

2134

NINA Rapport

## Har utsetting av ørret infestert med muslinglarver bidratt til etablering av nye elvemuslingbestander?

Genetiske undersøkelser

Jon H. Magerøy  
Sebastian Wacker



## **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.

# Har utsetting av ørret infestert med muslinglarver bidratt til etablering av nye elvemuslingbestander?

Genetiske undersøkelser

Jon H. Magerøy  
Sebastian Wacker

Magerøy, J.H. & Wacker, S. 2023. Har utsetting av ørret infestert med muslinglarver bidratt til etablering av nye elvemuslingbestander? Genetiske undersøkelser. NINA Rapport 2134. Norsk institutt for naturforskning.

Oslo, mars 2023

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-4922-5

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

KVALITETSSIKRET AV

Marie-Pierre Gosselin

ANSVARLIG SIGNATUR

Forskningsjef Kristin Thorsrud Teien (sign.)

OPPDRAKSGIVER(E)/BIDRAGSYTER(E)

Statsforvalteren i Oslo og Viken (tidligere Fylkesmannen i Oslo og Viken)

OPPDRAKSGIVERS REFERANSE

2019/30942, 2020/2181 og 2021/1832

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER/BIDRAGSYTER

Terje Wivestad

FORSIDEBILDE

Elvemusling i Raudsjøbekken. © Jon H. Magerøy

NØKKEWORD

Elvemusling (*Margaritifera margaritifera*). Genetikk, genetisk tilordning av bestander, og genetisk differensiering, variasjon og innavl. Utsetting av infestert vertsfisk (ørret) og etablering av nye bestander. Akerselva, Gørjabekken, Movannsbekken, Skarselva (inkludert Dausjøelva), Skjærsjøelva og Sognsvannsbekken i Oslo kommune, Oslo fylke. Lomma i Bærum kommune, Mosjøbekken og Raudsjøbekken i Enebakk kommune, Rabillfløyta i Nes kommune og Tunnsjøbekken i Aurskog-Høland kommune, alle i Viken fylke.

KEY WORDS

The freshwater pearl mussel (*Margaritifera margaritifera*). Genetics, genetic assignment of populations, and genetic differentiation, diversity and inbreeding. Stocking of infested host fish (brown trout) and establishment of new populations. Akerselva River, Gørjabekken Stream, Movannsbekken Stream, Skarselva River (including Dausjøelva River), Skjærsjøelva River and Sognsvannsbekken Stream in Oslo Municipality, Oslo County, Norway. Lomma River in Bærum Municipality, Mosjøbekken and Raudsjøbekken Streams in Enebakk Municipality, Rabillfløyta Stream in Nes Municipality and Tunnsjøbekken Stream in Aurskog-Høland Municipality, all in Viken County, Norway.

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](http://www.nina.no)

## Sammendrag

Magerøy, J.H. & Wacker, S. 2023. Har utsetting av ørret infestert med muslinglarver bidratt til etablering av nye elvemuslingbestander? Genetiske undersøkelser. NINA Rapport 2134. Norsk institutt for naturforskning.

Gitt at det er begrensede ressurser til tiltak for å bevare elvemuslingen, er det nødvendig å prioritere mellom muslinglokalitetene når tiltak skal finansieres. I en slik sammenheng vil stedegne bestander av muslinger alltid ha høyere verneverdi enn utsatte bestander. Blant stedegne bestander vil de bestandene som har stor genetisk variasjon og, spesielt, liten genetisk innavl ha størst levedyktighet. Dermed bør stedegne bestander med disse egenskapene prioriteres når det gjelder tiltak.

I Oslo fylke og Akershus landskap i Viken fylke er det mistanke om at elvemusling har blitt spredd til flere nye vassdrag gjennom utsetting av ørret infestert med muslinglarver, fra Oslomarkas Fiskeadministrasjon (OFA) settefiskanlegg ved Sørkedalselva. For å avgjøre om muslingene i disse vassdragene er et resultat av utsettinger eller om de er stedegne bestander, ble det gjennomført genetiske analyser av muslinger fra de antatte utsettingslokalitetene, Sørkedalselva og flere referanselokaliteter på Østlandet. Disse genetiske analysene ble også benyttet til å vurdere genetisk differensiering, variasjon og innavl ved lokalitetene.

De genetiske analysene viser at elvemuslingbestandene i Akerselva, Gørjabekken, Mosjøbekken, Raudsjøbekken og Tunnsjøbekken er et resultat av utsetting av ørret fra OFA. Analysene tyder også på at den ene muslingen som ble funnet i Rabillfløyta er et resultat av utsetting. Derimot viser analysene at bestandene i Lomma, Movannsbekken, Skarselva, Skjærsjøelva og Sognsvannsbekken ikke er et resultat av utsetting, men er stedegne bestander.

Det er stor genetisk differensiering mellom de fleste stedegne elvemuslingbestandene. I hovedsak er differensieringen på nivå med det som er observert mellom ørretmuslingbestander i resten av Norge. Unntakene er at det er små genetiske forskjeller mellom muslinger ovenfor og nedfor anadrom strekning i Lomma, og også mellom muslinger i Movannsbekken og Skarselva. Funnene viser at alle muslingene i Lomma utgjør én bestand og muslingene i Movannsbekken og Skarselva utgjør én bestand.

Det er også stor forskjell i hvor stor den genetiske variasjonen og graden av innavl er i de stedegne elvemuslingbestandene. Bestandene i Hobølelva, Kjoselva og Sørkedalselva har stor genetisk variasjon og svært liten grad av innavl. Bestandene i Askerelva, Finnsrudelva, Movannsbekken, Skarselva og Sogna har noe mindre genetisk variasjon, med lav grad av innavl i Sogna og høy grad av innavl i Finnsrudelva, Movannsbekken og Skarselva, mens Askerelva har noe innavl. Lomma har svært liten genetisk variasjon og høy grad av innavl. Kampåa har også svært liten genetisk variasjon, men bare noe innavl.

De genetiske analysene viser at flere av elvemuslingbestandene i Oslo fylke og Akershus landskap i Viken fylke er et resultat av utsetting av ørret fra OFAs anlegg ved Sørkedalselva. Disse bestandene har dermed lavere verneverdi enn stedegne bestander. Analysene viser også at det er store forskjeller i genetisk variasjon og innavl mellom bestandene. De stedegne bestandene med stor genetisk variasjon og, spesielt, liten innavl, har størst levedyktighet. Informasjon om genetik, rekruttering og bestandsstørrelse bør vurderes for å forstå den overordnede verneverdien og levedyktigheten til muslingbestander. Tiltak bør prioriteres ved de lokalitetene som har størst overordnet verneverdi og levedyktighet.

Jon H. Magerøy (jon.mageroy@nina.no), NINA, Sognsveien 68, 0855 Oslo.  
Sebastian Wacker (sebastian.wacker@nina.no), NINA, Postboks 5685 Torgarden, 7485 Trondheim.

## Abstract

Magerøy, J.H. & Wacker, S. 2023. Has stocking of brown trout infested with mussel larvae contributed to the establishment of new freshwater pearl mussel populations? Genetic analyzes. NINA Report 2134. Norwegian Institute for Nature Research.

Given that there are limited resources for conservation of the freshwater pearl mussel, it is necessary to prioritize between mussel locations when financing conservation actions. In such a context, local populations of the mussel have higher conservation value than introduced populations. Among local populations, those that have high genetic diversity and, especially, low genetic inbreeding, will have the highest likelihood of surviving. Thus, conservation of local populations with these attributes should be prioritized.

In Oslo County and Akershus landscape within Viken County, there is suspicion that the mussel has spread to new watercourses through the stocking of brown trout infested with mussel larvae, from a local hatchery. To determine if the mussels in these watercourses are a result of stocking or if they are local populations, genetic analyzes were completed for the potential stocking locations and reference locations in Eastern Norway. The analyzes also included the river that has been the hatchery's water source. In addition, the genetic analyzes were used to determine genetic differentiation, diversity and inbreeding in the mussel populations.

The genetic analyzes show that the mussel populations in Akerselva, Gørjabekken, Mosjøbekken, Raudsjøbekken and Tunnsjøbekken are a result of stocking of trout. They also indicate that the one mussel that was found in Rabillfløyta is a result of stocking. In contrast, the analyzes show that the populations in Lomma, Movannsbekken, Skarselva, Skjærsjøelva and Sognsvannsbekken are not a result of stocking, but local populations.

There are high levels of genetic differentiation between most of the local mussel populations. For most populations, this differentiation is at approximately the same level as between other trout mussel populations in Norway. The exceptions are that there are very small genetic differences between the mussels in the anadromous and non-anadromous zones in Lomma and also between the mussels in Movannsbekken and Skarselva. The results show that all the mussels in Lomma make up one population and that the mussels in Movannsbekken and Skarselva make up one population.

There is also great variation in the level of genetic diversity and inbreeding among the local populations. The populations in Hobølelva, Kjoselva and Sørkedalselva have high genetic diversity and very low inbreeding. The populations in Askerelva, Finnsrudelva, Movannsbekken and Skarselva, and Sogna have somewhat lower genetic diversity, with low levels of inbreeding in Sogna and high levels of inbreeding in Finnsrudelva, Movannsbekken and Skarselva, while Askerelva has some inbreeding. Lomma has very low genetic diversity and a high level of inbreeding. Kampåa has also very low genetic variation, but only some inbreeding.

The genetic analyzes show that several of the mussel populations in Oslo County and Akershus landscape within Viken County are a result of stocking of trout infested with mussel larvae. Thus, these populations have lower conservation value than local populations. The analyzes also show that there is a high degree of variation in genetic diversity and inbreeding. The local populations that have high genetic diversity and, especially, low inbreeding, have the highest likelihood of surviving. Information about genetics, recruitment and population size should be considered to determine the overall conservation value of and likelihood of survival for mussel populations. Conservation actions should be prioritized at the locations with the highest conservation value and highest likelihood of surviving.

Jon H. Magerøy (jon.mageroy@nina.no), NINA, Sognsveien 68, NO-0855 Oslo, Norway.  
Sebastian Wacker (sebastian.wacker@nina.no), NINA, P.O. Box 5685 Torgarden, NO-7485 Trondheim, Norway.

# Innhold

<b>Sammendrag</b> .....	<b>3</b>
<b>Abstract</b> .....	<b>4</b>
<b>Innhold</b> .....	<b>5</b>
<b>Forord</b> .....	<b>6</b>
<b>1 Innledning</b> .....	<b>7</b>
<b>2 Metodikk</b> .....	<b>9</b>
2.1 Oversikt over innsamlede DNA-prøver.....	9
2.1.1 Antatte utsettingslokaliteter.....	10
2.1.2 Referanselokaliteter.....	12
2.1.3 Tilleggsinnsamling.....	12
2.2 DNA-prøvetaking og -analyser.....	13
2.3 Statistiske analyser.....	14
<b>3 Resultater</b> .....	<b>16</b>
3.1 Genotypingssuksess.....	16
3.2 Undersøkelse av opphav ved utsettinger.....	16
3.3 Genetisk differensiering.....	17
3.4 Genetisk variasjon og innavl.....	19
3.5 Genetisk tilordning av Åroselva.....	21
<b>4 Oppsummering og diskusjon</b> .....	<b>23</b>
4.1 Lokaliteter som er et resultat av utsetting.....	23
4.2 Stedegne bestander.....	24
4.3 Konklusjon.....	25
<b>5 Referanser</b> .....	<b>27</b>

## Forord

Gitt begrensede ressurser til tiltak for å bevare elvemuslingen, er det nødvendig å prioritere mellom muslinglokalitetene når tiltak skal finansieres. I en slik sammenheng vil stedegne bestander av muslinger alltid ha høyere verneverdi enn utsatte bestander av musling. I Oslo fylke og Akershus landskap i Viken fylke er det mistanke om at elvemusling har blitt spredd til flere nye vassdrag gjennom utsetting av ørret infestert med muslinglarver, fra Oslomarkas Fiskeadministrasjonens settefiskanlegg ved Sørkedalselva. Genetiske metoder kan benyttes for å avgjøre om muslingene i disse vassdragene er et resultat av utsettinger eller om de er stedegne bestander. I tillegg vil den genetiske informasjonen også kunne bidra til å vurdere levedyktigheten til de stedegne bestandene som inngår i de genetiske analysene. Dette vil bidra til å avgjøre hvordan tiltak skal prioriteres ved de forskjellige elvemuslinglokalitetene, basert på om de er et resultat av utsetting og levedyktigheten til de stedegne bestandene.

Derfor sendte NINA søknader til Statsforvalteren i Oslo og Viken (tidligere Fylkesmannen i Oslo og Viken) om tiltaksmidler fra Miljødirektoratet for å gjennomføre genetiske analyser av elvemusling fra flere vassdrag i Oslo fylke og Akershus landskap i Viken fylke i 2020 og 2021. Det ble bevilget midler til de genetiske analysene begge år, i tillegg til at Statsforvalteren i Oslo og Viken har gitt andre tilskudd til prosjektet. Jeg vil gjerne takke Terje Wivestad (Statsforvalteren i Oslo og Viken) og Kjell Sandaas (Naturfaglige konsulenttenester) for et godt samarbeid under planleggingen av prosjektet. Lokalitetene som ble undersøkt ble valgt ut basert på tidligere rapporter om vassdragene, samtaler med Kjell Sandaas og Terje Wivestad, og egne vurderinger. Til sist vil jeg takke Sten Karlsson for gode innspill til denne rapporten.

09.03.2023, Jon H. Magerøy



# 1 Innledning

Elvemusling (*Margaritifera margaritifera*) er en art som har gått drastisk tilbake i mesteparten av sitt utbredelsesområde, på begge sider av det nordlige Atlanterhavet (Araujo & Ramos 2000, Geist 2010, Jakobsen & Jakobsen 2018, Larsen 2017a; 2018, Lopes-Lima et al. 2017). Dette har ført til at arten er kategorisert på IUCNs rødliste som sterkt truet (Moorkens 2011). I store deler av Europa er arten forsvunnet fra sitt opprinnelige utbredelsesområde (Araujo & Ramos 2000, Geist 2010, Jakobsen & Jakobsen 2018, Larsen 2017a; 2018, Lopes-Lima et al. 2017). Denne utviklingen har ikke vært like dramatisk i Norge, og vi har sannsynligvis om lag én firedel av de gjenværende bestandene i Europa. Likevel er også trenden i Norge negativ. Tilbakegangen har vært stor i enkelte områder, og muslingen har dødd ut i flere vassdrag (minst én firedel av de historisk kjente lokalitetene). I tillegg ser det ut til at rekrutteringen er for liten til å opprettholde bestanden ved mer enn halvparten av de gjenværende lokalitetene (Larsen & Magerøy 2019a). Dette har ført til at elvemuslingen er kategorisert som sårbar på den norske rødlisten både i 2010, 2015 og 2021 (Artsdatabanken 2021, Henriksen & Hilmo 2015, Kållås et al. 2010). Da elvemusling er en ansvarsart for Norge, har vi et spesielt ansvar for å stoppe denne utviklingen og ta vare på de gjenværende bestandene. I den sammenheng er det utarbeidet en egen handlingsplan for arten i Norge, den første i 2006 (Larsen 2005) og en ny og revidert utgave i 2018 for perioden 2019-2028 (Larsen 2018), der det er foreslått bevaringstiltak for arten.

I Oslo fylke har elvemuslingen også gått kraftig tilbake. Det finnes sikre historiske opplysninger om elvemusling fra 11 lokaliteter og usikre opplysninger fra to lokaliteter til. Nå finnes muslingen bare ved seks av disse lokalitetene. Blant de eksisterende lokalitetene har det kun blitt funnet rekruttering ved tre av dem, og rekrutteringen var kun stor nok til å opprettholde én av bestandene (Larsen & Magerøy 2019a, NINAs upbl. datab.). I Oslo vil det si at muslingen har dødd ut ved 45 % av de historisk sikre lokalitetene og står i fare for å dø ut i mellom 50 og 83 % av de gjenværende lokalitetene.

I Akershus landskap i Viken fylke har elvemuslingen også gått kraftig tilbake. Det finnes sikre historiske opplysninger om elvemusling fra 18 lokaliteter og usikre opplysninger fra syv lokaliteter til. Nå finnes muslingen bare ved 13 av disse lokalitetene (Larsen & Magerøy 2019a, Magerøy et al. 2021, NINAs upbl. datab.). Dessuten er det funnet positivt miljø-DNA-signal ved én lokalitet til (Haretonelva), uten at det ble funnet muslinger i forbindelse med vadesøk (Magerøy et al. 2021). I 2015 ble det flyttet muslinger fra Nitelva til sidebekkene Ela og Ørfiskebekken, som et tiltak for å øke rekrutteringen i vassdraget. I 2020 ble de gjenfunnete muslingene i Ela, imidlertid, flyttet tilbake til Nitelva, pga. negativ påvirkning på utsettingsområdet fra beveraktivitet, og i Ørfiskebekken ble ingen av muslingene gjenfunnet i 2017 (Sandaas & Enerud 2020). Det er likevel mulig at det finnes noen muslinger i disse to bekkene. Blant de 13 kjente eksisterende lokalitetene har det kun blitt funnet rekruttering ved seks av dem, og rekrutteringen var kun stor nok til å opprettholde én av bestandene (Larsen & Magerøy 2019a, NINAs upbl. datab.). Hvis vi ser bort ifra Haretonelva, Ela og Ørfiskebekken, betyr det at muslingen har dødd ut ved 28 % av de historisk sikre lokalitetene og står i fare for å dø ut i mellom 46 og 92 % av de gjenværende lokalitetene.

På grunn av den kritiske situasjonen for elvemusling i Oslo fylke og i Akershus landskap i Viken fylke er det ekstra viktig å forvalte de gjenværende bestandene og gjennomføre tiltak for å øke rekrutteringen der den er mangelfull. Gitt begrensede ressurser til bevaringstiltak for elvemuslingen, er det nødvendig å prioritere mellom muslinglokalitetene når tiltak skal finansieres. Selv om alle elvemuslingbestander er verneverdige (Larsen 2018), vil stedegne bestander av muslingen ha høyere verneverdi enn utsatte bestander i en slik sammenheng (Larsen & Magerøy 2016, Magerøy & Larsen 2018). I Oslo og Akershus er det mistanke om at elvemusling har blitt spredd til nye vassdrag gjennom utsetting av ørret infestert med muslinglarver. Det er kjent at ørret ved Oslomarkas Fiskeadministrasjons settefiskanlegg, ved Sørkedalselva, ble infestert med muslinglarver ved flere anledninger, fram til nytt filter ble installert i 1993-1994 (oppsummert i Sandaas et al. 2009). Det er mistanke om at utsetting av ørret infestert med muslinglarver fra Sørkedalselva har ført til etablering av elvemuslingbestander i Akerselva, Gørjabekken,

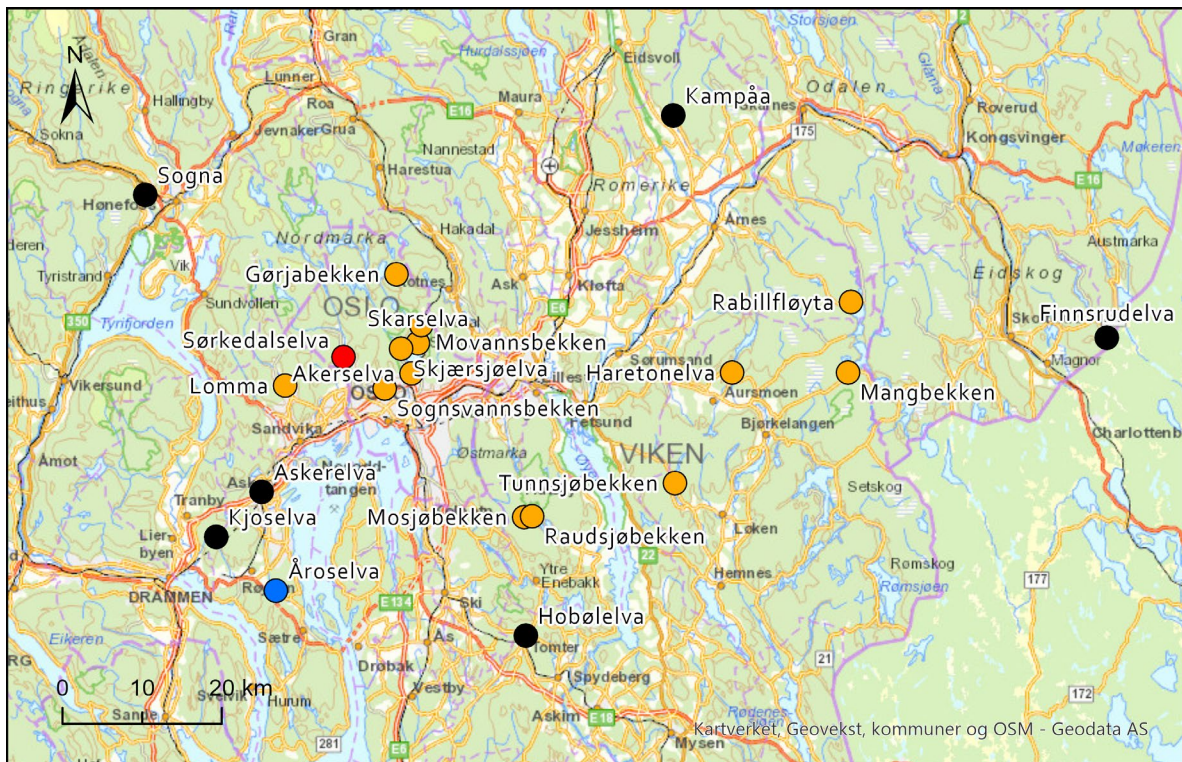
Movannsbekken, Skarselva (inkludert Dausjøelva), Skjærsljøelva og Sognsvannsbekken i Oslo, Haretonelva, Lomma, Mangbekken, Mosjøbekken, Rabillfløyta, Raudsjøbekken, Sandvikselva og Tunnsjøbekken i Akershus, og Lysakerelva, som utgjør nedre del av Sørkedalselva og renner langs grensen mellom Oslo og Akershus (Magerøy et al. 2021, Saltveit et al. 2012, Sandaas 2019, Sandaas & Enerud 1998; 2014; 2016a; 2016b; 2016c; 2018a, Sandaas et al. 2009; 2011a, Terje Wivestad, Statsforvalteren i Oslo og Viken, pers. med., egne betraktninger). Det er viktig å avgjøre om disse bestandene er et resultat av utsettinger eller om de er stedeegne bestander, for å kunne forvalte arten på best mulig måte i Oslo og Akershus.

For å avgjøre om elvemuslingbestandene i disse vassdragene er et resultat av utsettinger eller om de er stedeegne bestander, kan man bruke genetiske analyser av muslingene. I Storelva i Vegårvassdraget i Agder var det kjent at det hadde blitt satt ut muslinger fra Håelva på Jæren (A. Angelstad, E. Angelstad, S. Kvifte og A. Lunde pers. med., videreformidlet av Kleiven et al. 2013), og at vassdraget hadde hatt én eller flere stedeegne bestander av elvemusling (oppsummert i Kleiven et al. 2013, Magerøy & Larsen 2018, Magerøy et al. 2020). I dette tilfellet var det fra et forvaltningsperspektiv viktig å evaluere om muslingene, som finnes i Storelva og Lilleelv ved Nes Verk i vassdraget, var et resultat av utsettingen eller en stedeegen bestand. Det ble gjennomført genetisk sammenligning av muslinger i Vegårvassdraget og Håelva. Sammenligningen viser at det i Vegårvassdraget finnes en stedeegen ørretmusling og en laksemusling med identisk genetisk profil som muslingene i Håelva. Dermed kan man konkludere med at laksemuslingen i Vegårvassdraget stammer fra muslingene som ble satt ut fra Håelva. Et liknende studie ble også gjennomført for elvemuslingbestandene i Maurstadelva, Nyttingsneselva og Redalselva i Sogn og Fjordane landskap i Vestland fylke, men resultatene støtter ikke utsetting av muslinger (Karlsson 2017, Kålås 2017). Et studie av elvemuslinggenetikk i flere bestander i indre deler av Østlandet viser at bestandene i Leira og Kampåa er så nært beslektet at den ene sannsynligvis er et resultat av utsetting fra den andre, uten at man vet hvilken bestand som er opphavsbestanden (Linløkken et al. 2020).

I denne rapporten benyttes en liknende metodikk for å avgjøre om elvemuslingbestandene i de aktuelle vassdragene i Oslo og Akershus stammer fra utsettinger av ørret infestert med Sørkedalsmuslinglarver eller om de er stedeegne ørretmuslingbestander. I tillegg vurderes de undersøkte bestandene med henblikk på genetisk differensiering, variasjon og innavl. Til sammen legger dette grunnlaget for vurdering av den genetiske verneverdien og levedyktigheten til bestandene (se Wacker et al. 2021), da begge disse faktorene er viktige med henblikk på prioritering av bevaringstiltak for muslingene. Det ble forsøkt samlet inn DNA-prøver fra de antatte utsettingslokalitetene, hvis det ikke allerede hadde blitt samlet inn nødvendig antall prøver fra lokalitetene (Sten Karlsson, upubl. mat.). Unntakene var Sandvikselva og Lysakerelva. I Sandvikselva ble det ansett som overflødig, ettersom muslingene ved denne lokaliteten må ansees som en del av bestanden i nedre del av Lomma (Magerøy 2022). I Lysakerelva vil genetiske studier ikke kunne vise om muslingene i denne delen av elven er et resultat av utsetting eller naturlig spredning nedstrøms fra Sørkedalselva. Det ble også samlet inn prøver fra Sørkedalselva, for å kunne sammenlikne slektskapet mellom de antatte utsettingslokalitetene og den antatte opphavslokaliteten. I tillegg ble det samlet inn prøver fra flere referanselokaliteter på Østlandet, for å kunne evaluere om bestandene ved utsettingslokalitetene er nærmere beslektet med muslinger fra Sørkedalselva eller nærliggende bestander. Det ble også benyttet tidligere innsamlet materiale fra referanselokalitetene (Sten Karlsson, upubl. mat.).

I forbindelse med innsamling av DNA-prøver av elvemusling fra én av referanselokalitetene (Kjoselva), ble det også samlet inn DNA fra den anadrome strekningen av vassdraget (Åroselva). Dette ble gjort selv om det er forventet at muslingen er en laksemusling og ikke kunne benyttes som referansebestand for ørretmuslingbestandene i dette studiet, da DNA-prøver fra anadrom og ikke-anadrom strekning innenfor det samme vassdraget har stor faglig interesse (se Wacker et al. 2021).

## 2 Metodikk



**Figur 2.1.** Oversiktskart over lokalitetene det er samlet inn eller forsøkt samlet inn DNA-prøver fra. Antatte utsetningslokaliteter er markert med oransje sirkel: Akerselva, Gørjabekken, Haretonelva, Lomma, Mangbekken, Mosjøbekken, Movannsbekken, Rabillfløyta, Raudsjøbekken, Skarselva, Skjærsjøelva, Sognsvannsbekken og Tunnsjøbekken. Referanselokaliteter er markert med svart sirkel: Askerelva, Finnsrudelva, Hobøelva, Kampåa, Kjoselva og Sogna. Den antatte opphavslokaliteten er markert med rød sirkel: Sørkedalselva. I tillegg ble det samlet inn DNA fra Åroselva (blå sirkel) i forbindelse med innsamlingen fra Kjoselva. For nøyaktig lokalisering av prøvetakingslokalitetene, se **Tabell 2.1a** og **2.1b**.

### 2.1 Oversikt over innsamlede DNA-prøver

I utgangspunktet ble det samlet inn DNA-prøver av elvemusling fra 30 individer fra de antatte utsetningslokalitetene, 60 individer fra Sørkedalselva og de mest relevante referanselokalitetene, og 30 individer fra de minst relevante referanselokalitetene, etter anbefaling fra Karlsson & Larsen (2013). Enkelte antatte utsetningslokaliteter kan ha svært stor verneverdi, både økologisk og genetisk, hvis det viser seg at de er stedeegne bestander. Derfor ble det også tatt prøver fra 60 individer ved noen av de antatte utsetningslokalitetene. Ved enkelte lokaliteter hadde det blitt tatt prøver før dette prosjektet ble igangsatt (Sten Karlsson, unpubl. mat.). Hvis det hadde blitt tatt prøver av færre individer enn ønskelig, ble det supplert med det nødvendige antallet prøver. Ved to lokaliteter ble det ikke funnet muslinger, og ved noen lokaliteter var det ikke mulig å finne det ønskede antallet individer.

I forbindelse med innsamling av DNA-prøver av elvemusling fra én av referanselokalitetene (Kjoselva), ble det også samlet inn DNA fra den anadrome strekningen av vassdraget (Åroselva), da DNA-prøver fra anadrom og ikke-anadrom strekning innenfor det samme vassdraget har stor faglig interesse (se Wacker et al. 2021).

Det var også planlagt å samle inn DNA-prøver av elvemusling fra ett eller to vassdrag i Värmland län i Sverige, til bruk som referansebestander. Dette var planlagt da noen av lokalitetene har

nærmeste muslinglokalitet, innenfor samme vassdrag, i Sverige. Det viste seg dessverre å være svært vanskelig å få tillatelse til denne innsamlingen.

### 2.1.1 Antatte utsettingslokaliteter

I Akerselva, Oslo kommune i Oslo fylke, ble det samlet inn prøver fra totalt 30 individer fra tre stasjoner i 2020. Det ble samlet inn 10 prøver fra hver av stasjonene. Se **Tabell 2.1a** for nøyaktig lokalisering av stasjonene.

I Gørjabekken, Oslo kommune i Oslo fylke, ble det samlet inn prøver fra totalt 30 individer fra fem stasjoner i 2020. Det ble samlet inn fra fem til åtte prøver fra de forskjellige stasjonene. Se **Tabell 2.1a** for nøyaktig antall prøver pr. stasjon og lokalisering av stasjonene.

I Haretonelva, Aurskog-Høland kommune i Akershus landskap i Viken fylke, ble det ikke funnet elvemusling, på tross av at ca. 65 % av elvestrekningen ble undersøkt. Grunnen til at det ble gjort søk etter elvemusling i elven, er at det ble funnet et svakt miljø-DNA-signal for muslingen i 2018. For flere detaljer rundt undersøkelsene i Haretonelva, se Magerøy et al. (2021).

I Lomma, Bærum kommune i Akershus landskap i Viken fylke, ble det samlet inn prøver fra totalt 48 individer fra to stasjoner i 2020. Stasjon 1 ligger ovenfor anadrom strekning, og det ble samlet inn 30 prøver ved stasjonen. Stasjon 2 ligger innenfor anadrom strekning, og det ble samlet inn prøver fra alle de 18 individene som ble funnet på stasjonen. Muslingene i denne delen av elven utgjør sannsynligvis en felles bestand med de få muslingene som har blitt funnet litt lenger nedstrøms i selve Sandvikselva (Magerøy 2022). Det ble ikke forsøkt samlet inn prøver fra funnstedene i Sandvikselva (Artskart 2022), da det totalt skal ha blitt funnet fire muslinger og det ble sett som for ressurskrevende å gjenfinne disse. Siden de to stasjonene i Lomma ligger henholdsvis ovenfor og innenfor anadrom strekning, ble prøvene fra de to stasjonene analysert som to forskjellige bestander. Se **Tabell 2.1a** for nøyaktig lokalisering av stasjonene.

I Mangbekken, Aurskog-Høland kommune i Akershus landskap i Viken fylke, ble det ikke funnet elvemusling, på tross av at alt egnet og tilgjengelig habitat for muslingen ble undersøkt (inkludert sidebekkene Fagerlitjernbekken og Molidalsbekken). Grunnen til at det ble gjort søk etter elvemusling i bekken, er at det ble funnet miljø-DNA-signal for elvemusling i både 2018 og 2019 (Magerøy et al. 2021). I 2021 ble det bekreftet at det finnes muslinger i en dam i Molidalsbekken. Muslingen ble satt ut der, fra Begna i Oppland landskap i Innlandet fylke, på slutten av 1970-tallet. Det ble sist observert levende muslinger for ca. 10 år siden (Ole Petter Mikkeldrud, pers. med. i Magerøy et al. 2021). For flere detaljer rundt undersøkelsene i Mangbekken og sidebeker, se Magerøy et al. (2021)

I Mosjøbekken, Enebakk kommune i Akershus landskap i Viken fylke, ble det samlet inn prøver fra alle de 15 individene som ble funnet i bekken i 2020. Hele bekkestrengen utgjør én stasjon. Se **Tabell 2.1a** for nøyaktig lokalisering av stasjonen.

I Movannsbekken, Oslo kommune i Oslo fylke, hadde det blitt samlet inn prøver fra 50 individer før dette prosjektet ble igangsatt (Sten Karlsson, upubl. mat.). Alle disse prøvene ble analysert som en del av det nåværende prosjektet.

I Rabillfløyta, Nes kommune i Akershus landskap i Viken fylke, ble det tatt prøve av den ene muslingen som ble funnet i bekken i 2020. Totalt fire stasjoner ble kartlagt for elvemusling. For flere detaljer rundt undersøkelsene i Rabillfløyta, se Magerøy et al. (2021). Se **Tabell 2.1a** for nøyaktig lokalisering av stasjonen som det ble tatt prøve fra.

I Raudsjøbekken, Enebakk kommune i Akershus landskap i Viken fylke, ble det tatt prøver av 11 muslinger ved én stasjon i 2020. Se **Tabell 2.1a** for nøyaktig lokalisering av stasjonen. I tillegg hadde det blitt samlet inn prøver fra 49 individer før dette prosjektet ble igangsatt (Sten Karlsson,

upubl. mat.). Alle 60 prøvene ble analysert som en del av det nåværende prosjektet. Grunnen til dette er at bestanden i Raudsjøbekken kan ha svært stor verneverdi, både økologisk og genetisk, hvis det viser seg at denne er en stedegen bestand.

I Skarselva (inkludert Dausjøelva), Oslo kommune i Oslo fylke, ble det samlet inn prøver fra totalt 30 individer fra to stasjoner i 2020. Én stasjon ligger i Dausjøelva (stasjon 1) og én stasjon ligger i Skarselva (stasjon 2). Det ble samlet inn 15 prøver fra hver av stasjonene. Se **Tabell 2.1a** for nøyaktig lokalisering av stasjonene.

I Skjærsjøelva, Oslo kommune i Oslo fylke, ble det tatt prøver av alle de 11 muslingene som ble funnet ved de to stasjonene i bekken i 2020. Åtte av individene ble funnet ved stasjon 1 og tre av individene ble funnet ved stasjon 2. Se **Tabell 2.1a** for nøyaktig lokalisering av stasjonene.

**Tabell 2.1a.** Oversikt over de antatte utsettingslokalitetene det ble samlet inn eller forsøkt samlet inn DNA-prøver av elvemusling fra. NA indikerer at søkeområdet var så lite at det bare ble tatt én UTM.

Lokalitet	Stasjon	Antall individ	UTM nede	UTM oppe
Akerselva	1	10	32 V 0598950 6648548	32 V 0598947 6648558
	2	10	32 V 0599090 6649006	32 V 0599094 6649033
	3	10	32 V 0599595 6649181	32 V 0599604 6649197
Gørjabekken	1	8	32 V 0596936 6661491	32 V 0596965 6661493
	2	6	32 V 0597138 6661513	NA
	3	6	32 V 0597170 6661509	NA
	4	5	32 V 0597215 6661495	NA
	5	5	32 V 0597277 6661477	32 V 0597299 6661462
Haretonelva	Det ble ikke funnet musling			
Lomma	1	30	32 V 0583263 6647468	32 V 0583218 6647476
	2	18	32 V 0583004 6642130	32 V 0583023 6642124
Mangbekken	Det ble ikke funnet musling			
Mosjøbekken	1	15	32 V 0613213 6630976	32 V 0613212 6630976
Movanns- bekken	DNA-prøver fra 50 individer ble samlet inn før dette prosjektet ble igangsatt. Alle ble benyttet.			
Rabillfløyta <sup>a</sup>	3	1	32 V 0654258 6657962	NA
Raudsjø- bekken	DNA-prøver fra 49 individer ble samlet inn før dette prosjektet ble igangsatt. Alle ble benyttet.			
	1	11	32 V 0614236 6631105	32 V 0614214 6631082
Skarselva	1	15	32 V 0599863 6652798	32 V 0599864 6652830
	2	15	32 V 0599622 6654356	32 V 0599617 6654368
Skjærsjøelva	1	8	32 V 0597773 6652086	32 V 0597785 6652091
	2	3	32 V 0597307 6653040	32 V 0597299 6653049
Sognsvanns- bekken	DNA-prøver fra tre individer ble samlet inn før dette prosjektet ble igangsatt. Alle ble benyttet.			
Tunnsjø- bekken <sup>b</sup>	2	17	32 V 0632115 6635114	32 V 0632130 6635151
	3	18	32 V 0632157 6635259	32 V 0632155 6635282
	4	25	32 V 0632497 6635575	32 V 0632478 6635593

<sup>a</sup>Stasjonsnummeret er hentet fra Magerøy et al. (2021).

<sup>b</sup>Stasjonsnumrene er hentet fra Magerøy (2020).

I Sognsvannsbekken, Oslo kommune i Oslo fylke, hadde det blitt samlet inn prøver fra tre individer før dette prosjektet ble igangsatt (Sten Karlsson, upubl. mat.). Disse tre prøvene ble analysert som en del av det nåværende prosjektet.

I Tunnsjøbekken, Aurskog-Høland kommune i Akershus landskap i Viken fylke, ble det tatt prøver fra totalt 60 individer fra tre stasjoner i 2020. Det ble tatt fra 17 til 25 prøver fra de forskjellige stasjonene. Se **Tabell 2.1a** for nøyaktig antall prøver pr. stasjon og lokalisering av stasjonene.

### 2.1.2 Referanselokaliteter

I Askerelva, Asker kommune i Akershus landskap i Viken fylke, hadde det blitt samlet inn prøver fra 32 individer, som ble genotypet før dette prosjektet ble igangsatt (Sten Karlsson, upubl. mat.). Bestanden i vassdraget er så liten (Abel 2018, Sandaas & Enerud 2013; 2015a) at det ble ansett som svært ressurskrevende å lete etter flere individer. Dermed ble dette ikke prioritert i det nåværende prosjektet.

I Finnsrudelva, Eidskog kommune i Hedmark landskap i Innlandet fylke, ble det samlet inn prøver fra totalt 60 individer fra tre stasjoner i 2020. Det ble samlet inn 20 prøver fra hver av stasjonene. Se **Tabell 2.1b** for nøyaktig lokalisering av stasjonene.

I Hobølelva, Indre Østfold kommune i Østfold landskap i Viken fylke, ble det samlet inn prøver fra totalt 60 individer fra tre stasjoner i 2020. Det ble samlet inn 20 prøver fra hver av stasjonene. Se **Tabell 2.1b** for nøyaktig lokalisering av stasjonene.

I Kampåa, Nes kommune i Akershus landskap i Viken fylke, ble det samlet inn prøver fra totalt 30 individer fra to stasjoner (stasjon 4 og 6) i 2020. Det ble samlet inn 15 prøver fra hver av stasjonene. Se **Tabell 2.1b** for nøyaktig lokalisering av stasjonene. Dette er et supplement til de 30 prøvene som ble samlet inn fra stasjon 1 i forbindelse med det nasjonale overvåkingsprogrammet for elvemusling i 2018 (Larsen 2019, Bjørn Mejdell Larsen, pers. med.). Alle prøvene er blitt analysert som en del av det nåværende prosjektet.

I Kjoselva, Asker og Lier kommuner i Buskerud landskap i Viken fylke, ble det samlet inn prøver fra totalt 30 individer fra tre områder (stasjon 104-105, 110-111 og 113) i 2021. Det ble samlet inn 10 prøver fra hver av områdene. Se **Tabell 2.1b** for nøyaktig lokalisering av områdene.

I Sogna (Sokna), Ringerike kommune i Buskerud landskap i Viken fylke, ble det samlet inn prøver fra totalt 30 individer fra to stasjoner (stasjon 5 og 10) i 2021. Det ble samlet inn 15 prøver fra hver av stasjonene. Se **Tabell 2.1b** for nøyaktig lokalisering av stasjonene.

I Sørkedalselva, Oslo kommune i Oslo fylke, ble det samlet inn prøver fra totalt 30 individer fra én stasjon (stasjon 13) i 2020. Denne stasjonen ble valgt fordi den ligger ved settefiskanlegget til OFA i Sørkedalen, som antas å være kilden til spredning av elvemusling til utsettingslokalitetene av ørret. Se **Tabell 2.1b** for nøyaktig lokalisering av stasjonen. Dette er et supplement til de 30 prøvene som ble samlet inn fra stasjon 8 i forbindelse med det nasjonale overvåkingsprogrammet for elvemusling i 2018 (Larsen & Magerøy 2019b, Bjørn Mejdell Larsen, pers. med.). Alle prøvene er blitt analysert som en del av det nåværende prosjektet.

### 2.1.3 Tilleggsinnsamling

I Åroselva, Asker kommune i Buskerud landskap i Viken fylke, ble det samlet inn prøver fra totalt åtte individer fra én stasjon (stasjon 5) i 2021. Se **Tabell 2.1c** for nøyaktig lokalisering av stasjonen.

## 2.2 DNA-prøvetaking og -analyser

Prøver til genetiske analyser ble tatt av levende elvemusling i felt. Det ble tatt prøver ved å stryke på overflaten av de indre bløtdelene (fot og kappe) med en bomullspinne (Q-tip) (Karlsson & Larsen 2013, Karlsson et al. 2013), som så ble overført til en bufferløsning for lagring.

DNA ble ekstrahert som beskrevet av Karlsson et al. (2013), ved bruk av Dneasy tissue kit fra Qiagen. NINA har i mange studier genotypet åtte mikrosatellitter fordelt på to PCR multiplexer som beskrevet av Karlsson & Larsen (2013) og Karlsson et al. (2013). To av mikrosatellitene har imidlertid vist signifikante avvik fra Hardy-Weinberg likevekt, som tilskrives usikker genotyping. Disse har derfor ikke blitt inkludert i de videre analysene. De seks resterende mikrosatellitene har imidlertid blitt brukt i mange studier, og en stor database med genotyper fra disse foreligger.

Karlsson et al. (2016) beskriver utviklingen av et nytt mikrosatellitassay, der man beholdt seks av de åtte opprinnelige markørene. De to upålitelige markørene ble tatt ut fra protokollen og er-

**Tabell 2.1b.** Oversikt over referanselokalitetene det ble samlet inn DNA-prøver av elvemusling fra. NA indikerer at søkeområdet var så lite at det bare ble tatt én UTM.

Lokalitet	Stasjon	Antall individ	UTM nede	UTM oppe
Askerelva	DNA-prøver fra 32 individer ble samlet inn og analysert før dette prosjektet ble igangsatt. Alle ble benyttet.			
	1	20	33 V 0351308 6653220	33 V 0351266 6653239
Finnsrudelva	2	20	33 V 0351488 6651815	33 V 0351459 6651808
	3	20	33 V 0351591 6651559	33 V 0351611 6651582
Hobøelva	1	20	32 V 0611455 6613091	32 V 0611501 6613122
	2	20	32 V 0613437 6616051	32 V 0613402 6616092
	3	20	32 V 0613673 6616418	32 V 0613686 6616459
Kampåa <sup>a</sup>	DNA-prøver fra 30 individer ble samlet inn før dette prosjektet ble igangsatt. Alle ble benyttet.			
	4	15	32 V 0631912 6681364	32 V 0631901 6681412
	6	15	32 V 0632192 6680507	32 V 0632159 6680528
Kjoselva <sup>c</sup>	104-105	10	32 V 0574884 6627707	32 V 0574788 6627824
	110-111	10	32 V 0574562 6628451	32 V 0574527 6628504
	113	10	32 V 0574351 6628951	32 V 0574348 6628970
Sogna <sup>d</sup>	5	15	32 V 0564513 6673058	32 V 0564492 6673071
	10	15	32 V 0565625 6671438	NA
Sørkedalselva <sup>d</sup>	DNA-prøver fra 30 individer ble samlet inn før dette prosjektet ble igangsatt. Alle ble benyttet.			
	13	30	32 V 0590539 6651048	32 V 0590511 6651051

<sup>a</sup>Stasjonsnummer 4 er hentet fra Larsen (2019) og stasjonsnummer 6 er hentet fra Sandaas et al. (2011b).

<sup>b</sup>Stasjonsnumrene er hentet fra Larsen (2006).

<sup>c</sup>Stasjonsnumrene er hentet fra Larsen (2017b).

<sup>d</sup>Stasjonsnumrene er hentet fra Larsen & Magerøy (2019b).

**Tabell 2.1c.** Oversikt over tilleggslokaliteten det ble samlet inn DNA-prøver fra.

Lokalitet	Stasjon	Antall individ	UTM nede	UTM oppe
Åroselva <sup>a</sup>	5	8	32 V 0582050 6621758	32 V 0582033 6621763

<sup>a</sup>Stasjonsnummeret er hentet fra Sandaas & Enerud (2015b).



**Figur 2.2.** Prøvetaking av muslinger i felt. Her er muslingene lagt på land for å ta prøver av dem. Etter noen minutter åpner de seg og stikker ut foten, som er tilfellet for noen av muslingene på bildet. Da setter man en c-ring tang inn i åpningen og bruker denne til å holde muslingene åpne, mens man stryker på overflaten av de indre bløtdelene (fot og kappe) med en bomullspinne (Q-tip). Foto: Jon H. Magerøy.

stattet med så mange nye som mulig. Nye markører ble inkludert fra primersekvenser fra Geist et al. (2003) og Garlie (2010), fordelt i to ulike PCR multiplexer. I denne analysen ble alle muslingene undersøkt med hensyn til det nye markørsettet på 15 mikrosatellitter. En stor database med genotyper fra disse har også blitt opparbeidet (Wacker et al. 2021).

## 2.3 Statistiske analyser

Genetisk variasjon innenfor bestandene ble undersøkt i form av heterozygositet (observert og forventet andel heterozygote individer for de ulike genetiske markørene) og allelrikdom (antall forskjellige alleler uavhengig av antall prøver). Innavl ble estimert som innavlkoefisient  $F_{is}$ . Observert heterozygositet, allelrikdom og innavl ble beregnet ved hjelp av R-pakken hierfstat (Goudet 2005), og forventet heterozygositet ble beregnet ved hjelp av R-pakken adegenet (Jombart 2008). Genetisk differensiering mellom bestander ble undersøkt i form av parvise genetiske forskjeller mellom alle de undersøkte elvemuslingbestandene. Parvis genetisk distanse målt som  $F_{ST}$  (Weir & Cockerham 1984) ble beregnet i R-pakken mmod (Winter 2012). Neis parvise distanse (Nei 1987) ble beregnet i R-pakken poppr (Kamvar et al. 2014). Neis parvise distanser mellom alle de undersøkte elvemuslingbestandene ble visualisert i et prinsipalkoordinatanalyse-plot (PCA plot), ved bruk av R-pakken stats (R Developmental Core Team 2017).

For 8 av 11 undersøkte bestander, med mulig opphav i Sørkedalselva, ble minst 15 prøver genotypet (**tabell 2.1a**). For disse åtte bestandene ble genetisk distanse og genetisk variasjon estimert. Antall undersøkte individer var for lite for de tre andre bestandene til analyser på bestandsnivå. Individene fra disse bestandene ble dog inkludert i genetisk tilordning av enkeltindivider til Sørkedalselva. Individer ble genetisk tilordnet til bestanden Sørkedalselva med den bayesianske metoden, implementert i programmet GeneClass2 (Piry et al. 2004). Individene fra Skjærsvjelva og Sognsvannsbekken ble også genetisk tilordnet til referansebestandene i Movannsbekken og Skarselva, med samme metodikk, for å evaluere mulig slektskap mellom disse bestandene. Resultatet av analysene er vist som absolutt sannsynlighet for forekomst av genotypen i referansebestanden for hvert individ.



Bestanden i Åroselva ble genetisk tilordnet lakse- og ørretmusling. Genetisk variasjon innenfor bestanden ble beregnet og sammenliknet med lakse- og ørretmusling. Neis parvise distanser ble beregnet til ørret- og laksemuslingbestander og visualisert i et prinsipalkoordinatanalyse-plot (Wacker et al. 2021).

## 3 Resultater

### 3.1 Genotypingssuksess

Genotyping for 14 av de 15 undersøkte markørene var vellykket for et stort flertall av prøvene, men for én av markørene var genotypingen mislykket for en stor andel av prøvene og denne markøren (MarMa4143) ble ekskludert fra analysen. Individuer som hadde mislykket genotyping for mer enn tre av de resterende 14 mikrosatellittmarkørene, ble ekskludert fra videre analyser (**tabell 3.1a** og **3.1b**).

### 3.2 Undersøkelse av opphav ved utsetninger

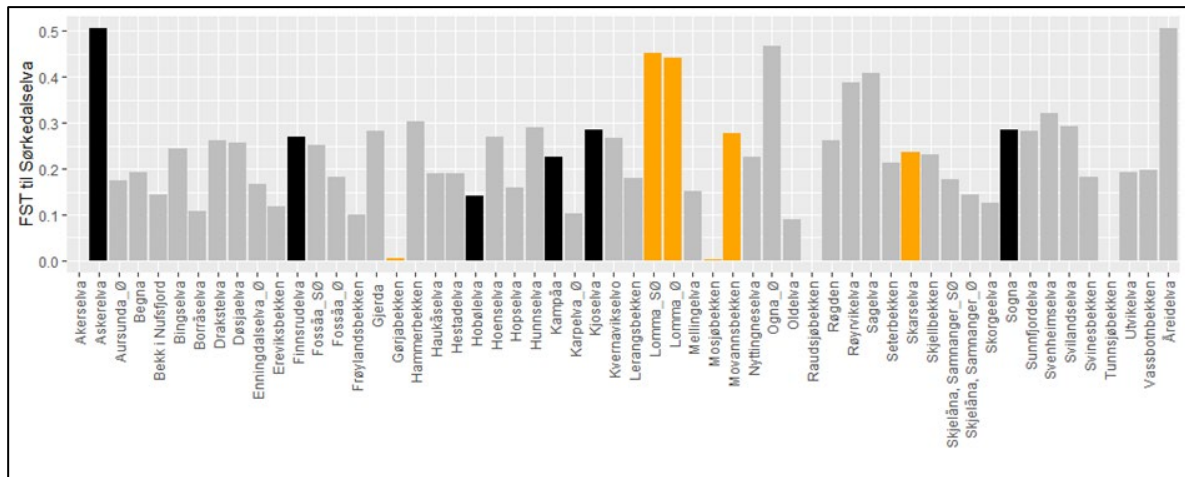
Bestandene i Akerselva, Gørjabekken, Mosjøbekken, Raudsjøbekken og Tunnsjøbekken hadde ingen eller ubetydelig genetisk distanse til bestanden i Sørkedalselva ( $F_{ST}$ : 0 – 0,006) og har, med høy sannsynlighet, opphav i elvemusling fra Sørkedalselva (**figur 3.1** og **3.2**). Bestandene i Movannsbekken, Skarselva og Lomma (anadrom og ikke-anadrom strekning) hadde stor genetisk distanse til muslingene fra Sørkedalselva ( $F_{ST}$ : 0,237 – 0,453) og har ikke opphav i Sørkedalselva (**figur 3.1** og **3.2**). Genetisk differensiering mellom disse bestandene og Sørkedalselva var på samme nivå som mellom ørretmuslingbestander ellers i Norge (gjennomsnittlig  $F_{ST}$  = 0,32; Wacker et al. 2021). Det var tydelig genetisk differensiering ( $F_{ST}$  > 0.12) mellom alle de antatte utsetningslokalitetene og de øvrige referansebestandene (Finnsrudelva, Hobølelva, Kampåa, Kjøselva, Sogna) (**tabell 3.2**).

**Tabell 3.1a.** Antall prøver fra antatte utsetningslokaliteter forsøkt analysert for genetisk variasjon i 15 mikrosatellittmarkører (antall prøver) og antall individer med genotypingssuksess for minst 11 markører etter at én markør blitt ekskludert (Antall prøver genotypet).

	Akerselva	Gørjabekken	Lomma (ørret)	Lomma (sjøørret)	Mosjøbekken	Movannsbekken	Rabilfløyta	Raudsjøbekken	Skarselva	Skjærsjøelva	Sognsvannsbekken	Tunnsjøbekken
Antall prøver	30	30	30	18	15	50	1	60	30	11	3	60
Antall prøver genotypet	30	30	30	18	15	50	1	60	29	10	3	58

**Tabell 3.1b.** Antall prøver fra referanselokalitetene, Sørkedalselva og Åroselva forsøkt analysert for genetisk variasjon i 15 mikrosatellittmarkører (antall prøver) og antall individer med genotypingssuksess for minst 11 markører etter at én markør blitt ekskludert (Antall prøver genotypet).

	Askerelva	Finnsrudelva	Hobølelva	Kampåa	Kjøselva	Sogna	Sørkedalselva	Åroselva
Antall prøver	32	60	60	60	30	30	60	8
Antall prøver genotypet	32	60	59	57	30	30	60	8



**Figur 3.1.** Parvis genetisk distanse  $F_{ST}$  mellom opphavslokaliteten Sørkedalselva og antatte utsetningslokaliteter (oransje stolper), ørretmuslingbestander som har blitt brukt som referanse i genetisk tilordning (svarte stolper) og øvrige ørretmuslingbestander fordelt over hele Norge (grå stolper).

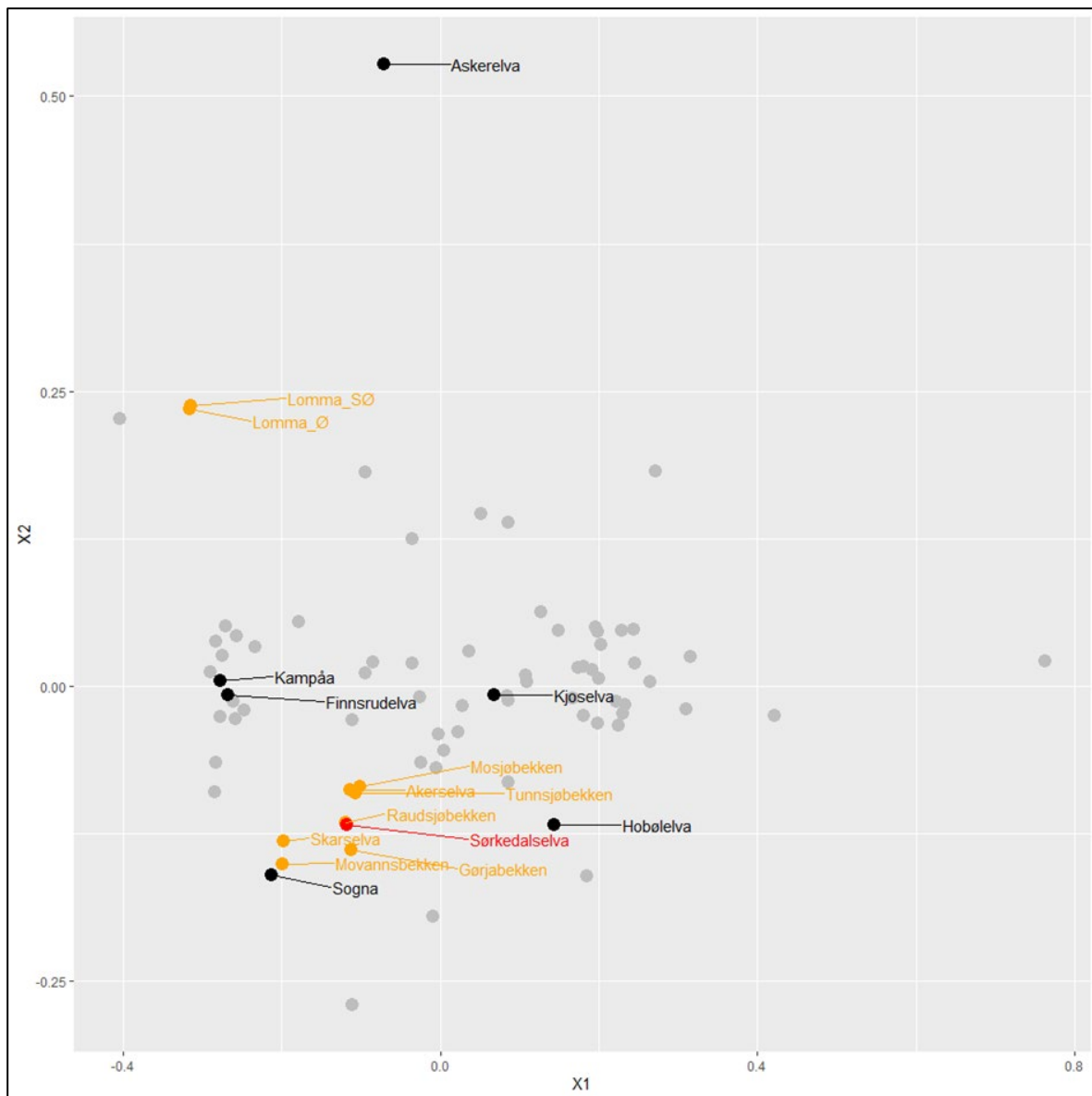
Visualisering av parvise genetiske distanser mellom bestandene viste at bestandene i Sørkedalselva, Akerselva, Gørjabekken, Mosjøbekken, Raudsjøbekken og Tunnsjøbekken ble gruppert tett sammen (**figur 3.2**). Bestandene i Skarselva og Movannsbekken ble plassert forholdsvis nær Sørkedalselva, til tross for betydelig genetisk differensiering (**figur 3.2**). Ingen av de andre seks undersøkte referansebestandene ble plassert i nærheten av Sørkedalselva (**figur 3.2**).

Genetisk differensiering mellom ørretmuslingbestandene i Norge er generelt stor (gjennomsnittlig  $F_{ST} = 0,32$ ; Wacker et al. 2021), og dette var også tilfelle mellom de undersøkte bestandene (**tabell 3.2**). Unntakene var bestandene som hadde opphav i Sørkedalselva samt bestandene i Movannsbekken og Skarselva ( $F_{ST} = 0,018$ ) og anadrom og ikke-anadrom strekning i Lomma ( $F_{ST} = 0,014$ ). Bestanden i Akerselva har sannsynligvis opphav i Sørkedalselva og hadde stor genetisk differensiering til de nærliggende bestandene innenfor samme vassdrag i Skarselva ( $F_{ST} = 0,227$ ) og Movannsbekken ( $F_{ST} = 0,270$ ) (**tabell 3.2**).

Individuell genetisk tilordning tyder ikke på blandete bestander (utsatte individer og individer fra opprinnelige bestander) i de undersøkte lokalitetene (**figur 3.3**). Ingen av de undersøkte individene fra Movannsbekken, Skarselva og Lomma hadde sannsynlig opphav i Sørkedalselva. Genotypene til alle disse individene hadde  $<1\%$  sannsynlighet av forekomst i Sørkedalselva (**figur 3.3**). Resultatene tyder ikke på at det var individer med annet opphav enn fra Sørkedalselva i Akerselva, Gørjabekken, Mosjøbekken, Raudsjøbekken eller Tunnsjøbekken (**figur 3.3**). Ingen individer fra Skjærsløelva eller Sognsvannsbekken hadde sannsynlig opphav fra Sørkedalselva. Det undersøkte individet i Rabillfløyta hadde høy sannsynlighet for opphav fra Sørkedalselva (0.671; **figur 3.3**), men sannsynlighet for tilordning til Hobølvelva var noe større (0.771).

### 3.3 Genetisk differensiering

Som nevnt, er genetisk differensiering mellom ørretmuslingbestandene i Norge generelt stor (gjennomsnittlig  $F_{ST} = 0,32$ ; Wacker et al. 2021). Dette var også tilfelle mellom de undersøkte bestandene, med unntak av bestandene som hadde opphav i Sørkedalselva (**figur 3.2** og **tabell 3.2**). Blant bestandene som ikke hadde opphav i Sørkedalselva, hadde bestandene i Movannsbekken og Skarselva ( $F_{ST} = 0,018$ ) og anadrom og ikke-anadrom strekning i Lomma ( $F_{ST} = 0,014$ ) minst genetisk differensiering fra hverandre. Blant referansebestandene var den genetiske differensieringen fra Sørkedalselva stor ( $F_{ST} > 0,140$ ). Spesielt bestandene i Askerelva og Lomma skilte seg ut fra de andre bestandene (**figur 3.2** og **tabell 3.2**). Sammenlignet med



**Figur 3.2.** Prinsipalkomponentanalyse (PCA, principal component analysis) basert på Neis parvise genetiske distanser mellom 57 ørretmuslingbestander, estimert fra fjorten mikrosatellittmarkører. Den røde sirkelen er Sørkedalselva, som er mulig opphav til flere elvemuslingbestander i Oslo fylke og Akershus landskap i Viken fylke (oransje sirkler). Svarte sirkler er ørretmuslingbestander som har blitt brukt som referanse i genetisk tilordning, og grå sirkler er øvrige ørretmuslingbestander fordelt over hele Norge.

Sørkedalselva hadde de en genetisk differensiering på  $F_{ST} = 0,507$  for Askerelva og  $F_{ST} = 0,445$  for Lomma (snitt for både anadrom og ikke-anadrom strekning).

Det var for få individer fra Skjærsløvelva og Sognsvannsbekken til å undersøke genetisk differensiering på bestandsnivå, men ingen av de undersøkte individene fra disse lokalitetene hadde sannsynlig opphav i hverken Sørkedalselva eller Movannsbekken (<1 % sannsynlighet). Individene fra Sognsvannsbekken hadde heller ikke sannsynlig opphav i Skarselva, men individene fra Skjærsløvelva hadde en lav sannsynlighet for ha opphav i Skarselva (<13% sannsynlighet).

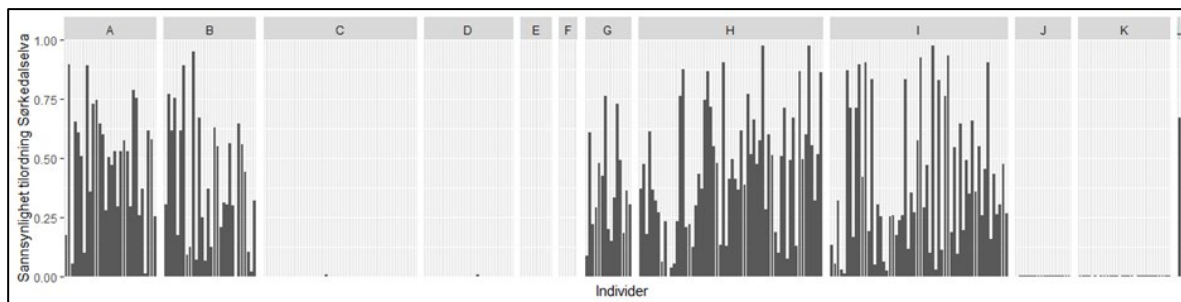
### 3.4 Genetisk variasjon og innavl

Bestanden i Sørkedalselva og bestandene med sannsynlig opphav i Sørkedalselva (Akerselva, Gørjabekken, Mosjøbekken, Raudsjøbekken, Tunnsjøbekken) hadde omtrent samme genetisk variasjon og denne var på nivå med gjennomsnittet for ørretmusling i Norge (gjennomsnittlig forventet heterozygositet: 0,253; Wacker et al. 2021) (**figur 3.4** og **3.5**). Det var ingen tegn til innavl av betydelig grad i bestanden i Sørkedalselva eller bestandene med opphav i Sørkedalselva (**figur 3.6**).

Bestandene uten sannsynlig opphav i Sørkedalselva og referansebestandene varierte i hvor stor den genetiske variasjonen var. Movannsbekken og Skarselva hadde noe mindre genetisk variasjon enn Sørkedalselva. Bestanden i Lomma hadde svært liten genetisk variasjon. Kampåa hadde vesentlig mindre genetisk variasjon enn Sørkedalselva, mens Askerelva, Finnsrudelva og Sogna hadde noe mindre genetisk variasjon. Kjoselva hadde omtrent samme genetiske variasjon, mens Hobøelva hadde vesentlig større genetisk variasjon (**figur 3.4** og **3.5**). Graden av innavl varierte også mye mellom bestandene. Innavlsgraden var stor i bestandene i Movannsbekken, Skarselva, Lomma og Finnsrudelva, og Askerelva og Kampåa hadde noe innavl, mens Hobøelva, Kjoselva og Sogna hadde svært lav grad av innavl (**figur 3.6**).

**Tabell 3.2a.** Parvis genetisk distanse  $F_{ST}$  mellom Sørkedalselva, antatte utsetningslokaliteter og ørretmuslingbestander som har blitt brukt som referanse i genetisk tilordning. Denne tabellen viser distansen mellom alle lokalitetene (kolonne 1) og ni av lokalitetene (kolonne 2-10), mens **tabell 3.2b** viser distansen mellom alle lokalitetene og de åtte siste lokalitetene.

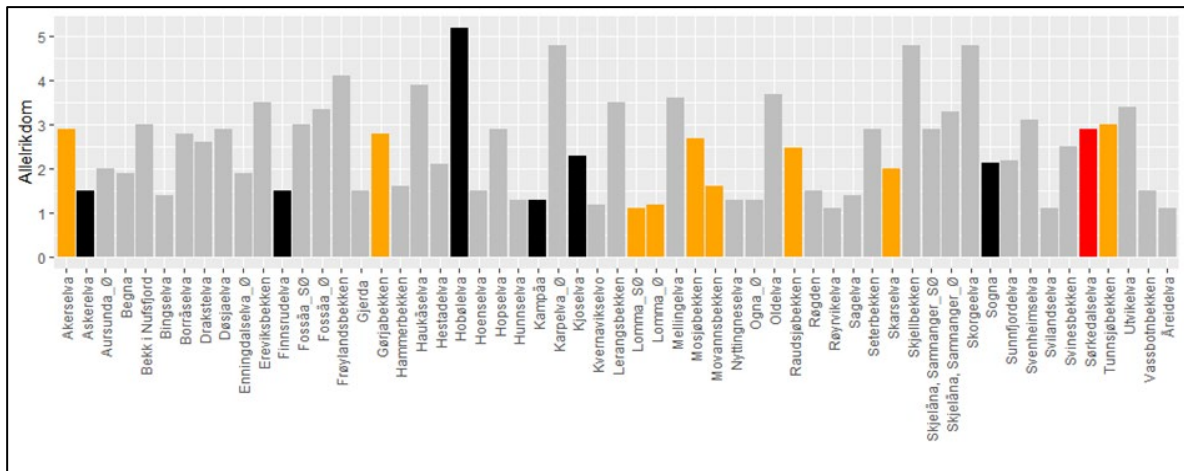
	Askerelva	Akerselva	Finnsrudelva	Hobøelva	Kampåa	Lomma (ørret)	Lomma (sjørret)	Mosjøbekken	Raudsjøbekken
Askerelva	0.000	0.488	0.678	0.340	0.706	0.616	0.645	0.480	0.498
Akerselva	0.488	0.000	0.263	0.131	0.207	0.428	0.439	-0.001	0.000
Finnsrudelva	0.678	0.263	0.000	0.277	0.304	0.649	0.675	0.240	0.266
Hobøelva	0.340	0.131	0.277	0.000	0.287	0.374	0.380	0.120	0.138
Kampåa	0.706	0.207	0.304	0.287	0.000	0.698	0.740	0.197	0.218
Lomma (ørret)	0.616	0.428	0.649	0.374	0.698	0.000	0.014	0.403	0.439
Lomma (sjørret)	0.645	0.439	0.675	0.380	0.740	0.014	0.000	0.414	0.449
Mosjøbekken	0.480	-0.001	0.240	0.120	0.197	0.403	0.414	0.000	0.003
Raudsjøbekken	0.498	0.000	0.266	0.138	0.218	0.439	0.449	0.003	0.000
Skarselva	0.629	0.227	0.421	0.228	0.409	0.604	0.624	0.205	0.224
<b>Sørkedalselva</b>	<b>0.507</b>	<b>-0.001</b>	<b>0.271</b>	<b>0.140</b>	<b>0.226</b>	<b>0.442</b>	<b>0.453</b>	<b>0.002</b>	<b>0.001</b>
Tunnsjøbekken	0.474	-0.002	0.254	0.128	0.207	0.411	0.421	0.002	0.000
Movannsbekken	0.673	0.270	0.467	0.251	0.480	0.668	0.688	0.244	0.264
Gørjabekken	0.501	0.010	0.260	0.138	0.226	0.442	0.452	0.017	0.004
Kjoselva	0.430	0.283	0.416	0.178	0.437	0.509	0.515	0.274	0.287
Sogna	0.660	0.278	0.522	0.266	0.502	0.643	0.663	0.253	0.277
Skjærsløelva	0.694	0.276	0.406	0.250	0.500	0.697	0.720	0.261	0.264



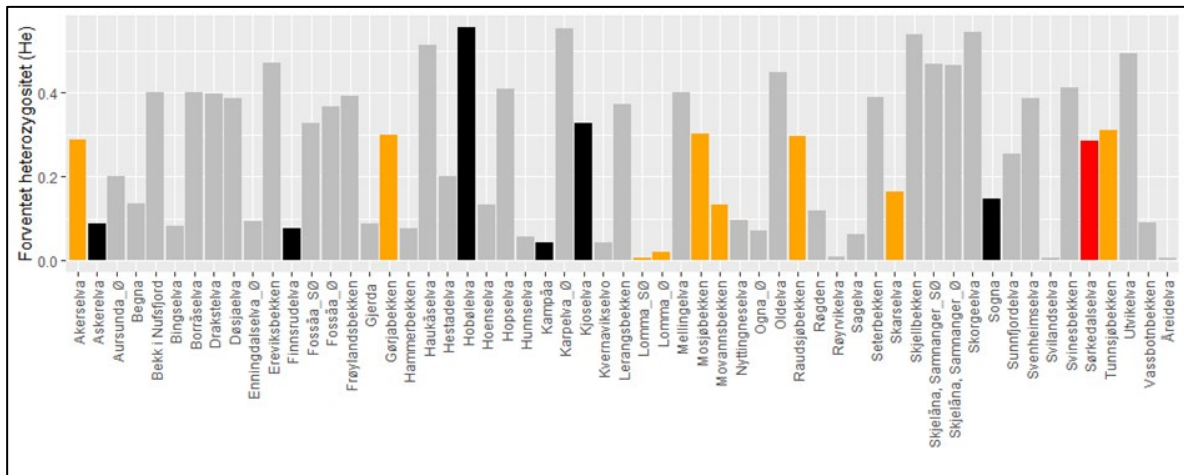
**Figur 3.3.** Genetisk tilordning av individuell elvemusling fra (A) Akerselva, (B) Gørjabekken, (C) Movannsbekken, (D) Skarselva, (E) Skjærsejelva, (F) Sognsvannsbekken, (G) Mosjøbekken, (H) Rausjøbekken, (I) Tunnsjøbekken, (J) Lomma (sjørret), (K) Lomma (ørret) og (L) Rabbillfløyta til mulig opphavsbestand Sørkedalselva. Figuren viser sannsynlighet for at genotypen til det tilordnete individet forekommer i Sørkedalselva.

**Tabell 3.2b.** Parvis genetisk distanse  $F_{ST}$  mellom Sørkedalselva, antatte utsetningslokaliteter og øretmuslingbestander som har blitt brukt som referanse i genetisk tilordning. Denne tabellen viser distansen mellom alle lokalitetene (kolonne 1) og åtte av lokalitetene (kolonne 2-9), mens **tabell 3.2a** viser distansen mellom alle lokalitetene og de ni første lokalitetene.

	Skarselva	Sørkedalselva	Tunnsjøbekken	Movannsbekken	Gørjabekken	Kjoselva	Sogna	Skjærsejelva
Askerelva	0.629	<b>0.507</b>	0.474	0.673	0.501	0.430	0.660	0.694
Akerselva	0.227	<b>-0.001</b>	<b>-0.002</b>	0.270	<b>0.010</b>	0.283	0.278	0.276
Finnsrudelva	0.421	<b>0.271</b>	0.254	0.467	0.260	0.416	0.522	0.406
Hobøelva	0.228	<b>0.140</b>	0.128	0.251	0.138	0.178	0.266	0.250
Kampåa	0.409	<b>0.226</b>	0.207	0.480	0.226	0.437	0.502	0.500
Lomma (ørret)	0.604	<b>0.442</b>	0.411	0.668	0.442	0.509	0.643	0.697
Lomma (sjørret)	0.624	<b>0.453</b>	0.421	0.688	0.452	0.515	0.663	0.720
Mosjøbekken	0.205	<b>0.002</b>	<b>0.002</b>	0.244	0.017	0.274	0.253	0.261
Raudsjøbekken	0.224	<b>0.001</b>	<b>0.000</b>	0.264	<b>0.004</b>	0.287	0.277	0.264
Skarselva	0.000	<b>0.237</b>	0.218	0.018	0.235	0.417	0.272	0.278
<b>Sørkedalselva</b>	<b>0.237</b>	<b>0.000</b>	<b>0.001</b>	<b>0.277</b>	<b>0.006</b>	<b>0.285</b>	<b>0.286</b>	<b>0.277</b>
Tunnsjøbekken	0.218	<b>0.001</b>	0.000	0.257	<b>0.006</b>	0.272	0.263	0.262
Movannsbekken	0.018	<b>0.277</b>	0.257	0.000	0.272	0.441	0.318	0.353
Gørjabekken	0.235	<b>0.006</b>	<b>0.006</b>	0.272	0.000	0.278	0.289	0.264
Kjoselva	0.417	<b>0.285</b>	0.272	0.441	0.278	0.000	0.425	0.446
Sogna	0.272	<b>0.286</b>	0.263	0.318	0.289	0.425	0.000	0.484
Skjærsejelva	0.278	<b>0.277</b>	0.262	0.353	0.264	0.446	0.484	0.000



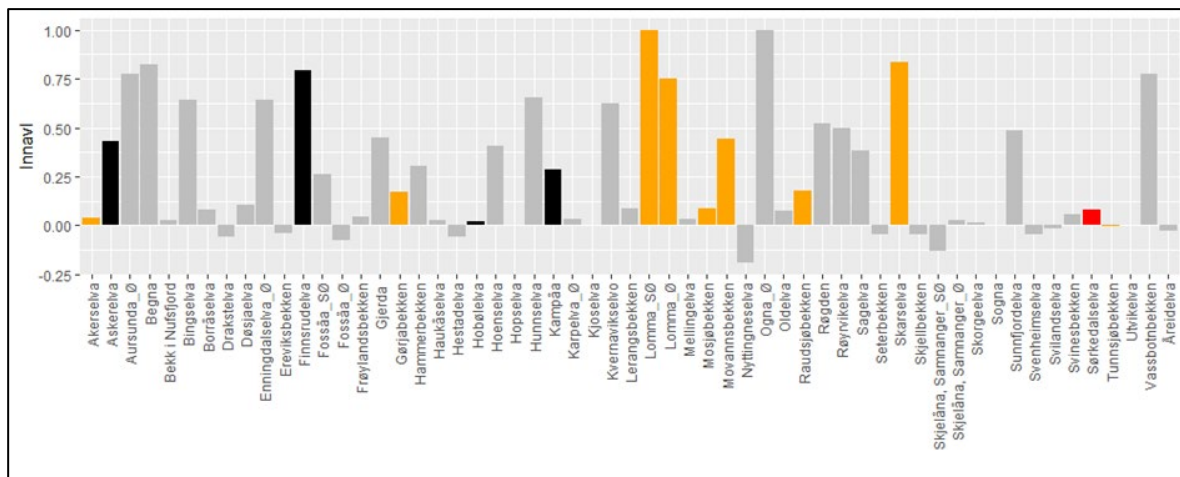
**Figur 3.4.** Gjennomsnittlig allelrikdom estimert fra fjorten mikrosatellittmarkører i 57 ulike bestander av ørretmusling. Den røde stolpen er Sørkedalselva, som er mulig opphav til flere elvemuslingbestander i Oslo fylke og Akershus landskap i Viken fylke (oransje stolper). Svarte stolper er ørretmuslingbestander som har blitt brukt som referanse i genetisk tilordning og grå stolper er øvrige ørretmuslingbestander fordelt over hele Norge.



**Figur 3.5.** Gjennomsnittlig forventet heterozygositet estimert fra fjorten mikrosatellittmarkører i 57 ulike bestander av ørretmusling. Den røde stolpen er Sørkedalselva, som er mulig opphav til flere elvemuslingbestander i Oslo fylke og Akershus landskap i Viken fylke (oransje stolper). Svarte stolper er ørretmuslingbestander som har blitt brukt som referanse i genetisk tilordning og grå stolper er øvrige ørretmuslingbestander fordelt over hele Norge.

### 3.5 Genetisk tilordning av Åroselva

Bestanden i Åroselva liknet genetisk ørretmusling. De ti undersøkte individene hadde en forventet heterozygositet som var mindre ( $H_e = 0.427$ ) enn i alle de tidligere undersøkte laksemuslingbestandene (Wacker et al. 2021). I visualisering av parvise genetiske distanser mellom bestandene ble bestanden i Åroselva plassert blant ørretmuslingbestandene. Bestanden ble plassert i nærheten av Kjoselva, som ligger i samme vassdraget, men ikke i umiddelbar nærhet (resultater ikke vist).



**Figur 3.6.** Grad av innavl estimert fra fjorten mikrosatellittmarkører i 57 ulike bestander av ørretmusling. Den røde stolpen er Sørkedalselva, som er mulig opphav til flere elvemuslingbestander i Oslo fylke og Akershus landskap i Viken fylke (oransje stolper). Svarte stolper er ørretmuslingbestander som har blitt brukt som referanse i genetisk tilordning og grå stolper er øvrige ørretmuslingbestander fordelt over hele Norge.



## 4 Oppsummering og diskusjon

Undersøkelsene viser at flere av bestandene i Oslo fylke og Akershus landskap i Viken fylke er et resultat av utsetting av ørret infestert med muslinglarver fra Oslomarkas Fiskeadministrasjon (OFA) settefiskanlegg ved Sørkedalselva. Undersøkelsene viser også at det er stor variasjon i hvor nært beslektet de forskjellige stedegne ørretmuslingbestandene er og i den genetiske variasjonen og graden av innavl innad i disse bestandene. I tillegg viser analysene at muslingen i Åroselva ikke er en laksemusling, som antatt, men at den er en ørretmusling. Denne kunnskapen har stor nytteverdi for å kunne ivareta de gjenlevende naturlige bestandene av elvemusling i dette området på best mulig måte.

### 4.1 Lokalteter som er et resultat av utsetting

Undersøkelsene av opphav ved utsettinger viser at bestandene av elvemusling i Akerselva, Gørjabekken, Mosjøbekken, Raudsjøbekken og Tunnsjøbekken er svært nært beslektet med bestanden i Sørkedalselva. Genetisk tilordning av individer viser også at disse bestandene ikke består av en blanding av muslinger fra en opprinnelig bestand og muslinger fra Sørkedalselva, da alle genotypene ved disse lokalitetene også var representert i Sørkedalselva. Genetisk tilordning av individer viser også at muslingen fra Rabillfløyta hadde høy sannsynlighet for tilordning til Sørkedalselva, men minst like høy sannsynlighet for tilordning til Hobøl elva. Vi har ingen god forklaring på hvorfor dette er tilfellet. Likevel anser vi det som sannsynlig at dette individet også er et resultat av utsetting av ørret, siden det er kjent at det har blitt satt ut ørret i vassdraget fra OFAs anlegg, mellom slutten av 1980-tallet og midten av 1990-tallet (Bjørn Reidar Hansen, tidl. OFA, nå NMBU, og Øistein Buhol, tidl. Rakeie JFF, videreformidlet i Magerøy et al. 2021). Til sammen tilsier de forskjellige analysene at elvemusling i Akerselva, Gørjabekken, Mosjøbekken, Rabillfløyta, Raudsjøbekken og Tunnsjøbekken er et resultat av utsetting av ørret infestert med muslinglarver fra OFAs anlegg.

Alle elvemuslinglokaliteter har verneverdi (Larsen 2018), men lokalitetene som er et resultat av utsetting har mindre verneverdi enn stedegne bestander av muslingen (Larsen & Magerøy 2016, Magerøy & Larsen 2018), da de ikke representerer egne genetisk tilpassete bestander (Larsen & Magerøy 2016, Magerøy & Larsen 2018). Et unntak fra dette kan være hvis den opprinnelige bestanden har dårlig økologisk status eller er utryddet. Da kan muslingene ved den nye lokaliteten være den beste muligheten til å bevare den opprinnelige bestanden. Dette gjelder ikke muslingene ved lokalitetene som stammer fra Sørkedalselva, da den opprinnelige bestanden er stor og det er noe rekruttering i elven (Larsen & Magerøy 2019b). Tiltak for å bevare muslingene i Akerselva, Gørjabekken, Mosjøbekken, Rabillfløyta, Raudsjøbekken og Tunnsjøbekken bør dermed prioriteres lavere enn tiltak ved lokaliteter med stedegne bestander av elvemusling.

Det betyr likevel ikke at muslingene i Akerselva, Gørjabekken, Mosjøbekken, Rabillfløyta, Raudsjøbekken og Tunnsjøbekken er fullstendig uten verneverdi. Den genetiske variasjonen ved disse lokalitetene, med unntak av Rabillfløyta, er like stor og graden av innavl er omtrent like lav som i Sørkedalselva. Dermed kan disse bestandene fungere som en ekstra sikkerhet for å ivareta den opprinnelige bestanden i Sørkedalselva. At det ikke er større forskjeller i genetisk variasjon og innavl er overraskende, da man skulle forvente at etablering av muslinger gjennom utsetting av infestert fisk ville føre til en genetisk flaskehalseffekt (se Klütsch et al. 2021, Roques et al. 2018, Savary et al. 2017, for eksempler på genetiske flaskehalseffekter knyttet til utsetting av fisk). En genetisk flaskehalseffekt oppstår når etableringen av den nye bestanden skjer gjennom et forholdsvis lite antall individer. Genetisk variasjon kunne også blitt tapt hvis det bare hadde vært et mindre utvalg av genotypene fra muslingene i Sørkedalselva som hadde greid å feste seg på ørreten i OFAs anlegg, overleve på ørreten og overleve når muslinglarvene slapp fra ørreten ved den nye lokaliteten. Den store genetiske variasjonen ved alle utsettingslokalitetene (utenom Rabillfløyta) tyder på at et betydelig antall muslinger har blitt introdusert og at store deler av de genetiske variantene fra Sørkedalselva har greid å etablere seg ved disse

lokalitetene. Med tanke på elvemuslingens paringssystem (Wacker et al. 2018) og infestering av vertsfisk, kan det tenkes at hver ørret som ble utsatt i de undersøkte lokalitetene var infestert med muslinglarver fra flere mødre og fedre. Dette ville fremme genetisk variasjon i de nyetablerte bestandene.

Sammenstilling av genetisk variasjon og økologisk status for elvemusling, viser at det er en positiv sammenheng mellom stor bestandsstørrelse, stor genetisk variasjon og, spesielt, liten innavl, på den ene siden, og god økologisk status, på den andre siden (Wacker et al. 2021). Bestandene i Akerselva, Gørjabekken, Mosjøbekken, Raudsjøbekken og Tunnsjøbekken har dermed et godt genetisk utgangspunkt for å kunne opprettholde levedyktige bestander, under forutsetning at et godt elevmiljø opprettholdes. Spesielt muslingene i Gørjabekken og Tunnsjøbekken ser ut til å greie seg godt, med relativt store bestander og god rekruttering (Sandaas & Enerud 2022, Sandaas et al. 2017). I Raudsjøbekken har det også vært perioder med god rekruttering, selv om beverpåvirkning har vært et stort problem i andre perioder (Sandaas 2019).

## 4.2 Stedegne bestander

Stedegne bestander av elvemusling representerer en stor bredde av genetisk variasjon og er over lang evolusjonær tid genetisk tilpasset de spesifikke elevmiljøene. Slike bestander har derfor større verneverdi enn bestander som har blitt etablert ved utsettinger (Larsen & Magerøy 2016, Magerøy & Larsen 2018). Det betyr at bestandene i Lomma, Movannsbekken, Skarselva, Skjærsløelva og Sognsvannsbekken har større verneverdi enn bestandene som stammer fra Sørkedalselva. Det samme gjelder også bestanden i Sørkedalselva, de undersøkte referansebestandene og bestanden i Åroselva. Unntaket er muligens referansebestanden i Kampåa, da Linløkken et al. (2020) viste nært slektskap mellom muslinger fra Kampåa og Leira og at disse to bestandene sannsynligvis har samme opphav. Dermed er én av disse to bestandene sannsynligvis et resultat av utsetting.

Undersøkelsene viser små og ikke-signifikante genetiske forskjeller mellom elvemusling på anadrom og ikke-anadrom strekning i Lomma, og også mellom muslinger i Movannsbekken og Skarselva. Basert på disse funnene bør alle muslingene i Lomma forvaltes som én bestand. Det samme gjelder muslingene i Movannsbekken og Skarselva. Individuell tilordning av individene fra Skjærsløelva tyder ikke på at de tilhører samme bestand som muslingene i Movannsbekken og Skarselva. Videre viser undersøkelsene av genetisk differensiering at bestanden i Movannsbekken og Skarselva er nærmere beslektet med bestanden i Sørkedalselva enn de andre stedegne bestandene. At alle disse bestandene er relativt nært beslektet er kanskje ikke overraskende, gitt den geografiske nærheten mellom bestandene. Likevel, Wacker et al. (2021) viser at det ikke er et konsekvent samsvar mellom geografisk nærhet og genetisk differensiering blant ørretmuslingbestander i Norge. Det vil si at det finnes mønster som ser ut til å samsvare med geografisk nærhet for noen områder (som i Linløkken et al. 2020), men ikke for andre områder. Blant bestandene vi undersøkte, viser Sogna liten genetisk differensiering fra bestanden i Movannsbekken og Skarselva, selv om den geografiske avstanden er relativt stor. Ellers er det ganske stor genetisk differensiering mellom de andre stedegne bestandene som vi undersøkte. Bestandene i Lomma og Askerelva har, i enda større grad, stor genetisk avstand til de andre bestandene.

Den genetiske variasjonen og graden av innavl varierer også blant de stedegne elvemuslingbestandene. Bestandene i Hobølva, Kjoselva og Sørkedalselva har stor genetisk variasjon og svært liten innavl. Bestandene i Askerelva, Finnsrudelva, Movannsbekken og Skarselva, og Sogna har noe mindre genetisk variasjon. Blant disse bestandene er graden av innavl svært lav i Sogna og høy i Finnsrudelva, Movannsbekken og Skarselva, mens Askerelva har noe innavl. Lomma har svært liten genetisk variasjon og høy grad av innavl. Kampåa har også svært liten genetisk variasjon, men bare noe innavl. Wacker et al. (2021) viser, som nevnt, at det er en positiv sammenheng mellom stor genetisk variasjon og, spesielt, liten innavl, på den ene siden, og god økologisk status, på den andre siden. Dermed har bestandene med stor genetisk

variasjon og liten innavl gode genetiske forutsetninger for å greie seg, mens bestandene med mindre genetisk variasjon og/eller større innavl har dårligere forutsetninger.

Rekrutteringsnivå er den faktoren som tradisjonelt sett har blitt ansett som viktigst når man vurderer verneverdien og levedyktigheten til elvemuslingbestander. I tillegg har man vurdert bestandene basert på bestandsstørrelse, tetthet og utbredelse, men de to siste legges mindre vekt på i dag (Larsen 2017a, Larsen & Magerøy 2019a). Wacker et al. (2021) viser også viktigheten av bestandsstørrelse i denne vurderingen, da resultatene viser en positiv sammenheng mellom bestandsstørrelse og god økologisk status. Fra et slikt perspektiv har bestandene i Finnsrudelva og Hobølelva høy verneverdi, pga. stor rekruttering og relativt store bestander (Larsen & Magerøy und. arb., Sandaas & Enerud 2021). Kampåa, Kjoselva, Sogna og Sørkedalselva har også relativt høy verneverdi fra et slikt perspektiv (Larsen 2006; 2019, Larsen & Magerøy 2019b, und arb.). Dårligere står det til i Lomma, og Movannsbekken og Skarselva, der rekrutteringen er svært mangelfull og bestandene (til dels) små (Magerøy 2022, Sandaas & Enerud 2018b; 2019a; 2019b). Dårligst står det til i Askerelva, der det ikke har vært noen tegn på rekruttering på lengre tid og bestanden er svært liten (Abel 2018, Sandaas & Enerud 2013; 2015a).

Hvis man vurderer genetisk variasjon, graden av innavl, rekruttering og bestandsstørrelse samlet sett, kan man gi en overordnet vurdering av levedyktigheten til de stedege elvemuslingbestandene i denne undersøkelsen. For noen bestander blir vurderingen av levedyktighet ganske lik basert på den tradisjonelle tilnærmingen og basert på en genetisk tilnærming. Askerelva, Lomma, og Movannsbekken og Skarselva ansees uansett å ha relativt lav levedyktighet. Hobølelva og Kjoselva ansees uansett å ha relativt høy levedyktighet. Derimot ansees Kampåa å ha middels levedyktighet basert på den tradisjonelle tilnærmingen, men lav levedyktighet basert på den genetiske tilnærmingen, selv hvis man antar at denne bestanden er stedege. For Sørkedalselva ansees også levedyktigheten som middels basert på den tradisjonelle tilnærmingen, men høy basert på den genetiske. Størst er kontrasten for Finnsrudelva, der levedyktigheten ansees som høy basert på den tradisjonelle tilnærmingen og lav basert på den genetiske. Dette er først og fremst tenkt som et tankeeksperiment, for å illustrere viktigheten av å vurdere genetiske data når man er tvunget til å prioritere mellom forskjellige bestander på grunn av begrensede tiltaksmidler. Foreløpig er kunnskapen vår om sammenhengen mellom genetikk og levedyktighet for begrenset til å vite hvor mye man skal vektlegge de forskjellige tilnærmingene.

### 4.3 Konklusjon

Dette studiet gir viktig genetisk informasjon om elvemuslinglokalitetene som ble undersøkt. Undersøkelsene viser at flere av lokalitetene i Oslo fylke og Akershus landskap i Viken fylke er et resultat av utsetting av ørret fra OFAs settefiskanlegg ved Sørkedalselva. Blant de stedege bestandene er det stor variasjon i graden av genetisk differensiering fra de andre bestandene, genetisk variasjon og genetisk innavl. I tillegg viser analysene våre at muslingene på anadrom og ikke-anadrom strekning i Lomma er én bestand og at muslingene i Skarselva og Movannsbekken er én bestand. Selv den genetiske tilordningen av muslingene i Årosoelva viser hvor nyttig genetiske analyser kan være, da dette viser seg å være ørretmusling og ikke laksemusling, som vi hadde antatt. Likevel er denne bestanden ikke spesielt nært beslektet med ørretmusling i Kjoselva, som er et sidevassdrag lenger oppe i Årosvassdraget.

Alle elvemuslingbestander har verneverdi (Larsen 2018), men bestandene som er et resultat av utsetting vurderes å ha lavest verneverdi (Larsen & Magerøy 2016, Magerøy & Larsen 2018). De bør dermed prioriteres lavere enn de stedege bestandene, hvis prioritering av bevaringstiltak blir påkrevd. Bestander med unike genotyper vil også ha større verneverdi enn bestander med vanlige genotyper (Crandall et al. 2000, Pennock & Dimmick 1997, Waples 1998). Høy genetisk differensiering mellom elvemuslingbestander kan kanskje være en indikasjon på tilstedeværelsen av unike genotyper, men dette er ikke undersøkt. Den genetiske informasjonen kan også benyttes for videre vurdering av levedyktighet. Bestander med stor genetisk variasjon og, spesielt, liten innavl (f.eks. Hobølelva, Kjoselva og Sørkedalselva) har høy levedyktighet fordi de

har større forutsetninger for å tilpasse seg endringer i miljøet og opprettholde stor rekruttering (Wacker et al. 2021). I tillegg gir informasjon om hvilke lokaliteter som til sammen utgjør én bestand (f.eks. Skarselva og Movannsbekken) eller hvilke vassdrag som inneholder flere bestander (f.eks. Kjoselva og Åroselva i Årosvassdraget), kunnskap om hvordan bestandene bør forvaltes, dvs. på bestandsnivå heller en dagens lokalitetsbaserte forvaltning (Larsen & Magerøy 2019a). Informasjonen om at muslingene i Åroselva er ørretmusling er også forvaltningsmessig viktig, da det viser at det bør tilrettelegges for ørret i denne delen av vassdraget, heller enn for laks.

Dagens praksis er at elvemuslinglokalitetenes verneverdi og levedyktighet i hovedsak blir fastsatt basert på rekruttering (og bestandsstørrelse), mens tetthet og utbredelse også ble lagt mer vekt på tidligere (Larsen 2017a, Larsen & Magerøy 2019a). Verneverdien og levedyktigheten til lokalitetene bør vurderes basert på rekruttering og bestandsstørrelse, men også basert på den genetiske verdien til muslingene. Det vil si at de mest verneverdige og levedyktige lokalitetene er de som er stedegne, har god rekruttering, er store, er genetisk unike, har stor genetisk variasjon og liten genetisk innavl. For å få til en slik vurdering av verneverdi, er vi avhengig av å ha genetiske data fra flest mulig muslinglokaliteter. I dag har vi genetiske prøver fra i overkant av 100 av de ca. 450 elvemuslinglokalitetene i Norge (Larsen & Magerøy 2019a, NINAs interne databaser, unpubl. mat.). Ideelt sett burde vi forvalte elvemusling basert på bestander og ikke lokaliteter. For å kunne gjøre det, vil vi være avhengige av enda bredere og mere detaljerte genetiske data, ved å analysere genetiske data fra flere områder innenfor hver lokalitet. Slik vil vi kunne avgjøre om lokalitetene består av én eller flere bestander. Ikke minst, er det behov for å bedre forståelsen av sammenhengen mellom genetikk og økologisk status hos elvemusling. Wacker et al. (2021) viser at det er en positiv sammenheng mellom stor genetisk variasjon og, spesielt, liten innavl, på den ene siden, og god økologisk status, på den andre siden. Likevel vet vi ikke om det er innavlen som er årsaken til den dårlige statusen, den dårlige statusen som er årsaken til innavlen eller om begge faktorer er et resultat av miljøpåvirkninger (som f.eks. liten tilgang på vertsfisk). Med all sannsynlighet er det et samspill her som vi har behov for å forstå, for å forvalte elvemuslingen på en god måte.

## 5 Referanser

- Abel, K. 2018. Statusoppdatering for elvemusling i Hukenbekken og Askerelva 2018. BioFokus-notat 2018-61.
- Araujo, R. & Ramos, M.A. 2000. Status and conservation of the giant European freshwater pearl mussel (*Margaritifera auricularia*) (Spengler, 1793) (Bivalvia: Unionoidea). *Biological Conservation* 96: 233-239.
- Artsdatabanken. 2021. Rødlista. Hvem, hva, hvorfor? Norsk rødliste for arter 2021. <http://www.artsdatabanken.no/rodlisterforarter2021/Rodlistahvahvemhvorfor/>
- Artskart. 2022. Elvemusling *Margaritifera margaritifera* (Linnaeus, 1758). Artsdatabanken, GBIG-Norge og dataeierne. <https://artskart.artsdatabanken.no/>
- Crandall, K.A., Bininda-Emonds, O.R.P., Mace, G.M. & Wayne, R.K. 2000. Considering evolutionary processes in conservation biology. *Trends in Ecology and Evolution* 15: 290–295.
- Garlie, S. 2010. Utvikling av mikrosatelitt multipleks PCR for genetiske studier av *Margaritifera margaritifera*. Masteroppgave. Høgskolen i Hedmark.
- Geist, J. 2010. Strategies for the conservation of endangered freshwater pearl mussels (*Margaritifera margaritifera* L.). A synthesis of conservation genetics and ecology. *Hydrobiologia* 644: 69-88.
- Geist, J., Rottmann, O., Schröder, W. & Kühn, R. 2003. Development of microsatellite markers for the endangered freshwater pearl mussel *Margaritifera margaritifera* L. (Bivalvia: Unionoidea). *Molecular Ecology Notes* 3: 444-446.
- Goudet, J. 2005. HIERFSTAT, a package for R to compute and test hierarchical F-statistics. *Molecular Ecology Notes* 5: 184-186.
- Henriksen, S. & Hilmo, O. (red.). 2015. Norsk rødliste for arter 2015. Artsdatabanken, Trondheim, Norge.
- Jakobsen, P. & Jakobsen, R. 2018. Produksjon i kultiveringsanlegget. 2017. S. 6-14 i: Jakobsen, P. (red.) 2018. Samlerapport om kultivering og utsetting av elvemusling 2017. Universitetet i Bergen, Institutt for biologi, Rapport til Miljødirektoratet og Fylkesmannen i Hordaland.
- Jombart, T. 2008. adegenet. A R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics* 24: 1403-1405.
- Kamvar, Z.N., Tabima, J.F. & Grundwald, N.J. 2014. Poppr. An R package for genetic analysis of populations with clonal, partially clonal, and/or sexual reproduction. *PeerJ* 2: e281.
- Karlsson, S. 2017. Opphavet til elvemuslingbestanden i Redalselva. NINA Prosjektnotat 45. Norsk institutt for naturforskning.
- Karlsson, S. & Larsen, B.M. 2013. (red.) Genetiske analyser av elvemusling *Margaritifera margaritifera* (L.). Et nødvendig verktøy for riktig forvaltning av arten. NINA Rapport 926. Norsk institutt for naturforskning.
- Karlsson, S., Larsen, B.M., Eriksen, L. & Hagen, M. 2013. Four methods of non-destructive DNA sampling from freshwater pearl mussels *Margaritifera margaritifera* L. (Bivalvia: Unionoidea). *Freshwater Science* 32: 525-530.
- Karlsson, S., Larsen, B.M., Balstad, T., Eriksen, L. & Hagen, M. 2016. Elvemusling. Evaluering av en kultiveringsmetode. NINA Rapport 1257. Norsk institutt for naturforskning.

- Kleiven, E., Håvardstun, J., Dolmen, D. & Güttrup, J. 2013. Historisk kunnskap og status for elvemuslingen *Margaritifera margaritifera* i Aust-Agder. NIVA Rapport L.Nr. 6607-2013.
- Klütsch, C.F.C., Maduna, S.N., Polikarpova, N., Forfang, K., Beddari, B., Gjelland, K.Ø., Aspholm, P.E., Amundsen, P.-A. & Hagen, S.B. 2021. Temporal analysis shows relaxed genetic erosion following improved stocking practices in a subarctic transnational brown trout population. *Scientific Reports* 11: 17396.
- Kålås, J.A., Viken, Å., Henriksen, S. & Skjelseth, S., (red.). 2010. Norsk rødliste for arter 2010. Artsdatabanken, Trondheim, Norge.
- Kålås, S. 2017. Innsamling av genetisk materiale frå elvemusling i Nyttingsneselva, Redalselva og Maurstadelva, Sogn & Fjordane. Rådgivende Biologer Notat.
- Larsen, B.M. 2005. Handlingsplan for elvemusling *Margaritifera margaritifera* i Norge. Innspill til den faglige delen av handlingsplanen. NINA Rapport 122. Norsk institutt for naturforskning.
- Larsen, B.M. 2006. Elvemusling *Margaritifera margaritifera* i Hurum og Røyken kommuner med hovedvekt på forekomsten i Årsvassdraget, Buskerud. NINA Rapport 148. Norsk institutt for naturforskning.
- Larsen, B.M. 2017a. Overvåking av elvemusling i Norge. Oppsummering av det norske overvåkingsprogrammet i perioden 1999-2015. NINA Rapport 1350. Norsk institutt for naturforskning.
- Larsen, B.M. 2017b. Elvemusling i Sogna, Buskerud. Etterundersøkelser i forbindelse med utbygging av Rv 7 på strekningen Ramsrud - Kjeldsbergsvingene. NINA Rapport 1423. Norsk institutt for naturforskning.
- Larsen, B.M. 2018. Handlingsplan for elvemusling (*Margaritifera margaritifera* L.) 2019-2028. Miljødirektoratet Rapport M-1107.
- Larsen, B.M. 2019. 3. Kampåa. S. 23-35 i: Larsen, B.M. & Magerøy, J.H. 2019. Overvåking av elvemusling i Norge. Årsrapport for 2018. NINA Rapport 1686. Norsk institutt for naturforskning.
- Larsen, B.M. & Magerøy, J. 2016. Flytting av elvemusling i Audna, Vest-Agder. NINA Upublisert Rapport. Norsk institutt for naturforskning.
- Larsen, B.M. & Magerøy, J.H. 2019a. Elvemuslinglokaliteter i Norge. En beskrivelse av status som grunnlag for arbeid med kartlegging og tiltak i handlingsplanen for 2019-2028. NINA Rapport 1451. Norsk institutt for naturforskning.
- Larsen, B.M. & Magerøy, J.H. 2019b. 4. Sørkedalselva. S. 36-49 i: Larsen, B.M. & Magerøy, J.H. 2019. Overvåking av elvemusling i Norge. Årsrapport for 2018. NINA Rapport 1686. Norsk institutt for naturforskning.
- Larsen, B.M. & Magerøy, J.H. und. arb. Overvåking av elvemusling i Norge. Årsrapport for 2021. NINA Rapport. Norsk institutt for naturforskning.
- Linløkken, A.N., Garlie, S., Johansen, W. & Wilson, R.C. 2020. Assessing evolutionary significant units (ESU) of the endangered freshwater pearl mussel (*Margaritifera margaritifera*) in Southeast Norway on the basis of genetic analysis. *Genes* 11: doi:10.3390/genes11091061.
- Lopes-Lima, M., Sousa, R., Geist, J., Aldridge, D.C., Araujo, R., Bergengren, J., Bernal, Y., Bódis, E., Burlakova, L., Van Damme, D., Douda, K., Froufe, E., Georgiev, D., Gumpinger, C., Karatayev, A., Kebapçı, Ü., Killeen, I., Lajtner, J., Larsen, B.M., Lauceri, R., Legakis, A., Lois, S., Lundberg, S., Moorkens, E., Motte, G., Nagel, K.-O., Ondina, P., Outeiro, A., Paunovic, M., Prié, V., von Proschwitz, T., Riccardi, N., Rudzite, M., Scheder, C., Seddon, M., Şereflişan, H., Simić, V., Sokolova, S., Stoeckel, K., Taskinen, J., Teixeira, A., Thielen, F., Trichkova, T., Varandas, S.,

- Vicentini, H., Zajac, K., Zajac, T. & Zogaris, S. 2017. Conservation status of freshwater mussels in Europe. State of the art and future challenges. *Biological Reviews* 92: 572-607.
- Magerøy, J. & Larsen, B.M. 2018. Handlingsplan for elvemuslingen *Margaritifera margaritifera* i Agder. Status, trusler og tiltak. NINA Rapport 1424. Norsk institutt for naturforskning.
- Magerøy, J.H. 2020. Evaluering av habitatkvalitet for juvenil elvemusling (*Margaritifera margaritifera*) i Oslo og Akershus fra 2017 til 2019. Redoksmålinger i Askerelva, Movassbekken, Nitelva, Raudsjøbekken, Sognsvannsbekken og Tunnsjøbekken. NINA Rapport 1697. Norsk institutt for naturforskning.
- Magerøy, J.H. 2022. Elvemusling i Lomma. Kartlegging. NINA Prosjektnotat 364. Norsk institutt for naturforskning.
- Magerøy, J.H., Larsen, B.M., Wacker, S. & Karlsson, S. 2020. Elvemusling i Vegårvassdraget (Storelva og Lilleelv), Aust-Agder. En lokal ørretmusling og en innført laksemusling? NINA Rapport 1702. Norsk institutt for naturforskning.
- Magerøy, J.H., Bækkelie, K.A.E., Mo, T.A., Brandsegg, H., Sivertsgård, R. & Fossøy, F. 2021. Elvemusling i Aurskog-Høland og Nes kommuner. Lokalitetsfastsetting med miljø-DNA og oppfølgende vadesøk i Mangbekken, Haretonelva og Rabillfløyta. NINA Rapport 1707. Norsk institutt for naturforskning.
- Moorkens, E. 2011. *Margaritifera margaritifera*. The IUCN red list of threatened species 2011.
- Nei, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York, New York, USA.
- Pennock, D.S. & Dimmick, W.W. 1997. Critique of the evolutionarily significant unit as a definition for distinct population segments" under the US. Endangered Species Act. *Conservation Biology* 11: 611-619
- Piry, S., Alapetite, A., Cournet, J.M., Paetkau, D., Baudoin, L. & Estoup, A. 2004. GENECLASS2. A software for genetic assignment and first-generation migrant detection. *Journal of Heredity* 95: 536-539.
- R Developmental Core Team. 2017. R. A language and environment for statistical computing. Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- Roques, S., Berrebi, P., Rochard, E. & Acolas, M.L. 2018. Genetic monitoring for the successful re-stocking of a critically endangered diadromous fish with low diversity. *Biological Conservation* 221: 91-102.
- Saltveit, S.J., Brabrand, Å., Bremnes, T. & Pavels, H. 2012. Tilstand for bunndyr, fisk, edelkreps og elvemusling i Akerselva etter utslipp av hypokloritt. Naturhistorisk museum, Universitetet i Oslo, Rapport nr. 22.
- Sandaas, K. 2019. Tiltaksplan for elvemusling *Margaritifera margaritifera* i Raudsjøbekken 2018, Enebakk kommune, Viken fylke. Naturfaglige Konsulenttjenester, Rapport.
- Sandaas, K. & Enerud, J. 1998. Elvemusling *Margaritifera margaritifera* i Gørjabekken, Oslo kommune 1997. Utbredelse og bestandsstatus. Miljø- og næringsmiddelstaten, Oslo kommune, Rapport 29/98.
- Sandaas, K. & Enerud, J. 2013. Elvemusling i Askerelva 2013, Asker kommune, Akershus 2013. Naturfaglige Konsulenttjenester & Fisk- og Miljøundersøkelser, Rapport.

- Sandaas, K. & Enerud, J. 2014. Elvemusling i Lysakerelva, Oslo og Bærum kommuner, Oslo og Akershus 2014. Naturfaglige Konsulenttenester & Fisk- og Miljøundersøkelser, Rapport.
- Sandaas, K. & Enerud, J. 2015a. Elvemusling *Margaritifera margaritifera*, Askerelva anadrom del 2015, Asker kommune, Akershus fylke, 2015. Naturfaglige Konsulenttenester og Fisk & Miljøundersøkelser Rapport.
- Sandaas, K. & Enerud, J. 2015b. Elvemusling *Margaritifera margaritifera* i Åroselva, Røyken kommune, Buskerud fylke 2015. Naturfaglige Konsulenttenester & Fisk- og Miljøundersøkelser, Rapport.
- Sandaas, K. & Enerud, J. 2016a. Elvemusling i Sandvikselva og Lysakerelva, Oslo og Bærum kommuner, Akershus 2015. Naturfaglige Konsulenttenester & Fisk- og Miljøundersøkelser, Rapport.
- Sandaas, K. & Enerud, J. 2016b. Elvemusling *Margaritifera margaritifera* i Brekkedammen i Akerselva, Oslo kommune, Oslo og Akershus fylker 2016. Naturfaglige Konsulenttenester & Fisk- og Miljøundersøkelser, Rapport.
- Sandaas, K. & Enerud, J. 2016c. Elvemusling *Margaritifera margaritifera* i Mosjøbekken. Status. Enebakk kommune, Akershus fylke 2016. Naturfaglige Konsulenttenester & Fisk- og Miljøundersøkelser, Rapport.
- Sandaas, K. & Enerud, J. 2018a. Utbredelse og bestandsstatus for elvemusling *Margaritifera margaritifera* i Mosjøbekken 2005-2016, Enebakk kommune, Oslo og Akershus fylker. Naturfaglige Konsulenttenester & Fisk- og Miljøundersøkelser, Rapport.
- Sandaas, K. & Enerud, J. 2018b. Merking og gjenfunn av *elvemusling Margaritifera margaritifera* i Movannsbekken 1996 - 2017, Oslo kommune, Oslo og Akershus. Naturfaglige Konsulenttenester & Fisk- og Miljøundersøkelser, Rapport.
- Sandaas, K. & Enerud, J. 2019a. Merking og gjenfunn av *elvemusling Margaritifera margaritifera* i Dausjøelva 1998 - 2018, Oslo kommune. Naturfaglige Konsulenttenester & Fisk- og Miljøundersøkelser, Rapport.
- Sandaas, K. & Enerud, J. 2019b. Merking og gjenfunn av *elvemusling Margaritifera margaritifera* i Skarselva 1997 - 2018, Oslo kommune. Naturfaglige Konsulenttenester & Fisk- og Miljøundersøkelser, Rapport.
- Sandaas, K. & Enerud, J. 2020. Forsøk med flytting av elvemusling *Margaritifera margaritifera* til sidebekker i Nitelva 2015-2020. Nittedal kommune, Viken. Naturfaglige Konsulenttenester & Fisk- og Miljøundersøkelser, Rapport.
- Sandaas, K. & Enerud, J. 2021. Overvåking av elvemusling *Margaritifera margaritifera* i Hobøl elva 2019, 2020 og 2021. Hobøl kommune, Oslo & Viken. Naturfaglige Konsulenttenester & Fisk- og Miljøundersøkelser, Rapport.
- Sandaas, K. & Enerud, J. 2022. Elvemusling i Gørjabekken. Tiltak og overvåking 1997-2021. Naturfaglige Konsulenttenester & Fisk- og Miljøundersøkelser, Rapport.
- Sandaas, K., Enerud, J. & Wivestad, T. 2009. Elvemusling *Margaritifera margaritifera* i Børtervassdraget, Enebakk kommune, Akershus fylke, 2009. Fylkesmannen i Oslo og Akershus, Miljøvern avdelingen, Rapport x/2009.
- Sandaas, K., Enerud, J., Bækken, T. & Rustadbakken, A. 2011a. 5. Elvemusling. S. 29-35 i: Bækken, T., Rustadbakken, A., Schneider, S., Edvardsen, H., Eriksen, T.E., Sandaas, K. & Billing, H. 2011. Virkninger av utslippet av natriumhypokloritt på økosystemet i Akerselva. NIVA Rapport L.Nr. 6240-2011.



- Sandaas, K., Enerud, J. & Wivestad, T. 2011b. Elvemusling i Kampåa, Nes kommune i Akershus 2008-2010. Fylkesmannen i Oslo og Akershus, Miljøvernnavdelingen, Rapport x/2011.
- Sandaas, K., Enerud, J. & Spikkeland, I. 2017. Utbredelse og bestandsstatus. Elvemusling *Margaritifera margaritifera* i Tunnsjøbekken 2016, Aurskog-Høland kommune, Akershus fylke. Naturfaglige Konsulenttjenester & Fisk- og Miljøunder-søkelser, Rapport.
- Savary, R., Dufresnes, C., Champigneulle, A., Caudron, A., Dubey, S., Perrin, N. & Fumagalli, L. 2017. Stocking activities for the Arctic charr in Lake Geneva. Genetic effects in space and time. *Ecology and Evolution* 7: 5201–5211.
- Wacker, S., B. M. Larsen, P. J. Jakobsen, & S. Karlsson. 2018. High levels of multiple paternity in a spermcast mating freshwater mussel. *Ecology & Evolution* 8:8126-8134.
- Wacker, S., Larsen, B.M., Magerøy, J.H., Hagen, I.J., Kålås, S. & Karlsson, S. 2021. Genetisk struktur og variasjon i elvemusling i Norge. Betydning for bestandenes økologiske tilstand. NINA Rapport 1994. Norsk institutt for naturforskning.
- Waples, R.S. 1998. Evolutionarily significant units, distinct population segments, and the Endangered Species Act. Reply to Pennock and Dimmick. *Conservation Biology* 12: 718–721.
- Weir, B.S. & Cockerham, C.C. 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38: 1358–1370.
- Winter, D.J. 2012. MMOD. An R library for the calculation of population differentiation statistics. *Molecular Ecology Resources* 12: 1158-1160.





*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: 978-82-426-4922-5

## 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](mailto:firmapost@nina.no)

Organisasjonsnummer 9500 37 687

<http://www.nina.no>



Samarbeid og kunnskap for framtidens miljøløsninger