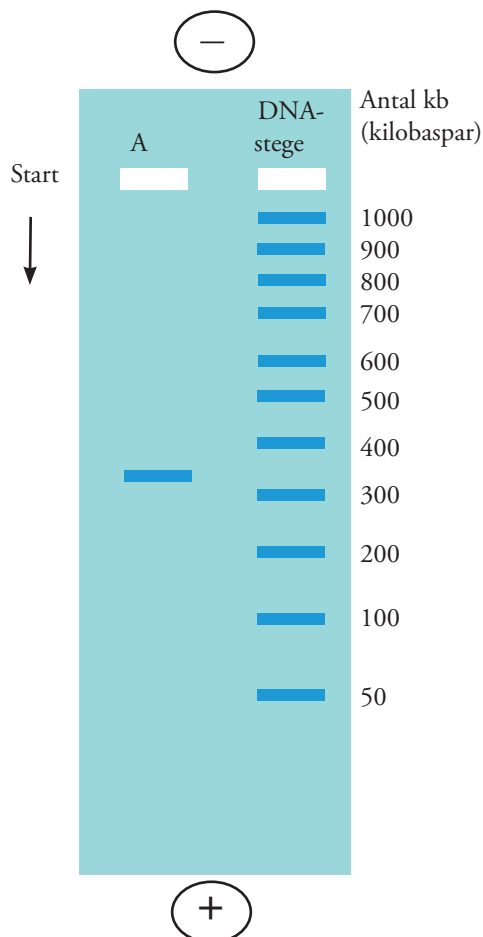
Primers:

Fjällräv: 5'-TAAACTATTCCTGATACTC-3'

Rödräv: 5'-TCAATCCTTGCTCGAAGTA-3'

Järv: 5'-AGTATGTACCCTTTTCCTCC-3'

Reverse primer: 5'-CCTGAAGTAGGAACCAGATG-3'



3. PCR-produkten från provet (A i fig. nedan), samt en s.k. DNA-stege, separeras med gelelektrofores. (DNA-stegen innehåller en referensblandning av DNA-fragment med bestämda längder.)

4. Jämför längden på PCR-produkten med DNA-stegen. Hur många baspar består DNA-fragmentet av ungefär?

5. Läs artikeln (kopiera namn och titel på artikeln nedan i din webläsare):

[Dalén L, Götherström A, Angerbjörn A \(2004\) Identifying species from pieces of faeces. Conservation Genetics, 5, 109-111](#)

- Hur kan man skilja på DNA-prover från de tre arterna genom att använda elektrofores?
- Från vilken art tror du att DNA-provet i exemplet kommer?
- Var hamnar DNA-fragmenten från de andra arterna i förhållande till DNA-fragmentet som figuren visar?

## Sekvensering

Kan vi vara riktigt säkra på vilken art det är? För säkerhets skull gör vi en sekvensering av DNA-fragmentet från gelelektroforesen, dvs. vi tar reda på i vilken ordning baserna sitter.

Sekvenseringen ger följande resultat:

```
acaattacct cacacccctt taaaaaactt gccctatgta cgtcgtgcat tactgttatg
ccccatgcat ataagcatgt acatatattt atattattac ataagacata ctatgcttaa
tcttacaata acctctttca ggatcataca tgactgcacg tcacttagtc caataagggga
tttatcacca tgctctgaga aaccatcaat ccttgctcgt aatgtccctc ttctcgtcc
gggcccataat caacgtgggg gtttctatta tggaattata cctggcatct gg
```

## Sökning i databas

Din uppgift blir nu att jämföra denna sekvens med sekvenser från olika organismer som finns i databasen GenBank. Gör så här:

1. Kopiera hela bassekvensen ovan.
2. Öppna webbsidan från NCBI (National Center for Biotechnology) [www.ncbi.nlm.nih.gov/](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/)
3. Välj BLAST t.h.
4. I det nya fönster som öppnas väljer du NUCLEOTIDE BLAST.
5. I det nya fönster som öppnas kopierar du in bassekvensen i den tomma rutan.
6. Framför bassekvensen lägger du till tecknet > och ett namn som du själv väljer. Gör en ny rad efter namnet. Detta kallas "FASTA-format". Så här ska det se ut:

```
>Namn
acaatta osv.
```

I rutan CHOOSE SEARCH SET, avdelningen DATABASE väljer du NUCLEOTIDE COLLECTION i rullgardinen. Klicka sedan på BLAST längst ner på sidan. Din bassekvens kommer nu att jämföras med alla sekvenser som finns i databasen.

7. Efter en liten stund visas en lista med de sekvenser i databasen som stämmer bäst med din sekvens. Överst finns i tur och ordning sekvenserna med bäst matchning.

- Vilken djurart stämmer din DNA-sekvens bäst överens med? Använd artnamnet på latin och sök efter det svenska artnamnet.
- Från vilken del av genomet kommer DNA-sekvensen?

Klicka på koden (under Accession) i kolumnen längst till höger. På den sida som då öppnas står titel och författare till den vetenskapliga artikel där undersökningen beskrivs. Sök rätt på artikeln på nätet (eventuellt kommer du bara åt ett abstract), läs det och ta reda på:

- Vilket var syftet med undersökningen?
- Vilket blev resultatet?