

# Kannibalrøya i Arresjøen, Svalbard.

Martin-A. Svenning



SVALBARDS  
MILJØVERN FOND

Svenning, M-A. 2008. Kannibalrøya i Arresjøen, Svalbard.

NINA minirapport nr 242. 10 s

**Email:** [martin.svenning@nina.no](mailto:martin.svenning@nina.no)

Tlf.: +47 77 75 04 12

**NINA**  
**Norsk institutt for naturforskning**  
**Avdeling for arktisk økologi**  
**(NINA-Tromsø)**

**Polarmiljøsentret**  
**9296 Tromsø**

**Telefon: 77 75 04 00**  
**Fax: 77 75 04 01**  
**<http://www.nina.no>**

## Forord

Røya på Svalbard finnes i to hovedformer; som ferskvannsstasjonær innlandsrøye ("stasjonærrøye") eller som anadrom røye ("sjørøye"). Arresjøen på Danskøya (NV-Spitsbergen) har en typisk avstengt stasjonær bestand, uten muligheter for å vandre ut i havet. Kannibalisme er trolig en viktig populasjonsstrukturerende mekanisme i denne bestanden, så vel som i mange andre bestander med stasjonærrøye på Svalbard.

Eventuelle genetiske forskjeller mellom små og stor røye har store konsekvenser for forvaltningen av røyebestandene på Svalbard. En skjev beskatning mot de mest attraktive og største individene (kannibal- og/eller sjørøye) vil ikke bare føre til at mengden stor fisk reduseres for en kortere periode, men også kunne starte en irreversibel prosess der en genetisk del av bestanden utarmes, og at innsjøene etter hvert blir dominert av små og saktevoksende individer

Formålet med dette prosjektet var å finne ut om små (byttfisk) og stor (kannibaler) røye i Arresjøen var genetisk differensierte (forskjellige).

Vi vil takke følgende personer som på en eller annen måte har vært involvert i prosjektet, enten i forbindelse med feltarbeid, bearbeiding av prøver, forberedelser og gjennomføring av genetiske analyser osv; Sten Siikavuopio, Øyvind Schnell, Kjell Eivind Madsen, Morten Haugen, Reidar Borgstrøm, Fride Tønning, Kim Prebel, Jon-Ivar Westgaard og Svein Erik Fevolden.

Vi takker herved Svalbards Miljøvernfond for tildelingen.

NINA-Tromsø, 1. desember 2008

Martin-A. Svenning  
(prosjektleder)

## Sammendrag

Røye, *Salvelinus alpinus*, er eneste ferskvannsfisk som lever og reproduserer i vassdrag på Svalbard. Den finnes i to hovedformer; enten som ferskvannsstasjonær innlandsrøye ("stasjonærrøye") eller som anadrom røye ("sjørøye"). På Svalbard finnes det trolig om lag 150 innsjøer med stasjonær røye, mens gode bestander av sjørøye bare finnes i et 10-talls innsjøsystemer på øyriket. I de innsjøene som har elv ut til havet om sommeren og ingen oppvandringshindere, finnes det både sjørøye (dvs. de røyene som "velger" å vandre ut i havet) og stasjonærrøye (de individene som "velger" å ikke vandre ut i havet). I de innsjøene som er avstengt fra havet, er det selvsagt kun stasjonærrøye. Innsjøsystemene på Svalbard er svært karrige og røya har generelt et lavt vekstpotensial. At noen individer likevel blir store (opptil flere kg) skyldes at de enten 1) blir kannibaler (fiskespisere på egne artsfrender) eller 2) blir sjørøye, dvs. "velger" å foreta en næringsvandring ut i havet om sommeren.

NINA-Tromsø fikk i november 2007 tildelt midler fra Svalbards Miljøfond for å undersøke slektskapet mellom kannibaler (storrøye) og byttefisk (smårøye) i Arresjøen på Danskøya, Spitsbergen. Resultatet fra denne undersøkelsen må betegnes som oppsiktsvekkende, da vi fant store genetiske forskjeller mellom storrøyene (kannibalene) og smårøyene i den lille (0.35 km<sup>2</sup>) innsjøen. Forskjellene ble påvist ved hjelp av DNA-mikrosatellitter, der DNA-prøver fra flere enn 280 røyer nå er analysert. Vi har benyttet opptil syv mikrosatellittmarkører. Bare en av disse var monomorf (viste ingen variasjon). Den genetiske forskjellen mellom kjønnsmodne individer fra de to morfene var 15.5 % ( $F_{ST} = 0.155$ ,  $p < 0.001$ ). Litt forenklet kan vi si at denne forskjellen beskriver hvor stor andel av den totale genetiske variasjonen som kan forklares ved genetiske forskjeller mellom de små og store røyene (den øvrige variasjonen utgjøres av forskjellen mellom individene i bestanden). Til sammenligning var forskjellen mellom to røyebestander i Fjellfrosvatnet i Troms, der den ene bestanden gyter i februar og den andre i september, på 3.2 % ( $F_{ST} = 0.032$ ,  $p = 0.001$ ). Videre er den genetiske forskjellen mellom lodde fra henholdsvis Atlanterhavet og Stillehavet mindre enn 10 %. Dette illustrerer hvorfor vi omtaler forskjellen mellom kannibalene og de små røyene i Arresjøen som oppsiktsvekkende.

I studiet fra Arresjøen benytta vi syv ulike markører, der vi fant signifikante forskjeller mellom de to røymorfene i seks av markørene. De store genetiske forskjellene vi fant mellom de to røyeformene, kan delvis skyldes at disse delene av Nordvest-Spitsbergen (der Danskøya ligger), har vært isfrie i mer enn 65 000 år. Andre steder på Svalbard, som for eksempel i Isfjordområdet, har innsjøene en vesentlig yngre opprinnelse (8-9 000 år). Dette betyr at seleksjonsprosessen kan ha pågått over lengre tid, og dermed at eventuelle genetiske ulikheter mellom for eksempel stor (kannibaler) og små (byttefisk) røye, kan være mer fremtredende på Nordvest-Spitsbergen (Danskøya) enn i andre områder på Svalbard.

Vi har påvist store økologiske forskjeller i svært mange bestander på Svalbard, deriblant både i kannibalbestander så vel som i bestander med sjørøye. Det er derfor sannsynlig at ikke bare kannibalene, men at også anadrom røye (sjørøye), kan være genetisk forskjellig fra sine mindre stasjonære artsfrender. En eventuell genetisk forskjell mellom små og store røye har store konsekvenser for forvaltningen av røyebestandene på Svalbard. En skjev beskatning mot de mest attraktive og største individene (kannibal- og/eller sjørøye) vil ikke bare føre til at mengden stor fisk reduseres for en kortere periode, men også kunne starte en irreversibel prosess der en genetisk del av bestanden utarmes, og at innsjøene etter hvert blir dominert av små og saktevoksende individer.

Svalbardrøya har trolig en unik forhistorie, der bestandene over lang tid (noen kanskje opptil 65 000 år) har tilpasset seg de arktiske, ekstreme og variable miljøbetingelsene på øyriket. Svalbardrøya representerer derfor et svært verdifullt genetisk livshistoriemangfold. Dette stiller spesielle krav til hvordan Svalbardrøya skal forvaltes, og bygger blant annet på god økologisk kunnskap om viktige bestandsparemetre som tilvekst, alder og størrelse ved kjønnsmodning - og ikke minst - samspillet mellom 1) kannibaler og byttefisk og 2) sjørøye og stasjonærrøye. I tillegg indikerer resultatene våre fra Arresjøen at kunnskapen om genetiske oppsplittinger vil være svært avgjørende for en framtidig forsvarlig forvaltning av Svalbardrøya.

# Innholdsfortegnelse

<b>Forord .....</b>	<b>3</b>
<b>Sammendrag.....</b>	<b>4</b>
<b>1. Bakgrunn .....</b>	<b>6</b>
<b>2. Områdebeskrivelse .....</b>	<b>7</b>
<b>3. Metoder og materiale .....</b>	<b>8</b>
<b>4. Resultater og diskusjon.....</b>	<b>9</b>
4.1 Genetisk variasjon... ..	9
4.2 Genetisk differensiering (forskjell).....	9
4.3 Forvaltningsmessig betydning.....	10
<b>7. Referanser .....</b>	<b>10</b>

# 1 Bakgrunn

Røye, *Salvelinus alpinus*, er verdens nordligste ferskvannsfisk og finnes hele veien rundt polhavet. Røya blir likevel mer og mer vanlig jo lenger nord en kommer, og er den eneste ferskvannsfisk som lever og reproducerer i vassdrag på Svalbard. Den finnes på Svalbard i to hovedformer; som ferskvannsstasjonær innlandsrøye ("stasjonærrøye") eller som anadrom røye ("sjørøye"). Sjørøya kan hver sommer vandre mellom sjø og ferskvann, mens stasjonærrøya er avstengt fra havet. På Svalbard finnes det trolig om lag 150 innsjøer med stasjonær røye, mens betydelige bestander av sjørøye bare finnes i et 10-talls innsjøsystemer på øyriket. I de innsjøene som har elv ut til havet om sommeren, og er uten oppvandringshindere, finnes det både sjørøye (dvs. de røyene som "velger" å vandre ut i havet) og stasjonærrøye (de individene som "velger" å ikke vandre ut i havet). I de innsjøene som er avstengt fra havet, er det selvsagt kun stasjonærrøye.

Innsjøene på Svalbard er kalde, har lav tilførsel av næringsstoffer, lav biologisk produksjon og kort vekstsesong. Røya har derfor et lavt vekstpotensial. At noen individer likevel blir store (opptil flere kg) skyldes at de enten 1) blir kannibaler (fiskespisere på egne artsfrender) eller 2) blir sjørøye, dvs. "velger" å foreta en næringsvandring ut i havet om sommeren (se figur 2).

Arresjøen på Danskøya (NV-Spitsbergen) innehar en typisk avstengt stasjonær bestand, uten muligheter for å vandre ut i havet. Fødevalget hos de minste røyene (< 15 cm) domineres av fjærmygg, mens røye over 20 cm beiter hyppig på smårøye. Veksten hos røya i Arresjøen følger et sigmoid mønster med lav vekstrate de første 10-15 årene og så en relativt kraftig vekstøkning når de blir kannibaler (figur 2). Kannibalisme er trolig den viktigste populasjonsstrukturerende mekanismen i Arresjøbestanden, så vel som i mange andre bestander med stasjonærrøye på Svalbard. Allelfrekvensene av to esteraser (EST-2 og MDH-4,5) er forskjellige hos små og store røyer i Arresjøen, noe som indikerer at de kanskje er genetisk forskjellige og reproduktivt atskilte (se figur 2). Esteraser (enzymmer) vurderes imidlertid som svært usikre genetiske markører og en tilsvarende analyse av DNA-mikrosatellitter vil avkrefte/bekreftede hvorvidt små (byttefisk) og stor røye (kannibaler) i Arresjøen virkelig er genetisk differensierte.

Vårfluesjøen ligger i Woodfjorden (NV-Spitsbergen). Den om lag en km lange utløpselva er åpen hvert år, noe som betyr at røyene i innsjøen hver sommer kan "velge" om de vil foreta en 4-6 ukers næringsvandring ut i havet eller ikke. Røyene vokser relativt sakte i innsjøen frem til 5-6 års alder. Da begynner noen av de største fiskene i disse årsklassene å vandre til sjøen for første gang, og hos røye som er eldre enn 6 år, blir bestanden tydelig segregert i to distinkte størrelsesgrupper (mindre eller større en 20 cm; se figur 2). På bakgrunn av mengden strontium i otolittene (øresteinene) vet vi at de store røyene er sjørøye, mens de små lever hele livet i ferskvann. Sjørøyeindividene har høyere vekstrate de første leveårene. De blir større, har vesentlig rødere kjøttfarge, er lite infisert av bendelmakk og har høyere fekunditet. Arresjøen og Vårfluesjøen representerer to ytterpunkter av innsjøtyper og/eller bestandstyper på Svalbard. I motsetning til røya i Vårfluesjøen, lever for eksempel røya i Arkvatnet på Nordaustlandet i et vesentlig mer variabelt og uforutsigbart miljø. Her er blant annet utløpselva ("sjøveien") ikke engang åpen hvert år, og "sjørøyene" kan ikke vandre ut i havet hvert år. Her finner vi heller ikke noe klart skille mellom stasjonære og vandrende individer, og mange av røyene i Arkvatnet alternerer derfor mellom et ferskvannsstasjonært og et sjøvandrende levesett.

Deler av Nordvest-Spitsbergen, og spesielt Danskøya, har vært isfri i mer enn 65 000 år. Dette betyr at seleksjonsprosessen, dvs. et eventuelt genetisk skille mellom kannibaler og byttefisk i Arresjøen, trolig er kommet lengre enn i andre innsjøer/bestander. Også i Vårfluesjøen er de to røyemorfene (stasjonær- og sjørøya) klart økologisk segregerte (se figur 2), men vi har ingen opplysninger om hvor lenge dette området har vært isfritt.

Svalbardrøya har trolig en unik forhistorie sammenlignet med røye de fleste andre steder. Bestandene har over lang tid, kanskje flere titusen år for enkelte av dem, tilpasset seg de ekstreme og samtidig ulike miljøbetingelsene i de ulike vassdragene, og representerer derfor et svært verdifullt genetisk livshistoriemangfold. Dette stiller spesielle krav til hvordan Svalbardrøya skal forvaltes, og bygger på kunnskap om viktige bestandsparmetre som tilvekst, alder og størrelse ved kjønnsmodning - og ikke minst - samspillet mellom 1) kannibaler og byttefisk og 2) sjørøye og stasjonærrøye. Spesielt kunnskapen om eventuelle genetiske oppsplittinger er svært avgjørende for en framtidig forsvarlig forvaltning av røyebestandene på øyriket. En skjev beskatning mot store individer vil da ikke bare føre til at mengden stor fisk reduseres for en periode, men også starte en irreversibel prosess der en genetisk fraksjon av bestanden utarmes, og innsjøene vil bli dominert av små og saktevoksende individer.

Hovedmålet med dette prosjektet har vært å benytte et tidligere innsamlet materiale (1993 og 2002) for å stadfeste hvorvidt de to økologiske røyemorfene i Arresjøen er genetisk differensiert.

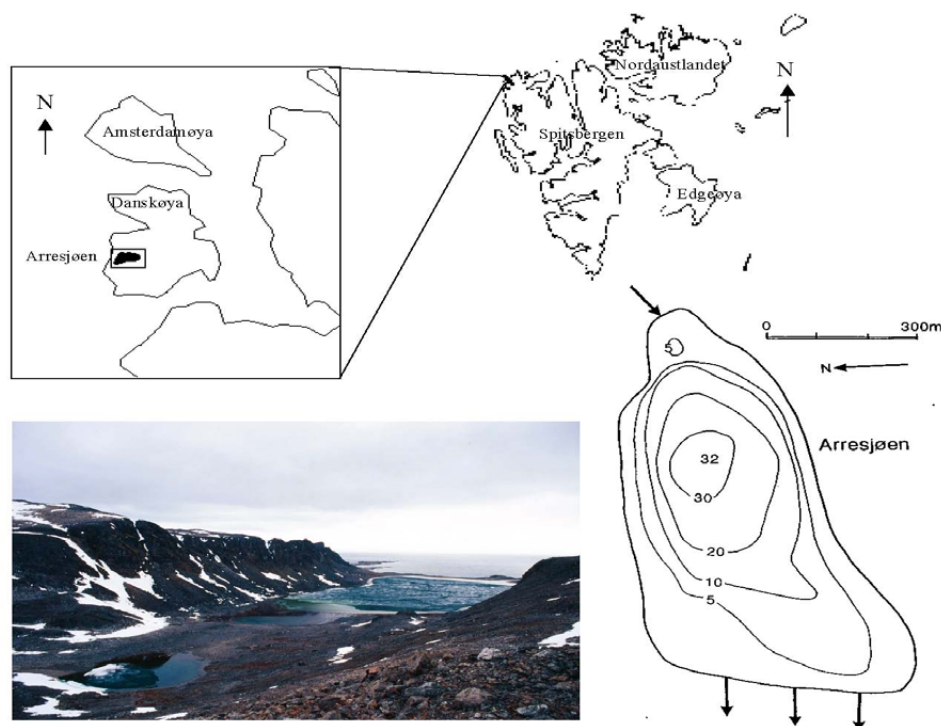
## 2 Områdebeskrivelse

Arresjøen (79°40'N, 10°48'E) ligger 15 m over havnivå på vestsiden av Danskøya, innenfor Nordvest-Spitsbergen nasjonalpark. Innsjøen ligger 250 meter inn på øya, og har et areal på ca 0,35 km<sup>2</sup>. Maksimal dybde er 32 m og ca 75 % av innsjøen er dypere enn 15 m (Svenning 1992). Nedbørfeltet er ca 3 km<sup>2</sup>, og det er ingen isbreer i området.

Arresjøen er en oligotrof innsjø. Siktedypet i juli/august er ca 7-8 m og vannfargen er grønn/blå. Eneste fiskeart i Arresjøen er røye. Bestanden karakteriseres som "stasjonær", da det er umulig å vandre mellom innsjøen og havet. Arresjøen er islagt ca 10 måneder i året, fra september til juli, og isen kan bli opptil 2 m tykk.

Fjellene rundt Arresjøen er populære hekkeområder for sjøfugl i området. Dette medfører en viss næringstilførsel fra faeces, døde fugler, fjær og mat som fuglene mister. Sommerstid blir det ofte observert rester av marine krepsdyr og marin fisk (polartorsk og ulker) i strandsonen og i dietten til røya. Dette har trolig en positiv effekt på fødeinntaket til røya i Arresjøen. Fugler som hyppigst blir observert ved Arresjøen sommerstid er krykkje (*Rissa tridactyla*), polarmåke (*Larus hyperboreus*), rødnebbterne (*Sterna paradisaea*), teist (*Cepphus grylle*), alkekonge (*Alca alle*), ærfugl (*Somateria mollissima*), tyvjo (*Stercorarius parasiticus*) og smålom (*Gavia stellata*). Smålomen er trolig eneste hovedvert på Svalbard for fiskandmakken (*Diphyllbothrium ditremum*).

Arresjøen ligger i et område av Svalbard der deler av kystsonen kan ha vært isfri de siste 65000 år (Salvigsen 1977, Boulton 1979). I så fall kan røyebestanden i Arresjøen ha en vesentlig eldre opprinnelse enn de fleste andre røyebestander. Innsjøen ligger forholdsvis utilgjengelig til, slik at bestanden er lite beskattet.



**Figur 1** Oversiktskart over Svalbard med utsnitt av Danskøya, samt dybdekart og bilde av Arresjøen. Foto: K.M. Madsen.



### 3 Metoder og materiale

Røyematerialet ble samlet inn under feltarbeid i 1993 (Svenning & Borgstrøm 1995) og 2002 (Madsen & Haugen 2003). Fisken ble fanga med garn og elektrisk fiskeapparat. Alle fisk ble lengdemålt og veid, samt at kjønn, modningsgrad, kjøttfarge og bendelmakkinfeksjon ble bestemt. Alle mager ble tatt ut, samt at fettfinner ble klippet av for genetiske undersøkelser. Otolitter ble tatt ut til aldersbestemmelse. Fettfinner fra totalt 96 fisk fanget i 1993 og 233 fisk fanget i 2002 ble benyttet i de genetiske analysene (**tabell 3. 1**). Røyene ble gruppert etter størrelse i små, middels og stor fisk, dvs. henholdsvis mindre enn 15 cm (små), fra 15 til 20 cm (middels) og over 20 cm (stor).

Molekylærgenetiske metoder innebærer at en utnytter nedarvede genetiske markører for blant annet å kunne kvantifisere eventuelle genetiske forskjeller mellom bestander, estimere innslag av ulike bestander i et fangstmateriale osv. Dette er mulig siden alle dyreceller inneholder to typer DNA 1) mitokondrielt DNA (mtDNA) og 2) nukleærtDNA (nDNA). Begge typene er oppbygd av fire forskjellige nukleotider. Innen populasjonsgenetikk studeres/analyseres en eller flere utvalgte regioner i en eller begge ovennevnte typene av DNA. Mikrosatellitter er korte repeterte enheter av DNA, vanligvis mellom to og fem basepar i lengde. De finnes overalt i genomet og har en meget høy mutasjonsrate (frekvensen av forandringer i arvestoffet). Enkelte arter kan ha mikrosatellitter med opp til 100 alleler. Mikrosatellitter er mye brukt i studier av populasjonsstruktur, men også for å studere slektskap mellom individer. I et "typisk" studie av fisk der en benytter mikrosatellitter, brukes i størrelsesorden 5–15 mikrosatellittgener. Metoden er vanligvis artsspesifikk.

De genetiske analysene av røya fra Arresjøen er basert på mikrosatelitt-DNA. For å få tilstrekkelig med DNA fra hvert gen ble mikrosatellittene amplifisert (lagd flere kopier) ved hjelp av PCR-metoden (Polymerase Chain Reaction) og videre analysert på en sekvenseringsmaskin. I dette studiet benyttet vi inntil syv genetiske markører som har vært isolert og karakterisert både for laks og røye (se blant andre O'Reilly m. fl. 1996; Rexroad m. fl. 2001; Presa & Guyomard 1996; Westgaard m. fl. 2004). Blant annet ble fem av disse markørene benyttet for å sammenligne to morfer av røye i Fjellfrosvatnet i Troms (Westgaard 2004). I dette studiet fra Arresjøen ble det i analysene for 96 av røyene benyttet syv mikrosatellitter/gener (Smm-17, Smm-22, Smm-24, Omm-1130, Omm-1041, Omm-1070 og MST-85), mens det hos 186 av røyene ble benyttet fire mikrosatellitter/gener (Smm-17, Smm-22, Smm-24 og Omm-1070). Eventuelle genetiske forskjeller ble testet mellom små og stor røye, samt også bare for kjønnsmoden fisk. Den statistiske bearbeidingen baseres på de fire eller sju genotypene, og på optellingene (frekvenser) av de ulike genvariantene.

I analyseresultatene oppgir vi noe vi kaller "genetisk forskjell" (%) mellom henholdsvis små og stor fisk, gitt ved  $F_{ST}$  (Wright 1969).  $F_{ST}$  er et kvantitativt mål på hvor stor andel av den totale genetiske variasjonen som kan forklares ved genetiske forskjeller mellom de to gruppene (små og stor røye), mens den øvrige variasjonen utgjøres av forskjellen mellom individene i bestanden. Den statistiske signifikansen til denne eventuelt genetiske forskjellen oppgis med en bestemt statistisk sannsynlighet (p-verdi). For at en forskjell skal være signifikant/betydelig (95 % signifikansnivå), må p være mindre enn 0.05.

**Tabell 3.1** Oversikt over antall røyer fanget i 1993 og 2002 som er benyttet i de genetiske analysene.

	< 15 cm	15-20 cm	> 20 cm	Totalt
1993	29	9	10	48
2002	121	27	86	234
<b>Totalt</b>	<b>150</b>	<b>36</b>	<b>96</b>	<b>282</b>



## 4 Resultater og diskusjon

### 4.1 Genetisk variasjon

I dette studiet har vi benyttet muskelprøver og fettfinner fra røya fanget i Arresjøen i 1993 og i 2002. Alle prøvene, også de fra 1993, var greie å analysere. Amplifiseringen av DNA var tilfredsstillende og tolkningen av genotypene forløp uten store problemer.

For alle satellittene var den genetiske variasjonen større hos de små sammenlignet med de store fiskene (**tabell 4.1**). For totalmaterialet var den observerte variasjonen 0.867 og 0.760 for henholdsvis små og stor fisk (**tabell 4.1**). Dette er forventet, siden det innenfor de små fiskene også finnes innslag av de som etter hvert vil vokse seg inn i den storvokste gruppen.

**Tabell 4.1** Sammenligning av genetisk variasjon innad i hver populasjonsgruppe i Arresjøen

Locus	Observert variasjon	
	Små røye	Stor røye
OMM1070	0.902	0.809
SMM17	0.934	0.830
SMM22	0.870	0.651
SMM24	0.761	0.751
Totalt	0.867	0.760

### 4.2 Genetisk differensiering (forskjell)

Totalt 96 røyer, derav 35 små og 46 store, ble testet med sju mikrosatellitter. Dette ga en genetisk forskjell på 12.2 % (**tabell 4.2**). Når de samme to gruppene ble testet med fire satellitter, fikk vi en genetisk forskjell tilsvarende 7.7 % (**tabell 4.2**). I begge tilfellene var forskjellen statistisk signifikant ( $p < 0.01$ ). At den genetiske forskjellen er størst ved bruk av 7 satellitter, var også forventet. Dette betyr at vi mister en del informasjon ved å begrense analysene til bare fire satellitter. Selv om forskjellene mellom små og stor fisk var statistisk signifikant både ved bruk av fire og syv mikrosatellitter, vil vi anbefale at en benytter alle syv satellittene ved eventuell framtidig analyse av flere røyebestander på Svalbard ( $p < 0.01$ ).

Når vi tester de samme to størrelsesgruppene, men kun inkluderer kjønnsmodne individer, blir de genetiske forskjellene enda større, dvs. henholdsvis 15.5 og 8.3 % (**tabell 4.2**). Dette indikerer at noen av de små og umodne fiskene egentlig tilhører den store morfen, samt at de små og kjønnsmodne fiskene med rimelig stor sikkerhet kan klassifiseres som tilhørende den småvokste morfen.

**Tabell 4.2** Andelen av den totale genetiske variasjonen som skyldes variasjon mellom populasjonene ( $F_{ST}$ ).

	7 mikrosatellitter	4 mikrosatellitter
Store mot små (48 prøver fra hver populasjon)	0.122** (n=96)	0.077** (n=96)
Store kjønnsmodne mot små kjønnsmodne	0.155** (n=43)	0.083** (n=47)
Store mot små (totalt 282 individer)	n.a	0.053** (n=244)

\*\*  $P < 0.01$

Når vi tester alle små fisk ( $n=xx$ ) mot alle store ( $n=xx$ ) for fire mikrosatellitter finner vi en forskjell på 5.3 %, men fortsatt er forskjellen statistisk signifikant ( $p < 0.01$ ). Sammenlignet med de øvrige testene, ville vi trolig funnet en forskjell på ca 10 % om alle syv mikrosatellittene hadde vært benyttet. Vi konkluderer med at det eksisterer en klar og høyst signifikant genetisk forskjell mellom små og stor røye i Arresjøen.

I Fjellfrosvatnet, en 7.5 km<sup>2</sup> stor innsjø i Troms, lever det to morfer av røye. Disse er kraftig segregert både i habitat og gyttetidspunkt. Dvergformen lever i dypområdene i innsjøen (30-40 m) og gyter i februar-mars.

Den litorale formen lever i de grunne områdene langs land og gyter i september-oktober. Ved bruk av seks mikrosatellitter ble det funnet en genetisk forskjell på 3.6 % mellom kjønnsmodne individer av de to morfene (Westgaard m. fl. 2004). Den vesentlig høyere genetiske forskjellen vi finner mellom kjønnsmodne individer fra de to morfene i Arresjøen (0.35 km<sup>2</sup>) er derfor svært overraskende. I Arresjøen gyter både små og stor fisk på senhøsten, men det er fortsatt uvisst om de gyter i ulike områder i den lille innsjøen.

Splittingen av de to morfene i Fjellfrosvatnet har trolig skjedd sympatrisk, og skjedd etter siste istid, dvs. i løpet av 5-8 000 år. Dette er rimelig kort tid i evolusjonær tid. Når det gjelder de nordvestre delene av Spitsbergen, vet vi at deler av for eksempel Danskøya har vært isfri i mer enn 65 000 år. Selv om det er usikkert når røya vandret inn i Arresjøen, kan vi ikke se bort fra at det har vært røye i Arresjøen vesentlig lengre enn i innsjøer på fastlandet, og at dette er en av årsakene til at de to morfene i Arresjøen nå er blitt genetisk forskjellige.

### 4.3 Forvaltningsmessig betydning

En genetisk forskjell mellom små og stor røye, slik som vi har vist for røymorfene i Arresjøen, har store konsekvenser for forvaltningen av røyebestandene på Svalbard. En skjev beskatning mot de mest attraktive og største individene (kannibal- og/eller sjørøye) vil ikke bare føre til at mengden stor fisk reduseres for en kortere periode, men også kunne starte en irreversibel prosess der en genetisk del av bestanden utarmes, og at innsjøene etter hvert blir dominert av små og saktevoksende individer.

Inneværende år (2008) ble det fremmet nye forskrifter for fiske etter røye på Svalbard. Direktoratet for naturforvaltning har gitt klare signaler om at den framtidige forvaltningen av Svalbardrøya skal være kunnskapsbasert og at beskatningen skal være bestandsretta. I forskriftens formålsparagraf henvises det til at Svalbardrøyas produktivitet, mangfold og leveområder skal bevares, og at det kun innenfor denne rammen kan finne sted en kontrollert og begrenset beskatning. Intensjonen er neppe at bestandene skal fredes for enhver pris, men at forvaltningen blir nødt til å innhente tilstrekkelig kunnskap for å legge til rette for en naturlig høsting av Svalbardrøya. Et fiske er først og fremst forbeholdt lokalbefolkningen, men også til en viss for tilreisende turister. Med dette som utgangspunkt, samt i henhold til resultatene våre fra Arresjøen, vil det være svært viktig å undersøke flere innsjøsystemer på Svalbard. Dette gjelder spesielt innsjøer som ønskes åpnet for fiske i de kommende årene, samt innsjøer som ut fra sin geografiske beliggenhet (og istidshistorie) representerer et spesielt viktig livshistoriemangfold.

## 7 Referanser

- Boulton, G.S. 1979. Glacial history of the Spitsbergen archipelago and the problem of the Barents Shelf ice sheet. *Boreas* 8: 31-57.
- Madsen, KE & Haugen, M. 2003. Røye (*Salvelinus alpinus*) i Arresjøen på Svalbard; populasjonsdynamikk, ressursbruk og kannibalisme. Hovedoppgave, UMB, 5 s.
- O'Reilly, P. T., Hamilton, L. C., McConnell, S. K. & Wright, J. M. (1996). Rapid analysis of genetic variation in Atlantic salmon (*Salmo salar*) by PCR multiplexing of dinucleotide and tetranucleotide microsatellites. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 53, 2292–2298.
- Presa, P. & Guyomard, R. (1996). Conservation of microsatellites in three species of salmonids. *Journal of Fish Biology* 49, 1326–1329.
- Rexroad III, C. E., Coleman, R. L., Martin, A. M., Hershberger, W. K. & Killefer, J. (2001). Thirty-five polymorphic microsatellite markers for rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*). *Animal Genetics* 32, 317–319.
- Salvigsen, O. 1977. Radiocarbon datings and the extension of the Weichselian ice-sheet in Svalbard. *Norsk Polarinstituts Årbok 1976*, 209-224 (In Norwegian).
- Svenning, M-A. 1993. Life history variations and polymorphism in Arctic charr, *Salvelinus alpinus* (L.), on Svalbard and in Northern Norway. Dr.scient.thesis, University of Tromsø, 122 p.
- Svenning, M-A. & Borgstrøm, R. 2005 Cannibalism in Arctic charr: Do all individuals have the same propensity to be cannibals? *Journal of Fish Biology* 66: 957-965
- Wright S. 1978: Evolution and genetics of populations. Vol. 4. Variability within and among natural populations. Chicago, University of Chicago Press.