

## DNA-basert overvåking av brunbjørn i Norge i 2023

Henrik Brøseth  
Alexander Kopatz  
Oddmund Kleven

## **NINAs publikasjoner**

### **NINA Rapport**

Dette er NINAs ordinære 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 engelsk, som NINA Report.

### **NINA Temahefte**

Heftene utarbeides etter behov og serien favner svært vidt; fra systematiske bestemmelsesnøkler til informasjon om viktige problemstillinger i samfunnet. Heftene har vanligvis en populærvitenskapelig form med vekt på illustrasjoner. NINA Temahefte kan også utgis på engelsk, som NINA Special Report.

### **NINA Fakta**

Faktaarkene har som mål å gjøre NINAs forskningsresultater raskt og enkelt tilgjengelig for et større publikum. 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 forskningsresultater i internasjonale vitenskapelige journaler og i populærfaglige bøker og tidsskrifter.

# DNA-basert overvåking av brunbjørn i Norge i 2023

Henrik Brøseth  
Alexander Kopatz  
Oddmund Kleven

Brøseth, H., Kopatz, A. & Kleven, O. 2024. DNA-basert overvåking av brunbjørn i Norge i 2023. NINA Rapport 2454. Norsk institutt for naturforskning.

Trondheim, mars 2024

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-5263-8

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

KVALITETSSIKRET AV

Øystein Flagstad

ANSVARLIG SIGNATUR

Forskningsjef Jonas Kindberg (sign.)

OPPDRAKSGIVER(E)/BIDRAGSYTER(E)

Miljødirektoratet

OPPDRAKSGIVERS REFERANSE

M-2747 I 2024

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER/BIDRAGSYTER

Susanne Kristin Hanssen

NØKKELOD

DNA, brunbjørn, *Ursus arctos*, genetisk analyse, overvåking, Norge

KEY WORDS

DNA, brown bear, *Ursus arctos*, genetic analysis, monitoring, Norway

KONTAKTOPPLYSNINGER

**NINA hovedkontor**

Postboks 5685 Torgarden  
7485 Trondheim  
Tlf: 73 80 14 00

**NINA Oslo**

Sognsveien 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**

Thormøhlens gate 55  
5006 Bergen  
Tlf: 73 80 14 00

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

## Sammendrag

Brøseth, H., Kopatz, A. & Kleven, O. 2024. DNA-basert overvåking av brunbjørn i Norge i 2023. NINA Rapport 2454. Norsk institutt for naturforskning.

Det har over en periode på snart 25 år vært gjennomført omfattende DNA-basert overvåking av brunbjørn (*Ursus arctos*) bestanden i Skandinavia, noe som gjør at vi i dag trolig har noe av den beste og mest detaljerte kunnskapen om en brunbjørnbestand i verden. Det nasjonale overvåkingsprogrammet for rovvilt har i 2023 samlet inn og mottatt 1642 prøver med antatt opphav fra brunbjørn til DNA-analyse, som er rundt 250 flere enn i 2022. Av disse var det 904 prøver (55 %) som resulterte i en DNA-profil av god nok kvalitet til individ- og kjønnsbestemmelse.

Ut ifra de individbestemte prøvene ble det påvist 178 ulike individer, hvorav 79 (44 %) var hunnbjørner og 99 (56 %) var hannbjørner. Dette er en økning på 3 individer (2 %) sammenlignet med 2022, og det høyeste antallet individer som er påvist siden den DNA-baserte overvåkingen av brunbjørn ble landsdekkende i 2009. Bjørnene ble hovedsakelig påvist i og omkring tidligere kjente og avgrensede brunbjørnområder i Norge; øst i Hedmark, nordøst i Trøndelag, indre Troms, Anárjohka-Karasjok og Sør-Varanger. Utviklingen i antall påviste individer i de ulike rovviltregionene viser den samme hovedtendensen som man har sett de senere årene, med en tydelig økning i region 5 (Hedmark), nedgang i region 6 (Trøndelag) og en svak økning i region 8 (Troms og Finnmark).

Det ble i 2023 påvist like mange hunnbjørner i Norge som i løpet av 2022; totalt 79 ulike individer. Dette er det høyeste antallet registrerte hunnbjørner siden landsdekkende DNA-basert innsamling ble iverksatt i 2009. Utviklingen i antall påviste hunnbjørner i de ulike rovviltregionene gjenspeiler i hovedtrekk utviklingen i antall påviste individer de siste 5 årene, hvor man ser en økning i region 5 (Hedmark) og deler av region 8 (Finnmark).

Basert på de individbestemte prøvene fra hunnbjørner, påvist gjennom den DNA-baserte overvåkingen, er antall årlige ynglinger i Norge beregnet til 9,6 (95 % usikkerhetsintervall: 4,7 - 15,1) i 2023. Dette er marginalt høyere enn i 2022, og det høyeste antallet estimerte årlige ynglinger av brunbjørn siden den DNA-baserte overvåkingen over hele landet startet opp i Norge.

Det er store forskjeller i antall og utvikling av beregnede årlige bjørnekull mellom de ulike rovviltregionene. Beregningene for de tre rovviltregionene hvor det ble påvist hunnbjørner i 2023 var på 5,0 ynglinger i region 5 (Hedmark), 1,5 i region 6 (Trøndelag) og 3,1 i region 8 (Troms og Finnmark). I alle disse tre rovviltregionene viser antall beregnede bjørnekull marginale endringer fra 2022 til 2023.

Det er i 2023 en kjent avgang på 8 brunbjørner i Norge, som er lavere enn foregående år. Alle disse er medregnet blant årets 178 påviste individer. Fem av bjørnene er felt på skadefelling og tre er skutt under lisensjakt. Som tidligere år er det en tydelig overvekt av hanner i forhold til hunner blant de døde bjørnene. Alle har latt seg bestemme til individ, og bare en av dem er tidligere ikke påvist i analysene av innsamlet hår- og ekskrementmateriale.

Henrik Brøseth, Alexander Kopatz og Oddmund Kleven. Norsk institutt for naturforskning, Postboks 5685 Torgarden, 7485 Trondheim. [henrik.broseth@nina.no](mailto:henrik.broseth@nina.no)

## Abstract

Brøseth, H., Kopatz, A. & Kleven, O. 2024. DNA-based monitoring of brown bear in Norway in 2023. NINA Report 2454. Norwegian Institute for Nature Research.

The Scandinavian brown bear population (*Ursus arctos*) in Norway and Sweden has been monitored extensively and continuously for almost 25 years. Due to the extensive and regular application of DNA-based methods, we likely have one of the most comprehensive, detailed data sets as well as knowledge on a brown bear population available globally today. The Norwegian Large Predator Monitoring Program analyzed 1,642 biological samples in 2023, assumingly originating from brown bears. From those, 904 samples (55%) provided a DNA-profile suitable for successful identification of sex and individual.

Based on the DNA-profiles 178 different individuals were identified, of which 79 (44%) were female and 99 (56%) male brown bears. Compared to the results obtained in 2022, this is an increase of three individuals (2%) and is the highest number of individuals identified since countrywide DNA-based monitoring of brown bears was initiated in 2009 within Norway. Brown bears occurred mainly in previously described areas in Norway; in eastern Hedmark, northeast in Trøndelag, inner Troms, Anárjohka-Karasjok and Sør-Varanger. The trajectory of the number of identified individuals in different predator management regions followed the general trend recorded over the last years, showing a distinct increase in region 5 (Hedmark), a slight decrease in region 6 (Trøndelag) and a slight increase in region 8 (Troms and Finnmark).

Compared to 2022, the number of identified female brown bears were the same this year; 79 different individuals. This is the highest number of females detected since the countrywide, DNA-based monitoring of brown bears started. This increase in numbers of females reflects the general trajectory on the number of detected individuals in the different predator management regions in Norway, with an increase in region 5 (Hedmark) and parts of region 8 (Finnmark).

The samples, which were successfully identified as female brown bears in the season of 2023, were used to estimate the annual number of reproductions in Norway: 9.6 (95% CI: 4.7-15.1). This is marginally higher compared to 2022, and is the highest, estimated number of annual reproductions in Norway since countrywide DNA-based monitoring was initiated in Norway.

In the different predator management regions, the estimated number of annual reproductions was significantly different, with marginal changes compared to 2022. Females were detected in three of the regions in 2023. The number of annual reproductions in region 5 (Hedmark) went from 5.1 (2022) to 5.0 (2023), in region 6 (Trøndelag) from 1.4 (2022) to 1.5 (2023) and in region 8 (Troms and Finnmark) the number of reproductions changed from 3.0 (2022) to 3.1 (2023).

In 2023, 8 dead brown bears were registered in Norway, which is lower than last year. The dead individuals are included among the identified 178 brown bears. Five brown bears were removed due to lethal management control and a further three were shot under licensed hunt. As in previous years in Norway, most of the dead recoveries were male brown bears. For all dead bears, their DNA profile allowed for individual identification, and only one individual was not earlier detected among the non-invasive genetic samples collected.

Henrik Brøseth, Alexander Kopatz og Oddmund Kleven. Norwegian Institute for Nature Research, PO Box 5685 Torgarden, NO-7485 Trondheim, Norway. [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 Matriale og metoder</b> .....	<b>8</b>
2.1 Innsamling av prøvemateriale.....	8
2.2 Laboratoriearbeid og individbestemmelse.....	8
2.3 Beregning av antall årlige ynglinger.....	10
<b>3 Resultater</b> .....	<b>11</b>
3.1 Analyserte prøver.....	11
3.2 Antall identifiserte individer.....	13
3.3 Geografisk fordeling av individer.....	15
3.4 Antall ynglinger.....	18
3.5 Døde individer.....	19
<b>4 Diskusjon</b> .....	<b>21</b>
<b>5 Referanser</b> .....	<b>23</b>
<b>Vedlegg 1</b> .....	<b>29</b>
<b>Vedlegg 2</b> .....	<b>30</b>

## Forord

Den årlige overvåkingen av brunbjørn i Norge er et omfattende arbeid og litt av et puslespill. Det er mange involverte som sammen gjør at det hele er gjennomførbart år etter år.

Den viktigste jobben gjøres selvsagt ute i skog og mark ved at prøver plukkes opp og blir sendt inn til analyse. Her utgjør interessen og engasjementet til allmenheten en grunnleggende del i det å få fanget opp prøver fra så mange som mulig av de bjørnene som beveger seg innom landet i løpet av året. En av utfordringene fremover vil være å opprettholde, eller enda bedre øke, interessen blant allmenheten til å bidra. Her har vi alle som er en del av overvåkingskjeden på bjørn i Norge et mål å jobbe for i årene fremover.

Den andre viktige delen av prøveinnsamlingen på bjørn er det Statens naturoppsyn som står for, spesielt gjennom de regionalt rovviltansvarlige og nettverket de har av lokale rovviltkontakter. De er mye ute i felt i forbindelse med bjørnesaker i løpet av året. Det er da viktig at man har fokus på og legger innsats i å få sikret DNA-spor i disse sakene.

Regionalt rovviltansvarlige og lokale rovviltkontakter utgjør også førstelinjen i mottak, registrering og innsending av prøver til DNA-analyse. I overvåkingskjeden er vi avhengig av effektiviteten og nøyaktigheten i dette leddet når det gjelder strekkodemerking av prøver, registrering i databasen Rovbase og innsending til laboratoriet. Feilregistrering og feilmerking er potensielle kilder til feilslutninger i rapporteringen av resultatene. Til slutt er vi selvsagt helt avhengige av personene på DNA-laboratoriet (NINAGEN og NIBIO Svanhovd) som jobber dag etter dag med å analysere over 1600 prøver.

Jeg vil også benytte anledningen til å takke fagkolleger og representanter for forvaltningen av brunbjørn for nyttige og gode diskusjoner omkring overvåkingen av bjørn og utformingen av denne rapporten.

Hommelvik, mars 2024.

Henrik Brøseth



# 1 Innledning

Bestanden av brunbjørn (*Ursus arctos*) i Norge er en del av felles bestander som deles med våre naboland Sverige, Finland og Russland (Chapron et al. 2014, Swenson et al. 1995). Bjørnene i Finnmark utgjør deler av en felles bestand i nordlige deler av Finland og tilgrensende områder i Russland, mens bjørnene i resten av landet danner en felles Skandinavisk bestand med Sverige (Kopatz et al. 2014, Kopatz et al. 2019, Kopatz et al. 2021b, Swenson et al. 1998).

Historisk har den norske delen av både den finsk-russiske og skandinaviske brunbjørnbestanden økt i antall og utbredelse i løpet av de siste 50-60 årene fra lave nivåer (Kojola & Laitala 2000, Swenson et al. 1995). På midten av 1990-tallet ble det anslått 8-21 bjørner i Finnmark og til sammen 18-34 bjørner i resten av landet (Swenson & Wikan 1996).

Brunbjørn er utfordrende å overvåke da den har store leveområder som gir generelt lav tetthet, hovedsakelig er nattaktiv og ligger i hi om vinteren når snøsporing er mulig. Opp gjennom årene har det vært brukt ulike metoder, med varierende hell, for å anslå bestandsstørrelsen av brunbjørn i Norge. Alt fra metoder basert på avisoppslag (Kolstad et al. 1986), observasjoner (Elgmork 1996, Myrberget 1969), skutte bjørner (Swenson et al. 1995), ekstrapolering av bjørnetetthet (Swenson & Wikan 1996), binner med årsunger (Swenson et al. 2003), genetiske analyser (Schregel et al. 2012) og romlig fangs-gjefangst modellering (Bischof et al. 2020) har vært benyttet.

Omfattende overvåking er nødvendig for å kunne følge bestandsutbredelsen og -utviklingen for brunbjørn på landsbasis, samt å vurdere bestandens status opp mot de spesifikke målsettingene for forvaltning av arten som er vedtatt av politikerne (Stortinget 2011). For å beregne bestandsstatus opp mot bestandsmålene benytter overvåkingen seg i dag av DNA-baserte analyser av innsamlet biologisk prøvemateriale og en omregning til antall årlige ynglinger, som utgjør bestandsmålingen i Norge (Bischof & Swenson 2010, Bischof & Swenson 2012).

Bruk av DNA-basert overvåking til å beregne størrelsen på bestanden av brunbjørn ble først initiert i 2001 og 2002 i Dalarna og Gävleborg, i den sørlige delen av utbredelsesområdet til bjørn i Sverige (Bellemain et al. 2005). I Norge ble de første forsøkene med bruk av innsamlet ikke-invasivt prøvemateriale for overvåking utprøvd i Sør-Varanger i 2004 og 2005 (Eiken et al. 2006). Overvåkingsmetoden viste seg raskt overlegen andre tilgjengelige alternativer, og fra og med 2009 har det vært utført innsamling av prøvemateriale til DNA-basert overvåking av brunbjørn i hele utbredelsesområdet både i Sverige (rullerende länsvis) og Norge (Kindberg et al. 2011, Wartainen et al. 2010).

Den omfattende DNA-baserte overvåkingen over en periode på snart 25 år gjør at vi i Skandinavia trolig har noe av den beste og mest detaljerte kunnskapen om en brunbjørnbestand i verden. I tillegg til robuste beregninger av bestandsstørrelse, -utvikling og -utbredelse har overvåkingsdataene gjort at man også har kunnet studere andre biologisk viktige aspekter i en brunbjørnbestand slik som romlig tetthet, overlevelse, dødelighetsfaktorer og rekruttering (Bischof et al. 2020), genflyt, genetisk struktur og utveksling mellom bestander (Kopatz et al. 2021b, Schregel et al. 2012), samt forvaltning over landegrenser (Bischof et al. 2016).

Årets overvåkingsrapport gir en oversikt over resultatene fra prøveinnsamling og DNA-baserte analyser av brunbjørn i Norge i 2023. Innsamlet prøvemateriale, ulike individer påvist, kjønnsfordeling og antall årlige ynglinger rapporteres både på nasjonalt og rovviltregion nivå. Resultatene settes også i sammenheng med tidligere års resultater tilbake til da man startet med landsdekkende DNA-basert overvåking i 2009 i Norge. Fullstendig oversikt over tidligere års utgitte rapporter i fulltekst ligger på nettsiden til Rovdata ([lenke](#)).

## 2 Matriale og metoder

### 2.1 Innsamling av prøvemateriale

Det er i hovedsak to ulike kilder til prøvematerialet med antatt opphav fra brunbjørn som samles inn for analyse i Norge. For det første har man Statens naturoppsyn (SNO) som gjennom regionalt roviltansvarlige og nettverket av lokale roviltkontakter samler inn ekskrementer og hår i forbindelse med bjørnesaker i løpet av overvåkingssesongen (37 % av prøvematerialet i 2023). Det samles inn prøvemateriale fra bjørnene kommer ut av hiet om våren til de går i hi igjen på senhøsten i hele landet. Dette er ofte en målrettet innsamling av prøver basert på tips fra allmenheten om viltkamera- eller synsobservasjoner, elgkadaver, «klø-tre» (markeringspunkter), nylig brukte hi, springer på snø eller i forbindelse med skadefellingsoppdrag og skadedokumentasjon på bufe eller tamrein. Den andre hovedkilden til innsamling av prøvemateriale er det allmenheten som står for i overvåkingsprogrammet (40 % av prøvematerialet i 2023). Det kan være ulike grupper av friluftsfolk slik som turgåere, bærplukkere, fritidsfiskere eller naturfotografer. Felles for disse er ofte den generelle naturinteressen de har når de drar på tur. I tillegg er både næringsutøvere innenfor husdyrbruk og tamreindrift, samt småvilt- og elgjegere årlige bidragsyttere. Allmenheten samler inn prøver fra hele landet i hele tidsperioden av året hvor brunbjørnen ikke ligger i hi.

Innsamlingen av prøvemateriale ute i felt skjer enten ved at observatøren tar med seg en del av ekskrementet i en ren plastpose og fryser det ned så raskt som mulig frem til innlevering eller ved at en liten bit av skiten, på størrelse med en lillefingernegl, puttes på utleverte rør med silica-kuler (tørkestoff) og lagres mørkt i romtemperatur. Bjørnehår derimot samles i papirkonvolutter og lagres mørkt og tørt i romtemperatur frem til innlevering. Bare bjørnehår med en hårrot inneholder DNA. Det er utarbeidet instruks for prøveinnsamlingen både for allmenheten ([lenke](#)) og SNO ([lenke](#)) som er nedlastbare fra overvåkingsprogrammet.

Allmenheten leverer innsamlede prøver til SNO som registrerer prøvene inn i en database ([rovbase.no](http://rovbase.no)) med informasjon om prøveinnsamler, funndato, prøvetype og stedsnavn med kartkoordinater på funnsted. Samtidig med dataregistreringen i Rovbase tildeles hver enkelt prøve en unik strekkode som klistres på prøve-emballasjen og som følger denne gjennom resten av innsendings- og analysearbeidet. SNO sender så egeninnsamlede prøver og allmenhetens prøver med posten inn til Rovdata med ujevne mellomrom i løpet av sesongen. Det er også utarbeidet en nedlastbar instruks for SNO på registrering av prøver i Rovbase ([lenke](#)). Alle kan se resultatet på hver enkelt prøve ved å oppgi den unike strekkoden ved søk på internett i [rovbase.no](http://rovbase.no).

Enkelte år utføres det forskningsprosjekter i felt på brunbjørn i Norge hvor det samles inn prøvemateriale for genetisk analyse. Dette materialet inngår da også i den DNA-baserte overvåkingen av brunbjørn i Norge. I år har det blitt samlet inn hårprøver ved hårfelleprosjekter i Karasjok-, Tana og Sør-Varanger kommune i regi av Norsk institutt for bioøkonomi (NIBIO) og Statsforvalteren i Troms og Finnmark (14 % av prøvematerialet i 2023), samt et forskningsprosjekt på brunbjørn i regi av Høgskolen i Innlandet (9 % av prøvematerialet i 2023).

Statens naturoppsyn kontrollerer alle døde brunbjørner og tar ut en vevsprøve som legges på et prøverør med etanol og merkes med en unik strekkode (<1 % av prøvematerialet i 2023). Disse vevsprøvene sendes så til Rovdata for genetisk analyse og individbestemmelse.

### 2.2 Laboratoriarbeid og individbestemmelse

Etter ankomst hos Rovdata ble silicaglassene med skitprøver lagt i en fryser (-80 °C) i 72 timer, i henhold til interne biosikkerhetsrutiner (Eckert et al. 2001), før overlevering til laboratoriet for DNA-analyser. Hårprøvene, vevsprøvene og spyttprøven ble oppbevart mørkt og tørt i romtemperatur frem til analyse.

Til DNA-analysene ble det fra silicaglassene tatt ut en liten bit med skit og fra vevsprøvene skåret av en liten bit av muskelen som ble lagt på analyserør. Fra papirkonvoluttene med hår ble det plukket ut ett hår, alternativt både ett hår (lagt i et eget rør) og en dott med hår (lagt i et annet rør) dersom det var flere hår i konvolutten. Fra spyttprøvene ble bomullsdelene av q-tipsen klippet av og lagt i analyserøret.

Fra prøvene ble det isolert (trukket ut) DNA med et analysesett fra Qiagen eller et delvis automatisert system (Maxwell16 fra Promega eller KingFisher instrument fra ThermoFisher). Alle prøvene ble analysert med et panel bestående av 96 enkeltbase-varianter (SNP = single nucleotide polymorphism): 85 autosomale SNPer, fire mitokondrielle SNPer og sju kjønns spesifikke SNPer (fire Y-kromosom og tre X-kromosom SNPer) for individ- og kjønnsbestemmelse (Norman & Spong 2015, Norman et al. 2013). Autosomale markører er lokalisert til de 22 kromosomparene som ikke har med kjønn å gjøre, mens markørene for kjønn er lokalisert til kjønnskromosomene X og Y. SNP-analysene ble utført på et BioMark-instrument (Standard BioTools, San Francisco, USA). For prøvemateriale slik som skit og hår kan både kvaliteten og mengden DNA være relativt lav, noe som kan resultere i genotyperfeil som kan gi feil individbestemmelse (Taberlet & Luikart 1999). For å redusere sannsynligheten for slike genotypningsfeil ble hver prøve analysert med to uavhengige analyser. Fra de to uavhengige analysene ble en DNA-profil konstruert basert på at markørene måtte vise identisk resultat i begge analysene. DNA-profiler bestående av minst 75 autosomale SNPer, godkjent kjønnsbestemmelse, og minst sju mikrosatelitter (se nedenfor), ble tildelt en ny individID. DNA-profiler med minst 66 SNPer ble tildelt en individID dersom de stemte overens med et allerede kjent individ. DNA-profiler med mindre som 66 SNPer ble ikke tildelt en individID, men kategorisert som prøver med brunbjørn DNA. Prøver med mindre enn 24 SNPer, ble kategorisert som prøver uten påvist brunbjørn, dvs. DNA fra ukjent art.

En prøve fra alle nye individer ble også analysert med åtte autosomale mikrosatelitter (G10L, Mu05, Mu09, Mu10, Mu23, Mu50, Mu51 og Mu59; Paetkau et al. 1995, Paetkau & Strobeck 1994, Taberlet et al. 1997) og tre kjønns spesifikke markører (Bidon et al. 2013) for sammenlikning med tidligere påviste individer. Mikrosatelitter er korte DNA-sekvenser som består av repeterte enheter (1-7 basepar som repeteres) og antall repeterte enheter kan variere mellom individer, som i sin tur gir lengdevariasjon ved visualisering av mikrosatelittene ved elektroforese (se neste avsnitt). Ved å analysere med tilstrekkelig mange ulike mikrosatelitter kan man fremskaffe en unik DNA-profil for hvert individ. De 8 autosomale mikrosatelittene er identiske med de som har blitt anvendt tidligere år for DNA-basert overvåking av brunbjørn i Norge og Sverige (se f.eks. Fløystad et al. 2022b).

Mikrosatelittene og kjønnsmarkørene ble kopiert opp ved å benytte en standardisert metode (PCR; eng. Polymerase Chain Reaction) og deretter separert ved kapillær elektroforese på en ABI3500xl Genetic Analyzer. Lengdevariasjonen ble visualisert og bestemt med datamaskinprogramvaren *GeneMapper 6.0*. Prøvene ble analysert med minst tre uavhengige PCR-analyser. Fra de uavhengige PCR-analysene ble en DNA-profil konstruert basert på følgende kriterier: markører med et heterozygot (to ulike genvarianter) resultat måtte vise dette i to av de uavhengige analysene, mens markører med et homozygot (to like genvarianter) resultat måtte vise dette i minst tre uavhengige analyser. DNA-profiler bestående av minst sju mikrosatelitter, samt godkjent kjønnsbestemmelse, ble tildelt en individID. Alle nye individer ble i tillegg analysert med ytterligere fire autosomale mikrosatelitter for en utvidet DNA-profil (G1A, G1D, G10B og Mu15; Paetkau et al. 1995, Paetkau & Strobeck 1994, Taberlet et al. 1997). De 12 autosomale mikrosatelittene er identiske med de som har blitt anvendt tidligere år for DNA-basert overvåking av brunbjørn i Norge og Sverige (se f.eks. Fløystad et al. 2022b). Datamaskinprogramvaren *R 4.2.2* (R Core Team 2022) med R-pakken *allelematch* (Galpern et al. 2012) ble benyttet for å sammenligne genotyper mot tidligere påviste individer og identifisere nye unike genotyper.

Hårprøvene samlet inn i forbindelse med hårfelleprosjektene i Karasjok, Tana og Sør-Varanger (se avsnitt 2.1) ble analysert med 8 autosomale mikrosatelitter av NIBIO med tilsvarende metodikk som beskrevet ovenfor, for detaljer se Fløystad et al. (2022a).

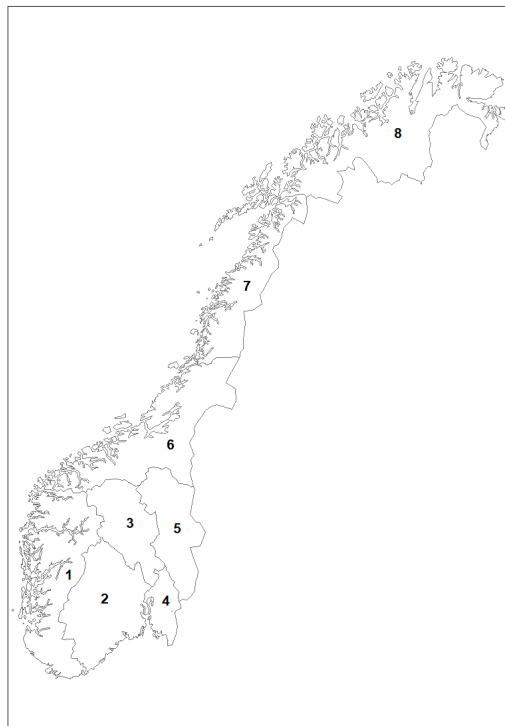
## 2.3 Beregning av antall årlige ynglinger

For å beregne hvor mange bjørnekull som fødes i Norge er det utviklet en modell som estimerer antall ynglinger basert på alle individbestemte DNA-prøver fra hunnbjørner og den geografiske plasseringen til hver enkelt prøve (Bischof & Swenson 2010, Bischof & Swenson 2012). Resultatene fra modelleringen brukes for å vurdere status på bestanden av brunbjørn, i Norge og i de ulike rovviltregionene, opp mot bestandsmålene som er fastsatt av Stortinget (Stortinget 2011). Modellen baserer seg på parametere for arealbruk, alderssammensetning og reproduksjonsdata fra det skandinaviske bjørneprosjektet og skutte hunnbjørner i Sverige for å beregne antall ynglinger og usikkerheten i estimatene.

Noe forenklet forklart så gjør simuleringsmodellen disse beregningene i sju ulike steg. Først beregnes det geografiske midtpunktet til hver enkelt hunnbjørn ut fra DNA-prøvene til individet som er funnet i løpet av overvåkingssesongen. Deretter tildeles hver av hunnbjørnene en tilfeldig alder som trekkes ut fra en aldersfordeling basert på data fra skutte- og radiomerkede hunnbjørner. I steg tre beregner modellen sannsynligheten for at hver enkelt hunnbjørn føder et ungekull, basert på alderen fra steg to og data fra radiomerkede hunnbjørner som viser sannsynligheten for å føde et ungekull ved ulik alder (for eksempel 0 sannsynlighet for hunner under 4 år). Hvilke individer som føder unger beregnes ved en tilfeldig binominal prosess. I steg fire av modellen trekkes et leveområde tilfeldig ut fra et kartotek over 35 representative leveområder fra radiomerkede hunnbjørner med årsunger, og tildeles de hunnbjørnene som er kategorisert som hunner med årsunger i steg tre. Leveområdet plasseres i forhold til senterpunktet fra steg en og snurres så tilfeldig rundt. I steg fem av prosessen klipper modellen leveområdene til hunnbjørner med årsunger i forhold til rovviltregion- og landegrenser, slik at ynglingene fordeles i henhold til andelen av leveområdet som faller innenfor ulike administrative områder. Forklart på en annen måte så betyr det at for eksempel en hunnbjørn med årsunger hvor hele leveområdet ligger i Norge blir beregnet som én yngling, mens hvis bare 60 % av leveområdet havner innenfor norskegrensen så blir det til 0,6 ynglinger. I steg seks summerer modellen antallet ynglinger per rovviltregion og på landsbasis. I steg sju så gjentar modellen stegene én til seks nye 4999 ganger for å komme frem til et estimat med usikkerhetsmargin på hvor mange ynglinger det er i den enkelte rovviltregion og landet som helhet (Bischof & Swenson 2010, Bischof & Swenson 2012).

Ved behandlingen av stortingsmelding nr. 15 (2003–2004) Rovvilt i norsk natur (Innst. S.nr. 174) ble det vedtatt åtte forvaltningsregioner for rovvilt i Norge (Miljøverndepartementet 2004). De åtte forvaltningsregionene for rovvilt i Norge er: Region 1 – som omfatter tidligere Sogn og Fjordane, Hordaland, Rogaland og Vest-Agder, Region 2 – som omfatter tidligere Aust-Agder, Telemark, Buskerud og Vestfold, Region 3 – som omfatter tidligere Oppland, Region 4 – som omfatter tidligere Østfold, Oslo og Akershus, Region 5 – som omfatter tidligere Hedmark, Region 6 – som omfatter tidligere Møre og Romsdal, Sør-Trøndelag og Nord-Trøndelag, Region 7 – som omfatter tidligere Nordland, og Region 8 – som omfatter tidligere Troms og Finnmark (**Figur 1**).

**Figur 1.** Kart som viser de åtte rovviltregionene i Norge som ble vedtatt av Stortinget i 2004 (Miljøverndepartementet 2004).

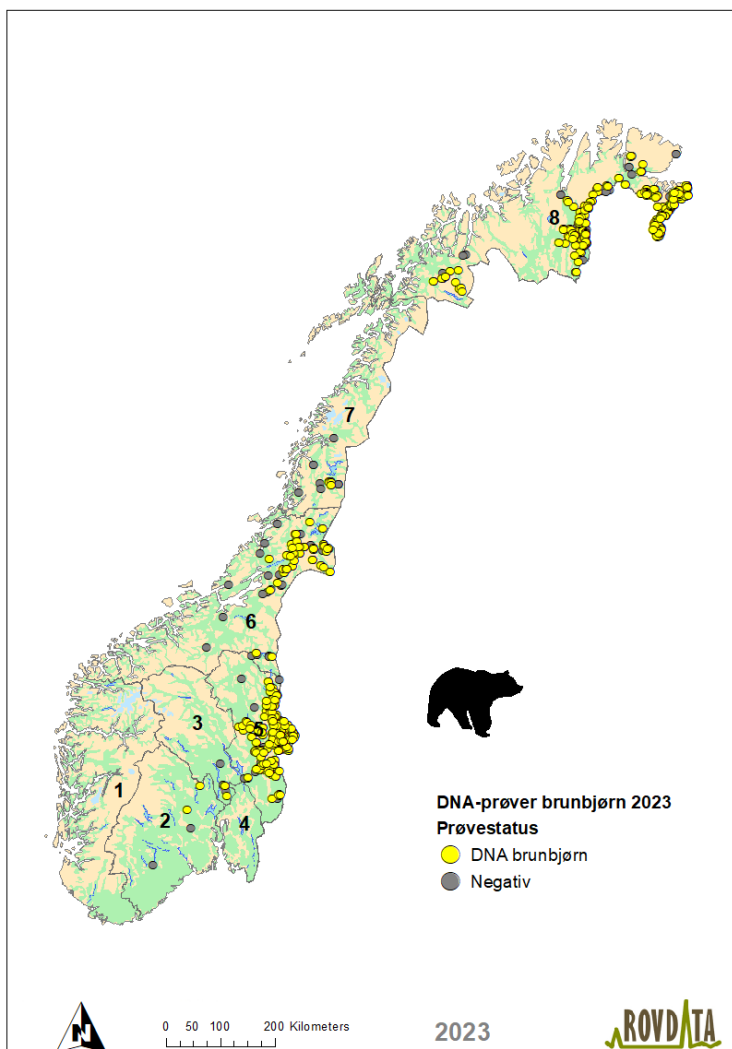


## 3 Resultater

### 3.1 Analyserte prøver

Det ble i 2023 samlet inn og registrert 1669 prøver i Rovbase med antatt opphav fra brunbjørn i Norge. Av disse ble 27 prøver ikke analysert: en prøve fra rovviltregion 3, to prøver fra rovviltregion 5, en prøve fra rovviltregion 7 og en prøve fra rovviltregion 8 er ikke registrert mottatt til analyse per 13. februar 2024. I tillegg ble det innlevert en hårprøve fra rovviltregion 5 og 20 hårprøver fra rovviltregion 8 hvor konvolutten var tom ved ankomst til laboratoriet. En hårprøve fra rovviltregion 8 inneholdt reinsdyrhår. Prøver som ikke er registrert mottatt, var tomme eller åpenbart fra en annen art har blitt kategorisert som «analyseres ikke» under «analyseprioritet» i Rovbase.

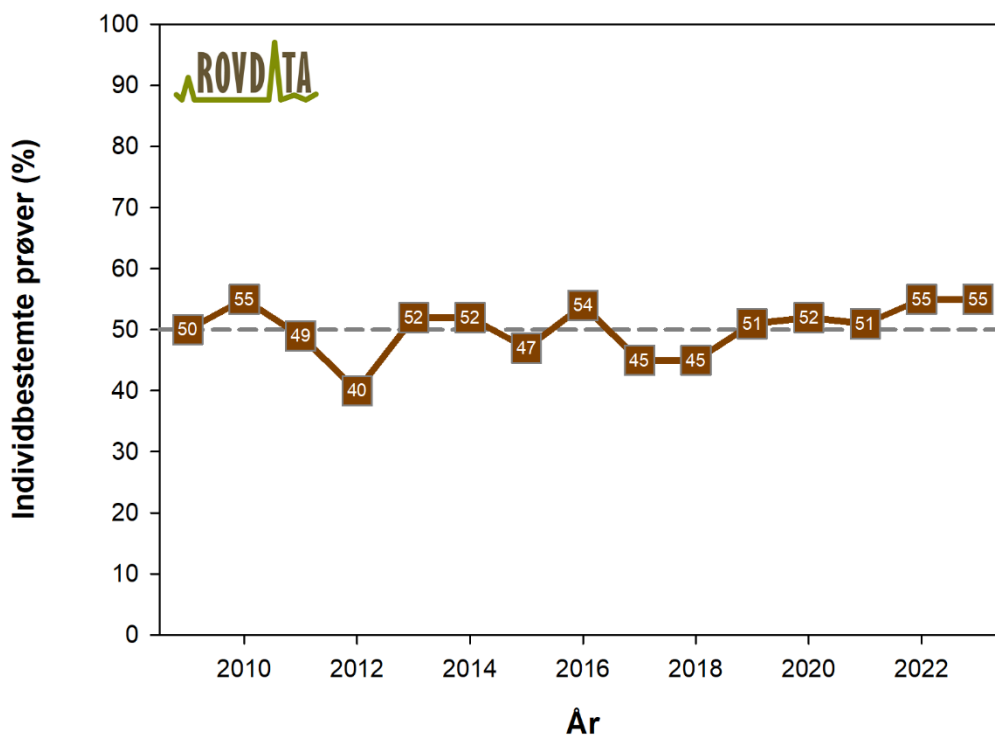
Av totalt 1642 analyserte prøver i Norge i 2023 (**Vedlegg 1**) var det 1137 prøver (69 %) som inneholdt brunbjørn DNA (**Figur 2**), og 904 prøver (55 %) som gav en DNA-profil som var fullstendig nok til individ- og kjønnsbestemmelse (**Tabell 1**). Dette er den samme andelen individbestemte prøver som i fjorårets materiale (**Figur 3**).



**Figur 2.** Geografisk lokalisering av 1642 prøver med antatt opphav fra brunbjørn som ble samlet inn i Norge og analysert for brunbjørn-DNA i 2023. Gul markering: prøver som inneholdt DNA fra brunbjørn (n = 1137 prøver), grå markering: prøver som ikke gav utslag på brunbjørn i DNA-analysen (n = 505 prøver).

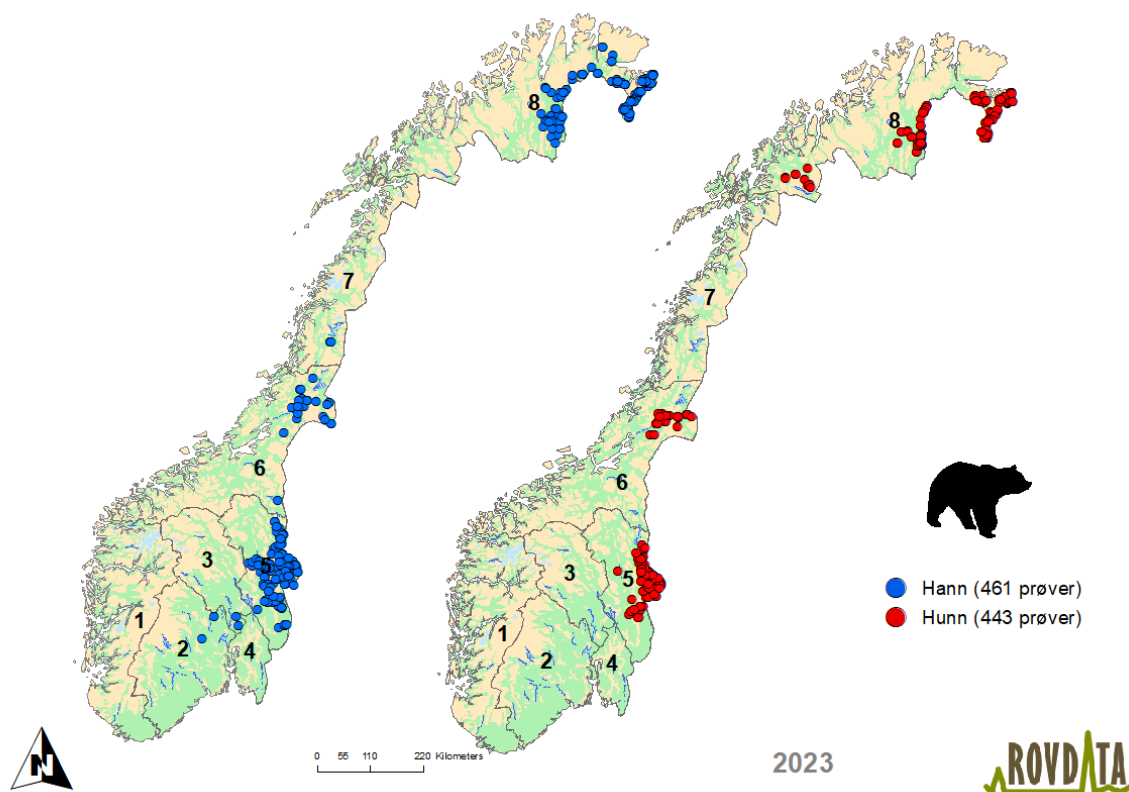
**Tabell 1** Oversikt over prøvematerialet i 2023 samlet inn i Norge. Antall fungerende og ikke-fungerende prøver fordelt på de åtte ulike rovviltregionene, dvs. prøver med og uten vellykket individbestemmelse.

Rovviltregion	Ikke-fungerende	Fungerende	Suksessrate (%)	Totalt
Region 1	-	-	-	0
Region 2	2	2	50	4
Region 3	4	1	20	5
Region 4	0	1	100	1
Region 5	186	394	68	580
Region 6	81	69	46	150
Region 7	19	7	27	26
Region 8	446	430	49	876
<b>Sum (Norge)</b>	<b>738</b>	<b>904</b>	<b>55</b>	<b>1642</b>



**Figur 3.** Andel (%) individbestemte prøver av totalt innsamlet prøvemateriale med antatt opphav fra brunbjørn i Norge i perioden 2009-2023.

Det var 461 prøver fra hannbjørn og 443 prøver fra hunnbjørn blant de 904 individbestemte prøvene i 2023. Prøver fra hunnbjørner ble funnet på fem tidligere kjente avgrensede områder i Norge; øst i Hedmark, nordøst i Trøndelag, indre Troms, Anárjohka-Karasjok og Sør-Varanger (Figur 4).



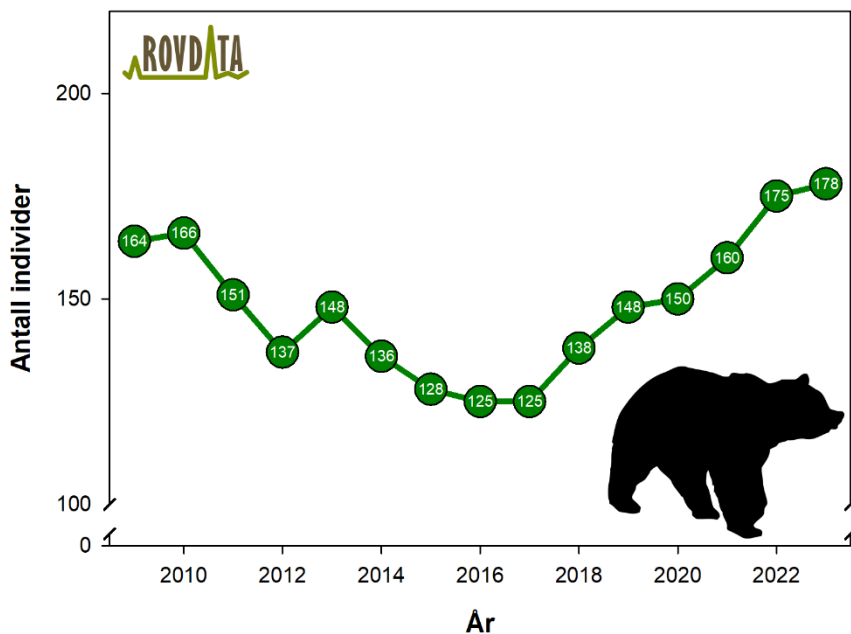
**Figur 4.** Geografisk fordeling av individbestemte prøver ( $n = 904$ ) i 2023. Individbestemte prøver av hannbjørner ( $n = 461$ ) vises på kartet til venstre med blå symboler, og hunnbjørner ( $n = 443$ ) vises på kartet til høyre med røde symboler.

### 3.2 Antall identifiserte individer

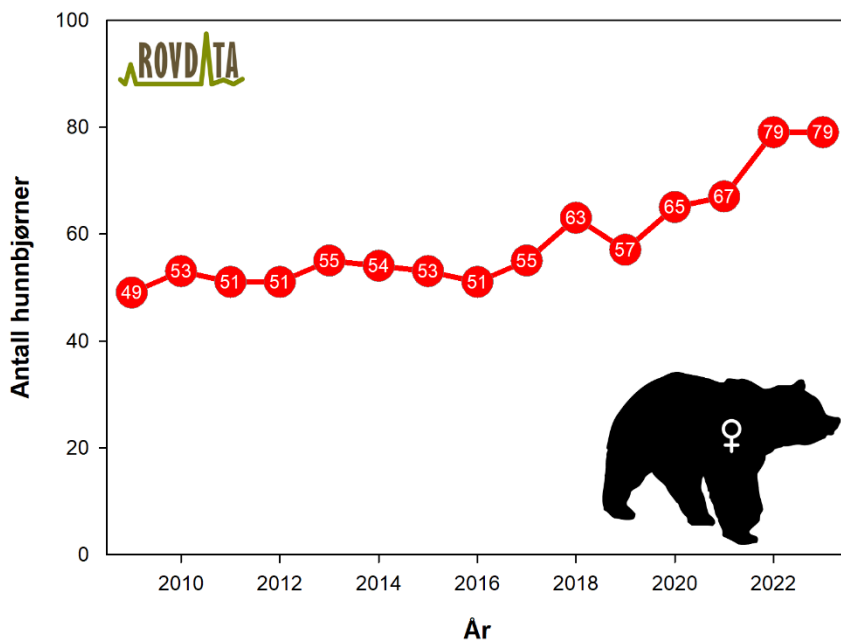
Fra de 904 individbestemte prøvene ble i alt 178 ulike individer påvist å ha vært innom landegrensen i løpet av 2023, noe som er en økning på 3 individer (2 %) sammenlignet med foregående år. Dette er det høyeste antallet individer som er påvist siden den DNA-baserte overvåkingen av brunbjørn ble landsdekkende i 2009 (Figur 5).

Med 178 identifiserte individer fordelt på 904 fungerende prøver, er hvert individ i gjennomsnitt representert med 5,1 prøver (median = 4, minimum = 1, maksimum = 27) i 2023. Dette er noe høyere enn de fire foregående årene hvor det har vært et snitt på mellom 4,1 og 4,9 prøver per individ i prøvematerialet.

Av de 178 individene påvist å ha vært innom Norge i år var det 79 (44 %) ulike hunnbjørner og 99 (56 %) ulike hannbjørner. Dette er det høyeste antallet hunnbjørner som er påvist siden den DNA-baserte overvåkingen av brunbjørn ble landsdekkende i 2009, og er det samme antallet hunnbjørner som ble påvist i fjorårets materiale (Figur 6). Kjønnfordelingen mellom påviste hunn- og hannbjørner har siden starten av den landsdekkende overvåkingen i 2009 blitt stadig jevnere mot en 50:50 fordeling (Figur 7). Det var 53 individer (30 %; 17 hunner og 36 hanner) som ikke tidligere er påvist i DNA-baserte overvåkingen av brunbjørn.

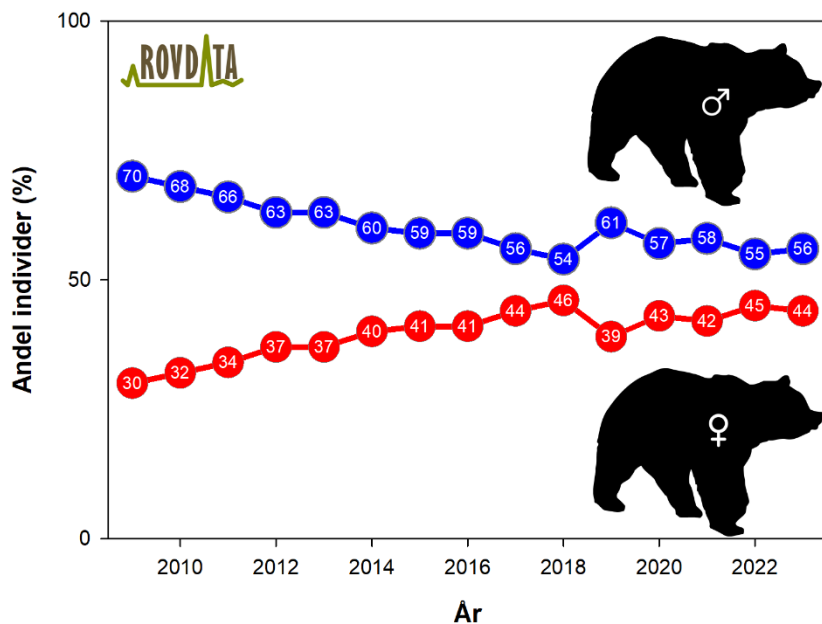


Figur 5. Antall registrerte brunbjørner påvist å ha vært innom landegrensen til Norge i perioden 2009-2023.



Figur 6. Antall registrerte hunnbjørner påvist å ha vært innom landegrensen til Norge i perioden 2009-2023.

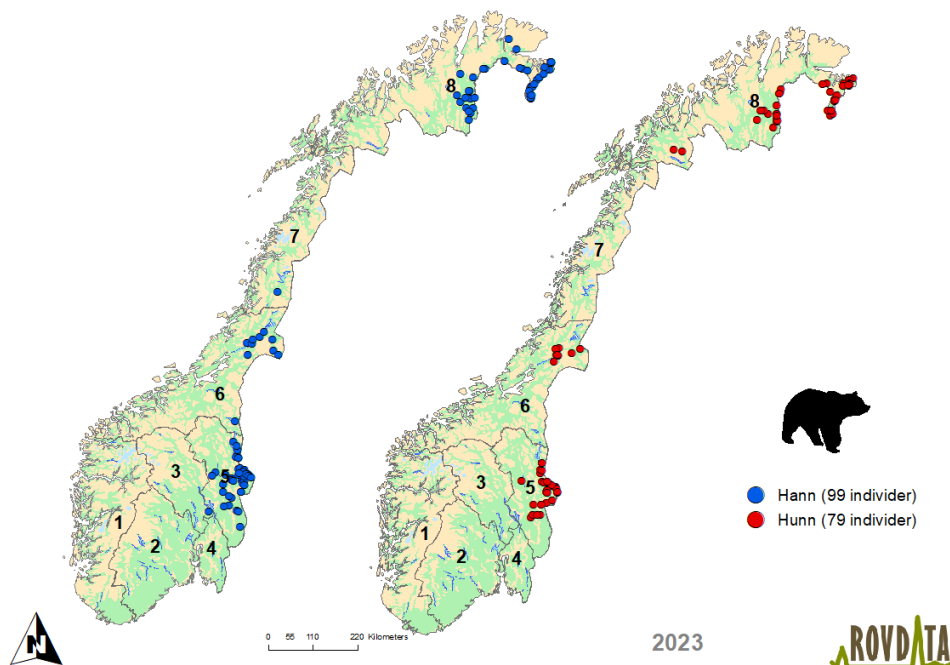




Figur 7. Kjønnfordeling (%) for registrerte hunn- og hannbjørner i perioden 2009-2023 i Norge.

### 3.3 Geografisk fordeling av individer

Den geografiske fordelingen av brunbjørnindivider gjenspeiler det mønsteret man har sett tidligere år, med hunnbjørner i avgrensede områder tett opp til riksgrensen og hannbjørner i og omkring disse områdene (Figur 8). Utviklingen i antall påviste individer i de ulike rovviltregionene viser den samme hovedtendensen som man har sett de senere årene, med en tydelig økning i region 5, nedgang i region 6 og en svak økning i region 8 (Tabell 2, Figur 9)



Figur 8. Kart med de 178 ulike brunbjørnene påvist å ha vært innom landegrensen til Norge i 2023. Hvert individ vises som det geografiske midtpunktet til DNA-prøver fra individet. Kartet til venstre viser 99 ulike hannbjørner (blå symboler) og kartet til høyre viser 79 ulike hunnbjørner (røde symboler).

**Tabell 2** Antall individer av brunbjørn identifisert med DNA profil i Norge i 2023, angitt både i form av antall individer som har sitt geografiske midtpunkt i hver av rovviltregionene og hvor mange som kun er registrert i en rovviltregion eller delt mellom flere rovviltregioner. N = antall fungerende prøver som lot seg individbestemme. (Det er i tillegg mange av disse individene som deles med naboland, men dette lar seg ikke kvantifisere på grunn av manglende samtidig DNA materiale fra Sverige, Finland og Russland).

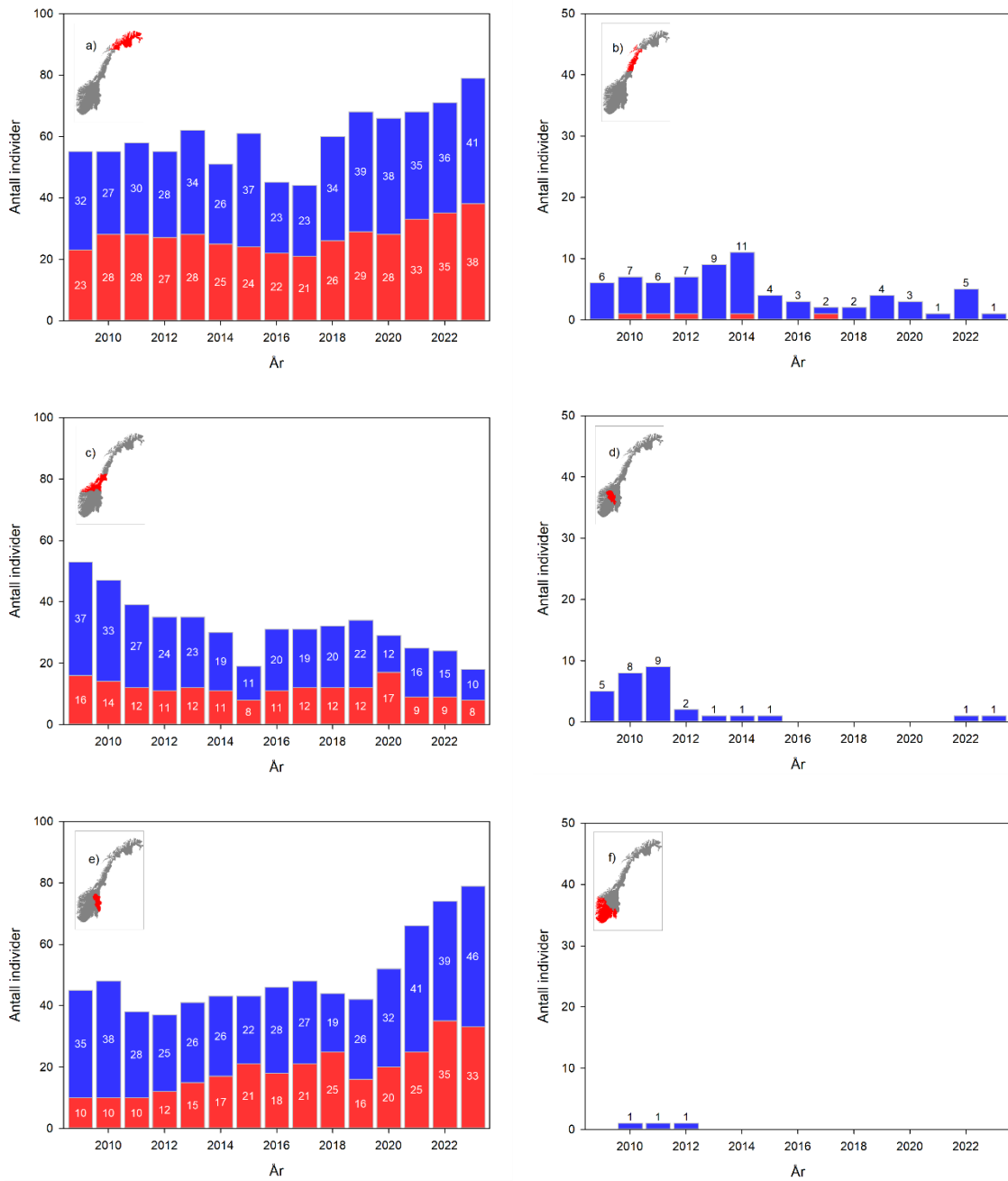
2023							
Rovvilt-region	N	Midt-punkt	Hann	Hunn	«Egne»	«Delt»	N/individ
Region 1	0	-	-	-	-	-	-
Region 2	2	0	0	0	0	1	2,0
Region 3	1	1	1 (100 %)	0	0	1	1,0
Region 4	1	0	0	0	0	1	1,0
Region 5	394	79	46 (58 %)	33 (42 %)	79	1	4,9
Region 6	69	18	10 (56 %)	8 (44 %)	18	1	3,6
Region 7	7	1	1 (100 %)	0	0	1	7,0
Region 8	430	79	41 (52 %)	38 (48 %)	79	0	5,4
<b>Norge</b>	<b>904</b>	<b>178</b>	<b>99 (56 %)</b>	<b>79 (44 %)</b>	<b>-</b>	<b>-</b>	<b>5,1</b>

Tar man utgangspunkt i midtpunktet til de ulike individene ble det i år påvist 79 ulike individer i region 5, hvorav det er en liten overvekt av hannbjørner (**Tabell 2**). Dette er en økning på 5 individer (7 %) sammenlignet med fjoråret (**Figur 9**). Ser man bare på antall hunnbjørner som er påvist så er økningen på 9 % (fra 35 til 38 individer) i region 5. En ung hannbjørn på vandring er påvist i hele fire ulike rovviltregioner i 2023 (region 5, region 4, region 3 og region 2; **Tabell 2**).

I region 6 er det en nedgang på seks bjørner (25 %), til 18 individer fra 2022 til 2023, og det er en liten overvekt av hannbjørner i regionen (**Tabell 2**). Antall påviste bjørner i region 6 er nå omkring 1/3 sammenlignet med når den landsdekkende DNA-baserte overvåkingen av brunbjørn startet i 2009 (**Figur 9**). Et individ (hann) er påvist både i region 6 og region 7 i 2023 (**Tabell 2**).

I rovviltregion 7 er det bare påvist en hannbjørn i 2023, som altså også er påvist i naboregionen i sør. Sammenlignet med de sju hannbjørnene som var innom region 7 i 2022, er det i år påvist vesentlig færre hannbjørner (kun én) som har vært innom regionen.

Det er i år påvist 79 individer i region 8, med en tilnærmet lik kjønnsfordeling mellom hanner og hunner (**Tabell 2**). Sammenlignet med året før er det en økning på åtte individer (11 %) i region 8 i 2023. De aller fleste individene i region 8 finnes i Anárjohka-Karasjok og Sør-Varanger området (Finnmark), mens bare to individer (hunnbjørner) ble påvist i indre Troms i 2023 (**Figur 8**).



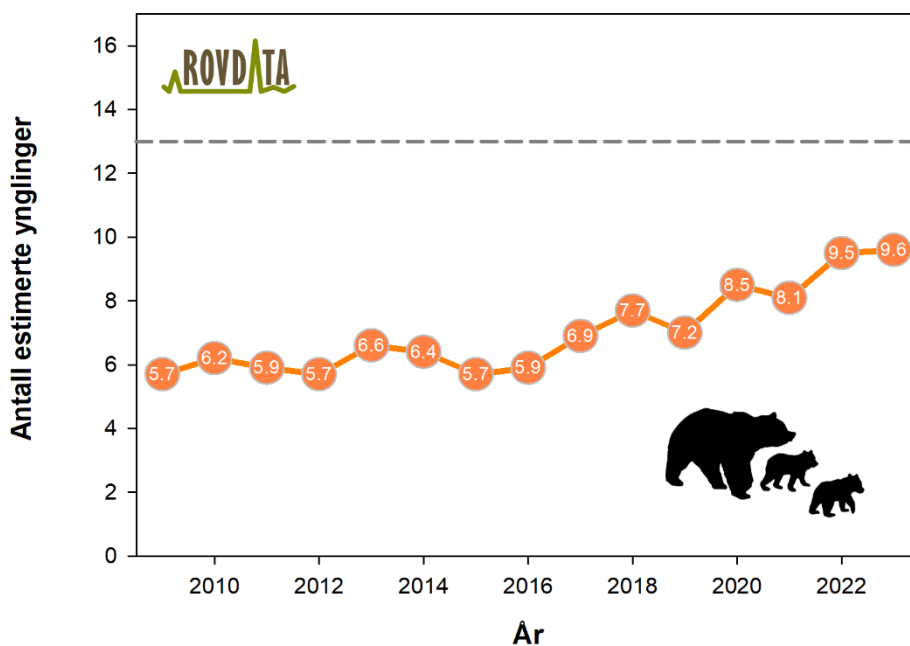
**Figur 9.** Antall individer av brunbjørn i ulike rovviltregioner (markert med rødt på norgeskartet) påvist ved DNA-analyse i perioden 2009-2023. a) region 8, b) region 7, c) region 6, d) region 3, e) region 5 og f) andre regioner (region 1, 2 og 4). Hunnbjørner er illustrert med rød farge og hannbjørner med blå farge. De historiske tallene er hentet fra tidligere overvåkingsrapporter (Brøseth et al. 2023, Fløystad et al. 2018, 2019, 2020, Fløystad et al. 2021, 2022b, Tobiassen et al. 2012, Tobiassen et al. 2011, Warttainen et al. 2010, Aarnes et al. 2017, Aarnes et al. 2015, Aarnes et al. 2016, Aarnes et al. 2014, Aarnes et al. 2013). Merk at det er ulik skala på x-aksene i høyre og venstre kolonne.

### 3.4 Antall ynglinger

Basert på de 443 individbestemte prøvene fra 79 ulike hunnbjørner påvist gjennom den DNA-baserte overvåkingen, har antall årlige ynglinger i Norge blitt beregnet til 9,6 (innenfor et 95 % konfidensintervall: 4,7 – 15,1) i 2023 (**Tabell 3, Figur 10, Vedlegg 2**). Dette er det høyeste antallet estimerte årlige ynglinger av brunbjørn i Norge siden den landsdekkende DNA-baserte overvåkingen startet i 2009 (**Figur 10**).

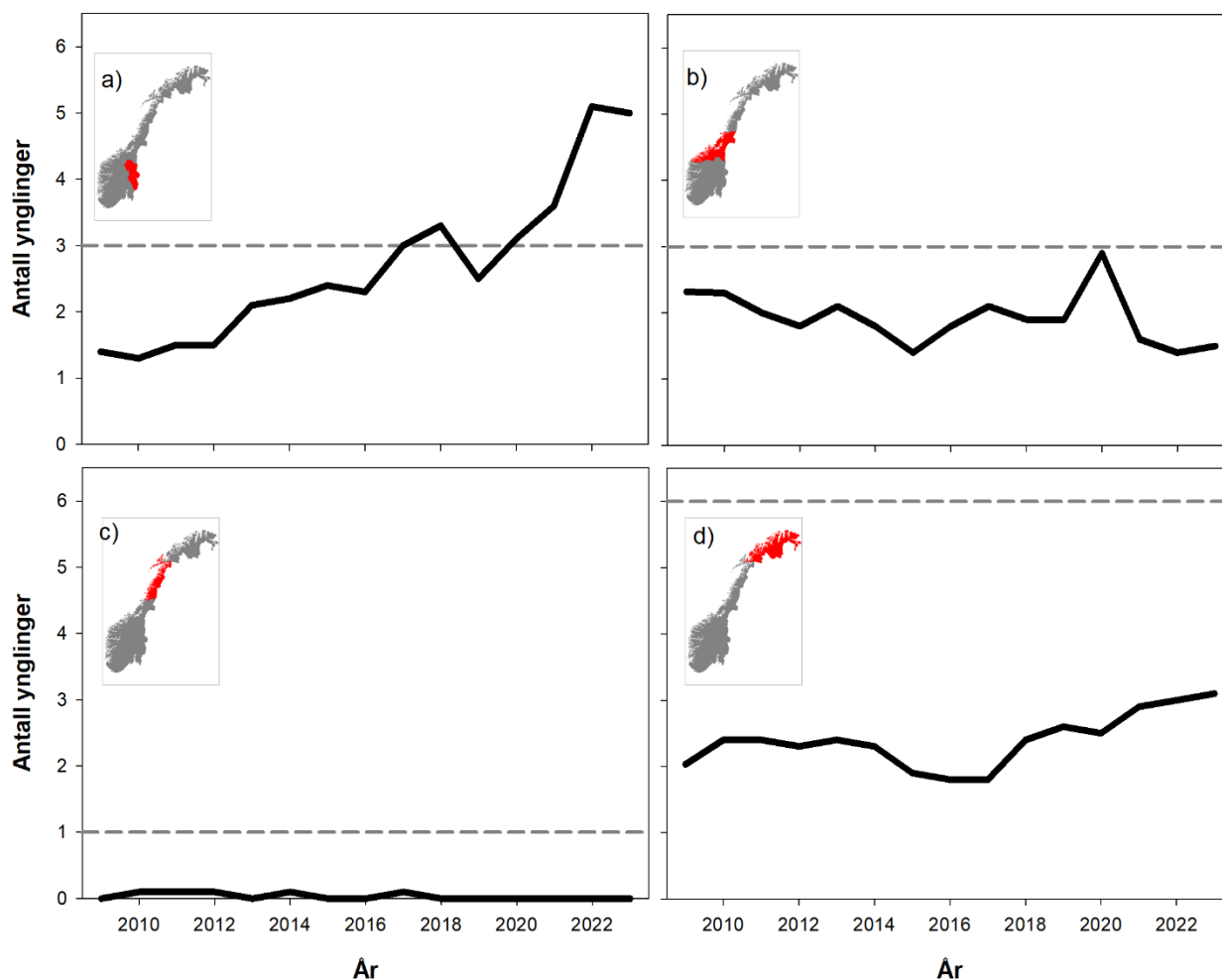
**Tabell 3.** Bestandsmål og antall årlige ynglinger (kull) av brunbjørn beregnet født i Norge og i de ulike forvaltingsregionene i 2023.

2023			
Rovviltregion	Nasjonalt bestandsmål	Beregnet antall ynglinger	95 % CI
Region 1	-	0	-
Region 2	-	0	-
Region 3	-	0	-
Region 4	-	0	-
Region 5	3	5,0	1,6 - 9,0
Region 6	3	1,5	0 - 4,0
Region 7	1	0	-
Region 8	6	3,1	0,6 - 6,3
<b>Norge</b>	<b>13</b>	<b>9,6</b>	<b>4,7 - 15,1</b>



**Figur 10.** Beregnet antall årlige ynglinger av brunbjørn i Norge for perioden 2009-2023. Stiplet horisontal linje angir den nasjonale bestandsmålsettingen på 13 årlige ungekull.

Det er imidlertid stor forskjell i antall og utvikling av beregnede årlige ynglinger av bjørn mellom de ulike rovviltregionene. Beregningene for de tre rovviltregionene hvor det ble påvist hunnbjørner i 2023 var på 5,0 ynglinger i region 5 (95 % konfidensintervall: 1,6 – 9,0), 1,5 i region 6 (95 % konfidensintervall: 0 – 4,0) og 3,1 i region 8 (95 % konfidensintervall: 0,6 – 6,3). I alle disse tre rovviltregionene viser antall beregnede bjørnekull marginale endringer fra 2022 til 2023 (**Figur 11**).



**Figur 11.** Beregnet antall årlige ungekull av brunbjørn i ulike rovviltregioner med bestandsmål for perioden 2009-2023. a) region 5, b) region 6, c) region 7 og d) region 8. Stiplet horisontal linje angir bestandsmålsettingen i de ulike rovviltregionene.

### 3.5 Døde individer

Det er i år en kjent avgang på åtte brunbjørner i Norge (**Tabell 4**), som er seks færre enn i fjoråret. Fem av bjørnene er felt på skadefelling og tre er skutt under lisensjakt. Som tidligere år er det en tydelig overvekt av hanner (7) i forhold til hunner (1) blant de døde bjørnene. Alle har latt seg bestemme til individ, og bare en av dem er tidligere ikke påvist i analysene av innsamlet hår-, spytt- og ekskrementmateriale.

**Tabell 4.** Oversikt over døde brunbjørner fra Norge i 2023 som er DNA-analysert.

Rovbase ID	Individ	Dødsdato	Kjønn	Alder*	Dødsårsak	Rovviltregion
<b>M530041</b>	NT186	29.06.2023	Hann	3	Skadefelling	6
<b>M530054</b>	HE258	04.07.2023	Hann	2	Skadefelling	5
<b>M530058</b>	HE190	06.07.2023	Hann	8	Skadefelling	5
<b>M530087</b>	NT179	14.07.2023	Hann	4	Skadefelling	6
<b>M530108</b>	HE300	27.07.2023	Hann	2	Skadefelling	5
<b>M530978</b>	HE262	27.09.2023	Hunn	†	Lisensjakt	5
<b>M531079</b>	HE284	10.10.2023	Hann	3	Lisensjakt	5
<b>M531077</b>	HE308	10.10.2023	Hann	†	Lisensjakt	5

\* Alder basert på tannsnitt. † Tann for aldersbestemmelse ikke mottatt per 1. mars 2024.

## 4 Diskusjon

De fire siste årene har det på landsbasis blitt samlet inn og analysert i størrelsesorden 1300-1600 prøver med antatt opphav fra brunbjørn i Norge (Brøseth et al. 2023, Fløystad et al. 2021, 2022b). Andelen prøver som har gitt DNA av god nok kvalitet til å bestemmes til individ har variert noe mellom år (**Figur 3**). En suksessrate på 55,1 % i 2023 er på samme nivå som fjoråret og marginalt høyere enn de tidligere årene med landsdekkende DNA-basert overvåking av brunbjørn. Det kan være ulike årsaker til at en prøve ikke lar seg bestemme til individ. Den mest åpenbare årsaken er at prøven ikke er fra brunbjørn, men en annen art. Videre har tidspunktet på året prøven er samlet inn mye å si for suksessraten på skitprøver fra brunbjørn (Kopatz et al. 2020, Kopatz et al. 2021a). Skitprøver samlet på vår og sommer har langt lavere suksessrate enn de som samles på høsten, hvor suksessraten bare er 0-30 % i mai-juli og stiger til over 80 % i skitprøver fra august-oktober. Høye temperaturer, luftfuktighet og dietten til bjørnene er kjente påvirkningsfaktorer i denne sammenhengen (Murphy et al. 2003, Panasci et al. 2011). En økt fokus på innsamling av prøvemateriale i form av hår (med hårrot) i perioden frem til i august vil kunne øke den generelle suksessraten (se figur 8 i Kopatz et al. 2020).

Antall ulike individer av brunbjørn som påvises innenfor grensen til Norge i løpet av sesongen har variert i løpet av 14 år med landsdekkende DNA-basert overvåking (**Figur 5**). Det startet med i overkant av 160 ulike individer i 2009, hvoretter det gradvis gikk nedover til en bunn i 2016-2017 med bare 125 ulike påviste bjørner. De tre siste årene er man igjen opp på samme nivå som i starten, med hhv 160, 175 og 178 ulike individer påvist i Norge i løpet av året. Den store forskjellen mellom de første årene og de siste årene er å se i endringen av kjønnsfordelingen mellom påviste hann- og hunnbjørner. I starten var det en 70:30 fordeling, mens man de seneste årene har en jevnere kjønnsstruktur med et forhold på rundt 55:45 mellom hanner og hunner. Det er spesielt i den felles Skandinaviske delen av den norske bestanden av brunbjørn, som vi deler med Sverige, at denne utviklingen har skjedd. Bestanden av bjørn i Finnmark, som utgjør deler av en felles bestand i nordlige deler av Finland og tilgrensende områder i Russland, har gjennom hele denne perioden hatt en fordeling nærmere 50:50 mellom hann- og hunnbjørner (**Figur 9**). Flere forhold kan forklare denne utviklingen i kjønnsratio blant bjørneindivider påvist i Norge i løpet av perioden. En av de viktigste faktorene er utviklingen av brunbjørnbestanden i Sverige, som vi deler «våre» bjørner med i stor grad. Unge hannbjørner har et stort spredningspotensiale, sammenlignet med unge hunnbjørner (Støen et al. 2006). På slutten av 2000-tallet økte den svenske bestanden av brunbjørn raskt og var på rundt 3000 bjørner (Swenson et al. 2017), med opptil 10,2 % årlig vekst i enkelte svenske län (Kindberg et al. 2011). Dette skapte trolig et «overskudd» av unge hannbjørner som vandret ut fra sine fødeområder i Sverige og helt eller delvis over til Norge. I de senere årene har det vært en hardere avskyting i den svenske bestanden av brunbjørn. Et stort antall skadefellinger på våren fra helikopter og snøskuter, samt rekordhøye jaktkvoter og uttak på høsten ([rovbase.no](http://rovbase.no)), har bidratt til at innvandringen av bjørner fra Sverige til Norge har blitt vesentlig redusert de siste årene.

En stor del av brunbjørnindividene man har på norsk side av grensen i løpet av sesongen forvaltes av to ulike land, noe som kan skape utfordringer (Bischof et al. 2016). Forvaltningen må vurdere antall ulike individer som påvises gjennom den DNA-baserte overvåkingen av brunbjørn i Norge på flere ulike måter. For det første har man antallet individer som en eller annen gang i løpet av sesongen er innom grensen til Norge, alt fra at de tilbringer all sin tid i Norge til at de bare så vidt er innom og tilbringer resten av året i et av våre naboland. Fangst-gjenfangst studier indikerer at antall bjørner som er innom Norge i løpet av en sesong ligger i størrelsesorden 20-30 % høyere enn det antallet individer vi påviser gjennom den DNA-baserte prøveinnsamlingen (Bischof et al. 2016). På den annen side har vi romlige fangst-gjenfangst beregninger som teller opp hvor mange bjørner som har midtpunktet (tyngdepunktet) av sitt leveområde på den norske siden av grensen (Bischof et al. 2020, Bischof et al. 2019). Bare individer som har mer enn 50 % av sitt leveområde i Norge blir regnet som norske bjørner. Foreløpige beregninger tyder på at dette tallet på landsbasis kan ligge 18-34 % lavere enn det totale antallet individer som den DNA-baserte overvåkingen påviser i Norge i løpet av en sesong (Dupont et al. 2023).

Det nasjonale bestandsmålet for antall ynglinger av brunbjørn er på 13 årlige bjørnekull i Norge. Antall ulike hunnbjørner og beregningen av antall årlige ynglinger (bjørnekull født) i løpet av perioden på 14 år med landsdekkende DNA-basert overvåking viser en jevn, men langsom økning gjennom perioden (**Figur 6** og **Figur 10**). Da den landsdekkende overvåkingen startet var det beregnet bare 5,7 ynglinger i Norge, noe som siden har økt med nesten fire årlige ynglinger til 9,6 kull i Norge i 2023. Unge hunnbjørner etablerer seg som regel like ved sin mor, ofte med delvis overlappende leveområder (Støen et al. 2005, Støen et al. 2006). Dette medfører at en eventuell økning i bestandsutbredelsen av hunnbjørner gjennom produksjon av hunnlig avkom kan forventes å skje ganske langsomt. Noe man tydelig ser i endringene av utbredelsen av hunnbjørner i løpet av tidsperioden med landsdekkende DNA-basert overvåking av bjørn i Norge.

Utviklingen i bestanden av brunbjørn i Norge er avhengig av antall hunnbjørner og hvor disse er etablert. Hunnbjørner som er etablert et godt stykke inn i landet og dermed forventes å tilbringe hele året i Norge, betyr mye mer enn en hunnbjørn påvist bare like innenfor landegrensen når det gjelder beregningen av antall årlige ynglinger (Bischof & Swenson 2010, Bischof & Swenson 2012). Det er trolig dette man begynner å se en effekt av i rovviltregion 5 (Hedmark) som nå ligger stabilt over den regionale bestandsmålsettingen (**Figur 11**). I denne rovviltregionen er det nå etablert en del hunnbjørner et godt stykke inn fra grensen mot Sverige. Disse bidrar mer til det estimerte antallet årlige ynglinger enn de som bare holder til tett ved grensen, og trolig tilbringer mye av tiden på den svenske siden.

En god del brunbjørner i Skandinavia blir 20-30 år gamle ute i det fri (Schwartz et al. 2003, Zedrosser et al. 2007). Arten har en «treg» livshistoriestrategi hvor endringer i årlig voksenoverlevelse kan ha større innvirkning på bestandsutviklingen enn produksjonen av avkom (Stearns 1992, Van de Walle et al. 2018). Det er viktig at man tar hensyn til dette i forvaltningen av brunbjørn, og er klar over de endringene i bestanden som menneskeskapt dødelighet skaper (Bischof et al. 2018, Gosselin et al. 2015). Dette er spesielt viktig hvis det er få individer i bestanden og man forvalter på «individnivå». Den menneskeskapte dødeligheten på 8 bjørner som er registrert i 2023 utgjør 5 % av alle individene som er påvist innenfor landegrensen i løpet av sesongen. Det er vanskelig å vurdere bestandseffekten av denne dødeligheten opp mot det som skjer i en stor og sammenhengende bestand, hvor beregninger har vist at jaktdødeligheten ligger på 12-15 % hos hanner og 6-9 % hos hunnbjørner (Bischof et al. 2020). Men i en fåtallig bestand vil enhver menneskeskapt avgang av hunnbjørner bidra til å redusere bestandsveksten.



## 5 Referanser

- Bellemain, E., Swenson, J.E., Tallmon, O., Brunberg, S. & Taberlet, P. 2005. Estimating population size of elusive animals with DNA from hunter-collected feces: Four methods for brown bears. *Conservation Biology* 19(1): 150-161. doi:<https://doi.org/10.1111/j.1523-1739.2005.00549.x>
- Bidon, T., Frosch, C., Eiken, H.G., Kutschera, V.E., Hagen, S.B., Aarnes, S.G., Fain, S.R., Janke, A. & Hailer, F. 2013. A sensitive and specific multiplex PCR approach for sex identification of ursine and tremarctine bears suitable for non-invasive samples. *Molecular Ecology Resources* 13(3): 362-368. doi:<https://doi.org/10.1111/1755-0998.12072>
- Bischof, R. & Swenson, J.E. 2010. Estimating the number of annual reproductions based on the number of female brown bears documented in Norway in 2008 and 2009. Report 2010-1. Scandinavian Brown Bear Research Project
- Bischof, R. & Swenson, J.E. 2012. Linking noninvasive genetic sampling and traditional monitoring to aid management of a trans-border carnivore population. *Ecological Applications* 22(1): 361-373. doi:<https://doi.org/10.2307/41416765>
- Bischof, R., Brøseth, H. & Gimenez, O. 2016. Wildlife in a Politically Divided World: Insularism Inflates Estimates of Brown Bear Abundance. *Conservation Letters* 9(2): 122-130. doi:<https://doi.org/10.1111/conl.12183>
- Bischof, R., Bonenfant, C., Rivrud, I.M., Zedrosser, A., Friebe, A., Coulson, T., Mysterud, A. & Swenson, J.E. 2018. Regulated hunting re-shapes the life history of brown bears. *Nature Ecology & Evolution* 2(1): 116-123. doi:<https://doi.org/10.1038/s41559-017-0400-7>
- Bischof, R., Milleret, C., Dupont, P., Chipperfield, J.D., Brøseth, H. & Kindberg, J. 2019. RovQuant: Estimating density, abundance and population dynamics of bears, wolverines and wolves in Scandinavia. MINA Fagrapport 63. Norwegian University of Life Sciences (NMBU). <https://hdl.handle.net/11250/2649424>
- Bischof, R., Milleret, C., Dupont, P., Chipperfield, J., Tourani, M., Ordiz, A., de Valpine, P., Turek, D., Royle, J.A., Gimenez, O., Flagstad, Ø., Åkesson, M., Svensson, L., Brøseth, H. & Kindberg, J. 2020. Estimating and forecasting spatial population dynamics of apex predators using transnational genetic monitoring. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 117(48): 30531-30538. doi: <https://doi.org/10.1073/pnas.2011383117>
- Brøseth, H., Kopatz, A. & Kleven, O. 2023. DNA-basert overvåking av brunbjørn i Norge i 2022. NINA Rapport 2267. Norsk institutt for naturforskning (NINA). <https://hdl.handle.net/11250/3058118>
- Chapron, G., Kaczensky, P., Linnell, J.D.C., von Arx, M., Huber, D., Andrén, H., López-Bao, J.V., Adamec, M., Álvares, F., Anders, O., Balčiauskas, L., Balys, V., Bedő, P., Bego, F., Blanco, J.C., Breitenmoser, U., Brøseth, H., Bufka, L., Bunikyte, R., Ciucci, P., Dutsov, A., Engleder, T., Fuxjäger, C., Groff, C., Holmala, K., Hoxha, B., Iliopoulos, Y., Ionescu, O., Jeremić, J., Jerina, K., Kluth, G., Knauer, F., Kojola, I., Kos, I., Krofel, M., Kubala, J., Kunovac, S., Kusak, J., Kutal, M., Liberg, O., Majić, A., Männil, P., Manz, R., Marboutin, E., Marucco, F., Melovski, D., Mersini, K., Mertzanis, Y., Mysłajek, R.W., Nowak, S., Odden, J., Ozolins, J., Palomero, G., Paunović, M., Persson, J., Potočnik, H., Quenette, P.-Y., Rauer, G., Reinhardt, I., Rigg, R., Ryser, A., Salvatori,

- V., Skrbinšek, T., Stojanov, A., Swenson, J.E., Szemethy, L., Trajçe, A., Tsingarska-Sedefcheva, E., Váňa, M., Veeroja, R., Wabakken, P., Wöfl, M., Wöfl, S., Zimmermann, F., Zlatanova, D. & Boitani, L. 2014. Recovery of large carnivores in Europe's modern human-dominated landscapes. *Science* 346(6216): 1517-1519. doi:<https://doi.org/10.1126/science.1257553>
- Dupont, P., Milleret, C.P., Brøseth, H., Kindberg, J. & Bischof, R. 2023. Estimates of brown bear density, abundance, and population dynamics in Norway 2012 - 2022. MINA fagrappport 86. NMBU
- Eckert, J., Gemmell, M.A., Meslin, F.-X. & Pawlowski, Z.S. 2001. WHO/OIE manual on echinococcosis in humans and animals : a public health problem of global concern. World Organisation for Animal Health and the World Health Organization, Paris.
- Eiken, H.G., Wikan, S., Smith, M.E., Jensen, L., Brøseth, H., Knappskog, P.M., Bjørn, T.A., Ollila, L. & Aspholm, P.E. 2006. Populasjonsovervåking av brunbjørn 2005-2008: Rapport for Sør-Varanger, Finnmark i 2004 og 2005. Bioforsk Rapport. Bioforsk Jord og miljø
- Elgmork, K. 1996. The brown bear *Ursus arctos* L. in Norway: Assessment of status around 1990. *Biological Conservation* 78(3): 233-237. doi:[https://doi.org/10.1016/0006-3207\(95\)00101-8](https://doi.org/10.1016/0006-3207(95)00101-8)
- Fløystad, I., Brøseth, H., Bakke, B.B., Eiken, H.G. & Hagen, S. 2018. Populasjonsovervåking av brunbjørn. DNA-analyse av prøver innsamlet i Norge i 2017. NINA Rapport 1494. Norsk institutt for naturforskning (NINA). <http://hdl.handle.net/11250/2492860>
- Fløystad, I., Brøseth, H., Bakke, B.B., Eiken, H.G. & Hagen, S. 2019. Populasjonsovervåking av brunbjørn. DNA-analyse av prøver innsamlet i Norge i 2018. NINA Rapport 1658. Norsk institutt for naturforskning (NINA). <http://hdl.handle.net/11250/2593196>
- Fløystad, I., Brøseth, H., Bakke, B.B., Eiken, H.G. & Hagen, S. 2020. Populasjonsovervåking av brunbjørn. DNA-analyse av prøver innsamlet i Norge i 2019. NINA Rapport 1808. Norsk institutt for naturforskning (NINA). <https://hdl.handle.net/11250/2650079>
- Fløystad, I., Brøseth, H., Hansen, A.-S., Søvik, I.H., Eiken, H.G. & Hagen, S. 2021. Populasjonsovervåking av brunbjørn. DNA-analyse av prøver innsamlet i Norge i 2020. NINA Rapport 1986. Norsk institutt for naturforskning (NINA). <https://hdl.handle.net/11250/2736609>
- Fløystad, I., Aspholm, P.E., Anti, P.J.A., Olsen, J.H., Gaup, M.A.U., Eira, A.O., Eira, N.M., Lillevoll, I.M., Søvik, I.H., Hansen, A.-S.B., Rustad, O., Haugen, F.-A., Hagen, S.B. & Eiken, H.G. 2022a. DNA-overvåking av brunbjørn i Karasjok 2022 ved bruk av hårfeller. NIBIO Rapport 8 (164). Norsk Institutt for Bioøkonomi. <https://hdl.handle.net/11250/3039299>
- Fløystad, I., Brøseth, H., Hansen, A.-S., Søvik, I.H., Eiken, H.G. & Hagen, S. 2022b. Populasjonsovervåking av brunbjørn. DNA-analyse av prøver innsamlet i Norge i 2021. NINA Rapport 2125. Norsk institutt for naturforskning (NINA). <https://hdl.handle.net/11250/2988291>
- Galpern, P., Manseau, M., Hettinga, P., Smith, K. & Wilson, P. 2012. Allelematch: an R package for identifying unique multilocus genotypes where genotyping error and missing data may be present. *Molecular Ecology Resources* 12(4): 771-778. doi:<https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2012.03137.x>

- Gosselin, J., Zedrosser, A., Swenson, J.E. & Pelletier, F. 2015. The relative importance of direct and indirect effects of hunting mortality on the population dynamics of brown bears. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 282(1798): 20141840. doi:<https://doi.org/10.1098/rspb.2014.1840>
- Kindberg, J., Swenson, J.E., Ericsson, G., Bellemain, E., Miquel, C. & Taberlet, P. 2011. Estimating population size and trends of the Swedish brown bear *Ursus arctos* population. *Wildlife Biology* 17(2): 114-123. doi:<https://doi.org/10.2981/10-100>
- Kojola, I. & Laitala, H.-M. 2000. Changes in the structure of an increasing brown bear population with distance from core areas: another example of presaturation female dispersal? *Annales Zoologici Fennici* 37(1): 59-64. doi:<http://www.sekj.org/PDF/anzf37/anzf37-059p.pdf>
- Kolstad, M., Mysterud, I., Kvam, T., Sørensen, O.J. & Wikan, S. 1986. Status of the brown bear in Norway: Distribution and population 1978–1982. *Biological Conservation* 38(1): 79-99. doi:[https://doi.org/10.1016/0006-3207\(86\)90021-2](https://doi.org/10.1016/0006-3207(86)90021-2)
- Kopatz, A., Eiken, H.G., Aspi, J., Kojola, I., Tobiassen, C., Tirronen, K.F., Danilov, P.I. & Hagen, S.B. 2014. Admixture and gene flow from Russia in the recovering Northern European brown bear (*Ursus arctos*). *Plos One* 9(5): e97558-e97558. doi:<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0097558>
- Kopatz, A., Kleven, O., Kindberg, J., Kojola, I., Aspi, J., Spong, G., Gyllenstrand, N., Dalén, L., Fløystad, I., Hagen, S.B. & Flagstad, Ø. 2019. Estimation of gene flow into the Scandinavian brown bear population. NINA Rapport 1618. Norsk Institutt for Naturforskning (NINA). <http://hdl.handle.net/11250/2592438>
- Kopatz, A., Kleven, O. & Flagstad, Ø. 2020. Seasonal variation of success in DNA-extraction from brown bear fecal samples. NINA Rapport 1775. Norsk institutt for naturforskning (NINA). <http://hdl.handle.net/11250/2640529>
- Kopatz, A., Kleven, O., Friebe, A., Ahlqvist, D., Kindberg, J. & Flagstad, Ø. 2021a. Effects of sampling location within feces on genotyping success in brown bears. NINA Rapport 2022. Norsk institutt for naturforskning (NINA). <https://hdl.handle.net/11250/2764330>
- Kopatz, A., Kleven, O., Kojola, I., Aspi, J., Norman, A.J., Spong, G., Gyllenstrand, N., Dalén, L., Fløystad, I., Hagen, S.B., Kindberg, J. & Flagstad, Ø. 2021b. Restoration of transborder connectivity for Fennoscandian brown bears (*Ursus arctos*). *Biological Conservation* 253: 108936. doi:<https://doi.org/10.1016/j.biocon.2020.108936>
- Miljøverndepartementet. 2004. St.meld.nr.15 (2003-2004). Rovvilt i norsk natur. Miljøverndepartementet, Oslo, Norway. <https://www.regjeringen.no/no/dokumenter/stmeld-nr-15-2003-2004-/id403693/>
- Murphy, M.A., Waits, L.P. & Kendall, K.C. 2003. The influence of diet on faecal DNA amplification and sex identification in brown bears (*Ursus arctos*). *Molecular Ecology* 12(8): 2261-2265. doi:<https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2003.01863.x>

- Myrberget, S. 1969. Den norske bestand av bjørn, *Ursus arctos* (L.). Meddelelser fra Statens viltundersøkelser 2-29. Statens viltundersøkelser
- Norman, A.J., Street, N.R. & Spong, G. 2013. De novo SNP discovery in the Scandinavian brown bear (*Ursus arctos*). PLoS One 8(11): e81012. doi:10.1371/journal.pone.0081012
- Norman, A.J. & Spong, G. 2015. Single nucleotide polymorphism-based dispersal estimates using noninvasive sampling. Ecology and Evolution 5(15): 3056-3065. doi:<https://doi.org/10.1002/ece3.1588>
- Paetkau, D. & Strobeck, C. 1994. Microsatellite analysis of genetic variation in black bear populations. Molecular Ecology 3(5): 489-495. doi:<https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.1994.tb00127.x>
- Paetkau, D., Calvert, W., Stirling, I. & Strobeck, C. 1995. Microsatellite analysis of population structure in Canadian polar bears. Molecular Ecology 4(3): 347-354. doi:<https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.1995.tb00227.x>
- Panasci, M., Ballard, W.B., Breck, S., Rodriguez, D., Densmore III, L.D., Wester, D.B. & Baker, R.J. 2011. Evaluation of fecal DNA preservation techniques and effects of sample age and diet on genotyping success. The Journal of Wildlife Management 75(7): 1616-1624. doi:<https://doi.org/10.1002/jwmg.221>
- R Core Team. 2022. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria. <https://www.R-project.org/>
- Schregel, J., Kopatz, A., Hagen, S.B., Brøseth, H., Smith, M.E., Wikan, S., Warttinen, I., Aspholm, P.E., Aspi, J., Swenson, J.E., Makarova, O., Polikarpova, N., Schneider, M., Knappskog, P.M., Ruokonen, M., Kojola, I., Tirronen, K.F., Daniilov, P.I. & Eiken, H.G. 2012. Limited gene flow among brown bear populations in far Northern Europe? Genetic analysis of the east-west border population in the Pasvik Valley. Molecular Ecology 21(14): 3474-3488. doi:<https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2012.05631.x>
- Schwartz, C.C., Keating, K.A., Reynolds Iii, H.V., Barnes Jr, V.G., Sellers, R.A., Swenson, J.E., Miller, S.D., McLellan, B.N., Keay, J.A., McCann, R., Gibeau, M., Wakkinen, W.F., Mace, R.D., Kasworm, W., Smith, R. & Herrero, S. 2003. Reproductive maturation and senescence in the female brown bear. *Ursus*. <https://www.bearbiology.org/publications/ursus-archive/reproductive-maturation-and-senescence-in-the-female-brown-bear/>
- Stearns, S.C. 1992. The evolution of life histories. Oxford University Press, Oxford.
- Stortinget. 2011. Representantforslag om endringer i forvaltningen av rovvilt. Dokument 8:163 S (2010-2011). <https://www.stortinget.no/no/Saker-og-publikasjoner/Saker/Sak/?p=50863>
- Støen, O.-G., Bellemain, E., Sæbø, S. & Swenson, J.E. 2005. Kin-related spatial structure in brown bears *Ursus arctos*. Behavioral Ecology and Sociobiology 59(2): 191-197. doi:<https://doi.org/10.1007/s00265-005-0024-9>

- Støen, O.G., Zedrosser, A., Sæbø, S. & Swenson, J.E. 2006. Inversely density-dependent natal dispersal in brown bears *Ursus arctos*. *Oecologia* 148(2): 356-364. doi:<https://doi.org/10.1007/s00442-006-0384-5>
- Swenson, J.E., Wabakken, P., Sandegren, F., Bjärvall, A., Franzén, R. & Söderberg, A. 1995. The near extinction and recovery of brown bears in Scandinavia in relation to the bear management policies of Norway and Sweden. *Wildlife Biology* 1(1): 11-25. doi:<https://doi.org/10.2981/wlb.1995.005>
- Swenson, J.E. & Wikan, S. 1996. A brown bear population estimate for Finnmark County, North Norway. *Fauna Norvegica, Series A* 17(1): 11-15. doi:<http://bearproject.info/wp-content/uploads/2014/07/A-09-A-brown-bear-population-estimate-for-Finnmark-....pdf>
- Swenson, J.E., Sandegren, F. & Söderberg, A. 1998. Geographic expansion of an increasing brown bear population: evidence for presaturation dispersal. *Journal of Animal Ecology* 67(5): 819-826. doi: <https://doi.org/10.1046/j.1365-2656.1998.00248.x>
- Swenson, J.E., Dahle, B., Arnemo, J.M., Brunberg, S., Hustad, H., Nerheim, E., Sandegren, F., Solberg, K.H. & Söderberg, A. 2003. Utredninger i forbindelse med ny rovviltmelding. Status og forvaltning av brunbjørnen i Norge. NINA Fagrapport 60. Norsk institutt for naturforskning (NINA). <http://www.nina.no/archive/nina/PppBasePdf/fagrapport/060.pdf>
- Swenson, J.E., Schneider, M., Zedrosser, A., Söderberg, A., Franzén, R. & Kindberg, J. 2017. Challenges of managing a European brown bear population; lessons from Sweden, 1943–2013. *Wildlife Biology* 2017(1): wlb.00251. doi:<https://doi.org/10.2981/wlb.00251>
- Taberlet, P., Camarra, J.J., Griffin, S., Uhres, E., Hanotte, O., Waits, L.P., DuboisPaganon, C., Burke, T. & Bouvet, J. 1997. Noninvasive genetic tracking of the endangered Pyrenean brown bear population. *Molecular Ecology* 6(9): 869-876. doi:<https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.1997.tb00141.x>
- Taberlet, P. & Luikart, G. 1999. Non-invasive genetic sampling and individual identification. *Biological Journal of the Linnean Society* 68(1-2): 41-55.
- Tobiassen, C., Brøseth, H., Bergsvåg, M., Aarnes, S.G., Bakke, B.B., Hagen, S. & Eiken, H.G. 2011. Populasjonsovervåkning av brunbjørn 2009-2012: DNA analyse av prøver samlet i Norge i 2010. Bioforsk Rapport 49. Bioforsk Jord og miljø
- Tobiassen, C., Brøseth, H., Bakke, B.B., Aarnes, S.G., Hagen, S.B. & Eiken, H.G. 2012. Populasjonsovervåkning av brunbjørn 2009-2012: DNA analyse av prøver samlet i Norge i 2011. Bioforsk Rapport 57. Bioforsk Jord og miljø
- Van de Walle, J., Pigeon, G., Zedrosser, A., Swenson, J.E. & Pelletier, F. 2018. Hunting regulation favors slow life histories in a large carnivore. *Nature Communications* 9(1): 1100. doi:<https://doi.org/10.1038/s41467-018-03506-3>

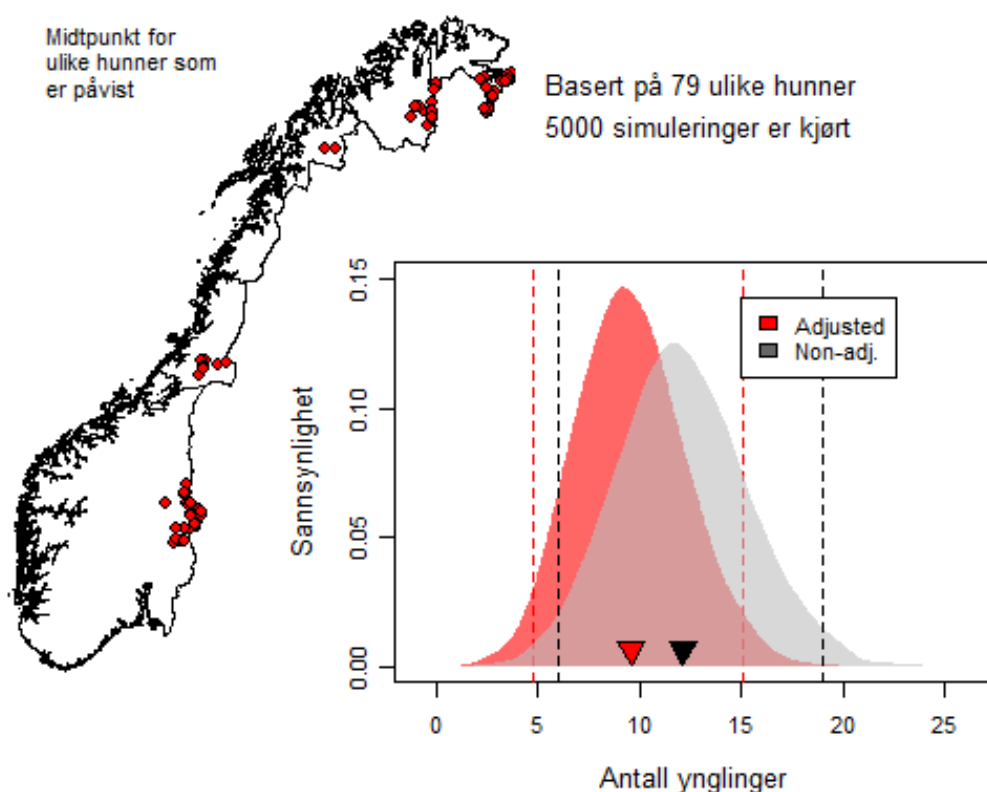
- Wartiainen, I., Tobiassen, C., Brøseth, H., Bergsvåg, M., Aarnes, S.G. & Eiken, H.G. 2010. Populasjonsovervåking av brunbjørn 2009-2012: DNA analyse av prøver samlet i Norge i 2009. Bioforsk Rapport 72. Bioforsk Jord og miljø
- Zedrosser, A., Bellemain, E., Taberlet, P. & Swenson, J.E. 2007. Genetic estimates of annual reproductive success in male brown bears: the effects of body size, age, internal relatedness and population density. *Journal of Animal Ecology* 76(2): 368-375. doi:<https://doi.org/10.1111/j.1365-2656.2006.01203.x>
- Aarnes, S.G., Tobiassen, C., Brøseth, H., Spachmo, B., Bakke, B.B., Hagen, S.B. & Eiken, H.G. 2013. Populasjonsovervåking av brunbjørn 2009-2012: DNA analyse av prøver samlet i Norge i 2012. Bioforsk Rapport 47. Bioforsk Jord og miljø
- Aarnes, S.G., Tobiassen, C., Brøseth, H., Bakke, B.B., Hansen, B.K., Spachmo, B., Hagen, S.B. & Eiken, H.G. 2014. Populasjonsovervåking av brunbjørn: DNA analyse av prøver samlet i Norge i 2013. Bioforsk Rapport 48. Bioforsk Jord og miljø
- Aarnes, S.G., Fløystad, I., Brøseth, H., Tobiassen, C., Eiken, H.G. & Hagen, S.B. 2015. Populasjonsovervåking av brunbjørn: DNA-analyse av prøver innsamlet i Norge i 2014. Bioforsk Rapport 10 (46)
- Aarnes, S.G., Tobiassen, C., Brøseth, H., Bakke, B.B., Eiken, H.G. & Hagen, S. 2016. Populasjonsovervåking av brunbjørn. DNA-analyse av prøver innsamlet i Norge i 2015. NIBIO Rapport 2 (56). NIBIO. <http://hdl.handle.net/11250/2461360>
- Aarnes, S.G., Brøseth, H., Bakke, B.B., Fløystad, I., Eiken, H.G. & Hagen, S. 2017. Populasjonsovervåking av brunbjørn. DNA-analyse av prøver innsamlet i Norge i 2016. NINA Rapport 1340. Norsk Institutt for Naturforskning. <http://hdl.handle.net/11250/2436740>



## Vedlegg 2

Beregnet antall kull av brunbjørn født i Norge i 2023 basert på modellering av 443 DNA-prøver fra 79 ulike hunner (Bischof & Swenson 2010, Bischof & Swenson 2012). Figuren viser både justert (rød; leveområdene til hunnbjørnene klippes mot landegrensene i modellen) og ikke-justert estimat (grå; leveområdene klippes ikke), samt beregninger for de åtte rovviltregionene.

### Estimert antall ynglinger av bjørn i 2023



#### Antall ynglinger i Norge

Adjusted estimat:  
snitt= 9.6; 95% CI= 4.7 til 15.1

Non-adjusted estimat:  
snitt= 12.1; 95% CI= 6 til 19

#### Rowviltregioner

Region 1: snitt= 0; 95% CI = 0 til 0  
 Region 2: snitt= 0; 95% CI = 0 til 0  
 Region 3: snitt= 0; 95% CI = 0 til 0  
 Region 4: snitt= 0; 95% CI = 0 til 0  
 Region 5: snitt= 5; 95% CI = 1.6 til 9  
 Region 6: snitt= 1.5; 95% CI = 0 til 4  
 Region 7: snitt= 0; 95% CI = 0 til 0  
 Region 8: snitt= 3.1; 95% CI = 0.6 til 6.3

DNBearRepro version 1.0  
 Datafil: DNA\_data\_bjørn\_2023.txt  
 Simuleringsdato: 2024-03-19





*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: 978-82-426-5263-8

Omslagsfoto: Lars Krempig, John Limmell, 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

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

Organisasjonsnummer 9500 37 687

<http://www.nina.no>



Samarbeid og kunnskap for framtidens miljøløsninger