

Bidrag til besvarelse af genetiske spørgsmål vedr. biologisk materiale

Notat fra DCE - Nationalt Center for Miljø og Energi

Dato: 16. marts 2018

Philip Francis Thomsen

Institut for Bioscience

Rekvirent:
Miljøstyrelsen
Antal sider: 2

Faglig kommentering:
Michael Møller Hansen, Institut for Bioscience
Kvalitetssikring, centret:
Jesper R. Fredshavn



AARHUS
UNIVERSITET

DCE - NATIONALT CENTER FOR MILJØ OG ENERGI

Tel.: +45 8715 0000
E-mail: dce@au.dk
<http://dce.au.dk>

Baggrund

Miljøstyrelsen har anmodet DCE-Nationalt center for Miljø og Energi om bidrag til brug for Miljø- og Fødevareministerens besvarelse af MOF alm. del spørgsmål omhandlende tekniske forklaringer ifm. DNA-analyse af biologisk materiale.

Spørgsmål 521

Vil ministeren oplyse, hvorfor det er svært at bestemme, om et dyr er en ulv eller en ræv, når man kan racebestemme både ren-racede og blandingshunde ned til en andel på 12,5 pct., hvilket svarer til oldeforælder niveau?

Svar

Det er ikke umiddelbart svært at skelne en ulv fra en ræv genetisk.

Der findes regioner i mitokondrie-genomet hvor der er flere forskelle i DNA sekvensen mellem ulv og ræv. Disse anvendes som standard til identifikation af rovdyr som fx ulv.

Det problematiske ved genetisk identifikation bliver imidlertid aktuelt når man tager prøve-materialet i betragtning. Standard vævsprøver af god kvalitet som fx blod eller muskelvæv indeholder normalt store mængder DNA af god kvalitet, og de efterfølgende analyser er derfor sjældent eller overhovedet ikke problematiske. Det er formegentlig denne typer prøver der refereres til ifbm. racebestemmelse af hunde flere generationer tilbage i tid. I andre prøver som fx afføring, spyt fra bidsår mm. er kvaliteten af DNA i prøven normalt dårligere, idet DNAen kan være nedbrudt. Dette er næsten altid tilfældet med prøver, som formodes at stamme fra vilde ulve i Danmark. Dette kan have indflydelse på om de genetiske analyser man foretager virker, og kan altså give ophav til falske negative resultater (prøven giver ikke noget resultat). Mht. individ-identifikationen er der samme typer problemer. Man benytter sig derfor af flere uafhængige genetiske markører og flere replikater for at opnå så stor sikkerhed som muligt, lige som analyser både til arts- og individ-niveau bliver foretaget i særligt indrettede laboratorier til formålet.