

1647

NINA Rapport

Opphav til laks fisket i Finnfjorden

Sebastian Wacker
Sten Karlsson
Peder Fiske



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.

Opphav til laks fisket i Finnfjord

Sebastian Wacker
Sten Karlsson
Peder Fiske

Wacker, S., Karlsson, S. & Fiske, P. 2019. Opphav til laks fisket i Finnfjorden. NINA Rapport 1647. Norsk institutt for naturforskning.

Trondheim, mars 2019

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-3390-3

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

KVALITETSSIKRET AV

Kjetil Hindar

ANSVARLIG SIGNATUR

Forskningsjef Anne Kristin Jøranlid (sign.)

OPPDRAUGSGIVER(E)/BIDRAGSYTER(E)

Miljødirektoratet

OPPDRAUGSGIVERS REFERANSE

M-1640|2020

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER/BIDRAGSYTER

Helge Axel Dyrendal, Anniken Gjertsen Skonhoft

FORSIDEBILDE

Kilenot i Namsfjorden © Foto: Eva B. Thorstad

NØKKEWORD

- Finnfjord, Troms fylke, Norge
- laks
- overvåkingsrapport
- genetisk tilordning
- sjølaksefiske

KEY WORDS

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

Sammendrag

Wacker, S., Karlsson, S. & Fiske, P. 2019. Opphav til laks fisket i Finnfjorden. NINA Rapport 1647. Norsk institutt for naturforskning.

Denne rapporten inneholder resultater fra en undersøkelse av opphavet til laks fanget i kilenot i Finnfjorden i Troms i juli 2017. Laks fisket i sjøen er av ukjent og potensielt blandet opphav. Kunnskap om opphav av sjøfisket laks er derfor viktig for overvåkning og forvaltning av laksebestandene i de omkringliggende vassdragene.

102 laks fanget i kilenot i Finnfjorden ble genetisk tilordnet til ti omkringliggende referansebestander. Genetisk variasjon i ni mikrosatellittmarkører og 66 SNP-markører ble benyttet i analysen av opphav.

Laksen fanget i Finnfjorden var av blandet opphav og minst ett individ ble tilordnet til hver av de ti referansebestandene. Andelen som ble tilordnet bestandene varierte mellom 1 % og 18 %. Denne andelen ble ikke forklart av bestandsstørrelse av referansebestandene eller av avstanden mellom fangstområde og elvemunningene. Relativt få individer ble tilordnet Laukhellevassdraget (7 %) som er en relativt stor bestand og som ligger i kort avstand til fangstområdet. En relativ stor andel individer ble tilordnet Lakselva i Aursfjorden (16 %), som er en liten bestand og som ligger i lang avstand til fangstområdet.

Resultatene viser at laks fanget i Finnfjorden i et begrenset tidsrom i juli 2017 var av blandet opphav som ikke tilsvarte forventet sammensetning ut i fra bestandsstørrelser og avstand.

Sebastian Wacker, NINA, P.O. Box 5685 Torgarden, 7485 Trondheim;

sebastian.wacker@nina.no

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

Peder Fiske, NINA, P.O. Box 5685 Torgarden, 7485 Trondheim; peder.fiske@nina.no

Innhold

Sammendrag	3
Innhold.....	4
Forord	5
1 Innledning.....	6
2 Metoder	7
3 Resultater	9
3.1 Beskrivelse av skjellprøvematerialet	9
3.2 Fangst gjennom sesongen	10
3.3 Genetiske analyser	11
4 Diskusjon.....	16
5 Referanser	17

Forord

Sjøfiske etter laks ble ikke åpnet i Finnfjorden i Troms fra og med 2016, med begrunnelse av at fisket kunne beskatte nærliggende laksebestander som ikke nådde sine gytebestandsmål. I juli 2017 hadde kilenotfiskere dispensasjon fra gjeldende fiskeregler, og fikk fange laks dersom de tok skjellprøver av all laksefisk som de fikk i kilenøtene. Innsamling av prøver ble krevd for at prøvene senere kunne brukes for å dokumentere hvilke bestander som ble beskattet i fisket. NINA fikk i oppdrag av Miljødirektoratet å gjøre genetiske analyser av de innsamlede prøvene. Denne rapporten sammenstiller resultatene fra disse analysene.

31. januar 2019
Peder Fiske
Prosjektleder

1 Innledning

Laks vandrer i stor grad tilbake for å gyte til elvene der de ble født. Laks er derfor oppdelt i genetisk forskjellige bestander (Verspoor mfl. 2007). Overvåkning og forvaltning av laks foregår på vassdragsnivå og beskatningen i elvene blir vurdert i forhold til tilstanden til bestanden i de enkelte vassdragene (Anon. 2018). Laks fisket i sjøen er derimot av ukjent og potensielt blandet opphav. Merkestudier har vist at laks som blir fanget i sjøen på kysten stammer fra mange ulike bestander fordelt over et relativt stort geografisk område, mens laks fanget lenger inn i tradisjonelle fjorder i hovedsak kommer fra elver som drenerer til fjorden (Hansen mfl. 2007). Finnfjorden i Troms er ikke en fjord i tradisjonell forstand, men har åpning i begge ender. Det er derfor kanskje større sannsynlighet for at laks fanget her kan tilhøre mange forskjellige vassdrag, og ikke bare vassdrag som drenerer til sjøområdet som kalles Finnfjorden. En studie som har benyttet genetiske metoder for å beskrive hvilke bestander som blir beskattet i sjøfisket i ulike deler av Nord-Norge antyder at fangstene i Finnfjordområdet blir dominert av Målselvlaks, laks fra Laukhellevassdraget og laks fra andre lokale bestander (Svenning mfl. 2014). Svenning mfl. (2014) skilte ikke mellom de mange små bestandene i Troms og presenterte disse samlet. Mer detaljert kunnskap om opphavet til laks fisket i sjøen kan derfor være av stor betydning for forvaltning av de omkringliggende vassdragene, spesielt hvis disse har forskjellig bestandsstatus.

Genetiske forskjeller mellom laksebestander gjør det mulig å tilordne laks fanget i sjøen ved bruk av genetiske markører. I denne undersøkelsen ble hvert individ av villaks fanget i kilenot i Finnfjorden genetisk tilordnet til én av ti omkringliggende referansebestander.

2 Metoder

Skjellprøvene ble først analysert ved tradisjonell skjellesingsmetodikk (Dahl 1910; Lund mfl. 1989), og bare de fiskene som ble artsbestemt til vill laks ut fra skjellprøvene ble tatt videre til genetiske analyser.

Eksisterende genotypedata av laks fra omkringliggende vassdrag i Finnfjorden (referansevassdrag) ble benyttet for genetisk tilordning av laks fanget i kilenot i Finnfjorden. Disse genotypedataene er såkalt enkelt-nukleotid-polymorfismer (SNPer) og er i all hovedsak SNPer som benyttes for å estimere grad av innkrysning av rømt oppdrettslaks for blant annet vurdering til kvalitetsnormen for villaks (Diserud mfl. 2017). I tillegg genotypet vi materialet for 12 mikrosatellittmarkører (Baranski mfl. 2014). Genotypingsuksess var lav for tre av 12 mikrosatellittmarkører og disse ble ekskludert fra analysen. Vi brukte 9 mikrosatellittmarkører og 66 SNP-markører for genetisk tilordning av laks fanget i Finnfjorden.

Det er en omfattende grad av genetisk innkrysning av rømt oppdrettslaks i norske villaksbestander (Karlsson mfl. 2016) og dette vil kunne forandre den genetiske sammensetningen til villaksbestandene og derved vil det også bli vanskeligere å gjøre en riktig genetisk tilordning av laks til opprinnelsesbestand. Individuer med sannsynlig opphav i oppdrettslaks ble derfor luket ut i referansebestandene og i laks fanget i Finnfjorden. Sannsynlighet for villaksopphav ($P(\text{wild})$) ble estimert utfra genetisk variasjon i 48 SNP-markører (Karlsson mfl. 2016) som uavhengig av oppdrettsstamme eller villaksbestand skiller mellom villaks og oppdrettslaks (Karlsson mfl. 2011) og med en statistisk metode utviklet av Karlsson mfl. (2014).

Individer som manglet genotypen til flere enn 20 % av mikrosatellitt-markørene ble luket ut i referansebestandene og i laks fanget i Finnfjorden. Ut av 134 laks fanget i Finnfjorden som ble genotypet ble 12 individer ekskludert pga lav sannsynlighet for villaksopphav ($P(\text{wild}) < 0,71$) og 20 individer pga. lav genotypingsuksess. 102 laks fra kilenotfiske i Finnfjorden ble genetisk tilordnet til referansebestandene. Referansebestandene omfattet mellom 16 og 71 individer etter ekskludering av individer pga. lav genotypingsuksess eller lav sannsynlighet for villaksopphav. (tabell 1).

Tabell 1. Antall individer i genetisk referansemateriale fra ti bestander og resultat av genetisk tilordning av 102 laks fanget i kilenot i Finnfjorden. Antall og andel fisk fanget i Finnfjorden som ble tilordnet til de ti referansebestandene.

	Ånderelva	Grasmyr	Lakselv	Laukhelle	Lysbotn	Målselv	Rossfjord	Salang	Skøelv	Tennelv
Individer i referanse	36	54	45	16	22	65	71	32	37	46
Individer tilordnet	10	14	16	7	7	18	5	11	13	1
Andel individer tilordnet	0,10	0,14	0,16	0,07	0,07	0,18	0,05	0,11	0,13	0,01

Genetisk tilordning av enkeltindivider er avhengig av genetisk forskjell mellom referansebestandene. Parvis genetisk distanse (F_{ST}) mellom bestander ble estimert ved bruk av programmet Fstat og visualisert med et prinsipal koordinat analyse plot (PCoA-plot) ved bruk av programmet GENALEX (Peakall & Smouse 2006). En kunstig bestand av 100 individer ble generert i en data-maskin basert på allelfrekvensene for hver referansebestand ved bruk av programmet HybridLab (Nielsen mfl. 2006). De kunstige bestandene ble brukt som referansemateriale i genetisk tilordning.

Hver laks fanget i Finnfjorden ble genetisk tilordnet de ti referansebestandene med den bayesianske metoden implementert i programmet GeneClass2 (Piry mfl. 2004). Med denne metoden ble hvert individ tilordnet referansebestandene med en relativ sannsynlighet (log likelihood score). Resultatet av analysen er vist som fordeling av relativ sannsynlighet for tilhørighet mellom referansebestandene for hvert individ. I tillegg er resultatet vist som antall og andel individer som med høyest relativ sannsynlighet ble tilordnet de forskjellige referansevassdragene.

Usikkerheten i genetisk tilordning ble undersøkt ved å selv-tilordne (ta ut individet fra referansebestanden og så se hvordan den blir klassifisert) individene i referansebestandene. Hvert individ i referansebestandene ble tilordnet de kunstige bestandene som ble generert fra referansebestandene, ved bruk av de samme metodene som i genetisk tilordning av laks fanget i Finnfjorden. Usikkerheten i tilordning ble målt som andel individer som ble tilordnet feil referansebestand.

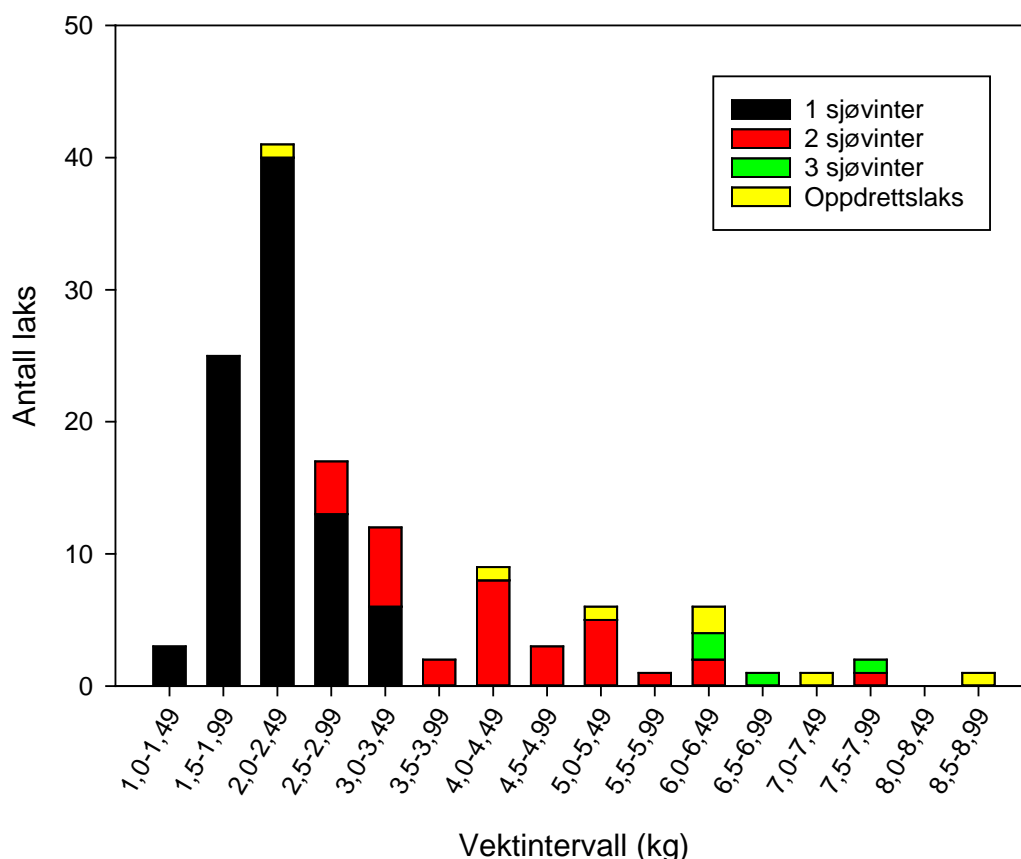
3 Resultater

3.1 Beskrivelse av skjellprøvematerialet

Materialet bestod av 136 laks, 60 sjørret og 4 pukkellaks. Laksene ble undersøkt genetisk, mens for de andre artene ble bare morfologi beskrevet. Laksene hadde en gjennomsnittsvekt på 3,05 kg (minimum 1,4 kg, maksimum 8,7 kg) og en gjennomsnittslengde på 64,8 cm (minimum 50 cm, maksimum 96 cm). Sjørretene hadde en gjennomsnittsvekt på 1,96 kg (minimum 1,1 kg, maksimum 4,3 kg) og en gjennomsnittslengde på 53,5 cm (minimum 35 cm, maksimum 73 cm). Pukkellaksene hadde en gjennomsnittsvekt på 1,48 kg (minimum 1,4 kg, maksimum 1,6 kg). Sju laks (5,1 %) ble bestemt til rømt oppdrettslaks ut fra skjellprøvene, to var ikke mulig å bestemme opphav til og 127 ble bestemt til villaks ut fra skjellprøvene. De fleste fiskene som ble fanget i kilenot i Finnfjorden var mindre enn tre kg (**tabell 2, figur 1**), og ensjøvinterlaks dominerte i denne vektclassen (**figur 1**).

Tabell 2. Fordeling av fangsten i vektclasser. For to av laksene var vekt ikke oppgitt.

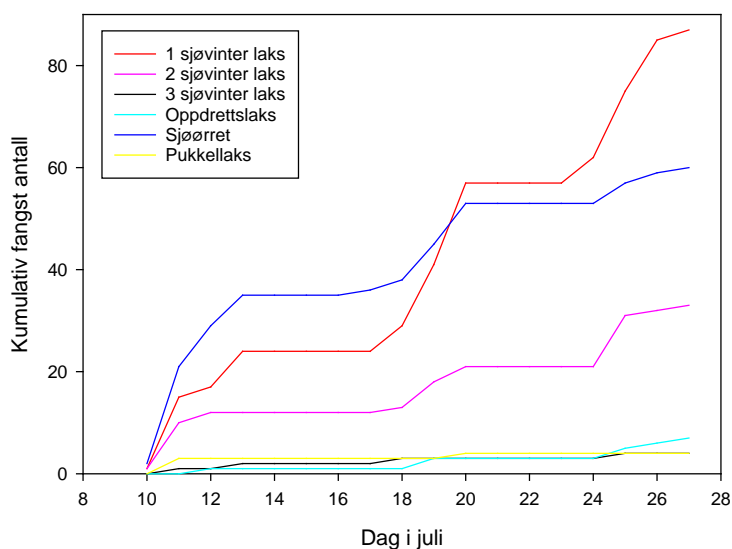
Art	Vektklasse			Total
	< 3 kg	3-7 kg	>7 kg	
Laks	87	43	4	134
Pukkellaks	4	0	0	4
Sjørret	57	3	0	60
Sum	148	46	4	198



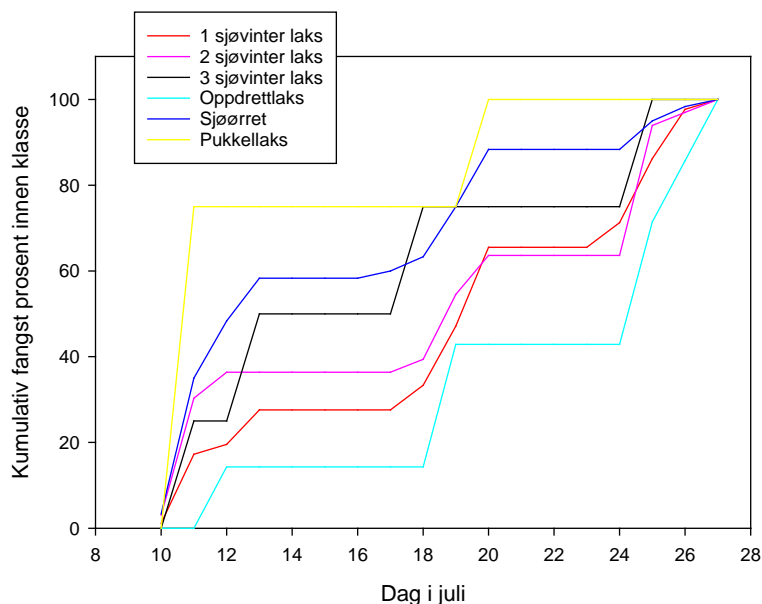
Figur 1. Fordeling av laksefangsten i sjøfisket i Finnfjorden i halvkilosintervaller.

3.2 Fangst gjennom sesongen

Sjørøret, pukkellaks og tresjøvinterlaks ble hovedsakelig fanget tidlig i perioden, mens de fleste oppdrettslaksene ble fanget i slutten av sesongen (**figur 2, figur 3**). Dette stemmer med det generelle mønsteret for innvandring med at den største laksen kommer først i sesongen, fulgt av tosjøvinterlaks og til slutt smålaks. Fangstperioden her er imidlertid kort og det er grunn til å anta at det meste av storlaksen (tresjøvinterlaksen) allerede hadde passert da fisket tok til 10. juli.



Figur 2. Kumulativt antall fisk fanget i perioden 10. juli – 27. juli 2017 i kilenotfisket i Finnfjorden. Villaksen er delt inn etter sjøalder, mens for oppdrettslaks, sjørøret og pukkellaks er totalantallet gitt.



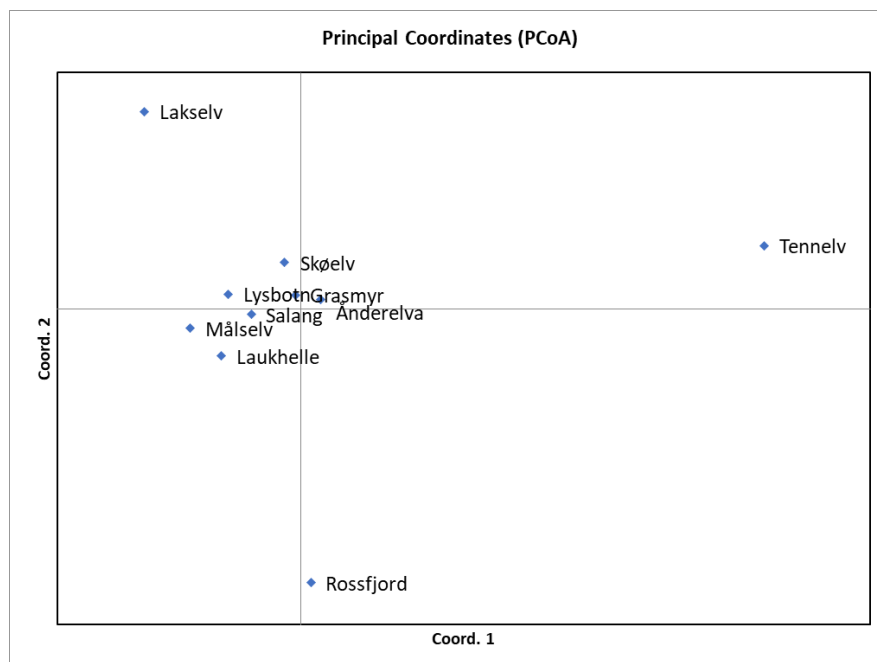
Figur 3. Kumulativ prosent fanget innen hver klasse av laksefisk fanget i perioden 10. juli – 27. juli 2017 i kilenotfisket i Finnfjorden. Villaksen er delt inn etter sjøalder, mens for oppdrettslaks, sjørøret og pukkellaks er all fisk tatt med.

3.3 Genetiske analyser

Parvise genetiske distanser (F_{ST}) tilsier at det er betydelige genetiske forskjeller mellom referansebestandene (0.003 – 0.095; **tabell 3**). Visualisering av parvise F_{ST} (PCoA plot; **figur 4**) viser at tre referansebestander (Lakselva i Aursfjorden, Tennelvassdraget, Rossfjordvassdraget) skilte seg mest ut fra de øvrige referansebestandene. I en selv-tilordning av individer fra referansebestandene ble ca. 90 % av individene tilordnet til den riktige referansebestanden og bare ca. 10 % ble tilordnet til feil referansebestand.

Tabell 3. Parvise genetiske distanser (F_{ST}) (nedenfor diagonalen) og signifikansnivå (P -verdi, ovenfor diagonalen) mellom referansebestander for tilordning av laks fanget i kilenot i Finnfjorden.

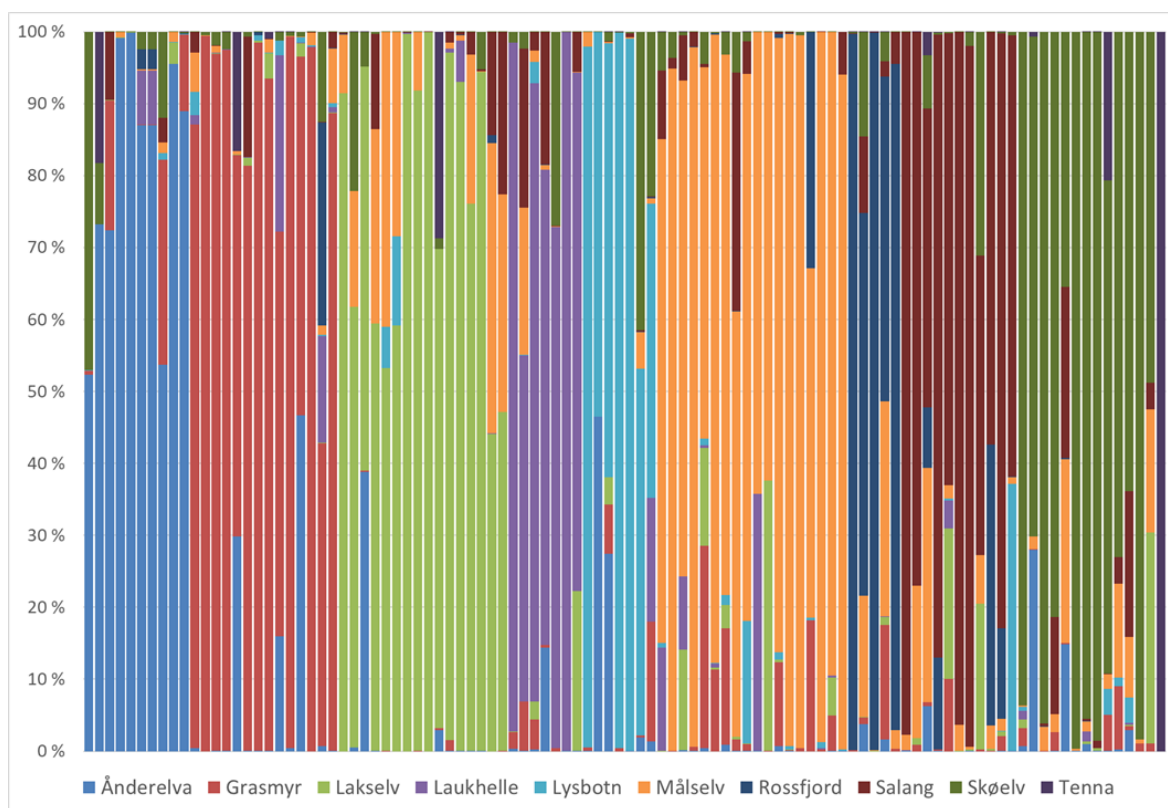
	Ånderelva	Grasmyr	Lakselv	Laukhelle	Lysbotn	Målselv	Rossfjord	Salang	Skøelv	Tennelv
Ånderelva		<0.001	<0.001	0.009	<0.001	<0.001	<0.001	<0.001	<0.001	<0.001
Grasmyr	0.017		<0.001	0.417	0.005	<0.001	<0.001	<0.001	<0.001	<0.001
Lakselv	0.031	0.030		<0.001	<0.001	<0.001	<0.001	<0.001	<0.001	<0.001
Laukhelle	0.008	0.002	0.029		0.285	<0.001	<0.001	0.077	0.095	<0.001
Lysbotn	0.018	0.012	0.028	0.005		<0.001	<0.001	0.018	<0.001	<0.001
Målselv	0.022	0.017	0.024	0.013	0.014		<0.001	0.016	<0.001	<0.001
Rossfjord	0.030	0.031	0.049	0.022	0.032	0.027		<0.001	<0.001	<0.001
Salang	0.011	0.009	0.019	0.002	0.003	0.006	0.019		0.004	<0.001
Skøelv	0.013	0.013	0.026	0.008	0.012	0.018	0.032	0.004		<0.001
Tennelv	0.047	0.048	0.079	0.060	0.059	0.066	0.062	0.049	0.049	



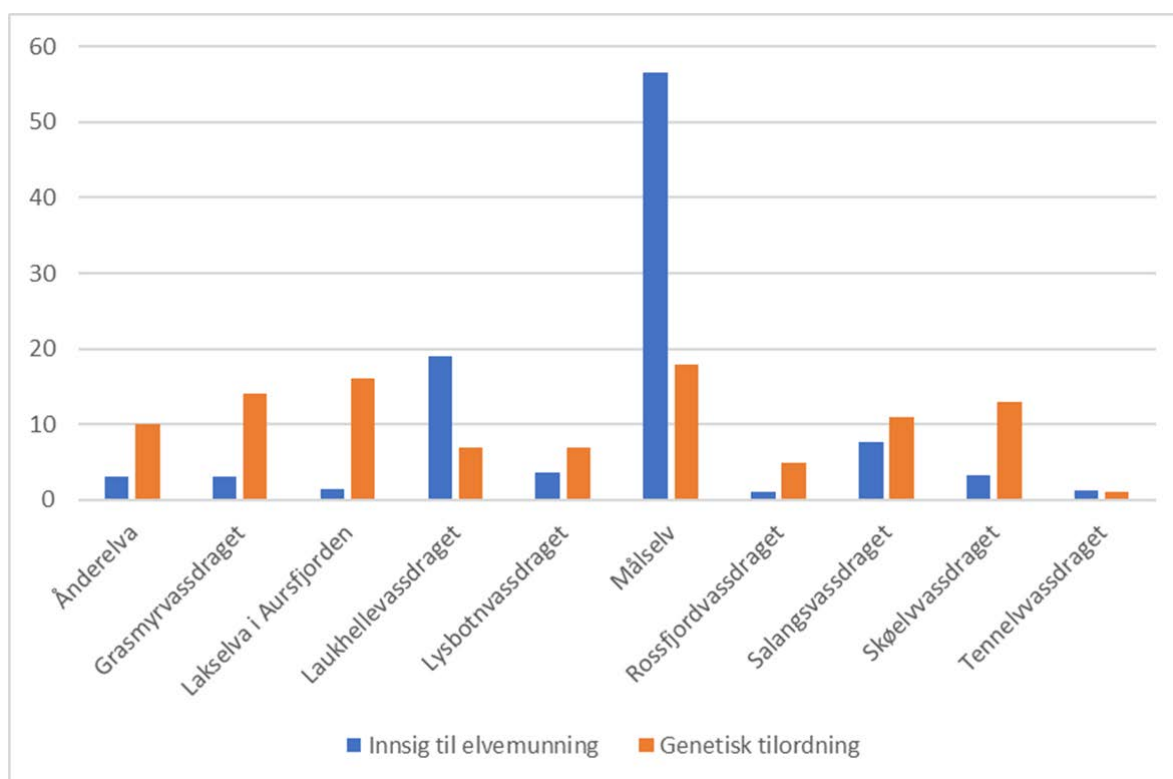
Figur 4. Prinsipal koordinat analyse plot på parvise genetiske distanser (F_{ST}) mellom referansebestander for genetisk tilordning av laks fanget i kilenot i Finnfjorden.

Genetisk tilordning viste at laks fisket i kilenot i Finnfjorden hadde opphav i forskjellige omkringliggende bestander (**figur 9, figur 5, tabell 1**). Minst ett individ ble tilordnet til hver av de ti bestandene som ble brukt som referansemateriale. Bestandene som var representert med høyest andel individer var Målselv, Lakselva i Aursfjorden og Grasmylvassdraget (14 – 18 %), mens bare ett individ (1 %) ble tilordnet Tennelvvassdraget (**tabell 1**). Fordelingen av den relative sannsynligheten for tilordning for hvert individ (**figur 5**) viser at de fleste individer ble tilordnet med høy sannsynlighet til én av referansebestandene.

Sammenlikning mellom størrelsen av referansebestandene (beregnet som innsig av laks til vassdragene) og andelen fisk fanget i Finnfjord som ble tilordnet hver bestand viser ingen tydelig sammenheng (**figur 6**). Det var heller ingen indikasjon på at avstanden til referansebestandene forklarte andel laks fanget i kilenot i Finnfjord (**figur 9**). For eksempel var andelen laks tilordnet Lakselva i Aursfjorden høyere enn forventet fra bestandsstørrelsen (**figur 6**) og avstanden mellom fangstområdet og elva lang (**figur 9**). Samtidig var andelen laks tilordnet Laukhellevassdraget lavere enn forventet fra bestandsstørrelsen (**figur 6**), mens vassdraget hadde kortest avstand til fangstområdet (**figur 9**).

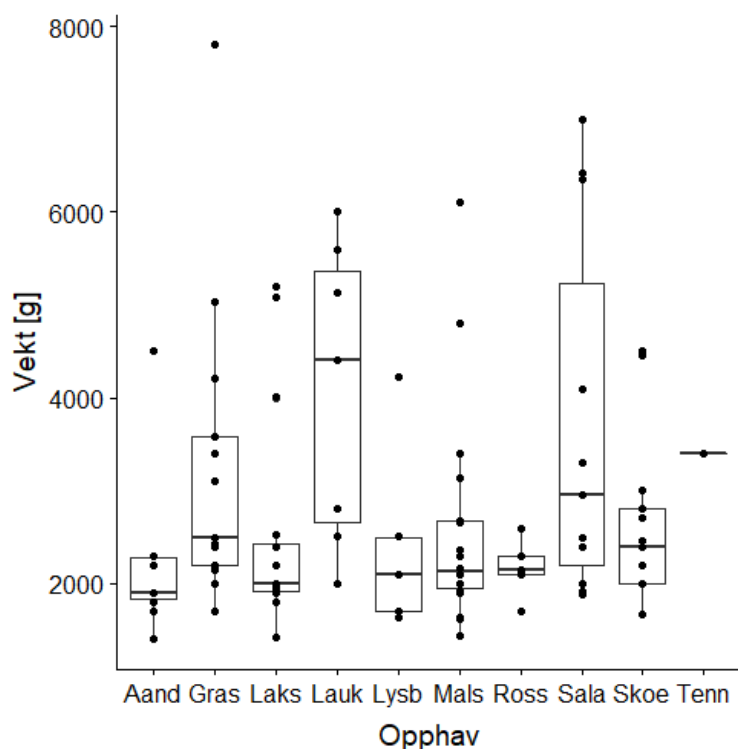


Figur 5. Relativ sannsynlighet [%] av individuell genetisk tilordning av laks fanget i kilenot i Finnfjorden til ti omkringliggende referansebestander. Individene er sortert etter hvilken bestand de med størst sannsynlighet ble tilordnet til.

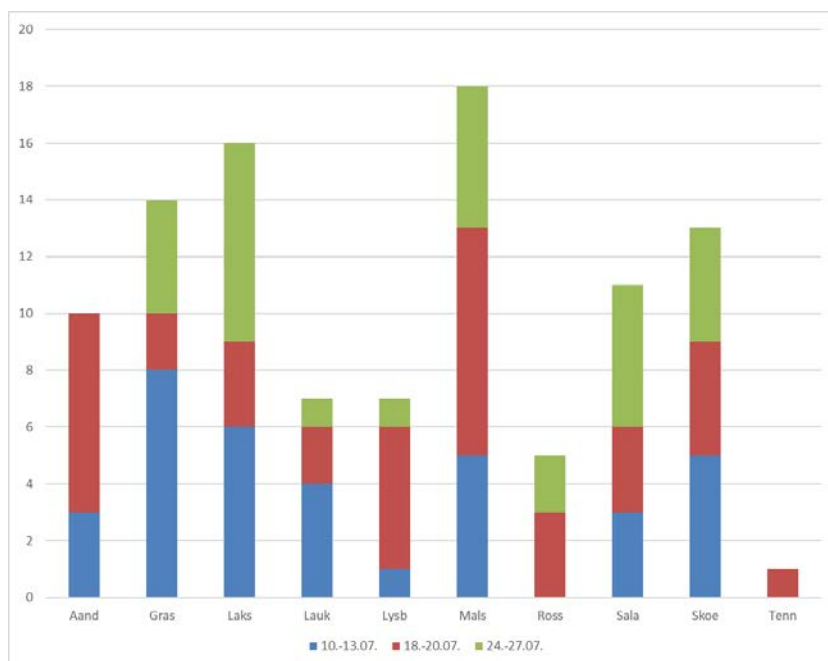


Figur 6. Andel [%] laks fanget i kilenot i Finnfjorden som ble genetisk tilordnet til ti omkringliggende referansebestander (oransje) og relativ størrelse av referansebestandene [% innsig; blå].

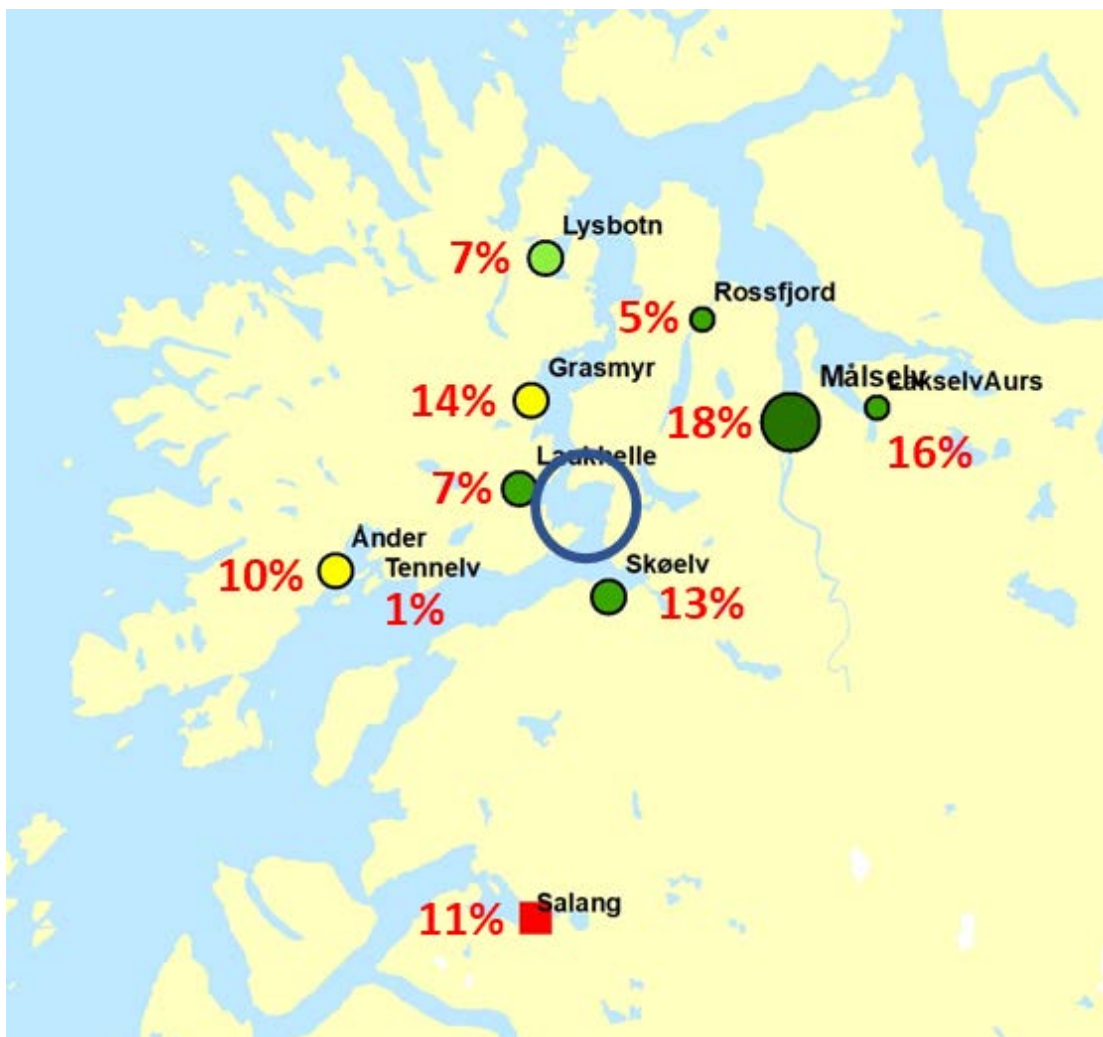
Laks tilordnet til de ti referansebestandene viste ulik vektfordeling (**figur 7**). Smålags dominerte i de fleste referansebestandene mens andelen mellomlags var høyere blant fisk tilordnet Grasmyrvassdraget, Laukhellevassdraget og Salangvassdraget (**figur 7**). Median vekt varierte fra under 2 kg til over 4 kg (**figur 7**). Det var ikke noe tydelig mønster i fangstdato for laks tilordnet til de forskjellige referansebestandene (**figur 8**). For nesten alle referansebestandene ble individene fanget fordelt over hele fangstperioden (**figur 8**).



Figur 7. Fordeling av vekt [g] for laks fanget i kilenot i Finnfjorden tilordnet til ti referansebestander. Ånderelva (Aand), Grasmyrvassdraget (Gras), Lakselva i Aursfjorden (Laks), Laukhellvassdraget (Lauk), Lysbotnvassdraget (Lys), Målselv (Mals), Rossfjordvassdraget (Ross), Salangvassdraget (Sala), Skøelvassdraget (Skoe) og Tennelvassdraget (Tenn).



Figur 8. Antall laks fanget i kilenot i Finnfjorden i tre tidsperioder (blå = 10-13 juli, rød = 18-20 juli, grønn = 24-27 juli) genetisk tilordnet til ti referansebestander. Ånderelva (Aand), Grasmyrvassdraget (Gras), Lakselva i Aursfjorden (Laks), Laukhellvassdraget (Lauk), Lysbotnvassdraget (Lys), Målselv (Mals), Rossfjordvassdraget (Ross), Salangvassdraget (Sala), Skøelvassdraget (Skoe) og Tennelvassdraget (Tenn).



Figur 9. Referansebestander for genetisk tilordning av laks fanget i kilenot i Finnmark (fangs-område markert med svart sirkel). Størrelse av symbolene for referansebestandene viser gytebestandsmål og fargen viser til hvilken grad gytebestandsmålet er nådd i perioden 2014-2017 (Anon. 2018b). Grønne sirkler viser at målene har blitt nådd, gule sirkler angir at målene sannsynligvis ikke har blitt nådd. Salangsvassdraget er stengt for laksefiske og målene er ikke nådd, mens Tennelv ikke er vist med en sirkel fordi det ikke har vært nok informasjon fra vassdraget i perioden 2014-2017 for å gjøre en vurdering. De røde tallene ved siden av symbolene viser andelen av laks fanget i Finnmark som ble genetisk tilordnet bestanden.

4 Diskusjon

Laks fanget i kilenot i Finnfjorden hadde opphav i forskjellige omkringliggende bestander. Andelen laks som ble tilordnet til bestandene varierte, men seks ut av ti referansebestander fikk tilordnet minst 10 % av laks fanget i Finnfjorden i juli 2017. Dette viser at lokalt sjøfiske etter laks i Finnfjorden beskattet en blanding av bestander, fordelt over et større geografisk område. I tillegg til laks ble det også fanget et relativt stort antall sjøørret i kilenotfisket.

Andelen av laks fanget i Finnfjorden som ble tilordnet til de ti referansebestandene varierte mellom 1 % og 18 %. Denne variasjonen kunne ikke forklares av størrelsen til referansebestandene eller av avstanden mellom fangstområdet og elvemunningen. Dette ble spesielt tydelig i den store andelen av fangsten som ble tilordnet Salangsvassdraget og Lakselva i Aursfjorden, til tross for at disse bestandene ligger relativt langt nord og sør for fangstområdet. Samtidig ble relativt få laks tilordnet Laukhellevassdraget, som ligger nærmest fangstområdet og er en relativt stor bestand. Vandringsruten og tidsforløpet av vandringen i havet vil variere mellom bestander og vil i stor grad påvirke tilstedeværelse og fangst av laks fra én gitt bestand i et gitt sjøområde og til et gitt tidspunkt. Forventet opphav av laks fanget i et gitt sjøområde vil derfor mest sannsynlig variere i løpet av sesongen. Disse faktorene kan ha bidratt til at sammensetningen av laks fanget i Finnfjorden innenfor perioden på 18 dager i liten grad reflekterte bestandsstørrelsen og avstanden mellom fangstområdet og elvemunningene.

Tilstedeværelse og fangst av laks fra forskjellige bestander innenfor et sjøområde blir også påvirket av størrelsessammensetningen av laks i bestandene. Større individer vandrer ofte opp elvene tidligere i sesongen og bestander med større laks er derfor forventet til å utgjøre en større andel i sjøfangst tidlig enn seint i sesongen. Dette påvirket mest sannsynlig også sammensetningen av laks fanget i Finnfjorden. Laukhellevassdraget, Målselv og Salangsvassdraget er blant referansebestandene med høyest andel mellom- og storlaks og blant laksen fanget i Finnfjorden hadde individene tilordnet Laukhellevassdraget størst median vekt. Mye laks fra disse vassdragene har derfor sannsynligvis passert fangstområdet og vandret opp i elva allerede før fangstperioden. Dette er én av faktorene som kan ha bidratt til den relativt lave andelen laks som ble tilordnet Laukhellevassdraget blant fangsten i Finnfjorden.

Usikkerheten i den genetiske tilordningen av laks fanget i Finnfjorden kan bestå av feil tilordning blant referansebestandene og av at utvalget referansebestander ikke inneholdt alle relevante bestander. Den første typen usikkerhet ble begrenset av et stort utvalg genetiske markører som ble brukt og av tilstedeværelsen av tilstrekkelige genetiske forskjeller mellom referansebestandene. At få individer (10 %) ble tilordnet til feil bestand i selv-tilordningen viste at denne typen usikkerhet var relativt lav. Det kan ikke utelukkes at noen laks fanget i Finnfjorden hadde opphav i et vassdrag som ikke var blant referansebestandene. Relativt store andeler laks ble tilordnet de bestandene som hadde lengst avstand mellom fangstområde og elvemunning (Salangsvassdraget, Lakselva i Aursfjorden) og det er derfor sannsynlig at også bestander utenfor det undersøkte området var representert i fangsten i Finnfjorden.

Usikkerhetene i den genetiske tilordningen og at noe laks kan komme fra bestander som ikke er med i referansebestandene har sannsynligvis påvirket tilordningen av laks til referansebestandene. Dette kan delvis forklare at det ikke var noe godt samsvar mellom størrelsen på bestandene og andelen i fangsten. Samtidig påvirker ikke disse usikkerhetene hovedkonklusjonen av undersøkelsen, som er at laks fanget i Finnfjorden hadde opphav i mange bestander fordelt over et større geografisk område.

5 Referanser

- Anon. 2018. Status for norske laksebestander i 2018. Rapport fra Vitenskapelig råd for lakseforvaltning nr 11.
- Anon. 2018b. Vedleggsrapport med vurdering av måloppnåelse for de enkelte bestandene Nordland - Finnmark. Rapport fra Vitenskapelig råd for lakseforvaltning, 11d: 1-347.
- Baranski, M., Jacq, C., Karlsson, S., Hayes, B. & Blonk, R. 2014. SporLaks – Industry-wide tracing of Norwegian farmed Atlantic salmon. Final Report. Nofima report 12/2014.
- Dahl, K. 1910. Alder og vekst hos laks og ørret belyst ved studiet av deres skjæl, Centraltrykkeriet, Kristiania.
- Diserud, O. H., Hindar, K., Karlsson, S., Glover, K., & Skaala, Ø. 2017. Genetisk påvirkning av rømt oppdrettslaks på ville laksebestander – status 2017. NINA Rapport, 1337: 1-55.
- Hansen, L. P., Fiske, P., Holm, M., Jensen, A. J., & Sægrov, H. 2007. Bestandsstatus for laks 2007. Rapport fra arbeidsgruppe. Utredning for DN, 2007-2: 1-54 + 34 siders vedlegg.
- 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., Diserud, O.H., Moen, T. & Hindar, K. 2014. A standardized method for quantifying unidirectional genetic introgression. *Ecology and Evolution* 4(16): 3256-3263.
- 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(10): 2488-2498.
- Nielsen, E.E., Bach, L.A. & Kotlicki, P. 2006. HYBRIDLAB (version 1.0): a program for generating simulated hybrids from population samples. *Molecular Ecology Notes* 6(4): 971-973.
- 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.
- Peakall, R. & Smouse, P.E. 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes* 6(1): 288-295.
- Piry, S., Alapetite, A., Cornuet, J.M., Paetkau, D., Baudouin, L. & Estoup, A. 2004. GENECLASS2: A software for genetic assignment and first-generation migrant detection. *Journal of Heredity* 95(6): 536-539.
- Svenning, M.-A., Falkegård, M., Fauchald, P., Yoccoz, N., Niemelä, E., Vähä, J.-P., Ozerov, M., Wennevik, V., & Prusov, S. 2014. Region- and stock-specific catch and migration models of Barents sea salmon. Kolarctic ENPI CBC - Kolarctic salmon project (KO 197) report: 1-95.
- Verspoor, E., Strandmeyer, L. & Nielsen, L. 2007. The Atlantic salmon. Genetics, Conservation and Management. Blackwell Publishing Ltd., Oxford.

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: 978-82-426-3390-3

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

Organisasjonsnummer 9500 37 687

<http://www.nina.no>



Samarbeid og kunnskap for framtidens miljøløsninger