

DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervbestanden 2000-2007

Øystein Flagstad
Henrik Brøseth
Malin Johansson
Cecilia Wärdig
Hans Ellegren



Nasjonalt overvåkingsprogram for rovvilt



NINAs publikasjoner

NINA Rapport

Dette er en ny, 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.

Norsk institutt for naturforskning

**DNA-basert overvåking av den
skandinaviske jervbestanden
2000-2007**

Øystein Flagstad
Henrik Brøseth
Malin Johansson
Cecilia Wärdig
Hans Ellegren

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.

Trondheim, Mai 2008

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-1933-4

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

KVALITETSSIKRET AV

Roel May

ANSVARLIG SIGNATUR

Inga E Bruteig (sign.)

OPPDRAGSGIVER(E)

Direktoratet for naturforvaltning

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER

Terje Bø, Morten Kjørstad

FORSIDEBILDE

Ind72, fotografert våren 2005

Foto: Roy Andersen

NØKKEWORD

Jerv, *Gulo gulo*, ekskrementer, DNA, bestandsstørrelse, overlevelsesanalyser, immigrasjon, delbestand, overvåkingsrapport

KEY WORDS

Wolverine, *Gulo gulo*, faeces, DNA, population size, survival analysis, immigration, sub-population, monitoring report

KONTAKTOPPLYSNINGER

NINA hovedkontor

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

Polarmiljøsentret

9296 Tromsø

Telefon: 77 75 04 00

Telefaks: 77 75 04 01

NINA Lillehammer

Fakkelgården

2624 Lillehammer

Telefon: 73 80 14 00

Telefaks: 61 22 22 15

www.nina.no

Sammendrag

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.

Denne rapporten består av tre hoveddeler. Først presenterer vi de viktigste resultatene fra materialet av jervekskrementer samlet inn i 2007 i Sør- og Midt-Norge. Deretter oppsummerer vi resultatene fra ekskrementinnsamlingen i Norge og Sverige siden starten i 2000. Vi fokuserer på utviklingen i bestandsstørrelse over tid og diskuterer eventuelle endringer i perioden. Vi undersøker også populasjonsstrukturen på hele Nordkalotten, og diskuterer graden av isolasjon i ulike deler av Skandinavia. Til slutt retter vi blikket framover og diskuterer hvilke muligheter vi har til gjøre den DNA-baserte overvåkingen av jerv enda mer informativ i årene framover.

De fungerende prøvene samlet inn på norsk side i 2007 representerte 83 ulike individer. 62 av disse dyra ble påvist i Sør-Norge, dvs. fra Sør-Trøndelag og sørover. De resterende 21 ble funnet i Nord-Trøndelag. Av de 62 individene som ble identifisert fra Sør-Trøndelag og sørover var 42 tidligere kjente individer. Dette utgjør drøyt 2/3 av alle observerte individer i Sør-Norge. Hele 16 av de 21 påviste individene i Nord-Trøndelag var kjent fra før, som gir en enda høyere gjenfangstrate enn i Sør-Norge på drøyt 75 %. Ved fangst/gjenfangst-metodikk ble bestandsstørrelsen i Sør-Norge estimert til 75 individer i 2007 (95 % CI: 64-86). Dette er en betydelig nedgang sammenlignet med et punkttestimat på 95 individer for 2006. Vi ser også en tilsvarende nedgang fra bestandsestimatet basert på telling av aktive ynglehi. Samme mønster ser vi fra analyse av voksenoverlevelse av jerv i Sør-Norge. Mens overlevelsen er relativt stabil i perioden 2001-2006, faller den markant i 2007 – fra 82% til 59% for hunner og fra 79% til 55% for hanner. Denne betydelige reduksjonen i overlevelse er altså sammenfallende med den markante nedgangen i bestandsstørrelse i Sør-Norge i 2007. Vi viser videre at økt uttak av voksendyr fra bestanden i meget stor grad forklarer den reduserte overlevelsen. Etter hvert som data akkumulerer også i andre deler av Skandinavia, vil slike overlevelsesanalyser sammen med gode bestandsestimater bidra til at bestandsutviklingen kan følges meget tett, slik at for eksempel uttakskvotene raskt skal kunne justeres ved behov.

I 2007 viste vi at jerv i Finnmark og delvis Troms var genetisk forskjellig fra jerv lengre sør i landsdelen. Dette mønsteret holder seg når vi analyserer alle jerver identifisert fra ekskrementinnsamlingen i Skandinavia 2000-2007. Den skandinaviske jervbestanden består således av tre delbestander, som hver har en distinkt genetisk sammensetning: **(1)** En sørvestlig delbestand av sørnorsk jerv vest for Østerdalen. **(2)** En stor østlig bestand av jerv øst og nord for Østerdalen. All svensk jerv, samt jerv fra Nordland og Nord-Trøndelag tilhører denne gruppen. **(3)** Jerv i Troms og Finnmark. Det bør i denne sammenhengen nevnes at den genetiske variasjonen i Troms og Finnmark er relativt lav sammenlignet med for eksempel variasjonen i jervtette områder i Sverige. Dette kan tyde på relativt lave bestandsstørrelser over tid lengst nord i landet.

Vi vil i de kommende årene fortsette å fokusere på bestandsutvikling, overlevelse og utveksling av dyr mellom delbestander. For å øke vår forståelse av jervens bestandsdynamikk og genetiske struktur må det jobbes for å samle inn data som bedrer vår kunnskap om overlevelse og spredning av jervevalper. Videre ser vi at det i årene som kommer er behov for å øke vår kunnskap om den genetiske strukturen på jerv i Troms og Finnmark sett opp i mot tilgrensende områder i våre naboland, og da spesielt i Finland. Selve resultatene fra DNA-analysene vil suksessivt rapporteres i Rovbasen, og perspektivet på analysene vil være Skandinavisk snarere enn ensidig fokus mot enkeltbestander eller områder.

Øystein Flagstad og Henrik Brøseth, Norsk institutt for naturforskning, 7485 Trondheim.
oystein.flagstad@nina.no, henrik.broseth@nina.no

Cecilia Wärdig, Malin Johansson og Hans Ellegren, Evolutionsbiologiskt centrum, Universitetet i Uppsala, Norbyvägen 18D, 752 36 Uppsala. hans.ellegren@ebc.uu.se

Abstract

Flagstad, Ø., Brøseth, H., Johansson, M., Wårdig, C., & Ellegren, H. 2008. DNA-based monitoring of the Scandinavian wolverine population 2000-2007. NINA Report 369. 48 pp.

This report contains three main parts. First, we present the most important results from the material of wolverine scats collected in 2007 in Southern Norway. Second, we summarize the results from the scat analyses in Norway and Sweden since this approach was implemented in 2000. We focus on population size through time and discuss possible changes during the period. Also, we examine the population structure on the Scandinavian Peninsula and discuss degree of isolation in different parts of Scandinavia. Finally, we look forward and discuss how we can make the DNA-based monitoring of wolverines in Scandinavia even more informative in the coming years.

83 different individuals were identified in Southern Norway in 2007, of which 62 were found in Sør-Trøndelag and southwards. The remaining 21 were observed in Nord-Trøndelag. 59 of the individuals had been encountered earlier, which gives a re-sampling rate of 71 %. In accordance with earlier analyses, we excluded Nord-Trøndelag from a capture-mark-recapture estimate of the population size. The resulting estimate of 75 in 2007 (95 % CI: 64-86) was markedly lower as compared to an estimate of 95 obtained in 2006. A corresponding reduction in population size is also seen from an estimate based on active natal dens. The same pattern is seen from an analysis of adult survival of wolverines in Southern Norway. Whereas the survival was virtually stable in 2001-2006, it dropped profoundly in 2007; 82 % to 59 % for females and 79 % to 55 % for males. Thus, the substantial decrease in adult survival is corresponding in time with the marked decrease in population size. We show that increased harvesting of adult animals virtually explains the drop in survival rate. As data on survival will accumulate also in other parts of Scandinavia, such survival analyses together with precise estimates of population size provide a powerful tool to follow populations trends, so that the level of harvesting can be rapidly adjusted if needed.

In 2007, we showed that wolverines in Finnmark and Troms were genetically differentiated from wolverines further to the south. This pattern is maintained when we analyse all wolverines identified from the Scandinavian scat collection 2000-2007. Thus, the Scandinavian wolverine population is partitioned into three sub-populations, each having their distinct genetic composition: **(1)** A south-western sub-population in Southern Norway west of Østerdalen. **(2)** A large eastern population 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 and Finnmark. It should be noted that genetic variation is relatively low in the latter area as compared to areas with high wolverine density in Sweden. This may suggest that population sizes in the northernmost part of Norway has been relatively low for a long time.

We will in the coming years continue to focus on population trends, survival and migration between sub-populations. To increase our understanding of population dynamics and genetic structure of the Scandinavian wolverine, we will need to compile data on survival and dispersal of wolverine cubs. Moreover, it is necessary to increase our understanding of the genetic structure of wolverines in Troms and Finnmark in relation to close areas in our neighbour countries, especially Finland. The actual results will be reported successively in the database for large Scandinavian carnivores (rovbasen), and the perspective of the analyses will be Scandinavian rather than a narrow focus on specific sub-populations or areas.

Øystein Flagstad and Henrik Brøseth, Norwegian Institute for Nature Research, NO-7485 Trondheim. oystein.flagstad@nina.no, henrik.broseth@nina.no

Cecilia Wårdig, Malin Johansson, and Hans Ellegren, Department of Evolutionary Biology, Uppsala University, Norbyvägen 18D, SE-752 36 Uppsala. hans.ellegren@ebc.uu.se

Innhold

Sammendrag	3
Abstract	4
Innhold	5
Forord	6
1 Bakgrunn	7
2 Metodikk	8
2.1 Innsamling og laboratoriearbeid.....	8
2.2 Bestandsestimater.....	8
2.3 Oppdeling i delbestander.....	10
2.4 Estimering av årlig voksenoverlevelse og gjenfangstrate.....	10
3 Resultater og diskusjon	11
3.1 Sør- og Midt-Norge 2007.....	11
3.1.1 Fungerende og ikke-fungerende prøver.....	11
3.1.2 Vevsprøver av felte dyr.....	12
3.1.3 Antall identifiserte individer i 2007 og bestandsestimat for Sør-Norge.....	13
3.2 Genetisk overvåking av jerv i Skandinavia 2000-2007.....	14
3.2.1 Geografisk fordeling av individer og forflytning mellom år.....	14
3.2.2 Årlig voksenoverlevelse for jerv i Sør-Norge.....	20
3.3 Jervens populasjonsstruktur på Nordkalotten.....	22
3.4 DNA-basert overvåking av jerv i Skandinavia – veien videre.....	28
4 Konklusjon	30
5 Referanser	31
Vedlegg 1	32
Vedlegg 2	34
Vedlegg 3	36

Forord

Denne rapporten oppsummerer den DNA-baserte overvåkingen av jerv i Skandinavia siden starten i 2000, og staker ut veien videre framover. Vi vil benytte anledningen til å takke alle som har bidratt gjennom innsamling av ekskrementmateriale i Norge og Sverige. Et stort antall personer har år etter år 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.

10. mai 2008, Øystein Flagstad

1 Bakgrunn

Den skandinaviske jervbestanden er gjennom yngleregistreringer i 2004-2006 estimert til drøyt 750 individer (Andersen & Brøseth 2006, Persson 2006) og må ansees som sårbar. Omfattende overvåking av populasjonen er av betydning for å kunne følge bestandsutviklingen. Det at jerven er en art med store arealkrav i fjellet hvor det til tider er svært ustabile værforhold, fører til at en effektiv bestandsregistrering og -overvåking kan være problematisk. Tradisjonelle tilnærmelser som sporing og registrering av ynglehi har gitt verdifulle indikasjoner på reproduksjon og populasjonsstørrelse. Nyere forskning har vist at det hos jerv er mulig å identifisere individer basert på DNA isolert fra ekskrementer. 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 kjønnssammensetningen, omfanget av immigrasjon og potensielt bidra til å belyse slektskapsforhold og derigjennom individuell variasjon i reprodutiv 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 analysen av ekskrementprøver innsamlet i den sørlige delen av jervens utbredelsesområde i Norge og Sverige i løpet av 2000-2006. 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. I 2007 ble det for første gang samlet inn materiale også i våre tre nordligste fylker.

Denne rapporten består av tre hoveddeler. Først presenterer vi de viktigste resultatene fra materialet samlet inn i 2007 i Sør-Norge inkludert Trøndelagsfylkene (297 prøver). For dette materialet legger vi først og fremst vekt på antall jerver som ble funnet og dertil hørende bestandsestimater. Deretter oppsummerer vi resultatene fra ekskrementinnsamlingen i Norge og Sverige siden starten i 2000. Vi fokuserer på bestandsstørrelse over tid og diskuterer eventuelle endringer i perioden. I denne sammenhengen ser vi på årlig voksenoverlevelse og eventuell sammenheng med jaktuttak i bestanden. Videre undersøker vi populasjonsstrukturen på hele Nordkalotten, og diskuterer grad av isolasjon i ulike deler av Skandinavia. Til slutt retter vi blikket framover og diskuterer hvilke muligheter vi har til gjøre den DNA-baserte overvåkingen av jerv enda mer informativ i årene framover.

2 Metodikk

2.1 Innsamling 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 bla 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 blitt ekstrahert med Qiagens spesialdesignede kit for isolering av DNA fra ekskrementer (QIAamp DNA stool mini kit). I tilfeller av vellykket ekstraksjon av jervspesifikt kjerne-DNA, har vi gjennomført genotyping på tvers av 10 mikrosatelittmarkører som følger: Gg7 (Davis & Strobeck 1998), Ggu14, Ggu42, Gg443, 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 10 loci samt representerte det samme kjønn, ble klassifisert som representanter for ett og samme individ.

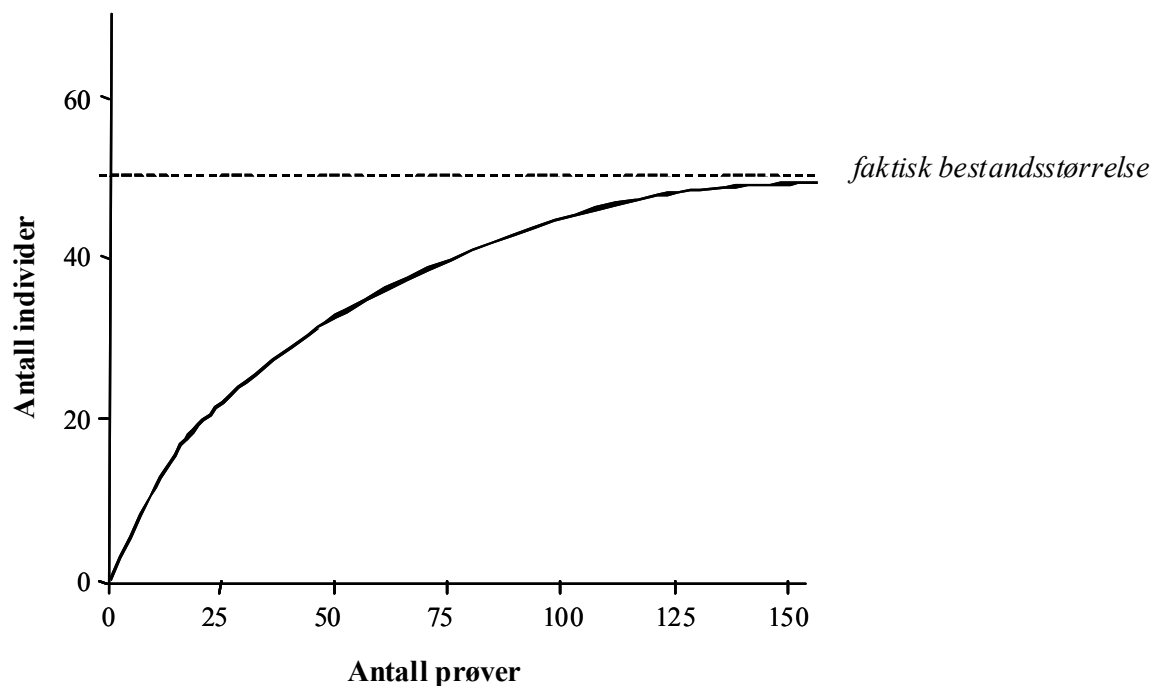
I tillegg til de 10 markørene nevnt ovenfor, har vi analysert samtlige individer (én prøve per individ) som hittil er funnet (2000-2007) pluss alle nye individer som ble funnet i 2007 for ytterligere 9 loci: Tt4 (Davis & Strobeck 1998), Ggu10, Ggu25, Gg452, Gg470, Gg471 (Walker et al. 2001), Gg101B (Duffy 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.

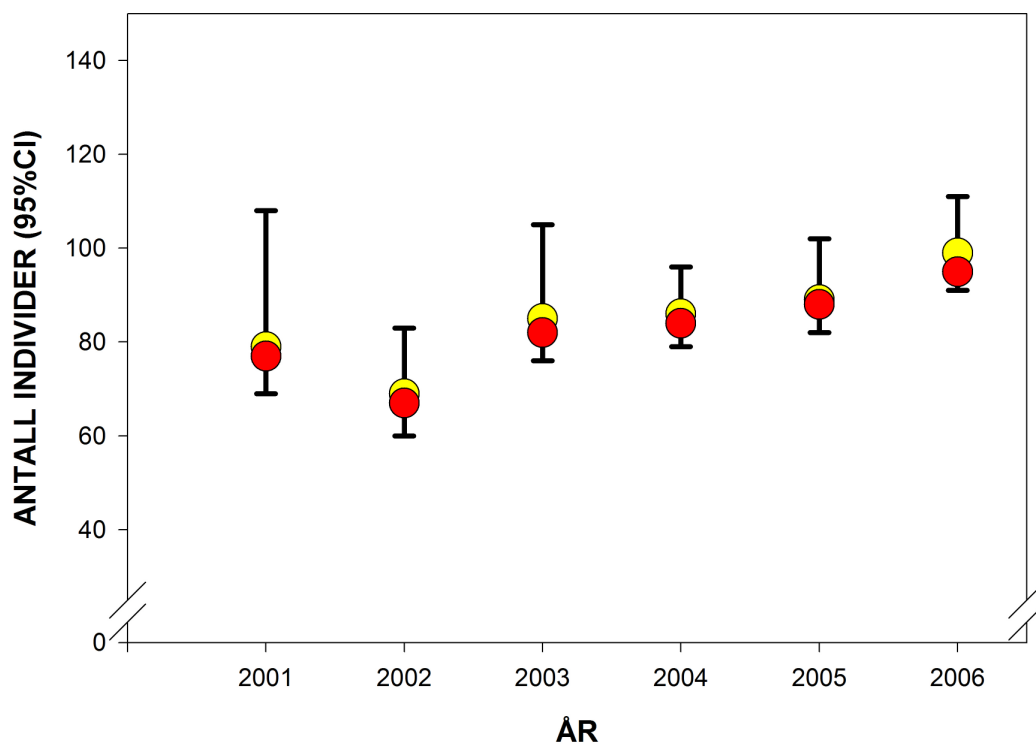
2.2 Bestandsestimater

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 samplet 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 metoden til Eggert et al. (2003) for å estimere bestandsstørrelsen. En simuleringsstudie viser at denne metoden for det meste fungerer meget bra med presise estimater, spesielt ved små bestandsstørrelser. Ved økende bestandsstørrelser og en økning i antall analyserte prøver vil metoden imidlertid kunne gi skjeve bestandsestimater (Miller et al. 2005). Følgelig foreslås det en alternativ metode (EMC), implementert i programmet CAPWIRE. Med utgangspunkt i det sørnorske materialet fra 2001-2006, sammenlignet vi estimatene fra denne nye metoden med "Eggert"-estimatene, og fant minimale forskjeller i punkttestimatene (**Figur 2**). Med bakgrunn i resultatene fra den nevnte simuleringsstudien har vi likevel valgt å gå over til EMC-metoden implementert i CAPWIRE. Bestands-

estimatet for Sør-Norge i 2007 og sammenligningen med estimatet fra tellingen av aktive ynglehi, er derfor gjennomført med denne nye metoden.



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



Figur 2 Bestandstørrelse for den sømorske jervbestanden fra 2001-2006 estimert ved metoden til Eggert et al. (gul) og EMC implementert i Capwire (rød).

2.3 Oppdeling i delbestander

Siden den sørnorske jervbestanden er delvis isolert og genetisk distinkt fra resten av bestanden på Nordkalotten, kan man ved hjelp av hvert enkelt individs genotype bestemme sannsynligheten for om det har sin opprinnelse i sør eller nord. Vi har brukt metoden til Pritchard et al. (2000) for å bestemme nærværet av nordlige eller østlige immigranter i Sør-Norge. Samme metodikk er brukt til å kartlegge bestandsstrukturen over hele Nordkalotten for å vurdere hvorvidt jerven også i andre områder kan være delvis isolert og således genetisk distinkt fra resten av bestanden.

2.4 Estimering av årlig voksenoverlevelse og gjenfangstrate

Ved bruk av fangst-merking-gjenfangst historikk basert på DNA-prøvene fra jerv i Sør-Norge og programmet MARK 5.0 (www.cnr.colostate.edu/~gwhite/mark/mark.htm) har vi estimert årlig overlevelse og gjenfangstrate til voksne jerver i perioden 2001 til 2007. Analysene er basert på fangst-historikk hos 206 individer. Data er korrigert for overdispersjon ($\hat{c} = 1.21$) og det er kjørt GOF-tester (goodness-of-fit). Cormack-Jolly Seber og AIC-kriterier ble benyttet til å finne den (de) beste forklaringsmodell(en)e ut fra de observerte data. Alle estimater følger en prosedyre i MARK ("model averaging"), der estimatene fra ulike modeller vektet i forhold til AIC-kriteriene.

En forklaringsmodell med mellomårsvariasjon i årlig overlevelse, samt forskjell i gjenfangstrate mellom kjønn har mest støtte i dataene (**Tabell 1**). Den nest beste modellen inneholder i tillegg forskjell mellom hunner og hanner i årlig overlevelse. Disse to modellene har til sammen over 80 % av all støtte blant modellene.

Tabell 1 Modellvalg for fangst/merking/gjenfangst-analysene for DNA-prøver av jerv fra Sør-Norge i 2001-2007. I analysene er effekten av kjønn (g), år (t) og interaksjonen mellom kjønn og år (*) på årlig overlevelse (Φ) og gjenfangstrate rate (p) vurdert.

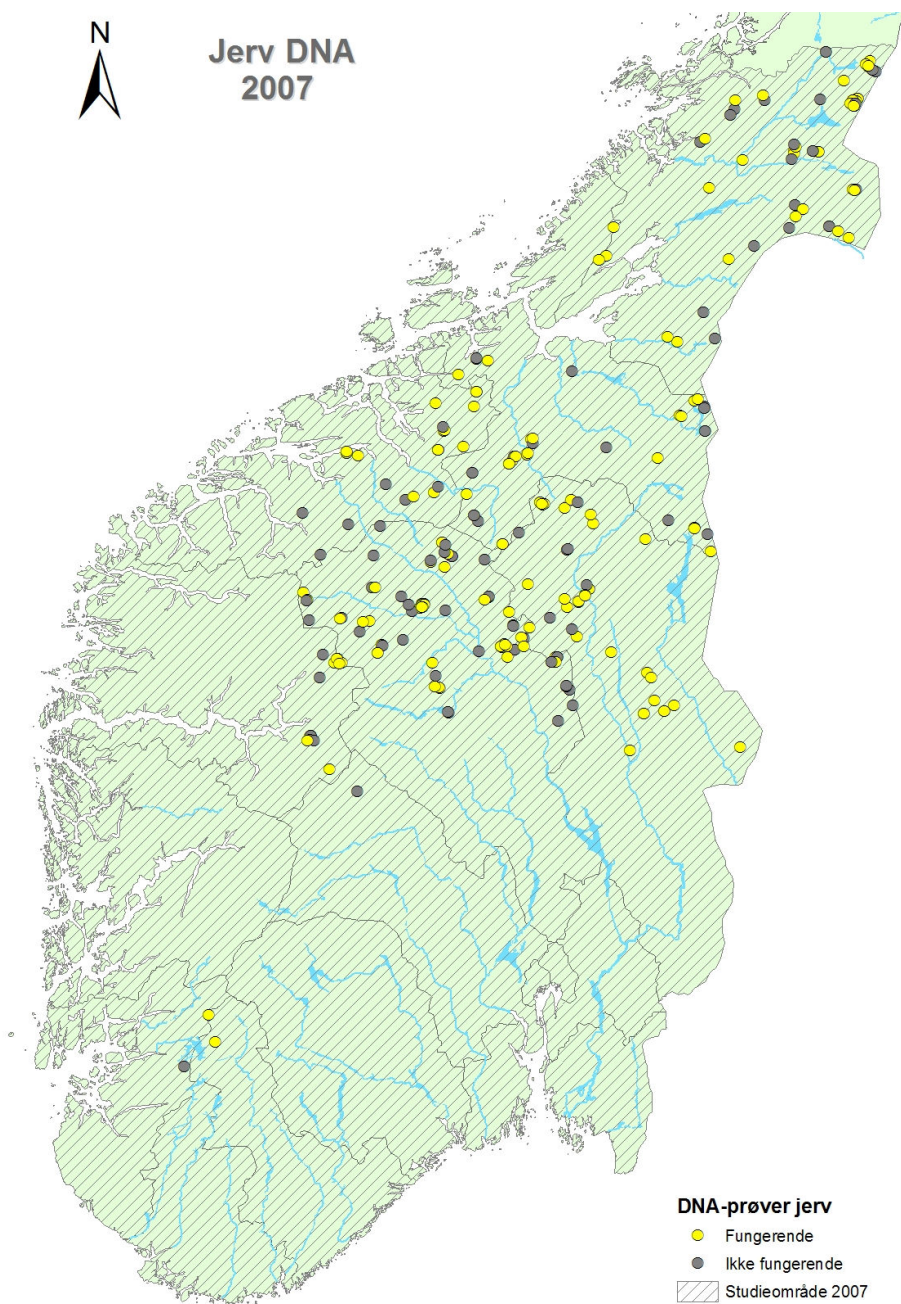
Modell	QAICc	Δ QAICc	QAICc vekt	Model sannsynlighet	Antall parameter
1 $\Phi(t) p(g)$	727.8	0.00	0.454	1.000	8
2 $\Phi(g+t) p(g)$	728.2	0.46	0.360	0.794	9
3 $\Phi(g) p(g)$	730.8	3.05	0.099	0.217	4
4 $\Phi(g) p(g+t)$	731.1	3.37	0.084	0.186	9
5 $\Phi(g+t) p(g+t)$	737.7	9.99	0.003	0.007	14
6 $\Phi(g^*t) p(g^*t)$	754.2	26.47	0.000	0.000	24

3 Resultater og diskusjon

3.1 Sør- og Midt-Norge 2007

3.1.1 Fungerende og ikke-fungerende prøver

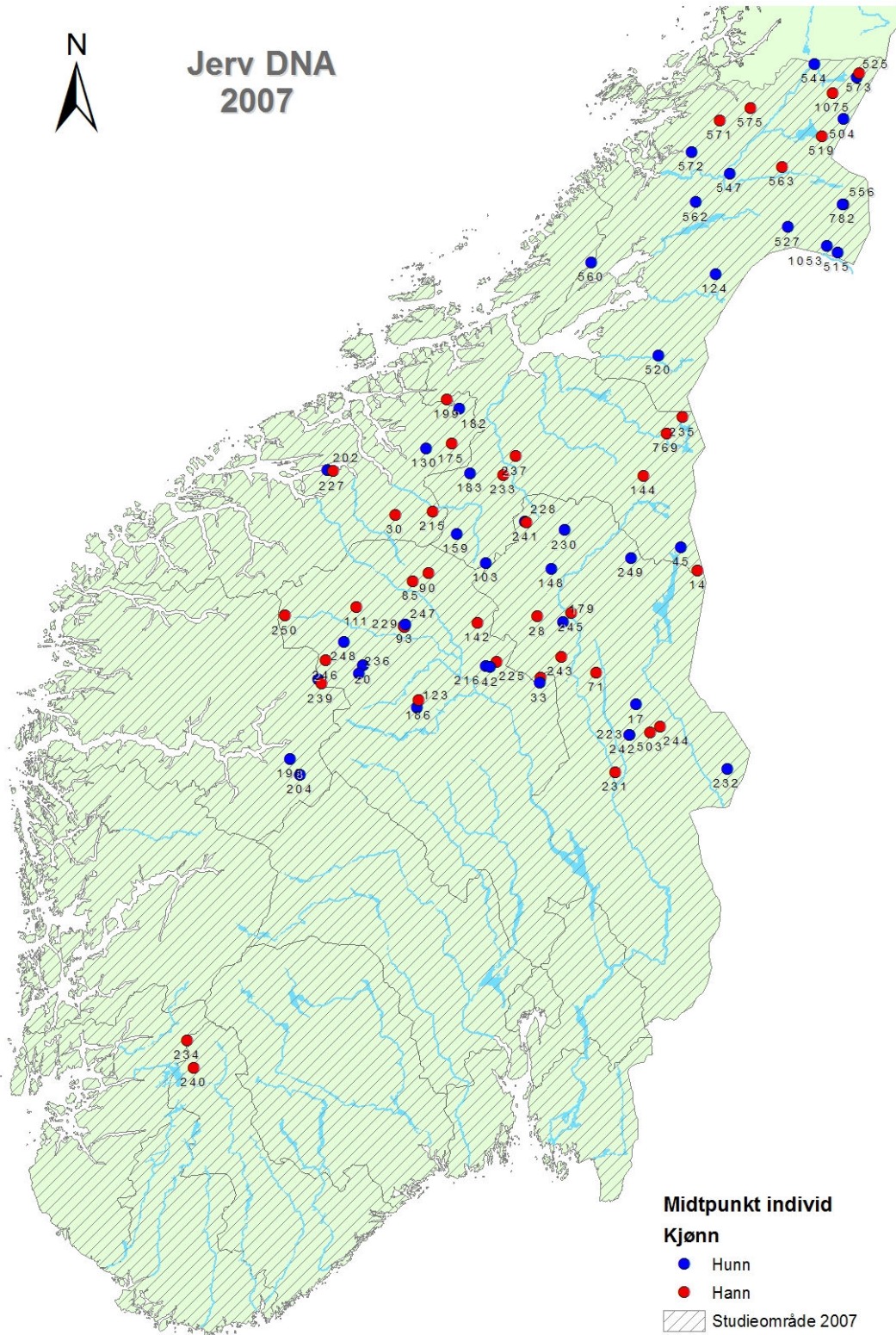
Vellykket genetisk analyse ble gjennomført på 168 av de totalt 294 prøvene samlet inn i Sør- og Midt-Norge i 2007 (Figur 3; Vedlegg 1). Dette utgjør 57 % av innsamlet materiale, som er en nedgang i forhold til fjorårets materiale, da suksessraten lå på 66 %. Vi har tidligere kjørt artsbestemmelse av en god del prøver både fra Sør-Norge og Nord-Norge, og påvist at en god del ikke-fungerende prøver er rødvevskremer. En viktig årsak til variasjonen i suksessrate mellom år kan således være variasjon i andelen rødvevskremer i det innsamlede materialet.



Figur 3 Det innsamlede prøvematerialet av antatte jervevskremer i Sør- og Midt-Norge i 2007.

3.1.2 Vevsprøver av felte dyr

Vi analyserte 58 vevsprøver av jerv felt i perioden juli 2005 – april 2007 (**Vedlegg 2**). Tretti av disse var voksne jerver (ett år eller eldre), tre var av ukjent alder, mens de resterende 25 var nullåringer. Tjuefire av de verifiserte voksne individene (80 %) var observert tidligere i ekskre-



Figur 4 Fordeling av 83 jervindivider funnet i 2007-materialet. Hvert individ er representert ved midtpunktet for innsamlede prøver. Blå=hunn, rød=hann

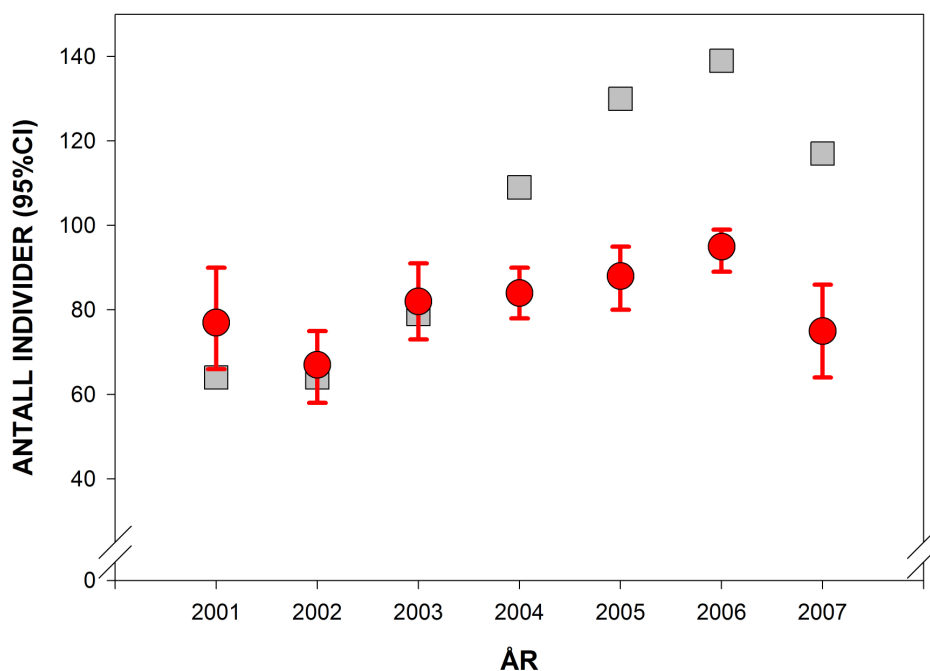
mentmaterialet fra 2001-2007, mens ingen av nullåringene var identifisert fra før. Dette er helt i tråd med det vi har sett tidligere. Vi finner igjen en stor andel av de voksne individene, mens det sjelden eller aldri blir samlet inn fungerende ekskrementer fra valper.

3.1.3 Antall identifiserte individer i 2007 og bestandsestimat for Sør-Norge

De 168 fungerende prøvene representerte 83 ulike individer (**Figur 4, Vedlegg 1**). 62 av disse dyra (26 hunner, 36 hanner) ble funnet i Sør-Norge, dvs. fra Sør-Trøndelag og sørover. De resterende 21 (14 hunner, 7 hanner) ble påvist i Nord-Trøndelag. Akkurat som de to foregående årene var kjønnsfordelingen i Nord-Trøndelag skjev, med dobbelt så mange observerte hunner i forhold til hanner. Som i fjor er kjønnsfordelingen i Sør-Norge også noe skjev i favør hanner. Ingen av disse forskjellene er imidlertid statistisk signifikante ($p=0.13$ for Nord-Trøndelag, $p=0.20$ for Sør-Norge; χ^2 -test).

Av de 62 individene som var samlet fra Sør-Trøndelag og sørover var 42 tidligere kjente individer. Dette utgjør drøyt 2/3 av alle observerte individer i Sør-Norge. De resterende 20 individene (32 %) var nye av året. Hele 16 av de 21 påviste individene i Nord-Trøndelag var kjent fra før, som gir en enda høyere gjenfangstrate enn i Sør-Norge på drøyt 75 %. De nye individene fordeler seg sannsynligvis i tre kategorier: (1) voksne dyr som ikke er påvist tidligere, (2) individer som ble født i 2006 og som dermed hadde svært liten sannsynlighet for å bli samlet dette året, (3) nye immigranter.

Vi påviste altså 62 ulike individer fra Sør-Trøndelag og sørover, som er en betydelig nedgang i forhold til 88 observerte individer i det samme området i 2006. Nedgangen gjenspeiles også i bestandsestimatet på 75 individer, sammenlignet med et punkttestimat på 95 individer for 2006 (**Figur 5**). Vi ser også en tilsvarende nedgang fra bestands-estimatet basert på telling av aktive ynglehi. En av årsakene til den markante nedgangen (21 %) i estimert bestandsstørrelse kan være en betydelig økning i uttaket av voksendyr gjennom lisens- og skadefelling i 2006/2007 sammenlignet med tidligere år. Det ble i perioden 1. mars 2006 – 1. mars 2007 felt 15 voksne jerver i Sør-Norge, sammenlignet med bare åtte i samme periode året før. Sammenhengen mellom det økte uttaket og den markante nedgangen i bestandsstørrelse, vil bli utredet nærmere i forbindelse med overlevelsesanalysene, som presenteres i avsnitt 3.2.2.



Figur 5 Bestandsestimater for 2001-2007 basert på ekskrementanalysene (rød) sammenlignet med bestandsestimater basert på registrering av aktive ynglehi (grå).

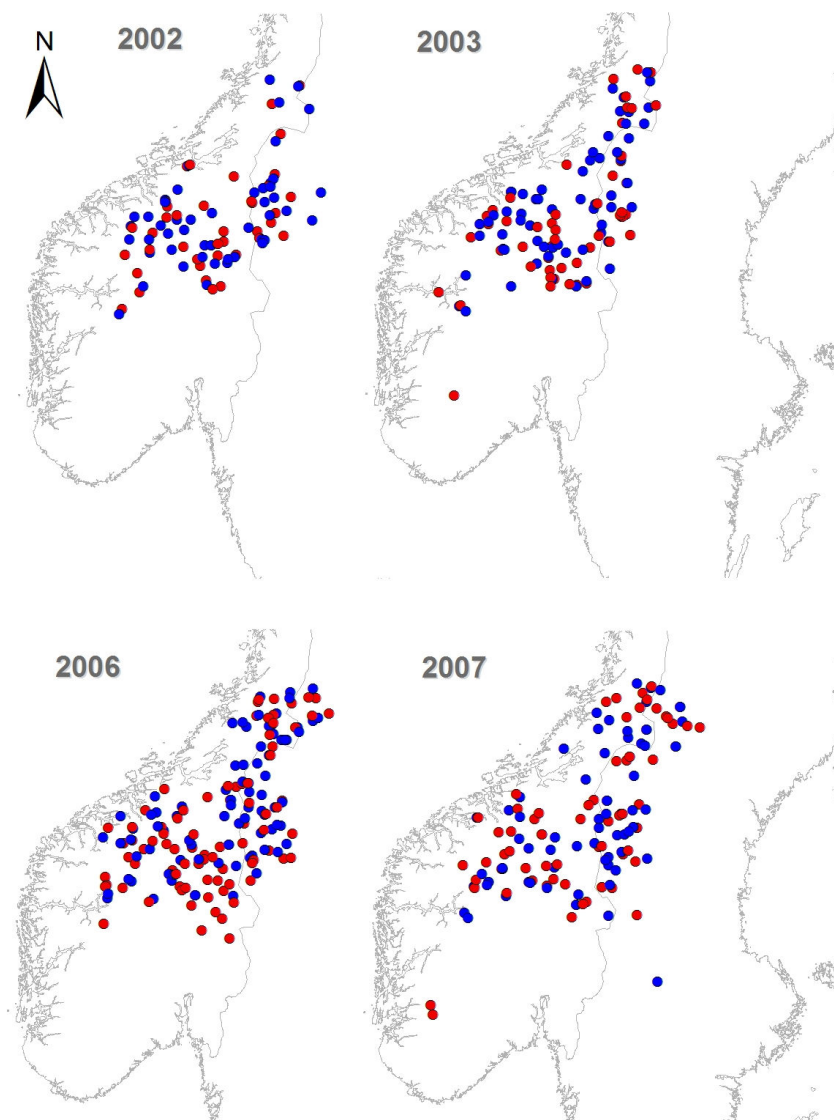
3.2 Genetisk overvåking av jerv i Skandinavia 2000-2007

Siden starten i 2000 har 3574 jervekskrementer blitt samlet inn i Skandinavia, hvorav 2350 (66 %) har gitt DNA av god nok kvalitet til å kunne analyseres. Prøvene har blitt samlet inn over hele Skandinavia med det største volumet i Sør-Skandinavia (Sør- og Midt-Norge, samt Jämtland og Dalarna på svensk side av grensen). En god del prøver er også blitt samlet inn i Nord-Sverige i forbindelse med kartlegging av yngelokaliteter (Flagstad et al. 2007a). Fra 2007 ble det også iverksatt innsamling av jervekskrementer i våre tre nordligste fylker.

I dette avsnittet vil vi oppsummere de viktigste resultatene fra disse åtte årene. Vi vil hovedsaklig fokusere på bestandsstørrelse over tid og diskutere populasjonstrenden i lys av årlig voksenoverlevelse og uttak av voksendyr fra bestanden. Videre vil vi undersøke populasjonsstrukturen på hele Nordkalotten, og diskutere graden av isolasjon i ulike deler av Skandinavia.

3.2.1 Geografisk fordeling av individer og forflytning mellom år

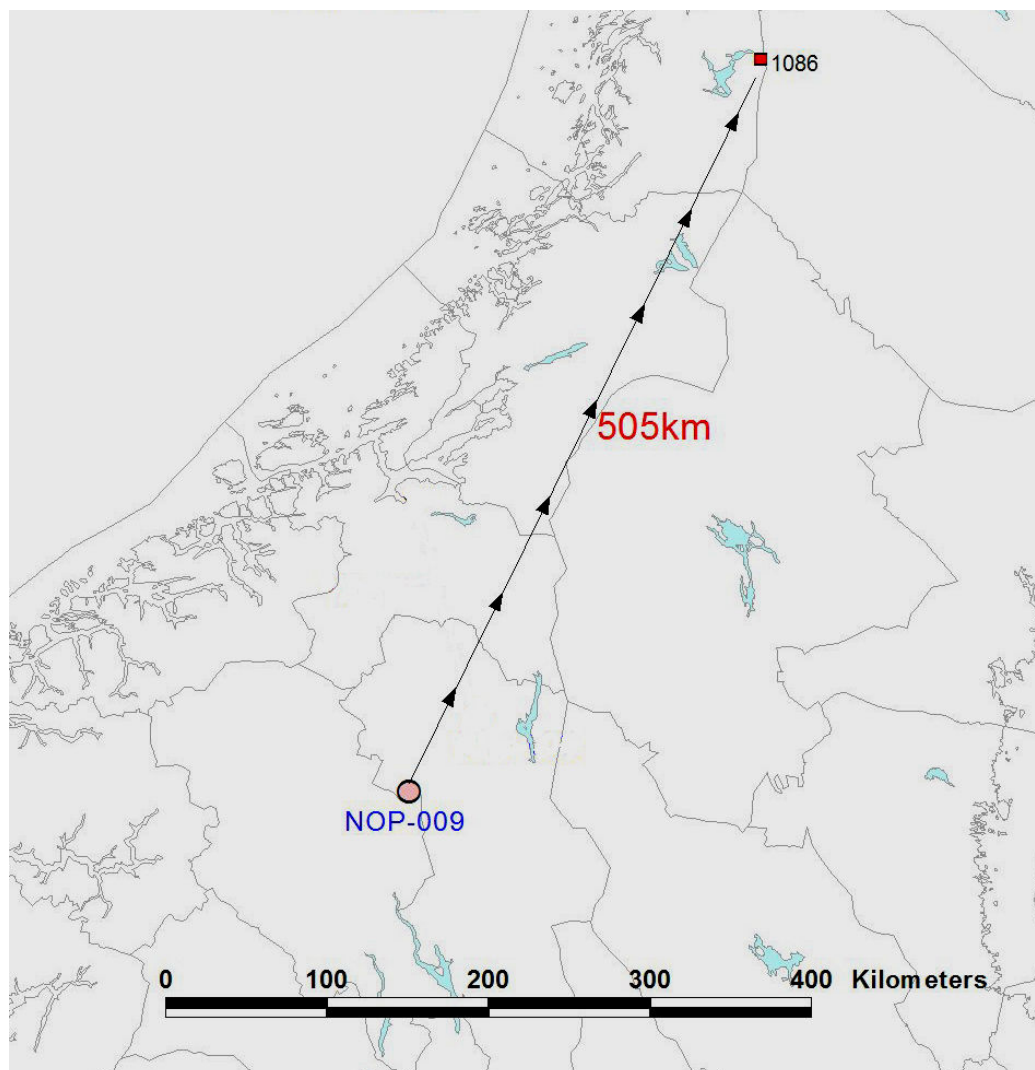
Figur 6 viser den geografiske fordelingen av individer over hele innsamlingsområdet i Sør-Skandinavia ved to tidspunkter; 2002-2003 og 2006-2007. Som vi har vist tidligere er fordelingen relativt stabil over hele området. Dersom en likevel skal forsøke å peke på eventuelle



Figur 6 Fordeling av jerv i Sør-Norge i 2002-2003 og 2006-2007. Hvert dyr er representert med ett datapunkt, også individer som var representert med flere prøver i ekskrementmaterialet.

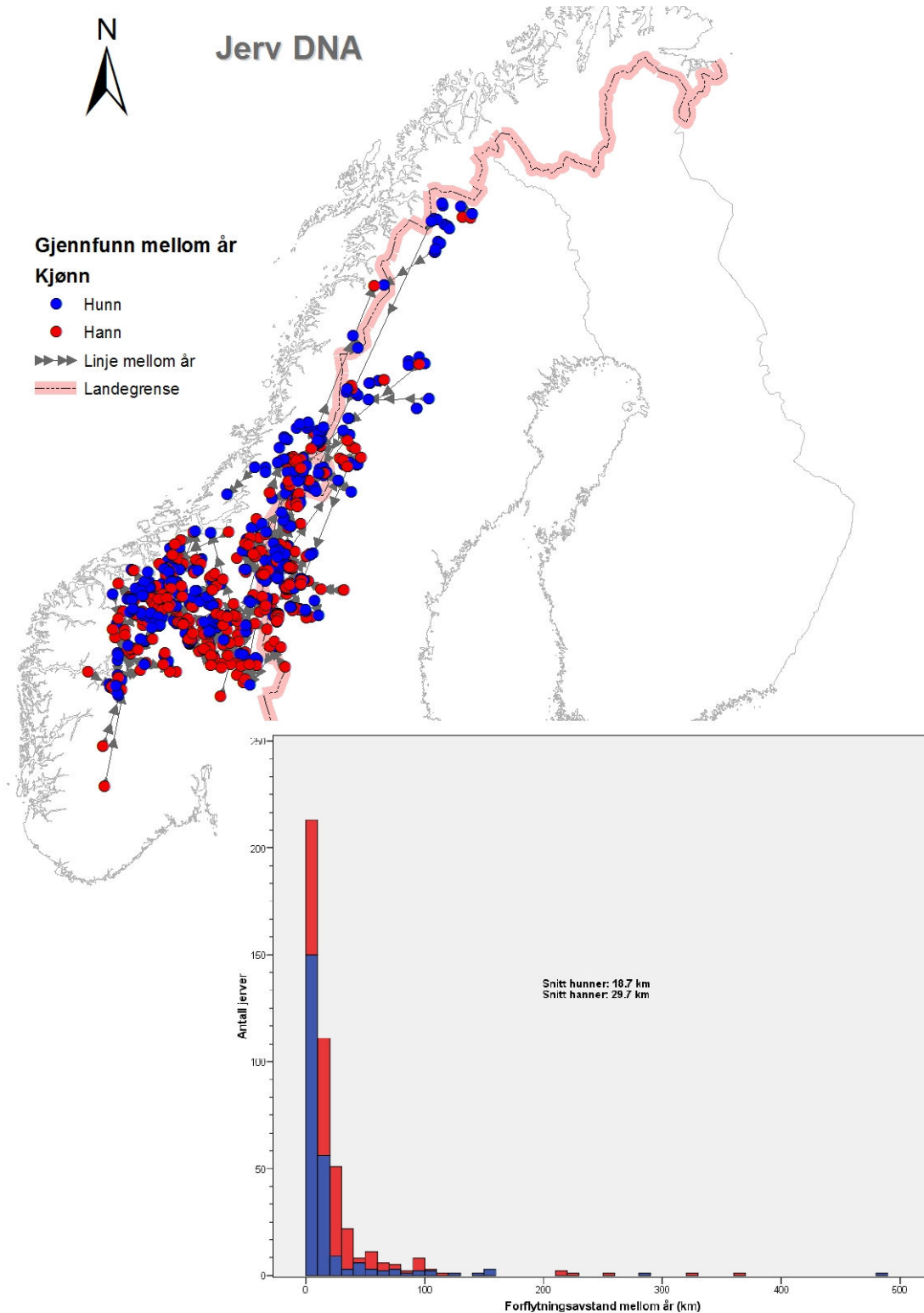
endringer i perioden, måtte det være en høyere tetthet av jerv i overgangen mellom de to delbestandene i 2006/2007, og at bestanden som helhet framstår noe mer sammenvokst i 2006/2007 i forhold til 2002/2003. Dersom denne tendensen holder seg vil de to delbestandene fortsette å vokse sammen og på sikt viske ut de genetiske forskjellene mellom dem. Det er imidlertid på sin plass å understreke at oppdelingen i delbestander fortsatt er høyst reell i 2007 og at det er relativt begrenset migrasjon og genflyt mellom dem. Dette vil bli diskutert i mer detalj senere i rapporten under seksjonen der vi setter populasjonsstrukturen over hele Nordkalotten under lupen.

I løpet av disse åtte årene har vi observert totalt 584 jerv, fordelt på 229 i Sør-Norge, 68 i Nord-Trøndelag, 60 i Nord-Norge, 110 i Jämtland og Dalarna og 117 i Västerbotten og Norrbotten (**Vedlegg 3**). Svært mange av de identifiserte individene er påvist flere år på rad. De fleste av disse oppholder seg i de samme områdene fra år til år. Fra tid til annen observerer vi imidlertid relativt lange forflytninger, som i de fleste tilfeller dreier seg om utvandring av ungdyr. Gjennom slik gjenfangst har vi blant annet påvist den lengste utvandringen av jerv som noensinne er dokumentert, en hann som var ID-merket som valp i 2003 i Oppland. Han ble i 2005 gjenfunnet i Mo i Rana, 505 km fra fødestedet (**Figur 7**; Flagstad et al. 2006). Også i 2006 fant vi en langdistansevandrer. Denne gangen var det snakk om ei tispe, som ble funnet første gang langt nord i Norrbotten i 2005. I 2006 fant vi henne igjen i Lierne, 486 km fra stedet der hun ble påvist ett år tidligere. Dette dreier seg igjen mest sannsynlig om ei ung, utvandrende tispe.

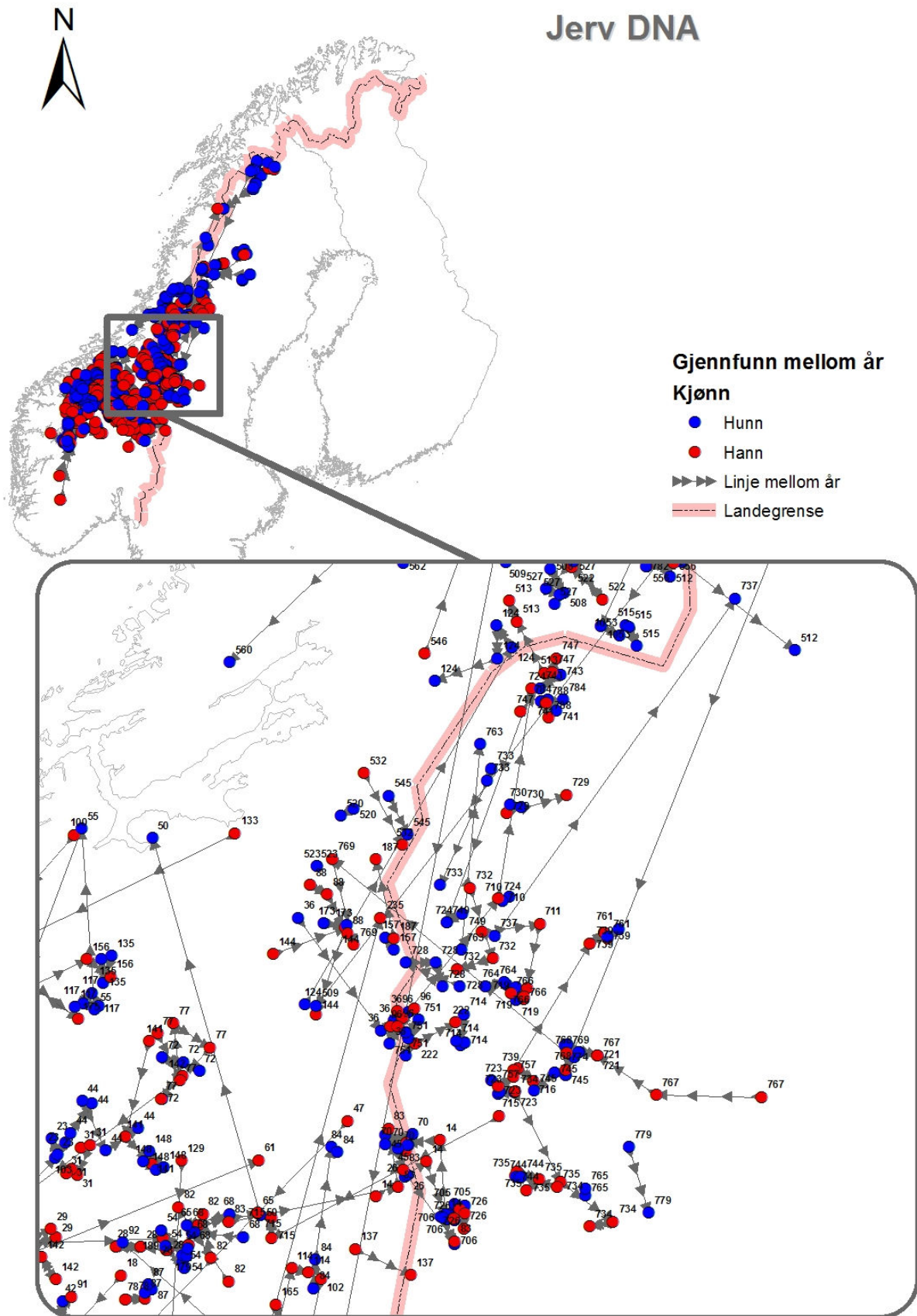


Figur 7 Den lengste dokumenterte utvandringen av jerv, det være seg i Skandinavia, Russland, eller Nord-Amerika.

Men de aller fleste individene holder seg altså i samme område år etter år. En oversikt over alle skandinaviske jerver som er blitt gjenfunnet minst en gang er illustrerende i så måte (**Figur 8**). Gjennomsnittlig årlig forflytningsavstand for hunner er 18,7 km, mens den for hanner er 29,7 km. Forflytning over landegrensene er relativt vanlig og understreker viktigheten av å ha en felles norsk/svensk jervforvaltning (**Figur 9**).

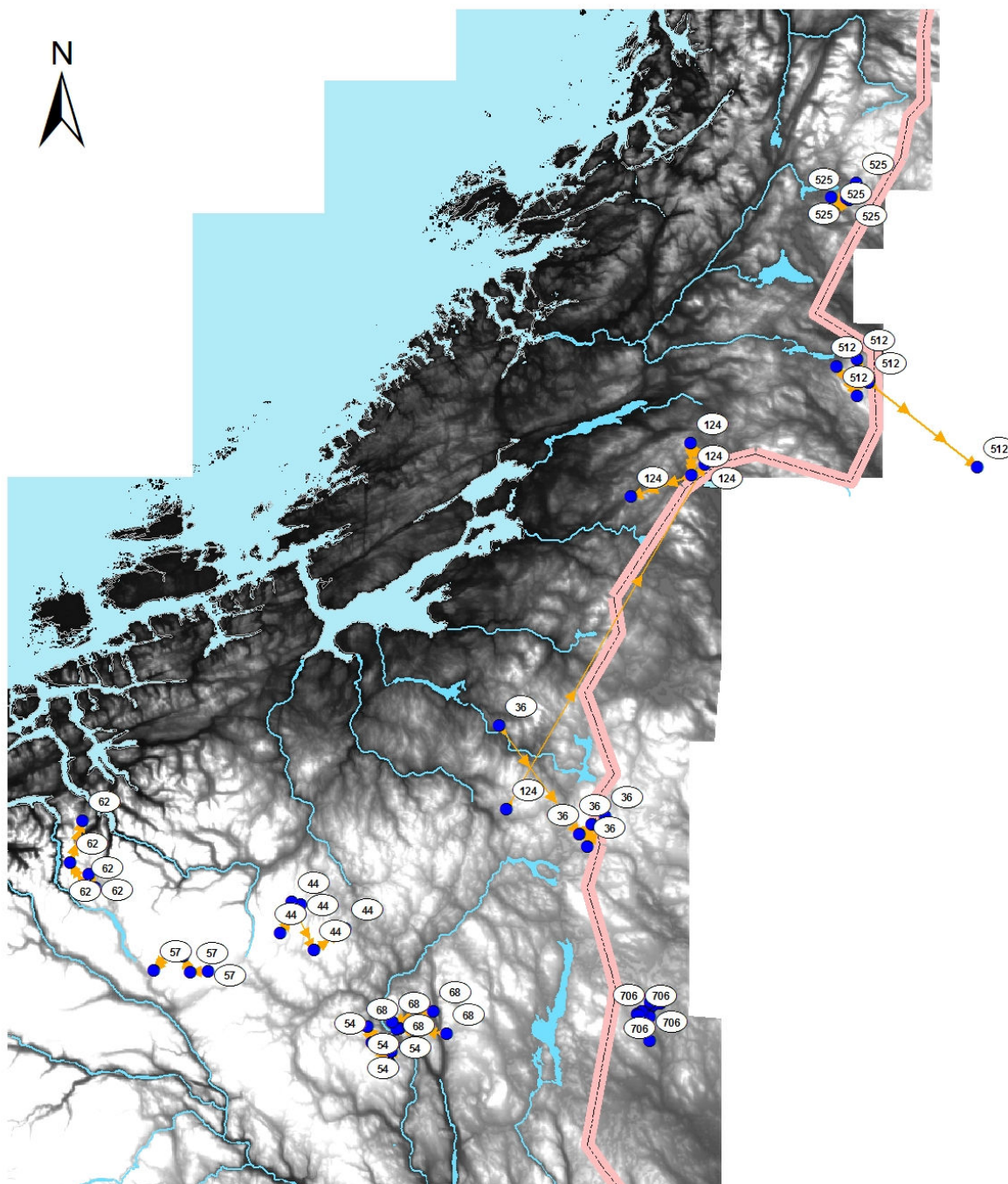


Figur 8 Alle skandinaviske jerver som er blitt gjenfunnet minst en gang i perioden 2000-2007. Målingene har tatt utgangspunkt i hvert individs midtpunkt i det enkelte år.

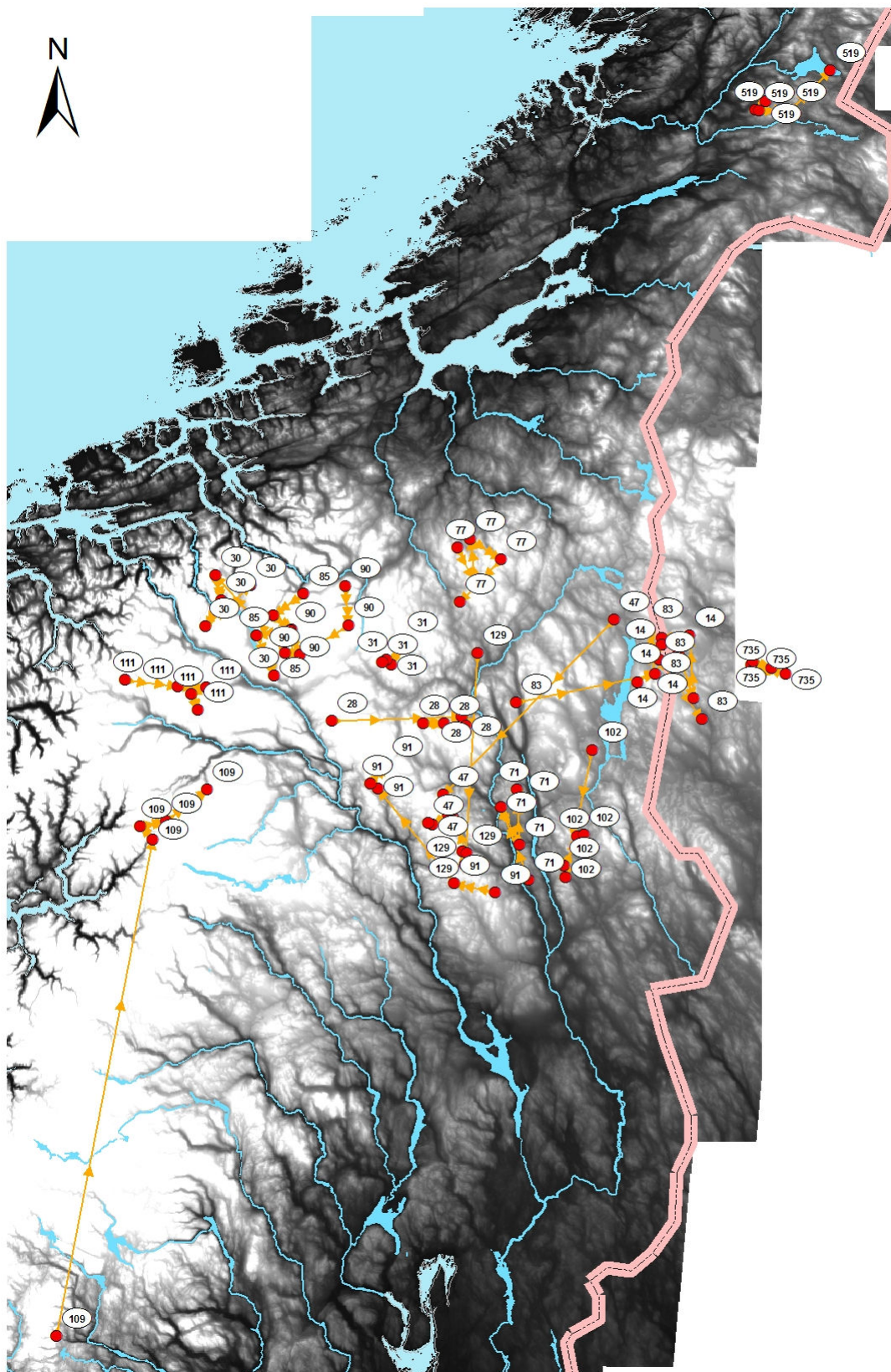


Figur 9 Gjenfangst av jerv i nærheten av riksgrensa mellom Norge og Sverige

En god del av de dyra som vi observerer gjentatte ganger er territorieholdende individer. På denne måten kan man følge områdebruken deres fra år til år. **Figur 10 og 11** viser henholdsvis hunner og hanner som er påvist fem år eller mer. For noen av individene ligger den første observasjonen et stykke unna observasjonene for de påfølgende åra. Dette gjelder for eksempel hannene 47, 83 og 109, samt hunnene 36 og 124. Disse fem individene er således påvist før eller under utvandring, før de senere slår seg til ro i et relativt avgrenset område. Det kan også være verdt å legge merke til Ind109 som ble påvist første gang i 2002. Han er definitivt ikke født så langt sør da det ikke har vært yngling her i nyere tid. Mer trolig er han identifisert første gang mens han har vært ute på rekognosering (såkalte exploratory movements; Vangen et al. 2001). Siden har han returnert til yngleområdet for jerv i Sør-Norge og sannsynligvis reproduisert flere ganger siden 2003.



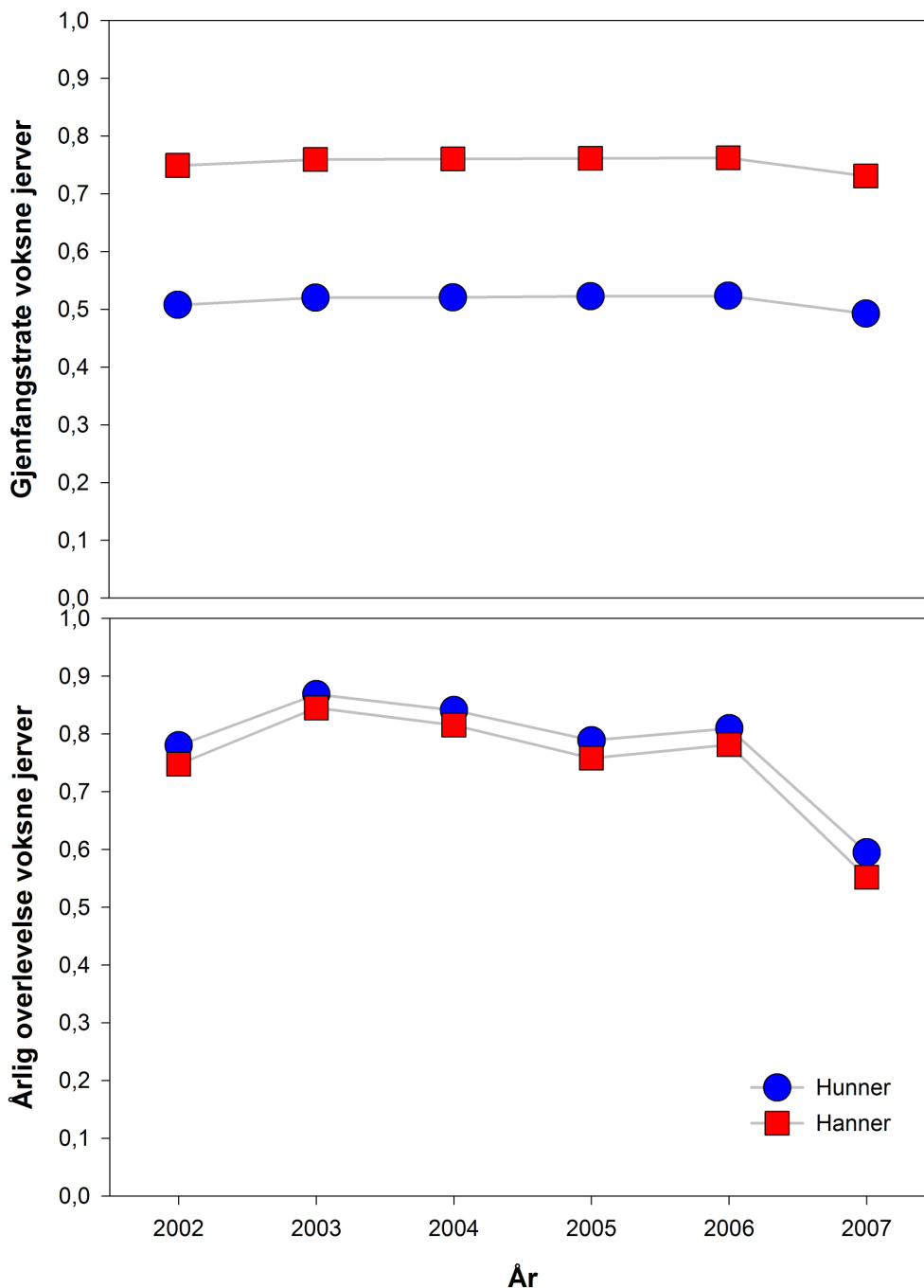
Figur 10 Jervtisper påvist fem år eller mer. Hvert individ er representert med midtpunktet for hvert av årene de er observert. Pilene antyder forflytning mellom år.



Figur 11 Jervhanner påvist fem år eller mer. Hvert individ er representert med midtpunktet for hvert av årene de er observert. Pilene antyder forflytning mellom år.

3.2.2 Årlig voksenoverlevelse for jerv i Sør-Norge

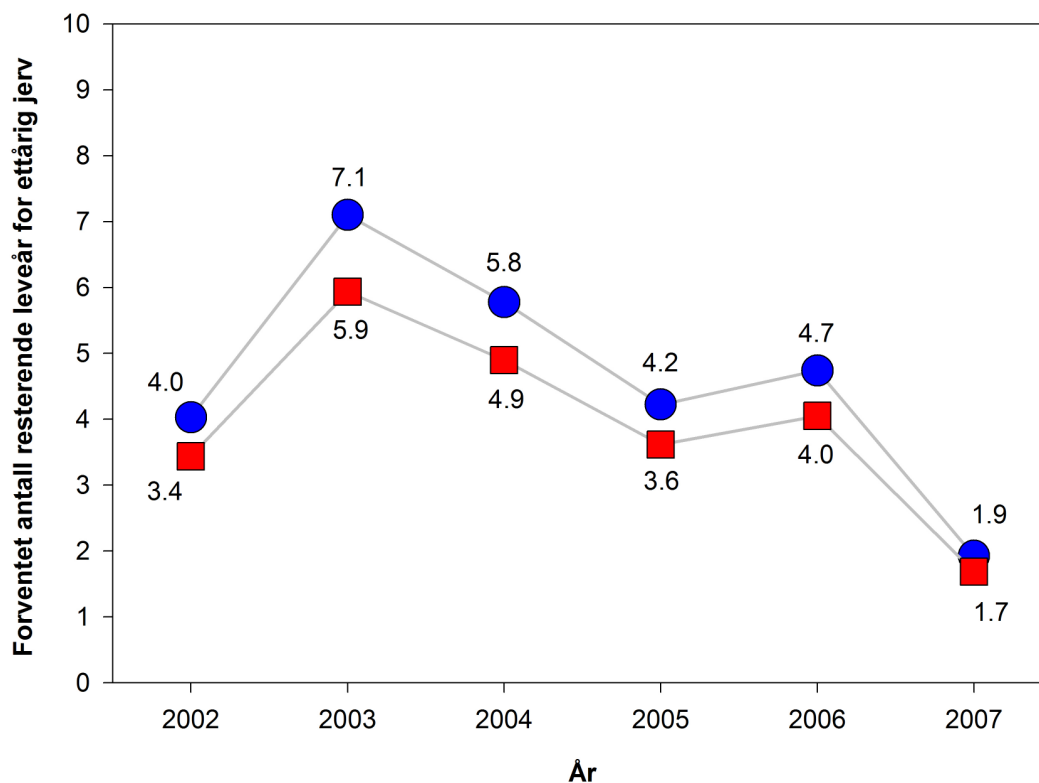
En modell med mellomårsvariasjon i årlig overlevelse, samt forskjell i gjenfangstrate (sannsynligheten for å bli påvist gitt at individet er i live) mellom kjønn hadde mest støtte i dataene (**Tabell 1**). Gjenfangstraten er langt høyere for hanner enn for hunner i perioden 2001-2007 i Sør-Norge, med et gjennomsnitt på 75 % for hanner mot bare 51 % for hunner (**Figur 12**). Flere faktorer kan være med å forklare denne store kjønnsforskjellen i gjenfangbarhet. Det kan være at hannene beveger seg over større områder enn tispene og således har større sjanse for å bli observert. Likeledes kan det være at markeringsatferden med ekskrementer er ulik mellom kjønnene. En tredje mulighet er at dette har sammenheng med ynglefrequensen til tispene og at overvåkingsarbeidet i ulik grad klarer å fange opp ynglende versus ikke-ynglende tisper.



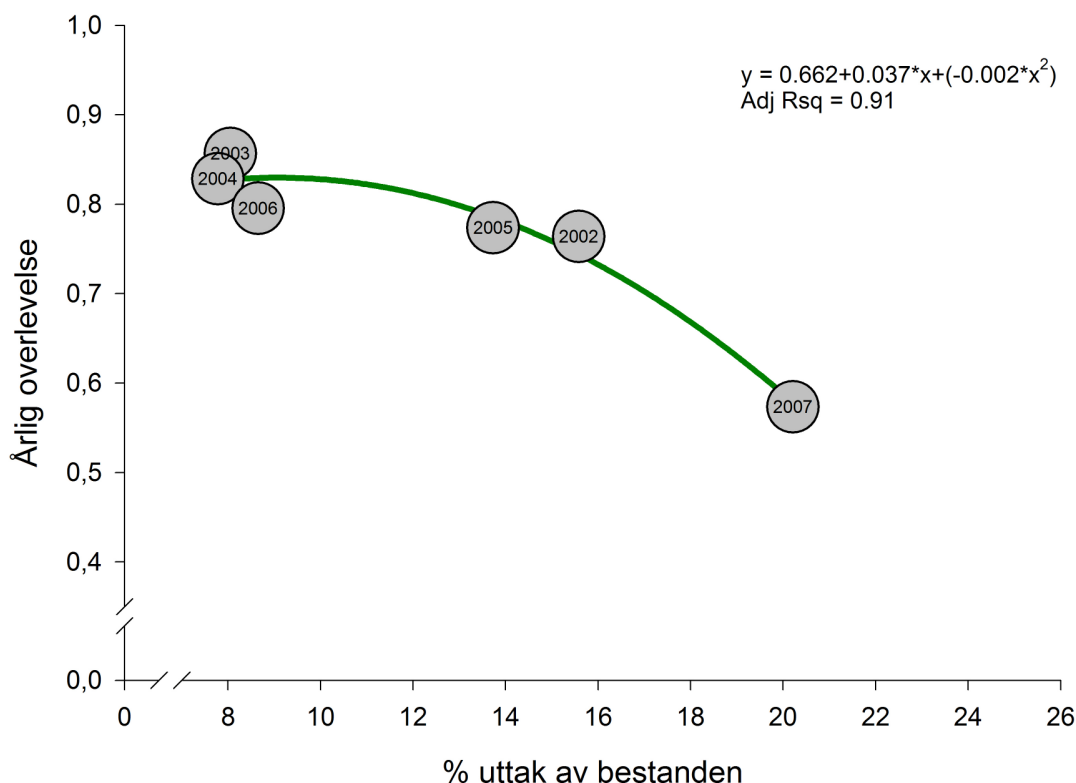
Figur 12 Gjenfangstrate og årlig voksenoverlevelse i Sør-Norge i perioden 2001-2007

Analysene av den årlige overlevelsen antyder en liten forskjell mellom hanner og hunner (i størrelsesorden 2-5 %, **Figur 12**). I perioden er det en tydelig mellomårsvariasjon i årlig overlevelse hos begge kjønn med en ganske markert reduksjon av overlevelsen i det siste tidssteget (**Figur 12**). For hunnene er den gjennomsnittlige overlevelsen i de fem første årene 82 %, mens den synker til 59 % i 2007. Tilsvarende tall for hannene er 79 %, og ned til 55 % i 2007. Omregner vi disse årlige overlevelsesestimaterne til leveår ser vi tydeligere hvilken effekt en slik reduksjon i årlig overlevelse har. For hunnene betyr det at forventet antall resterende leveår reduseres fra et snitt på 5,2 år i perioden 2001-2006 til 1,9 år i 2007. For hannene er det en reduksjon fra 4,4 til 1,7 år (**Figur 13**).

Den betydelige reduksjonen i overlevelse er sammenfallende med den markante nedgangen i bestandsstørrelse i Sør-Norge i 2007 (**Figur 5**). En av årsakene til bestandsreduksjonen kan være en betydelig økning i uttaket av voksendyr i 2006/2007 sammenlignet med tidligere år, og det er rimelig å anta at et økt uttak vil ha en synlig påvirkning på den årlige overlevelsen. Vi testet denne hypotesen eksplisitt ved å analysere en modell med det prosentvise uttaket av voksne jerver i bestanden som kovariat. Dette gir en langt bedre forklaringsmodell enn ved bruk av bare tidsvariasjon i årlig overlevelse. Sammenligner man disse modellene, har den med prosentvis uttak 25 ganger mer støtte enn den med bare tidsvariasjon. Sammenhengen kan tydelig illustreres ved plotting av den årlige overlevelsen mot det prosentvise uttaket fra bestanden (**Figur 14**). Vi konkluderer altså med at det økte uttaket av jerv i 2006/2007 har hatt en betydelig påvirkning både på bestandsstørrelse og overlevelse i den sør-norske jervbestanden. Det er klart at hvis man over tid har en så lav årlig voksen overlevelse som det som er påvist i 2007 vil man ikke kunne opprettholde jervebestanden i disse områdene på sikt. Utslagene er relativt store, og bør tas høyde for når fremtidige kvoter for lisens- og skadefelling fastsettes. I denne sammenhengen kan vi nevne at antall hiuttak i Sør-Norge økte fra ett i 2006 til fem i 2007, noe som også kan ha hatt en betydelig negativ påvirkning på rekrutteringen inn i bestanden. Men dette vil vi først kunne evaluere når bestandsestimatene for 2008 er klare.



Figur 13 Forventet antall resterende leveår for ettårig jerv i perioden 2002-2007.



Figur 14 Årlig overlevelse i perioden 2002-2007 som funksjon av det prosentvise uttaket av voksendyr i bestanden.

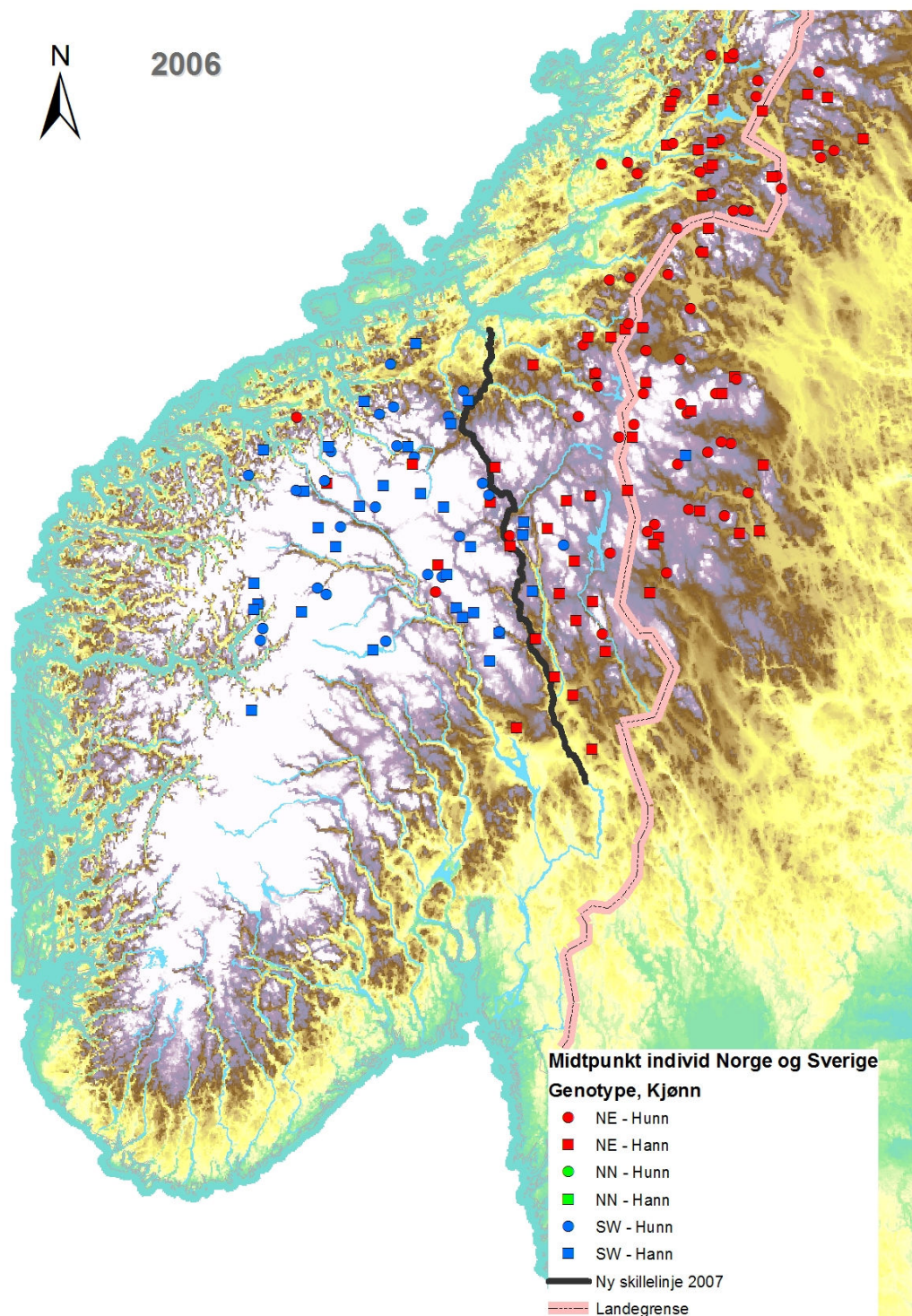
3.3 Jervens populasjonsstruktur på Nordkalotten

Tidligere analyser har vist at den skandinaviske jervbestanden består av to genetisk distinkte delbestander (Flagstad et al. 2007b), og i denne sammenhengen har vi identifisert en korridor som markerer et tydelig skille mellom de østligste og de mer sentrale delene av utberedelsesområdet i Sør-Norge. Jerv i den østlige delen av utberedelsesområdet hører til den samme østlige delbestanden som individer fra Jämtland, Dalarna og Nord-Trøndelag, mens jerv vest for korridoren utgjør en genetisk distinkt vestlig delbestand i Sør-Norge. Individene på hver side av korridoren har altså sine karakteristiske genetiske profiler; (1) østlig/nordlig genetisk profil og (2) vestlig/sørlig genetisk profil.

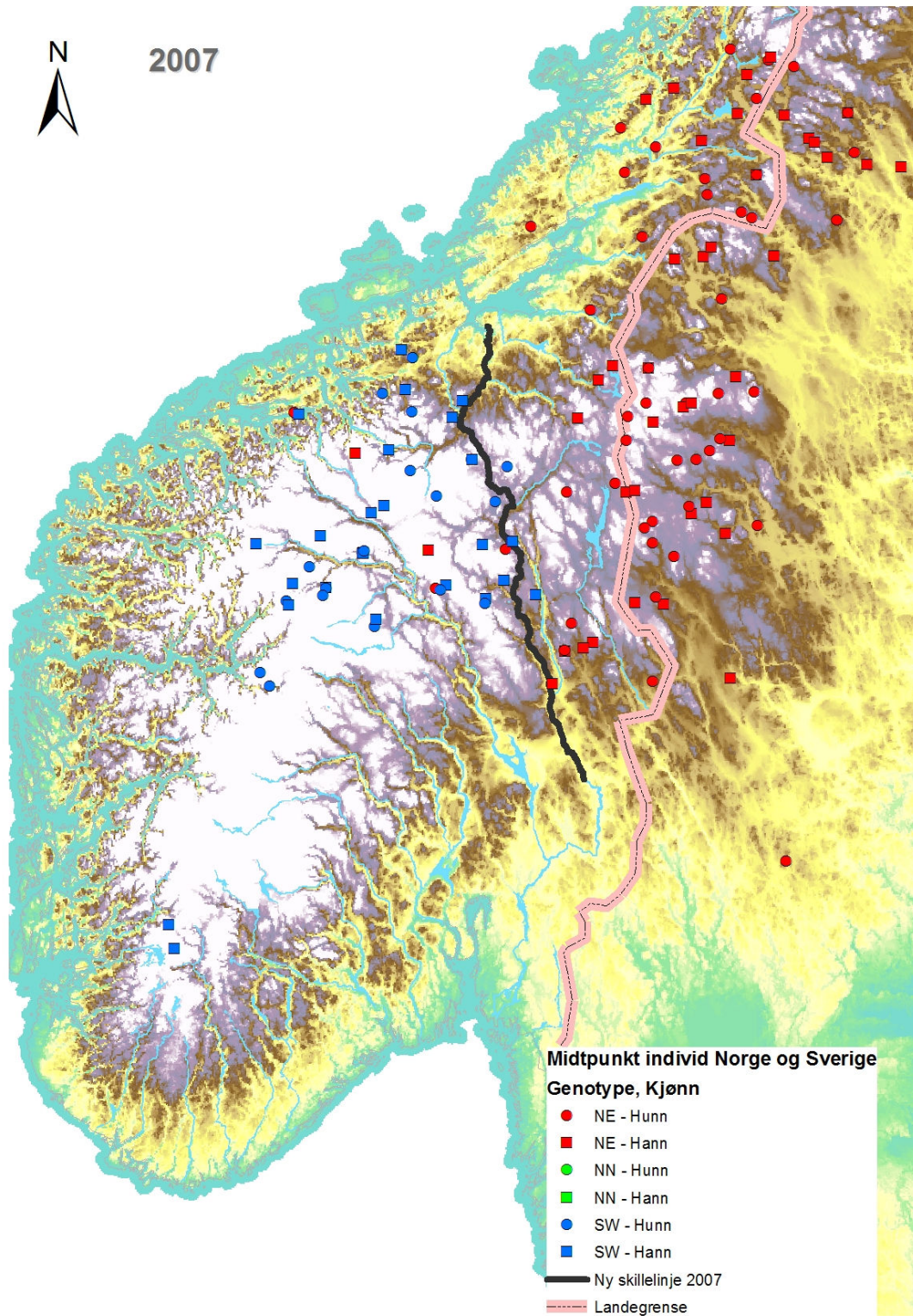
Vi har tidligere sett at skillet mellom de to delbestandene sammenfaller med Glomma og Østerdalen, og det er klare habitatsforskjeller mellom østsiden og vestsiden av Østerdalen. I vest er det overveiende fjellhabitat, mens det i øst er en betydelig større andel av skogshabitat. En kan tenke seg at unge jerver som lærer seg å skaffe mat i en bestemt habitattype (f.eks. fjell) i forbindelse med utvandring vil være lite villig til å slå seg ned i et område med et helt annet miljø (f.eks. skog). Habitatforskjeller kan således være med på å forklare den relativt begrensede migrasjonen mellom de to delbestandene.

Figur 15 og **16** viser den genetiske tilhørigheten til jerven øst og vest for Østerdalen i 2006 og 2007. Til forskjell fra tidligere år har vi nå latt skillet følge dalførene mellom de to delbestandene (i grove trekk: E6 fra Trondheimsfjorden til Ulsberg → Rv3 fra Ulsberg til Tynset → Glomma sørover). Hovedmønsteret er altså genetisk distinkt jerv i to delbestander på hver side av

Østerdalen, med noen få immigranter på hver side. Vi så fra fordelingen av jerv i Sør-Skandinavia (**Figur 6**) at bestanden tilsynelatende var i ferd med å vokse sammen. Dersom immigrantene også reproducerer jevnlig i sine nye områder kan det genetiske skillet på sikt bli mindre og vi vil få en sammenhengende jervbestand i Sør-Skandinavia. Enn så lenge er det imidlertid lite som tyder på at den nåværende genflyten er stor nok til å viske ut de genetiske forskjellene mellom delbestandene.

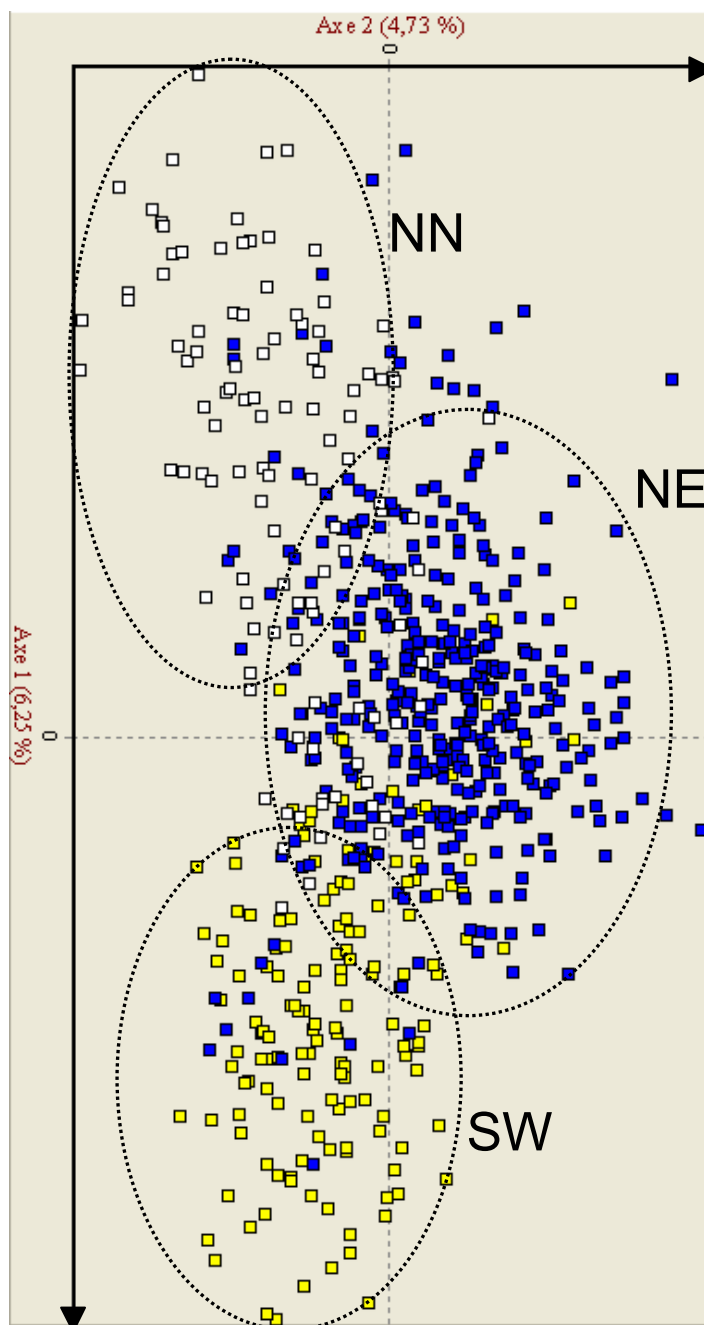


Figur 15 Sør-Skandinaviske jervindivider fra 2006 med genetiske tilhørighet (blå = vestlig genotype; rød = østlig genotype; firkant = hann; sirkel = hunn). Den svarte linja markerer skillet mellom østlig og vestlig delbestand.



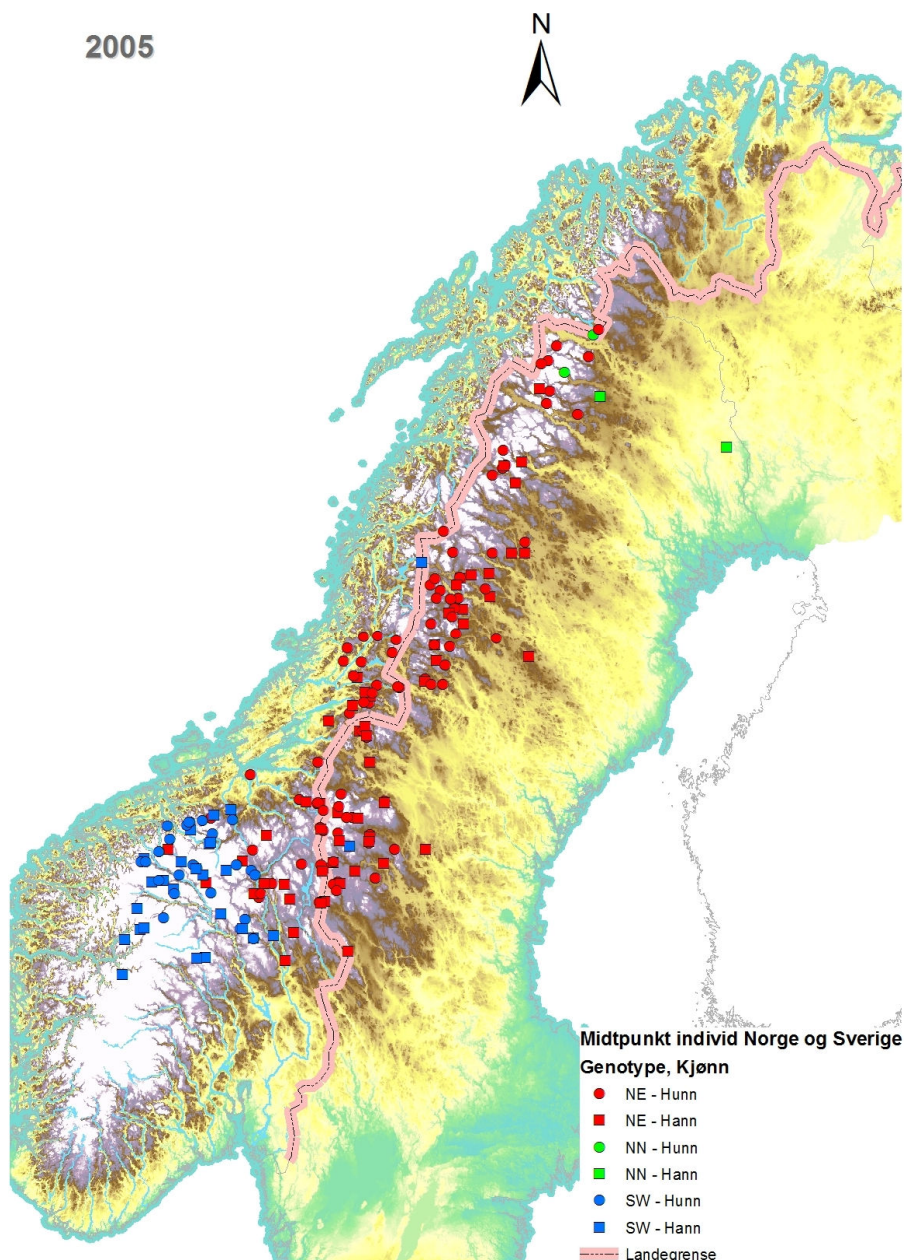
Figur 16 Sør-Skandinaviske jervindivider fra 2007 med genetiske tilhørighet (blå = vestlig genotype; rød = østlig genotype; firkant = hann; sirkel = hunn). Den svarte linja markerer skillet mellom østlig og vestlig delbestand.

Vi har nå utvidet analysene ved å inkludere jerv fra Nord-Skandinavia. Dette gjelder hiovervåkingsmaterialet fra Norrbotten og Västerbotten 2002-2007 samt materiale fra Nordland, Troms og Finnmark i 2007. I en egen analyse av jerv fra Nord-Norge viste vi at jerv i Finnmark og delvis Troms var genetisk forskjellig fra jerv lengre sør i landsdelen (Flagstad et al. 2007c). Dette mønsteret holder seg når vi analyserer alle jerver identifisert fra ekskrementinnsamlingen i Skandinavia 2000-2007. Bestanden består således av tre delbestander, som hver har en distinkt genetisk sammensetning (**Figur 17**): **(1)** En sørvestlig delbestand av sørnorsk jerv vest for Østerdalen (SW). **(2)** En stor østlig bestand av jerv øst og nord for Østerdalen. All svensk jerv, samt jerv fra Nordland og Nord-Trøndelag tilhører denne gruppen (NE). **(3)** Jerv i Troms og Finnmark (NN).

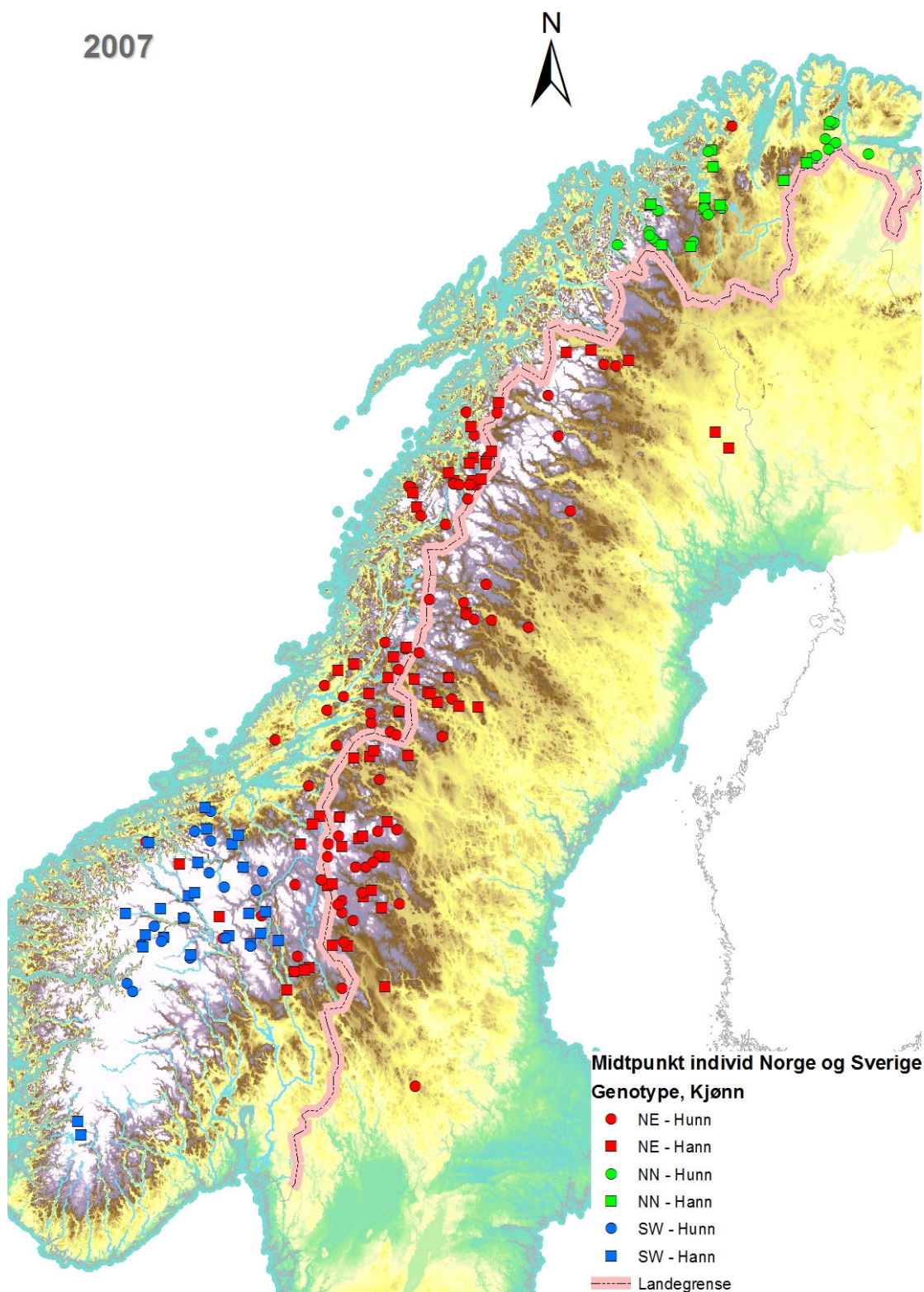


Figur 17 Clustringsanalyse av skandinavisk jerv. Firkantene symboliserer enkeltindivider og avstanden mellom dem indikerer relativt slektskap. Gul = Sørnorsk jerv vest for Østerdalen. Blå = Sørnorsk jerv øst for Østerdalen, jerv identifisert i Nord-Trøndelag og Nordland, samt alle svenske jerver. Hvit = Jerv identifisert i Troms og Finnmark. De tre genetisk definerte delbestandene er angitt med blokkbokstaver.

Mellom hver av delbestandene er det begrenset utveksling av dyr. Enkelte immigranter finner vi dog, spesielt i den sørvestlige delbestand, men også i de to andre (**Figur 18, 19**). I 2007 finner vi blant annet et dyr i Kvalsund kommune som har sin opprinnelse i delbestand lenger sør. Et annet eksempel er fra 2005, da vi finner fire immigranter med nordlig opprinnelse i Norrbotten. Det er foreløpig uklart hvor skillet mellom delbestand 2 og 3 går gjennom landskapet, og hvorvidt det er daler, fjordarmer eller lavtliggende vidder som danner grunnlaget for isoleringen. Dette vil vi kunne undersøke i mer detalj når hele Troms og Nordland inkluderes i analysene fra og med 2008. Det kan være verdt å nevne at den genetiske variasjonen i Troms og Finnmark er ca 20 % lavere enn i Norrbotten og Västerbotten. Dette kan tyde på relativt lave bestandsstørrelser over tid i våre nordligste områder.



Figur 18 Jerv på Nordkalotten i 2005 med genetisk tilhørighet symbolisert med ulike farger.



Figur 19 Jerv på Nordkalotten i 2007 med genetisk tilhørighet symbolisert med ulike farger.

3.4 DNA-basert overvåking av jerv i Skandinavia – veien videre

Den DNA-baserte overvåkingen av jerv i Skandinavia har siden starten i 2000 i hovedsak vært rettet mot Sør-Skandinavia, med fokus på bestandsutvikling og utveksling av dyr over Østerdalen. I 2007 startet man innsamling av materiale også i våre tre nordligste fylker, og det er naturlig at det videre arbeidet samordnes i størst mulig grad i sør og nord, slik at vi får en helhetlig rapportering for hele Norge. I og med at den norske bestanden i høyeste grad henger sammen med den svenske, vil det også være naturlig å ta med mest mulig av svensk materiale inn i en slik helhetlig rapport. Materiale som siden 2002 er blitt samlet inn i Jämtland og Dalarna har siden 2003 vært brukt i en felles rapport. Derimot har rapporteringen rundt skogsjervbestanden i Sverige, en liten isolert bestand i skogslandet langt øst i landet, hittil vært helt uavhengig av rapporteringen for andre deler av Skandinavia (se for eksempel Flagstad et al. 2007d). Skogsjervbestanden har sin opprinnelse i den svenske jervbestanden, og det vil således falle naturlig å ta inn også denne i en helhetlig rapport for Skandinavia. I Nord-Sverige (Västerbotten og Norrbotten) har man så langt kun fokusert på ynglinger og brukt DNA-resultatene som en ekstra parameter i kartleggingen av antall ynglinger. Selv om dette trolig vil være hovedfokus også i årene framover, vil vi likevel ta med resultatene herfra i en felles rapport, for å få et best mulig helhetlig bilde av jervbestanden i Skandinavia. For å kartlegge i mer detalj hvor skillet mellom den de to nordligste delbestandene går og hvor "skarpt" dette er, kan det være at man må ha en mer heldekkende innsamling av ekskrementer i Nord-Sverige. Særlig med tanke på utveksling mot Finnmark-Troms hvor vi har påvist relativt lav genetisk variasjon.

Når det gjelder selve resultatene av DNA-analysene, vil Rovbasen i enda større grad enn tidligere være et meget sentralt formidlingsforum. Så snart en prøve har fått sin ID-kode, vil dette bli gjort tilgjengelig i Rovbasen. Forvaltende myndigheter kan således ta i bruk denne informasjonen tidligere enn før, uten å måtte vente på selve rapporten. Planen er at også den skrevne fellesrapporten skal bli klar i midten av februar, før neste innsamlingen for neste sesong igangsettes.

Hvilke hovedmålsetninger bør vi så ha for å sikre at potensialet som ligger i metoden blir utnyttet så godt det lar seg gjøre. En naturlig målsetning må være å få gode bestandsestimater for hele Norge, ikke bare Sør-Norge. Dette vil avhenge av stor innsamlingsinnsats slik at dekningsgraden i de ulike områdene blir så god som overhodet mulig. Det vil også være svært relevant og nyttig for forvaltningen å sammenligne bestandsutviklingen i Norge og Sverige. Dette for å kunne vurdere den langsiktige effekten av jakt i Norge mot et kontrollområde der det ikke jaktes i det hele tatt (Jämtland og Dalarna).

Vi har i denne rapporten for første gang vist hvordan individdata samlet inn over mange år kan benyttes til å estimere årlig overlevelse av voksendyr i bestanden, og samtidig brukes til å teste hypoteser for effekten av ulike påvirkningsfaktorer. En naturlig videreføring av dette arbeidet vil være å gjøre tilsvarende analyser for Jämtland og Dalarna, der vi har gode data siden 2002. Et interessant aspekt ved disse analysene vil være muligheten til å sammenligne årlig overlevelse hos voksendyr i områder med og uten jakt. Etter hvert som dataene akkumulerer i våre tre nordligste fylker, vil slike overlevelsesanalyser sammen med gode bestandsestimater bidra til meget tett oppfølging av bestandsutviklingen også her, slik at for eksempel uttakskvotene raskt skal kunne justeres ved behov. En annen viktig parameter, som vi per i dag har et svært begrenset datagrunnlag på, er overlevelsen og spredningen til nullåringer. Her har vi en utfordring i å skaffe materiale, men i forbindelse med yngleregistreringen bør man kunne finne ullhår fra valpene. Dersom slike hår lagres tørt bør en brukbar andel kunne gi DNA av god nok kvalitet til å analyseres. Dermed vil vi kunne gjøre overlevelsesanalyser også på nullåringer, som i sin tur vil danne et viktig grunnlag for å vurdere rekrutteringen inn i bestanden.

Dersom vi får data på nullåringer, åpner det seg helt nye muligheter også i selve DNA-kartleggingen av bestanden. Med kjent mor vil presisjonen på slektskapsanalysene kunne høynes ytterligere, og man kan se for seg muligheten for å lage et relativt detaljert slektskapstre for deler av bestanden. Man kan i neste omgang se på ulike parametre der informasjon om slektskap er helt essensielt. Dette vil for eksempel gjelde analyser av reproduksjon.

sjonssuksess og eventuell variasjon mellom ulike segmenter i bestanden. Denne parameteren er meget viktig i modellering av populasjonens langsiktige overlevelse. Videre kan man se på effekter av innavl, der grad av innavl kan kobles til ulike parametre, som for eksempel antall avkom, valpevekt, valpeoverlevelse, voksenoverlevelse, og reproduksjonssuksess. Vi vil i denne sammenhengen se spesielt på situasjonen i Finnmark, der vi avdekket flere tilfeller av innavl i 2007. Materiale av tisper med unger som er tatt på hiuttak de siste årene, vil i denne sammenhengen kunne være svært relevant å undersøke nærmere, ved å se på sammenhengen mellom innavlsnivået og antall valper og valpevekt for hvert enkelt kull.

Når det gjelder eventuell immigrasjon fra en østlig jervbestand i Finland og Russland har våre analyser tidligere vist at jerven i sentrale deler av Finland er genetisk klart forskjellige fra jerv i Nord-Skandinavia (Flagstad et al. 2007c). I vurderingen av disse resultatene er det viktig å huske at det er svært tynt med jerv i nordlige deler av Finland, og det er ikke gitt at jerv som måtte finnes i disse områdene er forskjellig fra jerven i Nord-Norge og/eller Nord-Sverige. Det virker snarere mer sannsynlig at jerv i Nord-Finland har samme genetiske opprinnelse som den svenske jerven. Disse betraktningene vil imidlertid kun forbli spekulasjoner inntil materiale av jerv fra Nord-Finland blir samlet inn og analysert. En naturlig målsetning for de neste årene må være å etablere et tett samarbeid med finske institusjoner slik at disse hypotesene kan testes.

4 Konklusjon

I denne rapporten har vi presentert de viktigste resultatene fra den DNA-baserte overvåkingen av jervbestanden i Sør-Norge i 2007. Videre har vi forsøkt å samle trådene fra de siste åtte åra ved å oppsummere de viktigste resultatene i et Skandinavisk perspektiv. Vi har videre forsøkt å stake ut veien videre, og sett på muligheten til å øke informasjonsverdien ytterligere for forvaltende myndigheter. I den sammenhengen er det kanskje spesielt viktig å trekke fram de kombinerte resultatene fra bestandsestimeringen og analysene av voksenoverlevelse i Sør-Norge. Vi påviste en simultan nedgang i bestandsstørrelse og voksenoverlevelse, og at voksenoverlevelsen var sterkt korrelert med uttak i bestanden. Etter hvert som data akkumulerer også i andre deler av Skandinavia, vil slike overlevelsesanalyser sammen med gode bestandsestimater bidra til at bestandsutviklingen kan følges meget tett, slik at for eksempel uttakskvotene raskt skal kunne justeres ved behov. Vi har også vist at jerven på Nordkalotten er delt inn i tre delbestander, og at den genetiske variasjonen i den nordligste av dem (Troms/Finmark) er relativt lav sammenlignet med for eksempel variasjonen i jervtette områder i Sverige. Dette kan tyde på relativt lave bestandsstørrelser over tid lengst nord i landet.

Vi vil i de kommende årene fortsette å fokusere på bestandsutvikling, overlevelse og utveksling av dyr mellom delbestander. For å øke vår forståelse av jervens bestandsdynamikk og genetiske struktur må det jobbes for å samle inn data som bedrer vår kunnskap om overlevelse og spredning av jervevalper. Videre ser vi at det i årene som kommer er behov for å øke vår kunnskap om den genetiske strukturen på jerv i Troms og Finnmark sett opp i mot tilgrensende områder i våre naboland, og da spesielt i Finland. Selve resultatene fra DNA-analysene vil suksessivt rapporteres i Rovbasen, og perspektivet på analysene vil være Skandinavisk snarere enn ensidig fokus mot enkeltbestander eller områder.

5 Referanser

- Andersen, R. & Brøseth, H. 2006. Yngleregistreringer av jerv i Norge 2006. - NINA Rapport 183.
- 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., Andersen, R., Wårdig, C., Johansson, M., Brøseth, H. & Ellegren, H. 2006. Populasjons-overvåking av jerv ved hjelp av DNA-analyse fra ekskrementer – Rapport 2005. NINA Rapport 165. 42 s.
- Flagstad, Ø., Balstad, T., Østborg, G., Brøseth, H. 2007. DNA-basert overvåking av jerv i Nord-Norge vinteren 2006/2007. - NINA Rapport 310. 34 s.
- Flagstad, Ø., May, R., Wårdig, C., Johansson, M., Andersen, R., Brøseth, H. & Ellegren, H. 2007. Populasjonsovervåking av jerv ved hjelp av DNA-analyse fra ekskrementer. Rapport 2006. - NINA Rapport 251. 39 s.
- Flagstad, Ø., May, R., Wårdig, C., Johansson, M. & Ellegren, H. 2007. Hiovervåking ved hjelp av DNA-analyse fra jerv-ekskrementer vinteren 2006/2007. - NINA Rapport 298. 27 s.
- Flagstad, Ø., May, R., Wårdig, C., Johansson, M., Ellegren, H. 2007. DNA-basert overvåking av de små skogsjervbestandene i Gävle-borgs og Västernorrlands län. Rapport 2006. - NINA Rapport 265, 15 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, O., Segerstrom, P., Persson, J., Landa, A. & Ellegren, H. 2004. DNA-based individual and sex identification from wolverine (*Gulo gulo*) faeces and urine. - *Conservation Genetics* 5: 405-410.
- 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.
- OConnell, 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., red. 2006. Järvens status och ekologi i Sverige. Rapport i regi av Statens offentliga utredningar i Sverige. - www.sou.gov.se/storarovdjur/PDF/Art-beskrivning%20järv%20v5.pdf.
- Pritchard, J. K., Stephens, M. & Donnelly, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. - *Genetics* 155: 945-959.
- 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

Fungerende norske ekskrementprøver fra 2007 (Kjønn: M=hann; F=hunn)

Individ	Kjønn	Prøver							
Sør-Norge									
Ind14	M	D400583							
Ind17	F	D400334	D400344	D400582					
Ind20	F	D400361							
Ind28	M	D400333	D400339	D400614					
Ind30	M	D400771							
Ind33	F	D401379							
Ind42	F	D400295							
Ind45	F	D400735	D400736	D400737					
Ind71	M	D400575							
Ind85	M	D400307							
Ind90	M	D400297	D400304	D400309	D400310	D400407			
Ind93	F	D400345	D400363	D400364					
Ind103	F	D400314							
Ind109	M	D400360							
Ind111	M	D400351							
Ind123	F	D400276							
Ind129	M	D400385	D400391						
Ind130	F	D400768							
Ind142	M	D400340	D400408	D400412					
Ind144	M	D400732							
Ind148	F	D400599							
Ind153	M	D400350	D400366						
Ind159	F	D400316a	D400316b						
Ind175	M	D400784	D400785						
Ind179	F	D400576	D400578						
Ind182	F	D400782	D400783						
Ind183	F	D400317	D400318	D400321	D400327	D400764	D400769		
Ind186	M	D400329	D400330	D400370					
Ind198	F	D400382	D400383	D400404					
Ind199	M	D400663	D400665	D400780	D400786				
Ind202	F	D400776	D400777	D400778					
Ind204	F	D400380	D400381						
Ind214	F	D400389							
Ind215	M	D400616	D400765						
Ind216	F	D400286	D400288						
Ind223	M	D400580							
Ind225	M	D400285	D400289	D400290	D400291	D400294	D400277	D400278	D400283
Ind227	M	D400774	D400775						
Ind228	F	D400586	D400588	D400598					
Ind229	M	D400347	D400373						
Ind230	F	D400585	D400590	D400591	D400593				
Ind231	M	D400579							
Ind232	F	D400343							

Ind233	M	D400323	D400325	D400326	D400328					
Ind234	M	D400248								
Ind235	M	D400726	D400730							
Ind236	F	D400377	D400378							
Ind237	M	D400319	D400324							
Ind239	M	D400390	D400394							
Ind240	M	D400258								
Ind241	M	D400587	D400589	D400594						
Ind242	F	D400595								
Ind243	M	D400336								
Ind244	M	D400584								
Ind245	M	D400332	D400338	D400907						
Ind246	M	D400358	D400359	D400392	D400393					
Ind247	M	D400372								
Ind248	F	D400369								
Ind249	F	D400577								
Ind250	M	D400352	D400368							
Ind503	M	D400596								
Ind769	M	D400678	D400681							
Nord-Trøndelag										
Ind124	F	D400791								
Ind504	F	D400850	D400852							
Ind515	F	D400814								
Ind519	M	D400792	D400796	D400797	D400803	D400835	D400836	D400846	D400847	D400849
Ind520	F	D400818	D400820							
Ind525	F	D400845	D400848							
Ind527	F	D400822	D400823							
Ind544	F	D400826								
Ind547	F	D400795								
Ind556	M	D400807	D400812							
Ind560	F	D400815	D400816	D400817						
Ind562	F	D400831								
Ind563	M	D400799								
Ind571	M	D400855	D400859							
Ind572	F	D400833								
Ind573	M	D400800								
Ind574	F	D400825								
Ind575	M	D400858								
Ind782	F	D400809	D400853	D400854						
Ind1053	F	D400806								
Ind1075	M	D400801								

Vedlegg 2

Oversikt over jerv felt i Sør- og Midt-Norge Juli 2005 – April 2007 (Kjønn: M=hann; F=hunn)

Rovbase	Individ	Kjønn	Alder	Dato felt	Kommune
R307064	Ind65	M	voksen	18.07.2005	Rendalen
R308126	Ind203	M	voksen	25.03.2006	Luster
R308125	Ind205	M	voksen	25.03.2006	Luster
R309508	Ind94	F	voksen	17.08.2006	Rendalen
R400005	Ind172	F	voksen	28.10.2006	Alvdal
R400172	Ind184	F	voksen	22.11.2006	Oppdal
R400229	Ind538	F	voksen	26.11.2006	Lierne
R400300	Ind82	M	voksen	14.12.2006	Rendalen
R400333	Ind105	F	voksen	21.12.2006	Lesja
R400342	Ind31	M	voksen	23.12.2006	Tynset
R400363	Ind217	F	voksen	02.01.2007	Tynset
R400542	Ind15	F	voksen	03.02.2007	Skjåk
R400624	Ind135	F	voksen	10.02.2007	Rennebu
R400625	Ind156	M	voksen	10.02.2007	Rennebu
R400644	Ind76	F	voksen	13.02.2007	Lom
R400866	Ind214	F	voksen	23.03.2007	Luster
R401294	Ind553	F	voksen	25.03.2007	Verdal
R400994	Ind204	F	voksen	21.04.2007	Lærdal
R400998	Ind93	F	voksen	24.04.2007	Lom
R401002	Ind248	F	voksen	25.04.2007	Skjåk
R401297	Ind547	F	voksen	27.04.2007	Grong
R401038	Ind198	F	voksen	28.04.2007	Årdal
R309857		F	voksen	03.10.2006	Røros
R400286		F	voksen	11.12.2006	Folldal
R400378		F	voksen	06.01.2007	Lesja
R400606		M	voksen	06.02.2007	Lesja
R401292		M	voksen	20.03.2007	Snåsa
R401293		M	voksen	23.03.2007	Meråker
R400966		M	voksen	13.04.2007	Årdal
R401058		F	voksen	24.04.2007	Folldal
R309045		F	ukjent	04.06.2006	Trysil
R309805		F	ukjent	25.09.2006	Tynset
R400301		F	ukjent	14.12.2006	Folldal
R308272		M	valp	28.04.2006	Verdal
R308273		M	valp	28.04.2006	Verdal
R308628		M	valp	04.05.2006	Tynset
R308630		F	valp	04.05.2006	Tynset
R308296		F	valp	05.05.2006	Dovre
R308297		F	valp	05.05.2006	Dovre
R308298		F	valp	05.05.2006	Dovre
R309370		F	valp	28.07.2006	Lom
R401295		M	valp	25.03.2007	Verdal
R401296		M	valp	25.03.2007	Verdal
R400991		M	valp	17.04.2007	Rennebu

R400992		M	valp	17.04.2007	Rennebu
R400993		M	valp	17.04.2007	Rennebu
R400999		M	valp	24.04.2007	Lom
R401000		M	valp	24.04.2007	Lom
R401001		M	valp	24.04.2007	Lom
R401059		M	valp	24.04.2007	Folldal
R401060		M	valp	24.04.2007	Folldal
R401061		M	valp	24.04.2007	Folldal
R401003		F	valp	25.04.2007	Skjåk
R401004		M	valp	25.04.2007	Skjåk
R401298		F	valp	27.04.2007	Grong
R401299		M	valp	27.04.2007	Grong
R401035		M	valp	28.04.2007	Årdal
R401036		M	valp	28.04.2007	Årdal

Vedlegg 3

Individer identifisert under ekskrementinnsamling i Norge og/eller Sverige i årene 2000 til 2007 med antall fungerende prøvene de enkelte årene. Dyr som er registrert døde i forbindelse med lisensjakta eller skadefelling er angitt med * det året de er skutt/avlivet.

Individ	Kjønn	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	2007
Ind1	M	2	2		3*				
Ind2	F	1	1*						
Ind3	M	8							
Ind4	M	3	1						
Ind5	F	7							
Ind6	F	2				1			
Ind7	F	2	3						
Ind8	F	5							
Ind9	F	1							
Ind10	M	1	*						
Ind11	M	1							
Ind12	F	3	6*						
Ind13	F		5						
Ind14	M		1	3		4	1	1	4
Ind15	F		2	1	5				*
Ind16	M		1						
Ind17	F		2						3
Ind18	M		6		1				
Ind19	M		3						
Ind20	F		1				3	7	1
Ind21	F		1*						
Ind22	F		1	3		2			
Ind23	F		4	7	3				
Ind24	M		1						
Ind25	M		1	4	1	3*			
Ind26	F		1		1				
Ind27	M		1						
Ind28	M		5		5	6		5	3
Ind29	M		4	3		3	*		
Ind30	M		3		1	5	4	16	1
Ind31	M		3	3	2	6	3	2*	
Ind32	F		3		1	*			
Ind33	F		1				1		1
Ind34	M		2*						
Ind35	F		3						
Ind36	F		2		2		1	1	1
Ind37	M		1	2*					
Ind38	F		2		2				
Ind39	M		1						
Ind40	M		1	2					
Ind41	M		3	7	1				
Ind42	F		1	2	1	1		1	1

Ind43	F		1				2	1	
Ind44	F		2	2		7	1	1	
Ind45	F		2				1		6
Ind46	F		1		3			3	
Ind47	M		2	1	3	1	2	1	
Ind50	F		1				2		
Ind51	F		1*						
Ind52	M		1	4	3	1			
Ind54	F		2	1	1	1	2		
Ind55	M		1	3		1			
Ind56	F		1						
Ind57	F		1	2		4	1	1	
Ind59	F		1	1		4		2	
Ind60	M		1	4		3	5	*	
Ind61	M		2	1*					
Ind62	F		2	1	3	2	1		
Ind63	M		1	3					
Ind64	F		1						
Ind65	M		1	2			*		
Ind66	M		1	5		2			
Ind67	M		2	*					
Ind68	F		1	2	2		1	6	
Ind69	M		1						
Ind70	F			4	2	1	4		
Ind71	M			4	2		2	3	1
Ind72	F			2	2	3	1*		
Ind73	M			2					
Ind74	F			5					
Ind75	F			3					
Ind76	F			1	1			1	*
Ind77	M			2		2	1	1	
Ind78	M			4	5				
Ind80	M			1					
Ind81	M			2		1	2		
Ind82	M			2	1	1	6	*	
Ind83	M			2	3	1	5	6	
Ind84	F			2	2		1	1	
Ind85	M			2	3	5	4		1
Ind86	F			1					
Ind87	F			1	1	2	*		
Ind88	M			2		1	6		
Ind89	F			3	9	2*			
Ind90	M		1	2		11	5	2	5
Ind91	M			1	2	4	3	1	
Ind92	F			1	5				
Ind93	F			1		5	4		3*
Ind94	F			1				*	
Ind95	F			1					

Ind96	M			4	2	3	2		
Ind97	F			1	3	4*			
Ind98	M			1					
Ind99	F			1	4		4	1	
Ind100	M			1	1				
Ind102	M			1	7	3	2	3	
Ind103	F			1		2			1
Ind104	F				2				
Ind105	F				1	1	2	*	
Ind106	F				3	2*			
Ind107	M				2	13			
Ind109	M				1	1	7	4	1
Ind110	F				3	3			
Ind111	M				1	3	6	4	1
Ind113	F				3	2			
Ind114	M				1		2	4	
Ind115	F				2				
Ind116	M				1				
Ind117	F				3	1	5	1	
Ind119	M				2*				
Ind120	M				4	2	5	3	
Ind121	F				2	3*			
Ind122	F				1		1		
Ind123	F				1	1		3	1
Ind124	F				2	1	1	4	1
Ind129	M				1	8	3	2	2
Ind130	F				1				1
Ind132	F				1				
Ind133	M				2	3			
Ind134	F				1				
Ind135	F				1	2		3	*
Ind136	M				2	4			
Ind137	M				1		6		
Ind138	F				1				
Ind139	M				1				
Ind140	M				1	2	6	3	
Ind141	M					3	3	2	
Ind142	M					4	1	5	3
Ind143	M					2	5	2	
Ind144	M					8		3	1
Ind145	F					4			
Ind146	F					2*			
Ind147	F					4	2	1	
Ind148	F					2	2	1	1
Ind149	F					2	2		
Ind150	F					2			
Ind151	M					1	*		
Ind153	M					1	12	5	2

Ind156	M					1	3	12	*
Ind157	F					1	2		
Ind158	F					1	3	1	
Ind159	F					3		2	2
Ind160	M					1			
Ind161	F					1	1		
Ind163	M					1			
Ind165	M					1		1	
Ind166	M					1	4		
Ind167	F					1			
Ind169	M					2			
Ind170	F					4			
Ind171	F						1	*	
Ind172	F						3	*	
Ind173	F						4	1	
Ind174	M						4		
Ind175	M						3	3	2
Ind176	M						2	1	
Ind177	F						1		
Ind178	M						5	4	
Ind179	F						2	1	2
Ind180	M						2		
Ind181	M						1		
Ind182	F						1	4	2
Ind183	F						1	3	6
Ind184	F						1	*	
Ind185	M						1	1	
Ind186	M						2	5	3
Ind187	M						2	1	
Ind188	F						1		
Ind189	M						2	1	
Ind190	M						1	*	
Ind191	F						1	2	
Ind192	F						2		
Ind194	M						1	6	
Ind195	F						1	2	
Ind196	M						1		
Ind197	F						1		
Ind198	F							5	3*
Ind199	M							2	4
Ind200	M							2	
Ind201	M							5	
Ind202	F							2	3
Ind203	M							1*	
Ind204	F							2	2*
Ind205	M							1*	
Ind206	M							2	
Ind207	M							1	

Ind208	M							5	
Ind209	F							3	
Ind210	M							1	
Ind211	M							1	
Ind212	F							2	
Ind213	M							16	
Ind214	F							2	1*
Ind215	M							2	2
Ind216	F							2	2
Ind217	F							3	*
Ind218	M							1	
Ind219	F							1	
Ind220	M							1	
Ind221	M							1	
Ind222	M							4	3
Ind223	M							13	1
Ind224	M							2	
Ind225	M							3	8
Ind226	F							1	
Ind227	M							5	2
Ind228	F								3
Ind229	M								2
Ind230	F								4
Ind231	M								1
Ind232	F								1
Ind233	M								4
Ind234	M								1
Ind235	M								2
Ind236	F								2
Ind237	M								2
Ind239	M								2
Ind240	M								1
Ind241	M								3
Ind242	F								1
Ind243	M								1
Ind244	M								1
Ind245	M								3
Ind246	M								4
Ind247	M								1
Ind248	F								1*
Ind249	F								1
Ind250	M								2
Ind501	F			1	4				
Ind502	M			1	2	2			
Ind503	M			1		2		6	1
Ind504	F			1	1				2

Ind505	F			1	2	1		1	
Ind506	F			1					
Ind508	F				3		1*		
Ind509	F				2		1	1	
Ind510	M				1	1		*	
Ind512	F				1	2	1	4	1
Ind513	M				5		2		
Ind514	F				2				
Ind515	F				1			1	1
Ind516	M				1				
Ind517	F				1	*			
Ind518	F				2				
Ind519	M				2	4	1	4	9
Ind520	F				2				2
Ind521	F				1				
Ind522	M				2	4	5	2	
Ind523	F				1	2			
Ind524	M				1				
Ind525	F				1	1	2	1	2
Ind526	M				1	*			
Ind527	F					2	3	5	2
Ind528	M					3	2*		
Ind529	M					2			
Ind530	F					3		*	
Ind531	F					2			
Ind532	M					1		1	
Ind533	F					1	1	2	
Ind534	M					1			
Ind535	F					2			
Ind536	M					1			
Ind538	F					1	5	1*	
Ind540	M					2			
Ind543	F						2		
Ind544	F						1	2	1
Ind545	F						1	1	
Ind546	M						2	1	
Ind547	F						1	2	1*
Ind548	F						1	1	
Ind549	F						1	3	
Ind550	F						1		
Ind551	F						2		
Ind552	F						1		
Ind553	F						1	1	*
Ind554	M							4	
Ind555	M							6	
Ind556	M							5	2
Ind557	F							4	
Ind558	M							5	

Ind559	M							5	
Ind560	F							2	3
Ind561	F							1	
Ind562	F							1	1
Ind563	M							1	1
Ind564	F							3	
Ind565	F							2	
Ind566	M							1	
Ind567	F							2	
Ind568	M							1	4
Ind569	F							2	
Ind570	?							1	
Ind571	M								2
Ind572	F								1
Ind573	M								1
Ind574	F								1
Ind575	M								1
JF001	M								3
JF002	M								2
JF003	M								1
JF004	F								1*
JF005	M								3
JF006	M								2
JF007	M								1
JF008	F								1
JF009	M								1
JF010	F								1
JF011	F								1
JF012	F								1
JF013	F								2
JF014	F								2
JF015	F								2
JF016	M								1
JF017	F								1*
JF018	F								2
JF019	F								1
JF020	M								3
JF021	F								3
JF022	M								2
JF023	F								1
JF024	M								1
JN001	F								1
JN002	F								1
JN003	M								2
JN004	F								1
JN005	F								2

JN006	M								2
JN007	M								3
JN008	F								3
JN009	F								2
JN011	M								1
JN012	M								2
JN013	M								3
JN014	M								1*
JN015	M								2
JN016	M								3
JN017	F								2
JN018	F								2
JN019	M								1
JN020	F								1
JN021	M								1
JN022	F								1
JN024	F								2
JN025	M								1
JN026	M								1
JT001	M								1
JT002	F								1
JT003	F								3
JT004	F								1
JT005	M								3
JT006	F								3
JT008	M								1
JT009	F								2
JT010	F								4*
Ind701	F			1					
Ind702	M			1					
Ind704	F			2					
Ind705	F			1		10	4	2	19
Ind706	F			1	5	4	5	2	13
Ind707	M			1					
Ind708	F			2					
Ind709	F			1					
Ind710	F			3				2	
Ind711	M			2	1	2			
Ind712	F			1					
Ind713	F			1					
Ind714	F			3	2	2	4		
Ind715	M			3		5	2		
Ind716	M			8	3				
Ind717	M			3					
Ind718	M			1					
Ind719	F			1			4	3	2
Ind720	F			1					

Ind721	F			3	1			7	4
Ind722	M			1					
Ind723	F			1	2			2	3
Ind724	M			1		1	1		1
Ind726	M				1	3	1		
Ind727	F				1	3			
Ind728	F				1		1	6	7
Ind729	M				3		1		
Ind730	F				1			3	
Ind731	M				1				
Ind732	M				2	2	1		
Ind733	F				1	1		3	
Ind734	M				1	1		8	3
Ind735	M				1	1	2	2	2
Ind736	M				1				
Ind737	F			1		1			
Ind738	F			1					
Ind739	M				1	2		2	1
Ind740	F				1				
Ind741	F				1		4		
Ind743	F					1	1		
Ind744	F					2		2	1
Ind745	F					2	6	5	3
Ind746	M					2			
Ind747	M					1	2	1	
Ind748	F					1			
Ind749	F					1			2
Ind750	F					1	1	5	1
Ind751	F					1	3	1	1
Ind753	F					1			
Ind754	M						1		1
Ind755	F						7		
Ind756	M						3		
Ind757	M						3	5	
Ind758	F						2		
Ind759	M						2	1	1
Ind760	M						2		
Ind761	F						4	1	
Ind762	M						2		
Ind763	F						1	1	
Ind764	F						2	1	
Ind765	F						1	2	
Ind766	M						1	6	6
Ind767	M						1	1	1
Ind768	F						1	4	6
Ind769	M						1	1	2
Ind771	F						3		
Ind772	F						2		

Ind773	M					1		
Ind774	F					2	1	
Ind775	M					1		
Ind776	F					1		3
Ind777	M						4	3
Ind778	F						1	
Ind779	F						3	1
Ind780	F						4	
Ind781	M						1	2
Ind782	F						1	3
Ind783	M						2	
Ind784	F						1	1
Ind785	M						1	
Ind786	M						1	1
Ind787	M						1	
Ind788	M						2	2
Ind789	F						3	
Ind790	M						2	
Ind791	M						1	
Ind792	F							
Ind793	F							1
Ind794	F							1
Ind795	F							8
Ind796	F							3
Ind797	M							4
Ind798	M							1
Ind799	F							1
Ind800	M							4
Ind801	M							1
Ind802	F							1
Ind803	M							1
Ind804	F							3
Ind805	M							1
Ind806	M							2
Ind807	M							1
Ind808	M							1
Ind809	M							1
Ind810	F							2
Ind811	F							2
Ind812	?							2
Ind813	M							1
Ind814	F							1
Ind815	F							1
Ind816	M							1
Ind1001	F			1				
Ind1002	F			1	2	1		

Ind1003	F			1	1				
Ind1004	F			2			1		
Ind1005	M			4	1				
Ind1006	F			1	1				
Ind1007	F			1			1		
Ind1008	M			1			2		
Ind1009	M			1					
Ind1011	M			1					
Ind1012	M			1					
Ind1013	M			1					
Ind1014	M			3					
Ind1015	M			1					
Ind1016	F			1					
Ind1017	F			2			1		
Ind1018	M			1					
Ind1020	F			1			1		
Ind1021	F			1			1		
Ind1022	F			2			1		
Ind1023	F			1					
Ind1024	F			1					
Ind1025	F			1					
Ind1026	F			1					
Ind1027	M			1					
Ind1028	F			6					
Ind1029	F				1				
Ind1030	F				1				
Ind1031	M				1				
Ind1032	F				1		1		
Ind1034	M				1				
Ind1035	F				2				
Ind1036	F			2					
Ind1037	M					1			
Ind1038	F					1			
Ind1039	F					1			
Ind1040	F					1	1		
Ind1041	M					1			
Ind1042	F					1	4		
Ind1043	F					1			
Ind1044	M				1	1			
Ind1045	F					1		1	
Ind1046	M					1			
Ind1047	M					1			
Ind1048	F						2		
Ind1049	F						5		
Ind1050	F						2		

Ind1051	F						1		1
Ind1052	F						1	1	
Ind1053	F						1	4	1
Ind1054	M						2		
Ind1055	F						1	1	
Ind1056	M						1		
Ind1057	M						2		
Ind1058	F						1		
Ind1059	M						1		
Ind1060	M						1		
Ind1061	F						1		
Ind1062	M						2		
Ind1063	F						1		
Ind1064	M						1		
Ind1065	M						1		
Ind1066	?						2		
Ind1067	F						1		
Ind1068	M						1		
Ind1069	M						1		
Ind1070	F						3		
Ind1071	F						1		
Ind1072	M						1		
Ind1073	F						2		
Ind1074	F						3		
Ind1075	M						3	1	1
Ind1076	F						2		
Ind1077	F						2		
Ind1078	M						1		
Ind1079	F						1		
Ind1080	F						1		
Ind1081	F						1		
Ind1082	F						1		
Ind1083	F						1		
Ind1084	F						1		
Ind1085	M						1		
Ind1086	M						1		
Ind1087	F						1		
Ind1088	M						1		
Ind1089	M						1		
Ind1090	M						1		
Ind1091	F							2	
Ind1092	M							2	
Ind1093	F							1	
Ind1094	F							1	
Ind1095	F							1	

Ind1096	F							3	
Ind1097	F							1	
Ind1098	F							2	
Ind1099	M							2	
Ind1100	F							1	3
Ind1101	F							1	
Ind1102	F								1
Ind1103	F								1
Ind1104	F								2
Ind1105	F								3
Ind1106	F								2
Ind1107	F								1
Ind1108	F								2
Ind1109	M								1
Ind1110	F								1
Ind1111	F								1
Ind1112	M								1
Ind1113	M								1
Ind1114	F								1
Ind1115	M								1
Ind1116	F								2
Ind1117	M								1
Ind1118	M								1
Ind1119	?								1
Ind1120	F								1

NINA Rapport 369

ISSN:1504-3312

ISBN: 978-82-426-1933-4



Norsk institutt for naturforskning

NINA hovedkontor

Postadresse: 7485 Trondheim

Besøks/leveringsadresse: Tungasletta 2, 7047 Trondheim

Telefon: 73 80 14 00

Telefaks: 73 80 14 01

Organisasjonsnummer: NO 950 037 687 MVA

www.nina.no