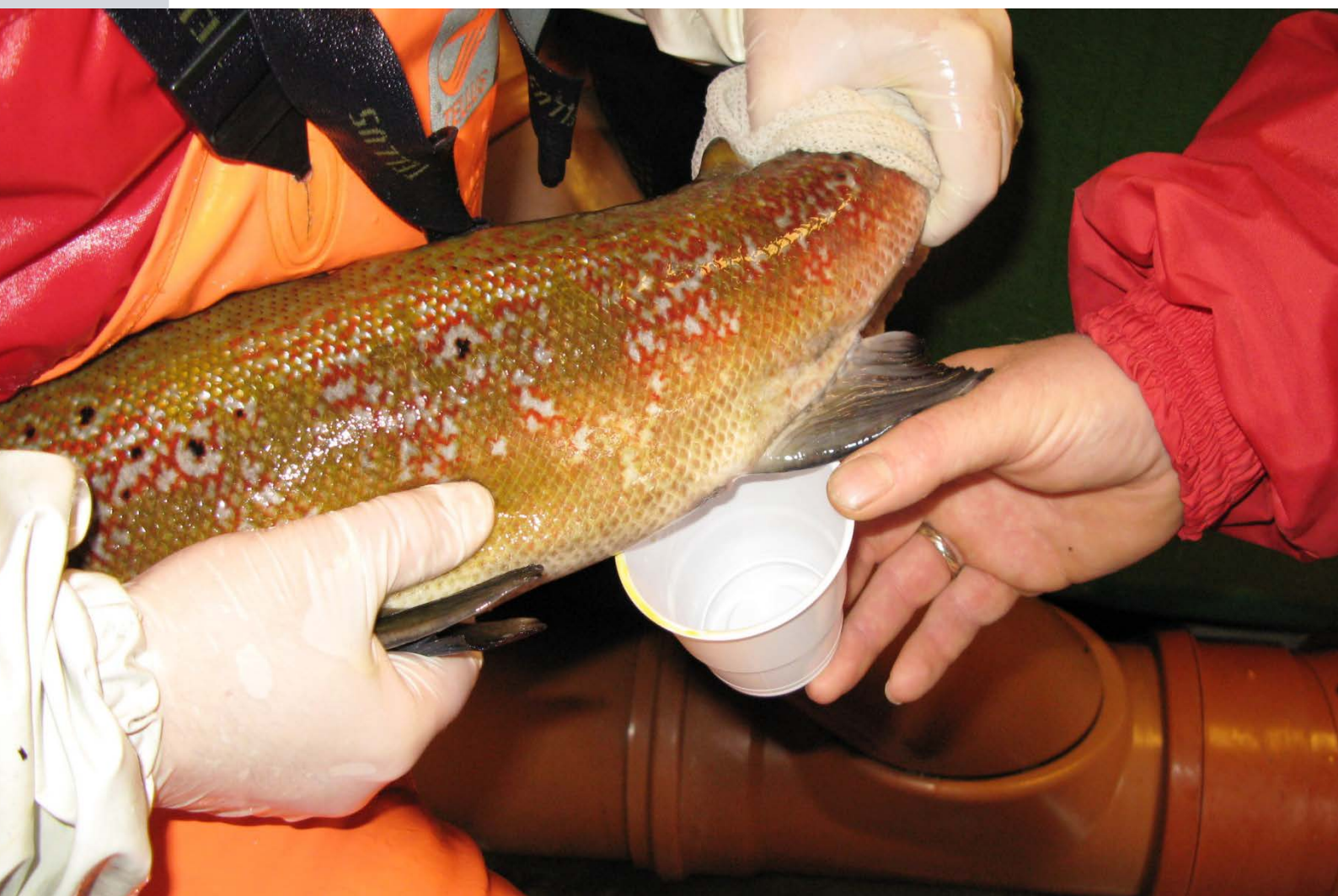


1698

NINA Rapport

## Stamlakskontroll 2018

Sten Karlsson  
Bjørn Florø-Larsen  
Vegard P. Sollien  
Hege Brandsegg  
Line Birkeland Eriksen  
Sten Even Erlandsen  
Merethe Hagen Spets



## **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 engelsk, som NINA Report.

### **NINA Temahefte**

Heftene utarbeides etter behov og serien favner svært vidt; fra systematiske bestemmelsesnøkler til informasjon om viktige problemstillinger i samfunnet. Heftene har vanligvis en populærvitenskapelig form med vekt på illustrasjoner. NINA Temahefte kan også utgis på engelsk, som NINA Special Report.

### **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 forskningsresultater i internasjonale vitenskapelige journaler og i populærfaglige bøker og tidsskrifter.

# Stamlakskontroll 2018

Sten Karlsson  
Bjørn Florø-Larsen  
Vegard P. Sollien  
Hege Brandsegg  
Line Birkeland Eriksen  
Sten Even Erlandsen  
Merethe Hagen Spets



Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Sollien, V.P., Brandsegg, H., Eriksen, L.B., Erlandsen, S. E. & Spets, M.H. 2019. Stamlakskontroll 2018. NINA Rapport 1698. Norsk institutt for naturforskning.

Trondheim, august 2019

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426- 3448-1

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

REDAKSJON

Sten Karlsson

KVALITETSSIKRET AV

Kjetil Hindar

ANSVARLIG SIGNATUR

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

OPPDRAGSGIVER(E)/BIDRAGSYTER(E)

Miljødirektoratet

OPPDRAGSGIVERS REFERANSE

M-1505|2019

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER/BIDRAGSYTER

Heidi Hansen

FORSIDEBILDE

Stryking av laks. Foto: Knut Bergersen

NØKKEWORD

laks, *Salmo salar*, stamfisk, kultivering, rømt oppdrettslaks, skjell-analyser, genetiske analyser, Norge

KEY WORDS

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

KONTAKTOPPLYSNINGER

**NINA hovedkontor**

Postboks 5685 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

Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Sollien, V.P., Brandsegg, H., Eriksen, L.B., Erlandsen, S. E.& Spets, M.H. 2019. Stamlakskontroll 2018. NINA Rapport 1698. Norsk institutt for naturforskning.

I henhold til Miljødirektoratets retningslinjer for utsetting av anadrom fisk ble skjell fra all stamlaks høsten 2018 sendt inn til Veterinærinstituttet for registrering, arkivering og skjellanalyse. Ut fra vekstmønster i skjellene ble laks klassifisert som villaks, rømt oppdrettslaks, utsatt (kultivert), usikker eller som ikke lesbar. Stamlaks klassifisert som rømt oppdrettslaks ble ikke godkjent, mens de andre ble fortløpende videresendt til NINA for genetisk analyse for å beregne mulig opphav i rømt oppdrettslaks. I alt ble skjell fra 2392 laks fra 53 forskjellige vassdrag analysert. Blant disse ble 1831 klassifisert som villaks, 66 som rømt oppdrettslaks, 427 som utsatt laks og 68 som usikre. Skjellprøver fra 1946 laks ble videresendt for genetiske analyser. Av disse hadde 295 en lav sannsynlighet for å ha rent villaksopphav og ble ikke godkjent som stamlaks. Av de skjellprøvene som ble videresendt til genetisk analyse, var 1884 identifisert som vill eller utsatt, og 276 av disse (14,6 %) ble forkastet ved at de hadde sannsynlig opphav i rømt oppdrettslaks og varierte fra ingen forkastet stamlaks (syv bestander med én til 59 stamlaks analysert) til åtte forkastet av elleve testet i Bævra.

Sten Karlsson, Hege Brandsegg, Line Birkeland Eriksen, Sten Even Erlandsen, Merethe Hagen Spets. NINA, Postboks 5685 Torgarden, 7485 Trondheim. Epost: [sten.karlsson@nina.no](mailto:sten.karlsson@nina.no)

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

# Innhold

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

## Forord

I 2014 kom det nye retningslinjer fra Miljødirektoratet med krav om at kontroll av stamlaks ble utvidet med en genetisk analyse for å luke ut avkom etter rømt oppdrettslaks klekket i naturen. Dette gjøres i tillegg til å luke ut rømt oppdrettslaks basert på skjellkarakterer. Ordningen ble implementert første gang ved stamfisket i 2014 og videreført i 2015, 2016, 2017 og 2018. Dette er derved den femte rapporten av stamlakskontroll i denne serien. Skjell fra all stamlaks ble sendt til Veterinærinstituttet fra alle kultiveringsanlegg for registrering, arkivering og skjellanalyser. Skjell som utfra skjellanalysen hos Veterinærinstituttet ikke ble forkastet, ble videresendt til NINA for genetiske analyser. Vi takker Miljødirektoratet for oppdraget og kultiveringsanleggene for et godt samarbeid som gjorde det mulig å gjennomføre stamlakskontrollen på en rask og effektiv måte.

Trondheim, 15. august 2019  
Sten Karlsson og Bjørn Florø-Larsen

# 1 Innledning

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

- Omfanget av rømt oppdrettslaks (Glover m fl. 2019, Diserud m fl. 2019)
- Innkrysning av rømt oppdrettslaks i villaks (Glover m fl. 2013, Anon. 2018, Karlsson m fl. 2016, Diserud m fl. 2019).
- Funksjonelle genetiske forandringer i oppdrettslaks i forhold til sitt ville opphav som følge av avl (Gjedrem & Baranski 2009).
- Funksjonelle genetiske forandringer i viktige livshistorieegenskaper i villaksbestander som følge av innkrysning (Bolstad m fl. 2017).
- Lavere fitness hos oppdrettslaks og avkom etter oppdrettslaks i naturen (Fleming m fl. 2000, McGinnity m fl. 2003, Skaala m fl. 2012).

I en omfattende studie av Karlsson m fl. (2016) som inkluderte mer enn 20 000 laks klekket i naturen ble det påvist signifikant innkrysning av rømt oppdrettslaks i 51 av 109 (47 %) bestander, målt i prøver av voksen laks. Grad av genetisk introgresjon (innkrysning) fra rømt oppdrettslaks varierte mye mellom bestandene; fra ingen påvist introgresjon til 42,2 % med et gjennomsnitt på 6,4 %. Innkrysning av rømt oppdrettslaks i villaksbestander har siden blitt overvåket og data blir rapportert og inngår som et delement i å klassifisere status for villaksbestander i henhold til i kvalitetsnormen for villaks som utarbeides Vitenskapelig råd for villaksforvaltning (Anon 2018). I alt har nå den genetiske statusen med tanke på innkrysning av rømt oppdrettslaks blitt vurdert for 225 villaksbestander, hvorav 75 bestander (33 %) har god eller svært god tilstand, 67 (30 %) moderat tilstand, 16 (7 %) dårlig tilstand og 67 bestander (30 %) svært dårlig tilstand (Diserud m fl. 2019).

Bruk av rømt oppdrettslaks eller avkom etter rømt oppdrettslaks som stamfisk for produksjon av laks til utsetting er uønsket. I en omfattende studie av kultiveringen i elven Eira er det vist at bruk av stamfisk med helt eller delvis opphav i rømt oppdrettslaks fikk flere returnerende avkom enn stamfisk med rent villaksopphav og at kultiveringen dermed utilsiktet kan bidra til å forsterke graden av innkrysning dersom stamlaks med opphav av rømt oppdrettslaks blir benyttet (Hagen m fl. 2019). I 2014 ble kontroll av opphav hos stamlaks i form av skjellanalyser for identifikasjon av rømt oppdrettslaks utvidet med en obligatorisk genetisk analyse for identifikasjon av stamlaks som er avkom etter rømt oppdrettslaks. Den utvidede genetiske kontrollen er basert på molekylærgenetiske metoder som gjør det mulig å skille mellom oppdrettslaks og villaks uavhengig av hvilken oppdrettspopulasjon eller villakspopulasjon laksen kommer fra (Karlsson m fl. 2011) og en statistisk metode som kan sannsynliggjøre hvorvidt en laks har rent villaksopphav eller ikke (Karlsson m fl. 2014).

Den obligatoriske genetiske stamlakskontrollen ble gjennomført for første gang i 2014 og resultater fra kontrollen viste nødvendigheten av disse analysene (Karlsson m fl. 2015, 2016, 2017, 2018). Her rapporterer vi stamlakskontrollen for 2018.



## 2 Materiale og Metoder

### 2.1 Skjellanalyser

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

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

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



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

### 2.2 Genetiske analyser

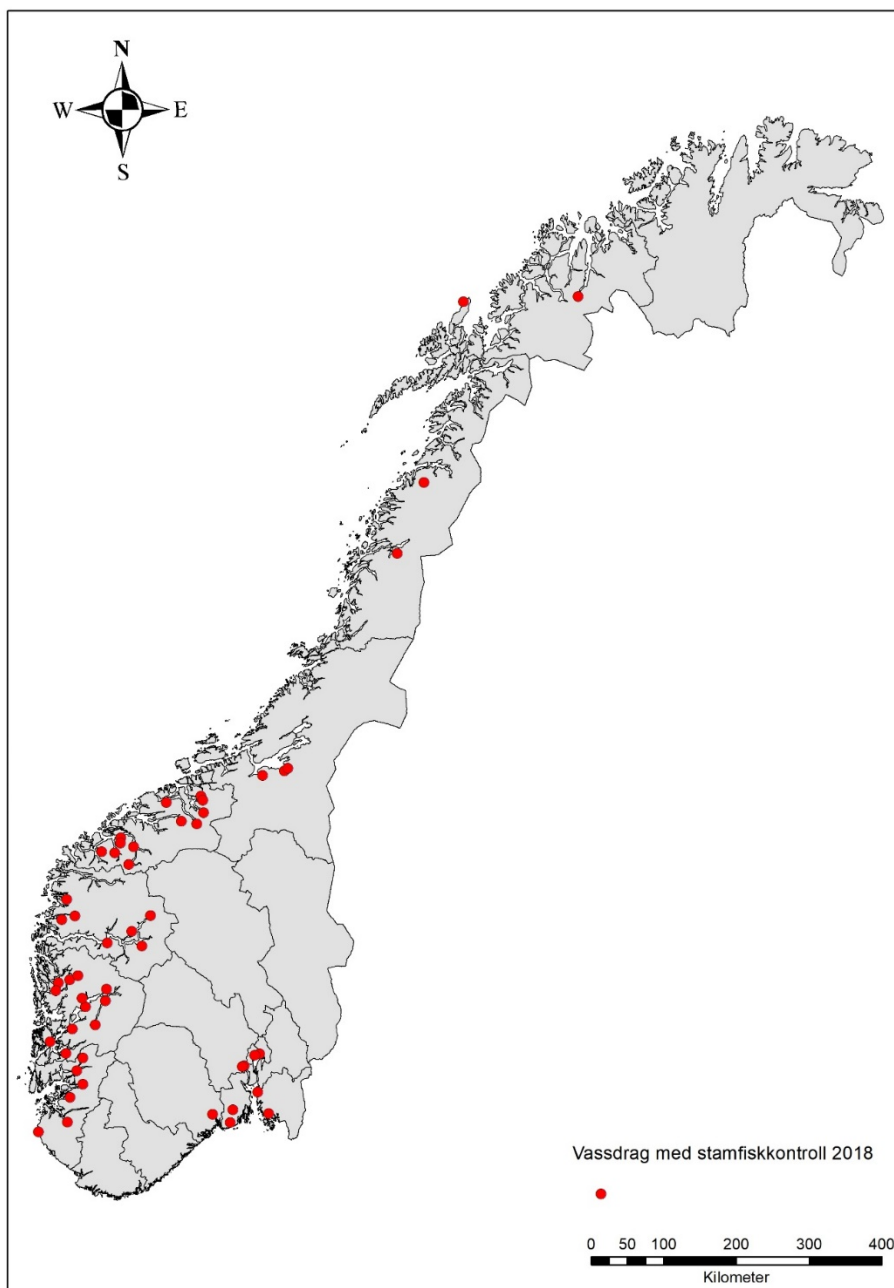
Skjell fra stamfisk som ut i fra vekstmønsteret i skjellene ble karakterisert som vill, utsatt (kultivert) eller med usikker klassifisering ble videresendt fra Veterinærinstituttet til NINA for genetiske analyser. Arvestoffet (DNA) ble ekstrahert fra skjellene ved bruk av Qiagen tissue ekstraksjons-kit.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

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

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

### 3 Resultater

I alt ble 2392 stamfisk fra 53 villaksbestander (**Figur 2**) analysert for opphav ut i fra vekstmønsteret i skjellene. Av disse ble 1831 klassifisert som villaks, 66 som rømt oppdrettslaks, 427 som utsatt laks og 68 som usikker eller også at det ikke var mulig å analysere skjellene. Skjell fra 1946 stamlaks ble sendt videre for genetiske analyser. Av disse ble 295 beregnet å ikke ha rent villaksopphav (14,6 %) (**Tabell 1**). Seks ørret-x-laks hybrider ble identifisert i Lierelva (011.Z). Én ørret-x-laks hybrid ble identifisert i Aureelva (097.72Z). Én ørret og fire ørret-x-laks hybrid ble identifisert i Driva (109.Z). Én ørret ble identifisert i Beiarelva (161.Z).



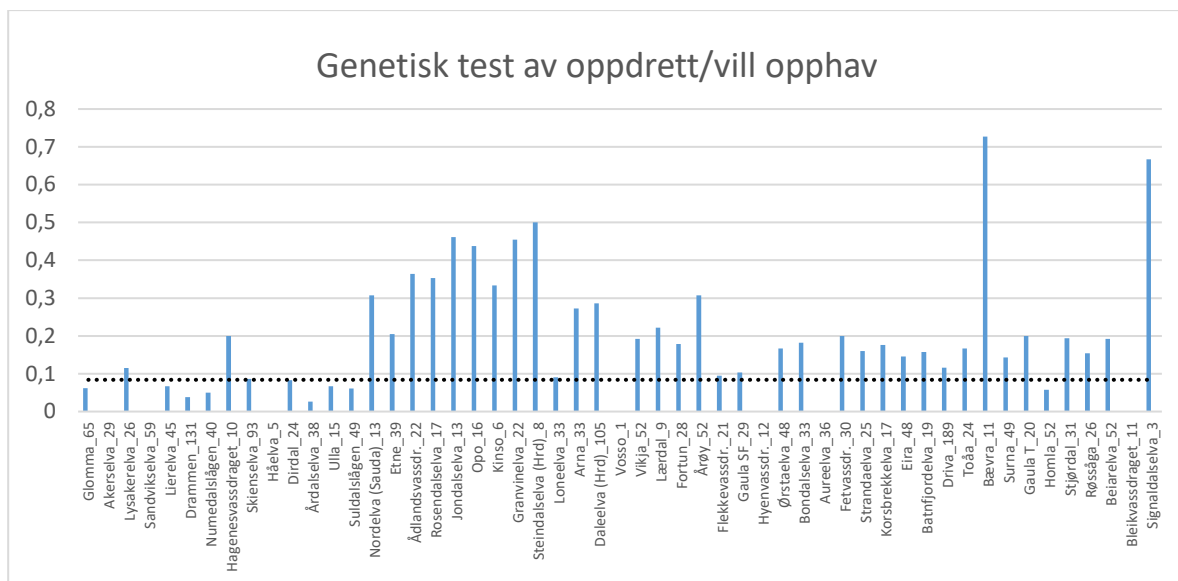
**Figur 2.** Geografisk beliggenhet av laksebestander der stamfisk ble analysert i 2018 (Kart: Eva Marita Ulvan, NINA).

**Tabell 1.** Oversikt over stamfiskkontroll 2018. For skjellanalysen er antall laks analysert (N), antall laks kategorisert som villaks, oppdrettslaks, utsatt (kultivert) eller i kategorien usikker eller ikke lesbare (usikker/Na). For genanalysen er antall laks analysert (N) og antall laks med en oppdrettsgenetisk signatur (Oppdrett) gjengitt. Laks som ut fra skjellanalysen ble kategorisert som villfisk, utsatt og usikker ble analysert genetisk, mens rømt oppdrettslaks og en del utsatt laks ble forkastet før genetisk analyse. Vassdragene er ordnet ut fra vassdragsnummer (fra svenskegrensen i sør til nord).

Navn	#	Skjellanalysen					Gentest	
		N	Vill	Oppdrett	Utsatt	Usikker/Na	N	Oppdrett
Glomma	002.Z	268	57	6	204	1	66	4
Akerselva	003.Z	29	29	0	0	0	29	0
Lysakerelva	007.Z	28	26	0	0	2	28	4
Sandvikselva	008.Z	59	59	0	0	0	59	0
Lierelva	011.Z	50	50	0	0	0	45	3
Drammen	012.Z	167	154	0	11	2	131	5
Hagenesvassdraget	015.AZ	10	10	0	0	0	10	2
Numedalslågen	015.Z	40	40	0	0	0	40	2
Skienselva	016.Z	97	95	0	0	2	94	8
Håelva	028.3Z	5	5	0	0	0	5	0
Dirdal	030.2Z	25	23	1	0	1	25	2
Årdalselva	033.Z	38	38	0	0	0	38	1
Ulla	035.Z	17	15	2	0	0	15	1
Suldalslågen	036.Z	63	33	0	29	1	50	3
Nordelva (Sauda)	037.2Z	14	12	0	1	1	14	5
Etne	041.Z	39	39	0	0	0	39	8
Ådlandsvassdr.	044.3Z	29	22	4	0	3	25	10
Rosendalselva	045.4Z	37	17	15	4	1	21	8
Jondalselva	047.2Z	25	12	5	4	4	15	8
Opo	048.Z	32	17	6	9	0	16	7
Kinso	050.1Z	10	6	0	2	2	8	2
Granvinelva	052.1Z	27	22	0	1	4	25	10
Steindalselva (Hrd)	052.7Z	8	8	0	0	0	8	4
Loneelva	060.4Z	35	33	0	0	2	35	4
Arna	061.2Z	35	33	1	0	1	34	10
Daleelva (Hrd)	061.Z	106	57	0	48	1	106	30
Vosso	062.Z	47	10	8	28	1	1	0
Vikja	070.Z	83	49	2	30	2	54	10
Lærdal	073.Z	9	9	0	0	0	9	2
Fortun	075.Z	29	4	0	24	1	29	5
Årøy	077.Z	62	47	1	5	9	61	19
Flekkevassdr.	082.Z	21	21	0	0	0	21	2
Gaula SF	083.Z	30	29	0	1	0	30	3
Hyenvassdr.	085.Z	13	12	0	0	1	12	0
Ørstaelva	095.Z	55	49	5	0	1	49	9
Bondalselva	097.1Z	34	34	0	0	0	34	6

<b>Aureelva</b>	097.72Z	38	37	0	0	1	37	0
<b>Fetvassdr.</b>	097.7Z	30	30	0	0	0	30	6
<b>Strandaelva</b>	098.3Z	25	25	0	0	0	25	4
<b>Korsbrekkelva</b>	098.6Z	18	17	0	0	1	17	3
<b>Eira</b>	104.Z	54	31	1	17	5	53	8
<b>Batnfjordelva</b>	108.3Z	19	19	0	0	0	19	3
<b>Driva</b>	109.Z	202	194	1	0	7	197	22
<b>Toåa</b>	111.Z	28	24	0	4	0	24	4
<b>Bævra</b>	112.3Z	13	10	0	1	2	12	9
<b>Surna</b>	112.Z	51	47	0	2	2	51	8
<b>Gaula T</b>	122.Z	20	20	0	0	0	20	4
<b>Homla</b>	123.4Z	80	76	1	0	3	53	3
<b>Stjørdal</b>	124.Z	31	31	0	0	0	31	6
<b>Røssåga</b>	155.Z	33	27	4	2	0	26	4
<b>Beiarelva</b>	161.Z	58	53	2	0	3	55	12
<b>Bleikvassdraget</b>	186.62Z	11	11	0	0	0	11	0
<b>Signaldalselva</b>	204.Z	5	3	1	0	1	4	2
		<b>2392</b>	<b>1831</b>	<b>66</b>	<b>427</b>	<b>68</b>	<b>1946</b>	<b>295</b>

Av 1946 stamfisk analysert genetisk var 32 kategorisert som usikker på skjellanalysen, og for 30 var skjellanalysen ikke mulig. Når vi luker ut usikre, de individer der skjellanalysen ikke var mulig og individer identifisert som ørret eller ørret/laks hybrider ble 276 av 1884 stamlaks kategorisert som villfisk eller utsatt laks ekskludert på grunn av at de hadde sannsynlig opphav i rømt oppdrettslaks (14,6 %). Andel ekskludert stamfisk blant de kategorisert som utsatt eller vill varierte betydelig mellom bestander fra ingen i syv bestander (én til 59 individer analysert) til åtte av elleve analyserte individer i Bævra, med en gjennomsnittlig og median andel på henholdsvis 18,5 % og 16,0 %. Sammenlikningen mellom elver er imidlertid usikker i mange tilfeller på grunn av få stamfisk (**Figur 3**). Nivået på  $< 0,71$  brukt for ekskludere en stamfisk har en forventning om at 8,4 % av stamfisken skulle bli ekskludert dersom bestanden kun bestod av laks med rent villaksopphav. Til sammenlikning ble en større andel enn dette ekskludert i 37 av 53 (70 %) bestander.



**Figur 3.** Andel stamfisk (y-aksen) kategorisert som villaks ut fra skjellanalyser og ekskludert utfra genetisk analyse av opphav i oppdrettslaks. Stiplet sort linje angir gjennomsnittlig forventet andel (8,4 %) rene villfisk forkastet dersom bestanden er upåvirket. Tall etter elvenavn er antall fisk analysert med hensyn til genetisk opphav (Merk at antall fisk er lavt for noen elver). Prøvene fra i alt 53 laksebestander er ordnet etter vassdragsnummer fra grensen mot Sverige i sørøst og vest- og nordover langs kysten.

## 4 Diskusjon

I alt ble 2392 stamlaks analysert for opphav ved skjellanalyser. Av disse ble 66 identifisert som rømt oppdrettslaks (2,8 %), 1831 (76,5 %) som villaks, 427 (17,9 %) som utsatt og 68 (2,8 %) som usikker eller umulig å analysere. I alt ble 1946 stamfisk videresendt for genetiske analyser. Av disse ble 295 (15,2 %) underkjent som stamfisk på grunn av sannsynlig opphav i rømt oppdrettslaks. Blant individer som ut fra skjellmønster ble karakterisert som villaks eller utsatt laks, ble 276 (14,6 %) individer underkjent.

I 2019 ble 225 bestander karakterisert i henhold til delnormen «Genetisk integritet» etter «Kvalitetsnormen for ville bestander av laks (*Salmo salar*)» (Diserud m fl. 2019). I to tredeler av de undersøkte bestandene ble det påvist genetisk innkrysning av rømt oppdrettslaks. Dette er i samsvar med analysene fra stamlakskontrollen i 2014 (Karlsson m fl. 2015), 2015 (Karlsson m fl. 2016) og 2016 (Karlsson m fl. 2017) og 2018 (denne rapporten) siden en større andel stamfisk enn det som skulle forventes om bestandene var upåvirket, ble ekskludert i henholdsvis to tredeler, tre fjerdedeler og to tredeler av bestandene. Tilsvarende andel for eksklusjon av stamfisk fra stamlakskontrollen i 2017 var noe lavere (58 %).

Kultivering av laks ved utsettinger kan potensielt forsterke omfanget av innkrysning av rømt oppdrettslaks ved bruk av stamfisk med oppdrettsopphav (Hagen m fl. 2019). I en kontroll av det genetiske opphavet til stamlaksen reduserer en slik forsterket negativ effekt av rømt oppdrettslaks ved kultivering. Resultatene i denne og tidligere års genetiske analyser av stamlaks viser en klar nytteeffekt av denne kontrollen.

## 5 Referanser

- Anon. 2018. Klassifisering av tilstand i norske laksebestander 2010-2014. Temarapport nr 6, 75 s.
- Bolstad, G.H., Hindar, K., Robertsen, G., Jonsson, B., Sægrov, H., Diserud, O., Fiske, P., Jensen, A.J., Urdal, K., Næsje, T.F., Barlaup, B.T., Florø-Larsen, B., Lo, H., Niemelä, E. & Karlsson, S. 2017. Gene flow from domesticated escapes alters the life history of wild Atlantic salmon. *Nature Ecology & Evolution* 1: 0124.
- Diserud, O. H., Hindar, K., Karlsson, S., Glover, K. A. & Skaala Ø. 2019. Genetisk påvirkning av rømt oppdrettslaks på ville laksebestander – oppdatert status 2019. NINA Rapport 1659. 68 s.
- Diserud, O. H., Fiske, P., Sægrov, H., Urdal, K., Aronsen, T., Lo, H., Barlaup, B. T., Niemelä, E., Orell, P., Erkinaro, J., Økland, F., Østborg, G., Hansen, L. P. & Hindar, K. 2019. Escaped farmed Atlantic salmon in Norwegian rivers during 1989-2013. *ICES Journal of Marine Science*, , doi:10.1093/icesjms/fsy202.
- Fleming, I. A., Hindar, K., Mjølnerød, I. B., Jonsson, B., Balstad, T. & Lamberg, A. 2000. Lifetime success and interactions of farmed salmon invading a native population. – *Proceedings of the Royal Society of London B*, 267: 1517-1523.
- Forseth, T., Barlaup, B. T., Finstad, B., Fiske, P., Gjøsæter, H., Falkegård, M., Hindar, A. et al. 2017. The major threats to Atlantic salmon in Norway. *ICES Journal of Marine Science* 74: 1496–1513.
- Gjedrem, T., & Baranski, M. (eds). 2009. *Selective breeding in aquaculture: an introduction*. – Springer, London, U.K.
- Glover, K. A., C. Pertoldi, F. Besnier, V. Wennevik, M. Kent, & Skaala, Ø. 2013. Atlantic salmon populations invaded by farmed escapees: quantifying genetic introgression with a Bayesian approach and SNPs. – *BMC Genetics* 14:74.
- Glover, K. A., Solberg, M. F., McGinnity, P., Hindar, K., Verspoor, E., Coulson, M. W., Hansen, M. M., Araki, H., Skaala, Ø. & Svåsand, T. 2017. Wild Atlantic salmon, farmed escapees and genetic interactions: status of knowledge and unanswered questions after 40 years of research. *Fish and Fisheries* 18: 890-927.
- Glover, K. A., Urdal, K., Næsje, T. F., Skoglund, H., Florø-Larsen, B., Ottera°, H., Fiske, P., Heino, M., Aronsen, T., Sægrov, H., Diserud, O., Barlaup, B., Hindar, K., Bakke, G., Solberg, I., Lo, H., Solberg, M. F., Karlsson, S., Skaala, Ø., Lamberg, A., Kanstad-Hanssen, Ø., Muladal, R. and Wennevik, V. 2019. Domesticated escapees on the run: The “second generation” monitoring program reports the numbers and proportion of farmed Atlantic salmon in >200 Norwegian rivers annually. *ICES Journal of Marine Science*, doi: 10.1093/icesjms/fsy207
- Hagen, I.J., Jensen, A.J., Bolstad, G.H., Diserud, O.H., Hindar, K., Lo, H. & Karlsson, S. Supplementary stocking selects for domesticated genotypes. 2019. *Nature Communications* 10: 199.
- Lund, R. A., Hansen, L. P. & Järvi, T. 1989. Identifisering av oppdrettslaks og villaks ved ytre morfologi, finnestørrelse og skjellkarakterer. – NINA Forskningsrapport, 001:1-54.
- Lund, R. A. & Hansen, L. P. 1991. Identification of wild and reared Atlantic salmon, *Salmo salar* L., using scale characters. – *Aquaculture and Fisheries Management* 22: 499-508.
- Karlsson S., Moen T., Lien S., Glover K. & Hindar, K. 2011. Generic genetic differences between farmed and wild Atlantic salmon identified from a 7K SNP-chip. – *Molecular Ecology Resources* 11 (Suppl. 1): 247-253.
- Karlsson S., Hagen M., Eriksen L., Hindar K., Jensen A.J., Garcia de Leaniz C., Cotter D., Gudbergsson G., Kahilainen K, Gudjonsson S. 2013. A genetic marker for the maternal identification of Atlantic salmon x brown trout hybrids. – *Conservation Genetics Resources* 5: 47-49.
- Karlsson S., Diserud O.H., Moen T. & Hindar, K. 2014. A standardized method for quantifying unidirectional genetic introgression. – *Ecology and Evolution*, 4: 3256–3263.
- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Balstad, T., Eriksen, L. B. & Spets, M. H. 2015. Stamlakskontroll 2014. – NINA Rapport 1143. 13 s.



- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Balstad, T., Eriksen, L. B. & Spets, M. H. 2016. Stamlakskontroll 2015. – NINA Rapport 1266. 14 s.
- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Balstad, T., Eriksen, L. B. & Spets, M. H. 2017. Stamlakskontroll 2016. - NINA Rapport 1330. 14 s.
- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Sollien, V.P., Eriksen, L.B., Andersskog, I.P.Ø, Brandsegg, H., Halvorsen, B.U. & Hemphill, E.J.K. 2018. Stamlakskontroll 2017. NINA Rapport 1486. 15 s.
- Karlsson S., Diserud O. H., Fiske P. & Hindar K. 2016. Widespread genetic introgression of escaped farmed Atlantic salmon in wild salmon populations. – ICES Journal of Marine Science 73: 2488-2498.
- McGinnity, P., Prodöhl, P., Ferguson, A., Hynes, R., Ó Maoiléidigh, N., Baker, N., Cotter, D., O'Hea, B., Cooke, D., Rogan, G., Taggart, J. & Cross, T. 2003. Fitness reduction and potential extinction of wild populations of Atlantic salmon, *Salmo salar*, as a result of interactions with escaped farm salmon. – Proceedings of the Royal Society of London B 270: 2443-2450.
- Skaala, Ø., Glover, K.A., Barlaup, B.T., Svåsand, T., Besnier, F., Hansen, M. M, & Borgstrøm, R. 2012. Performance of farmed, hybrid, and wild Atlantic salmon (*Salmo salar*) families in a natural river environment. – Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences 69: 1994–2006.





*Norsk institutt for naturforskning, NINA, er 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 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: 978-82-426-3217-3

## 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