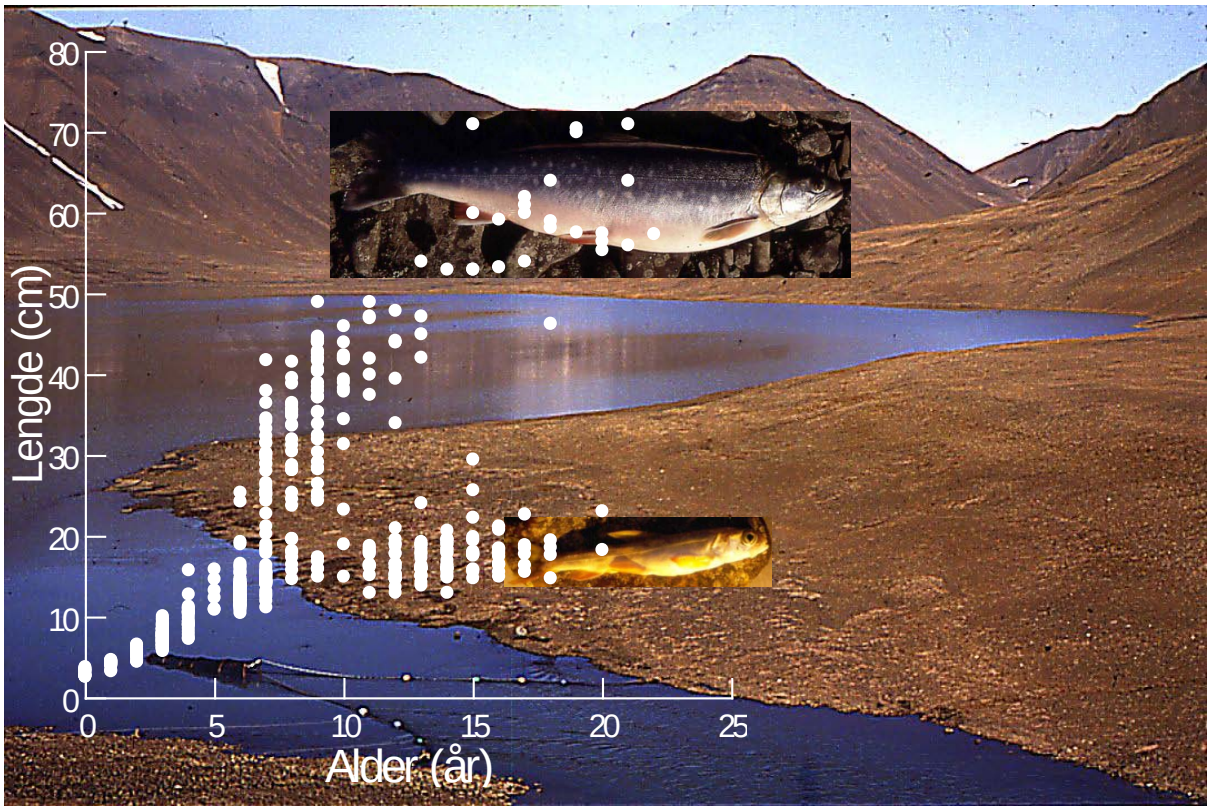
NINA Norsk institutt for naturforskning

Kannibal- og sjørøyebestander på Svalbard;
genetiske røyemorfer med spesielle forvaltningskrav?

Martin-A. Svenning



SVALBARDS MILJØVERNFOND

NINA Minirapport 297

NINA Minirapport er en enklere tilbakemelding til oppdragsgiver enn det som dekkes av NINAs øvrige publikasjonsserier. Minirapporter kan være notater, foreløpige meldinger og del- eller sluttresultater. Minirapportene registreres i NINAs publikasjons-database, med internt serienummer.

NINA Norsk institutt for naturforskning

Svenning, M-A. 2010. Kannibal- og sjørøyebestander på Svalbard; unike genetiske røyemorfer med spesielle forvaltningskrav?

NINA minirapport nr 297. 14 s

Email: martin.svenning@nina.no
Tlf.: +47 77 75 04 12

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

Polarmiljøsenteret
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”). I de åpne systemene (der røya kan vandre mellom innsjøen og havet) finner en som oftest begge morfene. Det kan også forekomme flere oppsplittinger innad hos for eksempel den stasjonære fraksjonen, slik at det potensielt sett kan oppstå tre elle flere former innenfor et vassdrag. Eksempler på dette er også godt dokumentert i innsjøer på Island. I mange avstengte innsjøer (uten kontakt til sjøen/saltvann) på Svalbard forekommer ofte minst to økologisk segregerte røyebestander. I noen av disse, som for eksempel i en bestand på Danskøya, er de genetisk differensierte.

Forekomsten av eventuelle genetiske differensierte bestander, spesielt innen samme innsjøsystem, vil ha store konsekvenser for forvaltningen av røyebestandene på Svalbard. En skjev beskatning, der de mest attraktive og største individene (kannibal- og/eller sjørøye) beskattes høyest, vil ikke bare føre til at mengden stor fisk reduseres for en kortere periode, men kan også starte en irreversibel prosess der en genetisk del av bestanden utarmes, og innsjøene etter hvert blir dominert av små og saktevoksende individer.

Formålet med dette prosjektet var å påvise eventuelt slektskap mellom røye fra seks ulike vassdrag langs vestkysten av Svalbard, samt påvise eventuell genetisk differensiering innad i bestandene. Vi har analysert røyemateriale fra to bestander på Nordaustlandet og fire bestander på Spitsbergen.

De genetiske analysene er gjennomført ved Universitetet i Turku, Finland.

Vi takker Svalbards Miljøvernfond for tildelingen.

NINA-Tromsø, 31. august 2010

Martin-A. Svenning

(prosjektleder)

Sammendrag

Resultater
Tolkingen av de genetiske resultatene viser at røyebestandene i Annavatn, Diesetvatn og Vårfluesjøen kan grupperes i tre forskjellige genetiske clustre (slektslinjer). Vårfluesjøen har minst to genetisk ulike røyebestander (clustre), der begge lever som anadrome (sjørøye). Alle fiskene fra Diesetvatnet, og nesten alle fra Annavatn (93 %), tilhører et tredje cluster. Bestanden i Arresjøen tilhører to egne clustre, dvs. at ingen av fiskene fra Annavatn, Diesetvatn og Vårfluesjøen kunne grupperes under disse to clustrene.

Det ble påvist større genetisk forskjell mellom populasjoner fra ulike vassdrag enn mellom subpopulasjoner innen vassdragene. Spesielt røya i Arresjøen (begge morfene) var svært forskjellige fra begge clustrene i Vårfluesjøen (25-30 %) og også relativt forskjellige fra clustret i Dieset-/Annavatnet (12-20 %). Også Dieset-/Annavatnrøya skilte seg relativt kraftig fra de to typene i Vårfluesjøen (10-13 %). At noen få voksne røyer i Annavatn tilhørte ”Dieset-clusteret” antyder at Annavatnet enkelte år har avrenning mot havet, og dermed muligheter for oppvandring fra sjøen.

I Vårfluesjøen ble nærmere 99 % av fiskene gruppert i to clustre. Den genetiske forskjellen mellom de to clustrene (cluster 1 og cluster 2) var i underklant av 5 %. Selv om den genetiske forskjellen mellom kannibalrøyene og smårøyene er vesentlig større i Arresjøen, er det rimelig sannsynlig at det også i Vårfluesjøen finnes minst to atskilte røyebestander. De to clustrene forekom hyppig hos oppvandrende sjørøye (fisk fanget på oppvandring i utløpselva til Vårfluesjøen). Også røye yngre enn 5-6 år, som ennå ikke var blitt anadrome, forekom hyppig i begge clustrene. I de aller yngste årsklassene (< 3 år) var det sommerstid en sterk overvekt av ”cluster-2-fisk” i innsjøen (65 %), mens ”cluster-1-fisk” dominerte i utløpselva (75 %). Det er usikkert om det tredje clustret i Vårfluesjøen representerer den stasjonære røyefraksjonen (dvergrøye).

Resultatene fra denne undersøkelsen (der 11 mikrosatellitter ble brukt), forsterker konklusjonen fra den tidligere undersøkelsen (Svenning 2008, der 7 mikrosatellitter ble benyttet) om at Arresjøen har to klart genetisk atskilte røyebestander.

Miljøgevinst
I Vårfluesjøen fant vi to genetisk differensierte røyebestander, der begge er anadrome. Begge bestandene er livskraftige og var representert i alle alders- og størrelsesgrupper av røye. I Arresjøen ble de tidligere antakelsene bekreftet, og de to bestandene er innbyrdes mer genetisk forskjellige enn de to bestandene i Vårfluesjøen. Den store genetiske forskjellen mellom røyeformene i Arresjøen, samt at begge clustrene er forskjellige fra clustrene i de andre tre undersøkte innsjøene, indikerer at Svalbardrøya representerer et svært verdifullt genetisk livshistoriemangfold, og at røya i Arresjøen har en svært gammel opprinnelse.

Forslag til tiltak
Den storvokste kannibalbestanden i Arrresjøen på Danskøya må fortsatt beskattes svært forsiktig. Videre bør det foretas økologiske og genetiske undersøkelser av røyebestanden i Lillevatnet, den høyest liggende innsjøen med røye på Danskøya. Det vil kunne bekrefte om bestandene på Danskøya etablerte seg i enkelte innsjøer på øya for mer enn 65 000 år siden, og dermed representerer spesielt unike genetiske bestander. Det bør også samles inn nye genetiske prøver fra røyebestander på Nordaustlandet, samt på Barentsøya.

Hva er viktig for miljøforvaltningen?
Svalbardrøya har trolig en unik forhistorie, samt viser stor genetisk variasjon både mellom og innen bestander, og representerer derfor et svært verdifullt genetisk livshistoriemangfold. Dette stiller store krav til forvaltningen av Svalbardrøya, og både økologi, klima og genetikk må tas større hensyn til i den fremtidige forvaltningen på øygruppen.

Oppfølging
Det bør gjøres enkle økologiske undersøkelser i vassdrag i geografisk atskilte områder på Svalbard, inklusive Nordaustlandet og Barentsøya. Undersøkelsene bør suppleres med genetiske undersøkelser som kan påvise eventuelt slektskap mellom bestandene, så vel innen som mellom vassdragene.

Innholdsfortegnelse

Forord …… 3

Sammendrag…… 4

1. Bakgrunn ……..... 6

2. Vassdragsbeskrivelse …..…… 7

3. Metoder og materiale …… 8

4. Resultater og diskusjon…… 10
4.1 Clustre/slekstlinjer … ……..…. 11
4.2 Genetisk differensiering ……..……..... 11
4.3 Oppsummering ……..…… 13

5. Referanser …….. 14

1 Bakgrunn

Røye, *Salvelinus alpinus,* er verdens nordligste ferskvannsfisk og finnes rundt hele polhavet. Røya blir likevel mer og mer vanlig jo lenger nord en kommer, og er den eneste ferskvannsfisk som lever og reproduserer i vassdrag på Svalbard. Den finnes på Svalbard i to hovedformer; som ferskvannsstasjonær innlandsrøye (”stasjonærrøye”) eller som anadrom røye (”sjørøye”). På Svalbard finnes det trolig om lag 150 innsjøer med stasjonær røye, mens betydelige bestander av sjørøye bare finnes i et par 10-talls innsjøsystemer på øyriket. I de innsjøene som har elv ut til havet om sommeren, og er uten oppvandringshindre, finnes det både sjørøye (dvs. de røyene som vandrer ut i havet) og stasjonærrøye (de individene som ikke vandrer 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 sjørøye, dvs. ”velger” å foreta en næringsvandring ut i havet om sommeren eller 2) blir kannibaler, dvs. begynner å spise på sine egne artsfrender.

Arresjøen på Danskøya (NV-Spitsbergen) representerer 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 (Svenning & Borgstrøm 1995). Kannibalisme er trolig den viktigste populasjonsstrukturerende mekanismen i Arresjøbestanden, så vel som i mange andre bestander med stasjonærrøye på Svalbard. I en tidligere undersøkelse, finansiert av Svalbards Miljøvernfond, fant vi oppsiktsvekkende store genetiske forskjeller mellom stor (kannibaler) og små røye i Arresjøen (Svenning 2008). Dette betyr at de store økologiske forskjellene mellom kannibaler og byttefisk i Arresjøen også har en klar genetisk komponent. Kunnskap 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 kan også starte en irreversibel prosess der en genetisk fraksjon av bestanden utarmes, og innsjøene vil kunne bli dominert av små og saktevoksende individer.

I 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. Først og fremst av lokalbefolkningen, men også til en viss grad av tilreisende turister. Med dette som utgangspunkt, samt med bakgrunn i resultatene fra Arresjøen (Svenning 2008), ga Svalbards Miljøvernfond økonomisk støtte for å videreføre genetiske undersøkelser i flere ulike innsjøer på Svalbard. Det ble valgt ut seks innsjøer som ut fra sin geografiske beliggenhet og istidshistorie var antatt å representere et spesielt viktig livshistoriemangfold. Det var på forhånd antatt at tre av vassdragene hadde anadrom fisk.

Hovedmålet med prosjektet var å påvise genetisk slektskap/differensiering hos røyebestander, både mellom og innad i de seks innsjøene.

2 Vassdragsbeskrivelse

Fire av innsjøene (Diesetvatnet, Arresjøen, Annavatnet og Vårfluesjøen) ligger på Spitsbergen, mens to av innsjøene (Svenningpytten og Arkvatnet) ligger på Nordaustlandet (**figur** 1).

Arresjøen ligger 15 m over havnivå på vestsiden av Danskøya. Arealet er ca 0.4 km² og maksimal dybde er 32. Nedbørfeltet er ca 3 km², og det er ingen isbreer i området. Arresjøen ligger i et område av Svalbard der deler av kystsonen kan ha vært isfri de siste 65 000 år (Boulton 1979, Landvik et al. 2003). 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. Det ble foretatt genetiske undersøkelser av røyebestanden i Arresjøen i 2008 (Svenning 2008), men den er tatt med her for å påvise eventuell slektskap med røye innfanget i de fem øvrige vassdragene. Røyematerialet benyttet i denne undersøkelsen ble innsamlet i 1993 og 2002 (Madsen & Haugen 2003).

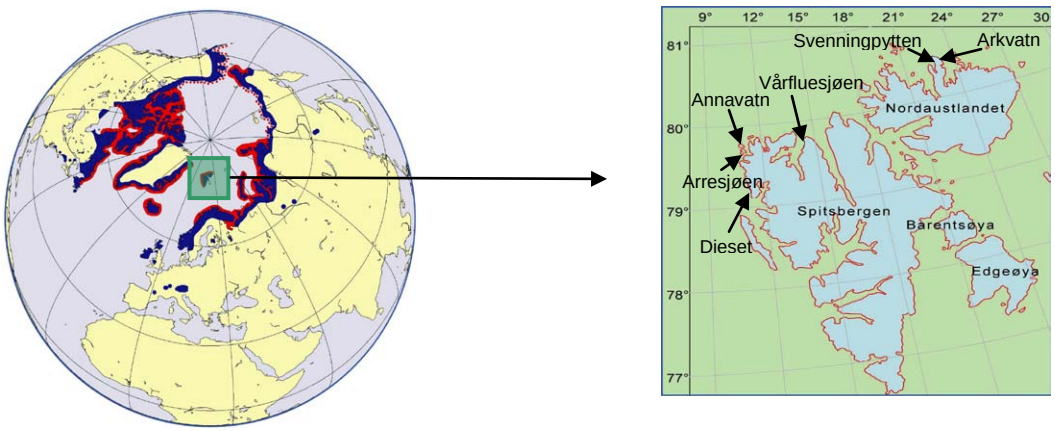
Vårfluesjøen ligger i Woodfjorden. Den om lag en km lange utløpselva er åpen hvert år, og innsjøen har en stor og livskraftig bestand av anadrom røye. En mindre del av bestanden lever som stasjonær, og de to røyeformene er sterkt økologisk segregerte (Svenning 2001). Sjørøya har høyere vekstrate de første leveårene, 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 av røye på Svalbard. Røyematerialet fra Vårfluesjøen ble innsamlet i 2005 (Skogstad & Skogstad 2006).

Annavatnet ligger på Amsterdamøya. Innsjøen er relativt liten (0.5 km^2), med maksdyp over 35 m. En stor voll danner en barriere mot havet, og vassdraget innehar trolig kun stasjonær fisk. I enkelte år dannes det en elv mellom innsjøen og havet som muliggjør vandring av anadrom fisk (pers. medd. Ian Gjertz). Røyematerialet ble samlet inn høsten 2008.

Diesetvassdraget ligger på Mitrahalvøya og består av to innsjøer, Søre og Nordre Diesetvatn. Fra Søre Diesetvatn (heretter kalt Diesetvatnet) renner en om lag tre km lang elv ut i havet, og vassdraget har både anadrom og stasjonær fisk (Svenning & Gullestad 2002). Det genetiske materialet ble samlet inn i 2006 og 2007.

Arkvatnet ligger på nordspissen av Nordaustlandet og har en av verdens nordligste bestander med anadrom røye. I motsetning til røya i Vårfluesjøen, lever røya i Arkvatnet i et vesentlig mer variabelt og uforutsigbart miljø. Her er blant annet utløpselva (”sjøveien”) ikke åpen hvert år, og ”sjørøyene” kan følgelig heller ikke vandre ut i havet hvert år. Bestanden viser 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 (Svenning 2001).

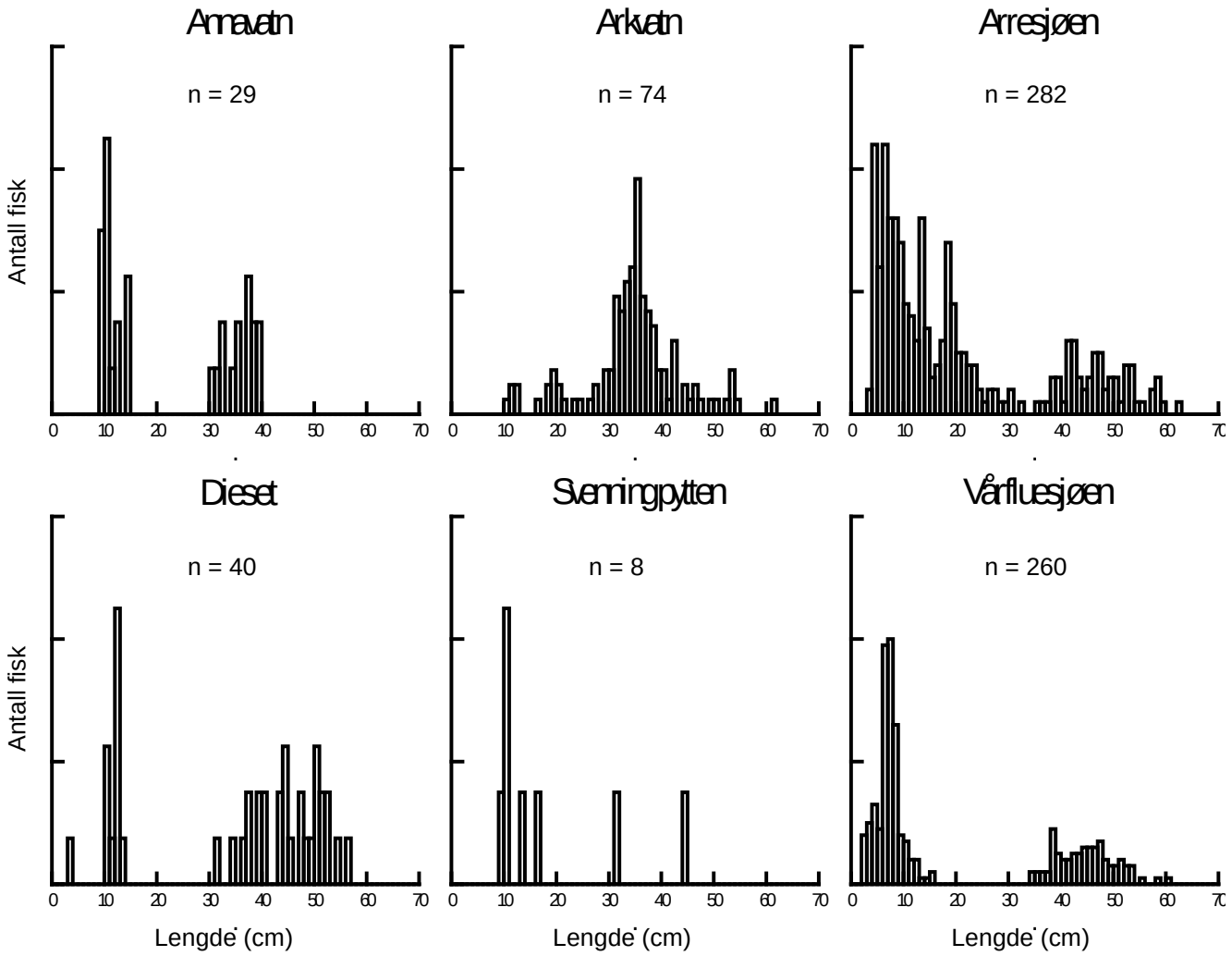
Svenningpytten har avrenning til Arkvatnet, men røye kan ikke vandre opp fra Arkvatnet. Røya i de to systemene har trolig vært atskilt i 5-6000 år. Røyematerialet fra disse to innsjøene ble innsamlet i 1992.



Figur 1 Oversiktskart over Svalbard med lokalisering av de seks vassdragene hvor det ble samlet inn genetiske prøver.

3 Metoder og materiale

Røyematerialet ble samlet inn i perioden 1992 til 2008, ved hjelp av garn og elektrisk fiskeapparat (**figur** 2**)**. All fisk ble lengdemålt og veid, samt at kjønn, modningsgrad, kjøttfarge og bendelmakkinfeksjon ble bestemt. Alle mager ble tatt ut, samt at fettfinner og/eller muskelprøver ble tatt ut for genetiske undersøkelser. Otolitter ble tatt ut til aldersbestemmelse. Totalt ble det foretatt genetiske analyser (mikrosatellitter) av 693 fisk (**tabell** 1). Prøvene samlet inn i Arkvatn (n=74) og Svenningpytten (n=8) lot seg dessverre ikke analysere, trolig på grunn av uttørring. De øvrige 611 prøvene kunne tolkes genetisk (**tabell** 1) og grupperes i fem ulike clustre/slektslinjer.



Figur 2. Lengdefordeling av røye som inngikk i de genetiske undersøkelsene. Prøvene fra Arkvatn og Svenningpytten var vanskelig å tolke og er derfor utelatt i de genetiske resultatene.

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

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 11 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, Kekäläinen et al. 2009). Følgende mikrosatellitter ble brukt; CA01, CA13, CA46, CB68, Omm1011, Omm1108, Omm1130, OtsG235b, SSOSL456, Sfo233 og Smm22. Alle mikrosatellittene viste genetisk variasjon.

I de fire innsjøene (se **tabell** 1) fant vi fem ulike slekstslinjer eller "clustre". Alle de undersøkte individene ble så gruppert innenfor en av disse clustrene. På bakgrunn av tolkingen av resultatene har vi gruppert sannsynligheten for at et individ tilhører en cluster som enten "svært sannsynlig" (> 80 % sannsynlighet) eller "relativt sannsynlig" (50-80 % sannsynlighet).

I analyseresultatene oppgis noe som kalles "genetisk forskjell" (%) mellom ulike grupper av røye, 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 grupper av fisk, mens den øvrige variasjonen utgjøres av forskjellen mellom individene i bestanden.

***Tabell 1**: Antall røyeprøver som ble innsamlet i ulike år, og som lot seg analysere genetisk, dvs. ga tolkbare genetiske data*

Innsjøer (rader) mot innsamlingsår (kolonner)	1 993	2 002	2 005	2 006	2 007	2 008	Total
Annavatn	0	0	0	0	0	29	29
Arresjøen	48	234	0	0	0	0	282
Diesetvatnet	0	0	0	39	1	0	40
Vårfluesjøen	0	0	260	0	0	0	260
Total	**48**	**234**	**260**	**39**	**1**	**29**	**611**

4 Resultater og diskusjon

4.1 Clustre/slektslinjer

Tolkingen av de genetiske prøvene viste at røyene fra de tre innsjøene (Annvatn, Diesetvatn og Vårfluesjøen) kunne grupperes i tre ulike clustre, mens Arresjøbestanden tilhørte to helt andre clustre (**tabell** 2). Alle fiskene (n=611) kunne grupperes med mer enn 50 % sannsynlighet og de aller fleste (83.3 %) med mer enn 80 % sannsynlighet. Røyene som var fanget i Vårfluesjøen fordelte seg i hovedsak på cluster 1 (ca 42 %) og cluster 2 (ca 56 %). Alle røyene fra Diesetvatnet, samt de fleste røyene fra Annavatn (93.1 %), tilhørte cluster 3, mens mindre enn i overkant av 2 % av Vårfluesjørøyene tilhørte dette clusteret. Små og stor røye i Arresjøen ble gruppert under henholdsvis cluster 4 og 5, og ingen av fiskene fra Vårfluesjøen, Annavatn eller Diesetvatn ble gruppert under disse to clustrene.

Tabell 2*. Fiskenes tilhørighet til ulike clustre/slekstlinjer i Annavatn, Arresjøen, Diesetvatn og Vårfluesjøe, basert på henholdsvis mer enn 50 % (øverst) eller mer enn 80 % (nederst) sannsynlighet for at fiskene er plassert i korrekt cluster*

Innsjøer (rader) mot clustre (kolonner); mer enn 50 % sannsynlighet for korrekt plassering

	1,000	2,000	3,000	4,000	5,000	Total
Annavatn	0	2	27	0	0	29
Arresjøen	0	0	0	186	96	282
Dieset	0	0	40	0	0	40
Vårfluesjøen	110	143	7	0	0	260
Total	**110**	**145**	**74**	**186**	**96**	**611**

Innsjøer (rader) mot clustre (kolonner); mer enn 80 % sannsynlighet for korrekt plassering

	1,000	2,000	3,000	4,000	5,000	Total
Annavatn	0	2	27	0	0	29
Arresjøen	0	0	0	150	96	246
Dieset	0	0	39	0	0	39
Vårfluesjøen	82	111	2	0	0	195
Total	**82**	**113**	**68**	**150**	**96**	**509**

4.2 Genetisk differensiering

Det ble påvist større genetisk forskjell mellom populasjoner fra ulike vassdrag enn mellom subpopulasjoner innen vassdragene (**tabell** 3). Spesielt røya i Arresjøen (begge morfene) var svært forskjellige fra begge clustrene i Vårfluesjøen (25-30 %) og også relativt forskjellige fra clusteret i Dieset-/Annavatnet (12-20 %). Også Dieset-/Annavatnrøya skilte seg relativt kraftig fra de to typene i Vårfluesjøen (10-13 %).

I Vårfluesjøen ble det påvist tre clustre, der om lag 98 % av fiskene (med mer enn 80 % sannsynlighet) ble gruppert på to av clustrene. Den genetiske forskjellen mellom de to clustrene (cluster 1 og cluster 2) var i underklant av 5 % (**tabell** 3). Selv om den genetiske forskjellen er vesentlig større mellom bestandene i Arresjøen (**tabell** 3), er det rimelig sannsynlig at det også i Vårfluesjøen finnes minst to atskilte populasjoner. De to clustrene i Vårfluesjøen inneholdt fisk av alle aldre og størrelser (**figur** 3), samt at begge var hyppig forekommende hos oppvandrende sjørøye (fisk fanget på oppvandring i utløpselva til Vårfluesjøen). Resultatene tyder derfor på at det finnes minst to røyebestander i Vårfluesjøen, der begge lever som sjørøye. Også ungfisk av røye, dvs. fisk yngre enn 5-6 år og som ennå ikke var blitt anadrome, var hyppig forekommende i begge clustrene.

Hos anadrom røye i Vårfluesjøen fant vi ingen sammenheng mellom clustre og parametre som fiskestørrelse, alder, vekst, kjønn, modning, oppvandringstidspunkt osv. Hos ungfisk fanga med elektrisk fiskeapparat fant vi imidlertid en sterk overvekt av ”cluster-2-fisk” i innsjøen (65 %), mens ”cluster-1-fisk” dominerte (75 %) blant fisk fanget i utløpselva (**tabell** 4).

Ved kun å inkludere kjønnsmodne fisk, økte den genetiske forskjellen mellom de to bestandene i Arresjøen fra 11 til i overkant av 15 %. Dette indikerer at noen av de små og umodne fiskene tilhører den store morfen, samt at de små og kjønnsmodne fiskene med svært stor sikkerhet tilhører den småvokste morfen. Det synes derfor åpenbart at det finnes to genetisk atskilte røyetyper i Arresjøen. Resultatene fra denne undersøkelsen, der 11 mikrosatellitter ble brukt, forsterker konklusjonene fra den tidligere undersøkelsen der 7 mikrosatellitter ble benyttet (Svenning 2008).

***Tabell 3**. Andel av den totale variasjonen (F_{ST}) som kan forklares ved genetiske forskjeller mellom mellom clustrene/populasjonene*

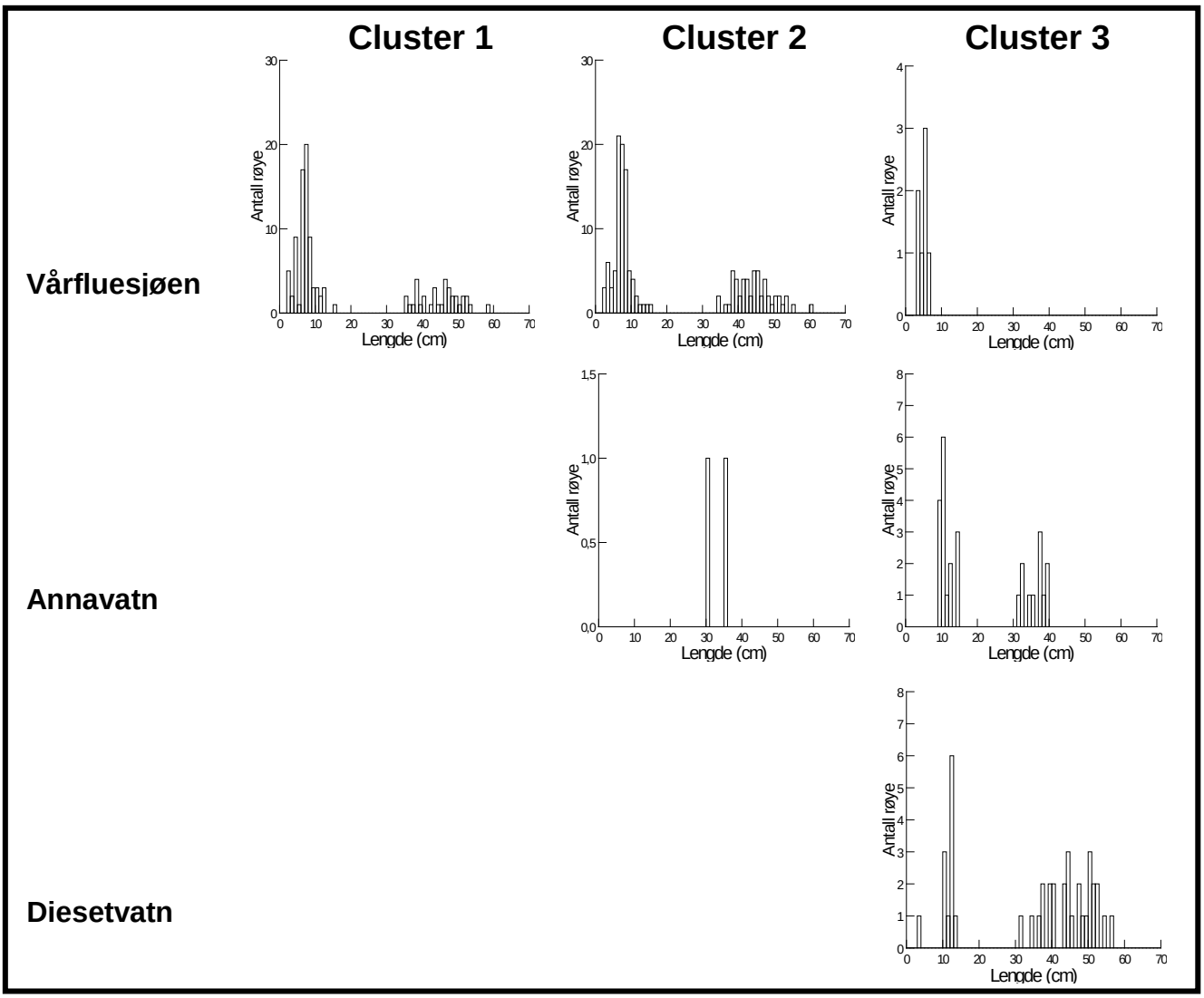
	Cl. 1	**Cl. 2**	**Cl. 3**	**Cl. 4**	**Cl. 5**
Cluster 1 (”Vårfluesjøen a”)					
Cluster 2 (”Vårfluesjøen b”)	0.048				
Cluster 3 (”Diesetvatnet/Annavatnet”)	0.104	0.134			
Cluster 4 (Arresjøen, små fisk)	0.250	0.249	0.123		
Cluster 5 (Arresjøen, stor fisk)	0.302	0.291	0.202	0.110	

***Tabell 4**. Antall røye fanget i Vårfluesjøen ved elektrofiske i utløpselva og langs land i innsjøen, klassifisert som fisk tilhørende cluster 1 eller cluster 2.*

Habitat (rader) mot cluster (kolonner))			
	Cluster 1	**Cluster 2**	**Total**
Elv	42	78	120
Vann	33	11	44
Total	**75**	**89**	**164**

I Diesetvatnet er andelen stasjonære fisk relativt høy (Svenning & Gullestad 2002). Både stasjonære fisk med høy infeksjon av parasitter og dårlig vekst, samt hurtigvoksende sjørøye av god kvalitet, ble klassifisert under cluster 3 (**figur** 3). Resultatene fra denne undersøkelsen indikerer derfor at splittingen i stasjonær og anadrom røye i Diesetvassdraget trolig er miljøbetinget og har en svært liten genetisk komponent.

Også i Annavatn ble de fleste fiskene (93.1 %) gruppert under cluster 3 (**figur** 3). To fisk ble gruppert under cluster 2 (Vårfluesjøen-cluster). Under feltarbeidet i 2008 var det en stor voll mellom innsjøen og havet, men i følge Sysselmannsetaten kan røye i enkelte år vandre mellom innsjøen og havet (pers. medd. Ian Gjertz). Det kan derfor ikke utelukkes at de to fiskene gruppert under cluster 2, og som begge var over 30 cm, har sin opprinnelse fra Vårfluesjøen eller et annet sjørøyevassdrag på nordvestsiden av Spitsbergen.



Figur 3. Lengdefordeling av røyene som ble klassifisert innen cluster 1, 2 og 3 (se tabell 2) i Vårfluesjøen, Annavatn og Diesetvatn.

4.3 Oppsummering

Tolkingen av de genetiske resultatene viser at røyebestandene i Annavatn, Diesetvatn og Vårfluesjøen kan grupperes i tre ulike clustre, mens bestandene i Arresjøen tilhører to helt andre clustre. Røyene som var fanget i Vårfluesjøen fordelte seg i hovedsak på cluster 1 (ca 42 %) og cluster 2 (ca 56 %). Alle røyene fra Diesetvatnet, samt de fleste røyene fra Annavatn (93.1 %), tilhørte cluster 3, mens om lag 2 % av Vårfluesjørøyene tilhørte dette clustret. Alle røyene i Arresjøen ble gruppert under enten cluster 4 eller cluster 5, og ingen av fiskene fra Vårfluesjøen, Annavatn eller Diesetvatn ble gruppert under disse to clustrene.

Det ble påvist større genetisk forskjell mellom populasjoner fra ulike vassdrag enn mellom subpopulasjoner innen vassdragene. Spesielt røya i Arresjøen (begge morfene) var svært forskjellige fra begge clustrene i Vårfluesjøen (25-30 %) og også relativt forskjellige fra clustret i Dieset-/Annavatnet (12-20 %). Også Dieset-/Annavatnrøya skilte seg relativt kraftig fra de to typene i Vårfluesjøen (10-13 %). At noen få voksne røyer i Annavatn tilhørte ”Dieset-clusteret” antyder at Annavatnet enkelte år har avrenning mot havet, og dermed muligheter for oppvandring fra sjøen.

I Vårfluesjøen ble nærmere 98 % av fiskene gruppert på to clustre. Den genetiske forskjellen mellom de to clustrene (cluster 1 og cluster 2) var i underklant av 5 %. Selv om den genetiske forskjellen mellom kannibalrøyene og smårøyene er vesentlig større i Arresjøen, er det rimelig sannsynlig at det også i Vårfluesjøen finnes minst to atskilte røyebestander. De to clustrene var hyppig forekommende hos oppvandrende sjørøye (fisk fanget på oppvandring i utløpselva til Vårfluesjøen). Også ungfisk av røye, dvs. fisk yngre enn 5-6 år og som ennå ikke var blitt anadrome, var hyppig forekommende i begge clustrene. Hos anadrom røye i Vårfluesjøen fant vi ingen sammenheng mellom clustre og parametre som fiskestørrelse, alder, vekst, kjønn, modning, oppvandringstidspunkt osv. Hos ungfisk (< 4 år) fanga sommerstid var det en sterk overvekt av ”cluster-2-fisk” i innsjøen (65 %), mens ”cluster-1-fisk” dominerte blant fisk fanget i utløpselva (75 %).

Resultatene fra denne undersøkelsen forsterker konklusjonen fra en tidligere undersøkelse om at Arresjøen har to klart atskilte genetiske bestander. Den store genetiske forskjellen mellom røyeformene i Arresjøen, samt mellom Arresjørøya og de andre bestandene i undersøkelsen, tyder på at røya i Arresjøen har en eldre opprinnelse enn de andre røyebestandene på Svalbard.

Svalbardrøya har trolig en unik forhistorie, og representerer derfor et svært verdifullt genetisk livshistoriemangfold. Dette stiller spesielle krav til forvaltningen av Svalbardrøya og både økologi, klima og genetikk må tas større hensyn til i den fremtidige forvaltningen på Svalbard. Den storvokste kannibalbestanden i Arresjøen på Danskøya må fortsatt beskattes svært forsiktig. Videre bør det foretas økologiske og genetiske undersøkelser av røyebestanden i Lillevatnet, den høyest liggende innsjøen med røye på Danskøya. Det vil kunne bekrefte om noen av bestandene på Danskøya etablerte seg for mer enn 65 000 år siden, og dermed representerer unike genetiske bestander. Det bør videre gjennomføres enkle økologiske undersøkelser i vassdrag i geografisk atskilte områder på Svalbard, inklusive Nordaustlandet og Barentsøya. Undersøkelsene bør suppleres med genetiske undersøkelser som kan påvise eventuelt slektskap mellom bestander så vel innen som mellom vassdrag på øygruppen.

5 Referanser

Boulton, G.S. 1979. Glacial history of the Spitsbergen archipelago and the problem of the Barents Shelf ice sheet. Boreas 8: 31-57.

Kekäläinen, J., Vallunen, J.A., Primmer, C.R., Rättyä, J. & Taskinen, J. 2009. Signals of major histocompatibility complex overdominance in a wild salmonid population. *Proc. R. Soc. B* 2009 **276**, 3133-3140

Landvik, J.Y., Brook, E.J., Gualtieri, L., Raisbeck, G., Salvigsen, O. & Yiou, F. 2003. Nortwest Svalbard during the last glaciations: Ice-free areas existed. Geology, vol. 31, 10: 905-908

Madsen, KE & Haugen, M. 2003. Røye (Salvelinus alpinus) i Arresjøen på Svalbard; populasjonsdynamikk, ressursbruk og kannibalisme. Hovedoppgave, UMB, 48 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.

Skogstad, O.C. & Skogstad, Ø. 2006. Dynamikk og ressursbruk hos anadrom og resident røye (*Salvelinus alpinus*) i Vårfluesjøen på Svalbard etter flere års fredning av bestanden. Hovedoppgave, UMB, 48 s.

Svenning, M-A. 2001. Røyeotolitten (øresteinen) som ferdskriver hos Svalbardrøye. Ottar, no 5: 25-31.

Svenning, M-A. 2008. Kannibalrøya i Arresjøen, Svalbard. Rapport til Svalbards miljøvernfond. NINA Minirapport 242, 10 s.

Svenning, M-A. & Borgstrøm, R. 1995. Population structure in Landlocked Spitsbergen Arctic Charr. Sustained by cannibalism? Nordic Journal of Freshwater Research 71: 424-431.

Svenning, M-A. & Gullestad, N. 2002. Adaptations to stochastic environmental variations: the effects of seasonal temperatures on the migratory window of Svalbard Arctic charr. - Environmental biology of fishes 64, 165-174.

Westgaard, J.I., Klemetsen, A., & Knudsen, R. 2004. Genetic differences between two syympatric morphs of Arctic charr confoirmed by microsatellite DNA. Journal of Fish Bioology. 65: 1185-1191.

Wright, S. 1969. The Theory of Gene Frequencies. Evolution and the Genetics of Populations, vol. 2. Chicago University Press, Chicago, 511 pp.