



**Arne N. Linløkken\*, Ruben A. Pettersen\*\*,  
Else Berit Stenseth\*, Wenche Johansen\*,  
Kirsten Frydenlund\* og Robert C. Wilson\*.**

## **Genetiske forskjeller mellom villørret og settefisk i Vormå.**

\* Høgskolen i Innlandet, Fakultet for anvendt økologi, landbruk og bioteknologi

\*\* Norsk institutt for bioøkonomi, Divisjon for miljø og naturressurser

Skriftserien 3 - 2019

© Forfatter/ Høgskolen i Innlandet  
ISBN trykt versjon: 978-82-8380-101-9  
ISBN elektronisk versjon: 978-82-8380-102-6  
ISSN trykt/elektronisk versjon: 2535-5678

Forsidebilde: Svein Gabrielsen

<sup>1)</sup>Arne N. Linløkken, <sup>2)</sup>Ruben A. Pettersen, <sup>1)</sup>Else Berit Stenseth, <sup>1)</sup>Wenche Johansen, <sup>1)</sup>Kirsten Frydenlund og <sup>1)</sup>Robert C. Wilson.

## Genetiske forskjeller mellom villørret og settefisk i Vorma.

- <sup>1)</sup> Høgskolen i Innlandet, Fakultet for anvendt økologi, landbruk og bioteknologi
- <sup>2)</sup> Norsk institutt for bioøkonomi, Divisjon for miljø og naturresurser



Gytemoden villørret hunn fra Vorma.



## Sammendrag

Det ble samlet inn vevsprøver fra settefisk i Hunderfossen settefiskanlegg og fra settefisk (fettfinneklippet) gjenfanget i Vorma og fra villfisk fanget i Vorma. Det ble analysert på åtte mikrosatellitter i prøver fra til sammen 93 ørret. All settefisk var fra Hunderfossen, avlet av ville foreldre av Hunder/Lågen stammen. Generelt var den genetiske variasjonen høy med allelantall pr. locus (mikrosatellitt) varierende fra 5,75 til 9,50, og observert heterozygositet ( $H_o$ ) varierte fra 0,772 til 0,825, og observert heterozygositet var høyere enn forventet heterozygositet ( $H_E = 0,694-0,780$ ) i alle grupper.

Resultatene tydet på at det er en egen ørretstamme i Vorma, og som sannsynligvis gyter i området nedenfor Svanfossen. Alder og lengde blant villfisken som ble analysert, viste betydelig variasjon i vekst, og det kan være flere subpopulasjoner representert i materialet. Noen har rask «innsjøvekst» som er vanlig i Mjøsa, og som også gjenfanget settefisk viste, mens andre hadde et annet vekstmønster. Det var for eksempel en vill ørret på åtte år som var 325 mm og en som var åtte år og 645 mm lang. Blant fem år gamle og eldre settefisk, var alle  $\geq 400$  mm. De genetiske analysene viste at villfisken skilte seg noe fra gjenfanget settefisk, og hadde for eksempel hele 15 private alleler. Settefisken fra fiskeanlegget skilte seg fra de andre gruppene, og hadde lavest genetisk variasjon, noe som kunne forventes ettersom den var av bare en årsklasse, basert på et begrenset antall foreldre. De gjenfangede settefiskene representerte til sammen seks årsklasser, som til sammen gav en genetisk variasjon litt mindre enn det som ble funnet for villfisk gruppa som bestod av åtte årsklasser.

Beregnet effektiv populasjonsstørrelse var 12,5 til 495 fisk, og den var lavest blant settefisk fra fiskeanlegget. Det er naturlig ettersom fisken det ble tatt prøver av i anlegget var av samme alder/årsklasse, mens de andre gruppene bestod av seks til åtte aldersgrupper/årsklasser. Effektiv populasjonsstørrelse var størst i gruppen gjenfanget settefisk.

**Emneord: Ørretbestander, mikrosatellitter, villfisk, settefisk, Hunderfossen settefiskanlegg, Vorma, Mjøsa.**

## Abstract

Tissue samples were collected from brown trout in the Hunderfossen hatchery and from stocked fish (finclipped) recaptured in the River Vormå and from wild fish caught in the River Vormå. It was analyzed on eight micro-satellites in samples from a total of 93 trout. All hatchery/stocked fish were from Hunderfossen, bred by wild parents of the Hunder/Lågen strain. Generally, the genetic variation was high with allele numbers per. the locus (microsatellite) ranging from 5.75 to 9.50, and observed heterozygosity ( $H_O$ ) ranged from 0.772 to 0.825, and observed heterozygosity was higher than the expected heterozygosity ( $H_E = 0.694-0.780$ ) in all groups.

The results indicated that there is a separate trout population spawning in the River Vormå, and which probably spawns in the area below the dam of Svanfossen. The age and length of the analyzed fish showed considerable variation in growth, and there may be several subpopulations represented in the material. Some have rapid "lake growth" which is common in the Lake Mjøsa, like the recaptured hatchery fish showed, while others had slower. For example, it was a wild trout of eight years measuring 325 mm, whereas one specimen was eight years old and 645 mm long. Among five-year-old and older hatchery fish, all were  $\geq 400$  mm. The genetic analyzes showed that the wild fish differed somewhat from the recaptured hatchery, and had, for example, a total of 15 private alleles. The brown trout that were sampled in the hatchery differed from the other groups, and had the lowest genetic variation, which could be expected as comprised only one year-class, and were bred from a limited number of parents. The recaptured hatchery fish represented a total of six year classes, which together gave a genetic variation slightly less than that found for the wild fish group that consisted of eight year classes.

Estimated effective population size was 12.5 to 495 fish, and it was lowest for the sample from the hatchery. This was expected since the fish were of only one year class, while the other groups consisted of six to eight age groups/year classes. Effective population size was highest in the recaptured hatchery group.

**Keywords:** Brown trout stocks, microsatellites, indigenous and stocked fish, Hunderfossen hatchery, River Vormå, Lake Mjøsa.

## Forord

Denne undersøkelsen ble gjennomført i 2017 – 2018 av ansatte ved Høgskolen i Innlandet, Fakultet for anvendt økologi, landbruk og bioteknologi. Økonomisk støtte ble gitt av Vassdragsforbundet for Mjøsa ved Odd Henning Stuen, og hensikten var å finne ut mer om gyteørreten i Vormå. Ruben A. Pettersen, da ansatt hos Fylkesmannen i Akershus, skaffet vevsprøver av ørret fra Vormå, og har bidratt faglig underveis. Takk til Frank Hansen ved Hunderfossen settefiskanlegg for en positiv holdning til arbeidet og for hjelp ved prøvetaking av settefisk i anlegget.

Førsteamanuensis  
Arne N. Linløkken  
Høgskolen i Innlandet

## Innhold

Sammendrag .....	1
Abstract .....	2
Forord .....	3
Innhold .....	4
Innledning.....	5
Metoder.....	6
Resultater og diskusjon .....	9
Konklusjon.....	6
Litteratur: .....	7
Vedlegg 1.....	8
Vedlegg 2.....	10

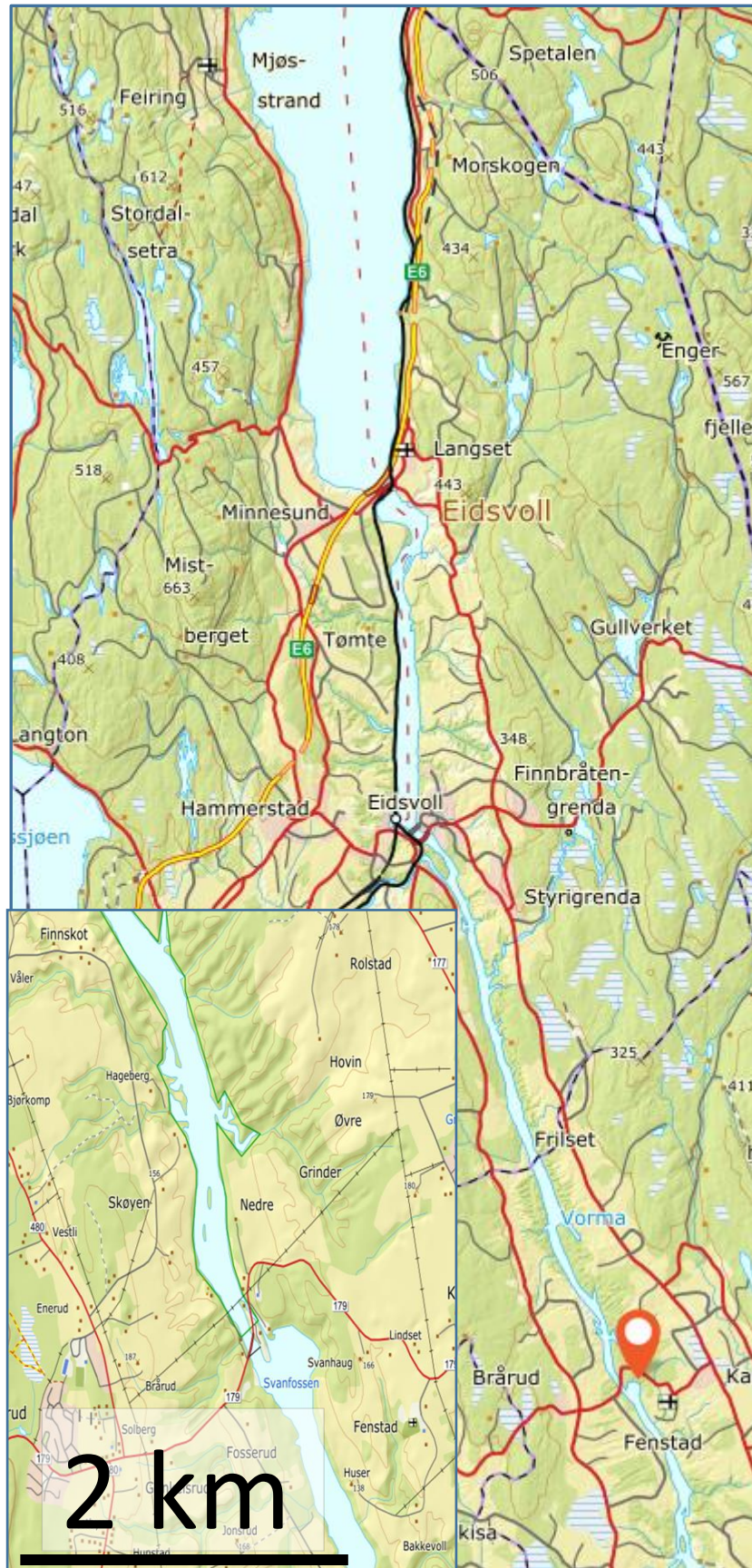
## Innledning

Den storvokste ørreten i Mjøsa er velkjent, og den mest storvokste stammen er kjent for å gyte i den største tilløpselva Lågen. I tillegg er det mange gytebestander i de mindre tilløpsvassdragene, og det har vært gjort genetiske analyser på flere bestander (Wollebæk, Røed and Heggenes, 2011; Linløkken, Johansen and Wilson, 2014). Huitfeldt-Kaas (1917) har beskrevet et godt fiske av storvokst ørret i Vorma før dammen ved Svanfossen (1910 og 1963) ble bygget. Etter siste utbygging har det blitt meldt om et dårligere fiske, og på bakgrunn av dette ble en stor undersøkelse foretatt av Fylkesmannen i Oppland der 189 ørret ble fanget inn fra 1981-1995 (Aass, 1996). I rapporten ble det konstatert at det var en egen ørretbestand som gyter og har hele sitt liv i rennende vann. Det var basert på skjellprøveanalyser og observasjoner. Gytefisk som ble tatt ved Svanfossen viste at de hadde et helt annet vekstforløp enn Hunderfossørreten (Aass, 1996). Et merkeforsøk med settefisk fra Hunderfossen, et settefiskanlegg som henter det genetiske materialet fra Lågen, viste at 10% av fangstene ved Svanfossen var fra dette anlegget (Taugbøl and Aass, 1992). Fangstene som ble rapportert var 0,3-7,1 kg med et gjennomsnitt på 2,4 kg. Utløpsvassdraget Vorma har ikke vært like mye i fokus som Lågen og Hunderfossen, men det fiskes stor ørret der. Disse kan ha sitt opphav fra gytebestander oppstrøms, men det er også observert gyting i Vorma, og det kan være andre gytebestander i tilløpsvassdrag til Vorma som bidrar til ørretbestanden i elva. Den eneste måten å finne ut dette på er å bruke genetiske markører. Det ble gjort et forsøk på å samle inn prøver til genetikk i 2005 og 2006, men den gangen klarte de ikke å få nok materiale (Gregersen and Johnsen, 2007). Et nytt forsøk ble gjort i perioden 2013 til 2017, da fikk en et tilstrekkelig materiale. Det er bakgrunnen for at det i 2017 ble bestemt å gjøre genetiske analyser på et materiale av fisk fanget i Vorma, hvorav noen var fettfinneklippet, det vil si det er utsatt fisk som stammer fra Hunderfossen settefiskanlegg. Dette materialet ble sammenliknet med analyser av et materiale av settefisk innsamlet i settefiskanlegget ved Hunderfossen. Materialet ble så sammenliknet med resultatene fra mikrosatellitt analyser av prøver fra ørret i 2006 og 2008 fra ni tilløpsvassdrag til Mjøsa, som har blitt analysert i et annet prosjekt (Linløkken, Johansen et al., 2014). Målet med prosjektet er å få kunnskap om ørreten som gyter ved Svanfossen er en egen genetisk stamme (en evolusjonær enhet), eller bare Mjøsørret/Lågenørret som tilfeldig eller sporadisk bruker Vorma som gyteområde. Denne kunnskapen er viktig for å ta vare på sårbare ørretstammer som er prioriterte populasjoner i den nasjonale forvaltningen.

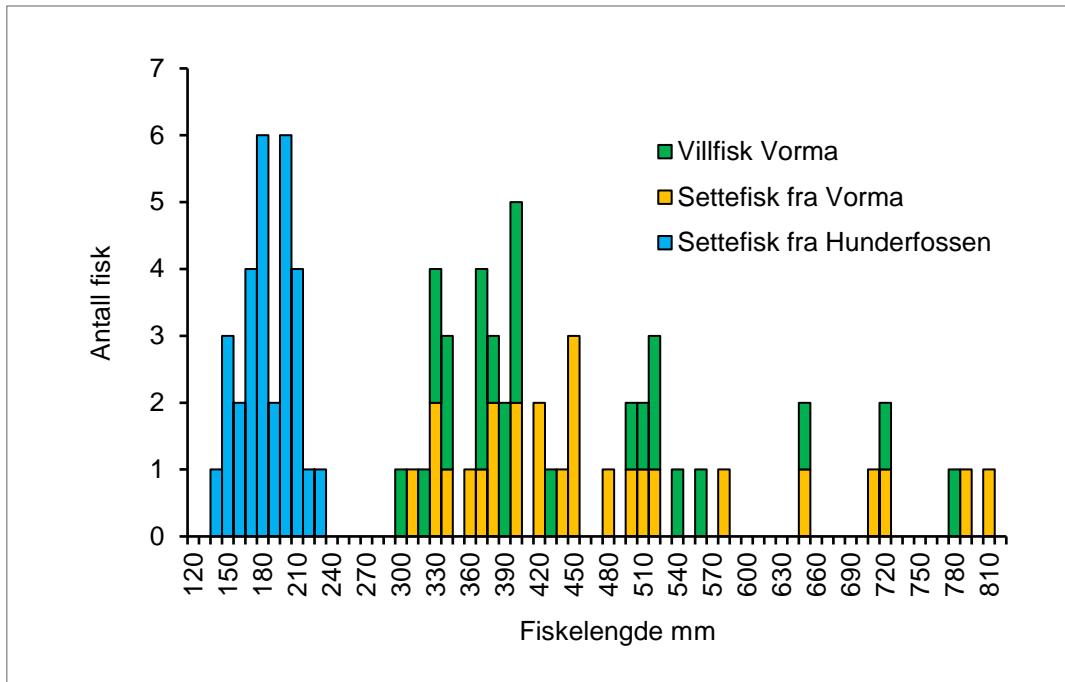


## Metoder

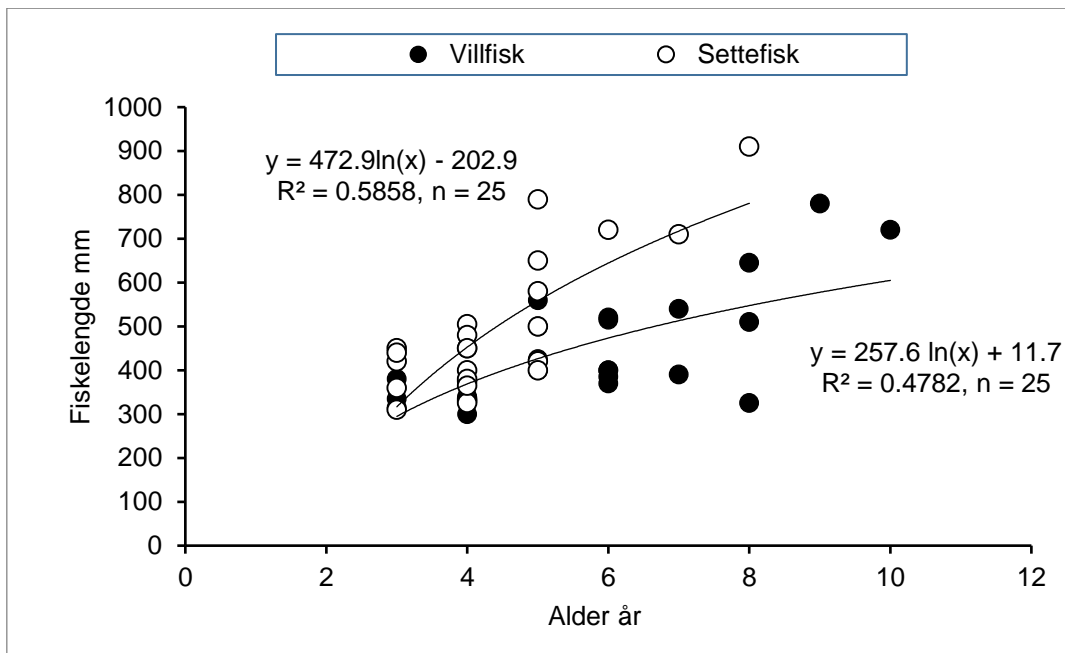
Til sammen 93 vevsprøver ble analysert; 30 prøver fra settefisk, innsamlet den 30.05.2016 fra to år gammel settefisk i Hunderanlegget, 38 prøver fra *villfisk* og 25 prøver fra *settefisk* fanget i Vorma. Det ble isolert DNA fra fettfinner ved hjelp av «Tissue and blood» DNA isoleringskit (Qiagen) eller 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 filformat til GENEPOP software (Rousset, 2008) ved hjelp av Excel tillegget Excel Microsatellite Toolkit (Park, 2001) og videre med programvaren CONVERT (Glaubitz, 2004) til formater tilpasset ARLEQUIN (Excoffier and Lischer, 2010) og STRUCTURE (Pritchard, Stephens and Donnelly, 2000) software. Observert ( $H_O$ ) og forventet ( $H_E$ ) heterozygositet, parvis genetisk differensiering ved  $F_{ST}$  og innavlskoeffisient ( $F_{IS}$ ) ble estimert med ARLEQUIN software. ARLEQUIN ble også brukt for å påvise eventuelle bindingsulikevekter. Genetisk struktur i materialet ble undersøkt med STRUCTURE, og resultatene ble behandlet i STRUCTURE Harvest (online: <http://tayloro.biology.ucla.edu/structureHarvester/>) for å finne det antall ( $K$ ) klustre («populasjoner») som gir minst variasjon innad i klustre og størst mulig variasjon mellom klustre. CLUMPP software (Jakobsson and Rosenberg, 2007) ble så benyttet for å beregne individers og populasjoners gjennomsnittlige tilhørighet (sannsynlighet for tilhørighet eller score) til hvert enkelt kluster. Materialet ble også analysert med STRUCTURE software sammen med sample fra ni tilløpsvassdrag til Mjøsa som er analysert tidligere (Linløkken, Johansen et al., 2014). Excel tillegget GenALEX (Peakall and Smouse, 2012) ble brukt for å påvise private alleler (alleler som bare ble påvist i en av de undersøkte gruppene), og til å beregne og vise genetisk avstand mellom gruppene med PCA plot. Søskenpar deteksjon ble gjort med MLRelate (Kalinowski, Wagner and Taper, 2006), og effektiv populasjonsstørrelse ( $N_e$ ) basert på bindingsulikevekter ble beregnet med NeEstimator software (Do, Waples, Peel et al., 2014). Forskjell mellom populasjoner kan beskrives blant annet ved indeksen  $F_{ST}$ , også kalt utavlskoeffisienten, som får høyere verdi jo større genetisk differensiering det er mellom populasjoner/grupper. Denne indeksen kan beregnes for hvert locus og plottes mot forventet heterozygositet  $H_E$  (forventet andel heterozygoter ved Hardy-Weinberg likevekt) for samme locus. Svært avvikende  $F_{ST}$  verdi, for eksempel *høy verdi* ved et locus, sammenliknet med de andre, kan indikere at locuset er under



Figur 1. Kart som viser området fra sørenden av Mjøsa og Vorma nedover til Fenstad, sør for Svanfossen, og området ved Svanfossen i større målestokk (innfelt).



Figur 2. Lengdefordeling av de tre gruppene av ørret som ble analysert.



Figur 3. Fiskelengde plottet mot alder for et utvalg villfisk og settefisk tatt i Vorma 2013-2017.

retningsbestemt seleksjon (Excoffier, Hofer and Foll, 2009). Mikrosatellitter er ikke-kodende og derfor ikke under seleksjon, men de kan ligge nær kodende gener på kromosomet, slik at nedarvingen av mikrosatellittene påvirkes av eventuell seleksjon av kodende gener.

## Resultater og diskusjon

Materialet ble behandlet som tre grupper (Hund = settefisk i Hunderfossen settefiskanlegg, VormSett = settefisk gjenfanget i Vorma og VormVill = villfisk fanget i Vorma, og som fem grupper der det ble skilt mellom umoden og kjønnsmoden fisk (Hund, VormSettUM og VormSettKM, hhv. umoden og kjønnsmoden settefisk gjenfanget i Vorma; VormVill.UM og VormVill.KM, hhv. umoden og kjønnsmoden villfisk fanget i Vorma).

Det ble registrert i gjennomsnitt 5,75 til 9,5 alleler pr. locus (Tabell 1). Lavest antall alleler pr. locus ble funnet i gruppene av settefisk, og det var høyest i gruppen umoden villfisk. Heterozygositeten var høy i alle grupper, og høyest i gruppen umoden villfisk. Observert heterozygositet ( $H_O$ ) var høyere enn forventet ( $H_E$ ) i alle grupper, og dette gjenspeiles i lav, og i de fleste gruppene negativ, innavlskoeffisient ( $F_{IS}$ ). Effektiv populasjonsstørrelse ( $N_e$ ) varierte fra 12,5 til 493,2, og den var lavest i settefiskmaterialet fra fiskeanlegget og høyest i materialet av gjenfanget settefisk (her ble umodne og kjønnsmodne slått sammen på grunn av lite antall). Antall detekterte søskenpar var lavest i materialet av gjenfanget settefisk og høyest i gruppen fra settefiskanlegget (bl.a. fordi de var av bare en cohort). Det ble funnet bindingsulikevekter i 13 locus par; hele sju par i settefiskgruppa fra fiskeanlegget (SSaD71 og STR73Inra, SSaD71 og SSaD170, SSaD85 og SSaD170, Ssa85 og SSaD170, Ssa85 og SSa197, STR73Inra og SSaD170, Brun13 og SSa197, Brun3 og SSaD190), ett par i gruppa umodne (SSa85 og STR73Inra) og et par (SSa85 og SSaD170) i gruppa kjønnsmodne gjenfangede settefisk. Videre ble det funnet bindingsulikevekt mellom fire par (SSa85 og Brun13, SSaD71 og SSaD170, STR73Inra og SSaD190, Brun13 og SSaD190) i gruppa vill umoden fisk fra Vorma, men ingen bindingsulikevekter i gruppa kjønnsmoden villfisk.

Genetisk differensiering, uttrykt ved  $F_{ST}$ , var signifikant for alle parvise sammenlikninger med fisk fra settefiskanlegget (Tabell 2). For de to gruppene av gjenfanget settefisk var  $F_{ST}$  signifikant i sammenlikning med umoden villfisk, men ikke i sammenlikning med hverandre eller i sammenlikning med kjønnsmoden villfisk. Det må bemerkes at det i gruppen gytemoden villfisk kun var ni individer.

PCA plot (Fig. 4) av genetisk avstand viser også at umoden og kjønnsmoden villfisk fra Vorma ligger nær hverandre og med større avstand til gruppene av settefisk. Gruppene av settefisk skiller seg også fra hverandre, og spesielt de to gruppene av umoden settefisk.

STRUCTURE analysene viste at  $K = 2$  var den beste indeling når umodne og kjønnsmodne individer var behandlet som en gruppe (Figur 5). Kluster 1 dominerer blant settefisk som det ble tatt prøver av i settefiskanlegget, kluster 2 dominerer blant villfisk, mens begge klustere er godt representert blant settefisk gjenfanget i Vorma (Fig. 6).

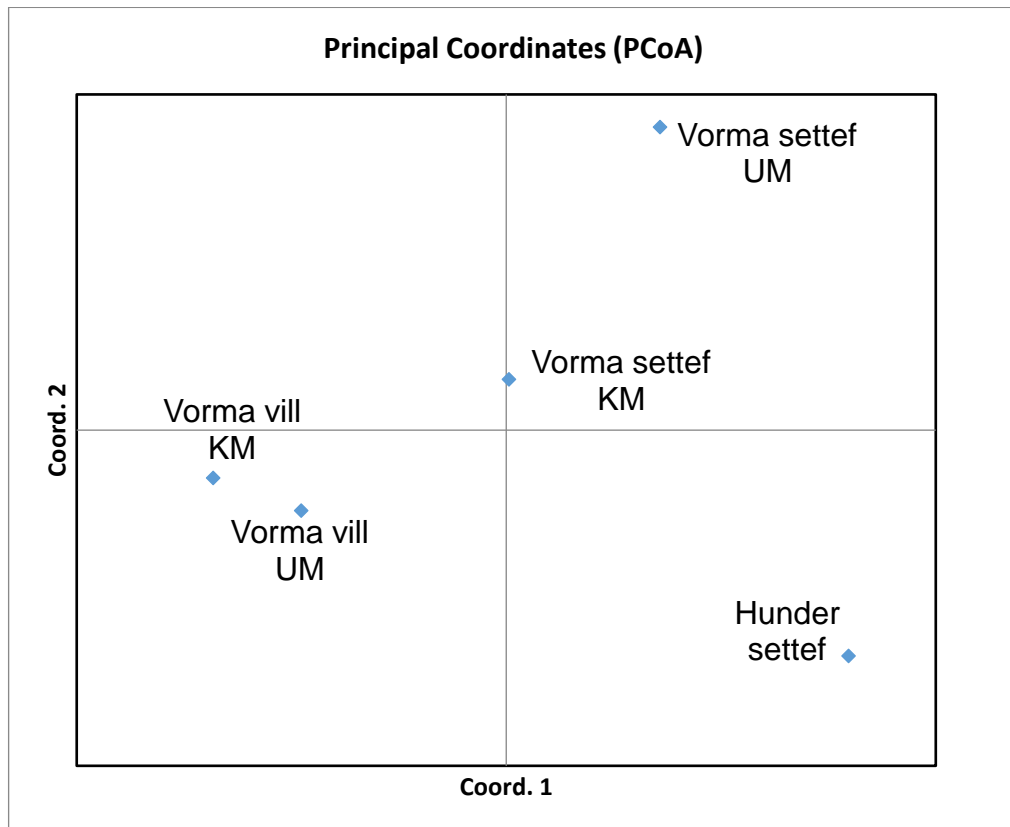
Tabell 1. Antall prøver i hver gruppe (N), gjennomsnittlig antall alleler pr. locus, antall private alleler ( $A_P$ ), observert ( $H_O$ ) og forventet ( $H_E$ ) heterozygositet, effektiv populasjonsstørrelse ( $N_e$ ), innavlskoeffisient ( $F_{IS}$ ) og estimert antall søskenpar (Siblings).

	N	$A_L$	$A_P$	$H_O$	$H_E$	$N_e$	$F_{IS}$	Siblings
Settefisk fra Hunderf.	30	6.00	2	0.792	0.694	12.5 (8.7-18.7)	-0.157	27
Vorma-vill umoden	29	9.50	15	0.825	0.780	kombinert	-0.051	kombinert
Vorma-vill gytefisk	9	6.38	2	0.818	0.767	70.0 (43.5-147.9)	-0.041	14
Vorma- settef. umoden	14	5.75	0	0.804	0.745	kombinert	-0.060	kombinert
Vorma-settef. gytefisk	11	6.75	2	0.772	0.757	493.2 (66.6-infin.)	0.004	6

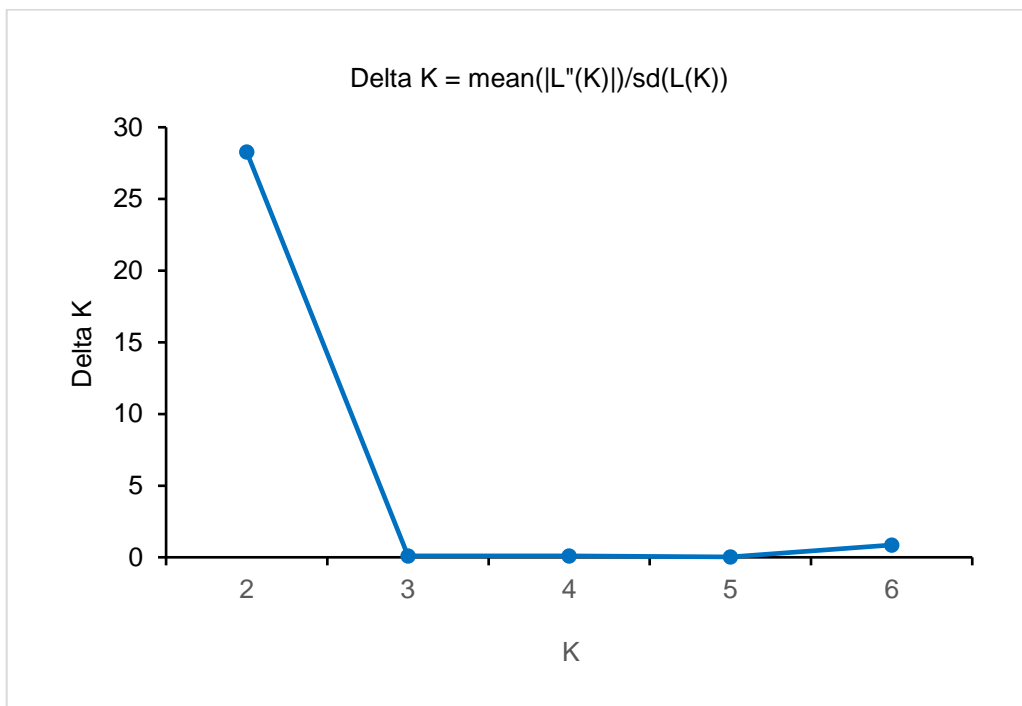
Tabell 2. Parvis  $F_{ST}$  mellom de ulike gruppene av fisk. Antall individer i hver gruppe er gitt i tabell 1 (\*=signifikant på minst  $P < 0.05$ ). All settefisk er av Hunder/Lågen stamme, oppdrettet i Hunderfossen settefiskanlegg.

	Hunder settefisk	Vorma-vill umoden	Vorma-vill gytefisk	Vorma-sette umoden
Vorma-vill umoden	0.0128*			
Vorma-vill gytefisk	0.0222*	-0.0046		
Vorma-sette umoden	0.0493*	0.0200*	0.0039	
Vorma-sette gytefisk	0.0706*	0.0335*	0.0010	-0.0035

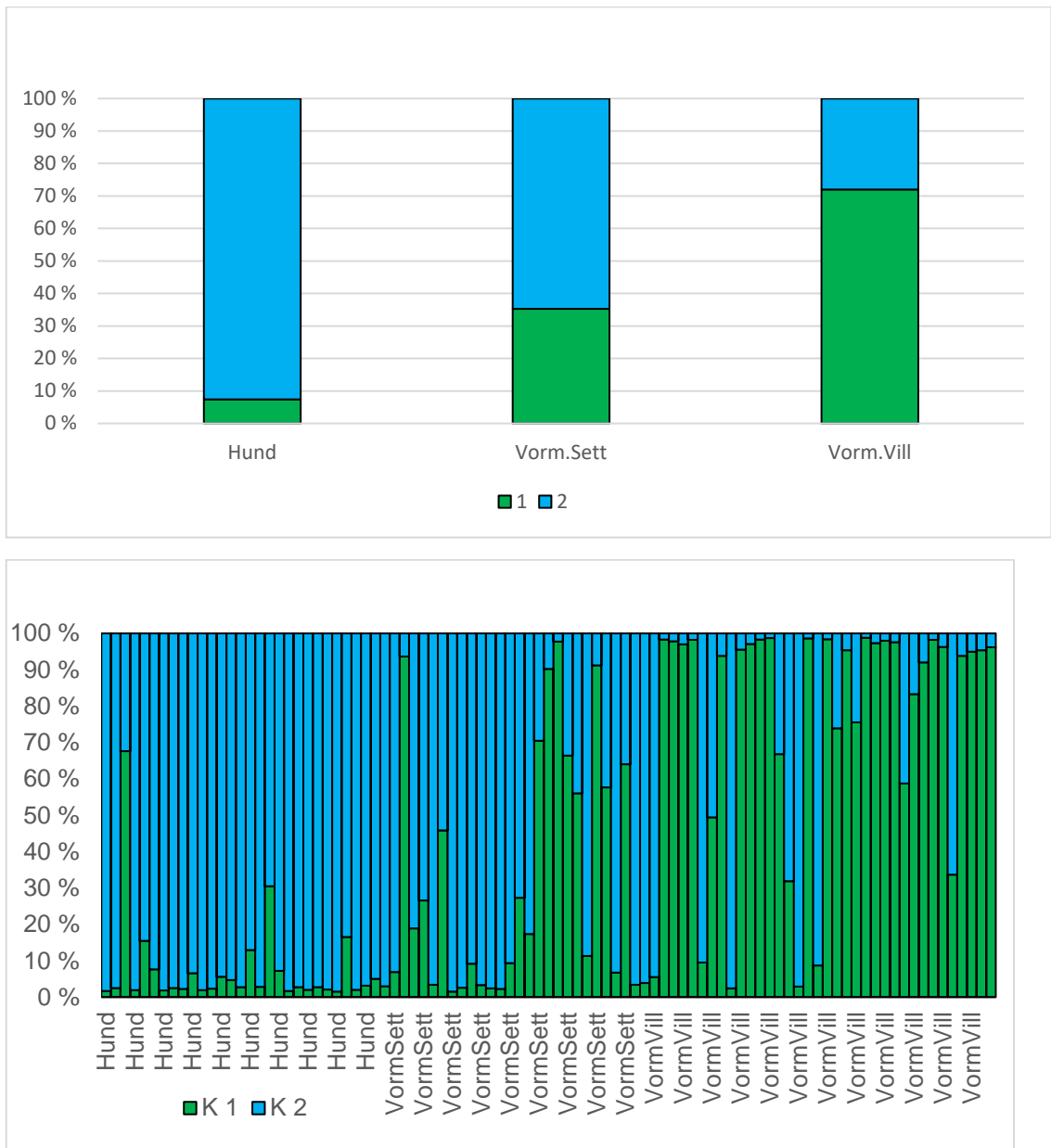




Figur 4. PCA plot av genetisk distanse basert på allelfrekvenser i fem grupper av ørret.



Figur 5. Delta  $K$  plottet mot  $K$  (antall klustre) som resultat av STRUCTURE Harvest analyser som viser at  $K = 2$  er det beste valg av antall klustre når det ikke skilles mellom kjønnsmodne og umodne settefisk (VormSett) og villfisk (VormVill).

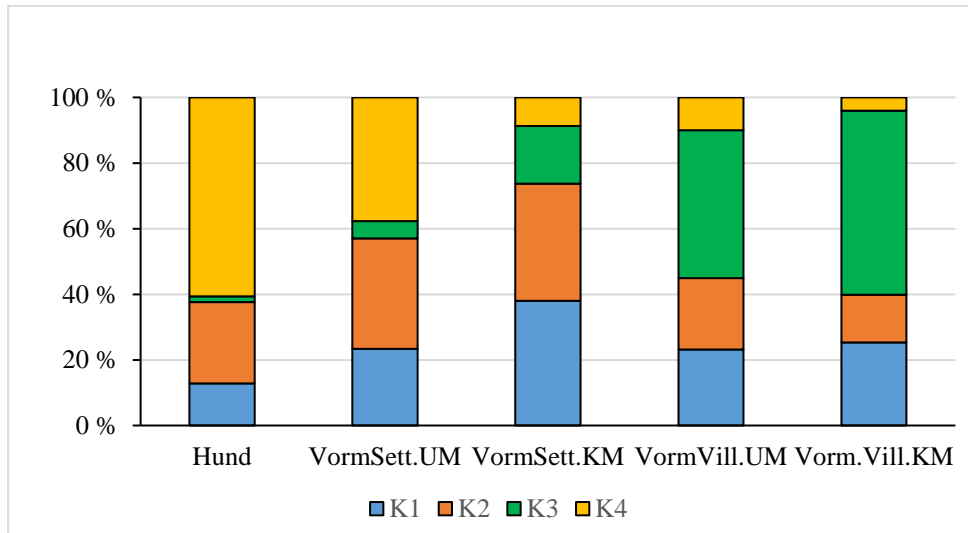


Figur 6. Ørret settefiskanlegget ved Hunderfossen (Hund), og settefisk (VormSett) og villfisk (VormVill) fanget i Vorma, populasjonsvis (øverst) og individuelt (nederst) fordelt på to klustre hjelp av STRUCTURE og STRUCTURE Harvest software.

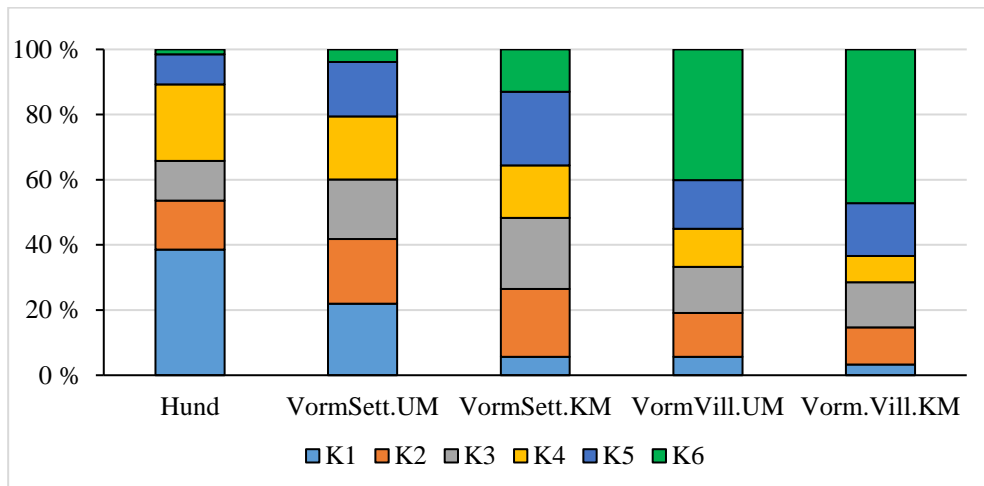
Når umodne og kjønnsmodne individer ble behandlet hver for seg, var  $K = 4$  og  $K = 6$  de beste antall klustre. Det er sjelden at to verdier av  $K$  ( $= 4$  og  $6$ ) faller såpass likt ut med delta  $K$  (Vedlegg 2), men det kan skyldes at antall fisk er lavt i to av gruppene, særlig antall kjønnsmodne villfisk. Både i tilfelle  $K = 4$  og  $K = 6$ , og spesielt med  $K = 4$ , ser vi at et kluster (Kluster 4 ved  $K = 4$  og Kluster 1 ved  $K = 6$ ) er godt representert blant settefisk (spesielt Hunder) og sparsomt representert blant villfisk fra Vorma (Fig. 7 og 8). Kluster 3 med  $K = 4$  og Kluster 4 med  $K = 6$  var dominerende blant villfisk fra Vorma, og var lite representert

i settefisk gruppene. Dette indikerer en Vorma villfisk populasjon, eventuelt flere subpopulasjoner, med høy genetisk variasjon (høyt allel antall og heterozygositet).

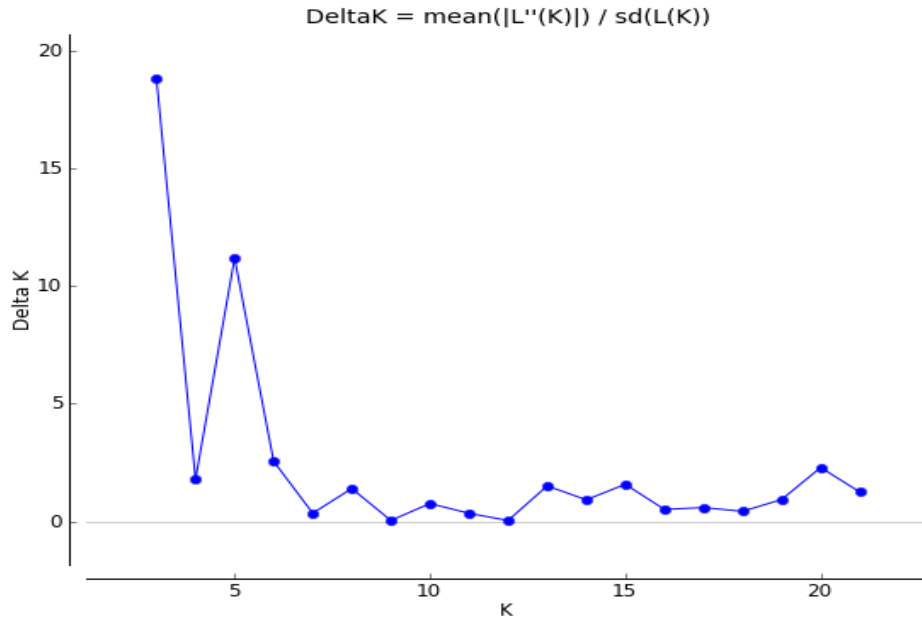
STRUCTURE analyse av materialet sammen med 15 grupper fra til sammen ni tilløpsvassdrag fra Mjøsas østside (fra Botsenden i Furnesfjorden i nord til Espå i sør) viser at det kan deles inn i 3 klustre (Fig. 9), og at resultatene for de to bestandene lengst sør (Vikselva og Labelva) i undersøkelsen fra 2006/2008 viser en økende likhet mot sør med prøvene fra Vorma (Fig. 10).



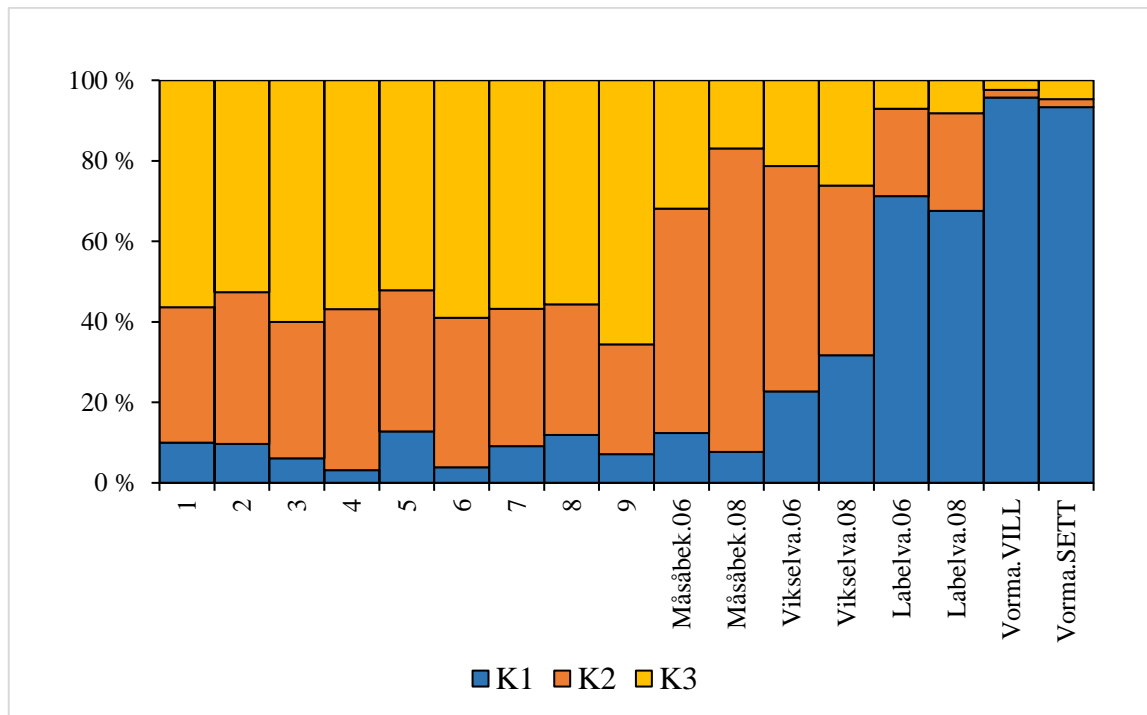
Figur 7. Ørret settefiskanlegget ved Hunderfossen (Hund), umoden og kjønnsmoden settefisk (hhv. VormSett.UM og KM) og villfisk (hhv. VormVill.UM og KM) fanget i Vorma, fordelt på fire klustre populasjonsvis ved hjelp av STRUCTURE og STRUCTURE Harvest software.



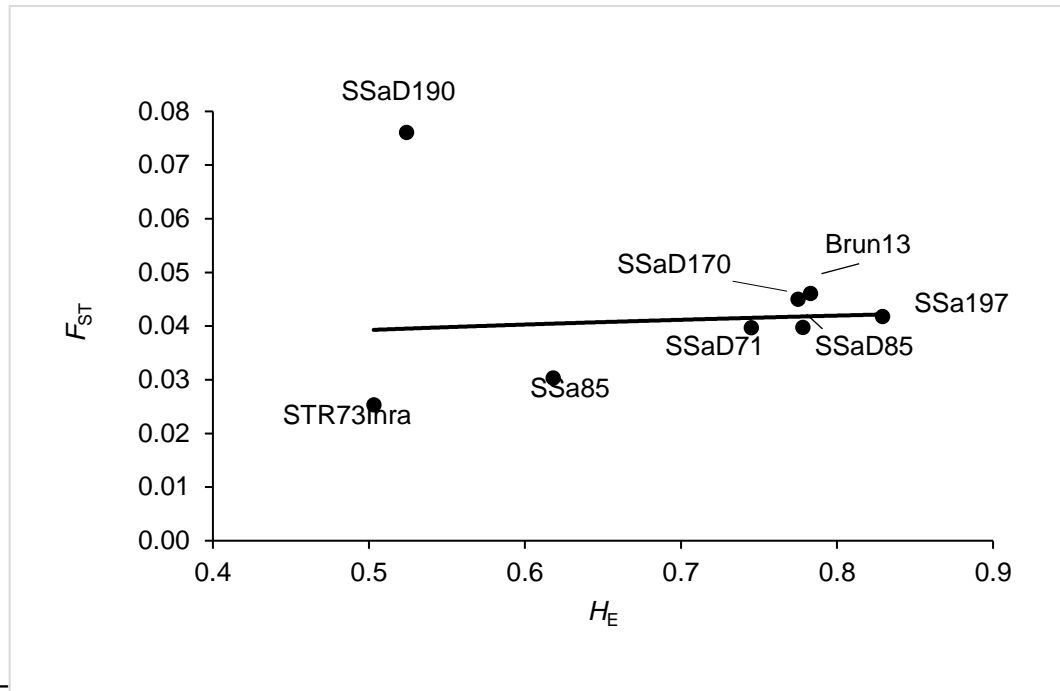
Figur 8. Ørret settefiskanlegget ved Hunderfossen (Hund), umoden og kjønnsmoden settefisk (hhv. VormSett.UM og KM) og villfisk (hhv. VormVill.UM og KM) fanget i Vorma, populasjonsvis fordelt på seks klustre.



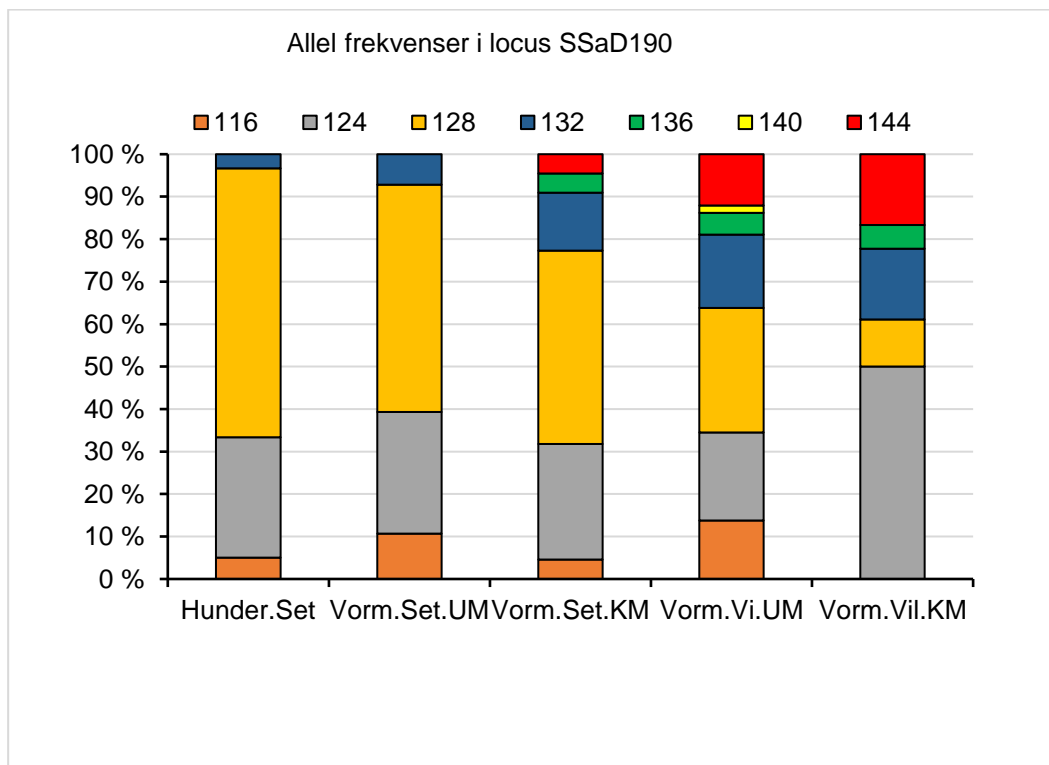
Figur 9. Delta K plottet mot K (antall klustre) som resultat av STRUCTURE Harvester analyser som viser at  $K = 3$  og  $K = 5$  er de beste valg av antall klustre.



Figur 10. 17 grupper av ørret fra tilløpssvassdrag til Mjøsa (1-Labelva.08), villfisk (VILL) og settefisk (SETT) fanget i Vorma fordelt på tre klustre ved hjelp av STRUCTURE og STRUCTURE Harvester software.



Figur 11. Genetisk differensiering ( $F_{ST}$ ) plottet mot forventet heterozygositet ( $H_E$ ) for hvert av de åtte undersøkte loci.



Figur 12. Frekvenser (5) av de sju allelene (116, 124, 128, 132, 136, 140 og 144 i figuren) som ble funnet på locus SSaD190 i de fem gruppene av ørret som ble analysert.



I figur 11 viser  $F_{ST}$  for locus SSaD190 avvikende høy verdi, noe som kan indikere retningsbestemt seleksjon i dette locuset. Ved dette locuset ble det i alt funnet sju alleler, og av disse ble fire funnet blant settefisk materialet fra Hunderfossen og i gruppen umoden settefisk tatt i Vorma (Fig. 12). Blant kjønnsmoden settefisk og i begge grupper villfisk ble det funnet to alleler (136 og 144) som ikke ble funnet i de to førstnevnte gruppene av settefisk. Allelene 140 og 144 har høyere frekvens blant villfisk enn blant settefisk, mens det er motsatt for 128 allelet, og dette er en årsak til gruppenes ulike fordeling i de «grønne» klustrene i figurene 6 - 8.

I 1981 - 1995 var andelen settefisk i prøvofiskemateriale fra Vorma ca. 10% (Taugbøl, 1995), men etter økt utsetting (fra 1991), lengre sør i Mjøsa enn tidligere, er det funnet 25 - 72% settefisk avhengig av årstid (Gregersen and Johnsen, 2007). Flere undersøkelser har konkludert med at det er en egen ørretbestanden i Vorma, og at den begrenses av små gyte- og oppvekstområder (Aass, 1996; Johnsen, 2004; Gregersen and Johnsen, 2007). I materialet til denne undersøkelsen var det ca. 40% settefisk. Det ser likevel ut til at den ville ørreten i Vorma skiller seg ut fra settefisk, og det kan tyde på at settefisk ikke har bidratt mye i repproduksjonen. Hele 15 private alleler (dvs. alleler som ikke ble funnet i de andre gruppene) påvist i gruppen villfisk tyder på at stammen har beholdt et særpreg.

## Konklusjon.

Det ser ut til å være en lokal gytepopulasjon, eller sannsynligvis flere subpopulasjoner, av vill ørret i Vorma, eventuelt med tilløpsvassdrag. Forekomsten av settefisk, deriblant kjønnsmoden fisk, tyder på at settefisken deltar i gytingen, for eksempel i områder nedstrøms Svanfossen hvor det er observert gyteaktivitet og fanget gytefisk (Ruben Pettersen, *pers. medd.*)(Aass, 1996). Genetiske forskjeller mellom gruppene vises i figur 4. En kohort settefisk fra Hunderfossen settefiskanlegg skilte seg genetisk fra både gjenfanget settefisk (fem kohorter, 3+ - 8+) og villfisk (åtte kohorter, 3+ - 10+) fra Vorma. Settefisk er avlet fra et begrenset antall foreldre, som det framgår av en lav effektiv populasjonsstørrelse ( $N_e = 12,5$ ), og allelfrekvensene i en settefisk kohort vil variere tilfeldig fra år til år. Den genetiske variasjonen blant gjenfanget settefisk, som er ganske høy, sier noe om hvilke genotyper fiskeutsettingen potensielt tilfører ørretbestanden i innsjøen og i elva. At de oppnår gytemoden alder forteller at de har evnen til å overleve i Mjøsa/Vorma i år etter år, men hvor vellykket (for settefisken) en eventuell deltakelse på gyteplassen er, er ukjent. Gruppen umodne villfisk i Vorma var tydelig differensiert fra settefisken, og gir ingen indikasjoner på utstrakt genetisk introgresjon fra settefisk. Det ble påvist to alleler på locus SSaD190 i begge gruppene av villfisk fra Vorma og kjønnsmoden settefisk tatt i Vorma, som

ikke ble påvist hos umoden settefisk. En enkel seleksjonsanalyse indikerte at locus SSaD190 var under retningsbestemt seleksjon. Denne forskjellen i allelfrekvenser er en av årsakene til at STRUCTURE analysen viste en større forekomst av villfisk enn av settefisk i kluster nr. 1, 3 og 6 (de grønne klustrene), henholdsvis i figur 6 - 8).

## Litteratur:

- Aass P., 1996, Ørreten i Vorma, Fylkesmannen i Oppland, Miljøvernadv, Rapp. 4/96, pp. 14.
- Do C., R.S. Waples, et al., 2014, NeEstimator V2: re-implementation of software for the estimation of contemporary effective population size ( $N_e$ ) from genetic data. *Molecular Ecology Resources* 14(1), 209-214.
- Excoffier L., T. Hofer, et al., 2009, Detecting loci under selection in a hierarchically structured population. *Heredity* 103(4), 285-298.
- Excoffier L., H.E.L. Lischer, 2010, Arlequin suite ver 3.5: A new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources* 10(3), 564-567.
- Glaubitz J.C., 2004, CONVERT: a user friendly program to reformat diploid genotypic data for commonly used population genetic software packages. . *Molecular Ecology Notes* 4, 309-310.
- Gregersen F., S. Johnsen, 2007, En vurdering av aurebestanden i Vorma på bakgrunn av fangstregistreringer og kartlegging av gyte- og oppvekstområder, Fylkesmannen i Oppland, Miljøvernadv, Rapp. 5/07, pp. 14.
- Huitfeldt-Kaas H., 1917, Mjøsens fisker og fiskerier Det Kgl. norske videnskabers selskabs skrifter 1916 nr. 2. 257 pp.
- Jakobsson M., N.A. Rosenberg, 2007, CLUMPP: a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. *Bioinformatics* 23, 1801-1806.
- Johnsen S.I., 2004, Registrering av gyte- og oppvekstområder for ørret i Vorma, Fylkesmannen i Oppland, Miljøvernadv, Rapp. 5/04, pp. 20.
- Kalinowski S.T., A.P. Wagner, et al., 2006, ML-Relate: a computer program for maximum likelihood estimation of relatedness and relationship. *Molecular Ecology Notes* 6, 576-579.
- Linløkken A.N., W. Johansen, et al., 2014, Genetic structure of brown trout, *Salmo trutta*, populations from differently sized tributaries of Lake Mjøsa in south-east Norway. *Fisheries Manag. Ecol.* 21(6), 515-525.
- Park S.D.E., 2001, Trypanotolerance in West African Cattle and the Population Genetic Effects of Selection. Ph.D. dissertation, University of Dublin, Dublin, Ireland.
- Peakall R., P.E. Smouse, 2012, GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research – and update. *Bioinformatics* 28, 2537-2539.
- Pritchard J.K., M. Stephens, et al., 2000, Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155: 945-959. *Genetics* 155, 945-959.
- Rousset F., 2008, Genepop'007: a complete reimplementation of the Genepop software for Windows and Linux. *Molecular Ecology Resources* 8, 103-106.
- Taugbøl T., 1995, Operasjon mjøsørret., Østlandsforskning, pp. 55.
- Taugbøl T., P. Aass, 1992, Ørretfisket i Mjøsa: Fangstrapportering 1977-1991 . Fylkesmannen i Oppland, Miljøvernadv, pp. 21.
- Wollebæk J., K.H. Røed, et al., 2011, Genetisk struktur hos ørret i Mjøsa Høgskolen i Telemark, HiT skrift, pp. 57.

## Vedlegg 1

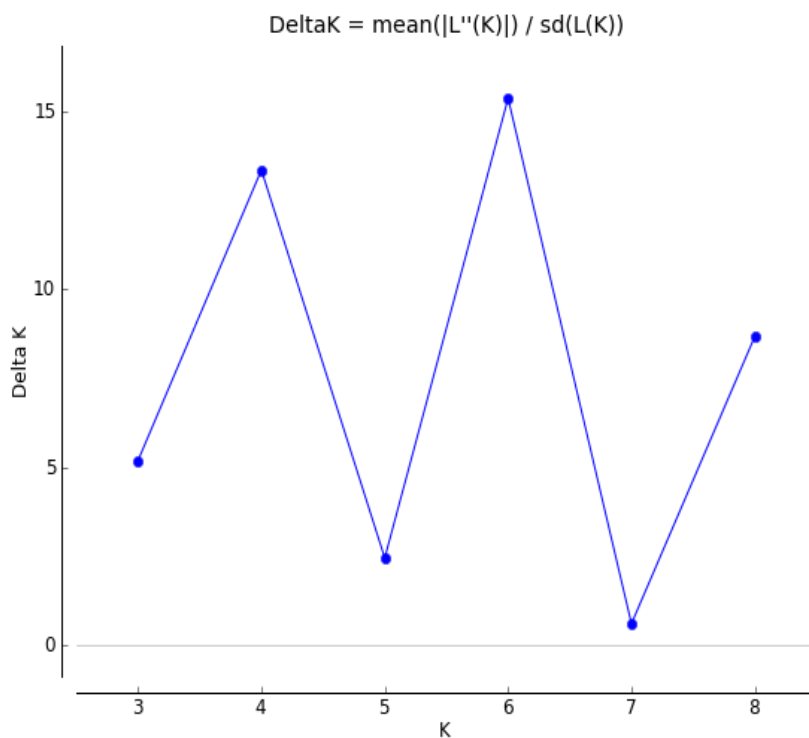
Rådata mikrosatellitt analyser Settefisk (Hun-fra Hunderfossen, VoS-fanget i Vorma) og villfisk (VoV) fanget i Vorma.

Sample ID	SSa85		SSaD71		SSaD85		STR73Inra		Brun13		SSaD170		SSa197		SsaD190	
Hun_01	116	118	198	210	170	174	143	143	193	193	164	192	124	134	128	128
Hun_02	116	118	186	186	170	190	143	145	193	201	152	164	130	146	124	124
Hun_03	118	118	190	218	170	186	143	145	179	181	152	164	120	130	116	140
Hun_04	116	116	202	210	170	190	143	143	193	201	184	192	146	172	124	128
Hun_05	108	118	186	190	166	170	143	145	185	193	164	184	130	134	124	128
Hun_06	118	120	186	190	158	170	143	145	179	181	164	184	160	172	116	128
Hun_07	116	118			166	170	143	143	193	201	164	192	134	146	124	128
Hun_08	116	116	202	210	170	190	143	145	193	201	184	192	146	172	124	124
Hun_09	118	120	186	214	170	186	143	143	181	191	164	192	124	134	128	128
Hun_10	116	116	186	186	170	186	143	145	179	181	164	196	150	160	128	128
Hun_11	118	120	186	214	170	186	143	143	193	193	152	164	134	146	124	128
Hun_12	116	116	186	190	166	194	143	145	191	201	164	180	146	150	124	128
Hun_13	108	118	186	186	170	186	145	145	181	193	164	180	124	134	128	128
Hun_14	116	118	190	198	166	174	143	145			152	164			128	128
Hun_15	116	116	186	186	166	194	143	145	191	193	152	164	130	134	124	128
Hun_16	116	118	186	190	166	170	143	145	179	201	152	164	130	134	128	140
Hun_17	116	118	186	186	166	186	145	145	193	201	164	180	130	134	124	128
Hun_18	116	118	186	190			145	145	179	181	184	196			116	128
Hun_19	116	116	202	210	170	190	143	145	191	201	164	168	146	172	124	128
Hun_20	118	120	186	186	170	174	143	145	193	201	164	180	130	172	128	128
Hun_21	116	116	186	186	170	194	145	145	181	191	152	164	150	172	128	128
Hun_22	116	118	198	210	158	170	143	143	193	201	176	192	134	172	128	128
Hun_23	114	116	186	210	170	190	143	145	191	193	192	196	134	146	124	128
Hun_24	118	120	190	198	166	166	143	145	181	193	164	180	134	172	128	128
Hun_25	116	116	198	210	166	170	143	143	191	193	152	164	134	146	128	128
Hun_26	116	116	186	198	170	186	143	145	179	193	164	200	130	134	124	128
Hun_27			186	214	170	174	143	143	191	193	164	192	124	134	128	128
Hun_28	116	116	190	214	170	186	143	145	191	193	164	192	124	134	124	128
Hun_29	108	118	186	186	170	186	145	145	181	201	164	180	134	146	124	128
Hun_30	116	116	190	198	166	194	143	145	179	193	164	180	146	150	124	128
VoS_19	116	116	198	218	166	166	143	145	193	210	152	184	130	134	124	128
VoS_20	118	118	186	186	190	206	145	145	179	181	164	188	124	134	128	144
VoS_22	116	118	190	218	190	206	143	145	179	179	164	192	168	172	124	128
VoS_23	116	116	186	218	186	198	145	145	179	201	136	168	130	134	124	140
VoS_28	116	118	186	190	190	206	139	145	181	193	184	192	134	168	128	128
VoS_33	114	120	186	190	166	170	143	143	179	193	156	196	124	134	124	128
VoS_37	116	118	186	198	186	190	145	145	193	201	152	176	134	146	128	128
VoS_38	118	120	190	198	166	198	143	145	193	201	136	184	130	168	128	140

VoS_39	118	120	198	210	158	170	143	145	193	201	152	164	168	172	128	128
VoS_41	116	116	186	198	166	174	145	145	181	201	164	196	146	168	128	128
VoS_42	116	118	186	186	166	206	143	145	179	201	152	164	124	134	116	124
VoS_44	116	118	190	210	166	174	143	145	179	201	152	164	134	146	124	128
VoS_45	116	116	186	190	170	174	139	145	179	181	136	152	130	154	128	128
VoS_47	116	118	198	198	166	170	143	145	193	193	152	164	130	134	116	128
VoS_49	118	120	186	198	166	170	143	145	193	193	164	184	124	134	116	124
VoS_51	118	118	186	186	166	178	139	143	199	199	160	168	124	134	124	140
VoS_53	116	116	186	186	166	182	145	145	193	199	152	196			124	124
VoS_54	116	116	186	214	166	182	143	145	179	193	172	180	134	172	128	140
VoS_57	114	120	186	198	182	194	145	145	201	201	164	192	124	134	128	128
VoS_59	116	118	186	218	166	170	143	145	179	187	152	164	130	172	124	128
VoS_60	118	118	190	218			143	145	177	197	152	188	134	172	128	140
VoS_61	116	116	218	218	170	190	145	145	181	195	152	196	168	172	124	124
VoS_62	118	120	190	198	166	198	143	145	181	201	136	164	134	138	128	128
VoS_63	118	118	186	202	166	190	143	143	193	193	164	176			116	136
VoS_64	108	118	186	198	170	174	143	145	179	199	164	204	130	134	124	128
VoV_01	116	118	186	218	166	166	143	145	179	193	164	184	124	134	116	128
VoV_02	116	116	198	218	166	190	143	145	179	193	164	164	124	134	128	136
VoV_03	116	118	186	186	190	194	143	145	179	193	152	180	134	150	116	128
VoV_04	116	118	194	214	170	218	143	145	181	183	136	160	134	142	124	140
VoV_05	116	118	186	190	170	182	139	145	181	189	168	180	138	154	128	140
VoV_06	108	118	186	202	166	178	143	145	235	237	172	184	124	134	144	144
VoV_07	116	118	202	202	166	210	143	145	181	183	136	168	134	138	124	144
VoV_09	118	118	190	218	170	190	143	145	195	201	164	180	134	172	128	136
VoV_10	116	116			166	190	143	145	179	181	188	196	130	134	116	128
VoV_11	116	116	190	190	178	190			195	199	152	164	134	142	116	132
VoV_12	116	118	186	190	166	170	143	145	191	193	152	184	134	168	128	128
VoV_13	114	118	186	198	190	194	145	145	179	181	136	152	134	146	124	140
VoV_14	116	118	186	206	170	182	145	145	179	193	152	152	134	138	128	144
VoV_15	116	116	194	194	170	182	139	145	179	179	140	152	124	134	124	140
VoV_16	116	118	186	202	189	198	139	145	179	187	180	200	124	134	124	128
VoV_17	116	118	186	186	166	166	143	145	195	201	164	172	134	168	124	140
VoV_18	116	116	186	194	166	182	143	145	181	191	136	148	154	160	124	124
VoV_21	114	116	190	198	182	190	145	145			152	176	134	154	140	144
VoV_24	114	116	186	198	182	194	145	145	179	183	136	136	134	138	124	144
VoV_25	116	116	194	238	186	210	139	145	179	181	136	136	142	154	128	140
VoV_26	116	118	190	198	160	170	143	145	193	201	152	176			124	140
VoV_27	116	116	186	190	166	170	143	145	187	193	176	180	124	134	116	124
VoV_29	114	118	186	186	166	190	145	145	179	201	152	192	146	172	128	128
VoV_30	116	118	190	190	182	194	139	145	179	181	136	152	138	142	140	140
VoV_31	116	118	186	186	170	182	143	145	181	193	136	160	134	138	124	124
VoV_32	116	116	186	186	166	174	143	145	179	181	152	164	124	134	116	128

<b>VoV_34</b>	116	118	198	206	170	182	145	145	177	181	136	168	134	138	124	140
<b>VoV_35</b>	116	116	186	198	170	182	143	145	179	179	176	180	124	134	128	140
<b>VoV_36</b>	116	116	194	194	182	190	139	143	179	193	136	168	124	134	128	128
<b>VoV_40</b>	108	118	186	214	166	218	143	145	177	201	156	164	124	134	116	124
<b>VoV_43</b>	114	116	186	194	182	210	139	145	193	197	156	160	138	154	140	144
<b>VoV_46</b>	116	118	190	190	174	210	143	145	179	187	136	184	130	134	124	124
<b>VoV_48</b>	114	118	186	194	174	186	139	143	181	201	136	152	124	134	136	144
<b>VoV_50</b>	116	118	194	210	178	210	143	143			168	180	124	134	124	144
<b>VoV_52</b>	116	118	190	194	162	174	143	143	179	181	136	188	130	134	124	124
<b>VoV_55</b>	116	118	194	194	178	190	139	143	173	181	136	136	124	134	116	128
<b>VoV_56</b>	116	116	190	194			145	145	179	187	160	176	134	142	128	144
<b>VoV_58</b>	116	118	198	198	170	194	143	143	193	201	144	152	134	154	124	136

## Vedlegg 2.



Delta  $K$  plottet mot  $K$  (antall klustre) som resultat av STRUCTURE Harvest analyser som viser at  $K = 4$  og  $K = 6$  er de beste valg av antall klustre når det ble skilt mellom umodne og kjønnsmodne settefisk og villfisk.



Det ble samlet inn vevsprøver fra settefisk i Hunderfossen settefiskanlegg og fra settefisk (fettfinneklippet) gjenfanget i Vorma og fra villfisk fanget i Vorma. Det ble analysert på åtte mikrosatellitter i prøver fra til sammen 93 ørret. All settefisk var fra Hunderfossen, avlet av ville foreldre av Hunder/Lågen-stammen. Generelt var den genetiske variasjonen høy med allelantall pr. locus (mikrosatellitt) varierende fra 5,75 til 9,50, og observert heterozygositet (HO) varierte fra 0,772 til 0.825, og observert heterozygositet var høyere enn forventet heterozygositet ( $HE = 0.694-0.780$ ) i alle grupper.

Resultatene tydet på at det er en egen ørrestamme i Vorma, og som sannsynligvis gyter i området nedenfor Svanfossen. Alder og lengde blant villfisk som ble analysert, viste betydelig variasjon i vekst, og det kan være flere subpopulasjoner representert i materialet. Noen har rask «innsjøvekst» som er vanlig i Mjøsa, og som også gjenfanget settefisk viste, mens andre hadde et annet vekstmønster. Det var for eksempel en vill ørret på åtte år som var 325 mm og en som var åtte år og 645 mm lang. Blant fem år gamle og eldre settefisk, var alle  $\geq 400$  mm. De genetiske analysene viste at villfisk skilte seg noe fra gjenfanget settefisk, og hadde for eksempel hele 15 private alleler. Settefisk fra fiskeanlegget skilte seg fra de andre gruppene, og hadde lavest genetisk variasjon, noe som kunne forventes ettersom den var av bare en årsklasse, basert på et begrenset antall foreldre. De gjenfangede settefiskene representerte til sammen seks årsklasser, som til sammen gav en genetisk variasjon litt mindre enn det som ble funnet for villfisk gruppa som bestod av åtte årsklasser.

Beregnet effektiv populasjonsstørrelse var 12,5 til 495 fisk, og den var lavest blant settefisk fra fiskeanlegget. Det er naturlig ettersom fisken det ble tatt prøver av i anlegget var av samme alder/årsklasse, mens de andre gruppene bestod av seks til åtte aldersgrupper/årsklasser. Effektiv populasjonsstørrelse var størst i gruppen gjenfanget settefisk.