



## DNA-basert overvåking av den norske jervebestanden 2016

Øystein Flagstad  
Oddmund Kleven  
Torveig Balstad  
Merethe Hagen Spets  
Line Birkeland Eriksen  
Henrik Brøseth

## 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 norske jervebestanden 2016

Øystein Flagstad  
Oddmund Kleven  
Torveig Balstad  
Merethe Hagen Spets  
Line Birkeland Eriksen  
Henrik Brøseth

Flagstad, Ø., Kleven, O., Balstad, T., Spets, M. H., Eriksen, L. B., & Brøseth, H. 2016. DNA-basert overvåking av den norske jervebestanden 2016. - NINA Rapport 1306, 18 s.

Trondheim, desember 2016

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-2991-3

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

OPPDRAGSGIVER(E)

Miljødirektoratet

OPPDRAGSGIVERS REFERANSE

M-678|2016

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER

Susanne Hanssen

NØKKELOORD

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

KEY WORDS

Wolverine, *Gulo gulo*, scats, DNA, population size, 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](http://www.nina.no)

## Sammendrag

Flagstad, Ø., Kleven, O., Balstad, T., Spets, M. H., Eriksen, L. B., & Brøseth, H. 2016. DNA-basert overvåking av den norske jervebestanden 2016. - NINA Rapport 1306, 18 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 og Finland vinteren 2016. 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. Fra DNA-analysene i 2016 identifiserte vi 305 jerver som hadde sitt geografiske midtpunkt av analyserte prøver innenfor Norges grenser. Dette er en betydelig økning fra 260 jerver registrert på DNA i 2015, men omtrent på nivå med 314 jerver vinteren 2014.

Det er en sterk sammenheng mellom antall registrerte individer fra DNA og volumet av fungerende prøver det enkelte år. Både i 2014 og 2016 da vi registrerte i overkant av 300 jerver på DNA, var det drøyt 1000 fungerende prøver. I 2015 derimot, da det ble registrert langt færre jerver fra DNA, var det et betydelig lavere prøvevolum. Før vi har fått på plass god metodikk for bruk av DNA til bestandsestimering hos jerv, er det vanskelig å si noe sikkert fra disse tallene om bestandsutviklingen i den norske jervebestanden. Med i overkant av 300 registrerte individer både i 2014 og 2016 fra drøyt 1000 fungerende prøver begge år, kan det likevel synes som om jervebestanden har holdt seg relativt stabil de siste årene. Dette er i tråd med bestandsestimatene fra ynglehiregistreringene, der den norske jervebestanden ble anslått å telle mellom 340 og 350 individer både i 2014 og 2016.

Det er et sentralt mål i jerveovervåkingen å kunne estimere bestandsstørrelse ved bruk av fangst/gjenfangst metodikk. 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, Oddmund Kleven, Torveig Balstad, Merethe Hagen Spets, Line Birkeland Eriksen og Henrik Brøseth. Norsk institutt for naturforskning, Postboks 5685 Sluppen, 7485 Trondheim. [oystein.flagstad@nina.no](mailto:oystein.flagstad@nina.no), [henrik.broseth@nina.no](mailto:henrik.broseth@nina.no)

## Abstract

Flagstad, Ø., Kleven, O., Balstad, T., Spets, M. H., Eriksen, L. B., & Brøseth, H. 2016. DNA-based monitoring of the Norwegian wolverine population 2016 - NINA Report 1306, 18 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 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 2016, we identified 305 wolverines with their geographical midpoint of analysed samples within the national borders of Norway. This is a considerable increase from 260 wolverines registered in 2015, but at the same level as 314 wolverines identified from DNA in 2014.

There is a strong correlation between the number of identified individuals each year and the number of DNA samples with a readable DNA profile. In 2014 and 2016, we identified about 300 individuals from just above 1000 DNA samples. In 2015, the volume of samples was considerably lower, which was reflected in a markedly lower number of identified wolverines. Until we have a good capture-mark-recapture model for estimating population size from the number and distribution of DNA-identified individuals, it is difficult to use these data for formal analysis of population dynamics. Nevertheless, given the coinciding number of individuals identified in 2014 and 2016 from similar sample sizes, these data suggest that the Norwegian wolverine population has been stable in size the last few years. This is in concordance with the estimates for the count of active natal dens, from which the population was estimated to count between 340 and 350 individuals in 2014 as well as 2016.

It is a central goal in the monitoring of Scandinavian wolverines to use CMR based methods to estimate the population size. 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, Oddmund Kleven, Torveig Balstad, Merethe Hagen Spets, Line Birkeland Eriksen and Henrik Brøseth. Norwegian Institute for Nature Research, PO Box 5685 Sluppen, 7485 Trondheim. [oystein.flagstad@nina.no](mailto:oystein.flagstad@nina.no); [henrik.broseth@nina.no](mailto:henrik.broseth@nina.no)

# 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 Metodikk .....</b>	<b>7</b>
2.1 Innsamling av materiale og laboratoriearbeid .....	7
2.2 Bestandsestimering .....	8
<b>3 Resultater .....</b>	<b>9</b>
3.1 Prøvematerialet .....	9
3.2 Antall identifiserte individer i Norge .....	9
3.3 Vevsprøver av døde jerver .....	12
<b>4 Diskusjon.....</b>	<b>14</b>
<b>5 Referanser .....</b>	<b>15</b>
<b>Vedlegg 1 .....</b>	<b>16</b>

## Forord

Denne rapporten oppsummerer den DNA-baserte overvåkingen av jerv i Norge vinteren 2016. Som tidligere ble det også i år samlet inn materiale for DNA-analyse i Sverige, men disse prøvene er ikke analysert ennå. Denne rapporten vil derfor først og fremst oppsummere resultatene fra prøver samlet inn i Norge, supplert med en sammenstilling av materialet som årlig samles inn i Nord-Finland.

Vi vil benytte anledningen til å takke alle som har bidratt i innsamlingen av ekskrement- og hårmateriale. Et stort antall personer har vært engasjert i milevise sporinger av jerv for å skaffe til veie grunnlagsmaterialet for DNA-analysene. Uten deres iherdige innsats hadde ikke dette ambisiøse overvåkingsopplegget latt seg gjennomføre.

Trondheim, desember 2016, Øystein Flagstad



# 1 Innledning

Den skandinaviske jervebestanden er gjennom yngleregistreringer i 2014 - 2016 estimert til ca. 850 individer (Brøseth et al. 2016). 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 jerveekskrementer 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).

Vanligvis rapporterer vi resultater av DNA-analysene knyttet til overvåkingen av hele den skandinaviske jervebestanden. I år er imidlertid ikke innsamlet materiale i Sverige ferdig analysert. Denne rapporten vil derfor kun ta for seg resultatene fra Norge og Finland. Vi rapporterer antall identifiserte individer på landsbasis og i hver enkelt rovviltregion, 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 Finland ble innsamlingen organisert av Metsähallitus.

Totalt 1461 antatte jerveekskrementer og –hår ble registrert mottatt hos Rovdata. Seks 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, hvorav tre prøver representerte to nye individer som kan være valper. Disse utgår også fra det rapporterte materialet. Ytterligere 17 av de analyserte prøvene var samlet inn utenfor innsamlingssesong (1. januar – 1. juni). Disse er rapportert i rovbasen, men er ikke inkludert i denne rapporten. Derimot har vi tatt med ni prøver som i utgangspunktet ble samlet inn som antatt fjellrev, men som fra artstesten viste seg å være jerveekskrementer. Det rapporterte totalmaterialet består altså av 1444 jerveekskrementer og –hår samlet inn i Norge og Finland vinteren 2015/2016.

DNA fra ekskrementer ble isolert 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). DNA ble ekstrahert fra hår og vev med et Maxwell 16 Research Instrument (Promega, Madison, WI, USA) og et Maxwell 16 tissue DNA Purification Kit (Promega). I tilfeller av vellykket ekstraksjon av jervespesifikt kjerne-DNA, har vi gjennom genotyping generert DNA-profiler fra 12 genetiske markører (såkalte mikrosatelitter): Gg7 (Davis & Strobeck 1998), Ggu14, Ggu42, Gg443, Gg452, Gg454, Gg465, Gg470 (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 ekskrement- og hårprøver kjørte vi tre uavhengige replikater pr prøve og mikrosatelittmarkør, mens det for kjønns testen ble kjørt to uavhengige replikater. For vevsprøvene ble ett replikat analysert. Prøver med identiske DNA-profiler ble klassifisert som samme individ. I tillegg til de 12 markørene nevnt ovenfor, har vi analysert samtlige individer (én prøve per individ) for ytterligere 8 loci: Tt4 (Davis & Strobeck 1998), Ggu10, Ggu25, Gg471 (Walker et al. 2001), Gg101B (Duffy et al. 1998), Mvis057 (O'Connell 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 Norge og Finland.

## 3 Resultater

### 3.1 Prøvematerialet

Av de totalt 1444 prøvene som inngår i denne rapporten, var 1418 samlet inn i Norge, 7 var samlet inn av SNO rett på andre siden av riksgrensen mot Sverige og 19 var samlet inn i Finland (**Figur 1, Tabell 1**). Totalt 1057 prøver var av god nok kvalitet til å kunne individbestemmes (**Tabell 1**). Dette gir en gjennomsnittlig suksessrate på 73 %. Suksessraten var jevnt over høy i hele Norge, mens den var en god del lavere i Finland; 73 % vs. 58 %. Hele seks av de sju prøvene (86 %) samlet inn av SNO på svensk side av grensen gav en fungerende DNA-profil.

**Tabell 1** Antall fungerende og ikke-fungerende prøver, dvs. prøver med og uten vellykket individbestemmelse, blant jervekskrementer og -hår samlet inn i Norge, Sverige og Finland vinteren 2016.

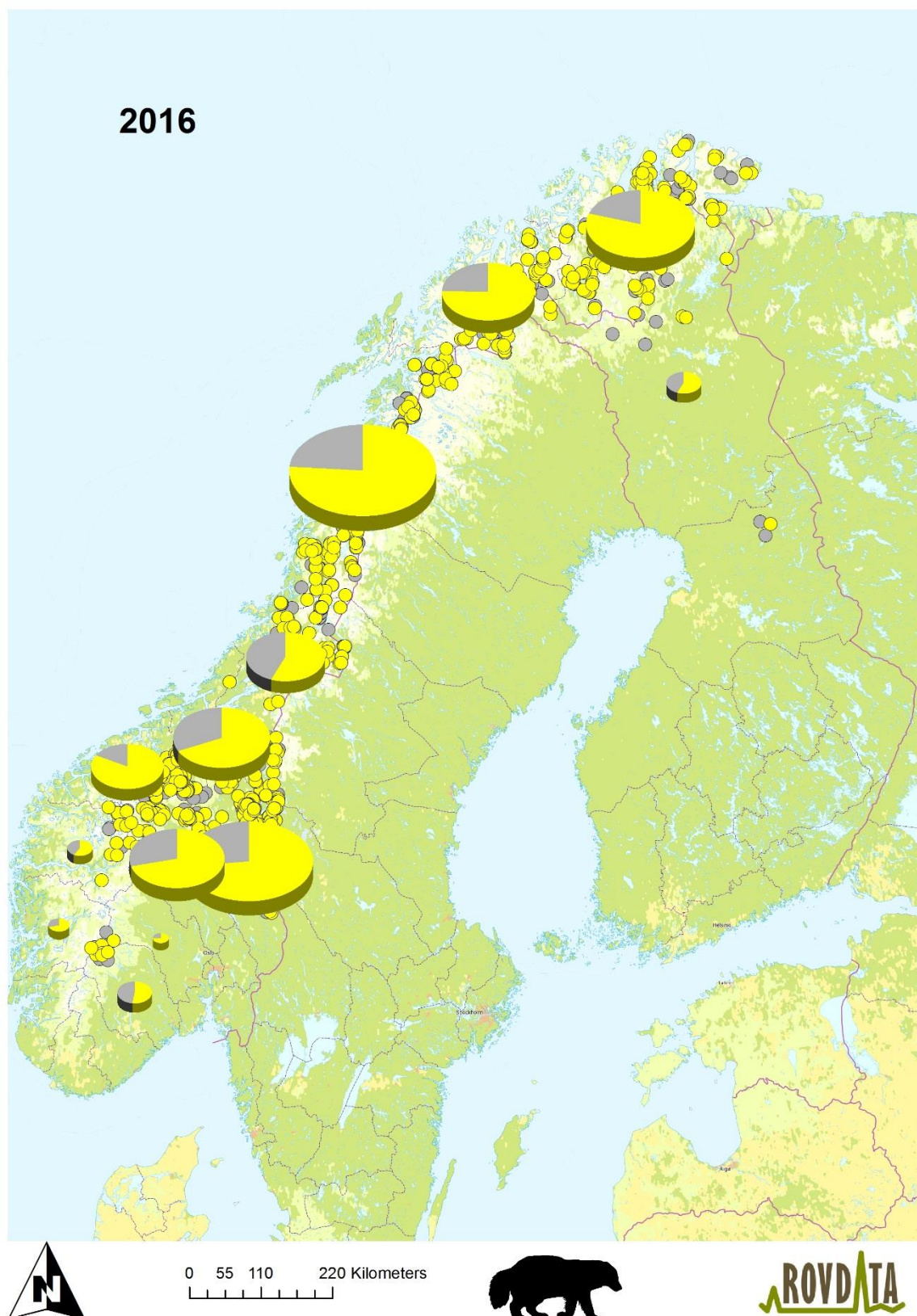
	Sør- og Midt-Norge	Nord-Norge	Sverige	Finland	Totalt
<b>Fungerende</b>	538	502	6	11	1057
<b>Ikke-fungerende</b>	225	153	1	8	387
<b>Sum*</b>	763	655	7	19	1444
<b>Suksessrate</b>	71 %	77 %	86 %	58 %	73 %

\*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

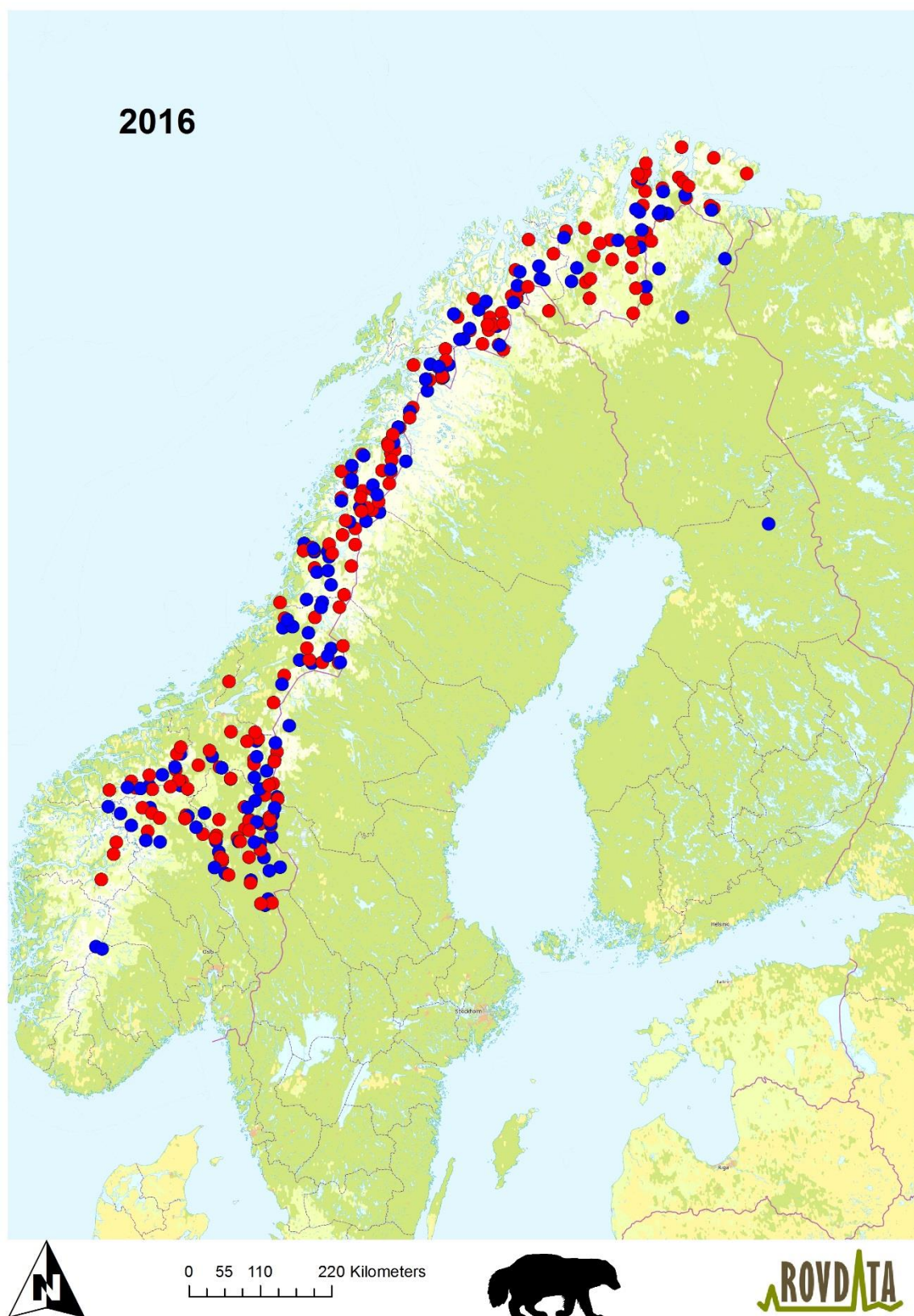
I alt 1040 prøver samlet inn i Norge vinteren 2016 var av god nok kvalitet til å individbestemmes. Totalt 306 individer ble påvist med en eller flere prøver samlet inn på norsk areal. Vi identifiserte 179 tisper og 127 hanner, som gir en kjønnsfordeling på 58-42 blant de med kjent kjønn. Den skjeve kjønnsfordelingen er mest markant i Finnmark der 67% av de identifiserte individene er tisper. Lengre sør er kjønnsfordelingen langt jevnere. I Hedmark og Oppland er kjønnsfordelingen helt jevn med 50 % av hvert kjønn. Det er uklart hvorfor kjønnsfordelingen er såpass annerledes i Finnmark sammenlignet med resten av landet, men en mulig forklaring kan være tøffere værforhold. Mesteparten av DNA-innsamlingen foregår i forbindelse med hileiting og – besøk, som kan føre til at hanner blir underrepresentert dersom mulighetene til å følge sporløyper over lengre avstander er begrensede, slik det vil være under røffe værforhold.

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 305 jerver med midtpunkt innenfor Norges grenser i 2016. Det siste av de totalt 306 individene påvist med en eller flere prøver i Norge hadde midtpunkt i Sverige. De 305 individene fordeler seg mellom rovviltregionene som angitt i **Tabell 2** og **Figur 2**. Tallene er mer eller mindre uendret fra i fjor for regionene 1, 2, 3 og 8, mens det ble påvist flere jerver i år sammenlignet med fjoråret for region 5, 6 og 7. For region 5 og 6 var volumet av fungerende prøver betydelig høyere i år enn i fjor, som øker sjansen for å påvise en større andel av den stående bestanden.



**Figur 1** Geografisk fordeling av de 1444 analyserte prøvene som ble samlet inn i Norge, Sverige og Finland vinteren 2016. Gul = fungerende, grå = ikke-fungerende.





**Figur 2** Alle jervindivider identifisert fra prøveinnsamlingen i Norge, Sverige og Finland vinteren 2016, representert med sine respektive midtpunkter. Rød = tisper. Blå = hann.

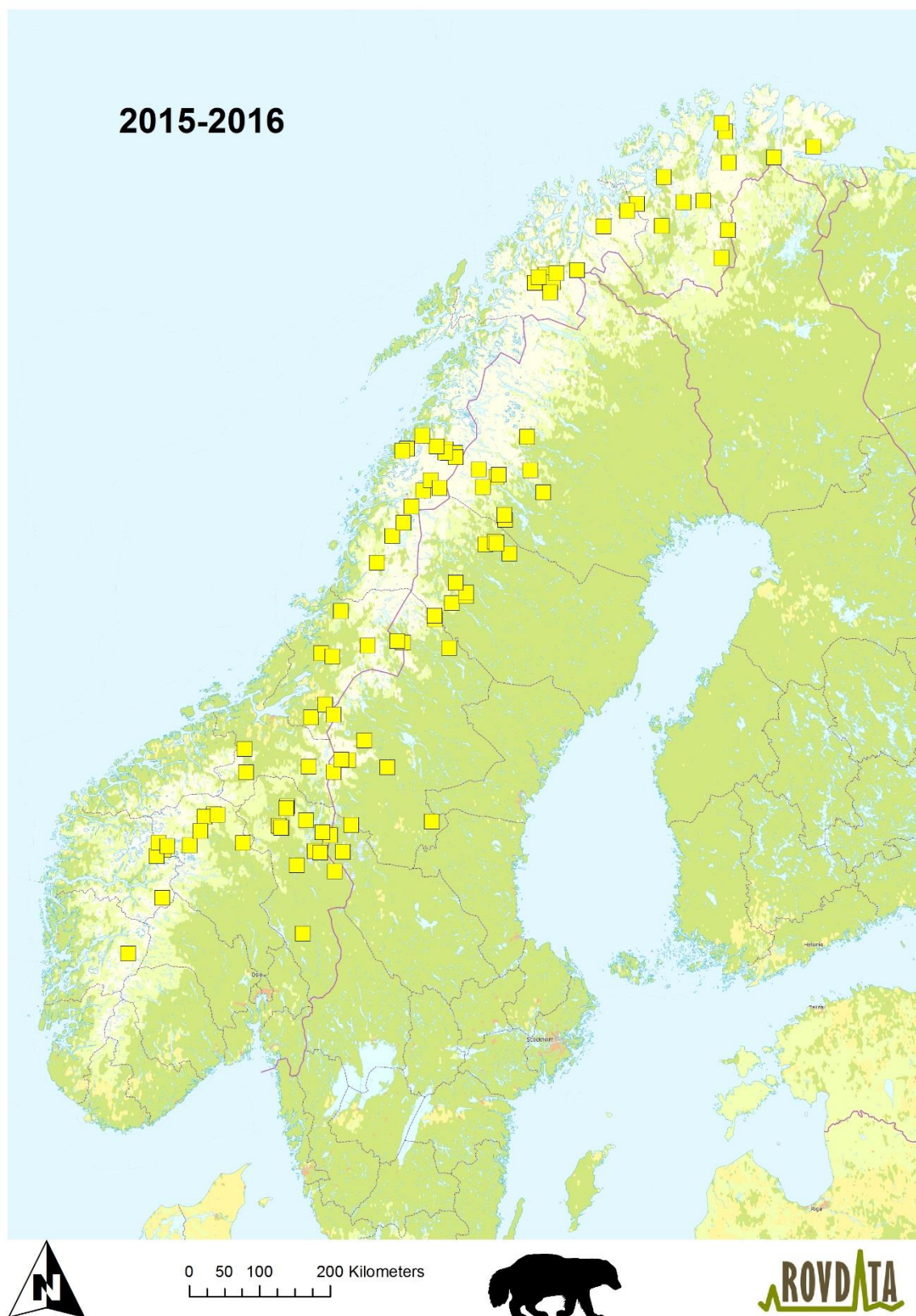
**Tabell 2** Antall identifiserte individer fra DNA-analysene i treårsperioden 2014 - 2016 sammenstilt med bestandsestimatene basert på de årlige ynglere registreringene (Brøseth & Tovmo 2014, 2015, 2016). *N* = Antall fungerende prøver som lot seg individbestemme. *ID DNA* = Antall identifiserte individer fra DNA. Dette tallet er basert på det geografiske midtpunktet for prøvene som representerer det enkelte individ. Den angitte bestandsstørrelsen (Popstr ynglinger) er basert på treårssnitt for antall ynglinger, henholdsvis 2012-2014, 2013-2015 og 2014-2016.

	2014			2015			2016		
Rovviltregion	N	ID DNA	Popstr ynglinger	N	ID DNA	Popstr ynglinger	N	ID DNA	Popstr ynglinger
Region 1	12	6	2	16	5	-	11	5	-
Region 2	1	1	-	0	0	-	13	1	-
Region 3	92	28	33	65	20	46	102	21	50
Region 4	-	-	-	0	0	-	0	0	-
Region 5	153	44	56	125	36	63	188	46	65
Region 6	164	57	73	113	39	71	224	66	69
Region 7	317	70	71	279	67	73	256	77	75
Region 8	367	111	106	243	93	83	246	89	90
<b>Norge</b>	<b>1106</b>	<b>317</b>	<b>343</b>	<b>841</b>	<b>260</b>	<b>336</b>	<b>1040</b>	<b>305</b>	<b>349</b>

En markant økning i prøvevolumet fra 841 fungerende prøver i 2015 til 1040 i 2016 (24 %) gjenspeiles i betydelig flere jerver påvist fra DNA i Norge vinteren 2016 (**Tabell 2**). De 305 jervene som hadde midtpunktet sitt innenfor landets grenser er en økning på 17-18 % sammenlignet med fjoråret, men ligger omtrent på samme nivå som i 2013 og 2014, da henholdsvis 314 og 317 jerver ble påvist. Volumet av fungerende prøver disse to årene var omtrent som i år. At vi ved samme prøvevolum identifiserer omtrent samme antall jerver antyder at jervebestanden har holdt seg relativt stabil de siste årene.

### 3.3 Vevsprøver av døde jerver

Totalt 92 jerver ble felt eller funnet døde i Norge i perioden 01.06.2015 – 31.05.2016 (**Figur 3; Vedlegg 1**). Jervevalper som ble tatt ut på hiuttak eller funnet døde ved hiet i forbindelse med barmarkskontroller (totalt 18) ble ikke analysert, mens alle de resterende 74 jervene fikk en fullstendig DNA-profil etter vellykket DNA-analyse. Som tidligere var et fåtall av de yngste jervene (12 null- og ettåringer) kjent fra ekskrementmaterialet (**Vedlegg 1**). Derimot var hele 32 av 34 jerver som var aldersbestemt til mer enn ett år tidligere identifisert fra DNA (94 %). Dette bygger opp under det vi har sett tidligere at vi registrerer en meget høy andel av voksne, revirhevdende jerver. I tillegg var 75 % (21 av 28) av de jervene der alderen ikke var bestemt også kjent fra tidligere DNA-analyser.



**Figur 3** Døde jerver i Norge og Sverige i perioden 1. juni 2015 – 31. mai 2016.



## 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 fylker. 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 2016 identifiserte vi 305 jerver som hadde geografisk midtpunkt innenfor Norges grenser. Dette er en betydelig økning fra 260 jerver registrert på DNA i 2015, men omtrent på nivå med 314 jerver registrert på DNA vinteren 2014.

Det er en sterk sammenheng mellom antall registrerte individer fra DNA og volumet av fungerende prøver det enkelte år. Både i 2014 og 2016 da vi registrerte i overkant av 300 jerver på DNA, var det drøyt 1000 fungerende prøver. I 2015 derimot, da det ble registrert langt færre jerver på DNA, var det et betydelig lavere prøvevolum. Før vi har fått på plass god metodikk for bruk av DNA til bestandsestimering hos jerv, er det vanskelig å si noe sikkert fra disse tallene om bestandsutviklingen i den norske jervebestanden. Med i overkant av 300 registrerte individer både i 2014 og 2016 fra drøyt 1000 fungerende prøver begge år, kan det likevel synes som om jervebestanden har holdt seg relativt stabil de siste årene. Dette er i tråd med bestandsestimatene fra ynglehiregistreringene, der den norske jervebestanden er anslått å telle mellom 340 og 350 individer både i 2014 og 2016.

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.

I Skandinavia viser bestandsanslag fra ynglehiregistreringene at bestanden er betydelig redusert de siste årene; fra ca. 1150 individer i 2012 til om lag 850 individer i 2016 (Brøseth et al. 2016). Bestanden i Norge holder seg stabilt rundt 350 jerver mens bestanden i Sverige er kraftig redusert (Brøseth et al. 2016). Målet på sikt er å bruke også DNA-baserte bestandsanslag for hele Skandinavia. 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 innsamlede prøver har økt de siste årene. Antall prøver samlet inn i de respektive land i innsamlingsperioden i 2016 (1. januar – 1. juni; 1418 i Norge og 745 i Sverige) viser dog at potensialet for innsamling i Sverige fortsatt er en god del høyere enn det som per i dag blir gjennomført. For å kunne følge den faktiske bestandsutviklingen fra år til år vil det være viktig med god og heldekkende innsamling av DNA også i Sverige i årene framover.



## 5 Referanser

- Brøseth, H., Eklund, A., Höglund, L. & Tovmo, M. 2016. Bestandsovervåking av jerv i 2016. Inventering av jerv 2016. Bestandsstatus for store rovdyr i Skandinavia. Bestandsstatus for store rovdjur i Skandinavia. 3-2016. 30 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.
- Brøseth, H. & Tovmo, M. 2016. Yngleregistreringer av jerv i Norge i 2016. – NINA Rapport 1291. 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. & 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 2015 – 31. mai 2016

<b>Døde jerver som var tidligere kjent fra ekskrementmaterialet</b>						
<b>RovbaseID</b>	<b>Dødsdato</b>	<b>Kjønn</b>	<b>Alder*</b>	<b>Individ</b>	<b>Fylke</b>	<b>Kommune</b>
M491860	21.12.2015	Hunn	15	3551	Hedmark	ENGERDAL
M491865	02.01.2016	Hann	11	357	Hedmark	LØTEN
M491901	12.01.2016	Hunn	10	284	Sogn og Fjordane	LUSTER
M492321	20.05.2016	Hunn	>8	2396	Finnmark	ALTA
M408212	04.10.2015	Hunn	7	2931	Troms	MÅLSELV
M491387	05.11.2015	Hunn	7	2098	Troms	BARDU
M408270	30.10.2015	Hunn	6	2308	Nordland	RANA
M492007	08.02.2016	Hann	6	615	Nord-Trøndelag	VERDAL
M492024	15.02.2016	Hann	6	3627	Oppland	LESJA
M491719	05.12.2015	Hann	5-6	2779	Troms	BALSFJORD
M407847	07.06.2015	Hunn	5	2876	Finnmark	ALTA
M491476	19.11.2015	Hann	5	2950	Finnmark	VADSØ
M491890	06.01.2016	Hann	5	3622	Oppland	LESJA
M492165	04.04.2016	Hunn	5	2880	Nordland	GILDESKÅL
M491607	21.11.2015	Hann	4	3647	Hedmark	ALVDAL
M491838	09.12.2015	Hunn	4	3527	Oppland	LESJA
M491846	12.12.2015	Hann	4	3660	Sør-Trøndelag	HOLTÅLEN
M491888	05.01.2016	Hann	4	2841	Nordland	SALTDAL
M491889	06.01.2016	Hann	4	3565	Oppland	LESJA
M491957	31.01.2016	Hann	4	699	Nord-Trøndelag	LIERNE
M492021	14.02.2016	Hunn	4	3582	Sogn og Fjordane	LÆRDAL
M491886	06.01.2016	Hunn	2-4	2716	Troms	MÅLSELV
M407855	11.06.2015	Hunn	3	381	Sogn og Fjordane	LUSTER
M408272	27.10.2015	Hann	3*	2914	Troms	STORFJORD
M491605	19.11.2015	Hunn	2	3631	Hedmark	ALVDAL
M491927	20.01.2016	Hann	2	3650	Sør-Trøndelag	OPPDAL
M492079	02.02.2016	Hann	2	3649	Hedmark	ALVDAL
M492181	13.04.2016	Hann	2	2975	Nordland	SALTDAL
M492207	27.04.2016	Hann	2	3637	Sogn og Fjordane	LUSTER
M491718	02.12.2015	Hunn	2	2882	Troms	STORFJORD
M491610	29.11.2015	Hann	1,5+	3638	Hedmark	TYNSET
M491939	24.01.2016	Hann	1,5 +	385	Hedmark	TYNSET
M408180	19.09.2015	Hunn	0	2985	Nordland	SALTDAL

M492178	11.04.2016	Hann	-	240	Hordaland	ULLENSVANG
M492206	27.04.2016	Hann	-	281	Oppland	LOM
M492028	15.02.2016	Hunn	-	352	Oppland	NORD-FRON
M492022	14.02.2016	Hunn	-	1724	Nord-Trøndelag	MERÅKER
M492293	05.05.2016	Hunn	-	2241	Nordland	VEFSN
M492297	03.05.2016	Hunn	-	2487	Finnmark	TANA
M492296	04.05.2016	Hunn	-	2532	Nordland	BEIARN
M491968	02.02.2016	Hunn	-	2756	Finnmark	LEBESBY
M492328	24.05.2016	Hunn	-	2832	Nordland	HEMNES
M408209	04.10.2015	Hann	-	2905	Nordland	RANA
M491598	24.11.2015	Hunn	-	2954	Troms	MÅLSELV
M408207	29.09.2015	Hunn	-	3580	Hedmark	ENGERDAL
M492393	10.05.2016	Hunn	-	3615	Nord-Trøndelag	MERÅKER
M492176	09.04.2016	Hann	-	3643	Sogn og Fjordane	LUSTER
M408226	11.10.2015	Hann	-	6001	Nordland	RANA
M492188	20.04.2016	Hunn	-	6002	Finnmark	NORDKAPP
M492323	21.05.2016	Hunn	-	6004	Nordland	HEMNES
M492147	19.03.2016	Hann	-	6020	Finnmark	KARASJOK
M492185	18.04.2016	Hann	-	6064	Troms	KVÆNANGEN
M491952	28.01.2016	Hunn	-	6065	Finnmark	ALTA
M491953	29.01.2016	Hunn	-	6066	Finnmark	KAUTOKEINO

#### Døde jerver som ikke var tidligere kjent fra ekskrementmaterialet

RovbaseID	Dødsdato	Kjønn	Alder	Individ	Fylke	Kommune
M408261	20.10.2015	Hann	2	5781	Nord-Trøndelag	STJØRDAL
M491928	21.01.2016	Hann	2	5774	Sør-Trøndelag	MELDAL
M408205	29.09.2015	Hann	1	5779	Hedmark	TRYSIL
M492069	10.02.2016	Hann	1	5787	Nord-Trøndelag	NAMSOS
M492162	01.04.2016	Hunn	1	5793	Nordland	GILDESKÅL
M491858	11.12.2015	Hunn	0-1	5788	Troms	BALSFJORD
M408189	25.09.2015	Hunn	0,5-1	5777	Hedmark	RENDALEN
M408154	09.09.2015	Hunn	0	5776	Nordland	SALTDAL
M408202	27.09.2015	Hunn	0	5778	Hedmark	ENGERDAL
M491389	08.11.2015	Hann	0	5772	Oppland	LOM
M491415	17.11.2015	Hunn	0	5773	Oppland	LOM
M492029	09.02.2016	Hunn	0	5790	Troms	MÅLSELV
M492070	11.02.2016	Hunn	0	5791	Nord-Trøndelag	SNÅSA
M408260	18.10.2015	Hunn	-	5780	Nord-Trøndelag	LIERNE
M491608	27.11.2015	Hann	-	5782	Hedmark	ENGERDAL

M491919	15.01.2016	Hann	-	5783	Nordland	SALTDAL
M491956	31.01.2016	Hunn	-	5786	Finnmark	PORSANGER
M491913	13.01.2016	Hann	-	5789	Troms	STORFJORD
M492148	21.03.2016	Hann	-	5792	Finnmark	KARASJOK
M492194	22.04.2016	Hann	-	5794	Finnmark	LEBESBY

**Ikke-analyserte prøver**

RovbaseID	Dødsdato	Kjønn	Alder	Individ	Fylke	Kommune
M407848	06.06.2015	Hann	0	-	Finnmark	ALTA
M407849	06.06.2015	Hann	0	-	Finnmark	ALTA
M407850	06.06.2015	Hunn	0	-	Finnmark	ALTA
M408181	03.06.2015	Ukjent	0	-	Nordland	GRANE
M408182	29.06.2015	Ukjent	0	-	Nordland	SALTDAL
M492294	05.05.2016	Hunn	0	-	Nordland	VEFSN
M492295	04.05.2016	Hann	0	-	Nordland	BEIARN
M492298	03.05.2016	Hann	0	-	Finnmark	TANA
M492299	03.05.2016	Ukjent	0	-	Finnmark	TANA
M492301	04.05.2016	Hunn	0	-	Hedmark	ENGERDAL
M492302	04.05.2016	Hunn	0	-	Hedmark	ENGERDAL
M492309	09.04.2016	Hann	0	-	Nord-Trøndelag	NÆRØY
M492310	09.04.2016	Hunn	0	-	Nord-Trøndelag	NÆRØY
M492311	09.04.2016	Hunn	0	-	Nord-Trøndelag	NÆRØY
M492324	21.05.2016	Hann	0	-	Nordland	RANA
M492325	21.05.2016	Hunn	0	-	Nordland	RANA
M492329	24.05.2016	Hunn	0	-	Nordland	HEMNES
M492330	24.05.2016	Hunn	0	-	Nordland	HEMNES

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





*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.*

1306

NINA Rapport

ISSN:1504-3312  
ISBN: 978-82-426-2991-3

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](mailto:firmapost@nina.no)

Organisasjonsnummer 9500 37 687

<http://www.nina.no>

Samarbeid og kunnskap for framtidens miljøløsninger