

Populasjonsovervåking av jerv i Skandinavia ved hjelp av DNA-analyse fra ekskrementer 2001-2003

Øystein Flagstad
Henrik Brøseth
Eva Hedmark
Hans Ellegren

Nasjonalt overvåkingsprogram for store rovdyr

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.



LAGSPILL



ENTUSIASME



INTEGRITET



KVALITET

Innhold

Innhold	2
Bakgrunn.....	3
Metodikk.....	4
Innsamling og laboratoriearbeid	4
Bestandsestimater, populasjonsstruktur og slektskapsanalyser	5
Resultater og diskusjon	6
Sør- og Midt-Norge	6
Suksessrate og genotypningskvalitet	6
Geografisk fordeling av fungerende prøver og individbestemmelse	6
Bestandsestimater	10
Oppdaterte slektskapsanalyser	11
Sverige.....	13
Suksessrate og genotypningskvalitet.....	13
Geografisk fordeling av fungerende prøver og individbestemmelse	14
Slektskapsanalyser.....	16
Populasjonsstruktur i Skandinavia.....	16
Konklusjon	18
Referanser	19
Appendix 1.....	21
Appendix 2.....	23
Appendix 3.....	24

Bakgrunn

Den skandinaviske jervbestanden er gjennom yngleregistreringer i 1998-2000 estimert til 595 ± 69 individer og må ansees som sårbar. Omfattende overvåking av populasjonen er av betydning for å kunne følge bestandsutviklingen på den Skandinaviske halvøy. Bestanden i Sør-Norge forvaltes 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 forsvarlig måte.

Det at jerven er en art med store arealkrav i fjellet hvor det til tider er 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 overvåking av bestander som kan supplere populasjonsestimater basert på minimumstellingene 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 reproduktiv suksess i bestanden.

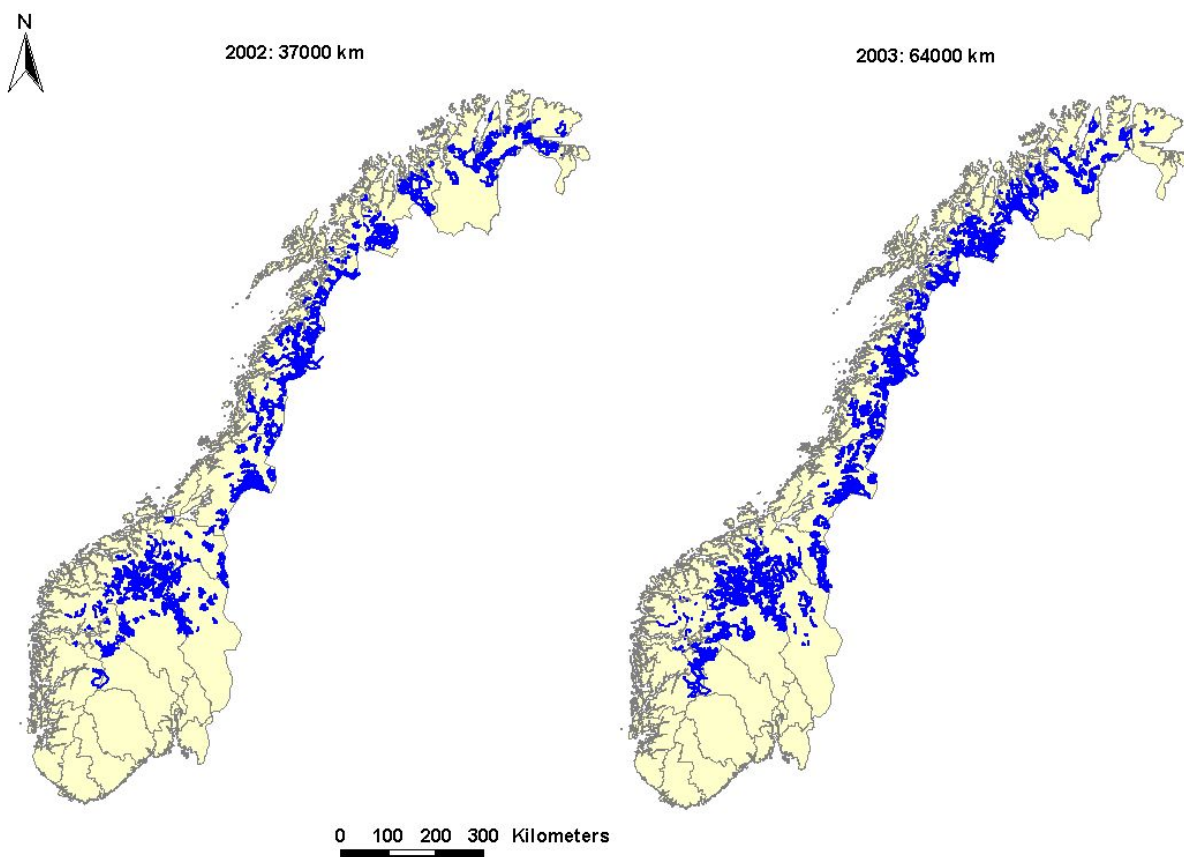
Vi har i løpet av de 3-4 siste årene utviklet en robust DNA-basert overvåkningsmetode på jerv. Innsamlet ekskrementmateriale kan med stor grad av sikkerhet gi identitet og kjønn fra genetiske profiler. Tidligere har vi rapportert fra analysen av 464 ekskrementprøver innsamlet i Sør-Norge i løpet av 2000, 2001, og 2002. 2000-materialet (59 prøver) ble i hovedsak samlet inn i Lesja kommune, mens det fra våren 2001 ble iverksatt rutinemessig innsamling over hele jervens utberedelsesområde i Sør-Norge (til fylkesgrensen mellom Sør- og Nord-Trøndelag, unntatt Fosen). I 2002 ble innsamlingsområdet utvidet til også å innbefatte Nord-Trøndelag. Av 154 innsamlede prøver i 2001, kunne 111 individ- og kjønnsbestemmes. Disse 111 prøvene representerte 60 ulike individer, 30 hunner og 30 hanner. I 2002 var suksessraten for vellykket genetisk analyse en del lavere, hvor 132 av 251 innsamlede prøver kunne individ- og kjønnsbestemmes. Disse prøvene representerte 65 ulike individer, 32 hunner og 33 hanner, hvorav 6 var påvist i Nord-Trøndelag (se **figur 4**).

I denne rapporten vil vi i hovedsak fokusere på resultatene fra materiale som ble innsamlet i Sør- og Midt-Norge i 2003 samt materiale fra Jämtland og Dalarna samlet inn i 2002 og 2003. Resultatene vil i sin tur knyttes opp mot resultatene fra Sør-Norge i 2001 og 2002. Vi vil først og fremst legge vekt på estimering av bestandsstørrelse og populasjonsstruktur. I denne sammenhengen vil vi diskutere i hvilken grad jervbestanden i Sør-Norge er genetisk isolert fra jerv i nærliggende områder i Norge og Sverige (Nord-Trøndelag, Dalarna og Jämtland). Materialet innsamlet fra "skogsjervene" i Sverige omhandles i en separat rapport.

Metodikk

Innsamling 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 bla SNO, Fjellstyrer, Bygdeallmenninger, lokale rovviltkontakter og privatpersoner har vært det utøvende leddet i overvåkingen. Minimum dekningsgrad i overvåkingsarbeidet på jerv i Norge i 2002 og 2003 er registrert med GPS-mottakere og kartkopier som vist i **figur 1**.



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

Innsamlingen av materialet i Sverige har på regionalt nivå vært administrert av Länsstyrelsen. Det praktiske arbeidet har blitt utført av "naturbevakare" i Länsstyrelsen.

Totalt 397 antatte jervekskrementer ble samlet inn over hele Sør- og Midt-Norge (inkludert Trøndelagsfylkene) i 2003. I Jämtland og Dalarna ble det samlet inn totalt 138 ekskrement- og sekretprøver. I tillegg ble det samlet inn 5 hårprøver og 2 urinprøver som vi foreløpig ikke har fått noen resultater fra.

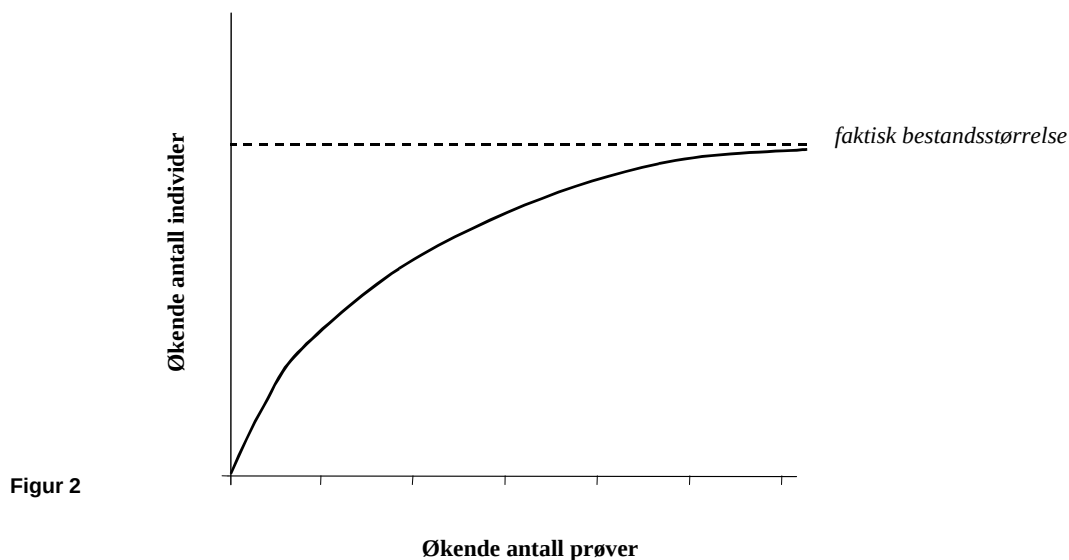
I tilfeller av vellykket ekstraksjon av jervspesifikt kjerne-DNA, har vi gjennomført genotyping på tvers av 10 mikrosatelitt-markører: Gg7 (Davies and Strobeck 1998), Ggu14, Ggu42, Gg443, Gg454, Gg465 (Walker et al. 2001), Gg216, Gg234 (Duffy et al. 1998), Mvis072, Mvis075 (O'Connell et al. 1996). Alle 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 Piernney 1998). 30 utvalgte individer fra Nord-Trøndelag og Jämtland/Dalarna er også analysert for 18 loci.

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 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 (DBY3Ggu, DBY7Ggu; 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. Med den graden av genetisk variasjon som finnes hos den skandinaviske jerven, er sannsynligheten for at to ulike individer har samme multi-locus genotype (dvs er identiske på tvers av 10 loci) svært lav. For ubeslektede individer er denne sannsynligheten < 0.01 promille, mens den for helsøsken er < 3 promille.

Bestandsestimater, populasjonsstruktur 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 prøver fra hele bestanden. Dette prinsippet kan uttrykkes i form av en akkumuleringskurve som illustrert i **figur 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 jervbestanden i Sør- og Midt-Norge.



Siden jervbestanden i Sør-Norge er genetisk differensiert fra resten av bestanden på Nordkalløtten, 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, og visualisert genotypene ved en "factorial correspondence analysis" (FCA; Benzecri 1973).

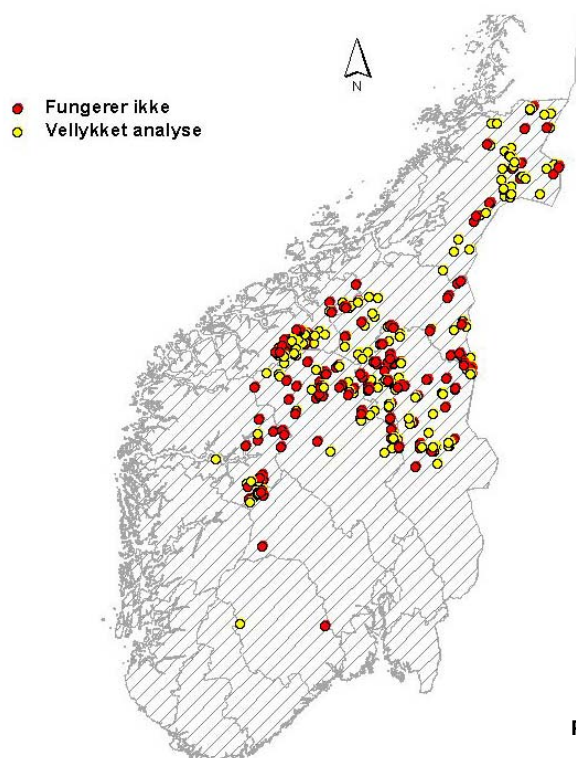
Slektskap mellom individer ble bestemt ved hjelp av metoden beskrevet av Marshall et al. (1998). Kun individer som var samplet i eller ved et ynglehi ble undersøkt. Kandidatforeldre ble plukket ut blant individer som var samplet i nærhet til det aktuelle ynglehi.

Resultater og diskusjon

Sør- og Midt-Norge

Suksessrate og genotypningskvalitet

Vellykket genetisk analyse ble gjennomført på 196 av de totalt 397 prøvene som ble samlet inn i 2003 (**figur 3, Appendix 1**). Dette utgjør ca. 50% av innsamlet materiale, dvs. omtrent samme suksessrate som for 2002-materialet. Denne suksessraten er imidlertid betydelig lavere enn det vi oppnådde i 2001, da den lå på ca. 70 %. Det er fortsatt uklart for oss hvorfor suksessraten har vært såpass lav for det norske materialet de to siste årene, spesielt siden vi i samme periode har hatt en adskillig høyere suksessrate på ekskrementmateriale fra Sverige (ca. 70%; se **figur 11, Appendix 3**). For å øke suksessraten ved senere innsamlinger i Sør- og Midt-Norge, bør vi diskutere muligheten for ulike lagringsalternativer i felt. Eksempelvis kan man tenke seg et opplegg der en liten del av prøven legges i 70% etanol, mens resten av prøven fryses som tidligere. Ekskrementmateriale som er blitt lagret i alkohol har i flere tilfeller gitt en høy genotypningsrate for andre arter (se Eggert et al. 2003, Frantz et al. 2003).

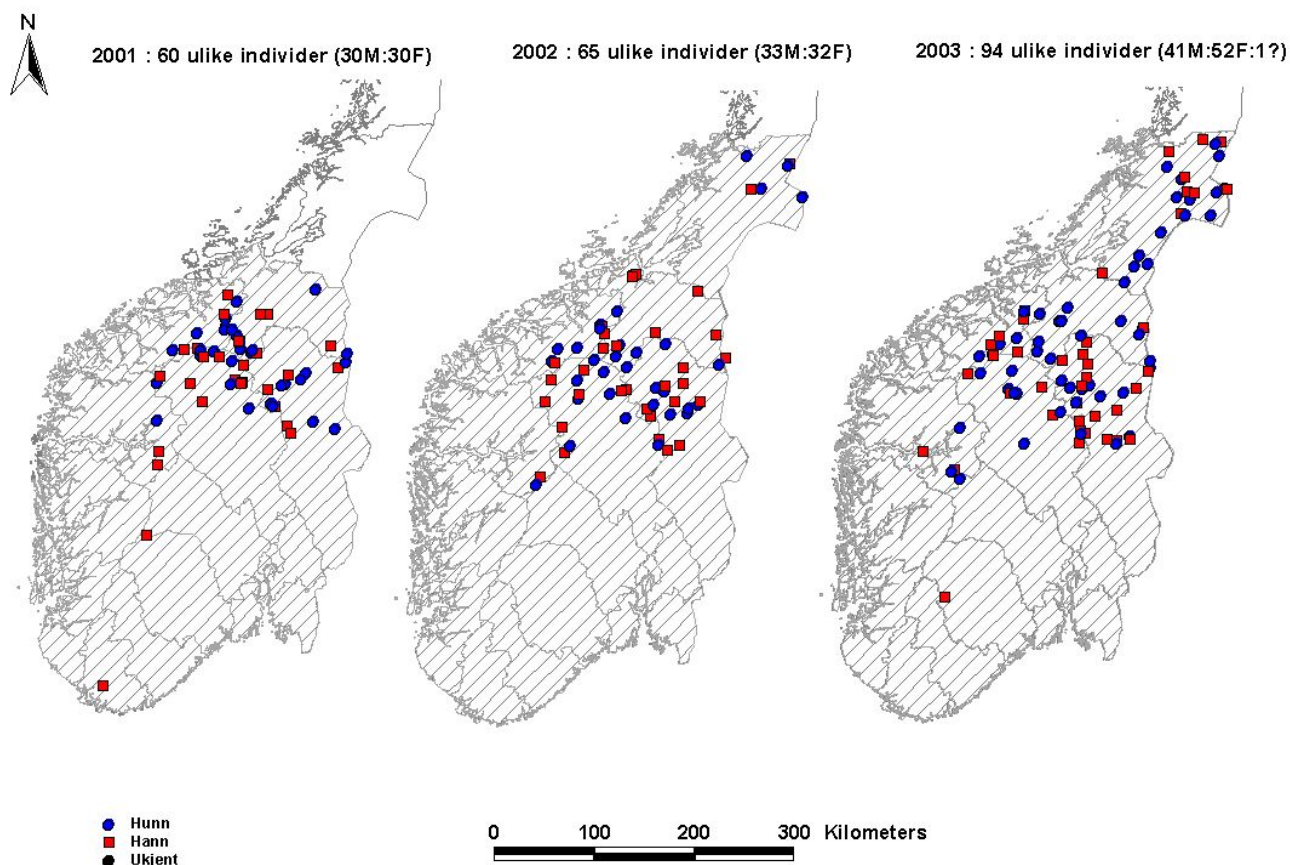


Figur 3

Kvaliteten på genotypingen av de fungerende prøvene er fortsatt god. 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 detektert i 2003. 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 feiltolkning av genotypen i ca. 3 av 2000 tilfeller.

Geografisk fordeling av fungerende prøver og individbestemmelse

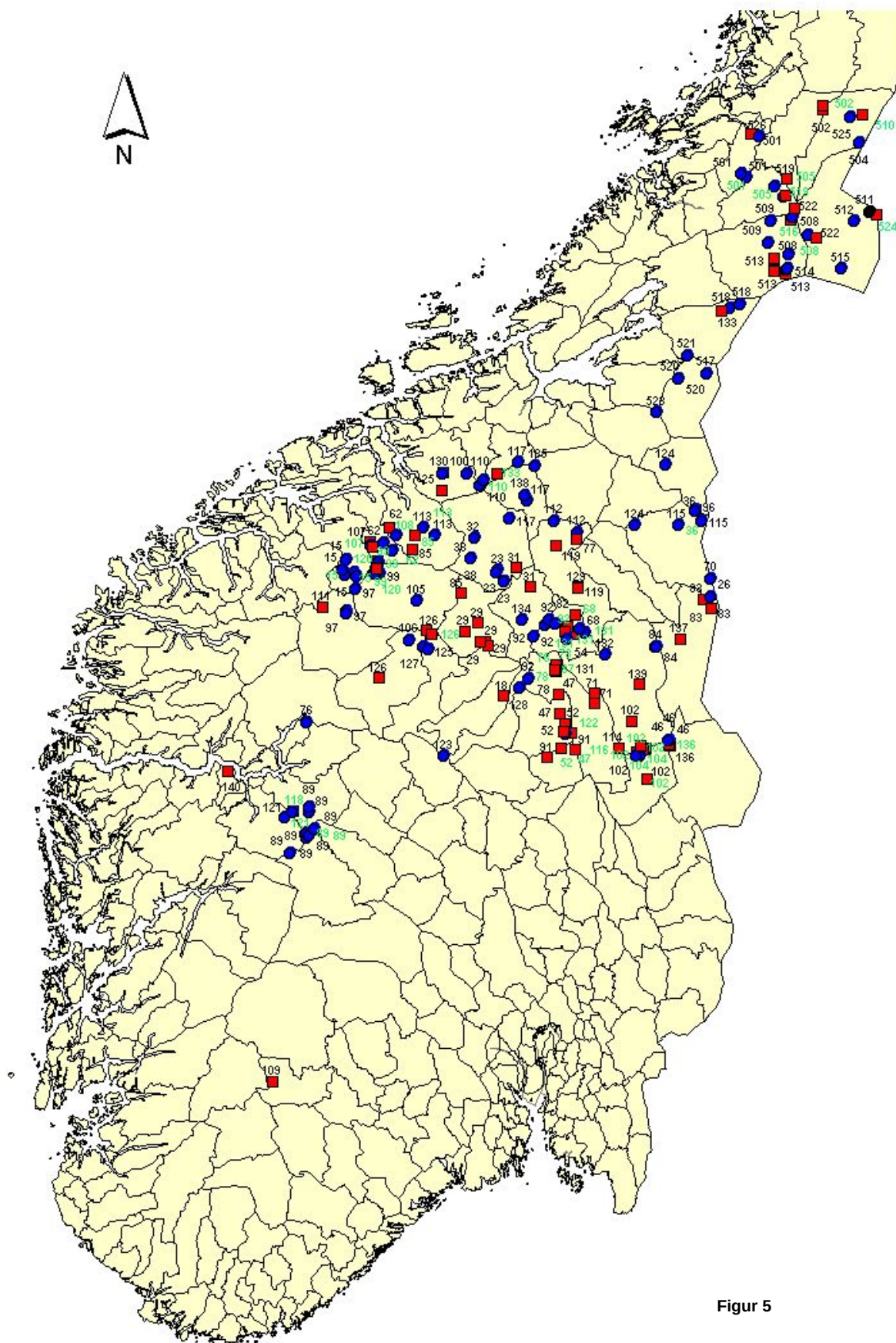
De 196 fungerende prøvene representerte 94 ulike individer (**figur 4, Appendix 1**). 71 av disse dyra (38 hunner, 33 hanner) var påvist i Sør-Norge, dvs fra og med Sør-Trøndelag og sørover. De resterende 23 (13 hunner, 9 hanner, 1 ukjent) var funnet i Nord-Trøndelag. Detaljerte kart for alle fungerende prøver for 2003 er gitt i **figur 5**. Som for de foregående innsamlings sesongene ser vi at de aller fleste individer er representert ved prøver som er funnet relativt nær hverandre.



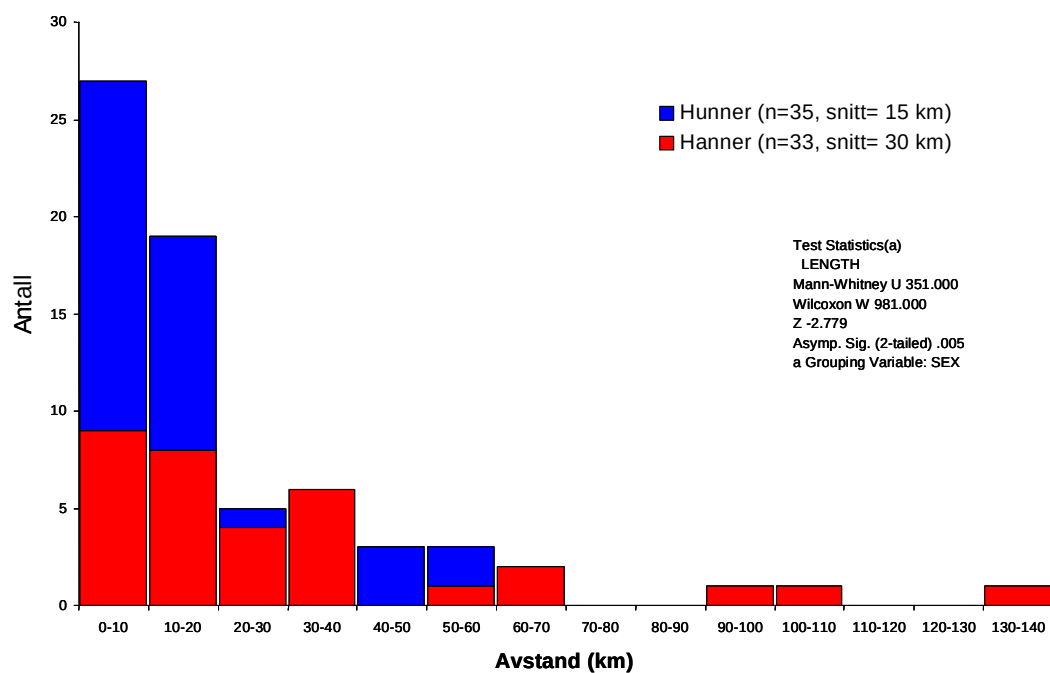
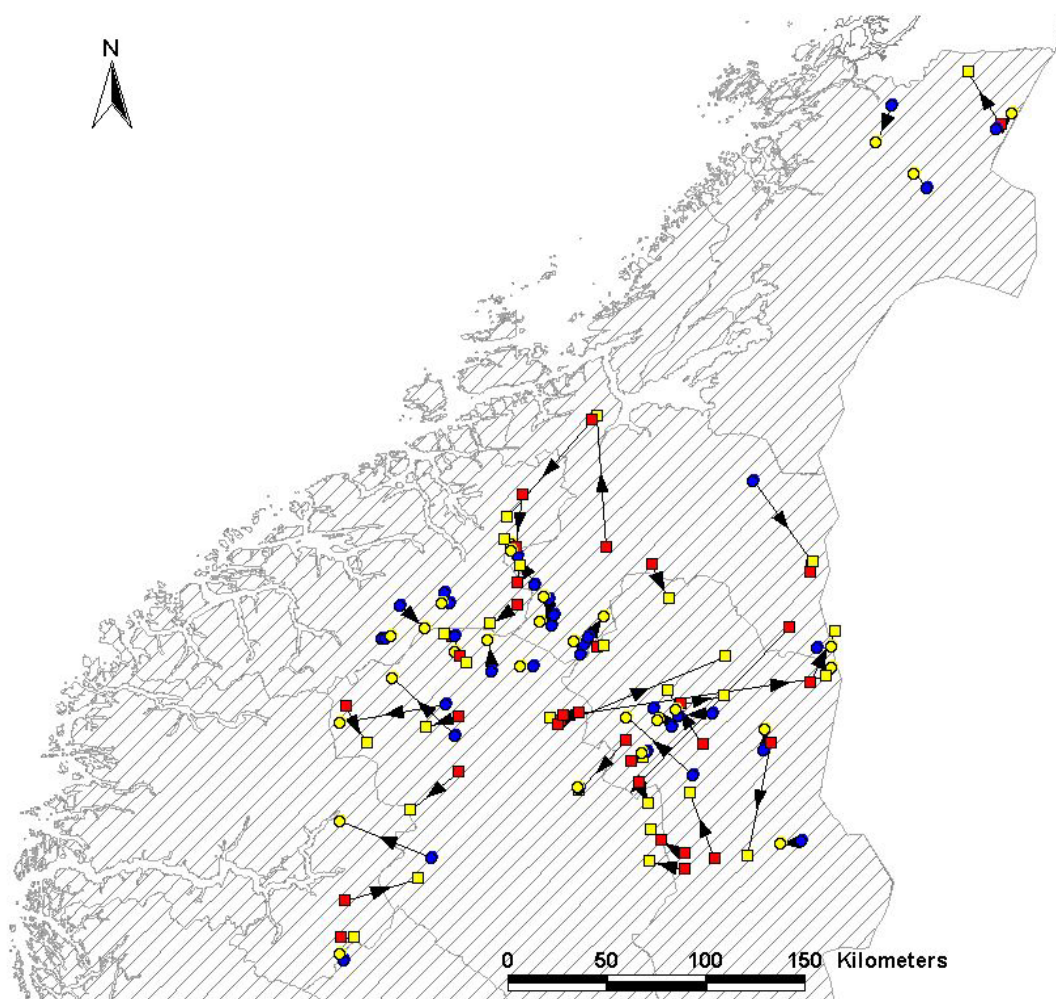
Figur 4. Fordeling av jerv i Sør- og Midt-Norge i 2001-2003. Hvert dyr er representert med et datapunkt, også de individer som var representert med flere prøver i ekskrementmaterialet. Skraverte områder indikerer avgrensingen for innsamlingsområdet det enkelte år.

Av de 71 individene som var samlet fra Sør-Trøndelag og sørover i 2003, var 34 representert i ekskrementmaterialet innsamlet tidligere (2001 og/eller 2002). De 37 nye individene fordeler seg sannsynligvis i tre kategorier: (1) Voksne dyr som ikke er blitt samlet tidligere, (2) Individer som ble født i 2002 og som dermed hadde svært liten sannsynlighet for å bli samlet dette året, (3) Nye immigranter.

Individer som er representert i to eller flere innsamlingssesonger er vist i **figur 6**. De fleste individer synes å oppholde seg omtrent på samme sted over tid. Vi ser imidlertid at noen individer har beveget seg relativt langt (stort sett hanner). Forskjellen mellom kjønnene i resamlingsavstander er statistisk signifikant ($p < 0.005$; Mann-Whitney U-test). Kjønnsskjellene kan skyldes at hannene har lengre spredningsavstander enn hunnene, noe som er i tråd med generell utvandringsteori. En annen mulighet er at unge hanner kan ha et senere etableringstidspunkt enn unge hunner. Hvis bare ungdyr av det ene kjønnnet er i en spredningsfase når innsamlingen av ekskrementer skjer (mars-april), mens det andre kjønnnet allerede har etablert territorium, så vil dette kunne slå ut i kjønnsskjeller i resamlingsavstandene.



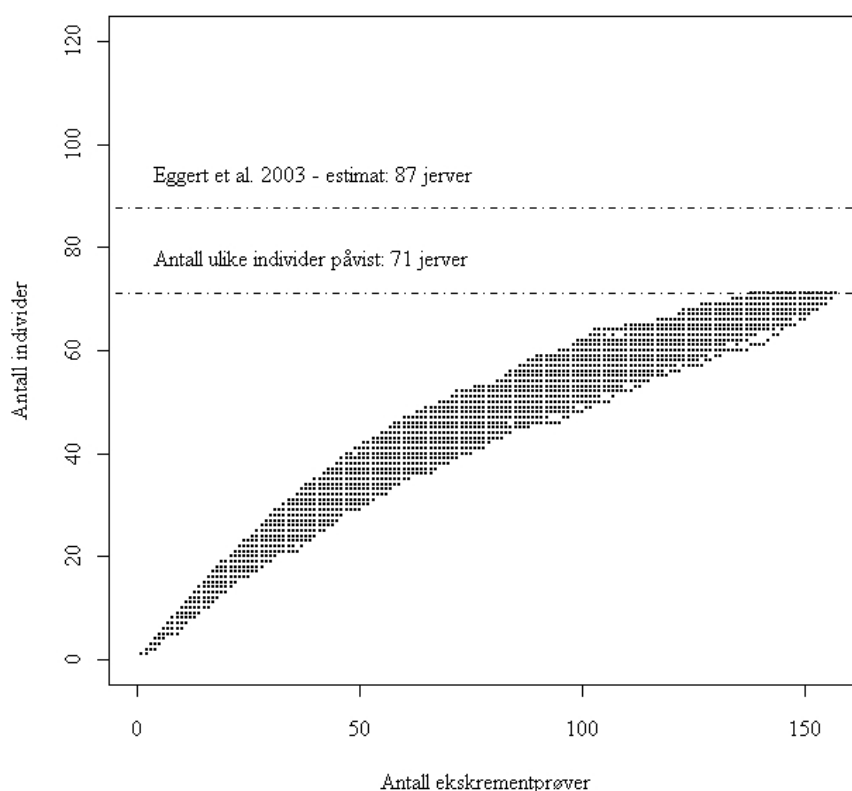
Figur 5



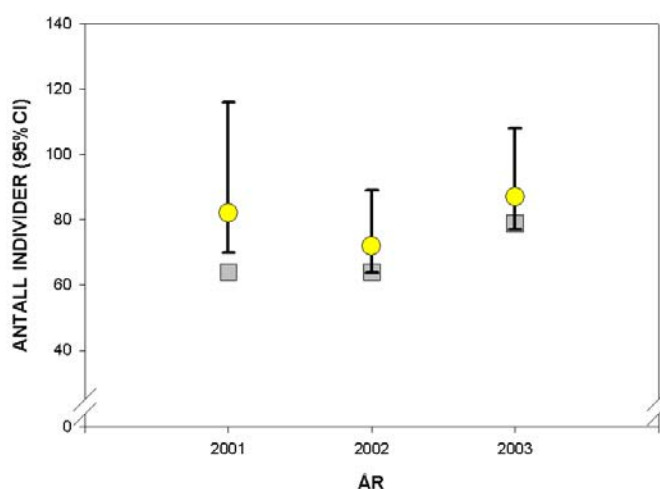
Figur 6. Oversikt over individer som er påvist i minst to av innsamlingssesongene 2001-2003 (rød=hann; blå=hunn).

Bestandsestimater

De tre datasettene fra 2001, 2002 og 2003 representerte altså henholdsvis 60, 59 og 71 ulike individer sør for Nord-Trøndelag. Dette antallet kan sees på som minimum antall dyr de ulike årene. Det er imidlertid lite realistisk å anta at man har klart å finne ekskrementer fra alle individene i bestanden. Bruk av fangst-gjenfangst estimeringsmetodikk kan derfor gi et mer realistisk bilde av det faktiske antallet. Eggerts metode gir bestandsestimater på 82 (95% CI = 70-116) i 2001, 72 (95% CI = 64-89) i 2002 og 87 (95% CI = 77-108) i 2003 (**figur 7**) i Sør-Norge. Bestandsestimatene skiller seg heller ikke nevneverdig fra estimatene basert på telling av minimum antall aktive ynglehi [64 (95% CI = 46-95) for både 2001 og 2002, og 79 for 2003; (Brøseth og Andersen 2003, **figur 8**)].

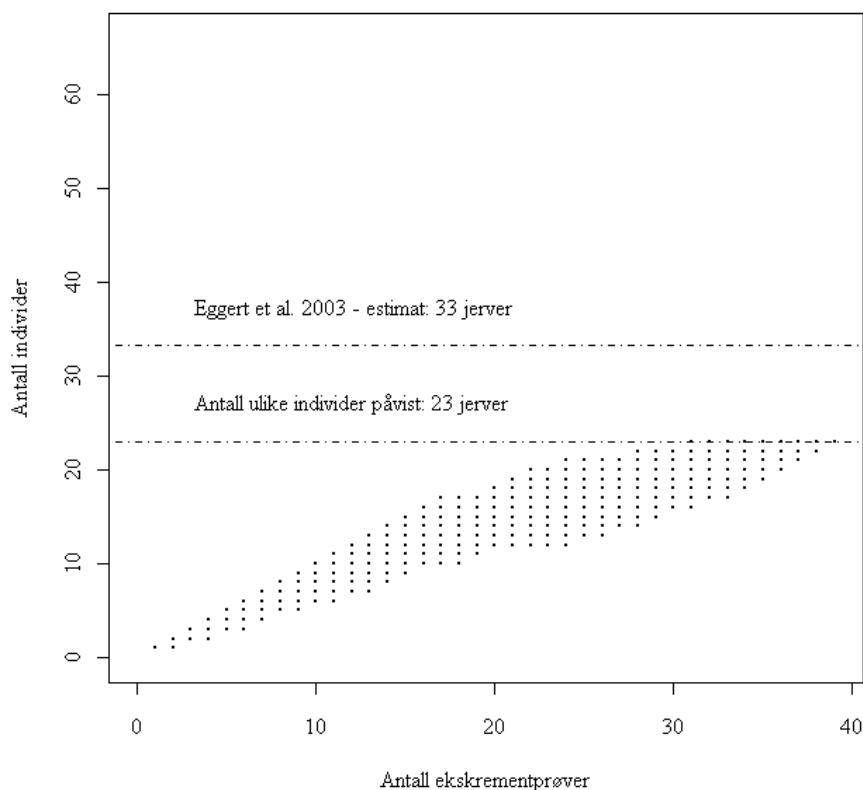


Figur 7. Akkumuleringskurve (1000 replikater) for datasettet fra 2003 i Sør-Norge, samt bestandsestimater for dette året beregnet ved bruk av metoden til Eggert et al. 2003.



Figur 8. Bestandsestimater for jerv i Sør-Norge i 2001-2003 ved bruk av to uavhengige estimeringsmetoder. Estimaterne er basert på ekskrementanalyse (sirkel) og minimum antall aktive ynglehi (firkant).

De 39 prøvene som kunne individbestemmes i Nord-Trøndelag representerte 23 ulike individer. Eggert's metode gav her et estimat på 33 jerver (95% CI = 27-60; **figur 9**). Også dette estimatet ligger svært nær estimatet på 27 individer basert på telling av minimum antall aktive ynglehi. Det er altså stor grad av samsvar mellom de genetiske bestandsestimatene og estimatene basert på telling av minimum antall aktive ynglehi.

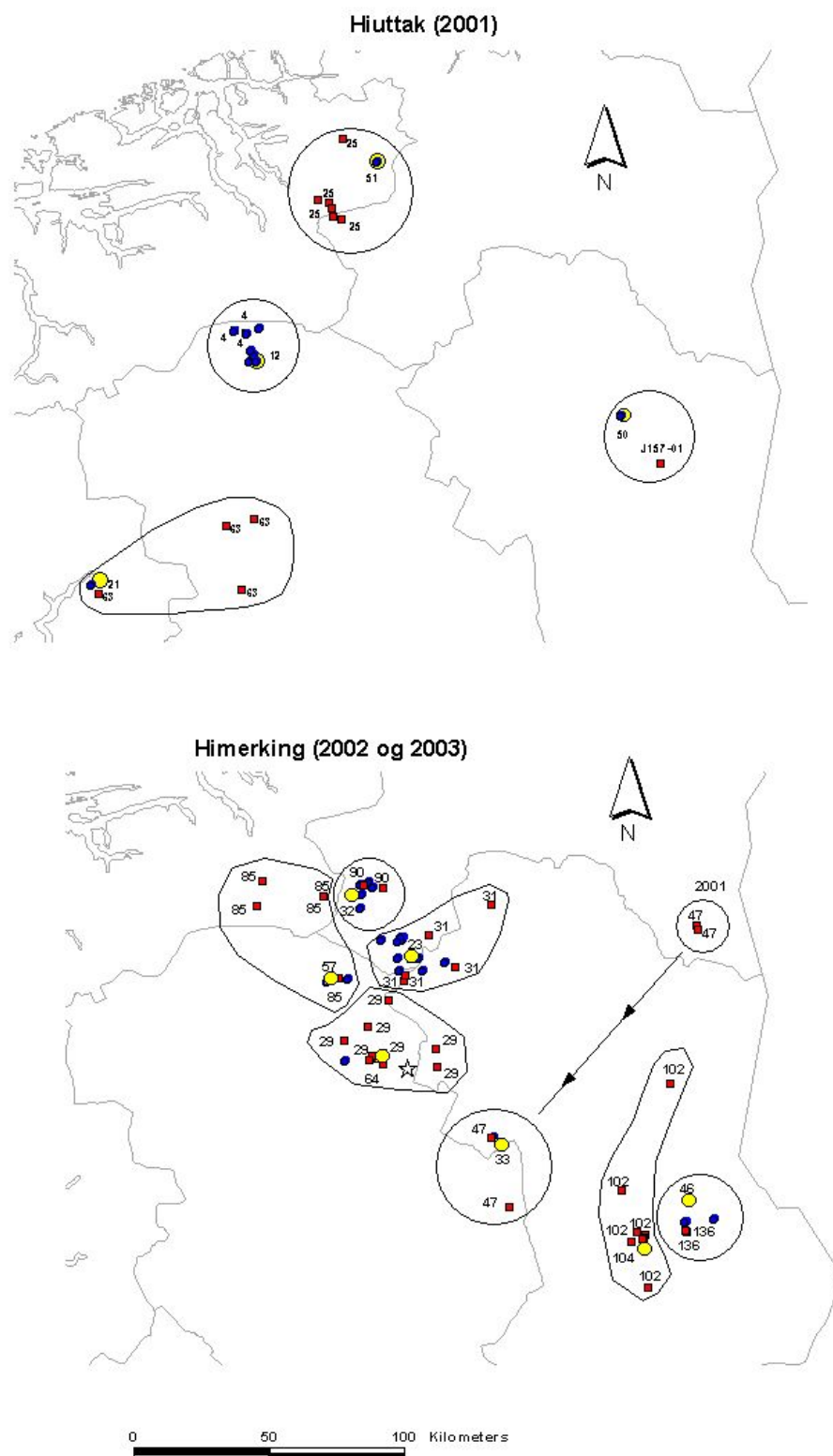


Figur 9. Akkumuleringskurve (1000 replikater) for 39 prøver samlet i Nord-Trøndelag i 2003, samt bestandsestimat beregnet ved bruk av metoden til Eggert et al. 2003.

Oppdaterte slektskapsanalyser

Det å finne slektskapet mellom individer kan gi verdifull informasjon som er relevant for overvåkingen. Dette kan si noe om hvor ofte territoriehevdende hunner reproducerer, og hvor mange hanner som inngår i den reproduserende delen av bestanden. Foreløpig har vi konsentrert oss om de slektskapsforholdene der ungene er påvist som nullåringer. 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 merket (1 tilfelle i 2002; 5 tilfeller i 2003). I fjorårets rapport presenterte vi sannsynlige foreldrepar i ni av disse tilfellene. I **figur 10** har vi oppdatert informasjonen rundt disse ynglehiene, og lagt til datapunkter for foreldre som også ble påvist i 2003. I tillegg har vi funnet en svært sannsynlig far (individ 136) for avkommet til individ 46. Som det framgår fra **Appendix 1** er nå også den radiomerkede tispa S22-03 representert i ekskrementmaterialet (individ 104; se også **Appendix 2**).

I laboratoriet jobbes det nå videre med ekskrementer som ble samlet på en del ynglehilokaliteter i april/mai 2002 og 2003. Disse prøvene vil sannsynligvis kunne bidra til at vi får ytterligere informasjon om slektskapsforhold i bestanden.



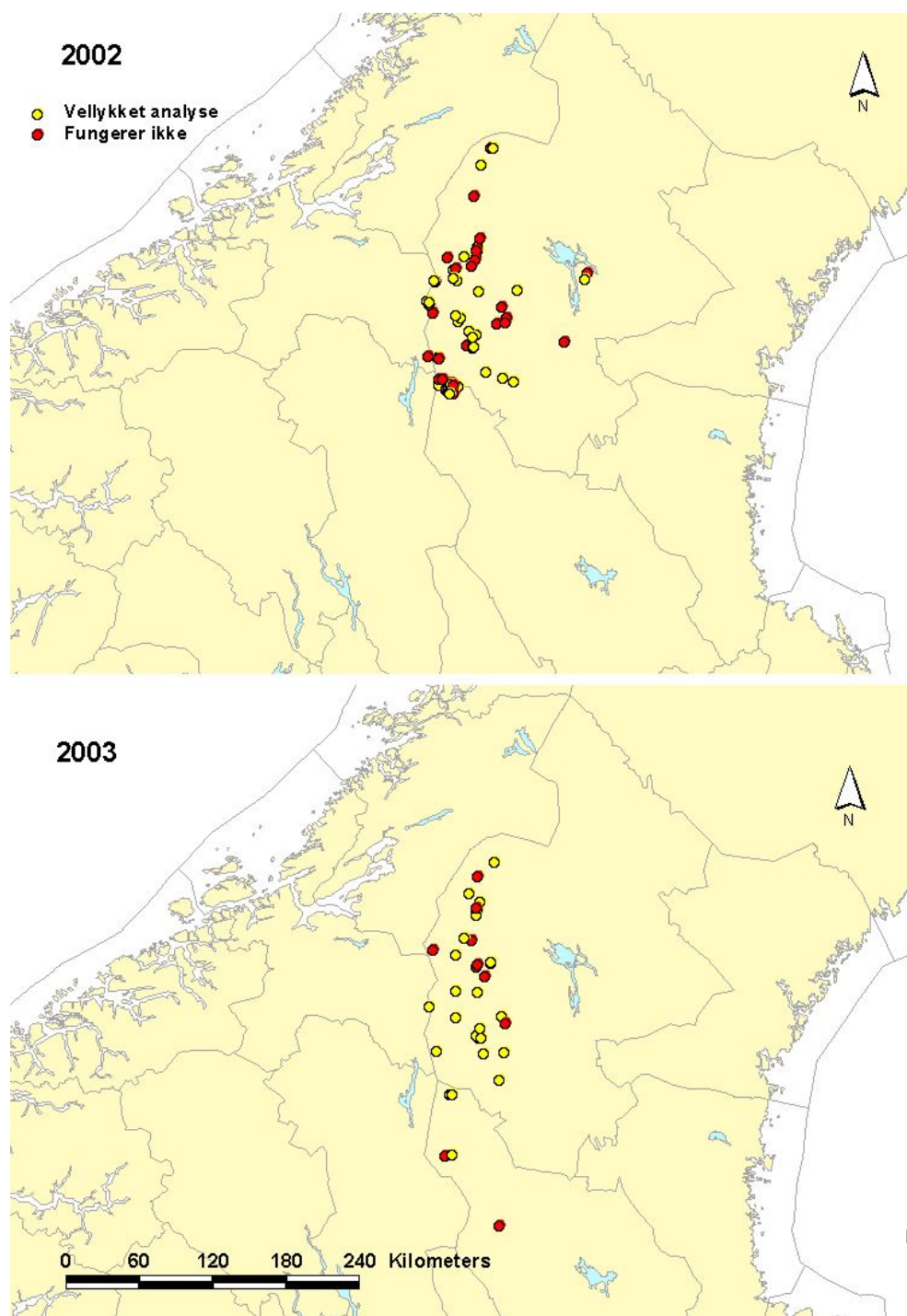
Figur 10. Sannsynlige slektskapsforhold basert på informasjon fra hiuttak og himerking. De reproduserende parene finnes innenfor de angitte sirklene. Ynglehiene har fått individbetegnelsen til den reproduserende hunnen (blå markører). 19 av de 20 reproduserende individene er representert med en eller flere prøver i ekskrementmaterialet [10 hunner, 9 hanner (røde markører)]. Ynglehi der ingen av foreldrene var kjent er angitt med en stjerne.

Sverige

Suksessrate og genotypningskvalitet

Vellykket genetisk analyse ble gjennomført på 86 av de 138 ekskrement- og sekret-prøvene som ble samlet inn i Jämtland og Dalarna i 2002 og 2003 (**figur 11, Appendix 3**). Dette gir en suksessrate på ca. 62 %, altså en del høyere enn suksessraten på ca. 50 % som ble oppnådd for det norske materialet fra både 2002 og 2003. Suksessraten varierer noe mellom de to innsamlingsårene. For 2002-materialet kunne 53 av 89 prøver genotypes (60 %), mens suksessraten økte til 69 % for 2003-materialet (vellykket genotyping for 33 av 48 prøver). Som diskutert ovenfor, er det uklart hvorfor de svenske prøvene generelt synes å fungere bedre enn de norske for disse to årene.

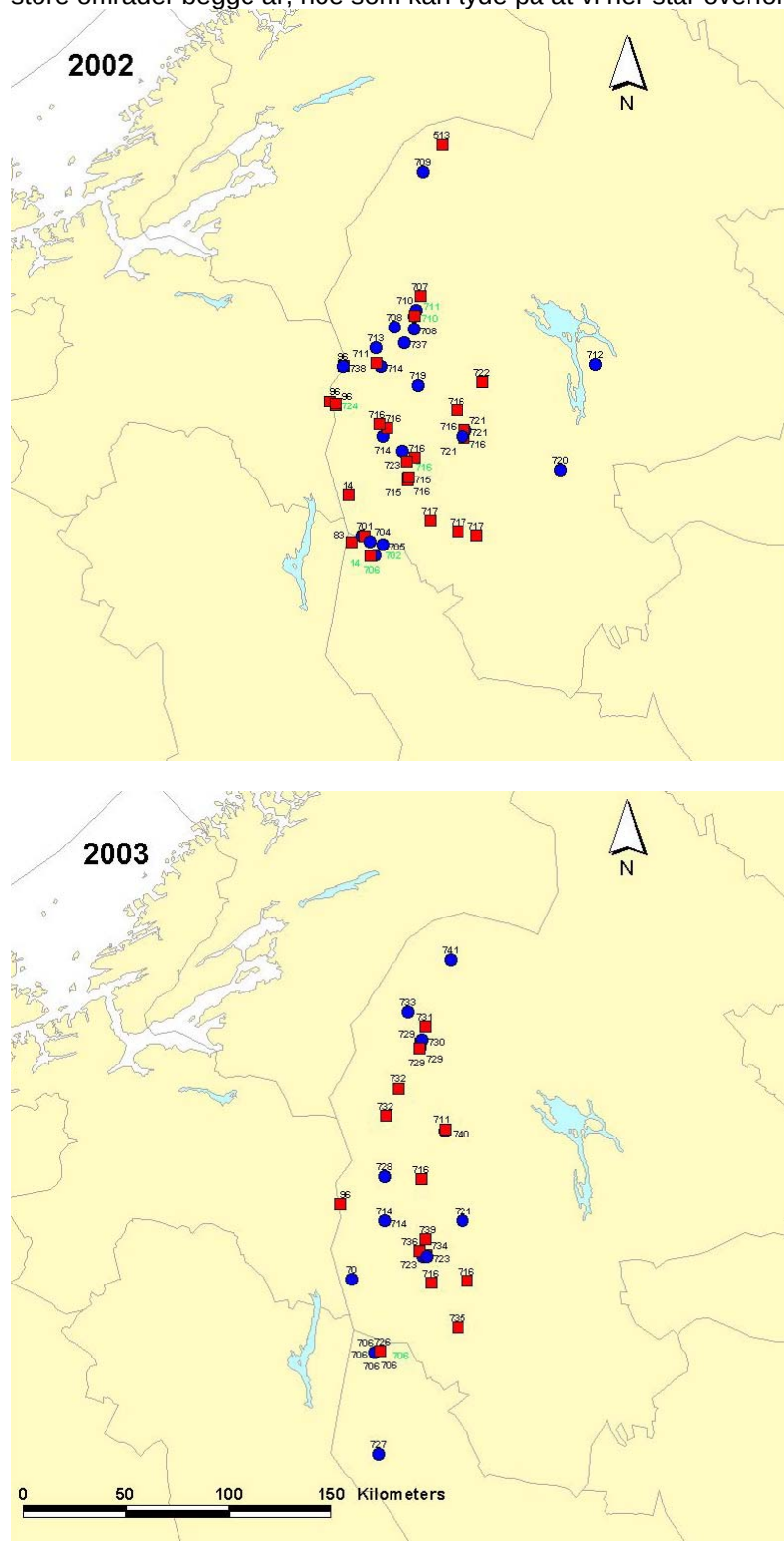
Kvaliteten på genotypingen er tilsvarende for prøver fra de to landene; dvs. at genotypingsfeil ble funnet i mindre enn 10% av alle replikater også for svenske individer.



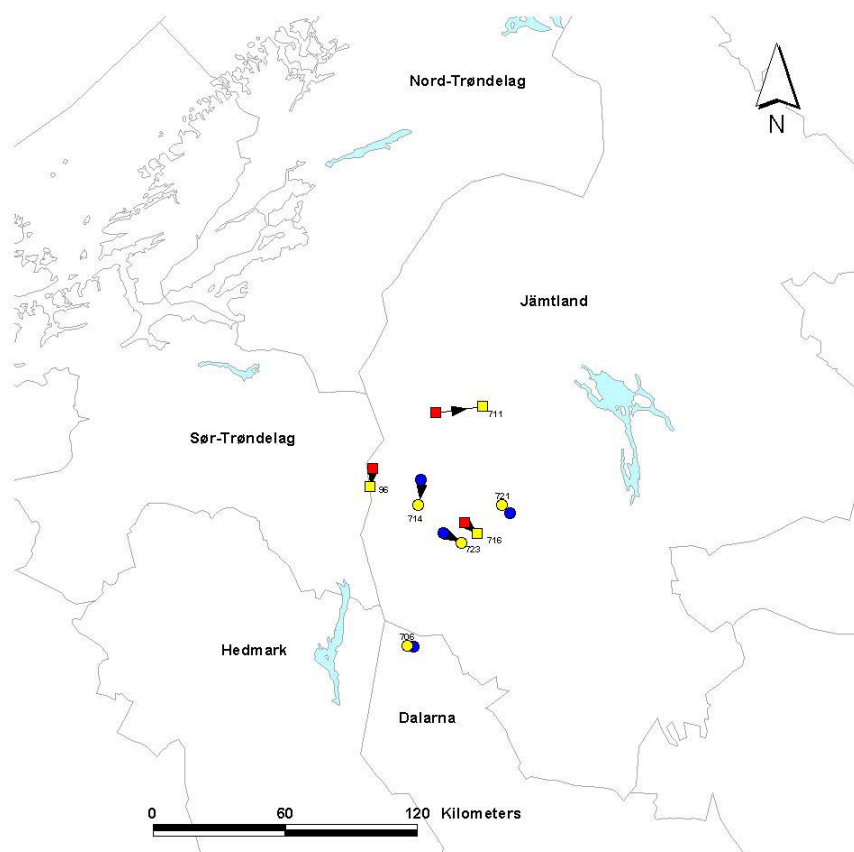
Figur 11

Geografisk fordeling av fungerende prøver og individbestemmelse

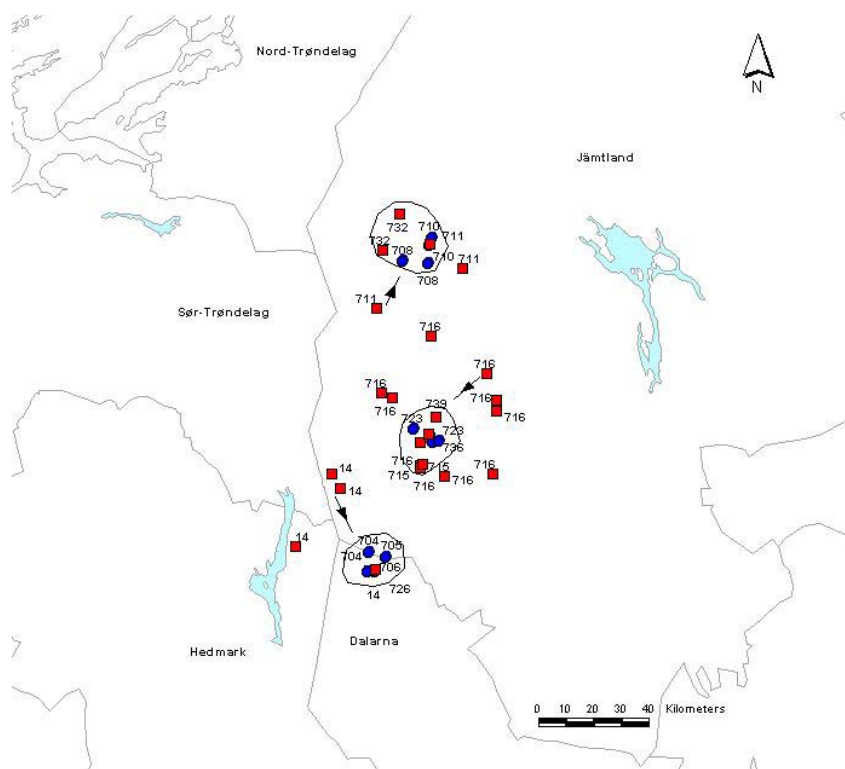
De 86 fungerende prøvene representerte 45 ulike individer (24 hunner, 21 hanner; **Appendix 3**). 23 av disse dyra (13 hunner, 10 hanner) var representert bare i 2002, mens 15 dyr (7 hunner, 8 hanner) var representert bare i 2003. 7 individer (4 hunner, 3 hanner) var representert i begge innsamlingssesonger. Detaljerte kart for alle fungerende prøver er gitt i **figur 12**. Som for det norske prøvematerialet, ser vi at de aller fleste individer er representert ved prøver som er samlet relativt nær hverandre. Ett individ skiller seg imidlertid ut. Dette gjelder individ 716, som er representert med flere prøver både i 2002 og 2003. Disse prøvene avgrensner relativt store områder begge år, noe som kan tyde på at vi her står overfor en territorieholdende hann.



Figur 12



Figur 13. Individer som er representert i to innsamlingssesonger i Jämtland og Dalarna. Ingen av disse 7 individene har forflyttet seg nevneverdig mellom de to årene.



Figur 14. Sannsynlige slektskapsforhold i Jämtland og Dalarna. Reproduserende tise med avkom finnes innenfor de angitte sirklene. Alle tre familiegruppene har et sannsynlighetsnivå på slektskapsforholdet som er over 95%.

Slektskapsanalyser

Som for de norske prøvene, har vi også for det svenske materialet bare gjort slektskapsanalyser for prøver som er samlet på eller i umiddelbar nærhet av et ynglehi. Vi har tatt utgangspunkt i hunner som er funnet ved et ynglehi. Siden har vi sett på hvilke prøver i nærheten av dette ynglehiet som kan representere sannsynlige avkom for denne hunnen. Til slutt har vi matchet det hele med kandidatfedre, som er representert med en eller flere prøver i nærheten av det samme ynglehiet. Denne tilnærmingen har gitt oss tre mulige familiegrupper, illustrert i **figur 14**. Vi ser at den reproduserende hannen i alle tre tilfeller er representert ved prøver som dekker et relativt stort område, mens hunnen alltid er representert med prøver samlet tett på ynglehiet. Alle disse slektskapsrelasjonene har et høyt sannsynlighetsnivå.

Populasjonsstruktur i Skandinavia

Tidligere studier har vist at jervbestanden i Sør-Norge til en viss grad er isolert fra resten av bestanden på Nordkalotten (Walker et al. 2001, Flagstad et al. 2004). Isolasjonen innebærer forskjeller i den genetiske komposisjonen til delbestandene, som igjen gjør at vi kan detektere immigranter i den sørnorske bestanden. I fjorårets rapport oppgav vi seks sannsynlige migranter representert i ekskrementmaterialet for 2001, hvorav tre av disse var reproduserende hunner. I denne analysen brukte vi Sarek-bestanden som en referansepopulasjon for å finne migrantene. Vi har nå forsøkt å få fram et mer nøyaktig og nyansert bilde ved å inkludere jerv fra Jämtland/Dalarna samt dyr fra Nord-Trøndelag i disse immigrasjonsanalysene. Denne tilnærmingen har gitt oss en betydelig bedre forståelse av populasjonsstrukturen til den Skandinaviske jervbestanden enn vi hadde tidligere.

Det første vi gjorde var å se på den genetiske differensieringen mellom jerv i fire ulike geografiske områder; (1) Sør-Norge, (2) Nord-Trøndelag, (3) Jämtland/Dalarna, og (4) Sarek. Denne analysen (**tabell 1**) viste som ventet at jerver i Sør-Norge er signifikant differensiert fra jerv i alle de tre andre områdene. Videre viste analysen at jerv fra Nord-Trøndelag ikke var genetisk forskjellige fra jerv i Jämtland/Dalarna. Dyr fra disse områdene utgjør altså en felles delbestand. Sammenligner en jerv fra Nord-Trøndelag, Jämtland og Dalarna med Sarek-bestanden, finner vi imidlertid en liten, men signifikant genetisk forskjell.

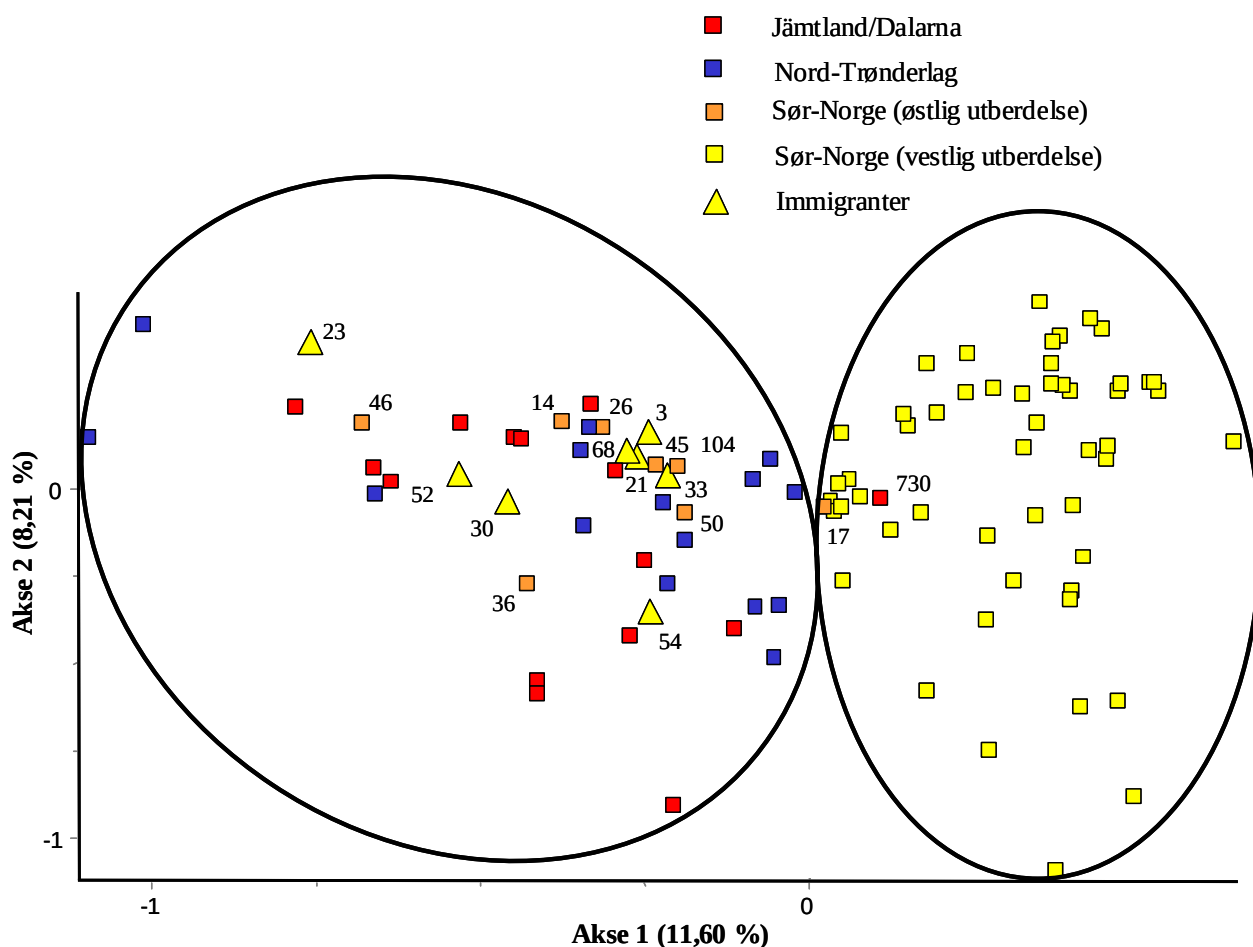
I kartleggingen av immigranter i delbestanden i Sør-Norge, valgte vi derfor å bruke Nord-Trøndelag/Jämtland/Dalarna som referansebestand. Resultatene av denne analysen er oppsummert i **figur 15** og **16**. Det viser seg at alle individer som er samlet øst for korridoren markert i **figur 16**, genetisk sett ligner atskillig mer på dyr fra Nord-Trøndelag/Jämtland/Dalarna enn på et typisk genetisk individ fra bestanden i Sør-Norge. Individer samlet vest for den samme korridoren har derimot i stor grad genotyper som er typiske for den sør-norske bestanden. Det kan synes som om det eksisterer en relativt distinkt skillelinje mellom de østligste og de mer sentrale delene av utberedelsesområdet i Sør-Norge. Jerv i den østlige delen av utberedelsesområdet i Sør-Norge hører til den samme delbestanden som jerv fra Jämtland/Dalarna/Nord-Trøndelag, mens jerv vest for korridoren utgjør en genetisk distinkt delbestand i Sør-Norge. En så klar skillelinje kan tyde på en barriere mot genflyt mellom de to delbestandene. Vi må dog medgi at det er vanskelig å få øye på en slik barriere i landskapet som utgjør dette skillet. Et annet plausibelt scenario er at de to delbestandene har vært og er i en ekspansjonsfase. Den sør-norske bestanden ekspanderer øst- og nordover, mens Jämtland-Dalarna og Nord-Trøndelagsbestanden ekspanderer sør- og vestover, og de to delbestandene er nå i ferd med å møtes.

Det er interessant å merke seg at bevegelsen mellom de to delbestandene ikke er symmetrisk. Mens nesten alle dyr samlet i den østlige delbestanden synes å ha foreldre fra sin egen delbestand (kun individ 730 synes å være en immigrant), finner vi en god del individer i den vestlige delbestanden som sannsynligvis er migranter fra øst. Dette gjelder individene 3, 21, 23, 30, 33, 52, 54 og 68 (**figur 15, 16**), samt individene 72, 73, 108, 112 (**figur 16**). De fire siste er ikke med i **figur 15** siden disse foreløpig bare er genotypet for 10 loci. Sju av de tolv sannsynlige migrantene er hunner, hvorav tre (individ 21, 23, 33) nylig har reproduisert i den sørvestlige delbestanden.

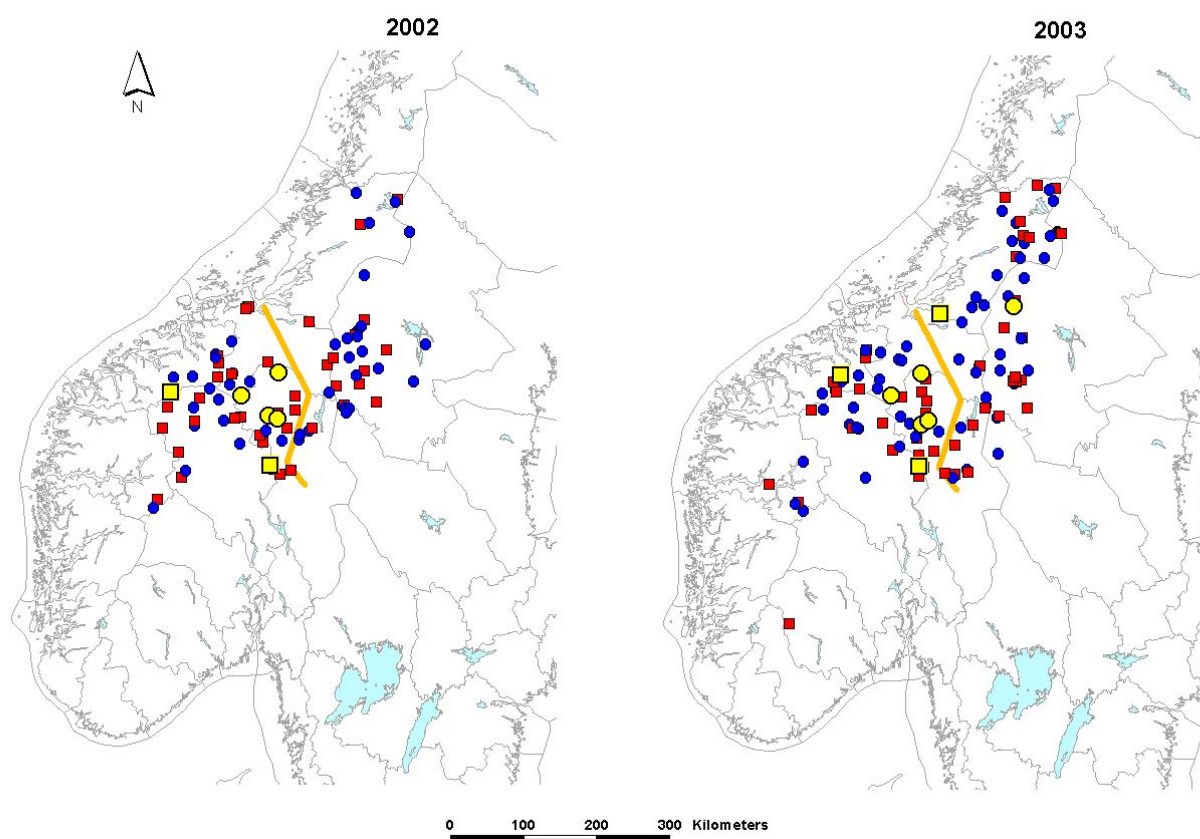
Immigrasjon synes å være mye mindre vanlig andre veien. I tillegg til individ 730, har vi imidlertid en direkte observasjon av migrasjon mellom Sør-Trøndelag og Nord-Trøndelag. Dette gjelder individ 133, som ble samlet i Meldal kommune i april 2003 og i Verdal kommune i mai 2003 (se **figur 5**). Dette individet bærer et allel (genetisk variant) som vi foreløpig ikke har funnet blant de 63 individene i den nordøstlige delbestanden.

Tabell 1. Populasjonsdifferensiering mellom fire ulike delbestander av skandinavisk jerv. Stjernene angir signifikansnivået: $p < 0.05$, $p < 0.01$, $p < 0.001$ for en, to og tre stjerner

	Nord-Trøndelag	Jämtland-Dalarna	Sarek
Sør-Norge	0.044***	0.064***	0.059***
Nord-Trøndelag		-0.006 (ns)	0.016*
Jämtland-Dalarna			0.020**



Figur 15. To-dimensjonal visualisering (FCA) av multi-locus genotyper fra fire geografiske områder. Jerv som er påvist i Sør-Norge, men som har en genotype som indikerer en nordlig opprinnelse, er angitt som immigranter. Individnummer er angitt for migranter og jerv påvist i de østlige delene av det sør-norske utberedelsesområdet.



Figur 16. Alle individer påvist i Sør-Norge, Nord-Trøndelag, Jämtland og Dalarna i 2002 og 2003. Blå sirkel=hunn; Rød firkant=hann. Gule symboler indikerer immigranter. Den oransje linjen indikerer skillet mellom den sørvestlige og den nordøstlige delbestanden.

Konklusjon

Etter tre innsamlingssesonger, har vi nå en ganske klar ide om den nåværende bestandsstørrelsen i Sør-Norge, som mest sannsynlig er i underkant av 100 individer, inklusive streifindivider. Sett i lys av estimatene fra minimumstellingene av aktive ynglehi, synes bestandsestimatene basert på innsamlede ekskrementer fornuftige (**figur 8**). De vellykkede slektskapsanalysene gjør at vi nå kjenner en god del av de territorieholdende hannene og hunnene i bestanden. Viktig er det også at den vestlige delbestanden ikke er helt isolert fra resten av den skandinaviske jervbestanden, og at immigrantene endog reproducerer. Dette bidrar til å opprettholde den genetiske variasjonen i bestanden, og derigjennom redusere sannsynligheten for skadelige innavlseffekter.

Vi har foreløpig valgt å ikke bruke det svenske materialet til å estimere bestandsstørrelse ved hjelp av fangst-gjenfangst metodikk. Dette fordi materialet til dels er litt tynt (spesielt for 2003), samt at en god del av prøvene er samlet på ynglehi. Det er dermed uklart hvor mange nullåringer som finnes i datasettet, og hvordan dette eventuelt vil påvirke et fangst/gjenfangst-estimat. Delbestanden i Jämtland/Dalarna er gjennom ynglehitellinger estimert til ca. 40 individer, og med 30 og 22 ulike individer for henholdsvis 2002 og 2003, kan vi forsiktig anslå at vi har samlet drøye 50% av populasjonen.

Vi håper å få et enda større datasett fra Jämtland og Dalarna for 2004, slik at fangst/gjenfangst-metodikk forhåpentligvis kan bidra til et godt estimat på bestandsstørrelsen. Videre håper vi, gjennom å øke antall genetiske markører for alle detekterte individer, å kunne løse opp flere slektskaps-relasjoner i de to delbestandene, og derigjennom få økt kunnskap

om territorieholdende hanner og hunner. Vi takker alle som har bidratt til prøveinnsamlingen så langt og ønsker lykke til med årets innsamling.

Referanser

- Benzecri, J. 1973. L'analyse des données. Tome I: la taxinomie., Tome II: L'analyse des correspondances. Dunot, Paris.
- Brøseth, H. & R. Andersen, 2003. Yngleregistreringer av jerv i Norge i 2003. NINA Minirapport 016: 9 Pp.
- Dallas, J. F., and S. B. Piernney. 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 reestablished wolverine population. *Conservation Biology* (in press).
- Frantz, A. C., Pope, L. C., Carpenter, P. J., Roper, T. J., Wilson, G. J., Delahays, R. J., Burke, T. 2003. Reliable microsatellite genotyping of the Eurasian badger (*Meles meles*) using faecal DNA. *Mol. Ecol.* 12, 1649–1661.
- 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).
- 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.
- 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.
- 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: <http://nidaros.nina.no>

Appendix 1.

Fungerende ekskrementprøver fra 2003-materialet i Sør- og Midt-Norge (Kjønn: M=hann; F=hunn).

Individ	Prøve							Kjønn
Sør-Norge								
Ind15	R302205	R302203	R302162	R302201	R302202			F
Ind18	R302019							M
Ind23	R302251	R302256	R302252					F
Ind25	R302249							M
Ind26	R302296							F
Ind29	R302397	R302398	R301826	R302399	R302400			M
Ind31	R302483	R302253						M
Ind32	R302257							F
Ind36	R302260	R302281						F
Ind38	R302262	R302261						F
Ind46	R302036	R302033	R302037					F
Ind47	R302021	R302376	R302370					M
Ind52	R302380	R302369	R302371					M
Ind54	R302131							F
Ind62	R302146	R302139	R302145					F
Ind68	R302070	R302058						F
Ind70	R302292							F
Ind71	R302134	R302127						M
Ind76	R302323							F
Ind77	R302438							M
Ind78	R302136	R302129	R302137	R302141	R302121			M
Ind82	R302068							M
Ind83	R302285	R302291	R302069					M
Ind84	R302051	R302049						F
Ind85	R301921	R302157	R302120					M
Ind87	R302114							F
Ind89	R302390	R302341	R302344	R302335	R302389	R302343	R302346	F
	R302342	R302347						
Ind91	R302379	R302377						M
Ind92	R301911	R302099	R302084	R302116	R302082			F
Ind96	R302277							M
Ind97	R302354	R302361	R302360					F
Ind99	R302149	R302410	R302155	R302147				F
Ind100	R302207							M
Ind102	R302125	R302083	R302081	R301925	R302078	R302079	R302087	M
Ind104	R302090	R302094						F
Ind105	R302405							F
Ind106	R302359							F
Ind107	R302110	R302156						M
Ind108	R302115							M
Ind109	R302521							M
Ind110	R302214	R302215	R302212					F
Ind111	R302364							M
Ind112	R302437	R302426						F
Ind113	R302210	R302211	R302209					F
Ind114	R302113							M
Ind115	R302282	R302283						F
Ind116	R302373							M
Ind117	R302266	R302263	R302254					F

Ind118	R302388							M
Ind119	R302436	R302425						M
Ind120	R302151	R302148	R302143	R302150				M
Ind121	R302332	R302491						F
Ind122	R302018							F
Ind123	R302456							F
Ind124	R302270	R302288						F
Ind125	R302362							F
Ind126	R301924	R302352	R301922					M
Ind127	R302357							F
Ind128	R302020							F
Ind129	R302430							M
Ind130	R302217							F
Ind131	R302052	R302045	R302048	R302132	R302073	R302055	R302063	M
	R302065	R302067	R302062	R302057				
Ind132	R302126							F
Ind133	R302268	R302225						M
Ind134	R302484							F
Ind135	R302306							F
Ind136	R301918	R301917						M
Ind137	R302041							M
Ind138	R302264							F
Ind139	R302106							M
Ind140	R302330							M
Nord-Trøndelag								
Ind501	R302193	R302199	R302195	R302198				F
Ind502	R302174	R302173						M
Ind504	R301944							F
Ind505	R301936	R301933						F
Ind508	R302233	R302238	R302187					F
Ind509	R302235	R302230						F
Ind510	R301935							M
Ind511	R302179							?
Ind512	R302190							F
Ind513	R302229	R302232	R302231	R302240				M
Ind514	R302237	R302239						F
Ind515	R302169							M
Ind516	R301941							M
Ind517	R302247							F
Ind518	R302224	R302223						F
Ind519	R301932	R301946						M
Ind520	R302244	R302243						F
Ind521	R302246							F
Ind522	R302192	R302168						M
Ind523	R302245							F
Ind524	R302177							M
Ind525	R302167							F
Ind526	R302200							M

Appendix 2.

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	
S16-02	voksen tise	NOP-003	01.05.2002	57	2001, 2002
S17-03	voksen tise	NHE-006	01.05.2003	46	2001, 2003
S18-03	valp	NHE-006	01.05.2003	-	
S19-03	voksen tise	NST-004	01.05.2003	23	2001, 2002, 2003
S20-03	valp	NST-004	01.05.2003	-	
S21-03	valp	NST-004	01.05.2003	-	
S22-03	voksen tise	NHE-004	01.05.2003	104	2003
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 tise	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 tise	NST-003	01.05.2003	32	2001, 2002, 2003
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, 2003

Appendix 3.

Fungerende ekskrementprøver fra Jämtland og Dalarna i 2002 og 2003 (Kjønn: M=hann; F=hunn).

Individ	På kart	Prøve	Kjønn ¹	Dato	Län ²
14	14	JS02-35B	M	020331	W
14	14	JS02-104	M	020218	Z
70	70	JS03-155	F	030205	Z
83	83	JS02-29A	M	020315	W
96	96	JS02-99	M	020408	Z
96	96	JS02-102	M	020403	Z
96	96	JS02-118	M	020507	Z
96	96	JS03-174	M	030418	Z
513	513	JS02-92	M	020413	Z
W02F701	701	JS02-29C	F	020315	W
W02M702	702	JS02-29D	M	020316	W
W02F704	704	JS02-31A	F	020416	W
W02F704	704	JS02-31C	F	020416	W
W02F705	705	JS02-31D	F	020416	W
W02F706	706	JS02-34A	F	020414	W
W02F706	706	JS03-122	F	030625	W
W02F706	706	JS03-123	F	030625	W
W02F706	706	JS03-124	F	030625	W
W02F706	706	JS03-125	F	030625	W
W02F706	706	JS03-126	F	030625	W
Z02M707	707	JS02-71	M	020503	Z
Z02F708	708	JS02-74	F	020408	Z
Z02F708	708	JS02-76	F	020221	Z
Z02F709	709	JS02-75	F	020521	Z
Z02F710	710	JS02-79	F	020508	Z
Z02F710	710	JS02-80	F	020508	Z
Z02F710	710	JS02-83	F	020408	Z
Z02M711	711	JS02-87	M	020412	Z
Z02M711	711	JS02-143	M	020404	Z
Z02M711	711	JS03-179	M	030320	Z
Z02F712	712	JS02-89	F	020221	Z
Z02F713	713	JS02-93	F	020312	Z
Z02F714	714	JS02-100	F	020324	Z
Z02F714	714	JS02-127	F	020220	Z
Z02F714	714	JS02-128	F	020220	Z
Z02F714	714	JS03-175	F	030415	Z
Z02F714	714	JS03-176	F	030415	Z
Z02M715	715	JS02-106	M	020412	Z
Z02M715	715	JS02-114	M		
Z02M715	715	JS02-139	M	020408	Z
Z02M716	716	JS02-107	M	020404	Z
Z02M716	716	JS02-110	M	020313	Z
Z02M716	716	JS02-111	M	020314	Z
Z02M716	716	JS02-125	M	020224	Z
Z02M716	716	JS02-129	M	020327	Z

Z02M716	716	JS02-137	M	020315	Z
Z02M716	716	JS02-138A	M	020221	Z
Z02M716	716	JS02-145	M	020315	Z
Z02M716	716	JS03-141	M	030228	Z
Z02M716	716	JS03-142	M	030129	Z
Z02M716	716	JS03-144	M	030202	Z
Z02M717	717	JS02-108	M	020307	Z
Z02M717	717	JS02-123	M	020325	Z
Z02M717	717	JS02-134	M	020226	Z
Z02M718	718	JS02-112	M	020314	Z
Z02F719	719	JS02-120	F	020506	Z
Z02F720	720	JS02-121	F	020225	Z
Z02F721	721	JS02-124	F	020327	Z
Z02F721	721	JS02-135A	F	020509	Z
Z02F721	721	JS02-142A	F	020509	Z
Z02F721	721	JS03-172	F	030218	Z
Z02M722	722	JS02-132	M	020307	Z
Z02F723	723	JS02-140	F	020315	Z
Z02F723	723	JS03-157	F	030313	Z
Z02F723	723	JS03-162	F	030311	Z
Z02M724	724	JS02-146	M	020507	Z
Z03M726	726	JS03-127	M	030213	W
Z03F727	727	JS03-129	F	030130	W
Z03F728	728	JS03-143	F	030219	Z
Z03M729	729	JS03-145	M	030131	Z
Z03M729	729	JS03-146	M	030131	Z
Z03M729	729	JS03-150	M	030131	Z
Z03F730	730	JS03-147	F	030131	Z
Z03M731	731	JS03-148	M	030407	Z
Z03M732	732	JS03-149	M	030415	Z
Z03M732	732	JS03-163	M	030131	Z
Z03F733	733	JS03-153	F	030407	Z
Z03M734	734	JS03-154	M	030104	Z
Z03M735	735	JS03-156	M	030407	Z
Z03M736	736	JS03-158	M	030302	Z
Z02F737	737	JS02-160	F	020704	Z
Z02F738	738	JS02-170	F	020627	Z
Z03M739	739	JS03-171	M	030201	Z
Z03F740	740	JS03-178	F	030224	Z
Z03F741	741	JS03-180	F	030326	Z

¹ F = hunn; M = hann

² W = Dalarna; Z = Jämtland