


Kartlegging av fiskebestandene i Fustavassdraget i forkant av rotenonbehandling

Øyvind Kanstad Hanssen



Rapport nr.	2013-06	Antall sider - 40
Tittel -	Kartlegging av fiskebestandene i Fustavassdraget i forkant av rotenonbehandling.	
Forfatter(e) -	Øyvind Kanstad Hanssen	
Oppdragsgiver -	Fylkesmannen i Nordland, miljøvernavdelingen.	
Referat:	<p>I forkant av at innsjøene i Fustavassdraget ble behandla med rotenon for å bekjempe lakseparasitten <i>Gyrodactylus salaris</i> ble det gjennomført prøvefiske i Luktvatn, Ømmervatn, Mjåvatn og Fustvatn. I tillegg ble det også samla inn ørret fra de største elvene. Kartlegging av genetikk for ørret (og sjørret) og røyebestandene inngikk i undersøkelsene. Denne rapporten gir en beskrivelse av resultatene fra prøvefiske, mens resultater fra de genetiske undersøkelsene fremgår av egen rapport (fra Universitetet i Tromsø).</p> <p>Ørret dominerte fiskesamfunnet i alle innsjøene, og røyebestandene var i hovedsak knytta til de dypere områdene av innsjøene. Fisketettheten ble vurdert som relativt lav, og vekst og kvalitet på fisken ble omtalt som god. De genetiske analysene viste at ørretbestandene i de tre nederste innsjøene var prega av relativt stor genflyt mellom bestandene, og analysene av sjørret viste at de samme tre innsjøene inngår i "sjørretbestanden". Videre viste sjørret i størst grad tilhørighet til gytelokalitetene (elvene) Herringelva og Hattelva, mens Fusta, Straumen og Straumanelva ikke hadde like stor genetisk betydning. Bestandsdynamikken for ørret/sjørret fremsto dermed som relativt kompleks, og basert på resultatene fra prøvefiske og genetiske analyser fremstår anbefalingen om å benytte sjørret som biobank/genbank ifbm behandling og reetablering av ørreten til vassdraget som fornuftig.</p> <p>Røyebestandene ble i motsetning til ørretbestandene funnet å være klart genetisk adskilte, og vurderes på bakgrunn av konkurranseforholdet mellom ørret og røye som i stor grad avgrenser utbredelsen av røya til dypområdene å være reproduktivt adskilte.</p> <p>Lødingen, mars 2013</p>	
 <p>Postadresse : postboks 127 8411 Lødingen Telefon : 75 91 64 22 / 911 09459 E-post : ferskvannsbiologen@online.no</p>		

Forord

Denne rapporten gir en oppsummering av resultatene fra prøvefiske i Fustavassdraget. I forkant av rotenonbehandling av innsjøene ble Ømmervatn, Mjåvatn og Fustvatn prøvefiska med hensikt å beskrive fiskebestandene og forholdet mellom dem. I tillegg ble Luktvatn (som ikke skal behandles) undersøkt.

Kartleggingsarbeidet har vært et samarbeid mellom Ferskvannsbiologen As og Universitetet i Tromsø. Feltarbeidet er utført av Narve Johansen, Sigrid Skoglund og Øyvind K. Hanssen, mens rapporten er utarbeidet av Øyvind K. Hanssen.

Vi takker Fylkesmannen i Nordland for oppdraget.



Øyvind K. Hanssen
prosjektleder

Innhold

Forord	2
1. Innledning	3
2. Områdebeskrivelse	4
3. Metoder	4
3.1 Prøvefiske i innsjøene	4
3.2 Ungfiskregistrering	5
3.3 Materiale	5
4. Resultater	6
4.1 Luktvatn	6
4.2 Ømmervatn	8
4.3 Mjåvatn	10
4.4 Fustvatn	12
4.5 Ørret-populasjonene i elvene	14
5. Diskusjon	24
6. Litteratur	26
Vedlegg	27

1. Innledning

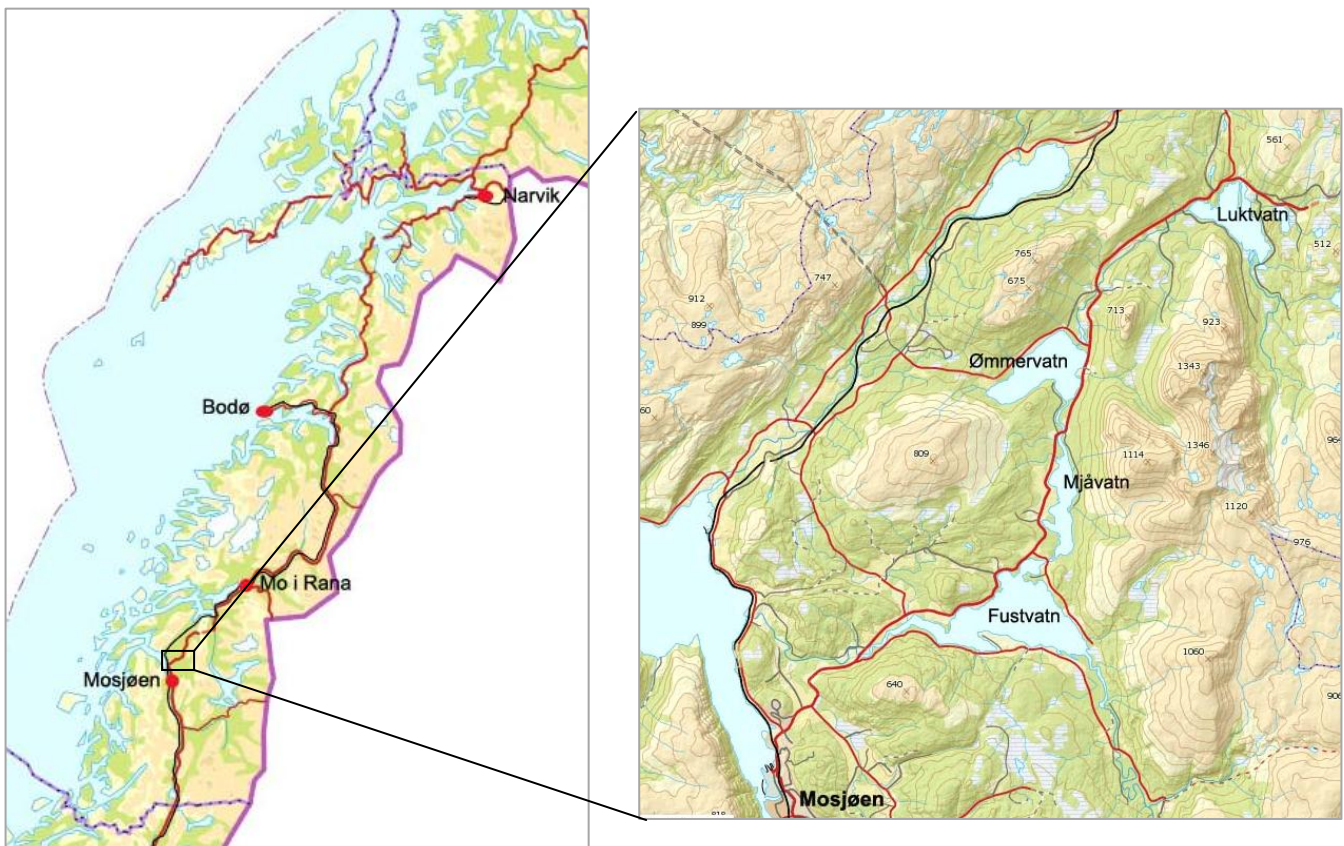
Laksebestanden i Vefsna ble i 1978 infisert av lakseparasitten *Gyrodactylus salaris*, og etter hvert ble også de fleste andre vassdragene i Vefsnfjorden infisert. I 2010 søkte Fylkesmannen i Nordland Miljøverndepartementet om tillatelse til å rotenonbehandle infiserte elver rundt Vefsnfjorden. Den planlagte behandlingen i 2010 måtte imidlertid utsettes da det ble påvist laksegyro på røye i Fustvatn og Ømmervatn i Fustavassdraget. Fylkesmannen sendte derfor ny søknad til Miljøverndepartementet i 2011 der også de tre nederste innsjøene i Fustavassdraget inngikk i behandlingsprogrammet. I mai 2011 ga Miljøverndepartementet grønt lys for norgeshistoriens mest omfattende gyro-behandling. Elvene ble behandlet første gang i 2011, og andre gangs behandling av elvene utføres i 2012. Innsjøene, Ømmervatn, Mjåvatn og Fustvatn, skal behandles kun en gang i 2012.

En behandling av innsjøene innebærer at store ørret- og røyebestander desimeres og følgelig må disse bestandene, på samme måte som laks (og sjørøret), reetableres i vassdraget etter behandling. I Fustavassdraget antas sjørøretbestanden å være sikra gjennom uttak av fisk i fisketrappa i Fusta, et fiskemateriale som vil utgjøre stamfiskbeholdninga for den fremtidige reetableringa av sjørøretbestanden. I innsjøene var imidlertid kunnskapen om fiskesamfunnene svært mangelfull, og forhold som artsfordeling, relativ størrelse på bestandene og genetisk struktur mellom de ulike innsjølevende ørret- og røyebestandene har ikke tidligere blitt kartlagt. Videre er det uklart hvor sjørøretbestanden plasserer seg i den genetiske strukturen til ørreten i vassdraget.

Ferskvannsbiologen As og Universitet i Tromsø søkte i 2011 om tilskudd fra Fylkesmannen i Nordland for å kartlegge fiskebestandene i vassdraget. Undersøkelsene i vassdraget ble utført i løpet av høsten 2011, der Ferskvannsbiologen As hadde ansvar for det generelle prøvefiske og innsamling av prøver. Universitetet i Tromsø har hatt ansvaret for analyser og tolkning av det innsamla genetiske materialet.

2. Områdebeskrivelse

Fustavassdraget ligger i Vefsn kommune, og har utløp i Vefsnfjorden 6,5 km nord for Mosjøen (**figur 1**). Vassdraget har et nedslagsfelt på 543,6 km², og de fire undersøkte innsjøene utgjør også de største innsjøene i vassdraget. Gjennom fisketrappa i Fusta kan anadrom fisk utnytte vassdraget til Ømmervatn og videre ca 7 km opp i Hattelva/Luktvasselva til Håkaliforsen. Det er imidlertid registret sjørret og laks i Luktvatnet, noe som betyr at Håkaliforsen ikke er et absolutt vandringshinder. Fra Luktvatn (3,8 km², 137 moh.) renner den vel 8 km lange Luktvasselva ned i Ømmervatn (5,4 km², 42 moh.). Mellom Ømmervatn og Mjåvatn (2,6 km², 39 moh.) renner den 1,8 km lange Straumanelva. Mjåvatn og Fustvatn (10,6 km², 39 moh.) er kun skilt av en kort elvestrekning med nesten ingen høydeforskjell. Fra Fustvatn renner elva Fusta om lag 8 km før den munner ut i Vefsnfjorden. Fisketrappa ligger 2 km nedenfor Fustvatn.



Figur 1 Oversiktskart over Fustavassdraget

3. Metoder & materiale

3.1 Prøvefiske i innsjøene

Det er benyttet oversiktsgarn i alle innsjøene. På grunn av overgang til norsk standard for garnfiske (NS 9455 og NS-EN 14757) er det imidlertid benyttet to ulike typer oversiktsgarn. Den "gamle" typen oversiktsgarn (ovg), som er benyttet ved undersøkelser i regulerte innsjøer i Nordland og Troms frem til og med 2007, er 40 m lange, og henholdsvis 1.5 og 4 m dype (bunn- og flytegarn). Hvert garn består av 10 ulike maskevidder (8- 45 mm målt fra knute til knute). Nordisk oversiktsgarn (Novg) er 30 m lange og 1.5 m dype garn med 12 ulike maskevidder (5-52 mm.).

Garn i strandsonen (litoralsonen) settes ut fra land og ned til 15-20 m dyp. I dypområdene (profundalsonen) blir garnene satt fra 15-20 m dyp og ned mot 50 m. Flytegarn settes i overflaten i et område som er dypere enn 12-15 m. Garnfangstene er fremstilt som fangst per garnatt (CPUE- antall fisk/100 m² garn/natt).

All fisk veies på digital vekt med nøyaktighet på 1 g., og lengde måles til nærmeste mm fra snute til halefinsens midtstråle (gaffellengde). Kjønn bestemmes og modningsstadium vurderes ut fra Sømme's skala (Sømme 1941). Lengde ved kjønnsmodning defineres som den lengdegruppe der om lag 50 % av hofisken er kjønnsmoden. Otolitter tas ut og lagres på 96 % etanol og aldersbestemmes under stereolupe. Antall cyster av bendelmarkene måsemark og fiskeandmark (*Diphyllobotrium dentriticum* og *D. Ditreum*) registreres i henhold til fire kategorier – ingen parasitter, liten infeksjon (1-5), middels infeksjon (6-20) og høy infeksjon (>20) – på hver enkelt fisk. Kjøttfarge registreres i kategoriene hvit, lys rød og rød. I tilfeller der diettanalyser gjennomføres tas mager fra inntil 100 fisk fra hvert område. Magens fyllingsgrad vurderes, mageinnhold bestemmes og den relative betydningen av de ulike byttedyrgruppene bestemmes.

Kondisjonsfaktor, som er et uttrykk for forholdet mellom vekt og kroppslengde, beregnes etter Fulton's formel (Fulton 1902):

$$\text{Kondisjonsfaktor} = \text{vekt (gram)} \times 100 / \text{Lengde (cm)}^3$$

3.2 Ungfiskregistrering

Tetthetsregistreringer av ungfisk utføres med elektrisk fiskeapparat. De største elvene mellom og rundt innsjøene ble fiska på en til to lokaliteter for å kartlegge om elvene ble benytta av ørret, og for å sikre genetisk materiale fra de ulike elvene. Ved en omgangs fiske forutsettes en fangbarhet på 50 % (jfr. Svenning m. fl. 1998, Svenning & Kanstad Hanssen 2008). På grunn av lav fangbarhet tas ikke årsyngel (0+) med i tetthetsberegningene, men oppgis bare som faktisk fangst.

Ved elektrofiske holdes som regel all fisk levende, og settes tilbake i elva etter lengdemåling. Ved behov for aldersbestemmelse avlives 30-50 fisk.

3.3 Materiale

Gjennom garnfiske ble det samla inn totalt 1.080 fisk i Fustavassdraget (**tabell 1**), samt 202 fisk samla inn under elektrofiske i ulike elver i vassdraget (**tabell 2**). Garnfangstene fordelte seg med 284 fisk fra Fustvatn, 319 fra Mjåvatn, 316 fra Ømmervatn og 161 fra Luktvatn. I den samla garnfangsten utgjorde røye og ørret henholdsvis 200 og 880 individer.

Tabell 1 Fangst av ørret og røye i Fustavassdraget

	<u>Fustvatn</u>		<u>Mjåvatn</u>		<u>Ømmervatn</u>		<u>Luktvatn</u>		Totalt
	Røye	Ørret	Røye	Ørret	Røye	Ørret	Røye	Ørret	
Littoralt	9	205	16	282	18	283	60	83	
Profundalt	55	0	13	8	10	0	1	0	
Pelagialt	0	15	0	0	3	2	15	2	
Totalt	64	220	29	290	31	285	76	85	1.080

Tabell 2 Fangst av ørret i elver i Fustavassdraget.

	Hattelva	Straman- elva	Straumen Mjå-/Fustvatn	Herringelva	Kugjot- bekken	Hellfjell-/ Groftremelva	Fusta
Antall ørret	30	33	32	18	25	28	36

4. Resultater

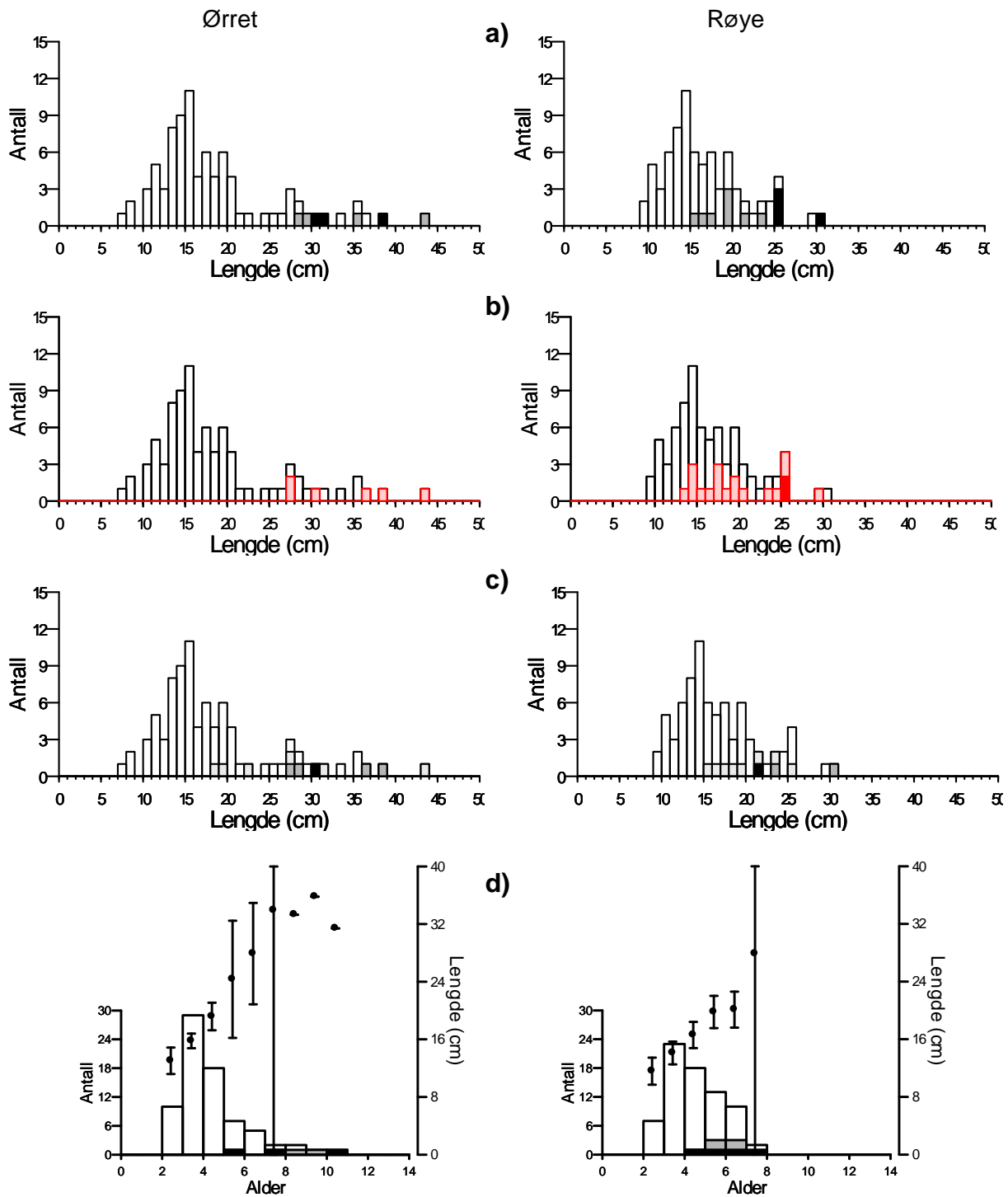
4.1 Luktvatn

Prøvefiske ble gjennomført 6-7. september. Det ble fiska med til sammen 24 oversiktsgarn, fordelt på 15 littoralt, 6 profundalt (nordisk) og 3 flytegarn pelagialt. Den samla fangsten utgjorde 76 røyer og 85 ørret.

Uttrykt som fangst per garnnatt (CPUE- antall fisk /100 m² garn) tilsvarte fangsten i littoralsonen (strandsonen) 6,6 røye og 9,2 ørret, profundal fangst tilsvarte 0,4 røye og pelagial (flytegarn) fangst 1,4 røyer og 0,2 ørret.

Garnfanga ørret fra Luktvatn var 7-43 cm, og gjennomsnittlengda var 18,5±1.6 cm (**figur 2**). Det ble generelt fanga få individer større enn 20 cm, og antall kjønnsmodne individer var lavt. Trolig kjønnsmodner ørreten ved lengder om kring 30 cm. Registrering av kjøttfarge viste at 40 % av ørret større enn 25 cm var lys rød i kjøttet og ingen var røde i kjøttet. Den minste ørreten med rødfarge i kjøttet var 27 cm. Måse-/fiskeandmark ble påvist hos 12 % av ørretene og de fleste var lite eller middels infisert. Gjennomsnittlig kondisjonsfaktor var 1,11±0.02. Garnfanga ørret var fra 2 til 10 år gammel, og aldersfordelinga viste at ørreten i all hovedsak rekrutteres inn i innsjøen som to-åring. Gjennomsnittlig lengde ved alder viste at ørreten vokser 4,2 cm per år frem til og med syv års alder.

Garnfanga røye fra Luktvatn var 9-31 cm, og gjennomsnittlengda var 16,6±1.1 cm (**figur 2**). Det ble fanga få individer større enn 20 cm, og kun ti røyer var større enn 25 cm. Antall kjønnsmodne individer var lavt, og de minste kjønnsmodne hofiskene var 25 cm. Trolig inntre kjønnsmodning hos røya når den er 25 cm eller større. Registrering av kjøttfarge viste at den minste røya med rødfarge i kjøttet var 14 cm, og blant røye større enn 14 cm var 29 % lys rød i kjøttet og 3 % var røde i kjøttet. Måse-/fiskeandmark ble påvist hos 14,5 % av røyene, og de fleste var lavt infisert. Gjennomsnittlig kondisjonsfaktor var 1,07±0.02. Garnfanga røye var fra 2 til 7 år gammel, og gjennomsnittlig lengde ved alder viste at røya vokser 2,8 cm per år frem til og med seks års alder



Figur 2 Lengdefordeling av garnfanget ørret og røye fra Luktvatn høsten 2011 der a) viser andel av kjønnsmoden hannfisk (grå) og hofisk (sort), b) andel av fisk som hadde hvit, lys rød og rød kjøttfarge, c) andelen av fisk som hadde lav (lys grå), middels (grå) og kraftig (sort) infeksjon av måse-/fiskeandmark (*Diphyllobotrium* spp.) samt d) aldersfordeling og lengde ved alder.

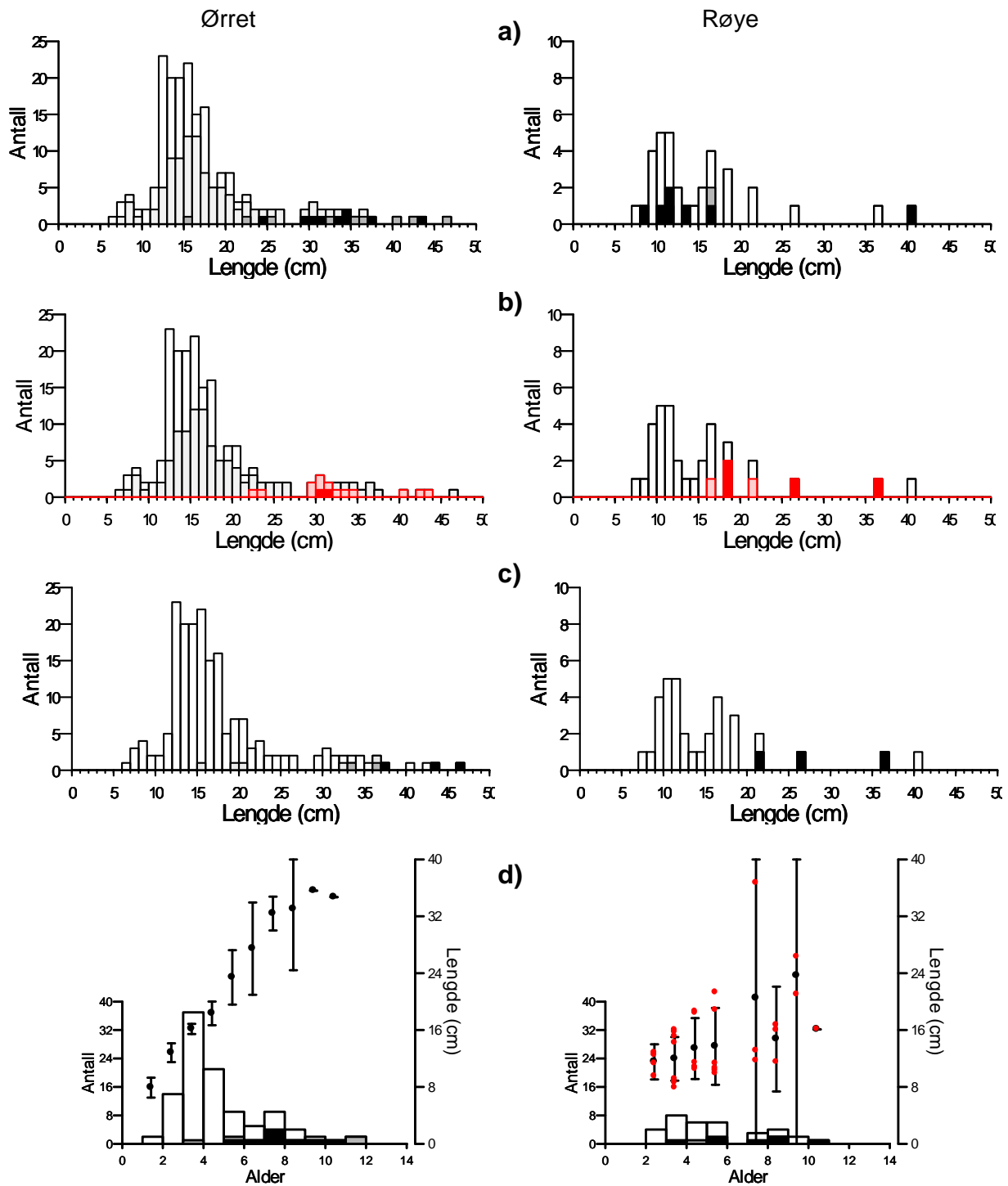
4.2 Ømmervatn

Prøvefiske ble gjennomført 7-8. september. Det ble fiska med til sammen 26 oversiktsgarn, fordelt på 17 littoralt, 6 profundalt (nordisk) og 3 flytegarn pelagialt. Den samla fangsten utgjorde 31 røyer og 285 ørret.

Uttrykt som fangst per garnnatt (CPUE- antall fisk /100 m² garn) tilsvarte fangsten i littoralsonen (strandsonen) 1,8 røye og 27,7 ørret, profundal fangst tilsvarte 3,7 røye og pelagial (flytegarn) fangst 0,6 røyer og 0,4 ørret.

Garnfanga ørret fra Ømmervatn var 6-46 cm, og gjennomsnittlengda var 17,7±1.0 cm (**figur 3**). Ørret mellom 12 og 17 cm dominerte garnfangstene, og kun 7,8 % av ørretene var større enn 25 cm. Den minste kjønnsmodne hofisken var 24 cm, og to tredjedeler av ørret større enn 25 cm var kjønnsmoden. Trolig kan lengde ved kjønnsmodning hos ørreten anses å nærme seg 30 cm. Registrering av kjøttfarge viste at nær 40 % av ørret større enn 25 cm var lys rød eller rød i kjøttet. Måse-/fiskeandmark ble påvist hos 3 % av ørretene og kun de tre største fiskene var kraftig infisert. En del av ørretmaterialet ble kun lengdemålt (åpne søyler i figur 3), men som lengdefordelinga viser består denne gruppa av ørret i all hovedsak av individer mindre enn 20 cm. Andelen av fisk som kun ble lengdemålt påvirker derfor i liten eller ingen grad vurderingene av lengde ved kjønnsmodning og vurdering av kvalitetsparametre som kjøttfarge og infeksjon av bendelmark. Gjennomsnittlig kondisjonsfaktor var 1,11±0.02. Garnfanga ørret var fra ett til 10 år gammel, og aldersfordelinga viste at ørreten i all hovedsak rekrutteres inn i innsjøen som to-åringer. Gjennomsnittlig lengde ved alder viste at ørreten vokser 3,9 cm per år frem til og med åtte års alder.

Garnfanga røye fra Ømmervatn var 7-40 cm, og gjennomsnittlengda var 15,1±2,6 cm (**figur 3**). Halvparten av røyefangsten var mellom 9 og 12 cm, og 10 % (3 ind.) var større enn 25 cm. Til tross for at det ble fanga veldig få røyer, indikerer materialet at røyebestanden er splitta. Den minste kjønnsmodne hofisken var 8 cm og 30 % av all fisk under 15 cm var modne hofisk. I tillegg ble det registrert en moden hofisk på 17 cm og en på 40 cm. Med andre ord indikerer røyematerialet at en del av bestanden kjønnsmodner ved lengder om kring 10-11 cm og en annen del ved lengder trolig større enn 25-30 cm. Registrering av kjøttfarge viste at den minste røya med rødfarge i kjøttet var 16 cm, og blant røye større enn 15 cm var 29 % lys rød i kjøttet og 14 % var røde i kjøttet. Måse-/fiskeandmark ble påvist hos 10 % av røyene, og alle var kraftig infisert. Gjennomsnittlig kondisjonsfaktor var 0,95±0.06. Garnfanga røye var fra 2 til 10 år gammel, og gjennomsnittlig lengde ved alder viste at røya vokser 2,3 cm per år frem til og med seks års alder. Spredningsplot av lengde mot alder viser stor spredning/splitting allerede ved 3-4 års alder, og gir sammen med kjønnsmodningsmønster en klar indikasjon på at røyebestanden reelt er splitta.



Figur 3 Lengdefordeling av garnfanget ørret og røye fra Ømmervatn høsten 2011 der a) viser andel av kjønnsmoden hannfisk (grå) og hofisk (sort), b) andel av fisk som hadde hvit, lys rød og rød kjøttfarge, c) andelen av fisk som hadde lav (lys grå), middels (grå) og kraftig (sort) infeksjon av måse-/fiskeandmark (*Diphyllobotrium* spp.) samt d) aldersfordeling og lengde ved alder. Merk at i lengdefordelingene av ørret er åpne søyler ørret som kun er lengdemålt.

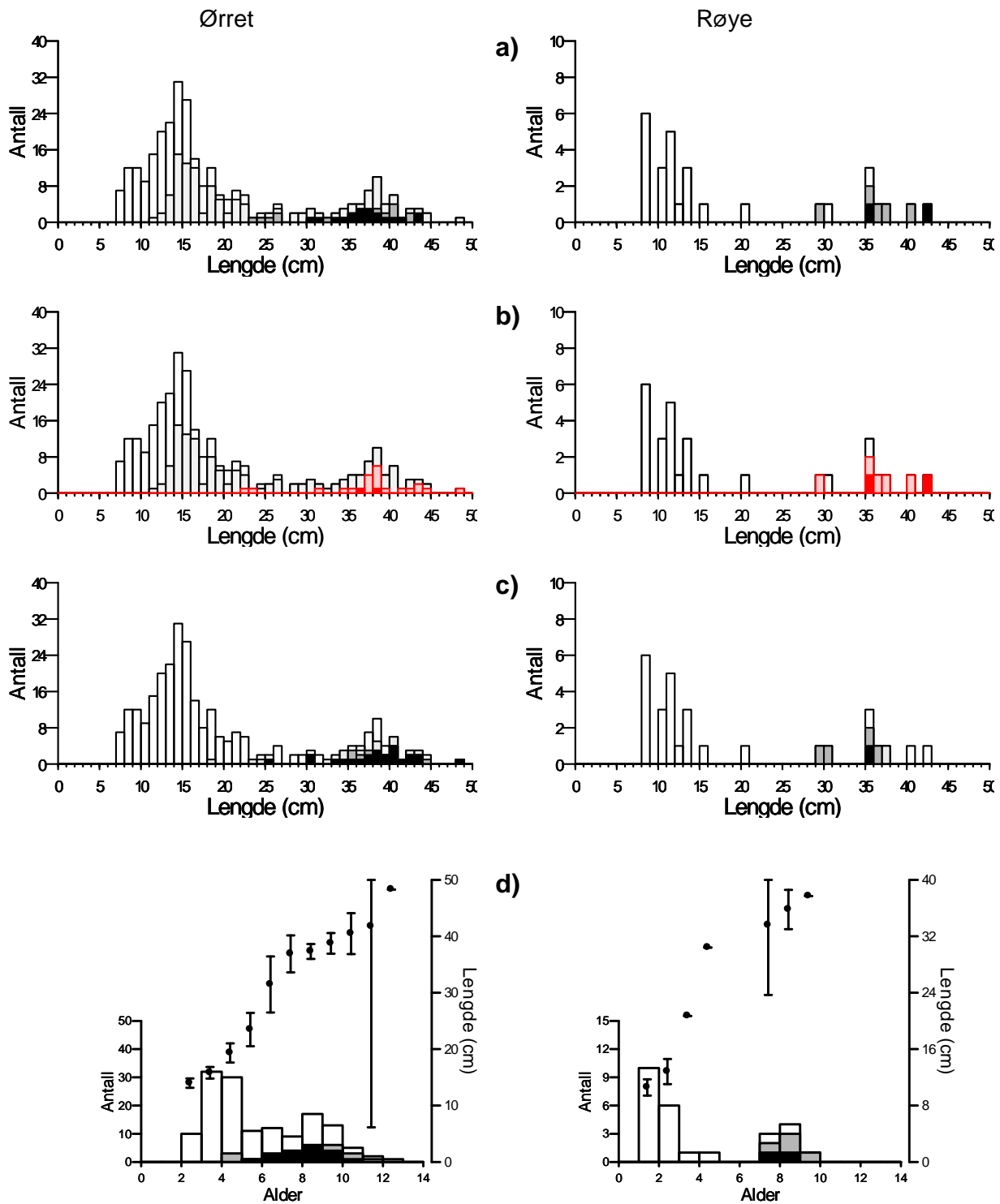
4.3 Mjåvatn

Prøvefiske ble gjennomført 8-9. september. Det ble fiska med til sammen 27 oversiktsgarn, fordelt på 18 littoralt 6 profundalt (nordisk) og 3 flytegarn pelagialt. Den samla fangsten utgjorde 29 røyer og 290 ørret.

Uttrykt som fangst per garnatt (CPUE- antall fisk /100 m² garn) tilsvarte fangsten i littoralsonen (strandsonen) 1,5 røye og 26,1 ørret, profundal fangst tilsvarte 4,8 røye og 3 ørret. Innsjøen er grunn og flytegarn ga ingen fangst.

Garnfanga ørret fra Mjåvatn var 7-48 cm, og gjennomsnittlengda var 18,5±1.6 cm (**figur 4**). Lengdefordelinga av garnfanga ørret var bi-modal, der fisk mellom 12 og 15 cm dominerte blant fisk mindre enn 25 cm og lengdegruppene 37-40 cm dominerte blant fisk større enn 25 cm. Ørret større enn 25 cm utgjorde 23 % av totalmaterialet. Nær 50 % av ørret større enn 25 var umoden, og den minste kjønnsmodne hofisken var 30 cm. Det vurderes derfor som sannsynlig at lengde ved kjønnsmodning overstiger 30 cm og ligger nærmere 35 cm. Registrering av kjøttfarge viste at vel 36 % av ørret større enn 25 cm var lys rød eller rød i kjøttet. Kun to individer mindre enn 25 cm ble registrert med lys rød kjøttfarge. Måse-/fiskeandmark ble påvist hos 34 % av ørretene og 25 % av de infisert individene var kraftig infisert. En del av ørretmaterialet ble kun lengdemålt (åpne søyler i figur 4), men som lengdefordelinga viser består denne gruppa av ørret i all hovedsak av individer mindre enn 20-23 cm. Andelen av fisk som kun ble lengdemålt påvirker derfor i liten eller ingen grad vurderingene av lengde ved kjønnsmodning og vurderingene av kvalitetsparametre som kjøttfarge og infeksjon av bendelmark. Gjennomsnittlig kondisjonsfaktor var 1,07±0.03. Garnfanga ørret var fra 2 til 12 år gammel, og aldersfordelinga viste at ørreten trolig rekrutteres inn i innsjøen som to- og tre-åringer. Gjennomsnittlig lengde ved alder viste at ørreten vokser 3,7 cm per år frem til og med ti års alder. Imidlertid er gjennomsnittlig årlig lengdevækst mellom 5-7 år hele 6,7 cm/år, og dette omslag i vekst kan trolig knyttes til diettvalg (fisk).

Garnfanga røye fra Mjåvatn var 8-42 cm, og gjennomsnittlengda var 19,0±4,6 cm (**figur 4**). Det ble fanga få røyer under garnfiske i Mjåvatn, og materialet er for lite til å kunne gi en god bestandsbeskrivelse. I hovedsak ble det fanga røye mindre enn 15 cm og større enn 30 cm. Det ble ikke registrert kjønnsmoden fisk mindre enn 29 cm og materialet indikerer at lengde ved kjønnsmodning er større enn 30 cm. Registrering av kjøttfarge viste at den minste røya med rødfarge i kjøttet var 29 cm, og 82 % av fisken større enn dette var lys rød eller rød i kjøttet. Måse-/fiskeandmark ble påvist hos 17 % av røyene. Gjennomsnittlig kondisjonsfaktor var 0,93±0.07. Garnfanga røye var fra ett til ni år gammel, og gjennomsnittlig lengde ved alder viste at røya vokser 4,3 cm per år frem til og med åtte års alder



Figur 4 Lengdefordeling av garnfanget ørret og røye fra Mjøvatn høsten 2011 der a) viser andel av kjønnsmoden hannfisk (grå) og hofisk (sort), b) andel av fisk som hadde hvit, lys rød og rød kjøttfarge, c) andelen av fisk som hadde lav (lys grå), middels (grå) og kraftig (sort) infeksjon av måse-/fiskeandmark (*Diphyllobotrium* spp.) samt d) aldersfordeling og lengde ved alder. Merk at i lengdefordelingene av ørret er åpne søyler ørret som kun er lengdemått.

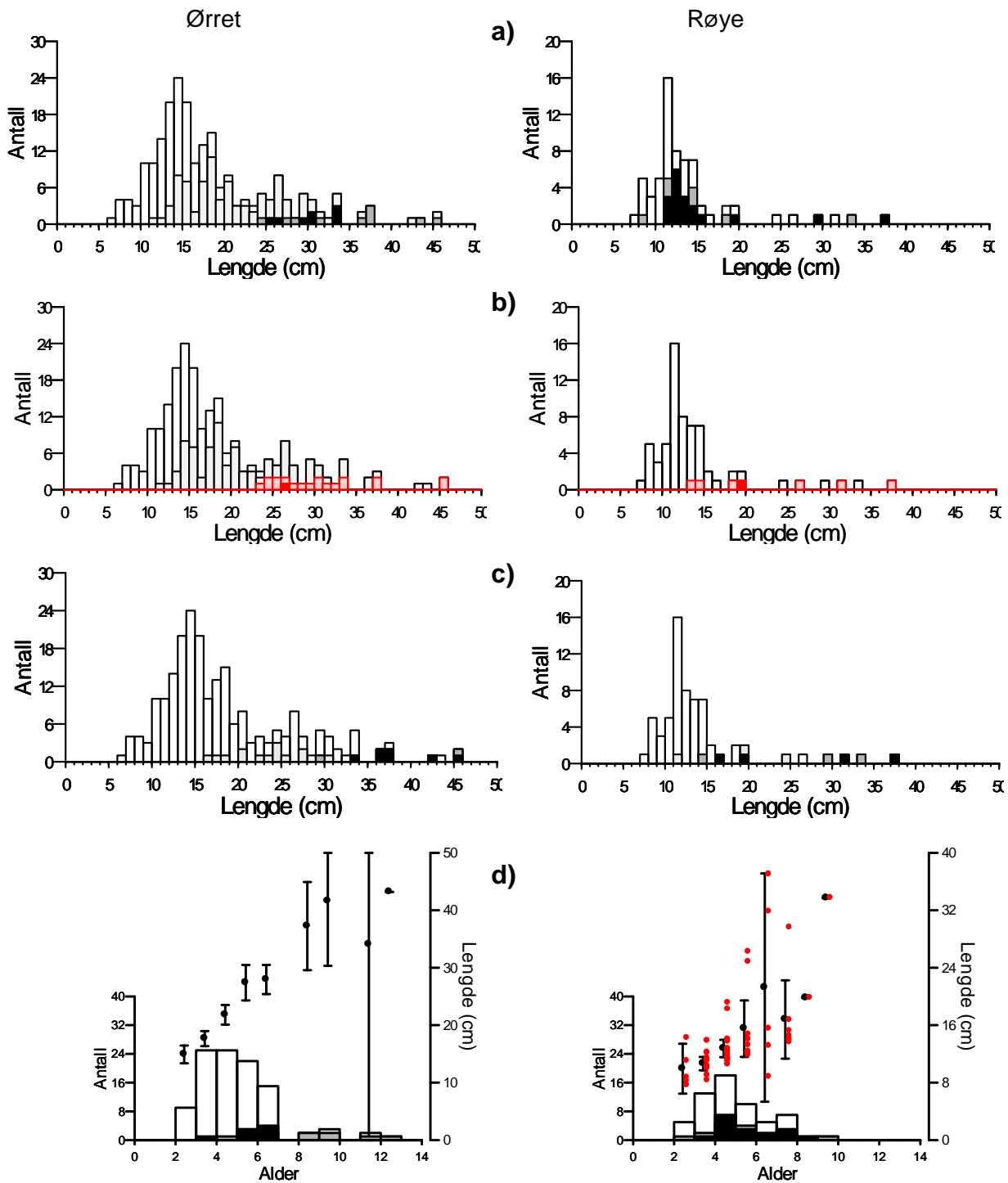
4.4 Fustvatn

Prøvefiske ble gjennomført 9-10. september. Det ble fiska med til sammen 26 oversiktsgarn, fordelt på 17 littoralt, 6 profundalt (nordisk) og 3 flytegarn pelagialt. Den samla fangsten utgjorde 64 røyer og 220 ørret.

Uttrykt som fangst per garnnatt (CPUE- antall fisk /100 m² garn) tilsvarte fangsten i littoralsonen (strandsonen) 0,9 røye og 20,1 ørret, profundal fangst tilsvarte 20,4 røye og pelagial (flytegarn) fangst 3,1 ørret.

Garnfanga ørret fra Fustvatn var 6-45 cm, og gjennomsnittlengda var 18,4±1.0 cm (**figur 5**). Fisk mellom 12 og 18 cm dominerte. Ørret større enn 25 cm utgjorde 19,5 % av totalmaterialet. Vel 60 % av ørret større enn 25 var umoden, og den minste kjønnsmodne hofisken var 25 cm. Det vurderes som sannsynlig at ørreten kjønnsmodner ved lengder om kring 30 cm. Registrering av kjøttfarge viste at 37 % av ørret større enn 25 cm var lys rød i kjøttet og ett individ var rød i kjøttet. Kun tre individer mindre enn 25 cm ble registrert med lys rød kjøttfarge. Måse-/fiskeandmark ble påvist hos 10 % av ørretene og alle infiserte individ større enn 30 cm var kraftig infisert. En del av ørretmaterialet ble kun lengdemålt (åpne søyler i figur 4), men som lengdefordelinga viser består denne gruppa av ørret i all hovedsak av individer mindre enn 20 cm. Andelen av fisk som kun ble lengdemålt påvirker derfor i liten eller ingen grad vurderingene av lengde ved kjønnsmodning og vurderingene av kvalitetsparametre som kjøttfarge og infeksjon av bendelmark. Gjennomsnittlig kondisjonsfaktor var 1,13±0.02. Garnfanga ørret var fra 2 til 12 år gammel, og aldersfordelinga viste at ørreten trolig rekrutteres inn i innsjøen som to- og tre-åringer. Gjennomsnittlig lengde ved alder viste at ørreten vokser 4,1 cm per år frem til og med ti års alder.

Garnfanga røye fra Fustvatn var 7-37 cm, og gjennomsnittlengda var 14,0±1.3 cm (**figur 5**). Det ble generelt fanga få individer større enn 20 cm, og antall kjønnsmodne individer var lavt. Trolig kjønnsmodner ørreten ved lengder om kring 30 cm. Registrering av kjøttfarge viste at den minste røya med rødfarge i kjøttet var 13 cm, og av 27 røyer større enn 13 cm var 6 lys rød i kjøttet og en rød i kjøttet. Måse-/fiskeandmark ble påvist hos 15 % av røyene, og de fleste var middels eller kraftig infisert. Gjennomsnittlig kondisjonsfaktor var 0,97±0.03. Garnfanga røye var fra 2 til 9 år gammel, og et spredningsplot av lengde mot alder indikerer at røyebestanden kan være splitta.



Figur 5 Lengdefordeling av garnfanget ørret og røye fra Fustvatn høsten 2011 der a) viser andel av kjønnsmoden hannfisk (grå) og hofisk (sort), b) andel av fisk som hadde hvit, lys rød og rød kjøttfarge, c) andelen av fisk som hadde lav (lys grå), middels (grå) og kraftig (sort) infeksjon av måse-/fiskeandmark (*Diphyllobotrium* spp.) samt d) aldersfordeling og lengde ved alder. Merk at i lengdefordelingene av ørret er åpne søyler ørret som kun er lengdemålt.

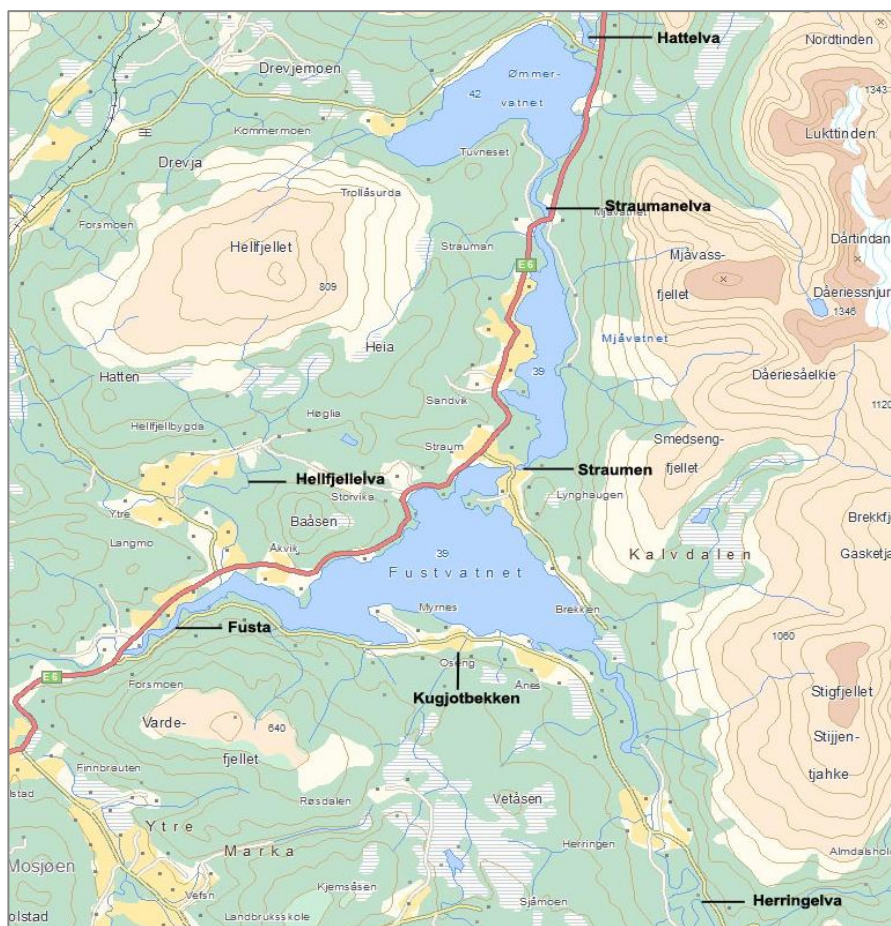
4.5 Elve-populasjoner av ørret

Ørretunger ble samla inn fra elvene mellom innsjøene (Hattelva, Straumanelva og Straumen), fra utløpselva fra Fustvatnetn (Fusta) og fra tre av de større innløpselvene (Herringelva, Kugjotbekken og Hellfjellelva) rundt Fustvatnet (**figur 6**). All innsamla fisk ble avlivet, konserverert og vevsprøver til genetiske analyser ble tatt i etterkant. Svært høye vannføringer gjennom høsten tillot i liten grad tradisjonelt elektrofiske (i representative utsnitt av elvene), og kun i Straumanelva, Straumen og Kugjotbekken ble klart avgrensa lokaliteter benytta (**tabell 3**). I de øvrige elvene ble det gjennomført "plukkfangst" av ungfisk langs elvebreddene. I Hellfjellelva/Groftremelva ble det på grunn av lave fisketettheter og høy vannføring fiska en lengre strekning av elva, og fisket ble ikke utført på en måte som gir grunnlag for tetthetsberegninger på denne om lag 550 m lange fiskestrekningen. I Hattelva ble det først fiska på en avgrensa stasjon, men svært lave tettheter tilsa behov for å øke arealet. På grunn av høye vannføringer og få fiskbare områder ble supplerende fangst utført gjennom "plukkfangst langs elvebreddene. Også i Fusta og Herringelva tilsa høy vannføring at det kun ble utført "plukkfangst" langs elvebreddene. Vedvarende høye vannføringer gjennom hele høsten ga ikke rom for nye forsøk på tetthetsestimering av ungfisk i elvene. Med unntak for Kugjotbekken var fangstene av ørretunger generelt lave, men den høye vannføringa gjennom hele høsten må antas å påvirke fangstene av ørret. På grunn av lave fisketettheter (fangster) ble ikke tre gangers fiske vurdert som hensiktsmessig for å beregne tetthet siden svært store (og lite representative) arealer måtte ha blitt avfiska. Selv om fisketettheten var høyest i Kugjotbekken har neppe denne bekken større betydning for rekrutteringen av ørret til Fustvatnet, i og med at samla areal av bekken er relativt lavt samt at høyere andel av eldre ørretunger her enn i de øvrige elvene indikerer at dette i stor grad er en bestand med "bekkørret". Herringelva og Hellfjell-/Groftremelva (og Baåga) har trolig en viss rolle som gyteområder og tidlige oppvekstarealer, men elvene mellom innsjøene og Fusta utgjør trolig de viktigste områdene for de større gytefiskene (sjøørretene) i vassdraget.

Tabell 3 Areal av elfiske-lokaliteter og fangst av ørret i elver/bekker i Fustavassdraget høsten 2011. Elvenavn i parentes () er navn benytta i rapport vedrørende gentikk (Præbel & Knudsen 2012). Estimert tetthet tar utgangspunkt i 50 % fangbarhet (for fisk >0+) ved en omgangs fiske.

	Areal (m ²)	Ørretfangst		
		0+	>0+	Estimert/100 m ²
Hattelva	(ca 600)	13	17	(5,5)
Straumanelva (Straumselva)	600	5	28	9,3
Straumen (elv Mjåvatn/Fustvatn)	575	12	20	7,0
Herringelva	---	18	0	--
Hellfjell-/Groftremelva (Grottvemelva)	(ca 1000)	3	25	(5)
Kugjotbekken (Osen-Fustvatn)	100	6	19	38
Fusta (utløp-Fustvatn)	---	13	23	--

Genetiske analyser viste at tre av disse (gyte-)elvene (Hattelva, Herringelva og Hellfjell-/Groftremelva) hadde genetisk "reine" bestander, og ble sammen Straumen og Luktvatn anbefalt ivaretatt for å sikre den genetiske variasjonen i vassdraget (Præbel & Knudsen 2012 - **Vedlegg 1**). Kugjotbekken fremsto i analysene som en avgrenset populasjon, og ble ansett som en egen populasjon. Dette er i overensstemmelse med vurderinger under elektrofiske, der andel stor ungfisk var høyere enn i de andre elvene og tilsa en mulig "bekkørret-bestand". Ved sammenligning av ungfiskmaterialet mot prøver fra sjøørret viste analysene at 38 % og 22 % av sjøørretmaterialet kunne tilordnes hhv. Herringelva og Hattelva, mens hhv 9 % og 5 % kunne tilordnes Straumen og Hellfjellelva (Baåga) utgjorde.



Figur 6 Kart som viser lokaliteter for elektrofiske og innsamling av ungfish av ørret.

5. Diskusjon

I alle fire innsjøene dominerer ørreten fiskesamfunnet. I strandsonen utgjorde ørret 58 % av fangsten i Luktvatn, mens andelen var 94-96 % i de øvrige tre innsjøene. Den relative tettheten (fangst per garnnatt-CPUE) av røye var generelt veldig lav, og var mellom 0,9 og 1,8 individer/garnnatt i Fustvatn, Mjåvatn og Ømmervatn. I Luktvatn var fangsten av røye i strandsonen noe høyere (6,6 ind/garnnatt). De tilsvarende fangstene av ørret var 9,2 individer/garnnatt i Luktvatn og 20-28 individer/garnnatt i de tre øvrige innsjøene. Røye var enerådene i de dype områdene av innsjøene, med unntak for i Mjåvatn der det også ble fanga noen få ørret dypt. Imidlertid er Mjåvatn grunt og dypområder utgjør lite areal og er i grenseland for å kunne defineres som dypområder (profundalsone). I Fustvatn var fangsten av røye i dypområdene vel 20 individer/garnnatt. I de tre øvrige innsjøene var fangsten av røye i dypområdene mellom 0,5 og 5 individer /garnnatt. Det må derfor konkluderes med at tettheten av røye generelt var lav i alle innsjøene. Til en viss grad kan dette være en effekt av hardt fiskepress på røye de siste årene. Pelagisk forekomst av røye er heller ikke kartlagt, og kan bidra til at den reelle tettheten av røye i innsjøene er noe høyere.

Garninnsats og fordeling av garn under prøvefiske i Fustavassdraget har tatt utgangspunkt i forholdet mellom innsats og fangst fra mer enn 200 ulike gjennomførte prøvefiske i Nord-Norge (Halvorsen 1999, 2000, 2001, 2002, 2003, 2004; Kanstad Hanssen 1999, 2000, 2001, 2008, 2012 a,b). Våre resultater fra prøvefiske i Fustavassdraget er med tanke på relativt tetthet av fisk (fangst/garnnatt) vurdert ut fra erfaringsdata fra over nevnte undersøkelser. Vi anser resultatene fra prøvefiske i Fustavassdraget i 2011 til å gi en god beskrivelse av bestandstettheter og habitatfordeling for både ørret- og røyebestandene seinsommer eller tidlig høst.

I to av innsjøene, Ømmervatn og Fustvatn, indikerte resultatene av garnfiske at røyebestandene er splitta. I begge innsjøene ble det registrert tidlig kjønnsmodning i en del av røyebestanden, samtidig som det også ble registrert kjønnsmodning ved høy alder og stor størrelse. Aldersanalysene indikerte også en splitting gjennom ulike vekstmønster. Splitting i røyebestander er en respons på konkurranse, predasjon og tilgjengeligheten av refugier. I Luktvatn eller Mjåvatn ble ikke tilsvarende splitting av røyebestandene påvist, noe som i Luktvatn trolig har sammenheng med den generelt lave samla fisketettheten og i Mjåvatn av mangelen på egne refugier (dypområder).

De genetiske analysene av fisk fra de ulike innsjøene viste at røyebestandene i stor grad var reproduktivt adskilte (Præbel & Knudsen 2012 - **Vedlegg 1**). Dette samsvarer godt med de registrerte fangstene av røye og artsfordelinga mellom ørret og røye. Røye ble i all hovedsak registrert i dypet i alle innsjøene, og kun en liten andel av røyebestandene ble registrert i strandsonen. Røyebestandene fremstår dermed i større grad enn ørret geografisk isolerte gjennom å være begrensa til dypområdene.

Generelt kan tettheten av ørret omtales som middels høy i Fustvatn, Mjåvatn og Ømmervatn, mens den i Luktvatn må omtales som relativt lav. Den registrerte vekstkurven var relativt lik fra innsjø til innsjø, og gjennomsnittlig årlig lengdetilvekst var om lag 4 cm i alle innsjøene. Relatert til næringsgrunnlaget synes dermed statusen for ørretbestandene å være relativt lik. Bestandsstrukturen er heller ikke vesentlig forskjellig mellom innsjøene, og andelene av stor fisk (>25 cm) var med unntak for Ømmervatn lik. I alle innsjøene viser lengdefordelingene for garnfanga ørret en mer eller mindre markert reduksjon i antall fisk større enn 15-20 cm. I Luktvatnet anses dette å være et uttrykk for beskatning (garnfiske), mens bestandsstrukturen i Ømmervatn, Mjåvatn og Fustvatn også kan være et uttrykk for en viss utvandring av sjørretsmolt. De genetiske analysene av oppvandrende sjørret i Fusta viste at sjørret rekrutteres fra de sist nevnte tre innsjøene (Præbel & Knutsen 2013). De genetiske analysene viste også at det var relativt stor genflyt mellom ørretbestandene i de ulike innsjøene. I tillegg ble det vist at de genetisk viktigste gytelokalitetene (elvene) for sjørreten i vassdraget er Herringelva og Hattelva. Fusta, Straumen og Straumanelva fremstår med noe uventa liten betydning sett ut fra størrelse og vannføringsregimer (mer stabil vannføring enn innløpselvene generelt). Dette gir et relativt komplekst bilde av sjørret-/ørretbestandene i vassdraget. Anbefalinga gitt i den genetiske rapporten om å benytte oppvandrende sjørret som biobank/genbank må også ut fra resultatene fra

prøvefiske anses som fornuftig, siden innsjøbestandene fremstår som relativt like og vanskelig å skille fra hverandre. Ut fra fangstene under prøvefiske med garn synes ørretbestandene i dag å være dominert av stasjonær ørret, spesielt synes dette sannsynlig i Mjøvatn. Gitt fremtidig fri oppvandring av sjøørret kan dette forholdet endres over relativt kort tid.

6. Litteratur

- Halvorsen, M. Bedre fiske i regulerte vassdrag i Nordland-Fagrapport 1998. Fylkesmannen i Nordland. Miljøvernavdelingen. Rapport nr 1-1999 94 sider.
- Halvorsen, M. Bedre fiske i regulerte vassdrag i Nordland-Fagrapport 1999. Fylkesmannen i Nordland. Miljøvernavdelingen. Rapport nr 1-2000 73 sider.
- Halvorsen, M. Bedre fiske i regulerte vassdrag i Nordland-Fagrapport 2000. Fylkesmannen i Nordland. Miljøvernavdelingen. Rapport nr 2-2001 80 sider.
- Halvorsen, M. Bedre fiske i regulerte vassdrag i Nordland-Fagrapport 2001. Fylkesmannen i Nordland. Miljøvernavdelingen. Rapport nr 1-2002 67 sider.
- Halvorsen, M. Bedre fiske i regulerte vassdrag i Nordland-Fagrapport 2002. Fylkesmannen i Nordland. Miljøvernavdelingen. Rapport nr 9-2003 73 sider.
- Halvorsen, M. Bedre fiske i regulerte vassdrag i Nordland-Fagrapport 2003. Fylkesmannen i Nordland. Miljøvernavdelingen. Rapport 4/2004 71 sider.
- Kanstad Hanssen, Ø. 1999. Bedre innlandsfiske i regulerte vassdrag i Troms- Fagrapport 1998. Fylkesmannen i Troms. Miljøvernavdelingen. Rapport nr 70 54 sider.
- Kanstad Hanssen, Ø. 1999. Bedre innlandsfiske i regulerte vassdrag i Troms- Fagrapport 1999. Fylkesmannen i Troms. Miljøvernavdelingen. Rapport nr 72 48 sider.
- Kanstad Hanssen, Ø. 1999. Bedre innlandsfiske i regulerte vassdrag i Troms- Fagrapport 2000. Fylkesmannen i Troms. Miljøvernavdelingen. Rapport nr 50 54 sider.
- Kanstad Hanssen, Ø. 1999. Bedre innlandsfiske i regulerte vassdrag i Troms 1998-2001- Sluttrapport. Fylkesmannen i Troms. Miljøvernavdelingen. Rapport 24 sider.
- Kanstad Hanssen, Ø. 2012. Fiskefaglig aktivitet 2007-2011. Prosjekt "Bede fiske i regulerte vassdrag i Nordland". Prosjektrapport. 136 sider.
- Kanstad Hanssen, Ø. 2012. Fiskefaglig aktivitet 2007-2011. Prosjekt "Bede fiske i regulerte vassdrag i Troms". Prosjektrapport. 78 sider.
- Præbel, K. & Knudsen, R. 2013. Genetiske undersøkelser av ørret (*Salmo trutta*) og røye (*Salvelinus alpinus*) i Fustvassdraget med henblikk på å bevare genetisk diversitet og variasjon etter rotenonbehandling. Universitetet i Tromsø, Institutt for Arktisk og Marin Biologi. Rapport. 21 sider.
- Sømme, I. 1941. Ørretboks. Jacob Dybwads forlag. Oslo. 591 sider.
- Zippin, C. 1958. The removal method of population estimation. Journal of Wildlife Management 22:82-90.

Vedlegg

Vedlegg 1 Rapport fra genetiske kartlegginger av fiskebestandene i Fustavassdraget.

Genetiske undersøkelser av ørret (*Salmo trutta*) og røye (*Salvelinus alpinus*) i Fustvassdraget med henblikk på å bevare genetisk diversitet og variasjon etter rotenonbehandling

K. Præbel og R. Knudsen

Universitetet i Tromsø, Institutt for Arktisk og Marin Biologi, 9037-Tromsø.
Email: kimpraebel@hotmail.com / rune.knudsen@uit.no

Sammenfatning

I forbindelse med rotenonbehandling av Vefsna og Fustvassdragene var det ønskelig å undersøke den genetiske variasjonen og strukturen til lokale bestander av ørret (*Salmo trutta*) og røye (*Salvelinus alpinus*). Målet var å dokumentere genetiske forskjeller med tanke på å sikre lokale bestandene til reetablering av laksefiskbestandene etter behandlingen. Vi brukte et representativt antall genetiske markører i både nøytrale og kodende områder (under seleksjon) av genomet på et representativt antall fisk for å undersøke genetisk diversitet, struktur, genflyt, og tegn på naturlig seleksjon. Sistnevnte ble inkludert for å se om bestandene viste tegn på lokale adaptasjoner.

Dette er et sammendrag av de tre undersøkelsene som ble utført og rapportert i dette prosjektet

I den første undersøkelsen (vedlagt, se side 7-11) ble det utelukkende fokusert på innsjølevende røye og ørret. Undersøkelsen viste, at det er minimalt genflyt og sterk reproduktiv isolasjon mellom de lokale innsjølevende bestandene av **røye** i Fustvassdraget. Lokale adaptasjoner ble funnet i alle vatn som ble undersøkt. Resultatene fra denne undersøkelsen var så klare, at det ble anbefalt **at det bevares røye fra Fustvatn, Mjåvatn og Ømmervatn.**

For **ørret** viste den første undersøkelsen relativ stor utveksling av individer og genflyt mellom ulike populasjoner og vann. Det ble identifisert tre unike genetiske populasjoner av ørret i vassdraget (Figur 7, side 13), men det var ikke mulig å knytte disse til en bestemt lokalitet eller livsstil (stasjonær versus anadrom). Det ble derfor utført to ytterligere undersøkelser, hvor først en representativ sjøørretp prøve (se notat side 16-18) og deretter ble ungfisk av ørret fra syv gytelokaliteter analysert. Alle data fra de tre undersøkelsene ble deretter analysert sammen for å øke oppløsningen og for å identifisere om en eller flere av de rene populasjonene som ble identifisert i den første undersøkelsen kunne tilskrives sjøørret (se notat side 19-22). I tillegg, dersom sjøørret dannet en egen populasjon kunne denne tilknyttes en bestemt gytelokalitet. Totalt ble 67% av de 532 undersøkte individene knyttet til en bestemt populasjon med en tilhørighet på 75% eller mer (se fig. 1., side 21). Grensen ble satt konservativt lavt, da resultatene viste at ikke alle potensielle gytelokaliteter var innsamlet i prosjektet. Det ble identifisert seks genetisk rene populasjoner¹ i vassdraget. Ørret fra **Luktvatn** og **Kugjotbekken** viste seg å være lokale ørretpopulasjoner og individer fra disse populasjonene ble ikke funnet på andre lokaliteter i vassdraget eller i sjøørretp prøven. Individene ble tilordnet populasjonene med stor sikkerhet (Luktvatn og Osenbekken henholdsvis mer enn 97% og 95% (rød populasjon) tilhørighet). Av de fire andre populasjonene, viste **Hattelva**, **Herringelva** og **Hellfjell-/Groftremelva** stor genetisk renhet (Fig 1. s 21). Den siste av de fire populasjonene hadde færrest antall genetisk rene individer, men mange av disse individene med en genetisk tilhørighet på ~75% eller mer ble funnet i området rundt Mjåvatn (rosa populasjon i FuSt og FuMm, Mj i Figur 1, side 21). Da vi i tillegg fant individer med en genetisk tilhørighet på 80% eller mer til den rosa populasjonen andre steder i vassdraget og i sjøørretp prøven, tyder det på at den rosa populasjonen var tilstede flere steder i vassdraget (altså det er ikke en analytisk artefakt), men at den nøyaktige gytelokalitet for denne populasjon ikke er påvist i materialet. I sjøørretp prøven kunne 74% av individene knyttes til gytelokalitetene **Herringelva** (38%), **Hattelva** (22%), **Hellfjell-/Groftremelva** (5%) og det uidentifiserte området rundt Mjåvatn (9%) (se s. 21 for detaljer). Av de resterende 26% av individene i denne prøven, var cirka halvparten **hybrider** mellom **Hattelva** og **Herringelva**. De resterende kunne ikke knyttes til noen bestemt lokalitet eller populasjon. Et lignende mønster ble funnet i **Fustvatn**, hvor bare 55% av individene ble knyttet til spesifikke lokaliteter, mens resten av individene enten var hybrider mellom lokaliteter (fortrinnsvis mellom **Hattelva** og **Herringelva**) eller kunne tilhøre det uidentifiserte området rundt Mjåvatn. Det er ikke mulig å skille lokal stasjonær ørret fra sjøørret ved hjelp av eksisterende data. Det antas derfor at all ørret i vassdraget

¹ Her regnes en ren populasjon som en populasjon hvor individene tilordnes med en genetisk tilhørighet på 95 % eller mer.

kan enten være ørret eller sjøørret eller oppblanda populasjoner. Dette begrunnes med at de genetiske signaturer i sjøørretpøven, som ble tatt i sjøen, klart kunne knyttes til de fire hovedpopulasjonene (minus Luktvatn) som i utgangspunktet ble tenkt at være lokal innsjølevende ørret.

Ut over anbefalingene fra hver av de tre rapportene (se s. 14, 17 og 21) kan følgende oppsummeres fra genetikundersøkelsene:

- Populasjonene av ørret fra **Luktvatn** og **Kugjotbekken** representerer lokal og ikke vandrende ørret. Individuer fra andre populasjoner bør ikke utsettes på disse lokaliteter.
- Sjøørreten i Fustvassdraget består av minst fire genetisk avgrensede populasjoner med særegne genetiske og geografiske gytelokaliteter i **Hattelva, Herringelva, Straumen og Hellfjell-/Groftremelva (Baåga)**.
- Siden det ble påvist stor fysisk oppblanding av de ulike populasjonene i vassdraget² og i sjøørretpøven er det ytterst viktig å **genotype alle innsamlede individer** før familiegrupper settes sammen. Dette sikrer at lokale adaptasjoner og genetisk variasjoner ikke blandes. Videre må genetiske verktøyer anvendes for å sikre at **kun "rene" populasjoner settes tilbake** i vassdraget.
- Sjøørreten bør få adgang til vassdraget så snart som mulig, da disse bærer en del av den rene genetiske variasjonen i vassdraget (også hos lokal ørret). Sjøørreten kan altså betraktes som en naturlig biobank.
- Fremtidige prosjekter av denne art bør inkludere genetiske studier tidlig i planlegningen for å få koblet mest mulig informasjon til analysene.

² Med fysisk oppblanding menes at et tilfeldig uttak av fisk vil inneholde genetisk rene individer, men fra forskjellige populasjoner. Slike mønstre ses ofte i systemer hvor fisken foretager migrasjoner eller skifter levested alt etter utviklingsstadiet.

DELRAPPORT 1.

Genetisk struktur av lokale bestander av ørret (*Salmo trutta*) og røye (*Salvelinus alpinus*) med henblikk på å bevare genetisk diversitet og variasjon i Fustvassdraget etter rotenonbehandling

K. Præbel og R. Knudsen

Universitetet i Tromsø, Institutt for Arktisk og Marin Biologi, 9037-Tromsø.

Email: rune.knudsen@uit.no / kimpraebel@hotmail.com

Sammendrag

I forbindelse med rotenonbehandling av Vefsna og Fustvassdragene var det ønskelig å undersøke om hvordan den genetiske strukturen er mellom de lokale innsjølevende bestander av ørret (*Salmo trutta*) og røye (*Salvelinus alpinus*). Et mål er å dokumentere genetiske forskjeller med tanke på å sikre lokale bestandene til reetablering av laksefiskbestandene etter behandlingen. Vi brukte et representativt antall genetiske markører i både nøytrale og kodende områder (under seleksjon) av genomet på et representativt antall fisk for å undersøke genetisk diversitet og variasjon.

Undersøkelsene viste at det eksisterer klare genetisk forskjeller mellom lokale innsjølevende populasjoner av **røye** i Fustvassdraget. Disse kjennetegnes av relativt liten genflyt mellom bestandene og sterk reproduktiv adskillelse. Lokale adaptasjoner ble identifisert i alle de undersøkte vatna. Det anbefales **at det bevares røye fra Fustvatn, Mjåvatn og Ømmervatn.**

For **ørret** viste undersøkelsene relativ stor utveksling av individer og genflyt mellom de ulike populasjoner og vatn. Det ble identifisert tre avgrensede genetiske populasjoner. Det anbefales at **det bør tas vare på populasjonene av ørreten i fra Fustvatn og Ømmervatn.** Videre anbefales det å **genotype alle innsamlet individer** før familiegrupper settes sammen for at sikre at lokale adaptasjoner og genetisk variasjoner ikke blandes.

Copyright till alle figurer: K. Præbel og R. Knudsen. Kart anvendt som bakgrunn i figur 2 og 7, copyright ww.1881.no. Genetiske data kan foreligges ved forespørsel til K. Præbel. Forfatterne retter en stor takk till Aslak Smalås, Eirik Henriksen, Laina Dahlsbø og Sigrid Skoglund for prøvetaking og till Arve Lynghammar, Marjorie Couton, Tanja L. Hanebrekke, og Shripathi Bhat for verdifull hjelp og innspill under laboratoriearbeidet.

Bakgrunn og metode

Bevaring av genetisk diversitet og variasjon er ytterst viktig for å ta vare på populasjonenes evne til å reprodusere i forskjellige miljøer. Ved menneskelige påvirkninger eller inngripen i naturlige systemer blir det et viktigste formål å sikre bevaring av genetisk diversitet og variasjon. Vi deler disse genetiske mål inn i flere nivåer; system, populasjoner og individer. For systemet betyr dette at en har en genetisk linje hvor en diversitet og variasjon er lik summen av populasjonene i systemet. For populasjonene betyr dette at de består av de genetisk avgrensede grupper av individer som innehar den totale genetiske diversitet og variasjon i systemet. Tradisjonelt karakteriseres slike systemer med bruk av genetiske markører som ikke blir påvirket av miljøvariasjon (nøytrale markører). Disse markørene er deler av DNA som ikke har noen funksjonell funksjon for fisken. Populasjonsmessige forandringer i disse DNA områder kan derfor kun oppstå via mutasjoner, bråe populasjonspåvirkninger (eks menneskelig reduksjon av populasjonsstørrelse/genetiske diversitet) og/eller via vandringer (genflyt). I en lokal innsjøbestand av laksefisk er alle tre komponenter med på å forme den genetiske profil. Flere genetiske mål, så som genflyt, har en underliggende antagelse om at de genetiske markører er nøytrale. I de senere år er det blitt allment akseptert at man ofte vil oppnå en bedre nøyaktighet på estimater for å bevare populasjoner ved også å undersøke genetiske markører som er lokalisert i eller nær gener som koder for egenskaper nødvendige for lokal adaptasjon (under seleksjon), for eksempel parasittresistens. Dette skyldes at populasjoner som nylig har splitta opp eller nydanna ikke nødvendigvis viser signifikante forskjeller på de nøytrale genetiske markører fordi disse prosessene er tidskrevende. Til gjengjeld kan positiv retningsbestemt seleksjon, og dermed positive mutasjoner i gener, være en ytterst rask prosess som kan føre til lokal adaptasjoner nødvendig for at populasjonen kan overleve i en ny innsjø, elv eller et spesifikt habitat over tid. Dette kan også støttes av fenotypiske sammenligninger mellom bestandene. Ved å sammenholde slike karaktertrekk kan man lettere definere avgrensede lokale populasjoner i genetisk linjer som viser relativt begrenset genflyt til/fra andre genetiske linjer innenom samme høyere organisatoriske (klade) linje av samme art (Fraser and Bernatchez 2001).

Her har vi som mål å bestemme: 1. hvor mange genetiske adskilte populasjoner av røye og ørret som finnes i Fustavassdraget, 2. bestemme grad av genflyt mellom disse populasjoner, 3. undersøke diversitet og variasjon på flere gener som antagelig er påvirket av naturlig seleksjon, og 4. på bakgrunn av dette forslå hvilke populasjoner som skal bevares før rotenonbehandlingen av vassdragene blir utført.

Størsteparten av materialet ble innsamlet ved garnfiske i Fustavassdraget i 2011 og DNA-prøver ble sendt til genetikklaboratoriet i Tromsø (Tabell 1). DNA ble isolert med et kommersielt ekstraksjonskit.

For å undersøke forskjeller mellom bestandene brukes 12 (ørret) og 11 (røye) nøytrale genetiske markører (mikrosatellitter). I tillegg brukes to loci linket til gener involvert i sykdoms og parasitt resistens og tre gener linket til vekst i røye og seks loci utviklet fra såkalte ”expressed sequence tags”, som potensielt kan være linket til kjente gener i ørret. De sistnevnte markører ble brukt for å undersøke lokal adaptasjon i vassdragene. Kontakt forfattere for detaljer om amplifisering og analyse av data.

I det følgende deles rapporten opp i resultat og anbefaling for hhv. røye og ørret.

Tabell I. Oversikt over analyserte prøver av røye og ørret fra Fust og Vefsnavassdragene

Lokalitet	Kode	N røye	N ørret
Luktvatn	Lu	76	70
Ømmervatn	Om	19	60
Mjåvatn	Mj	29	57
Fustvatn	Fu	55	83
Vefsna elv	Ve	15	-
Total antall		194	270

Røye i Fustvassdraget

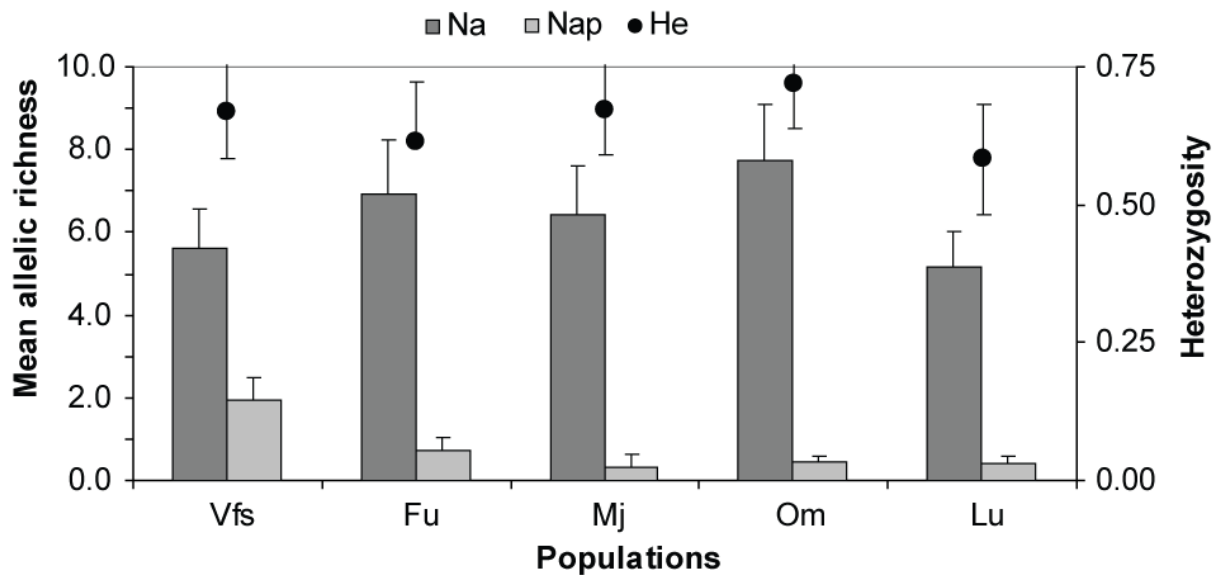
Resultater

Genetisk diversitet av nøytrale loci

Vi justerte diversitetsmålene til den prøven med laveste antall individer (Vefsna elv) i de parvise sammenligningene. Røye fra Vefsna elv viste signifikant høyere gjennomsnittlig antall private alleler (1.58 vs. 0.45-0.94) enn alle andre prøver (T- tester, $P < 0.05$). Dette indikerer at røye fra Vefsna elv er mer isolert fra Fustvassdraget enn innsjøene lokalisert i Fustvassdraget. Der ble ikke funnet signifikante forskjeller for andre diversitetsmål (antall alleler og heterozygositet) mellom lokalitetene. Det skal imidlertid påpekes at Luktvatn generelt viser færre antall alleler, privat alleler og heterozygositet enn alle andre vann (Figur 1). Dette er typiske kjennetegn på lokaliteter høyst i vassdraget, ofte på grunn av founder-effekter (relatert til innvandring). Røye fra Luktvatn er derfor ikke umiddelbart en god kandidat for reetablering av røyebestandene i de andre innsjøene i Fustvassdraget.

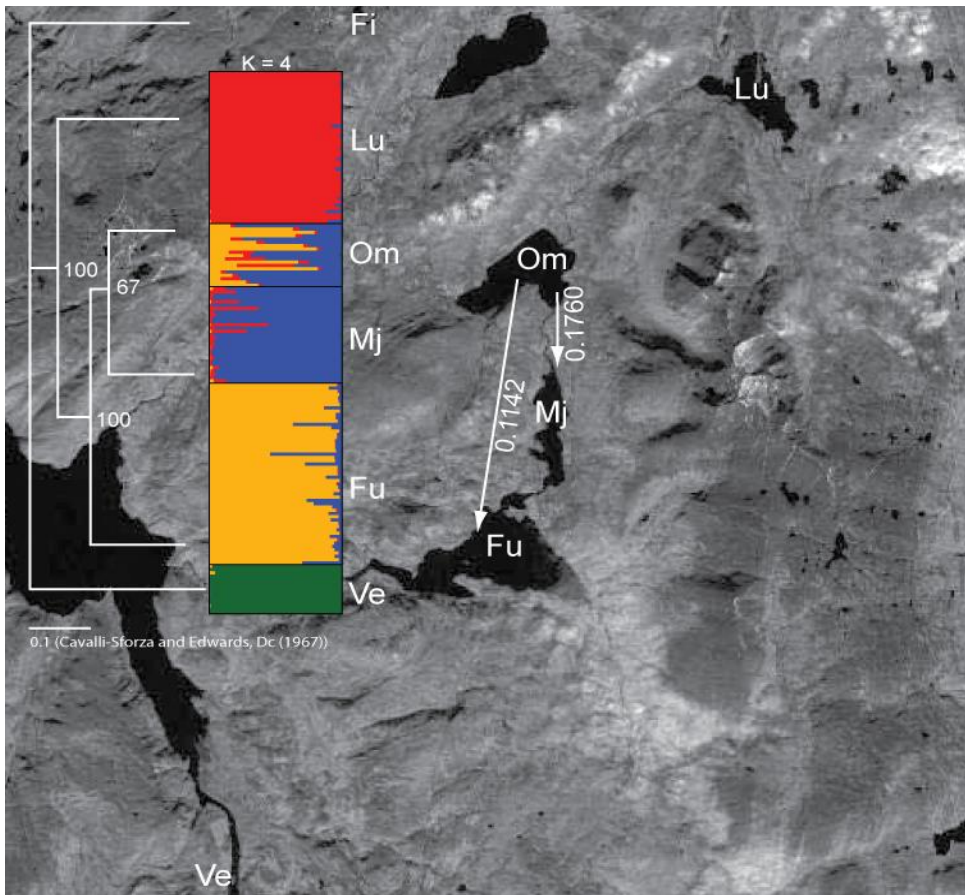
Genetisk variasjon og genflyt

Det ble identifiserte 4 genetiske enheter ved hjelp av simuleringer uten annen informasjon enn de genetiske data (Figur 2). Luktvatn, Mjåvatn, Fustvatn og Vefsna elv ble alle karakterisert som egne populasjoner. Samme struktur støttes av det fylogenetiske tre (som bruker en anden type statistikk). Relativt liten pågående genflyt ble vist nedstrøms, fra Ømmervatn til Mjåvatn og Fustvatn (Figur 2). I tillegg var alle parvise genetiske sammenligninger (F_{ST}) høy signifikante mellom innsjøene både når sammenligningen ble gjort med utelukkende med nøytrale loci og alle loci (Appendiks D).

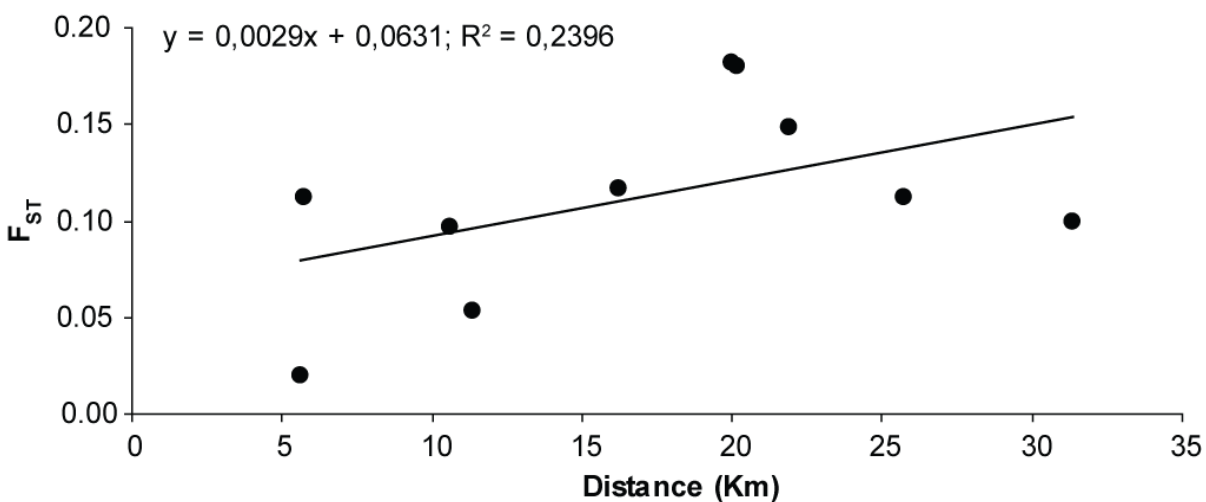


Figur 1. Genetisk diversitet hos røye (*S. alpinus*) i Vefsna elv (Vfs), Fustvatn (Fu), Mjåvatn (Mj), Ømmervatn (Om) og Luktvatn (Lu). Gjennomsnittlig antall alleler (Na) og private alleler (Nap) over alle brukte loci (\pm s.d.) og gjennomsnittlig forventet heterozygositet ($He \pm$ s.d.) er også gitt.

Når de parvise genetiske distanser plottes mot geografisk distanse ses en lav ($R^2 = 0.24$) og ikke signifikant ($P > 0.05$) korrelasjon (Figur 3). Dette støtter opp om en lav genflyt i vassdraget, ettersom det er forventet en god korrelasjon mellom genetisk forskjell og geografisk distanse hvis populasjonene nylig har blitt adskilt og/eller har pågående genflyt. I sammendrag, viser disse analyser viser at røye fra Luktvatn, Mjåvatn, og Fustvatn er genetisk adskilte populasjoner.



Figur 2. Genetisk struktur og pågående genflyt mellom røye (*S. alpinus*) i Fustvatn (Fu), Mjåvatn (Mj), Ømmervatn (Om), Luktvatn (Lu) og Vefsna Elv (Ve). Fylogenetisk tre basert på Cavalli-Sforza og Edwards (Dc, 1972) genetiske distanse ble konstruert med en røye populasjon fra Finsevatn (Fi) i sør-Norge som utgruppe. Kun boot-strap verdier med støtte fra mer enn 50 % av 1000 permuteringer er vist. STRUCTURE simulering er gjort uten *a priori* informasjon om individets lokalitet resulterte i identifisering av fire ($K = 4$) genetiske enheter ved hjelp av 10 repeterende kjøring av 100.000 burn-inns og 300.000 repetisjoner i intervallet $K = 1-7$. Hver horisontale linje representerer den genetiske sammensetning for ett individ og andel av farge tilkjenner forholdet av genetisk tilhørighet til de identifiserte genetiske enheten. Pågående toveis genflyt mellom alle populasjoner (hvite piler) ble bestemt med BayesAss for nøytrale loci. Kun signifikante retningsbestemte genflyt-verdier er vist på figuren.



Figur 3. Korrelasjon mellom genetisk og geografisk distanse for røye (*S. alpinus*) i Fustvassdraget.

Ømmervatn viser en blanding av flere (fra Mjåvatn og Fustvatn) ulike populasjoner (Figur 2). Dette kan potensielt være en indikasjon på at røye i Ømmervatn er i stand til at opprettholde to helt adskilte populasjoner, som kan antyde en splittelse i røyepopulasjonen og muligens en tidlig artsdannelse. Et slik fenomen er observert i andre Nordnorske innsjøer (Westgaard et al. 2004). Dessverre tillater den relativt lille prøvestørrelse ikke ytterligere analyser omkring dette.

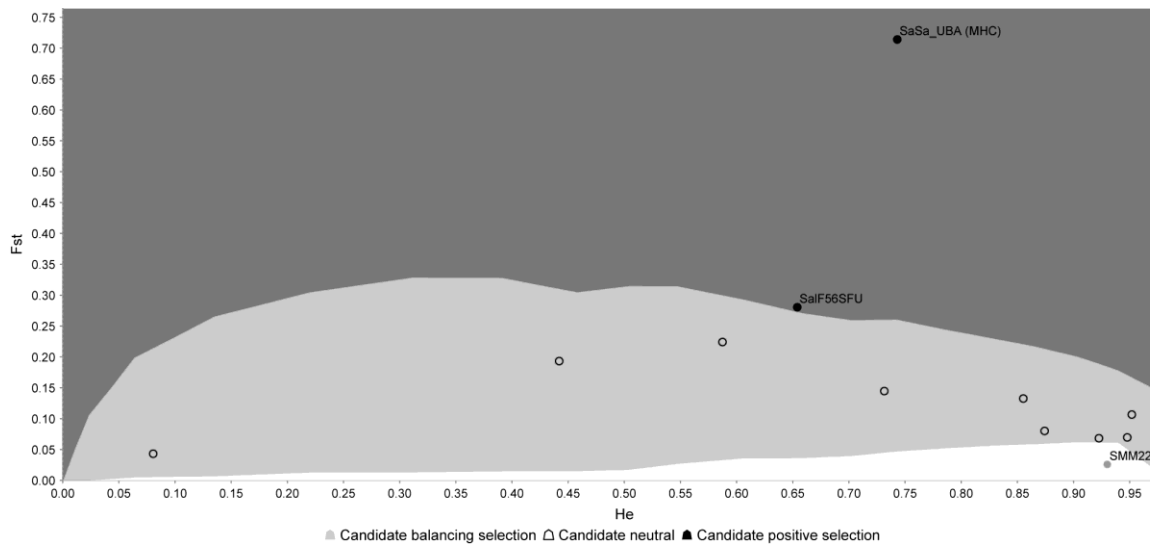
Siden Luktvatn er tenkt å beholdes som referansevatn og ikke vil bli behandla med rotenon påpekes det at røya i dette vatnet viser sterk reproduktiv adskillelse fra de andre lokaliteter i vassdraget.

Genetiske markører under seleksjon

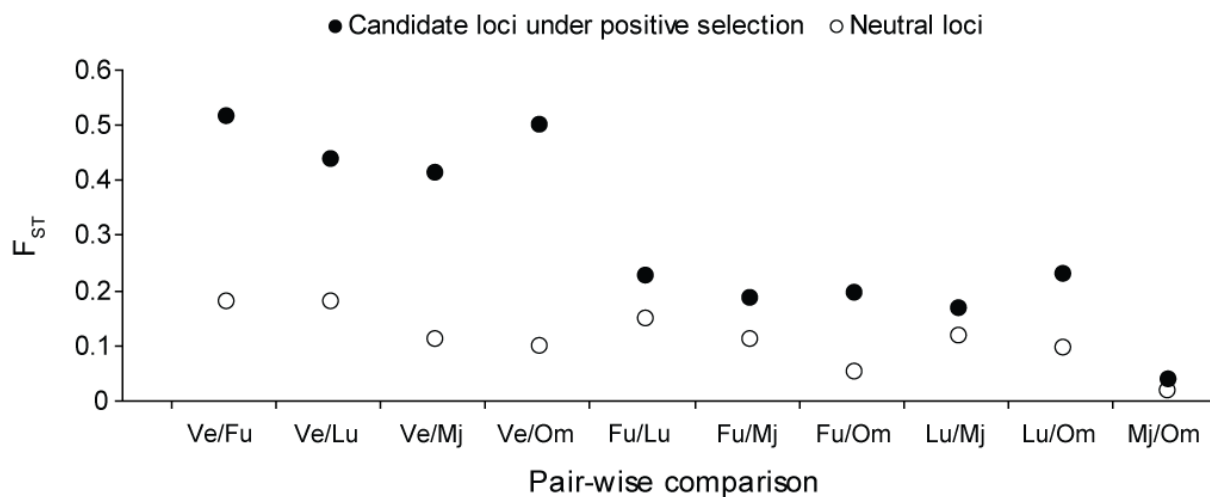
Vi anvendte 2 genetiske markører som i ørret og laks er vist å være sterkt koblet til genkomplekset (MHC II) ansvarlig for parasitt og sykdomsresistens (Grimholt et al. 2002; Hansen et al. 2007) og 3 markører som er vist koblet til vekst gener hos røye (Moghadam et al. 2007). Av de 2 MHC markørene viste databehandlingen at kun SaSa_UBA er under positiv seleksjon i Fustvassdraget hos røye (Figur 4). Amplifiserings suksess av denne markøren var dog meget variabel (0-76 %) i de ulike vatna. Dette tyder på en akkumulasjon av mutasjoner i dette genområde (som hemmer amplifisering), hvilket understøtter testen for seleksjon. Seleksjonstesten viste også at locus SalF56SFU kan være en kandidat for positiv seleksjon, men siden testen plasserer locuset nær konfidensgrensen bør en ikke vektlegge dette locus spesielle egenskaper.

De tre genetiske markørene som er koblet til vekst hos røye (kilde), viste alle, dessverre, å være duplisert i de undersøkte prøver. Derfor ekskluderes disse markørene fra ytterligere analyser.

Ved å beregne parvise F_{ST} verdier på basis av data fra individer hvor SaSa-UBA og SalF56SFU (under seleksjon) amplifiserte og sammenligne med F_{ST} - verdier oppnådd på basis av nøytrale loci (figur 4), kan man få indikasjoner på lokale adaptasjoner. I figur 5 er en slik sammenligning gjort og de divergerende F_{ST} -verdier mellom nøytrale loci og loci under positiv seleksjon ses i alle parvise sammenligninger, men ikke mellom Mjåvatn og Ømmervatn. Dette viser pågående lokal adaptasjon i alle undersøkte røyebestander.



Figur 4. Test for loci under seleksjon. Testen identifiserte loci SaSa_UBA (MHC) og SalF56SFU som signifikante kandidater under positiv seleksjon.



Figur 5. Sammenligning av parvis genetisk forskjeller (F_{ST}) mellom røye (*S. alpinus*) i Vefsna Elv (Ve), Fustvatn (Fu), Mjåvatn (Mj), Ømmervatn (Om), og Luktvatn (Lu) ved bruk av nøytrale loci og loci under positiv seleksjon (se figur 4). Forskjeller i F_{ST} -verdier mellom nøytrale og loci fundet påvirket av positiv seleksjon, indikerer lokal adaptasjon.

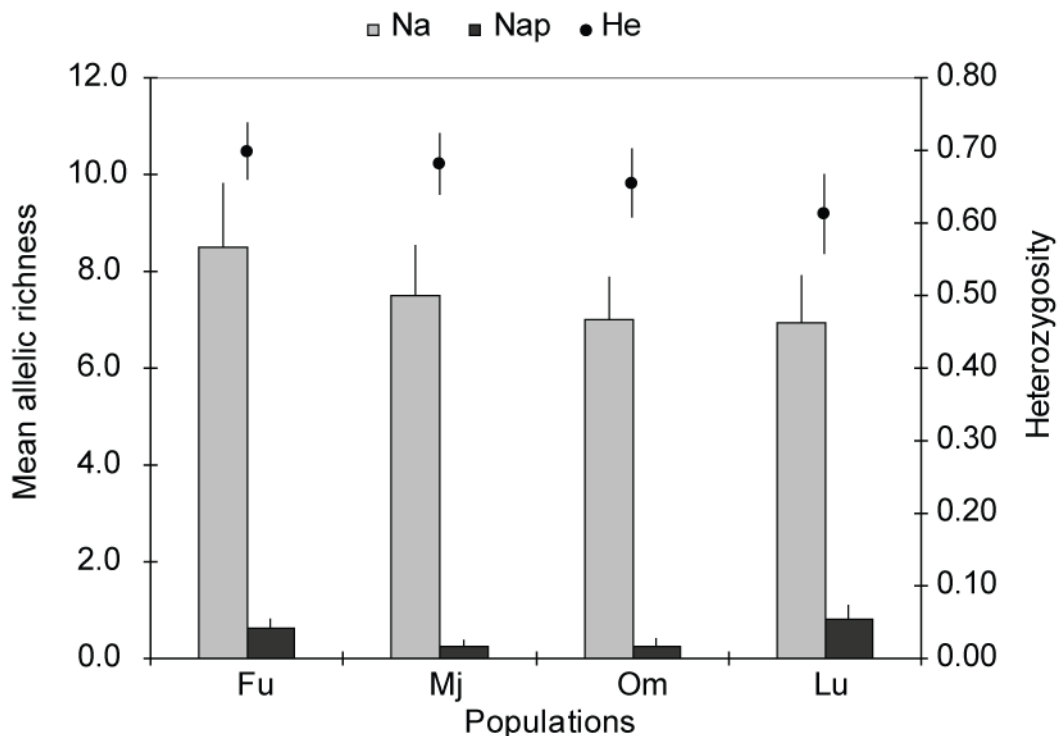
Anbefaling: Det bør bevares populasjoner av røye fra Fustvatn, Mjåvatn og Ømmervatn (refuge populasjoner). Dette for å sikres at den genetiske diversitet og variasjon bibeholdes gjennom en nøye planlagt innsamling av familiemateriale. På bakgrunn av de oppnådde resultatene vil det være ønskelig med ytterligere innsamling av biologisk materiale fra Ømmervatnet, for å sammenligne genetiske data mot den bestående populasjonsstruktur og grad av lokal adaptasjoner.

Ørret i Fustvassdraget

Resultater

Genetisk diversitet av nøytrale loci

For å få gode diversitetsmål ble de ulike bestandene justert ned til den bestanden med lavest antall individer (Mjåvatn, se Tabell 1) mellom de parvise sammenligninger. Det ble ikke påvist signifikante forskjeller på noen av diversitetsmålene mellom lokalitetene (Figur 6). Det skal dog påpekes, at det er en generell trend med fallende diversitet (antall alleler, heterozygositet) og økende gjennomsnittlig antall privat alleler med økende distanse fra Fustvatn. Luktvatn og Fustvatn har nær-signifikant (T- tester, $P = 0.1-0.06$) høyere gjennomsnittlig antall privat alleler enn Mjåvatn og Ømmervatn., som indikerer at ørret i disse to vatn er mer reprodusert isolerte enn i de sistnevnte innsjøene.

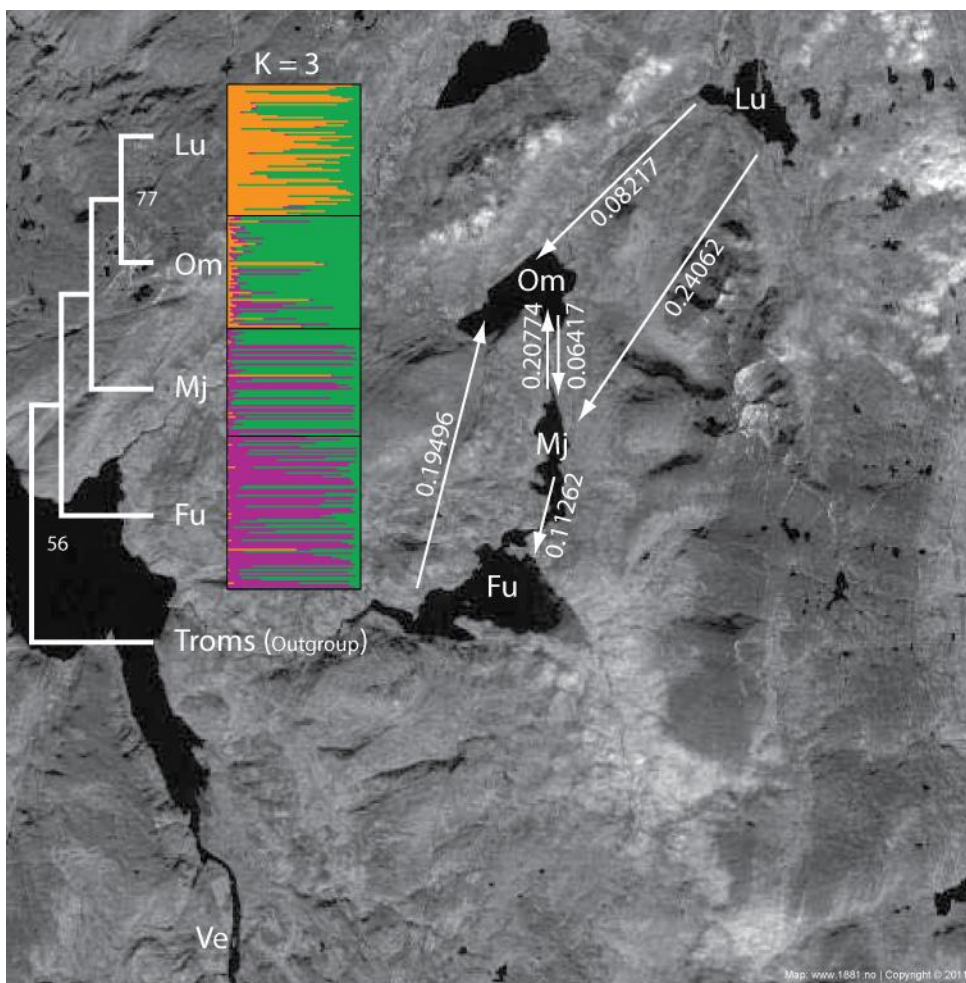


Figur 6. Genetisk diversitet hos ørret (*Salmo trutta*) i Fustvatn (Fu), Mjåvatn (Mj), Ømmervatn (Om) og Luktvatn (Lu). Gjennomsnittlig antall alleler (Na) og private alleler (Nap) over alle brukte loci (\pm s.d.) og gjennomsnittlig forventet heterozygositet ($He \pm$ s.d.) er gitt.

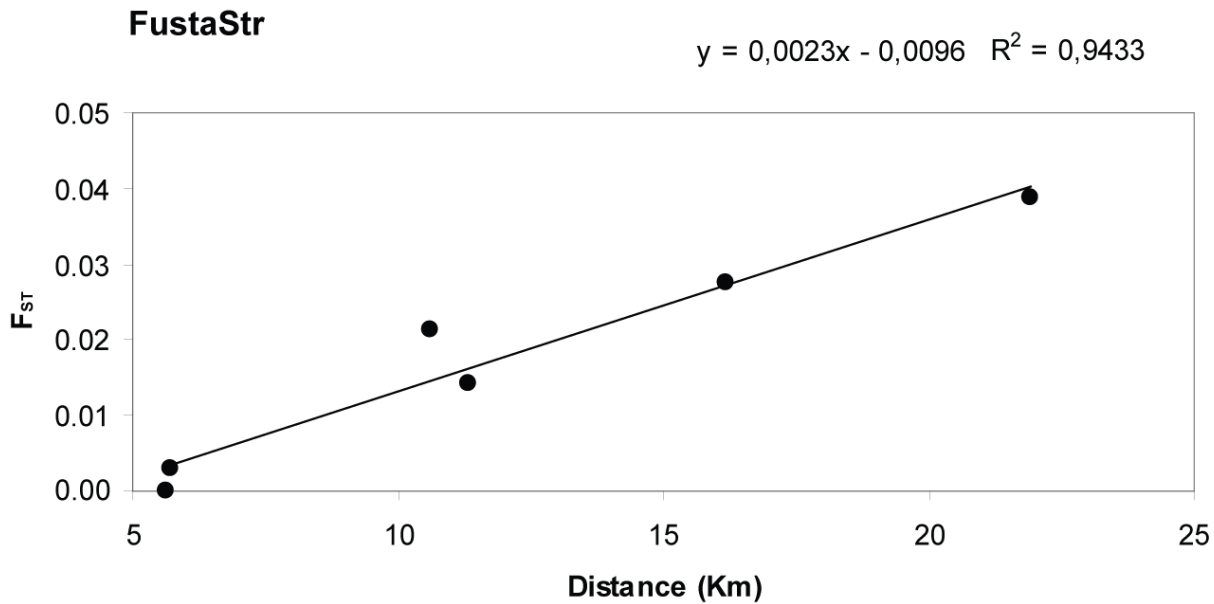
Genetisk variasjon og genflyt

Det ble identifisert tre genetiske grupper ved hjelp av simuleringer uten annen informasjon enn de genetiske data (Figur 7). Disse kan hodesakelig deles inn i Luktvatn, Ømmervatn og Fustvatn. Samme struktur støttes av det fylogenetiske tre (som bruker en annen type statistikk). Generelt viser resultatet fra STRUCTURE (figur 7) en relativ stor utveksling av individer mellom de ulike populasjoner og vatn. Pågående signifikant genflyt ble funnet nedstrøms Luktvatn og toveis mellom Ømmervatn og Mjåvatn. Videre ble der identifisert genflyt oppstrøms fra

Fustvatn til Ømmervatn (Figur 7). De parvise genetiske forskjellene var lave ($F_{ST} = 0 - 0.027$), men signifikante mellom Fustvatn og Ømmervatn ($F_{ST} = 0.010$, $P < 0.001$), Fustvatn og Luktvatn ($F_{ST} = 0.027$, $P < 0.001$), Luktvatn og Mjåvatn ($F_{ST} = 0.018$, $P < 0.001$), og Luktvatn og Ømmervatn ($F_{ST} = 0.015$, $P < 0.001$). Forskjeller mellom Fustvatn og Mjåvatn, samt Mjåvatn og Ømmervatn, var ikke signifikante. Ved å plote de parvise genetiske distanser (F_{ST}) mot geografisk distanse sees en høy ($R^2 = 0.94$) og signifikant ($P < 0.05$) korrelasjon (Figur 8). Dette støtter opp om sterk genflyt i vassdraget. Analysene viser at ørret fra Luktvatn, Ømmervatn og Fustvatn er genetisk adskilte populasjoner, men en pågående vandring av fisk mellom populasjonene gir genflyt som minimerer den reproduktive adskillelse.



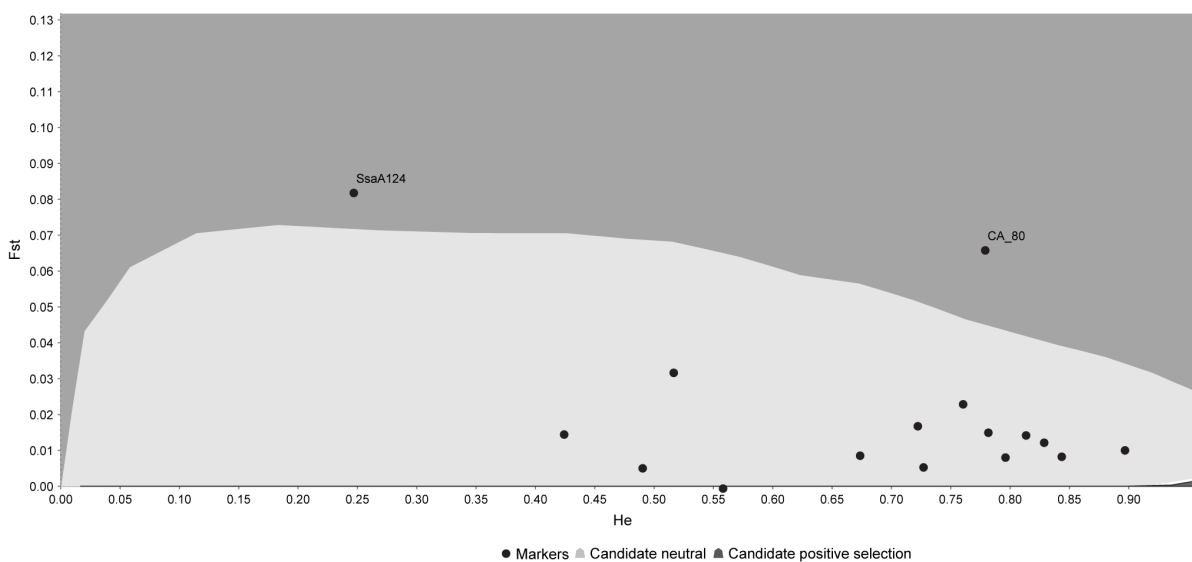
Figur 7. Genetisk struktur og pågående genflyt hos ørret (*Salmo trutta*) i Fustvatn (Fu), Mjåvatn (Mj), Ømmervatn (Om) og Luktvatn (Lu). Fylogenetisk tre basert på Nei standard genetiske distanse (D_s , 1972) ble konstruert med en ørretpopulasjon fra Troms fylke som utgruppe, og kun boot-strap verdier med support på mer enn 50 % av 1000 permuteringer er vist. STRUCTURE simulering uten *a priori* informasjon om individ lokalitet resulterte i identifisering av tre ($K = 3$) genetiske grupperinger ved hjelp av 10 repeterende kjøring av 100.000 burninns og 300.000 repetisjoner i intervallet $K = 1-6$. Hver horisontale linje representerer den genetiske sammensetning for et individ og andel av farge tilkjenner forholdet av genetisk tilhørighet til de identifiserte genetiske grupperinger. Pågående toveis genflyt mellom alle populasjoner (hvite piler) ble bestemt med BayesAss for nøytrale loci. Kun signifikante retningsbestemte genflyt-verdier er vist på figuren.



Figur 8. Korrelasjon mellom genetisk og geografisk distanse for ørret (*Salmo trutta*) i Fustvassdraget.

Genetiske markører under seleksjon

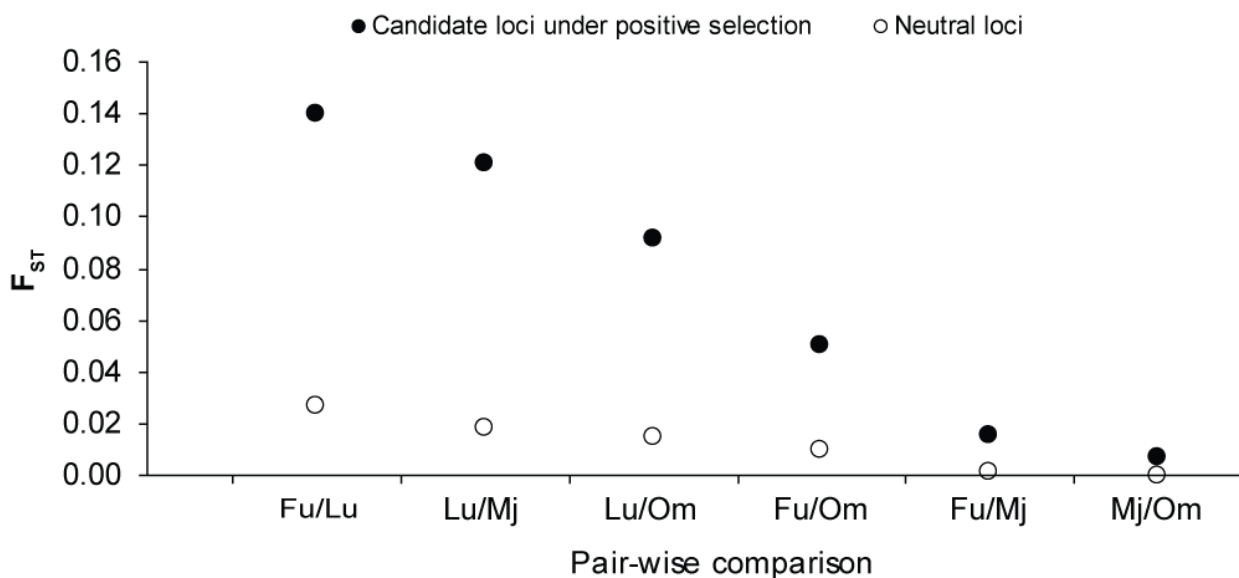
De 2 genetiske markørene som hos ørret og laks er vist å være sterkt koblet til genkomplekset (MHC II) ansvarlig for parasitt og sykdomsresistens (Grimholt et al. 2002; Hansen et al. 2007) gav ingen indikasjon på å være under positiv seleksjon hos røya (Figur 9). Seleksjonstesten viste at CA_80 (CA040580) og SsaA124 er kandidater til å være under positiv seleksjon (Figur 9). Locus CA_80 er utviklet fra en ”expressed sequence tag” og som er vist koblet til utvikling og beskyttelse av lever. Det er derfor ikke usannsynlig at dette locus faktisk har en funksjonell rolle hos ørret. SsaA124 er en ren mikrosatellitt som ikke tidligere er koblet til noen spesiell funksjon.



Figur 9. Test for loci under seleksjon. Testen identifiserte loci SsaA124 og Ca_80 (CA040580) som signifikante kandidater til positiv seleksjon.

Vi anvendte også tre genetiske markører som er koblet til vekst hos salmonider (Moghadam et al. 2007). Alle disse viste, dessverre, å være dupliserte i de undersøkte prøvene og dermed må ekskluderes fra ytterligere analyser.

Ved å beregne parvise F_{ST} verdier på basis av loci under positiv seleksjon og sammenligner disse med F_{ST} -verdier oppnådd på basis av nøytrale loci (Figur 9), kan man få indikasjoner på lokale adaptasjoner. Sammenligningen av F_{ST} -verdier mellom nøytrale og loci påvirket av positiv seleksjon (Figur 10) ses i alle parvise sammenligner med unntak mellom Fustvatn/Mjåvatn og Mjåvatn/Ømmervatn. Dette indikerer pågående lokal adaptasjon i alle de undersøkte vatnene. De genetisk distanseverdiene (F_{ST}) for Mjåvatn mot Fustvatn og Ømmervatn var ikke signifikante for verken nøytrale eller selekterte loci, og betyr at Mjåvatn ikke er genetisk forskjellig fra de andre vatna.



Figur 10. Sammenligning av parvise genetiske forskjeller (F_{ST}) mellom ørret (*S. trutta*) i Fustvatn (Fu), Mjåvatn (Mj), Ømmervatn (Om) og Luktvatn (Lu) ved bruk av nøytrale loci og loci funnet å være påvirket av positiv seleksjon (se figur 9). Forskjellene i F_{ST} -verdier mellom nøytrale og loci funnet å være påvirket av positiv seleksjon, indikerer lokal adaptasjon.

Anbefaling: Det bør tas vare på populasjoner av ørreten fra Fustvatn og Ømmervatn (refuge populasjoner). Siden resultatene generelt påviser relativ stor utveksling av individer og genflyt (se figur 7 og 10) mellom de ulike populasjoner og vatn, anbefales genotyping av alle innsamlete individer før familiene etableres, for å ta vare på lokale adaptasjoner og sikre at genetisk variasjoner ikke blandes. Videre kan man sammenligne de genetiske resultatene med fenotypiske analyser av disse populasjoner.

Referanser

- Fraser DJ, Bernatchez L (2001) Adaptive evolutionary conservation: towards a unified concept for defining conservation units. *Mol Ecol* 10:2741-2752
- Grimholt U, Drablos F, Jorgensen SM, Hoyheim B, Stet RJM (2002) The major histocompatibility class I locus in Atlantic salmon (*Salmo salar* L.): polymorphism, linkage analysis and protein modelling. *Immunogenetics* 54:570-581
- Hansen MM, Skaala O, Jensen LF, Bekkevold D, Mensberg KLD (2007) Gene flow, effective population size and selection at major histocompatibility complex genes: brown trout in the Hardanger Fjord, Norway. *Mol Ecol* 16:1413-1425
- Moghadam HK, Poissant J, Fotherby H, Haidle L, Ferguson MM, Danzmann RG (2007) Quantitative trait loci for body weight, condition factor and age at sexual maturation in Arctic charr (*Salvelinus alpinus*): comparative analysis with rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) and Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Mol Genet Genomics* 277:647-661
- Westgaard JI, Klemetsen, A, Knudsen R (2004) Genetic differences between two sympatric morphs of Arctic charr confirmed by microsatellite DNA. *J Fish Biol* 65: 1185-1191

APPENDIKS

Appendiks 1. Parvise F_{ST} verdier for røye i Fustvassdraget beregnet med nøytrale loci (A) og alle loci (B). Lokalitetskoder som i Tabell 1. Alle parvise F_{ST} sammenligninger var høysignifikante ($P < 0.001$) på nær mellom Om og Mj hvor $P < 0.01$ i både A og B.

A:

	Ve	Fu	Lu	Mj	Om
Ve	0.000				
Fu	0.182	0.000			
Lu	0.180	0.148	0.000		
Mj	0.112	0.112	0.117	0.000	
Om	0.100	0.054	0.096	0.020	0.000

B:

	Ve	Fu	Lu	Mj	Om
Ve	0.000				
Fu	0.179	0.000			
Lu	0.187	0.128	0.000		
Mj	0.131	0.108	0.113	0.000	
Om	0.122	0.060	0.097	0.015	0.000

DELRAPPORT 2

Notat vedr. genetisk tilhørighet av sjøørret i Fustvassdraget

Kim Præbel og Rune Knudsen

I etterkant av den opprinnelige genetikkundersøkelsen av ørretpopulasjonene i Fustvassdraget, ble det ønsket at inkludere en prøve av sjøørret for at identifiserer om den ene av de 3 grupperinger (klustere) av ørret tidligere identifisert i vassdraget kunne tilordnes sjøørret stammen. Det er viktig for fortolkningen, at huske på at juvenile sjøørret kan være inkludert i det opprinnelige prøvematerial som var tenkt som "lokal" fisk. Videre må det også huskes på at vi ikke vet om individene inkludert i det opprinnelige materialet genetisk sett tilhører det vatn hvor de er innsamla – med andre ord Fustvatn kan, for eksempel, være oppvekst område for hele vassdragets bestand av juvenile sjøørret. Dette setter selvsagt begrensninger på tyngden av konklusjonene som kan drages fra dette studie. Men vi har i det følgende prøvet at analyserer resultater og gi en fortolkning av dem, basert på disse begrensninger innad i prøvematerialet.

Vi mottog 87 individer hvorav 85 var bestemt til sjøørret ved hjelp av 5sr markøren (NINA). Vi fikk positivt resultat for 79 av disse prøver og de ble analysert på samme genetiske markører som de opprinnelige prøvene. For at øke presisjonen på resultatet ble der gjort en test som utvelger de mest forklarende markører. Derne ble markørene undersøkt for avvik for de genetiske antagelser og bare markører som overholdte dem ble inkludert i videre analyser. Disse tests betyder at resultatene presentert her er basert på 10 mikrosatellitter.

Det ble først gjort en tilhørighetstest (Program: GeneClass), hvor individene i hver prøve tilordnes den mest sannsynlige populasjon basert på de tilgjengelige populasjoner. En slik test viser hvor representativt referanse materialet (Fustvassdraget/individene) er for tilordningen av individene. Spesielt, bør oppmerksomhet rettes mot prøver hvor en stor del av individene innen om prøven er mer lik prøven selv, end de andre prøver. Dette betyder at referanse materialet ikke er tilstrekkelig til at dekke den innsamlede genetiske variasjon – med andre ord; ikke alle populasjoner tilgjengelige i vassdraget er inkludert i referansematerialet. Resultatet presentert her viser den prosentvise tilhørighet av de fem populasjoner i hver prøve (Fig 1). Testen for sannsynlighet av tilordningen viste varierende grad av støtte, slik at resultatene ikke bør vektlegges for mye betydning. Resultatet viser at sjøørretp prøven formentlig er sammensatt av individer med ulik tilhørighet innenom Fustvassdraget. Sjøørretp prøven inneholder i tillegg 40 % individer som ikke kan tilordnes andre prøver end sjøørretp prøven selv. Dette kan forklares med at sjøørreten enten er fra en annen elv, at opprinnelsespopulasjonen i Fustvassdraget ikke er inkludert i prøvematerialet, eller at individene er hybrider mellom flere populasjoner innen/mellom vassdrag. I Fustvassdraget ses størst tetthet av sjøørret i Fustvatn (34%) med fallende andel i Mjåvatn (9 %), Ømmervatn (10%) og Luktvatn (0%).

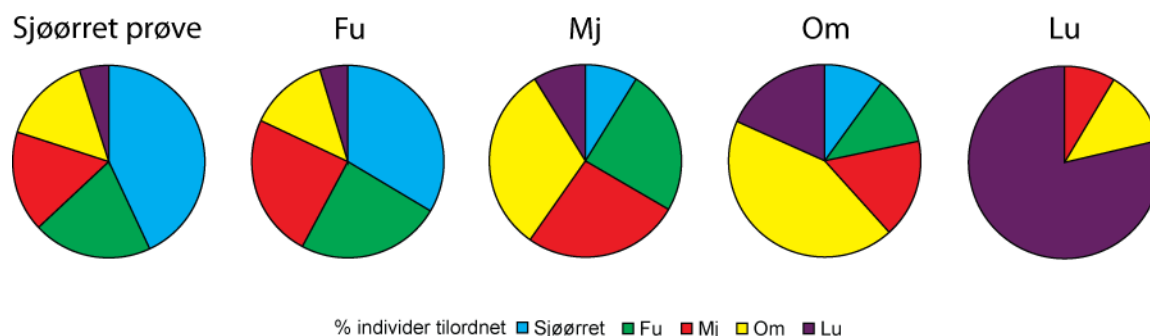


Fig 1. Prosentvis andel av sannsynlig tilhørighet av individer i sjøørretp prøven og de 4 lokaliteter i Fustvassdraget.

En annen tilnæringsmåte er, at undersøke genetisk struktur ved hjelp av Bayesian strukturering hvor programmet (STRUCTURE V2.3.3) ikke får annen informasjon end genotyperne og populasjonslokalisering til å bestemme antall av genetiske grupper/klustere i det samlede prøvematerialet og individenes tilhørighet i gruppene/klusterene. En slik tilnærming identifiserte etter første runde (10 repeterte simuleringer, hver basert på 300.000 reps) fire ($K = 4$) genetiske klustere fordelt på de fem prøver. Siden Luktvatn skilte seg ut, og der ikke ble identifisert sjøørret i denne innsjø, ble datasettet kjørt en 2. runde (10 repeterte simuleringer, hver basert på 300.000 reps) uten denne lokalitet for å øke oppløsningen. Denne analyse resulterte i identifikasjon av tre ($K=3$) genetiske klustere (Fig 2). Grupperingen av individene viser en tendens til noe isolasjon av sjøørret innen om vassdraget, da primært i Fustvatn (turkis kluster). Men sjøørretprøven inneholder også individer med bakgrunn fra Mjå og Ømmervatn, dog i mindre antall.

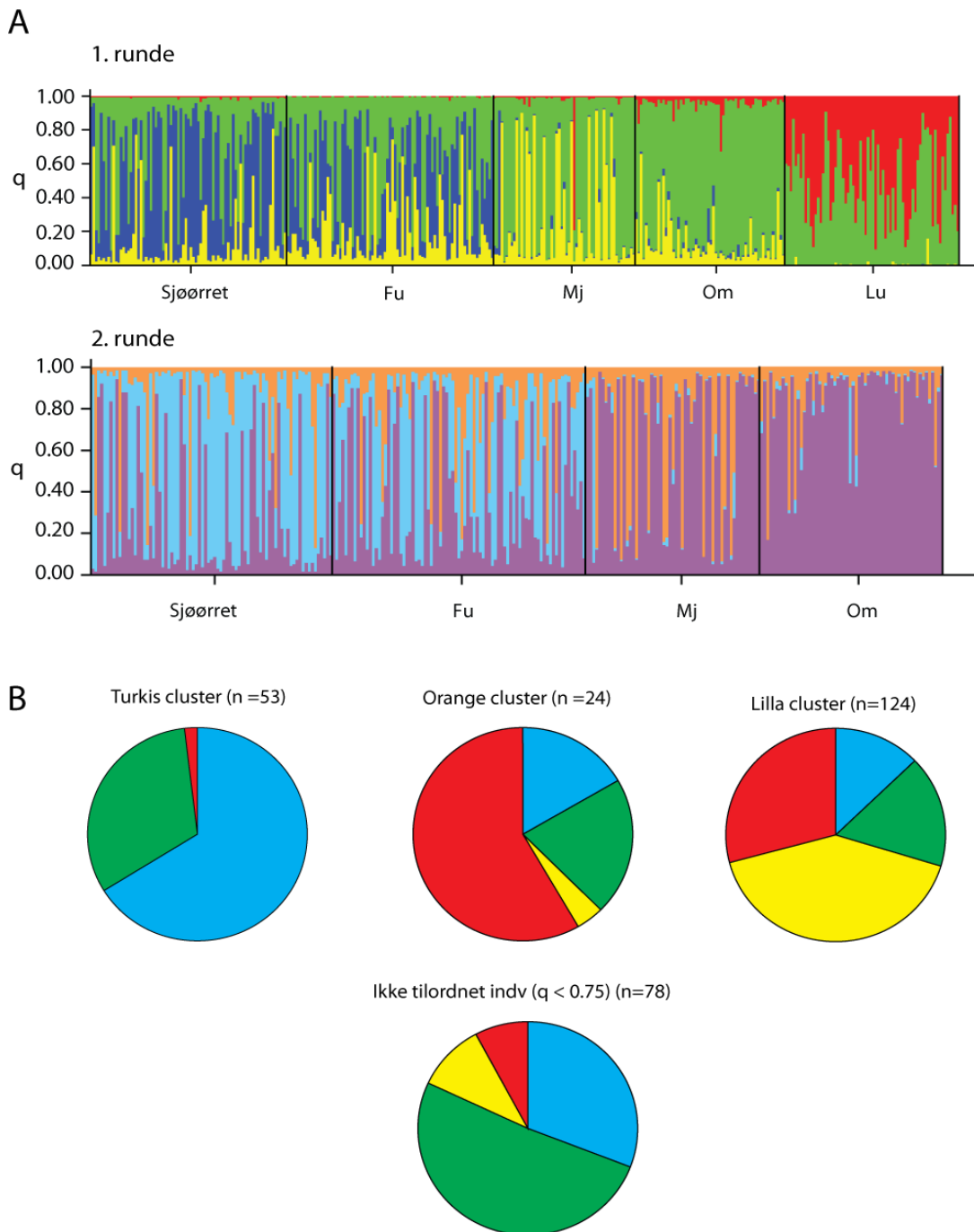
Dette mønster kommer enda klarer frem, hvis man ser på hvilke individer programmet har plassert i hvert av de tre klustere. Her må en sette en grenseverdi for når individet tilhører et kluster. Normalt settes denne verdi til mellom 70 og 90 % genomisk tilhørighet. Her settes grensen, konservativt, til $q = 0.75$. Det ses da, at kluster 1 (turkis, 19 % av individene i prøvematerialet) primært inneholder sjøørret og at individene i Fustvatn med turkis farge høyst sannsynlig må tilskrives som juvenil sjøørret. I tillegg identifiseres kun et individ i Mjåvatn (strejfer?) og ingen i Ømmervatn med genomisk tilhørighet til det turkise klusteret. Dermed virker det lite sannsynlig, at det turkise kluster "har hjemme" i andre vann og at individene identifisert i dette kluster befinner seg i Fustvatn ved en "tilfeldighet". Dermed bør det også kunne slutes at det turkise kluster formentlig har opprinnelse i Fustvatns gytebekke.

I kluster 2 (oransje, 9 % av individene i prøvematerialet) og kluster 3 (lilla, 44 % av individene i prøvematerialet) utgjorde sjøørret hhv. 17 og 13 % av klusternes individer. I dette tilfelde er det ikke rett frem at tilordne antall av juvenile individer innen om innsjøen som sjøørret. Men siden den prosentvise forekomst av individer i sjøørretprøven med bakgrunn i disse to klustere er relativt lave, må bidraget fra gytebekkene i disse vatn ses som begrensede - sammenlignet med Fustvatn.

Etter tilordningen ($q > 0.75$) av individene i de identifiserte klustere, kunne 28 % ($n = 78$) av individene ikke tilordnes et bestemt kluster. Inkludert i denne gruppe var primært Fustvatn ørret og individer fra sjøørretprøven. Dette viser at der sannsynligvis er en underliggende populasjonsstruktur i sjøørret fra vassdraget formentlig fremmet av homing til ulike gytebekke som ikke er inkludert i materialet. Dette støttes også opp av tilhørighetstesten (fig 1) som fant at 40 % av individene i sjøørretprøven kan ha annen genetisk opphav end inkludert i analysene. Disse gytebekke må, for denne gruppe individer, høyst sannsynlig være lokalisert i Fustvatn. Alternativt kan individene stamme fra andre gytebekke i systemet, men oppholde seg i Fustvatn innen migrasjonen til sjøen. Dette kan bare testes med et sikkert estimat som resultat, ved å samle fisk i bekkene (alle) som er i gang med å gyte eller ved å samle egg på gytebankerne.

Denne gruppe av ikke tilordnet individer kan også være hybrider/backcrosses mellom sjøørretstammen(erne) og/eller lokale ørretstammer. Flere av individene viser disse tegn i analysen (for eksempel ~ 50 % turkis og ~ 50 % lilla genomisk tilhørighet ($q \sim 50/50$)). Om dette er et reelt resultat, kan ikke fastslås her, da det et slikt resultat også kan oppstå som et artefakt fra et mangelfullt referanse materiale. Men det er uansett verd å ha med i betraktningen, at slike mønstre er oppdaget her.

For å sammenfatte. Det ble identifisert, at sjøørretprøven inneholdte individer fra tre eller flere genetisk avgrensede populasjoner. En relativ stor del av sjøørretprøven ble tilordnet Fustvatn. Resten av prøven ble tilordnet Mjå og Ømmervatn, eller til et uidentifisert opphav som kan stamme fra hybridisering/introgression mellom sjøørret/ørret populasjoner i/mellom vassdragene.



% individer tilordnet ■ Sjørørret, ■ Fu, ■ Mj, ■ Om, i hvert cluster identifisert av STRUCTURE

Fig. 2. Genetisk struktur for sjørørret og ørret i Fustvatn (Fu), Mjåvatn (Mj), Ømmervatn (Om), og Luktvatn (Lu). STRUCTURE simulering gjort uten *a priori* informasjon ut over individets lokalitet og hver horisontale linje representerer den genetiske sammensetning for ett individ og andel av farge tilkjenner forholdet av genetisk tilhørighet til de identifiserte genetiske klustrene. Første runde (10 repeterte simuleringer) resulterte i identifisering av fire ($K = 4$) genetiske klustere. Siden Lu skilte seg ut, ble datasettet kjørt en 2. runde (10 repeterte simuleringer) uten denne lokalitet. Denne analyse resulterte i identifikasjon av tre ($K=3$) genetiske klustere. Under STRUCTURE panelene ses fordelingen av individer inkludert i hvert av de tre identifiserte klustrene i tillegg til individer som ikke ble tilordnet en bestemt enhet. Grensen for tilhørighet ble satt konservativt til $q = 0.75$. Herved kunne 72 % av individene tilordnes de tre klustrene som til dels viser en sjørørret bestand med forskjellig opphav i tillegg til lokal ørret. De resterende 28 % av individene kunne primært fordeles på sjørørret og ørret fra Fustvatn.

Copyright till alle figurer i notatet: K. Præbel og R. Knudsen.

DELRAPPORT 3

Notat vedrørende genetisk populasjonsstruktur av ørret i Fustvassdraget

Kim Præbel og Rune Knudsen

Dette notat har til mål at sammenfatte tidligere genetiske undersøkelser i Fustvassdraget og sette disse undersøkelser i perspektiv ved å inkludere 7 mulige gyteelver for å sammenstille disse med de ulike populasjonene. En oversikt over alle ørretrøvene undersøkt i dette studie finnes i Tabell 1.

Som tidligere nevnt er disse analysene sensitive for om de individene inkludert i materialet genetisk sett tilhører det vatn hvor de er innsamla – med andre ord Fustvatn kan, for eksempel, være oppvekst område for hele vassdragets bestand av juvenile sjøørret. Videre vil analysene være påvirket av at ikke alle gytelokalitetene og populasjonene (for eksempel familiestruktur i små populasjoner) er inkludert i materialet. Analysene vil også ha vanskeligheter med å avgjøre om et individ er sjøørret eller stasjonær ørret så lenge der ikke inkluderes alderlæsning. Dette skyldes at ikke alle ørretene velger en anadrom livshistoriestrategi (eller vise versa). Dermed kan juvenile "sjøørret" være inkludert i det opprinnelige prøvematerial som var tenkt som "stasjonær" fisk. Vi har i det følgende prøvd å analysere resultatene og gi en fortolkning av de, basert på disse begrensninger innad i prøvematerialet.

Tidligere undersøkelser viste at Luktvatn, Ømmervatn og Fustvatn er gode kandidater for refuge populasjoner siden individene i disse vatn utgjør hoveddelen av individene som finnes i vassdraget. Alle tre lokaliteter ble utpekt på bakgrunn av strukturering ved nøytrale genetiske markører og signaturer fra naturlig seleksjon på markører bla. koblet til sykdomsresistens. Det ble deretter valgt å inkludere en prøve av sjøørret for at se om den kunne være den ene av de tre identifiserte populasjoner. Resultatet viste at prøven inneholdt individer fra tre eller flere genetisk avgrensede populasjoner. De fleste sjøørretene kunne assosieres med Fustvatn. Resten av prøvene ble koblet til Mjå og Ømmervatn, eller til et uidentifisert opphav.

Vi mottok rundt 200 juvenile ørret (YOY) innsamlet fra syv gytelokaliteter i Fustvassdraget (Tabell 1). Totalt hadde 183 individer bra nok DNA kvalitet til videre analyser og de ble analysert på samme genetiske markører som de opprinnelige prøvene. For å øke presisjonen på resultatene ble det gjort en test som velger ut de mest forklarende genetiske markørene. Dernest ble markørene undersøkt for avvik for de genetiske antagelser og bare markører som overholdte dem ble inkludert i videre analyser. Disse testene betydde at resultatene presentert her er basert på 10 mikrosatellitter. Denne analyse har kun som mål å finne den genetiske strukturen i vassdraget og inkluderer derfor både nøytrale markører og markører under seleksjon (se tidligere notater). Dette øker styrken og presisjonen på resultatet. Totalt utgjør materialet 532 individer og resultatene er basert på 5308 genotypene av 5320 mulige.

Seks genetisk adskilte populasjoner ble identifisert i prøvematerialet alle knyttet til gytebekkene, på individene for Luktvatn (figur 1). Der var ikke inkludert en mulig gytelokalitet for Luktvatn, så det resultat er ikke overraskende. Spesielt ettersom tidligere undersøkelser viste at genflyt kun skjer nedstrøms fra Luktvatn (oppstrøms barriere). Andre runde med analyser uten Luktvatn, identifiserte 5 populasjoner, hvorav kun fire (FuHa, FuHe, FuMm/St, FuGt) forekommer i selve hovedløpet av vassdraget og i sjøørreten. Tre av disse gytepopulasjoner (FuHa, FuHe og FuGt) er ytterst genetisk rene og det bør tilstrebes at de forblir det siden lokale miljøforskjeller kan ha induert lokale tilpasninger i ørretstammene. FuMm/St viser tegn på noen introgression og/eller representerer disse individer ikke den

Tabell 1. Lokalitet, kode og forventet heterozygositet, og standardisert antal alleler (N_A) og privat alleler (N_{AP}) for ørret og sjøørret i Fustvassdraget.

Lokalitet	Kode	N	He	N _A	N _{AP}
Fusta	FuUt	29	0.751	7.3	0.29
Kugjot	FuOs	24	0.729	6.5	0.32
Hellfjell-/Groftremelva	FuGt	30	0.730	6.6	0.36
Herringelva	FuHe	18	0.700	6.0	0.11
Straumen	FuMm	23	0.703	6.4	0.02
Straumanelva	FuSt	30	0.693	6.1	0.01
Hattelva	FuHa	29	0.668	6.3	0.15
Fustvatn	Fu	83	0.734	7.0	0.18
Mjåvatn	Mj	57	0.702	6.6	0.04
Ømmervatn	Om	60	0.668	6.2	0.15
Luktvatn	Lu	70	0.605	5.6	0.30
Sjøørret 2011	FuSstr	79	0.748	7.1	0.26

faktiske gytelokalitet (som isåfall ikke er dekket av materialet). Men det er lite tvil om at FuMm/St og individene i de andre populasjonene med denne genetiske signatur (lilla) er en avgrenset populasjon. FuOs utgjør sin egen lokale populasjon som må antas at være stasjonær i bekken eller ikke kan være spesielt forekommende i hovedløpet siden individene med den genotypen ikke fantes andre steder. Resultatet for FuUt er usikkert. Det kan tolkes som et område som benyttes av alle populasjonene (hybridisering) eller at vi ikke klarer at "løse" opp tilhørigheten for denne populasjonen i sammenheng med resten av vassdraget. Derfor ble det gjort en tilhørighetstest mellom sjøørreten og de syv gytelokaliteter (fig.2). Denne viser at det nest viktigste gyteområdet er FuUt, som kan forklare de mange individene som STRUCTURE ikke klarte å assosiere til denne populasjonen. Ytterligere tolkninger av denne test vil bli gitt under i avsnittet om sjøørret. Ømmervatn viste i første analyse, å bestå overveiende av individer med opphav i Hattelva. Enkelte andre individer med opphav fra HaMm/St. Mjåvatn prøvene var en blanding av individer med opphav i Hattelva eller HaMm/St. Renheten av individene i det lilla kluster tilsier at kilden til det kluster kan være lokalisert i/nær denne innsjøen. I Fustvatn kunne 26% av individene assosieres med Hattelva (blå), 22 % Herringelva (grøn), 7% FuMm/St, mens de resterende ikke presist kunne assosieres til en lokalitet.

I sjøørretprøven kunne 74% av individene assosieres med gytelokalitetene ved hjelp av STRUCTURE. Individer med tilhørighet til Henningselva utgjorde den største andel (38%), dernest Hattelva med 22 %, FuMm/St 9% og Hellfjell-/Groftremelva med 5%. Resten av individene (26 %) hadde en usikker opprinnelse. Tilhørighetstesten (Fig 2.), hvor alle de andre hovedlokalitetene enn sjøørret ble utelatt, viste at Hattelva (25%/16%, total antall individer tilordnet/ antall individer tilordnet med sannsynlighet > 90 %), FuUt (22 %/6 %), FuSt(19%/6%) og He (18%/5%) utgjør de bekkene med størst genetisk bidrag. Mønsteret er ikke helt det samme som funnet ved STRUCTURE men det var ikke forventet heller da tilhørighetstesten ikke inkluderer alle mulige populasjoner.

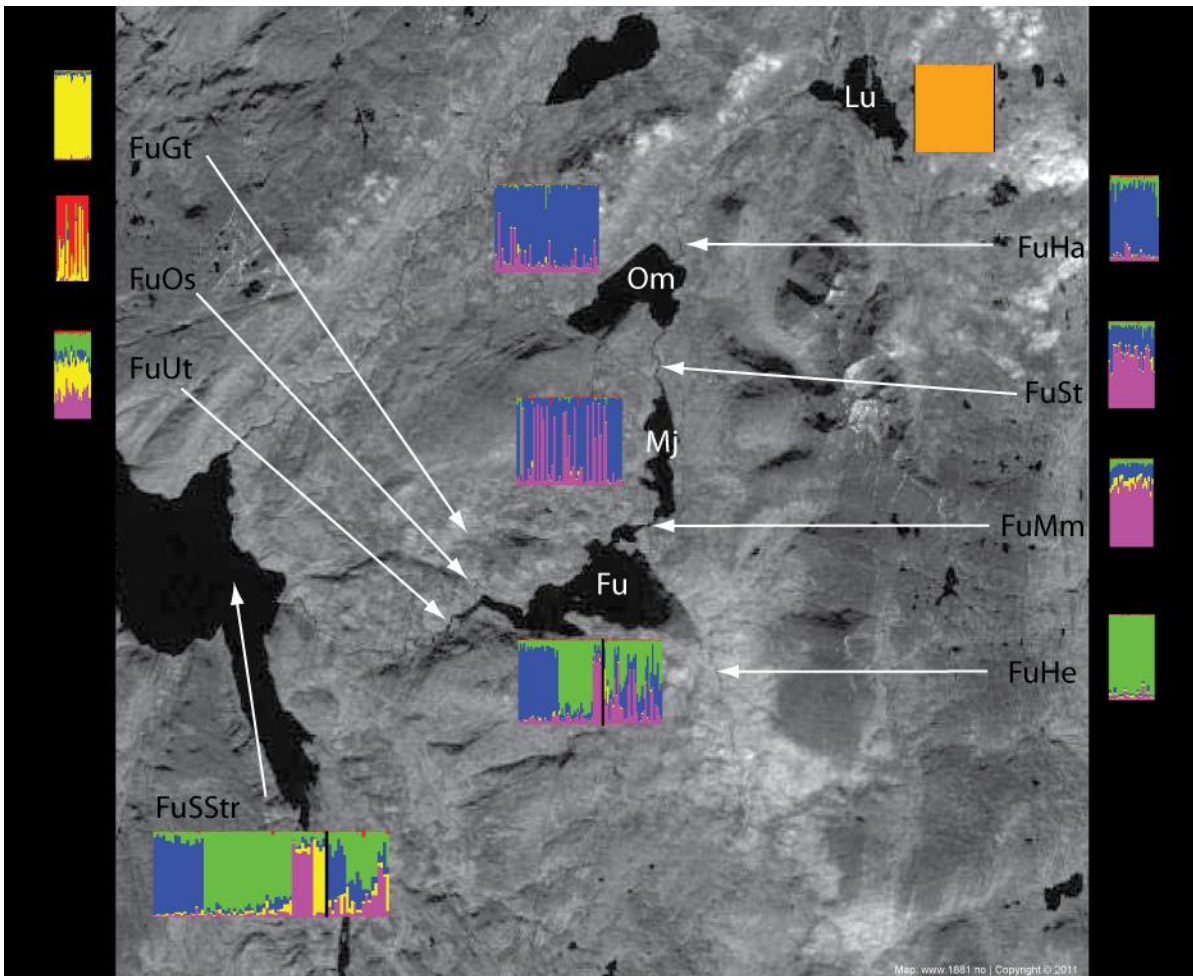


Fig. 1. Genetisk struktur for sjørørret (FuSstr) og ørret i Luktvatn (Lu), Ømmervatn (Om), Mjåvatn (Mj), og Fustvatn (Fu), samt for syv mulige gytelokaliteter (se tabell 1). STRUCTURE simulering gjort uten *a priori* informasjon ut over individets lokalitet og hver horisontale linje representerer den genetiske sammensetning for ett individ og andel av farge tilkjennerforholdet av genetisk tilhørighet til de identifiserte genetiske klusterne. Analysen identifiserte seks ($K = 6$) genetiske kluster. Siden Lu skilte seg ut, ble datasettet kjørt en 2. runde (10 repeterte simuleringer) uten denne lokalitet. Denne analyse resulterte i identifisering av fem ($K=5$) genetiske kluster. STRUCTURE panelene for sjørørret (FuSstr) og Fustvatn (Fu) er sortert i forhold til individens tilhørighet (90-75%). Individuer på høyre side av den sorte linje kunne ikke tilordnes noe kluster.

Det er ikke mulig å skille stasjonær ørret fra sjørørret i de dataene som foreligger. Det antas derfor at all ørret i vassdraget kan inneha begge genetiske signaturer. Dette især fordi genetiske signaturer i sjørørret prøvene klart kunne assosiere de fleste individene til de fire hovedpopulasjonene som ble identifisert (minus Luktvatn).

For å oppsummere de fire (fem) lokaliteter som bør bevares, ettersom de bidrar til den overordnede genetiske variasjonen i vassdraget: Luktvatn, Hattelva, Herringelva, FuMm/St og Hellfjell-/Groftremelva (Baåga). De siste fire bidrar signifikant til sjørørretstammen og til ørretstammene fanget i alle innsjøene/bekkene nedstrøms Luktvatn.

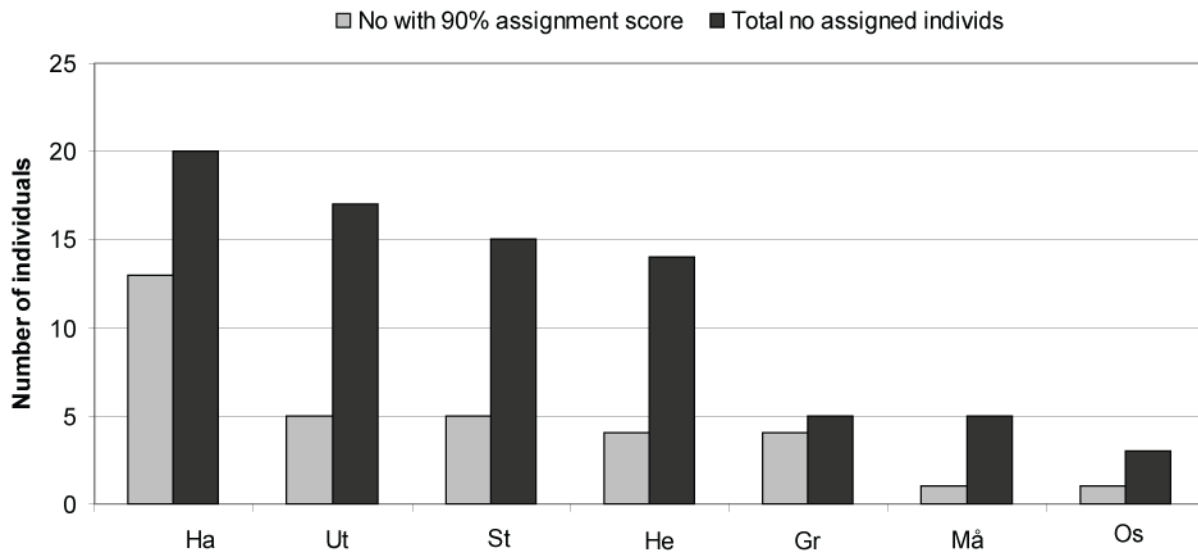


Fig 2. Antall sjørret tilordnet de syv gytebekke. Givet er antall sjørret som ble tilordnet med høyere eller lik 90% sannsynlighet for tilhørighet og totalt antall sjørret tilordnet lokaliteten. Gytelokalitetene navngitt etter Tabell 1.