

Populasjonsovervåking av jerv ved hjelp av DNA-analyse fra ekskrementer

Øystein Flagstad
Henrik Brøseth
Eva Hedmark
Hans Ellegren

Nasjonalt overvåkingsprogram for store rovdyr

NINA Minirapport 34

NINA Minirapport er en enklere tilbakemelding til oppdragsgiver enn det som dekkes av NINAs øvrige publikasjonsserier. Minirapporter kan være notater, foreløpige meldinger og del- eller sluttresultater. Minirapportene registreres i NINAs publikasjons-database, med internt serienummer.

Bakgrunn

Den skandinaviske bestanden av jerv er gjennom tellinger av minimum antall aktive ynglehi i perioden 1998 til 2000 estimert til 595 ± 69 SE individer, og må ansees som sårbar. Omfattende overvåking av populasjonen vil være av betydning for å kunne følge bestandsutviklingen på den Skandinaviske halvøy. Den sør-norske bestanden bør behandles som en separat enhet, ettersom den med støtte i genetiske data (Walker et al. 2001, Flagstad et al. 2004), synes å være delvis isolert fra de større bestandene i Nord-Norge og Nord-Sverige. Det er derfor av stor betydning at forholdene legges til rette for å kunne følge utviklingen i denne bestanden på en tett og forsvarlig måte.

Det at jerven er en art med store arealkrav i fjellet hvor det til tider svært ustabile værforhold fører til at en effektiv bestandsregistrering og -overvåking kan være problematisk. Tradisjonelle tilnærmelser som sporing og registrering av ynglehi har gitt verdifulle indikasjoner på reproduksjon og populasjonsstørrelse. Nyere forskning har vist at det hos jerv er mulig å identifisere individer basert på DNA isolert fra ekskrementer. Dette åpner opp for en ny metodisk tilnærming i populasjonsovervåkingssammenheng som kan supplere populasjonsestimater basert på minimumstelling av antall aktive ynglehi. Videre kan et slikt supplement gi et bedre bilde av kjønns sammensetningen, omfanget av immigrasjon og potensielt bidra til å belyse slektskapsforhold og derigjennom individuell variasjon i reprodutiv suksess i bestanden.

Vi har i løpet av de tre siste årene utviklet en robust DNA-basert overvåkingsmetode på jerv, der innsamlet ekskrementmateriale med stor grad av sikkerhet får sin identitet og kjønn fra genetiske profiler. Tidligere har vi rapportert fra analysen av 213 ekskrementprøver innsamlet i Sør-Norge i løpet av 2000 og 2001. 2000-materialet (59 prøver) ble i hovedsak samlet inn i Lesja kommune, mens det fra år 2001 ble iverksatt innsamling i stor skala over hele jervens utbredelsesområde i Sør-Norge (til fylkesgrensen mellom Sør- og Nord-Trøndelag, unntatt Fosen). Av 154 innsamlede prøver i 2001, kunne 111 individ- og kjønnsbestemmes. Disse 111 prøvene representerte 60 ulike individer, 30 hunner og 30 hanner (Fig 4).

Innsamlingen av materialet har på regionalt nivå vært administrert av regionalt ansvarlige i Statens naturoppsyn (SNO). Det praktiske arbeidet har blitt delegert til lokalt nivå, hvor bla SNO, Fjellstyrer, Bygdeallmenninger, lokale rovviltkontakter og privatpersoner har vært det utøvende leddet i overvåkingen. Dekningsgraden i overvåkingsarbeidet på jerv i 2002 og 2003 registrert med GPS-mottakere og kartkopier er vist i Fig 1.

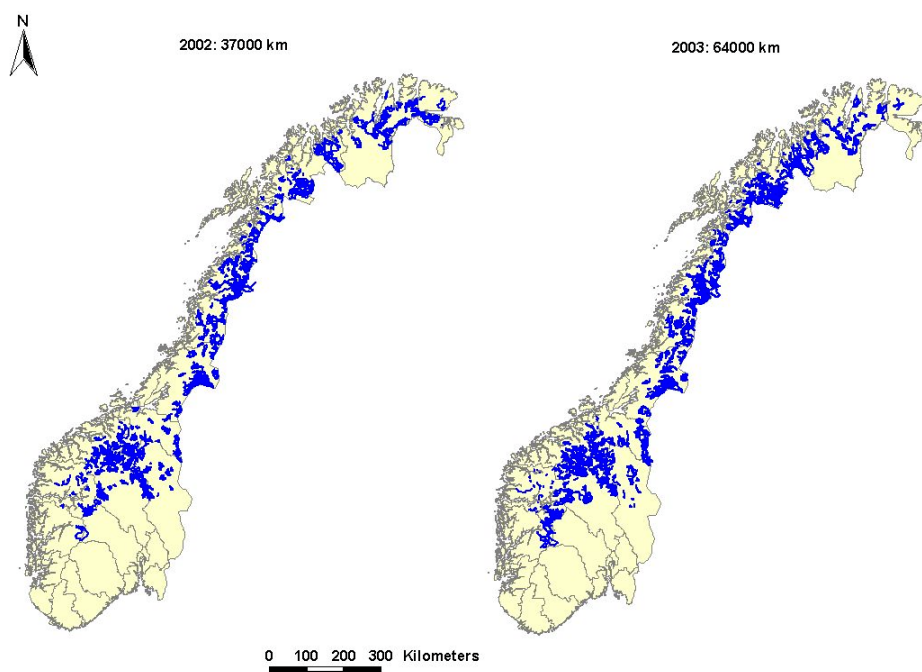


FIG 1. Geografisk fordeling av registreringsinnsatsen ved overvåking av jerv i 2002 og 2003.

I denne rapporten vil vi i hovedsak fokusere på resultatene fra materiale som ble innsamlet i 2002. Materialet består av 251 prøver samlet inn sørover i fra fylkesgrensen mellom Nord-Trøndelag og Nordland. Disse resultatene vil i sin tur knyttes opp mot resultatene fra 2001-materialet. Vi vil først og fremst legge vekt på følgende aspekter: 1) bestandsestimater, 2) slektskap mellom individer, og 3) immigrasjon.

Metodikk

Innsamling og laboratoriearbeid

Totalt 251 antatte jervekskrementer ble samlet inn over hele Sør- og Midt-Norge i perioden februar-mai 2002. I tilfeller av vellykket ekstraksjon av jervspesifikt kjerne-DNA, har vi gjennomført genotyping på tvers av 10 mikrosatelittmarkører som følger: Gg7 (Davies and Strobeck 1998), Ggu14, Ggu42, Gg443, Gg454, Gg465 (Walker et al. 2001), Gg216, Gg234 (Duffy et al. 1998), Mvis072, Mvis075 (O'Connell et al. 1996). Alle 68 individer som ble detektert i 2000 og 2001 er nå analysert for 18 loci; følgende 8 i tillegg til de 10 som er nevnt ovenfor: Ggu10, Ggu25, Gg452, Gg470, Gg471 (Walker et al. 2001), Gg101B (Duffy et al. 1998), Mvis057 (O'Connell et al. 1996), og Lut604 (Dallas and Piernay 1998).

Siden isolater fra ekskrementer som oftest har en meget lav DNA konsentrasjon er det vesentlig for metodens robusthet å kjøre flere replikater for hver prøve. I et pilotstudium (rapportert tidligere) ble alle prøver kjørt med fire replikater per locus. Basert på resultatene herfra, har vi valgt å legge følgende kriterier til grunn for en robust genotyping. Et individ som er homozygot (dvs. har én genetisk variant) for et locus, må vise dette i tre uavhengige replikater for at dette skal aksepteres som et autentisk resultat. Et individ som er heterozygot (dvs. har to ulike genetiske varianter) for et locus, må vise et slikt mønster i minst to uavhengige replikater for at individet skal aksepteres som heterozygot for dette locuset. Dette betyr i klartekst at alle individuelle prøver er kjørt i minst 2-3 replikater for hvert locus. Dersom noe som helst tvil skulle ligge til grunn etter gjennomføring i henhold til disse kriteriene, er ytterligere replikater blitt gjennomført for de aktuelle prøvene. Alle prøver som gav jervspesifikt kjerne-DNA ble også kjønnsbestemt ved hjelp av to kjønnsmarkører (DBY 3Ggu, DBY 7Ggu: Hedmark et al. 2004). To uavhengige replikater per markør ble kjørt for alle prøver ved kjønnsbestemmelsen. Etter endt mikrosatelittanalyse og kjønnsbestemmelse ble de genetiske profilene til alle individuelle prøver sammenlignet. Prøver som var identiske på tvers av 10 loci samt representerte det samme kjønn, ble klassifisert som representanter for ett og samme individ.

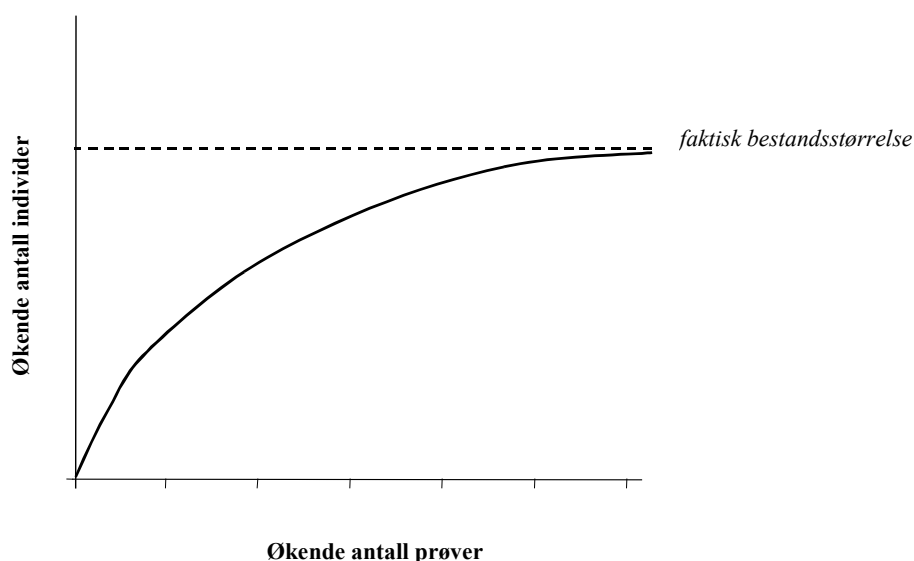


FIG 2

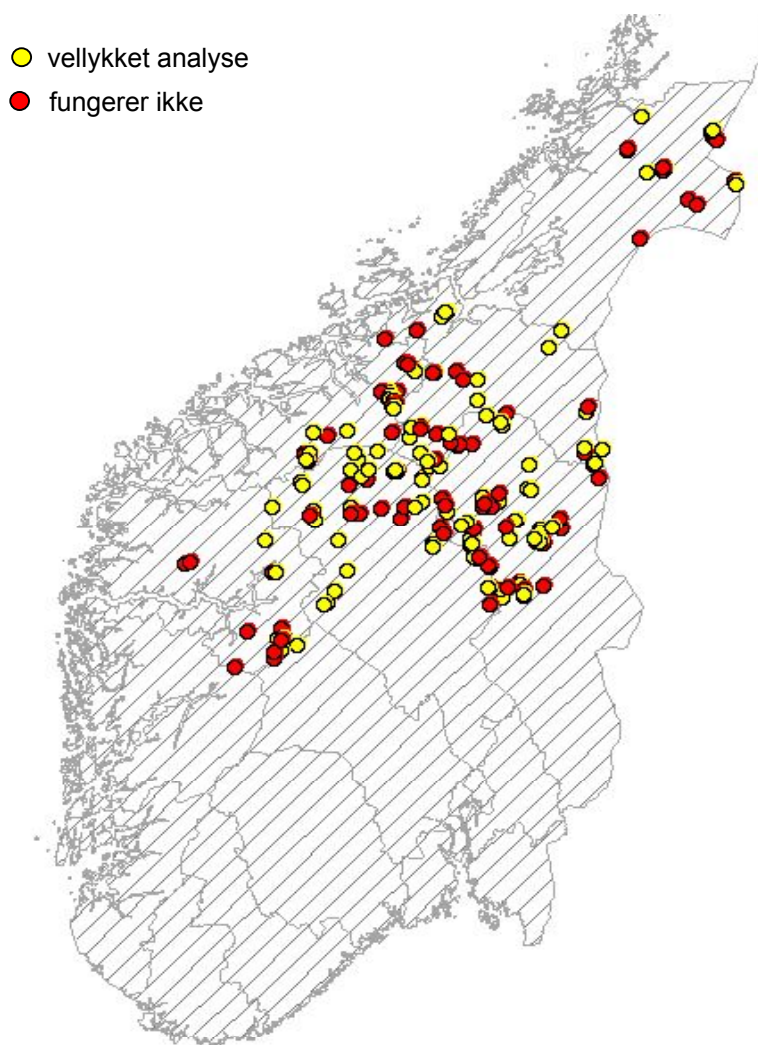


FIG 3

Bestandsestimater, immigrasjon og slektskapsanalyser

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 samplet hele bestanden. Dette prinsippet kan uttrykkes i form av en akkumuleringskurve som illustrert i Fig 2. All fangst-gjenfangst-metodikk er basert på dette prinsippet, men de rent matematiske detaljene varierer mellom ulike modeller. Vi har valgt å bruke metoden til Eggert et al. (2003) for å estimere størrelsen på den sør-norske jervbestanden.

Siden den sør-norske jervbestanden er genetisk differensiert fra resten av bestanden på Nordkalotten, kan man ved hjelp av hvert enkelt individs genotype bestemme sannsynligheten for om det har sin opprinnelse i sør eller nord. Vi har brukt metoden til Pritchard et al. (2001) for å bestemme nærværet av nordlige immigranter i den sør-norske jervbestanden.

Slektskap mellom individer ble bestemt ved hjelp av metoden beskrevet av Marshall et al. (1998). Kun individer som var samplet i eller ved et ynglehi som nullåringer ble undersøkt. Kandidatforeldre ble plukket ut blant individer som var samplet i rimelig nærhet til det aktuelle ynglehi.

Resultater og diskusjon

Suksessrate og genotypningskvalitet

Vellykket genetisk analyse ble gjennomført på 132 av de totalt 251 prøvene samlet inn i 2002 (Fig 3, Appendix 1). Dette utgjør ca. 53% av innsamlet materiale, dvs. en betydelig nedgang i forhold til suksessraten fra 2001, som lå på ca. 70 %. Det er ikke klart hva den markante nedgangen i antall positive prøver kan skyldes. Kvaliteten på genotypingen av de fungerende prøvene var minst like god som for 2001-materialet. Allelic dropout (dvs. genotypningsfeil der kun det ene av to alleler (genetiske varianter) detekteres i analysen) ble funnet i mindre enn 10% av alle replikater for heterozygote individer. Gitt at hver enkelt analyse kjøres i flere replikater, vil en dropout-rate på 10% gi meget lav sannsynlighet for ikke-detekterte dropouts i det endelige datasettet, med en statistisk forventning om feil tolkning av genotypen i ca. 3 av 2000 tilfeller.

Geografisk fordeling av fungerende prøver og individbestemmelse

De 132 fungerende prøvene representerte 65 ulike individer (33 hanner og 32 hunner; Fig 4, Appendix 1). Seks av disse dyra var samlet i Nord-Trøndelag, et fylke som ikke var representert i 2001-materialet. Detaljerte kart for alle fungerende prøver for 2002 er gitt i Fig 5. Vi ser at de aller fleste individer er representert ved prøver som er samlet relativt nær hverandre. For noen individer avgrensner prøvene et større område; f.eks. individene 29, 52, 60 og 63. Alle disse individene er hanner, noe som støtter tidligere studier som har vist at hanner som oftest har større hjemmeområde enn hunner. Som vi vil komme tilbake til senere, er minst to av disse dyra (29 og 63) territorieholdende hanner som har bidratt til reproduksjon i bestanden.

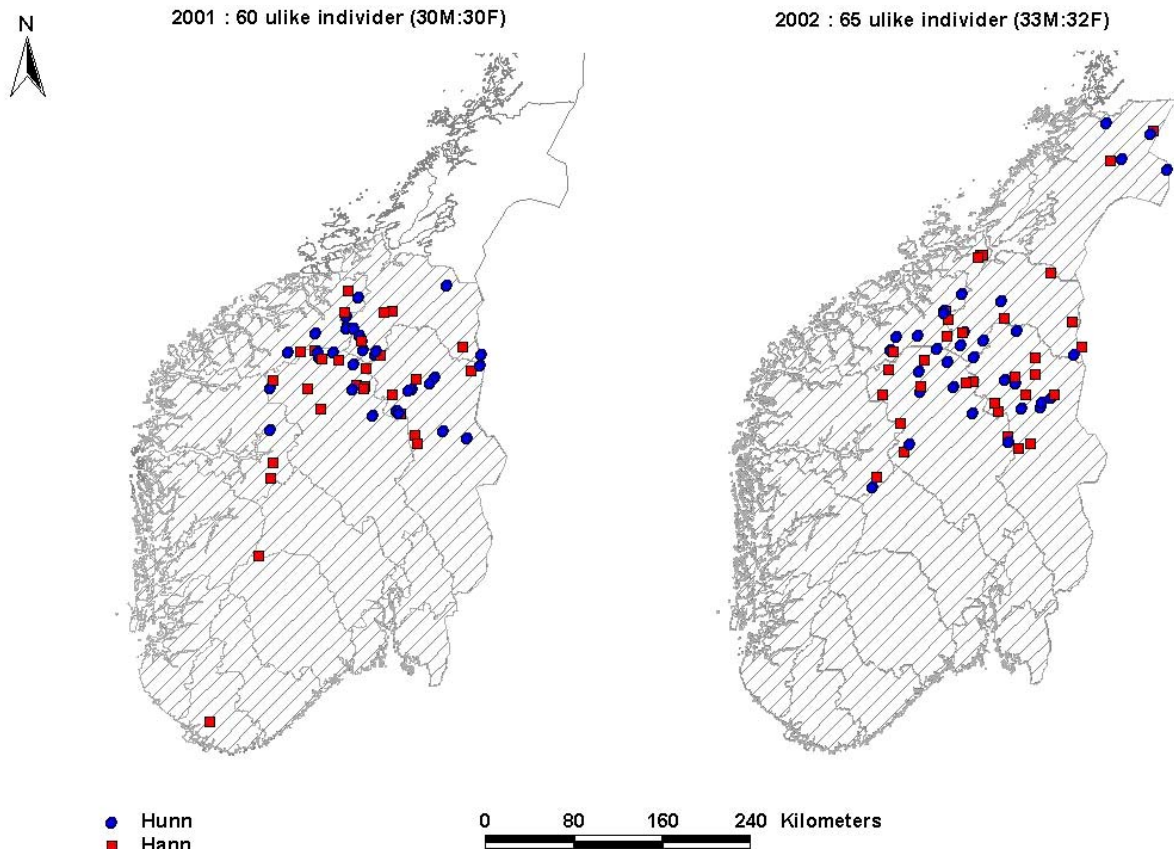
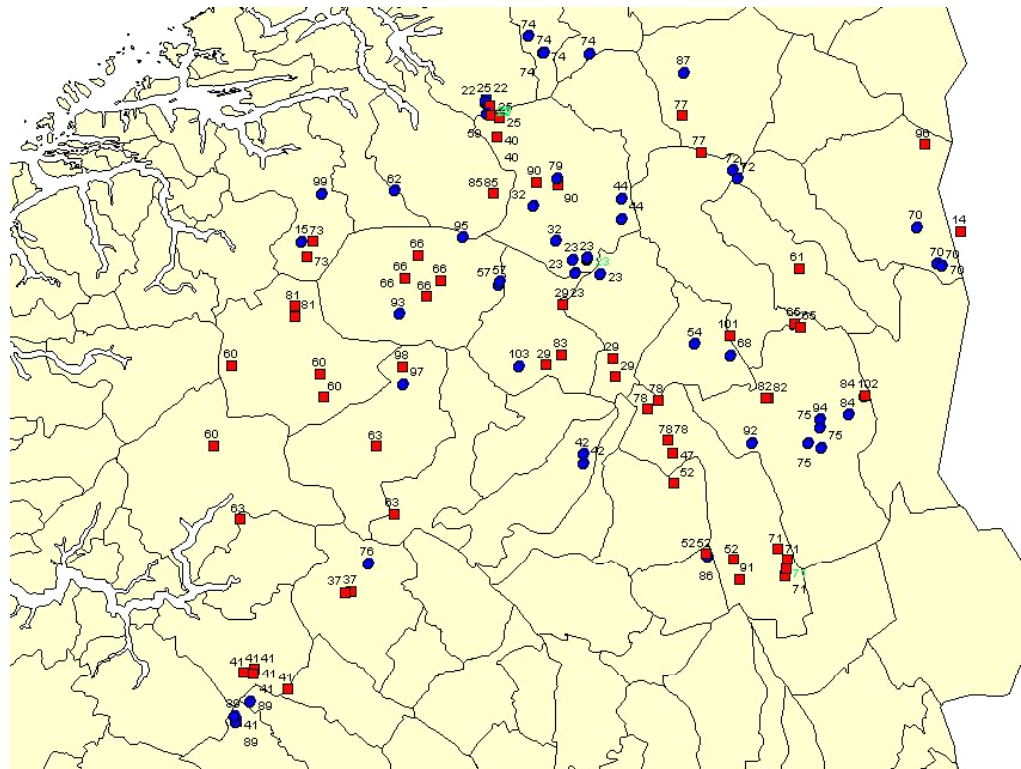


FIG 4. Fordeling av jerv i Sør- og Midt-Norge i 2001 og 2002. Hvert dyr er representert med et datapunkt, også de individer som var representert med flere prøver i ekskrementmaterialet. Skraverte områder indikerer avgrensingen for innsamlingsområdet i 2001 og 2002.

Av de 59 individene som var samlet fra Sør-Trøndelag og sørover i 2002, var 25 representert i ekskrementmaterialet fra 2001. De 34 nye individene fordeler seg sannsynligvis i tre kategorier: 1) voksne dyr som ikke ble samlet i 2001, 2) individer som ble født i 2001 og som dermed hadde liten sannsynlighet for å bli samlet dette året, 3) nye immigranter.

a)



b)

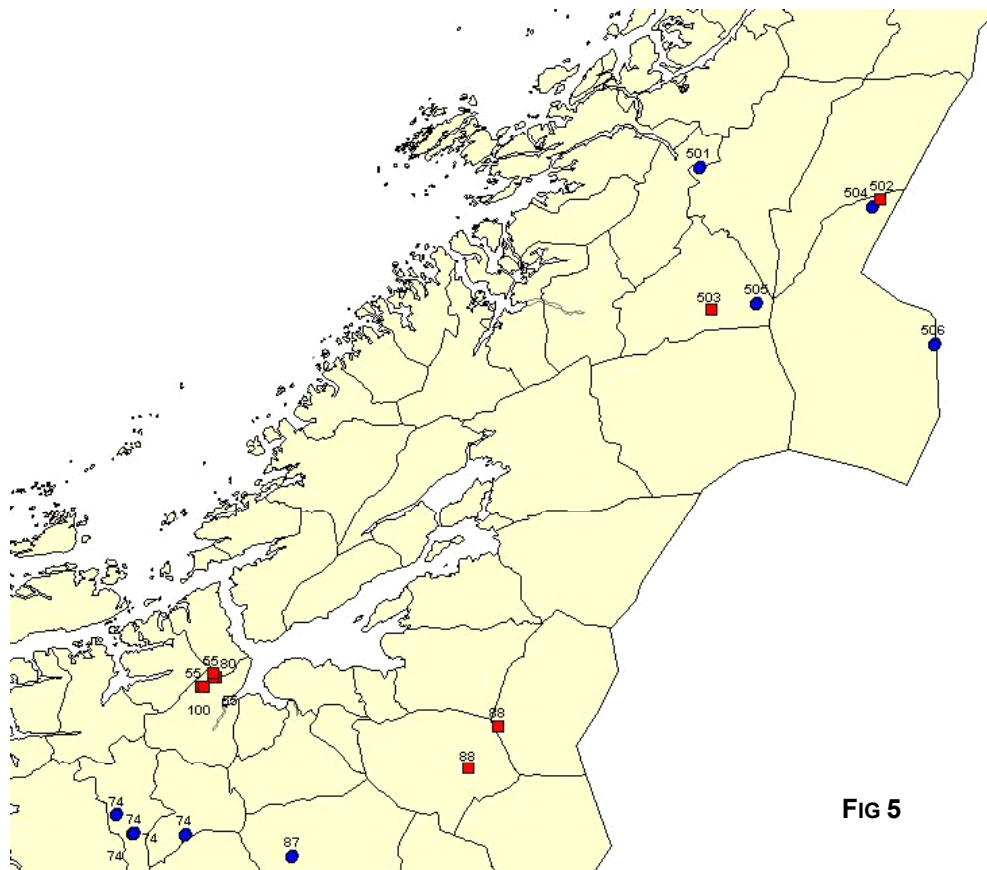


FIG 5

Fig 6 viser individer som er funnet både i 2001 og 2002. De fleste individer er samlet omtrent på samme sted begge år. Vi ser imidlertid at noen individer har beveget seg over 50 kilometer (Fig 6, 7). Dette gjelder uten unntak hanner, noe som igjen støtter en antagelse om at hanner beveger seg mer enn hunner. Forskjellen mellom kjønnene i resamplingsavstander er statistisk signifikant ($p < 0.01$; Mann-Whitney U-test).

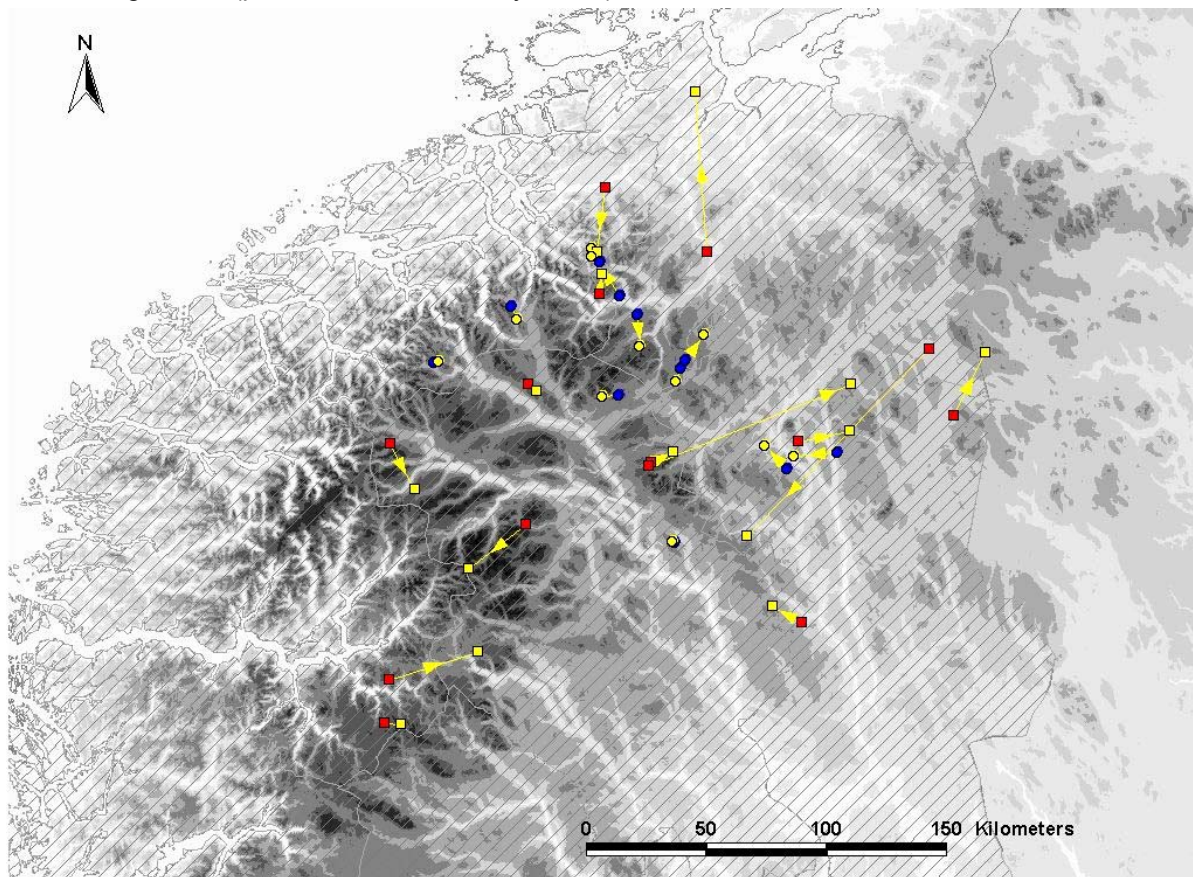


FIG 6. Oversikt over individer som er samlet både i 2001 (rød=hann; blå=hunn) og 2002 (gul markør).

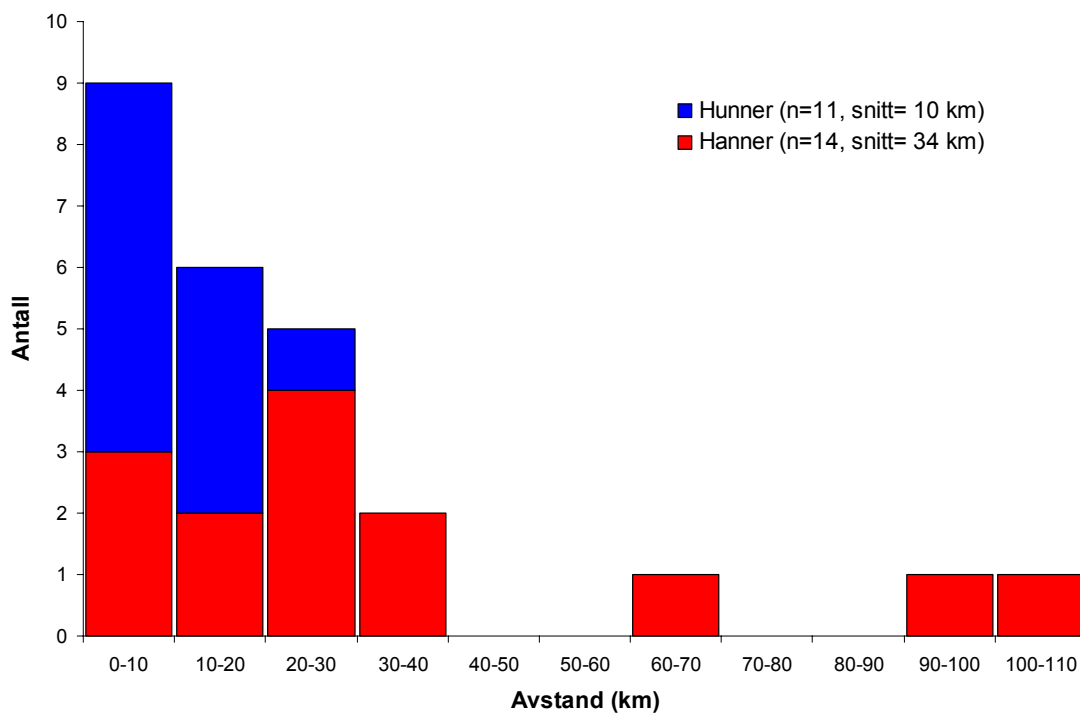


FIG 7

25 individer fra 2001-materialet ble altså gjenfunnet i 2002. I tillegg kommer 10 individer som ikke var representert i ekskrementmaterialet, men som er gjenfunnet i form av voksne felte dyr (Fig 8a,b; Appendix 2) eller radiomerkede reproduserende tisper (Fig 8c,d; Appendix 3). De aller fleste tilfeller der felte eller radiomerkede dyr ikke er gjenfunnet i ekskrementmaterialet ser ut til å skyldes relativt beskjeden sampling i nærheten av lokaliteten der dyret ble skutt eller merket (Appendix 4).

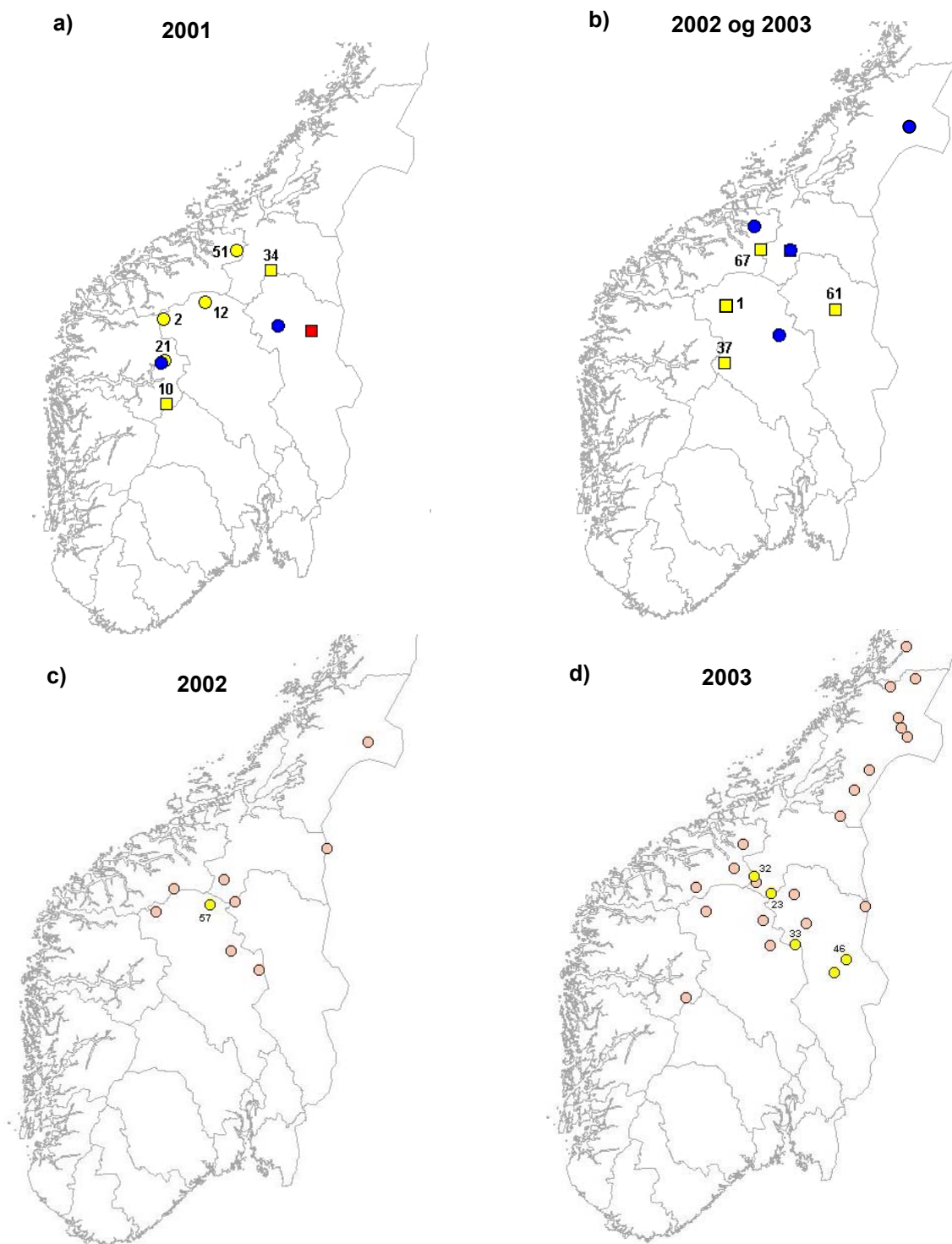
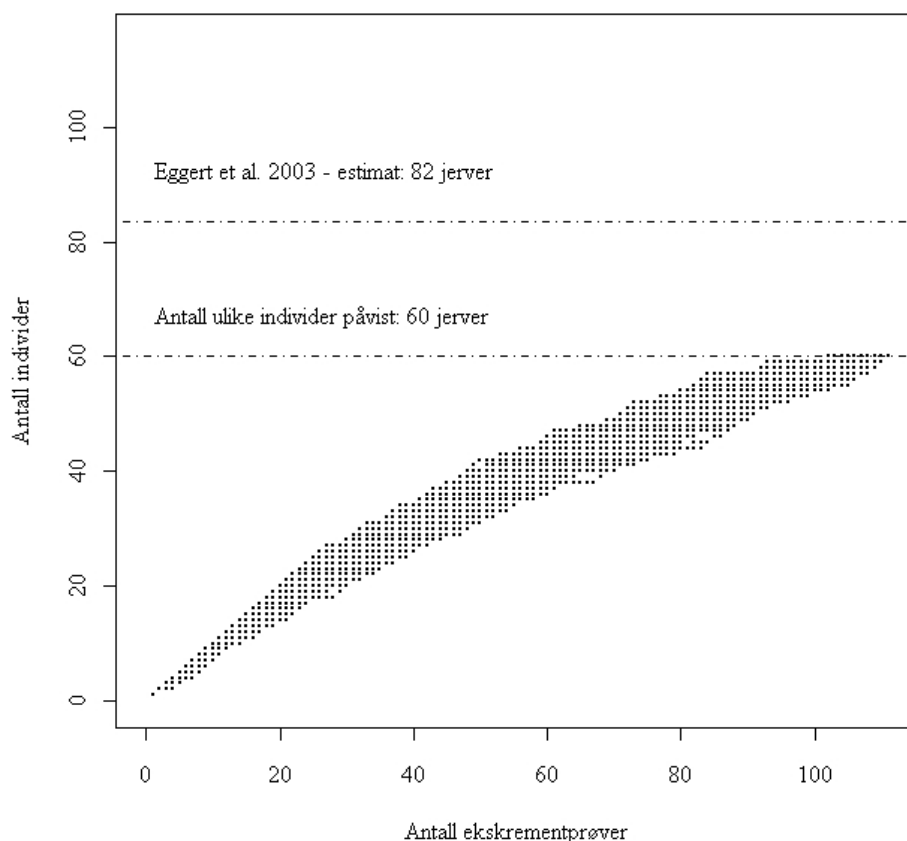


FIG 8. Oversikt over voksne felte dyr (a,b; sirkler=hunner, firkanter=hanner) og radiomerkede ynglende tisper (c,d; gule markører) 2001-2003. Individnummer er gitt for dyr som er gjenfunnet i ekskrementmaterialet. Ynglehi der man ikke har radiomerket tisper er indikert med rosa.

Bestandsestimater

De to datasettene fra 2001 og 2002 representerte altså henholdsvis 60 og 59 ulike individer sør for Nord-Trøndelag. Dette antallet kan sees på som et minsteestimat på bestandsstørrelsen. Det er imidlertid lite realistisk å anta at man har klart å få prøver fra 100% av populasjonen, og bruk av fangst-gjenfangst metodikk kan derfor gi et mer realistisk bilde av bestandsstørrelsen. Eggert's metode (2003) gir et bestandsestimert på 82 (95% CI = 70-116) i 2001 og 72 (95% CI = 64-89) i 2002 (Fig 9.). Hvis man legger punktestimatene til grunn, ser det ut til å være en nedgang på ca.12% i bestandsstørrelsen fra 2001 til 2002. Denne nedgangen kan skyldes at det under fellingssesongen 2001 ble tatt ut flere reprodukerende tisper og/eller avkom, slik at rekrutteringen til populasjonen ble redusert. Til sammenligning ble bestandsstørrelsen estimert til 64 (95% CI = 46-95) både i 2001 og 2002 basert på telling av minimum antall aktive ynglehi. Det ble funnet 12 aktive ynglehi i 2001 og 8 ynglehi i 2002 (Brøseth & Andersen 2003). Fangst-gjenfangst-estimatene synes å ligge noe høyere enn minimumsestimatene basert på antall aktive ynglehi. Forskjellen er imidlertid ikke statistisk signifikant. Generelt kan det sies at tellingen av minimum antall aktive ynglehi gir et konservativt minsteestimat av den reprodukerende delen av bestanden. Denne metoden vil, i motsetning til den genetisk baserte metoden, ikke fange opp streifindivider, og kan dermed til en viss grad underestimere den faktiske populasjonsstørrelsen.

a)



b)

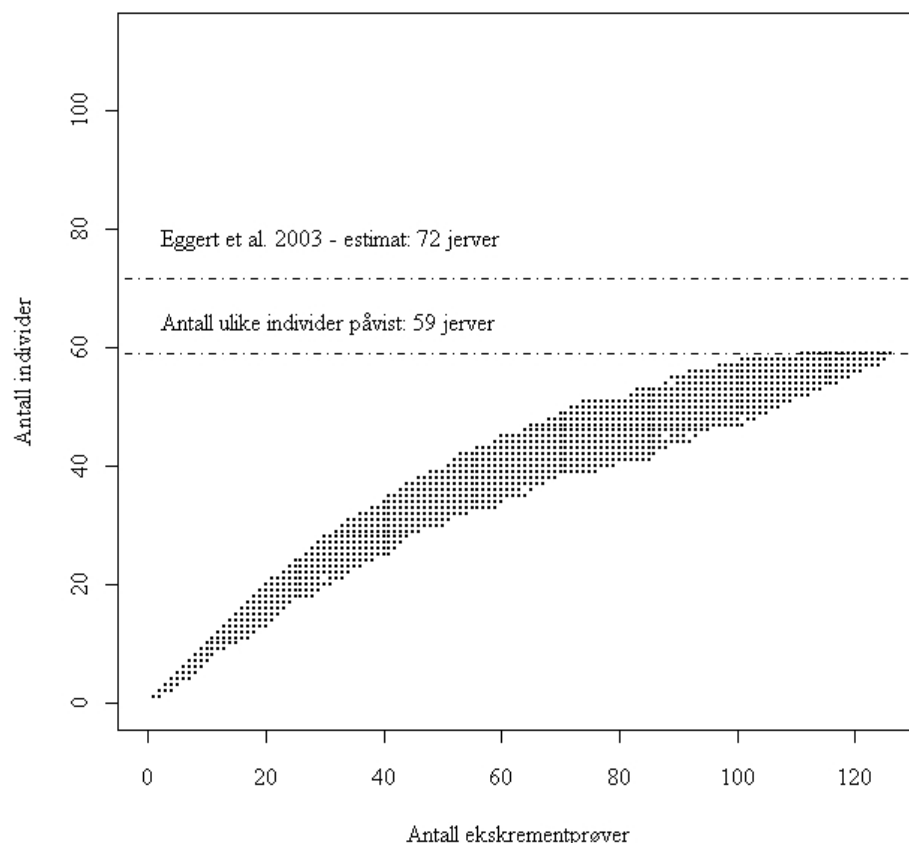
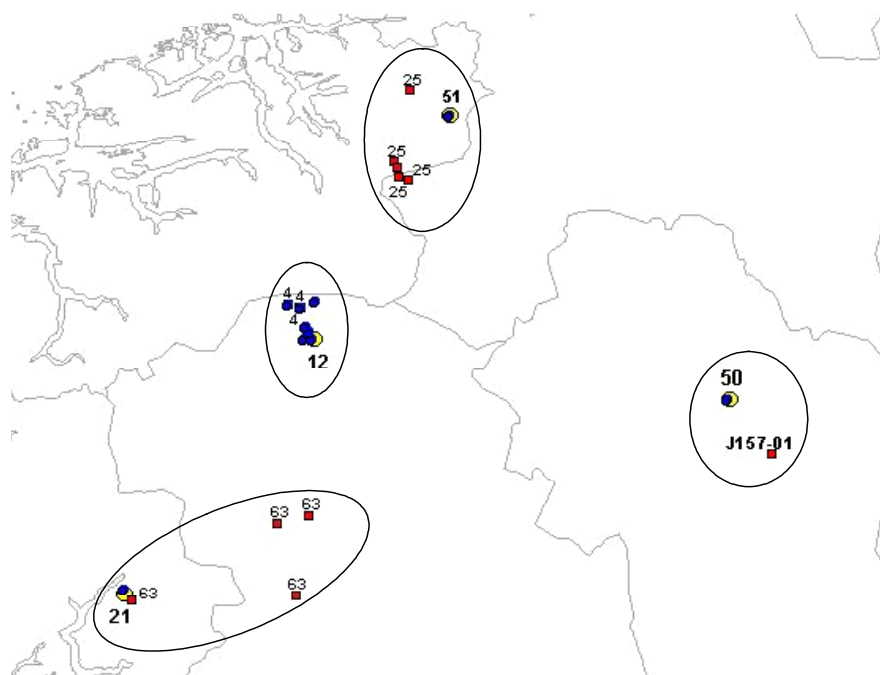


FIG 9. Akkumuleringskurver (1000 replikater) for datasettene fra a) 2001 og b) 2002 i Sør-Norge, samt bestandsestimater for disse årene beregnet ved bruk av metoden til Eggert et al. 2003.

Slektskap

Det å løse opp slektskap mellom individer kan gi verdifull informasjon relevant for overvåkningsvirksomheten. Dette kan si noe om hvor ofte territoriehevdende hunner reproducerer, og hvor mange hanner som inngår i den reproduserende delen av bestanden. Her vil vi konsentrere oss om de slektskapsforholdene der ungene er tatt prøver av som nullåringer (valper). Dette gjelder tilfeller der mor og/eller avkom er tatt ut av bestanden (4 tilfeller i 2001), og tilfeller der mor og/eller avkom er fanget og merket (1 tilfelle i 2002; 5 tilfeller i 2003). Resultatene av disse analysene er oppsummert i Fig 10. I åtte av de ni tilfellene der mor var kjent fant vi en sannsynlig far blant ekskrementprøvene. Vi ser at faren i alle disse tilfellene er funnet nær det aktuelle ynglehiet. I det ene tilfellet der verken mor eller far var kjent, fant vi også et meget sannsynlig foreldrepår. Alle slektskapsrelasjonene hadde et sannsynlighetsnivå 95%, bortsett fra foreldrepåret 21 og 63, som hadde et sannsynlighetsnivå på 80%. Disse resultatene viser at en stor andel av den reproduserende bestanden er samlet. Videre viser de høye sannsynlighetsnivåene at oppløsningen er tilstrekkelig god til å få sikre resultater, spesielt når en av foreldrene er kjent. Gitt den omfattende innsamlingen, vil man også kunne forvente gode resultater i tilfeller der begge foreldrene er ukjente, men hvor lokaliteten til ynglehiene er kjent. Dette fordi antall mulige foreldre reduseres betraktelig i og med den geografiske begrensningen gitt fra ynglehilokaliteten. Det er også mulig å løse opp slektskapsforhold mellom individer der verken alder eller ynglehilokalitet er kjent. Her blir imidlertid usikkerheten større, og vi har derfor valgt å ikke fokusere på slike slektskapsrelasjoner i denne gjennomgangen. I 2002 og 2003 har man samlet inn ekskrementer på en del ynglehi etter at ungene har kommet ut av hiet (mai-juni). Disse prøvene er ikke analysert ennå, men vil sannsynligvis kunne bidra til at vi får ytterligere informasjon om slektskapsforhold i bestanden.

Hiuttak (2001)



Himerking (2002 og 2003)

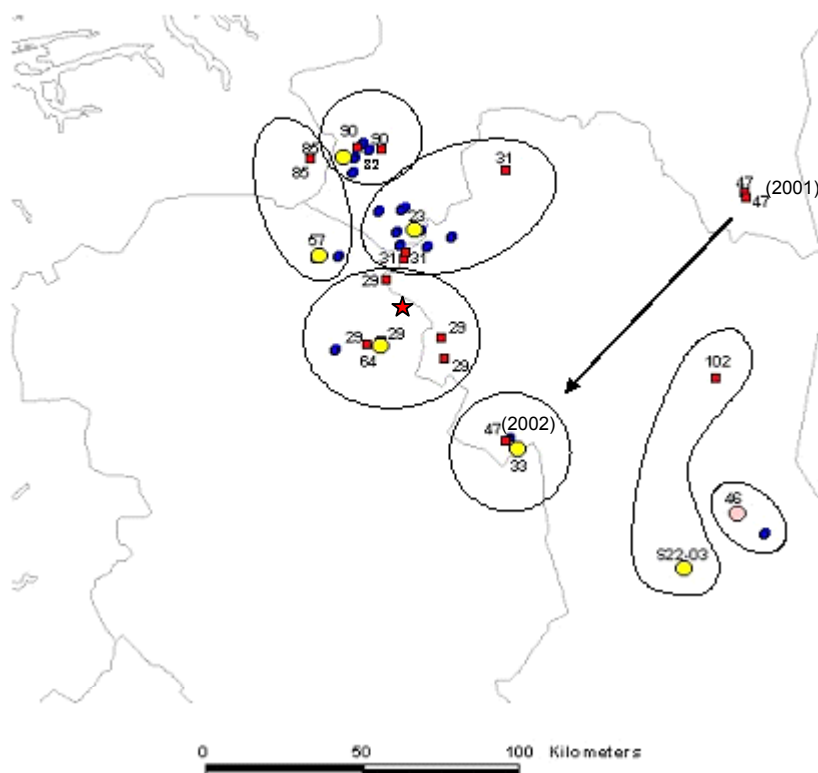


FIG 10. Sannsynlige slektskaps-forhold basert på informasjon fra hiuttak og himerking. De reproduserende parene finnes innenfor de angitte sirklene. Ynglehiene har fått individ-betegnelsen til den reproduserende hunnen (blå markører). 17 av de 20 reproduserende individene var representert i ekskrementmaterialet [9 hunner, 8 hanner (røde markører)]. Ynglehi-et der ingen av foreldrene var kjent er angitt med en stjerne.

Immigrasjon

Tidligere studier har altså vist at den sørnorske jervbestanden til en viss grad er isolert fra resten av jervbestanden på Nordkalotten (Walker et al. 2001, Flagstad et al. 2004). Isolasjonen innebærer forskjeller i den genetiske sammensetningen til delbestandene, som igjen gjør at vi kan detektere immigranter i den sørnorske bestanden. Vi har foreløpig analysert alle individer påvist i 2001 for tilstrekkelig mange loci til å kunne detektere sannsynlige migranter. Individer som bare er funnet i 2002 materialet er foreløpig ikke analysert for tilstrekkelig mange loci til å gjennomføre en slik analyse.

Av de 60 individene som ble funnet i 2001, fant vi seks sannsynlige immigranter (5 hunner og 1 hann; Fig 11). Interessant er det å merke seg at tre av disse dyra er reproduserende hunner (Fig 11: 23, 46 og 50), noe som bidrar til å opprettholde den genetiske variasjonen i bestanden.

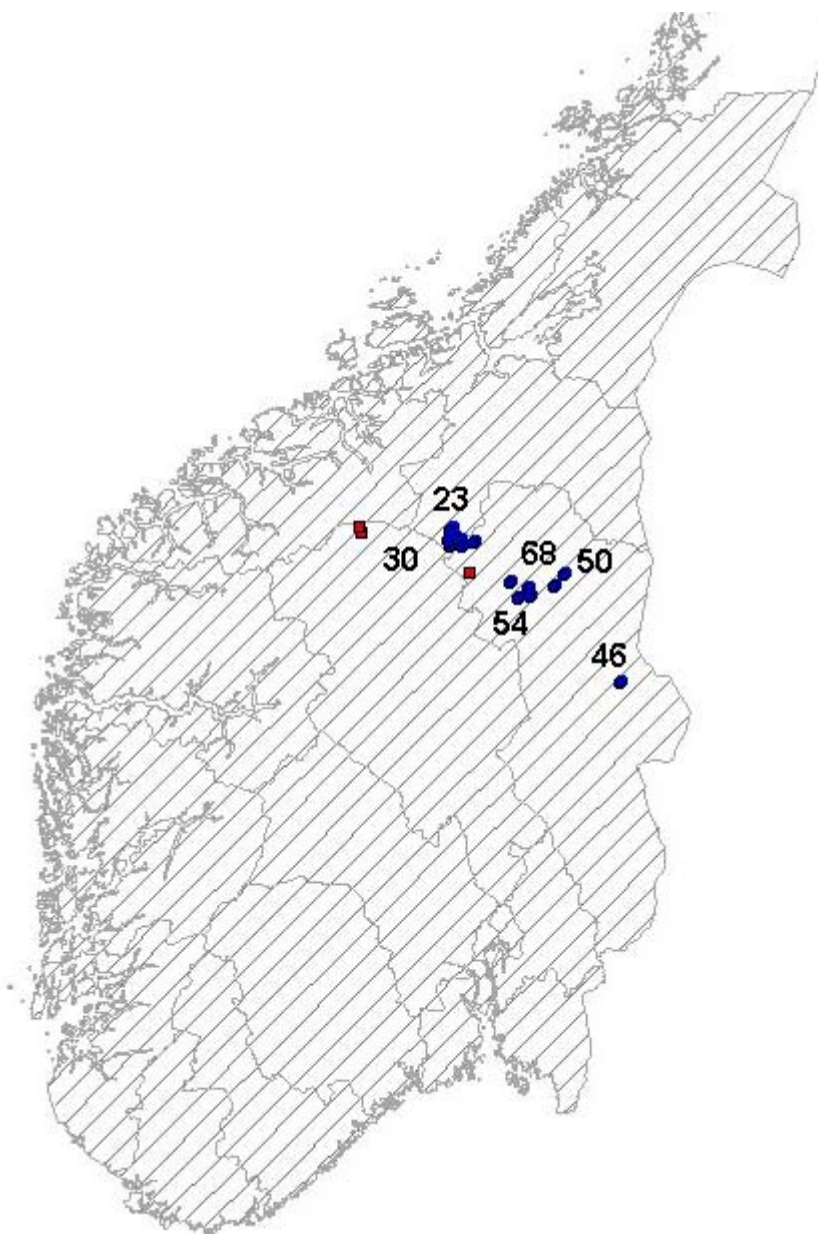


FIG 11. Alle ekskrementprøver (2001 og 2002) som representerer de 6 sannsynlige immigrantere.

Konklusjon

Etter å ha analysert data fra to innsamlingssesonger, synes det som denne metodikken kan bidra med mye interessant og viktig informasjon. Sett i lys av bestandsestimatene fra minimumstellingene av aktive ynglehi, synes fangst-gjenfangst-estimatene basert på innsamlede ekskrementer fornuftige. De vellykkede slektskapsanalysene indikerer at en stor andel av den reproduserende delen av bestanden er samlet. Viktig er det også å kunne slå fast at den sørnorske bestanden ikke synes å være helt isolert fra resten av den skandinaviske jervbestanden. Immigrantene synes endog å bidra til reproduksjon, noe som er meget viktig for å opprettholde den genetiske variasjonen i bestanden og unngå potensielt skadelige innavls effekter.

Vi har nå fått et svært godt datagrunnlag å jobbe videre med. Materialet samlet inn i 2003-sesongen er meget stort ($n=397$, Fig 12), som vil bidra til et enda mer presist estimat på bestandsstørrelse. I tillegg vil disse prøvene gi utfyllende informasjon om immigrasjon og reproduksjon i bestanden. Vi takker alle som har bidratt til innsamling av prøver og ser fram til å fremlegge de nye resultatene fra 2003-materialet omkring 1 april 2004.

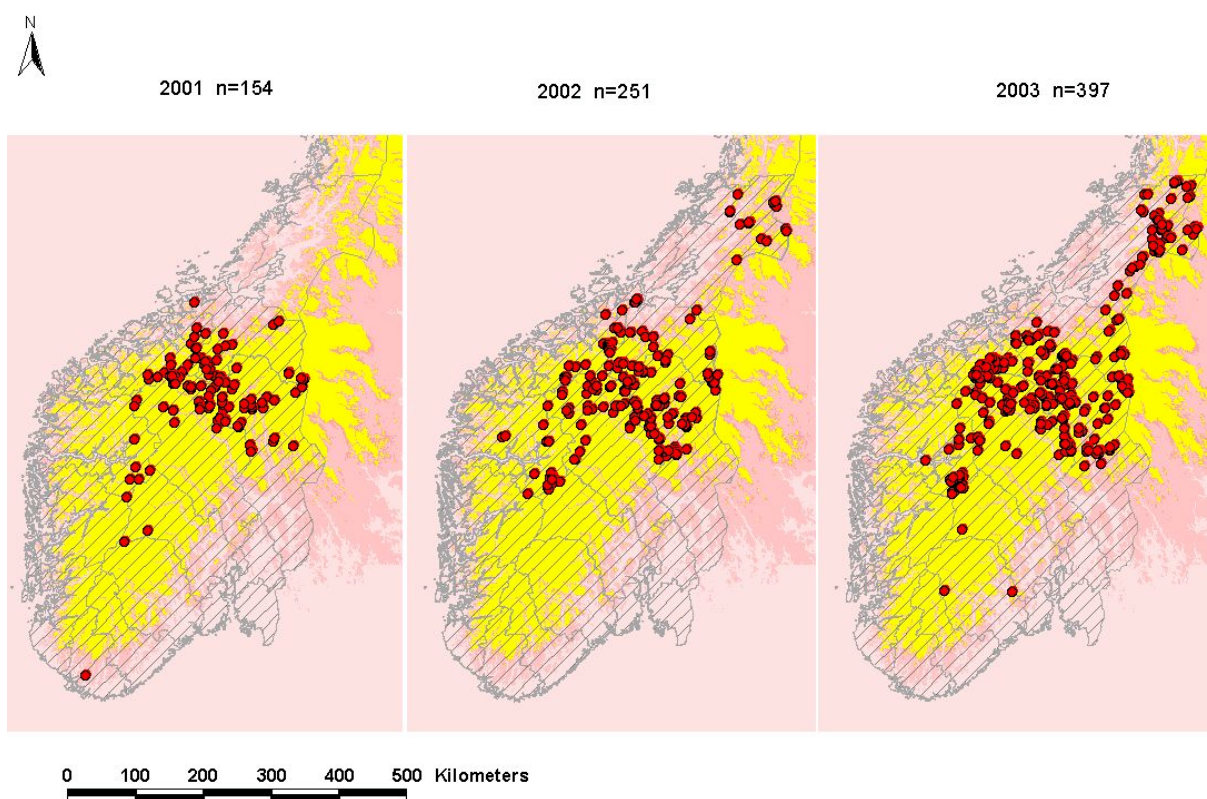


FIG 12. Innsamlede ekskrementprøver i det nasjonale overvåkingsprogrammet for store rovdyr i 2001, 2002 og 2003.

Referanser

- Brøseth, H. & Andersen, R. 2003. Yngleregistreringer av jerv i Norge i 2003. NINA Minirapport 16: 9 Pp.
- Dallas, J. F., and S. B. Pieltney. 1998. Microsatellite primers for the Eurasian otter. *Molecular Ecology* 7:1248-1251.
- Davis, C. S., and C. Strobeck. 1998. Isolation, variability, and cross-species amplification of polymorphic microsatellite loci in the family Mustelidae. *Molecular Ecology* 7:1776-1778.

- Duffy, A. J., A. Landa, M. O'Connell, C. Stratton, and J. M. Wright. 1998. Four polymorphic microsatellites in wolverine, *Gulo gulo*. *Animal Genetics* **29**:63–72.
- Eggert, L. S., Eggert, J. A., and D. S. Woodruff. 2003. Estimating population sizes for elusive animals: the forest elephants of Kakum National Park, Ghana. *Molecular Ecology* **12**:1389–1402.
- Flagstad, Ø., Hedmark, E., Landa, A. Brøseth, H., Persson, J., Andersen, R., Segerström, P., and H. Ellegren. 2004. Colonization history and noninvasive monitoring of a re-established wolverine population. *Conservation Biology* (in press).
- Hedmark, E., Flagstad, Ø., Segerström, P., Persson, J., Landa, A., and H. Ellegren. 2004. DNA-based individual and sex identification from wolverine (*Gulo gulo*) faeces and urine. *Conservation Genetics* (in press).
- O'Connell, M., J. M. Wright, and A. Farid. 1996. Development of PCR primers for nine polymorphic American mink *Mustela vison* microsatellite loci. *Molecular Ecology* **5**:311–312.
- Marshall, T. C., J. Slate, L. Kruuk, and J. M. Pemberton. 1998. Statistical confidence for likelihood-based paternity inference in natural populations. *Molecular Ecology* **7**:639–655.
- Pritchard, J. K., M. Stephens, and P. Donnelly. 2001. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* **155**:945–959.
- Walker, C. W., C. Vilà, A. Landa, M. Lindén, and H. Ellegren. 2001. Genetic variation and population structure in Scandinavian wolverine (*Gulo gulo*) populations. *Molecular Ecology* **10**:53–65.

Adresseliste:

Fylkesmannen i Finnmark
 Fylkesmannen i Troms
 Fylkesmannen i Nordland
 Fylkesmannen i Nord-Trøndelag
 Fylkesmannen i Sør-Trøndelag
 Fylkesmannen i Møre og Romsdal
 Fylkesmannen i Oppland
 Fylkesmannen i Hedmark
 Fylkesmannen i Østfold
 Fylkesmannen i Oslo og Akershus
 Fylkesmannen i Vestfold
 Fylkesmannen i Buskerud
 Fylkesmannen i Telemark
 Fylkesmannen i Aust-Agder
 Fylkesmannen i Vest-Agder
 Fylkesmannen i Rogaland
 Fylkesmannen i Hordaland
 Fylkesmannen i Sogn og Fjordane
 Miljøverndepartementet
 DN-viltseksjonen
 DN-SNO

Dette dokumentet er også tilgjengelig som .pdf dokument på internett: www.nina.no/nidaros

Appendix 1.

Fungerende ekskrementprøver fra 2002-materialet (Kjønn: M=hann; F=hunn).

Individ	Prøve							Kjønn
Individ14	R205483							M
Individ15	R205411							F
Individ22	R205405	R205408	R205409					F
Individ23	R205346	R205337	R205338	R205446	R205217	R205451	R205227	F
Individ25	R205407	R205426	R205412	R205425				M
Individ29	R205364	R205335	R205211	R205256				M
Individ32	R205187	R205186						F
Individ37	R205440	R205275						M
Individ40	R205431	R205433						M
Individ41	R300100	R205387	R300101	R205382	R205388	R205386		M
Individ42	R205232	R205135						F
Individ44	R205449	R205447						F
Individ47	R205334							M
Individ52	R205444	R205358	R205310	R205443				M
Individ54	R205219							F
Individ55	R205464	R205456	R205461					M
Individ57	R205263	R205258						F
Individ59	R205424							F
Individ60	R205301	R205305	R205391	R205303				M
Individ61	R300087							M
Individ62	R205417							F
Individ63	R300122	R205390	R300119					M
Individ65	R205139	R205342						M
Individ66	R205262	R205257	R205261	R205241	R205260			M
Individ68	R205223							F
Individ70	R205482	R205472	R205474	R205473				F
Individ71	R204866	R205075	R205074	R204656				M
Individ72	R301575	R301576						F
Individ73	R205420	R205422						M
Individ74	R205397	R205401	R205399	R205400	R205183			F
Individ75	R205121	R205122	R205117					F
Individ76	R205439							F
Individ77	R205476	R205477						M
Individ78	R205362	R205195	R205194	R205363				M
Individ79	R205324							F
Individ80	R205455							M
Individ81	R205306	R205302						M
Individ82	R204655	R204626						M
Individ83	R205254							M
Individ84	R205380	R300115						F
Individ85	R205413	R205414						M
Individ86	R205442							F
Individ87	R205361							F
Individ88	R300042	R205475						M
Individ89	R300105	R300106	R300107					F
Individ90	R205188	R205325						M
Individ91	R205203							M
Individ92	R205215							F
Individ93	R205246							F
Individ94	R205114							F
Individ95	R205423							F
Individ96	R205478							M
Individ97	R300120							F
Individ98	R205136							M
Individ99	R205418							F
Individ100	R205458							M
Individ101	R205343							F
Individ102	R300114							M
Individ103	R205255							M
Individ501*	R205533							F
Individ502*	R205469							M
Individ503*	R205142							M
Individ504*	R205466							F
Individ505*	R205460							F
Individ506*	R300044							F

Appendix 2.

Oversikt over felte dyr 2001-2003.

Prøveidentitet	Alder/kjønn	Feltdato/ Funn dato	Individnummer	Funnet i ekskrementmaterialet
J63-01	valp	22.04.2001	-	
J64-01	valp	22.04.2001	-	
J65-01	valp	22.04.2001	-	
J76-01	voksen tisper	02.05.2001	12	2000 + 2001
J77-01	valp	02.05.2001	-	
J78-01	valp	02.05.2001	-	
J80-01	valp	30.04.2001	-	
J81-01	valp	04.05.2001	-	
J82-01	voksen tisper	04.05.2001	51	2001
J85-01	voksen tisper	08.05.2001	21	2001
J86-01	valp	09.05.2001	-	
J148-01	voksen tisper	14.09.2001	-	ikke funnet
J157-01	voksen hann	29.04.2001	-	ikke funnet
J54-02	valp	16.04.2001	-	
J55-02	voksen tisper	14.01.2002	-	ikke funnet
J56-02	voksen tisper	15.01.2002	-	ikke funnet
J86-02	voksen hann	11.02.2002	67	2001
J108-02	voksen tisper	07.12.2001	2	2000 + 2001
J161-02	voksen hann	20.07.2001	34	2001
J171-02	voksen hann	17.11.2002	-	ikke funnet
J174-02	voksen tisper	17.11.2002	-	ikke funnet
J30-03	voksen tisper	28.11.2001	-	ikke funnet
J32-03	voksen hann	13.02.2001	10	2000
J34-03	voksen tisper	10.11.2002	-	ikke funnet
J49-03	voksen hann	13.10.2002	61	2001 + 2002
J54-03	valp	10.05.2002	samme som S15-02 (appendix 3)	
J55-03	voksen tisper	31.03.2003	-	ikke funnet
J62-03	voksen hann	06.04.2003	1	2000 + 2001
J73-03	ung hann	04.02.2003	-	
R205275	voksen hann	07.05.2002	37	2001 + 2002
R300777	ukjent hann	20.10.2002	-	
R301471	ukjent hann	01.01.2003	-	

Appendix 3.

Oversikt over merkede dyr (radio-/microchipmerket).

Prøveidentitet	Alder/kjønn	Ynglehi	Merket dato	Individnummer	Funnet i ekskrementmaterialet
S14-02	valp	NOP-003	01.05.2002	-	
S15-02	valp	NOP-003	01.05.2002	J54-03 (appendix 2)	
S16-02	voksen tisper	NOP-003	01.05.2002	57	2001 + 2002
S17-03	voksen tisper	NHE-006	01.05.2003	46	2001
S18-03	valp	NHE-006	01.05.2003	-	
S19-03	voksen tisper	NST-004	01.05.2003	23	2001 + 2002
S20-03	valp	NST-004	01.05.2003	-	
S21-03	valp	NST-004	01.05.2003	-	
S22-03	voksen tisper	NHE-004	01.05.2003	-	ikke funnet
S23-03	valp	NHE-004	01.05.2003	-	
S24-03	valp	NHE-004	01.05.2003	-	
S25-03	valp	NHE-004	01.05.2003	-	
S26-03	voksen tisper	NOP-009	01.05.2003	33	2001
S27-03	valp	NOP-009	01.05.2003	-	
S28-03	valp	NOP-009	01.05.2003	-	
S29-03	voksen tisper	NST-003	01.05.2003	32	2001 + 2002
S30-03	valp	NST-003	01.05.2003	-	
S31-03	valp	NST-003	01.05.2003	-	
S32-03	valp	NOP-005	01.05.2003	-	
S33-03	valp	NOP-005	01.05.2003	-	
S34-03	voksen hann		01.05.2003	71	2002

Appendix 4.

Kartutsnitt som viser lokaliteten til vevsprøver samt radiomerkede tisper som ikke er representert i ekskrementmaterialet for 2001 og 2002. Ekskrementprøver som er individbestemt er indikert med svarte markør og individnummer.

