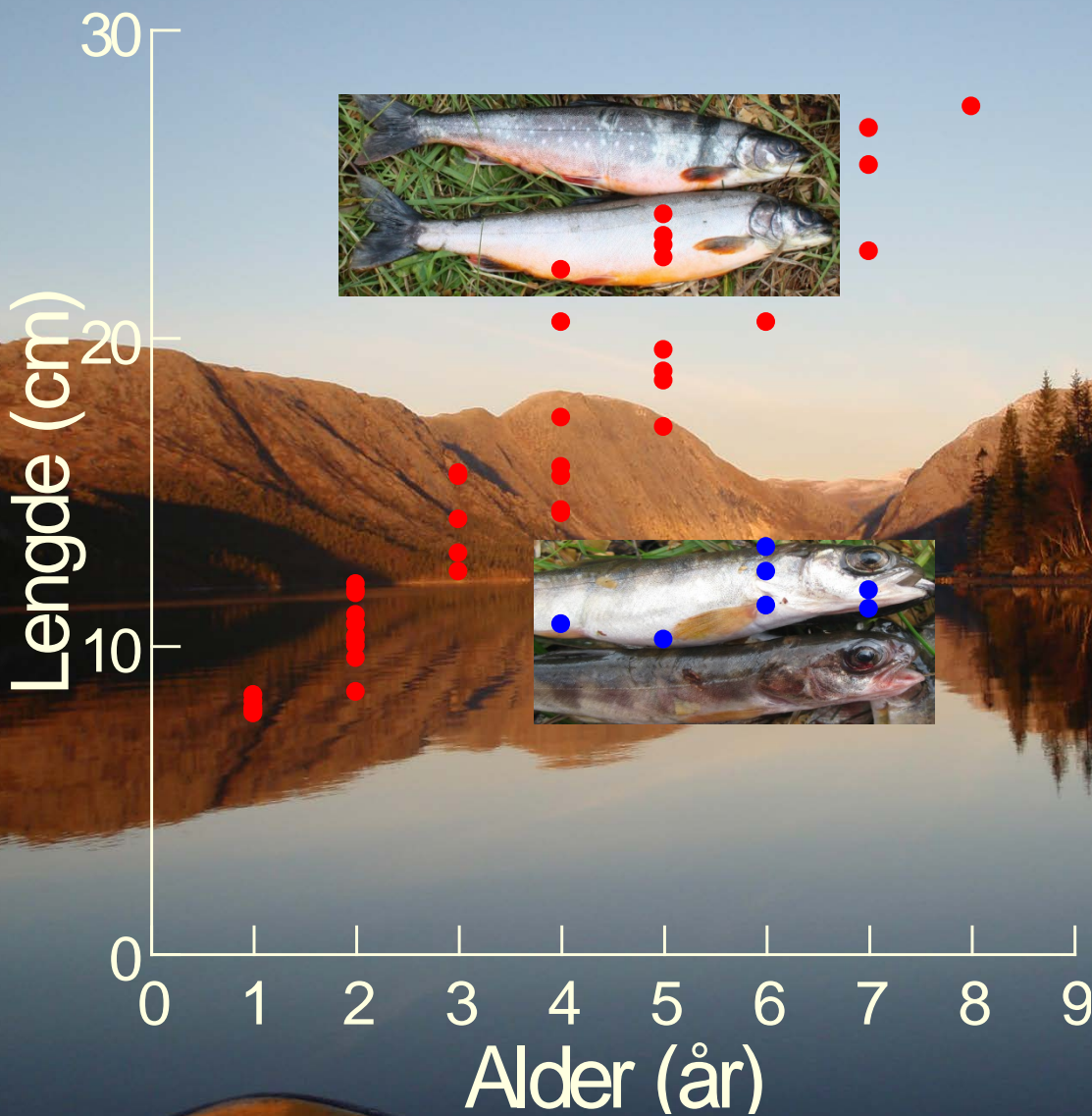


Sjørøye - økologisk og/eller genetisk segregering?

Martin-A. Svenning
Kim Præbel
Øyvind Kanstad-Hanssen
Morten Falkegård



NINAs publikasjoner

NINA Rapport

Dette er en elektronisk serie fra 2005 som erstatter de tidligere seriene NINA Fagrapport, NINA Oppdragsmelding og NINA Project Report. Normalt er dette NINAs 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. De sendes til presse, ideelle organisasjoner, naturforvaltningen på ulike nivå, politikere og andre spesielt interesserte. 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.

Sjørøye - økologisk og/eller genetisk segregering?

Martin-A. Svenning

Kim Præbel

Øyvind Kanstad-Hanssen

Morten Falkegård

Sjørøye - økologisk og/eller genetisk segregering? - NINA Rapport 957. 19 s.

Tromsø, april 2013

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-2563-2

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

REDAKSJON

Martin-A. Svenning

KVALITETSSIKRET AV

Sidsel Grønvik

ANSVARLIG SIGNATUR

Forskningssjef Sidsel Grønvik (sign.)

OPPDRAGSGIVER(E)/BIDRAGSYTER(E)

Direktoratet for naturforvaltning (DN)

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER/BIDRAGSYTER

Sturla Brørs

FORSIDEBILDE

Narve Johansen (Storvatn i Leirfjord)

NØKKEWORD

Nord-Norge, røye, anadromi og residens, genetisk splitting, forvaltning

KEY WORDS

North-Norway, Arctic charr, anadromy and residence, genetic differentiation, management

KONTAKTOPPLYSNINGER

NINA hovedkontor

Postboks 5685 Sluppen
7485 Trondheim
Telefon: 73 80 14 00

NINA Oslo

Gaustadalléen 21
0349 Oslo
Telefon: 73 80 14 00

NINA Tromsø

Framsenteret
9296 Tromsø
Telefon: 77 75 04 00

NINA Lillehammer

Fakkeltgården
2624 Lillehammer
Telefon: 73 80 14 00

www.nina.no

Sammendrag

Svenning, M-A., Præbel, K., Kanstad-Hanssen, Ø. & Falkegård, M. 2013. Sjørøye - økologisk og/eller genetisk segregering? – NINA Rapport 957. 19 s.

Det finnes sjørøye i om lag 100 vassdrag i Nord-Norge, og i de fleste vassdragene finner en to hovedformer av fisk, dvs. sjørøye som etter en viss størrelse/alder vandrer årlig mellom sjø og ferskvann, samt stasjonærrøye, som lever hele livet i ferskvann. Nedgang i fangstene av sjørøye har ført til behov for regulering av fisket, og i revideringen av elveforskriftene for fisket etter anadrom fisk de siste årene har det derfor vært iverksatt innstramminger i fisket etter sjørøye. I slike sammenhenger er kunnskap om det genetiske forholdet mellom sjøvandrende og stasjonær røye innenfor et vassdrag en helt sentral og nødvendig kunnskapsbrikke for definering og evaluering av denne typen reguleringsforslag.

DNA-mikrosatellitter har vist seg å være godt egnet til å bestemme både populasjonsstruktur og individers slektskap, og i de senere årene har det blitt utviklet flere mikrosatellittmarkører som egner seg svært godt for å påvise eventuelle genetiske forskjeller mellom ulike røyeformer i samme innsjø, samt mellom sjørøyebestander fra ulike vassdrag. I denne undersøkelsen har vi undersøkt genetisk slektskap mellom sjørøye og stasjonærrøye innen og mellom bestander fra åtte ulike vassdrag fra sør i Nordland til nord i Finnmark, for å belyse i hvilken grad sjørøye og stasjonærrøye kan oppfattes som separate forvaltningsenheter i de ulike vassdragene.

I de åtte undersøkte vassdragene fant vi inntil 12 ulike slektslinjer. I fem av vassdragene med anadrom røye (Koifjordvatn, Laksvatn, Ringvatn, Strandvatn og Vassdalsvatn) fant vi "homogene" populasjoner, dvs. at det neppe eksisterer noen genetisk differensiering mellom vandrende (anadrome) og ikke-vandrende (residente/stasjonære) individer. Det samme fant vi i Tromvikvatn, men her finnes det trolig kun stasjonær/resident røye. Røyebestandene i hvert av disse vassdragene kan derfor trolig forvaltes som én bestand.

I to av vassdragene (Storvatn og Oksfjordvatn) fant vi imidlertid klare tegn på genetisk differensiering. I Storvatn i Leirfjord (Nordland) var den anadrome formen (sjørøya) klart genetisk forskjellig fra en vesentlig mer småvokst og dyptlevende stasjonær form. Den genetiske forskjellen mellom de to populasjonene ($F_{ST} = 0.130$; $p < 0.0001$) var faktisk større enn den genetiske forskjellen mellom sjørøyebestandene i Storvatn i Nordland og Koifjordvatnet i Øst-Finnmark. Bestanden i Storvatn er således unik og så vidt vi vet den eneste potensielle sjørøyebestanden i landsdelen med både en klar økologisk og genetisk bestandssplitting. Røyene fra de to populasjonene kunne også skilles på morfologiske karakterer (se forsidebildet). I Oksfjordvatn fant vi indikasjoner på at det finnes inntil 4 populasjoner av røye, der minst en av populasjonene antas å være vandrende (anadrome). På grunn av for få individer i hver gruppe var det imidlertid ikke mulig å kvantifisere den genetiske/reproduktive forskjellen mellom populasjonene. Røyebestandene i Storvatn og Oksfjordvatnet kan ikke forvaltes som én homogen bestand.

For øvrig fant vi svært begrenset genflyt mellom røye fanget i de åtte vassdragene, noe som tyder på at sjørøya stort sett gyter i hjemvassdraget.

Både Storvatn (90 m) og Oksfjordvatn (60 m) er svært dype, og det er som oftest i dype (og/eller store) innsjøer en finner økologiske og eventuelt genetiske bestandssplittings. Kunnskapen om økologisk segregering og genetisk slektskap mellom bestander i samme vassdrag er svært mangelfull, og er derfor en stor utfordring for forvaltningen. Vi vil derfor oppfordre til en mer grundig genetisk undersøkelse av røyebestanden i Oksfjordvassdraget, der det i tillegg til å fange fisk i innsjøen, bør fanges røye også i utløpselva og i den største innløpselva, samt at det bør foretas innsamling av genetisk materiale fra sportsfiskefangstene. Det bør også iverksettes undersøkelser av røyebestanden i Storvatn, der fangstene av sjørøye har avtatt fra nærmere 2 500 fisk i 1999 til bare et 100-talls fisk årlig de siste fire årene.

Martin-A. Svenning, NINA-Tromsø, Framsenteret, 9296 Tromsø. E-post: martin.svenning@nina.no

Innhold

Sammendrag	3
Innhold	4
Forord	5
1 Innledning	6
2 Områdebeskrivelse	7
2.1 Materiale og metoder.....	9
2.1.1 Innsamling av røyemateriale.....	9
2.1.2 Genetiske analyser.....	10
3 Resultater	12
3.1 Slektslinjer hos røye i de åtte vassdragene.....	12
3.2 Splitting innen bestandene.....	14
4 Sammenfattende diskusjon	15
5 Referanser	18

Forord

Det finnes sjørøye i om lag 100 vassdrag i Nord-Norge, og i de fleste av disse er det trolig to hovedformer av fisk, dvs. vandrende (sjørøye) og ikke-vandrende individer (stasjonærrøye). I dette prosjektet har vi foretatt en genetisk analyse av røye, fanget på garn og/eller i fangstfeller, i åtte vassdrag i Nord-Norge. Hovedhensikten har vært å påvise eventuell slektskap mellom sjørøye og stasjonærrøye, både mellom og innen de ulike bestandene, samt forsøke å belyse i hvilken grad sjørøye og stasjonærrøye kan oppfattes som separate forvaltningsenheter i disse vassdragene. To av vassdragene ligger i Nordland (Storvatn i Leirfjord og Strandvatn i Evenes), fire vassdrag ligger i Troms (Oksfjordvatn i Nordreissa, Tromvikvatn og Ringvatn i Tromsø, samt Laksvatn i Balsfjord/Tromsø) og to vassdrag ligger i Finnmark (Vassdalsvatn i Loppa og Koifjordvatn i Gamvik).

Vi takker alle grunneierlagene og/eller fiskeforeningene som har røktet fangstfellene i utløpselvene fra Storvatn, Strandvatn, Vassdalsvatn og Koifjordvatn. Videre takker vi Trond Johansen og Narve Johansen for innsamling av fisk i Vassdalsvatn, Ringvatn, Laksvatn, Tromvikvatn og Storvatn. En stor takk også til Helene H. Lødemel som hadde ansvaret for DNA-ekstraksjonen.

Undersøkelsen er delfinansiert med midler fra Direktoratet for naturforvaltning og vi takker Direktoratet for tildelingen. Vi takker også Fylkesmannen i Finnmark og FeFo for økonomisk støtte til etablering og røkting av fangstfeller i Vassdalsvatn og Koifjordvatn.

NINA-Tromsø, 30. april 2013

Martin-A. Svenning
(prosjektleder)

1 Innledning

Røye, *Salvelinus alpinus*, er verdens nordligste ferskvannsfisk og finnes hele veien rundt Polhavet. I Europa har den vid utbredelse på Grønland og Island, i Skandinavia, delvis på Kola-halvøya og helt nord i Finland, og er også relativt vanlig i Skottland og Irland. Det finnes dessuten isolerte bestander i Sør-Finland, på Færøyene, i England og Wales, i Alpene og i enkelte dype innsjøer på kontinentet. Røya blir mer og mer vanlig jo lenger nord en kommer, og er den eneste ferskvannsfisk som lever og reproducerer i vassdrag på Svalbard. I Norge er den svært vanlig, med mer enn 30 000 bestander, hvorav de fleste er innsjølevende (Maitland 1995). På Sørlandet finnes den i enkelte spredte bestander, mens utbredelsen i Øst-Norge stort sett er begrensa til noen dype lavlandssjøer og en del høyfjellsjøer. Den lever også langs en stor del av kysten vestpå og er ganske vanlig i Midt-Norge. Det er likevel i Nord-Norge røya dominerer. Her finnes den ofte i to hovedformer; som stasjonær innlandsrøye eller som sjørøye. Sjørøya vandrer årlig mellom sjø og ferskvann og finnes i Norge kun nord for Bindalen. Basert på flere kartlegginger av nord-norske vassdrag med oppgang av anadrom fisk (Halvorsen m.fl. 1998, mfl. 1999, Hanssen & Svenning 1999, Svenning m.fl. 1999, 2001) har en konkludert med at om lag 100 vassdrag i landsdelen kan anses å ha en bestand av sjørøye (Halvorsen 2010).

I mange av sjørøyevassdragene finnes trolig to hovedformer av fisk, 1) vandrende (sjørøye) og 2) ikke-vandrende (stasjonærrøye) individer. Andelen som lever som sjørøyer varierer kraftig mellom de ulike vassdragene, og det har vært foreslått at andelen sjørøyer er høyere jo lenger nord en kommer (Halvorsen 2010). Litt forenklet kan en si at sjørøyene er kroppsbyggere som foretar flere sommervandringer ut i sjøen før de gyter, mens de ferskvannsstasjonære individene gyter ved små kroppsstørrelser og satser det meste av energien på å bygge opp gonader. Dette kan resultere i at bestandene segregerer økologisk i to størrelsesgrupper (Svenning 2010). Et sentralt spørsmål for forvaltningen er om denne segregeringen bare representerer ulike livshistorieuttrykk, dvs. at foreldrepar av både sjørøye og stasjonærrøye kan gi opphav til begge røyeformene, eller om sjørøya og stasjonærrøya i et vassdrag representerer to reproduktivt og genetisk atskilte bestander.

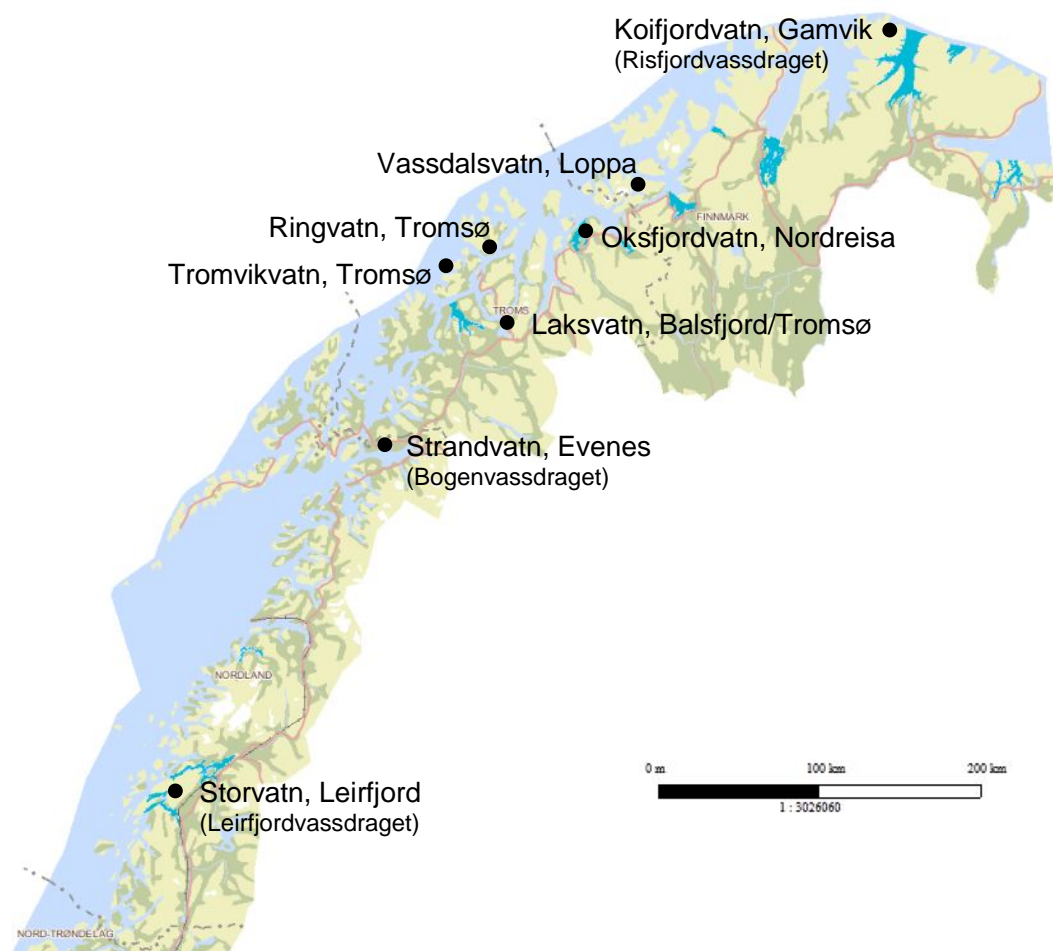
En god grunnkunnskap om bestandsstruktur og genetisk slektskap er sentralt når fiskeforskriftene skal bestemmes. I revideringen av elveforskriftene for fisket etter anadrom fisk de siste årene har det vært iverksatt innstramminger i fisket etter sjørøye (Svenning mfl. 2012), og kunnskap om det genetiske forholdet mellom sjøvandrende og stasjonær røye innenfor et vassdrag, vil være en helt sentral og nødvendig kunnskapsbrikke når denne typen reguleringsforslag skal evalueres. Fra merke-gjenfangst studier vet vi at sjørøya - i alle fall i enkelte sesonger - er fleksibel i forhold til vassdrag, ved at umoden fisk gjerne overvintrer i andre vassdrag enn der de ble merket. Vi vet imidlertid lite om denne fleksibiliteten også gjelder gyting. Dersom det er slik at sjørøya vandrer mellom vassdrag og gyter flere steder, er konsekvensen at flere nærliggende vassdrag kan dele på samme røyebestand. Dette har klare konsekvenser for hvordan man vurderer bestandsstatus og hvordan man implementerer og samordner regulerings tiltak i og mellom nærliggende vassdrag.

DNA-mikrosatellitter har vist seg å være godt egnet til å bestemme populasjonsstruktur, så vel som individers slektskap (Selkoe & Toonen 2006). I de senere årene er det utviklet flere mikrosatellittmarkører som egner seg svært godt for å påvise eventuelle genetiske forskjeller mellom ulike røyeformer (sjørøye og stasjonær) i samme innsjø, samt mellom sjørøyebestander fra ulike vassdrag (Svenning 2010, Westgaard mfl. 2004, Præbel & Knudsen 2012).

Målsettingen med denne undersøkelsen har vært å påvise eventuelt slektskap mellom sjørøye og stasjonærrøye innen og mellom bestander fra åtte ulike vassdrag i Nord-Norge. Videre vil vi forsøke å belyse i hvilken grad sjørøye og stasjonærrøye kan oppfattes som separate forvaltningsenheter i de ulike vassdragene, samt hvorvidt sjørøya er sterkt knyttet til sitt hjemvassdrag eller gyter mer fleksibelt i flere vassdrag.

2 Områdebeskrivelse

I denne rapporten har vi studert åtte sjørøyebestander, spredt geografisk fra søndre del av Nordland til nord-østre del av Finnmark (**figur 1**). To av vassdragene ligger i Nordland (Storvatn og Strandvatn), fire vassdrag ligger i Troms (Oksfjordvatn, Tromvikvatn, Laksvatn, Ringvatn) og to vassdrag ligger i Finnmark (Vassdalsvatn og Koifjordvatn). Vassdragene klassifiseres som små og mellomstore, og nedslagsfeltene varierer fra 12 til 148 km². Alle vassdragene har innsjøer som er tilgjengelig for sjøvandrende fisk, og elvelengden mellom sjø og innsjø i disse vassdragene varierer fra 120 m til 8 km. Røymaterialet er delvis samlet inn ved garnfiske (alle innsjøene/vassdragene), samt ved hjelp av oppgangsfeller i Storvatn, Strandvatn, Vassdalsvatn og Koifjordvatn.



Figur 1 Kartutsnitt med markering av de åtte vassdragene (navngitt med innsjø og kommune) der det ble fanget potensiell sjørøye og/eller stasjonær røye til de genetiske analysene.

Storvatn, også kalt Leirelvasdraget, ligger i Leirfjord kommune, Nordland (**figur 1**). Vassdraget munner ut i havet ytterst i Vefsnfjorden mellom Mosjøen og Sandnessjøen. Det dype Storvatn (90 m), samt utløpselva på om lag 4 km, utgjør den viktigste anadrome delen av vassdraget. I tillegg finnes det to korte og strie innløpsbekker som neppe huser anadrom fisk. Vassdraget har bestander av både sjørret, sjørøye og laks. Utløpselva har tidligere behandlet med rotenon for å bekjempe lakseparasitten *Gyrodactylus salaris*, og laksebestanden vurderes derfor formelt sett som tapt (jfr. kategorisering i lakseregisteret). Sjørøyebestanden i vassdraget er innsjøbasert, dvs. at sjørøya kun gyter i selve innsjøen. I 1997 og 2008 var det satt opp fangstfeller ved utløpet av Storvatn (innsjøen), mens det i 2009 ble montert ei permanent fiskesperre, plassert om lag 1.5 km fra innsjøen og ca 2.5 km fra sjøen (se Svenning mfl. 2012).

Strandvatn i Bogen, også kalt Bogenvassdraget, ligger i Evenes kommune, Nordland (**figur 1**). Vassdraget munner ut midt i Ofotfjorden, om lag midtveis mellom Narvik og Harstad. Strandvatn, den ca 500 m lange utløpselva, samt en liten innløpsbekk (Rognsåa), utgjør anadrom del av vassdraget. Vassdraget er påvirket av vassdragsreguleringer gjennom oppdemning av Niingsvatn (510 m.o.h.) og gjennom Niingen kraftverk som har utløp i Strandvatn. Strandvatn har et areal på 2.5 km og maksdyp er 64 m (Halvorsen 2010). Vassdraget har bestander av sjørret og sjørøye, men vurderes ikke å ha noen stedegen bestand av laks (jfr. kategorisering i lakseregisteret). Sjørøyebestanden er innsjøbasert. Fangstfella som ble satt opp i 1998 og 2009, ble plassert rett nedafor utløpet av Strandvatn (se Svenning mfl. 2012).

Laksvatn ligger i Tromsø og Balsfjord kommune. Utløpselva er bare 3-400 m og renner ut i Balsfjorden. Innsjøen og utløpselva utgjør anadrom del av vassdraget. Vassdraget har anadrome bestander av både laks, ørret og røye. Sjørøyebestanden er innsjøbasert. Laksvatn har et areal på 0.8 km² og er relativt grunt med maksimum dyp på 15 m.

Tromvikvatn (også kalt Storvatn eller Tromvikvassdraget) ligger på nordvestre del av Kvaløya, ca 50 km fra Tromsø sentrum, i Tromsø kommune. Utløpselva er ca 3 km lang og renner ut i Tromvika. Det er antatt at vassdraget ikke har anadrom røye (Jørgensen & Kristoffersen 1995), men har trolig anadrom bestander av ørret. Tromvikvatn er 1,2 km² og har maksimum dyp på 43 m.

Ringvatn (Ringvatnvassdraget) ligger sørvest på Ringvassøya, Tromsø kommune. Utløpselva er ca 400 m lang og munner ut i Grøtsundet. Ringvatn har et areal på 0.7 km² og har maksimum dyp på 41 m. Det finnes sjørøye i vassdraget, men neppe anadrom bestand av laks og/eller sjørret (Jørgensen & Kristoffersen 1995). Sjørøyebestanden er innsjøbasert.

Oksfjordvatn ligger i Nordreisa kommune. Utløpselva er ca 1.5 km lang og munner ut i Reisa-fjorden. Det renner flere bekker/elver ut i vannet. I den største av disse, Vassbotnelva (Stor-elva), kan laksefisk vandre oppstrøms ca 11 km til Vaddasfossen (Berg 1964). Oksfjordvatn har et areal på i underkant av 6 km². Maksimumsdypet er ca 60 m og mer enn halve innsjøen er dypere enn 40 m. Det er anadrome bestander av både laks, ørret og røye i vassdraget. Sjørøyebestanden er innsjøbasert.

Vassdalsvatn ligger i Loppa kommune og munner ut i tettstedet Øksfjord, ytterst i Øksfjorden. Vassdalsvatn og utløpselva antas å utgjøre anadrom del av vassdraget. Vassdraget har bestander av sjørret og sjørøye. Sjørøyebestanden er innsjøbasert. Det ble satt opp fangstfelle i vassdraget i 1992 (se Svenning 1995) og i 2009 (Svenning mfl. 2012).

Koifjordvatn renner ut i Risfjorden, om lag 10 km sør for Gamvik, i Gamvik kommune. Koifjordvatn og den 3 km lange utløpselva (Risfjordelva) utgjør anadrom del av vassdraget. Det er en innløpselv som anadrom fisk kan gå vel 5 km opp i, men det er ukjent hvorvidt laksefisk gyter i elva. Vassdraget har bestander av sjørøye og laks. Sjørøyebestanden er innsjøbasert. Fangstfella som ble satt opp 2009 og 2010 ble plassert 400 m nedafor utløpet av innsjøen (Svenning mfl. 2012).

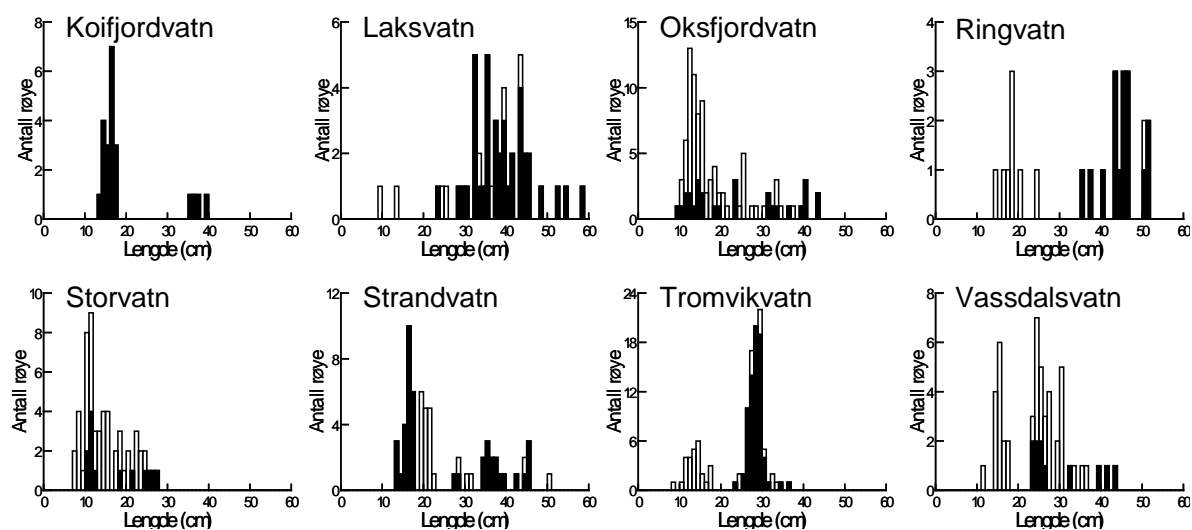
2.1 Materiale og metoder

2.1.1 Innsamling av røymateriale

Innsamlingen av røye ble foretatt ved garnfiske i innsjøene, samt delvis ved fellefangst av oppvandrende fisk. Dette er beskrevet i detalj i Svenning mfl. (2012) for fire av vassdragene, dvs. Storvatn (Leirfjordvassdraget), Strandvatn (Bogenvassdraget), Vassdalsvatn (Øksfjord, Loppa) og Koifjordvatn (Risfjordvassdraget). Her skjedde fangstene/innsamlingen ved hjelp av fangstfeller i 2009/2010, samt også ved garnfiske i 2010 (se Svenning mfl. 2012). Det ble også fisket med garn i Storvatn høsten 2012.

I de øvrige fire vassdragene (Laksvatn i Balsfjord/Tromsø, Tromvikvatn og Ringvatn i Troms kommune, samt Øksfjordvatn i Nordreissa) ble det fisket med garn på senhøsten i 2010. Under garnfisket ble det benyttet oversiktsgarn med maskevidder fra 8 til 45 mm, og garna ble satt både i litoral- (< 15 m dyp) og profundalsonen (> 15 m dyp). All fisk ble lengdemålt til nærmeste mm og veid til nærmeste g. Videre ble kjønn og stadium bestemt, samt at kjøttfarge ble vurdert til hvit, lys rød eller rød. Det ble også registrert eventuelle funn av marine parasitter, dvs. sortprikk og anisakis (se Jørgensen & Kristoffersen 1995). Videre ble både antall voksne lus, samt antall cyster av bendelmakk på innvollene, talt. Det ble klippet fettfinner av alle fiskene til bruk i de genetiske analysene.

Totalt ble det benyttet 471 røyer til de genetiske analysene. Fiskene varierte i størrelse fra 8 til 59 cm (**figur 2**) og i alder fra 1 til 14 år (**tabell 1**).



Figur 2 Lengdefordeling av røye som inngikk i de genetiske undersøkelsene. Fylte søyler representerer kjønnsmoden fisk. Legg merke til ulike skala på y-aksene (antall fisk)

2.1.2 Genetiske analyser

Mikrosatellitter er korte segmenter av DNA, vanligvis 50-200 basepar, som inneholder repeterede sekvenser av 2-6 basepar i lengde. De finnes stort sett overalt i genomet, har høy mutasjonsrate, viser stor genetisk variasjon (polymorfi) og resultatene er reproducerbare. Siden de som oftest er genetisk nøytrale, er de velegnet til å påvise eventuell genetisk variasjon mellom populasjoner. Mikrosatellitter er derfor mye brukt i studier av populasjonsstruktur, men også for å studere slektskap mellom individer. I studier av fisk benyttes i størrelsesorden 5–15 mikrosatellitter. Metoden er vanligvis artsspesifikk.

Genomisk DNA ble i denne undersøkelsen isolert fra fettfinner fra totalt 471 røye (**tabell 1**) ved hjelp av E-Z96 Tissue DNA Kit (OMEGA Bio-tek) etter produsentens anvisninger. Totalt 14 mikrosatellitter (Appendiks I) ble amplifisert i tre PCR multipleks reaksjoner i 2.5 µl reaksjonsvolumen. De fluorescensmerkede PCR produktene ble fraksjonert ved kapillærelektroforese på en ABI 3130 XL Automated Genetic Analyzer (Applied Biosystems).

Tabell 1 Antall røye fra de åtte innsjøene som lot seg analyser genetisk, dvs. ga tolkbare genetiske data.

	< 5 år	5-6 år	7-8 år	> 8 år	Totalt
Koifjordvatn (Koi)	6	9	5	2	22
Laksvatn (Lak)	5	21	11	10	47
Oksfjordvatn (Oks)	41	30	12	9	92
Ringvatn (Rin)	1	7	1	16	25
Storvatn (Sto)	33	13	9	2	57
Strandvatn (Str)	18	25	10	12	65
Tromvikvatn (Tro)	30	43	34	5	112
Vassdalsvatn (Vas)	18	17	12	4	51
Totalt	152	165	94	60	471

Allelene ble scoret automatisk i predefinerte bins i GeneMapper 3.7 (Applied Biosystems) og manuelt verifisert. I tillegg ble 2-5 % av genotypene re-isolert og kjørt på alle 14 mikrosatellitter for å sikre robuste genotyper (se f.eks. Pompanon mfl. 2005). Der ble ikke identifisert uoverensstemmelser mellom de originale og re-isolerte genotyper.

For å bestemme graden av reprodutiv adskillelse mellom de ulike røyepopulasjonene ble F_{ST} (Weir & Cockerham 1984) estimert mellom lokalitetene og det ble testet for statistisk signifikans med 10 000 permutasjoner ved hjelp av ARLEQUIN 3.5.1.2 (Excoffier & Lischer 2010). De parvise F_{ST} verdiene ble korrelert med korresponderende geografiske distanser for å teste effekten av geografi på den genetiske strukturen (f.eks. barrierer for genflyt, skille mellom mønstre av historisk og moderne genflyt og andre geografisk betingede prosesser). I denne test beregnes Slatkin's (1993) "likhets distanse" ($M' = ((1/ F_{ST})-1)/4$) og det forventes at populasjoner som er geografisk nær hverandre også er genetisk mer lik hverandre. Denne regresjonen testes formelt med en partiell Mantel test med 1000 permutasjoner.

Vi undersøkte i tillegg populasjonsstruktureringen ved hjelp av “unrooted neighbour-joining (NJ) clustering analysis” av Nei’s minimum genetiske distanse (D_m). Treet ble konstruert og testet for konsistens med 1 000 bootstraps ved hjelp av programmet POPULATIONS (Langella 2005). En prøve av røye fra Bjørnøya ble brukt til å assistere struktureringen av treet (se **figur 3**). Treet ble kombinert med en Bayesisk strukturanalyse som implementert i STRUCTURE 2.3.2 (Pritchard mfl. 2000).

To ulike modeller ble testet: 1) en modell som antok admiksing og korrelerte allelefrekvenser mellom de K populasjoner (varierende burn-ins på 100 000 - 200 000 replikasjoner og deretter 150 000 - 1 000 000 MCMC replikasjoner). Scenario ble kjørt uavhengig fem ganger for å sikre konsistens, 2) en modell som i 1) men hvor funksjonen LOCPRIOR ble inkludert for å assistere struktureringen. Denne funksjonen hjelper modellen til å nå konvergens ved små populasjons-genetiske forskjeller både innad og mellom populasjonene/lokalitetene. Prøvelokalitetene ble brukt som input til LOCPRIOR funksjonen. De første kjøringene ble gjort med begge modellene, der $K = 1 - 20$ ble testet for å målrette modellen, hvorpå $K = 1 - 16$ ble kjørt fem ganger. For begge modellene ble den beste grupperingen og antall populasjoner (K) (høyst $\ln \Pr(X|K)$) i datasettet funnet med STRUCTURE HARVESTER (Earl & vonHoldt 2012). Vi kjørte det samlede datasettet med begge modellene og lokalitetene enkeltvis med modellalternativ 1. I tilfellet hvor lokalitetene ble kjørt enkeltvis, ble F_{ST} (Weir & Cockerham 1984) estimert mellom de identifiserte populasjonene for Storvatn som illustrasjon på styrken på den reproduktive adskillelse mellom de ulike livshistoriene.

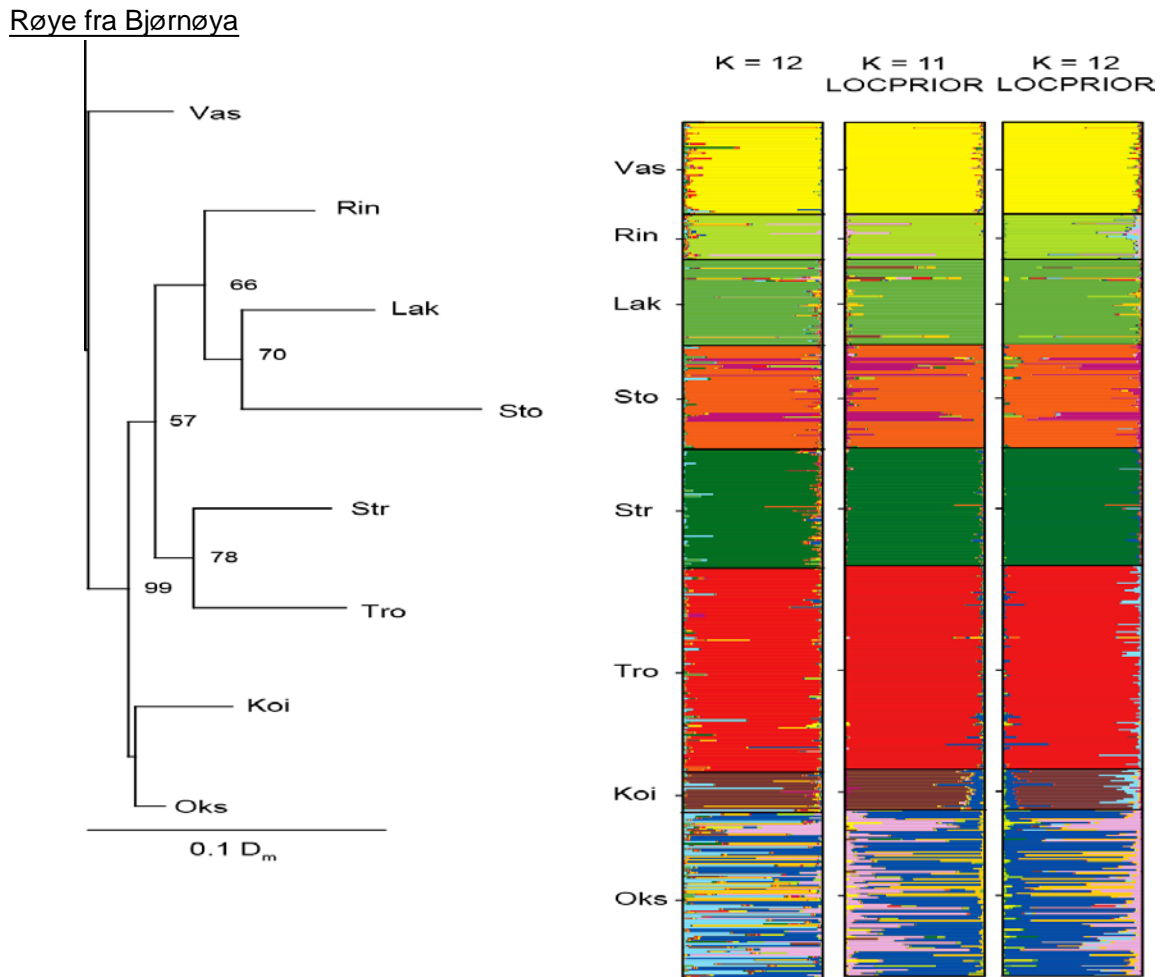
Ved å bruke STRUCTURE-analysen som en tilhørighetstest fant vi at 79 % av individene hadde minst 80 % tilhørighet til en populasjon, mens 17 % av individene hadde 50-79 % tilhørighet til en populasjon og 4 % av individene ikke hadde noen påvisbar tilhørighet til noen av populasjonene. Ved å forutsette minst 75 % sannsynlighet (tilhørighetsscore) kunne 394 individer (84 %) tilordnes en av de 12 populasjonene (clustrene).

3 Resultater

3.1 Slektslinjer hos røye i de åtte vassdragene

Tolkningen av de genetiske analysene (STRUCTURE) viste til dels stor grad av strukturering mellom de åtte lokalitetene, samt at det totalt ble identifisert 11 eller 12 genetisk adskilte populasjoner. Det var rimelig godt samsvar mellom disse modellene, dvs. at uten noen *a priori* informasjon ble det funnet 12 populasjoner, mens det ut fra LOCPRIOR-modellen ble funnet å være 11 eller 12 populasjoner.

Den generelle genetiske strukturen, påvist ved hjelp av STRUCTURE-analysene, var også i godt samsvar med "neighbour-joining (NJ) clustering analysen" av Nei's minimum genetiske distanse (D_m) (**figur 3**), hvorav de tre vassdragene Ringvatn, Laksvatn og Storvatn, og de to vassdragene Strandvatn og Tromsvikvatn, dannet hver sin gruppe (i en felles gren), mens Koifjordvatn og Oksfjordvatn grupperte seg separat. Vassdalsvatn fremsto som den mest isolerte lokaliteten, noe som også var i samsvar med STRUCTURE-analysen (se **tabell 2, 3**).



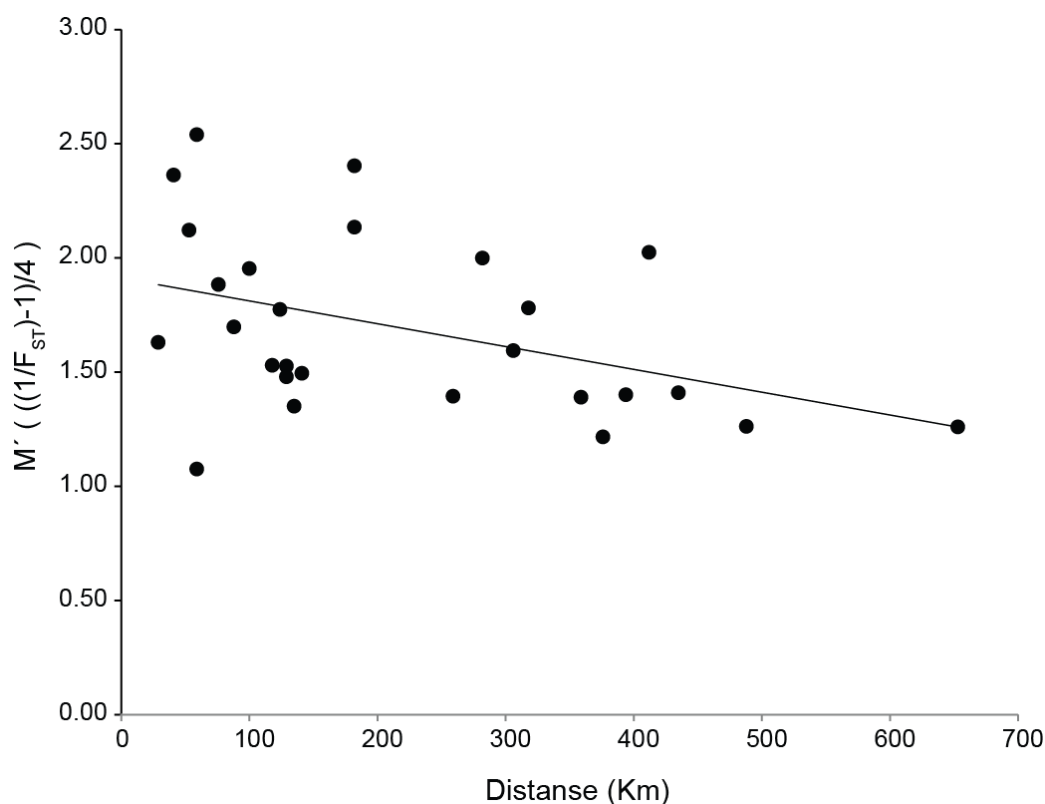
Figur 3 Genetisk struktur hos røye fra de åtte lokalitetene. Genetisk tre basert på Nei's minimum genetiske distanse (D_m) ble konstruert med en røyepopulasjon fra Bjørnøya som utgruppe. Kun boot-strap verdier med støtte fra mer enn 50 % av 1 000 permuteringer er vist. STRUCTURE simulering er gjort med (LOCPRIOR) og uten *a priori* informasjon om individets lokalitet resulterte i identifisering av elleve til tolv ($K = 11-12$) populasjoner. Hver horisontale linje representerer den genetiske sammensetning for ett individ og andel av farge tilkjenner forholdet av genetisk tilhørighet til de identifiserte populasjonene.

Det ble påvist signifikant genetisk forskjell mellom individer fanget i de ulike vassdragene (**tabell 2**). Minst forskjell ble funnet mellom Koifjordvatn og Oksfjordvatn ($F_{ST}=0.043$), mens det ble funnet størst forskjell mellom den rent stasjonære bestanden i Tromsvikvatn og den antatt anadrome bestanden i Laksvatn ($F_{ST}=0.189$).

Tabell 2 Grad av reprodutiv forskjell (adskillelse) mellom røye fanget i de åtte vassdragene, vist ved parvise F_{ST} verdier mellom lokalitetene. For alle verdiene er $p < 0.0001$.

	Koi	Lak	Oks	Rin	Sto	Str	Tro	Vas
Koi	-							
Lak	0.136	-						
Oks	0.043	0.117	-					
Rin	0.111	0.105	0.090	-				
Sto	0.166	0.153	0.151	0.152	-			
Str	0.110	0.141	0.094	0.143	0.152	-		
Tro	0.123	0.189	0.128	0.133	0.171	0.124	-	
Vas	0.105	0.141	0.096	0.114	0.165	0.156	0.145	-

De parvise genetiske forskjellene var ikke signifikant ($p > 0.05$) avhengig av den geografiske distansen mellom lokalitetene (**figur 4**). Dette indikerer at det er begrenset genflyt mellom populasjonene og at andre prosesser enn isolasjon (drift og mutasjon) driver divergensen mellom populasjonene (f.eks. seleksjon).



Figur 4 Korrelasjon mellom Slatkin's (1993) "likhets genetiske distanse" (M') og geografisk distanse for de åtte røypopulasjonene fra Nordland, Troms og Finnmark. Korrelasjonen ble ikke funnet signifikant ($p > 0.05$).

3.2 Splitting innen bestandene

I fem av de anadrome bestandene, dvs. fra henholdsvis Koifjordvatn, Laksvatn, Ringvatn, Strandvatn og Vassdalsvatn, samt fra den antatt rent stasjonære bestanden i Tromvikvatn, fant vi ingen genetisk oppsplitting (tabell 3).

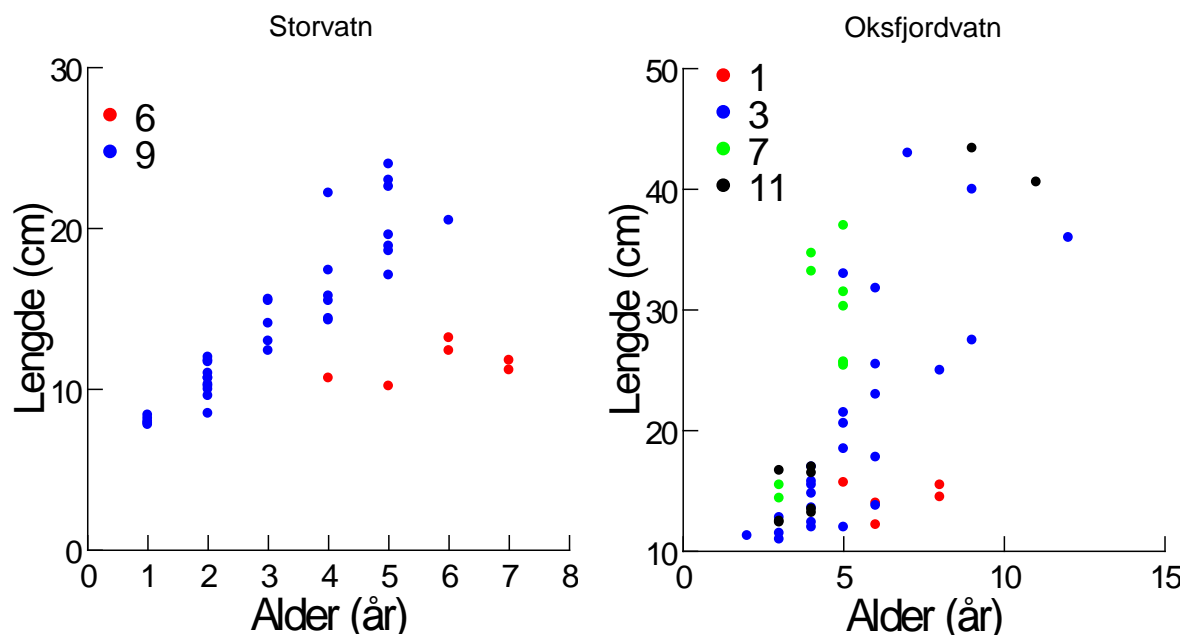
For de to andre vassdragene, Storvatn og Oksfjordvatn, fant vi klare genetiske splittinger, dvs. at det innen begge vassdragene finnes flere genetiske atskilte røypopulasjoner. Reproductiv forskjell mellom de to subpopulasjonene i Storvatn var $F_{ST} = 0.130$ ($p < 0.0001$), noe som tilsvarer den estimerte genetiske forskjellen mellom de fleste geografisk adskilte populasjonene i undersøkelsen (se **tabell 2**). Forskjellene mellom de fire subpopulasjonene i Oksfjordvatn ble ikke estimert på grunn av for få individer i hver av de fire gruppene.

Tabell 3 Røyenes fordeling i de ulike populasjonene basert på minst 75 % genetisk tilhørighet til populasjonen.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	Totalt
Koifjordvatn	0	0	0	0	0	0	0	16	0	0	1	0	17
Laksvatn	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	42	43
Oksfjordvatn	5	0	26	0	0	0	10	0	0	0	9	0	50
Ringvatn	1	22	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	23
Storvatn	0	0	0	0	0	8	0	0	42	0	0	0	50
Strandvatn	0	0	0	0	0	0	0	0	0	60	0	0	60
Tromvikvatn	0	0	0	0	102	0	0	0	0	0	0	0	102
Vassdalsvatn	0	0	0	48	0	0	1	0	0	0	0	0	49
Totalt	6	22	26	48	102	8	12	16	42	60	10	42	394

De to genetisk atskilte populasjonene i Storvatn har ulik årlig tilvekst, dvs. at det er en klar overensstemmelse mellom genetisk tilhørighet og vekstmønsteret hos røyene (**figur 5**). Videre ble alle individene klassifisert som "populasjon-6" fanget i profundalsonen, mens "populasjon-9" individene ble fanget både i litoral- og profundalsonen.

I Oksfjordvatn var sammenhengen mellom vekstmønster og populasjonstilhørighet mer kompleks enn i Storvatn, men de mest saktevoksende individene er gruppert under "populasjon-1", mens de mest hurtigvoksende fiskene i stor grad tilhører "populasjon-7" (**figur 5**). Videre ble individer klassifisert som "populasjon-7" og/eller "populasjon-11" kun fanget i litoralsonen, mens "populasjon-1" og "populasjon-3" ble fanget i både litoral- og profundalsonen.



Figur 5 Alder ved lengde hos de genetisk analyserte røyene som ble fanget i Storvatn (venstre) og i Oksfjordvatn (høyre). Røyenes tilordning til de ulike populasjonene er vist med ulike farger og nummer (jfr. tabell 3). Genetisk tilhørighetsscore er satt til 0.75.

4 Sammenfattende diskusjon

I de åtte undersøkte vassdragene fant vi inntil 12 ulike populasjoner. I fem av vassdragene med anadrom røye (Koifjordvatn, Laksvatn, Ringvatn, Strandvatn og Vassdalsvatn) fant vi trolig "homogene" populasjoner, dvs. at det neppe eksisterer noen genetisk differensiering mellom vandrende (anadrome) og ikke-vandrende (residente/stasjonære) individer. Det samme gjelder i Tromsvikvatn, men her finnes det trolig kun stasjonær/resident røye.

I to av vassdragene (Storvatn og Oksfjordvatn) fant vi imidlertid klare tegn på genetisk differensiering. I Storvatn fant vi to populasjoner, dvs. at den anadrome fraksjonen ser ut til å være genetisk forskjellig fra de småvokste stasjonære individene. I Oksfjordvatn fant vi sågar sterke indikasjoner på inntil 4 populasjoner, der minst en av populasjonene er vandrende (anadrom).

Koifjordvatn

I 2009 og 2010 ble det registrert henholdsvis 3 154 og 4 006 oppvandrende sjørøye i fiskefella i utløpselva til Koifjordvatn, noe som indikerer at vassdraget har en av de beste sjørøyebestandene i landsdelen (Svenning mfl. 2012). Fangstene av sjørøye har imidlertid variert svært mye og viser en avtagende trend, fra mer enn 2 700 sjørøyer i 1992 til mindre enn 100 sjørøyer i årene 2008-2012. Den svake sammenhengen mellom fangstene og antall oppvandrende fisk skyldes enten svært lav fangbarhet (Svenning mfl. 2012) og/eller underrapportering fra sportsfiskerne.

Av de 50 prøvene fra Koifjordvatn kunne bare 22 la seg analysere genetisk og ved å sette tilhørighetsscore til 75 %, var det kun 17 individer som kunne tilordnes en av de 12 populasjonene. Materialgrunnlaget er derfor noe sparsomt, men vi tror likevel at røyebestanden ikke er differensiert i genetisk reproduktivt adskilte bestander. Alle de 22 individene var gytemodne, og alle fiskene mindre enn 20 cm var hanner. Under garnfisket i 1998, 2009 og 2010, samt under

fangstfelleregistreringene i 2009 og 2010, avlivet vi totalt 435 røyer (som kunne kjønnsbestemmes). Av disse var det 223 hanner (51 %) og følgelig var det ingen signifikant forskjell mellom andelen hanner og hunner i materialet. Derimot var alle modne røyer under 20 cm (n=40) hannfisk, mens mer enn 60 % av oppvandrende sjørøyer (n=80) var hunner. Dette betyr at det i Koifjordvatn trolig finnes en homogen bestand der en relativt stor del av hannene blir kjønnsmodne og gyter før de når størrelsen til førstegangsvandrerne (17-20 cm), mens den vandrende fraksjonen følgelig blir dominert av hunner. Røyebestanden i Koifjordvatn kan derfor trolig forvaltes som én bestand.

Vassdalsvatn

Det var satt opp fangstfelle i utløpselva til Vassdalsvatn både i 1992 og i 2010, mens det ble foretatt garnfiske både i 1992, 2009 og 2010 (Svenning mfl. 2012). I både 1992 og 2010 vandret det opp om lag 1 500 sjørøyer, og vassdraget har derfor en relativt god sjørøyebestand. Fangststatistikken for Vassdalsvassdraget er svært mangelfull, men i perioden fra 2003 til 2012, ble høyeste fangst registrert i 2007 (317 sjørøyer) og laveste i 2009 (65 sjørøyer). Dersom fangstrapporteringen er noenlunde riktig, betyr dette at i bare størrelsesorden 10-12 % av sjørøyene blir beskattet hvert år.

Av 51 prøver, lot 49 fisk seg analysere genetisk. Dersom en setter tilhørighetsscore på 75 % kunne 48 av de 49 (98 %) røyene tilordnes én felles populasjon, hvilket indikerer at det kun finnes én røye populasjon i Vassdalsvatn. I forbindelse med undersøkelsene i Vassdalsvatn i perioden 1992-2010, har vi avlivet mer enn 700 røye, hvorav andelen hanner utgjør ca 50 %. Hos kjønnsmodne røye mindre enn 20 cm (n=83), dominerer imidlertid hannene (92 %), mens hunnene dominerer blant oppvandrende sjørøyer (70 %). Røyebestanden i Vassdalsvatn er derfor sammenlignbar med Koifjordpopulasjonen, ved at en relativt stor andel av hannene kjønnsmodner før de når størrelsen som førstegangsvandrer, mens den dominerende fraksjonen følgelig domineres av hunner. Røyebestanden i Vassdalsvatn kan derfor trolig forvaltes som én bestand.

Oksfjordvatn

I følge fangstrapportene er det i de siste 3-4 årene fanget bare 3-400 sjørøyer i Oksfjordvassdraget, mens det i årene 2001-2007 ble fanget om lag 1 000 sjørøyer årlig. Dette er imidlertid i godt samsvar med nedgangen i fangstene av sjørøye i de fleste vassdragene i Nord-Norge (se Svenning mfl. 2012). Garnfangstene våre i 2010 inneholdt likevel en brukbar andel røye lengre enn 25 cm, men det er noe usikkert hvor stor andel av denne fangsten som var sjørøye.

I Oksfjordvatn ble det fisket med garn i 2010 og det ble fanget 132 røyer. Av 92 utvalgte fisk kunne 76 analyseres genetisk. Både ved å inkludere alle de 76 prøvene, og ved å sette tilhørighetsscore ≥ 0.75 (n=50), ble røyene tilordnet fire populasjoner (se **figur 5**). Det var vanskelig å påvise klare sammenhenger mellom de genetisk differensierte gruppene og ulike økologiske variable, siden antallet individer i hver av gruppene var såpass lavt. Men alle individene fra to av populasjonene (derav den mest saktevoksende) ble kun fanget i profundalen. Videre ble det påvist relativt stor belastning med måsemakk (*Diphyllbothrium dendriticum*) hos røyene gruppet under "populasjon-11", samt også hos noen av fiskene i "populasjon-1" og "populasjon-3". Ingen av fiskene i "populasjon-7" var infisert av måsemakk, og disse individene hadde også best tilvekst og ble utseendemessig antatt å være sjørøye. Med så mange som fire populasjoner, og totalt 50 (eller 76) individer, blir tolkningene i beste fall noe spekulative. Det er likevel overveiende sannsynlig at røyebestanden i Oksfjordvatn består av flere genetisk differensierte populasjoner. Oksfjordvatn er også en svært dyp innsjø (ca 60 m), og det er som oftest i de dypeste innsjøene en finner økologiske bestandssplittinger (se Kristoffersen mfl. 1994). Vi oppfordrer derfor til en mer grundig genetisk undersøkelse av røyebestanden i Oksfjordvassdraget, der det i tillegg til å fange fisk i innsjøen, også bør fanges røye i både utløpselva og den største innløpselva. Det burde også foretas innsamling av materiale basert på fangster fra sportsfiskerkerne.

Laksvatn

Laksvatn er en grunn innsjø, med snittdyp på ca 6 m og maksdyp på 15 m (Jørgensen & Kristoffersen 1995). I følge Jørgensen & Kristoffersen (1995) er hele røyebestanden anadrom, noe som også er i godt samsvar med denne undersøkelsen. Røya vokser relativt godt i Laksvatn, og de fleste individene over 25-30 cm er kjønnsmodne. Rapportert fangst av sjørøye i Laksvatn de siste 10 årene har variert fra 100 til 600 fisk.

Av 43 individer (tilhørighetsscore ≥ 0.75) ble 42 (98 %) tilordnet én populasjon, noe som er en sterk indikasjon på at røyebestanden ikke er splittet i flere populasjoner. Røyebestanden i Laksvatn kan derfor trolig forvaltes som én bestand.

Ringvatn

I følge Jørgensen & Kristoffersen (1995) består den voksne røyebestanden i Ringvatn nesten utelukkende av anadrom fisk, der alle hunnene, samt også de fleste av hannene, vandrer til sjøen før de blir kjønnsmodne. Dette er i rimelig godt samsvar med garnfisket i 2010, der alle røyene som var mindre enn 25 cm var umodne, mens alle over 25 cm skulle gyte i løpet av høsten.

Av de 23 røyene som ble analysert genetisk (tilhørighetsscore ≥ 0.75) ble 22 (96 %) tilordnet én populasjon, noe som tyder på at heller ikke denne bestanden er oppsplittet i flere populasjoner. Røyebestanden i Ringvatn kan derfor trolig forvaltes som én bestand.

Strandvatn

I årene 1998 og 2009 ble det registrert henholdsvis 2 187 og 2 448 oppvandrende sjørøyer i fangstfella i utløpselva til Strandvatn (se Svenning mfl. 2012). Videre ble det under garnfisket avlivet 132 og 214 røyer i henholdsvis 1998 og 2009. En relativt stor andel av fisk mindre enn 20 cm er kjønnsmodne og disse var kraftig dominert av hanner (97 %). I størrelsesgruppen over 20 cm dominerer hunnene blant de umodne fiskene (60 %). Dette indikerer at en relativt stor andel av hannene kjønnsmodner før de når størrelsen som førstegangsvandrere, mens den dominerende fraksjonen domineres av hunner.

De 60 røyene som ble analysert genetisk ble alle tilordnet én populasjon. Bestanden i Strandvatn ligner derfor bestandene i Koifjord- og Vassdalsvatn, ved at relativt mange av hannene kjønnsmodner ved små størrelser, dvs. før de når størrelsen som førstegangsvandrere, mens hunnene foretar flere sjøvandringar før de blir gytemodne. Røyebestanden i Strandvatn kan derfor trolig forvaltes som én bestand.

Storvatn

I Storvatn (Leirfjordvassdraget) ble oppvandrende røye registrert i utløpselva i 1997, samt årlig fra og med 2008. Vi har også fisket med garn i innsjøen i 1997 og 2009 (se Svenning mfl. 2012), samt supplerte med et nytt garnfiske i 2012. Antallet oppvandrende sjørøye har variert kraftig fra over 2 500 fisk i 1998 til i underkant av 500 i 2008, litt over 900 i 2009 og knappe 300 i 2010. I de to siste årene (2011 og 2012) vandret det opp om henholdsvis 707 og 537 sjørøyer (pers. medd. Espen Holthe). Andelen røye i garnfangstene (i forhold til ørret) har også avtatt fra 52 % i 1997 til bare 22 % i 2009 (se Svenning mfl. 2012). Hos 60 % av røyene større enn 25 cm ble det registrert marine parasitter, noe som indikerer at de fleste store røyene er anadrome. Det ble også funnet både hunner og hanner blant modne fisk mindre enn 20 cm, noe som kan indikere at det også finnes en mer småvokst og stasjonær røyefraksjon i vassdraget (Svenning mfl. 2012).

De 50 røyene fra Storvatn som ble analysert genetisk, ble tilordnet to genetisk ulike populasjoner. De 42 relativt store, mest hurtigvoksende og typiske sjørøyene, ble tilordnet én fraksjon ("populasjon 9"), mens de 8 mest saktevoksende røyene ("dvergene") ble tilordnet "populasjon

3" (se **figur 5**). Vi fant stor reprodutiv forskjell mellom de to populasjonene ($F_{ST} = 0.130$; $p < 0.0001$), dvs. større genetisk forskjell enn f.eks. mellom røyebestanden i Storvatn i Nordland og røyebestanden i Koifjordvanet i Øst-Finnmark. Dog bør selve tallveriden (F_{ST}) ikke tillegges alt for stor vekt på grunn av det relativt få antall individer i "populasjon-3". Røyene fra de to populasjonene i Storvatn hadde også relativt ulikt utseende (se forsidebildet).

Røyebestanden i Storvatn representerer trolig to ulike livshistoriestrategier, bestående av vandrende og ikke-vandrende individer, som også er genetisk differensiert i to reprodutivt atskilte bestander. Bestanden i Storvatn er således unik og så vidt vi vet den eneste potensielle sjørøyebestanden i landsdelen med både en klar økologisk og genetisk oppsplitting mellom vandrende og ikke-vandrende individer. I de senere årene har fangstene av sjørøye i Storvatn imidlertid sunket drastisk fra nærmere 2 500 fisk i 1999 til et 100-talls fisk årlig de fire siste årene.

Både Storvatn (90 m) og Oksfjordvatn (60 m) er svært dype, og det er som oftest i dype (og/eller store) innsjøer en finner økologiske og eventuelt genetiske bestandssplittings hos røye (Kristoffersen mfl. 1994). Kunnskapen om økologisk segregering og genetisk slektskap mellom bestander i samme vassdrag er svært mangelfull (se Dodson mfl. 2013), og er derfor en stor utfordring for forvaltningen. Vi vil derfor oppfordre til en mer grundig genetisk undersøkelse av røyebestanden i Oksfjordvassdraget, der det i tillegg til å fange fisk i innsjøen, også bør fanges røye i både utløpselva og den største innløpselva, samt at det også foretas innsamling av genetisk materiale fra sportsfiskefangstene. Det bør også iverksettes undersøkelser av røyebestanden i Storvatn, der fangstene av sjørøye har avtatt kraftig de siste årene.

5 Referanser

Dodson, J., Aubin-Horth, N., Thériault, V. & Páez. D. 2013. The evolutionary ecology of alternative migratory tactics in salmonid fishes. *Biol. Rev.* doi: 10.1111/brv.12019

Earl, D.A. & von Holdt, B.M. 2012. STRUCTURE HARVESTER: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Cons. Gen. Res.* 4, 359-361.

Excoffier L, Lischer HEL (2010) Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Mol. Ecol. Res.* 10, 564-567.

Halvorsen, M. 2010. Sjørøyevassdragene i Nord-Norge; 100 eller 400? Rapport. Nordnorske Ferskvannsbioleger/Museum Nord, 1-40.

Halvorsen, M., Svenning, M-A. & Kanstad Hanssen, Ø. 1998. Kartlegging av fiskebestandene i potensielle sjørøyevassdrag i Finnmark - NINA oppdragsmelding 542:1-30.

Halvorsen, M., Kanstad Hanssen, Ø. & Svenning, M-A. 1999. Kartlegging av fiskebestandene i potensielle sjørøyevassdrag i Nordland - NINA oppdragsmelding 543:1-70.

Hanssen, Ø.K. & Svenning, M-A. 1999. Kartlegging av fiskebestandene i potensielle sjørøyevassdrag i Nordland - del 2. NINA oppdragsmelding 622:1-12.

Jørgensen, L. & Kristoffersen, K. 1995. Sjøvandrende og stasjonær røye og ørret i vassdrag i Troms. Fylkesmannen i Troms. Rapport nr. 60. 97 s.

Kristoffersen, K., Hallvorsen, M. & Jørgensen, L. 1994. Influence of parr growth, lake morphology and freshwater parasites on the degree of anadromy in different populations of Arctic charr (*Salvelinus alpinus*) in Northern Norway. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.*, 51, 1229-1246.

Langella, O. 2005. Populations, a free population genetic software (1999-2005). Available from: http://bioinformatics.org/project/?group_id=84.

Pompanon, F., Bonin, A., Bellemain, E. et al. 2005. Genotyping errors: Causes, consequences and solutions. *Nat. Rev. Gen.* 6, 847-859.

Pritchard, J.K., Stephens, M. & Donnelly, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155, 945-959.

Præbel, K. & Knudsen, R. 2012 Genetiske undersøkelser av ørret (*Salmo trutta*) og røye (*Salvelinus alpinus*) i Fustvassdraget med henblikk på å bevare genetisk diversitet og variasjon etter rotenonbehandling. Fylkesmannen i Nordland. Rapport. 23s.

Selkoe, K.A., Toonen, R.J. 2006. Microsatellites for ecologists: a practical guide to using and evaluating microsatellite markers. *Ecology Letters* 9, 615-629.

Slatkin, M. 1993. Isolation by distance in equilibrium and non-equilibrium populations. *Evolution* 47, 264-279.

Svenning, M-A. 1995. PUSH-rapport R01: Røye i havbeite. Møkkelandsvassdraget og Finnmarksdelen. Oppsummering av havbeiteprogrammet, røye, perioden 1990-95. 204 s.

Svenning, M-A. 2010. Kannibal- og sjørøyebestander på Svalbard; genetiske røyemorfer med spesielle forvaltningskrav? Rapport til Svalbards miljøvernfond. NINA Minirapport 297, 14 s.

Svenning, M.A. 2010. Metodikk for prøvofiske etter røye på Svalbard. - NINA Rapport 645. 30 s. Norsk institutt for naturforskning (NINA), Tromsø

Svenning, M-A., Johansen, M. & Kanstad-Hanssen, Ø. 1999. Kartlegging av fiskebestandene i potensielle sjørøyevassdrag i Finnmark - del 2. NINA oppdragsmelding 586:1-37.

Svenning, M-A., Johansen, M. & Rikardsen, A. 2001. Kartlegging av fiskebestandene i potensielle sjørøyevassdrag i Finnmark - del 3. NINA oppdragsmelding 699:1-29.

Weir, B.S. & Cockerham, C.C. 1984. Estimating F-statistics for the analysis of population-structure. *Evolution* 38, 1358-1370.

Westgaard, J.I., Klemetsen, A., & Knudsen, R. 2004. Genetic differences between two sympatric morphs of Arctic charr confirmed by microsatellite DNA. *J. Fish Biol.* 65: 1185-1191.



Norsk institutt for naturforskning (NINA) er et nasjonalt og internasjonalt kompetansesenter innen naturforskning. Vår kompetanse utøves gjennom forskning, utredningsarbeid, overvåking og konsekvensutredninger.

NINAs primære aktivitet er å drive anvendt forskning. Stikkord for forskningen er kvalitet og relevans, samarbeid med andre institusjoner, tverrfaglighet og økosystemtilnærming. Offentlig forvaltning, næringsliv og industri samt Norges forskningsråd og EU er blant NINAs oppdragsgivere og finansieringskilder.

Virksomheten er hovedsakelig rettet mot forskning på natur og samfunn, og NINA leverer et bredt spekter av tjenester gjennom forskningsprosjekter, miljøovervåking, utredninger og rådgiving.

ISSN:1504-3312
ISBN: 978-82-426-2563-2

Norsk institutt for naturforskning

NINA Hovedkontor

Postadresse: Postboks 5685 Sluppen, NO-7485 Trondheim

Besøks/leveringsadresse: Tungasletta 2, NO-7047 Trondheim

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

E-post: firmapost@nina.no

Organisasjonsnummer 9500 37 687

<http://www.nina.no>

Samarbeid og kunnskap for framtidens miljøløsninger