

Genetisk struktur til ørret i Norsjø med tilløpselver

Jan Heggenes og Jens Wollebæk



Denne rapportserien utgis av:

Naturhistorisk museum
Postboks 1172 Blindern
0318 Oslo

www.nhm.uio.no

Publiseringsform:

Trykket og elektronisk (pdf)

Forfattere:

Jan Heggenes og Jens Wollebæk

Sitering:

Heggenes, J. og Wollebæk, J. 2020. Genetisk struktur til ørret i Norsjø med tilløpselver. Naturhistorisk museum, Universitetet i Oslo, Rapport nr. 91, 32 s. + Vedlegg

ISSN nr. 1891-8050

ISBN nr. 978-82-7970-117-0

Forsidebilde: Innsamling av ørret til vevsprøver i Sauarelva 2018.

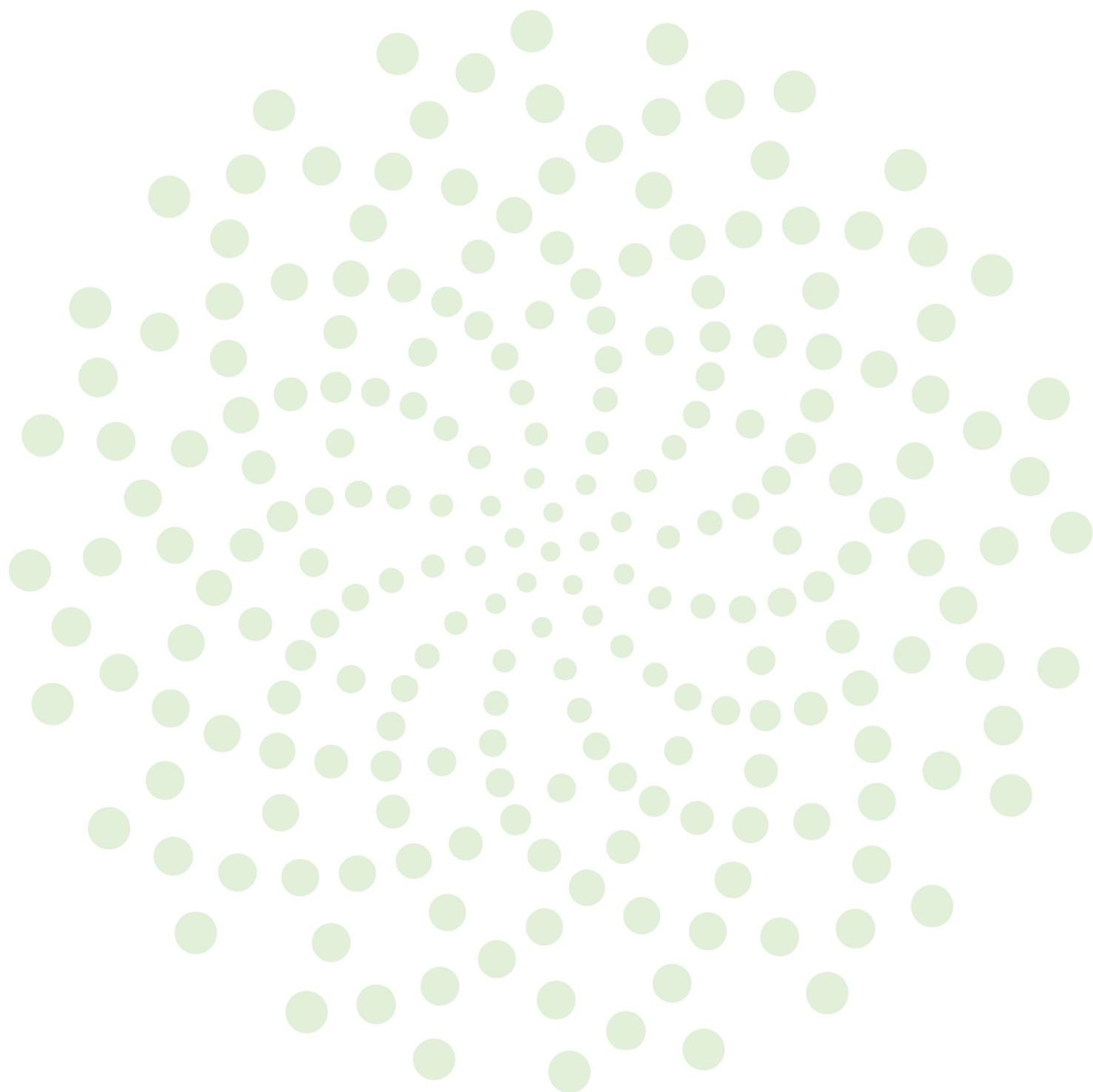
Foto: Jan Heggenes



Genetisk struktur til ørret i Norsjø med tilløpselver

Jan Heggenes og Jens Wollebæk





Antall sider og bilag: 32 sider + vedlegg		Tittel: Genetisk struktur til ørret i Norsjø med tilløpselver	
Rapportnummer: 91	Gradering: Åpen	Prosjektleder: Jan Heggenes	Prosjektnummer: 480077
ISSN: 1891-8050	Dato: 2020-05-15	Oppdragsgiver(e): Øst Telemark Brukseierforening (ØTB)	
ISBN: 978-82-7970-117-0		Oppdragsgiversref.: Nicolai Østhus (ØTB)	

Sammendrag:

Det er en målsetting for fiskeforvaltningen å bevare stedege fiskebestander. Det bevarer større genetisk variasjon, og det antas at lokal genetisk variasjon gjenspeiler tilpasning av fisk til det lokale miljøet den lever i. Ørreten vandret naturlig inn i hele den aktuelle delen av vassdraget rett etter siste istid, og dannet deretter naturlige selvreproduserende bestander. Målsettingen for undersøkelsen var å undersøke gjeldende lokal genetisk variasjon og struktur hos ørret i Norsjø med viktige tilløpselver og -bekker, og eventuelt tilhørighet for stor ørret i Norsjø.

De naturlige bestandene av ørret har siden 1860 årene blitt påvirket av menneskelige vassdragsinngrep (kanalisering, dambygging, utsettinger). I regi av regionale/lokale vassdragsregulanter har det siden ca. 1980 systematisk blitt innsamlet stamfisk av ørret fra mindre elver og bekker, hovedsakelig på Norsjø sin østside, for oppdrett i lokalt klekkeri (Eiksrød) og utsettinger i Norsjø, Heddøla, Tinnelva og Bøelva. Hvordan den omfattende kultivering har påvirket den genetiske variasjonen for ørret i systemet har likevel så langt vært ukjent.

Til foreliggende undersøkelse ble vevsprøver (fettfinne klipp) innsamlet fra stamfisk på Norsjø-bekkene øst (2016-2018), mens prøver på anadrom strekning i Bøelva (øverst-nederst), Heddøla (øverst-nederst), Tinnelva (ved Tinfosøyren) og Sauarelva (øst-vest ved Blodspreg) ble innsamlet i forbindelse med elektrofiske utført primært for å undersøke rekruttering (2017-2018). Vevsprøver av all tilgjengelig fanget stor ørret (> 1 kg) er innsamlet uavhengig av fangststed, i hovedsak i et nært samarbeid med trolling fiskere i Norsjø (2016-2018).

Genetiske analyser av 20 mikrosatellitt loci (korte DNA biter) for tilsammen 14 lokaliteter og 395 ørret, dokumenterte at det fremdeles er betydelig genetisk variasjon mellom og innad de undersøkte lokalitetene. Analysene indikerer et felles opphav for undersøkte ørret individer (> 97 %), og understrukturer som i hovedsak var knyttet til vandringsmuligheter og geografiske avstander, fremfor menneskelige vassdragsinngrep. Analysene indikerte en usikker, men mulig inndeling i to genetiske delpopulasjoner, hvor noen få individer fra Heddøla og nedre Bøelva synes å skille seg ut. Ørret i bekkene som renner inn i Norsjø danner en gruppe, mens Kullhusbekken (også kalt Åsdalsåa; utløp i Sauarelva) skiller seg noe ut. Norsjøbekkene har små geografiske avstander og et felles oppvekstområde i Norsjø, noe som gjør utveksling av gytefisk sannsynlig. Om noe, har dette blitt forsterket av felles innsamling av stamfisk og oppdrett i klekkeri, og gjenutsetting i Norsjø. Det synes derimot biologisk vanskelig å forklare at Kullhusbekken for enkelte analyser ligger nærmest Tinnelva/Heddøla. Ørret i hovedelvene Heddøla, Tinnelva og Bøelva synes genetisk å ha opprettholdt historisk etablerte forskjeller mellom elvene, men med en mulig understruktur hvor deler av nedre Bøelva og deler av øvre Heddøla skiller seg ut i en egen populasjon. Relativt liten forskjell mellom flere individer her gjenspeiler trolig

naturlig vandring av enkelte ørret mellom elvene, som har felles oppvekstområde i Norsjø, og/eller via tilbakevandrende sjøørret og muligens også storørret. Det kan også være påvirket av utsettinger.

En overordnet samlet analyse av ørret fra hovedelvene viser genetiske forskjeller, slik at omfanget og effekten av slik genflyt over tid trolig er beskjedent. Stor ørret fra Norsjø kan ha ulikt genetisk opphav, og kan komme fra alle de undersøkte rekrutteringslokalitetene, men lå genetisk nærmere hovedtilløpselvene, mest Sauarelva, noe som tyder på at Sauarelva er viktig for rekruttering av stor ørret i Norsjø.

Emneord: ørret, genetisk struktur, Norsjø, forvaltning, utsetting

Forord

Som grunnlag for en bedre kunnskapsbasert forvaltning av fiskebestandene i Norsjø vassdraget, ble mer systematiske, årlige undersøkelser igangsatt i 2016 etter avtale med Øst Telemark Brukseierforening ved direktør Nicolai Østhus. Undersøkelsene består av flere delprosjekter, hhv. fangstfeller for å undersøke smoltutvandring om våren, og elektrofiske på utvalgte stasjoner ettersommer/høst for å undersøke artssammensetning og rekruttering (rapporteres separat) (Schartum *et al.* 2019). Foreliggende rapport omhandler den første undersøkelse av genetisk struktur til ørret i Norsjø med tilløpselver og -bekker.

De tre delprosjektene er alle et samarbeidsprosjekt mellom Universitetet i Sørøst-Norge (USN) og LFI ved Naturhistorisk museum, Universitetet i Oslo.

Det rettes en takk til Grenland Sportsfiskere ved Tore Askjem og til sportsfiskere i Norsjø for verdifulle opplysninger og hjelp til innsamling av materiale.

Oslo 2020-04-27

Jan Heggenes

Innhold

1.	Innledning	9
2.	Materiale og metoder	14
2.1	Innsamling av fisk.....	14
2.2	Laboratorietekniske analyser	14
2.3	Genetiske analyser	15
3.	Resultater og kommentarer	17
3.1	Genetisk diversitet	18
3.2	Genetisk hovedstruktur	20
3.3	Genetisk struktur mellom lokaliteter	22
3.4	Migrasjon	26
4.	Konklusjoner.....	28
5.	Referanser	29
	Vedlegg.....	33

1. Innledning

Ørret er den mest utbredte arten i Telemarksvassdraget (Fig. 1). Den vandret naturlig inn rett etter siste istid, og finnes med naturlige selvreproduserende bestander i hele vassdraget. Ørret har imidlertid siden ca. 1850-tallet blitt utsatt i vassdraget for å styrke bestandene (Huitfeldt-Kaas 1918; Huitfeldt-Kaas 1927; Bleken Rud 1967). Bestandene er også stedvis sterkt påvirket av vassdragsreguleringer gjennom de siste hundre år. Sjørret og laks var tidligere også vidt utbredt i Telemarksvassdraget, men forsvant oppstrøms Skotfoss omkring 1870-tallet som en følge av kanalisering, industrialisering og reguleringer i nedre deler av vassdraget. Fisketrapp i Skotfoss ble først bygget i 1952 (ombygd 1977, 2013), men har inntil nylig fungert i varierende grad. For snart 40 år siden ble derfor kultiveringsinnsatsen betydelig opptrappet i form av større utsettinger av sjørret og laks i øvre del av vassdraget (Carm & Langkaas 1993).

Regulantene er siden den tid pålagt betydelige utsettinger som et kompenserende tiltak (Tabell 1, Vedlegg 1) (Carm & Langkaas 1993; Solhøi 1994; Hvidsten 2010). Fra 1980 er det satt ut laks og ørret i Norsjø og oppover i hovedtilløpselvene Bøelva, Heddøla og Tinnelva på det som inntil sent 1800-tall var naturlige anadrome gytestrekninger (Fig. 1). Siden 1988 er vassdragsregulantene pålagt årlig utsetting, først av 270 000 yngel (ca. 200 000 laks og 70 000 ørret) (Carm & Langkaas 1993). Yngelen ble satt ut i Bøelva og Heddøla, og for ørret også på Norsjø bekkene. Stamfisk for ørret ble fanget ved elektrofiske om høsten på Norsjø-bekkene og opp til Sauarelva/Bråfjorden (Åsdalsåa, Tveitåa; i 1998-99 ble det satt ut noe fisk med opphav fra drivgarnsfiske i Tinnelva). I 1998 ble pålegget endret til (Tabell 1; Vedlegg 1): 9 175 fettfinneklapte én-somrig settefisk av laks i Heddøla og 27 525 fettfinneklapte én-somrig settefisk av ørret i Norsjø og Heddøla. Det ble satt ut ca. 9 500 ørret i Heddøla, resten ble fordelt på strandlokaliteter i Norsjø (jfr. driftsplan for Norsjø, fotnoter i Tabell 1) (Kontrakt nr. 4500008571 for 2014; Nicolai Østhus, Tor Askjem, pers. med.). Det ble fortsatt satt 100 000 yngel av laks i Bøelva. Fra 2016 ble også pålegget om utsetting av laks i Bøelva endret til 9 175 fettfinneklapte én-somrig laks. Det er derfor siden 1998 årlig satt ut 27 525 fettfinneklapte én-somrig settefisk av ørret, av disse ca. 9 500 i Heddøla, resten fordelt i Norsjø. Stamfisken har blitt hentet på Norsjø-bekkene opp til Sauarelva/Bråfjorden.

Til tross for disse betydelige utsettinger, har effekten av utsettingsinnsatsen vært dårlig dokumentert. Tetthet av ungfisk har vært undersøkt vha. systematisk elektrofiske med ujevne mellomrom i Bøelva, Heddøla, Tinnelva og Bliva (Solhøi 1992; Halari, Olsen & Sydtveit 2005; Hvidsten 2010; Bendixby & Sandem 2014). Noen få undersøkelser av gytebestander og gyteplasser er også gjennomført (Heggenes & Dokk 1995; Heggenes *et al.* 1998; Wollebæk, Thue & Heggenes 2003). For å danne grunnlag for en bedre kunnskapsbasert forvaltning av fiskebestandene i vassdraget, ble mer systematiske, årlige undersøkelser igangsatt i 2016. Det

benyttes nå fangstfeller for å undersøke smolt utvandring om våren, og elektrofiske på utvalgte stasjoner ettersommer/høst for å undersøke artssammensetning og rekruttering (Schartum *et al.* 2018; Heggenes 2019; Schartum *et al.* 2019). I 2019 ble det også igangsatt et større prosjekt med radiomerking av laks og sjøørret. I denne sammenheng er også kunnskap om genetisk struktur hos ørret og laks grunnleggende nødvendig for en økologisk basert riktig kultivering og forvaltning. Dette er tidligere ikke undersøkt i disse deler av vassdraget. Foreliggende rapport omhandler den første undersøkelse av genetisk struktur til ørret i Norsjø med tilløpselver og -bekker.

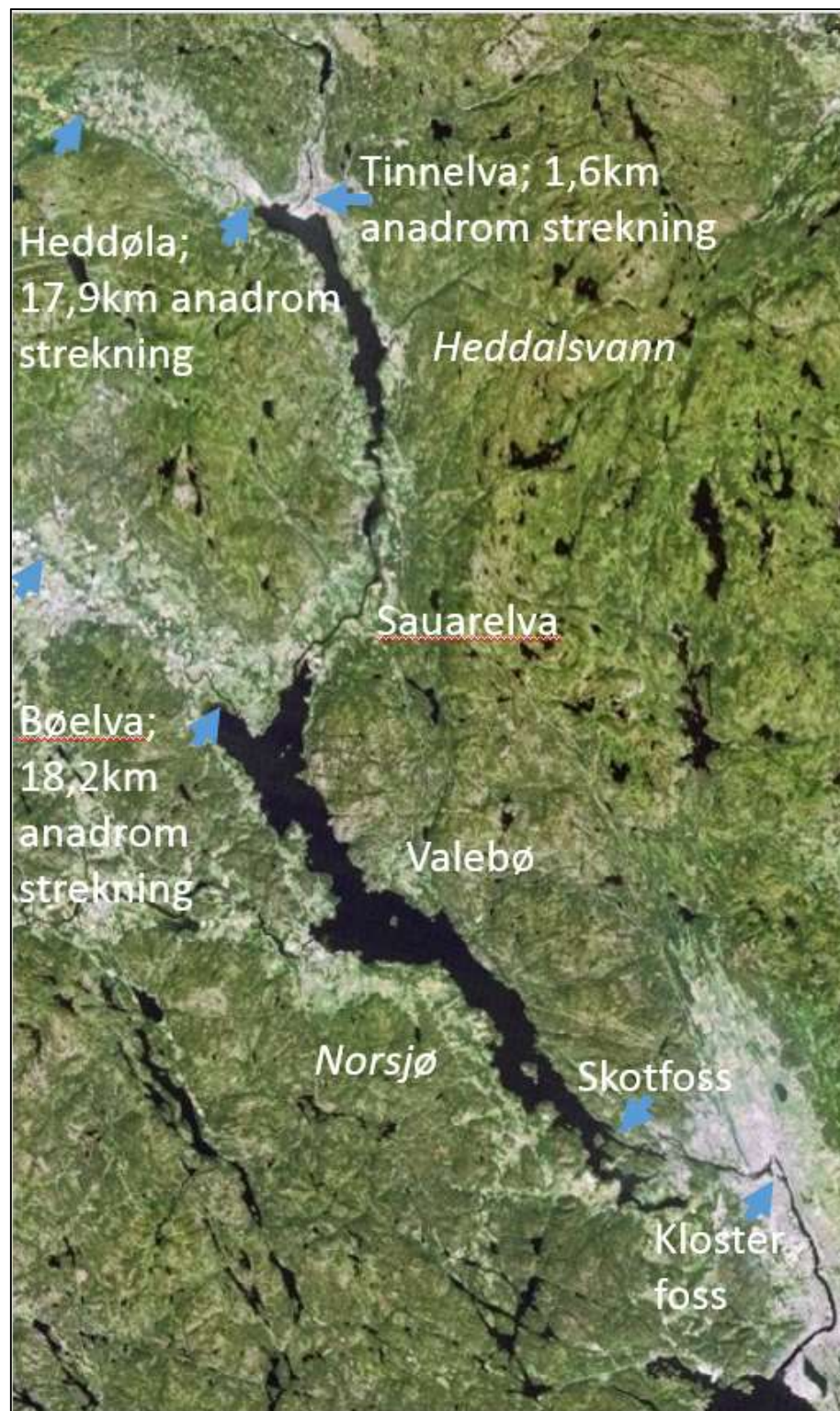
Tabell 1. Oversikt over gjeldende og aktuelle utsetninger av laks og ørret (Fra kontrakt nr. 4500008571 for 2014, oppdatert her; Nicolai Østhus og Tor Askjem, pers. med.).

Magasin/elv	Antall totalt	Andel (%)	Antall levert	Type	Art	Stamme	Regulant
Bøelva	9175 ^a	61	41968	Yngel	Laks	Klosterfoss/ Skotfoss	Skagerak
Bøelva		24	16512	Yngel	Laks	Klosterfoss/ Skotfoss	ØTB
Bøelva		15	10320	Yngel	Laks	Klosterfoss/ Skotfoss	Statkraft
Norsjø/ Heddalsvann	27525 ^b	61	16790	1-somrig	Ørret	Valebø	Skagerak
Norsjø/ Heddalsvann		24	66060	1-somrig	Ørret	Valebø	ØTB
Norsjø/ Heddalsvann		15	4129	1-somrig	Ørret	Valebø	Statkraft
Heddøla	9175 ^c	61	5597	1-somrig	Laks	Klosterfoss/ Skotfoss	Skagerak
Heddøla		24	2202	1-somrig	Laks	Klosterfoss/ Skotfoss	ØTB
Heddøla		15	1376	1-somrig	Laks	Klosterfoss/ Skotfoss	Statkraft

a: satt oppstrøms Oterholtfoss siden ca. 2005 (Alf Hvitsand, pers. med.)

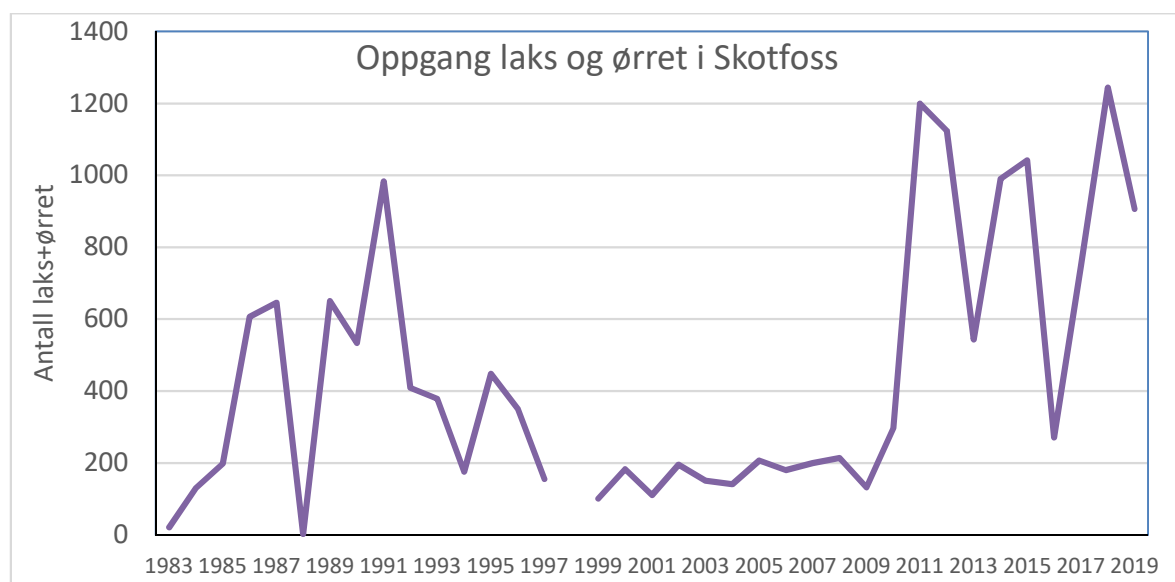
b: 6000 settes direkte i strandsonen i nedre Norsjø. Helgen/Holla grunneierlag tildeles 3500, Valebø 3000, Sauarelva/Heddalsvann 6000 og Heddøla grunneierlag 9175 i Heddøla nedstrøms Melås bru, i henhold til driftsplan for Norsjø.

c: settes i hovedsak oppstrøms Melås bru fordelt på 4 steder. Siden 2010; hvorav 2-3000 1-somrig laks nedstrøms Melås bru ved Heddøla grunneierlag.



Figur 1. Det aktuelle utsettings og undersøkelsesområdet i midtre og nedre del av Telemarksvassdraget.

Selv om ørretbestandene i øvre del av vassdraget er klart dominert av stedefisk, er det også et bidrag fra oppvandrende sjørørret. Dette kan ha betydning også for genetisk struktur. Total oppgang av laks og sjørørret i de nederste trappene i vassdraget (Klosterfossen og Mølla) har normalt vært rundt 1 000 -1 500 individer (Klosterfossen 1983-2011: gjennomsnitt 1 109 fisk/år $\pm$ SD 657; Mølla 2006-2011: 173 fisk $\pm$ 122) (Dag Natedal pers. med.). Tidligere gikk bare 200-300 fisk normalt opp trappa i Skotfoss, selv om dette har variert svært mye mellom år (Fig. 2; 1983-2011: 289 fisk $\pm$ 228, min. 2 fisk i 1988, maks. 983 i 1991). Trappa har ikke fungert så godt som ønskelig. I 2011 og 2012 var oppgangen av fisk uvanlig stor, med 1 124 laks og sjørørret i laksetrappa ved Skotfoss. Det er ikke skilt på artene, men det er en klar dominans av laks. Trappa i Skotfoss ble senest i 2013 ombygd for å lette oppgangen. Total oppgang var 543 i 2013, herav 485 laks og 58 sjørørret. Bortsett fra 2016, har oppgangen siden 2011 vært større enn i tidligere år (Fig. 2) (Dag Natedal, pers. med.).



Figur 2. Samlet oppgang av laks og ørret i fisketrappa i Skotfoss 1983-2019.

Det er bestander av stor ørret både i Norsjø og Heddalsvatn, med hhv. Bøelva/Sauarelva og Tinnelva/Heddøla som viktige gyte- og oppvekst elver (Museth *et al.* 2018). Iallfall i Heddalsvann blir den relativt gammel og har en jevn og utholdende vekst. Bestander av stor ørret representerer spesielle økologiske og også kulturelle verdier (Dervo, Taugbøl & Skurdal 1996; Garnås *et al.* 1997). Storørret karakteriseres gjennom sin særskilte livshistorie og kan stille særskilte livskrav, f.eks. til nærings- og gytehabitat, idet de er storvokste, fiskespisende og langtvandrende. Dette er lite undersøkt i Norsjø med tilløpselver. Det er heller ikke undersøkt om storørreten skiller seg genetisk, fra annen ørret. Stor ørret er blant innlandsvassdragenes mest verdifulle fiskeressurser, og er ofte særlig attraktivt for sportsfiskere (Kraabøl

& Aass 1995; Aass & Kraabøl 1999). Vassdragsreguleringer har imidlertid ofte hatt negative effekter på rekruttering og gytebestand (Aass & Kraabøl 1999; Sørensen 2013; Museth *et al.* 2018).

Genetisk struktur og variasjon er en grunnleggende forutsetning for biologisk mangfold og bestandenes overlevelse over tid. En bestand, definert som en felles gen-pool, er en grunnleggende funksjonell biologisk enhet (Frankham, Ballou & Briscoe 2002; Frankham 2006). Ørret viser stor økologisk variasjon (Elliott 1994). Vi vet også fra nyere genetiske studier at den er en av de mer genetisk variable virveldyrgruppene som er kjent (Heggenes *et al.* 2009). På rennende vann kan vandringshinder som fosser og dammer eller geografisk avstand føre til en oppdeling i forskjellige bestander (f. eks. Carlsson & Nilsson 2000; Carlsson & Nilsson 2001; Heggenes & Roed 2006). Det kan være ulike bestander mellom elver og vann/sjø (f. eks. Ferguson 1989; Skaala 1992; Ostergaard *et al.* 2003; Meier *et al.* 2011), innen en og samme innsjø uten noen form for barrierer (Ferguson 2004; Duguid, Ferguson & Prodöhl 2006; Heggenes *et al.* 2009), eller tilsvarende innad elver (Carlsson & Nilsson 2000; Stelkens *et al.* 2012; Wollebaek, Heggenes & Roed 2018). Ulike bestander kan leve sammen i en felles næringslokalitet gjennom store deler av livsløpet, for eksempel i Norsjø, men det er vanlig antatt at ørret ofte vandrer tilbake til sin føde-elv eller innsjø-gyteplass for reproduksjon («homing»), noe som synes vanlig hos laksefisk (se f.eks. Stewart, Quinn & Bentzen 2003; Neville *et al.* 2006; Quinn, Stewart & Boatright 2006). Lokale genetiske bestander vil dermed kunne oppstå, som regel med større genetisk forskjell med økende geografisk avstand (Hansen *et al.* 2009; Meier *et al.* 2011). Slik lokal tilbakevandring og bestandsdannelse blir ofte forstått som tilpasninger som bedrer langtidsoverlevelsen for den enkelte bestand (populasjon) (Hansen *et al.* 2002; Youngson *et al.* 2003; Hansen *et al.* 2009; Meier *et al.* 2011). Selv om dette av metodiske grunner er lite undersøkt (Jensen *et al.* 2008; Stelkens, Pompini & Wedekind 2012), er dette den teoretiske begrunnelsen for en fiskeforvaltning basert på bevaring av lokale bestander (Youngson *et al.* 2003). Selv om genetisk populasjonsstrukturering ikke nødvendigvis er ensbetydende med lokal tilpasning (Heggenes & Roed 2006; Stelkens, Pompini & Wedekind 2012), så øker evnen til å tilpasse seg endringer i det lokale miljøet oftest med graden av genetisk variasjon (Hedrick 2005). Bare et fåtall storørret bestander er undersøkt genetisk (Museth *et al.* 2018). Lokalt tilpassede og genetisk adskilte populasjoner av storørret er ikke påvist i Mjøsa-systemet (Wollebæk, Roed & Heggenes 2011), mens det for storørret i Tunhovd og Bandak kan se ut til reproduktive barrierer mellom liten og stor fisk, og generelt synes det som om storørret bestandene er knyttet til de store hovedtilløpselvene (Kraabøl *et al.* 2015; Wollebaek, Heggenes & Roed 2018).

Hovedmålsettingen for foreliggende undersøkelse var å undersøke genetisk struktur hos ørret i Norsjø med tilhørende gyte- og oppvekstlokaliteter. Resultatene vil være retningsgivende for en bærekraftig fremtidig forvaltning av ørreten i Norsjø, og det genetiske mangfold den representerer.

2. Materiale og metoder

2.1 Innsamling av fisk

Ørret fra i alt 10 rekrutteringselver/bekker til Norsjø og Heddalsvatnet er representert i undersøkelsen (Tabell 2, Fig. 3). Fordi Bøelva og Heddøla begge har en lengre anadrom strekning (ca. 18 km) ble det samlet prøver fra både øvre og nedre del. Utvalget er gjort fra et større tilgjengelig materiale innsamlet med elektrisk fiskeapparat og fettfinneklippet for vevsprøver, høsten 2016 – 2018. All fisk ble satt levende tilbake på fangststedet. Et tilfeldig utvalg vevsprøver fra 20 - 59 individer per lokalitet, fisket i 2016 i elvene Bøelva, Tinnelva, Hjartdøla og Sauarelda, ble genetisk analysert. Her ble rekrutter, fortrinnsvis 1+, 2+ og eldre ørret prioritert for å redusere mulige familieeffekter og skjev kjønnsfordeling (Allendorf & Phelps 1981; Waples 1998). Et mindre antall fisk (15 av 64 individer i Bøelva stasjon øvre, 15 av 40 i Tinnelva) ble vurdert til å være 0+, basert på lengde-frekvens fordeling og annen tilgjengelig informasjon om vekst og størrelsesfordeling (Heggenes 2019; Schartum *et al.* 2019). På de to stasjonene i Sauarelda (Fig. 3), var det imidlertid svært få fisk eldre enn 0+. I de mindre tilløpselvene og bekkene til Norsjø (Fig. 3, Tabell 2) ble vevsprøver fra eldre fisk innsamlet under det årlige stamfisket til Grenland Sportsfiskere (T. Askjem, pers. med.). Ettersom relativt få fisk ble fanget, måtte det samles inn over tre sesonger (2016-2018). Elektrisk fiskeapparat benyttet var fra Terik Technology a.s. <https://terik.no/>, type FA3 (eksponentielle pulser på 1200 V og 86 Hz frekvens). Det ble samlet inn 12 til 34 individer per lokalitet (Tabell 2, gjennomsnittslengde 359 mm, SD $\pm$ 79 mm, min. 210 mm; maks. 580 mm). Tidligere utsatt (eller prøvetatt, men da halv fettfinne) fisk er fettfinneklippet, og kan lett identifiseres. Disse utgjorde her 0 - 4 fisk per lokalitet (ikke tidligere prøvetatt). Ørret fra elvene/bekkene Tveitåa (n = 7), Dilsdalen (n = 3) og Ålrobekken (n = 1) ble genotypet, men er ikke tatt med i de videre analysene grunnet liten sample størrelse. I tillegg ble vevsprøver (fettfinner eller skjell) fra stor ørret fra Norsjø og Sauarelda (n = 17, gjennomsnittslengde 576 mm, SD $\pm$ 91 mm, min. 430 mm – maks. 700 mm) innhentet fra lokale fiskere ved sportsfiske i 2018. Et av disse individene var fettfinneklippet, dvs. tidligere utsatt, og ble prøvetatt ved skjell. Totalt undersøkt materiale er 437 ørret, hvorav 395 prøver, fordelt på 14 sample av fisk, ble inkludert i de videre genetiske analysene (Tabell 2).

2.2 Laboratorietekniske analyser

DNA ble isolert fra finner og skjell ved hjelp av spinnkolonner (Nexttec). Genetisk variasjon ble analysert i 437 fisk i 20 DNA mikrosatellitter (se Vedlegg 2 for mer detaljert protokoll).

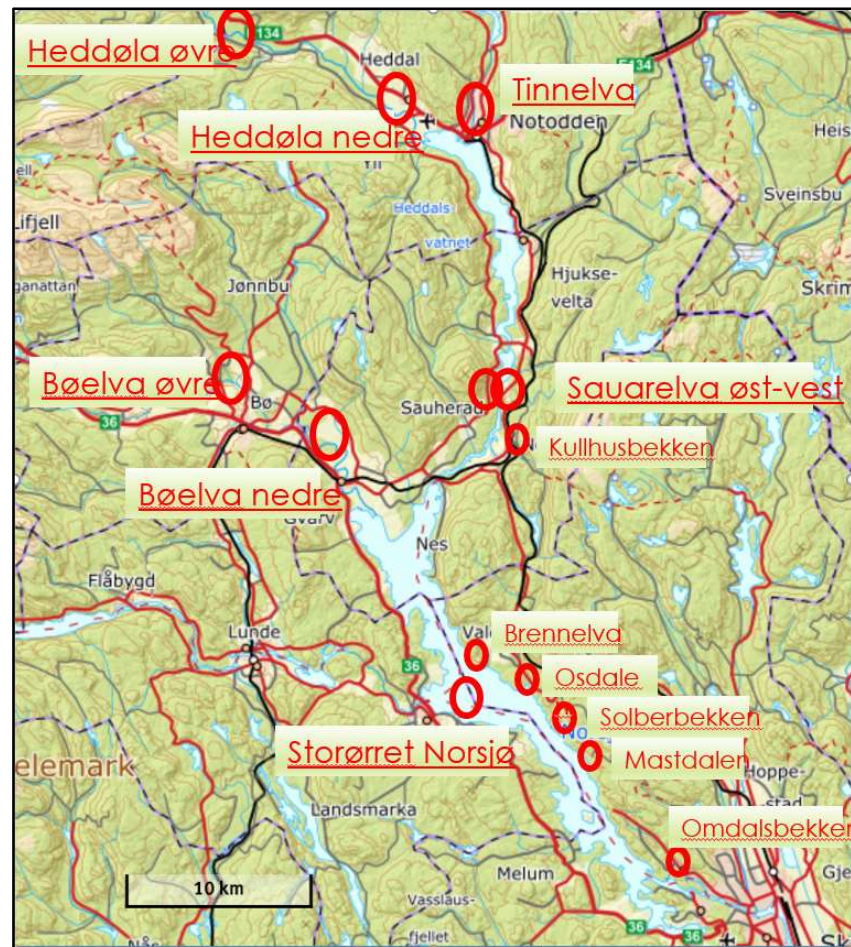
Markørene er fra ikke-kodende sekvenser i kjerne DNA, som er velegnet til å fastslå slektskap mellom individer. Markørene ble oppkonsentrert ved PCR (polymerase chain reaction) for deretter å bli separert ved elektroforese i en DNA sekvensmaskin (ABI 3100XL). Totalt ble 395 ørret, fra lokaliteter med > 5 individer og hvor > 50 % av genene ble entydig bestemt (totalt 13 894 alleler genotypet, 87,9 %) inkludert i videre analyser.

Tabell 2. Oversikt over de 14 lokalitetene som inngår i undersøkelsen, med forkortelser, samt sample størrelser.

Pop abbr.	Pop	N
BO_FOL	Bøelva	59
BO_RST	Bøelva	24
TI_OYR	Tinnelva	35
SA_OST	Saua	30
SA_VES	Saua	33
HE_OMN	Heddøla	37
HE_LYS	Heddøla	20
BRE	Brennabekken	32
KUL	Kullhusbekken	12
MAS	Mastedalen	18
OMD	Omdalsbekken	34
OSD	Osdalen	33
SOL	Solbergbekken	13
STO	Storørret	15

2.3 Genetiske analyser

Allele (genvariant) typing ble foretatt i GeneMarker (<https://softgenetics.com>), og kvalitetskontrollert ved test for null alleler, tap av store alleler og lesefeil i MICRO-CHECKER v.2.2.3 (Van Oosterhout *et al.* 2004). Allel diversitet (Nall), observert (Ho) og forventet heterozygositet (He) ble estimert i ALEQUIN v.3.5 (Excoffier & Lischer 2010). Tester for avvik fra Hardy-Weinberg (HW) likevekt for hvert locus innen populasjoner ble også utført i ARLEQUIN (etter 1 mill permutasjoner og 100 000 iterasjoner). Allel diversitet skalert for populasjonsstørrelse (Ar) ble estimert i FSTAT v.2.9.3.2 (Goudet 1995). To loci med lav genotyping og liten variasjon (SIG33 og ICISG38) ble ekskludert fra estimatene, for å kunne sammenligne populasjoner > 5 individer.



Figur 3. Kart over vassdraget med undersøkte lokaliteter.

Sannsynligheten for at en bestand relativt nylig hadde gått gjennom en flaskehals ble testet i programmet BOTTLENECK, v.1.2.02 (Cornuet & Luikart 1996) ved en Wilcoxon test etter 1000 replikasjoner under forutsetning av en to-fase modell for mutasjon (70 % single step modell).

Genetisk hovedstruktur i innlemmet materiale ble estimert ved en Bayesisk simulerings-algoritme i programmet STRUCTURE v.2.3.4 (Pritchard, Stephens & Donnelly 2000; Falush, Stephens & Pritchard 2003; Pritchard, Wen & Falush 2004), uten informasjon om fangst lokalitet. Algoritmen optimaliserer HW likevekt i populasjoner. Struktur ble estimert under forutsetning av maksimalt 14 populasjoner og en blandingsmodell med korrelerte alleler frekvenser etter en prekjøring på 100.000 MCMC, etterfulgt av 200.000 repetisjoner. Tilsvarende tester ble utført for genetisk strukturering innen elvene Bøelva, Tinnelva, Hjartdøla og Sauarelva samlet, under forutsetning om maksimalt fem populasjoner per elv.

Sannsynlig hovedstruktur ble estimert etter 10 analyser for potensielle populasjonsantall (1 - 14/5), og er presentert som sannsynligheten for ulike antall populasjoner ($L_nP(D)$) med standard avvik (SD) og ved ΔK (Evanno, Regnaut & Goudet 2005), som er en spesielt egnet summeringsstatistikk for algoritmen.

Stedegenheten for ørret ble vurdert ut fra estimert genetisk differensiering ($F_{ST} = \theta$) mellom alle sample og mellom Bøelva, Tinnelva, Hjartdøla og Sauarelva, etter hhv. 91.000 og 6.000 permutasjoner i FSTAT. Slektskapsforholdet mellom sample ble estimert ved Nei, Tajima and Tatenos (1983) sin genetiske distanse D_a etter en "neighbour-joining" modell i programmet POPULATIONS v.1.2.30 (Langella 1999), og visuelt presentert som et fylogenetisk diagram i programmet TREEVIEW v.1.6.6 (Page 1996). Robustheten til strukturen ble evaluert vha. bootstrapping over loci etter 10.000 iterasjoner. Allel frekvensfordelingene mellom de ulike sample ble videre evaluert ved en prinsipal komponent analyse (PCA), basert på en standardisert F_{ST} distanse matrix i GENALEX v.6 (Peakall & Smouse 2006).

Migrasjon av fisk mellom de 10 elvene/bekkene ble analysert ved to ulike metoder. Første- og andre generasjons migranter (F_0 og F_1) mellom elver (rekrutter og storørret samlet) ble estimert ved Pritchard, Stephens and Donnelly (2000) Bayesiske test i STRUCTURE med 5 % initial migrasjonsrate og forutsetninger som ovenfor og at samtlige bestander i Norsjø var inkludert. Ørret ble definert som migranter når tilhørigheten til lokaliteten den var fanget i var < 5 %, og da med antatt opphav fra elven den hadde høyeste sannsynlige tilhørighet til. Antall F_0 migranter ble tilsvarende estimert ved en mer konservativ allel frekvens metode i GENECLASS2 (Piry *et al.* 2004), som ikke forutsetter at alle mulige populasjoner inngår i analysen. Sannsynlighets-estimatet "L_home" ble benyttet (siden en rekke potensielle rekrutteringsområder ikke var inkludert i analysen) etter gjentakts-algoritmen til Paetkau *et al.* (2004) etter 1000 simuleringer. Individuer med tilhørighet < 5 % til alle lokaliteter ble antatt å være immigranter fra lokaliteter som ikke er inkludert i rapporten.

Sekvensiell Bonferroni korreksjon ble benyttet for gjentatte parvise tester for å balansere type I og type II feil (Benjamini & Hochberg 1995).

3. Resultater og kommentarer

Kvalitetskontrollen av genotypingen ga ingen indikasjoner på feil allel bestemmelse eller manglende amplifisering av store alleler for loci innen populasjoner. Null-allel ble indikert ved overskudd av homozygoter, og ved $< 0,05$ % kombinert sannsynlighet for samsvar mellom observert og forventet heterozygositet over allel størrelse, i majoriteten av populasjonene for loci CIG16 og CIG35.

2.4 Genetisk diversitet

Alle de 20 mikrosatellittene var variable (polymorfe) i det samlede datasettet, men uten variasjon i enkelte populasjoner for loci ICISG38 og ICISG01. Antall alleler per locus over sample var i gjennomsnitt $19,9 \pm SD 15,8$ (min 6, maks 66). Gjennomsnittlig gendiversitet (min-max antall gener), observert heterozygositet (min-max H_o) og allel rikdom (min-max A_r) over loci innen sample var henholdsvis 4,8-12,7; 0,519-0,629 og 4,1-6,8 (Tabell 3, Vedlegg 3). Estimert av allel rikdom legger til grunn antall individer i populasjonen med færrest alleler genotyper over loci, så loci CIG16 og ICISG38 ble utelatt fra disse estimatene, for å sammenligne > 5 ørret per sample. Da allel rikdom, A_r , kun ble basert på 7 individer per populasjon, er også antall gjennomsnittlig ulike alleler/antall loci genotypet, over loci, presentert (Tabell 3, Na/Ng).

Innen de større rekrutteringsområdene var det først og fremst ørret i nedre del av Bøelva (RST) og Heddøla som viste stor variasjon (A_r ; 5,8 – 6,8). Ørret fra øvre del av Heddøla hadde et spesielt stort antall alleler som ikke ble funnet i noen andre lokaliteter (Tabell 3, 54), dvs. private eller unike alleler. Sauarelva hadde relativt sett liten genetisk diversitet, og få antall unike alleler (Tabell 3; 5 private alleler). Blant de mindre rekrutteringsbekkene til Norsjø var det spesielt Kullhusbekken og Solbergbekken som viste betydelig variasjon, gitt begrensede sample størrelser her (Tabell 3; Na/Ng 0,21- 0,23). Samlet sett var det Osdalen som viste lavest variasjon og særegenhet blant de mindre bekkene (Tabell 3; ett privat allel, Na/Ng 0,11). Stor ørret fanget i næringslokaliteten Norsjø og i Sauarelva hadde lavest allel rikdom (A_r) av samtlige sample (4,1) og ingen private alleler.

Siden antall private (eller unike) alleler per populasjon vil avta om en inkluderer flere delpopulasjoner innad per elv og med stor gen-flyt seg imellom, ble private alleler mellom elver samlet sett, og uten stor ørret individene, også vurdert (Tabell 3, Nap-pool). Diversiteten var fremdeles klart høyest i Heddøla (71) og dernest Bøelva (20). Analysen indikerte også betydelig lavere, men ganske likt antall private alleler i Sauarelva og Tinnelva (hhv. 5 og 6). Videre ble allel diversiteten for elvene, uavhengig av lokaliteter innad elv, vurdert (Vedlegg 3). Resultatene, som er basert på en sammenstilling av et utvalg på 15 individer per elv, indikerte da som forventet betydelig høyere genetisk diversitet i Heddøla ($A_r = 9,54$), sammenlignet med Bøelva, Tinnelva og Sauarelva (henholdsvis 6,74, 5,46 og 5,65) (resultater ikke vist).

Tabell 3. Gjennomsnittlige diversitetsmål over loci for lokaliteter og sample. Antall individer (N), antall gener (Ng), antall alleler (Na), observert heterozygositet (He), private alleler (Nap), private alleler samlet mellom elver (Nap -pool), og allel rikdom (Ar).

Pop nr	Pop abbr.	Pop	N	Ng mean	Na mean	Na/ Ng	He	Nap	Nap-pool	Ar (*7ind)
1	BO_FOL	Bøelva	59	97,40	7,75	0,08	0,62	7	20	4,10
2	BO_RST	Bøelva	24	40,10	9,15	0,23	0,727679	13	Na	5,77
3	TI_OYR	Tinnelva	35	60,20	6,55	0,11	0,63729	6	6	4,23
4	SA_OST	Saua	30	51,70	6,70	0,13	0,632325	2	5	4,30
5	SA_VES	Saua	33	55,80	6,80	0,12	0,609381	1	Na	4,14
6	HE_OMN	Heddøla	37	63,00	12,70	0,20	0,802848	54	71	6,80
7	HE_LYS	Heddøla	20	34,70	8,45	0,24	0,759067	12	na	5,83
8	BRE	Brennabekken	32	58,80	7,80	0,13	0,697225	2	2	4,76
9	KUL	Kullhusbekken	12	22,90	4,75	0,21	0,649087	3	3	4,18
10	MAS	Mastedalen	18	34,60	5,80	0,17	0,676067	3	3	4,26
11	OMD	Omdalsbekken	34	62,90	6,55	0,10	0,662999	3	3	4,29
12	OSD	Osdalen	33	61,40	6,60	0,11	0,676565	1	1	4,31
13	SOL	Solbergbekken	13	24,30	5,70	0,23	0,688947	2	3	4,64
14	STO	Storørret	15	26,90	5,00	0,19	0,665444	0	na	4,08
Mean			28,21	49,62	7,16	0,16	0,68			5,27

*Allele rikdom for 7 tilfeldig valgte individer per populasjon

Alle sample var i HW likevekt for flertallet av enkelt-loci ($P > 0,0225$, dvs. $0,05/20$), med unntak av HE_OMN hvor 12 loci var signifikante i ulikevekt ($P < 0,0006$). HW ulikevekt var indikert i 1 – 9 loci i øvrige populasjoner. Flaskehalstesten ga ingen indikasjoner på vesentlige bestandsreduksjoner i nyere tid for populasjonene i Bøelva, Tinnelva, Sauarelva eller Heddøla ($P > 0,322$). Dette er relativt store og derfor robuste bestander. Høyere sannsynlighet for flaskehals ble derimot indikert i de mindre bekkene til Norsjø, og signifikante flaksehalser påvist i BRE ($P = 0,010$, KUL ($P = 0,025$), OSD ($P = 0,049$) og SOL ($P = 0,020$). Disse mindre bekkene har også relativt små bestander av ørret, og synes periodevis utsatt for betydelige bestandsreduksjoner, mest sannsynlig i tørkeperioder (e.g. Elliott 1994), men muligens også knyttet til overbeskatning.

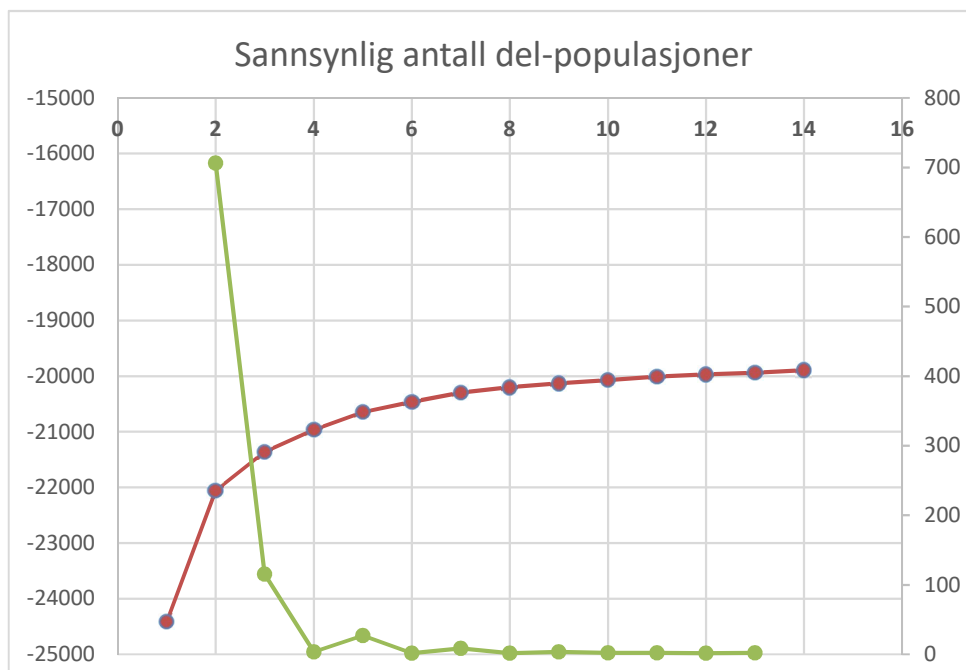
Det ble også indikert en nylig reduksjon i bestanden av storørret ($P = 0,015$), men det må da legges til at en slik test er mindre egnet for et sample av blandede populasjoner.

2.5 Genetisk hovedstruktur

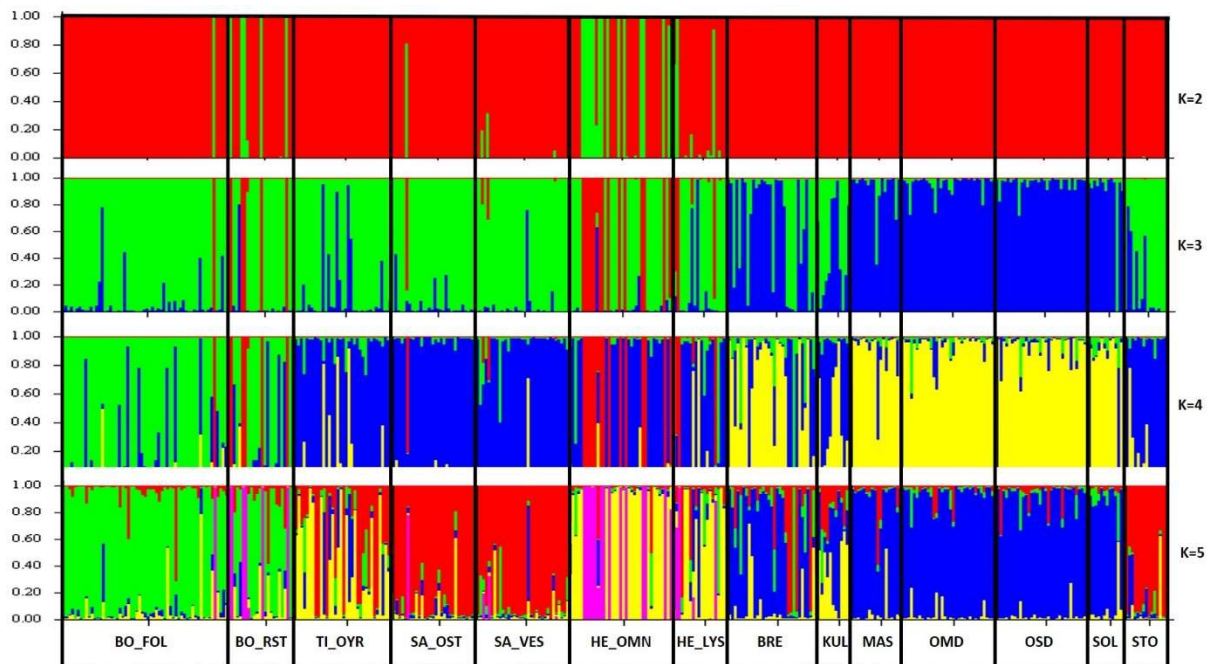
For ørret fanget i selve Norsjø med undersøkte rekrutteringselver, indikerte analysene for genetisk struktur en hovedinndeling i to del-populasjoner (Fig. 4). Denne hovedstrukturen skiller et mindre antall ørret fra nedre del av Bøelva ($n = 6$) og øvre Heddøla ($n = 14$) fra et felles opphav (Fig. 5, Vedlegg 4). Tre individer fra nedre Heddøla synes også tilhøre dette alternative opphavet. Dette er såpass få individer, at tilfeldigheter (sampling error) kan spille en vesentlig rolle. Det kan derfor være grunn til å undersøke dette nærmere gjennom å samle inn nytt og større materiale fra disse lokalitetene. Gjennomsnittlig tilhørighet til det felles opphavet var ellers svært høyt, over 97 %, for ørret fra samtlige andre lokaliteter (Vedlegg 4). Analysen sannsynliggjorde også en understruktur, som resulterte i inntil fem definerte populasjoner. Disse samsvarte i stor grad med innsamlings-lokaliteter, og synes derfor geografisk sannsynlig.

Ved en snevrere inndeling i tre populasjoner skilte ørret i de mindre bekkene BRE, MAS, OMD, OSD og SOL seg ut med en tilhørighet på over 63 % til en felles populasjon, og hvor stor ørret fra Norsjø viste tilhørighet til de store elvelokalitetene. Ved en inndeling i fire populasjoner skilte ørret fra øvre og nedre Bøelva seg ut som en egen populasjon, men hvor nedre Bøelva dels opprettholdt en genetisk signatur lik enkeltindivider i Heddøla og et felles opphav. I denne modellen opprettholder stor ørret fra Norsjø tilhørighet til Sauarelva og Tinnelva. Analysen ga også betydelig støtte til en understruktur som samlet delte materialet inn i fem del-populasjoner. Et betydelig antall fisk fra øvre og nedre del av Heddøla (> 49 %) ga sammen med et betydelig antall fisk fra Tinnelva (41 %) opphav til denne ytterligere understrukturen, som også viste genetisk likhet til flest fisk fra KUL (38 %), og som ikke ble fanget opp av det genetiske opphavet til øvrige bekker i Norsjø. Denne mest detaljerte understrukturen ga også en klar indikasjon på at 14 av 15 storørret hadde sin opprinnelse fra Sauarelva.

Tilsvarende analyser avgrenset for de store elvene Bøelva, Tinnelva, Sauarelva og Heddøla støttet samlet resultatene fra hovedanalysen; genetisk strukturering av enkeltindivider i nedre Bøelva og Heddøla i en felles populasjon var sterkere enn øvrige strukturering i systemet, men understruktur innen hver av disse elvene ble ikke påvist (data ikke vist).



Figur 4. Sannsynligheten for at analyserte individer ($N=395$) kan deles inn i 1 – 14 overordnet genetisk differensierte bestander (øvre akse), gitt ved gjennomsnittlig $\text{LnP}(D)$ på venstre akse (svart linje, standard avvik $< 38,9$), samt delta K på høyre akse (grønn linje).



Figur 5. Lokaltetsinndelt oversikt over hvert enkelt individs tilhørighet til hoved-bestandene ($K = 2 - 5$), estimert i STRUCTURE. Numeriske detaljer for de enkelte lokalitetene er gitt i Vedlegg 3.

2.6 Genetisk struktur mellom lokaliteter

Samsvarende med den underliggende geografiske struktureringen analysene viste for hovedstruktur (over), indikerte også parvise tester for genetisk differensiering betydelig stedegenhet for de fleste lokaliteter (Tabell 4); gjennomsnittlig $F_{ST} = 0,0517$ ($SD \pm 0,0239$, min 0, maks 0,0904). Mest genetisk adskilt var ørret fra øvre Heddøla (HE_OMN), som med unntak av tester mot nedre Bøelva (BO_RST, som indikert av STRUCTURE analysene) og nedre Heddøla (HE_LYS), ga parvise F_{ST} estimat $> 0,0560$. Av øvrige populasjonspaar med spesielt stor differensiering ($F_{ST} > 0,075$) var enkeltlokaliteter i Sauarelda og Bøelva mot de mindre Norsjø bekkene Omdalsbekken, Osdalsbekken og Solbergbekken (OMD, OSD og SOL). Begge lokalitetene i Sauarelda var også betydelig forskjellig fra øvre Bøelva (BO_FOL; $F_{ST} > 0,0826$). Mest lik hverandre var ørret i Norsjø bekkene Mastedalen, Brennabekken og Solbergbekken (MAS/BRE; $F_{ST} = 0,0087$ og MAS/SOL; $F_{ST} = 0,0056$) (Tabell 4). Rekrutteringslokalitetene fra ulike elver og bekker var signifikant differensierte ($P < 0,0457$) før korreksjon for multiple tester, med unntak av Bøelva-Heddøla-Sauarelda-Kullhusbekken (nedre Bøelva og Sauarelda øst (BO_RST/SA_OST), $P = 0,0588$; nedre Bøelva og Heddøla (BO_RST/HE_LYS), $P = 0,0575$), Sauarelda øst og øvre Heddøla (SA_OST/HE_OMN), $P = 0,2240$; øvre Heddøla og Kullhusbekken (HE_OMN/KUL), $P = 0,1175$) og Norsjøbekkene Brennabekken og Solbergbekken (BRE/SOL, $P = 0,1499$) og Mastedalsbekken og Solbergbekken (MAS/SOL, $P = 0,3939$). Men denne struktureringen var gjennomgående relativt svak. Etter korreksjon for multiple (91) tester, dvs. en 'strengere' testing, var det signifikant differensiering mellom øvre Bøelva og Sauarelda ($P < 0,0002$), Sauarelda vest og øvre Heddøla (A_VES/HE_OMN, $P = 0,0005$), og blant majoriteten av parvise tester for de små bekkene BRE, MAS, OMD og OSD ($p < 0,0009$).

Vi ser i Norsjø vassdraget en genetisk struktur som i stor grad gjenspeiler geografiske avstander og vandringsveier. Dette har jo en åpenbar biologisk årsak, og er vanlig å finne i økologiske studier også av ulike andre dyregrupper. Det kalles gjerne for Isolation-By-Distance (IBD) effekten (e.g. Ball *et al.* 2010; Pearse, Martinez & Garza 2011; Meirmans 2012).

Fordi det var genetisk likhet mellom fisk fra lokaliteter innen samme elv ($F_{ST} < 0,0350$, $p > 0,0457$), ble det også gjort tilsvarende analyser for genetisk differensiering mellom elver samlet. Resultatene verifiserte betydelig stedegenhet for alle elver (Vedlegg 5; gjennomsnittlig $F_{ST} = 0,0596$ ($SD \pm 0,0099$, min 0,0482, maks 0,0719). Bøelva og Tinnelva var mest lik hverandre ($F_{ST} = 0,0482$, $P = 0,0032$), men samtlige parvise tester var signifikante ($P < 0,0038$), også etter korreksjon for multiple tester.

Storørreten var mest forskjellig, men bare så vidt signifikant, fra øvre Heddøla ($F_{ST} = 0,0753$, $P = 0,0470$), men er ellers ikke signifikant forskjellig fra noen rekrutteringslokaliteter, etter

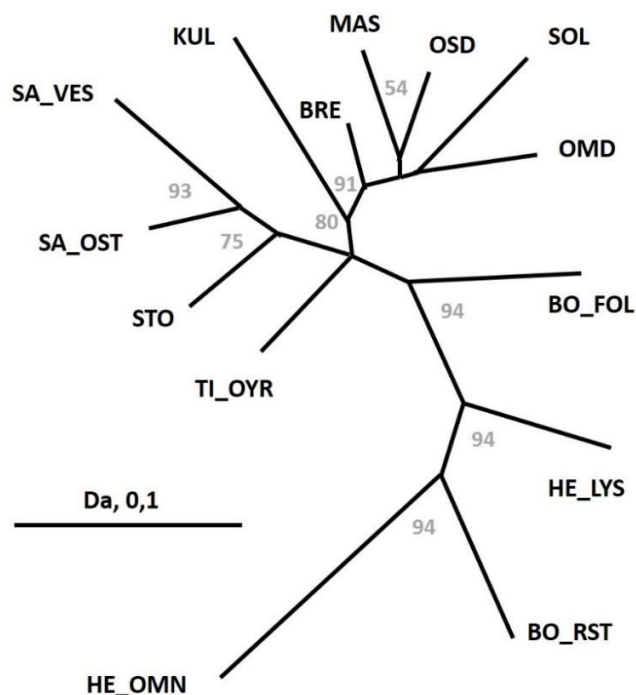
korreksjon for multiple tester. Storørret kan derfor ikke utelukkes å ha opphav i noen av de undersøkte rekrutteringslokalitetene. Relativt lave F_{ST} verdier mellom storørret og SA_OST samt SA_VES ($F_{ST} < 0,0015$, $p > 0,2877$) kan indikere at analysert storørret hovedsakelig har opphav fra Sauarelva.

Tabell 4. Parvis genetisk populasjons differensiering ($F_{ST} = \theta$) mellom sample under, og korresponderende sannsynlighet (P-verdi) over diagonalen. Populasjonspaar med sterkest differensiering er gitt mørkest grønn farge (heatmap), mens signifikante tester etter korrigering for multiple tester er uthevet med fet skrift.

	BO_FOL	BO_RST	TI_OYR	SA_OST	SA_VES	HE_OMN	HE_LYS	BRE	KUL	MAS	OMD	OSD	SOL	STO
BO_FOL		0,04569	0,00779	0,00023	0,00022	0,00655	0,0033	0,00119	0,00296	0,0002	0,00003	0,00001	0,0014	0,028
BO_RST	0,035		0,00821	0,05882	0,00385	0,02509	0,05745	0,00243	0,00578	0,00085	0,00012	0,00008	0,00858	0,066
TI_OYR	0,0501	0,0678		0,00707	0,00282	0,00408	0,00819	0,00022	0,00127	0,00045	0,00003	0,00002	0,00391	0,046
SA_OST	0,0826	0,0653	0,0464		0,822	0,22399	0,00589	0,00014	0,00267	0,00001	0,00001	0,00001	0,0006	0,287
SA_VES	0,0833	0,0689	0,0583	-0,0047		0,00053	0,00253	0,00025	0,00019	0,00001	0,00001	0,00001	0,00024	0,672
HE_OMN	0,093	0,0315	0,0751	0,0814	0,0874		0,99196	0,00058	0,11745	0,00313	0,00003	0,00002	0,00753	0,046
HE_LYS	0,0679	0,0221	0,0463	0,0497	0,0576	0,0155		0,00021	0,00337	0,00035	0,00013	0,00015	0,00598	0,066
BRE	0,0436	0,0454	0,038	0,0441	0,0517	0,0702	0,0383		0,00313	0,0024	0,00001	0,00001	0,14992	0,006
KUL	0,0365	0,0475	0,0191	0,0518	0,0588	0,056	0,0382	0,0203		0,00004	0,00001	0,00001	0,00102	0,028
MAS	0,0698	0,0675	0,052	0,0626	0,066	0,0786	0,0517	0,0087	0,0396		0,00002	0,0012	0,39391	0,019
OMD	0,0731	0,0776	0,0529	0,0814	0,0904	0,0877	0,0549	0,0242	0,0382	0,0255		0,00001	0,02495	0,003
OSD	0,081	0,083	0,0687	0,0743	0,0842	0,0869	0,0586	0,0173	0,0512	0,0109	0,0328		0,03352	0,004
SOL	0,0678	0,0581	0,0523	0,0652	0,0852	0,0761	0,0347	0,0113	0,0421	0,0056	0,0166	0,0165		0,089
STO	0,0691	0,0615	0,0346	-0,0002	0,0015	0,0753	0,0461	0,0364	0,0529	0,0362	0,0624	0,064	0,0433	

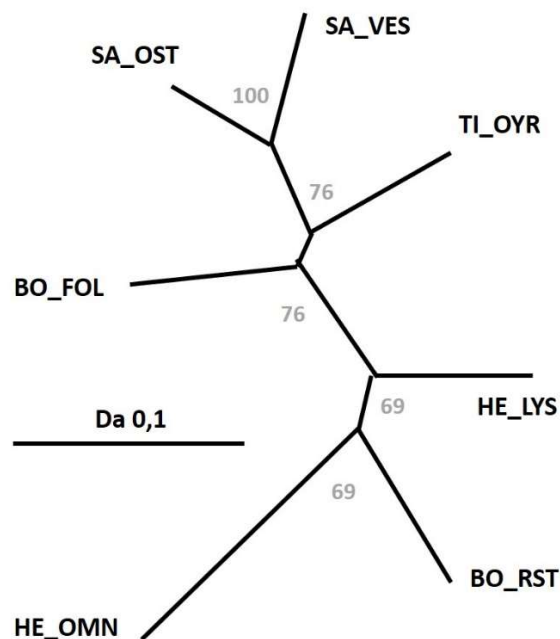
Estimater for Nei's genetiske avstand Da mellom populasjonene (Nei, Tajima & Tateno 1983) tegnet et tilsvarende bilde som for STRUCTURE og F_{ST} testene (Fig. 6). Slektskapstreet indikerer gen-flyt mellom Bøelva og Heddøla, hvor fisken potensielt deler Heddalsvannet og Norsjø som næringslokalitet. Likevel vises også en betydelig differensiering mellom elvene. Fisk fra de mindre bekkene til Norsjø grupperer i stor grad sammen, men med betydelig usikkerhet (Fig. 6, bootstrap < 54 for de fleste populasjonspaar). Videre gir analysen indikasjon på at ørret fra Sauaelva er å betrakte som en enkelt populasjon som gir opphav til et betydelig antall storørret. En tilsvarende analyse for hovedelvene med data innen hver elv samlet, støttet

opp om likheten mellom Bøelva og Heddøla på den ene siden, og Sauaelva og Tinnelva på den andre siden (Fig. 7, bootstrap > 69).

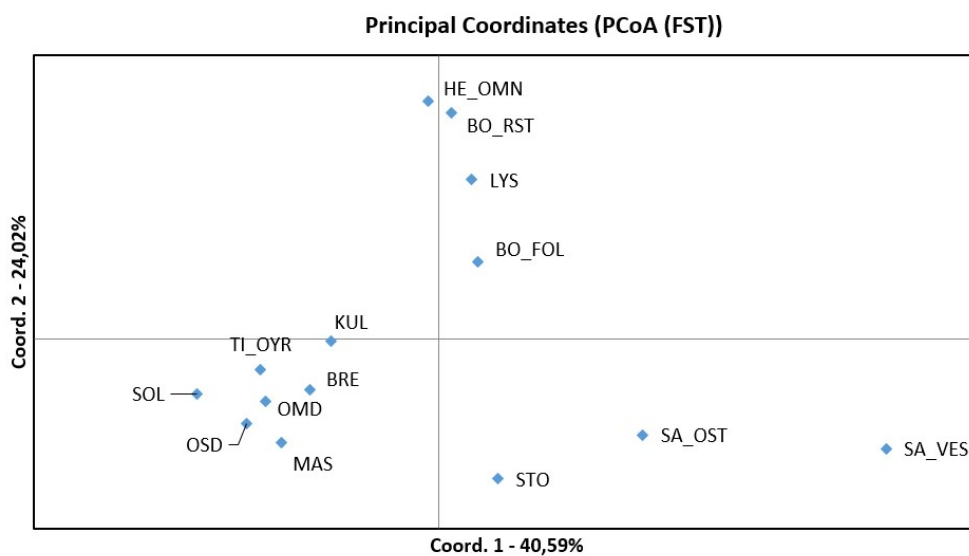


Figur 6. Fylogenetisk fremstilling som viser genetisk slektskap mellom undersøkte lokaliteter basert på Nei et al's (1983) genetiske distanse D_a . Lengden på enkeltstrenger representerer genetisk avstand. "Bootstrap-verdier" som angir sikkerheten til forgreningene, er angitt i figuren dersom > 50 %.

Analyser av hvilke populasjoner som forklarer mest av den totale genetiske variasjonen (Principal Component Analyser) støttet indikasjonene fra FSTAT analysene om at ørret i Sauaelva skiller seg noe ut, og en gruppering mellom Heddøla og nedre del av Bøelva (Fig. 8). Den første komponenten (PC1) forklarte 40,6 % av gen-frekvens variansen og skilte spesielt ut ørret fra Sauaelva som forskjellig fra ørret i Tinnelva og de mindre bekkene til Norsjø. Ytterligere 24,0 % av variasjonen ble forklart av PC2, som først og fremst skilte Heddøla og nedre del av Bøelva ut som en egen genetisk enhet. Analysen ga også støtte til at ørret i Tinnelva i dag har et blandet opphav med vesentlig slektskap til de mindre bekkene tilhørende Norsjø. De to første prinsipal komponentene støttet også de undersøkte storørretenes opphav til Sauaelva.



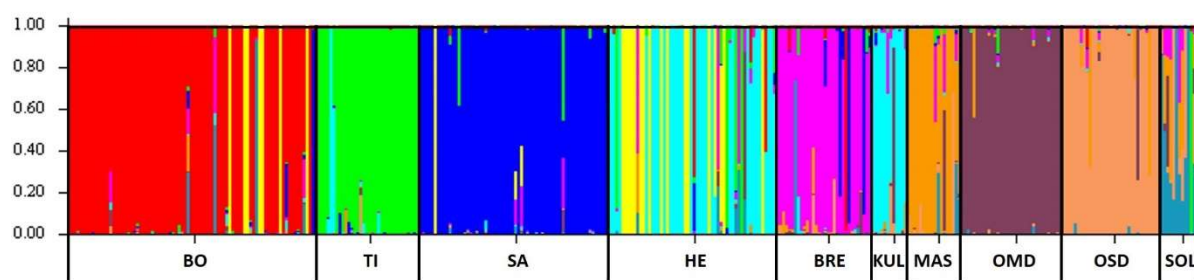
Figur 7. Fylogenetisk fremstilling som viser genetisk slektskap mellom undersøkte hovedelver samlet, basert på Nei et al's (1983) genetiske distanse D_a . Lengden på enkeltstrenger representerer genetisk avstand. "Bootstrap-verdier" som angir sikkerheten til forgreningene, er angitt i figuren dersom $> 50\%$.



Figur 8. Principal Component Analyse (PCA), basert på data standardisert distanse (F_{ST}) matrix.

2.7 Migrasjon

Migrasjonsanalysen i STRUCTURE indikerte middels til lav stedstilhørighet for ørreten i systemet. Totalt 57 av de 395 analyserte ørretene hadde særlig lav tilhørighet til lokalitetene hvor de var fanget, dvs. kan sannsynligvis være migranter. Det må minnes om at migranter ikke er et direkte uttrykk for blanding av populasjoner. Migranter består både av individer som bare er på vandring og 'besøker' lokaliteten, men noen kan også være individer som vil reproducere i lokaliteten. Andelen migranter innen en lokalitet varierte fra 0 til 70 %, bestående av både fisk med rent opphav fra andre populasjoner eller med blandet genetisk opprinnelse (Figur 9, Vedlegg 6). Ved forståelsen av resultatene må det huskes på at pga. det begrensede antall fisk per lokalitet, vil enkeltfisk gjøre betydelige prosentvise utslag. Det er derfor det overordnede mønster som må vektlegges.



Figur 9. Migrasjonsanalyse mellom vassdrag, fra STRUCTURE. Sannsynlighet for å være første eller andre generasjons migrant fra hver enkelt av de inkluderte populasjonene, forutsatt at lokaliteter representerer faktiske populasjons-oppdeling og at samtlige populasjoner er inkludert.

Ørret fanget i Heddøla skilte seg klart ut, med svakt slektskap til øvrig ørret fanget på samme lokalitet, og hvor 50,1 % av fisken viste sterkest tilknytning til Kullhusbekken (KUL). Fisken fanget i Heddøla med indikert opphav fra KUL hadde i gjennomsnitt 96,7 % tilhørighet til KUL ($SD \pm 8,4$, min 6,7, maks 1,0). Dette kan nok skyldes at det er ørret i materialet som stammer fra utsettinger, som jo har opphav i stamfisk fra Norsjøbekkene. Mellom Bøelva og Heddøla, som av de øvrige analysene viste et slektskap, syntes vandring eller annen gen-flyt fra Heddøla til Bøelva mer sannsynlig (8,4 %) enn motsatt vei (3,5 %), men forskjellene er små og dreier seg kun om en fisk eller to. Viktigere synes det overordnede mønster, at analysen for øvrig ikke ga noen indikasjon på systematisk vandring mellom geografisk nærliggende lokaliteter, eller vandringsmønster som følge av størrelse på vassdrag.

Tabell 5. Frekvensbasert migrasjonsanalyse (%) mellom vassdrag, fra Geneclass. Tilhørigheten til øvrige ørret er basert på høyeste sannsynlighet til annen lokalitet (na; ingen av undersøkte vassdrag er sannsynlig opphav).

		Tilhørighet												
Sam													Total	
ple		BO	TI	SA	HE	BRE	KUL	MAS	OMD	OSD	SOL	Na		
pop	N													
BO	83				8,4								8,4	
TI	35			8,6	2,9			2,9	2,9			17,1	34,3	
SA	63		1,6		1,6				1,6			4,8	9,5	
HE	57											28,1	28,1	
BRE	32	3,1		3,1						6,3	3,1	3,1	18,1	
KUL	12					16,7							16,7	
MAS	18		5,6			5,6				11,1	11,1		33,3	
OMD	34		2,9			5,9		5,9				17,7	32,4	
OSD	33					3,0		12,1				12,1	27,3	
SOL	13		7,7					7,7		7,7			23,1	

Den frekvensbaserte og mindre konservative metoden for å estimere migrasjon (Geneclass; Tabell 5), ga noe avvikende resultater fra de øvrige analysene. Geneclass indikerte samlet sett lavere stedstilhørighet, da totalt 78 ørret hadde særlig lav tilhørighet til lokalitetene hvor fisken var fanget, dvs. var sannsynlige migranter. Andelen migranter fra prøvetatte lokaliteter varierte fra 8,4 % i Bøelva til 28,1 % og 34,3 % i hhv. Heddøla og Tinnelva. Det var også et betydelig antall fisk med ukjent opprinnelse i Tinnelva, Osdalsbekken og Omdalsbekken (12,1 - 17,7 %). Totalt hadde 36 fisk < 5 % tilhørighet til alle lokaliteter og var følgelig uten kjent opprinnelse (Tabell 5). Kullhusbekken (KUL) var, i sterk motsetning til analysene fra STRUCTURE, ikke indikert å være opphavet til noen av migrantene. Mellom Bøelva og Heddøla, som av de øvrige analysen viste et slektskap, syntes vandring eller annen gen-flyt kun å foregå fra Heddøla til Bøelva (8,4 %, tilsvarende som STRUCTURE analysen).

De to migrasjonsanalysene samlet indikerte betydelig naturlig vandring eller gen-flyt grunnet forflytning av fisk. Som forventet i et relativt stort og sammensatt vassdrags-system, indikerte testene at mange fisk hadde opphav fra populasjoner som ikke inngikk i studiet. Men samtidig viste resultatene verifisering av et overordnet mønster med betydelig gen-flyt mellom fra Heddøla til Bøelva. Resultatene ga ingen generell indikasjon på negativ korrelasjon mellom geografisk avstand og feilvandningsrate. Analysene ga heller ingen indikasjon på systematisk vandringsmønster som følge av størrelse på vassdrag.

3. Konklusjoner

- De genetiske analysene indikerer et felles opphav for ørret i det undersøkte området
- Understrukturer i det undersøkte materialet er i hovedsak knyttet til vandringsmuligheter og geografiske avstander
- Analysene indikerer en usikker, men mulig inndeling i to genetiske del-populasjoner, hvor noen få individer fra Heddøla og nedre Bøelva synes å skille seg ut
- Ørret i hovedelvene Heddøla, Tinnelva og Bøelva synes genetisk å ha opprettholdt historisk etablerte forskjeller mellom elvene
- Disse forskjellene er relativt små, og gjenspeiler trolig naturlig vandring av enkelte ørret mellom elvene, som har felles oppvekstområde i Norsjø/Heddalsvann, og/eller via tilbakevandrende sjøørret og muligens også vandrende storørret, samt mulige effekter av utsettinger
- Ørret i bekkene som renner inn i Norsjø danner en gruppe. Kullhusbekken (Åsdalsåa) skiller seg noe ut
- Norsjøbekkene har små geografiske avstander og et felles oppvekstområde i Norsjø, og utveksling av gytefisk er sannsynlig. Dette har blitt forsterket av felles innsamling av stamfisk og oppdrett i klekkeri, og gjenutsetting i Norsjø.
- Stor ørret fra Norsjø kan komme fra alle de undersøkte rekrutteringslokalitetene, men lå genetisk nærmere hovedtilløpselvene, mest Sauarelv.

4. Referanser

- Allendorf, F.W. & Phelps, S.R. (1981) USE OF ALLELIC FREQUENCIES TO DESCRIBE POPULATION-STRUCTURE. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, **38**, 1507-1514.
- Ball, M.C., Finnegan, L., Manseau, M. & Wilson, P. (2010) Integrating multiple analytical approaches to spatially delineate and characterize genetic population structure: an application to boreal caribou (*Rangifer tarandus caribou*) in central Canada. *Conservation Genetics*, **11**, 2131-2143.
- Baranski, M., Jacq, C., Karlsson, S., Hayes, B.J. & Blonk, R. (2014) SporLaks—Industry-wide tracing of Norwegian farmed Atlantic salmon. Final report.
- Bendixby, L. & Sandem, K. (2014) Nye Oterholt kraftverk - Konsekvensutredning for fisk og ferskvannssorganismer. *Rapport Konsekvensutredning*, pp. 63. Norconsult, Oslo, Norconsult, Oslo.
- Benjamini, Y. & Hochberg, Y. (1995) Controlling the false discovery rate - a practical and powerful approach to multiple testing. *Journal of the Royal Statistical Society Series B-Methodological*, **57**, 289-300.
- Bleken Rud, O. (1967) Fiskekulturens utvikling. *Årbok for det Norske Skogbruksmuseum. Elverum*, 73-154.
- Carlsson, J. & Nilsson, J. (2000) Population genetic structure of brown trout (*Salmo trutta* L.) within a northern boreal forest stream. *Hereditas*, **132**, 173-181.
- Carlsson, J. & Nilsson, J. (2001) Effects of geomorphological structures on genetic differentiation among brown trout populations in a Northern Boreal river drainage. *Transactions of the American Fisheries Society*, **130**, 36-45.
- Carm, K. & Langkaas, O. (1993) Laks i Skiensvassdraget 1992 -Telemark Laksestyres virksomhet 1967-1992. *Rapport Fylkesmannen i Telemark*, pp. 17. Fylkesmannen i Telemark, Skien.
- Cornuet, J.M. & Luikart, G. (1996) Description and power analysis of two tests for detecting recent population bottlenecks from allele frequency data. *Genetics*, **144**, 2001-2014.
- Dervo, B., Taugbøl, T. & Skurdal, J. (1996) Storørret i Norge - Status, trusler og erfaringer med dagens forvaltning. *Østlandsforskning Rapport* (ed. Østlandsforskning), pp. 100. Østlandsforskning.
- Duguid, R., Ferguson, A. & Prodöhl, P. (2006) Reproductive isolation and genetic differentiation of ferox trout from sympatric brown trout in Loch Awe and Loch Laggan, Scotland. *Journal of Fish Biology*, **69**, 89-114.
- Elliott, J.M. (1994) Quantitative Ecology and the Brown Trout. Oxford University Press, Oxford.
- Evanno, G., Regnaut, S. & Goudet, J. (2005) Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology*, **14**, 2611-2620.
- Excoffier, L. & Lischer, H.E.L. (2010) Arlequin suite ver 3.5: a new series of programs to perform population genetics analyses under Linux and Windows. *Molecular Ecology Resources*, **10**, 564-567.
- Falush, D., Stephens, M. & Pritchard, J.K. (2003) Inference of population structure using multilocus genotype data: Linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics*, **164**, 1567-1587.
- Ferguson, A. (1989) Genetic differences among brown trout, *Salmo trutta*, stocks and their importance for the conservation and management of the species. *Freshwater Biology*, **21**, 35-46.
- Ferguson, A. (2004) The importance of identifying conservation units: brown trout and pollan biodiversity in Ireland. *Biology and Environment: Proceedings of the Royal Irish Academy*, pp. 33-41. JSTOR.
- Frankham, R. (2006) *Evolutionary conservation genetics*. Oxford University Press.
- Frankham, R., Ballou, J.D. & Briscoe, D.A. (2002) *Introduction to Conservation Genetics*.
- Garnås, E., Hegge, O., Kristensen, B., Næsje, T., Qvenild, T., Skurdal, J., Veie-Rosvoll, B., Dervo, B., Fjeldseth, Ø. & Taugbøl, T. (1997) Foslag til forvaltningsplan for storørret. *Utredning fra Direktoratet for Naturforvaltning* (ed. D.f. Naturforvaltning), pp. 41. Direktoratet for Naturforvaltning, Trondheim.
- Goudet, J. (1995) FSTAT (Version 1.2): A computer program to calculate F-statistics. *Journal of Heredity*, **86**, 485-486.
- Halari, M., Olsen, D.A. & Sydtveit, H. (2005) Fish recruits in Bøelva, Telemark. *Assignment 4311 Methods in Fish and Wildlife Biology*, pp. 41. Telemark University College-AF, Telemark University College-AF, Bø.
- Hansen, M.M., Fraser, D.J., Meier, K. & Mensberg, K.L.D. (2009) Sixty years of anthropogenic pressure: a spatio-temporal genetic analysis of brown trout populations subject to stocking and population declines. *Molecular Ecology*, **18**, 2549-2562.

- Hansen, M.M., Ruzzante, D.E., Nielsen, E.E., Bekkevold, D. & Mensberg, K.L.D. (2002) Long-term effective population sizes, temporal stability of genetic composition and potential for local adaptation in anadromous brown trout (*Salmo trutta*) populations. *Molecular Ecology*, **11**, 2523-2535.
- Heggenes, J. (2019) Undersøkelser av ungfisk til ørret og laks i Tinnelva ved Tinfos, Telemark, høst 2018. *USN Skrift* (ed. U.o.S.-E. Norway), pp. 26. University of South-Eastern Norway, Bø i Telemark.
- Heggenes, J. & Dokk, J.G. (1995) Undersøkelser av gyteplasser og gytebestander til storørret og laks i Telemark, høsten 1994. *Rapport Laboratorium for ferskvannsökologi og innlandsfiske (LFI)*, pp. 25. Universitetet i Oslo, Universitetet i Oslo, Oslo.
- Heggenes, J., Pedersen, K., Thue, R.E., Lewis, G. & Øksenberg, S. (1998) Undersøkelser av gyteplasser og gytebestander til storørret og laks i Telemark 1997. *Rapport Laboratorium for ferskvannsökologi og innlandsfiske*, pp. 27. Zoologisk Museum, Universitetet i Oslo, Zoologisk Museum, Universitetet i Oslo.
- Heggenes, J. & Røed, K.H. (2006) Do dams increase genetic diversity in brown trout (*Salmo trutta*)? Microgeographic differentiation in a fragmented river. *Ecology of Freshwater Fish*, **15**, 366-375.
- Heggenes, J., Røed, K.H., Jorde, P.E. & Brabrand, A. (2009) Dynamic micro-geographic and temporal genetic diversity in vertebrates: the case of lake-spawning populations of brown trout (*Salmo trutta*). *Molecular Ecology*, **18**, 1100-1111.
- Huitfeldt-Kaas, H. (1918) *Ferskvandsfiskenes utbredelse og indvandring i Norge: med et tillæg om krebsen*. Centraltrykkeriet.
- Huitfeldt-Kaas, H. (1927) *Studier over aldersforholde og veksttyper hos norsk ferskvannsfisker*. Kongelige Frederiks Universitet i Oslo.
- Hvidsten, N.A. (2010) Smolt og ungfiskundersøkelser I Skiensvassdraget – Smoltutvandring i Skotfoss og ungfisk i Bøelva, Heddøla, Tinnåa og Bliva. *NINA rapport*, pp. 31. Norsk Institutt for Naturforskning, Trondheim.
- Jensen, L.F., Hansen, M.M., Pertoldi, C., Holdensgaard, G., Mensberg, K.L.D. & Loeschcke, V. (2008) Local adaptation in brown trout early life-history traits: implications for climate change adaptability. *Proceedings of the Royal Society B-Biological Sciences*, **275**, 2859-2868.
- King, T.L., Eackles, M.S. & Letcher, B.H. (2005) Microsatellite DNA markers for the study of Atlantic salmon (*Salmo salar*) kinship, population structure, and mixed-fishery analyses. *Molecular Ecology Notes*, **5**, 130-132.
- Kraabøl, M. & Aass, P. (1995) Stangfiske etter hunderørret nedenfor Hunderfossen 1965-1994. *Fylkesmannen i Oppland Miljøvernnavdelingen Rapport* (ed. F.i.O. Miljøvernnavdelingen), pp. 27. Fylkesmannen i Oppland Miljøvernnavdelingen, Lillehammer.
- Kraabøl, M., Brabrand, A., Bremnes, T., Heggenes, J., Johnsen, S.I., Pavels, H. & Saltveit, S.J. (2015) Ferskvannsbioologiske undersøkelser i Tokkeåi. Sluttrapport for prioden 2010-2013. *NINA rapport* (ed. N.I.f. Naturforskning), pp. 99. Norsk Institutt for Naturforskning, Trondheim.
- Langella, O. (1999) Populations 1.2.31 Population genetic software (individuals or populations distances, phylogenetic trees). http://bioinformatics.org/~tryphon/populations/#ancre_bibliographie.
- Meier, K., Hansen, M.M., Bekkevold, D., Skaala, O. & Mensberg, K.L.D. (2011) An assessment of the spatial scale of local adaptation in brown trout (*Salmo trutta* L.): footprints of selection at microsatellite DNA loci. *Heredity*, **106**, 488-499.
- Meirmans, P.G. (2012) The trouble with isolation by distance. *Molecular Ecology*, **21**, 2839-2846.
- Museth, J., Dervo, B., Brabrand, Å., Heggenes, J., Karlsson, S. & Kraabøl, M. (2018) Storørret i Norge. Definisjon, status, påvirkningsfaktorer og kunnskapsbehov. *NINA Rapport* 1498, 102 s.
- Nei, M., Tajima, F. & Tateno, Y. (1983) Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular-data .2. gene-frequency data. *Journal of Molecular Evolution*, **19**, 153-170.
- Neville, H.M., Isaak, D.J., Dunham, J.B., Thurow, R.F. & Rieman, B.E. (2006) Fine-scale natal homing and localized movement as shaped by sex and spawning habitat in Chinook salmon: insights from spatial autocorrelation analysis of individual genotypes. *Molecular Ecology*, **15**, 4589-4602.
- Ostergaard, S., Hansen, M.M., Loeschcke, V. & Nielsen, E.E. (2003) Long-term temporal changes of genetic composition in brown trout (*Salmo trutta* L.) populations inhabiting an unstable environment. *Molecular Ecology*, **12**, 3123-3135.

- Paetkau, D., Slade, R., Burden, M. & Estoup, A. (2004) Genetic assignment methods for the direct, real-time estimation of migration rate: a simulation-based exploration of accuracy and power. *Molecular Ecology*, **13**, 55-65.
- Page, R.D.M. (1996) TreeView: An application to display phylogenetic trees on personal computers. *Computer Applications in the Biosciences*, **12**, 357-358.
- Paterson, S., Piernney, S.B., Knox, D., Gilbey, J. & Verspoor, E. (2004) Characterization and PCR multiplexing of novel highly variable tetranucleotide Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) microsatellites. *Molecular Ecology Notes*, **4**, 160-162.
- Peakall, R. & Smouse, P.E. (2006) GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*, **6**, 288-295.
- Pearse, D.E., Martinez, E. & Garza, J.C. (2011) Disruption of historical patterns of isolation by distance in coastal steelhead. *Conservation Genetics*, **12**, 691-700.
- Piry, S., Alapetite, A., Cornuet, J.M., Paetkau, D., Baudouin, L. & Estoup, A. (2004) GENECLASS2: A software for genetic assignment and first-generation migrant detection. *Journal of Heredity*, **95**, 536-539.
- Pritchard, J.K., Stephens, M. & Donnelly, P. (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, **155**, 945-959.
- Pritchard, J.K., Wen, W. & Falush, D. (2004) Documentation for STRUCTURE software. The University of Chicago Press, Chicago.
- Quinn, T.P., Stewart, I.J. & Boatright, C.P. (2006) Experimental evidence of homing to site of incubation by mature sockeye salmon, *Oncorhynchus nerka*. *Animal Behaviour*, **72**, 941-949.
- Schartum, E., Pavels, H., Saltveit, S.J. & Heggenes, J. (2018) Utvandring av smolt i Telemarkvassdraget - Bøelva 2016 og 2017 og Heddøla 2017. *Notat Naturhistorisk Museum, Universitetet i Oslo*, pp. 27. Naturhistorisk Museum, Universitetet i Oslo, Naturhistorisk Museum, Universitetet i Oslo.
- Schartum, E., Pavels, H., Saltveit, S.J. & Heggenes, J. (2019) Naturlig rekruttering og utvandring av smolt i elver til Norsjø. Årsrapport for 2018. *Notat Naturhistorisk Museum, Universitetet i Oslo* (ed. U.i.O. Naturhistorisk Museum), pp. 50. Naturhistorisk Museum, Universitetet i Oslo, Naturhistorisk Museum, Universitetet i Oslo.
- Skaala, O. (1992) GENETIC POPULATION-STRUCTURE OF NORWEGIAN BROWN TROUT. *Journal of Fish Biology*, **41**, 631-646.
- Solhøi, H. (1992) Tettheter av laks og ørret i Bøelva og Heddøla. *Rapport Fylkesmannen i Telemark*, pp. 22. Fylkesmannen i Telemark, Skien.
- Solhøi, H. (1994) Vassdragsreguleringer i Telemark - En oversikt over anlegg, konsesjoner, pålegg og fiskeundersøkelser *Rapport Fylkesmannen i Telemark*, pp. 74. Fylkesmannen i Telemark, Fylkesmannen i Telemark, Skien.
- Stelkens, R.B., Jaffuel, G., Escher, M. & Wedekind, C. (2012) Genetic and phenotypic population divergence on a microgeographic scale in brown trout. *Molecular Ecology*, **21**, 2896-2915.
- Stelkens, R.B., Pompini, M. & Wedekind, C. (2012) Testing for local adaptation in brown trout using reciprocal transplants. *Bmc Evolutionary Biology*, **12**, 10.
- Stewart, I.J., Quinn, T.P. & Bentzen, P. (2003) Evidence for fine-scale natal homing among island beach spawning sockeye salmon, *Oncorhynchus nerka*. *Environmental Biology of Fishes*, **67**, 77-85.
- Sørensen, J. (2013) Vannkraftkonsesjoner som kan revideres innen 2022. Nasjonal gjennomgang og forslag til prioritering. *NVE Rapport* (ed. N.V.o. Energidirektorat), pp. 316. Norges Vassdrags og Energidirektorat, Oslo.
- Van Oosterhout, C., Hutchinson, W.F., Wills, D.P.M. & Shipley, P. (2004) MICRO-CHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes*, **4**, 535-538.
- Waples, R.S. (1998) Separating the wheat from the chaff: Patterns of genetic differentiation in high gene flow species. *Journal of Heredity*, **89**, 438-450.
- Wille, H.J. (1786) *Beskrivelse over Sillejords præstegjeld i Øvre-Tellemarken i Norge*. Gyldendals forlag/J.R. Thiel, Kiøbenhavn.
- Wollebæk, J., Heggenes, J. & Røed, K.H. (2018) Life histories and ecotype conservation in an adaptive vertebrate: Genetic constitution of piscivorous brown trout covaries with habitat stability. *Ecology and Evolution*, 1-17.

- Wollebæk, J., Røed, K.H. & Heggenes, J. (2011) Genetisk struktur hos ørret i Mjøsa. *HIT Skrift* (ed. H.i. Telemark), pp. 49. Høgskolen i Telemark, Bø i Telemark.
- Wollebæk, J., Thue, R. & Heggenes, J. (2003) Valg av gyteplasser og karakterisering av gytegroper til storørret på elv - kvantitativ modellering av gytehabitat. *Rapport Laboratorium for ferskvannsekologi og innlandsfiske (LFI)*, pp. 49. Universitetet i Oslo, Universitetet i Oslo, Oslo.
- Youngson, A.F., Jordan, W.C., Verspoor, E., McGinnity, P., Cross, T. & Ferguson, A. (2003) Management of salmonid fisheries in the British Isles: towards a practical approach based on population genetics. *Fisheries Research*, **62**, 193-209.
- Aass, P. & Kraabøl, M. (1999) The exploitation of migrating brown trout (*Salmo trutta* L.) population: change in fishing methods due to river regulation. *Regulated Rivers: Research and Management*, **15**, 211-219
- .

Vedlegg

Vedlegg 1.

Fiskeutsettinger (laks/ørret) i Telemarksvassdraget (Tor Askjem, pers. med.) (Wille 1786; Carm & Langkaas 1993) (<https://www.grenland-sportsfiskere.no/> <http://www.skienselva.no/index.php/om-vassdraget>). Utfyllende merknader er av plasshensyn ikke tatt med, men kan fås ved henvendelse til forfatterne.

År	Art	Stadium	Antall	Opprinnelse	Utsettingssted
1939*	Laks	Yngel	10 000	Herreelva(?)	Bliva
1949*	Sjørret	?	5 000	Herregårdsbekken(?) Herreelva(?)	Norsjø
1952*	Laks	Yngel	3 500	Otra(?)	Bliva
1953*	Laks	Yngel	3 500	Herreelva(?)	Bliva
1954*	Laks	Yngel	10 000	Otra(?)	Hjartdøla oppstrøms Hjartsjå
	Laks	Yngel	2 000	Otra(?)	Norsjø
1956*	Laks	Yngel	3 000	Herreelva	Bliva (?)
	Laks	Yngel	11 100(?)	Herreelva	Norsjø bekkene
1959*	Laks	Settefisk	840	Herregårdsbekken	Bliva
		Yngel	???	Herregårdsbekken	Bliva
1965*	Laks	Yngel	7-800(?)	Herregårdsbekken	Bliva
1966*	Laks	Yngel	1000	Herregårdsbekken	Bliva
1962-1967	Laks (?)	Yngel og settefisk	50 000	??Sandvikselva??	Bøelva (?)
1967*	Sjørret	Yngel	10 000	Herregårdsbekken	Bliva
1969*	Laks	Yngel	3 000	Herregårdsbekken(?)	Bliva
1970*	Laks	Yngel	3-4 000(?)	Herregårdsbekken(?)	Bliva
1971*	Laks	Yngel	2 000(?)	Herregårdsbekken(?)	Bliva
1972*	Laks	Yngel	5 000(?)	Herregårdsbekken(?)	Bliva
1973*	Laks og sjørret	Yngel og settefisk	35 000(?)	Drammen	Bliva
1974*	Laks og sjørret	Yngel og settefisk	20 000(?)	Drammen	Bliva
1975*	Laks	Yngel	???	Bliva(?)	Bliva
1976*	Laks	Settefisk	3 000	Bliva(?)	Bliva(?)
1977	Laks	Yngel	30 000	Sandvikselva	Bøelva, Heddøla
	Sjørret				
1978	Laks (?)	Yngel	500 000 (?)	??	Bøelva (?)
1979	Laks (?)	Ensomrig	10 000	Bliva	??
	Sjørret?	?		Herregårdsbekken (Eidangerfjorden)	
1980	Laks	Yngel	30 000	Bliva, Herreelva (hvilke år og antall?)	Bøelva, Heddøla??, 'overskudd' i Bliva
	Sjørret	Yngel	40 000	?	Bøelva, Heddøla?
1981-1983	Laks (?)	Yngel	200 000	Bliva, Herreelva Namsen (kun 1983; ca. 40 000?)	Bøelva, Heddøla??

	Sjøørret?			Bliva Herreelva?	
1984-1987	Laks (?)	Yngel	300 000	Bliva Herreelva 'Risør' (kun 1985, ca. 100 000?)	Bøelva, Heddøla??
1987*	Laks	Settefisk	115 000	Bliva, Herrelva, Skien	Bliva oppstrøms
1988-1998	Laks	Yngel	200 000	Til 1995: Bliva, Herreelva. Fra 1996- 97: nedstrøms Klosterfossen/Mølla/ noe Skotfoss	Bøelva, Heddøla, Tinnelva
	Ørret	Yngel	70 000	Norsjø/Heddalsvann	Bøelva, Heddøla, Tinnelva, Norsjø- bekkene
1993*	Laks	Yngel	???	Skien	Bliva
1995*	Laks	Yngel	85 000	Skien/Bliva	Bliva
1996*	Laks	Yngel	100 000	Bliva	Bliva
1998-2015	Laks	Ensomrig	9 175	Klosterfoss/Skien	Heddøla
		Yngel	70 000		Bøelva
	Ørret	Ensomrig	27 525	Norsjøbekkene	Norsjø/Heddalsvann
2001*	Laks	Yngel	55 000	Klosterfoss/Skien	Bliva?
2003*	Laks	Yngel	15 000	Klosterfoss/Skien	Bliva?
2004*	Laks	Yngel	40 000	Klosterfoss/Skien	Bliva?
2016	Laks	Ensomrig	9 175		Heddøla
		Ensomrig	9 175		Bøelva
	Ørret	Ensomrig	27 525		Norsjø/Heddalsvann

*fra Grenland Sportsfiskeres arkiv ved Tor Askjem

Vedlegg 2. Genetiske markører og protokoll

20 mikrosatellitter ble benyttet som genetiske markører, fordelt på to paneler. Markørene ble amplifisert ved bruk av 2x high-fidelity Q5 mastermix (New England Biolabs) og standard PCR oppsett (Baranski et al. 2014). Markører, innfarging og konsentrasjon av primere er oppgitt i tabellen.

Megaplex	Markør	Innfarging	Konsentrasjon/reaksjon (µM)	Referanse
STMP14				
	SAL-ICISG-11	6-FAM	0.13	(Baranski et al. 2014)
	SAL-ICISG-37	6-FAM	0.25	Baranski et al 2014
	SsaA124-low *	VIC	0.08	Baranski et al 2014
	SAL-CIG-28	VIC	0.38	Baranski et al 2014
	SAL-CIG-33	VIC	0.45	Baranski et al 2014
	SAL-CIG-16	NED	0.15	§
	SAL-CIG-23	NED	0.20	§
	SAL-ICISG-24	NED**	0.38	§
	SAL-ICISG-31	PET	0.30	§
	SAL-ICISG-38	PET	0.75	Baranski et al 2014
STMP15				
	SAL-ICISG-07	6-FAM	0.10	Baranski et al 2014
	SAL-ICISG-01	NED	0.75	Baranski et al 2014
	SAL-CIG-30	NED	0.18	§
	SAL-CIG-35	NED	0.05	Baranski et al 2014
	SAL-ICISG-16	NED	0.15	Baranski et al 2014
	Sssp2216	VIC	0.15	(Paterson et al. 2004)
	SAL-ICISG-05	VIC	0.20	Baranski et al 2014
	SAL-CIG-08	PET	0.15	§
	SAL-CIG-32	PET	0.10	Baranski et al 2014
	SAL-CIG-37	PET	0.15	Baranski et al 2014

* Re-designet primer fra SsaA124 (King, Eackles & Letcher 2005)

** Alternativ innmerking er PET

§ ikke publisert, Nofima c/o Celeste Jacq

Vedlegg 3.

Diversitets estimat for hvert sample (antall ørret i parentes øverst). Antall amplifiserte alleler (Ngenes), antall alleler (Nalles), samt observert og forventet heterozygositet (Ho and He) for hvert loci med gjennomsnitt. Forholdet mellom antall forskjellige alleler og antall amplifiserte alleler samlet er gitt som Na/Ng. Loci i HW ulikevekt, etter justering for antall loci ($0,05/20 = 0,0025$) er understreket i rødt.

Loci	BO_FOL (N=59)				BO_RST				TI_OYR			
	Ngenes	Nalles	Ho	He	Ngenes	Nalles	Ho	He	Ngenes	Nalles	Ho	He
ICISG11	110	4	0,05455	0,08874	36	2	0,11111	0,10794	70	5	0,42857	0,45052
ICISG37	112	4	0,44643	0,48600	40	5	0,35000	<u>0,59615</u>	64	2	0,40625	0,36458
SSaA124low	116	6	0,63793	0,68186	46	6	0,73913	0,78261	70	3	<u>0,60000</u>	0,56273
CIG28	58	8	0,34483	<u>0,76770</u>	36	10	0,61111	0,82381	46	6	<u>0,34783</u>	<u>0,78261</u>
CIG33	54	12	0,81481	0,80783	30	11	0,86667	<u>0,88506</u>	48	10	<u>0,37500</u>	<u>0,76418</u>
CIG16	84	7	0,11905	<u>0,67757</u>	36	11	0,50000	<u>0,86032</u>	46	8	<u>0,13043</u>	<u>0,68599</u>
CIG23	116	4	0,34483	0,36792	46	7	0,39130	<u>0,62415</u>	70	3	0,40000	0,43437
ICISG24	114	4	0,61404	0,67924	46	5	0,52174	<u>0,75845</u>	70	3	0,48571	0,48364
ICISG31	114	4	0,22807	0,28800	44	7	0,31818	<u>0,63002</u>	64	2	0,34375	0,39633
ICISG38	2	2	1,00000	1,00000	12	4	0,66667	0,63636	2	1	na	na
ICISG07	118	8	0,57627	0,63393	46	13	0,73913	0,77488	70	7	0,57143	0,61532
ICISG01	48	3	0,04167	0,08245	34	6	0,47059	0,65597	30	1	na	na
CIG30	118	7	0,69492	0,69955	48	10	0,79167	0,83156	70	7	0,88571	0,78137
CIG35	102	6	0,19608	<u>0,52922</u>	38	10	0,31579	<u>0,73826</u>	68	5	0,64706	0,61238
ICISG16	110	25	0,83636	0,94746	44	21	0,63636	<u>0,96089</u>	66	18	<u>0,66667</u>	0,91608
SSsp2216	112	5	0,67857	0,66200	36	4	0,77778	0,64921	70	4	0,77143	0,75652
ICISG05	118	21	0,89831	0,92699	48	23	0,91667	0,95301	70	23	0,97143	0,94865
CIG08	116	4	0,43103	0,45292	48	5	0,50000	0,61879	70	4	0,31429	0,31636
CIG32	118	12	0,79661	0,81530	48	12	0,83333	<u>0,86613</u>	70	10	0,85714	0,84265
CIG37	108	9	0,62963	0,77691	40	11	0,90000	0,80000	70	9	0,62857	0,75694
Sum	1948	155			802	183			1204	131		
Mean	97,4	7,75	0,51920	0,61858	40,1	9,15	0,59786	0,72768	60,2	6,55	0,54618	0,63729
Na/Ng		0,08				0,23				0,11		

	SA_OST				SA_VES				HE_OMN			
Loci	Ngenes	Nalles	Ho	He	Ngenes	Nalles	Ho	He	Ngenes	Nalles	Ho	He
ICISG11	60	4	0,20000	0,18927	66	4	0,30303	0,27413	48	4	0,37500	0,41933
ICISG37	56	3	0,32143	0,44091	54	2	0,37037	0,49196	72	8	0,52778	0,74452
SSaA124low	60	4	0,50000	0,56893	66	3	0,45455	0,45268	70	7	0,51429	0,78427
CIG28	42	6	0,57143	0,79326	58	10	0,44828	0,80097	70	14	0,68571	0,86418
CIG33	30	7	0,33333	0,78161	28	10	0,42857	0,76190	38	18	0,89474	0,94595
CIG16	32	6	0,25000	0,64315	42	6	0,09524	0,60859	52	14	0,42308	0,90950
CIG23	58	3	0,58621	0,49304	62	3	0,61290	0,48599	74	8	0,64865	0,75379
ICISG24	60	4	0,36667	0,51017	66	3	0,45455	0,40280	72	6	0,58333	0,77387
ICISG31	52	3	0,53846	0,52866	46	2	0,39130	0,49565	58	9	0,51724	0,83122
ICISG38	2	2	1,00000	1,00000	2	1	na	Na	28	6	0,57143	0,61905
ICISG07	60	6	0,66667	0,64011	64	5	0,65625	0,61062	74	17	0,83784	0,91300
ICISG01	50	2	0,00000	0,07837	56	4	0,07143	0,13831	58	9	0,41379	0,76770
CIG30	60	5	0,50000	0,64463	66	4	0,66667	0,71096	74	12	0,72973	0,88967
CIG35	58	7	0,34483	0,62492	58	5	0,34483	0,63037	66	18	0,48485	0,85361
ICISG16	56	15	0,82143	0,89805	60	19	0,86667	0,89492	72	25	0,88889	0,93036
SSsp2216	60	6	0,76667	0,78814	64	5	0,65625	0,74702	48	5	0,75000	0,77305
ICISG05	60	27	0,96667	0,96158	66	28	0,96970	0,96317	74	31	0,86486	0,95853
CIG08	60	5	0,50000	0,58588	66	4	0,69697	0,57995	66	6	0,48485	0,59767
CIG32	60	10	0,83333	0,84350	66	9	0,87879	0,82937	74	18	0,75676	0,92484
CIG37	58	9	0,72414	0,73140	60	9	0,60000	0,69887	72	19	0,77778	0,90336
Sum	1034	134			1116	136			1260	254		
Mean	51,7	6,7	0,52985	0,63233	55,8	6,8	0,52454	0,60938	63	12,7	0,62910	0,80285
Na/Ng		0,13				0,12				0,20		

	HE_LYS				BRE				KUL			
loci	Ngenes	Nalles	Ho	He	Ngenes	Nalles	Ho	He	Ngenes	Nalles	Ho	He
ICISG11	36	6	0,50000	0,60159	62	6	0,51613	0,56372	24	2	0,16667	0,15942
ICISG37	38	4	0,31579	0,43101	62	2	0,41935	0,33686	24	2	0,33333	0,46377

SSaA124low	38	5	0,57895	0,68706	62	4	0,51613	0,61713	24	3	0,75000	0,67029
CIG28	26	9	0,61538	<u>0,87077</u>	62	7	0,67742	0,75251	22	4	0,45455	0,77489
CIG33	28	12	0,42857	<u>0,89418</u>	46	10	0,17391	<u>0,86957</u>	16	4	0,25000	0,75833
CIG16	22	8	0,27273	<u>0,87446</u>	42	8	0,28571	<u>0,84437</u>	20	2	0,20000	0,44211
CIG23	38	6	0,63158	0,67852	62	3	0,54839	0,57694	24	3	0,50000	0,40942
ICISG24	38	5	0,63158	0,71124	62	4	0,64516	0,62983	24	3	0,58333	0,59783
ICISG31	38	4	0,42105	0,63016	62	2	0,32258	0,44421	24	2	0,66667	0,46377
ICISG38	6	4	0,33333	0,86667	56	8	0,35714	0,45649	22	3	0,45455	0,50649
ICISG07	40	11	0,80000	0,88205	62	6	0,70968	0,65309	24	7	0,75000	0,77899
ICISG01	32	7	0,31250	<u>0,74798</u>	54	1	na	Na	20	1	na	na
CIG30	40	7	0,75000	0,78590	62	5	0,80645	0,78847	24	5	0,91667	0,80072
CIG35	36	7	0,38889	0,67619	54	7	0,44444	0,70580	22	4	0,00000	<u>0,64069</u>
ICISG16	40	17	0,55000	<u>0,93077</u>	62	23	0,74194	<u>0,93866</u>	24	11	0,83333	0,89130
SSsp2216	38	5	0,63158	0,79090	60	5	0,80000	0,76102	24	5	0,83333	0,76449
ICISG05	40	22	1,00000	0,95641	62	30	0,80645	<u>0,96404</u>	24	17	0,83333	0,94928
CIG08	40	6	0,55000	0,49231	60	4	0,46667	<u>0,59887</u>	24	3	0,66667	0,51812
CIG32	40	13	0,85000	0,91410	62	10	0,77419	0,88525	24	7	0,91667	0,87681
CIG37	40	11	0,75000	0,90000	60	11	0,86667	0,86045	24	7	0,83333	0,86594
Sum	694	169			1176	156			458	95		
Mean	34,7	8,45	0,55589	0,75907	58,8	7,8	0,57255	0,69723	22,9	4,75	0,57592	0,64909
Na/Ng		0,24				0,13				0,21		

Vedlegg 4.

Andel ørret fra hver lokalitet og tilhørighet til hovedstruktur på hhv. 2, 3, 4 og 5 genetisk differensierte bestander, estimert i STRUCTURE. Dominerende tilhørighet for de enkelte sample er uthevet.

Pop	N	K = 2		K = 3			K = 4				K = 5			
		pop1	pop2	pop1	pop2	pop3	pop1	pop2	pop3	pop4	pop1	pop2	pop3	pop4
BO_FOL	59	0,982	0,018	0,018	0,922	0,06	0,019	0,808	0,134	0,039	0,047	0,839	0,036	0,076
BO_RST	24	0,744	0,256	0,255	0,703	0,042	0,254	0,509	0,207	0,031	0,115	0,518	0,035	0,137
TI_OYR	35	0,999	0,001	0,001	0,853	0,145	0,002	0,056	0,805	0,137	0,386	0,074	0,129	0,305
SA_OST	30	0,972	0,028	0,029	0,919	0,051	0,029	0,02	0,922	0,03	0,856	0,032	0,03	0,081
SA_VES	33	0,982	0,018	0,017	0,942	0,041	0,017	0,059	0,889	0,036	0,848	0,051	0,037	0,065
HE_OMN	37	0,616	0,384	0,383	0,578	0,039	0,382	0,037	0,543	0,038	0,04	0,033	0,024	0,093
HE_LYS	20	0,854	0,146	0,144	0,693	0,162	0,143	0,089	0,607	0,16	0,125	0,092	0,149	0,084
BRE	32	0,999	0,001	0,001	0,373	0,626	0,002	0,124	0,267	0,607	0,203	0,129	0,579	0,088
KUL	12	0,999	0,001	0,001	0,546	0,452	0,002	0,033	0,54	0,425	0,169	0,07	0,381	0,45
MAS	18	0,999	0,001	0,001	0,077	0,922	0,001	0,02	0,081	0,898	0,073	0,019	0,86	0,007
OMD	34	0,999	0,001	0,001	0,042	0,956	0,002	0,034	0,038	0,927	0,036	0,033	0,897	0,035
OSD	33	0,999	0,001	0,001	0,037	0,962	0,001	0,034	0,043	0,922	0,051	0,035	0,887	0,012
SOL	13	0,999	0,001	0,001	0,114	0,884	0,002	0,068	0,085	0,845	0,026	0,08	0,817	0,077
STO	15	0,998	0,002	0,002	0,82	0,178	0,002	0,028	0,839	0,13	0,823	0,03	0,088	0,089

Vedlegg 5.

Parvis genetisk populasjons differensiering ($F_{ST} = \theta$) mellom sample under, og korresponderende sannsynlighet (P-verdi) over diagonalen, for elver samlet ($N = 238$). Populasjonspaar med sterkest differensiering er gitt mørkest grønn farge (heatmap), mens signifikante tester etter korrigering for multiple tester er uthevet med fet skrift.

	BO	TI	SA	HE
BO			0,00317	0,00017
TI	0,0482		0,00383	0,0005
SA	0,0718	0,0535		0,00067
HE	0,0553	0,057	0,0719	

Vedlegg 6.

Migrasjonsanalyse mellom vassdrag, fra STRUCTURE. Sannsynlighet for å være første generasjons migrant fra hver enkelt av de inkluderte populasjonene, forutsatt at lokaliteter representerer faktiske populasjonsoppdeling og at samtlige populasjoner er inkludert.

		Tilhørighet									
Sample pop	N	BO	TI	SA	HE	BRE	KUL	MAS	OMD	OSD	SOL
BO	83			1,20	8,43						2,41
TI	35						2,86				
SA	63				1,59						
HE	57	3,51	8,77			5,26	50,88		1,75		
BRE	32	3,13		6,25							
KUL	12								8,33		
MAS	18										
OMD	34										
OSD	33										
SOL	13			7,69							