

## Evaluering av kultivering med molekylærgenetiske metoder

Ingerid Julie Hagen, Arne J. Jensen, Bjørn Bjørn, Espen Holthe, Bjørn Florø-Larsen, Håvard Lo, Ola Ugedal 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.

# Evaluering av kultivering med molekylærgenetiske metoder

Ingerid Julie Hagen  
Arne J. Jensen  
Bjørn Bjøru  
Espen Holthe  
Bjørn Florø-Larsen  
Håvard Lo  
Ola Ugedal  
Sten Karlsson

Hagen, I.J., Jensen, A.J., Bjørn, B., Holthe, E., Florø-Larsen, B.,  
Lo, H., Ugedal, O. & Karlsson, S. 2019. Evaluering av kultivering  
med molekylærgenetiske metoder. NINA Rapport 1531. Norsk  
institutt for naturforskning.

Trondheim, april 2019

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-3269-2

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

KVALITETSSIKRET AV

Kjetil Hindar

ANSVARLIG SIGNATUR

Forskningsjef Ingeborg Palm Helland (sign.)

OPPDRAUGSGIVER(E)/BIDRAGSYTER(E)

Statkraft Energi AS

OPPDRAUGSGIVERS REFERANSE

B.1592 Genbankbasert kultivering

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER/BIDRAGSYTER

Daniela Sabine Brakstad

FORSIDEBILDE

Smolt i kar for kultivering © Helen Thonhaugen

NØKKEWORD

Eira

Bævra

Laks

Genetikk

Kultivering

Ryman-Laikre effekt

#### 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**

Thormøhlens gate 55  
5006 Bergen  
Tlf: 73 80 14 00

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

## Sammendrag

Hagen, I.J., Jensen, A.J., Bjørn, B., Holthe, E., Florø-Larsen, B., Lo, H., Ugedal, O. & Karlsson, S. 2019. Evaluering av kultivering med molekylærgenetiske metoder. NINA Rapport 1531. Norsk institutt for naturforskning.

Kultivering kan medføre både ønskede og uønskede genetiske forandringer i en bestand. Direktoratet for naturforvaltning (nå Miljødirektoratet) sitt ekspertutvalg har anbefalt at motivasjonen for kultivering bør være bevaring av sårbare laksebestander og at kultivering bør være genbankbasert, der molekylærgenetiske metoder benyttes for å forbedre kontrollen av stamfisk og for å studere effekter av utsettinger på den naturlige populasjonen.

Denne rapporten evaluerer resultatene av kultivering i vassdragene Eira og Bævra. Vi vurderer hvilken effekt kultivering har på den effektive bestandsstørrelsen i elvene, hvordan valg og bruk av stamfisk har betydning for den genetiske sammensetningen i bestandene og i hvilken grad stamfisk som er genetisk innkrysset med rømt oppdrettslaks har blitt brukt i krysninger. Videre gir vi anbefalinger om hvordan såkalt genbankbasert kultivering bør gjennomføres for best mulig å ta vare på bestandens genetiske variasjon og integritet. Genbankbasert kultivering vil si inntak av vill stamfisk, hvis avkom oppformerer til anleggsprodusert stamfisk og som videre gir materiale for utsettinger.

I Eira har vi funnet 907 voksne avkom fra stamfiskforeldre brukt i gyteårene 2005 – 2011. Ut fra variasjon i antall avkom fra hver stamfisk og kjønnsfordeling blant stamfisken, ble andel kultivert fisk og effektivt antall stamfisk fra hver årsklasse estimert. Resultatene fra disse analysene viser at utsatt fisk har gitt et uforholdsmessig stort bidrag til den naturlige bestanden, og større reduksjon i effektiv bestandsstørrelse enn om laksen selv hadde gytt i elven og bidratt til neste generasjon (såkalt Ryman-Laikre effekt). Dette gjelder for alle unntatt ett av de syv undersøkte gyteårene. Det har vært utbredt bruk av tidligere kultivert fisk som stamfisk. Av 50 stamfisk brukt i krysninger i gyteårene 2010 – 2011 var 29 individer direkte avkom etter stamfisk benyttet i 2005 og 2006. Dette har ført til høyere slektskap mellom stamfisk enn mellom vill gytefisk innenfor gyteår. Videre har individer med svært høy grad av genetisk innkrysning fra rømt oppdrettslaks vært brukt som stamfisk, hvilket har bidratt til økt grad av innkrysning i bestanden i Eira.

For Bævra er fire gyteår (2010 – 2013) vurdert ut fra både ungfiskmateriale og voksenfiskmateriale. I ungfiskmaterialet ble det funnet 429 avkom etter stamfiskforeldre, mens det for voksenfisken ble funnet 55 avkom. Ut i fra ungfiskmaterialet ser vi et skjevt bidrag fra forskjellige stamfiskpar, der enkelte par har høyere bidrag enn andre. Ut over dette er ikke ungfiskmaterialet tilstrekkelig til å vurdere effekten av kultivering på gytebestanden i elven, mens voksenfiskmaterialet er for lite til å beregne effektivt antall stamfisk og dermed en potensiell Ryman-Laikre effekt. I likhet med Eira, ble det også i Bævra observert bruk av kultivert fisk som stamfisk, der åtte individer i krysningslistene fra 2015 og 2016 har opphav i stamfisken fra 2010 – 2013. Videre ser vi at 20 % av stamfisken som er brukt i krysninger i Bævra sannsynligvis ikke har rent villaksopphav, men opphav i rømt oppdrettslaks.

En vurdering av resultatene i denne rapporten tilsier at molekylærgenetiske metoder kan gi verdifull informasjon for å justere kultiveringspraksisen i henhold til målet om å ivareta genetisk variasjon og integritet. For Eira bør kultiveringen justeres slik at den totale effektive populasjonsstørrelsen økes, enten ved å sette ut færre smolt, og/eller ved å øke antall stamfisk samtidig som man etterstreber et jevnere bidrag fra de forskjellige stamfiskene. For både Eira og Bævra er det viktig å unngå bruk av tidligere kultivert fisk som stamfisk. Fortrinnsvis bør slektskapsanalyser gjøres for all stamfisk for å unngå nært slektskap innen og mellom generasjonene. Ved en eventuell innføring av genbankbasert kultivering er det spesielt viktig å ha kontroll på slektskap, slik at man i påfølgende generasjoner ikke benytter stamfisk som kommer fra tidligere utsettinger.

Ingerid Julie Hagen, Arne J. Jensen, Ola Ugedal, Sten Karlsson. NINA, Postboks 5685 Torgarden, 7485 Trondheim. Epost: [sten.karlsson@nina.no](mailto:sten.karlsson@nina.no)

Bjørn Bjøru, Espen Holthe, Bjørn Florø-Larsen, Håvard Lo. Veterinærinstituttet, Postboks 5695  
Torgarden, 7485 Trondheim. Epost: [havard.lo@vetinst.no](mailto:havard.lo@vetinst.no)

# Innhold

<b>Sammendrag .....</b>	<b>3</b>
<b>Innhold .....</b>	<b>5</b>
<b>Forord .....</b>	<b>6</b>
<b>1 Innledning.....</b>	<b>7</b>
1.1 Genetisk tilnærming .....	7
1.2 Innkrysning av rømt oppdrettslaks .....	8
1.3 Prosjektets delmål .....	9
<b>2 Materiale og metoder .....</b>	<b>10</b>
2.1 Prøver fra Eira .....	10
2.2 Prøver fra Bævra .....	10
2.3 Genetisk tilordning av villfanget gytefisk til stamfiskforeldre .....	11
2.4 Genetisk tilordning blant stamfisk .....	12
2.5 Beregning av effektiv bestandsstørrelse .....	12
2.6 Vurdering av en Ryman-Laikre effekt som følge av kultivering .....	13
2.7 Beregning av slektskap i gytebestand og reproduserende stamfisk .....	13
2.8 Feilvandring mellom Eira, Bævra og Surna .....	14
2.9 Estimering av grad av genetisk innkrysning av oppdrettslaks i stamfisk .....	14
<b>3 Resultater .....</b>	<b>15</b>
3.1 Resultater fra analyser av kultivering i Eira .....	15
3.1.1 Genetisk tilordning av villfanget gytefisk til stamfiskforeldre i Eira .....	15
3.1.2 Genetisk tilordning innen stamfisk i Eira .....	17
3.1.3 Beregning av effektiv bestandsstørrelse .....	18
3.1.4 Vurdering av en Ryman-Laikre effekt som følge av kultivering i Eira .....	19
3.1.5 Beregning av slektskap i gytebestand og reproduserende stamfisk i Eira .....	21
3.1.6 Slektskap i vill og kultivert voksen gytefisk fra samme gyteår i Eira .....	22
3.2 Resultater fra analyser av kultivering i Bævra .....	23
3.2.1 Effektiv bestandsstørrelse i Bævra .....	23
3.2.2 Genetisk tilordning blant stamfisk i Bævra .....	25
3.3 Feilvandring mellom Eira, Bævra og Surna .....	26
3.4 Genetisk innkrysning av oppdrettslaks i stamfisk brukt i Eira og Bævra .....	26
<b>4 Diskusjon.....</b>	<b>30</b>
4.1 Vurdering av kultivering i Eira .....	30
4.2 Vurdering av kultivering i Bævra .....	31
4.3 Retningslinjer for kultivering i Eira og Bævra .....	32
4.4 Vurderinger i forhold til genbankbasert kultivering .....	32
<b>5 Referanser .....</b>	<b>34</b>

## Forord

Utsetting av klekkeriprodusert laks har en lang historie i Norge. I 2011 leverte en ekspertgruppe utnevnt av Direktoratet for naturforvaltning (nå Miljødirektoratet) en rapport med nye retningslinjer for kultivering. Ekspertgruppen anbefalte at kultivering i økt grad bør være genbankbasert, og at man i økt grad benytter molekylærgenetiske metoder for å forbedre kontrollen av stamfisk og for å studere effekter ved utsettinger. Statkraft inviterte representanter fra Direktoratet for naturforvaltning, Norsk institutt for naturforskning (NINA), Veterinærinstituttet (VI) og Havforskningsinstituttet (HI) til et møte på Rossåa-anlegget 21. juni 2012. Formålet med møtet var å presentere anlegget og aktivitetene der, samt å diskutere veien videre med tanke på hvordan man på best mulig måte utnytter stamfiskmaterialet. Dette møtet var starten på mange møter som har resultert i utvikling av prosjektet *Genbankbasert Kultivering*. Hovedformålet med prosjektet har vært: 1) å bruke molekylærgenetiske metoder for å implementere en prosedyre for å videreføre avkom etter villfanget stamfisk (F0) ved å etablere en stamfiskbeholdning (F1) i anlegg for produksjon av laks for utsettinger, og 2) å benytte molekylærgenetiske metoder for å spore tidligere utsatt fisk for å evaluere genetiske effekter av utsettinger. Studieobjektene i prosjektet var i utgangspunktet tenkt å være Vefsna, Bjoreio, Bævra og Eira. Innsatsen i Vefsna og Bjoreio ble redusert til kun å omhandle nødvendig stamfiskkontroll, mens det i Eira har blitt gjennomført analyser av villfanget fisk tilbake til 1987 og en evaluering av genetiske effekter av kultivering. I Bævra har det blitt gjennomført sporing av utsatt laks blant både ungfisk og voksen fisk og en evaluering av kultiveringen. Prosjektet er finansiert av Statkraft AS og egeninnsats fra NINA. Vi takker Statkraft for oppdraget og mange faglig interessante møter.

Trondheim, april 2019

Ingerid Julie Hagen og Sten Karlsson



# 1 Innledning

Kultivering er et potensielt kraftfullt redskap som kan gi både ønskede og uønskede genetiske forandringer i en populasjon. Et ekspertutvalg utnevnt av Direktoratet for naturforvaltning (Skår mfl. 2011) anbefalte at motivasjonen for kultivering bør være bevaring av truede eller sårbare laksebestander og at kultivering i større grad bør være genbankbasert. Med genbankbasert kultivering menes inntak av villfanget stamfisk som gir opphav til en beholdning av anleggsprodusert stamfisk som igjen produserer avkom til utsettinger. Videre ble det anbefalt at man i større utstrekning benytter molekylærgenetiske metoder for å forbedre kontrollen av stamfisk og for å studere effekter av utsettinger på den naturlige populasjonen. Basert på utvalgets anbefalinger har det blitt utarbeidet retningslinjer for utsetting av anadrom fisk (Jøranlid 2014), og en veileder for utsetting av fisk for å ivareta genetisk variasjon og integritet (Karlsson mfl. 2016a). Det foreligger et stort potensiale for å gjøre forbedringer med hjelp av molekylærgenetiske metoder og disse har i økende grad blitt implementert som en del av kultiveringspraksisen. Innkrysning av rømt oppdrettslaks er et omfattende problem i norske laksebestander (Karlsson mfl. 2016b, Diserud mfl. 2017). Etter at det ble utviklet molekylærgenetiske metoder for å identifisere laks med helt eller delvis opphav i rømt oppdrettslaks (Karlsson mfl. 2011, 2014) ble det i 2014 obligatorisk å teste all stamlaks for mulig oppdrettsopphav (Karlsson mfl. 2015). Videre foreligger det godt etablerte metoder for å beregne slektskap mellom stamfisk for dermed å unngå krysninger mellom nært beslektete individer. Dette blir gjennomført i enkelte vassdrag, og for all stamlaks (og sjørøret) som blir innsamlet til genbank (Karlsson, upublisert).

Siden 2014 har tilnærmet all stamlaks i genbank og vanlig kultivering blitt analysert med molekylærgenetiske markører for å luke ut fisk med opphav i rømt oppdrettslaks. Gjennom dette arbeidet blir det samtidig opprettet genetiske profiler til alle stamfiskforeldre og disse profilene gjør at deres avkom er sporbare. Fordi all utsatt laks produsert etter 2014 er sporbar til mor- og farstamfisk, er det mulig å evaluere effekten av kultivering på en presis måte, samt gi råd om justeringer i kultiveringspraksisen for å nå målet om å øke bestandsstørrelsen samtidig som man ivaretar bestandens genetiske variasjon og integritet. I dette prosjektet har vi analysert et stort datamateriale fra Eira og et mer begrenset materiale fra Bævra for å evaluere kultiveringen med de nye molekylærgenetiske metodene. Rapporten har til hensikt å vurdere effekten av kultiveringen og gi konkrete forvaltningsråd slik at regulanten om nødvendig kan tilpasse praksis for å maksimere genetisk variasjon og effektiv bestandsstørrelse i de kultiverte elvene.

Auravassdraget med Eira har vært gjenstand for tre store kraftutbygginger. Utbyggingene ble fullført i 1953 (Aura), 1962 (Takrenna) og 1975 (Grytten). Vann ble ført bort fra vassdraget i alle tre tilfellene. Dette medførte en samlet reduksjon i middelvannføringen i Eira ved utløpet av Eikesdalsvatnet på 58 prosent, og dermed en betydelig reduksjon i produktivt areal for laks. Regulanten har et pålegg om årlig å sette ut 50 000 laksesmolt og 2500 sjørøretsmolt i vassdraget for å kompensere for tapt naturlig smoltproduksjon.

Bævra ble regulert i 1963 ved at 43 % av nedslagsfeltet ble overført til Svorka kraftverk, som ligger 3,7 km ovenfor vassdragets utløp i sjøen. Ved overføringen til kraftverket fikk to lakseførende sideelver (Svorka og Lille Bævra) sterkt redusert vannføring, og dette førte også til sterkt redusert vannføring i den lakseførende delen av hovedelva nedstrøms disse elvene. Undersøkelser har kommet fram til at grunnlaget for fiskeproduksjon er betydelig redusert som følge av reguleringen (Ugedal mfl. 2014). For å kompensere for redusert fiskeproduksjon er regulanten pålagt årlige utsettinger i form av 10 000 laksesmolt og 30 000 énsomrige laksunger.

## 1.1 Genetisk tilnærming

En forutsetning for å kunne evaluere kultivering med molekylærgenetiske metoder er at det blir samlet inn vev- eller skjellprøver av all stamfisk, samt stikkprøver av bestanden i elven (for eksempel fra sportsfiske). Fra skjellprøvene ekstraheres det DNA og individene genotypes for et

sett med genetiske markører. De genetiske markørene benyttes for å spore slektskap mellom individer, og ut fra dette kan man beregne den effektive bestandsstørrelsen. Effektiv bestandsstørrelse er det samme som faktisk bestandsstørrelse i en ideell bestand der det er lik kjønnsfordeling, tilfeldig parring og der variasjonen i antall avkom per familie er lik to, forutsatt en bestand som opprettholder seg selv (Falconer & Mackay 1996). I naturlige populasjoner er det som regel stor variasjon i antall avkom mellom foreldre, og effektivt antall foreldre er derfor lavere enn potensielt antall foreldre (Frankham 1995, Nunney 1999, Wright 1931). Dette er også tilfellet for stamfisk som brukes i kultivering, og det effektive antallet stamfisk er som regel ulikt det antallet stamfisk som er brukt i krysningene. Stor variasjon i antall avkom mellom foreldre gir et lavt effektivt antall foreldre, mens liten variasjon gir et høyt effektivt antall foreldre. Skjev kjønnsfordeling vil gi et lavt effektivt antall foreldre i forhold til lik kjønnsfordeling. For å oppnå så stort effektivt antall stamfisk som mulig i forhold til faktisk antall stamfisk er det derfor viktig å etterstrebe så likt bidrag som mulig fra hver stamfisk og lik kjønnsfordeling.

Når et begrenset antall stamfisk ligger til grunn for utsettinger av et stort antall avkom fra disse, slik at de gir et uforholdsmessig stort bidrag til den naturlige gytebestanden, kan den totale effektive bestandsstørrelsen i bestanden bli redusert, selv om det totale antall individer i elven øker. Dette forholdet ble først beskrevet av Ryman & Laikre (1991) og blir ofte kalt Ryman-Laikre effekten. Det er dokumentert at effekten kan oppstå som følge av kultivering (Christie mfl. 2012a).

For å unngå en Ryman-Laikre effekt er det viktig å tilpasse andelen utsatt fisk i totalbestanden i forhold til effektivt antall stamfisk og effektivt antall vill gytefisk. Et fokus ved evaluering av kultivering er derfor å tallfeste andel kultivert fisk i bestanden, effektivt antall stamfisk og effektivt antall vill gytefisk og ut fra dette tilpasse kultiveringen slik at eventuelle negative effekter unngås. Dette krever at utsatt fisk kan bli sporet til sine stamfiskforeldre ved hjelp av molekylærgenetiske metoder og at det effektive antallet stamfisk kan beregnes for hvert gyteår (Karlsson mfl. 2016b). Dette ble gjort for syv gyteår i Eira og tre gyteår i Bævra i dette prosjektet.

Kultivering kan også føre til andre negative konsekvenser for mottakerbestanden, som for eksempel endret genuttrykk som følge av oppdrettsmiljøet (epigenetiske effekter) (Christie mfl. 2016, Le Luyer mfl. 2017) og utilsiktet seleksjon for tilpasning til oppdrettsmiljø (Christie mfl. 2012b). Slike endringer ble ikke vurdert i dette prosjektet.

## 1.2 Innkrysning av rømt oppdrettslaks

Oppdrettslaks er selektert for å vokse raskt og ha høy overlevelse i oppdrettsmiljø. Oppdrettslaks og hybrider mellom oppdrettslaks og villaks utkonkurrerer villaks når de blir holdt i oppdrettsmiljø (Solberg mfl. 2013). Dette er det viktig å ta hensyn til i kultiveringsprogram der stamfisken kan være genetisk innkrysset med rømt oppdrettslaks. Nyere forskning som er gjort ved NINA viser at genvarianter (alleler) som er vanlige i oppdrettslaks kan oppformeres i settefiskanlegg og føre til høyere innkrysning i den ville mottakerbestanden (Hagen mfl. 2019). 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 (Bolstad mfl. 2017) fra villaks. Oppdrettslaksen er av den grunn mindre tilpasset livet i naturen enn villaksen og innkrysning av oppdrettslaks i ville bestander har derfor negative konsekvenser for villaksen (Fleming mfl. 2000, McGinnity mfl. 2003). Siden 2014 har det blitt gjennomført obligatorisk genetisk kontroll av all potensiell stamlaks. Dette gjøres ved å benytte et sett med genetiske markører som skiller mellom oppdrettslaks og villaks uavhengig av opphavspopulasjon til villaksen og fra hvilken avlslinje oppdrettslaksen kommer (Karlsson mfl. 2011) og en statistisk metode for å beregne sannsynligheten for å ha rent villaksopphav (Karlsson mfl. 2014). Individer som sannsynligvis ikke har rent villaksopphav blir forkastet som stamfisk (Karlsson mfl. 2018).

### 1.3 Prosjektets delmål

Følgende delmål ble definert for prosjektet:

- 1) Benytte genetiske markører for valg av stamfisk. Dette innebærer vurdering av innkryssning av oppdrettsgener i stamfisken, samt genetisk slektskap til andre potensielle og tidligere brukte stamfisk.
- 2) Bruke genetiske markører for evaluering av effekter på den naturlige populasjonen. Her vurderes hvorvidt bestandene er utsatt for en Ryman-Laikre effekt. I tillegg undersøker vi utvalget av stamfisk i Eira og vurderer effekten av å benytte tidligere kultivert fisk som stamfisk, deriblant om dette har gitt et høyere slektskap mellom stamfisk sammenliknet med naturlig reprodukerende fisk i de samme årene.
- 3) Implementere prosedyrer for genbankbasert drift. I denne rapporten beskrives i korthet noen veiledende råd for drift som er basert på resultatene fra de andre to delmålene.

## 2 Materiale og metoder

### 2.1 Prøver fra Eira

Følgende materiale er brukt for analysene i denne rapporten:

- 1) DNA ekstrahert fra skjellprøver av stamfisk samlet inn for gyteårene 2005 – 2011.
- 2) DNA ekstrahert fra skjellprøver av laks fanget under sportsfisket i Eira fra tre tidsperioder og tilordnet gyteårene 1983 – 1986, 1993 – 1996 og 2002 – 2011.

Tilordning av antatt gyteår er basert på fangstår og lesing av vekstmønster i skjell for å bestemme ferskvannsalder og sjøalder (Lund & Hansen 1991). Kultivert fisk ble identifisert ved vekstmønsteret i skjellene sammen med notering av om fisk manglet fettfinne. Individuer fanget under sportsfisket er voksen laks som returnerer til Eira for å gyte og representerer derfor gytebestanden i elva det året de ble fanget. **Tabell 1** viser antall kultivert og vill laks som er genotypet for hvert gyteår.

**Tabell 1:** Antall voksen gytefisk fra Eira som er genotypet fra de forskjellige gyteårene som er inkludert i studiet.

Gyteår	Antall vill fisk	Antall kultivert fisk
1983	66	18
1984	85	16
1985	33	25
1986	21	38
1993	13	22
1994	35	24
1995	55	13
1996	45	63
2002	152	193
2003	83	183
2004	150	81
2005	153	136
2006	116	265
2007	58	121
2008	86	192
2009	120	44
2010	89	136
2011	26	120
Sum	1386	1690

Fra Eira har vi også informasjon om antall befruktet rogn fra hvert stamfiskpar. Antall rogn er estimert ut fra gjennomsnittlig rognstørrelse og totalt rognvolum (mL) etter stryking. Rognstørrelsen ble beregnet ved å telle antall rognkorn på en rekke av 25 cm (Edwards 1978).

### 2.2 Prøver fra Bævra

Vi har brukt ungfiskmateriale (**tabell 2**) og voksenfiskmateriale (**tabell 3**) fra Bævra som er samlet inn gjennom prosjektet Fiskebiologiske undersøkelser i Bævra (Ugedal mfl. 2014). Det samlede materialet fra Bævra omfatter følgende data:

- 1) DNA ekstrahert fra skjellprøver av stamfisk samlet inn for gyteårene 2010 – 2013.
- 2) DNA ekstrahert fra ungfisk fanget under prøvefiske i årene 2010 – 2015 og som er tilordnet stamfiskforeldre i gyteårene 2010 – 2013.
- 3) DNA fra skjellprøver av voksen laks fanget i løpet av sportsfisket i årene 2013 – 2017 og som er tilordnet stamfiskforeldre i gyteårene 2011 – 2013.

**Tabell 2:** Antall genotypet ungfisk inkludert i studiet fra de forskjellige fangstårene i Bævre.

Fangstår	Antall ungfisk
2013	286
2014	386
2015	168
2016	67
Sum	907

**Tabell 3:** Antall genotypet voksenfisk inkludert i studiet fra de forskjellige fangstårene i Bævre.

Fangstår	Vill voksenfisk	Kultivert eller usikker voksenfisk
2015	48	8
2016	50	35
2017	31	14
Sum	129	57

## 2.3 Genetisk tilordning av villfanget gytefisk til stamfiskforeldre

Kultivert fisk ble tilordnet stamfiskforeldre basert på prinsippet om mendelsk nedarving. Dette innebærer at avkom arver ett av to gener fra hver av foreldrene. Ved å analysere et tilstrekkelig høyt antall gener kan vi med tilnærmet 100 % sikkerhet identifisere hvilke foreldre et individ har. I denne analysen brukte vi genotyper for 81 Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs). Analysen ble utført ved hjelp av et skript i Visual Basic (Thomas Moen, AquaGen AS, upublisert). For å ta høyde for mulige feil ved genotyping, ble det tillatt mis-match mellom identifiserte foreldre og avkom og genotypene ble undersøkt på nytt dersom det var én eller to mis-match for et foreldrepår som stemte med oppgitte kryssninger. Avkom med mer enn 20 % manglende genotyper ble fjernet fra analysen. Stamfisken ble genotypet for alle genetiske markører (SNPer). For å ta høyde for mulige feil i krysningslistene og som en ekstra kvalitetskontroll, ble all stamfisk samlet inn for et gitt gyteår satt som mulige foreldre, uavhengig av oppgitt kjønn og om de var inkludert i krysningslistene. Genetisk tilordning av avkom til stamfiskforeldre ble ytterligere kvalitetssikret ved å sammenlikne mitokondriell haplotype (basert på 15 mitokondrielle SNPer) hos hunnstamfisk med avkom. Prinsippet her er at mødre og avkom er nødt til å ha samme haplotype, da mitokondriene i sin helhet og utelukkende nedarves fra mor til avkom.

Bestemmelse av gyteår ved lesing av skjell ble gitt en feilmargen på +/- 1 år. For eksempel ble stamfiskforeldre brukt i Eira i 2005 analysert mot all voksen gytefisk fanget i elven med antatt gyteår (fra skjellanalysen) 2004, 2005 og 2006.

## 2.4 Genetisk tilordning blant stamfisk

På grunn av at tidligere kultivert og utsatt fisk er blitt brukt som stamfisk (jæmfør lister for skjellkontroll 2005 – 2011 for Eira) gjorde vi en rettet analyse av bidraget og slektskapet fra slike kryssninger. På grunn av 4 – 5 års generasjonstid er det i Eira kun mulig å finne en generasjon med foreldre – avkom blant stamfisken brukt i tidsrommet 2005 – 2011 og for Bævra for årene 2010 – 2017. Prinsippet og gjennomføring av denne analysen var identisk med beskrivelsen av tilordning av villfanget gytefisk. For Eira ble stamfisk samlet inn i 2005, 2006 og 2007 satt som mulige foreldre, mens all stamfisk samlet inn fra 2009 – 2011 ble satt som mulige avkom. I Bævra ble stamfisk fra 2010 – 2012 satt som mulige foreldre og stamfisk fra 2014 – 2017 satt som mulige avkom.

## 2.5 Beregning av effektiv bestandsstørrelse

Når det relative bidraget fra hver stamfisk er kjent, samt variasjon i antall avkom basert på tilordning mellom foreldre og avkom, kan dette brukes til å beregne effektivt antall stamfisk ( $N_{ek}$ ) i henhold til følgende formel (Caballero 1994):

$$N_{ek} = \frac{N\mu - 1}{\mu - 1 + \left(\frac{\sigma^2}{\mu}\right)} \quad (\text{Likning 1})$$

Der  $N$  er antall stamfisk,  $\mu$  er gjennomsnittlig antall avkom per stamfisk og  $\sigma^2$  er variansen i antall avkom blant stamfiskene. Variansen i antall avkom ble skalert til 2, hvilket tilsvarer gjennomsnittlig antall avkom for å opprettholde en stabil bestandsstørrelse, dvs. at  $\mu = 2$ . Effektivt antall stamfisk ble beregnet separat for hanner og hunner for hvert gyteår med likning 1. Totalt effektivt antall stamfisk ble beregnet i henhold til følgende formel:

$$N_{ek} = \frac{4 (N_{ek}^{\text{♂}} \cdot N_{ek}^{\text{♀}})}{N_{ek}^{\text{♂}} + N_{ek}^{\text{♀}}} \quad (\text{Likning 2})$$

Beregning av eksakt effektivt antall foreldre kan kun gjøres for kultivert fisk de årene der stamfisken er genotypet. For Eira omfatter dette gyteårene 2005 – 2011. Beregning av effektivt antall stamfisk for gyteår der vi ikke hadde prøver av stamfisken, men kun fra deres avkom (i Eira 1983 – 1986, 1993 – 1996 og 2002 – 2004, i Bævra for villfisk fra gyteår 2010 – 2013) ble gjort ved å benytte en såkalt «Sibship» metode (Wang 2009). Denne metoden er implementert i programmet COLONY 2.0.2.3 (Jones & Wang 2010) og bygger på å identifisere halv- og helsøsken basert på genotypisk likhet. Effektivt antall foreldre i bestanden estimeres så ut fra sammensetningen av hel- og halvsøsken og ubeslektede individer i stikkprøven. Vi utførte denne analysen separat for ville og kultiverte fisk for gyteårene 1983 – 1986, 1993 – 1996, 2002 – 2004, og for ville individer fra gyteårene 2005 – 2011.

For å få et sammenlikningsgrunnlag for verifisering av Sibship-metoden ble den også utført for kultivert fisk fra gyteår 2005 til 2011, der vi har beregnet eksakt effektivt antall stamfisk basert på tilbakevendende avkom. For Sibship-metoden benyttet vi da bare kultiverte individer som var tilordnet foreldre og utelot finneklippede (altså kultiverte) individer med ukjent stamfiskopphav. Resultater fra Sibship-analyser for kultivert fisk med gyteår 2005 – 2011 ble sammenliknet med resultatet fra Likning 1 og 2 med en regresjonsanalyse. Ut over dette ble ikke Sibship-resultater fra kultiverte individer fra gyteårene 2005 – 2011 brukt videre.

## 2.6 Vurdering av en Ryman-Laikre effekt som følge av kultivering

For å vurdere en potensiell Ryman-Laikre effekt som følge av kultivering ble den totale effektive bestandsstørrelsen beregnet ut fra følgende formel:

$$Ne_{Total} = \frac{1}{\left(\frac{x^2}{Ne_K}\right) + \frac{(1-x)^2}{Ne_V}} \quad (\text{Likning 3})$$

Hvor  $Ne_V$  tilsvarer effektiv bestandsstørrelse i den ville bestanden (fra Sibship-analyser),  $Ne_K$  er effektivt antall stamfisk og  $x$  er andel kultivert fisk i gytebestanden for hvert gyteår. Beregning av  $Ne_{Total}$  ble gjort separat for hvert gyteår. For gyteårene 2005 – 2011 er eksakt effektivt antall stamfisk i Eira beregnet ut i fra antall gjenfangede avkom (jamfør likning 1 og 2) mens for tidligere år i Eira er effektivt antall stamfisk beregnet ut fra Sibship-analyser. Dersom  $Ne_{Total}$  er mindre enn effektiv bestandsstørrelse i den ville bestanden ( $Ne_V$ ), kan man slutte at den totale effektive bestandsstørrelsen hadde vært større uten noe bidrag fra utsatt fisk, det vil si at resultatet er en Ryman-Laikre effekt:

$$\frac{Ne_{Total}}{Ne_V} < 1 \quad (\text{Likning 4})$$

Videre ble forholdstallet mellom  $N_e/N$  i vill og kultivert andel av bestanden ( $\beta$ ) estimert som følger:

$$\beta = \frac{Ne_K/N_{Stamfisk}}{Ne_V/N_V} \quad (\text{Likning 5})$$

Hvor  $Ne_K$  er effektivt antall stamfisk,  $N_{Stamfisk}$  er antall stamfisk rapportert i krysningslistene,  $Ne_V$  er effektivt antall vill gytefisk beregnet fra Sibship-analyser og  $N_V$  er antall ville gytere estimert fra gytefisktellinger. Dette kunne bare gjøres for gyteår der antall ville gytere er kjent fra gytefisktellinger. I Eira har vi data fra gytefisktellinger for årene 2007 – 2011. Antall gytefisk er basert på tabell 11 i Jensen mfl. (2016) og oppjustert med 20 % under antagelse at 80 % av fisken observeres (pers. komm. Arne Jensen). Beta-verdien ( $\beta$ ) sier noe om hvor jevnt bidraget fra de ulike stamfiskene er sammenliknet med hvor jevnt bidraget fra ulike gytefisk er under naturlig gyting. I naturlige populasjoner vil som regel  $Ne/N$  være under 1. Under kultivering er det ønskelig å bringe  $Ne_K/N_{Stamfisk}$  så høyt som mulig. En  $\beta$  som ligger over 1 betyr dermed at stamfisken utnyttes bedre og har et jevnere bidrag enn det vill gytefisk har under naturlig gyting.

## 2.7 Beregning av slektskap i gytebestand og reproduserende stamfisk

For å vurdere om stamfisken som ble brukt i Eira hadde høyere slektskap mellom hverandre enn slektskapet innen gytebestanden i elva, analyserte vi såkalt «relatedness» med programmet COANCESTRY 1.0.1.8 (Wang 2011). Metoden baserer seg på en forventning om «identity by descent», altså at like gener i individer innen samme populasjon skyldes nedarving fra en felles slektning. Enkelt forklart estimeres slektskapet (relatedness) ut fra hvor mange gener som er felles mellom par av individer, vektet med frekvensen av de undersøkte genene i populasjonen. Denne analysen ble utført med all reproduserende stamfisk for et gitt gyteår i en gruppe, og sammenliknet med «relatedness» beregnet for all gytefisk fanget i elven for det samme året. Gjennomsnittlig slektskap til de to gruppene ble sammenliknet med en bootstrap-analyse med 1000 repetisjoner, der par av individer med tilhørende relatedness-estimat ble tilfeldig plassert i en av to grupper og gjennomsnittlig forskjell mellom gruppene ble estimert for hver repetisjon og til slutt sammenliknet med den observerte forskjellen mellom gruppene. Dersom den observerte forskjellen var utenfor 95 % av de tilfeldig genererte forskjellene anså vi gruppene for å ha signifikant forskjellig gjennomsnittlig relatedness.

## **2.8 Feilvandring mellom Eira, Bævra og Surna**

For å identifisere mulig feilvandring av utsatt fisk i Eira og Bævra ble fisk fra Eira forsøkt tilordnet stamfisk fra Bævra og Surna, og fisk fra Bævra ble forsøkt tilordnet stamfisk fra Eira og Surna. For Eira ble dette gjort for individer med gyteår 2009 og oppover, da stamfisken i Bævra og Surna er genotypet fra henholdsvis gyteår 2010 og 2009 og oppover.

## **2.9 Estimering av grad av genetisk innkrysning av oppdrettslaks i stamfisk**

I hvilken grad stamfisk er innkrysset med oppdrettslaks er vurdert individuelt for alle genotypede stamfisk i henhold til (Karlsson mfl. 2014, 2016a, 2016b), der hver fisk gis en  $P(\text{wild})$  verdi mellom 0 og 1. Individer med  $P(\text{wild})$  verdi under 0,71 har sannsynligvis ikke rent villaksopphav i henhold til grenseverdien brukt ved stamlakskontroll (Karlsson mfl. 2015) og skal ikke brukes i kultivering.



### 3 Resultater

#### 3.1 Resultater fra analyser av kultivering i Eira

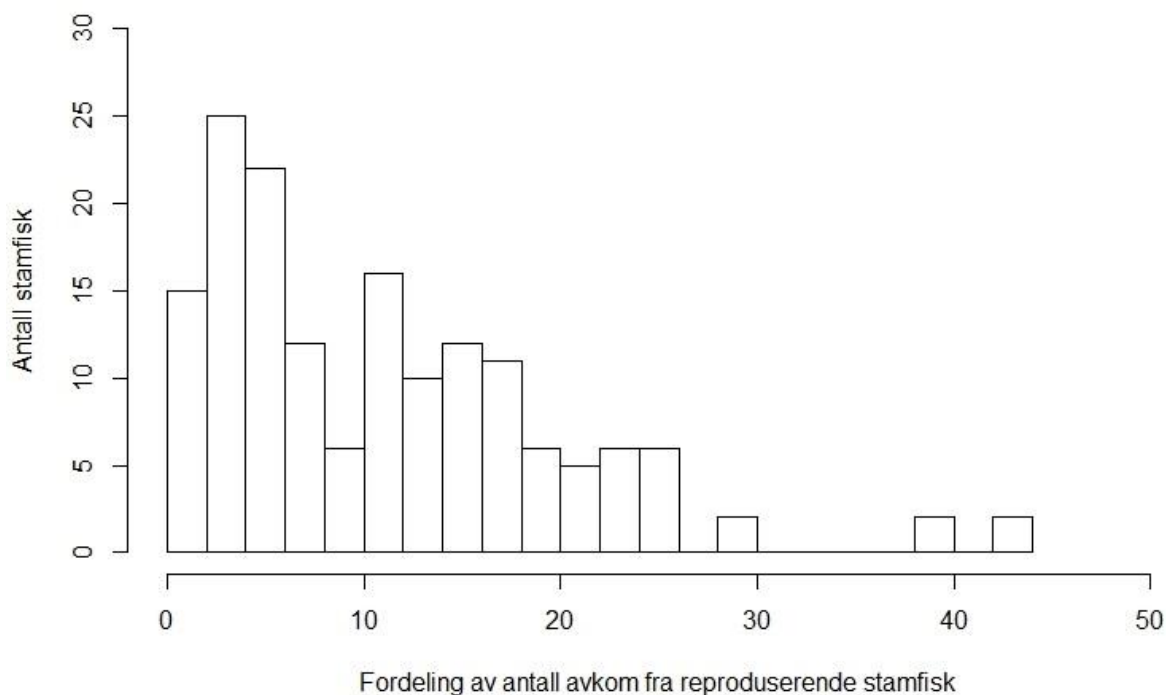
##### 3.1.1 Genetisk tilordning av villfanget gytefisk til stamfiskforeldre i Eira

Totalt ble det identifisert 907 avkom etter stamfisk i Eira fra gyteårene 2005 – 2011. Ut av disse hadde 26 par én mis-match og 5 par hadde to mis-matcher, etter kontroll av genotypene ble disse også tilordnet stamfiskforeldre. Over de syv gyteårene som er analysert ble 55 individer genetisk tilordnet stamfiskpar som ikke var oppført som kryssninger, altså at stamfiskforeldrene ikke er listet som par i kryssningslista. Stamfiskforeldre ble ikke funnet til 79 fysisk merkede fisk (finneklipping, Carlin-merker eller PIT-merker). Dette kan enten være utsatt laks fra andre elver eller feilregistrering av merking. **Tabell 4** viser antall individer som er tilordnet stamfiskforeldre i de forskjellige gyteårene, og antall merket men ikke genetisk tilordnet fisk. Til sammenlikning er det funnet foreldre til fire individer som ikke er merket og som har blitt klassifisert som ville.

**Tabell 4:** Antall fisk tilordnet stamfiskforeldre fra de forskjellige gyteårene, og antall individer som er merket, men hvor foreldrene ikke er kjent.

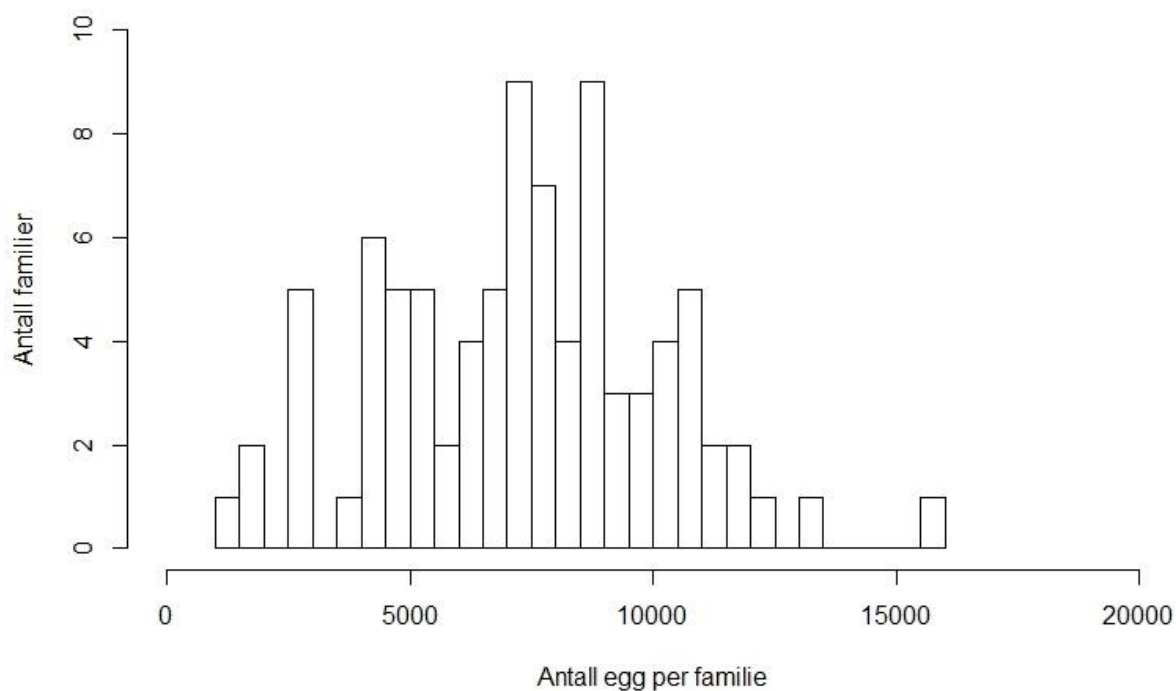
Gyteår	Antall tilordnet	Merket, men ikke tilordnet
2005	84	30
2006	259	10
2007	98	13
2008	195	3
2009	38	2
2010	108	14
2011	125	7
Sum	907	79

Antall avkom per stamfisk varierte fra 1 til 44 med et gjennomsnitt på 11,47 avkom. Av totalt 184 stamfisk har 28 stamfisk fått ingen registrerte avkom. **Figur 1** viser fordelingen av antall avkom per stamfisk og hvordan de fleste stamfisk får kun ett avkom, mens noen få stamfisk bidrar uforholdsmessig mye til den kultiverte bestanden ved å produsere et stort antall avkom.



**Figur 1:** Fordelingen av antall stamfisk (y-aksen) og antall voksne registrerte avkom per stamfisk (x-aksen) for gyteårene 2005 – 2011.

Det er stor variasjon i antall rognkorn fra de forskjellige familiegruppene (**figur 2**). Det laveste antallet estimerte rognkorn er 1460 mens det høyeste er 15640.



**Figur 2:** Fordelingen av estimert antall befruktet rogn per familie for alle stamfiskpar med registrerte avkom fra gyteårene 2005 – 2011. Det laveste estimerte antall rogn er 1460 mens det høyeste er 15640.

### 3.1.2 Genetisk tilordning innen stamfisk i Eira

Totalt ble 33 stamfisk tilordnet tidligere benyttet stamfisk (**tabell 5**).

**Tabell 5:** Stamfisk med foreldre blant tidligere brukt stamfisk samt det antall avkom som er tilordnet stamfisken selv. Flere stamfisk kan ha samme foreldrepar. Individuell id er gitt ved elve-navn, etterfulgt av fangstår og stamfisk id nummer.

Stamfiskforeldre		Stamfisk	Antall avkom
Eira_05_65159	Eira_05_65390	Eira_09_65114	0
Eira_05_65383	Eira_05_65392	Eira_09_65133	0
Eira_05_65159	Eira_05_65390	Eira_09_65134	1
Eira_05_65380	Eira_05_65394	Eira_09_65136	6
Eira_05_65380	Eira_05_65394	Eira_10_65068	3
Eira_05_65380	Eira_05_65394	Eira_10_65070	7
Eira_05_65393	Eira_05_65155	Eira_10_65075	12
Eira_05_65380	Eira_05_65394	Eira_10_65078	6
Eira_05_65380	Eira_05_65394	Eira_10_65080	0
Eira_05_65382	Eira_05_65387	Eira_10_65081	3
Eira_05_65380	Eira_05_65394	Eira_10_65083	14
Eira_05_65384	Eira_05_65151	Eira_10_65087	14
Eira_05_65380	Eira_05_65394	Eira_10_65090	3
Eira_05_65380	Eira_05_65394	Eira_10_65091	12
Eira_05_65380	Eira_05_65394	Eira_10_65148	19
Eira_05_65153	Eira_05_65390	Eira_10_65149	14
Eira_05_65380	Eira_05_65394	Eira_10_65151	16
Eira_05_65382	Eira_05_65387	Eira_10_65153	4
Eira_06_65187	Eira_06_65176	C3_AB18358270	0
Eira_06_65168	Eira_06_65175	Eira_10_65084	16
Eira_06_65182	Eira_06_65160	Eira_11_10080	21
Eira_06_65189	Eira_06_65381	Eira_11_10767	21
Eira_06_65184	Eira_06_65196	Eira_11_10337	24
Eira_06_65103	Eira_06_65191	Eira_11_10416	2
Eira_06_65172	Eira_06_65191	Eira_11_10531	17
Eira_06_65184	Eira_06_65196	Eira_11_10609	4
Eira_06_65199	Eira_06_65197	Eira_11_10650	6
Eira_06_65189	Eira_06_65381	Eira_11_10666	3
Eira_06_65166	Eira_06_65194	Eira_11_10804	11
Eira_06_65199	Eira_06_65197	Eira_11_10851	9
Eira_06_65172	Eira_06_65191	Eira_11_10902	11
Eira_06_65189	Eira_06_65381	Eira_11_10941	5
Eira_06_65172	Eira_06_65191	Eira_11_10996	1

Ved å benytte tidligere kultivert fisk som stamfisk vil enkelte stamfisk få et svært stort bidrag til den kultiverte bestanden. Dette kan illustreres ved å summere antall «barnebarn» for hver stamfisk hvis avkom igjen er benyttet som stamfisk. Antall barnebarn varierer fra 1 til 86 (**tabell 6**).

**Tabell 6:** Antall «barnebarn» som stamfisken har gitt opphav til for gyteårene 2005 – 2011 i de tilfellene der direkte avkom etter tidligere brukte stamfisk igjen har blitt brukt som stamfisk. Individuell id er gitt ved elvenavn, etterfulgt av fangstår og stamfisk id nummer.

Stamfiskpar		«Barnebarn»
Eira_05_65153	Eira_05_65390	14
Eira_05_65159	Eira_05_65390	1
Eira_05_65380	Eira_05_65394	86
Eira_05_65382	Eira_05_65387	7
Eira_05_65384	Eira_05_65151	14
Eira_05_65393	Eira_05_65155	12
Eira_06_65103	Eira_06_65191	2
Eira_06_65166	Eira_06_65194	11
Eira_06_65168	Eira_06_65175	16
Eira_06_65172	Eira_06_65191	29
Eira_06_65184	Eira_06_65196	28
Eira_06_65182	Eira_06_65160	21
Eira_06_65189	Eira_06_65381	29
Eira_06_65199	Eira_06_65197	15

### 3.1.3 Beregning av effektiv bestandsstørrelse

Det var godt samsvar ( $r^2 = 0.91$ ) mellom Sibship-metoden og en metode basert på faktisk antall avkom for å regne ut effektivt antall stamfisk for gyteårene 2005 – 2011. Dette betyr at vi anser Sibship-metoden som pålitelig i den forstand at den gir resultater som er sammenfallende med det faktiske bidraget som er regnet ut for hver stamfisk for gyteårene 2005 – 2011.

I henhold til **tabell 7** ser vi at i tidsrommet 1983 – 2011 er gjennomsnittlig effektivt antall gytere for vill og kultivert andel av bestanden henholdsvis 69 og 26,4. Effektivt antall stamfisk er dermed under halvparten av det effektive antallet ville gytere. I perioden 2005 – 2011 er effektivt antall stamfisk (gjennomsnitt 22) også lavere enn det antallet som er rapportert i krysningslistene (gjennomsnitt 26,3). Et avvik mellom effektivt antall stamfisk og tilgjengelig antall stamfisk tilsier at det er et potensiale for å utnytte stamfisken bedre ved å endre praksis, slik at effektivt antall stamfisk kommer nærmere eller blir høyere enn det antallet som er tilgjengelig.

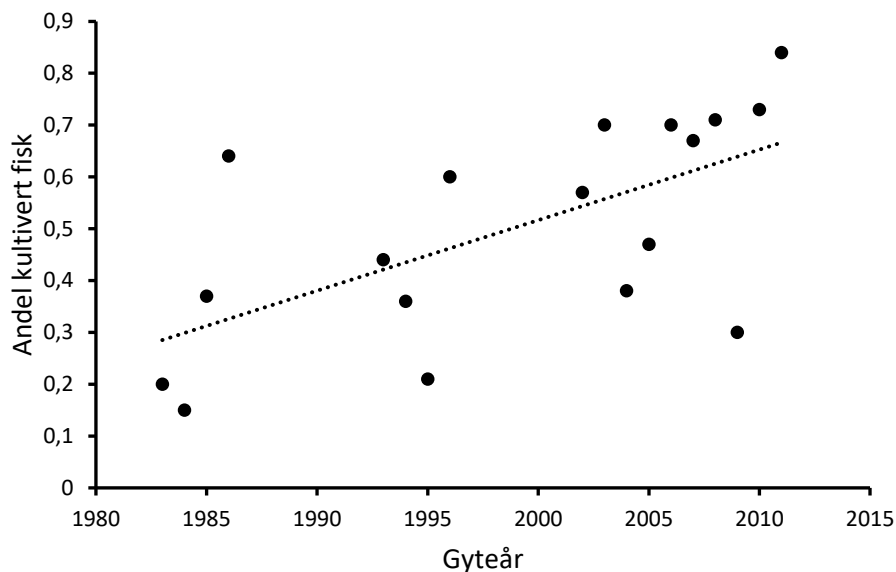
**Tabell 7:** Effektiv bestandsstørrelse for vill ( $N_{eVill}$ ) og kultivert ( $N_{eKultivert}$ ) andel av laksebestanden, antall stamfisk som er rapportert i krysningslistene ( $N_{Stamfisk}$ ), forholdstallet mellom effektiv bestandsstørrelse i totalbestanden og vill bestand ( $N_{eTotal}/N_{eVill}$ ) og andel kultivert fisk i Eira for hvert gyteår. For  $N_{eKultivert}$  representerer tall i parentes estimer av effektivt antall stamfisk med Sibship metoden.  $\beta$  representerer forholdet mellom  $N_e/N$  i vill og kultivert andel av bestanden og er estimert i henhold til Likning 5:

Gytår	$N_{eVill}$	$N_{eKultivert}$	$N_{Stamfisk}$	$N_{eTotal}$	$N_{eTotal}/N_{eVill}$	Andel kultivert	$\beta$
1983	66	10	18	72	1,09	0,2	NA
1984	66	37	18	88	1,33	0,15	NA
1985	50	26	14	75	1,50	0,37	NA
1986	40	21	23	44	1,09	0,64	NA
1993	NA	36	8	86	NA	0,44	NA
1994	52	27	24	78	1,50	0,36	NA
1995	60	NA	36	92	NA	0,21	NA
1996	54	34	33	76	1,40	0,6	NA
2002	105	49	NA	132	1,26	0,57	NA
2003	74	31	NA	62	0,84	0,7	NA
2004	100	24	NA	105	1,05	0,36	NA
2005	106	18,3 (16)	25	79,5	0,75	0,46	NA
2006	76	32,3 (27)	33	59,8	0,79	0,68	NA
2007	56	19,4 (17)	22	42,6	0,76	0,65	1,21
2008	91	23,9 (21)	24	45,8	0,5	0,69	1,36
2009	72	16 (15)	30	84,8	1,18	0,28	1,30
2010	67	21,8 (18)	25	57,4	0,85	0,57	1,66
2011	35	22,04 (16)	25	30,8	0,88	0,83	3,00

I **tabell 7** ser vi at  $\beta$  for gyteårene 2007 – 2011 ligger over 1. Dette betyr at man i kultivering av Eira har oppnådd et jevnere bidrag fra hver stamfisk enn det som er tilfellet under naturlig gyting i elven.

### 3.1.4 Vurdering av en Ryman-Laikre effekt som følge av kultivering i Eira

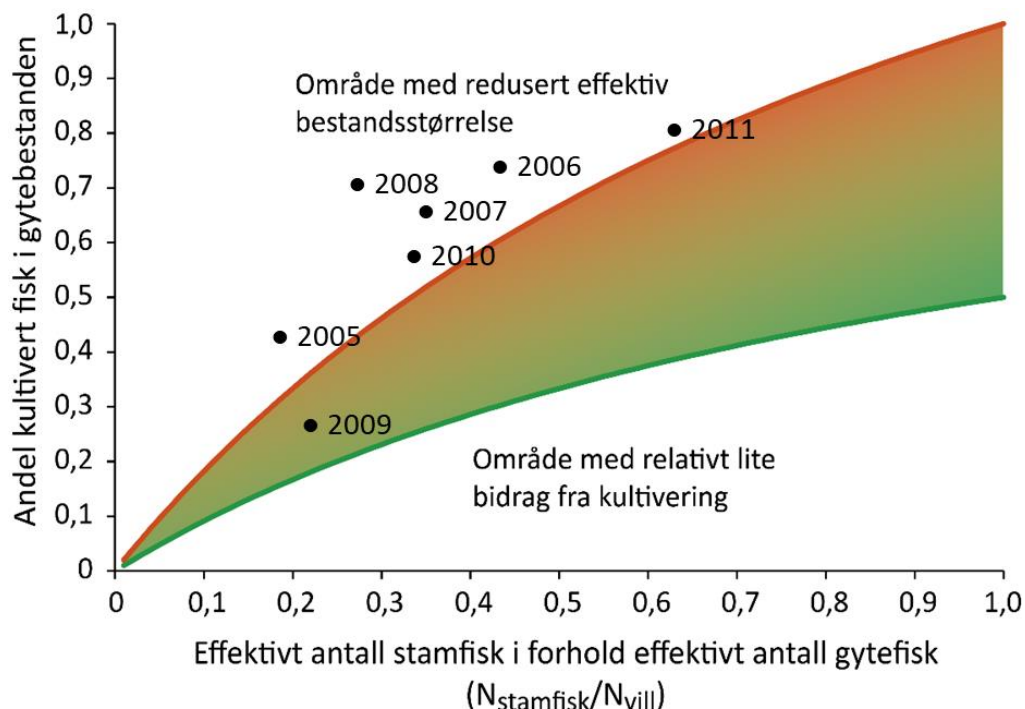
Dersom totalt effektivt antall gytefisk (bidrag fra vill gytefisk og kultivert fisk) er mindre enn effektivt antall vill gytefisk alene ( $N_{eTotal}/N_{eVill} < 1$ ) indikerer dette en Ryman-Laikre effekt. Frem til 1996 er det ikke observert noen Ryman-Laikre effekt i Eira. Den viktigste grunnen til dette er at det i disse tidligere årene var en generelt mindre andel kultivert fisk i elva enn fra 2002 – 2011 (**figur 3**) og påvirkningen på totalbestanden vil dermed også bli mindre.



**Figur 3:** Andel kultivert fisk (y-aksen) i Eira i løpet av 1983 – 1986, 1993 – 1996 og 2002 – 2011 (x-aksen).

En lineær regresjon mellom andel utsatt fisk og graden av Ryman-Laikre effekt basert på alle vurderte gyteår mellom 1983 og 2011 tilsier en  $r^2$  på 0,35 ( $P = 0,015$ ). For gyteårene 2002 – 2011 er det observert en Ryman-Laikre effekt for alle år bortsett fra 2002, 2004 og 2009. Disse unntakene kan forklares med at det for gyteårene 2004 og 2009 var lav andel kultivert fisk i bestanden, mens det for gyteåret 2002 var en høyere andel kultivert fisk (57 %) som sammenfalt med det største effektive antall stamfisk for alle undersøkte gyteår.

Forholdet mellom andel kultivert fisk i gytebestanden er plottet mot  $N_{eStamfisk}/N_{eVill}$  for hvert gyteår fra 2005 til 2011 i **figur 4**. En optimal plassering av de ulike gyteårene bør være noe over den grønne linjen slik at kultivering ikke reduserer den effektive bestandsstørrelsen samtidig som man får et relativt stort bidrag fra kultivering. Kun ett gyteår (2009) ligger innenfor det ønskede området mellom de to linjene. I **figur 4** kan man se at gitt estimert effektivt antall stamfisk og vill gytefisk for de resterende gyteårene, så burde andel utsatt fisk i bestanden vært betydelig lavere for å oppnå maksimalt høy total effektiv bestandsstørrelse (grønn linje): fra 46 % til omtrent 15 % for 2005, fra 68 % til omtrent 30 % i 2006, fra 65 % til omtrent 25 % i 2007, fra 69 % til omtrent 20 % i 2008, fra 57 % til omtrent 25 % i 2010, og fra 80 % til omtrent 35 % i 2011. Alternativt kan punktene flyttes lengre mot høyre og dermed nærmere det grønne området ved å øke effektivt antall stamfisk i forhold til effektivt antall vill gytefisk. Dette kan gjøres ved å benytte flere stamfisk og/eller ved å sette ut et så likt antall avkom som mulig fra hver stamfisk.



**Figur 4:** Forhold mellom kultivert fisk i gytebestanden (y-aksen) og  $N_{\text{stamfisk}}/N_{\text{vill}}$  (x-aksen) for hvert gyteår i perioden 2005 – 2011.

### 3.1.5 Beregning av slektskap i gytebestand og reproduserende stamfisk i Eira

Ved å sammenlikne innbyrdes slektskap (relatedness) hos vill gytefisk for et gitt fangstår og hos stamfisken brukt i det samme året ser vi at stamfisken er mer i slekt med hverandre enn gjennomsnittet i den ville gytebestanden for det samme året (**tabell 8**). Dette gjenspeiler større bruk av stamfisk som har opphav fra tidligere utsetninger enn det som er forventet dersom stamfisken hadde vært et tilfeldig utvalg av bestanden. I 2005 ble det ikke fanget nok ville individer til å sammenlikne de to gruppene. For alle gyteår har stamfisken høyere slektskap enn den ville gytebestanden og for gyteårene 2007 – 2010 er denne forskjellen signifikant i henhold til et 5 % signifikansnivå. Særlig høyt slektskap ble funnet blant stamfisken i 2007. Gruppene var ikke signifikant forskjellige i gyteårene 2006 og 2011.

**Tabell 8:** Gjennomsnittlig slektskap i gytebestanden i elven for fangstårene 2006 – 2011 og blant stamfisken brukt i samme gyteår. Forskjeller mellom vill gytefisk og stamfisk som er signifikant i henhold til et 5 % signifikansnivå er markert med \*. Ikke signifikant forskjell er markert ns.

År	Slektskap vill bestand	Slektskap stamfisk	Konfidensnivå
2005	Ingen data	0,018	NA
2006	0,008	0,0091	ns
2007	-0,005	0,035	*
2008	-0,013	0,018	*
2009	-0,037	0,0019	*
2010	-0,022	0,026	*
2011	-0,018	-0,0049	ns
Gj.snitt	-0,015	0,015	-

### 3.1.6 Slektskap i vill og kultivert voksen gytefisk fra samme gyteår i Eira

Kultiverte individer som stammer fra samme gyteår har høyere innbyrdes slektenskap (relatedness) enn vill fisk fra tilsvarende gyteår (**tabell 9**). Forskjellene er signifikante i henhold til et 5 % signifikansnivå for alle gyteår. Disse dataene indikerer at stamfiskene brukt i hvert av de respektive gyteårene ikke representerer den fulle genetiske variasjonen i gytebestanden. Dette er forventet da et begrenset antall stamfisk blir brukt.

**Tabell 9:** Gjennomsnittlig slektenskap (relatedness) innenfor vill bestand fra gyteår 2005 – 2011 og innenfor kultivert bestand fra de samme gyteårene. Forskjeller mellom vill gytefisk og avkom etter stamfisk som er signifikante i henhold til et 5 % signifikansnivå er markert med \*.

Gyteår	Slektenskap vill bestand	Slektenskap kultivert bestand	Konfidens- nivå
2005	-0,073	0,008	*
2006	-0,003	0,006	*
2007	-0,043	0,05	*
2008	-0,036	0,053	*
2009	0,0014	0,162	*
2010	-0,036	0,107	*
2011	-0,097	-0,015	*
Gj.snitt	-0,041	0,053	-

Gjennomsnittlig slektenskap for kultivert fisk over alle gyteår er 0,053. Til sammenlikning er forventet slektenskap 0,12 mellom søskenbarn og 0,03 for tremenninger (Wang 2017). Det laveste slektskapet innenfor kultivert fisk finner vi for gyteår 2011, hvilket er det gyteåret hvor stamfiskene (foreldregruppen) også var minst i slekt med hverandre (**tabell 8**).



## 3.2 Resultater fra analyser av kultivering i Bævra

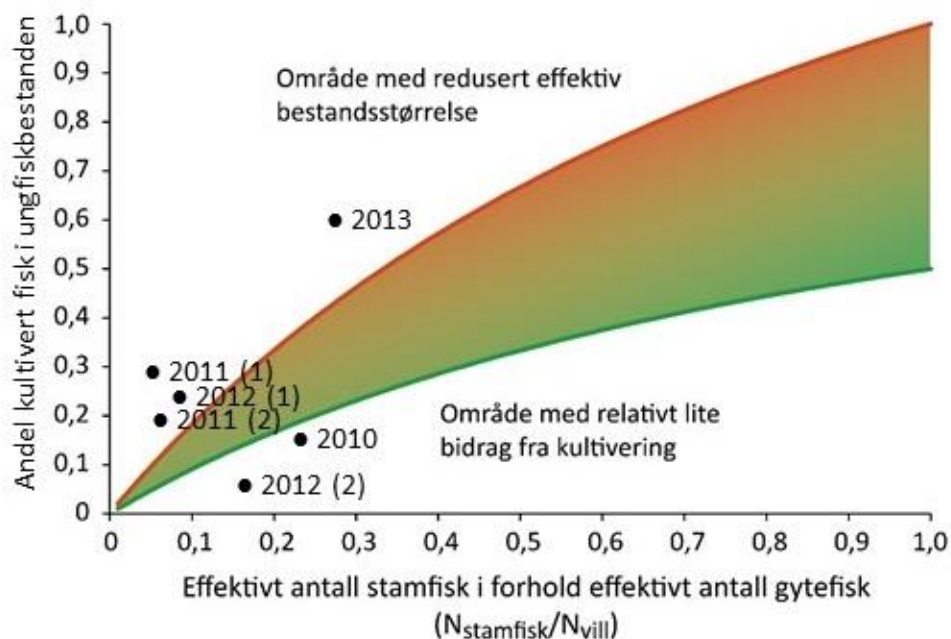
### 3.2.1 Effektiv bestandsstørrelse i Bævra

I Bævra ble det funnet totalt 429 avkom fra stamfisk i ungfiskmaterialet. Dette ble brukt til å beregne effektivt antall stamfisk ( $N_{eKultivert}$ ), sammen med Sibship-analyser av vill ungfisk som stammer fra samme gyteår.

Resultatene tilsier at en Ryman-Laikre effekt er tilfellet for gyteåret 2013, der effektiv bestandsstørrelse i den samlede kultiverte og ville bestanden ( $N_{eTotal}$ ) er lavere enn effektiv bestandsstørrelse i den ville bestanden (**tabell 10**). Dette illustreres også i **figur 5**, der 2013 ligger utenfor det optimale området mellom de to linjene. Siden disse resultatene er basert på ungfisk og ikke voksen fisk, representerer de ikke en realisert effekt av kultiveringen, som sannsynligvis ville blitt mindre dersom vi hadde studert voksen fisk.

**Tabell 10:** Effektiv bestandsstørrelse for vill ( $N_{eVill}$ ) og kultivert ( $N_{eKultivert}$ ) andel av laksebestanden i Bævra, antall stamfisk som er rapportert i krysningslistene ( $N_{Stamfisk}$ ), forholdstallet mellom effektiv bestandsstørrelse i totalbestanden og vill bestand ( $N_{eTotal}/N_{eVill}$ ) og andel kultivert fisk for hvert gyteår basert på ungfiskprøver. Tall i parentes angir aldersklasser fra de ulike gyteårene.

Gytår	$N_{eVill}$	$N_{eKultivert}$	$N_{Stamfisk}$	$N_{eTotal}$	$N_{eTotal}/N_{eVill}$	Andel kultivert
2010 (2)	25	6,9	10	30,50	1,22	0,13
2011 (1)	57	10,2	12	59,48	1,04	0,28
2011 (2)	57	9,9	12	16,07	1,46	0,20
2012 (1)	75	24,5	20	99,46	1,32	0,24
2012 (2)	75	10,4	20	24,68	1,12	0,06
2013 (1)	29	6,6	20	17,43	0,60	0,58



**Figur 5:** Forhold mellom kultivert fisk i ungfiskbestanden (y-aksen) og  $N_{eStamfisk}/N_{eVill}$  (x-aksen) for hvert gyteår fra 2010 til 2013, beregnet ut i fra undersøkelser av ungfisktettheter ved ulike elfiskestasjoner (Ugedal mfl. 2014).

Det var stor variasjon mellom gyteårene 2010 – 2013 i variansen av antall ungfiskavkom produsert fra hver stamfisk i respektive gyteår i Bævvra (**tabell 11**). Særlig for gyteåret 2013 var det høy varians og dermed stor forskjell i størrelse på familiegruppene, mens variasjonen i antall avkom fra gyteåret 2012 var liten og indikerer et forholdsvis jevnt bidrag fra hver stamfisk.

**Tabell 11:** Varians i antall ungfiskavkom produsert fra hver stamfisk for gyteårene 2010 – 2013 i Bævvra. For hvert gyteår er variansen regnet ut for aldersklasse 1 og 2 samlet.

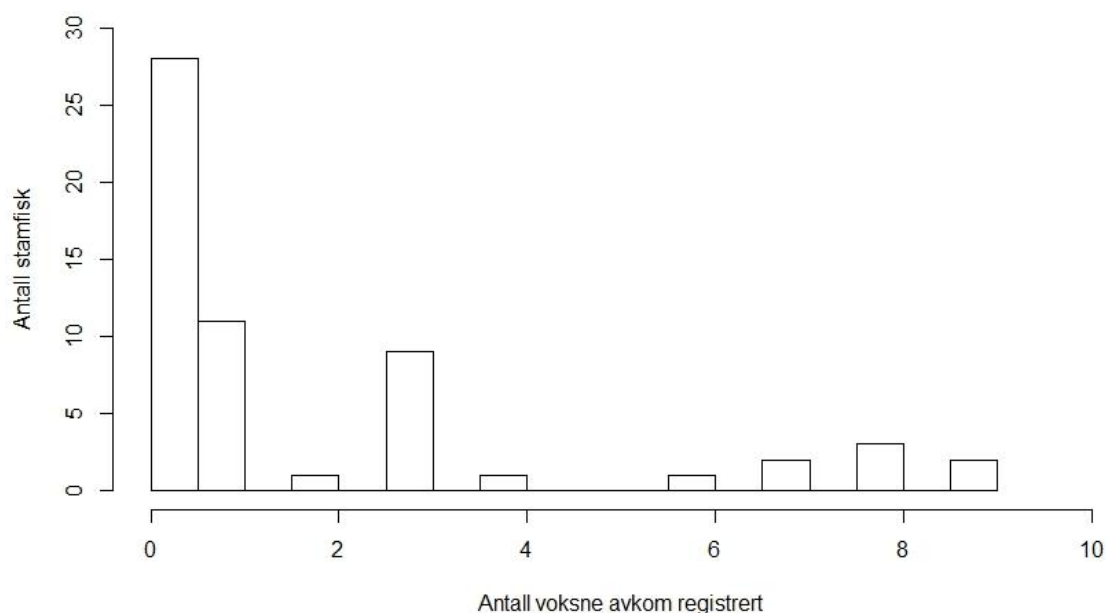
Gyteår	Varians
2010	3,47
2011	2,21
2012	1,3
2013	8,94
Gj.snitt	3,98

Voksenfiskmaterialet består av kun 56 tilordnede avkom fra totalt fire gyteår (2010 – 2013) og 17 stamfiskpar. Dette er for lite til å beregne effektivt antall stamfisk. **Tabell 12** viser hvor mange individer som ble tilordnet for hvert gyteår fra 2010 – 2013. To individer som opprinnelig var klassifisert som villfisk ble tilordnet stamfiskforeldre, mens sju individer opprinnelig klassifisert usikker i forhold til vill eller kultivert opphav ble tilordnet stamfiskforeldre.

**Tabell 12:** Antall tilordnede voksenfisk fra hvert gyteår for gyteårene 2010 – 2013 i Bævvra. Tall i parentes representerer ett individ som ble tilordnet stamfiskforeldre i Surna.

Gyteår	Antall tilordnet
2010	7 (1)
2011	16
2012	25
2013	8
Sum	56

De fleste stamfiskindivider (28 stamfisk) har ingen registrerte avkom, mens 11 individer har ett registrert avkom. Det høyeste antall voksne avkom registrert fra ett stamfiskpar er 9 (**figur 6**).



**Figur 6:** Antall voksne avkom registrert i sportsfiskefangster fra Bævra og som er tilordnet stamfiskforeldre i krysningslistene 2010 – 2013.

### 3.2.2 Genetisk tilordning blant stamfisk i Bævra

I gyteårene 2015 og 2016 er det brukt åtte stamfisk som har opphav i stamfisken fra 2010 – 2013 (**tabell 13**). Det er sannsynlig at dette kan ha ført til høyere slektenskap og mindre genetisk variasjon innen den kultiverte andelen av bestanden i Bævra, tilsvarende det vi har funnet for Eira (**tabell 9**). Prøvematerialet i Bævra er ikke stort nok til å gjøre tilsvarende slektskapsanalyser som er gjort for Eira.

**Tabell 13:** Stamfisk med opphav fra stamfisk i 2010 – 2013 som er brukt i kultivering i Bævra. Individuell id er gitt ved elvenavn, etterfulgt av fangstår og stamfisk id nummer.

Stamfiskindivid	Stamfiskforeldre	
Bevr_16_21145	Bevr_12_2779	Bevr_12_2885
Bevr_16_21411	Bevr_11_0336	Surn_11_1209
Bevr_16_21489	Bevr_13_0068	Bevr_13_0074
Bevr_16_21774	Bevr_11_0335	Bevr_11_0349
Bevr_15_20283	Bevr_11_0341	Bevr_11_0348
Bevr_15_21038	Bevr_11_0335	Bevr_11_0349
Bevr_15_21157	Bevr_10_2903	Bevr_10_2915
Bevr_15_50940	Bevr_10_2634	Bevr_10_2914

### 3.3 Feilvandring mellom Eira, Bævra og Surna

I Bævra er det funnet ett individ (Bevr\_14\_18108) som er tilordnet stamfiskforeldre i Surna (Surn\_10\_0024 og Surn\_10\_2979) og representerer en feilvandring fra Surna til Bævra. Ingen individer fra Eira har blitt tilordnet stamfiskforeldre i Bævra eller Surna. Det var imidlertid totalt 79 fettfinne-merket fisk i Eira som ikke kunne tilordnes noen stamfisk fra Eira, Bævra og Surna. Disse representerer sannsynligvis feilvandrerne fra utsettinger av ukjent opphav. Ett Carlin-merket individ satt ut som ettårig smolt i Imsa i 2014 har blitt gjenfanget i Eira i 2016 (Eira\_16\_0120). Dette viser at kultivert fisk kan feilvandre til elver langt unna og ikke bare til nærliggende elver.

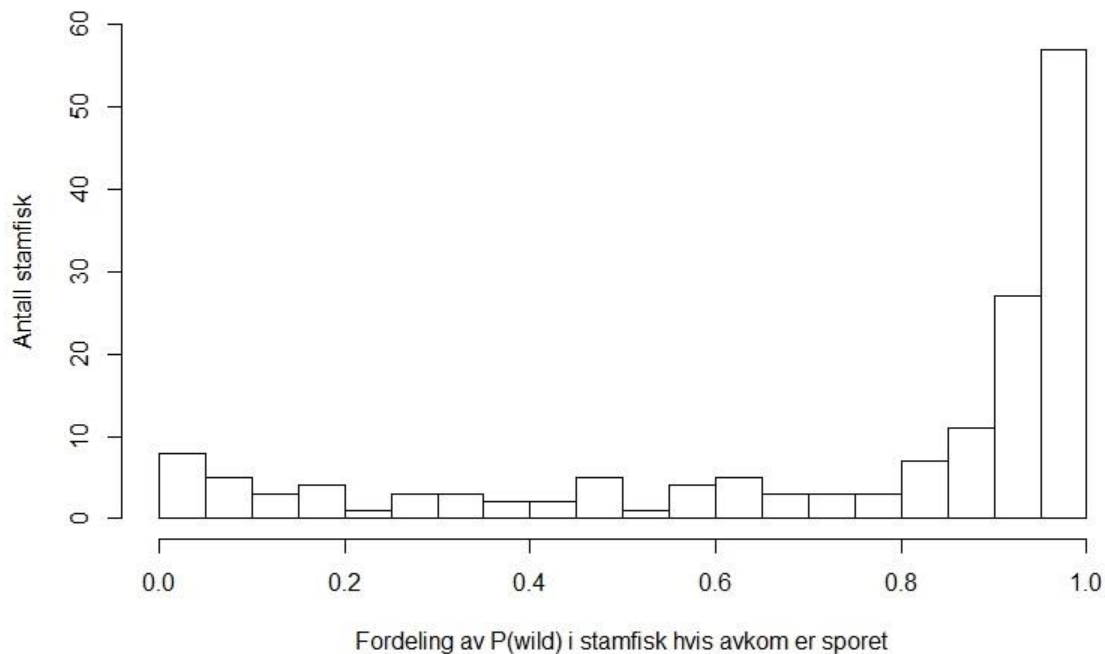
Det beste estimatet for andel merkede individer med ukjent opphav blant all kultivert fisk i bestanden får man fra gyteårene 2006 – 2011 i Eira (altså 823 tilordnede individer og 49 merkede men ikke tilordnet i henhold til **tabell 4**), hvilket tilsvarer 6 %. Gyteåret 2005 er utelatt siden vi ikke hadde stamfisk fra 2004 og derved ikke kunne ta høyde for mulige feil i aldersbestemmelsen. **Tabell 14** viser andel individer som sannsynligvis er kultiverte og med ukjent opphav i sportsfiskefangster i Eira i løpet av fangstårene 2011 – 2016. Tabellen viser også at en del individer tilordnes stamfiskforeldre selv om de ikke er registrert som merket med klippet fettfinne. Alle disse tilfellene er klassifisert som utsatt fisk basert på skjell-analyser.

**Tabell 14:** Statistikk for fangstårene 2011 – 2016. Andel individer av totalfangsten som sannsynligvis er kultiverte og med ukjent opphav, totalt antall tilordnede individer, antall fettfinnemerket men ikke tilordnet, antall umerket men antatt kultivert ut i fra skjell-lesing og er tilordnet, antall umerket men antatt kultivert ut i fra skjell-lesing og ikke tilordnet og antall ville individer fanget under sportsfisket i Eira.

Fangstår	Andel kultiverte med ukjent opphav	Totalt antall tilordnet	Antall fettfinne-merket og ikke tilordnet	Antall umerket men antatt kultivert og er tilordnet	Antall umerket men antatt kultivert og ikke tilordnet	Antall ville
2011	5,5 %	224	17	25	4	137
2012	3,2 %	179	7	10	2	93
2013	1,4 %	91	2	4	0	54
2014	4,7 %	58	8	5	1	125
2015	5,3 %	139	9	13	5	109
2016	8,5 %	89	16	4	0	84

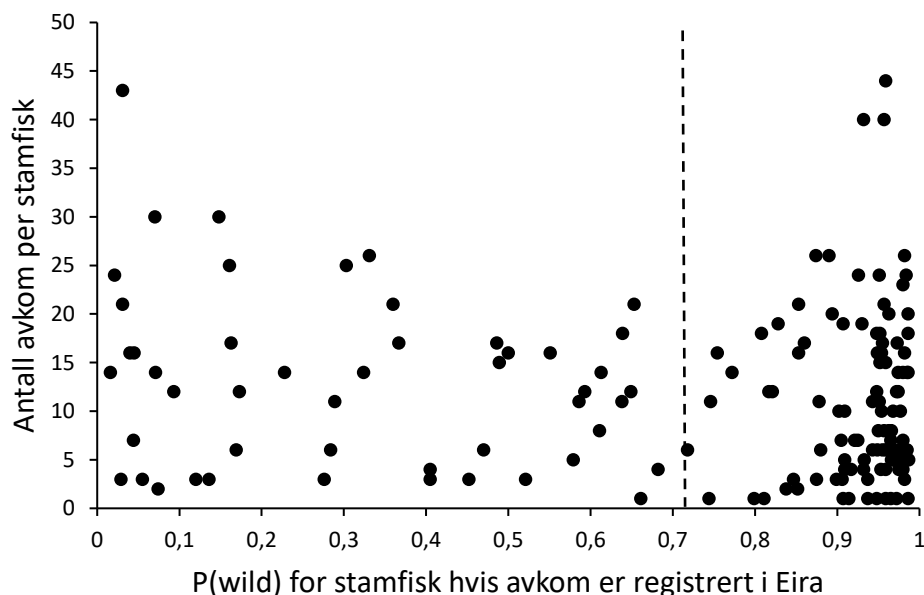
### 3.4 Genetisk innkrysning av oppdrettslaks i stamfisk brukt i Eira og Bævra

Estimert grad av genetisk innkrysning av oppdrettslaks i Eira basert på voksen laks fanget i 2011 – 2016 er 13,3 %. Laksebestanden i Eira blir derfor gitt rød kategori i kvalitetsnormen (Diserud mfl. 2017). I Eira er det registrert avkom fra 154 stamfisker fra gyteårene 2005 – 2011. Gjennomsnittlig  $P(wild)$  for disse er 0,74, og 46 av disse individene (30 %) har en  $P(wild)$  under 0,71, og ville dermed blitt forkastet som stamfisk i henhold til dagens stamfiskkontroll (**figur 7**). Gjennomsnittlig  $P(wild)$  for alle 245 potensielle stamfisk som ble fanget i tidsrommet 2005 – 2011 er 0,7. Av disse har 87 individer (36 %) en  $P(wild)$  som ligger under 0,71.



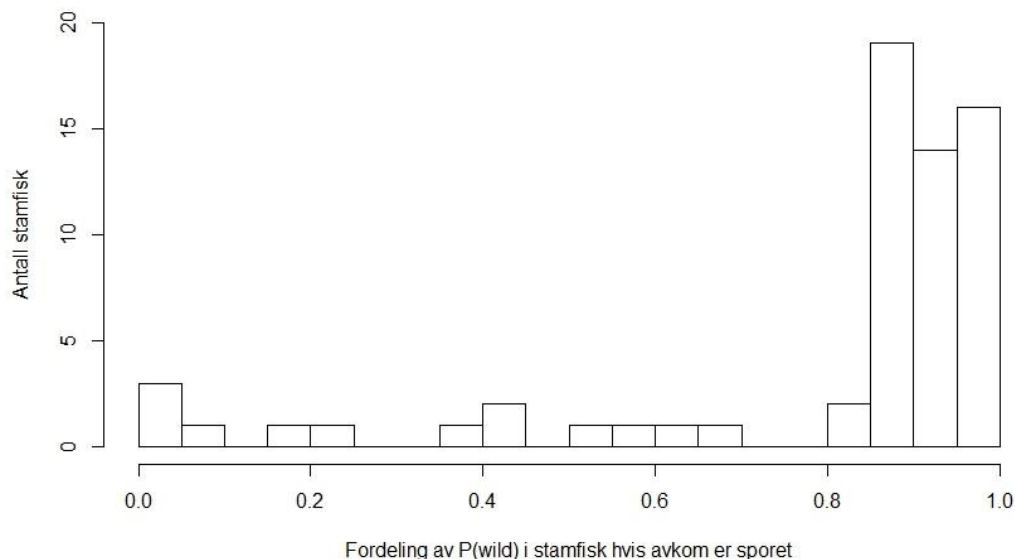
**Figur 7:** Fordeling av  $P(\text{wild})$  (x-aksen) og antall stamfisk (y-aksen) for de 157 stamfiskene hvis avkom fra gyteårene 2005 – 2011 er sporet i Eira.

For perioden 2005 – 2011 har mange av stamfiskene i Eira med svært lav  $P(\text{wild})$  fått et stort antall registrerte voksne avkom (**figur 8**). Det er sannsynlig at dette har ført til høyere innkrysning i bestanden i Eira. Dette viser at det er viktig å opprettholde stamfiskkontrollen for å luke ut individer med oppdrettsopphav.



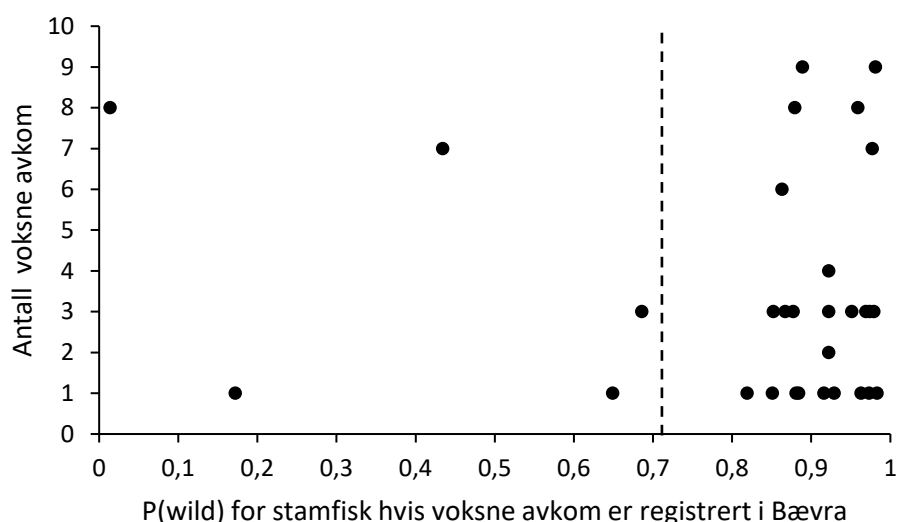
**Figur 8:** Forholdet mellom  $P(\text{wild})$  i stamfisk (x-aksen) og antall voksne avkom som er registrert i Eira (y-aksen). Mange stamfisk med svært lav  $P(\text{wild})$  har fått et stort antall avkom. Den vertikale stiplede linjen indikerer  $P(\text{wild})$  terskelverdi for å forkaste stamfisk (0,71) i henhold til stamfiskkontrollen.

Estimert grad av genetisk innkrysning i Bævra basert på voksen laks fanget i 2011 – 2016 er 14,0 % og satt i rød kategori i kvalitetsnormen (Diserud mfl. 2017). I Bævra er det registrert juvenile og voksne avkom fra 64 stamfisker fra gyteårene 2010 – 2013. Gjennomsnittlig  $P(\text{wild})$  for disse er 0,80 og 13 (20 %) av disse individene har en  $P(\text{wild})$  under 0,71 og ville dermed blitt forkastet som stamfisk i henhold til dagens stamfiskkontroll (**figur 9**). Gjennomsnittlig  $P(\text{wild})$  for alle 78 potensielle stamfisk som ble fanget i tidsrommet 2010 – 2013 er 0,75. Av disse har 22 individer (28 %) en  $P(\text{wild})$  som ligger under 0,71.

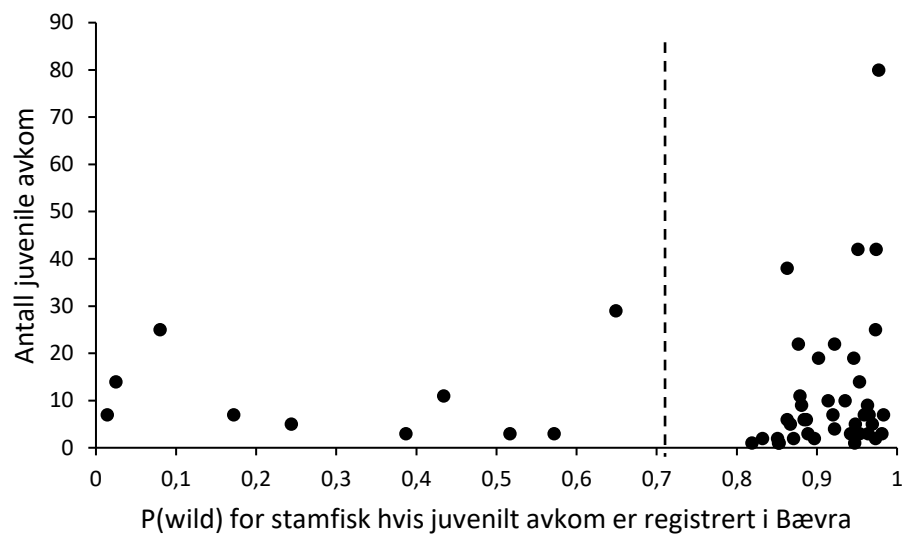


**Figur 9:** Fordeling av  $P(\text{wild})$  (x-aksen) og antall stamfisk (y-aksen) for de 64 stamfiskene hvis avkom fra gyteårene 2010 – 2013 er sporet i Bævra.

Tilsvarende som for Eira har det for stamfisk med lav  $P(\text{wild})$  blitt registrert et antall både voksne (**figur 10**) og juvenile (**figur 11**) avkom.



**Figur 10:** Forholdet mellom  $P(\text{wild})$  i stamfisk (x-aksen) og antall voksne avkom som er registrert i Bævra (y-aksen). De fleste stamfisk har høy  $P(\text{wild})$  mens et fåtall har lav  $P(\text{wild})$  men har produsert et relativt høyt antall avkom. Den vertikale stiplede linjen indikerer  $P(\text{wild})$  terskelverdi for å forkaste stamfisk (0,71) i henhold til stamfiskkontrollen.



**Figur 11:** Forholdet mellom  $P(wild)$  i stamfisk (x-aksen) og antall juvenile avkom som er registrert i Bævre (y-aksen). De fleste stamfisk har høy  $P(wild)$  mens et fåtall har lav  $P(wild)$  men har produsert et relativt høyt antall avkom. Den vertikale stiplede linjen indikerer  $P(wild)$  terskelverdi for å forkaste stamfisk (0,71) i henhold til stamfiskkontrollen.

## 4 Diskusjon

### 4.1 Vurdering av kultivering i Eira

I dette studiet har vi vurdert effekten av kultivering på totalbestanden i Eira over 30 år. Vurderingen omfatter tilslag av kultivert fisk, effektiv bestandsstørrelse for kultivert andel av bestanden i forhold til vill andel, bruk av tidligere kultivert fisk som stamfisk og hvilken effekt dette har på slektskap i elvebestanden, samt i hvilken grad individer som er innkrysset med oppdrettslaks har vært brukt som stamfisk. En slik vurdering krever at kultiverte individer kan spores tilbake til sine stamfiskforeldre. I Eira har en stor andel av gytefisk som er fanget i elven kultivert opphav (**tabell 1**) og i de fleste tilfeller var det mulig å finne stamfiskforeldre til de kultiverte individene (**tabell 4**). Dette har gitt oss et godt datamateriale for å vurdere effekten av kultivering i Eira.

Beregning av effektivt antall stamfisk gir informasjon om hvor godt stamfisken er utnyttet og i hvilken grad antall stamfisk er tilstrekkelig i forhold til tilslaget av kultivert fisk og antall ville gytere. Når antall avkom som er tilordnet hvert stamfiskpar summeres og sammenliknes (**figur 1**), ser vi at det er svært stor variasjon i familiestørrelser. For enkelte stamfiskpar identifiserte vi så mange som 43 avkom som vender tilbake og blir fanget som voksne gytere, mens for de fleste par identifiserte vi ett gjenfanget avkom. En slik høy variasjon i familiestørrelse vil føre til en reduksjon i effektivt antall stamfisk i forhold til antallet stamfisk brukt. Denne effekten blir ytterligere forsterket av å bruke kultivert fisk som stamfisk. Utbredt bruk av stamfisk med kultivert opphav har blitt observert for årene 2010 og 2011. For stamfisken brukt i 2010 (totalt 25 individer) ble foreldre fra tidligere brukt stamfisk funnet for 16 individer. Tilsvarende ble det funnet foreldre til 13 av de 25 stamfiskene som er brukt i 2011 (**tabell 5**). Enkelte stamfisk vil da kunne få et uforholdsmessig stort bidrag gjennom både direkte avkom og «barnebarn». Som vist i **tabell 6**, er det funnet 86 «barnebarn» fra ett stamfiskpar.

Det ble funnet en Ryman-Laikre effekt for seks av syv gyteår der stamfiskforeldre er kjent. Dette forventes å føre til en redusert effektiv bestandsstørrelse og et raskere tap av genetisk variasjon enn om utsettingene hadde vært balansert på en optimal måte i Eira. Det eneste året i tidsrommet 2005 – 2011 hvor det ikke ble observert en Ryman-Laikre effekt er 2009, hvilket er det året med dårligst tilslag fra kultivering. Rent konkret betyr dette at det for alle år mellom 2005 – 2011 (bortsett fra 2009), har vært satt ut for mange smolt pr. forelder sammenliknet med den ville bestanden i elven. Om man legger til at det er brukt stamfisk med kultivert opphav vil dette ha bidratt ytterligere til å redusere den samlede effektive bestandsstørrelsen. Tilslaget av kultivert fisk har steget i løpet av årene som har vært studert (**figur 3**). For årene der stamfiskforeldre ikke er kjent (1983 – 1986 og 1993 – 2004) ble det kun observert en Ryman-Laikre effekt i 2003. I dette året var det en svært høy andel kultivert fisk i bestanden (**tabell 7**).

Mye av årsaken til den observerte Ryman-Laikre effekten ligger i høy andel utsatt fisk og stor varians i reprodutiv suksess blant et lite antall stamfisk. Det vil si at et lite antall stamfisk produserer uforholdsmessig mange avkom sammenliknet med den ville bestanden. En måte å kompensere for dette er å hente ut flere stamfisk fra elven for hvert år. Alternativt vil et forholdstall mellom  $N_{\text{Kultivert}}/N_{\text{Stamfisk}}$  som ligger nærmere 1 (altså at familiestørrelsene er likere) kompensere for noe av den observerte Ryman-Laikre effekten i årene 2005 – 2011. For årene 2005 – 2011 er effektivt antall stamfisk cirka 0,83 av det antallet som er rapportert i krysningslistene (**tabell 7**). Dersom  $N_{\text{Kultivert}}$  hadde vært lik  $N_{\text{Stamfisk}}$  ville gjennomsnittlig  $N_{\text{eTotal}}/N_{\text{eVill}}$  heves fra 0,83 til 0,93. Dette betyr at ved å etterstrebe en likere familiestørrelse mellom stamfiskpar vil Ryman-Laikre effekten bli redusert. Et jevnere bidrag fra stamfisken kan oppnås ved å standardisere antall rogn fra hver hunnlaks og minimere dødeligheten i klekkeriet. I og med at vi har observert at andel kultivert fisk i bestanden har sammenheng med Ryman-Laikre effekt i de analyserte gyteårene ( $r^2 = 0,35$ ;  $P = 0,015$ ) kan man alternativt vurdere å sette ut færre smolt slik at utsatt fisk utgjør en mindre andel av bestanden. Å redusere antall utsatt smolt vil sannsynligvis føre til færre voksne laks og mindre høstbart overskudd i elven.



Når slektskap innad i stamfisken er sammenliknet med slektskap innad i gytepopulasjonen for et gitt gyteår, ser vi at stamfisken generelt er mer beslektet enn den ville gytefiskpopulasjonen (**tabell 8**). Det høye slektskapet blant stamfisken brukt i samme år indikerer at utvalget av stamfisken ikke er tilfeldig, sannsynligvis på grunn av en tilbøyelighet til å bruke tidligere kultivert fisk som stamfisk. For gytefisk fanget under sportsfisket som stammer fra samme gyteår ser vi at slektskapet er signifikant høyere for kultivert fisk sammenliknet med vill fisk (**tabell 9**). Årsaken til dette er både det lave antallet stamfisk som er opphavet til den kultiverte delen av bestanden, men også at stamfisken selv har generelt høyere slektskap sammenliknet med vill gytefisk for samme år. Lav genetisk variasjon på grunn av nært slektskap blant stamfisken blir dermed forsterket og overført til avkommet ved å tillate reproduksjon mellom et lite antall nært beslektet stamfisk. Dette vil nødvendigvis føre til tap av genetisk variasjon for totalbestanden. Det er dermed viktig å minimere bruk av kultivert fisk som stamfisk og å kontrollere slektskapet mellom stamfisk for å unngå kryssninger mellom nært beslektede individer.

Tilsammen 79 finneklippet fisk kunne ikke tilordnes stamfiskforeldre fra Eira og disse kan være feilvandrere fra andre kultiverte elver. Til tross for at genetisk tilordning ble gjort med all potensiell stamfisk og ikke bare med de stamfiskene som inngikk i krysningslistene, kan vi ikke utelukke at det har blitt brukt stamfisk som vi ikke har genetisk profil på, men vi har ingen opplysninger som støtter dette. Vi kan heller ikke utelukke at rapportering av manglende fettfinne ikke er riktig for hver laks. Siden ingen av de fettfinne-klippede fiskene som ikke ble genetisk tilordnet stamfisken i Eira heller ikke ble tilordnet stamfisken fra Surna og Bævra, er opphavet til disse fiskene foreløpig ukjent. Sporing av individer med ukjent kultivert opphav forutsetter at stamfisk fra alle kultiveringsprogram blir genotypet hvert år. Siden obligatorisk gentest ble innført i 2014 vil det være mulig å spore opphavet til utsatt laks på kryss av elver i hele Norge fra og med gyteår 2014. Dette vil kunne gi svært god forståelse av migrasjon mellom bestander og effekt av kultivering på lokal tilpasning.

Videre ser vi at det er en stor grad av genetisk innkryssning av oppdrettslaks i stamfisken som har vært brukt i Eira. I tidsrommet 2005 – 2011 har 36 % av stamfisken en grad av innkryssning som tilsier at den ville vært forkastet som stamfisk etter dagens praksis (**figur 7**).

## 4.2 Vurdering av kultivering i Bævra

Prøvematerialet fra Bævra (**tabell 2 og 3**) er langt mindre enn for Eira og det er derfor vanskeligere å gjøre en like detaljert vurdering som vi har gjort for Eira. Ungfiskmaterialet tilsier at effektiv populasjonsstørrelse er noe redusert for gyteåret 2013 (**tabell 10 og figur 5**), og at en Ryman-Laikre effekt er tilfellet blant ungfisk etter gyteåret 2013. Analyser basert på ungfiskmateriale er imidlertid ikke tilstrekkelig til å dokumentere en Ryman-Laikre effekt i totalbestanden, siden effekten først vil gjøre seg gjeldende når fisken returnerer som voksen laks. Ut fra ungfiskmaterialet er det likevel mulig å vurdere forskjell i familiestørrelse (varians i antall avkom). Variansen er svært høy etter gyteåret 2013 (**tabell 11**), hvilket tilsier at bidraget fra hver stamfisk er svært ulikt. Om mulig bør kultiveringsarbeidet etterstrebe tiltak som jevner ut bidraget fra hver stamfisk. Et forbehold her er igjen at dette er basert på ungfiskmateriale og at disse skjevhetene kan jevne seg ut, men kan også forsterkes etter at laksen kommer tilbake til elven for å gyte. Andelen kultivert ungfisk er svært varierende i Bævra (**tabell 10**) og varierer fra 13 % i 2010 til 58 % i 2013. En slik variasjon i tilslag tilsier at effekten av kultivering i Bævra må vurderes over flere år.

Kultivert fisk har vært brukt som stamfisk i Bævra (**tabell 13**). På samme måte som i Eira er det sannsynlig at dette har ført til økt slektskap blant stamfisken og potensielt mindre genetisk variasjon i bestanden.

Som i Eira er det også brukt stamfisk som er genetisk innkrysset med oppdrettslaks i kultivering av Bævra. I tidsrommet 2010 – 2013 hadde 28 % av stamfisken en P(wild) som tilsier at disse ikke ville vært brukt i kultivering i henhold til dagen stamfiskkontroll (**figur 9**).

### 4.3 Retningslinjer for kultivering i Eira og Bævra

Basert på resultatene i dette studiet kan vi gi følgende retningslinjer for kultivering av Eira og Bævra:

- Kultivert fisk bør ikke benyttes som stamfisk, da dette vil gi en økning i genetisk likhet blant kultivert fisk og påfølgende tap av genetisk variasjon i den kultiverte bestanden.
- Slektskapsanalyser basert på molekylærgenetiske metoder bør benyttes for å velge stamfisk som er minst mulig i slekt med hverandre, både innad i og mellom generasjonene.
- Variasjonen i reproduktiv suksess blant stamfisken bør minimeres. Det vil si at bidraget fra hver enkelt stamfisk bør være så likt som mulig. En måte å få til dette på er standardisering av rognporsjoner, slik at man stryker like mange rogn fra hver hunnlaks og at man ikke stryker flere rogn enn det som trengs for å produsere det antallet smolt som skal settes ut. Det siste forutsetter at man har lav og forutsigbar dødelighet fra rogn til utsatt fisk.
- Dødeligheten i kultiveringsanlegget bør være så lav som mulig, og konkurranse mellom individer bør minimeres. Høy konkurranse og høy dødelighet vil føre til kunstig seleksjon for stor fisk. Dette vil favorisere enkelte genotyper (og dermed stamfiskforeldre) mer enn andre og igjen øke forskjeller i familiestørrelser.
- Ved å etterstrebe like familiestørrelser kan man unngå en Ryman-Laikre effekt uten å hente ut flere stamfisk fra den ville gytebestanden.
- Andel kultivert fisk i bestanden har stor betydning for hvorvidt en Ryman-Laikre effekt blir observert. I Eira og Bævra (**tabell 7** og **10**) observeres ingen Ryman-Laikre effekt i de gyteårene der utsatt fisk utgjør en mindre andel av bestanden. Å sette ut færre fisk kan derfor være et virksomt tiltak for å maksimere den effektive bestandsstørrelsen i elven. Resultatene fra Bævra må i denne sammenhengen vurderes med forbehold, da ungfisk-materialet ikke er tilstrekkelig til å vurdere effekten av kultivering på totalbestanden.
- Utvalget av stamfisk bør være representativt for hele bestanden. Dette kan for eksempel oppnås ved å fange stamfisk fra flere steder i elva og sørge for at alle aldersklasser og størrelser av fisk er representert. Det bør også brukes like mange hanner som hunner.
- Analyser av P(wild) i stamfisk tilsier at individer innkrysset med oppdrettslaks har blitt brukt som stamfisk i både Eira og Bævra. Disse har i stor grad produsert smolt som har kommet tilbake til elvene for å gyte. Bruk av stamfisk med oppdrettsopphav har dermed sannsynligvis ført til økt innkrysning i bestandene i elvene i forhold til hva det hadde vært uten kultivering. Stamfiskkontroll med molekylærgenetiske metoder bør derfor vedvare for å opprettholde genetisk integritet og unngå innkrysning av oppdrettslaks.
- For å gjøre en god vurdering av kultivering er det viktig at så mye informasjon som mulig er tilgjengelig. Dette betyr at alle tilsiktede og tilfældige hendelser som inntreffer under produksjonen dokumenteres.

### 4.4 Vurderinger i forhold til genbankbasert kultivering

En molekylærgenetisk tilnærming er nødvendig for å drive en genbankbasert kultivering. Et mål med såkalt genbankbasert kultivering er at påse at man hvert produksjonsår har et tilstrekkelig antall stamfisk. En effekt ved en slik praksis kan bli at man samtidig sikrer et jevnere og bredere genetisk bidrag fra den ville fisken. Dette forutsetter at man for hvert nytt år med innsamling av stamfisk fra elven, påser at denne stamfisken ikke er i nær slekt med tidligere innsamlet stamfisk. Vi anbefaler derfor at det blir tatt skjellprøver til molekylærgenetiske analyser av alle anleggs-produserte stamfisk, slik at det vil være mulig å spore avkommet og luke ut disse ved valg av ny vill stamfisk, samtidig som det vil gi informasjon om tilslag av kultivert fisk, genetisk variasjon og

effektiv bestandsstørrelse. Dette er spesielt viktig dersom utsatt fisk verken er individ- eller gruppepemerket, og der utsettinger foregår på et så tidlig livsstadium at utsatte individer ikke har kjennetegn som skiller dem fra naturlig produsert villaks.

Der villaks gir opphav til anleggsprodusert stamfisk er det svært viktig å sørge for at villaksen ikke har opphav i oppdrettslaks. Det er utarbeidet genetiske og statistiske metoder til å sikre dette (Karlsson mfl. 2011, 2014) og siden høsten 2014 er det gjort slike genetiske analyser av all stamfisk for kultivering i Norge.

Individer med oppdrettsopphav kan være bedre egnet til å tåle miljøet i settefisk- og smoltanlegg og ny forskning viser at innkryssede stamfisk kan produsere flere avkom i smoltanlegg enn ren villfisk (Hagen mfl. 2019). For å unngå oppformering av genkombinasjoner som er tilpasset oppdrettsmiljø er det derfor viktig å sikre at stamfisk som tas inn fra naturen har høyest mulig genetisk likhet med den opprinnelige ville bestanden. I anlegget anbefales det at like familiestørrelser etterstrebes slik at genetisk variasjon ikke går tapt i en flaskehalseffekt der enkelte individer har stor reproduksjon og andre liten.

## 5 Referanser

- Bolstad, G.H., Hindar, K., Robertsen, G., Jonsson, B., Sægvog, H., Diserud, O.H., 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 and Evolution* 1, 0124.
- Caballero, A. 1994. Developments in the prediction of effective population size. *Heredity* 73: 657-679.
- Christie, M.R., Marine, M.L., French, R.A., Waples, R.S. & Blouin, M.S. 2012a. Effective size of a wild salmonid population is greatly reduced by hatchery supplementation. *Heredity* 109: 254.
- Christie, M.R., Marine, M.L., French, R.A. & Blouin, M.S. 2012b. 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., 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.
- Diserud, O.H., Hindar, K., Karlsson, S., Glover, K.A. & Skaala, Ø. 2017. Genetisk påvirkning av rømt oppdrettslaks på ville laksebestander - status 2017. Norsk institutt for naturforskning.
- Edwards, D.J. 1978. *Salmon and Trout Farming in Norway*. Fishing News Books Ltd., Farnham, UK.
- 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, 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.
- 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.
- Hagen, I.J., Jensen, A.J., Bolstad, G.H., Diserud, O.H., Hindar, K., Lo, H. & Karlsson, S. 2019. Supplementary stocking selects for domesticated genotypes. *Nature Communications* 10: 199.
- Jensen, A.J., Berg, M., Bremset, G., Finstad, B., Havn, T. & Jensås, J.G. 2016. Fiskebiologiske undersøkelser i Auravassdraget. Årsrapport for 2015. NINA Rapport 1249. Norsk institutt for naturforskning
- 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.
- Jøranlid A.K. 2014. Retningslinjer for utsetting av anadrom fisk. Miljødirektoratet, M186-2014. 12 s.
- 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., Diserud, O.H., Fiske, P. & Hindar, K. 2016a. Widespread genetic introgression of escaped farmed Atlantic salmon in wild salmon populations. *ICES Journal of Marine Science* 73: 2488-2498
- Karlsson, S., Bjørn, B., Holthe, E., Lo, H., & Ugedal, O. 2016b. Veileder for utsetting av fisk for å ivareta genetisk variasjon og integritet. NINA Rapport 1269. Norsk institutt for naturforskning.

- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Balstad, T. & Eriksen, L. B. 2015. Stamlakskontroll 2014. NINA Rapport 1143. 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.
- 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.
- 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. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 114, 12964-12969.
- Lund, R.A. & Hansen, L.P. 1991. Identification of wild and reared Atlantic salmon, *Salmo salar* L., using scale characters. *Aquaculture Research* 22: 499-508.
- 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.
- Ryman, N. & Laikre, L. 1991. Effects of Supportive Breeding on the Genetically Effective Population Size. *Conservation Biology* 5: 325-329.
- Skår K., Barlaup B., Bremset G., Dyrendal H.A., Limstrand R. & Wennevik V. 2011. Innstilling fra utvalg om kultivering av anadrom laksefisk (Utvalg utnevnt i brev av 26.10.10 fra Direktoratet for naturforvaltning). DN-utredning 11-2011.
- 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.
- Ugedal, O., Berg, M., Jensås, J.G. & Karlsson, S., Johnsen, B.O., Hvidsten, N.A. & Bremset, G. 2014. Fiskebiologiske undersøkelser i Bævre. Sluttrapport for perioden 2009-2013. NINA Rapport 1030.
- Wang, J. 2011. Coancestry: a program for simulating, estimating and analysing relatedness and inbreeding coefficients. *Molecular Ecology Resources* 11: 141-145.
- Wang, J. 2017. Estimating pairwise relatedness in a small sample of individuals. *Heredity* 119: 302.
- 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.
- 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 Ims i Rogaland.*

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

ISSN:1504-3312  
ISBN: 978-82-426-3269-2

## Norsk institutt for naturforskning

NINA Hovedkontor

Postadresse: Postboks 5685 Torgarden, 7485 Trondheim

Besøks-/leveringsadresse: Høgskoleringen 9, 7034 Trondheim

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

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

Organisasjonsnummer 9500 37 687

<http://www.nina.no>



Samarbeid og kunnskap for framtidens miljøløsninger