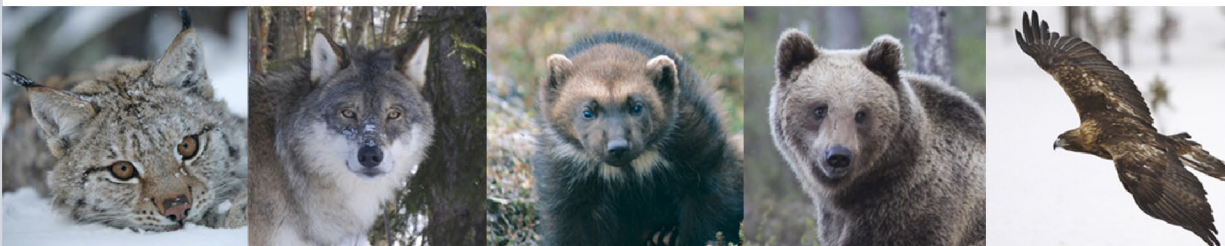


2111

NINA Rapport



## DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2021

Oddmund Kleven  
Ida Pernille Øystese Andersskog  
Hege Brandsegg  
Line Birkeland Eriksen  
Merethe Hagen Spets  
Helena Königsson  
Göran Spong  
Cyril Milleret  
Pierre Dupont  
Richard Bischof  
Øystein Flagstad  
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 2021

Oddmund Kleven  
Ida Pernille Øystese Andersskog  
Hege Brandsegg  
Line Birkeland Eriksen  
Merethe Hagen Spets  
Helena Königsson  
Göran Spong  
Cyril Milleret  
Pierre Dupont  
Richard Bischof  
Øystein Flagstad  
Henrik Brøseth

Kleven, O., Andersskog, I. P. Ø., Brandsegg, H., Eriksen, L. B., Spets, M. H., Königsson, H., Spong, G., Milleret, C., Dupont, P., Bischof, R., Flagstad, Ø. & Brøseth, H. 2022. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2021. NINA Rapport 2111. Norsk institutt for naturforskning.

Trondheim, februar 2022

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-4899-0

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-2221|2022

KONTAKTPERSON HOS OPPDRAGSGIVER

Susanne Kristin Hanssen

NØKKELOD

Jerv, *Gulo gulo*, ekskrementer, hår, urin, DNA, bestandsstørrelse, romlig fangst-gjenfangst, overvåkingsrapport

KEY WORDS

Wolverine, *Gulo gulo*, scats, hair, urine, DNA, population size, spatial capture-mark-recapture, monitoring report

KONTAKTOPPLYSNINGER

**NINA hovedkontor**

Postboks 5685 Torgarden  
7485 Trondheim  
Tlf: 73 80 14 00

**NINA Oslo**

Songsveien 68  
0855 Oslo  
Tlf: 73 80 14 00

**NINA Tromsø**

Postboks 6606 Langnes  
9296 Tromsø  
Tlf: 77 75 04 00

**NINA Lillehammer**

Vormstuguvegen 40  
2624 Lillehammer  
Tlf: 73 80 14 00

**NINA Bergen**

Thormøhlensgate 55  
5006 Bergen  
Tlf: 73 80 14 00

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

## Sammendrag

Kleven, O., Andersskog, I. P. Ø., Brandsegg, H., Eriksen, L. B., Spets, M. H., Königsson, H., Spong, G., Milleret, C., Dupont, P., Bischof, R., Flagstad, Ø. & Brøseth, H. 2022. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2021. NINA Rapport 2111. Norsk institutt for naturforskning.

Genetiske analyser er et viktig verktøy i rovviltovervåkingen i Skandinavia, og en betydelig mengde ekskrementer, hår og urin blir årlig analysert. Siden tidlig på 2000-tallet er det gjennomført rutinemessig innsamling og påfølgende DNA-analyser over store deler av jervens utbredelsesområde i Norge og Sverige. Individbestemmelse fra DNA-profilene til de innsamlede prøvene har gitt en bedre forståelse av bestandsstørrelse, populasjonsstruktur og utveksling mellom delbestander. I denne rapporten redegjør vi for antall individer identifisert fra DNA i Norge, Sverige og nordlige deler av Finland vinteren 2021. Vi presenterer også bestandsestimater for Norge og Sverige basert på en romlig fangst-gjenfangst modellering.

Fra totalt 2446 fungerende prøver ble det påvist 737 individer i Norge, Sverige og Finland i 2021. Tilsvarende tall for forrige vinter var 707 påviste jerver fra 2234 prøver. Totalt var det 322 jerver som var registrert med en eller flere prøver i Norge i 2021, sammenlignet med 339 individer i 2020. Tilsvarende tall for Sverige var 421 individer i 2021 og 381 i 2020. På skandinavisk nivå i 2021 var hver av de registrerte jervene i gjennomsnitt representert med 3,3 prøver. Den geografiske representasjonen synes å være god for de fleste regioner og län med jerveforekomst i Skandinavia, med unntak av Norrbotten hvor innsamling av DNA-prøver ikke har vært like høyt prioritert de to siste årene.

Basert på den romlige fangst-gjenfangst modelleringen ble bestanden av jerv i Skandinavia estimert til å være mellom 1013 og 1126 individer i overvåkingssesongen 2021 (95% kredibelt intervall), hvorav 358 til 418 individer i Norge og 639 til 724 individer i Sverige. Sammenligner man bestandsestimatene med anslagene fra ynglehitellingene er overensstemmelsen god. God overensstemmelse mellom de to metodiske tilnærmingene er betryggende, og tyder på at vi har god oversikt over størrelse av jervebestanden i Skandinavia.

Oddmund Kleven, Ida Pernille Øystese Andersskog, Hege Brandsegg, Line Birkeland Eriksen, Merethe Hagen Spets, Øystein Flagstad og Henrik Brøseth. Norsk institutt for naturforskning, Postboks 5685 Torgarden, 7485 Trondheim. [oddmund.kleven@nina.no](mailto:oddmund.kleven@nina.no)

Helena Königsson og Göran Spong. Avdeling for vilt, fisk og miljø, Sveriges landbruksuniversitet, 901 83 Umeå. [goran.Spong@slu.se](mailto:goran.Spong@slu.se)

Cyril Milleret, Pierre Dupont og Richard Bischof. Fakultet for miljøvitenskap og naturforvaltning, Norges miljø- og biovitenskapelige universitet, Postboks 5003 NMBU, 1432 Ås. [richard.bischof@nmbu.no](mailto:richard.bischof@nmbu.no)

## Abstract

Kleven, O., Andersskog, I. P. Ø., Brandsegg, H., Eriksen, L. B., Spets, M. H., Königsson, H., Spong, G., Milleret, C., Dupont, P., Bischof, R., Flagstad, Ø. & Brøseth, H. 2022. DNA-based monitoring of the Scandinavian wolverine population 2021. NINA Report 2111. Norwegian Institute for Nature Research.

Genetic analysis is an important tool for monitoring large carnivores in Scandinavia, where DNA analyses of scats, hair and urine are extensively used. Over the last decade, wolverine DNA samples 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 knowledge of population size, reproduction, population structure, and immigration. Here, we report the number of individuals identified in Norway, Sweden and northern Finland during the winter of 2021. In addition, we present population size estimates for Norway and Sweden based on spatial capture-mark-recapture models.

From a total of 2446 DNA samples of sufficient genotyping quality, we identified 737 wolverines in Norway, Sweden, and Finland in 2021. The corresponding figure from last winter was 707 DNA-identified individuals from 2234 samples. In total, 322 wolverines were registered with one or more samples in Norway in 2021, compared to 339 individuals in 2020. The corresponding figure from Sweden is 421 individuals in 2021 and 381 in 2020. In Scandinavia, each of the identified wolverines was represented with an average of 3.3 samples. The geographic representation of samples seems to be good for most regions and counties with wolverine presence in Scandinavia. The only exception is the Norrbotten county, that dedicated less effort to DNA sampling during the last two years.

Based on the spatial capture-recapture modelling approach, the Scandinavian wolverine population size was likely between 1013 and 1126 individuals (95% credible interval) in 2021, of which 358 to 418 were attributed to Norway and 639 to 724 individuals to Sweden. These population size estimates correspond well to the extrapolation of individuals from the monitoring of active natal dens. High agreement between the two methodological approaches is satisfactory, implying that we have robust estimates of the size of the Scandinavian wolverine population.

Oddmund Kleven, Ida Pernille Øystese Andersskog, Hege Brandsegg, Line Birkeland Eriksen, Merethe Hagen Spets, Øystein Flagstad and Henrik Brøseth. Norwegian Institute for Nature Research, PO Box 5685 Torgarden, 7485 Trondheim. [oddmund.kleven@nina.no](mailto:oddmund.kleven@nina.no)

Helena Königsson and Göran Spong. Department of Wildlife, Fish and Environmental Studies, Swedish University of Agricultural Sciences, 901 83 Umeå. [goran.Spong@slu.se](mailto:goran.Spong@slu.se)

Cyril Milleret, Pierre Dupont and Richard Bischof. Faculty of Environmental Sciences and Natural Resource Management, Norwegian University of Life Sciences, PO Box 5003 NMBU, 1432 Ås. [richard.bischof@nmbu.no](mailto:richard.bischof@nmbu.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 Materiale og metoder</b> .....	<b>7</b>
2.1 Innsamling av materiale og laboratoriearbeid.....	7
2.2 Bestandsestimering.....	8
<b>3 Resultater</b> .....	<b>8</b>
3.1 Analyserte prøver i Norge, Sverige og Finland.....	8
3.2 Antall identifiserte individer i Norge, Sverige og Finland.....	9
3.3 Fordeling av individer i regioner og län.....	13
3.4 Bestandsestimering.....	14
3.5 Vevsprøver av døde jerver.....	16
<b>4 Diskusjon</b> .....	<b>17</b>
<b>5 Referanser</b> .....	<b>18</b>
<b>Vedlegg 1</b> .....	<b>19</b>
<b>Vedlegg 2</b> .....	<b>22</b>

## Forord

Denne rapporten oppsummerer den DNA-baserte overvåkingen av jerv i Skandinavia vinteren 2021. Vi vil benytte anledningen til å takke alle som har bidratt i innsamlingen av ekskrement-, hår-, og urinmateriale i Norge, Sverige og Finland. Et stort antall personer har vært engasjert i milevise sporinger av jerv for å skaffe til veie grunnlagsmaterialet for DNA-analysene. Uten deres iherdige innsats hadde ikke dette ambisiøse overvåkingsopplegget latt seg gjennomføre.

Trondheim, februar 2022

Oddmund Kleven



# 1 Innledning

Omfattende overvåking av populasjonen er nødvendig for å kunne følge bestandsutviklingen over hele den skandinaviske halvøya. Jerven er en art med store arealkrav og kombinert med ustabile værforhold fører dette til at en effektiv bestandsregistrering og -overvåking kan være utfordrende. Tradisjonelle tilnærminger som sporing og registrering av ynglehi har gitt verdifull kunnskap om reproduksjon og bestandsstørrelse. Den skandinaviske jervebestanden er gjennom yngleregistreringer i årene 2019 - 2021 estimert til 1023 voksne individer (Hedmark et al. 2021). Etter hvert 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, hår og urin 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.

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 i Norge, 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 etter hvert har vært økt fokus på en heldekkende innsamling også i Nord-Sverige med unntak av Norrbotten hvor heldekkende kartlegging bare er gjennomført i treårsperioden 2017-2019. Fra 2007 er det samlet inn materiale i de tre nordligste fylkene i Norge (Flagstad et al. 2008).

I denne rapporten oppsummerer vi resultatene av DNA-analysene knyttet til overvåkingen av den skandinaviske jervebestanden i 2021. Vi rapporterer antall identifiserte individer i Norge og Sverige, både på landsbasis og i de ulike forvaltningsregionene for rovvilt, og peker på hovedmønstre i bestandsutviklingen. Vi presenterer bestandsestimater basert på romlig fangst-gjenfangst modellering for Norge og Sverige. I tillegg rapporteres antall identifiserte individer fra et fåtall prøver fra nordlige deler av Finland.

## 2 Materiale og metoder

### 2.1 Innsamling av materiale og laboratoriearbeid

Innsamlingen av materialet i Norge har på regionalt nivå vært administrert av regionalt ansvarlige i Statens naturoppsyn (SNO). Det praktiske arbeidet har blitt delegert til lokalt nivå, hvor bl.a. SNO, Fjellstyrer, Bygdeallmenninger, lokale rovviltkontakter og privatpersoner har vært det utøvende leddet i overvåkingen. I Sverige har innsamlingen vært administrert av Länsstyrelsen på regionalt nivå. Det praktiske arbeidet har blitt utført av Naturbevakare i Länsstyrelsen. Den geografiske representasjonen synes å være god for de fleste regioner og län med jerveforekomst i Skandinavia i 2021, med unntak av Norrbotten hvor innsamling av DNA-prøver ikke har vært like høyt prioritert i de to siste årene. I Finland har innsamlingen vært administrert av Metsähallitus.

DNA ble isolert med en ekstraksjonsrobot (Maxwell 16 eller QIA-symphony instrument), og prøvene ble individ- og kjønnsbestemt fra SNP-genotyping på en Fluidigm plattform (Fluidigm Corporation, San Francisco, USA). Her benyttes en SNP-chip bestående av 96 genetiske markører, inklusive kjønnsmarkører (Spong et al. upubliserte data). Prøver som gir identiske eller nær identiske DNA-profiler klassifiseres som samme individ. Samtidig sikrer genotyping på tvers av 96 markører høy presisjon i slektskapsanalyser og analyser av populasjonsstruktur. Etter endt individbestemmelse blir nye individer også genotypet med 18 mikrosatelitt-markører, (Gg7, Tt4 (Davis & Strobeck 1998), Gg14, Ggu25, Gg42, Gg443, Gg452, Gg454, Gg465, Gg470, Gg471 (Walker et al. 2001), Gg216, Gg234, Gg101B (Duffy et al. 1998), Mvis072, Mvis075 (Fleming et al. 1999), Mvis057 (O'Connell et al. 1996) og Lut604 (Dallas & Piertney 1998)). Dette for å kunne

koble prøver til individer fra tidligere år som foreløpig ikke har blitt SNP-genotypet. For ytterligere detaljer om mikrosatelitt-genotypingen, se Flagstad et al. (2021).

## 2.2 Bestandsestimering

Innsamling av DNA-prøver i felt kan i prinsippet sees på som en form for fangst-gjenfangst. Det er to mulige utfall for hver gang man samler inn en ny DNA-prøve. Den nye prøven kan representere et individ som allerede er funnet tidligere eller den kan representere et nytt individ. Når og hvor de ulike individene påvises, sammen med informasjon fra døde jerver brukes til å beregne hvor stor jervebestanden er i ulike deler av Norge og Sverige. Ved bruk av romlige fangst-gjenfangst modeller beregner man også hvor mange jerver som ikke har blitt påvist gjennom DNA-innsamlingen, og legger disse til i opptellingen av det totale antallet jerver. Disse modellene estimerer ikke bare antallet jerver i bestanden, men de beregner også den romlige fordelingen av dem slik at man får tetthetskart som visuelt viser forskjellene i jervetetthet innenfor bestanden.

I analysene av årets data har RovQuant (Bischof et al. 2019) primært benyttet en («lukket») romlig fangst-gjenfangst modell for hver enkelt sesong (SCR-modell) for å generere årlige estimater på forekomst og tetthet av jerv. Endringen fra en åpen romlig fangst-gjenfangst modell (OPSCR-modell) som ble anvendt tidligere år var motivert av: a) det faktum at SCR-modellen er basert på færre og bedre undersøkte antagelser (inkluderer ikke populasjonsdynamikk og betrakter hvert år med data separat) og b) medfører ikke endrede estimater i det nest siste året av tidsserien, som ble observert ved bruk av OPSCR-modellen (Flagstad et al. 2021).

Det ble gjennomført en heldekkende innsamling av prøver i Norrbotten kun i årene 2017-2019, noe som innebærer at SCR-baserte estimater for dette området bare kan modelleres for disse tre årene. For å kunne estimere bestanden av jerv i hele Skandinavia i alle årene fra 2013 til 2021, ble en OPSCR-modell kjørt med data for hele tidsperioden. OPSCR-modellen ble anvendt for å generere manglende SCR estimater på tetthet og forekomst i områder uten heldekkende innsamling ved å inkorporere populasjonsdynamikk og utnytte informasjon fra alle år med data-innsamling (Bischof et al. 2020). Populasjonsestimater for Norrbotten ble således fremskaffet ved å benytte OPSCR-modeller i 2013, 2014, 2015, 2016, 2020 og 2021, mens estimater for øvrige regioner ble fremskaffet med SCR-modeller. Estimater for Sverige og hele Skandinavia er derfor en kombinasjon av SCR og OPSCR estimater for alle årene bortsett fra de tre årene med systematisk innsamling i Norrbotten.

Teknisk sett ble dette oppnådd ved å 1) beregne det modellpredikerte antall aktivitetssentre i hver habitatcelle (for både SCR- og OPSCR-modellene), 2) redusere antallet prøver i den posteriore fordelingen produsert av OPSCR-modellen til det samme antallet prøver som i den posteriore fordelingen produsert av SCR-modellene, 3) kombinere de posteriore cellebaserte aktivitetssenter estimatene fra OPSCR-modellene i Norrbotten med de posteriore cellebaserte aktivitetssenter estimatene fra SCR-modellene i resten av Skandinavia, og 4) beregne regionspesifikke gjennomsnitt og 95 % kredible intervall for antall individer fra de cellebaserte posteriorene assosiert med et gitt geografisk område. For mer detaljert informasjon om de romlige fangst-gjenfangst modellene og beregningene som er gjort med basis i DNA-prøvene på jerv henvises det til sluttrapporten fra RovQuant-prosjektet (Bischof et al. 2019, 2020) og Milleret et al. (2022).

## 3 Resultater

### 3.1 Analyserte prøver i Norge, Sverige og Finland

Totalt 3631 prøver som var samlet inn i 2021 i Norge, Sverige og Finland ble analysert ved DNA-laboratoriene på NINA og SLU (Umeå) (**Tabell 1**). Av disse var 2446 prøver av god nok kvalitet til å kunne bestemmes til individ, som gir en gjennomsnittlig suksessrate på 67 % (**Tabell 1**; **Figur 1**).

**Tabell 1** Oversikt over prøvematerialet vinteren 2021. Antall fungerende og ikke-fungerende prøver, dvs. prøver med og uten vellykket individbestemmelse, blant verifiserte jervekskrementer og -hår samlet inn i Norge, Sverige og Finland.

	Norge	Sverige	Finland	Totalt
<b>Fungerende</b>	1309	1119	18	2446
<b>Ikke-fungerende</b>	821	345	19	1185
<b>Sum*</b>	2130	1464	37	3631
<b>Suksessrate</b>	61 %	76 %	49 %	67 %

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

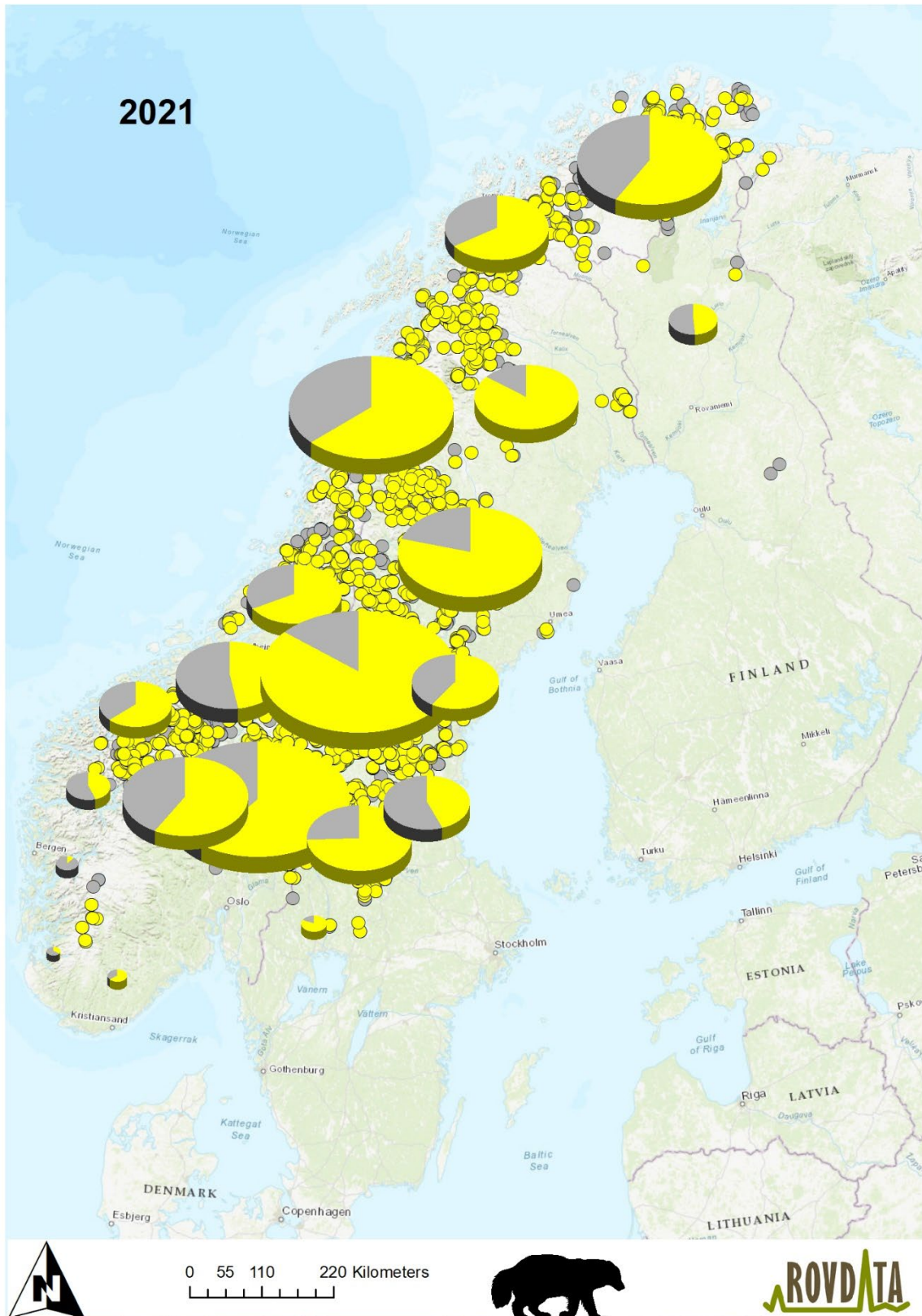
### 3.2 Antall identifiserte individer i Norge, Sverige og Finland

Antall individer påvist fra unike DNA profiler i Norge, Sverige og Finland vinteren 2020 og 2021 er angitt i **Tabell 2**. Totalt 737 individer ble påvist i 2021, hvorav 17 var delt mellom Norge og Sverige og to individer var delt mellom Norge og Finland. Tilsvarende tall for forrige vinter var 707 påviste individer, hvorav 23 var delt mellom Norge og Sverige og to var delt mellom Norge og Finland. Totalt var det 322 jerver som var registrert med en eller flere prøver i Norge i 2021, sammenlignet med 339 individer i 2020. Tilsvarende tall for Sverige var 421 individer i 2021 og 381 i 2020.

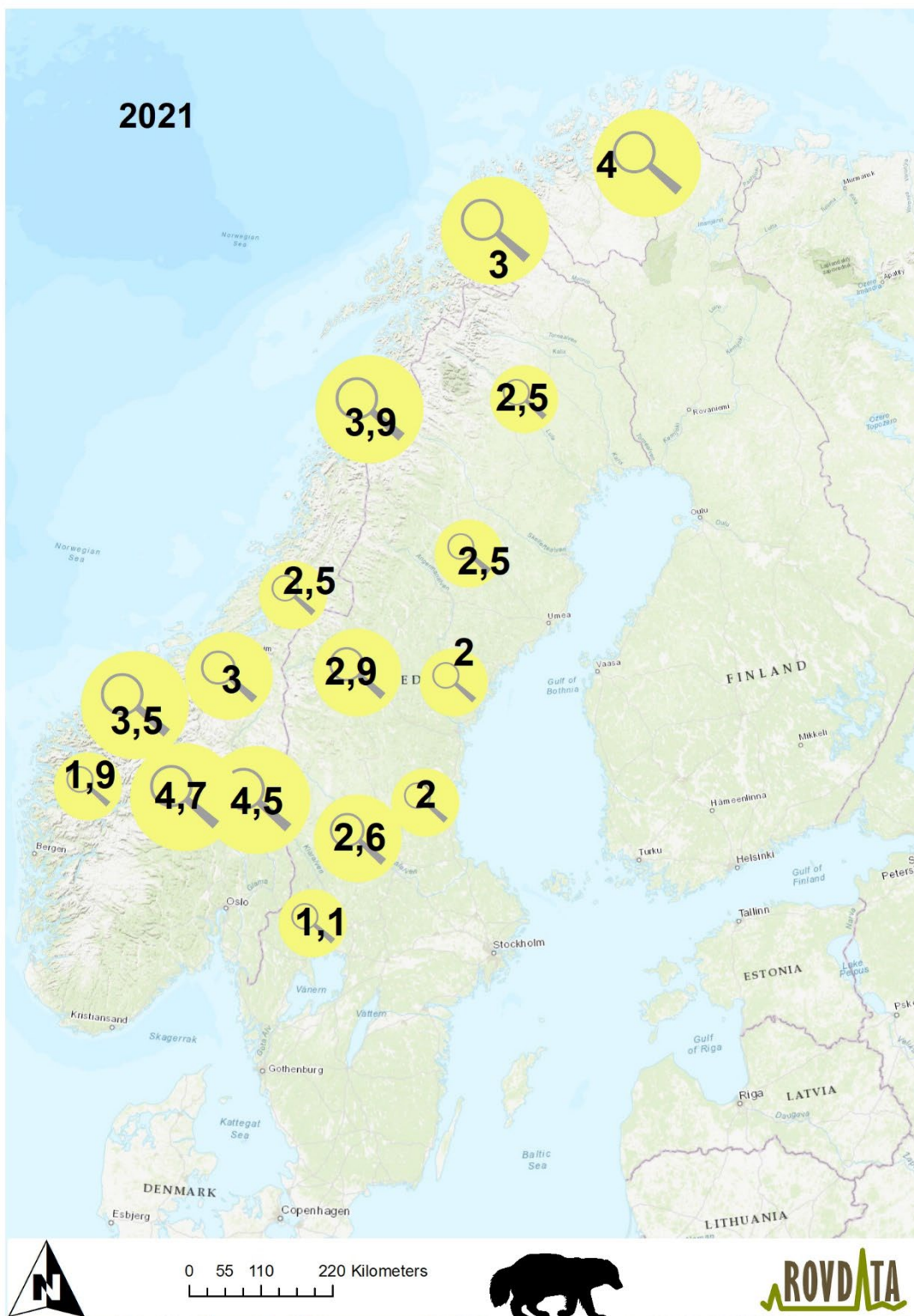
**Tabell 2** Antall individer identifisert fra DNA i Norge, Sverige og Finland i 2020 og 2021, angitt både i form av antall individer som har sitt geografiske midtpunkt i hvert av de tre landene og hvor mange som kun er registrert i ett land eller delt mellom flere land. N = antall fungerende prøver som lot seg bestemme til individ.

Land	2020				2021			
	N	Midtpkt	Egne	Delt	N	Midtpkt	Egne	Delt
<b>Norge</b>	1234	330	314	25	1309	314	303	19
<b>Sverige</b>	987	367	358	23	1119	411	404	17
<b>Finland</b>	13	10	10	2	18	12	11	2
<b>Fennoskandia</b>	2234	707	682	25	2446	737	718	19

Med 737 identifiserte individer fordelt på 2446 fungerende prøver, er hvert individ i gjennomsnitt representert med 3,3 prøver. Antall prøver per individ varierte mellom områder, og var høyest i Oppland med 4,7 prøver per individ og lavest i Värmland med 1,1 prøver per individ (Finland og fylker med mindre enn 5 påviste individer er utelatt). De fleste områder hadde 2 eller flere fungerende prøver per individ i gjennomsnitt (**Figur 2**).

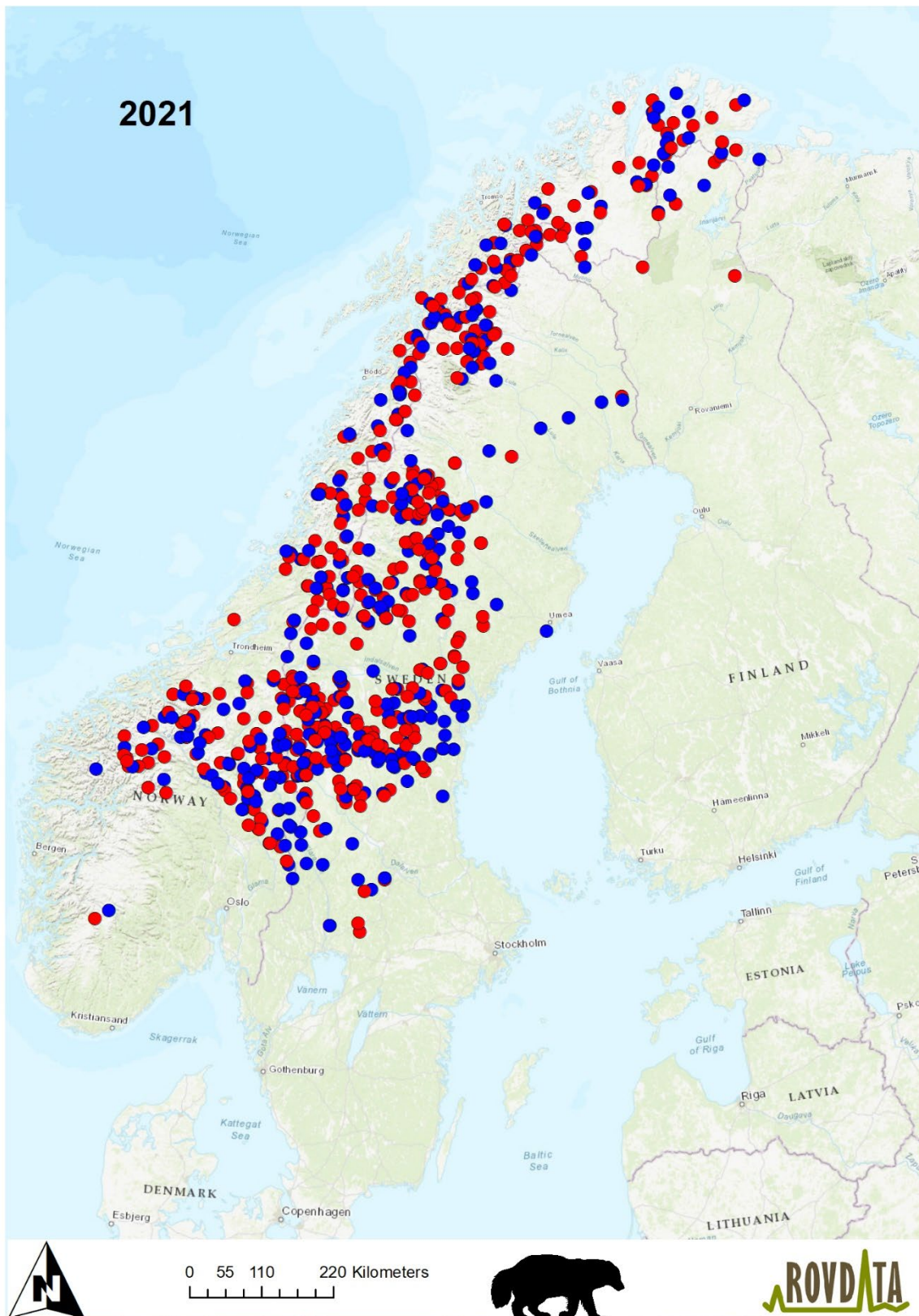


**Figur 1** Geografisk fordeling av de 3631 analyserte prøvene som ble samlet inn i Norge, Sve-  
rige og Finland vinteren 2021. Gul = fungerende, grå = ikke-fungerende. Størrelsen på kakedi-  
agrammene reflekterer prøvevolumet i de ulike områdene.



**Figur 2** Gjennomsnittlig antall prøver per registrerte jervindivid fordelt på geografiske områder. Finland og fylker med mindre enn 5 påviste individer er utelatt fra sammenstillingen.

I tråd med resultatene fra tidligere år ble flere tisper enn hanner identifisert både i Norge og Sverige (57 % tisper vs. 43 % hanner; **Figur 3**). Kjønnfordelingen var noe skjev i Norge med 41 % hanner sammenlignet med 44 % hanner påvist fra DNA i Sverige.



**Figur 3** Alle 737 jerver som ble identifisert fra prøveinnsamlingen i Fennoskandia vinteren 2021, representert med sine respektive geografiske midtpunkter. Rød = tisper. Blå = hann.

### 3.3 Fordeling av individer i regioner og län

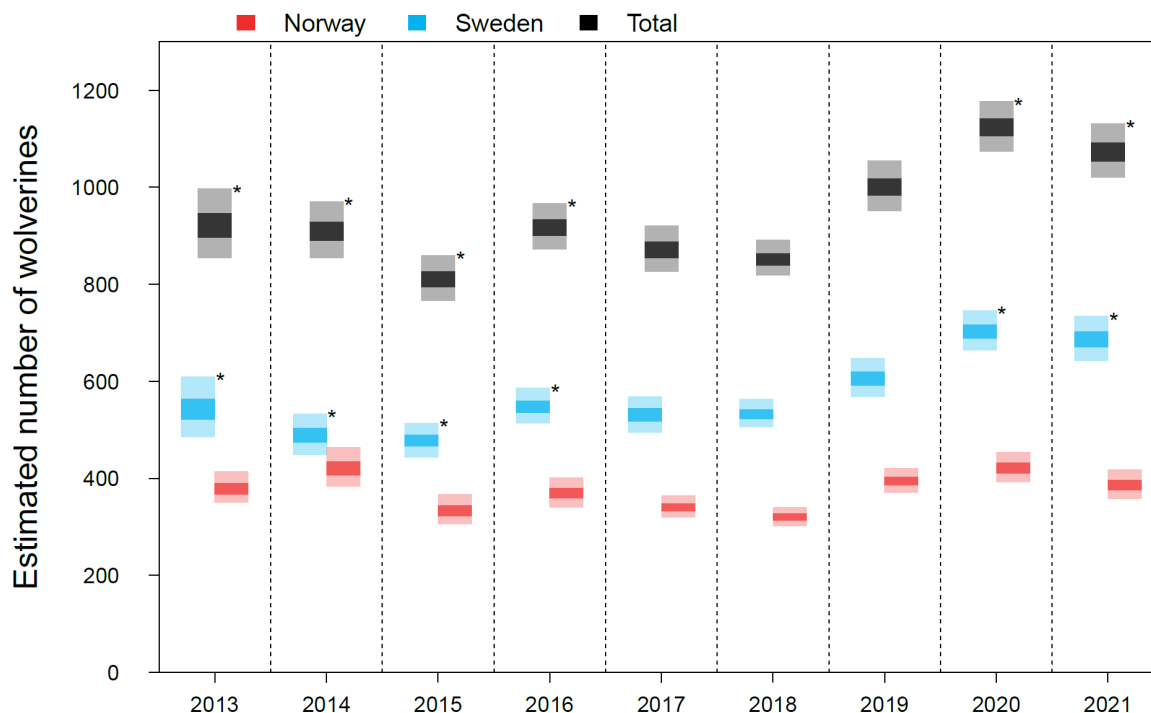
I **Tabell 3** har vi angitt antall individbestemte prøver og antall individer påvist fra unike DNA profiler i Skandinavia, og hvordan de fordeler seg geografisk mellom ulike rovviltregioner og län i 2020 og 2021. På norsk side er det få endringer i 2021 sammenliknet med 2020, bortsett fra region 7 (Nordland) hvor det var en nedgang i antall påviste individer. I region 7 har det imidlertid også vært en nedgang i antall innsamlede prøver fra 2020 til 2021, som kan ha vært en medvirkende årsak til at færre individer ble påvist i denne regionen i og med at det til en viss grad er en sammenheng mellom antall fungerende prøver og antall identifiserte individer. På svensk side har det også vært få endringer fra 2020 til 2021 i antall påviste individer. I Jämtland og Dalarna har det imidlertid vært en betydelig økning i antall påviste individer, men denne økningen sammenfaller også med betydelig økning i prøvevolum.

**Tabell 3** Antall identifiserte individer fra DNA-analysene i 2020 og 2021. Tabellen viser både antall individer som har sitt geografiske midtpunkt i den enkelte region og län og hvor mange av disse som kun er registrert i en enkelt region eller län (Egne) eller delt mellom flere regioner, län og/eller land (Delt). N = antall fungerende prøver som lot seg bestemme til individ.

Region-Län	2020				2021			
	N	Midtpkt	Egne	Delt	N	Midtpkt	Egne	Delt
Region 1	4	1	1	2	15	3	1	7
Region 2	0	0	0	0	4	2	1	1
Region 3	118	24	15	15	147	27	18	12
Region 4	0	0	0	0	0	0	0	0
Region 5	349	75	63	16	331	70	63	11
Region 6	187	66	61	19	232	69	62	13
Region 7	309	79	70	18	274	61	59	12
Region 8	267	85	82	3	306	82	80	3
Dalarna	63	24	25	3	127	39	38	10
Gävleborg	46	24	23	0	49	22	20	5
Jämtland	384	136	131	7	490	164	153	18
Norrbotten	143	61	55	14	139	55	50	6
Värmland	7	5	5	0	8	6	6	1
Västerbotten	263	94	91	7	235	93	91	4
Västernorrland	81	23	21	6	71	32	30	6
Örebro	0	0	0	0	0	0	0	0
Finland	13	10	10	2	18	12	11	2

### 3.4 Bestandsestimering

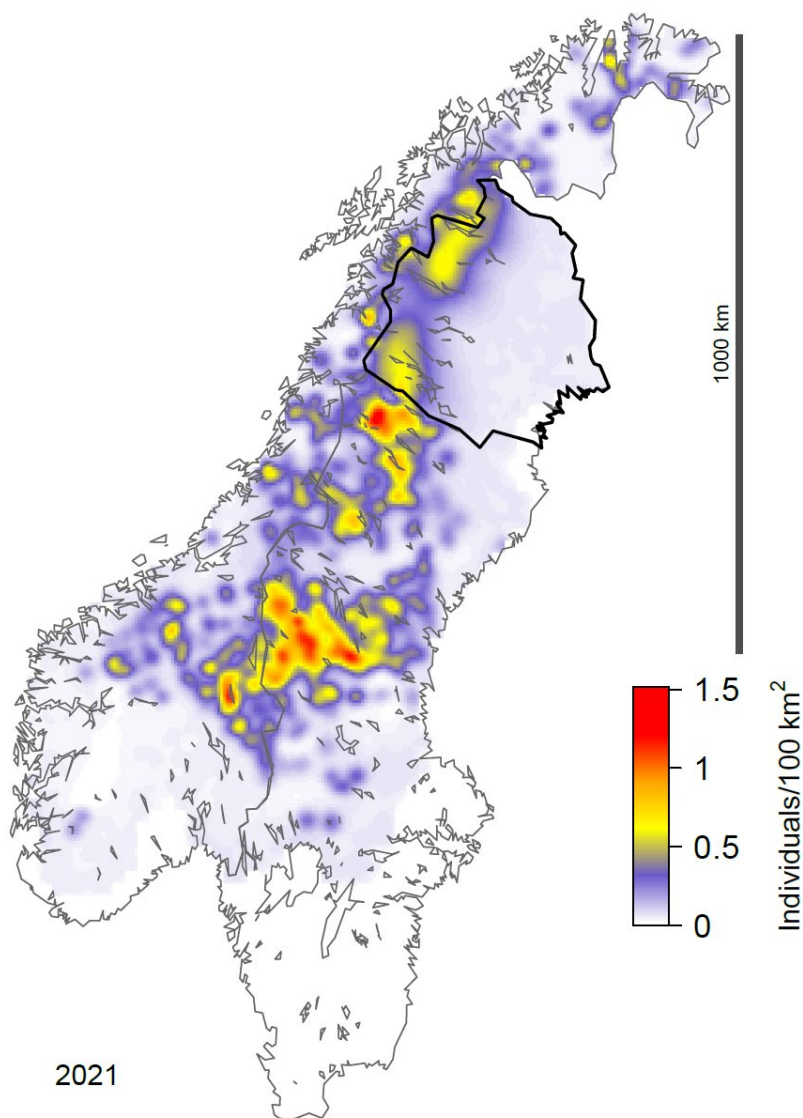
Basert på de romlige fangst-gjenfangst modellene ble jervebestanden i Skandinavia estimert til å være mellom 1013 og 1126 individer i 2021 (95% kredibelt intervall), hvorav 358 til 418 individer i Norge og 639 til 724 individer i Sverige (**Figur 4**).



**Figur 4** Total (svart) og land-spesifikke (blå: Sverige, rød: Norge) estimerer på årlig bestandsstørrelse for jerv i Skandinavia i perioden 2013 til 2021 basert på DNA-analyserte prøver. Mørke og lyse bokser viser henholdsvis 50% og 95% kredible intervaller. Bokser uten stjerne er basert på romlig fangst-gjenfangst (SCR) modeller for hver enkelt overvåkings sesong. Bokser med en stjerne (\*) er basert på en kombinasjon av åpen romlig fangst-gjenfangst modell (OPSCR) for Norrbotten (hvor systematisk innsamling foregikk i årene 2017-2019) og SCR for alle andre regioner.

Kart som viser tettheten av jerv i ulike deler av Skandinavia i 2021 er vist i **Figur 5**, mens de tilhørende bestandsestimatene for ulike rovviltregioner og län i Skandinavia er vist i **Tabell 4**. I alle regioner og län ligger bestandsestimatene høyere enn antall jerver påvist med midtpunkt i respektive regioner og län. Samlet for begge landene er det estimert 36 % (387) flere jerver enn det som er påvist med en eller flere DNA-prøver innsamlet i 2021. Det er imidlertid en tydelig forskjell mellom landene; hvor det i Sverige estimeres 46 % flere individer og Norge hvor det estimeres 17 % flere individer.





**Figur 5** Kart som viser tettheten av jerv i ulike deler av Skandinavia i 2021 basert på antall modellpredikerte aktivitetssentre fra de romlige fangst-gjenfangst modellene. Med unntak av Norrbotten ble tettheten estimert med en enkelt-sesongs romlig fangst-gjenfangst modell (SCR) basert på DNA-materialet samlet inn i overvåkingssesongen 2021. Da det ikke ble foretatt en heldekkende innsamling av prøver i Norrbotten i 2021 så ble tettheten av jerv her estimert med en åpen romlig fangst-gjenfangst modell (OPSCR). OPSCR-modellen tar høyde for mangler i estimater på tetthet og forekomst ved å inkorporere populasjonsdynamikk og informasjon fra flere år med DNA-innsamling. Se Metode-avsnittet for ytterligere detaljer.

**Tabell 4** Bestandsestimater for jerv fordelt på kjønn og region (Norge: rovviltregioner, Sverige: län) for overvåkings sesongen 2021. Tallene er basert på den geografiske posisjonen til estimerte aktivitetssenter for individene i bestanden. Bestandsestimater for de ulike områdene ble frem-skaffet ved å slå sammen kjønnsspesifikke posteriore fordelinger. Avrundingsregler er årsaken til små avvik mellom total estimatene og summen av de kjønnsspesifikke estimatene fra tilhørende regioner. Verdier uten en stjerne er basert på enkelt-sesongs romlige fangst-gjenfangst (SCR) modeller. Estimater merket med stjerne \* er basert på en kombinasjon av OPSCR-estimater for Norrbotten og SCR-estimater for øvrige regioner. Se Metode-avsnittet for ytterligere detaljer. På grunn av at det ikke har vært heldekkende innsamling av DNA-materiale i Norrbotten presenteres det ikke bestandsestimater for dette länet. Tall i parentes viser 95% kredibelt inter-vall.

	Hunner	Hanner	Totalt
<b>Totalt*</b>	684 (633-738)	384 (362-407)	1067 (1013-1126)
Norge	246 (220-276)	140 (129-153)	386 (358-418)
Region 1	11 (5-19)	4 (1-7)	15 (7-23)
Region 2	9 (3-15)	3 (0-6)	11 (5-18)
Region 3	22 (17-28)	12 (9-15)	34 (28-40)
Region 4	3 (0-7)	1 (0-3)	4 (1-9)
Region 5	45 (38-53)	36 (32-41)	81 (73-91)
Region 6	54 (45-65)	30 (24-36)	84 (73-96)
Region 7	39 (32-47)	25 (21-28)	64 (56-72)
Region 8	63 (51-77)	31 (27-37)	94 (82-109)
Sverige*	438 (402-477)	243 (224-263)	681 (639-724)
Dalarna	32 (25-40)	20 (16-24)	52 (44-61)
Gävleborg	12 (8-17)	14 (10-17)	25 (20-31)
Jämtland	136 (121-152)	81 (74-89)	217 (200-234)
Norrbotten	-	-	-
Södermanland	0 (0-1)	0 (0-0)	0 (0-1)
Värmland	8 (3-13)	6 (3-9)	13 (8-20)
Västerbotten	95 (79-114)	46 (39-54)	141 (123-161)
Västernorrland	25 (20-32)	16 (12-20)	41 (34-49)
Västmanland	1 (0-4)	0 (0-2)	2 (0-5)
Västra Götaland	1 (0-3)	0 (0-2)	2 (0-4)
Örebro	4 (1-8)	1 (0-3)	5 (1-10)
Östergötland	0 (0-0)	0 (0-0)	0 (0-0)

### 3.5 Vevsprøver av døde jerver

Totalt 98 jerver ble felt eller funnet døde i Norge i perioden 01.06.2020 – 31.05.2021 (**Vedlegg 1**). For to jerver forelå det ingen prøve til DNA-analyse. Alle 96 mottatte og analyserte prøver fikk en fullstendig DNA-profil (**Vedlegg 1**). To av 20 aldersbestemte null- og ettåringer var kjent fra før, mens 28 av 35 jerver som var aldersbestemt til 2 år eller eldre var kjent fra før.

I samme periode (01.06.2020 – 31.05.2021) ble det registrert 16 døde jerver i Sverige. Av 16 analyserte prøver var det 15 som fikk en fullstendig DNA-profil, mens en prøve var ikke-fungerende (**Vedlegg 2**). Av de 15 døde jervene med en DNA-profil, var 11 (73 %) kjent fra før.

## 4 Diskusjon

Fra totalt 2446 fungerende prøver ble det påvist 737 individer i Norge, Sverige og Finland i 2021. Det var en liten økning i antall påviste individer i Fennoskandia i 2021 sammenliknet med overvåkingssesongen 2020 (707 jerver fra 2234 prøver). Det ble imidlertid påvist noe færre jerver i Norge i 2021 (n = 322 jerver) sammenliknet med i 2020 (n = 339 jerver). I Sverige var det en økning i antall påviste jerver i 2021 (n = 421 jerver) sammenliknet med i 2020 (n = 381 jerver).

På skandinavisk nivå var hver av de registrerte jervene i gjennomsnitt representert med 3,3 prøver i 2021. Den geografiske representasjonen synes å være god, med to eller flere fungerende prøver per individ for de fleste regioner og län med en viss jerveforekomst i Skandinavia, med unntak av Norrbotten hvor innsamling av DNA-prøver ikke har vært like høyt prioritert de to siste årene (2020-2021). Det gjennomsnittlige antall prøver påvist per individ og den geografiske dekningen i jervens utbredelsesområde gir et godt datagrunnlag for bestandsberegninger med romlige fangst-gjenfangst modeller. For å unngå bruk av ulike metoder (SCR og OPSCR) til bestandsestimering, vil det imidlertid være en fordel om det i årene fremover også gjennomføres heldekende innsamling i Norrbotten.

Basert på den romlige fangst-gjenfangst modelleringen ble bestanden av jerv i Skandinavia estimert til å være mellom 1013 og 1126 individer i overvåkingssesongen 2021 (95 % kredibelt intervall), hvorav 358 til 418 individer i Norge og 639 til 724 individer i Sverige. Sammenligner man bestandsestimatene med anslagene fra ynglehitellingene (95 % CI: 871-1273) er overensstemmelsen god med et vesentlig mindre usikkerhetsintervall i de romlige fangst-gjenfangst modellene. Ser man på bestandsberegningene fra de to metodiske tilnærmingene er bestandstallene i Norge så å si identiske det siste året (jmf. Hedmark et al. 2021). Den gode overensstemmelsen mellom de to metodiske tilnærmingene er betryggende, og tyder på at vi har en god oversikt over bestandsstørrelse og bestandsutvikling av jerv i Skandinavia.

For jerver som ble felt eller funnet døde i Norge i perioden 01.06.2020 – 31.05.2021 var de aller fleste av de yngste individene ikke kjent fra det tidligere innsamlede DNA-materialet. Derimot var en stor andel av de døde jervene som var aldersbestemt til to år eller eldre kjent fra før, hvilket også er i tråd med resultater fra foregående år. Blant jervene som ikke var påvist tidligere var det to voksne hunnjerver som var aldersbestemt til fire år. Begge hunnene ble felt i områder der det har vært en relativt begrenset DNA-innsamling av prøvemateriale fra jerv de siste fire årene, som kan være med å forklare hvorfor de ikke har blitt påvist tidligere.

For jerver som ble felt eller funnet døde i Sverige i perioden 01.06.2020 – 31.05.2021 var 11 (73 %) av 15 kjent fra før. De fire jervene som ikke var påvist tidligere ble felt i Norrbotten. I og med at det har vært begrenset DNA-innsamling i Norrbotten de siste to årene kan det være med å forklare hvorfor disse fire individene ikke har blitt påvist i DNA materialet tidligere.

## 5 Referanser

- Bischof, R., Milleret, C., Dupont, P., Chipperfield, J., Brøseth, H. & Kindberg, J. 2019. RovQuant: Estimating density, abundance and population dynamics of bears, wolverines, and wolfs in Scandinavia. MINA fagrapport 63.
- Bischof, R., C. Milleret, P. Dupont, J. Chipperfield, M. Tourani, A. Ordiz, P. de Valpine, D. Turek, J. A. Royle, O. Gimenez, Ø. Flagstad, M. Åkesson, L. Svensson, H. Brøseth and J. Kindberg. 2020. Estimating and forecasting spatial population dynamics of apex predators using transnational genetic monitoring. *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 117 (48): 30531-30538.
- Dallas, J. F. & Piertney, S. B. 1998. Microsatellite primers for the Eurasian otter. *Molecular Ecology* 7 (9): 1248-1251.
- Davis, C. S. & Strobeck, C. 1998. Isolation, variability, and cross-species amplification of polymorphic microsatellite loci in the family Mustelidae. *Molecular Ecology* 7 (12): 1776-1778.
- Duffy, A. J., Landa, A., O'Connell, M., Stratton, C. & Wright, J. M. 1998. Four polymorphic microsatellites in wolverine, *Gulo gulo*. *Animal Genetics* 29 (1): 63-63.
- Flagstad, Ø., Hedmark, E., Landa, A., Brøseth, H., Persson, J., Andersen, R., Segerström, P. and Ellegren, H. 2004. Colonization history and noninvasive monitoring of a re-established wolverine population. *Conservation Biology* 18 (3): 676-688.
- Flagstad, Ø., Brøseth, H., Wärdig, C., Johansson, M. & Ellegren, H. 2005. Populasjonsovervåking av jerv i Skandinavia ved hjelp av DNA-analyse fra ekskrementer. NINA Rapport 41. Norsk institutt for naturforskning.
- Flagstad, Ø., Brøseth, H., Johansson, M., Wärdig, C. & Ellegren, H. 2008. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervbestanden 2000-2007. NINA Rapport 369. Norsk institutt for naturforskning.
- Flagstad, Ø., Kleven, O., Brandsegg, H., Spets, M. H., Eriksen, L. B., Andersskog, I. P. Ø., Johansson, M., Ekblom, R., Ellegren, H. & Brøseth H. 2021. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2020. NINA Rapport 1956. Norsk institutt for naturforskning.
- 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.
- Hedmark, E., Mattisson, J. & Tovmo, M. Inventering av jerv 2021. Bestandsovervåking av jerv i 2021. Bestandsstatus for store rovdyr i Skandinavia. Bestandsstatus for stora rovdjur i Skandinavien. 3-2021.
- Milleret, C., Dupont, P., Brøseth, H., Flagstad, Ø, Kindberg, J., and Bischof, R., 2022. Estimates of wolverine density, abundance, and population dynamics in Scandinavia, 2013 – 2021. MINA fagrapport. In press.
- O'Connell, M., Wright, J. M. & Farid, A. 1996. Development of PCR primers for nine polymorphic American mink *Mustela vison* microsatellite loci. *Molecular Ecology* 5 (2): 311-312.
- Walker, C. W., Vila, C., Landa, A., Linden, M. & Ellegren, H. 2001. Genetic variation and population structure in Scandinavian wolverine (*Gulo gulo*) populations. *Molecular Ecology* 10 (1): 53-65.

## Vedlegg 1

Oversikt over jerv registrert død i Norge 1. juni 2020 – 31. mai 2021

<b>Døde jerver som var kjent fra tidligere DNA-analyser</b>						
<b>RovbaseID</b>	<b>Dødsdato</b>	<b>Individ</b>	<b>Kjønn</b>	<b>Alder*</b>	<b>Fylke</b>	<b>Kommune</b>
M525141	24.11.2020	1256	Hann	12	Nordland	Saltdal
M525063	21.10.2020	3675	Hunn	10	Innlandet	Stor-Elvdal
M526012	26.04.2021	3688	Hunn	10	Innlandet	Rendalen
M525540	09.02.2021	674	Hunn	8	Trøndelag	Grong
M525234	13.12.2020	2856	Hunn	8	Nordland	Saltdal
M524935	11.09.2020	2951	Hunn	7	Nordland	Narvik
M525124	17.11.2020	3623	Hunn	7	Trøndelag	Holtålen
M525984	18.04.2021	3666	Hunn	6	Innlandet	Ringebu
M525121	13.11.2020	6109	Hann	6	Troms og Finnmark	Målselv
M524527	28.07.2020	3682	Hann	5	Innlandet	Rendalen
M525133	19.11.2020	3837	Hann	5	Innlandet	Engerdal
M525399	15.01.2021	3857	Hunn	5	Møre og Romsdal	Surnadal
M525276	18.12.2020	6396	Hann	5	Trøndelag	Snåsa
M525012	24.09.2020	3786	Hann	4	Innlandet	Engerdal
M524542	06.08.2020	6336	Hann	4	Innlandet	Rendalen
M525068	24.10.2020	6362	Hann	4	Trøndelag	Grong
M524950	11.09.2020	7073	Hann	4	Innlandet	Rendalen
M525156	28.11.2020	3763	Hunn	4	Innlandet	Rendalen
M525292	01.01.2021	1533	Hann	3	Trøndelag	Levanger
M525048	10.10.2020	3770	Hann	3	Møre og Romsdal	Surnadal
M525463	27.01.2021	3803	Hann	3	Innlandet	Stor-Elvdal
M525089	29.10.2020	6293	Hunn	3	Innlandet	Engerdal
M525233	13.12.2020	6376	Hann	3	Nordland	Vefsn
M524515	13.07.2020	6425	Hann	3	Innlandet	Tolga
M525187	09.12.2020	3862	Hann	2	Trøndelag	Midtre Gauldal
M525137	21.11.2020	6295	Hann	2	Innlandet	Stor-Elvdal
M525181	05.12.2020	6384	Hann	2	Innlandet	Åmot
M525005	22.09.2020	6458	Hunn	2	Nordland	Vefsn
M525568	13.02.2021	6481	Hunn	1	Trøndelag	Meråker
M525401	12.01.2021	6486	Hann	0	Innlandet	Tynset
M525123	17.11.2020	1512	Hunn	Ad	Trøndelag	Namsskogan
M525126	17.11.2020	2377	Hunn	Ad	Troms og Finnmark	Balsfjord
M526017	26.04.2021	3505	Hunn	Ad	Innlandet	Lesja
M525161	01.12.2020	3575	Hann	Ad	Innlandet	Rendalen
M525180	04.12.2020	3656	Hann	Ad	Møre og Romsdal	Surnadal

M525468	30.01.2021	3668	Hunn	Ad	Trøndelag	Oppdal
M525280	18.12.2020	3792	Hann	Ad	Innlandet	Rendalen
M525138	22.11.2020	6108	Hann	Ad	Troms og Finnmark	Storfjord
M525088	28.10.2020	6139	Hann	Ad	Troms og Finnmark	Balsfjord
M526075	05.05.2021	6142	Hunn	Ad	Troms og Finnmark	Lebesby
M525317	02.01.2021	6168	Hann	Ad	Troms og Finnmark	Storfjord
M525060	17.10.2020	6314	Hunn	Ad	Innlandet	Rendalen
M525077	26.10.2020	6360	Hann	Ad	Innlandet	Tynset
M525281	18.12.2020	6380	Hann	Ad	Nordland	Saltdal
M525498	03.02.2021	6390	Hann	Ad	Troms og Finnmark	Tana
M525531	07.02.2021	6454	Hann	Ad	Troms og Finnmark	Porsanger
M525451	25.01.2021	6290	Hunn	Ukjent	Trøndelag	Levanger

---

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


---

M525087	28.10.2020	6471	Hunn	4	Trøndelag	Lierne
M525398	13.01.2021	6676	Hunn	4	Trøndelag	Grong
M525015	28.09.2020	6469	Hann	3	Trøndelag	Røyrvik
M525235	13.12.2020	6478	Hann	3	Innlandet	Søndre Land
M525177	05.12.2020	6501	Hann	3	Trøndelag	Oppdal
M524525	19.07.2020	6427	Hann	2	Innlandet	Os
M525547	10.02.2021	6495	Hann	2	Trøndelag	Meråker
M525356	06.01.2021	6487	Hunn	1	Troms og Finnmark	Storfjord
M524952	12.09.2020	6460	Hunn	0	Innlandet	Tynset
M524805	26.08.2020	6462	Hann	0	Nordland	Rana
M525079	28.10.2020	6470	Hunn	0	Innlandet	Rendalen
M525074	23.10.2020	6473	Hann	0	Troms og Finnmark	Målselv
M525103	31.10.2020	6474	Hann	0	Nordland	Narvik
M525175	04.12.2020	6475	Hann	0	Innlandet	Tynset
M525179	04.12.2020	6477	Hunn	0	Nordland	Rana
M525232	12.12.2020	6484	Hann	0	Trøndelag	Lierne
M525986	18.04.2021	6674	Hann	0	Innlandet	Ringebu
M525985	18.04.2021	6675	Hann	0	Innlandet	Ringebu
M526042	15.03.2021	6684	Hann	0	Innlandet	Engerdal
M526037	30.04.2021	6685	Hunn	0	Innlandet	Tolga
M526036	29.04.2021	6686	Hunn	0	Innlandet	Tolga
M526014	26.04.2021	6687	Hunn	0	Innlandet	Rendalen
M526013	26.04.2021	6688	Hunn	0	Innlandet	Rendalen
M526015	26.04.2021	6689	Hann	0	Innlandet	Rendalen
M526265	10.05.2021	6556	Hann	0	Møre og Romsdal	Sunnadal
M524970	20.09.2020	6465	Hunn	Ad	Innlandet	Hamar
M524949	13.09.2020	6466	Hann	Ad	Innlandet	Alvdal

M525286	17.12.2020	6479	Hann	Ad	Troms og Finnmark	Målselv
M525526	05.02.2021	6494	Hunn	Ad	Vestland	Stryn
M525464	28.01.2021	6502	Hunn	Ad	Møre og Romsdal	Surnadal
M525538	08.02.2021	6690	Hann	Ad	Troms og Finnmark	Bardu
M526172	20.05.2021	6696	Hunn	Ad	Nordland	Narvik
M525064	22.10.2020	6468	Hunn	Unge	Trøndelag	Selbu
M525318	02.01.2021	6480	Hann	Unge	Troms og Finnmark	Målselv
M525864	20.03.2021	6559	Hunn	Unge	Innlandet	Stor-Elvdal
M526018	26.04.2021	6677	Hann	Unge	Innlandet	Lesja
M526019	26.04.2021	6678	Hann	Unge	Innlandet	Lesja
M526156	22.05.2021	6679	Hunn	Unge	Trøndelag	Snåsa
M526155	22.05.2021	6680	Hunn	Unge	Trøndelag	Snåsa
M526048	03.05.2021	6681	Hann	Unge	Trøndelag	Høylandet
M526050	03.05.2021	6682	Hann	Unge	Trøndelag	Høylandet
M526049	03.05.2021	6683	Hunn	Unge	Trøndelag	Høylandet
M526078	05.05.2021	6695	Hunn	Unge	Troms og Finnmark	Lebesby
M526173	26.05.2021	6697	Hunn	Unge	Nordland	Narvik
M526174	26.05.2021	6698	Hunn	Unge	Nordland	Narvik
M526077	05.05.2021	6705	Hann	Unge	Troms og Finnmark	Lebesby
M524946	11.09.2020	6472	Hann	Ukjent	Innlandet	Ringebu
M525110	09.11.2020	6476	Hunn	Ukjent	Nordland	Narvik
M525460	20.12.2020	6504	Hunn	Ukjent	Innlandet	Tolga

---

**Døde jerver uten prøve til DNA-analyse**

M526051	03.05.2021		Hunn	Ad	Trøndelag	Høylandet
M526812	27.04.2021		Ukjent	Unge	Nordland	Grane

\* Den angitte alderen er estimert 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 2020 – 31. mai 2021

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

RovbaseID	Dødsdato	Individ	Kjønn	Alder*	Fylke	Kommune
M525652	18.02.2021	1955	Hunn	Ad	Dalarna	Älvdalen
M525521	05.02.2021	4121	Hann	Ad	Jämtland	Bräcke
M525331	03.01.2021	5233	Hunn	Ad	Norrbottn	Arjeplog
M525527	29.01.2021	5328	Hunn	Ad	Norrbottn	Arjeplog
M525407	08.01.2021	5365	Hunn	Ad	Norrbottn	Arjeplog
M525950	11.04.2021	6359	Hann	Ad	Jämtland	Härjedalen
M525520	06.02.2021	7043	Hann	Ad	Jämtland	Åre
M526094	05.05.2021	7116	Hann	Ad	Jämtland	Härjedalen
M525524	07.02.2021	7226	Hann	Ad	Jämtland	Åre
M525653	02.02.2021	7228	Hann	Ad	Västerbotten	Lycksele
M525601	19.02.2021	7382	Hann	Ad	Västerbotten	Umeå

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

M525330	03.01.2021	7381	Hann	Ad	Norrbottn	Arjeplog
M525406	03.01.2021	7383	Hann	Ad	Norrbottn	Arjeplog
M525291	25.12.2020	7384	Hann	Ad	Norrbottn	Arjeplog
M525332	04.01.2021	7385	Hann	Ad	Norrbottn	Arjeplog

### Død jerv med ikke-fungerende prøve

M524972	03.08.2020	-	Ukjent	Ad	Dalarna	Älvdalen
---------	------------	---	--------	----	---------	----------

\* 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: 978-82-426-4899-0

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