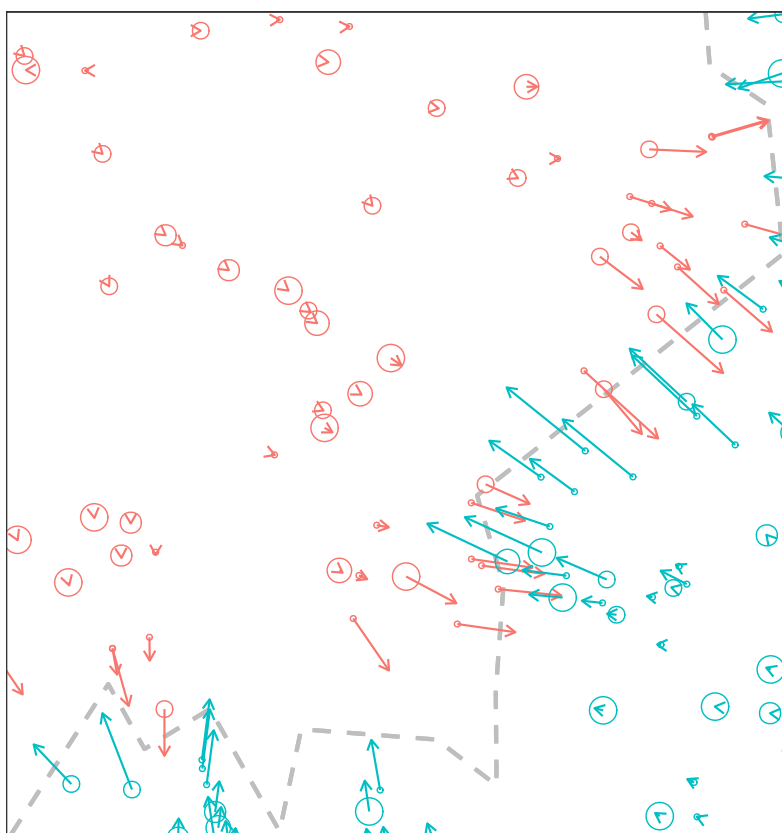


Regional tillhörighet vid rumslig insamling av spillningsprover



Martin Sköld
Enheten för Miljöforskning och övervakning
Naturhistoriska riksmuseet

Rapport 2023:9

Omslagsbild: Brunbjörnar.

Utgivare: Naturhistoriska riksmuseet, Stockholm

Utgivningsdatum: 2023-10-18

Version: 1.0

©Naturhistoriska riksmuseet, Stockholm

Naturhistoriska Riksmuseet

Box 50007

104 05 Stockholm

<https://www.nrm.se/>

Rapporten bör citeras som:

Sköld, M. 2023. Regional tillhörighet vid rumslig insamling av spillningsprover. Rapport från Naturhistoriska riksmuseet, enheten för Miljöforskning och övervakning, rapport 2023:9.

1 Inledning

Naturvårdsverket skall vart femte år göra en uppskattning av den nationella björnstammens storlek. Denna bestäms som en sammanställning av de senaste inventeringsresultaten i varje område och utförs inom det uppdrag Naturhistoriska riksmuseet har att administrera inventeringen. I anslutning till uppdraget 2022 (Sköld & Åsbrink, 2023) efterfrågade Naturvårdsverket en korrektion för dubbelräkning av individer. Denna rapport beskriver den metodik som tillämpades.

Inventeringen av Sveriges björnstam baseras på DNA-analys av spillningsprover insamlade av allmänheten. Insamlingen är uppdelad efter fyra områden som vart och ett inventeras vart femte år, med ett tomt år emellan (Bellemain m. fl., 2005; Kindberg m. fl., 2011; Solberg m. fl., 2006). Eftersom gränsen mellan inventeringsområdena på sina ställen skär genom björnrika marker kommer de även skära genom vissa individers hemområden. Det är därför möjligt att spillning från dessa individer påträffas i två geografiskt angränsande inventeringsområden och därför dubbelräknas, det vill säga bidrar till populationsskattningen i båda. På så sätt kan de komma att bidra till jaktkvoter i båda områdena och räknas dubbelt när populationsskattningarna summeras till en nationell björnstam. Problemet diskuteras bland annat i anslutning till inventering av den norska björnstammen i Bischof, Brøseth & Gimenez, 2016. I Norge är dock problemet mer framträdande då en betydligt större andel av den norska populationen rör sig i gränsområden än den svenska.

Då det saknades en etablerad metod för korrektion inom uppdraget beskrivs här en metod för att bestämma vilket område en individ tillhör. Metoden baseras på geografiska koordinater hos insamlade spillningsprover och lånar ideér från rumsliga fångst-återfångst-metoder (Efford, 2004), liknande de som användes i Bischof, Brøseth & Gimenez, 2016. Individers hemområden approximeras här med cirkulära områden och varje individ anses tillhöra det område där mittpunkten faller.

I samband med den nationella populationsuppskattningen användes metoden främst för att begränsa dataunderlaget vid bestämning av populationen i varje område vid senaste inventeringsår. Se vidare Sköld & Åsbrink, 2023.

2 Data

De fyra inventeringsområdena, hädanefter Område A-D är (Figur 1)

- Område A: Norrbottens län, senaste inventering 2021, (Åsbrink m. fl., 2022).
- Område B: Västerbottens län, senaste inventering 2019, (Åsbrink m. fl., 2020).
- Område C: Jämtlands och Västernorrlands län, senaste inventering 2020 (Åsbrink m. fl., 2021).
- Område D: Dalarnas, Gävleborgs och Värmlands län, senaste inventering 2022 (Åsbrink m. fl., 2023).

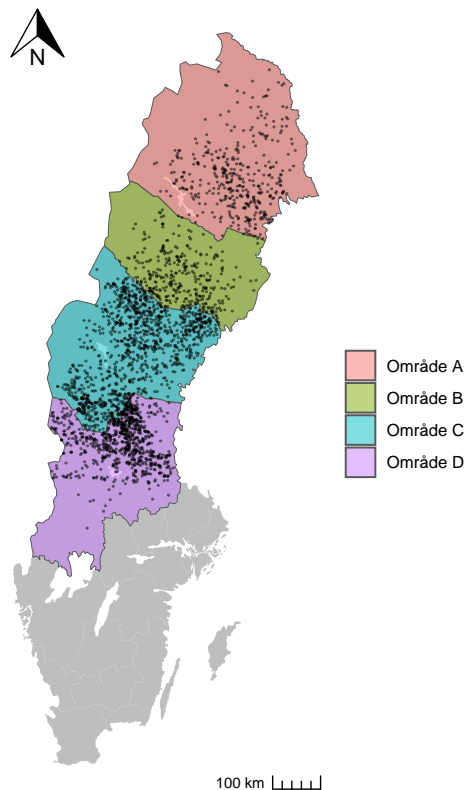
Närmare detaljer om insamling och DNA-analys återfinns i respektive rapport. Detta arbete bygger på koordinater hos individ och könsbestämda spillningsprover från den senaste inventeringen i respektive region. Data har hämtats från Rovbase 3.0 och består av totalt 9520 spillningsprover med koordinat från 2763 individer.

3 Metod

Här beskrivs närmare den statistiska modell som utgör grunden för metoden. Vi låter k beteckna antalet prover från en viss individ som samlats in under en inventering. Proverna har vidare koordinater som betecknas med $(x_1, y_1), \dots, (x_k, y_k)$, registrerade i ett plant koordinatsystem (här SWEREF 99 TM).

För att definiera ett hemområde med mittkoordinat $\mu = (\mu_x, \mu_y)$ antas att de observerade spillningsprovernas koordinater faller oberoende av varandra enligt en bivariat normalfördelning med medelvärde μ , begränsad till aktuellt inventeringsområde. Detta motsvarar väsentligen definitionen av hemområde i Efford, 2004 och Bischof, Brøseth & Gimenez, 2016, som dock utgår från detektioner med fasta fällor. Även om provernas koordinater alltid faller inom det inventerade området kan mittkoordinaten μ falla i ett angränsande område. Vi behöver därför en metod för att, baserat på givna koordinater, uppskatta μ för varje påträffad individ. Den uppskattade mittkoordinaten används sedan för att avgöra vilket område varje individ tillhör.

Utöver de insamlade koordinaternas medelvärden (\bar{x}, \bar{y}) är även antalet påträffade spillningar k av vikt. Vi tänker oss här att det även finns spillningar i det angränsade området som rent hypotetiskt hade påträffats om även detta inventeras. Om vi med n betecknar en individs totala antal spillningar kan då k förväntas följa en binomialfördelning med parametrar n försök och sannolikhet att lyckas $p(\mu)$. Sannolikheten $p(\mu)$ motsvarar sannolikheten att en spillning



Figur 1: Inventeringens indelning i områden. Punkter representerar medelkoordinater för individer påträffade vid respektive områdes senaste inventering.

hamnar i inventeringsområdet och kan skrivas

$$p(\mu) = \int_S \phi_{\mu,\sigma}(x, y) dx dy,$$

där S betecknar inventeringsområdet och $\phi_{\mu,\sigma}$ sannolikhetstätheten för den bivariata normalfördelningen med väntevärde $\mu = (\mu_x, \mu_y)$ och kovariansmatris $\sigma^2 I$ (där I betecknar enhetsmatrisen). Parametern σ utgör här ett mått på hemområdets storlek. Merparten av spillningar kan under denna modell förväntas falla inom en cirkel med diameter 4σ . Om vi vidare låter $P(n)$ beteckna sannolikhetsfunktionen för n svarar dessa antaganden mot en likelihood-funktion av formen

$$L(\mu; x, y) \propto \exp\left(-k \frac{(\bar{x} - \mu_x)^2 + (\bar{y} - \mu_y)^2}{2\sigma^2}\right) \sum_{n=k}^{\infty} \binom{n}{k} (1 - p(\mu))^{n-k} P(n).$$

En uppskattning av μ kan nu bestämmas för varje individ, som värdet vilket maximerar L . Utöver hemområdets mittpunkt, μ , innehåller likelihood-funktionen även okända parameterarna σ och $P(n)$. I de fall där en individs observerade medelkoordinater (\bar{x}, \bar{y}) inte befinner sig i närheten av en gräns (avstånd större än ca. 2σ meter) kommer uppskattningen väsentligen vara identisk med medelkoordinaterna.

Idealiskt skulle åtminstone hemområdets storlek σ uppskattas separat för varje individ. Eftersom flera individer kommer representeras av en ensam koordinat ($k = 1$) är detta dock inte genomförbart utan vidare antaganden om hur σ varierar mellan individer. Här skattas därför σ på populationsnivå under antagandet att storleken hos hemområden endast skiljer sig mellan kön. En naturlig skattning ges av den poolade variansen

$$\hat{\sigma}^2 = \frac{\sum_{i=1}^n (k_i - 1)(s_{x,i}^2 + s_{y,i}^2)}{2 \sum_{i=1}^n (k_i - 1)},$$

där $s_{x,i}^2$ och $s_{y,i}^2$ betecknar de empiriska varianserna för respektive individs x och y -koordinat. Denna visade sig dock påverkas mycket av enstaka individer med stor geografisk spridning i sina prover. Därför användes istället den något

mer robusta skattningen

$$\hat{\sigma} = \frac{\sum_{i=1}^n (k_i - 1)(s_{x,i} + s_{y,i})}{2 \sum_{i=1}^n (k_i - 1)}.$$

Fördelningen $P(n)$ skattades med den empiriska fördelningen för antalet observerade prover per individ. Detta motiveras av att endast en liten andel av individerna har hemområden i gränstrakter, så att $k = n$ för de flesta.

4 Resultat

Alla beräkningar är gjorda i R version 4.3.1 (R Core Team, 2023). Likelihood-funktionen har maximeras numeriskt med funktionen `optim`, där integralen $p(\mu)$ bestäms med triangulering av inventeringsområdet så som implementerat i `polyCub::polyCub.exact.Gauss` (Meyer, 2019). Data från olika spillningsinventeringar heteras separat vid bestämning av mittpunkter. Detta innebär att en individ som förekommer vid flera individer får en ny mittpunkt vid varje inventering.

Storleksparametrarna σ uppskattades till 4250m för honor och 6700m för hanar. Detta är jämförbart, men något lägre än motsvarande värden rapporterade i Bischof, Milleret m. fl., 2020 (6000m och 8900m). Generellt sett kommer ett större värde på σ leda till att fler individer placeras utanför inventeringsregionen. Den empiriska fördelningen som användes för att uppskatta $P(n)$ illustreras i figur 2A. Denna visar på en stor heterogenitet i fångstsannolikhet, där det vanligaste är ett spillningsprov per individ medan för enstaka individer upp till 30-40 spillningsprover hittats under samma inventering.

I tabell 1 ges en sammanställning av hur individer omplacerades från aktuellt inventeringsområde baserat på skattade mittpunktkoordinater. En illustration av hur hemområdenas mittpunkter uppskattas ges i 2B.

Tabell 1: Antal individer påträffade vid de senaste inventeringarna (rader) som placerats i respektive inventeringsområde (kolumner) baserat på hemområdets skattade mittpunkt.

Inventering	Region A	Region B	Region C	Region D	Norge	Total
Område A 2021	395	9	0	0	0	404
Område B 2019	1	327	17	0	0	345
Område C 2020	0	12	1119	31	0	1162
Område D 2022	0	0	26	817	9	852

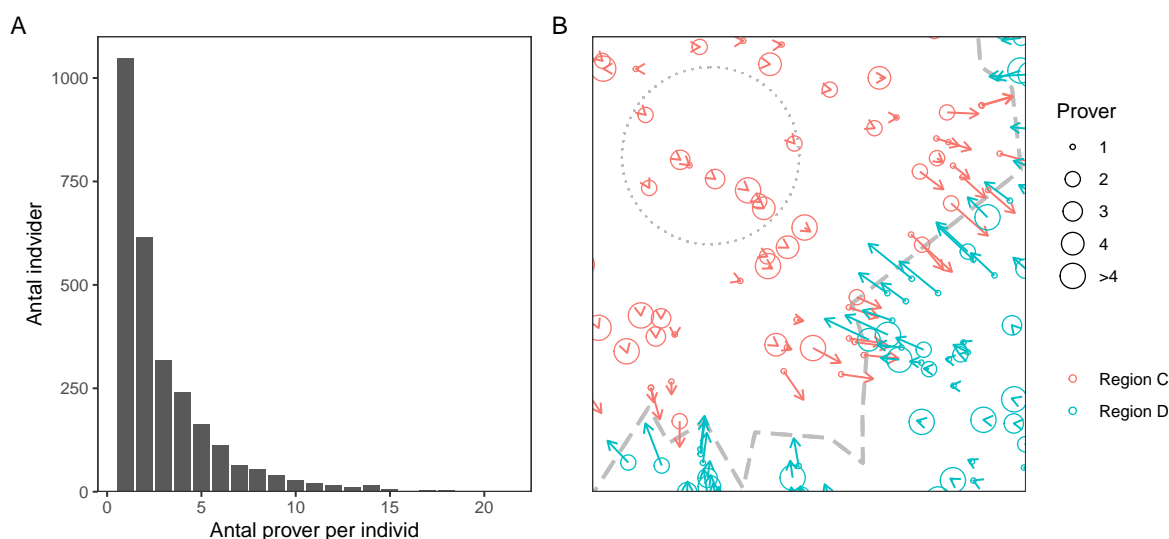
5 Slutsats och diskussion

I arbetet beskrivs en metod för att bestämma en individs administrativa områdestillhörighet då vi endast har tillgång till koordinater för spillningsprover från en region. Metoden bygger på approximation av individers hemområde med cirkulära regioner av samma storlek för alla individer av samma kön. Här bedöms storleksparametern σ vara av stor betydelse, särskilt då hemområden definierade efter spillningsprovers spridning i praktiken skiljer sig avsevärt i storlek mellan enskilda individer. Att konstruera en metod som baserat på en ensam koordinat vid gränsen med stor säkerhet bedömer vilken region individen tillhör är givetvis inte möjligt. Metoden skall därför ses som en grov tumregel som i bästa fall omplaceras rätt antal individer i medeltal.

Ett betydligt tillförlitligare sätt att hantera problemet med dubbelräkning vore att utöka insamlingen av spillning till att även omfatta en buffert om 10-20km in i de områden som gränsar till det aktuella inventeringsområdet.

Referenser

- Bellemain, EVA m. fl. (2005). "Estimating population size of elusive animals with DNA from hunter-collected feces: four methods for brown bears". *Conservation biology* 19.1, s. 150–161.
- Bischof, Richard, Henrik Brøseth & Olivier Gimenez (2016). "Wildlife in a politically divided world: Insularism inflates estimates of brown bear abundance". *Conservation Letters* 9.2, s. 122–130.
- Bischof, Richard, Cyril Milleret m. fl. (2020). "Estimating and forecasting spatial population dynamics of apex predators using transnational genetic monitoring". *Proceedings of the National Academy of Sciences* 117.48, s. 30531–30538.



Figur 2: A: Antal individer med givet antal påträffade prover. Ett fåtal individer hade fler än 20 prover och syns därför inte i figuren. B: Illustration av skattningen av hemområdes mittpunkter längs gränsen mellan Område C och D. Cirklar färglagda efter inventering är centrerade vid spillningsprovernas observerade medelkoordinater och pilar pekar på hemområdets uppskattade mittpunkt. Den streckade cirkeln illustrerar storleken (90%) av en honas hemområde.

Efford, Murray (2004). “Density estimation in live-trapping studies”. *Oikos* 106.3, s. 598–610.

Kindberg, Jonas m. fl. (2011). “Estimating population size and trends of the Swedish brown bear *Ursus arctos* population”. *Wildlife Biology* 17.2, s. 114–123.

Meyer, Sebastian (2019). “polyCub: An R package for Integration over Polygons”. *Journal of Open Source Software* 4.34, s. 1056. ISSN: 2475-9066. DOI: 10.21105/joss.01056.

R Core Team (2023). *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria. URL: <https://www.R-project.org/>.

Sköld, Martin & Jessica Åsbrink (2023). “Björnpopulationens storlek och utbredning i Sverige 2022”. *Naturhistoriska Riksmuseets småskriftserie* 2023:3.

Solberg, Knut Håkon m. fl. (2006). “An evaluation of field and non-invasive genetic methods to estimate brown bear (*Ursus arctos*) population size”. *Biological Conservation* 128.2, s. 158–168.

Åsbrink, Jessica m. fl. (2020). “Resultat från inventeringen av brunbjörn i Västerbottens län 2019”. *Naturhistoriska Riksmuseets småskriftserie* 2020:3.

– (2021). “Resultat från inventeringen av brunbjörn i Jämtlands och Västernorrlands län 2020”. *Naturhistoriska Riksmuseets småskriftserie* 2021:3.

– (2022). “Resultat från inventeringen av brunbjörn i Norrbottens län 2021”. *Naturhistoriska Riksmuseets småskriftserie* 2022:2.

– (2023). “Resultat från inventeringen av brunbjörn i Dalarnas, Gävleborgs och Värmlands län 2022”. *Naturhistoriska Riksmuseets småskriftserie* 2023:2.