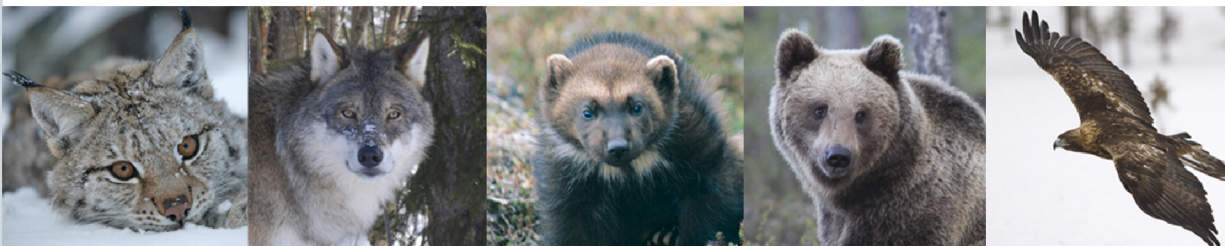


1956

NINA Rapport



## DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2020

Øystein Flagstad  
Oddmund Kleven  
Hege Brandsegg  
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 2020

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

Flagstad, Ø., Kleven, O., Brandsegg, H., Spets, M. H., Eriksen, L. B., Andersskog, I. P. Ø., Johansson, M., Ekblom, R., Ellegren, H. & Brøseth, H. 2021. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2020. NINA Rapport 1956. Norsk institutt for naturforskning.

Trondheim, februar 2021

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-4735-1

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-1949|2021

KONTAKTPERSON HOS OPPDRAGSGIVER

Susanne Hanssen

NØKKELORD

Jerv, *Gulo gulo*, ekskrementer, DNA, bestandsstørrelse, romlig fangst-gjefangst, 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**

Songsveien 68  
0855 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., Brandsegg, H., Spets, M. H., Eriksen, L. B., Andersskog, I. P. Ø., Johansson, M., Ekblom, R., Ellegren, H. & Brøseth, H. 2021. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2020. NINA Rapport 1956. 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 2020. Vi presenterer også bestandsestimater for Norge og Sverige basert på en nylig utviklet romlig fangst-gjenfangst modell.

Fra totalt 2234 fungerende prøver ble det påvist 707 individer i Norge, Sverige og Finland i 2020, Tilsvarende tall for forrige vinter var 744 påviste jerver fra 2440 prøver. Totalt var det 339 jerver som var registrert med en eller flere prøver i Norge i 2020, sammenlignet med 340 individer i 2019. Tilsvarende tall for Sverige var 381 individer i 2020 og 415 i 2019. På skandinavisk nivå i 2020 var hver av de registrerte jervene i gjennomsnitt representert med 3,2 prøver. Den geografiske representasjonen synes å være god for de fleste regioner og län med jerveforekomst i Skandinavia, med unntak av Norrbotten hvor innsamling av DNA-prøver ikke har vært like høyt prioritert i 2020 som i de tre foregående år.

Basert på den romlige fangst-gjenfangst modellen ble bestanden av jerv i Norge og Sverige beregnet til 991 (95% CrI (kredibelt intervall): 941-1044) individer i 2020 sesongen, som fordeler seg med 613 (95% CrI: 572-657) individer i Sverige og 378 (95% CrI: 356-400) 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 bestandsestimaterne med anslagene fra ynglehittellingene 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 parameterne 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, Hege Brandsegg, Merethe Hagen Spets, Line Birkeland 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. Evolutionsbiologisk center, Uppsala Universitet, Norbyvägen 18D, 752 36 Uppsala. [hans.ellegren@ebc.uu.se](mailto:hans.ellegren@ebc.uu.se)

## Abstract

Flagstad, Ø., Kleven, O., Brandsegg, H., Spets, M. H., Eriksen, L. B., Andersskog, I. P. Ø., Johansson, M., Ekblom, R., Ellegren, H. & Brøseth, H. 2021. DNA-based monitoring of the Scandinavian wolverine population 2020. NINA Report 1956. 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 the winter of 2020. We also present population size estimates for Norway and Sweden based on a recently developed spatial capture-mark-recapture model.

From a total of 2234 DNA samples of sufficient genotyping quality we identified 707 wolverines in Norway, Sweden, and Finland in 2020. The corresponding figure from last winter was 744 DNA-identified individuals from 2440 samples. In total, 339 wolverines were registered with one or more samples in Norway in 2020, compared to 340 individuals in 2019. The corresponding figure from Sweden is 381 individuals in 2020 and 415 in 2019. At the Scandinavian level, each of the identified wolverines were represented with an average of 3.2 samples. The geographic representation is good for most regions and counties with wolverine presence in Scandinavia. The only exception is the Norrbotten county, that dedicated less effort to DNA sampling in 2020 compared to the three previous years.

Based on the spatial capture-mark-recapture modelling approach, the Scandinavian wolverine population was estimated to 991 (95% CrI (credible interval): 941-1044) individuals in 2020, with a distribution of 613 (95% CrI: 572-657) wolverines in Sweden and 378 (95% CrI: 356-400) in Norway. These estimates are precise with relative narrow credible intervals, which also holds for the regional levels in both countries. These population size estimates correspond well to the figures from the monitoring of active dens. High agreement between the two methodological approaches is satisfactory, implying that we have robust estimates on the population size and dynamics of 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 in the genetic analyses, e.g., more precise relatedness analysis, we will be able to get a better understanding of the population dynamics, reproductive biology and dispersal behavior of the Scandinavian wolverine population.

Øystein Flagstad, Oddmund Kleven, Hege Brandsegg, Merethe Hagen Spets, Line Birkeland Eriksen, Ida Pernille Øystese Andersskog 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 2020. Vi vil benytte anledningen til å takke alle som har bidratt i innsamlingen av ekskrement-, urin-, 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, februar 2021

Øystein Flagstad



# 1 Innledning

Den skandinaviske jervebestanden er gjennom yngleregistreringer i 2018 - 2020 estimert til 1069 voksne individer (Mattisson m. fl. 2020). 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 2020. 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. Vi presenterer også 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. Den geografiske representasjonen synes å være god for de fleste regioner og län med jerveforekomst i Skandinavia i 2020, med unntak av Norrbotten hvor innsamling av DNA-prøver ikke har vært like høyt prioritert som i de tre foregående år.

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 modeller beregner også hvor mange jerver som ikke har blitt påvist gjennom DNA-innsamlingen, og legger disse til i optellingen 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 3337 prøver som var samlet inn i 2020 i Norge, Sverige og Finland ble analysert ved DNA-laboratoriene på NINA og ved Uppsala Universitet (**Tabell 1**). Av disse var 2234 prøver av god nok kvalitet til å kunne individbestemmes, som gir en gjennomsnittlig suksessrate på 67 % (**Tabell 1**; **Figur 1**).

**Tabell 1** Oversikt over prøvematerialet vinteren 2020. 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	Sverige	Finland	Totalt
<b>Fungerende</b>	1234	987	13	2234
<b>Ikke-fungerende</b>	721	363	19	1103
<b>Sum*</b>	1955	1350	32	3337
<b>Suksessrate</b>	63 %	73 %	41 %	67 %

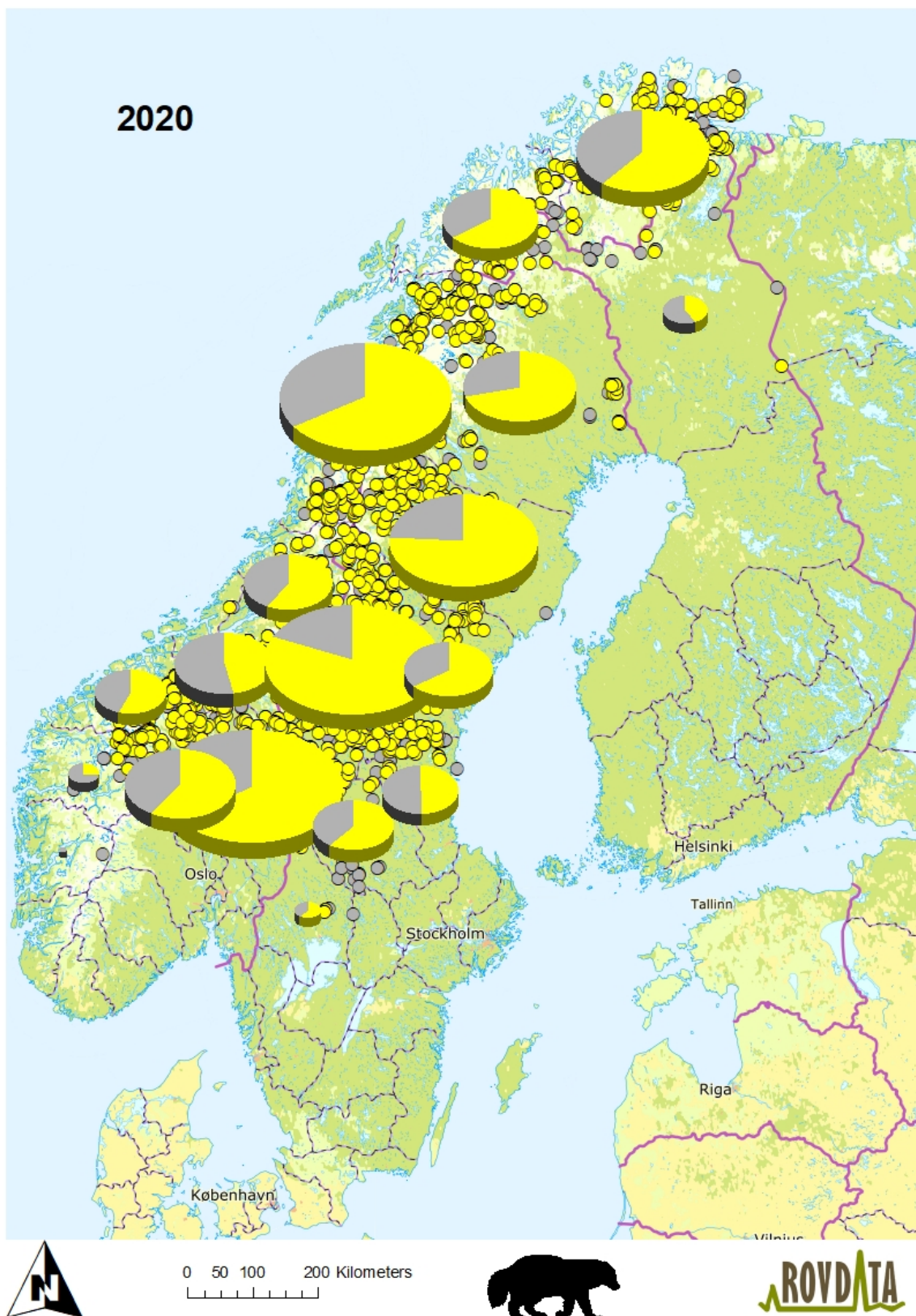
\*Prøver som ble samlet inn i forbindelse med barmarkskontroller og på kjente hilokaliteter er ikke inkludert i denne sammenstillingen.

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

Antall individer påvist fra DNA i Norge, Sverige og Finland vinteren 2019 og 2020 er angitt i **Tabell 2**. Totalt 707 individer ble påvist i 2020, hvorav 23 var delt mellom Norge og Sverige og to individer var delt mellom Norge og Finland. Tilsvarende tall for forrige vinter var 744 påviste individer, hvorav 21 var delt mellom Norge og Sverige og to var delt mellom Norge og Finland. Totalt var det 339 jerver som var registrert med en eller flere prøver i Norge i 2020, sammenlignet med 340 individer i 2019. Tilsvarende tall for Sverige var 381 individer i 2020 og 415 i 2019.

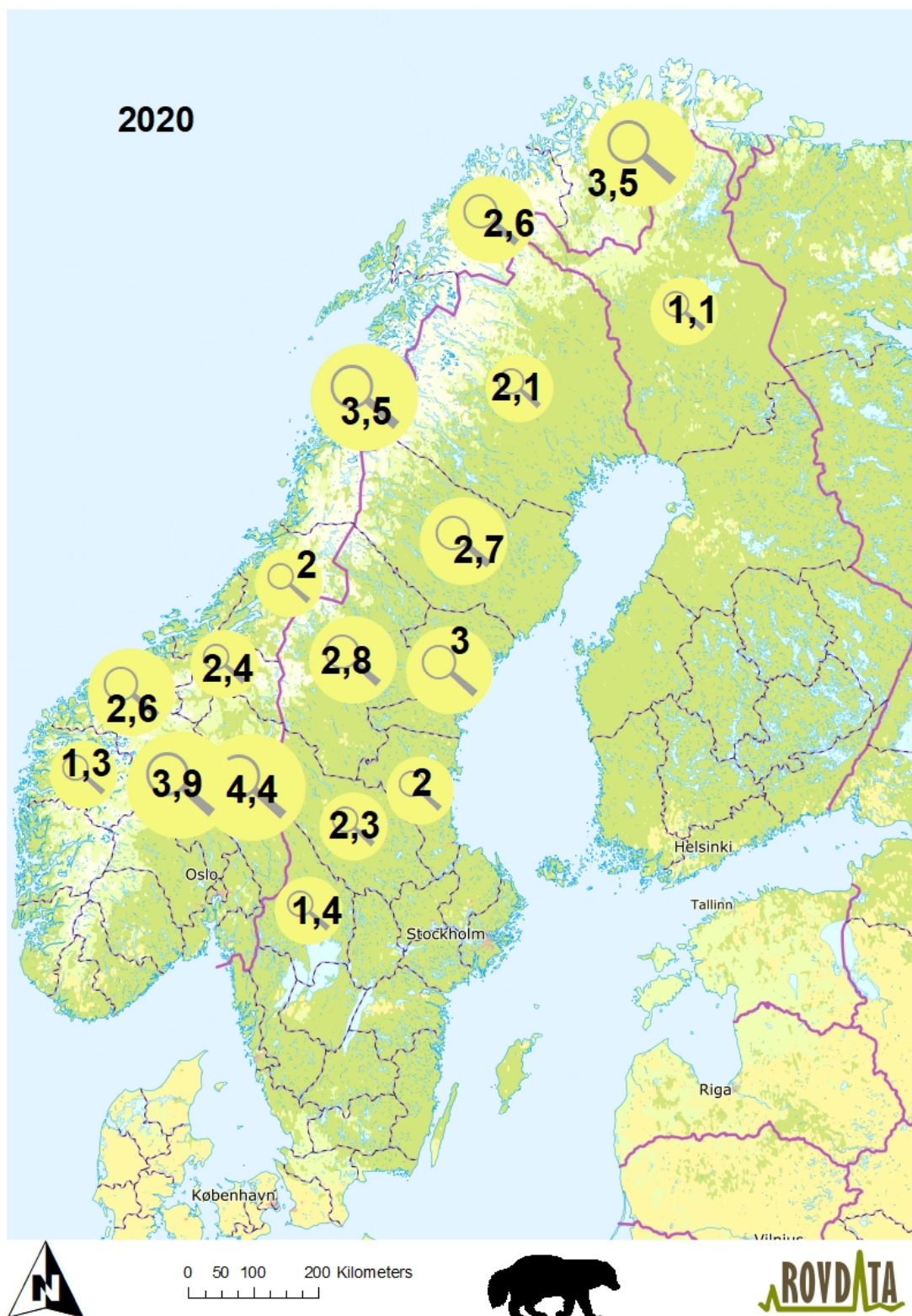
**Tabell 2** Antall individer identifisert fra DNA i Norge, Sverige og Finland i 2019 og 2020, angitt både i form av antall individer som har sitt geografiske midtpunkt i hvert av de tre landene og hvor mange av dem som kun er registrert i ett land eller delt mellom flere land. N = antall fungerende prøver som lot seg individbestemme.

Land	2019				2020			
	N	Midtpkt	Egne	Delt	N	Midtpkt	Egne	Delt
<b>Norge</b>	1321	333	317	23	1234	330	314	25
<b>Sverige</b>	1106	401	394	21	987	367	358	23
<b>Finland</b>	13	10	10	2	13	10	10	2
<b>Fennoskandia</b>	2440	744	721	23	2234	707	682	25



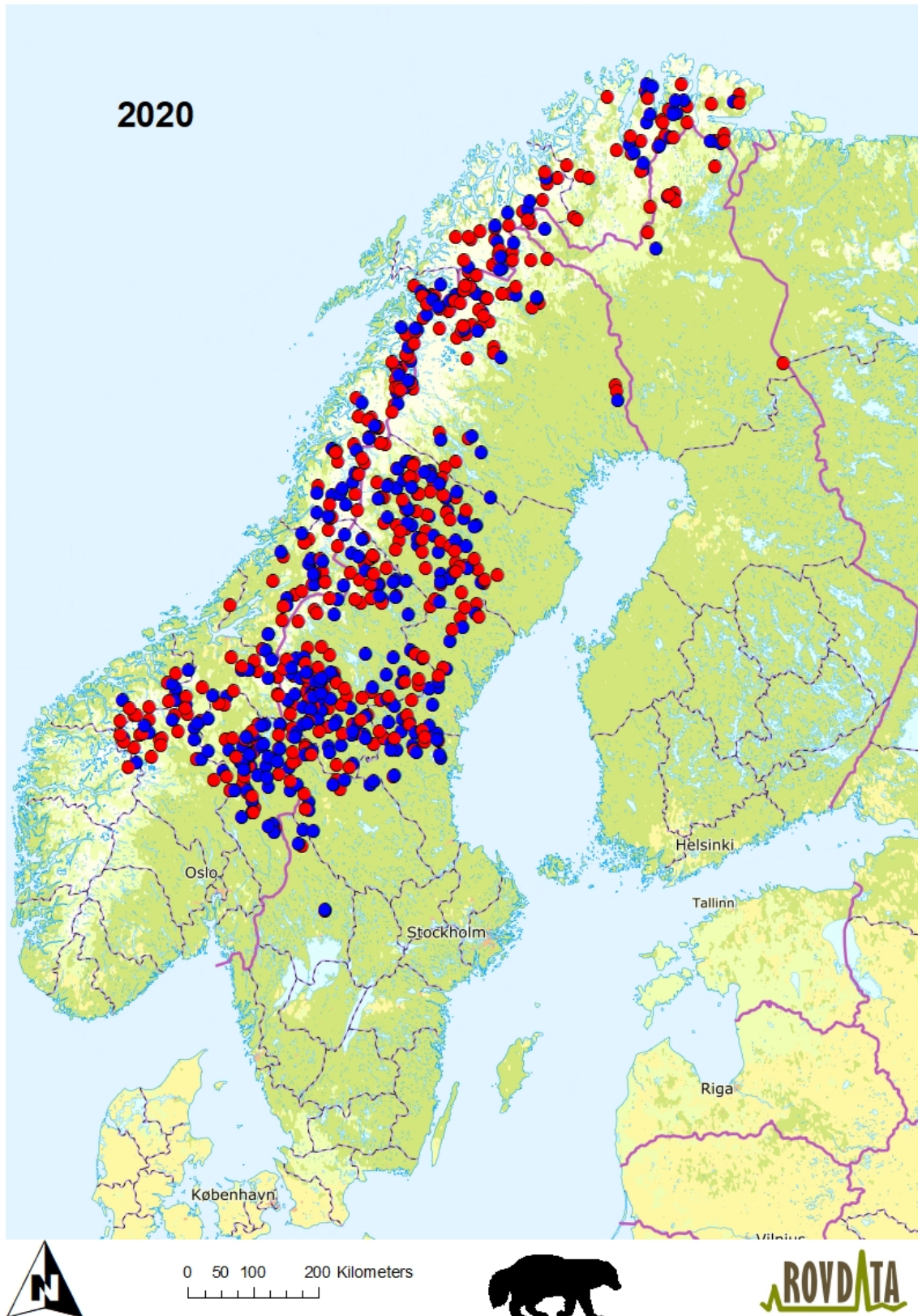
**Figur 1** Geografisk fordeling av de 3337 analyserte prøvene som ble samlet inn i Norge, Sverige og Finland vinteren 2020. Gul = fungerende, grå = ikke-fungerende. Størrelsen på kakediagrammene reflekterer prøvevolumet i de ulike områdene.

Med 707 identifiserte individer fordelt på 2234 fungerende prøver, er hvert individ i gjennomsnitt representert med 3,2 prøver. Antall prøver per individ varierte mellom områder, og var høyest i Hedmark med 4,4 prøver per individ og lavest i Värmland med 1,4 prøver per individ (Finland og fylker med mindre enn 5 påviste individer er unntatt). De fleste områder hadde 2 eller flere fungerende prøver per individ (**Figur 2**).



**Figur 2** Gjennomsnittlig antall prøver per registrerte jervindivid fordelt på geografiske områder.

I tråd med resultatene fra tidligere år ble flere tisper enn hanner identifisert både i Norge og Sverige (56 % tisper vs. 44 % hanner; **Figur 3**). Kjønnsfordelingen var noe skjevere i Norge med 43 % hanner sammenlignet med 45 % hanner påvist fra DNA i Sverige.



**Figur 3** Alle jerver som ble identifisert fra prøveinnsamlingen i Fennoskandia vinteren 2020, representert med sine respektive midtpunkter. Rød = tisper. Blå = hann.

**Tabell 3** Antall identifiserte individer fra DNA-analysene i 2019 og 2020. 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, län og/eller land (Delt). N = antall fungerende prøver som lot seg individbestemme.

Region-Län	2019				2020			
	N	Midtpkt	Egne	Delt	N	Midtpkt	Egne	Delt
Region 8	253	78	75	5	267	85	82	3
Region 7	321	69	61	11	309	79	70	18
Region 6	325	86	74	17	187	66	61	19
Region 5	324	75	71	18	349	75	63	16
Region 4	0	0	0	0	0	0	0	0
Region 3	95	24	17	7	118	24	15	15
Region 2	0	0	0	0	0	0	0	0
Region 1	3	1	1	2	4	1	1	2
Norrbottnen	327	107	103	12	143	61	55	14
Västerbotten	213	76	73	6	263	94	91	7
Jämtland	315	136	130	11	384	136	131	7
Västernorrland	57	23	23	4	81	23	21	6
Gävleborg	113	27	25	4	46	24	23	0
Dalarna	67	25	20	10	63	24	25	3
Värmland	14	7	6	3	7	5	5	0
Örebro	0	0	0	0	0	0	0	0
Finland	13	10	10	2	13	10	10	2

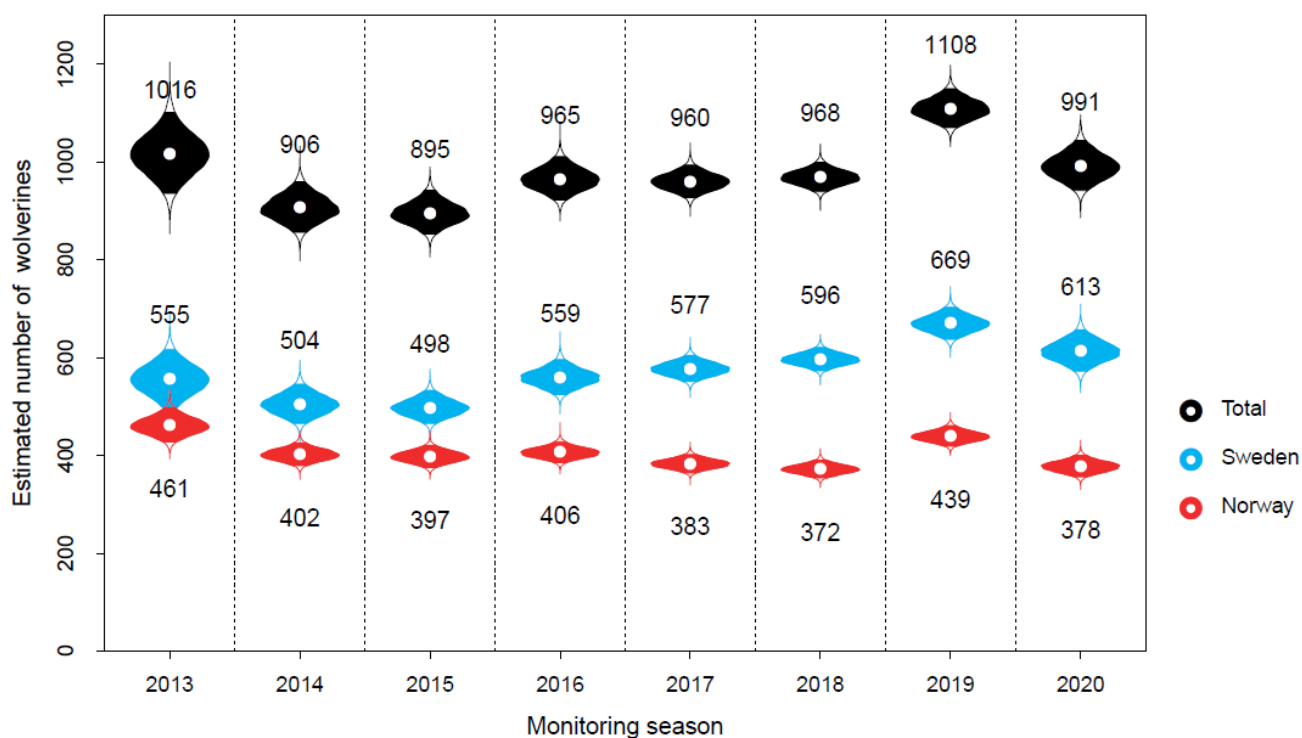
### 3.3 Fordeling av individer i regioner og län

I **Tabell 3** har vi angitt antall individer påvist fra DNA i Skandinavia og hvordan de fordeler seg geografisk mellom ulike rovviltregioner og län. På norsk side ser vi en økning i antall påviste individer i regionene 7 og 8. Som oftest er det en tydelig sammenheng mellom antall fungerende prøver og antall identifiserte individer, simpelthen fordi man identifiserer en stadig økende andel av bestanden. Nettopp en slik sammenheng synes tydelig i region 6 og i Norrbotten hvor det er samlet inn vesentlig færre prøver og påvist langt færre individer i 2020. I Västerbotten økte både prøvevolumet og antall påviste individer, mens det Norrbotten ble samlet inn langt færre prøver og påvist vesentlig færre individer ettersom innsamling av DNA-prøver i länet ikke har vært like høyt prioritert som i de tre foregående år.

### 3.4 Bestandsestimering

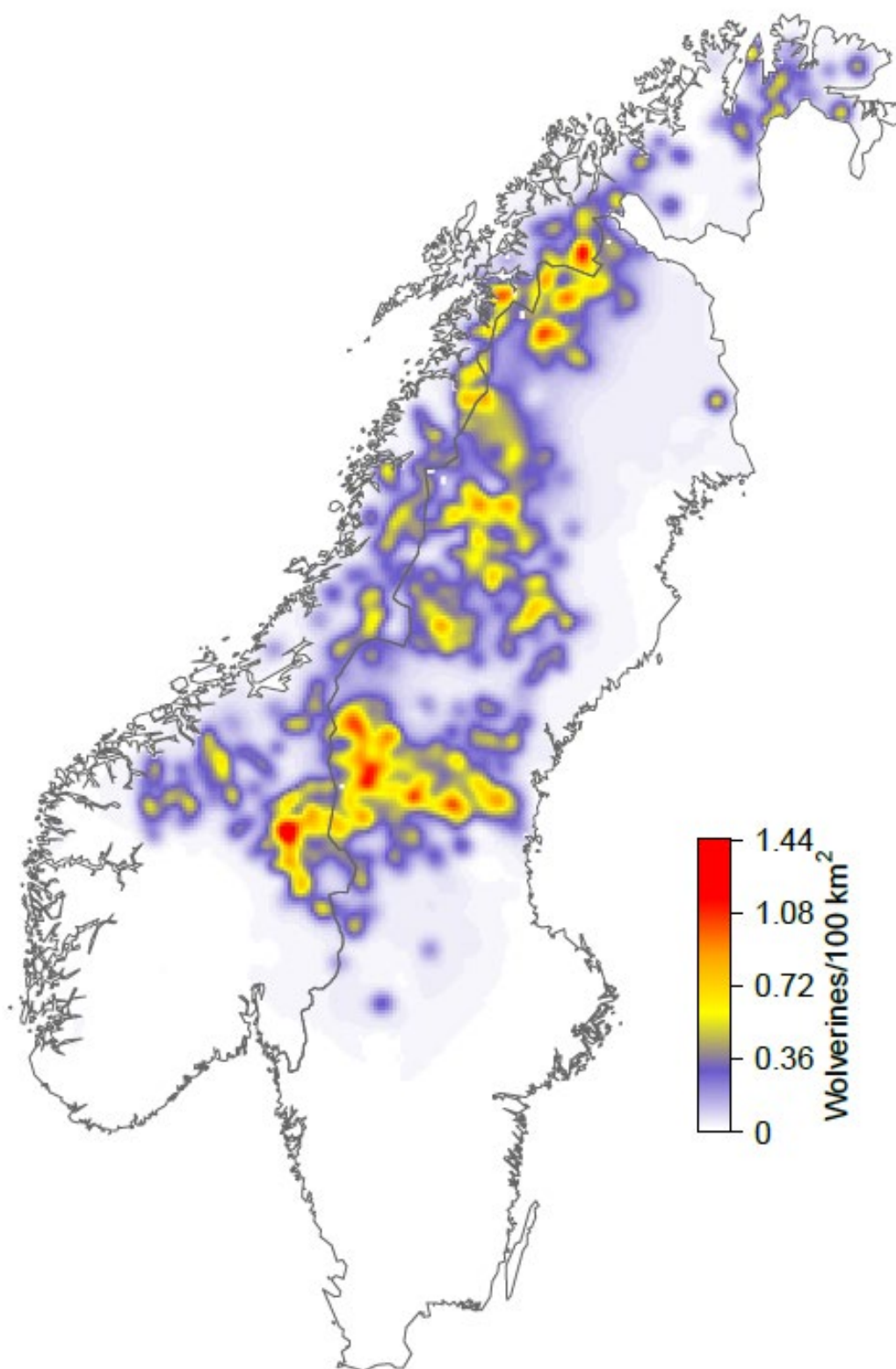
Basert på den romlige fangst-gjenfangst modellen beregnes bestanden av jerv i Norge og Sverige til 991 (95% Crl: 941-1044) individer i 2020 sesongen. Disse fordeler seg med 613 (95% Crl: 572-657) individer i Sverige og 378 (95% Crl: 356-400) individer i Norge (**Figur 4**). De siste åtte årene har totalbestanden i Skandinavia anslagsvis variert mellom 895 på det laveste i 2015 til 1108 i 2019, som det hittil høyeste tallet. Populasjonsestimatene viser en nedgang i bestanden i begge landene fra 2019 til 2020 (**Figur 4**). Ettersom det har kommet til et nytt år med data i modellen og det er etteranalysert sent innleverte prøver fra tidligere år, ser vi at populasjonsestimatene bakover i tid endrer seg noe sammenlignet med tidligere kjøringene av modellen (Bischof m. fl. 2019). Dette er vanlig i denne type modeller som bruker datainformasjon om hvilke individer som lever og hvilke som bekreftes døde fra hele tidsperioden for å beregne estimatene det enkelte år.

Kart som viser tettheten av jerv i ulike deler av Skandinavia i 2020 er vist i **Figur 5**, mens de tilhørende bestandsestimatene for ulike rovviltregioner og län i Skandinavia er vist i **Tabell 4**. I alle regioner og län ligger bestandsestimatene høyere enn antall jerver påvist med midtpunkt i de respektive regioner og län. Samlet for begge landene er det estimert 42 % (294) flere jerver enn det som er påvist med en eller flere DNA-prøver innsamlet i 2020. Men det er en tydelig forskjell mellom landene; hvor det i Sverige estimeres 67 % flere individer og Norge hvor det estimeres 15 % flere individer.



**Figur 4** Bestandsutvikling og bestandsestimater for jervpopulasjonen i Skandinavia i perioden 2013 – 2020 basert på en åpen romlig fangst-gjenfangst modellering med data fra DNA-materialet på jerv.





**Figur 5** Kart som viser tettheten av jerv i ulike deler av Skandinavia i 2020 basert på en åpen romlig fangst-gjenfangst modellering med data fra DNA-materialet.

**Tabell 4** Antall individbestemte prøver (N), antall påviste individer med geografiske midtpunkt (Midtpkt) og bestandsberegninger fra romlige fangst-gjenfangst analyser av DNA-materialet i 2020. 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, Crl.

Region-Län	N	Midtpkt	Antall beregnet (95 % Crl)	
Region 8	267	85	95.0	(84-107)
Region 7	309	79	79.2	(71-88)
Region 6	187	66	83.8	(74-95)
Region 5	349	75	81.8	(74-90)
Region 4	0	0	1.0	(0-3)
Region 3	118	24	28.7	(24-34)
Region 2	0	0	2.4	(0-6)
Region 1	4	1	5.7	(2-10)
<b>Norge</b>	<b>1234</b>	<b>330</b>	<b>377.5</b>	<b>(356-400)</b>
Norrbotten	143	61	172.4	(148-198)
Västerbotten	263	94	126.6	(114-141)
Jämtland	384	136	194.1	(178-211)
Västernorrland	81	23	37.8	(31-46)
Gävleborg	46	24	27.3	(22-33)
Dalarna	63	24	39.9	(33-48)
Värmland	7	5	12.3	(8-17)
Örebro	0	0	1.8	(0-5)
Västmanland	0	0	0.6	(0-2)
Södermanland	0	0	0.0	(0-1)
Västra Götaland	0	0	0.1	(0-1)
<b>Sverige</b>	<b>987</b>	<b>367</b>	<b>613.0</b>	<b>(572-657)</b>
<b>Skandinavia</b>	<b>2221</b>	<b>697</b>	<b>990.5</b>	<b>(941-1044)</b>

### 3.5 Vevsprøver av døde jerver

Totalt 111 jerver ble felt eller funnet døde i Norge i perioden 01.06.2019 – 31.05.2020 (**Vedlegg 1**). Alle 111 analyserte prøver fikk en fullstendig DNA-profil. Som tidligere var de aller fleste av de yngste jervene ikke kjent fra ekskrementmaterialet (kun 4 av 50 aldersbestemte null- og ett-åringer). Derimot var en stor andel av de døde jervene som var aldersbestemt til 2 år eller eldre kjent fra før i ekskrementmaterialet (51 av 57; 89 %), også i tråd med tidligere resultater. Blant de som ikke var plukket opp i tidligere års DNA-innsamlinger var det to godt voksne hannjerver som var aldersbestemt til hhv. 4 og 5 år. Det er sjelden at såpass gamle dyr ikke er kjent fra før i bestandsovervåkingen. Begge hannene ble felt under skadefelling i Bangdalsområdet (Steinkjer og Namsos kommuner), der det så langt har vært en relativt begrenset DNA-innsamling på jerv, som kan være med å forklare hvorfor disse to hannene ikke har blitt påvist fra DNA tidligere.

I samme periode (01.06.2019 – 31.05.2020) ble det registrert 29 døde jerver i Sverige (**Vedlegg 2**). Alle 29 analyserte prøver fikk en fullstendig DNA-profil. Av de 29 døde jervene, var 15 (52 %) kjent fra før. Dette er noe høyere enn i 2019 (20 %), og på nivå med andelen kjente individer i 2017-2018 (55 % samlet). Etersom det ikke er aldersavlesning fra tannsnitt tilgjengelig for de svenske jervene er det godt mulig at en god del av de tidligere ikke kjente jervene er unge individer på 0 og 1 år slik vi ser i det norske materialet.

## 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 nå 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 991 (95% CrI: 941-1044) individer i 2020 sesongen, som fordeler seg med 613 (95% CrI: 572-657) individer i Sverige og 378 (95% CrI: 356-400) 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 som estimeres fra ynglehitellingene (1069, 95 % CI: 922-1335) er overensstemmelsen meget god. Ser man på bestandsberegningene fra de to metodiske tilnærmingene er tallene i Norge så å si identiske det siste året (jmf. Mattisson m. fl. 2020). Den 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 2020 var hver av de registrerte jervene i gjennomsnitt representert med 3,2 prøver. Den geografiske representasjonen synes å være god, med to eller flere fungerende prøver per individ for de fleste regioner og län med jerveforekomst i Skandinavia, med unntak av Norrbotten hvor innsamling av DNA-prøver ikke har vært like høyt prioritert som i de tre foregående år. Dekningsgraden på innsamlede prøver har jevnt over vært god de foregående årene, som gir et meget bra grunnlag for å kunne bruke data fra hele Skandinavia til bestandsberegningene fra den nyutviklede romlige fangst-gjenfangst modellen.

Det er ikke bare bestandsdynamikk som kan analyseres fra modellene som er brukt innenfor rammeverket av den nyutviklede romlige fangst-gjenfangst modellen (Bischof m. fl. 2020). 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.
- Bischof, R., C. Milleret, P. Dupont, J. Chipperfield, M. Tourani, A. Ordiz, P. de Valpine, D. Turek, J. A. Royle, O. Gimenez, Ø. Flagstad, M. Åkesson, L. Svensson, H. Brøseth and J. Kindberg (2020). Estimating and forecasting spatial population dynamics of apex predators using transnational genetic monitoring. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 117 (48): 30531-30538.
- 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.
- Ekblom, 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.
- 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.
- Mattisson, J., Höglund, L. & Brøseth, H. 2020. Bestandsovervåking av jerv i 2020. Inventering av jerv 2020. Bestandsstatus for store rovdyr i Skandinavia. Bestandsstatus för stora rovdjur i Skandinavien. 3-2020.
- 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 2019 – 31. mai 2020

<b>Døde jerver som var kjent fra tidligere DNA-analyser</b>						
<b>RovbaseID</b>	<b>Dødsdato</b>	<b>Individ</b>	<b>Kjønn</b>	<b>Alder*</b>	<b>Fylke</b>	<b>Kommune</b>
M497913	22.11.2019	339	Hunn	15	Trøndelag	Holtålen
M497384	19.08.2019	395	Hunn	13	Innlandet	Rendalen
M497820	15.10.2019	688	Hunn	9	Trøndelag	Lierne
M523705	15.02.2020	2894	Hann	9	Troms og Finnmark	Lebesby
M497371	14.08.2019	2297	Hann	8	Troms og Finnmark	Storfjord
M523700	15.02.2020	2899	Hann	7	Troms og Finnmark	Tana
M497896	16.11.2019	3616	Hunn	6	Trøndelag	Oppdal
M497833	21.10.2019	6091	Hann	5	Nordland	Vefsn
M523580	01.02.2020	3778	Hunn	5	Trøndelag	Midtre Gauldal
M524097	02.04.2020	2994	Hann	5	Troms og Finnmark	Tana
M497348	24.07.2019	3679	Hann	4	Innlandet	Tolga
M523711	12.02.2020	6103	Hann	4	Nordland	Vefsn
M497962	16.12.2019	3695	Hunn	4	Nordland	Grane
M497852	29.10.2019	3697	Hunn	4	Innlandet	Hamar
M497791	26.09.2019	3809	Hunn	4	Innlandet	Stor-Elvdal
M497842	28.10.2019	3854	Hann	4	Innlandet	Tynset
M497829	19.10.2019	6096	Hann	4	Trøndelag	Namsskogan
M524146	15.04.2020	6203	Hunn	4	Troms og Finnmark	Tana
M523689	14.02.2020	6216	Hann	3	Nordland	Vefsn
M524171	21.04.2020	6231	Hann	3	Nordland	Vefsn
M497815	09.10.2019	3860	Hann	3	Innlandet	Tynset
M497955	12.12.2019	3817	Hann	3	Innlandet	Alvdal
M497837	26.10.2019	3813	Hann	3	Innlandet	Øyer
M497975	03.01.2020	3804	Hann	3	Trøndelag	Oppdal
M497959	17.12.2019	3802	Hunn	3	Trøndelag	Rennebu
M498006	16.01.2020	3780	Hann	3	Trøndelag	Midtre Gauldal
M497697	11.09.2019	5237	Hunn	3	Trøndelag	Namsskogan
M523633	03.02.2020	1521	Hunn	3	Trøndelag	Grong
M497953	09.12.2019	6166	Hann	3	Troms og Finnmark	Balsfjord
M524096	02.04.2020	6205	Hann	3	Troms og Finnmark	Lebesby
M524241	30.04.2020	6073	Hunn	3	Troms og Finnmark	Tana
M497945	10.12.2019	6183	Hunn	2	Nordland	Hamarøy
M497809	30.09.2019	3839	Hunn	2	Innlandet	Engerdal
M497894	13.11.2019	3853	Hunn	2	Innlandet	Alvdal
M523607	03.02.2020	3805	Hann	2	Innlandet	Lesja

M497878	12.11.2019	3796	Hunn	2	Trøndelag	Midtre Gauldal
M497982	08.01.2020	7057	Hann	2	Trøndelag	Stjørdal
M497788	26.09.2019	7007	Hann	2	Trøndelag	Lierne
M524099	02.04.2020	6207	Hunn	2	Troms og Finnmark	Lebesby
M497912	18.11.2019	3863	Hunn	1	Innlandet	Tynset
M523709	11.02.2020	7026	Hann	1	Innlandet	Alvdal
M524091	02.04.2020	6317	Hann	1	Troms og Finnmark	Tana
M524095	02.04.2020	6316	Hann	1	Troms og Finnmark	Nesseby
M497766	18.09.2019	3765	Hunn	Ad	Innlandet	Engerdal
M497949	09.12.2019	6101	Hunn	Ad	Nordland	Bodø
M524445	31.05.2020	2907	Hunn	Ad	Nordland	Rana
M497813	05.10.2019	3752	Hann	Ad	Innlandet	Stor-Elvdal
M523914	06.03.2020	1784	Hann	Ad	Innlandet	Engerdal
M523706	11.02.2020	3828	Hunn	Ad	Innlandet	Alvdal
M497956	15.12.2019	1888	Hann	Ad	Innlandet	Folldal
M523540	19.01.2020	392	Hunn	Ad	Innlandet	Folldal
M523628	05.02.2020	3716	Hunn	Ad	Innlandet	Dovre
M524222	29.04.2020	3594	Hunn	Ad	Innlandet	Nord-Fron
M524090	01.04.2020	6071	Hunn	Ad	Troms og Finnmark	Alta
M524431	26.05.2020	6158	Hunn	Ad	Troms og Finnmark	Lebesby

---

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


---

M523635	04.02.2020	6310	Hann	5	Trøndelag	Steinkjer
M497349	25.07.2019	5985	Hann	4	Innlandet	Rendalen
M523634	04.02.2020	6309	Hann	4	Trøndelag	Steinkjer
M523566	30.01.2020	6247	Hunn	2	Møre og Romsdal	Fjord
M497900	17.11.2019	6233	Hann	2	Innlandet	Alvdal
M497880	12.11.2019	6232	Hunn	2	Innlandet	Øyer
M497375	16.08.2019	5984	Hann	1	Troms og Finnmark	Balsfjord
M523688	15.02.2020	6311	Hann	1	Innlandet	Ringebu
M523632	03.02.2020	6308	Hann	1	Trøndelag	Snåase - Snåsa
M523684	14.02.2020	6240	Hann	1	Trøndelag	Lierne
M523584	02.02.2020	6239	Hunn	1	Trøndelag	Namsskogan
M497984	11.01.2020	6235	Hunn	1	Trøndelag	Grong
M497965	19.12.2019	6249	Hunn	1	Troms og Finnmark	Storfjord
M523616	04.02.2020	6244	Hunn	1	Troms og Finnmark	Porsanger
M523708	15.02.2020	6243	Hunn	1	Troms og Finnmark	Porsanger
M524098	02.04.2020	6406	Hann	1	Troms og Finnmark	Gamvik
M524227	28.04.2020	6431	Hann	0	Møre og Romsdal	Sunnadal
M524228	28.04.2020	6432	Hunn	0	Møre og Romsdal	Sunnadal
M524229	28.04.2020	6434	Hunn	0	Møre og Romsdal	Surnadal

M524230	28.04.2020	6433	Hunn	0	Møre og Romsdal	Surnadal
M524231	28.04.2020	6435	Hunn	0	Møre og Romsdal	Surnadal
M524232	29.04.2020	6429	Hann	0	Møre og Romsdal	Surnadal
M524233	29.04.2020	6430	Hann	0	Møre og Romsdal	Surnadal
M497983	10.01.2020	6236	Hunn	0	Møre og Romsdal	Fjord
M497351	27.06.2019	6280	Hunn	0	Nordland	Rana
M497352	27.06.2019	6248	Hann	0	Nordland	Rana
M524443	31.05.2020	6437	Hann	0	Nordland	Rana
M524444	31.05.2020	6438	Hunn	0	Nordland	Rana
M524051	28.02.2020	6447	Hunn	0	Innlandet	Stor-Elvdal
M524052	28.02.2020	6448	Hann	0	Innlandet	Stor-Elvdal
M524053	28.02.2020	6449	Hunn	0	Innlandet	Stor-Elvdal
M524237	29.04.2020	6445	Hunn	0	Innlandet	Rendalen
M524238	29.04.2020	6446	Hann	0	Innlandet	Rendalen
M497985	10.01.2020	6237	Hann	0	Innlandet	Lesja
M524081	27.03.2020	6440	Hann	0	Innlandet	Skjåk
M523562	28.01.2020	6238	Hunn	0	Innlandet	Lom
M524080	27.03.2020	6439	Hann	0	Innlandet	Lom
M524223	28.04.2020	6441	Hunn	0	Innlandet	Nord-Fron
M524224	28.04.2020	6442	Hunn	0	Innlandet	Nord-Fron
M524225	28.04.2020	6443	Hann	0	Innlandet	Nord-Fron
M524226	28.04.2020	6444	Hann	0	Innlandet	Nord-Fron
M497713	15.09.2019	5986	Hann	0	Trøndelag	Namsskogan
M497850	28.10.2019	6234	Hunn	0	Troms og Finnmark	Storfjord
M523617	04.02.2020	6241	Hann	0	Troms og Finnmark	Porsanger
M523699	14.02.2020	6242	Hann	0	Troms og Finnmark	Lebesby
M523707	15.02.2020	6279	Hann	0	Troms og Finnmark	Lebesby
M524429	26.05.2020	6426	Hann	0	Troms og Finnmark	Lebesby
M523701	15.02.2020	6245	Hann	0	Troms og Finnmark	Tana
M524144	15.04.2020	6386	Hann	0	Troms og Finnmark	Tana
M524145	15.04.2020	6385	Hunn	0	Troms og Finnmark	Tana
M524239	30.04.2020	6387	Hann	0	Troms og Finnmark	Tana
M524240	30.04.2020	6388	Hunn	0	Troms og Finnmark	Tana
M523532	17.01.2020	6246	Hann	Ukjent	Møre og Romsdal	Surnadal
M523924	07.03.2020	6312	Hunn	Ad	Møre og Romsdal	Volda
M524442	30.05.2020	6436	Hann	Ad	Nordland	Hattfjelldal
M524388	18.05.2020	6389	Hann	Ad	Vestland	Luster

\* 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 2019 – 31. mai 2020

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

RovbaseID	Dødsdato	Individ	Kjønn	Alder*	Fylke	Kommune
M523624	04.02.2020	1794	Hann	Ad	Jämtland	Åre
M523659	07.02.2020	1935	Hann	Ad	Jämtland	Åre
M523661	07.02.2020	3690	Hunn	Ad	Jämtland	Åre
M523608	03.02.2020	4123	Hann	Ad	Jämtland	Berg
M497921	19.11.2019	881	Hunn	Ad	Jämtland	Berg
M524059	26.03.2020	1893	Hann	Ad	Jämtland	Härjedalen
M523595	02.02.2020	5129	Hann	Ad	Norrbottn	Arjeplog
M523596	02.02.2020	1386	Hann	Ad	Norrbottn	Arjeplog
M497987	03.12.2019	5150	Hann	Ad	Norrbottn	Arjeplog
M497995	10.01.2020	5035	Hann	Ad	Norrbottn	Arjeplog
M497988	10.12.2019	5263	Hunn	Ad	Norrbottn	Arjeplog
M497994	12.01.2020	5187	Hann	Ad	Norrbottn	Arjeplog
M497989	19.12.2019	5013	Hunn	Ad	Norrbottn	Arjeplog
M497990	19.12.2019	5158	Hann	Ad	Norrbottn	Arjeplog
M497992	24.12.2019	5295	Hunn	Ad	Norrbottn	Arjeplog

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

M497931	01.12.2019	7085	Hann	Ad	Jämtland	Berg
M523610	03.02.2020	7138	Hann	Ad	Jämtland	Berg
M523658	07.02.2020	7145	Hann	Ad	Jämtland	Berg
M524195	17.04.2020	7229	Hann	Ad	Jämtland	Krokom
M523538	19.01.2020	7137	Hann	Ad	Jämtland	Krokom
M523609	03.02.2020	7136	Hunn	Ad	Jämtland	Åre
M523660	07.02.2020	7146	Hunn	Ad	Jämtland	Åre
M497362	03.07.2019	5369	Hann	Ad	Västerbottn	Åsele
M497993	12.01.2020	7090	Hann	Ad	Norrbottn	Arjeplog
M523670	20.12.2019	7092	Hann	Ad	Norrbottn	Arjeplog
M523593	29.01.2020	7091	Hunn	Ad	Norrbottn	Arjeplog
M497976	03.01.2020	7093	Hann	Ad	Norrbottn	Gällivare
M523910	07.03.2020	7209	Hann	Ad	Norrbottn	Kiruna
M524082	20.03.2020	7210	Hann	0	Norrbottn	Kiruna

\* 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: 978-82-426-4735-1

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