

1463

NINA Rapport

## Genetisk kartlegging av sjøørretbestanden i Drivavassdraget

Sten Karlsson, Kjetil Hindar, Line Birkeland Eriksen,  
Randi Saksgård & Øyvind Solem



## **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 annet språk når det er hensiktsmessig.

### **NINA Temahefte**

Som navnet angir behandler temaheftene spesielle emner, Heftene utarbeides etter behov og serien favner svært vidt; fra systematiske bestemmelsesnøkler til informasjon om viktige problemstillinger i samfunnet, NINA Temahefte gis vanligvis en populærvitenskapelig form med mer vekt på illustrasjoner enn NINA Rapport,

### **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 vitenskapelige resultater i internasjonale journaler, populærfaglige bøker og tidsskrifter,

# Genetisk kartlegging av sjøørretbestanden i Drivavassdraget

Sten Karlsson  
Kjetil Hindar  
Line Birkeland Eriksen  
Randi Saksgård  
Øyvind Solem

Karlsson, S., Hindar, K., Birkeland Eriksen, L., Saksgård, R., & Solem, Ø. 2018. Genetisk kartlegging av sjøørretbestanden i Drivavassdraget. NINA Rapport 1463. Norsk institutt for naturforskning.

Trondheim, juni 2018.

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-3194-7

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

KVALITETSSIKRET AV

Gunnbjørn Bremset

ANSVARLIG SIGNATUR

Forskningssjef Tor F. Næsje (sign,)

OPPDRAUGSGIVER

Miljødirektoratet

OPPDRAUGSGIVERS REFERANSE

M-1001|2018

KONTAKTPERSON HOS OPPDRAGSGIVER

Anne Kristin Jøranlid

FORSIDEBILDE

Driva ved Náhølen i Oppdal kommune © Øyvind Solem

NØKKEWORD

- Fisk
- Sjøørret
- *Salmo trutta*
- Genetikk
- Populasjon
- Subpopulasjon
- Drivavassdraget
- Fiskesperre
- Sunndal kommune
- Oppdal kommune

#### KONTAKTOPPLYSNINGER

**NINA hovedkontor**

Postboks 5685 Torgarden  
7485 Trondheim  
Tlf: 73 80 14 00

**NINA Oslo**

Gaustadalléen 21  
0349 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**

Thormøhlensgate 55  
5006 Bergen  
Tlf: 73 80 14 00

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

## Sammendrag

Karlsson, S., Hindar, K., Birkeland Eriksen, L., Saksgård, R., & Solem, Ø. 2018, Genetisk kartlegging av sjørretbestanden i Drivavassdraget. NINA Rapport 1463. Norsk institutt for naturforskning.

Laksebestanden i Drivavassdraget ble på 1970-tallet smittet av *Gyrodactylus salaris*. Som en del av bekjempelsesarbeidet er det bygd en fiskesperre ved Snøvasfossan. Denne sperra skal hindre laks fra å vandre opp i de øvre delene av vassdraget, slik at verten og dermed også parasitten fjernes fra Driva ovenfor sperra. For å bevare sjørretbestanden i vassdraget er det en målsetning å flytte tusen sjørret årlig forbi sperrestedet. Det er også ønskelig å kartlegge den genetiske strukturen til sjørreten i vassdraget. Et viktig spørsmål er hvorvidt sjørret nedenfor sperra utgjør en egen bestand som vil kunne kreve at man ivaretar denne i genbank i forbindelse med utryddelsestiltak. Det er også viktig å undersøke om det finnes genetisk forskjellige bestander i hovedelva ovenfor sperra og om flytting av sjørret ovenfor sperra vil kunne ivareta den genetiske variasjonen som finnes der.

Det ble undersøkt genetisk variasjon i 96 SNP-markører fra 442 stikkprøver av ungfisk innsamlet på 20 stasjoner fordelt over hovedstrengen av vassdraget i perioden 2004-2017, samt 193 prøver fra voksen sjørret fra både nedstrøms og oppstrøms sperra i perioden 2005-2009 og 2017. Det ble identifisert to genetisk adskilte bestander i Drivavassdraget, en representert av stikkprøver av ungfisk fanget i Drivdalen øverst i vassdraget og en bestand representert av flere stikkprøver fra nedstrøms sperra i Sunndal kommune til oppstrøms sperra ved Vognill i Oppdal kommune. De genetiske analysene indikerer at sjørret fanget nedstrøms sperra kom fra begge bestandene med en stor overvekt av fisk tilhørende den dominerende bestanden og kun med et fåtall individer tilhørende bestanden i Drivdalen. Vi vurderer det derfor slik at den genetiske variasjonen til sjørret nedstrøms sperra blir ivaretatt av sjørret som slippes opp forbi sperra.

Genetisk tilordning av voksen sjørret som ble flyttet ovenfor sperra i 2017 viser at cirka 3 % av de som ble flyttet, tilhører den øvre bestanden i Drivdalen. Ved årlig flytting av tusen sjørret ovenfor sperra forventes at cirka 30 individer tilhører den øvre bestanden. Ut fra denne observasjonen bør det vurderes hvorvidt flytting av tusen sjørret i tilstrekkelig grad tar vare på den samlede genetiske variasjonen i vassdraget. Vi spekulerer i om sjørret som tilhører den øvre bestanden i Drivdalen kommer tidligere i sesongen til vassdraget og sperra, og at man derfor kan representere den øvre bestanden bedre ved å prioritere oppflytting av sjørret som kommer til sperra tidlig i sesongen. Videre genetiske analyser av sjørret fanget tidlig og sent i sesongen vil være nødvendig for å vurdere nytteverdien av en slik strategi.

Sten Karlsson, Kjetil Hindar, Line Birkeland Eriksen, Randi Saksgård & Øyvind Solem. Norsk institutt for naturforskning (NINA), Postboks 5658 Torgarden, 7485 Trondheim.

Epost: [Oyvind.Solem@nina.no](mailto:Oyvind.Solem@nina.no)

# Innhold

<b>Sammendrag .....</b>	<b>3</b>
<b>Innhold .....</b>	<b>4</b>
<b>Forord .....</b>	<b>5</b>
<b>1 Innledning.....</b>	<b>6</b>
1.1 Bakgrunn og hensikt.....	6
1.2 Områdebeskrivelse.....	7
<b>2 Materiale og metoder .....</b>	<b>8</b>
<b>3 Resultat.....</b>	<b>10</b>
<b>4 Diskusjon.....</b>	<b>12</b>
<b>5 Referanser .....</b>	<b>13</b>

## Forord

Undersøkelsen er finansiert med midler fra Miljødirektoratet. I tillegg bidro Norsk institutt for naturforskning (NINA) med egne midler. Den genetiske kartleggingen av sjøørretbestanden i Driva vil være med å gi et bedre grunnlag for å vurdere bevaringsstrategi i forbindelse med kampen mot *Gyrodactylus salaris* i vassdraget.

Innsamling av ungfiskmateriale til undersøkelsen er gjort under feltarbeidet med ungfiskundersøkelser i vassdraget i perioden 2004-2017. Dette arbeidet er blitt gjennomført av Bjørn Ove Johnsen og Nils Arne Hvidsten (2004 og 2005) og Øyvind Solem (2010-2017) ved NINA, assistert av Frode Aalbu i Statens naturoppsyn. Prøver av voksen sjøørret er innsamlet ved fiskeperra i 2017 i forbindelse med oppslipping av sjøørret. I tillegg ble det brukt skjellprøver av sjøørret fanget nedstrøms fiskesperra i årene 2005-2007. Prøvetaking av fiskene på laboratoriet er gjennomført av Randi Saksgård og Øyvind Solem, mens Line Birkeland Eriksen har gjennomført analyser på genetikklaboratoriet. Resultater fra de genetiske analysene er bearbeidet av Sten Karlsson og Kjetil Hindar.

Takk til Jo Vegard Arnekleiv og Aslak D. Sjursen ved Vitenskapsmuseet, NTNU, for utlån av skjellprøver av sjøørret fra perioden 2005-2009. Takk til Ida Pernille Øystese Andersskog, Hege Brandsegg, Bente Uhre Halvorsen og Elisa June Keeling Hemphill ved NINAs genetikklaboratorium for DNA-ekstraksjon og genotyping. En stor takk rettes også til Miljødirektoratet og NINA for finansiering av undersøkelsen.

Trondheim, juni 2018.

Øyvind Solem  
Prosjektleder

# 1 Innledning

## 1.1 Bakgrunn og hensikt

Laksebestanden i Driva ble smittet med *Gyrodactylus salaris* midt på 1970-tallet. Som en del av bekjempelsesarbeidet mot parasitten er det etablert en fiskesperre på Snøvasfossan som skal stoppe oppvandring av anadrom fisk. Dermed blir det ingen rekruttering av laks oppstrøms sperra, og gjenværende ungfisk vil etter hvert vandre ut til sjøen. På den måten tømmes elva oppstrøms sperra både for vert og parasitt. Områdene nedstrøms sperra vil etter sju år behandles med kjemikalier, og sperra skal fjernes når elva blir friskmeldt.

Sjørret er ikke langtidsvert for *G. salaris* og vil ikke bli direkte påvirket av parasittforekomst. Imidlertid vil sjørretbestanden i vassdraget bli indirekte påvirket gjennom arbeidet med å fjerne parasitten. Det gjøres derfor tiltak for å bevare og opprettholde en livskraftig bestand av sjørret i Driva. Ett av tiltakene er å flytte sjørret forbi fiskesperren slik at fiskene kan ta i bruk områdene oppstrøms. Elva oppstrøms sperra utgjør ca. 70 % av anadrom strekning (Bremset mfl. 2011), og det er viktig at sjørret som flyttes opp tåler håndteringen og utnytter tilgjengelige gyteområder.

Sjørretbestanden i Drivavassdraget har de siste 15 årene gått betydelig tilbake. Overvåkingsfiske i perioden 1999-2005 viste at sjørret bruker hele vassdraget (Solem mfl. 2017). Ungfiskundersøkelser i vassdraget i perioden 2010-2017 viser at tettheten av ørretunger har økt i Sunndal kommune sin del av Drivavassdraget (Solem mfl. 2018). På strekninger av vassdraget som ligger i Oppdal kommune (over 50 % av total anadrom strekning) er det ikke registrert en tilsvarende økning, og tettheten er fortsatt historisk lav. I samme periode har også fangst av sjørret i Oppdal kommune og resten av vassdraget gått mye tilbake. Det er sannsynligvis flere grunner til at ungfiskbestanden av ørret har gått tilbake, inkludert lav gytebestand de senere år.

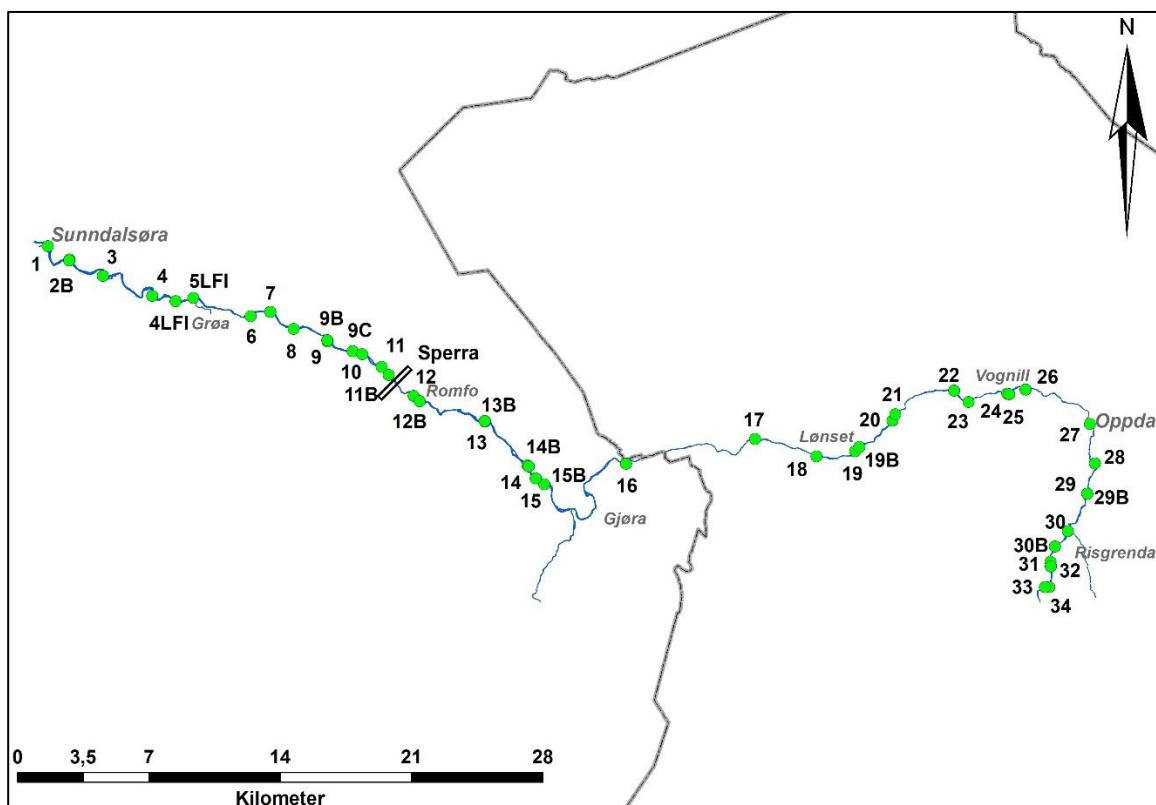
I forbindelse med etableringen av en fiskesperre i Driva er det behov for bevaringstiltak som sikrer levedyktige bestander av sjørret i vassdraget. Det er usikkert om sjørret på nedsiden av fiskesperren skiller seg genetisk fra sjørret oppstrøms sperra, og om det finnes ulike subpopulasjoner av sjørret i vassdraget. Som en del av bevaringsarbeidet blir sjørret fanget i ei fisketrapp ved fiskesperren og sluppet ut på oversiden av sperra. Oppslipping skjer etter at det er foretatt en genetisk artstest og saltbehandling. I 2017 ble det gjennomført genetisk artstesting av 191 fisker. Tre av disse ble på grunnlag av ytre morfologi karakterisert som mulige artshybrider. Gentesting viste at én var ørret, én var laks og én var en artshybrid. Ti ble morfologisk karakterisert som laks, og syv av disse ble bekreftet som laks mens tre var ørret. De resterende 178 fiskene var morfologisk karakterisert som ørret. Av disse viste gentesting at tolv var laks, tre var artshybrider og 163 var ørret. Bestanden(e) av sjørret oppstrøms sperra blir etter planen tatt vare på ved å flytte opptil tusen sjørret forbi sperra hvert år.

Før det kan gjøres en vurdering av hvilke bevaringstiltak som skal iverksettes for den del av sjørretbestanden som gyter på nedsiden av fiskesperren, vil det være behov for en genetisk kartlegging av sjørretbestanden i vassdraget. Genetiske undersøkelser av sjørret fra ulike deler av samme vassdrag har vist at det kan eksistere flere mer eller mindre genetisk ulike subpopulasjoner i vassdraget. Dette er for eksempel vist med enzyમેlektroforese i Vosso (Hindar mfl. 1991) og med DNA-markører i danske (Hansen & Mensberg 1998) og svenske vassdrag (Laikre mfl. 2002). Videre er det vist at egenskaper som kroppsstørrelse og eggantall hos kjønnsmodne sjørret kan variere innenfor et vassdrag (L'Abée-Lund & Hindar 1990).

Målet med denne undersøkelsen er å beskrive den genetiske strukturen til sjørret i hovedstrengen av Drivavassdraget med spesiell vekt på forskjeller mellom delbestander opp- og nedstrøms fiskesperren i vassdraget.

## 1.2 Områdebeskrivelse

Drivavassdraget har utspring i sentrale deler av Dovrefjell og munner ut i Sunndalsfjorden ved Sunndalsøra (**figur 1**). Vassdragets naturlige nedbørsfelt er 2493 km<sup>2</sup> (Gjøvik 1981), hvorav 373 km<sup>2</sup> er regulert gjennom Driva kraftverk. Driva er stri med et gjennomsnittlig fall på 6,6 meter per kilometer, og elva er preget av en regelmessig veksling mellom stryk og høler. Driva er det vassdraget i Norge der laks og sjørret vandrer høyest over havet (ved Magalaupet om lag 580 moh. i Drivdalen). I området mellom Magalaupet og Skoremsfossen er det flere fosser som er delvis vandringshindre for vandrende laksefisk. I området mellom Skoremsfossen og Vollan bru er elva grunn og flater mer ut. Mellom Vollan og Grensehølen på grensen mellom Oppdal og Sunndal, er elva stort sett stri og har flere dype høler. Spesielt i Gråura finnes flere strykområder som påvirker oppgangen av fisk ved bestemte vannføringer (Einvik 1982). Gradienten avtar vesentlig i elvepartiene som ligger i Sunndal kommune, men også her er det strie fallstrekninger blant annet ved Romfo (Snøvasfossan), Fale (Falefallene) og Flatvad (Flatvadura).



**Figur 1.** Drivavassdraget i Oppdal og Sunndal kommune. Stasjoner som er benyttet i perioden 2004-2017 for ungfiskundersøkelser er markert med grønne symboler. Deler av stasjonsnettet er brukt i denne undersøkelsen (**tabell 1**). Fiskesperra ved Snøvasfossan er markert på kartet. Kommunegrensen er tegnet inn med grå strek. Figuren er utarbeidet av Eva Ulvan.

## 2 Materiale og metoder

Totalt ble 442 individer av ungfisk innsamlet i perioden 2004-2017 fra 20 forskjellige el-fiskestasjoner (**figur 1, tabell 1**) analysert for genetisk variasjon i 96 SNP-markører. I tillegg ble 103 voksen sjøørret fanget nedenfor sperra i perioden 2005-2009 og 90 sjøørret fanget i trappa og utsatt ovenfor sperra i 2017 analysert for de samme genetiske markørene. Arvestoffet (DNA) ble ekstrahert fra sprittfikserte finneprøver med DNeasy Blood & Tissue Kit fra Qiagen. SNP-genotypingen ble gjort på en Fluidigm SNP genotypingsplattform.

**Tabell 1.** Antall ungfisk (N) av ørret som er innsamlet i perioden 2004-2017 på 20 stasjoner i Driva. Deling med fet linje mellom stasjoner angir grupperingen av stasjoner til fem vassdragsavsnitt som er analysert for genetiske forskjeller. Lokalisering av stasjoner framgår av **figur 1**.

Stasjon	Vassdragsavsnitt	Antall fisk
2B	1	25
3	1	18
4	1	54
5	2	16
7	2	79
9B	2	13
11B	2	40
12	3	33
13	3	24
14	3	43
16	3	28
18	4	10
19B	4	8
20	4	15
21	4	7
22	4	6
24	4	6
30	5	7
31	5	6
32	5	4
Sum	Alle vassdragsavsnitt	442

Genetisk distanse ( $F_{ST}$ ) og test for forskjell i allelfrekvens mellom stikkprøver ble gjort i Genepop ver. 4.1.4 (Raymond & Rousset 1996). De parvise genetiske distansene mellom stikkprøver ble visualisert i et prinsipal koordinat analyse Plot (PCoA-plot) i Genalex 6.5 (Peakall & Smouse 2006). Effektiv populasjonsstørrelse ( $N_e$ ) ble beregnet ved hjelp av LD (koblingsulikevekt) metoden (Hill 1981, Waples & Do 2008) i materialet av voksenfiskprøvene fra 2017 som best antas representere gytebestanden, siden det er innsamlet fra én gytesesong. En mulig genetisk strukturering ble også undersøkt med hjelp av programmet STRUCTURE (Pritchard mfl, 2000). I dette programmet blir individer forsøkt gruppert til et på forhånd antatt antall populasjoner, slik at avvik fra Hardy-Weinberg likevekt og koblingsulikevekt blir minimert. Vi utførte 50 000 repetisjoner som «burn-in» og 100 000 repetisjoner etter «burn-in» uten *a priori* informasjon om opprinnelsespopulasjon. Vi forsøkte gruppere individene til to, tre, fire, fem eller seks ulike populasjoner.

Hovedspørsmålet om hvorvidt det er genetiske forskjeller mellom sjørret ovenfor og nedenfor sperra med spesielt fokus på om sjørreten nedenfor sperra representerer en egen bestand, kan sannsynligvis best besvares med hjelp av prøvene av ungfisk. Dette prøvematerialet ble gruppert til to grupper utfra om de ble innsamlet nedenfor eller ovenfor sperra og testet for genetiske forskjeller. Imidlertid vil en slik gruppering kunne forhindre at man avdekker mulige forskjeller dersom det er genetisk strukturering innen en gruppe. Materialet ble derfor gruppert i fem ulike grupper utfra geografisk innsamlingsområde (**tabell 1, figur 1**) og undersøkt for genetiske forskjeller.

Genetiske forskjeller ble også undersøkt mellom voksen sjørret fanget nedenfor og ovenfor sperr. Siden voksen sjørret på oppvandring ikke kan allokeres til et geografisk område i elven på samme måte som ungfisk, ble den voksne sjørreten genetisk tilordnet de fem ulike gruppene av ungfisk, for deretter å kunne vurdere en mulig genetisk strukturering av voksenfiskprøvene. Dette er spesielt relevant med tanke på om flytting av voksen sjørret forbi sperra til de øvre områdene ivaretar den genetiske variasjonen ovenfor sperra. For denne analysen var det spesielt relevant å undersøke prøvene av sjørret som i 2017 ble flyttet ovenfor sperra. Tilordning ble gjort ved direkte individuell tilordning med den bayesianske metoden (Rannala & Mountain 1997) implementert i programmet GeneClass2 (Piry mfl 2004). Med denne metoden blir hver enkelt sjørret tilordnet de ulike referansebestandene (de fem gruppene av ungfisk) med en relativ sannsynlighet (*log likelihood score*).

### 3 Resultat

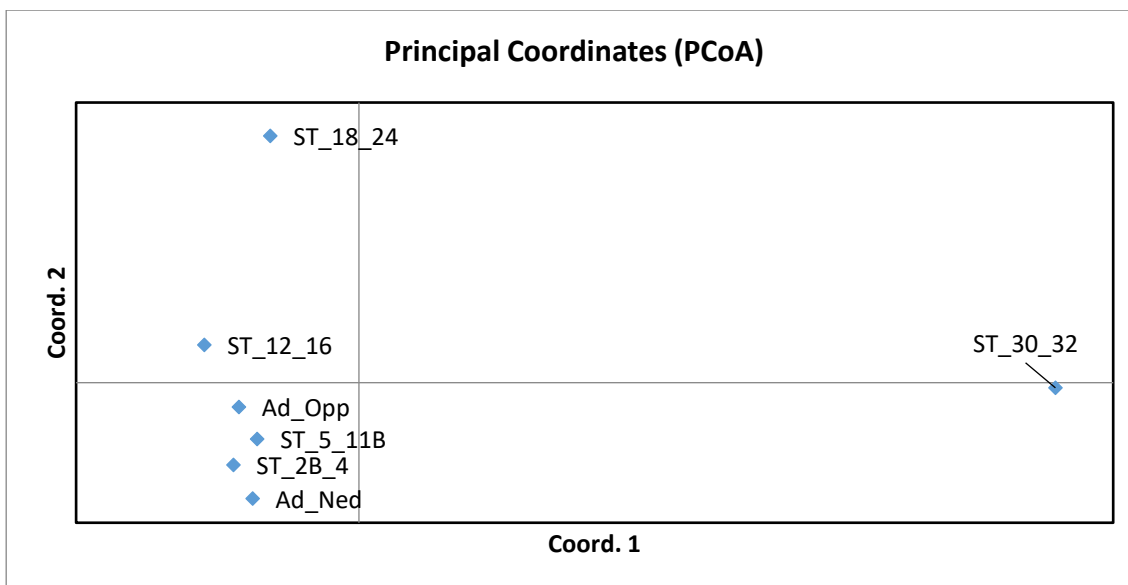
Det ble ikke avdekket noen genetisk struktur med programmet STRUCTURE. Gruppering av genotyper med metoden i dette programmet forutsetter at det finnes en betydelig genetisk strukturering, og uten å gi noen informasjon om innsamlingsområder vil derfor mindre genetiske forskjeller ikke bli avdekket.

Genetiske distanser ( $F_{ST}$ ) mellom stikkprøver av ungfisk innsamlet nedenfor og ovenfor sperra ble estimert til 0,0019 ( $P < 0,001$ ) og mellom voksenfisk nedenfor og ovenfor sperra til 0,0014 ( $P = 0,11$ ). En mulig genetisk struktur av sjørret i Driva ble videre undersøkt ved å gruppere innsamlingsstasjonene i fem ulike geografiske grupper. Parvise genetiske distanser ( $F_{ST}$ ) mellom de ulike geografiske gruppene (**tabell 2**) viste at den øverste gruppen (ST\_30\_32, i Drivdalen) skiller seg genetisk fra de andre gruppene med en genetisk distanse mellom 0,022 og 0,029. Denne kan derved sies å representere en egen subpopulasjon i Driva, mens estimerte genetiske distanser mellom de andre geografiske gruppene var mellom null og 0,0056.

**Tabell 2.** Parvise  $F_{ST}$  estimat (nedenfor diagonalen) og  $P$ -verdi (ovenfor diagonalen) mellom stikkprøver av ungfisk av sjørret innsamlet i Driva. Ungfiskmaterialet er gruppert i fem ulike geografiske grupper ut fra hvilke stasjoner de kommer fra (**figur 1**) og voksen fisk er gruppert etter om de er fanget nedenfor sperra (Ad\_Ned) eller fanget i sperra og flyttet ovenfor sperra (Ad\_Opp). Signifikante (etter korreksjon for multippel testing) parvise sammenlikninger er uthevet.

$F_{ST} \backslash P$	ST_2B_4	ST_5_11B	ST_12_16	ST_18_24	ST_30_32	Ad_Ned	Ad_Opp
ST_2B_4	*	0,830	0,015	<b>0,002</b>	<b>0,000</b>	0,314	0,083
ST_5_11B	-0,0002	*	0,415	<b>0,004</b>	<b>0,000</b>	0,616	0,538
ST_12_16	0,0021	0,0007	*	0,532	<b>0,000</b>	0,034	0,501
ST_18_24	0,0056	0,0041	0,0004	*	<b>0,000</b>	<b>0,000</b>	0,018
ST_30_32	0,0257	0,0222	0,0287	0,0235	*	<b>0,000</b>	<b>0,000</b>
Ad_Ned	0,0008	0,0003	0,0025	0,0069	0,0224		0,108
Ad_Opp	0,0014	0,0008	0,0004	0,0043	0,0253	0,0014	

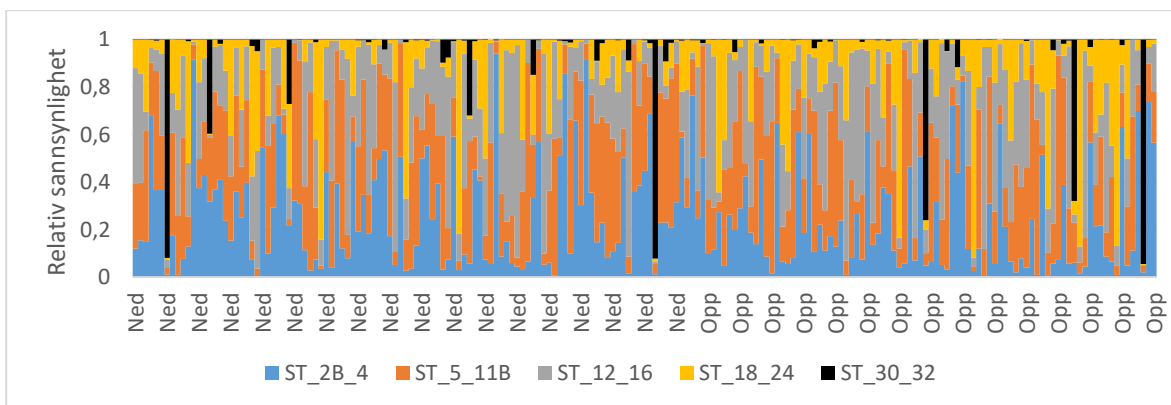
Den genetiske strukturen er visualisert i et prinsippal koordinatanalyse-plott (**figur 2**) ut fra de parvise genetiske distansene, og viser at den øverste stasjonen i Drivdalen skiller seg fra de andre stasjonene i Driva lengre nedstrøms.



**Figur 2.** Prinsipal koordinatanalyse-plott (PCoA) fra parvise genetiske distanser mellom stikkprøver av ungfish av sjørret innsamlet i Driva. Tegnforklaringen er beskrevet i **tabell 2**.

Den effektive populasjonsstørrelsen ble estimert til 1381 (95% CI: 417 – uendelig) med hjelp av stikkprøven av voksen fisk fra 2017.

Stikkprøvene av voksen sjørret ble genetisk tilordnet ungfishprøvene fordelt på fem grupper. Som vist ovenfor var det små og ikke signifikante genetiske forskjeller mellom fire av disse gruppene, mens ungfish fra de øverste stasjonene (30-32 i Drivdalen) viste signifikant og relativt stor genetisk forskjell fra de andre. Den genetiske tilordningen av voksen sjørret er derfor mest relevant i forhold til tilordning til den øverste geografiske gruppen i Drivdalen. Fem av 193 individer av voksen sjørret ble med størst relativ sannsynlighet tilordnet den øverste gruppen, hvorav tre av 90 var voksen sjørret fanget og flyttet ovenfor sperra i 2017 (**figur 3**).



**Figur 3.** Genetisk tilordning av voksen sjørret fanget nedenfor sperra (Ned) og voksen fisk fanget i sperra og flyttet ovenfor (Opp) til ungfish fordelt på fem ulike geografiske grupper. Stasjon ST\_30\_32, som ligger i Drivdalen i Oppdal kommune, er den geografiske gruppen som skiller seg ut som en egen genetisk sub-populasjon i Driva.

## 4 Diskusjon

De små og ikke signifikante genetiske forskjellene mellom prøver av ungfisk fanget på stasjonene nedstrøms sperra (ST\_2B\_4, ST\_5\_11B) og de fanget oppstrøms sperra fra Romfo i Sunndal kommune til Vognill i Oppdal kommune (ST\_12\_16 og ST\_18\_24) indikerer at gen-poolen for sjørret nedstrøms sperra er representert i sjørretbestanden ovenfor sperra. Dette støttes også av små og ikke signifikante genetiske forskjeller mellom stikkprøver av voksen sjørret fanget nedstrøms sperra og sjørret fanget i fangstkammeret i sperra og flyttet oppstrøms sperra.

Sjørret i Drivdalen øverst i Driva, her representert av stikkprøver fra stasjon 30 til 32 ser ut å tilhøre en egen subpopulasjon. De estimerte genetiske distansene mellom sjørret øverst i Driva og sjørret i de nedre delene av Driva (0,022 - 0,029) er på nivå med tilsvarende estimat mellom sjørret fra ulike elver i samme fjordsystem (for eksempel mellom elver i Hardangerfjorden, Sten Karlsson, upubliserte data). Våre observasjoner tilsier at det er liten sannsynlighet for at de øverste stasjonene (30-32) er representert med prøver av ferskvannsstasjonær ørret. To voksne individer av sjørret som ble fanget nedenfor sperra og tre individer av voksen sjørret som ble fanget og flyttet oppstrøms sperra, viste betydelig større genetisk tilhørighet til de øverste stasjonene (30-32) enn til noen av de andre stasjonene. Videre var den observerte genetiske forskjellen mellom de øverste stasjonene og de andre stasjonene mindre enn den som er observert mellom sjørret og stasjonær ørret i Driva (Sten Karlsson, upubliserte data).

Tre av 90 analyserte sjørret flyttet oppstrøms sperra i 2017 ble med større sannsynlighet genetisk tilordnet den øvre bestanden representert av ungfisk innsamlet ved stasjonene 30-32, enn til de nedre stasjonene. Denne observasjonen antyder at ved flytting av sjørret oppstrøms sperra tilhører i størrelsesorden 3 % den øvre bestanden i Drivdalen. Ved et mål om årlig å flytte tusen sjørret forbi sperra forventes at cirka 30 individer tilhører den øvre bestanden. Hvorvidt dette er et tilstrekkelig antall bør vurderes opp mot størrelsen på den øvre bestanden, men fra en generell betraktning er 30 individer beskjedent og forventes å kunne gi et relativt raskt tap av genetisk variasjon som følge av tilfeldig genetisk drift. Det er imidlertid mulig at sjørreten som kommer først til sperra i en sesong inneholder en større andel sjørret fra bestanden i Drivdalen, enn de 3 % som vi har beregnet her fra prøver fanget og sluppet ovenfor sperra i september og oktober. Dette bør undersøkes i 2018.

Kort oppsummert:

- Det ble identifisert to genetisk adskilte bestander av sjørret i Drivavassdraget, en representert av stikkprøver i Drivdalen helt øverst i vassdraget og en representert av mange stikkprøver fra nedstrøms sperra i Sunndal til Vognill i Oppdal kommune.
- Sjørret fanget nedstrøms sperra kommer fra begge bestandene med en stor overvekt av fisk tilhørende den dominerende bestanden og kun med et fåtall individer tilhørende den øverste bestanden i Drivdalen.
- Sjørret nedenfor sperra er godt representert av sjørret oppstrøms sperra, også blant sjørret som blir flyttet forbi sperra.
- Genetisk tilordning av voksen sjørret som ble flyttet forbi sperra i 2017 viser at cirka 3 % tilhører den øvre bestanden i Drivdalen. Ved årlig flytting av tusen sjørret forbi sperra forventes at cirka 30 tilhører den øvre bestanden, men det kan være mulig å finne flere dersom sjørret som tilhører den øvre bestanden kommer tidligere i sesongen enn de som ble undersøkt her.
- Oppfølgende genetiske analyser av sjørret fanget tidlig og sent i sesongen vil kunne danne et godt grunnlag for å vurdere antall sjørret som bør flyttes ovenfor sperra og ved hvilke perioder i sesongen, for best mulig å ivareta den samlede genetiske variasjon av sjørret i vassdraget.
- Det kan ikke utelukkes at det finnes flere sub-populasjoner av sjørret i sidevassdrag da denne undersøkelsen var konsentrert om hovedelva.

## 5 Referanser

- Einvik, K. 1982. Fiskeriundersøkelser i 10 års vernede vassdrag, Sluttrapport. Direktoratet for vilt og ferskvannsfisk, Trondheim. Miljødirektoratet.
- Gjøvik, J.A. 1981, Undersøkelser av laks- og sjøaurefisket i Gaula og Driva 1979 og 1980. Fiske-rikonsulenten i Midt-Norge. Fylkesmannen i Sør-Trøndelag.
- Hansen, M.M & Mensberg, K-L.D. 1998. genetic differentiation and relationship between genetic and geographical distance in Danish sea trout (*Salmo trutta* L.) populations. *Heredity* 81: 493-504.
- Hill, W.G. 1981. Estimation of effective population size from data on linkage disequilibrium. *Genetics Research* 38: 209-216.
- Hindar, K., Jonsson, B., Ryman, N. & Ståhl, G. 1991. Genetic relationships among landlocked, resident, and anadromous brown trout, *Salmo trutta* L. *Heredity* 66: 83-91.
- L'Abée-Lund, J.H. & K. Hindar. 1990. Interpopulation variation in reproductive traits of female anadromous brown trout, *Salmo trutta* L. *Journal of Fish Biology* 37: 755-763.
- Laikre, L., Järvi, T., Johansson, L., Palm, S., Rubin, J-F., Glimsäter, C.E., Landergren, P. & N. Ryman. 2002. Spatial and temporal population structure of sea trout at the Island of Gotland, Sweden, delineated from mitochondrial DNA. *Journal of Fish Biology* 60: 49-71.
- Peakall, R. & Smouse, P.E. 2006. GENALEX 6: genetic analysis in excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes* 6: 288-855.
- Piry, S., Alapetite, A., Cornuet, J.M., Paetkau, D., Baudouin, L. & Estoup, A. 2004. GeneClass2: A software for genetic assignment and first-generation migrant detection. *Journal of Heredity*. 95: 536-539.
- Pritchard, J.K., Stephens, M. & Donnelly, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155: 945-959.
- Rannala B. & Mountain, J.L. 1997. Detecting immigrants by using multilocus genotypes. *Proceedings of the Natural Academic of Science* 94: 9197-9201.
- Raymond, M. & Rousset, F. 1995. Genepop (version 2.1): Population genetics software for exact tests and ecumenicism. *Journal of Heredity* 86: 248-249.
- Solem, Ø., Bremset, G., Aronsen, T., Kraabøl, M., Olstad, K. & Aalbu, F. 2017, Fiskeundersøkelser i Drivavassdraget, Sammenstilling av resultater fra perioden 1977-2015. NINA Rapport 1237. Norsk Institutt for Naturforskning.
- Solem, Ø., Aalbu, F. & Mo, T.O. 2018. Ungfiskundersøkelser i Drivavassdraget, Årsrapport 2017. NINA Rapport 1417. Norsk institutt for naturforskning.
- Waples, R.S., & Do, C. 2008. LDNE: a program for estimating effective population size in species from data on linkage disequilibrium. *Molecular Ecology Resources* 8: 753-756.





*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 fors–kning og utredning, miljøovervåking, rådgivning og evaluering. NINA har stor bredde i kompetanse og erfaring med både naturvitere og sam–funnsvitere 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- 3194-7

## 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