

## Forollhogna villreinområde – bakgrunn for genetisk klassifisering

### 1. Genetisk variasjon

Det er analysert 18 DNA mikrosatellitter i 33 villrein fra Forollhogna villreinområde tatt under jakta 2018. Det ble registrert betydelig grad av genetisk variasjon med tilstedeværelse av til sammen 104 ulike alleler. Grad av genetisk variasjon uttrykt som estimert gjennomsnittlig antall effektive alleler ( $N_{ef}$ ) og forventet heterozygositet ( $u_{He}$ ) var på hhv. 3.159 og 0.674 (Tabell 1). Sammenlignet med bestander i andre nasjonale villreinområder ble grad av genetisk variasjon i Forollhogna funnet å være i det nedre sjiktet. Villreinbestanden i Forollhogna var signifikant genetisk forskjellige fra bestander i alle andre nasjonale områder med størst forskjell til bestandene i Rondane/Dovre regionen og mist til bestanden i Reinheimen/Breheimen.

Tabell 1. Grad av genetisk variasjon hos rein i Forollhogna villreinområder med bruk av 18 DNA mikrosatellitter. N angir antall individer analysert. Allele diversiteten er angitt som estimert gjennomsnittlig antall alleler per mikrosatellitt ( $N_a$ ), effektivt antall alleler ( $N_{ef}$ ), og observert og forventet heterozygositet ( $H_{obs}$  og  $u_{He}$ ). Standard feil for estimatene er gitt i parentes.

Reinstamme	N	$N_a$	$N_{ef}$	$H_{obs}$	$u_{He}$
Forollhogna	33	5.778 (0.424)	3.159 (0.196)	0.697 (0.009)	0.674 (0.019)

### 2. Effektiv bestandsstørrelse basert på koblingsulikevekt

Endring av den genetiske variasjonen over tid i en isolert bestand er primært knyttet til den effektive bestandsstørrelsen ( $N_e$ ) som er et mål for antall dyr som bidrar til reproduksjonen. Foruten den totale bestandsstørrelsen ( $N_{tot}$ ) er  $N_e$  påvirket av faktorer som kjønns sammensetning og skjevhet i reproduksjonssuksess. Der er derfor viktig å vite noe om både  $N_{tot}$ ,  $N_e$  og forholdet mellom disse ( $N_e/N_{tot}$ ).  $N_e$  kan beregnes på ett prøvemateriale på et gitt tidspunkt basert på grad av avvik fra fri rekombinasjon av alleler fra ulike mikrosatellitter (koblingsulikevekt). Det er her brukt programmet NeEstimator v2.1 for estimering av  $N_e$  basert på koblingsulikevekt under en modell med tilfeldig parring og hvor det korrigeres for tilfeldig variasjon. Programmet gir 95% konfidensintervall (CI) for estimert  $N_e$  basert på antall uavhengig sammenligninger. Alleler med svært lav frekvens, og særlig i kombinasjon med relativt lavt prøvemateriale, er kjent å øke usikkerheten i estimatene. Dette er det korrigeret for ved å sette kritiske verdi til 0.05 for allelfrekvens som brukes i beregningene. Som mulig feilkilde kan være mikrosatellitter avvikende fra Hardy-Weinberg likevekt (HWE). I Forollhogna viste test for HWE tendens til avvik i én mikrosatellitt. Estimering av  $N_e$  og  $N_e/N_{tot}$  ble gjort både med bruk av alle 18 mikrosatellittene og med bruk av 17 mikrosatellitter i HWE. Begge analysene ga en estimert effektiv bestandsstørrelse i Forollhogna på 278-279 dyr og et forhold mellom  $N_e$  og  $N_{tot}$  på 0.25 (Tabell 2).

Tabell 2. Estimert middelværdi for effektiv bestandsstørrelse ( $N_e$ ) og forholdet mellom  $N_e$  og total populasjonsstørrelse ( $N_{tot}$ ) av rein i Forollhogna villreinområde basert på koblingsulikevekt med bruk av 18 mikrosatellitter og med 17 mikrosatellitter i HWE. 95% konfidensintervall (CI) for estimatene er gitt i parentes.  $N_{ind}$  angir antall individer analysert og  $N_{tot}$  angir populasjonsstørrelsen for stammene i 2018.  $\infty$  = uendelig.

Reinstamme	$N_{tot}$	$N_{ind}$	18 mikrosatellitter		17 mikrosatellitter i HWE	
			$N_e$ (CI)	$N_e/N_{tot}$	$N_e$ (CI)	$N_e/N_{tot}$
Forollhogna	1100	33	278 (92 - $\infty$ )	0.25	279 (89 - $\infty$ )	0.25

### 3. Genetisk variasjon over tid i Forollhogna villreinområder.

#### 3.1. Endring av genetisk struktur

Genetisk variasjon i de nasjonale villreinområdene med bruk av mikrosatellitter er også gjort tidligere og oppsummert i Kvie et al. 2019. For Forollhogna villreinområde ble det i dette studie rapportert om genetisk variasjon i 12 mikrosatellitter på et materiale innsamlet i perioden 1999-2000. For å teste for mulig genetisk endring over tid er de originale genotypverdier fra dette studie sammenlignet med verdiene målt på materialet tatt i 2018. En slik sammenligning begrenser seg til bruk av kun ni mikrosatellitter som er analysert på begge materialene.

Som test for genetisk differensiering over tid ble det foretatt  $F_{ST}$ -test som gir  $F_{ST}$ -verdier som uttrykker en genetisk avstand mellom bestander basert på antall av forskjellige alleler.  $F_{ST}$ -verdiene kan variere fra 0 (ingen differensiering) og 1 (ingen slektskap mellom individene i gjeldene populasjoner). Forollhogna villreinområde viste ingen signifikant genetisk endring i perioden fra 1999/2000 til 2018 ( $F_{ST} = 0.003$ ,  $P = 0.243$  ( $\pm 0.065$ )).

#### 3.2. Endring av genetisk diversitet over tid

Grad av genetisk variasjon med beregnet prosentvis endring i Forollhogna villreinområde i 1999/2000 og 2018 med bruk av 9 mikrosatellitter viste en trend med økt grad av genetisk variasjon uttrykt som estimert både antall alleler og heterozygositet (Tabell 3). Ingen av estimatene viste noen statistisk signifikant økning.

Tabell 3. Grad av genetisk diversitet i Forollhogna villreinområde i 1999/2000 og 2018 med bruk av ni mikrosatellitter.  $N_{ind}$  angir antall individer analysert. Diversiteten er angitt som estimert gjennomsnittlig antall effektive alleler per mikrosatellitt ( $N_{ef}$ ) og som observert og estimert forventet heterozygositet ( $H_{obs}$  og  $u_{He}$ ). Standard feil for estimatene er gitt i parentes og 95% konfidensintervall for endringer er gitt i klamme.

År	$N_{ind}$	$N_{ef}$	$H_{obs}$	$u_{He}$
1998/2000	30	2.947 (0.322)	0.625 (0.049)	0.634 (0.045)
2018	33	3.305 (0.361)	0.674 (0.056)	0.671 (0.045)
Endring		0.358 [-0.59, +1.31]	0.049 [-0.098, + 0.196]	0.037 [- 0.09, + 0.163]
% endring		+12.1 [-20.2, +44.5]	+7.84 [-15.62, + 31.30]	+ 5.8 [- 14.1, + 25.8]

### 3.3. Effektiv populasjonsstørrelse basert på endring av genetisk variasjon over tid.

Endring av genetisk variasjon i en populasjon over kortere tidsperioder skyldes hovedsakelig enten genetisk drift eller innvandring av individer fra andre populasjoner. For isolerte bestander er den genetiske driften direkte korrelert til effektiv bestandsstørrelse ( $N_e$ ). Beregning av  $N_e$  i Forollhogna villreinområde er gjort ved å sammenligne datasettet innsamlet i 1999/2000 med datasettet innsamlet i 2018 med bruk av 9 mikrosatellitter. Tidsintervallene som det her måles over uttrykkes som generasjons-intervaller som er satt til 6 generasjoner. Analysene basert på endring over tid ga estimert  $N_e = 274$  (CI: 175- 396) (Tabell 4) som er i samme størrelsesorden, men med snevrere konfidensintervall, som for analysene basert på analyser av 18 mikrosatellitter og ett prøvemateriale ( $N_e = 278$ , CI: 92 -  $\infty$ ). Estimert  $N_e/N_{tot}$  ga derfor samme verdi (0.25) for begge analysemetodene.

Tabell 4. Beregnet effektiv populasjonsstørrelse ( $N_e$ ) og forholdet mellom  $N_e$  og total populasjonsstørrelse ( $N_e/N_{tot}$ ) i Forollhogna villreinområde basert på endring av genetisk variasjon over tid i ni mikrosatellitter. 95% konfidensintervall (CI) er gitt i parentes. Populasjonsstørrelsen ( $N_{tot}$ ) er for stammen i 2018. Tidsintervallet er uttrykt som antall generasjoner mellom to prøvetakingsperioder.

Reinstamme	$N_{tot}$	Tidsintervall	$N_e$ (CI)	$N_e/N_{tot}$
Forollhogna	1100	6	274 (175-396)	0.25

## Snøhetta villreinområde – bakgrunn for genetisk klassifisering

### 1. Genetisk variasjon

Det er analysert 18 DNA mikrosatellitter i 76 villrein fra Snøhetta villreinområde tatt under jakta 2019. Det ble registrert betydelig grad av genetisk variasjon med tilstedeværelse av til sammen 117 ulike alleler. Grad av genetisk variasjon uttrykt som estimert gjennomsnittlig antall effektive alleler ( $N_{ef}$ ) og forventet heterozygositet ( $uHe$ ) var på hhv. 3.824 og 0.725 (Tabell 1). Sammenlignet med bestander i andre nasjonale villreinområder ble grad av genetisk variasjon i Snøhetta funnet å være i mellomsjiktet. Villreinbestanden i Snøhetta var signifikant genetisk forskjellige fra bestander i alle andre nasjonale områder med størst forskjell til bestandene i Reinheimen/Breheimen og Forollhogna og mist til andre bestander i Dovre/Rondane regionen.

Tabell 1. Grad av genetisk variasjon hos rein i Snøhetta villreinområder med bruk av 18 DNA mikrosatellitter. N angir antall individer analysert. Allele diversitet er angitt som estimert gjennomsnittlig antall alleler per mikrosatellitt ( $N_a$ ), effektivt antall alleler ( $N_{ef}$ ), og observert og forventet heterozygositet ( $H_{obs}$  og  $uHe$ ). Standard feil for estimatene er gitt i parentes.

Reinstamme	N	$N_a$	$N_{ef}$	$H_{obs}$	$uHe$
Snøhetta	76	6.500 (0.538)	3.824 (0.217)	0.706 (0.029)	0.725 (0.020)

### 2. Grad av genetisk differensiering innen Snøhetta

I Snøhetta tyder GPS-data på at reinen som har utviklet et «rotasjons-trekk» rundt Snøhetta-massivet er blitt isolert fra de som befinner seg på vestsiden av Aursjø-reservoaret. Det er derfor testet for en mulig genetisk differensiering mellom en vestlig og østlig delbestand i Snøhetta. Det er analysert variasjon i 18 DNA mikrosatellitter i 37 og 39 dyr fra henholdsvis Snøhetta vest og Snøhetta øst. Som test for genetisk differensiering ble det foretatt  $F_{ST}$ -test som gir  $F_{ST}$ -verdier som uttrykker en genetisk avstand mellom bestander basert på antall av forskjellige alleler.  $F_{ST}$ -verdiene kan variere fra 0 (ingen differensiering) og 1 (ingen slektskap mellom individene i gjeldene populasjoner). Testen viste signifikant genetisk differensiering mellom en vestlig og østlig delbestand i Snøhetta ( $F_{ST} = 0.016$ ,  $P < 0.001$ ). Begge delstammene i Snøhetta hadde betydelig og lignende grad av genetisk variasjon (Tabell 2).

Tabell 2. Grad av genetisk variasjon hos delstammer av rein i Snøhetta villreinområder med bruk av 18 DNA mikrosatellitter. N angir antall individer analysert. Allele diversitet er angitt som estimert gjennomsnittlig antall alleler per mikrosatellitt ( $N_a$ ), effektivt antall alleler ( $N_{ef}$ ), og observert og forventet heterozygositet ( $H_{obs}$  og  $uHe$ ). Standard feil for estimatene er gitt i parentes.

Delstamme	N	$N_a$	$N_{ef}$	$H_{obs}$	$uHe$
Snøhetta vest	37	6.00 (0.435)	3.685 (0.178)	0.715 (0.028)	0.726 (0.017)
Snøhetta øst	39	6.00 (0.505)	3.763 (0.271)	0.697 (0.032)	0.713 (0.027)

### 3. Effektiv bestandsstørrelse basert på koblingsulikevekt

Endring av den genetiske variasjonen over tid i en isolert bestand er primært knyttet til den effektive bestandsstørrelsen ( $N_e$ ) som er et mål for antall dyr som bidrar til reproduksjonen. Foruten den totale bestandsstørrelsen ( $N_{tot}$ ) er  $N_e$  påvirket av faktorer som

kjønns sammensetning og skjevhet i reproduksjonssuksess. Der er derfor viktig å vite noe om både  $N_{tot}$ ,  $N_e$  og forholdet mellom disse ( $N_e/N_{tot}$ ).  $N_e$  kan beregnes på ett prøvemateriale på et gitt tidspunkt basert på grad av avvik fra fri rekombinasjon av alleler fra ulike mikrosatellitter (koblingsulikevekt). Det er her brukt programmet NeEstimator v2.1 for estimering av  $N_e$  basert på koblingsulikevekt under en modell med tilfeldig parring og hvor det korrigeres for tilfeldig variasjon. Programmet gir 95% konfidensintervall (CI) for estimert  $N_e$  basert på antall uavhengig sammenligninger. Alleler med svært lav frekvens, og særlig i kombinasjon med relativt lavt prøvemateriale, er kjent å øke usikkerheten i estimatene. Dette er det korrigert for ved å sette kritiske verdi til 0.01 for allelfrekvens som brukes i beregningene. Som mulig feilkilde kan være mikrosatellitter avvikende fra Hardy-Weinberg likevekt (HWE). For Snøhetta villreinområde viste test for HWE tendens til avvik i én mikrosatellitt og for dette område ble det estimert  $N_e$  og  $N_e/N_{tot}$  med bruk av alle 18 mikrosatellittene og med bruk av 17 mikrosatellitter i HWE. Analysene ga en estimert effektiv bestandsstørrelse i Snøhetta på 457 og 623 med bruk av hhv. 18 og 17 mikrosatellitter (Tabell 3). Estimert  $N_e/N_{tot}$  ga verdiene 0.17 og 0.23 (Tabell 3).

Tabell 3. Estimert middelverdi for effektiv bestandsstørrelse ( $N_e$ ) og forholdet mellom  $N_e$  og total populasjonsstørrelse ( $N_{tot}$ ) av rein i Snøhetta villreinområde basert på koblingsulikevekt med bruk av 18 mikrosatellitter og med 17 mikrosatellitter i HWE. 95% konfidensintervall (CI) for estimatene er gitt i parentes.  $N_{ind}$  angir antall individer analysert og  $N_{tot}$  angir populasjonsstørrelsen for stammene i 2019.  $\infty$  = uendelig.

Reinstamme	$N_{tot}$	$N_{ind}$	18 mikrosatellitter		17 mikrosatellitter i HWE	
			$N_e$ (CI)	$N_e/N_{tot}$	$N_e$ (CI)	$N_e/N_{tot}$
Snøhetta	3000	76	457 (243-2538)	0.15	623 (280 - $\infty$ )	0.21

#### 4. Genetisk variasjon over tid i Snøhetta villreinområder.

##### 4.1. Endring av genetisk struktur

Genetisk variasjon i de nasjonale villreinområdene med bruk av mikrosatellitter er også gjort tidligere og oppsummert i Kvie et al. 2019. For Snøhetta villreinområde ble det i dette studie rapportert om genetisk variasjon i 12 mikrosatellitter på et materiale innsamlet i perioden 1999-2000. For å teste for mulig genetisk endring over tid er de originale genotype-verdiene fra dette studiet sammenlignet med verdiene målt på materialet tatt i 2019. En slik sammenligning begrenser seg til bruk av kun ni mikrosatellitter som er analysert på begge materialene.

Som test for genetisk differensiering over tid ble det foretatt  $F_{ST}$ -test som gir  $F_{ST}$ -verdier som uttrykker en genetisk avstand mellom bestander basert på antall av forskjellige alleler.  $F_{ST}$ -verdiene kan variere fra 0 (ingen differensiering) og 1 (ingen slektskap mellom individene i gjeldene populasjoner). Snøhetta villreinområde viste en svak, men ikke-signifikant genetisk endring ( $F_{ST} = 0.007$ ,  $P = 0.072$  ( $\pm 0.023$ )) i perioden fra 1999/2000 til 2019.

#### 4.2. Endring av genetisk diversitet

Grad av genetisk variasjon med beregnet prosentvis endring i Snøhetta villreinområde i 1999/2000 og 2019 med bruk av 9 mikrosatellitter viste en trend med økt grad av genetisk variasjon uttrykt som estimert antall alleler, og redusert variasjon uttrykt som heterozygositet (Tabell 3). Ingen av estimatene viste noen statistisk signifikant endring.

Tabell 3. Grad av genetisk diversitet i Snøhetta villreinområde i 1999/2000 og 2019 med bruk av ni mikrosatellitter.  $N_{ind}$  angir antall individer analysert. Diversiteten er angitt som estimert gjennomsnittlig antall effektive alleler per mikrosatellitt ( $N_{ef}$ ) og som observert og forventet heterozygositet ( $H_{obs}$  og  $uHe$ ). Standard feil for estimatene er gitt i parentes og 95% konfidensintervall for endringer er gitt i klamme.

År	$N_{ind}$	$N_{ef}$	$H_{obs}$	$uHe$
1999-2000	25	3.250 (0.288)	0.629 (0.050)	0.678 (0.041)
2019	76	3.396 (0.398)	0.622 (0.047)	0.674 (0.040)
Endring		0.146 [- 0.882, 1.114]	0.007 [- 0.142, + 0.128]	0.004 [- 0.117, + 0.109]
% endring		+ 4.6 [- 25.4, + 34.4]	- 1.12 [- 22.6, + 20.4]	- 0.59 [- 17.2, + 16.1]

#### 4.3. Effektiv populasjonsstørrelse basert på endring av genetisk variasjon over tid.

Endring av genetisk variasjon i en populasjon over kortere tidsperioder skyldes hovedsakelig enten genetisk drift eller innvandring av individer fra andre populasjoner. For isolerte populasjoner er den genetiske driften direkte korrelert til effektiv bestandsstørrelse ( $N_e$ ). Beregning av  $N_e$  i Snøhetta villreinområde er gjort ved å sammenligne datasettet innsamlet i 1999/2000 med datasettet innsamlet i 2019 med bruk av 9 mikrosatellitter. Tidsintervallene som det her måles over uttrykkes som generasjonsintervaller som er satt til 6 generasjoner. Verdiene for estimert  $N_e$  basert på endring over tid (Tabell 4) viste noe lavere verdi (184) med betydelig mindre konfidensintervall (118-266) enn for analysene basert på analyser av 18 mikrosatellitter og ett prøvemateriale (278, CI: 92 -  $\infty$ ). Estimert  $N_e/N_{tot}$  basert på endring over tid med bruk av 9 mikrosatellitter ga en mindre verdi (0.07) enn for analysene basert på analyser av 18 mikrosatellitter og ett prøvemateriale (0.17).

Tabell 4. Beregnet effektiv populasjonsstørrelse ( $N_e$ ) og forholdet mellom  $N_e$  og total populasjonsstørrelse ( $N_e/N_{tot}$ ) i Snøhetta villreinområde basert på endring av genetisk variasjon over tid i ni mikrosatellitter. 95% konfidensintervall (CI) for estimatene er gitt i parentes. Populasjonsstørrelsen ( $N_{tot}$ ) er for stammen i 2019. Tidsintervallet er uttrykt som antall generasjoner mellom to prøvetakingsperioder.

Reinstamme	$N_{tot}$	Tidsintervall	$N_e$ (CI)	$N_e/N_{tot}$ (CI)
Snøhetta	3000	6	184 (118-266)	0.06

## Rondane villreinområde – bakgrunn for genetisk klassifisering

### 1. Genetisk variasjon

Det er analysert 18 DNA mikrosatellitter i 137 villrein fra Rondane villreinområde tatt under jakta 2019. Det ble registrert betydelig grad av genetisk variasjon med tilstedeværelse av til sammen 126 ulike alleler. Grad av genetisk variasjon uttrykt som estimert gjennomsnittlig antall effektive alleler ( $N_{ef}$ ) og heterozygositet ( $uHe$ ) var på hhv. 3.964 og 0.729 (Tabell 1). Sammenlignet med bestander i andre nasjonale villreinområder ble grad av genetisk variasjon i Rondane funnet å være i mellomsjiktet. Villreinbestanden i Rondane var signifikant genetisk forskjellige fra bestander i alle andre nasjonale områder med størst forskjell til bestandene i Reinheimen/Breheimen og Forollhogna og mist til andre bestander i Dovre/Rondane.

Tabell 1. Grad av genetisk variasjon hos rein i Rondane villreinområder med bruk av 18 DNA mikrosatellitter. N angir antall individer analysert. Allele diversitet er angitt som estimert gjennomsnittlig antall alleler per mikrosatellitt ( $N_a$ ), effektivt antall alleler ( $N_{ef}$ ), og observert og forventet heterozygositet ( $H_{obs}$  og  $uHe$ ). Standard feil for estimatene er gitt i parentes.

Reinstamme	N	$N_a$	$N_{ef}$	$H_{obs}$	$uHe$
Rondane	122	6.944 (0.521)	3.943 (0.270)	0.694 (0.019)	0.728 (0.020)

### 2. Grad av genetisk differensiering innen Rondane

Villreinstammen i Rondane forvaltes i dag som ulike delstammer. I det nordlige område, som er avgrenset mot sør av Fylkesvei 27 fra Ringebu til Folldal, separeres reinen i en nordlig delbestand (Rondane Nord, nord for Ula) og en sørlig bestand, Vulufjell (sør for Ula) adskilt av bl.a. turistaktiviteter i forbindelse med Rondvassbu. I det sørlige område forvaltes det en delbestand i Finnsjøfjellet (nord for veien til Sollia) adskilt fra delbestanden Rondane Sør. For å teste for genetisk fragmentering av disse delstammene ble det foruten 113 prøver tatt i 2019, inkludert 15 prøver fra Rondane Nord, Vulufjell tatt i perioden 2013-2015. Det er analysert variasjon i 18 DNA mikrosatellitter i 59 dyr fra Rondane Nord, nord for Ula, 29 dyr fra Rondane Nord, Vulufjell (sør for Ula), 9 dyr fra Finnsjøfjellet og 40 dyr fra Rondane Sør. Grad av genetisk variasjon uttrykt som forventet heterozygositet ( $uHe$ ) var betydelig lavere i Finnsjøfjellet enn i andre delstammer i Rondane (Tabell 2).

Tabell 2. Grad av genetisk variasjon hos delstammer av rein i Rondane villreinområder med bruk av 18 DNA mikrosatellitter. N angir antall individer analysert. Allele diversitet er angitt som estimert gjennomsnittlig antall alleler per mikrosatellitt ( $N_a$ ), effektivt antall alleler ( $N_{ef}$ ), og observert og forventet heterozygositet ( $H_{obs}$  og  $uHe$ ). Standard feil for estimatene er gitt i parentes.

Delstamme	N	$N_a$	$N_{ef}$	$H_{obs}$	$uHe$
Rondane Nord, nord for Ula	59	6.778 (0.475)	3.924 (0.246)	0.690 (0.024)	0.732 (0.019)
Rondane Nord, Vulufjell (sør for Ula)	29	5.994 (0.508)	3.837 (0.241)	0.696 (0.021)	0.733 (0.019)
Finnsjøfjellet	9	3.994 (0.318)	2.767 (0.265)	0.647 (0.050)	0.620 (0.039)
Rondane Sør	40	5.889 (0.411)	3.582 (0.232)	0.702 (0.021)	0.707 (0.022)

Som test for genetisk differensiering av delstammene i Rondane ble det foretatt  $F_{ST}$ -test som gir  $F_{ST}$ -verdier som uttrykker en genetisk avstand mellom bestander basert på antall av forskjellige alleler.  $F_{ST}$ -verdiene kan variere fra 0 (ingen differensiering) og 1 (ingen slektskap mellom individene i gjeldene populasjoner). Testen viste signifikant genetisk differensiering mellom alle delstammene med unntak av mellom Rondane Nord, Vulufjell, og Rondane Sør (Tabell 3)

Tabell 2. Genetisk differensiering ( $F_{ST}$ -verdier) mellom delstammer av villrein i Rondane villreinområde med bruk av 18 mikrosatellitter. Signifikansnivå for  $F_{ST}$ -verdier forskjellig fra null er angitt som ns =  $P > 0.05$  og \*\*\* =  $P < 0.001$

Delstamme	Rondane Nord, nord for Ula	Rondane Nord, Vulufjell	Rondane Sør
Rondane Nord, nord for Ula			
Rondane Nord, Vulufjell (sør for Ula)	0.013***		
Rondane Sør	0.014***	0.003 <sup>ns</sup>	
Finnsjøfjellet	0.086***	0.052***	0.056***

### 3. Effektiv bestandsstørrelse basert på koblingsulikevekt

Endring av den genetiske variasjonen i en isolert bestand er primært knyttet til den effektive bestandsstørrelsen ( $N_e$ ) som er et mål for antall dyr som bidrar til reproduksjonen. Foruten den totale bestandsstørrelsen ( $N_{tot}$ ) er  $N_e$  påvirket av faktorer som kjønnssammensetning og skjevhet i reproduksjonssuksess. Der er derfor viktig å vite noe om både  $N_{tot}$ ,  $N_e$  og forholdet mellom disse ( $N_e/N_{tot}$ ).  $N_e$  i en bestand kan beregnes genetisk på ett prøvemateriale på et gitt tidspunkt basert på grad av avvik fra fri rekombinasjon av alleler fra ulike mikrosatellitter (koblingsulikevekt). Det er her brukt programmet NeEstimator v2.1 for estimering av  $N_e$  basert på koblingsulikevekt under en modell med tilfeldig parring og hvor det korrigeres for tilfeldig variasjon. Programmet gir 95% konfidensintervall (CI) for estimert  $N_e$  basert på antall uavhengig sammenligninger. Alleler med svært lav frekvens, og særlig i kombinasjon med relativt lavt prøvemateriale, er kjent å øke usikkerheten i estimatene. Dette er det korrigert for ved å sette kritiske verdi til 0.01 for allelfrekvens som brukes i beregningene. Som mulig feilkilde kan være mikrosatellitter avvikende fra Hardy-Weinberg likevekt (HWE). For Rondane villreinområde viste test for HWE i 122 dyr tendens til avvik i to mikrosatellitter og for dette område ble det estimert  $N_e$  og  $N_e/N_{tot}$  med bruk av alle 18 mikrosatellittene og med bruk av 16 mikrosatellitter i HWE. Analysene ga en estimert effektiv bestandsstørrelse i Rondane på 254 og 289 med bruk av hhv. 18 og 16 mikrosatellitter (Tabell 3). Estimert  $N_e/N_{tot}$  var 0.07 i begge analysene (Tabell 3).

Tabell 3. Estimert middelvei for effektiv bestandsstørrelse ( $N_e$ ) og forholdet mellom  $N_e$  og total populasjonsstørrelse ( $N_{tot}$ ) av rein i Rondane villreinområde basert på koblingsulikevekt med bruk av 18 mikrosatellitter og med 16 mikrosatellitter i HWE. 95% konfidensintervall (CI) for estimatene er gitt i parentes.  $N_{ind}$  angir antall individer analysert og  $N_{tot}$  angir populasjonsstørrelsen for stammene i 2019.

Reinstamme	18 mikrosatellitter				16 mikrosatellitter i HWE	
	$N_{tot}$	$N_{ind}$	$N_e$ (CI)	$N_e/N_{tot}$	$N_e$ (CI)	$N_e/N_{tot}$
Rondane	3900	122	254 (194-358)	0.07	288 (210 – 439)	0.07



#### 4. Genetisk variasjon over tid i Rondane villreinområder.

##### 4.1. Endring av genetisk struktur

Genetisk variasjon i de nasjonale villreinområdene med bruk av mikrosatellitter er også gjort tidligere og oppsummert i Kvie et al. 2019. For Rondane villreinområde ble det her rapportert om genetisk variasjon i 12 mikrosatellitter på et materiale innsamlet i perioden 1999-2000. For å teste for mulig genetisk endring over tid er de originale genotype-verdiene fra dette studiet sammenlignet med verdiene målt på materialet tatt i 2019. En slik sammenligning begrenser seg til bruk av kun ni mikrosatellitter som er analysert på begge materialene. Som test for genetisk differensiering over tid ble det foretatt  $F_{ST}$ -test som gir  $F_{ST}$ -verdier som uttrykker en genetisk avstand mellom bestander basert på antall av forskjellige alleler.  $F_{ST}$ -verdiene kan variere fra 0 (ingen differensiering) og 1 (ingen slektskap mellom individene i gjeldene populasjoner). Sammenligningen for Rondane villreinområde viste ingen signifikant genetisk endring i perioden fra 1999/2000 til 2019 ( $F_{ST} = 0.003$ ,  $P = 0.126 \pm 0.028$ ).

##### 4.2. Endring av genetisk diversitet

Grad av genetisk variasjon med beregnet prosentvis endring i Rondane villreinområde i 1999/2000 og 2019 med bruk av 9 mikrosatellitter viste en svak trend med økt grad av genetisk variasjon (Tabell 3). Ingen av estimatene viste noen statistisk signifikant endring.

Tabell 3. Grad av genetisk diversitet i Rondane villreinområde i 1999/2000 og 2019 med bruk av ni mikrosatellitter.  $N_{ind}$  angir antall individer analysert. Diversiteten er angitt som estimert gjennomsnittlig antall effektive alleler per mikrosatellitt ( $N_{ef}$ ) og som observert og forventet heterozygositet ( $H_{obs}$  og  $u_{He}$ ). Standard feil for estimatene er gitt i parentes og 95% konfidensintervall for endringer er gitt i klamme.

Periode	$N_{ind}$	$N_{ef}$	$H_{obs}$	$u_{He}$
1999-2000	58	3.380 (0.356)	0.663 (0.041)	0.683 (0.034)
2019	122	3.707 (0.360)	0.669 (0.035)	0.709 (0.033)
Endring		0.327 [- 0.671, + 1.325]	0.006 [- 0.100, + 0.112]	0.026 [- 0.067, + 0.119]
% endring		+ 9.675 [- 19.87, + 16.93]	+ 0.90 [- 15.12, + 16.93]	+ 3.81 [- 9.87, + 17.48]

##### 4.3. Effektiv populasjonsstørrelse basert på endring av genetisk variasjon over tid.

Endring av genetisk variasjon i en populasjon over kortere tidsperioder skyldes hovedsakelig enten genetisk drift eller innvandring av individer fra andre populasjoner. For isolerte populasjoner er den genetiske driften direkte korrelert til effektiv bestandsstørrelse ( $N_e$ ). Beregning av  $N_e$  i Rondane villreinområde er gjort ved å sammenligne datasettet innsamlet i 1999/2000 med datasettet innsamlet i 2019 med bruk av 9 mikrosatellitter. Tidsintervallene som det her måles over uttrykkes som generasjons-intervaller som er satt til 6 generasjoner. Verdiene for estimert  $N_e$  basert på endring over tid (Tabell 5) viste noe lavere verdi (138, CI: 90-197) enn for analysene basert på analyser av 18 mikrosatellitter og ett prøvemateriale (288, CI: 211-439). Tilsvarende var estimert  $N_e/N_{tot}$  basert på endring over tid med bruk av 9 mikrosatellitter noe lavere (0.05) enn for analysene basert på analyser av 18 mikrosatellitter og ett prøvemateriale (0.07).

Tabell 5. Beregnet effektiv populasjonsstørrelse ( $N_e$ ) og forholdet mellom  $N_e$  og total populasjonsstørrelse ( $N_e/N_{tot}$ ) i Rondane villreinområde basert på endring av genetisk variasjon over tid i ni mikrosatellitter. 95% konfidensintervall (CI) for estimatene er gitt i parentes. Populasjonsstørrelsen ( $N_{tot}$ ) er for stammen i 2018. Tidsintervallet er uttrykt som antall generasjoner mellom to prøvetakingsperioder.

<b>Reinstamme</b>	<b><math>N_{tot}</math></b>	<b>Tidsintervall</b>	<b><math>N_e</math> (CI)</b>	<b><math>N_e/N_{tot}</math> (CI)</b>
Rondane	3900	6	138 (90-197)	0.04

## Sølnkletten villreinområde – bakgrunn for genetisk klassifisering

### 1. Genetisk variasjon

Det er analysert 18 DNA mikrosatellitter i 38 villrein fra Sølnkletten villreinområde tatt under jakta 2019. Prøver fra Finnsjøfjellet er ikke inkludert blant disse. Det ble registrert betydelig grad av genetisk variasjon med tilstedeværelse av til sammen 106 ulike alleler. Grad av genetisk variasjon uttrykt som estimert gjennomsnittlig antall effektive alleler ( $N_{ef}$ ) og forventet heterozygositet ( $uHe$ ) var på hhv. 3.499 og 0.679 (Tabell 1). Sammenlignet med bestander i andre nasjonale villreinområder ble grad av genetisk variasjon i Sølnkletten funnet å være i mellomsjiktet. Villreinbestanden i Sølnkletten var genetisk signifikant forskjellige fra bestander i alle andre nasjonale områder med størst forskjell til bestandene i Reinheimen/Breheimen og Forollhogna og mist til andre bestander i Dovre/Rondane regionen.

Tabell 1. Grad av genetisk variasjon hos rein i Sølnkletten villreinområder med bruk av 18 DNA mikrosatellitter. N angir antall individer analysert. Allele diversitet er angitt som estimert gjennomsnittlig antall alleler per mikrosatellitt ( $N_a$ ), effektivt antall alleler ( $N_{ef}$ ), og observert og forventet heterozygositet ( $H_{obs}$  og  $uHe$ ). Standard feil for estimatene er gitt i parentes.

Reinstamme	N	$N_a$	$N_{ef}$	$H_{obs}$	$uHe$
Sølnkletten	38	5.889 (0.361)	3.499 (0.341)	0.663 (0.038)	0.679 (0.030)

### 2. Effektiv bestandsstørrelse basert på koblingsulikevekt

Endring av den genetiske variasjonen over tid i en isolert bestand er primært knyttet til den effektive bestandsstørrelsen ( $N_e$ ) som er et mål for antall dyr som bidrar til reproduksjonen. Foruten den totale bestandsstørrelsen ( $N_{tot}$ ) er  $N_e$  påvirket av faktorer som kjønnssammensetning og skjevhet i reproduksjonssuksess. Der er derfor viktig å vite noe om både  $N_{tot}$ ,  $N_e$  og forholdet mellom disse ( $N_e/N_{tot}$ ).  $N_e$  kan beregnes på ett prøvemateriale på et gitt tidspunkt basert på grad av avvik fra fri rekombinasjon av alleler fra ulike mikrosatellitter (koblingsulikevekt). Det er her brukt programmet NeEstimator v2.1 for estimering av  $N_e$  basert på koblingsulikevekt under en modell med tilfeldig parring og hvor det korrigeres for tilfeldig variasjon. Programmet gir 95% konfidensintervall (CI) for estimert  $N_e$  basert på antall uavhengig sammenligninger. Alleler med svært lav frekvens, og særlig i kombinasjon med relativt lavt prøvemateriale, er kjent å øke usikkerheten i estimatene. Dette er det korrigert for ved å sette kritiske verdi til 0.01 for allelfrekvens som brukes i beregningene. Som mulig feilkilde kan være mikrosatellitter avvikende fra Hardy-Weinberg likevekt (HWE). For Sølnkletten villreinområde viste test for HWE tendens til avvik i én mikrosatellitt og for dette område ble det estimert  $N_e$  og  $N_e/N_{tot}$  med bruk av alle 18 mikrosatellittene og med bruk av 17 mikrosatellitter i HWE. Analysene ga en estimert effektiv bestandsstørrelse i Sølnkletten på 172 og 143 med bruk av hhv. 18 og 17 mikrosatellitter (Tabell 2). Estimert  $N_e/N_{tot}$  ga verdiene 0.23 og 0.19 (Tabell 2).

Tabell 2. Estimert middelværdi for effektiv bestandsstørrelse ( $N_e$ ) og forholdet mellom  $N_e$  og total populasjonsstørrelse ( $N_{tot}$ ) av rein i Sølnekletten villreinområde basert på koblingsulikevekt med bruk av 18 mikrosatellitter og med 17 mikrosatellitter i HWE. 95% konfidensintervall (CI) for estimatene er gitt i parentes.  $N_{ind}$  angir antall individer analysert og  $N_{tot}$  angir minimumstilling for stammene i 2019.

Reinstamme	18 mikrosatellitter				17 mikrosatellitter i HWE	
	$N_{tot}$	$N_{ind}$	$N_e$ (CI)	$N_e/N_{tot}$	$N_e$ (CI)	$N_e/N_{tot}$
Sølnekletten	763	38	172 (97-602)	0.23	143 (83 - 406)	0.19

### 3. Genetisk variasjon over tid i Sølnekletten villreinområder

#### 3.1. Endring av genetisk struktur

Genetisk variasjon i de nasjonale villreinområdene med bruk av mikrosatellitter er også gjort tidligere og oppsummert i Kvie et al. 2019. For Sølnekletten villreinområde ble det i dette studie rapportert om genetisk variasjon i 12 mikrosatellitter på et materiale bestående av 27 dyr innsamlet i 2005. For å teste for mulig genetisk endring over tid er de originale genotypverdier fra dette studiet sammenlignet med verdiene målt på materialet tatt i 2019. En slik sammenligning begrenser seg til bruk av kun ni mikrosatellitter som er analysert på begge materialene.

Som test for genetisk differensiering over tid ble det foretatt  $F_{ST}$ -test som gir  $F_{ST}$ -verdier som uttrykker en genetisk avstand mellom bestander basert på antall av forskjellige alleler.  $F_{ST}$ -verdiene kan variere fra 0 (ingen differensiering) og 1 (ingen slektskap mellom individene i gjeldene populasjoner). Sølnekletten villreinområde viste ingen signifikant genetisk endring ( $F_{ST} = 0.005$ ,  $P = 0.207 \pm 0.049$ ) i perioden fra 2005 til 2019.

#### 3.2. Endring av genetisk diversitet

Grad av genetisk variasjon med beregnet prosentvis endring i Sølnekletten villreinområde i 2005 og 2019 med bruk av 9 mikrosatellitter viste en trend med økt grad av genetisk variasjon (Tabell 3). Ingen av estimatene viste noen statistisk signifikant endring.

Tabell 3. Grad av genetisk diversitet i Sølnekletten villreinområde i 2005 og 2019 med bruk av ni mikrosatellitter.  $N_{ind}$  angir antall individer analysert. Diversiteten er angitt som estimert gjennomsnittlig antall effektive alleler per mikrosatellitt ( $N_{ef}$ ) og som observert og forventet heterozygositet ( $H_{obs}$  og  $uHe$ ). Standard feil for estimatene er gitt i parentes og 95% konfidensintervall for endringer er gitt i klamme.

År	$N_{ind}$	$N_{ef}$	$H_{obs}$	$uHe$
2005	27	3.234 (0.368)	0.584 (0.049)	0.673 (0.035)
2019	38	3.486 (0.399)	0.697 (0.052)	0.685 (0.043)
Endring		0.252 [- 0.810, 1.314]	0.113 [- 0.027, + 0.253]	0.012 [- 0.096, + 0.120]
% endring		+ 7.8 [- 25.1, + 40.6]	+ 19.3 [- 4.6 + 43.3]	+ 1.8 [- 14.3, + 17.9]

#### 3.3. Effektiv populasjonsstørrelse basert på endring av genetisk variasjon over tid.

Endring av genetisk variasjon i en populasjon over kortere tidsperioder skyldes hovedsakelig enten genetisk drift eller innvandring av individer fra andre populasjoner. For isolerte populasjoner er den genetiske driften direkte korrelert til effektiv bestandsstørrelse ( $N_e$ ).

Beregning av  $N_e$  i Sølnekletten villreinområde er gjort ved å sammenligne datasettet innsamlet i 2005 med datasettet innsamlet i 2019 med bruk av 9 mikrosatellitter. Tidsintervallene som det her måles over uttrykkes som generasjons-intervaller som er satt til 5 generasjoner. Verdiene for estimert  $N_e$  basert på endring over tid (Tabell 4) viste noe lavere verdi (85) enn for analysene basert på analyser av 18 mikrosatellitter og ett prøvemateriale (172). Estimert  $N_e/N_{tot}$  basert på endring over tid med bruk av 9 mikrosatellitter ga derfor en noe mindre verdi (0.11) enn for analysene basert på analyser av 18 mikrosatellitter og ett prøvemateriale (0.23).

Tabell 4. Beregnet effektiv populasjonsstørrelse ( $N_e$ ) og forholdet mellom  $N_e$  og total populasjonsstørrelse ( $N_e/N_{tot}$ ) i Sølnekletten villreinområde basert på endring av genetisk variasjon over tid i ni mikrosatellitter. 95% konfidensintervall (CI) for estimatene er gitt i parentes. Populasjonsstørrelsen ( $N_{tot}$ ) er for stammen i 2019. Tidsintervallet er uttrykt som antall generasjoner mellom to prøvetakingsperioder.

<b>Reinstamme</b>	<b><math>N_{tot}</math></b>	<b>Tidsintervall</b>	<b><math>N_e</math> (CI)</b>	<b><math>N_e/N_{tot}</math> (CI)</b>
Sølnekletten	763	5	85 (55-122)	0.11

## Knutshø villreinområde – bakgrunn for genetisk klassifisering

### 1. Genetisk variasjon

Det er analysert 18 DNA mikrosatellitter i 37 villrein fra Knutshø villreinområde tatt under jakta 2019. Det ble registrert betydelig grad av genetisk variasjon med tilstedeværelse av til sammen 111 ulike alleler. Grad av genetisk variasjon uttrykt som estimert gjennomsnittlig antall effektive alleler ( $N_{ef}$ ) og forventet heterozygositet ( $uHe$ ) var på hhv. 3.591 og 0.715 (Tabell 1). Sammenlignet med bestander i andre nasjonale villreinområder ble grad av genetisk variasjon i Knutshø funnet å være i mellomsjiktet. Villreinbestanden i Knutshø var genetisk signifikant forskjellige fra bestander i alle andre nasjonale områder med størst forskjell til bestandene i Reinheimen/Breheimen og Forollhogna og mist til andre bestander i Dovre/Rondane regionen.

Tabell 1. Grad av genetisk variasjon hos rein i Knutshø villreinområder med bruk av 18 DNA mikrosatellitter. N angir antall individer analysert. Allele diversitet er angitt som estimert gjennomsnittlig antall alleler per mikrosatellitt ( $N_a$ ), effektivt antall alleler ( $N_{ef}$ ), og observert og forventet heterozygositet ( $H_{obs}$  og  $uHe$ ). Standard feil for estimatene er gitt i parentes.

Reinstamme	N	$N_a$	$N_{ef}$	$H_{obs}$	$uHe$
Knutshø	37	6.167 (0.381)	3.591 (0.217)	0.673 (0.0288)	0.715 (0.016)

### 2. Effektiv bestandsstørrelse basert på koblingsulikevekt

Endring av den genetiske variasjonen over tid i en isolert bestand er primært knyttet til den effektive bestandsstørrelsen ( $N_e$ ) som er et mål for antall dyr som bidrar til reproduksjonen. Foruten den totale bestandsstørrelsen ( $N_{tot}$ ) er  $N_e$  påvirket av faktorer som kjønnssammensetning og skjevhet i reproduksjonssuksess. Der er derfor viktig å vite noe om både  $N_{tot}$ ,  $N_e$  og forholdet mellom disse ( $N_e/N_{tot}$ ).  $N_e$  kan beregnes på ett prøvemateriale på et gitt tidspunkt basert på grad av avvik fra fri rekombinasjon av alleler fra ulike mikrosatellitter (koblingsulikevekt). Det er her brukt programmet NeEstimator v2.1 for estimering av  $N_e$  basert på koblingsulikevekt under en modell med tilfeldig parring og hvor det korrigeres for tilfeldig variasjon. Programmet gir 95% konfidensintervall (CI) for estimert  $N_e$  basert på antall uavhengig sammenligninger. Alleler med svært lav frekvens, og særlig i kombinasjon med relativt lavt prøvemateriale, er kjent å øke usikkerheten i estimatene. Dette er det korrigert for ved å sette kritiske verdi til 0.01 for allelfrekvens som brukes i beregningene. Som mulig feilkilde kan være mikrosatellitter avvikende fra Hardy-Weinberg likevekt (HWE). For Knutshø villreinområde viste test for HWE avvik i to mikrosatellitter og for dette område ble det estimert  $N_e$  og  $N_e/N_{tot}$  med bruk av alle 18 mikrosatellittene og med bruk av 16 mikrosatellitter i HWE. Begge analysene ga uendelig verdi for estimert effektiv bestandsstørrelse med nedre grense for konfidensintervall i størrelsesorden rundt 300 dyr (Tabell 2). Urealistiske eller uendelige verdier for estimert  $N_e$  tolkes som at analysene registrer mindre koblingsulikevekt enn hva som settes som tilfeldig variasjon. Alternativt kan unaturlige høye estimater reflektere migrasjon mellom svakt differensierte bestander som gjør at estimert  $N_e$  reflekterer  $N_e$  mer for metapopulasjonen enn for lokal  $N_e$ .

Tabell 2. Estimert effektiv bestandsstørrelse ( $N_e$ ) for rein i Knutshø villreinområde basert på koblingsulikevekt med bruk av 18 mikrosatellitter og med 16 mikrosatellitter i HWE. 95% konfidensintervall (CI) for estimatene er gitt i parentes.  $N_{ind}$  angir antall individer analysert og  $N_{tot}$  angir minimumstilling for stammene i 2019.

Reinstamme	$N_{tot}$	$N_{ind}$	18 mikrosatellitter		17 mikrosatellitter i HWE	
			$N_e$ (CI)	$N_e/N_{tot}$	$N_e$ (CI)	$N_e/N_{tot}$
Knutshø	1360	37	$\infty$ (316- $\infty$ )		$\infty$ (271- $\infty$ )	

### 3. Genetisk variasjon over tid i Knutshø villreinområder.

#### 3.1. Endring av genetisk struktur

Genetisk variasjon i de nasjonale villreinområdene med bruk av mikrosatellitter er også gjort tidligere og oppsummert i Kvie et al. 2019. For Knutshø villreinområde ble det i dette studie rapportert om genetisk variasjon i 12 mikrosatellitter på et materiale bestående av 30 dyr innsamlet i 1999-2000. For å teste for mulig genetisk endring over tid er de originale genotype-verdiene fra dette studiet sammenlignet med verdiene målt på materialet tatt i 2019. En slik sammenligning begrenser seg til bruk av kun ni mikrosatellitter som er analysert på begge materialene.

Som test for genetisk differensiering over tid ble det foretatt  $F_{ST}$ -test som gir  $F_{ST}$ -verdier som uttrykker en genetisk avstand mellom bestander basert på antall av forskjellige alleler.  $F_{ST}$ -verdiene kan variere fra 0 (ingen differensiering) og 1 (ingen slektskap mellom individene i gjeldene populasjoner). Knutshø villreinområde viste ingen signifikant genetisk endring ( $F_{ST} = 0.005$ ,  $P = 0.162 \pm 0.030$ ) i perioden fra 1999/2000 til 2019.

#### 3.2. Endring av genetisk diversitet

Grad av genetisk variasjon med beregnet prosentvis endring i Knutshø villreinområde i 2005 og 2019 med bruk av 9 mikrosatellitter viste en svak trend som var positiv for antall alleler og forventet heterozygositet og negativ for observert heterozygositet (Tabell 3). Ingen av estimatene viste noen statistisk signifikant endring.

Tabell 3. Grad av genetisk diversitet i Knutshø villreinområde i 1999/2000 og 2019 med bruk av ni mikrosatellitter.  $N_{ind}$  angir antall individer analysert. Diversiteten er angitt som estimert gjennomsnittlig antall effektive alleler per mikrosatellitt ( $N_{ef}$ ) og som observert og forventet heterozygositet ( $H_{obs}$  og  $uHe$ ). Standard feil for estimatene er gitt i parentes og 95% konfidensintervall for endringer er gitt i klamme.

År	$N_{ind}$	$N_{ef}$	$H_{obs}$	$uHe$
1999/2000	30	3.276 (0.317)	0.640 (0.031)	0.683 (0.031)
2019	37	3.291 (0.259)	0.625 (0.050)	0.693 (0.021)
Endring		0.015 [- 0.786, +0.816]	0.015 [- 0.130, + 0.100]	0.010 [- 0.063, + 0.083]
% endring		+ 0.45 [- 23.99, +24.91]	- 2.34 [- 20.33 + 15.64]	+ 1.46 [- 9.26, + 12.19]

#### 3.3. Effektiv populasjonsstørrelse basert på endring av genetisk variasjon over tid.

Endring av genetisk variasjon i en populasjon over kortere tidsperioder skyldes hovedsakelig enten genetisk drift eller innvandring av individer fra andre populasjoner. For isolerte populasjoner er den genetiske driften direkte korrelert til effektiv bestandsstørrelse ( $N_e$ ).

Beregning av  $N_e$  i Knutshø villreinområde er gjort ved å sammenligne datasettet innsamlet i 1999/2000 med datasettet innsamlet i 2019 med bruk av 9 mikrosatellitter. Tidsintervallene som det her måles over uttrykkes som generasjons-intervaller som er satt til 6 generasjoner. Analysene basert på endring over tid ga estimert  $N_e = 271$  (CI: 166-403) med estimert  $N_e/N_{tot} = 0.20$  (Tabell 4).

Tabell 4. Beregnet effektiv populasjonsstørrelse ( $N_e$ ) og forholdet mellom  $N_e$  og total populasjonsstørrelse ( $N_e/N_{tot}$ ) i Knutshø villreinområde basert på endring av genetisk variasjon over tid i ni mikrosatellitter. 95% konfidensintervall (CI) for estimatene er gitt i parentes. Populasjonsstørrelsen ( $N_{tot}$ ) er for stammen i 2019. Tidsintervallet er uttrykt som antall generasjoner mellom to prøvetakingsperioder.

<b>Reinstamme</b>	<b><math>N_{tot}</math></b>	<b>Tidsintervall</b>	<b><math>N_e</math> (CI)</b>	<b><math>N_e/N_{tot}</math> (CI)</b>
Knutshø	1360	6	271 (166-403)	0.20



## Hardangervidda villreinområde – bakgrunn for genetisk klassifisering

### 1. Genetisk variasjon

Det er analysert 18 DNA mikrosatellitter i 46 villrein fra Hardangervidda villreinområde tatt under jakta 2019. Det ble registrert betydelig grad av genetisk variasjon med tilstedeværelse av til sammen 133 ulike alleler. Grad av genetisk variasjon uttrykt som estimert gjennomsnittlig antall effektive alleler ( $N_{ef}$ ) og forventet heterozygositet ( $uHe$ ) var på hhv. 4.290 og 0.747 (Tabell 1). Sammenlignet med bestander i andre nasjonale villreinområder ble grad av genetisk variasjon i Hardangervidda villreinområde funnet å være i det øvre sjiktet. Villreinbestanden på Hardangervidda var genetisk signifikant forskjellige fra bestander i alle andre nasjonale områder med størst forskjell til bestandene i Rondane/Dovre regionen ( $F_{ST} = 0.065-0.108$ ,  $P < 0.001$ ) og minst til bestanden i Setesdal Austhei ( $F_{ST} = 0.008$ ,  $P = 0.009$ ).

Tabell 1. Grad av genetisk variasjon hos rein i Hardangervidda villreinområder med bruk av 18 DNA mikrosatellitter. N angir antall individer analysert. Allele diversitet er angitt som estimert gjennomsnittlig antall alleler per mikrosatellitt ( $N_a$ ), effektivt antall alleler ( $N_{ef}$ ), og observert og forventet heterozygositet ( $H_{obs}$  og  $uHe$ ). Standard feil for estimatene er gitt i parentes.

Reinstamme	N	$N_a$	$N_{ef}$	$H_{obs}$	$uHe$
Hardangervidda	46	7.389 (0.506)	4.290 (0.381)	0.728 (0.027)	0.747 (0.020)

### 2. Effektiv bestandsstørrelse basert på koblingsulikevekt

Endring av den genetiske variasjonen over tid i en isolert bestand er primært knyttet til den effektive bestandsstørrelsen ( $N_e$ ) som er et mål for antall dyr som bidrar til reproduksjonen. Foruten den totale bestandsstørrelsen ( $N_{tot}$ ) er  $N_e$  påvirket av faktorer som kjønnssammensetning og skjevhet i reproduksjonssuksess. Der er derfor viktig å vite noe om både  $N_{tot}$ ,  $N_e$  og forholdet mellom disse ( $N_e/N_{tot}$ ).  $N_e$  kan beregnes på ett prøvemateriale på et gitt tidspunkt basert på grad av avvik fra fri rekombinasjon av alleler fra ulike mikrosatellitter (koblingsulikevekt). Det er her brukt programmet NeEstimator v2.1 for estimering av  $N_e$  basert på koblingsulikevekt under en modell med tilfeldig parring og hvor det korrigeres for tilfeldig variasjon. Programmet gir 95% konfidensintervall (CI) for estimert  $N_e$  basert på antall uavhengig sammenligninger. Alleler med svært lav frekvens, og særlig i kombinasjon med relativt lavt prøvemateriale, er kjent å øke usikkerheten i estimatene. Dette kan det korrigeres for ved å sette ulike kritiske verdi for allelfrekvens som brukes i beregningene.

Effektiv bestandsstørrelse på Hardangervidda med bruk av 18 mikrosatellitter analysert i 46 individer ga gjennomgående høye verdier med vide konfidensintervaller (Tabell 6). Ved kritisk verdi for allel-frekvens på 0.02 ble  $N_e$  estimert til uendelig med nedre konfidensintervall på 675. For kritisk verdi på 0.01 ble  $N_e$  estimert til 4291 med nedre konfidensintervall på 359. Vinterstammen på Hardangervidda i innsamlingsperioden er anslått til 6800 dyr. Sjøl om vinterstammen på Hardangervidda i årene før innsamlingsperioden var betydelig større enn i 2019, virker et estimat for  $N_e$  på flere tusen dyr å være høyt. Urealistiske eller uendelige verdier for estimert  $N_e$  tolkes som at analysene registrer mindre koblingsulikevekt enn hva som settes som tilfeldig variasjon. Alternativt kan unaturlige høye estimater for  $N_e$  reflektere migrasjon mellom svakt differensierte bestander som gjør at estimert  $N_e$  reflektere  $N_e$  mer for metapopulasjonen enn for lokal  $N_e$ .

Tabell 2. Estimert verdi for effektiv bestandsstørrelse ( $N_e$ ) for villreinstammen på Hardangervidda basert på koblingsulikevekt med bruk av 18 mikrosatellitter. Konfidens-intervall for estimater er gitt i parentes.  $N_{tot}$  angir antatt bestandsstørrelse i 2019 og  $N_{ind}$  antall dyr brukt i analysen.

Bestand	$N_{tot}$	$N_{ind}$	Kritisk verdi for allel-frekvens			
			0.050	0.020	0.010	0.000
Hardanger-vidda	6800	46	$\infty$ (566- $\infty$ )	$\infty$ (627- $\infty$ )	4921 (359- $\infty$ )	4921 (359- $\infty$ )

### 3. Genetisk variasjon over tid i Hardangervidda villreinområder

#### 3.1. Endring av genetisk struktur

Genetisk variasjon i de nasjonale villreinområdene med bruk av mikrosatellitter er også gjort tidligere og oppsummert i Kvie et al. 2019. For Hardangervidda villreinområde ble det i dette studie rapportert om genetisk variasjon i 12 mikrosatellitter på et materiale bestående av 29 dyr innsamlet i perioden 2008-2011. For å teste for mulig genetisk endring over tid er de originale genotype-verdiene fra dette studiet sammenlignet med verdiene målt på materialet tatt i 2019. En slik sammenligning begrenser seg til bruk av kun ni mikrosatellitter som er analysert på begge materialene.

Som test for genetisk differensiering over tid ble det foretatt  $F_{ST}$ -test som gir  $F_{ST}$ -verdier som uttrykker en genetisk avstand mellom bestander basert på antall av forskjellige alleler.  $F_{ST}$ -verdiene kan variere fra 0 (ingen differensiering) og 1 (ingen slektskap mellom individene i gjeldene populasjoner). Hardangervidda villreinområde viste ingen signifikant genetisk endring ( $F_{ST} = 0.000$ ,  $P = 0.59$ ) i perioden fra 2008/2011 til 2019.

#### 3.2. Endring av genetisk diversitet

Grad av genetisk variasjon med beregnet prosentvis endring i Hardangervidda villreinområde i 2008-2011 og 2019 med bruk av 9 mikrosatellitter viste en trend med økt variasjon for antall alleler og en negativ trend for heterozygositet (Tabell 3). Ingen av estimatene viste noen statistisk signifikant endring.

Tabell 3. Grad av genetisk diversitet i Hardangervidda villreinbestand i 2008-2011 og 2019 med bruk av ni mikrosatellitter.  $N_{ind}$  angir antall individer analysert. Diversiteten er angitt som estimert gjennomsnittlig antall effektive alleler per mikrosatellitt ( $N_{ef}$ ) og som observert og forventet heterozygositet ( $H_{obs}$  og  $uHe$ ). Standard feil for estimatene er gitt i parentes og 95% konfidens-intervall for endringer er gitt i klamme.

År	$N_{ind}$	$N_{ef}$	$H_{obs}$	$uHe$
2008-2011	29	3.747 (0.494)	0.652 (0.054)	0.703 (0.044)
2019	46	3.908 (0.656)	0.642 (0.040)	0.699 (0.043)
Endring		0.161 [- 1.446, 1.770]	0.010 [- 0.142, + 0.122]	0.004 [- 0.124, + 0.122]
% endring		+ 4.30 [- 38.6, + 47.2]	- 1.5 [- 21.7 + 18.6]	- 0.6 [- 17.7, + 16.6]

#### 3.3. Effektiv populasjonsstørrelse basert på endring av genetisk variasjon over tid.

Endring av genetisk variasjon i en populasjon over kortere tidsperioder skyldes hovedsakelig enten genetisk drift eller innvandring av individer fra andre populasjoner. For isolerte populasjoner er den genetiske driften direkte korrelert til effektiv bestandsstørrelse ( $N_e$ ).

Beregning av  $N_e$  i Hardangervidda villreinområde er gjort ved å sammenligne datasettet innsamlet i 2008-2011 med datasettet innsamlet i 2019 med bruk av 9 mikrosatellitter. Tidsintervallene som det her måles over uttrykkes som generasjons-intervaller som er satt til 3 generasjoner. Estimert  $N_e$  basert på endring over tid viste gjennomgående lavere verdier enn for analysene basert på analyser av 18 mikrosatellitter og ett prøvemateriale. Ved bruk av lave verdier for kritisk allel-frekvens ble  $N_e$  på Hardangervidda estimert til 667 dyr med et relativt vidt konfidensintervall (Tabell 4)

Tabell 4. Beregnet effektiv populasjonsstørrelse ( $N_e$ ) av Hardangervidda villreinbestand basert på endring av genetisk variasjon over tid i ni mikrosatellitter. 95% konfidensintervall (CI) for estimatene er gitt i parentes. Populasjonsstørrelsen ( $N_{tot}$ ) er for stammen i 2019. Tidsintervallet er uttrykt som antall generasjoner mellom to prøvetakingsperioder.

Bestand	$N_{tot}$	$N_{ind}$	Kritisk verdi for allel-frekvens			
			0.050	0.020	0.010	0.000
Hardanger- vidda	6800	29 (2008-2011)	355	474	667	667
		46 (2019)	(56-∞)	(80-∞)	(88-∞)	(88-∞)

## Setesdal Austhei villreinområde – bakgrunn for genetisk klassifisering

### 1. Genetisk variasjon

Det er analysert 18 DNA mikrosatellitter i 35 villrein fra Setesdal Austhei villreinområde tatt under jakta 2019. Det ble registrert betydelig grad av genetisk variasjon med tilstedeværelse av til sammen 124 ulike alleler. Grad av genetisk variasjon uttrykt som estimert gjennomsnittlig antall effektive alleler ( $N_{ef}$ ) og forventet heterozygositet ( $uHe$ ) var på hhv. 4.372 og 0.748 (Tabell 1). Sammenlignet med bestander i andre nasjonale villreinområder ble grad av genetisk variasjon i Setesdal Austhei villreinområde funnet å være i det øvre sjiktet. Med unntak av villreinstammen i Setesdal Ryfylke var reinen i Setesdal Austhei genetisk signifikant forskjellige fra alle bestander i andre nasjonale områder. Bestanden i Setesdal Austhei viste størst genetisk forskjell til bestandene i Rondane/Dovre regionen ( $F_{ST} = 0.064-0.107$ ,  $P < 0.001$ ).

Tabell 1. Grad av genetisk variasjon hos rein i Setesdal Austhei villreinområder med bruk av 18 DNA mikrosatellitter. N angir antall individer analysert. Allele diversitet er angitt som estimert gjennomsnittlig antall alleler per mikrosatellitt ( $N_a$ ), effektivt antall alleler ( $N_{ef}$ ), og observert og forventet heterozygositet ( $H_{obs}$  og  $uHe$ ). Standard feil for estimatene er gitt i parentes.

Reinstamme	N	$N_a$	$N_{ef}$	$H_{obs}$	$uHe$
Setesdal Austhei	35	6.889 (0.559)	4.372 (0.451)	0.714 (0.026)	0.748 (0.022)

### 2. Effektiv bestandsstørrelse basert på koblingsulikevekt

Endring av den genetiske variasjonen over tid i en isolert bestand er primært knyttet til den effektive bestandsstørrelsen ( $N_e$ ) som er et mål for antall dyr som bidrar til reproduksjonen. Foruten den totale bestandsstørrelsen ( $N_{tot}$ ) er  $N_e$  påvirket av faktorer som kjønns sammensetning og skjevhet i reproduksjonssuksess. Der er derfor viktig å vite noe om både  $N_{tot}$ ,  $N_e$  og forholdet mellom disse ( $N_e/N_{tot}$ ).  $N_e$  kan beregnes på ett prøvemateriale på et gitt tidspunkt basert på grad av avvik fra fri rekombinasjon av alleler fra ulike mikrosatellitter (koblingsulikevekt). Det er her brukt programmet NeEstimator v2.1 for estimering av  $N_e$  basert på koblingsulikevekt under en modell med tilfeldig parring og hvor det korrigeres for tilfeldig variasjon. Programmet gir 95% konfidensintervall (CI) for estimert  $N_e$  basert på antall uavhengig sammenligninger. Alleler med svært lav frekvens, og særlig i kombinasjon med relativt lavt prøvemateriale, er kjent å øke usikkerheten i estimatene. Dette kan det korrigeres for ved å sette ulike nivåer for kritiske verdi for allelfrekvens som brukes i beregningene.

Effektiv bestandsstørrelse i Setesdal Austhei med bruk av 18 mikrosatellitter analysert i 35 individer ga estimert  $N_e = 161$  (CI: 95-457) ved kritisk verdi for allel-frekvens på 0.02 (Tabell 2). For forholdet mellom effektiv og total populasjonsstørrelse ( $N_e/N_{tot}$ ) gir dette en verdi på 0.17.

Tabell 2. Estimert verdi for effektiv bestandsstørrelse ( $N_e$ ) for villreinstammen i Setesdal Austhei basert på koblingsulikevekt med bruk av 18 mikrosatellitter. Konfidens-intervall for estimater er gitt i parentes.  $N_{tot}$  angir antatt bestandsstørrelse i 2019 og  $N_{ind}$  antall dyr brukt i analysen.

	$N_{tot}$	$N_{ind}$	Kritisk verdi for allel-frekvens			
<b>Bestand</b>			<b>0.050</b>	<b>0.020</b>	<b>0.010</b>	<b>0.000</b>
Setesdal	950	35	120	161	128	128
Austhei			(72-296)	(95-457)	(83-262)	(83-262)

### 3. Genetisk variasjon over tid i Setesdal Austhei villreinområder

#### 3.1. Endring av genetisk struktur

Genetisk variasjon i de nasjonale villreinområdene med bruk av mikrosatellitter er også gjort tidligere og oppsummert i Kvie et al. 2019. For Setesdal Austhei villreinområde ble det i dette studie rapportert om genetisk variasjon i 12 mikrosatellitter på et materiale bestående av 32 dyr innsamlet i perioden 2008-2014. For å teste for mulig genetisk endring over tid er de originale genotype-verdiene fra dette studiet sammenlignet med verdiene målt på materialet tatt i 2019. En slik sammenligning begrenser seg til bruk av kun ni mikrosatellitter som er analysert på begge materialene.

Som test for genetisk differensiering over tid ble det foretatt  $F_{ST}$ -test som gir  $F_{ST}$ -verdier som uttrykker en genetisk avstand mellom bestander basert på antall av forskjellige alleler.  $F_{ST}$ -verdiene kan variere fra 0 (ingen differensiering) og 1 (ingen slektskap mellom individene i gjeldene populasjoner). Setesdal Austhei villreinområde viste ingen signifikant genetisk endring ( $F_{ST} = 0.004$ ,  $P = 0.14$ ) i perioden fra 2008/2014 til 2019.

#### 3.2. Endring av genetisk diversitet

Grad av genetisk variasjon med beregnet prosentvis endring i Setesdal Austhei villreinområde i perioden fra 2008-2014 til 2019 med bruk av 9 mikrosatellitter viste en trend med noe tap av variasjon for alle måle-parametere (Tabell 3). Ingen av estimatene viste noen statistisk signifikant endring.

Tabell 3. Grad av genetisk diversitet i Setesdal Austhei villreinbestand i 2008-2014 og 2019 med bruk av ni mikrosatellitter.  $N_{ind}$  angir antall individer analysert. Diversiteten er angitt som estimert gjennomsnittlig antall effektive alleler per mikrosatellitt ( $N_{ef}$ ) og som observert og forventet heterozygositet ( $H_{obs}$  og  $uHe$ ). Standard feil for estimatene er gitt i parentes og 95% konfidens-intervall for endringer er gitt i klamme.

År	$N_{ind}$	$N_{ef}$	$H_{obs}$	$uHe$
2008-2014	32	4.111 (0.589)	0.694 (0.052)	0.733 (0.033)
2019	35	4.043 (0.604)	0.693 (0.056)	0.715 (0.043)
Endring		0.068[- 1.719, 1.583]	0.001 [- 0.142, + 0.122]	0.004 [- 0.124, + 0.122]
% endring		- 1.7 [- 41.8, + 38.5]	- 0.1 [- 21.7 + 21.4]	- 2.5 [- 16.9, + 12.0]

#### 3.3. Effektiv populasjonsstørrelse basert på endring av genetisk variasjon over tid.

Endring av genetisk variasjon i en populasjon over kortere tidsperioder skyldes hovedsakelig enten genetisk drift eller innvandring av individer fra andre populasjoner. For isolerte

populasjoner er den genetiske driften direkte korrelert til effektiv bestandsstørrelse ( $N_e$ ). Beregning av  $N_e$  i Setesdal Austhei villreinområde er gjort ved å sammenligne datasettet innsamlet i 2008-2014 med datasettet innsamlet i 2019 med bruk av 9 mikrosatellitter. Tidsintervallene som det her måles over uttrykkes som generasjons-intervaller som er satt til 3 generasjoner. Estimert  $N_e$  basert på endring over tid ga verdien 168 ved 0.02 som kritisk verdi for allel-frekvens (Tabell 4). For forholdet mellom effektiv og total populasjonsstørrelse ( $N_e/N_{tot}$ ) gir dette en verdi på 0.18 som er tilsvarende verdi estimert ved bruk av 18 mikrosatellitter analysert på ett prøvemateriale.

Tabell 4. Beregnet effektiv populasjonsstørrelse ( $N_e$ ) av Setesdal Austhei villreinbestand basert på endring av genetisk variasjon over tid i ni mikrosatellitter. 95% konfidensintervall (CI) for estimatene er gitt i parentes. Populasjonsstørrelsen ( $N_{tot}$ ) er for stammen i 2019. Tidsintervallet er uttrykt som antall generasjoner mellom to prøvetakingsperioder.

Bestand	$N_{tot}$	$N_{ind}$	Kritisk verdi for allel-frekvens			
			0.050	0.020	0.010	0.000
Setesdal	950	32 (2008-2014)	131	168	174	167
Austhei		35 (2019)	(42-∞)	(52-∞)	(54-∞)	(53-∞)

## Nordfjella villreinområde – bakgrunn for genetisk klassifisering

### 1. Genetisk variasjon

Det er analysert 18 DNA mikrosatellitter i 96 rein fra Nordfjella villreinområde tatt under jakt og nedskyting i perioden 2016-2018. Det ble registrert betydelig grad av genetisk variasjon med tilstedeværelse av til sammen 141 ulike alleler. Grad av genetisk variasjon uttrykt som estimert gjennomsnittlig antall effektive alleler ( $N_{ef}$ ) og forventet heterozygositet ( $uHe$ ) var på hhv. 4.374 og 0.752 (Tabell 1). Sammenlignet med bestander i andre nasjonale villreinstammer var grad av genetisk variasjon i Nordfjella i det øvre sjiktet. Villreinstammen i Nordfjella var genetisk signifikant forskjellig fra alle andre nasjonale villreinområder med størst forskjell til bestandene i Rondane/Dovre regionen og minst til bestanden i Setesdal Austhei og på Hardangervidda.

Tabell 1. Grad av genetisk variasjon hos rein i Nordfjella villreinområder med bruk av 18 DNA mikrosatellitter. N angir antall individer analysert. Allele diversitet er angitt som estimert gjennomsnittlig antall alleler per mikrosatellitt ( $N_a$ ), effektivt antall alleler ( $N_{ef}$ ), og observert og forventet heterozygositet ( $H_{obs}$  og  $uHe$ ). Standard feil for estimatene er gitt i parentes.

Reinstamme	N	$N_a$	$N_{ef}$	$H_{obs}$	$uHe$
Nordfjella	96	7.833 (0.544)	4.374 (0.347)	0.738 (0.025)	0.752 (0.018)

### 2. Genetisk differensiering innen Nordfjella

Nordfjella villreinområde er fordelt på to soner; sone 1 og sone 2 (hhv. nord og sør for riksvei 50). Delbestanden i sone 1 ble sanert i 2017-2018 grunnet skrantesjuka. Materiale analysert fra Nordfjella bestod av 42 rein fra sone 1 og 54 rein fra sone 2. Begge delbestandene viste relativt høy og lignende grad av genetisk variasjon (Tabell 2). Som test for genetisk differensiering mellom sone 1 og sone 2 ble det foretatt  $F_{ST}$ -test som gir  $F_{ST}$ -verdier som uttrykker en genetisk avstand mellom bestander basert på antall av forskjellige alleler.  $F_{ST}$ -verdiene kan variere fra 0 (ingen differensiering) og 1 (ingen slektskap mellom individene i gjeldene populasjoner). Variasjonen i 18 mikrosatellitter viste ingen signifikant genetisk differensiering mellom sone 1 og sone 2 ( $F_{ST} = 0.0007$ ,  $P = 0.30$ ).

Tabell 2. Grad av genetisk variasjon hos rein i sone 1 og sone 2 i Nordfjella villreinområder med bruk av 18 DNA mikrosatellitter. N angir antall individer analysert. Allele diversitet er angitt som estimert gjennomsnittlig antall alleler per mikrosatellitt ( $N_a$ ), effektivt antall alleler ( $N_{ef}$ ), og observert og forventet heterozygositet ( $H_{obs}$  og  $uHe$ ). Standard feil for estimatene er gitt i parentes.

Delstamme	N	$N_a$	$N_{ef}$	$H_{obs}$	$uHe$
Sone 1	42	7.056 (0.488)	4.308 (0.306)	0.742 (0.026)	0.756 (0.018)
Sone 2	54	7.111 (0.484)	4.265 (0.346)	0.735 (0.029)	0.748 (0.019)

### 3. Effektiv bestandsstørrelse basert på koblingsulikevekt

Endring av den genetiske variasjonen over tid i en isolert bestand er primært knyttet til den effektive bestandsstørrelsen ( $N_e$ ) som er et mål for antall dyr som bidrar til reproduksjonen. Foruten den totale bestandsstørrelsen ( $N_{tot}$ ) er  $N_e$  påvirket av faktorer som

kjønns sammensetning og skjevhet i reproduksjonssuksess. Der er derfor viktig å vite noe om både  $N_{tot}$ ,  $N_e$  og forholdet mellom disse ( $N_e/N_{tot}$ ).  $N_e$  kan beregnes på ett prøvemateriale på et gitt tidspunkt basert på grad av avvik fra fri rekombinasjon av alleler fra ulike mikrosatellitter (koblingsulikevekt). Det er her brukt programmet NeEstimator v2.1 for estimering av  $N_e$  basert på koblingsulikevekt under en modell med tilfeldig parring og hvor det korrigeres for tilfeldig variasjon. Programmet gir 95% konfidensintervall (CI) for estimert  $N_e$  basert på antall uavhengig sammenligninger. Alleler med svært lav frekvens, og særlig i kombinasjon med relativt lavt prøvemateriale, er kjent å øke usikkerheten i estimatene. Dette kan det korrigeres for ved å sette ulike kritiske verdier for allel-frekvens som brukes i beregningene.

For Nordfjella villreinområde før sanering av sone 1 ga analysene en middelvei for estimert effektiv bestandsstørrelse på 609 (CI: 340-2397) med bruk av 0.02 som kritisk verdi for allel-frekvens (Tabell 3). Med bruk av denne verdien for  $N_e$ , tilsier dette et forhold mellom effektiv og total bestandsstørrelse ( $N_e/N_{tot}$ ) på 0.29. Tilsvarende beregning for rein kun fra sone 2 ga estimert effektiv bestandsstørrelse på 263 (CI: 154-764).

Tabell 3. Estimert verdi for effektiv bestandsstørrelse ( $N_e$ ) ved ulike verdier for kritisk allel-frekvens for villreinstammen i Nordfjella med bruk av koblingsulikevekt analysert i 18 mikrosatellitter. Konfidens-intervall for estimatene er gitt i parentes.  $N_{tot}$  angir antatt bestandsstørrelse i 2016 og  $N_{ind}$  antall dyr brukt i analysen.

Bestand	$N_{tot}$	$N_{ind}$	Kritisk verdi for allel-frekvens			
			0.050	0.020	0.010	0.000
Nordfjella (sone 1 og sone 2)	2100	96	771 (346-∞)	609 (340-2397)	591 (345-1803)	714 (391-3313)
Nordfjella Sone 2		54	351 (169-∞)	263 (154-764)	289 (168-885)	301 (175-947)

#### 4. Genetisk variasjon over tid i Nordfjella villreinområde.

Genetisk variasjon i de nasjonale villreinområdene med bruk av mikrosatellitter er også gjort tidligere og oppsummert i Kvie et al. 2019. For Nordfjella villreinområde ble det i dette studie rapportert om genetisk variasjon i 12 mikrosatellitter på et materiale bestående av 32 dyr innsamlet i 2013. For å teste for mulig genetisk endring over tid er de originale genotypene fra dette studiet sammenlignet med verdiene målt på materialet tatt i 2016-2018. En slik sammenligning begrenser seg til bruk av kun ni mikrosatellitter som er analysert på begge materialene

##### 4.1. Endring av genetisk struktur

Som test for genetisk differensiering over tid ble det foretatt  $F_{ST}$ -test. Med bruk av ni mikrosatellitter viste Nordfjella villreinområde ingen signifikant genetisk endring ( $F_{ST} = 0.000$ ,  $P > 0.5$ ) mellom materialet innsamlet i 2013 og i perioden 2016-2018.



#### 4.2. Endring av genetisk diversitet

Grad av genetisk variasjon med beregnet prosentvis endring i villreinbestanden i Nordfjella i 2013 og i perioden 2016-2018 med bruk av 9 mikrosatellitter viste en trend med økt grad av genetisk variasjon for antall alleler, en negativ trend for observert heterozygositet og ingen endring for forventet heterozygositet (Tabell 4). Ingen av estimatene viste noen statistisk signifikant endring.

Tabell 4. Grad av genetisk diversitet i Nordfjella villreinområde i 2013 og i perioden 2016-2018 med bruk av ni mikrosatellitter. Nind angir antall individer analysert. Diversiteten er angitt som estimert gjennomsnittlig antall effektive alleler per mikrosatellitt (Nef) og som observert og forventet heterozygositet (Hobs og uHe). Standard feil for estimatene er gitt i parentes og 95% konfidensintervall for endringer er gitt i klamme.

År	Nind	Nef	Hobs	uHe
2013	32	3.970 (0.468)	0.732 (0.056)	0.722 (0.044)
2016-2018	96	4.067 (0.542)	0.693 (0.043)	0.722 (0.037)
Endring		0.097 [- 1.304, 1.500]	0.039 [- 0.177, + 0.099]	0.000 [- 0.112, + 0.112]
% endring		+ 2.4 [- 32.9, + 37.7]	- 5.3 [- 24.2 + 13.5]	0.0 [- 14.6, + 14.6]

#### 4.3. Effektiv populasjonsstørrelse basert på endring av genetisk variasjon over tid.

Endring av genetisk variasjon i en populasjon over kortere tidsperioder skyldes hovedsakelig enten genetisk drift eller innvandring av individer fra andre populasjoner. For isolerte populasjoner er den genetiske driften direkte korrelert til effektiv bestandsstørrelse ( $N_e$ ). Beregning av  $N_e$  i Nordfjella villreinområde er gjort ved å sammenligne datasettet innsamlet i 2013 med datasettet innsamlet i perioden 2016-2018 med bruk av 9 mikrosatellitter. Tidsintervallene som det her måles over uttrykkes som generasjons-intervaller som er satt til 2 generasjoner. Verdiene for estimert  $N_e$  basert på endring over tid (Tabell 5) viste lavere verdi ( $N_e = 152$ ) enn for analysene basert på analyser av 18 mikrosatellitter og ett prøvemateriale ( $N_e = 609$ ).

Tabell 5. Beregnet effektiv populasjonsstørrelse ( $N_e$ ) av Nordfjella villreinbestand basert på endring av genetisk variasjon fra 2013 til perioden 2016-2018 med bruk av ni mikrosatellitter. 95% konfidensintervall for estimatene er gitt i parentes. Populasjonsstørrelsen ( $N_{tot}$ ) er for stammen i 2016.

Bestand	Ntot	Nind	Kritisk verdi for allel-frekvens			
			0.050	0.020	0.010	0.000
Nordfjella	2100	32 (2013)	283	152	144	161
(sone 1 og 2)		96 (2016-2019)	(55-∞)	(49-∞)	(49-∞)	(53-∞)

## Setesdal-Ryfylke villreinområde – bakgrunn for genetisk klassifisering

### 1. Genetisk variasjon

Det er analysert 18 DNA mikrosatellitter i 66 rein fra Setesdal-Ryfylke villreinområde tatt under jakta 2019. Det ble registrert betydelig grad av genetisk variasjon med tilstedeværelse av til sammen 140 ulike alleler. Grad av genetisk variasjon uttrykt som estimert gjennomsnittlig antall effektive alleler ( $N_{ef}$ ) og forventet heterozygositet ( $uHe$ ) var på hhv. 4.248 og 0.744 (Tabell 1). Sammenlignet med bestander i andre nasjonale villreinområder ble grad av genetisk variasjon i Setesdal-Ryfylke funnet å være i det øvre sjiktet. Med unntak av villreinstammen i Setesdal Austhei var villreinstammen i Setesdal-Ryfylke genetisk signifikant forskjellige fra alle andre nasjonale villreinbestander med størst forskjell til bestandene i Rondane/Dovre regionen.

Tabell 1. Grad av genetisk variasjon hos rein i Setesdal-Ryfylke villreinområder med bruk av 18 DNA mikrosatellitter. N angir antall individer analysert. Allele diversitet er angitt som estimert gjennomsnittlig antall alleler per mikrosatellitt ( $N_a$ ), effektivt antall alleler ( $N_{ef}$ ), og observert og forventet heterozygositet ( $H_{obs}$  og  $uHe$ ). Standard feil for estimatene er gitt i parentes.

Reinstamme	N	$N_a$	$N_{ef}$	$H_{obs}$	$uHe$
Setesdal-Ryfylke	66	7.778 (0.558)	4.248 (0.353)	0.715 (0.022)	0.744 (0.020)

### 2. Genetisk differensiering innen Setesdal-Ryfylke

I Setesdal-Ryfylke har et nettverk av infrastruktur knyttet til vannkraftutbygging, veger og turisme – i kombinasjon med utforende topografi – bidratt til betydelig redusert trekkmuligheter for villrein mellom den nordlige og sørlige delen av Setesdal-Ryfylke villreinområdet. Forvaltningsmålet for Setesdal-Ryfylke skiller i dag mellom delbestander i nord og sør. Materialet analysert fra Setesdal-Ryfylke bestod av 33 dyr fra hver av disse delbestandene. Begge delbestandene viste relativt høye verdier for grad av genetisk variasjon med noe lavere variasjon i den sørlige delbestanden (Tabell 2).

Som test for genetisk differensiering ble det foretatt  $F_{ST}$ -test som gir  $F_{ST}$ -verdier som uttrykker en genetisk avstand mellom bestander basert på antall av forskjellige alleler.  $F_{ST}$ -verdiene kan variere fra 0 (ingen differensiering) og 1 (ingen slektskap mellom individene i gjeldene populasjoner). Variasjonen i 18 mikrosatellitter viste en liten men signifikant genetisk differensiering ( $F_{ST} = 0.007$ ,  $P = 0.027$ ) mellom den sørlige og nordlige delstammen. Det var ingen signifikant genetisk differensiering når den nordlig og sørlig delstamme i Setesdal-Ryfylke ble sammenlignet med villreinstammen i Setesdal Austhei ( $F_{ST} < 0.004$ ,  $P > 0.3$ ).

Tabell 2. Grad av genetisk variasjon i sørlige og nordlige delstamme av villrein i Setesdal-Ryfylke med bruk av 18 DNA mikrosatellitter. N angir antall individer analysert. Allele diversitet er angitt som estimert gjennomsnittlig antall alleler per mikrosatellitt ( $N_a$ ), effektivt antall alleler ( $N_{ef}$ ), og observert og forventet heterozygositet ( $H_{obs}$  og  $uHe$ ). Standard feil for estimatene er gitt i parentes.

Delstamme	N	$N_a$	$N_{ef}$	$H_{obs}$	$uHe$
Nordlig	33	7.444 (0.556)	4.358 (0.386)	0.719 (0.032)	0.756 (0.019)
Sørlig	33	6.889 (0.504)	3.915 (0.307)	0.710 (0.025)	0.726 (0.024)

### 3. Effektiv bestandsstørrelse basert på koblingsulikevekt

Endring av den genetiske variasjonen over tid i en isolert bestand er primært knyttet til den effektive bestandsstørrelsen ( $N_e$ ) som er et mål for antall dyr som bidrar til reproduksjonen. Foruten den totale bestandsstørrelsen ( $N_{tot}$ ) er  $N_e$  påvirket av faktorer som kjønns sammensetning og skjevhet i reproduksjonssuksess. Der er derfor viktig å vite noe om både  $N_{tot}$ ,  $N_e$  og forholdet mellom disse ( $N_e/N_{tot}$ ).  $N_e$  kan beregnes på ett prøvemateriale på et gitt tidspunkt basert på grad av avvik fra fri rekombinasjon av alleler fra ulike mikrosatellitter (koblingsulikevekt). Det er her brukt programmet NeEstimator v2.1 for estimering av  $N_e$  basert på koblingsulikevekt under en modell med tilfeldig parring og hvor det korrigeres for tilfeldig variasjon. Programmet gir 95% konfidensintervall (CI) for estimert  $N_e$  basert på antall uavhengig sammenligninger. Alleler med svært lav frekvens, og særlig i kombinasjon med relativt lavt prøvemateriale, er kjent å øke usikkerheten i estimatene. Dette kan det korrigeres for ved å sette ulike kritiske verdier som brukes i beregningene. For Setesdal-Ryfylke villreinområde ga analysene en middelverdi for estimert effektiv bestandsstørrelse på 464 med bruk av 0.02 som kritisk verdi for allel-frekvens (Tabell 3). Med bruk av denne verdien for  $N_e$ , tilsier dette et forhold mellom effektiv og total bestandsstørrelse ( $N_e/N_{tot}$ ) på 0.14

Tabell 3. Estimert verdi for effektiv bestandsstørrelse ( $N_e$ ) ved ulike verdier for kritisk allel-frekvens for villreinstammen i Setesdal-Ryfylke med bruk av koblingsulikevekt analysert i 18 mikrosatellitter. Konfidens-intervall for estimatene er gitt i parentes.  $N_{tot}$  angir antatt bestandsstørrelse i 2019 og  $N_{ind}$  antall dyr brukt i analysen.

Bestand	$N_{tot}$	$N_{ind}$	Kritisk verdi for allel-frekvens			
			0.050	0.020	0.010	0.000
Setesdal-	3300	66	506	464	730	841
Ryfylke			(227-∞)	(246-2752)	(317-∞)	344-∞)

#### 4. Genetisk variasjon over tid i Setesdal-Ryfylke villreinområde

##### 4.1. Endring av genetisk struktur

Genetisk variasjon i de nasjonale villreinområdene med bruk av mikrosatellitter er også gjort tidligere og oppsummert i Kvie et al. 2019. For Setesdal-Ryfylke villreinområde ble det i dette studie rapportert om genetisk variasjon i 12 mikrosatellitter på et materiale bestående av 23 dyr innsamlet i 2005. For å teste for mulig genetisk endring over tid er de originale genotype-verdiene fra dette studiet sammenlignet med verdiene målt på materialet tatt i 2019. En slik sammenligning begrenser seg til bruk av kun ni mikrosatellitter som er analysert på begge materialene. Som test for genetisk differensiering over tid ble det foretatt  $F_{ST}$ -test. Setesdal-Ryfylke villreinområde viste ingen signifikant genetisk endring ( $F_{ST} = 0.000$ ,  $P = 0.5$ ) i perioden fra 2005 til 2019.

##### 4.2. Endring av genetisk diversitet

Grad av genetisk variasjon med beregnet prosentvis endring i villreinbestanden i Setesdal-Ryfylke i 2005 og 2019 med bruk av 9 mikrosatellitter viste en trend med økt grad av

genetisk variasjon i alle måle-parameterne (Tabell 4). Ingen av estimatene viste noen statistisk signifikant endring.

Tabell 4. Grad av genetisk diversitet i Setesdal-Ryfylke villreinområde i 2005 og 2019 med bruk av ni mikrosatellitter.  $N_{ind}$  angir antall individer analysert. Diversiteten er angitt som estimert gjennomsnittlig antall effektive alleler per mikrosatellitt ( $N_{ef}$ ) og som observert og forventet heterozygositet ( $H_{obs}$  og  $uHe$ ). Standard feil for estimatene er gitt i parentes og 95% konfidensintervall for endringer er gitt i klamme.

År	$N_{ind}$	$N_{ef}$	$H_{obs}$	$uHe$
2005	23	3.702 (0.558)	0.649 (0.051)	0.695 (0.046)
2019	66	3.965 (0.578)	0.682 (0.038)	0.711 (0.038)
Endring		0.263 [- 1.309, 1.835]	0.033 [- 0.047, + 0.113]	0.016 [- 0.101, + 0.133]
% endring		+ 7.1 [- 35.4, + 49.6]	+ 5.1 [- 7.2 + 17.4]	+ 2.3 [- 14.5, + 19.1]

#### 4.3. Effektiv populasjonsstørrelse basert på endring av genetisk variasjon over tid.

Endring av genetisk variasjon i en populasjon over kortere tidsperioder skyldes hovedsakelig enten genetisk drift eller innvandring av individer fra andre populasjoner. For isolerte populasjoner er den genetiske driften direkte korrelert til effektiv bestandsstørrelse ( $N_e$ ). Beregning av  $N_e$  i Setesdal-Ryfylke villreinområde er gjort ved å sammenligne datasettet innsamlet i 2005 med datasettet innsamlet i 2019 med bruk av 9 mikrosatellitter.

Tidsintervallene som det her måles over uttrykkes som generasjons-intervaller som er satt til 5 generasjoner. Verdiene for estimert  $N_e$  basert på endring over tid (Tabell 5) viste noe lavere verdi (173) enn for analysene basert på analyser av 18 mikrosatellitter og ett prøvemateriale (464). Estimert  $N_e/N_{tot}$  basert på endring over tid ga derfor en noe mindre verdi (0.05) enn for analysene basert på analyser av 18 mikrosatellitter og ett prøvemateriale (0.14).

Tabell 5. Beregnet effektiv populasjonsstørrelse ( $N_e$ ) av Setesdal-Ryfylke villreinbestand basert på endring av genetisk variasjon fra 2005 til 2019 med bruk av ni mikrosatellitter. 95% konfidensintervall for estimatene er gitt i parentes. Populasjonsstørrelsen ( $N_{tot}$ ) er for stammen i 2019. Tidsintervallet er uttrykt som antall generasjoner mellom to prøvetakingsperioder.

Bestand	$N_{tot}$	$N_{ind}$	Kritisk verdi for allel-frekvens			
			0.050	0.020	0.010	0.000
Setesdal	3300	23 (2005)	51	173	173	173
Ryfylke		66 (2019)	(23-1015)	(42-∞)	(42-∞)	(42-∞)

## Reinheimen-Breheimen villreinområde – bakgrunn for genetisk klassifisering

### 1. Genetisk variasjon

Det er analysert 18 DNA mikrosatellitter i 34 villrein fra Reinheimen-Breheimen villreinområde tatt under jakta 2019. Det ble registrert betydelig grad av genetisk variasjon med tilstedeværelse av til sammen 111 ulike alleler. Grad av genetisk variasjon uttrykt som estimert gjennomsnittlig antall effektive alleler ( $N_{ef}$ ) og forventet heterozygositet ( $uHe$ ) var på hhv. 3.197 og 0.674 (Tabell 1). Sammenlignet med bestander i andre nasjonale villreinområder ble grad av genetisk variasjon i Reinheimen-Breheimen villreinområde funnet å være i det nedre sjiktet. Reinbestanden i Reinheimen-Breheimen var genetisk signifikant forskjellige fra alle bestander i andre nasjonale områder. Bestanden i Reinheimen-Breheimen viste størst genetisk forskjell til bestandene i Rondane/Dovre regionen ( $F_{ST} = 0.119-0.184$ ,  $P < 0.001$ ).

Tabell 1. Grad av genetisk variasjon hos rein i Reinheimen-Breheimen villreinområder med bruk av 18 DNA mikrosatellitter. N angir antall individer analysert. Allele diversitet er angitt som estimert gjennomsnittlig antall alleler per mikrosatellitt ( $N_a$ ), effektivt antall alleler ( $N_{ef}$ ), og observert og forventet heterozygositet ( $H_{obs}$  og  $uHe$ ). Standard feil for estimatene er gitt i parentes.

Reinstamme	N	$N_a$	$N_{ef}$	$H_{obs}$	$uHe$
Reinheimen-Breheimen	34	6.167 (0.430)	3.197 (0.231)	0.683 (0.031)	0.674 (0.019)

### 2. Effektiv bestandsstørrelse basert på koblingsulikevekt

Endring av den genetiske variasjonen over tid i en isolert bestand er primært knyttet til den effektive bestandsstørrelsen ( $N_e$ ) som er et mål for antall dyr som bidrar til reproduksjonen. Foruten den totale bestandsstørrelsen ( $N_{tot}$ ) er  $N_e$  påvirket av faktorer som kjønns sammensetning og skjevhet i reproduksjonssuksess. Der er derfor viktig å vite noe om både  $N_{tot}$ ,  $N_e$  og forholdet mellom disse ( $N_e/N_{tot}$ ).  $N_e$  kan beregnes på ett prøvemateriale på et gitt tidspunkt basert på grad av avvik fra fri rekombinasjon av alleler fra ulike mikrosatellitter (koblingsulikevekt). Det er her brukt programmet NeEstimator v2.1 for estimering av  $N_e$  basert på koblingsulikevekt under en modell med tilfeldig parring og hvor det korrigeres for tilfeldig variasjon. Programmet gir 95% konfidensintervall (CI) for estimert  $N_e$  basert på antall uavhengig sammenligninger. Alleler med svært lav frekvens, og særlig i kombinasjon med relativt lavt prøvemateriale, er kjent å øke usikkerheten i estimatene. Dette kan det korrigeres for ved å sette ulike nivåer for kritiske verdi for allelfrekvens som brukes i beregningene.

Effektiv bestandsstørrelse i Reinheimen-Breheimen med bruk av 18 mikrosatellitter analysert i 34 individer ga estimert  $N_e = 394$  (CI: 126- $\infty$ ) ved kritisk verdi for allel-frekvens på 0.02 (Tabell 2). For forholdet mellom effektiv og total populasjonsstørrelse ( $N_e/N_{tot}$ ) gir dette en verdi på 0.13.

Tabell 2. Estimert verdi for effektiv bestandsstørrelse ( $N_e$ ) for villreinstammen i Reinheimen-Breheimen basert på koblingsulikevekt med bruk av 18 mikrosatellitter. Konfidensintervall for estimater er gitt i parentes.  $N_{tot}$  angir antatt bestandsstørrelse i 2019 og  $N_{ind}$  antall dyr brukt i analysen.

Bestand	$N_{tot}$	$N_{ind}$	Kritisk verdi for allel-frekvens			
			0.050	0.020	0.010	0.000
Reinheimen-	3000	34	2153	394	$\infty$	$\infty$
Breheimen			(150- $\infty$ )	(126- $\infty$ )	(234- $\infty$ )	(234- $\infty$ )

### 3. Genetisk variasjon over tid i Reinheimen-Breheimen villreinområder

#### 3.1. Endring av genetisk struktur

Genetisk variasjon i de nasjonale villreinområdene med bruk av mikrosatellitter er også gjort tidligere og oppsummert i Kvie et al. 2019. For Reinheimen-Breheimen villreinområde ble det i dette studie rapportert om genetisk variasjon i 12 mikrosatellitter på et materiale bestående av 30 dyr innsamlet i 2005. For å teste for mulig genetisk endring over tid er de originale genotype-verdiene fra dette studiet sammenlignet med verdiene målt på materialet tatt i 2019. En slik sammenligning begrenser seg til bruk av kun ni mikrosatellitter som er analysert på begge materialene.

Som test for genetisk differensiering over tid ble det foretatt  $F_{ST}$ -test som gir  $F_{ST}$ -verdier som uttrykker en genetisk avstand mellom bestander basert på antall av forskjellige alleler.  $F_{ST}$ -verdiene kan variere fra 0 (ingen differensiering) og 1 (ingen slektskap mellom individene i gjeldene populasjoner). Villreinstammen i Reinheimen-Breheimen viste ingen signifikant genetisk endring ( $F_{ST} = 0.000$ ,  $P > 0.5$ ) i perioden fra 2005 til 2019.

#### 3.2. Endring av genetisk diversitet

Grad av genetisk variasjon med beregnet prosentvis endring for villreinstammen i Reinheimen-Breheimen fra 2005 til 2019 med bruk av 9 mikrosatellitter viste trender med noe tap av variasjon for antall alleler og økt variasjon for grad av heterozygositet (Tabell 3). Ingen av estimatene viste noen statistisk signifikant endring.

Tabell 3. Grad av genetisk diversitet i Reinheimen-Breheimen villreinbestand i 2005 og 2019 med bruk av ni mikrosatellitter.  $N_{ind}$  angir antall individer analysert. Diversiteten er angitt som estimert gjennomsnittlig antall effektive alleler per mikrosatellitt ( $N_{ef}$ ) og som observert og forventet heterozygositet ( $H_{obs}$  og  $u_{He}$ ). Standard feil for estimatene er gitt i parentes og 95% konfidensintervall for endringer er gitt i klamme.

År	$N_{ind}$	$N_{ef}$	$H_{obs}$	$u_{He}$
2005	30	3.257 (0.457)	0.614 (0.053)	0.663 (0.040)
2019	34	3.235 (0.378)	0.654 (0.038)	0.671 (0.034)
Endring		0.022 [- 1.83, 1.39]	0.040 [- 0.088, + 0.168]	0.008 [- 0.095, + 0.111]
% endring		- 0.7 [- 36.3, + 35.0]	+ 5.5 [- 14.3 + 27.3]	+ 1.2 [- 14.3, + 16.7]

### 3.3. Effektiv populasjonsstørrelse basert på endring av genetisk variasjon over tid.

Endring av genetisk variasjon i en populasjon over kortere tidsperioder skyldes hovedsakelig enten genetisk drift eller innvandring av individer fra andre populasjoner. For isolerte populasjoner er den genetiske driften direkte korrelert til effektiv bestandsstørrelse ( $N_e$ ). Beregning av  $N_e$  i Reinheimen-Breheimen villreinområde er gjort ved å sammenligne datasettet innsamlet i 2005 med datasettet innsamlet i 2019 med bruk av 9 mikrosatellitter. Tidsintervallet som det her måles over uttrykkes som generasjons-intervaller som er satt til 5 generasjoner.  $N_e$  basert på endring over tid lot seg enten ikke estimere, eller ga et urealistisk høyt estimat, for ulike verdier av kritisk allel-frekvens i analysene (Tabell 4).

Tabell 4. Beregnet effektiv populasjonsstørrelse ( $N_e$ ) av Reinheimen-Breheimen villreinbestand basert på endring av genetisk variasjon over tid i ni mikrosatellitter. 95% konfidensintervall (CI) for estimatene er gitt i parentes. Populasjonsstørrelsen ( $N_{tot}$ ) er for stammen i 2019.

Bestand	$N_{tot}$	$N_{ind}$	Kritisk verdi for allel-frekvens			
			0.050	0.020	0.010	0.000
Reinheimen-	3000	30 (2005)	-	-	4035	-
Breheimen		34 (2019)	(9673- $\infty$ )	(148- $\infty$ )	(137- $\infty$ )	(151- $\infty$ )