

ROVDATA



DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2012

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

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 jervebestanden 2012

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

Flagstad, Ø., Brøseth, H., Balstad, T., Søgård, C. D., Johansson, M., Magnusson, J., Eriksen, L. B., Hagen, M., Tovmo, M. & Ellegren, H. 2013. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2012. - NINA Rapport 921. 27 s.

Trondheim, juni 2013

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-2525-0

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.)

OPPDRAGSGIVER(E)

Direktoratet for naturforvaltning

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER

Terje Bø

NØKKELOD

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

KEY WORDS

Wolverine, *Gulo gulo*, scats, DNA, population size, 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., Brøseth, H., Balstad, T., Søgaard, C. D., Johansson, M., Magnusson, J., Eriksen, L. B., Hagen, M., Tovmo, M. & Ellegren, H. 2013. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2012 - NINA Rapport 921. 27 s.

Genetiske analyser er nå 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.

I denne rapporten redegjør vi for antall ulike individer identifisert fra DNA i Norge, Sverige og Finland vinteren 2011/2012. Antall identifiserte individer kan sees på som et minimumstall for bestandsstørrelse. Metodikken for bestandsestimering fra DNA-identifiserte individer er under evaluering, og det er foreløpig ikke klart hvor stor andel av den faktiske bestandsstørrelsen disse minimumstallene utgjør. I Norge vurderes denne andelen å være høy, da det generelt er god dekningsgrad i innsamlingen, et stort antall analyserte prøver, og en høy andel tidligere kjente individer blant felte voksne jerver. På landsbasis ble det identifisert 390 individer i 2012, som er en betydelig økning fra i underkant av 300 individer i 2010 og 2011. Antall registrerte individer fra DNA er nå for første gang siden den landsdekkende innsamlingen startet i 2008 nær identisk med bestandsestimatet fra yngleregistreringene, som i 2012 var på 395 jerver.

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. Denne delbestanden strekker seg på norsk side fra Hedmark i sør til grensa mellom Nordland og Troms. Nesten all svensk jerv tilhører også denne delbestanden. (3) Jerv i Troms, Finnmark, Nord-Finland og den aller nordligste delen av Sverige (nord for Torneträsk). I de to nordligste delbestandene har innsamlingen av DNA på svensk side vært for sporadisk til å gi et representativt bilde av bestandsutviklingen, men vurdert fra de årlige yngleregistreringene har det vært en jevn bestandsøkning den siste femårsperioden. Den midtre delbestanden framstår som spesielt robust med et bestandsanslag fra yngleregistreringene på drøyt 800 individer. Også den nordligste delbestanden virker å være relativt robust med en fordobling av antall registrerte ynglinger i løpet av den siste femårsperioden og en anslagsvis bestandsøkning på mer enn 50 % til nær 230 jerver i 2012. På norsk side er det de siste årene tatt ut over hundre jerver årlig, mens det på svensk side har vært minimal beskatning. Det er grunn til å anta at det er en netto innvandring fra Sverige i de nordligste områdene, og at det er noe av forklaringen på at bestanden ikke er redusert på tross av beskatningen.

Bestandsutviklingen i den minste delbestanden vest for Østerdalen synes å ha gått motsatt vei den siste femårsperioden. Anslagene basert på yngleregistreringene antyder en reduksjon på 10 - 15 % fra 79 individer i 2008 til 69 individer i 2012. En noe større reduksjon antydes fra DNA-analysene, der antall identifiserte individer fra DNA synker fra 83 til 63 i den samme femårsperioden. Denne delbestanden har en relativt lav egenrekruttering (9-14 årlige ynglinger) og moderat tilførsel av individer utenfra, og uttakene av jerv kan forklare reduksjonen i bestanden.

For å kunne gi mer nøyaktige tall på bestandsstørrelse og tallfeste bestandsendringer med bedre presisjon enn det vi kan i dag, er det svært viktig å få på plass god bestandsestimeringsmetodikk fra DNA. Dette arbeidet har høy prioritet inneværende år.

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

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

Abstract

Flagstad, Ø., Brøseth, H., Balstad, T., Sjøgaard, C. D., Johansson, M., Magnusson, J., Eriksen, L. B., Hagen, M., Tovmo, M. & Ellegren, H. DNA-based monitoring of the Scandinavian wolverine population 2012 - NINA Report 921. 27 pp.

Genetic analysis is now 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.

Here, we report on the number of individuals identified in Norway, Sweden and Finland during winter 2011/2012. The number of identified individuals represents a minimum estimate of the population size. The methods for population size estimation from the identification of individuals from DNA are under evaluation, and 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 2012, a total of 390 wolverines were identified from DNA, which is a substantial increase from less than 300 individuals in 2010 and 2011. The number of identified wolverines is almost identical to the population size estimate of 395 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). As suggested from the number of active natal dens, there has been a steady increase in the two northernmost subpopulations over the last five years. The population size has decreased in the smallest subpopulation west of Østerdalen. The eastern sub-population seems particularly robust with a population size estimate from the den counting of more than 800 individuals. The northernmost sub-population also seems quite robust with a doubling in the number of reproductions during the last five years and an estimated >50 % increase in population size to about 230 wolverines in 2012. On the Norwegian side of the border, there has been a yearly harvest of more than 100 wolverines, whereas harvest has been negligible in Sweden. Despite substantial harvest, the population is not decreasing in Eastern and Northern Norway, and likely immigration from Sweden may partly explain this pattern.

The situation appears quite opposite in the smallest subpopulation west of Østerdalen. As estimated from the yearly den counting, the population size appears to have been reduced by 10-15 %; from 79 individuals in 2008 to 69 individuals in 2012. In the same five-year period the number of DNA-identified individuals decreased from 83 to 63. The subpopulation has a relatively low recruitment basis (9-14 yearly reproductions) and moderate immigration from outside. Wolverine harvest may thus explain the reduction in population size.

To provide more precise estimates and quantify changes in population size with higher precision, it will be important to find good methods to estimate the population size also from DNA-identified individuals. This work has the highest priority during the coming year.

Øystein Flagstad, Henrik Brøseth, Torveig Balstad, Caroline Danielsen Sjøgaard, Line Birke-land Eriksen and Merethe Hagen. Norwegian Institute for Nature Research, PO Box 5685 Sluppen, 7485 Trondheim. oystein.flagstad@nina.no, henrik.broseth@nina.no

Malin Johansson, Jessica Magnusson 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	8
3 Resultater	9
3.1 Analyserte prøver i Norge, Sverige og Finland.....	9
3.2 Det norske materialet	11
3.2.1 Antall individer og kjønnsfordeling	11
3.2.2 Vevsprøver av felte jerver.....	12
3.2.3 Radiomerkede jerver	12
3.3 Det svenske materialet.....	18
3.4 Populasjonsstruktur.....	18
4 Diskusjon	21
5 Referanser	23
Vedlegg 1	24

Forord

Denne rapporten oppsummerer den DNA-baserte overvåkingen av jerv i Skandinavia vinteren 2011/2012. Vi vil benytte anledningen til å takke alle som har bidratt i innsamlingen 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.

Juni 2013, Øystein Flagstad

1 Innledning

Den skandinaviske jervbestanden er gjennom yngleregistreringer i 2008 - 2010 estimert til ca 1000 individer (Persson & Brøseth 2011). 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. Etterhvert har også DNA-analyser blitt en viktig del av jerveovervåkingen (Hedmark et al. 2004; Flagstad et al. 2005). Individidentifisering basert på DNA-profiler fra ekskrementer og hår har gitt en alternativ metode for estimering av bestandsstørrelse (Flagstad et al. 2004, 2008). DNA-analysene gir også kunnskap om enkeltindivider og deres rolle i bestanden, hvorvidt de er territorieholdende, reproduserende individer eller om de er ungjerver på vandring. Videre har DNA-analysene vist at den Skandinaviske jervpopulasjonen består av tre delbestander: **(1)** En sørvestlig delbestand av sørmorsk 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. 2012).

Utviklingen av en DNA-basert overvåkingsmetodikk for den skandinaviske jervebestanden ble initiert i år 2000. Det første året ble det samlet inn materiale hovedsakelig 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, 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 jervebestanden i 2012. 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.

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 naturbevakere i Länsstyrelsen.

DNA er i all hovedsak blitt isolert med en ekstraksjonsrobot for isolering av DNA. I tilfeller av vellykket ekstraksjon av jervspesifikt kjerne-DNA, har vi gjennomført genotyping på tvers av 11 mikrosatelittmarkører: 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) og to kjønnsmarkører (DBY3Ggu, DBY7Ggu; Hedmark et al. 2004). For mikrosatelittmarkørene kjørte vi tre uavhengige replikater pr prøve og markør, mens det for kjønnsstesten ble kjørt to uavhengige replikater. 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.

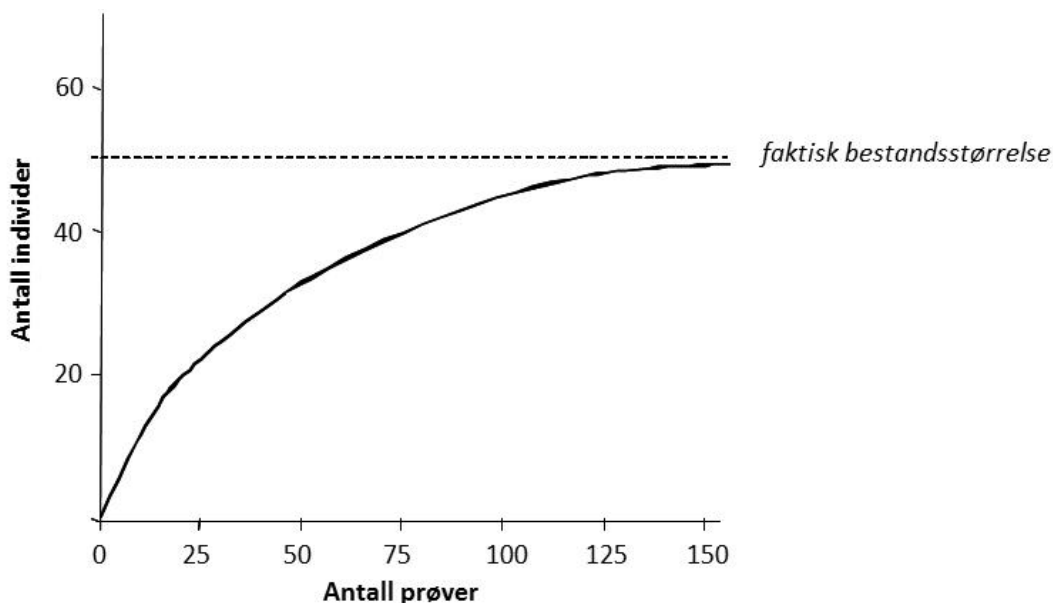
Basert på resultatene fra et pilotstudium (Hedmark et al. 2004), har vi valgt å legge følgende kriterier til grunn for robust genotyping. En prøve som er homozygot (dvs. har **én** genetisk variant) for et locus (markør), må vise dette i tre uavhengige replikater for at dette skal aksepteres som et autentisk 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. 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 Internasjonal ekspertise på bestandsestimering fra fangst/gjenfangst-metodikk i dette arbeidet. Arbeidet er ikke slutført ennå, og vi vil inntil videre kun rapportere antall ulike individer identifisert fra DNA i de ulike områdene i Norge, Sverige og Finland.

2.3 Oppdeling i delbestander

Som nevnt ovenfor, har vi tidligere vist at den skandinaviske jervpopulasjonen består av tre delbestander; en sørvestlig, en østlig og en nordlig. Vi brukte en bayesiansk clustringsanalyse (Pritchard et al. 2000) til å se på sannsynligheten for hvorvidt de identifiserte individene vinteren 2011/2012 er født i den delbestanden der de ble identifisert eller om de er immigranter.



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

3 Resultater

3.1 Analyserte prøver i Norge, Sverige og Finland

I alt 2160 prøver ble analysert ved DNA-laboratoriene på NINA og ved Uppsala Universitet (**Figur 2**). Totalt 1890 av prøvene (88 %) var av god nok kvalitet til å kunne artsbestemmes (**Tabell 1**). Av disse ble 1746 artsbestemt til jerv (92 %) mot 142 rødrev (8 %). Kun 2 prøver (~1 %) ble artsbestemt til fjellrev. Av de 1746 prøvene som ble artsbestemt til jerv, var 1337 av god nok kvalitet til å kunne individbestemmes (**Tabell 2**). Dette gir en suksessrate på 77 % av verifiserte jervprøver, som må sies å være tilfredsstillende. Suksessraten var høyest for de nordnorske prøvene (83 %), fulgt av Sør/Midt-Norge (76 %) og Sverige (70 %). For de finske prøvene var suksessraten betydelig lavere (42 %).

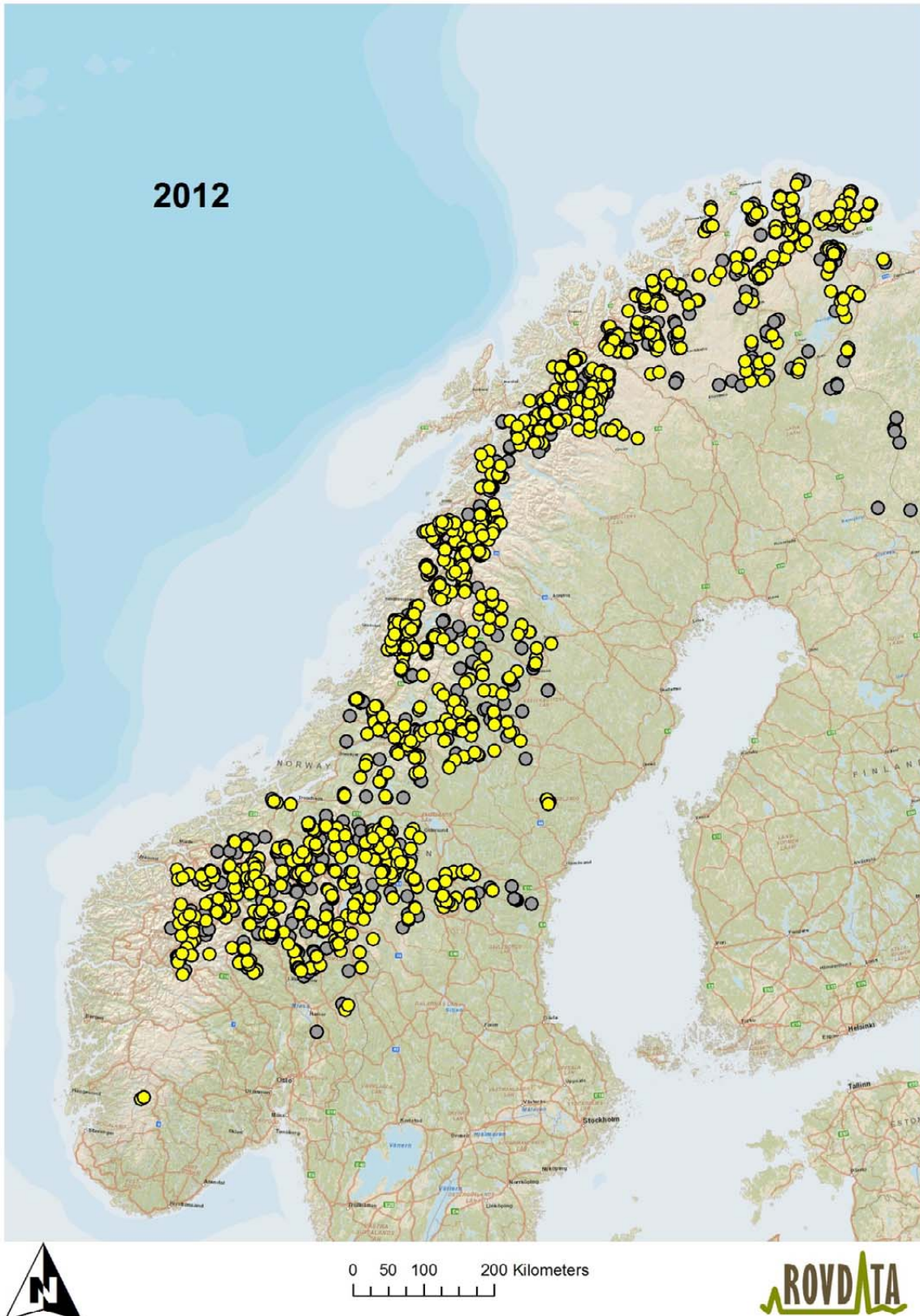
Tabell 1 Artstest for ekskrementer og hårprøver samlet inn vinteren 2011/2012 i Norge, Sverige og Finland.

	Sør- og Midt-Norge	Nord-Norge	Sverige	Finland	Sum
Jerv	473	775	450	48	1746
Rødrev	39	68	22	13	142
Fjellrev	0	2	0	0	2
Ukjent	142	80	42	6	270
Sum	654	925	514	67	2160

For å effektivisere laboratoriearbeidet, ble det i 2010 i større grad enn tidligere brukt automatiserte protokoller for håndtering av prøvene. For ytterligere å forenkle håndteringen av prøver i felt og lab, gikk vi i Norge over til å samle prøver på Silicagel i 2011. I 2011 hadde enkelte områder en svært lav andel fungerende prøver. En viktig årsak til dette var 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. Inspeksjon av innsamlet materiale fra vinteren 2011/2012 tydet på at tørkeprosessen hadde fungert langt bedre. Som forventet gav dette jevnt over en økt andel fungerende prøver. Enkelte områder har imidlertid fortsatt lavere suksessrate enn forventet. For eksempel har prøver av jervsekret gjennomgående fungert dårlig (Frode Aalbu, pers med). Slike prøver fungerte utmerket tidligere da innsamlet materiale ble frosset. Dette kan tyde på at lagring på Silica ikke er det beste for sekretprøver. En alternativ lagringsprotokoll vil bli testet for sekretprøver fra utvalgte områder som samles inn i vinter.

Tabell 2 Antall fungerende og ikke-fungerende prøver, dvs. prøver med og uten vellykket individbestemmelse, blant verifiserte jervekskrementer og -hår, samlet inn i Norge, Sverige og Finland vinteren 2011/2012.

	Sør- og Midt-Norge	Nord-Norge	Sverige	Finland	Totalt
Fungerende	358	645	315	20	1338
Ikke-fungerende	115	130	135	28	408
Sum	473	775	450	48	1746
Suksessrate	76 %	83 %	70 %	42 %	77 %

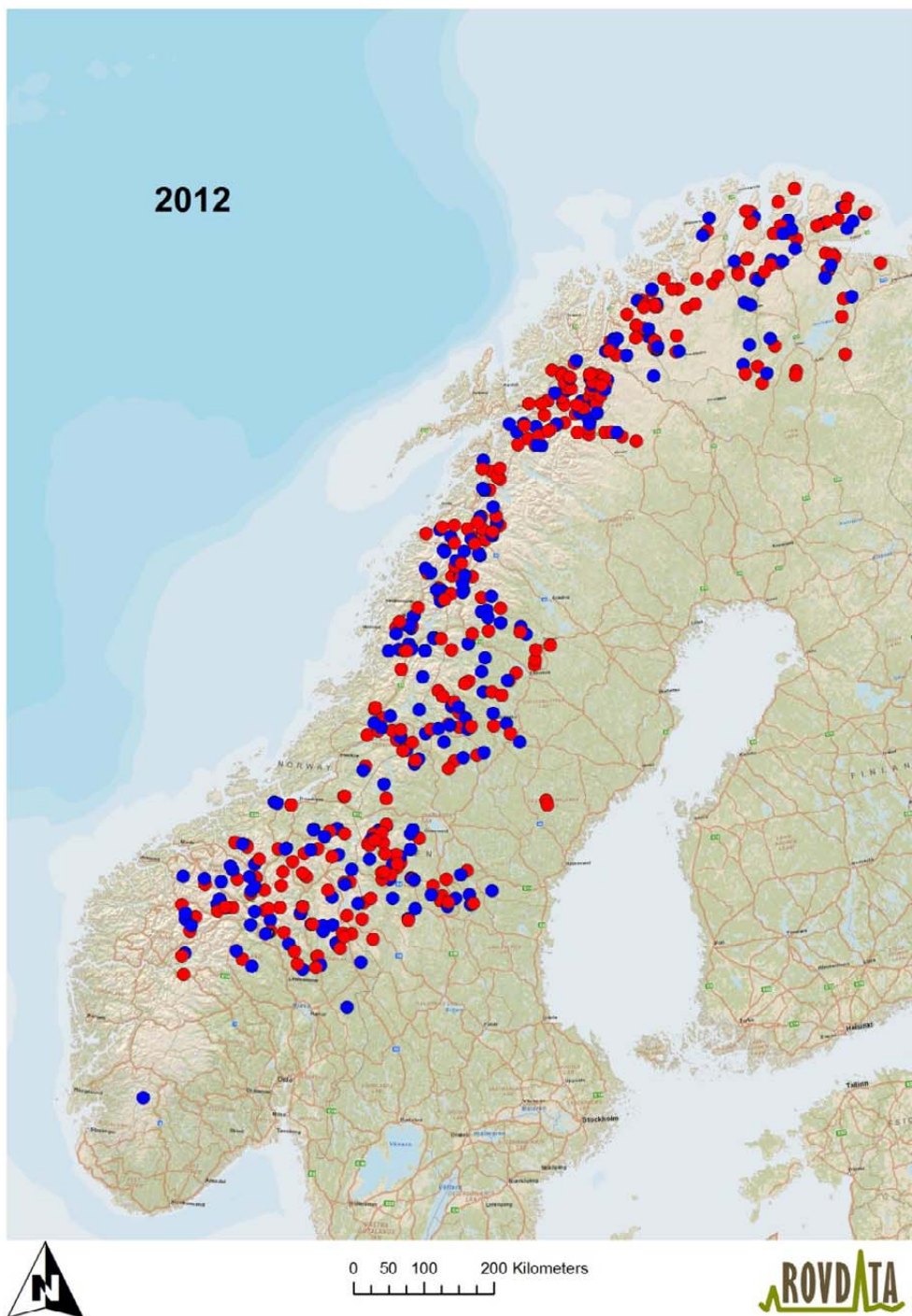


Figur 2 Geografisk fordeling av de 2160 analyserte prøvene som ble samlet inn i Norge, Sve- rige og Finland vinteren 2011/2012. Gul = fungerende, grå = ikke-fungerende.

3.2 Det norske materialet

3.2.1 Antall individer og kjønnsfordeling

Hele 1003 prøver samlet inn i Norge vinteren 2011/2012 var av god nok kvalitet til å individbestemmes. Dette er en betydelig økning fra ca. 750 fungerende prøver både i 2010 og 2011. De fungerende prøvene representerte 390 individer (**Figur 3**), som også er en betydelig økning fra 289 og 270 i henholdsvis 2010 og 2011. Vi identifiserte 226 tisper og 164 hanner, som gir en kjønnsfordeling på 58-42. Til sammenligning var kjønnsfordelingen i 2010 og 2011 henholdsvis 55-45 og 50-50.



Figur 3 Alle jervindivider identifisert fra prøveinnsamlingen i Fennoskandia vinteren 2011/2012, representert med sine respektive midtpunkter. Rød = tisper. Blå = hann.

Tabell 3 Antall identifiserte individer fra DNA-analysene i 2011 og 2012 sammenstilt med antall ynglinger og de tilhørende bestandsestimatene (Brøseth et al. 2011, 2012). N = Antall fungerende prøver og Id DNA = Antall identifiserte individer fra DNA.

Rovviltregion	2011				2012			
	N	Id DNA	Ant ynglinger	Popstr ynglinger	N	Id DNA	Ant ynglinger	Popstr ynglinger
Region 1	2	1	0	4	28	7	1	2
Region 2	1	1	0	-	1	1	0	-
Region 3	40	15	2	21	89	31	4	23
Region 4	0	0	0	-	0	0	0	-
Region 5	79	30	12	56	94	37	10	66
Region 6	108	50	12	82	146	64	13	82
Region 7	297	90	14	78	294	101	12	80
Region 8	222	86	18	125	351	155	28	142
Hele landet	749	270	58	370	1003	390	68	395

De 390 identifiserte jervene fordeler seg mellom rovviltregionene som angitt i **Tabell 3**. Sammenligner man antall jerv registrert i 2011 og 2012 er det en klar økning i alle regioner. Den største økningen finner vi i region 8, fra 86 til 155 individer. 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 de ulike regionene eller Norge totalt. På landsbasis er antall jerv identifisert fra DNA er så å si identisk med bestandsestimatet fra yngleregistreringene. Ser man på regionene hver for seg er det naturlig nok større sprik mellom tallene. I region 1, 3 og 7 er det flere jerver identifisert fra DNA enn det som ble estimert fra yngleregistreringene, mens det motsatte er tilfellet for region 5 og 6. I region 8 er det god overensstemmelse mellom tallene fra de to overvåkingsmetodene.

3.2.2 Vevsprøver av felte jerver

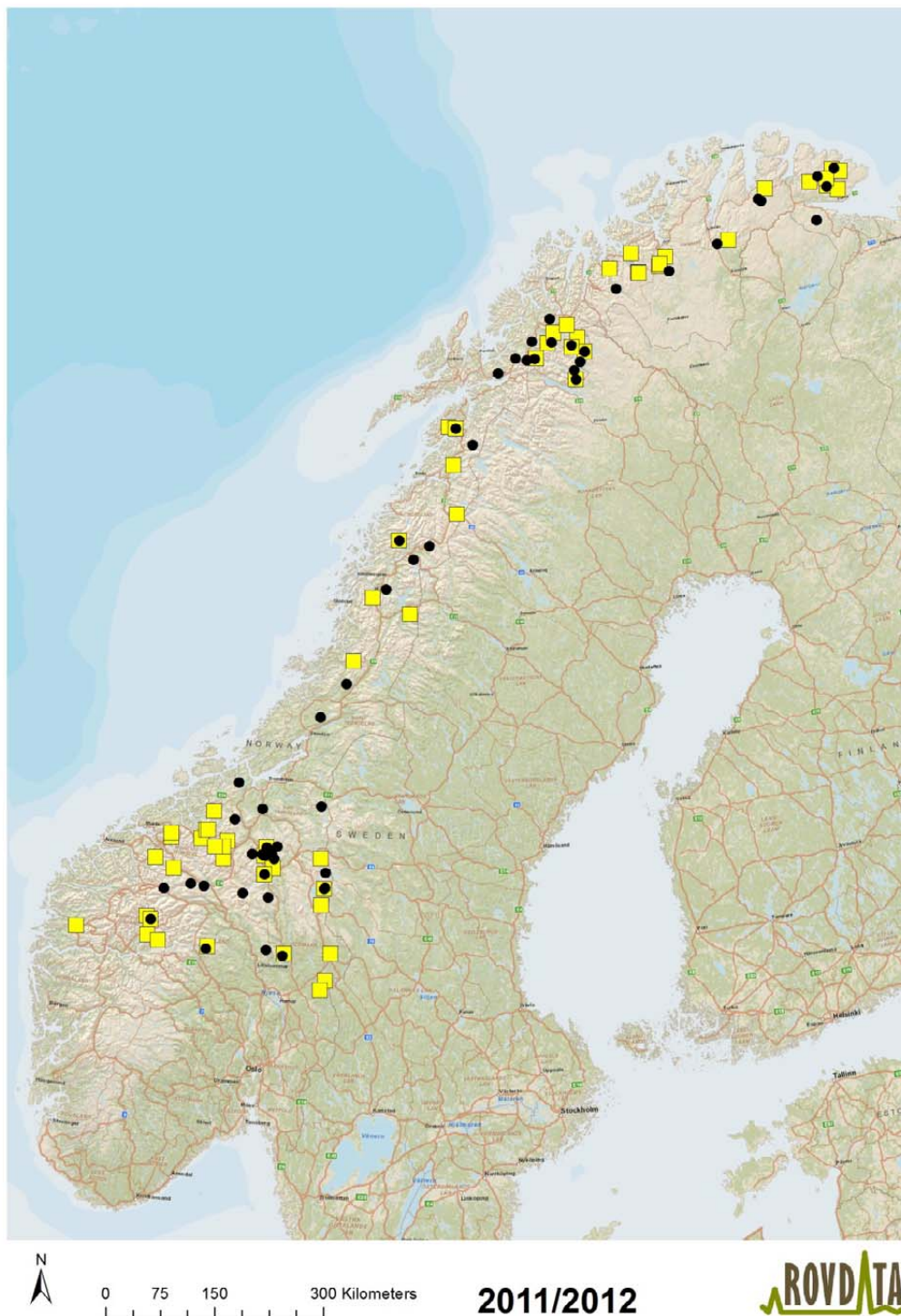
Totalt 128 jerver ble felt eller funnet døde i Norge i perioden 01.06.2011 – 31.05.2012 (**Figur 4; Vedlegg 1**). 124 av disse fikk en fullstendig DNA-profil etter vellykket DNA-analyse. Tre av de fire individene uten DNA-profil var vanskelig materiale av jerver som var funnet enten som nullåringer på hilokaliteten eller som voksne ute i terrenget, der DNA var brutt ned og analysene ikke fungerte.

I alt 114 av de døde jervene var aldersbestemt ved NINA. Hele 69 av disse var null- eller ettåringer. Som forventet var svært få av disse identifisert fra tidligere DNA-analyser; ingen av de 50 nullåringene og kun 4 av de 19 ettåringene. Nær halvparten av toåringene (7 av 16) var kjent fra før, mens så å si alle individer som ble aldersbestemt til 3 år eller eldre (26 av 29) var gjenfunn av tidligere DNA-analyserte jerver.

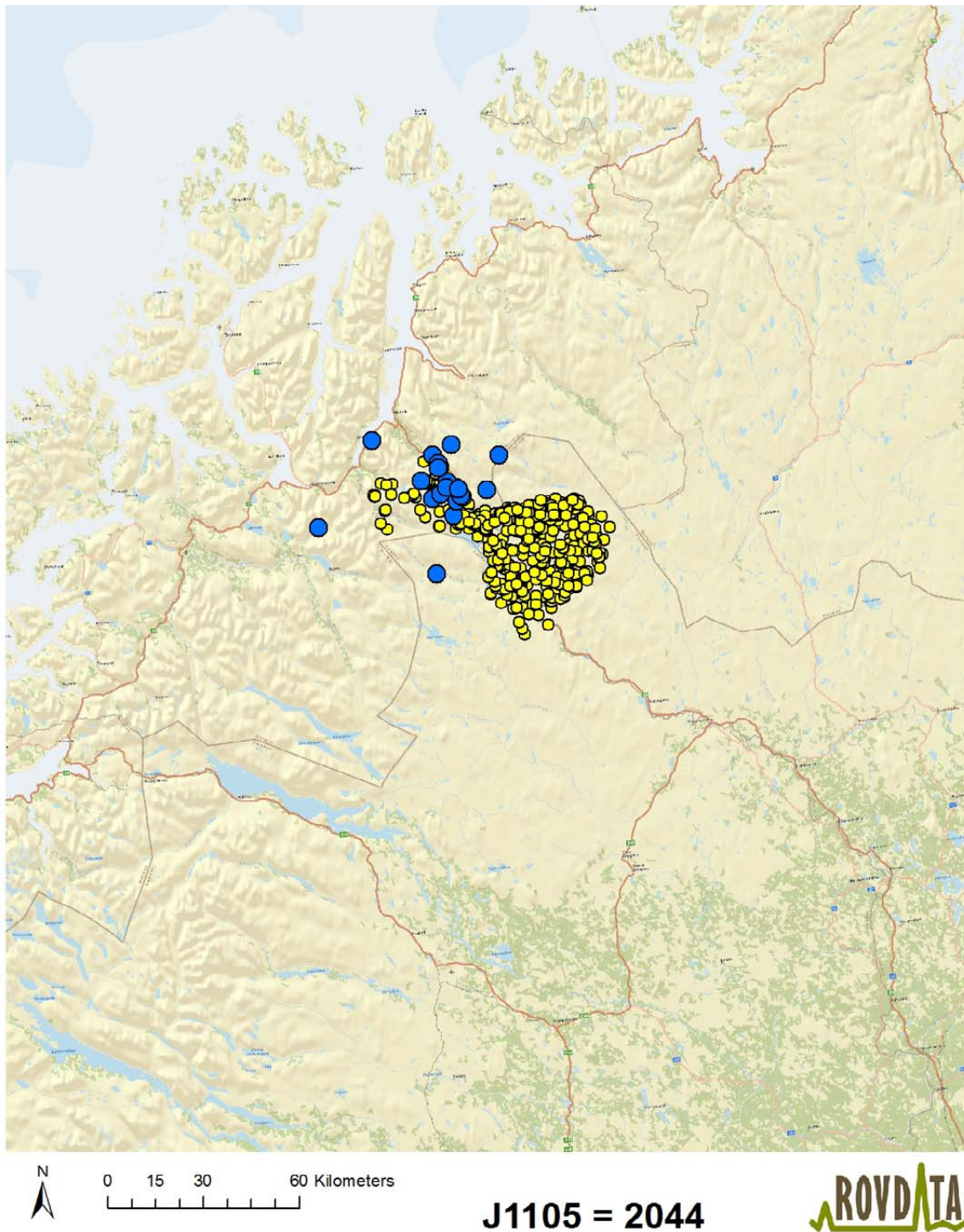
3.2.3 Radiomerkede jerver

Som et ledd i NINAs forskning på jerv har det opp gjennom årene blitt gjennomført flere merkeprosjekter, der både voksne og valper er blitt radio- eller ID-merket: **1)** Bardu [1996-2002], **2)** Sør-Norge [2002-2007], **3)** Troms og Finnmark [2010-2012] og **4)** Midt-Norge [2012-]. Alle merka dyr er blitt DNA-analysert og på denne måten kan man gjennom ekskrement- og hårinnsamlingen i regi av overvåkingsprogrammet fortsette å følge de ulike individene også etter at sendere har falt av eller sluttet å fungere. Av jervene som ble merket i Bardu er naturlig nok

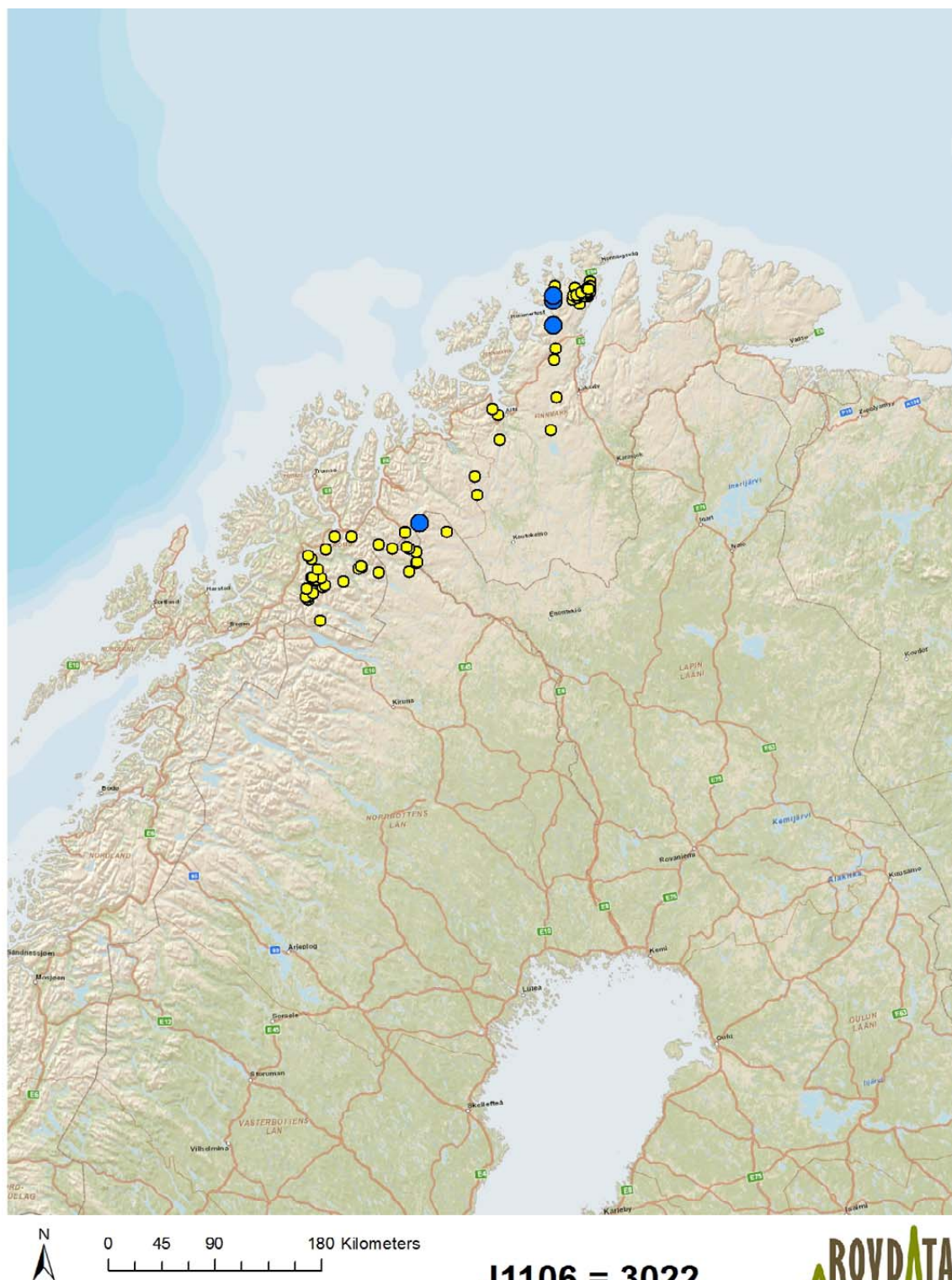
kun et fåtall gjenfunnet fra DNA (7 av 54). En betydelig større andel (36 av 59) av de som ble merket i Sør-Norge er gjenfunnet, mens de merkede jervene i Troms, Finnmark og Midt-Norge i enda større grad er identifisert fra ekskrement- og hårmaterialet (21 av 29). **Figur 5-8** viser noen eksempler på merkede dyr som er gjenfunnet fra DNA.



Figur 4 Felte jerver i perioden 1. juni 2011 – 31. mai 2012. Gule firkanter representerer voksne individer, mens 0-åringer er representert med en svart sirkel.



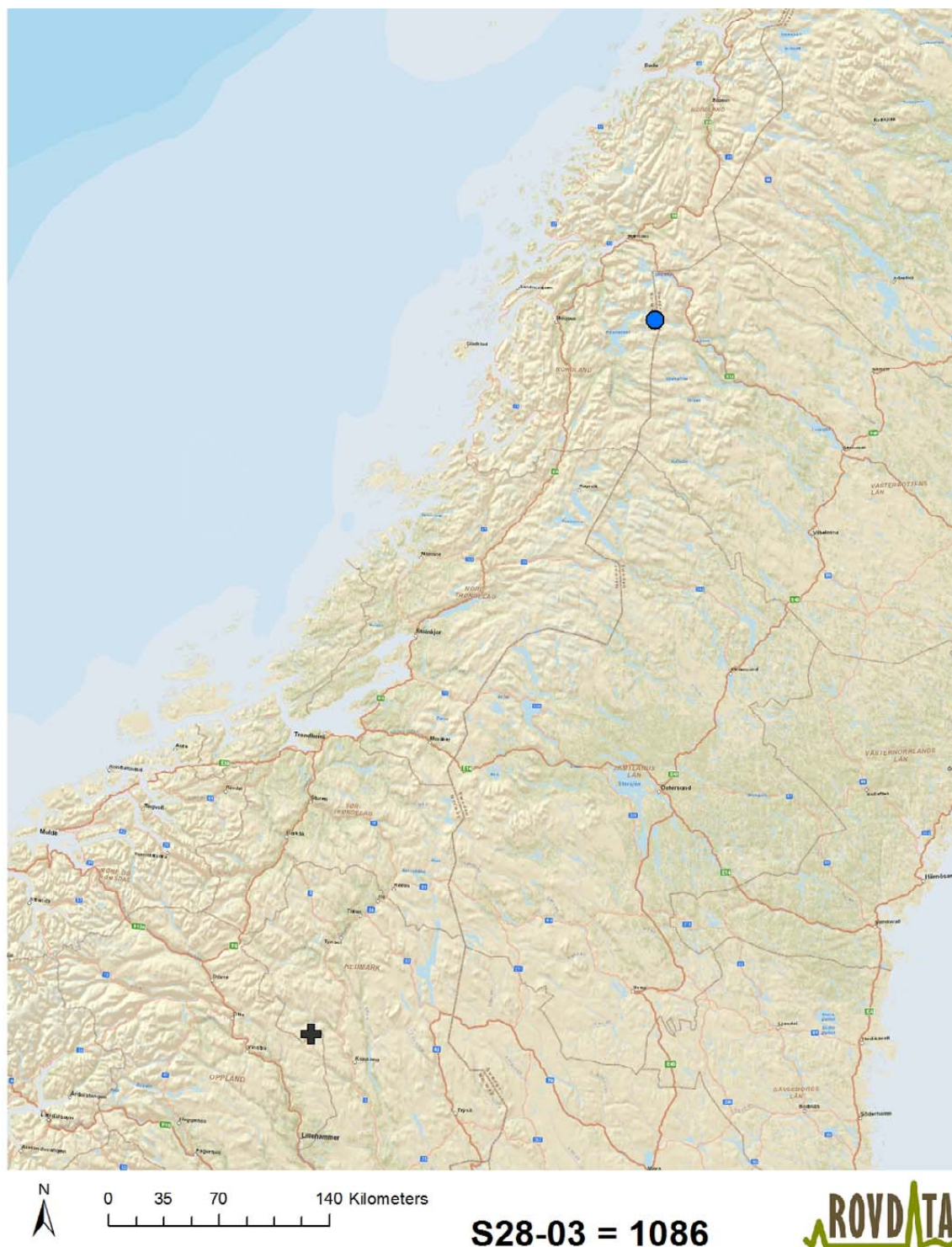
Figur 5 Observasjoner av Ind2044 fra ekskrement og hår (blå symboler) og registreringer fra GPS-senderen hans (gule symboler). Denne jerven ble identifisert første gang fra DNA i Nord-Sverige vinteren 2005/2006 og foreløpig siste gang i mars 2011. Kombinasjonen av DNA og GPS-posisjoner viser at han har eller har hatt et stort territorium på et par tusen kvadratkilometer i grenseområdet mellom Troms, Nord-Sverige og Nord-Finland.



Figur 6 Observasjoner av Ind3022 fra ekskrement og hår (blå symboler) og registreringer fra GPS-senderen hans (gule symboler). Denne jerven ble identifisert første gang fra DNA i Nord-Finland i mars 2011 og ble merket som ung jerv samme vinter. I løpet av et par uker i månedsskiftet mai/juni vandret han ut til Porsangerhalvøya, der han tilsynelatende har slått seg ned. Påfølgende vinter ble han identifisert gjennom tre ekskrementprøver i det samme området.



Figur 7 Observasjoner av Ind222 fra ekskrement og hår (blå symboler). Denne jerven ble født på en hilokalitet i Gråfjell i Åmot kommune (svart kors), og ble første gang identifisert fra DNA to år senere i Härjedalen hvor han slo seg ned. Totalt 23 prøver samlet inn fra 2005-2010 dekker et område på ca 1000 kvadratkilometer, men de siste tre årene synes han å ha oppholdt seg i hovedsak i et mer begrenset område på ca 400 kvadratkilometer i Helags, som er den svenske forlengelsen av Sylane.



Figur 8 Observasjoner av Ind1086 fra ekskrement og hår (blått symbol). Denne jerven ble født på en hilokalitet i Nord-Fron kommune i 2003 og ble to år senere identifisert fra DNA fra en ekskrementprøve samlet inn i Hemnes kommune rett ved grensen mot Sverige. Med sine 505 kilometer fra fødereviret var dette lenge den lengste dokumenterte utvandringen av jerv. Siden den gang har ikke denne jerven vært identifisert, men på svensk side av grensen har det fram til nå vært svært begrenset innsamling av DNA i dette området. Fra vinteren 2012/2013 vil DNA-innsamlingen i Sverige gjennomføres over hele landet på tilsvarende måte som i Norge.

Tabell 4 Antall identifiserte individer fra DNA i Sverige i 2011 og 2012.

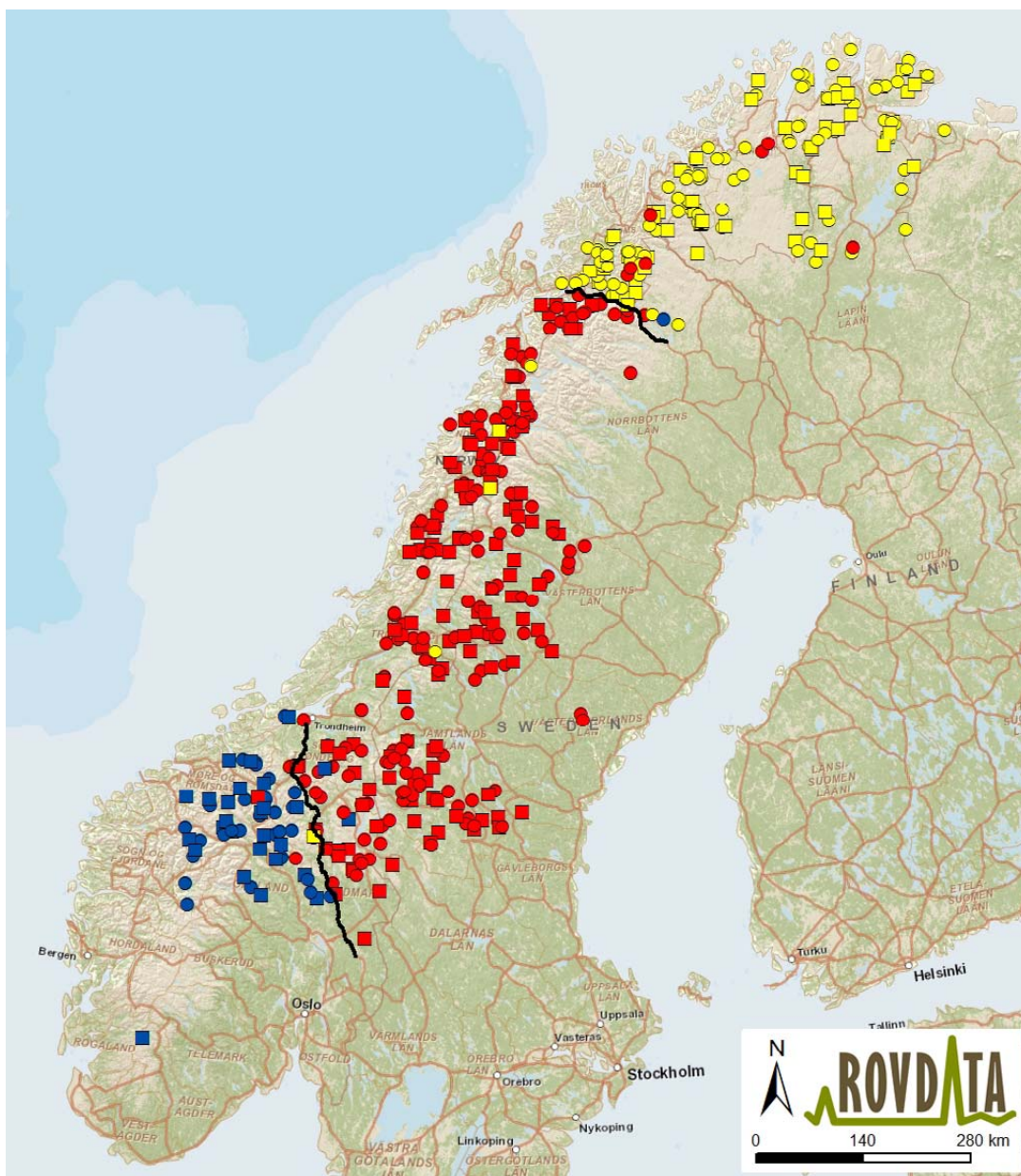
Län	2011		2012	
	N	Id DNA	N	Id DNA
Dalarna	-	-	21	5
Västernorrland	22	11	9	5
Jämtland	187	72	182	75
Västerbotten	50	34	68	40
Norrbottn	41	26	35	21
Sverige	300	142	315	145

3.3 Det svenske materialet

Totalt 315 prøver samlet inn i Sverige vinteren 2011/2012 var av god nok kvalitet til å individbestemmes. De fungerende prøvene representerte 145 individer. Som i Norge var tisper i klar overvekt; 81 mot 64 (**Figur 3**). I Sverige kan den skjeve kjønnsfordelingen i prøvematerialet delvis skyldes at man stort sett har samlet inn prøver i tilknytning til ynglelokalitetene, slik at ynglende tisper blir overrepresentert. De identifiserte jervene fordeler seg mellom de ulike länenene som angitt i **Tabell 4**. En del av observasjonene ble gjort i forbindelse med barmarks-kontroller på potensielle ynglelokaliteter, så noen av individene som er identifisert er med stor sannsynlighet årssvalper. Det er viktig å påpeke at antall individer identifisert fra DNA på ingen måte reflekterer antall jerv i de respektive länenene, med mulig unntak for Jämtland sør for E14. Dette skyldes at länsstyrelsene i all hovedsak har fokusert på ynglinger, og at DNA-innsamlingen først og fremst har vært brukt som et verktøy for å vurdere hvorvidt nærliggende hilokaliteter representerer en eller flere ynglinger. Fra vintersesongen 2012/2013 vil imidlertid også svenskenes innsamling være rettet mot å dekke størst mulig andel av populasjonen, slik at man kan få representative bestandsestimat i både Norge og Sverige basert på DNA.

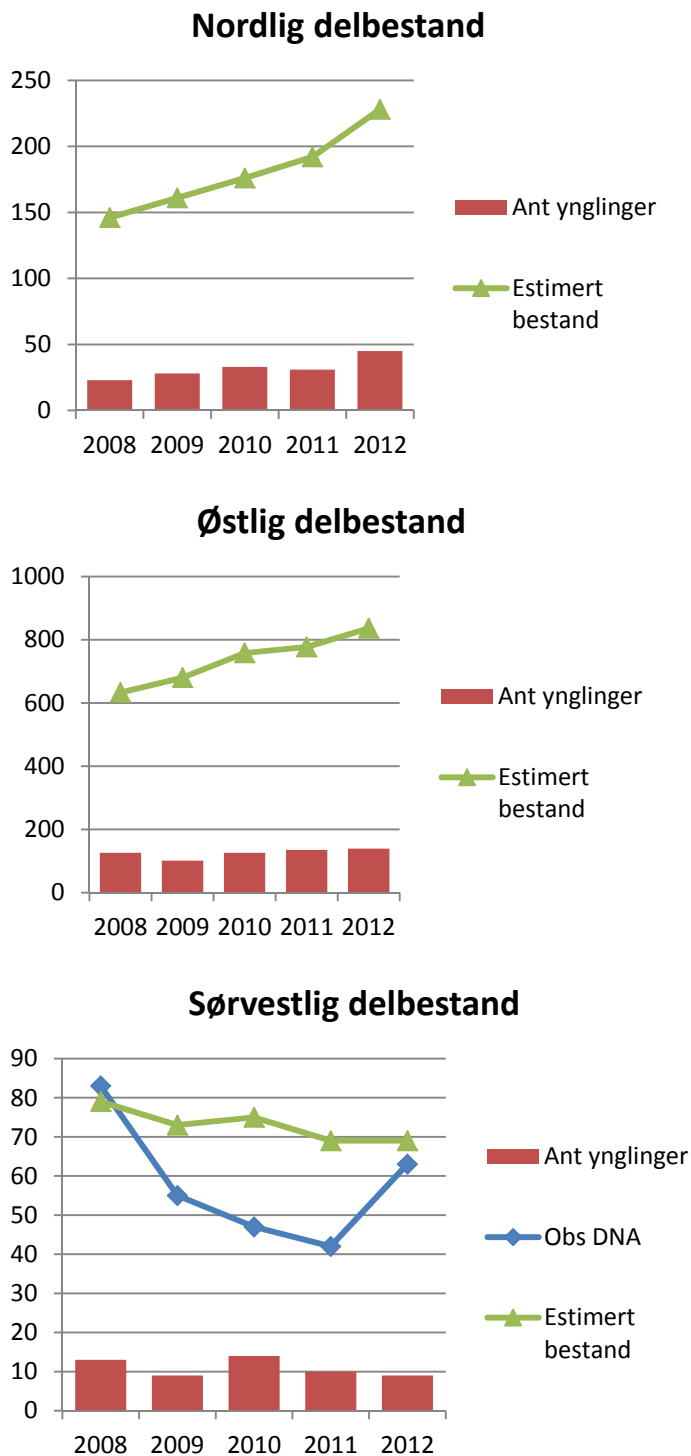
3.4 Populasjonsstruktur

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, 2012). 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 Skandinavisk jerv. Vi finner noen spesifikke alleler (genetiske varianter) som deles mellom nordfinsk jerv og jerv lenger sørøst i Finland (Flagstad et al. 2012). Dette antyder en viss grad av utveksling nordover fra bestanden i finsk Karelien, som antas å henge sammen med jervbestanden i russisk Karelien. Disse allelene er også funnet hos et fåtall individer på norsk side av grensen. **Figur 9** viser den geografiske fordelingen til individer tilhørende de tre genetiske gruppene i 2012.



Figur 9 Skandinaviske jervindivider fra 2012 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.

Innsamlingen av DNA på svensk side har vært for sporadisk til å gi et representativt bilde av bestandsutviklingen, men vurdert med grunnlag i de årlige yngleregistreringene har det i begge delbestander nord og øst for Østerdalen vært en jevn bestandsøkning den siste femårsperioden (**Figur 10**). Helt i nord har bestandsestimatet økt fra 146 til 228 individer i femårsperioden, mens estimatet har økt fra 627 til 836 individer i den østlige delbestanden i den samme perioden. I sørvest har tendensen vært helt motsatt, med en redusert bestandsstørrelse i samme periode. Antall ynglinger varierer mellom 9 og 14, mens det tilhørende bestandsestimatet har sunket fra 79 til 69. Tilsvarende har antall DNA-identifiserte individer sunket fra 83 til 63 (**Figur 10**).



Figur 10 Antall registrerte ynglinger og tilhørende bestandsestimater i de tre ulike delbestandene i Skandinavia 2008 - 2012. Bestandsestimatet som er angitt er beregnet fra gjennomsnittlig antall ynglinger over en treårsperiode (Brøseth et al. 2011, 2012; Persson & Brøseth 2011; Svensson & Danell 2011; Danell 2012, 2013). For den sørvestlige delbestanden er bestandsestimatet fra yngleregistreringene sammenstilt med antall individer identifisert fra DNA. Denne sammenligningen er ikke gjort for de to andre delbestandene siden innsamlingen av DNA på svensk side har vært for sporadisk til å gi et representativt bilde av bestandsutviklingen.

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, 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 ikke klart hvor stor andel av den faktiske bestandsstørrelsen disse minimumstallene utgjør. I Norge vurderes denne andelen å være høy, da det generelt er god dekningsgrad i innsamlingen, et stort antall analyserte prøver, og en høy andel tidligere kjente individer blant felte voksne jerver. På landsbasis ble det identifisert 390 individer i 2012, som er en betydelig økning fra i underkant av 300 individer i 2010 og 2011. Antall registrerte individer fra DNA er nå for første gang siden den landsdekkende innsamlingen startet i 2008 nær identisk med bestandsestimatet fra yngleregistreringene, som i 2012 var på 395 jerver. Med en betydelig økning i antall fungerende prøver fra ca 750 i 2010 og 2011 til drøye 1000 i 2012 er det naturlig at vi plukker opp en større andel av bestanden enn tidligere.

Gjenfangstraten, dvs andelen av registrerte individer som er kjent fra før, har tidligere ligget på rundt 60 % i de fleste områder, men i 2012 var den helt nede i 45 % på landsbasis. Andelen nye individer i Norge utgjorde således hele 55 % av de registrerte jervene eller drøyt 200 dyr. To faktorer kan forklare den høye andelen nye individer: **1)** En høy andel av ungdyr i bestanden, **2)** Økt prøvevolum med bedre dekningsgrad slik at tidligere ikke-registrerte voksne individer plukkes opp av DNA-analysene.

La oss først se på andelen ungdyr i bestanden. Bare i 2010 og 2011 ble det til sammen født 359 jervekull i Skandinavia, og den gode mattilgangen fra smånagerårene har høyst sannsynlig bidratt til høy valpeoverlevelse (Landa et al. 1997). Ser man på andelen nye individer i ulike deler av landet, var denne klart høyest i Trøndelagsfylkene og nordover med et forhold på 58:42 i favør nye individer. I de resterende fylkene våre var det stikk motsatt, dvs at nær 60 % av de registrerte individene var kjent fra før. Våre nordligste fylker, med unntak av Finnmark, har jervetette områder rett på andre siden av grensen mot Sverige, og innvandring av ungdyr herfra utgjør trolig en betydelig andel av de nye individene. Fra 2013 implementeres det landsdekkende innsamling av DNA-prøver også i Sverige, og vi vil da kunne presentere et mer helhetlig bilde av forflytningen av dyr mellom de to landene.

Det økte prøvevolumet i 2012 sammenlignet med 2010 og 2011 har åpenbart bidratt til å identifisere en større andel av bestanden enn tidligere. Størst økning i antall fungerende prøver hadde vi i Finnmark, som hadde mer enn dobbelt så mange fungerende prøver i 2012 sammenlignet med 2011. Dette gav en langt bedre dekningsgrad og en dobling i antall registrerte individer, med en stor andel nye individer. En andel av de nye individene er trolig voksenindivider som tidligere ikke er registrert på grunn av for dårlig dekningsgrad. De resterende kommer fra egenrekruttering og innvandring av ungdyr fra Troms, Nord-Sverige og Nord-Finland. I dag samles det inn relativt få DNA-prøver i Nord-Finland. På sikt er det ønskelig med et enda tettere samarbeid med Finland for å få bedre kunnskap om den nordligste delbestanden og om bestandsdynamikken i området.

DNA-analysene viser at den skandinaviske jervepopulasjonen består av tre delbestander. Selv om disse delbestandene er i ferd med å vokse sammen med jerveynglinger 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. I de to nordlige bestandene har det vært en jevn bestandsøkning den siste femårsperioden. Den midtre delbestanden framstår som spesielt robust med et bestandsanslag fra yngleregistreringen på drøyt 800 individer. Også den nordligste delbestanden virker å være relativt robust med en fordobling av antall registrerte ynglinger i løpet av den siste femårsperioden og en anslagsvis bestandsøkning på mer enn 50 % til nær 230 jerver i 2012. På norsk side er det de siste årene tatt ut over hundre jerver årlig, mens det på svensk side har vært minimal beskatning. Siden bestanden på norsk

side likevel ikke synker, er det god grunn til å anta at det er netto innvandring fra Sverige i disse områdene.

Bestandsutviklingen i den minste delbestanden vest for Østerdalen synes å ha gått motsatt vei den siste femårsperioden. Anslagene basert på yngleregistreringene gir en reduksjon på 10 - 15 % fra 79 individer i 2008 til 69 individer i 2012. En noe større reduksjon antydes fra DNA-analysene, der antall identifiserte individer fra DNA synker fra 83 til 63 i den samme femårsperioden. Tallene for 2009, 2010 og 2011 antyder en enda større bestandsreduksjon, men 2012-tallene er trolig mer representative på grunn av økt prøvevolum. Delbestanden har en relativt lav egenrekruttering (9-14 årlige ynglinger) og moderat tilførsel av dyr utenfra, og uttakene av jerv kan forklare reduksjonen i bestanden.

For å kunne gi mer nøyaktige tall på bestandsstørrelse og tallfeste bestandsendringer med bedre presisjon enn det vi kan i dag, er det nå svært viktig å få på plass god bestandsestimeringsmetodikk fra DNA. Dette arbeidet har høy prioritet inneværende år.

5 Referanser

- Brøseth, H., Tovmo, M. & Andersen, R. 2011. Yngleregistreringer av jerv i Norge i 2011. – NINA Rapport 757. 22 s.
- Brøseth, H., Tovmo, M. & Andersen, R. 2012. Yngleregistreringer av jerv i Norge i 2012. – NINA Rapport 898. 21 s.
- Dallas, J. F. & Piertney, S. B. 1998. Microsatellite primers for the Eurasian otter. - *Molecular Ecology* 7: 1248-1251.
- Danell, A. 2013. Resultat från inventeringar av järv i Sverige 2012 - Nationell sammanställning av länsstyrelsernas. inventeringar. Viltskadecenter inventeringsrapport 2012-7. 12 s.
- Danell, A. 2012. Resultat från inventeringar av järv i Sverige 2011 - Nationell sammanställning av länsstyrelsernas. inventeringar. Viltskadecenter inventeringsrapport 2011-8. 12 s.
- 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 övervakning av den skandinaviske jervbestanden vintern 2008 - NINA Rapport 498. 40 s.
- Flagstad, Ø., Brøseth, H., Johansson, M., Wärdig, C. & Ellegren, H. 2008. DNA-basert övervakning av den skandinaviske jervbestanden 2000-2007. - NINA Rapport 369. 48 s.
- Flagstad, Ø., Brøseth, H., Wärdig, C., Johansson, M. & Ellegren, H. 2005. Populasjonsovervakning av jerv i Skandinavia ved hjelp av DNA-analyse fra ekskrementer. - NINA Rapport 41. 37 s.
- Flagstad, Ø., Hedmark, E., Landa, A., Brøseth, H., Persson, J., Andersen, R., Segerström, P. and Ellegren, H. 2004. Colonization history and noninvasive monitoring of a re-established wolverine population. - *Conservation Biology* 18: 676-688.
- Flagstad, Ø., Tovmo, M., Balstad, T., Johansson, M., Syslak, L., Eriksen, L. B., Hagen, M., Søgaard, C. D., Ellegren, H. & Brøseth, H. 2012. DNA-basert övervakning av den skandinaviske jervbestanden 2008-2011 - NINA Rapport 843. 30 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.
- Svensson, L. & Danell, A. 2011. Resultat från inventeringar av järv i Sverige 2010 - Nationell sammanställning av länsstyrelsernas. inventeringar. Viltskadecenter inventeringsrapport 2011-6. 11 s.
- 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 2011 – 31. mai 2012

Døde jerver kjent fra ekskrementmaterialet						
RovbaseID	Dødsdato	Kjønn	Alder	Individ	Fylke	Kommune
M405306	08.01.2012	Hann	14	90	Sør-Trøndelag	OPPDAL (N)
M405272	19.12.2011	Hunn	10	191	Møre & Romsdal	RAUMA (N)
M405246	12.12.2011	Hann	8	176	Sør-Trøndelag	OPPDAL (N)
M405458	16.04.2012	Hunn	6	2692	Finnmark	VADSØ (N)
M405338	04.02.2012	Hunn	6	2068	Finnmark	ALTA (N)
M405307	08.01.2012	Hann	6	215	Møre & Romsdal	SUNNDAL (N)
M405177	28.10.2011	Hann	6	267	Oppland	ØYSTRE SLIDRE (N)
M405509	23.05.2012	Hunn	5	219	Hedmark	TYNSET (N)
M405191	29.10.2011	Hann	5	241	Hedmark	TYNSET (N)
M405245	13.12.2011	Hunn	5	268	Møre & Romsdal	NORDDAL (N)
M405477	22.04.2012	Hunn	5	1185	Troms	BARDU (N)
M405400	17.02.2012	Hann	5	2105	Troms	MÅLSELV (N)
M405302	05.01.2012	Hunn	5	2460	Troms	MÅLSELV (N)
M405389	15.02.2012	Hann	5	2499	Troms	KVÆNANGEN (N)
M405310	10.01.2012	Hunn	4	353	Hedmark	VÅLER I HEDMARK (N)
M405184	19.10.2011	Hunn	4	4025	Hedmark	VÅLER I HEDMARK (N)
M405459	16.04.2012	Hunn	4	2485	Nordland	STEIGEN (N)
M405486	01.05.2012	Hunn	4	380	Sogn & Fjordane	LUSTER (N)
M405464	19.04.2012	Hann	4	425	Sogn & Fjordane	LUSTER (N)
M405243	10.12.2011	Hann	4	2114	Troms	BALSFJORD (N)
M405371	10.02.2012	Hunn	3	2334	Finnmark	TANA (N)
M405491	30.04.2012	Hunn	3	397	Hedmark	TYNSET (N)
M405380	12.02.2012	Hann	3	359	Møre & Romsdal	NESSET (N)
M405468	21.04.2012	Hunn	3	2462	Nordland	RANA (N)
M405481	19.04.2012	Hunn	3	2502	Troms	BARDU (N)
M405515	24.05.2012	Hunn	3	2330	Troms	MÅLSELV (N)
M405390	15.02.2012	Hunn	2	2260	Finnmark	ALTA (N)
M405391	15.02.2012	Hann	2	2478	Finnmark	ALTA (N)
M405454	15.04.2012	Hunn	2	2761	Finnmark	BÅTSFJORD (N)
M405485	30.04.2012	Hann	2	437	Sogn & Fjordane	ÅRDAL (N)
M405512	24.05.2012	Hunn	2	3501	Sogn & Fjordane	LUSTER (N)

M405348	04.02.2012	Hunn	2	2480	Troms	MÅLSELV (N)
M405303	06.01.2012	Hann	2	2384	Troms	BALSFJORD (N)
M405456	16.04.2012	Hann	1	2667	Finnmark	VADSØ (N)
M405322	21.01.2012	Hann	1	428	Hedmark	TYNSET (N)
M405495	04.05.2012	Hann	1	2643	Troms	MÅLSELV (N)
M405386	15.02.2012	Hann	1	2505	Troms	KVÆNANGEN (N)
M405186	22.10.2011	Hunn	-	265	Hedmark	STOR-ELVDAL (N)
M405472	20.04.2012	Hunn	-	2524	Nordland	VEFSN (N)
M405374	10.02.2012	Hunn	-	271	Sør-Trøndelag	MELDAL (N)
M405187	26.10.2011	Hann	-	443	Sør-Trøndelag	RØROS (N)
Døde jerver ikke kjent fra ekskrementmaterialet						
RovbaseID	Dødsdato	Kjønn	Alder	Individ	Fylke	Kommune
M405300	21.12.2011	Hunn	4	5658	Møre & Romsdal	SURNADAL (N)
M405489	01.05.2012	Hunn	3	5614	Hedmark	ENGERDAL (N)
M405451	02.04.2012	Hann	3	5611	Nordland	STEIGEN (N)
M405384	13.02.2012	Hann	2	5608	Finnmark	PORSANGER (N)
M405382	12.02.2012	Hann	2	5607	Finnmark	LEBESBY (N)
M405453	13.04.2012	Hann	2	5612	Nordland	BINDAL (N)
M405327	28.01.2012	Hunn	2	5598	Nordland	VEFSN (N)
M405379	10.02.2012	Hunn	2	5606	Nordland	HATTFJELLDAL (N)
M405320	17.01.2012	Hunn	2	5570	Nordland	SALTDAL (N)
M405305	07.01.2012	Hann	2	5593	Nordland	SØRFOLD (N)
M405483	20.12.2011	Hunn	2	5584	Sogn & Fjordane	FØRDE (N)
M405364	09.02.2012	Hann	2	5603	Troms	NORDREISA (N)
M405365	09.02.2012	Hann	1	5604	Finnmark	VADSØ (N)
M405457	16.04.2012	Hunn	1	5613	Finnmark	BÅTSFJORD (N)
M405179	12.10.2011	Hunn	1	5568	Hedmark	VÅLER I HEDMARK (N)
M405188	27.10.2011	Hunn	1	5660	Hedmark	TRYSIL (N)
M405149	28.09.2011	Hann	1	5586	Hedmark	STOR-ELVDAL (N)
M405240	19.11.2011	Hunn	1	5661	Hedmark	TYNSET (N)
M405341	04.02.2012	Hunn	1	5601	Møre & Romsdal	NESSET (N)
M405350	07.02.2012	Hann	1	5602	Møre & Romsdal	SUNNDAL (N)
M405239	20.11.2011	Hann	1	5590	Møre & Romsdal	SURNADAL (N)
M405269	17.12.2011	Hann	1	5591	Møre & Romsdal	SURNADAL (N)
M405152	01.10.2011	Hunn	1	5585	Oppland	ØYER (N)
M405185	22.10.2011	Hunn	1	5569	Sør-Trøndelag	RØROS (N)

M405328	31.01.2012	Hann	1	5599	Troms	BARDU (N)
M405420	06.03.2012	Hann	1	5610	Troms	MÅLSELV (N)
M405388	15.02.2012	Hann	1	5609	Troms	KVÆNANGEN (N)
M405317	16.01.2012	Hann	voksen	5595	Oppland	LESJA (N)
M405329	30.01.2012	Hunn	voksen	5571	Troms	LAVANGEN (N)
M405501	11.05.2012	Hunn	voksen	5659	Finnmark	LEBESBY (N)
M405398	14.02.2012	Hunn	Voksen	5669	Oppland	SKJÅK (N)
M405314	10.01.2012	Hunn	ukjent	5574	Hedmark	TYNSET (N)
M405150	30.09.2011	Hunn	ukjent	5587	Sør-Trøndelag	SNILLFJORD (N)
M405353	08.02.2012	Hann	0	5624	Finnmark	VADSØ (N)
M405372	10.02.2012	Hann	0	5627	Finnmark	VADSØ (N)
M405460	15.04.2012	Hann	0	5630	Finnmark	GUOVDAGEAIDNU - KAUTOKEINO (N)
M405461	15.04.2012	Hann	0	5631	Finnmark	GUOVDAGEAIDNU - KAUTOKEINO (N)
M405498	08.05.2012	Hann	0	5648	Finnmark	PORSANGER (N)
M405375	11.02.2012	Hunn	0	5572	Finnmark	LEBESBY (N)
M405502	11.05.2012	Hann	0	5649	Finnmark	LEBESBY (N)
M405503	11.05.2012	Hunn	0	5650	Finnmark	LEBESBY (N)
M405496	04.05.2012	Hann	0	5646	Finnmark	BÅTSFJORD (N)
M405497	04.05.2012	Hunn	0	5647	Finnmark	BÅTSFJORD (N)
M405506	15.05.2012	Hann	0	5652	Finnmark	SØR-VARANGER (N)
M405507	15.05.2012	Hunn	0	5653	Finnmark	SØR-VARANGER (N)
M405484	25.04.2012	Hann	0	5642	Hedmark	ENGERDAL (N)
M405490	01.05.2012	Hann	0	5643	Hedmark	ENGERDAL (N)
M405355	08.02.2012	Hunn	0	5578	Hedmark	TOLGA (N)
M405147	22.08.2011	Hann	0	5618	Hedmark	TOLGA (N)
M405354	08.02.2012	Hunn	0	5577	Hedmark	TYNSET (N)
M405319	17.01.2012	Hann	0	5596	Hedmark	TYNSET (N)
M405347	06.02.2012	Hunn	0	5623	Hedmark	TYNSET (N)
M405492	30.04.2012	Hunn	0	5644	Hedmark	TYNSET (N)
M405493	30.04.2012	Hann	0	5645	Hedmark	TYNSET (N)
M405510	23.05.2012	Hunn	0	5654	Hedmark	TYNSET (N)
M405511	23.05.2012	Hunn	0	5655	Hedmark	TYNSET (N)
M405500	10.05.2012	Hunn	0	5662	Hedmark	ALVDAL (N)
M405124	17.06.2011	Hann	0	455	Hedmark	FOLLDAL (N)
M405123	17.06.2011	Ukjent	0	468	Hedmark	FOLLDAL (N)
M405146	20.08.2011	Hunn	0	5567	Hedmark	OS I HEDMARK (N)

M405469	21.04.2012	Hann	0	5634	Nordland	RANA (N)
M405470	20.04.2012	Hann	0	5635	Nordland	RANA (N)
M405471	20.04.2012	Hann	0	5636	Nordland	RANA (N)
M405114	10.06.2011	Ukjent	0	5663	Nordland	RANA (N)
M405462	16.04.2012	Hunn	0	5632	Nordland	STEIGEN (N)
M405463	16.04.2012	Hunn	0	5633	Nordland	STEIGEN (N)
M405304	07.01.2012	Hunn	0	5621	Nord-Trøndelag	STEINKJER (N)
M405505	10.04.2012	Ukjent	0	5651	Nord-Trøndelag	HØYLANDET (N)
M405373	10.02.2012	Hunn	0	5579	Oppland	LESJA (N)
M405144	10.09.2011	Hann	0	5616	Oppland	ØYSTRE SLIDRE (N)
M405487	01.05.2012	Hunn	0	5582	Sogn & Fjordane	LUSTER (N)
M405488	01.05.2012	Hunn	0	5583	Sogn & Fjordane	LUSTER (N)
M405324	28.01.2012	Hunn	0	5575	Sør-Trøndelag	MELHUS (N)
M405122	01.04.2011	Ukjent	0	2553	Sør-Trøndelag	TYDAL (N)
M405475	22.04.2012	Hann	0	5637	Troms	BARDU (N)
M405476	22.04.2012	Hunn	0	5638	Troms	BARDU (N)
M405479	19.04.2012	Hann	0	5640	Troms	BARDU (N)
M405480	19.04.2012	Hunn	0	5641	Troms	BARDU (N)
M405401	17.02.2012	Hann	0	5629	Troms	MÅLSELV (N)
M405513	23.05.2012	Hann	0	5656	Troms	MÅLSELV (N)
M405514	24.05.2012	Hann	0	5657	Troms	MÅLSELV (N)
M405244	11.12.2011	Hunn	0	5620	Troms	NORDREISA (N)
M405478	20.04.2012	Hann	0	5639	Troms	BARDU (N)
Manglende eller ikke fungerende prøver						
RovbaseID	Dødsdato	Kjønn	Alder	Individ	Fylke	Kommune
M405325	29.01.2012	Hunn	3	-	Sør-Trøndelag	OPPDAL (N)
M405142	01.06.2010	Ukjent	3	-	Nordland	HAMARØY (N)
M405473	23.04.2012	Hunn		-	Nordland	EVENES (N)
M405467	21.04.2012	Hann		-	Troms	BARDU (N)



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: 978-82-426-2525-0

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