

1762

NINA Rapport



## DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2019

Øystein Flagstad  
Oddmund Kleven  
Sten Even Erlandsen  
Merethe Hagen Spets  
Line Birkeland Eriksen  
Ida Pernille Øystese Andersskog  
Malin Johansson  
Robert Ekblom  
Hans Ellegren  
Henrik Brøseth

## **NINAs publikasjoner**

### **NINA Rapport**

Dette NINAs normale 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.

# DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2019

Øystein Flagstad  
Oddmund Kleven  
Sten Even Erlandsen  
Merethe Hagen Spets  
Line Birkeland Eriksen  
Ida Pernille Øystese Andersskog  
Malin Johansson  
Robert Ekblom  
Hans Ellegren  
Henrik Brøseth

Flagstad, Ø., Kleven, O., Erlandsen, S. E., Spets, M. H., Eriksen, L. B., Andersskog, I. P. Ø., Johansson, M., Ekblom, R., Ellegren, H. & Brøseth H. 2019. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2019. NINA Rapport 1762. Norsk institutt for naturforskning.

Trondheim, desember 2019

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-4517-3

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

KVALITETSSIKRET AV

Jenny Mattisson

ANSVARLIG SIGNATUR

Jonas Kindberg

OPPDRAGSGIVER

Miljødirektoratet

OPPDRAGSGIVERS REFERANSE

M-1587|2019

KONTAKTPERSON HOS OPPDRAGSGIVER

Susanne Hanssen

NØKKEWORD

Jerv, *Gulo gulo*, ekskrementer, DNA, bestandsstørrelse, romlig fangst-gjenfangst, overvåkingsrapport

KEY WORDS

Wolverine, *Gulo gulo*, scats, DNA, population size, spatial capture-mark-recapture, monitoring report

#### KONTAKTOPPLYSNINGER

##### **NINA hovedkontor**

Postboks 5685 Torgarden  
7485 Trondheim  
Tlf: 73 80 14 00

##### **NINA Oslo**

Gaustadalléen 21  
0349 Oslo  
Tlf: 73 80 14 00

##### **NINA Tromsø**

Postboks 6606 Langnes  
9296 Tromsø  
Tlf: 77 75 04 00

##### **NINA Lillehammer**

Vormstuguvegen 40  
2624 Lillehammer  
Tlf: 73 80 14 00

##### **NINA Bergen**

Thormøhlensgate 55  
5006 Bergen  
Tlf: 73 80 14 00

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

## Sammendrag

Flagstad, Ø., Kleven, O., Erlandsen, S. E., Spets, M. H., Eriksen, L. B., Andersskog, I. P. Ø., Johansson, M., Ekblom, R., Ellegren, H. & Brøseth H. 2019. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2019. NINA Rapport 1762. Norsk institutt for naturforskning.

Genetiske analyser er implementert som et viktig verktøy i rovviltovervåkingen i Skandinavia. I særlig grad har antallet DNA-analyser av ekskrementer økt betydelig. Siden tidlig på 2000-tallet er det gjennomført rutinemessig innsamling og påfølgende DNA-analyser over store deler av jervens utbredelsesområde i Norge og Sverige. Individbestemmelse fra DNA-profilene til de innsamlede prøvene har gitt en bedre forståelse av bestandsstørrelse, populasjonsstruktur og utveksling mellom delbestander. I denne rapporten redegjør vi for antall individer identifisert fra DNA i Norge, Sverige og Finland vinteren 2019. Nytt av året er at vi også presenterer bestandsestimater for Norge og Sverige basert på en romlig fangst-gjenfangst modell utviklet i RovQuant-prosjektet (Bischof et al. 2019).

Fra totalt 2440 fungerende prøver ble det påvist 744 individer i Norge, Sverige og Finland i 2019, Tilsvarende tall for forrige vinter var 709 påviste jerver fra 2662 prøver. Totalt var det 340 jerver som var registrert med en eller flere prøver i Norge i 2019, sammenlignet med 291 individer i 2018. Tilsvarende tall for Sverige var 415 individer i 2019 og 439 i 2018. På skandinavisk nivå i 2019 var hver av de registrerte jervene i gjennomsnitt representert med 3,3 prøver. Den geografiske representasjonen synes å være god, med 2,2 eller flere fungerende prøver per individ for de fleste regioner og län med jerveforekomst i Skandinavia. Representasjonen har vært god også de foregående årene, som gir et meget godt utgangspunkt for å kunne bruke data fra hele Skandinavia til bestandsberegning fra den romlige fangst-gjenfangst modellen.

Basert på den romlige fangst-gjenfangst modellen ble bestanden av jerv i Norge og Sverige beregnet til 1035 (95% CrI (kredibelt intervall): 985-1088) individer i 2019 sesongen, som fordeler seg med 660 (95% CrI: 619-703) individer i Sverige og 375 (95% CrI: 353-397) individer i Norge. Det er høy presisjon på anslagene med relativt liten usikkerhet, som også gjelder på rovviltregionsnivå i Norge og länsnivå i Sverige. Sammenligner man bestandsestimatene med anslagene fra ynglehitellingene er overensstemmelsen meget god. God overensstemmelse mellom de to metodiske tilnærmingene er betryggende, og tyder på at vi har meget god oversikt over bestandsstørrelse og bestandsutvikling for jervbestanden i Skandinavia.

Det er ikke bare bestandsdynamikk som kan analyseres med romlige fangst-gjenfangst modeller. Også overlevelse, rekruttering og tetthet, og eventuelle endringer i disse parametrene over tid, kan studeres nærmere. Sammen med høyere oppløsning i de genetiske analysene, bl.a. i form av langt mer presise slektskapsanalyser, kan vi i enda større grad enn tidligere analysere og forstå detaljer i jervens bestandsdynamikk, reproduksjonsbiologi og vandringsadferd.

Øystein Flagstad, Oddmund Kleven, Sten Even Erlandsen, Merethe Hagen Spets, Line Birke-land Eriksen, Ida Pernille Øystese Andersskog og Henrik Brøseth. Norsk institutt for naturforskning, Postboks 5685 Torgarden, 7485 Trondheim. [oystein.flagstad@nina.no](mailto:oystein.flagstad@nina.no)

Malin Johansson, Robert Ekblom og Hans Ellegren, Evolutionsbiologiskt center, Uppsala Universitet, Norbyvägen 18D, 752 36 Uppsala. [hans.ellegren@ebc.uu.se](mailto:hans.ellegren@ebc.uu.se)

## Abstract

Flagstad, Ø., Kleven, O., Spets, M. H., Eriksen, L. B., Andersskog, I. P. Ø., Johansson, M., Ekblom, R., Ellegren, H. & Brøseth H. 2019. DNA-based monitoring of the Scandinavian wolverine population 2019. NINA Report 1762. Norwegian Institute for Nature Research.

Genetic analysis is implemented as an important tool in the monitoring of large carnivores in Scandinavia, where DNA analyses of scats are extensively used. Over the last decade, wolverine scats have been routinely collected and analysed over large parts of the distribution range in Norway and Sweden. Identification of individuals from DNA profiles of the collected samples has provided an increased understanding of population size, reproduction, population structure, and immigration. Here, we report the number of individuals identified in Norway, Sweden and Finland during winter 2019. We also present population size estimates for Norway and Sweden based on a spatial capture-mark-recapture model developed by the RovQuant-project (Bischof et al. 2019).

From a total of 2440 DNA samples of sufficient genotyping quality we identified 744 wolverines in Norway, Sweden, and Finland in 2019. The corresponding figure from last winter was 709 DNA-identified individuals from 2662 samples. In total, 340 wolverines was registered with one or more samples in Norway in 2019, compared to 291 individuals in 2018. The corresponding figure from Sweden was 415 individuals in 2019 and 439 in 2018. At the Scandinavian level, each of the registered wolverines were represented with an average of 3.3 samples. The geographic representation was also relatively good, with 2.2 samples pr. individual for most regions with wolverine presence in Scandinavia. The representation has also been good over the last few years, providing an excellent basis for estimating population size in Scandinavia from the spatial capture-mark-recapture modelling.

Based on the spatial capture-mark-recapture modelling approach, the Scandinavian wolverine population was estimated to 1035 (95% CrI (credible interval): 985-1088) individuals in 2019, with a distribution of 660 (95% CrI: 619-703) wolverines in Sweden and 375 (95% CrI: 353-397) wolverines in Norway. The estimates are precise with relative narrow credible intervals, which also holds at the regional level in Norway and Sweden. These population size estimates correspond very well to the figures from the number of active natal dens. Good agreement between the two methodological approaches is satisfactory, implying that we have robust evidence on the population size and – dynamics in the Scandinavian wolverine population.

In addition to population size estimation, the spatial capture-mark-recapture modelling approach allows detailed analysis of density, survival and recruitment. Together with higher resolution of the genetic analyses, e.g., more precise relatedness analysis, we will presumably be able to analyze and understand in more detail the population dynamics, reproductive biology and dispersal behavior of the Scandinavian wolverine population.

Øystein Flagstad, Oddmund Kleven, Sten Even Erlandsen, Merethe Hagen Spets, Line Birke-land Eriksen, Bente Uhre Halvorsen, Ida Pernille Øystese Andersskog, Elisa Keeling Hemphill and Henrik Brøseth. Norwegian Institute for Nature Research, PO Box 5685 Torgarden, 7485 Trondheim. [oystein.flagstad@nina.no](mailto:oystein.flagstad@nina.no)

Malin Johansson, Robert Ekblom and Hans Ellegren, Department of Evolutionary Biology, Evolutionary Biology Centre, Uppsala University, Norbyvägen 18D, 75236 Uppsala. [hans.ellegren@ebc.uu.se](mailto:hans.ellegren@ebc.uu.se)

# Innhold

<b>Sammendrag .....</b>	<b>3</b>
<b>Abstract .....</b>	<b>4</b>
<b>Innhold .....</b>	<b>5</b>
<b>Forord .....</b>	<b>6</b>
<b>1 Innledning.....</b>	<b>7</b>
<b>2 Materiale og metoder .....</b>	<b>8</b>
2.1 Innsamling av materiale og laboratoriearbeid .....	8
2.2 Bestandsestimering .....	8
<b>3 Resultater .....</b>	<b>9</b>
3.1 Analyserte prøver i Norge, Sverige og Finland .....	9
3.2 Antall identifiserte individer i Norge, Sverige og Finland.....	9
3.3 Fordeling av individer i regioner og l��n .....	13
3.4 Bestandsestimering .....	14
3.5 Vevspr��ver av d��de jerver .....	16
<b>4 Diskusjon.....</b>	<b>17</b>
<b>5 Referanser .....</b>	<b>18</b>
<b>Vedlegg 1 .....</b>	<b>19</b>
<b>Vedlegg 2 .....</b>	<b>22</b>

## Forord

Denne rapporten oppsummerer den DNA-baserte overvåkingen av jerv i Skandinavia vinteren 2019. Vi vil benytte anledningen til å takke alle som har bidratt i innsamlingen av ekskrement-, og hårmateriale i Norge, Sverige og Finland. Et stort antall personer har vært engasjert i milevise sporinger av jerv for å skaffe til veie grunnlagsmaterialet for DNA-analysene. Uten deres iherdige innsats hadde ikke dette ambisiøse overvåkingsopplegget latt seg gjennomføre.

Trondheim, desember 2019

Øystein Flagstad



# 1 Innledning

Den skandinaviske jervebestanden er gjennom ynglereregistreringer i 2017 - 2019 estimert til 1010 voksne individer (Höglund m. fl. 2019). Omfattende overvåking av populasjonen er nødvendig for å kunne følge bestandsutviklingen. Jerven er en art med store arealkrav og kombinert med ustabile værforhold fører dette til at en effektiv bestandsregistrering og -overvåking kan være utfordrende. Tradisjonelle tilnærminger som sporing og registrering av ynglehi har gitt verdifull kunnskap om reproduksjon og bestandsstørrelse. Etterhvert har også DNA-analyser blitt en viktig del av jerveovervåkingen (Hedmark m. fl. 2004; Flagstad m. fl. 2005). Individidentifisering basert på DNA-profiler fra ekskrementer og hår har gitt en alternativ metode for estimering av bestandsstørrelse (Flagstad m. fl. 2004, 2008). DNA-analysene gir også kunnskap om enkeltindivider og deres rolle i bestanden, hvorvidt de er etablerte, reproduserende individer eller om de er ungjerver på vandring.

Utviklingen av en DNA-basert overvåkingsmetodikk for den skandinaviske jervebestanden ble initiert i år 2000. Det første året ble det samlet inn materiale hovedsakelig i Lesja kommune, mens det fra våren 2001 ble iverksatt rutinemessig innsamling over hele jervens utbredelsesområde i Sør-Norge (til fylkesgrensen mellom Sør- og Nord-Trøndelag, unntatt Fosen). I 2002 ble innsamlingsområdet utvidet til også å innbefatte Nord-Trøndelag, Jämtland og Dalarna. Også i Västerbotten og Norrbotten har det vært samlet inn jervekskrementer siden 2002. De første årene først og fremst på ynglelokaliteter som et ledd i kartlegging av antall ynglinger, mens det de siste årene har vært økt fokus på heldekkende innsamling også i Nord-Sverige. Fra 2007 er det samlet inn materiale også fra de tre nordligste fylkene i Norge (Flagstad m. fl. 2008).

I denne rapporten oppsummerer vi resultatene av DNA-analysene knyttet til overvåkingen av den skandinaviske jervebestanden i 2019. Vi rapporterer antall identifiserte individer i Norge, Sverige og Finland, både på landsbasis og i de ulike forvaltningsregionene for rovvilt, og peker på hovedmønstre i bestandsutviklingen. Nytt av året er at vi også presenterer bestandsestimater basert på en romlig fangst-gjenfangst modell for Norge og Sverige (Bischof m. fl. 2019).

## 2 Materiale og metoder

### 2.1 Innsamling av materiale og laboratoriearbeid

Innsamlingen av materialet i Norge har på regionalt nivå vært administrert av regionalt ansvarlige i Statens naturoppsyn (SNO). Det praktiske arbeidet har blitt delegert til lokalt nivå, hvor bl.a. SNO, Fjellstyrer, Bygdeallmenninger, lokale rovviltkontakter og privatpersoner har vært det utøvende leddet i overvåkingen. I Sverige har innsamlingen vært administrert av Länsstyrelsen på regionalt nivå. Det praktiske arbeidet har blitt utført av Naturbevakare i Länsstyrelsen.

DNA ble isolert med en ekstraksjonsrobot (Maxwell, Promega, Fitchburg, Wisconsin), og prøvene ble individ- og kjønnsbestemt fra SNP-genotyping på en Fluidigm plattform (Fluidigm Corporation, San Francisco, USA). Her benyttes en såkalt SNP-chip bestående av 96 genetiske markører, inklusive kjønnsmarkører. Det svenske materialet kjøres med SNP-chip som beskrevet i Ekblom m. fl. (2018), mens det norske og finske materialet kjøres med en nyutviklet SNP-chip, som i større grad tar høyde for genetisk struktur i Fennoscandia. Prøver som gir identiske eller nær identiske (>95 %) DNA-profiler klassifiseres som samme individ. En slik statistisk robust tilnærming er mulig takket være det store antallet markører. Samtidig sikrer genotyping på tvers av 96 markører høy presisjon i slektskapsanalyser og analyser av populasjonsstruktur. Etter endt individbestemmelse blir nye individer også kjørt med 19 mikrosatelitt-markører, (Gg7, Tt4 (Davis & Strobeck 1998), Ggu10, Gg14, Ggu25, Gg42, Gg443, Gg452, Gg454, Gg465, Gg470, Gg471 (Walker m. fl. 2001), Gg216, Gg234, Gg101B (Duffy m. fl. 1998), Mvis072, Mvis075 (Fleming m. fl. 1999), Mvis057 (O'Connell m. fl. 1996) og Lut604 (Dallas & Piertney 1998)). Dette for at dataene skal bli sammenlignbare på tvers av de to SNP-chipene.

DNA-isolater fra ekskrementer kan være av dårlig kvalitet, og det er derfor viktig å repetere analysene tilstrekkelig mange ganger for å minimere antall feil i de endelige DNA-profilene. Basert på resultatene fra en pilotstudie (Hedmark m. fl. 2004) baseres konklusjonene fra mikrosatelitte-analysene på tre uavhengige replikater pr. prøve og markør. For å sikre at det kun er prøver av tilstrekkelig god kvalitet som blir individ- og kjønnsbestemt, bruker vi for mikrosatelittene en kombinasjon av forhåndsdefinerte kriterier for godkjenning av genotyper (Hedmark m. fl. 2004), og objektiv bestemmelse av prøvens kvalitet i form av en kvalitetsindex (Miquel m. fl. 2006). SNP-genotyping er noe mindre sensitiv til genotypingsfeil, og testing har vist at det holder med to uavhengige replikater pr. prøve og markør for å luke ut prøver av dårlig kvalitet. Basert på en pilotstudie, ekskluderes prøver der mer enn 20 % av markørene ikke fungerer, og/eller der forekomsten av genotypingsfeil er større enn 3,5 % (Ekblom m. fl. 2018).

### 2.2 Bestandsestimering

Det å samle inn DNA-prøver i felt kan i prinsippet sees på som en form for fangst-gjenfangst. Det er to mulige utfall for hver gang man samler inn en ny DNA-prøve. Den nye prøven kan representere et individ som allerede er funnet tidligere eller den kan representere et nytt individ. Når og hvor de ulike individene påvises, sammen med informasjon fra døde jerver brukes til å beregne hvor stor jervebestanden er i ulike deler av Norge og Sverige. Åpne romlige fangst-gjenfangst modellene beregner også hvor mange jerver som ikke har blitt påvist gjennom DNA-innsamlingen, og legger disse til i opptellingen av det totale antallet jerver. Disse modellene estimerer ikke bare antallet jerver i bestanden, men de beregner også den romlige fordelingen av dem slik at man får tetthetskart som viser forskjellene i jervetetthet innenfor bestanden. For mer detaljert informasjon om de åpne romlige fangst-gjenfangst modellene og beregningene som er gjort med basis i DNA-prøvene på jerv henvises det til sluttrapporten fra RovQvant-prosjektet (Bischof m. fl. 2019).

## 3 Resultater

### 3.1 Analyserte prøver i Norge, Sverige og Finland

Totalt 3448 prøver som var samlet inn i 2019 i Norge, Sverige og Finland, ble analysert ved DNA-laboratoriene på NINA og ved Uppsala Universitet (**Tabell 1**). Av disse var 2440 prøver av god nok kvalitet til å kunne individbestemmes, som gir en meget høy gjennomsnittlig suksessrate på 71 % (**Tabell 1**; **Figur 1**). I Sverige er suksessraten til dels betydelig høyere enn tidligere etter overgangen fra mikrosatelitter til SNP-genotyping. Testing har vist at både mikrosatelitt- og SNP-genotyping fungerer utmerket for ekskrement-, urin- og hårprøver av god kvalitet, mens SNP-genotypingen framstår som en mer robust metodikk for prøver av litt dårligere kvalitet.

**Tabell 1** Oversikt over prøvematerialet vinteren 2019. Antall fungerende og ikke-fungerende prøver, dvs. prøver med og uten vellykket individbestemmelse, blant verifiserte jervekskrementer og -hår, samlet inn i Norge, Sverige og Finland.

	Norge 2019	Sverige 2019	Finland 2019	Totalt
<b>Fungerende</b>	1321	1106	13	2440
<b>Ikke-fungerende</b>	598	390	20	1008
<b>Sum*</b>	1919	1496	33	3448
<b>Suksessrate</b>	69 %	74 %	39 %	71 %

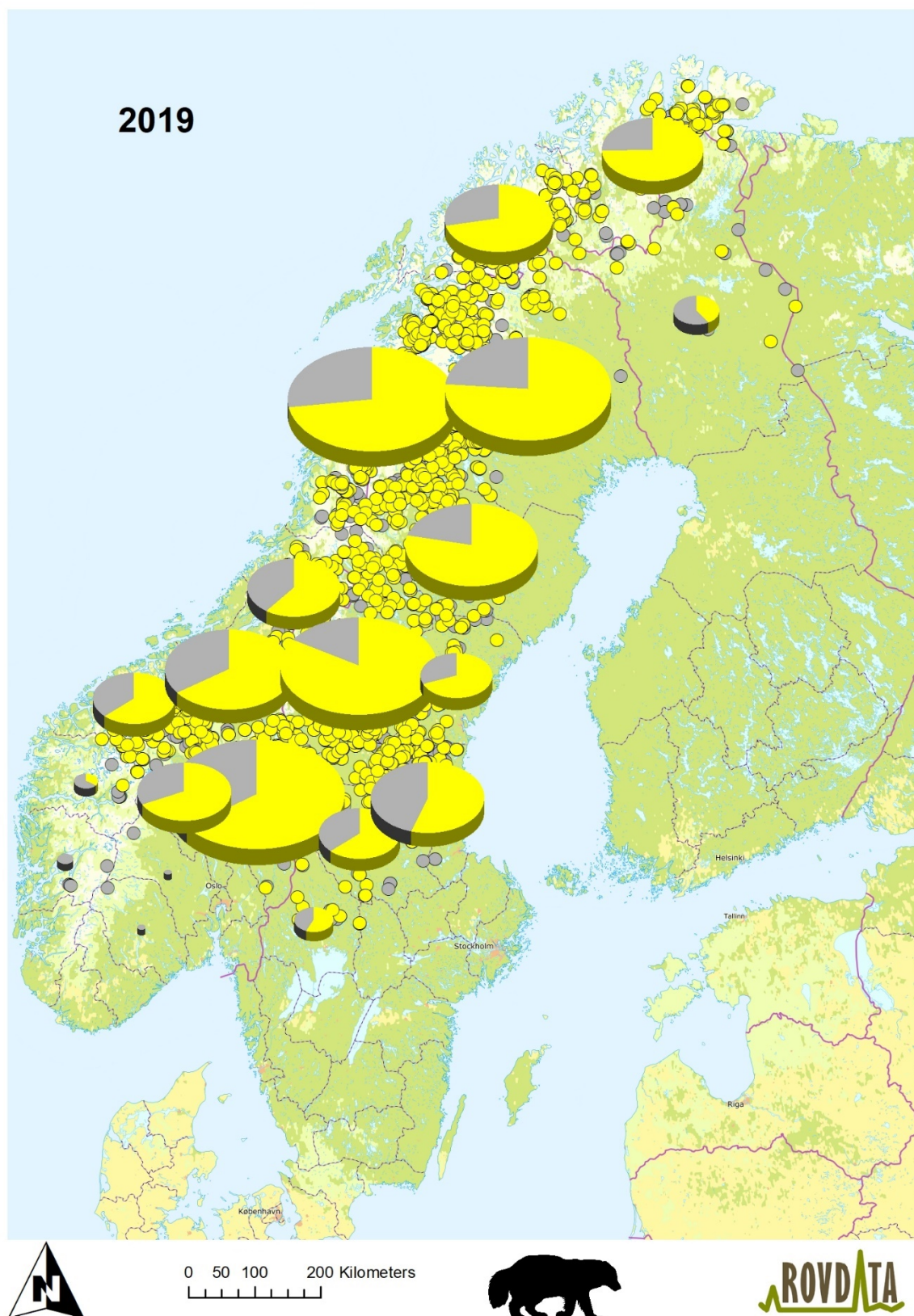
\*Prøver som ble samlet inn i forbindelse med barmarkskontroller og på kjente hilokaliteter er ikke inkludert i denne sammenstillingen.

### 3.2 Antall identifiserte individer i Norge, Sverige og Finland

Antall individer påvist fra DNA i Norge, Sverige og Finland vinteren 2018 og 2019 er angitt i **Tabell 2**. Totalt 744 individer ble påvist i 2019, hvorav 21 var delt mellom Norge og Sverige og to individer var delt mellom Norge og Finland. Tilsvarende tall for forrige vinter var 709 påviste individer, hvorav 31 var delt mellom Norge og Sverige og en var delt mellom Norge og Finland. Totalt var det 340 jerver som var registrert med en eller flere prøver i Norge i 2019, sammenlignet med 291 individer i 2018. Tilsvarende tall for Sverige var 415 individer i 2019 og 439 i 2018.

**Tabell 2** Antall individer identifisert fra DNA i Norge, Sverige og Finland i 2018 og 2019, angitt både i form av antall individer som har sitt geografiske midtpunkt i hvert av de tre landene og hvor mange av dem som kun er registrert i ett land eller delt mellom flere land. N = antall fungerende prøver som lot seg individbestemme.

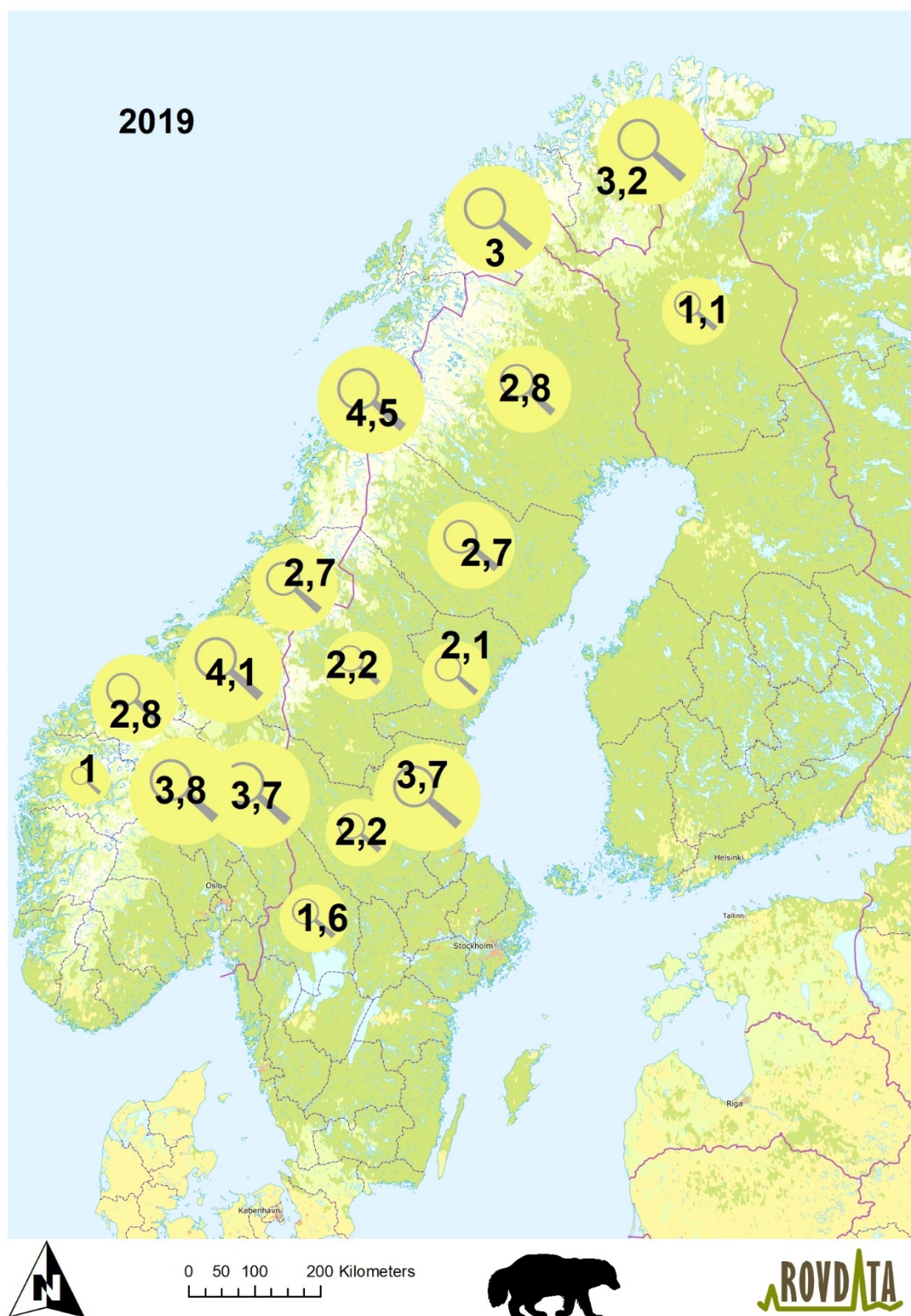
	2018				2019			
Land	N	Midtpkt	Egne	Delt	N	Midtpkt	Egne	Delt
<b>Norge</b>	1196	277	259	32	1321	333	317	23
<b>Sverige</b>	1443	422	408	31	1106	401	394	21
<b>Finland</b>	23	10	10	1	13	10	10	2
<b>Fennoskandia</b>	2662	709	677	32	2440	744	721	23



**Figur 1** Geografisk fordeling av de 3448 analyserte prøvene som ble samlet inn i Norge, Sverige og Finland vinteren 2019. Gul = fungerende, grå = ikke-fungerende. Størrelsen på kakediagrammene reflekterer prøvevolumet i de ulike områdene.

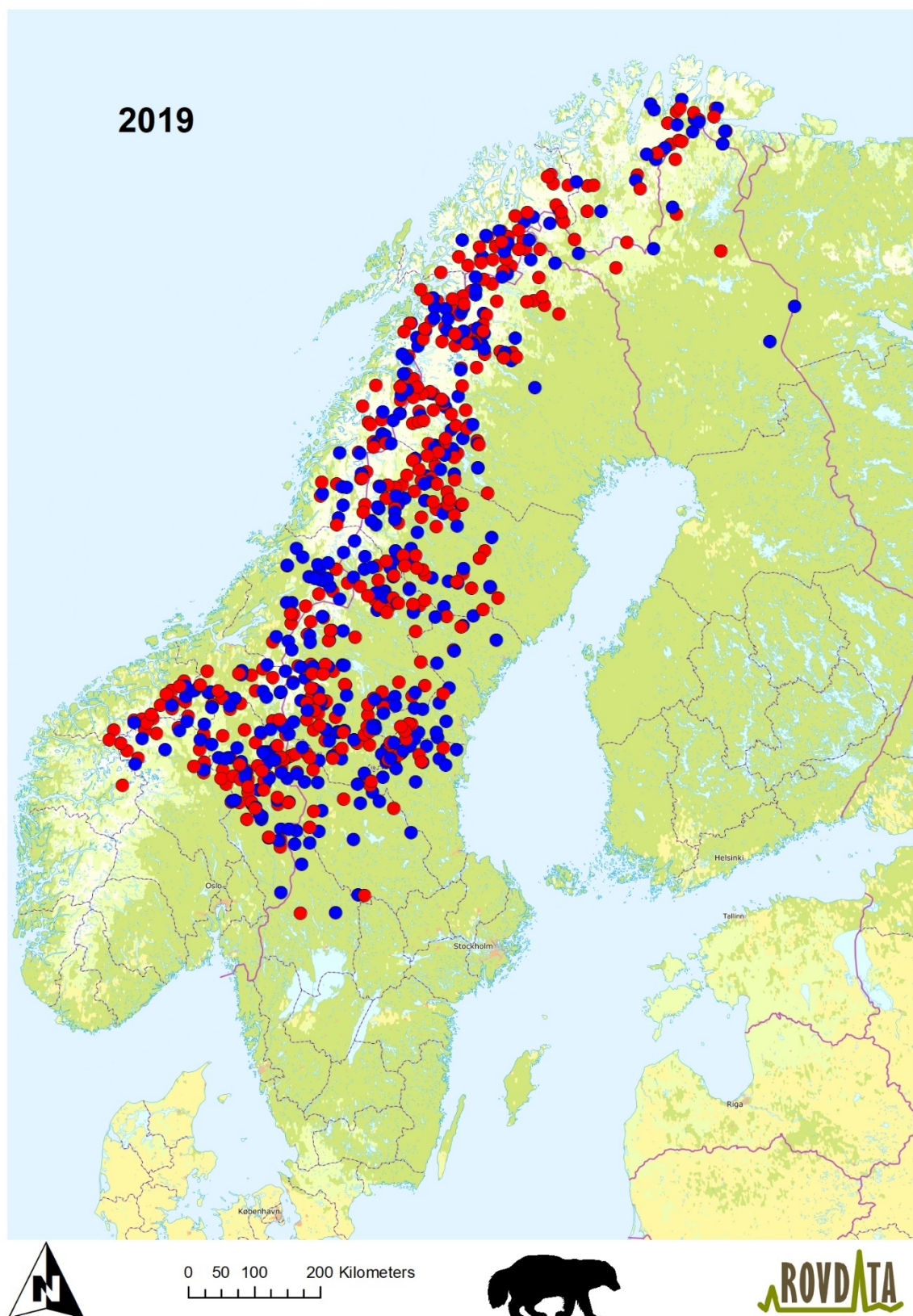


Med 744 identifiserte individer fordelt på 2440 fungerende prøver, er hvert individ i gjennomsnitt representert med 3,3 prøver. Antall prøver per individ varierte mellom områder, og var høyest i Nordland med 4,5 prøver per individ og lavest i Värmland med 1,6 prøver per individ (Finland og fylker med mindre enn 5 påviste individer er unntatt). De fleste områder hadde 2,2 eller flere fungerende prøver per individ (**Figur 2**).



**Figur 2** Gjennomsnittlig antall prøver per registrerte jerv-individ fordelt på geografiske områder.

I tråd med resultatene fra tidligere år ble flere tisper enn hanner identifisert både i Norge og Sverige (55 % tisper vs. 45 % hanner; **Figur 3**). Den skjeve kjønnsfordelingen var sterkest i Norge med bare 43 % hanner sammenlignet med 47 % hanner påvist fra DNA i Sverige.



**Figur 3** Alle jerver som ble identifisert fra prøveinnsamlingen i Fennoskandia vinteren 2019, representert med sine respektive midtpunkter. Rød = tisper. Blå = hann.



**Tabell 3** Antall identifiserte individer fra DNA-analysene i 2018 og 2019. Tabellen viser både antall individer som har sitt geografiske midtpunkt i den enkelte region og län og hvor mange av disse som kun er registrert i en enkelt region eller län (Egne) eller delt mellom flere regioner og/eller län (Delt). N = antall fungerende prøver som lot seg individbestemme.

Region-Län	2018				2019			
	N	Midtpkt	Egne	Delt	N	Midtpkt	Egne	Delt
Region 8	222	75	70	7	253	78	75	5
Region 7	398	56	43	24	321	69	61	11
Region 6	191	71	64	12	325	86	74	17
Region 5	260	52	50	11	324	75	71	18
Region 4	0	0	0	0	0	0	0	0
Region 3	98	20	11	12	95	24	17	7
Region 2	0	0	0	0	0	0	0	0
Region 1	27	3	3	2	3	1	1	2
Norrbottn	639	143	134	22	327	107	103	12
Västerbotten	171	58	52	10	213	76	73	6
Jämtland	354	141	133	9	315	136	130	11
Västernorrland	69	24	24	10	57	23	23	4
Gävleborg	42	10	9	1	113	27	25	4
Dalarna	142	38	36	3	67	25	20	10
Värmland	23	7	7	1	14	7	6	3
Örebro	3	1	1	0	0	0	0	0

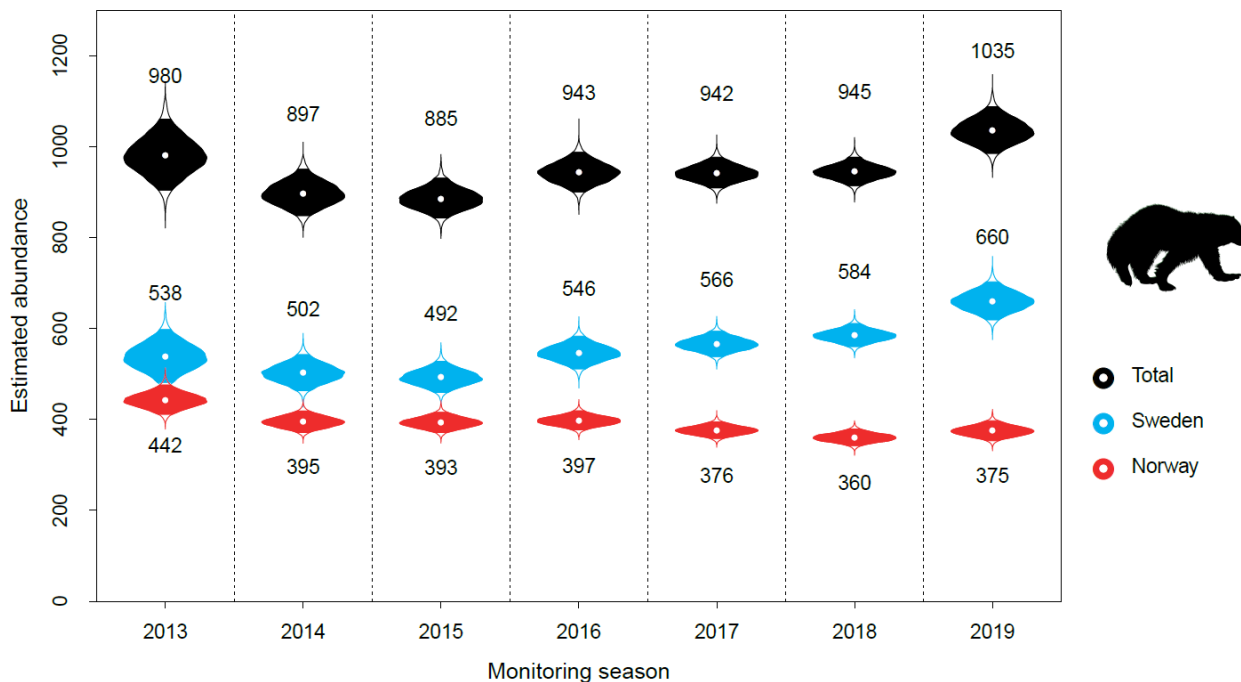
### 3.3 Fordeling av individer i regioner og län

I **Tabell 3** har vi angitt antall individer påvist fra DNA i Skandinavia og hvordan de fordeler seg geografisk mellom de ulike rovviltregionene og länen. På norsk side er det generelt en økende trend, der spesielt regionene 5 og 6 får et ikke ubetydelig påslag i antall jerver. Som oftest er det en sterk sammenheng mellom antall fungerende prøver og antall identifiserte individer, simpelt-hen fordi man identifiserer en stadig økende andel av bestanden. Nettopp en slik sammenheng er tydelig i region 5 og 6. I region 3 og 8 er det ingen store utslag i verken antall påviste individer eller prøvevolum, mens region 7 har en svak økning i antall identifiserte individer til tross for et ikke ubetydelig redusert prøvevolum. I Västerbotten og Gävleborg økte både prøvevolumet og antall påviste individer, mens det i Dalarna og Norrbotten ble samlet inn færre prøver og påvist færre individer. I de resterende länen er det kun små endringer fra 2018 til 2019.

### 3.4 Bestandsestimering

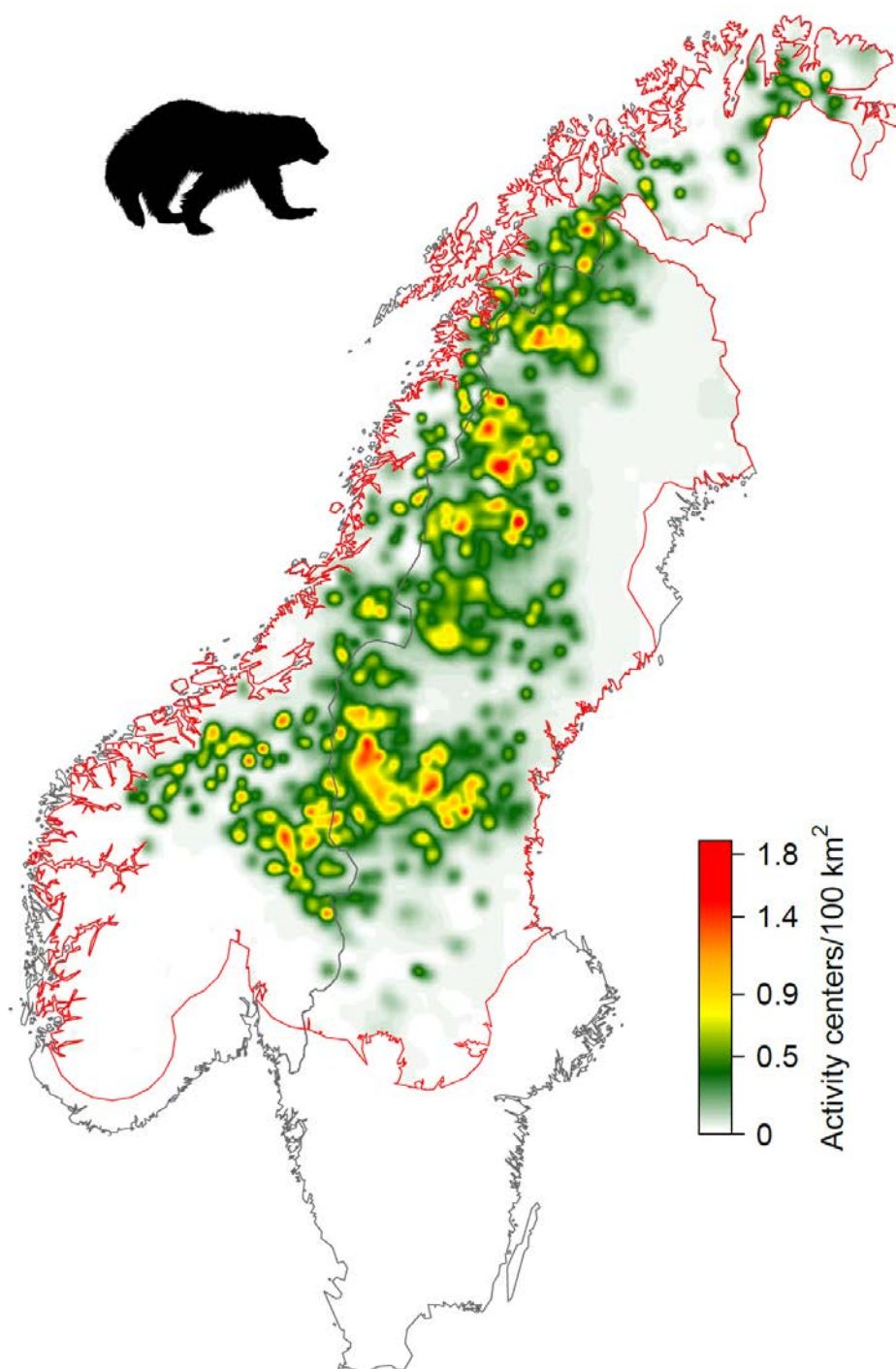
Basert på den romlige fangst-gjenfangst modellen beregnes bestanden av jerv i Norge og Sverige til 1035 (95% CrI: 985-1088) individer i 2019 sesongen (Bischof m. fl. 2019). Disse fordeler seg med 660 (95% CrI: 619-703) individer i Sverige og 375 (95% CrI: 353-397) individer i Norge (**Figur 4**). De siste sju årene har totalbestanden i Skandinavia anslagsvis variert mellom 885 på det laveste i 2015 til 1035 i 2019, som det hittil høyeste tallet. Populasjonstrenden har vært økende de siste fem årene i Sverige fra 492 jerver i 2015 til 660 i 2019. I Norge har det i samme periode vært en relativt stabil bestand (**Figur 4**).

Kart som viser tettheten av jerv i ulike deler av Skandinavia i 2019 er vist i **Figur 5**, mens de tilhørende bestandsestimatene for ulike rovviltregioner og län i Skandinavia er vist i **Tabell 4**. I Norge ligger bestandsestimatene for de fleste rovviltregionene noe høyere (12-16 %) enn antall jerver som har sitt midtpunkt i de respektive regionene. Nordland er unntaket, der bestandsestimatet er lavere enn antall jerver med midtpunkt i fylket. Det siste reflekterer fylkets lange grense mot Sverige, og at en god del av jervene som identifiseres i fylket også bruker områder i nabolandet. I Sverige er bestandsestimatet for mange av länen en god del høyere (50-80 %) enn antall jerver med midtpunkt i länet.



**Figur 4** Bestandsutvikling og bestandsestimater for jervpopulasjonen i Skandinavia i perioden 2013 – 2019 basert på en åpen romlig fangst-gjenfangst modellering med data fra DNA-materialet på jerv (fra Bischof m. fl. 2019).





**Figur 5** Kart som viser tettheten av jerv i ulike deler av Skandinavia basert på en åpen romlig fangst-gjenfangst modellering med data fra DNA-materialet fra prøveinnsamlingen sesongen 2019 (fra Bischof m. fl. 2019).

**Tabell 4** Bestandsberegninger fra romlige fangst-gjenfangst analyser av DNA-materialet i 2019. Tabellen viser det estimerte antallet individer i ulike rovviltregioner/län og land, samt for hele Skandinavia. Tallene i parentes angir usikkerheten i estimatene i form av 95% usikkerhetsintervall, CrI (fra Bischof m. fl. 2019).

Region-Län	2019	
Region 8	90,4	(80-102)
Region 7	62,4	(54-71)
Region 6	97,6	(87-109)
Region 5	87,3	(79-96)
Region 4	0,9	(0-3)
Region 3	27,3	(22-33)
Region 2	2,8	(0-6)
Region 1	6,0	(2-11)
<b>Norge</b>	<b>374,7</b>	<b>(353-397)</b>
Norrbotten	194,4	(175-215)
Västerbotten	133,5	(117-151)
Jämtland	211,3	(192-231)
Västernorrland	35,5	(28-43)
Gävleborg	33,0	(27-40)
Dalarna	41,6	(34-50)
Värmland	8,4	(4-13)
Örebro	1,5	(0-4)
Västmanland	0,6	(0-2)
Södermanland	0,0	(0-1)
Västra Götaland	0,2	(0-1)
<b>Sverige</b>	<b>660,1</b>	<b>(619-703)</b>
<b>Skandinavia</b>	<b>1034,8</b>	<b>(985-1088)</b>

### 3.5 Vevsprøver av døde jerver

Totalt 101 jerver ble felt eller funnet døde i Norge i perioden 01.06.2018 – 31.05.2019 (**Vedlegg 1**). Alle 98 analyserte prøver fikk en fullstendig DNA-profil. Tre jerver ble det ikke mottatt prøve fra. Som tidligere var de aller fleste av de yngste jervene ikke kjent fra ekskrementmaterialet (kun 2 av 36 aldersbestemte null- og ettåringer). Derimot var en stor andel av de døde jervene som var aldersbestemt til 2 år eller eldre kjent fra før i ekskrementmaterialet (32 av 39; 82 %), også i tråd med tidligere resultater. Blant de som ikke var plukket opp fra tidligere DNA-analyser var det ei jervtispe som var aldersbestemt til 5 år. Det er svært sjelden at såpass gamle dyr ikke er kjent fra før. Tispa ble felt i skogsområdene i Åsnes kommune, der det så langt har vært en relativt begrensa DNA-innsamling, som kan være med å forklare hvorfor denne tispas tilsynelatende har holdt til i området i flere år uten å bli påvist fra DNA. Av jervene som foreløpig ikke var aldersbestemt var 43 % (10/23) kjent fra ekskrementmaterialet.

I samme periode (01.06.2018 – 31.05.2019) ble det registrert 10 døde jerver i Sverige (**Vedlegg 2**). Av de ti døde jervene, var kun to (20 %) kjent fra før. Dette er lavere enn de to foregående årene (55 % samlet), men stemmer overens med at færre jerver er identifisert fra DNA-analysene sammenliknet med bestandsberegningene fra fangst-gjenfangst analysene. Tre av de åtte som ikke var kjent var aldersbestemt til 0 år, og det er mulig at noen av de resterende også var unge jerver.

## 4 Diskusjon

Vi har gjennom flere år jobbet med en realistisk modell for bestandsestimering fra DNA i en åpen bestand, dvs. der jerven beveger seg fritt over administrative grenser, det være seg mellom land eller regioner. Etter anbefaling fra fagrådet for det Nasjonale overvåkingsprogrammet, har man de siste årene jobbet med å kombinere romlige og tidsmessige aspekter i modellen. I en slik utvidet modell har man kunnet fokusere både på de ulike individenes områdebruk for å ta høyde for grenseproblematikken på en tilfredsstillende måte samtidig som fangsthistorikken, dvs. hvorvidt et individ er kjent fra før, har bidratt til å redusere modellens sårbarhet for mellomårsvariasjon i antall innsamlede og fungerende prøver. Dette arbeidet har vært formalisert i prosjektet RovQuant (Bischof m. fl. 2019) med målsettingen om å levere presise bestandsdata i form av bestandsstørrelse, overlevelse og rekruttering for alle tre arter (jerv, ulv, bjørn) der DNA-innsamling utgjør en vesentlig del av overvåkingsmetodikken. Etter å ha presentert minimum bestandsstørrelse fra DNA (dvs. antall DNA-registrerte individer) i mange år, kan vi i 2019 endelig for første gang estimere den faktiske bestandsstørrelsen for skandinavisk jerv; både for Skandinavia som helhet, og innenfor de respektive land, regioner og län.

Den nyutviklede fangst-gjenfangst modellen beregnet bestanden av jerv i Norge og Sverige til 1035 (95% CrI: 985-1088) individer i 2019 sesongen, som fordeler seg med 660 (95% CrI: 619-703) individer i Sverige og 375 (95% CrI: 353-397) individer i Norge. Det er høy presisjon på anslagene med relativt liten usikkerhet, som også gjelder på rovviltregionsnivå i Norge og länsnivå i Sverige. Sammenligner man bestandsberegningene fra DNA-overvåkingen med tallene fra ynglehitellingene er overensstemmelsen meget god. Både ynglehitellingene og den romlige fangst-gjenfangst modellen peker på en økende bestand både i Skandinavia og i Sverige de siste årene. I Norge er tendensen motsatt, med en svakt synkende bestandsstørrelse i samme periode. Ser man på bestandsberegningene fra de to metodiske tilnærmingene er tallene i Sverige så å si identiske de siste årene (jmf. Höglund m. fl. 2019), da det har vært heldekkende innsamling av DNA. I Norge tenderer beregningene fra fangst-gjenfangst modellen å ligge noe høyere (ca. 10 %) enn anslagene fra ynglehiregistreringene (jmf. Höglund m. fl. 2019). Den meget gode overensstemmelsen mellom de to metodiske tilnærmingene er betryggende, og tyder på at vi har meget god oversikt over bestandsstørrelse og bestandsutvikling i Skandinavia.

På skandinavisk nivå i 2019 var hver av de registrerte jervene i gjennomsnitt representert med 3,3 prøver. Den geografiske representasjonen synes å være god, med 2,2 eller flere fungerende prøver per individ for de fleste regioner og län med jerveforekomst i Skandinavia. Representasjonen har vært god også de foregående årene, som har gitt et meget utgangspunkt for å kunne bruke data fra hele Skandinavia til bestandsanslaget fra den nyutviklede romlige fangst-gjenfangst modellen.

Det er ikke bare bestandsdynamikk som kan analyseres fra modellene som er brukt innenfor RovQuants rammeverk. Også overlevelse, rekruttering og tetthet, og eventuelle endringer i disse parametrene over tid, kan studeres nærmere. Sammen med høyere oppløsning i de genetiske analysene fra de nyutviklede SNP-chipene, bl.a. i form av langt mer presise slektskapsanalyser, kan vi i enda større grad enn tidligere analysere og forstå detaljer i jervens bestandsdynamikk, reproduksjonsbiologi og vandringsadferd.

## 5 Referanser

- Bischof, R., Milleret, C., Dupont, P., Chipperfield, J., Brøseth, H. & Kindberg, J. 2019. RovQuant: Estimating density, abundance and population dynamics of bears, wolverines, and wolfs in Scandinavia. MINA fagrapport 63.
- Dallas, J. F. & Piertney, S. B. 1998. Microsatellite primers for the Eurasian otter. *Molecular Ecology* 7 (9): 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 (12): 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 (1): 63-63.
- Eklom, R., Brechlin, B., Persson, J., Smeds, L., Johansson, M., Magnusson, J., Flagstad, Ø. & Ellegren, H. 2018. Genome sequencing and conservation genomics in the Scandinavian wolverine (*Gulo gulo*) population. *Conservation Biology* 32 (6): 1301-1312.
- Flagstad, Ø., Hedmark, E., Landa, A., Brøseth, H., Persson, J., Andersen, R., Segerström, P. and Ellegren, H. 2004. Colonization history and noninvasive monitoring of a re-established wolverine population. *Conservation Biology* 18 (3): 676-688.
- Flagstad, Ø., Brøseth, H., Wärdig, C., Johansson, M. & Ellegren, H. 2005. Populasjonsovervåking av jerv i Skandinavia ved hjelp av DNA-analyse fra ekskrementer. NINA Rapport 41. Norsk institutt for naturforskning.
- Flagstad, Ø., Brøseth, H., Johansson, M., Wärdig, C. & Ellegren, H. 2008. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervbestanden 2000-2007. NINA Rapport 369. Norsk institutt for naturforskning.
- Flagstad, Ø., Tovmo, M., Balstad, T., Johansson, M., Syslak, L., Eriksen, L. B., Hagen, M., Søgaaard, C. D., Ellegren, H. & Brøseth, H. 2012. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervbestanden 2008-2011. NINA Rapport 843. Norsk institutt for naturforskning.
- Fleming, M. A., Ostrander, E. A. & Cook, J. A. 1999. Microsatellite markers for American mink (*Mustela vison*) and ermine (*Mustela erminea*). *Molecular Ecology* 8 (8): 1352-1354.
- Hedmark, E., Flagstad, Ø., Segerström, P., Persson, J., Landa, A.M. & Ellegren, H. 2004. DNA-based individual and sex identification from wolverine (*Gulo gulo*) faeces and urine. *Conservation Genetics* 5 (3): 405-410.
- Höglund, L., Mattisson, J. & Tovmo, M. 2019. Bestandsovervåking av jerv i 2019. Inventering av jerv 2019. Bestandsstatus for store rovdyr i Skandinavia. Bestandsstatus för stora rovdjur i Skandinavien. 3-2019.
- Miquel, C., Bellemain, E., Poillot, C., Bessiere, J., Durand, A., & Taberlet, P. 2006. Quality indexes to assess the reliability of genotypes in studies using noninvasive sampling and multiple-tube approach. *Molecular Ecology Notes* 6 (4): 985-988.
- 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 (2): 311-312.
- Walker, C. W., Vila, C., Landa, A., Linden, M. & Ellegren, H. 2001. Genetic variation and population structure in Scandinavian wolverine (*Gulo gulo*) populations. *Molecular Ecology* 10 (1): 53-65.

## Vedlegg 1

Oversikt over jerv registrert død i Norge 1. juni 2018 – 31. mai 2019

Døde jerver som var kjent fra tidligere DNA-analyser						
RovbaseID	Dødsdato	Individ	Kjønn	Alder*	Fylke	Kommune
M496510	21.01.2019	627	Hann	12	Trøndelag	Overhalla
M496511	22.01.2019	614	Hunn	9	Trøndelag	Høylandet
M496601	06.02.2019	689	Hunn	9	Trøndelag	Snåsa
M496398	23.12.2018	1802	Hunn	9	Hedmark	Engerdal
M496642	20.02.2019	2475	Hann	9	Nordland	Bindal
M496193	20.10.2018	671	Hunn	8	Trøndelag	Lierne
M496283	20.11.2018	3613	Hunn	8	Hedmark	Stor-Elvdal
M496384	08.01.2019	3692	Hunn	6	Trøndelag	Oppdal
M496043	10.09.2018	1734	Hann	5	Nordland	Hattfjelldal
M496166	14.10.2018	1756	Hann	5	Hedmark	Engerdal
M496362	22.12.2018	2921	Hunn	5	Nordland	Fauske
M496413	10.01.2019	3698	Hunn	5	Oppland	Lesja
M496260	24.11.2018	3719	Hann	5	Møre og Romsdal	Norddal
M497053	09.04.2019	3717	Hunn	4	Oppland	Øyer
M497212	13.05.2019	3745	Hunn	4	Møre og Romsdal	Sunndal
M497124	30.04.2019	3750	Hunn	4	Sogn og Fjordane	Luster
M496127	27.09.2018	6177	Hann	4	Nordland	Tysfjord
M495653	18.07.2018	1500	Hunn	3	Trøndelag	Verdal
M496206	28.10.2018	3715	Hann	3	Hedmark	Stor-Elvdal
M496399	11.01.2019	3734	Hann	3	Trøndelag	Oppdal
M497115	26.04.2019	3735	Hunn	3	Trøndelag	Oppdal
M496262	27.11.2018	3753	Hann	3	Hedmark	Alvdal
M496201	25.10.2018	3768	Hann	3	Hedmark	Tynset
M496296	04.12.2018	3773	Hann	3	Hedmark	Folldal
M496209	27.10.2018	3787	Hunn	3	Hedmark	Alvdal
M496509	21.01.2019	1523	Hunn	2	Trøndelag	Steinkjer
M496600	05.02.2019	1528	Hunn	2	Trøndelag	Overhalla
M496297	02.12.2018	3759	Hann	2	Hedmark	Alvdal
M496135	07.10.2018	3764	Hann	2	Hedmark	Stor-Elvdal
M496365	21.12.2018	3785	Hunn	2	Hedmark	Elverum
M497218	14.05.2019	3801	Hunn	2	Trøndelag	Rennebu
M496280	28.11.2018	6146	Hann	2	Nordland	Vefsn
M496245	15.11.2018	3788	Hunn	1	Hedmark	Alvdal
M496730	05.03.2019	6181	Hann	1	Nordland	Beiarn
M497159	02.05.2019	2476	Hunn	Ad	Troms	Nordreisa

M497249	18.05.2019	2625	Hunn	Ad Troms	Dyrøy
M497184	08.05.2019	3540	Hunn	Ad Hedmark	Os i Hedmark
M496281	28.11.2018	3653	Hann	Ad Hedmark	Tynset
M497183	08.05.2019	3815	Hann	Ad Hedmark	Os i Hedmark
M496797	12.03.2019	6075	Hann	Ad Finnmark	Lebesby
M496523	28.01.2019	6087	Hann	Ad Troms	Nordreisa
M496577	07.02.2019	6125	Hann	Ad Finnmark	Tana
M497215	13.05.2019	6171	Hunn	Ad Finnmark	Lebesby
M497050	07.04.2019	6222	Hann	Ad Troms	Sørreisa

---

**Døde jerver som ikke var kjent fra tidligere DNA-analyser**


---

M496382	19.12.2018	5901	Hunn	5 Hedmark	Åsnes
M496528	29.01.2019	5907	Hann	4 Nordland	Vefsn
M496299	06.12.2018	5896	Hunn	3 Oppland	Øyer
M496491	17.01.2019	5902	Hann	3 Oppland	Ringebu
M496298	04.12.2018	5895	Hann	2 Hedmark	Ringsaker
M496359	20.12.2018	5900	Hann	2 Hedmark	Tynset
M496596	11.02.2019	5908	Hunn	2 Trøndelag	Rennebu
M496302	09.12.2018	5898	Hunn	1 Trøndelag	Namsos
M496522	28.01.2019	5906	Hann	1 Møre og Romsdal	Rauma
M496357	18.12.2018	5909	Hunn	1 Hedmark	Åmot
M496512	22.01.2019	5913	Hann	1 Trøndelag	Grong
M497122	29.04.2019	5971	Hann	1 Sogn og Fjordane	Luster
M496039	10.09.2018	5866	Hann	0 Trøndelag	Grong
M495649	06.07.2018	5875	Hann	0 Hedmark	Rendalen
M495650	06.07.2018	5876	Hunn	0 Hedmark	Rendalen
M496126	02.10.2018	5887	Hunn	0 Nordland	Sørfold
M496222	30.10.2018	5890	Hunn	0 Nordland	Saltdal
M496238	11.11.2018	5892	Hann	0 Hedmark	Stor-Elvdal
M496247	17.11.2018	5893	Hann	0 Nordland	Bodø
M496289	02.12.2018	5894	Hunn	0 Troms	Storfjord
M496318	10.12.2018	5899	Hunn	0 Troms	Målselv
M496516	24.01.2019	5905	Hunn	0 Troms	Målselv
M496113	30.07.2018	5917	Hunn	0 Nordland	Rana
M497216	13.05.2019	5920	Hann	0 Finnmark	Lebesby
M497217	10.05.2019	5921	Hunn	0 Finnmark	Lebesby
M497102	08.04.2019	5934	Hann	0 Hedmark	Trysil
M497243	15.05.2019	5945	Hann	0 Møre og Romsdal	Surnadal
M497244	15.05.2019	5946	Hunn	0 Møre og Romsdal	Surnadal
M497213	13.05.2019	5947	Hunn	0 Møre og Romsdal	Sunndal
M497214	13.05.2019	5948	Hann	0 Møre og Romsdal	Sunndal

M497054	09.04.2019	5965	Hunn	0	Oppland	Øyer
M497055	09.04.2019	5966	Hunn	0	Oppland	Øyer
M497245	16.05.2019	5974	Hunn	0	Trøndelag	Oppdal
M497246	16.05.2019	5975	Hunn	0	Trøndelag	Oppdal
M497116	26.04.2019	5976	Hunn	0	Trøndelag	Oppdal
M497200	09.05.2019	5977	Hunn	0	Trøndelag	Rennebu
M497199	09.05.2019	5978	Hann	0	Trøndelag	Rennebu
M497157	02.05.2019	5980	Hunn	0	Troms	Nordreisa
M497158	02.05.2019	5981	Hann	0	Troms	Nordreisa
M497250	18.05.2019	5982	Hunn	0	Troms	Dyrøy
M497251	18.05.2019	5983	Hunn	0	Troms	Dyrøy
M496106	22.09.2018	5886	Hunn	Ad	Hedmark	Tolga
M496158	09.10.2018	5888	Hann	Ad	Hedmark	Engerdal
M496187	19.10.2018	5889	Hunn	Ad	Oppland	Lom
M496301	09.12.2018	5897	Hann	Ad	Hedmark	Engerdal
M496361	23.12.2018	5903	Hann	Ad	Hedmark	Folldal
M496845	13.03.2019	5914	Hunn	Ad	Finnmark	Porsanger
M496846	13.03.2019	5915	Hunn	Ad	Finnmark	Porsanger
M496847	13.03.2019	5916	Hunn	Ad	Finnmark	Porsanger
M497257	21.05.2019	5918	Hunn	Ad	Nordland	Hamarøy
M497258	15.05.2019	5919	Hunn	Ad	Nordland	Tysfjord
M497051	08.04.2019	5979	Hunn	Ad	Troms	Lenvik
M496227	02.11.2018	5891	Hann	Ukjent	Troms	Storfjord
M496513	22.01.2019	5904	Hunn	Ukjent	Finnmark	Tana

---

**Ikke-analyserte prøver**


---

M497248	13.05.2019	Ukjent	0	Finnmark	Lebesby
M497353	24.04.2019	Ukjent	0	Nordland	Gildeskål
M497811	14.03.2019	Ukjent	0	Trøndelag	Holtålen

---

\* Den angitte alderen er bestemt enten fra tannsnitt utført ved NINA eller vurdert i felt. I felt vurderes det om det dreier seg om en voksen jerv (Ad; 1 år eller eldre) eller en unge (0 år).

## Vedlegg 2

Oversikt over jerv registrert død i Sverige 1. juni 2018 – 31. mai 2019

### Døde jerver som var kjent fra tidligere DNA-analyser

RovbaseID	Dødsdato	Individ	Kjønn	Alder*	Fylke	Kommune
M496490	14.01.2019	1921	Hann	Ad	Jämtland	Krokom
M496487	16.01.2019	5322	Hunn	Ad	Västerbotten	Vilhelmina

### Døde jerver som ikke var kjent fra tidligere DNA-analyser

M496990	20.03.2019	5368	Hunn	0	Västerbotten	Sorsele
M496941	21.03.2019	7029	Hunn	0	Jämtland	Krokom
M496942	21.03.2019	7030	Hunn	0	Jämtland	Krokom
M496521	22.01.2019	5326	Hunn	Ad	Norrbottn	Arjeplog
M496554	30.01.2019	5327	Hunn	Ad	Norrbottn	Arjeplog
M497363	26.05.2019	5342	Hann	Ad	Norrbottn	Jokkmokk
M496486	16.01.2019	5367	Hann	Ad	Västerbotten	Vilhelmina
M496692	04.03.2019	7028	Hann	Ad	Jämtland	Krokom

\* Den angitte alderen er vurdert i felt der feltpersonell vurderer om det dreier seg om en voksen jerv (Ad; 1 år eller eldre) eller en unge (0 år).





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

*Rovdata er en enhet i Norsk institutt for naturforskning.*

ISSN:1504-3312  
ISBN: 978-82-426-4517-3

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

## Norsk institutt for naturforskning

NINA Hovedkontor

Postadresse: Postboks 5685 Torgarden, 7485 Trondheim

Besøks-/leveringsadresse: Høgskoleringen 9, 7034 Trondheim

Telefon: 73 80 14 00, Telefaks: 73 80 14 01

E-post: [firmapost@nina.no](mailto:firmapost@nina.no)

Organisasjonsnummer 9500 37 687

<http://www.nina.no>



Samarbeid og kunnskap for framtidens miljøløsninger