



DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2013

Øystein Flagstad
Henrik Brøseth
Vincenzo Gervasi
Torveig Balstad
Merethe Hagen Spets
Line Birkeland Eriksen
Oddmund Kleven
Malin Johansson
Jessica Magnusson
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 forsknings-tema.

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 2013

Øystein Flagstad
Henrik Brøseth
Vincenzo Gervasi
Torveig Balstad
Merethe Hagen Spets
Line Birkeland Eriksen
Oddmund Kleven
Malin Johansson
Jessica Magnusson
Hans Ellegren

Flagstad, Ø., Brøseth, H., Gervasi, V., Balstad, T., Spets, M. H., Eriksen, L. B., Kleven, O., Johansson, M., Magnusson, J., & Ellegren, H. 2013. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2013. - NINA Rapport 1008. 22 s.

Trondheim, mars 2014

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-2618-9

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

KVALITETSSIKRET AV

Morten Kjørstad

ANSVARLIG SIGNATUR

Morten Kjørstad (sign.)

OPPDRAKSGIVER(E)

Miljødirektoratet

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER

Terje Bø

NØKKELOORD

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., Gervasi, V., Balstad, T., Spets, M. H., Eriksen, L. B., Kleven, O., Johansson, M., Magnusson, J., & Ellegren, H. 2013. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2013. - NINA Rapport 1008. 22 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, populasjonsstruktur og utveksling mellom delbestander.

I denne rapporten redegjør vi for antall ulike individer identifisert fra DNA i Norge, Sverige og Finland vinteren 2013. Antall identifiserte individer kan sees på som et minimumstall for bestandsstørrelse, men 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 314 individer i 2013, som er 17 % færre enn de 379 jervene som ble identifisert i 2012. Antall individer registrert fra DNA ligger ca. 10 % lavere enn bestandsanslaget på 350 jerver estimert fra yngleregistreringene. For de fleste regioner er det små endringer fra fjorårets tall for antall DNA-identifiserte individer. I region 8 er det imidlertid en betydelig reduksjon fra 152 til 87 identifiserte individer. Dette er også i tråd med resultatene fra årets yngleregistreringer, der det var mindre endringer fra 2012 til 2013, bortsett fra i region 8, der kun 11 ynglinger ble dokumentert i 2013, mot 28 i 2012.

Det er flere mulige forklaringer på hvorfor både antall ynglinger og antall individer viser en nedgang fra 2012 til 2013. Hos jerv er det en varierende andel av de voksne tispene som får valper det enkelte år. Aldersstrukturen hos tispene i bestanden og mattilgangen (f.eks. kadaver og smågnagere) i perioden før ynglesesongen er to av faktorene som påvirker hvor stor andel av tispene som føder unger. Man må også anta at mattilgangen påvirker overlevelsen, spesielt for ungdyr på vandring. I Nord-Norge som man anta at reinkadavre utgjør den vesentligste delen av jervdietten, men med smågnagere som et viktig supplement i gode gnagerår. Med bunnår for smågnagere to år på rad, har konkurransen om reinkadavrene trolig vært betydelig høyere enn ellers, og en større andel av unge og uerfarne jerver kan ha bukket under i kampen om begrensede ressurser. En medvirkende årsak til lavere bestand og færre ynglinger kan også være et betydelig uttak av jerv i Nord-Norge over flere år.

Også i den sørvestlige delbestanden har vi en negativ bestandsutvikling fra 2012 til 2013. I 2012 registrerte vi 60 individer fra DNA, mens vi fra hiregistreringene anslo bestandsstørrelsen til 69 jerver. I 2013 var antallet DNA-registrerte individer redusert til 44 og bestandsestimatet fra hiregistreringene var sunket til 61 individer. Disse tallene er i tråd med trenden vi har sett de siste 5-6 årene. I 2008 lå antall DNA-identifiserte jerver og bestandsestimatet fra hiregistreringene rundt 80 individer i denne delbestanden, mens tallene i 2013 er henholdsvis 46 og 23 % lavere enn dette.

For å kunne gi nøyaktige tall på bestandsstørrelse og tallfeste bestandsendringer med enda bedre presisjon enn det vi kan i dag, er det nå svært viktig å få på plass god bestandsestimeringsmetodikk fra DNA. Dette arbeidet er langt på vei. Gitt solid innsamlingsinnsats på begge sider av grensen i vinter, vil vi for første gang kunne presentere et heldekkende, DNA-basert bestandsestimat for den skandinaviske jervbestanden.

Øystein Flagstad, Henrik Brøseth, Vincenzo Gervasi, Torveig Balstad, Merethe Hagen Spets, Line Birkeland Eriksen og Oddmund Kleven. 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., Gervasi, V., Balstad, T., Spets, M. H., Eriksen, L. B., Kleven, O., Johansson, M., Magnusson, J., & Ellegren, H. 2013. DNA-based monitoring of the Scandinavian wolverine population 2013 - NINA Report 1008. 22 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 2013. The number of identified individuals represents a minimum estimate of the population size. It is yet 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 2013, a total of 314 wolverines were identified from DNA, which is a reduction of 17 % compared to 2012. The number of identified wolverines is approximately 10 % lower than the population size estimate of 350 from the number of active natal dens. For most of the regions, there are relatively small differences in numbers between 2012 and 2013. In Region 8, however, there is a substantial decrease in the number of individuals identified; from 152 in 2012 to 87 in 2013. This is in accordance with the results from the counting of active natal dens. For most regions there are only minor changes between 2012 and 2013 except for region 8, where there was a profound reduction from 28 registered reproductions in 2012 to only 11 in 2013.

There are several possible explanations why the number of reproductions and the number of individuals registered from DNA showed a marked reduction between 2012 and 2013. For wolverines, there is a varying proportion of the adult females that reproduce each year. The female age structure and food availability (e.g., carcasses and small rodents) prior to reproduction are two factors that affects the proportion of females that reproduce. One can also assume that the food availability affects survival, especially for young wolverines during dispersal. In Northern Norway, we can assume that reindeer carcasses provide the bulk of the diet, but with small rodents as an important supplement during good rodent years. With a low phase for the rodent cycle two years in a row in Northern Norway, competition for reindeer carcasses may have been substantially higher than in better rodent years, and a larger proportion of young and inexperienced wolverines may have lost in the competition for limited resources, with increased mortality as a result. An additional factor explaining the reduced population size, may be substantial harvest of wolverines the last few years.

Also in the small and vulnerable subpopulation west of Østerdalen, there has been a negative population trend. In 2012, we registered 60 individuals from DNA, whereas the population size was estimated to 69 individuals from the den counting. In 2013, the corresponding figures were 44 and 61. These numbers are in line with the trend we have seen the last 5-6 years. In 2008, the number of DNA-registered individuals and the population size estimate from the den counting were both at approximately 80 individuals, whereas in 2013, these figures had dropped by 46 and 23 %, respectively.

To provide precise estimates and quantify changes in population size with higher precision, it will be important to find good population size estimation methods from DNA-identified individuals. This work is progressing well. Given solid sampling effort on both sides of the national border this winter, we will for the first time be able to present a DNA-based population size estimate for the Scandinavian wolverine population.

Øystein Flagstad, Henrik Brøseth, Vincenzo Gervasi, Torveig Balstad, Merethe Hagen Spets, Line Birkeland Eriksen and Oddmund Kleven. 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
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
3.3 Det svenske materialet	14
3.4 Identifisering av grensejerver	14
3.5 Bestandsestimering i åpne bestander	16
4 Diskusjon.....	17
5 Referanser	19
Vedlegg 1	20

Forord

Denne rapporten oppsummerer den DNA-baserte overvåkingen av jerv i Skandinavia vinteren 2013. 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.

Mars 2014, Øystein Flagstad

1 Innledning

Den skandinaviske jervbestanden er gjennom yngleregistreringer i 2008 - 2010 estimert til cirka 1000 individer (Persson & Brøseth 2011). Omfattende overvåking av populasjonen er nødvendig 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 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. 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 2013. Vi rapporterer antall identifiserte individer i Norge og Sverige, på landsbasis og i de ulike regioner og län, og peker på hovedmønstre i bestandsutviklingen.

2 Metodikk

2.1 Innsamling av materiale og laboratoriearbeid

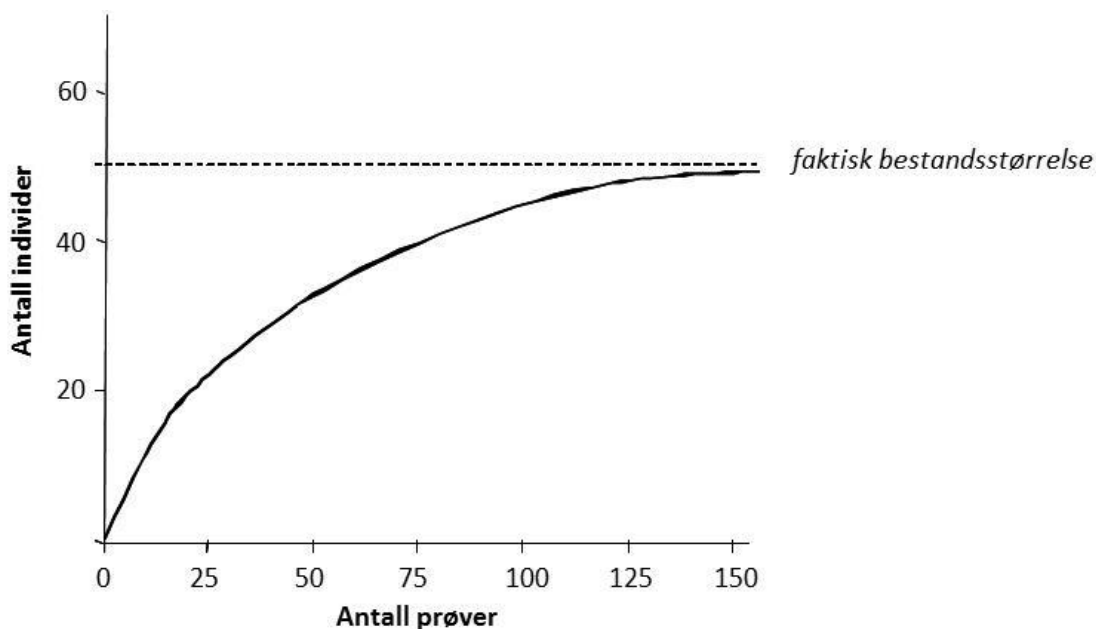
Innsamlingen av materialet i Norge har på regionalt nivå vært administrert av regionalt ansvarlige i Statens naturoppsyn (SNO). Det praktiske arbeidet har blitt delegert til lokalt nivå, hvor bl.a. SNO, Fjellstyrer, Bygdeallmenninger, lokale rovviltkontakter og privatpersoner har vært det utøvende leddet i overvåkingen. I Sverige har innsamlingen vært administrert av Länsstyrelsen på regionalt nivå. Det praktiske arbeidet har blitt utført av Naturbevakare 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 mikrosatelitt-markørene kjørte vi tre uavhengige replikater pr prøve og markør, mens det for kjønns testen 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 populasjonsstruktur.

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. Dette arbeidet er kommet et godt stykke på vei, og vi vil senere i denne rapporten redegjøre for noen av de resultater som nå foreligger. Arbeidet forventes å slutføres i løpet av 2014, og det er foreløpig for tidlig å gjøre estimer basert på det arbeidet som så langt er utført. Her rapporteres derfor kun antall ulike individer identifisert fra DNA i de ulike områdene i Norge, Sverige og Finland.



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

3 Resultater

3.1 Analyserte prøver i Norge, Sverige og Finland

I alt 2088 prøver som var samlet inn i innsamlingsperioden (1. januar – 1. juni) i Norge, Sverige og Finland ble analysert ved DNA-laboratoriene på NINA og ved Uppsala Universitet (**Figur 2**). Totalt 1780 av prøvene (85 %) var av god nok kvalitet til å kunne artsbestemmes (**Tabell 1**). Av disse ble 1694 artsbestemt til jerv (95 %) og 85 til rødrev (5 %). Kun 1 prøve (~0,5 %) ble artsbestemt til fjellrev. Av de 1694 prøvene som ble artsbestemt til jerv, var 1296 av god nok kvalitet til å kunne individbestemmes (**Tabell 2; Figur 3**). Dette gir en suksessrate på 77 % av verifiserte jervprøver. Suksessraten var høyest i Nord-Norge (82 %) og Sverige (87 %), mens den for Sør- og Midt-Norge var noe lavere (70 %). For de finske prøvene var suksessraten betydelig lavere (37 %).

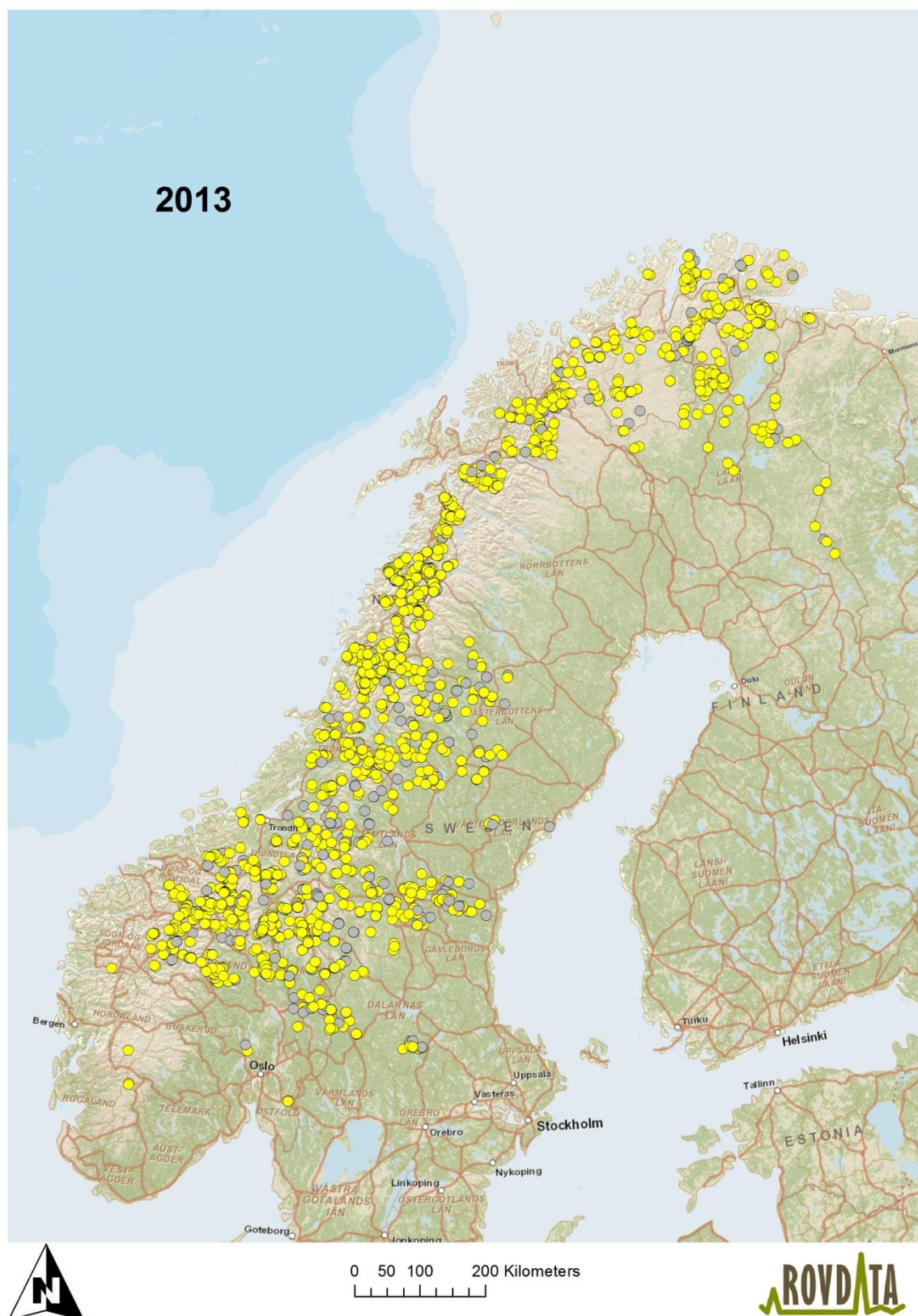
Tabell 1 Artstest for ekskrementer og hårprøver samlet inn vinteren 2013 i Norge, Sverige og Finland.

	Sør- og Midt-Norge	Nord-Norge	Sverige	Finland	Sum
Jerv	610	694	319	71	1694
Rødrev	26	49	6	4	85
Fjellrev	0	1	0	0	1
Ukjent	138	74	91	5	308
Sum*	774	818	416	80	2088

*5 prøver som ble samlet inn i forbindelse med barmarkskontroller i mai er ikke inkludert i denne sammenstillingen.

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 2013.

	Sør- og Midt-Norge	Nord-Norge	Sverige	Finland	Totalt
Fungerende	425	568	277	27	1296
Ikke-fungerende	185	126	42	44	398
Sum	610	694	319	71	1694
Suksessrate	70 %	82 %	87 %	38 %	77 %

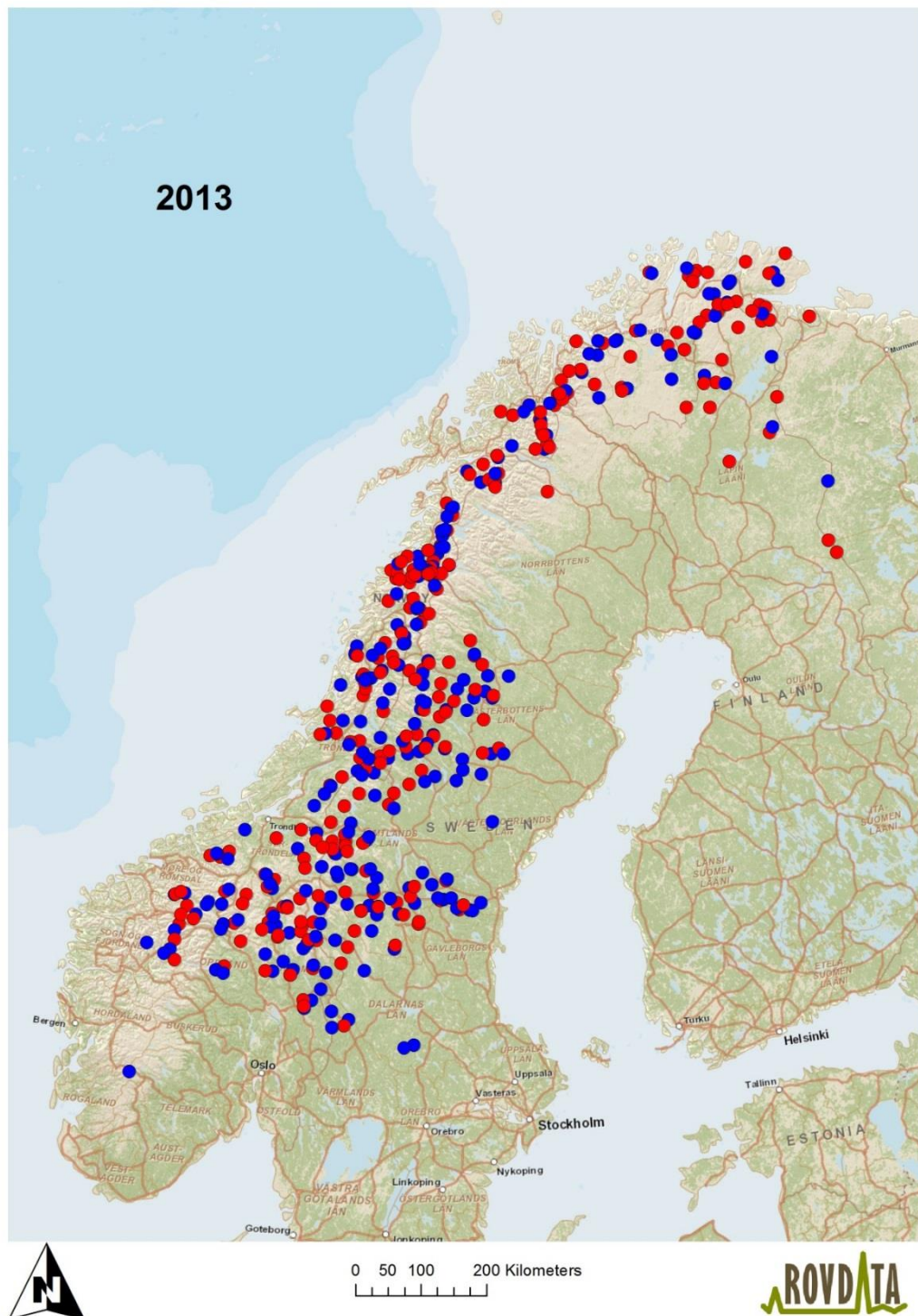


Figur 2 Geografisk fordeling av de 2088 analyserte prøvene som ble samlet inn i Norge, Sverige og Finland vinteren 2013. Gul = fungerende, grå = ikke-fungerende.

3.2 Det norske materialet

3.2.1 Antall individer og kjønnsfordeling

Hele 993 prøver samlet inn i Norge vinteren 2013 var av god nok kvalitet til å individbestemmes. Dette er nær identisk med 1003 individbestemte prøver forrige vinter. De fungerende prøvene i 2013 representerte 314 individer (**Figur 3**), som er 17 % færre enn de 379 som ble identifisert i 2012. Vi identifiserte 172 tisper og 142 hanner, som gir en kjønnsfordeling på 55-45.



Figur 3 Alle jervindivider identifisert fra prøveinnsamlingen i Fennoskandia vinteren 2013, representert med sine respektive midtpunkter. Rød = tisper. Blå = hann.

Tabell 3 Antall identifiserte individer fra DNA-analysene i 2012 og 2013 sammenstilt med bestandsestimatene basert på de årlige yngleregistreringene (Brøseth et al. 2012, Brøseth & Tovmo 2013). *N* = Antall fungerende prøver som lot seg bestemme til individ. ID DNA = Antall identifiserte individer fra DNA. Den angitte populasjonsstørrelsen er basert på treårssnitt for antall ynglinger, dvs at estimatet for 2012 er basert på yngletallene fra 2010, 2011 og 2012, mens estimatet for 2013 er basert på yngletallene fra 2011, 2012, og 2013.

	2012			2013		
Rovviltregion	N	ID* DNA	Popstr ynglinger	N	ID* DNA	Popstr ynglinger
Region 1	28	5	2	23	4	2
Region 2	1	1	-	2	1	-
Region 3	89	29	23	95	20	23
Region 4	0	0	-	1	0	-
Region 5	94	34	66	156	46	60
Region 6	146	59	82	148	53	76
Region 7	294	99	80	330	103	72
Region 8	351	152	142	238	87	117
Norge	1003	379	395	993	314	350

* Basert på midtpunkt hos individer med mer enn en prøve

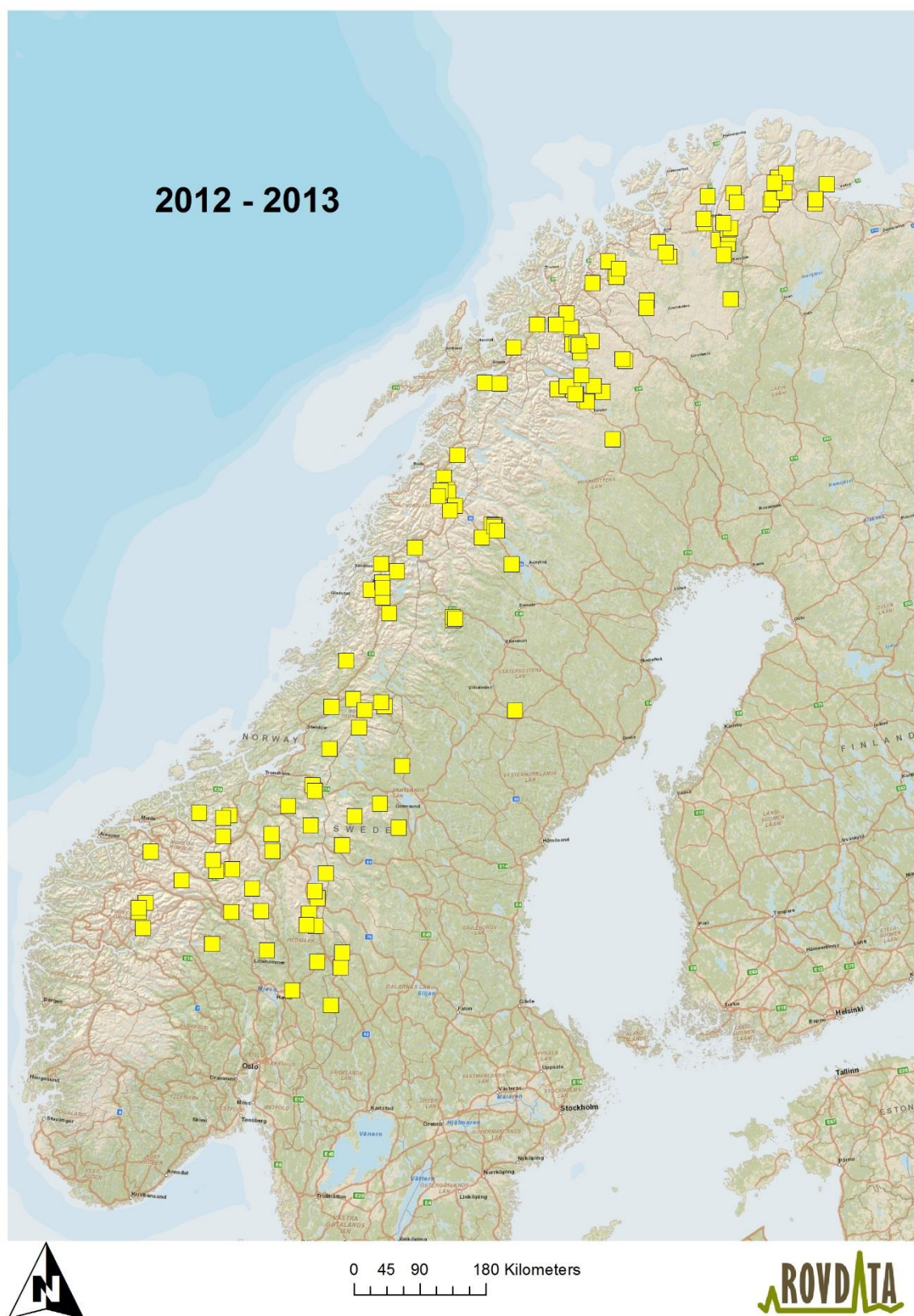
De 314 identifiserte jervene fordeler seg mellom rovviltregionene som angitt i **Tabell 3**. For region 1, 6 og 7 er antallet registrerte individer tilnærmet uendret fra 2012 til 2013. I region 5 er antall identifiserte jerver høyere i 2013 enn i 2012. Dette kan trolig tilskrives en betydelig økning i antall fungerende prøver. I region 8 ble det registrert betydelig færre jerv i 2013 sammenlignet med 2012, med en 43 % reduksjon fra 152 til 87 identifiserte individer. Dette antyder en reell bestandsreduksjon i våre to nordligste fylker. Men siden antall innsamlede og fungerende prøver var en god del lavere enn i 2012, behøver vi et fangst/gjenfangst basert bestandsestimat for å anslå størrelsen på en eventuell bestandsnedgang. Også i region 3 er det en markant reduksjon på omkring 30 %; fra 29 individer i 2012 til 20 individer i 2013.

3.2.2 Vevsprøver av døde jerver

Totalt 114 jerver ble felt eller funnet døde i Norge i perioden 01.06.2012 – 31.05.2013 (**Figur 4; Vedlegg 1**). 112 av disse fikk en fullstendig DNA-profil etter vellykket DNA-analyse. De to som ikke fungerte var en voksen jerv funnet død i et tjern og en valp som forsvant etter avliving under et hiuttak.

I alt 103 av de døde jervene er aldersbestemt ved NINA. Som forventet var ingen av de 21 nullåringene identifisert fra tidligere DNA-analyser. En ganske høy andel av ett- og toåringer var tidligere identifisert fra DNA, nærmere bestemt 24 av 38 (63 %). Dette er en høyere andel enn tidligere og viser at vi de siste årene har plukket opp en høy andel individer, også blant de yngste jervene i bestanden. Nær 90 % av de døde jervene som var tre år eller eldre (39 av 44) var gjenfunn av tidligere DNA-analyserte jerver.

I samme periode (01.06.2012 – 31.05.2013) er det registrert 33 døde jerver i Sverige. Foreløpig er kun tre av disse aldersbestemt, og ingen av dem er analysert for DNA.



Figur 4 Døde jerver i Norge og Sverige i perioden 1. juni 2012 – 31. mai 2013.

Tabell 4 Antall fungerende prøver som lot seg bestemme til individ (N) og antall identifiserte individer fra DNA (ID DNA) i Sverige og Finland i 2012 og 2013.

Län	2012		2013	
	N	ID* DNA	N	ID* DNA
Värmland	0	0	14	4
Dalarna	21	4	37	8
Västernorrland	9	5	27	14
Jämtland	182	71	124	71
Västerbotten	68	38	72	44
Norrbotten	35	17	3	2
Sverige	315	135	277	144
Finland	20	14	27	15

* Basert på midtpunkt hos individer med mer enn en prøve

3.3 Det svenske materialet

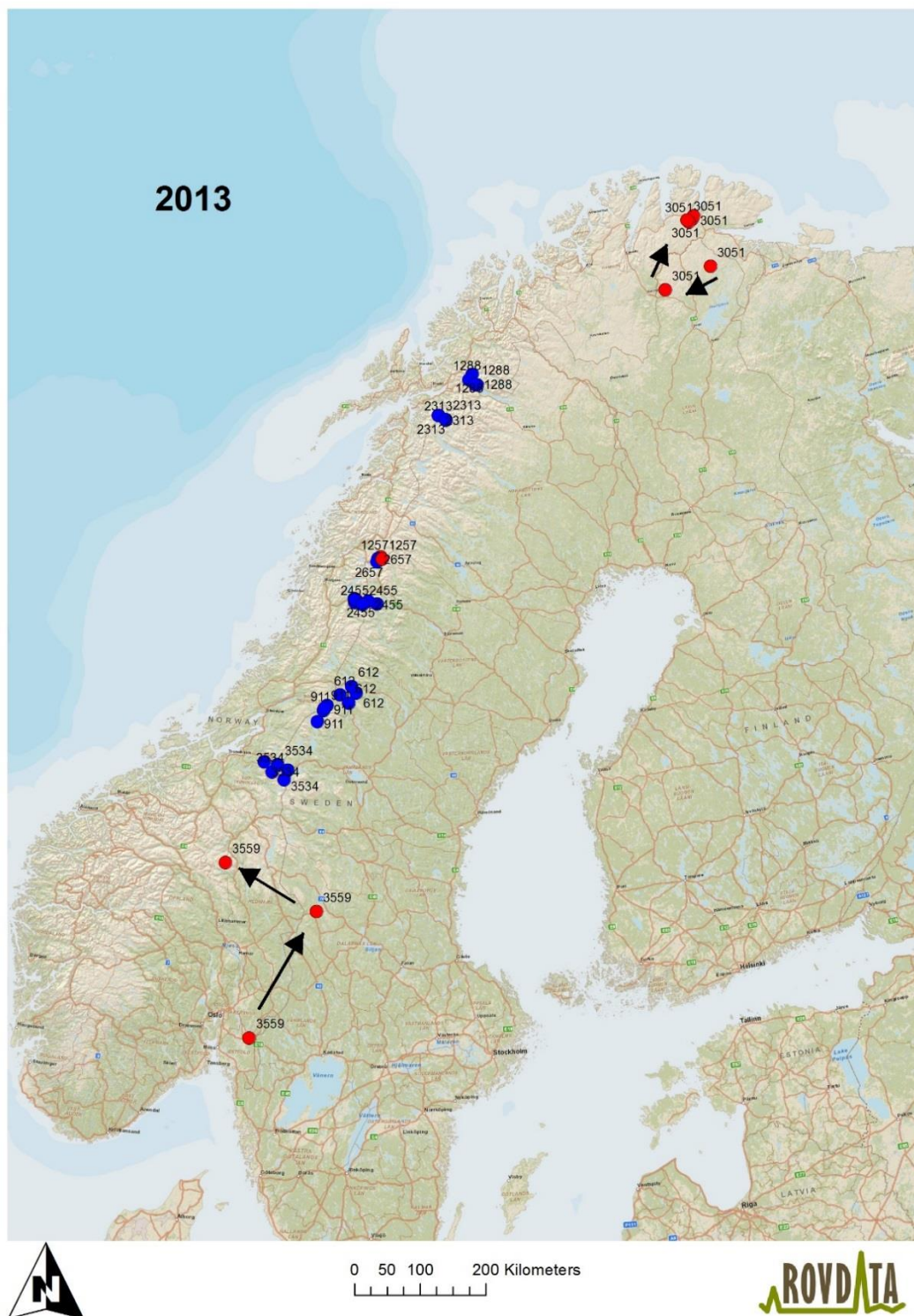
Totalt 277 prøver samlet inn i Sverige vinteren 2013 var av god nok kvalitet til å individ-bestemmes. De fungerende prøvene representerte 144 individer. I motsetning til i Norge ble det registrert flere hanner enn tisper; 79 mot 65, som gir en kjønnsfordeling på 55-45 i favør hanner (**Figur 3**). De identifiserte jervene fordeler seg mellom de ulike länen som angitt i **Tabell 4**. Tidligere har innsamlingen av DNA i Sverige i all hovedsak vært fokusert på ynglinger, og har først og fremst vært brukt som et verktøy for å vurdere hvorvidt nærliggende hilokaliteter representerte samme eller ulike ynglinger. Fra vinteren 2013 har man en felles målsetting i Norge og Sverige om å dekke jervens totale utbredelsesområde i Skandinavia, slik at man kan få representative DNA-baserte bestandsestimat på populasjonsnivå og fordelt på land.

Fra **Tabell 4** framgår det at innsamlingsinnsatsen i länen som representerer mer perifere deler av bestanden er bedre enn tidligere. Fortsatt er det likevel mye å gå på, og det er ønskelig med enda flere innsamlede prøver for å få et mest mulig representativt bilde av bestanden, også i utkanten av utbredelsesområdet. I Jämtland og Västerbotten er det samlet inn en god del prøver, og i alt 115 individer ble identifisert fra DNA i disse to länen. De siste årene har det totalt vært verifisert ca. 50 ynglinger i Jämtland og Västerbotten, noe som tilsvarer omtrent 300 jerver. Dette forteller at det fortsatt er en del å gå på, og det er nødvendig med en enda mer omfattende innsamling av DNA-prøver også i disse to länen. De fem prøvene som ble analysert fra Norrbotten ble samlet inn i grenseområdene av norsk SNO. Länsstyrelsen i Norrbotten samlet altså ikke inn noen prøver. Fra ynglehireregistreringene har det de siste årene vært anslått at 50-60 % av den svenske jervbestanden holder til i Norrbotten. Det er derfor avgjørende at innsamling av DNA prioriteres fra länsstyrelsen inneværende vinter for at vi skal ha mulighet til å nå målsettingen om et felles skandinavisk bestandsestimat fra vinteren 2014.

3.4 Identifisering av grensejerver

Jerven i Skandinavia beveger seg uavhengig av landegrenser. Dette gjelder både territorie-holdende individer og ungjerver på vandring, som kan passere grensen fram og tilbake flere ganger før de eventuelt finner seg et egnet territorium. De territorieholdende grensejervene og ungjerver som vandrer på tvers av landegrensene skaper spesielle utfordringer for all bestandsestimering.

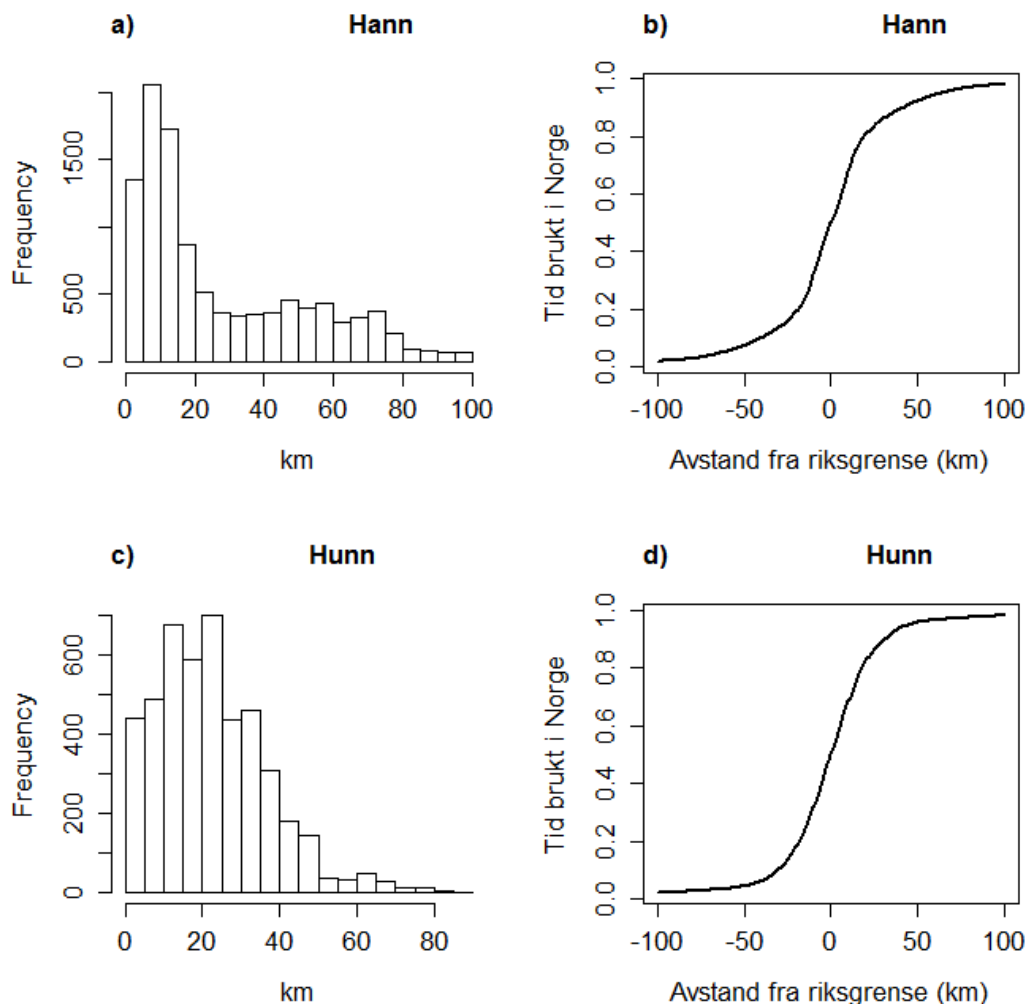
ringsmetodikk (se avsnitt 3.5). Men også for å forstå bestandsutviklingen og rekrutteringsgrunnlaget i ulike deler av bestanden, kan det være svært nyttig å ha mer presise data på grensejervene. **Figur 5** viser noen eksempler på territorieholdende grensejerver og et par vandrende ung-tisper. Med en langt mer omfattende innsamling på svensk side av grensen vil vi kunne få et mer presist bilde av situasjonen i grenseområdene, som i sin tur vil kunne øke forståelsen av rekrutteringsgrunnlaget i bestanden og også bidra til å forklare observasjoner knyttet til bestandsutviklingen.



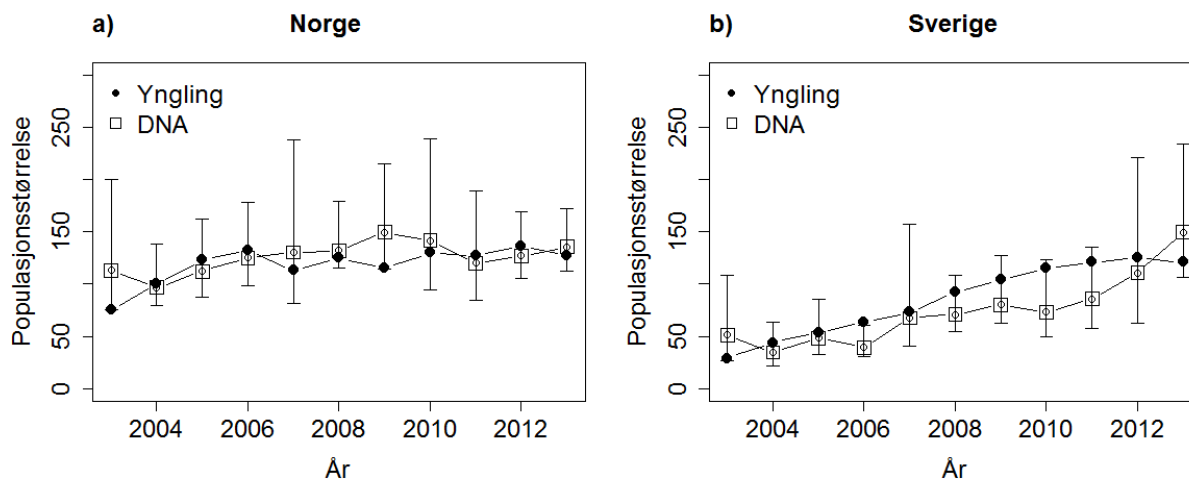
Figur 5 Territorieholdende grensejerver og vandrende ungjerver identifisert fra DNA-analysene i 2013. Blå = Hann. Rød = Tispe.

3.5 Bestandsestimering i åpne bestander

Fangst/gjenfangst-metodikk er sentralt i arbeidet med å utarbeide nøyaktige estimat på bestandsstørrelse hos jerv. Et stort antall modeller med tildels ulike grunnleggende antagelser er utviklet, og flere kan egne seg godt til den type data vi får fra den DNA-baserte overvåkinga (Lucaks & Burnham 2005). For å tilpasse de anvendte modellene til den skandinaviske jervbestanden er det likevel behov for en del justeringer. Det er spesielt jerver som lever i nærheten av grensa, det være seg mellom land eller regioner, som skaper utfordringer. De revirhevdende grensejervene og jerver som holder til i grenseområdene mellom de ulike rovviltregionene beveger seg fritt mellom regioner og land i løpet av en overvåkingssesong. Dette betyr at man for eksempel i et fylke som Nordland, der grensen mot Sverige er svært lang, vil kunne plukke opp en god del jerver som har størstedelen av hjemmeområdet sitt i Sverige, og dermed tilbringer mesteparten av tiden i nabolandet. Dersom man ikke korrigerer for dette kan det føre til store skjevheter i bestandsanslaget, ved at jerver som har hele leveområdet sitt i Norge sidestilles med en grensejerv som kanskje tilbringer mer enn 90 % av tiden i nabolandet. En slik grenseeffekt kan være en viktig årsak til at antall individer identifisert fra DNA i Nordland ligger betydelig høyere enn bestandsestimatet fra yngleregistreringen både i 2012 og 2013 (**Tabell 3**).



Figur 6 Stolpediagrammene til venstre viser spredningen på prøver fra samme individ for hanner og tisper målt etter hvor mange kilometer det er mellom DNA-prøver fra individet i løpet av en overvåkingssesong. Dataene er hentet fra Sør-Skandindavia (sør for E14) i perioden 2002-2013. Kurvene til høyre viser hvor stor andel tid en jerv er forventet å tilbringe i Norge gitt at han eller hun er identifisert et visst antall kilometer fra grensen.



Figur 7 Bestandsestimater fra yngleregistreringene og DNA-identifiserte jerver i Sør-Skandinavia (sør for E14) i perioden 2003-2013.

Figur 6 viser bevegelsesmønsteret for hanner og tisper i Sør-Skandinavia (sør for E14) i løpet av en overvåkingssesong. Som vi ser, har de fleste individene en begrenset aksjonsradius, mens noen beveger seg over lengre distanser. De S-formede kurvene til høyre, som viser hvor stor andel tid en jerv er forventet å tilbringe i Norge gitt at han eller hun er identifisert et visst antall kilometer fra grensen, danner grunnlaget for faktoren som skal korrigere bestandsestimater gitt at en viss andel av bestanden nettopp er slike grensejerver.

Arbeidet med en realistisk modell for bestandsestimering i en åpen bestand er godt i gang og forventes å slutføres i løpet av de nærmeste månedene. Bestandsanslag fra modelleringen som er gjort så langt, viser at det er god sammenheng mellom bestandsestimeringen fra yngle-registreringene og fangst/gjenfangst-estimerer fra DNA-identifiserte individer (**Figur 7**). Vi ser at 95 % konfidensintervallet for DNA-estimatet overlapper med punktestimatet fra yngle-registreringene de fleste år. Det er imidlertid viktig å merke seg at det fortsatt gjenstår en god del testing av alternative modeller, og at disse resultatene er å betrakte som foreløpige.

4 Diskusjon

Antall individer identifisert fra DNA 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. Siden bestandsestimeringemetodikken fra DNA ikke er ferdigutviklet, er det foreløpig usikkert 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. I Norge ble det identifisert 314 jerver i 2013, noe som er en markant nedgang fra 379 individer identifisert i 2012. Omtrent like mange prøver ble samlet inn og fungerte i 2012 og 2013, så nedgangen i antall registrerte individer kan reflektere en reell bestandsreduksjon. Bestandsestimater fra yngleregistreringene antyder også en bestandsreduksjon, fra 395 individer i 2012 til 350 individer i 2013.

Ser man på hver enkelt rovviltregion er det relativt små endringer for de fleste regioner, bortsett fra region 3 og 8. I region 8 er det en reduksjon på over 40 %, fra 152 registrerte individer i 2012 til 87 individer i 2013. Det ble samlet inn en god del færre prøver i 2013 sammenlignet med i 2012, slik at en eventuell bestandsreduksjon sannsynligvis ikke er så stor som antydning fra antall identifiserte jerver alene. Men også antall registrerte ynglinger var betydelig færre enn året før i region 8, med 11 ynglinger i 2013 sammenlignet med 28 i 2012. En betydelig reduksjon i både

antall identifiserte individer og antall registrerte ynglinger forsterker inntrykket av en reell bestandsnedgang.

Det er flere mulige forklaringer på hvorfor både antallet ynglinger og antall individer viser en nedgang fra 2012 til 2013. Hos jerv er det en varierende andel av de voksne tispene som får valper det enkelte år. Aldersstrukturen hos tispene i bestanden og mattilgangen (f.eks. kadaver og smågnagere) i perioden før ynglesesongen er to av faktorene som påvirker hvor stor andel av tispene som føder unger (Landa et al. 1997, Persson 2005, Inman et al. 2012, Rauset 2013). Man må også anta at mattilgangen påvirker overlevelsen, spesielt for ungdyr på vandring. For å bygge videre på denne tankegangen, kan vi gå tilbake til 2012 da en svært høy andel av de DNA-registrerte jervene i region 8 var nye individer, som ikke var kjent fra tidligere DNA-analyser. Dette antyder en stor andel ungdyr i bestanden. Med dårligere mattilgang enn normalt ville en lavere andel av disse ungdyra overleve til neste vinter samtidig som valpene fra ynglinger i 2012 også kan ha hatt lavere overlevelse. I Nord-Norge må man anta at reinkadavre utgjør den vesentligste delen av jervdietten, men med smågnagere som et viktig supplement i gode gnagerår. Med bunnår for smågnagere to år på rad, har konkurransen om reinkadavrene trolig vært betydelig høyere enn ellers, og en større andel av unge og uerfarne jerver kan ha bukket under i kampen om begrensede ressurser. En medvirkende årsak til mindre bestand og færre ynglinger kan være et betydelig uttak av jerv i Nord-Norge over flere år.

Også lengst i sør, i den sørvestlige delbestanden, er bestanden redusert fra 2012 til 2013. Dette gjelder både antall individer identifisert fra DNA og bestandsestimatet fra hiregistreringene. I 2012 ble det registrert 60 individer fra DNA, mens vi fra hiregistreringene anslo bestandsstørrelsen til 69 jerver. I 2013 registrerte vi kun 44 individer vest for Østerdalen og bestands-estimatet fra hiregistreringene var sunket til 61 individer. Disse tallene er i tråd med trenden vi har sett de siste 5-6 årene. I 2008 var både antall identifiserte jerver og bestandsestimatet fra hiregistreringene på rundt 80 individer i denne delbestanden, henholdsvis 82 og 79. Vi har tidligere påpekt at denne delvis isolerte delbestanden med begrenset egenrekruttering vil være langt mer sårbar for faktorer som påvirker bestanden negativt, enn delbestanden øst og nord for Østerdalen, der rekrutteringsgrunnlaget er langt mer robust.

For å kunne gi mer nøyaktige tall på bestandsstørrelse og tallfeste bestandsendringer med enda bedre presisjon enn det vi kan i dag, er det nå svært viktig å få på plass god bestandsestimeringsmetodikk fra DNA. Dette arbeidet er kommet langt på vei, og vil være ferdig i god tid før DNA-analysene for inneværende vinter er klare. Gitt solid innsamlingsinnsats på begge sider av landegrensen i vinter, vil vi for første gang kunne presentere et heldekkende, DNA-basert bestandsestimat for den skandinaviske jervbestanden.

5 Referanser

- Brøseth, H. & Tovmo, M. 2013. Yngleregistreringer av jerv i Norge i 2013. – NINA Rapport 981. 20 s.
- Brøseth, H., Tovmo, M. & Andersen, R. 2012. Yngleregistreringer av jerv i Norge i 2012. – NINA Rapport 898. 21 s.
- Dallas, J. F. & Pieltney, S. B. 1998. Microsatellite primers for the Eurasian otter. - *Molecular Ecology* 7: 1248-1251.
- Davis, C. S. & Strobeck, C. 1998. Isolation, variability, and cross-species amplification of polymorphic microsatellite loci in the family Mustelidae. - *Molecular Ecology* 7: 1776-1778.
- Duffy, A. J., Landa, A., O'Connell, M., Stratton, C. & Wright, J. M. 1998. Four polymorphic microsatellites in wolverine, *Gulo gulo*. - *Animal Genetics* 29: 63-63.
- Eggert, L. S., Eggert, J. A. & Woodruff, D. S. 2003. Estimating population sizes for elusive animals: the forest elephants of Kakum National Park, Ghana. - *Molecular Ecology* 12: 1389-1402.
- Flagstad, Ø., Brøseth, H., Johansson, M., Wärdig, C. & Ellegren, H. 2008. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervbestanden 2000-2007. - NINA Rapport 369. 48 s.
- Flagstad, Ø., Brøseth, H., Wärdig, C., Johansson, M. & Ellegren, H. 2005. Populasjonsovervåking 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., Søgaaard, C. D., Ellegren, H. & Brøseth, H. 2012. DNA-basert overvåking 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.
- Inman, R. M., Magoun, A. J., Persson, J. & Mattisson, J. 2012. The wolverine's niche: linking reproductive chronology, caching, competition, and climate. - *Journal of Mammalogy* 93. 634-644.
- Landa, A., Strand, O., Swenson, J. E. & Skogland, T. 1997. Wolverines and their prey in southern Norway. *Canadian Journal of Zoology* 75, 1292-1299.
- Lukacs, P. M & Burnham K. P. 2005. Review of capture–recapture methods applicable to non-invasive genetic sampling. *Molecular Ecology* 14, 3909-3919.
- 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. 2005. Female wolverine (*Gulo gulo*) reproduction: reproductive costs and winter food availability. - *Canadian Journal of Zoology-Revue Canadienne De Zoologie* 83. 1453-1459.
- Persson, J. & Brøseth, H. 2011. Järv i Skandinavien – status och utbredning 1996-2010. – NINA Rapport 732. 39 s.
- Rauset, G. R. 2013. Life and death in wolverines. Doctoral thesis. - Sveriges lantbruksuniversitet, Acta Universitatis agriculturae Sueciae, Uppsala. 1652-6880, 2013:15.
- 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 registrert død i Norge 1. juni 2012 – 31. mai 2013

Døde jerver som var tidligere kjent fra ekskrementmaterialet						
RovbaseID	Dødsdato	Kjønn	Alder	Individ	Fylke	Kommune
M405667	05.09.2012	Hunn	13	57	Sør-Trøndelag	OPPDAL
M405877	29.10.2012	Hunn	10	2021	Nordland	SALTDAL
M405891	24.11.2012	Hunn	10	2118	Troms	MÅLSELV
M405916	11.12.2012	Hann	10	2273	Finnmark	PORSANGER
M405870	16.10.2012	Hunn	10	2279	Troms	BALSFJORD
M406055	05.02.2013	Hunn	8	527	Nord-Trøndelag	SNÅSA
M406013	05.02.2013	Hunn	8	569	Nord-Trøndelag	VERDAL
M406073	15.02.2013	Hunn	8	2034	Troms	NORDREISA
M405989	02.02.2013	Hunn	8	2084	Finnmark	ALTA
M406079	15.02.2013	Hann	6	235	Nord-Trøndelag	MERÅKER
M405979	29.01.2013	Hann	6	269	Møre og Romsdal	NORDDAL
M406053	07.02.2013	Hann	6	591	Nord-Trøndelag	GRONG
M405881	04.11.2012	Hunn	6	2022	Nordland	SALTDAL
M406106	02.03.2013	Hann	6	3011	Finnmark	NESSEBY
M405946	13.01.2013	Hunn	5	148	Hedmark	FOLLDAL
M405927	22.12.2012	Hunn	5	393	Hedmark	TRYSIL
M405872	16.10.2012	Hunn	5	432	Hedmark	ENGERDAL
M405885	13.11.2012	Hann	5	2282	Troms	KÅFJORD
M406057	09.02.2013	Hann	5	2389	Troms	NORDREISA
M406272	16.05.2013	Hunn	5	2458	Troms	MÅLSELV
M405977	27.01.2013	Hunn	5	2622	Troms	MÅLSELV
M405983	31.01.2013	Hunn	4	264	Oppland	SØR-FRON
M405945	13.01.2013	Hann	4	389	Sør-Trøndelag	MIDTRE GAULDAL
M405970	25.01.2013	Hann	4	436	Sør-Trøndelag	MELDAL
M406031	07.02.2013	Hunn	4	574	Nord-Trøndelag	LIERNE
M406142	06.03.2013	Hann	4	2126	Finnmark	PORSANGER
M405974	27.01.2013	Hunn	4	2262	Finnmark	TANA
M405976	25.01.2013	Hann	4	2623	Troms	MÅLSELV
M405901	27.11.2012	Hann	4	2699	Nordland	GRANE
M405873	15.10.2012	Hunn	4	3519	Hedmark	ENGERDAL
M405959	21.01.2013	Hann	>3	2702	Troms	LAVANGEN
M406269	10.05.2013	Hunn	3	399	Møre og Romsdal	RINDAL
M406242	10.04.2013	Hann	3	410	Sogn og Fjordane	LUSTER
M405912	08.12.2012	Hann	3	434	Hedmark	TRYSIL
M406150	07.03.2013	Hann	3	2477	Finnmark	PORSANGER
M405984	01.02.2013	Hann	3	2494	Finnmark	ALTA
M406138	06.03.2013	Hann	3	2738	Finnmark	KARASJOK
M405875	26.10.2012	Hunn	3	3513	Hedmark	ENGERDAL
M406186	14.03.2013	Hann	3	3555	Sogn og Fjordane	LUSTER
M405524	06.06.2012	Hunn	2	433	Sør-Trøndelag	OPPDAL

M406012	05.02.2013	Hunn	2	654	Nord-Trøndelag	LIERNE
M406107	03.03.2013	Hann	2	2392	Finnmark	TANA
M406240	08.04.2013	Hann	2	2454	Nordland	SALTDAL
M406058	11.02.2013	Hunn	2	2473	Troms	NORDREISA
M406077	14.02.2013	Hunn	2	2474	Finnmark	KAUTOKEINO
M405960	20.01.2013	Hann	2	2501	Nordland	SALTDAL
M406141	06.03.2013	Hann	2	2522	Finnmark	LEBESBY
M405980	29.01.2013	Hann	2	2637	Finnmark	KAUTOKEINO
M405968	25.01.2013	Hann	2	2641	Finnmark	PORSANGER
M406002	04.02.2013	Hann	2	2645	Troms	NORDREISA
M405938	03.01.2013	Hann	2	2733	Nordland	SALTDAL
M406187	14.03.2013	Hunn	2	3502	Sogn og Fjordane	LUSTER
M405850	11.10.2012	Hunn	2	3517	Sør-Trøndelag	SELBU
M405914	08.12.2012	Hann	2	3523	Hedmark	LØTEN
M405541	07.08.2012	Hann	2	3526	Oppland	NORD-FRON
M405524	06.06.2012	Hunn	2	3554	Sør-Trøndelag	OPPDAL
M405924	21.12.2012	Hann	1	955	Sør-Trøndelag	HOLTÅLEN
M405903	28.11.2012	Hunn	1	964	Sør-Trøndelag	HOLTÅLEN
M406046	09.02.2013	Hann	1	990	Nord-Trøndelag	MERÅKER
M405965	24.01.2013	Hann	1	2823	Finnmark	KARASJOK
M405982	26.01.2013	Hunn	1	3506	Hedmark	ALVDAL
M405543	12.08.2012	Hann	1	3522	Oppland	DOVRE
M405913	05.12.2012	Hunn	ung*	2731	Troms	MÅLSELV
M406078	14.02.2013	Hann	-	2773	Finnmark	VADSØ

Døde jerver som ikke var tidligere kjent fra ekskrementmaterialet

RovbaselD	Dødsdato	Kjønn	Alder	Individ	Fylke	Kommune
M406251	27.04.2013	Hann	5	5705	Hedmark	ÅSNES
M405812	29.09.2012	Hann	3	5681	Hedmark	STOR-ELVDAL
M405925	18.12.2012	Hann	3	5684	Nordland	SØRFOLD
M406059	11.02.2013	Hann	3	5686	Troms	MÅLSELV
M405905	30.11.2012	Hann	3	5699	Nordland	VEFSN
M406188	14.03.2013	Hann	2	3587	Sogn og Fjordane	LUSTER
M405830	05.10.2012	Hann	2	5674	Oppland	ØYER
M405957	20.01.2013	Hunn	2	5685	Nordland	VEFSN
M406134	04.03.2013	Hann	2	5687	Finnmark	PORSANGER
M405934	04.01.2013	Hann	2	5688	Troms	BARDU
M405932	02.01.2013	Hunn	2	5695	Nordland	HEMNES
M405931	02.01.2013	Hann	2	5698	Nordland	GRANE
M405929	22.12.2012	Hann	2	5707	Hedmark	engerDAL
M405878	29.10.2012	Hann	2	5708	Hedmark	TRYSIL
M406108	03.03.2013	Hunn	2	5718	Finnmark	TANA
M405904	29.11.2012	Hunn	1	5693	Nordland	VEFSN
M406068	15.02.2013	Hann	1	5709	Nord-Trøndelag	HØYLANDET
M406054	07.02.2013	Hann	1	5711	Nord-Trøndelag	SNÅSA
M406062	12.02.2013	Hann	1	5712	Nord-Trøndelag	SNÅSA

M406140	06.03.2013	Hann	1	5717	Finnmark	PORSANGER
M405999	02.02.2013	Hann	ad**	5680	Troms	NORDREISA
M405854	13.10.2012	Hunn	ung*	5676	Nordland	SALTDAL
M405892	25.11.2012	Hunn	ung*	5678	Troms	MÅLSELV
M405525	06.06.2012	Hunn	0	5670	Sør-Trøndelag	OPPDAL
M405526	06.06.2012	Hunn	0	5671	Sør-Trøndelag	OPPDAL
M405975	27.01.2013	Hann	0	5682	Finnmark	NESSEBY
M406056	07.02.2013	Hann	0	5683	Hedmark	TOLGA
M406270	10.05.2013	Hunn	0	5689	Møre og Romsdal	RINDAL
M406271	10.05.2013	Hann	0	5690	Møre og Romsdal	RINDAL
M405937	06.01.2013	Hunn	0	5691	Møre og Romsdal	SURNADAL
M406052	09.02.2013	Hunn	0	5692	Finnmark	TANA
M405919	20.12.2012	Hunn	0	5694	Finnmark	TANA
M405889	21.11.2012	Hann	0	5696	Nordland	SALTDAL
M405876	29.10.2012	Hann	0	5697	Nordland	SALTDAL
M406273	16.05.2013	Hunn	0	5700	Troms	MÅLSELV
M406274	16.05.2013	Hunn	0	5701	Troms	MÅLSELV
M405964	24.01.2013	Hunn	0	5702	Finnmark	KARASJOK
M406149	07.03.2013	Hunn	0	5703	Finnmark	PORSANGER
M406258	23.04.2013	Hann	0	5704	Hedmark	ENGERDAL
M405902	29.11.2012	Hann	0	5706	Troms	NORDREISA
M405967	25.01.2013	Hunn	0	5714	Finnmark	PORSANGER
M405973	27.01.2013	Hunn	0	5715	Finnmark	TANA
M405961	21.01.2013	Hann	0	5716	Nordland	VEFSN
M405828	25.09.2012	Hunn	-	5675	Nordland	NARVIK
M405890	25.11.2012	Hunn	-	5677	Nordland	BALLANGEN
M405926	20.12.2012	Hann	-	5679	Nordland	RANA
M406042	07.02.2013	Hann	-	5710	Oppland	LESJA
M405962	22.01.2013	Hunn	-	5713	Finnmark	PORSANGER

Ikke fungerende eller manglende prøver

RovbaseID	Dødsdato	Kjønn	Alder	Individ	Fylke	Kommune
M406257	30.04.2013	Hunn	0	-	1-0434	ENGERDAL
M406290	15.05.2013	Hunn	eldre***	-	1-1738	LIERNE

* Ikke aldersbestemt, men vurdert som ung ved fellingskontroll

** Ikke aldersbetemt, men vurdert som voksen ved fellingskontroll

***Ikke aldersbestemt, men vurdert på funnstedet til å være ei eldre tisse



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

Rovdata er en enhet i Norsk institutt for naturforskning.

1008

NINA Rapport

ISSN:1504-3312
ISBN: 978-82-426-2618-9

Omslagsfoto: Lars Krempig, John Linnell, Roy Andersen,
Per Jordhøy, Espen Lie Dahl.

Norsk institutt for naturforskning

NINA Hovedkontor

Postadresse: Postboks 5685 Sluppen, 7485 Trondheim

Besøks/leveringsadresse: Høgskoleringen 9, 7034 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