



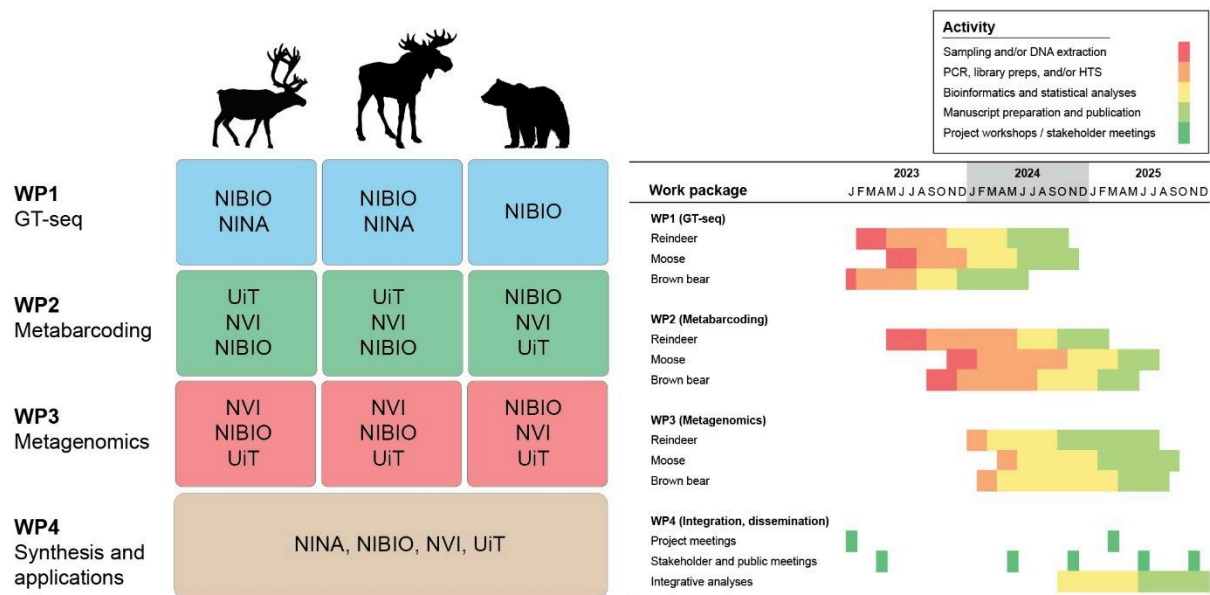
NAVN PÅ PROGRAM: New methods for integrated non-invasive genetic monitoring of semi-domesticated reindeer and wildlife based on high-throughput sequencing approaches (RemoTnitor)

PARTNERE: NIBIO Svanhøvd, Veterinærinstituttet, UiT Norges arktiske universitet, NINA Tromsø

1. Oversikt over programmålene og aktiviteter

RemoTnitor-prosjektet har som mål utvikling av genetiske metoder for identifisering av individer av rein, elg, og brunbjørn ved bruk av effektive GT-seq markører, samt identifikasjon av deres diett og parasitter/patogener basert på metastrekkoding og metagenomisk sekvensering.

Prosjektstart ble flyttet fra januar 2023 i den opprinnelige planen (**Figur 1**) til midten av mars 2023 på grunn av administrative forsinkelser. Noen ytterligere forsinkelser har ført til at prosjektet er bak tidstabellen i alle arbeidspakker, men alle prøver som trengs har blitt samlet og metodeutvikling er i gang i WP1-3.



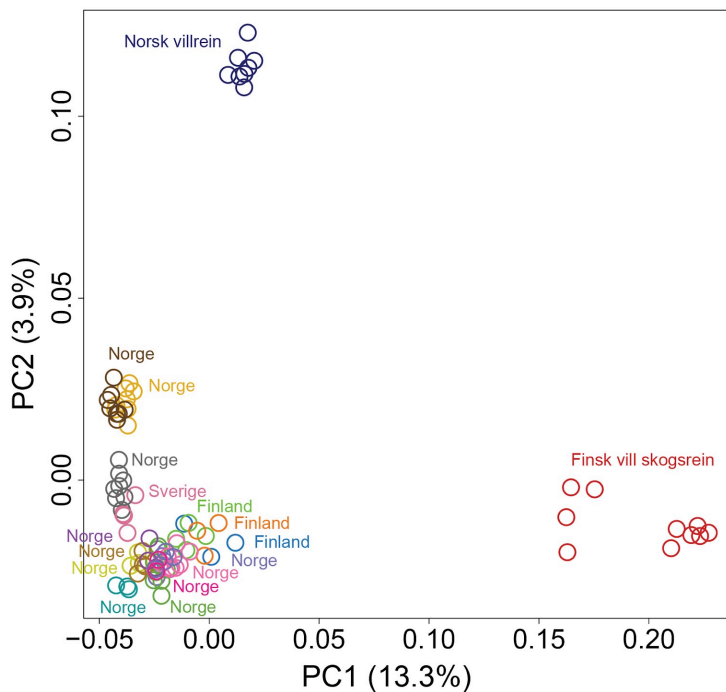
Figur 1. Arbeidspakker og tidsplan for RemoTnitor 2023-2025 fra den opprinnelige søknaden.

Situasjonen 29.11.2024 i de tre arbeidspakkene fokusert på metodeutvikling er at:

WP1 Genotyping: Vi har genotypet omtrent 60 000 variable markører (SNP-er) i 95 reinsdyr med Illumina 63K Bead Chip analyse. Disse dyr representerer tamrein fra 12 reinbeitedistrikter i Norge, en i Sverige og tre i Finland, samt villrein fra Norge og vill skogsrein fra Finland (**Figur 2**). For elg har vi har ekstrahert DNA fra 81 finske og 136 norske



individer. Disse skal genotypes med 3RAD-sekvensering i desember 2024. 3RAD-sekvensering skal også brukes til å genotype 288 bjørner. For dette har vevsprøvene blitt valgt, og ekstraksjon og genotyping skjer i desember 2024 - januar 2025. Når alle tre SNP-datasettene er ferdige, kan de brukes for å identifisere 300-400 SNP-markører for utvikling av GT-seq-genotyping i hver art.



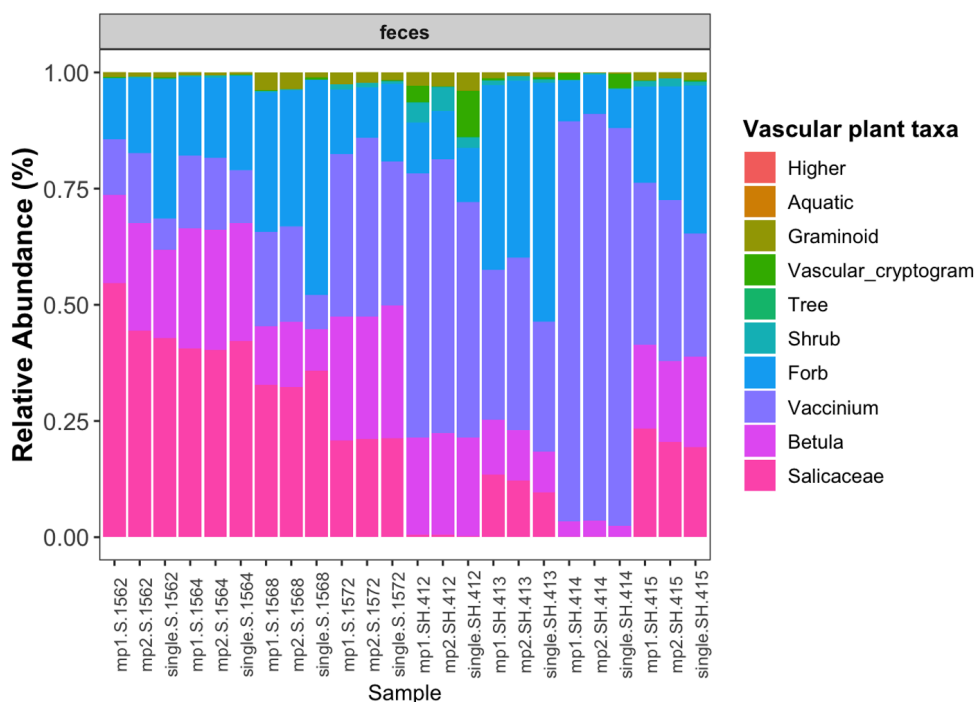
Figur 2. Genetisk likhet mellom 95 tam- og villreiner fra Norge, Finland og Sverige estimert basert på 60 000 variable steder i genomet. Hver sirkel representerer et rein, forskjellige farger markerer type av rein og anonymiserte reinbeitedistrikt.

WP2 Metastrekkoding: Metodeutvikling for metastrekkoding av diett i avføring av rein startet i UiT i sommeren 2023. Testresultater er ferdige for et sett av primerer som amplifiserer et bredt spekter av potensielle diett taxa, og er dermed egnet for rein samt elg og bjørn (**Tabell 1**).

Tabell 1. Primere som nå brukes for å utlede diett i plantespisere og omnivorer.

Takson	Primerpar (frem- / bakorientert)	Kilde
Frøplanter	GGGCAATCCTGAGCCAA/ CCATTGAGTCTCTGCACCTATC	Taberlet <i>et al.</i> , 2007
Eukaryoter	TTTGTCTGSTTAATTSCG/ CACAGACCTGTTATTGC	Guardiola <i>et al.</i> , 2015
Sopp	GGAAGTAAAAGTCGTAACAAGG/ CCAAGAGATCCGTTGYTGAAAGT	Epp <i>et al.</i> , 2012; Taberlet <i>et al.</i> , 2018
Bryofyter	GATTCAGGGAAACTTAGGTTG/ CCATYGAGTCTCTGCACC	Epp <i>et al.</i> , 2012; Taberlet <i>et al.</i> , 2018

Multipleksing av de fire utvalgte primer-parene i kombinerte PCR-reaksjoner var vellykket (**Figur 3**) og vil bli brukt i de påfølgende analysene av settet med prøver valgt for sammenligning av forskjellige metoder (se nedenfor). Primere for metastrekkoding av parasitter (nematoder og trematoder) ble testet i oktober-november 2024.



Figur 3. Resultater av multipleksing av fire primerpar som kan brukes for å identifisere forskjellige plantegrupper i diett.



WP3 Metagenomikk: Planen er å analysere cirka 30 avføringsprøver per art med metagenomisk sekvensering. En pipeline for prøvebehandling og opparbeidelse til tradisjonell parasittologisk undersøkelse og DNA-ekstraksjon har blitt etablert ved Veterinærinstituttet i 2023/2024. Prøvene fra alle tre arter homogeniseres. Det homogeniserte materialet fordeles til parasittologiske analyser (eggtelling med McMasters metode) og DNA-ekstraksjon. Dette arbeidet er gjennomført som planlagt og parasittologiske data foreligger.

Veterinærinstituttet har også samlet avføringsprøver av rein i tre ulike flokker med svært ulike fôringsregimer på vinteren (ingen fôring, kraftfôr, grovfôr). Avføringsprøver fra bjørn (38 prøver fra 12 individer fra fem kommuner i Norge 2009-2023) ble sendt fra NIBIO til Veterinærinstituttet i mai 2024. Prøvene fra elg ankom til Veterinærinstituttet i medio september. Disse 35 prøvene ble samlet inn av NIBIO fra Pasvikdalen i 2023-2024, og representerer forskjellige måneder, habitater og ferskhetsgrader. Prøvene har gått gjennom den etablerte pipelinen beskrevet over.

Valg av DNA-ekstraksjonsmetode er basert på erfaringer fra et tidligere prosjekt (TEiCON) ved Veterinærinstituttet, der QIAamp PowerFecal Pro DNA Kit har blitt benyttet. Samme metode for ekstraksjon er brukt på avføringsprøver fra rein, bjørn og elg.

DNA-ekstrakter fra reinprøvene ble sendt til UiT for metastrekkoding i november 2024, DNA fra de øvrige artene oversendes i januar 2025. DNA fra alle tre arter skal analyseres med metagenomiske metoder ved Veterinærinstituttet. Analysene begynner i desember 2024 med sekvensering. På denne måten kan vi sammenligne resultatene fra morfologiske analyser, metastrekkodingsanalyser og metagenomiske analyser. Det er også rekruttert en masterstudent til prosjektet som skal jobbe med metagenomikkdata fra rein. Hen begynner sitt arbeid i august 2025.

Veterinærinstituttet og UiT (WP2 og WP3) har foretatt en gjennomgang av sekvenslisten NemaBiome (<https://www.nemabiome.ca/>) for å vurdere hvorvidt denne inneholder de nødvendige parasittartene for vårt arbeid. Dette vil bli brukt i arbeidet i WP2. Det er knyttet et stipendiat finansiert av prosjektet WELFED (<https://prosjektbanken.forskningsradet.no/en/project/FORISS/325968>) for å gjennomføre arbeidet med prøvene fra rein. Rebecca Davidson fra Veterinærinstituttet er veileder for stipendiaten.

Andre aktiviteter:

Det har blitt produsert en litteraturbasert liste av parasittarter i rein, elg og brunbjørn og brukbare genetiske markører. Denne skal brukes som bakgrunn for videre bioinformatikkarbeid.

Regelmessige møter for prosjektplanlegging med deling av tekniske detaljer har blitt arrangert på Teams med 1 til 2 måneders mellomrom. Neste fysiske prosjektmøte arrangeres på Svanhovd i mars-april 2025.



2. Viktige resultater og høydepunkter

Prosjektet er nå godt i gang med analysearbeid og tross forsinkelser i oppstartsfasen er det forventet at dette skal hentes inn i løpet av 2025 og videre fremdrift blir som planlagt. De genetiske metoder som skal brukes er blitt testet i mindre skala.

2a. Forvaltningsrelevans

- Tettere kontakter med reindriftsdistriktene og slakteriene i Finnmark vil gi en bedre informasjonsflyt mellom forskere og reinieiere i fremtiden. Det forventes flere resultater med forvaltningsrelevans når de genetiske metodene tas i bruk etter utviklingsfasen.

2b. Tverrfaglighet og merverdi av samarbeidet

- Regelmessige online-møter på Teams har effektivisert kommunikasjonen mellom de fire institusjonene som deltar i prosjektet.
- Prosjektet har blitt nærmere tilknyttet til utviklingen av en nasjonal reindriftsgenetisk database på NIBIO Svanhovd (se nedenfor).

2c. Formidling

- Veterinærinstituttet samarbeider nært med flere siidaer i Norge, som gir effektivt grunnlag for innsamling av øre- og avføringsprøver ved kalvemerking.
- NIBIO Svanhovd fikk om sommeren 2023 ørefliser fra merkede kalver fra tre reinbeitedistrikt i Øst-Finnmark. For å effektivisere prøveinnsamlingen, hentet vi på våren 2024 over 1300 ører med individuelle identifiseringsnummer direkte fra slakteriet MT slakt AS i Kautokeino. Dette materialet inkluderer individer fra 34 reinbeitedistrikt i Troms og Finnmark. Direkte innsamling av vevsprøver fra slakterier vil framover være sentralt for å samle inn prøvemateriale og bakgrunnsinformasjon, men også for formidling av resultatene fra prosjektet.
- En ny poster om reinforskning i RemoTnitor-prosjektet ble presentert på Markdagen på NIBIO Svanhovd 17.8.2024. Markdagen trakk også denne gangen over 2000 besøkende til Svanhovd.



- En populærvitenskapelig artikkel om RemoTnitor-prosjektet ble publisert i FRAM Forum: Gulden, K. T. 2024. Genetic advancements: monitoring northern Europe's iconic wildlife species. *FRAM Forum* 13: 26-33.
<https://framforum.com/2024/03/05/genetic-advancements-monitoring-northern-europes-iconic-wildlife-species/>
- En oppsummering av denne artikkelen vil også bli publisert i NIBIOs bokserie Grønn kunnskap i 2024.

4. Budsjett og aktiviteter

a. Inneværende år

Alle ressurser som var tildelt for 2024 (1 526 KNOK) vil bli brukt som planlagt. Som detaljert i den opprinnelige søknaden, satset NIBIO i tillegg 100 KNOK som ble brukt for Illumina Bead Chip genotyping av 60 000 SNP:er i 95 reinidivider.

b. Budsjett og aktiviteter endringer til neste år

Budsjettet i 2025 vil følge den opprinnelige planen (nedenfor), etter oppdatering ifølge den sluttgiltige innvilgelsen (1 526 – 1 580 KNOK) som ikke er bekreftet enda. Som detaljert i den opprinnelige søknaden, satser NIBIO i tillegg 200 KNOK for driftsmidler.

Institusjon	Timekostnader	Driftsmidler	Sum
NIBIO	461	0	461
NVI	548	118	666
UiT	90	20	110
NINA	219	35	254
SUM	1318	173	1491