

843

NINA Rapport

ROVDATA



DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervbestanden

2008-2011

Øystein Flagstad
Mari Tovmo
Torveig Balstad
Malin Johansson
Line Syslak
Line Birkeland Eriksen
Merethe Hagen
Caroline Danielsen Søgaard
Hans Ellegren
Henrik Brøseth

NINAs publikasjoner

NINA Rapport

Dette er en elektronisk serie fra 2005 som erstatter de tidligere seriene NINA Fagrapport, NINA Oppdragsmelding og NINA Project Report. Normalt er dette NINAs rapportering til oppdragsgiver etter gjennomført forsknings-, overvåkings- eller utredningsarbeid. I tillegg vil serien favne mye av instituttets øvrige rapportering, for eksempel fra seminarer og konferanser, resultater av eget forsknings- og utredningsarbeid og litteraturstudier. NINA Rapport kan også utgis på annet språk når det er hensiktsmessig.

NINA Temahefte

Som navnet angir behandler temaheftene spesielle emner. Heftene utarbeides etter behov og serien favner svært vidt; fra systematiske bestemmelsesnøkler til informasjon om viktige problemstillinger i samfunnet. NINA Temahefte gis vanligvis en populærvitenskapelig form med mer vekt på illustrasjoner enn NINA Rapport.

NINA Fakta

Faktaarkene har som mål å gjøre NINAs forskningsresultater raskt og enkelt tilgjengelig for et større publikum. De sendes til presse, ideelle organisasjoner, naturforvaltningen på ulike nivå, politikere og andre spesielt interesserte. Faktaarkene gir en kort framstilling av noen av våre viktigste forskningstema.

Annen publisering

I tillegg til rapporteringen i NINAs egne serier publiserer instituttets ansatte en stor del av sine vitenskapelige resultater i internasjonale journaler, populærfaglige bøker og tidsskrifter.

DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervbestanden

2008-2011

Øystein Flagstad
Tovmo Mari
Torveig Balstad
Malin Johansson
Line Syslak
Line Birkeland Eriksen
Merethe Hagen
Caroline Danielsen Søgaard
Hans Ellegren
Henrik Brøseth

Flagstad, Ø., Tovmo, M., Balstad, T., Johansson, M., Syslak, L., Eriksen, L. B., Hagen, M., Søgaard, C. D., Ellegren, H. & Brøseth, H. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervbestanden 2008-2011 - NINA Rapport 843. 30 s.

Trondheim, juni 2012

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-2438-3

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

KVALITETSSIKRET AV

Morten Kjørstad

ANSVARLIG SIGNATUR

Morten Kjørstad (sign.)

OPPDRAKSGIVER(E)

Direktoratet for naturforvaltning

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER

Terje Bø

NØKKELOD

Jerv, Gulo gulo, ekskrementer, DNA, bestandsstørrelse, populasjonsstruktur, genflyt, delbestander, overvåkingsrapport

KEY WORDS

Wolverine, *Gulo gulo*, scats, DNA, population size, population structure, gene flow, sub-populations, monitoring report

KONTAKTOPPLYSNINGER

NINA hovedkontor

Postboks 5685 Sluppen

7485 Trondheim

Telefon: 73 80 14 00

Telefaks: 73 80 14 01

NINA Oslo

Gaustadalléen 21

0349 Oslo

Telefon: 73 80 14 00

Telefaks: 22 60 04 24

NINA Tromsø

Framsenteret

9296 Tromsø

Telefon: 77 75 04 00

Telefaks: 77 75 04 01

NINA Lillehammer

Fakkeltgården

2624 Lillehammer

Telefon: 73 80 14 00

Telefaks: 61 22 22 15

www.nina.no

Sammendrag

Flagstad, Ø., Tovmo, M., Balstad, T., Johansson, M., Syslak, L., Eriksen, L. B., Hagen, M., Søgaard, C. D., Ellegren, H. & Brøseth, H. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervbestanden 2008-2011 - NINA Rapport 843. 30 s.

Genetiske analyser er de siste årene blitt implementert som et viktig verktøy i rovviltovervåkingen i Skandinavia. I særlig grad har antallet DNA-analyser av ekskrementer økt betydelig. Det siste tiåret er det gjennomført rutinemessig innsamling og påfølgende DNA-analyser over store deler av jervens utbredelsesområde i Norge og Sverige. Individbestemmelse fra DNA-profilene til de innsamlede prøvene har gitt en bedre forståelse av bestandsstørrelse, reproduksjon, populasjonsstruktur og immigrasjon.

Metodikken for bestandsestimering fra DNA-identifiserte individer er for tiden under evaluering. I denne rapporten har vi derfor kun redegjort for antall ulike individer identifisert fra DNA i de ulike områdene i Norge, Sverige og Finland. Antall identifiserte individer kan sees på som et minimumsestimat for bestandsstørrelse, eller snarere et uttrykk for hvor mange jerver som har vært påvist innom de respektive land, regioner eller län. Det er foreløpig uklart hvor stor andel av den faktiske bestandsstørrelsen disse minimumstallene utgjør. I Norge vurderes minimumstallene å utgjøre en stor andel av faktisk bestandsstørrelse, da det generelt er god dekningsgrad i innsamlingen, et stort antall analyserte prøver, og en svært høy andel tidligere kjente individer blant felte voksne jerver. I Norge ble det identifisert henholdsvis 289 og 270 individer i 2010 og 2011, som tilsvarer 70 - 80 % av bestandsanslaget på 360 -370 jerver estimert fra yngleregistreringene.

Tidligere analyser har vist at den Skandinaviske jervpopulasjonen består av tre delbestander: (1) En sørvestlig delbestand av sørnorsk jerv vest for Østerdalen. (2) En stor østlig bestand av jerv øst og nord for Østerdalen. Nesten all svensk jerv, samt jerv fra Nordland og Nord-Trøndelag tilhører også denne gruppen. (3) Jerv i Troms, Finnmark, Nord-Finland og den aller nordligste delen av Sverige (nord for Torneträsk). Antall jerv identifisert fra DNA i de ulike delbestandene fra 2008 - 2011 har holdt seg rimelig stabilt gjennom hele perioden i de to nordligste delbestandene. I den nordligste er det identifisert rundt 90 individer pr år, mens vi i den midtre jevnt over har identifisert i underkant av 300 individer pr år. Antall ynglinger og tilhørende bestandsestimater har økt gjennom hele perioden i begge delbestandene. I nord har vi fått en økning fra 23 til drøyt 30 ynglinger med estimert økning i bestandsstørrelse fra 146 til 194 individer. Lenger sør har vi hatt en svak økning fra 126 til 135 ynglinger, og en betydelig økning i estimert bestandsstørrelse fra 627 til 775 individer. I sørvest er tendensen helt motsatt. Der har vi fått en halvering av antall DNA-identifiserte individer, fra 83 i 2008 til 42 i 2011. Antall ynglinger varierer mellom 9 og 14 i perioden, mens det tilhørende bestandsestimatet har sunket fra 79 til 69.

De to nordligste delbestandene fremstår som relativt robuste, mens den sørvestlige delbestanden er sårbar. Denne delbestanden har et spedt rekrutteringsgrunnlag med relativt få ynglinger og svært begrenset tilførsel av dyr utenfra. Kombinert med høyt jakttrykk er det slett ikke overraskende at bestandsstørrelsen synes å ha sunket de siste årene. Anslagene basert på hitellingene antyder en reduksjon på 10 - 15 % fra 2008 - 2011, mens antall identifiserte individer fra DNA er nær halvert i den samme fireårsperioden. Det blir viktig å få på plass god bestandsestimeringsmetodikke fra DNA så fort som mulig for å kunne evaluere bestandsstørrelsen som sådan, samt vurdere hvor stor den reelle bestandsreduksjonen har vært i perioden 2008 - 2011.

Øystein Flagstad, Mari Tovmo, Torveig Balstad, Line Syslak, Line Birkeland Eriksen, Merethe Hagen, Caroline Danielsen Søgaard og Henrik Brøseth, Norsk institutt for naturforskning, Postboks 5685 Sluppen, 7485 Trondheim. oystein.flagstad@nina.no, henrik.broseth@nina.no

Malin Johansson and Hans Ellegren, Evolutionsbiologiskt center, Uppsala Universitet, Norbyvägen 18D, 752 36 Uppsala. hans.ellegren@ebc.uu.se

Abstract

Flagstad, Ø., Tovmo, M., Balstad, T., Johansson, M., Syslak, L., Eriksen, L. B., Hagen, M., Søgaard, C. D., Ellegren, H. & Brøseth, H. DNA-based monitoring of the Scandinavian wolverine population 2008-2011 - NINA Report 843. 30 pp.

Genetic analysis has over the last few years been implemented as an important tool in the monitoring of large carnivores in Scandinavia. In particular, DNA analysis of carnivore scats has been extensively used. Over the last decade, wolverine scats have been routinely collected and analysed over large parts of the distribution range in Norway and Sweden. Identification of individuals from DNA-profiles of the collected samples has provided an increased understanding of population size, reproduction, population structure, and immigration.

The methods for population size estimation from the identification of individuals from DNA are currently under evaluation. Here, we report on the number of individuals identified in Norway, Sweden and Finland in 2010 and 2011. The number of identified individuals represents a minimum estimate of the population size, or is rather a representation of how many wolverines that at some point have visited the different countries, regions or counties. It is not clear what proportion of the true population size these minimum numbers represent. However, the proportion must be quite high in Norway, given the generally good sampling coverage, a large number of analyzed samples, and a very high proportion of known individuals among culled adult wolverines. In Norway, we identified 280 and 270 individuals in 2010 and 2011, respectively, which correspond to 70 – 80 % of the population size estimate of 360-370 individuals as estimated from the number of active natal dens.

Previous analysis has shown that the Scandinavian wolverine population is divided into three subpopulations: **(1)** A south-western subpopulation in Southern Norway west of Østerdalen. **(2)** A large eastern subpopulation East and North of Østerdalen. All Swedish wolverines as well as wolverines from Nordland and Nord-Trøndelag belong to this group. **(3)** Wolverines in Troms, Finnmark, Northern Finland, and the very northern part of Sweden (north of Torneträsk). The number of individuals identified from DNA in the different subpopulations has been more or less stable between 2008 and 2011 in the two northernmost subpopulations. In Troms, Finnmark, and northernmost Sweden, we observed around 90 individuals per year, whereas we in the largest subpopulation further south have identified slightly less than 300 individuals per year. In the far north, there has been an increase from 23 to slightly more than 30 reproductions with an associated increase of the number of individuals from about 150 to about 200. To the south there has been a weak increase from 126 to 135 reproductions, with an associated marked increase in estimated population size from 627 to 775 individuals. In the smallest subpopulation west of Østerdalen, there has been an opposite trend with a dramatic reduction in the number of individuals identified from DNA from 83 to 42. The number of reproductions varies between 9 and 14 in the period, whereas the associated population size estimate has decreased from 79 to 69.

The two northernmost subpopulations appear quite robust, whereas the south-western subpopulation seems vulnerable. Here, recruitment is limited with relatively few reproductions per year and limited immigration. Combined with a high hunting pressure, it is hardly surprising that the population size apparently has decreased over the last few years. The estimate from the number of active natal dens suggests a reduction of 10 - 15 % from 2008 to 2011, whereas a close to 50 % reduction in the number of identified individuals is evident. It will be important to find good methods for population size estimation from DNA-identified individuals to evaluate the population size as such, as well as assessing the extent of the apparent population size reduction.

Øystein Flagstad, Mari Tovmo, Torveig Balstad, Line Syslak, Line Birkeland Eriksen, Merethe Hagen, Caroline Danielsen Søgaard, Henrik Brøseth, Norwegian Institute for Nature Research, PO Box 5685 Sluppen, 7485 Trondheim. oystein.flagstad@nina.no, henrik.broseth@nina.no

Malin Johansson and Hans Ellegren, Centre for Evolutionary Biology, Uppsala University, Norbyvägen 18D, 752 36 Uppsala. hans.ellegren@ebc.uu.se

Innhold

Sammendrag	3
Abstract	4
Innhold	5
Forord	6
1 Innledning	7
2 Metodikk	7
2.1 Innsamling av materiale og laboratoriearbeid	7
2.2 Bestandsestimering.....	8
2.3 Oppdeling i delbestander	9
3 Resultater	9
3.1 Analyserte prøver i Norge, Sverige og Finland.....	9
3.2 Det norske materialet.....	9
3.2.1 Antall individer og kjønnsfordeling	9
3.2.2 Vevsprøver av felte jerver.....	14
3.3 Det svenske materialet.....	14
3.4 Populasjonsstruktur.....	15
4 Diskusjon	21
5 Referanser	22
Vedlegg 1	24

Forord

Denne rapporten oppsummerer den DNA-baserte overvåkingen av jerv i Skandinavia vintrene 2010 og 2011. I tillegg tar den for seg materiale fra hele Fennoskandia tilbake til 2008, for en beskrivelse av bestandsstrukturen og graden av isolasjon mellom de tre ulike delbestandene i Skandinavia. Vi vil benytte anledningen til å takke alle som har bidratt gjennom innsamling av ekskrement- og hårmateriale i Norge, Sverige og Finland. Et stort antall personer har vært engasjert i milevise sporinger av jerv for å skaffe til veie grunnlagsmaterialet for DNA-analysene. Uten deres iherdige innsats hadde ikke dette ambisiøse overvåkingsopplegget latt seg gjennomføre.

29. juni 2011, Øystein Flagstad

1 Innledning

Den skandinaviske jervbestanden er gjennom yngleregistreringer i 2008 - 2010 estimert til ca 1000 individer (Persson & Brøseth 2011). Bestanden har dermed økt fra ca 600 individer i 1998. Omfattende overvåking av populasjonen er av betydning for å kunne følge bestandsutviklingen. Jerven er en art med store arealkrav og i fjellet er det til tider svært ustabile værforhold. Dette fører til at en effektiv bestandsregistrering og -overvåking kan være utfordrende. Tradisjonelle tilnærminger som sporing og registrering av ynglehi har gitt verdifull kunnskap om reproduksjon og bestandsstørrelse. Nyere forskning har vist at det hos jerv er mulig å identifisere individer basert på DNA isolert fra ekskrementer (Flagstad et al. 2003; Hedmark et al. 2004). Dette åpner opp for en ny metodisk tilnærming i overvåking av bestander, som kan supplere populasjonsestimater basert på minimumstillinger av antall aktive ynglehi. Videre kan et slikt supplement gi et bedre bilde av kjønns sammensetningen, omfanget av immigrasjon og potensielt bidra til å belyse slektskapsforhold og derigjennom individuell variasjon i reproduktiv suksess i bestanden.

I 2000 startet vi utviklingen av en robust metode for DNA-basert overvåking av jerv. Innsamlet ekskrementmateriale kan med stor grad av sikkerhet gi identitet og kjønn fra genetiske profiler. Tidligere har vi rapportert fra analysene av ekskrementprøver innsamlet i den sørlige delen av jervens utbredelsesområde i Norge og Sverige i årene 2000 - 2009. 2000-materialet ble i hovedsak samlet inn i Lesja kommune, mens det fra våren 2001 ble iverksatt rutinemessig innsamling over hele jervens utbredelsesområde i Sør-Norge (til fylkesgrensen mellom Sør- og Nord-Trøndelag, unntatt Fosen). I 2002 ble innsamlingsområdet utvidet til også å innbefatte Nord-Trøndelag, samt Jämtland og Dalarna. Også i Västerbotten og Norrbotten har det vært samlet inn jervekskrementer siden 2002, først og fremst på ynglelokaliteter som et ledd i kartlegging av antall ynglinger. Fra 2007 er det samlet inn materiale også fra våre tre nordligste fylker (Flagstad et al. 2008).

I denne rapporten oppsummerer vi resultatene av DNA-analysene knyttet til overvåkingen av den skandinaviske jervbestanden i 2010 og 2011. Vi rapporterer antall identifiserte individer i Norge og Sverige, på landsbasis og i de ulike regioner og län, og peker på eventuelle trender i bestandsutviklingen. De tre delbestandene i Skandinavia vil bli gitt spesielt fokus, med tilhørende diskusjon av bestandsstørrelse og bestandsutvikling.

2 Metodikk

2.1 Innsamling av materiale og laboratoriearbeid

Innsamlingen av materialet i Norge har på regionalt nivå vært administrert av regionalt ansvarlige i Statens naturoppsyn (SNO). Det praktiske arbeidet har blitt delegert til lokalt nivå, hvor bl.a. SNO, Fjellstyrer, Bygdeallmenninger, lokale rovviltkontakter og privatpersoner har vært det utøvende leddet i overvåkingen. I Sverige har innsamlingen vært administrert av Länsstyrelsen på regionalt nivå. Det praktiske arbeidet har blitt utført av "naturbevakare" i Länsstyrelsen.

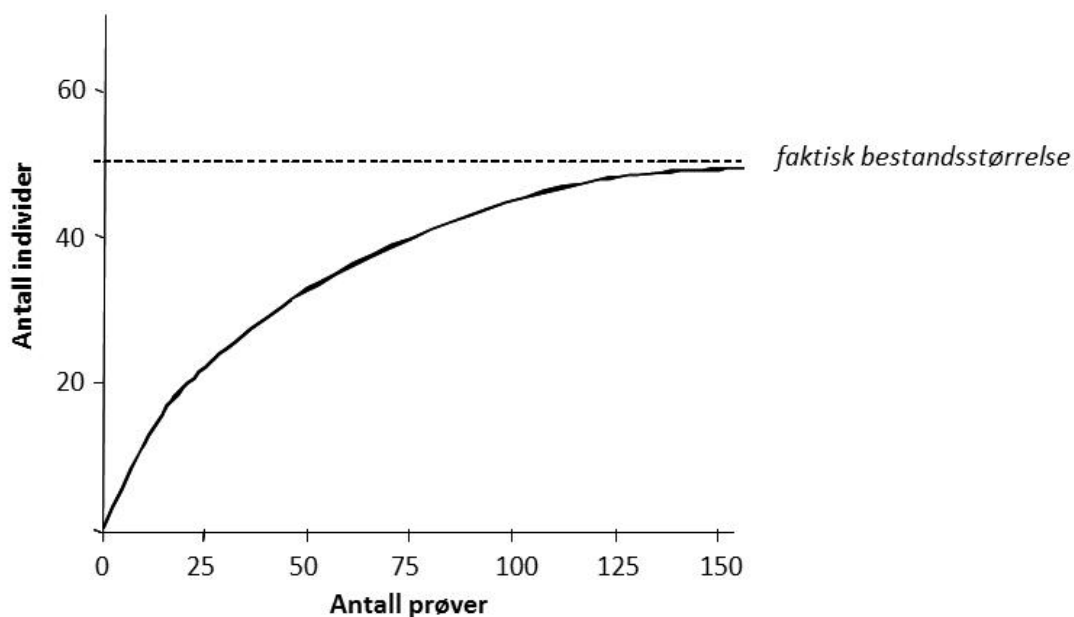
DNA er i all hovedsak blitt isolert med Genemoles ekstraksjonsrobot for isolering av DNA. I tilfeller av vellykket ekstraksjon av jervspesifikt kjerne-DNA, har vi gjennomført genotyping på tvers av 11 mikrosatelittmarkører som følger: Gg7 (Davis & Strobeck 1998), Ggu14, Ggu42, Gg443, Gg452, Gg454, Gg465 (Walker et al. 2001). Gg216, Gg234 (Duffy et al. 1998), Mvis072, Mvis075 (Fleming et al. 1999). Alle prøver som gav jervspesifikt kjerne-DNA ble også kjønnsbestemt ved hjelp av to kjønnsmarkører (DBY3Ggu, DBY7Ggu; Hedmark et al. 2004). To uavhengige replikater per markør ble kjørt for alle prøver ved kjønnsbestemmelsen. Etter endt mikrosatelittanalyse og kjønnsbestemmelse ble de genetiske profilene til alle individuelle prøver sammenlignet. Prøver som var identiske på tvers av 11 loci samt representerte det samme kjønn, ble klassifisert som representanter for ett og samme individ. I tillegg til de 11

markørene nevnt ovenfor, har vi analysert samtlige individer (én prøve per individ) for ytterligere 8 loci: Tt4 (Davis & Strobeck 1998), Ggu10, Ggu25, Gg470, Gg471 (Walker et al. 2001), Gg101B (Duffy et al. 1998), Mvis057 (OConnell et al. 1996) og Lut604 (Dallas & Piertney 1998). Genotyping på tvers av 19 markører sikrer høy presisjon i slektskapsanalyser og analysene av bestandsstruktur.

Basert på resultatene fra et pilotstudium (Hedmark et al. 2004), har vi valgt å legge følgende kriterier til grunn for robust genotyping. En prøve som er homozygot (dvs. har **én** genetisk variant) for et locus, må vise dette i tre uavhengige replikater for at dette skal aksepteres som et autentisk resultat. En prøve som er heterozygot (dvs. har **to** ulike genetiske varianter) for et locus, må vise et slikt mønster i minst to uavhengige replikater for at individet skal aksepteres som heterozygot for dette locuset. Dette betyr i klartekst at alle individuelle prøver er kjørt i minst 2-3 replikater for hvert locus. Dersom noe som helst tvil skulle ligge til grunn etter gjennomføring i henhold til disse kriteriene, er ytterligere replikater blitt gjennomført for de aktuelle prøvene.

2.2 Bestandsestimering

Det å samle inn ekskrementer i felt kan i prinsippet sees på som en form for fangst/gjenfangst. Det er to mulige utfall for hver gang man samler inn en ny ekskrementprøve. Den nye prøven kan representere et individ som allerede er funnet tidligere eller den kan representere et nytt individ. Når man legger til flere og flere prøver, vil sannsynligheten for å støte på et nytt individ minske, for til slutt å ende opp på null. I det sannsynligheten er null, har man identifisert hele bestanden. Dette prinsippet kan uttrykkes i form av en akkumuleringskurve som i **Figur 1**. All fangst/gjenfangst-metodikk er basert på dette prinsippet, men de rent matematiske detaljene varierer mellom ulike modeller. Tidligere har vi brukt metodene til Eggert et al. (2003) og Miller et al. (2005) for å estimere bestandsstørrelsen. Begge disse metodene gir svært forsiktige eller konservative bestandsanslag, som har ligget svært nær det totale antallet jerv som er identifisert pr innsamlingssesong. Vi har derfor valgt å evaluere denne metodikken på nytt, og har involvert Europas fremste ekspertise på bestandsestimering fra fangst/gjenfangst-metodikk i dette arbeidet. Dette er ikke slutført ennå, og vi vil i denne omgang kun rapportere antall ulike individer identifisert fra DNA i de ulike områdene i Norge, Sverige og Finland.



Figur 1 Generell sammenheng mellom antall innsamlede ekskrementprøver og antall observerte individer.

2.3 Oppdeling i delbestander

Vi har tidligere vist at den skandinaviske jervpopulasjonen består av tre delbestander: (1) En sørvestlig delbestand av sørnorsk jerv vest for Østerdalen. (2) En stor østlig bestand av jerv øst og nord for Østerdalen. Nesten all svensk jerv, samt jerv fra Nordland og Nord-Trøndelag tilhører også denne gruppen. (3) Jerv i Troms, Finnmark, Nord-Finland, og Nord-Sverige nord for Torneträsk. Den genetiske strukturen i Fennoskandia vil bli visualisert ved hjelp av en multidimensjonal clustringsanalyse (Benzecri 1973). Vi vil også ved hjelp av en bayesisk clustringsanalyse se på sannsynligheten for hvorvidt de identifiserte individene er født i den delbestanden der de ble identifisert eller om de er immigranter (Pritchard et al. 2000).

3 Resultater

3.1 Analyserte prøver i Norge, Sverige og Finland

Figur 2 og **3** viser den geografiske fordelingen av de analyserte prøvene i 2010 og 2011, og suksessraten er oppsummert i **Tabell 1** og **Tabell 2**. Suksessraten, dvs. andelen prøver som hadde DNA av god nok kvalitet til å kunne individbestemmes, er gjennomgående lavere enn den var i 2009 da den lå på 57 - 69 %. Spesielt 2010 var et dårlig år, da alle områder unntatt Nord-Norge lå godt under 60 %. Også i 2011 var suksessraten ned mot 50 % for Sør- og Midt-Norge, samt Finland. Det er trolig sammensatte årsaker til den dårligere suksessraten.

For å effektivisere laboratoriearbeidet, ble det i 2010 i større grad enn tidligere brukt automatiserte protokoller for håndtering av prøvene. En må alltid regne med en innkjøringsfase ved skifte av analyseutstyr, så 2010-resultatet kan nok i stor grad tilskrives dette. For ytterligere å forenkle håndteringen av prøver i felt og lab, gikk vi i Norge over til å samle prøver på Silicagel i 2011. Enkelte områder hadde en svært lav andel fungerende prøver, og dette skyldes i stor grad at tørkeprosessen på Silicarørene ikke hadde fungert som tilsiktet og at DNA i prøvene dermed gikk tapt. En effektiv tørkeprosess avhenger av at det samles en moderat mengde prøve og at en i størst mulig grad unngår snø og is i rørene. Vi har nå gjennomgått rutinene for feltinnsamlingene på nytt og en rask gjennomgang av materialet samlet inn i 2012, tyder på at tørkeprosessen jevnt over har fungert bedre og at vi kan forvente en høyere suksessrate i 2012.

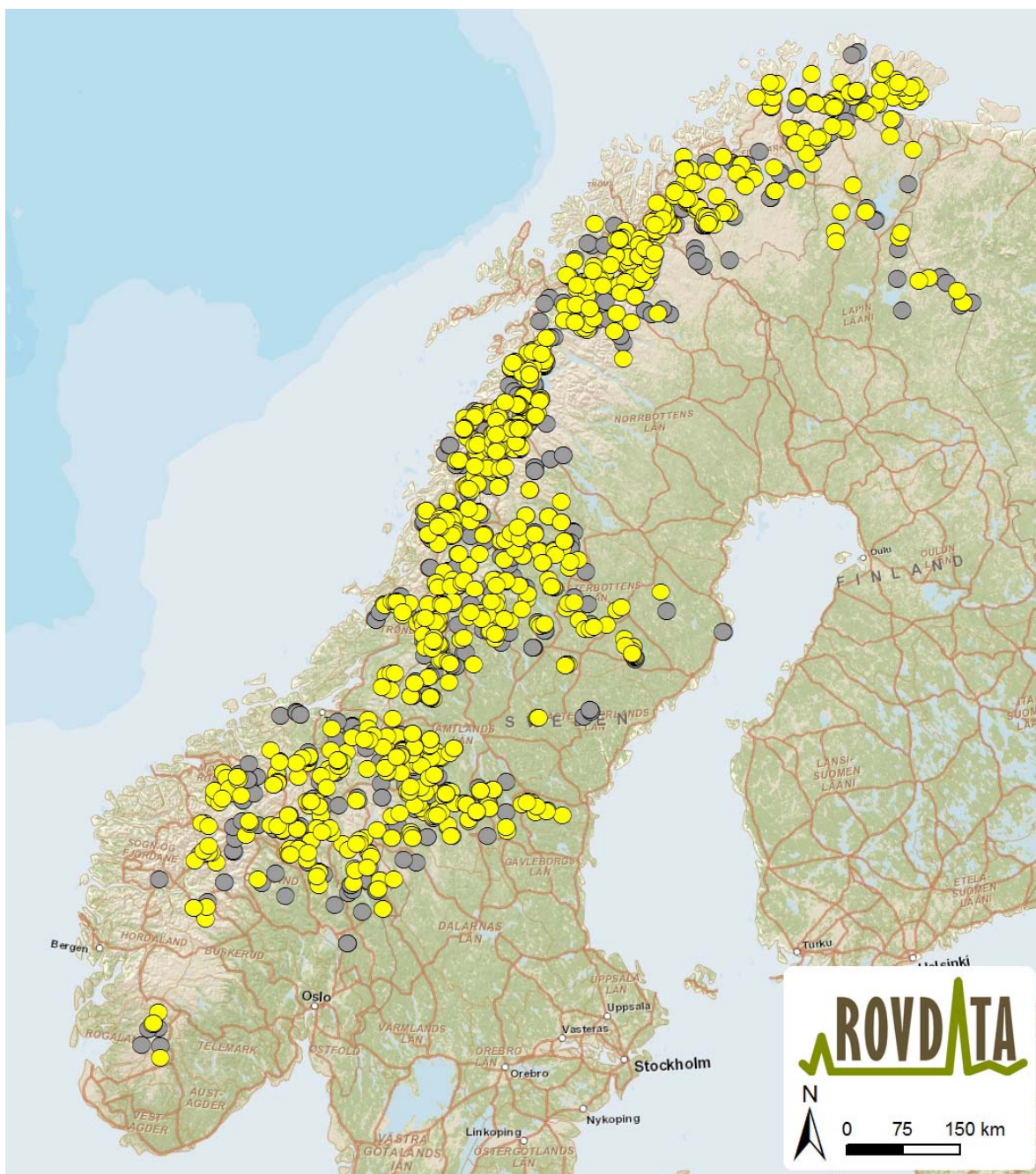
3.2 Det norske materialet

3.2.1 Antall individer og kjønnsfordeling

Ca. 750 prøver var av god nok kvalitet til å individbestemmes både i 2010 og 2011. De fungerende prøvene representerte 289 individer i 2010 og 270 i 2011. Det var en tydelig forskjell i kjønnsfordelingen mellom de to årene. I 2010 identifiserte vi 160 tisper og 129 hanner, mens det i 2011 var 135 av hvert kjønn (**Figur 4-5**). Dette gir en kjønnsfordeling på 55-45 i 2010 mot 50-50 i 2011.

Tabell 1 Fordelingen av fungerende og ikke-fungerende prøver i 2010, dvs. prøver med og uten vellykket individbestemmelse i de ulike innsamlingsområdene i Norge, Sverige og Finland

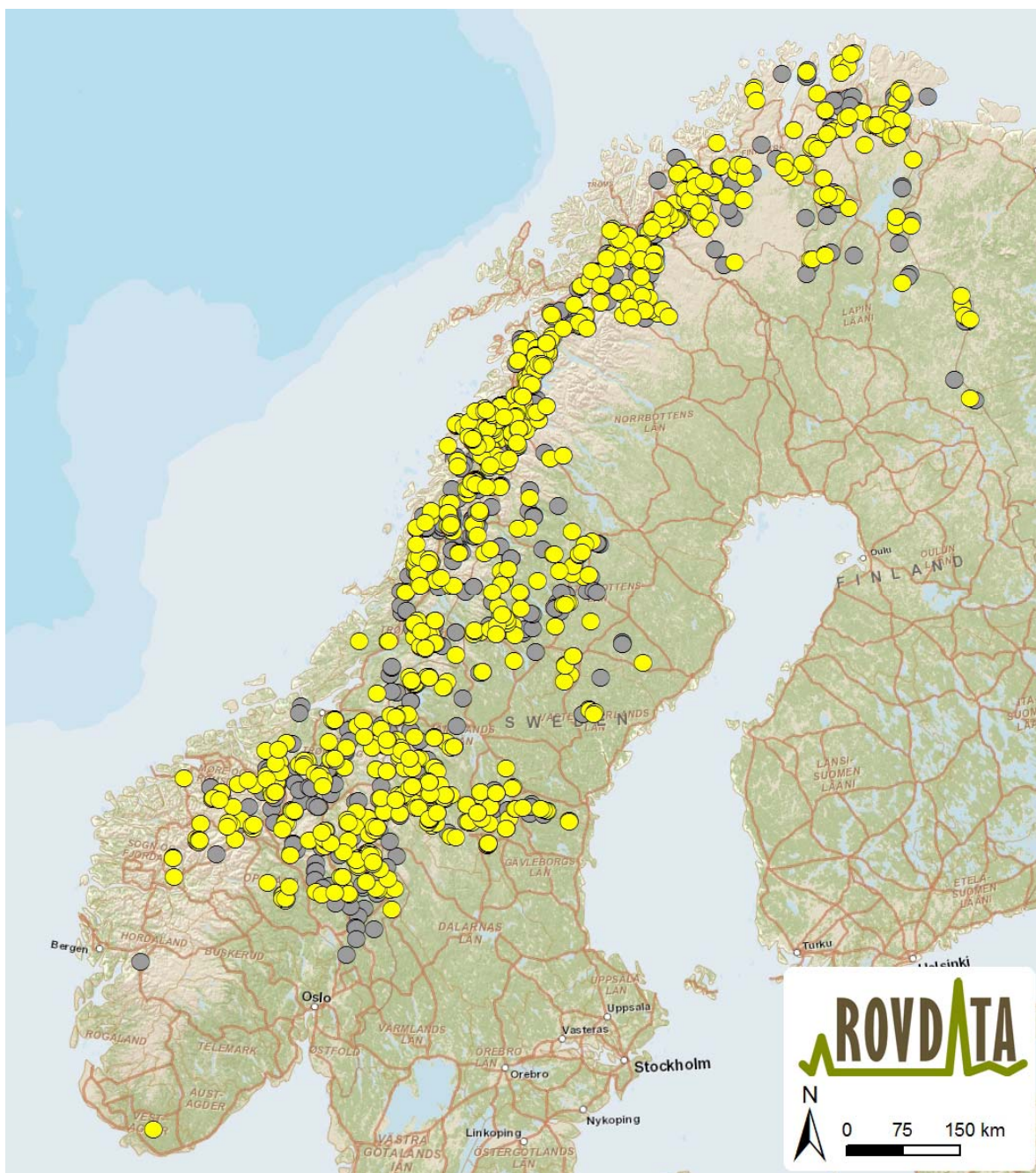
	Sør- og Midt-Norge	Nord-Norge	Sverige	Finland
Fungerende	246	506	337	15
Ikke-fungerende	215	332	305	20
Totalt	461	838	642	35
Suksessrate	53 %	60 %	52 %	43 %



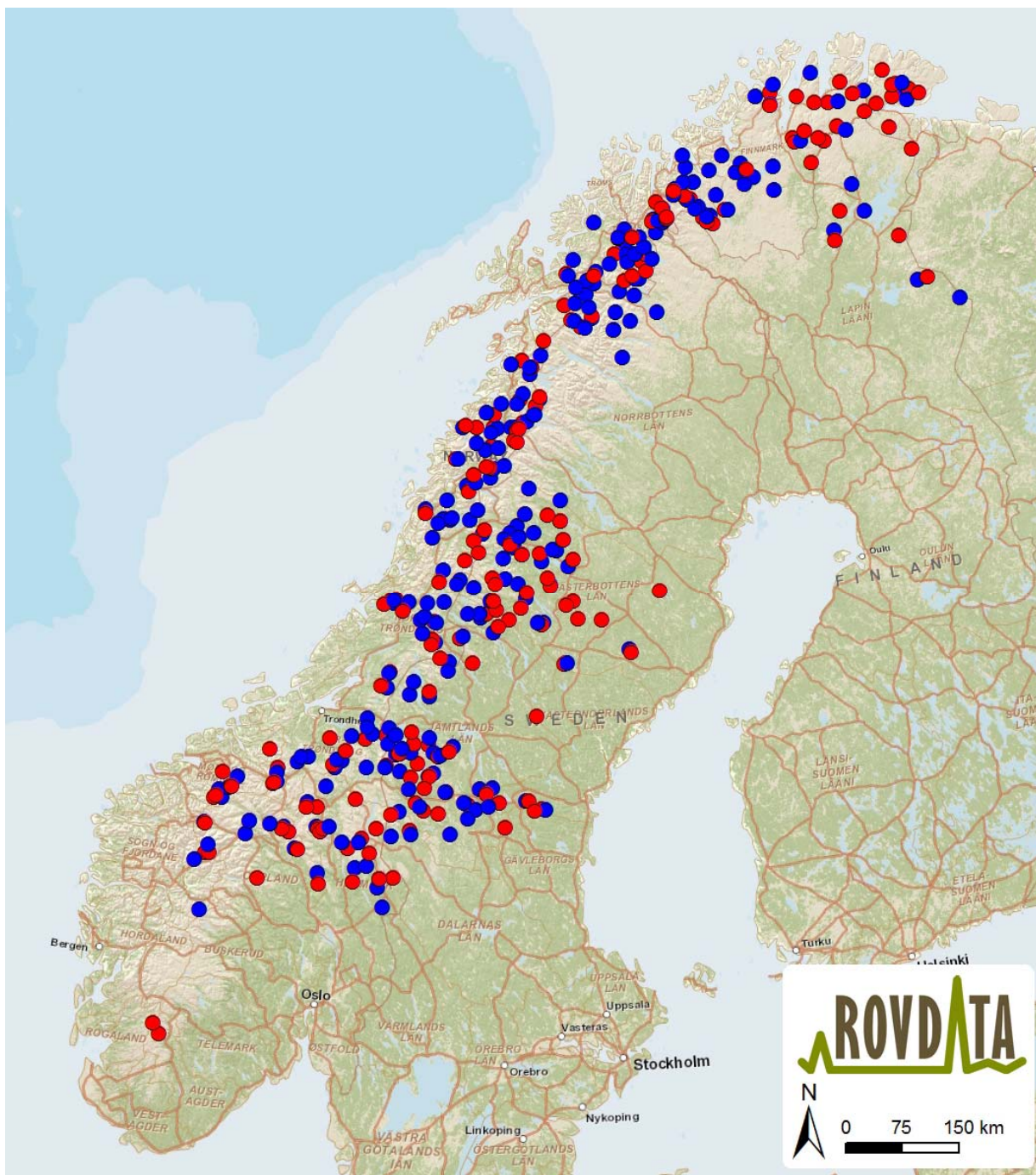
Figur 2 Geografisk fordeling av de 1976 prøvene som ble samlet inn i Norge, Sverige og Finland i 2010. Gul = fungerende, grå = ikke-fungerende.

Tabell 2 Fordelingen av fungerende og ikke-fungerende prøver i 2011, dvs. prøver med og uten vellykket individbestemmelse i de ulike innsamlingsområdene i Norge, Sverige og Finland

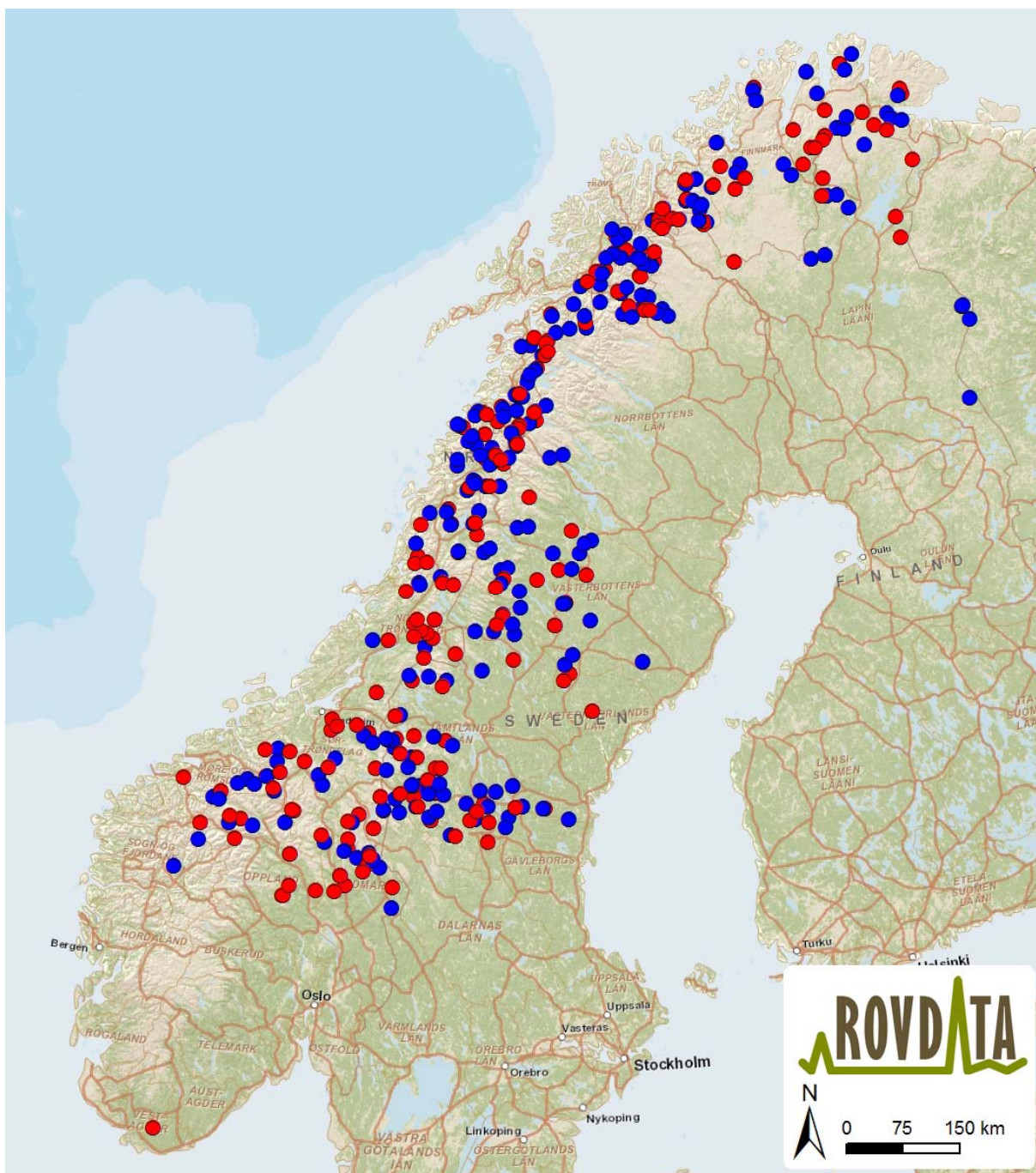
	Sør- og Midt-Norge	Nord-Norge	Sverige	Finland
Fungerende	230	519	293	27
Ikke-fungerende	214	356	201	25
Totalt	444	875	494	52
Suksessrate	52 %	59 %	59 %	52 %



Figur 3 Geografisk fordeling av de 1865 prøvene som ble samlet inn i Norge, Sverige og Finland i 2011. Gul = fungerende, grå = ikke-fungerende.



Figur 4 Alle jervindivider identifisert fra ekskrementinnsamlingen i Fennoskandia i 2010, representert med sine respektive midtpunkter. Rød = hann. Blå = tispe.



Figur 5 Alle jervindivider identifisert fra ekskrementinnsamlingen i Fennoskandia i 2011, representert med sine respektive midtpunkter. Rød = hann. Blå = tispe.

De identifiserte jervene fordeler seg mellom rovviltregionene som angitt i **Tabell 3**. Antall identifiserte individer kan sees på som et minimumsestimat for bestandsstørrelse, eller kanskje mer presist et uttrykk for hvor mange jerver som har vært påvist innom Norge. Antall identifiserte individer på landsbasis tilsvarer 70-80 % av det antallet jerv som ble estimert fra yngleregistreringene. I de ulike regionene varierer denne andelen fra 50 - 90 % i region 3, 5, 6 og 8. I region 1 og 7 er det jevnt over identifisert flere individer fra DNA enn det antallet jerv som er estimert fra yngleregistreringene.

Tabell 3 Antall identifiserte individer fra DNA-analysene i 2010 og 2011 sammenstilt med antall ynglinger og de tilhørende bestandsestimatene. N = Antall fungerende prøver og Id DNA = Antall identifiserte individer fra DNA. Små avvik i summen i kolonnen for estimert bestandsstørrelse skyldes avrunding til nærmeste heltall for hver region.

Rovviltregion	2010				2011			
	N	Id DNA	Ant ynglinger	Popstr ynglinger	N	Id DNA	Ant ynglinger	Popstr ynglinger
Region 1	12	7	0	4	2	1	0	4
Region 2	5	3	0	-	1	1	0	-
Region 3	30	17	5	28	40	15	2	21
Region 4	0	0	0	-	0	0	0	-
Region 5	60	28	10	49	79	30	12	56
Region 6	139	61	15	90	108	50	12	82
Region 7	249	78	13	66	297	90	14	78
Region 8	257	110	23	126	222	86	18	125
Hele landet	752	289	66	362	749	270	58	370

3.2.2 Vevsprøver av felte jerver

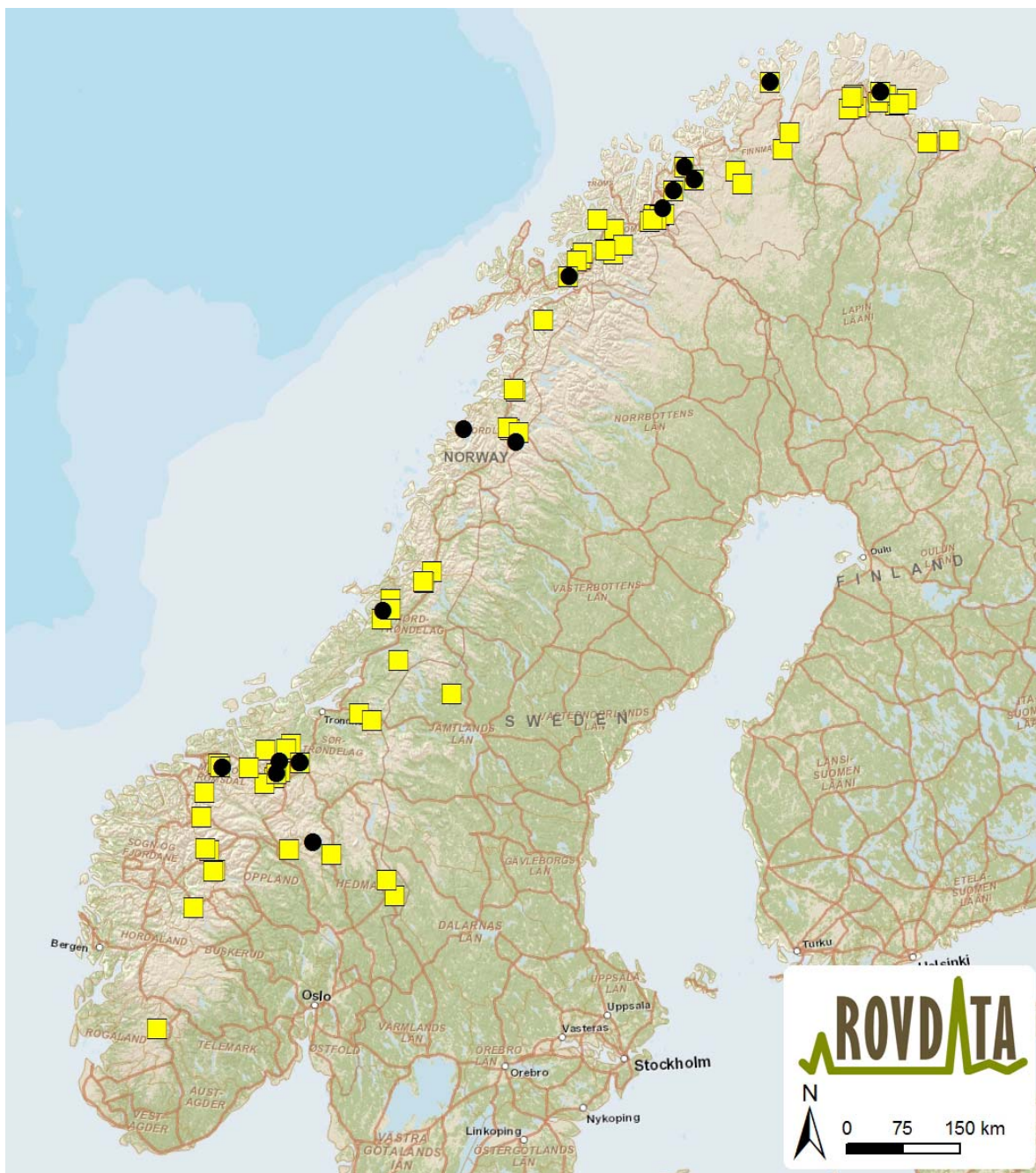
Totalt 212 jerver ble felt eller funnet døde i Norge i toårsperioden mellom 01.06.2009 - 01.06.2011 (**Figur 6-7; Vedlegg 1**). 202 av disse fikk en fullstendig DNA-profil etter vellykket DNA-analyse. Prøver fra de resterende 10 jervene var vanskelig og nedbrutt materiale av jerver som var funnet enten som nullåringer på hilokaliteten eller som voksne ute i terrenget. Noen av disse prøvene er ikke innlevert, mens de som ble levert til analyse var av for dårlig kvalitet til å kunne individbestemmes.

Drøyt halvparten av de analyserte prøvene, 103 av 202, representerte voksne individer som var 2 år eller eldre. 84 av disse jervene (> 80 %) var tidligere kjent fra ekskrement- eller håranalyser. Som forventet var ingen av nullåringene og et fåtall av ettåringene kjent fra før. Elleve jerver av ukjent alder var heller ikke tidligere kjent fra ekskrement- eller hårmaterialet (**Vedlegg 1**). De fleste av disse var sannsynligvis også unge individer.

3.3 Det svenske materialet

Henholdsvis 337 og 293 prøver samlet inn i Sverige i 2010 og 2011, var av god nok kvalitet til å individbestemmes. De fungerende prøvene representerte i underkant av 140 individer begge år; 139 i 2010 og 137 i 2011. Tisper var i klar overvekt; 78 mot 61 i 2010 og 85 mot 52 i 2011 (**Figur 4-5**). Den skjeve kjønnsfordelingen skyldes i første rekke at man i Sverige stort sett samler inn prøver i tilknytning til yngelokalitetene, slik at ynglende tisper blir overrepresentert.

De identifiserte jervene fordeler seg mellom de ulike länen som angitt i **Tabell 4**. En del av observasjonene ble gjort i forbindelse med barmarkskontroller på potensielle yngelokaliteter, så noen av individene som er identifisert er årsvalper. Sammenlignet med Norge utgjør antall observerte individer i Sverige jevnt over en lavere andel av bestandsanslagene fra hitellingene. Andelen varierer riktignok ganske betydelig mellom de ulike länen og ligger på godt under 10 % i Norrbotten, 30-40 % i Västerbotten og Jämtland/Dalarna til nær 100 % for skogsjervbestandene i Gävleborg og Västernorrland.



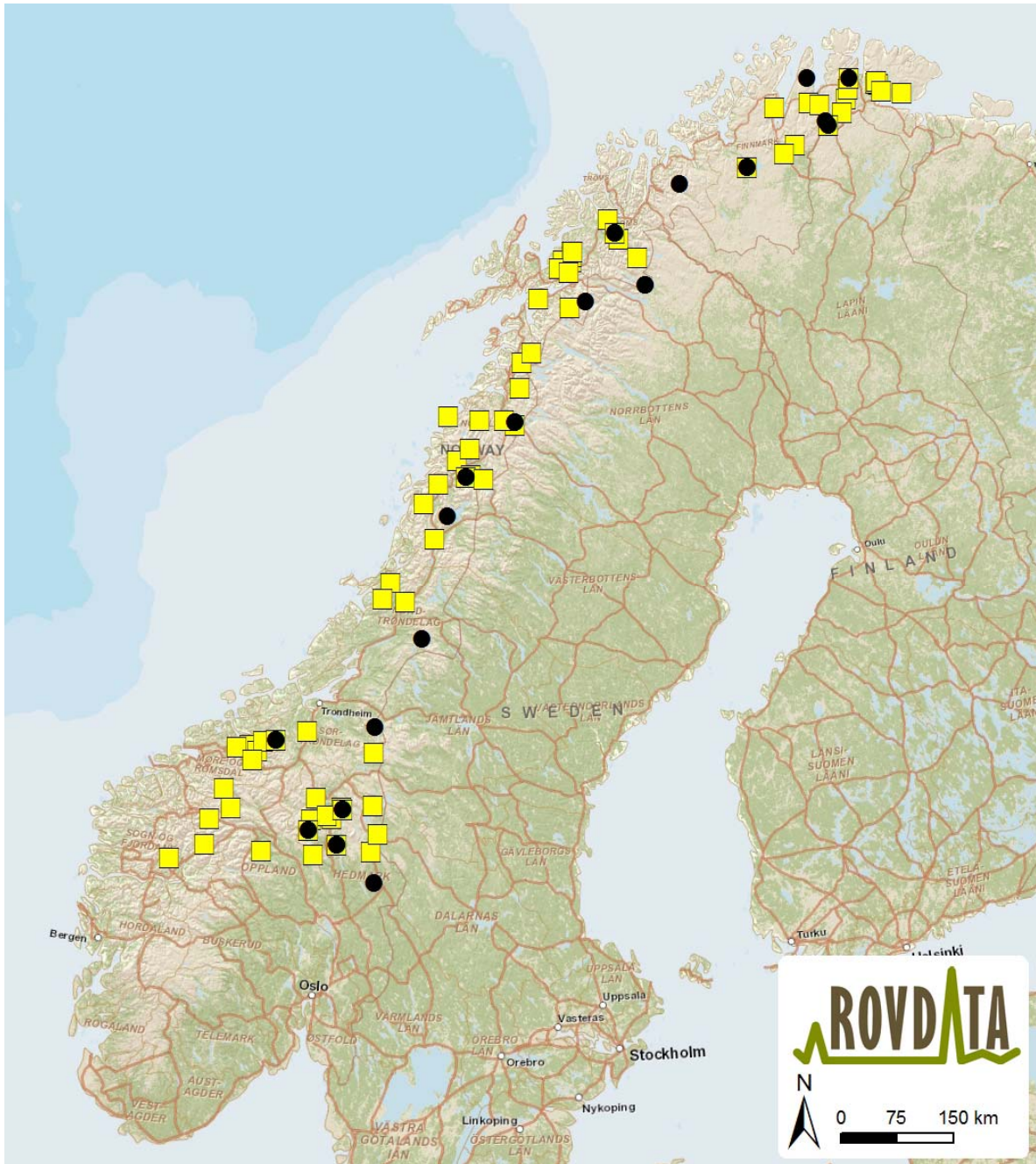
Figur 6 Felte jerver i perioden 1. juni 2009 – 31. mai 2010. Gule firkanter representerer voksne individer, mens valper tatt på hiuttak er representert med en svart sirkel.

3.4 Populasjonsstruktur

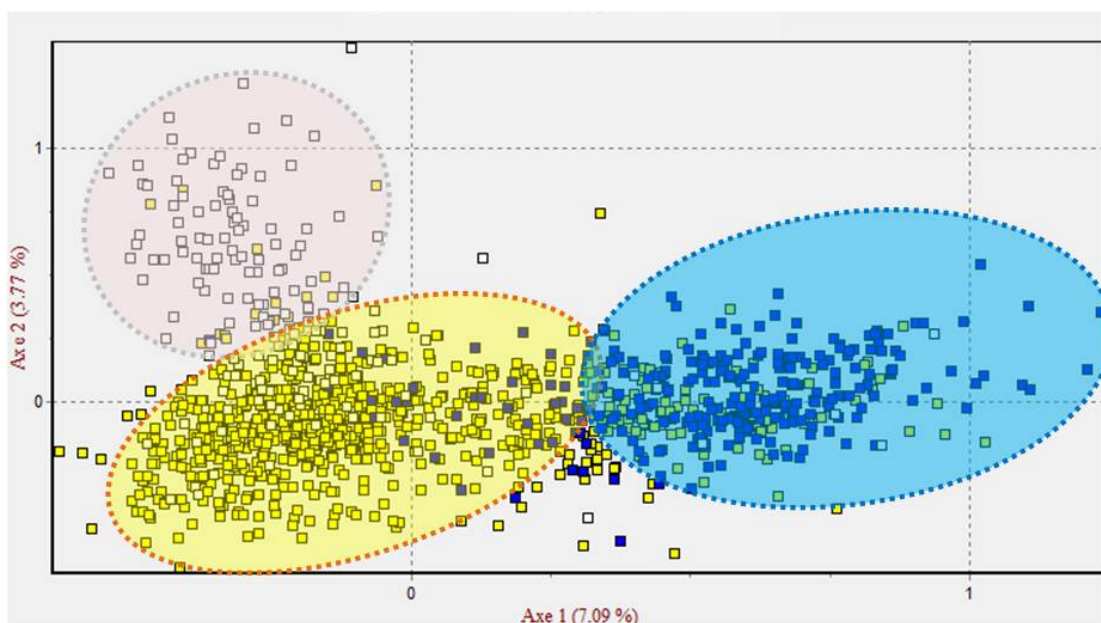
Tidligere analyser har vist at den Skandinaviske jervpopulasjonen består av tre delbestander: **(1)** En sørvestlig delbestand av sørnorsk jerv vest for Østerdalen. **(2)** En stor østlig bestand av jerv øst og nord for Østerdalen. Jerv fra Nordland, Nord-Trøndelag og nesten all svensk jerv tilhører også denne gruppen. **(3)** Jerv i Troms, Finnmark, Nord-Finland og den aller nordligste delen av Sverige (nord for Torneträsk) (Flagstad et al. 2009). Mens det genetiske skillet i sør går langs Østerdalen i nord - sør retning, faller skillet i nord mer eller mindre sammen med fylkesgrensa mellom Troms og Nordland. I dette området ligger et bredt dalføre som skjærer gjennom landskapet i øst - vest retning omtrent på samme breddegrad der Lofoten strekker seg ut i havet i vest. Jerven i Nord-Finland hører altså til den nordlige delbestanden av Skandi-

navisk jerv. Vi finner noen spesifikke alleler (genetiske varianter) som deles mellom nordfinsk jerv og jerv lenger sørøst i Finland. Dette antyder en viss grad av utveksling nordover fra den større og genetisk mer variable bestanden i finsk Karelien, som antas å henge sammen med jervbestanden i russisk Karelien. Foreløpig er ingen av disse allelene funnet på norsk side av grensen.

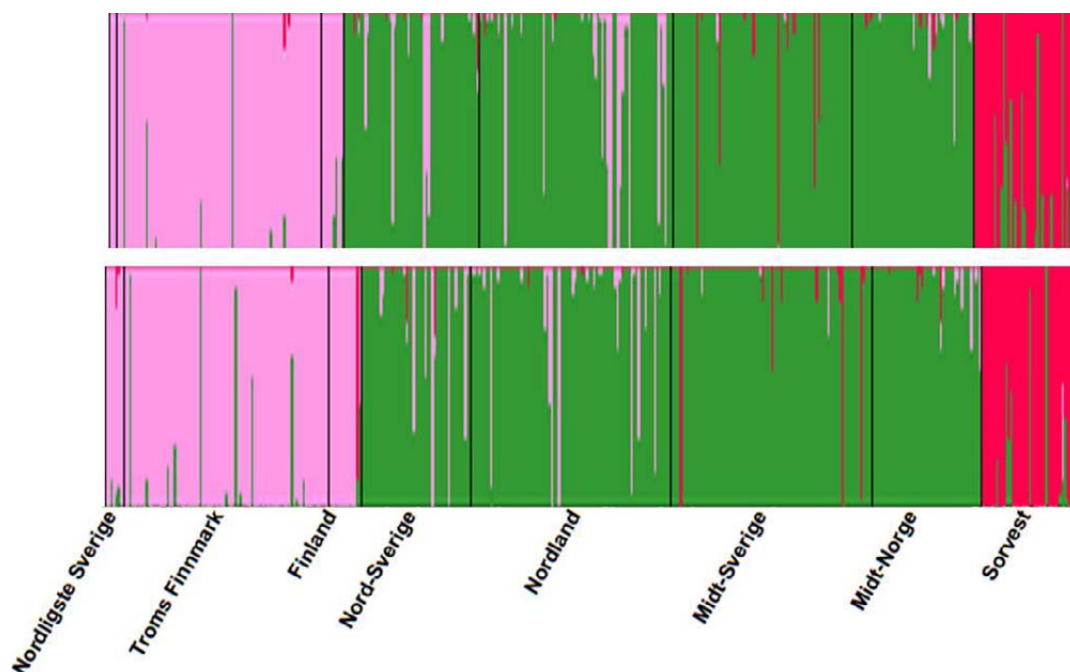
Figur 8 viser en clustringsanalyse (FCA) basert på genotypene til alle jervindivider registrert fra DNA i Norge, Sverige og Finland fra 2006 - 2011. Denne typen clustringsanalyse bruker kun genetisk informasjon som datagrunnlag for grupperingen av individer. Likevel ser vi at det er tre klare grupperinger, men med en viss grad av overlapp mellom de tre gruppene. Dersom man legger inn geografisk informasjon om innsamlingslokalitet som en støttefunksjon til clustringen fremstår et enda klarere mønster, men med de samme tre gruppene (**Figur 9**).



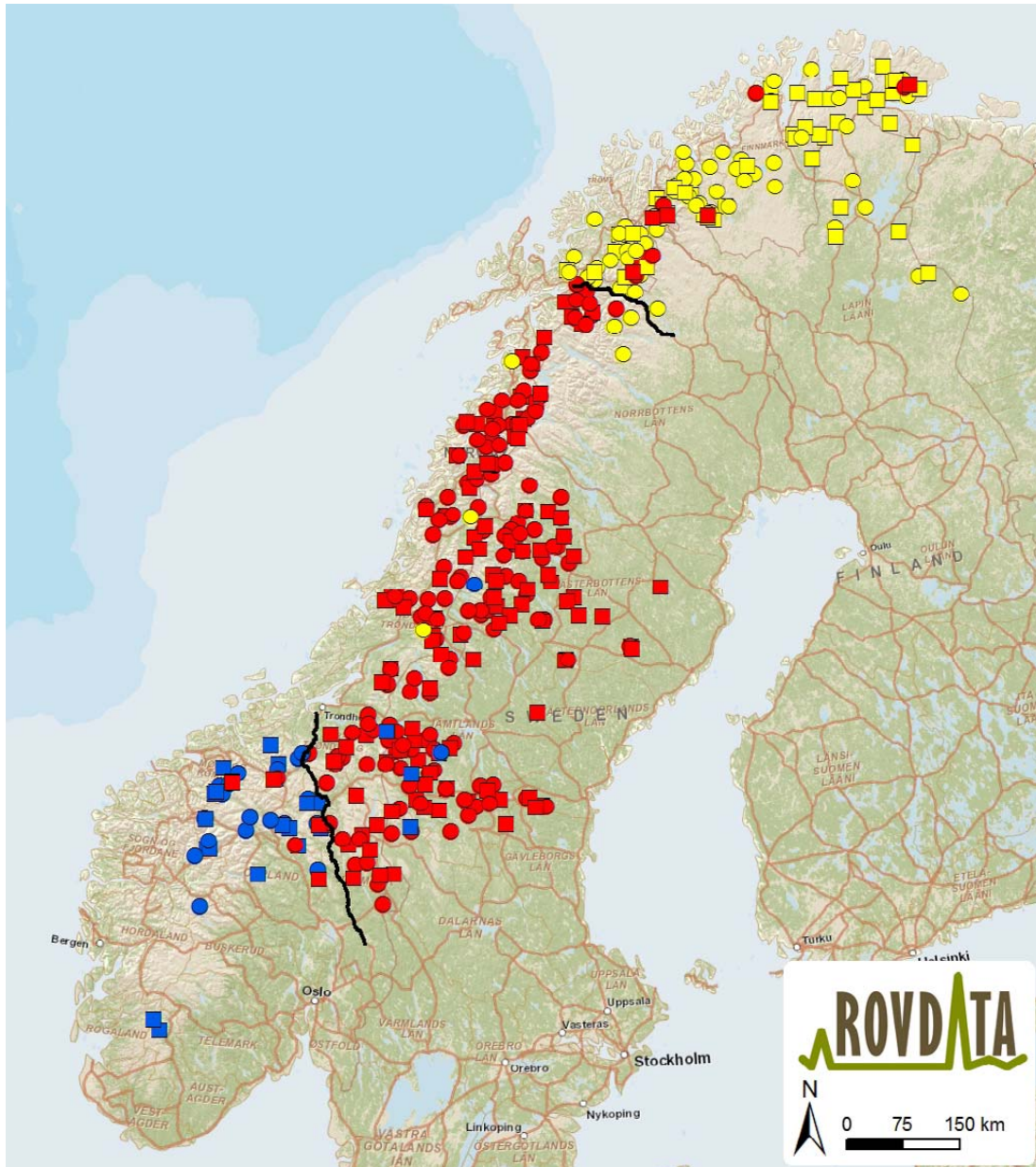
Figur 7 Felte jerver i perioden 1. juni 2010 – 31. mai 2011. Gule firkanter representerer voksne individer, mens valper tatt på hiuttak er representert med en svart sirkel.



Figur 8 Clustringsanalyse av skandinavisk jerv. Firkantene symboliserer enkeltindivider identifisert i perioden 2006-2011, og avstanden mellom dem indikerer relativt slektskap. Gråhvit = Sør-Norge vest for Østerdalen. Gul = Sør-Norge øst for Østerdalen, Nord-Trøndelag, Nordland og mesteparten av Sverige. Blå = Troms, Finnmark, Nord-Finland, og Nord-Sverige nord for Torneträsk.



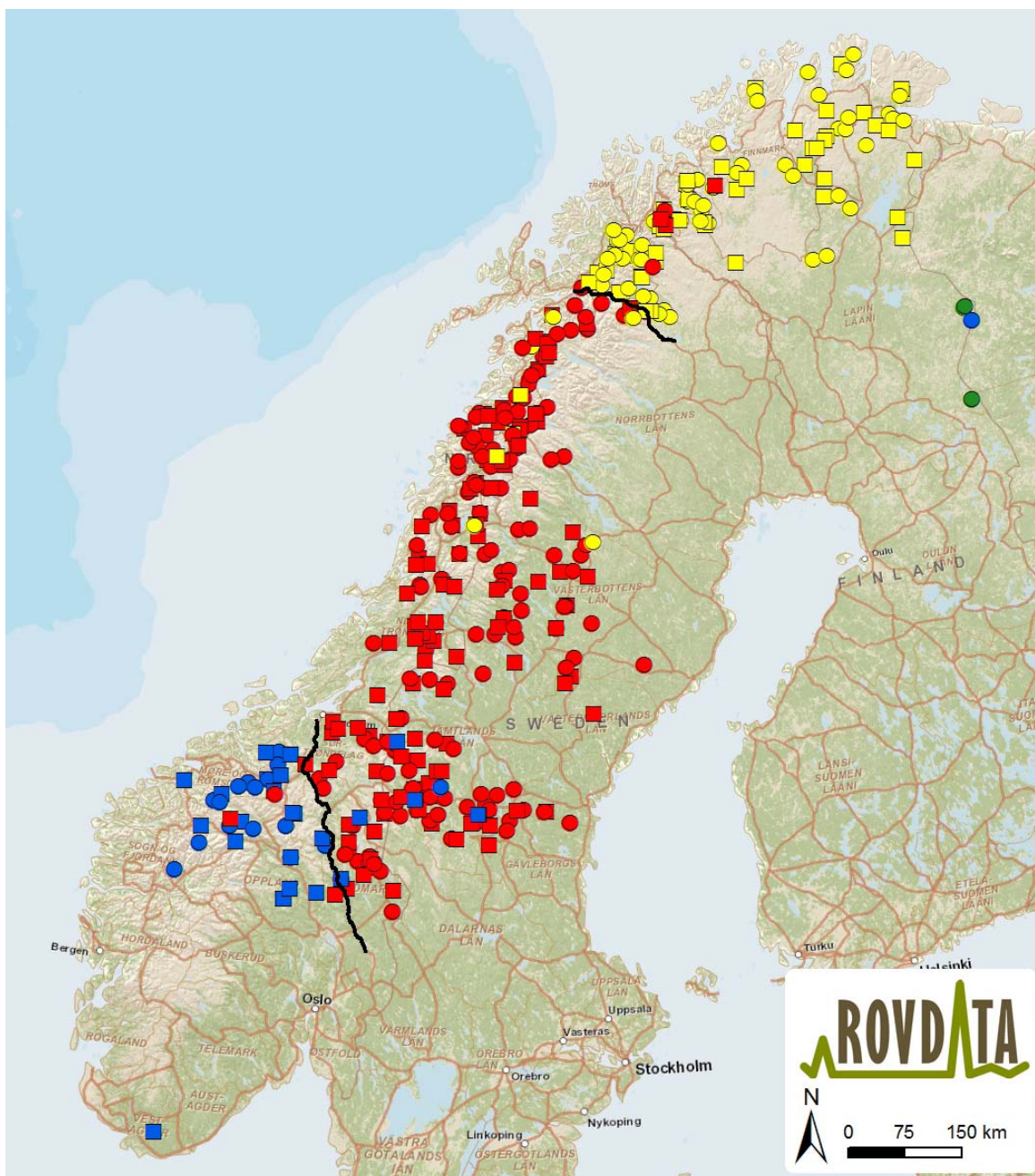
Figur 9 Bayesisk clustringsanalyse for jerver identifisert i Fennoskandia i 2010 (øverst) og 2011 (nederst). De tre delbestandene er definert med henholdsvis rosa, grønn og rød, for nordlig, østlig og sørvestlig delbestand. Hvert individ er representert med en vertikal strek med innslaget fra de tre delbestandene definert ved andelen av de tre fargekodene. Immigranter gjenkjennes ved at hele eller mesteparten av streken har en annen farge enn individene i samme geografiske område. Nordligste Sverige = Sverige nord for Torneträsk, Nord-Sverige = Norrbotten og Västerbotten, Midt-Sverige = Jämtland, Dalarna, Gävleborg og Västernorrland. Midt-Norge = Nord-Trøndelag og Sør-Norge øst for Østerdalen. Sørvest = Sør-Norge vest for Østerdalen.



Figur 10 Skandinaviske jervindivider fra 2010 med genetisk tilhørighet (blå = vestlig genotype; rød = østlig genotype; gul = nordlig genotype; firkant = hann; sirkel = hunn). De svarte linjene markerer de to dalførene som skiller de tre delbestandene.

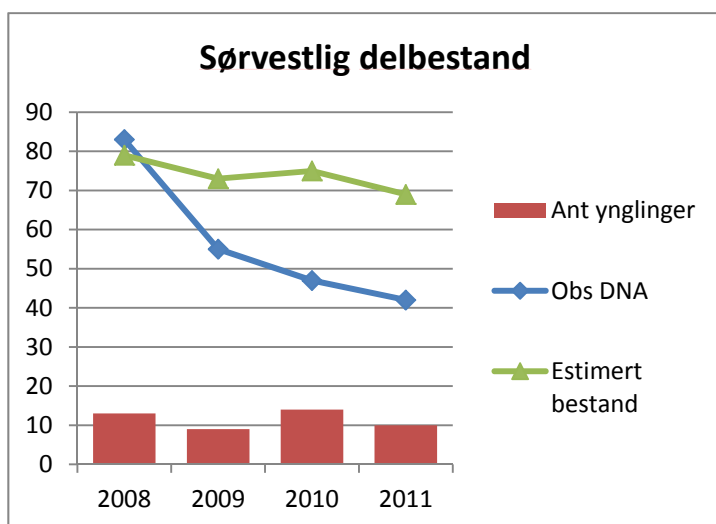
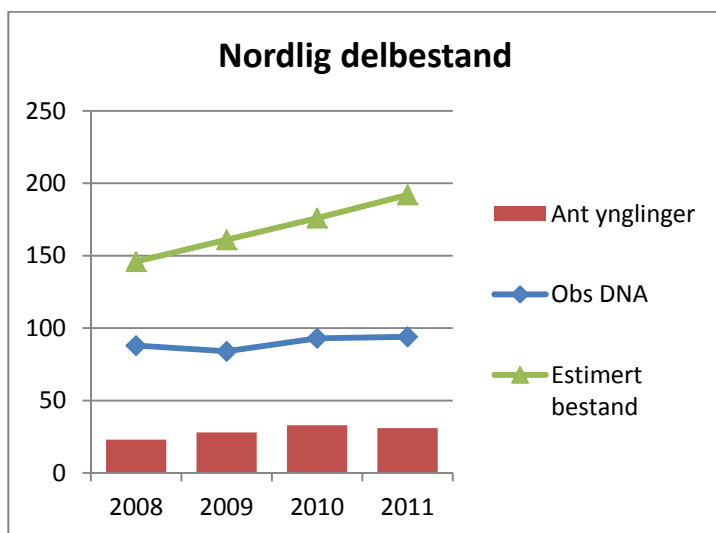
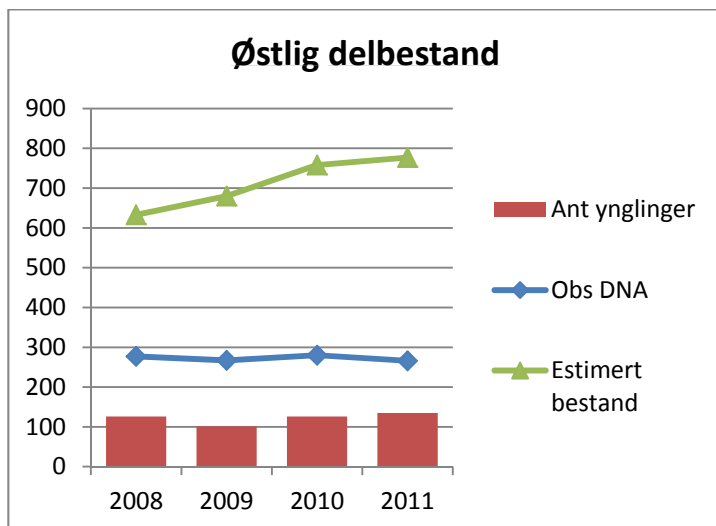
Figur 10 og **11** viser den geografiske fordelingen til individer tilhørende de tre genetiske gruppene i 2010 og 2011. Vi gjorde tilsvarende analyser helt tilbake til 2006, og det samme mønstret går igjen hele veien, med svært moderat utveksling av individer mellom delbestandene.

Vi har tidligere sett at enkelte individer kan gå svært langt i forbindelse med utvandring. I 2005 identifiserte vi en hannjerv i Hemnes kommune i Nordland som var ID-merka i Ringebu kommune som valp i 2003. Jerven hadde tilbakelagt en distanse på drøye 500 km før han ble gjenfunnet i Hemnes som toåring. Flere av jervene identifisert i 2010, som har utvandret fra en delbestand til en annen, har vandret flere hundre kilometer (**Figur 10, 11**). Det mest ekstreme tilfellet er ei tispe som har en sørvestlig genotype, dvs at hun etter all sannsynlighet er født i Sør-Norge, som ble identifisert i Nord-Finland i 2011. Denne tispas må nødvendigvis ha tilbakelagt en distanse på minimum 1500 km fra fødselsreviret.



Figur 11 Skandinaviske jervindivider fra 2011 med genetisk tilhørighet (blå = vestlig genotype; rød = østlig genotype; gul = nordlig genotype; grønn = genotype fra finskrussisk Karelien; fir-kant = hann; sirkel = hunn). De svarte linjene markerer de to dalførene som skiller de tre delbestandene.

Antall jerv identifisert fra DNA fra 2008 - 2011 har holdt seg rimelig stabilt gjennom hele perioden i de to nordligste delbestandene (**Figur 12**). I den nordligste identifiserer vi rundt 90 individer, mens vi i den midtre jevnt over har identifisert i underkant av 300 individer. Antall ynglinger og tilhørende bestandsestimater har økt gjennom hele perioden i begge delbestandene. I nord har vi fått en økning fra 23 til drøyt 30 ynglinger med en estimert økning i bestandsstørrelse fra 146 til 194 individer. Lenger sør har vi hatt en svak økning fra 126 til 135 ynglinger, og en betydelig økning i estimert bestandsstørrelse fra 627 til 775 individer. I sørvest er tendensen helt motsatt. Der har vi fått en halvering av antall DNA-identifiserte individer, fra 83 i 2008 til 42 i 2011. Antall ynglinger varierer mellom 9 og 14 i perioden, mens det tilhørende bestandsestimatet har sunket fra 79 til 69.



Figur 12 Antall jerv identifisert fra DNA og registrerte ynglinger i de tre ulike delbestandene i Skandinavia 2008 - 2011. Bestandsestimatet som er angitt er beregnet fra gjennomsnittlig antall ynglinger over en treårsperiode (Brøseth et al. 2011).

4 Diskusjon

Siden metodikken for bestandsestimering fra DNA-identifiserte individer er under evaluering, har vi i denne rapporten kun redegjort for antall ulike individer identifisert fra DNA i de ulike områdene i Norge og Sverige. Antall identifiserte individer kan sees på som et minimumsestimat for bestandsstørrelse, eller snarere et uttrykk for hvor mange jerver som har vært påvist innom de respektive land, regioner eller län.

Det er foreløpig uklart hvor stor andel av den faktiske bestandsstørrelsen disse minimumstallene utgjør. I Norge vurderes minimumstallene å utgjøre en stor andel av faktisk bestandsstørrelse, da det generelt er god dekningsgrad i innsamlingen, et stort antall analyserte prøver, og en svært høy andel tidligere kjente individer blant felte voksne jerver. I Norge ble det identifisert henholdsvis 289 og 270 individer i 2010 og 2011, som tilsvarer 70 - 80 % av bestandsanslaget på drøyt 350 jerver estimert fra yngleregistreringene. Men selv med god dekningsgrad er det store utfordringer knyttet til bestandsestimering i bestander med en betydelig tilførsel av dyr utenfra i innsamlingsperioden. Dette kan for eksempel være jerver med grenseoverskridende territorier som har mesteparten av reviret sitt i Sverige, men også vandrende ungjerver som er født i Sverige, som enten er innom våre grensefylker før de returnerer til Sverige, eller vandrer ut av Sverige og etablerer seg i Norge. For å få gode og presise bestandsanslag fra slike åpne bestander, vil det være avgjørende å klarlegge hvordan de territorieholdende grensejervene sammen med streifindivider og immigranter som vandrer inn i løpet av innsamlingsperioden påvirker bestandsestimatene.

Vi observerte en påfallende endring i kjønnsfordeling mellom 2010 og 2011, med en kjønnsratio på 55-45 i 2010 mot 50-50 i 2011. Med nesten 300 identifiserte individer må vi anta at vi har et representativt utvalg, og at denne mellomårsvariasjonen i kjønnsfordeling derfor er reell. Flere pattedyrstudier har påvist en sammenheng mellom stressnivå og kjønnsratio i ungekullet hos reproduserende hunner (Trivers & Willard 1973, Robert et al. 2009, Ryan et al. 2012). Økt stressnivå som for eksempel dårligere mattilgang, vil føre til økt produksjon av hunnlig avkom, mens bedre forhold gir en skjevhet i retning hannlig avkom. Varierende næringstilgang, for eksempel kraftige smågnagersvingninger i fjellet (Landa et al. 1997), kan således være med og påvirke kjønnsratio i jervkullene i Skandinavia, og ikke minst overlevelsen til ungene som fødes. En langt mer omfattende analyse gjennom flere år vil være påkrevd for å forstå disse mekanismene fullt ut.

DNA-analysene viser med all tydelighet at den skandinaviske jervpopulasjonen består av tre delbestander. Selv om disse delbestandene er i ferd med å vokse sammen med jervynglinger tett på begge sider av dalførene som skiller dem (Persson & Brøseth 2011), ser vi at utvekslingen av individer mellom delbestandene fortsatt er relativt begrenset. Dette betyr at rekrutteringen først og fremst avhenger av yngling inne i de respektive delbestandene. Med stor avgang i form av høyt jakttrykk og begrenset rekrutteringsgrunnlag i form av relativt få ynglinger, vil vi nødvendigvis få en reduksjon i bestandsstørrelse.

I de to nordlige bestandene har det vært en jevn bestandsøkning de siste årene, mens bestandsutviklingen har gått motsatt vei i den minste delbestanden vest for Østerdalen. Den midtre delbestanden framstår som spesielt robust med et bestandsanslag fra yngleregistreringen på omtrent 750 individer. Det har vært et betydelig uttak i den norske delen av denne delbestanden, mens det på svensk side er minimal beskatning. Siden bestanden på norsk side ikke synker til tross for høye uttak er det god grunn til å anta at det er netto innvandring fra Sverige i disse områdene. Også den nordligste delbestanden virker å være relativt robust med en økning på drøyt 30 % den siste fireårsperioden til dagens anslåtte bestandsstørrelse på i underkant av 200 jerver. Denne delbestanden er sammenhengende med jervbestanden i Nord-Finland, dog med begrenset innvandring fra Finland siden vi foreløpig ikke finner typiske finske alleler i Troms, Finnmark eller Nord-Sverige. Også i denne delbestanden har det vært betydelige uttak av jerv de siste årene, men siden den er sammenhengende over et større område vil

den være langt mer robust enn en delvis isolert bestand med svært moderat egenrekruttering, slik situasjonen er i Sør-Norge, vest for Østerdalen.

Også i den sørvestlige delbestanden har det vært et høyt uttak de siste årene. Med tanke på at egenrekrutteringen har vært lav med 9-14 ynglinger de siste 4 årene, er det ikke overraskende at bestandens størrelse synes å være redusert. Anslagene basert på hitellingene antyder en reduksjon på 10 - 15 % fra 79 individer i 2008 til 69 individer i 2011. Reduksjonen fremstår betydelig høyere vurdert fra antall identifiserte individer fra DNA. Dette tallet er nær halvert i den samme fireårsperioden, fra 83 individer i 2008 til 42 individer i 2011. Vi skal være forsiktig med å trekke for bastante slutninger fra disse tallene, men at det har vært en bestandsreduksjon i delbestanden i perioden synes det å være liten tvil om.

Det er viktig å få på plass god bestandsestimeringsmetodikk fra DNA så fort som mulig. Dette for å kunne gi nøyaktige tall på bestandsstørrelse og tallfeste bestandsendringer med bedre presisjon enn det vi kan i dag.

5 Referanser

- Benzecri, J. 1973. L'analyse des données. Tome I: la taxinomie., Tome II: L'analyse des correspondances. Paris.
- Brøseth, H., Tovmo, M. & Andersen, R. 2011. Yngleregistreringer av jerv i Norge i 2011. – NINA Rapport 757. 22 s.
- Dallas, J. F. & Piertney, S. B. 1998. Microsatellite primers for the Eurasian otter. - *Molecular Ecology* 7: 1248-1251.
- Davis, C. S. & Strobeck, C. 1998. Isolation, variability, and cross-species amplification of polymorphic microsatellite loci in the family Mustelidae. - *Molecular Ecology* 7: 1776-1778.
- Duffy, A. J., Landa, A., O'Connell, M., Stratton, C. & Wright, J. M. 1998. Four polymorphic microsatellites in wolverine, *Gulo gulo*. - *Animal Genetics* 29: 63-63.
- Eggert, L. S., Eggert, J. A. & Woodruff, D. S. 2003. Estimating population sizes for elusive animals: the forest elephants of Kakum National Park, Ghana. - *Molecular Ecology* 12: 1389-1402.
- Flagstad, Ø., Brøseth, H., Balstad, T., Syslak, L., Johansson, M., Wärdig, C. & Ellegren, H. 2009. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervbestanden vinteren 2008. - NINA Rapport 498. 40 s.
- Flagstad, Ø., Brøseth, H., Hedmark, E. & Ellegren, H. 2003. Populasjonsovervåking av jerv ved hjelp av DNA-analyse fra ekskrementer. - NINA Minirapport 34. 20 pp.
- Flagstad, Ø., Brøseth, H., Johansson, M., Wärdig, C. & Ellegren, H. 2008. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervbestanden 2000-2007. - NINA Rapport 369. 48 s.
- Fleming, M. A., Ostrander, E. A. & Cook, J. A. 1999. Microsatellite markers for American mink (*Mustela vison*) and ermine (*Mustela erminea*). - *Molecular Ecology* 8: 1352-1354.
- Hedmark, E., Flagstad, Ø., Segerström, P., Persson, J., Landa, A.M. & Ellegren, H. 2004. DNA-based individual and sex identification from wolverine (*Gulo gulo*) faeces and urine. *Conservation Genetics* 5, 405-410.
- Landa, A., Strand, O., Swenson, J. E. & Skogland, T. 1997. Wolverines and their prey in southern Norway. *Canadian Journal of Zoology* 75, 1292-1299.

-
- Miller, C. R., Joyce, P. & Waits, L. P. 2005. A new method for estimating the size of small populations from genetic mark-recapture data. - *Molecular Ecology* 14: 1991-2005.
- O'Connell, M., Wright, J. M. & Farid, A. 1996. Development of PCR primers for nine polymorphic American mink *Mustela vison* microsatellite loci. - *Molecular Ecology* 5: 311-312.
- Persson, J. & Brøseth, H. 2011. Järv i Skandinavien – status och utbredning 1996-2010. – NINA Rapport 732. 39 s.
- Pritchard, J. K., Stephens, M. & Donnelly, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. - *Genetics* 155: 945-959.
- Robert, K.A. Schwanz, L.E., and Mills, H.R. (2009) Offspring sex varies with maternal investment ability: empirical demonstration based on cross-fostering. *Biology letters* 6, 242-245.
- Ryan, C. P., Anderson, W. G., Gardiner, L. E., & Hare, J. F. 2012. Stress-induced sex ratios in ground squirrels: support for a mechanistic hypothesis. *Behavioural Ecology* 23, 160-167.
- Trivers, R. L. & Willard D. E. 1973. Natural selection of parental ability to vary the sex ratio of offspring. *Science* 179, 90–92.
- Walker, C. W., Vila, C., Landa, A., Linden, M. & Ellegren, H. 2001. Genetic variation and population structure in Scandinavian wolverine (*Gulo gulo*) populations. - *Molecular Ecology* 10: 53-65.

Vedlegg 1

Oversikt over jerv felt eller funnet døde i Norge 1. juni 2009 – 1. juni 2011

Voksne kjent fra ekskrementmaterialet						
RovbaseID	Individ	Dødsdato	Kjønn	Alder	Kommune	Fylke
M404726	270	10.04.2010	Hann	2	Bykle	Aust-Agder
M404621	250	04.03.2010	Hann	4	Luster	Sogn & Fjordane
M404691	255	11.04.2010	Tispe	3	Årdal	Sogn & Fjordane
M404617	326	03.03.2010	Tispe	2	Lærdal	Sogn & Fjordane
M404692	348	11.04.2010	Hann	2	Luster	Sogn & Fjordane
M404890	387	05.02.2011	Hann	2	Luster	Sogn & Fjordane
M404616	328	03.03.2010	Tispe	1	Luster	Sogn & Fjordane
M404406	42	27.09.2009	Tispe	10	Nord-Fron	Oppland
M404465	279	29.01.2010	Tispe	5	Skjåk	Oppland
M405036	132	28.03.2011	Tispe	7	Rendalen	Hedmark
M404782	904	25.09.2010	Tispe	7	Engerdal	Hedmark
M405058	342	05.04.2011	Tispe	5	Stor-Elvdal	Hedmark
M405054	341	06.04.2011	Tispe	4	Rendalen	Hedmark
M404503	896	05.02.2010	Hann	3	Trysil	Hedmark
M404790	346	29.10.2010	Hann	2	Tynset	Hedmark
M404456	113	18.01.2010	Tispe	10	Sunndal	Møre & Romsdal
M404446	149	17.12.2009	Tispe	9	Norddal	Møre & Romsdal
M405065	110	29.04.2011	Tispe	7	Rindal	Møre & Romsdal
M404733	202	26.05.2010	Tispe	5	Neset	Møre & Romsdal
M404943	291	13.02.2011	Hann	5	Surnadal	Møre & Romsdal
M404693	275	11.04.2010	Hann	4	Sunndal	Møre & Romsdal
M404914	331	06.02.2011	Hann	4	Rauma	Møre & Romsdal
M404667	344	21.03.2010	Hann	3	Neset	Møre & Romsdal
M404779	390	05.10.2010	Hann	3	Tingvoll	Møre & Romsdal
M404458	161	19.01.2010	Tispe	16	Meldal	Sør-Trøndelag
M404706	251	26.04.2010	Tispe	9	Oppdal	Sør-Trøndelag
M404944	769	13.02.2011	Hann	6	Tydal	Sør-Trøndelag
M404701	334	22.04.2010	Tispe	5	Rennebu	Sør-Trøndelag
M404776	394	29.09.2010	Tispe		Melhus	Sør-Trøndelag

M404660	257	17.03.2010	Hann	6	Høylandet	Nord-Trøndelag
M404624	583	04.03.2010	Tispe	6	Fosnes	Nord-Trøndelag
M404613	575	02.03.2010	Hann	5	Namsskogan	Nord-Trøndelag
M404460	871	26.01.2010	Hann	2	Meråker	Nord-Trøndelag
M404560	1176	15.02.2010	Hann	2	Snåsa	Nord-Trøndelag
M405013	571	14.03.2011	Hann		Fosnes	Nord-Trøndelag
M404835	2009	26.01.2011	Tispe	10	Meløy	Nordland
M404499	2006	04.02.2010	Hann	8	Fauske	Nordland
M405079	2192	07.05.2011	Tispe	6	Rana	Nordland
M405096	2223	11.05.2011	Tispe	6	Ballangen	Nordland
M404780	2161	28.09.2010	Tispe	5	Rana	Nordland
M404834	2309	20.01.2011	Hann	5	Grane	Nordland
M405084	2143	07.05.2011	Tispe	4	Rana	Nordland
M405043	2243	31.03.2011	Tispe	4	Vefsn	Nordland
M404777	2158	29.09.2010	Hann	3	Fauske	Nordland
M404788	2218	03.10.2010	Hann	2	Narvik	Nordland
M405080	2372	07.05.2011	Hann	2	Rana	Nordland
M404935	2360	11.02.2011	Tispe	1	Rana	Nordland
M404971	2107	23.02.2011	Tispe	7	Salangen	Troms
M404670	2281	25.03.2010	Tispe	7	Storfjord	Troms
M404669	2037	16.03.2010	Hann	5	Storfjord	Troms
M404723	2053	06.05.2010	Tispe	5	Kvænangen	Troms
M404442	2106	05.12.2009	Hann	4	Målselv	Troms
M404423	2112	30.10.2009	Tispe	4	Målselv	Troms
M405074	2284	04.05.2011	Tispe	4	Målselv	Troms
M404703	2123	21.04.2010	Tispe	3	Nordreisa	Troms
M405049	2375	05.04.2011	Hann	3	Skånland	Troms
M405050	1160	05.04.2011	Tispe	2	Gratangen	Troms
M404725	2038	07.05.2010	Tispe	2	Nordreisa	Troms
M404622	2117	02.03.2010	Tispe	2	Lenvik	Troms
M404561	2385	15.02.2010	Hann	2	Storfjord	Troms
M404729	2386	14.05.2010	Tispe	2	Gratangen	Troms
M404601	2288	28.02.2010	Tispe	1	Storfjord	Troms

M404461	2293	27.01.2010	Hann	1	Salangen	Troms
M405051	2081	07.04.2011	Tispe	7	Kautokeino	Finnmark
M405073	2124	03.05.2011	Tispe	6	Tana	Finnmark
M404592	2085	24.02.2010	Hann	5	Kautokeino	Finnmark
M404906	2134	05.02.2011	Hann	5	Tana	Finnmark
M404709	2137	26.04.2010	Tispe	5	Nesseby	Finnmark
M404526	2066	09.02.2010	Hann	4	Tana	Finnmark
M404527	2078	10.02.2010	Tispe	4	Tana	Finnmark
M404837	2333	28.01.2011	Hann	3	Vadsø	Finnmark
M404923	2338	08.02.2011	Hann	3	Tana	Finnmark
M404938	2340	12.02.2011	Hann	3	Nesseby	Finnmark
M404717	2394	09.05.2010	Tispe	3	Måsøy	Finnmark
M404548	2257	12.02.2010	Hann	2	Tana	Finnmark
M404547	2267	11.02.2010	Tispe	2	Tana	Finnmark
M404463	2268	30.01.2010	Hann	2	Sør-Varanger	Finnmark
M404934	2272	11.02.2011	Tispe	2	Porsanger	Finnmark
M404464	2342	31.01.2010	Hann	2	Nesseby	Finnmark
M404549	2343	12.02.2010	Tispe	2	Vadsø	Finnmark
M404928	2399	09.02.2011	Hann	2	Tana	Finnmark
M404951	2401	15.02.2011	Hann	2	Tana	Finnmark
M404833	2132	20.01.2011	Hann		Porsanger	Finnmark
M404950	2346	13.02.2011	Hann		Tana	Finnmark

Ettåringer eller eldre ikke kjent fra ekskrementmaterialet

RovbaseID	Individ	Dødsdato	Kjønn	Alder	Kommune	Fylke
M404518	405	06.02.2010	Tispe	1	Trysil	Hedmark
M404477	411	31.01.2010	Hann	1	Trysil	Hedmark
M404407	412	29.09.2009	Tispe	1	Stor-Elvdal	Hedmark
M404860	456	03.02.2011	Hann	1	Surnadal	Møre & Romsdal
M404954	2559	15.02.2011	Hann	1	Surnadal	Møre & Romsdal
M404450	408	02.01.2010	Tispe	3	Oppdal	Sør-Trøndelag
M404440	404	30.11.2009	Tispe	1	Meldal	Sør-Trøndelag
M404441	406	04.12.2009	Hann	1	Oppdal	Sør-Trøndelag

M404448	407	02.01.2010	Hann	1	Oppdal	Sør-Trøndelag
M404614	619	02.03.2010	Tispe	2	Namsskogan	Nord-Trøndelag
M404967	2555	22.02.2011	Tispe	2	Nærøy	Nord-Trøndelag
M404612	618	27.02.2010	Tispe	1	Namsos	Nord-Trøndelag
M404514	620	06.02.2010	Hann	1	Stjørdal	Nord-Trøndelag
M404413	2404	05.10.2009	Tispe	8	Sørfold	Nordland
M404418	2198	04.10.2009	Tispe	6	Tysfjord	Nordland
M404836	2538	26.01.2011	Tispe	2	Vefsn	Nordland
M404419	2411	08.10.2009	Hann	1	Grane	Nordland
M404883	2557	05.02.2011	Tispe	1	Sørfold	Nordland
M405099	2449	20.05.2011	Tispe	3	Balsfjord	Troms
M405032	2554	29.03.2011	Tispe	3	Salangen	Troms
M404895	2564	07.02.2011	Hann	3	Lavangen	Troms
M404949	2541	14.02.2011	Hann	2	Lavangen	Troms
M404801	2556	30.11.2010	Tispe	2	Målselv	Troms
M404600	2408	28.02.2010	Tispe	1	Storfjord	Troms
M404656	2409	15.03.2010	Tispe	1	Storfjord	Troms
M404522	2410	08.02.2010	Hann	1	Bardu	Troms
M404438	2414	26.11.2009	Hann	1	Målselv	Troms
M404428	2421	05.11.2009	Hann	1	Målselv	Troms
M404662	2428	21.03.2010	Tispe	1	Lavangen	Troms
M404551	2430	13.02.2010	Tispe	1	Salangen	Troms
M404528	2407	10.02.2010	Hann	6	Nesseby	Finnmark
M405048	2565	07.04.2011	Tispe	5	Lebesby	Finnmark
M404932	2568	10.02.2011	Hann	5	Porsanger	Finnmark
M405077	2560	05.05.2011	Tispe	3	Tana	Finnmark
M404459	2405	20.01.2010	Tispe	2	Sør-Varanger	Finnmark
M404422	2420	10.10.2009	Hann	2	Nesseby	Finnmark
M404922	2558	08.02.2011	Hann	2	Tana	Finnmark
M404555	2406	14.02.2010	Hann	1	Nesseby	Finnmark
M404595	2438	25.02.2010	Hann	1	Alta	Finnmark
M404414	2441	25.09.2009	Hann	1	Porsanger	Finnmark
M404921	2539	03.02.2011	Hann	1	Lebesby	Finnmark

Nullåringer						
RovbaseID	Individ	Dødsdato	Kjønn	Alder	Kommune	Fylke
M404771	449	10.09.2010	Hann	0	Lesja	Oppland
M404775	450	28.09.2010	Tispe	0	Ringebu	Oppland
M404743	413	27.04.2010	Tispe	0	Stor-Elvdal	Hedmark
M404744	414	27.04.2010	Hann	0	Stor-Elvdal	Hedmark
M404785	451	17.10.2010	Hann	0	Tynset	Hedmark
M404791	452	06.11.2010	Tispe	0	Tynset	Hedmark
M404828	453	11.12.2010	Hann	0	Engerdal	Hedmark
M404829	454	12.12.2010	Tispe	0	Engerdal	Hedmark
M405037	457	28.03.2011	Hann	0	Rendalen	Hedmark
M405038	458	28.03.2011	Tispe	0	Rendalen	Hedmark
M405039	459	28.03.2011	Hann	0	Rendalen	Hedmark
M405055	460	06.04.2011	Hann	0	Rendalen	Hedmark
M405056	461	06.04.2011	Hann	0	Rendalen	Hedmark
M405057	462	06.04.2011	Hann	0	Rendalen	Hedmark
M405059	463	05.04.2011	Hann	0	Stor-Elvdal	Hedmark
M405060	464	05.04.2011	Hann	0	Stor-Elvdal	Hedmark
M405189	472	01.04.2011	Ukjent	0	Trysil	Hedmark
M404714	415	29.04.2010	Hann	0	Neset	Møre & Romsdal
M404715	416	29.04.2010	Tispe	0	Neset	Møre & Romsdal
M405066	465	29.04.2011	Hann	0	Rindal	Møre & Romsdal
M405067	466	29.04.2011	Tispe	0	Rindal	Møre & Romsdal
M405068	467	29.04.2011	Hann	0	Rindal	Møre & Romsdal
M404756	5580	19.08.2010	Tispe	0	Sunndal	Møre & Romsdal
M404707	418	26.04.2010	Tispe	0	Oppdal	Sør-Trøndelag
M404708	419	26.04.2010	Hann	0	Oppdal	Sør-Trøndelag
M404730	420	19.05.2010	Hann	0	Oppdal	Sør-Trøndelag
M404731	421	19.05.2010	Hann	0	Oppdal	Sør-Trøndelag
M404698	422	21.04.2010	Tispe	0	Rennebu	Sør-Trøndelag
M404699	423	22.04.2010	Hann	0	Rennebu	Sør-Trøndelag
M404700	424	22.04.2010	Hann	0	Rennebu	Sør-Trøndelag
M405122	2553	01.04.2011	Ukjent	0	Tydal	Sør-Trøndelag

M405097	5581	15.03.2011	Tispe	0	Snåsa	Nord-Trøndelag
M404410	2412	01.10.2009	Tispe	0	Saltdal	Nordland
M404436	2413	23.11.2009	Hann	0	Saltdal	Nordland
M404431	2422	17.11.2009	Tispe	0	Saltdal	Nordland
M404764	2447	04.05.2010	Ukjent	0	Saltdal	Nordland
M404765	2534	15.06.2010	Ukjent	0	Narvik	Nordland
M404793	2536	13.11.2010	Hann	0	Beiarn	Nordland
M404831	2537	10.01.2011	Hann	0	Saltdal	Nordland
M405081	2549	07.05.2011	Hann	0	Rana	Nordland
M405082	2550	07.05.2011	Tispe	0	Rana	Nordland
M405083	2551	07.05.2011	Hann	0	Rana	Nordland
M405111	2552	06.05.2011	Ukjent	0	Hattfjelldal	Nordland
M404766	2432	15.04.2010	Ukjent	0	Kåfjord	Troms
M404702	2433	21.04.2010	Hann	0	Nordreisa	Troms
M404704	2434	21.04.2010	Hann	0	Nordreisa	Troms
M404724	2435	07.05.2010	Hann	0	Nordreisa	Troms
M404721	2436	06.05.2010	Hann	0	Kvæningen	Troms
M404722	2437	06.05.2010	Hann	0	Kvæningen	Troms
M404728	2448	14.05.2010	Tispe	0	Gratangen	Troms
M404970	2542	22.02.2011	Hann	0	Målselv	Troms
M405061	2543	13.04.2011	Hann	0	Nordreisa	Troms
M405075	2546	04.05.2011	Tispe	0	Målselv	Troms
M405076	2547	04.05.2011	Tispe	0	Målselv	Troms
M404718	2439	09.05.2010	Hann	0	Måsøy	Finnmark
M404719	2440	09.05.2010	Hann	0	Måsøy	Finnmark
M404710	2444	26.04.2010	Tispe	0	Nesseby	Finnmark
M404711	2445	26.04.2010	Tispe	0	Nesseby	Finnmark
M404712	2446	26.04.2010	Hann	0	Nesseby	Finnmark
M404772	2535	24.06.2010	Ukjent	0	Lebesby	Finnmark
M404940	2540	12.02.2011	Hann	0	Tana	Finnmark
M405070	2544	29.04.2011	Hann	0	Tana	Finnmark
M405072	2545	03.05.2011	Hann	0	Tana	Finnmark
M405078	2548	05.05.2011	Hann	0	Tana	Finnmark

M405052	2566	07.04.2011	Hann	0	Kautokeino	Finnmark
M405053	2567	07.04.2011	Hann	0	Kautokeino	Finnmark
Jerver av ukjent alder ikke kjent fra ekskrementmaterialet						
RovbaseID	Individ	Dødsdato	Kjønn	Alder	Kommune	Fylke
M405086	409	09.05.2011	Tispe		Luster	Sogn & Fjordane
M404877	470	05.02.2011	Hann		Skjåk	Oppland
M404937	471	12.02.2011	Hann		Sel	Oppland
M404449	417	02.01.2010	Tispe		Surnadal	Møre & Romsdal
M404799	2563	17.11.2010	Hann		Saltdal	Nordland
M404487	2429	01.02.2010	Tispe		Salangen	Troms
M404429	2431	07.11.2009	Tispe		Balsfjord	Troms
M405071	2561	01.05.2011	Tispe		Gratangen	Troms
M404445	2442	16.12.2009	Tispe		Porsanger	Finnmark
M404451	2443	01.01.2010	Tispe		Porsanger	Finnmark
M404952	2562	14.02.2011	Tispe		Tana	Finnmark
Manglende eller ikke-fungerende prøver						
RovbaseID	Individ	Dødsdato	Kjønn	Alder	Kommune	Fylke
M404827		11.12.2010	Hann		Alvdal	Hedmark
M404781		09.10.2010	Tispe		Tynset	Hedmark
M404778		01.08.2010	Hann	4	Grong	Nord-Trøndelag
M404761		11.05.2010	Ukjent	0	Fosnes	Nord-Trøndelag
M405142		01.06.2010	Ukjent	3	Hamarøy	Nordland
M404763		21.05.2010	Ukjent	0	Gildeskål	Nordland
M405115		01.05.2011	Ukjent	0	Saltdal	Nordland
M405116		01.05.2011	Ukjent	0	Saltdal	Nordland
M404767		17.08.2010	Ukjent	0	Bardu	Troms
M404768		17.08.2010	Ukjent	0	Bardu	Troms
M404689		30.03.2010	Tispe		Krokom	Jämtland, Sverige



Rovdata leverer overvåkingsdata og bestandstall for gaupe, jerv, brunbjørn, ulv og kongeørn i Norge til forvaltning, media og publikum.

Rovdata er en enhet i Norsk institutt for naturforskning

ISSN:1504-3312
ISBN: 978-82-426-2438-3

Grafisk utforming: K. Sivertsen/NINA
Foto på omslag: Lars Krempig, John Linnell,
Roy Andersen, Per Jordhøy, Espen Lie Dahl.

Norsk institutt for naturforskning

NINA Hovedkontor

Postadresse: Postboks 5685 Sluppen, NO-7485 Trondheim

Besøks/leveringsadresse: Tungasletta 2, NO-7047 Trondheim

Telefon: 73 80 14 00, Telefaks: 73 80 14 01

E-post: firmapost@nina.no

Organisasjonsnummer 9500 37 687

<http://www.nina.no>

Samarbeid og kunnskap for framtidens miljøløsninger