

NINA Minirapport 063

# Populasjonsovervåking av jerv i Skandinavia ved hjelp av DNA- analyse fra ekskrementer 2001-2003

Øystein Flagstad  
Henrik Brøseth  
Eva Hedmark  
Hans Ellegren

## *Nasjonalt overvåkingsprogram for store rovdyr*

NINA Minirapport er en enklere tilbakemelding til oppdragsgiver enn det som dekkes av NINAs øvrige publikasjonsserier. Minirapporter kan være notater, foreløpige meldinger og del- eller sluttresultater. Minirapportene registreres i NINAs publikasjons-database, med internt serienummer.



LAGSPILL



ENTUSIASME



INTEGRITET



KVALITET

## Innhold

Innhold .....	2
Bakgrunn.....	3
Metodikk.....	4
Innsamling og laboratoriearbeid .....	4
Bestandsestimater, populasjonsstruktur og slektskapsanalyser .....	5
Resultater og diskusjon .....	6
Sør- og Midt-Norge .....	6
Suksessrate og genotypningskvalitet .....	6
Geografisk fordeling av fungerende prøver og individbestemmelse .....	6
Bestandsestimater.....	10
Oppdaterte slektskapsanalyser .....	11
Sverige.....	13
Suksessrate og genotypningskvalitet .....	13
Geografisk fordeling av fungerende prøver og individbestemmelse .....	14
Slektskapsanalyser.....	16
Populasjonsstruktur i Skandinavia.....	16
Konklusjon .....	18
Referanser .....	19
Appendix 1.....	21
Appendix 2.....	23
Appendix 3.....	24

## Bakgrunn

Den skandinaviske jervbestanden er gjennom yngleregistreringer i 1998-2000 estimert til 595 ± 69 individer og må ansees som sårbar. Omfattende overvåkning av populasjonen er av betydning for å kunne følge bestandsutviklingen på den Skandinaviske halvøy. Bestanden i Sør-Norge forvaltes som en separat enhet, ettersom den med støtte i genetiske data (Walker et al. 2001, Flagstad et al. 2004), synes å være delvis isolert fra de større bestandene i Nord-Norge og Nord-Sverige. Det er derfor av stor betydning at forholdene legges til rette for å kunne følge utviklingen i denne bestanden på en forsvarlig måte.

Det at jerven er en art med store arealkrav i fjellet hvor det til tider er svært ustabile værforhold fører til at en effektiv bestandsregistrering og -overvåking kan være problematisk. Tradisjonelle tilnærmelser som sporing og registrering av ynglehi har gitt verdifulle indikasjoner på reproduksjon og populasjonsstørrelse. Nyere forskning har vist at det hos jerv er mulig å identifisere individer basert på DNA isolert fra ekskrementer. Dette åpner opp for en ny metodisk tilnærming i overvåking av bestander som kan supplere populasjonsestimater basert på minimumstellingene av antall aktive ynglehi. Videre kan et slikt supplement gi et bedre bilde av kjønns-sammensetningen, omfanget av immigrasjon og potensielt bidra til å belyse slektskapsforhold og derigjennom individuell variasjon i reproduktiv suksess i bestanden.

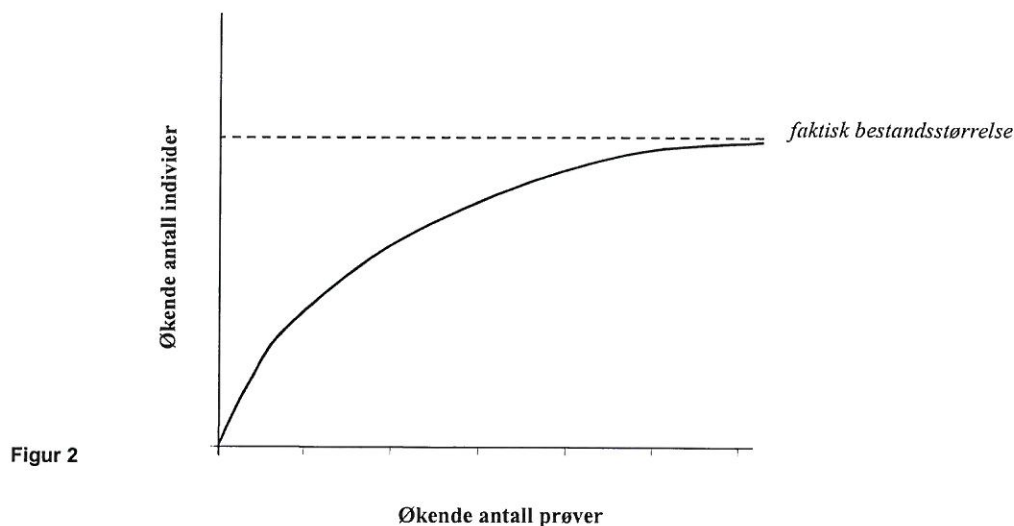
Vi har i løpet av de 3-4 siste årene utviklet en robust DNA-basert overvåkningsmetode på jerv. Innsamlet ekskrementmateriale kan med stor grad av sikkerhet gi identitet og kjønn fra genetiske profiler. Tidligere har vi rapportert fra analysen av 464 ekskrementprøver innsamlet i Sør-Norge i løpet av 2000, 2001, og 2002. 2000-materialet (59 prøver) ble i hovedsak samlet inn i Lesja kommune, mens det fra våren 2001 ble iverksatt rutinemessig innsamling over hele jervens utberedelsesområde i Sør-Norge (til fylkesgrensen mellom Sør- og Nord-Trøndelag, unntatt Fosen). I 2002 ble innsamlingsområdet utvidet til også å innbefatte Nord-Trøndelag. Av 154 innsamlede prøver i 2001, kunne 111 individ- og kjønnsbestemmes. Disse 111 prøvene representerte 60 ulike individer, 30 hunner og 30 hanner. I 2002 var suksessraten for vellykket genetisk analyse en del lavere, hvor 132 av 251 innsamlede prøver kunne individ- og kjønnsbestemmes. Disse prøvene representerte 65 ulike individer, 32 hunner og 33 hanner, hvorav 6 var påvist i Nord-Trøndelag (se figur 4).

I denne rapporten vil vi i hovedsak fokusere på resultatene fra materiale som ble innsamlet i Sør- og Midt-Norge i 2003 samt materiale fra Jämtland og Dalarna samlet inn i 2002 og 2003. Resultatene vil i sin tur knyttes opp mot resultatene fra Sør-Norge i 2001 og 2002. Vi vil først og fremst legge vekt på estimering av bestandsstørrelse og populasjonsstruktur. I denne sammenhengen vil vi diskutere i hvilken grad jervbestanden i Sør-Norge er genetisk isolert fra jerv i nærliggende områder i Norge og Sverige (Nord-Trøndelag, Dalarna og Jämtland). Materialet innsamlet fra "skogsjervene" i Sverige omhandles i en separat rapport.

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 er kjørt i minst 2-3 replikater for hvert locus. Dersom noe som helst tvil skulle ligge til grunn etter gjennomføring i henhold til disse kriteriene, er ytterligere replikater blitt gjennomført for de aktuelle prøvene. Alle prøver som gav jervspesifikt kjerne-DNA ble også kjønnsbestemt ved hjelp av to kjønnsmarkører (DBY3Ggu, DBY7Ggu; Hedmark et al. 2004). To uavhengige replikater per markør ble kjørt for alle prøver ved kjønnsbestemmelsen. Etter endt mikrosatelittanalyse og kjønnsbestemmelse ble de genetiske profilene til alle individuelle prøver sammenlignet. Prøver som var identiske på tvers av 10 loci samt representerte det samme kjønn, ble klassifisert som representanter for ett og samme individ. Med den graden av genetisk variasjon som finnes hos den skandinaviske jerven, er sannsynligheten for at to ulike individer har samme multi-locus genotype (dvs er identiske på tvers av 10 loci) svært lav. For ubeslektede individer er denne sannsynligheten  $< 0.01$  promille, mens den for helsøsken er  $< 3$  promille.

## Bestandsestimater, populasjonsstruktur og slektskapsanalyser

Det å samle inn ekskrementer 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 ekskrementprøve. Den nye prøven kan representere et individ som allerede er funnet tidligere eller den kan representere et nytt individ. Når man legger til flere og flere prøver, vil sannsynligheten for å støte på et nytt individ minske, for til slutt å ende opp på null. I det sannsynligheten er null, har man prøver fra hele bestanden. Dette prinsippet kan uttrykkes i form av en akkumuleringskurve som illustrert i **figur 2**. All fangst-gjenfangst metodikk er basert på dette prinsippet, men de rent matematiske detaljene varierer mellom ulike modeller. Vi har valgt å bruke metoden til Eggert et al. (2003) for å estimere størrelsen på jervbestanden i Sør- og Midt-Norge.



Siden jervbestanden i Sør-Norge er genetisk differensiert fra resten av bestanden på Nordkattolten, kan man ved hjelp av hvert enkelt individs genotype bestemme sannsynligheten for om det har sin opprinnelse i sør eller nord. Vi har brukt metoden til Pritchard et al. (2001) for å bestemme nærværet av nordlige immigranter i den sør-norske jervbestanden, og visualisert genotypene ved en "factorial correspondence analysis" (FCA; Benzecri 1973).

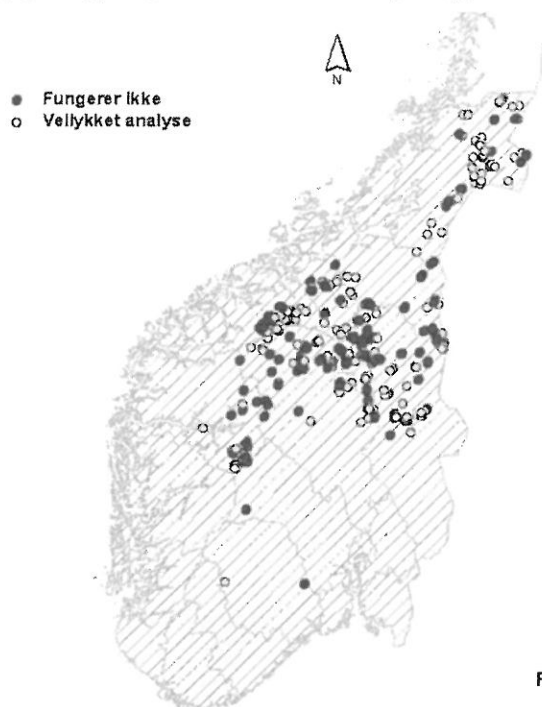
Slektskap mellom individer ble bestemt ved hjelp av metoden beskrevet av Marshall et al. (1998). Kun individer som var samlet i eller ved et ynglehi ble undersøkt. Kandidatforeldre ble plukket ut blant individer som var samlet i nærhet til det aktuelle ynglehiet.

## Resultater og diskusjon

### Sør- og Midt-Norge

#### Suksessrate og genotypningskvalitet

Vellykket genetisk analyse ble gjennomført på 196 av de totalt 397 prøvene som ble samlet inn i 2003 (**figur 3, Appendix 1**). Dette utgjør ca. 50% av innsamlet materiale, dvs. omtrent samme suksessrate som for 2002-materialet. Denne suksessraten er imidlertid betydelig lavere enn det vi oppnådde i 2001, da den lå på ca. 70 %. Det er fortsatt uklart for oss hvorfor suksessraten har vært såpass lav for det norske materialet de to siste årene, spesielt siden vi i samme periode har hatt en adskillig høyere suksessrate på ekskrementmateriale fra Sverige (ca. 70%; se **figur 11, Appendix 3**). For å øke suksessraten ved senere innsamlinger i Sør- og Midt-Norge, bør vi diskutere muligheten for ulike lagringsalternativer i felt. Eksempelvis kan man tenke seg et opplegg der en liten del av prøven legges i 70% etanol, mens resten av prøven fryses som tidligere. Ekskrementmateriale som er blitt lagret i alkohol har i flere tilfeller gitt en høy genotypningsrate for andre arter (se Eggert et al. 2003, Frantz et al. 2003).

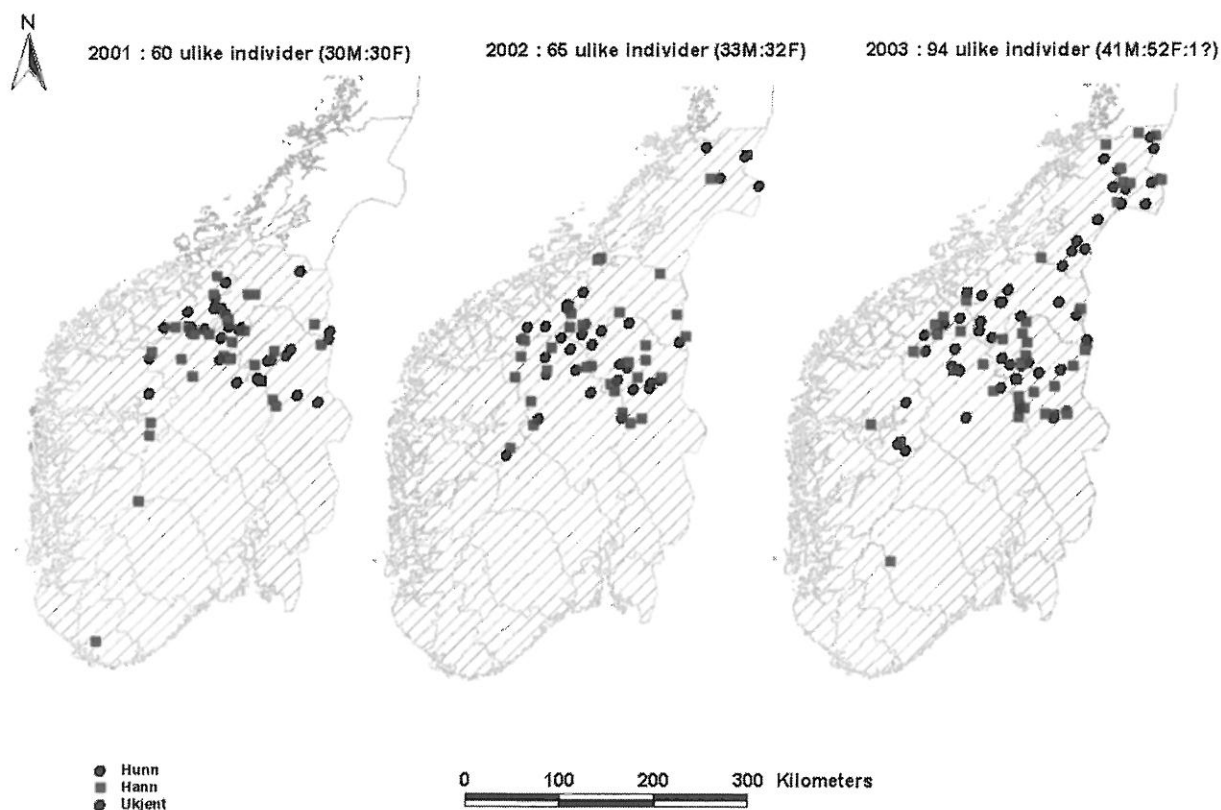


Figur 3

Kvaliteten på genotypingen av de fungerende prøvene er fortsatt god. Allelic dropout (dvs. genotypningsfeil der kun det ene av to alleler (genetiske varianter) detekteres i analysen) ble funnet i mindre enn 10% av alle replikater for heterozygote individer detektert i 2003. Gitt at hver enkelt analyse kjøres i flere replikater, vil en dropout-rate på 10% gi meget lav sannsynlighet for ikke-detekterte dropouts i det endelige datasettet, med en statistisk forventning om feiltolkning av genotypen i ca. 3 av 2000 tilfeller.

#### Geografisk fordeling av fungerende prøver og individbestemmelse

De 196 fungerende prøvene representerte 94 ulike individer (**figur 4, Appendix 1**). 71 av disse dyra (38 hunner, 33 hanner) var påvist i Sør-Norge, dvs fra og med Sør-Trøndelag og sørover. De resterende 23 (13 hunner, 9 hanner, 1 ukjent) var funnet i Nord-Trøndelag. Detaljerte kart for alle fungerende prøver for 2003 er gitt i **figur 5**. Som for de foregående innsamlingssesongene ser vi at de aller fleste individer er representert ved prøver som er funnet relativt nær hverandre.



**Figur 4.** Fordeling av jerv i Sør- og Midt-Norge i 2001-2003. Hvert dyr er representert med et datapunkt, også de individer som var representert med flere prøver i ekskrementmaterialet. Skraverte områder indikerer avgrensingen for innsamlingsområdet det enkelte år.

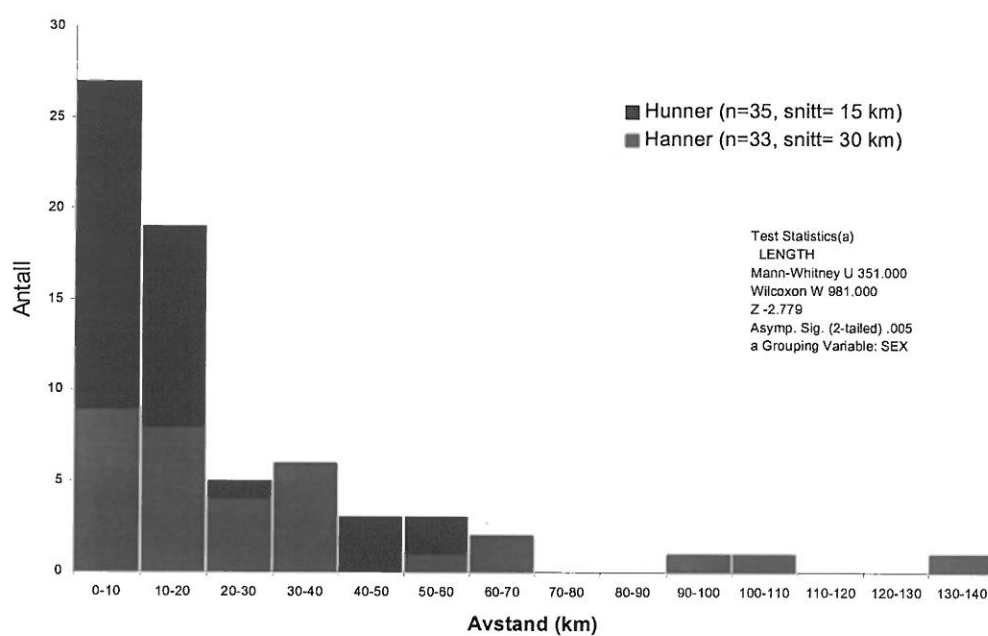
Av de 71 individene som var samlet fra Sør-Trøndelag og sørover i 2003, var 34 representert i ekskrementmaterialet innsamlet tidligere (2001 og/eller 2002). De 37 nye individene fordeler seg sannsynligvis i tre kategorier: (1) Voksne dyr som ikke er blitt samlet tidligere, (2) Individer som ble født i 2002 og som dermed hadde svært liten sannsynlighet for å bli samlet dette året, (3) Nye immigranter.

Individer som er representert i to eller flere innsamlings sesonger er vist i **figur 6**. De fleste individer synes å oppholde seg omtrent på samme sted over tid. Vi ser imidlertid at noen individer har beveget seg relativt langt (stort sett hanner). Forskjellen mellom kjønnene i resamlingsavstander er statistisk signifikant ( $p < 0.005$ ; Mann-Whitney U-test). Kjønnforskjellene kan skyldes at hannene har lengre spredningsavstander enn hunnene, noe som er i tråd med generell utvandringsteori. En annen mulighet er at unge hanner kan ha et senere etableringstidspunkt enn unge hunner. Hvis bare ungdyr av det ene kjønn er i en spredningsfase når innsamlingen av ekskrementer skjer (mars-april), mens det andre kjønn allerede har etablert territorium, så vil dette kunne slå ut i kjønnforskjeller i resamlingsavstandene.





Figur 5



**Figur 6.** Oversikt over individer som er påvist i minst to av innsamlingssesongene 2001-2003 (rød=hann; blå=hunn).





---

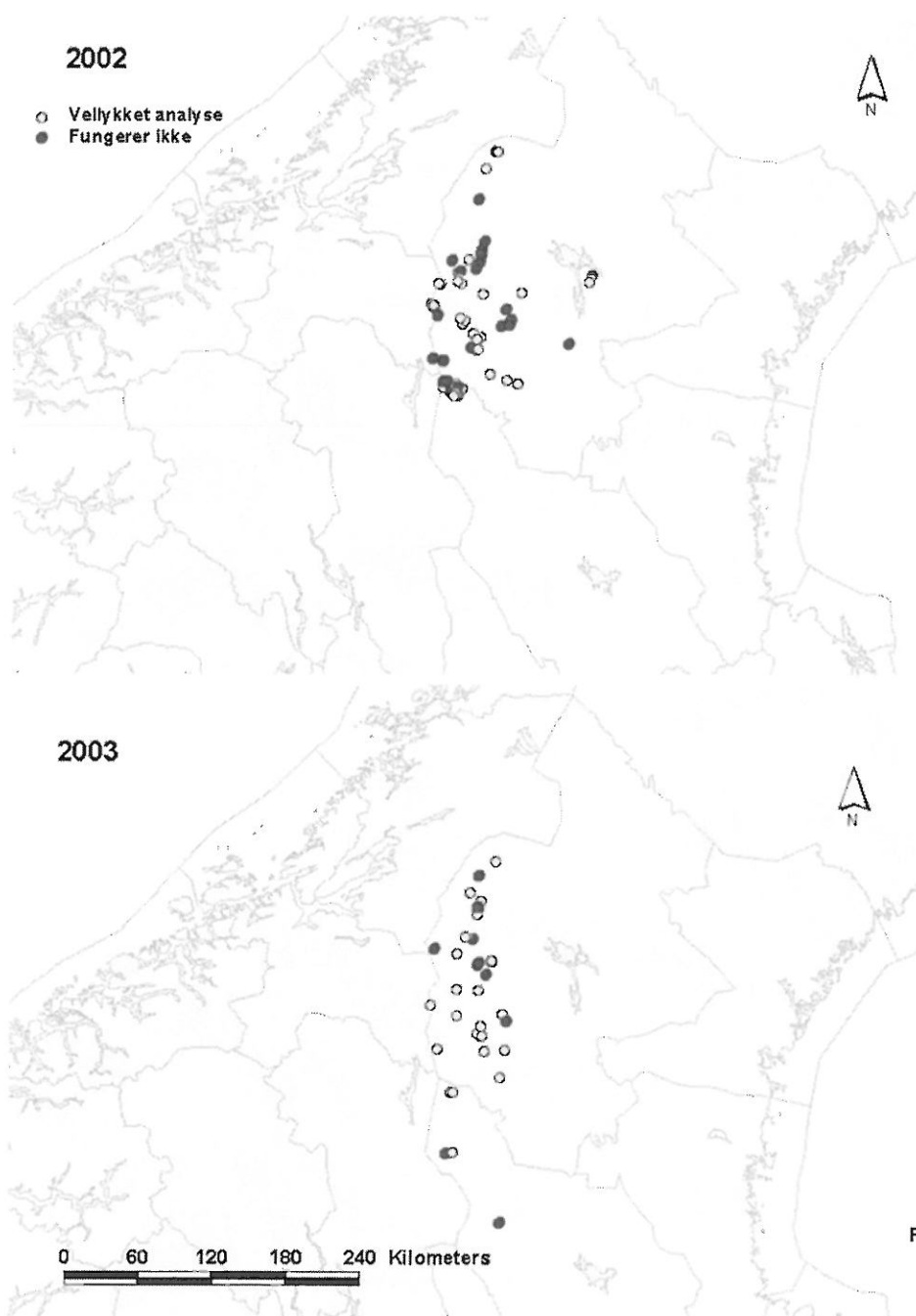
12

## Sverige

### Suksessrate og genotypningskvalitet

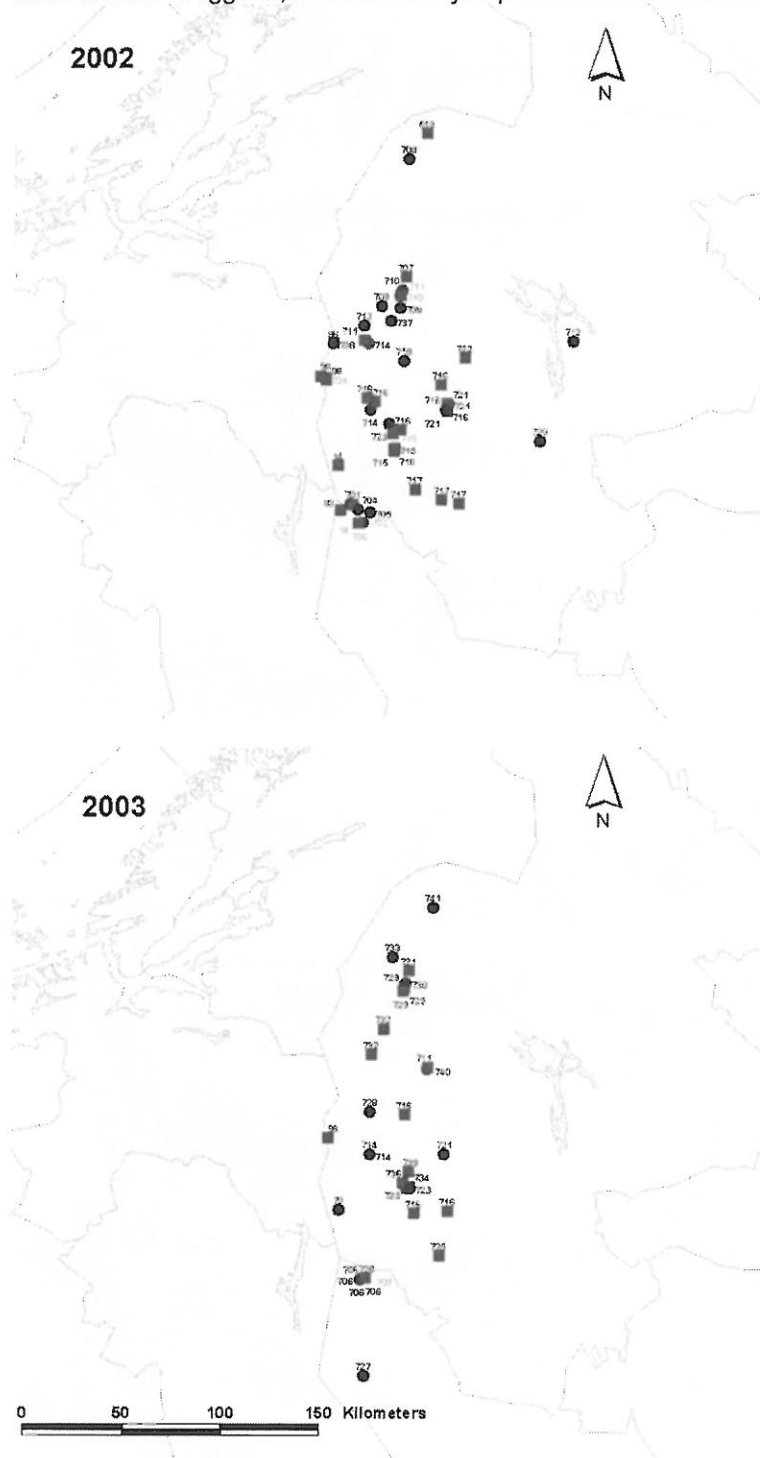
Vellykket genetisk analyse ble gjennomført på 86 av de 138 ekskrement- og sekret-prøvene som ble samlet inn i Jämtland og Dalarna i 2002 og 2003 (**figur 11, Appendix 3**). Dette gir en suksessrate på ca. 62 %, altså en del høyere enn suksessraten på ca. 50 % som ble oppnådd for det norske materialet fra både 2002 og 2003. Suksessraten varierer noe mellom de to innsamlingsårene. For 2002-materialet kunne 53 av 89 prøver genotypes (60 %), mens suksessraten økte til 69 % for 2003-materialet (vellykket genotyping for 33 av 48 prøver). Som diskutert ovenfor, er det uklart hvorfor de svenske prøvene generelt synes å fungere bedre enn de norske for disse to årene.

Kvaliteten på genotypingen er tilsvarende for prøver fra de to landene; dvs. at genotypingsfeil ble funnet i mindre enn 10% av alle replikater også for svenske individer.

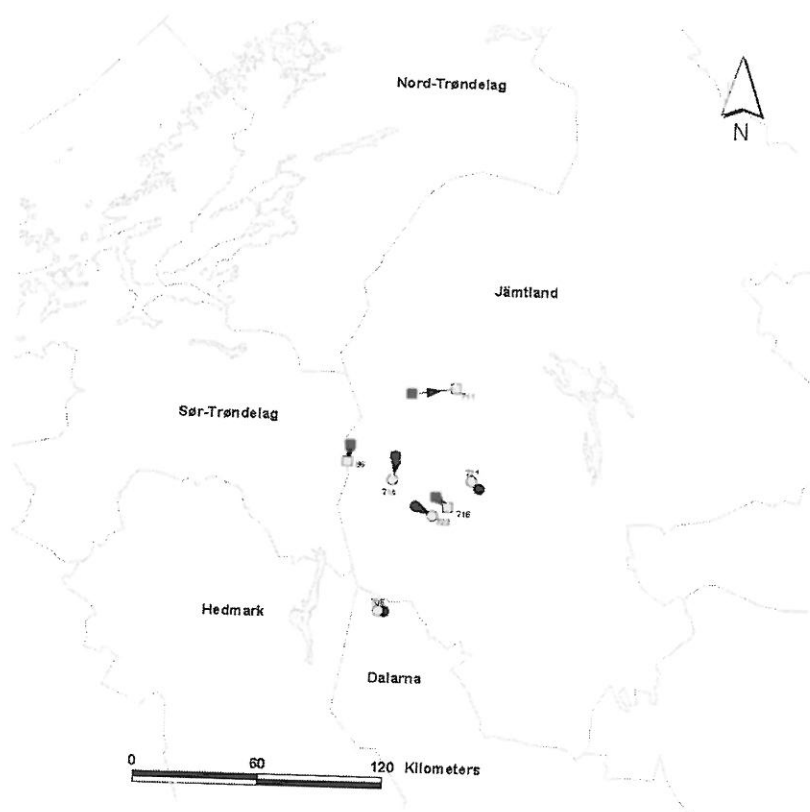


### Geografisk fordeling av fungerende prøver og individbestemmelse

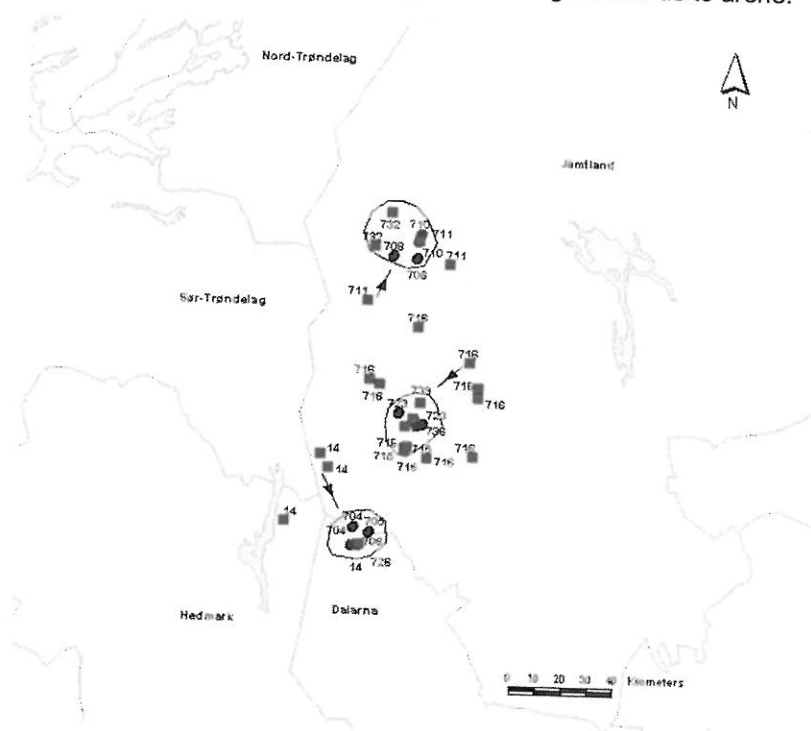
De 86 fungerende prøvene representerte 45 ulike individer (24 hunner, 21 hanner; **Appendix 3**). 23 av disse dyra (13 hunner, 10 hanner) var representert bare i 2002, mens 15 dyr (7 hunner, 8 hanner) var representert bare i 2003. 7 individer (4 hunner, 3 hanner) var representert i begge innsamlingssesonger. Detaljerte kart for alle fungerende prøver er gitt i **figur 12**. Som for det norske prøvematerialet, ser vi at de aller fleste individer er representert ved prøver som er samlet relativt nær hverandre. Ett individ skiller seg imidlertid ut. Dette gjelder individ 716, som er representert med flere prøver både i 2002 og 2003. Disse prøvene avgrensner relativt store områder begge år, noe som kan tyde på at vi her står overfor en territorieholdende hann.



Figur 12



**Figur 13.** Individu som er representert i to innsamlingssesonger i Jämtland og Dalarna. Ingen av disse 7 individene har forflyttet seg nevneverdig mellom de to årene.



**Figur 14.** Sannsynlige slektskapsforhold i Jämtland og Dalarna. Reproduserende tispe med avkom finnes innenfor de angitte sirklene. Alle tre familiegruppene har et sannsynlighetsnivå på slektskapsforholdet som er over 95%.

## Slektskapsanalyser

Som for de norske prøvene, har vi også for det svenske materialet bare gjort slektskapsanalyser for prøver som er samlet på eller i umiddelbar nærhet av et ynglehi. Vi har tatt utgangspunkt i hunner som er funnet ved et ynglehi. Siden har vi sett på hvilke prøver i nærheten av dette ynglehiet som kan representere sannsynlige avkom for denne hunnen. Til slutt har vi matchet det hele med kandidatfedre, som er representert med en eller flere prøver i nærheten av det samme ynglehiet. Denne tilnærmingen har gitt oss tre mulige familiegrupper, illustrert i **figur 14**. Vi ser at den reproduserende hannen i alle tre tilfeller er representert ved prøver som dekker et relativt stort område, mens hunnen alltid er representert med prøver samlet tett på ynglehiet. Alle disse slektskapsrelasjonene har et høyt sannsynlighetsnivå.

## Populasjonsstruktur i Skandinavia

Tidligere studier har vist at jervbestanden i Sør-Norge til en viss grad er isolert fra resten av bestanden på Nordkalotten (Walker et al. 2001, Flagstad et al. 2004). Isolasjonen innebærer forskjeller i den genetiske komposisjonen til delbestandene, som igjen gjør at vi kan detektere immigranter i den sørnorske bestanden. I fjorårets rapport oppgav vi seks sannsynlige migranter representert i ekskrementmaterialet for 2001, hvorav tre av disse var reproduserende hunner. I denne analysen brukte vi Sarek-bestanden som en referansepopulasjon for å finne migrantene. Vi har nå forsøkt å få fram et mer nøyaktig og nyansert bilde ved å inkludere jerv fra Jämtland/Dalarna samt dyr fra Nord-Trøndelag i disse immigrasjonsanalysene. Denne tilnærmingen har gitt oss en betydelig bedre forståelse av populasjonsstrukturen til den Skandinaviske jervbestanden enn vi hadde tidligere.

Det første vi gjorde var å se på den genetiske differensieringen mellom jerv i fire ulike geografiske områder; (1) Sør-Norge, (2) Nord-Trøndelag, (3) Jämtland/Dalarna, og (4) Sarek. Denne analysen (**tabell 1**) viste som ventet at jerver i Sør-Norge er signifikant differensiert fra jerv i alle de tre andre områdene. Videre viste analysen at jerv fra Nord-Trøndelag ikke var genetisk forskjellige fra jerv i Jämtland/Dalarna. Dyr fra disse områdene utgjør altså en felles delbestand. Sammenligner en jerv fra Nord-Trøndelag, Jämtland og Dalarna med Sarek-bestanden, finner vi imidlertid en liten, men signifikant genetisk forskjell.

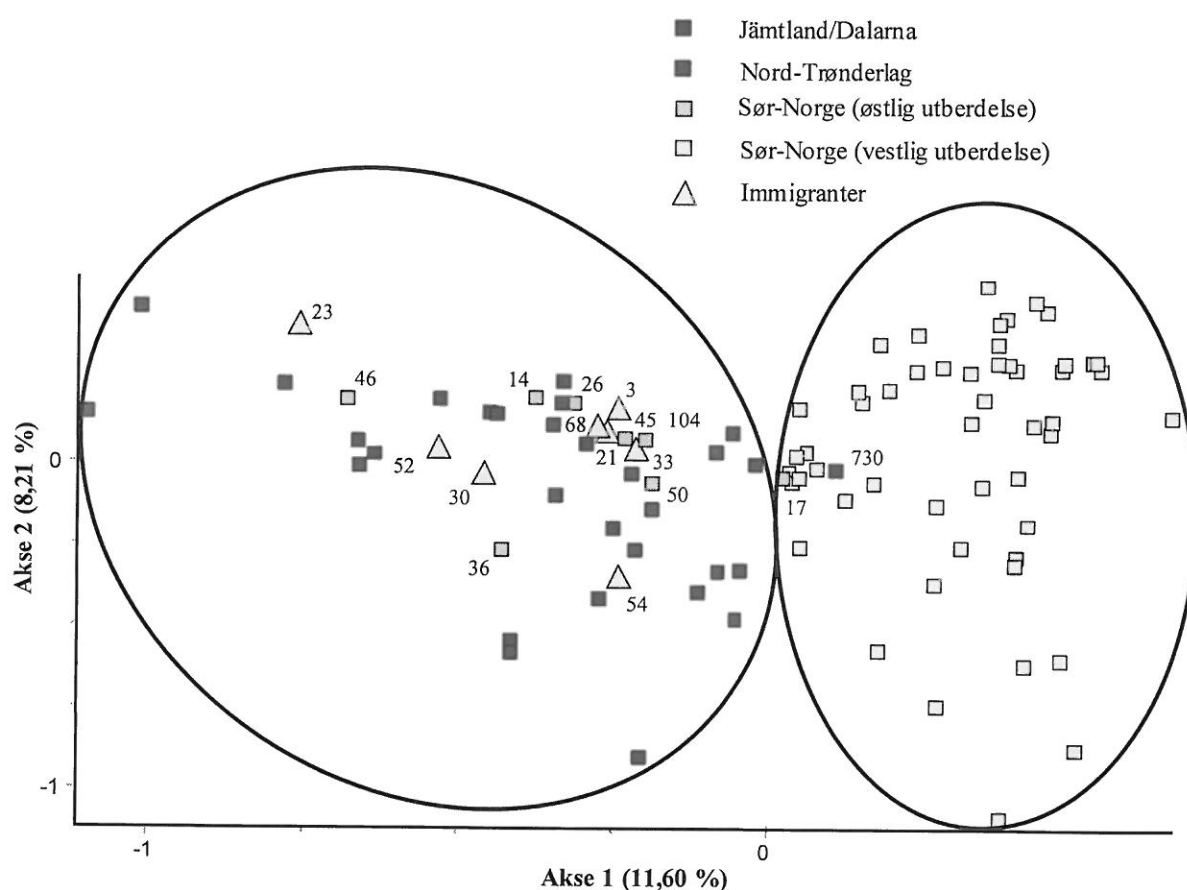
I kartleggingen av immigranter i delbestanden i Sør-Norge, valgte vi derfor å bruke Nord-Trøndelag/Jämtland/Dalarna som referansebestand. Resultatene av denne analysen er oppsummert i **figur 15** og **16**. Det viser seg at alle individer som er samlet øst for korridoren markert i **figur 16**, genetisk sett ligner atskillig mer på dyr fra Nord-Trøndelag/Jämtland/Dalarna enn på et typisk genetisk individ fra bestanden i Sør-Norge. Individer samlet vest for den samme korridoren har derimot i stor grad genotyper som er typiske for den sør-norske bestanden. Det kan synes som om det eksisterer en relativt distinkt skillelinje mellom de østligste og de mer sentrale delene av utbredelsesområdet i Sør-Norge. Jerv i den østlige delen av utbredelsesområdet i Sør-Norge hører til den samme delbestanden som jerv fra Jämtland/Dalarna/Nord-Trøndelag, mens jerv vest for korridoren utgjør en genetisk distinkt delbestand i Sør-Norge. En så klar skillelinje kan tyde på en barriere mot genflyt mellom de to delbestandene. Vi må dog medgi at det er vanskelig å få øye på en slik barriere i landskapet som utgjør dette skillet. Et annet plausibelt scenario er at de to delbestandene har vært og er i en ekspansjonsfase. Den sør-norske bestanden ekspanderer øst- og nordover, mens Jämtland-Dalarna og Nord-Trøndelagsbestanden ekspanderer sør- og vestover, og de to delbestandene er nå i ferd med å møtes.

Det er interessant å merke seg at bevegelsen mellom de to delbestandene ikke er symmetrisk. Mens nesten alle dyr samlet i den østlige delbestanden synes å ha foreldre fra sin egen delbestand (kun individ 730 synes å være en immigrant), finner vi en god del individer i den vestlige delbestanden som sannsynligvis er migranter fra øst. Dette gjelder individene 3, 21, 23, 30, 33, 52, 54 og 68 (**figur 15, 16**), samt individene 72, 73, 108, 112 (**figur 16**). De fire siste er ikke med i **figur 15** siden disse foreløpig bare er genotypet for 10 loci. Sju av de tolv sannsynlige migrantene er hunner, hvorav tre (individ 21, 23, 33) nylig har reproduisert i den sørvestlige delbestanden.

Immigrasjon synes å være mye mindre vanlig andre veien. I tillegg til individ 730, har vi imidlertid en direkte observasjon av migrasjon mellom Sør-Trøndelag og Nord-Trøndelag. Dette gjelder individ 133, som ble samlet i Meldal kommune i april 2003 og i Verdal kommune i mai 2003 (se **figur 5**). Dette individet bærer et allel (genetisk variant) som vi foreløpig ikke har funnet blant de 63 individene i den nordøstlige delbestanden.

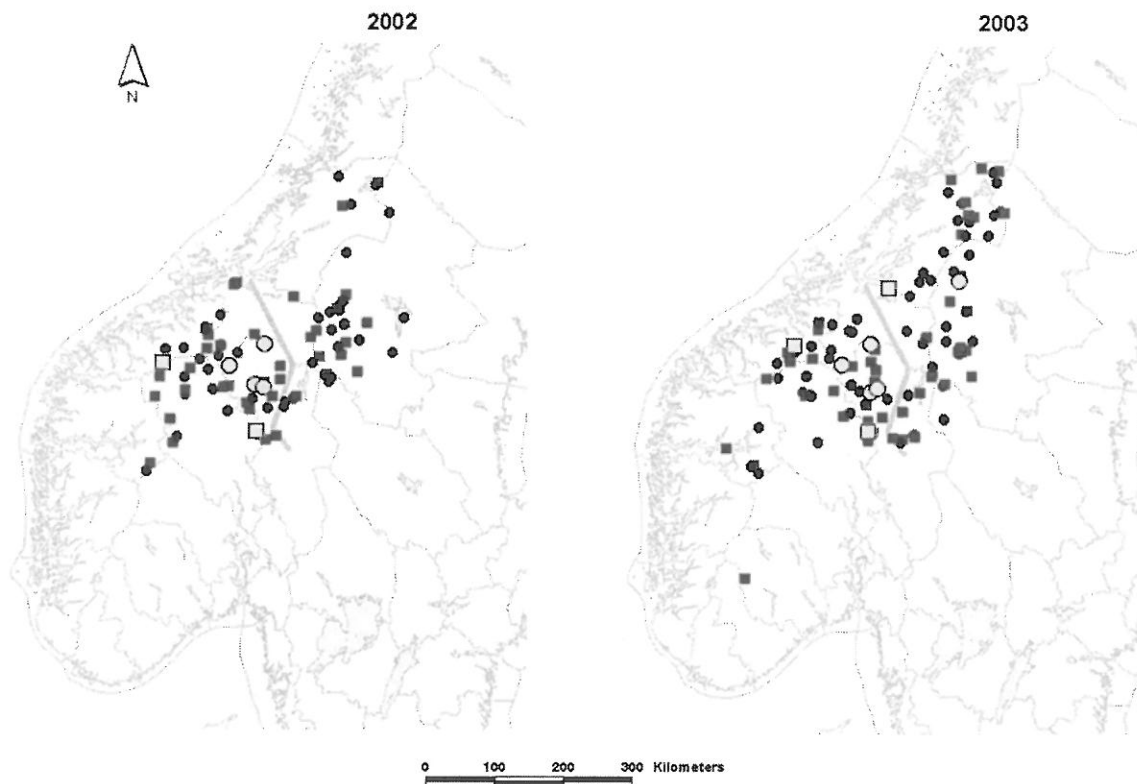
**Tabell 1.** Populasjonsdifferensiering mellom fire ulike delbestander av skandinavisk jerv. Stjernene angir signifikansnivået:  $p < 0.05$ ,  $p < 0.01$ ,  $p < 0.001$  for en, to og tre stjerner

	Nord-Trøndelag	Jämtland-Dalarna	Sarek
Sør-Norge	0.044***	0.064***	0.059***
Nord-Trøndelag		-0.006 (ns)	0.016*
Jämtland-Dalarna			0.020**



**Figur 15.** To-dimensjonal visualisering (FCA) av multi-locus genotyper fra fire geografiske områder. Jerv som er påvist i Sør-Norge, men som har en genotype som indikerer en nordlig opprinnelse, er angitt som immigranter. Individnummer er angitt for migranter og jerv påvist i de østlige delene av det sør-norske utberedelsesområdet.





**Figur 16.** Alle individer påvist i Sør-Norge, Nord-Trøndelag, Jämtland og Dalarna i 2002 og 2003. Blå sirkel=hunn; Rød firkant=hann. Gule symboler indikerer immigranter. Den oransje linjen indikerer skillet mellom den sørvestlige og den nordøstlige delbestanden.

## Konklusjon

Etter tre innsamlingssesonger, har vi nå en ganske klar ide om den nåværende bestandsstørrelsen i Sør-Norge, som mest sannsynlig er i underkant av 100 individer, inklusive streifindivider. Sett i lys av estimatene fra minimumstillingene av aktive ynglehi, synes bestandsestimatene basert på innsamlede ekskrementer fornuftige (**figur 8**). De vellykkede slektskapsanalysene gjør at vi nå kjenner en god del av de territorieholdende hannene og hunnene i bestanden. Viktig er det også at den vestlige delbestanden ikke er helt isolert fra resten av den skandinaviske jervbestanden, og at immigrantene endog reproducerer. Dette bidrar til å opprettholde den genetiske variasjonen i bestanden, og derigjennom redusere sannsynligheten for skadelige innavlseffekter.

Vi har foreløpig valgt å ikke bruke det svenske materialet til å estimere bestandsstørrelse ved hjelp av fangst-gjenfangst metodikk. Dette fordi materialet til dels er litt tynt (spesielt for 2003), samt at en god del av prøvene er samlet på ynglehi. Det er dermed uklart hvor mange nullåringer som finnes i datasettet, og hvordan dette eventuelt vil påvirke et fangst/gjenfangst-estimat. Delbestanden i Jämtland/Dalarna er gjennom ynglehitellinger estimert til ca. 40 individer, og med 30 og 22 ulike individer for henholdsvis 2002 og 2003, kan vi forsiktig anslå at vi har samlet drøye 50% av populasjonen.

Vi håper å få et enda større datasett fra Jämtland og Dalarna for 2004, slik at fangst/gjenfangst-metodikk forhåpentligvis kan bidra til et godt estimat på bestandsstørrelsen. Videre håper vi, gjennom å øke antall genetiske markører for alle detekterte individer, å kunne løse opp flere slektskaps-relasjoner i de to delbestandene, og derigjennom få økt kunnskap

**Adresseliste:**

Fylkesmannen i Finnmark  
Fylkesmannen i Troms  
Fylkesmannen i Nordland  
Fylkesmannen i Nord-Trøndelag  
Fylkesmannen i Sør-Trøndelag  
Fylkesmannen i Møre og Romsdal  
Fylkesmannen i Oppland  
Fylkesmannen i Hedmark  
Fylkesmannen i Østfold  
Fylkesmannen i Oslo og Akershus  
Fylkesmannen i Vestfold  
Fylkesmannen i Buskerud  
Fylkesmannen i Telemark  
Fylkesmannen i Aust-Agder  
Fylkesmannen i Vest-Agder  
Fylkesmannen i Rogaland  
Fylkesmannen i Hordaland  
Fylkesmannen i Sogn og Fjordane  
Miljøverndepartementet  
DN-viltseksjonen  
DN-SNO

Dette dokumentet er også tilgjengelig som .pdf dokument på Internett: <http://nidaros.nina.no>

Z02M716	716	JS02-137	M	020315	Z
Z02M716	716	JS02-138A	M	020221	Z
Z02M716	716	JS02-145	M	020315	Z
Z02M716	716	JS03-141	M	030228	Z
Z02M716	716	JS03-142	M	030129	Z
Z02M716	716	JS03-144	M	030202	Z
Z02M717	717	JS02-108	M	020307	Z
Z02M717	717	JS02-123	M	020325	Z
Z02M717	717	JS02-134	M	020226	Z
Z02M718	718	JS02-112	M	020314	Z
Z02F719	719	JS02-120	F	020506	Z
Z02F720	720	JS02-121	F	020225	Z
Z02F721	721	JS02-124	F	020327	Z
Z02F721	721	JS02-135A	F	020509	Z
Z02F721	721	JS02-142A	F	020509	Z
Z02F721	721	JS03-172	F	030218	Z
Z02M722	722	JS02-132	M	020307	Z
Z02F723	723	JS02-140	F	020315	Z
Z02F723	723	JS03-157	F	030313	Z
Z02F723	723	JS03-162	F	030311	Z
Z02M724	724	JS02-146	M	020507	Z
Z03M726	726	JS03-127	M	030213	W
Z03F727	727	JS03-129	F	030130	W
Z03F728	728	JS03-143	F	030219	Z
Z03M729	729	JS03-145	M	030131	Z
Z03M729	729	JS03-146	M	030131	Z
Z03M729	729	JS03-150	M	030131	Z
Z03F730	730	JS03-147	F	030131	Z
Z03M731	731	JS03-148	M	030407	Z
Z03M732	732	JS03-149	M	030415	Z
Z03M732	732	JS03-163	M	030131	Z
Z03F733	733	JS03-153	F	030407	Z
Z03M734	734	JS03-154	M	030104	Z
Z03M735	735	JS03-156	M	030407	Z
Z03M736	736	JS03-158	M	030302	Z
Z02F737	737	JS02-160	F	020704	Z
Z02F738	738	JS02-170	F	020627	Z
Z03M739	739	JS03-171	M	030201	Z
Z03F740	740	JS03-178	F	030224	Z
Z03F741	741	JS03-180	F	030326	Z

<sup>1</sup> F = hunn; M = hann

<sup>2</sup> W = Dalarna; Z = Jämtland