

NINA Rapport 265

DNA-basert overvåking av de små skogsjervbestandene i Gävleborgs og Västernorrlands län.

Rapport 2006

Øystein Flagstad
Roel May
Cecilia Wärdig
Malin Johansson
Hans Ellegren



LAGSPILL



ENTUSIASME



INTEGRITET



KVALITET

Samarbeid og kunnskap for framtidens miljøløsninger

NINAs publikasjoner

NINA Rapport

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

NINA Temahefte

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

NINA Fakta

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

Annen publisering

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

Norsk institutt for naturforskning

DNA-basert overvåking av de små skogsjervbestandene i Gävleborgs og Västernorrlands län.

Rapport 2006

Øystein Flagstad
Roel May
Cecilia Wärdig
Malin Johansson
Hans Ellegren

DNA-basert overvåking av de små skogsjervbestandene i Gävleborgs og Västernorrlands län. Rapport 2006 - NINA Rapport 265, 15 s.

Trondheim, Juni 2007

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-1827-6

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

KVALITETSSIKRET AV

Henrik Brøseth

ANSVARLIG SIGNATUR

Forskningssjef Inga E Bruteig (sign.)

OPPDRAAGSGIVER(E)

Svenska Naturvårdsverket

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER

Robert Franzen

FORSIDEBILDE

Jervspor i skogsområde. Fotograf: Roy Andersen

NØKKEWORD

Sverige, Västernorrlands og Gävleborgs län, *Gulo gulo*, skogsjerv, DNA-analyse fra spillning, populasjonsstørrelse, slektskapsanalyse, migrasjon, overvåkingsrapport

KEY WORDS

Sweden, Västernorrland and Gävleborg county, *Gulo gulo*, forest wolverine, DNA analysis from scats, population size, relationship analysis, migration, monitoring report

KONTAKTOPPLYSNINGER

NINA hovedkontor
7485 Trondheim
Telefon: 73 80 14 00
Telefaks: 73 80 14 01

NINA Oslo
Gaustadalléen 21
0349 Oslo
Telefon: 73 80 14 00
Telefaks: 22 60 04 24

NINA Tromsø
Polarmiljøsentret
9296 Tromsø
Telefon: 77 75 04 00
Telefaks: 77 75 04 01

NINA Lillehammer
Fakkelgården
2624 Lillehammer
Telefon: 73 80 14 00
Telefaks: 61 22 22 15

www.nina.no

Sammendrag

Flagstad, Ø., May, R., Wärdig, C., Johansson, M., Ellegren, H. 2007. DNA-basert overvåking av de små skogsjervbestandene i Gävle-borgs og Västernorrlands län. Rapport 2006 - NINA Rapport 265, 15 s.

På midten av 1990-tallet ble to områder i skogslandet i Gävleborgs og Västernorrlands län rekolonisert av jerv. Disse små bestandene har siden rekoloniseringen blitt nøye overvåket. Siden vinteren 2000/2001 er det samlet inn et stort antall spillningsprøver i disse to områdene, som har gitt viktig informasjon rundt bestandsstørrelse, immigrasjon og reproduksjon. I det sørligste av de to områdene, som ligger på grensen mellom de to länene, er det de siste årene observert ca 10 jerver. I det andre området, som ligger nord i Västernorrland, har antallet observerte individer de siste årene sunket fra fire dyr vinteren 2003 til bare to individer vinteren 2005. I denne rapporten vil vi redegjøre for analysen av spillningsmaterialet samlet inn vinteren 2005/2006.

Totalt påviste vi 15 individer i hele innsamlingsområdet. Seks av disse ble funnet i det nordlige området, hvorav tre var tidligere kjente individer mens de resterende tre var nye immigranter. Immigrasjon av tre nye ubeslektede individer hvorav to var tisper, lover meget godt for fremtidig yngling i denne lille bestanden der graden av innavl trolig er høy. I det sørlige området observerte vi åtte individer mot ti de to forgående årene. Også denne bestanden er svært innavlet, med flere påviste søskenparringer. Så også i år, der begge de to nye individene trolig er avkom av et søskenpar i bestanden. Ingen immigranter ble påvist, men vi observerte ei tisper ca 12 mil lenger sør i Gävleborgs län.

Dersom man ser på innsamlingsområdet under ett, observerte vi i 2006 forflytning av dyr mellom fjellkjeden og skogslandet i fem tilfeller. Fire av disse var immigranter til skogslandet, mens den siste emigrerte fra det sørlige området. På bakgrunn av disse observasjonene anser vi det som relativt sannsynlig at en eller flere immigranter i løpet av de nærmeste årene også vil komme til den sørlige bestanden og bidra til reproduksjon i denne. Dette vil i så fall være viktig for å redusere sannsynligheten for skadelige innavlseffekter i denne lille og sårbare bestanden.

Øystein Flagstad og Roel May, Norsk institutt for naturforskning, 7485 Trondheim.
oystein.flagstad@nina.no, roel.may@nina.no, roy.andersen@nina.no, henrik.broseth@nina.no

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

Abstract

Flagstad, Ø., May, R., Wärdig, C., Johansson, M., Ellegren, H. 2007. DNA-based monitoring of two small populations of forest wolverines in the counties of Gävleborg and Västernorrland. Report 2006 - NINA Rapport 265, 15 pp.

In the mid 1990s two small areas in the forests of Gävleborg and Västernorrland counties were re-colonized by wolverines. Since then, these two small populations have been closely monitored, and DNA analysis of wolverine scats was included in the monitoring program in winter 2000/2001. The DNA analysis has given important information on the number of individuals, immigration and reproduction in the two small populations. In the southernmost area, we have observed ten individuals the last few years. Fewer individuals have been observed in the northern area, and the number of individuals decreased from four in 2003 to only two individuals in 2005. Here, we report on the material collected in winter 2005/2006.

A total of fifteen different individuals were identified, of which six were found in the northernmost area. Three of these were known individuals that had been observed earlier, whereas the remaining three were new individuals. None of these individuals were related to any of the earlier known individuals, and we concluded that they were immigrants. Immigration of three new individuals, of which two were females, provides a valuable basis for reproduction between unrelated individuals in this small, putatively inbred population. In the southernmost area, we observed eight different individuals, which is a reduction of two individuals compared to the two last sampling seasons. Relationship analysis has revealed a high degree of inbreeding with several matings among siblings in this area. Two new individuals in the area in 2006 are also likely offspring of a sibling pair. No new immigrants were identified in this area, but one female was observed 120 km further south in the county of Gävleborg.

Altogether, looking at the sampling area as a whole, we observed migration of five individuals between the forested areas in central Sweden and the mountains to the west. Four of these individuals immigrated whereas one emigrated. Given these observations, we expect that immigrants soon will arrive also in the southernmost areas. This will be important to reduce potentially harmful effects of inbreeding in this small and vulnerable population.

Øystein Flagstad og Roel May, Norsk institutt for naturforskning, 7485 Trondheim.
oystein.flagstad@nina.no, roel.may@nina.no, roy.andersen@nina.no, henrik.broseth@nina.no

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

Innhold

Sammendrag	3
Abstract	4
Innhold	5
Forord	6
1 Bakgrunn	7
2 Metodikk	8
2.1 Prøvemateriale og laboratoriearbeid	8
2.2 Dataanalyse	8
3 Resultater og diskusjon	9
3.1 Suksessrate og genotypingskvalitet	9
3.2 Individbestemmelse og slektskapsanalyser	10
3.3 Migrasjon mellom skogslandet og fjellkjeden	12
4 Konklusjon	13
5 Referanser	14
Vedlegg 1	15

Forord

Vi vil benytte anledningen til å takke feltpersonalet i Gävleborgs og Västernorrlands län for deres iherdige innsats under prøveinnsamlingen gjennom de seks årene som prosjektet har pågått. Dere har lagt grunnlaget for at vi per i dag har meget god oversikt over antall dyr i hver av de to bestandene og også slektskapsforholdene mellom dem.

14. juni, Øystein Flagstad

1 Bakgrunn

Historisk var jerven utbredt på hele Nordkalotten, og var vanlig både i fjell- og skogområder. Fra slutten av 1800-tallet, gikk jerven imidlertid dramatisk tilbake på grunn av massiv avskyting og fantes på 1960-tallet bare i svært utilgjengelige fjellstrøk på grensen mellom Norge og Sverige. Etter at jerven ble fredet, 1969 i Sverige og 1973-83 i Norge, har imidlertid bestanden tatt seg opp, og er gjennom yngleregistreringer i 2004-2006 estimert til drøyt 750 individer (Ander- sen og Brøseth 2006, Persson 2006). De fleste av disse dyra finnes fortsatt i fjellområdene i grensetraktene mellom Norge og Sverige, men deler av det tidligere utberedelsesområdet er også blitt rekolonisert. Den delvis isolert delbestanden i Sør-Norge har sakte men sikkert økt i størrelse siden rekoloniseringen på slutten av 1970-tallet, og teller i dag bortimot 100 dyr (Flagstad et al. 2007).

På midten av 1990-tallet ble ytterligere to områder rekolonisert, denne gangen i skogsområdene i Gävleborgs og Västernorrlands län (**Figur 1**). Siden vinteren 2000/2001 er det samlet inn et stort antall spillningsprøver i disse to områdene, som har gitt viktig informasjon rundt bestandsstørrelse, immigrasjon og reproduksjon. (Hedmark et al. 2007). I det sørligste området, som ligger på grensen mellom de to länene, er det de siste årene observert ca 10 jerver, og reproduksjon er dokumentert i 1999, 2000, 2002 og 2006. I det andre området, som ligger nord i Västernorrland, har antallet observerte individer de siste årene sunket fra fire dyr vinteren 2003 til bare to individer vinteren 2005. I denne rapporten vil vi redegjøre for analysen av spillningsmaterialet samlet inn vinteren 2005/2006. Vi vil fokusere på antall individer og slektskapet mellom dem. Migrasjon mellom skogslandet og fjellområdene i grensetraktene vil også bli diskutert. Resultatene vil bli knyttet opp mot resultatene fra tidligere års analyser fra de samme områdene.



Figur 1 Utberedelsen av jerv i Skandinavia, med de rekoloniserte skogsområdene angitt med rektangler. Det angitte området i Jämtland/Dalarna er brukt som referanseområde i forbindelse med analyser av slektskap og migrasjon (fra Hedmark et al. 2007).

2 Metodikk

2.1 Prøvemateriale og laboratoriearbeid

Totalt 116 antatte jervekskrementer ble samlet inn skogslandet, hvorav 70 var samlet inn i det sørlige området og 46 kom fra det nordlige området. 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 funnet (2000-2005) pluss alle nye individer som ble funnet i 2006 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.

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

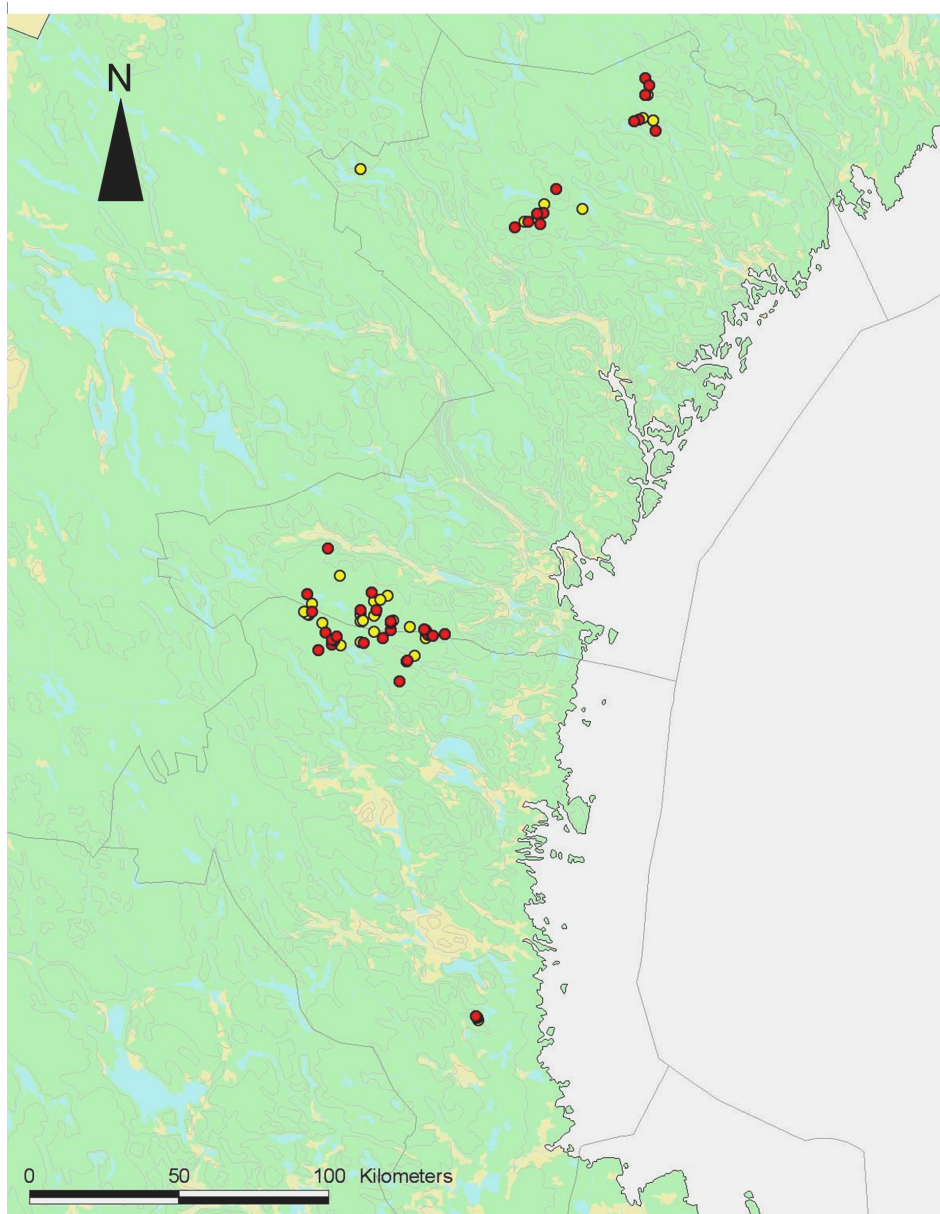
2.2 Dataanalyse

Antall ulike individer som lever i de to ulike områdene ble anslått fra direkte observasjon, dvs at vi antok at alle eller bortimot alle individer i områdene er fanget opp av spillningsanalysene. Parvise slektskapsforhold ble beregnet for alle individer i skogslandet fra metoden beskrevet av Queller og Goodnight (1993). Ut i fra disse slektskapsverdiene kunne vi vurdere hvorvidt nye individer observert første gang vinteren 2005/2006 var født i bestanden eller hvorvidt de var immigranter fra fjellkjeden. Mer detaljerte slektskapsanalyser ble gjennomført for alle nye individer som mest sannsynlig var født i skogslandet. De mest sannsynlige foreldrene til disse ble identifisert ved hjelp av metoden til Marshall et al. (1998).

3 Resultater og diskusjon

3.1 Suksessrate og genotypingskvalitet

Vellykket genetisk analyse ble gjennomført på 60 av de totalt 116 prøvene som ble samlet inn i de to områdene (**Figur 2**). Dette gir en suksessrate på 52 % som er sammenlignbart med suksessraten vi også tidligere har hatt i skogslandet. Vi har også sett tilsvarende lave suksessrate i Sør-Norge ved et par anledninger, selv om den her pleier å ligge på 60 % eller mer. Suksessraten er imidlertid betydelig lavere enn det vi oppnådde for prøvene samlet inn i Jämtland i 2006, der over 80 % av prøvene fungerte. Det ville naturligvis være ønskelig at en høyere andel av prøvene fungerte. Vi har tidligere påpekt at stabilt og kaldt vintervær i innsamlingsperioden kan ha en positiv effekt på suksessraten, og flere studier viser at resultatene blir langt bedre for ekskrementer samlet på snø i forhold til ekskrementer samlet på barmark (Lucchini et



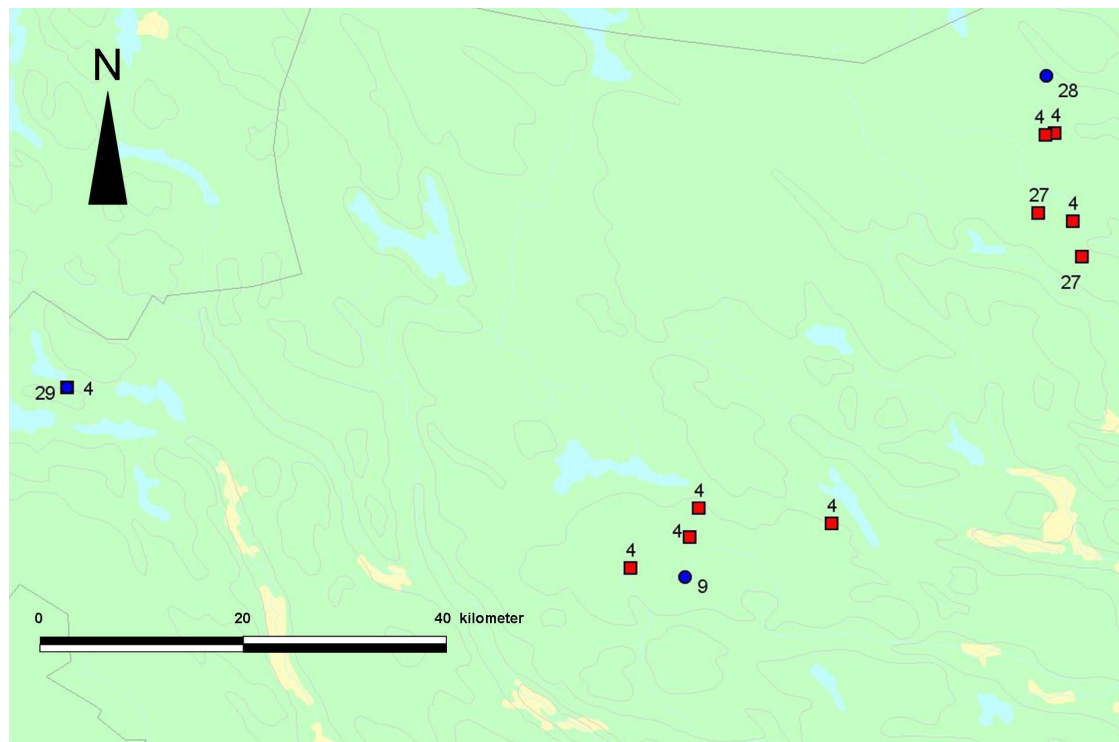
Figur 2 Geografisk fordeling av alle prøver; gul = fungerende, rød = ikke-fungerende

al 2003, Flagstad et al. 2004). Det er imidlertid vanskelig å vite med sikkerhet hvorvidt værforhold er med på å forklare den enorme forskjellen i suksessrate mellom Jämtland og skogslandet. Vel så sannsynlig er det kanskje at en god del av det innsamlede materialet kommer fra andre arter enn jerv. Analyser gjort i vinter av norsk ekskrementmateriale fra 2005 viser at en god del ikke-fungerende prøver er rødrevskremer. Av tjue ikke-fungerende prøver som ble testet, viste over halvparten seg å stamme fra rødrev. Det er derfor sannsynlig at en del prøver samlet inn i skogslandet også stammer fra rødrev. Dette vil bli testet i forbindelse med analysen av materiale som samles inn sesongen 2006/2007.

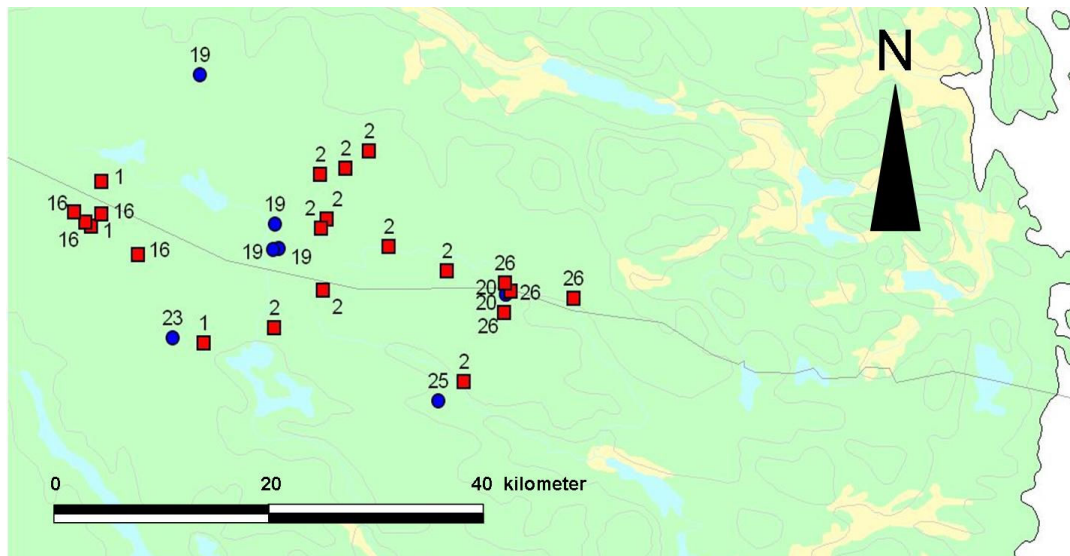
Kvaliteten på genotypingen av de fungerende prøvene er imidlertid meget tilfredsstillende. Allelic dropout [dvs. genotypingsfeil der kun det ene av to alleler (genetiske varianter) detekteres i analysen] ble funnet i mindre enn 10 % av alle replikater for heterozygote individer detektert i 2006. Vi har tidligere påvist eksperimentelt at en slik genotypingsfeilrate gir pålitelige resultater med tre replikater per locus for alle prøver (Hedmark et al. 2004).

3.2 Individbestemmelse og slektskapsanalyser

De 60 fungerende prøvene representerte totalt 15 individer, hvorav seks (4 hunner, 2 hanner) ble funnet i det nordlige området, åtte (4 hunner, 4 hanner) ble funnet i det sørlige området mens en hunn ble funnet ytterligere 12 mil lenger sør i Gävleborg. I det nordlige området (**Figur 3**) finner vi tre tidligere kjente individer, mens tre observeres for første gang i 2006 (**Vedlegg 1**). Ingen av disse er nært beslektet med individene som finnes i området fra før, og alle tre er dermed høyst sannsynlig immigranter fra den større jervpopulasjonen i fjellområdene lenger vest. Selv om feltpersonalet aldri har dokumentert yngling i dette området, antyder slektskapsanalysene våre at J09 og J10 er sannsynlige døtre av J04. Uvanlig høye slektskapsverdier mellom disse to antyder videre at de er et mulig resultat av en søskenparring. I så fall er J03, som ikke er ob-



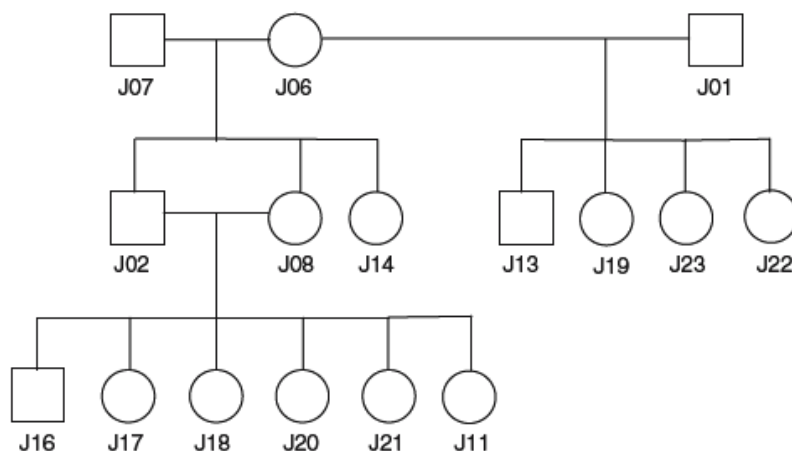
Figur 3 Fordelingen av individer i det nordlige området. Rød = hann, blå = hunn.



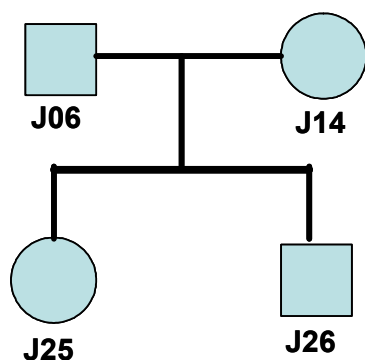
Figur 4 Fordelingen av individer i det sørlige området. Rød = hann, blå = hunn.

servert siden vinteren 2001, en meget sannsynlig mor. Sistnevnte er ifølge slektskapsverdiene en meget sannsynlig søster av J04. Selv om dette er et sannsynlig scenario, kan vi ikke utelukke andre slektskapsrelasjoner, som f.eks. at J03, J09 og J10 alle er søsken. Uansett, det faktum at de er nære slektninger og sannsynligvis innavlede betyr at immigrasjon av ubeslektede individer åpner nye muligheter for sunne parkonstellasjoner i denne lille og svært sårbare bestanden. Vi ser da også fra **figur 3** at J04 observeres sammen med eller i umiddelbar nærhet av begge de to immigrerende tispene.

I det sørlige området (**Figur 4**) var seks av de åtte observerte individene tidligere kjente individer, hvorav to dyr (J01, J02) ble identifisert allerede vinteren 2000/2001 (**Vedlegg 1**). De to siste individene (J25, J26) er nært beslektet både med hverandre og med flere andre individer i området. Det dreier seg altså om et svært sannsynlig søskenpar, som er født i området, mest sannsynlig i 2005. Slektskapsforholdene mellom individene som de siste seks årene er observert i det sørlige området, er i stor grad løst opp (**Figur 5**). Fram til og med vinteren 2005, ser



Figur 5 Sannsynlige slektskapsrelasjoner 2001-2005 for individene i det sørlige skogsjervområdet (Hedmark et al. 2007).



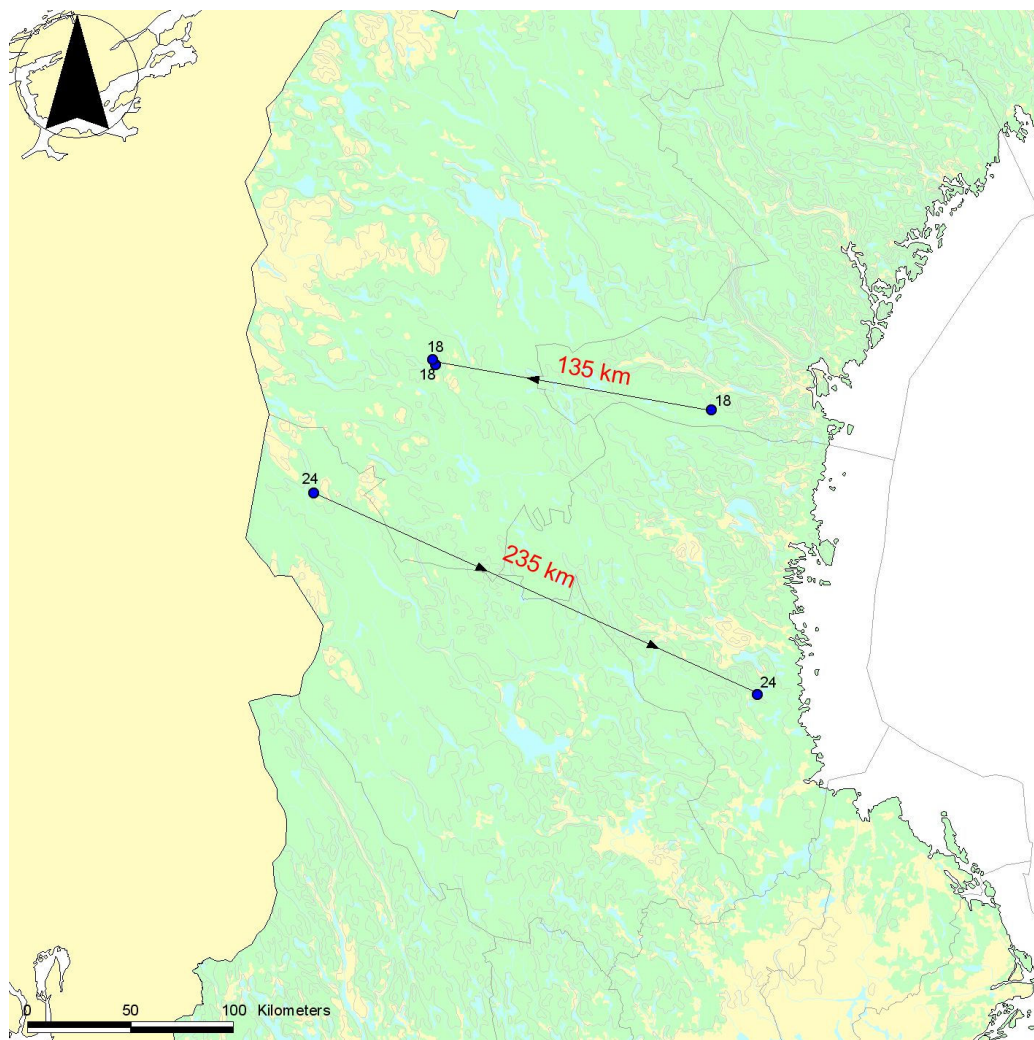
Figur 6 Sannsynlige foreldre til individene J25 og J26, som ble observert første gang i 2006.

det ut til at bare to hunner har bidratt med avkom, og disse to er mor og datter (J06, J08). Innavlslivået i den lille bestanden er svært høyt, som illustreres ved at svært mange av valpene som er født de siste årene er resultat av søskenparring mellom J02 og J08. De to nye individene (J25, J26) som ble observert vinteren 2006 er et nytt søskenpar, og igjen trolig et resultat av innavl. J08 kan imidlertid utelukkes som mor til disse individene, og det ser ut til at J06 denne gang har parret seg med sin andre søster, J14 (**Figur 6**).

3.3 Migrasjon mellom skogslandet og fjellkjeden

Begge de to små skogsjervbestandene i Gävleborg og Västernorrlands län stammer altså fra noen få ubeslektede individer og er således svært innavlede. Det er for tidlig å si noe om eventuelt negative effekter av innavl i disse populasjonene, men tidligere erfaring fra andre arter både i fangenskap og i ville bestander tyder på at så få founders som vi her snakker om relativt raskt vil føre til innavlsproblemer. Det mest nærliggende eksemplet er den skandinaviske ulvebestanden som stammer fra kun tre individer. Det er nå over 15 år siden forrige reproduserende immigrant, og bestanden sliter med dokumenterte innavlseffekter, spesielt i forhold til antall valper som overlever sin første vinter (Liberg et al. 2005). Med dette som bakteppe er det åpenbart svært viktig med tilførsel av nytt genetisk materiale også for disse to små, nyetablerte skogsjervbestandene.

I det nordlige området observerte vi i 2006 immigranter for første gang siden vinteren 2003. Den gang var det bare en immigrant (J15; **Vedlegg 1**) som hadde forsvunnet igjen året etterpå. Denne gangen dreier det seg om tre immigranter hvorav to er hunner, som begge altså vil være potensielle partnere for den territorieholdende hannen i området (J04). I sør finner vi ingen nye immigranter i 2006, og heller ikke her er det observert en eneste immigrant siden vinteren 2003 (J12; **Vedlegg 1**). Akkurat som i det nordlige området forsvant denne jerven fra området året etterpå. Situasjonen er derfor trolig enda mer alvorlig i sør i forhold til i nord. Svært mange av individene i sør er beslektet, innavlslivået er høyt, og kun 8 individer ble observert i 2006, mot 10 de to foregående vintrene. Det er altså ingen tvil om at populasjonen trenger nye immigranter. Vinteren 2006 observerte vi en tisper som vandret fra Dalarna til Gävleborgs län i løpet av vinteren. Denne havnet imidlertid drøyt 12 mil sør for det etablerte skogsjervområdet på grensen mellom Gävleborg og Västernorrland (**Figur 6**). Det blir interessant å se hvorvidt denne har beveget seg nordover i løpet av høsten 2006 og vinteren 2007, eller om hun vil holde seg i det samme området ca 5 mil nordvest for Gävle. Vi bør også nevne J18 som har emigrert fra det sørlige området siden forrige innsamlings sesong. Denne hunnen er født i skogslandet og ble observert der så sent som vinteren 2004/2005. Vinteren 2006 ble hun imidlertid funnet i Jämtlands fjellområder, ca 135 km fra fødestedet. Vi har altså dokumentert en god del migrasjon mellom skogslandet og fjellkjeden. Vurdert fra disse observasjonene virker det relativt sannsynlig at flere nye immigranter vil komme til det etablerte skogsjervområdet på grensen mellom Gävleborg og Västernorrland i løpet av de nærmeste årene.



Figur 6 To dokumenterte eksempler på migrasjon mellom fjellkjeden og skogslandet.

4 Konklusjon

Etter seks år med kartlegging av de to små skogsjervbestandene i Gävleborg og Västernorrlands län, har vi en relativt god oversikt over antall territorieholdende og andre stasjonære individer i bestandene. Under innsamlingssesongen 2005/2006 påviste vi totalt 15 individer. Seks av disse ble funnet i det nordlige området, hvorav tre var tidligere kjente individer mens de resterende tre var nye immigranter. Immigrasjon av tre nye ubeslektede individer hvorav to var tisper, lover meget godt for fremtidig yngling i denne lille og innavlede bestanden. I det sørlige området observerte vi åtte individer mot ti de to forgående årene. Også denne bestanden er svært innavlet, med flere påviste søskenparringer. Så også i år, der begge de to nye individene trolig er avkom av et søskenpar i bestanden. Ingen immigranter ble påvist, men vi observerte ei tisper ca 12 mil lenger sør i Gävleborgs län. På bakgrunn av flere andre observasjoner av migrasjon mellom skogslandet og fjellkjeden anser vi det som relativt sannsynlig at en eller flere immigranter i løpet av de nærmeste årene også vil komme til den sørlige bestanden og bidra til reproduksjon i denne. Dette vil i så fall være viktig for å redusere sannsynligheten for skadelige innavlseffekter i denne lille og sårbare bestanden.

5 Referanser

- Andersen, R. & Brøseth, H. 2006. Yngleregistreringer av jerv i Norge 2006 – NINA Rapport 183.
- Dallas, J.F. & Piertney, S.B. 1998. Microsatellite primers for the Eurasian otter. *Mol. Ecol.* 7: 1248–1251.
- Davis, C.S. & Strobeck, C. 1998. Isolation, variability, and cross-species amplification of polymorphic microsatellite loci in the family Mustelidae. *Mol. Ecol.* 7: 1776-1778.
- Duffy, A.J., Landa, A., O'Connell, M., Stratton, C. & Wright, J.M. 1998. Four polymorphic microsatellites in wolverine, *Gulo gulo*. *Anim. Genet.* 29: 63-72.
- Flagstad, Ø., May, R., Wårdig, C., Johansson, M., Andersen, R., Brøseth, H. & Ellegren, H. 2007. Populasjonsovervåking av jerv i Skandinavia ved hjelp av DNA-analyse fra ekskrementer. Rapport 2006 - NINA Rapport 251.
- 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. *Cons. Biol.* 18, 676-688.
- Fleming, M.A., Ostrander, E.A. & Cook, J.A. 1999. Microsatellite markers for American mink (*Mustela vison*) and ermine (*Mustela erminea*). *Mol. Ecol.* 8: 1352-1354.
- Hedmark, E. & Ellegren, H. (2007) DNA-based monitoring of two newly founded Scandinavian wolverine populations. *Conserv. Genet.* in press.
- 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. *Conserv. Genet.* 5: 405-410.
- Liberg, O., Andren, H., Pedersen, H.C., Sand, H., Sejberg, D., Wabakken, P., Akesson, M., & Bensch, S. (2005) Severe inbreeding depression in a wild wolf (*Canis lupus*) population. *Biol. letters* 1, 17-20.
- Lucchini, V., Fabbri, E., Marucco F., Ricci, S., Boitani, L., & Randi, E. 2002. Noninvasive molecular tracking of colonizing wolf (*Canis lupus*) packs in the western Italian Alps. *Mol. Ecol.* 11, 857-868.
- Marshall, T.C., Slate, J., Kruuk, L. & Pemberton J.M. 1998. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Mol. Ecol.* 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. *Mol. Ecol.* 5: 311–312.
- Persson, J. 2006. Järvens status och ekologi i Sverige. Rapport i regi av Statens offentliga utredningar i Sverige; www.sou.gov.se/storarovdjur/PDF/Art-beskrivning%20järv%20v5.pdf.
- Queller, D.C., Goodnight, K.F., 1989. Estimating relatedness using genetic-markers. *Evolution* 43, 258-275.
- Walker, C. W., C. Vilà, A. Landa, M. Lindén, and H. Ellegren. 2001. Genetic variation and population structure in Scandinavian wolverine (*Gulo gulo*) populations. *Molecular Ecology* 10:53-65.

Vedlegg 1

Jervindivider i de to små skogsjervbestandene i Gävleborgs og Västernorrlands län som er identifisert fra sesongen 2000/2001 fram til og med sesongen 2005/2006. Tallene angir hvor mange prøver hvert av individene er representert med i hver av sesongene. Strek angir at tidligere kjente individer ikke ble gjenfunnet den aktuelle sesongen.

Individ	Køn ^{a)}	Vintersesong					
		2000/2001	2001/2002	2002/2003	2003/2004	2004/2005	2005/2006
<i>Sørlig område</i>							
J01	M	4	12	10	5	9	3
J02	M	2	5	6	1	2	11
J06	F	1	16	4	14	3	-
J07	M	1	1	-	-	-	-
J08	F		3	5	1	1	-
J11	F		3	-	-	-	-
J12	M		1	-	-	-	-
J13	M			4	-	-	-
J14	F			1	1	-	-
J16	M			3	1	-	4
J17	F				6	-	-
J18	F				1	1	Emigrant ^{b)}
J19	F				3	4	4
J20	F				8	2	6
J21	F					1	-
J22	F					2	-
J23	F					2	2
J24	F						1 ^{c)}
J25	F						1
J26	M						4
<i>Nordlig område</i>							
J03	F	3	-	-	-	-	-
J04	M	8	2	16	10	8	13
J09	F		1	5	5	3	1
J10	F		2	5	7	-	2
J15	F			2	-	-	-
J27	M						6
J28	F						1
J29	F						1

^{a)} M, hane; F, hona

^{b)} J18 var representert med 2 prøver i Jämtland

^{c)} J24 var også representert med en prøve i Dalarna tidligere på vinteren og er således en imigrant herfra

NINA Rapport 265

ISSN:1504-3312

ISBN: 978-82-426-1827-6



Norsk institutt for naturforskning

NINA hovedkontor

Postadresse: 7485 Trondheim

Besøks/leveringsadresse: Tungasletta 2, 7047 Trondheim

Telefon: 73 80 14 00

Telefaks: 73 80 14 01

Organisasjonsnummer: NO 950 037 687 MVA

www.nina.no