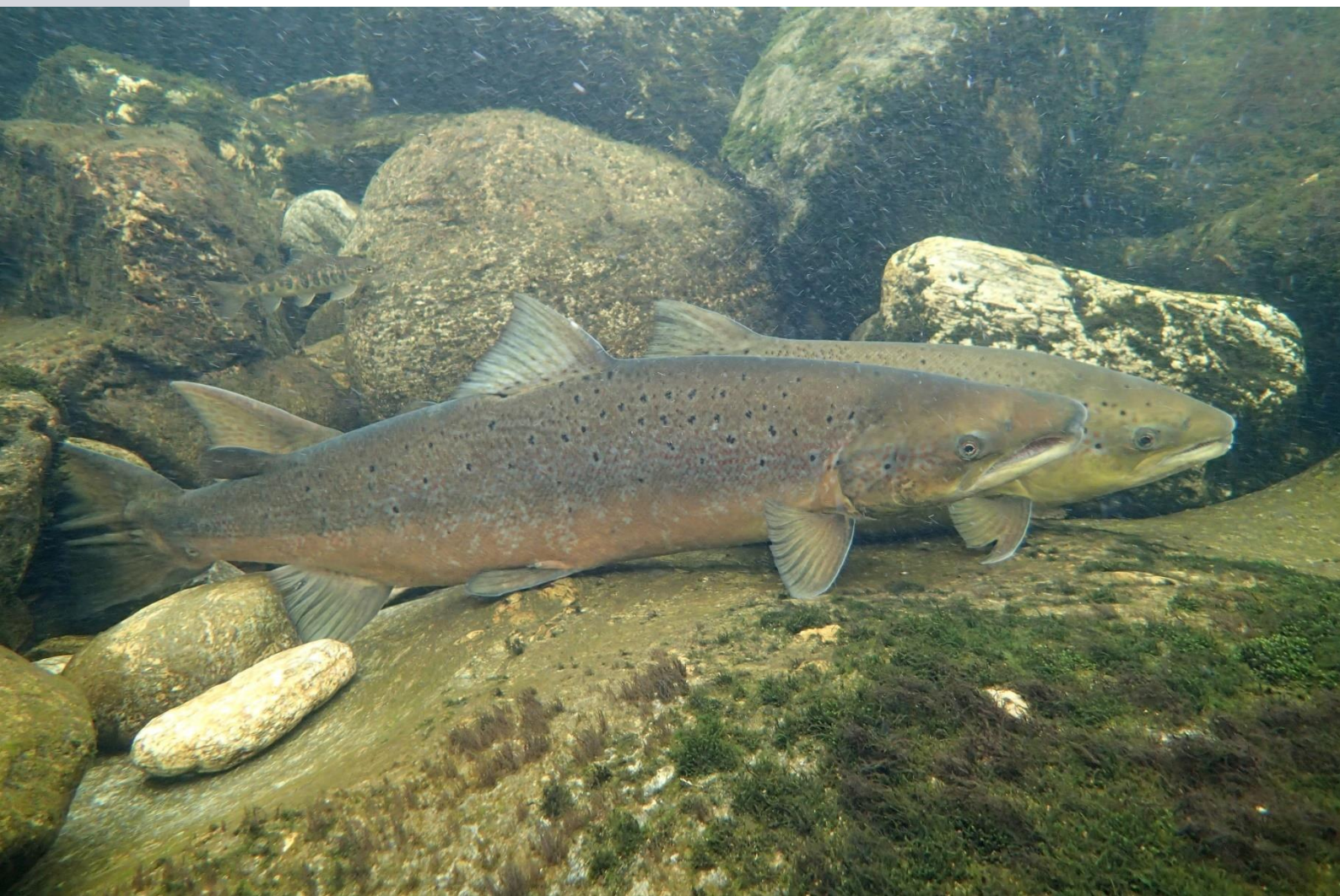


1520

NINA Rapport

Genetiske undersøkelser av villaksen i Samnangervassdraget

Ingerid Julie Hagen Arnesen, Harald Sægrov og Sten Karlsson



NINAs publikasjoner

NINA Rapport

Dette er NINAs ordinære 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. 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.

Genetiske undersøkelser av villaksen i Samnangervassdraget

Ingerid Julie Hagen Arnesen
Harald Sægrov
Sten Karlsson

Hagen Arnesen, I., J., Sægrov, H. & Karlsson, S. 2018. Genetiske undersøkelser av villaksen i Samnangervassdraget. NINA Rapport 1520. Norsk institutt for naturforskning.

Trondheim, mai 2018

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-3257-9

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

KVALITETSSIKRET AV

Kjetil Hindar

ANSVARLIG SIGNATUR

Forskningssjef Tor F. Næsje (sign.)

OPPDRAKSGIVER(E)/BIDRAGSYTER(E)

Fylkesmannen i Hordaland

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER/BIDRAGSYTER

Gry Walle

FORSIDEBILDE

Laks i Samnangervassdraget © Bjart Are Hellen

NØKKELOORD

Villaks

Sjørret

Samnangervassdraget

Reetablering

Kultivering

Genetikk

KONTAKTOPPLYSNINGER

NINA hovedkontor

Postboks 5685 Torgarden
7485 Trondheim
Tlf: 73 80 14 00

NINA Oslo

Gaustadalléen 21
0349 Oslo
Tlf: 73 80 14 00

NINA Tromsø

Postboks 6606 Langnes
9296 Tromsø
Tlf: 77 75 04 00

NINA Lillehammer

Vormstuguvegen 40
2624 Lillehammer
Tlf: 73 80 14 00

NINA Bergen

Thormøhlensgate 55
5006 Bergen
Tlf: 73 80 14 00

www.nina.no

Sammendrag

Hagen Arnesen, I.J., Sægrov, H & Karlsson, S. 2018. Genetiske undersøkelser av villaksen i Samnangervassdraget. NINA Rapport 1520. Norsk institutt for naturforskning.

Laksebestanden i Samnangervassdraget har vært fåtallig i flere tiår. Kraftutbygging, forsuring av vassdraget, lakselus og innkrysning av rømt oppdrettslaks kan ha vært viktige faktorer.

Denne rapporten inneholder resultatene fra en oppsummering av de økologiske forholdene i Samnangervassdraget, en redegjørelse for status og historikk til laks og sjørret i vassdraget, en vurdering av den genetiske integriteten og opphavet til laks i vassdraget, samt anbefalinger for strategi ved reetablering av laks i Samnangervassdraget.

Det eksisterer ikke tilstrekkelig referansemateriale i form av historiske prøver fra Samnangervassdraget til å si noe om laksen i vassdraget i dag har opphav i den opprinnelige stammen. Analyser av nyere prøver viser at individene i Samnangervassdraget skiller seg lite genetisk fra andre nærliggende laksestammer og at det er en høyst signifikant og betydelig grad av genetisk innkrysning med rømt oppdrettslaks. I gyteårsklassene av ungfisk fra 2011 og 2013 beregnet vi en innkrysningsgrad på henholdsvis 36 % og 23 %, og vi beregnet en innkrysningsgrad på 30 % i en stikkprøve av voksen laks innsamlet i årene 2011 – 2016.

Analyser av effektivt antall gytelaks basert på ungfiskmateriale fra to årsklasser tilsier at gytebestanden i vassdraget er liten. Dette understøttes av fangststatistikk og gytefisktellinger. Det er lite sannsynlig å fange tilstrekkelig antall vill stamlaks som oppfyller kriteriene for genetisk variasjon og liten risiko for innavl i Samnangervassdraget. Ved reetablering foreslår vi derfor at det suppleres med stamfisk fra Etne, og hvis nødvendig fra Kinso. Denne vurderingen er basert på genetiske sammenlikninger med nøytrale og funksjonelle genetiske markører og sammenlikninger av elvemiljø og alders- og størrelsessammensetning i laksebestanden med de omkringliggende vassdragene Arnaelva, Eidfjord, Etneelva, Kinso, Loneelva, Oselva, Vosso og Ådlandselva.

Ved reetableringen bør det legges vekt på å bruke stamfisk som ikke er innkryset med oppdrettslaks og å oppnå høy genetisk variasjon i den etablerte bestanden. Siden man sannsynligvis kun lykkes i å fange et begrenset antall stamlaks hvert år, og tilslaget fra utsettingene forventes å kunne være høyt det/de første året/årene, foreslår vi en langsiktig plan der utsettingene gjøres på en slik måte at man unngår konkurranse mellom fisk fra de ulike utsettingsårene. Over tid vil man så kunne bygge opp en bestand som har opphav i et stort antall stamfisk der laks med opphav i rømt oppdrettslaks har blitt luket ut. Utover den obligatoriske stamlakskontrollen for å luke ut laks med opphav i rømt oppdrettslaks foreslår vi parvise slektskapsanalyser for å unngå kryssninger mellom nært beslektede individer. Videre bør kultivering evalueres årlig ved hjelp av ungfiskundersøkelser og molekylærgenetisk sporing til stamfiskforeldre for å sikre at effektiv bestandsstørrelse optimaliseres.

Ingerid Julie Hagen Arnesen, NINA, P.O. Box 5685 Torgarden, 7485 Trondheim;

ingerid.arnesen@nina.no

Harald Sægrov, Rådgivende Biologer AS, Bredsgården, 5003 Bergen;

harald.saegrov@radgivende-biologer.no

Sten Karlsson, NINA, P.O. Box 5685 Torgarden, 7485 Trondheim; sten.karlsson@nina.no

Innhold

Sammendrag	3
Innhold	4
Forord	5
1 Innledning.....	6
1.1 Bakgrunn.....	6
1.2 Vassdragsbeskrivelse.....	6
1.3 Fangststatistikk og gytebestand	8
1.4 Oppdrettslaks i fangstene	9
1.5 Ungfisk	10
1.6 Betydning av utveksling av individer mellom bestander	12
1.7 Genetiske effekter av kultivering	12
2 Metode	14
2.1 Tilgjengelig materiale.....	14
2.2 Effektivt antall gytefisk i Samnangervassdraget.....	14
2.3 Beregning av genetisk innkrysning av oppdrettslaks	14
2.4 Genetisk avstand mellom prøver fra Samnangervassdraget og omkringliggende elver	15
2.5 Forskjeller i allelfrekvens på funksjonelle markører	15
3 Resultater	16
3.1 Effektivt antall gytefisk	16
3.2 Genetisk innkrysning av oppdrettslaks.....	16
3.3 Genetisk avstand mellom individprøver fra Samnangervassdraget og omkringliggende elver	18
3.4 Forskjeller i allelfrekvens på funksjonelle markører	19
4 Diskusjon.....	20
4.1 Oppsummering og konklusjon.....	21
5 Referanser	23

Forord

Laksebestanden i Samnangervassdraget er karakterisert som kritisk truet eller tapt. Fylkesmannen i Hordaland vurderer ulike tiltak for å bygge opp bestanden til et bærekraftig nivå og sendte i 2017 ut et konkurransegrunnlag for *genetisk undersøkning av laksestamma i Samnangervassdraget i Samnanger kommune*. Fylkesmannen ønsket en kort oppsummering av status og historikk til laks og sjøørret i vassdraget, en kartlegging av den genetiske profilen til laksen i vassdraget med tanke på hvorvidt bestanden i vassdraget i dag har opphav i den opprinnelige stammen, og i hvor stor grad laksen er genetisk påvirket av innkrysning med rømt oppdrettslaks, og basert på innhentet kunnskap gi råd om valg av stamfisk ved en eventuell reetablering av vassdraget. Norsk institutt for naturforskning har samarbeidet med Rådgivende biologer i dette prosjektet for å imøtekomme kravene til leveranse. Rådgivende biologer har bidratt med prøver for genetiske analyser, skrevet oppsummeringen av status og historikk til laks og ørret i vassdraget og sammen med NINA vurdert valg av stamme til en eventuell reetablering. NINA har ledet prosjektet og gjort de genetiske analysene. Vi takker lab-ingeniørene ved NINAs genetikklab for DNA-ekstraksjon og genotyping, og Ola H. Diserud, NINA, for å estimere og statistisk teste grad av innkrysning av rømt oppdrettslaks. Prøver fra Vosso er innsamlet av Uni Research ved Bjørn Barlaup. Veterinærinstituttet ved Bjørn Florø-Larsen har bidratt med prøver av stamlaks fra Arnaelva, Eidfjordvassdraget, Etneelva, Kinso, Loneelva, Oselva og Ådlandselva. Vi takker Fylkesmannen i Hordaland for oppdraget.

Trondheim 23.04.2018
Sten Karlsson

1 Innledning

1.1 Bakgrunn

Bestandene av anadrom fisk i Samnangervassdraget var naturlig fåtallige på grunn av begrenset oppvekstareal som skyldtes vandringshindre inkludert en foss helt nederst mot sjøen. Vassdraget har vært regulert til vannkraftformål siden 1912, og forsuring sammen med forhold i sjøen har i varierende grad bidratt til lavt antall fisk. Lite innsig av fisk medførte at både villaks og sjørret har vært fredet siden 2008. Det ble gjennomført gytefisktelinger i vassdraget i 2002 og årlig i perioden 2007 til 2016. I 2007 ble det ikke observert en eneste gytelaks i vassdraget, og ved ungfiskundersøkelser de etterfølgende årene ble det heller ikke fanget lakseunger som var gytt høsten 2007. I 2011 ble det talt 67 gytelaks, men de øvrige årene færre enn 23 laks. I perioden 2006 – 2016 ble det gjennomført årlige undersøkelser som inkluderte ungfisktelling, gytefisktelling, analyse av skjellprøver fra voksen fisk, bunndyrundersøkelser, temperaturlogging og vannkjemiske undersøkelser i Storelva, Frølandselva og Tysseelva (Kambestad mfl. 2016).

Det er usikkert om laksetrappen i fossen nederst ved sjøen har fungert tilfredsstillende. Laksetrappen i den ene sidegreinen (Frølandselva) og tiltak for tilrettelegging av oppvandring i den andre sidegreinen (Storelva) har ikke medført at anadrom fisk har rekruttert ovenfor laksetrappene i de to sidegreinene. Dette kan delvis forklare at det bare unntaksvis har vært mulig å skaffe nok stamfisk til kultivering på områdene ovenfor trappene, og liten/ingen produksjon av smolt som ved tilbakevandring var tilstrekkelig motivert til å vandre opp til de øverste områdene. Ved beregning av gytebestandsmålet på 247 kg hunnlaks (185 – 371 kg) for vassdraget ble det tatt utgangspunkt i en lakseførende elvestrekning på 9,9 km inkludert oppvekstareal i Frølandsvatnet. I realiteten har imidlertid den lakseproduserende elvestrekningen vært begrenset til 3,7 km.

Siden slutten av 1980-tallet har det blitt fanget et stort antall rømt oppdrettslaks i elveosen nederst i vassdraget. Blant skjellprøver fra sportsfisket i perioden 1999 til 2007 varierte andelen rømt oppdrettslaks mellom 67 % og 96 % (Urdal 2008). Den største laksefangsten som er blitt registrert i vassdraget var 526 laks i 1999, men det ble beregnet at bare 134 var villaks, de resterende 392 var rømte oppdrettslaks. Den største fangsten av sjørret var 74 i 2004.

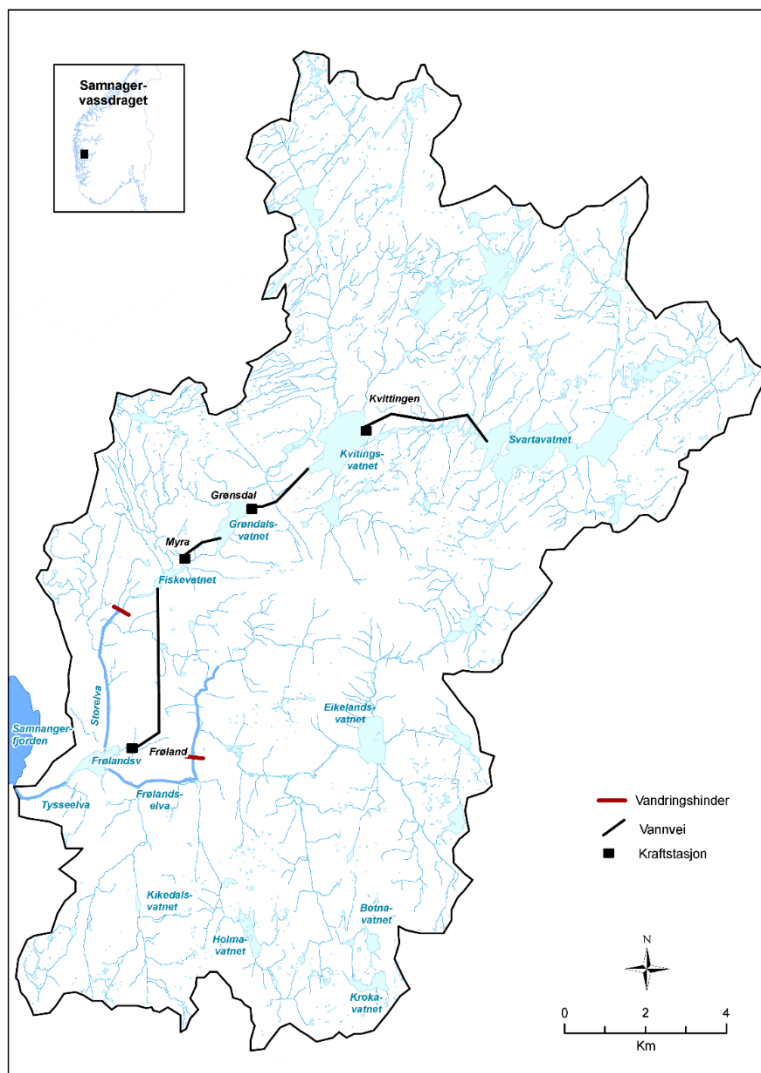
Det lave antallet ville gytelaks, høye andeler av rømt oppdrettslaks og meget variabel, men jevnt over lav tetthet av laksunger over tid gjør at det kan stilles spørsmål om eksistensen av en egen laksebestand i Samnangervassdraget (Kambestad mfl. 2016). I Lakseregisteret er bestandstilstanden for laks karakterisert som «kritisk, eller tapt». En avklaring på dette spørsmålet er avgjørende for hvordan en kan gå frem for å bygge opp en selvreproduserende laksebestand i vassdraget. Dette var utgangspunktet for å gjøre genetiske analyser av skjellmateriale fra laksunger og voksne laks innsamlet i Samnangervassdraget og delmålene for prosjektet var følgende:

- 1) Redegjørelse over status og historikk til laks og sjørret i Samnangervassdraget.
- 2) Vurdere den genetiske integriteten i Samnangervassdraget med bakgrunn i innkrysning av oppdrettslaks.
- 3) Vurdere om den nåværende laksestammen i elven har bakgrunn i den opprinnelige stammen.
- 4) Gi anbefalinger for opphav og antall stamfisk ved en reetablering av laksebestanden i Samnangervassdraget.

1.2 Vassdragsbeskrivelse

Samnangervassdraget i Samnanger kommune har et samlet nedbørfelt på 236 km² og en beregnet middelvannføring ved utløp til sjøen på 28 m³/s (<http://nevina.nve.no/>). Vassdraget består av to hovedgreiner, Storelva fra nord og Frølandselva fra øst, som begge renner inn i

Frølandsvatnet (29 moh.). Utløpselven fra Frølandsvatnet er den 1,7 km lange Tysseelva, som renner ut i Samnangerfjorden ved Tysse (**figur 1**).



Figur 1. Samnangervassdraget (vassdrags-nummer 055.Z) med omtalte vassdragsdeler, innsjøer og kraftverk. Tyssefossen kraftverk nederst i Tysseelva er ikke vist.

Vitenskapelig råd for lakseforvaltning oppgir en anadrom strekning på 9,9 km i Samnangervassdraget, men siden det ikke er registret gyting av laks ovenfor laksetrappene i Frølandselva eller Storelva har lakseførende elvestrekning i realiteten vært 3,7 km.

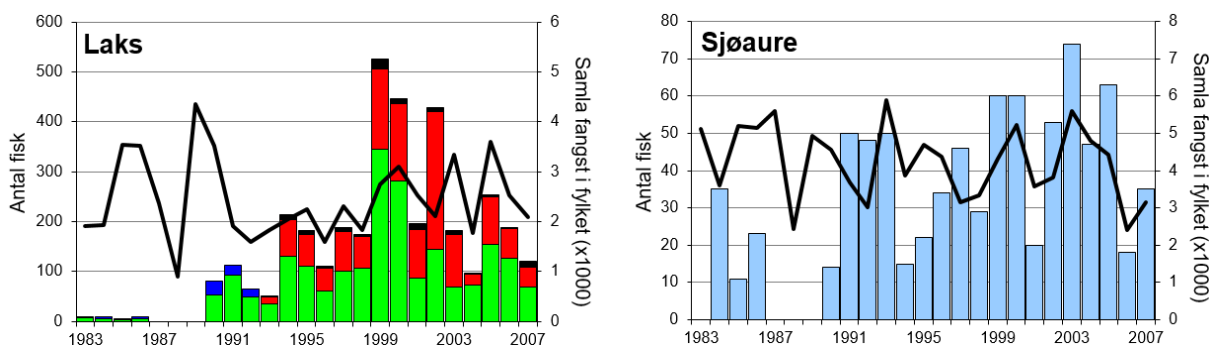
Elvene i vassdraget er ifølge Vann-nett (<http://vann-nett.no>) oppført som «svært kalkfattige» og «klare». Vassdraget har vært påvirket av forsurening, og vannkvaliteten ligger på grensen av uheldig påvirkning for utvandrende laksesmolt, dette til tross av en positiv utvikling som følger den generelle forbedringen i forurensingssituasjonen i vassdrag på Sør- og Vestlandet (Kambestad mfl. 2016).

Det er store forskjeller i vannføringsforholdene i de ulike delene av vassdraget (Kambestad mfl. 2016). I Storelva er det meste av nedbørfeltet fraført og her kan det være meget lav vannføring. Siden 2007 har det blitt sluppet en vannmengde slik at vannføringen på anadrom strekning ikke skal komme under 0,1 m³/s. I perioden 2002-2015 var gjennomsnittlig vannføring 1,8 m³/s, mens snittvannføringen før regulering er beregnet til 15,5 m³/s. Frølandsgreinen av vassdraget er ikke

regulert og har en gjennomsnittlig vannføring på ca. 14 m³/s, mens Tysseelva ved utløpet i sjøen har en snittvannføring på 29,7 m³/s. Storelva er rundt 2 °C varmere fra midt i mai til midt i august sammenlignet med Frølandselva og Tysseelva. Frølandselva og Tysseelva har mange år hatt omtrent samme temperaturforhold og kan karakteriseres som relativt sommerkald. Storelva har betydelig lavere vannføring, men en bedre vannkvalitet enn Frølandsleva og Tysseelva. Frølandselva og Tysseelva har vannkvaliteter om våren som kan være skadelig for laksesmolt. I Tysseelva kan det i tillegg være problem med gassovermetning, men dette er ikke blitt nærmere undersøkt (Kambestad mfl. 2016).

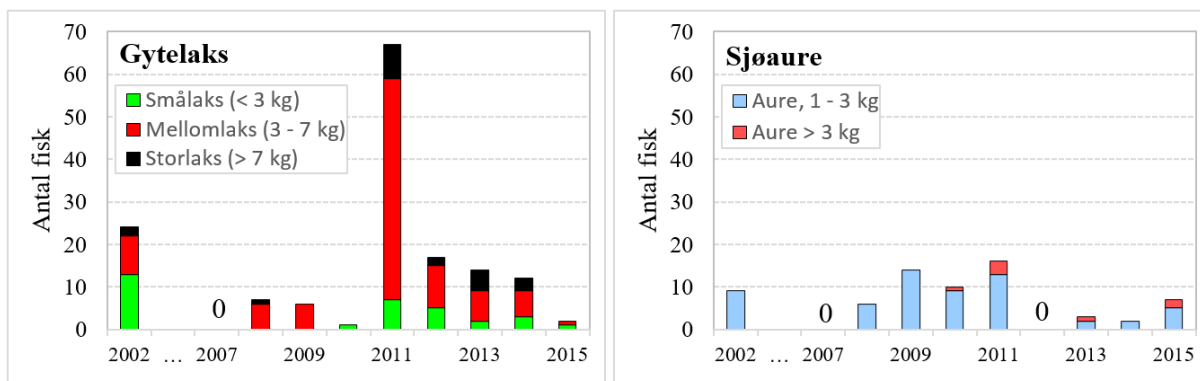
1.3 Fangststatistikk og gytebestand

Det foreligger fangststatistikk for Samnangervassdraget fra perioden 1983 til 2007. Siden 2008 har vassdraget vært stengt for fiske etter vill laks og sjørørret. I årene 1983-86 ble det registrert fangst av 5-10 laks per år, og deretter ble det ikke registrert laksefangst før i 1990 (**figur 2**). I perioden 1990-2006 var gjennomsnittlig fangst av laks i Samnangervassdraget 201 individer per år, men det var stor variasjon mellom år, fra 51 laks i 1993 til 526 i 1999. En stor andel av disse fangstene har imidlertid vært oppdrettslaks fanget i elveosen. De årene det er registrert fangst av sjørørret har tallet variert mellom 11 og 74 stk., med et snitt på 38 per år (**figur 2**).



Figur 2. Årlig fangst (antall; stolper) i Samnangervassdraget fra 1983 til 2007 (Norges offisielle statistikk (www.ssb.no) og Kambestad mfl. 2016). Fra 1979 er laksefangstene delt i smålaks (< 3 kg, grønn søyle) og laks > 3 kg (blå søyle). Fra 1993 er det skilt mellom smålaks (< 3 kg, grønn søyle), mellomlaks (3-7 kg, rød søyle) og storlaks (> 7 kg, svart søyle). Fangstene inkluderer rømt oppdrettslaks som har vært betydelig som vist i figur 4. Linjene viser samlet fangst av laks og sjørørret i resten av Hordaland (y-aksen til høyre). Fisket etter villfisk i Samnangervassdraget har vært stengt siden 2008.

I de 11 årene Rådgivende Biologier AS gjennomførte gytefisketellinger ved drivtelling i vassdraget, ble det observert flest i 2011 med 67 stk. med dominans av mellomlaks (3-7 kg) (Kambestad mfl. 2016, Anon 2018a). De andre årene ble det talt færre enn 23 laks, i 2007 ingen og i 2010 bare én laks (**figur 3**). Det ble også observert meget få gytefisk av sjørørret (fra 0 til 17 årlig, **figur 3**), men siden sjørørreten i større grad enn laksen kunne ha oppholdt seg i Frølandsvatnet da tellingene ble gjennomført kan antallet gytefisk av sjørørret i større grad vært underestimert.

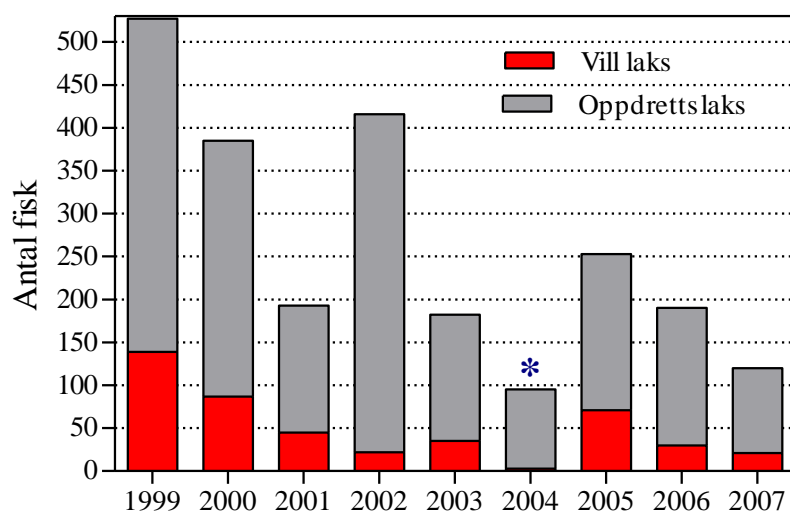


Figur 3. Antall gytelaks (venstre) og sjørret (høyre) observert under gytefisketellinger i Samnangervassdraget i 2002 og årlig i perioden 2007 til 2015. I 2002 ble det ikke foretatt tellinger i Storelva (fra Kambestad mfl. 2016).

1.4 Oppdrettslaks i fangstene

Fra 1999 og frem til fisket ble stengt ble det analysert skjellprøver fra fangsten i Samnangervassdraget, og innslaget av rømt oppdrettslaks varierte disse årene mellom ca. 67 og 96 % (Urdal 2008). Basert på fangststatistikk og skjellprøver er det beregnet hvor mange villaks og rømt oppdrettslaks som ble fanget årlig i Samnangervassdraget i perioden 1999 til 2007, med unntak av i 2004 da kun oppdrettslaks og skadd villaks ble avlivet. Disse beregningene tilsier at det ble fanget flest villaks i 1999, 2000 og 2005, med henholdsvis 139, 87 og 71 individer (**figur 4**). De andre årene ble det fanget færre enn 50 villaks hvert år.

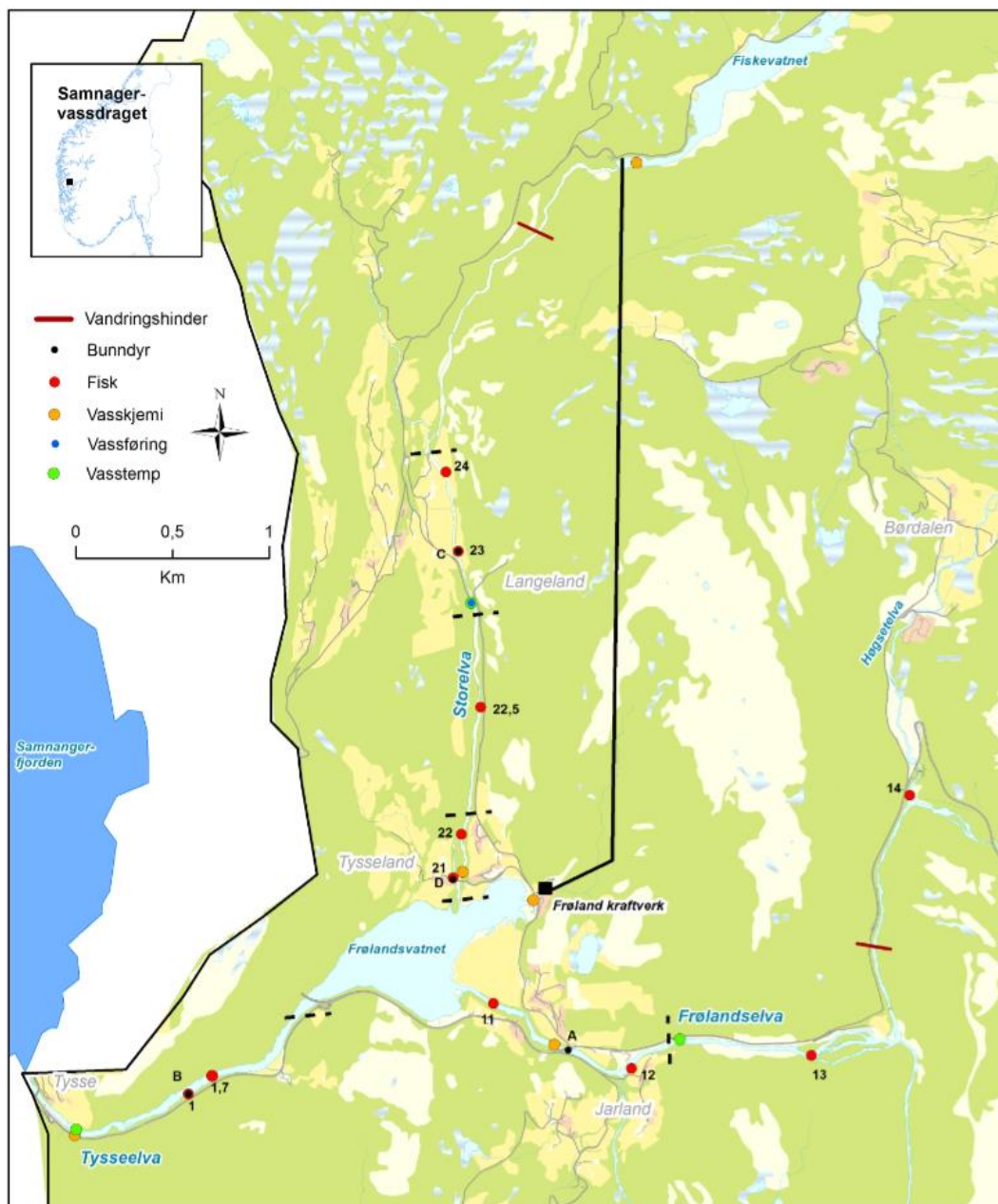
Siden 2010 har det vært åpnet for fiske etter rømt oppdrettslaks i utløpsosen av Tysseelva. I perioden 2010 til 2015 varierte uttaket fra rundt 50 til nær 500 oppdrettslaks per år. Villaks og sjørret har blitt satt levende tilbake (med unntak av feilbestemmelser), og det har blitt registrert inntil 34 villaks og 23 sjørret per år i dette fisket (Hellen mfl. 2015).



Figur 4. Beregnet total fangst av villaks og rømt oppdrettslaks i Samnangervassdraget årlig i perioden 1999 til 2007. Fra og med 2008 har det ikke vært åpnet for fiske etter villaks eller sjørret i vassdraget (se teksten for fangst av oppdrettslaks i senere år). * I 2004 ble bare oppdrettslaks og skadd villaks avlivet (data fra Urdal 2008).

1.5 Ungfisk

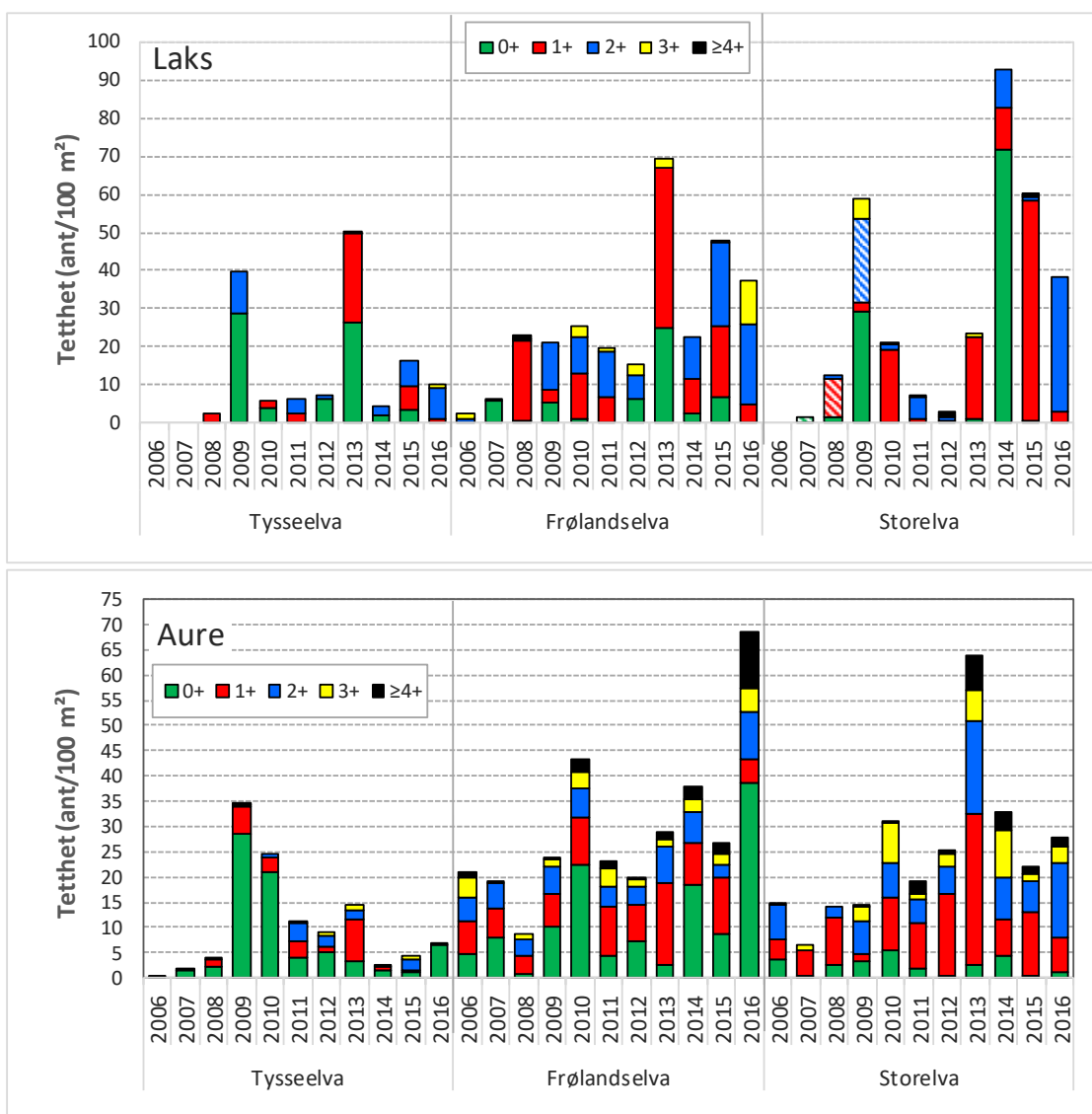
Lokalitetene for prøvetaking i Samnangervassdraget, inkludert plassering av de 10 stasjonene der det ble elektrofisket er vist i **figur 5**.



Figur 5. Oversikt over prøvetakingssteder i Samnangervassdraget. Røde sirkler med tall viser elektrofiskestasjonene 1 og 1,7 i Tysseelva, 11–14 i Frølandselva og 21–24 i Storelva. Soneinndeling ved gytetelling er indikert med stiplede linjer. Anadrome vandringshinder er vist med røde streker.

I perioden 1989 til 2005 var det generelt registrert lave tettheter av laksunger i Tysseelva og moderate til lave tettheter i Frølandselva (Kambestad mfl. 2016). Tettheten var ved alle undersøkelser betydelig høyere nederst i Frølandselva enn i Tysseelva, med unntak av i 1998 (se Kålås mfl. 2000) da andelen utsatt laks (fra klekkeri) i fangsten var høy i Tysseelva.

I perioden med årlige undersøkelser i samtlige elvedeler (2006–2016) har det generelt vært lav tetthet av laks i vassdraget som helhet, men enkelte år peker seg ut med betydelig høyere tetthet i enkelte elvedeler (**figur 6**) (Kambestad mfl. 2016). God rekruttering i en av elvene ett år forekommer ofte uten tilsvarende tilslag i de andre elvene i vassdraget. Det ble ikke registrert årssyngel av laks i noen av elvene i Samnangervassdraget i 2011, og denne årsklassen ble heller ikke registrert som ettåringer i 2012 eller som toåringer i 2013 (**figur 6**). Det ble heller ikke registrert årssyngel av laks i 2016. Dette samsvarer med at det kun ble observert én gytelaks ved gytefisktelling høsten 2010, og to gytelaks høsten 2015 (**figur 6**), og det virker sannsynlig at laks ikke hadde gytesuksess disse årene.



Figur 6. Gjennomsnittlig estimert tetthet (antall fisk/100 m²) av de ulike aldersgruppene av laks (oppe) og ørret (nede) ved ungfisktelinger i Tysseelva, Frølandselva og Storelva i Samnangervassdraget fra 2006 til 2016. I Storelva og Frølandselva er kun data fra de to nederste stasjonene inkludert. Skraverte felt er utsatt laks. Merk at det var en betydelig, men ukjent andel settefisk blant laksungene som ble fanget i Frølandselva i perioden 2006 til 2010 (siste utsetting var årssyngel satt ut i 2007).

1.6 Betydning av utveksling av individer mellom bestander

Molekylærgenetiske metoder kan gi svært mye informasjon om opphav, størrelse og grad av isolasjon til en bestand. Store bestander har som regel mer genetisk variasjon enn mindre bestander (Frankham 1996, Wright 1931) og bestander som er gjenstand for gjensidig utveksling av individer fra andre bestander vil ha mer genetisk variasjon og være genetisk mer like enn isolerte bestander (Wright 1943). Dette skyldes både ulike seleksjonstrykk i ulike geografiske områder, og at bestander er gjenstand for tilfeldig genetisk drift. Genetisk drift innebærer at frekvensen av ulike genvarianter (alleler) endrer seg innen bestanden som følge av tilfeldigheter. Nøytrale alleler vil derfor drifte i tilfeldige og ofte ulike retninger i ulike bestander. Slike ulikheter motvirkes ved utveksling av gener mellom bestandene (genflyt). Graden av parvis genetisk isolasjon mellom bestander kan måles ved en fikseringsindeks, såkalt F_{ST} -verdi (Wright 1943). Graden av isolasjon har også betydning for den effektive bestandsstørrelsen, der utveksling generelt vil føre til en økning i den effektive bestandsstørrelsen. Effektiv bestandsstørrelse er det samme som faktisk bestandsstørrelse i en ideell bestand der det er lik kjønnsfordeling, tilfeldig parring og der variasjon i antall avkom fra hver familie er den samme som gjennomsnittlig antall avkom i en stabil bestand, det vil si 2 (Falconer & Mackay 1996). I naturlige bestander er det som regel stor variasjon i antall avkom hver forelder får, og effektivt antall foreldre er derfor forskjellig fra antall potensielle foreldre som er til stede i bestanden (Frankham 1995, Nunney 1999, Wright 1931). Effektiv bestandsstørrelse i stamfiskbestanden er som regel mindre enn faktisk antall (Christie mfl. 2012, Ryman & Laikre 1991) og et svært ujevnt bidrag fra forskjellige familiegupper kan gi store utslag på den effektive bestandsstørrelsen og tap av genetisk variasjon som følge av genetisk drift i elven.

1.7 Genetiske effekter av kultivering

Dersom den genetiske variasjonen i stamfisken er lav, enten på grunn av at stamfiskbestanden består av genetisk like individer (slektninger) eller for få individer, kan dette føre til lav genetisk variasjon og en liten effektiv bestandsstørrelse i den kultiverte bestanden. Det er derfor viktig å evaluere effekten av kultivering slik at eventuelle negative effekter kan unngås (Karlssoen mfl. 2016a). Evaluering av kultivering/reetablering krever at utsatt fisk kan bli identifisert og sporet til sine stamfiskforeldre ved hjelp av molekylærgenetiske metoder. Dette gjøres ved å ta vevs- eller skjellprøver av alle stamfisk og av avkom fanget i elven. Ved å analysere et tilstrekkelig høyt antall gener kan vi med tilnærmet 100% sikkerhet identifisere hvilke foreldre et individ har. Med en tilstrekkelig stor stikkprøve av bestanden kan man nøyaktig beregne tilslag fra hver årsklasse, varians i antall avkom mellom familiegupper og effektiv bestandsstørrelse i den kultiverte andelen av bestanden. På denne måten er en molekylærgenetisk tilnærming svært viktig for å vurdere effekten av kultivering/reetablering og vil gi informasjon som er avgjørende for å optimalisere praksisen rundt kultivering. Ved en reetablering av en laksebestand bør prøvefiske av ungfisk gjennomføres for å gi informasjon om tilslag og genetisk variasjon i den etablerte bestanden. Ettersom bestanden i elven vokser bør praksisen rundt kultivering justeres i henhold til antall stamfisk og antall utsatte individer for å maksimere den totale effektive bestandsstørrelsen.

Ugunstig praksis ved kultivering kan føre til negative konsekvenser for bestandene som er gjenstand for kultivering. Dette omfatter faktorer som tap av genetisk variasjon (Christie mfl. 2012, Ryman & Laikre 1991), endret genuttrykk som følge av unaturlige omgivelser i oppdrettsmiljøet (epigenetiske effekter) (Christie mfl. 2016, Le Luyer mfl. 2017) og utilsiktet seleksjon for tilpassning til oppdrettsmiljø (Christie mfl. 2012). Sistnevnte er særlig viktig å ta hensyn til i utsettingsprogram der stamfisken kan være genetisk innkrysset med rømt oppdrettslaks. Nyere forskning som er gjort på NINA tilsier at oppdrettsgener kan oppformerer i settefiskanlegg og føre til høyere innkrysning i den ville bestanden (Hagen mfl., under vurdering i Nature Communications). Dette er særlig uheldig på grunn av at kunstig seleksjon for økonomisk viktige trekk og genetisk drift i oppdrettslinjene har ført til at oppdrettslaks skiller seg både genetisk (Debes & Hutchings 2014, Einum & Fleming 1997, Fraser mfl. 2010, Solberg mfl. 2013, Thodesen mfl. 1999, Yates mfl. 2015) og fenotypisk (Glover mfl. 2017) fra villaks. Oppdrettslaksen er dermed mindre tilpasset

livet i naturen enn villaksen og innkrysning av oppdrettsgener inn i ville populasjoner har derfor negative konsekvenser for villaksen (Fleming mfl. 2000, McGinnity mfl. 2003).

Siden 2014 har all stamfisk blitt gjenstand for stamfiskkontroll, der sannsynligheten for å ikke ha rent villaksopphav blir beregnet ut i fra genetiske markører og referansemateriale fra norske oppdrettslinjer og norske villaksstammer (Karlsson mfl. 2011, 2014). Individer som sannsynligvis ikke har rent villaksopphav blir ikke brukt i kultivering (Karlsson mfl. 2018). Individer fra 2014-gyteåret har ikke kommet tilbake til elvene i tilstrekkelig antall til å vurdere effekten av stamfiskkontrollen, men det er sannsynlig at denne praksisen medfører lavere innkrysning i ville bestander der utsatt fisk utgjør en betydelig andel.

2 Metode

2.1 Tilgjengelig materiale

Genetiske analyser av ungfisk og voksen laks fra Samnangervassdraget og åtte omkringliggende elver er basert på prøvemateriale listet i **tabell 1**. Disse har blitt genotypet for SNP-markører (Single Nucleotide Polymorphisms) som gir informasjon om slektskap, genetisk likhet og sannsynlighet for oppdrettsopphav.

Tabell 1: Antall genotypede individer fra hver bestand som er blitt analysert, samt antall individer som sannsynligvis er av rent villaksopphav.

Bestand	Innsamlingsår	Ville individer	Individer med $P(\text{wild}) \geq 0,71$
Samnanger voksenfisk	1999 - 2016	209	127
Samnanger ungfisk	2013 - 2016	170	102
Samnanger genbank	1989 -1993	6	3
Arnaelva	2014 - 2017	162	130
Eidfjord	2000 - 2017	299	231
Etne	2012 - 2017	288	185
Kinso	2015 - 2017	41	30
Loneelva	2012 - 2017	231	204
Oselva	2011	87	81
Vosso	2010 -2017	152	95
Ådlandselva	2015 - 2017	46	35

2.2 Effektivt antall gytefisk i Samnangervassdraget

Beregning av effektivt antall gytefisk er basert på ungfiskmateriale fra alle lokaliteter i Samnangervassdraget (Frølandselva, Tysseelva og Storelva) i en samlet analyse. Beregningen ble ikke delt opp etter sideelver, da materialet i respektive sideelvene hver for seg er for lite til å utføre pålitelige beregninger. Effektivt antall vill gytefisk for 2011 og 2013 ble beregnet ved å benytte en såkalt «Sibship» metode (Wang 2009) som er implementert i programmet COLONY 2.0.2.3 (Jones & Wang 2010). Denne bygger på prinsippet om forventet genotypisk likhet mellom halv- og helsøsken. Ut fra andeler av halv- og helsøsken og ubeslektede individer i en stikkprøve blir effektivt antall gytefisk beregnet. Sibship-analysen for gyteårene 2011 og 2013 ble kjørt både ved å inkludere alle individene i stikkprøven og ved å ekskludere individer med en estimert sannsynlighet for villaksopphav ($P(\text{wild})$) under 0,71. Denne grenseverdien for $P(\text{wild})$ er den samme som den vi benytter for å ekskludere stamfisk som sannsynligvis ikke har rent villaksopphav.

2.3 Beregning av genetisk innkrysning av oppdrettslaks

Analyser av genetisk innkrysning av oppdrettslaks ble utført med et sett genetiske markører identifisert som gode til å skille mellom villaks og rømt oppdrettslaks (Karlsson mfl. 2011). Genotyper fra disse markørene ble analysert i henhold til en metode utviklet av Karlsson mfl. (2014). I praksis betyr dette at genetisk innkrysning med oppdrettslaks ble vurdert individuelt og

presentert som en $P(\text{Wild})$ verdi mellom 0 og 1 i henhold til Karlsson mfl. (2014, 2016b). For å skille ut individer med sannsynlig oppdrettsopphav har vi benyttet en $P(\text{wild})$ -grenseverdi på 0,71.

2.4 Genetisk avstand mellom prøver fra Samnangervassdraget og omkringliggende elver

For å gjøre en vurdering av om dagens laksestamme i Samnangervassdraget har opphav i den opprinnelige stammen forutsettes det at det finnes historiske prøver som beskriver den opprinnelige bestanden. For Samnangervassdraget finnes det totalt 26 prøver som er ansett som historiske referanseprøver. En nærmere undersøkelse av disse viser at 15 av prøvene representerer rømt oppdrettsfisk, 5 er usikre og at kun 6 prøver er å anse som ren villaks. Materialet på 6 historiske referanseindivider er ikke tilstrekkelig til å gjøre overnevnte vurdering. En vurdering av genetisk avstand mellom Samnangervassdraget og omkringliggende elver ble basert på prøver innsamlede i nyere tid fra Arnaelva, Eidfjord, Etneelva, Kinso, Loneelva, Oselva, Vosso og Ådlandselva. Analyser av genetisk avstand (F_{ST}) mellom individer fra ulike elver ble gjort i R-pakken Adegenet (Jombart 2008, Jombart & Ahmed 2011).

2.5 Forskjeller i allelfrekvens på funksjonelle markører

I tillegg til å vurdere genetisk avstand mellom bestander basert på 96 nøytrale SNPer som gjenspeiler slektskap har vi beregnet allelfrekvenser for to markører som er koblet med funksjonelle gener som har betydning for egenskaper under seleksjon. Dette ble gjort i GENALEX (Peakall & Smouse 2006) for markører i genene SIX6 og VGLL3. Vi har da vurdert forskjeller i allelfrekvenser på disse markørene mellom prøver fra Samnangervassdraget og prøver fra andre omkringliggende elver. Disse genene har betydning for sjøalder og størrelse ved kjønnsmodning (Barson mfl. 2015), som er egenskaper som kan være under forskjellig seleksjonstrykk i forskjellige elver.

3 Resultater

3.1 Effektivt antall gytefisk

For totalbestanden i Samnangervassdraget ble effektivt antall gytefisk beregnet til henholdsvis 47 i gyteåret 2011 og 34 i gyteåret 2013 (**tabell 2**). Ved å fjerne ungfisk som sannsynligvis ikke har rent villaksopphav synker estimatet til henholdsvis 33 og 25.

Tabell 2: Effektivt antall vill gytefisk for gyteårene 2011 og 2013, basert på alle individer av ungfisk og kun på individer med høy sannsynlighet for å ha rent villaksopphav (høy $P(wild)$). Tall i parentes representerer nedre og øvre konfidensintervall for estimatet.

Gyteår	Effektivt antall gytefisk
2011 Alle individer	47 (32 – 72)
2011 Høy $P(Wild)$	34 (20 – 58)
2013 Alle individer	33 (21 – 54)
2013 Høy $P(Wild)$	25 (15 – 44)

3.2 Genetisk innkrysning av oppdrettslaks

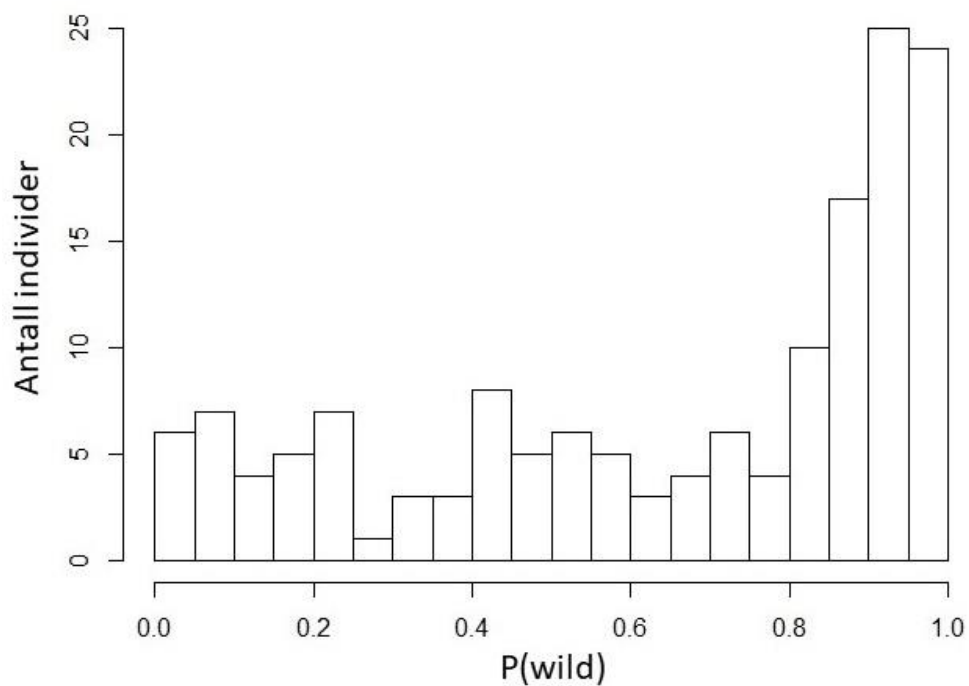
Det er funnet stor grad av innkrysning av oppdrettslaks i både voksenfiskprøvene (fra fangstår i perioden 1999 – 2016) og i ungfiskprøvene, som er samlet inn i 2013 – 2016 og representerer gyteårene 2011 og 2013.

For gyteåret 2011 har vi $P(wild)$ -verdier for 153 ungfiskprøver. Av disse har 67 individer (44 %) en $P(wild)$ under 0,71 og disse har sannsynligvis ikke rent villaksopphav. **Figur 7** viser fordelingen av $P(wild)$ over alle genotypedede individer fra 2011-gyteåret. For gyteåret 2013 er prøve-materialet mindre, med totalt 62 genotypedede prøver. Av disse har 20 individer (32 %) en $P(wild)$ på under 0,71. **Figur 8** viser fordelingen av $P(wild)$ over alle genotypedede individer fra 2013-gyteåret. Av figurene 7 og 8 kan man se at fordelingen av $P(wild)$ er lik mellom de to gyteårene. Ungfiskene representerer avkom etter individer som har gytt i elva. Høy innkrysning i disse prøvene tilsier at rømt oppdrettslaks og avkom etter tidligere innkrysning av rømt oppdrettslaks har gytt i Samnangervassdraget.

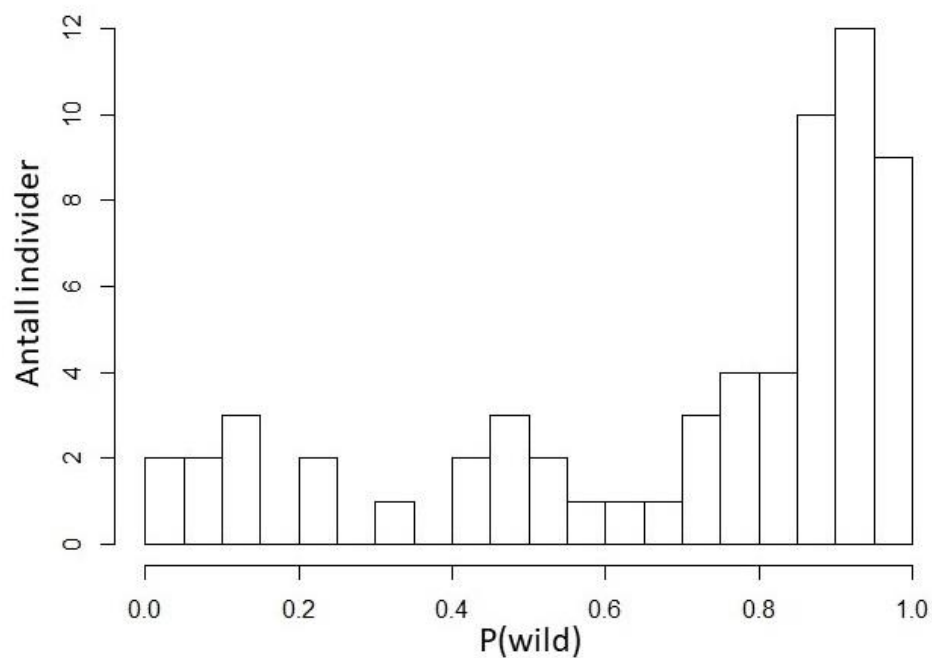
Av 202 genotypedede voksenindivider som er karakterisert som ville etter analyse av skjellprøver har 81 individer (40 %) en $P(wild)$ under 0,71. **Figur 9** viser fordeling av $P(wild)$ i voksenfiskmaterialet. Fra 2010 til 2016 er $P(wild)$ estimert for 17 voksne laks. Av disse har 8 individer en $P(wild)$ på under 0,71. Disse individene ville blitt forkastet som stamfisk i stamfiskkontrollen (Karlsson mfl. 2018). En estimering av innkrysning i bestanden tilsier at innkrysning varierer fra 23 % til 36 %, avhengig av fangstår og gyteår (**tabell 3**).

Tabell 3: Total grad av genetisk innkrysning av oppdrettslaks for laksebestanden i Samnangervassdraget. P -verdier under 0,05 er signifikante.

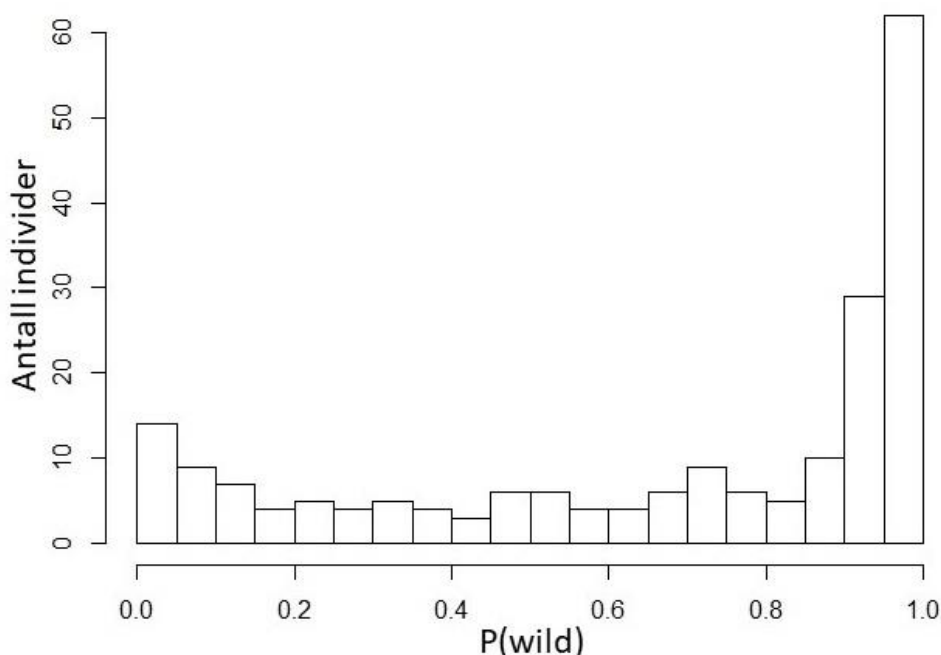
Gruppe	Fangstår	Antall individer	% innkrysning	P -verdi
Ungfisk 2011	2013-2016	91	36	< 0,001
Ungfisk 2013	2015-2016	64	23	< 0,001
Voksenfisk	1999-2001	126	28	< 0,001
Voksenfisk	2003-2007	59	29	< 0,001
Voksenfisk	2010-2016	17	30	< 0,001



Figur 7: Fordeling av estimert sannsynlighet for å tilhøre villaks ($P(wild)$) (x-aksen) for 153 individer av ungfisk fra 2011-gyteåret fanget i årene 2013-2016.



Figur 8: Fordeling av estimert sannsynlighet for å tilhøre villaks ($P(wild)$) (x-aksen) for 62 individer av ungfisk fra 2013-gyteåret fanget i årene 2015 og 2016.



Figur 9: Fordeling av estimert sannsynlighet for å tilhøre villaks ($P(\text{wild})$) (x-aksen) for 202 individer av voksen laks fanget i årene 1999-2015.

3.3 Genetisk avstand mellom individprøver fra Samnangervassdraget og omkringliggende elver

Analyser av genetisk avstand mellom individer fra Samnangervassdraget og omkringliggende vassdrag tilsier at det er relativt liten genetisk forskjell mellom Samnanger og de andre bestandene (**tabell 4**). To av de parvise F_{ST} estimatene mellom Samnanger og andre vassdrag er ikke signifikante i henhold til et signifikansnivå på 0,05 (Bonferroni korrigert for antall tester). Etneelva, Ådlandselva og Kinso har de laveste forskjellene i forhold til Samnangervassdraget, hvorav Kinso – Samnanger og Ådland – Samnanger F_{ST} estimatene ikke er signifikante.

Tabell 4: Parvis genetisk avstand basert på F_{ST} verdier mellom ulike bestander (under diagonalen). Høyere tall indikerer større genetisk forskjell. Over diagonalen er signifikansnivå (P -verdi) for de forskjellige F_{ST} verdiene.

	Arnaelva	Eidfjord	Etneelva	Kinso	Loneelva	Oselva	Samnanger	Vosso	Ådland
Arnaelva		0,002	0,012	0,001	0,002	0,003	0,008	0,003	0,021
Eidfjord	0,0073		0,002	0,044	0,001	0,002	0,001	0,004	0,04
Etneelva	0,005	0,007		0,014	0,007	0,049	0,025	0,025	0,095
Kinso	0,0074	0,003	0,0046		0,003	0,001	0,058	0,002	0,001
Loneelva	0,009	0,0156	0,007	0,0068		0,004	0,002	0,006	0,036
Oselva	0,0096	0,0082	0,0038	0,0106	0,0083		0,009	0,007	0,004
Samnanger	0,0064	0,0088	0,0045	0,0039	0,0099	0,007		0,031	0,275
Vosso	0,0066	0,0085	0,0054	0,01	0,0078	0,0101	0,0074		0,097
Ådland	0,0076	0,0058	0,0046	0,0124	0,0074	0,0108	0,0045	0,0087	

3.4 Forskjeller i allelfrekvens på funksjonelle markører

Det er observert forskjeller i allelfrekvens mellom bestander for genet VGLL3 (**tabell 5**). Ådlandselva og Eidfjord har den største forskjellen i frekvens for VGLL3 med en forskjell på 0,318. Individene fra Samnangervassdraget ligger i øvre del av fordelingen av allelfrekvenser. Forskjellene mellom Samnanger og andre bestander varierer fra 0,015 (Ådlandselva) til 0,303 (Eidfjord). Mellom Samnanger og Etne er det en allelfrekvensforskjell på 0,199 og for Samnanger og Kinso en forskjell på 0,242. For SIX6 finner vi større forskjeller med 0,524 mellom Eidfjord og Ådlandselva. Individene fra Samnangervassdraget ligger i nedre del av fordelingen. Forskjeller mellom Samnanger og andre bestander varierer fra 0,012 (Arnaelva) til 0,399 (Eidfjord). Moderate forskjeller ble funnet mellom Samnanger og Kinso (0,129) og mellom Samnanger og Etne (0,172).

Tabell 5: Allelfrekvenser for SNPer i de funksjonelle genene VGLL3 og SIX6 for Samnangervassdraget og omkringliggende elver.

Bestand	VGLL3		SIX6	
	Allel A	Allel B	Allel A	Allel B
Arnaelva	0,564	0,436	0,650	0,350
Eidfjord	0,356	0,644	0,937	0,063
Etne	0,460	0,540	0,710	0,290
Kinso	0,417	0,583	0,667	0,333
Loneelva	0,573	0,427	0,691	0,309
Samnanger	0,659	0,341	0,538	0,462
Vosso	0,559	0,441	0,885	0,115
Ådlandselva	0,674	0,326	0,413	0,587

4 Diskusjon

Det har historisk vært fåtallige bestander av laks og sjørørret i Samnangervassdraget. Oppvekst-områdene for laks har vært begrenset til 3,7 km elvestrekning, inkludert områder med relativt dårlige oppvekstforhold. Anadrom fisk, fortrinnsvis sjørørret kan også vokse opp i Frølandsvatnet (0,36 km²). Oppvandringsmulighetene fra sjøen er problematiske, på tross av laksetrapp nederst i Tysseelva. Vassdraget har vært påvirket av forurengning, som i størst grad har påvirket laksen. Laksetrapp i den ene sidegreinen og utbedring av oppvandringsmulighetene i den andre har mer enn doblet potensiell anadrom elvestrekning, men så langt har disse nye områdene ikke blitt tatt i bruk. Gytetelling viser at det har vært svært få gytelaks i vassdraget de siste 15 årene, og år uten en eneste voksen gytelaks observert. Ungfiskundersøkelsene har også bekreftet at det lave antallet gytefisk har resultert i lav til svært lav rekruttering av laks i deler av vassdraget eller i hele vassdraget for enkelte årsklasser. Det har likevel vandret ut laksesmolt fra vassdraget alle år, men antallet har vært lavt og variabelt.

De genetiske analysene viste meget høy innkrysning av oppdrettslaks blant både laksunger og voksne laks i Samnangervassdraget (**tabell 3**). Dette var også forventet siden det har vært en høy andel rømt oppdrettslaks i fisket etter laks i utløpsosen siden 1999 (Urdal 2008), og trolig også på hele 1990-tallet. Etter 2007 har villaksen vært fredet, mens det etter 2010 har vært fisket etter rømt oppdrettslaks for å redusere innkrysningen.

I 2011 ble det observert 67 laks under gytefisktelinger, det høyeste noen gang (Kambestad mfl. 2016). Det ble ikke observert rømt oppdrettslaks, og den høye innkrysningen av rømt oppdrettslaks blant ungfisken (36 %, **tabell 3**) i den resulterende årsklassen kan skyldes at mange av gytelaksene hadde rømt som smolt eller var avkom etter tidligere rømt oppdrettslaks. Oppdrettslaks som har rømt tidlig og oppholdt seg i havet over en lengre periode kan ha et utseende som ligner villaks og kan være vanskelig å skille fra denne. De siste årene er det blitt gjennomført undersøkelser for å teste hvor presist de som teller gytefisk under drivtelinger kan skille oppdrettslaks fra villaks og resultatene så langt indikerer at presisjonen er overraskende høy blant erfarne drivtellerne (Anon 2018a). Siden villaksen var fredet og det ikke ble drevet kultivering, er grad av innkrysning blant foreldrene ikke kjent. Basert på de genetiske analysene ble effektiv gytebestand beregnet til 47 (32 – 72) individer, som er noe færre enn de som ble observert. Dette er som forventet.

I 2013 ble det observert 13 gytelaks, alle ble vurdert som ville. Den effektive gytebestanden ble beregnet til 33 (21 – 54) individer, altså flere enn de som ble observert, men blant avkommet hadde 32 % sannsynligvis ikke rent villaksopphav. I gytebestanden var det flest mellom- og storlaks (11 av 13) og det er sannsynlig at hunner dominerte i antall. Under elektrofiske denne høsten ble det fanget et fåtall kjønnsmodne dverghanner. Selv om tettheten var lav var det totale antallet betydelig og kan ha bidratt til å øke den effektive gytebestanden. Med den høye innkrysningen blant laksene i vassdraget er det sannsynlig at noen av dverghanner også hadde opphav i oppdrettslaks.

Det eksisterer ikke noen historisk referanse som kan brukes til å beskrive genetisk struktur til laks i Samnangervassdraget. De tidligste skjellprøvene er av voksne laks fanget til genbanken i perioden 1989 - 1993. Blant disse var det bare 6 sikre villaks, og dette antallet er for lite til å beskrive en bestand. Beregninger basert på prøver fra nyere tid viser at det i nøytrale markører var liten forskjell i genetisk avstand mellom villaks fra Samnangervassdraget og andre analyserte bestander i Hordaland (**tabell 4**). Videre var det liten genetisk forskjell mellom de andre større bestandene innbyrdes. I Hardangerfjorden er laksebestanden i Etneelva den mest tallrike, og bestanden i Uskedalselva kommer som den neste etter etableringen som startet i 2001. Utenom disse er det mest laks i Eidfjordvassdraget og Oselva, den siste ligger nærmest Samnanger.

I Uskedalselva er det antatt at laksebestanden døde ut på 1970-tallet, sannsynligvis på grunn av forurengning. Forurengningen har avtatt og etter den første vellykkede gytingen høsten 2000 har det vært et betydelig innsig av voksne laks i elva siden 2005. I etableringsfasen i årene 2000-2004

bestod gytebestanden av feilvandret villaks og rømt oppdrettslaks, og det er registrert en høy grad av innkrysning (Karlsson, Sægrov, mfl., under utarbeidelse). Basert på eksemplet fra Uskedalselva kan det regnes som sannsynlig at gytebestanden av laks i Samnangervassdraget også har inkludert feilvandret villaks fra andre vassdrag, i tillegg til laks vokst opp i vassdraget og en høy andel rømt oppdrettslaks. Sistnevnte understøttes av estimert innkrysning i Samnangervassdraget (**tabell 3**) som tilsier at innkrysningen er opp mot 36 %, avhengig av årsklasse. Estimater viser også at innkrysningen har vært stabilt høy (28 %) i voksenfisk siden tidlig 2000-tallet (**tabell 3**).

Basert på den høye innkrysningen av rømt laks blant ungfisk og voksne laks i Samnanger og usikkert opphav til de ville laksene er det ikke sannsynlig at laksen i vassdraget kan defineres som en stedegen bestand. Stor spredning i genetisk opphav gjør også at det trolig skjer genetiske forandringer fra år til år. Økologiske forhold i vassdragene Etne og Kinso, samt liten genetisk avstand basert på nøytrale markører (**tabell 4**) og kun moderate forskjeller i funksjonelle gener (**tabell 5**) tilsier at laks fra disse elvene har en likhet med bestanden som i dag finnes i Samnangervassdraget. På denne bakgrunn foreslår vi at det blir etablert en laksebestand i Samnangervassdraget basert på stamfisk fra Etneelva og, hvis nødvendig for å oppnå tilstrekkelig antall stamfisk, fra Kinso, i tillegg til voksne gytefisk og dverghanner man kan fange i Samnangervassdraget. I mange av laksebestandene i Hardangerfjorden er det påvist høy innkrysning av rømt oppdrettslaks, og genetisk integritet ble vurdert som «svært dårlig» i siste vurdering etter kvalitetsnormen for de fleste bestandene, inkludert Etne. Unntakene er Oselva og Eio som kom i kategorien «moderat» (Anon 2018b). Laksebestanden i Etneelva er den mest tallrike i regionen og det stabilt høye antallet laks gjør at det på tross av høy innkrysning av rømt oppdrettslaks, også har vært et stabilt høyt antall ville gytelaks i elva.

I tillegg til genetiske sammenlikninger har Etneelva i likhet med Samnangervassdraget et stabilt høyt innslag av mellomlaks (3-7 kg), men også mange smålaks (< 3 kg) og en del storlaks (> 7 kg). Laksens størrelse er korrelert med vassdragets vannføring, med den minste laksen i elver med lav vannføring (Jonsson mfl. 1991). Gjennomsnittlig vannføring i Etneelva er 22 m³/s, i Samnangervassdraget 28 m³/s. Når en inkluderer alt potensielt oppvekstareal i Samnangervassdraget er det betydelige forskjeller i vannføring i ulike deler av vassdraget, men også i Etneelva er det sideelver med lavere vannføring enn hovedelva. Etneelva fremstår derfor som en elv med likeverdig miljø som Samnangervassdraget og kan ha laks som genetisk er egnet til å kunne reetablere Samnangervassdraget. I tillegg kan Kinso vurderes som en potensiell kilde til stamfisk.

4.1 Oppsummering og konklusjon

Molekylærgenetisk analyse av individer fanget i Samnangervassdraget tyder på at etter stamfiskkontroll vil rundt 30 – 50 % av stamfisken bli forkastet på grunn av høy sannsynlighet for innkrysning med oppdrettslaks. Videre er det i utgangspunktet et lavt antall gytefisk i Samnangervassdraget, hvilket tilsier at tilstrekkelig antall stamfisk (voksen gytefisk og dverghanner) ikke kan hentes fra Samnangervassdraget alene. Et godt alternativ for å oppnå tilstrekkelig antall stamfisk vil være å hente disse fra Etne, eller alternativt fra Kinso. Denne vurderingen er gjort basert på antall gytefisk i Etne, genetisk likhet mellom bestandene i Etne, Kinso og Samnanger og økologiske faktorer i de tre vassdragene.

Det er sannsynlig at den første årsklassen etter en reetablering vil få høyt tilslag på grunn av lite konkurranse fra andre individer i elven. Det er derfor viktig at stamfisken som gir opphav til den reetablerte bestanden er godt tilpasset, har minst mulig sannsynlighet for opphav i oppdrett og er minst mulig i slekt for å unngå innavl. Videre vil det være særlig viktig å bruke et stort nok antall stamfisk til å gi bred genetisk variasjon i den reetablerte bestanden. Erfaringer fra andre kultiverte vassdrag tilsier at avhengig av variansen i reproduktiv suksess mellom ulike familiegrupper kan effektiv bestandsstørrelse for stamfisken være så lav som 50 – 60 % av faktisk antall stamfisk (Hagen Arnesen under utarbeidelse). Denne reduksjonen kan begrenses ved å etterstrebe like familiestørrelser så langt det er mulig. Forutsatt at stamfisken har bred genetisk

variasjon bør det derfor brukes minimum 50 hunner og 50 hanner. Siden dette antallet bør være et minimum for en reetablering, men at det sannsynligvis er vanskelig å samle inn dette antallet godkjent stamfisk for hvert produksjonsår, bør man opprette en langsiktig plan som tar sikte på å samle inn stamfisk og sette ut fisk over flere år. Dette kan gjøres enten ved å hente inn ny stamfisk for hvert produksjonsår, og/eller opprette en genbank med levende stamfisk og/eller frossen melke. Siden man ønsker at et stort antall stamfisk skal få bidra til utsettinger over flere år, er det viktig å unngå konkurranse i elven mellom fisk fra ulike år med utsettinger. Vi foreslår derfor at utsettinger gjøres på ulike steder i de ulike utsettingsårene og forslagsvis ved at man setter ut fisk i de nedre delene av vassdraget første året og i påfølgende år setter ut fisk lengre opp i vassdraget. I tillegg til den obligatoriske stamfiskkontrollen anbefaler vi molekylærgenetiske analyser av slektskap mellom stamfisk for å unngå krysninger mellom nært beslektede individer.

Evaluerings av reetablering og kultivering bør foretas årlig. Molekylærgenetisk analyse og tilordning til stamfiskforeldre vil gi informasjon om relativt antall avkom produsert fra hver familiegruppe, effektiv bestandsstørrelse i kultivert og vill andel av bestanden, samt forholdet mellom kultivert og naturlig produsert fisk. Dersom kultivert fisk utgjør en stor andel av bestanden, og den kultiverte fisken er av lav genetisk variasjon vil dette medføre en reduksjon i effektiv bestandsstørrelse for totalbestanden (Ryman-Laikre effekten) (Ryman & Laikre 1991).

Videre har vi følgende konkrete råd:

- For å maksimere genetisk variasjon i stamfisken bør denne hentes fra ulike deler av vassdraget og man bør forsøke å samle individer som vandrer opp på ulike tidspunkt og av ulike størrelser. Både dverghanner og voksen gytefisk bør brukes.
- Rogn bør settes ut på øyestadiet. Rognplanting bør skje i ulike deler av vassdraget og i ulike områder mellom år. Forslagsvis kan man starte i de nedre delene av vassdraget for så å benytte habitat lengre oppe i elven etter hvert som nye årsklasser settes ut. Dette vil minske konkurransen mellom årsklassene, da det er mindre sannsynlig at ungfisken vil bevege seg oppover enn nedover i elven, og rognplantinger i nedre del av elven vil ha liten effekt på habitatet lengre oppe.
- Naturlig gyting i elven bør kartlegges med årlige gytefisktellinger.
- Molekylærgenetisk analyse bør gjøres av all stamfisk og av stikkprøver av avkommet. Ungfiskundersøkelser og påfølgende tilordning til stamfiskforeldre vil gi detaljert informasjon om tilslag, genetisk variasjon i ungfisken og effektiv populasjonsstørrelse (Hagen Arnesen under utarbeidelse).
- Genetisk variasjon i avkommet bør maksimeres ved å produsere både hel- og halvsøsken for alle årsklasser.
- På grunn av den høye graden av innkrysning fra oppdrettslaks kan en vurdere å heve $P(\text{wild})$ grensen noe fra 0,71 for å unngå å oppformere genetiske variasjoner som er tilpasset oppdrett.
- Stamfisken bør ha så stor genetisk variasjon som mulig. Dette betyr at man ved hjelp av molekylærgenetisk analyse av alle stamfisk identifiserer slektninger (søsken, halvsøsken, foreldre og besteforeldre) og unngår å bruke stamfisk som er beslektet med hverandre både innen og mellom generasjonene.
- Etter hvert som bestanden reetablerer seg bør kultiveringen reduseres. Denne prosessen må evalueres årlig og bør justeres i henhold til tetthet av ungfisk og andel kultivert fisk i bestanden.

5 Referanser

- Anon 2018a. Rømt oppdrettslaks i vassdrag. Rapport fra det nasjonale overvåkingsprogrammet 2017. Fisken og havet, særnr.2-2018
- Anon. 2018b. Klassifisering av tilstand i norske laksebestander 2010-2014. Vitenskapelig råd for lakseforvaltning, Temarapport nr 6.
- Barson, N.J., Aykanat, T., Hindar, K., Baranski, M., Bolstad, G.H., Fiske, P., Jacq, C., Jensen, A.J., Johnston, S.E., Karlsson, S., Kent, M., Moen, T., Niemelä, E., Nome, T., Næsje, T.F., Orell, P., Romakkaniemi, A., Sægrov, H., Urdal, K., Erkinaro, J., Lien, S. & Primmer, C.R. 2015. Sex-dependent dominance at a single locus maintains variation in age at maturity in salmon. *Nature* 528: 405-408.
- Christie, M.R., Marine, M.L., French, R.A. & Blouin, M.S. 2012. Genetic adaptation to captivity can occur in a single generation. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 109: 238-242.
- Christie, M.R., Marine, M.L., French, R.A., Waples, R.S. & Blouin, M.S. 2012. Effective size of a wild salmonid population is greatly reduced by hatchery supplementation. *Heredity* 109: 254-260.
- Christie, M.R., Marine, M.L., Fox, S.E., French, R.A. & Blouin, M.S. 2016. A single generation of domestication heritably alters the expression of hundreds of genes. *Nature Communications* 7: 10676.
- Debes, P.V. & Hutchings, J.A. 2014. Effects of domestication on parr maturity, growth, and vulnerability to predation in Atlantic salmon. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 71: 1371-1384.
- Einum, S. & Fleming, I.A. 1997. Genetic divergence and interactions in the wild among native, farmed and hybrid Atlantic salmon. *Journal of Fish Biology* 50: 634-651.
- Falconer, D.S. & Mackay, T.F.C. 1996. Introduction to quantitative genetics (4th edn). Longman, (red.), Essex, U.K.
- Fleming, I.A., Hindar, K., Mjølnerød, I.B., Jonsson, B., Balstad, T. & Lamberg, A. 2000. Lifetime success and interactions of farm salmon invading a native population. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences* 267: 1517-1523.
- Frankham, R. 1995. Effective population size/adult population size ratios in wildlife: a review. *Genetical Research* 66: 95-107.
- Frankham, R. 1996. Relationship of genetic variation to population size in wildlife. *Conservation Biology* 10: 1500-1508.
- Fraser, D.J., Minto, C., Calvert, A.M., Eddington, J.D. & Hutchings, J.A. 2010. Potential for domesticated-wild interbreeding to induce maladaptive phenology across multiple populations of wild Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 67: 1768-1775.
- 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. Half a century of genetic interaction between farmed and wild Atlantic salmon: Status of knowledge and unanswered questions. *Fish and Fisheries* 18: 890-927.
- Hagen, I.J., Jensen, A.J., Bolstad, G.H., Diserud, O.H., Hindar, K., Lo, H. & Karlsson, S. Supplementary stocking selects for domesticated genotypes. Under vurdering i *Nature Communications*.
- Hagen Arnesen, I.J., Jensen, A.J., Bjørn, B., Holthe, E., Florø-Larsen, B., Lo, H., Ugedal, O. & Karlsson, S. Molekylærgenetisk kultivering. NINA rapport. Norsk institutt for naturforskning. Under utarbeidelse.
- Hellen, B. A., M. Kambestad, S. Kålås & H. Sægrov 2015. Ferskvassbiologiske undersøkingar i Samnangervassdraget i 2014. Rådgivende Biologer AS, rapport 2112.
- Jombart, T. 2008. adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics* 24: 1403-1405.

- Jombart, T. & Ahmed, I. 2011. adegenet 1.3-1: new tools for the analysis of genome-wide SNP data. *Bioinformatics* 27: 3070-3071.
- Jones, O.R. & Wang, J. 2010. COLONY: a program for parentage and sibship inference from multi-locus genotype data. *Molecular Ecology Resources* 10: 551-555.
- Jonsson, N., Hansen, L.P. & Jonsson, B. 1991. Variation in Age, Size and Repeat Spawning of Adult Atlantic Salmon in Relation to River Discharge. *Journal of Animal Ecology* 60: 937-947.
- Kambestad, M., Sægrov, H., Hellen, B.A., Kålås, S., Urdal, K. & Johnsen, G.H. 2016. Laks i Samnangervassdraget – status og behov for tiltak. Rådgivende Biologer AS, Rapport 2269.
- Karlsson, S., Sægrov, H., m.fl. Etablering av en laksebestand i en region med intensivt lakseoppdrett – Uskedalselva i Hardangerfjorden. NINA rapport. Norsk institutt for naturforskning. Under utarbeidelse.
- Karlsson, S., Bjørn, B., Holthe, E., Lo, H., & Ugedal, O. 2016a. Veileder for utsetting av fisk for å ivareta genetisk variasjon og integritet. NINA Rapport 1269. Norsk institutt for naturforskning.
- Karlsson, S., Diserud, O.H., Moen, T. & Hindar, K. 2014. A standardized method for quantifying uni-directional genetic introgression. *Ecology and Evolution* 4: 3256-3263.
- Karlsson, S., Diserud, O.H., Fiske, P. & Hindar, K. 2016b. Widespread genetic introgression of escaped farmed Atlantic salmon in wild salmon populations. *ICES Journal of Marine Science* 73: 2488-2498.
- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Sollien, V.P., Eriksen, L.B., Andersskog I.P.Ø., Brandsegg, H., Halvorsen, B.U. & Keeling Hemphill, E.J. 2018. Stamlakskontroll 2017. NINA Rapport 1486. Norsk institutt for naturforskning.
- Karlsson, S., Moen, T., Lien, S., Glover, K.A. & Hindar, K. 2011. Generic genetic differences between farmed and wild Atlantic salmon identified from a 7K SNP-chip. *Molecular Ecology Resources* 11: 247-253.
- Kålås, S., Hellen, B.A. & Urdal, K. 2000. Ungfiskundersøkingar i 6 elvar med bestandar av anadrom laksefisk i Hordaland, 1998. Rådgivende Biologer AS, Rapport 415, 78 sider.
- Le Luyer, J., Laporte, M., Beacham, T.D., Kaukinen, K.H., Withler, R.E., Leong, J.S., Rondeau, E.B., Koop, B.F. & Bernatchez, L. 2017. Parallel epigenetic modifications induced by hatchery rearing in a Pacific Salmon. *PNAS* 114: 12964-12969.
- McGinnity, P., Prodöhl, P., Ferguson, A., Hynes, R., Maoiléidigh, N.ó., 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. Series B: Biological Sciences* 270: 2443-2450.
- Nunney, L. 1999. The effective size of a hierarchically structured population. *Evolution* 53: 1-10.
- Peakall, R. & Smouse, P.E. 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes* 6: 288-295.
- Ryman, N. & Laikre, L. 1991. Effects of Supportive Breeding on the Genetically Effective Population Size. *Conservation Biology* 5: 325-329.
- Solberg, M.F., Skaala, Ø., Nilsen, F. & Glover, K.A. 2013. Does Domestication Cause Changes in Growth Reaction Norms? A Study of Farmed, Wild and Hybrid Atlantic Salmon Families Exposed to Environmental Stress. *PLOS ONE* 8: e54469.
- Thodesen, J., Grisdale-Helland, B., Helland, S.J. & Gjerde, B. 1999. Feed intake, growth and feed utilization of offspring from wild and selected Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Aquaculture* 180: 237-246.
- Urdal, K. 2008. Analysar av skjelpørvar frå sportsfiske i Hordaland i 2007. Rådgivende Biologer AS, Rapport 1111, 32 sider.
- Urdal, K. 2012. Skjelpørvar frå Rogaland 2005-2011. Vekstanalysar og innslag av rømt laks. Rådgivende Biologer AS. Rapport 1564, 33 sider

- Wang, J.L. 2009. A new method for estimating effective population sizes from a single sample of multilocus genotypes. *Molecular Ecology* 18: 2148-2164.
- Wright, S. 1931. Evolution in Mendelian Populations. *Genetics* 16: 98-159.
- Wright, S. 1943. Isolation by Distance. *Genetics* 28: 114–138.
- Yates, M.C., Debes, P.V., Fraser, D.J. & Hutchings, J.A. 2015. The influence of hybridization with domesticated conspecifics on alternative reproductive phenotypes in male Atlantic salmon in multiple temperature regimes. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 72: 1138-1145.

*Norsk institutt for naturforskning, NINA,
er en uavhengig stiftelse som forsker på natur og
samspillet natur–samfunn.*

*NINA ble etablert i 1988. Hovedkontoret er i
Trondheim, med avdelingskontorer i Tromsø,
Lillehammer, Bergen og Oslo. I tillegg driver NINA
Sæterfjellet avlsstasjon for fjellrev på Oppdal,
og forskningsstasjonen for vill laksefisk på lms i
Rogaland.*

*NINAs virksomhet omfatter både fors–kning
og utredning, miljøovervåking, rådgivning og
evaluering. NINA har stor bredde i kompetanse og
erfaring med både naturvitere og sam–funnsvitere
i staben. Vi har kunnskap om artene, naturtypene,
samfunnets bruk av naturen og sammenhenger
med de store drivkreftene i naturen.*

ISSN:1504-3312
ISBN: 978-82-426-3257-9

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

Organisasjonsnummer 9500 37 687

<http://www.nina.no>



Samarbeid og kunnskap for framtidens miljøløsninger