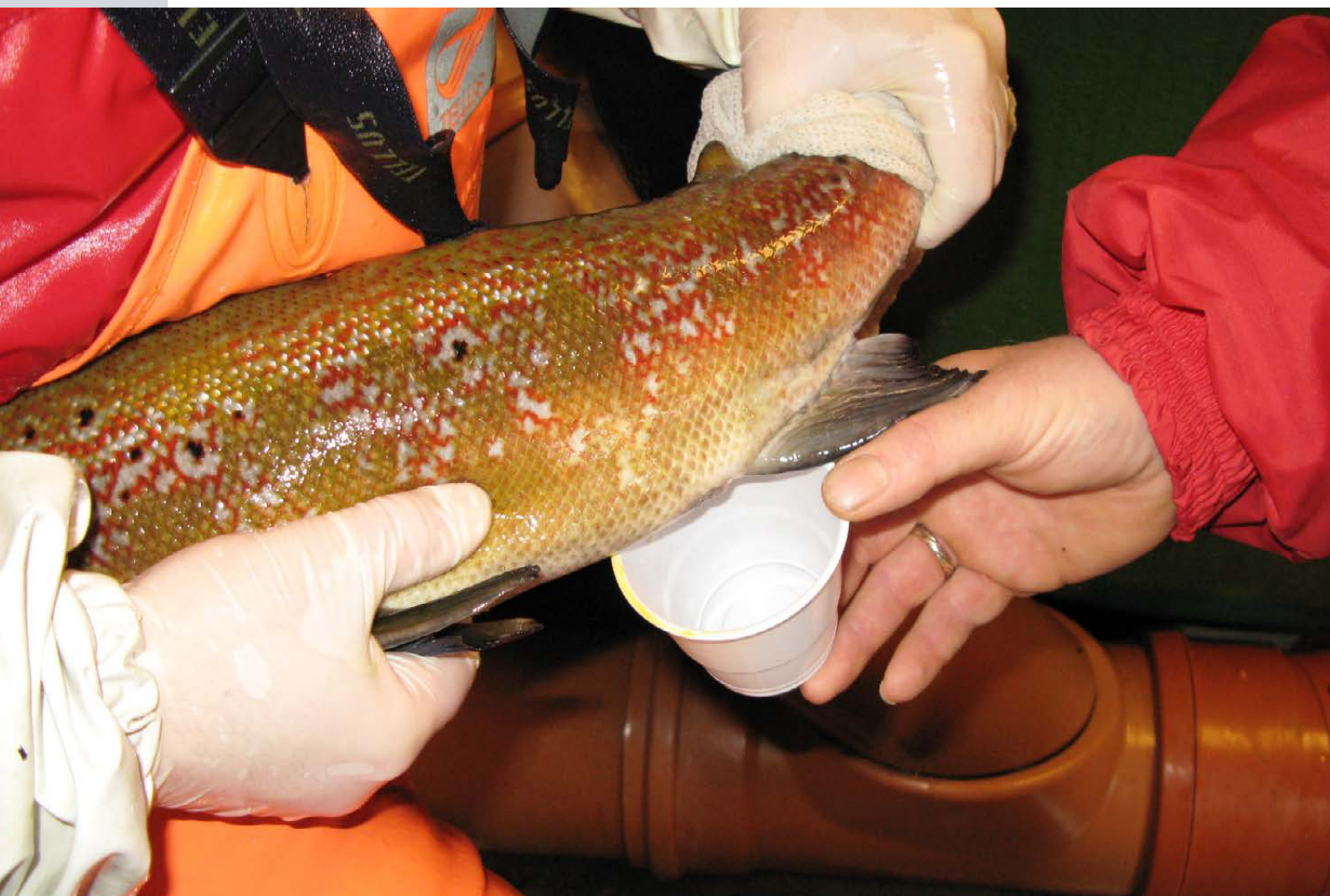


Stamlakskontroll 2015

Sten Karlsson
Bjørn Florø-Larsen
Torveig Balstad
Line Birkeland Eriksen
Merethe Hagen Spets



NINAs publikasjoner

NINA Rapport

Dette er en elektronisk serie fra 2005 som erstatter de tidligere seriene NINA Fagrapport, NINA Oppdragsmelding og NINA Project Report. Normalt er dette NINAs rapportering til oppdragsgiver etter gjennomført forsknings-, overvåkings- eller utredningsarbeid. I tillegg vil serien favne mye av instituttets øvrige rapportering, for eksempel fra seminarer og konferanser, resultater av eget forsknings- og utredningsarbeid og litteraturstudier. NINA Rapport kan også utgis på annet språk når det er hensiktsmessig.

NINA Kortrapport

Dette er en enklere og ofte kortere rapportform til oppdragsgiver, gjerne for prosjekt med mindre arbeidsomfang enn det som ligger til grunn for NINA Rapport. Det er ikke krav om sammendrag på engelsk. Rapportserien kan også benyttes til framdriftsrapporter eller foreløpige meldinger til oppdragsgiver.

NINA Temahefte

Som navnet angir behandler temaheftene spesielle emner. Heftene utarbeides etter behov og serien favner svært vidt; fra systematiske bestemmelsesnøkler til informasjon om viktige problemstillinger i samfunnet. NINA Temahefte gis vanligvis en populærvitenskapelig form med mer vekt på illustrasjoner enn NINA Rapport.

NINA Fakta

Faktaarkene har som mål å gjøre NINAs forskningsresultater raskt og enkelt tilgjengelig for et større publikum. De sendes til presse, ideelle organisasjoner, naturforvaltningen på ulike nivå, politikere og andre spesielt interesserte. Faktaarkene gir en kort framstilling av noen av våre viktigste forskningstema.

Annen publisering

I tillegg til rapporteringen i NINAs egne serier publiserer instituttets ansatte en stor del av sine vitenskapelige resultater i internasjonale journaler, populærfaglige bøker og tidsskrifter.

Stamlakskontroll 2015

Sten Karlsson
Bjørn Florø-Larsen
Torveig Balstad
Line Birkeland Eriksen
Merethe Hagen Spets



Veterinærinstituttet
Norwegian Veterinary Institute



Norsk institutt for naturforskning

Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Balstad, T., Eriksen, L. B. & Spets, M. H. 2016. Stamlakskontroll 2015. - NINA Rapport 1266. 14 s.

Trondheim, april 2016

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-2919-7

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

REDAKSJON

Sten Karlsson

KVALITETSSIKRET AV

Kjetil Hindar

ANSVARLIG SIGNATUR

Adm. dir. Norunn S. Myklebust (sign.)

OPPDRAKSGIVER(E)/BIDRAGSYTER(E)

Miljødirektoratet

OPPDRAKSGIVERS REFERANSE

M-563|2016

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER/BIDRAGSYTER

Anne Kristin Jøranlid

FORSIDEBILDE

Stryking av laks. Foto: Knut Bergersen

NØKKEWORD

laks, stamfisk, kultivering, rømt oppdrettslaks, skjellanalyser, genetiske analyser, Norge

KEY WORDS

Atlantic salmon, broodstock, stocking, escaped farmed salmon, scale analysis, genetic analysis, Norway

KONTAKTOPPLYSNINGER

NINA hovedkontor

Postboks 5685 Sluppen
7485 Trondheim
Telefon: 73 80 14 00

NINA Oslo

Gaustadalléen 21
0349 Oslo
Telefon: 73 80 14 00

NINA Tromsø

Framsenteret
9296 Tromsø
Telefon: 77 75 04 00

NINA Lillehammer

Fakkeltgården
2624 Lillehammer
Telefon: 73 80 14 00

www.nina.no

Sammendrag

Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Balstad, T., Eriksen, L. B. & Spets, M. H. 2016. Stamlakskontroll 2015. - NINA Rapport 1266. 14 s.

I henhold til Miljødirektoratets retningslinjer for utsetting av anadrom fisk utarbeidet i 2014 ble skjell fra all stamlaks sendt inn til Veterinærinstituttet for registrering, arkivering og skjellanalyse. Utfra vekstmønster i skjellene ble laks klassifisert som villaks, rømt oppdrettslaks, utsatt (kultivert) eller usikker. Stamlaks klassifisert som rømt oppdrettslaks ble ikke godkjent, mens de andre ble fortløpende videresendt til NINA for genetisk analyse for mulig opphav i rømt oppdrettslaks. I alt ble skjell fra 2625 laks fra 61 forskjellige vassdrag analysert. Blant disse ble 2085 klassifisert som villaks, 101 som rømt oppdrettslaks, 328 som utsatt laks og 110 som usikre. Skjellprøver fra 2030 laks ble videresendt for genetiske analyser. Av disse hadde 397 en lav sannsynlighet for å ha rent villaksopphav og ble ikke godkjent som stamlaks.

Sten Karlsson, Torveig Balstad, Line Birkeland Eriksen, Merethe Hagen Spets, NINA, Postboks 5685 Sluppen, 7485 Trondheim. Epost: sten.karlsson@nina.no

Bjørn Florø-Larsen, Veterinærinstituttet, Postboks 5695 Sluppen, 7485 Trondheim. Epost: bjorn.floro-larsen@vetinst.no

Innhold

Sammendrag	3
Innhold	4
Forord	5
1 Innledning.....	6
2 Materiale og Metoder.....	7
2.1 Skjellanalyser.....	7
2.2 Genetiske analyser	7
3 Resultater	9
4 Diskusjon.....	13
5 Referanser	14

Forord

I 2014 ble kontroll av stamlaks utvidet med en obligatorisk genetisk analyse for å luke ut avkom etter rømt oppdrettslaks klekket i naturen. Dette gjøres i tillegg til å luke ut rømt oppdrettslaks basert på skjellkarakterer. Ordningen ble implementert første gang i 2014 og videreført i 2015. Skjell fra all stamlaks ble sendt til Veterinærinstituttet fra alle kultiveringsanlegg for registrering, arkivering og skjellanalyser. Skjell som utfra skjellanalysen hos Veterinærinstituttet ikke ble forkastet, ble videresendt til NINA for genetiske analyser. Vi takker Miljødirektoratet for oppdraget og kultiveringsanleggene for et godt samarbeid som gjorde det mulig å gjennomføre stamlaks-kontrollen på en rask og effektiv måte.

Trondheim, 22. april 2016
Sten Karlsson og Bjørn Florø-Larsen

1 Innledning

Utfra et samlet kunnskapsgrunnlag om omfanget av rømt oppdrettslaks (Fiske m fl. 2014), innkryssing av rømt oppdrettslaks i villaks (Glover m fl. 2013, Anon. 2016), funksjonelle genetiske forandringer i oppdrettslaks i forhold til sitt ville opphav som følge av avl (Gjedrem & Baranski 2009) og lavere fitness hos oppdrettslaks og avkom etter oppdrettslaks i naturen (Fleming m fl. 2000, McGinnity m fl. 2003, Skaala m fl. 2012), anses rømt oppdrettslaks som en av de viktigste negative påvirkningene på ville bestander av laks i Norge (Anon. 2010, 2015).

Bruk av rømt oppdrettslaks eller avkom etter rømt oppdrettslaks som stamfisk for produksjon av laks til utsetninger er derfor uønsket. I 2014 ble kontroll av opphav hos stamlaks i form av skjellanalyser for identifikasjon av rømt oppdrettslaks utvidet med en obligatorisk genetisk analyse for identifikasjon av stamlaks som er avkom etter rømt oppdrettslaks. Den utvidede genetiske kontrollen er basert på nylig utviklede molekylærgenetiske metoder som gjør det mulig å skille mellom oppdrettslaks og villaks uavhengig av hvilken oppdrettspopulasjon eller villakspopulasjon laksen kommer fra (Karlsson m fl. 2011) og en statistisk metode som kan sannsynliggjøre hvorvidt en laks har rent villaksopphav eller ikke (Karlsson m fl. 2014).

Den obligatoriske genetiske stamlakskontrollen ble gjennomført for første gang i 2014 og resultater fra kontrollen viste nødvendigheten av disse analysene (Karlsson m fl. 2015). Her rapporterer vi stamlakskontrollen for 2015.

2 Materiale og Metoder

2.1 Skjellanalyser

Skjellprøver av stamlaks sendes inn til Veterinærinstituttet fortløpende igjennom stamfisk-sesongen. Prøven blir deretter registrert i en database med tilhørende informasjon om fisken. Skjell blir lagt i elektroniske stereoluper og tatt bilde av. Bildene lagres på individnivå i databasen. Deretter blir skjell analysert i kategoriene villaks, oppdrettslaks, utsatt smolt (kultivert) og usikker. Oppdrettslaks blir sortert bort og underkjent som stamfisk, mens de andre kategoriene blir videre-sendt til genetisk testing.

Skjellanalyse er en velbrukt metode for å klassifisere laks. Ved å sammenholde ytre kjennetegn med skjellstruktur, er det vist at man med god presisjon kan skille rømt oppdrettslaks fra villaks (Lund m fl. 1989). Villaks har en klart avgrenset ferskvannssone og synlige vintersoner i ferskvann fram til utvandring som smolt. Oppdrettslaksen har vanligvis en jevn vekst og ingen tydelig ferskvannssone (Lund & Hansen 1991). Dette gjør at man kan skille oppdrettslaks og villaks ved hjelp av ulike vekstmønstre i skjellstrukturen.

Etter at både skjellanalysen og den genetiske analysen er gjennomført, blir skjell lagret i et arkiv hos Veterinærinstituttet (**Figur 1**), på vegne av Miljødirektoratet.



Figur 1. Skjerm bilde fra bildetakning av villaksskjell. Foto: Veterinærinstituttet

2.2 Genetiske analyser

Skjell fra stamfisk som utfra vekstmønsteret i skjellene ble karakterisert som vill, utsatt (kultivert) eller med usikker klassifisering ble videresendt fra Veterinærinstituttet til NINA for genetiske analyser. Arvestoffet (DNA) ble ekstrahert fra skjellene ved bruk av Qiagen tissue ekstraksjons-kit. Stamlaksen ble analysert for 96 genetiske markører (SNPer) på en Fluidigm SNP genotypings-plattform, hvorav 48 SNPer ble benyttet for å skille mellom oppdrettslaks og villaks (Karlsson m fl. 2011).

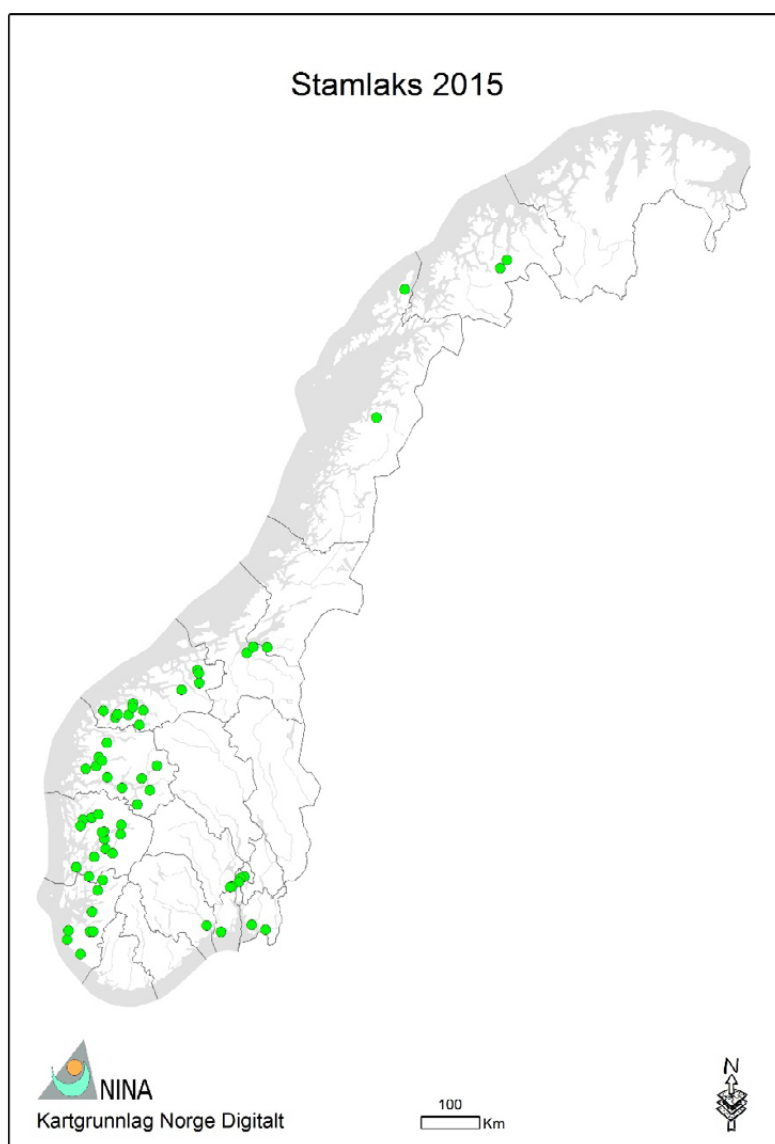
Utfra den genetiske profilen til hver enkelt stamlaks ble sannsynligheten for å ha opphav i oppdrettslaks eller villaks beregnet i forhold til et referansemateriale av villaks og et referansemateriale av oppdrettslaks (Karlsson mfl. 2014, Karlsson m fl. 2015, Anon 2016). En sannsynlighetsgrense på $< 0,71$ ble satt for å ekskludere stamfisk til å ha rent villaksopphav. Denne grensen tilsvarer en forventning om at 91,5% av laks med rent villopphav har en verdi høyere enn denne og 97,5% av laks med rent oppdrettsopphav har en verdi lavere enn denne. Dette betyr at en liten andel av laks med faktisk rent villaksopphav blir ekskludert og en liten andel laks med rent oppdrettsopphav ikke blir ekskludert. Dersom de ville bestandene har 100% rent villaksopphav forventes i gjennomsnitt 8,4% av laksen bli ekskludert, mens 2,5% av individene med rent oppdrettsopphav forventes i gjennomsnitt ikke å bli ekskludert (Karlsson m fl. 2015).

I tillegg til å analysere for mulig opphav i rømt oppdrettslaks ble det innført en rutine for å identifisere mulige ørret eller hybrider mellom laks og ørret blant stamfisken med de samme genetiske markørene. Disse genetiske markørene er ikke 100% diagnostiske for artsidentifikasjon og individer som hadde en avvikende genetisk profil i retning av ørret eller laks-x-ørret hybrid ble derfor analysert med diagnostiske markører (Karlsson m fl. 2013).

For noen vassdrag ble det ikke sendt inn tilstrekkelig med skjell fra noen av stamfiskene og det ble derfor utført analyser av øyerogn for å luke ut familiegrupper med mulig oppdrettsgenetisk opphav. Dette er en mer resurskrevende og usikker analyse enn å analysere stamfisken, siden det krever analyser av flere individer. Avhengig av antall stamfisk involvert og eventuelle ulike bidrag fra disse i en gruppe av hel- og/eller halv-søsken, er det usikkert hvorvidt en stikkprøve av rogn fanger opp et eventuelt oppdrettsopphav i stamfisken. Dette ble gjort som en engangsforeteelse i 2015 og vill ikke bli videreført som en alternativ analyse i fremtidig stamlakskontroll.

3 Resultater

I alt ble 2625 stamlaks fra 61 villaksbestander (**Figur 2**) analysert for opphav utfra vekstmønsteret i skjellene. Av disse ble 2085 klassifisert som villaks, 101 som rømt oppdrettslaks, 328 som utsatt laks og 110 som usikker eller også at det ikke var mulig å analysere skjellene. Skjell fra 2030 stamlaks ble sendt videre for genetiske analyser. Av disse ble 397 beregnet å ikke ha rent villaksopphav (19,6%) (**Tabell 1**). Én ørret-x-laks hybrid ble identifisert i Årdalselva (033.Z), Steinsdalselva (052.7Z), Daleleven (061.Z), Flekkelva (082.Z), Myklebustelva (096.412Z) og i Skibotnelva. To ørret ble genetisk identifisert i Flåmselva (072.2Z) og én ørret i Kinso (050.1Z), Eira (104.Z) og Signaldalselva (204.Z). Alle individer som ble genetisk bestemt som ørret, var utfra skjellanalysen identifisert som ørret eller som mulige hybrider mellom ørret og laks.



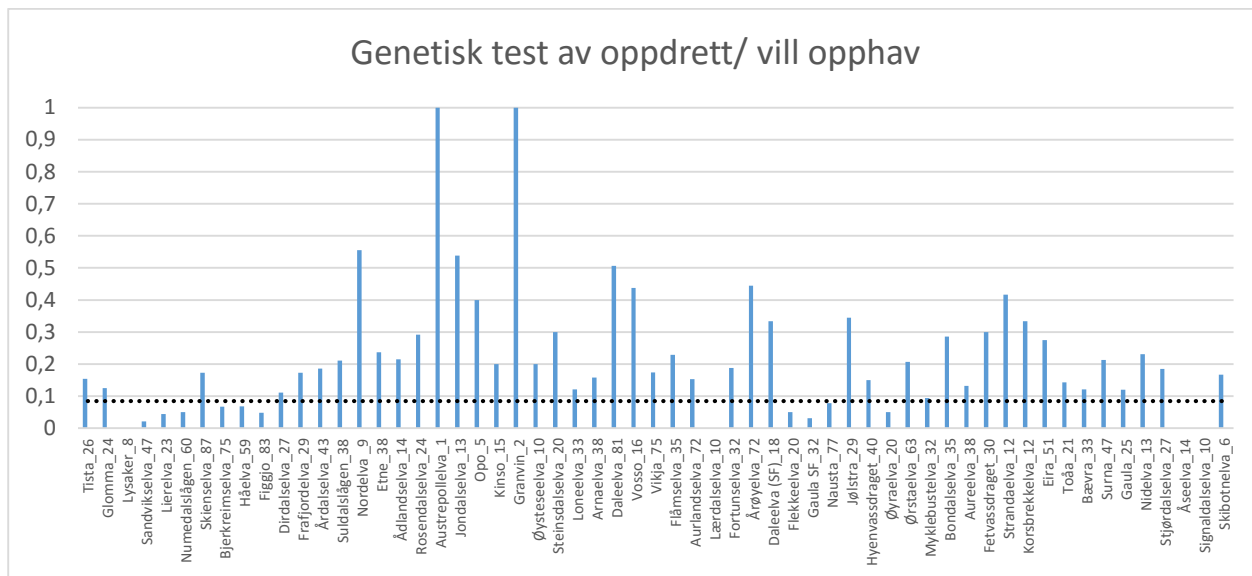
Figur 2. Geografisk beliggenhet av laksebestander der stamlaks ble analysert i 2015.

Tabell 1. Oversikt over stamfiskkontroll 2015. For skjellanalysen er antall laks analysert (N), antall laks kategorisert som villaks, oppdrettslaks, utsatt (kultivert) eller i kategorien usikker eller ikke lesbare (usikker/Na). For genanalysen er antall laks analysert (N) og antall laks med en oppdrettsgenetisk signatur (Oppdrett) gjengitt. Laks som utfra skjellanalysen ble kategorisert som villfisk, utsatt og usikker ble analysert genetisk, mens rømt oppdrettslaks ble forkastet før genetisk analyse. Vassdragene er ordnet utfra vassdragsnummer (fra svenskegrensen i sør til nord). *Elver der det ble gjort analyser av øyerogn (Askerelva, Drammenselva og Myklebuselva). I Aurlandselva ble det kun gjort genetiske analyser da stamfisken herfra ble innsamlet som parr.

Vassdrag		Skjellanalyse					Genanalyse	
Navn	#	N	Vill	Oppdrett	Utsatt	Usikker/Na	N	Oppdrett
Tista	001.Z	31	27	2	0	2	28	4
Glomma	002.Z	237	34	23	169	11	30	8
Lysakerelva	007.Z	10	8	0	0	2	10	0
Sandvikselva	008.Z	48	47	0	0	0	48	1
Askerelva*	009.1Z	1	0	1	0	0	na	na
Lierelva	011.Z	24	23	0	0	1	24	1
Drammen*	012.Z	111	99	0	0	12	na	na
Numedalslågen	015.Z	62	61	0	0	1	61	3
Skienselva	016.Z	98	95	0	0	3	90	15
Bjerkreim	027.Z	77	75	1	0	1	76	6
Håelva	028.3Z	62	59	0	0	3	62	5
Figgjo	028.Z	87	83	0	0	4	86	5
Dirdal	030.2Z	29	27	1	0	1	28	4
Frafjord	030.Z	29	29	0	0	0	29	5
Årdalselva	033.Z	45	44	0	0	1	45	8
Suldalslågen	036.Z	60	58	1	0	1	38	8
Nordelva (Sauda)	037.2Z	12	9	2	0	1	10	5
Etne	041.Z	38	38	0	0	0	38	9
Ådlandsvassdraget	044.3Z	17	14	1	0	2	16	4
Rosendalselva	045.4Z	25	23	2	0	0	24	7
Austrepollelva	046.32Z	2	1	1	0	0	2	2
Jondalselva	047.2Z	21	12	4	1	4	16	10
Opo	048.Z	8	4	3	1	0	5	2
Kinso	050.1Z	15	15	0	0	0	16	3
Granvinelva	052.1Z	9	5	2	0	2	4	4
Øysteseelva	052.6Z	13	12	0	0	1	10	2
Steindalselva (Hrd)	052.7Z	27	22	1	0	4	24	9
Loneelva	060.4Z	35	33	0	0	2	35	4
Arna	061.2Z	39	38	0	0	1	39	7
Daleelva (Hrd)	061.Z	91	81	2	2	6	88	46
Vosso	062.Z	76	24	5	44	3	16	7
Vikja	070.Z	83	64	5	11	3	78	13
Aurlandselva	072.Z	na	na	na	na	na	72	11

<u>Vassdrag</u>		<u>Skjellanalyse</u>					<u>Genanalyse</u>	
Navn	#	N	Vill	Oppdrett	Utsatt	Usikker/Na	N	Oppdrett
Flåmselva	072.2Z	35	35	0	0	0	37	8
Lærdal	073.Z	10	10	0	0	0	10	0
Fortun	075.Z	33	10	0	22	1	33	6
Årøy	077.Z	79	38	5	34	2	74	33
Daleelva (SF)	079.Z	18	15	0	3	0	18	6
Flekkevassdraget	082.Z	21	21	0	0	0	21	1
Gaula SF	083.Z	37	32	1	0	4	36	3
Nausta	084.7Z	79	77	0	0	2	79	6
Jølstra	084.Z	34	27	3	3	1	30	10
Hyenvassdraget	086.8Z	42	40	1	0	1	41	7
Øyraelva	094.6Z	20	20	0	0	0	20	1
Ørstaelva	095.Z	67	63	0	0	4	67	14
Myklebust*	096.412Z	35	34	1	0	0	33	3
Bondalselva	097.1Z	35	31	0	0	4	35	10
Aureelva	097.72Z	38	38	0	0	0	38	5
Fetvassdraget	097.7Z	30	30	0	0	0	30	9
Strandaelva	098.3Z	25	25	0	0	0	12	5
Korsbrekkelva	098.6Z	14	12	0	0	2	12	4
Eira	104.Z	64	31	8	21	4	55	16
Toåa	111.Z	26	21	1	2	2	22	4
Bævra	112.3Z	43	32	5	5	1	33	4
Surna	112.Z	70	51	10	7	2	48	11
Gaula	122.Z	27	25	0	1	1	25	3
Nidelva	123.Z	92	85	2	2	3	13	3
Stjørdal	124.Z	43	42	0	0	1	28	5
Beiarelva	161.Z	50	44	3	0	3	na	na
Åseelva	186.22Z	14	14	0	0	0	14	0
Signaldalen	204.Z	11	10	1	0	0	11	1
Skibotn	205.Z	11	8	3	0	0	7	1
Totalt		2625	2085	101	328	110	2030	397

Av 2030 stamfisk analysert genetisk var 32 kategorisert som usikker på skjellanalysen, for 42 var skjellanalysen ikke mulig. Når vi unntar disse og individer identifisert som ørret eller ørret/laks hybrider ble 362 av 1949 stamlaks kategorisert som villfisk eller utsatt laks ekskludert på grunn av at de hadde sannsynlig opphav i rømt oppdrettslaks (18,6%). Andel ekskludert stamfisk varierte betydelig mellom bestander, men sammenlikningen er usikker i mange tilfeller på grunn av få stamfisk (**Figur 3**). Nivået på $< 0,71$ brukt for ekskludere en stamfisk har en forventning om at 8,4% av stamfisken skulle bli ekskludert dersom bestanden kun bestod av laks med rent villaks-opphav. Til sammenlikning ble en større andel enn dette ekskludert i 45 av 59 (76%) bestander.



Figur 3. Andel stamfisk (y-aksen) kategorisert som villfisk utfra skjellanalyser og ekskludert utfra genetisk analyse av opphav i oppdrettslaks. Stiplet sort linje angir gjennomsnittlig forventet andel (8,4%) rene villfisk forkastet dersom bestanden er upåvirket. Tall etter elvenavn er antall fisk analysert med hensyn til genetisk opphav. Prøvene fra i alt 59 laksebestander er ordnet etter vassdragsnummer fra grensen mot Sverige i sørøst og vest- og nordover langs kysten.

4 Diskusjon

I alt ble 2625 stamlaks analysert for opphav ved skjellanalyser. Av disse ble 101 identifisert som rømt oppdrettslaks (3,8%), 2085 (79,4%) som villaks, 328 (12,5%) som utsatt og 110 (4,2%) som usikker eller umulig å analysere. I alt 2030 stamfisk ble videresendt for genetiske analyser. Av disse ble 397 (19,6%) underkjent som stamfisk på grunn av sannsynlig opphav i rømt oppdrettslaks. Blant individer som utfra skjellmønster ble karakterisert som villaks, ble 362 (18,6%) individer underkjent.

I en nylig rapport fra Vitenskapelig råd for lakseforvaltning (Anon. 2016) ble 125 bestander kategorisert med hensyn til genetisk påvirkning fra rømt oppdrettslaks. I to tredeler av de undersøkte bestandene ble det påvist genetisk innkrysning av rømt oppdrettslaks. Dette er i samsvar med analysene fra stamlakskontrollen i 2014 (Karlsson m fl. 2015) og i 2015 (denne rapporten) siden en større andel stamfisk enn det som skulle forventes om bestandene var upåvirkede ble ekskludert i henholdsvis to tredeler og tre fjerdedeler av bestandene. Kultivering av laks ved utsettinger kan potensielt forsterke omfanget av innkrysning av rømt oppdrettslaks ved bruk av stamfisk med oppdrettsopphav. Kontroll av det genetiske opphavet til stamlaksen reduserer en slik forsterket negativ effekt av rømt oppdrettslaks ved kultivering.

Fra noen anlegg og noen stamfisk ble det ikke sendt inn skjellprøver av tilstrekkelig antall og/eller merkingen ble ikke utført slik at resultater av analyser gikk an å spore tilbake til den enkelte stamfisk. Istedenfor å analysere stamfisken ble derfor øyerogn fra et sett av ulike stamfisk analysert. På grunn av at dette er en betydelig mer resurskrevende analyse og medfører en ekstra usikkerhet har Miljødirektoratet signalisert (Miljødirektoratet, pers. medd) at de i fremtidig stamlakskontroll hverken godkjenner eller finansierer en slik alternativ analyse og at stamlakskontrollen skall utføres på stamlaksen og ikke på deres avkom.

5 Referanser

- Anon. 2010. Status for norske laksebestander i 2010. – Rapport fra Vitenskapelig råd for lakseforvaltning nr 2, 213 s.
- Anon. 2015. Status for norske laksebestander i 2015. – Rapport fra Vitenskapelig råd for lakseforvaltning nr 8, 300 s.
- Anon. 2016. Klassifisering av 104 laksebestander etter kvalitetsnorm for villaks. – Temarapport nr 4, Vitenskapelig råd for lakseforvaltning, 85 s.
- Fiske, P., Aronsen, T. og Hindar, K. 2014. Overvåkning av rømt oppdrettslaks i elver om høsten 2013. – NINA Rapport 1063. 44 s.
- Fleming, I. A., Hindar, K., Mjølnerød, I. B., Jonsson, B., Balstad, T. & Lamberg, A. 2000. Lifetime success and interactions of farmed salmon invading a native population. – Proceedings of the Royal Society of London B, 267: 1517-1523.
- Gjedrem, T., & Baranski, M. (eds). 2009. Selective breeding in aquaculture: an introduction. – Springer, London, U.K.
- Glover, K. A., C. Pertoldi, F. Besnier, V. Wennevik, M. Kent, & Skaala, Ø. 2013. Atlantic salmon populations invaded by farmed escapees: quantifying genetic introgression with a Bayesian approach and SNPs. – BMC Genet. 14:74.
- Lund, R. A., Hansen, L. P. & Järvi, T. 1989. Identifisering av oppdrettslaks og villaks ved ytre morfologi, finnestørrelse og skjellkarakterer. – NINA Forskningsrapport, 001:1-54.
- Lund, R. A. & Hansen, L. P. 1991. Identification of wild and reared Atlantic salmon, *Salmo salar* L., using scale characters. – Aquaculture and Fisheries Management, 22:499-508.
- Karlsson S., Moen T., Lien S., Glover K. & Hindar, K. 2011. Generic genetic differences between farmed and wild Atlantic salmon identified from a 7K SNP-chip. – Molecular Ecology Resources, 11 (Suppl. 1): 247-253.
- Karlsson S., Hagen M., Eriksen L., Hindar K., Jensen A.J., Garcia de Leaniz C., Cotter D., Gudbergsson G., Kahilainen K, Gudjonsson S. 2013. A genetic marker for the maternal identification of Atlantic salmon x brown trout hybrids. – Conservation Genetics Resources 5: 47-49.
- Karlsson S., Diserud O.H., Moen T. & Hindar, K. 2014. A standardized method for quantifying unidirectional genetic introgression. – Ecology and Evolution, 4(16): 3256–3263.
- McGinnity, P., Prodöhl, P., Ferguson, A., Hynes, R., Ó Maoiléidigh, N., Baker, N., Cotter, D., O'Hea, B., Cooke, D., Rogan, G., Taggart, J. & Cross, T. 2003. Fitness reduction and potential extinction of wild populations of Atlantic salmon, *Salmo salar*, as a result of interactions with escaped farm salmon. – Proceedings of the Royal Society of London B, 270: 2443-2450.
- Skaala, Ø., Glover, K.A., Barlaup, B.T., Svåsand, T., Besnier, F., Hansen, M. M, & Borgstrøm, R. 2012. Performance of farmed, hybrid, and wild Atlantic salmon (*Salmo salar*) families in a natural river environment. – Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 69: 1994–2006.



Norsk institutt for naturforskning (NINA) er et nasjonalt og internasjonalt kompetansesenter innen naturforskning. Vår kompetanse utøves gjennom forskning, utredningsarbeid, overvåking og konsekvensutredninger.

NINAs primære aktivitet er å drive anvendt forskning. Stikkord for forskningen er kvalitet og relevans, samarbeid med andre institusjoner, tverrfaglighet og økosystemtilnærming. Offentlig forvaltning, næringsliv og industri samt Norges forskningsråd og EU er blant NINAs oppdragsgivere og finansieringskilder.

Virksomheten er hovedsakelig rettet mot forskning på natur og samfunn, og NINA leverer et bredt spekter av tjenester gjennom forskningsprosjekter, miljøovervåking, utredninger og rådgiving.

ISSN:1504-3312
ISBN: 978-82-426-2919-7

Norsk institutt for naturforskning

NINA Hovedkontor

Postadresse: Postboks 5685 Sluppen, 7485 Trondheim

Besøks/leveringsadresse: Høgskoleringen 9, 7034 Trondheim

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

E-post: firmapost@nina.no

Organisasjonsnummer 9500 37 687

<http://www.nina.no>

Samarbeid og kunnskap for framtidens miljøløsninger