

Populasjonsovervåking av jerv i Skandinavia ved hjelp av DNA-analyse fra ekskrementer

Rapport 2004

Øystein Flagstad
Henrik Brøseth
Eva Hedmark
Cecilia Wärdig
Malin Johansson
Hans Ellegren

Nasjonalt overvåkingsprogram for rovvilt



LAGSPILL



ENTUSIASME



INTEGRITET



KVALITET

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

**Populasjonsovervåking av jerv i
Skandinavia ved hjelp av DNA-
analyse fra ekskrementer**

Rapport 2004

Øystein Flagstad
Henrik Brøseth
Eva Hedmark
Cecilia Wärdig
Malin Johansson
Hans Ellegren

Flagstad, Ø, Brøseth, H., Hedmark, E., Wärdig, C., Johansson, M. & Ellegren, H. 2005. Populasjonsovervåking av jerv i Skandinavia ved hjelp av DNA-analyse fra ekskrementer. - NINA Rapport 41. 37 pp.

Trondheim, april 2005

ISSN: 1504-3312

ISBN: 82-426-1566-7

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

KVALITETSSIKRET AV

Inga E. Bruteig

ANSVARLIG SIGNATUR

Forskningsjef Inga E. Bruteig (sign.)

OPPDRAKSGIVER(E)

Direktoratet for naturforvaltning

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER

Terje Bø

NØKKEWORD

Jerv, *Gulo gulo*, ekskrementer, DNA, bestandsstørrelse, immigrasjon

KEY WORDS

Wolverine, *Gulo gulo*, faeces, DNA, population size, immigration

KONTAKTOPPLYSNINGER

NINA Trondheim

NO-7485 Trondheim

Telefon: 73 80 14 00

Telefaks: 73 80 14 01

NINA Oslo

Postboks 736 Sentrum

NO-0105 Oslo

Telefon: 73 80 14 00

Telefaks: 22 33 11 01

NINA Tromsø

Polarmiljøsentret

NO-9296 Tromsø

Telefon: 77 75 04 00

Telefaks: 77 75 04 01

NINA Lillehammer

Fakkeltgården

NO-2624 Lillehammer

Telefon: 73 80 14 00

Telefaks: 61 22 22 15

<http://www.nina.no>

Sammendrag

Flagstad, Ø, Brøseth, H., Hedmark, E., Wärdig, C., Johansson, M. & Ellegren, H. 2005. Populasjonsovervåking av jerv i Skandinavia ved hjelp av DNA-analyse fra ekskrementer. NINA Rapport 41. 37pp.

Denne rapporten omhandler populasjonsovervåkingen av jerv ved hjelp av DNA-analyse fra ekskrementer i sørlige deler av artens utbredelsesområde i Skandinavia. Rapporten fokuserer i hovedsak på resultatene fra materiale som ble innsamlet i 2004, men sees også i sammenheng med materiale fra 2000-2003 som er rapportert tidligere.

I 2004 ble totalt 419 antatte jervekskrementer samlet inn over hele Sør-Norge (inkludert Trøndelagsfylkene). I tillegg ble 90 prøver samlet inn i Jämtland og Dalarna. Vellykket genetisk analyse ble gjennomført på ca 60% av innsamlet materiale.

De fungerende prøvene innsamlet på norsk side representerte 98 ulike individer. 76 av disse dyra ble påvist i Sør-Norge, dvs fra Sør-Trøndelag og sørover. De resterende 22 ble funnet i Nord-Trøndelag. De fungerende prøvene innsamlet i Jämtland og Dalarna representerte 27 ulike individer. Av de 76 individene som ble påvist i Sør-Norge, var 50 representert i ekskrementmaterialet fra tidligere års innsamlinger. Ved bruk av fangst/gjenfangst-metodikk er bestandsstørrelsen i Sør-Norge estimert til 84 (95% CI: 77-93) individer i 2004.

Vellykkede slektskapsanalyser bidrar til at vi nå har god oversikt over en stor andel av de reproduserende individene i bestanden og deres avkom. De lengste påviste spredningsavstandene til avkom har vært ca 150 km for tisper og 250 km for hann.

Ved hjelp av de genetiske dataene har vi identifisert et distinkt skille mellom de østligste og de mer sentrale delene utberedelsesområdet i Sør-Norge. Jerv i den østlige delen av utberedelsesområdet hører til den samme delbestanden som individer fra Jämtland, Dalarna og Nord-Trøndelag, mens jerv vest for skillelinjen utgjør en genetisk distinkt vestlig delbestand i Sør-Norge. Individene i hver av delbestandene har altså sine karakteristiske genetiske profiler; (1) østlig/nordlig genetisk profil og (2) vestlig/sørlig genetisk profil.

Immigrasjonen mellom de to delbestandene synes å være svært asymmetrisk. Nesten ingen med vestlig/sørlig genotype beveger seg inn i den østlige delbestanden. En god del individer med østlig/nordlig opphav går imidlertid andre veien. Flere av disse er reproduserende individer, slik at vi ikke bare får forflytning av individer, men endog effektiv genflyt. Dette bidrar til å opprettholde nivået av genetisk variasjon i den vestlige/sørlige bestanden, og således bidra til å unngå potensielt skadelige innavlseffekter.

Ved bruk av fangst/gjenfangst-metodikk er bestandsestimatet for den vestlige delpopulasjonen 70 individer, mens den østlige delpopulasjonen er estimert til 79 individer i 2004.

Øystein Flagstad, Biologisk institutt, Universitetet i Oslo, Postboks 1066 Blindern, 0316 Oslo.
oystein.flagstad@bio.uio.no

Henrik Brøseth, Norsk institutt for naturforskning, Tungasletta 2, 7485 Trondheim.
henrik.broseth@nina.no

Eva Hedmark, Cecilia Wärdig, Malin Johansson & Hans Ellegren, Evolutionsbiologisk centrum, Universitetet i Uppsala, Norbyvägen 18D, 752 36 Uppsala. hans.ellegren@ebc.uu.se

Abstract

Flagstad, Ø, Brøseth, H., Hedmark, E., Wårdig, C., Johansson, M. & Ellegren, H. 2005. Monitoring wolverines in Scandinavia using faecal DNA. NINA Rapport 41. 37pp.

This report describes DNA-based monitoring of the Scandinavian wolverine population, using scat samples collected in its southernmost distribution range. The results reported are mainly those obtained during 2004, but always with reference to the results obtained in 2000-2003, summarized in previous reports.

In 2004, a total of 419 wolverine scats were collected from southern and central Norway (including the counties of Nord-Trøndelag and Sør-Trøndelag). In addition, 90 scats were collected in the adjacent Swedish counties of Jämtland and Dalarna. DNA was successfully isolated from 60% of the scats.

A total of 98 individuals were identified from the Norwegian scats, 76 from southern Norway (including Sør-Trøndelag), and the remaining 22 from Nord-Trøndelag. A total of 27 individuals were identified from the two Swedish counties. Of the 76 individuals in southern Norway, 50 had been identified in previous surveys. Using a capture-mark-recapture model, the population size was estimated to 84 individuals (95% confidence intervals = 77-93) in 2004.

We have successfully determined the kinship between many of the individuals, which has allowed indirect inference of dispersal behaviour in juveniles. The longest distances found so far are 150 km for a female and 250 km for a male.

From the genetic data, we have identified two distinct sub-populations in, southern Norway, one to the east and north, and the other to south and west. The northeastern sub-population includes individuals from southern Norway east of Glomma, as well as individuals from Nord-Trøndelag, Dalarna and Jämtland. The southwestern sub-population includes all other areas in southern Norway. Individuals in each of the two sub-populations have their characteristic genetic profiles.

Apparently, migration between the two areas is highly asymmetric. We have hardly detected any immigrants in the northeastern sub-population, whereas a substantial number of individuals appear to migrate from the north-east to the south-west. Some of these individuals have reproduced, which will help to maintain levels of genetic diversity in the smaller southern population, estimated at 70 individuals. The northeastern sub-population was estimated at 79 individuals within the study area. However, this population is continuous with the larger wolverine population in the northern parts of the Scandinavian peninsula.

Øystein Flagstad, Department of Biology, University of Oslo, Pb 1066 Blindern, NO-0316 Oslo, Norway. oystein.flagstad@bio.uio.no

Henrik Brøseth, Norwegian Institute for Nature Research, Tungasletta 2, NO-7485 Trondheim, Norway. henrik.broseth@nina.no

Eva Hedmark, Cecilia Wårdig, Malin Johansson & Hans Ellegren, Department of Evolutionary Biology, Uppsala University, Norbyvägen 18D, SE-752 36 Uppsala, Sweden. 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, immigrasjon og slektskapsanalyser..... | 9 |
| 3 Resultater og diskusjon | 11 |
| 3.1 Sør- og Midt-Norge..... | 11 |
| 3.1.1 Suksessrate og genotypingskvalitet..... | 11 |
| 3.1.2 Geografisk fordeling av fungerende prøver og individbestemmelse..... | 12 |
| 3.1.3 Bestandsestimater..... | 15 |
| 3.1.4 Oppdaterte slektskapsanalyser..... | 17 |
| 3.2 Jämtland og Dalarna..... | 21 |
| 3.2.1 Suksessrate og genotypingskvalitet..... | 21 |
| 3.2.2 Geografisk fordeling av fungerende prøver og individbestemmelse..... | 21 |
| 3.2.3 Oppdaterte slektskapsanalyser..... | 25 |
| 3.3 Sør-Skandinavia..... | 26 |
| 3.3.1 Populasjonsstruktur..... | 26 |
| 3.3.2 Bestandsestimater for østlig og vestlig delpopulasjon..... | 30 |
| 4 Konklusjon | 31 |
| 5 Referanser | 32 |
| Vedlegg 1 | 33 |
| Vedlegg 2 | 36 |
| Vedlegg 3 | 37 |

Forord

Vi vil benytte anledningen til å takke alle som har bidratt i overvåkingen av den skandinaviske jervbestanden gjennom innsamling av ekskrementmateriale i Norge og Sverige. 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 overvåkingsopp-
legget latt seg gjennomføre.

25 april 2005, Henrik Brøseth

1 Bakgrunn

Den skandinaviske jervbestanden er gjennom yngleregistreringer i 1998-2000 estimert til ~600 individer (Landa et al. 2001) og må ansees som sårbar. Omfattende overvåkning av populasjonen er av betydning for å kunne følge bestandsutviklingen på den Skandinaviske halvøy. Bestanden i Sør-Norge forvaltes som en separat enhet, ettersom den med støtte i genetiske data (Walker et al. 2001, Flagstad et al. 2004), synes å være delvis isolert fra de større bestandene i Nord-Norge og Nord-Sverige. Det er derfor av stor betydning at forholdene legges til rette for å kunne følge utviklingen i denne bestanden på en forsvarlig måte.

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 kjønns sammensetningen, omfanget av immigrasjon og potensielt bidra til å belyse slektskapsforhold og derigjennom individuell variasjon i reproduktiv suksess i bestanden.

Vi har i løpet av de 4-5 siste årene utviklet en robust DNA-basert overvåkningsmetode på jerv. Innsamlet ekskrementmateriale kan med stor grad av sikkerhet gi identitet og kjønn fra genetiske profiler. Tidligere har vi rapportert fra analysen av ~1000 ekskrementprøver innsamlet i den sørlige delen av jervens utbredelsesområde i Norge og Sverige i løpet av 2000-2003. Basert på analyser med flere mikrosatelittmarkører på alle individer har vi før årets rapportering gjennomgått det tidligere materialet på nytt og gjort noen mindre korreksjoner. Dette er årsaken til eventuelle små avvik i forhold til tidligere års rapporteringer. 2000-materialet (59 prøver) 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. Av 154 innsamlede prøver i 2001, kunne 111 individ- og kjønnsbestemmes. Disse 111 prøvene representerte 59 ulike individer, 30 hunner og 29 hanner. I 2002 var suksessraten for vellykket genetisk analyse en del lavere, hvor 132 av 251 innsamlede prøver kunne individ- og kjønnsbestemmes. Disse prøvene representerte 63 ulike individer, 31 hunner og 32 hanner, hvorav 6 var påvist i Nord-Trøndelag. I fjor rapporterte vi samlet for materiale samlet inn i Sør-Norge og Nord-Trøndelag i 2003, samt materiale samlet inn i Jämtland og Dalarna i 2002 og 2003. Av totalt 535 innsamlede ekskrementprøver, kunne 282 individ- og kjønnsbestemmes. I Sør-Norge fant vi 70 individer (37 hunner, 33 hanner), mens Nord-Trøndelag var representert med 23 ulike individer (14 hunner, 8 hanner, 1 ukjent). I Jämtland og Dalarna fant vi totalt 45 individer i løpet av de to årene (24 hunner, 21 hanner).

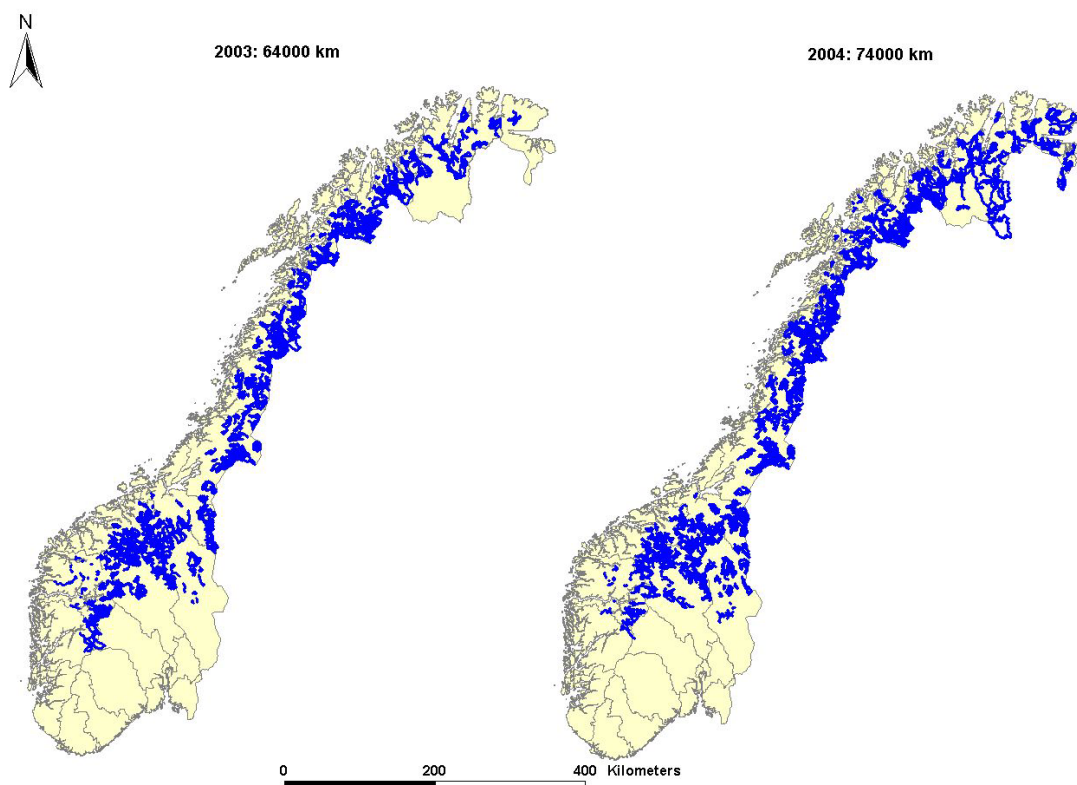
I denne rapporten vil vi i hovedsak fokusere på resultatene fra materiale som ble innsamlet i 2004. Materialet består av 419 prøver samlet inn sør for fylkesgrensen mellom Nord-Trøndelag og Nordland, samt 90 prøver samlet inn i Jämtland og Dalarna. Resultatene fra fjorårets innsamling vil i sin tur knyttes opp mot resultatene fra tidligere år. Vi vil legge vekt på bestandsestimater, slektskap mellom individer og populasjonsstruktur.

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. Minimum dekningsgrad i overvåkingsarbeidet på jerv i Norge i 2002 og 2003 er registrert med GPS-mottakere og kartkopier som vist i **figur 1**.

Innsamlingen av materialet i Sverige har på regionalt nivå vært administrert av Länsstyrelsen. Det praktiske arbeidet har blitt utført av "naturbevakare" i Länsstyrelsen.



Figur 1. Geografisk fordeling av registreringsinnsatsen i Norge ved overvåking av jerv i 2003 og 2004.

Totalt 419 antatte jervekskrementer ble samlet inn over hele Sør-Norge (inkludert Trøndelagsfylkene), hovedsakelig i perioden februar-mai 2004. I tillegg ble 90 prøver samlet inn i Jämtland og Dalarna i perioden Januar-August 2004.

I tilfeller av vellykket ekstraksjon av jervspesifikt kjerne-DNA, har vi gjennomført genotyping på tvers av 10 mikrosatelittmarkører som følger: Gg7 (Davies and 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

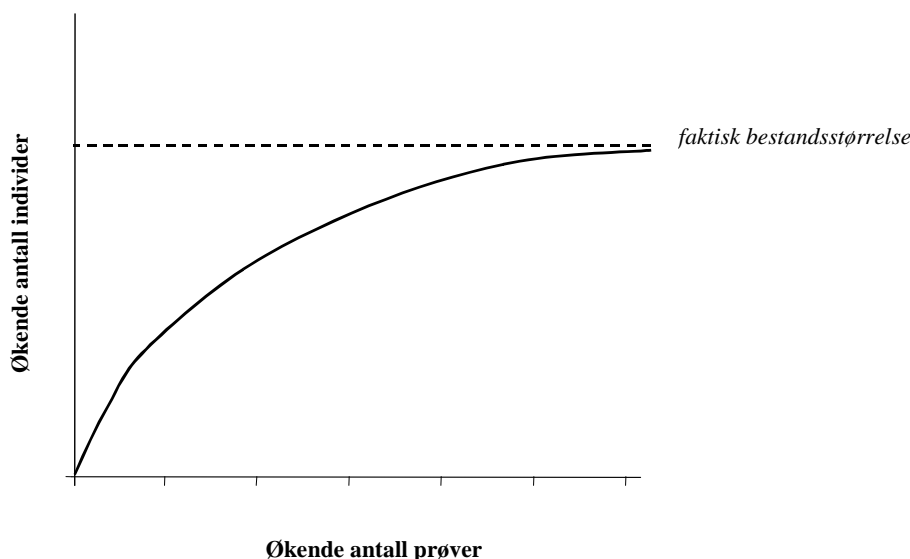
sammenlignet. Prøver som var identiske på tvers av 10 loci samt representerte det samme kjønn, ble klassifisert som representanter for ett og samme individ.

I tillegg til de 10 markørene nevnt ovenfor, har vi analysert samtlige individer (én prøve per individ) som hittil er detektert (2000-2003) pluss alle nye individer som ble detektert i 2004 for ytterligere 9 loci: Tt4 (Davies and Strobeck 1998), Ggu10, Ggu25, Gg452, Gg470, Gg471 (Walker et al. 2001), Gg101B (Duffy et al. 1998), Mvis057 (O'Connell et al. 1996) og Lut604 (Dallas and Piertney 1998). Genotyping på tvers av 19 markører sikrer høy presisjon i slektskapsanalysene og i deteksjonen av populasjonsstruktur.

Basert på resultatene fra et pilotstudium (rapportert tidligere), 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, immigrasjon og slektskapsanalyser

Det å samle inn ekskrementer i felt kan i prinsippet sees på som en form for fangst-gjefangst. 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 prøver fra hele bestanden. Dette prinsippet kan uttrykkes i form av en akkumuleringskurve som illustrert i **figur 2**. All fangst-gjefangst metodikk er basert på dette prinsippet, men de rent matematiske detaljene varierer mellom ulike modeller. Vi har valgt å bruke metoden til Eggert et al. (2003) for å estimere størrelsen på jervbestanden.



Figur 2

Figur 2. Generell sammenheng mellom antall innsamlede ekskrementprøver og antall detekterte individer.

Siden jervebestanden i Sør-Norge er genetisk differensiert fra resten av bestanden på Nordkallotten, 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. (2001) for å bestemme nærværet av nordlige immigranter i den sør-norske jervbestanden, og visualisert genotypene ved en clustringsanalyse (FCA; Benzecri 1973).

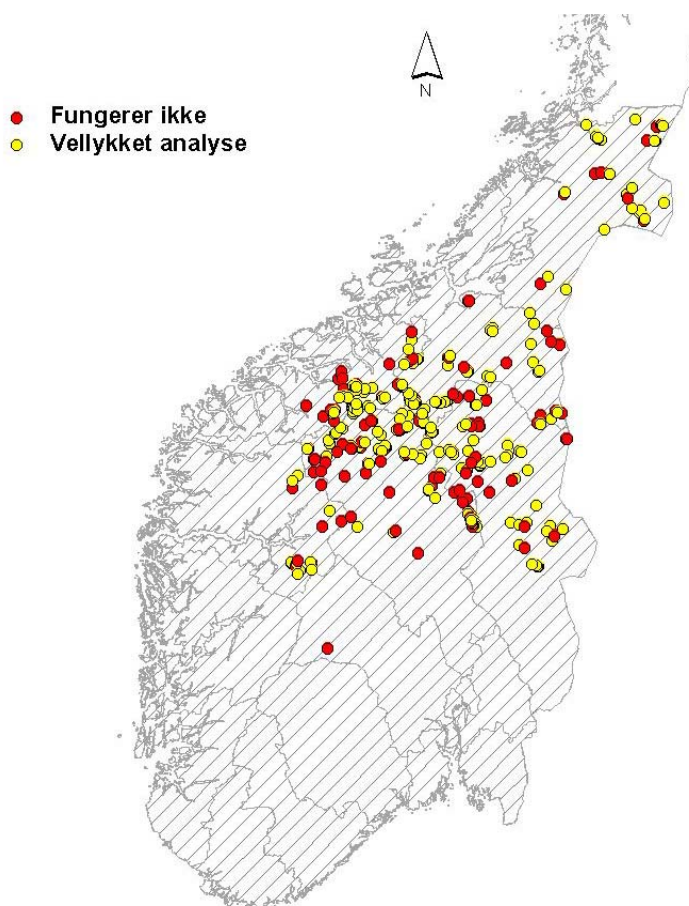
Slektskap mellom individer ble bestemt ved hjelp av metoden beskrevet av Marshall et al. (1998). Kandidatforeldre ble plukket ut blant individer som var samlet på eller i umiddelbar nærhet av et ynglehi. Potensielle avkom var alle nye individer som ble samlet i årene etter at kandidat-foreldrene hadde blitt samlet.

3 Resultater og diskusjon

3.1 Sør- og Midt-Norge

3.1.1 Suksessrate og genotypingskvalitet

Vellykket genetisk analyse ble gjennomført på 252 av de totalt 419 prøvene samlet inn i 2004 (**figur 3, Vedlegg 1**). Dette utgjør 60% av innsamlet materiale, som er en økning på 10% i forhold til materiale samlet inn i 2002 og 2003. Vi er fornøyd med den økte suksessraten, men den ligger fortsatt noe lavere enn det vi oppnådde i 2001, da den lå på ca. 70 %. Det er uklart for oss hvorfor suksessraten varierer på denne måten, men værforhold i innsamlingsperioden kan ha en viss betydning (Hedmark et al. 2004, Flagstad et al. 2004). For potensielt å øke suksessraten ytterligere ved senere innsamlinger, bør vi diskutere muligheten for ulike lagringsalternativer i felt. Eksempelvis kan man tenke seg et opplegg der en liten del av prøven legges i 70% etanol, mens resten av prøven fryses som tidligere. Ekskrementmateriale som er blitt lagret i alkohol har i flere tilfeller gitt en høy suksessrate for andre arter (se Eggert et al. 2003, Frantz et al. 2003).

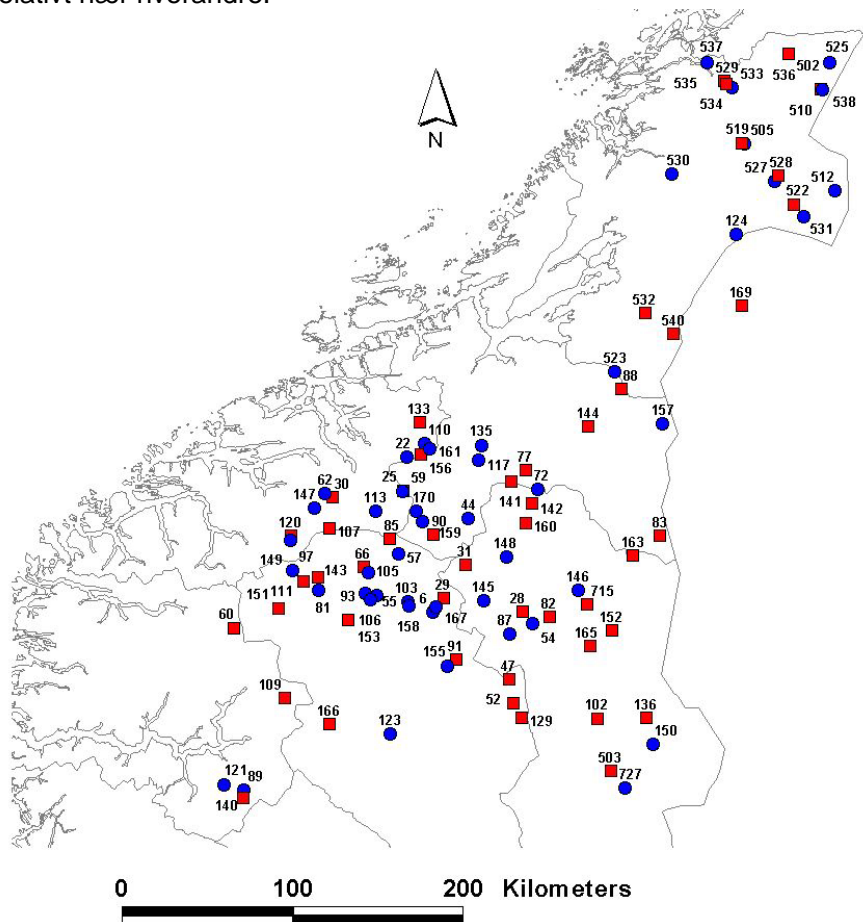


Figur 3. Det innsamlede prøvematerialet i Sør- og Midt-Norge i 2004. Gul= vellykket genetisk analyse (n=252), rød= fungerer ikke (n=167).

Kvaliteten på genotypingen av de fungerende prøvene er fortsatt god. Allelic dropout (dvs. genotypingsfeil der kun det ene av to alleler (genetiske varianter) detekteres i analysen) ble funnet i mindre enn 10% av alle replikater for heterozygote individer detektert i 2004. Vi har tidligere påvist eksperimentelt at en slik genotypingsfeilrate gir pålitelige resultater med tre replikater per locus for alle prøver (Hedmark et al. 2004).

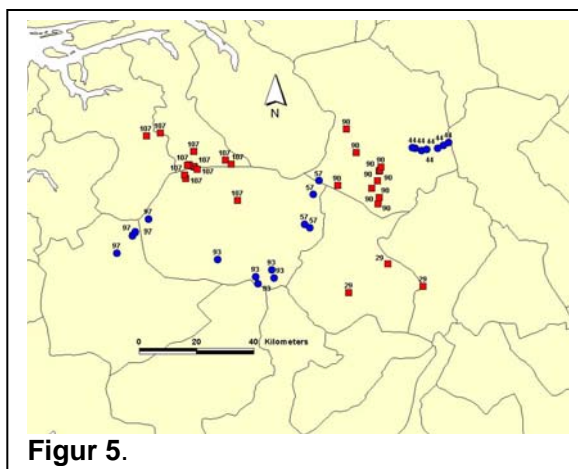
3.1.2 Geografisk fordeling av fungerende prøver og individbestemmelse

De 252 fungerende prøvene representerte 98 ulike individer (**figur 4, Vedlegg 1**). 76 av disse dyra (37 hunner, 39 hanner) var påvist i Sør-Norge, dvs fra og med Sør-Trøndelag og sørover. De resterende 22 (11 hunner, 11 hanner) var funnet i Nord-Trøndelag. Som for de foregående innsamlingssesongene ser vi at de aller fleste individer er representert ved prøver som er funnet relativt nær hverandre.

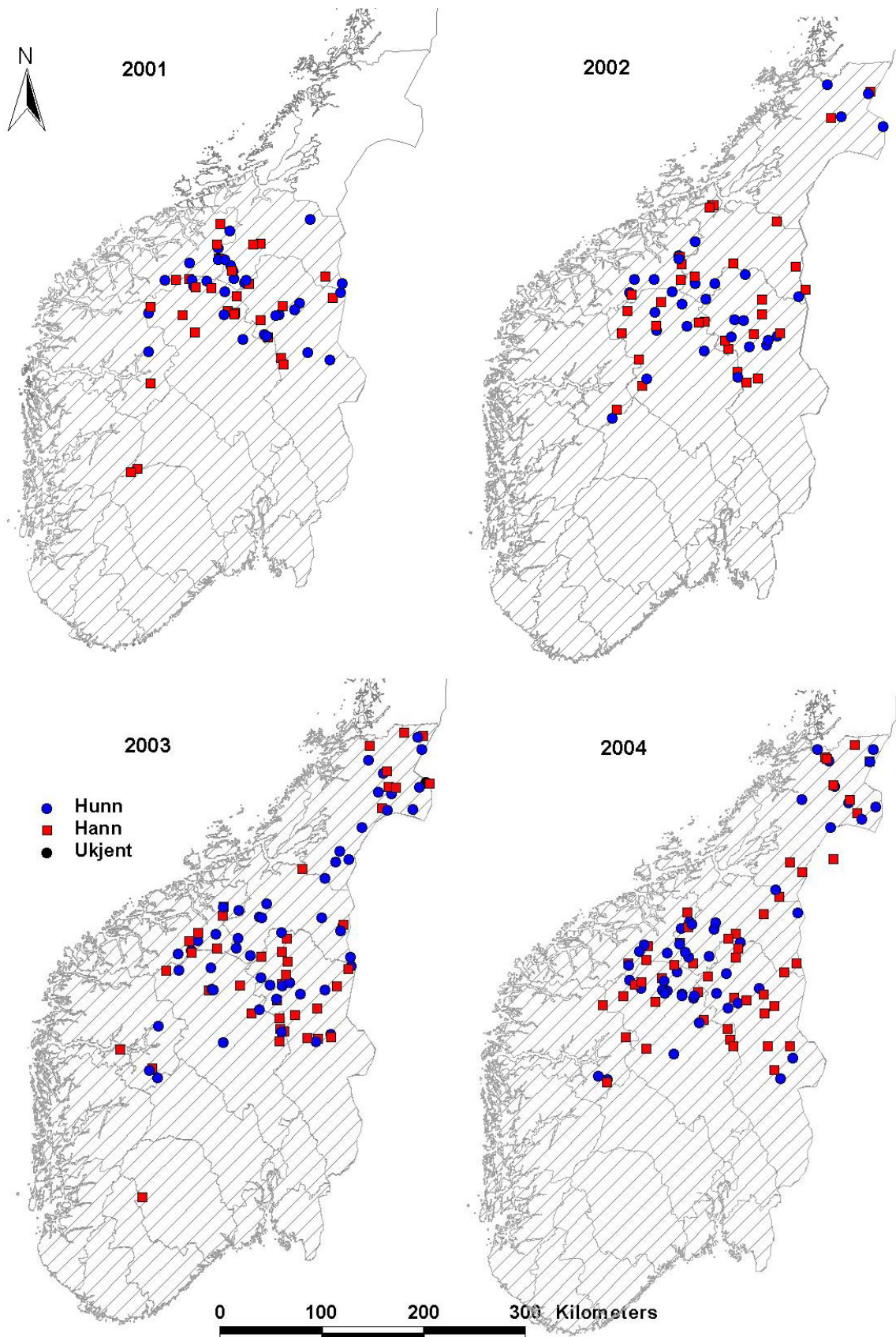


Figur 4. Fordeling av 98 individer funnet i 2004 materialet. Hvert individ er representert ved midtpunktet for innsamlede prøver. Blå= hunn, Rød= hann.

Figur 5 viser imidlertid noen eksempler på individer der prøvene er spredt over et større område. Individene 29, 57 og 90 er tidligere påvist å være territorieholdende, reproduserende individer. Individene 44 og 107 er sannsynligvis også reproduserende individer, i og med at en eller flere prøver fra disse individene er samlet på eller svært nær et unglehi i 2004. Den totale geografiske fordelingen av individer ligner slående på den vi har sett i årene 2001-2003 (**figur 6**).



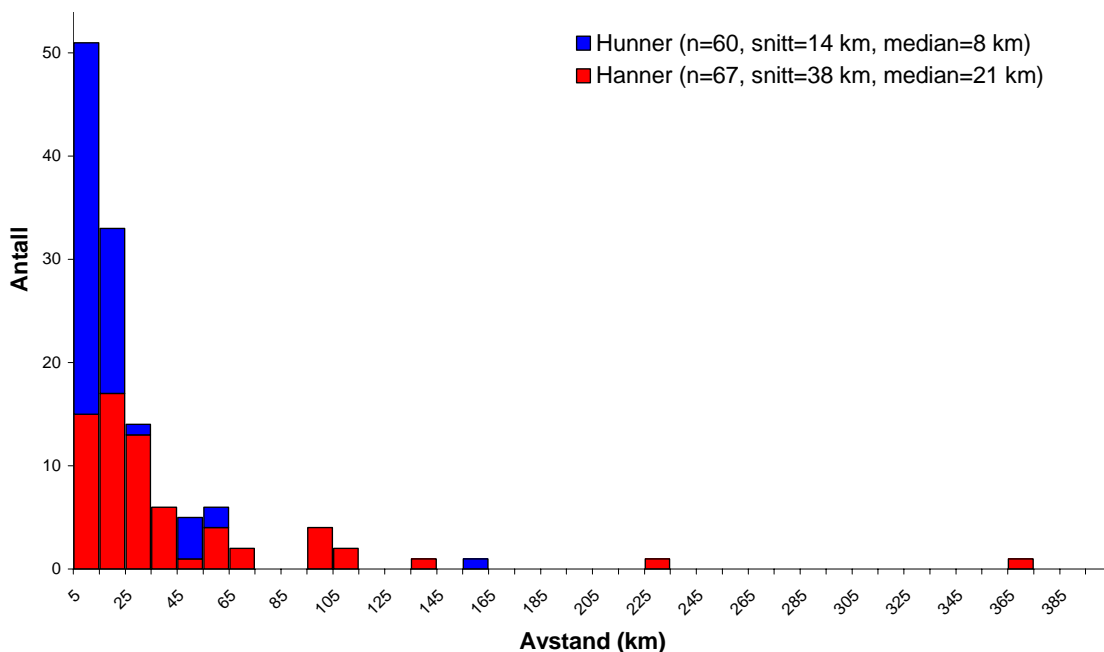
Figur 5.



Figur 6. Fordeling av jerv i Sør- og Midt-Norge i 2001-2004. Hvert dyr er representert med et datapunkt, også de individer som var representert med flere prøver i ekskrementmaterialet. Skraverte områder indikerer avgrensingen for innsamlingsområdet det enkelte år.

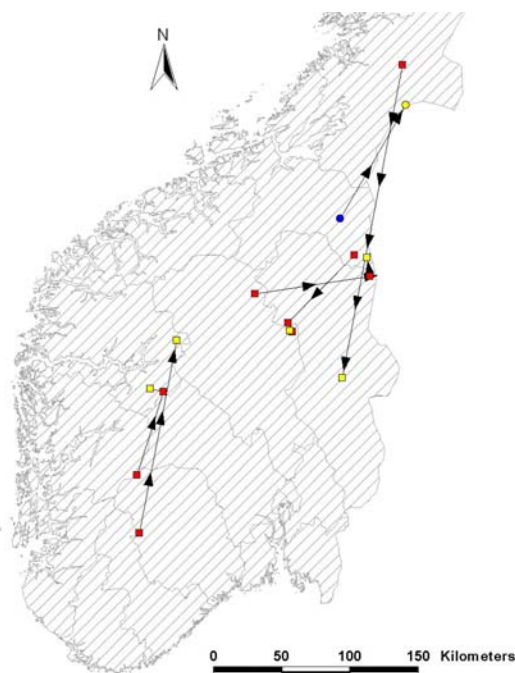
Av de 76 individene som ble påvist fra Sør-Trøndelag og sørover, var 50 representert i eks-krementmaterialet fra tidligere års innsamlinger. I Nord-Trøndelag var 11 av 22 individer representert tidligere. De nye individene fordeler seg sannsynligvis i tre kategorier: (1) Voksne dyr som ikke er blitt påvist tidligere, (2) Individuer som ble født i 2003 og som man dermed hadde svært liten sannsynlighet for å bli påvise denne våren, (3) Nye immigranter.

Figur 7 viser en oversikt over individer som er representert i to eller flere innsamlingssesonger (2000-2004). Mange individer, spesielt hunner, synes å oppholde seg omtrent på samme sted over tid. Vi ser imidlertid at en del individer har beveget seg relativt langt. Dette gjelder i større grad hanner, noe som støtter en antagelse om at hanner beveger seg mer enn hunner. Noen eksempler på lange geografiske forflytninger mellom år er gitt i **Figur 8**.



Figur 7. Forflytninger mellom år hos individer som er representert i to eller flere innsamlings-sesonger (2000-2004).

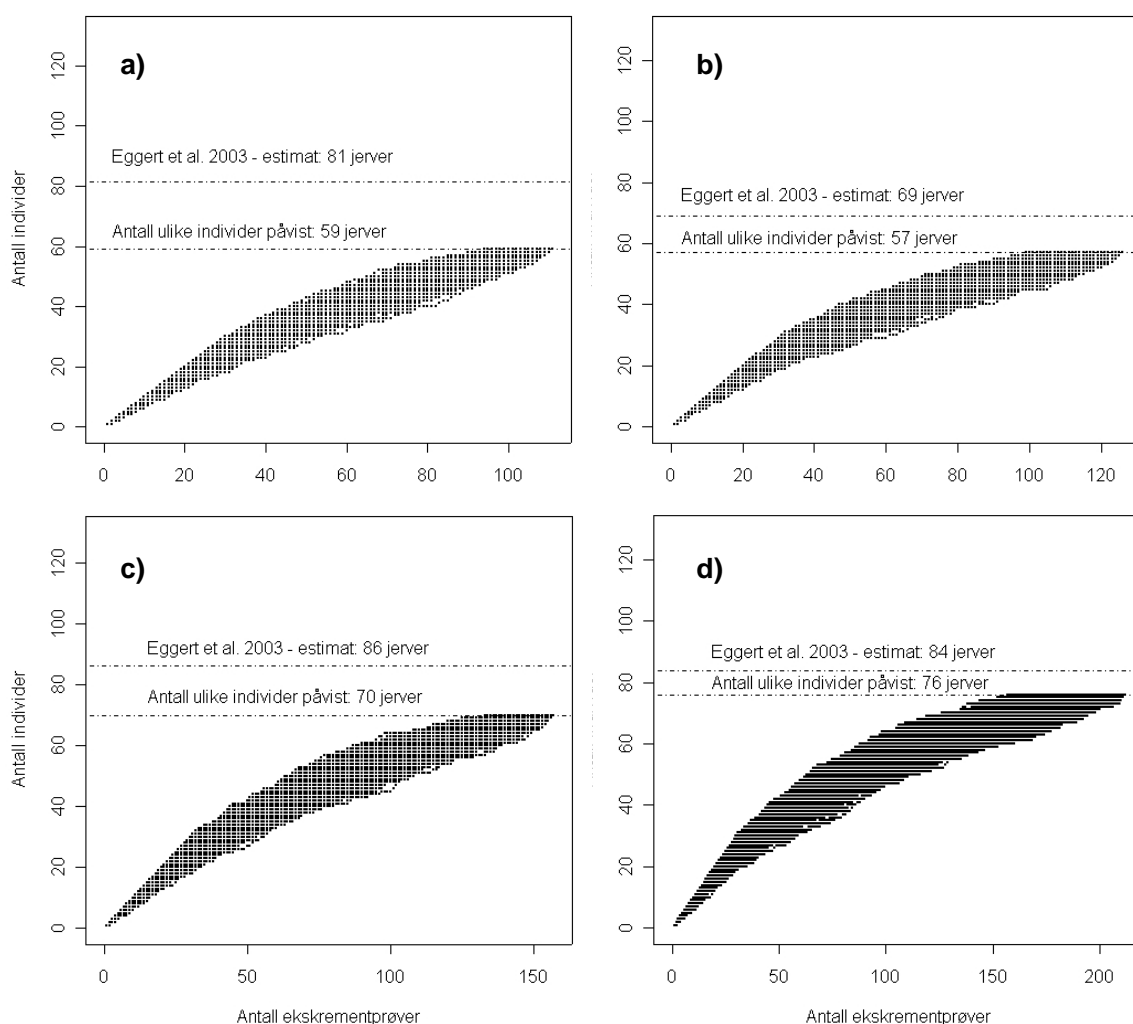
Figur 8. Eksempler på lange forflytninger mellom år hos individer som er representert i to eller flere innsamlingssesonger (2000-2004). Rød= hann, Blå= hunn. Symboler markert med gul viser posisjonen det sist påviste år for individet.



Totalt 28 vevsprøver fra individer i Sør-Norge og Nord-Trøndelag, felt under lisensjakt eller gjennom skadefelling i 2003 og 2004, er kommet inn siden siste års rapport. Ti av disse dyra var voksne individer, 16 var valper, og 2 var av ukjent alder. Av de 10 voksne individene, fant vi igjen 8 av dem i ekskrementmaterialet fra 2000-2004. Ingen av valpene eller de to av ukjent alder ble gjenfunnet i ekskrementmaterialet (**Vedlegg 2**). Dette mønsteret 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 innsamlet ekskrementer fra valper.

3.1.3 Bestandsestimater

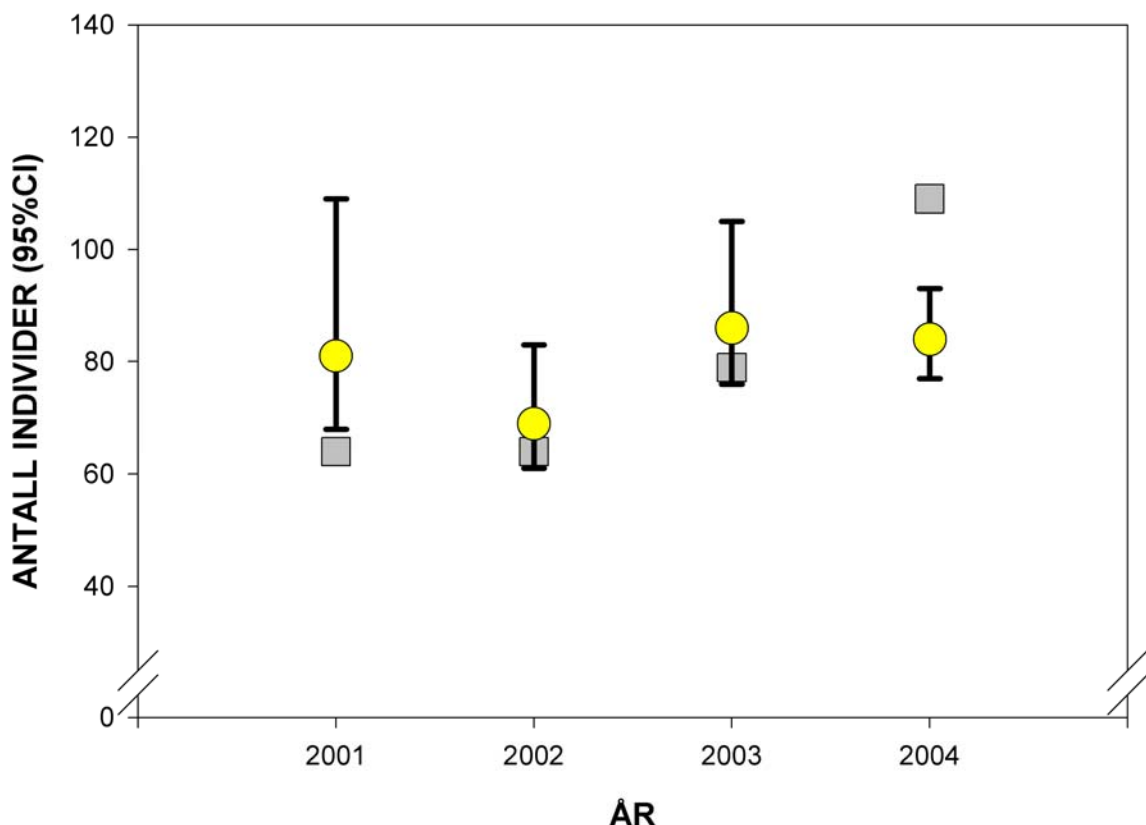
De fire datasettene fra 2001-2004 representerte altså henholdsvis 59, 57, 70 og 76 ulike individer sør for Nord-Trøndelag. Dette antallet kan sees på som et minsteestimat på bestandsstørrelsen de aktuelle årene. Det er imidlertid lite realistisk å anta at man har påvist 100 % av populasjonen, og bruk av fangst/gjenfangst-metodikk kan derfor gi et mer realistisk bilde av bestandsstørrelsen. Eggerts metode (Eggert et al. 2003) gir bestandsestimater på 81 (95% CI = 68-109) i 2001, 69 (95% CI = 61-83) i 2002, 86 (95% CI: 76-105) i 2003 og 84 (95% CI: 77-93) i 2004 (**figur 9**).



Figur 9. Akkumuleringskurve (1000 replikater) for datasettene fra a) 2001, b) 2002, c) 2003 og d) 2004 i Sør-Norge, samt bestandsestimater beregnet ved bruk av metoden til Eggert et al. 2003.

Selv om punktestimatene for de ulike årene varierer noe, er ingen av disse estimatene forskjellige i statistisk betydning. Bestandsestimatene skiller seg heller ikke nevneverdig fra estimatene basert på telling av minimum antall aktive ynglehi (Brøseth & Andersen 2003, 2004; **figur 10**). Det er imidlertid verdt å merke seg at det genetiske bestandsestimat for 2004 for første gang ligger under estimatet basert på ynglehiregistrering. Det ser dermed ut til at den voldsomme økningen i antall ynglehi i Sør-Norge fra 2003 (17) til 2004 (26) ikke gjenspeiles i en tilsvarende økt populasjonsstørrelse. God mattilgang (smågnagerår i deler av Sør-Norge) som er vist å påvirke ynglefrekvensen hos jerv er nok således en bedre forklaring på de mange ynglingene i 2004.

Bestandsestimater Sør-Norge 2001-2004

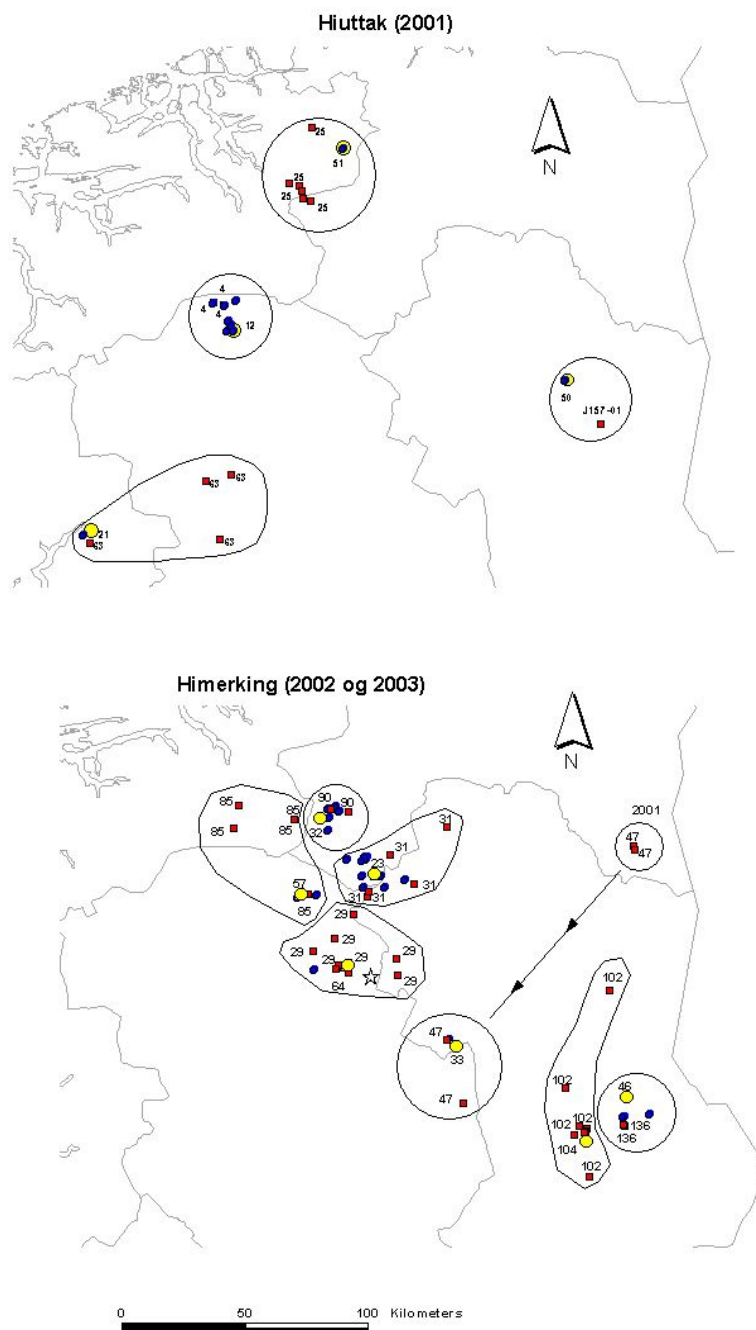


Figur 10. Bestandsestimater for jerv i Sør-Norge i 2001-2004 ved bruk av to estimeringsmetoder. Estimaten er basert på DNA-ekskrementanalyse (gul sirkel) og minimum antall aktive ynglehi (grå firkant).

De 40 prøvene som kunne individbestemmes i Nord-Trøndelag representerte 22 ulike individer. Dette er så å si identisk med fjorårets resultat som gav 23 ulike individer fordelt på 39 prøver. Vi har valgt å ikke estimere bestandsstørrelsen fra Eggerts metode basert på materialet fra Nord-Trøndelag alene. Dette fordi så få prøver sannsynligvis er på grensen til det som er forsvarlig for å få et noenlunde presist bestandsestimat. Vi har heller valgt å estimere størrelsen på hhv den vestlige og østlige populasjonen, hvor prøvene fra Nord-Trøndelag inngår i den sistnevnte (se senere avsnitt). Uansett er det verdt å merke seg at årets minsteestimat for Nord-Trøndelag (22 jerv) ligger svært nær estimatet på 21 individer basert på telling av aktive ynglehi (Brøseth & Andersen 2004).

3.1.4 Oppdaterte slektskapsanalyser

Det å løse opp slektskap mellom individer kan gi verdifull informasjon relevant for overvåkningsvirksomheten. Dette kan si noe om hvor ofte territoriehevde hanner reproduserer, og hvor mange hanner som inngår i den reproduserende delen av bestanden. Foreløpig har vi konsentrert oss om de slektskapsforholdene der ungene er samlet som nullåringer. Dette gjelder tilfeller der mor og/eller avkom er tatt ut av bestanden (4 tilfeller i 2001), og tilfeller der mor og/eller avkom er radiomerket (1 tilfelle i 2002; 5 tilfeller i 2003). I fjorårets rapport presenterte vi et sannsynlig foreldrepar i alle disse tilfellene. En oppsummering av disse slektskapsrelasjonene er gitt i **figur 11**.



Figur 11. Sannsynlige slektskapsforhold basert på informasjon fra hiuttak og himerking. De reproduserende parene (blå=hunn; rød=hann) finnes innenfor de angitte sirklene. Ynglehiene (gule sirkler) har fått individbetegnelsen til den reproduserende hunnen. Ynglehiet der ingen av foreldrene var kjent er angitt med en stjerne.

I 2004-materialet har vi ytterligere fire hiuttak, samt flere nye radiomerkede individer. I alle disse tilfellene, der mor er kjent, har vi funnet en svært sannsynlig far til avkommet (**Tabell 1**). I de tre tilfellene der nye valper av en tidligere radiomerket hunn ble merket, har 2003- og 2004-kullet samme far.

Tabell 1. Slektskapsanalyser for nye radiomerkede individer, samt i forbindelse med hiuttak.

| Ynglehi | Avkom | Kjent mor | Far | Konfidens | Født | Kategori |
|---------|----------------|---------------|------|-----------|------|-------------|
| NOP012 | J35-04, J36-04 | I97 | I111 | 0,80 | 2004 | Hiuttak |
| NSF003 | J32-04, J33-04 | I121 | I140 | 0,95 | 2004 | Hiuttak |
| NSF002 | J38-04, J39-04 | I89 | I41 | 0,95 | 2004 | Hiuttak |
| NHE003 | J41-04, J42-04 | I146 | I715 | 0,95 | 2004 | Hiuttak |
| NHE006 | S35-04, S36-04 | I46 | I136 | 0,95 | 2004 | Radiomerket |
| NOP009 | S37-04, S38-04 | I33 | I47 | 0,95 | 2004 | Radiomerket |
| NHE008 | S40-04, S41-04 | I145 (S39-04) | I28 | 0,95 | 2004 | Radiomerket |

I tillegg til disse analysene, føler vi nå etter hvert at vi har et godt datagrunnlag til å kunne bestemme en del slektskapsforhold også der mor ikke er kjent. I disse analysene har vi aktivt brukt informasjon om den geografiske lokaliteten til de ulike ynglehiene, og plukket ut kandidatmødre og kandidatfedre som har vært samlet på eller i umiddelbar nærhet av et ynglehi. Som kandidatavkom til disse har vi så brukt alle nye individer funnet året etter (dvs individer som ikke er observert tidligere). Resultatet av disse analysene er oppsummet i **Tabell 2**.

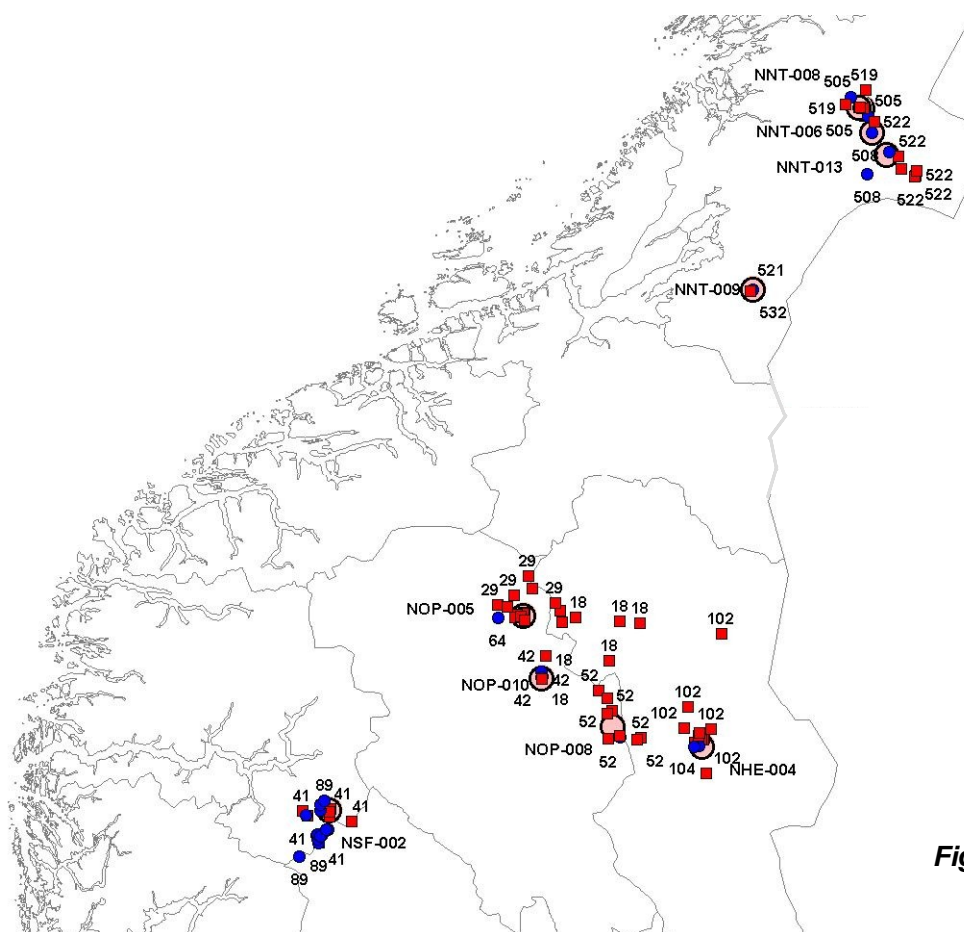
Tabell 2. Slektskapsanalyser der mor er ukjent, men der kandidatmødre og kandidatfedre er begrenset til individer som er samlet på eller i umiddelbar nærhet av et ynglehi.

| Ynglehi | Avkom | Mor | Far | Konfidens | Antatt født |
|---------------|------------------|------|------|-----------|----------------------|
| NOP005 | I77 | I64 | I18 | 0,95 | 2000 eller tidligere |
| NOP005 | I95, I103 | I64 | I29 | 0,95 | 2001 eller tidligere |
| NOP008 | I132 | I86 | I18 | 0,95 | 2001 eller tidligere |
| NOP010 | I129 | I42 | I18 | 0,95 | 2002 eller tidligere |
| NOP008 | I116, I119, I122 | I86 | I52 | 0,95 | 2002 eller tidligere |
| NSF002 | I121 | I89 | I41 | 0,95 | 2002 eller tidligere |
| NHE004 | I150 | I104 | I102 | 0,95 | 2002 eller tidligere |
| NNT006/NNT013 | I509 | I508 | I522 | 0,95 | 2001 eller tidligere |
| NNT006/NNT013 | I528 | I508 | I522 | 0,95 | 2003 eller tidligere |
| NNT009 | I520 | I521 | I532 | 0,95 | 2002 eller tidligere |
| NNT008 | I539 | I505 | I519 | 0,95 | 2003 eller tidligere |
| ? | I527 | I509 | I519 | 0,95 | 2003 eller tidligere |

Vi ser at flere av hannene som tidligere er identifisert som reproduserende hanner, går igjen i disse analysene (Ind29, Ind41, Ind102). Det er også interessant å se på historikken til enkelte

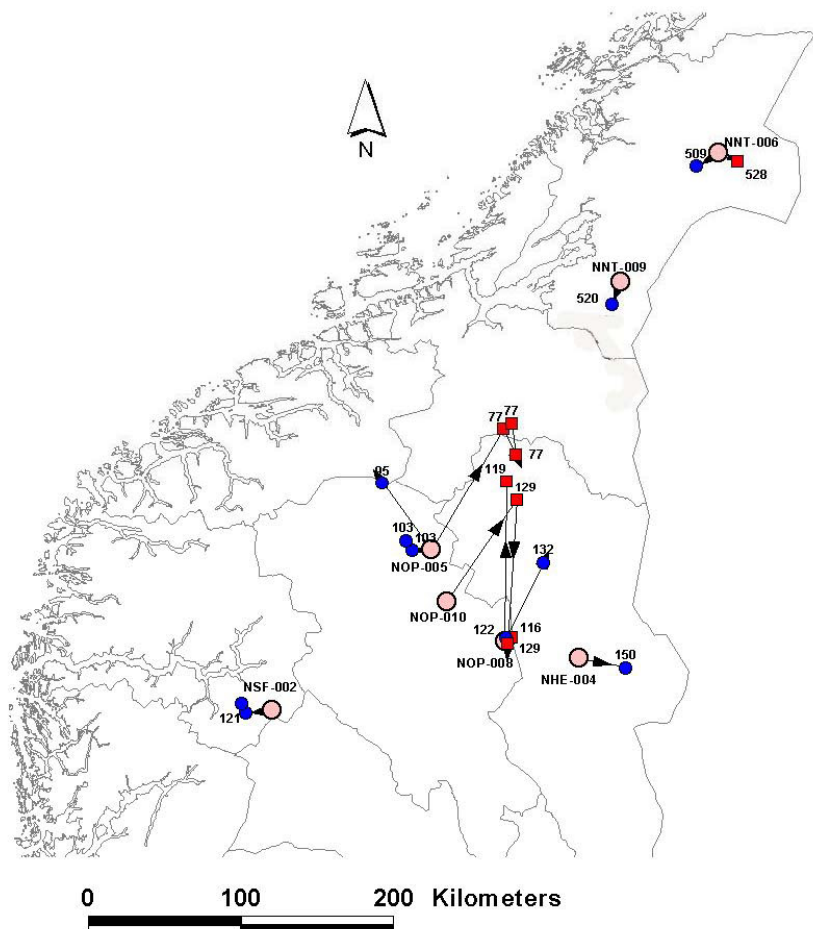
av ynglehiene. Individ 18 har en meget sentral rolle for tre ynglehi i Oppland. Denne hannen hadde i 2001 et meget stort territorium som sannsynligvis dekket territoriet til flere reproduserende tisper. Etter hvert har andre individer overtatt to av ynglehiene hans (NOP005, Ind29; NOP008, Ind52). I Nord-Trøndelag ser vi også et eksempel på en hann som parrer seg med flere hunner i antatt samme sesong (Ind519).

Figur 12 viser den geografiske lokaliteten til disse ynglehiene og hvor de reproduserende dyra har blitt påvist. Vi ser at hannene i større grad finnes over et stort område. Spredning fra de samme ynglehiene er illustrert i **figur 13**. Det synes å være en tendens til at hanner under spredningsprosessen beveger seg lenger bort fra fødepllassen enn hunner. Individene 77, 119 og 129 har alle beveget seg mer enn 100 km. Det finnes imidlertid også eksempler på hunner som har tilbakelagt mer enn 50 km (Ind 95, Ind 132).



Figur 12

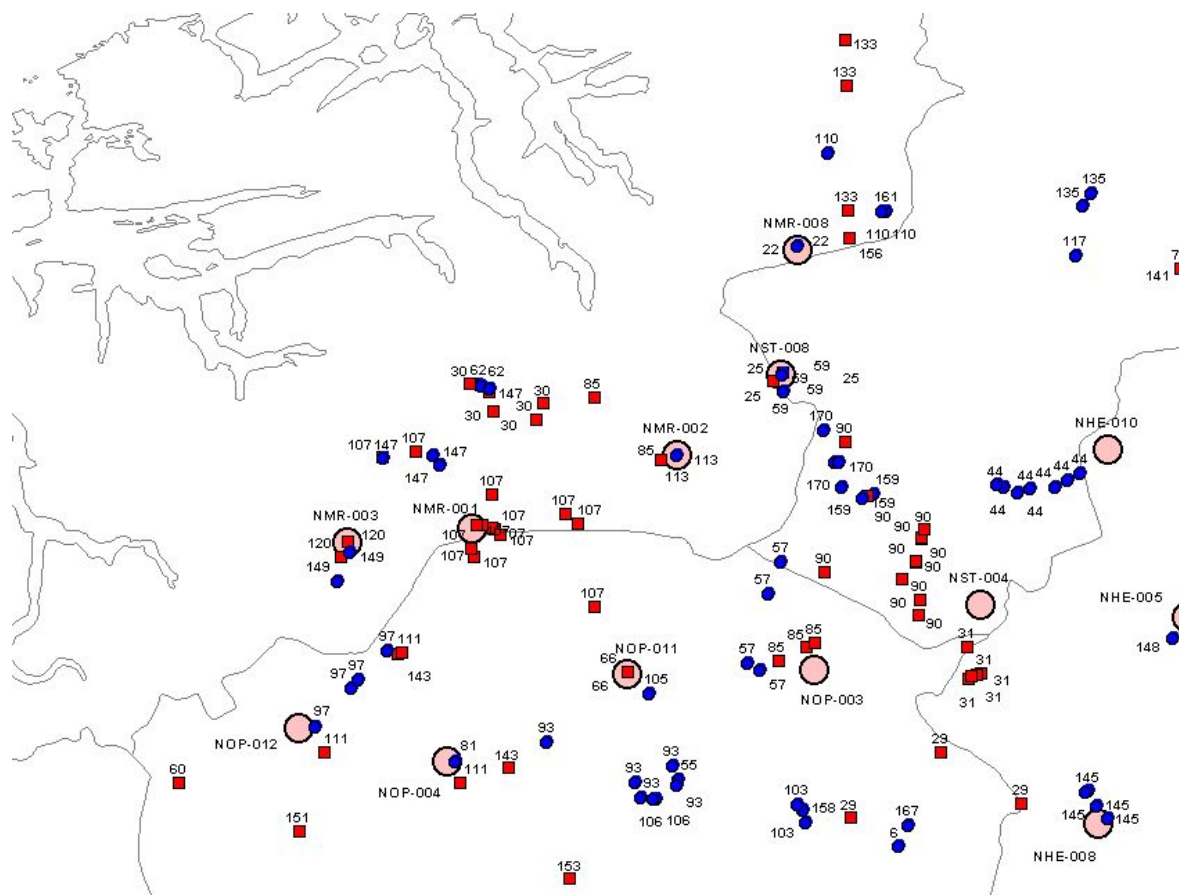
De vellykkede slektskapsanalysene bidrar til at vi nå har god oversikt over en stor andel av de reproduserende individene i bestanden. Blant individene som ble påvist i Sør-Norge i 2004, fant vi ti hanner som har reprodusert i 2002 og/eller 2003 (Ind28, Ind29, Ind47, Ind52, Ind85, Ind90, Ind102, Ind111, Ind140, Ind715). Av kjente reproduserende tisper i Sør-Norge, samlet vi i 2004 kun tre individer (Ind57, Ind97, Ind121). De to sistnevnte er tatt ut av bestanden ved hiuttak sammen med individene 32, 89 og 146. Andre reproduserende tisper som vi vet fortsatt var i live i 2004 er individene 33, 46, og 145 (se **Tabell 1**)



Figur 13. Spredning av avkom fra antatt ynglehi hos jerv i Sør- og Midt-Norge.

I tillegg kommer en god del tisper som er minst to år gamle som er funnet direkte på eller i umiddelbar nærhet til ett av de 26 ynglehiene som ble påvist i Sør-Norge i 2004. Noen eksempler på dette er gitt i **figur 14**. Her kan nevnes Ind59 som synes å være etablert på ynglehi NST-008, med Ind25 som den mest sannsynlige hannen. Ind113 har sannsynligvis reprodusert på ynglehi NMR-002 med hann Ind85 som den mest sannsynlige partneren. På ynglehi NOP-004, ser det ut til at Ind81 har etablert seg. Igjen kan det se ut som dette ynglehiet ligger innenfor territoriet til en gammel kjenning, hann Ind111. Ind22 kan også nevnes, og synes å ha etablert seg på ynglehi NMR-008. I det hele tatt ser det ut til at en god del av de reproduserende tispene i 2004 er samlet, og det vil bli spennende å se hvor mange av deres avkom vi vil finne igjen i materialet som samles inn våren 2005.

Når det gjelder reproduserende individer i Nord-Trøndelag, trenger vi nok ytterligere et par innsamlingsesonger for å få en god oversikt over reproduserende individer og par i dette fylket.



Figur 14. Lokalteten til noen av de 26 unglehiene som ble påvist i Sør-Norge i 2004, samt den geografiske fordelingen av individer på og rundt disse unglehiene (blå=hunn; rød=hann).

3.2 Jämtland og Dalarna

3.2.1 Suksessrate og genotypingskvalitet

Totalt 52 av de 90 innsamlede prøvene i Jämtland og Dalarna (58 %) gav DNA av god nok kvalitet til å kunne analyseres (**figur 15**). Fire av disse var hårpøver, som gir en suksessrate for hår på 29 %. Dette er noe bedre enn for materiale samlet inn i 2002 og 2003, der ingen av hårpøvene fungerte. Suksessraten for ekskrementprøvene er tilsvarende suksessraten i Sør-Norge og ligger også svært nær suksessraten i et eksperimentelt studium (Hedmark et al. 2004).

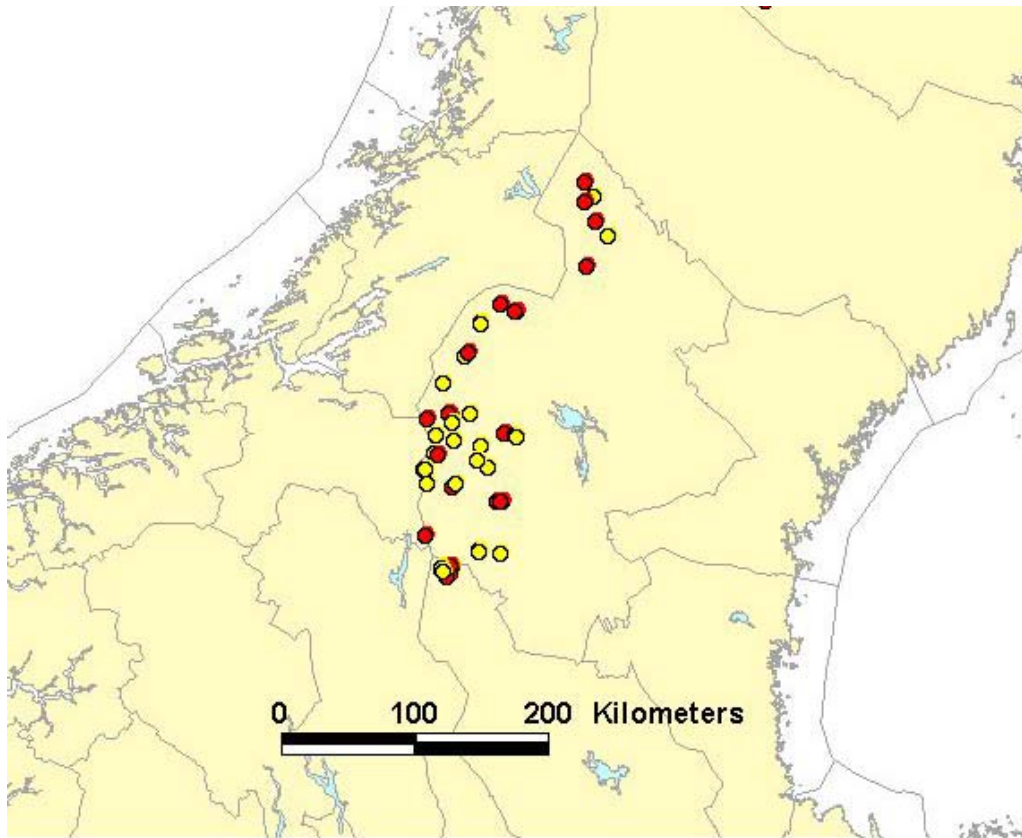
Kvaliteten på genotypingen av de fungerende prøvene var også god. Allelic dropout (dvs. genotypingsfeil der kun det ene av to alleler (genetiske varianter) detekteres i analysen) ble funnet i mindre enn 10% av alle replikater for heterozygote individer detektert i 2004. Som nevnt har vi påvist eksperimentelt at en slik feilprosent gir pålitelige resultater med tre replikater per locus for alle prøver (Hedmark et al. 2004).

3.2.2 Geografisk fordeling av fungerende prøver og individbestemmelse

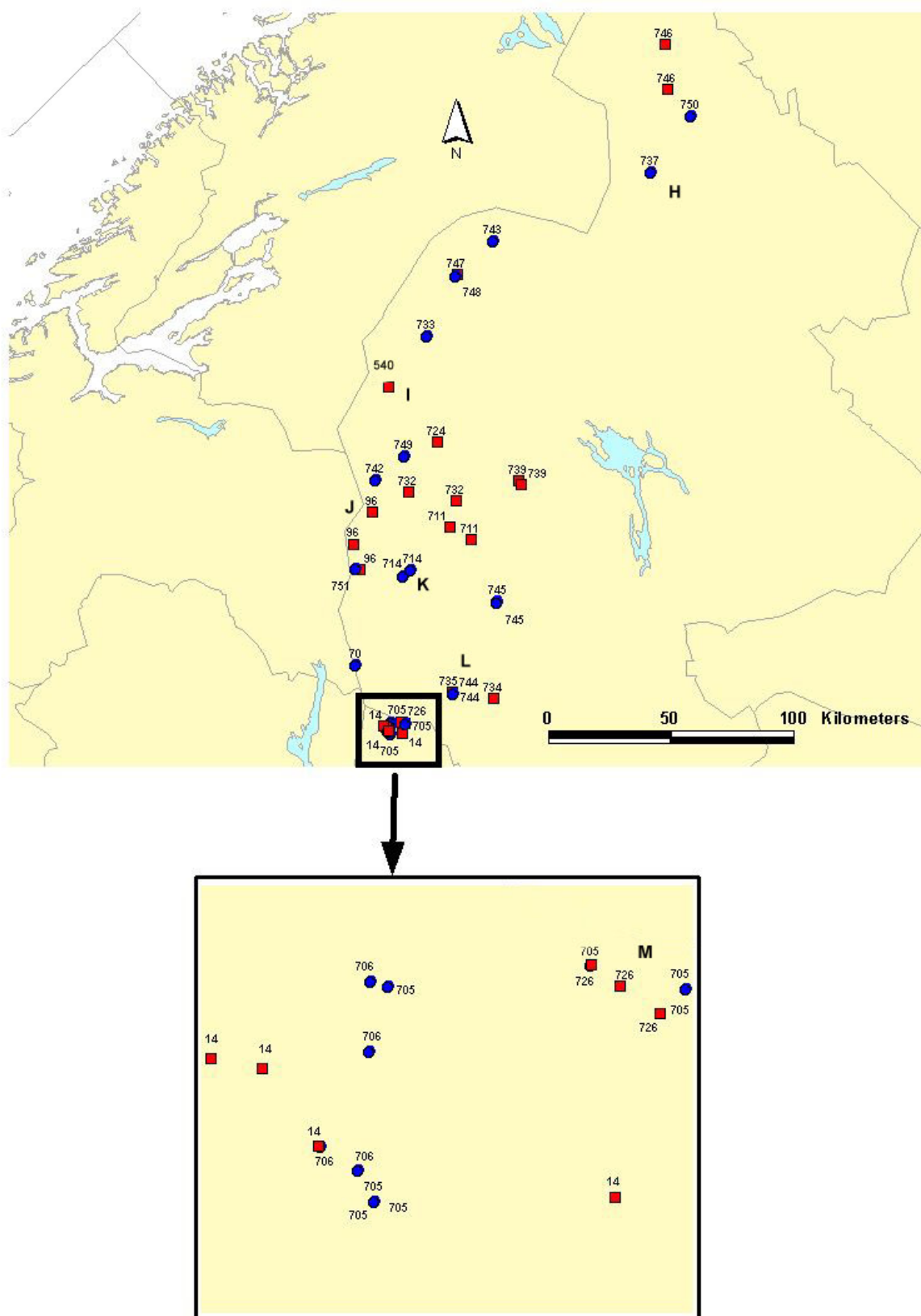
De 52 fungerende prøvene i Jämtland og Dalarna representerte 27 ulike individer (15 hunner, 12 hanner, **figur 16**; **Vedlegg 3**). 15 av disse dyra (6 hunner, 9 hanner) var også representert i materialet fra 2002 og/eller 2003.

Vi ser at de individene som var representert i to eller tre innsamlingssesonger som oftest har beveget seg relativt lite mellom årene (**figur 17, 18**). For eksempel har 9 av 11 hunner beveget seg mindre enn 10 km (**figur 17**). Vi har imidlertid en observasjon på en hunn som har beveget

seg svært langt (151 km). Dette gjelder individ 737 som ble samlet på et ynglehi i 2002, sannsynligvis som valp. Hun ble i 2004 gjenfunnet som nyetablert tisper på et ynglehi nord i Jämtland, 151 km fra fødestedet (**figur 16, 17**).

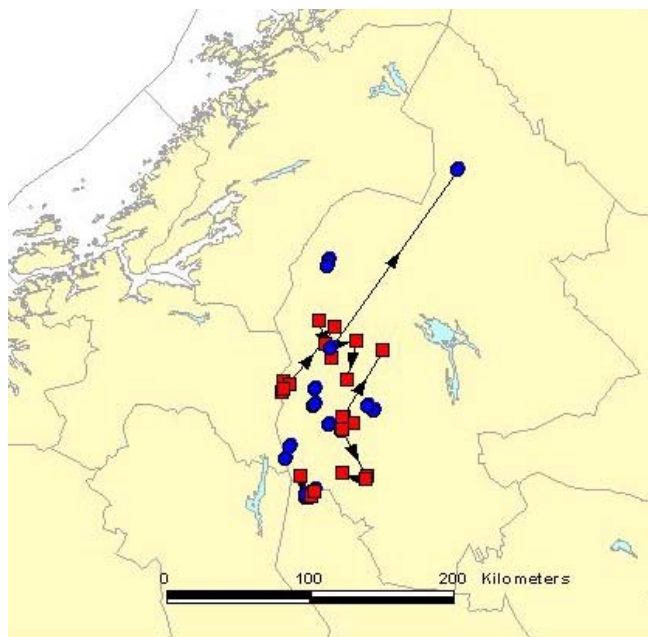


Figur 15. Det innsamlede prøvematerialet i Jämtland og Dalarna i 2004. Gul= vellykket genetisk analyse (n=52), rød= fungerer ikke (n=38).

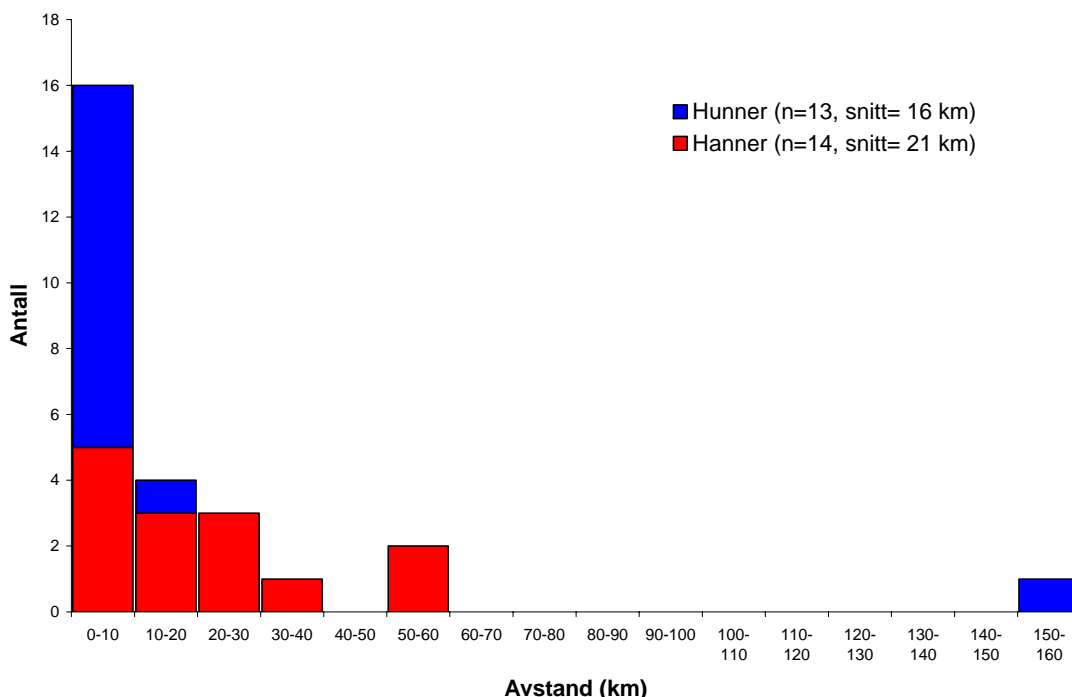


Figur 16. Fungerende prøver fra Jämtland og Dalarna med individbetegnelser. Rød=hann; Blå=hunn. Blokkbokstavene viser lokaliteten til observerte ynglehi.

En høyere andel av hannene hadde beveget seg mer enn 10 km (9 av 14 dyr). Tre av individene har beveget seg mer enn 30 km. Dette gjelder individ 724 (påvist første gang i 2002), samt individene 734 og 739 (påvist første gang i 2003). Disse observasjonene er trolig eksempler på unge jerver som har forlatt ynglehiet der de første gang ble samlet. Individene 734 og 739 kommer fra to ynglehi som ligger svært nær hverandre (mor: hhv. ind721 og ind723; samme far: ind716; fjorårets rapport) Individ 724 kommer fra et område nær grensen mot Norge, der individ 96 har blitt observert flere ganger som en meget sannsynlig territorieholdende hann. Individ 96 er da også en svært sannsynlig far til individ 724 ($p > 0.95$).



Figur 17. Forflytning av individer som er påvist over to eller flere år.



Figur 18. Histogram med forflytningsavstander mellom år for individer i Jämtland og Dalarna som er påvist over to eller flere år.

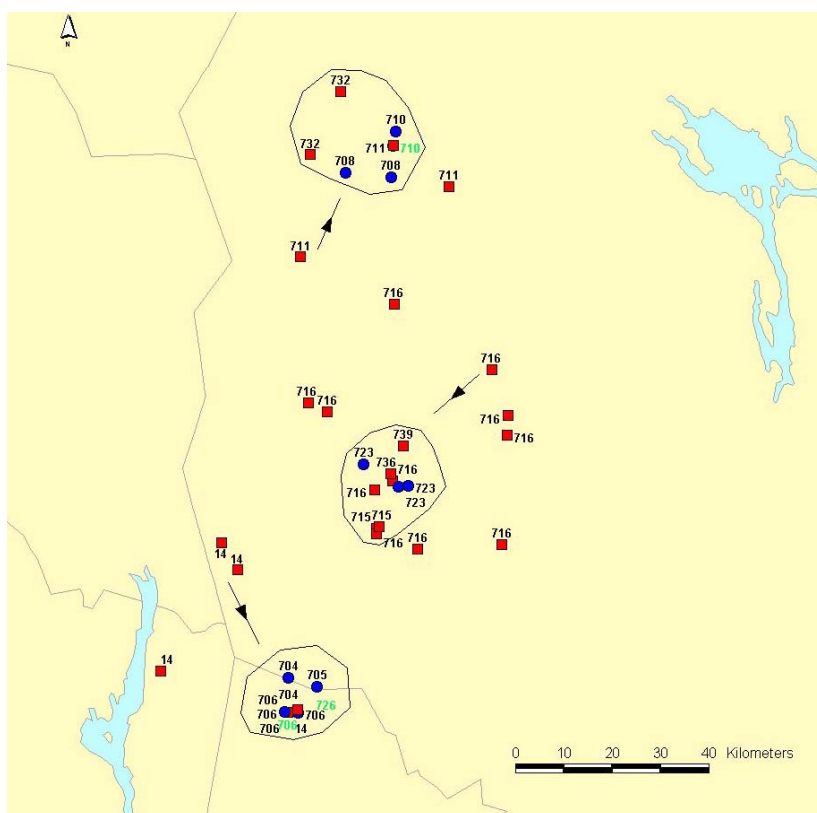
De 52 fungerende prøvene i Jämtland og Dalarna representerte altså 27 ulike individer, som utgjør et minstemål for bestandsstørrelsen i området. Som for Nord-Trøndelag, har vi valgt å ikke estimere bestandsstørrelsen med Eggerts metode basert på dette materialet alene. Dette fordi såpass få prøver sannsynligvis er på grensen til det som er forsvarlig for å få et noenlunde presist bestandsestimat. Vi har heller valgt å estimere størrelsen på hhv den vestlige og

østlige populasjonen, hvor prøvene fra Jämtland og Dalarna inngår i den sistnevnte (se senere avsnitt).

3.2.3 Oppdaterte slektskapsanalyser

I fjorårets rapport presenterte vi tre sannsynlige familiegruppekonstellasjoner i Jämtland og Dalarna (**figur 19**). På samme måte som for det norske materialet, har vi utvidet slektskapsanalysene ved å bruke individer funnet tett på ynglehi som kandidatmødre og kandidatfedre. Potensielle avkom er alle nye individer påvist året etter i Jämtland, Dalarna, Nord-Trøndelag og Sør-Norge (dvs individer som ikke er observert tidligere).

Resultatet av disse analysene er oppsummet i **tabell 3**. Vi ser at ytterligere noen individer kan kobles opp mot fra før kjente reproduserende individer. Spesielt interessant er det å merke seg Ind731 og Ind516, som sannsynligvis ble født i Dalarna i 2002. Et år senere er begge disse hannene gjenfunnet henholdsvis 150 og 250 km fra fødestedet (**figur 20**).

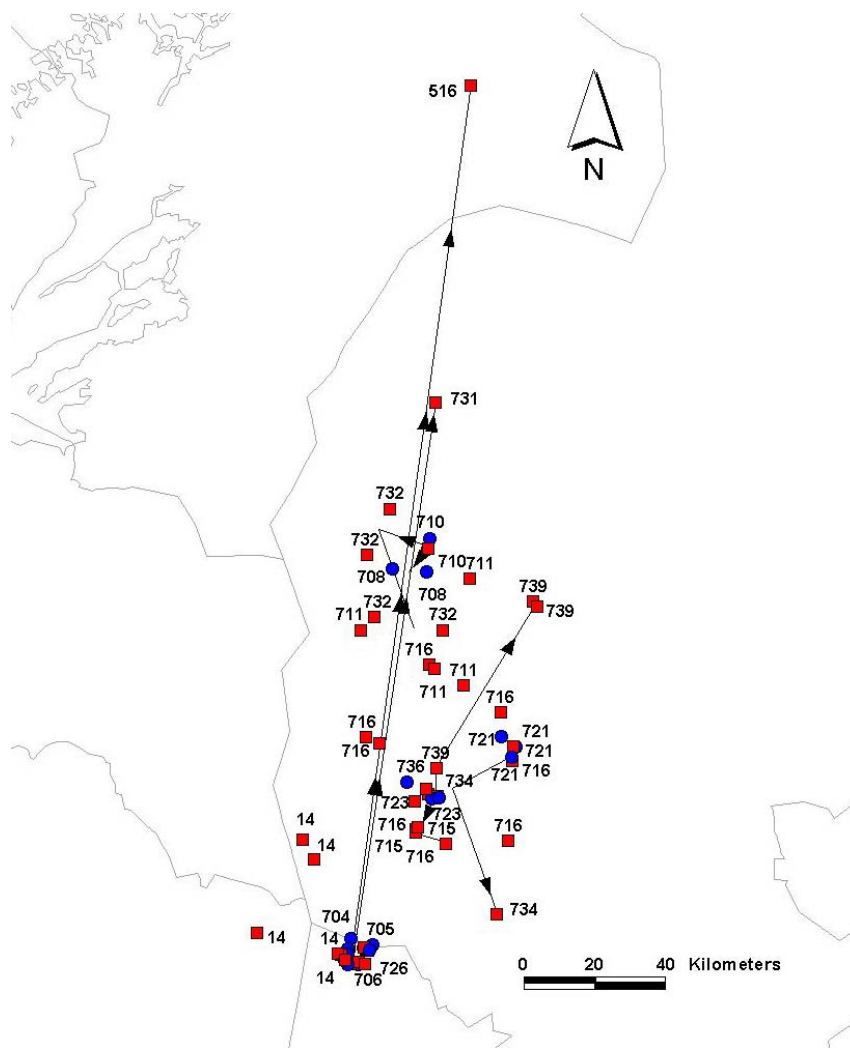


Figur 19. Sannsynlige slektskapsforhold i Jämtland og Dalarna. Se **tabell 3** for detaljer.

Tabell 3 Slektskapsanalyser for Jämtland og Dalarna der kandidatmødre og kandidatfedre er begrenset til individer som er funnet på eller i umiddelbar nærhet av et ynglehi.

| Lokalitet | Avkom | Mor | Far | Konfidens | Antatt født |
|-------------------|------------------|------|------|-----------|----------------------|
| Dalarna | I704, I705 | I706 | I14 | 0,95 | 2001 eller tidligere |
| Dalarna | I726, I731, I516 | I706 | I14 | 0,95 | 2002 eller tidligere |
| Södra Jämtland | I736, I739 | I723 | I716 | 0,95 | 2002 eller tidligere |
| Södra Jämtland | I734 | I721 | I716 | 0,95 | 2002 eller tidligere |
| Centrala Jämtland | I708, I732 | I710 | 711 | 0,95 | 2002 eller tidligere |

Figur 20. Spredning fra ynglehi i Jämtland og Dalarna (blå=hunn; rød=hann).



3.3 Sør-Skandinavia

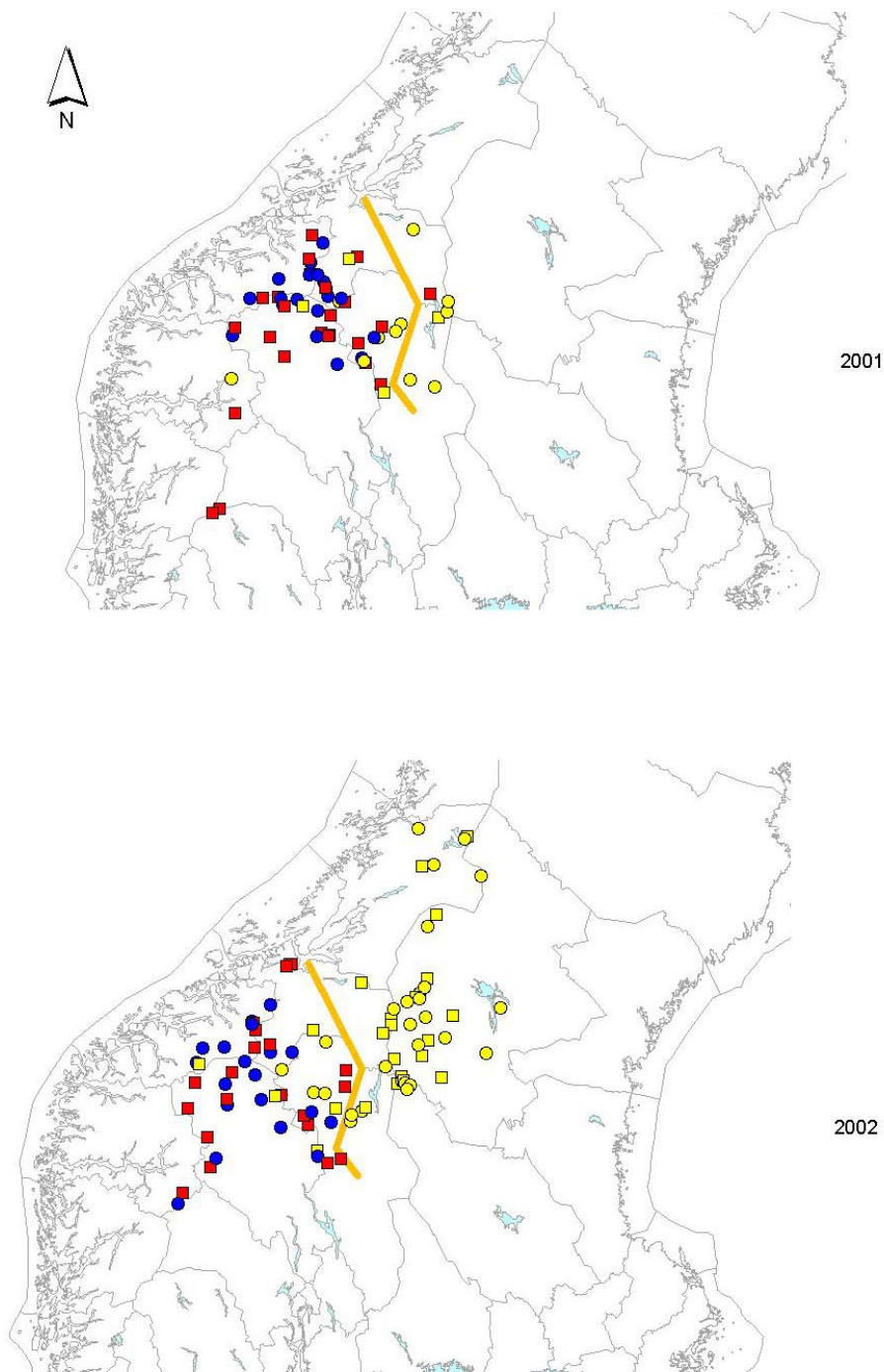
3.3.1 Populasjonsstruktur

I fjorårets rapport presenterte vi en foreløpig analyse av populasjonsstrukturen i den skandinaviske jervbestanden. Ved hjelp av de genetiske dataene identifiserte vi en skillelinje som markerer et relativt distinkt skille mellom de østligste og de mer sentrale delene av utbredelsesområdet i Sør-Norge. Jerv i den østlige delen av utbredelsesområdet hører til den samme østlige delbestanden som individer fra Jämtland, Dalarna og Nord-Trøndelag, mens jerv vest for skillelinjen utgjør en genetisk distinkt vestlig delbestand i Sør-Norge.

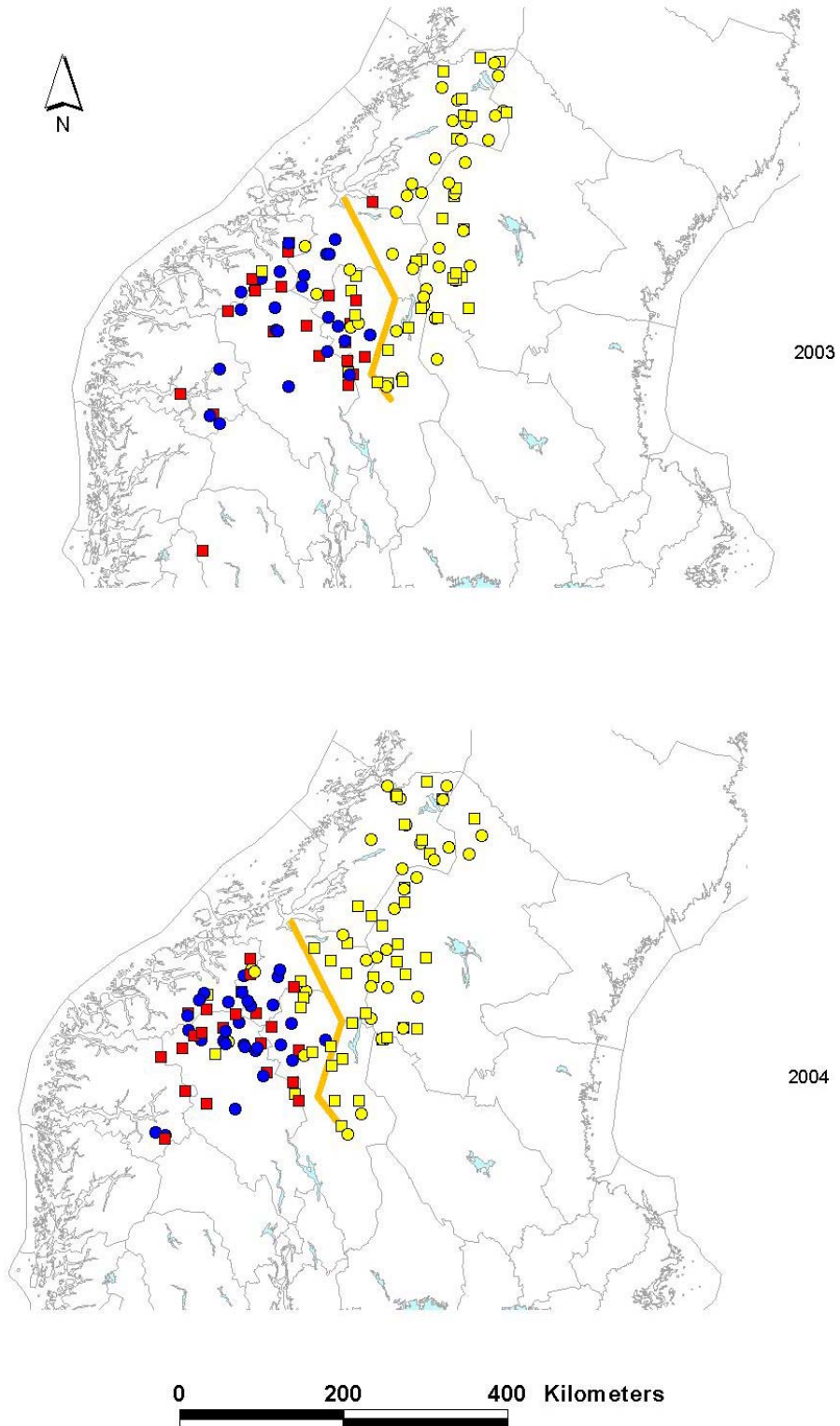
Vi påpekte også at bevegelsen mellom de to delbestandene tilsynelatende var asymmetrisk. Mens nesten alle dyr påvist i den østlige delbestanden syntes å ha foreldre fra sin egen delbestand fant vi en god del individer i den vestlige delbestanden som sannsynligvis er immigranter fra øst. Sju av tolv sannsynlige immigranter var hunner, hvorav tre (Ind 21, 23, 33) nylig hadde reproduisert i den vestlige delbestanden.

I forbindelse med analysen av 2004-materialet har vi oppdatert denne analysen ved å inkludere alle individer som er analysert hittil (2000-2004). Først gjorde vi en blind analyse, der vi ikke brukte informasjon om hvor individet var påvist. Denne analysen viser tydelig at vi her står overfor to genetisk distinkte bestander. Individene på hver side av skillelinjen har altså sine ka-

rakteristiske genetiske profiler; (1) østlig/nordlig genetisk profil og (2) vestlig/sørlig genetisk profil. **Figur 21** og **22** viser den geografiske lokaliteten til alle individer påvist i 2001-2004 og deres genetiske tilhørighet. Vi ser at nesten ingen med vestlig/sørlig genotype beveger seg øst/nord for skillelinjen. En god del individer med østlig/nordlig opphav går imidlertid andre veien. Flere av disse er som sagt reproduserende individer, slik at vi ikke bare får forflytning av individer, men endog effektiv genflyt. Dette bidrar til å opprettholde nivået av genetisk variasjon i den vestlige/sørlige bestanden, og kan således bidra til å unngå potensielt skadelige innavlseffekter.

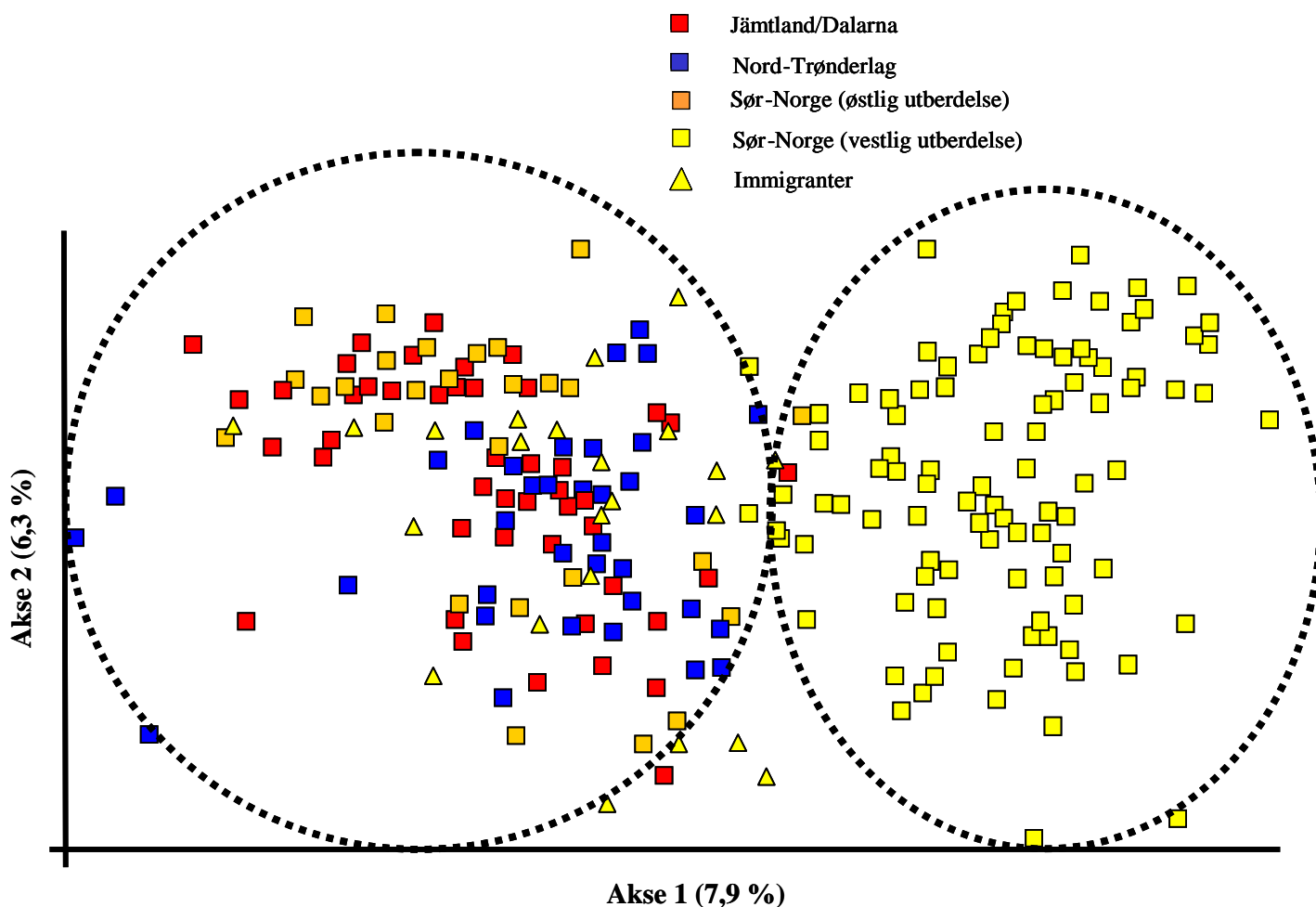


Figur 21. Alle individer påvist i 2001 og 2002 samt deres genetiske tilhørighet (Rød/Blå = vestlig genotype; Gul = østlig genotype; firkant=hann; sirkel=hunn). Den oransje linja markerer skillet mellom østlig og vestlig delbestand.



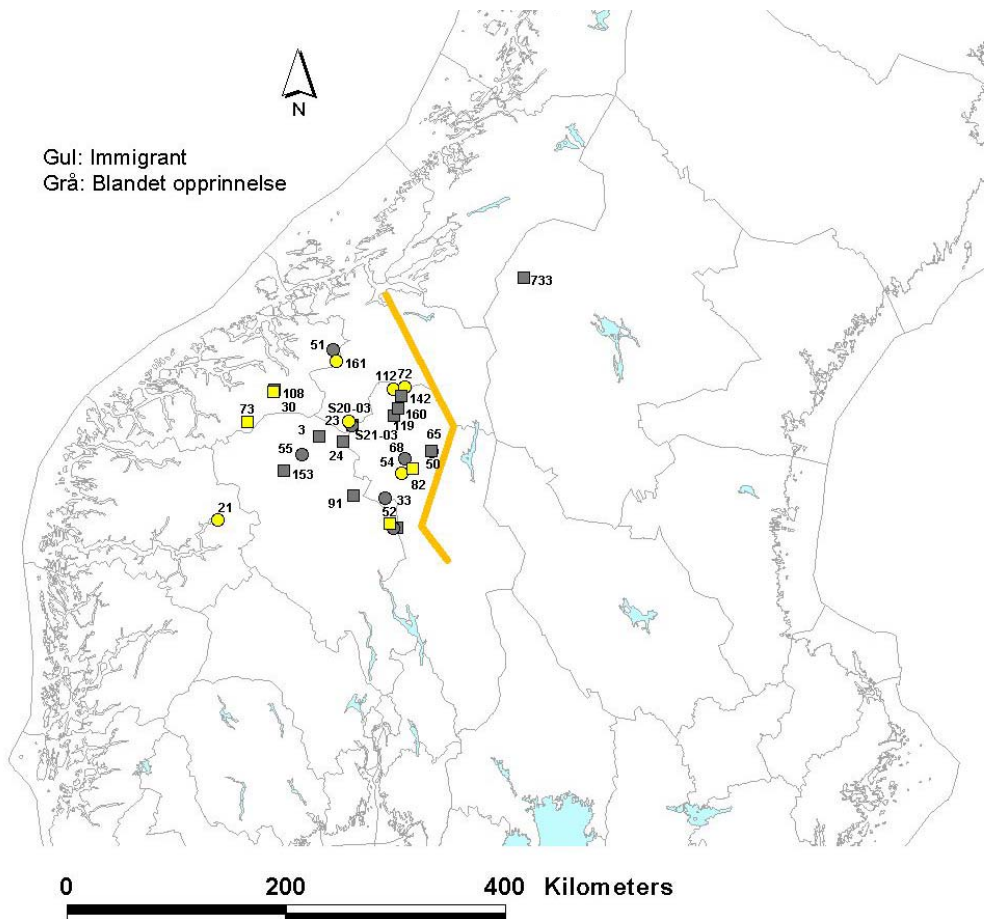
Figur 22. Alle individer påvist i 2003 og 2004 samt deres genetiske tilhørighet (Rød/Blå = vestlig genotype; Gul = østlig genotype; firkant=hann; sirkel=hunn). Den oransje linja markerer skillet mellom østlig og vestlig delbestand.

De individuelle genetiske profilene kan illustreres grafisk gjennom en clustringsanalyse (Benzecri 1973). Resultatet av en slik analyse er vist i **figur 23**. Vi ser at individer fra Jämtland/Dalarna og Nord-Trøndelag, samt individer fra den østlige delen av den sørnorske bestanden danner et distinkt cluster. Inne i dette clusteret finner vi også en god del individer som er samlet på den vestlige siden av skillelinjen definert i **figur 21** og **22**. Disse individene er enten immigranter fra øst/nord, eller individer av blandet opprinnelse, dvs at de har en av foreldrene fra den vestlige delbestanden og en av foreldrene fra den østlige delbestanden. Resten av de sørnorske individene danner et separat distinkt gruppering til høyre i illustrasjonen.



Figur 23. Clustringsanalyse av individuelle genotyper fra fire geografiske områder. Jerv som er påvist i den vestlige delbestanden i Sør-Norge, men har en genotype som indikerer en østlig/nordlig opprinnelse, er angitt som immigranter. De to første dimensjonene (aksene) i denne multidimensjonale analysen representerer drøyt 14 % av den totale genetiske variasjonen som finnes i alle undersøkte individer og loci.

Vi har også analysert de individuelle genetiske profilene i mer detalj og stilt spørsmålet hvorvidt vestlige individer med østlige gener er rene immigranter eller har en blandet opprinnelse. Resultatet av denne analysen er gitt i **figur 24**. På vestsiden av skillelinjen har vi i løpet av 2000-2004 funnet 28 individer med innslag av østlige gener. Elleve av disse (7 hunner, 4 hanner) er mest sannsynlig rene immigranter, mens 17 av dem (7 hunner, 10 hanner) mest sannsynlig har en blandet opprinnelse. Seks av de rene immigrantene (4 hunner, 2 hanner; Ind3, Ind21, Ind23, Ind50, Ind52, Ind54) har bidratt til reproduksjon i den vestlige delbestanden, påvist gjennom slektskapsanalyser og/eller ekskrementer på ynglehi.



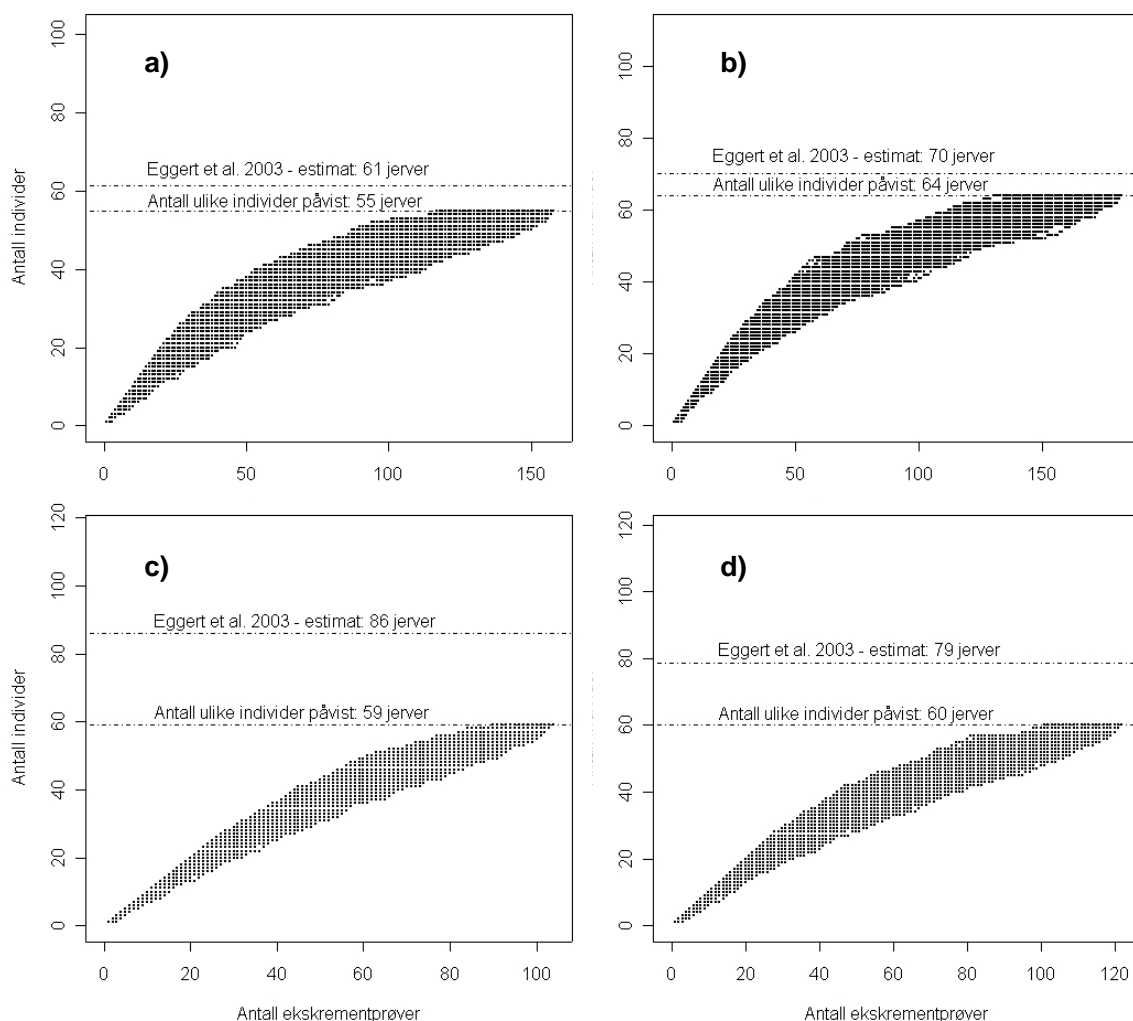
Figur 24. Geografisk fordeling av individer (firkant=hann; sirkel=hunn) som er funnet i den ene delbestanden, men har en genotype som helt eller delvis har sin opprinnelse i den andre delbestanden.

Det står fortsatt ikke klart for oss hva skillelinjen mellom de to delbestandene representerer. Et mulig scenario er at de to delbestandene har vært og er i en ekspansjonsfase. Det asymmetriske migrasjonsmønsteret kan i så fall eventuelt forklares gjennom raskere ekspansjon fra nord og øst enn andre veien. Foreløpige analyser av den geografiske fordelingen av unglehi over tid, kan tyde på at dette er tilfelle. Men hvorfor er det slik, og kan ekspansjonshastighet alene forklare det observerte mønsteret? I norsk og svensk jervforskning jobbes det nå videre med betydningen av andre faktorer som for eksempel habitatsforskjeller, tilgang på byttedyr eller meteorologiske forhold. Testing av de ulike hypotesene kan forhåpentligvis være med å belyse den observerte populasjonsstrukturen og det asymmetriske migrasjonsmønsteret.

3.3.2 Bestandsestimater for østlig og vestlig delpopulasjon

Basert på de genetiske analysene av populasjonsstrukturen i Sør-Skandinavia som identifiserer en østlig/nordlig delpopulasjon og en vestlig/sørlig delpopulasjon er det av interesse å estimere bestandsstørrelsen til de to delpopulasjonene. Ved bruk av Eggerts metode (Eggert et al. 2003) og prøver innsamlet i 2003 og 2004 har vi estimert bestandsstørrelsen på de to delpopulasjonene. I den vestlige delpopulasjonen inngår prøver innsamlet i Sør-Norge vest for skillelinjen som er vist på **figur 21** og **22**. I den østlige delpopulasjonen inngår prøver fra Nord-Trøndelag, Jämtland, Dalarna og Sør-Norge øst for skillelinjen som er vist på **figur 21** og **22**.

For den vestlige delpopulasjonen gir Eggerts metode bestandsestimater på 61 (95% CI: 55-71) i 2003 og 70 (95% CI: 64-79) i 2004, mens den østlige delpopulasjonen har bestandsestimater på 86 (95% CI: 70-113) i 2003 og 79 (95% CI: 67-98) i 2004 (**figur 25**).



Figur 25. Akkumuleringskurve (1000 replikater) for datasettene fra de to delpopulasjonene a) vest i 2003, b) vest 2004, c) øst 2003 og d) øst 2004, samt bestandsestimater beregnet ved bruk av metoden til Eggert et al. 2003.

4 Konklusjon

Etter fire innsamlings sesonger, har vi nå en ganske klar ide om den nåværende bestandstørrelsen i Sør-Norge, som mest sannsynlig er i underkant av 100 individer, inklusive streifindivider. Sett i lys av estimatene fra minimumstellingene av aktive ynglehi, synes bestandsestimatene basert på innsamlede ekskrementer fornuftige. Selv om vi i år hadde en betydelig økning i antall prøver analysert, økte verken antall detekterte individer eller bestandsestimatet nevneverdig, hvilket betyr at metodikken fungerer, og at bestandstørrelsen synes å holde seg stabil.

Videre bidrar de vellykkede slektskapsanalysene til at vi nå kjenner en betydelig andel av de territorieholdende hannene og hunnene i bestanden. Vi begynner også å nærme oss en detaljert forståelse av populasjonsstrukturen for Jerv i Sør-Skandinavia. Viktig i denne sammenhengen er observasjonen av en jevn strøm av immigranter til den vestlige delbestanden, og at immigrantene endog reproducerer. Dette bidrar til å opprettholde den genetiske variasjonen i bestanden, og derigjennom redusere sannsynligheten for skadelige innavlseffekter.

5 Referanser

- Benzecri, J. 1973. L'analyse des données. Tome I: la taxinomie., Tome II: L'analyse des correspondances. Dunot, Paris.
- Brøseth, H. & Andersen, R. 2003. Yngleregistreringer av jerv i Norge i 2003. NINA Minirapport 16: 1-9.
- Brøseth, H. & Andersen, R. 2004. Yngleregistreringer av jerv i Norge i 2004. NINA Minirapport 77: 1-11.
- 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: 63-72.
- 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., Hedmark, E., Landa, A., Brøseth, H., Persson, J., Andersen, R., Segerström, P. & Ellegren, H. 2004. Colonization history and noninvasive monitoring of a re-established wolverine population. *Conservation Biology* 18: 676-688.
- 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.
- Frantz, A.C., Pope, L.C., Carpenter, P.J., Roper, T.J., Wilson, G.J., Delahays, R.J. & Burke, T. 2003. Reliable microsatellite genotyping of the Eurasian badger (*Meles meles*) using faecal DNA. *Mol. Ecol.* 12: 1649-1661.
- Hedmark, E., Flagstad, Ø., Segerström, 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.
- Landa, A., Tufto, J., Andersen, R. & Persson, J. 2001. Aktive ynglehi hos jerv som bestandsestimator basert på nye data om alder for første yngling. NINA-Notat, 10 s.
- Marshall, T.C., Slate, J., Kruuk, L. & Pemberton, J. M. 1998. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Molecular Ecology* 7: 639-655.
- 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.
- Pritchard, J.K., Stephens, M. & Donnelly, P. 2001. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155: 945-959.
- Walker, C.W., Vilà, C., Landa, A., Lindén, 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 2004 (Kjønn: M=hann; F=hunn)

| Individ | Prøve | | | | | | | Kjønn |
|------------------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|-------|
| Sør-Norge | | | | | | | | |
| Ind6 | R304246 | | | | | | | F |
| Ind22 | R304478 | R304479 | | | | | | F |
| Ind25 | R304480 | R304481 | R304223 | | | | | M |
| Ind28 | R304049 | R304021 | R304041 | R304024 | R304045 | R304046 | | M |
| Ind29 | R304086 | R304250 | R304035 | | | | | M |
| Ind30 | R304294 | R304277 | R304279 | R304270 | R304271 | | | M |
| Ind31 | R304040 | R304036 | R304070 | R304085 | R304074 | R304249 | | M |
| Ind44 | R303754 | R303755 | R303751 | R303756 | R303753 | R303752 | R303757 | F |
| Ind47 | R304143 | | | | | | | M |
| Ind52 | R304146 | | | | | | | M |
| Ind54 | R304039 | | | | | | | F |
| Ind55 | R303733 | | | | | | | F |
| Ind57 | R304236 | R304239 | R304237 | R303767 | | | | F |
| Ind59 | R304483 | R304482 | R304222 | R304484 | | | | F |
| Ind60 | R304110 | R304193 | R304117 | | | | | M |
| Ind62 | R304293 | R304296 | | | | | | F |
| Ind66 | R304233 | R304235 | | | | | | M |
| Ind72 | R304432 | R304361 | R304364 | | | | | F |
| Ind77 | R304419 | R304362 | | | | | | M |
| Ind81 | R303741 | | | | | | | F |
| Ind82 | R304081 | | | | | | | M |
| Ind83 | R304340 | | | | | | | M |
| Ind85 | R304243 | R304219 | R304255 | R304234 | R304245 | | | M |
| Ind87 | R304020 | R304022 | | | | | | F |
| Ind88 | R304358 | | | | | | | M |
| Ind89 | R304107 | R304131 | | | | | | F |
| Ind90 | R304169 | R303772 | R303770 | R303758 | R303724 | R303606 | R304101 | M |
| | R303768 | R303605 | R303604 | R303773 | | | | |
| Ind91 | R303799 | R303766 | R304064 | R303764 | | | | M |
| Ind93 | R303723 | R303736 | R303734 | R303722 | R303742 | | | F |
| Ind97 | R304184 | R304198 | R304183 | R304180 | | | | F |
| Ind102 | R304048 | R304054 | R304055 | | | | | M |
| Ind103 | R304251 | R303476 | | | | | | F |
| Ind105 | R304231 | | | | | | | F |
| Ind106 | R304135 | R303973 | | | | | | F |
| Ind107 | R304273 | R304283 | R304284 | R304292 | R304286 | R304274 | R304285 | M |
| | R304264 | R304269 | R304280 | R304281 | R304287 | R304275 | | |
| Ind109 | R304199 | | | | | | | M |
| Ind110 | R304301 | R304303 | R304474 | | | | | F |
| Ind111 | R303745 | R304178 | R304182 | | | | | M |
| Ind113 | R304220 | R304221 | | | | | | F |
| Ind117 | R304320 | | | | | | | F |
| Ind120 | R304211 | R304212 | | | | | | M |

| | | | | | | | | |
|-----------------------|---------|---------|---------|---------|----------|---------|---------|---|
| Ind121 | R304106 | R304105 | R304109 | | | | | F |
| Ind123 | R304165 | | | | | | | F |
| Ind129 | R304142 | R304263 | R304259 | R304150 | R304149 | R304151 | R304141 | M |
| | R304139 | | | | | | | |
| Ind133 | R304298 | R304315 | R304307 | | | | | M |
| Ind135 | R304318 | R304322 | | | | | | F |
| Ind136 | R304063 | R304057 | R304047 | R304069 | | | | M |
| Ind140 | R304324 | R304323 | | | | | | M |
| Ind715 | R304018 | R304044 | R304068 | | | | | M |
| Ind727 | R303598 | R303601 | R303599 | | | | | F |
| Ind141 | R304417 | R304420 | R304433 | | | | | M |
| Ind142 | R304430 | R304071 | R304071 | R304076 | R304363 | | | M |
| Ind143 | R304179 | R303738 | | | | | | M |
| Ind144 | R304343 | R304359 | R304336 | R304335 | R304342 | R304360 | | M |
| | R304341 | R304334 | | | | | | |
| Ind145 | R304066 | R304043 | R304042 | R304075 | | | | F |
| Ind146 | R304016 | R304017 | | | | | | F |
| Ind147 | R304291 | R304297 | R304290 | R304289 | | | | F |
| Ind148 | R304596 | R304079 | | | | | | F |
| Ind149 | R304203 | R304214 | | | | | | F |
| Ind150 | R304080 | R304061 | | | | | | F |
| Ind151 | R304176 | | | | | | | M |
| Ind152 | R304083 | | | | | | | M |
| Ind153 | R304195 | | | | | | | M |
| Ind155 | R303763 | | | | | | | F |
| Ind156 | R304312 | | | | | | | M |
| Ind157 | R304355 | | | | | | | F |
| Ind158 | R303475 | | | | | | | F |
| Ind159 | R304100 | R304099 | R304102 | | | | | F |
| Ind160 | R304038 | | | | | | | M |
| Ind161 | R304299 | | | | | | | F |
| Ind163 | R304331 | | | | | | | M |
| Ind165 | R304053 | | | | | | | M |
| Ind166 | R304167 | | | | | | | M |
| Ind167 | R304232 | | | | | | | F |
| Ind170 | R304097 | R303774 | R304096 | R304170 | (S30_03) | | | F |
| Ind503 | R304059 | R303600 | | | | | | M |
| | | | | | | | | |
| Nord-Trøndelag | | | | | | | | |
| Ind124 | R304438 | | | | | | | F |
| Ind169 | R304337 | R304412 | | | | | | M |
| Ind502 | R304405 | R304403 | | | | | | M |
| Ind505 | R304391 | | | | | | | F |
| Ind510 | R304410 | | | | | | | M |
| Ind512 | R304462 | R304461 | | | | | | F |
| Ind519 | R304390 | R304393 | R304388 | R304396 | | | | M |
| Ind522 | R304456 | R304448 | R304449 | R304450 | | | | M |
| Ind523 | R304402 | R304401 | | | | | | F |
| Ind525 | R304408 | | | | | | | F |
| Ind527 | R304454 | R304441 | | | | | | F |

| | | | | | | | | |
|--------|---------|---------|---------|--|--|--|--|---|
| Ind528 | R304459 | R304451 | R304439 | | | | | M |
| Ind529 | R304444 | R304443 | | | | | | M |
| Ind530 | R304386 | R304387 | R304385 | | | | | F |
| Ind531 | R304458 | R304452 | | | | | | F |
| Ind532 | R304399 | | | | | | | M |
| Ind533 | R304406 | | | | | | | F |
| Ind534 | R304447 | | | | | | | M |
| Ind535 | R304442 | R304445 | | | | | | F |
| Ind536 | R304404 | | | | | | | M |
| Ind538 | R304378 | | | | | | | F |
| Ind540 | R304397 | | | | | | | M |

Vedlegg 2

Oversikt over vevsprøver fra dyr felt i lisensjakta eller gjennom skadefelling i 2003 og 2004.

| Prøveidentitet | Felt dato | Alder | Individ | Funnet i ekskrementmaterialet |
|----------------|------------|-----------------------|----------------------------|-------------------------------|
| J118-03 | 08.05.2003 | valp | - | - |
| J110-03 | 03.08.2003 | voksen | Ind119 | 2003 |
| J115-03 | 06.08.2003 | valp | S31-03 (radiomerket valp) | - |
| J116-03 | 09.08.2003 | valp | S27-03 (radiomerket valp) | - |
| J129-03 | 15.08.2003 | valp | S21-03 (radiomerket valp) | - |
| J63-04 | 21.11.2003 | valp | - | - |
| J68-04 | 02.01.2004 | valp | - | - |
| J46-04 | 06.01.2004 | voksen | Ind32 (radiomerket tisper) | 2001, 2002, 2003 |
| J64-04 | 06.01.2004 | voksen | - | ikke funnet |
| J28-04 | 11.02.2004 | voksen | - | ikke funnet |
| J36-04 | 07.04.2004 | valp | - | - |
| J35-04 | 07.04.2004 | valp | - | - |
| J34-04 | 06.04.2004 | reproduserende tisper | Ind97 | 2002, 2003, 2004 |
| J31-04 | 15.04.2004 | reproduserende tisper | Ind121 | 2003, 2004 |
| J32-04 | 15.04.2004 | valp | - | - |
| J33-04 | 15.04.2004 | valp | - | - |
| J37-04 | 24.04.2004 | reproduserende tisper | Ind89 | 2002, 2003, 2004 |
| J38-04 | 23.04.2004 | valp | - | - |
| J39-04 | 23.04.2004 | valp | - | - |
| J40-04 | 26.04.2004 | reproduserende tisper | Ind146 | 2004 |
| J41-04 | 26.04.2004 | valp | - | - |
| J42-04 | 26.04.2004 | valp | - | - |
| J76-04 | 06.08.2004 | valp | S20-03 (radiomerket valp) | - |
| J77-04 | 10.08.2004 | voksen | Ind106 | 2003, 2004 |
| J84-04 | 04.02.2004 | voksen | Ind517 | 2003 |
| J85-04 | 28.11.2003 | valp | - | - |
| J96-04 | 11.09.2004 | ukjent | - | - |
| J98-04 | 14.10.2004 | ukjent | - | - |

Vedlegg 3

Fungerende ekskrementprøver fra 2004 i Jämtland og Dalarna (Kjønn: M=hann; F=hunn).

| Individ | Prøve | | | | | | | Kjønn |
|---------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|----------|-------|
| Ind14 | JS04-138 | JS04-152 | JS04-155 | JS04-158 | | | | M |
| Ind70 | JS04-186 | | | | | | | F |
| Ind96 | JS04-193 | JS04-194 | JS04-222 | | | | | M |
| Ind540 | JS04-208 | | | | | | | M |
| Ind705 | JS04-115 | JS04-116 | JS04-137 | JS04-142 | JS04-144 | JS04-145 | JS04-146 | F |
| | JS04-147 | JS04-148 | JS04-150 | | | | | |
| Ind706 | JS04-119 | JS04-120 | JS04-143 | JS04-157 | | | | F |
| Ind711 | JS04-213 | JS04-215 | | | | | | M |
| Ind714 | JS04-191 | JS04-205 | | | | | | F |
| Ind724 | JS04-173 | | | | | | | M |
| Ind726 | JS04-113 | JS04-114 | JS04-118 | | | | | M |
| Ind732 | JS04-189 | JS04-212 | | | | | | M |
| Ind733 | JS04-190 | | | | | | | F |
| Ind734 | JS04-170 | | | | | | | M |
| Ind735 | JS04-214 | | | | | | | M |
| Ind737 | JS04-224 | | | | | | | F |
| Ind739 | JS04-219 | JS04-220 | | | | | | M |
| Ind742 | JS04-171 | | | | | | | F |
| Ind743 | JS04-178 | | | | | | | F |
| Ind744 | JS04-179 | JS04-221 | | | | | | F |
| Ind745 | JS04-180 | JS04-182 | | | | | | F |
| Ind746 | JS04-181 | JS04-209 | | | | | | M |
| Ind747 | JS04-183 | | | | | | | M |
| Ind748 | JS04-184 | | | | | | | F |
| Ind749 | JS04-195 | | | | | | | F |
| Ind750 | JS04-206 | | | | | | | F |
| Ind751 | JS04-207 | | | | | | | F |
| Ind753 | JS04-223 | | | | | | | F |



Foto: H. Brøseth

NINA Rapport 41

ISSN:1504-3312

ISBN: 82-426-1566-7



Norsk institutt for naturforskning

NINA Hovedkontor

Postadresse: NO-7485 Trondheim

Besøks/leveringsadresse: Tungasletta 2, NO-7047 Trondheim

Telefon: 73 80 14 00

Telefaks: 73 80 14 01

Organisasjonsnummer: 9500 37 687

<http://www.nina.no>