

1232

NINA Rapport



DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2015

Øystein Flagstad
Henrik Brøseth
Oddmund Kleven
Torveig Balstad
Merethe Hagen Spets
Line Birkeland Eriksen
Malin Johansson
Jessica Magnusson
Hans Ellegren

NINAs publikasjoner

NINA Rapport

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

NINA Temahefte

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

NINA Fakta

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

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 2015

Øystein Flagstad
Henrik Brøseth
Oddmund Kleven
Torveig Balstad
Merethe Hagen Spets
Line Birkeland Eriksen
Malin Johansson
Jessica Magnusson
Hans Ellegren

Flagstad, Ø., Brøseth, H., Kleven, O., Balstad, T., Spets, M. H., Eriksen, L. B., Johansson, M., Magnusson, J., & Ellegren, H. 2016. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2015. - NINA Rapport 1232. 23 s.

Trondheim, mars 2016

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-2891-6

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

KVALITETSSIKRET AV

Jonas Kindberg

ANSVARLIG SIGNATUR

Jonas Kindberg

OPPDRAKSGIVER(E)

Miljødirektoratet

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER

Terje Bø

NØKKELOORD

Jerv, Gulo gulo, ekskrementer, DNA, bestandsstørrelse, delbestander, overvåkingsrapport

KEY WORDS

Wolverine, *Gulo gulo*, scats, DNA, population size, sub-populations, monitoring report

KONTAKTOPPLYSNINGER

NINA hovedkontor

Postboks 5685 Sluppen
7485 Trondheim
Telefon: 73 80 14 00
Telefaks: 73 80 14 01

NINA Oslo

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

NINA Tromsø

Framsenteret
9296 Tromsø
Telefon: 77 75 04 00
Telefaks: 77 75 04 01

NINA Lillehammer

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

www.nina.no

Sammendrag

Flagstad, Ø., Brøseth, H., Kleven, O., Balstad, T., Spets, M. H., Eriksen, L. B., Johansson, M., Magnusson, J., & Ellegren, H. 2016. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2015. - NINA Rapport 1232. 23 s.

Genetiske analyser er nå implementert som et viktig verktøy i rovviltovervåkingen i Skandinavia. I særlig grad har antallet DNA-analyser av ekskrementer økt betydelig. Det siste tiåret 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 2015. Antall individer identifisert fra DNA er et minimumsestimat på bestandsstørrelse. Det er foreløpig ikke klart hvor stor andel av den faktiske bestandsstørrelsen disse minimumstallene utgjør. I Norge vurderes denne andelen å være høy, da det generelt er god dekningsgrad i innsamlingen, et stort antall analyserte prøver, og en høy andel tidligere kjente individer blant døde voksne jerver. I Sverige er det relativt langt fram til en god representasjon av hele jervebestanden, og det er ønskelig med et enda større fokus på DNA-innsamling i de fleste län i årene framover.

Det ble i 2015 registrert 269 jerver i Norge, som er en betydelig reduksjon (17,5 %) sammenlignet med 326 jerver registrert fra DNA i 2014. Samtidig var det en sterk nedgang i antall innsamlede prøver. Det er derfor vanskelig å vurdere om disse tallene representerer en reell bestandsreduksjon før vi har fått på plass god metodikk for bruk av DNA til bestandsestimering hos jerv. I Sverige ble det registrert 238 individer i 2015, som er en liten økning fra 221 DNA-identifiserte jerver i 2014.

Det er et sentralt mål i jerveovervåkingen å kunne estimere bestandsstørrelse ved bruk av fangst/gjenfangst metodikk. Et stort antall modeller med til dels ulike grunnleggende antagelser er utviklet. For å tilpasse de anvendte modellene til den skandinaviske jervebestanden har det likevel vært behov for en del justeringer. Det er spesielt jerver som lever i nærheten av administrative grenser, det være seg mellom land eller regioner, som skaper utfordringer. En nyutviklet modell har blitt testet, men analysene avdekket svakheter i modelleringen, spesielt i områder der antall innsamlede og fungerende prøver varierer betydelig mellom år. Etter anbefaling fra fagrådet for det Nasjonale overvåkingsprogrammet, jobbes det nå med å kombinere romlige og tidsmessige aspekter i modellen. I en slik utvidet modell vil man kunne fokusere både på de ulike individenes områdebruk for å ta høyde for grenseproblematikken på en tilfredsstillende måte, samtidig som fangsthistorikken, dvs. hvilke år de ulike individene er påvist, kan bidra til å redusere modellens sårbarhet for mellomårsvariasjon i antall innsamlede og fungerende prøver.

Øystein Flagstad, Henrik Brøseth, Oddmund Kleven, Torveig Balstad, Merethe Hagen Spets og Line Birkeland Eriksen. Norsk institutt for naturforskning, Postboks 5685 Sluppen, 7485 Trondheim. oystein.flagstad@nina.no, henrik.broseth@nina.no

Malin Johansson, Jessica Magnusson og Hans Ellegren, Evolutionsbiologiskt center, Uppsala Universitet, Norbyvägen 18D, 752 36 Uppsala. hans.ellegren@ebc.uu.se

Abstract

Flagstad, Ø., Brøseth, H., Kleven, O., Balstad, T., Spets, M. H., Eriksen, L. B., Johansson, M., Magnusson, J., & Ellegren, H. 2016. DNA-based monitoring of the Scandinavian wolverine population 2015 - NINA Report 1232. 23 pp.

Genetic analysis is implemented as an important tool in the monitoring of large carnivores in Scandinavia. In particular, DNA analyses of carnivore 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 on the number of individuals identified in Norway, Sweden and Finland during winter 2015. The number of identified individuals represents a minimum estimate of the population size. It is not yet clear what proportion of the true population size these minimum numbers represent. However, the proportion must be quite high in Norway, given the generally good sampling coverage, a large number of analyzed samples, and a very high proportion of known individuals among culled adult wolverines. In Sweden, there is a rather long way to go in order to obtain representative sampling across the entire population. As such, a stronger focus on DNA sampling is needed in most counties over the next few years.

In 2015, 269 wolverines were registered within the national borders of Norway, which is a considerable reduction (17,5 %) from 326 wolverines identified from DNA in 2014. The number of samples analysed was also substantially reduced between 2014 and 2015. Thus, without capture-mark-recapture (CMR) based estimates of population size, it is difficult to evaluate whether these numbers represent a true population reduction. In Sweden 238 wolverines were identified from DNA in 2015, which is a small increase from 221 wolverines in 2014.

It is a central goal in the monitoring of Scandinavian wolverines to use CMR based methods to estimate the population size. A large number of models with partly different basic assumptions have been developed. However, to adjust the applied models to the Scandinavian wolverine population, some revision are needed. In particular, wolverines living close to administrative borders such as countries, regions or counties create challenges. We have tested a recently developed model, but the analyses revealed weaknesses in the modelling, especially when the number of samples varied strongly among years. The academic council for the National monitoring programme recommended combining spatial and temporal aspects in a more integrated way. In such a model, it will still be possible to focus on individual home ranges to handle the challenges related to administrative borders and open populations, but at the same time use the sampling history for individuals to reduce the model's sensitivity to variation in sample size between years.

Øystein Flagstad, Henrik Brøseth, Oddmund Kleven, Torveig Balstad, Merethe Hagen Spets and Line Birkeland Eriksen. Norwegian Institute for Nature Research, PO Box 5685 Sluppen, 7485 Trondheim. oystein.flagstad@nina.no; henrik.broseth@nina.no

Malin Johansson, Jessica Magnusson and Hans Ellegren, Centre for Evolutionary Biology, Uppsala University, Norbyvägen 18D, 752 36 Uppsala. hans.ellegren@ebc.uu.se

Innhold

Sammendrag	3
Abstract	4
Innhold	5
Forord	6
1 Innledning.....	7
2 Metodikk	7
2.1 Innsamling av materiale og laboratoriearbeid	7
2.2 Bestandsestimering	8
3 Resultater	9
3.1 Analyserte prøver i Norge, Sverige og Finland	9
3.2 Det norske materialet	9
3.3 Det svenske materialet	12
3.4 Vevsprøver av døde jerver	13
3.5 Identifisering av grensejerver	13
4 Diskusjon.....	16
5 Referanser	17
Vedlegg 1	18
Vedlegg 2.....	22

Forord

Denne rapporten oppsummerer den DNA-baserte overvåkingen av jerv i Skandinavia vinteren 2015. 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, mars 2016, Øystein Flagstad

1 Innledning

Den skandinaviske jervebestanden er gjennom yngleregistreringer i 2013 - 2015 estimert til drøyt 900 individer (Anon. 2015). Omfattende overvåking av populasjonen er nødvendig for å kunne følge bestandsutviklingen. Jerven er en art med store arealkrav og i fjellet er det til tider svært ustabile værforhold. Dette fører 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 et al. 2004; Flagstad et al. 2005). Individidentifisering basert på DNA-profiler fra ekskrementer og hår har gitt en alternativ metode for estimering av bestandsstørrelse (Flagstad et al. 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. Videre har DNA-analysene vist at den Skandinaviske jervepopulasjonen består av tre delbestander: **(1)** En sørvestlig delbestand av sørnorsk jerv vest for Østerdalen. **(2)** En stor østlig bestand av jerv øst og nord for Østerdalen. Jerv fra Nordland, Nord-Trøndelag og nesten all svensk jerv tilhører også denne gruppen. **(3)** Jerv i Troms, Finnmark, Nord-Finland og den aller nordligste delen av Sverige (nord for Torneträsk) (Flagstad et al. 2012).

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, først og fremst på ynglelokaliteter som et ledd i kartlegging av antall ynglinger. Fra 2007 er det samlet inn materiale også fra våre tre nordligste fylker (Flagstad et al. 2008).

I denne rapporten oppsummerer vi resultatene av DNA-analysene knyttet til overvåkingen av den skandinaviske jervebestanden i 2015. Vi rapporterer antall identifiserte individer i Norge, Sverige og Finland, på landsbasis og i de ulike regioner og län, og peker på hovedmønstre i bestandsutviklingen.

2 Metodikk

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.

Vinteren 2015 ble det samlet inn totalt 2173 DNA-prøver av jervekskrementer og hår i Norge, Sverige og Finland som er registrert i Rovbase 3.0. I alt 28 av disse ble ikke analysert fordi de aldri ble mottatt ved analyselaboratoriet (13 prøver) eller ankom etter fristen for innlevering (15 prøver). Åtte av de mottatte prøvene ble ikke analysert da de var samlet inn på kjente hilokaliteter etter at valpene vanligvis er kommet ut av hiet. Slike DNA-prøver av mulige valper inngår ikke som en del av den DNA-baserte overvåkingen av bestandsstørrelsen. Noen av de analyserte prøvene var også samlet inn på kjente hilokaliteter i forbindelse med barmarkskontroller. I alt 20 av disse prøvene representerte nye individer, som kan være valper. Disse prøvene utgår fra det rapporterte materialet, som totalt består av 2117 jerveekskrementer og –hår.

DNA ble isolert med en ekstraksjonsrobot for isolering av DNA (Maxwell, Promega, Fitchburg, Wisconsin) eller med en manuell metode som opprinnelig ble utviklet for å isolere DNA fra jordprøver (PowerMax™ Soil DNA Isolation Kit, MO BIO Laboratories, Carlsbad, California, USA).

I tilfeller av vellykket ekstraksjon av jervespesifikt kjerne-DNA, har vi gjennom genotyping generert DNA-profiler fra 11 genetiske markører (såkalte mikrosatelitter): Gg7 (Davis & Strobeck 1998), Ggu14, Ggu42, Gg443, Gg452, Gg454, Gg465 (Walker et al. 2001), Gg216, Gg234 (Duffy et al. 1998), Mvis072, Mvis075 (Fleming et al. 1999) og to kjønnsmarkører (DBY3Ggu, DBY7Ggu; Hedmark et al. 2004). For mikrosatelittene kjørte vi tre uavhengige replikater pr prøve og markør, mens det for kjønntesten ble kjørt to uavhengige replikater. Prøver med identiske DNA-profiler ble klassifisert som samme individ. I tillegg til de 11 markørene nevnt ovenfor, har vi analysert samtlige individer (én prøve per individ) for ytterligere 8 loci: Tt4 (Davis & Strobeck 1998), Ggu10, Ggu25, Gg470, Gg471 (Walker et al. 2001), Gg101B (Duffy et al. 1998), Mvis057 (OConnell et al. 1996) og Lut604 (Dallas & Piertney 1998). Genotyping på tvers av 19 markører sikrer høy presisjon i slektskapsanalyser og analyser av populasjonsstruktur.

Basert på resultatene fra et pilotstudium (Hedmark et al. 2004), har vi valgt å legge følgende kriterier til grunn for robust genotyping. En prøve som er homozygot (dvs. har én genetisk variant) for et locus (genetisk markør), må vise dette i alle de tre rutinemessig kjørte replikatene for at genotypen skal aksepteres og inngå i datasettet. En prøve som er heterozygot (dvs. har to ulike genetiske varianter) for et locus, må vise et slikt mønster i minimum to av de tre replikatene for at genotypen skal inngå i datasettet. Dersom noe som helst tvil skulle ligge til grunn etter gjennomføring i henhold til disse kriteriene, er ytterligere replikater blitt gjennomført for de aktuelle prøvene.

2.2 Bestandsestimering

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 identifisert hele bestanden. All fangst/gjenfangst-metodikk er basert på dette prinsippet, men de rent matematiske detaljene varierer mellom ulike modeller. Tidligere har vi brukt metodene til Eggert et al. (2003) og Miller et al. (2005) for å estimere bestandsstørrelsen. Begge disse metodene gir svært forsiktige eller konservative bestandsanslag, som har ligget svært nær det totale antallet jerv som er identifisert pr innsamlingssesong. Vi har derfor valgt å evaluere denne metodikken på nytt, og har involvert internasjonal ekspertise på bestandsestimering fra fangst/gjenfangst-metodikk i dette arbeidet. Dette arbeidet er godt i gang og en foreløpig modell for bestandsestimering er testet. Testresultatene viste at det fortsatt gjenstår en del arbeid før modellen og metoden som sådan kan brukes til bestandsestimering i den skandinaviske jervebestanden. Fokus i denne rapporten er derfor først og fremst antall ulike individer identifisert fra DNA i de ulike områdene i Norge, Sverige og Finland.

3 Resultater

3.1 Analyserte prøver i Norge, Sverige og Finland

Totalt 2117 prøver som var samlet inn i 2015 i Norge, Sverige og Finland ble analysert ved DNA-laboratoriene på NINA og ved Uppsala Universitet (**Figur 1**). Dette er en god del færre prøver enn i 2014, som først og fremst skyldes færre innleverte prøver i Norge fra 1627 prøver i 2014 til 1351 prøver i 2015. I Sverige var det en liten økning fra 725 prøver i 2014 til 741 prøver i 2015, mens det begrensede materialet fra Finland var mer enn halvert fra 59 prøver i 2014 til 25 prøver i 2015. Totalt 1313 prøver var av god nok kvalitet til å kunne individbestemmes (**Tabell 1**). Dette gir en gjennomsnittlig suksessrate på 62 %. Suksessraten var relativt høy for de tre nord-norske fylkene (72 %), mens den var en god del lavere i Sør- og Midt-Norge (51 %). I Sverige gav 62 % av prøvene en DNA-profil som kunne individbestemmes, mens tilsvarende tall for Finland var 56 %.

Tabell 1 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 vinteren 2015.

	Sør- og Midt-Norge	Nord-Norge	Sverige	Finland	Totalt
Fungerende	319	522	458	14	1313
Ikke-fungerende	309	201	283	11	804
Sum*	628	723	741	25	2117
Suksessrate	51 %	72 %	62 %	56 %	62 %

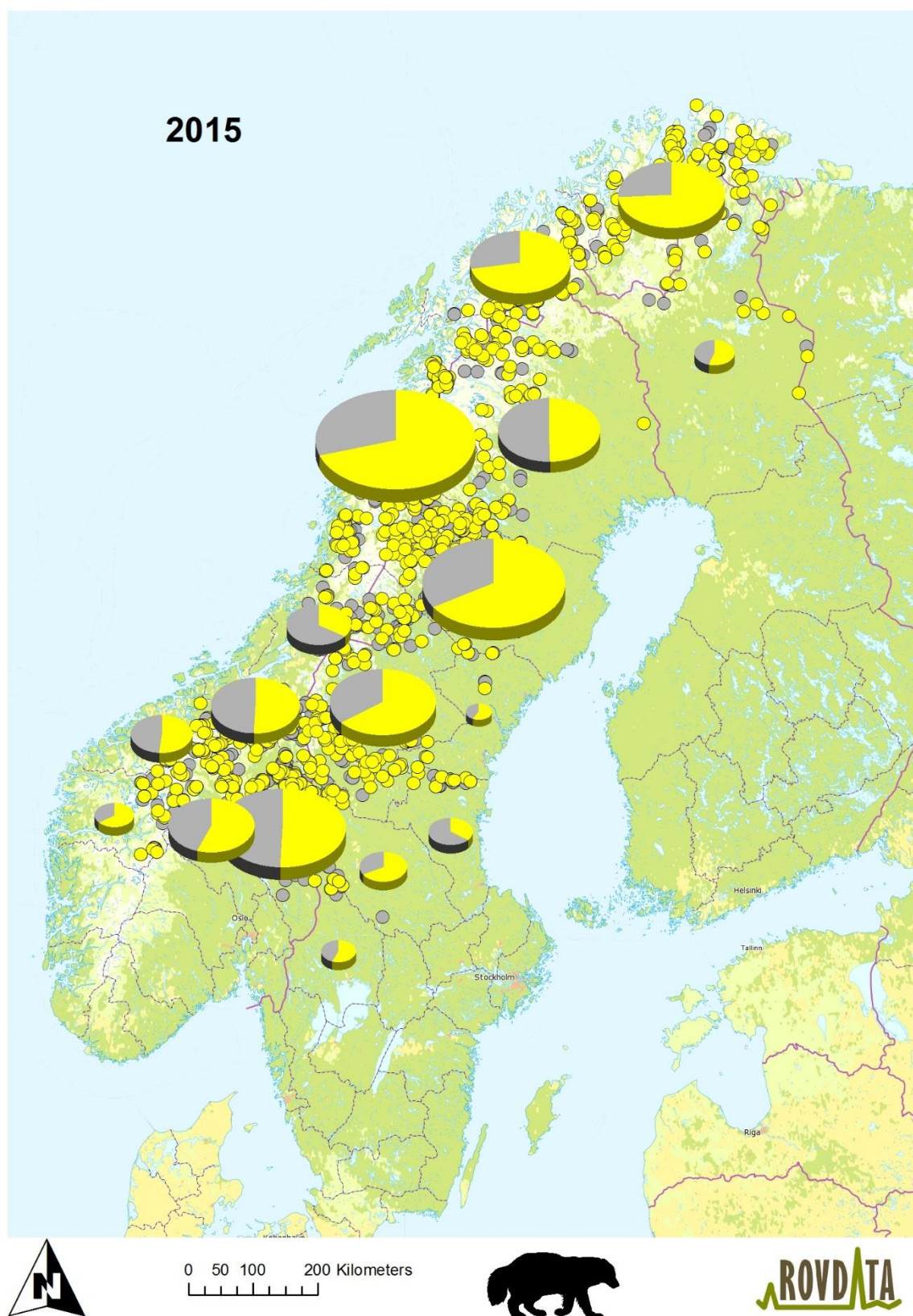
*Prøver som ble samlet inn i forbindelse med barmarkskontroller og på kjente hilokaliteter er ikke inkludert i denne sammenstillingen.

3.2 Det norske materialet

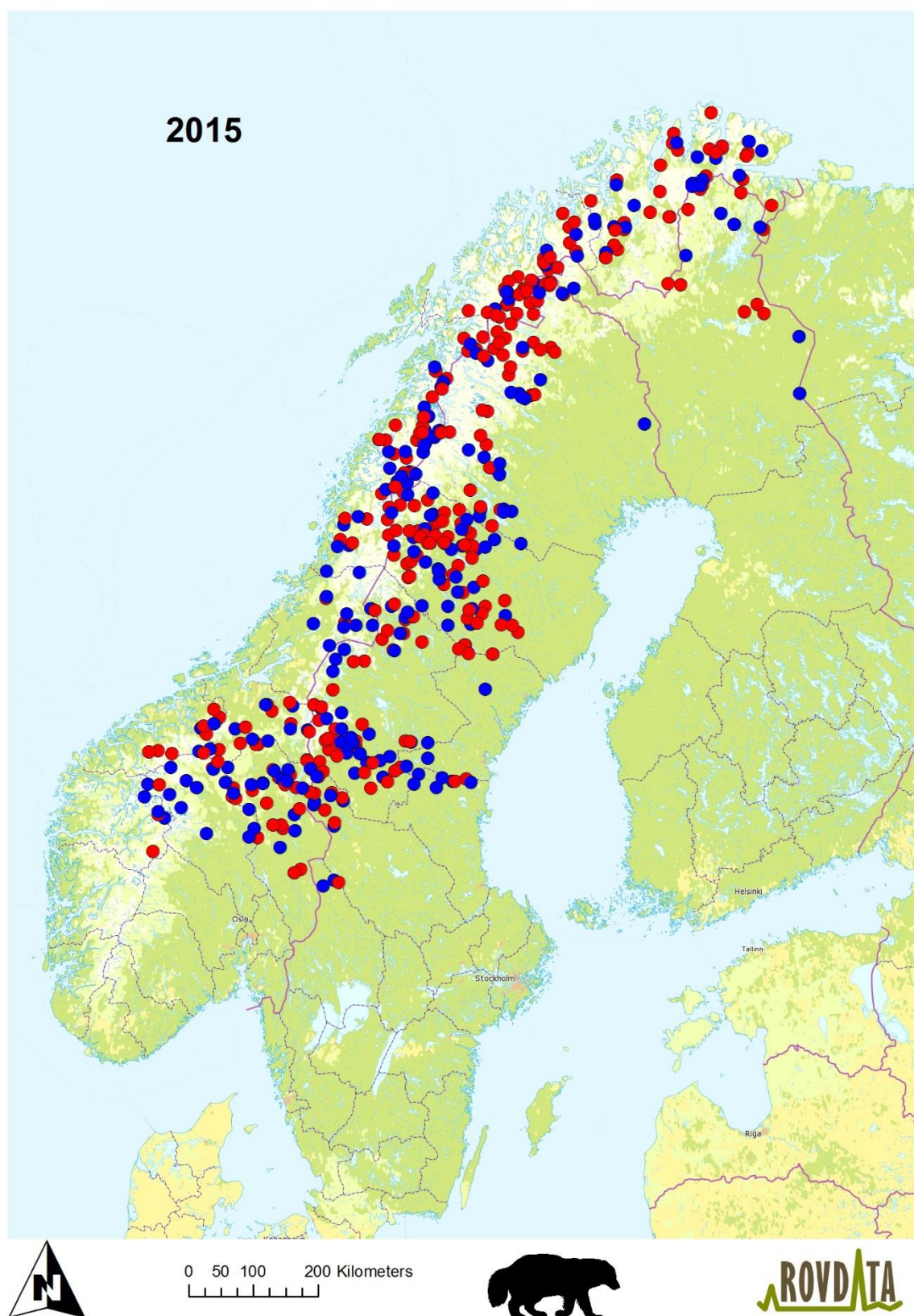
I alt 841 prøver samlet inn i Norge vinteren 2015 var av god nok kvalitet til å individbestemmes. Totalt 269 individer ble påvist med en eller flere prøver samlet inn på norsk areal. Vi identifiserte 152 tisper, 116 hanner og 1 ukjent, som gir en kjønnsfordeling på 57-43 blant de med kjent kjønn. Av disse var det 15 individer som ble påvist med en eller flere prøver både i Norge og Sverige, mens to individer ble påvist på tvers av grensen mellom Norge og Finland.

Dersom man tar utgangspunkt i det geografiske midtpunktet for alle prøvene samlet inn i Norge, Sverige og Finland som representerer hvert enkelt individ, ble det registrert 260 jerver med midtpunkt innenfor Norges grenser i 2015. De 260 individene fordeler seg mellom rovviltregionene som angitt i **Tabell 2** og **Figur 2**. Av disse ble det identifisert 148 tisper, 111 hanner og 1 ukjent, som gir en kjønnsfordeling på 57-43 blant de med kjent kjønn.

Et betydelig redusert prøvevolum fra 1106 fungerende prøver i 2014 til 841 i 2015 (24 %) gjenspeiles i et betydelig lavere antall DNA-identifiserte jerver i Norge vinteren 2015 (**Tabell 2**). De 260 jervene som hadde midtpunktet sitt innenfor landets grenser er en reduksjon på 17-18 % sammenlignet med 314 og 317 jerver de to foregående årene. Nedgangen i antall registrerte individer gjør seg gjeldende i alle rovviltregioner. Den største prosentvise nedgangen fra 2014 til 2015 finner vi i region 3 og 6 (>30 %). I begge disse regionene var antall fungerende prøver i 2015 redusert med ca. 30 % sammenlignet med 2014-materialet. I region 5 var den prosentvise nedgangen i antall identifiserte jerver lavere (18 %), mens den i region 7 var svært liten (5,6 %). I region 8 har antall innsamlede prøver variert betydelig de siste årene. Vinteren 2015 er sammenlignbar med vinteren 2013, både for antall fungerende prøver og for antall registrerte individer.



Figur 1 Geografisk fordeling av de 2117 analyserte prøvene som ble samlet inn i Norge, Sverige og Finland vinteren 2015. Gul = fungerende, grå = ikke-fungerende.



Figur 2 Alle jervindivider identifisert fra prøveinnsamlingen i Fennoskandia vinteren 2015, representert med sine respektive midtpunkter. Rød = tispe. Blå = hann.

Tabell 2 Antall identifiserte individer fra DNA-analysene i treårsperioden 2013 - 2015 sammenstilt med bestandsestimatene basert på de årlige ynglere registreringene (Brøseth & Tovmo 2013, 2014, 2015). *N* = Antall fungerende prøver som lot seg individbestemme. *ID DNA* = Antall identifiserte individer fra DNA. Dette tallet er basert på det geografiske midtpunktet for prøvene som representerer det enkelte individ. Den angitte populasjonsstørrelsen (*Popstr ynglinger*) er basert på treårssnitt for antall ynglinger, henholdsvis 2011-2013, 2012-2014 og 2013-2015.

Rovviltregion	2013			2014			2015		
	N	ID DNA	Popstr ynglinger	N	ID DNA	Popstr ynglinger	N	ID DNA	Popstr ynglinger
Region 1	23	4	2	12	6	2	16	5	-
Region 2	2	1	-	1	1	-	0	0	-
Region 3	95	20	23	92	28	33	65	20	46
Region 4	1	0	-	-	-	-	0	0	-
Region 5	156	46	60	153	44	56	125	36	63
Region 6	148	53	76	164	57	73	113	39	71
Region 7	330	103	72	317	70	71	279	67	73
Region 8	238	87	117	367	111	106	243	93	83
Norge	993	314	350	1106	317	343	841	260	336

3.3 Det svenske materialet

Totalt 458 prøver samlet inn i Sverige vinteren 2015 var av god nok kvalitet til å bestemmes til individ. De fungerende prøvene representerte 238 individer; 135 tisper, 101 hanner og 2 ukjent. Som i Norge gir dette en skjev kjønnsratio på 57-43. Blant de identifiserte jervene var det 15 individer som ble påvist med en eller flere prøver både i Norge og Sverige. Dersom man tar utgangspunkt i det geografiske midtpunktet for prøvene som representerer hvert enkelt individ, ble det registrert 230 jerver med midtpunkt innenfor Sveriges grenser. Disse fordeler seg mellom de ulike länene som angitt i **Tabell 3** og **Figur 2**.

Tidligere har innsamlingen av DNA i Sverige nord for E14 i all hovedsak vært fokusert på ynglinger, og har først og fremst vært brukt som et verktøy for å vurdere hvorvidt nærliggende hilotkaliteter representerte den samme eller forskjellige ynglinger. Fra vinteren 2013 har man en felles målsetting i Norge og Sverige om å dekke jervens totale utbredelsesområde i Skandinavia, slik at man kan få representative DNA-baserte bestandsestimat på populasjonsnivå og fordelt på land. Bestanden ble i 2015 anslått til å telle 585 jerver, basert på antall aktive ynglehi. Omtrent 40 % av anslått bestand er altså representert med DNA-identifiserte individer. Dermed er det fortsatt en vei å gå mot en heldekkende og representativ DNA-innsamling i Sverige.

Tabell 3 Antall fungerende prøver som lot seg bestemme til individ (N) og antall identifiserte individer fra DNA (ID DNA) i Sverige og Finland i treårsperioden fra 2013 til 2015.

	2013		2014		2015	
Län	N	ID* DNA	N	ID* DNA	N	ID* DNA
Värmland	14	4	16	3	11	3
Dalarna	37	8	22	6	24	12
Västernorrland	27	14	9	9	6	5
Gävleborg	-	-	-	-	10	7
Jämtland	124	71	105	65	115	67
Västerbotten	72	44	185	71	213	83
Norrbottn	3	2	114	59	79	53
Sverige	277	144	451	213	458	230
Finland	27	15	34	16	14	13

* Basert på midtpunkt hos individer med mer enn en prøve

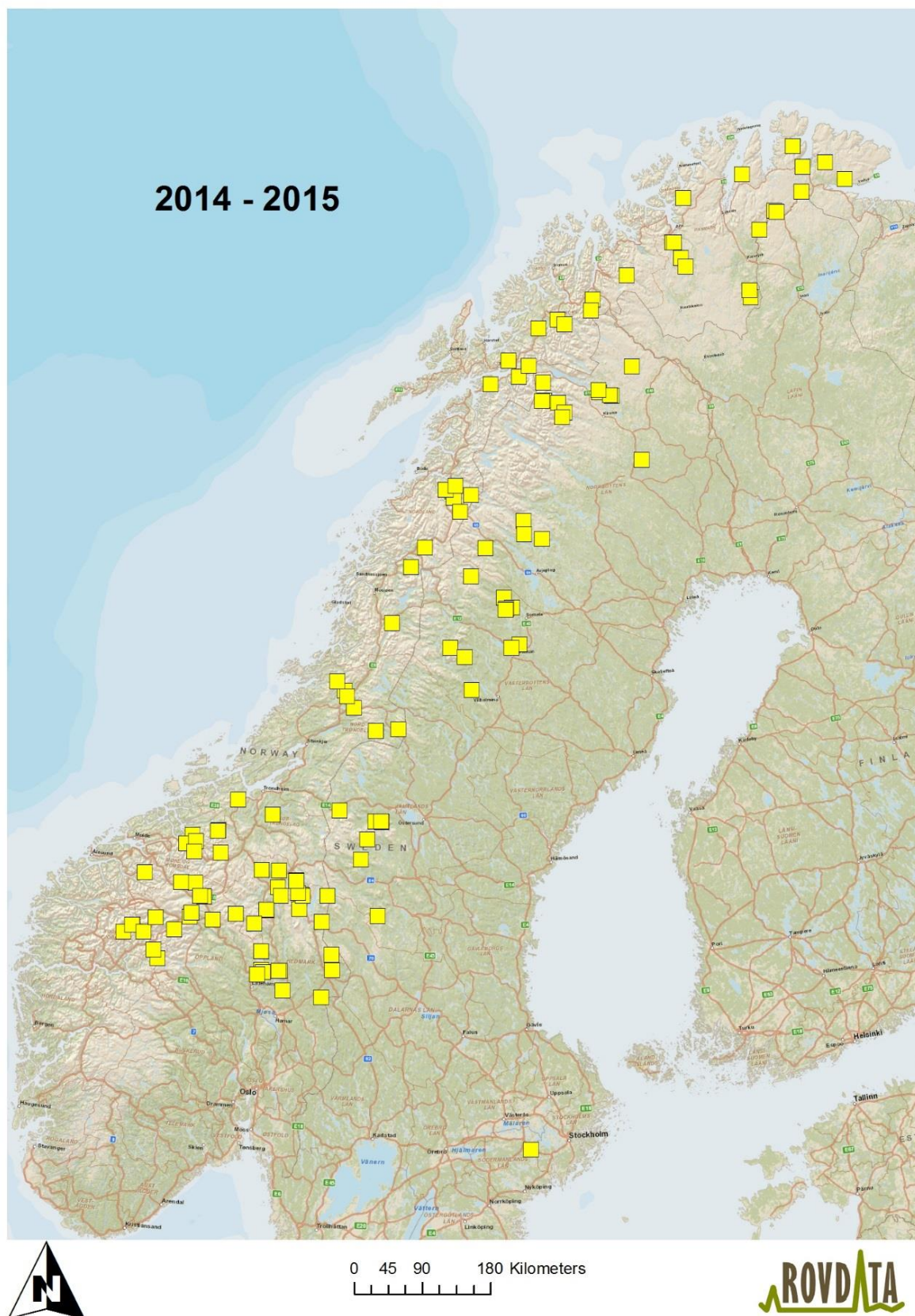
3.4 Vevsprøver av døde jerver

Totalt 117 jerver ble felt eller funnet døde i Norge i perioden 01.06.2014 – 31.05.2015 (**Figur 3; Vedlegg 1**). Jervevalper som ble tatt ut på hiuttak eller funnet døde ved hiet i forbindelse med barmarkskontroller (totalt 37) ble ikke analysert, mens alle de resterende 80 jervene fikk en fullstendig DNA-profil etter vellykket DNA-analyse. Som tidligere var et fåtall av de yngste jervene (16 null- og ettåringer) kjent fra ekskrementmaterialet (**Vedlegg 1**). Derimot var hele 28 av 30 jerver som var aldersbestemt til to år eller eldre tidligere identifisert fra DNA (93 %). Dette bygger opp under det vi har sett tidligere at vi registrerer en meget høy andel av voksne, revirhevdende jerver. I tillegg var 20 de 34 jervene der alderen ikke var bestemt også kjent fra tidligere DNA-analyser.

I samme periode (01.06.2014 – 31.05.2015) ble det registrert 39 døde jerver i Sverige (**Figur 3; Vedlegg 2**). Totalt 30 av disse ble mottatt ved laboratoriet tidsnok til å inngå i DNA-analysene. Sju av dem var nullåringer som enten ble tatt ut eller funnet døde på skadefelling på hilokaliteten eller felt senere i sitt første leveår. Bare sju av de resterende 23 jervene, som alle er angitt som voksne individer i roibase, var kjent fra tidligere DNA-analyser. Dette bekrefter at i deler av landet er en stor andel av bestanden foreløpig ikke registrert fra DNA.

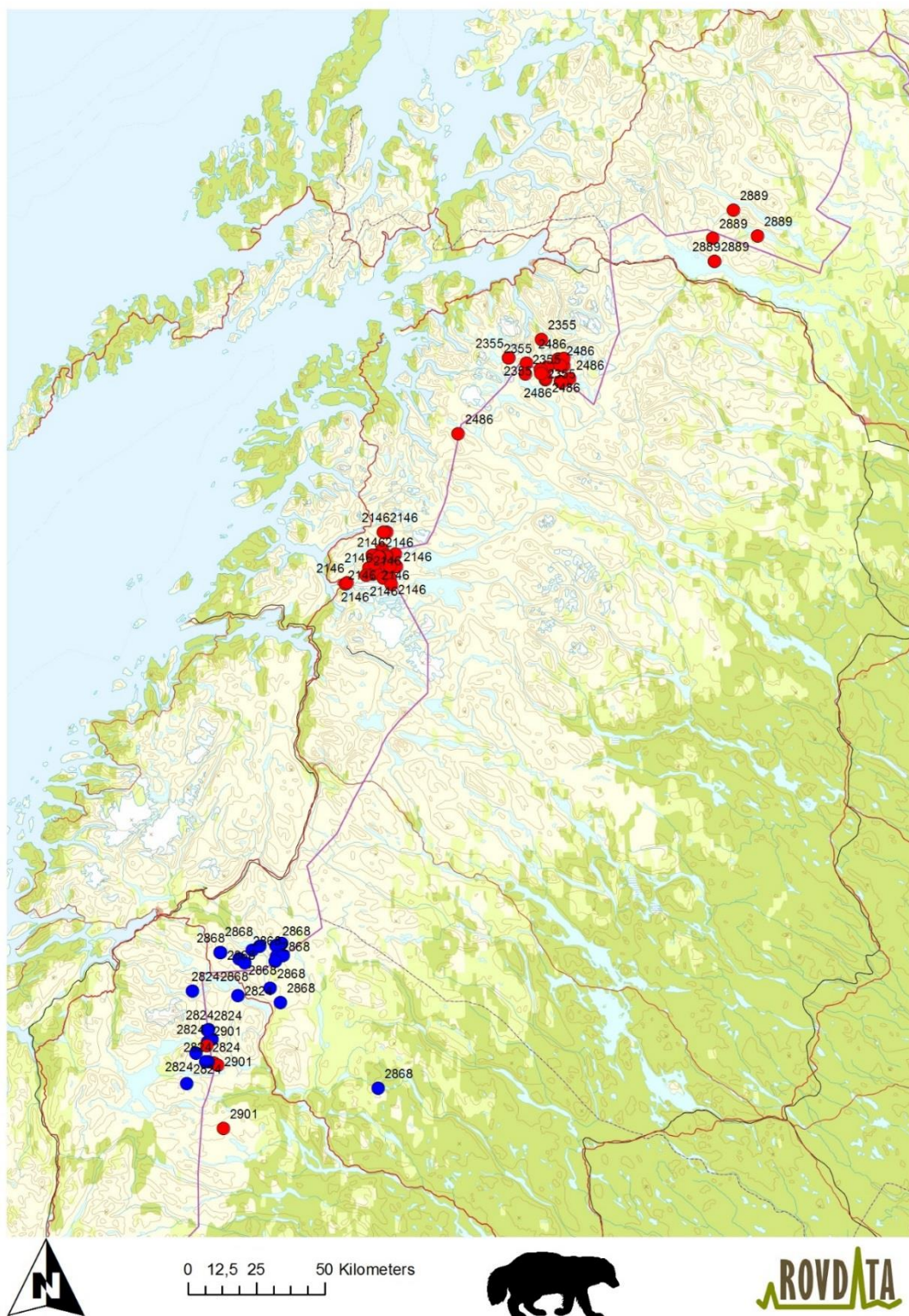
3.5 Identifisering av grensejerver

Jerven i Skandinavia beveger seg uavhengig av landegrenser. Dette gjelder både revirhevdende individer som har territorier på tvers av landegrensen og ungjerver på vandring, som kan passere grensen fram og tilbake flere ganger før de eventuelt finner seg et egnet territorium. De revirhevdende grensejervene og ungjerver som vandrer på tvers av landegrensene skaper spesielle utfordringer for all bestandsestimerings-metodikk. I et fylke som Nordland, der grensen mot Sverige er svært lang, vil vi kunne plukke opp en god del jerver som har størstedelen av hjemmeområdet sitt i Sverige, og dermed tilbringer mesteparten av tiden i nabolandet. Dersom man ikke korregerer for dette kan det føre til store skjevheter i bestandsanslaget, ved at jerver som har hele leveområdet sitt i Norge sidestilles med en grensejerv som kanskje tilbringer mer enn 90 % av tiden i nabolandet.



Figur 3 Døde jerver i Norge og Sverige i perioden 1. juni 2014 – 31. mai 2015

Figur 4 viser noen eksempler på jerver som er registrert på begge sider av riksgrensen mellom Norge og Sverige. Med fortsatt økt innsamling på svensk side av grensen vil vi kunne få et mer presist bilde av situasjonen i grenseområdene, som i sin tur vil kunne øke forståelsen av rekrutteringsgrunnlaget i bestanden og også bidra til å forklare observasjoner knyttet til bestandsutviklingen.



Figur 4 Eksempler på revirhevdende grensejerver identifisert fra DNA-analysene i 2015. Blå = Hann. Rød = Tispe. Symbolene representerer alle enkeltprøver som er samlet inn gjennom årene for de respektive individene.

4 Diskusjon

Antall individer identifisert fra DNA er et minimumstall for bestandsstørrelse, eller snarere et uttrykk for hvor mange jerver som har vært påvist innom de respektive land, regioner eller län. Det er foreløpig ikke klart hvor stor andel av den faktiske bestandsstørrelsen disse minimumstallene utgjør. I Norge vurderes denne andelen å være høy, da det generelt er god dekningsgrad i innsamlingen, et stort antall analyserte prøver, og en høy andel tidligere kjente individer blant døde voksne jerver. Fra DNA-analysene i 2015 identifiserte vi 260 jerver som hadde midtpunkt innenfor Norges grenser. Dette er en betydelig nedgang fra 314 jerver registrert på DNA vinteren 2014. Nedgangen i antall registrerte jerver går hånd i hånd med et betydelig redusert prøvevolum fra 2014 til 2015.

Før vi har fått på plass god metodikk for bruk av DNA til bestandsestimering hos jerv, er det vanskelig å vurdere hvorvidt årets tall representerer en reell bestandsnedgang. Bestandsestimatene fra antall aktive ynglehi tyder dog på at det har vært en bestandsreduksjon i Norge og Skandinavia de siste årene. I følge disse tallene var jervebestanden i jevn vekst fra årtusenskiftet fram til et foreløpig toppår i 2012. Etter 2012 har pila pekt andre veien med en antydningssvis bestandsreduksjon på ca. 15 % fra 395 jerver i 2012 til 336 jerver i 2015. Tilsvarende tall fra DNA-analysene er 362 identifiserte jerver i 2012 og 260 jerver i 2015, en reduksjon på 28 %. Det er viktig å understreke at disse tallene må tolkes med forsiktighet, på grunn av et betydelig redusert prøvevolum i perioden; fra 994 i 2012 til 841 i 2015 (15 %).

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. En modell er blitt utarbeidet og testet på store deler av eksisterende DNA-materiale samlet inn siden 2002. Modellen fungerte tilsynelatende godt for deler av materialet. Analysene avdekket imidlertid svakheter i modellen der det var store mellomårsvariasjoner i antall innsamlede og fungerende prøver, som for eksempel i region 8. Dette gav urealistisk store mellomårsvariasjoner i bestandsanslagene; i størrelsesorden fordobling eller halvering mellom påfølgende år. Etter anbefaling fra fagrådet for det Nasjonale overvåkingsprogrammet, jobbes det nå med å kombinere romlige og tidsmessige aspekter i modellen. I en slik utvidet modell vil man kunne 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, kan bidra til å redusere modellens sårbarhet for mellomårsvariasjon i antall innsamlede og fungerende prøver.

Vi har etter hvert opparbeidet et meget solid datamateriale fra Norge og deler av den svenske bestanden. I Sør-Skandinavia (sør for E14) har vi 15 år med data, og i Nord-Norge (våre tre nordligste fylker) har vi heldekkende innsamling fra 2008. I Nord-Sverige har det tidligere vært samlet inn et svært begrenset materiale, men antall prøver økte betydelig fra 2013 til 2014. I Västerbotten gav DNA-innsamlingen i 2015 til sammen 213 fungerende prøver og 83 jerver ble påvist. Dette betyr at hvert individ i gjennomsnitt er representert med drøyt 2,5 prøver. Forholdet mellom antall identifiserte individer og antall fungerende prøver bør nok ligge minst i dette sjiktet for å kunne få en representativ dekning av bestanden. Til sammenligning var hver påviste jerv i Norge i 2015 i gjennomsnitt representert med 3,2 prøver. I Norrbotten har innsamlingsinnsatsen de siste årene også økt formidabelt, men innsamlingen i 2015 gav likevel færre fungerende prøver enn i 2014. I tillegg var det områder der det tilsynelatende ikke var samlet inn DNA-prøver i det hele tatt. Siden mer enn en tredjedel av den svenske jervebestanden holder til i Norrbotten vurdert fra data i yngleregistreringene, er det avgjørende at innsamling av DNA prioriteres sterkere de kommende innsamlings sesongene. I Jämtland har det vært drøyt 100 fungerende prøver de tre siste årene, og 60-70 individer er identifisert. Fra ynglehitellingene er bestanden anslått til å telle mer enn 150 individer. Det er derfor ønskelig med et enda sterkere fokus på DNA-innsamling også i Jämtland. I den mer perifere delen av jerveutbredelsen i Sverige er det også forbedringspotensiale i forhold til antall innsamlede prøver i enkelte län.

5 Referanser

- Anon 2015. Bestandsovervåking av jerv i 2015 - Bestandsstatus for store rovdyr i Skandinavia 3 - 2015. 31 s.
- Brøseth, H. & Tovmo, M. 2013. Yngleregistreringer av jerv i Norge i 2013. – NINA Rapport 981. 20 s.
- Brøseth, H. & Tovmo, M. 2014. Yngleregistreringer av jerv i Norge i 2014. – NINA Rapport 1086. 20 s.
- Brøseth, H. & Tovmo, M. 2015. Yngleregistreringer av jerv i Norge i 2015. – NINA Rapport 1196. 20 s.
- Dallas, J. F. & Piertney, S. B. 1998. Microsatellite primers for the Eurasian otter. - *Molecular Ecology* 7: 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: 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: 63-63.
- Eggert, L. S., Eggert, J. A. & Woodruff, D. S. 2003. Estimating population sizes for elusive animals: the forest elephants of Kakum National Park, Ghana. - *Molecular Ecology* 12: 1389-1402.
- Flagstad, Ø., Brøseth, H., Johansson, M., Wärdig, C. & Ellegren, H. 2008. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervbestanden 2000-2007. - NINA Rapport 369. 48 s.
- 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. 37 s.
- 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: 676-688.
- 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. 30 s.
- Fleming, M. A., Ostrander, E. A. & Cook, J. A. 1999. Microsatellite markers for American mink (*Mustela vison*) and ermine (*Mustela erminea*). - *Molecular Ecology* 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, 405-410.
- Miller, C. R., Joyce, P. & Waits, L. P. 2005. A new method for estimating the size of small populations from genetic mark-recapture data. - *Molecular Ecology* 14: 1991-2005.
- 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: 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: 53-65.

Vedlegg 1

Oversikt over jerv registrert død i Norge 1. juni 2014 – 31. mai 2015

Døde jerver som var tidligere kjent fra ekskrementmaterialet						
RovbaseID	Dødsdato	Kjønn	Alder*	Individ	Fylke	Kommune
M407535	22.01.2015	Hunn	14	330	Møre og Romsdal	SUNNDAL
M407561	29.01.2015	Hunn	13	59	Møre og Romsdal	OPPDAL
M407391	19.10.2014	Hunn	12	130	Møre og Romsdal	SURNADAL
M407071	03.08.2014	Hunn	10	294	Hedmark	OS I HEDMARK
M407412	05.11.2014	Hann	8	2151	Nordland	SALTDAL
M407406	01.11.2014	Hunn	7	895	Hedmark	ENGERDAL
M407537	24.01.2015	Hunn	>6-7	2633	Nordland	NARVIK
M407447	11.12.2014	Hann	6	2351	Finnmark	TANA
M407417	09.11.2014	Hann	5	668	Nord-Trøndelag	GRONG
M407442	06.12.2014	Hunn	4-6	2054	Troms	STORFJORD
M407835	21.05.2015	Hunn	4	662	Nord-Trøndelag	LIERNE
M407448	12.12.2014	Hann	4	2687	Finnmark	VADSØ
M407534	21.01.2015	Hann	3-4	2696	Troms	BARDU
M407536	23.01.2015	Hann	3	3541	Oppland	LESJA
M407457	18.12.2014	Hann	2,5+	3569	Hedmark	TYNSET
M407475	07.01.2015	Hann	2,5+	3570	Hedmark	TOLGA
M407450	14.12.2014	Hann	2,5+	3607	Hedmark	ALVDAL
M407472	04.01.2015	Hann	2	3625	Oppland	ØYER
M407444	04.12.2014	Hann	1	1765	Nordland	GRANE
M407613	13.02.2015	Hann	1	2895	Finnmark	GUOVDAGEAIDNU - KAUTOKEINO
M407734	10.04.2015	Hunn	Ad	158	Hedmark	FOLLDAL
M407407	24.10.2014	Hunn	Ad	296	Hedmark	TRYSIL
M407795	06.05.2015	Hunn	Ad	345	Hedmark	TOLGA
M407777	29.04.2015	Hunn	Ad	358	Oppland	LOM
M407727	09.04.2015	Hunn	Ad	439	Hedmark	ENGERDAL
M407478	11.01.2015	Hunn	Ad	2160	Nordland	RANA
M407805	12.05.2015	Hunn	Ad	2484	Finnmark	GAMVIK
M407725	15.04.2015	Hunn	Ad	3542	Oppland	RINGEBU
M407729	14.04.2015	Hunn	Ad	3546	Oppland	ØYER
M407747	20.04.2015	Hunn	Ad	3635	Hedmark	STOR-ELVDAL

M407471	23.12.2014	Hunn	-	332	Hedmark	ALVDAL
M407456	18.12.2014	Hann	-	694	Nord-Trøndelag	GRONG
M407684	11.03.2015	Hann	-	697	Nord-Trøndelag	HØYLANDET
M407608	11.02.2015	Hann	-	2689	Finnmark	ALTA
M407431	20.11.2014	Hann	-	2786	Troms	NORDREISA
M407825	19.05.2015	Hunn	-	2829	Nordland	HEMNES
M407739	17.04.2015	Hann	-	2869	Sogn og Fjordane	LUSTER
M407523	17.01.2015	Hunn	-	2879	Troms	MÅLSELV
M407708	09.04.2015	Hunn	-	2910	Finnmark	TANA
M407722	15.04.2015	Hann	-	2962	Finnmark	ALTA
M407737	16.04.2015	Hunn	-	2964	Finnmark	GUOVDAGEAIDNU - KAUTOKEINO
M407756	20.04.2015	Hann	-	3521	Møre og Romsdal	SURNADAL
M407767	28.04.2015	Hunn	-	3563	Sogn og Fjordane	LUSTER
M407602	11.02.2015	Hann	-	3567	Oppland	LOM
M407473	03.01.2015	Hann	-	3578	Oppland	LOM
M407768	28.04.2015	Hann	-	3590	Sogn og Fjordane	LUSTER
M407740	17.04.2015	Hann	-	3601	Sogn og Fjordane	ÅRDAL
M407770	29.04.2015	Hunn	-	3636	Sogn og Fjordane	LUSTER
M407791	03.05.2015	Hann	-	3639	Hedmark	TOLGA
M407792	03.05.2015	Hunn	-	3662	Hedmark	OS I HEDMARK

Døde jerver som ikke var tidligere kjent fra ekskrementmaterialet

RovbaseID	Dødsdato	Kjønn	Alder	Individ	Fylke	Kommune
M407567	30.01.2015	Hunn	9	5755	Møre og Romsdal	SUNNDAL
M407793	06.05.2015	Hunn	Ad	5770	Hedmark	OS I HEDMARK
M407378	04.10.2014	Hann	1	5745	Hedmark	TYNSET
M407427	17.11.2014	Hunn	1	5748	Troms	STORFJORD
M407525	19.01.2015	Hann	1	5753	Oppland	LESJA
M407522	20.01.2015	Hann	1	5762	Nordland	SALTDAL
M407716	12.04.2015	Hann	1	5768	Sør-Trøndelag	ORKDAL
M407445	07.12.2014	Hunn	1	5771	Nordland	SALTDAL
M407347	25.09.2014	Hunn	0	5741	Nord-Trøndelag	HØYLANDET
M407358	28.09.2014	Hann	0	5742	Nordland	SALTDAL
M407369	30.09.2014	Hunn	0	5744	Hedmark	RENDALEN
M407458	17.12.2014	Hann	0	5751	Oppland	SEL
M407609	11.02.2015	Hann	0	5758	Oppland	LESJA

M407617	14.02.2015	Hunn	0	5759	Møre og Romsdal	NORDDAL
M407072	03.08.2014	Hann	0	5761	Hedmark	OS I HEDMARK
M407577	04.02.2015	Hunn	0	5763	Finnmark	TANA
M407366	27.09.2014	Hann	-	5743	Nordland	NARVIK
M407393	23.10.2014	Hunn	-	5747	Hedmark	VÅLER I HEDMARK
M407432	24.11.2014	Hann	-	5749	Nordland	SALTDAL
M407453	12.12.2014	Hann	-	5750	Hedmark	HAMAR
M407524	18.01.2015	Hunn	-	5752	Oppland	LESJA
M407557	28.01.2015	Hann	-	5754	Oppland	ØYER
M407575	31.01.2015	Hann	-	5756	Hedmark	STOR-ELVDAL
M407593	06.02.2015	Hann	-	5757	Troms	MÅLSELV
M407761	27.04.2015	Hunn	-	5760	Sogn og Fjordane	LUSTER
M407581	29.01.2015	Hann	-	5764	Nordland	BALLANGEN
M407658	05.03.2015	Hann	-	5765	Finnmark	KARASJOHKA - KARASJOK
M407659	06.03.2015	Hunn	-	5766	Finnmark	KARASJOHKA - KARASJOK
M407680	24.03.2015	Hann	-	5767	Troms	SKÅNLAND
M407721	14.04.2015	Hann	-	5769	Finnmark	PORSANGER

Ikke-analyserte prøver

RovbaselD	Dødsdato	Kjønn	Alder	Individ	Fylke	Kommune
M407803	09.05.2015	Hunn	0	-	Finnmark	ALTA
M407804	09.05.2015	Hunn	0	-	Finnmark	ALTA
M407806	12.05.2015	Hann	0	-	Finnmark	GAMVIK
M407754	21.04.2015	Hunn	0	-	Finnmark	TANA
M407755	21.04.2015	Hunn	0	-	Finnmark	TANA
M407748	20.04.2015	Hunn	0	-	Hedmark	STOR-ELVDAL
M407749	20.04.2015	Hann	0	-	Hedmark	STOR-ELVDAL
M407730	09.04.2015	Hunn	0	-	Hedmark	ENGERDAL
M407732	09.04.2015	Hunn	0	-	Hedmark	ENGERDAL
M407733	09.04.2015	Hunn	0	-	Hedmark	ENGERDAL
M407794	06.05.2015	Hunn	0	-	Hedmark	TOLGA
M407798	07.05.2015	Hunn	0	-	Hedmark	TOLGA
M407735	10.04.2015	Hunn	0	-	Hedmark	FOLLDAL
M407736	10.04.2015	Hunn	0	-	Hedmark	FOLLDAL
M407796	05.05.2015	Hunn	0	-	Hedmark	OS I HEDMARK
M407797	05.05.2015	Hunn	0	-	Hedmark	OS I HEDMARK

M407772	27.04.2015	Hunn	0	-	Oppland	SKJÅK
M407773	27.04.2015	Hunn	0	-	Oppland	SKJÅK
M407774	27.04.2015	Hunn	0	-	Oppland	SKJÅK
M407775	29.04.2015	Hunn	0	-	Oppland	LOM
M407776	29.04.2015	Hann	0	-	Oppland	LOM
M407723	15.04.2015	Hann	0	-	Oppland	RINGEBU
M407724	15.04.2015	Hunn	0	-	Oppland	RINGEBU
M407729	14.04.2015	Hann	0	-	Oppland	ØYER
M407731	14.04.2015	Hann	0	-	Oppland	ØYER
M407742	17.04.2015	Hunn	0	-	Møre og Romsdal	RINDAL
M407757	20.04.2015	Hann	0	-	Møre og Romsdal	RINDAL
M407744	18.04.2015	Hann	0	-	Sør-Trøndelag	SELBU
M407745	18.04.2015	Hann	0	-	Sør-Trøndelag	SELBU
M407746	18.04.2015	Hunn	0	-	Sør-Trøndelag	SELBU
M407836	21.05.2015	Hunn	0	-	Nord-Trøndelag	LIERNE
M407837	21.05.2015	Hunn	0	-	Nord-Trøndelag	LIERNE
M407826	19.05.2015	Hunn	0	-	Nordland	HEMNES
M407931	20.05.2015	Ukjent	0	-	Nord-Trøndelag	SNÅSA
M408185	15.05.2015	Ukjent	0	-	Troms	NORDREISA
M407949	27.04.2015	Ukjent	0	-	Finnmark	GUOVDAGEAIDNU - KAUTOKEINO
M407070	01.06.2014	Ukjent	0	-	Hedmark	TRYSIL

* Den angitte alderen er bestemt enten fra tannsnitt utført ved NINA eller vurdert i felt

Vedlegg 2

Oversikt over jerv registrert død i Sverige 1. juni 2014 – 31. mai 2015

Døde jerver som var tidligere kjent fra ekskrementmaterialet						
RovbaselD	Dødsdato	Kjønn	Alder	Individ	Fylke	Kommune
M407466	27.12.2014	Hunn	-	1710	Jämtland	Åre
M407383	14.10.2014	Hunn	-	1315	Västerbotten	Sorsele
M407439	01.12.2014	Hann	-	1331	Västerbotten	Vilhelmina
M407694	03.04.2015	Hunn	-	1246	Norrbottn	Kiruna
M407712	13.02.2015	Hunn	-	1471	Norrbottn	Arjeplog
M407446	09.12.2014	Hann	-	2171	Norrbottn	Kiruna
M407461	21.12.2014	Hann	-	2837	Norrbottn	Kiruna
Døde jerver som ikke var tidligere kjent fra ekskrementmaterialet						
M407830	11.04.2015	Hann	-	1810	Sörmland	Strängnäs
M407474	07.01.2015	Hann	-	1805	Jämtland	Åre
M407492	14.01.2015	Hunn	-	1806	Jämtland	Åre
M407499	28.06.2014	Hann	-	1807	Jämtland	Åre
M407493	14.01.2015	Hunn	-	1808	Jämtland	Berg
M407075	12.07.2014	Hunn	-	1809	Jämtland	Härjedalen
M407494	15.01.2015	Hunn	-	5046	Västerbotten	Storuman
M407477	09.01.2015	Hann	-	5051	Västerbotten	Vilhelmina
M407434	25.11.2014	Hann	-	5059	Västerbotten	Sorsele
M407460	21.12.2014	Hann	-	5052	Norrbottn	Kiruna
M407462	21.12.2014	Hann	-	5053	Norrbottn	Kiruna
M407463	21.12.2014	Hann	-	5054	Norrbottn	Kiruna
M407482	12.01.2015	Hann	-	5055	Norrbottn	Kiruna
M407449	14.12.2014	Hunn	-	5063	Norrbottn	Arjeplog
M407771	29.04.2015	Hann	-	5064	Norrbottn	Kiruna
M407815	15.05.2015	Hann	-	5065	Norrbottn	Kiruna
M407695	03.04.2015	Hunn	0	5056	Norrbottn	Kiruna
M407696	03.04.2015	Hann	0	5057	Norrbottn	Kiruna
M407697	03.04.2015	Hann	0	5058	Norrbottn	Kiruna
M407480	10.01.2015	Hunn	0	5045	Västerbotten	Storuman
M407370	23.06.2014	Hann	0	5048	Västerbotten	Sorsele
M407878	16.04.2015	Hunn	0	5049	Västerbotten	Sorsele
M407470	04.01.2015	Hann	0	5050	Västerbotten	Vilhelmina

Ikke-analyserte prøver

M407485	09.01.2015	Hann	-	-	Norrbotten	Arjeplog
M407486	09.01.2015	Hann	-	-	Norrbotten	Arjeplog
M407713	28.01.2015	Hunn	-	-	Norrbotten	Arjeplog
M407467	28.12.2014	Hunn	-	-	Norrbotten	Gällivare
M407495	15.01.2015	Hann	-	-	Norrbotten	Kiruna
M407720	12.04.2015	Hunn	-	-	Norrbotten	Kiruna
M407751	18.04.2015	Hann	-	-	Norrbotten	Kiruna
M407752	18.04.2015	Hunn	-	-	Norrbotten	Kiruna
M407741	18.04.2015	Ukjent	0	-	Jämtland	Härjedalen



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.

1232

NINA Rapport

ISSN:1504-3312
ISBN: 978-82-426-2891-6

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

Norsk institutt for naturforskning

NINA Hovedkontor

Postadresse: Postboks 5685 Sluppen, 7485 Trondheim

Besøks/leveringsadresse: Høgskoleringen 9, 7034 Trondheim

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

E-post: firmapost@nina.no

Organisasjonsnummer 9500 37 687

<http://www.nina.no>

Samarbeid og kunnskap for framtidens miljøløsninger