

Arne N. Linløkken og Wenche Johansen

Sammenlikning av genetisk variasjon
hos settefisk og villfisk fra Rena og
Savalen i Glommavassdraget

Høgskolen i Hedmark
Rapport nr. 2 – 2010

Fulltekstutgave

Utgivelsessted: Elverum

Det må ikke kopieres fra rapporten i strid med åndsverkloven og fotografiloven eller i strid med avtaler om kopiering inngått med KOPINOR, interesseorgan for rettighetshavere til åndsverk.

Forfatterne er selv ansvarlige for sine konklusjoner. Innholdet gir derfor ikke nødvendigvis uttrykk for Høgskolens syn.

I rapportserien fra Høgskolen i Hedmark publiseres FoU-arbeid og utredninger. Dette omfatter kvalifiseringsarbeid, stoff av lokal og nasjonal interesse, oppdragsvirksomhet, foreløpig publisering før publisering i et vitenskapelig tidsskrift etc.

Rapporten kan bestilles ved henvendelse til Høgskolen i Hedmark. (<http://www.hihm.no/>)

Rapport nr. 2 – 2010
© Forfatterne/Høgskolen i Hedmark
ISBN: 978-82-7671-788-4
ISSN: 1501-8563



Høgskolen i Hedmark

| | | | |
|---|-----------------|------------------|--|
| Tittel: Sammenlikning av genetisk variasjon hos settefisk og villfisk fra Rena og Savalen i Glommavassdraget | | | |
| Forfattere: Arne N. Linløkken og Wenche Johansen | | | |
| Nummer: 2 | År: 2010 | Sider: 28 | ISBN: 978-82-7671-788-4 ISSN: 1501-8563 |
| Oppdragsgivere: Glommen og Laagens Brukseierforening | | | |
| Emneord: Genetikk, DNA, mikrosatelitter, ørret, settefiskavl | | | |
| <p>Sammendrag: Genetisk variasjon ble undersøkt på 8 loci med bruk av mikrosatelitter på 29–42 individer fra 8 grupper av ørret. Tre grupper var settefisk, hvorav to var settefisk avlet av stamfisk fra Rena i Åmot. En av disse var 1. generasjons settefisk avlet av et lite antall (5 hunner + 3 hanner) ville foreldre. En gruppe var 2. generasjons settefisk, avlet av 30–40 stk. 1. generasjons settefisk av en tidligere årsklasse enn den 1. generasjons settefisk som ble analysert. Foreldre generasjonen til disse var ikke lenger i anlegget, men de var avlet av et større antall ville foreldre (18 hunner + 21 hanner) enn den 1. generasjon som ble analysert. Tredje gruppen settefisk var 1. generasjons settefisk avlet fra et lite antall (6 hunner + 7 hanner) stamfisk fra to gytebekker til Savalen i Alvdal/Tynset; Mogardsbekken og Sagvangbekken. Det ble funnet 3–16 ulike alleler for hvert locus i hver ørretgruppe, og villfiskgruppene det var naturlig å sammenlikne settefisken med, hadde 1–6 alleler pr. locus som ikke ble funnet blant settefisken. Genetisk variasjon framstilt som forventet heterozygositet (H_{exp}) var lavere i settefisk gruppene enn blant villfisk, og beregnet genetisk distanse (F_{ST}) mellom settefisk- og villfiskgrupper fra samme område var minst for 2. generasjons Rena settefisk og størst for settefisk av Saval stamme.</p> <p>Innavlskoeffisienten (F_{IS}) tydet på at settefisken av Rena stamme var avlet av villfisk med relativt stor genetisk variasjon, ettersom innavlskoeffisienten i Rena settefisk gruppene var negativ, mens den for Saval settefisk var positiv og relativt høy (0,100), og antyder en mer innavlet bestand.</p> | | | |



Hedmark University College

| | | | |
|---|-------------------|------------------|--|
| Title: Comparison of genetic variation in hatchery and naturally produced brown trout in Rena river and Lake Savalen in the Glomma river system in Norway | | | |
| Authors: Arne N. Linløkken and Wenche Johansen | | | |
| Number: 2 | Year: 2010 | Pages: 28 | ISBN: 978-82-7671-788-4 ISSN: 1501-8563 |
| Financed by: Glommen og Laagens Brukseierforening | | | |
| Keywords: Genetic, DNA, microsatellites, brown trout, hatchery rearing | | | |
| <p>Summary: Genetic structure was explored by examining 8 microsatellite loci on 29–42 specimens from 8 groups of brown trout. Three of the groups were hatchery fish, and two of them were bred from wild trout from Rena river in the Municipality of Åmot. Of these two, one group consisted of 1st generation hatchery fish bred from a low number (5 females + 3 males) of wild fish. The other group consisted of 2nd generation hatchery fish, bred from 30–40 specimens of 1st generation hatchery fish of an earlier cohort than the first group analysed. Individuals of the parent generation of these were no longer in the hatchery, but they were bred from a higher number of wild fish (18 females + 21 males) than the 1st generation that was analysed. These two groups of hatchery fish were compared with two groups of wild brown trout from Rena river. The third group of hatchery fish was comprised of 1st generation hatchery fish bred from a low number (6 females + 7 males) of wild fish from two spawning creeks; Mogardsbekken and Sagvangbekken) that empty into lake Savalen, and they were compared with wild fish from each of the creeks and one group from the lake. Three to sixteen different alleles were found at each locus in each group of brown trout, and the wild fish groups had 1–6 alleles per locus that was not found in the hatchery groups. Expected heterozygosity (H_{exp}) was lower in the groups of hatchery fish than in the wild fish groups. The genetic distance (F_{ST}) between hatchery and wild fish groups from the same area was lowest for the 2nd generation of Rena hatchery fish and highest for the Savalen hatchery fish.</p> <p>Coefficient of inbreeding (F_{IS}) suggested that the Rena hatchery fish were bred from wild fish with relatively high genetic variation, as F_{IS} was negative, whereas F_{IS} for the Savalen hatchery fish was positive and relatively high (0,100), suggesting a more inbred population.</p> | | | |

FØRØRD

Denne rapporten er basert på DNA mikrosatellitt analyser av ørret fra Glommavassdraget, og er utført på oppdrag fra Glommen og Laagens Brukseierforening som har bekostet undersøkelsen i sin helhet. Glommen og Laagens Brukseierforening eier og driver fiskeanlegget «Evenstad 2», på Høgskolen i Hedmarks avdeling for skog og utmark (SUE) på Evenstad i Stor-Elvdal, og produserer der settefisk til årlige utsetninger i Glommavassdraget. Analysene er utført på laboratoriet ved Høgskolen i Hedmarks avdeling for lærerutdanning og naturvitenskap (LUNA). Det er analysert prøver av vill ørret fra Rena elv og fra Savalen med gytebeker for å sammenlikne med tilsvarende analyser av prøver fra settefisk av ulike stammer. Prøvetaking av villfisk fra Rena og fra fisk på fiskeanlegget ble utført av ansatte ved fiskeanlegget med leder Olav Berge som ansvarlig. Vi retter en spesiell takk til de ansatte for imøtekommenhet og hjelpsomhet i forhold til vårt arbeid. En takk også til avdelingsingeniør Else-Berit Stenseth som sammen med Wencke Johansen har utført analyser på laboratoriet.

Førstemanuensis

Arne Linløkken

Høgskolen i Hedmark

INNHOOLD

| | |
|--------------------------------|-----------|
| Innledning | 9 |
| Problemstilling | 10 |
| Metode | 12 |
| Resultater og diskusjon | 14 |
| Allelantall | 14 |
| Genotyper og heterozygositet | 16 |
| Konklusjon | 21 |
| Referanser | 27 |

INNLEDNING

I forvaltningen av ville dyrearter er det viktig at populasjonenes genetiske diversitet opprettholdes, slik at de beholder sitt evolusjonære potensial for å tilpasse seg framtidige miljømessige forandringer (Frankel & Soulé, 1981; Reed & Frankham, 2003). Kunstig avl og utsetting av oppdrettet fisk har vært drevet i stor utstrekning i forvaltningen av ferskvannsfisk og anadrom fisk, og problemstillinger i forbindelse med kunstig avl og utsetting av laksefisker er grundig belyst bl.a. av Fraser (2008).

I Glommavassdraget settes det årlig ut ørret for å øke bestanden av ørret som det drives sportsfiske etter. Bakgrunnen for dette er kraftverks- og reguleringsdammer som er bygd i løpet av de siste 40 år, og som har ført til reduserte gyteområder og vandringsmuligheter for fisk i vassdraget (Qvenild, 2008). Fiskeutsettingene bekostes av kraftverkseierne og fisken er produsert ved det lokale settefiskanlegget på Evenstad i Stor-Elvdal kommune. All fisk som settes ut er produsert av stedegen ørret, og kan karakteriseres som forsterkningsutsettinger (Naish, et al., 2008), etter som ørretbestanden i Glomma med tilløpsvassdraget Rena har en betydelig naturlig rekruttering, og er på ingen måte truet.

For å unngå tap av genetisk variasjon er det viktig å avle settefisk fra et tilstrekkelig antall foreldre individer. Det har blitt anbefalt å bruke 25 hunner og 25 hanner for hver generasjon. Dette gir ideelt (hvis alle individer bidrar like mye til neste generasjon) en effektiv populasjonsstørrelse (N_e) på 50, og ansees tilstrekkelig for å videreføre genetisk variasjon fra generasjon til generasjon av anleggfskisk. Det er ikke til å unngå tap av variasjon som følge av genetisk drift (tilfeldig tap av lavfrekvente alleler), men med et tilstrekkelig antall foreldre kan dette oppveies av ny variasjon som skapes ved mutasjoner. Dette er delvis basert på antagelser, og det

er vist at 50 foreldre for hver generasjon gir betydelig innavlseffekt når en bestand avles generasjon etter generasjon i anlegg (Latter & Mulley, 1995). Hvis det benyttes ville foreldre til hver generasjon settefisk, vil hver generasjon ha ulike foreldre, og tap av genetisk variasjon over tid vil være mindre enn om en stamme avles i generasjoner i et anlegg. Det kan være praktisk vanskelig å skaffe 25 individer av hvert kjønn av en villfisk stamme hvert år. Stamfiske må foregå i en begrenset periode om høsten, og vær- og vassføringsforhold gjør at det ofte er vanskelig å beregne både tidspunkt og tidsbruk for arbeidet. Hvis det hvert år tas ny vill stamfisk og antall settefisk er moderat i forhold til naturlig produsert fisk, kan summen av den genetiske variasjonen (for eksempel uttrykt ved antall alleleler) i flere generasjoner settefisk oppveie den reduksjonen i genetisk variasjon som skjer med en generasjon settefisk (Ryman, Jorde, & Laikre, 1999).

Ved settefiskanlegget på Evenstad produseres det i dag settefisk av flere ørretstammer fra Glommavassdraget. Blant disse er ørret fra Rena elv og fra Savalen. Stamfisk fra Rena er vanskelig å fange i tilstrekkelig antall hvert år, og det har vært drettet opp stamfisk i anlegget, som strykes for å gi settefisk (andre generasjons anleggfsfisk), som så settes ut i vassdraget som 2-åringer i et antall av 10.000 pr. år. Det er vist ved genetiske analyser (mikrosatellitt markører) at 2. generasjons settefisk kan ha sterkt redusert fitness, mens 1. generasjons anleggfsfisk (dvs. avlet av vill stamfisk) har fitness svært lik den villfisk har (Araki, Cooper, & Blouin, 2007). I framtida skal det settes ut større settefisk (3-årig), i et antall av opptil 4000 pr. år i Rena elv. Produksjonen av et mindre antall settefisk krever færre stamfisk, og er tenkt basert på bare vill stamfisk. For oppdrett av settefisk til Savalen har det kun vært brukt vill stamfisk fra tiløpsbekker til Savalen.

Problemstilling

Hvordan er den genetiske variasjonen blant settefisk som er avlet av få, men ville foreldre, sammenliknet med den genetiske variasjonen blant 2. generasjons settefisk som er avlet på et større antall foreldre av oppdrettet stamfisk som var avlet av et større antall ville foreldre (settefiskens beste-

foreldre)? Den genetiske variasjonen hos settefisk sammenliknes med grupper av villfisk fra samme geografiske område for å vurdere tapet av genetisk variasjon i forhold til effektiv populasjons størrelse når fisk tas inn i anlegget.

METODE

Det ble i 2009 tatt prøver av en **1. generasjon** (som 1+) og **2. generasjon** (som 1+) anleggfskisk av **Rena stamme**. 1. generasjons gruppen var avlet på 8 villfisk (5 hunner og 3 hanner), mens 2. generasjons anleggfskisk var avlet av 30–40 foreldre valgt tilfeldig fra ca. 400 1. generasjons anleggfskisk avlet av 39 villfisk (18 hunner og 21 hanner) av Rena stamme (disse var altså ikke avkom av den 1. generasjons settefisk som er analysert her) (Tab. 1). En settefiskgruppe var 1. generasjons anleggfskisk (som 0+) avlet av 13 foreldre (6 hunner og 7 hanner) fra Mogardsbekken og Sagvangbekken, to gytebekker til Savalen. Resultatene fra de tre gruppene av settefisk ble sammenliknet med tilsvarende analyser av 5 grupper villfisk. Dette var: 1.) En gruppe ørret som ble innsamlet i Rena elv med sportsfiskeredskap og prøver ble tatt av halefinnen i 2009. 2.) Det ble analysert et materiale av skjellprøver tatt av ørret som passerte fisketrappa i Løpet sommeren 1986. 3.) Det ble analysert et materiale av skjellprøver fra ørret tatt på prøvefiske i Savalen sommeren 1991, og det ble i 2008 tatt prøver av finner av småørret fra gytebekkene 4.) Mogardsbekken og 5.) Sagvangbekken som renner inn i nordenden av Savalen og hvor det har vært fanget stamfiske for settefiskeavl på Evenstad. I ettertid kan det sies at vi burde ha flere generasjoner settefisk, produsert av hver sin gruppe av ville foreldre. Dette kan gjøres over tid med 1-årig settefisk av Savalstamme, og 1-, 2- og 3-årig settefisk av Rena stamme.

DNA ble isolert fra fiskeprøvene ved hjelp av «Tissue and blood» DNA isoleringskit (Qiagen) eller ved bruk av magnetiske kuler i en automatiseringsrobot ved bruk av «MagAttract DNA Blood M96 kit» (Qiagen). Det isolerte DNA ble deretter benyttet til mikrosatellitt-basert genotyping. Åtte mikrosatellittmarkører (SSa197, SSaD85, SSaD71, SSaD170, SSaD190, Brun13, STR73INRA og SSa85) ble PCR-amplifisert i to separate multipleks PCR reaksjoner. 15–50 ng genomisk DNA ble benyttet som templat i PCR reaksjonene. Etter PCR amplifiseringen ble PCR produktene separert ved kappilærelektroforese og størrelsene på PCR produktene ble analysert og evaluert ved bruk av programmet Genemapper 4.0 (Applied Biosystems). Resultatene ble deretter konvertert til FSTAT

og GENEPOP kompatible filformater. Vi sjekket 8 loci ved å bruke 8 markører, og DNA-analyser med bruk av mikrosatellitter ble gjennomført for 30–42 individer av hver gruppe som ble undersøkt. Ved hjelp av programmene GENPOP (<http://genepop.curtin.edu.au/index.html>) og FSTAT (<http://www2.unil.ch/popgen/softwares/fstat.htm>) ble allelfrekvenser, forventet (H_{exp}) og observert heteozygositet (H_{obs}) beregnet og testet for forskjeller mellom gruppene av ørret. Samme programmer ble brukt for å beregne genetisk avstand (F_{ST}), parvis mellom gruppene, og innavlskoeffisienten (F_{IS}) innen hver gruppe (Robertson & Hill, 1984). Effektiv populasjonsstørrelse ble beregnet ved hjelp av programmet NeEstimator (http://www.dpi.qld.gov.au/28_6908.htm), basert på koblings ulikevekter mellom loci (*the Linkage Disequilibrium method*) (Bartley, Bagley, Gall, & Bentley, 1992).

Tabell 1. Antall ørret som ble analysert fordelt seg slik:

| Lokalitet/populasjon | Forkortet | Antall |
|---|-----------|--------|
| Rena settefisk (1+ i 2009) avlet av villfisk | Rena 1.S | 33 |
| Rena settefisk (1+ i 2009) avlet av oppdrettet stamfisk | Rena 2.S | 34 |
| Rena villfisk (flere aldersgrupper i 2009) | Rena V09 | 34 |
| Rena villfisk, Løpet (flere aldersgrupper i 1986) | Løpet V86 | 34 |
| Savalen settefisk (0+ i 2009) | Saval 1.S | 30 |
| Savalen villfisk fra Mogardsbekken 2008 (flere aldersgrupper) | Mogard | 37 |
| Savalen villfisk fra Sagvangbekken 2008 (flere aldersgrupper) | Sagvang | 42 |
| Savalen villfisk (flere aldersgrupper, skjellprøver fra 1991) | Saval V91 | 33 |
| Sum | | 277 |

RESULTATER OG DISKUSJON

Allelantall

Det ble funnet fra 37 til 64 alleler i alt på de 8 undersøkte loci i hver av de 8 gruppene av ørret, og det var 3 til 16 alleler pr. locus (Tab. 2). Det ble funnet 37 til 49 alleler i gruppene av settefisk og 53 til 64 alleler i gruppene av villfisk. Gjennomsnittlig antall alleler pr. locus i hver gruppe var 4,63 til 8,00, og var signifikant lavere i gruppene av settefisk (5,25, S.D. = 0,64) enn i gruppene av villfisk (7,33, S.D. = 0,48) ($t = 2,92$, d.f. = 62, $P < 0,001$).

Tabell 2. Antall observerte alleler, observert (H_{obs}) og forventet (H_{exp}) heterozygositet og test for avvik fra Hardy Weinberg likevekt (mellom H_{exp} og H_{obs}) for de 8 mikrosatelittene som ble brukt. Settefiskgruppene er markert med fet type på de tre nederste linjene.

| | Grupper av ørret | | | | | | | |
|-------------------|------------------|-------------|----------|-----------|-------------|--------|---------|----------|
| <u>Locus</u> | Rena 1.S | Rena 2.S | Rena V09 | Løpet V86 | Saval 1.S | Mogard | Sågvang | Saval 91 |
| <u>Ssa 197</u> | | | | | | | | |
| Antall alleler | 4 | 5 | 7 | 6 | 4 | 5 | 7 | 7 |
| H.-W. test | i.s. | i.s. | i.s. | i.s. | i.s. | ** | * | i.s. |
| H_{exp} | 0.503 | 0.736 | 0.704 | 0.707 | 0.714 | 0.742 | 0.795 | 0.801 |
| H_{obs} | 0.455 | 0.824 | 0.706 | 0.676 | 0.621 | 0.622 | 0.738 | 0.697 |
| N | 33 | 34 | 34 | 34 | 29 | 37 | 42 | 33 |
| <u>SSaD170</u> | | | | | | | | |
| Antall alleler | 9 | 10 | 16 | 12 | 7 | 10 | 10 | 13 |
| H.-W. test | *** | * | i.s. | i.s. | i.s. | i.s. | i.s. | i.s. |
| H_{exp} | 0.824 | 0.880 | 0.921 | 0.801 | 0.749 | 0.835 | 0.777 | 0.834 |
| H_{obs} | 1.000 | 0.853 | 0.941 | 0.667 | 0.724 | 0.811 | 0.833 | 0.788 |
| N | 33 | 34 | 34 | 33 | 29 | 37 | 42 | 33 |
| <u>SSaD190</u> | | | | | | | | |
| Antall alleler | 4 | 5 | 5 | 6 | 5 | 7 | 6 | 7 |
| H.-W. test | i.s. | i.s. | i.s. | i.s. | i.s. | i.s. | i.s. | i.s. |
| H_{exp} | 0.634 | 0.610 | 0.483 | 0.744 | 0.623 | 0.724 | 0.801 | 0.814 |
| H_{obs} | 0.636 | 0.676 | 0.559 | 0.706 | 0.667 | 0.622 | 0.833 | 0.879 |
| N | 33 | 34 | 34 | 34 | 30 | 37 | 42 | 33 |
| <u>SSaD71</u> | | | | | | | | |
| Antall alleler | 4 | 4 | 6 | 8 | 5 | 8 | 8 | 8 |
| H.-W. test | i.s. | i.s. | i.s. | i.s. | * | i.s. | i.s. | * |
| H_{exp} | 0.568 | 0.585 | 0.613 | 0.792 | 0.699 | 0.795 | 0.763 | 0.781 |
| H_{obs} | 0.515 | 0.500 | 0.576 | 0.647 | 0.600 | 0.730 | 0.762 | 0.636 |
| N | 33 | 34 | 33 | 34 | 30 | 37 | 42 | 33 |
| <u>SSaD85</u> | | | | | | | | |
| Antall alleler | 5 | 10 | 9 | 10 | 5 | 6 | 9 | 9 |
| H.-W. test | ** | i.s. | i.s. | i.s. | i.s. | i.s. | i.s. | i.s. |
| H_{exp} | 0.752 | 0.828 | 0.844 | 0.861 | 0.651 | 0.709 | 0.769 | 0.809 |
| H_{obs} | 0.848 | 0.794 | 0.818 | 0.853 | 0.667 | 0.622 | 0.810 | 0.758 |
| N | 33 | 34 | 33 | 34 | 30 | 37 | 42 | 33 |
| <u>Brun13</u> | | | | | | | | |
| Antall alleler | 5 | 8 | 9 | 11 | 8 | 10 | 8 | 12 |
| H.-W. test | * | * | i.s. | *** | i.s. | i.s. | i.s. | i.s. |
| H_{exp} | 0.755 | 0.787 | 0.769 | 0.845 | 0.827 | 0.838 | 0.796 | 0.814 |
| H_{obs} | 0.727 | 0.824 | 0.618 | 0.676 | 0.933 | 0.811 | 0.786 | 0.788 |
| N | 33 | 34 | 34 | 34 | 30 | 37 | 42 | 33 |
| <u>SSa85</u> | | | | | | | | |
| Antall alleler | 3 | 4 | 4 | 4 | 3 | 4 | 5 | 5 |
| H.-W. test | i.s. | i.s. | i.s. | i.s. | i.s. | i.s. | * | i.s. |
| H_{exp} | 0.533 | 0.676 | 0.500 | 0.736 | 0.614 | 0.683 | 0.705 | 0.721 |
| H_{obs} | 0.667 | 0.651 | 0.612 | 0.676 | 0.786 | 0.784 | 0.690 | 0.758 |
| N | 33 | 34 | 34 | 34 | 28 | 37 | 42 | 33 |
| <u>STR73I</u> | | | | | | | | |
| Antall alleler | 3 | 3 | 3 | 4 | 3 | 3 | 3 | 3 |
| H.-W. test | * | i.s. | i.s. | i.s. | i.s. | i.s. | i.s. | * |
| H_{exp} | 0.584 | 0.623 | 0.663 | 0.606 | 0.581 | 0.659 | 0.630 | 0.610 |
| H_{obs} | 0.788 | 0.676 | 0.765 | 0.588 | 0.700 | 0.622 | 0.595 | 0.394 |
| n | 33 | 34 | 34 | 34 | 30 | 37 | 42 | 33 |
| Antall alleler | 37 | 49 | 59 | 61 | 40 | 53 | 56 | 64 |
| Alleler pr. locus | 4.63 | 6.13 | 7.38 | 7.63 | 5.00 | 6.63 | 7.00 | 8.00 |
| S.D. | 1.80 | 2.62 | 3.84 | 2.91 | 1.66 | 2.45 | 2.12 | 3.12 |

Allelfrekvensene var signifikant forskjellige mellom alle undersøkte grupper på de fleste loci. Fullstendig oversikt over allelfrekvenser ved de ulike loci er gitt i vedlegg 1. Av de allelene som fantes i begge villfisk-gruppene fra Rena, var det hele 18 som ikke ble påvist i 1. generasjons Rena settefisk (med 8 villfisk som foreldre) og 9 alleler som ikke ble påvist i 2. generasjons settefisk (med 39 villfisk som besteforeldre). Vi fant også at 6 av ørretgruppene til sammen hadde 12 «private alleler», det vil si alleler som bare ble funnet i en av gruppene. Ørret fra Løpet 1986 skiller seg ut med hele 5 private alleler, mens Rena 09 og Savalen settefisk hadde 2 private alleler hver. Det store innslaget av private alleler i gruppen fra Løpet 1986 kan skyldes vandrende fisk, da det er påvist utveksling med ørret fra tilløp til Osensjøen og fra Storsjøen og Glomma (Qvenild, 2008).

Genotyper og heterozygositet

Genotypefrekvensen var signifikant forskjellig for alle parvise sammenlikninger, men forskjellen var ikke signifikant på alle loci. Unntakene er gitt i vedlegg 2, og viser at forskjellen mellom ørret fra Savalen 1991 og Sagvangbekken var ikke-signifikant på hele 7 loci. Forskjellen mellom 2. generasjon Rena settefisk og Rena villfisk 09 og mellom 1. generasjon og 2. generasjon Rena settefisk var ikke-signifikant på 3 loci.

Heterozygositeten (andel heterozygoter, dvs. individer med ulike alleler på et locus) var i overensstemmelse med Hardy Weinberg (HW) likevekt i 51 av 64 tilfeller (antall tilfeller = antall undersøkte loci x antall ørret grupper), og observert heterozygositet (H_{obs}) var lavere enn forventet (H_{exp}) i 9 av 13 tilfeller. Den undersøkte 1. generasjon settefisk av Rena stamme (avlet av bare 5 hunnfisk og 3 hannfisk) hadde uoverensstemmelse med HW ved hele 4 loci. I de andre gruppene var observert heterozygoti signifikant forskjellig fra forventet ved 1–2 loci, unntatt hos villfisk som var fanget i Rena i 2009, der det ikke var signifikant avvik fra Hardy Weinberg på noe locus. Heterozygositeten ($H_{exp} = 0.483–0.921$), og antall alleler i det samlede materialet var på samme nivå som undersøkelser

av vill brunørret har vist andre steder i Norge og i Danmark (Hansen, Nielsen, Ruzzante, Bouza, & Mensberg, 2000; Jensen, Hansen, Carlsson, Loeschcke, & Mensberg, 2005; Sønstebø, Borgstrøm, & Heun, 2007).

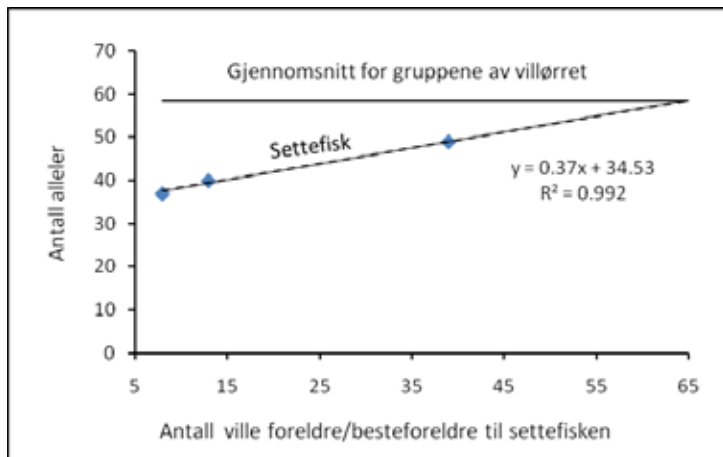
Forventet heterozygositet (H_{exp}) var i gjennomsnitt 0.681 (S.D. = 0.029) for settefiskgruppene, og det var **signifikant lavere** enn gjennomsnittet 0.745 (S.D. = 0.030) for villfiskgruppene ($t = 2.561$, d.f. = 6, $P = 0.043$). Gjennomsnittene for **observert** heterozygositet (H_{obs}) var henholdsvis 0.714 (S.D. = 0.008) og 0.711 (S.D. = 0.024) for settefisk og villfisk, og forskjellen var **ikke signifikant**.

Parvis genetisk distanse (F_{ST}) var klart mindre mellom de to gruppene av villfisk fra Rena (0.067) og mellom de tre gruppene av villfisk fra Savalen (0.004–0.013) enn mellom for eksempel villfisk fra Rena 09 og fra Mogardsbekken og Sagvangbekken; henholdsvis 0.144 og 0.143 (Tab. 3). Det var også relativt stor avstand mellom de to gruppene av settefisk fra Rena (0.058), og det var større forskjell mellom ørret fra Rena 86 (Løpet) og de to Rena settefiskgruppene (0,070–0,105) enn mellom ørret fra Rena 09 og settefiskgruppene (0,022–0,032). Ørreten fra fisketrappa i Løpet kan derfor være mindre representativ for Rena ørret enn gruppen villfisk fra Rena 2009, som viste større likhet med settefiskgruppene. Det var større forskjell mellom Saval settefisk og villfisk fra Savalen (0.052–0.069) enn det var mellom villfiskgruppene Savalen, Mogardsbekken og Sagvangbekken (0.004–0.023).

Innavlskoeffisienten (F_{IS} , Tab. 3) er lav for begge settefiskstammene fra Rena (–0.096 – –0.045), og indikerer at om det ble brukt få foreldre her, så har de i det minste ikke vært spesielt nærbeslektede. Situasjonen var annerledes for settefisken fra Savalen med $F_{IS} = 0.100$ som tyder på mer innavl. Disse var avlet av 13 foreldre fra de to bekkene Mogardsbekken og Sagvangbekken som har felles innløp i Savalen. Figur 1 viser sammenheng mellom antall ville foreldre/besteforeldre og antall alleler på de 8 undersøkte loci i settefiskgruppene. Utifra figuren synes 60–65 ville foreldre tilstrekkelig for å opprettholde den genetiske variasjonen fra en generasjon til neste. Siden ørreten kjønnsmodnes ved 4 års alder, og mange er flergangsgytere, er den effektive gytebestanden over tid større enn det antallet som deltar hvert år. En effektiv gytebestand på 50 indi-

vider pr. år med flergangsgytere (det vil si overlappende gyting) som er 4 år og eldre, vil over tid bety en effektiv gytebestand på 200 individer (Nomura, 1999; Ryman, et al., 1999). Hvis det hvert år strykes 8 hunner og 8 hanner av vill ørret av en stamme, så kan det over en fire års periode avles opp fire årsklasser settefisk som til sammen vil bære bortimot alle alleler som finnes i villfisk bestanden.

Beregning av effektiv gytebestand viste for settefiskgruppene av 1. generasjons settefisk tall som ligger ganske nær det antall foreldre som ble brukt; 9,5–13,1, mens det for villfiskgruppene ble funnet 45,0–191,7 (Tab. 4). Metoden forutsetter en isolert populasjon, noe som ikke er tilfelle i en elv eller en bekk, ettersom det kan være overlappende gytebestander, og vandringer mellom ulike deler av elva eller bekken. N_e gjenspeiler derfor ikke bare bestandsstørrelsen men like mye grad av blanding av bestander. Det lave tallet for Rena 1986, tatt i Løpet kan tyde på at prøvene ble tatt av en liten lokal gytebestand, og ikke av en bestand iblandet langt vandrende ørret.



Figur 1. Antall alleler funnet på 8 loci i gruppene av settefisk plottet mot antall ville foreldre/besteforeldre som ble brukt i stryking og befruktning i hver gruppe. Horisontal linje viser gjennomsnittlig antall alleler funnet i gruppene av villfisk.

Tabell 3. Parvis genetisk distanse (F_{ST}) beregnet for de 8 undersøkte gruppene av ørret under diagonalen. Uthevet type for verdier mellom settefisk og de villfisk gruppene vi venter minst avstand til. F_{IS} = Fisher's innavlskoeffisient.

| Gruppe | Rena 1.S | Rena 2.S | Rena V09 | Løpet V86 | Saval 1.S | Mogard | Sagvang | Saval V91 |
|-----------------------|--------------|--------------|----------|-----------|--------------|--------------|--------------|-----------|
| Rena 2.S | 0.058 | 0 | | | | | | |
| Rena V09 | 0.032 | 0.022 | 0 | | | | | |
| Løpet V86 | 0.105 | 0.070 | 0.067 | 0 | | | | |
| Saval 1.S | 0.261 | 0.144 | 0.209 | 0.142 | 0 | | | |
| Mogard | 0.183 | 0.142 | 0.144 | 0.080 | 0.052 | 0 | | |
| Sagvang | 0.183 | 0.146 | 0.143 | 0.082 | 0.063 | 0.013 | 0 | |
| Saval V91 | 0.179 | 0.144 | 0.135 | 0.063 | 0.069 | 0.023 | 0.004 | 0 |
| F_{IS} | -0.096 | -0.045 | -0.022 | 0.023 | 0.100 | 0.080 | -0.002 | 0.061 |

Tabell 4. Effektiv populasjonsstørrelse (N_e) beregnet for de undersøkte gruppene av ørret ved hjelp av «bindings ulikevekt metoden».

| | | N_e | 95 % C.L. |
|-----------------------------------|------|-------|-----------------|
| Settefisk – 1. generasjon Rena | 2009 | 9.5 | 7.7 – 11.9 |
| Settefisk – 2. generasjon Rena | 2009 | 25.0 | 19.3 – 33.8 |
| Settefisk – 1. generasjon Savalen | 2009 | 13.1 | 10.3 – 17.0 |
| Rena villfisk, Løpet | 1986 | 61.4 | 63.7 – 107.3 |
| Rena villfisk | 2009 | 121.3 | 63.6 – 654.0 |
| Mogardsbekken | 2008 | 121.3 | 63.6 – 654.0 |
| Sagvangbekken | 2008 | 45.0 | 33.7 – 64.3 |
| Savalen | 1991 | 191.7 | 83.8 – infinite |

Ved vurdering av mulig genetisk påvirkning fra utsetninger på villfisk stammen, er forholdet (antall settefisk)/(antall villfisk) viktig. Årlig fangst av ørret er tidligere beregnet til 316 ørret pr. km elv i Rena og Glomma i Åmot kommune (Linløkken, 1995). Ved å bruke dette som gjennomsnitt og multiplisere med 31 km elv i Rena, så blir fangstene 9.000–10.000 ørret pr. år. Det hefter stor usikkerhet ved dette tallet som har framkommet ved spørreundersøkelse blant fiskere etter fiskesesongen, og det må brukes med forsiktighet. Hvis vi likevel antar at dette utgjør 20–30 % av ørret i fangbar størrelse, så vil en årlig utsetning på 10.000 2-årig ørret utgjøre en betydelig andel i forhold til antall fangbar ørret. Hvis utset-

tingspålegget endres til 3-årig ørret, i et antall opptil 4.000, så reduseres andelen settefisk, men effekten på bestanden er ikke lett å forutsi. Viktige spørsmål er:

1. Hvor mange settefisk vil oppnå kjønnsmoden alder og i hvor stor grad vil de delta i gytingen?
2. Hvordan oppfører stor settefisk seg i foldhold til mindre villfisk, for eksempel i konkurranse om territorier i rennende vann?

Dette bør følges opp med brukerundersøkelser blant fiskerne. Settefisk er fettfinneklippet, og andelen finneklippet ørret i fiskernes fangster kan fortelle om settefiskens overlevelse i elva. Hvis innslaget av settefisk i fiskernes fangster blir betydelig (for eksempel 20 % eller mer), så bør totalfangsten og fangst pr. innsats øke tilsvarende. Hvis ikke, betyr innslaget av settefisk at denne opptrer på bekostning av villfisken, og det er ikke ønskelig. Vincent (1987) fant at sportsfiskefangstene i Madison River i Montana, USA, økte etter at utsetting av ørret i fangbar størrelse ble stoppet, og han konkluderte med at fiskeutsettingene gjennom flere år hadde redusert bestanden av vill brun ørret og regnbueørret ved konkurranse.

KONKLUSJON

Tap av genetisk variasjon ved redusert allelantall og redusert forventet heterozygositet var tydelig i alle settefiskgruppene, og tapene var størst i gruppen som var basert på færrest foreldre (1. generasjon Rena settefisk). Det anbefales derfor å basere settefiskproduksjonen på flere foreldre enn for eksempel 5 + 3 individer, som i det nevnte tilfellet. En tommelfingerregel har vært 25 hunner + 25 hanner, som ikke er praktisk mulig for hvert år, spesielt ikke i Rena elv. Ettersom det skal brukes nye foreldre av villfisk hvert år, blir beregningen av effektiv gytebestand annerledes. Hvis det brukes 8 individer villfisk av hvert kjønn hvert år over en fire års periode, vil dette bli 64 ulike individer og de aller fleste allelene som finnes i villfisk bør da bli representert i løpet av fire årsklasser settefisk. Det er viktig å overvåke innslaget av merket fisk i fangstene, og å registrere fangst pr. innsats for sportsfiskerne for å måle effekten av utsettingene.

Vedlegg 1. Allelfrekvenser i de 8 undersøkte loci i de 8 undersøkte gruppene av ørret. Tall i parentes bak allelbetegnelsen angir antall ørreigruppene hvor allelet ble påvist. Uthevet type på null alleler i settefiskgrupper når allelet er påvist i villfiskgruppene.

| Locus | Allel | Rena 1.S | Rena 2.S | Rena V09 | Løpet V86 | Saval 1.S | Mogard | Sagvang | Saval V91 | |
|---------|--------|--------------|--------------|----------|-----------|--------------|--------|---------|-----------|-------|
| Sas197 | 130(6) | 0.061 | 0.132 | 0.074 | 0.059 | 0.000 | 0.000 | 0.060 | 0.015 | |
| | 134(8) | 0.682 | 0.191 | 0.500 | 0.412 | 0.172 | 0.378 | 0.262 | 0.288 | |
| | 138(7) | 0.167 | 0.397 | 0.132 | 0.338 | 0.000 | 0.054 | 0.107 | 0.091 | |
| | 142(8) | 0.091 | 0.250 | 0.162 | 0.074 | 0.310 | 0.162 | 0.060 | 0.152 | |
| | 146(2) | 0.000 | 0.000 | 0.015 | 0.015 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | |
| | 150(5) | 0.000 | 0.000 | 0.044 | 0.000 | 0.121 | 0.122 | 0.214 | 0.227 | |
| | 154(6) | 0.000 | 0.000 | 0.074 | 0.103 | 0.397 | 0.284 | 0.286 | 0.212 | |
| | 160(3) | 0.000 | 0.029 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.012 | 0.015 | |
| | SsaD17 | 136(7) | 0.000 | 0.029 | 0.103 | 0.136 | 0.086 | 0.189 | 0.333 | 0.227 |
| | | 148(5) | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.061 | 0.017 | 0.095 | 0.048 | 0.091 |
| 152(8) | | 0.091 | 0.147 | 0.074 | 0.409 | 0.138 | 0.311 | 0.310 | 0.318 | |
| 156(7) | | 0.061 | 0.000 | 0.029 | 0.015 | 0.086 | 0.027 | 0.012 | 0.045 | |
| 160(5) | | 0.000 | 0.000 | 0.059 | 0.045 | 0.000 | 0.027 | 0.119 | 0.045 | |
| 164(3) | | 0.000 | 0.000 | 0.015 | 0.045 | 0.000 | 0.000 | 0.012 | 0.000 | |
| 168((2) | | 0.000 | 0.000 | 0.015 | 0.000 | 0.000 | 0.014 | 0.000 | 0.000 | |
| 172(4) | | 0.121 | 0.118 | 0.059 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.015 | |
| 176(7) | | 0.061 | 0.221 | 0.088 | 0.076 | 0.241 | 0.095 | 0.000 | 0.045 | |
| 180(7) | | 0.106 | 0.103 | 0.074 | 0.076 | 0.000 | 0.095 | 0.036 | 0.030 | |
| 184(6) | | 0.000 | 0.000 | 0.029 | 0.015 | 0.414 | 0.122 | 0.060 | 0.076 | |
| 188(6) | | 0.364 | 0.088 | 0.103 | 0.000 | 0.017 | 0.000 | 0.012 | 0.015 | |
| 192(6) | | 0.076 | 0.000 | 0.044 | 0.061 | 0.000 | 0.027 | 0.060 | 0.061 | |
| 196(5) | | 0.091 | 0.118 | 0.103 | 0.030 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.015 | |
| 200(4) | | 0.000 | 0.029 | 0.176 | 0.030 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.015 | |
| 204(3) | | 0.030 | 0.118 | 0.015 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | |
| 208(2) | | 0.000 | 0.029 | 0.015 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | |

Vedlegg 1 forsetter

| Locus | Allel | Rena 1.S | Rena 2.S | Rena V09 | Løpet V86 | Saval 1.S | Mogard | Sagvang | Saval V91 |
|--------|--------|--------------|--------------|----------|-----------|--------------|--------|---------|-----------|
| SSaD19 | 116(7) | 0.106 | 0.044 | 0.000 | 0.059 | 0.517 | 0.446 | 0.298 | 0.258 |
| | 124(7) | 0.333 | 0.309 | 0.206 | 0.412 | 0.033 | 0.014 | 0.000 | 0.015 |
| | 128(7) | 0.500 | 0.544 | 0.691 | 0.235 | 0.000 | 0.095 | 0.167 | 0.167 |
| | 132(4) | 0.000 | 0.000 | 0.044 | 0.000 | 0.000 | 0.014 | 0.071 | 0.076 |
| | 136(6) | 0.000 | 0.059 | 0.000 | 0.074 | 0.333 | 0.243 | 0.179 | 0.061 |
| | 140(6) | 0.000 | 0.000 | 0.015 | 0.044 | 0.033 | 0.081 | 0.060 | 0.167 |
| | 144(8) | 0.061 | 0.044 | 0.044 | 0.176 | 0.083 | 0.108 | 0.226 | 0.258 |
| | | | | | | | | | |
| SSaD71 | 186(7) | 0.394 | 0.412 | 0.394 | 0.324 | 0.000 | 0.081 | 0.024 | 0.091 |
| | 190(8) | 0.015 | 0.044 | 0.076 | 0.162 | 0.250 | 0.189 | 0.226 | 0.364 |
| | 194(7) | 0.000 | 0.044 | 0.015 | 0.191 | 0.450 | 0.365 | 0.357 | 0.227 |
| | 198(8) | 0.530 | 0.500 | 0.485 | 0.221 | 0.200 | 0.162 | 0.238 | 0.182 |
| | 202(4) | 0.000 | 0.000 | 0.015 | 0.044 | 0.000 | 0.000 | 0.012 | 0.030 |
| | 206(1) | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.029 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 |
| | 210(2) | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.014 | 0.000 | 0.015 |
| | 214(1) | 0.000 | 0.000 | 0.015 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 |
| | 222(1) | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.083 | 0.000 | 0.000 | 0.000 |
| | 226(1) | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.015 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 |
| | 230(3) | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.095 | 0.095 | 0.061 |
| | 234(2) | 0.061 | 0.000 | 0.000 | 0.015 | 0.017 | 0.041 | 0.024 | 0.030 |
| 238(2) | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.054 | 0.024 | 0.000 | |

Vedlegg 1 fortsetter

| Locus | Allel | Rena 1.S | Rena 2.S | Rena V09 | Løpet V86 | Saval 1.S | Mogard | Sagvang | Saval V91 |
|--------|--------|--------------|--------------|----------|-----------|--------------|--------|---------|-----------|
| SSaD85 | 162(1) | 0.030 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 |
| | 166(7) | 0.318 | 0.074 | 0.167 | 0.088 | 0.000 | 0.041 | 0.036 | 0.076 |
| | 170(7) | 0.000 | 0.103 | 0.030 | 0.088 | 0.083 | 0.459 | 0.333 | 0.212 |
| | 174(2) | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.014 | 0.036 | 0.000 |
| | 178(3) | 0.000 | 0.044 | 0.000 | 0.015 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.061 |
| | 182(7) | 0.318 | 0.103 | 0.167 | 0.176 | 0.017 | 0.000 | 0.012 | 0.015 |
| | 186(6) | 0.182 | 0.235 | 0.182 | 0.147 | 0.000 | 0.000 | 0.012 | 0.015 |
| | 190(5) | 0.000 | 0.000 | 0.015 | 0.118 | 0.000 | 0.000 | 0.024 | 0.061 |
| | 194(7) | 0.000 | 0.029 | 0.197 | 0.250 | 0.167 | 0.095 | 0.095 | 0.121 |
| | 198(7) | 0.000 | 0.029 | 0.030 | 0.029 | 0.200 | 0.230 | 0.310 | 0.348 |
| | 202(7) | 0.000 | 0.309 | 0.197 | 0.074 | 0.533 | 0.162 | 0.143 | 0.091 |
| | 206(1) | 0.000 | 0.000 | 0.015 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 |
| | 210(1) | 0.000 | 0.029 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 |
| | 214(3) | 0.152 | 0.044 | 0.000 | 0.015 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 |
| Brun13 | 169(3) | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.050 | 0.135 | 0.000 | 0.030 |
| | 173(1) | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.041 | 0.000 | 0.000 |
| | 175(2) | 0.000 | 0.029 | 0.015 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 |
| | 177(5) | 0.030 | 0.074 | 0.059 | 0.103 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.015 |
| | 179(8) | 0.364 | 0.368 | 0.338 | 0.309 | 0.167 | 0.284 | 0.226 | 0.121 |
| | 181(8) | 0.227 | 0.147 | 0.088 | 0.103 | 0.050 | 0.108 | 0.083 | 0.152 |
| | 183(2) | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.014 | 0.024 | 0.000 |
| | 187(1) | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.015 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 |
| | 189(6) | 0.182 | 0.044 | 0.088 | 0.044 | 0.000 | 0.000 | 0.083 | 0.015 |
| | 191(3) | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.050 | 0.014 | 0.000 | 0.045 |

Vedlegg 1 fortsetter

| Locus | Allel | Rena 1.S | Rena 2.S | Rena V09 | Løpet V86 | Saval 1.S | Mogard | Sagvang | Saval V91 |
|--------------------|--------|--------------|--------------|----------|-----------|--------------|--------|---------|-----------|
| Brun13 fortsatt | 193(6) | 0.000 | 0.000 | 0.015 | 0.088 | 0.267 | 0.189 | 0.357 | 0.379 |
| | 195(2) | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.029 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.015 |
| | 197(1) | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.015 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 |
| | 199(4) | 0.000 | 0.103 | 0.059 | 0.162 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.030 |
| | 201(7) | 0.197 | 0.221 | 0.324 | 0.118 | 0.000 | 0.054 | 0.060 | 0.061 |
| | 203(5) | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.015 | 0.183 | 0.149 | 0.119 | 0.076 |
| | 205(2) | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.014 | 0.000 | 0.061 |
| | 233(4) | 0.000 | 0.015 | 0.015 | 0.000 | 0.217 | 0.000 | 0.048 | 0.000 |
| | 235(1) | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.017 | 0.000 | 0.000 | 0.000 |
| SSa85 | 108(6) | 0.636 | 0.485 | 0.515 | 0.265 | 0.000 | 0.000 | 0.083 | 0.045 |
| | 114(7) | 0.000 | 0.088 | 0.015 | 0.118 | 0.518 | 0.297 | 0.357 | 0.273 |
| | 116(8) | 0.227 | 0.324 | 0.338 | 0.309 | 0.161 | 0.338 | 0.095 | 0.136 |
| | 118(8) | 0.136 | 0.103 | 0.132 | 0.309 | 0.321 | 0.351 | 0.393 | 0.424 |
| | 120(5) | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.014 | 0.071 | 0.121 |
| STR731 | 139(8) | 0.303 | 0.441 | 0.338 | 0.221 | 0.100 | 0.230 | 0.167 | 0.152 |
| | 141(1) | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.059 | 0.000 | 0.000 | 0.000 | 0.000 |
| | 143(8) | 0.561 | 0.421 | 0.412 | 0.147 | 0.367 | 0.405 | 0.452 | 0.333 |
| | 145(8) | 0.136 | 0.147 | 0.250 | 0.574 | 0.533 | 0.365 | 0.381 | 0.515 |

Vedlegg 2. Loci hvor genotypefrekvensen ikke var signifikant forskjellig ($P > 0.05$) mellom par av de undersøkte gruppene (legg merke til den store likheten mellom ørret fra Sagvangebekken og fra Savalen 1991).

| | Rena 1.S | Rena 2.S | Rena V09 | Løpet V86 | Saval 1.S | Mogard | Sagvang |
|-----------|--------------------------------|---------------------------|-----------|-----------|----------------------|------------------|---|
| Rena 2.S | SSaD190 SSaD71 STR73INRA | | | | | | |
| Rena V09 | SSaD71 SSa85 | SSaD71 Brun13 SSa85 | | | | | |
| Løpet V86 | | | SSaD85 | | | | |
| Saval 1.S | | | | | | | |
| Mogard | | | STR73INRA | SSaD170 | SSaD190 STR73INRA | SSaD71 SSaD85 | |
| Sagvang | | | | | | | |
| Saval V91 | | | | SSaD170 | STR73INRA | | SSa197 SSaD71 SSaD85 SSaD71 SSaD190 STR73INRA SSa85 |

REFERANSER

- Araki, H., Cooper, B., & Blouin, M. S. (2007). Genetic effects of captive breeding cause a rapid, cumulative fitness decline in the wild. *Science*, 318(5847), 100–103.
- Bartley, D., Bagley, M., Gall, G., & Bentley, B. (1992). Use of linkage disequilibrium data to estimate effective size of hatchery and natural fish populations. *Conservation Biology*, 6(3), 365–375.
- Frankel, O. H., & Soulé, M. E. (Eds.). (1981). *Conservation and Evolution*. Cambridge: Cambridge University Press.
- Fraser, D. (2008). How well can captive breeding programs conserve biodiversity? A review of salmonids. *Evolutionary Applications*, 1(4), 535–586.
- Hansen, M. M., Nielsen, E. E., Ruzzante, D. E., Bouza, C., & Mensberg, K. L. D. (2000). Genetic monitoring of supportive breeding in brown trout (*Salmo trutta* L.), using microsatellite DNA markers. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 57(10), 2130–2139.
- Jensen, L. F., Hansen, M. M., Carlsson, J., Loeschcke, V., & Mensberg, K. L. D. (2005). Spatial and temporal genetic differentiation and effective population size of brown trout (*Salmo trutta*, L.) in small Danish rivers. [Article]. *Conservation Genetics*, 6(4), 615–621.
- Latter, B. D. H., & Mulley, J. C. (1995). Genetic adaptation to captivity and inbreeding depression in small laboratory populations of *Drosophila melanogaster*. *Genetics*, 139(1), 255–266.
- Linløkken, A. (1995). Angling pressure, yield and catch per effort of grayling, *Thymallus thymallus* (L.), and brown trout, *Salmo trutta* L., on the rivers Glomma and Rena, southeastern Norway. *Fisheries Management and Ecology*, 2, 249–262.

- Naish, K. A., Taylor, J. E., Levin, P. S., Quinn, T. P., Winton, J. R., Huppert, D., et al. (2008). An evaluation of the effects of conservation and fishery enhancement hatcheries on wild populations of salmon. *Advances in Marine Biology*, 53, 61–194.
- Nomura, T. (1999). Effective Population Size in Supportive Breeding. *Conservation Biology*, 13(3), 670–672.
- Qvenild, T. (2008). *Fisken i Glommavassdraget*. Hamar: Fylkesmannen i Hedmark.
- Reed, D. H., & Frankham, R. (2003). Correlation between fitness and genetic diversity. *Conservation Biology*, 17(1), 230–237.
- Robertson, A., & Hill, W. G. (1984). Deviations from Hardy-Weinberg proportions: Sampling variances and use in estimation of inbreeding coefficients. *Genetics*, 107(4), 703–718.
- Ryman, N., Jorde, P. E., & Laikre, L. (1999). Supportive Breeding and Inbreeding Effective Number: Reply to Nomura. *Conservation Biology*, 13(3), 673–676.
- Sønstebø, J. H., Borgstrøm, R., & Heun, M. (2007). Genetic structure of brown trout (*Salmo trutta* L.) from the Hardangervidda mountain plateau (Norway) analyzed by microsatellite DNA: a basis for conservation guidelines. *Conservation Genetics*, 8(1), 33–44.
- Vincent, E. R. (1987). Effects of Stocking Catchable-Size Hatchery Rainbow Trout on Two Wild Trout Species in the Madison River and O'Dell Creek, Montana. *North American Journal Of Fisheries Management*, 7(1), 91–105.