



Sveriges lantbruksuniversitet
Fakulteten för veterinärmedicin och husdjursvetenskap

Förvildade husdjur – möjligheter och hot

Stina Noréus



Sveriges lantbruksuniversitet
Fakulteten för veterinärmedicin och husdjursvetenskap
Institutionen för husdjursgenetik

Förvildade husdjur – möjligheter och hot

Feral animals- possibilities and threats

Stina Noréus

Handledare:

Lotta Rydhmer, SLU, Institutionen för husdjursgenetik

Examinator:

Anna Johansson, SLU, Institutionen för husdjursgenetik

Omfattning: 15 hp

Kurstitel: Kandidatarbete i husdjursvetenskap

Kurskod: EX0553

Program: Agronomprogrammet–Husdjur

Nivå: Grund, G2E

Utgivningsort: Uppsala

Utgivningsår: 2012

Serienamn, delnr: Examensarbete / SLU, Institutionen för husdjursgenetik, 376

On-line publicering: <http://epsilon.slu.se>

Nyckelord: förvildad, husdjur, skadedjur, genetisk resurs, beteende, anpassning, bevarande

Key words: feral, animal, pests, genetic resource, behavior, adaption, preservation

Sammanfattning

Förvildade husdjurspopulationer finns över stora delar av världen och anses ofta vara ett problem. De anses ofta vara skadedjur eftersom de kan vara ett hot mot andra arter, förstör odlingar och är en risk för sjukdomsspridning. Avel har gjort att den genetiska variationen hos husdjur har minskat. Förvildade husdjur påverkas av naturlig selektion vilket ger dem möjlighet att anpassa sig till miljön. Denna anpassning gör att de både kan bli ett skadedjur men även ses som en tillgång. Syftet med uppsatsen var att studera de positiva aspekterna av förvildade husdjur, och hur studier av dessa kan vara till nytta inom husdjursforskning. Förutom att de vid miljöförändringar kan bli en genetisk resurs har man hittat unika alleler hos halvt förvildade nötboskapspopulationer. Beteendestudier kan ge viktig kunskap om våra husdjurs beteende som inte dess vilda förfäder kan. Populationsgenetiska metoder kan ge kunskap om genetisk struktur, populationsstruktur och spridningsmönster som kan användas för att lägga upp kontrollstrategier dels för bevarande av vilda populationer och förvaltande av förvildade husdjurspopulationer. Husdjur bör ses som en potentiellt viktig genetisk resurs i framtiden samtidigt som hänsyn måste tas till den omgivande miljön.

Abstract

Feral animal populations are distributed over many parts of the world and are often seen as a problem. Since they are a threat against other species, destroy farmlands and can spread diseases, they are often referred to as pests. Artificial selection has contributed to loss of genetic diversity in our domesticated animals. Feral animal populations are affected by natural selection, which allows them to adapt to the environment. Their ability to adapt is a reason to see them as pests but can also be seen as an asset. The purpose of this paper was to study the positive aspects of feral animal populations and how they can be used in animal science. Rapid environmental changes in the future can make them an important genetic resource. Unique alleles have e.g. been found in semi-feral cattle populations. Behavioral studies can provide important knowledge about domestic animals that their wild ancestors cannot. Population genetic studies can provide insight in genetic structure, population structure and distribution patterns that can be used to setup control strategies both for conservation of wild populations and management of feral animal populations. Feral animal populations should be seen as a potentially important genetic resource but it is also important to take the surrounding environment in to account.

Introduktion

Definitionen för förvildad i denna uppsats står för djur som tidigare varit domesticerade men som nu lever i det vilda oberoende av människan (Sherf, 2005) och vars reproduktion sker utan mänsklig selektion. Det engelska ordet för förvildad är feral vilket inte alltid har samma innebörd som denna uppsats definition av förvildad. Det blandas ibland ihop med introducerad eller exotisk art. En förvildad art kan vara introducerad men en introducerad art behöver inte vara förvildad (Sherf, 2005). Introducerade arter utgör ett hot mot biologisk mångfald och i Australien anses många vara skadedjur (Edwards et al, 2004). Ordet feral används även i tveksamma fall som av Vega-Pla et al (2006) i en studie om den vilda hästrasen retuertas ursprung. Inga skriftliga anteckningar om dess ursprung finns, men Vega-Pla et al (2006) menar att de möjligen kan vara en direkt ättling till vildhästen. Ordet feral används även om populationer med hybrider till exempel om vissa populationer av förvildade grisar i USA som är en blandning av förvildade grisar och vildsvin (Singer, 1981). Förvildade husdjurspopulationer finns över stora delar av världen, se tabell 1. Husdjurspopulationer som har blivit förvildade skapar ofta stora problem och anses oftast vara ett skadedjur (Sherf, 2005). De anses

vara skadedjur eftersom de är ett hot mot den biologiska mångfalden, detta bland annat genom att påverka andra djurarter och växter negativt (Sherf, 2005). Förvildade katter är vanligt förekommande på världens öar där de som naturliga rovdjur äter fågel-, däggdjurs- och reptilarter (Kirkpatrick & Raouf, 1986). Dessa djur kan även innebära en risk för smittspridning, dels genom kontakt med domesticerade husdjur och även med människor (Haag-Wackernagel & Moch, 2004; Doran & Laffan, 2005). I Australien har förvildade grisar förstört stora delar av skördar och betesmarker vilket bidrar till stora ekonomiska förluster (Pimentel et al, 2000). Allt detta innebär att man ofta utarbetar kontrollstrategier för att bli av med de så kallade skadedjuren (Hansen et al, 2007). Dock kan förvildade husdjurspopulationer också ha positiva egenskaper som kan utnyttjas och kan bli användbara i framtiden. Det finns även mycket att lära genom att studera dem (Sherf, 2005). Syftet med uppsatsen är att studera de positiva aspekterna av förvildade husdjur, och hur studier av dessa kan vara till nytta inom husdjurs forskning och framför allt inom husdjursgenetiken.

Tabell 1. Exempel på förvildade husdjurspopulationer i världen och exempel på länder där de finns

Förvildad Husdjurspopulation	Länder	Referens
Gris (<i>Sus scrofa</i>)	Australien	Australian Government, 2012
	USA	Wyckoff et al, 2009
Får (<i>Ovis aries</i>)	Australien	Australian Government, 2012
	Mexico	Walter & Levin, 2007
	Storbritannien	Childs et al, 2011
Häst (<i>Equus caballus</i>)	Kanada	Plante et al, 2007
Honungsbi (<i>Apis mellifera</i>)	Australien	Chapman et al, 2008
	USA	Baum et al, 2011
Get (<i>Capra hircus</i>)	Australien	Australian Government, 2012
Åsna (<i>Equus asinus</i>)	Australien	Australian Government, 2012
Katt (<i>Felis catus</i>)	Australien	Australian Government, 2012
	New Zealand	Veitch, 2001
Hund (<i>Canis familiaris</i>)	Italien	Randi & Lucchini, 2002
Mink (<i>Mustela vison</i>)	Polen	Brzezinski & Marzec, 2003
	Storbritannien	Bodey et al, 2010
Karp (<i>Cyprinus carpio</i>)	Japan	Matsuzaki et al, 2009

Anpassning

Naturlig selektion och mutationer kan förändra allelfrekvensen och göra förvildade husdjur bättre anpassade till den omgivande miljön, samt ge dem unika egenskaper som förmågan att anpassa sig till den omgivande miljön (Sherf, 2005). Exempel på hur anpassning skett ger van Vuren & Bakker (2009) i en studie där kropps massa och ullproduktion jämfördes hos förvildade får från Santa Cruz Island i USA, med domesticerade får dels från fastlandet och dels från ön. Resultatet från studien visade att de förvildade fåren hade mindre kropps massa. Förändringen hade skett snabbt, på mindre än 25 generationer. Även ullproduktionen hade under-

sökts. Resultatet visade att många av de förvildade fåren förlorade en del av sin ull på en eller flera kroppsdelar. Båda könen tappade ull men tackorna tappade mer på huvud och mage vilket indikerar att ulltappet är viktigt för termoregulering och fertilitet (van Vuren & Bakker, 2009). Sådana förändringar skulle kunna bero på genetiska förändringar eller på miljöeffekter som minskat näringsvärde i fodret (Sherf, 2005). Ullen tappades på olika delar av kroppen och inte över hela vilket indikerar att ullförlusterna har genetiskt ursprung. Vid mindre näringsrik kost borde djuren tappa ullen mer jämnt över kroppen och inte bara på platser associerade med termoregulatoriska eller hälsofördelar (van Vuren & Bakker, 2009). Studien fastställde inte säkert att förändringarna skett på grund av generna och inte miljön, men hur ullen tappades plus att både kropps massa och ullproduktion är känt för att ha hög arvbarhet hos får indikerar att det var en genetisk förändring (van Vuren & Bakker, 2009). De förvildade fårens baspopulation bestod av ca 1200 djur. Detta är en relativt stor baspopulation vilket indikerar att naturlig selektion låg bakom förändringarna och inte genetisk drift. Kombinationen av naturlig selektion i den nya miljön och att den av människan styrda selektionen upphörde kan vara orsaken till den snabba genetiska förändringen (van Vuren & Bakker, 2009).

Matsuzaki et al (2009) undersökte morfologiska skillnader mellan en förvildad karplinje med två domesticerade linjer. De hittade stora skillnader som främst tros bero på genetiska skillnader, eftersom äggen utvecklades under liknande förhållanden. Fiskarna i den förvildade linjen hade mer strömlinjeformad, slankare kropp än de domesticerade linjerna vilket stämmer överens med utseendet hos vild karp. Skillnaderna berodde förmodligen på naturlig selektion i den naturliga miljön (Matsuzaki et al, 2009).

Problem associerade med förvildade husdjur

Hybridisering och introgression

Ett problem associerat med förvildade husdjur är att de kan para sig fritt och därmed även parar sig med vilda artfränder, vilket leder till hybridisering, som betyder korsning av individer från genetiskt distinkta populationer (Sherf, 2005). Hybridisering har i sin tur på olika sätt lett till utrotning av många arter både genom ersättning av en population med en annan och genetisk blandning, där de två distinkta populationerna förloras och istället bildar en ny (Allendorf et al, 2001). Det kan även leda till introgression vilket betyder ett genetiskt flöde mellan populationer vars individer parar sig (Allendorf et al, 2001). Till exempel kan hybridisering vara ett hot mot rovdjur som vargar om de lever nära förvildade hundar. Man har haft problem med detta i hos den hotade etiopiska vargen, där genetiska studier visar på hybridisering med förvildade hundar (Gottelli et al, 1994). I en studie av Randi & Lucchini (2001) hittades inga bevis för introgression av hundgener hos vargar i Italien. Annorlunda morfologiska egenskaper, till exempel som svart färg som förekommer hos hundar, observerades hos ett fåtal djur som kan ha varit hybrider.

Hot mot vilda arter

Förvildade husdjur utgör ett hot mot andra arter (Sherf, 2005). På många öar skapar förvildade katter problem eftersom de utgör ett hot mot andra arter då de är karnivorer. På Nya Zeeland är förvildade katter ett av de största hoten mot inhemska fauna och de tros ha utrotat vissa lokala fågelarter. De är också ett hot mot reptiler och ryggradslösa djur (Veitch, 2001).

Förstörelse

Förvildade djurpopulationer kan riva upp, förstöra och skada känsliga ekosystem (van Vuren & Coblenz, 1987). Förvildade får i Santa Cruz i USA äter gärna inhemska växter och det har resulterat i minskad artrikedom. Förändring av växtsamhället påverkar även fågelpopulationer

och har lett till minskning av antal och mångfald (van Vuren & Coblenz, 1987). Även förvildade grisar är kända för att på grund av sitt böckande förstöra mycket mark och odlingar vilket leder till stora ekonomiska förluster. Det är inte bara ett hot mot artrikedomen utan även mot jordbruket och kan leda till stora ekonomiska förluster (Pimentel et al, 2000).

Sjukdomsspridning

Risk för sjukdomsspridning både till domesticerade och vilda populationer är ytterligare ett problem med förvildade husdjur (Sherf, 2005). I USA finns förvildade okontrollerbara grispopulationer med stor spridning i landet som anses vara en fara för smittspridning av flera olika sjukdomar och även hindra utrotning av sådana sjukdomar (Wyckoff et al, 2009). Det finns en rädsla att förvildade djurpopulationer ska sprida allvarliga sjukdomar, som mul- och klövsjuka, som kan få svåra ekonomiska konsekvenser (Berinstein et al, 2000; Doran & Laffan, 2005). En studie gjord i USA visar att förvildade grispopulationer är mottagliga för mul- och klövsjuka både från förvildade och domesticerade populationer. De förvildade svinen hade en längre inkubationsperiod och högre tolerans än de domesticerade, men drabbades likväl av sjukdomen och förde den vidare till andra individer i lika hög grad som vanliga grisar vilket utgör ett hot mot grisproduktionen (Mohamed et al, 2011). Även i Australien har man problem med förvildade svin-, get-, buffalo-, nöt-, får- och hjortpopulationer som skulle kunna sprida sjukdomar som mul- och klövsjuka. (Doran & Laffan, 2005)

Fördelar med förvildade djurpopulationer

Genetisk resurs

Förvildade djurpopulationer kan vara en viktig genetisk resurs inom husdjursproduktionen. Den genetiska variationen hos husdjur har minskat genom avel och korsning mellan lokala och globala raser (Tapio, 2003). Fördelen med förvildade husdjur är att de kan ha värdefulla egenskaper och det kan finnas genetiska varianter som inte längre finns kvar hos raser inom den kommersiella djurproduktionen (Sherf, 2005). Exempel på egenskaper som kan utnyttjas i kommersiell produktion är sjukdomsresistens och förmåga att tåla värme (Sherf, 2005). De flesta domesticerade raser som används för kommersiell produktion selekteras efter specifika egenskaper och denna selektion bidrar till minskad genetisk mångfald. Då reproduktionen är styrd av människan är det vissa individer i rasen som används ofta vilket bidrar till att individerna inom rasen blir genetiskt lika. Detta innebär att den effektiva populationsstorleken sjunker. I en del utvecklingsländer lever vissa inhemska raser i halvt förvildade populationer vilket innebär att de istället för artificiell selektion utsätts för naturlig selektion. Dessa raser har utsatts för och anpassat sig till olika miljöer och har därför högre fenotypisk och genetisk variation (Giovambattista et al, 2001). Giovambattista et al (2001) studerade genetisk mångfald hos Argentinean Creole Cattles (ACC) och hur den skiljde sig från de mer selekterade kommersiella holstein-raserna. ACC är en ras vars förfäder kom till Amerika på 1500-talet och sedan spred sig över sydamerikanska kontinenten och därmed anpassade sig efter olika miljöer och klimat. När de kommersiella europeiska raserna och zebu raserna kom på 1900-talet minskade antalet ACC boskap. De har alltid levt i halvt förvildat tillstånd med väldigt lite artificiell selektion och nästan ingen påverkan från människor, vilket gett möjlighet för naturlig selektion. Detta har lett till större fenotypisk och genetisk variation, hög livslängd och fertilitet, och motståndskraft mot många subtropiska sjukdomar (Guglielmone et al, 1991, citerat av Giovambattista et al, 2001). Genetiska markörer användes av Giovambattista et al (2001) för att undersöka genetisk struktur i ACC populationerna, mer specifikt för tre gener relaterade till mjölkproduktion och ett major histocompatibility complex (BoLA-DRBB3) som är relaterat till immunförsvaret. Resultatet visade på en relativt stor genetisk mångfald inom

ACC populationerna. Analysen visade att denna inhemska ras kan vara en bra reservoar för kommersiella raser då de kan ha unika alleler och genkombinationer som inte finns i de mycket selekterade europeiska raserna. Giovambattista et al (2001) hittade BoLA-DRBB3 varianter som hittats i andra inhemska raser, men aldrig i europeiska raser, vilket är ett exempel på en unik variant som kan ha försvunnit genom artificiell selektion.

Balasingham et al (1999) gjorde en studie där ursprunget för en population förvildade mohairgetter undersöktes. Undersökningen gjordes för att ta reda på om de härstammade endast från den mindre populära och mindre produktiva australiensiska angorageten eller om det fanns spår från mer intressanta raser. Mohairgeten visade sig vara närmare släkt med raserna texan- och southern african angora. Potentiellt kunde den vara ett överlevande exempel på en då nästan utdöd linje av angoraras med bra ullegenskaper, vilket skulle göra den till en värdefull genetisk resurs. Samhörigheten mellan den förvildade populationen och föregångarna till de mest produktiva angoralinjerna tyder på att de kan innehålla viktigt genetiskt material som kan ha förlorats på grund av selektion. Dock kunde studien inte fastställa att de alleler som studerades är kopplade till ullproduktion eller andra karaktäristiska egenskaper för angoragetter (Balasingham et al, 1999).

Hur vet man att en förvildad population har genetiska egenskaper värda att bevara?

Det finns både direkta och indirekta indikatorer på om en förvildad population innehåller viktiga genetiska egenskaper som kan vara värda att bevara. Morfologiska egenskaper som hårfärg, hårlängd och horn kan indikera vilket ursprung en population har eller hur en population anpassat sig (Sherf, 2005). Även kvantitativa egenskaper som kroppsstorlek, sexuell dimorfism, kullstorlek och hur lång parningssäsong det är kan tyda på skillnader i ursprung och selektionstryck (Sherf, 2005). Vid domesticering sker morfologiska förändringar, bland annat en minskning av hjärnans volym i förhållande till kroppsstorleken. Dessa förändringar har setts hos nästan alla domesticerade arter (Clutton-Block, 1999). Minskningen av hjärnans volym beror inte bara på individens anpassning till fångenskap, då denna egenskap nedärvs till dess avkommor (O'Regan & Kitchener, 2005). Kruska & Rhörs (1974) har i en studie jämfört skillnader i hjärnans storlek hos en population grisar på Galapagosöarna som varit förvildade i 70-140 år med en population domesticerade grisar. Hjärnan hos de förvildade grisarna hade samma volym som hos de europeiska domesticerade grisarna. De hittade dock skillnader i hjärnans sammansättning där bulbus olfactorius, en del av luktsinnet, var 28 % mindre hos de domesticerade grisarna. Eftersom luktsinnet är viktigt för grisar vid födosök, orientering, igenkännande av andra individer och vid sökande efter en sexuell partner kan den naturliga selektionen ha lett till större bulbus olfactorius (Kruska & Röhrs, 1974).

Genetiska markörer kan användas för att hitta ovanliga och unika alleler och utforska förvildade husdjurspopulationers ursprung (Sherf, 2005). Genom att jämföra mikrosatelliter mellan raser kan man få fram information om genetiska likheter och olikheter mellan raser (Vega-Pla et al, 2006). Retuertas är vilt levande hästar, med osäkert ursprung, eventuellt kommer de från arabiskt fullblod och andra, spanska raser. Studien visade att populationen har varit reproduktivt isolerad under mycket lång tid (Vega-Pla et al, 2006). Som tidigare nämnts kan den härstamma från vildhästen, alltså inte vara förvildad alls. Skillnader som kan vara värda att bevara mellan förvildade raser och domesticerade kan också bero på speciella mutationer, där allelfrekvensen har ökat som ett resultat av selektion eller genetisk drift (Sherf, 2005). Retuertas-rasen har en tidigare okänd allel av carboxylesterasegenen. Detta kan vara ett resultat av en ovanlig polymorfism som genom reproduktiv isolering inte försvunnit ur rasen eller beror på en mutation. (Vega-Pla et al 2006).

Enligt Sherf (2005) är hur länge populationen varit förvildad en indikation på om den är värd att bevara. Hur länge den varit förvildad visar hur troligt det är att nya anpassningar har hunnit ske. Det är även intressant hur välisolerad populationen har varit, om populationen har varit väldigt isolerad är det mer sannolikt att de flesta karaktärsdrag har nedärvt från ursprungspopulationen. Även antalet ursprungsdjur i populationen och populationsstorleken sedan de blivit förvildade kan påverka till vilken grad populationen signifikant skiljer sig från andra förvildade och bevarade populationer. Med en liten population från början kan genetisk drift lättare leda till fixering av ovanliga karaktärsdrag. Även den omgivande miljön är viktig, om en förvildad population lever i en svårare miljö med torka, väldigt höga eller låga temperaturer eller i ett område med sjukdomar eller parasiter, kan det förväntas att populationen har större motståndskraft och är mer robust än domesticerade raser som har utsatts för högre selektionstryck (Sherf, 2005).

Beteende

Beteendestudier av vilda och förvildade djur kan vara till nytta för att förstå domesticerade djurs beteenden. Kunskap ger förståelse och minskar risk för feltolkning av djurs beteende och kan bidra till att utveckla produktionssystem där man kan utnyttja djurens beteende (Shackleton & Shank, 1984).

Vid domesticering förändras även beteenden hos djur, vilket innebär att beteendet hos förvildade husdjur kan skilja sig från det hos dess vilda förfäder. Dominans och hierarki är ord som ofta används när det talas om hundar och aggressivitet. Eftersom hunden härstammar från vargen antas det ofta att hundar använder samma sätt för att etablera sociala kontakter som vargen (Bradshaw et al, 2009). Det framhävs även ofta att hundar vill leva i en viss hierarkisk ordning både i relation till människan och andra hundar, vilket baseras på att studier gjorda på vargen som lever i stabila och välstrukturerade flockar med nära kontakt mellan djuren (van Kerkhove, 2004). Studier gjorda på förvildade hundar både i stads- och icke-stadsmiljö visar däremot att de förvildade hundarna oftast inte lever i socialt strukturerade flockar utan i föränderliga och ostrukturerade flockar om två till tre individer som inom en kort period löses upp (Bradshaw et al, 2009). I studier gjorda på vargar i det vilda har man observerat att de lever i flock med ett alfa par som parar sig, åtföljda av dess avkommor. I dessa flockar har man observerat väldigt lite aggression inom flokken och alfa paret har kunnat behålla sin position utan aggressivitet (Mech, 1999). När förvildade hundar får chans att reproducera sig utan mänsklig inverkan verkar de inte gå tillbaka till en vargliknande social struktur med endast ett reproducerande par, utan tikar parar sig med flera hanar och bara då och då bildas stabila par (Bradshaw et al, 2009).

Beteendemässigt skiljde sig en linje förvildad karp från två undersökta domesticerade linjer genom att de var mer försiktiga, hade en högre konsumtionshastighet för frisimmande byten och attackerade sina byten snabbare vilket förmodligen berodde på anpassning till miljön (Matsuzaki et al, 2009). Domesticerade djur får till viss del sin mat från människor och behöver inte själva söka föda eller se kvalitetsskillnader (Mignon-Grasteau et al, 2005). Matsuzaki et al (2009) visade även att den förvildade linjen spenderade mer tid vid botten än de domesticerade, vilket är en säkrare plats från rovdjur. Den förvildade linjen hade ganska nyligen skiljts från den domesticerade linjen.

Bevarande och förvaltande av vilda arter

Det går att utnyttja kunskaper inom populationsgenetik för att utarbeta effektiva kontrollstrategier för invasiva förvildade husdjurspopulationer som hotar den biologiska mångfalden i ett

område (Hansen et al, 2007). Dessa metoder har tidigare använts för bevarande av ovanliga och utrotningshotade vilda djur genom att med hjälp av molekylärgenetiska metoder som mikrosatellitstudier utvärdera populationens historia (Spong et al, 2000). Genom användande av populationsgenetiska metoder för att studera genetisk struktur kan man få värdefull information om hur man ska lägga upp kontrollstrategier och bestämma i hur stor skala och var man bör lägga sin energi (Hansen, et al, 2007). Man kan även få viktig information om var det sker blandning mellan olika populationer, något som kan vara värdefullt när det gäller att hindra förvildade husdjur som är en smittorisk (Edwards et al, 2004). En studie har gjorts på Hawaii av Hansen et al, (2007) där förvildade katter ständigt hotar utrotningshotade fågelarter (Smith et al, 2002). Hansen et al (2007) tog DNA från de förvildade kattpopulationerna och använde mikrosatellitanalys för att bedöma och utvärdera genetisk mångfald och populationsstruktur, effektiv populationsstorlek, genflöde och migrationshastighet. Katterna på Hawaii visade att spridning mellan de förvildade populationerna skedde. De härstammar från europeiska katter och visade lika stor genetisk mångfald som domesticerade europeiska katter. Studien visade inte på någon större genetisk skillnad mellan populationerna på Hawaii. Två grupper visade sig ha högt genflöde mellan sig med ca 11 katter som immigrerar per generation. Eftersom det sker stor migration innebär detta svårigheter att kontrollera och det är stor risk för rekolonisering. Detta visar att det på Hawaii kan vara till fördel för utrotningshotade vilda djur att minska andelen spridda förvildade katter (Hansen et al, 2007).

En studie av förvildade grisar i Australien användes 14 polymorfa mikrosatellitmarkörer som testades på åtta populationer för att bestämma populationsstruktur och spridningsmönster. Studien visade att populationerna inte var stängda och kunde identifiera var spridning mellan de olika grupperna skedde. Detta är ett viktigt verktyg när man bedömer riskerna med förvildade husdjur som kan sprida sjukdomar. (Edwards et al, 2004). Ytterligare en studie med förvildade grisar gjord av Hampton et al (2004) visar att molekylära tekniker kan vara ett bra redskap för bevarandeprogram för vilda djur eftersom det ger värdefull kunskap om gruppdynamik och kan ge information om smittspridning. I undersökningen studerades sex förvildade grispopulationer. Hampton et al (2004) kunde konstatera att tre av populationerna som det fanns kontrollprogram kring hade genomgått en så kallad flaskhals (mycket liten population under en eller ett par generationer), vilket indikerar att dessa kontrollprogram fungerade (Hampton et al, 2004). Det var hög genetisk differentiering mellan grupperna och lite migration mellan grupperna vilket kan vara till hjälp vid planering av kontrollprogram då de kan behandlas som åtskilda grupper. Detta ger även information om att potentiell smittspridning mellan populationer kan gå långsamt (Hampton et al, 2004).

Diskussion

Förvildade djur har bra egenskaper som kan komma vara användbara i framtiden. Människan avlar på djur med vissa specifika egenskaper, detta leder till att färre antal individer i populationen får chans att föröka sig vilket i sin tur leder till mindre genetisk mångfald. Samtidigt sker det förändringar i den närliggande miljön som kan få konsekvenser för husdjursproduktionen i framtiden om de sker för hastigt. Egenskaper som nu inte är prioriterade inom husdjursaveln kan få en viktigare roll i framtiden. Förvildade husdjur lever fritt och påverkas inte av avelsarbete, de påverkas istället av naturlig selektion och kan därmed anpassa sig efter miljön och därmed utveckla egenskaper som kan bli användbara i framtiden. Jag har dock inte funnit någon studie där man har testat att använda en förvildad population (eller alleler från en sådan population) inom husdjursproduktion så det är svårt att avgöra hur mycket hjälp de faktiskt är. Det är mycket som är hypotetiskt vid argumentation för att bevara förvildade husdjurspopulationer: om det sker framtida miljöförändringar eller om andra egenskaper söks i framtiden. Jag har inte heller funnit många studier där det hittats unika alleler som kan vara

användbara i framtiden. Giovambattista et al (2001) hittade ett histocompatibility komplex (BoLA-DRBB3) relaterat till immunförsvaret som inte hittades i de europeiska raserna. Vega-Pla et al (2006) hittade en tidigare okänd allel för proteinet carboxylesterase i hästpopulationen retuertas. Retuertas visade sig dock vara en tänkbar ättling till vildhästen, så den kan inte räknas till fynden hos förvildade husdjur. Det är ändå ett exempel som visar på vad man kan hitta vid undersökning av troliga förvildade husdjur. Att så få unika alleler har hittats kan bero på att många studier inte fokuserar på att hitta unika alleler hos förvildade populationer utan istället på att mäta genetisk mångfald inom populationerna och utvärdera deras ursprung. Dessa undersökningar visar att det finns potential hos förvildade populationer men att det krävs fler studier för att hitta fler alleler hos andra förvildade populationer. Samtidigt är det viktigt att tänka på allas intressen och att bevara en förvildad population som förstör marker, bidrar till ekonomiska förluster, hotar den biologiska mångfalden i närmiljön och riskerar att bidra till smittspridning är inte en självklarhet.

Två indikationer på att en förvildad population kan ha unika alleler är tiden den varit förvildad och hur isolerad populationen varit. Exempel på detta har jag hittat i studien av Giovambattista et al (2001) på ACC populationerna och studien av Vega-Pla et al (2006) på retuertas. Både ACC och retuertas har under en längre tid levt i det vilda och hunnit anpassa sig samt till viss del levt i reproduktiv isolering. Detta visar att man bör utvärdera hur stor chans det är att populationen kan vara användbar som genetisk resurs och tid och isolering kan vara hjälpmedel i denna bedömning. Anpassning till miljön kan även ske under kortare perioder vilket både studien på får av van Vuren & Bakker (2009) och studien på karp av Matsuzaki et al (2009) visar. Viss anpassning till den närliggande miljön hade skett hos fåren efter 25 generationer. Karpen hade nyligen varit domesticerad och hade anpassat sitt beteende och morfologiskt. Den naturliga selektionen har gjort att de bäst anpassade har haft möjlighet att reproducera sig. Detta är positivt för det innebär att det kan bildas genetiska reserver som kan komma att användas vid hastiga miljöförändringar. Samtidigt är det den snabba anpassningen som gör de förvildade husdjuren till ett hot då de kan tar över närmiljön och kan bidra till minskad biologisk mångfald. Beteendestudien av Matsuzaki et al (2009) som gjordes på karp visar att den under kort period genom naturligt urval anpassat sitt beteende. Detta är viktig information för husdjursforskning eftersom det ger kunskap om hur domesticerade husdjur kan tänkas agera och potentiellt störa den omgivande miljön om de rymmer eller på annat sätt släpps ut i naturen och där får chans att leva förvildade. Detta är intressant för bland annat fiskindustrin då fiskar är svåra att hitta om de rymmer. Med beteendestudier kan skaderisken bedömas vilket kan leda till att färre domesticerade djur släpps ut och bättre förutsättningar att planera åtgärder om detta skulle hända. Beteendestudier av förvildade husdjur kan också ge kunskap om domesticerade djur.

Mycket kunskap om hunden baseras på studier gjorda på vargen och dominans inom vargflockar. Detta ger en missvisande bild eftersom även om vargen är hundens förfader kan mycket ha hänt under domesticeringsprocessen som har förändrat hundens beteende jämfört med vargens. Här ger studier gjorda på förvildade hundpopulationer kunskap om hundars beteende och hur det skiljer sig från vargens. Därför tycker jag att kunskapen om förvildade djurs beteende kan användas för förbättrad djurvälstånd för domesticerade djur. Ytterligare en studie som visar att förvildade populationerna kan var mer lika domesticerade än dess vilda ursprung är studien gjord av Kruska & Rhörs (1974) på hjärnvolymer hos förvildade och domesticerade grisar. Förvildade husdjur skapar inte alltid lika stora problem som man tror. Detta visar studien av Randi & Lucchini (2002), som visar att ingen introgression har skett mellan förvildade hundar och vargar i Italien. Samtidigt visar Gottelli et al, (1994) att introgression skett mellan förvildade hundar och den etiopiska vargen. Därför är det viktigt att bedöma varje population individuellt. Jag tycker det är viktigt att undersöka populationerna från olika

perspektiv. Går man in med förutfattade meningar om att alla förvildade djurpopulationer är skadedjur kan detta leda till utrotning av värdefulla resurser. Detta är väldigt onödigt om antagandet om förödelser de ställer till med inte stämmer med verkligheten.

Ämnet förvildade husdjur kan på många sätt vara problematiskt då djuren ställer till förödelse på många håll. Men samtidigt finns det mycket att lära av förvildade husdjurspopulationer, dels kan deras beteende studeras vilket kan bidra till ökad kunskap om våra domesticerade djur, beteendestudier kan ge kunskap som kan användas vid bevarande av de förvildade populationer eller hjälp att ta fram handlingsplaner för att utrota de populationer som skapar mest problem. Det har hittats unika alleler hos förvildade populationer och populationer som liknar de förvildade som kan vara användbara i framtiden. Med mer forskning kan ännu fler värdefulla alleler hittas. Så förvildade husdjur har potential att vara en viktig genetisk reserv inför framtiden och bör därför inte bara betraktas som skadedjur. Samtidigt måste hänsyn tas till den omgivande miljön och människor och djur som lever i den. Därför behövs handlingsplaner så att de förvildade husdjuren inte tar över.

Referenser

- Allendorf, F.W., Leary, R.F., Spruell, P., Wenburg, J.K. 2001. The problems with hybrids: setting conservation guidelines. *Trends in Ecology & Evolution* 11, 613–622.
- Australian Government, Department of Sustainability, Environment, Water, Population and Communities. April 2012.
<http://www.environment.gov.au/biodiversity/invasive/ferals/index.html>
- Balasingham, T.G., Robinson, N.A., McGregor B.A. 1999. Implications for the conservation of genetic diversity in mohair goats from a comparison of a relic island population with breeds farmed in Australia, *Australian Journal of Experimental Agriculture* 39, 411–418.
- Baum, K.A., Rubink, W.L., Coulson, R.N., Bryant Jr, V.M. 2011. Diurnal patterns of pollen collection by feral honey bee colonies in southern Texas, USA. *Palynology* 35, 85-93.
- Berinstein, A., Tami, C., Taboga, O., Smitsaart, E., Carrillo, E. 2000. Protective immunity against foot and mouth disease virus induced by a recombinant vaccinia virus. *Vaccine* 18, 2231–2238.
- Bodey, T.W., Bearhop, S., McDonald, R.A. 2010. The diet of an invasive nonnative predator, the feral ferret *Mustela furo*, and implications for the conservation of ground-nesting birds. *European Journal of Wildlife Research* 57, 107-117.
- Bradshaw, J.W.S., Blackwell, E.J., Casey. 2009. Dominance in domestic dogs-useful construct or bad habit?. *Journal of Veterinary Behavior: Clinical Applications and Research* 4, 135-144.
- Brzezinski, M., Marzec, M. 2003. The origin, dispersal and distribution of the American mink *Mustela vison* in Poland. *Acta Theriologica* 48, 505-514.
- Chapman, N.C., Lim, J., Oldroyd, B.P. 2008. Population Genetics of Commercial and Feral Honey Bees in Western Australia. *Journal of Economic Entomology* 101, 272-277.
- Childs, D.Z., Coulson, T.N., Pemberton, J.M., Clutton-Brock, T.H., Rees, M. 2011. Predicting trait values and measuring selection in complex life histories: reproductive allocation decisions in Soay sheep. *Ecology Letters* 14, 985-992.
- Clutton-Brock, J. 1999. *A Natural History of Domesticated Mammals*, 36. Cambridge university press.

- Doran, R.J., Laffan, S.W. 2005. Simulating the spatial dynamics of foot and mouth disease outbreaks in feral pigs and livestock in Queensland, Australia, using a susceptible-infected-recovered cellular automata model. *Preventive Veterinary Medicine* 70, 133-152.
- Edwards, G. P., Pople, A. R., Saalfeld, K., Caley, P. 2004. Introduced mammals in Australian rangelands: Future threats and the role of monitoring programmes in management strategies, *Austral Ecology* 29, 40–50.
- Giovambattista, G., Ripoli, M.V., Peral-Garcia, P., Bouzat J.L. 2001. Indigenous domestic breeds as reservoirs of genetic diversity: the Argentinean Creole cattle. *Animal Genetics* 32, 240-247.
- Gottelli, D., Sillero-Zubiri, C., Applebaum, G.D., Roy M.S., Girman, J., Garcia-Moreno, J., Ostrander, E.A., Wayne R.K. 1994. Molecular genetics of the most endangered canid: the Ethiopian wolf *Canis simensis*. *Molecular Ecology* 3, 301-312.
- Guglielmo, A.A., Mangold, A.J., Aguirre, D.H., Bermúdez, A.C., Gaido, A.B. 1991. Comparación de la raza criolla con otros biotipos bovinos respecto al parasitismo por *Boophilus microplus* e infecciones naturales de *Babesia bovis*, *Babesia bigemina* y *Anaplasma marginale*. *Ganado Bovino Criollo* 2, 1-6.
- Haag-Wackernagel, D., Moch H. 2004. Health hazards posed by feral pigeons. *Journal of Infection* 48, 307-313.
- Hampton, J.O., Spencer, P.B.S., Alpers, D.L., Twigg, L.E., Andrew Woolnough, P., Doust, J., Higgs, T., Pluske, J. 2004. Molecular techniques, wildlife management and the importance of genetic population structure and dispersal: a case study with feral pigs. *Journal of Applied Ecology* 41, 735–743.
- Hansen, H., Hess, S.C., Cole, D., Banko, P.C. 2007. Using population genetic tools to develop a control strategy for feral cats (*Felis catus*) in Hawai‘i. *Wildlife Research* 34, 587-596.
- Kirkpatrick, R. D., M. J. Rauzon. M.J. 1986. Foods of feral cats *Felis catus* on Jarvis and Howland Islands, central Pacific Ocean. *Biotropica* 18, 72 – 75.
- Kruska, D., Röhrs, M. 1974. Comparative--Quantitative Investigations on Brains of Feral Pigs from the Galapagos Islands and of European Domestic Pigs, *Anatomy and embryology* 144, 61-73.
- Matsuzaki, S.S., Mabuchi, K., Takamura, N., Nishida, M., Washitani, I. 2009. Behavioral and morphological differences between feral and domesticated strains of common carp *Cyprinus carpio*. *Journal of Fish Biology* 6, 1206-1220.
- Mech, D.L. 1999. Alpha status, dominance, and division of labor in wolf packs. *Canadian Journal of Zoology* 77, 1196-1203.
- Mignon-Grasteau, S., Boissy, A., Bouix, J., Faure, J.M., Fisher ,A.D., Hinch, G.N., Jensen, P., Le Neindre, P., Mormède, P., Prunet, P., Vandeputte, M., Beaumont, C. 2005. Genetics of adaptation and domestication in livestock, *Livestock Production Science* 73, 3–14.
- Mohamed, F., Swafford, S., Petrowski. H., Bracht. A., Schmit. B., Fabian. A., Pacheco, J.M., Hartwig, E., Berninger, M., Carrillo, C., Mayr, G., Moran, K., Kavanaugh, D., Leibrecht H, White, W., Metwally, S. 2011. Foot-and-Mouth Disease in Feral Swine: Susceptibility and Transmission. *Transboundary and Emerging Diseases* 58, 358-371.
- O'Regan H.J., Kitchener, A.C. 2005. The effects of captivity on the morphology of captive, domesticated and feral mammals, *Mammal Review* 35, 215–230.

- Pimentel, D., Lach, L., Zuniga, R., Morrison, D. 2000. Environmental and Economic Costs of Nonindigenous Species in the United States. *BioScience* 50, 53-60.
- Plante, Y., Vega-Pla, J.V., Lucas, Z., Colling, D., de March, B., Buchanan, F. 2007. Genetic Diversity in a Feral Horse Population from Sable Island, Canada. *Journal of Heredity* 98, 594-602.
- Randi, E., Lucchini, V. 2001. Detecting rare introgression of domestic dog genes into wild wolf (*Canis lupus*) populations by Bayesian admixture analyses of microsatellite variation. *Conservation Genetics* 3, 31-45.
- Shackleton, D.M., Shank, C.C. 1984. A review of the social behavior of feral and wild sheep and goats, *Journal of Animal Science* 58, 500–509
- Sherf, B.D. 2005. World Watch List for Domestic Animal Diversity, 3rd edition. (eds. B.D. Sherf), 718-726. Cambridge University Press.
- Singer, F.J. 1981. Wild pig populations in national parks. *Environmental Management* 5, 263-270.
- Smith, D. G., Polhemus, J. T., VanderWerf, E. A. 2002. Comparison of managed and unmanaged wedge-tailed shearwater colonies on O‘ahu: effects of predation. *Pacific Science* 56, 451–457.
- Spong, G., Johansson, M., and Björklund, M. 2000. High genetic variation in leopards indicates large and long-term stable effective population size. *Molecular Ecology* 9, 1773–1782.
- Tapio, M., Miceikiene, I., Vilkki J., Kantanen J. 2003. Comparison of microsatellite and blood protein diversity in sheep: inconsistencies in fragmented breeds. *Molecular Ecology* 12, 2045-2056.
- van Kerkhove, W. 2004. A fresh look at the wolf-pack theory of companion-animal dog social behavior. *Journal of Applied Animal Welfare Science* 7, 279-285.
- van Vuren, D.H., Bakker, V.J. 2009. Rapid morphological change in an insular population of feral sheep. *Journal of Zoology* 277, 221-231.
- van Vuren, D., Coblenz. 1987. Some ecological effects of feral sheep on Santa Cruz island, California, USA. *Biological Conservation* 41, 253–268.
- Vega-Pla, J.L., Calderon, J., Rodriguez-Gallardon, P.P., Martinez, A.M., Rico, C. 2006. Saving feral horse populations: does it really matter? A case study of wild horses from Donana National Park in southern Spain. *Animal genetics* 37, 571-578.
- Veitch, C.R. 2001. The eradication of feral cats (*Felis catus*) from Little Barrier Island, New Zealand. *New Zealand Journal of Zoology* 28, 1-12.
- Wyckoff, A.C., Henke, S.E., Campbell, T.A., Hewitt, D.G., VerCauteren, K.C. 2009. Feral swine contact with domestic swine: a serologic survey and assessment of potential for disease transmission. *Journal of Wildlife Diseases* 45, 422–429
- Walter, H.S., Levin, G.A. 2007. Feral sheep on Socorro Island: facilitators of alien plant colonization and ecosystem decay. *Diversity and Distribution* 14, 422-431.