

HiT skrift nr 2/2011

Genetisk struktur hos ørret i Mjøsa

Jens Wollebæk, Knut H. Røed og Jan Heggenes

Institutt for natur, helse og miljø (Bø)

**Høgskolen i Telemark
Porsgrunn 2011**

HiT skrift nr 2/2011

ISBN 978-82-7206-322-0 (trykt)
ISBN 978-82-7206-323-7 (online)
ISSN 1501-8539 (trykt)
ISSN 1503-3767 (online)
Serietittel: *HiT skrift* eller *HiT Publication*

Høgskolen i Telemark
Postboks 203
3901 Porsgrunn
Telefon 35 57 50 00
Telefaks 35 57 50 01
<http://www.hit.no/>

Trykk: Kopisenteret. HiT-Bø

© Forfatterne/Høgskolen i Telemark

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

Forord

Denne rapporten er et resultat av et forskningsprosjekt som ble til i en dialog mellom forfatterne (Høgskolen i Telemark, Norges Veterinærhøgskole) og Fylkesmannen i Oppland. Som et ledd i et større pågående prosjekt, ønsket forfatterne å undersøke genetisk struktur hos Mjøsørret, med vekt på storørretbestandene. Målet er å finne ut om storørret utgjør genetisk sett egne bestander i forskjellige norske innsjøer. Fylkesmannen var interessert i å få et slikt arbeid gjennomført i Mjøsa som er den ”klassiske” lokaliteten for storørret i Norge. Fylkesmannen ønsket også å kunne benytte analyseresultatene som et referansemateriale, for evt. senere studier som kan avdekke evt. genetiske endringer hos de ulike stammene av Mjøsaure i framtiden. Fiskematerialet er innsamlet av Finn Gregersen hos Fylkesmannen, Frank Hansen hos Eidsiva Energi og lokale fiskerforeninger. Undersøkelsen er gjennomført med støtte fra prosjektet ”Bedre bruk av fiske ressursene i regulerte vassdrag i Oppland”, Vassdragsforbundet for Mjøsa og Fylkesmannen i Oppland. Vi takker alle for innsatsen med innsamling av prøver, økonomisk støtte, samt for et nyttig og trivelig samarbeid.

Bø, 15.01.2011

Jan Heggnes

Innhold

Sammendrag	2
Innledning	3
Materiale og metoder	5
Lokaliteter og sampling	5
Laboratorietekniske analyser	10
Genetiske analyser	11
Resultater	13
Genetisk hovedstruktur	14
Genetisk struktur mellom lokaliteter	18
Migrasjon	23
Storørret og stasjonær elveørret	26
Mjøsørret	26
Diskusjon	28
Mye genetisk variasjon	28
Genetisk hovedstruktur og egne bestander i hver elv	30
Genetisk struktur innen lokaliteter – ingen egen type storørret	33
Tidligere bestandsreduksjoner – små genetiske effekter	34
Tidligere utsettinger – små genetiske effekter	35
Lite feilvandring	35
Genetisk bidrag fra de enkelte elver til storørret fanget i Mjøsa	36
Referanser	38
Vedlegg	43

Sammendrag

Fiskeforvaltningen ønsker å bevare stedegne bestander, ut fra en antagelse om lokal tilpassning av fisk til det enkelte miljøet den lever i. Hovedmålsetningen for foreliggende undersøkelse har derfor vært å kartlegge genetisk variasjon og struktur hos ørret i Mjøsa. Det er innsamlet ørret fra de antatt viktigste reproduksjonslokalitetene, i alt 11 elver, samt fanget ørret i selve Mjøsa. Resultatene er basert på analyse av genetisk variasjon i 13 mikrosatellitt loci (korte DNA biter) for et utvalg av ungfisk og større stamfisk, tilsammen 514 ørret.

Alle undersøkte populasjoner (bestander) viste stor grad av naturlig genetisk variasjon. Det ble ikke funnet vesentlige tegn på reduksjon av genetisk variasjon i nyere tid. Tidligere bestandsreduksjoner og utsettinger av ikke-stedegen ørret har hatt små varige genetiske effekter.

Det var ingen indikasjoner på intern strukturering, dvs. flere bestander, innen elv. Vi fant derfor ingen forskjeller som kan antyde et genetisk skille (reproduktiv isolasjon) mellom for eksempel stedegen elveørret og mjøsvandrende storørret innen elver. Derimot var ørret fra de fleste undersøkte lokaliteter genetisk adskilte, dvs. hver elv har sin egen stamme av ørret. Den genetiske forskjellen var større med økende geografisk avstand mellom elvene. Gyteørreten vender derfor tilbake til sin egen oppvekstelv for å gyte, og hver elv har sin egen genetiske ørretbestand. Det er lite feilvandring, idet bare få første generasjons feilvandrerere mellom elver ble funnet. Denne feilvandringen har i liten grad medført genetisk utveksling (genflyt) mellom bestander. Ørret fra samtlige elver bør derfor forvaltes som stedegne bestander.

Ørreten fanget i selve Mjøsa kan best struktureres genetisk i 2 - 6 delbestander, dvs. at enkelte rekrutteringselver er spesielt viktige for Mjøsørreten. Hovedinndelingen i 2 delbestander var spesielt klar, og viser at ørret fra Gudbrandsdalslågen er spesielt genetisk adskilt fra de andre bestandene tilhørende Mjøsa. De genetiske analysene bekrefter derfor at dette vassdraget i stor grad bidrar til Mjøsas bestand av storørret.

Emneord: ørret, genetisk struktur, Mjøsa, forvaltning

Innledning

Det er betydelige interesser knyttet til fiske i Mjøsa og dets tilløpselver. Ørreten er spesielt viktig for fritidsfiske i innsjøen og de mange elvene, og Mjøsa er også landets viktigste lokalitet for storvokst ørret. Allerede tidlig på 1900-tallet var mjøsørreten gjenstand for omfattende studier av fiskebiolog Huitfeldt-Kaas (Huitfeldt-Kaas 1917). Interessen for ørretens særpreg i de ulike vassdragene i Mjøsa-systemet gjenspeiles i de mange økologiske undersøkelsene som er gjennomført, og en lokal forvaltning som er basert på denne kunnskapen.

Økologiske studier av ørret fanger likevel ikke opp bestandenes genetiske struktur og variasjon. Denne variasjonen er en grunnleggende forutsetning for biologisk mangfold og bestandenes overlevelse over tid. Ørret viser stor økologisk variasjon (Elliot 1994). Vi vet også fra nyere genetiske studier at den er en av de mest genetisk variable vertebrater som er kjent (Skaala 1992; Heggenes *et al* 2002, 2009; Ostergaard *et al* 2003). Til tross for at ulike bestander kan leve sammen i en felles næringslokalitet gjennom store deler av livsløpet, for eksempel i Mjøsa, er det vanlig antatt at ørret ofte vandrer tilbake til sin fødeelv for gyting. Lokale genetiske bestander vil dermed kunne oppstå mellom og innen geografiske lokaliteter. Slik lokal tilbakevandring og bestandsdannelse blir ofte forstått som tilpassninger som bedrer langtidsoverlevelsen for den enkelte bestand (populasjon), og er derfor den teoretiske begrunnelsen for en fiskeforvaltning basert på bevaring av lokale bestander. Og selv om genetisk populasjonsstrukturering ikke nødvendigvis er ensbetydende med lokal tilpassning (Heggenes og Røed 2006), så øker evnen til å tilpasse seg endringer i det lokale miljøet oftest med graden av genetisk variasjon (Hedrick 2005). Bevaring av genetisk mangfold er følgelig en viktig målsetting for forvaltningen. En spesielt interessant problemstilling i denne sammenheng, og spesielt i Mjøsa, er om storørret utgjør egne bestander - eller bare er "vanlig" ørret som får en egen livshistorie ved at den går over på fiskedielt (Garnås *et al* 1996).

En undersøkelse av genetisk variasjon hos mjøsørret utført rundt 1990 (Skaala *et al* 1991) viste at det var signifikante forskjeller i ulike allelfrekvenser (=genvarianter, her isozymer) mellom ørret fra ulike lokaliteter, og dermed reprodutiv isolasjon mellom populasjonene. Det er siden utviklet nye og betydelig mer følsomme metoder for å kartlegge genetisk variasjon. Mikrosatellitter er en type genetisk markør som er spesielt egnet til å avdekke genetisk struktur, og spesielt egnet til å vurdere grad av isolasjon mellom bestander (populasjoner) og slektskap mellom individer (Estoup *et al* 1993).

Hovedmålsetningen for foreliggende undersøkelse var derfor å kartlegge genetisk struktur hos ørret i Mjøsa med tilhørende reproduksjonslokaliteter, dvs. elver. Mer spesifikt har prosjektet hatt tre delmål; 1) å undersøke genetisk variasjon hos ørret i de utvalgte elvene, 2) å undersøke genetisk struktur og grad av reprodutiv isolasjon mellom disse elvene, og 3) undersøke genetisk bidrag fra de enkelte elvene til stor ørret fanget i Mjøsa.

Resultatene fra dette prosjektet vil være et viktig grunnlag for å evaluere forvaltningen av de undersøkte delbestandene frem til idag, og være retningsgivende for en bærekraftig framtidig forvaltning av mjøsørreten, og det genetiske mangfold den representerer.

Materiale og metoder

Ørret fra i alt 11 rekrutteringselver er representert i undersøkelsen (Tab. 1). Utvalget er gjort fra et større tilgjengelig materiale innsamlet med elektrisk fiskeapparat (Geomega a/s, type FA3; eksponentielle pulser på 1200 V og 86 Hz frekvens) høsten 2007 – 2008. De største elvene som var antatt viktigst for rekrutteringen til Mjøsa, ble valgt ut. Aldersgruppering av ørret fra de enkelte lokalitetene er basert på lengde-frekvens kurver og tilgjengelig lokal informasjon om vekst og størrelsesfordeling. Et tilfeldig utvalg av 25 rekrutter per elv ble genetisk analysert. 1+, 2+ og eldre ørret ble fortrinnsvis benyttet for å redusere mulige familieeffekter og skjev kjønnsfordeling. I de tilfeller der 0+ er inkludert, er disse fordelt på to årsklasser dersom mulig. I tillegg ble vevsprøver fra stamfisk innsamlet i fem større elver (nedenfor, Tab. 1) av lokale fiskelag i forbindelse med stryking ($n = 35 - 50$ / lokalitet). Vevsprøver av ørret fra Mjøsa ($n = 50$) ble innhentet fra lokale fiskere ved garnfangst sommeren 2008. Totalt undersøkt materiale er 514 ørret som fordeler seg på 17 sample av fisk, hovedsakelig villfisk (dvs. verken fettfinne klippet eller floy-merket, Tab. 1).

Lokaliteter og sampling

Elvedata er basert på Mjøsutvalgets årsberetning fra 1975 (Nashoug og Kjellberg 1976), sluttrapporten i Operasjon Mjøsørret (Taugbøl 1995) og en nylig utgitt rapport om gytebekkene og elvene i Mjøsa (Gregersen 2009). Geografisk lokalitet er gitt i Fig. 1, og detaljer om de enkelte sample er gitt i Tab. 1. Elver er angitt med fire bokstavers forkortelse, med sluttbenevning *R* (rekrutter) og *S* (storørret) der størrelsesgrupper behandles separat. ”Storørret” er i rapporten benyttet som fellesbetegnelse på stor (gytevandrende) fisk.

Bergselva (Berg)

Elva med et nedbørfelt på ca. 17,3 km², er 2 - 3 m bred og med 2 - 3 km tilgjengelig vandringsstrekning for mjøsørret. Bestanden av ørret er god og trolig bedret de seneste år. Ørret inkludert i undersøkelsen er samlet inn i oktober 2007 på en lokalitet omlag 1 km oppstrøms elvemunningen, og består i hovedsak av 1+ fisk.

Brummunda (Brum)

Denne tredje største elva i Mjøsa (218 km² nedbørfelt, >10 m bred, >22 km elv for mjøsørret) har i lengre tid hatt en svært god bestand av ørret. Fisk fra vassdraget har derfor blitt benyttet ved utsettinger i en rekke andre vassdrag de siste tiår, men p.t. settes fisk fra vassdraget kun ut lokalt. Rekruttene til genetisk analyse er samlet inn i august 2008, over en strekning på ca 2 km (1,5 – 3,5 km fra elveoset) og innebefatter i hovedsak 1+ ørret. Storørret er fisk fanget i fiskefella ved Sveum (2 km oppstrøms elveoset) i september 2008, og er i hovedsak benyttet som stamfisk samme året.

Flagstadelva (Flag)

Elva med 177 km² nedbørfelt er 5 – 10 m bred og har i likhet med naboelva Brummunda en lang strekning for mjøsørret (ca 20 km). Elva har hatt en økende bestand av ørret de siste tiår, og bestanden fremstår i dag som solid. Fisk fra naboelva Brummunda er utsatt tidligere, men nå benyttes kun lokal stamme. Rekrutter ble samlet inn i august 2008 ved Vedkevern (10 km oppstrøms) og er en jevn blanding av 1+ og 2+. Uttaket av storørret ble fanget i fiskefella ved Bassin (4 km opp elva) fra vandrende fisk i september / oktober 2008.

Gausa (Gaus)

Denne nest største tilløpselva til Mjøsa har 934 km² nedbørfelt, bredde på 10 - 20 m og mer enn 22 km elv for oppvandrende mjøsørret. Bestanden av ørret er og har vært moderat, men øvre deler av vassdraget har en god bestand ørret. Det har tidligere (spesielt 1970 tallet) vært store utsettinger av ørret fra Gudbrandsdalslågen i vassdraget. Lokal fiskeforvaltning setter nå ut fisk av lokal opprinnelse, men andelen settefisk i fangstene er lav. Rekrutter fra elva ble innsamlet i oktober 2007 på en stasjon ca 4 km oppstrøms elveosen, og består i hovedsak av 0+ rekrutter. Storørreten fra elva er fra gytevandring juli – oktober 2007, og likt fordelt fra fisketrappa, Raua og Moavika (10-20 km opp i elva).

Kalverudbekken (Kalv)

Bekkens nedslagsfelt er ca. 10,5 km², og 2-3 m bredde er tilgjengelig i > 3 km. Ørretbestanden har hatt en positiv utvikling seneste år og er nå solid. Rekruttene er likt fordelt på 0+ /1+ og 2+, fanget i oktober 2007 fra elveutløpet og 150 m oppstrøms.

Gudbrandsdalslågen (Låge)

Lågen er det klart største vassdraget; 11.500 km² nedbørfelt, omlag 100 m bred og > 70 km vandringsstrekning for mjøsørret. Elva har den største fisken tilhørende Mjøsa, og trolig også det største antallet fisk av tilløpselvene. Oppvandring begrenses noe av kraftverk ved Hunderfossen, men en stor andel fisk passerer trappa her, og ørretbestanden er solid. Fisk fra Lågen har blitt utsatt i en rekke lokaliteter de siste tiår, men settes p.t. bare i Lågen og direkte i Mjøsa. Utsatt fisk utgjør ca 50 % av gytevandrerne i elva, men antallet vill fisk har økt parallelt med innslag av utsatt fisk siden utbygging av vassdraget. Rekruttene til denne analysen har sitt opphav fra gyteområdet ved jernbanebrua rett nedstrøms Hunderfossen, og består i hovedsak av 1+ ørret fanget i oktober 2007. Storørret fra elven er gytevandrerne fanget i trappa ved Hunderfossen august – oktober 2008.

Lenaelva (Lena)

Lenaelva har et nedbørfelt på 292 km², er 10 - 15 m bred med 30 km elv tilgjengelig for mjøsørret i hovedvassdraget. Fra å ha en tynn bestand av ørret på 1970 tallet, er nå bestanden sterkt bedret. Det ble fra 1970-tallet satt ut fisk av Brummunda stamme. På 1980-tallet ble det satt ut settefisk av både Slidre- og Tunhovd stamme. Fra og med 1990 er det bare satt stedegen fisk. Andelen settefisk (lokal opprinnelse) er nå litt over 10 %. Innsamling av rekrutter foregikk i august 2008 ved Hølja / Skreia ca 1 km oppstrøms elveosen og innbefatter 12 stk 0+. Om lag 1 km lenger opp i elva er fisketrappa, hvor storørret ble fanget i august – oktober 2008.

Mjøsa (Mjos)

Totalt nedbørfelt til Mjøsa er på 17 600 km². Det settes årlig ut ca. 20 000 ørret direkte i Mjøsa, og rapportert antall utsatt fisk i fangstene er økende og p.t. om lag 50 %. Ørreten inkludert i analysene er mottatt av lokale fiskere mai – juni 2008, og er rapportert fanget i område Brøttum og Lillehammer, nord i Mjøsa.

Moelv (Moel)

Moelv er middels stor; 192 km² nedbørfelt, 10 - 15 m bred med > 6 km tilgjengelig for oppvandrende ørret. Nåværende bestand av ørret er moderat til god. Noe fisk fra Brummunda er satt ut i elven tidligere. Fisken ble fanget september 2007 og august 2008 over en strekning på omlag 2 km, 1,7 - 3,7 km fra elvemunningen. Omlag halve samplet er 1+, men totalt 11 stk 0+ ble inkludert, jevnt fordelt på de to årene.

Rinda (Rind)

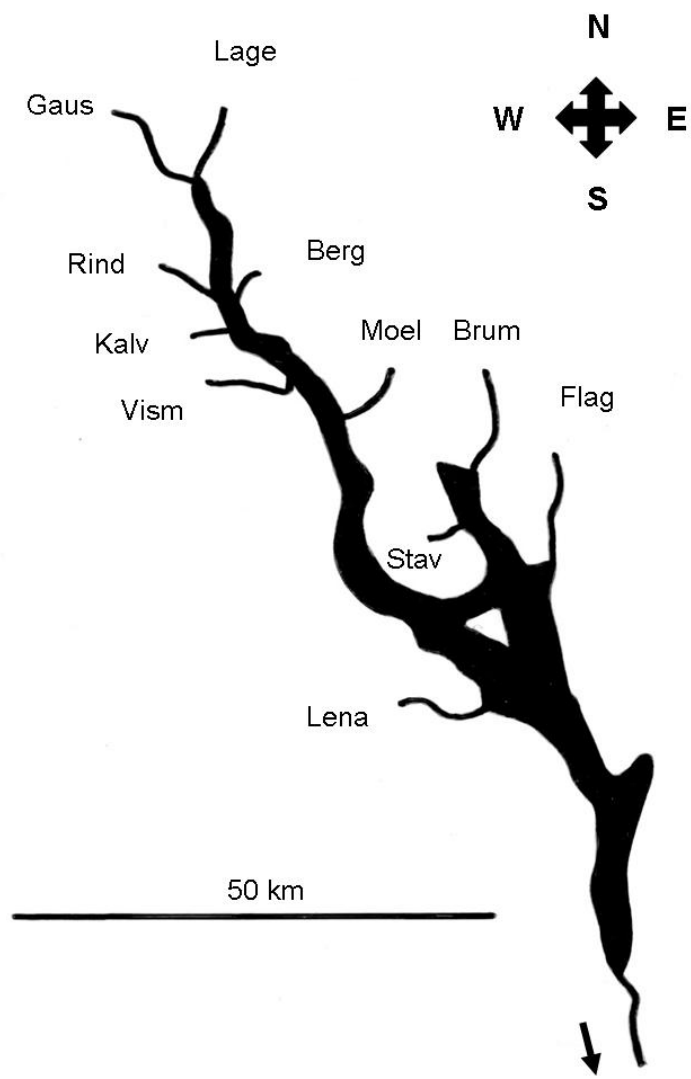
Elvens nedbørfelt er 94 km² og den er omlag 5 m bred. Ørretens vandring oppstrøms begrenses i stor grad av et fall ca 4 km opp elva. Bestanden av ørret er bedret fra moderat til god. Ørret fra Lage og Brum satt ut på 70 tallet. Rekruttene ble fanget oktober 2007, ca 1,7 km oppstrøms elvemunningen, og består av 1+ og 1 stk 0+.

Stavsjøbekken (Stav)

Bekken har et nedbørfelt på ca. 11,8 km², er ca 2 m bred og omlag 2 km er tilgjengelig vandringsvei for mjøsørret. Bestanden av ørret karakteriseres som god. Rekruttene ble fanget i september 2007 og består i hovedsak av aldersgruppen 1+. Fisken ble fanget fra 200 – 700 m oppstrøms Mjøsa.

Vismunda (Vism)

Elven har et nedbørfelt på 192 km², er 5 - 10 m bred og med > 7 km elvestrekning tilgjengelig for mjøsørret. Tettheten av ørreten er moderat, men trolig økende. Det er på 70 tallet satt ut et stort antall ørret (45.000) i elven fra Brummunda. Rekrutter fra elven ble samlet inn i september 2007 på en lokalitet ca 1,5 km oppstrøms elveutløpet, og består av en lik fordeling 0+ / 1+, med et lite innslag 2+ fisk.



Figur 1 Kart over Mjøsa med undersøkte lokaliteter.

Tabell 1 Ørret hvor DNA ble isolert ($N=514$) med lengde- og kjønnsfordeling dersom kjent, fordelt på lokalitet og størrelsesgruppe. Sample med sluttbetegnelse "R" og "S" angir hhv. rekrutter og storørret. Tall i parentes for storørret angir antall fettfinne klippet og/eller floy-merket fisk.

Lokalitet	Sample	Ørret størrelse (mm)					Han / Hun
		N	Gj.snitt	SD	Min	Max	
Berg	BergR	25	102,9	14,2	80	133	
Brum	BrumR	25	107,5	21,8	85	147	
	BrumS	35 (2-1)	568,9	68,7	380	680	10 / 25
Flag	FlagR	25	125,0	29,5	90	190	
	FlagS	40	534,5	64,2	370	650	15 / 25
Gaus	GausR	25	73,7	28,6	55	160	
	GausS	46 (1-0)	530,7	72,9	400	740	14 / 32
Kalv	KalvR	25	103,6	45,8	43	189	
Lage	LageR	25	99,8	22,4	56	147	
	LageS	50 (2-5)	692,8	122,6	420	990	20 / 30
Lena	LenaR	25	77,6	29,9	44	146	
	LenaS	45 (6-0)	487,1	103,5	210	690	13 / 22
Mjosa	MjosS	50 (22-8)	632,0	78,4	500	830	
Moel	MoelR	25	98,8	34,0	55	188	
Rind	RindR	25	107,6	18,9	61	141	
Stav	StavR	25	111,7	11,6	93	132	
Vism	VismR	25	87,5	30,5	53	168	

Laboratorietekniske analyser

DNA ble isolert fra finner ved hjelp av spinnkolonner (Qiagen DNeasy). Genetisk variasjon ble analysert i 514 fisk i 13 DNA mikrosatellitter (se vedlegg 1 for 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 3100). Totalt 13 602 alleler (~ 95 %) ble entydig bestemt, og inkludert i videre analyser.

Genetiske analyser

Allele (genvariant) typing ble foretatt i GENEMAPPER v.3.7 (<http://www.applied-biosystems.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). En Ewens –Watterson test (Manly 1985) ble implementert for test av nøytraliteten til markørene innen hver enkelt elvelokalitet (etter 10.000 iterasjoner) i POPGENE v.1.31 (<http://www.ualberta.ca/~fyeh/fyeh>). Allel diversitet (N_{all}), observert (H_o) og forventet heterozygositet (H_e) ble også estimert i POPGENE. Estimat av H_e ble basert på Levenes algoritme (Levene 1949), som er spesielt utviklet for små sample per populasjon (Nei 1978). Allel diversitet skalert for populasjonsstørrelse (A_r) ble estimert i FSTAT v.2.9.3.2 (Goudet 1995). Eksakt tester for avvik fra Hardy-Weinberg (HW) likevekt for hvert locus innen populasjoner, og tester for koblingsulikevekt (LD) mellom locus par over populasjoner, ble utført (etter 10.000 permutasjoner og 100 grupper á 5000 iterasjoner) i GENEPOP v.4.0 (Raymond og Rousset 1995).

Sannsynligheten for at en bestand relativt nylig hadde gått gjennom en flaskehals ble testet i programmet BOTTLENECK, v.1.2.02 (Cornuet og Luikart 1996) ved en Wilcoxon test og en ”mode-shift” test etter 1000 replikasjoner under forutsetning av en to-fase modell for mutasjon (90 % single step modell). Genetisk hovedstruktur i innlemmet materiale ble estimert ved en Bayesisk simuleringsalgoritme i programmet STRUCTURE v.2.2 (Pritchard *et al* 2000; Falush *et al* 2003), uten informasjon om fangst lokalitet. Algoritmen optimaliserer HW likevekt i populasjoner. Struktur ble estimert under forutsetning av maksimalt 15 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 elver. Sannsynlig hovedstruktur ble estimert etter 10 analyser for potensielle populasjonsantall (1 - 15), og er presentert som sannsynligheten for ulike antall populasjoner ($\ln P(D)$) med standard avvik (SD) og ved ΔK (Evanno *et al* 2005), som er en spesielt egnet summeringsstatistikk for algoritmen.

Stedegenheten for ørret fra de enkelte elvene ble vurdert ut fra estimert genetisk differensiering ($F_{ST} = \theta$) mellom sample og lokaliteter, etter hhv. 136.000 og 66.000 permutasjoner i FSTAT.

Slektskapsforholdet mellom sample ble estimert ved Nei *et al.* (1983) sin genetiske distanse Da 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. Alle frekvensfordelingene mellom de ulike sample ble videre evaluert ved en prinsippal komponent analyse (PCA), basert på en standardisert F_{ST} distanse matrix i GENALEX v.6 (Peakall og Smouse 2006).

Eventuelle genetiske forskjeller mellom storørret og "vanlig" stedegen ørret ble evaluert i de fire elvene hvor både rekrutter og stor gytefisk var fanget, vha. parvise F_{ST} estimater (θ , ovenfor) og en hierarkisk AMOVA i ARLEQUIN v.3.1 (Excoffier *et al* 2005) som analyserer alle varianser innen og mellom sample.

Migrasjon mellom elvene ble analysert ved to ulike metoder. Første- og andregenerasjons migranter (F_0 og F_1) mellom elver (rekrutter og storørret samlet) ble estimert ved Prichard *et al's* (2000) Bayesiske test i STRUCTURE med 5 % initial migrasjonsrate og forutsetninger som ovenfor og at samtlige bestander i Mjøsa var inkludert. Ørret ble definert som migranter ut fra høyeste sannsynlige tilhørighet. Antall F_0 migranter ble også estimert ved en mer konservativ allel frekvens metode i GENECLASS2 (Piry *et al* 2004), som ikke forutsetter at alle mulige populasjoner inngår i analysen. Sannsynlighetsestimater "L_home" ble benyttet (siden en rekke rekrutteringsområder til Mjøsa ikke var inkludert i analysen) etter gjentak-algoritmen til Paetkau *et al* (2004) etter 1000 simuleringer. Populasjonstilhørigheten for det enkelte individ ble bestemt ut fra høyeste sannsynlighet. Individuer med tilhørighet < 5 % ble antatt å være immigranter fra lokaliteter som ikke er inkludert i rapporten.

Genetisk bidrag fra de enkelte elvene til bestanden av ørret i Mjøsa ble vurdert tilsvarende. Tilhørigheten til ørret fanget i Mjøsa ble først bestemt som ovenfor i STRUCTURE, dvs. under forutsetning av at alle vesentlige populasjoner er inkludert og at fisk fra Mjøsa ikke er populasjonshybrider. Deretter ble den mer konservative tilhørighetstesten i GENECLASS2 benyttet som ovenfor.

Benjamin og Hochberg korreksjon ble benyttet for gjentatte parvise tester for å balansere type I og type II feil (Benjamin og Hochberg 1995).

Resultater

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 over allel størrelser for locus *Strutta-12* in *BergR*, locus *Str15* i *LageS*, locus *Bru25* i *GausR* og locus *Bru09* in *BrumR*. Kontroll ved repetert elektroforese og allel bestemmelser ga identiske resultater. Samtlige loci ble benyttet for videre analyser, da det ikke ble funnet konsekvent mønster på tvers av populasjoner. Nøytralitetstesten for markørene var signifikant i 16 av 208 tester, dvs. omtrent som forventet Type I feil eller litt mer. Maksimalt to loci per sample ga indikasjon på mulig seleksjon, og basert på det store antall tester ble samtlige markører vurdert nøytrale.

Alle de 13 mikrosatellittene var variable (polymorfe) i alle 17 sample. Antall alleler per locus over sample var i gjennomsnitt $12,0 \pm SD 8,5$ (min 2, maks 27, Vedlegg 2). Observert gendiversitet (min-max H_o) og allel rikdom (min-max A_r) over loci innen sample var henholdsvis 0,579- 0,709, og 3,8-5,1 (Vedlegg 2). Ørret fra Brummunda, Flagstadelva og Stavsjøbekken skilte seg noe ut med lavere diversitet enn de andre. Totalt 26 (min 0, maks 6) private (stedegne) alleler ble påvist innen de forskjellige sample, og ytterligere to alleler var private ved sammenslåing av rekrutter og storørret innad elver (to alleler var felles for rekrutter og storørret i Lena og Gausa). Ørret fanget i Mjøsa hadde også to private alleler som ikke ble registrert i elvelokalitetene. Det største antall private alleler ble registeret i elver hvor kun rekrutter var analysert, dvs. Rinda og Moelv (Tab. 2).

Alle sample var i HW likevekt for enkelt-loci ($P > 0,038$, dvs. $0,05/13$). HW ulikevekt over loci innen sample ble kun indikert for *GausR* ($P=0,002$, 10 loci med homozygot overskudd, vedlegg 2). Alle markør par var i koblings likevekt over populasjoner ($P > 0,0012$), unntatt mellom loci *Bru25* og *Bru07* i *StavR* ($P=0,000014$).

Mode shift testen for allel frekvens fordeling ga ingen indikasjoner på vesentlige bestandsreduksjoner i nyere tid (Tab. 2). Wilcoxon testen ga samme resultat (Tab. 2), men med unntak for en mulig nylig flaskehals i *BrumS* ($P=0,016$) og *LenaR* ($P=0,029$). Rekruttene i Brummunda hadde lavere sannsynlighet for flaskehals ($P=0,073$) enn storørreten ($P=0,016$), mens storørret i Lena ikke syntes påvirket av flaskehals ($P=0,607$, Tab. 2).

Tabell 2 Gjennomsnittlige diversitetsmål over loci for lokaliteter og sample. Antall amplifiserte alleler (N), antall alleler (N_{all}), observert heterozygositet (H_o), allel rikdom (A_r), private alleler (Pa), og signifikans for flaskehals (antall loci i parentes).

Elv	Sample	N	N _{all}	H _o	A _r	Pa /		Flaskehals
						sample	Pa / elv	
Berg	BergR	42	6	0,683	4,8	1	1	0.271 (8)
Brum	BrumR	50	5	0,579	3,8	0	1	0.073 (10)
	BrumS	53	5	0,611	3,8	1		0.016 (11)
Flag	FlagR	42	5	0,659	4,0	2	2	0.751 (6)
	FlagS	70	5	0,626	3,8	0		0.393 (7)
Gaus	GausR	45	7	0.630	5,1	2	4	0.632 (7)
	GausS	89	7	0,678	4,9	1		0.554 (7)
Kalv	KalvR	36	5	0,641	4,3	1	1	0.473 (7)
Lage	LageR	45	5	0,654	4,4	0	2	0.271 (8)
	LageS	99	7	0,654	4,7	2		0.500 (8)
Lena	LenaR	38	6	0,694	4,7	2	4	0.029 (9)
	LenaS	86	7	0,645	4,5	1		0.607 (7)
Lake Mjos	MjosS	93	7	0,650	4,8		2*	0.706 (6)
Moel	MoelR	50	6	0,668	4,5	6	6	0.729 (7)
Rind	RindR	45	7	0,709	5,1	5	5	0.342 (8)
Stav	StavR	50	5	0,652	3,9	1	1	0.153 (9)
Vism	VismR	40	6	0,586	4,6	1	1	0.812 (6)

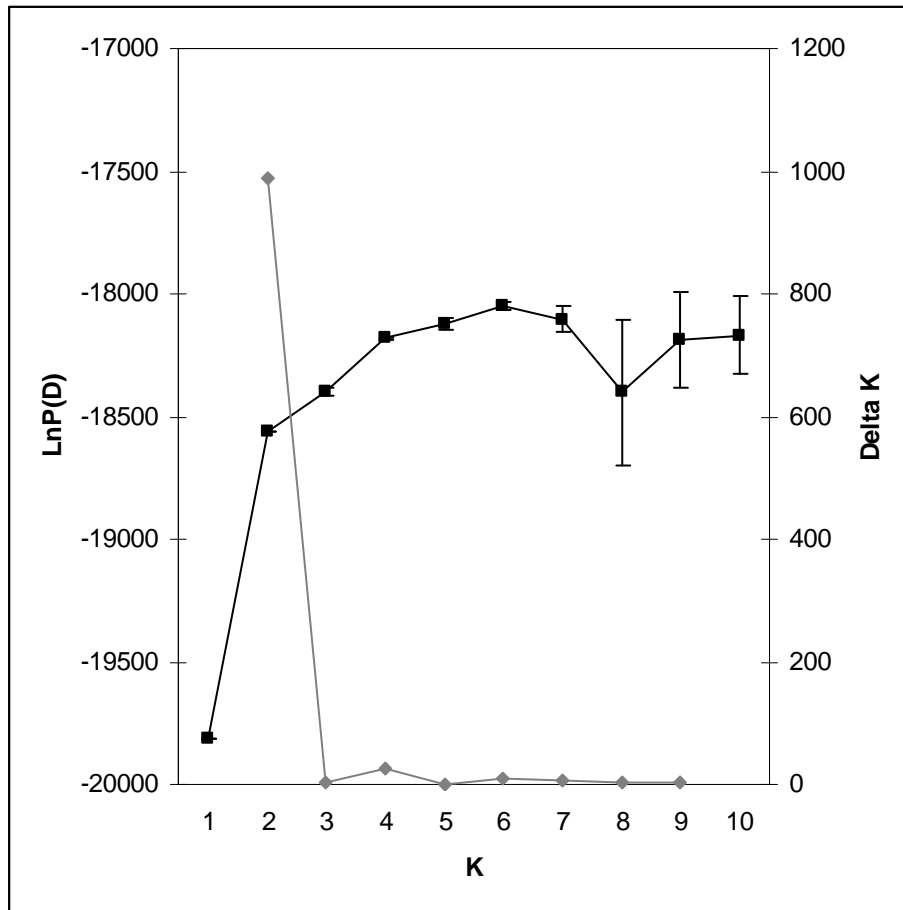
*private alleler ikke funnet i elvelokaliteter

Genetisk hovedstruktur

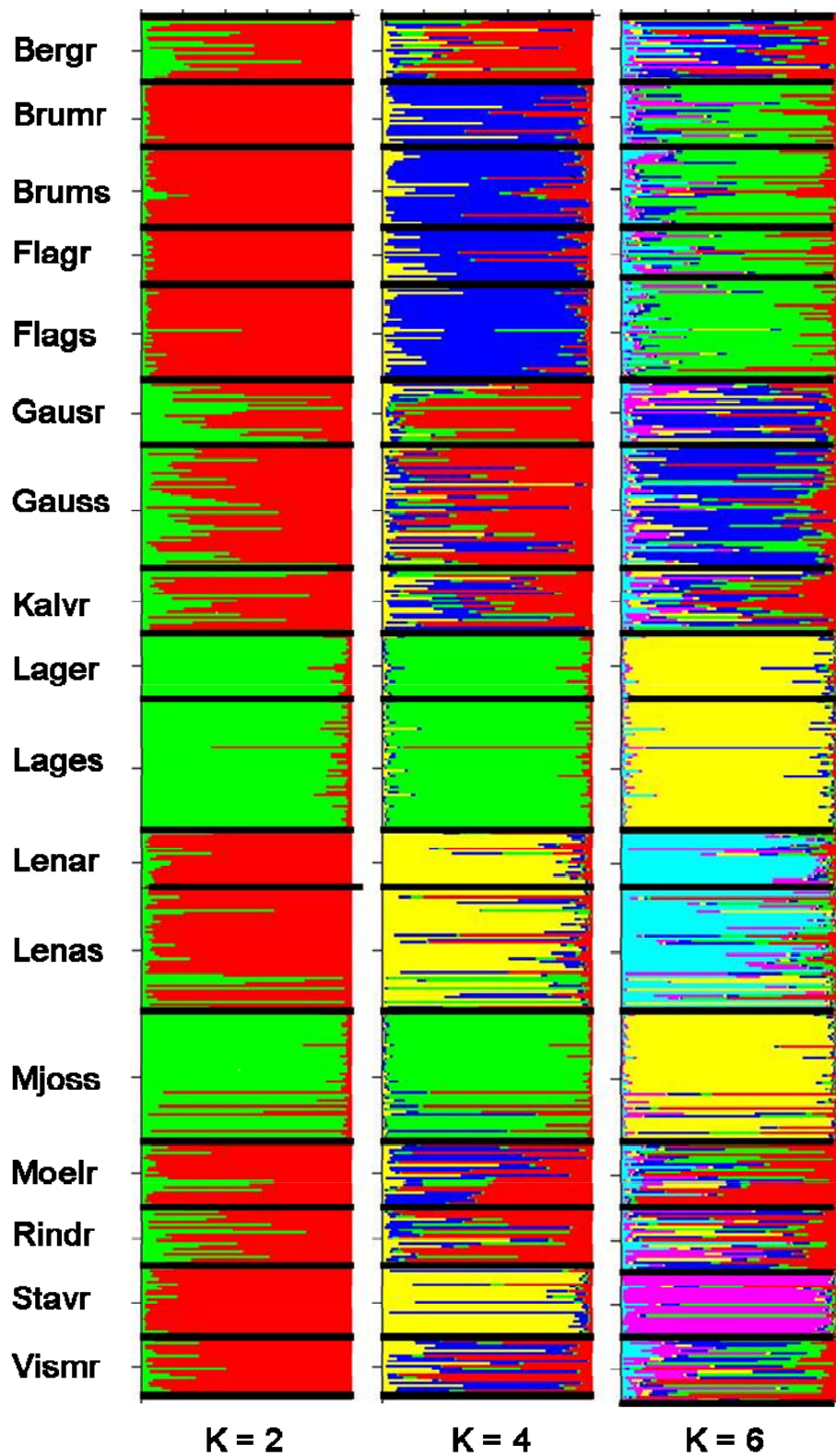
For storørret fanget i Mjøsa viser analysene for genetisk struktur en hovedinndeling i to delpopulasjoner (Fig. 2). Denne hovedstrukturen skiller all ørret fra Lågen fra de øvrige elvene, og gir samlet sett en sterk tilhørighet av fisk fanget i Mjøsa til Lågen (Fig. 3). Analysen sannsynliggjorde

også en understruktur, som resulterte i 4 – 6 definerte populasjoner. Ved en inndeling i 4 populasjoner skilte ørret i Lena seg ut (på tvers av størrelses grupper) som en egen populasjon med genetisk likhet til rekrutter fra Stavsjøbekken. Basert på denne fire-delte populasjonsstrukturen skilte også ørret fra Brummunda og Flagstadelva seg ut som en genetisk adskilt gruppe, på tvers av størrelsesgrupper. Videre strukturering av materialet i totalt 6 populasjoner separerte StavR fra Lena, og indikerte en grad av genetisk likhet mellom KalvR/MoelR/RindR/VismR (Fig. 3, Tab. 3).

På bakgrunn av den sterke todelingen, kan ørret fra Lågen underestimere genetisk struktur i øvrig materiale. En ny analyse ble derfor utført på samlet materiale uten LageR, LageS og MjosS, men ytterligere strukturering ble ikke påvist. Denne påfølgende analysen støttet imidlertid i stor grad opp om den genetiske struktureringen i 4 og 6 populasjoner (data ikke vist).



Figur 2 Sannsynligheten for at analyserte individ ($N=514$) kan deles inn i 1 – 10 overordnet genetisk differensierte bestander, gitt ved gjennomsnittlig $\text{LnP}(D)$ med standard avvik på venstre akse (svart), samt delta K på høyre akse (grå).



Figur 3 Lokalitetsinndelt oversikt over hvert enkelt individs tilhørighet til hovedbestandene (K=2, 4, and 6), estimert i STRUCTURE. Numeriske detaljer for de enkelte lokalitetene er gitt i Vedlegg 2.

Tabell 3 Andel ørret fra hver lokalitet og tilhørighet til hovedstruktur på hhv. 2, 4 og 6 genetisk differensierte bestander, estimert i STRUCTURE. Dominerende tilhørighet for de enkelte sample er uthevet.

K	Cluster	Sample	N	K=2		K=4				K=6					
				1	2	1	2	3	4	1	2	3	4	5	6
	BergR	25	0,745	0,255	0,595	0,094	0,144	0,168	0,316	0,068	0,325	0,078	0,105	0,106	
	BrumR	25	0,972	0,028	0,119	0,010	0,758	0,113	0,131	0,618	0,088	0,010	0,100	0,054	
	BrumS	28	0,956	0,044	0,124	0,017	0,776	0,083	0,158	0,619	0,091	0,015	0,059	0,059	
	FlagR	21	0,969	0,031	0,106	0,012	0,756	0,126	0,126	0,619	0,067	0,011	0,083	0,094	
	FlagS	36	0,954	0,046	0,050	0,025	0,846	0,079	0,090	0,747	0,033	0,021	0,051	0,057	
	GausR	25	0,554	0,446	0,600	0,209	0,091	0,100	0,128	0,047	0,462	0,177	0,126	0,060	
	GausS	46	0,745	0,255	0,629	0,072	0,202	0,097	0,126	0,128	0,576	0,057	0,044	0,069	
	KalvR	23	0,723	0,277	0,447	0,134	0,287	0,133	0,324	0,153	0,255	0,109	0,089	0,071	
	LageR	25	0,048	0,952	0,033	0,934	0,016	0,017	0,020	0,012	0,039	0,902	0,011	0,016	
	LageS	50	0,063	0,937	0,043	0,919	0,014	0,024	0,018	0,011	0,040	0,896	0,013	0,022	
	LenaR	21	0,912	0,088	0,107	0,032	0,054	0,807	0,045	0,044	0,044	0,024	0,099	0,745	
	LenaS	45	0,829	0,171	0,106	0,115	0,124	0,655	0,092	0,084	0,048	0,107	0,082	0,587	
	MjosS	48	0,124	0,876	0,083	0,854	0,045	0,018	0,065	0,023	0,043	0,832	0,023	0,014	
	MoelR	25	0,875	0,125	0,480	0,044	0,378	0,098	0,514	0,197	0,129	0,037	0,043	0,081	
	RindR	23	0,727	0,273	0,632	0,124	0,149	0,095	0,319	0,087	0,258	0,118	0,126	0,092	
	StavR	25	0,944	0,056	0,048	0,019	0,143	0,790	0,040	0,108	0,029	0,015	0,780	0,028	
	VismR	24	0,889	0,111	0,376	0,041	0,378	0,206	0,257	0,256	0,183	0,034	0,165	0,105	

Genetisk struktur mellom lokaliteter

Tester for genetisk forskjell ($F_{ST} = \theta$) mellom sample fra ulike elver var signifikante for alle sammenligninger (Tab. 4), med unntak av BergR / KalvR ($\theta=0.012$, $P=0.080$; Tab. 4). I de større vassdragene hvor både rekrutter og stamfisk inngikk i analysene, ser vi at ørret fra Lågen og Lena er spesielt forskjellig fra øvrige populasjoner. Relativt lave F_{ST} verdier mellom rekrutter i Flagstadelva og ørret på tvers av størrelsesgrupper i Brummunda, kan indikere slektskap mellom disse elvene, selv om de var signifikant forskjellige ($P>0,027$). Rekrutter fra Gausa viser også relativt mindre genetisk

forskjell fra ørret i flere av de nærliggende småelvene. Stavsjøbekken og til dels Moelv er vesensforskjellige fra øvrige bestander.

Tabell 4 Parvis genetisk populasjons differensiering ($F_{ST} = \theta$) mellom sample under, og korresponderende sannsynlighet (P -verdi) over diagonalen. Ikke signifikante tester er merket NS, og sammenligning av størrelsesgrupper uthevet.

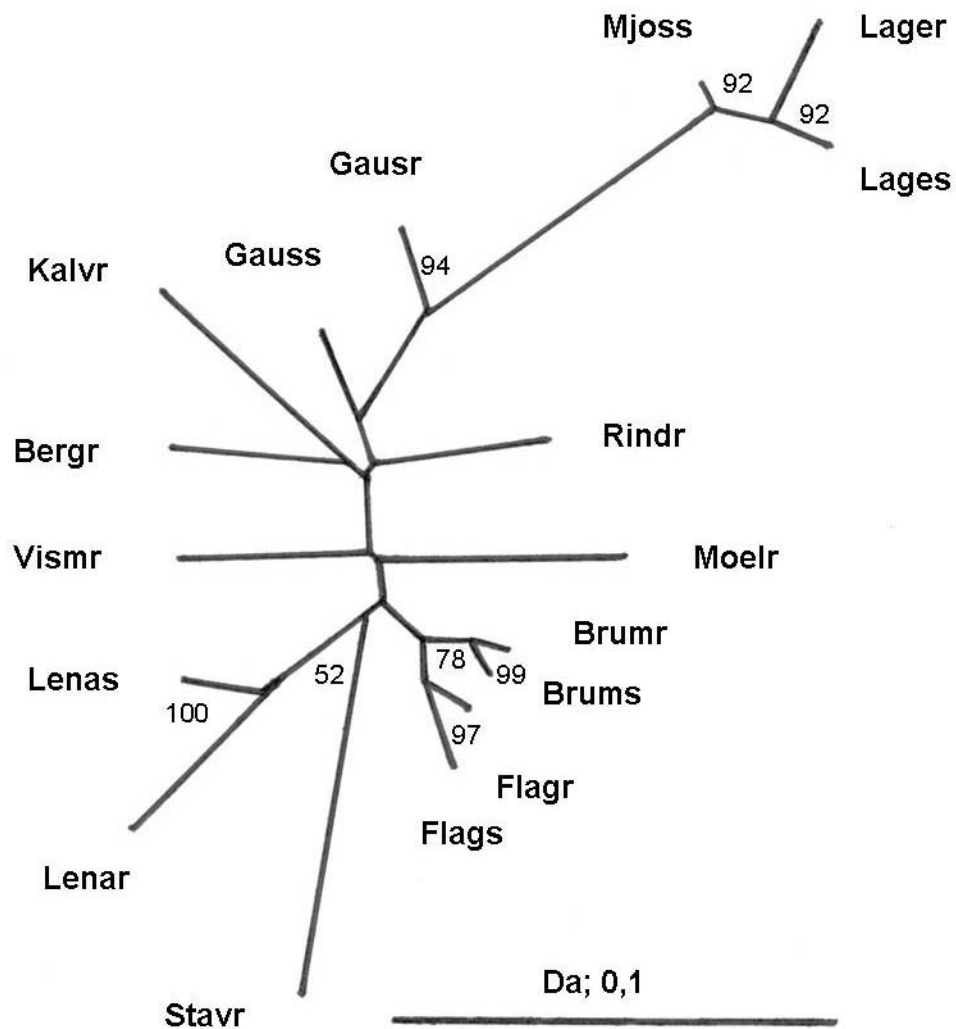
	BergR	BrumR	BrumS	FlagR	FlagS	GausR	GausS	KalvR	LageR	LageS	LenaR	LenaS	MjosS	MoelR	RindR	StavR	VismR
BergR		0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,02589	0,00001	0,07996 ^{NS}	0,00001	0,00001	0,00002	0,00001	0,00001	0,00003	0,01139	0,00001	0,00108
BrumR	0,0389		0,98899^{NS}	0,03287	0,00001	0,00001	0,00001	0,00003	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00008
BrumS	0,0318	-0,0097		0,02701	0,00001	0,00001	0,00001	0,00003	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00011
FlagR	0,0389	0,0116	0,0160		0,41082^{NS}	0,00001	0,00001	0,00142	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,04055
FlagS	0,0522	0,0248	0,0271	0,0036		0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001
GausR	0,0225	0,0414	0,0409	0,0476	0,0571		0,08283^{NS}	0,0104	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,04557	0,00001	0,00207
GausS	0,0171	0,0161	0,0154	0,0213	0,0347	0,0150		0,00002	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00014
KalvR	0,0123	0,0481	0,0466	0,0434	0,0454	0,0345	0,0266		0,00005	0,00001	0,00004	0,00001	0,00005	0,00009	0,03631	0,00001	0,00679
LageR	0,0833	0,1560	0,1335	0,1519	0,1465	0,0608	0,0893	0,0918		0,50101^{NS}	0,00001	0,00001	0,52160 ^{NS}	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001
LageS	0,0873	0,1526	0,1320	0,1433	0,1453	0,0587	0,0869	0,0890	-0,0038		0,00001	0,00001	0,03313	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001
LenaR	0,0363	0,0455	0,0391	0,0476	0,0511	0,0305	0,0356	0,0667	0,0901	0,0886		0,00376	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001
LenaS	0,0527	0,0543	0,0420	0,0369	0,0450	0,0330	0,0380	0,0623	0,0876	0,0831	0,0101		0,00001	0,00001	0,00001	0,00001	0,00001
MjosS	0,0776	0,1385	0,1187	0,1341	0,1359	0,0595	0,0801	0,0837	-0,0030	0,0032	0,0840	0,0849		0,00001	0,00001	0,00001	0,00001
MoelR	0,0265	0,0347	0,0357	0,0264	0,0317	0,0419	0,0359	0,0367	0,1157	0,1178	0,0380	0,0442	0,1120		0,00001	0,00001	0,00022
RindR	0,0191	0,0320	0,0283	0,0400	0,0530	0,0141	0,0178	0,0287	0,0775	0,0698	0,0340	0,0402	0,0620	0,0422		0,00001	0,00744
StavR	0,0776	0,0514	0,0570	0,0582	0,0728	0,0488	0,0603	0,0914	0,1541	0,1453	0,0564	0,0565	0,1369	0,0839	0,0661		0,00001
VismR	0,0238	0,0163	0,0128	0,0155	0,0397	0,0382	0,0170	0,0431	0,1276	0,1241	0,0510	0,0439	0,1107	0,0341	0,0219	0,0593	

Signifikant genetisk differensiering også mellom elvene på tvers av størrelsesgrupper (rekrutter og stamfisk) og øvrige lokaliteter, indikerer igjen stedege bestander i disse elvene ($P < 0,0001$, Tab. 5). Generelt synes genetisk F_{ST} differensiering å korrelere godt med geografisk avstand, med unntak av rekrutter i Flagstadelva og Vismunda som var noe like til tross for stor geografisk avstand.

Tabell 5 Parvis genetisk populasjons differensiering ($F_{ST} = \theta$) mellom lokaliteter under, og korresponderende sannsynlighet (P -verdi) over, diagonalen. Ikke signifikante tester er merket NS.

	Berg	Brum	Flag	Gaus	Kalv	Lage	Lena	Mjos	Moel	Rind	Stav	Vism
Berg		0,00002	0,00002	0,00002	0,07932 ^{NS}	0,00002	0,00002	0,00002	0,00002	0,01189	0,00002	0,00089
Brum	0,0387		0,00002	0,00002	0,00002	0,00002	0,00002	0,00002	0,00002	0,00002	0,00002	0,00002
Flag	0,0482	0,0231		0,00002	0,00002	0,00002	0,00002	0,00002	0,00002	0,00002	0,00002	0,00003
Gaus	0,0161	0,0228	0,0338		0,00002	0,00002	0,00002	0,00002	0,00002	0,00002	0,00002	0,00006
Kalv	0,0123	0,0502	0,0448	0,0251		0,00002	0,00002	0,00006	0,00005	0,03629	0,00002	0,00630
Lage	0,0874	0,1458	0,1462	0,0761	0,0902		0,00002	0,04088	0,00002	0,00002	0,00002	0,00002
Lena	0,0460	0,0459	0,0415	0,0307	0,0614	0,0858		0,00002	0,00002	0,00002	0,00002	0,00002
Mjos	0,0776	0,1326	0,1372	0,0700	0,0837	0,0023	0,0838		0,00002	0,00002	0,00002	0,00002
Moel	0,0265	0,0380	0,0297	0,0339	0,0367	0,1176	0,0399	0,1120		0,00002	0,00002	0,00032
Rind	0,0191	0,0334	0,0491	0,0129	0,0287	0,0735	0,0368	0,0620	0,0422		0,00002	0,00758
Stav	0,0776	0,0562	0,0667	0,0514	0,0914	0,1467	0,0531	0,1369	0,0839	0,0661		0,00002
Vism	0,0238	0,0175	0,0312	0,0212	0,0431	0,1257	0,0436	0,1107	0,0341	0,0219	0,0593	

Estimater for Nei's genetiske avstand Da mellom populasjonene tegnet et tilsvarende bilde som for F_{ST} testene, og samsvarte også godt med geografisk struktur (Fig. 4). Slektskapstreet indikerer i tillegg et øst - vest genetisk slektskap mellom nærliggende populasjoner på tvers av Mjøsa. Fisk fra Stavsjøbekken og Lena, og likeledes Bergsengelva og Kalverudbekken, grupperes sammen, men med lavere sannsynlighet for sistnevnte (bootstrap = 28).



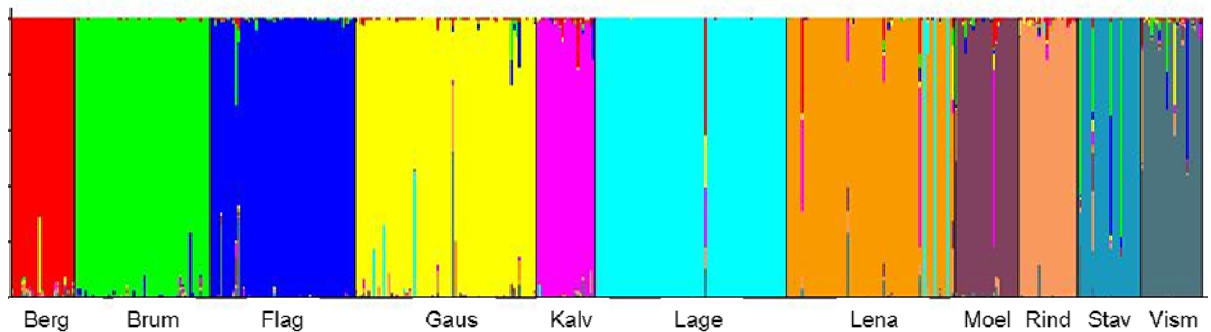
Figur 4 Fylogenetisk fremstilling som viser genetisk slektskap mellom undersøkte lokaliteter (skilt på rekrutter og stor ørret), basert på Nei et al's (1983) genetiske distanse D_a . Lengden på enkeltstrenger representerer genetisk avstand. "Bootstrap-verdier" som angir sikkerheten til forgreningene, er angitt i figuren dersom $> 50\%$.

Analyser av hvilke populasjoner som forklarer mest av den totale genetiske variasjonen (Prinsipal Component Analyser) støttet indikasjonene om en klar todeling (Vedlegg 3). Den første komponenten (PC1) forklarte 85 % av genfrekvens variansen og skilte ut ørret

i Lågen (på tvers av alder) og storørret fra Mjøsa (egenverdi: -0,014 - -0,011) fra øvrige ørret (0,000 – 0,010). De gjenværende 15 % av variasjonen ble forklart av PC2, dominert av ørret fra StavR (0,008) og KalvR (-0,006).

Migrasjon

Migrasjonsanalysen i STRUCTURE viste at ørreten viser sterk stedstilhørighet. Bare 18 av 514 analyserte ørret hadde høyere sannsynlighet for å være første generasjons migranter enn tilhørende de lokalitetene hvor fisken var fanget. Andelen migranter innen en lokalitet varierte fra 0 til 16 %, bestående av både fisk med rent opphav fra andre populasjoner og med blandet genetisk opprinnelse (Figur 5). Den ene migranten i Flagstadelva er en rekrutt, mens den ene migranten i Lågen er en storørret. I elvene Gausa og Lena var både rekrutter og storørret migranter. Antall immigranter totalt var høyest i Lena, men likevel representert med bare 6 ørret. Disse feilvandrerne hadde genetisk opphav fra Lågen, og dels Kalverudbekken. Stavsjøbekken hadde relativt sett den høyeste frekvensen av immigranter, hovedsakelig fra Brummunda. Øvrige lokaliteter hadde < 8,3 % ørret med fremmed genetisk opphav. Simulering av antall immigranter to generasjoner tilbake indikerte et totalt antall på 16 migranter, og samsvarende med individuelle estimat over (data ikke vist).



Figur 5 Enkeltindivids sannsynlighet for å være første generasjons migrant, forutsatt at lokaliteter representerer faktiske populasjonsoppdeling og at samtlige populasjoner er inkludert. Hvert individ er representert ved en enkel vertikal stolpe, brutt ned i proporsjoner tilsvarende sannsynligheten for å være immigrant fra hver enkelt av de inkluderte populasjonene.

Den frekvensbaserte og mindre konservative metoden for å estimere migrasjon, indikerte også sterk stedstilhørighet (Tab. 6). Mindre enn 5 % sannsynlighet for korrekt tilhørighet ble bare funnet for 38 av de i alt 467 ørretene analysert (7,4 %, 2-7 per pop., Tab. 6). Antatte immigranter inkluderte også her både rekrutter og storørret, og om lag halvparten viste manglende tilhørighet til samtlige lokaliteter. Resultatene ga ingen generell indikasjon på negativ korrelasjon mellom geografisk avstand og feilvandringsrate. Flest immigranter (8) viste tilhørighet til Rinda, og emigranter fra Lage ble kun observert i Lena. Det ble ikke funnet noen sammenheng mellom feilvandring og kjønn eller fiskestørrelse. Alle immigranter, med unntak av en fisk i Lena fra Lågen, var ville (umerket). Minimum 10 loci var genotypet for all ørret med manglende tilhørighet, med unntak av en ørret fra Vismunda (6 loci).

Tabell 6 Frekvensbasert tilhørighets- og migrasjonsanalyse mellom vassdrag. Frekvensen av rekrutter og stor ørret som kan ha genetisk opprinnelse i samme elv som den er fanget, er uthevet. Tilhørigheten til øvrige ørret er basert på høyeste sannsynlighet til annen lokalitet (na; ingen av undersøkte vassdrag er sannsynlig opphav).

		<u>Tilhørighet elv</u>											
<u>Sample</u>	<u>N</u>	<u>Berg</u>	<u>Brum</u>	<u>Flag</u>	<u>Gaus</u>	<u>Kalv</u>	<u>Lage</u>	<u>Lena</u>	<u>Moel</u>	<u>Rind</u>	<u>Stav</u>	<u>Vism</u>	<u>na</u>
BergR	25	0.88											0.12
BrumR	25		0.92							0.08			
BrumS	28		0.96							0.04			
FlagR	21			0.95	0.05								
FlagS	36	0.03		0.94	0.03								
GausR	25				0.92		0.04						0.04
GausS	46				0.93					0.02		0.02	0.02
KalvR	23	0.04			0.04	0.87				0.04			
LageR	25						1.00						
LageS	50	0.02					0.92						0.06
LenaR	20							0.90					0.10
LenaS	45						0.09	0.89					0.02
MoelR	25								0.88	0.08			0.04
RindR	23									0.87			0.13
StavR	25				0.04					0.04	0.88	0.04	
VismR	25				0.04							0.92	0.04

Storørret og stasjonær elveørret

Separate STRUCTURE analyser for genetisk struktur innen elver ga ingen indikasjoner på ulike bestander innen elver. På samme vis var test for genetisk differensiering ($F_{ST} = \theta$) mellom rekrutter og storørret bare signifikant i Lena ($\theta=0.010$, $P=0.004$). En større, men ikke-signifikant F_{ST} differensiering ble observert i Gausa ($\theta=0.015$, $P=0.083$). Estimert genetisk avstand D_a (Fig. 4) plasserte rekrutter og storørret i samme grupper og med høye bootstrapverdier (>92), med unntak av Gausa (bootstrap = 47). Hierarkiske AMOVA analyser indikerte at hele 95,8 % ($F_{CT} = 0,042$, $P < 0,000$) av genetisk variasjon skyldes forskjeller mellom elver, og bare 3,71 % ($F_{ST} = 0,037$, $P = 0,003$) skyldes variasjon innen elv for de 11 undersøkte elvene. Kun 0,5 % ($F_{SC} = 0,005$, $P = 0,174$) av frekvensvariasjonen ble tilskrevet variasjon mellom rekrutter og stor ørret innen lokaliteter. Resultatene ga således ingen indikasjoner på at det er genetiske forskjeller mellom rekrutter og storørret innen elver samlet sett.

Mjøsørret

Lave parvise F_{ST} estimater mellom ørret fra MjosS samlet og ørret i Lågen ($F_{ST} < 0,003$) indikerte en betydelig grad av slektskap, selv om storørret i Mjøsa var signifikant forskjellig fra storørreten i Lågen ($P=0,0313$, Tab. 4). På tvers av størrelsesgrupper var også ørreten i Lågen signifikant forskjellig fra MjosS ($P=0,041$). Storørret i Mjøsa synes derfor å hovedsakelig stamme fra Lågen, men med signifikant bidrag også fra andre elver. Sammenligning av F_{ST} estimatene og estimert genetisk avstand (D_a , Fig. 4) viser også at stor ørret i Mjøsa som gruppe, er betydelig mer lik Lågen enn øvrige bestander.

De to genetiske metodene som ble benyttet for tilhørighetsanalyser på individnivå av stor fisk fanget i Mjøsa, ga samsvarende resultater. Totalt 43 av de 48 analyserte ørretene viste tilhørighet til Lågen (gjennomsnittlig $q = 0,88$, $SD = 0,15$, min. 0,15, maks 0,97), når disse ble påtvunget tilhørighet til en av de øvrige 10 lokalitetene. Øvrige ørret viste svak tilhørighet til samtlige lokaliteter (gjennomsnittlig $q = 0,38$). Metoden som baserer seg på genfrekvensene, klassifiserte 1, 3, 39 og 1 ørret hhv. til Bergsengelva, Gausa,

Lågen og Rinda. Ørret med tilhørighet til Lågen hadde en gjennomsnittlig sannsynlighet for korrekt klassifisering på 0,46 (SD = 0,24, min. 0,05, maks. 0,88). De fem ørretene som viste tilhørighet til øvrige populasjoner, hadde generelt høy sannsynlighet for klassifisering til flere ulike populasjoner. De resterende fire individer viste manglende tilhørighet til alle populasjoner ($p < 0.05$).

Diskusjon

Ørreten i Mjøsa viser en klar genetisk struktur. Bestanden i Lågen skiller seg særlig ut og er den klart viktigste bidragsyteren til storørreten i Mjøsa. Ørreten viser generelt relativt sterk stedstilhørighet og vandrer opp i sin fødeelv for å gyte. Alle de undersøkte elver har stedege bestander av ørret. Vi fant derimot ingen indikasjoner på at det er ulike delbestander innen de undersøkte elver, eller at det er genetisk forskjell på storørret og ”vanlig” stasjonær ørret i de forskjellige elvene. Her må det imidlertid tas hensyn til at det bare er samlet inn materiale av rekrutter og storørret på en eller to lokaliteter i nedre del av hver elv hvor ørreten kan vandre opp fra Mjøsa. Hensikten var jo å undersøke om storørret er en egen type ørret. Det er godt mulig at det er andre typer ørret lenger opp i elvene.

Mye genetisk variasjon

De 13 mikrosatellittene som ble brukt som genetiske markører, var alle variable (polymorfe) innen samtlige bestander. Gjennomsnittlig observert heterozygositet ($H_e = 0,65$) og allel (genvariant) diversitet ($A_r = 5,1$) for populasjonene i Mjøsa samlet, er tilsvarende andre vassdrag der deler eller samtlige av de samme markørene er benyttet (Heggenes et al. 2002; Heggenes et al. 2006, Wollebæk *et al.*, in press). Metodikk og utvalg av markører synes derfor å være et godt verktøy for forvaltningen, både for å påvise lokale bestander og for overvåking og sikring av genetisk mangfold generelt i Mjøsa. Undersøkelsen til Skaala *et al.* (1992) som benyttet en annen analysemetode, viste en gjennomsnittlig H_e på 5,3 blant 50 ørret populasjoner i Norge og 3,9 blant 12 elvelokaliteter i Mjøsa. Blant seks elver som er undersøkt nå og som også var inkludert av Skaala *et al.* (1992), viste Gausa størst genetisk variasjon ($H_e = 5,9$), mens diversiteten i Lena og Brummunda var betydelig lavere (3,3 and 2,6). Selv om observert H_e i enzym- og mikrosatellitt studier ikke kan sammenlignes direkte, er resultatene samlet sett samsvarende for Gausa og Brummunda. Det genetiske mangfoldet i Lena ser derimot ut til å være større enn tidligere påvist.

Det relativt store antall private (stedegne) alleler innad i populasjonene reflekterer den større følsomheten til mikrosatellitt studier i forhold til de tidligere gjennomførte enzymstudier (Skaala *et al* 1991). Mikrosatellitt metodikk gjør det enklere å teste hypoteser på bestands- og individnivå. Antall private alleler var spesielt høyt i Moelv og Rinda, men også betydelig i Gausa og Lena. Moelv og Rinda har, til tross for tidligere utsettinger fra Lågen og Brummunda, opprettholdt en stor grad av genetisk særegenhet. Gausa virker også å ha opprettholdt sin egen ørretstamme til tross for tidligere utsettinger av andre ørretstammer. Ut fra populasjonsutviklingen i Lena med en bestand på lavmål pga. forurensing - og støtteutsettinger av ørret fra andre stammer inntil situasjonen bedret seg ca. 1990 (Westly og Rustadbakken 2006) - er det mer overraskende å finne et betydelig antall private alleler her. Det kan være gjenværende genetisk struktur fra tidligere utsettinger fra Tunhovd- og Slidre stammer.

Det ble funnet et uventet lavt antall private alleler i de største og bestandsmessig stabile populasjonene i Lågen og Brummunda som ikke er lett å forklare. De må forventes å være kilde populasjonene for flere av de andre bestandene og er også tidligere utsatt i flere av de andre elvene. En mulighet er langvarig genetisk utarming pga. utstrakt stamfiske over en lang periode. Dersom et mindretall av vill fisk er gitt anledning til å reproducere naturlig, og tilslaget på stamfisk og deres påfølgende reproduksjonsrate er relativt lav, kan dette desimere den genetiske variasjonen (Ryman og Laikre 1991). Men med de bestands-størrelser som er kjent fra Lågen og Brummunda synes også dette lite sannsynlig.

Lavt antall private alleler kan også være en effekt av sterk seleksjon. Populasjoner med høy genetisk variasjon kan ha en høyere vekstrate og være mindre utsatt for utdøing (Antonovics 2003; Reed og Frankham 2003; Vellend 2006). Varierende miljøbetingelser kan opprettholde genetisk variasjon gjennom å favorisere ulike allel kombinasjoner til ulike tider (Turelli og Barton 2004; Roff og Fairbairn 2007). Slik miljøvariasjon kan forventes å være mer utpreget i mindre, mer ustabile vassdrag. På den annen side vil små vassdrag ha små populasjoner som er mer sårbare i forhold til langtidsoverlevelse pga. få individer og tap av genetisk variasjon ved genetisk drift (Willi *et al* 2006). Genetisk

variasjon i små, ustabile vassdrag kan likevel være høy dersom miljøvariasjonen favoriserer plastisitet i vandringsmønster og bestander jevnlig delvis reetableres gjennom kolonisering fra andre populasjoner (metapopulasjons strukturer; Ostergaard *et al* 2003). I store bestander vil derimot naturlig seleksjon som forbedrer overlevelsen til ørret under mer stabile forhold i større vassdrag, kunne medføre redusert genetisk diversitet. Slike store populasjoner kan derfor bli mer skadelidende når hurtige og sjeldne miljøforandringer først kommer. Det kan være økologiske indikasjoner på fiske- og vannreguleringspåvirket evolusjon hos ørreten i Lågen (Haugen *et al.* 2008). Relativt lav genetisk diversitet i Lågen kan kanskje støtte en slik antagelse, men dette må eventuelt undersøkes gjennom analyse av historisk materiale. Genetisk diversitet og struktur tilsvarende før desimering er imidlertid ikke nødvendigvis tapt. Andre studier tyder på at bestanders opprinnelige genetiske struktur kan gjenoppnås innen tiår (Conover *et al.* 2009).

Genetisk hovedstruktur og egne bestander i hver elv

Undersøkelsen påviste genetisk signifikante forskjeller mellom samtlige undersøkte elver med unntak av Kalverudbekken / Bergsengelva. Ørreten i hver elv bør derfor forvaltes som stedegne bestander.

Storørreten fanget i selve Mjøsa, dvs. det felles næringsområdet for alle rekrutteringselvene, viste imidlertid en genetisk hovedstruktur på 2-6 bestander. Hovedinndelingen i 2 delbestander var spesielt klar. Det viser at ørret fra Gudbrandsdalslågen er særlig genetisk forskjellig fra øvrige bestander, og bekrefter at den er den viktigste rekrutteringselva for ørreten i Mjøsa. Skaala *et al.* (1991) beskriver en øst - vest todeling fra deres studium sent på 1980 tallet, med Lågen tilhørende den vestlige delen. Deres parvise tester av alle enzym samlet indikerer imidlertid også at Lågen er forskjellig fra de øvrige populasjoner, og samsvarer derfor med våre mikrosatellitt studier.

Den klare todelingen kan være et resultat av seleksjon over lang tid og/eller at det ikke er utsatt fisk av fremmed opprinnelse i Lågen, i motsetning til øvrige vassdrag. Ingen av de andre, mindre vassdragene adskiller seg genetisk i like stor grad som Lågen. Sterk seleksjon i Lågen er en mulig årsak til denne klare todelingen. Høy vannføring, lang elv og delvise vandringshinder har trolig bidratt til en sterk størrelses-seleksjon i Lågen. Til tross for mulige endringer i størrelsessammensetningen siden 1970-tallet (Haugen *et al.* 2008), synes innflytelsen fra øvrige bestander i Mjøsa fortsatt liten i Lågen. Resultatene samsvarer med tilsvarende genetiske hovedskiller mellom små og store vassdrag i andre norske studier (Heggenes *et al.* 2002, Wollebæk *et al.*, in prep). Sterk genetisk drift i Lågen pga. mindre effektive populasjoner (N_e) enn det for eksempel antall gytefisk skulle tilsi, synes lite sannsynlig. Antallet gytevandrerer har vært relativt høyt gjennom lang tid til tross for reguleringen (Kraabøl *et al.* 2009). I et føre-vår perspektiv, og gitt at målet for forvaltningen er å opprettholde dagens populasjonsstruktur i Mjøsa, er det spesielt viktig å forvalte Lågen som en egen bestand.

Hovedstrukturen på 4 delbestander for Mjøsørreten viser Brummunda/Flagstadelva som én bestand, og gjenspeiler at Brummunda og Flagstadelva har delvis felles opprinnelse, samsvarende med geografisk nærhet og tidligere utsatt fisk fra Brummunda i Flagstadelva (1970-tallet). Geografisk nærhet og relativt likt elvehabitat sannsynliggjør at fisk fra den sterke Brummunda bestanden naturlig har ”feil”vandret opp i Flagstadelva og etablert seg der, og ev. omvendt. Tilsvarende naturlig ”feil”vandring mellom homogene og nærliggende habitat er observert i andre vassdrag (e.g. Wollebæk *et al.*, in prep). Ørret fra Stavsjøbekken sin tilhørighet til Lena er derimot mer overraskende. Relativt begrenset analytisk grunnlag (parvise F_{ST} estimat og svak bootstrap) for tilhørigheten mellom Stavsjøbekken og Lena viser imidlertid at konklusjonen om genetisk tilhørighet mellom disse populasjonene er noe usikker. En mulig årsak kan likevel være tidligere utsetting av ørret fra Brummunda i Lena, kombinert med naturlig vandring av ørret fra Brummunda til Stavsjøbekken (nedenfor), slik at begge disse elvene har noe felles genetisk opphav fra Brummunda.

Hovedstrukturen på 6 delbestander styrker indikasjonene om Stavsjøbekken som en selvstendig populasjon. Til tross for relativt lav alle diversitet og lite antall private alleler, er genstrukturen i Stavsjøbekken relativt særegen. Om en ser bort fra senere migrasjon fra Brummunda til Stavsjøbekken (nedenfor), er Stavsjøbekken trolig en genetisk særegen bestand. Dette kan skyldes genetisk drift gitt en i perioder sannsynligvis lav effektiv populasjonsstørrelse (N_e), jfr. analysene for tidligere flaskehals, kanskje som et resultat av tidligere tiders forurensing. Bekker av denne størrelsen kan også ofte være naturlig ustabile og fremstå som del av metapopulasjoner (Ostergaard *et al.* 2003).

De mindre bestander i nordre del av Mjøsa viser en viss historisk sammenblanding. Rinda, Kalverudbekken og Vismunda på vestsiden av Mjøsa har noe felles opprinnelse med Moelv, mens Bergsengelva på østsiden i like stor grad viser tilhørighet til Gausa lenger nord. Analysene indikerer at dagens genetiske struktur i Bergsengelva i størst grad er preget av innvandring fra øvrige lokaliteter.

Om vi sammenligner med undersøkelsene til Skaala *et al.* (1991), og antar at enzym- og mikrosatellitt studier gjenspeiler samme hovedstruktur, er endringer de siste 20 år i Lena og til dels Gausa spesielt fremtredende. Lena som på slutten av 1980-tallet var nært beslektet til Lågen og Gausa, er i dag mer beslektet til Brummunda og de øvrige mindre elvene. Resultatene våre indikerer også at tidligere genetisk påvirkning av utsetting fra Tunhovd og Slidre stammer i Lena nå er vesentlig mindre. Oppvandring av fisk fra Lågen i Lena kan tenkes å forklare den genetiske strukturen i Lena på 1980-tallet. Selv noen få "feil"vandrere fra denne sterke bestanden ville ha en relativt stor påvirkning i en periode med svært lite stedegen fisk. Selv om slik feilvandring fortsatt finner sted, tyder nåværende resultater på at genflyten fra Lågen til Lena p.t. er liten. Det er en forventet utvikling, ettersom den stedegne bestanden i Lena har blitt sterkere i de senere år. Endringen kan også i noen grad skyldes uttak av individer fra Lågen i Lena gjennom fangst. Gausa ørret var ut fra geografisk beliggenhet og tidligere utsettinger av fisk fra Lågen, forventet å være relativt nært beslektet med Lågen, jfr. undersøkelsene på 1980-tallet. Dagens analyser viser imidlertid et klart skille mellom disse to bestandene. Det tyder på utradering av gener fra Lågen etter opphør av betydelige utsettinger av fisk fra

Lågen særlig på 1970-tallet, samt at vi i dag ser liten grad av feilvandring fra Lågen til Gausa.

Analysene i denne undersøkelsen fokuserer på hovedstrukturen i Mjøsa. Det er likevel viktig å poengtere at samtlige bestander har sitt særpreg. Bevaring av det genetiske mangfoldet dette representerer kan være viktig for å møte potensielle miljøforandringer - som vil kreve tilpassinger basert på genetisk diversitet.

Mjøsa er et stort system. Selv om et relativt stort ørret materiale er undersøkt, setter utvalg av fisk og elvelokaliteter begrensninger for ytterligere detaljkonklusjoner. Bare et eller to utvalg av fisk fra hver elv er undersøkt, slik at vi kan si lite om variasjon innen elver (nedenfor). Flere relativt store lokaliteter er ikke med i undersøkelsen, og selv små bestander kan være viktig i denne sammenheng, ved å bufre (Heggenes *et al.* 2009) eller rekolonisere (Ostergaard *et al.* 2003) bestander. Skaala *et al.* (1991) viste tilsvarende at selv den relativt lille bestanden i Bråstadelva kan bidra vesentlig til genetisk diversitet. Slike små satellitt populasjoner har sannsynligvis vært spesielt viktige i Mjøsa i perioden på 1970-tallet da ørreten i Mjøsa gikk sterkt tilbake (Nashoug og Kjellberg 1976; Taugbøl 1995).

Genetisk struktur innen lokaliteter – ingen egen type storørret

Genetisk struktur mellom elvene var sterkere enn eventuell struktur innen elvene. Dette gjenspeiler først og fremst innsamlingsmetodikk som fokuserte på å få med flere forskjellige elver samt undersøke om storørret er en egen type. For å undersøke ev. variasjon innen elv mer systematisk, måtte vi hatt flere sample fra ulike lokaliteter innen hver elv. Der vi hadde mer en et sample fra en elv, var dette et sample med ungfisk og et sample med storørret for å undersøke spesielt om storørret er en egen genetisk type av ørret. Stor ørret fra de enkelte lokalitetene viste størst tilhørighet til rekrutter fra samme elv. Resultatene i denne undersøkelsen gir derfor ikke noe grunnlag for å forvalte storørret som en egen genetisk type. Genetisk likhet mellom rekrutter og stor ørret innen hver enkelt elv, tyder ikke på reproduktivt adskilte bestander av storørret lokalt. Det er

ikke et omfattende materiale som er undersøkt, mest fordi det er vanskelig å få prøver fra mange nok individer av storørret. To forbehold må derfor tas. For det første kan de undersøkte rekruttene tilfeldigvis være avkom av storørret. Potensiell intern struktur er ikke representert i det analyserte materialet, fordi det er geografisk for begrenset. For det andre kan det for så vidt tenkes at enkelte lokaliteter *bare* har storørret. I tillegg kan variasjon i tid for gytevandring også ha påvirket resultatet, og spesielt i Lågen der hovedvekten av storørret analysert er fanget sent på sesongen.

I Gausa og Lena var det større forskjell på rekrutter og storørret enn i øvrige elver. Dette skyldes sannsynligvis at det var større geografisk avstand mellom rekrutt og storørret samplene i Gausa, og at storørret fra Lågen vandrer opp i Lena (nedenfor) og påvirker samplet av storørret her.

Merkestudier har tidligere gitt indikasjoner på delpopulasjoner av storørret i Gausa og Lage (Dervo *et al.* 1996). En videre genetisk vurdering av denne problemstillingen vil nødvendigjøre systematisk innsamling av et større og geografisk spredt materiale av rekrutter fra de enkelte lokalitetene. Geografisk avstand, fysiske vandringshinder, valg av gyteplasser og adferd kan forårsake genetisk strukturering av rekrutter innen elver (Heggenes og Røed 2006; Carlsson *et al.* 1999).

Tidligere bestandsreduksjoner – små genetiske effekter

Utstrakt forurensing og eutrofiering forårsaket en estimert 70 % reduksjon av antall rekrutter til Mjøsa på 1970- tallet, sammenlignet med tidlig på 1900 tallet (Nashoug og Kjellberg 1976). Genetisk diversitet i de fleste populasjonene virker imidlertid til å være lite påvirket av tidligere bestands reduksjoner. Testing for flaskehalser viste generelt ikke indikasjoner på signifikante bestandsreduksjoner i noen av bestandene. Unntaket var, noe overraskende, at den størrelsesmessig store populasjonen av ørret i Brummunda, kan være genetisk påvirket av bestandsreduksjoner de siste tiår. Dagens populasjon av rekrutter i Lena kan også være noe genetisk utarmet, men det begrensede utvalget av

rekrutter langt ned i elven kan her gi et misvisende bilde av ørret populasjonen i Lena som helhet.

Tidligere utsetninger – små genetiske effekter

Det betydelige antall utsatte fisk (spesielt på 1970-tallet) kan tenkes å ha påvirket den genetiske strukturen hos ørret i Mjøsa. Ørret fra Tunhovd og Slidre ble da tilført Mjøsa, og fisk fra Lågen og Brummunda stammen ble satt ut i flere andre elver (se over). Uten analyse av historisk materiale må en vurdering av betydning til tidligere utsetninger baseres på sammenligning av parvise F_{ST} estimater og genetiske avstandsmål. Totalt sett ser det ut til å være liten varig genetisk påvirkning fra utsetninger på tvers av undersøkte vassdrag eller fra fremmede stammer. I så fall betyr det at utsetting på tvers av vassdrag generelt har hatt dårlig varig tilslag i de fleste tilfeller (se diskusjon nedenfor). Dette kan skyldes lav overlevelse blant tidligere tiders utsatt fisk, men mer sannsynlig begrenset vellykket reproduksjon i lokaliteter hvor den ”fremmede” fisk er utsatt. I motsetning til resultatene fra Skaala *et al* (1991), reflekterer ikke dagens situasjon i særlig grad utsetting av ørret fra Brummunda i Vismunda og Rinda. At dette genetiske innslaget har blitt borte med årene, antyder lite vellykket reproduksjon. Tidligere utsetninger av ørret fra Brummunda i Moelv synes også å ha hatt begrenset genetisk påvirkning.

Lite feilvandring

Den store andelen utsatt fisk i Mjøsa (Kraabøl *et al.* 2009) reflekterer stor grad av utsetninger i Mjøsa med tilløpselver og en betydelig overlevelse av utsatt fisk. Dagens genetiske struktur mellom elver viser likevel lav grad av ”feil”vandring, og/eller lav reproduksjons suksess for ”feil”vandret gyteørret. Analysene av stamfiskene generelt indikerer at disse hovedsakelig er av lokal opprinnelse. Unntaket er Lena hvor stryking kan medføre innblanding av genetisk materiale fra Lågen (nedenfor). Analysene indikerer likevel liten genutveksling, hvilket dels kan være resultat av svært liten retur av utsatt fisk i Lena (Westly og Rustadbakken 2006). Den klare todelingen mellom ørret fra Lågen og

Øvrige bestander viser at utsatt fisk fra denne stammen i liten grad har påvirket den genetiske strukturen i andre vassdrag, på tross av omfattende utsettinger mht. antall fisk.

Migrasjonsanalysene viser også lav grad av feilvandring mellom populasjonene. Lågen og Brummunda er de dominerende stammene i antall ørret. Genetisk signatur til storørret fra Lågen ble imidlertid kun funnet i Lena (både utsatt og vill fisk). Manglende eller svak genetisk signatur fra Lågen blant rekrutter i øvrige elver tyder også på at Lågen i liten grad påvirker øvrige populasjoner ved genutveksling. Genetisk signatur til storørret fra Brummunda ble ikke observert i øvrige lokaliteter. For rekrutter ble genetisk signatur av ørret fra Brummunda hovedsakelig funnet blant rekrutter i naboelva Stavsjøbekken, og syntes å være både avkom av Brummunda direkte og avkom fra mulige hybrider mellom Brummunda og Stavsjøbekken. Resultatene indikerer derfor at genflyt også fra Brummunda til øvrige lokaliteter er begrenset. Denne stammens genetiske likhet til naboelva Flagstadelva er trolig forårsaket av tidligere tiders genflyt (se diskusjon vedr tidligere utsettinger).

Blant de mindre elvene var det varierende resultater mellom analysene, og undersøkt materiale synes for lite til videre konklusjoner. Det ble imidlertid ikke funnet indikasjoner på geografisk bestemt migrasjon eller migrasjon basert på populasjons- eller elvestørrelse. Samsvar mellom genetisk og geografisk struktur generelt i Mjøsa synes derfor å ha eldre opprinnelse.

Genetisk bidrag fra de enkelte elver til storørret fanget i Mjøsa

De genetiske resultater viser, i likhet med tidligere merkeforsøk (Kraabøl *et al.* 2009), at storørreten i Mjøsa og dagens fangst domineres av fisk med tilhørighet til Lågen. Andelen fisk fra Lågen er faktisk omtrent i samsvar med andel vanntilførsel til Mjøsa dvs. ca. 80 % (256 m³/s). Det er imidlertid bare ett sample fra selve Mjøsa som er genetisk undersøkt så langt. Et geografisk bredere og større utvalg av storørret fra Mjøsa vil gi sikrere konklusjoner. Uttak av stor ørret fra ulike habitat (littoralt, pelagialt) vil også være viktig

i denne sammenheng, da næringslokalitet for stor ørret ikke nødvendigvis er lik på tvers av populasjoner. Stor ørret som inngår i denne undersøkelsen er fritidsfisket i nordre del av Mjøsa, dvs. nær Lågen, og antagelig i pelagisk sone. En må anta at slikt fritidsfiske selekterer for stor fisk, og dermed også overrepresenterer ørret fra Lågen. Den tidligere minstestørrelsen på 40 cm ble også øket til 50 cm i 2006, hvilket vil øke beskatningen av ørret fra Lågen, siden denne er vesentlig større enn andre bestander.

Disse genetiske undersøkelsene har vist at ørreten i Mjøsa er genetisk strukturert. Særlig bestanden i Lågen skiller seg klart ut. Lågen er også den største bidragsyteren til storørreten i Mjøsa. Mjøsørreten viser generelt sterk stedstilhørighet med lite feilvandring. Alle undersøkte elver har stede egne bestander av ørret. Dette legger viktige føringer for forvaltningen av Mjøsørreten. Potensielt vil denne type genetiske analyser også kunne kartlegge fisketrykket på de enkelte populasjonene tilhørende Mjøsa. Det vil være et godt grunnlag for bestemmelser vedrørende fiske/fangst slik at lokale bærekraftige bestander opprettholdes. Regulering av geografiske fiskesoner kan for eksempel sikre spesielt utsatte delbestander, når disse genetisk sett er strukturert slik som i Mjøsa. Likeledes kan genetisk oppfølging over tid kartlegge eventuelle evolusjonære effekter av utsettinger, fiske og fangst. Evolusjonære effekter av fiske er påvist blant en rekke arter (Hard *et al.* 2008; Theriault *et al.* 2008). Vi trenger også mer kunnskap om genetisk variasjon innen elver og geografisk fordeling av de ulike genetiske stammene i Mjøsa gjennom året, og spesielt til tider da fiske presset er størst

Referanser

- Antonovics J (2003) Toward community genomics? *Ecology* 84:598-601
- Benjamin og Hochberg (1995). Controlling the false discovery of rate - a practical and powerful approach to multiple testing. *J. R. Stat Soc Series B Methodol* 57: 289-300.
- Carlsson J, Olsen KH, Nilsson J et al (1999) Microsatellites reveal fine-scale genetic structure in stream-living brown trout. *J Fish Biol* 55:1290-1303
- Conover DO, Munch SB, Arnott SA (2009) Reversal of evolutionary downsizing caused by selective harvest of large fish. *Proc R Soc , B, Biol Sci* 276:2015-2020
- Cooke SJ, Cowx IG (2006) Contrasting recreational and commercial fishing: Searching for common issues to promote unified conservation of fisheries resources and aquatic environments. *Biol Conserv* 128:93-108
- Cornuet JM, 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,
- Elliot JM (1994) Quantitative ecology and the brown trout. Oxford University Press, Oxford
- Estoup A, Presa P, Krieg F et al (1993) (Ct)(N) and (Gt)(N) Microsatellites - A New Class of Genetic-Markers for *Salmo-Trutta l* (Brown Trout). *Heredity* 71:488-496
- Evanno G, Regnaut S, Goudet J (2005) Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol Ecol* 14:2611-2620
- Excoffier L, Laval G, Schneider S (2005) Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analyses. *Evol Bioinform Online* 1:47-50
- Falush D, Stephens M, Pritchard JK (2003) Inference of population structure using multilocus genotype data: Linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics* 164:1567-1587

- Garnås E, Hegge O, Kristensen B, Næsje T, Qvenild T, Skurdal J, Veie-Rosvoll b, Dervo B, Fjeldseth Ø og Taugbøl T 1996. Forslag til forvaltningsplan for storørret. Utredning for DN 1997-2. Direktoratet for naturforvaltning, Trondheim, 44 s.
- Goudet J (1995) FSTAT (Version 1.2): A computer program to calculate F-statistics. *J Hered* 86:485-486
- Gregersen F (2009) Gytebekkene og elvene i Mjøsa. Fylkesmannen i Oppland, miljøvernavdelingen, pp 1-89
- Hard JJ, Gross MR, Heino M et al (2008) Evolutionary consequences of fishing and their implications for salmon. *Evol Appl* 1:388-408
- Haugen TO, Aass P, Stenseth NC et al (2008) Changes in selection and evolutionary responses in migratory brown trout following the construction of a fish ladder. *Evol Appl* 1:319-335
- Hedrick PW (2005) *Genetics of Populations*, 3 edn. Jones and Bartlett Publishers, Sundbury, Massachusetts, USA
- Heggenes J, Roed KH (2006) Do dams increase genetic diversity in brown trout (*Salmo trutta*)? Microgeographic differentiation in a fragmented river. *Ecol Freshw Fish* 15:366-375
- Heggenes J, Roed KH, Hoyheim B et al (2002) Microsatellite diversity assessment of brown trout (*Salmo trutta*) population structure indicate limited genetic impact of stocking in a Norwegian alpine lake. *Ecol Freshw Fish* 11:93-100
- Heggenes J, Roed KH, Jorde PE et al (2009) Dynamic micro-geographic and temporal genetic diversity in vertebrates: the case of lake-spawning populations of brown trout (*Salmo trutta*). *Mol Ecol* 18:1100-1111
- Heggenes J, Skaala O, Borgstrom R et al (2006) Minimal gene flow from introduced brown trout (*Salmo trutta* L.) after 30 years of stocking. *J Appl Ichthyol* 22:119-124

- Huitfeldt-Kaas H (1917) Mjøsens Fisker og Fiskerier. Det Kongelige Norske Videnskabers Selskaps Skrifter, Trondheim
- Kraabøl M, Museth J, Johnsen SI (2009) Fangsthistorikk og bestandsvurderinger av mjøsørret med hovedvekt på kultiveringen av Hunderørret. NINA, pp 1-43
- Langella O (1999) Populations 1.2.30.
- Levene H (1949) On A Matching Problem Arising in Genetics. *Ann Math Stat* 20:91-94
- Manly BFJ (1985) The statistics of natural selection. Chapman and Hall, London
- Nashoug O, Kjellberg G (1976) Mjøsørreten igår - idag - i fremtiden? Mjøsutvalget. Årsberetning 1975 pp 1-109
- Nei M (1978) Estimation of Average Heterozygosity and Genetic Distance from A Small Number of Individuals. *Genetics* 89:583-590
- Nei M, Tajima F, Tatenos Y (1983) Accuracy of Estimated Phylogenetic Trees from Molecular-Data .2. Gene-Frequency Data. *J Mol Evol* 19:153-170
- Ostergaard S, Hansen MM, Loeschcke V et al (2003) Long-term temporal changes of genetic composition in brown trout (*Salmo trutta* L.) populations inhabiting an unstable environment. *Mol Ecol* 12:3123-3135
- Paetkau D, Slade R, Burden M et al (2004) Genetic assignment methods for the direct, real-time estimation of migration rate: a simulation-based exploration of accuracy and power. *Mol Ecol* 13:55-65
- Page RDM (1996) TreeView: An application to display phylogenetic trees on personal computers. *Computer Applications in the Biosciences* 12:357-358
- Peakall R, Smouse PE (2006) GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Mol Ecol Notes* 6:288-295
- Piry S, Alapetite A, Cornuet JM et al (2004) GENECLASS2: A software for genetic assignment and first-generation migrant detection. *J Hered* 95:536-539

- Poteaux C, Bonhomme F, Berrebi P (1999) Microsatellite polymorphism and genetic impact of restocking in Mediterranean brown trout (*Salmo trutta* L.). *Heredity* 82:645-653
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155:945-959
- Raymond M, Rousset F (1995) Genepop (Version-1.2) - Population-Genetics Software for Exact Tests and Ecumenicism. *J Hered* 86:248-249
- Reed DH, Frankham R (2003) Correlation between fitness and genetic diversity. *Conserv Biol* 17:230-237
- Roff DA, Fairbairn DJ (2007) The evolution of trade-offs: where are we? *J Evol Biol* 20:433-447
- Ryman N, Laikre L (1991) Effects of Supportive Breeding on the Genetically Effective Population-Size. *Conserv Biol* 5:325-329
- Skaala O (1992) Genetic Population-Structure of Norwegian Brown Trout. *J Fish Biol* 41:631-646
- Skaala Ø, Taugbøl T, Skurdal J (1991) Genetisk variasjon hos mjøsaure. Fylkesmannen i Oppland, Miljøvernavdelingen, pp 1-17
- Slettan A, Olsaker I, Lie O (1995) Atlantic Salmon, *Salmo-Salar*, Microsatellites at the Ssosl25, Ssosl85, Ssosl311, Ssosl417 Loci. *Anim Genet* 26:281-282
- Slettan A, Olsaker I, Lie O (1996) Polymorphic Atlantic Salmon (*Salmo salar*) microsatellites at the SSOSL438, SSOSL439, and SSOSL444 loci. *Anim Genet* 27:57-58
- Taugbøl T (1995) Operasjon Mjøsørret. Sluttrapport. Fylkesmannen i Oppland, Miljøvernavdelingen, pp 1-55
- Theriault V, Dunlop ES, Dieckmann U et al (2008) The impact of fishing-induced mortality on the evolution of alternative life-history tactics in brook charr. *Evol Appl* 1:409-423

- Turelli M, Barton NH (2004) Polygenic variation maintained by balancing selection: Pleiotropy, sex-dependent allelic effects and GxE interactions. *Genetics* 166:1053-1079
- Van Oosterhout C, Hutchinson WF, Wills DPM et al (2004) MICRO-CHECKER: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Mol Ecol Notes* 4:535-538
- Vellend M (2006) The consequences of genetic diversity in competitive communities. *Ecology* 87:304-311
- Westly T, Rustadbakken A (2006) Storørreten i Lenaelva. *Naturkompetanse*, pp 1-18
- Willi Y, Van Buskirk J, Hoffmann AA (2006) Limits to the adaptive potential of small populations. *Annual Review of Ecology Evolution and Systematics* 37:433-458

Vedlegg

Vedlegg 1

Genetiske markører og protokoll

13 mikrosatellitter ble benyttet som genetiske markører; *Str15*, *Str60*, *Str73* (Estoup et al. 1993), *Strutta-12* and *Strutta-58* (Poteaux et al. 1999), *Bru07*, *Bru09*, *Bru13*, *Bru14*, *Bru22*, *Bru25* (registrert som BHMS135, BHMS102, BHMS155, BHMS111, BHMS206 and BHMS362, respektivt; www.salmongenome.no/maps/markerinfor/allmarker), *SsOSL417* (Slettan et al. 1995), *SsOSL438* (Slettan et al. 1996). Primere ble fluorosens merket, og PCR kjørt på GeneAmp PCR System 9700 (Applied Biosystems, Foster City, California). Hver PCR bestod av 2 µl templat DNA and 8 µl reaksjons miks med 1 - 2 pmol primer, 50 mM KCl, 1.5 mM MgCl, 10 mM Tris-HCl, 0.2 mM dNTP og 0.25 U enzym (Ampliqon). PCR parametere etter denaturering ved 95 °C for 2 min var 24 - 34 sykluser av 95 °C i 30 sek., hybridiserings-temperatur på 55 °C i 30 sek., etterfulgt av en forlengelse ved 72 °C i 45 sek.. Siste polymerisering ble forlenget til 10 min.. PCR produktene ble tilført buffer med formamid og standard (ROX Std 400, Applied Biosystems), før elektroforesen (ABI Prism 3100 Genetic Analyzer, Applied Biosystems).

Vedlegg 2

Diversitets estimat for hvert sample og totalmaterialet. (antall ørret i parentes øverst). Antall amplifiserte alleler (N), antall alleler (Nall), observert og forventet heterozygositet (H_o and H_e) og allele rikdom (Ar) for hvert loci med gjennomsnitt.

Loci	bergr (25)					brumr (25)					brums (28)				
	N	Nall	Ho	He	Ar	N	Nall	Ho	He	Ar	N	Nall	Ho	He	Ar
Strutta_12	20	9	0,400	0,826	7,9	50	8	0,720	0,781	5,9	52	11	0,769	0,820	7,1
Str15	38	5	0,684	0,728	4,6	50	4	0,720	0,688	3,9	52	4	0,615	0,696	3,9
Strutta_58	48	8	0,792	0,754	5,5	50	5	0,760	0,722	4,4	54	4	0,778	0,730	3,8
Str60	48	2	0,500	0,507	2,0	50	2	0,440	0,458	2,0	54	2	0,593	0,503	2,0
Bru13	42	8	0,857	0,869	6,8	50	9	0,680	0,793	6,1	54	8	0,815	0,813	6,2
Bru14	50	3	0,760	0,679	3,0	50	3	0,600	0,598	2,9	54	3	0,444	0,532	2,8
Bru22	50	2	0,560	0,490	2,0	50	2	0,280	0,429	2,0	56	2	0,393	0,399	2,0
Bru25	44	7	0,909	0,761	5,2	50	4	0,760	0,660	3,7	50	5	0,520	0,681	4,2
Bru07	34	8	0,471	0,613	5,7	50	3	0,280	0,280	2,3	54	2	0,407	0,331	2,0
Bru09	50	9	0,760	0,826	6,6	50	8	0,560	0,801	6,1	50	9	0,760	0,811	5,9
SsOSL417	42	8	0,952	0,813	6,2	50	6	0,720	0,735	4,9	54	5	0,741	0,741	4,2
SsOSL438	38	5	0,737	0,743	4,2	50	4	0,680	0,631	3,8	54	4	0,630	0,651	3,9
Str73	40	2	0,500	0,492	2,0	50	2	0,320	0,444	2,0	54	2	0,482	0,484	2,0
Average	42	6	0,683	0,700	4,8	50	5	0,579	0,617	3,8	53	5	0,611	0,630	3,8

Loci	flagr(21)					flags (36)					gausr (25)				
	N	Nall	Ho	He	Ar	N	Nall	Ho	He	Ar	N	Nall	Ho	He	Ar
Strutta_12	38	11	0,947	0,863	7,5	70	8	0,886	0,801	5,3	30	11	0,733	0,883	8,3
Str15	42	4	0,571	0,604	3,8	68	4	0,706	0,687	3,8	46	5	0,565	0,707	4,5
Strutta_58	42	7	0,810	0,702	4,7	72	6	0,722	0,708	4,3	50	9	0,600	0,673	6,1
Str60	42	2	0,524	0,438	2,0	70	2	0,200	0,183	1,9	50	3	0,360	0,514	2,3

Bru13	42	10	0,762	0,740	5,9	70	9	0,857	0,782	5,4	42	8	0,810	0,856	6,6
Bru14	42	3	0,619	0,558	3,0	70	3	0,571	0,574	3,0	50	4	0,600	0,541	3,3
Bru22	42	2	0,524	0,470	2,0	72	2	0,472	0,497	2,0	50	2	0,400	0,470	2,0
Bru25	42	6	0,476	0,476	3,9	68	5	0,677	0,617	4,1	50	10	0,600	0,827	6,2
Bru07	42	3	0,571	0,431	2,4	70	6	0,486	0,530	3,1	42	7	0,619	0,784	5,9
Bru09	42	9	0,619	0,696	5,7	70	11	0,714	0,728	6,1	50	12	0,720	0,865	7,5
SsOSL417	42	7	0,667	0,724	5,2	70	7	0,629	0,762	5,0	36	10	0,944	0,795	6,7
SsOSL438	42	4	0,762	0,733	4,0	72	4	0,750	0,734	4,0	46	5	0,652	0,765	4,7
Str73	42	2	0,714	0,508	2,0	72	2	0,472	0,507	2,0	44	3	0,591	0,503	2,6
Average	42	5	0,659	0,611	4,0	70	5	0,626	0,624	3,8	45	7	0,630	0,706	5,1

Locs	gauss (46)					kalvr (23)					lager (25)				
	N	Nall	Ho	He	Ar	N	Nall	Ho	He	Ar	N	Nall	Ho	He	Ar
Strutta_12	88	15	1,000	0,881	8,0	16	8	0,625	0,883	8,0	28	8	0,786	0,857	6,8
Str15	88	5	0,750	0,728	4,5	38	5	0,737	0,748	4,6	48	4	0,625	0,752	4,0
Strutta_58	90	12	0,867	0,844	7,3	46	6	0,609	0,729	4,6	50	9	0,920	0,840	7,1
Str60	90	2	0,333	0,470	2,0	46	2	0,696	0,487	2,0	48	2	0,625	0,489	2,0
Bru13	88	10	0,841	0,860	7,0	30	6	0,667	0,805	5,7	46	6	0,652	0,769	5,0
Bru14	90	4	0,556	0,570	3,1	46	3	0,609	0,645	3,0	50	4	0,600	0,553	3,6
Bru22	90	2	0,378	0,362	2,0	46	2	0,478	0,507	2,0	50	2	0,480	0,490	2,0
Bru25	92	11	0,804	0,810	6,7	38	7	0,842	0,745	5,1	50	7	0,600	0,665	5,0
Bru07	88	8	0,591	0,577	4,3	24	4	0,417	0,471	3,3	42	7	0,905	0,731	5,2
Bru09	86	10	0,698	0,792	5,8	46	9	0,696	0,736	6,1	50	7	0,640	0,745	5,4
SsOSL417	90	10	0,778	0,716	6,4	24	7	0,583	0,649	5,6	46	7	0,609	0,732	4,6
SsOSL438	84	4	0,595	0,724	3,9	34	4	0,647	0,576	3,7	30	4	0,467	0,687	3,9
Str73	90	3	0,622	0,545	2,6	36	3	0,722	0,541	2,4	44	3	0,591	0,475	2,4
Average	89	7	0,678	0,683	4,9	36	5	0,641	0,656	4,3	45	5	0,654	0,676	4,4

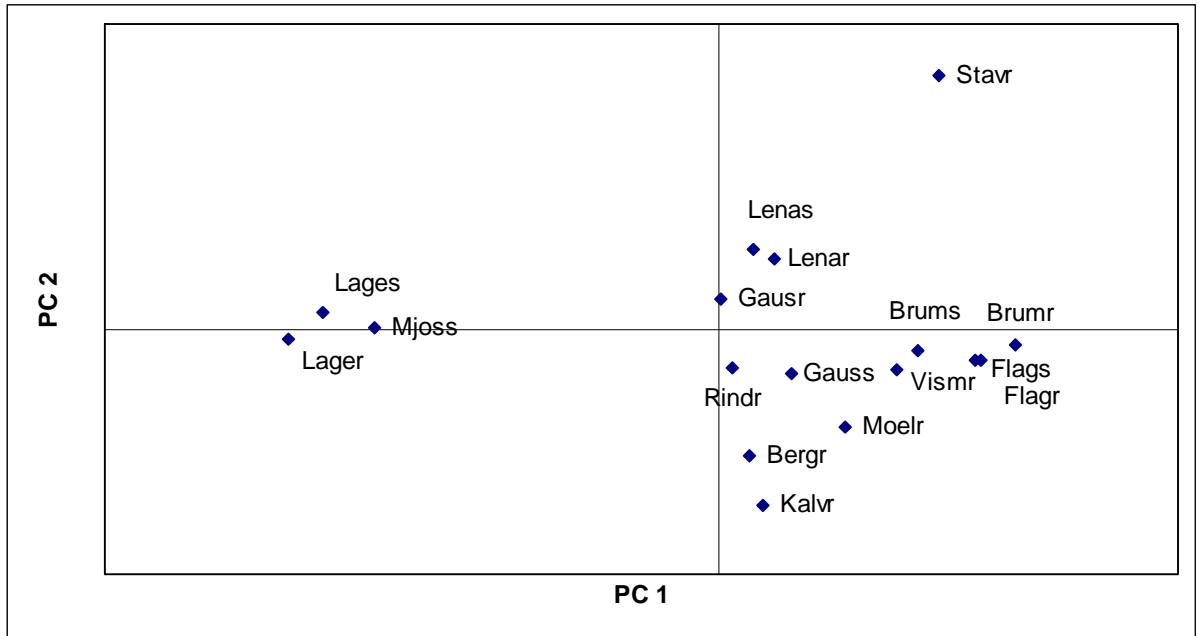
Loci	lages (50)					lenar (20)					lenas (45)				
	N	Nall	Ho	He	Ar	N	Nall	Ho	He	Ar	N	Nall	Ho	He	Ar
Strutta_12	100	16	0,840	0,873	8,0	36	11	0,833	0,895	8,3	82	17	0,805	0,869	8,5
Str15	98	4	0,592	0,751	4,0	40	4	0,450	0,599	3,4	90	4	0,689	0,593	3,6
Strutta_58	100	10	0,860	0,839	6,9	38	7	0,790	0,754	5,6	88	8	0,705	0,782	5,4
Str60	98	2	0,347	0,464	2,0	40	2	0,650	0,501	2,0	86	3	0,512	0,487	2,2
Bru13	98	8	0,857	0,807	5,6	38	8	0,947	0,854	6,7	84	8	0,905	0,822	5,9
Bru14	98	4	0,306	0,320	2,7	40	3	0,600	0,586	3,0	90	3	0,422	0,389	2,8
Bru22	100	2	0,560	0,485	2,0	38	2	0,263	0,423	2,0	88	2	0,364	0,421	2,0
Bru25	98	11	0,714	0,772	6,3	40	10	0,900	0,859	7,3	90	13	0,689	0,791	6,5
Bru07	98	8	0,735	0,771	5,5	40	7	0,700	0,704	4,8	86	7	0,581	0,663	4,3
Bru09	100	14	0,760	0,792	6,6	38	11	0,974	0,871	7,9	88	15	0,773	0,844	7,3
SsOSL417	100	7	0,740	0,743	4,9	38	6	0,737	0,750	4,9	84	5	0,691	0,754	4,1
SsOSL438	96	5	0,667	0,684	4,0	34	4	0,647	0,683	3,8	82	4	0,707	0,721	3,8
Str73	100	2	0,520	0,476	2,0	36	2	0,722	0,513	2,0	82	3	0,537	0,522	2,4
Average	99	7	0,654	0,675	4,7	38	6	0,707	0,692	4,7	86	7	0,645	0,666	4,5

Loci	mjoss (48)					moelr (25)					rindr (23)				
	N	Nall	Ho	He	Ar	N	Nall	Ho	He	Ar	N	Nall	Ho	He	Ar
Strutta_12	88	18	0,909	0,893	8,9	50	12	0,680	0,856	7,8	44	17	0,818	0,938	10,5
Str15	94	7	0,702	0,762	4,9	50	5	0,600	0,567	3,7	42	6	0,905	0,799	5,1
Strutta_58	96	10	0,750	0,862	7,1	50	9	0,720	0,696	5,3	46	12	0,913	0,812	6,9
Str60	88	4	0,432	0,498	2,6	50	2	0,480	0,470	2,0	46	2	0,739	0,507	2,0
Bru13	94	9	0,787	0,772	5,7	50	9	0,720	0,832	6,7	46	8	0,870	0,838	6,3
Bru14	94	4	0,404	0,435	3,1	50	4	0,720	0,682	3,7	46	3	0,391	0,455	2,9
Bru22	94	2	0,404	0,502	2,0	50	2	0,600	0,510	2,0	46	2	0,435	0,502	2,0
Bru25	94	11	0,638	0,665	5,5	50	7	0,640	0,609	4,3	46	8	0,783	0,806	5,6
Bru07	92	8	0,696	0,764	5,4	50	5	0,640	0,578	3,3	44	8	0,636	0,602	4,9

Bru09	96	10	0,792	0,804	6,1	50	13	0,760	0,828	7,9	46	12	0,870	0,868	7,9
SsOSL417	92	6	0,804	0,734	4,6	48	7	0,833	0,818	5,8	42	7	0,714	0,729	5,1
SsOSL438	92	4	0,696	0,695	3,9	48	4	0,708	0,707	3,8	44	5	0,727	0,790	4,8
Str73	96	3	0,438	0,496	2,2	48	3	0,583	0,536	2,6	44	3	0,409	0,521	2,4
Average	93	7	0,650	0,683	4,8	50	6	0,668	0,668	4,5	45	7	0,709	0,705	5,1

Loci	stavr (25)			vismr (25)			all pooled (514)								
	N	Nall	Ho	He	Ar	N	Nall	Ho	He	Ar	N	Nall	Ho	He	Ar
Strutta_12	50	8	0,760	0,785	5,9	28	9	0,571	0,852	7,3	870	27	0,814	0,909	9,2
Str15	50	4	0,600	0,616	3,5	30	4	0,667	0,733	3,9	964	8	0,663	0,735	4,6
Strutta_58	50	6	0,800	0,665	4,7	46	7	0,783	0,782	5,2	1016	17	0,778	0,800	6,6
Str60	50	2	0,480	0,411	2,0	42	2	0,333	0,494	2,0	998	4	0,464	0,498	2,1
Bru13	50	6	0,880	0,767	5,1	36	8	0,611	0,771	6,4	960	15	0,809	0,865	7,1
Bru14	50	4	0,560	0,451	2,6	46	6	0,696	0,624	4,0	1016	6	0,531	0,538	3,2
Bru22	50	2	0,400	0,490	2,0	48	2	0,417	0,383	2,0	1020	2	0,438	0,465	2,0
Bru25	50	8	0,920	0,834	6,2	42	10	0,810	0,710	6,4	994	22	0,715	0,796	6,3
Bru07	50	4	0,760	0,624	3,5	40	5	0,250	0,318	3,2	946	12	0,591	0,694	5,0
Bru09	50	9	0,880	0,848	6,9	42	11	0,714	0,789	7,1	1004	25	0,746	0,854	7,6
SsOSL417	50	4	0,640	0,608	3,5	36	7	0,889	0,825	5,9	944	12	0,742	0,778	5,7
SsOSL438	50	4	0,480	0,556	3,2	38	5	0,421	0,649	4,3	934	5	0,656	0,748	4,3
Str73	50	2	0,320	0,372	2,0	44	3	0,455	0,528	2,4	972	3	0,520	0,515	2,2
Average	50	5	0,652	0,618	3,9	40	6	0,586	0,651	4,6	972	12	0,651	0,707	5,1

Vedlegg 3



Prinsipal Komponent Analyse (PCA), basert på data standardisert distanse (F_{ST}) matrix.

Eigenverdi og proporsjon varians for komponent 1 er $8,9 \times 10^{-4}$ og 85 %, og tilsvarende $1,5 \times 10^{-4}$ og 15 % for komponent 2.

HiT skrift / HiT Publication

Jens Wollebæk, Knut H. Røed og Jan Heggenes: Genetisk struktur hos ørret i Mjøsa. 48 s. (HiT-skrift 2/2011)

Per Mangset og Kjærsti Skjeldal: Kulturrikets tilstand 2010. 83 s. (HiT-skrift 1/2011)

Astrid Gundersen og Ellinor Young: Barnevernsarbeideres erfaringer med mødre som har intellektuelle funksjonshemminger. 43 s. (HiT-skrift 5/2010)

Niklas Kreander, Vivien Beattie & Ken McPhail: Charity Ethical Investment in Norway. 46 s. (HiT Publication 4/2010)

Espen Lydersen, Anne Trasti og Jostein Sageie: Tilførsler av næringsstoffer, metaller og andre miljøgifter til grenlandsfjordene 2008. 74 s. (HiT-skrift 3/2010)

Per Mangset og Espen S. Matheussen (red.): Kulturrikets tilstand 2009. 93 s. (HiT-skrift 2/2010)

Ragnar Prestholdt: Fotomotivundersøkelsen i Vrådal og Tinn 2008. 48 s., 1 cd (HiT-skrift 1/2010)

Kirsten Palm og Hein Lindquist: Læring i en flerspråklig skole. Tospråklig opplæring på barnetrinnet – et eksempel på en organiseringsmodell. 60 s. (HiT-skrift 3/2009)

Jan Heggenes, Jostein Sageie og Jostein Kristiansen: Rehabilitering av elvehabitat i Tokkeåi, Dalen i Telemark: Tilstand og tiltak. 85 s. (HiT-skrift 2/2009)

Sigrun Hvalvik: ”Skal vi dele en historie”? Personlige erfaringer som inntak til forståelse i eldreomsorgen. 20 s. (HiT-skrift 1/2009)

Inger M. Oellingrath, Martin V. Svendsen, Michael Reinboth: Kostholds- og måltidsmønster, fysisk aktivitet og vektutvikling hos barn i grunnskolen i Telemark, del 1, 4. klassetrinn. 26 s. (HiT-skrift 4/2008)

Anne Svånaug Haugan, Niels Kayser Nielsen og Peter Stadius (red.): Musikk og nasjonalisme i Norden. 162 s. (HiT-skrift 3/2008)

Niklas Kreander, Vivien Beattie & Ken McPhail: Charity ethical investment: Policy practice and disclosure. 49 s. (HiT Publication 2/2008)

Ragnar Prestholdt: Fotomotivundersøkelsen på Geilo, Hovden og i Rauland 2007. 54 s., 1 cd (HiT-skrift 1/2008)

Anne Aasmundsen, Per Isaksen og Ragnar Prestholdt: Reiselivsundersøking i Setesdal 2006. 47 s., vedlegg. (HiT-skrift 1/2007)

Jan Heggenes og Jostein Sageie: Rehabilitering av Måna, Tinn i Telemark: Tilstand og tiltak. 73 s. (HiT-skrift 6/2006)

Nils Per Hovland: Bygg nettverk – stå på! En studie av entreprenørielle prosesser i Buskerud, Telemark og Vestfold. 45 s. (HiT-skrift 5/2006)

Sigrun Hvalvik og Ellinor Young: ”Et sted hvor hun kan finne seg til rette og bo...”. Om ugifte mødre og fødehjem i Telemark i perioden 1916-1965. 36 s. (HiT-skrift 4/2006)

Halvor Kleppen: Etikette i golf. 71 s. (HiT-skrift 3/2006)

Arne Hjeltnes: Kartlegging av habitater til hjort i deler av 4 kommuner i Telemark. Utprøving av objektbasert klassifikasjon på Landsat 5 satellittdata. 35 s., 1 kart. (HiT-skrift 2/2006)

- Arne Hjeltnes:** Høyoppløselige bilder som grunnlag for overvåking av endringer i fjellvegetasjon. Skisse til nytt registreringssystem. 47 s. (HiT-skrift 1/2006)
- Ole Martin Høystad:** Tempo og paradoks i MENTALITETSHISTORISKE ENDRINGAR. Undset-Elias-Foucault. 40 s. (HiT-skrift 7/2005)
- Ole Martin Høystad:** Hjertet i hjernen. Det biologiske grunnlaget for kjenslene. 49 s. (HiT-skrift 6/2005)
- Else Marie Halvorsen:** Forskning gjennom skapende arbeid? 61 s. (HiT-skrift 5/2005)
- Synne Kleiven:** Overvåking av Prestevju rensesepark. Sluttrapport 2002-2004. 15 s., vedlegg. (HiT-skrift 4/2005)
- Anne Aasmundsen, Per Isaksen og Ragnar Prestholdt:** Reiselivsundersøking i Setesdal 2004. 48 s. (HiT-skrift 3/2005)
- Bjørn Egeland, Norvald Fimreite and Olav Rosef:** Liver element profiles of red deer with special reference to copper, and biological implications. 32 s. (HiT Publication 2/2005)
- Arne Lande, Kjell Lande og Torstein Lauvdal (2005):** Fiskeundersøking i 4 kalka vatn på Gråhei, Bygland kommune, Aust-Agder. 22 s. (HiT-skrift 1/2005)
- Oddvar Hollup (2004):** Educational policies, reforms and the role of teachers unions in Mauritius. 37 s. (HiT Publication 8/2004)
- Bjørn Kristoffersen (2004):** Introduksjon til databaseprogrammering med Java. 33 s. (HiT-skrift 7/2004)
- Inger M. Oellingrath (2004):** Kosthold, kroppslig selvbilde og spiseproblemer blant ungdom i Porsgrunn. 45 s. (HiT-skrift 6/2004)
- Svein Roald Moen (2004):** Knud Lyne Rahbeks Dansk Læsebog og Exempelsamling til de forandrede lærde Skolers Brug. 491 s. (HiT-skrift 5/2004)
- Tangen, Jan Ove, red. (2004)** Kyststien – tre perspektiver. 27 s. (HiT-skrift 3/2004)
- Jan Ove Tangen (2004):** Idrettsanlegg og anleggsbrukere-tause forventninger og taus kunnskap. 59 s. (HiT-skrift 2/2004)
- Greta Hekneby (2004):** Fonologisk bevissthet og lesing. 43 s. (HiT-skrift 1/2004)
- Ingunn Fjørtoft og Tone Reiten (2003):** Barn og unges relasjoner til natur og friluftsliv. 83 s. (HiT-skrift 10/2003)
- Else Marie Halvorsen (2003):** Teachers' understanding of culture and of transference of culture. 40 s. (HiT-skrift 9/2003)
- P.G. Rathnasiri and Magnar Ottøy (2003):** Oxygen transfer and transport resistance across Silicone tubular membranes. 31 s. (HiT Publication 8/2003)
- Else Marie Halvorsen (2003):** Den estetiske dimensjonen og kunstfeltet - ulike tilnæringer. 17 s. (HiT-skrift 7/2003)
- Else Marie Halvorsen (2003):** Estetisk erfaring. En fenomenologisk tilnærming i Roman Ingardens perspektiv. 12 s. (HiT-skrift 6/2003)
- Steinar Kjosavik (2003):** Fra forming til kunst og håndverk, fagutvikling og skolepolitikk 1974-1997. 48 s. (HiT-skrift 5/2003)

Olav Solberg, Herleik Baklid, Peter Fjågesund, red. (2003): Tekst og tradisjon. M. B. Landstad 1802-2002. 106 s. (HiT-skrift 4/2003)

Ella Melbye (2003): Hovedfagsoppgaver i forming Notodden 1976-1999. Faglig innhold sett i lys av det å forme. 129 s. 1 CD-rom. (HiT-skrift 3/2003)

Olav Rosef m.fl. (2003): Escherichia coli-bakterien som alle har –men som noen blir syke av – en oversikt. 22 s. (HiT-skrift 2/2003)

Olav Rosef m.fl. (2003) Forekomsten av *E.coli* O157 ("hamburgerbakterien") hos storfe i Telemark og i kjøttdeig fra Trøndelag (2003) 25 s. (HiT-skrift 1/2003)

Roy Istad (2002): Oppretting av polygon. 24 s. (HiT-skrift 3/2002)

Ella Melbye, red. (2002): Hovedfagsstudium i forming 25 år. 81 s. (HiT-skrift 2/2002)

Olav Rosef m.fl.(2001): Hjorten (*Cervus elaphus atlanticus*) i Telemark. 29 s. (HiT-skrift 1/2001)

Else Marie Halvorsen (2000): Kulturforståelse hos lærere i Telemark anno 2000. 51 s. (HiT-skrift 4/2000)

Norvald Fimreite, Bjarne Nenseter and Bjørn Steen (2000) : Cadmium concentrations in limed and partly reacidified lakes in Telemark, Norway. 16 s. (HiT-skrift 3/2000)

Tåle Bjørnvold (2000): Minimering av omstillingstider ved produksjon av høvellast. 65 s. (HiT-skrift 2/2000)

Sunil R. de Silva, ed. (2000): International Symposium. Reliable Flow of Particulate Solids III Proceedings. 11- 13. August 1999, Porsgrunn, Norway. Vol. 1-2 (HiT-skrift 1/2000)

HiT notat / HiT Working Paper

Heidi Haukelien (2008) I velferdsstatens randsone. Evaluering av Boteam, Porsgrunn. 75 s. (HiT-notat 3/2008)

Olav Tangvald-Pedersen , red. (2008) "Å komme seg". Pasientformulert rehabilitering. 50 s. (HiT-notat 2/2008)

Jan Heggenes (2008) Tinfos I – kanalisering av undervannet, fiskebiologiske vurderinger. 14 s. (HiT-notat 1/2008)

Olav Dalland og Kjersti Røsvik (2007) Fra intensjon til realitet og tilbake til intensjonen igjen. Evaluering av fleksibelt bachelorstudium i sykepleie. 77 s. (HiT-notat 3/2007)

Per Gunnar Disch m.fl. (2007) Feltarbeid på nett. En oppsummering av erfaringer fra feltarbeid på fleksibel sykepleierutdanning kull 2002. 11 s. (HiT-notat 2/2007)

Per Gunnar Disch og Anne K. Malme, red. (2007) Selvevaluering av fleksibelt bachelorstudium i sykepleie. Fra intensjon til realitet. 77 s. (HiT-notat 1/2007)

Sidsel Beate Kløverød (2004) Tap av verdighet i møte med offentlig forvaltning. 135 s. (HiT-notat 2/2004)

Roy M. Istad (2004): Tettere studentoppfølging? Undervegsrapport fra et HiT-internt prosjekt. 15 s.(HiT-notat 1/2004)

Eli Thorbergesen m.fl. (2003):"Kunnskapens tre har røtter..." Praksisfortellinger fra barnehagen. En FOU-rapport. 42 s. (HiT-notat 5/2003)

Per Arne Åsheim , ed. (2003) : Science didactic. Challenges in a period of time with focus on learning processes and new technology. 54 s. (HiT Working Paper 4/2003)

Roald Kommedal and Rune Bakke (2003):Modeling Pseudomonas aeruginosa biofilm detachment. 29 s. (HiT Working Paper 3/2003)

Elisabeth Aase (2003): Ledelse i undervisningssykehjem. 27 s., vedlegg. (HiT-notat 2/2003)

Jan Heggenes og Knut H. Røed (2003): Genetisk undersøkelse av stamfisk av ørret fra Måna, Tinnsjø. 10 s. (HiT-notat 1/2003)

Erik Halvorsen, red. (2002): Bruk av Hypermedia og Web-basert informasjon i naturfagundervisningen. Presentasjon og kritisk analyse. 69 s. (HiT-notat 2/2002)

Harald Klempe (2002): Overvåking av grunnvannsforurensning fra Revdalen kommunale avfallsfylling, Bø i Telemark. Årsrapport 2000. 24 s. (HiT-notat 1/2002)

Jan Ove Tangen (2001): Kompetanse og kompetansebehov i norske golfklubber. 12 s. (HiT-notat 6/2001)

Øyvind Risa (2001): Evaluering av Musikk 1. 5 vekttall. Desember 2000. Høgskolen i Telemark, Allmennlærerutdanninga på Notodden. 39 s. (HiT-notat 5/2001)

Harald Klempe (2001): Overvåking av grunnvannsforurensning fra Revdalen kommunale avfallsfylling, Bø i Telemark. Årsrapport 1999. 22 s. (HiT-notat 4/2001)

Harald Klempe (2001): Overvåking av grunnvannsforurensning fra Revdalen kommunale avfallsfylling, Bø i Telemark. Årsrapport 1998. 22 s. (HiT-notat 3/2001)

Sigrun Hvalvik (2001): Tolking av historisk tekst – et hermeneutisk perspektiv. Et vitenskapsteoretisk essay. 28 s. (HiT-notat 2/2001)

Sigrun Hvalvik (2001): Georg Henrik von Wright. Explanation of the human action : an analysis of von Wright's assumptions form the perspective of theory development in nursing history. 27 s. (HiT-notat 1/2001)

Arne Lande og Ralph Stålberg, red. (2000): Bruken av Hardangervidda – ressurser, potensiale, konflikter. Bø i Telemark 8.-9. april 1999. Seminarrapport. 57 s. (HiT-notat 3/2000)

Nils Per Hovland (2000): Studentar i oppdrag: ein rapport som oppsummerer utført arbeid og røymsler frå prosjektet "Nyskaping som samarbeidsprosess mellom SMB og HiT", 1998-2000. 24 s. (HiT-notat 2/2000)

Jan Heggenes (2000): Undersøkelser av gyteplasser til ørret i Tinnelvas utløp fra Tinnsjø (Tinnoset), Notodden i Telemark, 1998. 7 s. (HiT-notat 1/2000)

HiT-skrift og HiT-notat kan bestilles fra Høgskolen i Telemark, kopisenteret i Bø:
e-post: kopi-bo@hit.no, tlf. +47 35952834

HiT Publications and HiT Working Papers can be ordered from the Copy Centre,
Telemark University College, Bø Campus:
email: kopi-bo@hit.no, tel.: +47 35952834

De fleste HiT-skrift og HiT-notat finnes elektronisk i TEORA -Telemark Open Research Archive
<http://teora.hit.no/dspace/>

You will find most of the HiT Publications and HiT Working Papers in full-text in TEORA -
Telemark Open Research Archive <http://teora.hit.no/dspace/>