

## DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2018

Øystein Flagstad  
Oddmund Kleven  
Merethe Hagen Spets  
Line Birkeland Eriksen  
Bente Uhre Halvorsen  
Ida Pernille Øystese Andersskog  
Elisa Keeling Hemphill  
Malin Johansson  
Robert Ekblom  
Hans Ellegren  
Henrik Brøseth

## **NINAs publikasjoner**

### **NINA Rapport**

Dette NINAs normale rapportering til oppdragsgiver etter gjennomført forsknings-, overvåkings- eller utredningsarbeid. I tillegg vil serien favne mye av instituttets øvrige rapportering, for eksempel fra seminarer og konferanser, resultater av eget forsknings- og utredningsarbeid og litteraturstudier. NINA Rapport kan også utgis på annet språk når det er hensiktsmessig.

### **NINA Temahefte**

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

### **NINA Fakta**

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

### **Annen publisering**

I tillegg til rapporteringen i NINAs egne serier publiserer instituttets ansatte en stor del av sine vitenskapelige resultater i internasjonale journaler, populærfaglige bøker og tidsskrifter.

# DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2018

Øystein Flagstad  
Oddmund Kleven  
Merethe Hagen Spets  
Line Birkeland Eriksen  
Bente Uhre Halvorsen  
Ida Pernille Øystese Andersskog  
Elisa Keeling Hemphill  
Malin Johansson  
Robert Ekblom  
Hans Ellegren  
Henrik Brøseth

Flagstad, Ø., Kleven, O., Spets, M. H., Eriksen, L. B., Halvorsen, B. U., Andersskog, I. P. Ø., Hemphill, E. K., Johansson, M., Ekblom, R., Ellegren, H. & Brøseth H. 2018. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2018. NINA Rapport 1592. Norsk institutt for naturforskning.

Trondheim, november 2018

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-3331-6

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

KVALITETSSIKRET AV

Jenny Mattisson

ANSVARLIG SIGNATUR

Jonas Kindberg

OPPDRAGSGIVER

Miljødirektoratet

OPPDRAGSGIVERS REFERANSE

M-1192|2018

KONTAKTPERSON HOS OPPDRAGSGIVER

Susanne Hanssen

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 Torgarden  
7485 Trondheim  
Tlf: 73 80 14 00

**NINA Oslo**

Gaustadalléen 21  
0349 Oslo  
Tlf: 73 80 14 00

**NINA Tromsø**

Postboks 6606 Langnes  
9296 Tromsø  
Tlf: 77 75 04 00

**NINA Lillehammer**

Vormstuguvegen 40  
2624 Lillehammer  
Tlf: 73 80 14 00

**NINA Bergen**

Thormøhlensgate 55  
5006 Bergen  
Tlf: 73 80 14 00

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

## Sammendrag

Flagstad, Ø., Kleven, O., Spets, M. H., Eriksen, L. B., Halvorsen, B. U., Andersskog, I. P. Ø., Hemphill, E. K., Johansson, M., Ekblom, R., Ellegren, H. & Brøseth H. 2018. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2018. NINA Rapport 1592. Norsk institutt for naturforskning.

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 2018. Antall individer identifisert fra DNA er et minimums-estimat på bestandsstørrelse, og 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 har det vært heldekkende innsamling de to siste årene, og med et stadig økende prøvevolum og god geografisk representasjon, må man anta at minimumstallene også på svensk side av grensen representerer en relativt høy andel av den totale bestanden.

Fra DNA-analysene i 2018 identifiserte vi 291 jerver som var representert med en eller flere prøver innenfor Norges grenser. Dette er en liten reduksjon fra drøyt 310 jerver som ble registrert fra DNA både i 2013, 2014, 2016 og 2017. 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. Men med drøyt 300 registrerte individer fire av de seks siste årene, kan det likevel synes som om jervebestanden har holdt seg relativt stabil over tid. På svensk side av grensen ble hele 1905 prøver samlet inn, som gav 1443 fungerende prøver, fordelt på 439 individer. Tilsvarende tall for 2017 var 382 individer fordelt på 1018 fungerende prøver. Vi ser en klar tendens til metning av antall individer, der påslaget av fungerende prøver er langt høyere enn økningen i antall registrerte individer, som tyder på at vi registrerer en stor andel av den voksne delen av bestanden også på svensk side av grensen. I tillegg til heldekkende innsamling i Norge og Sverige, samles det hvert år inn et begrenset materiale fra Nord-Finland, som i 2018 representerte 11 individer.

På skandinavisk nivå i 2018 var hver av de registrerte jervene i gjennomsnitt representert med 3,75 prøver. Den geografiske representasjonen synes å være god, med 2,5 eller flere fungerende prøver per individ for de fleste regioner og län med jerveforekomst i Skandinavia. Dette gir et glimrende utgangspunkt for etter hvert å kunne bruke data fra hele Skandinavia til å anslå bestandsstørrelse både på skandinavisk og nasjonalt nivå, samt regions- og länsnivå. Prosjektet RovQuant har som målsetning å levere presise bestandsdata i form av bestandsstørrelse, overlevelse og rekruttering for alle tre arter (jerv, ulv, bjørn) der DNA-innsamling utgjør en vesentlig del av overvåkingsmetodikken. RovQuant forventes å levere kvalitetssikrede og godt uttestede modeller i løpet av 2019. Da vil vi ha tre år med heldekkende innsamling på jerv også i Sverige, som vil utgjøre et meget godt grunnlag for presise anslag på bestandsstørrelse i den skandinaviske jervebestanden.

Øystein Flagstad, Oddmund Kleven, Merethe Hagen Spets, Line Birkeland Eriksen, Bente Uhre Halvorsen, Ida Pernille Øystese Andersskog, Elisa Keeling Hemphill og Henrik Brøseth. Norsk institutt for naturforskning, Postboks 5685 Torgarden, 7485 Trondheim. [henrik.broseth@nina.no](mailto:henrik.broseth@nina.no), [oystein.flagstad@nina.no](mailto:oystein.flagstad@nina.no)

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

## Abstract

Flagstad, Ø., Kleven, O., Spets, M. H., Eriksen, L. B., Halvorsen, B. U., Andersskog, I. P. Ø., Hemphill, E. K., Johansson, M., Ekblom, R., Ellegren, H. & Brøseth H. 2018. DNA-based monitoring of the Scandinavian wolverine population 2018. NINA Report 1592. Norwegian Institute for Nature Research.

Genetic analysis is implemented as an important tool in the monitoring of large carnivores in Scandinavia, where DNA analyses of 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 the number of individuals identified in Norway, Sweden and Finland during winter 2018. The number of identified individuals represents a minimum population size estimate. It is not yet clear what proportion of the true population size these minimum numbers represent. However, it is likely high in Norway, given good sampling coverage, a large number of analyzed samples, and a high proportion of known individuals among dead adult wolverines. In Sweden, we have had a complete geographic sampling coverage in the last two years, and with an increasing number of samples, the minimum numbers likely represent a relatively high proportion of the total population also on the Swedish side of the border.

From the DNA analyses in 2018 we identified 291 wolverines within Norway. This is a slight reduction from about 315 wolverines that were registered in 2013, 2014, 2016, and 2017. It is difficult to address population dynamics from these numbers alone without robust CMR methods for estimating population size. However, with slightly more than 300 registered individuals in four out of the last six years, it may be reasonable to assume that the population have been relatively stable over time. On the Swedish side of the border 1905 samples were collected, of which 1443 gave a readable DNA profile, representing 439 individuals. The corresponding numbers from 2017 were 382 individuals, distributed across 1018 samples. Just as in Norway, it is hard to say anything certain about population size from these numbers alone. However, the increase in number of samples is far more pronounced than the increase in the number of individuals, suggesting that a large proportion of the wolverine population is registered from DNA also on the Swedish side of the border. In addition to the extensive sampling in Norway and Sweden, a limited number of samples is collected and analysed in Northern Finland every year, representing 11 individuals in 2018.

Each of the registered wolverines in Scandinavia in 2018 were represented with an average of 3.75 samples. The geographic representation also seemed to be good, with 2.5 samples per individual for most regions with wolverine presence in Scandinavia. This provides an excellent base of data from all over Scandinavia to use for estimating population size at a Scandinavian and a national level, as well as at a regional level. The project RovQuant was initiated to deliver precise population data such as abundance, density, survival and recruitment, using CMR for all large carnivores in Scandinavia (wolverine, wolf, bear) where DNA collection is an essential part of the monitoring scheme. RovQuant is expected to deliver thoroughly tested models in 2019. At that point, we will have three years with full geographic coverage of wolverine DNA collection also in Sweden, providing a good basis for precise population estimates.

Øystein Flagstad, Oddmund Kleven, Merethe Hagen Spets, Line Birkeland Eriksen, Bente Uhre Halvorsen, Ida Pernille Øystese Andersskog, Elisa Keeling Hemphill og Henrik Brøseth. Norsk institutt for naturforskning, Postboks 5685 Torgarden, 7485 Trondheim. [henrik.broseth@nina.no](mailto:henrik.broseth@nina.no), [oystein.flagstad@nina.no](mailto:oystein.flagstad@nina.no)

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

# Innhold

<b>Sammendrag</b> .....	<b>3</b>
<b>Abstract</b> .....	<b>4</b>
<b>Innhold</b> .....	<b>5</b>
<b>Forord</b> .....	<b>6</b>
<b>1 Innledning</b> .....	<b>7</b>
<b>2 Materiale og metoder</b> .....	<b>7</b>
2.1 Innsamling av materiale og laboratoriearbeid .....	7
2.2 Bestandsestimering .....	8
<b>3 Resultater</b> .....	<b>9</b>
3.1 Analyserte prøver i Norge, Sverige og Finland .....	9
3.2 Antall identifiserte individer i Norge, Sverige og Finland.....	9
3.3 Fordeling av individer i regioner og l�n .....	13
3.4 Vevspr�ver av d�de jerver .....	14
<b>4 Diskusjon</b> .....	<b>14</b>
<b>5 Referanser</b> .....	<b>15</b>
<b>Vedlegg 1</b> .....	<b>17</b>
<b>Vedlegg 2</b> .....	<b>19</b>

## Forord

Denne rapporten oppsummerer den DNA-baserte overvåkingen av jerv i Skandinavia vinteren 2018. Vi vil benytte anledningen til å takke alle som har bidratt i innsamlingen av ekskrement-, urin-, og hårmateriale i Norge, Sverige og Finland. Et stort antall personer har vært engasjert i milevise sporinger av jerv for å skaffe til veie grunnlagsmaterialet for DNA-analysene. Uten deres iherdige innsats hadde ikke dette ambisiøse overvåkingsopplegget latt seg gjennomføre.

Trondheim, november 2018

Øystein Flagstad



# 1 Innledning

Den skandinaviske jervebestanden er gjennom yngleregistreringer i 2016 - 2018 estimert til 890 voksne individer (Tovmo m. fl. 2018). 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 m. fl. 2004; Flagstad m. fl. 2005). Individidentifisering basert på DNA-profiler fra ekskrementer og hår har gitt en alternativ metode for estimering av bestandsstørrelse (Flagstad m. fl. 2004, 2008). DNA-analysene gir også kunnskap om enkeltindivider og deres rolle i bestanden, hvorvidt de er etablerte, reproduserende individer eller om de er ungjerver på vandring. 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 m. fl. 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. De første årene først og fremst på ynglelokaliteter som et ledd i kartlegging av antall ynglinger, mens det de siste årene har vært økt fokus på heldekkende innsamling også i Nord-Sverige. Fra 2007 er det samlet inn materiale også fra de tre nordligste fylkene i Norge (Flagstad m. fl. 2008).

I denne rapporten oppsummerer vi resultatene av DNA-analysene knyttet til overvåkingen av den skandinaviske jervebestanden i 2018. Vi rapporterer antall identifiserte individer i Norge, Sverige og Finland, både på landsbasis og i de ulike forvaltningsregionene for rovvilt, og peker på hovedmønstre i bestandsutviklingen.

## 2 Materiale og metoder

### 2.1 Innsamling av materiale og laboratoriearbeid

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

I Norge ble DNA 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). Etter DNA-isolering og verifisering av jervespesifikt DNA i prøven, satte vi sammen DNA-profiler fra 12 genetiske markører, såkalte mikrosatelitter: Gg7 (Davis & Strobeck 1998), Gg14, Gg42, Gg443, Gg452, Gg454, Gg465, Gg470 (Walker m. fl. 2001), Gg216, Gg234 (Duffy m. fl. 1998), Mvis072, Mvis075 (Fleming m. fl. 1999) og to kjønnsmarkører (DBY3Ggu, DBY7Ggu; Hedmark m. fl. 2004). Prøver med identiske DNA-profiler ble klassifisert som samme individ. I tillegg til de 12 markørene nevnt ovenfor, ble samtlige individer (én prøve per individ) analysert for ytterligere 7 markører: Tt4 (Davis & Strobeck 1998), Ggu10, Ggu25, Gg471 (Walker m. fl. 2001), Gg101B (Duffy m. fl. 1998), Mvis057 (O'Connell m. fl. 1996) og Lut604 (Dallas & Piertney

1998). Genotyping på tvers av 19 markører sikrer høy presisjon i slektskapsanalyser og analyser av populasjonsstruktur.

I Sverige ble DNA isolert med en ekstraksjonsrobot for isolering av DNA (Maxwell, Promega, Fitchburg, Wisconsin), og prøvene ble individ- og kjønnsbestemt fra SNP-genotyping på en Fluidigm plattform (Fluidigm Corporation, San Francisco, USA). Her benyttes en såkalt SNP-chip bestående av 96 genetiske markører, inklusive kjønnsmarkører (Ekblom m. fl. 2018). Prøver som gir identiske eller nær identiske (>95 %) DNA-profiler klassifiseres som samme individ. En slik statistisk robust tilnærming er mulig takket være det store antallet markører. Etter endt individbestemmelse blir alle individer også i Sverige kjørt med 19 mikrosatelittmarkører, så dataene blir sammenlignbare på tvers av grensen.

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

## 2.2 Bestandsestimering

Det å samle inn 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 m. fl. (2003) og Miller m. fl. (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 per 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, men det gjenstår fortsatt 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 3623 prøver som var samlet inn i 2018 i Norge, Sverige og Finland, ble analysert ved DNA-laboratoriene på NINA og ved Uppsala Universitet (**Tabell 1**). Av disse var 2662 prøver av god nok kvalitet til å kunne individbestemmes, som gir en meget høy gjennomsnittlig suksessrate på 73 %. Det er gledelig å konstatere at suksessraten i Finland har økt til tilnærmet samme høye nivå som i Norge og Sverige (**Tabell 1; Figur 1**). I Sverige er suksessraten til dels betydelig høyere enn tidligere etter overgangen fra mikrosatelitter til SNP-genotyping. Testing har vist at både mikrosatelitt- og SNP-genotyping fungerer utmerket for ekskrement-, urin- og hårprøver av god kvalitet, mens SNP-genotypingen framstår som en mer robust metodikk for prøver av litt dårligere kvalitet.

**Tabell 1** Oversikt over prøvematerialet vinteren 2018. Antall fungerende og ikke-fungerende prøver, dvs. prøver med og uten vellykket individbestemmelse, blant verifiserte jervekskrementer og -hår, samlet inn i Norge, Sverige og Finland.

	Norge 2018	Sverige 2018	Finland 2018	Totalt
<b>Fungerende</b>	1196	1443	23	2662
<b>Ikke-fungerende</b>	488	462	11	961
<b>Sum*</b>	1684	1905	34	3623
<b>Suksessrate</b>	71 %	76 %	68 %	73 %

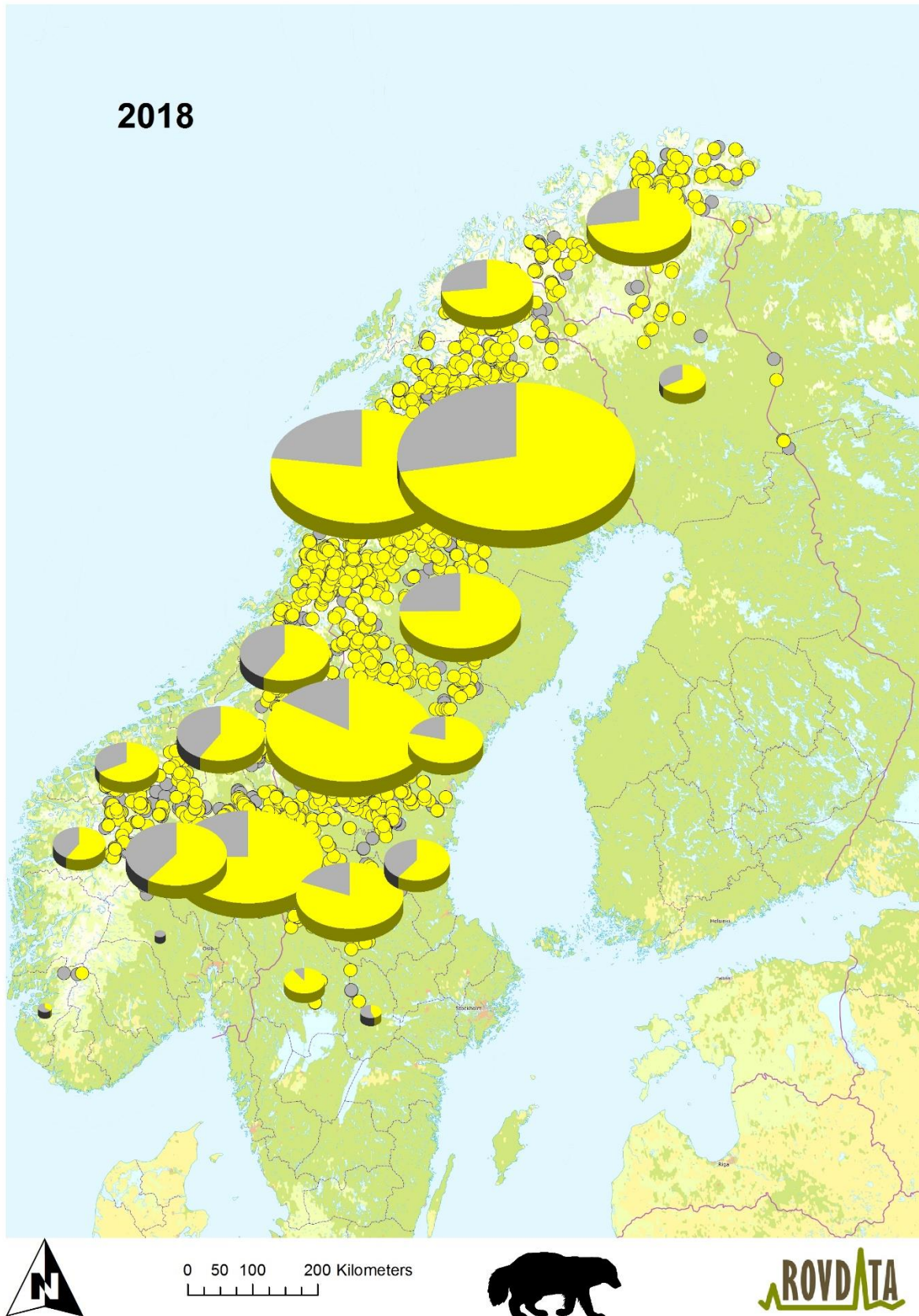
\*Prøver som ble samlet inn i forbindelse med barmarkskontroller og på kjente hilokaliteter er ikke inkludert i denne sammenstillingen.

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

Antall individer påvist fra DNA i Norge, Sverige og Finland vinteren 2017 og 2018 er angitt i **Tabell 2**. Totalt 709 individer ble påvist i 2018, hvorav 31 var delt mellom Norge og Sverige og ett individ var delt mellom Norge og Finland. Tilsvarende tall for forrige vinter var 686 påviste individer, hvorav 34 var delt mellom Norge og Sverige og 5 var delt mellom Norge og Finland. Totalt var det 291 jerver som var registrert med en eller flere prøver i Norge i 2018, sammenlignet med 313 individer i 2017. Tilsvarende tall for Sverige var 439 individer i 2018 og 382 i 2017.

**Tabell 2** Antall individer identifisert fra DNA i Norge, Sverige og Finland i 2017 og 2018, angitt både i form av antall individer som har sitt geografiske midtpunkt i hvert av de tre landene og hvor mange av dem som kun er registrert i ett land eller delt mellom flere land. N = antall fungerende prøver som lot seg individbestemme.

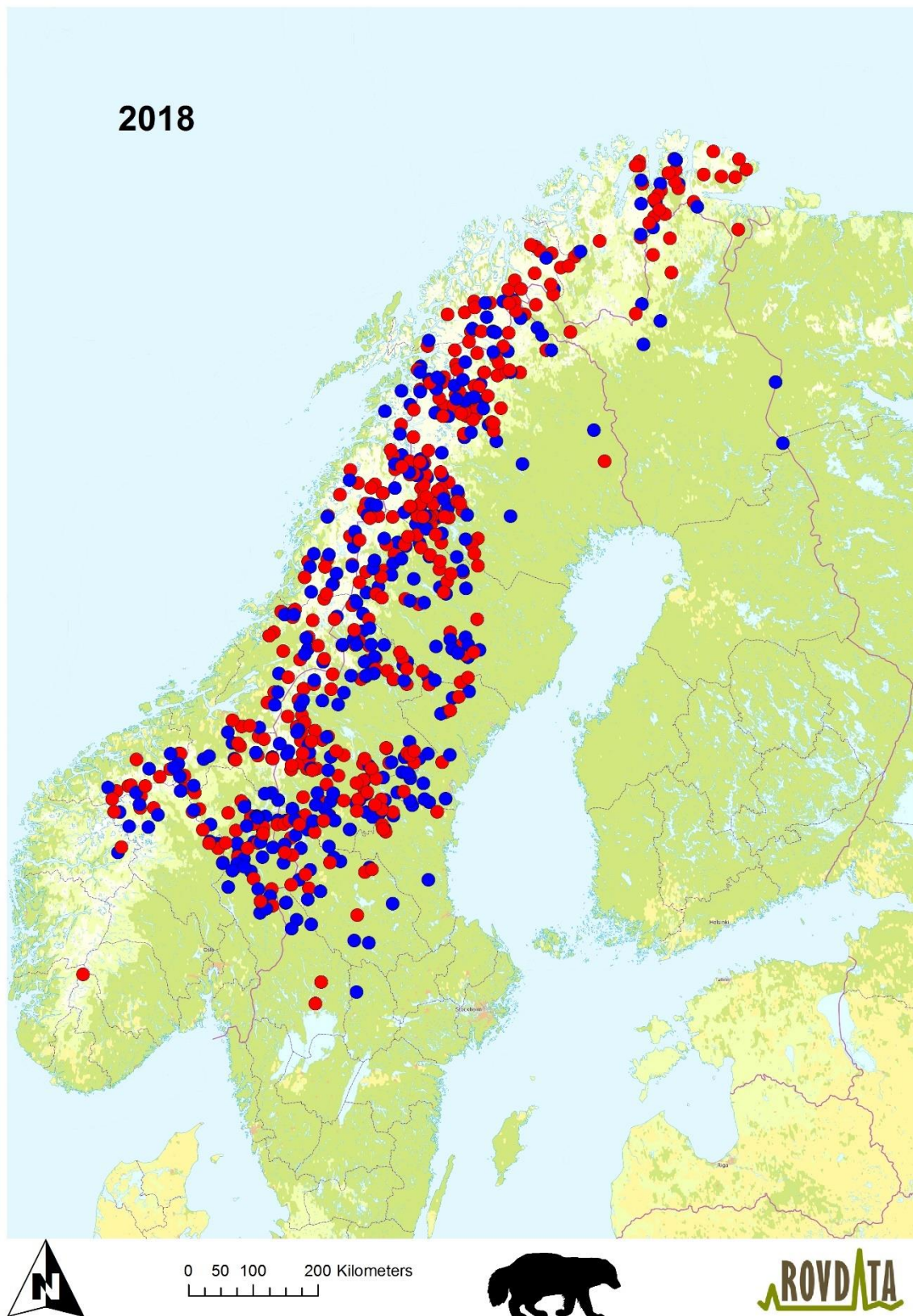
Land	2017				2018			
	N	Midtpkt	Egne	Delt	N	Midtpkt	Egne	Delt
<b>Norge</b>	1274	295	274	39	1196	277	259	32
<b>Sverige</b>	1018	362	348	34	1443	422	408	31
<b>Finland</b>	54	29	25	5	23	10	10	1
<b>Fennoskandia</b>	2346	686	647	39	2662	709	677	32



**Figur 1** Geografisk fordeling av de 3623 analyserte prøvene som ble samlet inn i Norge, Sverige og Finland vinteren 2018. Gul = fungerende, grå = ikke-fungerende. Størrelsen på kakediagrammene reflekterer prøvevolumet i de ulike områdene.



I tråd med resultatene fra tidligere år ble flere tisper enn hanner identifisert både i Norge og Sverige (55 % tisper vs. 45 % hanner; **Figur 3**). Den skjeve kjønnsfordelingen var sterkest i Norge med bare 42 % hanner sammenlignet med 48 % hanner påvist fra DNA i Sverige.



**Figur 3** Alle jerver som ble identifisert fra prøveinnsamlingen i Fennoskandia vinteren 2018, representert med sine respektive midtpunkter. Rød = tisper. Blå = hann.

**Tabell 3** Antall identifiserte individer fra DNA-analysene i 2017 og 2018. Tabellen viser både antall individer som har sitt geografiske midtpunkt i den enkelte region og län og hvor mange av disse som kun er registrert i en enkelt region eller län eller delt mellom flere regioner og/eller län. N = antall fungerende prøver som lot seg individbestemme.

Region-Län	2017				2018			
	N	Midt-pkt	Egne	Delt	N	Midt-pkt	Egne	Delt
Region 1	16	4	2	5	27	3	3	2
Region 2	2	1	0	1	0	0	0	0
Region 3	84	19	13	10	98	20	11	12
Region 4	0	0	0	0	0	0	0	0
Region 5	153	44	40	9	260	52	50	11
Region 6	245	66	58	15	191	71	64	12
Region 7	394	61	46	28	398	56	43	24
Region 8	380	100	96	9	222	75	70	7
Värmland	24	7	6	2	23	7	7	1
Örebro	0	0	0	0	3	1	1	0
Dalarna	34	20	17	5	142	38	36	3
Gävleborg	9	6	6	0	42	10	9	1
Västernorrland	16	11	10	3	69	24	24	10
Jämtland	204	102	101	6	354	141	133	9
Västerbotten	182	72	66	7	171	58	52	10
Norrbotten	549	144	136	23	639	143	134	22

### 3.3 Fordeling av individer i regioner og län

I **Tabell 3** har vi angitt antall individer påvist fra DNA i Skandinavia og hvordan de fordeler seg geografisk mellom de ulike rovviltregionene og län. På norsk side er det relativt små endringer mellom 2017 og 2018, bortsett fra i region 8 (Finnmark og Troms), der det ble registrert betydelig færre individer i 2018. Som det framgår fra tabellen, har dette direkte sammenheng med antall innsamlede og fungerende prøver. På svensk side er det en god del län som har økt prøveinnsamlingen betydelig i 2018 sammenlignet med 2017. Dette har i de fleste tilfeller gitt utslag i form av en klar økning i antall registrerte individer, som for Dalarna, Gävleborg, Västernorrland og Jämtland. Dog ikke for Norrbotten, der drøyt 15 % påslag i antall fungerende prøver fra 549 til 639 ikke gav utslag i form av flere registrerte individer.

### 3.4 Vevsprøver av døde jerver

Totalt 68 jerver ble felt eller funnet døde i Norge i perioden 01.06.2017 – 31.05.2018 (**Vedlegg 1**). De aller fleste jervevalper som ble tatt ut på hiuttak eller funnet døde ved hiet i forbindelse med barmarkskontroller ble ikke analysert. Alle bortsett fra en av de resterende 56 jervene fikk en fullstendig DNA-profil etter vellykket DNA-analyse. Den som ikke fungerte (M494010) var en jerv som ble funnet død i terrenget, der nedbrytningen av kroppscellene hadde kommet for langt til å gi fungerende DNA. Som tidligere var de aller fleste av de yngste jervene ikke kjent fra ekskrementmaterialet (kun 2 av 21 aldersbestemte null- og ettåringer). Derimot var en stor andel av de døde jervene som var aldersbestemt til 2 år eller eldre kjent fra før i ekskrementmaterialet (16 av 21; 76 %), også i tråd med tidligere resultater. Det var imidlertid et par jervtisper, aldersbestemt til henholdsvis 5 og 7 år, som ikke var plukket opp fra tidligere DNA-analyser. Det er svært sjelden at såpass gamle dyr ikke er kjent fra før. Av jervene som foreløpig ikke var aldersbestemt var 7 av 12 jerver kjent fra ekskrementmaterialet (58 %).

I samme periode (01.06.2017 – 31.05.2018) ble det registrert 15 døde jerver i Sverige (**Vedlegg 2**). En av disse var et mistenkt tilfelle av illegal jakt, der analyseresultatet foreløpig ikke er kjent (M496230). To av de resterende 14 jervene var valper som ble funnet døde på hver sin hilokalitet, og der DNA-analyser ikke er gjennomført. Av de tolv døde jervene som var analysert, var kun fire kjent fra før (33 %). Dette er lavere enn de to foregående årene (55 % samlet), og litt overraskende med tanke på at Sverige har hatt heldekkende innsamling de siste par årene. To av de åtte som ikke var kjent var aldersbestemt til henholdsvis 0 og 1 år, og det er sannsynlig at noen av de resterende også var unge jerver.

## 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 2018 identifiserte vi 291 jerver som var representert med en eller flere prøver innenfor Norges grenser. Dette er en liten reduksjon fra drøyt 310 jerver som ble registrert fra DNA både i 2013, 2014, 2016 og 2017. 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. Men med drøyt 300 registrerte individer fire av de seks siste årene, kan det likevel synes som om jervebestanden har holdt seg relativt stabil over tid.

I 2018 var det andre gang vi hadde heldekkende DNA-innsamling også på svensk side av grensen. Hele 1905 prøver ble samlet inn, som var en betydelig økning fra 1258 innsamlede prøver i 2017. Det omfattende prøvematerialet gav 1443 fungerende prøver, som fordelte seg på 439 individer. Tilsvarende tall for 2017 var 382 individer fordelt på 1018 fungerende prøver. Som på norsk side av grensen, er det vanskelig å vurdere bestandsstørrelse og bestandsutvikling fra disse tallene alene. Vi ser dog en klar tendens til metning av antall individer, der påslaget av fungerende prøver (>40 %) er langt høyere enn økningen i antall individer (15 %). Dette tyder på at vi registrerer en stor andel av bestanden av voksne jerver også på svensk side av grensen.

På skandinavisk nivå er de registrerte jervene i gjennomsnitt representert med 3,75 prøver. Dette gir et glimrende utgangspunkt for etter hvert å kunne bruke data fra hele Skandinavia til å anslå bestandsstørrelse både på skandinavisk og nasjonalt nivå, samt regions- og länsnivå. Det er dog viktig å huske på at god geografisk representasjon, dvs at prøveinnsamling gjennomføres i alle områder med jerveforekomst, også er en forutsetning for presise bestandsestimater. I 2018 hadde de fleste områder 2,5 eller flere fungerende prøver per individ, som tyder på at den geografiske representasjonen også er god.



Vi har gjennom flere år jobbet med en realistisk modell for bestandsestimering fra DNA i en åpen bestand, dvs. der jerven beveger seg fritt over administrative grenser, det være seg mellom land eller regioner. Etter anbefaling fra fagrådet for det Nasjonale overvåkingsprogrammet, 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. Dette arbeidet er formalisert i prosjektet RovQuant, der målsettingen er å levere presise bestandsdata i form av bestandsstørrelse, overlevelse og rekruttering for alle tre arter (jerv, ulv, bjørn) der DNA-innsamling utgjør en vesentlig del av overvåkingsmetodikken. Prosjektet forventes å levere kvalitetssikrede og godt uttestede modeller i løpet av 2019. Da vil vi ha tre år med heldekkende innsamling på jerv også i Sverige, som vil utgjøre et meget godt grunnlag for presise anslag på bestandsstørrelse i den skandinaviske jervebestanden.

## 5 Referanser

- Dallas, J. F. & Piertney, S. B. 1998. Microsatellite primers for the Eurasian otter. - *Molecular Ecology* 7 (9): 1248-1251.
- Davis, C. S. & Strobeck, C. 1998. Isolation, variability, and cross-species amplification of polymorphic microsatellite loci in the family Mustelidae. - *Molecular Ecology* 7 (12): 1776-1778.
- Duffy, A. J., Landa, A., O'Connell, M., Stratton, C. & Wright, J. M. 1998. Four polymorphic microsatellites in wolverine, *Gulo gulo*. - *Animal Genetics* 29 (1): 63-63.
- 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 (6): 1389-1402.
- Ekblom, R., Brechlin, B., Persson, J., Smeds, L., Johansson, M., Magnusson, J., Flagstad, Ø. & Ellegren, H. 2018. Genome sequencing and conservation genomics in the Scandinavian wolverine (*Gulo gulo*) population (manuskript under vurdering i *Conservation Biology*).
- Flagstad, Ø., Hedmark, E., Landa, A., Brøseth, H., Persson, J., Andersen, R., Segerström, P. and Ellegren, H. 2004. Colonization history and noninvasive monitoring of a re-established wolverine population. - *Conservation Biology* 18 (3): 676-688.
- Flagstad, Ø., Brøseth, H., Wärdig, C., Johansson, M. & Ellegren, H. 2005. Populasjonsovervåking av jerv i Skandinavia ved hjelp av DNA-analyse fra ekskrementer. - NINA Rapport 41. 37 s.
- 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., Tovmo, M., Balstad, T., Johansson, M., Syslak, L., Eriksen, L. B., Hagen, M., Søgaard, 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 (8): 1352-1354.
- Hedmark, E., Flagstad, Ø., Segerström, P., Persson, J., Landa, A.M. & Ellegren, H. 2004. DNA-based individual and sex identification from wolverine (*Gulo gulo*) faeces and urine. *Conservation Genetics* 5 (3): 405-410.
- 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 (7): 1991-2005.
- Miquel, C., Bellemain, E., Poillot, C., Bessiere, J., Durand, A., & Taberlet, P. 2006. Quality indexes to assess the reliability of genotypes in studies using noninvasive sampling and multiple-tube approach. *Molecular Ecology Notes* 6 (4): 985-988.
- O'Connell, M., Wright, J. M. & Farid, A. 1996. Development of PCR primers for nine polymorphic American mink *Mustela vison* microsatellite loci. - *Molecular Ecology* 5 (2): 311-312.
- Tovmo, M., Höglund, L. & Mattisson, J. 2018. Bestandsovervåking av jerv i 2018. Inventering av järv 2018. Bestandsstatus for store rovdjur i Skandinavia. Bestandsstatus för stora rovdjur i Skandinavien. 3-2018. 30 s.

Walker, C. W., Vila, C., Landa, A., Linden, M. & Ellegren, H. 2001. Genetic variation and population structure in Scandinavian wolverine (*Gulo gulo*) populations. - *Molecular Ecology* 10 (1): 53-65.

## Vedlegg 1

Oversikt over jerv registrert død i Norge 1. juni 2017 – 31. mai 2018.

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

RovbaseID	Dødsdato	Individ	Kjønn	Alder*	Fylke	Kommune
M494352	29.08.2017	50	Hunn	20	Trøndelag	Trondheim
M494631	01.01.2018	2690	Hunn	10	Finnmark	Alta
M494896	30.01.2018	3718	Hann	8	Oppland	Lesja
M494623	14.12.2017	3630	Hann	7	Hedmark	Os i Hedmark
M494578	27.11.2017	2626	Hunn	6	Troms	Bardu
M494431	29.09.2017	2855	Hunn	5	Troms	Målselv
M494508	07.11.2017	2982	Hann	5	Finnmark	Tana
M494478	18.10.2017	3598	Hann	5	Oppland	Øyer
M495349	11.04.2018	3665	Hann	5	Sogn og Fjordane	Luster
M494423	20.09.2017	3672	Hann	4	Hedmark	Stor-Elvdal
M494494	29.10.2017	3705	Hann	4	Hedmark	Tynset
M495210	20.03.2018	6079	Hunn	4	Finnmark	Nesseby
M495479	29.04.2018	3749	Hann	3	Sogn og Fjordane	Luster
M494918	04.02.2018	5851	Hann	3	Oppland	Dovre
M494550	11.11.2017	6122	Hunn	3	Troms	Storfjord
M494408	10.09.2017	3722	Hunn	2	Trøndelag	Oppdal
M495084	07.03.2018	6078	Hann	1	Finnmark	Båtsfjord
M494544	09.11.2017	6121	Hunn	1	Troms	Bardu
M496204	01.04.2018	398	Hunn	Ad	Hedmark	Trysil
M494887	31.01.2018	2846	Hunn	Ad	Finnmark	Karasjok
M495414	19.04.2018	3597	Hann	Ad	Telemark	Vinje
M495482	21.04.2018	3680	Hunn	Ad	Hedmark	Engerdal
M495488	29.04.2018	5863	Hunn	Ad	Rogaland	Suldal
M494636	02.01.2018	6005	Hunn	Ad	Troms	Storfjord
M494617	12.12.2017	6039	Hann	Ad	Troms	Balsfjord

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

M494422	19.09.2017	5842	Hann	Ad	Hedmark	Trysil
M494560	13.11.2017	5853	Hunn	Ad	Troms	Storfjord
M494915	02.02.2018	5854	Hann	Ad	Finnmark	Porsanger
M494920	06.02.2018	5856	Hunn	Ad	Finnmark	Tana
M494645	02.01.2018	5864	Hunn	Ad	Troms	Storfjord
M494913	03.02.2018	5850	Hunn	7	Trøndelag	Meråker
M494917	05.02.2018	5855	Hann	5	Oppland	Nord-Fron
M494938	13.02.2018	5861	Hunn	4	Trøndelag	Høylandet
M494585	01.12.2017	5846	Hann	3	Trøndelag	Meråker
M494597	05.12.2017	5848	Hann	3	Hedmark	Tynset

M494565	17.11.2017	5847	Hann	2	Hedmark	Alvdal
M494567	01.06.2017	5840	Hann	1	Troms	Målselv
M494433	27.09.2017	5843	Hann	1	Hedmark	Åmot
M494543	11.11.2017	5845	Hunn	1	Trøndelag	Lierne
M494684	16.01.2018	5852	Hunn	1	Troms	Kvænangen
M495046	04.03.2018	5857	Hann	1	Finnmark	Karasjok
M495209	20.03.2018	5859	Hunn	1	Finnmark	Tana
M494939	13.02.2018	5860	Hunn	1	Trøndelag	Namsskogan
M495041	03.03.2018	5862	Hann	1	Finnmark	Porsanger
M494427	26.09.2017	6176	Hann	0	Troms	Målselv
M494415	16.09.2017	5835	Hunn	0	Hedmark	Stor-Elvdal
M494417	18.09.2017	5836	Hann	0	Hedmark	Stor-Elvdal
M494418	18.09.2017	5837	Hann	0	Hedmark	Stor-Elvdal
M494437	28.09.2017	5844	Hunn	0	Hedmark	Os i Hedmark
M494899	01.02.2018	5849	Hunn	0	Oppland	Lesja
M494667	10.01.2018	5858	Hunn	0	Trøndelag	Meråker
M494413	13.09.2017	5865	Hunn	0	Hedmark	Åsnes
M495489	28.04.2018	5873	Hunn	0	Rogaland	Suldal
M495490	28.04.2018	5874	Hann	0	Rogaland	Suldal
M494438	12.09.2017	5877	Hann	0	Nordland	Hattfjelldal
M494010	18.06.2017	negativ	Hunn	1	Troms	Nordreisa

---

**Ikke-analyserte prøver**


---

M493955	03.06.2017		Hann	0	Nordland	Beiarn
M493956	03.06.2017		Hann	0	Nordland	Beiarn
M495483	21.04.2018		Hann	0	Hedmark	Engerdal
M495484	21.04.2018		Hann	0	Hedmark	Engerdal
M495487	27.04.2018		Hunn	0	Trøndelag	Høylandet
M495566	20.05.2018		Ukjent	0	Hedmark	Åmot
M495575	23.05.2018		Ukjent	0	Nordland	Rana
M495607	20.03.2018		Ukjent	0	Trøndelag	Snåsa
M495614	25.04.2018		Ukjent	0	Hedmark	Trysil
M496080	10.05.2018		Ukjent	0	Nordland	Grane
M496109	02.05.2018		Ukjent	0	Nordland	Saltdal
M496129	01.05.2018		Ukjent	0	Trøndelag	Oppdal

---

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

## Vedlegg 2

Oversikt over jerv registrert død i Sverige 1. juni 2017 – 31. mai 2018.

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

RovbaseID	Dødsdato	Individ	Kjønn	Alder*	Fylke	Kommune
M494587	02.12.2017	1111	Hunn	Ad	Västerbotten	Vilhelmina
M494957	15.02.2018	4058	Hann	Ad	Västernorrland	Ånge
M495572	07.04.2018	5094	Hann	Ad	Västerbotten	-
M494589	03.12.2017	5196	Hann	Ad	Västerbotten	Vilhelmina

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

M494663	19.12.2017	4076	Hunn	Ad	Gävleborg	Sandviken
M494506	02.11.2017	5255	Hunn	Ad	Norrbotten	Arjeplog
M494509	03.11.2017	5256	Hann	Ad	Norrbotten	Arjeplog
M494588	03.12.2017	5257	Hann	Ad	Västerbotten	Vilhelmina
M494688	21.01.2018	5318	Hann	Ad	Västerbotten	Dorotea
M495305	30.03.2018	7021	Hann	Ad	Jämtland	Krokom
M495573	01.05.2018	4099	Hann	1	Västernorrland	Ånge
M494429	11.08.2017	4097	Hann	0	Västernorrland	Ånge

### Ikke-analyserte prøver

M496230	12.01.2018		Ukjent	Ad	Norrbotten	Gällivare
M495696	31.05.2018		Ukjent	0	Norrbotten	Gällivare
M495994	01.02.2018		Ukjent	0	Jämtland	Härjedalen

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





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

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

ISSN:1504-3312  
ISBN: 978-82-426-3331-6

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

## Norsk institutt for naturforskning

NINA Hovedkontor

Postadresse: Postboks 5685 Torgarden, 7485 Trondheim

Besøks-/leveringsadresse: Høgskoleringen 9, 7034 Trondheim

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

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

Organisasjonsnummer 9500 37 687

<http://www.nina.no>



Samarbeid og kunnskap for framtidens miljøløsninger