

1901

NINA Rapport

Undersøkelse av genetiske forskjeller mellom laks fra Sautso og nedre deler av Altaelva

Sebastian Wacker
Sten Karlsson
Tor F. Næsje
Ola Ugedal
Tonje Aronsen



NINAs publikasjoner

NINA Rapport

Dette er NINAs ordinære rapportering til oppdragsgiver etter gjennomført forsknings-, overvåkings- eller utredningsarbeid. I tillegg vil serien favne mye av instituttets øvrige rapportering, for eksempel fra seminarer og konferanser, resultater av eget forsknings- og utredningsarbeid og litteraturstudier. NINA Rapport kan også utgis på engelsk, som NINA Report.

NINA Temahefte

Heftene utarbeides etter behov og serien favner svært vidt; fra systematiske bestemmelsesnøkler til informasjon om viktige problemstillinger i samfunnet. Heftene har vanligvis en populærvitenskapelig form med vekt på illustrasjoner. NINA Temahefte kan også utgis på engelsk, som NINA Special Report.

NINA Fakta

Faktaarkene har som mål å gjøre NINAs forskningsresultater raskt og enkelt tilgjengelig for et større publikum. Faktaarkene gir en kort framstilling av noen av våre viktigste forskningstema.

Annen publisering

I tillegg til rapporteringen i NINAs egne serier publiserer instituttets ansatte en stor del av sine forskningsresultater i internasjonale vitenskapelige journaler og i populærfaglige bøker og tidsskrifter.

Undersøkelse av genetiske forskjeller mellom laks fra Sautso og nedre deler av Altaelva

Sebastian Wacker

Sten Karlsson

Tor F. Næsje

Ola Ugedal

Tonje Aronsen

Wacker, S., Karlsson, S., Næsje, T. F., Ugedal O. & Aronsen, T. 2020. Undersøkelse av genetiske forskjeller mellom laks fra Sautso og nedre deler av Altaelva. NINA Rapport 1901. Norsk institutt for naturforskning.

Trondheim, november 2020

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-4675-0

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

[Åpen]

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

KVALITETSSIKRET AV

Ingerid Julie Hagen Arnesen

ANSVARLIG SIGNATUR

Forskningssjef Ingeborg Palm Helland

OPPDRAKSGIVER(E)/BIDRAGSYTER(E)

Alta Laksefiskeri Interessentskap

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER/BIDRAGSYTER

Tor-Erland Nilsen

FORSIDEBILDE

Altaelven © Tor Næsje, NINA

NØKKELOD

- Altaelva
- Laks
- Genetikk
- Sautso

KONTAKTOPPLYSNINGER

NINA hovedkontor
Postboks 5685 Torgarden
7485 Trondheim
Tlf: 73 80 14 00

NINA Oslo
Sognsveien 68
0855 Oslo
Tlf: 73 80 14 00

NINA Tromsø
Postboks 6606 Langnes
9296 Tromsø
Tlf: 77 75 04 00

NINA Lillehammer
Vormstuguvegen 40
2624 Lillehammer
Tlf: 73 80 14 00

NINA Bergen
Thormøhlens gate 55
5006 Bergen
Tlf: 73 80 14 00

www.nina.no

Sammendrag

Wacker, S., Karlsson, S., Næsje, T. F., Ugedal O. & Aronsen, T. 2020. Undersøkelse av genetiske forskjeller mellom laks fra Sautso og nedre deler av Altaelva. NINA Rapport 1901. Norsk institutt for naturforskning.

Redusert smoltproduksjon og fangst av voksenlaks i den øvre delen av Altaelva (Sautso) er relatert til kraftverksutbyggingen. I tillegg er graden av genetisk innkrysning fra rømt oppdrettslaks større i Sautso enn i de nedre delene av Altaelva. Et viktig spørsmål i denne sammenhengen er i hvilken grad laks vandrer tilbake til oppvekstområdet innenfor Altaelva og dermed i hvilken grad Sautso har en egen delbestand som i mer eller mindre grad rekrutterer uavhengig av bestanden i de nedre delene. Tidligere undersøkelser av genetiske forskjeller mellom ulike deler av Altaelva har vært basert på et datamateriale som ikke var egnet til å avdekke små genetiske forskjeller. Denne undersøkelsen benytter et utvidet materiale bestående av totalt 400 laksunger fra Sautso og nedre deler av Altaelva. Prøvene stammer fra fire gyteår. Dette materialet ble undersøkt for et høyt antall markører (161 SNP markører). Laksungene ble innsamlet i det samme året som de klekket (0+ alder) og kunne derfor med høy sannsynlighet tilordnes gyteområdet til foreldre. Dette datamaterialet tillater høy presisjon ved beregning av genetiske forskjeller mellom forskjellige områder slik at selv svake genetiske forskjeller kan påvises.

Vi fant en svak genetisk differensiering mellom laksunger fra Sautso og nedre deler av Altaelva. Denne forskjellen var i samme størrelsesorden som tidligere funnet for voksen laks fanget i høstfiske i Sautso og nedre deler av Altaelva. Analyser av laksunger fra fire gyteår og med et utvidet antall genetiske markører i denne undersøkelsen viser at den svake genetiske forskjellen var stabil over tid. Dette viser at laks fra Altaelva til en viss grad vandrer tilbake til oppvekstområdet innenfor elva for å gyte. Rekruttering i Sautso er dermed i noen grad uavhengig av rekruttering fra nedre deler av Altaelva. Samtidig viser den svake genetiske differensieringen at det er betydelig grad av genetisk utveksling mellom øvre og nedre deler slik at disse ikke kan anses som genetisk adskilte bestander på linje med bestander i ulike vassdrag.

Wacker, S., Karlsson, S., Næsje, T. F., Ugedal O. & Aronsen, T.
Norsk institutt for naturforskning (NINA), Postboks 5685 Torgård, 7485 Trondheim.
e-post: sebastian.wacker@nina.no, sten.karlsson@nina.no, tor.nasje@nina.no,
ola.ugedal@nina.no, tonje.aronsen@nina.no

Innhold

Sammendrag	3
Innhold	4
Forord	5
1 Innledning	6
2 Metoder	7
2.1 Altaelva	7
2.2 Materiale	7
2.3 Genetiske undersøkelser.....	8
2.4 Statistiske metoder	8
3 Resultater	10
4 Diskusjon	13
5 Referanser	14

Forord

Vitenskapelig råd for lakseforvaltning har vurdert gytebestandsmål og høstbart overskudd til å være svært god for laksebestanden i Altaelva som helhet for perioden 2015-2019, mens den genetiske integriteten er noe svekket som følge av innkrysning med rømt oppdrettslaks. Denne statusbeskrivelsen kan imidlertid ikke sies å være riktig for den øvre delen av Altaelva (Sautso) som er sterkt negativt påvirket kraftverksutbyggingen i form av redusert bestand av gytelaks og smoltproduksjon. Sautso har også vist en større andel rømt oppdrettslaks og større grad av innkrysning i ungfisk, sammenliknet med de nedre delene av Altaelva. Et viktig oppfølgingsspørsmål til de observerte forskjellene mellom Sautso og de nedre delene av Altaelva er hvorvidt Sautso har en egen delbestand som i mer eller mindre grad rekrutterer uavhengig av bestanden i de nedre delene. Eldre undersøkelser har indikert at det er genetiske forskjeller i ulike deler av Altaelva, mens en nylig analyse av voksen laks ikke indikerte noen forskjeller mellom Sautso og nedre deler. De tidligere analysene har imidlertid vært basert på et datamateriale som i liten grad kunnet avdekke små genetiske forskjeller. På oppdrag fra Alta Laksefiskeri Interessentskap (ALI) har vi benyttet et prøvemateriale av ungfisk og analysert disse for et stort antall genetiske markører med det spesifikke formålet å kunne avdekke genetiske forskjeller mellom Sautso og de nedre delene. Vi takker ALI ved Tor-Erland Nilsen for oppdraget, Laila Saksgård for labarbeid og Ida Pernille Øystese Andersskog, Line Eriksen Birkeland, Hege Brandsegg og Merethe Hagen Spets ved NINA Genlab for DNA ekstraksjon og genotyping.

12 september 2020, Sten Karlsson

1 Innledning

Genetisk differensiering mellom delbestander er avhengig av omfanget av reproduktiv isolasjon og utveksling mellom de ulike delbestandene. Hos laks er genetisk differensiering mellom delbestander et resultat av tilbakevandring av voksenlaks til oppvekstområdene innenfor elven. I bestander med et utpreget reproduktivt bidrag fra gyteparr kan også vandringsmønsteret til disse individene innenfor elva gi utslag på genflyt og genetisk differensiering. Hjemvandring av voksenlaks innenfor Altaelva har blitt undersøkt ved bruk av telemetri der voksenlaks ble fanget i gytehabitatet og flyttet innenfor elven (Heggberget mfl. 1988, Heggberget mfl. 1996). Fisk som ble forflyttet innenfor et begrenset området vandret i stor grad tilbake til fangstområdet. Forskjeller i laksens livshistorie mellom Sautso og nedre deler av Altaelva kan også tyde på begrenset genflyt mellom områder. Laksunger i Sautso har gjennomgående bedre vekst og sannsynligvis større smoltlengde og lavere smoltalder enn i resten av elva (Ugedal mfl. 2016), og liknende forskjeller i gjennomsnittlig smoltalder og tilbakeberegnet smoltlengde ble funnet hos voksenlaks fanget i gytesesongen i Sautso sammenliknet med laks fanget i midtre og nedre deler av elva i gytesesongen (Heggberget mfl. 1988). Tilbakevandring av voksenlaks til oppvekstområdet innenfor Altaelva er også støttet av en sammenheng mellom reduksjon i ungfiskbestand i Sautso og reduksjon i antall tilbakevandrende gytefisk til denne delen av elva etter kraftverksreguleringen (Ugedal mfl. 2008).

Genetisk differensiering av laks mellom delbestander i samme vassdrag har tidligere blitt beskrevet for store elvesystemer som Tanaelva i Norge og Finland (Vaha mfl. 2007) og elven Varzuga i Russland (Primmer mfl. 2006). Også i Altaelva har genetisk differensiering mellom Sautso og nedre deler tidligere blitt undersøkt. Aronsen mfl. (2017) fant ingen signifikant genetisk forskjell mellom voksenfisk fanget i høstfiske i Sautso og i nedre deler av elva. Heggberget mfl. (1986) fant forskjeller i allelfrekvenser av tre genetiske markører (isozymer) mellom midtre deler av Altaelva og øvre og nedre deler av Altaelva. Det var derimot ingen forskjell i allelfrekvenser mellom nedre og øvre deler av Altaelva (Heggberget mfl. 1988).

Formålet med denne rapporten er å undersøke genetisk differensiering mellom Sautso og nedre deler av Altaelva i et utvidet materiale og med et utvidet antall genetiske markører. Materialet består av laksunger fra Sautso og nedre deler av Altaelva fra fire gyteår, med 50 prøver per område og gyteår (totalt 400 prøver). Laksunger ble samlet inn samme året som de klekket (0+ alder), og det er derfor høy sannsynlighet at innsamlingsområdet av lakseunger tilsvarer gyteområdet til foreldre. Prøver fra flere gyteår tillater å undersøke om genetisk differensiering mellom områder er stabil over tid. Genetiske forskjeller ble undersøkt ved hjelp av et høyt antall markører (161 SNP markører). Dette gir høy presisjon ved beregning av genetisk differensiering og tilsier at selv svake genetiske forskjeller kan påvises.

2 Metoder

2.1 Altaelva

Altaelva har utspring i Kautokeino kommune og renner ut i Alta kommune i Finnmark (70°N, 23°E). Elva har et nedbørsfelt på 7389 km². Den lakseførende strekningen av Altaelva er på ca. 47 km og stopper ved utløpet av Alta Kraftstasjon. Sportsfiske i Altaelva er inndelt i fem soner, hvorav Sautso er den øverste sonen (**Figur 1**).



Figur 1. Oversiktskart over Altaelva inndelt i fiskesoner og med innsamlingsstasjoner for biologiske undersøkelser. Kartet er hentet fra Ugedal mfl. (2016).

2.2 Materiale

Årsyngel (0+) av laks ble samlet inn i ungfiskundersøkelser som er en del av de pågående fiskebiologiske undersøkelsene i vassdraget (Ugedal mfl. 2016). Ungfiskundersøkelsene ble gjennomført to ganger årlig (sensommer og høst), på 10 stasjoner langs elva, hvorav fire ligger

i Sautso (**Figur 1**). Et tilfeldig utvalg av laksunger ble avlivet og frosset ned for videre bearbeiding. Laksungene ble lengdemålt og alder ble bestemt ved hjelp av vekstmønster i skjell og otolitter (ørestein). Fra spritfikserte fisker ble en liten bit gjellebue tatt for DNA ekstraksjon. For både Sautso og nedre deler av elva ble henholdsvis mellom 73 og 95 laksunger genetisk undersøkt for hvert gyteår (2008, 2009, 2016 og 2017). På grunn av mulige variasjoner mellom årsklassene valgte vi å analysere fire årsklasser, slik at eventuelle små men konsistente forskjeller mellom Sautso og de nedre delene kunne detekteres.

2.3 Genetiske undersøkelser

Fra det genetiske datamaterialet av årsyngel (0+) fra de fire gyteårene valgte vi ut 50 individer fra hvert gyteår og område (totalt 400 individer) fordelt på de ulike innsamlingsstasjonene. Utvalget ble også gjort utfra slektskap mellom lakseungene der helsøsken ble lukket ut. Helsøsken er genetisk betydelig mere like enn tilfeldig utvalgte laksunger innenfor området og kan derfor påvirke analysen av genetisk forskjell mellom områder. Slektskap ble undersøkt ved hjelp av programmet COLONY (Jones & Wang 2010). Den totale andelen av laksunger som ble tilordnet helsøskengrupper var 23% (80 av 355) for nedre deler av elva og 16% (62 av 378) for Sautso. Det utvalgte materialet ble genotypet for 164 nøytrale SNP-markører i kjerne DNA, 15 SNP-markører i det mitokondrielle DNAet og for to ikke-nøytrale SNP-markører (VGLL3 og SIX6: Barson mfl. 2015). Antall prøver som ble genotypet fra de to områdene, de åtte lokalitetene og fire gyteårene er vist i **tabell 1**.

Tabell 1. Antall laksunger fra nedre deler av Altaelva og fra Sautso fanget ved totalt åtte lokaliteter (A4-A19) som ble analysert for genetiske forskjeller mellom områdene.

	2008	2009	2016	2017
Nedre deler				
A4	10	4	13	12
A5	20	24	13	13
A6	0	0	12	13
A8	20	22	12	12
<i>Total</i>	<i>50</i>	<i>50</i>	<i>50</i>	<i>50</i>
Sautso				
A15	17	20	12	13
A16	0	0	13	12
A18	16	7	12	13
A19	17	23	13	12
<i>Total</i>	<i>50</i>	<i>50</i>	<i>50</i>	<i>50</i>

DNA fra gjelleprøver ble ekstrahert ved bruk av et Qiagen DNeasy®, blood and tissue kit (Qiagen). Nittiseks enkelt-nukleotide-polymorfe-markører (SNPer) i hver av to assay ble genotypet på en EP1™ 96.96 Dynamic array IFCs (Fluidigm, San Fransisco, CA.).

2.4 Statistiske metoder

Genetisk differensiering mellom nedre deler av Altaelva og Sautso ble undersøkt ved nøytrale SNP markører. Nøytrale genetiske markører er varianter av gener i arvestoffet som man antar ikke påvirker noen egenskap, men som kun beskriver slektskap. Parvis genetisk distanse (F_{ST})

mellom bestander ble estimert ved bruk av programmet Fstat og visualisert med et prinsipal koordinat analyse plot (PCoA-plot) ved bruk av programmet GENALEX (Peakall & Smouse 2006). Fordeling av den totale genetiske variasjonen til områder og gyteår ble undersøkt med AMOVA (Analysis of MOlecular VAriance), implementert i programmet GENALEX. Vi brukte to AMOVA for å undersøke andelen variasjonen innenfor gyteårene og andelen av variasjon blant alle prøvene som ble forklart av områdene (nedre del og Sautso). I den ene AMOVA-en grupperte vi materialet til gyteår og område og i den andre AMOVA-en grupperte vi materialet til område.

Vi undersøkte også genetiske forskjeller i det mitokondrielle arvestoffet. Det mitokondrielle arvestoffet nedarves i sin helhet kun fra mor til avkom og ulike varianter av det mitokondrielle arvestoffet representerer derfor ulike mor-linjer. Kontraster i genetiske forskjeller i det mitokondrielle arvestoffet og i arvestoffet i cellekjerener som nedarves fra både mor og far vil derfor kunne bidra til å avdekke hvorvidt det ene eller det andre, eller begge kjønn har en begrenset genetisk utveksling mellom grupper av individer. Prøvene ble genotypet for 15 mitokondrielle SNP markører, men genotyping mislyktes for seks markører hos en større andel individer. Ni mitokondrielle SNP markører ble derfor brukt i videre analyser og sammenfattet til såkalte haplotyper (unike kombinasjoner av alleler ved de ni markørene).

I tillegg undersøkte vi genetisk variasjon i to funksjonelle SNP markører (VGLL3 og SIX6). Disse er genetiske markører som er sterkt koblede til sjøalder hos laks (Barson mfl. 2015). Vi testet for forskjell mellom områdene i haplotyppfrekvenser med en Fisher eksakt test og for forskjell i allelfrekvenser med en chi-kvadrat test i den statistiske programpakken R versjon 3.6.2 (R Development Core Team 2017). For å undersøke om genetisk differensiering mellom områdene var større ved de funksjonelle SNP markørene enn ved de nøytrale SNP markørene, beregnet vi F_{ST} for hver enkeltmarkør. Dette ble gjort i R pakken PopGenKit (Paquette 2012).

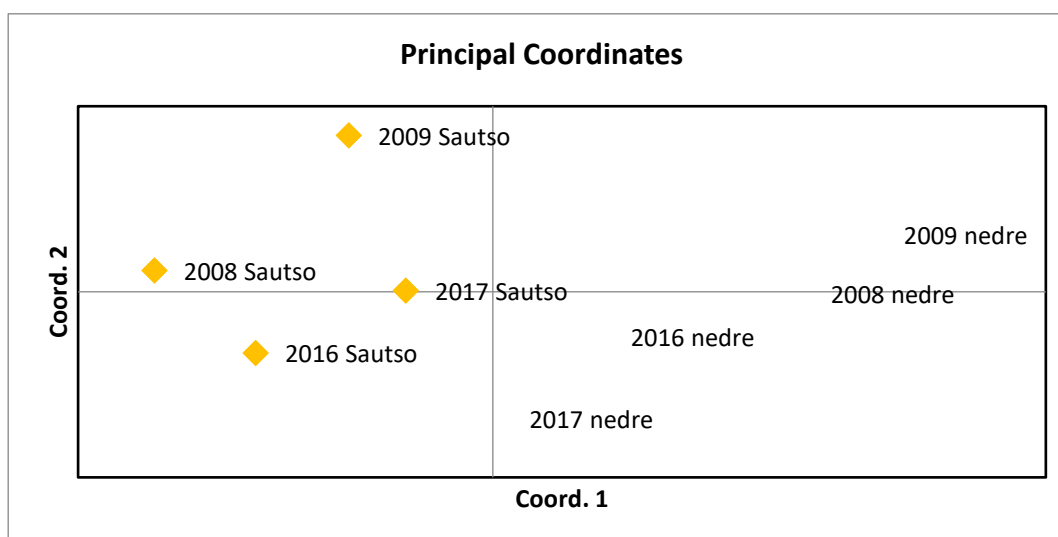
3 Resultater

Parvise genetisk distanse (F_{ST}) mellom nedre deler av Altaelva og Sautso i de fire undersøkte gyteårene er vist i **tabell 2**. Det var liten genetisk forskjell mellom prøvene fra de to områdene og mellom de fire undersøkte gyteårene (alle $F_{ST} < 0,01$; **tabell 2**). Gjennomsnittlig parvis F_{ST} var lav både mellom gyteår innen samme område (nedre del: 0,003; Sautso: 0,003) og mellom gyteår mellom områder (0,005) (**tabell 2**).

Til tross for en svak genetisk differensiering mellom områdene og en nesten like stor genetisk forskjell mellom gyteårene dannet gyteårsklassene fra Sautso og gyteårsklassene fra nedre deler atskilte grupperinger (**figur 2**). Dette tyder på at den svake genetiske differensiering mellom områdene var konsistent over de fire undersøkte gyteårene.

Tabell 2. Parvise genetiske distanser (F_{ST}) (nedenfor diagonalen) og signifikansnivå (P -verdi; ovenfor diagonalen) mellom laksunger fra gyteårene 2008, 2009, 2016 og 2017 fra Sautso og fra nedre deler av Altaelva. Statisk signifikante parvise distanser er uthevet.

	Nedre				Sautso			
	2008	2009	2016	2017	2008	2009	2016	2017
Nedre								
2008		0,0179	0,0375	0,0018	0,0036	0,0018	0,0036	0,0161
2009	0,0029		0,0339	0,0018	0,0107	0,0018	0,0018	0,0036
2016	0,0031	0,0032		0,4071	0,0393	0,0089	0,0768	0,1982
2017	0,0048	0,0047	0,0007		0,0232	0,0018	0,0464	0,0036
Sautso								
2008	0,0067	0,0075	0,0046	0,0034		0,0411	0,4071	0,1054
2009	0,0068	0,0058	0,0029	0,0059	0,0026		0,0036	0,0107
2016	0,0052	0,0069	0,0035	0,0019	0,0006	0,0046		0,0911
2017	0,0038	0,0059	0,0023	0,0036	0,0021	0,0043	0,0032	



Figur 2. Prinsipal koordinat analyse plot (PCoA plot) basert på parvise genetiske distanser (F_{ST}) mellom laksunger fra gyteårene 2008, 2009, 2016 og 2017 samlet inn i Sautso (gule diamanter) og nedre deler av Altaelva (blå diamanter).

En signifikant, men liten andel av den totale genetiske variasjonen ble forklart av genetiske forskjeller mellom Sautso og nedre deler. Kun 0,4% av den totale genetiske variasjonen ble forklart av genetiske forskjeller mellom områder innen gyteår og 0,26% mellom områder uavhengig av gyteår (**tabell 3**).

Tabell 3. Analyse av molekylærgenetisk variasjon (AMOVA) ved bruk av 161 SNP markører i to områder av Altaelva (Sautso og nedre deler) og i fire gyteår (2008, 2009, 2016, 2017). Prøvene er i den ene AMOVA gruppert etter gyteår for å undersøke hvor stor andel av den totale variasjonen som kan tilskrives variasjon mellom gyteår, variasjon mellom områder innen gyteår og variasjon innen områder.

	df	SS	% variasjon	P
Strukturert utfra gyteår og område				
Mellom gyteår	3	141	0,16	0,090
Mellom områder innen gyteår	4	154	0,40	0,014
Innen områder	792	12654	99,44	0,001
Strukturert utfra område				
Mellom områder	1	56	0,26	0,010
Innenfor områder	798	21893	99,74	<0,001

Genetiske forskjeller mellom nedre deler av Altaelva og Sautso ble også undersøkt ved bruk av variasjon i det mitokondrielle arvestoffet. Tre ulike haplotyper basert på ni SNP-markører ble identifisert (**tabell 4**). Frekvensen av de ulike haplotypene var ikke signifikant forskjellig mellom Sautso og nedre del (Fisher eksakt test: $P = 0,35$; **tabell 4**).

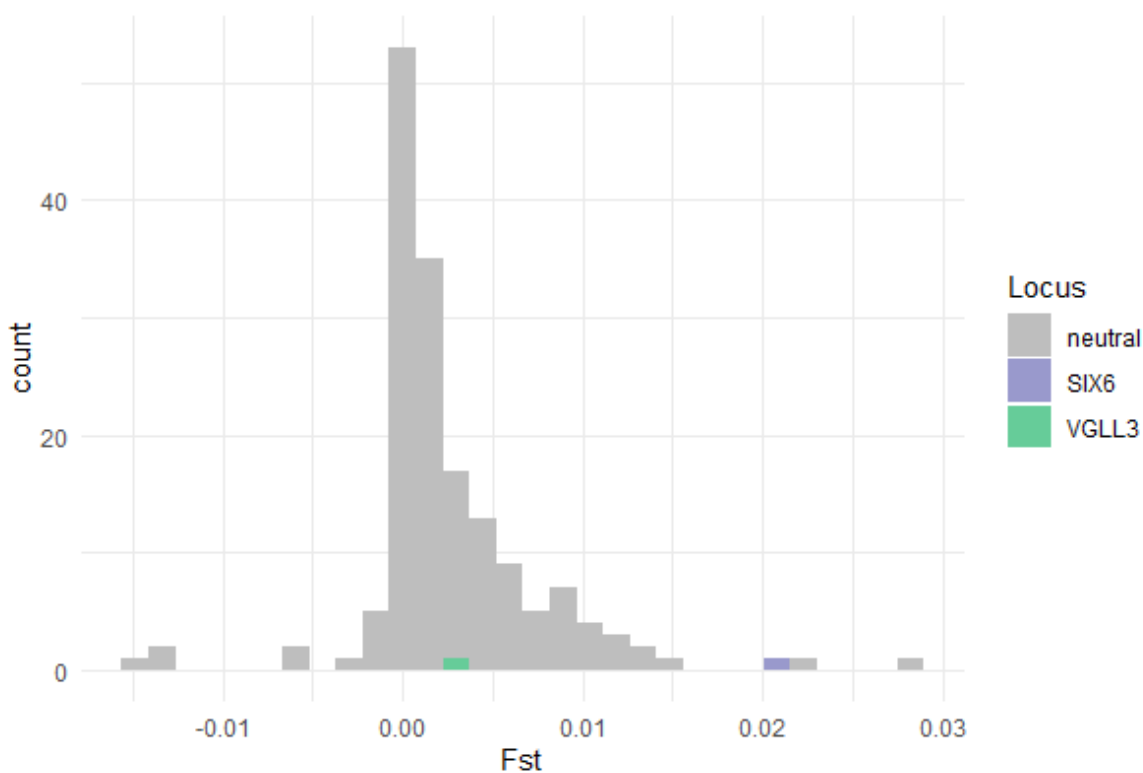
Tabell 4. Fordeling (antall og andel) av tre mitokondrielle haplotyper (A, B, C) i laksunger fanget i nedre deler av Altaelva og i Sautso.

Haplotype	Nedre del		Sautso	
	N	Andel	N	andel
A	162	0,83	169	0,87
B	3	0,02	1	0,01
C	31	0,16	24	0,12

I tillegg til de nøytrale genetiske markørene ble materialet undersøkt for to funksjonelle markører som er koblet til sjøalder. Det var en signifikant forskjell i allelfrekvensene for SIX6 mellom nedre deler av Altaelva (frekvens allel E: 0,007) og Sautso (frekvens allel E: 0,073) ($\chi^2 = 16,0$, $P < 0,001$) (**tabell 5**). Det var ingen signifikant forskjell i allelfrekvensene for VGLL3 mellom områdene ($\chi^2 = 0,9$, $P = 0,34$) (**tabell 5**). Genetisk distanse (F_{ST}) mellom områdene målt med VGLL3 (0,003) var tett på gjennomsnittet og median for de 161 nøytrale markørene ($F_{ST} = 0,003$), mens genetisk distanse målt med SIX6 var betydelig større ($F_{ST} = 0,021$) og i utkanten av fordelingen til de nøytrale genetiske markørene og indikerer at denne markøren er påvirket av seleksjon og at seleksjonen er ulik mellom områdene (**figur 3**).

Tabell 5. Antall (N) og andel laksunger fanget i nedre deler av Altaelva og i Sautso som oppviste forskjellige genotyper i to funksjonelle SNP-markører som er assosiert med sjøalder (VGLL3 og SIX6).

Genotype	Nedre del		Sautso	
	N	Andel	N	Andel
VGLL3				
LL	131	0,655	120	0,600
EL	61	0,305	71	0,355
EE	8	0,040	9	0,045
SIX6				
LL	147	0,987	170	0,854
EL	2	0,013	29	0,146
EE	0	0,000	0	0,000



Figur 3. Fordeling av genetisk distanse (F_{ST}) mellom laksunger fanget i nedre deler av Altaelva og i Sautso basert på 163 individuelle SNP markører. Grå farge indikerer 161 nøytrale SNP-markører, mens to funksjonelle markører assosiert med sjøalder er vist i lilla (SIX6) og grønn (VGLL3).

4 Diskusjon

Undersøkelsen viser en svak genetisk differensiering mellom laksunger fra Sautso og nedre deler av Altaelva. Analyser av fire gyteårsklasser fra to tidsperioder og et betydelig antall genetiske markører gjorde det mulig å avdekke de små, men konsistente genetiske forskjellene mellom Sautso og de nedre delene i Altaelva. Resultatene tyder på at voksen gytelaks ikke fordeler seg tilfeldig i elva, men at de til en viss grad vandrer tilbake til oppvekstområdene. Dette betyr at rekrutteringen i Sautso, i noen grad er uavhengig av rekrutteringen i de nedre delene. En svak årsklasse eller reduksjon i ungfiskbestanden i Sautso vil ikke nødvendigvis bli kompensert ved en sterk årsklasse eller god produksjon i de nedre delene. Samtidig viser den svake genetiske differensiering at områdene ikke kan anses som genetisk adskilte bestander, med den grad av uavhengig evolusjon og rekruttering som forventes mellom bestander i ulike vassdrag. Man kan imidlertid spekulere i om de genetiske forskjellene mellom Sautso og de nedre delene tidligere var større da det var en sterk bestand i Sautso, som gav mindre mulighet for gytefisk fra de nedre delene å rekruttere i Sautso, det vil si en mindre grad av feilvandring og genflyt fra de nedre delene til Sautso.

Genetisk differensiering innenfor Altaelva ble undersøkt i to tidligere studier (Heggberget mfl. 1988, Aronsen mfl. 2017). Aronsen mfl. (2017) beregnet genetisk distanse mellom voksenfisk fra Sautso og fra nedre deler av Altaelva fanget i høstfiske (i september og oktober måned) og nær gytetiden. Genetisk distanse mellom områdene var liten ($F_{ST} = 0,0044$), og i samme størrelsesorden som i denne undersøkelsen, men ikke signifikant. Parvis genetisk distanse mellom områder for de enkelte gyteår var også bare signifikant for ett av fire gyteår i denne undersøkelsen. Heggberget mfl. (1986) undersøkte forskjeller i allelfrekvenser i tre genetiske markører (isozymer) mellom presmolt (eldre ungfisk av laks) fanget i nedre deler, midtre deler og øvre deler av Altaelva. Allelfrekvenser var signifikant forskjellig for to av tre markører, men det var bare midtre delen av elva som var forskjellig fra nedre og øvre delen. Resultatene fra Heggberget mfl. (1988) kan ikke sammenliknes kvantitativt med denne undersøkelsen og inndeling av Altaelva i undersøkelsesområder var forskjellig.

Genetisk differensiering mellom delbestander i store laksevassdrag med (økologisk forskjellige) sidevassdrag kan være betydelig (Primmer mfl. 2006, Vaha mfl. 2007) og på samme nivå som differensiering mellom bestander i ulike vassdrag innenfor samme geografisk område (Tonteri mfl. 2005). Gjennomsnittlig genetisk distanse (F_{ST}) mellom forskjellige områder i hovedelva og i sidevassdrag av Tanaelva var estimert til 0,092 av Vaha mfl. (2017) og er nesten tjue ganger høyere enn den estimerte avstanden mellom Sautso og nedre deler av Altaelva som er presentert i denne rapporten ($F_{ST}=0,005$). Samtidig var genetisk distanse i Tanaelva størst mellom laks fra ulike sidevassdrag, mens genetisk distanse mellom laks fanget i ulike lokaliteter i hovedelva var i samme størrelsesorden som i Altaelva og ikke statistisk signifikant (Vaha mfl. 2007).

Allelfrekvenser i én av de to undersøkte funksjonelle markørene (SIX6) var forskjellig mellom områdene og genetisk distanse beregnet for enkelmarkører var stor for SIX6 sammenlignet med de nøytrale markørene. Dette kan tyde på en sterk og ulik seleksjonsretning i Sautso og nedre delene av elva.

5 Referanser

- Aronsen, T., Karlsson, S.O., Ugedal, O., Diserud, O.H., Ulvan, E.M., Saksgård, L. & Næsje, T.F. 2017. Undersøkelser av genetisk innkryssning av rømt oppdrettslaks i villaksbestanden i Altaelva. NINA Rapport 1385.
- Barson, N.J., Aykanat, T., Hindar, K., Baranski, M., Bolstad, G.H., Fiske, P., Jacq, C., Jensen, A.J., Johnston, S.E., Karlsson, S., Kent, M., Oen, T.M., Niemela, E., Nome, T., Næsje, T.F., Orell, P., Romakkaniemi, A., Saegrov, H., Urdal, K., Erkinaro, J., Lien, S. & Primmer, C.R. 2015. Sex-dependent dominance at a single locus maintains variation in age at maturity in salmon. *Nature* 528(7582): 405-+.
- Heggberget, T.G., Lund, R.A., Ryman, N. & Ståhl, G. 1986. Growth and Genetic Variation of Atlantic Salmon (*Salmo salar*) from Different Sections of the River Alta, North Norway. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 43(10): 1828-1835.
- Heggberget, T.G., Hansen, L.P. & Næsje, T.F. 1988. Within-River Spawning Migration of Atlantic Salmon (*Salmo-Salar*). *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 45(10): 1691-1698.
- Heggberget, T.G., Økland, F. & Ugedal, O. 1996. Prespawning migratory behaviour of wild and farmed Atlantic salmon, *Salmo salar* L, in a north Norwegian river 27(5): 313-322.
- Jones, O.R. & Wang, J.L. 2010. COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Molecular Ecology Resources* 10(3): 551-555.
- Paquette, S.R. 2012. PopGenKit: Useful functions for (batch) file conversion and data resampling in microsatellite datasets. R package version 1.0. Available from: <http://CRAN.R-project.org/package=PopGenKit>.
- Peakall, R. & Smouse, P.E. 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes* 6(1): 288-295.
- Primmer, C.R., Veselov, A.J., Zubchenko, A., Poututkin, A., Bakhmet, I. & Koskinen, M.T. 2006. Isolation by distance within a river system: genetic population structuring of Atlantic salmon, *Salmo salar*, in tributaries of the Varzuga River in northwest Russia. *Molecular Ecology* 15(3): 653-666.
- R Development Core Team. 2017. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- Tonteri, A., Titov, S., Veselov, A., Zubchenko, A., Koskinen, M.T., Lesbarreres, D., Kaluzhin, S., Bakhmet, I., Lumme, J. & Primmer, C.R. 2005. Phylogeography of anadromous and non-anadromous Atlantic salmon (*Salmo salar*) from northern Europe. *Annales Zoologici Fennici* 42(1): 1-22.
- Ugedal, O., Næsje, T.F., Thorstad, E.B., Forseth, T., Saksgård, L.M. & Heggberget, T.G. 2008. Atlantic salmon (*Salmo salar*) in the regulated River Alta: changes in juvenile and adult abundance. *Hydrobiologia* 609: 9-23.
- Ugedal, O., Næsje, T.F., Saksgård, L.M. & Thorstad, E.B. 2016. Fiskebiologiske undersøkelser i Altaelva. Samlerapport for 2011- 2015. NINA Rapport NINA report 1265.
- Vaha, J.P., Erkinaro, J., Niemela, E. & Primmer, C.R. 2007. Life-history and habitat features influence the within-river genetic structure of Atlantic salmon. *Molecular Ecology* 16(13): 2638-2654.

Norsk institutt for naturforskning, NINA, er en uavhengig stiftelse som forsker på natur og samspillet natur–samfunn.

NINA ble etablert i 1988. Hovedkontoret er i Trondheim, med avdelingskontorer i Tromsø, Lillehammer, Bergen og Oslo. I tillegg driver NINA Sæterfjellet avlsstasjon for fjellrev på Oppdal, og forskningsstasjonen for vill laksefisk på lms i Rogaland.

NINAs virksomhet omfatter både forskning og utredning, miljøovervåking, rådgivning og evaluering. NINA har stor bredde i kompetanse og erfaring med både naturvitere og samfunnsvitere i staben. Vi har kunnskap om artene, naturtypene, samfunnets bruk av naturen og sammenhenger med de store drivkreftene i naturen.

ISSN:1504-3312
ISBN: 978-82-426-4675-0

Norsk institutt for naturforskning

NINA Hovedkontor

Postadresse: Postboks 5685 Torgarden, 7485 Trondheim

Besøks-/leveringsadresse: Høgskoleringen 9, 7034 Trondheim

Telefon: 73 80 14 00, Telefaks: 73 80 14 01

E-post: firmapost@nina.no

Organisasjonsnummer 9500 37 687

<http://www.nina.no>



Samarbeid og kunnskap for framtidens miljøløsninger