

Familiegrupper i den svenske gaupebestanden vinteren 2006/2007 belyst fra genetisk analyse av ekskrementer og hår

Øystein Flagstad
Roel May
Cecilia Wärdig
Malin Johansson
Hans Ellegren



NINAs publikasjoner

NINA Rapport

Dette er en ny, 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.

Norsk institutt for naturforskning

**Familiegrupper i den svenske gaupebestanden vinteren 2006/2007
belyst fra genetisk analyse av ekskrementer og hår**

Øystein Flagstad
Roel May
Cecilia Wärdig
Malin Johansson
Hans Ellegren

Flagstad, Ø., May, R., Wärdig, C., Johansson, M. & Ellegren, H.
2007. Familiegrupper i den svenske gaupebestanden vinteren
2006/2007 belyst fra genetisk analyse av ekskrementer og hår -
NINA Rapport 285. 25 s.

Trondheim, juli 2007

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-1847-4

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

KVALITETSSIKRET AV

Inga E. Bruteig

ANSVARLIG SIGNATUR

Forskningssjef Inga E. Bruteig (sign.)

OPPDRAKSGIVER(E)

Svenska Naturvårdsverket

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER

Robert Franzen

FORSIDEBILDE

Gaupefamilie – mor med to unger.

Foto: Staffan Widstrand / de5stora.com

NØKKEWORD

Eurasiatisk gaupe, *Lynx lynx*, Sverige, kartlegging av familie-
grupper

KEY WORDS

Eurasian lynx, *Lynx lynx*, Sweden , Monitoring of family groups

KONTAKTOPPLYSNINGER

NINA hovedkontor

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

Polarmiljøsentret

9296 Tromsø

Telefon: 77 75 04 00

Telefaks: 77 75 04 01

NINA Lillehammer

Fakkelgården

2624 Lillehammer

Telefon: 73 80 14 00

Telefaks: 61 22 22 15

www.nina.no

Sammendrag

Flagstad, Ø., May, R., Wärdig, C., Johansson, M. & Ellegren, H. 2007. Familiegrupper i den svenske gaupebestanden vinteren 2006/2007 belyst fra genetisk analyse av ekskrementer og hår - NINA Rapport 285. 25 s.

Den totale gaupebestanden i Skandinavia anslås idag til ca 1500 dyr. Konflikten mellom rovdyr og menneske har naturlig nok økt i takt med gaupas økende antall. Gaupas skader på tamdyr varierer fra område til område, men den største samfunnskostnaden kommer fra skader på rein. I 2006 ble det i Sverige utbetalt 23 millioner kroner for rein drept av gaupe. Utbetalingene baserer seg på antall foryngringer per år, og det jobbes kontinuerlig med å utvikle metodene for å kartlegge foryngringer i de ulike områdene.

Nyere forskning har vist at det er mulig å identifisere individer basert på DNA isolert fra ekskrementer og hår. Dette åpner opp for en ny metodisk tilnærming i kartleggingen av familiegrupper, som kan supplere de tradisjonelle metodene basert på sporing. Ved å samle inn ekskrementer i områder der man mener det har skjedd en foryngring, kan man gjennom moderne DNA-teknologi kartlegge hvor mange individer som finnes i det angitte området, og videre ved hjelp av slektskapsanalyser vurdere sannsynligheten for at det har foregått en foryngring.

Denne metodikken har vært brukt til å kartlegge familiegrupper i Sverige siden 2002. Gjennomgående har vi kunnet verifisere i underkant av halvparten av familiegruppene rapportert fra feltpersonalet. Utover faktisk verifisering av de rapporterte familiegruppene har analysene gitt supplerende informasjon og således bidratt til en bedre forståelse av flere viktige aspekter, som for eksempel hvem som reproduserer, hvor ofte de reproduserende dyra skiftes ut, slektskap mellom hunner i nabolitterier og hvor stor avstand det er mellom reproduserende enheter. Videre kan analysene bidra med viktig informasjon som graden av innavl i ulike områder og ikke minst hvorvidt immigranter bidrar til reproduksjon.

For materialet samlet inn vinteren 2006/2007 har vi igjen kunnet verifisere i underkant av halvparten av de rapporterte familiegruppene. Videre har vi sett flere slående eksempler på innavl, og hvordan mange av de stasjonære individene i enkelte områder synes å være svært nært beslektet. Reproduserende immigranter fra Finland vil motvirke graden av innavl og potensielt negative innavlseffekter. I to av de rapporterte familiegruppene fra vinteren 2006/2007 hadde avkommet høyst sannsynlig en blandet opprinnelse, som viser at immigranter fra Finland ikke bare krysser grensen, men faktisk setter spor etter seg i form av reproduksjon. Begge disse to familiegruppene befinner seg nettopp i et slikt område der en stor andel av de stasjonære individene er nært beslektet. Reproduktivt bidrag fra immigranter i slike områder vil på lengre sikt trolig være av betydning for en sunn og viril bestand i disse områdene.

Øystein Flagstad og Roel May, Norsk institutt for naturforskning, 7485 Trondheim.
oystein.flagstad@nina.no, roel.may@nina.no

Cecilia Wärdig, Malin Johansson og Hans Ellegren, Evolutionsbiologiskt centrum, Universitetet i Uppsala, Norbyvägen 18D, 752 36 Uppsala. hans.ellegren@ebc.uu.se

Abstract

Flagstad, Ø., May, R., Wårdig, C., Johansson, M. & Ellegren, H. 2007. Monitoring family groups in the Swedish lynx population winter 2006/2007 by DNA analysis of scats and hair - NINA Report 285. 25 pp.

The lynx population in Scandinavia is increasing and is today estimated to count approximately 1500 individuals. Human-carnivore conflicts are increasing along with the increasing population size. The conflict is particularly pronounced in reindeer herding areas, and compensation from the Swedish government to reindeer herding communities had in 2006 amounted to 23 million Swedish kroner. The compensation system is based on the number of lynx reproductions per year in reindeer herding areas, and improvement of the methods for monitoring lynx families may contribute to a better and fairer compensation system

Recent research has shown that it is possible to identify individuals based on DNA extracted from lynx scats and hair. This opens up for a new approach to monitoring lynx family groups, which can supply the more traditional methods based on snow tracking. By DNA analysis of scats from areas where a reproduction is reported, it is possible to estimate the number of individuals in the area and the relationship among the detected individuals, which in turn can be used together with information from other sources to consider the number of family groups within a defined area.

This approach has been used to monitor lynx family groups in Sweden since 2002. In general, we have been able to verify approximately half of the reported family groups. In addition, the analyses have given supplementary information contributing to an increased understanding of several important aspects, such as who is reproducing, what is the turnover rate of reproducing individuals, what is the relationship between females in neighbouring territories, and how large distance is there among reproducing entities. Moreover, the analysis can provide important information on the degree of inbreeding in different areas and whether immigrants are contributing to reproduction.

For the material collected in winter 2006/2007 we could once again verify approximately half of the reported family groups. Moreover, we saw several striking examples of inbreeding, and that a large proportion of the stationary individuals seem to be unusually closely related in some areas. Reproductive contribution by immigrants from Finland will counteract the degree of inbreeding and the associated potentially harmful inbreeding effects. In two of the reported family groups from winter 2006/2007 the offspring seemed to have a mixed origin, which demonstrates that immigrants from Finland not only cross the border but actually contribute to reproduction. Both these family groups reside in an area where a large proportion of the stationary individuals are closely related. Reproductive contribution from immigrants will in the long run likely be important to ensure a healthy lynx population in these areas.

Øystein Flagstad og Roel May, Norsk institutt for naturforskning, 7485 Trondheim.
oystein.flagstad@nina.no, roel.may@nina.no

Cecilia Wårdig, Malin Johansson og Hans Ellegren, Evolutionsbiologiskt centrum, Universitetet i Uppsala, Norbyvägen 18D, 752 36 Uppsala. hans.ellegren@ebc.uu.se

Innhold

Sammendrag	3
Abstract	4
Innhold	5
Forord	6
1 Bakgrunn	7
2 Metodikk	7
2.1 Prøveinnsamling og laboratoriearbeid.....	7
2.2 Dataanalyse - immigrasjon og slektskap mellom individer	8
3 Resultater og diskusjon	8
3.1 Suksessrate	8
3.2 Geografisk fordeling av individene identifisert fra ekskrementer og hår.....	12
3.3 Vevsprøver - døde dyr fra SVA og radiomerkede individer	13
3.4 Immigrasjon	16
3.5 Slektskap mellom individer.....	16
4 Konklusjon	19
5 Referanser	20
Vedlegg 1	21

Forord

Denne rapporten redegjør for DNA analysene av vinterens innsamling av gaupeekskremitter og hår. Vi vil benytte anledningen til å takke feltpersonalet i de ulike länene, som år etter år bidrar med til dels store mengder prøvemateriale. Vi takker også Henrik Andrén ved Grimsö forskningsstasjon for oversendelse av vevsprøver fra radiomerkede dyr og Arne Söderberg ved SVA som har bidratt med vevsprøver fra døde gauper. Materiale fra radiomerkede og døde dyr gir supplerende informasjon rundt situasjonen i Sør-Sverige, slik at vi i enda større detalj kan følge ekspansjonsfronten i sør.

4. juli, Øystein Flagstad

1 Bakgrunn

Den skandinaviske gaupebestanden var relativt stor på begynnelsen av 1800-tallet. I denne perioden økte jakttrykket dramatisk, og rundt 1830 ble ca 250 gauper skutt hvert eneste år, noe som førte til en dramatisk bestandsreduksjon fram mot århundreskiftet. På begynnelsen av 1900-tallet ble bestanden anslått til ca 100 dyr, og artens videre eksistens på den skandinaviske halvøy var svært truet. I 1928 ble gaupa imidlertid fredet i Sverige, og arten kunne sakte med sikkert spre seg, først nordover, og siden sørover til områder den tidligere var svært vanlig.

Den totale gaupebestanden i Skandinavia anslås idag til ca 1500 dyr. Konflikten mellom rovdyr og menneske har naturlig nok økt i takt med gaupas økende antall. Gaupas skader på tamdyr varierer fra område til område, men den største samfunnskostnaden kommer fra skader på rein. I 2006 ble det i Sverige utbetalt 22 millioner kroner for rein drept av gaupe. Utbetalingene baserer seg på antall foryngringer per år, og det jobbes kontinuerlig med å utvikle metodene for å kartlegge foryngringer i de ulike områdene.

Nyere forskning har vist at det er mulig å identifisere individer basert på DNA isolert fra ekskrementer og hår. Dette åpner opp for en ny metodisk tilnærming i kartleggingen av foryngringer, som kan supplere de tradisjonelle metodene basert på sporing og yngleregistrering. Ved å samle inn ekskrementer i områder der man mener det har skjedd en foryngring, kan man gjennom moderne DNA-teknologi kartlegge hvor mange individer som finnes i det angitte området, og videre ved hjelp av slektskapsanalyser vurdere sannsynligheten for at det har foregått en foryngring.

I denne rapporten vil vi i hovedsak redegjøre for resultatene fra materiale samlet inn vinteren 2006/2007. Vi vil fokusere på familiegruppene rapportert fra feltpersonalet, og gjennom slektskapsanalyser forsøke å verifisere at det faktisk har foregått en foryngring. En annen viktig problemstilling er kjønnsfordelingen i Sør-Sverige. Tidligere er det stort sett hanner som er funnet i de sørligste länenene i Sverige, som også støttes av observasjoner i felt. Gjennom kjønntest av fungerende prøver kan vi teste hvorvidt dette også var tilfelle i vinter.

2 Metodikk

2.1 Prøveinnsamling og laboratoriearbeid

Totalt 119 hår-, ekskrement- og salivprøver, samlet inn over store deler av Sverige vinteren 2006/2007, ble levert til analyse (**Vedlegg 1**). I tillegg analyserte vi 43 vevsprøver, hvorav 26 representerte døde gauper i Sør-Sverige i perioden 2002-2007 og 17 representerte radiomerkede dyr merket i Sør-Sverige i perioden 1997-2006. I tilfeller av vellykket ekstraksjon av gaupe-spesifikt kjerne-DNA, gjennomført vi genotyping på tvers av 10 mikrosatelittmarkører som følger: FCA001, FCA043, FCA149, FCA506, FCA559, FCA008, FCA045, FCA090, F115, FCA391 (Menotti-Raymond et al. 1999). De ikke-fungerende prøvene ble analysert for en mitokondriell markør (Cyt B; Irwin et al. 1991), og artstilhørighet ble bestemt fra DNA-sekvensen.

Siden isolater fra ekskrementer som oftest har en meget lav DNA konsentrasjon er det vesentlig for metodens robusthet å kjøre et antall replikater for hver prøve. Basert på resultatene fra tidligere pilotstudier for bl.a. jerv (Hedmark et al. 2006), 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 må kjøres i minst 2-3

Tabell 1 Suksessrate for alle analyserte prøver

Region	Ekskrement	Hår	Saliv	Vev
Norrbotten	25 / 33 (76 %)	4 / 8 (50 %)	-	-
Jämtland	12 / 23 (52 %)	1 / 2 (50 %)	-	-
Sør-Sverige	18 / 36 (50 %)	4 / 8 (50 %)	1 / 9 (11 %)	25 / 26 (96 %)
Radiomerkede				17 / 17 (100 %)

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 gaupespesifikt kjerne-DNA ble også kjønnsbestemt ved hjelp av to kjønnsmarkører (DBY7Ly2, ZFLy2; upublisert). 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.

2.2 Dataanalyse - immigrasjon og slektskap mellom individer

Den skandinaviske gaupebestanden er genetisk differensiert fra den finske bestanden (Hellborg et al. 2002). Man kan dermed ved hjelp av hvert enkelt individs genotype bestemme sannsynligheten for om det har sin opprinnelse i Sverige eller om det er en immigrant fra øst. Vi har brukt metoden til Pritchard et al. (2001) for å bestemme nærværet av finske immigranter i den svenske gaupebestanden. Videre brukte vi en clustringsanalyse (Benzecri 1973) for å visualisere forskjellen mellom svenske og finske DNA-profiler.

For bestemmelse av slektskap mellom individer brukte vi slektskapskoeffisienten beskrevet av Queller & Goodnight (1989). Informasjon om antatt status til de ulike prøvene (f.eks. antatt mor / antatt unge) ble brukt aktivt og testet ved hjelp av DNA-profilene til de ulike prøvene.

3 Resultater og diskusjon

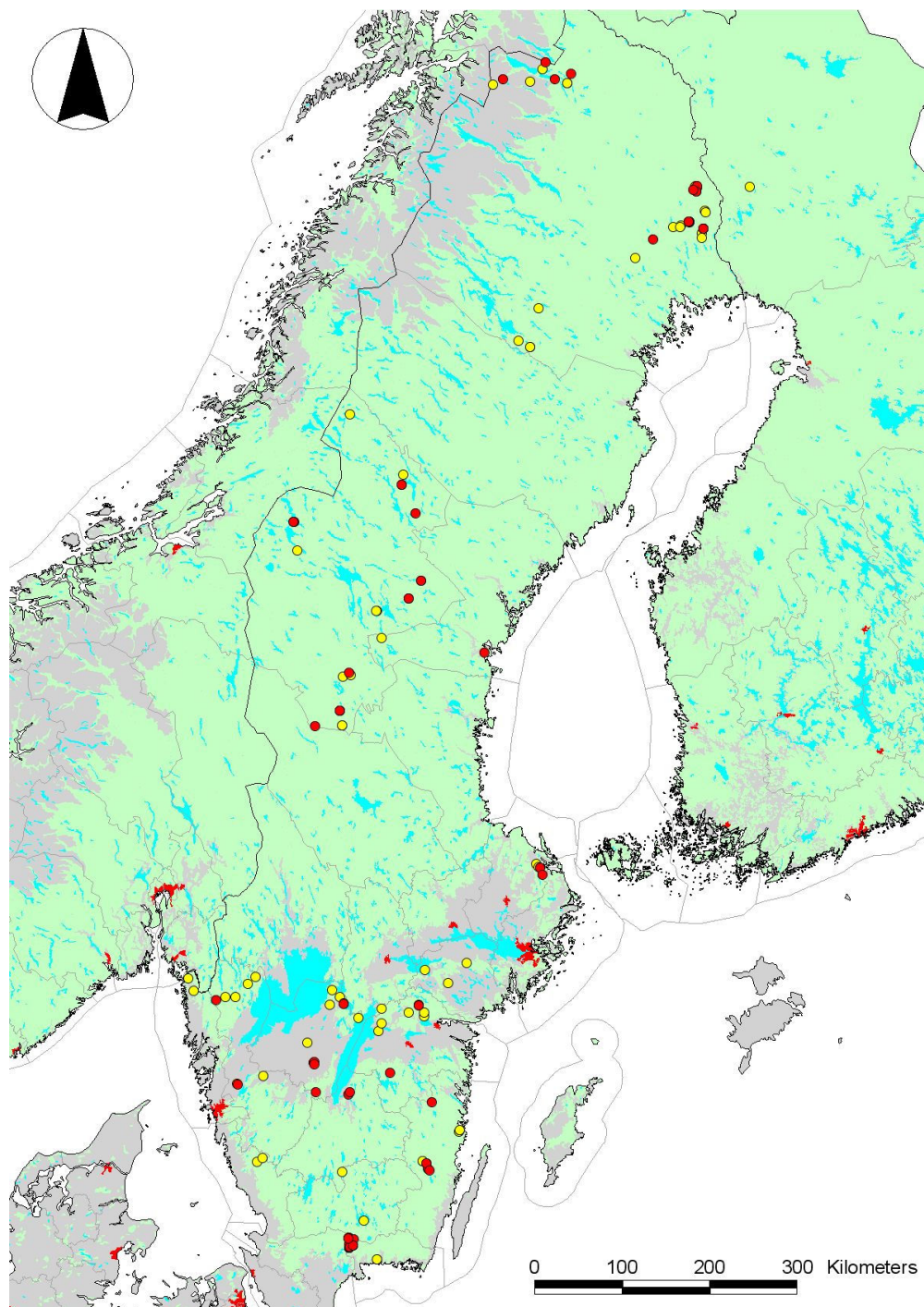
3.1 Suksessrate

Figur 1 viser den geografiske fordelingen av de innsamlede prøvene samt hvilke prøver som lot seg analysere. 55 av 92 innleverte ekskrementprøver lot seg analysere, som gir en total suksessrate på 60 %. Mer enn 75 % av prøvene samlet inn i Norrbotten fungerte, mens suksessraten i øvrige Sverige lå på ca 50 % (**Tabell 1**). Dette er i tråd med resultatene fra tidligere år, da det som oftest har vært prøvene samlet inn i nord som fungerer best. I fjor var det imidlertid motsatt, da materiale samlet inn i sør fungerte best, faktisk tilsvarende bra som årets prøver samlet inn i Norrbotten. Vi har tidligere påpekt at gode snøforhold, som det var i fjor i Sør-Sverige, kan ha betydning for suksessraten, og kan tenke oss tre grunner til at suksessraten øker med bedre snøforhold: (1) Enklere sporingsforhold, og således større andel av ferske ekskrementer i det innsamlede materialet. (2) Enklere sporingsforhold gir også mindre grad av feil artsidentifisering. (3) Bedre bevaring av ekskrementmateriale på snø i forhold til på barmark.

Det er gledelig å kunne rapportere at hårprøvene fra vinterens innsamling fungerte tilnærmet like godt som ekskrementprøvene, med 9 av 18 fungerende prøver (**Tabell 1**). Det at hårprøvene har fungert såpass bra, kan bety at det var innslag av hudfragmenter for flere av prøvene.

Uansett utgjør disse prøvene et viktig supplement til ekskrementprøvene for å få en høyere representasjonsandel av individene i de rapporterte familiegruppene, og således ha større sjanse til å verifisere ynglingen.

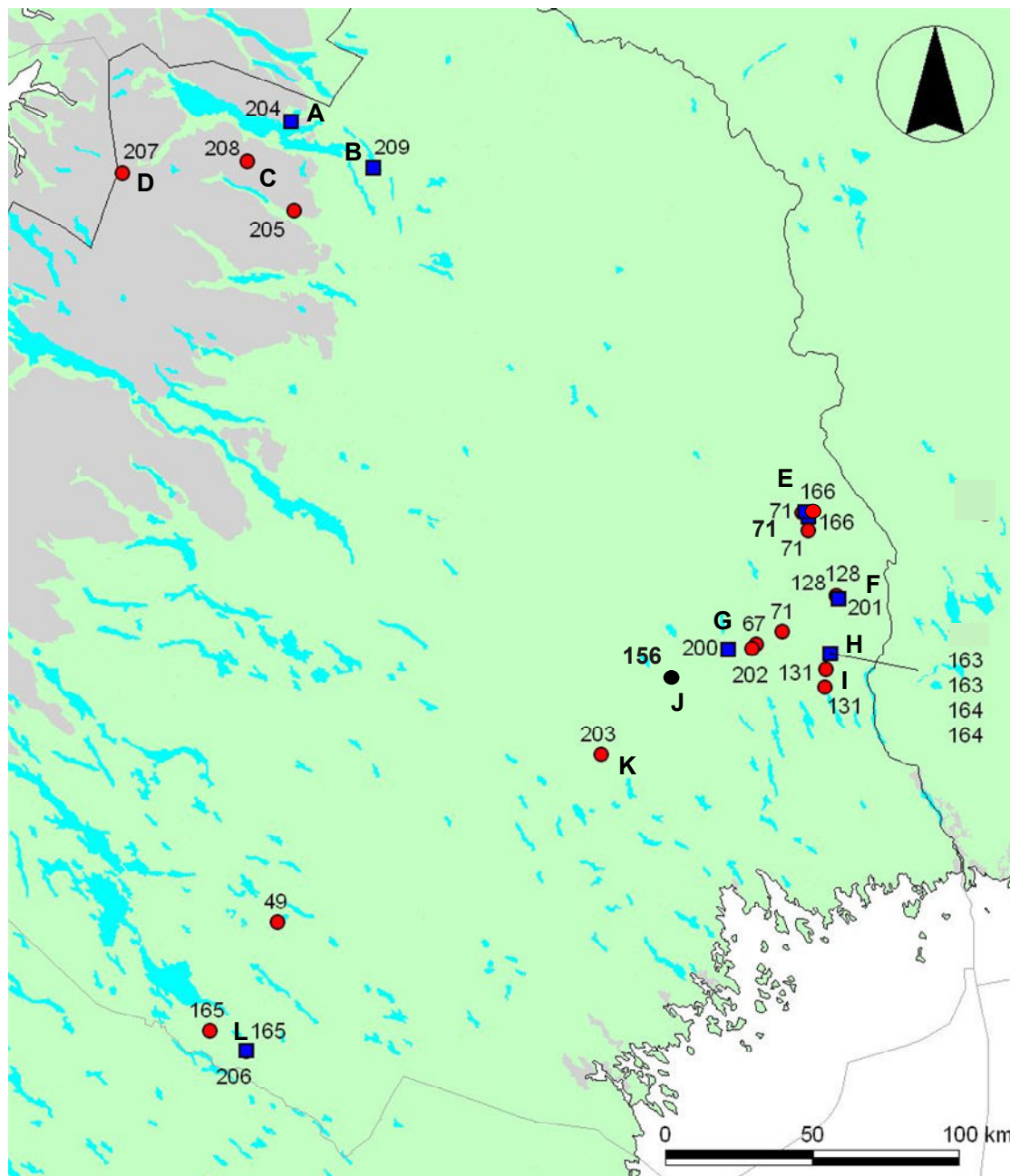
Det ble samlet inn ni prøver av saliv fra bittmerker på kadavre. Slike prøver kan være med på å identifisere individer som dreper husdyr, og på denne måten peke ut potensielle problemindivider. Suksessraten for disse prøvene var imidlertid skuffende lav, med bare en fungerende prøve. Endringer i lagringsprotokoll og labmetodikk kan forhåpentligvis bidra til å øke suksessraten for denne typen prøver i fremtidige analyser.



Figur 1 Fungerende (gul) og ikke-fungerende (rød) prøver for det analyserte materialet, i all hovedsak samlet inn vinteren 2006/2007.

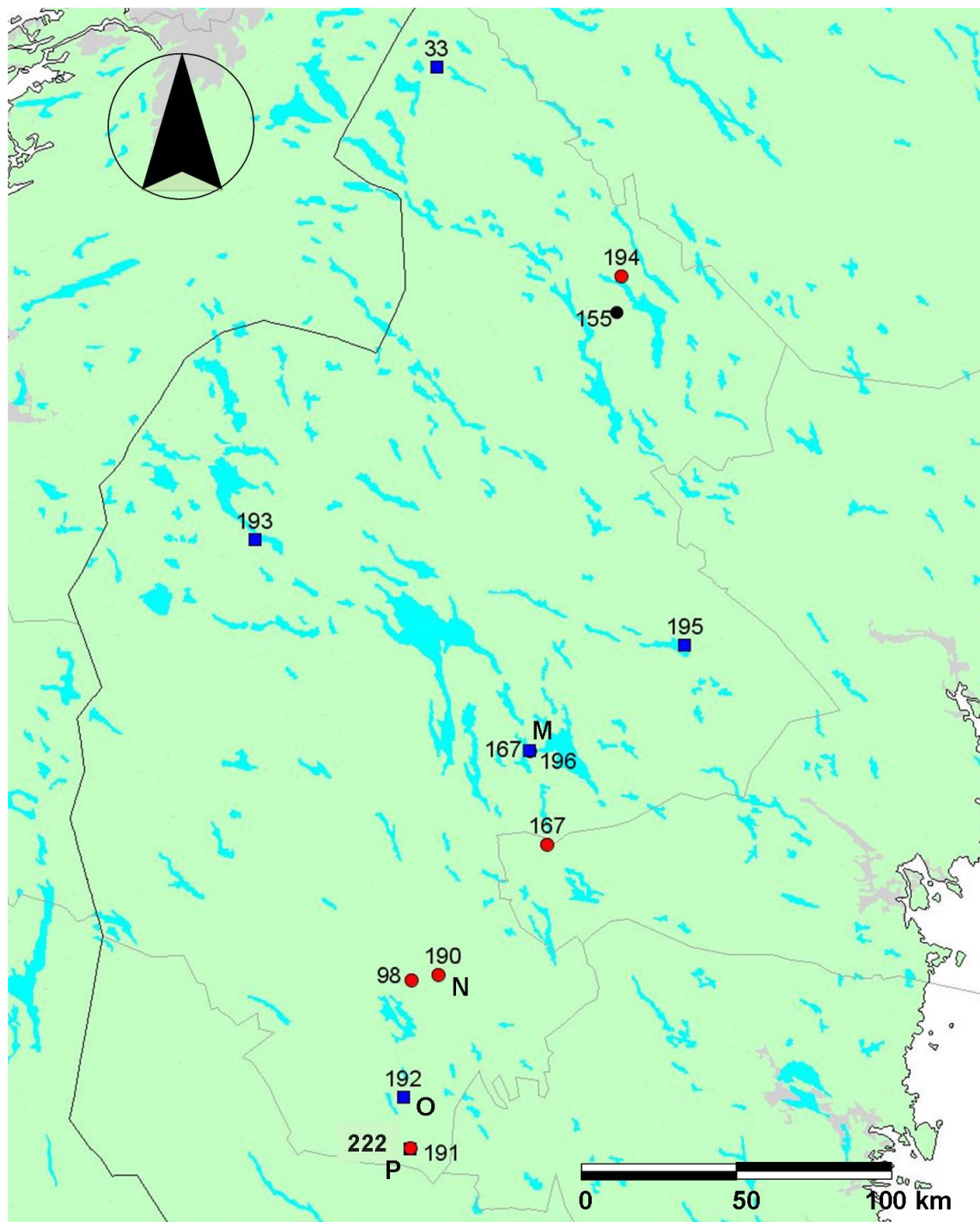
Dessverre vil det alltid være slik at en viss andel av det innsamlede materialet vil være av for dårlig kvalitet til å kunne analyseres når konsentrasjonen av celler i prøvematerialet er lav, slik som for ekskrementer, hår og saliv. Den lave suksessraten beror delvis på lav DNA-konsentrasjon, men kan også skyldes såkalte "hemmere", dvs. substanser i ekskrementprøven som hemmer essensielle deler av labanalysene. Det er også mulig at noen av prøvene kan være feilidentifisert som loekskrementer, og således stamme fra andre arter.

Vi analyserte derfor 38 av de ikke-fungerende prøvene for en mitokondriell markør som kan identifisere hvilken art prøven representerer. 21 av disse lot seg analysere for mitokondriemarkøren, hvorav 19 viste seg å stamme fra gaupe mens 2 prøver inneholdt DNA fra reinsdyr. Vi konkluderer med at det er meget sannsynlig at alle disse 21 prøvene kommer fra gaupe, men at byttedyrs-DNA dominerer i to av dem. For disse 21 prøvene er det sannsynligvis for lav



Figur 2 Alle fungerende prøver fra Norrbotten. Rød=hunner; Blå=hanner. Tallene angir individer. Bokstavene A-L angir antatte familiegrupper fra feltobservasjoner.

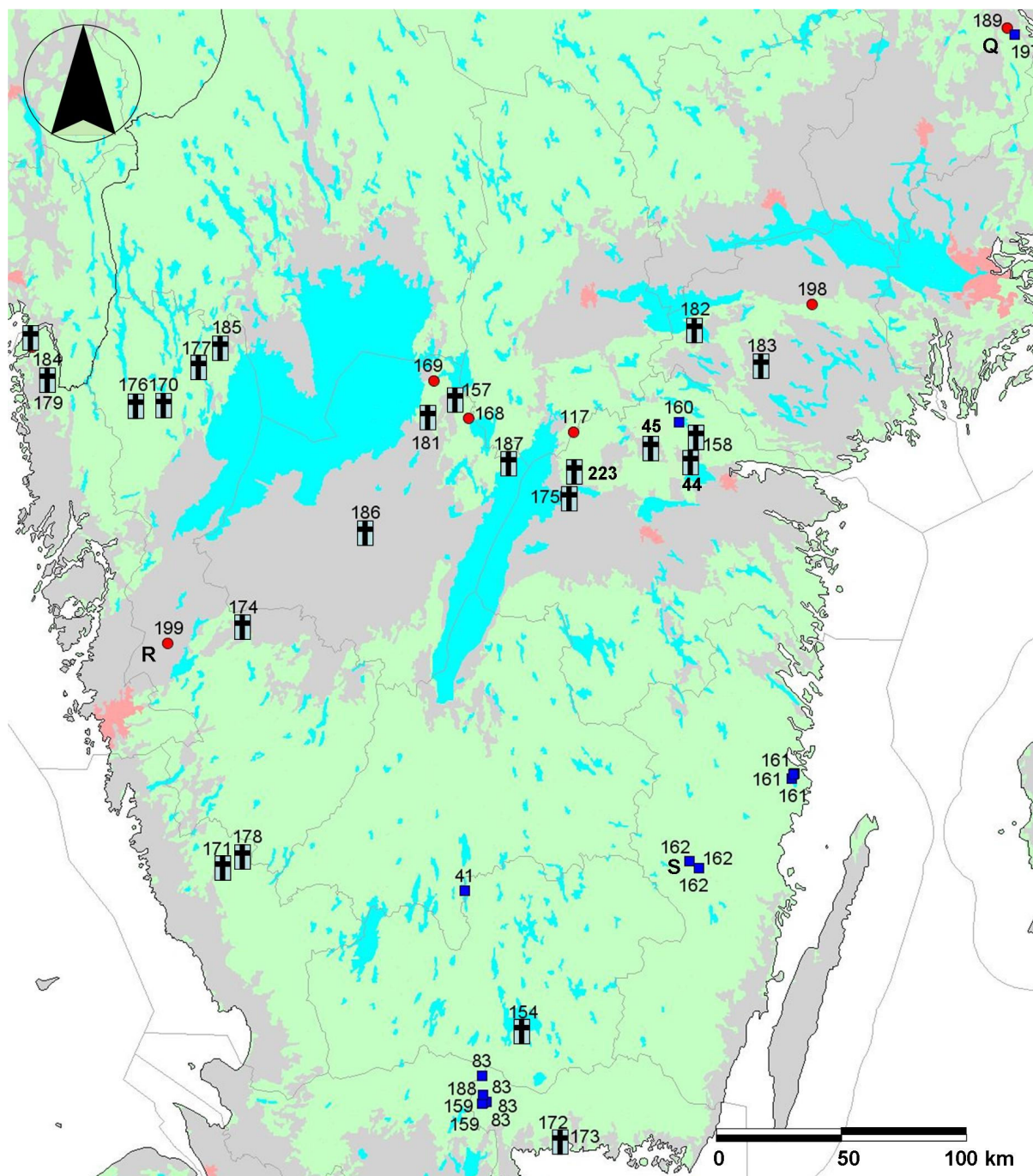
DNA-konsentrasjon i prøven for vellykket mikrosatelittanalyse. De resterende 17 prøvene som ble forsøkt artstestet lot seg ikke analysere for den mitokondrielle markøren. Siden det finnes tusenvis av mitokondrier i hver eneste celle, er lav DNA-konsentrasjon mindre sannsynlig som forklaring på mislykket analyse for en mitokondriell markør. Vi anser det som mer sannsynlig at hemmere i DNA-ekstraktet står i veien for vellykket analyse i disse tilfellene. Basert på de 21 prøvene som lot seg artsteste, klarte vi altså ikke å påvise et eneste tilfelle av feil artsidentifisering. I tråd med tidligere tester konkluderer vi med at feilidentifisering av prøvene forekommer svært sjelden.



Figur 3 Alle fungerende prøver fra Jämtland. Rød=hunner; Blå= hanner. Tallene angir individer. Bokstavene M-P angir antatte familiegrupper fra feltobservasjoner.

3.2 Geografisk fordeling av individene identifisert fra ekskrementer og hår

Figur 2, 3 og 4 viser den geografiske fordelingen til alle fungerende prøver, samt hvilke individer og kjønn de representerer (se Vedlegg 1 for mer detaljerte opplysninger). De 66 fungerende prøvene fra vinterens innsamling representerte 49 ulike individer (24 hunner, 23 hanner, 2 ukjent). Hunnene er i overvekt i de nordlige og sentrale delene av Sverige (24 mot 17),



Figur 4 Alle fungerende prøver fra Sør-Sverige. Rød=hunner; Blå= hanner. Tallene angir individer. Bokstavene Q-S angir antatte familiegutter og/eller slektskapsanalysene. Vevsprøver av døde dyr er angitt med et kors.

Tabell 2 Oversikt over vevsprøvene av døde dyr mottatt fra SVA

Prøve	Individ	Kjønn	Alder
V1568/03	43	F	Ålder: 0
V0597/04	44	F	
V0288/04	45	M	Ålder: 0
V1446/06	154	M	
V0825/05	157	F	Ålder: 2, Märkt-Id: L04106
V0136/07	158	M	Ålder: 1, Märkt Id: L06153
V1393/04	170	F	
V1404/04	171	M	Ålder: 0
V2132/06	172	F	Ålder: 0
V2133/06	173	F	Ålder: 0
V2789/06	174	F	Ålder: 0
V0676/04	175	M	Ålder: 1
V0694/04	176	F	
V0775/06	177	F	
V1024/03	178	M	
V1072/05	179	M	
V1251/02	180	F	Ålder: 2
V1391/04	181	M	
V0028/06	182	F	
V0029/06	183	F	
V0240/05	184	F	
V0324/04	185	F	Ålder: 0
V0327/04	186	M	
V0598/03	187	M	
V0681/05	223	M	
V1394/04	neg	M	Ålder: 2

mens vi i de sørligste länen kun fant hanner under vinterens innsamling (6 stykker). Til tross for den betydelige overvekten av hanner i sør, synes det som om gaupa er i ferd med å etablere seg med ynglende familiegrupper også i de sørligere länen i Sverige. Ifølge feltpersonalet var det vinteren 2006/2007 en familiegruppe i Kalmars län (familiegruppe S; **Figur 4**). Vi observerte imidlertid ikke den reproduserende hunnen, men en hann som mest sannsynlig er en av ungene. Dette er i overensstemmelse med feltpersonalets angivelser (**Vedlegg 1**).

Ti av de 49 individene som ble observert vinteren 2006/2007 var representert i vår interne database av tidligere kjente individer, som gir en gjenfunnsrate på ca. 20 %. En såpass lav rate antyder at det er en god del unger eller svært unge individer i datamaterialet, men viser også at vi i de fleste områder langt ifra har identifisert alle voksne, stasjonære individer. De fleste individene som ble gjenfunnet i nord var hunner, og for tre av disse hadde feltinnsamler rapportert yngling en eller flere ganger siden 2004. Dette gjelder Ind49 (yngling i 2006), Ind71 (yngling i 2005 og 2007) og Ind131 (yngling i 2007). Bare en tidligere observert hann ble funnet i nord (Ind33). Han ble observert som unge i Jämtland i 2003 og ble nå fire år senere gjenfunnet ca. 150 km lengre nord. I sørlige og sentrale deler av Sverige fant vi igjen to tidligere kjente hanner (Ind41, Ind83) og en tidligere identifisert hunn (Ind117).

3.3 Vevsprøver - døde dyr fra SVA og radiomerkede individer

26 gauper som døde mellom 2002 og 2007 ble mottatt fra SVA og inkludert i analysen (**Tabell 2, Figur 4**). Disse var uten unntak fra sørlige og sentrale deler av Sverige, og mange av

Tabell 3 Oversikt over radiomerkede dyr.

Ind	Kjønn	Feltpersonalets kommentar
42	M	"Kotten" fångad i Kisa 020303. Vuxen stationär hane i Östergötland. Senast pejlad 050226. Fortfarande i livet?
82	M	"Adam" fångad i Rejmyre Östergötland. Ung hane. Illegalt avlivad.
157 a)	F	"Gry" fångad i Degerfors 010702, ung hona utvandrar senast pejlad 020731. Fortfarande i livet?
158	M	"Pelle" fångad i Tjälltorp Östergötland 060805. Ung hane under utvandring död Lämmetorp 070129 i skabb.
159	M	"Max" fångad i Karlsborg 051209. Ung hane under utvandring. Senast pejlad 070129. Troligen son till 06155 "Tina" b).
160	M	"Alpas" fångad i Karliskoga 010312, ung hane utvandrar till gränsen mellan Örebro län-Östergötlands län. Sensat pejlad 031024. Fortfarande i livet?
161	M	"Oskar" fångad i Skörje Blekinge 060205. Årsunge som senare under -07 vandrade ut. Senast pejlad 060410. Fortfarande i livet?
212	M	"Nicklas" fångad i Hedemora 979211, ung hane utvandrar till västra Småland död i skabb 980421, kan teoretiskt hunnit med en parning.
213	M	"Lillis" fångad på Grimsö forskningsområde, ung hane utvandrar till Västra Götaland. Senast pejlad 000831. Fortfarande i livet?
214	M	"Abel" fångad i Degerfors 990622, ung hane utvandrar till Västra Götaland, senast pejlad 011022. Fortfarande i livet?
215	M	"Aron" fångad i Degerfors 000627, ung hane utvandrar till Halland. Senast pejlad 021024. Fortfarande i livet?
216	F	"Simone" fångad i Karliskoga 011218, ung hona utvandrar till norra Västra Götaland (Hova). Senast pejlad 031017. Födde 2 ungar 2003. Fortfarande i livet?
217	M	"Ulrik" fångad i Ulrika 020205. Vuxen stationär hane i Östergötland. Senast pejlad 030805. Fortfarande i livet?
218	M	"Hasse" fångad i Tjuttorp Östergötland 041104. Ung hane. Illegalt avlivad.
219	M	"Gert" fångad i Godegård Östergötland 050428. Vuxen hane i etablerat revir. Död omkring 060619.
220	M	"Putte" fångad i Karlsborg 060311. Vuxen hane i etablerat revir. Senast pejlad 060921. Fortfarande i livet?
221	F	"Tina" fångad i Karlsborg 061107. Vuxen hona i etablerat revir.

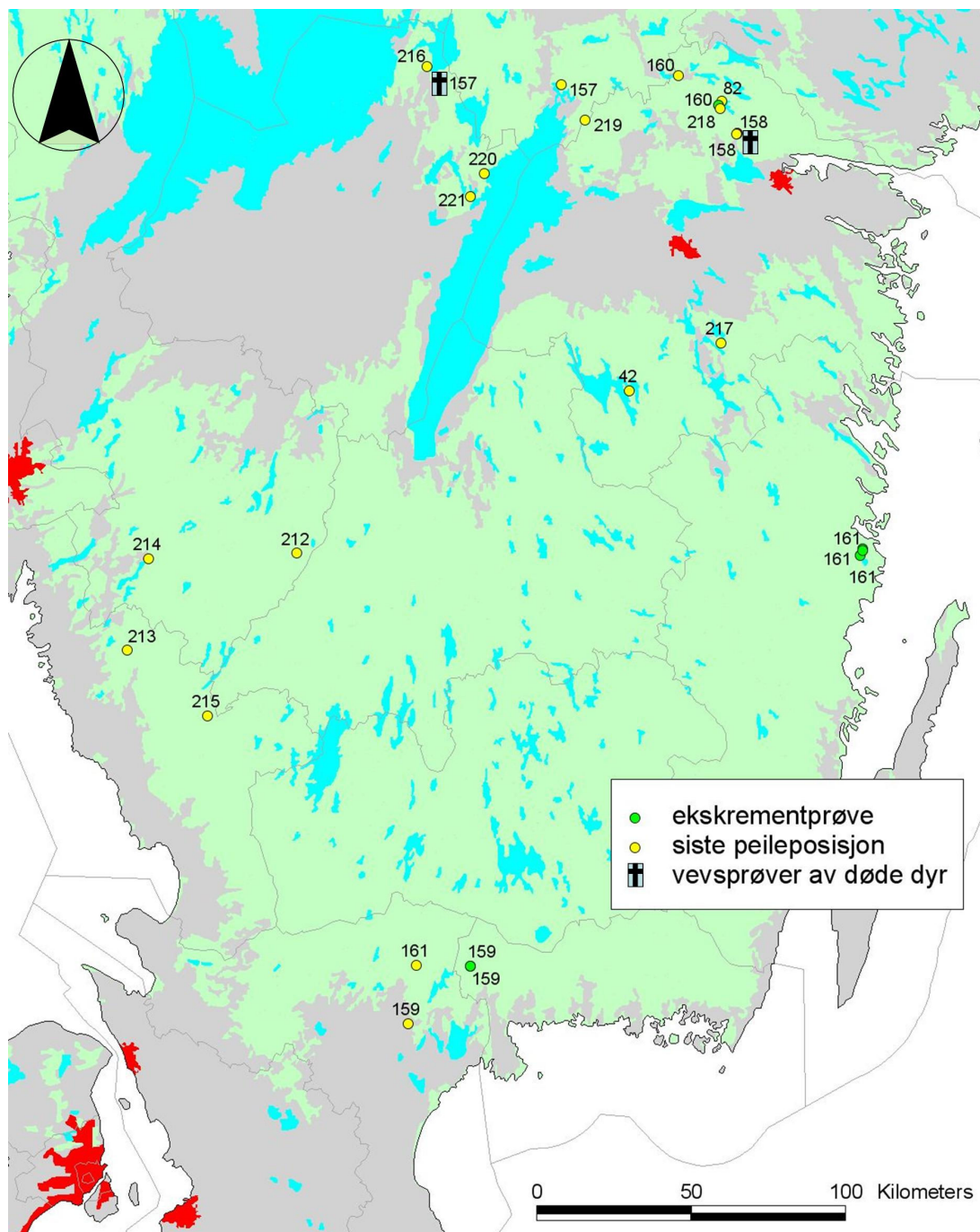
a) Lite sannsynlig at Gry og Hanna har samme DNA-profil, antar derfor at det faktisk er vevsprøve fra Hanna vi her har mottatt. Fra Grimsö forskningsstation.

b) Slektskapsanalysene gir meget sterk støtte til hypotesen om at Max er Tinas sønn.

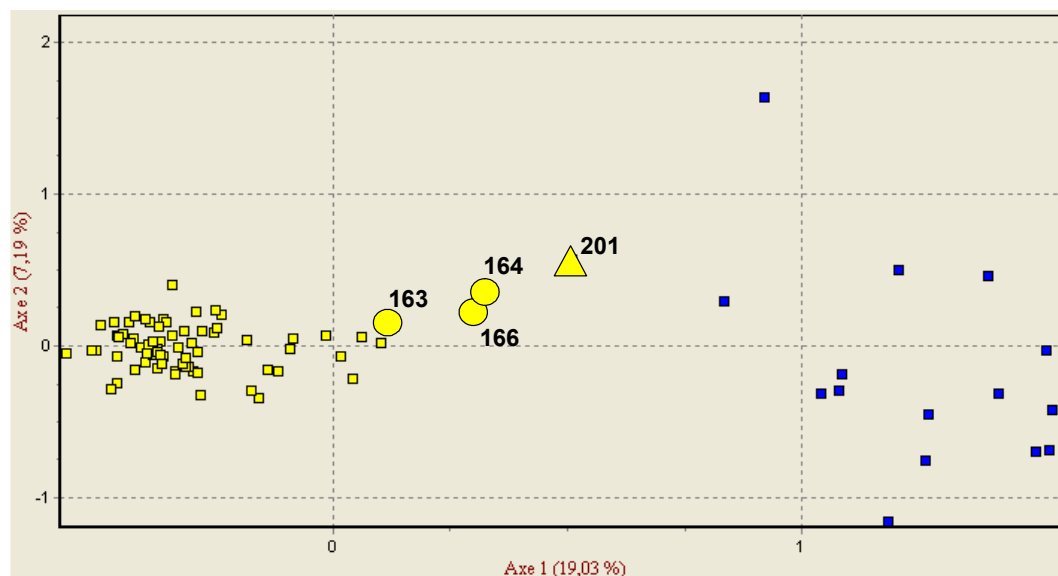
dem kom fra län der innsamlingsinnsatsen har vært svært begrenset. Dessuten var flere av dem allerede døde da innsamling av prøver i enkelte sørsvenske län startet opp vinteren 2003/2004. Det er derfor ikke overraskende at vi kun har observert tre av disse dyra blant ekskrementprøvene som tidligere er analysert. Alle tre dyr tilhører en og samme familiegruppe i Östergötland, der vi fant både mor (Di) og hennes to unger. Både Di og begge ungene døde av skabb vinteren 2003/2004.

17 av de analyserte prøvene representerte radiomerkede dyr (**Tabell 3; Figur 5**). To av disse (Ind42, Ind82; begge hanner) hadde tidligere blitt observert i ekskrementmaterialet. Ind82 (Adam) ble illegalt avlivet, mens Ind42 (Kotten) fortsatt kan være i live. Han ble sist peilet februar 2005, men ble senere observert med to ekskrementprøver i mars 2006. Vinteren 2006/2007 var det ingen fungerende ekskrementprøver fra hans område, men to ikke-fungerende prøver var samlet i nærheten av territoriet hans (**Figur 1**). Av de resterende 15 individene var 5 døde (Ind157 Hanna, Ind158 Pelle, Ind212 Nicklas, Ind218 Hasse, Ind219 Gert). Resten av individene kunne således fortsatt være i live, hvorav åtte spesifikt ble nevnt av

feltpersonalet (**Tabell 3**). Tre av disse ble observert blant ekskrementprøvene samlet inn vinteren 2006/2007. Dette gjelder Max (159) i Blekinge län, Alpas (160) i Östergötland og Oskar (161) i Kalmars län. Seks av de sju siste individene som kan være i live ble sist peilet i Västra Götaland der det hittil er blitt samlet inn svært få hår- og ekskrementprøver. Det ser således ut til at vi har en brukbar dekningsgrad i de områdene i Sør-Sverige som er godt representert blant de innsamlede ekskrementene. Det er for øvrig verdt å legge merke til den betydelige skjevheten i kjønnsfordelingen blant de radiomerkede dyra med en slående overvekt av hanner. Dette er i tråd med observasjonene fra ekskrementmaterialet der vi også har sett at hanner dominerer i antall i Sør-Sverige.



Figur 5 Geografisk fordeling av de radiomerkede individene.



Figur 6 Grafisk framstilling av genotypene til alle svenske individer (gule) observert vinteren 2006/2007, sammen med genotypene til et utvalg finske gauper (blå). Vi ser at det er en klar genetisk differensiering mellom de to bestandene, og de aller fleste svenske dyr grupperer sammen til venstre på figuren godt adskilt fra det finske clusteret. Noen svenske individer grupperer seg imidlertid klart adskilt fra det svenske hovedclusteret og er således rene immigranter (Ind201) eller av blandet opprinnelse (Ind 163, 164, 166).

3.4 Immigrasjon

Fra 2002 til 2005 observert vi kun en eneste immigrant fra Finland i den svenske gaupebestanden, en hunn som ble observert svært nær grensen mot Finland. Antall observert immigranter økte voldsomt vinteren 2005/2006, da vi fant hele fire immigranter. Det var derfor knyttet en viss spenning til årets materiale, og hvorvidt fjorårets immigranter ville bli funnet på nytt og om det var kommet inn nye immigranter. Analysen av svenske og finske genotyper på individnivå viser som tidligere at de aller fleste svenske gauper grupperer tett sammen i et cluster godt adskilt fra clusteret av finske individer (**Figur 6**). Som i 2006 er det imidlertid noen få individer som skiller seg ut fra det svenske clusteret. Disse er enten rene østlige immigranter eller har en blandet opprinnelse. Vi gjennomførte en alternativ analyse der en beregner sannsynligheten for ren svensk, ren finsk eller en blandet opprinnelse. De aller fleste svenske gauper hadde mer enn 95 % sannsynlighet for å være av ren svensk opprinnelse. Fire individer skilte seg imidlertid ut (**Figur 6**). Ind201 er mest sannsynlig en ren immigrant, mens de andre tre mer sannsynlig er av blandet opprinnelse. På spørsmål fra feltpersonalet har vi sjekket slektskapsforholdene mellom Ind201 og Ind132, en hunn som hadde unger i 2006. Vi fant en meget sannsynlig foreldre/avkoms-relasjon mellom Ind201 og Ind132, som betyr at han enten er en av disse ungene fra 2006-unglingen, eller at han alternativt er far til Ind132.

3.5 Slektskap mellom individer

Et av de viktigste spørsmålene i forbindelse med analysen av dette materialet, er hvorvidt det er mulig å gjøre pålitelige slektskapsanalyser for å kartlegge familiegrupestrukturen i bestanden, og derigjennom bidra med viktig informasjon rundt antatte ynglinger. Feltnnsamlerne har gjort en meget god jobb og gitt særdeles viktig informasjon i tilfeller der man antar at prøvene representerer individer i en familiegruppe. Resultatene av slektskapsanalysene er oppsummert i **Tabell 4**. Feltpersonalet rapporterte om 18 familiegrupper, og for 8 av disse observert vi minst to individer sammen. For seks av de antatte familiegruppene kunne vi verifisere mor/avkoms-relasjoner blant de observert individene (familiegruppene E, G, H, L, M, P). I ett tilfelle identifiserte vi et sannsynlig søskenpar (familiegruppe B), mens det i et annet tilfelle

sannsynligvis dreide seg om et par av voksne gauper som gikk sammen (familiegruppe F). For de resterende antatte familiegruppene observerte vi bare et individ, og kunne således verken verifisere eller falsifisere den antatte foryngningen. I tillegg til disse 18 rapporterte familiegruppene, fant vi en svært sannsynlig foreldre/avkoms-relasjon i Uppsala län, der de to individene var observert i samme område, men ved ulike tidspunkter (familiegruppe Q).

Det kan være verdt å knytte noen utfyllende kommentarer til enkelte av de observerte familiegruppene. For eksempel har ungene i to av familiegruppene sannsynligvis en blandet opprinnelse, der en av foreldrene kommer fra den skandinaviske bestanden mens den andre er en immigrant fra Finland. Dette gjelder Ind166 i familiegruppe E, og individene 163 og 164 i familiegruppe H. I familiegruppe E observerte vi moren (Ind71) og ungen (Ind166) sammen. Ind71 har en typisk skandinavisk DNA-profil, hvilket betyr at faren til Ind166 er en sannsynlig immigrant. Som nevnt i avsnittet ovenfor observerte vi i 2006 en god del immigranter i Norrbotten, og en av disse (Ind127) har en DNA-profil som indikerer svært nært slektskap til Ind166. Det at han imidlertid ble observert mer enn ti mil lenger vest i Norrbotten taler kanskje mot at han er den faktiske faren. På den annen side, vi vet at hanner kan bevege seg over store områder, og at multiple paternity er eksperimentelt påvist hos gaupe (Jewgenow et al. 2006). På denne måten kan hanner som ikke er territorieholdende, men bare på gjennomreise, bidra til reproduksjon hos hunner som befinner seg i territoriet til en annen hann.

I den andre familiegruppen med avkom av blandet opprinnelse, er det noe uklart hvem som er moren. Ind128 har en DNA-profil som indikerer en viss grad av slektskap til individene 163 og 164, og et mor/avkoms-forhold kan ikke utelukkes. Siden hun imidlertid ble observert alene i oktober er dette kanskje likevel ikke sannsynlig. En annen kandidat er Ind51, immigranten som ble observert i området for 2-3 år siden. Ut i fra DNA-profilen er hun en meget sannsynlig mor til disse to hannene, men siden hun ikke er observert siden 2004, er det kanskje mindre sannsynlig at hun fortsatt befinner seg i området. På den annen side, feltpersonalet observerte fire sporløyper som viser at vi med dagens innsamlingsintensitet og suksessrate i laboratoriet sjelden klarer å påvise alle dyr i en familiegruppe. Dette skulle i sin tur kunne bety at Ind51 fortsatt kan befinne seg i området.

Uansett hvem som er de faktiske foreldrene i disse to tilfellene, kan vi i hvert fall slå fast med rimelig stor sikkerhet at de tre observerte ungene har en blandet opprinnelse. Dette er interessant og sannsynligvis også viktig i et område der svært mange av de stasjonære individene er nært beslektet, noe som på sikt kan føre til høy grad av innavl og potensielle innavlsproblemer. For en av de observerte familiegruppene i området er det åpenbart nært slektskap mellom foreldrene (Familiegruppe G). Også i Södra Jämtland ser det ut til å være relativt høy grad av innavl, med en stor andel av nært beslektede, stasjonære individer. Familiegruppe P er et slående eksempel, der slektskapskoeffisienten mellom ungen (Ind222) og moren (Ind191) og potensielle fedre er betydelig høyere enn det man skulle forvente fra reproduksjonen mellom ubeslektede individer. Disse observasjonene viser at gaupa ikke forsøker å unngå innavl i samme grad som våre andre rovdyr, spesielt ulven (Vila et al. 2003). Det kan også være forskjell mellom kjønnene i gaupas reproduksjonsstrategi. En mulig hypotese er at hunnen, som investerer mye tid og energi på å ta seg av ungene sine, i størst mulig grad vil forsøke å unngå innavl. På denne måten forsøker hun å sikre seg mot å bruke energi på avkom med dårligere forutsetninger for å overleve. Hannen derimot investerer lite eller ingen energi i ungene utover selve paringsakten, og for ham vil det fortone seg som en fornuftig strategi å få flest mulig avkom, hvorav også en del av de innavlede sannsynligvis vil overleve. Radiomerking av hunner etter paringstida viser ofte at hun har bittmerker i nakken (pers. medd. John Odden), som kan tyde på at hunnene i visse tilfeller tvinges til å gjennomføre parring, selv om de egentlig ikke ønsker den aktuelle hannen som partner. Hvorvidt det er nære slektninger hunnen prøver å unngå er for tidlig å si noe om, men en bedre forståelse av disse aspektene ville definitivt være nyttig for å med enda større sikkerhet kartlegge familiegruppekonstellasjonene innenfor rammene av dette prosjektet.

Tabell 4 Sannsynlig slektskap i antatte familiegrupper rapportert fra feltpersonalet

Antatt familie-gruppe	Län	Mor	Avkom	Far	Kommentar
A	BD	77	204		2 sporløyper; mest sannsynlig mor med en unge; Ind204 er hann og således trolig ungen. 77, som ble observert i området vinteren 2004/2005 er en sannsynlig mor
B	BD		209		En hann observert som trolig er en av ungene i denne familiegruppen på tre dyr
C	BD		205 208		Feltpersonalet anser det som svært sannsynlig at disse to tilhører samme familiegruppe. Foreldre/avkoms-relasjon kan imidlertid utelukkes og de to hunnene må i så fall være søsken. Dette kan ikke utelukkes fra DNA-analysene, selv om slektskapskoeffisienten er noe lavere enn det som er vanlig for søsken.
D	BD	207	(207)		Mest trolig moren i en familiegruppe på fem. Kan dog ikke utelukke at det er en av ungene.
E	BD	71	166	127(?)	Foreldre/avkoms-relasjon. 127, en av fjorårets immigranter, er en meget sannsynlig far.
F ^{a)}	BD	128		201	128 observert alene i området oktober 2006; 2 sporløyper januar 2007 når 201 observeres; mulig pardannelse med 128
G	BD	67	200, 202	62(?) 91(?) 109(?)	Innavlet familiegruppe. 200 og 202 meget sannsynlige søsken, med 67 som en meget sannsynlig mor. Tre tidligere identifiserte hanner i området (62, 91, 109), som alle er i slekt med 67, kan være far til både 200 og 202. Feltpersonalet er overbevist om at 67 bare hadde en unge i år. 200 eller 202 er dermed trolig en forårs-unge.
H	BD	51 (128)	163, 164		163 og 164 er et sannsynlig søskenpar. Ingen åpenbare foreldre-kandidater blant observerte individer i området. 128 har en genotype som skulle tilsa at hun kunne være mor, men lite trolig siden hun ble observert alene i oktober. 51, immigranten som ble observert i området for noen år siden, er en mer sannsynlig mor til begge to.
I	BD	131	(131)		Individ som ble observert i området allerede vinteren 2005/2006. Således mest trolig hunnen, selv om feltpersonalet i tilknytning til en av observasjonene spør om dette kan være en av ungene i familiegruppen. Feltpersonalet spør også om hun er i slekt med 51 eller 128. Det er hun helt klart ikke.
J	BD	156(?)		156(?)	Individ av ukjent kjønn. Intet slektskap med 107 og 108 som ble observert i området vinteren 2005/2006. Observasjon langs enkel sporløype; således trolig ingen familiegruppe
K	BD		203		Er i slekt med 107 og 108. Således trolig en av ungene fra familiegruppe D i fjorårets rapport
L	BD	165	206		Meget sannsynlig foreldre/avkoms-relasjon. Ingen av disse er i slekt med familiegruppen som ble observert der i fjor. Den reproduserende hunnen som var i området i fjor, ser ut til å ha flyttet ca 5 mil lenger nord, der hun i år ble observert alene
M	Z	167	196		Meget sannsynlig foreldre/avkoms-relasjon.
N	Z	190(?)	190(?)		Tre dyr rapportert fra feltpersonalet. Kan ikke avgjøre om dette er mor eller datter
O	Z		192		Tre dyr rapportert fra feltpersonalet. Trolig en av ungene
P	Z	191	222		Svært innavlet familiegruppe. En stor andel av individene som er observert i Södra Jämtland opp gjennom årene er svært nært beslektet., og mange av hannene som er observert i området skulle kunne være faren til 222.
Q	C	189	197		Foryngning ikke rapportert fra feltpersonalet, men disse to individene er svært nært beslektet, og en foreldre/avkoms-relasjon er sannsynlig
R	O	199	(199)		Mor med en unge rapportert fra feltpersonalet. Kan ikke avgjøre om dette er mor eller datter
S	O		162		Mor med to unger rapportert fra feltpersonalet. Videre rapporterer de at dette trolig er ungen, hvilket stemmer godt siden dette er en hann

^{a)} Familiegruppetatus ikke verifisert siden vi ikke vet om de har paret seg.

4 Konklusjon

Årets materiale viser som tidligere at knapt halvparten av de rapporterte ynglingene lar seg verifisere direkte gjennom slektskapsanalyser. En slik direkte verifisering krever at minst to individer observeres innenfor de ulike familiegruppene, og antall prøver som representerer de ulike familiegruppene er ofte for få til å sikre observasjon av mer enn ett individ. Vi må trolig innse at andelen direkte verifiserte ynglinger neppe vil øke nevneverdig uten en betydelig økning i antall prøver fra hver av de observerte familiegruppene. En slik økning er ressurskrevende både i felt og i laboratoriet, og en eventuell gevinst må veies opp mot den økte ressursbruken.

Til tross for et noe begrenset antall direkte verifiserte familiegrupper, bidrar DNA-analysene helt klart med supplerende informasjon og således en mer detaljert forståelse av familiegruppestructuren i flere viktige områder. Spesielt i Norrbotten har enkelte områder vært svært godt representert med prøvemateriale de siste årene. Her kan vi følge familiegruppene fra år til år, og på denne måten få en bedre forståelse av flere viktige aspekter, som for eksempel hvem som reproduserer, hvor ofte de reproduserende dyra skiftes ut, slektskap mellom hunner i naboterritorier og hvor stor avstand det er mellom reproduserende enheter. Videre kan analysene bidra med viktig informasjon som graden av innavl i ulike områder og ikke minst hvorvidt immigranter bidrar til reproduksjon. Det er også viktig å følge ekspansjonen av bestanden i sør, og i hvilken grad voksne hunner klarer å etablere seg og få unger også i denne delen av Sverige. De siste to-tre årene har feltpersonalet rapportert om foryngning ved flere anledninger, og enkelte av disse har kunnet verifiseres gjennom DNA-analysene.

I årets materiale har vi sett flere slående eksempler på innavl, og hvordan mange av de stasjonære individene i enkelte områder synes å være svært nært beslektet. Reproduserende immigranter fra Finland vil motvirke graden av innavl og potensielt negative innavlseffekter. I to av de rapporterte familiegruppene hadde avkommet høyst sannsynlig en blandet opprinnelse, som viser at immigranter fra Finland ikke bare krysser grensen, men faktisk setter spor etter seg i form av reproduksjon. Begge disse to familiegruppene befinner seg nettopp i et slikt område der en stor andel av de stasjonære individene er nært beslektet. Reproduktivt bidrag fra immigranter i slike områder vil på lengre sikt trolig være av betydning for en sunn og viril bestand i disse områdene.

5 Referanser

- Benzecri, J. 1973. *L'analyse des données. Tome I: la taxinomie., Tome II: L'analyse des correspondances.* Dunot, Paris.
- Hedmark, E., Flagstad, Ø., Segerström, P., Persson, J., Landa, A. & Ellegren, H. 2004. DNA-based individual and sex identification from wolverine (*Gulo gulo*) faeces and urine. *Conserv. Genet.* 5: 405-410.
- Hellborg, L., Walker, C. W., Rueness, E. K., Stacy, J. E., Kojola, I., Valdmann, H., Vila, C., Zimmermann, B., Jakobsen, K. S., & Ellegren, H. 2002. Differentiation and levels of genetic variation in northern European lynx (*Lynx lynx*) populations revealed by microsatellites and mitochondrial DNA analysis. *Conserv. Genet.* 3, 97-111.
- Irwin, D. M., Kocher, T. D., & Wilson, A. C. 1991. Evolution of the *Cyt b* gene of mammals. *J. Mol. Evol.* 32, 128-144.
- Jewgenow, K., Goeritz, F., Neubauer, K., Fickel, J., & Naidenko, S. V. 2006. Characterization of reproductive activity in captive male Eurasian lynx (*Lynx lynx*). *J Wildlife Res* 52, 34-38.
- Menotti-Raymond, M., David, V. A., Lyons, L. A., & Schaffer, A. A., Tomlin, J. F., Hutton, M. K., & O'Brien, S. J. 1999. A genetic linkage map of microsatellites in the domestic cat (*Felis catus*). *Genomics* 57, 9-23.
- Pritchard, J. K., Stephens, M., & Donnelly, P. 2001. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155, 945-959.
- Queller, D. C., & Goodnight, K. F. 1989. Estimating relatedness using genetic-markers. *Evolution* 43, 258-275.
- Vilà, C., Sundqvist, A-K, Flagstad, Ø., Seddon, J., Björnerfeldt, S., Kojola, I., Casulli, A., Sand, H., Wabakken, P., & Ellegren, H. 2003. Rescue of a severely bottlenecked wolf (*Canis lupus*) population by a single immigrant. *Proc. R. Soc. Lond. B.* 270, 91-97.

Vedlegg 1

Detaljert oversikt over alle prøver samlet inn vinteren 2006/2007. Feltpersonalets spesifikke kommentarer til prøvene er konfidensielle, og er derfor utelatt fra tabellen. Spesielt interesserte lesere kan likevel henvende seg til de respektive länsstyrelser for innhenting av feltpersonalets kommentarer.

Prøve	Ind	Kjønn	Län	Provtyp	Dato
Norrbotten					
LS07-151	L49	F	BD	spillning	070211
LS07-140	L67	F	BD	spillning	060314
LS07-106	L71	F	BD	hår	070124
LS07-108	L71	F	BD	hår	070306
LS07-136	L71	F	BD	spillning	070210
LS07-150	L71	F	BD	spillning	061218
LS07-146	L128	F	BD	spillning	061027
LS07-147	L128	F	BD	spillning	061027
LS07-103	L131	F	BD	hår	061101
LS07-154	L131	F	BD	spillning	070129
LS07-131	L156	?	BD	spillning	070124
LS07-128	L163	M	BD	spillning	070130
LS07-132	L163	M	BD	spillning	070130
LS07-129	L164	M	BD	spillning	070130
LS07-133	L164	M	BD	spillning	070130
LS07-149	L165	F	BD	spillning	070215
LS07-153	L165	F	BD	spillning	070124
LS07-104	L166	M	BD	hår	061218
LS07-152	L166	M	BD	spillning	070124
LS07-137	L200	M	BD	spillning	070212
LS07-139	L201	M	BD	spillning	070112
LS07-141	L202	F	BD	spillning	070104

LS07-142	L203	F	BD	spillning	070221
LS07-144	L204	M	BD	spillning	070208
LS07-145	L205	F	BD	spillning	070213
LS07-148	L206	M	BD	spillning	070215
LS07-156	L207	F	BD	spillning	070215
LS07-158	L208	F	BD	spillning	070414
LS07-159	L209	M	BD	spillning	070210
LS07-082	neg		BD	spillning	?
LS07-105	neg		BD	hår	070124
LS07-107	neg		BD	hår	070306
LS07-109	neg		BD	hår	070306
LS07-110	neg		BD	hår	070306
LS07-130	neg		BD	spillning	070130
LS07-134	neg		BD	spillning	070130
LS07-135	neg		BD	spillning	070210
LS07-138	neg		BD	spillning	070211
LS07-143	neg		BD	spillning	070208
LS07-155	neg		BD	spillning	070221
LS07-157	neg		BD	spillning	070215
LS07-160	neg		BD	spillning	070208
Jämtland					
LS07-083	L33	M	Z	spillning	070124
LS07-078	L98	F	Z	spillning	070201
LS07-092	L155	?	Z	hår	070216
LS07-089	L167	F	Z	spillning	070207
LS07-090	L167	F	Z	spillning	070116
LS07-071	L190	F	Z	spillning	070214
LS07-072	L191	F	Z	spillning	070207

LS07-074	L192	M	Z	spillning	070213
LS07-081	L193	M	Z	spillning	070206
LS07-084	L194	F	Z	spillning	061029
LS07-087	L195	M	Z	spillning	070222
LS07-091	L196	M	Z	spillning	070116
LS07-073	L222	M	Z	spillning	070207
LS07-093	neg		Z	hår	070216
LS07-069	neg		Z	spillning	070220
LS07-070	neg		Z	spillning	070214
LS07-075	neg		Z	spillning	070213
LS07-076	neg		Z	spillning	070213
LS07-077	neg		Z	spillning	070227
LS07-079	neg		Z	spillning	070211
LS07-080	neg		Z	spillning	070211
LS07-085	neg		Z	spillning	070223
LS07-086	neg		Z	spillning	070223
LS07-088	neg		Z	spillning	070222
Södra Sverige					
LS07-058	L189	F	C	spillning	070211
LS07-121	L197	M	C	spillning	070309
LS07-122	L198	F	D	spillning	070224
LS07-164	L211	M	D	vävnad	
LS07-066	L160	M	E	spillning	070130
LS07-063	L41	M	H	spillning	070125
LS07-061	L161	M	H	spillning	070214
LS07-064	L161	M	H	spillning	070209
LS07-065	L161	M	H	spillning	070209
LS07-114	L162	M	H	spillning	070303

LS07-115	L162	M	H	spillning	070303
LS07-117	L162	M	H	spillning	070301
LS07-039	L159	M	K	hår	070215
LS07-040	L159	M	K	hår	070215
LS07-033	L188	M	K	saliv	070213
LS07-038	L83	M	K	hår	070214
LS07-037	L83	M	K	hår + klo	070214
LS07-101	L83	M	K	spillning	?
LS07-102	L83	M	K	spillning	?
LS07-004	L168	F	O	spillning	070213
LS07-005	L169	F	O	spillning	070213
LS07-126	L199	F	O	spillning	060211
LS07-163	L210	F	O	vävnad	
LS07-116	L117	F	T	spillning	070303
LS07-119	neg		C	spillning	070309
LS07-120	neg		C	spillning	070223
LS07-067	neg		E	spillning	070131
LS07-118	neg		E	spillning	070221
LS07-111	neg		F	spillning	070202
LS07-112	neg		F	spillning	070211
LS07-125	neg		F	spillning	060326
LS07-059	neg		H	spillning	070124
LS07-060	neg		H	spillning	070124
LS07-062	neg		H	spillning	070125
LS07-113	neg		H	spillning	070305
LS07-035	neg		K	hår	070214
LS07-036	neg		K	hår	070214
LS07-068	neg		K	hår	070224

LS07-094	neg		K	hår	070317
LS07-032	neg		K	saliv	070213
LS07-034	neg		K	saliv	070213
LS07-095	neg		K	saliv	070303
LS07-096	neg		K	saliv	070303
LS07-097	neg		K	saliv	070303
LS07-098	neg		K	saliv	070303
LS07-099	neg		K	saliv	070303
LS07-100	neg		K	saliv	070303
LS07-123	neg		M	spillning	070224
LS07-001	neg		O	spillning	070213
LS07-002	neg		O	spillning	070213
LS07-003	neg		O	spillning	070213
LS07-124	neg		O	spillning	070223
LS07-127	neg		O	spillning	060211

NINA Rapport 285

ISSN:1504-3312

ISBN: 978-82-426-1847-4



Norsk institutt for naturforskning

NINA hovedkontor

Postadresse: 7485 Trondheim

Besøks/leveringsadresse: Tungasletta 2, 7047 Trondheim

Telefon: 73 80 14 00

Telefaks: 73 80 14 01

Organisasjonsnummer: NO 950 037 687 MVA

www.nina.no