

## Familiegrupper i den svenske gaupebestanden vinteren 2007/2008 belyst fra genetisk analyse av ekskrementer og hår

Øystein Flagstad  
Roy Andersen  
Cecilia Wärdig  
Malin Johansson  
Hans Ellegren



## **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**

**Familiegrupper i den svenske  
gaupebestanden vinteren  
2007/2008 belyst fra genetisk  
analyse av ekskrementer og hår**

Øystein Flagstad  
Roy Andersen  
Cecilia Wärdig  
Malin Johansson  
Hans Ellegren

Flagstad, Ø., Andersen, R., Wärdig, C., Johansson, M. & Ellegren, H. 2008. Familiegrupper i den svenske gaupebestanden vinteren 2007/2008 belyst fra genetisk analyse av ekskrementer og hår - NINA Rapport 393. 24 s.

Trondheim, september 2008

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-1958-7

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.)

OPPDRAKSGIVER(E)

Svenska Naturvårdsverket

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER

Robert Franzen

FORSIDEBILDE

Gaupefamilie – mor med to unger.

Foto: Staffan Widstrand / de5stora.com

NØKKEWORD

Eurasiatisk gaupe, *Lynx lynx*, Sverige, kartlegging av familiegrupper

KEY WORDS

Eurasian lynx, *Lynx lynx*, Sweden , Monitoring of family groups



## Sammendrag

Flagstad, Ø., Andersen, R., Wärdig, C., Johansson, M. & Ellegren, H. 2008. Familiegrupper i den svenske gaupebestanden vinteren 2007/2008 belyst fra genetisk analyse av ekskrementer og hår - NINA Rapport 393. 24 s.

Den totale gaupebestanden i Skandinavia anslås i dag til ca 1500 dyr. Konflikten mellom rovdyr og menneske har naturlig nok økt i takt med gaupas økende antall. Gaupas skader på tamdyr varierer fra område til område, men den største samfunnskostnaden kommer fra skader på rein. I 2006 ble det i Sverige utbetalt 23 millioner kroner for rein drept av gaupe. Utbetalingsene baserer seg på antall ynglinger per år, og det jobbes kontinuerlig med å utvikle metodene for å kartlegge ynglinger i de ulike områdene.

Nyere forskning har vist at det er mulig å identifisere individer basert på DNA isolert fra ekskrementer og hår. Dette åpner opp for en ny metodisk tilnærming i kartleggingen av familiegrupper, som kan supplere de tradisjonelle metodene basert på sporing. Ved å samle inn ekskrementer i områder der man mener det har skjedd en yngling, kan man gjennom moderne DNA-teknologi kartlegge hvor mange individer som finnes i det angitte området, og videre ved hjelp av slektskapsanalyser vurdere sannsynligheten for at det har foregått en yngling.

Denne metodikken har vært brukt til å kartlegge familiegrupper i Sverige siden 2002. Gjennomgående har vi kunnet verifisere i underkant av halvparten av familiegruppene rapportert fra feltpersonalet. Utover faktisk verifisering av de rapporterte familiegruppene har analysene gitt supplerende informasjon og således bidratt til en bedre forståelse av flere viktige aspekter, som for eksempel hvem som reproducerer, hvor ofte de reproduserende dyra skiftes ut, slektskap mellom hunner i naboterritorier og hvor stor avstand det er mellom reproduserende enheter. Videre kan analysene bidra med viktig informasjon som graden av innavl i ulike områder og ikke minst hvorvidt immigranter bidrar til reproduksjon.

Årets materiale viste en klar økning i verifisering av ynglinger sammenliknet med tidligere år. Dette skyldes først og fremst et større prøvemateriale og flere innsamlede prøver på de ulike lokalitetene slik at vi kan identifisere flere individer. Årets analyser viste også at denne metodikken kan gi svært viktig informasjon når en skal bedømme hvorvidt en eller to familiegrupper har oppholdt seg i et spesifikt område. Dette hadde vi tre eksempler på i Västerbotten i vinter, der vi ved hjelp av DNA-analysene kunne slå fast at det dreide seg om en enkelt familiegruppe i alle tre tilfeller.

Også i år har vi sett flere slående eksempler på innavl, og hvordan mange av de stasjonære individene i enkelte områder synes å være svært nært beslektet. Akkurat som i fjor påviste vi at to av ungekullene i Tornedalen nær grensen mot Finland har en blandet opprinnelse. Dette viser at immigranter fra Finland ikke bare krysser grensen, men faktisk setter spor etter seg i form av reproduksjon. Begge disse to familiegruppene befinner seg nettopp i et slikt område der en stor andel av de stasjonære individene er nært beslektet. Reprodutivt bidrag fra immigranter i slike områder vil på lengre sikt trolig være av betydning for en sunn og viril bestand i disse områdene.

Øystein Flagstad og Roy Andersen, Norsk institutt for naturforskning, 7485 Trondheim.  
[oystein.flagstad@nina.no](mailto:oystein.flagstad@nina.no), [roy.andersen@nina.no](mailto:roy.andersen@nina.no)

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

## Abstract

Flagstad, Ø., Andersen, R., Wärdig, C., Johansson, M. & Ellegren, H. 2008. Monitoring family groups in the Swedish lynx population winter 2007/2008 by DNA analysis of scats and hair - NINA Report 393. 24 pp.

The lynx population in Scandinavia is increasing and is today estimated to count approximately 1500 individuals. Human-carnivore conflicts are increasing along with the increasing population size. The conflict is particularly pronounced in reindeer herding areas, and compensation from the Swedish government to reindeer herding communities had in 2006 amounted to 23 million Swedish kroner. The compensation system is based on the number of lynx reproductions per year in reindeer herding areas, and improvement of the methods for monitoring lynx families may contribute to a better and fairer compensation system

Recent research has shown that it is possible to identify individuals based on DNA extracted from lynx scats and hair. This opens up for a new approach to monitoring lynx family groups, which can supply the more traditional methods based on snow tracking. By DNA analysis of scats from areas where a reproduction is reported, it is possible to estimate the number of individuals in the area and the relationship among the detected individuals, which in turn can be used together with information from other sources to consider the number of family groups within a defined area.

This approach has been used to monitor lynx family groups in Sweden since 2002. In general, we have been able to verify approximately half of the reported family groups. In addition, the analyses have given supplementary information contributing to an increased understanding of several important aspects, such as who is reproducing, what is the turnover rate of reproducing individuals, what is the relationship between females in neighbouring territories, and how large distance is there among reproducing entities. Moreover, the analysis can provide important information on the degree of inbreeding in different areas and whether immigrants are contributing to reproduction.

For the material collected in winter 2006/2007, we experienced a significant increase in the proportion of reproductive events that could be verified from the DNA analysis. This is likely due to an increased sample size and a larger collection of samples in the different localities. Our analysis also showed that this technique enables us to increase the precision for estimating the number of reproductions in an area. Especially in the county of Västerbotten, we had several cases where it was uncertain whether one or two reproductions had occurred in a specified area. The results from the DNA analysis demonstrated that there was one single reproduction in all three cases.

Also this winter, we saw several striking examples of inbreeding, and that a large proportion of the stationary individuals seem to be unusually closely related in some areas. Just as was the case last winter, we had two families where the offspring seemed to have a mixed origin. This demonstrates that immigrants from Finland not only cross the border, but actually contribute to reproduction. Both these family groups reside in an area where a large proportion of the stationary individuals are closely related. Reproductive contribution from immigrants will in the long run likely be important to ensure a healthy lynx population in these areas.

Øystein Flagstad og Roy Andersen, Norsk institutt for naturforskning, 7485 Trondheim.  
[oystein.flagstad@nina.no](mailto:oystein.flagstad@nina.no), [roy.andersen@nina.no](mailto:roy.andersen@nina.no)

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

# Innhold

<b>Sammendrag .....</b>	<b>4</b>
<b>Abstract .....</b>	<b>5</b>
<b>Innhold .....</b>	<b>6</b>
<b>Forord .....</b>	<b>7</b>
<b>1 Bakgrunn .....</b>	<b>8</b>
<b>2 Metodikk .....</b>	<b>8</b>
2.1 Prøveinnsamling og laboratoriearbeid.....	8
2.2 Dataanalyse .....	9
<b>3 Resultater og diskusjon.....</b>	<b>9</b>
3.1 Suksessrate .....	9
3.2 Geografisk fordeling av de identifiserte individene.....	11
3.3 Immigrasjon .....	16
3.4 Slektskap mellom individer .....	16
<b>4 Konklusjon .....</b>	<b>19</b>
<b>5 Referanser .....</b>	<b>20</b>
<b>Vedlegg 1 .....</b>	<b>21</b>



## Forord

Denne rapporten redegjør for DNA-analysene av vinterens innsamling av gaupeekskrementer og hår. Vi vil benytte anledningen til å takke feltpersonalet i de ulike länene, som år etter år bidrar med til dels store mengder prøvemateriale. Uten deres iherdige innsats, ville det vært umulig å gjennomføre denne typen overvåking av gaupefamilier i Sverige. Vi har i år kartlagt bortimot 30 antatte familiegrupper på denne måten, og håper at resultatene bidrar til å styrke datagrunnlaget for familiegruppetellingen i de ulike länene.

Grønvold, 5. september, Øystein Flagstad

# 1 Bakgrunn

Den skandinaviske gaupebestanden var relativt stor på begynnelsen av 1800-tallet. I denne perioden økte jakttrykket dramatisk, og rundt 1830 ble ca 250 gauper skutt hvert eneste år, noe som førte til en dramatisk bestandsreduksjon fram mot århundreskiftet. På begynnelsen av 1900-tallet ble bestanden anslått til ca 100 dyr, og artens videre eksistens på den skandinaviske halvøy var svært truet. I 1928 ble gaupa imidlertid fredet i Sverige, og arten kunne sakte med sikkerhet spre seg, først nordover, og siden sørover til områder den tidligere var svært vanlig.

Den totale gaupebestanden i Skandinavia anslås idag til ca 1500 dyr. Konflikten mellom rovdyr og menneske har naturlig nok økt i takt med gaupas økende antall. Gaupas skader på tamdyr varierer fra område til område, men den største samfunnskostnaden kommer fra skader på rein. I 2006 ble det i Sverige utbetalt 23 millioner kroner for rein drept av gaupe. Utbetalingene baserer seg på antall foryngringer per år, og det jobbes kontinuerlig med å utvikle metodene for å kartlegge foryngringer i de ulike områdene.

Nyere forskning har vist at det er mulig å identifisere individer basert på DNA isolert fra ekskrementer og hår. Dette åpner opp for en ny metodisk tilnærming i kartleggingen av foryngringer, som kan supplere de tradisjonelle metodene basert på sporing og yngleregistrering. Ved å samle inn ekskrementer i områder der man mener det har skjedd en foryngring, kan man gjennom moderne DNA-teknologi kartlegge hvor mange individer som finnes i det angitte området, og videre ved hjelp av slektskapsanalyser vurdere sannsynligheten for at det har foregått en foryngring.

I denne rapporten vil vi i hovedsak redegjøre for resultatene fra materiale samlet inn vinteren 2007/2008. Vi vil fokusere på familiegruppene rapportert fra felpersonalet, og gjennom slektskapsanalyser forsøke å verifisere at det faktisk har foregått en foryngring.

## 2 Metodikk

### 2.1 Prøveinnsamling og laboratoriearbeid

Totalt 227 hår-, ekskrement- og salivprøver, samlet inn over store deler av Sverige, ble levert til laboratoriet i tide til å inkluderes i analysene (**Vedlegg 1**). De aller fleste prøvene var samlet inn vinteren 2007/2008. Noen få prøver hang imidlertid igjen fra i fjor på grunn av for sen innlevering. Disse inkluderes også i denne rapporten.

I tilfeller av vellykket ekstraksjon av gaupespesifikt kjerne-DNA, gjennomførte vi genotyping på tvers av 10 mikrosatelittmarkører som følger: FCA001, FCA043, FCA149, FCA506, FCA559, FCA008, FCA045, FCA090, F115, FCA391 (Menotti-Raymond et al. 1999). De ikke-fungerende prøvene ble analysert for en mitokondriell markør (Cyt B; Irwin et al. 1991), og artstilhørighet ble bestemt fra DNA-sekvensen.

Siden isolater fra ekskrementer som oftest har en meget lav DNA konsentrasjon er det vesentlig for metodens robusthet å kjøre et antall replikater for hver prøve. Basert på resultatene fra tidligere pilotstudier for bl.a. jerv (Hedmark et al. 2006), har vi valgt å legge følgende kriterier til grunn for robust genotyping. Et individ 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. Et individ 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 må kjøres 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.

**Tabell 1** Suksessrate for alle analyserte prøver

Region	Ekskrement	Hår	Saliv/Blod
Norrbotten	31 / 63 (49 %)	4 / 14 (29 %)	-
Västerbotten	37 / 52 (71 %)	2 / 8 (25 %)	0 / 1 (0 %)
Jämtland	23 / 31 (74 %)	0 / 1 (0 %)	0 / 1 (0 %)
Sør-Sverige	7 / 17 (41 %)	4 / 34 (12 %)	0 / 2 (0 %)
Ukjent	-	0 / 3 (0 %)	-
Totalt	98 / 163 (60 %)	10 / 60 (17 %)	0 / 4 (0 %)

Alle prøver som gav gaupespesifikt kjerne-DNA ble også kjønnsbestemt ved hjelp av to kjønnsmarkører (DBY7Ly2, ZFLy2; upublisert). 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.

## 2.2 Dataanalyse

Den skandinaviske gaupebestanden er genetisk differensiert fra den finske bestanden (Hellborg et al. 2002). Man kan dermed ved hjelp av hvert enkelt individs genotype bestemme sannsynligheten for om det har sin opprinnelse i Sverige eller om det er en immigrant fra øst. Vi har brukt metoden til Pritchard et al. (2001) for å bestemme nærværet av finske immigranter i den svenske gaupebestanden. Videre brukte vi en clustringsanalyse (Benzecri 1973) for å visualisere forskjellen mellom svenske og finske DNA-profiler.

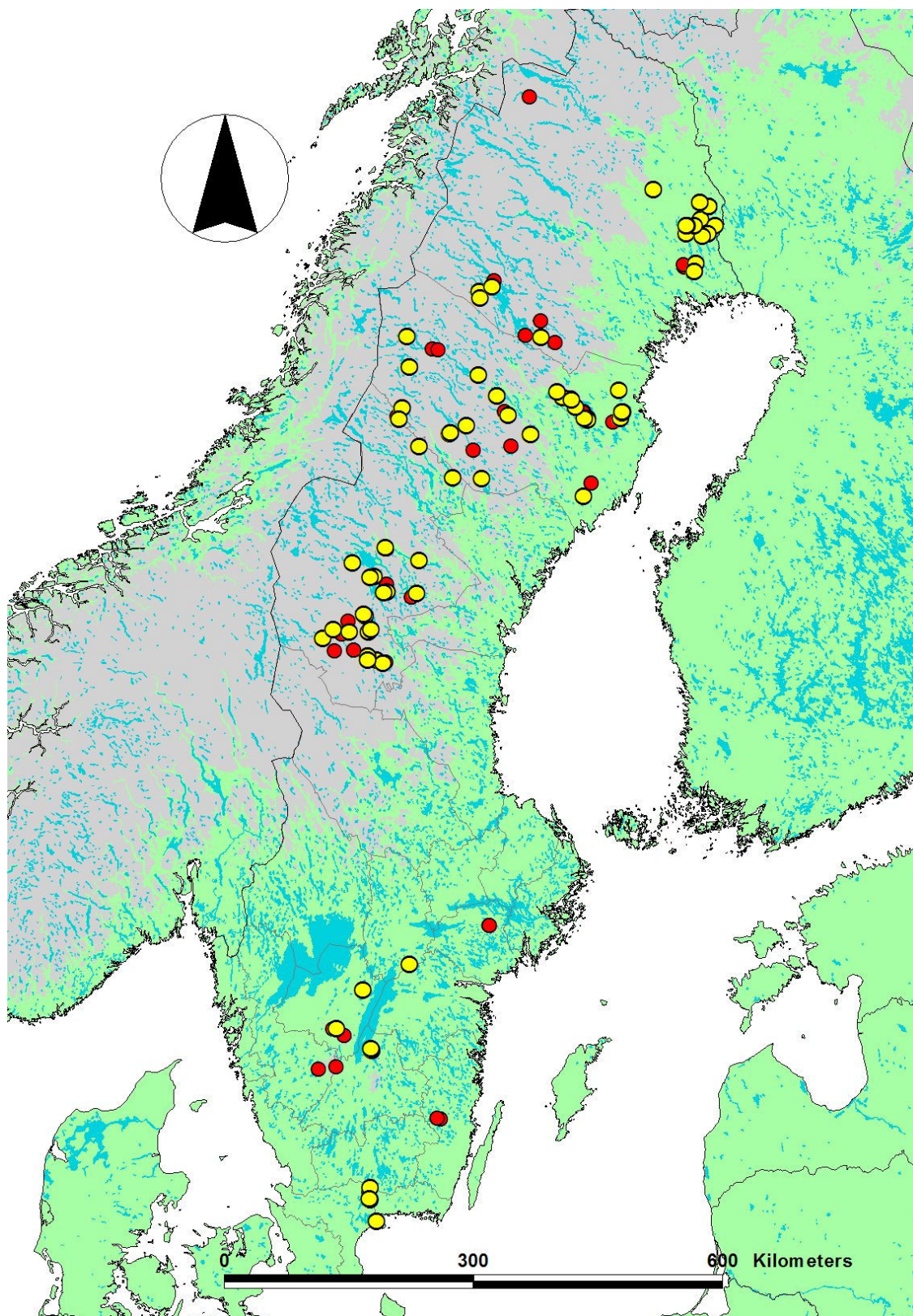
For å belyse de antatte familiegruppene, har vi tatt utgangspunkt i de prøvene der feltinnsamler rapporterer spesifikt om en familiegruppe. I tillegg har vi sett på antall individer og slektskap mellom dem også for prøver der feltinnsamler rapporterer mer enn en sporløype. For bestemmelse av slektskap mellom individer brukte vi slektskapskoeffisienten beskrevet av Queller & Goodnight (1989). Informasjon om antatt status til de ulike prøvene (f.eks. antatt mor / antatt unge) ble brukt aktivt og testet ved hjelp av DNA-profilene til de ulike prøvene.

# 3 Resultater og diskusjon

## 3.1 Suksessrate

**Figur 1** viser den geografiske fordelingen av de innsamlede prøvene samt hvilke prøver som lot seg analysere. 98 av totalt 163 ekskrementprøver lot seg analysere, som gir en total suksessrate på 60 %. I Nord-Sverige fungerte 62 % av prøvene, mens suksessraten i Sør-Sverige lå nede på 41 % (**Tabell 1**). Dette er i tråd med resultatene fra tidligere år, da det som oftest har vært prøvene samlet inn i nord som fungerer best. I 2006 var det imidlertid motsatt, da materiale samlet inn i sør fungerte best, faktisk tilsvarende bra som årets prøver samlet inn i Norrbotten. Vi har tidligere påpekt at gode snøforhold, som det var i 2006 i Sør-Sverige, kan ha betydning for suksessraten, og kan tenke oss tre grunner til at suksessraten øker med bedre snøforhold: (1) Enklere sporingsforhold, og således større andel av ferske ekskrementer i det innsamlede materialet. (2) Enklere sporingsforhold gir også mindre grad av feil artsidentifisering. (3) Bedre bevaring av ekskrementmateriale på snø i forhold til på barmark. Eventuelle for-

skjeller i sporingsforhold kan være med å forklare forskjellen i suksessraten mellom Norrbotten (ca 50 %) og Jämtland og Västerbotten (70-75 %)



**Figur 1** Fungerende (gul) og ikke-fungerende (rød) prøver for det analyserte materialet, i all hovedsak samlet inn vinteren 2007/2008.

Etter en gledelig økning i suksessraten for hårprøver fra fjorårets innsamling da 50 % fungerte, er det bare å beklage at hårprøvene i år igjen fungerer like dårlig som de har gjort tidligere. En fungerende hårprøve krever som oftest innslag av hudfragmenter for flere av prøvene, og det har sannsynligvis vært færre slike høykvalitetsprøver i år sammenliknet med ifjor. Uansett kan hårprøver utgjøre et viktig supplement til ekskrementprøvene for å få en høyere representasjonsandel av individer i de rapporterte familiegruppene, og således ha større sjanse til å verifisere ynglingene. En bør derfor fortsette å samle inn hår der en finner slikt materiale.

Blodspor og prøver av saliv fra bittmerker på kadavre fungerte om mulig enda dårligere enn i fjor, med null fungerende av fire innsamlede prøver. Slike prøver kan bl.a. være med på å identifisere individer som dreper husdyr, og på denne måten peke ut potensielle problemindivider, og er derfor potensielt viktige prøver for forvaltningen. Endringer i lagringsprotokoll og lab-metodikk kan forhåpentligvis bidra til å øke suksessraten for denne typen prøver i fremtidige analyser.

Dessverre vil det alltid være slik at en viss andel av det innsamlede materialet vil være av for dårlig kvalitet til å kunne analyseres når konsentrasjonen av celler i prøvematerialet er lav, slik som for ekskrementer, hår og saliv. Den lave suksessraten beror delvis på lav DNA-konsentrasjon, men kan også skyldes såkalte "hemmere", dvs. substanser i ekskrementprøven som hemmer essensielle deler av labanalysene. Det er også mulig at noen av prøvene kan være feilidentifisert som gaupeekskrementer, og således stamme fra andre arter. Vi analyserte derfor alle de ikke-fungerende prøvene for en mitokondriell markør som kan identifisere hvilken art prøven representerer. De aller fleste av disse viste seg å stamme fra gaupe eller inneholdt DNA fra byttedyr som rein, hare eller mus. Kun i to tilfeller fant vi DNA fra en annen kjøtteter, i begge tilfellene hund. Vi konkluderer med at de aller fleste innsamlede prøvene kommer fra gaupe, og at feilidentifisering av arten forekommer svært sjelden i forbindelse med innsamling av gaupeekskrementer.

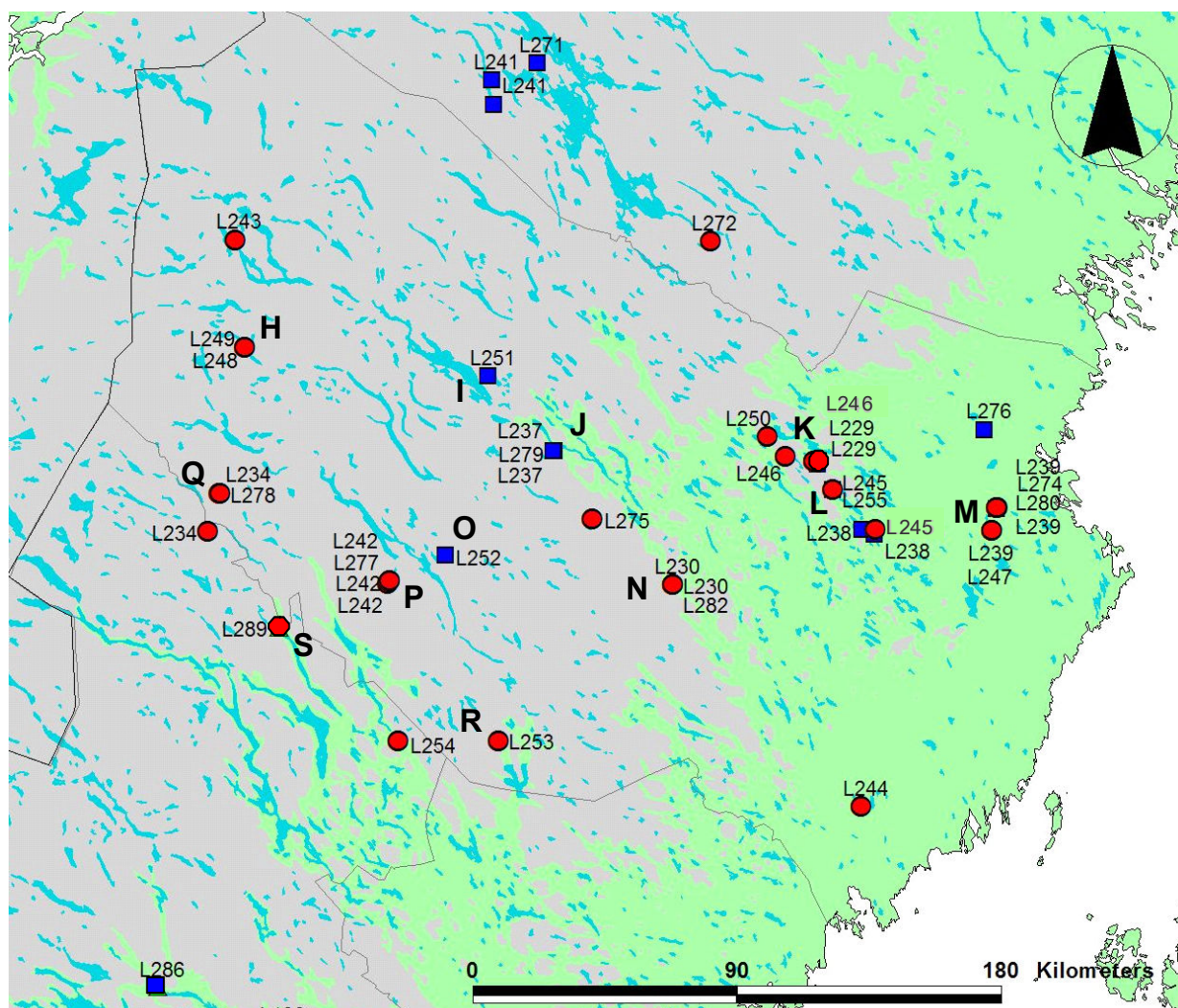
## 3.2 Geografisk fordeling av de identifiserte individene

**Figur 2, 3, 4 og 5** viser den geografiske fordelingen til alle fungerende prøver, samt hvilke individer og kjønn de representerer (se **Vedlegg 1** for mer detaljerte opplysninger). De 98 fungerende prøvene fra vinterens innsamling representerte 79 ulike individer (46 hunner, 31 hanner). Ikke overraskende er hunnene i klar overvekt i de tre nordligste länene. Dette skyldes først og fremst innsamlingsstrategien, der man satser på å identifisere flest mulig hunner med unger, mens man kun i relativt sjeldne tilfeller fanger opp voksne hanner. I de sørligste länene har vi tidligere hatt en klar overvekt av hanner under, mens vi i år finner fire av hvert kjønn (**Figur 5**). Dette synes å støtte fjorårets observasjoner som tyder på at gaupa er i ferd med å etablere seg med ynglende familiegrupper også i de sørligere länene i Sverige. Ifølge feltpersonalet var det vinteren 2006/2007 en familiegruppe i Kalmars län. Også i år ble det rapportert om en mor med en årsunge i samme län. Med en større andel hunner enn tidligere burde forholdene ligge til rette for flere gaupeynglinger i sør også i årene framover.

Tretten av de 77 individene som ble observert vinteren 2007/2008 var representert i vår interne database av tidligere kjente individer, som gir en gjenfunnsrate på i underkant av 20 %. En såpass lav rate antyder at det er en god del unger eller svært unge individer i datamaterialet, men viser også at vi i de fleste områder langt ifra har identifisert alle voksne, stasjonære individer. Mesteparten av de tidligere kjente individene i nord er hunner, som har ynglet en eller flere ganger siden starten i 2002. Bare en tidligere observert hann ble funnet i nord (Ind196). Han ble observert som årsunge i Jämtland vinteren 2006/2007 og befant seg i år i det samme område. I Sør-Sverige fant vi igjen tre tidligere kjente individer, to hanner og en hunn.

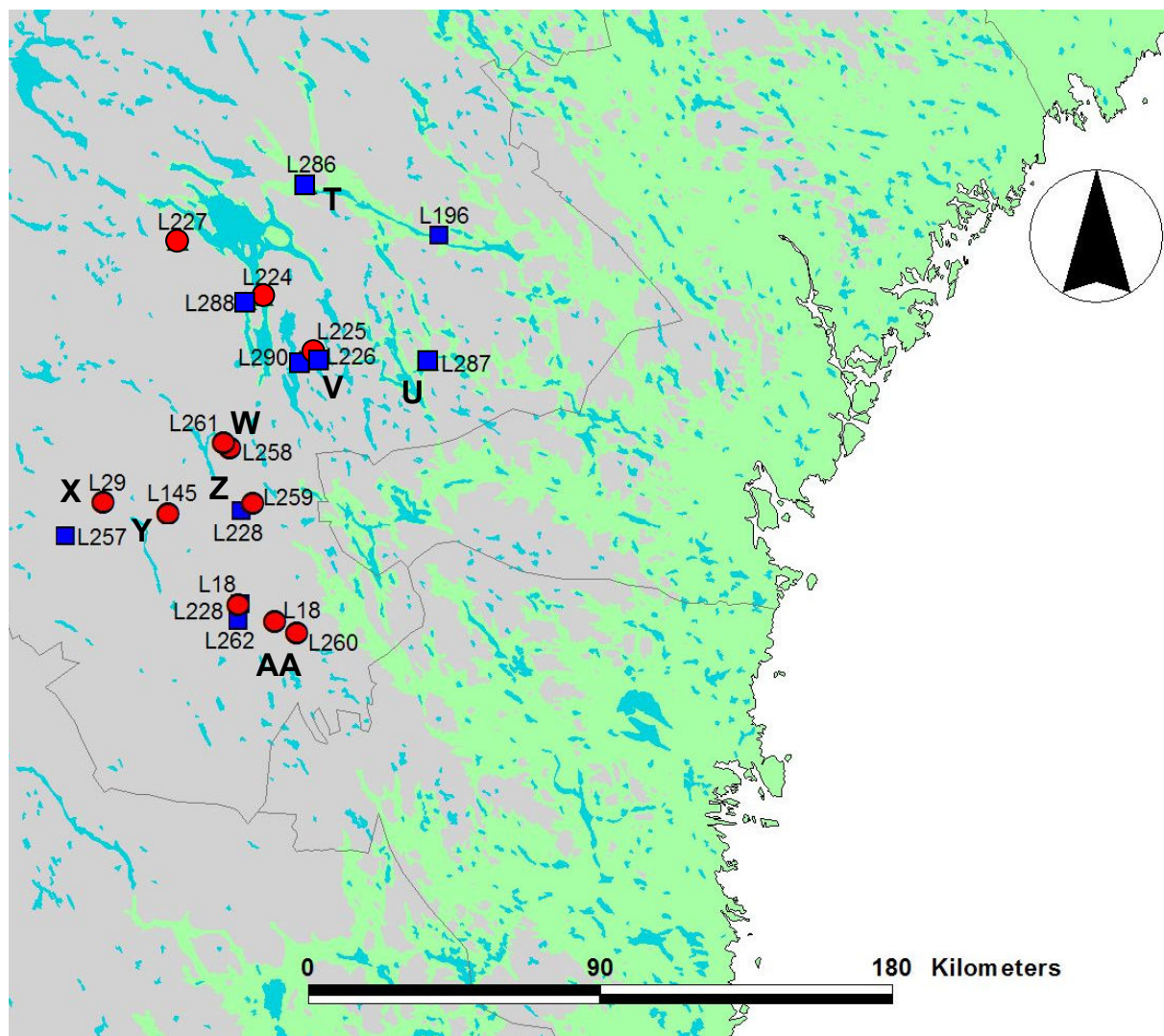






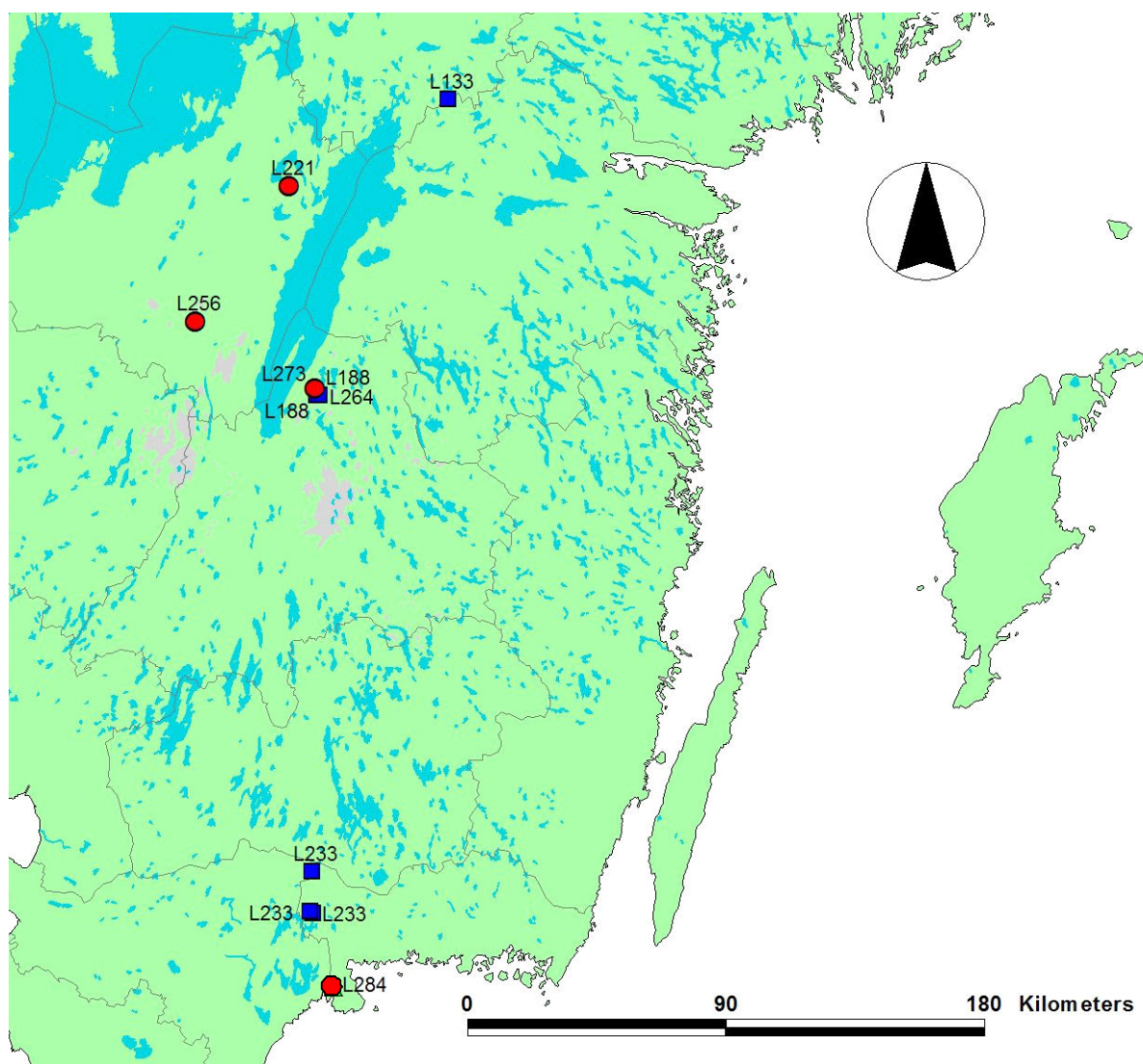
**Figur 3** Alle fungerende prøver fra Västerbotten. Rød=hunner; Blå= hanner. Tallene angir individer. Bokstavene H-R angir antatte familiegrupper fra feltobservasjoner.



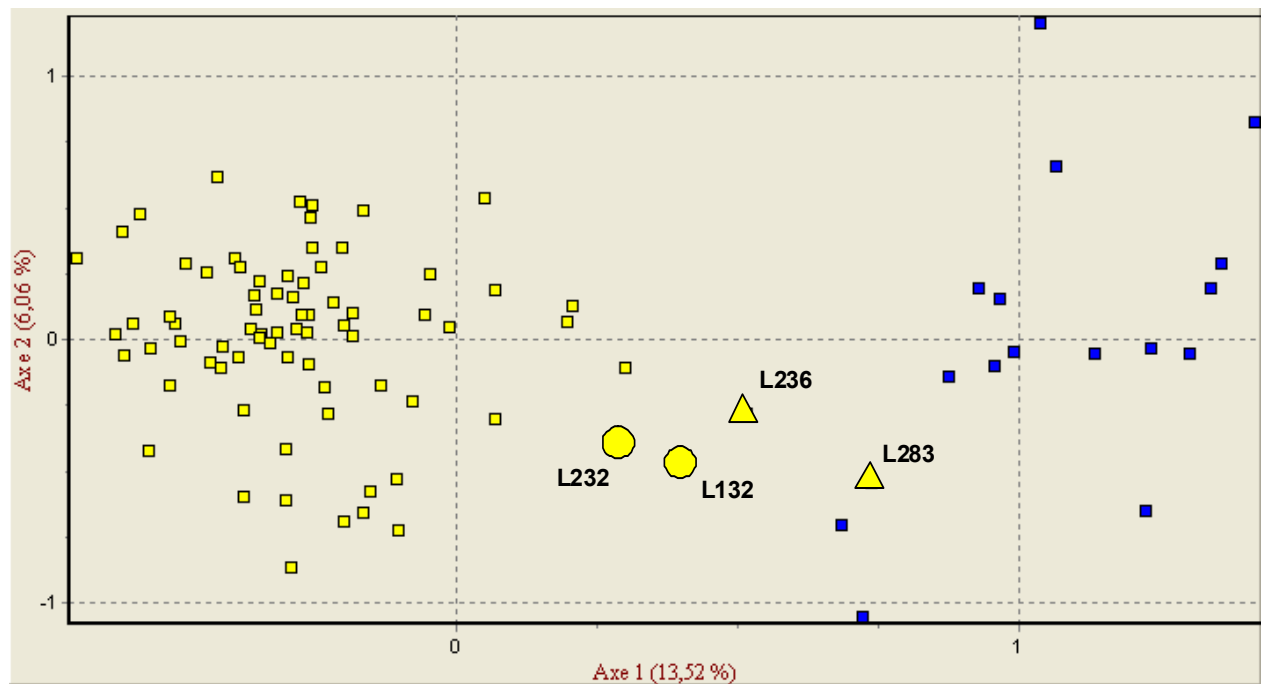


**Figur 4** Alle fungerende prøver fra Jämtland. Rød=hunner; Blå= hanner. Tallene angir indivi-  
der. Bokstavene T-AA angir antatte familiegrupper fra feltobservasjoner.





**Figur 5** Alle fungerende prøver fra Sør-Sverige. Rød=hunner; Blå= hanner. Tallene angir individer.



**Figur 6** Grafisk framstilling av genotypene til alle svenske individer (gule) observert vinteren 2007/2008, sammen med genotypene til et utvalg finske gauper (blå). Vi ser at det er en klar genetisk differensiering mellom de to bestandene, og de aller fleste svenske dyr grupperer sammen til venstre på figuren godt adskilt fra det finske clusteret. Noen svenske individer ligger utenfor det svenske hovedclusteret og er således rene immigranter (trekanter) eller av blandet opprinnelse (sirkler).

### 3.3 Immigrasjon

Fra 2002 til 2005 observerte vi kun en eneste immigrant fra Finland i den svenske gaupebestanden, en hunn som ble observert svært nær grensen mot Finland. Antall observerte immigranter økte voldsomt vinteren 2005/2006, da vi fant hele fire immigranter. I fjor fant vi en ny immigrant og tre dyr av blandet opprinnelse, dvs at en forelder har sin opprinnelse i den svenske bestanden og en kommer fra Finland. Analysen av svenske og finske genotyper på individnivå viser som tidligere at de aller fleste svenske gauper grupperer sammen i et cluster godt adskilt fra clusteret av finske individer (**Figur 6**). Som i fjor er det imidlertid noen få individer som skiller seg ut fra det svenske clusteret. Disse er enten rene østlige immigranter eller har en blandet opprinnelse. Vi gjennomførte en alternativ analyse der en beregner sannsynligheten for ren svensk, ren finsk eller en blandet opprinnelse. De aller fleste svenske gauper har mer enn 95 % sannsynlighet for å være av ren svensk opprinnelse. Fire individer skiller seg imidlertid ut (**Figur 6**). To dyr (L236, L283) kommer ut som rene immigranter, mens to (L132, L232) mest sannsynlig er av blandet opprinnelse. Som vi skal se av slektskapsanalysene (se 3.4 nedenfor) er de to førstnevnte født i Sverige. De har imidlertid en mor av blandet opprinnelse (L132), mens faren sannsynligvis er en ren immigrant. På denne måten kommer de ut som rene migranter i analysen.

### 3.4 Slektskap mellom individer

Et av de viktigste spørsmålene i forbindelse med analysen av dette materialet, er hvorvidt det er mulig å gjøre pålitelige slektskapsanalyser for å kartlegge familiegrupppestrukturen i bestanden, og derigjennom bidra med viktig informasjon rundt antatte ynglinger. Feltnnsamlerne har gjort en meget god jobb og gitt særdeles viktig informasjon i tilfeller der man antar at prøvene

**Tabell 2** Sannsynlig slektskap i antatte familiegrupper rapportert fra feltpersonalet

Antatt familie-gruppe	Län	Mor	Unger	Slektskaps-koeffisient <sup>a)</sup>	Kommentar
<b>A</b>	BD	132	236, 283	0,44; 0,62	Mor med to unger. Tre sporløyper observert av feltpersonalet
<b>B</b>	BD	67	202, 235, 265	0,78; 0,85; 0,85	Mor med unger. Fire sporløyper observert, hvorav den ene (202) tilhører en eldre datter født 2006 eller tidligere. Meget høye slektskapskoeffisienter antyder, som tidligere påvist, fortsatt innavl i Tornedalen
<b>C</b>	BD	61			Tre sporløyper observert av feltpersonalet. Gammel hona som reproduserte allerede i 2005. Ungene ikke identifisert fra ekskrementer i år.
<b>D</b>	BD	128	232	0,42	L128 mest sannsynlige mor til denne ungen.
<b>E</b>	BD	107	269, 270	0,35; 0,53	Feltpersonalet observerer tre dyr, som alle identifiseres fra ekskrementmaterialet. Mora (L107) identifisert første gang i 2006.
<b>F</b>	BD		241		Familiegruppe bestående av tre dyr. L241 er en hann og således trolig en av ungene. Mor ikke identifisert fra ekskrementmaterialet.
<b>G</b>	BD	165(?)	272	0,43	L272 eneste identifiserte dyr fra denne familiegruppen på fire. L165, som reproduserte i samme område i fjor er høyst sannsynlig moren
<b>H</b>	AC	249	248	0,25	Feltpersonalet mener dette mest sannsynlig dreier seg om mor og datter. Dette kan ikke utelukkes selv om slektskapskoeffisienten er usedvanlig lav.
<b>I</b>	AC	105(?)	251		L251 eneste identifiserte dyr fra denne familiegruppen på tre. L105, som ble observert i det samme området for to år siden, er en mulig mor, selv om slektskapskoeffisienten er noe lavere enn det som er vanlig for foreldre/avkoms-relasjoner
<b>J</b>	AC		237, 279	0,78 <sup>b)</sup>	To hanner, som åpenbart er søsken. Mest nærliggende tolkning er at vi her har identifisert begge ungene i denne familie-gruppen på tre. Høy slektskapskoeffisient antyder nært slektskap også mellom foreldrene.
<b>K</b>	AC	246	229, 250	0,25; 0,42	L246 observeres på to lokaliteter tett på hverandre. L229 finnes på en av disse lokalitetene, mens L250 finnes på en tredje lokalitet tett på. Feltpersonalet mener L250 mest sannsynlig er en unge, og siden hun er en sannsynlig datter av L246, konkluderer vi med at alle disse tre dyra tilhører samme familiegruppe.
<b>L</b>	AC	245	238, 255	0,39; 0,51	Spesifikt spørsmål fra feltpersonalet om dette dreier seg om en eller to familiegrupper. L245, som er den sannsynlige moren til de to andre, observeres på begge lokaliteter. Vi konkluderer dermed at alle tre individer tilhører samme familiegruppe
<b>M</b>	AC	239	247, 280	0,44; 0,57	Spesifikt spørsmål fra feltpersonalet om dette dreier seg om en eller to familiegrupper. L239, som er den sannsynlige moren til de to andre, observeres på begge lokaliteter. Vi konkluderer dermed at alle tre individer tilhører samme familiegruppe. L274, som ble observert samme sted, tilhører ikke denne familiegruppen, og er heller ikke faren til ungene.

<b>N</b>	AC	230	282	0,55	Sannsynlig familiegruppe på tre dyr
<b>O</b>	AC		252		Tre sporløyper. Det identifiserte er en hann og er således mest sannsynlig en av ungene.
<b>P</b>	AC	242	277	0,50	To sporløyper. Sannsynlig mor/avkoms-relasjon.
<b>Q</b>	AC	234	278	0,62	Tre sporløyper. Sannsynlig mor/avkoms-relasjon.
<b>R</b>	AC	253	254	0,52	Feltpersonalet rapporterer yngling, og DNA-analysene bekrefter at dette er en sannsynlig mor/avkoms-relasjon. Siden begge er hunner er det vanskelig å vite hvem som er mor og hvem som er datter.
<b>S</b>	Z	289	(289)		Tre sporløyper. Kun ett individ identifisert som kan være mor eller datter.
<b>T</b>	Z		286		2-3 sporløyper. Kun en hann identifisert; trolig en uinge.
<b>U</b>	Z		287		Tre sporløyper. Kun en hann identifisert; trolig en uinge, som er i tråd med feltpersonalets antagelser.
<b>V</b>	Z	225	226	0,65	Tre sporløyper ved hiplass. Sannsynlig mor/avkoms-relasjon.
<b>W</b>	Z	261	258	0,68	Rapporteres om mor med to unger, som er i tråd med DNA-analysene.
<b>X</b>	Z	29			Tidligere kjent hunn. Tre sporløyper.
<b>Y</b>	Z	145			Tidligere kjent hunn. Fire sporløyper
<b>Z</b>	Z	259	228	0,85	Sies ikke noe om antall sporløyper eller antatt yngling. Nært slektskap mellom de to identifiserte individene. Høy slektskapskoeffisient antyder tilfelle av innavl.
<b>AA</b>	Z	18	260	0,59	Rapporteres om mor med to uinger, som er i tråd med DNA-analysene.

a) Slektskapskoeffisienten oppgis mellom mor og unge(r). For mor/avkoms-forhold og søskenrelasjoner forventes slektskapskoeffisienten å ligge på 0,5. Den kan imidlertid variere betydelig rundt den forventede verdien.

b) I dette tilfellet oppgis slektskapskoeffisienten mellom de to antatte søsknene.

representerer individer i en familiegruppe. Resultatene av slektskapsanalysene er oppsummert i **Tabell 2**. Som nevnt i metod delen har vi jobbet i detalj med de prøvene der feltinnsamler rapporterer spesifikt om en familiegruppe. I tillegg har vi sett på antall individer og slektskap også for prøver der feltinnsamler rapporterer mer enn en sporløype. I 27 slike tilfeller var det minst en fungerende prøve. I hele 16 av disse tilfellene har vi kunnet verifisere mor/avkomsforhold mellom dyr som er representert i materialet. I to tilfeller fant vi sannsynlige mor/avkoms-forhold mellom det identifiserte dyret og hunner observert ved tidligere års innsamling i det samme området. I et annet tilfelle der den reproduserende hunnen ikke var representert i materialet fant vi en sannsynlig søskenrelasjon. I de resterende åtte tilfellene var det kun ett individ som ble identifisert. Noen av disse var kjente hunner som har ynglet i flere år.

Det kan være verdt å knytte noen utfyllende kommentarer til enkelte av de observerte familiegruppene, spesielt i Västerbotten der det i tre tilfeller var vanskelig å bedømme i felt hvorvidt det dreier seg om en eller to ynglinger. I alle disse tilfelle observeres minst ett av de identifiserte individene på begge lokaliteter. I tillegg viser slektskapsanalysene at alle de identifiserte individene i hvert tilfelle utgjør en svært sannsynlig familiegruppe. Vi må således konkludere at det dreier seg om en enkelt familiegruppe i alle tre tilfeller.

Når det gjelder innavl i Tornedalen, har vi påvist påfallende mange tilfeller av innavl de årene vi har jobbet der. Så også i år. Men i tillegg til reproduksjon mellom nære slektninger finner vi

også et par tilfeller av "blandingsekteskap", dvs at foreldrene er av henholdsvis svensk og finsk opprinnelse. Dette er interessant og sannsynligvis også viktig i et område der svært mange av de stasjonære individene er nært beslektet, noe som på sikt kan føre til høy grad av innavl og potensielle innavlsproblemer. Høye slektskapskoeffisienter mellom mor og avkom for en av de observerte familiegruppene i området viser at det er svært nært slektskap mellom foreldrene (Familiegruppe B). Også i Södra Jämtland ser det ut til å være relativt høy grad av innavl, med en stor andel av nært beslektede, stasjonære individer. Familiegruppe P er et slående eksempel, der slektskapskoeffisienten mellom ungen (L228) og den antatte moren (L259) er betydelig høyere enn det man skulle forvente fra reproduksjonen mellom ubeslektede individer.

Disse observasjonene viser at gaupa ikke forsøker å unngå innavl i samme grad som våre andre rovdyr, spesielt ulven (Vila et al. 2003). Det kan også være forskjell mellom kjønnene i gaupas reproduksjonsstrategi. En mulig hypotese er at hunnen, som investerer mye tid og energi på å ta seg av ungene sine, i størst mulig grad vil forsøke å unngå innavl. På denne måten forsøker hun å sikre seg mot å bruke energi på avkom med dårligere forutsetninger for å overleve. Hannen derimot investerer lite eller ingen energi i ungene utover selve paringsakten, og for ham vil det fortone seg som en fornuftig strategi å få flest mulig avkom, hvorav også en del av de innavlede sannsynligvis vil overleve. Radiomerking av hunner etter paringstida viser ofte at hun har bittmerker i nakken (pers. medd. John Odden), som kan tyde på at hunnene i visse tilfeller tvinges til å gjennomføre parring, selv om de egentlig ikke ønsker den aktuelle hannen som partner. Hvorvidt det er nære slektninger hunnen prøver å unngå er for tidlig å si noe om, men en bedre forståelse av disse aspektene ville definitivt være nyttig for å med enda større sikkerhet kartlegge familiegruppekonstellasjonene innenfor rammene av dette prosjektet.

## 4 Konklusjon

Årets materiale viser en klar økning i verifiseringen av ynglingene rapportert fra feltpersonalet sammenlignet med tidligere år. Dette skyldes først og fremst et større prøvemateriale og flere innsamlede prøver på de ulike lokalitetene slik at vi kan identifisere flere individer. Vi håper på et minst like stort prøvevolum de neste sesongene, og oppfordrer samtidig til at prøvene må leveres innen fristen slik at alle innsamlede prøver kan inngå i analysene. Det er også inspirerende å se at metodikken fungerer når en skal bedømme hvorvidt en eller to familiegrupper har oppholdt seg i et spesifikt område. Dette hadde vi tre eksempler på i Västerbotten i vinter, der vi kunne slå fast at det dreide seg om en enkelt familiegruppe i alle tre tilfeller.

DNA-analysene bidrar således til en mer detaljert forståelse av familiegruppestrukturen i flere viktige områder. Spesielt i Norrbotten har enkelte områder vært svært godt representert med prøvemateriale de siste årene, og Västerbotten leverte et svært omfangsrikt materiale i vinter. Med fortsatt god prøveinnsamling i disse områdene, kan vi følge familiegruppene fra år til år, og på denne måten få en bedre forståelse av flere viktige aspekter, som for eksempel hvem som reproducerer, hvor ofte de reproduserende dyra skiftes ut, slektskap mellom hunner i nabo-territorier og hvor stor avstand det er mellom reproduserende enheter. Videre kan analysene bidra med viktig informasjon som graden av innavl i ulike områder og ikke minst hvorvidt immigranter bidrar til reproduksjon. Det er også viktig å følge ekspansjonen av bestanden i sør, og i hvilken grad voksne hunner klarer å etablere seg og produsere også i denne delen av Sverige. De siste to-tre årene har feltpersonalet rapportert om yngling ved flere anledninger, og enkelte av disse har kunnet verifiseres gjennom DNA-analysene.

## 5 Referanser

- Benzecri, J. 1973. *L'analyse des données. Tome I: la taxinomie., Tome II: L'analyse des correspondances*. Dunot, Paris.
- 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.
- Hellborg, L., Walker, C. W., Rueness, E. K., Stacy, J. E., Kojola, I., Valdmann, H., Vila, C., Zimmermann, B., Jakobsen, K. S., & Ellegren, H. 2002. Differentiation and levels of genetic variation in northern European lynx (*Lynx lynx*) populations revealed by microsatellites and mitochondrial DNA analysis. *Conserv. Genet.* 3, 97-111.
- Irwin, D. M., Kocher, T. D., & Wilson, A. C. 1991. Evolution of the *Cyt b* gene of mammals. *J. Mol. Evol.* 32, 128-144.
- Menotti-Raymond, M., David, V. A., Lyons, L. A., & Schaffer, A. A., Tomlin, J. F., Hutton, M. K., & O'Brien, S. J. 1999. A genetic linkage map of microsatellites in the domestic cat (*Felis catus*). *Genomics* 57, 9-23.
- Pritchard, J. K., Stephens, M., & Donnelly, P. 2001. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155, 945-959.
- Queller, D. C., & Goodnight, K. F. 1989. Estimating relatedness using genetic-markers. *Evolution* 43, 258-275.
- Vilà, C., Sundqvist, A-K, Flagstad, Ø., Seddon, J., Björnerfeldt, S., Kojola, I., Casulli, A., Sand, H., Wabakken, P., & Ellegren, H. 2003. Rescue of a severely bottlenecked wolf (*Canis lupus*) population by a single immigrant. *Proc. R. Soc. Lond. B.* 270, 91-97.

## Vedlegg 1

Detaljert oversikt over alle prøver samlet inn vinteren 2007/2008. Feltpersonalets spesifikke kommentarer til prøvene er konfidensielle, og er derfor utelatt fra tabellen. Spesielt interesserte lesere kan likevel henvende seg til de respektive länsstyrelser for innhenting av feltpersonalets kommentarer.

Län	EBC-nr	Individ	Kjønn	Innsamlings- dato	Prøve- materiale
BD, Norrbotten	LS08-116	L61	F	080128	spillning
BD, Norrbotten	LS08-088	L67	F	080127	spillning
BD, Norrbotten	LS08-108	L67	F	080127	spillning
BD, Norrbotten	LS08-109	L67	F	080127	spillning
BD, Norrbotten	LS08-106	L107	F	080111	spillning
BD, Norrbotten	LS08-107	L107	F	080111	spillning
BD, Norrbotten	LS08-057	L128	F	080208	hår
BD, Norrbotten	LS08-096	L132	F	080208	spillning
BD, Norrbotten	LS08-097	L132	F	080208	spillning
BD, Norrbotten	LS08-091	L202	F	080127	spillning
BD, Norrbotten	LS08-127	L232	M	080123	spillning
BD, Norrbotten	LS08-132	L232	M	071130	spillning
BD, Norrbotten	LS08-136	L232	M	080208	spillning
BD, Norrbotten	LS08-092	L235	F	080127	spillning
BD, Norrbotten	LS08-118	L235	F	080127	spillning
BD, Norrbotten	LS08-056	L236	M	080208	hår
BD, Norrbotten	LS08-060	L236	M	080208	hår
BD, Norrbotten	LS08-113	L236	M	080208	spillning
BD, Norrbotten	LS08-114	L236	M	080208	spillning
BD, Norrbotten	LS08-126	L240	M	080206	spillning
BD, Norrbotten	LS08-137	L240	M	080218	spillning
BD, Norrbotten	LS08-138	L240	M	080218	spillning
BD, Norrbotten	LS08-142	L241	M	080129	spillning
BD, Norrbotten	LS08-145	L241	M	080???	spillning
BD, Norrbotten	LS08-093	L265	F	080127	spillning
BD, Norrbotten	LS08-095	L266	M	071217	spillning
BD, Norrbotten	LS08-101	L267	M	080221	spillning
BD, Norrbotten	LS08-128	L269	F	080129	spillning
BD, Norrbotten	LS08-141	L270	F	080129	spillning
BD, Norrbotten	LS08-148	L271	M	080206	spillning
BD, Norrbotten	LS08-149	L272	F	080219	spillning
BD, Norrbotten	LS08-193	L283	M	080208	spillning
BD, Norrbotten	LS08-222	L285	M	080318	hår
BD, Norrbotten	LS08-112	L291	F	080130	spillning
BD, Norrbotten	LS08-124	L291	F	080130	spillning
BD, Norrbotten	LS08-051	negativ		080208	hår
BD, Norrbotten	LS08-052	negativ		080127	hår
BD, Norrbotten	LS08-053	negativ		080208	hår
BD, Norrbotten	LS08-054	negativ		080208	hår
BD, Norrbotten	LS08-055	negativ		080127	hår
BD, Norrbotten	LS08-058	negativ		080208	hår
BD, Norrbotten	LS08-061	negativ		080221	hår
BD, Norrbotten	LS08-087	negativ		080127	spillning
BD, Norrbotten	LS08-089	negativ		080127	spillning

BD, Norrbotten	LS08-090	negativ		080127	spillning
BD, Norrbotten	LS08-094	negativ		080127	spillning
BD, Norrbotten	LS08-098	negativ		080111	spillning
BD, Norrbotten	LS08-099	negativ		080127	spillning
BD, Norrbotten	LS08-100	negativ		080127	spillning
BD, Norrbotten	LS08-102	negativ		080127	spillning
BD, Norrbotten	LS08-103	negativ		080208	spillning
BD, Norrbotten	LS08-104	negativ		080127	spillning
BD, Norrbotten	LS08-105	negativ		080127	spillning
BD, Norrbotten	LS08-110	negativ		080127	spillning
BD, Norrbotten	LS08-111	negativ		080208	spillning
BD, Norrbotten	LS08-115	negativ		080128	spillning
BD, Norrbotten	LS08-117	negativ		080127	spillning
BD, Norrbotten	LS08-119	negativ		080127	spillning
BD, Norrbotten	LS08-120	negativ		080127	spillning
BD, Norrbotten	LS08-121	negativ		080226	spillning
BD, Norrbotten	LS08-122	negativ		080226	spillning
BD, Norrbotten	LS08-123	negativ		080129	spillning
BD, Norrbotten	LS08-125	negativ		080130	spillning
BD, Norrbotten	LS08-131	negativ		080127	spillning
BD, Norrbotten	LS08-133	negativ		080221	spillning
BD, Norrbotten	LS08-134	negativ		080208	spillning
BD, Norrbotten	LS08-135	negativ		080208	spillning
BD, Norrbotten	LS08-139	negativ		080111	spillning
BD, Norrbotten	LS08-140	negativ		080128	spillning
BD, Norrbotten	LS08-143	negativ		080220	spillning
BD, Norrbotten	LS08-144	negativ		080206	spillning
BD, Norrbotten	LS08-146	negativ		080306	spillning
BD, Norrbotten	LS08-150	negativ		080?19	spillning
BD, Norrbotten	LS08-151	negativ		080204	spillning
BD, Norrbotten	LS08-223	negativ		080318	hår
BD, Norrbotten	LS08-223	negativ		080318	hår
BD, Norrbotten	LS08-224	negativ		080318	hår
AC, Västerbotten	LS08-183	L229	F	080220	spillning
AC, Västerbotten	LS08-186	L229	F	080220	spillning
AC, Västerbotten	LS08-164	L230	F	080221	spillning
AC, Västerbotten	LS08-188	L230	F	080221	spillning
AC, Västerbotten	LS08-182	L231	F	080228	spillning
AC, Västerbotten	LS08-168	L234	F	080216	spillning
AC, Västerbotten	LS08-083	L237	M	080222	hår
AC, Västerbotten	LS08-160	L237	M	080222	spillning
AC, Västerbotten	LS08-014	L238	M	080207	spillning
AC, Västerbotten	LS08-167	L238	M	080209	spillning
AC, Västerbotten	LS08-007	L239	F	080126	spillning
AC, Västerbotten	LS08-013	L239	F	080131	spillning
AC, Västerbotten	LS08-162	L239	F	080226	spillning
AC, Västerbotten	LS08-165	L242	F	080218	spillning
AC, Västerbotten	LS08-175	L242	F	080218	spillning
AC, Västerbotten	LS08-177	L242	F	080218	spillning
AC, Västerbotten	LS08-005	L243	F	080114	spillning
AC, Västerbotten	LS08-006	L244	F	080116	spillning
AC, Västerbotten	LS08-008	L245	F	080127	spillning
AC, Västerbotten	LS08-191	L245	F	080209	spillning



AC, Västerbotten	LS08-009	L246	F	080127	spillning
AC, Västerbotten	LS08-011	L247	F	080131	spillning
AC, Västerbotten	LS08-016	L248	F	080203	spillning
AC, Västerbotten	LS08-017	L249	F	080203	spillning
AC, Västerbotten	LS08-018	L250	F	080204	spillning
AC, Västerbotten	LS08-020	L251	M	080123	spillning
AC, Västerbotten	LS08-022	L252	M	080204	spillning
AC, Västerbotten	LS08-023	L253	F	080205	spillning
AC, Västerbotten	LS08-024	L254	F	080205	spillning
AC, Västerbotten	LS08-027	L255	M	080127	hår
AC, Västerbotten	LS08-166	L274	M	080226	spillning
AC, Västerbotten	LS08-170	L275	F	080215	spillning
AC, Västerbotten	LS08-176	L276	M	080229	spillning
AC, Västerbotten	LS08-178	L277	F	080218	spillning
AC, Västerbotten	LS08-180	L278	F	080216	spillning
AC, Västerbotten	LS08-181	L279	M	080222	spillning
AC, Västerbotten	LS08-185	L280	F	080226	spillning
AC, Västerbotten	LS08-187	L281	M	080220	spillning
AC, Västerbotten	LS08-190	L282	F	080221	spillning
AC, Västerbotten	LS08-010	negativ		080131	spillning
AC, Västerbotten	LS08-012	negativ		080131	spillning
AC, Västerbotten	LS08-015	negativ		080114	spillning
AC, Västerbotten	LS08-019	negativ		080203	spillning
AC, Västerbotten	LS08-021	negativ		080206	spillning
AC, Västerbotten	LS08-025	negativ		080126	blodspår
AC, Västerbotten	LS08-026	negativ		080126	hår
AC, Västerbotten	LS08-028	negativ		080207	hår
AC, Västerbotten	LS08-029	negativ		080207	hår
AC, Västerbotten	LS08-083	negativ		080222	hår
AC, Västerbotten	LS08-084	negativ		080222	hår
AC, Västerbotten	LS08-085	negativ		080222	hår
AC, Västerbotten	LS08-161	negativ		080211	spillning
AC, Västerbotten	LS08-163	negativ		080226	spillning
AC, Västerbotten	LS08-169	negativ		080209	spillning
AC, Västerbotten	LS08-171	negativ		080226	spillning
AC, Västerbotten	LS08-172	negativ		080208	spillning
AC, Västerbotten	LS08-173	negativ		080216	spillning
AC, Västerbotten	LS08-174	negativ		080210	spillning
AC, Västerbotten	LS08-179	negativ		080211	spillning
AC, Västerbotten	LS08-184	negativ		080211	spillning
AC, Västerbotten	LS08-189	negativ		080226	spillning
Z, Jämtland	LS07-184	L18	F	070131	faeces
Z, Jämtland	LS08-038	L18	F	071218	spillning
Z, Jämtland	LS08-042	L29	F	071205	spillning
Z, Jämtland	LS08-039	L145	F	080205	spillning
Z, Jämtland	LS07-178	L196	M	070212	faeces
Z, Jämtland	LS07-176	L224	F	070122	faeces
Z, Jämtland	LS07-179	L225	F	070121	faeces
Z, Jämtland	LS07-180	L226	M	070121	faeces
Z, Jämtland	LS07-182	L227	F	070219	faeces
Z, Jämtland	LS07-183	L228	M	070131	faeces
Z, Jämtland	LS08-048	L228	M	080204	spillning
Z, Jämtland	LS08-233	L234	F	080301	spillning

Z, Jämtland	LS08-037	L257	M	080129	spillning
Z, Jämtland	LS08-040	L258	F	080205	spillning
Z, Jämtland	LS08-041	L259	F	080204	spillning
Z, Jämtland	LS08-043	L260	F	080112	spillning
Z, Jämtland	LS08-044	L261	F	080205	spillning
Z, Jämtland	LS08-045	L262	M	080121	spillning
Z, Jämtland	LS08-226	L286	M	080205	spillning
Z, Jämtland	LS08-227	L287	M	080109	spillning
Z, Jämtland	LS08-228	L288	M	080208	spillning
Z, Jämtland	LS08-232	L289	F	080217	spillning
Z, Jämtland	LS08-235	L290	M	071222	spillning
Z, Jämtland	LS08-036	negativ		071203	spillning
Z, Jämtland	LS08-046	negativ		071220	spillning
Z, Jämtland	LS08-047	negativ		071220	spillning
Z, Jämtland	LS08-049	negativ		080118	spillning
Z, Jämtland	LS08-050	negativ		080123	blodspår
Z, Jämtland	LS08-050	negativ		080123	hår
Z, Jämtland	LS08-229	negativ		080201	spillning
Z, Jämtland	LS08-230	negativ		080121	spillning
Z, Jämtland	LS08-231	negativ		080301	spillning
Z, Jämtland	LS08-234	negativ		080205	spillning
<b>Sør-Sverige</b>					
E, Östergötland	LS08-031	L133	M	080107	spillning
F, Jönköpings län	LS08-156	L188	M	080311	spillning
F, Jönköpings län	LS08-157	L188	M	080204	spillning
O, Västra Götaland	LS08-033	L221	F	071112	spillning
K, Blekinge	LS08-194	L233	M	080325	hår
K, Blekinge	LS08-213	L233	M	080417	spillning
K, Blekinge	LS08-216	L233	M	080416	hår
O, Västra Götaland	LS08-034	L256	F	080107	spillning
F, Jönköpings län	LS08-071	L264	M	080107	hår
F, Jönköpings län	LS08-159	L273	F	080108	spillning
K, Blekinge	LS08-215	L284	F	080111	hår
D, Södermanland	LS08-001	negativ		080129	faeces
D, Södermanland	LS08-002	negativ		080129	faeces
D, Södermanland	LS08-003	negativ		080129	salivspår
F, Jönköpings län	LS08-062	negativ		080212	hår
F, Jönköpings län	LS08-063	negativ		080212	hår
F, Jönköpings län	LS08-064	negativ		080212	hår
F, Jönköpings län	LS08-065	negativ		080227	hår
F, Jönköpings län	LS08-066	negativ		080227	hår
F, Jönköpings län	LS08-067	negativ		080227	hår
F, Jönköpings län	LS08-068	negativ		080304	hår
F, Jönköpings län	LS08-069	negativ		080304	hår
F, Jönköpings län	LS08-070	negativ		080304	hår
F, Jönköpings län	LS08-072	negativ		080107	hår
F, Jönköpings län	LS08-073	negativ		080107	hår
F, Jönköpings län	LS08-074	negativ		080107	hår
F, Jönköpings län	LS08-075	negativ		080107	hår
F, Jönköpings län	LS08-076	negativ		080107	hår
F, Jönköpings län	LS08-077	negativ		080311	hår
F, Jönköpings län	LS08-078	negativ		080311	hår
F, Jönköpings län	LS08-079	negativ		080311	hår

F, Jönköpings län	LS08-080	negativ	080311	hår
F, Jönköpings län	LS08-081	negativ	080311	hår
F, Jönköpings län	LS08-082	negativ	080304	hår
F, Jönköpings län	LS08-154	negativ	080313	spillning
F, Jönköpings län	LS08-155	negativ	080311	spillning
F, Jönköpings län	LS08-158	negativ	080212	spillning
F, Jönköpings län	LS08-195	negativ	080326	hår
F, Jönköpings län	LS08-196	negativ	080326	hår
F, Jönköpings län	LS08-199	negativ	080107	hår
F, Jönköpings län	LS08-200	negativ	080304	hår
F, Jönköpings län	LS08-201	negativ	080326	hår
F, Jönköpings län	LS08-202	negativ	080326	hår
F, Jönköpings län	LS08-210	negativ	080410	hår
F, Jönköpings län	LS08-211	negativ	080410	hår
H, Kalmar län	LS08-152	negativ	080219	spillning
H, Kalmar län	LS08-153	negativ	080219	spillning
K, Blekinge	LS08-197	negativ	080401	hår
K, Blekinge	LS08-198	negativ	080401	hår
K, Blekinge	LS08-214	negativ	080309	spillning
O, Västra Götaland	LS08-032	negativ	080203	spillning
O, Västra Götaland	LS08-035	negativ	080203	spillning
	LS08-084	negativ		hår
	LS08-085	negativ		hår
	LS08-086	negativ		hår



# NINA Rapport 393

ISSN:1504-3312

ISBN: 978-82-426-1958-7



## 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](http://www.nina.no)