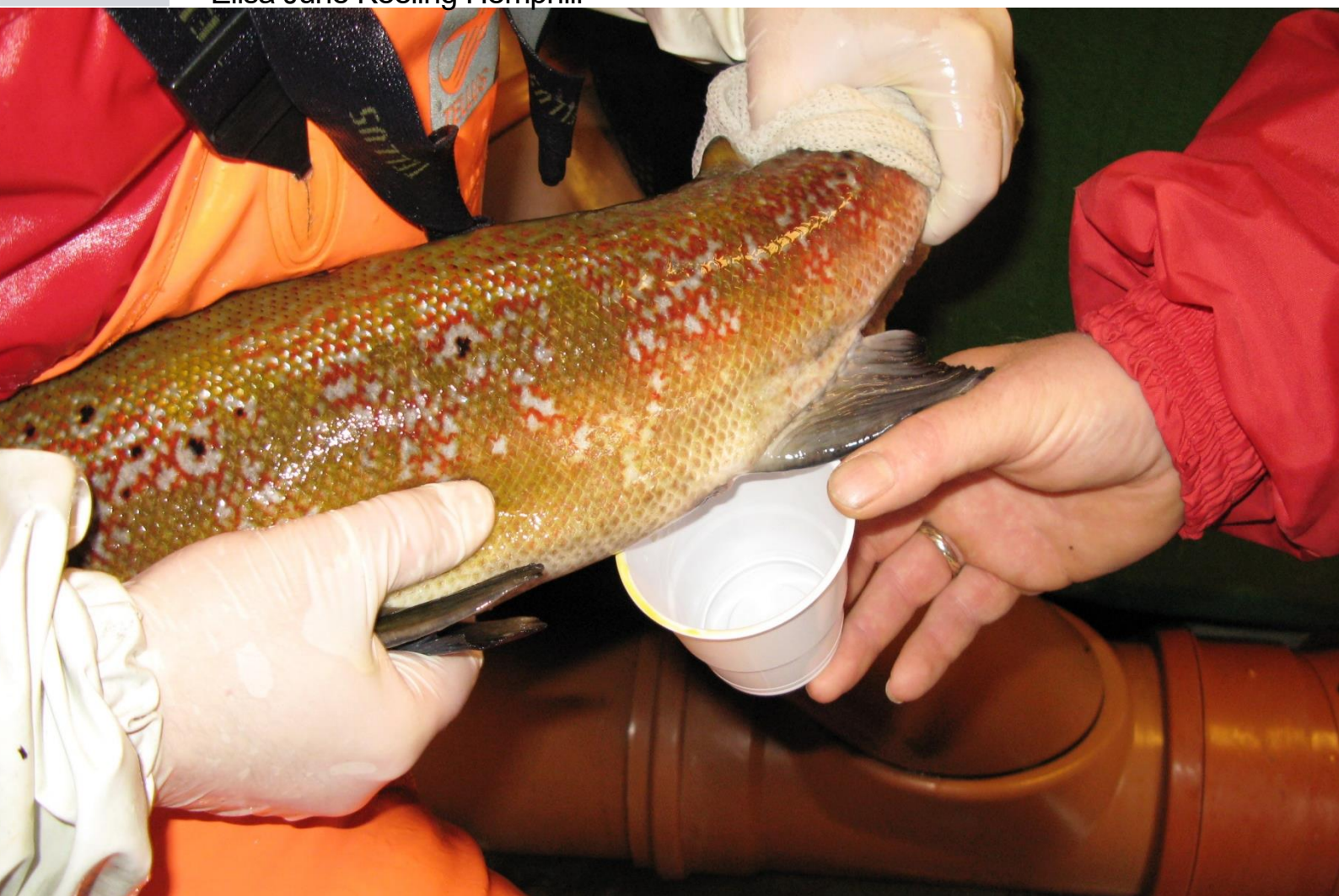


## Stamlakskontroll 2017

Sten Karlsson  
Bjørn Florø-Larsen  
Vegard P. Sollien  
Line Birkeland Eriksen  
Ida Pernille Øystese Andersskog  
Hege Brandsegg  
Bente Uhre Halvorsen  
Elisa June Keeling Hemphill



## **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 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 2017

Sten Karlsson  
Bjørn Florø-Larsen  
Vegard P. Sollien  
Line Birkeland Eriksen  
Ida Pernille Øystese Andersskog  
Hege Brandsegg  
Bente Uhre Halvorsen  
Elisa June Keeling Hemphill



**Veterinærinstituttet**  
Norwegian Veterinary Institute



**Norsk institutt for naturforskning**

Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Sollien, V.P., Eriksen, L.B., Andersskog, I.P.Ø, Brandsegg, H., Halvorsen, B.U. & Hemphill, E.J.K. 2018. Stamlakskontroll 2017. NINA Rapport 1486. Norsk institutt for naturforskning.

Trondheim, februar 2018

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-3217-3

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-987|2018

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER/BIDRAGSYTER

Anne Kristin Jøranlid

FORSIDEBILDE

Stryking av laks. Foto: Knut Bergersen

NØKKELOORD

laks, *Salmo salar*, stamfisk, kultivering, rømt oppdrettslaks, skjell-analyser, 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  
Tlf: 73 80 14 00

##### **NINA Oslo**

Gaustadalléen 21  
0349 Oslo  
Tlf: 73 80 14 00

##### **NINA Tromsø**

Framsenteret  
9296 Tromsø  
Tlf: 77 75 04 00

##### **NINA Lillehammer**

Fakkelgården  
2624 Lillehammer  
Tlf: 73 80 14 00

##### **NINA Bergen**

Thormøhlensgate 55  
5006 Bergen  
Tlf: 73 80 14 00

[www.nina.no](http://www.nina.no)

## Sammendrag

Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Sollien, V.P., Eriksen, L.B., Andersskog, I.P.Ø, Brandsegg, H., Halvorsen, B.U. & Hemphill, E.J.K. 2018. Stamlakskontroll 2017. NINA Rapport 1486. Norsk institutt for naturforskning.

I henhold til Miljødirektoratets retningslinjer for utsetting av anadrom fisk ble skjell fra all stamlaks høsten 2017 sendt inn til Veterinærinstituttet for registrering, arkivering og skjellanalyse. Ut fra vekstmønster i skjellene ble laks klassifisert som villaks, rømt oppdrettslaks, utsatt (kultivert), usikker eller som ikke lesbar. Stamlaks klassifisert som rømt oppdrettslaks ble ikke godkjent, mens de andre ble fortløpende videresendt til NINA for genetisk analyse for å beregne mulig opphav i rømt oppdrettslaks. I alt ble skjell fra 2280 laks fra 55 forskjellige vassdrag analysert. Blant disse ble 1715 klassifisert som villaks, 55 som rømt oppdrettslaks, 459 som utsatt laks og 51 som usikre. Skjellprøver fra 1865 laks ble videresendt for genetiske analyser. Av disse hadde 273 en lav sannsynlighet for å ha rent villaksopphav og ble ikke godkjent som stamlaks. Av de skjellprøvene som ble videresendt til genetisk analyse, var 1825 identifisert som vill eller utsatt, og 255 av disse (14,0 %) ble forkastet ved at de hadde sannsynlig opphav i rømt oppdrettslaks og varierte fra ingen forkastet stamlaks (ni bestander med tre til 92 stamlaks analysert) til syv forkastet av åtte testet i Granvinselfa.

Sten Karlsson, Ida Pernille Øystese Andersskog, Hege Brandsegg, Line Birkeland Eriksen, Bente Uhre Halvorsen, Elisa June Keeling Hemphill. NINA, Postboks 5685 Torgarden, 7485 Trondheim. Epost: [sten.karlsson@nina.no](mailto:sten.karlsson@nina.no)

Bjørn Florø-Larsen, Vegard P. Sollien, Veterinærinstituttet, Postboks 5695 Torgarden, 7485 Trondheim. Epost: [bjorn.floro-larsen@vetinst.no](mailto:bjorn.floro-larsen@vetinst.no)

# Innhold

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

## Forord

I 2014 kom det nye retningslinjer fra Miljødirektoratet med krav om at kontroll av stamlaks ble utvidet med en 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 ved stamfisket i 2014 og videreført i 2015, 2016 og 2017. Dette er derved den fjerde rapporten av stamlakskontroll i denne serien. 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 stamlakskontrollen på en rask og effektiv måte.

Trondheim, 4. februar 2018  
Sten Karlsson og Bjørn Florø-Larsen

# 1 Innledning

Rømt oppdrettslaks er vurdert som en av de viktigste negative påvirkningene på ville bestander av laks i Norge (Anon. 2010, 2016c, Glover m fl. 2017), ut fra blant annet følgende kunnskapsgrunnlag:

- Omfanget av rømt oppdrettslaks (Fiske m fl. 2014, Anon 2016a)
- Innkrysning av rømt oppdrettslaks i villaks (Glover m fl. 2013, Anon. 2016b, Karlsson m fl. 2016, Diserud m fl. 2017).
- Funksjonelle genetiske forandringer i oppdrettslaks i forhold til sitt ville opphav som følge av avl (Gjedrem & Baranski 2009).
- Funksjonelle genetiske forandringer i viktige livshistorieegenskaper i villaksbestander som følge av innkrysning (Bolstad m fl. 2017).
- Lavere fitness hos oppdrettslaks og avkom etter oppdrettslaks i naturen (Fleming m fl. 2000, McGinnity m fl. 2003, Skaala m fl. 2012).

I en omfattende studie av Karlsson m fl. (2016) som inkluderte mer enn 20 000 laks klekket i naturen ble det påvist signifikant innkrysning av rømt oppdrettslaks i 51 av 109 (47 %) bestander, målt i prøver av voksen laks. Grad av genetisk introgresjon (innkrysning) fra rømt oppdrettslaks varierte mye mellom bestandene; fra ingen påvist introgresjon til 42,2 % med et gjennomsnitt på 6,4 %.

Bruk av rømt oppdrettslaks eller avkom etter rømt oppdrettslaks som stamfisk for produksjon av laks til utsetting er 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, 2016, 2017). Her rapporterer vi stamlakskontrollen for 2017.



## 2 Materiale og Metoder

### 2.1 Skjellanalyser

Skjellprøver av stamlaks sendes inn til Veterinærinstituttet fortløpende gjennom 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

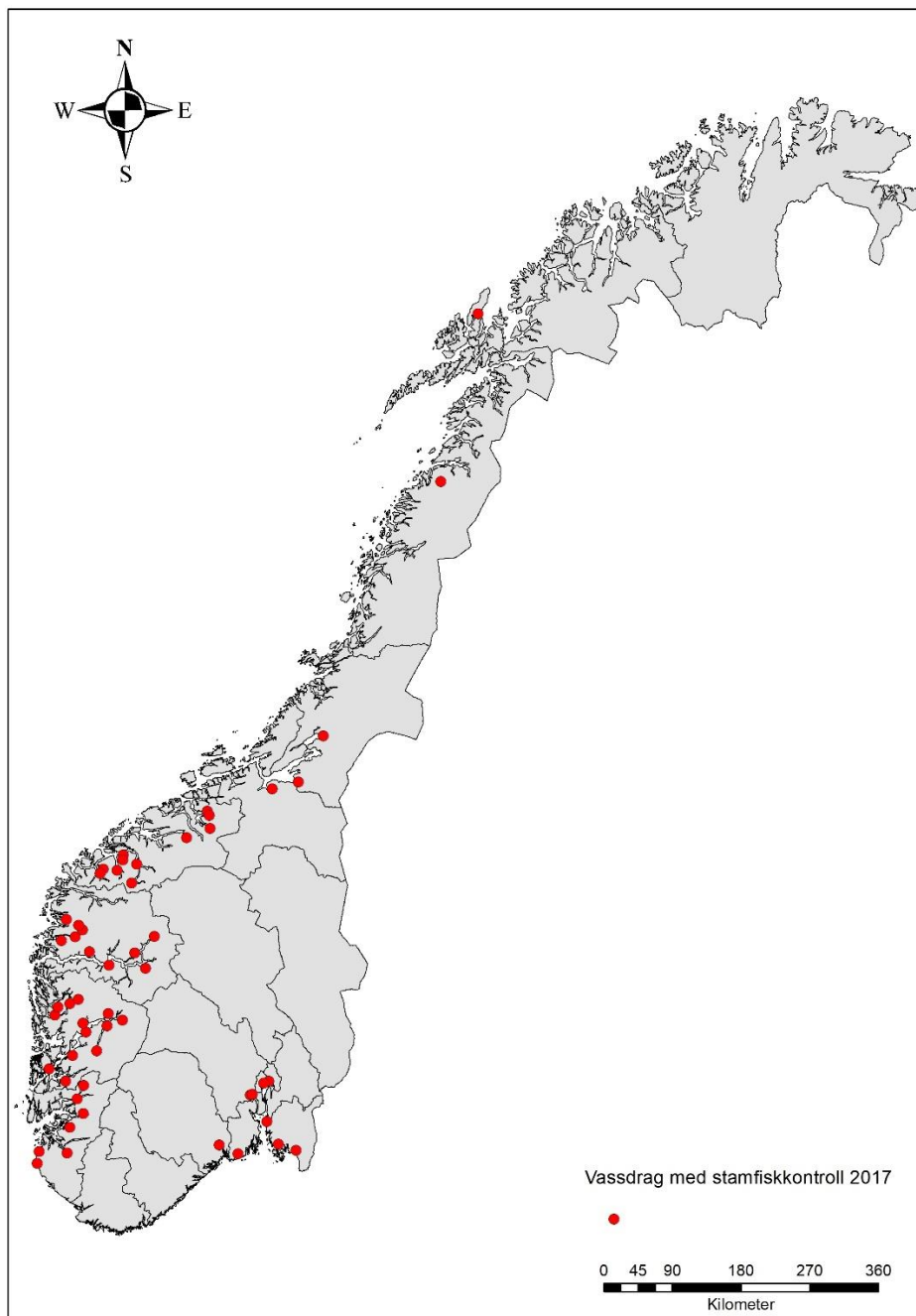
Skjell fra stamfisk som utfra vekstmønsteret i skjellene ble karakterisert som vill, utsatt (kultivert) eller med usikker klassifisering ble videresendt fra Veterinærinstituttet til NINA for genetiske analyser. Arvestoffet (DNA) ble ekstrahert fra skjellene ved bruk av Qiagen tissue ekstraksjons-kit.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

Ut fra 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 m fl. 2014, Karlsson m fl. 2016). En sannsynlighetsgrense mindre enn 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 villaksen 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 er 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 flere diagnostiske markører (Karlsson m fl. 2013).

### 3 Resultater

I alt ble 2280 stamfisk fra 55 villaksbestander (**Figur 2**) analysert for opphav ut fra vekstmønsteret i skjellene. Av disse ble 1715 klassifisert som villaks, 55 som rømt oppdrettslaks, 459 som utsatt laks og 51 som usikker eller også at det ikke var mulig å analysere skjellene. Skjell fra 1865 stamlaks ble sendt videre for genetiske analyser. Av disse ble 273 beregnet å ikke ha rent villaksopphav (14,6 %) (**Tabell 1**). En ørret og tre ørret-x-laks hybrider ble identifisert i Lierelva (011.Z). En ørret-x-laks hybrid ble identifisert i Drammenselva (012.Z). En ørret-x-laks hybrid ble identifisert i Beiarelva (161.Z). En ørret ble identifisert i Bævre (112.3Z).



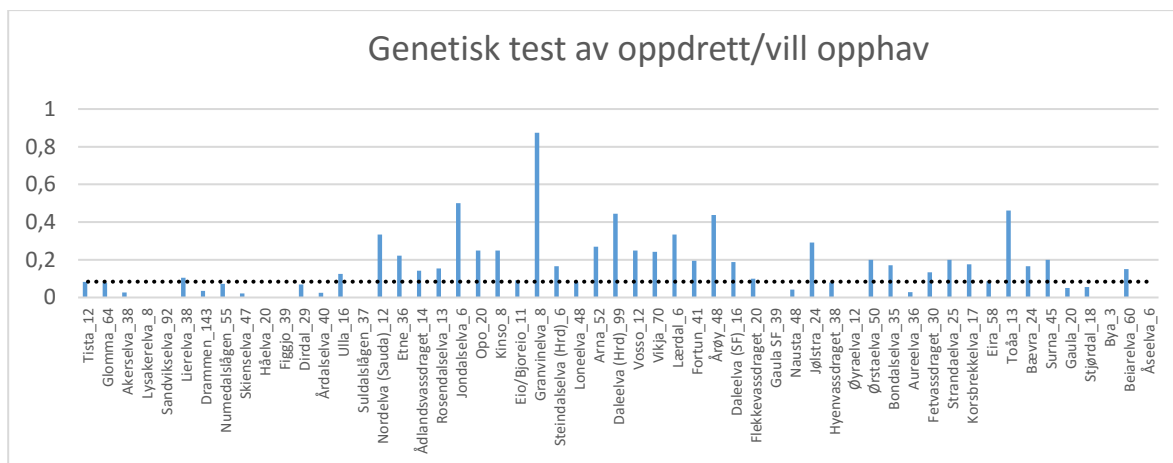
**Figur 2.** Geografisk beliggenhet av laksebestander der stamfisk ble analysert i 2017 (Kart: Eva Marita Ulvan, NINA).

**Tabell 1.** Oversikt over stamfiskkontroll 2017. 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 ut fra skjellanalysen ble kategorisert som villfisk, utsatt og usikker ble analysert genetisk, mens rømt oppdrettslaks og en del utsatt laks ble forkastet før genetisk analyse. Vassdragene er ordnet ut fra vassdragsnummer (fra svenskegrensen i sør til nord).

Navn	#	Skjellanalysen					Gentest	
		N	Vill	Oppdrett	Utsatt	Usikker/Na	N	Oppdrett
Tista	001.Z	12	12	0	0	0	12	1
Glomma	002.Z	337	22	8	306	1	64	5
Akerselva	003.Z	38	38	0	0	0	38	1
Lysakerelva	007.Z	9	8	0	0	1	8	0
Sandvikselva	008.Z	94	92	0	0	2	94	0
Lierelva	011.Z	41	41	0	0	0	38	4
Drammen	012.Z	173	164	0	5	4	147	5
Numedalslågen	015.Z	57	55	1	0	1	56	4
Skienelva	016.Z	49	47	0	0	2	49	1
Håelva	028.3Z	20	20	0	0	0	20	0
Figgjo	028.Z	43	41	2	0	0	39	0
Dirdal	030.2Z	29	29	0	0	0	29	2
Årdalselva	033.Z	40	40	0	0	0	40	1
Ulla	035.Z	17	16	0	0	1	16	2
Suldalslågen	036.Z	49	48	0	0	1	38	0
Nordelva (Sauda)	037.2Z	12	12	0	0	0	12	4
Etne	041.Z	37	36	1	0	0	36	8
Ådlandsvassdr.	044.3Z	14	14	0	0	0	14	2
Rosendalselva	045.4Z	22	15	6	0	1	13	2
Jondalselva	047.2Z	9	5	2	1	1	7	4
Opo	048.Z	30	21	7	1	1	21	6
Kinso	050.1Z	11	8	3	0	0	8	2
Eio/Bjoreio	050.Z	13	10	0	1	2	13	2
Granvinelva	052.1Z	12	8	0	0	4	12	10
Steindalselva (Hrd)	052.7Z	8	6	0	0	2	8	3
Loneelva	060.4Z	51	48	2	0	1	49	4
Arna	061.2Z	53	52	0	0	1	53	14
Daleelva (Hrd)	061.Z	101	49	0	50	2	101	45
Vosso	062.Z	44	4	3	35	2	12	3
Vikja	070.Z	78	67	2	4	5	75	21
Lærdal	073.Z	6	6	0	0	0	6	2
Fortun	075.Z	41	14	0	27	0	41	8
Årøy	077.Z	51	48	0	0	3	51	21
Daleelva (SF)	079.Z	16	16	0	0	0	16	3
Flekkevassdr.	082.Z	20	20	0	0	0	20	3

Gaula SF	083.Z	39	39	0	0	0	39	0
Nausta	084.7Z	49	48	0	0	1	49	2
Jølstra	084.Z	26	23	1	1	1	25	8
Hyenvassdr.	085.Z	38	38	0	0	0	38	3
Øyraelva	094.6Z	13	13	0	0	0	12	0
Ørstaelva	095.Z	61	50	11	0	0	50	10
Bondalselva	097.1Z	37	35	0	0	2	37	6
Aureelva	097.72Z	36	36	0	0	0	36	1
Fetvassdr.	097.7Z	30	30	0	0	0	30	4
Strandaelva	098.3Z	26	25	0	0	1	26	6
Korsbrekkelva	098.6Z	17	17	0	0	0	17	3
Eira	104.Z	60	34	0	24	2	60	6
Toåa	111.Z	17	16	1	0	0	13	6
Bævra	112.3Z	25	24	0	0	1	25	5
Surna	112.Z	46	41	1	4	0	45	9
Gaula T	122.Z	20	20	0	0	0	20	1
Stjørdal	124.Z	29	24	0	0	5	18	1
Bya	128.Z	3	3	0	0	0	3	0
Beiareelva	161.Z	65	61	4	0	0	60	9
Åselva	186.22Z	6	6	0	0	0	6	0
<b>Totalt</b>		<b>2280</b>	<b>1715</b>	<b>55</b>	<b>459</b>	<b>51</b>	<b>1865</b>	<b>273</b>

Av 1865 stamfisk analysert genetisk var 13 kategorisert som usikker på skjellanalysen, og for 27 var skjellanalysen ikke mulig. Når vi luker ut usikre, de individer der skjellanalysen ikke var mulig og individer identifisert som ørret eller ørret/laks hybrider ble 255 av 1825 stamlaks kategorisert som villfisk eller utsatt laks ekskludert på grunn av at de hadde sannsynlig opphav i rømt oppdrettslaks (14,0 %). Andel ekskludert stamfisk blant de kategorisert som utsatt eller vill varierte betydelig mellom bestander fra ingen i ni bestander (tre til 92 individer analysert) til syv av åtte analyserte individer i Granvinselva, med en gjennomsnittlig og median andel på henholdsvis 15,7 % og 12,5 %. Sammenlikningen mellom elver er imidlertid 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 villaksopphav. Til sammenlikning ble en større andel enn dette ekskludert i 32 av 55 (58 %) bestander.



**Figur 3.** Andel stamfisk (y-aksen) kategorisert som villaks ut fra 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 (Merk at antall fisk er lavt for noen elver). Prøvene fra i alt 55 laksebestander er ordnet etter vassdragsnummer fra grensen mot Sverige i sørøst og vest- og nordover langs kysten.

## 4 Diskusjon

I alt ble 2280 stamlaks analysert for opphav ved skjellanalyser. Av disse ble 55 identifisert som rømt oppdrettslaks (2,4 %), 1715 (75,2 %) som villaks, 459 (20,1 %) som utsatt og 51 (2,2 %) som usikker eller umulig å analysere. I alt ble 1865 stamfisk videresendt for genetiske analyser. Av disse ble 273 (14,6 %) underkjent som stamfisk på grunn av sannsynlig opphav i rømt oppdrettslaks. Blant individer som ut fra skjellmønster ble karakterisert som villaks eller utsatt laks, ble 255 (14,0 %) individer underkjent.

I 2017 ble 175 bestander karakterisert i henhold til delnormen «Genetisk integritet» etter «Kvalitetsnormen for ville bestander av laks (*Salmo salar*)» (Diserud m fl. 2017). 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), 2015 (Karlsson m fl. 2016) og 2016 (Karlsson m fl. 2017) siden en større andel stamfisk enn det som skulle forventes om bestandene var upåvirket, ble ekskludert i henholdsvis to tredeler, tre fjerdedeler og to tredeler av bestandene. Tilsvarende andel for eksklusjon av stamfisk fra stamlakskontrollen i 2017 er noe lavere (58 %, som er noe lavere enn to tredeler).

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. Resultatene i denne og tidligere års genetiske analyser av stamlaks viser en klar nytteeffekt av denne kontrollen.

## 5 Referanser

- Anon. 2010. Status for norske laksebestander i 2010. – Rapport fra Vitenskapelig råd for lakseforvaltning nr 2, 213 s.
- Anon. 2016a. Rømt oppdrettslaks i vassdrag. Rapport fra det nasjonale overvåkingsprogrammet 2015. Fisken og havet, særnr. 2b–2016.
- Anon. 2016b. Klassifisering av 104 laksebestander etter kvalitetsnorm for villaks. – Temarapport nr 4, Vitenskapelig råd for lakseforvaltning, 85 s.
- Anon. 2016c. Status for norske laksebestander i 2016. Rapport fra Vitenskapelig råd for lakseforvaltning nr 9, 190 s.
- Bolstad, G.H., Hindar, K., Robertsen, G., Jonsson, B., Sægrov, H., Diserud, O., Fiske, P., Jensen, A.J., Urdal, K., Næsje, T.F., Barlaup, B.T., Florø-Larsen, B., Lo, H., Niemelä, E. & Karlsson, S. 2017. Gene flow from domesticated escapes alters the life history of wild Atlantic salmon. *Nature Ecology & Evolution* 1: 0124.
- Diserud, O. H., Hindar, K., Karlsson, S., Glover, K. & Skaala Ø. 2017. Genetisk påvirkning av rømt oppdrettslaks på ville laksebestander – status 2017. - NINA Rapport 1337. 55 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 Genetics* 14:74.
- Glover, K. A., Solberg, M. F., McGinnity, P., Hindar, K., Verspoor, E., Coulson, M. W., Hansen, M. M., Araki, H., Skaala, Ø. & Svåsand, T. 2017. Wild Atlantic salmon, farmed escapees and genetic interactions: status of knowledge and unanswered questions after 40 years of research. *Fish and Fisheries* 18: 890-927.
- 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: 3256–3263.
- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Balstad, T., Eriksen, L. B. & Spets, M. H. 2015. Stamlakskontroll 2014. – NINA Rapport 1143. 13 s.
- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Balstad, T., Eriksen, L. B. & Spets, M. H. 2016. Stamlakskontroll 2015. – NINA Rapport 1266. 14 s.
- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Balstad, T., Eriksen, L. B. & Spets, M. H. 2017. Stamlakskontroll 2016. - NINA Rapport 1330. 14 s.



- Karlsson S., Diserud O. H., Fiske P. & Hindar K. 2016. Widespread genetic introgression of escaped farmed Atlantic salmon in wild salmon populations. – *ICES Journal of Marine Science* 73: 2488-2498.
- 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: 978-82-426-3217-3

## Norsk institutt for naturforskning

NINA Hovedkontor

Postadresse: Postboks 5685 Sluppen, 7485 Trondheim

Besøks/leveringsadresse: Hogskoleringen 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