

## Opphavet til elvemuslingbestanden i Redalselva

Sten Karlsson

Trondheim, 13.12.17

UPUBLISERT

TILGJENGELIGHET  
Åpen

PROSJEKTLEDER  
Sten Karlsson

ANSVARLIG FORSKNINGSSJEF  
Kjetil Hindar

OPPDRAGSGIVER(E)/BIDRAGSYTER(E)  
Fylkesmannen i Sogn og Fjordene

OPPDRAGSGIVERS REFERANSE  
2017/234- 433.6

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER/BIDRAGSYTER  
Tore Larsen

# Innhold

<b>1 Oppdraget</b> .....	<b>3</b>
<b>2 Konklusjon</b> .....	<b>3</b>
<b>3 Materiale og metoder</b> .....	<b>3</b>
<b>4 Resultater</b> .....	<b>4</b>
<b>5 Diskusjon</b> .....	<b>6</b>
<b>6 Referanser</b> .....	<b>7</b>

## 1 Oppdraget

Formålet med dette prosjektet var å undersøke om elvemusling i Redalselva har opphav i utsetninger fra bestanden i Nytingneselva eller er en egen naturlig bestand. Dette prosjektnotatet omhandler genetiske analyser av elvemusling og representerer del 2 av et samlet prosjekt, der del 1 omhandler feltarbeidet med å samle inn DNA-prøver. Del 1 er utført av Rådgivende Biologer og er beskrevet i eget prosjektnotat som også beskriver bakgrunn for prosjektet. Tilskudd til dette prosjektet er gitt av Fylkesmannen i Sogn og Fjordene under tilskuddsordningen «tiltak for truede arter».

## 2 Konklusjon

Ut fra den genetiske profilen til elvemuslingen fra Redalselva er det meget usannsynlig at individene har opphav i utsetninger fra Nytingneselva, eller fra Maurstadelva. Dette støttes av at vi blant de seks individene analysert fra Redalselva observerte flere ulike alleler (genvarianter) i flere ulike genetiske markører som ikke fantes blant 62 individer fra Nytingneselva og at den genetiske variasjonen i Nytingneselva var betydelig lavere enn i Redalselva og Maurstadelva. Dersom individene fra Redalselva hadde blitt satt ut fra Nytingneselva hadde vi ikke forventet å observere alleler i de få individene som ble undersøkt fra Redalselva som ikke fantes blant de relativt mange individene undersøkt fra Nytingneselva. Vi konkluderer med at elvemuslingene fra Redalselva, Maurstadelva og Nytingneselva fremstår som tre adskilte populasjoner.

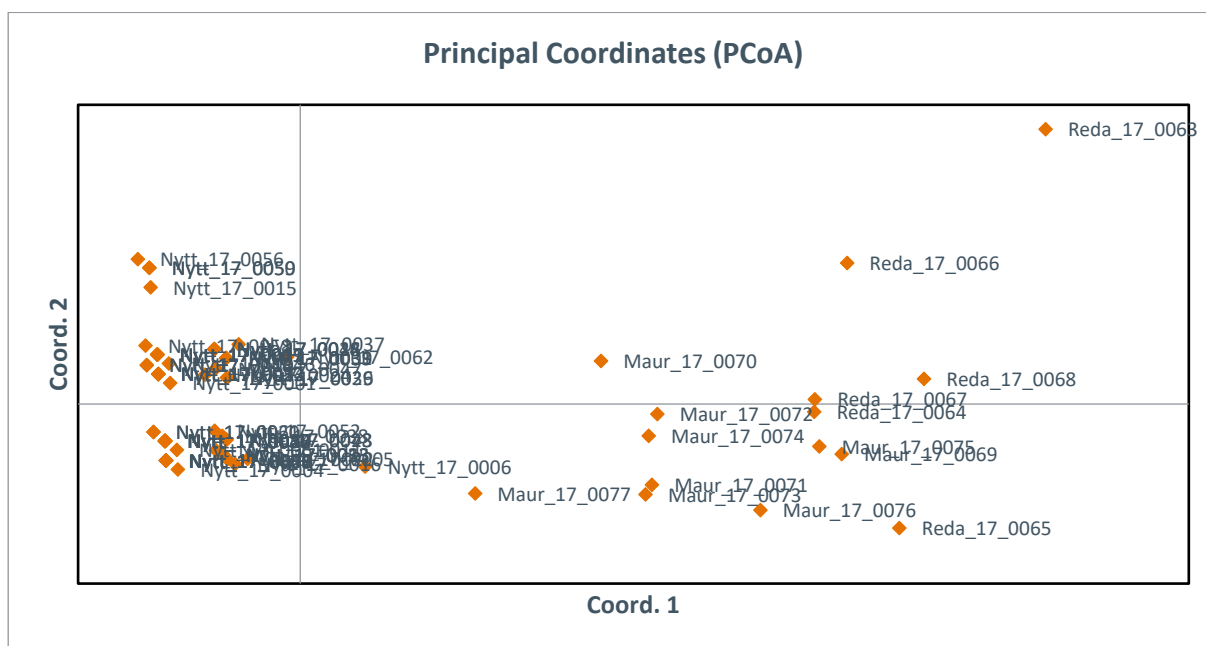
## 3 Materiale og metoder

DNA-prøver fra elvemusling ble samlet inn av Rådgivende Biologer uten å drepe eller skade elvemuslingene, som beskrevet av Karlsson mfl. (2013). I alt ble det tatt prøver av 62 individer fra Nytingneselva, ni individer fra Maurstadelva og seks individer fra Redalselva. DNA ble ekstrahert med DNEASY tissue kit (QIAGEN). Genetisk variasjon ble analysert i 15 mikrosatelittmarkører som beskrevet av Karlsson mfl. (2016).

Parvise individuelle genotypiske forskjeller ble beregnet og visualisert i et prinsipal koordinatanalyse plot (PCoA) med hjelp av programmet Genalex 6.5 (Peakall & Smouse 2006). Programmet Genepop ver. 4.1.4 (Raymond & Rousset 1995) ble benyttet for å beregne genetisk distanse ( $F_{ST}$ ) og for eksakt test av genetisk differensiering mellom lokaliteter. Sammenlikning av genetisk variasjon i form av forventet heterozygositet og allelrikdom (engelsk: Allelic Richness) ble beregnet i programmet Fstat ver. 2.9.3.2 (Goudet 2001). Sannsynligheten for enkeltindivider fra Maurstadelva og Redalselva å tilhøre Nytingneselva ble beregnet i programmet GeneClass 2.0 (Piry mfl. 2004) med en simuleringsalgoritme fra Paetkau mfl. (2004).

## 4 Resultater

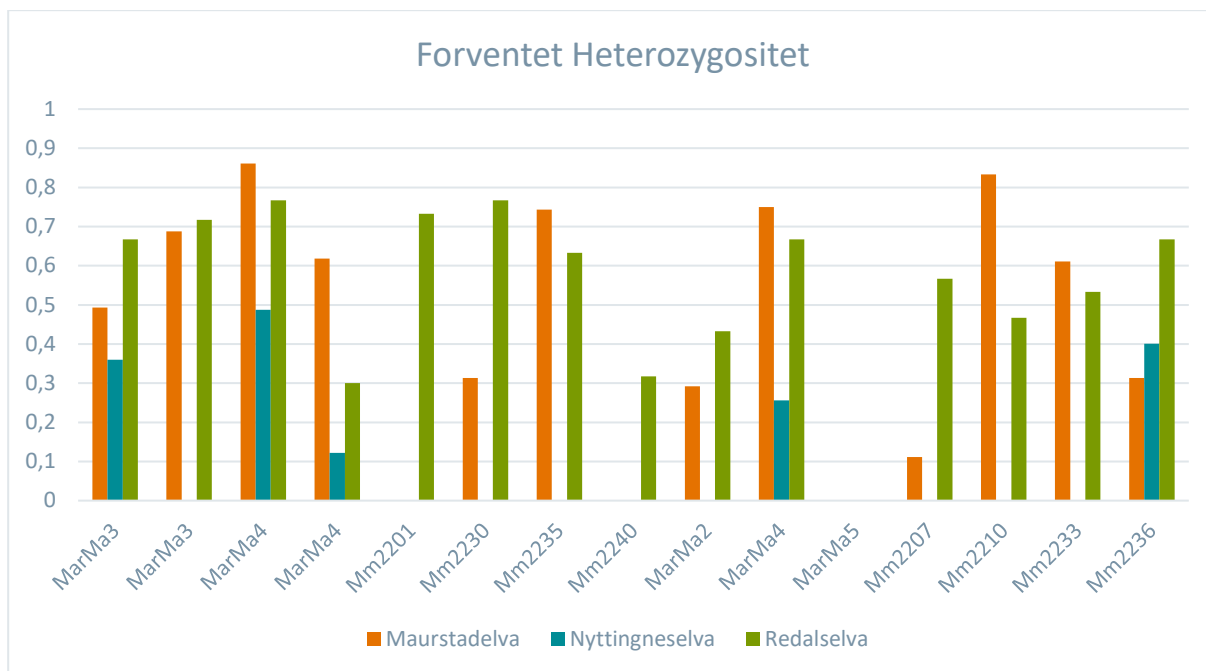
Genotypingen var vellykket for alle 15 mikrosatelittmarkører og for samtlige individer, unntatt et individ fra Nytingneselva som ikke ble genotypet for én av markørene. Parvise geneotypiske forskjeller mellom alle undersøkte individer fra Maurstadelva, Nytingneselva og Redalselva er visualisert i et prinsippal koordinatanalyse plot i figur 1 og viser at individene grupperer etter hvilken elv de ble samlet inn fra. Den forholdsvis tette grupperingen for individene fra Nytingneselva skyldes den lave genetiske variasjonen i denne bestanden. Likeledes viser individene fra denne bestanden også en inndeling i tre tydelige grupperinger som kun skyldes at de er heterozygote eller homozygote for én eller få genetiske markører.



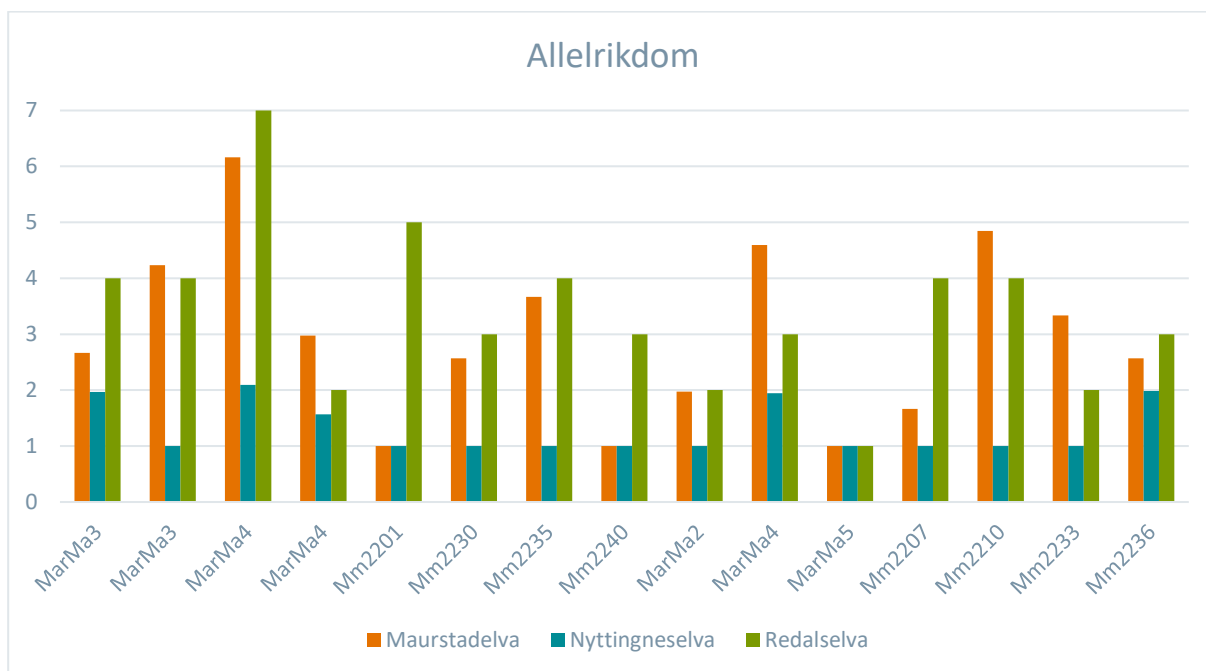
Figur 1. Parvise individuelle genotypiske distanser mellom elvemusling fra Maurstadelva, Nytingneselva og Redalselva genotypet for 15 mikrosatelittmarkører.

Estimerte  $F_{ST}$ -verdier mellom Maurstadelva, Nytingneselva og Redalselva var signifikant ( $P < 0,0000$ ) og varierte fra 0,63 (mellom Nytingneselva og Redalselva) til 0,13 (mellom Redalselva og Maurstadelva).

Genetisk variasjon i form av forventet heterozygositet og allelrikdom (et mål på antall alleler uavhengig av stikkprøvestørrelse) var betydelig lavere i Nytingneselva enn i Maurstadelva og Redalselva (Figur 2 og 3).



Figur 2. Forventet heterozygositet i 15 mikrosatelittmarkører for elvemusling fra Maurstadelva, Nytingneselva og Redaselva.



Figur 3. Allelrikdom i 15 mikrosatelittmarkører for elvemusling fra Maurstadelva, Nytingneselva og Redaselva. Allelrikdom er et justert mål for antall alleler som tar utgangspunkt i den minste stikkprøvestørrelsen, i dette tilfelle er det seks individer fra Redaselva.

Til tross for en betydelig større stikkprøve av elvemusling fra Nytingneselva (62 individer) sammenliknet med antall individer fra Maurstadelva (9 individer) og Redaselva (6 individer) var det variasjon i kun fem av 15 mikrosatelitter i Nytingneselva, mens tilsvarende antall variable markører var 12 og 14 for henholdsvis Maurstadelva

og Redalselva. Utfra denne observasjonen er det meget usannsynlig at elvemuslingen analysert fra Redalselva har opphav fra utsettinger av elvemusling fra Nytingneselva. Det er heller ikke sannsynlig at opphavet til elvemuslingen innsamlet i Redalselva er fra Maurstadelva siden det ble observert mange tilfeller av alleler med relativt høy frekvens blant muslingen fra Redalselva som ikke ble observert i materialet fra Maurstadelva.

Ved genetisk tilordning i programmet GeneClass hadde alle individene fra Maurstadelva og Redalselva en sannsynlighet nær 0 ( $< 0,0001$ ) for å kunne tilhøre Nytingneselva. Med forbehold om stor usikkerhet på grunn av liten stikkprøve fra Maurstadelva (9 individer) var det også liten sannsynlighet for individene fra Redalselva å kunne tilhøre Maurstadelva (et individ med sannsynlighet = 0,081, et individ med sannsynlighet = 0,040 og 4 individer med sannsynlighet  $< 0,005$ ).

## 5 Diskusjon

Det er usannsynlig at elvemuslingen i Redalselva har opphav i elvemuslingbestanden i Nytingneselva eller fra Maurstadelva. Utfra analysene i denne rapporten ser det ut som at Maurstadelva, Nytingneselva og Maurstadelva har egne bestander på nivå med genetiske forskjeller observert mellom mange andre elvemuslingbestander (Karlsson mfl. 2014).

Vi kan ikke utelukke at bestanden av elvemusling i Redalselva kommer fra utsettinger, men da må flere mulige kildebestander undersøkes. Dersom de tre undersøkte bestandene representerer naturlige bestander er det interessant at den mest tallrike bestanden i Nytingneselva hadde en betydelig lavere genetisk variasjon enn de to fåtallige bestandene i Maurstadelva og Redalselva. En forklaring på dette kan være at kun et fåtall individer la grunnlaget for en kolonisering av Nytingneselva (såkalt 'founder effect'), sammenliknet med Maurstadelva og Redalselva, og at bestandene i Maurstadelva og Redalselva i nyere tid har gjennomgått en kraftig reduksjon i populasjonsstørrelse uten at bestanden ennå har tapt mye genetisk variasjon. På grunn av lang generasjonstid hos elvemusling (det vil si at det har vært få generasjoner siden kollaps i bestanden) er ikke tapet av genetisk variasjon per tidsenhet nødvendigvis så stort. Siden bestandene i Maurstadelva og Redalselva er så fåtallige, skal man imidlertid forvente et relativt raskt tap av genetisk variasjon per generasjon dersom rekrutteringen er dårlig.

## 6 Referanser

- Goudet, J. 2001. FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3). – Available from <http://www.unil.ch/lizea/software/fstat.html>
- Karlsson, S., Larsen, B.M., Eriksen, L. & Hagen, M. 2013. Four methods of non-destructive DNA sampling from freshwater pearl mussels *Margaritifera margaritifera* L. (Bivalvia: Unionoida). – Freshwater Science 32: 525-530.
- Karlsson, S., Larsen, B.M. & Hindar, K. 2014. Host-dependent genetic variation in freshwater pearl mussel (*Margaritifera margaritifera* L.). – Hydrobiologia 735: 179-190.
- Karlsson, S., Larsen B.M., Balstad, T., Eriksen, L. & Hagen, M. 2016. Elvemusling - evaluering av en kultiveringsmetode. - NINA Rapport 1257. 22 s.
- Paetkau, D., Slade, R., Burden, M. & Estoup, A. 2004. Genetic assignment methods for the direct, real-time estimation of migration rate: a simulation-based exploration of accuracy and power. - Molecular Ecology 13: 55-65.
- Peakall, R. & Smouse, P. E. 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. - Molecular Ecology Notes 6 (1): 288-295.
- Piry, S., Alapetite, A., Cornuet, J. M., Paetkau, D., Baudouin, L. & Estoup, A. 2004. GeneClass2: A software for genetic assignment and first-generation migrant detection. - Journal of Heredity 95: 536-539.
- Raymond, M. & Rousset, F. 1995. Genepop (version 2.1): Population genetics software for exact tests and ecumenicism. - Journal of Heredity 86: 248-249.





## Norsk institutt for naturforskning

NINA Hovedkontor

Postadresse: Postboks 5685 Torgarden, 7485 Trondheim

Besøks-/leveringsadresse: Høgskoleringen 9, 7034 Trondheim

Telefon: 73 80 14 00, Telefaks: 73 80 14 01

E-post: [firmapost@nina.no](mailto:firmapost@nina.no)

Organisasjonsnummer 9500 37 687

<http://www.nina.no>



Samarbeid og kunnskap for framtidens miljøløsninger