

Rapport 01-2012

# Fiskebiologiske undersøkelser i Altevatn i 2010

- overvåking av ørekytas utbredelse, rekrutteringspotensial og populasjonstilhørighet hos ørret samt vurdering av stamfiskprogram.

Øyvind Kanstad Hanssen  
Kim Præbel



Fra Gjeddebukta med utsyn fremover Altevatn

**Prosjekt**

## **Bedre fiske i regulerte vassdrag i Troms**

Statkraft Energi AS, Troms Kraft Produksjon AS, Kvænangen kraftverk AS, Hålogaland kraft, Nord-Troms kraftlag AS og Fylkesmannen i Troms.

**Rapport nr. :** 01 - 2012**Antall sider :** 32**Tittel :** Fiskebiologiske undersøkelser i Altevatn i 2010 – ørekytas utbredelse, rekrutteringspotensial og populasjonstilhørighet hos ørret samt vurdering av stamfiskprogram.**Forfatter(e) :** Øyvind Kanstad Hanssen og Kim Præbel\*

\* Universitetet i Tromsø

**Referat:**

Et prøvafiske ble gjennomført i Altevatn høsten 2009 viste at ørekyte dominerte samfunnet av fisk under 12 cm. Sett i lys av forslag om å starte et fullskala tynningsfiske på røyebestanden ble denne registreringa vurdert som urovekkende, og en oppfølgende undersøkelse retta mot ørekyte ble utført i 2010. De nye undersøkelsene skulle også belyse spørsmål knytta til genetisk tilhørighet hos stor ørret gjennom kartlegging av elver og bekker rundt innsjøen og gjennom prøvetaking av stor ørret i Altevatn.

Sammenligna med 2009 hadde bestanden av ørekyte gått kraftig tilbake, og samfunnet av små fisk (<12 cm) som i 2009 var kraftig dominert av ørekyte, var i 2010 dominert av røye. Diettanalyser viste at i en øyeblikkssituasjon på høsten var graden av diettoverlapp lav, men ørekyte's utnyttelse av linsekreps og røya's manglende utnyttning av linsekreps (som ofte rapporteres viktig i dietten til røye) kan indikere et visst konkurranseforhold mellom artene. Selv om ørekytebestanden har gått kraftig tilbake anbefales bestanden nøye overvåka i forbindelse med et eventuelt tynningsfiske på røyebestanden.

Genetiske analyser av stor ørret fanga i Altevatn viste at nær all stor ørret har tilhørighet til Oustoelva. Altevatn har flere genetisk adskilte ørretpopulasjoner, men hos ørret større enn 60 cm er kun genmaterialet fra Oustoelva representert. Det fremstår dermed som klart at en eventuell fremtidig produksjon og utsetting av stor ørret i Altevatn skal baseres på fiskemateriale kun fra Oustoelva. Basert på ungfisk fanga i Oustoelva ble 21-27 familiegrupper og 13 ferde og 10 mødre identifisert gjennom estimater som også inkluderte de store ørretene fanga ute i Altevatn. Ungfiskforekomsten i Oustoelva vurderes derfor å være genetisk egne som kilde for oppbygging av et stamfiskprogram for Altevass-ørret.

**Prosjekt "Bedre fiske i regulerte vassdrag i Troms" (BIRT)** er et samarbeidsprosjekt mellom offentlig fiskeforvaltning (Fylkesmannen i Troms) og vassdragsregulantene Statkraft, Troms Kraft Produksjon, Kvænangen kraftverk, Hålogaland Kraft og Nord-Troms kraftlag. Prosjektet forestår fiskebiologiske undersøkelser i regulerte vassdrag - og arbeider aktivt for fiskeforbedrende tiltak gjennom utforming av tiltaksplaner, iverksetting av tiltak, faglig oppfølging av lokalt tiltaksarbeid og utredning av effektive kultiveringsmodeller.

**Prosjektledelse:**Telefon – 75 91 64 22 / 911 09459, e-post–ferskvannsbiologen@online.no  
adresse – Postboks 127, 8411 Lødingen

## Forord

Denne rapporten inneholder resultatene fra garnfiske etter ørekyte i Altevatn og kartlegging av innløpselver rundt innsjøen i 2010, samt resultatene av genetisk kartlegging av ørret fra Altevatn. Undersøkelsene ble utført som en videreføring av undersøkelsene fra 2009.

Feltarbeidet ble utført i periodene 23-27. august, 3-7. oktober og 21. oktober 2010. I første periode deltok Vidar Carlsen, Kjell Hanstad og Øyvind K Hanssen, mens Trond Johansen og Kjell Hanstad utførte arbeidet i andre feltrunde. Vidar Carlsen og Kjell Hanstad utførte feltarbeidet 21. oktober.

Rapporten er utarbeidet av Øyvind Kanstad Hanssen. Undersøkelsene er utført på oppdrag fra Statkraft Energi AS.

## Innhold

<b>Forord</b> .....	2
<b>1. Innledning</b> .....	3
<b>2. Områdebeskrivelse</b> .....	3
<b>3. Metode og materiale</b> .....	4
3.1 Garnfiske.....	4
3.2 Elektrofiske og bonitering av elver.....	6
3.3 Innsamling av ørret for genetiske Analyser.....	6
<b>4. Resultater</b> .....	7
4.1 Fangst av røye og ørekyte.....	7
4.2 Næringsvalg til røye og ørekyte .....	7
4.3 Elektrofiske og bonitering av innløps- elver .....	6
4.4 Altevassørret og genetisk tilhørighet ..	10
<b>5. Diskusjon</b> .....	11
<b>6. Referanser</b> .....	14
<b>Vedlegg</b> .....	15

1.

## 1. Innledning

Altevatn er Norges 10-de største innsjø, og utgjør en betydelig del av ferskvannsressursene i Troms fylke. Både innsjøen og området rundt er et viktig utfartsområde, særlig for befolkningen i midt- og sør-Troms.

Altevatn ble i løpet av slutten av 1950-årene demt opp og reguleres i forbindelse med kraftproduksjon i Innset kraftverk. Gjennom konsesjonen har offentlig forvaltning (i dag Fylkesmannen) hjemmel til å pålegge regulanten kultiveringstiltak for å avbøte de negative effektene reguleringa har hatt for fiskesamfunnet. Som et ledd i denne prosessen ble det i 2009 gjennomført et prøvefiske som dannet grunnlag for en utredning av kultiveringsalternativene for fiskesamfunnet i Altevatn (Kanstad Hanssen 2010 a,b).

Prøvefiske i 2009 påviste for første gang ørekyte i garnfangstene, og bestanden ble betegna som stor, og tallmessig overlegen bestanden av røye i samme størrelse. I forbindelse med utredninga av kultiveringsalternativer for Altevatn ble bestandsstatus for ørekyte trukket frem som svært viktig for vurderinga spesielt av uttynningsfiske som tiltak. Konkurransforholdet mellom røye og ørekyte ble derfor anbefalt undersøkt nærmere før en endelig anbefaling av kultiveringstiltak kan foreligge. Kartlegging av elver og bekker rundt innsjøen ble, med bakgrunn både i behovet for mer kunnskap om ørekyte og som en vurdering av rekrutteringspotensialet for ørret, i utredninga trukket frem som viktig.

Som en del av utredninga av kultiveringsalternativer ble genetikken hos ørret fra Gamasjohka, Oustoelva og Barduelva undersøkt, og undersøkelserne kunne ikke utelukke at ørret fra de ulike elvene er genetisk adskilte. Konsekvensen av eventuelle ulike ørretpopulasjoner i Altevatn kan være at det må utøves stammevis forvaltning av ørreten i innsjøen. For å komme nærmere et svar angående dette ble det anbefalt å foreta genetiske analyser av ørret fanga ute i Altevatn.

For å imøtekomme behov for undersøkelser og svar nødvendig for at forvaltningsmyndighetene skal kunne fatte en beslutning angående eventuell fremtidig kultivering i Altevatn ble det beslutta å utføre følgende i 2010 ;

- Styrke kunnskapsgrunnlaget om ørekytebestanden gjennom et nytt prøvefiske retta mot ørekyte spesielt.
- Kartlegge konkurransforholdet mellom røye og ørekyte, både gjennom habitatbruk og næringskonkurranse.
- Kartlegge rekrutteringspotensialet for ørekyte og ørret gjennom undersøkelser av alle større elver og bekker rundt Altevatn.
- Klarlegge om ørreten som fanges i Altevatn har tilhørighet til en eller flere ulike ørretpopulasjoner.

Som et tillegg til disse punktene ble det underveis også klart at følgende også måtte inngå i arbeidet:

- Estimere familiestruktur og genetisk variasjon i ørretpopulasjon med tanke på eventuell etablering av stamfiskprogram.

## 2. Områdebeskrivelse

Altevatn ble tillatt regulert første gang i 1951, og konsesjon for hovedreguleringa ble gitt i 1957. Innsjøen har et nedslagsfelt på 1.233 km<sup>2</sup>, og overflatearealet er 50 km<sup>2</sup> ved LRV og 79.7 km<sup>2</sup> ved HRV. De største tilløpselvene er Oustojohka, Gamasjohka og Koievasselva (**figur 1**). Utløpselva, Østerdalselva, renner sammen med Sjørdalselva og danner Barduelva.

Tidligere undersøkelser i innsjøen har vist at fiskesamfunnet er dominert av en overtallig røyebestand (Svenning 1981, 1983; Kanstad Hanssen & Svenning 2008). Både lake og ørret finnes i store deler av innsjøen, men bestandene omtales som svært tynne (Svenning 1981, Kanstad Hanssen & Svenning 2008). Gjedde- og abborbestanden ble kraftig redusert etter reguleringa og finnes nå stort sett kun i området Gamas-Politiødden (Svenning 1981). Under prøvefiske i 2009 ble det for første gang påvist ørekyte i innsjøen (Kanstad Hanssen 2010). Til sammen 14 innløpselver og bekker ble kartlagt i 1981, hvorav fisk ble påvist i 8 av elvene (Svenning 1981).



**Figur 1** Kart over Altevattn. Garnfiskeområder (rød skravering) og undersøkte elver/bekker er markert.

### 3. Material og metode

#### 3.1 Garnfiske

Garnfisket i 2010 ble foretatt i perioden 23-27. august og 3-7. oktober i tre områder (**figur 1**). Det ble lagt vekt på at de valgte områdene (Livatn, Storbukta og Politiodden) ble avfiska i samsvar med fiske utført i 2009.

Det ble benyttet standardgarn (1,5x40 m) i maskeviddene 8 og 10 mm samt nordiske oversiktsgarn (5-52 mm.) i de tre områdene. Dette tilsvarer et garnareal på 510 m<sup>2</sup>, noe som er om lag 2x høyere enn arealet av tilsvarende maskevidder i 2009 (ca.250 m<sup>2</sup>). Med bakgrunn i fangstene av ørekyte i 2009 ble garnene fordelt med 8 garn litoralt (strandsonen) og 2 profundalt (dypområder).

Garnfangstene blir fremstilt som fangst per innsatsenhet (CPUE-antall fisk per 100 m<sup>2</sup> garn per natt). For å sammenligne fangster fra prøvefiske i 2009 og 2010 er garnarealet beregna av seksjoner med maskevidder mindre enn 12,5 mm, og det er satt en øvre grense for fisk på 12 cm (**Tabell 1**).

**Tabell 1** Oversikt over antall garnnetter med standard garn (8+10mm)-Std, standard oversiktsgarn-Ovg og nordiske oversiktsgarn-Novg og garnareal (justert areal for maskevedder <12,5 mm) i strandsone og dypområde i de ulike områdene av Altevatn i 2009 og 2010. Garninnsats og sammensetning var lik de to fiskeperiodene i 2010 (23-27/8 og 3-7/10).

Område	År	Antall garn strandsone	Antall garn dypområder	Garnareal (m <sup>2</sup> ) < 12,5 mm
Livatn	2009	13xOvg	1xOvg+6xNovg	258
	2010	6xStd+2xNovg	2xStd	510
Storbukta	2009	13(Ovg)	7xOvg	240
	2010	6xStd+2xNovg	2xStd	510
Politiødden	2009	13(Ovg)	7xOvg	240
	2010	6xStd+2xNovg	2xStd	510

All fisk ble veid på digital vekt med nøyaktighet på 1 g., og lengde ble målt til nærmeste mm fra snutespiss til halefynnens midtstråle (gaffellengde). Mager ble lagt på sprit og seinere bearbeid. Magens fyllingsgrad ble vurdert, og mageinnholdet ble bestemt og den relative betydningen av de ulike byttedyrgruppene bestemt.

I 2010 ble det fanget 1.028 fisk, og derav 880 røyer, 2 ørret, 97 lake, 1 gjedde, 2 abbor og 43 ørekyte (tabell 2).

**Tabell 2** Garnfangster fra de ulike områdene i Altevatn i august og oktober 2010. Antall individer med lengde under 12 cm angitt i ().

	Røye		Ørret		Lake		Gjedde		Abbor		Ørekyte	
	aug.	okt.	aug.	okt.	aug.	okt.	aug.	okt.	aug.	okt.	aug.	okt.
Livatn	81 (12)	36 (3)	-	-	8	9	-	-	-	-	11 (11)	10 (10)
Storbukta	78 (75)	546 (444)	-	1	22	34	-	-	-	1	-	5 (5)
Politiødden	103 (27)	39 (18)	-	1	5	18	-	1	-	1	14 (14)	3 (3)
Samlet	262 ( )	621 (465)	-	2	35	62	-	1	-	2	25 (25)	18 (18)



### 3.2 Elektrofiske og bonitering av elver

Ungfiskregistreringer ble gjennomført ved hjelp av elektrisk fiskeapparat (Geomega/Ing. Paulsen, Trondheim). Hver lokalitet ble avfisket en gang, og fangbarheten er forutsatt å være 50 %. All innfanget fisk ble artsbestemt og lengdemålt. Beskaffenheten av et elfiske-område vurderes med hensyn på substrat, vannhastighet, vanndybde, grad av begroing og hulrom i substratet i henhold til følgende skala:

#### Substrat :

(Dy)	Dynn	
(Sa)	Sand	- diameter < 1 cm
(G)	Grus	- stein diameter 1-10 cm
(S)	Stein	- stein diameter 11-50 cm
(B)	Blokk	- stein diameter > 50 cm
(Be)	Berg	- fast fjell

Som regel vil substratet på en lokalitet bestå av mer enn en kategori (f.eks. stein og blokk). Prosentvis fordeling av ulike substrat-kategorier oppgis da etter avtakende betydning.

#### Vannhastighet :

(L)	Lav	- 0 - 0,2 m/s
(M)	Middels	- 0,3 - 0,5 m/s
(S)	Sterk	- 0,6 - 1,0 m/s
(Si)	Stri	- > 1,0 m/s

Vanndybde : Minste og største dyp (dominerende) angitt i centimeter.

#### Begroing :

- (0) ingen begroing
- (1) lite begroing
- (2) middels begroing
- (3) kraftig begroing

#### Hulrom (skjulmuligheter) :

- (0) ingen hulrom
- (1) små hulrom, noe skjul
- (2) mye rund stein, middels skjul
- (3) rund stein og relativt grove masser, godt skjul

Kriterier for et godt gyteområde vil være grus og stein med diameter opp mot 10-15 cm, lite finstoff (sand/dynn) og middels til sterk vannhastighet (Crisp & Carling 1990, Gibson 1993). Et godt oppvekstområde for årsyngel og ungfisk av laksefisk har gjerne middels til sterk vannhastighet og har et substrat dominert av stein, der mye hulrom og begroing som regel innvirker positivt for egnetheten av et område (Heggenes m. fl. 1999, Heggens 1990). Årsyngel utnytter ofte områder med større andel grus (finere substrat) enn eldre fisk.

### 3.3 Innsamling av ørret for genetiske analyser

På grunn av den lave tettheten av ørret i Altevatt ble det ikke vurdert som hensiktsmessig å iverksette et eget garnfiske for å samle inn ønska antall prøver (30-50 prøver). Det ble derfor inngått avtaler med hytteeiere og brukere av Altevatt som jevnlig fisker en del med garn og kunne rapportere om ørretfangster. Hver fisker fikk utlevert en pose med registrerings skjema, saks, desinfeksjonsvæske og prøveglass med 96% etanol. Hver innfanga ørret ble lengdemålt og gjellene fra en eller begge sider av

fisken (avhengig av fiskestørrelse) ble lagt på prøveglasset. Prøvene ble samla inn på høsten, og bearbeida på genetikk-laboratoriet hos Universitetet i Tromsø (se vedlegg 1 for metodebeskrivelse).

## 4. Resultater

### 4.1 Fangst av røye og ørekyte

Det ble generelt registrert høyere tetthet av røye i strandsonen i 2010 enn i 2009, mens tettheten av ørekyte var kraftig redusert (**tabell 3**). Det samla resultatet, uavhengig av område og habitat, viste at samfunnet av fisk mindre enn 12 cm endra seg fra å være dominert av ørekyte i 2009 til å være dominert av røye i 2010. I 2009 var forholdet røye/ørekyte 0,6:1 i august og 0,1:1 i september, mens tilsvarende forhold i 2010 var 4,6:1 og 21,8:1. I august 2009 var tettheten av ørekyte i strandsonen mer enn dobbelt så høy som tettheten av røye (<12cm), og i dypområdene var tetthet av røye og ørekyte omtrent lik. I august 2010 ble det ikke fanga ørekyte i de dype områdene, samtidig som tettheten av røye (<12 cm) var nær fire ganger høyere enn tettheten av ørekyte. Under fiske i september/oktober viste fangstene fra områdene Livatn og Politiodden at tettheten av ørekyte ble kraftig redusert fra 2009 til 2010. I strandsonen endra tettheten av røye seg lite fra 2009 til 2010, mens tettheten/fangsten økte markert i dypområdene.

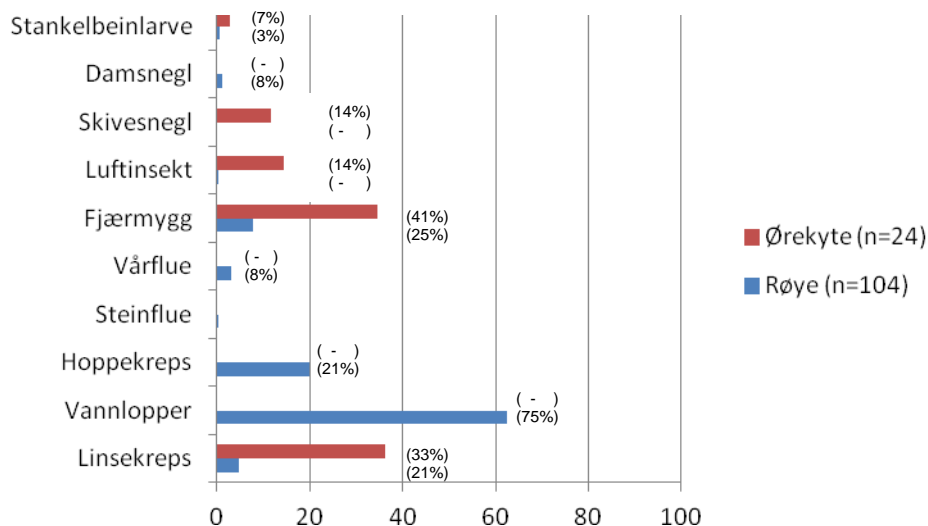
**Tabell 3** Fangst (CPUE) av røye og ørekyte i strandsoner og dypområder i de ulike områdene av Altevatt i august og oktober 2009 og 2010. Det ble ikke fiska i Storbukta i september/oktober i 2009.

Område	År	August						september/oktober					
		Strandsoner		Dypområder		Totalt		Strandsoner		Dypomr.		Totalt	
		Røye	Ørek.	Røye	Ørek.	Røye	Ørek.	Røye	Ørek	Røye	Ørek.	Røye	Ørek.
Livatn	2009	0,6	17,3	0	5,9	0,4	12,8	0,6	18,6	1,0	1,0	0,8	11,5
	2010	3,0	2,8	0	0	3,0	2,8	0,8	2,5	0	0	0,8	2,5
Storbukta	2009	9,0	12,8	0	20,2	5,8	15,4	-	-	-	-	-	-
	2010	19,0	0	0	0	19,0	0	64,6	1,3	157,5	0	87,1	1,0
Politiodden	2009	5,8	8,3	21,4	2,4	11,3	6,3	0,8	10,0	1,7	1,7	1,4	6,4
	2010	6,8	3,5	0	0	6,8	3,5	0	0,8	15,0	0	3,5	0,6
Områdene samla	2009	5,1	12,8	10,0	9,3	6,9	11,5	0,7	14,9	1,5	1,5	1,0	9,2
	2010	9,6	2,1	0	0	9,6	2,1	21,8	1,5	57,5	0	30,5	1,4

### 4.2 Næringsvalget til røye og ørekyte

Analysene av mageprøver fra ørekyte og røye (<12cm) viste at det i liten grad var diettoverlapp mellom artene ved prøvefisketidspunktet (**figur 2**). Fyllingsgraden i magene var 59,7 % hos røye og 48,6 % hos ørekyte, og må betraktes som tilnærma lik. Plankton (hoppekreps og vannlopper) dominerte dietten til røya, mens dietten til ørekyte var mer variert men dominert av fjærmygg og linsekreps. Ut fra et øyeblikksbilde indikerer resultatene at det i allefall i perioder ikke er stort diettoverlapp mellom røye og ørekyte i Altevatt.





**Figur 2** Diettvalg hos røye (<12cm) og ørekyte fanga i september/oktober 2010 i Altevattn fremstilt som relativ volumprosent. Frekvens av byttedyrkategori er vist i parentes i figuren.

### 4.3 Elektrofiske og bonitering i innløpselver

De undersøkte elvene ble valgt ut med utgangspunkt i kart og vurderinger i felt. En del av de forhåndsvalgte elvene/bekkene viste seg å være for små/tørre til at videre undersøkelser ble utført (jfr. **tabell 4**). Elvene ble befart og kontrollert ved elektrofiske fra utløp i Altevattn og 200-500 m oppover elva. Unntaket er Jordbruelva som ble befart og fiska fra utløp i Altevattn og 1,5-1,8 km oppover elva.

Ørret ble påvist i Oustaelva, Gamasjohka, Fiskløyselva og Jordbruelva, mens røye ble påvist i elleve elver (**tabell 5**). Ørekyte ble påvist kun i Buolzogorsajohka, i form av ett dødt individ. Oustaelva og Gamasjohka fremstår som de klart viktigste elvene for ørret, både med tanke på tilgjengelig areal og generell beskaffenhet/kvalitet på potensielle oppvekstområder for ørret. I Jordbruelva ble ørret først påvist om lag 1 km oppover elva, mens røye var dominerende/eneste art i nedre del av elva. Fisketettheten i Jordbruelva var relativt sett lav, noe som trolig forklares av at elva er litt stri på grunn av mye flat stein. Flere av de største elvene, som Biddujohka og Luodnajohka hadde uventa lav fisketetthet eller var tilsynelatende fisketomme, til tross for at substrat og vannføring tilsa at elvene burde være brukbare oppvekstområder for ørret eller røye. Krokbecken og Irgasbekken/Suttesgaldojohka er vanskelig å fiske med elektrisk fiskeapparat på grunn av at elvene gjennomgående er relativt stilleflytende og dype. Begge elvene preges av mye sandbunn med antatt liten verdi som leveområde for fisk. Selv om elvene ikke er undersøkt godt med elektrofiske tilsier imidlertid beskaffenheten av elvene at de har liten betydning for ørret og røye. Ved observasjon i de stilleflytende dype områdene ble det heller ikke registrert fisk. De kartlagte elvene er alle relativt lett tilgjengelig for fisk fra innsjøen, uten påviste vandringsbarrierer.

**Tabell 4 Bonitering av innløpselver rundt Altevatn. Gyteforhold er vurdert subjektivt ut fra substratsammensetning og vannhastighet, mens oppvandringsforhold er vurdert ut fra om fisk kan vandre opp fra Altevatn uavhengig av fyllingsgrad i magasinet og hvorvidt det er fysiske vandringssperrer.**

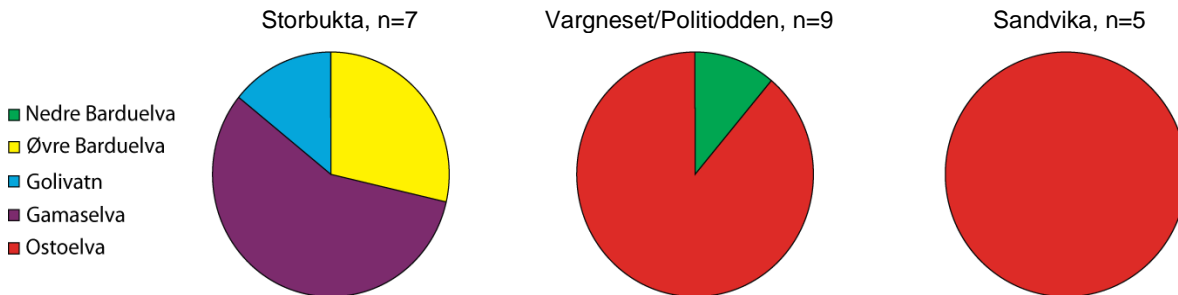
Lokalitet	Substrat	Hulrom	Vannhastighet	Vann- dybde	Begroing	Gyteforhold	Oppv.-forhold
Stalloelva	S(10-40)/B	2	M/S	10-30	0/1	D/U	D/B
Luodnajohka		1/2	M	10-30	1	D	D
Fiskløyselva	S(10-30)/B/G	1/2	S/Si	10-40	0/1	U/D	D
Navnløs 1		Lav vannføring ved befaring, nær tørrlagt.					
Kroknelva	S(10-40)/G/B	2/1	M	5-30	1	D	D/B
Krokbekken	Sa/G/S(10-30)	0/1	L/M	20-100	1	U/D	D
Jordbruelva	S(10-30)/G/B	1	M(S)	10-30	1	D/B	B/D
Steinelva	S(20-40)/B/G	1/2	S/M	10-30	0	D	D
Guolasjohka		Lav vannføring ved befaring, nær tørrlagt.					
Gihlajohka	S(10-30)/B	2	M	10-30	1/0	U	D/B
Gea'gejohka	G/S(10-30)/B	2	M/S	10-40	1/2	B	B
Gistatjohka		Lav vannføring ved befaring, nær tørrlagt.					
Skredbekken		Lav vannføring ved befaring, nær tørrlagt.					
Grytebekken		Lav vannføring ved befaring, nær tørrlagt.					
Biddujohka	S(10-30)/G/B	2	M/L	5-40	2	D/B	B
Navnløs 2	G/Dy/S	0/1	L/M	5-20	0/1	U/D	D
Avzejohka	B/Sa/S(10-40)	1	S/Si	20-70	1/2	D	B
Navnløs 3	S(10-40)/G	1/2	M	5-25	1/2	D/U	D
Skaabmijohka		Vandringshinder i foss med fall rett ut i innsjøen (v/HRV)					
Buolzogorsajohka	G/Sa	0	L/M	5-15	0/1	D/U	D/U
Irgasbekken	Sa/B	0	L	40-200	0/1	U	D
Gamasjohka	S(10-40)/B	2/3	M/S	20-80	1/2	D	B/Mb
Oustoelva	S(10-40)/B	2	M/S	5-50	1/2	D	Mb/B

**Tabell 5 Fangst av ørret, røye og ørekyte ved elektrofiske i elver og bekker rundt Altevatn høsten 2010 (Data fra Oustoelva og Gamasjohka er 2009).**

	Areal (m <sup>2</sup> )	Ørret			Røye			Ørekyte
		0+	1+	>1+	0+	1+	>1+	
Stalloelva	400	-	-	-	-	3	10	-
Luodnajohka	600	-	-	-	-	-	1	-
Fiskløyselva	500	-	1	4	-	-	-	-
Kroknelva	600	-	-	1	-	3	-	-
Krokbekken	600	-	-	-	-	-	-	-
Jordbruelva	1800	-	5	13	-	8	15	-
Steinelva	400	-	-	-	-	1	3	-
Gihlajohka	500	-	-	-	-	1	7	-
Gea'gejohka	400	-	-	-	-	-	5	-
Biddujohka	800	-	-	-	-	-	1	-
Navnløs 2	300	-	-	-	-	-	-	-
Avzejohka	600	-	-	-	-	-	-	-
Navnløs 3	300	-	-	-	-	2	-	-
Buolzogorsajohka	200	-	-	-	-	-	-	1 (død)
Irgasbekken	Se tekst	-	-	-	-	-	-	-
Gamasjohka	400	-	-	11	-	-	1	-
Oustoelva	400	2	10	36	-	-	4	-

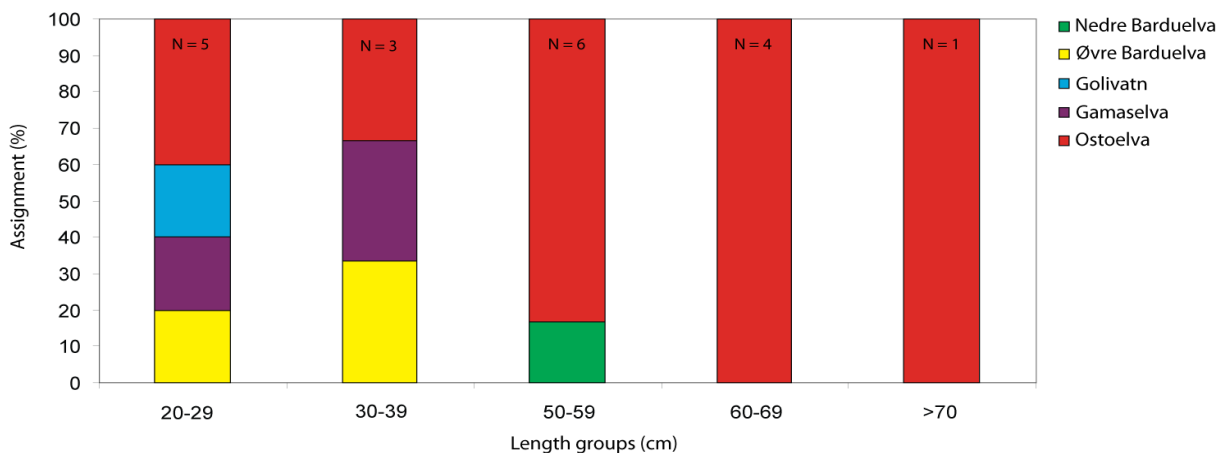
#### 4.4 Altevassørret og genetisk tilhørighet

Analysene av 21 ørret med lengder fra 20 cm til over 70 cm viste at 93 % (13 av 14 ind.) av ørretene fanga ved Vargneset/Politiødden og Sandvika kunne knyttes til Oustøelv-populasjonen (**figur 3**). Den siste ørreten viste å tilhøre populasjonen "nedre-Barduelva" (ørret innsamla ved Berg i Barduelva). Ørretene som ble fanga i Storbukta visste opprinnelse fra Gamasjohka (58 %), øvre Barduelva (28 %) og Golivatn (14 %). Det er med andre ord grunnlag for å hevde at det er mer enn en genetisk adskilt ørretpopulasjon i Altevatt, men at de fleste individene har opprinnelse fra Oustøelva.



**Figur 3** Bestemmelse av sannsynlig opprinnelse for ørret fanga på tre ulike områder i Altevatt ved sammenligning mot fem kilde-populasjoner.

Når lengdefordelinga av de innfanga ørretene sammenlignes med opprinnelses-populasjon er det klart at de store ørretene stammer fra Oustøelv-populasjonen (**figur 4**). Ingen av ørretene fanga i Storbukta var større enn 40 cm.



**Figur 4** Lengdefordeling av ørret samla inn til genetiske analyser sett i forhold til populasjonstilhørighet.

Samla sett gir de genetiske estimatene grunnlag til å utelukke nedre og øvre Barduelva og Golivatn som populasjoner som representerer den originale Altevasørret-stammen. Dette skyldes dårlig samsvar mellom disse populasjonene og de innsamla prøvene av stor ørret fra Altevatt. De fleste ørretene hadde tilhørighet til Oustøelv-populasjonen, og når fen- og genotypiske data kombineres er det klart at alle store ørret fanga i Altevatt hadde tilhørighet til Oustøelva.

Individer med tilhørighet til Gamasjohka-populasjonen (Gamasjohka er naboelva til Oustøelva) ble kun påvist i de minste lengdegruppene fra de innsamla ørretene. Om denne forskjellen mellom disse to elvene er et resultat av innsamlingsmetodikk (ulike garnstørrelser, stangfiske) eller er et utslag av reelle populasjonskarakteristika kan ikke avgjøres med bakgrunn i det innsamla materialet. For å belyse dette godt må antall ørret som fanges inn og analyseres økes.

Med utgangspunkt i det innsamla materialet av stor ørret fra Altevatt viser resultatene av analysene at majoriteten av stor ørret har tilhørighet til Oustøelv-populasjonen.

## 5. Diskusjon

I 2010 dominerte røye garnfangstene av små fisk (<12 cm), og ørekyte utgjorde ikke mer enn 18 % av den samla fangsten av røye og ørekyte mindre enn 12 cm i august og vel 4 % av fangsten i oktober. Om vi kun ser på fangstene i strandsonen utgjorde ørekyte 18 og 6 % av fangstene hhv. i august og oktober. Sammenligna med 2009 har forekomsten av ørekyte avtatt dramatisk (Kanstad Hanssen 2010). I 2009 utgjorde ørekyte 63 % av den totale fangsten i august og 90 % av fangsten i september, mens forholdet i strandsonen var 71,5 % og 95,5 % i hhv august og september.

I 2009 ble den høye registrerte forekomsten av ørekyte omtalt som bekymringsverdig med tanke på fremtidige beslutninger vedrørende valg av kultiveringsstrategi for Altevatn (Kanstad Hanssen 2010). Resultatene av undersøkelsene i 2010 viser at ørekytebestanden ikke lengre dominerer samfunnet av små fisk, og heller ikke lengre kan oppfattes som en konkurrent til røya i det omfang som registreringene i 2009 kunne gi grunn til å anta. Resultatene fra mageanalysene indikerer i tillegg at diettoverlappet ikke nødvendigvis er stort, men resultatene sier ingen ting om forskjellene i diettvalg er et resultat av ulike preferanser eller et utslag av konkurranse der røye presses ut i vannmassene for å beite plankton. Det må her understrekes at diettanalysene bygger på en øyeblikksregistrering på høsten, og at konkurransesituasjonen kan være annerledes i andre deler av året. Ørekyte beskrives som omnivor og opportun i næringssøket (Frost 1943, Myllylä et al. 1983, Saltveit & Brabrand 1991). Museth & Borgstrøm (2010) viste at fjærmygg og døgn- vår- og steinfluer utgjorde en betydelig del av dietten til ørekyte i Øvre Heimdalsvatn, og at fjærmygg økte i betydning når ørekyte hadde vært i innsjøen over mange år. I Altevatn var fjærmygg den viktigste byttedyrgruppa for ørekyte, tett fulgt av linsekreps. Dietten til røya var dominert av plankton (vannlopper og hoppekreps), og dietten til ørekyte var mer variert enn dietten til røya. Linsekreps tilhører ordenen vannlopper og er en av de største vannloppeartene. I Takvatn har linsekreps vært et viktig byttedyr for røye (Klemetsen et al. 2002). Høsten 2010 var linsekreps viktig i dietten til ørekyte mens den hadde liten betydning for røya. Dette kan være en indikasjon på at den observerte næringsbildet til artene er et uttrykk for konkurranse.

I Øvre Heimdalsvatn viste Museth et al. (2002) at fangstene av ørekyte avtok med fangstdyp, og at svært få individer ble fanga dypere enn 6 m. Videre viste samme undersøkelse at ørekyte i all hovedsak ble fanga nært bunnen og nesten aldri mer enn 50 cm over bunnen. Fra Altevatn har vi ikke gode fangstdata med oppløsning innenfor litoralsonen (strandsonen), men i 2009 ble det registrert relativt høy tetthet av ørekyte i dype områder (18-30 m). Slik dypvannsføremst av ørekyte er i liten grad beskrevet og må anses som uvanlig, og kan være en indikasjon på høy konkurranse (både intra- og inter-specific).

Selv om tettheten av ørekyte har avtatt betydelig fra 2009 til 2010, viste registreringene i 2009 at ørekyte kan bygge store bestander i Altevatn. Dette vil, sett i lys av at næringskonkurranse mellom ungfisk av røye og ørekyte ikke kan utelukkes, innebære at ørekytebestanden må overvåkes svært nøye dersom det iverksettes kultiveringstiltak i Altevatn i tråd med anbefalingene vi ga i 2010 (Kanstad Hanssen 2010).

Den relative tettheten av ørekyte, beregna ut fra garnfangster, avtok med 80-90 % fra 2009 til 2010. Vi vet lite om hva som skal regnes som en normalsituasjon for størrelsen på ørekytebestanden i Altevatn, og hvilket av årene (2009 eller 2010) som ligger nærmest en normalsituasjon. Til tross for at det ble fiska med garn med maskevidder ned til 5 mm ble det knapt fanga ørekyte som var mindre enn 7-7,5 cm eller yngre enn fem år. Dette kan indikere at den høye registrerte tettheten av ørekyte i 2009 var et resultat av to til tre sterke årsklasser (5-7 åringer), og at bestanden normalt kan være langt mindre. I Øvre Heimdalsvatn viste Museth et al. (2003) at ørekytebestanden ble redusert med 60 % (reduksjon i biomassen av gytemoden ørekyte) fra ett år til et annet. I Øvre Heimdalsvatn skyldtes denne dødeligheten høy predasjon fra ørret i størrelsesintervallet 16-38 cm, samt naturlig dødelighet spesielt forbundet med gyting. Både røye, ørret, lake og gjedde er potensielle predatorer på ørekyte i Altevatn, og en betydelig dødelighet fra predasjon skal dermed ikke utelukkes. Ettersom ørekytebestanden i 2009 var prega av noen få, sterke årsklasser, og dersom tettheten av ørekyte mindre enn 6-7 cm faktisk var lav, vil en kombinasjon av høy predasjon (som vist i Øvre Heimdalsvatn) og liten rekruttering inn i størrelsesgrupper større enn 6-7 cm kunne forklare den kraftige reduksjonen i tetthetene av ørekyte i Altevatn fra 2009 til 2010.

Ørekyte rapporteres normalt å ha en levelengde på 6-7 til 15 år, og kjønnsmodning inntreffer ved alder fra 2 til 15 år (Hesthagen & Sandlund 2010). Gytetidspunkt er normalt i juni eller juli avhengig av høyde over havet og breddegrad. Gyting skjer gjerne i rennende vann eller i innsjøer i rolige områder nær land. I Altevatn antar vi at gyting primært skjer i månedsskifte juni/juli. Dersom ørekyte i Altevatn gyter i noen av elvene rundt innsjøen burde også arten påvises ved elektrofiske. I 2010 ble det kun påvist forekomst av ørekyte i en bekk, og da ved funn av et enkelt, dødt individ. Dette gir grunn til å hevde at elvene og bekkene rundt innsjøen i liten eller ingen grad utnyttes av ørekyte. Dette må igjen tilsi at ørekyte gyter i innsjøen. I og med at Altevatn er regulert og svært vindutsatt er forholdene i strandsonen uforutsigbare. Fyllingsgraden i Altevatn i tidsrommet ørekyte gyter varierer noe mellom årene, og kan ha betydning for gytesuksess og tidlig overlevelse hos yngel. Ørekyte fanga på garn i 2010 var fra 2 til 9 år gamle, men materialet var dominert av individer mellom 5 og 7 år. Fem til syv år gammel ørekyte i 2009 stammer fra gyting i 2002-2004. I disse årene var fyllingen i Altevatn i gytetida den laveste under perioden 1990-2008 (**Vedlegg 2**). Om dette er forhold som er gunstige for ørekyte-gyting, og kan ha gitt opphav til sterke årsklasser som gjorde seg gjeldende i garnfangstene i 2009 er uklart.

Kartlegginga av innløpselvene rundt Altevatn viste at de fleste elvene er fisketomme eller har svært lave tettheter av fisk. Ørret ble kun påvist i Oustaelva, Gamasjohka, Jordbruelva og Fiskløyselva. I Jordbruelva ble ørret ikke påvist før om lag 1 km oppe i elva, mens det var røye langs hele elva. Om dette indikerer at ørreten kun utnytter øvre deler av elva, og om dette har betydning for eventuell utvandring til Altevatn er uklart. Tettheten av ørret var dessuten lav i elva. Undersøkelsene viser at det kun er Oustaelva og Gamaselva som reelt kan anses å ha betydning for rekrutteringa av ørret til Altevatn. I 1981 ble også mange av elvene/bekken rundt Altevatn undersøkt og ørret ble da påvist i Oustaelva, Gamasjohka, Suddesgaldo (Irgasbekken), Sandvikselva (Biddujohka), Goulasjohka og Luodnajohka (Svenning 1981). Dette avviker fra registreringene i 2010 da ørret ikke ble påvist i de tre sist nevnte elvene. Goulasjohka var i 2010 tilnærma helt tørrlagt, og funn av ørret i denne elva i 1981 tyder på at ungfisk sporadisk kan bruke flere av de mindre bekkene rundt Altevatn

Genetiske undersøkelser av stor ørret fanga ute i Altevatn i 2010 viste at det er stor sannsynlighet for at Oustaelva er kilden til storørreten i Altevatn. Dette stemmer godt overens med resultatene fra kartlegginga av elvene rundt Altevatn, der kun Oustaelva og Gamasjohka hadde brukbare tettheter av ørretunger. De genetiske undersøkelsene viste også at Gamasjohka kanskje noe uventa ikke var representert i gen-materialet fra de store fiskene. Siden Gamasjohka (nedslagsfelt ca 80 km<sup>2</sup>) i vannføring er en av de store innløpselvene, bare mindre enn Oustaelva (nedslagsfelt ca 460 km<sup>2</sup>) og knapt større enn Koievasselva (nedslagsfelt ca 73 km<sup>2</sup>), kunne man forvente at den i samme grad som Oustaelva kunne være gyteelv for storørret fra Altevatn. I og med at Gamasjohka og Oustaelva munner ut i Altevatn kun fem kilometer fra hverandre, slik at fisk fra begge elvene vandrer ut i området Oustogjeddbukta-Politiudden, anser vi det ikke som sannsynlig at innsamlingsmetodikken (selektivt fiske, ulike redskapsbruk i ulike områder osv.) forklarer hvorfor Gamasjohka ikke har samme betydning for stor ørret som Oustaelva viser seg å ha. Vi antar derfor at de genetiske resultatene som tilsier at Gamasjohka ikke bidrar til populasjonen av stor ørret er reelle.

De genetiske undersøkelsene indikerer også at det er flere, genetisk adskilte populasjoner i Altevatn. Siden en del ørret (14 %) viser genetisk tilhørighet til kilde-materialet fra øvre og nedre Barduelv, og at det i dag ikke er mulig for fisk å forflytte seg mellom Altevatn og Barduelva (Østerdalselva), må man anta at de mindre elvene/bekkene rundt Altevatn også er gyteelver for ørret. Våre undersøkelser av elvene rundt Altevatn tilsier at rekrutteringspotensialet i elver utenom Oustaelva og Gamasjohka er svært lavt, og vi vil derfor ikke utelukke at det kan forekomme innsjøgyting i enkelte områder i Altevatn.

Våre nye resultater vedrørende genetikk og anbefaling for "stamfisk-lokalitet" avviker fra liknende undersøkelse i 1997 (jfr Svenning m. fl. 1998). Utgangspunktet for undersøkelsene i 1997 var 1) å vurdere om reproduksjonen av fisk i Oustaelva og Gamasjohka var tilstrekkelig til et uttak av stamfisk/settefisk og 2) avgjøre om ørret fra elvene genetisk sett var av rett stamme for kultivering frem til storørret. Basert på svært lave fangster av ørret i Oustaelva under feltarbeidet i 1997 (en fisk/0,02 ind/100 m<sup>2</sup>) og tidligere elektrofiske i elva med påvist lav fisketetthet (Svenning 1981), ble Oustaelva utelukket som lokalitet for uttak av stamfisk/settefisk. Også i Gamaselva ble fisketettheten vurdert som relativt lav, men allikevel stor nok til at bestanden kunne tåle et begrensa uttak av stamfisk eller

settefisk. De genetiske studiene i 1997 tok utgangspunkt i at ørret kun var mulig å fange i Gamasjohka, og analysene ble kun utført på ørret fanga i selve Gamaselva. Analysene viste at det var en genetisk homogen bestand i elva, og at det ikke var forskjeller mellom store og små individer. I og med at materiale fra stor ørret i Altevatn ikke ble ansett som mulig å samle inn i 1997 ble dermed konklusjonen at ørret fra Gamaselva var egna som utgangspopulasjon for en eventuell fremtidig produksjon av ørret for utsetting i Altevatn.

Når vi nå utelukker Gamaselva som stamfisk-/settefisklokalitet har det sammenheng med 1) at ørretbestanden i Altevatn trolig har tatt seg noe opp siden 1997, og har gitt oss muligheten til å avdekke en "storørret-stamme" i innsjøen, og 2) nyere metodikk for genetisk kartlegging. I tillegg har elektrofiske i 2009 og 2010 vist at fisketettheten i Oustoelva (se vedlegg 4 for kart med markering av el-fiskeområde) ikke er så lav som den ble vurdert å være i 1997, noe som kan ha sammenheng med at elva ble fiska på relativt stor vannføring og seint på sesongen i 1997. Dette gir samlet sett grunnlag for å hevde at Gamasjohka ikke lengre er aktuell som stamfisklokalitet siden all storørret fanga i Altevatn har tilhørighet til Oustoelva. Videre tilsier de siste års elektrofiske i Ousto at ungfisktettheten er god nok til å kunne samle inn settefisk årlig eller år om annet.

Dersom Oustoelva og ørret som fanges der skal benyttes som kilde-populasjon for en fremtidig stor-skala utsetting av ørret i Altevatn, faller følgende spørsmål naturlig; 1) er ungfisk fanga i Oustoelva et kvalitativt godt genetisk materiale og 2) hvordan bør en fremtidig stamfiskproduksjon eller et stamfiskprogram driftes?

Med bakgrunn i ungfisken som har blitt samla inn i Oustoelva (se vedlegg 4 for kart med markering av el-fiskeområde) og de 16 store ørretene som ble fanga ute i Altevatn og vist å ha tilhørighet til Oustoelva har sannsynlig familiestruktur og genetisk variasjon blitt estimert (**vedlegg 3**). En rask oppsummering av resultatene som fremgår av dette notatet blir at det kunne identifiseres 13 ferde og 10 mødre som det parentale opphavet til ungfisken i Oustoelva, og at 21-27 ulike familiegrupper kunne identifiseres. Videre viste analysene at ingen av de store ørretene fanga ute i Altevatn var foreldre til ungfisken som ble fanga i Oustoelva. Disse over nevnte resultatene må anvendes konservativt, siden styrken i microsattelitt-panelet kanskje ikke var tilstrekkelig stort og at foreldre-par tester er utført uten kjønnskap til kjønn på storørretene tatt i Altevatn. Allikevel anses resultatene samla sett å være positive med tanke på etablering av et fremtidig stamfiskprogram, og at spørsmål 1) kan besvares med et ja.

Størrelsen på en stamfiskbeholdning kan variere med formålet (**Vedlegg 3**), men dersom man kan være sikker på å ha benyttet et stamfiskmateriale som har en genetisk bakgrunn som sammenfaller med den naturlige bestanden kan antall familiegrupper reduseres. Basert på de estimerte resultatene, som viste 21-27 familiegrupper og 13 hannfisk og 10 hunnfisk som sannsynlige foreldre, foreslås et sekvensielt stamfiskprogram som starter med inntak av 15 familier som økes med 5 nye familiegrupper i år to. Det fjerde året tas 5 familiegrupper fra år 1 ut, og erstattes av 5 nye familiegrupper osv. Driften av stamfiskprogrammet må uansett baseres på kontroller av genotype og fenotype på både voksen fisk og ungfisk i Oustoelva etter år 4/5, og behovet for utskifting og fornying av stamfiskmaterialet må tilpasses responsen som faktisk registreres i den naturlige bestanden.

## Konklusjon

I utredningen av kultiveringsalternativer for Altevatn foreslås uttynningsfiske med teiner og/eller utsetting av stor ørret som kultiveringstiltak (Kanstad Hanssen 2010). I den samme utredningen påpekes det at prøvefiske i 2009 viste at ørekyte dominerte blant fisk mindre enn 12 cm, og at konkurranseforholdet mellom røye og ørekyte burde belyses nærmere før eventuelle pålegg og tynningsfiske blir gitt av forvaltningsmyndighetene. Utredningen påpekte også behovet for å avklare den genetiske tilhørigheten til "storørret" i Altevatn før eventuelle pålegg om utsetting av ørret kan vurderes. Undersøkelsene i 2010 viser at ørekytebestanden er kraftig redusert i forhold til 2009, og at røye nå dominerer blant fisk mindre enn 12 cm. Imidlertid indikerer resultatene at et visst konkurranseforhold mellom røye og ørekyte ikke kan utelukkes. Ørekytebestanden i Altevatn har vist å kunne svinge kraftig i størrelse fra år til år, og dermed potensielt kan bygge en stor bestand om forholdene ligger till rette for det. Ved omfattende tynningsfiske på røyebestanden kan en dreining i konkurranseforholdet mellom røye og ørekyte gi grunnlag for ny kraftig bestandsvekst hos ørekyte, noe som igjen vil redusere de



ønska positive effektene tynningsfiske skulle hatt på røyebestanden. Dette kan bli en utfordring dersom det iverksettes et fullskala tynningsfiske med teiner, og stiller klare krav om nøye overvåking av utviklingen i ørekytebestanden samtidig som tynningsfiske pågår. Et årlig prøvofiske rettet mot den minste fisken (<10-12 cm) bør inngå som en del av et eventuelt fremtidig uttynningsfiske-prosjekt for å balansere uttaket av røye i forhold til responsen fra ørekytebestanden.

De genetiske analysene av ørret fanga ute i Altevatn viser relativt entydig at den storvokste ørreten har tilhørighet til Oustaelva. Altevatn har flere genetisk adskilte ørretpopulasjoner, men det er Oustaelva som er "fødestedet" for de aller fleste (93 %) store ørretene og for all ørret større enn 60 cm. En eventuell fremtidig produksjon av stor ørret for utsetting i Altevatn skal dermed ta ut utgangspunkt i ørret fra Oustaelva. Som påpeka i utredningen for kultiveringsalternativer (Kanstad Hanssen 2010) bør et uttak av fisk fra Oustaelva baseres på ungfisk som føres frem til stamfisk. Dette for å sikre et høyt antall foreldrepar og god genetisk variasjon. Hvordan et slikt uttak av ungfisk skal utføres (antall og eventuell genetisk testing) og hvordan stamfiskbeholdning bygges og velikeholdes fremgår av eget notat (**vedlegg 3**).

## 6. Referanser

- Borgstrøm, R., Museth, J. & Brittain, J. E. 2010. The brown trout (*Salmo trutta*) in the lake Øvre Heimdalsvatn: long-term changes in population dynamics due to exploitation and the invasive species European Minnow (*Phoxinus phoxinus*). *Hydrobiologia* 642:81-91.
- Frost, W. E. 1943. The natural history of the minnow, *Phoxinus phoxinus*. *Journal of Animal Ecology* 12:139-162.
- Hesthagen, T & Sandlund, O.T. 2006. NOBANIS – Invasive Alien Species Fact Sheet – *Phoxinus phoxinus*. Fra: Online Database of the North European and Baltic Network on Invasive Alien Species – NOBANIS, [www.nobanis.org](http://www.nobanis.org).
- Hesthagen, T, Hegge, O. & Skurdal, J. 1992. Food choice and vertical distribution of European Minnow, *Phoxinus phoxinus*, and young native and stocked brown trout, *Salmo trutta*, in the littoral zone of a subalpine lake. *Nordic J. Freshw. Res.* 67:72-76.
- Kanstad Hanssen, Ø. & Svenning M-A. 2008. Fiskebiologisk status i Altevatt og vurdering av kultiveringsalternativer.
- Kanstad Hanssen, Ø. 2010. Utviklingen av fiskebestandene i Altevatt i perioden 2002-2009. Prosjekt Bedre fiske i regulerte vassdrag i Troms. Rapport 01-2010. 22s.
- Kanstad Hanssen, Ø. 2010. Utredning av kultiveringsalternativer for fiskesamfunnet i Altevatt. Prosjekt Bedre fiske i regulerte vassdrag i Troms. Rapport 03-2010. 15s.
- Museth, J., Borgstrøm, R., Hame, T. & Hole, L.Å. 2003. Predation by brown trout: a major mortality factor for sexually mature European minnows. *J. Fish Biol.* 62:692-705.
- Museth, J., Borgstrøm, R. & Brittain, J.E. 2010. Diet overlap between introduced European minnow and young brown trout in the lake Øvre Heimdalsvatn: a result of abundant resources or forced niche overlap? *Hydrobiologia* 642:93-100.
- Myllylä, M., Torssonen, M., Pulliainen, E. & Kuusela, K. 1983. Biological studies on minnow, *Phoxinus phoxinus*, in northern Finland. *Aquilo: Series Zoologica* 22:49-156.
- Svenning, M-A. 1981. Fiskeribiologiske undersøkelser i Altevatt 1981. Rapport Fiskerikonsulentene i Troms 67 sider.
- Svenning, M-A., Kanstad Hanssen, Ø. K., Hindar, K. & Balstad, T. 1998. Økologisk og genetisk status hos ørretbetsanden i Gåmasjøhka. NINA oppdragsmelding 532:1-14.
- Westgaard, J-I. 2002. Microsatellite DNA variation among three neighbouring populations of brown trout (*Salmo trutta* L.). Thesis Candidatus scientiarum, The Norwegian College of Fishery Science, University of Tromsø. 35 sider.

## Vedlegg

### Vedlegg 1 Notat- genetikk

#### Identification of the origin of Altevatn trout (*Salmo trutta*)

K. Præbel, J.-I. Westgaard and S.E. Fevolden

The aim of the present study was to identify the origin of the Altevatn trout (*Salmo trutta*) for use in a re-introduction programme. With this aim, 21 individuals were obtained from three locations in Altevatn (Storbukta, Vargeneset, and Sandvika) and compared with 201 individuals collected at five locations near the Altevatn presumed to represent possible source populations (Table I) at 10 microsatellite loci (see appendix I). The genetic evaluation was based on;

- 1) Assignment of each of the sampled individuals from Altevatn with the five presumed source populations
- 2) Correlating pheno- and genotypic data for elucidating patterns of local adaptation

#### Results

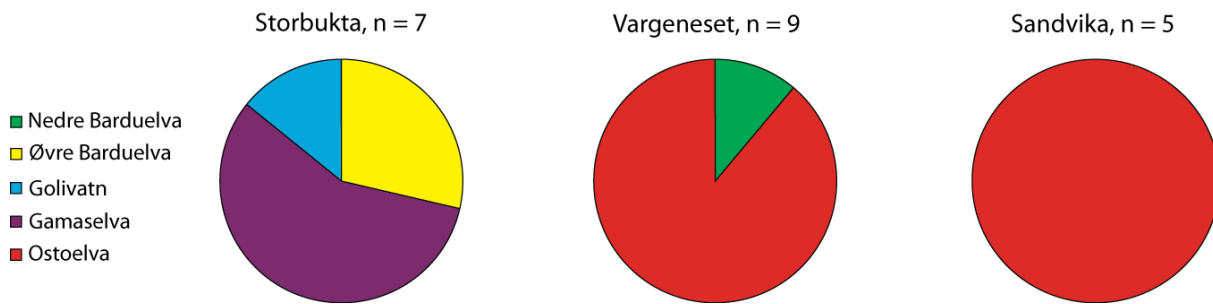
Expected and observed heterozygosity as well as inbreeding coefficient were estimated in Genepop 4.0. Two samples from Altevatn (Storbukta and Vargeneset) display homozygote excess (Table I), indicating individuals within samples of mixed origin.

We used the population genetic software GeneClass 2.0 to infer the origin of the individuals from Altevatn. The populations of Bar I, BarII, OST, GAM and GOL was used as reference populations (i.e. the likely source of the Altevatn trout) and each Altevatn individual was assigned to those populations using Bayesian simulations with 0.05 in threshold of assignment scores.

Table I. Summary of the sampled individuals from Altevatn with the five presumed source populations and the basic genetic statistics.

Locality	Code	N	He	Ho	Fis
Barduelva, nedre	BarI	34	0.671	0.609	0.018
Barduelva, øvre	BarII	38	0.706	0.705	0.002
Osto	OST	32	0.523	0.488	0.068
Gamas	GAM	47	0.512	0.503	0.018
Golivatn	GOL	50	0.280	0.260	0.072
Altevatn-Sandvika	SA	5	0.563	0.544	0.034
Altevatn-Storbukta	STO	7	0.573	0.406	0.292
Altevatn-Vargeneset	VA	9	0.583	0.522	0.104

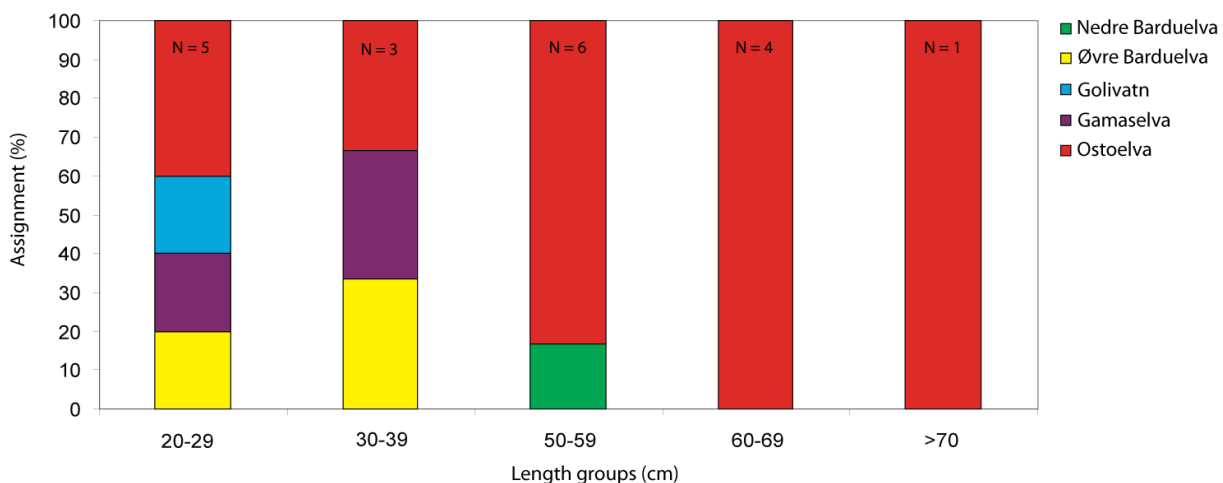
Fig 1. Determination of most likely origin of *S. trutta* from three locations (Storbukta, Vargeneset, and Sandvika) in Altevattn by assignment to five potential source populations.



We found that 93% (13 out of 14) of the individuals from Vargeneset and Sandvika was assigned with Osto Elva (Fig. 1). The last individual appeared to belong to the population of nedre Barduelva. The individuals collected in Storbukta assigned to Gamaselva (43 %, 3 indiv.), øvre Barduelva (43 %, 3 indiv.), and Golivatn (14 %, 1 indiv.). Hence there are reason to suggest that population structure exist with in Alte vatn., but the majority of the provided individuals have their origin in Ostoelva.

When comparing the length distributions of *S. trutta* from Altevattn in accordance to their assigned origin (fig. 2) it is evident that the large grown *S. trutta* in Altevattn has origin in Ostoelva. None of the Alte vatn individuals collected in Storbukta was above 40 cm.

Fig 2. Length distributions of *S. trutta* from Altevattn in accordance to their assigned origin.



Taken together, the genetic estimates permits to rule out nedre and øvre Barduelva and Golivatn as the locations harbouring the original brown trout strain of Altevattn, due to poor assignments success between these populations and the provided Altevattn individuals. Highest

number of individuals was assigned to the Osto elva, and when combining pheno and genotypic data, it is clear that all large individuals, except one, collected in Altevatn have their origin in Ostoelva.

Interestingly, individuals assigned to Gamaselva, the neighbour river of Ostoelva, are found in the smallest length groups. Whether this difference in length between the two rivers represents an error introduced by the fishing effort (e.g. net mesh size) or real population characteristic (i.e. local adaptation) remains to be investigated. Further studies should also address the observed population structure in Altevatn, by collecting more samples in the lake and in the possible spawning rivers in the western part of the lake.

Given, the material provided, the results of the present study suggest that Ostoelva is the origin to the major proportion of the large grown *S. trutta* in Altevatn.

## APPENDIX I.

### Materials and Methods

Genomic DNA was extracted from adipose or gill filaments by E-Z96 Tissue DNA Kit (OMEGA Bio-tek) following the manufacture instructions. A total of 10 supposedly neutral microsatellite loci (CA\_36, CA\_58, CA\_64, CA\_80, CA\_81, SsaD157, Ssa197, Ssa171, SSsp1605, and SSsp2216) were amplified in two PCR multiplexes in 2.5 µl reactions (contact authors for details about loci and their amplification). The fluorescently labelled PCR products were separated on an ABI 3130 XL Automated Genetic Analyzer (Applied Biosystems). The alleles were scored and each genotype was automatically binned in predefined allelic bins by the GeneMapper 3.7 software (Applied Biosystems) and verified twice by visual inspection. The samples were screened for abnormalities (null alleles, scoring errors, etc.) in the software MICRO-CHECKER 2.2.3 (Van Oosterhout *et al.* 2004), using 1,000 bootstraps to generate the expected homozygote and heterozygote allele size difference frequencies.

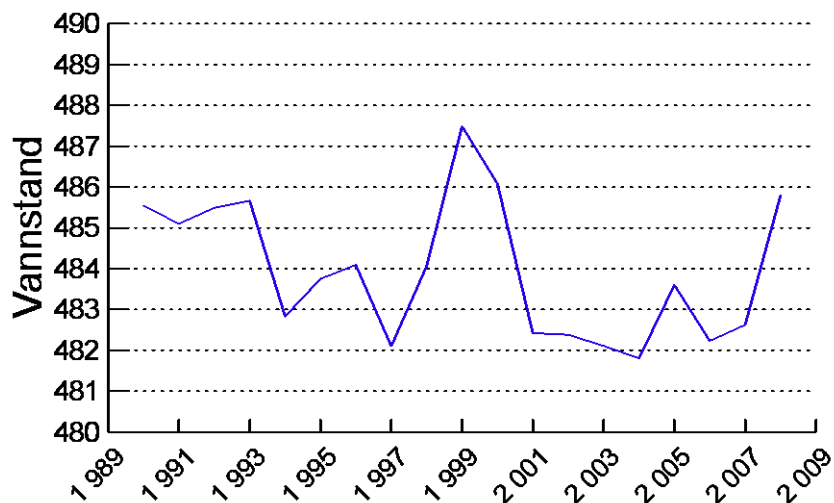
We used the genetic software Genepop 4.0 (Rousset 2007) to estimate standard genetic diversity estimates for the samples. We used GeneClass 2.0 (Piry *et al.* 2004) to infer the origin of the individuals from Altevattn, using Bayesian simulations with 0.05 in threshold of assignment scores.

### References

- Piry S, Alapetite A, Cornuet JM, Paetkau D, Baudouin L, Estoup A (2004) GENECLASS2: A software for genetic assignment and first-generation migrant detection. *J Heredity* 95:536-539
- Rousset F (2007) Genepop'007: a complete reimplementation of the Genepop software for Windows and Linux. *Mol Ecol Res* 8:103-106
- Van Oosterhout C, Hutchinson WF, Wills DPM, Shipley P (2004) MICRO-CHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Mol Ecol Notes* 4:535-538



**Vedlegg 2** *Vannstander i Altevatn 1.juli i perioden 1990-2009.*



## Vedlegg 3

### Estimering av familiestruktur og genetisk variasjon i ørretpopulasjonen i Ostuelva, Altevatn, Troms, med henblikk på etablering av stamfiskprogram til fremtidige populasjonsfremmende utsetninger av ørret i Altevatn

Kim Præbel

Copyright till alle figurer: K. Præbel. Genetiske data og simuleringsrådata kan foreligges ved forespørsel til K. Præbel.

#### For vurderingen legges til grunn:

- Voksen kjønnsmoden ørret strykes ved Ostuelva eller ungfisk fanges inn i Ostuelva og fores opp til kjønnsmodne individer
- De viltfangne kjønnsmodne individer parres for etablering av familiegrupper
- Ungfisk, 20-30cm, fra disse familiegrupper settes tilbake i elva/utløpet av elva.
- Det innfanges individer i intervaller på 1-2 år for at fornye stamfisk materialet.
- Alle individer genotypes innen og etter parring for at unngå innavl. Det fortas også fenotypisk/genetisk overvåking av Ostuelva for at dokumentere suksessen av utsetningene og effekten på den naturlige gytepopulasjon. Dette bør gjøres non-invasivt, ved el-fiske, og skjellprøve/slim innsamling over en del generasjoner.

#### Bakgrunn

Med tanke på at etablere et stamfiskprogram til fremtidige populasjonsfremmende utsætninger i Ostuelva, Altevatn er det ønskelig at få belyst følgende spørsmål;

- 1) Hva er den genetiske variasjonen i Ostuelva, basert på familiestruktur?
- 2) Kan den naturlige populasjonen bære uttakk av ungfisk til etablering av stamfiskproduksjon?
- 3) Hva er potensielle effekter på den naturlige populasjonen ved populasjonsfremmende tiltak?
- 4) Hvordan skal et stamfiskeprogram designes (i grove trekk)?
- 5) Er det ønskelig at inkludere nye familier i dette program for at bibeholde den naturlige genetiske diversitet?
- 6) I så fald hvor ofte og hvor mange familier skal inkluderes/utskiftes?
- 7) Hvor mange individer skal utsettes per år for at sikre at den effektive populasjonsstørrelse av den "naturlige" populasjon ikke blir mindre end den for de utsatte fisk?

I det følgende prøves disse spørsmålene besvart ved at undersøke genetiske data, simulere genetiske parametre og ved hjelp av litteratur studie. Det er evident, at alle disse spørsmål ikke har noe entydig svar, men må blive en vurdering av flere faktorer.

## Metode

### Estimering av familiestruktur og genetisk diversitet

Til bestemmelse av om den genetiske variasjonen er høy nok i Ostuelva og om den naturlige populasjonen kan bære uttakk av ungfisk til etablering av stamfisk, bestemmes antall full søsken, størrelse på gytepopulasjonen, og antall familier. Mikrosatellittdatasettet brukt til identifisering av kildepopulasjon for storvokst ørret i Altevann (se Hanssen & Præbel 2012) ble lagt til grunn for identifisering av familiestruktur. Dette datasett, basert på analyse av 10 polymorfe mikrosatellitter, inneholder 33 ungfisk innfanget i Ostuelva og 12 voksenfisk innfanget i Altevann og som er vist at tilhøre Ostuelva (Hanssen & Præbel 2012, for basis genetiske estimater for disse populasjoner).

Det bemerkes at dette blir et permutert estimat. Videre hadde ingen av de storvokste ørret (som er at regne for potensielle foreldre, jevnfør overstående undersøkelse) kjønn tilknyttet den individuelle fiskeinformasjon. Dette begrenser presisjonen av resultatet ytterligere. Det ble derfor valgt at bruke to ulike tilnærminger; 1) en søskenanalyse og 2) en foreldre-pars test. I søskenanalysen brukes kun ungfisken og resultatet blir da estimert søskenforhold og antall sannsynlige foreldre/familiegrupper. I foreldre-par testen, brukes ung og voksenfisk og det bestemmes om det er sannsynlig at de 12 voksenfisk er foreldre til de innsamlede ungfisk. Dette gir en indirekte indikasjon på populasjonsstørrelsen. Begge analysemetoder bruker modifiserte maksimum-likelihood permuterings algoritmer.

En tilpasset maximum-likelihood algoritme implementert i Colony 1.2 (Wang 2004), ble brukt til at estimere antall søskengrupper, individenes tilhørighet til disse grupper og deres innbyrdes relasjon (full og halvsøsken), antall fedre og mødre som har bidraget til disse grupper, og sist antall familier (familieindex). Algoritmen, kan estimere disse parametre uten annen informasjon end genotype informasjonen fra ungfisken, selv om estimatet hadde blitt sterkere med foreldre informasjon. Men da kreves at fisken er kjønnsbestemt. Metoden, tar også høyde for genotypefeil, som i dette tilfelle ble justert konservativt høyt (3 %) for hvert lokus. For familieindeks gis den inklusive sannsynlighet for at alle individer i en given fullsøsken familie, i den beste konfigurasjon, er fullsøsken. I tillegg brukes den eksklusive sannsynlighet for at alle individer i en given fullsøsken familie, i den beste konfigurasjon, er full søsken og ingen andre individer er fullsøsken innen denne fullsøskenfamilie.

Det ble brukt Cervus 3.0 (Kalinowski *et al.*, 2007) til foreldre-par testen. Først ble det simulert flere datasett basert på genotypefrekvensene til de 33 ungfisk. De simulerte datasettene inneholder tenkte scenario med antall avkom 1.000-10.000 fra 20-200 foreldre. Dernest ble de simulerte datasett sammenlignet med genotypedataen fra voksen og ungfisk for at bestemme familierelasjonen mellom disse individer.

### *Stamfiskprogram*

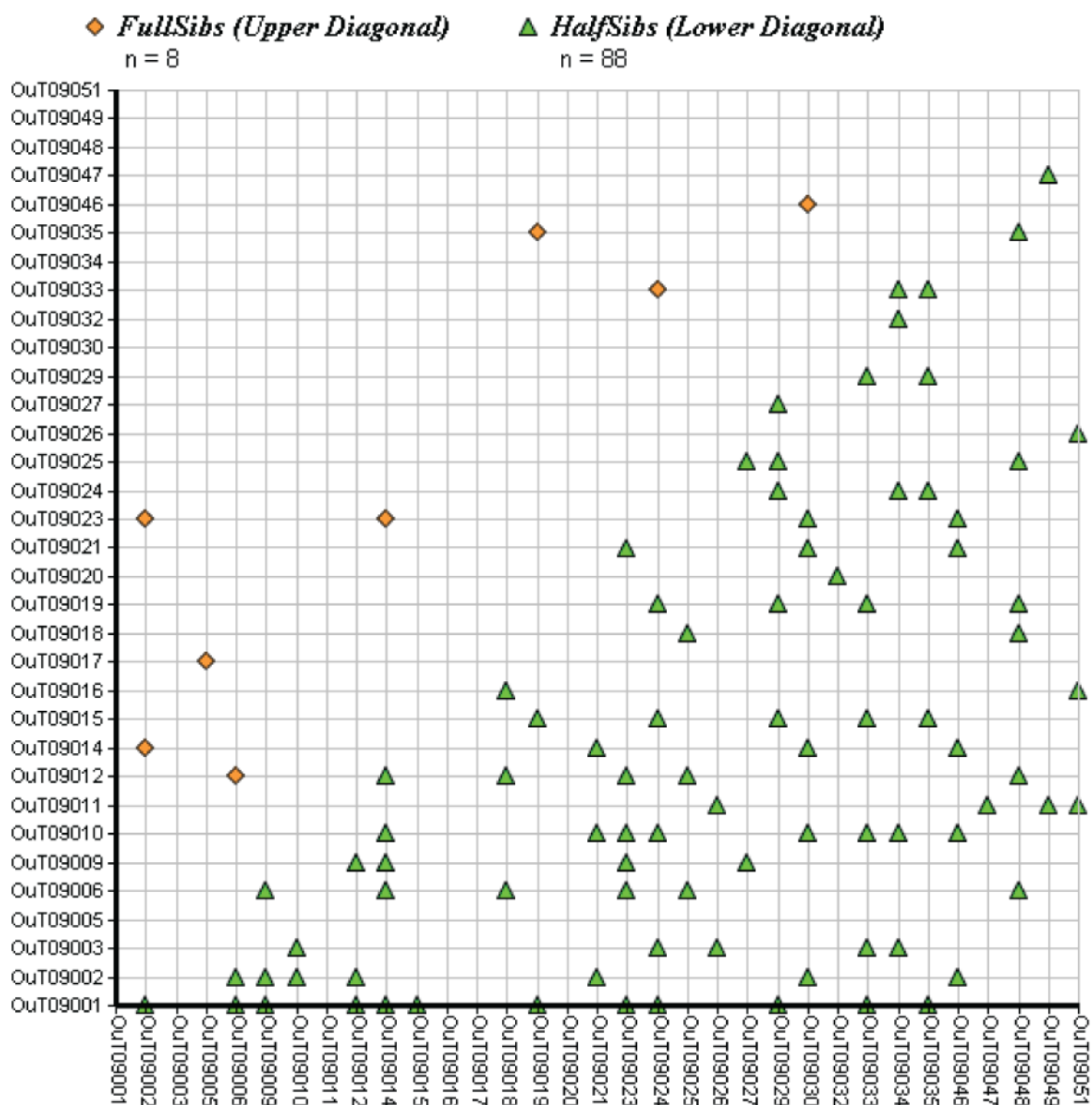
Avlsgenetiske overveielser og litteraturstudier ble lagt til grunn for anvisning vedrørende etablering av et stamfiskprogram for Altevannsørret. Disse anvisninger presenteres i et avsnitt i diskusjonen.

## Resultat

### *Estimering av familiestruktur og genetisk diversitet*

Blant de undersøkte ungfisk fra Ostuelva ble det estimert at 8 individer, med en sannsynlighet > 99 %, var fullsøsken og 88 var halvsøsken (Figur 1). Det ble estimert at 13 fedre og 10 mødre er det parentale opphav til ungfisken, samt at alle ungfisker tilhører samme populasjon (Appendiks I). På basis av dette

ble det identifisert 27 familier, hvor 26 familier hadde inklusive sannsynligheter over 95 % ( $p > 0,95$ ) og 21 familier hadde eksklusive sannsynligheter over 95 % ( $p > 0,95$ ) (Appendiks II).



Figur 1. Individbasert plot fra COLONY 1.2 av fullsøsken og halvsøsken kombinasjoner estimert på basis av 10 mikrosatellitt loci analysert i 33 ungfisk innfanget i Ostuelva, Altevann, Troms. Otte ut av 33 individer ble estimert som fullsøsken når den inklusive og eksklusive sannsynlighet settes konservativt høyt ( $p < 0.01$ ) og der forekommer 88 kombinasjoner av halvsøsken.

Foreldre-par analysen viste at ingen av de innsamlede voksne ørret fra Altevann er sannsynlige foreldre til ungfisken fra Ostuelva (Appendiks III). De simulerte data viste at det skulle forventes 4 % identifikasjonssukses på 95 % konfidensnivået (tilsvarende et individ, for den givne data), men dette var ikke tilfellet for de aktuelle data.

## Diskusjon

Det ble innledningsvis bemerket at resultatene presentert her ikke kan fortolkes veldig stramt, siden resultatene er fremkommet ved simulering av genotype data og ingen de innfangne individer ble kjønnsbestemt. I tillegg ble det ved estimering av familieindekset vist redusert identifikasjonssannsynlighet for enkelte individer og i foreldrepar-testen et mis-match mellom det teoretiske forventet (simulert) og det faktiske resultat. Ut over mangelen av kjønnsinformasjon, er dette indikativt for at styrken på det anvendte mikrosatellitt panel kanskje ikke er tilstrekkelig. De anvendte loci hadde 2-8 alleler per lokus, hvilket er optimalt til populasjongenetiske studier (Bernatchez & Duchesne 2000; Koskinen *et al.* 2004). Der i mot, anbefales det at anvende loci med 7-14 alleler per lokus til genetiske studier av familiemessig karakter. Denne anbefaling dekker da hvis ferre enn ni loci anvendes. I det nærværende studie ble brukt 10 loci hvilket, til en hvis grad, opvejer det manglende antal alleler. Uanset, bør det i fremtidige undersøkelser av familierelasjonene i dette system inkluderes flere loci, gjerne med flere alleler per lokus end loci end anvendt i det nærværende studie. I det følgende, diskuteres resultatene uten hensyntagen til eventuell loci-relaterede begrensninger.

Det ble vist at ungfisken fra Ostuelva kan ha betydelig genetisk variasjon, siden det parentale opphav ble estimert til 13 fedre og 10 mødre og 21-27 fullsøskenfamilier i materialet. I tillegg ble ingen av de 12 innsamlede voksne ørret fra Altevann identifisert som sannsynlige foreldre til ungfisken fra Ostuelva. Estimat av Fis (Fishers innavlskoeffisient) for Ostuelva var 0,068 (6,8 %), og fremskrivning, ved simulering, viser ingen drastisk endringer over 100 generasjoner (uten; genflyt, drift og admixture) (Appendiks IV). Sammen, er dette positive resultater med tanke på etablering av et fremtidig stamfisk program.

Det er vanskelig at estimere hvilken effekt innsamling av individer til stamfisk programmet vil ha på den naturlige ørret populasjon i Ostuelva. Hvis voksenfisk innsames og strykes *in situ* trengs 5-15 fisk av hvert kjønn første/andet år alt etter hvilken familiestruktur stamfisk programmet har (se under). Fordelen ved at innsamle voksenfisk på gyteplassene er at det sikres at det er rett genotype-fenotype kombinasjon som innsamles (se for eksempel Hansen *et al.*, 2006). Dog kan denne innsamling have potensielle negative effekter på den naturlige populasjonen, med betydelig reduksjon i effektiv populasjonsstørrelse i sesonger hvor der innsamles stamfisk materiale. Hvis ungfisk innsamles må tilstrekkelig med individer fanges slik at det sikres at stort nok antall klarer oppveksten frem til kjønnsmodenhet og at kjønnsfordelingen ikke blir skjev. Faren ved at innsamle ungfisk er at de potensielt kan være søsken og man da introduserer innavl i stamfiskprogrammet. Dette kan eventuelt unngås ved at genotype porsjoner av fisk, som individmerkes, inntil et tilstrekkelig familiematerial forefinnes. Resten av ungfisken kan da gjemmes i en felles tank som sikkerhet. Fordelen ved at innsamle ungfisk fisk er at man sikrer at foreldrematerialet i Altevann får reproducere uforstyret. I tillegg kan man oppnå mange potensielle foreldre, uten det derved sikres at rett genotype-fenotype kombinasjon kommer frem i familieetableringen. Uanset hvilken fremgangsmåte som velges, viser resultatet funnet her, at der bør være tilstrekkelig variasjon i Ostuelva til at man kan innsamle fisk med tanke på etablering at et stamfisk program

Hva angår eventuelle effekter av populasjonsfremmene utsetninger i Altevann, er der flere faktorer som er nødvendige at vurdere. Først, hvordan unngå at fisken i de populasjonsfremmene utsetningene ikke overtar den naturlige populasjon. Her er det viktig hva trekke frem at det er fenotypen "den storvokste ørret" som ønskes bevart og det er denne populasjon som ønskes økt i størrelse. Spørsmålet er da, hvorfor blir ørreten i Ostuelva stor, når ørreten i de andre gyteelver i Altevann formentlig ikke bidrager nevneverdig til den storvokste ørret i Altevann (se Hanssen & Præbel 2012). Det er, *per se*, ikke mulig at komme med noen forklaring på dette, men der er liten tvil om at ørreten og lokaliteten har akkurat den rette genotype-miljø kombinasjon for at fremme store fenotyper. Faktorer som spiller inn på dette kan for eksempel være; fekunditet, gyte og klækkesykronisering,

vanntemperatur, gytelokalitetsbeskaffenhet, vekstegenskaper. Mulige effekter på den naturlige populasjon vil da for eksempel være at utsatt ørret har senere gyte og klækketidspunkt end de naturlige ørret.. Dette vil f.eks medføre oppgravning av gytelokalitet når de utsatte fisk skal gyte, forandret vekstpotentiale siden eggene klekker senere og dermed en mulig seleksjon for mindre individer. Dette kan dog også betyde at de populasjonsfremmene utsetninger i Altevatn helt mislykkedes, siden de utsatte fisk ikke gyter med den naturlige populasjon. En alternativ konsekvens er at dannes flere populasjoner i Ostuelva. En situasjon hvor utsatte individer fra utsetninger danner nye lokal populasjoner uten nevneverdig innblanding i de naturlige populasjoner er rapportert i litteraturen hos for eksempel ørret (Hansen 2002; Hansen et al., 2006) og gjørs (Salminen et al., 2011). Samsvarene for de fleste studier i litteraturen som beskriver dette fenomen, er et forskut gytetidspunkt hos de utsatte fisk. Dette bør da spesielt vektlegges undersøkt / overvåget ved fenotype/genotype studier i et eventuelt populasjonsfremmene tiltak for Altevatn ørret, siden det generelt må det forutsettes at interaksjonen mellom gytesusses og lokal adaptasjon er en delikat balanse som er vanskelig at gjenskape og let kan forstyres.

I litteraturen er det generell enighet om at effekten av populasjonsfremmene tiltak på de naturlige populasjoner er vanskelig at predikere. Dette er vist teoretisk (f.eks. Duchesne & Bernatchez 2002), hos ørret (f.eks. Hansen 2002; Hansen *et al.* 2006) og gjørs (Salminen *et al.* 2011). Samme gjeller for antallet av individer som skal utsettets. Bekymringen, er at den effektive populasjonsstørrelse av de utsatte fisk skal overstige den av den naturlige populasjon og på sikt utkonkurrere denne populasjon ved utavl/innavl, hybridisering og ved andre eventuelle fysiske/biologiske faktorer. Dette kan dog relativt lett unngåes ved at sikre at de utsatte fisk representerer den naturlige populasjon, genetisk og fenotypisk. I tilfellet Ostuelva, er fordelene at stamfiskmaterialet vil bestå av den opprinnelige, genetisk rene, storvokste ørret, hvilket, ved et forsiktig anlagt utsetningsstrategi, skulle bevare den opprinnelige populasjon. I tillegg bør genetiske/fenotypiske undersøkelser, i tillegg til simuleringundersøker, inkluderes i alle stadier av et slikt program.

### *Stamfiskprogram*

I avlprogrammer er formålet at fremavle genetiske egenskaper som er av verdi for produksjonen, konsumenten og som giver maksimalt økonomisk utbytte. I slike programmer opereres med en familiekonsensus størrelse på 50 familier eller mer. Dette for at unngå innavl og for hurtig økning av slektskap. Denne familiekonsensusstørrelse på 50 familier eller mer er basert på mange generasjoner av avl med individer med samme genetisk bakgrunn og det sikres at der er tilstrekkelig variasjon i programmet. Et stamfiske program til populasjonsfremmene utsetninger har til hensikt, at bibeholde mest mulig av den naturlige genetiske diversitet og dettes uttrykk (fenotypen). Dette betyr, at dette er en oppbevaring av de naturlige individer i et kontrollert miljø og det er derfor ikke hensiktsmessig at gjøre noen form for alvsgenetisk seleksjon. Så rent prinsipielt er etablering av ganske få familiegrupper tilstrekkelig, hvis man er sikker på at have brukt material med tilstrekkelig end genetisk bakgrunn som de naturlige fisk. Antall familier avhenger dog også av hvor mange individer som tenkes utsatt for at støtte den naturlige populasjon, siden der bare kan produseres et vist antall individer fra hver familie. I tillegg må det antas at det er bedre at utsette færre individer fra mange familier end mange individer fra få familier, da man da har større sjanse for at støtte hele spektret av den naturlige genetisk variasjonen innen om populasjonen. Sist, er det rent teknisk bedre at spre innsatsen på flere familier og kar, da man de ikke i samme grad risikere at miste hele materialet ved feil i f. eks. vannforsyningen. Antallet av familier som skal etableres i forbindelse med et stamfiskeprogram blir derfor bestemt av den genetiske variasjonen i det innsamlede stamfiskemateriale, antall fisk som tenkes satt ut, sårbarhet av den naturlige populasjon og ikke minst økonomi. Siden det ikke er avklart hvilke og hvor mange individer som skal brukes til etableringen av stamfiskprogrammet, gis her flere muligheter for familieetablering. Generelt, er det at foretrekke at pare enkelt individer (Appendiks V), da man da inkluderer mest



genetisk informasjon.. Men hvis antall stamfisk ikke er tilstrekkelig til at få nok familier, kan faktoriale oppsett også brukes (appendiks V).

Det ble overfor vist at ungfiskmaterialet fra Ostuelva bestod av 21-27 familier fordelt på 13 hannfisk og 10 hunnfisk. Det foreslås derfor at man i utgangspunktet etablerer 15-20 familier. For at bevare mest mulig naturlig genetisk variasjon i stamfisk produksjonen foreslås det at lave et sekvensielt stamfiskprogram, hvor der først etableres 15 familier. Det følgende år etableres fem nye familier fra villfisk innfanget et år senere end start materialet (Se Appendiks IV for flowdiagram). Det utsettes da individer fra de femten familier første år og fra 20 familier det følgende år. På det fjerde år termineres fem familier fra det første år og det etableres fem nye familier. Dette utskiftning forsettes fremover jvf. appendiks IV. Terminering er selvsagt ikke nødvendig hvis familierne har produsert få avkom. Generelt må terminering bli en Ad hoc beslutning.

De første utsatte ungsfisk kan forventes kjønnsmoden tilbake i elven etter ~ 4 år (Vøllestad et al. 1993; Freyhof 2011), hvor det vil være altavgjørende at undersøke fenotypen og genotypen til de returnerte fisk og innsamle egg og forta innsamlinger av ungsfisk den følgende vår. Dette bør repeteres de følgende, evt andet hvert år. Da kan stamfisk programmet tilpasses til den observerte effekt på den naturlige populasjon og det kan avgjøres om der skal utsettes ferre/flere fisk basert på ferre/flere familier således at den genetiske variasjon i den naturlige populasjon i varetas.

Denne vurdering er et initialt forslag og det må påregnes ytterligere litteraturstudier for at belyse erfaringer fra etablering av andre stamfiskprogrammer med henblikk på populasjonsfremmende utsætninger, innen dette stamfiskprogram etableres.

## Referencer

- Bernatchez, L., Duchesne, P. (2000). Individual-based genotype analysis in studies of parentage and population assignment: how many loci, how many alleles? *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 57:1-12
- Duchesne, P., Bernatchez, L. (2002). An analytical investigation of the dynamics of inbreeding in multi-generation supportive breeding. *Conservation Genetics* 3:47-60
- Freyhof, J. (2011). *Salmo trutta*. In: IUCN 2011. IUCN Red List of Threatened Species. Version 2011.2. <[www.iucnredlist.org](http://www.iucnredlist.org)>. Downloaded on 12 February 2012
- Hansen, M. M. (2002). Estimating the long-term effects of stocking domesticated trout into wild brown trout (*Salmo trutta*) populations: an approach using microsatellite DNA analysis of historical and contemporary samples. *Molecular Ecology* 11:1003-1015
- Hansen, M. M., Bekkevold, D., Jensen, L. F., Mensberg, K. L. D., Nielsen, E. E. (2006). Genetic restoration of a stocked brown trout *Salmo trutta* population using microsatellite DNA analysis of historical and contemporary samples. *Journal of Applied Ecology* 43:669-679
- Hanssen, Ø. K., Præbel, K. (2012). Fiskebiologiske undersøkelser i Altevåtn i 2010 - rekrutteringspotensial og populasjonstilhørighet hos ørret og ørekytas utbredelse. Prosjekt Bedre fiske i regulerte vassdrag i Troms. Rapport 01-2012. 19s

Kalinowski, S. T., Taper, M. L., Marshall, T. C. (2007). Revising how the computer program CERVUS accommodates genotyping error increases success in paternity assignment. *Molecular Ecology* 16:1099-1006

Koskinen, M. T., Hirvonen, H., Landry, P. A., Primmer, C. R. (2004). The benefits of increasing the number of microsatellites utilized in genetic population studies: an empirical perspective. *Hereditas* 141:61-67

Salminen, M., Koljonen, M.-L., Säisä, M., Ruuhijärvi, J. (2011). Genetic effects of supportive stockings on native pikeperch populations in boreal lakes – three cases, three different outcomes. *Hereditas*, Early view

Wang, J. (2004). Sibship reconstruction from genetic data with typing errors. *Genetics*, 166: 1963-1979

Vøllestad, A. L., Lund, J. H. L., Sæggrov, H. (1993). Dimensionless numbers and life history variation in Brown Trout. *Evolutionary Ecology* 7:207-218

## APPENDIKS

**Appendiks I.** Teoretiske foreldre Ostueelv juvenil ørret. Avkom er individer med individuell kode, "far/mor" er estimerte teoretiske foreldre kombinasjoner, og Pop er en individets populasjonstilhørighet bestemt i programmet og kan ses som et mål for "genetisk renhet" i en undersøkte prøve.

Avkom	"Far"	"Mor"	Pop
OuT09001	*1	#1	1
OuT09002	*1	#2	1
OuT09003	*2	#3	1
OuT09005	*3	#4	1
OuT09006	*1	#5	1
OuT09009	*1	#6	1
OuT09010	*2	#2	1
OuT09011	*4	#7	1
OuT09012	*1	#5	1
OuT09014	*1	#2	1
OuT09015	*5	#1	1
OuT09016	*6	#8	1
OuT09017	*3	#6	1
OuT09018	*6	#5	1
OuT09019	*7	#1	1
OuT09020	*8	#9	1
OuT09021	*9	#2	1
OuT09023	*1	#2	1
OuT09024	*2	#1	1
OuT09025	*10	#5	1
OuT09026	*4	#3	1
OuT09027	*10	#6	1
OuT09029	*10	#1	1
OuT09030	*11	#2	1
OuT09032	*8	#10	1
OuT09033	*2	#1	1
OuT09034	*2	#10	1
OuT09035	*7	#1	1
OuT09046	*11	#2	1
OuT09047	*12	#7	1
OuT09048	*7	#5	1
OuT09049	*13	#7	1
OuT09051	*4	#8	1
<b>Total</b>	<b>13</b>	<b>10</b>	

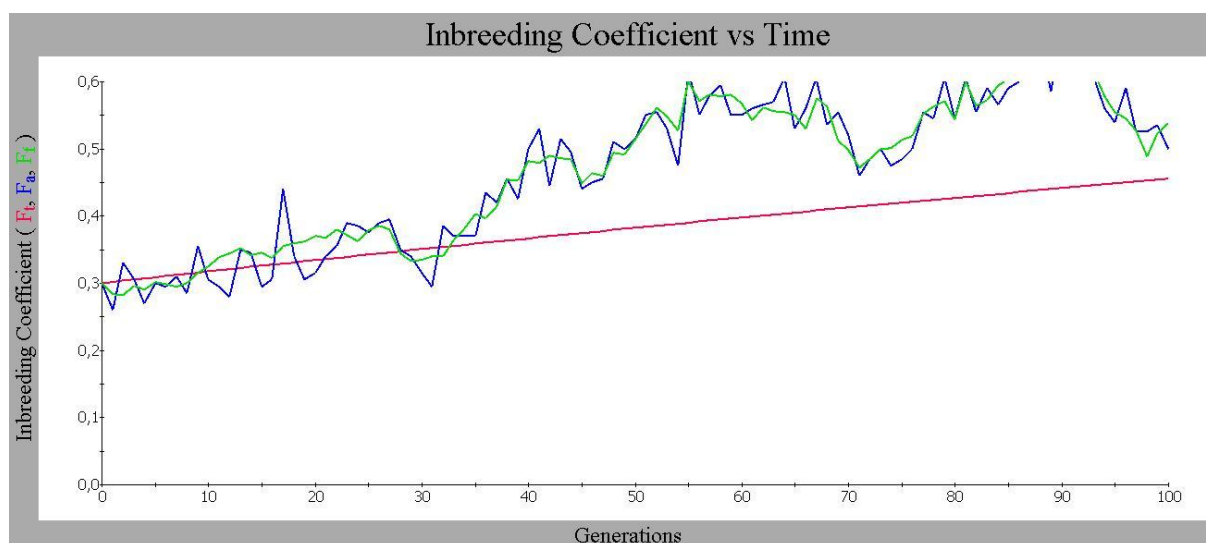
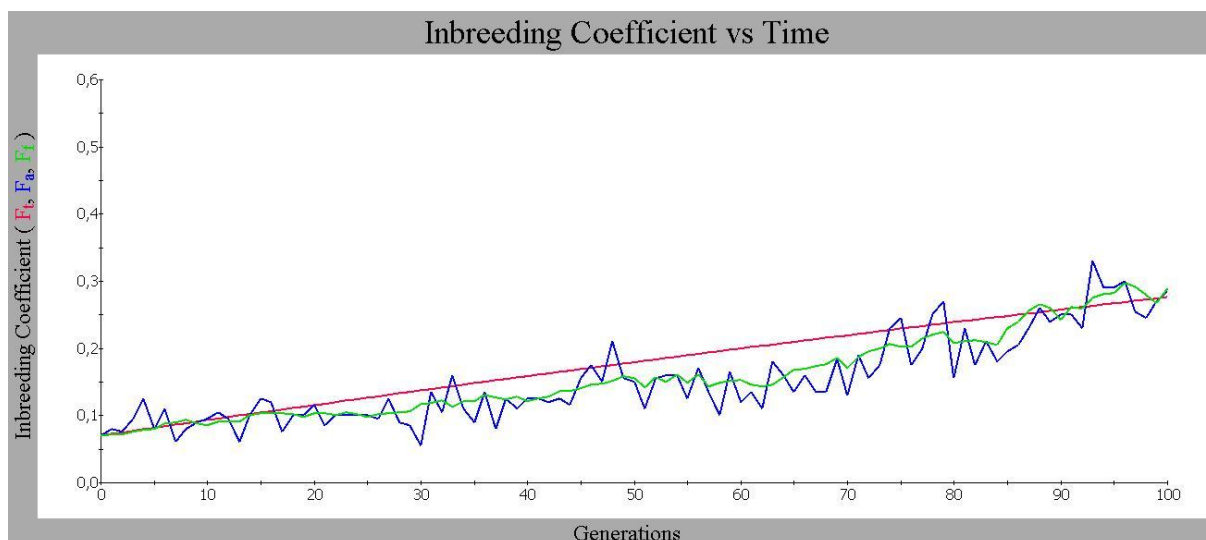
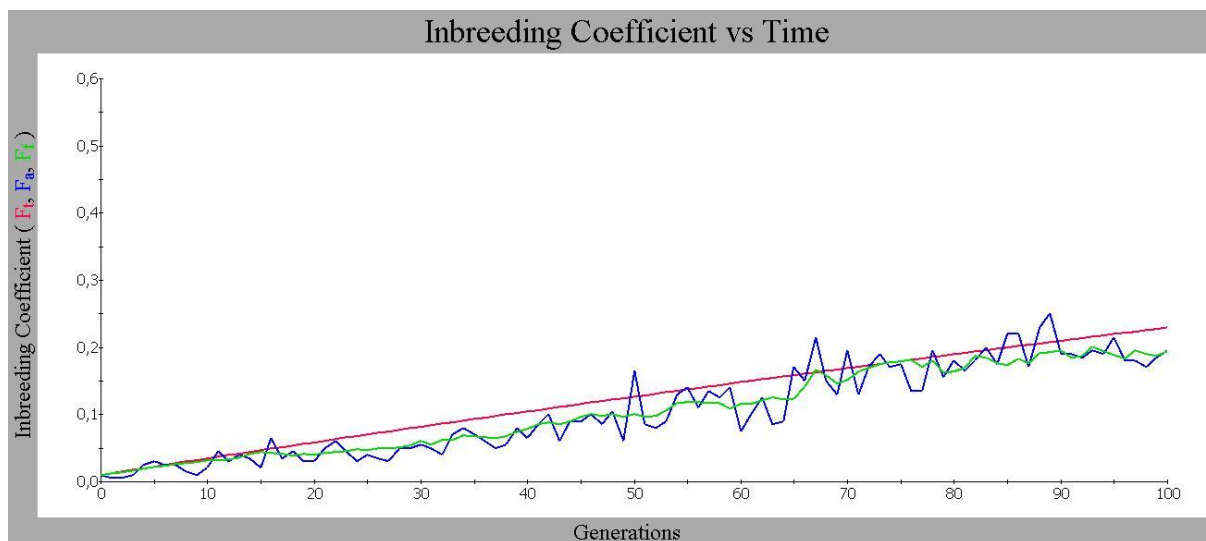
**Appendiks II.** Antall familier, familiemedlemmer, og sannsynligheter for familietilhørighet i 33 ørret ungfisk fra Ostuelva, Altevann, Troms, bestemt ved hjelp av 10 mikrosatellitter. Første kolonne viser familieindeks, anden kolonne viser den inklusive sannsynlighet for at alle individer (medlem 1 og oppover) i en given fullsøsken familie, i den beste konfigurasjon, er full søsken. Den tredje kolonne viser den eksklusive sannsynlighet for at alle individer (medlem 1 og oppover) i en given fullsøsken familie, i den beste konfigurasjon, er full søsken og ingen andre individer er fullsøsken innen denne fullsøskenfamilie. Derfor er den eksklusive sannsynlighet alltid mindre eller lik den inklusive sannsynlighet for hver familie. Fjerde kolonne og utover medlemmer i hver fullsøskenfamilie.

Familie indeks	Inklusiv sannsynlighet	Eksklusiv sannsynlighet	Medlem 1	Medlem 2	Medlem 3
1	1,0000	0,9951	OuT09001		
2	0,9929	0,9929	OuT09002	OuT09014	OuT09023
3	1,0000	1,0000	OuT09003		
4	1,0000	0,4681	OuT09005		
5	0,5734	0,5734	OuT09006	OuT09012	
6	1,0000	1,0000	OuT09009		
7	1,0000	1,0000	OuT09010		
8	1,0000	0,9798	OuT09011		
9	1,0000	0,9676	OuT09015		
10	1,0000	0,3097	OuT09016		
11	1,0000	0,4681	OuT09017		
12	1,0000	0,9991	OuT09018		
13	0,9944	0,9678	OuT09019	OuT09035	
14	1,0000	0,9976	OuT09020		
15	1,0000	1,0000	OuT09021		
16	0,9944	0,9944	OuT09024	OuT09033	
17	1,0000	0,9991	OuT09025		
18	1,0000	1,0000	OuT09026		
19	1,0000	1,0000	OuT09027		
20	1,0000	0,9321	OuT09029		
21	1,0000	1,0000	OuT09030	OuT09046	
22	1,0000	0,9976	OuT09032		
23	1,0000	1,0000	OuT09034		
24	1,0000	1,0000	OuT09047		
25	1,0000	1,0000	OuT09048		
26	1,0000	0,9798	OuT09049		
27	1,0000	0,3097	OuT09051		

**Appendiks III.** Foreldre-par test, hvor et simulert datasett ble sammenlignet med genotypedataen fra voksen ørret fra Altevatn og ungfisk fra Ostuelva for at bestemme familierelasjonen mellom disse individer. Testen ble kjørt uten informasjon om kjønn.

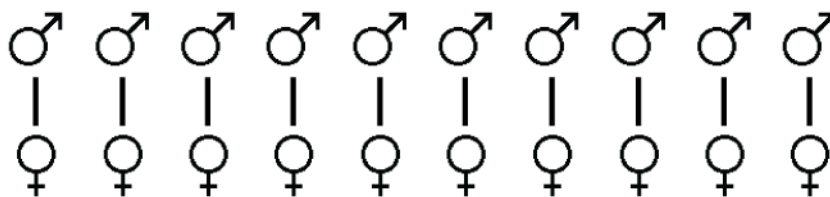
Level	Confidence (%)	Critical LOD	Assignments	Assignment rate (%)
			Observed (Expected)	Observed (Expected)
Strict	95,0	11,63	0 (1)	0 (4)
Relaxed	80,0	8,22	0 (5)	0 (15)
Unassigned			33 (28)	100 (85)
Total			33 (33)	100 (100)

Appendiks IV. Simulering av Fis over 100 generasjoner, med en populasjonsstørrelse på 200 og startverdier av Fis på 0.01 (A), 0.07(B, Ostuelva), 0.3 (C). I simuleringen antages det at systemet ikke påvirkes av; genflyt, drift og admixture.

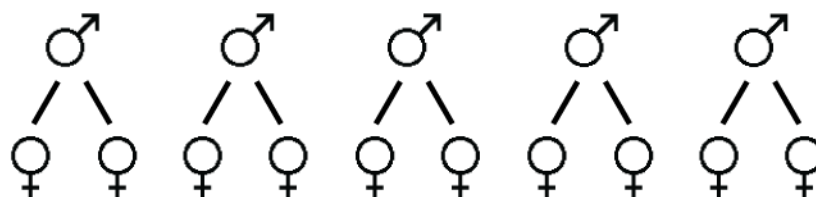


Appendiks V. Ulike parringsmetoder til familiefremstilling.

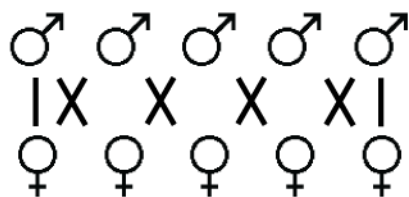
A



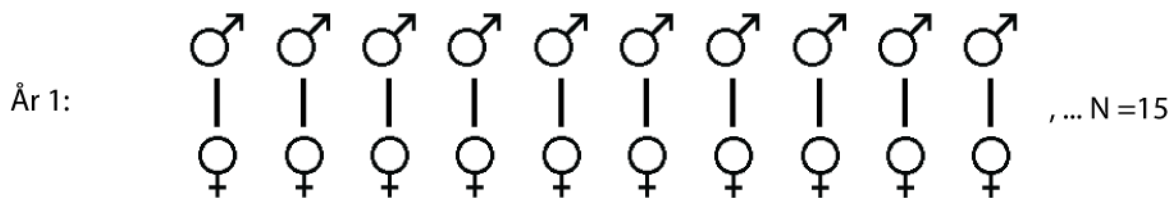
B



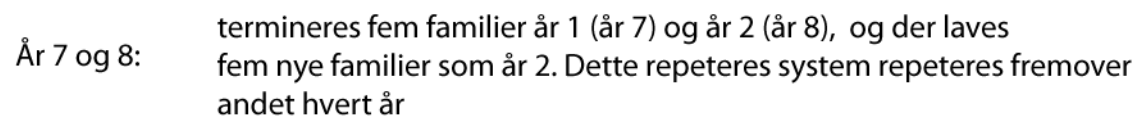
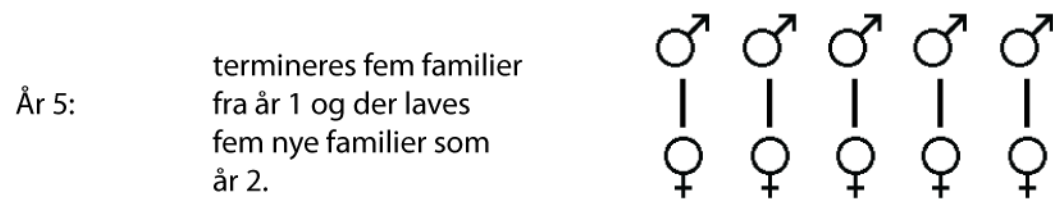
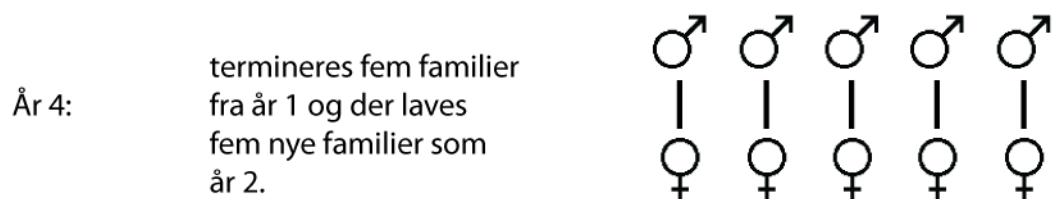
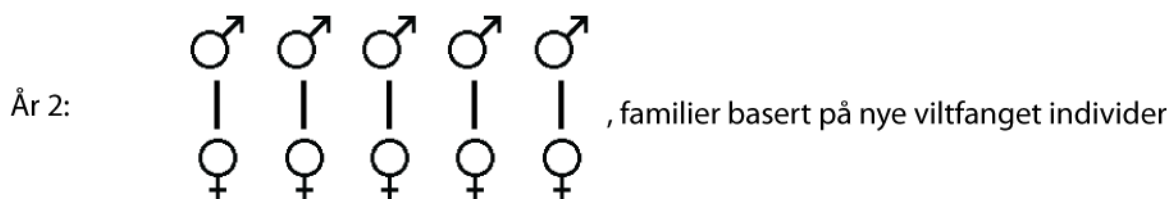
C



Appendiks VI. Flowdiagram for et initialt stamfiskprogram for Altevannsrørret



+





## Vedlegg 4

Kart/flyfoto av Oustoelva med markering for området som har blitt fiska med elektrisk fiskeapparat.

