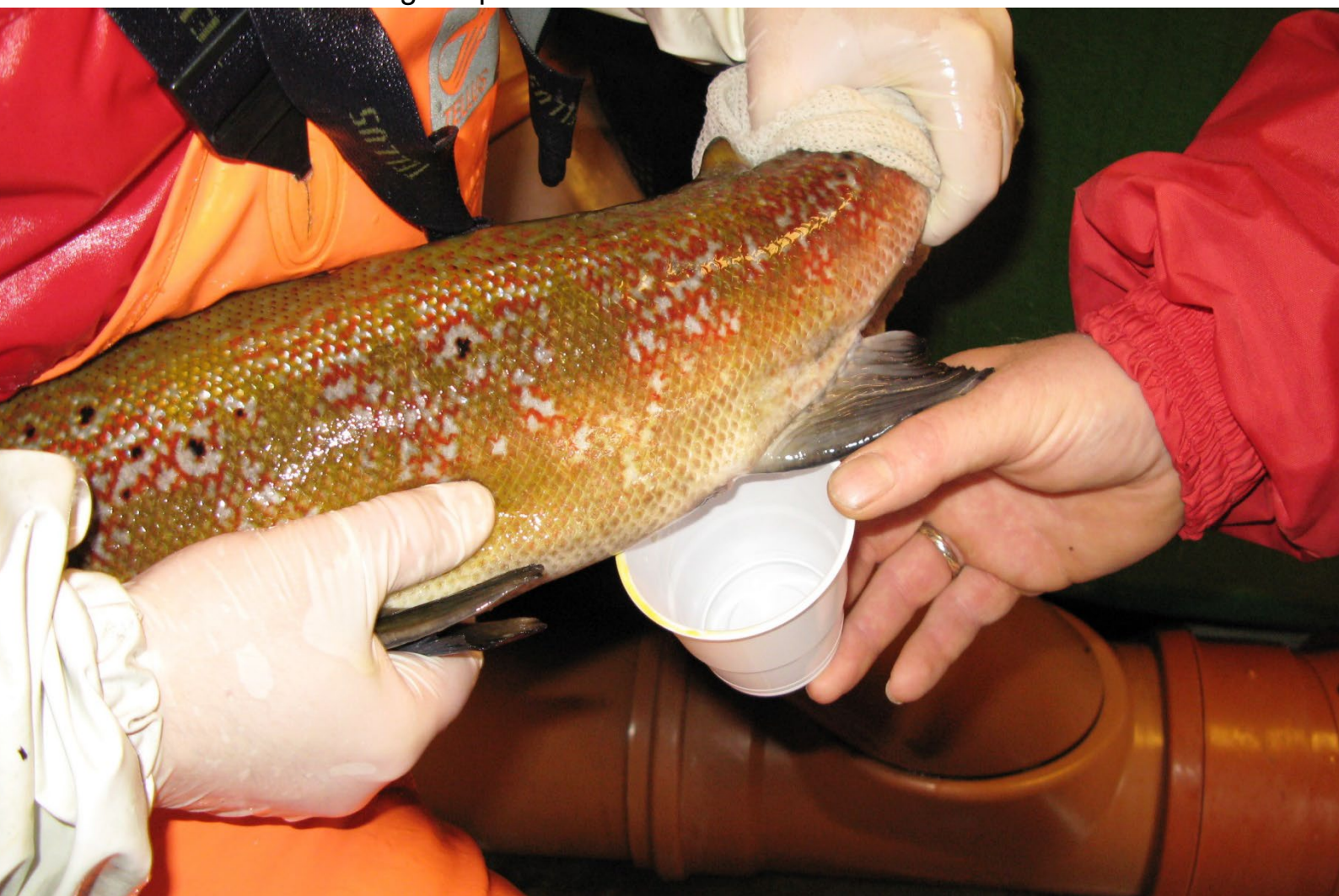


2133

NINA Rapport

Stamlakskontroll 2021

Sten Karlsson
Bjørn Florø-Larsen
Jonas Børresen Havn
Vegard P. Sollien
Tine Solvoll Tønder
Ida Pernille Øystese Andersskog
Hege Brandsegg
Line Birkeland Eriksen
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 2021

Sten Karlsson
Bjørn Florø-Larsen
Jonas Børresen Havn
Vegard P. Sollien
Tine Solvoll Tønder
Ida Pernille Øystese Andersskog
Hege Brandsegg
Line Birkeland Eriksen
Merethe Hagen Spets



Veterinærinstituttet
Norwegian Veterinary Institute



Norsk institutt for naturforskning

Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Havn, J. B., Sollien, V.P., Tønder, T. S., Andersskog, I. P. Ø., Brandsegg, H., Eriksen, L. B. & Spets, M. H. 2022. Stamlakskontroll 2021. NINA Rapport 2133. Norsk institutt for naturforskning

Trondheim, mars 2022

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-4921-8

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.)

OPPDRAGSGIVER(E)/BIDRAGSYTER(E)

Miljødirektoratet

OPPDRAGSGIVERS REFERANSE

M-2271|2022

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER/BIDRAGSYTER

Lovise Marie Vårhus

FORSIDEBILDE

Stryking av laks ©Knut Bergesen

NØKKEWORD

laks, *Salmo salar*, stamfisk, kultivering, rømt oppdrettslaks, skjellanalyser, 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
Sognsveien 68
0855 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

Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Havn, J. B., Sollien, V.P., Tønder, T. S., Andersskog, I. P. Ø., Brandsegg, H., Eriksen, L. B. & Spets, M. H. 2022. Stamlakskontroll 2021. NINA Rapport 2133. Norsk institutt for naturforskning

I henhold til Miljødirektoratets retningslinjer for utsetting av anadrom fisk ble skjell fra all stamlaks høsten 2021 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 1967 laks fra 50 forskjellige vassdrag analysert. Blant disse var 1721 klassifisert som villaks, 19 som rømt oppdrettslaks, 201 som utsatt laks og 26 som usikre. Skjellprøver fra 1550 laks ble videresendt for genetiske analyser. Av disse hadde 228 en lav sannsynlighet for å ha rent villaksopphav og ble ikke godkjent som stamlaks. Av de skjellprøvene som ble videresendt til genetisk analyse, var 1532 identifisert som vill eller utsatt, og 223 av disse (14,6 %) ble forkastet ved at de hadde sannsynlig opphav i rømt oppdrettslaks. Mellom elver varierte andelen forkastet stamlaks, blant de som ble identifisert som vill eller utsatt, fra 0 % (åtte bestander med fem til 46 stamlaks analysert) til 56 % forkastet (fem av ni i Steinsdalselva).

Sten Karlsson, Ida Pernille Øystese Andersskog, Hege Brandsegg, Line Birkeland Eriksen, Merethe Hagen Spets. NINA, Postboks 5685 Torgarden, 7485 Trondheim. Epost: sten.karlsson@nina.no

Bjørn Florø-Larsen, Jonas Børresen Havn, Vegard P. Sollien, Tine Solvoll Tønder. Veterinærinstituttet, Postboks 4024 Angelltrøa, 7457 Trondheim. Epost: bjorn.floro-larsen@vetinst.no

Innhold

Sammendrag	3
Innhold	4
Forord	5
1 Innledning	6
2 Materiale og metoder	7
2.1 Skjellanalyser	7
2.2 Genetiske analyser	7
3 Resultater	9
4 Diskusjon	14
5 Referanser	15

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 igangsatt ved stamfisket i 2014 og videreført i 2015, 2016, 2017, 2018, 2019, 2020 og 2021. Dette er derved den åttende rapporten av stamlaks kontroll i denne serien. Skjell fra all stamlaks ble sendt til Veterinærinstituttet fra alle kultiveringsanlegg for registrering, arkivering og skjellanalyser. Skjell som ut fra skjellanalysen hos Veterinærinstituttet ikke ble forkastet, ble videre sendt til NINA for genetiske analyser. Vi takker Miljødirektoratet for oppdraget og kultiveringsanleggene for et godt samarbeid som gjorde det mulig å gjennomføre stamlaks kontrollen på en rask og effektiv måte.

Trondheim, mars 2022
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 mfl. 2017, Glover mfl. 2017), ut fra blant annet følgende kunnskapsgrunnlag:

- Omfanget av rømt oppdrettslaks (Glover mfl. 2019, Diserud mfl. 2019)
- Innkrysning av rømt oppdrettslaks i villaks (Glover mfl. 2013, Karlsson mfl. 2016a, Diserud mfl. 2020).
- 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 mfl. 2017, 2021).
- Lavere fitness hos oppdrettslaks og avkom etter oppdrettslaks i naturen (Fleming mfl. 2000, McGinnity mfl. 2003, Skaala mfl. 2012, 2019, Wacker mfl. 2020).
- Lavere overlevelse til juvenil villaks i konkurranse med oppdrett x vill hybrider (Robertsen mfl. 2019)

I en omfattende studie av Karlsson mfl. (2016a) 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 element i å klassifisere status for villaksbestander i henhold til kvalitetsnormen for villaks (VRL, 2021). I alt har nå den genetiske statusen med tanke på innkrysning av rømt oppdrettslaks blitt vurdert for 239 villaksbestander, hvorav 80 bestander (33,5 %) har god eller svært god tilstand, 69 (29 %) moderat tilstand, 22 (9 %) dårlig tilstand og 68 bestander (28,5 %) svært dårlig tilstand (Diserud mfl. 2020). Utover den innkrysningen som allerede har skjedd i norske villaksbestander så vurderes tre produksjonsområder for akvakultur av matfisk (PO 5, 6 og 12) å ha moderat risiko for ytterligere genetisk innkrysning, syv produksjonsområder høy risiko for ytterligere genetisk innkrysning (PO 3, 4, 7-11), og kun tre av 13 produksjonsområder er vurdert å ha lav risiko for ytterligere genetisk innkrysning (Glover mfl. 2021).

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 (årene 2005-2011) fikk flere returnerende avkom enn stamfisk med rent villaksopphav (Hagen mfl. 2019). Kultiveringen kan dermed utilsiktet bidra til å forsterke graden av innkrysning dersom stamlaks med opphav av rømt oppdrettslaks blir benyttet.

I 2014 ble opphavskontrollen av 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 mfl. 2011) og en statistisk metode som kan sannsynliggjøre hvorvidt en laks har rent villaksopphav eller ikke (Karlsson mfl. 2014).

Den obligatoriske genetiske stamlakskontrollen ble gjennomført for første gang i 2014 og resultater fra kontrollen viste nødvendigheten av disse analysene (Karlsson mfl. 2015, 2016b, 2017, 2018, 2019, 2020, 2021). Her rapporterer vi stamlakskontrollen for 2021.

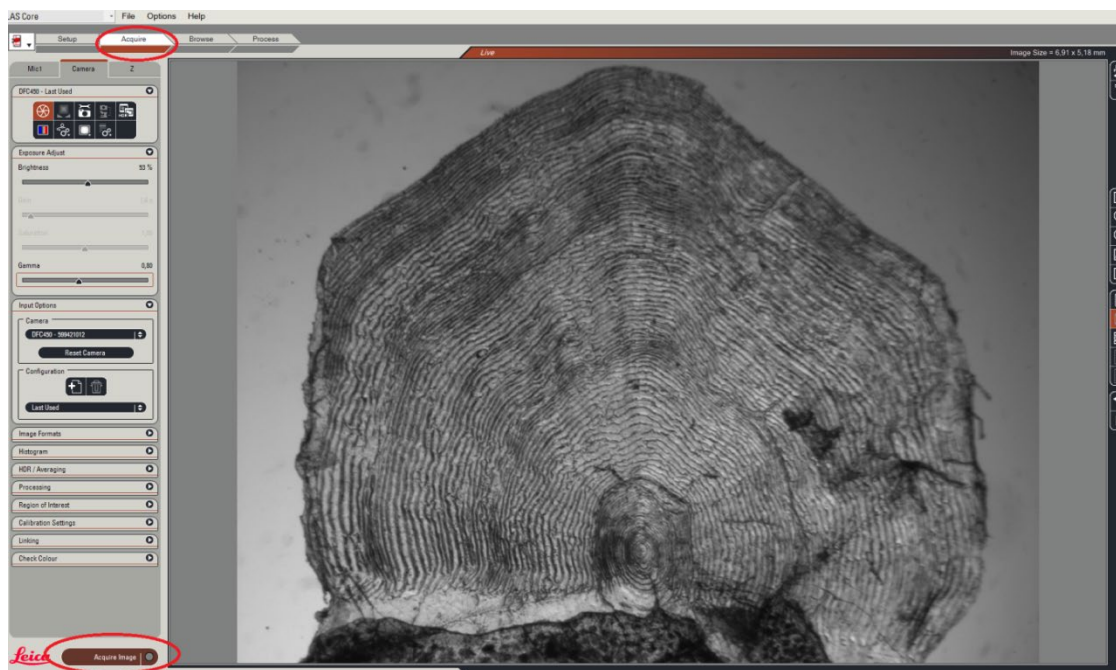
2 Materiale og metoder

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 mfl. 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. Skjermbilde fra bildetakning av villaksskjell. Foto: Veterinærinstituttet.

2.2 Genetiske analyser

Skjell fra stamfisk som ut 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 genotypings-plattform, hvorav 48 SNP-er ble benyttet for å skille mellom oppdrettslaks og villaks (Karlsson mfl. 2011).

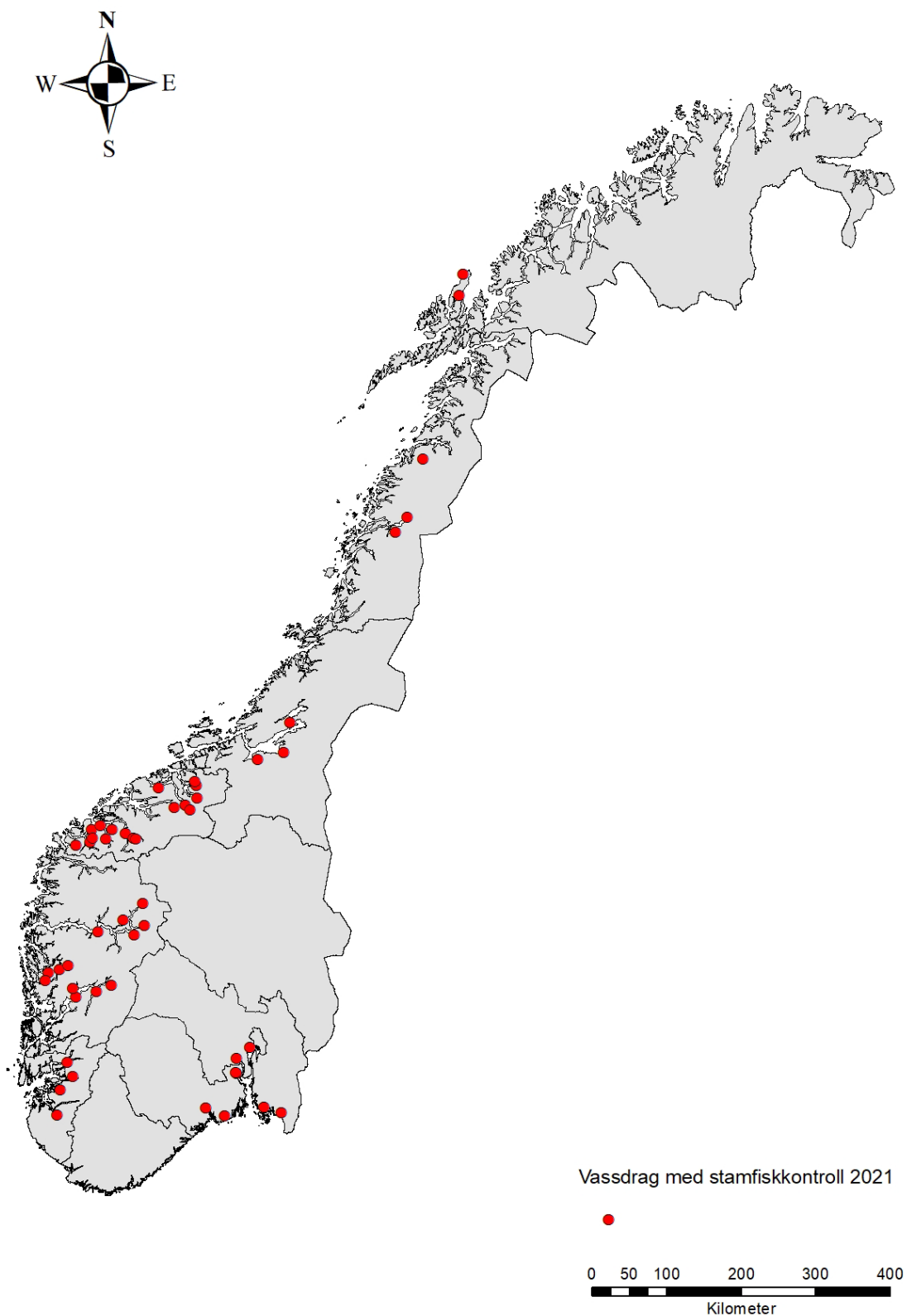
Ut fra den genetiske profilen til hver enkelt stamlaks ble sannsynligheten for å ha opphav i oppdrettslaks eller villaks beregnet i forhold til et referansemateriale av villaks og et referansemateriale av oppdrettslaks (Karlsson mfl. 2014, Karlsson mfl. 2016a). En sannsynlighetsgrense mindre enn 0,71 ble satt for å ekskludere stamfisk med sannsynlig oppdrettsopphav og ikke rent villaksopphav. Denne grensen tilsvarer en forventning om at 91,6 % 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 mfl. 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 mfl. 2013).

3 Resultater

I alt ble 1967 stamfisk fra 50 villaksbestander (**Figur 2**) analysert for opphav ut fra vekstmønsteret i skjellene. Av disse var 1721 klassifisert som villaks, 19 som rømt oppdrettslaks, 201 som utsatt laks og 26 som usikker eller også at det ikke var mulig å analysere skjellene. Av ulike grunner ble ikke alle individer fra skjellanalysen videresendt til genetiske analyser; rømt oppdrettslaks ble ekskludert kun basert på skjellanalysen, flere individer enn nødvendig ble innsamlet fra noen elver som reservefisk eller det var en ekstra innsats i forbindelse med overvåkning av rømt oppdrettslaks, noen var umodne eller døde i karet og mange av de klassifisert som utsatt ble ikke med videre til genetisk analyse. Skjell fra 1550 stamlaks ble sendt videre for genetiske analyser. Av disse ble 228 beregnet til ikke å ha rent villaksopphav (14,7 %) (**Tabell 1**).

Én ørret-x-laks hybrid ble identifisert i Loneelva (060.4Z), én ørret ble identifisert i hver av elvene Jondalselva, Kinso og Batnfjordelva, to ørreter i Røssåga og tre ørreter i Driva.



Figur 2. Geografisk beliggenhet av laksebestander der stamfisk ble analysert i 2021 (Kart: Eva Marita Ulvan, NINA).

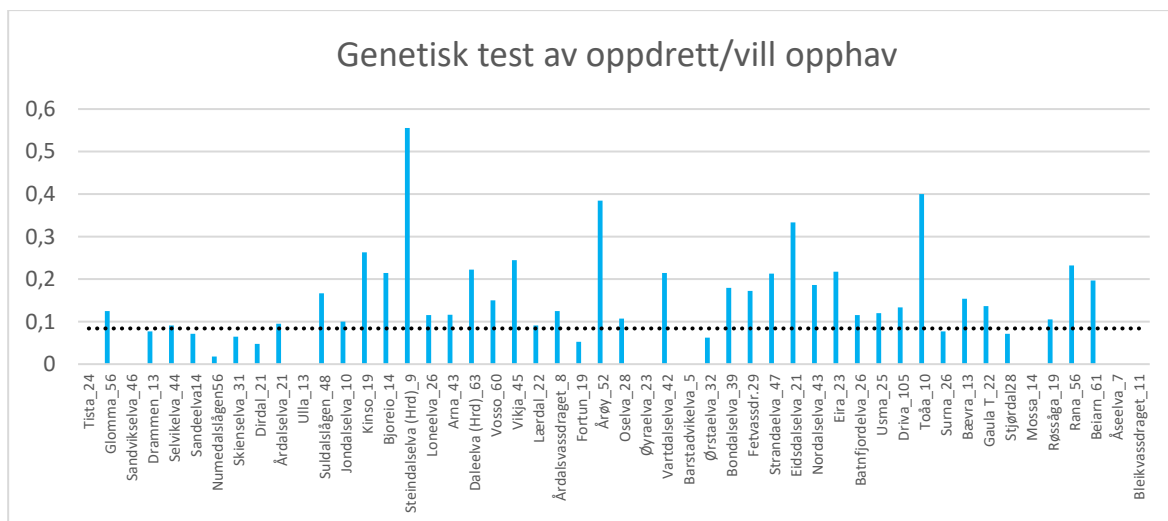
Tabell 1. Oversikt over stamlakskontroll 2021. For skjellanalysen er antall laks analysert (N), antall laks kategorisert som villaks, rømt oppdrettslaks, utsatt (kultivert) eller i kategorien usikker eller ikke lesbare (usikker/Na). For genanalysen er antall laks analysert (N) og antall laks med en oppdrettsgenetisk signatur (Oppdrettsopphav) 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 Vesterålen i nord).

Navn	#	Skjellanalysen					Gentest	
		N	Vill	Rømt oppdrett	Utsatt	Usikker/Na	N	Oppdrettsopphav
Tista	001.Z	24	24	0	0	0	24	0
Glomma	002.Z	92	38	4	49	1	57	7
Sandvikselva	008.Z	46	46	0	0	0	46	0
Drammen	012.Z	14	13	0	0	1	14	1
Selvikelva	013.1Z	44	43	0	1	0	44	4
Sanddeelva	013.Z	16	14	0	0	2	15	1
Numedalslågen	015.Z	56	56	0	0	0	56	1
Skienselva	016.Z	31	28	0	3	0	31	2
Dirdal	030.2Z	23	23	0	0	0	21	1
Årdalselva	033.Z	23	23	0	0	0	23	2
Ulla	035.Z	13	13	0	0	0	13	0
Suldalslågen	036.Z	64	37	0	27	0	48	8
Jondalselva	047.2Z	12	11	0	1	0	10	1
Kinso	050.1Z	22	18	0	3	1	19	5
Bjoreio	050.Z	15	13	1	1	0	14	3
Steindalselva (Hrd)	052.7Z	9	9	0	0	0	9	5
Loneelva	060.4Z	27	27	0	0	0	26	3
Arna	061.2Z	44	43	0	0	1	44	5
Daleelva (Hrd)	061.Z	65	27	0	38	0	63	14
Vosso	062.Z	77	23	2	48	4	61	10
Vikja	070.Z	52	44	1	7	0	45	11
Lærdal	073.Z	22	22	0	0	0	22	2
Årdalsvassdraget	074.Z	9	8	0	1	0	8	1
Fortun	075.Z	19	8	0	11	0	19	1
Årøy	077.Z	52	52	0	0	0	52	20
Oselva	093.2Z	32	28	0	1	3	29	3
Øyraelva	094.6Z	23	23	0	0	0	23	0
Vartdalselva	095.3Z	44	42	2	0	0	42	9
Barstadvikelva	095.4Z	5	5	0	0	0	5	0
Ørstaelva	095.Z	51	51	0	0	0	32	2
Bondalselva	097.1Z	40	39	1	0	0	39	7
Fetvassdr.	097.7Z	30	29	0	0	1	30	5
Strandaelva	098.3Z	47	47	0	0	0	47	10
Eidsdalselva	099.1Z	21	21	0	0	0	21	7
Nordalselva	099.2Z	43	43	0	0	0	43	8
Eira	104.Z	23	22	0	1	0	23	5
Batnfjordelva	108.3Z	31	29	0	0	2	28	5

Navn	#	Skjellanalysen					Gentest	
		N	Vill	Rømt oppdrett	Utsatt	Usikker/Na	N	Oppdretts opphav
Usma	109.4Z	26	26	0	0	0	25	3
Driva	109.Z	387	382	0	3	2	105	14
Toåa	111.Z	14	11	0	2	1	10	4
Surna	112.Z	29	28	0	1	0	26	2
Bævra	112.3Z	16	13	3	0	0	14	3
Gaula Trøndelag	122.Z	22	22	0	0	0	22	3
Stjørdal	124.Z	31	28	1	1	1	29	2
Mossa	131.1Z	14	14	0	0	0	14	0
Røssåga	155.Z	24	19	3	1	1	21	2
Rana	156.Z	59	56	0	0	3	59	14
Beiarn	161.Z	65	61	1	1	2	61	12
Åseelva	186.22Z	7	7	0	0	0	7	0
Bleikvassdraget	186.62Z	12	12	0	0	0	11	0
		1967	1721	19	201	26	1550	228

Av 1550 stamfisk analysert genetisk var åtte kategorisert som usikker på skjellanalysen, og for syv var skjellanalysen ikke mulig. Når vi luker ut individer som var usikre eller der skjellanalysen ikke var mulig, og individer identifisert som ørret eller ørret-x-laks hybrider (dvs. kun ser på individer kategorisert som vill eller utsatt på skjellanalysen), ble 223 av 1532 stamlaks ekskludert på grunn av at de hadde sannsynlig opphav i rømt oppdrettslaks (14,6 %).

Andel ekskludert stamfisk blant de kategorisert som utsatt eller vill (usikre og de som ikke kunne leses på skjell ekskludert) varierte betydelig mellom bestander fra ingen forkastet i åtte bestander til 56 % forkastet i Steinsdalselva (fem av ni). Sammenlikningen mellom elver er imidlertid usikker i mange tilfeller på grunn av få stamfisk (**Figur 3**). Nivået på $< 0,71$ brukt for å ekskludere en stamfisk har en forventning om at 8,4 % av stamfisken skulle bli ekskludert dersom bestanden kun bestod av laks med rent villaksopphav. En større andel enn dette ble ekskludert i 33 av 50 (66,0 %) bestander.



Figur 3. Andel stamfisk (y-aksen) ekskludert ut fra genetisk analyse av opphav i oppdrettslaks. Laks som ut fra skjellanalysen er usikker eller som ikke var mulig å lese er ekskludert og kun de kategorisert som utsatt (139) og villaks (1393) er inkludert. 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 50 laksebestander er ordnet etter vassdragsnummer fra grensen mot Sverige i sørøst til Vesterålen i nord.

4 Diskusjon

I alt ble 1967 stamlaks analysert for opphav ved skjellanalyser. Av disse ble 19 identifisert som rømt oppdrettslaks (1,0 %), 1721 (87,5 %) som villaks, 201 (10,2 %) som utsatt og 26 (1,3 %) som usikker eller umulig å analysere. I alt ble 1550 stamfisk videresendt for genetiske analyser. Av disse ble 228 (14,7 %) 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 223 (14,6 %) individer underkjent. Til sammenlikning ble 14,5 %, 18,6 %, 16,4 %, 14,0 %, 14,6 %, 15,0 % og 13,8 % ekskludert i årene 2014-2020. Sammenlikningen er ikke helt riktig siden det er forskjeller i antall individer og hvilke elver som inngår, men det ser likevel ikke ut til å være noen stor forandring i andel laks med sannsynlig opphav i rømt oppdrettslaks.

I 2020 ble 239 bestander karakterisert i henhold til delnormen «Genetisk integritet» etter «Kvalitetsnormen for ville bestander av laks (*Salmo salar*)» (Diserud mfl. 2020). 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 mfl. 2015), 2015 (Karlsson mfl. 2016b), 2016 (Karlsson mfl. 2017), 2018 (Karlsson mfl. 2019), 2019 (Karlsson mfl. 2020), 2020 (Karlsson mfl. 2021) og i 2021 (denne rapporten) siden en større andel stamfisk enn det som skulle forventes dersom bestandene var upåvirket, ble ekskludert i to tredjedeler eller mer av bestandene. Tilsvarende andel for eksklusjon av stamfisk fra stamlakskontrollen i 2017 (Karlsson mfl. 2018) 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 mfl. 2019). 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.

De genetiske dataene som blir benyttet for å kontrollere oppdrettsopphav til i stamlaksen kan også benyttes for å undersøke slektskap mellom stamfisk for å unngå krysninger mellom nært beslektede individer. Slektskapsanalyser er ikke obligatorisk, men et økt antall kultiveringsprogram ønsker dette og i 2021 ble det utført slektskapsanalyser for stamlaks fra 13 vassdrag i tillegg til de stammene som blir tatt inn til levende genbank. Som en følge av den obligatoriske genetiske stamlakskontrollen er all kultivert laks i Norge sporbar til stamlaksforeldre siden 2014. Foreldresporing av utsatt fisk gjør det mulig å evaluere ikke bare tilslaget fra kultiveringen, men også om bidraget fra de ulike stamfiskene er godt balansert i forhold til den naturlige produksjonen i vassdraget (Karlsson mfl. 2016c). En slik evaluering av kultivering har blitt gjort for en rekke forskjellige kultiveringsprogram (Hagen mfl. 2020, 2021a, 2021b, 2021c).

5 Referanser

- 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.
- Bolstad, G. H., Karlsson, S., Hagen I. J., Fiske, P., Urdal, K., Sægrov, H., Florø-Larsen, B., Sollien, V. P., Østborg, G., Diserud, O. H., Jensen, A. J., Hindar, K. 2021. Introgression from escapees affects the full life cycle of wild Atlantic salmon. *Science Advances* 7, eabj3397
- 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* 76: 1140–1150.
- Diserud, O.H., Hindar, K., Karlsson, S., Glover, K.A. & Skaala, Ø. 2020. Genetisk påvirkning av rømt oppdrettslaks på ville laksebestander – oppdatert status 2020. NINA Rapport 1926. Norsk institutt for naturforskning.
- 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. (Red). 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. & 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* 76: 1151–1161.
- Glover, K., Wennevik, V., Skaala, Ø., Solberg, M. F., Fiske, P., Diserud, O. H., Karlsson, S. & Hindar, K. 2021. 4 – Ytterligere genetisk endring hos villaks som følge av rømt oppdrettslaks. I *Risikoreport norsk fiskeoppdrett 2021 – risikovurdering, Grefsrud E. S. mfl. Red. Rapport fra havforskningen 2021-8*, ISBN: 1893-4536.
- 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.
- Hagen, I., J., Karlsson, S., Urdal, K., Hellen, B-A. 2021a. Evaluering av kultivering av laks i Korsbrekkelva. NINA Rapport 1961. Norsk institutt for naturforskning.
- Hagen, I. J., Karlsson, S., Fiske, P., Bjørn, B., Holthe, E., Lo, H., Florø-Larsen, B., Sollien, V. P. Evaluering av kultivering i Ørstaelva. 2021b. NINA Rapport 1960. Norsk institutt for naturforskning.
- Hagen, I. J., Karlsson, S., Sægrov, H., Hellen, B. A., Øygard, J-I., Lo, H. 2021c. Genetiske undersøkelser av laksen i Fortunelva. NINA Rapport 1987. Norsk institutt for naturforskning.
- Hagen, I. J., Ugedal, O., Jensen, A. J., Lo, H., Holthe, E., Bjørn, B., Florø-Larsen, B., Sægrov, H., Skoglund, H. & Karlsson S. 2020. Evaluation of genetic effects on wild salmon populations from stock enhancement. *ICES Journal of Marine Science* 78: 900–909.

- 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. Norsk institutt for naturforskning.
- 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., Bjørn, B., Holthe, E., Lo, H. & Ugedal, O. 2016c. Veileder for utsetting av fisk for å ivareta genetisk variasjon og integritet. NINA Rapport 1269. Norsk institutt for naturforskning.
- 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. Norsk institutt for naturforskning.
- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Balstad, T., Eriksen, L. B. & Spets, M. H. 2016b. Stamlakskontroll 2015. NINA Rapport 1266. Norsk institutt for naturforskning.
- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Balstad, T., Eriksen, L. B. & Spets, M. H. 2017. Stamlakskontroll 2016. NINA Rapport 1330. Norsk institutt for naturforskning.
- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Sollien, V.P., Andersskog, I. P. Ø., Brandsegg, H., Eriksen, L. B. & Spets, M. H. 2020. Stamlakskontroll 2019. NINA Rapport 1836. Norsk institutt for naturforskning.
- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Sollien, V.P., Andersskog, I. P. Ø., Brandsegg, H., Eriksen, L. B. & Spets, M. H. 2021. Stamlakskontroll 2020. NINA Rapport 1973. Norsk institutt for naturforskning
- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Sollien, V.P., Brandsegg, H., Eriksen, L.B., Erlandsen, S. E. & Spets Hagen, M. 2019. Stamlakskontroll 2018. NINA Rapport 1698. Norsk institutt for naturforskning.
- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Sollien, V.P., Eriksen, L.B., Andersskog, I.P.Ø, Brandsegg, H., Halvorsen, B.U. & Hemphill, E.J.K. 2018. Stamlakskontroll 2017. NINA Rapport 1486. Norsk institutt for naturforskning.
- 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.
- 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.
- Robertsen, G., Reid, D., Einum, S., Aronsen, T., Fleming, I. A., Sundt-Hansen, L., Karlsson, S., Kvingedal, E., Ugedal, O. & Hindar, K. 2019. Can variation in standard metabolic rate explain context-dependent performance of Atlantic salmon offspring? *Ecology and Evolution* 9: 212-222.
- 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.
- Skaala, Ø., Besnier, F., Borgstrøm, R., Barlaup, B., Sørvik, A.G., Normann, E., Østebø, B.I., Hansen, M.M. & Glover, K.A. 2019. An extensive common-garden study with domesticated and wild Atlantic salmon in the wild reveals impact on smolt production and shifts in fitness traits. *Evolutionary Applications* 12: 1001–1016.
- Vitenskapelig råd for lakseforvaltning 2021. Status for norske laksebestander i 2021. Rapport fra Vitenskapelig råd for lakseforvaltning nr 16, 227 s.

Wacker, S., Næsje, T.F., Karlsson, S., Ugedal, O., Diserud, O.H., Ulvan, E.M., Saksgård, L., Aronsen, T. 2020. Genetisk påvirkning av rømt oppdrettslaks blant laksunger og voksen laks fra samme årsklasse i Altaelva. NINA Rapport 1853. Norsk institutt for naturforskning.

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: 978-82-426-4921-8

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