

## DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2016 og 2017

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

## **NINAs publikasjoner**

### **NINA Rapport**

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

### **NINA Temahefte**

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

### **NINA Fakta**

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

### **Annen publisering**

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

# DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2016 og 2017

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

Flagstad, Ø., Kleven, O., Spets, M. H., Eriksen, L. B., Halvorsen, B. U., Andersskog, I. P. Ø., Hemphill, E. K., Johansson, M., Ekblom, R., Ellegren, H. & Brøseth H. 2018. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2016 og 2017. NINA Rapport 1483. Norsk institutt for naturforskning.

Trondheim, mars 2018

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-3214-2

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

KVALITETSSIKRET AV

Morten Kjørstad

ANSVARLIG SIGNATUR

Jonas Kindberg

OPPDRAGSGIVER

Miljødirektoratet

OPPDRAGSGIVERS REFERANSE

M-994|2018

KONTAKTPERSON HOS OPPDRAGSGIVER

Susanne Hanssen

NØKKEWORD

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

KEY WORDS

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

KONTAKTOPPLYSNINGER

**NINA hovedkontor**

Postboks 5685 Torgarden  
7485 Trondheim  
Tlf: 73 80 14 00

**NINA Oslo**

Gaustadalléen 21  
0349 Oslo  
Tlf: 73 80 14 00

**NINA Tromsø**

Postboks 6606 Langnes  
9296 Tromsø  
Tlf: 77 75 04 00

**NINA Lillehammer**

Vormstuguvegen 40  
2624 Lillehammer  
Tlf: 73 80 14 00

**NINA Bergen**

Thormøhlensgate 55  
5006 Bergen  
Tlf: 73 80 14 00

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

## Sammendrag

Flagstad, Ø., Kleven, O., Spets, M. H., Eriksen, L. B., Halvorsen, B. U., Andersskog, I. P. Ø., Hemphill, E. K., Johansson, M., Ekblom, R., Ellegren, H. & Brøseth H. 2018. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2016 og 2017. NINA Rapport 1483. Norsk institutt for naturforskning.

Genetiske analyser er nå implementert som et viktig verktøy i rovviltovervåkingen i Skandinavia. I særlig grad har antallet DNA-analyser av ekskrementer økt betydelig. Det siste tiåret er det gjennomført rutinemessig innsamling og påfølgende DNA-analyser over store deler av jervens utbredelsesområde i Norge og Sverige. Individbestemmelse fra DNA-profilene til de innsamlede prøvene har gitt en bedre forståelse av bestandsstørrelse, populasjonsstruktur og utveksling mellom delbestander. I denne rapporten redegjør vi for antall individer identifisert fra DNA i Norge, Sverige og Finland de siste to vintrene; 2016 og 2017. Antall individer identifisert fra DNA er et minimumsestimert på bestandsstørrelse. Det er foreløpig ikke klart hvor stor andel av den faktiske bestandsstørrelsen disse minimumstallene utgjør. I Norge vurderes denne andelen å være høy, da det generelt er god dekningsgrad i innsamlingen, et stort antall analyserte prøver, og en høy andel tidligere kjente individer blant døde voksne jerver.

Fra DNA-analysene i 2016 og 2017 identifiserte vi henholdsvis 309 og 313 jerver som var representert med en eller flere prøver innenfor Norges grenser. Med drøyt 300 registrerte individer fire av de fem siste årene, kan det synes som om jervebestanden har holdt seg relativt stabil i perioden, mulig med unntak av 2017, der vi til tross for en betydelig økning i prøvevolumet fra de foregående årene, ikke registrerte flere jerver på DNA. Dette er i tråd med bestandsestimatene fra ynglehiregistreringene, som indikerer en stabil bestand på 340-350 jerver i perioden 2013-2016, fulgt av en nedgang til 324 individer i 2017. I 2017 var det første gang vi hadde heldekkende DNA-innsamling også på svensk side av grensen. Totalt 382 jerver ble identifisert, hvorav 34 også var påvist på norsk side av grensen. Totalt ble det altså påvist 657 jerver i Skandinavia, fordelt på 2292 fungerende prøver. Dette betyr at alle påviste individer i gjennomsnitt er representert med 3,5 prøver, som gir et godt utgangspunkt for etter hvert å kunne bruke data fra hele Skandinavia til å anslå bestandsstørrelse både på skandinavisk og nasjonalt nivå, samt regions- og länsnivå.

Vi har gjennom flere år jobbet med en realistisk modell for bestandsestimering fra DNA i en åpen bestand, det vil si der jerven beveger seg fritt over administrative grenser, det være seg mellom land eller regioner. Etter anbefaling fra fagrådet for det Nasjonale overvåkingsprogrammet, jobbes det nå med å kombinere romlige og tidsmessige aspekter i modellen. I en slik utvidet modell vil man kunne fokusere både på de ulike individenes områdebruk for å ta høyde for grenseproblematikken på en tilfredsstillende måte, samtidig som fangsthistorikken, dvs. hvilke år de ulike individene er påvist, kan bidra til å redusere modellens sårbarhet for mellomårsvariasjon i antall innsamlede og fungerende prøver. Dette arbeidet er formalisert i prosjektet Rovquant med målsetting om å levere presise bestandsdata i form av bestandsstørrelse, overlevelse og rekruttering for alle tre arter (jerv, ulv, bjørn) der DNA-innsamling utgjør en vesentlig del av overvåkingsmetodikken. Prosjektet forventes å levere kvalitetssikrede og godt uttestede modeller i løpet av 2019. Da vil vi ha tre år med heldekkende innsamling på jerv også i Sverige, som vil utgjøre et meget godt grunnlag for presise anslag på bestandsstørrelse i den skandinaviske jervebestanden.

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

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

## Abstract

Flagstad, Ø., Kleven, O., Spets, M. H., Eriksen, L. B., Halvorsen, B. U., Andersskog, I. P. Ø., Hemphill, E. K., Johansson, M., Ekblom, R., Ellegren, H. & Brøseth H. 2018. DNA-based monitoring of the Scandinavian wolverine population 2016 and 2017. NINA Report 1483. Norwegian Institute for Nature Research.

Genetic analysis is implemented as an important tool in the monitoring of large carnivores in Scandinavia. In particular, DNA analyses of carnivore scats are extensively used. Over the last decade, wolverine scats have been routinely collected and analysed over large parts of the distribution range in Norway and Sweden. Identification of individuals from DNA profiles of the collected samples has provided an increased understanding of population size, reproduction, population structure, and immigration. Here, we report on the number of individuals identified in Norway, Sweden and Finland during the last two winters; 2016 and 2017. The number of identified individuals represents a minimum estimate of the population size. It is not yet clear what proportion of the true population size these minimum numbers represent. However, the proportion must be quite high in Norway, given the good sampling coverage, a large number of analyzed samples, and a high proportion of known individuals among culled adult wolverines.

In 2016 and 2017, 309 and 313 wolverines, respectively were registered within the national borders of Norway. During four out of the five last monitoring seasons, slightly more than 300 individuals have been detected from DNA, suggesting a fairly stable wolverine population. The possible exception is 2017, when we despite a considerable larger sample size did not detect a larger number of individuals. These patterns are in accordance with the population size estimates from the number of active natal dens, that indicate a stable population of 340-350 wolverines during 2013-2016, followed by a slight reduction to 324 individuals in 2017. In 2017, we had full geographic coverage of DNA collection for the first time, also in Sweden. In total, 382 wolverines were identified, of which 34 were detected also on the Norwegian side of the national border. Altogether, we detected 657 wolverines in Scandinavia, distributed across 2292 samples of sufficient quality for individual detection. This means that all detected individuals on average were represented with 3.5 samples, providing a good basis to estimate population size at the Scandinavian and national levels, as well as regional levels within countries.

Over the last years, we have worked with a realistic model for population size estimation from DNA in an open population, i.e., where the wolverine moves freely across administrative borders, be it between countries or regions within countries. To achieve this goal, the academic council for the National monitoring programme has recommended true integration of spatial and temporal aspects in the model. In such a model, it will be possible to focus on individual home ranges to handle the challenges related to administrative borders and open populations, and at the same time use the sampling history for individuals to reduce the model's sensitivity to variation in sample size between years. This work has now been formalized in the project Rovquant, with the objective to deliver precise population data such as abundance, density, survival and recruitment for all large carnivores in Scandinavia where DNA collection is an essential part of the monitoring scheme. The project is expected to deliver thoroughly tested models in 2019. At that point, we will have three years with full geographic coverage of wolverine DNA collection also in Sweden, providing an excellent basis for precise population estimates.

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

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

# Innhold

<b>Sammendrag</b> .....	<b>3</b>
<b>Abstract</b> .....	<b>4</b>
<b>Innhold</b> .....	<b>5</b>
<b>Forord</b> .....	<b>6</b>
<b>1 Innledning</b> .....	<b>7</b>
<b>2 Materiale og metoder</b> .....	<b>7</b>
2.1 Innsamling av materiale og laboratoriearbeid .....	7
2.2 Bestandsestimering .....	8
<b>3 Resultater</b> .....	<b>9</b>
3.1 Analyserte prøver i Norge, Sverige og Finland .....	9
3.2 Antall identifiserte individer i Norge, Sverige og Finland.....	9
3.3 Fordeling av individer i regioner og l�n .....	14
3.4 Vevspr�ver av d�de jerver .....	14
<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>26</b>

## Forord

Denne rapporten oppsummerer den DNA-baserte overvåkingen av jerv i Skandinavia vintrene 2016 og 2017. Vi vil benytte anledningen til å takke alle som har bidratt i innsamlingen av ekskrement- urin-, og hårmateriale i Norge, Sverige og Finland. Et stort antall personer har vært engasjert i milevise sporinger av jerv for å skaffe til veie grunnlagsmaterialet for DNA-analysene. Uten deres iherdige innsats hadde ikke dette ambisiøse overvåkingsopplegget latt seg gjennomføre.

Trondheim, mars 2018

Øystein Flagstad



# 1 Innledning

Den skandinaviske jervebestanden er gjennom yngleregistreringer i 2015 - 2017 estimert til ca. 850 individer (Eklund et al. 2017). Omfattende overvåking av populasjonen er nødvendig for å kunne følge bestandsutviklingen. Jerven er en art med store arealkrav og i fjellet er det til tider svært ustabile værforhold. Dette fører til at en effektiv bestandsregistrering og -overvåking kan være utfordrende. Tradisjonelle tilnærminger som sporing og registrering av ynglehi har gitt verdifull kunnskap om reproduksjon og bestandsstørrelse. Etterhvert har også DNA-analyser blitt en viktig del av jerveovervåkingen (Hedmark et al. 2004; Flagstad et al. 2005). Individidentifisering basert på DNA-profiler fra ekskrementer og hår har gitt en alternativ metode for estimering av bestandsstørrelse (Flagstad et al. 2004, 2008). DNA-analysene gir også kunnskap om enkeltindivider og deres rolle i bestanden, hvorvidt de er etablerte, reproduserende individer eller om de er ungjerver på vandring. Videre har DNA-analysene vist at den skandinaviske jervepopulasjonen består av tre delbestander: (1) En sørvestlig delbestand av sørnorsk jerv vest for Østerdalen. (2) En stor østlig bestand av jerv øst og nord for Østerdalen. Jerv fra Nordland, Nord-Trøndelag og nesten all svensk jerv tilhører også denne gruppen. (3) Jerv i Troms, Finnmark, Nord-Finland og den aller nordligste delen av Sverige (nord for Torneträsk) (Flagstad et al. 2012).

Utviklingen av en DNA-basert overvåkingsmetodikk for den skandinaviske jervebestanden ble initiert i år 2000. Det første året ble det samlet inn materiale hovedsakelig i Lesja kommune, mens det fra våren 2001 ble iverksatt rutinemessig innsamling over hele jervens utbredelsesområde i Sør-Norge (til fylkesgrensen mellom Sør- og Nord-Trøndelag, unntatt Fosen). I 2002 ble innsamlingsområdet utvidet til også å innbefatte Nord-Trøndelag, Jämtland og Dalarna. Også i Västerbotten og Norrbotten har det vært samlet inn jervekskrementer siden 2002, først og fremst på ynglelokaliteter som et ledd i kartlegging av antall ynglinger. Fra 2007 er det samlet inn materiale også fra våre tre nordligste fylker (Flagstad et al. 2008).

I denne rapporten oppsummerer vi resultatene av DNA-analysene knyttet til overvåkingen av den skandinaviske jervebestanden i 2016 og 2017. Vi rapporterer antall identifiserte individer i Norge, Sverige og Finland, både på landsbasis og i de ulike forvaltningsregionene for rovvilt, og peker på hovedmønstre i bestandsutviklingen.

## 2 Materiale og metoder

### 2.1 Innsamling av materiale og laboratoriearbeid

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

Vintrene 2016 og 2017 ble det samlet inn totalt 5375 DNA-prøver av jervekskrementer, urinprøver og hår i Norge, Sverige og Finland som er registrert i Rovbase 3.0. I alt 42 av disse ble ikke analysert fordi de ikke ble mottatt ved analyselaboratoriene. Seks av de mottatte prøvene ble ikke analysert da de var samlet inn på kjente hilokaliteter etter at valpene vanligvis er kommet ut av hiet. Slike DNA-prøver av mulige valper inngår ikke som en del av den DNA-baserte overvåkingen av bestandsstørrelsen. Ytterligere fem prøver ble ikke analysert, fordi de med høy grad av sikkerhet representert samme individ som andre fungerende prøver.

I Norge ble DNA isolert med en manuell metode som opprinnelig ble utviklet for å isolere DNA fra jordprøver (PowerMax® Soil DNA Isolation Kit, MO BIO Laboratories, Carlsbad, California, USA). I tilfeller av vellykket ekstraksjon av jervespesifikt kjerne-DNA, genererte vi DNA-profiler fra 11 genetiske markører, såkalte mikrosatelitter: Gg7 (Davis & Strobeck 1998), Gg14, Gg42,

Gg443, Gg452, Gg454, Gg465 (Walker et al. 2001), Gg216, Gg234 (Duffy et al. 1998), Mvis072, Mvis075 (Fleming et al. 1999) og to kjønnsmarkører (DBY3Ggu, DBY7Ggu; Hedmark et al. 2004). Prøver med identiske DNA-profiler ble klassifisert som samme individ. I tillegg til de 11 markørene nevnt ovenfor, ble samtlige individer (én prøve per individ) analysert for ytterligere 8 markører: Tt4 (Davis & Strobeck 1998), Ggu10, Ggu25, Gg470, Gg471 (Walker et al. 2001), Gg101B (Duffy et al. 1998), Mvis057 (O'Connell et al. 1996) og Lut604 (Dallas & Piertney 1998). Genotyping på tvers av 19 markører sikrer høy presisjon i slektskapsanalyser og analyser av populasjonsstruktur.

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

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

## 2.2 Bestandsestimering

Det å samle inn ekskrementer i felt kan i prinsippet sees på som en form for fangst/gjenfangst. Det er to mulige utfall for hver gang man samler inn en ny ekskrementprøve. Den nye prøven kan representere et individ som allerede er funnet tidligere eller den kan representere et nytt individ. Når man legger til flere og flere prøver, vil sannsynligheten for å støte på et nytt individ minske, for til slutt å ende opp på null. I det sannsynligheten er null, har man identifisert hele bestanden. All fangst/gjenfangst-metodikk er basert på dette prinsippet, men de rent matematiske detaljene varierer mellom ulike modeller. Tidligere har vi brukt metodene til Eggert et al. (2003) og Miller et al. (2005) for å estimere bestandsstørrelsen. Begge disse metodene gir svært forsiktige eller konservative bestandsanslag, som har ligget svært nær det totale antallet jerv som er identifisert per innsamlingssesong. Vi har derfor valgt å evaluere denne metodikken på nytt, og har involvert internasjonal ekspertise på bestandsestimering fra fangst/gjenfangst-metodikk i dette arbeidet. Dette arbeidet er godt i gang, men det gjenstår fortsatt en del arbeid før modellen og metoden som sådan kan brukes til bestandsestimering i den skandinaviske jervebestanden. Fokus i denne rapporten er derfor først og fremst antall ulike individer identifisert fra DNA i de ulike områdene i Norge, Sverige og Finland.

### 3 Resultater

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

Totalt 5322 prøver som var samlet inn i 2016 og 2017 i Norge, Sverige og Finland, ble analysert ved DNA-laboratoriene på NINA og ved Uppsala Universitet (**Figur 1 og 2**). Disse er fordelt på år og land som angitt i **Tabell 1**. Totalt 3997 prøver var av god nok kvalitet til å kunne individbestemmes, som gir en meget høy gjennomsnittlig suksessrate på 76 %. Det er gledelig å konstatere at suksessraten i Finland har økt til samme høye nivå som i resten av Skandinavia. Også i Sverige er suksessraten til dels betydelig høyere enn tidligere etter overgangen fra mikrosatelitter til SNP-genotyping. Testing har vist at både mikrosatelitter og SNP-genotyping fungerer utmerket for ekskrement-, urin- og hårprøver av god kvalitet, mens SNP framstår som en mer robust metodikk for prøver av litt dårligere kvalitet.

**Tabell 1** Oversikt over prøvematerialet vinteren 2016 og 2017. Antall fungerende og ikke-fungerende prøver, dvs. prøver med og uten vellykket individbestemmelse, blant verifiserte jervekskrementer, -urin og -hår, samlet inn i Norge, Sverige og Finland.

	Norge 2016	Sverige 2016	Finland 2016	Norge 2017	Sverige 2017	Finland 2017	Totalt
<b>Fungerende</b>	1042	598	11	1274	1018	54	3997
<b>Ikke-fungerende</b>	378	202	8	477	240	20	1325
<b>Sum*</b>	1420	800	19	1751	1258	74	5322
<b>Suksessrate</b>	73 %	75 %	58 %	73 %	81 %	73 %	76 %

\*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

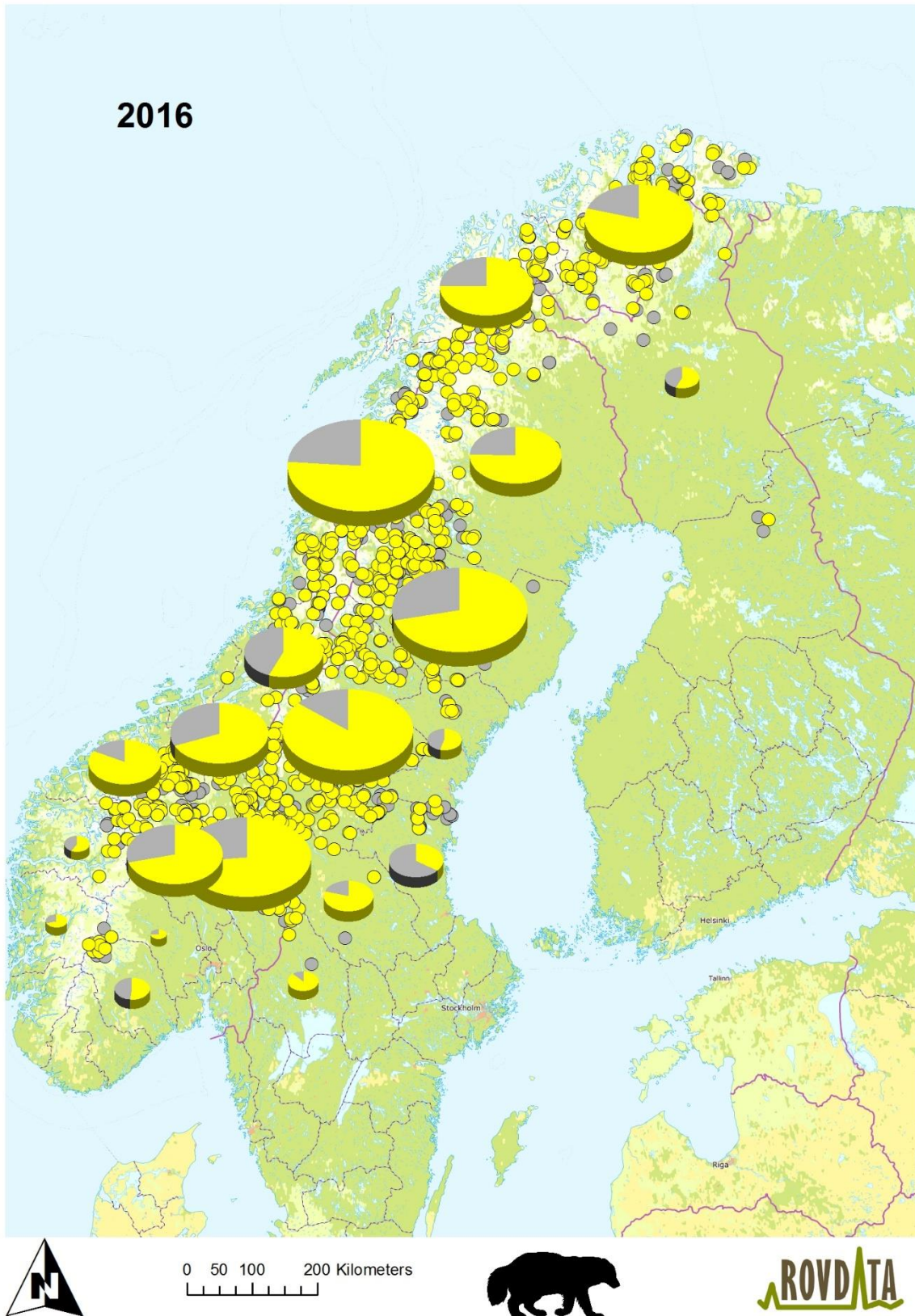
**Tabell 2** viser antall individer påvist fra DNA i Norge, Sverige og Finland vintrene 2016 og 2017, og deres geografiske fordeling er vist i **Figur 3** og **Figur 4**. Totalt i Fennoskandia ble det påvist 569 individer i 2016, hvorav 16 var delt mellom Norge og Sverige og ett individ var delt mellom alle tre land. Tilsvarende tall for 2017 var 686 påviste individer, hvorav 34 var delt mellom Norge og Sverige og 5 var delt mellom Norge og Finland. Antall individer påvist i Norge ligger på drøyt 300 individer begge år, mens det på grunn av en betydelig økning i prøvevolum ble påvist langt flere individer i 2017 sammenlignet med 2016 både i Sverige (382 vs 270) og Finland (30 vs 8).

**Tabell 2** Antall individer identifisert fra DNA i Norge, Sverige og Finland i 2016 og 2017, angitt både i form av antall individer som har sitt geografiske midtpunkt i hvert av de tre landene og hvor mange av dem som kun er registrert i ett land eller delt mellom flere land. N = antall fungerende prøver som lot seg individbestemme.

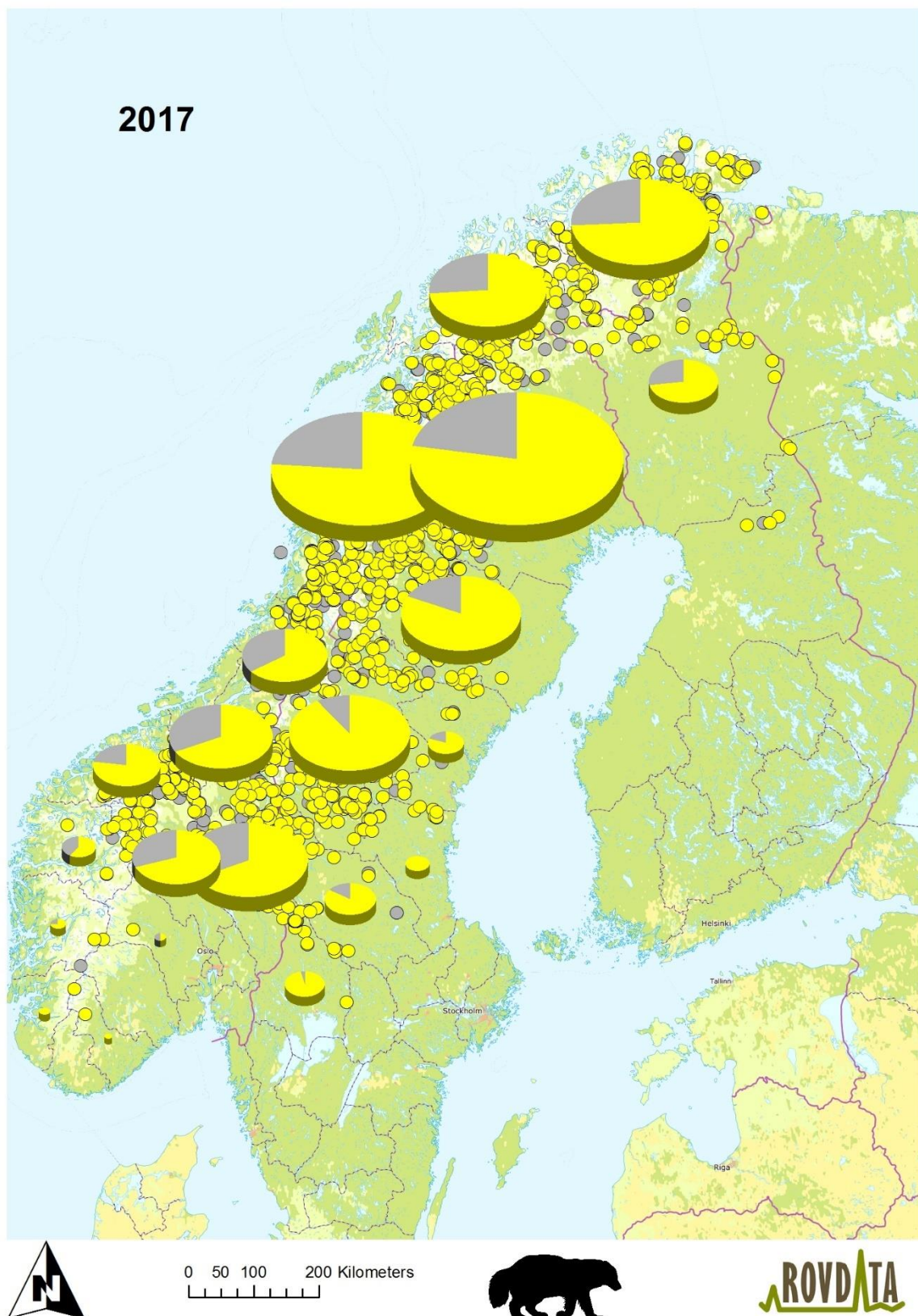
Land	2016				2017			
	N	Midtpkt	Egne	Delt	N	Midtpkt	Egne	Delt
<b>Norge</b>	1042	302	292	17*	1274	295	274	39
<b>Sverige</b>	598	260	254	16*	1018	362	348	34
<b>Finland</b>	11	7	6	2*	54	29	25	5
<b>Fennoskandia</b>	1651	569	552	17	2346	686	647	39

\* hvorav et individ er delt mellom N, S og F

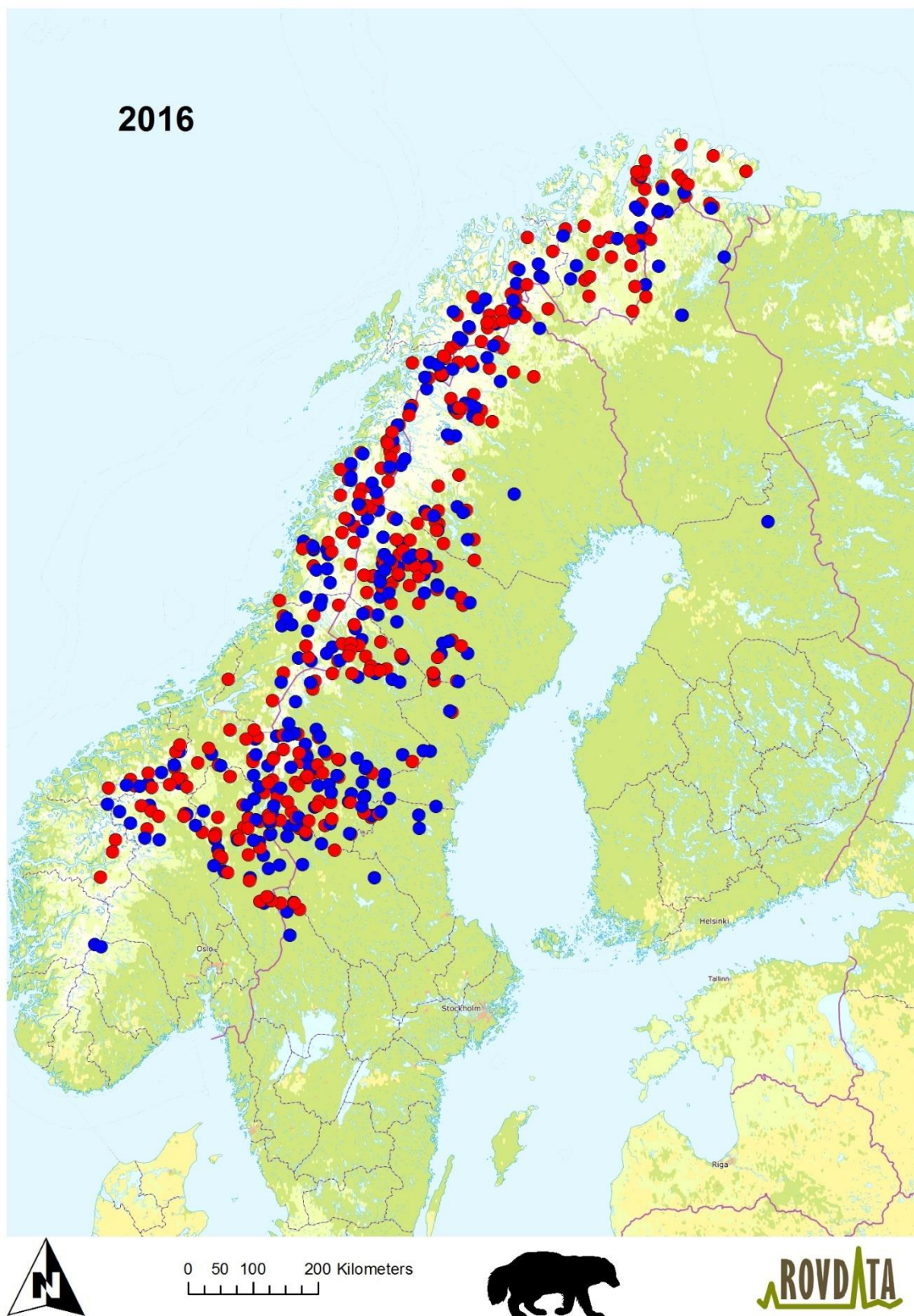
Flere tisper enn hanner ble identifisert i alle land (56 % tisper vs 44 % hanner). Den skjeve kjønnsfordelingen var sterkest i Norge med bare 42 % hanner sammenlignet med 46-47 % hanner påvist fra DNA i Sverige.



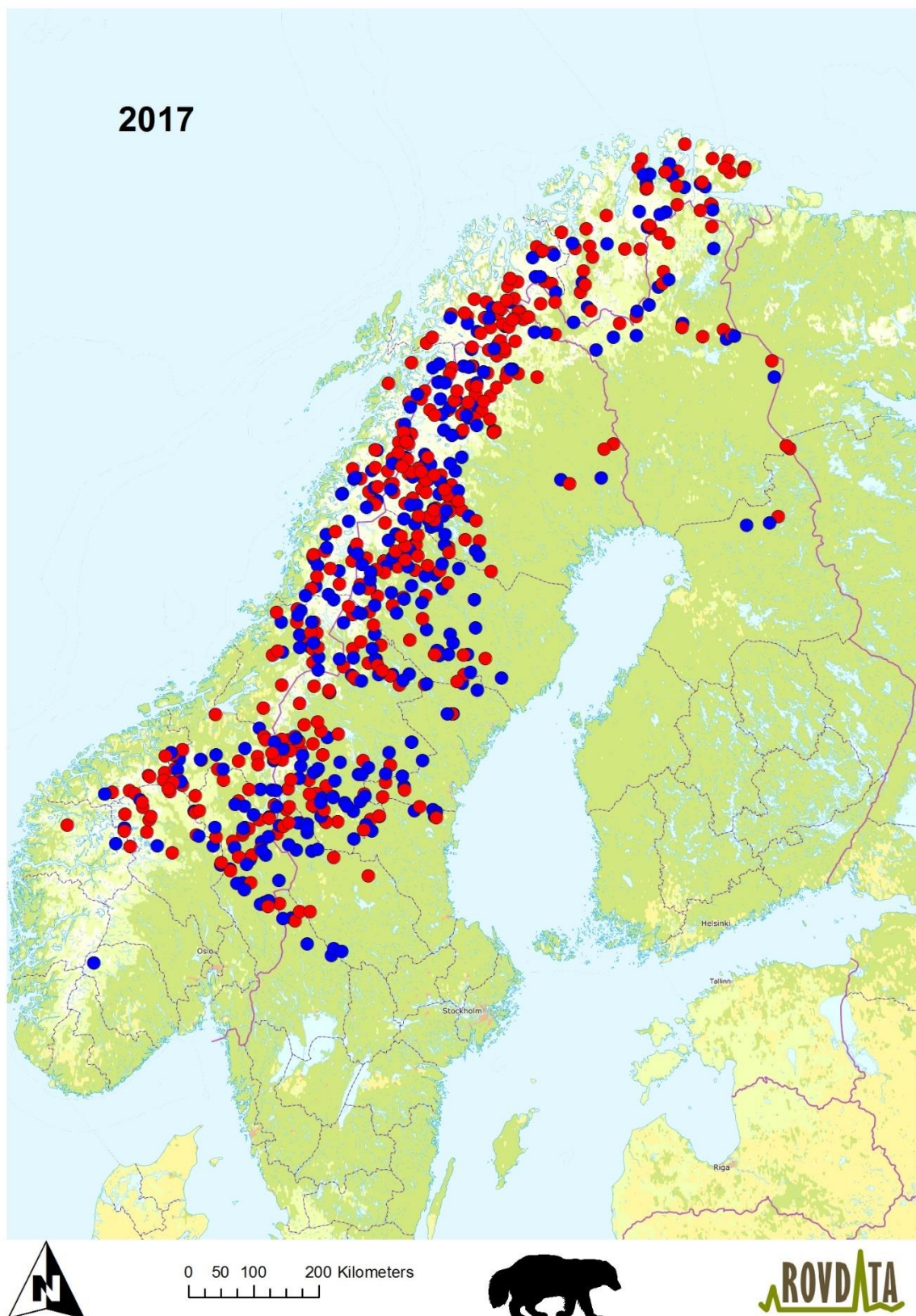
**Figur 1** Geografisk fordeling av de 2239 analyserte prøvene som ble samlet inn i Norge, Sverige og Finland vinteren 2016. Gul = fungerende, grå = ikke-fungerende.



**Figur 2** Geografisk fordeling av de 3083 analyserte prøvene som ble samlet inn i Norge, Sverige og Finland vinteren 2017. Gul = fungerende, grå = ikke-fungerende.



**Figur 3** Alle jervindivider identifisert fra prøveinnsamlingen i Fennoskandia vinteren 2016, representert med sine respektive midtpunkter. Rød = tispe. Blå = hann.



**Figur 4** Alle jervindivider identifisert fra prøveinnsamlingen i Fennoskandia vinteren 2017, representert med sine respektive midtpunkter. Rød = tispe. Blå = hann.

**Tabell 3** Antall identifiserte individer fra DNA-analysene i 2016 og 2017. Tabellen viser både antall individer som har sitt geografiske midtpunkt i den enkelte forvaltningsregion for rovvilt (heretter benevnt region) og län og hvor mange av disse som kun er registrert i en enkelt region eller län eller delt mellom flere regioner og/eller län. N = antall fungerende prøver som lot seg individbestemme.

Region-Län	2016				2017			
	N	Midt-pkt	Egne	Delt	N	Midt-pkt	Egne	Delt
Region 1	11	5	5	2	16	4	2	5
Region 2	13	1	0	1	2	1	0	1
Region 3	102	21	17	9	84	19	13	10
Region 4	0	0	0	0	0	0	0	0
Region 5	188	47	42	9	153	44	40	9
Region 6	228	63	56	14	245	66	58	15
Region 7	256	77	72	7	394	61	46	28
Region 8	246	88	85	5	380	100	96	9
Värmland	13	6	6	0	24	7	6	2
Dalarna	30	15	15	0	34	20	17	5
Gävleborg	19	3	3	1	9	6	6	0
Västernorrland	11	5	4	3	16	11	10	3
Jämtland	232	102	97	7	204	102	101	6
Västerbotten	209	70	68	4	182	72	66	7
Norrbotten	102	59	58	7	549	144	136	23

### 3.3 Fordeling av individer i regioner og län

I **Tabell 3** har vi angitt antall individer påvist fra DNA i Skandinavia og hvordan de fordeler seg geografisk mellom de ulike rovviltregionene og län. I de aller fleste regioner og län er det små endringer i antall individer fra 2016 til 2017. På norsk side var det i region 8 en 15-20 % økning i antall påviste individer fra 90 i 2016 til 105 i 2017. Den klart mest markante endringen fant vi imidlertid i Norrbotten, der det ble påvist mer enn dobbelt så mange jerver i 2017 sammenlignet med 2016; fra 65 individer til 159 individer i 2017. Det er åpenbart at prøvevolumet og dekningsgraden i länet er langt bedre i 2017. Med 534 prøver i 2017 er hver av de 159 individene i gjennomsnitt representert med mer enn tre prøver, som trolig betyr at en relativt høy andel av jervene som var i live i Norrbotten vinteren 2017 er representert med en eller flere DNA-prøver.

### 3.4 Vevsprøver av døde jerver

Totalt 208 jerver ble felt eller funnet døde i Norge i perioden 01.06.2015 – 31.05.2017 (**Figur 5, 6; Vedlegg 1**). Jervevalper som ble tatt ut på hiuttak eller funnet døde ved hiet i forbindelse med barmarkskontroller (totalt 36) ble ikke analysert, mens alle de resterende 172 jervene fikk en



fullstendig DNA-profil etter vellykket DNA-analyse. Som tidligere var de aller fleste av de yngste jervene ikke kjent fra ekskrementmaterialet (kun 1 av 39 aldersbestemte nullåringer). Drøyt halvparten av jervene som var aldersbestemt til 1-2 år var tidligere identifisert fra DNA (20 av 38; 53 %), mens de aller fleste jervene som var aldersbestemt til tre år eller eldre tidligere var påvist fra den DNA-baserte overvåkingen (63 av 68; 93 %). Dette bygger opp under det vi har sett tidligere at vi registrerer en meget høy andel av voksne, revirhevdende jerver. I tillegg var 27 av 37 jerver der alderen ikke var bestemt ennå også kjent fra tidligere DNA-analyser (73 %).



**Figur 5** Døde jerver i Norge og Sverige i perioden 1. juni 2015 – 31. mai 2016

I samme periode (01.06.2015 – 31.05.2017) ble det registrert 36 døde jerver i Sverige (**Figur 5, 6; Vedlegg 2**). Alle bortsett fra to av disse ble mottatt ved laboratoriet tidsnok til å inngå i DNA-analysene. Fire av dem var nullåringer som enten ble tatt ut eller funnet døde på skadefelling på hilokaliteten eller felt senere i sitt første leveår, og en hadde ukjent alder. Seksten av de resterende 29 jervene, som alle er angitt som voksne individer i Rovbase, var kjent fra tidligere DNA-analyser (55 %). Dette er en betydelig økning av andelen tidligere kjente individer fra sesongen 2014/2015, da kun 30 % av de døde voksne jervene var kjent fra før, og viser at økt fokus på DNA-innsamling de siste årene gir en langt bedre representasjon av bestanden.



**Figur 6** Døde jerver i Norge og Sverige i perioden 1. juni 2016 – 31. mai 2017

## 4 Diskusjon

Antall individer identifisert fra DNA er et minimumstall for bestandsstørrelse, eller snarere et uttrykk for hvor mange jerver som har vært påvist innom de respektive land, regioner eller fylker. Det er foreløpig ikke klart hvor stor andel av den faktiske bestandsstørrelsen disse minimumstallene utgjør. I Norge vurderes denne andelen å være høy, da det generelt er god dekningsgrad i innsamlingen, et stort antall analyserte prøver, og en høy andel tidligere kjente individer blant døde voksne jerver. Fra DNA-analysene i 2016 og 2017 identifiserte vi henholdsvis 309 og 313 jerver som var representert med en eller flere prøver innenfor Norges grenser. Dette er en betydelig økning fra 260 jerver registrert på DNA i 2015, men nær identisk med henholdsvis 314 og 317 jerver registrert på DNA vintrene 2013 og 2014.

Før vi har fått på plass god metodikk for bruk av DNA til bestandsestimering hos jerv, er det vanskelig å si noe sikkert fra disse tallene om bestandsutviklingen i den norske jervebestanden. Men med drøyt 300 registrerte individer fire av de fem siste årene, kan det likevel synes som om jervebestanden har holdt seg relativt stabil de siste årene, mulig med unntak av 2017 der vi til tross for en betydelig økning i prøvevolumet fra de foregående årene ikke registrerte flere jerver på DNA. Dette er i tråd med bestandsestimatene fra ynglehiregistreringene, som indikerer en stabil bestand på 340-350 jerver i perioden 2013-2016, fulgt av en nedgang til 324 individer i 2017.

I 2017 var det første gang vi hadde heldekkende DNA-innsamling også på svensk side av grensen. Totalt 1258 prøver ble samlet inn, hvorav drøyt 1000 gav en DNA-profil av god nok kvalitet til å kunne individbestemmes. 382 individer ble identifisert, hvorav 34 også var påvist på norsk side av grensen. Totalt ble det påvist 657 jerver i Skandinavia, fordelt på 2292 fungerende prøver. Dette betyr at hver eneste påviste jerv i gjennomsnitt er representert med 3,5 prøver, som gir et godt utgangspunkt for etter hvert å kunne bruke data fra hele Skandinavia til å anslå bestandsstørrelse både på skandinavisk og nasjonalt nivå, samt regions- og länsnivå.

Vi har gjennom flere år jobbet med en realistisk modell for bestandsestimering fra DNA i en åpen bestand, dvs. der jerven beveger seg fritt over administrative grenser, det være seg mellom land eller regioner. Etter anbefaling fra fagrådet for det Nasjonale overvåkingsprogrammet, jobbes det nå med å kombinere romlige og tidsmessige aspekter i modellen. I en slik utvidet modell vil man kunne fokusere både på de ulike individenes områdebruk for å ta høyde for grenseproblematikken på en tilfredsstillende måte samtidig som fangsthistorikken, dvs. hvorvidt et individ er kjent fra før, kan bidra til å redusere modellens sårbarhet for mellomårsvariasjon i antall innsamlede og fungerende prøver. Dette arbeidet er formalisert i prosjektet Rovquant, der målsettingen er å levere presise bestandsdata i form av bestandsstørrelse, overlevelse og rekruttering for alle tre arter (jerv, ulv, bjørn) der DNA-innsamling utgjør en vesentlig del av overvåkingsmetodikken. Prosjektet forventes å levere kvalitetssikrede og godt uttestede modeller i løpet av 2019. Da vil vi ha tre år med heldekkende innsamling på jerv også i Sverige, som vil utgjøre et meget godt grunnlag for presise anslag på bestandsstørrelse i den skandinaviske jervebestanden.

## 5 Referanser

- Dallas, J. F. & Piertney, S. B. 1998. Microsatellite primers for the Eurasian otter. - *Molecular Ecology* 7 (9): 1248-1251.
- Davis, C. S. & Strobeck, C. 1998. Isolation, variability, and cross-species amplification of polymorphic microsatellite loci in the family Mustelidae. - *Molecular Ecology* 7 (12): 1776-1778.
- Duffy, A. J., Landa, A., O'Connell, M., Stratton, C. & Wright, J. M. 1998. Four polymorphic microsatellites in wolverine, *Gulo gulo*. - *Animal Genetics* 29 (1): 63-63.
- Eggert, L. S., Eggert, J. A. & Woodruff, D. S. 2003. Estimating population sizes for elusive animals: the forest elephants of Kakum National Park, Ghana. - *Molecular Ecology* 12 (6): 1389-1402.
- Ekblom, R., Brechlin, B., Persson, J., Smeds, L., Johansson, M., Magnusson, J., Flagstad, Ø. & Ellegren, H. 2018. Genome sequencing and conservation genomics in the Scandinavian wolverine (*Gulo gulo*) population (manuskript under vurdering i *Conservation Biology*).
- Eklund, A., Mattisson, J., Höglund, L. & Tovmo, M. 2017. Inventering av jerv 2017. Bestandsovervåking av jerv i 2017. Bestandsstatus for store rovdyr i Skandinavia. Bestandsstatus for stora rovdjur i Skandinavien. 3-2017. 31 s.
- Flagstad, Ø., Brøseth, H., Johansson, M., Wärdig, C. & Ellegren, H. 2008. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervbestanden 2000-2007. - NINA Rapport 369. 48 s.
- Flagstad, Ø., Brøseth, H., Wärdig, C., Johansson, M. & Ellegren, H. 2005. Populasjonsovervåking av jerv i Skandinavia ved hjelp av DNA-analyse fra ekskrementer. - NINA Rapport 41. 37 s.
- Flagstad, Ø., Hedmark, E., Landa, A., Brøseth, H., Persson, J., Andersen, R., Segerström, P. and Ellegren, H. 2004. Colonization history and noninvasive monitoring of a re-established wolverine population. - *Conservation Biology* 18 (3): 676-688.
- Flagstad, Ø., Tovmo, M., Balstad, T., Johansson, M., Syslak, L., Eriksen, L. B., Hagen, M., Søggaard, C. D., Ellegren, H. & Brøseth, H. 2012. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervbestanden 2008-2011 - NINA Rapport 843. 30 s.
- Fleming, M. A., Ostrander, E. A. & Cook, J. A. 1999. Microsatellite markers for American mink (*Mustela vison*) and ermine (*Mustela erminea*). - *Molecular Ecology* 8 (8): 1352-1354.
- Hedmark, E., Flagstad, Ø., Segerström, P., Persson, J., Landa, A.M. & Ellegren, H. 2004. DNA-based individual and sex identification from wolverine (*Gulo gulo*) faeces and urine. *Conservation Genetics* 5 (3): 405-410.
- Miller, C. R., Joyce, P. & Waits, L. P. 2005. A new method for estimating the size of small populations from genetic mark-recapture data. - *Molecular Ecology* 14 (7): 1991-2005.
- Miquel, C., Bellemain, E., Poillot, C., Bessiere, J., Durand, A., & Taberlet, P. 2006. Quality indexes to assess the reliability of genotypes in studies using noninvasive sampling and multiple-tube approach. *Molecular Ecology Notes* 6 (4): 985-988.
- O'Connell, M., Wright, J. M. & Farid, A. 1996. Development of PCR primers for nine polymorphic American mink *Mustela vison* microsatellite loci. - *Molecular Ecology* 5 (2): 311-312.
- 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 2015 – 31. mai 2017

### Døde jerver som var tidligere kjent fra ekskrementmaterialet

RovbaseID	Dødsdato	Kjønn	Alder*	Individ	Fylke	Kommune
M491860	21.12.2015	Tispe	15	3551	Hedmark	Engerdal
M493084	22.12.2016	Tispe	14	581	Trøndelag	Høylandet
M493221	01.02.2017	Tispe	13	2395	Finnmark	Porsanger
M491865	02.01.2016	Hann	11	357	Hedmark	Løten
M493071	08.12.2016	Tispe	11	2322	Nordland	Bodø
M491901	12.01.2016	Tispe	10	284	Sogn og Fjordane	Luster
M492028	15.02.2016	Tispe	10	352	Oppland	Nord-Fron
M492770	22.10.2016	Tispe	10	2676	Nordland	Saltdal
M493182	16.01.2017	Tispe	10	2036	Troms	Kåfjord
M492178	11.04.2016	Hann	9	240	Hordaland	Ullensvang
M491939	24.01.2016	Hann	8	385	Hedmark	Tynset
M492206	27.04.2016	Hann	8	281	Oppland	Lom
M492293	05.05.2016	Tispe	8	2241	Nordland	Vefsn
M493168	13.01.2017	Tispe	8	290	Møre og Romsdal	Surnadal
M491968	02.02.2016	Tispe	7	2756	Finnmark	Lebesby
M492297	03.05.2016	Tispe	7	2487	Finnmark	Tana
M492321	20.05.2016	Tispe	7	2396	Finnmark	Alta
M492687	17.09.2016	Hann	7	431	Hedmark	Trysil
M493220	01.02.2017	Tispe	7	2968	Finnmark	Porsanger
M493235	03.02.2017	Tispe	7	2682	Finnmark	Porsanger
M493478	01.03.2017	Hann	7	2796	Finnmark	Lebesby
M493707	18.04.2017	Tispe	7	3586	Trøndelag	Røros
M407855	11.06.2015	Tispe	6	381	Sogn og Fjordane	Luster
M408270	30.10.2015	Tispe	6	2308	Nordland	Rana
M492007	08.02.2016	Hann	6	615	Trøndelag	Verdal
M492024	15.02.2016	Hann	6	3627	Oppland	Lesja
M493079	17.12.2016	Tispe	6	2847	Finnmark	Unjarga
M493165	09.01.2017	Hann	6	3550	Oppland	Lesja
M493727	25.04.2017	Hann	6	673	Trøndelag	Fosnes
M407847	07.06.2015	Tispe	5	2876	Finnmark	Alta

M491476	19.11.2015	Hann	5	2950	Finnmark	Vadsø
M491719	05.12.2015	Hann	5	2779	Troms	Balsfjord
M491890	06.01.2016	Hann	5	3622	Oppland	Lesja
M492022	14.02.2016	Tispe	5	1724	Trøndelag	Meråker
M492165	04.04.2016	Tispe	5	2880	Nordland	Gildeskål
M492328	24.05.2016	Tispe	5	2832	Nordland	Hemnes
M492695	02.10.2016	Tispe	5	3560	Møre og Romsdal	Surnadal
M493201	24.01.2017	Hann	5	3561	Trøndelag	Rennebu
M493215	31.01.2017	Hann	5	3617	Hedmark	Os
M493533	03.03.2017	Hann	5	2821	Nordland	Saltdal
M493687	31.03.2017	Hann	5	2983	Nordland	Vefsn
M408207	29.09.2015	Tispe	4	3580	Hedmark	Engerdal
M491607	21.11.2015	Hann	4	3647	Hedmark	Alvdal
M491838	09.12.2015	Tispe	4	3527	Oppland	Lesja
M491846	12.12.2015	Hann	4	3660	Trøndelag	Holtålen
M491888	05.01.2016	Hann	4	2841	Nordland	Saltdal
M491889	06.01.2016	Hann	4	3565	Oppland	Lesja
M491957	31.01.2016	Hann	4	699	Trøndelag	Lierne
M492021	14.02.2016	Tispe	4	3582	Sogn og Fjordane	Lærdal
M492147	19.03.2016	Hann	4	6020	Finnmark	Karasjok
M492296	04.05.2016	Tispe	4	2532	Nordland	Beiarn
M492393	10.05.2016	Tispe	4	3615	Trøndelag	Meråker
M493116	03.01.2017	Hann	4	3608	Hedmark	Folldal
M493170	13.01.2017	Tispe	4	3610	Oppland	Skjåk
M493207	28.01.2017	Hann	4	2961	Finnmark	Alta
M493926	20.05.2017	Tispe	4	3693	Møre og Romsdal	Stranda
M408212	04.10.2015	Tispe	3	2931	Troms	Målselv
M491610	29.11.2015	Hann	3	3638	Hedmark	Tynset
M492176	09.04.2016	Hann	3	3643	Sogn og Fjordane	Luster
M492834	15.11.2016	Hann	3	2957	Nordland	Saltdal
M493216	30.01.2017	Tispe	3	3663	Oppland	Lesja
M493573	08.03.2017	Hann	3	3624	Oppland	Sør-Fron
M493688	31.03.2017	Tispe	3	6033	Nordland	Vefsn
M491605	19.11.2015	Tispe	2	3631	Hedmark	Alvdal
M491927	20.01.2016	Hann	2	3650	Trøndelag	Oppdal

M491952	28.01.2016	Tispe	2	6065	Finnmark	Alta
M492079	02.02.2016	Hann	2	3649	Hedmark	Alvdal
M492181	13.04.2016	Hann	2	2975	Nordland	Saltdal
M492207	27.04.2016	Hann	2	3637	Sogn og Fjordane	Luster
M492323	21.05.2016	Tispe	2	6004	Nordland	Hemnes
M492659	16.09.2016	Hann	2	1505	Trøndelag	Grong
M493372	14.02.2017	Hann	2	3683	Hedmark	Alvdal
M493575	08.03.2017	Tispe	2	3681	Hedmark	Tolga
M493860	27.04.2017	Hann	2	6008	Nordland	Saltdal
M492185	18.04.2016	Hann	1	6064	Troms	Kvænangen
M492188	20.04.2016	Tispe	1	6002	Finnmark	Nordkapp
M492767	05.10.2016	Tispe	1	3677	Hedmark	Rendalen
M492815	10.11.2016	Hann	1	6059	Finnmark	Tana
M493261	09.02.2017	Hann	1	6044	Finnmark	Karasjok
M493379	15.02.2017	Hann	1	6011	Nordland	Vefsn
M493731	25.04.2017	Hann	1	5827	Trøndelag	Namsskogan
M493861	28.04.2017	Hann	1	6017	Nordland	Beiarn
M408209	04.10.2015	Hann	Ad	2905	Nordland	Rana
M408272	27.10.2015	Hann	Ad	2914	Troms	Storfjord
M491387	05.11.2015	Tispe	Ad	2098	Troms	Bardu
M491598	24.11.2015	Tispe	Ad	2954	Troms	Målselv
M491718	02.12.2015	Tispe	Ad	2882	Troms	Storfjord
M491886	06.01.2016	Tispe	Ad	2716	Troms	Målselv
M492776	21.10.2016	Hann	Ad	2883	Troms	Bardu
M492843	18.11.2016	Tispe	Ad	6060	Finnmark	Tana
M493075	13.12.2016	Hann	Ad	3528	Møre og Romsdal	Rauma
M493175	10.01.2017	Hann	Ad	2902	Nordland	Vefsn
M493185	12.12.2016	Hann	Ad	2881	Troms	Nordreisa
M493209	29.01.2017	Tispe	Ad	2526	Nordland	Saltdal
M493223	15.01.2017	Hann	Ad	2942	Troms	Nordreisa
M493239	04.02.2017	Hann	Ad	6034	Troms	Bardu
M493320	11.02.2017	Tispe	Ad	2798	Finnmark	Tana
M493321	10.02.2017	Hann	Ad	3699	Oppland	Dovre
M493430	20.11.2016	Tispe	Ad	2644	Troms	Nordreisa
M493675	31.03.2017	Hann	Ad	2967	Finnmark	Karasjok

M493704	18.04.2017	Hann	Ad	3713	Rogaland	Suldal
M493706	18.04.2017	Hann	Ad	3599	Sogn og Fjordane	Årdal
M493783	30.04.2017	Tispe	Ad	3661	Sogn og Fjordane	Gloppen
M493788	29.04.2017	Tispe	Ad	3051	Finnmark	Tana
M493844	29.04.2017	Tispe	Ad	3533	Oppland	Ringebu
M493850	01.05.2017	Tispe	Ad	3524	Hedmark	Tynset
M493862	06.05.2017	Tispe	Ad	3670	Sogn og Fjordane	Årdal
M493896	08.05.2017	Tispe	Ad	5238	Nordland	Saltdal
M493946	27.05.2017	Tispe	Ad	2498	Finnmark	Alta
M491953	29.01.2016	Tispe	0	6066	Finnmark	Kautokeino

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

RovbaseID	Dødsdato	Kjønn	Alder*	Individ	Fylke	Kommune
M493187	19.01.2017	Tispe	5	5824	Hedmark	Alvdal
M492811	02.11.2016	Tispe	4	5803	Hedmark	Engerdal
M493174	14.01.2017	Hann	4	5810	Nordland	Ballangen
M493227	01.02.2017	Tispe	4	5813	Trøndelag	Rennebu
M493561	07.03.2017	Tispe	3	5838	Finnmark	Porsanger
M408261	20.10.2015	Hann	2	5781	Trøndelag	Stjørdal
M491928	21.01.2016	Hann	2	5774	Trøndelag	Meldal
M491956	31.01.2016	Tispe	2	5786	Finnmark	Porsanger
M492649	14.09.2016	Tispe	2	5796	Nordland	Saltdal
M492715	10.10.2016	Hann	2	5801	Hedmark	Elverum
M492780	30.10.2016	Hann	2	5823	Hedmark	Engerdal
M493251	07.02.2017	Tispe	2	5839	Oppland	Øyer
M493532	03.03.2017	Hann	2	5828	Nordland	Saltdal
M493574	08.03.2017	Hann	2	5826	Hedmark	Tynset
M408205	29.09.2015	Hann	1	5779	Hedmark	Trysil
M491608	27.11.2015	Hann	1	5782	Hedmark	Engerdal
M491913	13.01.2016	Hann	1	5789	Troms	Storfjord
M492069	10.02.2016	Hann	1	5787	Trøndelag	Namsos
M492162	01.04.2016	Tispe	1	5793	Nordland	Gildeskål
M492194	22.04.2016	Hann	1	5794	Finnmark	Lebesby
M492860	23.11.2016	Hann	1	5822	Nordland	Saltdal
M493308	11.02.2017	Tispe	1	5819	Trøndelag	Meråker



---

M493364	13.02.2017	Hann	1	5817	Finnmark	Alta
M491858	11.12.2015	Tispe	0-1	5788	Troms	Balsfjord
M408189	25.09.2015	Tispe	0,5-1	5777	Hedmark	Rendalen
M491919	15.01.2016	Hann	Ad	5783	Nordland	Saltdal
M492696	18.09.2016	Tispe	Ad	5800	Hedmark	Trysil
M492833	13.11.2016	Tispe	Ad	5804	Nordland	Saltdal
M492859	08.11.2016	Tispe	Ad	5831	Troms	Målselv
M492958	24.11.2016	Tispe	Ad	5806	Troms	Nordreisa
M493130	05.01.2017	Hann	Ad	5818	Nordland	Saltdal
M493164	07.01.2017	Tispe	Ad	5809	Troms	Kvænangen
M493346	12.02.2017	Hann	Ad	5830	Finnmark	Tana
M493705	18.04.2017	Hann	Ad	5825	Sogn og Fjordane	Luster
M493943	01.03.2017	Hann	Ad	5832	Hedmark	Rendalen
M408154	09.09.2015	Tispe	0	5776	Nordland	Saltdal
M408180	19.09.2015	Tispe	0	2985	Nordland	Saltdal
M408202	27.09.2015	Tispe	0	5778	Hedmark	Engerdal
M408260	18.10.2015	Tispe	0	5780	Trøndelag	Lierne
M491389	08.11.2015	Hann	0	5772	Oppland	Lom
M491415	17.11.2015	Tispe	0	5773	Oppland	Lom
M492029	09.02.2016	Tispe	0	5790	Troms	Målselv
M492070	11.02.2016	Tispe	0	5791	Trøndelag	Snåsa
M492148	21.03.2016	Hann	0	5792	Finnmark	Karasjok
M492648	15.09.2016	Hann	0	5795	Trøndelag	Namsskogan
M492689	24.09.2016	Hann	0	5797	Trøndelag	Selbu
M492690	24.09.2016	Hann	0	5798	Trøndelag	Selbu
M492691	26.09.2016	Hann	0	5799	Trøndelag	Røros
M492699	09.10.2016	Tispe	0	5820	Hedmark	Rendalen
M492722	09.10.2016	Tispe	0	5802	Nordland	Saltdal
M492781	27.10.2016	Hann	0	5833	Nordland	Beiarn
M492817	12.11.2016	Hann	0	5821	Møre og Romsdal	Surnadal
M492835	14.11.2016	Hann	0	5805	Oppland	Lom
M493105	03.01.2017	Hann	0	5807	Finnmark	Tana
M493142	08.01.2017	Tispe	0	5808	Møre og Romsdal	Surnadal
M493208	29.01.2017	Hann	0	5811	Trøndelag	Namsskogan
M493214	31.01.2017	Hann	0	5812	Finnmark	Karasjok

M493224	01.02.2017	Hann	0	5829	Trøndelag	Snåsa
M493256	08.02.2017	Hann	0	5814	Finnmark	Tana
M493257	08.02.2017	Hann	0	5815	Finnmark	Kautokeino
M493267	08.02.2017	Hann	0	5816	Oppland	Lesja
M408226	11.10.2015	Hann	Ukjent	6001	Nordland	Rana

**Ikke-analyserte prøver**

RovbaseID	Dødsdato	Kjønn	Alder*	Individ	Fylke	Kommune
M407848	06.06.2015	Hann	0	-	Finnmark	Alta
M407849	06.06.2015	Hann	0	-	Finnmark	Alta
M407850	06.06.2015	Tispe	0	-	Finnmark	Alta
M408181	03.06.2015	Ukjent	0	-	Nordland	Grane
M408182	29.06.2015	Ukjent	0	-	Nordland	Saltdal
M492294	05.05.2016	Tispe	0	-	Nordland	Vefsn
M492295	04.05.2016	Hann	0	-	Nordland	Beiarn
M492298	03.05.2016	Hann	0	-	Finnmark	Tana
M492299	03.05.2016	Ukjent	0	-	Finnmark	Tana
M492301	04.05.2016	Tispe	0	-	Hedmark	Engerdal
M492302	04.05.2016	Tispe	0	-	Hedmark	Engerdal
M492309	09.04.2016	Hann	0	-	Trøndelag	Nærøy
M492310	09.04.2016	Tispe	0	-	Trøndelag	Nærøy
M492311	09.04.2016	Tispe	0	-	Trøndelag	Nærøy
M492324	21.05.2016	Hann	0	-	Nordland	Rana
M492325	21.05.2016	Tispe	0	-	Nordland	Rana
M492329	24.05.2016	Tispe	0	-	Nordland	Hemnes
M492330	24.05.2016	Tispe	0	-	Nordland	Hemnes
M493702	07.04.2017	Hann	0	-	Hedmark	Engerdal
M493703	07.04.2017	Tispe	0	-	Hedmark	Engerdal
M493786	28.04.2017	Tispe	0	-	Finnmark	Tana
M493787	29.04.2017	Tispe	0	-	Finnmark	Tana
M493845	29.04.2017	Tispe	0	-	Oppland	Ringebu
M493846	29.04.2017	Hann	0	-	Oppland	Ringebu
M493847	29.04.2017	Hann	0	-	Oppland	Ringebu
M493851	01.05.2017	Hann	0	-	Hedmark	Tynset
M493852	01.05.2017	Hann	0	-	Hedmark	Tynset

---

M493863	06.05.2017	Tispe	0	-	Sogn og Fjordane	Årdal
M493864	06.05.2017	Tispe	0	-	Sogn og Fjordane	Årdal
M493871	06.05.2017	Hann	0	-	Oppland	Nord-Fron
M493886	09.05.2017	Tispe	0	-	Nordland	Bodø
M493887	09.05.2017	Hann	0	-	Nordland	Bodø
M493924	19.05.2017	Hann	0	-	Møre og Romsdal	Stranda
M493925	19.05.2017	Tispe	0	-	Møre og Romsdal	Stranda
M493944	27.05.2017	Tispe	0	-	Finnmark	Alta
M493945	27.05.2017	Hann	0	-	Finnmark	Alta

---

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

## Vedlegg 2

Oversikt over jerv registrert død i Sverige 1. juni 2015 – 31. mai 2017

### Døde jerver som var tidligere kjent fra ekskrementmaterialet

RovbaseID	Dødsdato	Kjønn	Alder	Individ	Fylke	Kommune
M408228	18.10.2015	Tispe	Ad	1232	Jämtland	Strömsund
M408262	21.10.2015	Tispe	Ad	1161	Västerbotten	Sorsele
M408266	29.10.2015	Hann	Ad	672	Jämtland	Strömsund
M408268	30.10.2015	Tispe	Ad	3614	Jämtland	Berg
M491391	15.11.2015	Tispe	Ad	1305	Västerbotten	Sorsele
M491473	17.11.2015	Tispe	Ad	1328	Västerbotten	Sorsele
M491866	05.01.2016	Hann	Ad	1166	Västerbotten	Vilhelmina
M491902	13.01.2016	Tispe	Ad	1326	Västerbotten	Vilhelmina
M491903	13.01.2016	Hann	Ad	5001	Västerbotten	Vilhelmina
M491912	14.01.2016	Hann	Ad	1477	Västerbotten	Vilhelmina
M491918	15.01.2016	Tispe	Ad	927	Jämtland	Berg
M491923	15.01.2016	Hann	Ad	1363	Norrbottn	Arjeplog
M491934	27.12.2015	Hann	Ad	5005	Norrbottn	Arjeplog
M494411	08.02.2017	Hann	Ad	5127	Norrbottn	Gällivare
M494527	10.09.2016	Hann	Ad	1486	Jämtland	Härjedalen
M408188	24.09.2015	Tispe	Ukjent	1066	Västerbotten	Sorsele

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

M408269	01.11.2015	Tispe	3	1871	Jämtland	Åre
M408066	25.08.2015	Hann	Ad	1947	Jämtland	Berg
M408224	11.10.2015	Hann	Ad	5099	Västerbotten	Sorsele
M408267	30.10.2015	Tispe	Ad	1857	Jämtland	Strömsund
M491915	13.01.2016	Tispe	Ad	1873	Norrbottn	Arjeplog
M491916	13.01.2016	Hann	Ad	5102	Norrbottn	Arjeplog
M491917	14.01.2016	Tispe	Ad	1858	Jämtland	Berg
M491920	28.12.2015	Tispe	Ad	5100	Norrbottn	Arjeplog
M491921	15.01.2016	Tispe	Ad	5101	Norrbottn	Arjeplog
M491922	28.12.2015	Hann	Ad	5103	Norrbottn	Arjeplog
M491967	13.01.2016	Hann	Ad	1856	Dalarna	Älvdalen
M493167	12.01.2017	Tispe	Ad	1897	Jämtland	Berg
M493429	20.02.2017	Tispe	Ad	5251	Norrbottn	Kiruna
M493947	27.05.2017	Tispe	Ad	5252	Norrbottn	Arjeplog

---

M491914	14.01.2016	Hann	0	5026	Norrbotten	Arjeplog
M492334	26.05.2016	Ukjent	0	1862	Dalarna	Älvdalen
M493948	26.05.2017	Hann	0	5253	Norrbotten	Arjeplog
M493949	26.05.2017	Tispe	0	5254	Norrbotten	Arjeplog

---

**Ikke-analyserte prøver**

---

M408183	27.07.2015	Tispe	0	-	Jämtland	Härjedalen
M492385	13.06.2016	Ukjent	0	-	Västerbotten	Sorsele

---





*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: 978-82-426-3214-2

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