

Bilag 4:

Kromosomanalyse af sika og kronvildt i Danmark mhp potentiel F1-hybridisering af

Niels Tommerup, dr.med. - fhv. professor og DNRF centerleder, Seniorforsker ved Institut for Cellular og Molekylær Medicin, Københavns Universitet

Konklusioner

1. Kromosomanalyserne udelukker med stor sandsynlighed F1-hybridisering i de undersøgte sika og kronvildt fra Danmark.
2. Hardy-Weinberg (HW) ligevægt af en sika-specifik kromosomvariant (en Robertsonske translokation) peger på, at sika-bestanden i Jylland er stabil og at der ikke sker overførsel af gener mellem sika og kronvildt.
3. Sika-bestanden i Jægersborg Dyrehave har en ensartet og unik genotype, sandsynligvis forårsaget af genetisk drift/indavl i den oprindelige meget lille bestand. Ensartetheden styrker, at der siden ikke er sket hybridisering fra kronhjort til sika i Jægersborg dyrehave.
4. Langt de fleste (>95%) sika-dyr i Danmark har to kopier af en eller to Robertsonske translokationer som ikke ses hos kronhjørt. Generelt kan Robertsonske translokationer medføre nedsat fertilitet ved tilbagekrydsning. Det kunne være én mulig forklaring på, at der ikke er observeret hybrider mellem sika og kronhjørt i Danmark.
5. Undersøgelsen etablerer den danske sika-bestand som en unik model til belysning af genetiske mekanismer der påvirker/forhindrer hybridisering mellem beslægtede arter.

Kort forklaring

Tilstedeværelsen og fordelingen af to sika-specifikke Robertsonske translokationer (ROB1 og ROB2) og manglen på disse i kronvildt betyder, at kromosomanalyse med stor sandsynlighed kan identificere F1-hybrider blandt kronvildt i Øst/Midtjylland og i Jægersborg Dyrehave (JD). Antallet af undersøgte sika/kronhjørt fra Vest-og Sydsjælland er for få og spredte til at drage sikre konklusioner, men forenelige med fundene i Jylland.

Da HW-ligevægt indebærer en konstant fordeling af genotyperne fra generation til generation, vil en kontinuerlig kromosomal monitorering over kommende jagtsæsoner være en valid metode til monitorering af sika-populationen i Jylland, på både individ- og populations-niveau. I Jægersborg Dyrehave giver de ensartede varianter i sika-populationen ikke mulighed for at teste for HW-ligevægt, men en stor, måske 100% sikkerhed for at kunne påvise/udelukke F1-hybridisering i kronvildt på individ niveau.

Undersøgelsen etablerer de danske bestande af sika- og kronvildt som en model for screening for F1-hybridisering mellem de to arter. Det kromosomundersøgte materiale kan i fremtiden genomsekvenseres for påvisning af evt. tidligere hybridiseringer (introgression), for analyse af hvordan Robertsonske translokationer opstår (med relevans for artsdannelse og visse kromosomsygdomme hos mennesket), samt for påvisning af, om den danske eller dele af den danske sika-bestand er blandt underarter, der er udrydningstruede i hjemlandene.

Den videnskabelige artikel over undersøgelsen er sendt til offentliggørelse på den biologiske preprint server BioRxiv

MS ID#: BIORXIV/2026/743091

MS TITLE: Robertsonian translocations in Danish sika deer (*Cervus nippon*). Markers for absent F1-hybridization with red deer (*C. elaphus*) and potential models for selection, speciation and infertility.
