



DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2014

Øystein Flagstad
Henrik Brøseth
Torveig Balstad
Merethe Hagen Spets
Line Birkeland Eriksen
Oddmund Kleven
Malin Johansson
Jessica Magnusson
Hans Ellegren

NINAs publikasjoner

NINA Rapport

Dette er en elektronisk serie fra 2005 som erstatter de tidligere seriene NINA Fagrapport, NINA Oppdragsmelding og NINA Project Report. Normalt er dette NINAs 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 2014

Øystein Flagstad
Henrik Brøseth
Torveig Balstad
Merethe Hagen Spets
Line Birkeland Eriksen
Oddmund Kleven
Malin Johansson
Jessica Magnusson
Hans Ellegren

Flagstad, Ø., Brøseth, H., Balstad, T., Spets, M. H., Eriksen, L. B., Kleven, O., Johansson, M., Magnusson, J., & Ellegren, H. 2015. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2014. - NINA Rapport 1185. 21 s.

Trondheim, juli 2015

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-2813-8

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

KVALITETSSIKRET AV

John Odden

ANSVARLIG SIGNATUR

Norunn Myklebust (sign.)

OPPDRAGSGIVER(E)

Miljødirektoratet

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER

Morten Kjørstad

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 Sluppen

7485 Trondheim

Telefon: 73 80 14 00

Telefaks: 73 80 14 01

NINA Oslo

Gaustadalléen 21

0349 Oslo

Telefon: 73 80 14 00

Telefaks: 22 60 04 24

NINA Tromsø

Framsenteret

9296 Tromsø

Telefon: 77 75 04 00

Telefaks: 77 75 04 01

NINA Lillehammer

Fakkeltgården

2624 Lillehammer

Telefon: 73 80 14 00

Telefaks: 61 22 22 15

Sammendrag

Flagstad, Ø., Brøseth, H., Balstad, T., Spets, M. H., Eriksen, L. B., Kleven, O., Johansson, M., Magnusson, J., & Ellegren, H. 2015. DNA-basert overvåking av den skandinaviske jervebestanden 2014. - NINA Rapport 1185. 21 s.

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 vinteren 2014. Antall individer identifisert fra DNA er et minimumsestimat 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. I Sverige er det relativt langt fram til en god representasjon av hele jervebestanden, og det er ønskelig med et enda større fokus på DNA-innsamling i de fleste län i årene framover.

Det ble i 2014 registrert 317 jerver innenfor Norges grenser. Dette er nær identisk med de 314 jervene fra 2013, og 12 % lavere enn 362 jerver som ble registrert i 2012. Bestandsanslagene fra registreringene av ynglehi viser en tilsvarende reduksjon. I Sverige ble det registrert 213 individer i 2014, som er en betydelig økning fra 135 og 144 de to foregående årene. Dette skyldes et mye større prøvevolum, spesielt i de nordlige delene av bestanden.

Det er et sentralt mål i jerveovervåkingen å kunne estimere bestandsstørrelse ved bruk av fangst/gjenfangst metodikk. Et stort antall modeller med til dels ulike grunnleggende antagelser er utviklet. For å tilpasse de anvendte modellene til den skandinaviske jervebestanden har det likevel vært behov for en del justeringer. Det er spesielt jerver som lever i nærheten av administrative grenser, det være seg mellom land eller regioner, som skaper utfordringer. En nyutviklet modell har blitt testet, men analysene avdekket svakheter i modelleringen, spesielt i områder der antall innsamlede og fungerende prøver varierer betydelig mellom år. 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.

Øystein Flagstad, Henrik Brøseth, Torveig Balstad, Merethe Hagen Spets, Line Birkeland Eriksen og Oddmund Kleven. Norsk institutt for naturforskning, Postboks 5685 Sluppen, 7485 Trondheim. oystein.flagstad@nina.no, henrik.broseth@nina.no

Malin Johansson, Jessica Magnusson og Hans Ellegren, Evolutionsbiologiskt center, Uppsala Universitet, Norbyvägen 18D, 752 36 Uppsala. hans.ellegren@ebc.uu.se

Abstract

Flagstad, Ø., Brøseth, H., Balstad, T., Spets, M. H., Eriksen, L. B., Kleven, O., Johansson, M., Magnusson, J., & Ellegren, H. 2013. DNA-based monitoring of the Scandinavian wolverine population 2014 - NINA Report 1185. 21 pp.

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 winter 2014. 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 generally good sampling coverage, a large number of analyzed samples, and a very high proportion of known individuals among culled adult wolverines. In Sweden, there is a rather long way to go in order to obtain representative sampling across the entire population. As such, a stronger focus on DNA sampling is needed in most counties over the next few years.

In 2014, 317 wolverines were registered within the national borders of Norway from the geographical midpoint for samples representing each of the individuals. This is near identical with 314 wolverines in 2013, but a 12 % decrease compared to 2012. The population size estimates from active natal dens showed a similar reduction. In Sweden, we identified 213 wolverines in 2014. This is a substantial increase from 135 and 144 the last two years, and is due to increased sampling, especially in the northern parts of the country.

It is a central goal in the monitoring of Scandinavian wolverines to use capture-mark-recapture methods to estimate the population size. A large number of models with partly different basic assumptions have been developed. However, to adjust the applied models to the Scandinavian wolverine population, some revision are needed. In particular, wolverines living close to administrative borders such as countries, regions or counties create challenges. We have tested a recently developed model, but the analyses revealed weaknesses in the modelling, especially when the number of samples varied strongly between years. The academic council for the National monitoring programme recommended combining spatial and temporal aspects in a more integrated way. In such a model, it will still be possible to focus on individual home ranges to handle the challenges related to administrative borders and open populations, but at the same time use the sampling history for individuals to reduce the model's sensitivity to variation in sample size between years.

Øystein Flagstad, Henrik Brøseth, Torveig Balstad, Merethe Hagen Spets, Line Birkeland Eriksen and Oddmund Kleven. Norwegian Institute for Nature Research, PO Box 5685 Sluppen, 7485 Trondheim. oystein.flagstad@nina.no, henrik.broseth@nina.no

Malin Johansson, Jessica Magnusson and Hans Ellegren, Centre for Evolutionary Biology, Uppsala University, Norbyvägen 18D, 752 36 Uppsala. hans.ellegren@ebc.uu.se

Innhold

Sammendrag	3
Abstract	4
Innhold	5
Forord	6
1 Innledning	7
2 Metodikk	7
2.1 Innsamling av materiale og laboratoriearbeid	7
2.2 Bestandsestimering	8
3 Resultater	9
3.1 Analyserte prøver i Norge, Sverige og Finland	9
3.2 Det norske materialet	11
3.3 Det svenske materialet	12
3.4 Vevsprøver av døde jerver	13
3.5 Identifisering av grensejerver	13
3.6 Bestandsestimering i åpne bestander	16
4 Diskusjon	16
5 Referanser	17
Vedlegg 1	18
Vedlegg 2	21

Forord

Denne rapporten oppsummerer den DNA-baserte overvåkingen av jerv i Skandinavia vinteren 2014. Vi vil benytte anledningen til å takke alle som har bidratt i innsamlingen av ekskrement- 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, juli 2015, Øystein Flagstad

1 Innledning

Den skandinaviske jervebestanden er gjennom yngleregistreringer i 2012 - 2014 estimert til cirka 1000 individer (Anon. 2014). 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 2014. Vi rapporterer antall identifiserte individer i Norge, Sverige og Finland, på landsbasis og i de ulike regioner og län, og peker på hovedmønstre i bestandsutviklingen.

2 Metodikk

2.1 Innsamling av materiale og laboratoriearbeid

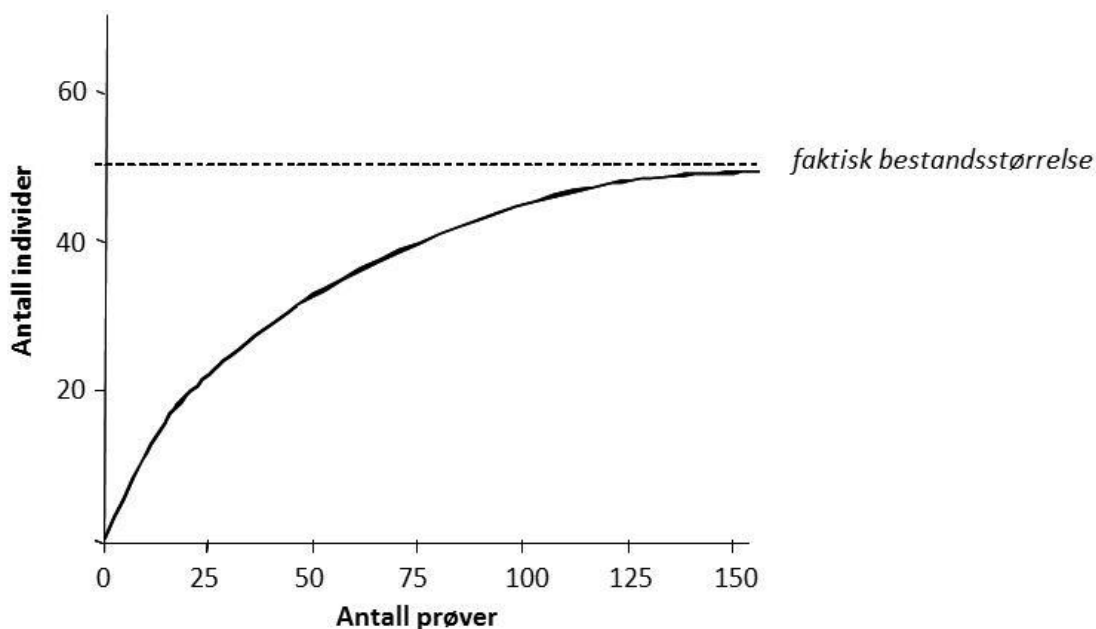
Innsamlingen av materialet i Norge har på regionalt nivå vært administrert av regionalt ansvarlige i Statens naturoppsyn (SNO). Det praktiske arbeidet har blitt delegert til lokalt nivå, hvor bl.a. SNO, Fjellstyrer, Bygdeallmenninger, lokale rovviltkontakter og privatpersoner har vært det utøvende leddet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

DNA er isolert med en ekstraksjonsrobot for isolering av DNA eller med en manuell metode som opprinnelig ble utviklet for å isolere DNA fra jordprøver. I tilfeller av vellykket ekstraksjon av jerve-spesifikt kjerne-DNA, har vi gjennomført genotyping på tvers av 11 mikrosatelittmarkører: Gg7 (Davis & Strobeck 1998), Ggu14, Ggu42, 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). For mikrosatelitt-markørene kjørte vi tre uavhengige replikater pr prøve og markør, mens det for kjønntesten ble kjørt to uavhengige replikater. Prøver som var identiske på tvers av 11 loci samt representerte det samme kjønn, ble klassifisert som representanter for ett og samme individ. I tillegg til de 11 markørene nevnt ovenfor, har vi analysert samtlige individer (én prøve per individ) for ytterligere 8 loci: Tt4 (Davis & Strobeck 1998), Ggu10, Ggu25, Gg470, Gg471 (Walker et al. 2001), Gg101B (Duffy et al. 1998), Mvis057 (OConnell et al. 1996) og Lut604 (Dallas & Piertney 1998). Genotyping på tvers av 19 markører sikrer høy presisjon i slektskapsanalyser og analysene av populasjonsstruktur.

Basert på resultatene fra et pilotstudium (Hedmark et al. 2004), har vi valgt å legge følgende kriterier til grunn for robust genotyping. En prøve som er homozygot (dvs. har **én** genetisk variant) for et locus (markør), må vise dette i tre uavhengige replikater for at dette skal aksepteres som et autentisk resultat. En prøve 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. 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.

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. Dette prinsippet kan uttrykkes i form av en akkumuleringskurve som i **Figur 1**. 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 pr innsamlings sesong. 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 og en foreløpig modell for bestandsestimering er testet. Testresultatene viste at det fortsatt gjenstår 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.



Figur 1 Generell sammenheng mellom antall innsamlede ekskrementprøver og antall observerte individer.

3 Resultater

3.1 Analyserte prøver i Norge, Sverige og Finland

I alt 2411 prøver som var samlet inn i 2014 i Norge, Sverige og Finland ble analysert ved DNA-laboratoriene på NINA og ved Uppsala Universitet (**Figur 2**). Dette er en økning på drøyt 15 % fra 2013, som først og fremst skyldes mer omfattende innsamling i Sverige, spesielt i Norrbotten og Västerbotten. Totalt 2118 av prøvene (88 %) var av god nok kvalitet til å kunne artsbestemmes (**Tabell 1**). Av disse ble 2049 artsbestemt til jerv (97 %). De resterende 69 fungerende prøvene ble artsbestemt til rødrev (3 %). Av de drøyt 2000 prøvene som ble artsbestemt til jerv, var 1591 av god nok kvalitet til å kunne individbestemmes (**Tabell 2; Figur 3**). Dette gir en suksessrate på 78 % av verifiserte jervprøver. Suksessraten var generelt høy; 80 % i Nord-Norge, 77 % i Sverige og 76 % i Sør- og Midt-Norge. For de finske prøvene var suksessraten en god del lavere (60 %), men allikevel betydelig høyere enn i fjor (37 %).

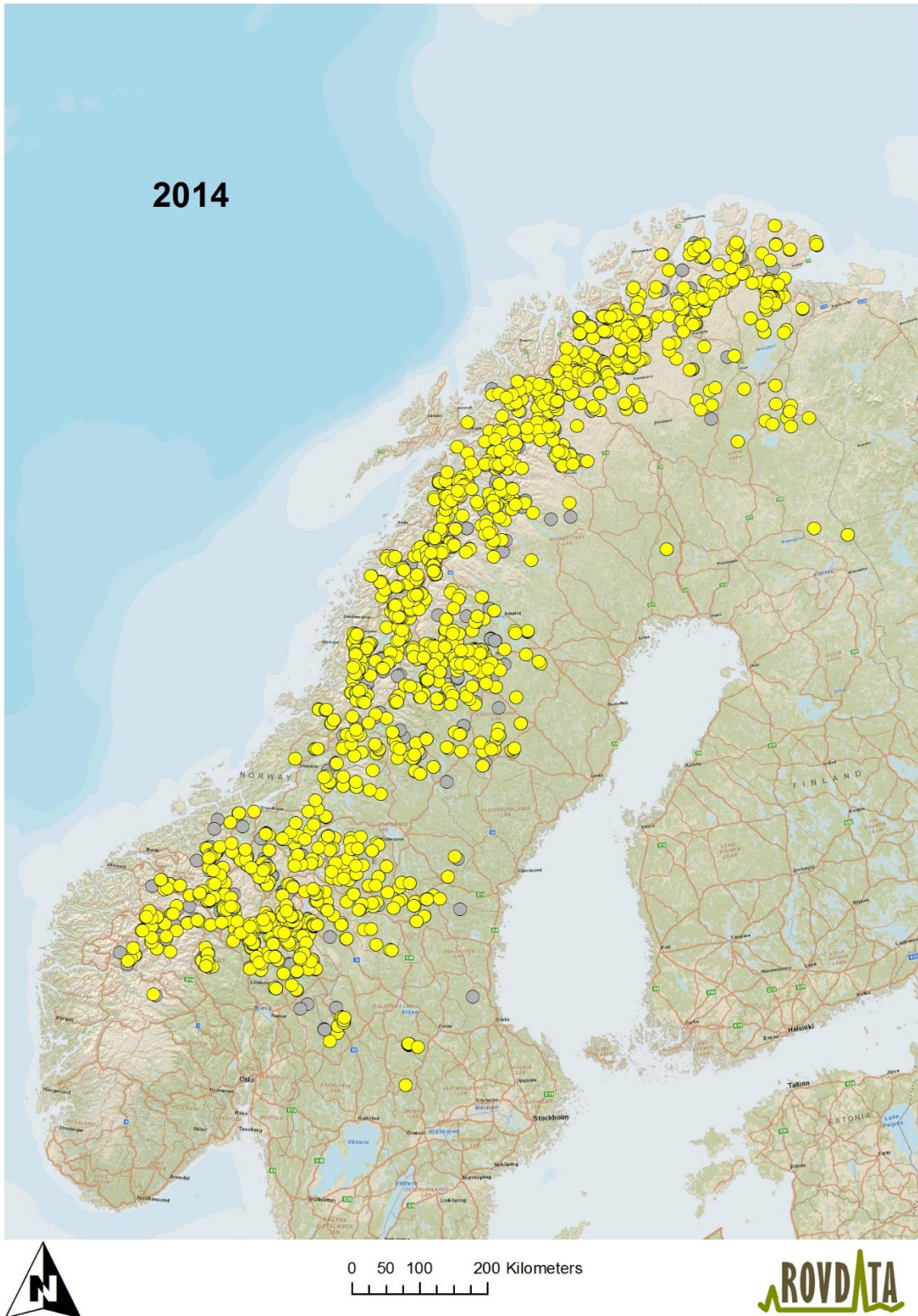
Tabell 1 Artstest for ekskrementer og hårprøver samlet inn vinteren 2014 i Norge, Sverige og Finland.

	Sør- og Midt-Norge	Nord-Norge	Sverige	Finland	Sum
Jerv	554	853	585	57	2049
Rødrev	13	54	0	2	69
Ukjent	151	2	140	0	293
Sum*	718	909	725	59	2411

* Prøver som ble samlet inn i forbindelse med barmarkskontroller i mai er ikke inkludert i denne sammenstillingen.

Tabell 2 Antall fungerende og ikke-fungerende prøver, dvs. prøver med og uten vellykket individbestemmelse, blant verifiserte jervekskrementer og -hår, samlet inn i Norge, Sverige og Finland vinteren 2014.

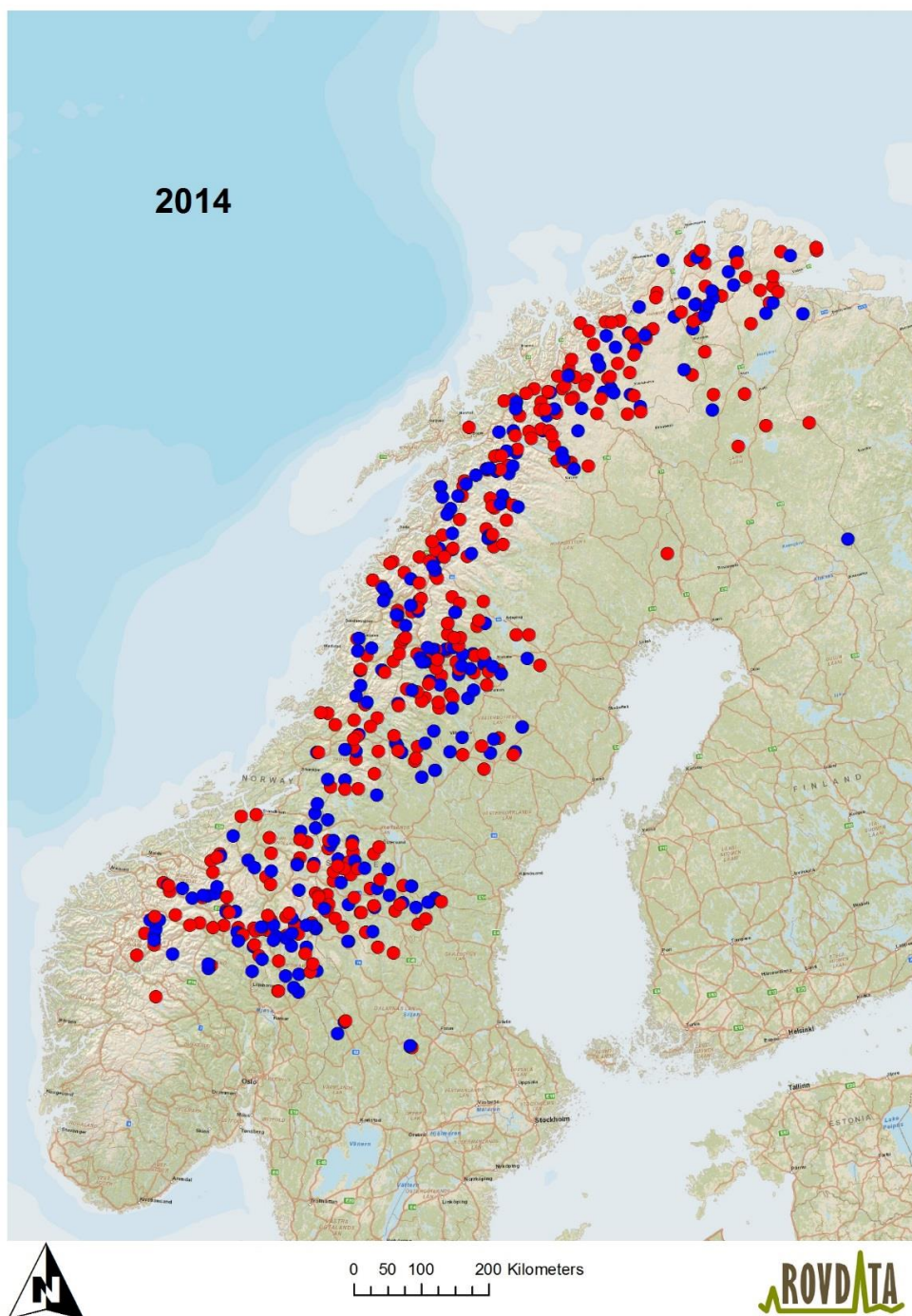
	Sør- og Midt-Norge	Nord-Norge	Sverige	Finland	Totalt
Fungerende	422	684	451	34	1591
Ikke-fungerende	132	169	134	23	458
Sum	554	853	585	57	2049
Suksessrate	76 %	80 %	77 %	60 %	78 %



Figur 2 Geografisk fordeling av de 2411 analyserte prøvene som ble samlet inn i Norge, Sve-
rige og Finland vinteren 2014. Gul = fungerende, grå = ikke-fungerende.

3.2 Det norske materialet

Hele 1106 prøver samlet inn i Norge vinteren 2014 var av god nok kvalitet til å individbestemmes. Dette er en økning på ca. 10 % i forhold til de to foregående årene, da det var ca. 1000 prøver som kunne individbestemmes. Totalt 326 individer ble påvist med en eller flere prøver samlet inn på norsk areal (**Figur 3**). Vi identifiserte 187 tisper og 139 hanner, som gir en kjønnsfordeling på 57-43.



Figur 3 Alle jervindivider identifisert fra prøveinnsamlingen i Fennoskandia vinteren 2014, representert med sine respektive midtpunkter. Rød = tisper. Blå = hann.

Tabell 3 Antall identifiserte individer fra DNA-analysene i treårsperioden 2012 - 2014 sammenstilt med bestandsestimatene basert på de årlige yngleregistreringene (Brøseth et al. 2012, Brøseth & Tovmo 2013, 2014). N = Antall fungerende prøver som lot seg individbestemme. ID DNA = Antall identifiserte individer fra DNA. Dette tallet er basert på det geografiske midtpunktet for prøvene som representerer det enkelte individ. Den angitte populasjonsstørrelsen (Popstr ynglinger) er basert på treårssnitt for antall ynglinger, henholdsvis 2010-2012, 2011-2013 og 2012-2014.

Rovviltregion	2012			2013			2014		
	N	ID DNA	Popstr ynglinger	N	ID DNA	Popstr ynglinger	N	ID DNA	Popstr ynglinger
Region 1	28	5	2	23	4	2	12	6	2
Region 2	1	1	-	2	1	-	1	1	-
Region 3	89	29	23	95	20	23	92	28	33
Region 4	0	0	-	1	0	-	-	-	-
Region 5	94	34	66	156	46	60	153	44	56
Region 6	146	59	82	148	53	76	164	57	73
Region 7	289	89	80	330	103	72	317	70	71
Region 8	347	145	142	238	87	117	367	111	106
Norge	994	362	395	993	314	350	1106	317	343

Dersom man tar utgangspunkt i det geografiske midtpunktet for prøvene som representerer hvert enkelt individ, ble det registrert 317 jerver med midtpunkt innenfor Norges grenser i 2014, som er nær identisk med 314 jerver i 2013. De 317 individene fordeler seg mellom rovviltregionene som angitt i **Tabell 3**. Antall identifiserte individer fra DNA har endret seg relativt lite over de siste tre årene i de fleste regionene. Unntaket er de to nordligste regionene. Antall påviste jerver i Nordland har i flere år vært nær 100 dyr, mens det i 2014 kun ble identifisert 70 individer fra DNA. Dette er så å si identisk med estimatet fra yngleregistreringene. I region 8 ble det i 2014 samlet inn langt flere prøver enn i 2013 og antall fungerende lå på omtrent samme nivå som i 2012. Vi ser fra **Tabell 3** at antall identifiserte individer har svingt i takt med antall fungerende prøver. Det er derfor vanskelig å si noe sikkert om bestandsutviklingen i våre to nordligste fylker.

3.3 Det svenske materialet

Totalt 451 prøver samlet inn i Sverige vinteren 2014 var av god nok kvalitet til å bestemmes til individ. Dette er en økning på ca. 50 % sammenlignet med de to foregående årene. De fungerende prøvene representerte 221 individer; 123 tisper og 98 hanner. Som i Norge gir dette en skjev kjønnsratio på 56-44 (**Figur 3**). Dersom man tar utgangspunkt i det geografiske midtpunktet for prøvene som representerer hvert enkelt individ, ble det registrert 213 jerver med midtpunkt innenfor Sveriges grenser. Disse fordeler seg mellom de ulike länene som angitt i **Tabell 4**.

Tidligere har innsamlingen av DNA i Sverige i all hovedsak vært fokusert på ynglinger, og har først og fremst vært brukt som et verktøy for å vurdere hvorvidt nærliggende hilokaliteter representerte den samme eller forskjellige ynglinger. Fra vinteren 2013 har man en felles målsetting i Norge og Sverige om å dekke jervens totale utbredelsesområde i Skandinavia, slik at man kan få representative DNA-baserte bestandsestimat på populasjonsnivå og fordelt på land. Som en følge av denne endringen av fokus for DNA-innsamlingen, er det store mellomårsvariasjoner i

antall innsamlede prøver i de fleste län. Foreløpig er det derfor vanskelig å vurdere tallene og i hvilken grad de er representative for antallet jerver som finnes i de ulike länene.

Tabell 4 Antall fungerende prøver som lot seg bestemme til individ (N) og antall identifiserte individer fra DNA (ID DNA) i Sverige og Finland i treårsperioden fra 2012 til 2014.

Län	2012		2013		2014	
	N	ID* DNA	N	ID* DNA	N	ID* DNA
Värmland	0	0	14	4	16	3
Dalarna	21	4	37	8	22	6
Västernorrland	9	5	27	14	9	9
Jämtland	182	71	124	71	105	65
Västerbotten	68	38	72	44	185	71
Norrbottn	35	17	3	2	114	59
Sverige	315	135	277	144	451	213
Finland	20	14	27	15	34	16

* Basert på midtpunkt hos individer med mer enn en prøve

3.4 Vevsprøver av døde jerver

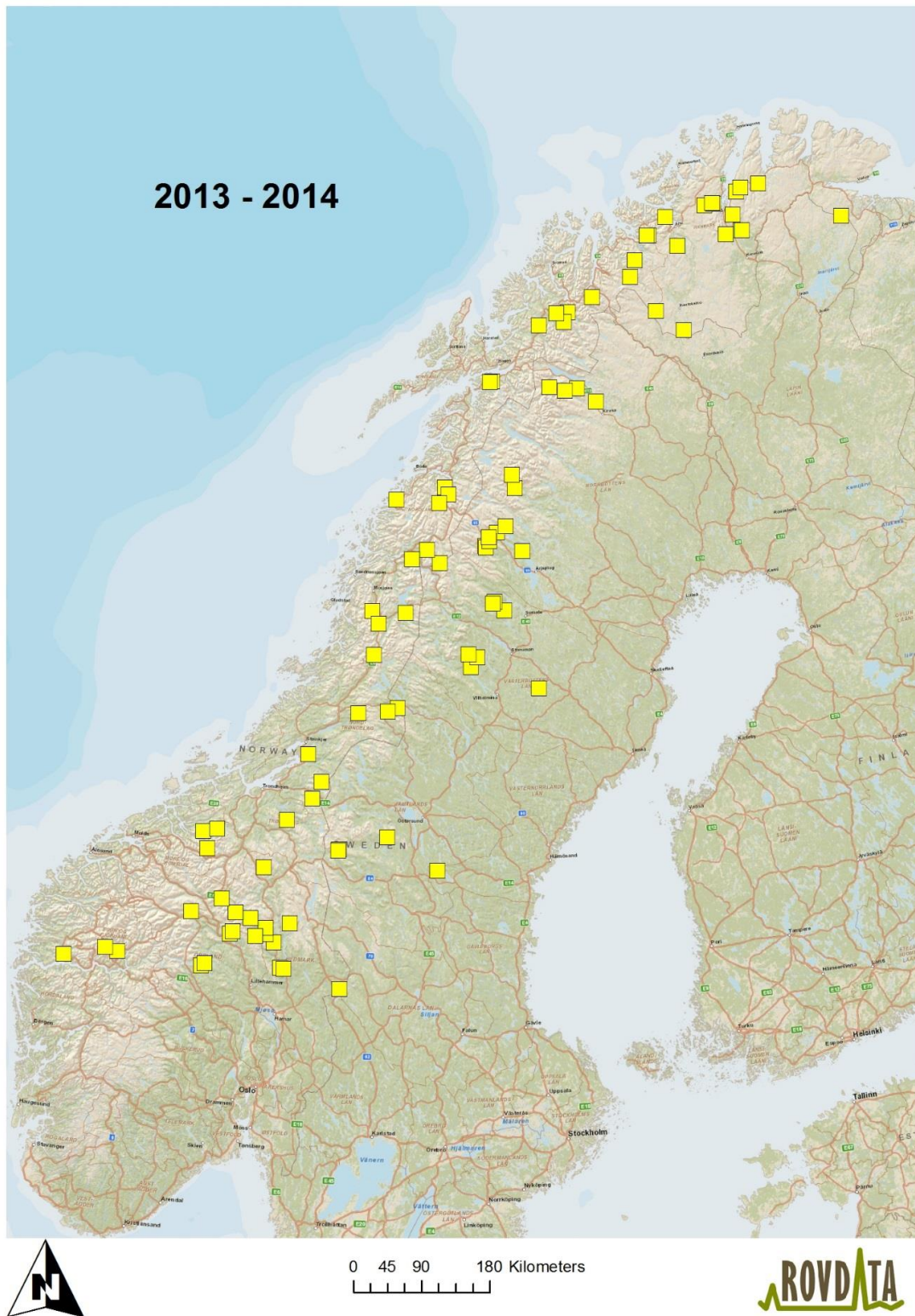
Totalt 90 jerver ble felt eller funnet døde i Norge i perioden 01.06.2012 – 31.05.2013 (**Figur 4; Vedlegg 1**). Jervevalper som ble tatt ut på hiuttak eller funnet døde på hiet ble ikke analysert, mens alle de resterende 62 jervene fikk en fullstendig DNA-profil etter vellykket DNA-analyse. I alt 48 av disse var aldersbestemt ved NINA. Kun én av 11 analyserte nullåringer (født 2013) var kjent fra ekskrementmaterialet. Derimot var hele 11 av 14 ett- og toåringer (79 %) tidligere identifisert fra DNA. Dette er en høyere andel enn før og viser at vi stadig plukker opp en større andel individer, også blant de yngste jervene i bestanden. Samtlige bortsett fra én av de døde jervene som ble aldersbestemt til tre år eller eldre (24 av 25; 96 %) var gjenfunn av tidligere DNA-analyserte jerver.

I samme periode (01.06.2012 – 31.05.2013) er det registrert 25 døde jerver i Sverige (**Figur 4; Vedlegg 2**). En av disse var en valp som ikke ble DNA-analysert, mens vevsprøve for en av de resterende jervene ikke ble mottatt ved laboratoriet. Sju av de 23 analyserte jervene var kjent fra tidligere DNA-analyser. Dette bekrefter at en stor andel av den svenske bestanden foreløpig ikke er registrert med DNA. Det er framfor alt i Norrbotten en svært liten andel av de døde jervene var kjent fra før (kun 1 av 12; 8 %). I de andre länene (Västernorrland, Jämtland, Västerbotten) var 6 av 11 døde jerver (55 %) kjent fra tidligere DNA-analyser.

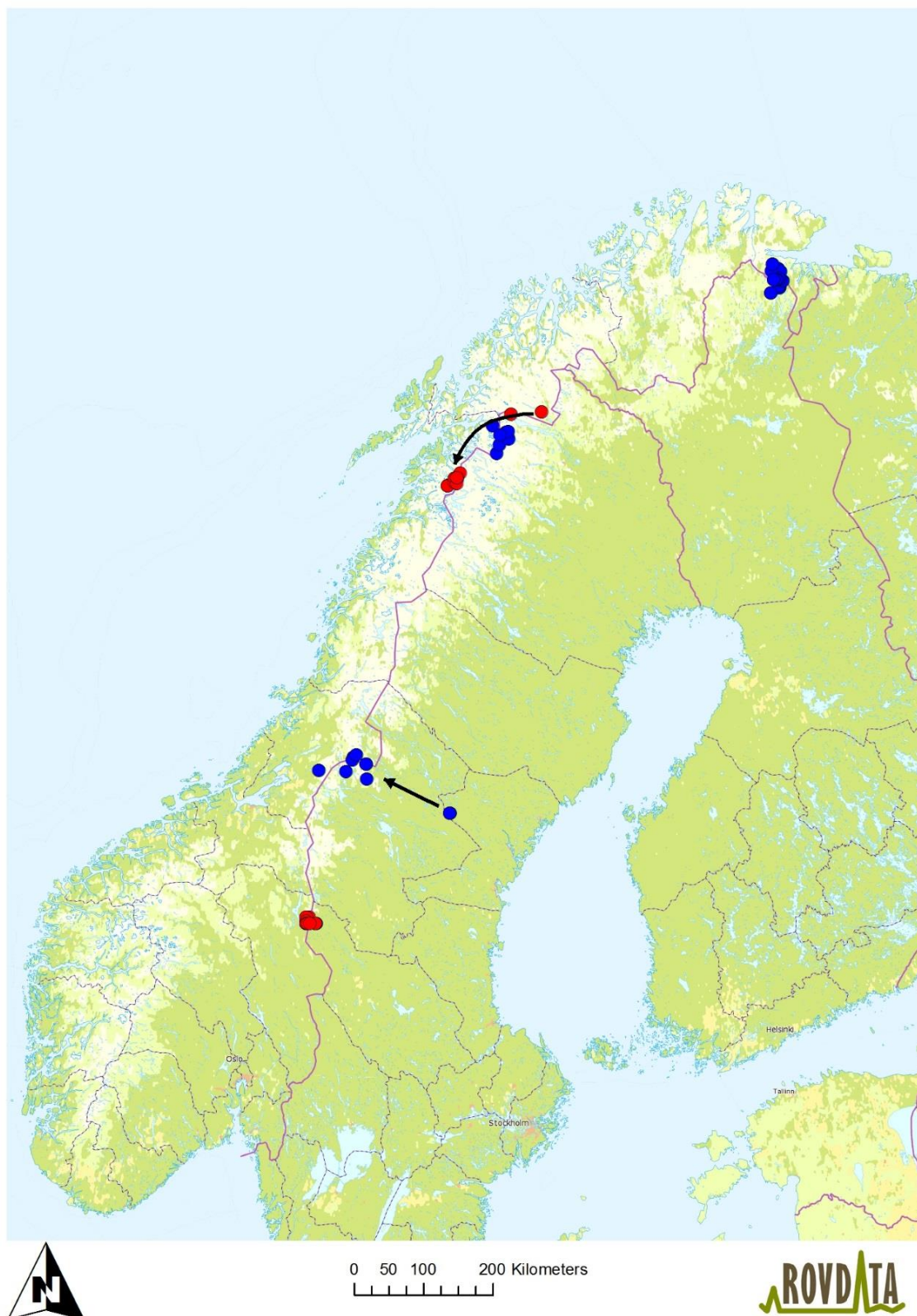
3.5 Identifisering av grensejerver

Jerven i Skandinavia beveger seg uavhengig av landegrenser. Dette gjelder både revirhevdende individer og ungjerver på vandring, som kan passere grensen fram og tilbake flere ganger før de eventuelt finner seg et egnet territorium. De revirhevdende grensejervene og ungjerver som vandrer på tvers av landegrensene skaper spesielle utfordringer for all bestandsestimeringsmetodikk (se avsnitt 3.6). **Figur 5** viser noen eksempler på etablerte? grensejerver. Med en langt

mer omfattende innsamling på svensk side av grensen vil vi kunne få et mer presist bilde av situasjonen i grenseområdene, som i sin tur vil kunne øke forståelsen av rekrutteringsgrunnlaget i bestanden og også bidra til å forklare observasjoner knyttet til bestandsutviklingen.



Figur 4 Døde jerver i Norge og Sverige i perioden 1. juni 2013– 31. mai 2014.



Figur 5 Eksempler på revirhevdende grensejerver identifisert fra DNA-analysene i 2014. Blå = Hann. Rød = Tispe. Symbolene representerer alle enkeltprøver som er samlet inn gjennom årene for de respektive individene. Pilene angir vandringar fra første gang identifisering til området der jerven har etablert reviret sitt.

3.6 Bestandsestimering i åpne bestander

Fangst/gjenfangst-metodikk er sentralt i arbeidet med å utarbeide nøyaktige estimat på bestandsstørrelse hos jerv. Et stort antall modeller med til dels ulike grunnleggende antagelser er utviklet, og flere kan egne seg godt til den type data vi får fra den DNA-baserte overvåkingen (Lukacs & Burnham 2005). For å tilpasse de anvendte modellene til den skandinaviske jervebestanden er det likevel behov for en del justeringer. Det er spesielt jerver som lever i nærheten av administrative grenser, det være seg mellom land eller regioner, som skaper utfordringer. De revirhevdende grensejervene og jerver som holder til i grenseområdene mellom de ulike rovilt-regionene beveger seg fritt mellom regioner og land i løpet av en overvåkingssesong. Dette betyr at man for eksempel i et fylke som Nordland, der grensen mot Sverige er svært lang, vil kunne plukke opp en god del jerver som har størstedelen av hjemmeområdet sitt i Sverige, og dermed tilbringer mesteparten av tiden i nabolandet. Dersom man ikke korrigerer for dette kan det føre til store skjevheter i bestandsanslaget, ved at jerver som har hele leveområdet sitt i Norge sidestilles med en grensejerv som kanskje tilbringer mer enn 90 % av tiden i nabolandet.

Vi har gjennom flere år jobbet med en realistisk modell for bestandsestimering fra DNA i en åpen bestand. En modell ble inneværende år testet på store deler av eksisterende DNA-materiale samlet inn siden 2002. Modellen fungerte tilsynelatende godt for store deler av materialet. Analysene avdekket imidlertid svakheter i modellen der det var store mellomårsvariasjoner i antall innsamlede og fungerende prøver, som for eksempel i region 8. Dette gav urealistisk stor mellomårsvariasjon i bestandsanslagene.

4 Diskusjon

Antall individer identifisert fra DNA er et minimumsestimat for bestandsstørrelse, eller snarere et uttrykk for hvor mange jerver som har vært påvist innom de respektive land, regioner eller län. 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. Totalt 317 jerver hadde midtpunkt innenfor Norges grenser i 2014, som er nær identisk med de 314 jervene fra fjoråret. Dette er 12 % færre enn det som ble registrert i 2012. Siden prøvevolumet var større i år, er det nærliggende å anta at tallene reflekterer en reell bestandsreduksjon. Bestandsanslagene fra ynglehiregistreringene viser en reduksjon i tilsvarende størrelsesorden; fra 395 jerver i 2012 til 343 i 2014.

Det har lenge vært et sentralt mål i jerveovervåkingen å estimere bestandsstørrelse ved bruk av fangst/gjenfangst metodikk. En nyutviklet modell er blitt testet, men analysene avdekket svakheter, spesielt i deler av bestanden der antall innsamlede og fungerende prøver har variert betydelig mellom år. 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.

Vi har etter hvert opparbeidet et meget solid datamateriale fra Norge og deler av den svenske bestanden. I Sør-Skandinavia (sør for E14) har vi nær 15 år med data, og i Nord-Norge (våre tre nordligste fylker) har vi heldekkende innsamling fra 2008. I Nord-Sverige har det tidligere vært samlet inn et svært begrenset materiale, men antall prøver økte betydelig fra 2013 til 2014. I Västerbotten gav DNA-innsamlingen i 2014 185 fungerende prøver og 71 jerver ble påvist. Dette betyr at hvert individ i gjennomsnitt er representert med drøyt 2,5 prøver. Forholdet mellom antall identifiserte individer og antall fungerende prøver bør nok ligge minst i dette sjiktet for å kunne få en representativ dekning av bestanden. Til sammenligning var hver påviste jerv i Norge i 2014

i gjennomsnitt representert med mer enn tre prøver. I Norrbotten har innsatsen også økt formidabelt i forhold til tidligere år. Innsamlingen i 2014 gav 114 fungerende prøver og 59 individer ble påvist. Men siden anslagsvis halvparten av den svenske jervebestanden holder til i Norrbotten, er det avgjørende at innsamling av DNA prioriteres enda sterkere de kommende innsamlingsseongene. I motsetning til de to nordligste länenene, har Jämtland hatt en nedadgående trend de siste årene fra 182 prøver i 2012, via 124 i 2013, til 105 prøver i 2014. Vurdert fra antall ynglinger er det ingenting som tyder på at det er blitt færre jerv i länet, snarere tvert imot. Det er derfor ønskelig med et enda sterkere fokus på DNA-innsamling også i Jämtland. I den mer perifere delen av jerveutbredelsen i Sverige er det også forbedringspotensiale i forhold til antall innsamlede prøver i enkelte län.

5 Referanser

- Anon 2014. Bestandsovervåking av jerv i 2014 - Bestandsstatus for store rovdyr i Skandinavia 2 - 2014. 31 s.
- Brøseth, H. & Tovmo, M. 2013. Yngleregistreringer av jerv i Norge i 2013. – NINA Rapport 981. 20 s.
- Brøseth, H. & Tovmo, M. 2014. Yngleregistreringer av jerv i Norge i 2014. – NINA Rapport 1086. 20 s.
- Brøseth, H., Tovmo, M. & Andersen, R. 2012. Yngleregistreringer av jerv i Norge i 2012. – NINA Rapport 898. 21 s.
- Dallas, J. F. & Piertney, S. B. 1998. Microsatellite primers for the Eurasian otter. - *Molecular Ecology* 7: 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: 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: 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: 1389-1402.
- 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: 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: 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, 405-410.
- Lukacs, P. M & Burnham K. P. 2005. Review of capture–recapture methods applicable to non-invasive genetic sampling. *Molecular Ecology* 14, 3909-3919.
- 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: 1991-2005.
- 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: 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: 53-65.

Vedlegg 1

Oversikt over jerv registrert død i Norge 1. juni 2013 – 31. mai 2014

Døde jerver som var tidligere kjent fra ekskrementmaterialet

RovbaseID	Dødsdato	Kjønn	Alder	Individ	Fylke	Kommune
M406968	30.04.2014	Hunn	9	177	Møre og Romsdal	RINDAL
M406665	29.10.2013	Hunn	9	2230	Nordland	SALTDAL
M406692	06.12.2013	Hann	7	260	Oppland	SØR-FRON
M406720	10.01.2014	Hunn	6	669	Nord-Trøndelag	MERÅKER
M406721	11.01.2014	Hann	5	612	Nord-Trøndelag	LIERNE
M406791	05.02.2014	Hann	5	2035	Finnmark	KAUTOKEINO
M407027	15.05.2014	Hunn	5	2263	Finnmark	PORSANGER
M406899	19.03.2014	Hann	5	2274	Finnmark	LEBESBY
M407011	09.05.2014	Hunn	5	2688	Troms	KVÆNANGEN
M406997	02.05.2014	Hunn	5	3595	Hedmark	FOLLDAL
M406668	01.11.2013	Hunn	4	2329	Troms	STORFJORD
M406900	19.03.2014	Hunn	4	2453	Nordland	MELØY
M407007	01.05.2014	Hunn	4	2726	Troms	KVÆNANGEN
M406994	29.04.2014	Hunn	4	3508	Hedmark	STOR-ELVDAL
M406612	02.10.2013	Hunn	4	3549	Hedmark	STOR-ELVDAL
M406711	19.12.2013	Hann	3	608	Nordland	VEFSN
M406641	12.10.2013	Hann	3	1253	Hedmark	RENDALEN
M406766	30.01.2014	Hunn	3	1294	Nordland	HATTFJELLDAL
M406959	24.04.2014	Hunn	3	2467	Nordland	RANA
M406907	20.03.2014	Hunn	3	2671	Finnmark	PORSANGER
M406795	10.02.2014	Hann	3	2776	Nordland	RANA
M406926	25.03.2014	Hunn	3	2845	Finnmark	PORSANGER
M407005	11.05.2014	Hunn	3	2925	Finnmark	ALTA
M406971	03.05.2014	Hunn	3	3559	Oppland	SØR-FRON
M406402	24.08.2013	Hunn	2	427	Oppland	NORD-FRON
M406553	14.09.2013	Hann	2	944	Hedmark	STOR-ELVDAL
M406683	15.11.2013	Hunn	2	2514	Nord-Trøndelag	NAMSSKOGAN
M406909	20.03.2014	Hann	2	2650	Finnmark	PORSANGER
M406925	25.03.2014	Hann	2	2800	Finnmark	PORSANGER
M406715	03.01.2014	Hann	2	3537	Sør-Trøndelag	SELBU
M406990	10.05.2014	Hann	2	3593	Sogn og Fjordane	SOGNDAL

M406613	02.10.2013	Hann	1	2790	Finnmark	SØR-VARANGER
M406908	20.03.2014	Hunn	1	2919	Finnmark	PORSANGER
M406919	24.03.2014	Hunn	1	3589	Sogn og Fjordane	LUSTER
M406984	08.05.2014	Hann	1	3596	Sogn og Fjordane	GAULAR
M406778	08.02.2014	Hann	0	682	Nord-Trøndelag	MERÅKER
M406292	26.07.2013	Hunn	-	358	Oppland	LOM
M406729	16.01.2014	Hann	-	680	Nord-Trøndelag	STEINKJER
M406732	17.01.2014	Hunn	-	2102	Troms	MÅLSELV
M406588	21.07.2013	Hann	-	2167	Nordland	BALLANGEN
M406735	22.01.2014	Hunn	-	2255	Finnmark	PORSANGER
M407090	04.05.2014	Hunn	-	2311	Nordland	SALTDAL
M406686	17.11.2013	Hann	-	2852	Troms	MÅLSELV
M406618	02.10.2013	Hann	-	3543	Oppland	ØYSTRE SLIDRE

Døde jerver som ikke var tidligere kjent fra ekskrementmaterialet

RovbaseID	Dødsdato	Kjønn	Alder	Individ	Fylke	Kommune
M407043	18.05.2014	Hann	3	5740	Nordland	SALTDAL
M406695	12.12.2013	Hunn	2	5739	Troms	NORDREISA
M406656	18.10.2013	Hann	1	5727	Finnmark	PORSANGER
M406910	20.03.2014	Hann	1	5738	Finnmark	PORSANGER
M406981	04.05.2014	Hann	0	691	Nord-Trøndelag	SNÅSA
M406603	27.09.2013	Hann	0	5719	Hedmark	RENDALEN
M406640	13.10.2013	Hunn	0	5721	Hedmark	STOR-ELVDAL
M406681	12.11.2013	Hunn	0	5722	Hedmark	TOLGA
M406693	08.12.2013	Hunn	0	5723	Hedmark	TRYSIL
M406752	28.01.2014	Hann	0	5724	Troms	KVÆNANGEN
M406783	08.02.2014	Hunn	0	5726	Nord-Trøndelag	LIERNE
M406660	22.10.2013	Hunn	0	5728	Sør-Trøndelag	OPPDAL
M406790	06.02.2014	Hunn	0	5732	Finnmark	ALTA
M406619	04.10.2013	Hunn	-	5720	Hedmark	STOR-ELVDAL
M406685	14.11.2013	Hunn	-	5729	Troms	BALSFJORD
M406776	05.02.2014	Hann	-	5730	Troms	BARDU
M406789	09.02.2014	Hann	-	5731	Troms	MÅLSELV
M406768	05.02.2014	Hunn	-	5733	Nordland	GRANE
M406663	25.10.2013	Hunn	-	5734	Nordland	BALLANGEN

Ikke-analyserte prøver

RovbaseID	Dødsdato	Kjønn	Alder	Individ	Fylke	Kommune
M406995	29.04.2014	Hann	0	-	Hedmark	STOR-ELVDAL
M406996	29.04.2014	Hann	0	-	Hedmark	STOR-ELVDAL
M406998	02.05.2014	Hann	0	-	Hedmark	FOLLDAL
M406999	02.05.2014	Hunn	0	-	Hedmark	FOLLDAL
M407000	04.05.2014	Hunn	0	-	Oppland	DOVRE
M407001	04.05.2014	Hunn	0	-	Oppland	DOVRE
M407220	01.03.2014	Ukjent	0	-	Oppland	LESJA
M406972	03.05.2014	Hunn	0	-	Oppland	SØR-FRON
M406973	03.05.2014	Hann	0	-	Oppland	SØR-FRON
M406963	24.04.2014	Hann	0	-	Oppland	RINGEBU
M406964	24.04.2014	Hann	0	-	Oppland	RINGEBU
M406965	24.04.2014	Hunn	0	-	Oppland	RINGEBU
M406960	22.04.2014	Hann	0	-	Møre og Romsdal	SURNADAL
M406961	22.04.2014	Hunn	0	-	Møre og Romsdal	SURNADAL
M406962	22.04.2014	Hunn	0	-	Møre og Romsdal	SURNADAL
M406966	30.04.2014	Hann	0	-	Møre og Romsdal	RINDAL
M406967	30.04.2014	Hann	0	-	Møre og Romsdal	RINDAL
M406981	04.05.2014	Hann	0	-	Nord-Trøndelag	SNÅSA
M406957	24.04.2014	Hann	0	-	Nordland	RANA
M406958	24.04.2014	Hunn	0	-	Nordland	RANA
M407008	01.05.2014	Hunn	0	-	Troms	KVÆNANGEN
M407009	08.05.2014		0	-	Troms	KVÆNANGEN
M407010	09.05.2014	Hunn	0	-	Troms	KVÆNANGEN
M407002	11.05.2014	Hunn	0	-	Finnmark	ALTA
M407004	11.05.2014	Hunn	0	-	Finnmark	ALTA
M407025	15.05.2014	Hann	0	-	Finnmark	PORSANGER
M407026	15.05.2014	Hunn	0	-	Finnmark	PORSANGER
M407083	01.05.2014	Ukjent	0	-	Finnmark	KARASJOK

Vedlegg 2

Oversikt over jerv registrert død i Sverige 1. juni 2013 – 31. mai 2014

Døde jerver som var tidligere kjent fra ekskrementmaterialet

RovbaseID	Dødsdato	Kjønn	Alder	Individ	Fylke	Kommune
M407483	05.05.2014	Hann	-	893	Västernorrland	Ånge
M406722	12.01.2014	Hann	-	1707	Västernorrland	Berg
M406723	13.01.2014	Hunn	-	935	Jämtland	Härjedalen
M406717	06.01.2014	Hunn	-	1272	Västerbotten	Sorsele
M406689	01.12.2013	Hunn	-	1725	Västerbotten	Vilhelmina
M406725	13.01.2014	Hunn	-	1119	Västerbotten	Vilhelmina
M406730	09.01.2014	Hunn	-	1093	Norrbottn	Arjeplog

Døde jerver som ikke var tidligere kjent fra ekskrementmaterialet

RovbaseID	Dødsdato	Kjønn	Alder	Individ	Fylke	Kommune
M406724	13.01.2014	Hann	-	1766	Jämtland	Berg
M406716	03.01.2014	Hunn	-	1428	Västerbotten	Sorsele
M406718	07.01.2014	Hunn	-	1429	Västerbotten	Sorsele
M406713	18.12.2013	Hunn	-	1430	Västerbotten	Vilhelmina
M406733	19.10.2013	Hann	-	1431	Västerbotten	Lycksele
M406714	19.12.2013	Hunn	-	1442	Norrbottn	Arjeplog
M406728	22.12.2013	Hann	-	1443	Norrbottn	Arjeplog
M406731	13.01.2014	Hunn	-	1444	Norrbottn	Arjeplog
M406697	13.10.2013	Hunn	-	1447	Norrbottn	Jokkmokk
M406698	02.06.2013	Hunn	-	1448	Norrbottn	Jokkmokk
M406700	16.12.2013	Hann	-	1460	Norrbottn	Kiruna
M406701	08.12.2013	Hann	-	1461	Norrbottn	Kiruna
M406702	16.12.2013	Hunn	-	1462	Norrbottn	Kiruna
M406703	08.12.2013	Hunn	-	1463	Norrbottn	Kiruna
M407087	13.02.2014	Hann	-	1464	Norrbottn	Arjeplog
M407088	13.02.2014	Hann	-	1465	Norrbottn	Arjeplog

Ikke-analyserte prøver

RovbaseID	Dødsdato	Kjønn	Alder	Individ	Fylke	Kommune
M406279	05.06.2013	Ukjent	0	-	Västerbotten	Sorsele
M407063	30.03.2014	Hunn	-	-	Norrbottn	Arjeplog

www.rovdata.no



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.

1185

NINA Rapport

ISSN:1504-3312
ISBN: 978-82-426-2813-8

Omslagsfoto: Lars Krempig, John Linnell, Roy Andersen,
Per Jordhøy, Espen Lie Dahl.

Norsk institutt for naturforskning

NINA Hovedkontor

Postadresse: Postboks 5685 Sluppen, 7485 Trondheim

Besøks/leveringsadresse: Høgskoleringen 9, 7034 Trondheim

Telefon: 73 80 14 00, Telefaks: 73 80 14 01

E-post: firmapost@nina.no

Organisasjonsnummer 9500 37 687

<http://www.nina.no>

Samarbeid og kunnskap for framtidens miljøløsninger