

Mastergradsoppgave

Marte Darrud & Simen Storøy

Punkttaksering av fjellrype
(*Lagopus muta*) og effekten av
den operasjonelle kjønnsraten
på estimering av bestandsstørrelse



Høgskolen i Telemark

Fakultet for allmennvitenskapelige fag

Mastergradsoppgave

Marte Darrud

Simen Storøy

Punkttaksering av fjellrype (*Lagopus muta*) og effekten av den operasjonelle kjønnsraten på estimering av bestandsstørrelse



Høgskolen i Telemark

Fakultet for allmennvitenskapelige fag

Høgskolen i Telemark 2014
Fakultet for allmennvitenskapelige fag
Institutt for natur-, helse- og miljøvern fag
Hallvard Eikas plass
3800 Bø i Telemark

<http://www.hit.no>

Denne avhandlingen representerer 60 studiepoeng.

© Rettigheter etter lov om åndsverk: Marte Darrud & Simen Storøy

Trykket ved Høgskolens kopisenter i Bø

Omslagsfoto/-illustrasjon: Marte Darrud

Førord

Masteroppgaven er skrevet som en del av masterstudiet ved Institutt for Natur-, helse- og miljøvern, Fakultet for allmennvitenskapelige fag, Høgskolen i Telemark, og er utarbeidet i perioden august 2012 til mai 2014. Oppgaven tar for seg to ulike metoder for bestandsestimering av fjellrype og hvilken effekt en skjev operasjonell kjønnsrate kan ha for den totale bestanden i en isolert fuglebestand.

Vi vil gjerne takke Turid Opsund Mæland som ordnet oss kjøreløyve inn til Mælefjell, uten denne ville nok store deler av dette området blitt stående uten taksering og registrering. Det rettes også en stor takk til Seljord Jakt og Fiskelag for lån av hytta på Tjorbu. Vi vil videre takke Frode Bergan for all den tid han har brukt sammen med oss på lab i forbindelse med de genetiske analysene, men også for all gjennomlesning av manuskript og for alle råd og tips så vel faglige som praktiske i forbindelse med feltarbeidet. Vi må heller ikke glemme å takke Karin Brekke Li for sitt gode humør og alle råd under labarbeidet. Vi vil også takke Howard Parker som har vært en kilde til faglige innspill og gode råd. Øyvind Steifetten har vært vår veileder gjennom hele prosjektet og vi skylder han en stor takk. Sist, men ikke minst vil vi takke Høgskolen i Telemark som ga oss muligheten til å skrive denne oppgaven som har gitt oss en stor mengde med erfaring og uforglemmelige naturopplevelser i fjellrypenes land.

Bø i Telemark, mai 2014

Marte Darrud

Simen Storøy

Sammendrag

For fastlands Norge finnes det ingen systematisk overvåkning av fjellrype (*Lagopus muta*), og man har per i dag en begrenset kunnskap om bestandsstatusen. I økende grad vil forvaltningen av fjellrype kreve gode bestandsdata, men det finnes ingen standardisert metode for estimering av bestander. Fjellrypene lever ofte i naturlig fragmenterte høyfjellsområder, noe som kan skape isolerte bestander. Flere studier har påvist en skjev operasjonell kjønnsrate (OSR) i små og isolerte fuglebestander, og dersom dette ikke tas høyde for kan det medføre feil forvaltningsstrategi. Formålet med masteroppgaven har vært 1) å sammenligne punkttaksering og linjetaksering som metoder og 2) å undersøke OSR i samme populasjon. Studiet ble gjennomført på Lifjell som er et fjellområde sentralt i Telemark fylke, på et 33,4 km² stort areal. Ved hjelp av punkttaksering, med lydavspilling på 175 punkt, ble det registrert territorielle stegger i mars/april 2013, og beregnet tetthetsestimert for hele studieområdet ble på 0,78 stegger/km². Det ble også utført en linjetaksering uten hund i august/september 2013 for å teste de to takseringsmetodene mot hverandre. Det ble kun registrert én oppflukt på 42,4 kilometer linje gått, noe som ga et for lite datagrunnlag til videre tetthetsanalyser.

For å finne et mål på OSR ble det samlet 75 avføringsprøver og ved hjelp av genetiske analyser ble art og kjønn bestemt. Fordelingen var på 32 fjellryper (43 %) og 43 liryper (57 %). Det ble brukt 14 nyutviklede genetiske markører (mikrosatelitter) for å finne antall ulike individer blant prøvene. Det viste seg at to prøver stammet fra samme høne, mens fire prøver stammet fra samme stegg. Kjønnfordelingen, justert etter mikrosatelittanalysene, ble funnet å være 16 hanner (57 %) og 12 hunner (43 %). Basert på dataene fra punkttakseringen er det forventet å være 70 par av fjellrype på Lifjell, men de genetiske analysene tyder på en skjev OSR med en overvekt av hanner. Dersom disse dataene er reelle og benyttes til estimering av bestandsstørrelse kan dette medføre en overestimert av antall individer. OSR er en parameter som i fremtiden bør få mer oppmerksomhet.

Abstract

There is no systematic monitoring of rock ptarmigan (*Lagopus muta*) population size on mainland Norway, and currently managers have only limited knowledge of the status of populations. Increasingly, the effective management of rock ptarmigan populations will require reliable census data, but there is no standardized method for estimating population size in this species. Rock ptarmigan most often live in naturally fragmented mountainous areas that can create isolated populations. Several studies have shown a skewed operational sex ratio (OSR) to exist in small, isolated bird populations, a condition that may lead to faulty management if not taken into account. Our objective with this thesis has been to 1) compare population size estimates obtained using point transect and distance line transect survey methods and 2) to investigate the OSR in the same population. The study was conducted in the Lifjell mountain region, Telemark County, Norway on 33.4 km² of alpine habitat. Territorial males were recorded in March/April, 2013, utilizing playback-calls during the point transect survey conducted at 175 points. Calculated density estimate for the entire study area was 0.78 males/km². Line transect surveys (performed without a dog) were conducted in August/September, 2013, along 42.4 kilometers and resulted in only 13 ptarmigan observations. Results from the line transect survey did not provide sufficient data for further density analyses.

In order to calculate the population OSR, 75 feces samples were collected (during the point-count survey), and the sex and species of each sample determined utilizing genetic methods. The species distribution was 32 ptarmigan (43%) and 43 willow grouse (57%). Fourteen recently developed genetic markers (microsatellites) were used to determine the number of different individuals among the rock ptarmigans. It turned out that two samples originated from the same hen, while four samples originated from the same cock. The sex ratio, adjusted according to the microsatellite analyses, turned out to be 16 males (57%) and 12 females (43%). Based on data from the point transect survey we expect to have 70 pairs of rock ptarmigan on the study area, but genetic analyzes may indicate a male-biased sex ratio. If these data from the point is reliable and used in the population estimation it may result in an overestimation. OSR is therefore a parameter which should receive more attention in the future.

Innhold

1 Innledning.....	1
2 Metode.....	3
2.1 Studieområde og studieart.....	3
2.2 Datainnsamling.....	4
2.2.1 Punkttaksering.....	5
2.2.2. Innsamling av rypeavføring	6
2.2.3 Pardannelse.....	6
2.2.4 Linjetaksering.....	6
2.3 Genetiske analyser.....	7
2.3.1 DNA ekstrahering	7
2.3.2 Artsbestemmelse	7
2.3.3 Kjønnbestemmelse.....	8
2.3.4 Individbestemmelse.....	10
3 Resultat.....	11
3.1 Punkttaksering.....	11
3.2 Pardannelse.....	12
3.3 Linjetaksering.....	12
3.4 Genetiske analyser.....	12
4 Diskusjon.....	14
4.1 Punkttaksering.....	14

4.2 Pardannelse.....	16
4.3 Linjetaksering.....	17
4.4 Operasjonell kjønnsrate.....	18
4.5 Konklusjon	20
Litteratur.....	21
Vedlegg	25
Vedlegg 1	25
Vedlegg 2	27
Vedlegg 3	28

1 Innledning

I løpet av de siste 30 år har fuglebestander i fjellet hatt en merkbar nedgang (Byrkjedal & Kålås 2012; Lehtikoinen m.fl. 2013; Tingley & Beissinger 2013), hvor jaktbare arter er blant de med den mest dramatiske nedgangen (Vinuela & Arroyo 2002; Lehtikoinen m.fl. 2013). Det er grunn til å anta at tilbakegangen av fuglebestander i fjellet skyldes flere faktorer som blant annet menneskelig forstyrrelse, økt predasjon (Watson & Moss 2004; Storch 2007), og for jaktbare arter kommer jakta som en tilleggsfaktor (Pedersen & Karlsen 2007). Nedgangen kan også være et resultat av pågående klimaendringer (Byrkjedal & Kålås 2012). Et varmere klima vil trolig resultere i at vegetasjonsgrenser utvides og forflytter seg nordover (Krajick 2004; Nilssen m.fl. 2012), og det er allerede dokumentert at ulike fuglearter har endret sin utbredelse mot polene eller oppover i høyden (Thomas & Lennon 1999; Brommer 2004; Virkkala & Rajasärkkä 2011). Arter som lever i høyfjellsområder er presset opp i et hjørne og klimaendringer kan medføre fragmentering og isolering av habitater (Krajick 2004; Nilssen m.fl. 2012). Fragmentering kan danne barrierer for normale prosesser som spredning og matsøk, men kan også redusere populasjonsstørrelsen, noe som kan føre til en genetisk utarming av små og isolerte bestander gjennom genetisk drift og innavlsdepresjon (Primack 2010).

Hos de fleste seksuelt reproduserende fuglearter forventes det en operasjonell kjønnsrate (OSR-antall hanner og hunner i en populasjon som er tilgjengelig for paring til enhver tid, Emlen & Oring 1977) på 1:1 (Carvalho m.fl. 1998), men små og isolerte bestander kan være mer utsatt for en skjev OSR enn store kjernepopulasjoner (Dale 2001). I flere fragmenterte og små fuglebestander er det påvist en høyere andel av hanner enn hunner (Walters m.fl. 1999; Zanette 2001; Steifetten & Dale 2006), og en årsak til skjev OSR kan være ulik spredningsatferd hos hanner og hunner. Hunnene sprer seg lengst fra fødestedet (Greenwood 1980; Clarke m.fl. 1997; Athrey m.fl. 2012; Hørnell-Willebrand m.fl. 2014) og går tapt for populasjonen fordi de ikke lenger er tilgjengelig for paring. I tillegg er trolig immigrasjonen av hunner fra andre områder begrenset i isolerte bestander (Dale 2001; Steifetten & Dale 2006; Donald 2007). En annen årsak kan være høyere dødelighet blant individene av det sjeldnere kjønn (Dale 2001). Flere studier har vist at hunner har en noe høyere voksendødelighet (Sillett & Holmes 2002; Liker & Szekely 2005; Githiru & Lens 2006; Szekely m.fl. 2006). Hunnene utsetter seg for større fare ved å forlate fødestedet og krysse ukjent terreng (Steifetten & Dale 2006), og de er også mer utsatt for predasjon under

hekkingen (Lundberg & Alatalo 1992).

Den operasjonelle kjønnsraten er en viktig demografisk parameter i enhver populasjon, men det er svært få studier av fuglepopulasjoner som tar hensyn til denne faktoren (Steifetten & Dale 2006). Forvaltningen krever gode bestandsdata og kunnskap om bestandsstatus for jaktbare småviltarter er en viktig forutsetning for en riktig lokal forvaltning av artene (Brainerd m.fl. 2005). Dersom en skjev kjønnsfordeling ikke tas høyde for kan det medføre feil forvaltningsgrunnlag. I fremtiden er dette en parameter som bør tas med i betraktning ved estimering av bestandsstørrelse, fordi reelle tall på den operasjonelle kjønnsraten kan forbedre beregningene av den totale populasjonsstørrelsen (Donald 2007).

Av de jaktbare fugleartene i fjellet finnes det gode metoder for bestandsovervåkning av lirype (*Lagopus lagopus*), men det finnes ingen systematisk overvåkning av fjellrype (*Lagopus muta*) på fastlands Norge. Per i dag har man begrenset kunnskap om fjellrypas bestandsstatus, men avskytningsstatistikken det siste tiåret viser en klar nedadgående trend (Statistisk sentralbyrå 2014). Det er grunnlag for å anta at denne nedgangen har sammenheng med en generell bestandsnedgang (Nilsen m.fl. 2012). Selv om det pågår et omfattende og systematisk arbeid med å taksere høstbestanden av lirype i Norge er det flere utfordringer med å tilpasse dette systemet til også å omfavne fjellrype. Fjellrypene befinner seg ofte i utilgjengelig terreng langt fra vei, og det vil derfor være vanskelig og få taksert nok areal til å få gode data (Nilsen m.fl. 2012). Linjetaksering er mye brukt for bestandsovervåkning av lirype og andre arter (Buckland m.fl. 2001), mens det for fjellrype ofte er brukt plottbaserte metoder (Nilsen m.fl. 2012).

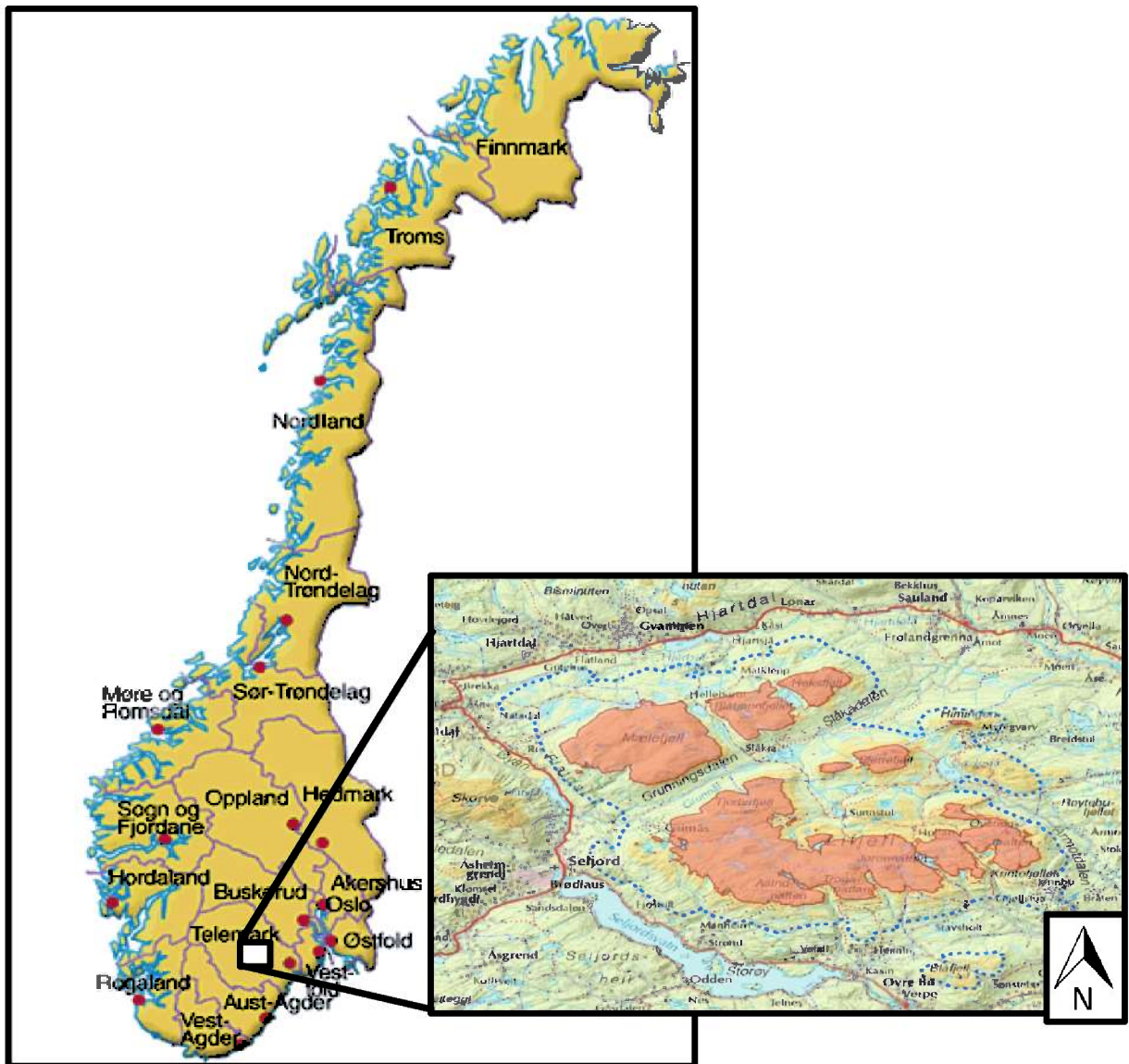
Dette studiet har hatt to hovedmål. OSR er en faktor som man har begrenset kunnskap om, men som kan påvirke estimeringen av den totale bestandsstørrelsen. Siden små og isolerte fuglebestander ser ut til å være mer utsatt for en skjev OSR har vi ved hjelp av genetiske undersøkelser sett på kjønnsfordelingen hos fjellrype. Dette ble gjort for å se om estimeringen med en 1:1 fordeling mellom stegger og høner stemmer, noe som er en forutsetning for at punkttaksering av spillende stegg skal gi riktige mål på bestanden (Brainerd m.fl. 2005). Vi har også på bakgrunn av at det mangler en standardisert metode for taksering av fjellrypebestander hatt et ønske om å sammenligne punkttaksering av spillende stegg på våren og linjetaksering på høsten. Målet var å finne ut hvilken av disse metodene som ga det beste estimatet av bestandsstørrelsen og som derfor kan være best egnet til bruk i forvaltningen.

2 Metode

2.1 Studieområde og studieart

Studiet er gjennomført på Lifjell som er et fjellområde sentralt beliggende i Telemark fylke (N59°29.776', Ø8°51.608') (Figur 1). Lifjell dekker et område på nærmere 200 km², og strekker seg over kommunene Bø, Seljord, Notodden og Hjartdal. Studieområdet er noe fragmentert, hvor den nordlige delen består av tre usammenhengende områder: Mælefjell, Blåtjønnfjell og Heksfjell. I den sørlige delen finner vi det største sammenhengende området mellom Skåråfjell i øst og Grimås i vest. Den høyeste toppen ligger på Mælefjell og strekker seg 1414 meter over havet. Lifjell har et variert og mangfoldig landskap, og vegetasjonen bærer preg av den sure og harde berggrunnen og er relativt artsfattig. Habitatet på Lifjell må sies å være suboptimalt for lirype med lite vierkratt og bjørkeskog, men optimalt for fjellrype. Fjellområdet er et populært rekreasjonsmål både sommer og vinter, og det finnes mange hyttefelt spredt rundt. Deler av studieområdet er beiteområde for sau. Det finnes bestander av både fjellrype og lirype på Lifjell, men det blir ikke ført noen systematisk statistikk over jaktuttak. Flere lokalforeninger tilknyttet Norges Jeger- og fiskerforbund har jaktterreng for sine medlemmer i fjellområdet, samt at grunneiere også leier ut terreng.

Fjellrype har en vid sirkumpolar utbredelse (Johnsgard 1983) og er verdens mest polare fugl (Watson & Moss 2008). Arten er spesiell blant arktiske og alpine fugler fordi den tilbringer store deler av sin livssyklus over tregrensa (Holder & Montgomerie 1993; Watson & Moss 2008). I Norge finner vi fjellrype i fjellområder fra Agder og Rogaland i sør til Finnmark i nord. I de nordligste områdene, hvor skoggrensa nærmer seg havnivå, lever rypene også langs kysten (Pedersen & Karlsen 2007; Steen 1989).



Figur 1. Kartutsnitt av studieområdet. Den blåstiplede linja markerer hele Lifjellområdet, mens det rødfargede området markerer alt areal som ligger ≥ 1000 meter over havet.

2.2 Datainnsamling

Studieområdet ble avgrenset til å gjelde alle områder av Lifjell som lå høyere enn 1000 meter over havet. Dette ble gjort for å konsentrere datainnsamlingen til potensielt fjellrypehabitat. Det ble tatt utgangspunkt i kilometerrutene på eksisterende 1:30 000 kart over Lifjell både under punkt- og linjetakseringen, innsamlingen av genetisk materiale og linjetakseringen (Vedlegg 1). Linjene ble gått av to observatører i nord-sør, sør-nord retning med 500 meters mellomrom, og hver linje ble gått av kun en observatør. Ved punkt- og linjetaksering ble radiokommunikasjon benyttet aktivt for å unngå doble observasjoner. Håndholdt GPS ble

brukt aktivt under hele datainnsamlingen og det ble nedtegnet nøyaktige posisjoner av avføringsprøver og observasjoner under punkttakseringen. Dataene ble videre brukt til analyse av blant annet høydefordeling, beregning av avstander gått og avvik fra linja.

2.2.1 Punkttaksering

Punkttaksering av spillende fjellrypestegg ble utført i perioden 22. mars - 26. april 2013, og ski ble benyttet i hele feltperioden på grunn av mye snø i fjellet. Punktene for lydavspilling ble forhåndsdefinert og det ble laget et lydspor på fem minutter med klipp fra forskjellige stegger. Lydsporet ble spilt av ved hjelp av Ipod eller mobiltelefon koplet til en liten høyttaler (music angel), som alltid var plassert nær observatøren. Mens lyden ble spilt av stod observatøren og lyttet og speidet i kikkert. Det ble utført takseringsarbeid gjennom hele dagen og det ble ikke tatt hensyn til spesielle tidsrom. Noen av punktene det ble spilt av lyd på hadde et avvik fra linja og avvikene skyldtes at punktene var plassert systematisk på et kart uten at terrenget var tatt hensyn til. For noen av punktene skyldes avviket at terrenget var uframkommelig. Linjene er forsøkt gått som korteste vei, men terrenget har satt begrensninger for dette og det er derfor punktene som har vært hovedfokus.

Alle observasjoner av fugl som har blitt definert som stegger er fugler som har gitt lyd fra seg og på den måten blitt kjønnsbestemt på en sikker måte. Dersom to nærliggende observasjoner fant sted samtidig antok vi at dette var to forskjellige individer. GPS-dataene ble analysert og ingen av observasjonene lå mindre enn 500 meter fra hverandre, med unntak av de punktene hvor flere individer ble observert samtidig. For å få det eksakte arealet som ble taksert langs linjene ble arealet av hvert punkt regnet som en sirkel med 250 meter i radius. Vi brukte en oppdagbarhet på 250 meter i radius rundt punktet basert på tidligere studier som viste at oppdagbarheten av spillende stegg avtok brått ved 250 meters avstand til observatøren (Marty & Mossoll-Torres 2012; Pedersen m.fl. 2012). Selv om lyden fra spillende stegg kan høres på cirka 1 kilometers avstand (Favaron m.fl. 2006) er det en rekke faktorer som blant annet topografi og vindforhold som trolig gjør at oppdagbarheten av steggene avtar. Radiusen av sirkelen tilsvarende den avstanden man forventer å finne fugl på. For hvert punkt ble det kontrollert at arealet innenfor sirkelen lå på over 1000 meter over havet. For ni av punktene var det kun halve arealet som lå over 1000 meter, det resterende var under og ble derfor ikke taksert. Dataene fra punkttakseringen ble analysert for å beregne tetthet etter formelen:

$$\text{Populasjonstetthet} = \frac{N}{\pi r^2 \times N_p}$$

hvor N tilsvarer antall observerte stegger, N_p tilsvarer antall punkt det er utført taksering på og $r = 250$ meter.

2.2.2. Innsamling av rypeavføring

For å få et mål på OSR ble det samlet genetisk materiale i form av rypeavføring (pellets). Innsamlingen ble gjort samtidig som gjennomføringen av punkttakseringen og det ble samlet pellets fra alle dokker som ble observert fra linjene. Det ble speidet med kikkert for å observere dokkene, og det ble ikke tatt hensyn til avstand fra linja under innsamlingen. Materialet ble samlet i små plastbokser med skrulokk og for å unngå kontaminering ble hansker benyttet. Det innsamlede materialet ble lagt til tørk på linsepapir i romtemperatur, og holdt adskilt fra hverandre slik at de ikke hadde mulighet til å kontaminere hverandre. Etter at prøvene hadde fått lufttørke i fem til sju dager ble de lagt tilbake i rene bokser, på linsepapir med et tynt lag av silikagel under, og lagret mørkt ved romtemperatur.

2.2.3 Pardannelse

Et tilfeldig utvalg av områder vi hadde lokalisert stegger på under punkttakseringen ble oppsøkt i tidsrommet 19. - 26. mai 2013. Hensikten med å oppsøke territoriene var å se om vi klarte og observere stegg og høne sammen, og på den måten få et bedre mål på pardannelse og kjønnsfordeling i bestanden. Basert på dataene samlet under punkttakseringen kunne vi ikke si noe om pardannelsen, siden den ble gjennomført på et tidlig stadium i fjellrypas pardannelse (Weeden 1963), men man forventer å få en god oversikt på antall territorier og fordelingen av disse når punkttaksering benyttes (Nilsen m.fl. 2012). Vi hadde en observasjonstid på en time per territorie som ble oppsøkt og kikkerten ble brukt aktivt. Det samme lydklippet fra punkttakseringen ble spilt av et par ganger i løpet av observasjonstiden. I løpet av denne timen beveget vi oss rundt, men var aldri mer enn 500 meter fra det punktet hvor steggen ble observert under punkttakseringen. Vi antok at det var sannsynlighet for at det ville være territorier i de samme områdene i mai, og dersom det var en stegg i området forventet vi at den ville forsvare territoriet og gi respons på lydklippet.

2.2.4 Linjetaksering

Linjetakseringen, med bruk av avstandsmetoden, ble gjennomført i perioden 16. august - 1. september 2013. Målet var å innhente nok data til å kunne sammenligne metoden opp mot punkttakseringen. Det ble ikke benyttet hund under takseringen og det skyldtes at vi ikke fikk tillatelse fra alle grunneiere, fordi bruken av hund kunne komme i konflikt med beitedyr i

området. Med bruk av hund under linjetaksering vil man kunne dekke et større areal slik at antall observasjoner trolig ville økt.

2.3 Genetiske analyser

2.3.1 DNA ekstrahering

DNA ble ekstrahert fra pellets som ble samlet inn under punkttakseringen. Ekstraheringen ble utført med QIAmp® DNA stool, Mini kit (50), Cat NO 51504 fra QIAGEN. Denne metoden innbefatter lysing av celler, fordøying av proteiner, fjerning av PCR hemmere, binding av DNA til silica membran, vasking av urenheter, og eluering av rent DNA fra membranen. Produsentens manual ble fulgt med noen få endringer. Fra hver prøve brukte vi omtrent en tredjedel av en pellets. På grunn av generelt lav DNA konsentrasjon i avføringsprøver ble det kjørt parallelle ekstraheringer. I første trinn hadde vi derfor to rør for en og samme prøve. Disse prøvene ble veid sammen og i et senere trinn (14) i ekstraheringen ble de slått sammen. Dette ble gjort for å øke DNA konsentrasjonen i sluttproduktet. Vekten på pellet fragmentene varierte mellom 136 og 446 mg. Variasjonen skyldtes ulik konsistens som følge av variasjon i dietten og noen prøver inneholdt også veldig små mengder med pellets. Pellets fragmenter ble kuttet opp i små biter med skalpell i et 2 ml rør. Dette ble gjort for å oppnå en homogen løsning med lysisbufferen som ble tilsatt. I punkt 2 i prosedyren brukte vi ikke 1,4 ml Buffer ASL, men fylte hele 2 ml røret med omtrent 1,7 ml buffer. I punkt 3 varmet vi løsningen i 10 minutter på 70 °C i en thermomixer med en hastighet på 700 rpm. I punkt 14 slo vi sammen de to rørene som ble laget for hver prøve i trinn 1. I de siste trinnene (15, 16, 17 og 18) ble alle prøvene behandlet som en enkelt prøve. Ekstrahert DNA fra prøvene ble lagret ved 4°C.

2.3.2 Artsbestemmelse

Artsbestemmelse ble utført for å utelukke mulige individer av lirype. Metoden involverer bruken av to artsspesifikke revers primere; Lag3R 5'-TGGTGGACGGTCGATTGTAG-3' og Mut3R 5'-GGGTAGGCAGGTATTTATAGT-3' i kombinasjon med en slekts-spesifikk forward primer; Lagsp3F 5'CATACATTATGGTACCG GTAC-3'. De artsspesifikke primere er designet slik at det skjer en annealing med forskjellig avstand på den generelle primeren. Dette resulterer i PCR-produkter med ulik størrelse ettersom hvilken art DNA ekstraktet stammer fra (Nystrøm m.fl. 2006).

PCR reagensene ble mikset i en 25 µl løsning hvor templat DNA utgjorde 2 µl av innholdet (Tabell 1).

Tabell 1. Konsentrasjonen av alle reagensene for kjøring av PCR ved artsbestemmelse.

Antall prøver inkludert kontroller		20		
Reagenser	Kons. i bruksløsning	µl per prøve	µl i miks	Kons. i PCR reaksjon
RNAse fritt H ₂ O		12,05	241	
dntp mix	2mM	2,5	50	0,2mM
Buffer	10x	2,5	50	1x
Lagsp3F_FAM	10pmol/µl (µM)	1	20	0,4µM
Lag3R	10pmol/µl (µM)	1	20	0,4µM
Mut3R	10pmol/µl (µM)	1	20	0,4µM
MgCl ₂	25mM	2,5	50	2,5 mM
BSA	10 µg/µl	0,25	5	0,1 µg/µl
Amplitaq gold LD	5U/µl	0,2	4	1U
Templat DNA		2		
µl miks i hver prøve		23		
Total PCRvolum		25	460	

DNA amplifisering ble gjort i en Eppendorf Mastercycler gradient med en innledende denaturering på 10 minutter ved 94°C. Det første trinnet ble etterfulgt av 35 repetisjoner av en syklus med henholdsvis denaturering 94°C i 20 sekunder, annealing 56°C i 30 sekunder og elongering 72°C i 15 sekunder. Til slutt ble det utført en siste elongering ved 72°C i 10 minutter før endelig oppbevaring ved 4°C.

2.3.3 Kjønnbestemmelse

Hensikten med å bestemme kjønn var for å se på fordelingen av hanner og hunner i det innsamlede materialet. Det ble benyttet to primere ved metoden for kjønnbestemmelse. PU revers primer 5'-AAAGCTGATCT G -3' er designet fra den homologe sekvensen på kjønnskromosomene. Forward primeren er en modifisert form av P8 primeren, P8mod 5'-TCCCAAGGATGA G -3'. Disse to primerne produserer kjønnsspesifikke Z og W fragmenter på henholdsvis 189 og 214 basepar (Perez m.fl. 2011).

PCR reagensene ble mikset i en 25 µl løsning hvor templat DNA utgjorde 2 µl av innholdet (Tabell 2).

Tabell 2. Konsentrasjonen av alle reagensene for kjøring av PCR for kjønnsbestemmelse av fjellrype.

Antall prøver inkludert kontroller		20		
Reagenser	Kons. i bruksløsning	µl per prøve	µl i miks	Kons. i PCR reaksjon
RNAse fritt H ₂ O		13,05	261	
dntp mix	2mM	2,5	50	0,2mM
Buffer	10x	2,5	50	1x
P8mod_F	10pmol/µl (µM)	1	20	0,4µM
PU_R	10pmol/µl (µM)	1	20	0,4µM
MgCl ₂	25mM	2,5	50	2,5mM
BSA	10 µg/µl	0,25	5	0,1 µg/µl
Amplitaq gold LD	5U/µl	0,2	4	1U
Templat DNA		2		
µl miks i hver prøve		23		
Total PCR volum		25	460	

DNA amplifisering ble gjort i en Eppendorf Mastercycler gradient med en innledende denaturering på 3 minutter ved 94°C. Det første trinnet ble etterfulgt av 60 repetisjoner av en syklus med henholdsvis denaturering 94°C i 30 sekunder, annealing 53°C i 90 sekunder og elongering 72°C i 60 sekunder. Til slutt ble det utført en siste elongering ved 72°C i 30 minutter før endelig oppbevaring ved 4°C.

Det ble laget en negativ kontroll for hvert PCR oppsett både ved arts- og kjønnsbestemmelse. Templat DNA ble da erstattet med destillert vann for å sjekke prøvene for kontaminering. PCR produktene for både art og kjønn ble applisert på 6 % polyakrylamid gel (PAGE). Støpning av gelen ble gjort i avtrekksskap, og flytende PAGE ble blandet med 10 µl TEMED og 80 µl APS for at gelen skulle stivne. Til appliseringen brukte vi 6x loading dye og θ X størrelsesmarkør (stige). 2,5 µl load + 5,0 µl PCR produkt ble blandet og applisert på gelen. Etter appliseringen ble elektroforesen kjørt i 45 minutter ved 150 volt. PCR produktet ble farget med 3 % GelRed fra Biotium. Til slutt ble gelen lagt i et kammer med UV lys og fotografert for videre tolkning med programvaren GeneSnap fra SynGene. Avlesning av resultatet for artsprimer ble gjort på bakgrunn av stigen som ble applisert i gelen sammen med PCR produktene. Stigen er en kjent størrelsesmarkør og den som ble brukt hadde baseparlengder fra 72 til 1353. Bånd på 212 basepar identifiseres som fjellrype, mens bånd med en lengde på 154 basepar identifiseres som lirype (Nystrøm m.fl. 2006). Den samme stigen ble brukt under kjøring av kjønnsprimer. Avlesning av resultatet ble gjort ved å identifisere ett eller to bånd. Hannfugler har to z kromosomer, mens hunnfugler har ett z kromosom og ett w kromosom. Identifisering av kjønn med PCR innebærer at fuglene med to bånd er hunner og de med ett bånd er hanner (Griffiths 2000) (Vedlegg 2).

Under analyse av resultatene på arts- og kjønnsprimer var det noen få prøver som ikke ga resultat eller resultatet var så svakt at det medførte en viss usikkerhet under avlesning. Dersom prøvene var tomme eller resultatet ble veldig svakt satte vi opp ny PCR for disse prøvene. Alle prøver det var knyttet usikkerhet til ble kjørt på nytt. Det ble også gjennomført en intern kontroll av analysene ved at 10 % av prøvene for art- og kjønnsprimer ble kjørt om igjen. Vi satte opp alle prøvene i Excel og lot programmet trekke ut prøver tilfeldig. Kontrollprøvene ble satt opp med samme DNA materiale og PCR oppsett som analyseprøvene. Dette ble gjort for å avdekke eventuelle feil som kan ha oppstått i lab prosessen og var en kontroll av eget arbeid.

2.3.4 Individbestemmelse

Hensikten med individbestemmelse var å finne ut om prøvene stammet fra ulike individer, ettersom at det var en viss sannsynlighet for at flere prøver kunne stamme fra samme individ. Individbestemmelse av fjellrypene ble gjort ved bruk av mikrosatelitter. Sekvenseringen og isoleringen av mikrosatelittene ble gjort ved Cornell University USA, som tok utgangspunkt i en leverprøve fra en fjellrype skutt vest på Hardangervidda. Så vidt vi vet er dette første gangen det brukes mikrosatelitter som er spesifikke for fjellrype. Rundt 42 000 mikrosatelitter ble isolert og av disse ble det valgt ut 24 basert på motif med tetra (4) repetisjoner, variasjon i motif, produktstørrelse kortere enn cirka 200 basepar og lavt GC innhold. Disse 24 mikrosatelittene ble testet ved PCR og gel elektroforese. Det ble brukt DNA, ekstrahert med Qiagen Blood and Tissue kit, fra lever for å være sikker på at vi hadde høy nok DNA konsentrasjon for å få resultat.

PCR reagensene ble mikset i en 25 µl løsning hvor templat DNA utgjorde 2 µl av innholdet (Tabell 3).

Tabell 3. Konsentrasjonen av alle reagensene for kjøring av PCR for testing av mikrosatelitter.

Oppsettet ble kjørt separat for 24 mikrosatelitter.

Antall prøver inkludert kontroller		10		
Reagenser	Kons. i bruksløsning	µl per prøve	µl i miks	Kons. i PCR reaksjon
RNAse fritt H ₂ O		13,05	130,5	
dntp mix	2mM	2,5	25	0,2mM
Buffer	10x	2,5	25	1x
Mut1-24F	10pmol/µl (µM)	1	10	0,4mM
Mut1-24R	10pmol/µl (µM)	1	10	0,4mM
MgCl ₂	25mM	2,5	25	2,5 mM
BSA	10 µg/µl	0,25	2,5	0,1 µg/µl
Amplitaq gold LD	5U/µl	0,2	2	1U
Templat DNA		2		
µl miks i hver prøve		23		
Total PCRvolum		25	230	

DNA amplifiseringen ble gjort i en Eppendorf Mastercycler gradient med en innledende denaturering på 15 minutter ved 95°C. Det første trinnet ble etterfulgt av 40 repetisjoner av en syklus med henholdsvis denaturering 94°C i 30 sekunder, annealing 60°C i 90 sekunder og elongering 72°C i 60 sekunder. Til slutt ble det utført en siste elongering ved 72°C i 10 minutter før endelig oppbevaring ved 4°C.

Etter testingen ble det plukket ut 15 mikrosatelitter for individbestemmelse av prøvene, og for disse ble det bestilt fargemerkede forward primere. Det ble satt opp ny PCR etter samme oppsett som ble benyttet under testingen, og samme PCR program ble kjørt. Vi endte opp med å bruke 14 mikrosatelitter i stedet for 15 fordi det ble benyttet feil enzym ved kjøring av én mikrosatelitt. Ved analyse av prøvene på de 14 mikrosatelittene ble PCR produktene tilsatt 12µl formamid og 0,5µl ROX 500 størrelsesstandard. Produktene ble pipettert på en microamp, optical 96-well reaction plate som deretter ble sentrifugert og denaturert. Genotypingen ble så utført ved hjelp av en ABI 3130xl 16 kapillær genetikkanalyser og resultatene tolket ved hjelp av programvaren Genemapper.

3 Resultat

3.1 Punkttaksering

Det ble brukt over 100 timer i felt og hver observatør gikk totalt 220 kilometer, av disse ble det gått 67 kilometer på linje. Totalt ble det spilt av lyd på 175 punkt, noe som tilsvarer 14,6 timer med lydavspilling, og det ble observert stegg på 25 punkter. Gjennomsnittlig avvik fra

punktene var på 23 meter fra linja (range 0 – 214 meter). Det totale takserte arealet på Lifjell ble 33,4 km².

Det ble observert 67 individer og av disse observasjonene var det 30 sikre stegger. Etter bearbeidelse av dataene ble fire av de 30 steggene regnet som dobbeltobservasjoner, og det endelige antall observerte stegger ble derfor 26. Tettheten av stegger på Lifjell ble beregnet til 0,78 stegger/km². Det ble gjort observasjoner av stegger i tidsrommet 08:00 til 16:00, med flest observasjoner i tidsrommet 10:00 til 14:00. Lifjell har et total areal på 89,2 km² som ligger \geq 1000 meter over havet og er potensielt fjellrypehabitat. Ved å ekstrapolere dataene fra punkttakseringen kan man med en 1:1 fordeling forvente å ha 70 par av fjellrype.

3.2 Pardannelse

I løpet av mai ble 21 av 26 mulige territorier som var blitt lokalisert i løpet av punkttakseringen oppsøkt. Territoriene ble besøkt på tilfeldige tidspunkt og observasjonsforsøkene var ikke knyttet til spesielle tidsrom på dagen. Av disse 21 var det ti territorier hvor det ikke ble observert stegg; i seks territorier ble det observert enslige stegger uten høne tilstede på observasjonstidspunktet; og for de siste fem territoriene ble det observert stegg og høne sammen. Det vil derfor si at i 24 % av de territoriene vi oppsøkte i mai hadde det trolig blitt dannet par.

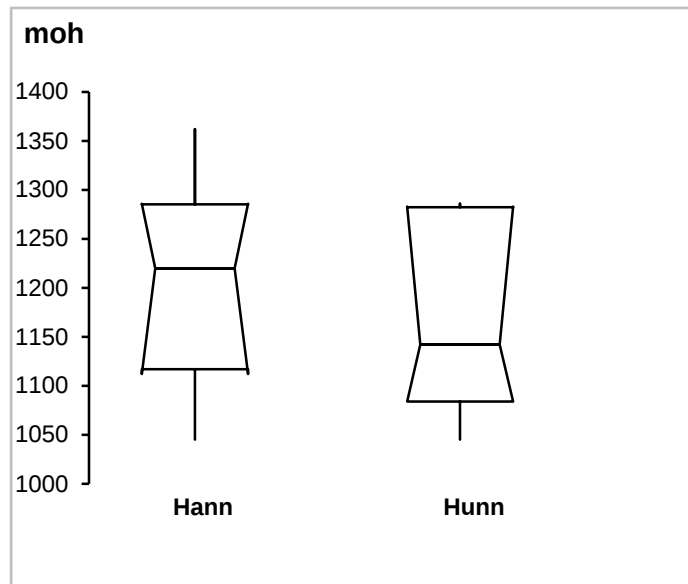
3.3 Linjetaksering

Det ble gått 42,4 kilometer på linje og det ble kun registrert én oppflukt på 13 fjellryper som lettet 45 meter fra linja. Dette ga et for lite datagrunnlag til videre tetthetsanalyse, men vi vil diskutere linjetaksering som metode.

3.4 Genetiske analyser

Totalt ble det samlet inn og gjort analyser på 75 avføringsprøver. Av de 75 prøvene var det 32 fjellryper (43 %) og 43 liryper (57 %). Den gjennomsnittlige avstanden fra linja var 120 meter (range 6 - 242 meter). Analyser av alle de 32 prøvene fra fjellrype ga resultater ved kjønnsbestemmelse, og fordelingen var på 19 hanner (59 %) og 13 hunner (41 %). For å kunne vurdere om avgrensingen av studieområdet var noenlunde korrekt ble det gjort en analyse av høydefordelingen av avføringsprøvene. Figur 2 viser høydefordelingen vi fant hos fjellrype basert på de genetiske prøvene. Disse resultatene viste at det var få fjellryper som lå

tett ned mot 1000 meter over havet og var derfor med på å styrke den avgrensingen som ble gjort av studieområdet.



Figur 2. Viser høydefordeling hos fjellrypene basert på genetiske analyser av avføring.

Ved individbestemmelse var det 26 av 32 individer som skilte seg ut ved ett eller flere alleler for de 14 mikrosatelittene som ble kjørt. For de siste seks prøvene kunne man ikke si med sikkerhet at de stammet fra ulike individer. To høneprøver hadde like alleler ved åtte mikrosatelittmarkører og det er stor sannsynlighet for at prøvene kom fra samme høne. Fire steggprøver hadde like alleler for fire markører og det er grunn til å tro at disse fire prøvene kom fra én og samme stegg (Vedlegg 3). Etter mikrosatelittanalysen ble derfor totalt antall individer endret fra 32 til 28, og kjønnsfordelingen ble endret til 16 hanner (57 %) og 12 hunner (43 %). Dersom vi tester vårt datasett opp mot den forventede fordelingen er det ingen signifikant forskjell mellom den observerte kjønnsfordelingen og den forventede 1:1 fordelingen (Chi-square test: $X^2 = 0,287$; Df = 1; p-verdi = 0,592).

4 Diskusjon

4.1 Punkttaksering

Punkttaksering av spillende stegg om våren er den mest benyttede metoden for taksering av fjellrype (Nilsen m.fl. 2012), og dette kan skyldes at fjellrypene er lettere å oppdage på våren enn resten av året fordi de hevder territorier (Pedersen & Karlsen 2007). Den mest benyttede metoden for taksering av spillende stegg er ved passiv lytting for deretter å registrere antall innenfor en gitt radius fra punktet (Hørnell & Willebrand 1998; Fuglei & Pedersen 2008; Zohmann & Wöss 2008; Pedersen m.fl. 2012; Marty & Mossoll-Torres 2012). Det ble funnet en tetthet på 0,78 stegger/km² ved punkttaksering med lyd. I tabell 4 vises en variasjon i tetthet på 0,47 til 21,9 spillende stegger/km² funnet i andre studier. Sammenlignet med tettheter funnet andre steder i verden fant vi en relativt lav tetthet ved bruk av punkttaksering, og dette kan skyldes at Lifjell har en liten og isolert bestand av fjellrype og at man uansett metode ville funnet en lav tetthet. Studieområdet har et totalt areal på 89,2 km² som er potensielt fjellrypehabitat og bærer preg av varierende topografi og usammenhengende områder. Dette kan være en årsak til den lave tettheten sammenlignet med for eksempel Island som har større sammenhengende områder med egnet habitat.

Tabell 4. Antall stegger/km² i andre undersøkelser av fjellrypebestander.

Område og antall km ² taksert	Antall stegger/km ²	Kilde
Svalbard: 1200 km ²	1,3-3,1	Pedersen m.fl. 2012
De Østeriske alper: 15,3 km ²	1,5-6,7	Nopp-Mayr & Zohmann 2008
De Østeriske alper: 6,84 km ²	5,4	Zohmann & Wöss 2008
Pyreneene i Andorra og Frankrike 0,396 km ²	10,4	Marty & Mossoll-Torres 2012
Alpene, Italia: 8,9 km ²	0,47-2,29	Favaron m.fl. 2006
Island: 5327 km ²	1,56-21,9	Nielsen 1999

Det finnes ikke andre bestandsdata som våre resultater kan sammenlignes eller testes mot. Basert på de inntrykk og erfaringer som ble gjort i løpet av feltperioden og ved generell bruk av studieområdet ser vi på denne tettheten som troverdig. For at resultatene fra punkttakseringen skal være troverdige forutsetter dette at alle stegger er monogame og danner par (Brainerd m.fl. 2005), men studier har vist at enkelte stegger kan ha to høner på sine

territorier (Weeden 1964; Unander & Steen 1985). Dersom dette forekommer for flere stegger i bestanden vil dette kunne være en kilde til en viss underestimering av antall par ved bruk av punkttaksering og forventet 1:1 fordeling. En skjev kjønnsfordeling med overvekt av hanner er en faktor som kan føre til at bestanden overestimeres, fordi ikke alle hanner som har blitt telt finner en partner og får dannet par.

Det ble brukt lydklipp fra spillende stegg, noe som var med på å øke oppdagbarheten og redusere observasjonstiden, men det finnes ingen større studier som evaluerer effekten lyd har på takseringsresultatene (Nilsen m.fl. 2012). Observasjonstiden på fem minutter virket som tilstrekkelig ved bruk av lyd, da de fleste steggene ble registrert i løpet av det første minuttet. Det var derfor lite trolig at dette var fugl som hadde flyttet seg langt. Det faktum at vi brukte lyd gjorde at steggene trolig ble trukket mot observatøren og det ble derfor ikke målt avstand fra observatør til det observerte individet. Tidligere undersøkelser har vist at man ved bruk av lyd oppdager steggene relativt nære observatøren (Hørnell & Willebrand 1998; Fuglei & Pedersen 2008), og at dette kan medføre en overestimering av bestanden dersom dette ikke tas høyde for. En for kort observasjonstid vil kunne føre til at ikke alle steggene rekkes og bli registrert, og dette kan medføre en underestimering av bestanden. En for lang observasjonstid kan medføre at samme steggen blir observert flere ganger og dermed resultere i overestimering (Fuglei & Pedersen 2008). Data på hvor langt en fjellrypestegg flytter seg dersom den hører lyden av en fremmed stegg i nærområdet finnes det svært lite av, men det er dokumentert at et menneskeøre kan oppfatte lyden av spillende stegg på rundt en kilometers avstand (Favaron m.fl. 2006).

Vi har ingen konkrete mål på hvilke avstander vi oppdaget steggene på, men basert på tidligere undersøkelser vet man at oppdagbarheten av spillende stegger avtar ved 200 til 250 meter (Pedersen m.fl. 2012; Marty & Mossoll-Torres 2012). På bakgrunn av dette, samt topografien i studieområdet, har vi i våre beregninger av tetthet satt den effektive avstanden for oppdagelse av stegger til 250 meter. Vi satte som en forutsetning for metoden at alle stegger som befant seg innenfor en sirkel med 250 meter i radius ved punktet ville bli registrert. Dersom den effektive avstanden for oppdagelse av stegger settes for stor vil dette medføre en underestimering av bestanden, mens en for liten avstand vil kunne føre til overestimering av bestanden (Hørnell & Willebrand 1998; Fuglei & Pedersen 2008; Franceschi m.fl. 2014). Ved bruk av en forhåndsdefinert radius var det vanskelig å vite om alle steggene innenfor ble oppdaget og ulike radiuser kan gi opphav til ulike tetthetsestimater

(Marty & Mossoll-Torres 2012; Franceschi m.fl. 2014). Dersom det var flere stegger som ikke responderte på lyden og derfor ikke ble registrert innenfor sirkelen vil det være en kilde til underestimering av bestanden. Observatørens evne til å observere fuglen vil også kunne være en feilkilde dersom observatøren overser flere stegger (Fuglei & Pedersen 2008).

Studieområdet ble avgrenset til å gjelde alt potensielt fjellrypehabitat ≥ 1000 meter over havet, noe som kan ha medført at noen fjellryper som lå i lavere høydedrag ikke ble registrert. Alt feltarbeid er i midlertid utført på dager med rolig vær i fjellet, og været skulle derfor ikke være en faktor som har medført at fjellryperne eventuelt har trukket ned i lavere terreng. Høydefordelingen vi fant ved hjelp av de genetiske analysene viser også at det var få fjellryper ned mot 1000 meter over havet. Under punkttakseringen ble det gjort observasjoner av stegger i løpet av hele dagen, men de fleste ble gjort mellom 10:00 og 14:00. Studier har vist at den territorielle aktiviteten er størst ved soloppgang og skumring (Pedersen m.fl. 1983; Hørnell & Willebrand 1998; Marty & Mossoll-Torres 2012), men bruken av lyd har sannsynligvis bidratt til at det ble gjort observasjoner gjennom hele dagen. Punkttaksering med bruk av lyd virker derfor som en effektiv metode som tillater feltmannskapet å jobbe i alle døgnets lyse timer. For å kunne bruke denne metoden som grunnlag for en god jaktforvaltning bør man finne metoder der man kan relatere vårbestanden opp mot høstbestanden før jaktstart.

4.2 Pardannelse

Under punkttakseringen ble det lokalisert en rekke mulige territorier, og i et forsøk på å få data på pardannelsen og kjønnsfordelingen hos fjellryperne oppsøkte vi 21 av disse igjen i løpet av mai. Det ble funnet stegg og høne sammen i fem av de 21 territoriene. Det ble brukt lyd for å øke oppdagbarheten av steggene, men effekten av lyden var kraftig redusert sammenlignet med tidligere på våren. Vi fikk begrenset eller ingen respons fra steggene, og dette uavhengig av om steggen var alene eller sammen med høne. Den dårlige responsen kan skyldes at den territorielle atferden avtar hos rypene når de har dannet par. Etter pardannelsen vil steggen bruke mer tid på å vokte høna enn på å hevde territoriet (Unander & Steen 1985). Kun ved ett tilfelle viste steggen ordentlig interesse for lyden og ble kretsende rundt observatøren samtidig som den holdt oversikt over høna.

Det ble benyttet en observasjonstid på en time per territorie og vi beveget oss rundt punktet der steggen ble sett tidligere på våren. Hva som er årsaken til at vi kun observerte par i 24 %

av de mulige territoriene i mai er usikkert. Det kan skyldes at vi ikke klarte å observere parene eller at det ikke var dannet par i området. For de steggene som ble observert alene kan dette skyldes at de ikke hadde fått en partner, men også det faktum at observatørene ikke klarte og observere høna. Siden punkttagseringen fant sted før den endelige etableringen av territoriegrensene (Weeden 1964) er det en mulighet for at der det ikke ble observert stegg i mai aldri ble etablert noe territorie og at disse steggene derfor hadde flyttet på seg. Dersom vi hadde brukt mer tid og besøkt hvert territorie flere ganger i denne perioden hadde vi trolig fått flere observasjoner og sikrere data som kunne sagt mer om pardannelsen og kjønnsfordelingen i bestanden.

4.3 Linjetaksering

I dag benyttes hovedsakelig linjetaksering med stående fuglehund, også kalt avstandsmetoden, til beregning av rypetettheten. For at resultatene skal bli statistisk sikre bør det ligge 40-60 observasjoner til grunn for beregningene (Pedersen & Karlsen 2007). Siden Lifjell er et lite fjellområde som antas å ha en liten og isolert bestand av fjellryper kan man trolig ikke forvente å finne et stort antall individer, og på grunn av få observasjoner blir tetthetsestimatene noe usikre. Vi hadde forventet å få gode nok data til og kunne gjøre et visst estimat av høstbestanden, men med kun én observasjon av 13 fjellryper ble det statistiske grunnlaget for dårlig til videre bearbeidelse.

Under feltperioden med linjetaksering ble det ikke benyttet hund grunnet konflikt med beitedyr. Det at vi ikke brukte hund var en svakhet i metoden og dette ga en veldig liten effektiv søkebredde. Linjene ble gått av en enslig observatør noe som ga en liten effektiv søkebredde og en redusert mulighet for observasjon. Det var også usikkert om alle individer på og like i nærheten av linja ble observert. Trolig vil flere av betingelsene for en god linjetaksering bli brutt som følge av fjellrypas atferd foran hunden (Nilsen m.fl. 2012). Fjellryperne trykker generelt dårligere for stående fuglehund enn hva liryper gjør (Nilsen m.fl. 2012), og veldig sjeldent vil man finne fjellryper som trykker urørlig mot bakken når farer nærmer seg. Ofte vil de bevege seg rolig bort til fots (Wegge 1990). Med bruk av hund ville trolig antall observasjoner blitt flere, da en hund ville krysset frem og tilbake langs linja og funnet fugl som lå i bedre habitat noen meter fra linja. Selv med bruk av hund kan det grunnet fjellrypernes atferd være vanskelig og få gode nok data til videre analyse. Fjellryperenget er ofte utilgjengelig, og fjellrypernes atferd for stående fuglehund er noe som gjør at interessen for denne takseringen er lavere hos jegere og fuglehundeiere enn hva den er for liryper (Nilsen

m.fl. 2012). Dette kan skape utfordringer med å finne nok frivillig feltpersonell til gjennomføring av takseringene. Som en følge av at linjetakseringen ga lite data fikk vi et for dårlig datagrunnlag til å kunne sammenligne metoden med punkttaksering. Basert på våre erfaringer og litteratur som finnes ser det ut til at linjetaksering av fjellrype er en metode som ikke fungerer optimalt. Det finnes få studier som tar for seg linjetaksering av fjellrype om høsten, og man må kanskje vurdere andre feltmetoder for å samle data om bestandene.

4.4 Operasjonell kjønnsrate

Den operasjonelle kjønnsraten er en parameter som ikke tidligere er vurdert ved estimering av bestandsstørrelser av fjellrype. Dette studiet viser at OSR kan ha betydning for bestandsestimatet når bestanden er taksert ved punkttaksering. For å få et tall på kjønnsraten ble flere genetiske analyser utført og den endelige kjønnsfordelingen etter mikrosatelittanalysen ble 16 hanner (57 %) og 12 hunner (43 %). Det ble kun samlet 32 prøver fra fjellrype noe som ga et lite statistisk datagrunnlag, og det var ingen signifikant forskjell mellom den observerte kjønnsfordelingen og den forventede ved 1:1 fordeling. Det er derfor ikke grunnlag for å si at bestanden har en statistisk skjev OSR. Lifjell har i midlertid en liten og isolert bestand av fjellrype, noe som gjør at vi tiltross for den manglende signifikansen vurderer resultatet som interessant. Resultatet kan være representativt for den lille bestanden i studieområdet fordi man ikke kan forvente å få et større datagrunnlag. Vi velger derfor å diskutere videre hvilken effekt en skjev OSR kan ha for bestanden.

Ved bruk av en kjønnsfordeling på 1:1 forventer vi 70 par på Lifjell og en total høstbestand på 280 individer, dersom hvert par får frem to kyllinger (Tabell 5). Dette er beregnet ut i fra resultatene fra punkttakseringen. Dersom det tas høyde for den skjeve kjønnsfordelingen som ble observert ved innsamling av avføringsprøver vil det ikke være mer enn 52 par og en total høstbestand på 226 individer. I forvaltning av jaktbare fuglearter forventes det en 1:1 fordeling mellom kjønnene, og dette kan for små og isolerte bestander medføre en overestimering av den totale høstbestanden dersom kjønnsraten ikke er en faktor som vektlegges. En overestimering kan gi grunnlag for å tillate et høyere jaktuttak enn det bestanden tåler, og kan medføre at den årlige bestanden reduseres. Dette viser at en skjev OSR kan ha betydning for estimering av bestandsstørrelser, og spesielt små, isolerte bestander er utsatt for en skjev OSR (Dale 2001). Det kan være nyttig å vurdere denne parameteren ved bruk av metoder som bare teller det ene kjønnnet. Dette er metoder som for eksempel punkttaksering av spillende stegg, og har som forutsetning at alle stegger danner par og er

monogame (Brainerd m.fl. 2005). En skjev OSR kan medføre at det ene kjønn blir begrensende for hekkesuksessen til det andre (Bessa-Gomes m.fl. 2004). Er kjønnsfordelingen vi fant i bestanden på Lifjell korrekt vil det si at antall høner er den begrensende faktoren for steggenes hekkesuksess.

Tabell 5. Antall individer av hvert kjønn ved ulik kjønnsfordeling i bestanden. Antall stegger ved forventet 1:1 fordeling er basert på data fra punkttakseringen, mens den observerte fordelingen er basert på de genetiske analysene.

Kjønnsfordeling	Antall stegger	Antall høner	Antall kyllinger ved forventet overlevelse på to kyllinger per par (Steen 1989)	Total høstbestand (juvenile og voksne)
Forventet 1:1 fordeling basert på data fra punkttaksering	70	70	140	280
Observert fordeling på Lifjell (57 %: 43 %)	70	52	104	226

Det at studieområdet ser ut til å ha en overvekt av stegger kan skyldes ulike faktorer. Flere studier rundt om i verden har påvist høyere dødelighet hos hunnene (Sillett & Holmes 2002; Liker & Szekely 2005; Githiru & Lens 2006; Szekely m.fl. 2006), men også at hunnene er de individene som sprer seg lengst vekk fra oppvekstområdet (Greenwood 1980; Clarke m.fl. 1997; Athrey m.fl. 2012; Hørnell-Willebrand m.fl. 2014). Merkingforsøk med rypekyllinger underbygger teorien om at hunnene sprer seg til omkringliggende områder bort fra fødeområdet (Unander & Steen 1985; Hørnell-Willebrand m.fl. 2014). Jo flere hunner som sprer seg vekk fra den lokale populasjonen, desto færre lokale hunner blir rekruttert, og dette kan bidra til den skjeve kjønnsfordelingen. Hunnene som sprer seg til tomme områder vil trolig bli tapt fra den effektive populasjonen (Dale 2001). Det finnes ikke data på dødelighet og spredning for bestanden på Lifjell, men dette er to faktorer som kan ha bidratt til den skjeve kjønnsfordelingen som ble observert. En slik skjevhet kan øke de negative effektene av allée effekten og demografisk stokastitet (Wedekind 2012). Populasjoner med en skjev

kjønnsfordeling er ventet å miste mer av sin genetiske variasjon, og er også mer utsatt for negative effekter av innavl enn populasjoner med en 1:1 fordeling (Primack 2010). I populasjoner som er preget av en kjønnsfordeling forskjøvet mot hannene vil tilgangen på hunner være en direkte begrensning for populasjonsveksten (Wedekind 2012). Dersom dette er tilfelle i studieområdet kan tap av den genetiske variasjonen være med på begrense populasjonens evne til å takle endringer i miljøet.

4.5 Konklusjon

Basert på våre resultater fra punkttakseringen er dette en metode som kan benyttes ved estimering av fjellrypebestander. Selv om metoden er effektiv vil det å taksere større områder være tid- og ressurskrevende, og effekten av lydavspilling er en faktor som bør undersøkes grundigere for at metoden skal kunne gi sikrere estimater av den effektive oppdagbarheten. Det bør også undersøkes hvordan denne metoden er i forhold til punkttaksering med passiv lytting og hvem av de to som gir det beste estimatet av bestandsstørrelser. Svært få studier av fuglepopulasjoner tar hensyn til kjønnsfordelingen som en viktig faktor, men i fremtiden er dette en parameter som med fordel bør tas i betraktning ved estimering av små og isolerte bestander. Det kan også være interessant å innhente data på spredning og dødelighet for å ha en kontroll på faktorene som styrer kjønnsfordelingen, og for aktivt unngå overestimering. Bestanden av fjellrype på Lifjell er liten og isolert og dette er noe det må tas høyde for når man skal forvalte denne bestanden og andre tilsvarende bestander i fremtiden.

Litteratur

- Athrey, G., Lance, R. F. & Leberg, P. L. 2012. How far is too close? Restricted, sex-biased dispersal in black-capped vireos. *Molecular Ecology* 21: 4359-4370.
- Bessa-Gomes, C., Legendre, S. & Clobert, J. 2004. Allee effects, mating systems and the extinction risk in populations with two sexes. *Ecology Letters* 7: 802-812.
- Brainerd, S. M., Pedersen, H. C., Kålås, J. A., Rolandsen, C., Hoem, S. A., Storaas, T., & Kastdalen, L. 2005. Lokalforankret forvaltning og nasjonal overvåkning av småvilt. En kunnskapsoppsummering med anbefalinger for fremtidig satsing. NINA Rapport 38.
- Brommer, J. E. 2004. The range margins of northern birds shift polewards. *Annales Zoologici Fennici* 41: 391-397.
- Buckland, S. T., Anderson, D. R., Burnham, K. P., Laake, J. L., Borchers, D. L. & Thomas, L. 2001. Introduction to distance sampling. Estimating abundance of biological populations. Oxford University Press.
- Byrkjedal, I. & Kålås, J. A. 2012. Censuses of breeding birds in a South Norwegian arctic-alpine habitat three decades apart show population declines in the most common species. *Ornis Norvegica* 35: 43-47.
- Carvalho, A. B., Sampaio, M. C., Varandas, F. R. & Klaczko, L. B. 1998. An experimental demonstration of Fisher's principle: Evolution of sexual proportion by natural selection. *Genetics* 148: 719-731.
- Clarke, A. L., Sæther, B. E. & Roskaft, E. 1997. Sex biases in avian dispersal: a reappraisal. *Oikos* 79: 429-438.
- Dale, S. 2001. Female-biased dispersal, low female recruitment, unpaired males, and the extinction of small and isolated bird populations. *Oikos* 92: 344-356.
- Donald, P. F. 2007. Adult sex ratios in wild bird populations. *Ibis* 149: 671-692.
- Emlen, D. J. & Oring, L. W. 1977. Ecology, sexual selection, and the evolution of mating systems. *Science* 197: 215-223.
- Favaron, M., Scherini, G. C., Preatoni, D., Tosi, G. & Wauters, L. A. 2006. Spacing behaviour and habitat use of rock ptarmigan (*Lagopus mutus*) at low density in the Italian Alps. *Journal of Ornithology* 147: 618-628.
- Franceschi, S., Nelli, L., Pisani, C., Franzoi, A., Fattorini, L. & Meriggi, A. 2014. A monte carlo appraisal of plot and distance sampling for surveys of Black Grouse and Rock

- Ptarmigan populations in alpine protected areas. *The Journal of Wildlife Management* 78: 359-368.
- Fuglei, E. & Pedersen, Å. Ø. 2008. Bestandsovervåkning av Svalbardrype (*Lagopus muta hyperborea*). Registrering av territorielle stegg våren 2008. Sluttrapport til Svalbard Miljøvernfond.
- Githiru, M. & Lens, L. 2006. Annual survival and turnover rates of an Afrotropical Robin in a fragmented forest. *Biodiversity and Conservation* 15: 3315-3327.
- Greenwood, P. J. 1980. Mating systems, philopatry and dispersal in birds and mammals. *Animal Behaviour* 28: 1140-1162.
- Griffiths, R. 2000. Sex identification in birds. *Seminars in Avian and Exotic Pet Medicine* 9: 14-26.
- Holder, K. & Montgomerie, R. 1993. Rock ptarmigan (*Lagopus mutus*). *The birds of North America*, (Poole, A. & Gill, F. Editors). Philadelphia: The Academy of Natural Sciences; Washington, D.C. The American Ornithologists' Union.
- Hørnell, M. & Willebrand, T. 1998. Censusing spring population of Willow Grouse and Rock Ptarmigan. *Länsstyrelsen i Västerbottens län, Umeå*.
- Hørnell-Willebrand, M., Willebrand, T. & Smith, A. A. 2014. Seasonal movements and dispersal patterns: implications for recruitment and management of Willow Ptarmigan (*Lagopus lagopus*). *The Journal of Wildlife Management* 78: 194-201.
- Johnsgard, P. A. 1983. *The grouse of the world*. University of Nebraska Press, Lincoln.
- Krajick, K. 2004. All downhill from here? *Science* 303: 1600-1602.
- Lehikoinen, A., Green, M., Husby, M., Kålås, J. A. & Lindstrøm, Å. 2013. Common montane birds are declining in northern Europe. *Journal of Avian Biology* 44: 1-12.
- Liker, A. & Szekely, T. 2005. Mortality costs of sexual selection and parental care in natural populations of birds. *Evolution* 59: 890-897.
- Lundberg, A. & Alatalo, R. V. 1992. *The Pied Flycatcher*. T. & A.D. Poyser, London.
- Marty, E. & Mossoll-Torres, M. 2012. Point-count method for estimating rock ptarmigan spring density in the Pyrenean chain. *European Journal of Wildlife Research* 58: 357-363.
- Nielsen, O. K. 1999. Gyrfalcon predation on ptarmigan: numerical and functional responses. *Journal of Animal Ecology* 68: 1034-1050.
- Nilsen, E. B., Pedersen, S., Brøseth, H. & Pedersen, H. C. 2012. Fjellryper – En kunnskapsoversikt. NINA Rapport 869.

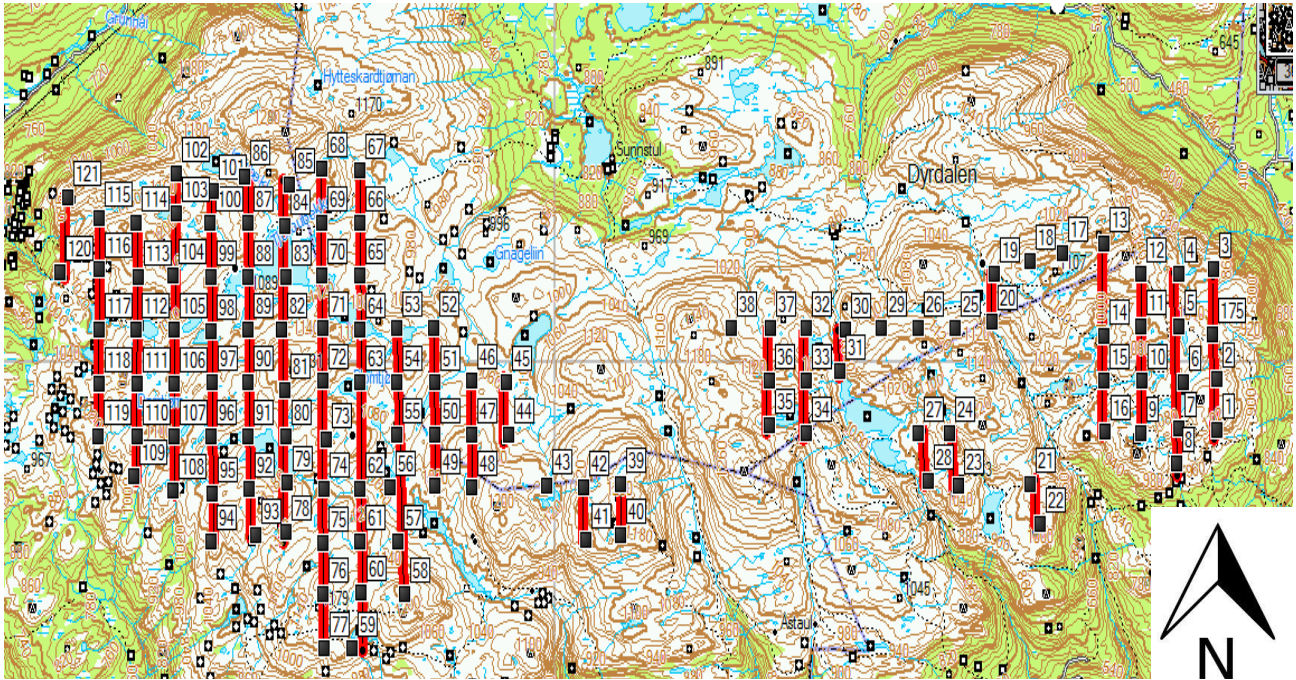
- Nopp-Mayr, U. & Zohmann, M. 2008. Spring densities and calling activities of Rock Ptarmigan (*Lagopus muta helvetica*) in the Austrian Alps. *Journal of Ornithology* 149: 135-139.
- Nystrøm, J., Dalén, L., Hellström, P., Ekenstedt, J., Angleby, H. & Angerbjørn, A. 2006. Effect of local prey availability on gyrfalcon diet: DNA analysis on ptarmigan remains at nest sites. *Journal of Zoology* 269: 57-64.
- Pedersen, H. C., Steen, J. B. & Andersen, R. 1983. Social organization and territorial behavior in a Willow Ptarmigan population. *Ornis Scandinavica* 14: 263-272.
- Pedersen, H. C. & Karlsen, D. H. 2007. *Alt om rypa, biologi-jakt-forvaltning*. Tun forlag, Oslo.
- Pedersen, Å. Ø., Bårdsen, B. J., Yoccoz, N. G., Lecomte, N. & Fuglei, E. 2012. Monitoring Svalbard rock ptarmigan: Distance sampling and occupancy modeling. *Journal of Wildlife Management* 76: 308-316.
- Perez, T., Vazquez, J. F., Quiros, F. & Dominguez, A. 2011. Improving non-invasive genotyping in capercaillie (*Tetrao urogallus*): redesigning sexing and microsatellite primers to increase efficiency on faeces samples. *Conservation Genetics Resources* 3: 483-487.
- Primack, R. B. 2010. *Essentials of conservation biology*, fifth edition. Sinauer associates, Inc. publishers Sunderland, Massachusetts USA.
- Sillett, T. S. & Holmes, R. T. 2002. Variation in survivorship of a migratory songbird throughout its annual cycle. *Journal of Animal Ecology* 71: 296-308.
- Statistisk sentralbyrå, 2014. Tilgjengelig fra: <https://www.ssb.no/jord-skog-jakt-og-fiskeri/statistikker/srjakt> [lest 10.02.14].
- Steen, J. B. 1989. *Ryper. Rypeliv og rypejakt*. Gyldendal Norsk Forlag, Oslo.
- Steifetten, Ø. & Dale, S. 2006. Viability of an endangered population of ortolan buntings: The effect of a skewed operational sex ratio. *Biological Conservation* 132: 88-97.
- Storch, I. 2007. Conservation status of grouse worldwide: an update. *Wildlife Biology* 13: 5-12.
- Szekely, T., Thomas, G. H. & Cuthill, I. C. 2006. Sexual conflict, ecology, and breeding systems in shorebirds. *Bioscience* 56: 801-808.
- Thomas, C. D. & Lennon, J. J. 1999. Birds extend their ranges northwards. *Nature* 399: 213.
- Tingley, M. W. & Beissinger, S. R. 2013. Cryptic loss of montane avian richness and high community turnover over 100 years. *Ecology* 94: 598-609.

- Unander, S. & Steen, J. B. 1985. Behaviour and social structure in Svalbard Rock Ptarmigan (*Lagopus mutus hyperboreus*). *Ornis Scandinavica* 16: 198-204.
- Vinuela, J. & Arroyo, B. 2002. Gamebird hunting and biodiversity conservation: synthesis, recommendations and future research priorities. REGHAB (Reconciling Gamebird Hunting and Biodiversity).
- Virkkala, R. & Rajasärkkä, A. 2011. Northward density shift of bird species in boreal protected areas due to climate change. *Boreal Environment Research* 16: 2-13.
- Walters, J. R., Ford, H. A. & Cooper, C. B. 1999. The ecological basis of sensitivity of brown treecreepers to habitat fragmentation: a preliminary assessment. *Biological Conservation* 90: 13-20.
- Watson, A. & Moss, R. 2004. Impacts of ski-development on ptarmigan (*Lagopus mutus*) at Cairngorm, Scotland. *Biological Conservation* 116: 267-275.
- Watson, A. & Moss, R. 2008. Grouse. The new naturalist library. HarperCollins Publishers, London.
- Wedekind, C. 2012. Managing population sex ratios in conservation practice: How and why? Dr. Tony Povilitis (Editor), *Topics in Conservation Biology*, 81-96.
- Weeden, R. B. 1963. Management of Ptarmigan in North America. *The Journal of Wildlife Management* 27: 672-683.
- Weeden, R.B. 1964. Spatial separation of sexes in rock and willow ptarmigan in winter. *The Auk* 81: 534-541.
- Wegge, B. 1990. Rypejakt. Aschehoug, Oslo.
- Zanette, L. 2001. Indicators of habitat quality and the reproductive output of a forest songbird in small and large fragments. *Journal of Avian Biology* 32: 38-46.
- Zohmann, M. & Wöss, M. 2008. Spring density and summer habitat use of alpine rock ptarmigan *Lagopus muta helvetica* in the southeastern Alps. *European Journal of Wildlife Research* 54: 379-383.

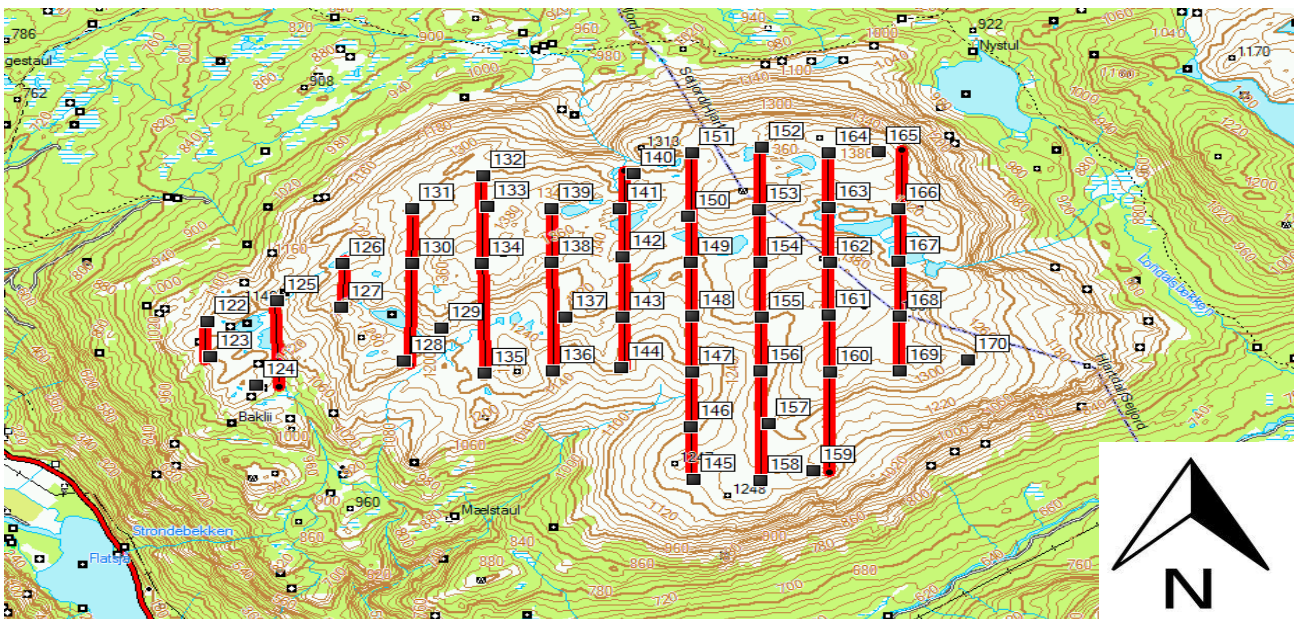
Vedlegg

Vedlegg 1

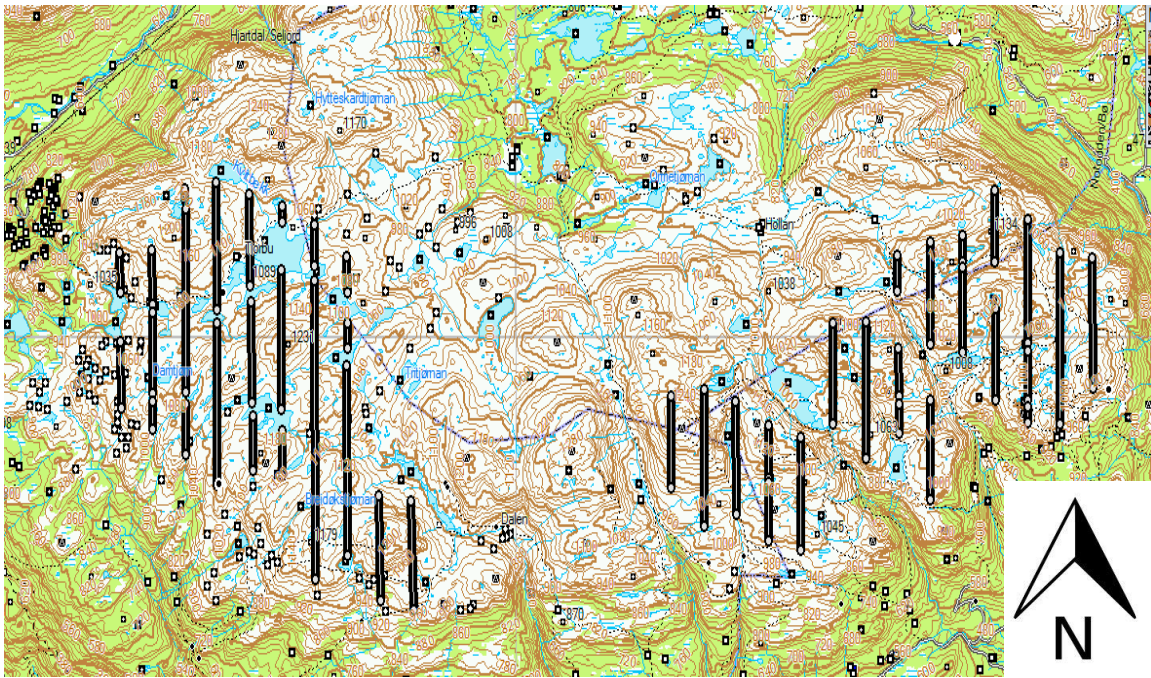
Kartutsnittene viser punktene benyttet under punktakseringen (Figur a og b) og linjene som ble gått under linjetakseringen (Figur c).



Figur a. Svarte bokser tilsvare lydpunkter benyttet under punktakseringen, mens røde streker tilsvare linjene gått mellom punktene. Kartutsnittet viser de takserte områdene fra Grimås i vest til Jønnbu i øst.



Figur b. Svarte bokser tilsvare lydpunkter benyttet under punktakseringen, mens røde streker tilsvare linjene gått mellom punktene. Kartutsnittet viser det takserte området på Mælefjell.



Figur c. Kartutsnittet viser linjene som ble gått under linjetakseringen på høsten. Området som ble taksert ligger mellom Grimås i vest og Jønnbu i øst.

Vedlegg 2

Bilder av gelen ved artsbestemmelse (Figur a) og kjønnsbestemmelse (Figur b).



Figur a. Bilde av gelen ved artsbestemmelse av åtte prøver. Lengst til venstre er stigen. Nummer 1, 2, 3, 4, 5 og 8 er liryper, mens 6 og 7 er fjellryper.



Figur b. Bilde av gelen ved kjønnsbestemmelse av åtte prøver. Stigen er nummer tre fra høyre. Nummer 1, 2, 3, 4, 6 og 8 er hunner, mens 5 og 7 er hanner.

Vedlegg 3

Definisjon av alleler for 14 mikrosatelitter basert på avlesning av signaler fra fargemerkede primere ved kapillær elektroforese (Tabell a, b og c). Individbestemmelse basert på alleler er vist i tabell d.

Tabell a. Definisjon av alleler basert på avlesning av signaler fra fargemerkede primere ved kapillær elektroforese. Tabellen inneholder signaler fra de ulike prøvene og alleldefinisjoner for mikrosatelittene Mut1, Mut2, Mut3, Mut4 og Mut6. B = blanke prøver.

Prøvenr.	Mut 1		Mut 2		Mut 3		Mut 4		Mut 6	
	Signal (bp)		Signal (bp)		Signal (bp)		Signal (bp)		Signal (bp)	
R586	96		119		108	116	115	119	128	
R587	96		119		104	108	119	123	120	
R613	B		115	119	108	112	115	119	120	
R614	96		115		101	108	115	119	120	128
R615	96				108		115	123	128	
R616	96		111	115	108	112	119		120	128
R617	96		115	119	109		115	119	128	
R618	96		111	115	108		119		120	128
R619	96				108	116	115	119	115	128
R620	96	104			100		114	118	120	125
R621	92		B		104	108	115	119	120	128
R622	B		119		108	116	115	119	115	128
R623	96		119		108	116	115	119	115	128
R624	96		119		108	116	115	119	115	128
R625	96	104	115	119	100	111	115	122	115	119
R626	92		115		104	108	115	119	120	128
R627	92	96	115	119	108	116	119		120	128
R628	92		119	123	108	116	119		119	128
R629	92	96			109	129	119	122	127	
R630	82	91	119		100	107	115	119	120	128
R631	96		111	115	116	129	119	123	119	127
R632	B		111	119	112		115	119	119	
R638	96		115	119	108		114	118	126	
R639	Error		115	119	108		115	119	B	
R640	B		115	119	101	112	119		119	123
R641	92		115	119	112	116	115		115	127
R642	92		119		100	107	114	118	B	
R643	87		115	119	108	112	115	119	318	322
R649	B		115		108	112	114	118	119	128
R650	B				108	112	119		119	128
R652	96				101	112	111	119	120	128
R653	B		111	115	108	112	115		120	
	96		115	123	105	116	111	114	115	128
	Signal (bp)	Allel	Signal (bp)	Allel	Signal (bp)	Allel	Signal (bp)	Allel	Signal (bp)	Allel
	82	A	111	A	100	A	111	A	115	A
	87	B	115	B	101	A	114	B	119	B
	91	C	119	C	104	B	115	B	120	B
	92	C	123	D	107	C	118	C	123	C
	96	D			108	C	119	C	125	D
	104	E			109	C	122	D	126	E
					111	D	123	D	127	E
					112	D			128	E
					116	E			318	F
					129	F			322	G

Tabell b. Definisjon av alleler basert på avlesning av signaler fra fargemerkede primere ved kapillær elektroforese. Tabellen inneholder signaler fra de ulike prøvene og alleldefinisjoner for mikrosatelittene ene Mut9, Mut12, Mut13, Mut16 og Mut18. B = blanke prøver.

Prøvenr.	Mut 9		Mut 12		Mut 13		Mut 16		Mut 18	
	Signal (bp)		Signal (bp)		Signal (bp)		Signal (bp)		Signal (bp)	
R586	141	146	B		127		167		B	
R587	B		131		B		163		B	
R613	137	141	B		B		159	163	B	
R614	141	145	128	141	B		B		B	
R615	124	133	B		144	153	163	167	B	
R616	141		127		157		B		B	
R617	124	128	B		126	161	163		B	
R618	133	141	126		B		159		B	
R619	128	137	B		B		163	167	171	179
R620	141	146	B		B		B		179	
R621	129	133	131	142	B		167	171	B	
R622	129	137	126	141	127	157	163	167	B	
R623	129	137	B		B		163	167	B	
R624	Tom PCRstrips		126	141	B		B		B	
R625	141	146	132		127		159	163	B	
R626	129	133	131	142	B		167	171	B	
R627	137	150	129	141	127	148	B		B	
R628	125	137	128	144	157		159		179	
R629	260		126		B		163	167	B	
R630	141	146	B		B		163	167	179	
R631	141	146	134	151	B		159		B	
R632	B		129		B		159	163	171	179
R638	137	146	B		B		159	167	B	
R639	135	139	B		B		159		B	
R640	B		B		126		159		B	
R641	B		B		B		163	171	B	
R642	141	146	B		148	153	163	167	179	
R643	137	146	120	126	B		159	167	B	
R649	125	137	B		144	157	163	167	B	
R650	B		B		B		163	167	B	
R652	B		B		B		159	163	B	
R653	B		129		B		163		B	
	137	141	B		B		163	167		
									179	
	Signal (bp)	Allel	Signal (bp)	Allel	Signal (bp)	Allel	Signal (bp)	Allel	Signal (bp)	Allel
	124	A	120	A	126	A	159	A	171	A
	125	A	126	B	127	A	163	B	179	B
	128	B	127	B	144	B	167	C		
	129	B	128	C	148	C	171	D		
	133	C	129	C	153	D				
	135	D	131	D	157	E				
	137	E	132	D	161	F				
	139	F	134	E						
	141	G	141	F						
	145	H	142	F						
	146	I	144	G						
	150	J	151	H						
	260	K								

Tabell c. Definisjon av alleler basert på avlesning av signaler fra fargemerkede primere ved kapillær elektroforese. Tabellen inneholder signaler fra de ulike prøvene og alleldefinisjoner for mikrosatelittene Mut21, Mut22, Mut23 og Mut24. B = blanke prøver.

Prøvenr.	Mut 21		Mut 22		Mut 23		Mut 24	
	Signal (bp)		Signal (bp)		Signal (bp)		Signal (bp)	
R586	B		190		182	193	B	
R587	178	194	190		B		B	
R613	194		B		B		B	
R614	186	194	B		185	189	196	
R615	B		B		B		196	
R616	203		B		B		196	
R617	B		B		B		B	
R618	187	212	B		B		B	
R619	183	187	190		B		196	
R620	178	198	B		B		B	
R621	186	203	B		B		B	
R622	182	186	191		189	193	B	
R623	182	186	190		B		196	
R624	182	186	B		B		196	
R625	187	199	190		185	193	196	
R626	186	202	B		B		196	
R627	194	202	B		B		196	200
R628	B		190		B		196	
R629	186		B		181		196	
R630	B		B		B		196	200
R631	186	190	190		B		196	
R632	150	197	190		181	185	B	
R638	B		B		B		B	
R639	183	191	B		B		B	
R640	187		B		B		195	
R641	B		190		B		196	
R642	B		191		181	193	196	200
R643	199		B		193		B	
R649	186		B		B		B	
R650	186		B		No sizing data		B	
R652	B		B		B		200	
R653	191	212	B		189	193	196	
	183		B		B		B	
	Signal (bp)	Allel	Signal (bp)	Allel	Signal (bp)	Allel	Signal (bp)	Allel
	150	A	190	A	181	A	195	A
	178	B	191	A	182	A	196	A
	182	C			185	B	200	B
	183	C			189	C		
	186	D			193	D		
	187	D						
	190	E						
	191	E						
	192	E						
	194	F						
	197	F						
	198	G						
	199	G						
	202	H						
	203	H						
	212	I						

Tabell d. Alleldefinisjoner for 14 mikrosatelitter (Mut1-Mut24) for 32 fjellrypeprøver (R586-R653). De to grå feltene (to hunner) har like alleler for åtte mikrosatelittermarkører og de fire orange feltene (fire hanner) har like alleler for fire mikrosatelittmarkører.

Prøvenr.	Mut 1	Mut 2	Mut 3	Mut 4	Mut 6	Mut 9	Mut 12	Mut 13	Mut 16	Mut 18	Mut 21	Mut 22	Mut 23	Mut 24
R586	D	C	C-E	B-C	E	G-I		A	C			A	A-D	
R587	D	C	B-C	C-D	B		D			B	B-F	A		
R 613		B-C	C-D	B-C	B	E-G			A-B		F			
R 614	D	B	A-C	B-C	B-E	G-H	C-F				D-F		B-C	A
R 615	D		C	B-D	E	A-C		B-D	B-C					A
R 616	D	A-B	C-D	C	B-E	G	B	E			H			A
R 617	D	B-C	C	B-C	E	A-B		A-F	B					
R 618	D	A-B	C	C	B-E	C-G	B			A		D-I		
R 619	D		C-E	B-C	A-E	B-E			B-C	A-B	C-D	A		A
R 620	D-E		A	B-C	B-D	G-I				B	B-G			
R 621	C		B-C	B-C	B-E	B-C	D-F			C-D	D-H			
R 622		C	C-E	B-C	A-E	B-E	B-F	A-E	B-C		C-D	A	C-D	
R 623	D	C	C-E	B-C	A-E	B-E			B-C		C-D	A		A
R 624	D	C	C-E	B-C	A-E		B-F				C-D			A
R 625	D-E	B-C	A-D	B-D	A-B	G-I	D	A	A-B		D-G	A	B-D	A
R 626	C	B	B-C	B-C	B-E	B-C	D-F			C-D	D-H			A
R 627	C-D	B-C	C-E	C	B-E	E-J	C-F	A-C			F-H			A-B
R 628	C	C-D	C-E	C	B-E	A-E	C-G	E	A	B		A		A
R 629	C-D		C-F	C-D	E	K	B		B-C		D		A	A
R 630	A-C	C	A-C	B-C	B-E	G-I			B-C	B				A-B
R 631	D	A-B	E-F	C-D	B-E	G-I	E-H		A		D-E	A		A
R 632		A-C	D	B-C	B		C		A-B	A-B	A-F	A	A-B	
R 638	D	B-C	C	B-C	E	E-I			A-C					
R 639		B-C	C	B-C		D-F			A		C-E			
R 640		B-C	A-D	C	B-C			A	A		D			A
R 641	C	B-C	D-E	B	A-E				B-D			A		A
R 642	C	C	A-C	B-C		G-I		C-D	B-C	B		A	A-D	A-B
R 643	B	B-C	C-D	B-C	F-G	E-I	A-B		A-C		G		D	
R 649		B	C-D	B-C	B-E	A-E		B-E	B-C		D			
R 650			C-D	C	B-E				B-C		D			
R 652	D		A-D	A-C	B-E				A-B					B
R 653		A-B	C-D	B	B		C		B		E-I		C-D	A