



**Resultat från Spillningsinventering av björn i
Jämtland 2006
*Populationsberäkning***

Rapport nummer 2008-4 från Skandinaviska Björnprojektet

Jonas Kindberg and Jon E. Swenson

Populationsberäkning av björnar i Jämtland

Detta är ett kort tillägg till rapporten "Results from the genetic analyses performed on 3000 faeces samples from bear in Jämtland country, Sweden" Från Laboratoire D'ecologie Alpine, Grenoble.

Från 5287 insamlade spillningsprover har ett urval gjorts genom att slumpvis välja ut av 3000 prover från insamlingsperioden för vidare analys av DNA.

Resultatet från analyserna gav användbart DNA från 2400 prov (80%) vilket är mycket högt och 684 unika genotyper identifierades (323 hanar och 361 honor). I medeltal så fanns det 3,5 prov per individ. Vi har utifrån dessa uppgifter beräknat björnpopulationen i Jämtland till 896 individer (830-992). Fördelningen av populationen norr och söder om E14 verkar vara jämn (53% norr och 47% söder).

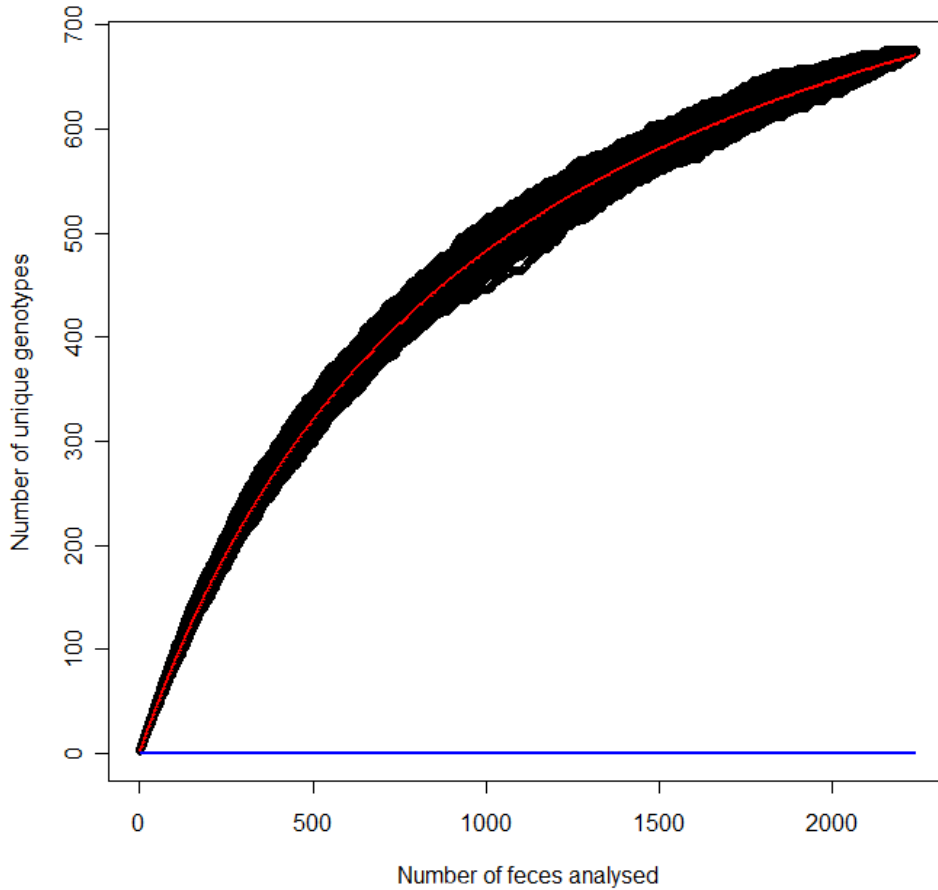
Vi har kontrollerat att den geografiska fördelningen av individer med mer än ett prov ligger inom rimliga avstånd från varandra. Särskild vikt har lagts vid prover som klassificerats "close to", dvs individer grupperats till varandra men där kvaliteten är något lägre. Resultatet av detta har inte föranlett oss att ändra på den individuppdelning som gjorts av laboratoriet i Grenoble. I ett fåtal fall har vi korrigerat det geografiska läget som då inte stämt med jaktlagets lokalisering.

För populationsberäkningen har vi använt två metoder. Dels fångst-återfångst med modeller i programmet MARK och dels rarefaction kurvor producerade i Gimlet och R. Båda dessa har använt vid de tidigare populationsberäkningarna av björn i Sverige.

Rarefaction kurvor

Genom att ta alla identifierade prover (2400) och slumpvis dra ett prov i taget så får man antingen en ny individ eller en man redan har hittat. Efter ett stort antal prover så hittar man till slut inga nya individer. Genom att vi gör om detta 1000 gånger så kan vi med matematiska metoder beräkna när detta inträffar utifrån de prov vi samlat in. Det finns flera metoder (formler) för detta och vi har i Sverige använt oss av Kohn's ($y = ax / (b+x)$) och Eggert's ($y = a(1 - e^{-bx})$) men i Jämtlands fall fungerar inte Eggerts, troligen beroende på att vi har så många prov i förhållande till individer. Kohn's beräkning har i tidigare undersökningar överskattat populationsstorleken jämfört mot valda modeller. För Jämtland blir den beräknade populationen med rarefaction 978 (912-1039).

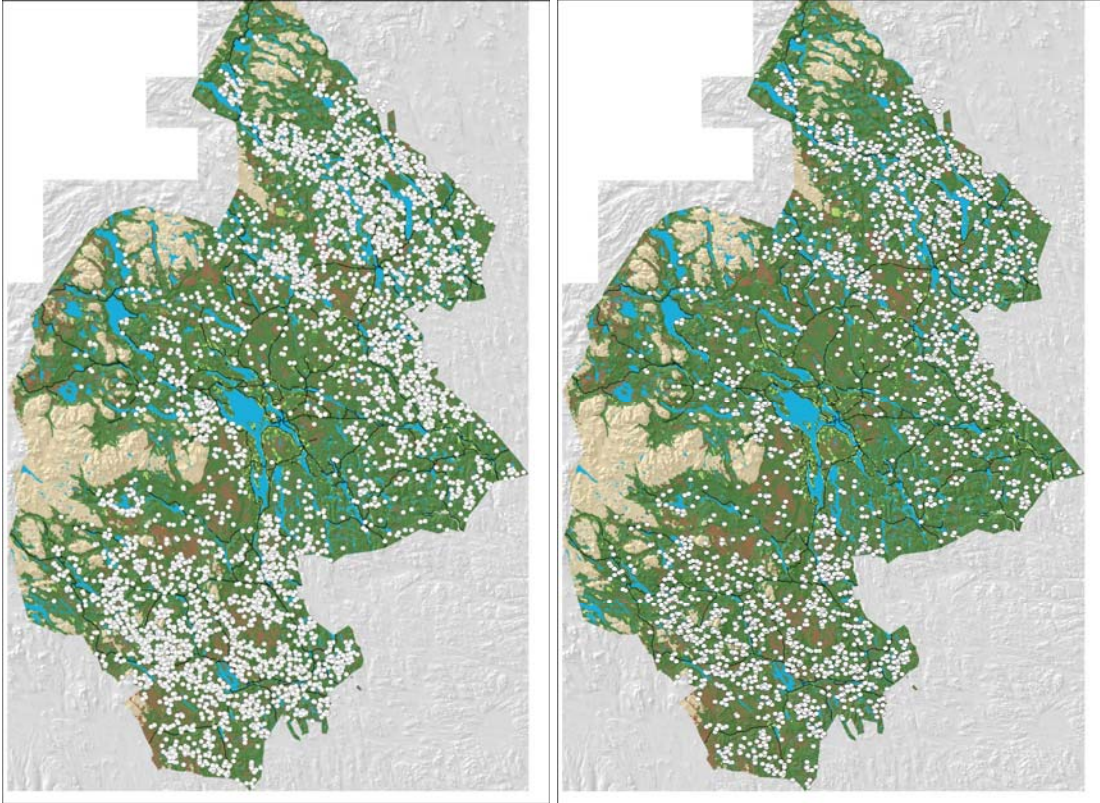
Number of unique genotypes against number of feces analysed



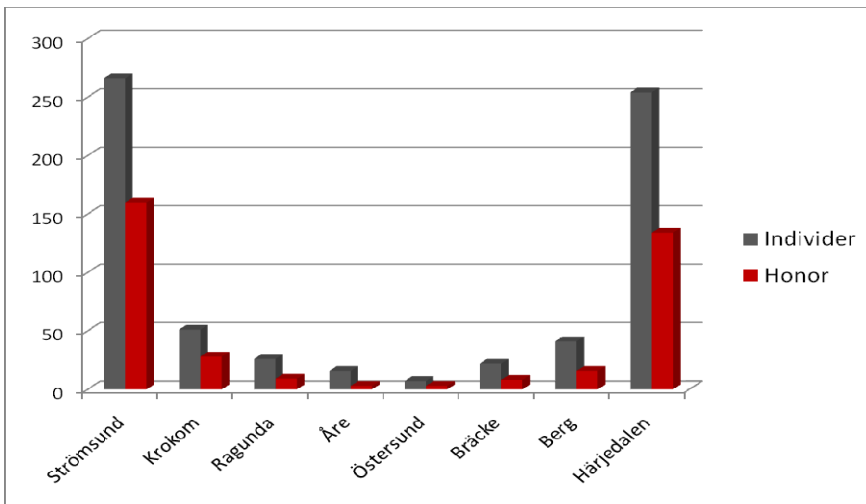
Antalet individer (y-axel) jämfört med antalet spillningsprov (x-axel). Formlen beräknar var vi når punkten där vi inte längre hittar nya individer oavsett hur många ytterligare prov som samlas in.

Modeller i Mark

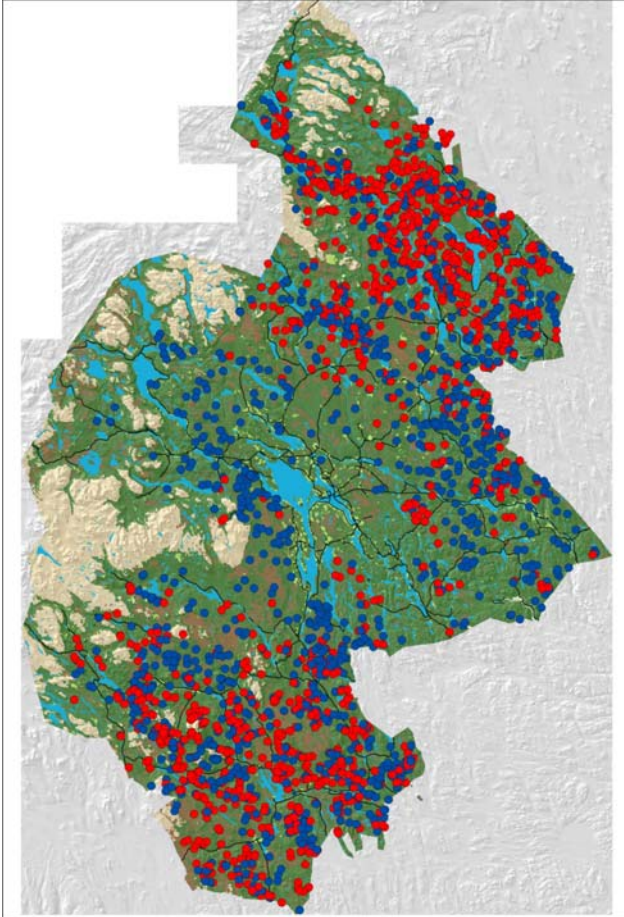
För populationsberäkningen använde vi oss av slutna populationsmodeller i programmet Mark. En fil med fångsthistorik skapades där varje individs "fångst" delades upp veckovis. Modeller med variation mellan individer, över tiden och kombinationen av dessa har undersökts. Populationsberäkningen från dessa ligger mellan 855 – 898 individer. Den genomsnittliga fångstsannolikheten är ca 20 % per vecka. Modellen med både individuell variation och variation över tiden gav ett estimat på 896 individer (830-992) varav honor 464 (432-511) och hanar 432 (398-481) och är den modellen och resultatet vi förespråkar för Jämtland. Det bör noteras att en del av dessa björnar också rör sig utanför Jämtland och således delas med andra områden.



Alla spillningsprovers (5287 st) geografiska fördelning respektive de slumpvis utvalda för analys (3000 st) i Jämtland



Antalet individer och antalet honor fördelat efter kommun från DNA-analysen. Om samma individ förekommit i mer än en kommun har en av dessa valts slumpmässigt.



Alla prover med användbart DNA (2400 st) efter kön, hane (blå) och hona (röd).