

2124

NINA Rapport

Hvordan vandrer laksunger i Drammensfjorden?

Tor Atle Mo
Sten Karlsson
Jon Museth
Gunnbjørn Bremset



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.

Hvordan vandrer laksunger i Drammensfjorden?

Tor Atle Mo
Sten Karlsson
Jon Museth
Gunnbjørn Bremset

Mo, T.A., Karlsson, S., Museth, J. & Bremset, G. 2022. Hvordan vandrer laksunger i Drammensfjorden? NINA Rapport 2124. Norsk institutt for naturforskning.

Oslo, mars 2022

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-4912-6

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

KVALITETSSIKRET AV

Odd Terje Sandlund

ANSVARLIG SIGNATUR

Forskningsjef Kristin Thorsrud Teien (sign.)

OPPDRAUGSGIVER

Miljødirektoratet

OPPDRAUGSGIVERS REFERANSE

M-2342 I 2022

KONTAKTPERSON HOS OPPDRAGSGIVER

Jarle Steinkjer

FORSIDEBILDE

Lokalitet i Drammensfjorden der det ble fanget laksunger © Gunnbjørn Bremset

NØKKEWORD

- Drammensregionen
- Drammensfjorden
- Drammenselva
- *Gyrodactylus salaris*
- Laks
- Artshybrider
- Genetiske studier
- Parrvandring

KEY WORDS

- Drammen Region
- Drammen Fjord
- River Drammenselva
- *Gyrodactylus salaris*
- Atlantic salmon
- Species hybrids
- Genetic studies
- Parr migration

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

Mo, T.A., Karlsson, S., Museth, J. & Bremset, G. 2022. Hvordan vandrer laksunger i Drammensfjorden NINA Rapport 2124. Norsk institutt for naturforskning.

Forekomst av laksunger med *Gyrodactylus salaris*-infeksjon i Drammensfjorden vil ha stor betydning for innretning og planlegging av bekjempingstiltak mot parasitten. Etter at det høsten 2017 ble påvist forekomst av laksunger i store deler av Drammensfjorden, var det ønskelig å se nærmere på laksungers oppholdstid og eventuelle vandringer i fjordsystemet. Et første trinn var å kartlegge hvorvidt laksunger oppholder seg i fjordsystemet i kortere eller lengre perioder. For å belyse eventuell overvintring av laksunger i indre deler av Drammensfjorden, ble det gjennomført elektrisk båtfiske på 21 stasjoner i november 2020 og mai 2021. I november 2020 ble det i løpet av to feltdager fanget til sammen 83 laksunger, som ble sluppet tilbake til fangstlokaliteten etter at en vevsbit hadde blitt klippet fra fettfinnen. I mai 2021 ble de samme områdene undersøkt med samme metode, og blant 25 fangete laksunger var det én som manglet fettfinne. Genetiske undersøkelser viste at denne laksungen ble fanget på nesten samme plass i Drammensfjorden i november 2020 og mai 2021.

I og med at det er kjent genetisk profil for laksebestandene i Drammensregionen er det mulig å spore genetisk tilhørighet til laksunger i Drammensfjorden. Genetiske sammenligninger av 107 innsamlede laksunger viste det var to par med helsøsken. De genetiske analysene viste at laksungene som ble fanget i de to feltrundene kom fra over hundre gytinger. Flertallet av laksungene (95) ble tilordnet laksestammene i Drammenselva og Lierelva, mens tolv individer kunne tilordnes laksestammer i nærliggende vassdrag utenfor Drammensfjorden. En mulig forklaring på dette er at foreldrene hadde feilvandret og gytt i Drammenselva eller Lierelva. Fire laksunger hadde sannsynligvis helt eller delvis opphav i rømt oppdrettslaks. Selv om det ikke ble gjenfanget laksunger i Drammenselva, er det ikke grunnlag for å hevde at laksunger som har vandret ned til Drammensfjorden, ikke vandrer tilbake til Drammenselva eller Lierelva på et senere tidspunkt.

Tor Atle Mo, Norsk institutt for naturforskning - Oslo, Sognsveien 68, 0855 Oslo,
E-post: Tor.Mo@nina.no

Sten Karlsson, Norsk institutt for naturforskning - Trondheim, Postboks 5685 Torgarden, 7485 Trondheim, E-post: Sten.Karlsson@nina.no

Jon Museth, Norsk institutt for naturforskning - Lillehammer, Vormstuguvegen 40, 2624 Lillehammer,
E-post: Jon.Museth@nina.no

Gunnbjørn Bremset, Norsk institutt for naturforskning - Trondheim, Postboks 5685 Torgarden, 7485 Trondheim, E-post: Gunnbjorn.Bremset@nina.no

Abstract

Mo, T.A., Karlsson, S., Museth, J. & Bremset, G. 2022. What is the migraton pattern of Atlantic salmon parr in the lower part of the Drammen watercourse? NINA Report 2124. Norwegian Institute for Nature Research.

The occurrence of juvenile salmon with *Gyrodactylus salaris* infection in the Drammen Fjord will be of great importance for the design and planning of control measures against the parasite. After the occurrence of salmon juveniles in large parts of the Drammen Fjord was detected in the autumn of 2017, it was desirable to look more closely at the residence time and any migrations of salmon juveniles in the fjord system. A first step was to map whether juvenile salmon stay in the fjord system for shorter or longer periods. To shed light on the possible overwintering of juvenile salmon in the inner parts of the Drammen Fjord, electric boat fishing was carried out at 21 stations in November 2020 and May 2021. In November 2020, a total of 83 juvenile juveniles were caught during two field days. A piece of tissue was cut from the adipose fin and the juveniles were released back at the capture site. In May 2021, the same areas were examined using the same method, and among 25 captured salmon juveniles, one lacked the adipose fin. Genetic studies showed that this salmon was caught in almost the same place in the Drammen Fjord in November 2020 and May 2021.

As there is a known genetic profile for the salmon stocks in the Drammen Region, it is possible to trace the genetic affiliation of salmon juveniles in the Drammen Fjord. Genetic comparisons of 107 collected salmon juveniles showed that there were two pairs with full siblings. The genetic analyzes showed that the salmon juveniles caught in the two field rounds came from over a hundred spawning events. The majority of the salmon juveniles (95) were assigned to the salmon strains in the Drammenselva and Lierelva rivers, while twelve individuals could be assigned to salmon strains in nearby rivers outside the Drammen Fjord. A possible explanation for this is that strayers from other rivers had spawned in the Drammenselva or Lierelva. Four juvenile salmon probably originated in whole or in part from escaped farmed salmon. Although salmon juveniles were not recaptured in the Drammenselva, there is no basis for claiming that salmon juveniles that have migrated down to the Drammen Fjord, will not migrate back to the Drammenselva or Lierelva at a later date.

Tor Atle Mo, Norwegian Institute for Nature Research - Oslo, Sognsveien 68, 0855 Oslo,
E-mail: Tor.Mo@nina.no

Sten Karlsson, Norwegian Institute for Nature Research - Trondheim, Postboks 5685
Torgarden, 7485 Trondheim, E-mail: Sten.Karlsson@nina.no

Jon Museth, Norwegian Institute for Nature Research - Lillehammer, Vormstuguvegen 40,
2624 Lillehammer, E-mail: Jon.Museth@nina.no

Gunnbjørn Bremset, Norwegian Institute for Nature Research - Trondheim, Postboks 5685
Torgarden, 7485 Trondheim, E-mail: Gunnbjorn.Bremset@nina.no

Innhold

Sammendrag	3
Abstract	4
Innhold	5
Forord	6
1 Innledning	7
2 Materiale og metoder	8
2.1 Lokalteter for båtelfiske.....	8
2.2 Håndtering av fangst fra båtelfiske.....	9
2.3 Genetiske analyser.....	10
2.4 <i>Gyrodactylus</i> -undersøkelser.....	11
3 Resultater	12
3.1 Genetiske analyser.....	12
3.2 <i>Gyrodactylus</i> -undersøkelser.....	15
4 Diskusjon	16
5 Referanser	18
6 Vedlegg	19

Forord

Et langvarig og omfattende arbeid med å utrydde lakseparasitten *Gyrodactylus salaris* fra Drammensregionen har startet. For å nå dette målet er det nødvendig med en rekke forskjellige tiltak. Flere av tiltakene må tilpasses biologiske og fysiske forhold i regionen. Kunnskap om forekomst av laksunger og *G. salaris* i Drammensfjorden og disse laksungenes vandring i elven og fjorden fram til utvandring som smolt, vil være av betydning for valg av strategi og tiltak for å utrydde *G. salaris*. På oppdrag fra Miljødirektoratet har vi brukt en enkel fangst-gjenfangst-metode og genetiske studier for å undersøke forekomst og vandring hos laksunger i nærheten av Drammenselvas utløp til Drammensfjorden.

Feltarbeidet ble gjennomført av Jon Museth, Gunnbjørn Bremset og Tor Atle Mo, mens Sten Karlsson har gjennomført de genetiske analysene av innfanget fisk. Tor Atle Mo har hatt hovedansvaret for utarbeidelse av rapporten med bidrag fra alle medforfatterne.

Oslo, mars 2022

Tor Atle Mo,
Prosjektleder

1 Innledning

I september 2017 ble det gjennomført et båtelfiske i Drammensfjorden for å undersøke om laksunger oppholder seg langs strendene (Mo mfl. 2018). I undersøkelsen ble laksunger påvist inntil tolv kilometer fra munningene av Drammenselva og Lierelva. Sannsynligvis hadde laksungene vandret ut fra Drammenselva og Lierelva, siden produksjon av laks ikke er kjent i andre elver i Drammensfjorden. Laksungene langs strendene av Drammensfjorden var smittet med få *Gyrodactylus salaris*, og de hadde vokst bedre enn laksunger i Drammenselva ved Hokksund (Mo mfl. 2018). Det er ukjent om laksunger som har vandret ut i Drammensfjorden, blir værende i Drammensfjorden fram til smoltifisering, om de vandrer tilbake til ferskvann om vinteren, eller om de kan vandre mellom elv og fjord flere ganger i året.

En arbeidsgruppe som vurderte mulighetene for å utrydde *G. salaris* fra Drammensregionen (Hindar mfl. 2018), etterspurte mer kunnskap om laksungers bruk og vandringer i Drammensfjorden og i nedre del av Drammensvassdraget. Kunnskap om vandringsdynamikk hos laksunger, og hvorvidt det finnes et permanent eller temporært smittereservoar i selve Drammensfjorden, vil være av avgjørende betydning for å lykkes med utryddelse av parasitten. Arbeidsgruppen anbefalte at laksunger bør samles inn over minst tre år både vår og høst i denne delen av Drammensvassdraget (Hindar mfl. 2018).

Etter undersøkelsene med båtelfiske høsten 2017 (Mo mfl. 2018), har all utsetting av laksunger og laksesmolt i Drammensregionen blitt stanset. Som en følge av dette, vil trolig antall voksen laks som returner til Drammenselva og Lierelva, gradvis bli redusert og det er grunn til å forvente at færre gytelaks vil resultere i færre laksunger i elvene. Dette kan igjen påvirke forekomsten av laksunger langs strendene i Drammensfjorden. Dersom dette likevel ikke skjer, kan vandringer hos laksunger nedre del av Drammensvassdraget skyldes en tilpasning hos laks som følge av bedre overlevelse og vekst i fjorden enn i elvene.

Høsten 2020 og våren 2021 ble det gjennomført nye undersøkelser i nedre del av Drammensvassdraget. Planen var at vandring hos store laksunger (>13 cm) skulle undersøkes ved hjelp av akustisk telemetri, samtidig som vevsprøver innsamlet høst og vår skulle benyttes i komparative genetiske analyser. Koronapandemien med medfølgende restriksjoner og manglende tilgang på små merker gjorde det vanskelig å gjennomføre telemetristudiene. I stedet ble det valgt å ta en vevsprøve fra alle størrelser av laksunger, inklusive antatte hybrider mellom laks og ørret, for å kartlegge vandringer ut fra genetisk profil. Tidligere har forekomst av *G. salaris* på laksunger i Drammensfjorden blitt undersøkt om høsten (Mo mfl. 2017). For å gjøre en sammenligning ble alle laksunger og hybrider fanget våren 2021 undersøkt for forekomst av *G. salaris*. Her rapporteres resultatene fra disse studiene.

2 Materiale og metoder

2.1 Lokalteter for båtelfiske

Fisk ble fanget med elektrisk fiskeapparat montert på en spesialtilpasset båt (**figur 1**) i nedre deler av Drammenselva og indre deler av Drammensfjorden i to perioder; 4.-5. november 2020 og 11.-12. mai 2021. Det ble fisket på til sammen 21 strekninger som ble antatt å være egnede lokaliteter for laksefisk i Drammenselva (**figur 2**) og langs strendene i Drammensfjorden inntil to-tre kilometer fra elveutløpene (**se forsidebilde**). Båtens GPS-posisjon ble registrert ved start og stopp for hver strekning. Disse posisjonene ble brukt til å plote inn strekningene i et kart (**figur 3**).



Figur 1. Den minste elektriske fiskebåten til NINA under utsetting nederst i Drammenselva.
Foto: Tor Atle Mo



Figur 2. Lokaltet for fangst av laksunger nederst i Drammenselva. Foto: Gunnbjørn Bremset.

2.2 Håndtering av fangst fra båtelfiske

Høsten 2020 ble alle fangede fisk på en strekning overført til svarte murerstamper fylt med oksygenrikt vann. Fisk som ikke ble identifisert som laks eller mulige artshybrider mellom laks og ørret, ble lengdemålt og umiddelbart sluppet tilbake til fangstlokaliteten. Laks og artshybrider som ble fanget på lokalitetene i Drammenselva (**figur 3**, stasjon 1-4), ble avlivet med et slag i hodet og overført til en flaske med 96 % etanol. Senere (i et laboratorium) ble fiskene undersøkt for forekomst av *Gyrodactylus*-individer, og en vevsprøve klippet fra fettfinnen ble lagt i et lite rør med 96 % etanol og merket med et unikt nummer. Laksunger og artshybrider som ble fanget langs strendene i Drammensfjorden (**figur 3**, stasjon 5-22) ble overført til en bølge med bedøvelsesmiddel. I bedøvet tilstand ble fisken lengdemålt og en vevsprøve klippet fra fettfinnen ble lagt i et lite rør med 96 % etanol og merket med et unikt nummer. Fisken ble deretter overført til en bølge med rent fjordvann og etter at fisken hadde våknet opp og hadde vanlig adferd, ble den sluppet tilbake til fangstlokaliteten.



Figur 3. Strekninger i Drammenselva og Drammensfjorden der det ble gjennomført elektrisk båtfiske 4.-5.11.2020 (brun) og 11.-12.5.2021 (rosa). MERK at stasjonene har ulike numre i 2020 og 2021. Illustrasjon: Sofie Selvaag, NINA.

Våren 2021 ble bare fisk som ble identifisert som laksunger eller artshybrider av laks og ørret, overført til et stort kar i elfiskebåten. Hver fisk ble avlivet med et kraftig slag i hodet, lengdemålt, merket med et unikt nummer og overført til en flaske med 96 % etanol. Senere (i et laboratorium) ble fiskene undersøkt for forekomst av *Gyrodactylus*-individer og om de var fettfinneklippet. En vevsprøve klippet fra fettfinnen ble lagt i et lite rør med 96 % etanol og merket med et unikt nummer.

2.3 Genetiske analyser

DNA fra vevsprøver ble ekstrahert med DNEASY tissue kit fra QIAGEN og genotypet for 96 SNP-markører med EP1™ 96.96 Dynamic array IFCs SNP-genotypingsplattformen (Fluidigm). Førtiåtte av disse SNP-markørene har tidligere blitt identifisert som gode til å skille mellom norsk villaks og oppdrettslaks uavhengig av villakspopulasjon og oppdrettspopulasjon (Karlsson mfl. 2011). Disse ble benyttet for å estimere sannsynligheten for om hvert enkelt individ tilhørte oppdrettslaks eller villaks (P(wild), Karlsson mfl. 2014). Åtte SNP-er som viser generelt store forskjeller mellom ørret og laks ble benyttet for å identifisere ørret og laks og mulige ørret x laks hybrider.

Til sammen 74 SNP-markører ble benyttet for å identifisere hel- og halvsøsken ved hjelp av programmet COLONY 2.0.2.3 (Jones & Wang 2010). Ved hjelp av programmet COANCESTRY 1.0.1.8 (Wang 2011) estimerte vi også slektskap (relatedness) mellom par av individer. 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 ut fra hvor mange gener som er felles mellom par av individer, vektet med frekvensen av de undersøkte genene i populasjonen. Til slutt ble slektskapet mellom alle par av individer satt sammen til en slektskapsmatrise og en sammenheng mellom slektskap og fangstlokalitet ble vurdert.

Laksungene ble genetisk tilordnet omkringliggende laksevassdrag der vi fra før hadde genetiske data (**tabell 1**). Den genetiske tilordningen ble gjort i programmet GeneClass2 (Piry mfl. 2004) ved å estimere den relative sannsynligheten for at hvert enkelt individ tilhørte de ulike referansebestandene (Rannala & Mountain 1997).

Tabell 1. Referansedata fra Drammenselva og nærliggende vassdrag som laksunger fra Drammensfjorden og Drammenelva ble genetisk tilordnet til.

Vassdrag	Vassdragsnr.	Innsamlingsår	Juv/Ad	Antall
Drammenselva	012.Z	2020, 2021	Adulte	58
Lierelva	011.Z	2019, 2020	Adulte	50
Sandvikselva	008.Z	2020, 2021	Adulte	65
Sandeelva	013.Z	2020, 2021	Adulte	24
Selvikelva	013.1Z	2020, 2021	Adulte	64

Genetiske distanser (F_{ST}) mellom laksunger fra Drammensfjorden/Drammenselva og referanseprøver fra omkringliggende vassdrag, ble estimert og visualisert i en prinsipal koordinat-analyse (PCoA) plot ved hjelp av programmet GENALEX (Peakall & Smouse 2006). Blant SNP-markørene som ble undersøkt var det 15 SNP-er i det mitokondrielle arvestoffet og variasjon og sammensetning av haplotyper i de ulike vassdragene ble sammenliknet.

2.4 Gyrodactylus-undersøkelser

Spritkonserverte fisk ble overført til et kar med vann og svart bunn. Den enkelte fisk ble senket ned i vannet ved hjelp av pinsetter for å redusere lysreflekser i fiskehuden. Den mørke bunnen øker kontrasten mot underlaget slik at *Gyrodactylus*-individer blir lettere å oppdage på fiskehuden (Mo 1987). Hele fiskens ytre overflate (kropp, finner, hode og gjeller) ble undersøkt under en stereolupe med zoom ved 15-20 gangers forstørrelse. Fiskens lengde ble målt etter parasittundersøkelsen.

Ingen *Gyrodactylus*-individer ble artsbestemt. I Drammenselva og Lierelva lever *G. salaris* hovedsakelig på laks, mens *G. derjavinooides* først og fremst lever på ørret. Begge *Gyrodactylus*-arter kan forekomme på hybrider mellom laks og ørret, men artshybrider som har ørretmor er lite mottakelig for *G. salaris* (Bakke mfl. 1999). *Gyrodactylus*-individer på laksunger ble antatt å tilhøre *G. salaris*, mens *Gyrodactylus*-individer på ørret ble antatt å tilhøre *G. derjavinooides*. *Gyrodactylus*-individer på artshybrider med ørretmor ble antatt å tilhøre *G. derjavinooides*. Det ble ikke funnet *Gyrodactylus*-individer på én artshybrid som hadde laksemor.

3 Resultater

3.1 Genetiske analyser

Genetiske analyser av de 83 fiskene som ble fanget i november 2020 viste at alle var laksunger (**vedlegg 1**). Av disse ble fem individer (71-127 mm) fanget nederst i det sørvestre Strømsløpet i Drammenselva og 78 laksunger (62-162 mm) langs strendene i Drammensfjorden. Av disse ble 42 laksunger (62-139 mm) fanget langs den sørvestre siden, nærmest munningen av Drammenselva, og 36 laksunger (66-162 mm) ble fanget langs den nordøstre siden, nærmest munningen av Lierelva.

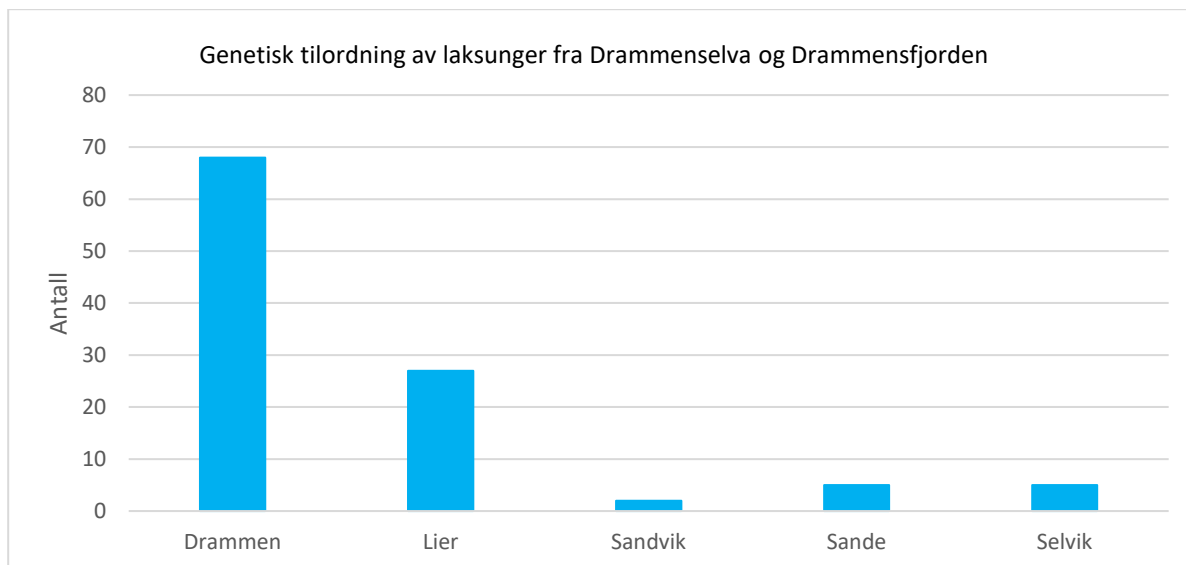
Genetiske analyser av de 40 fiskene som ble fanget i mai 2021 viste at 25 var laksunger, seks var hybrider mellom laks og ørret, og ni var ørret (**vedlegg 2**). Av laksungene ble fire individer (70-140 mm) fanget nederst i det sørvestre Strømsløpet i Drammenselva og 21 laksunger (78-153 mm) langs strendene i Drammensfjorden. Av laksungene fanget i fjorden ble 19 laksunger (78-153 mm) fanget langs den sørvestre siden, nærmest munningen av Drammenselva og to laksunger (81-83 mm) langs den nordøstre siden, nærmest munningen av Lierelva. Fem av artshybridene hadde ørret som mor, mens én hadde laks som mor. Under feltinnsamlingen ble alle de seks hybridene vurdert å være laksunger. Alle de åtte individene som under feltinnsamlingen ble vurdert som mulige artshybrider, viste seg å være ørret i de genetiske analysene. Den niende ørreten ble riktig vurdert til å være ørret også under feltinnsamlingen.

Blant laksungene fanget i 2021 var det én som manglet fettfinne og dette individet ble genetisk identifisert som det samme som ett av individene fanget i 2020. Dette individet var fanget og fettfinneklippet på stasjon 9 (brun farge) i 2020 og gjenfanget på stasjon 7 (rosa farge) i 2021 (**figur 3**).

Ut fra de genetiske analysene er 105 helsøskengrupper representert i materialet som ble samlet inn i 2020-2021. Av disse er det bare to helsøskengrupper som er representert med mer enn ett individ. I november 2020 ble det fanget to helsøskenpar med laksunger. Det ene søskenparet på henholdsvis 109 og 123 mm, ble fanget på stasjon 4 nederst i det vestre Strømsløpet i Drammenselva (**figur 3**). Det andre søskenparet ble fanget med stor innbyrdes avstand. Det ene av disse individene (112 mm) ble fanget på stasjon 4 nederst i det vestre Strømsløpet, men det andre individet (123 mm) ble fanget på stasjon 8, som er omtrent én kilometer fra munningen av Drammenselva. Det var stor genetisk spredning hos laksungene som ble fanget i undersøkelsesperioden, noe som viser at laksunger i Drammenselva og Drammensfjorden kommer fra mange ulike foreldrepar. De genetiske undersøkelsene gir ikke grunnlag for å vurdere hvor foreldrefiskene har gytt, og det er for få registreringer av helsøsken til å dra noen konklusjoner om vandringsmønster til laksungene. Ut fra en slektskapsmatrise med parvise estimater av slektskapsforhold («relatedness») og sannsynlige halv- og helsøsken, var det heller ingen tydelig sammenheng mellom slektskap og hvor fisken var fanget.

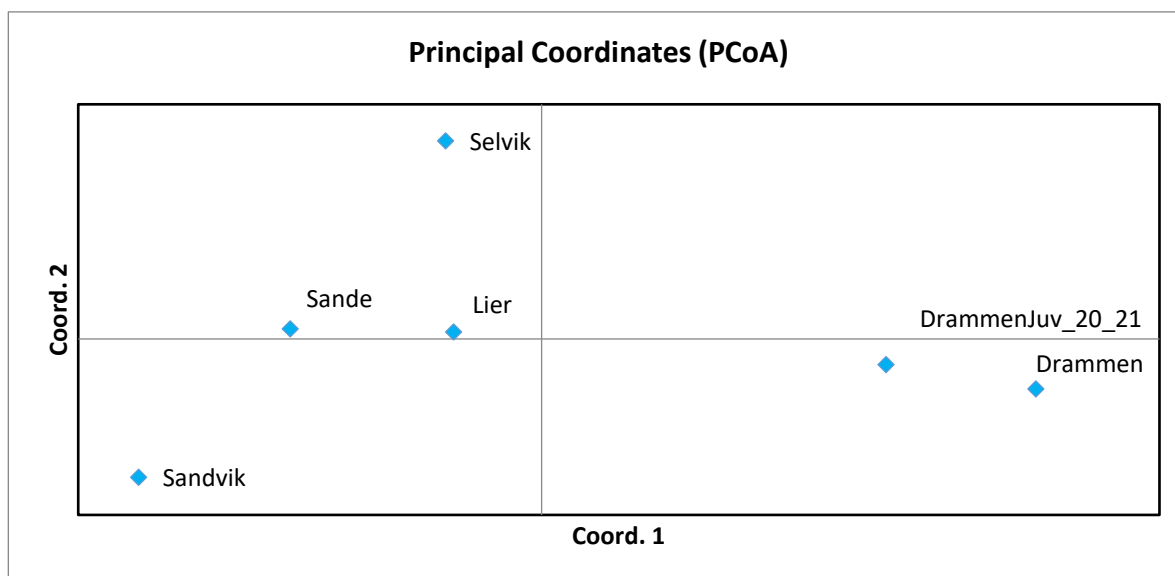
Av 107 laksunger, som ble genetisk undersøkt, fra Drammensfjorden og Drammenselva ble 68 genetisk tilordnet Drammenselva, 27 til Lierelva, to til Sandvikselva, fem til Sandeelva og fem til Selvikelva (**figur 4**). Én av de fem fiskene som var fanget i Drammenselva ble med større sannsynlighet tilordnet Lierelva (62 %) enn Drammenselva (34 %), mens de fire andre ble tilordnet Drammenselva med relativt høy sannsynlighet. De fleste av laksungene ser dermed ut til å ha opphav i Drammenselva og Lierelva, men noen har også opphav i andre bestander (**figur 4**). Noen av laksungene hadde genetisk likhet med laksestammer i Sandeelva, Selvikelva og Sandvikselva. Trolig var laksungene avkom av feilvandret fisk fra disse elvene som hadde gytt i Drammenselva og Lierelva. Det er imidlertid en mulighet for at noen av laksungene som ble

tilordnet, f.eks. Sandvikselva, var avkom etter feilvandret laks fra andre elver som ligger nærmere Drammensfjorden, f.eks. Åroselva, men NINA har ikke referansemateriale fra disse elvene.



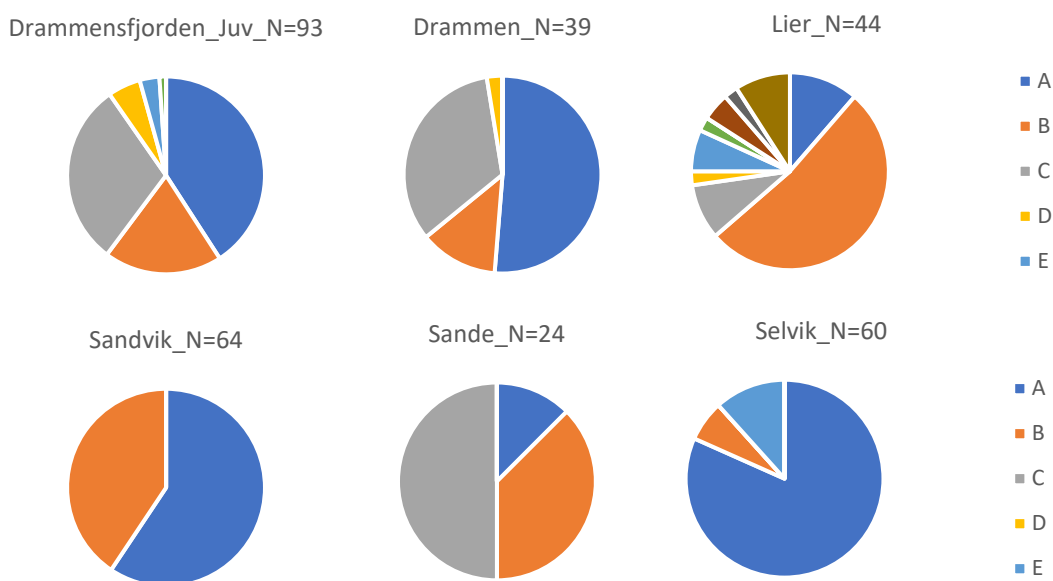
Figur 4. Tilhørighet til ulike laksestammer for laksunger fanget med båtelfiske i Drammenselva og Drammensfjorden i november 2020 og mai 2021.

Det var en tydelig og signifikant genetisk strukturering mellom laksestammene i de ulike vassdragene (**figur 5**) der Drammenselva, Selvikelva og Sandvikselva er tydelig adskilt (parvise F_{ST} : 0,054, 0,067 og 0,066). Det er betydelig mindre genetisk forskjell mellom laksestammene i Lierelva og Sandeelva ($F_{ST}=0,013$), og i disse to vassdragene ser laksestammene ut til å ha slektskap midt imellom laksestammene i Drammenselva, Selvikelva og Sandvikselva (**figur 5**).



Figur 5. Prinspal koordinatanalyse (PCoA) plot basert på parvise estimater av genetisk distanse (F_{ST}) mellom laks fra Drammenelva, Lierelva, Sandeelva, Selvikelva, Sandvikselva, og laksunger fanget i Drammensfjorden og Drammenelva i 2020-2021 (DrammenJuv_20_21).

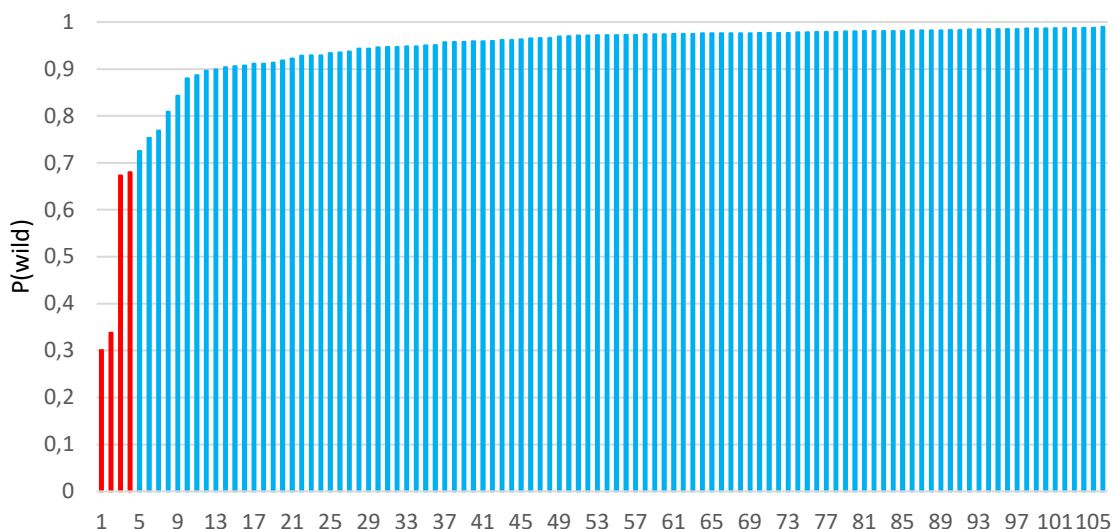
I likhet med genetiske forskjeller målt med SNP-markører i kjerne-DNA, var det også betydelige forskjeller i genetisk sammensetning i det mitokondrielle arvestoffet (**figur 6**). Utover de forholdsvis store forskjellene i frekvensen av ulike haplotyper, var det forskjell i hvor mange forskjellige haplotyper som ble observert. Lierelva hadde en mye større variasjon med ni forskjellige haplotyper, mens det kun ble observert fire forskjellige haplotyper i Drammenselva, med omtrent likt antall individer analysert. På lik linje med analysene av parvise genetiske distanser ser det dermed ut som at Lierelva består av laks med forskjellig opphav (mange ulike maternale linjer). I Sandvikselva ble det analysert flest individer, men det ble kun observert to ulike haplotyper. Tallene i figur 6 avviker noe fra tallene i tabell 1 fordi genotypingen i det mitokondrielle arvestoffet ble mislykket for noen av individene.



Figur 6. Mitokondrielle haplotyper i referanseprøver av laks fra Drammenselva, Lierelva, Sandeelva, Selvikelva, Sandvikselva, og en stikkprøve av ungfisk fra Drammensfjorden og Drammenelva, med antall individer analysert oppgitt etter elvenavn.

Estimert sannsynlighet for villaksopphav ($P(\text{wild})$) i forhold til oppdrettslaksopphav hos laksungene fra Drammensfjorden og Drammenselva viste en liten grad av innkrysning med rømt oppdrettslaks (**figur 7**) og kun fire av 106 individer (to individer hadde en noe for lav genotyping-suksess for å beregne $P(\text{wild})$) hadde en estimert sannsynlighet $< 0,71$ som er grensen som benyttes ved genetisk stamlakskontroll. Denne andelen (3,7 %) er lavere enn det som er gjennomsnittlig usikkerhet (8,4 %) og stemmer med tidligere analyser av innkrysning i Drammenselva (Diserud mfl. 2020). Tre av de fire individene med $P(\text{wild}) < 0,71$ ble med relativt høy sannsynlighet tilordnet Drammenselva, og det fjerde individet ble tilordnet Drammenselva og Selvikelva med lik relativ sannsynlighet.

Sannsynlighet for villaksopphav



Figur 7. Estimert sannsynlighet for villaksopphav ($P(\text{wild})$) for 106 laksunger fanget i Drammensfjorden og Drammenselva. Individuer med $P(\text{wild}) < 0,71$ er røde og er den samme grensen som benyttes i stamlakskontrollen, da disse er sannsynlig å ikke ha rent villaksopphav.

3.2 Gyrodactylus-undersøkelser

Forekomst av *Gyrodactylus*-individer på fem laksunger fanget nederst i Drammenselva i november 2020 vises i vedlegg 1, mens vedlegg 2 viser forekomst av *Gyrodactylus*-individer på 40 laksefiskunger fanget i mai 2021. Alle laksungene som ble fanget nederst i Drammenselva og noen hundre meter fra elvemunningen var smittet med *G. salaris*. I mai 2021 var parasittintensiteten på disse laksungene omtrent på samme nivå som på laksunger fanget nederst i Drammenselva i november 2020 (vedlegg 1 og 2). Parasittforekomsten var noe lavere på laksunger som ble fanget lengre fra elvemunningene i mai 2021, men flere laksunger var likevel smittet med flere hundre *G. salaris*.

De to helsøsknene som ble fanget nederst i Drammenselva i november 2020, hadde henholdsvis seks og syv *Gyrodactylus*-individer. De tre andre laksungene som ble fanget samtidig på samme lokalitet hadde flere hundre *Gyrodactylus*-individer hver. Dette kan bety at de to helsøsknene hadde samme effektive respons til å kontrollere forekomsten av disse parasittene. For det andre helsøskneparet som ble fanget langt fra hverandre i november 2020, hvorav den ene i Drammensfjorden, var en tilsvarende sammenligning av *Gyrodactylus*-infeksjonene på søsknene ikke mulig fordi det ikke ble gjennomført parasittundersøkelser av laksunger som ble fanget i Drammensfjorden høsten 2020. De to artshybridene som ble fanget like i nærheten av hverandre i mai 2021, hadde henholdsvis null og fire *Gyrodactylus*-individer. Disse to hybridene hadde ørretmor og det er derfor mest sannsynlig at de fire *Gyrodactylus*-individene på den ene av hybridene tilhørte *G. derjavinoidea*.

4 Diskusjon

Med bakgrunn i kjent kunnskap om lakseproduksjon og salinitetsforhold i Drammensfjorden, er det mest sannsynlig at alle laksunger i indre deler har opphav fra laksegyting i Drammenselva og Lierelva. De genetiske analysene viste også at de fleste laksungene lignet mest på de genetiske profilene fra laksebestandene fra disse elvene. Denne konklusjonen understøttes av at de høyeste forekomster av laksunger ble funnet på stasjoner i nærheten av elvemunningene. Imidlertid var det ti laksunger som hadde genetiske profiler som skilte seg ut fra resten. Det kan derfor ikke utelukkes at laksungene som ble tilordnet Sandeelva og Selvikelva, har vandret fra disse elvene via Sandebukta, Svelviksundet og inn Drammensfjorden. En vandring av laksunger motsatt vei, det vil si fra Drammenselva/Lierelva til Sandelva, er den mest sannsynlige forklaringen for spredning av *G. salaris* til Sandeelva (Hindar mfl. 2018). Følgelig er det grunn til å anta et visst omfang av parrvandring i brakkvannssonen over lengre avstander i Drammensregionen.

Blant 108 laksunger var det bare to helsøskenpar. Det betyr at laksungene kom fra over hundre forskjellige gytinger. Den store genetiske spredningen kan bety at laksungers vandring fra elvene til Drammensfjorden skjer tilfeldig og det ikke er utviklet distinkte undergrupper hos laksestammene som et resultat av økt overlevelse og vekst i Drammensfjorden. Selv om laksungene i Drammensfjorden generelt er infisert med færre *G. salaris* enn i elvene og derfor har bedre overlevelse, har neppe *G. salaris* vært til stede lenge nok til utvikling av distinkte undergrupper. Den tilsynelatende raskere veksten i Drammensfjorden enn i Drammenselva, kan skyldes at laksungene i Drammenselva må bruke mye energi på å bekjempe *G. salaris*-infeksjonene og dermed får dårligere vekst. Hvis *G. salaris* blir fjernet fra Drammensregionen, kan det tenkes at forskjellen i veksthastighet hos laksunger i elv og fjord utjevnes. Det er imidlertid også mulig at laksungers forskjellige veksthastighet i elv og i fjord har sammenheng med ulik mattilgang og/eller med forskjeller i vannets saltholdighet da laksunger trolig bruker mindre energi på å opprettholde kroppens væskebalanse (ved osmoregulering) i brakkvann enn i ferskvann.

Bare én av laksungene som ble fanget i november 2020, ble gjenfanget i mai 2021. Laksungen ble gjenfanget i samme område i Drammensfjorden, litt over én kilometer fra munningen av Drammenselva. Selv om stasjonene har ulikt nummer, dekket de omtrent samme område. Det kan bety at laksungen hadde oppholdt seg i det samme området fra november 2020 til mai 2021. Det er imidlertid ikke grunnlag for å hevde at denne eller andre laksunger ikke vandrer tilbake til Drammenselva i vinterhalvåret. Fire av 106 (3,8 %) laksunger hadde sannsynlig delvis opphav i rømt oppdrettslaks. På grunn av usikkerheten i estimering av innkrysning på individnivå er denne andelen mindre enn det som forventes i gjennomsnitt (8,4 %) dersom bestanden er upåvirket av innkrysning fra rømt oppdrettslaks (Karlsson mfl. 2021) og i samsvar med kvantifisering av innkrysning i Drammenselva (grønn kategori) av Diserud mfl. (2020).

I norske elver er det store årstidsvariasjoner i forekomst av *G. salaris* på laksunger (Mo 1992, Jansen & Bakke 1993, Appleby & Mo 1997). Parasittforekomsten er høyest i sommerhalvåret og synker gjennom vinterhalvåret. I vestnorske Batnfjordselva har den høyeste forekomsten av *G. salaris* på laksunger blitt påvist om høsten (august-oktober). Deretter har parasittforekomsten sunket gjennom vinteren, vært lavest om våren (april-mai) for deretter å stige igjen gjennom sommeren (Mo 1992, Appleby & Mo 1997). I Glitra, en sideelv til Lierelva, har den høyeste forekomsten av *G. salaris* på laksunger blitt påvist i mai. Deretter har parasittforekomsten sunket gjennom sommeren, høsten og vinteren, for så å stige raskt om våren (Jansen & Bakke 1993). Forekomsten av *G. salaris* på laksunger fanget i Drammenselva og Drammensfjorden i mai 2021 var like høy og til dels høyere enn forekomsten av *G. salaris* på laksunger fanget i september

2017 (Mo mfl. 2018). Selv om en direkte sammenligning ikke bør gjøres på grunn av stor forskjell i tid og rom (laksungene ble ikke fanget på samme steder i Drammensfjorden i 2017 og 2021), kan det likevel bety at en årstidsvariasjon i forekomst av *G. salaris* på laksunger i munningsområdene til Drammenselva og Lierelva, er ganske lik den som er påvist på laksunger i Glitra (Jansen & Bakke 1993).

Genetiske forskjeller mellom laksevasdragene i denne regionen ble undersøkt fordi dette er relevant i forhold til det arbeidet som pågår med å sikre de ulike bestandene i Genbanken og for å få innsikt i hvilke vassdrag som er nærmest beslektede og derved også har størst utveksling av individer; noe som er relevant med tanke på spredning av *G. salaris*. Generelt kan det sies at det var tydelige genetiske forskjeller mellom laksebestandene i regionen, noe som understreker betydningen av en bestandsvis sikring i Genbank. Genetisk tilordning av laksungene fra Drammensfjorden viste at de fleste av disse med relativt stor sannsynlighet kommer fra Drammenselva, men at en betydelig andel også hadde opphav fra Lierelva, enten ved direkte nedvandring fra vassdraget eller ved å være avkom etter feilvandret gytefisk. Til tross for en betydelig generell genetisk forskjell mellom vassdragene forekommer også en del utveksling, og ut fra den mye større genetiske variasjonen i mitokondrielt DNA i Lierelva sammenliknet med de andre vassdragene er det nærliggende å anta at Lierelva i større grad enn de andre vassdragene mottar feilvandret laks fra mange forskjellige laksebestander.

Studier på laksungers vandring ved hjelp av genetiske analyser har sine ulemper og fordeler. Fordelen er at studiet kan inkludere laksunger som er for små til å bli fulgt med akustisk merking, og ved å finneklippe fangede lakseunger kan det gjøres en rettet genetisk analyse av gjenfangster. I tillegg vil det genetiske merket ved en genetisk profil alltid følge fisken, uten at fisken påføres belastningen et fysisk merke vil innebære. Ved genetiske metoder er det også mulig å studere laksungenes vandring ved å identifisere helsøsken. Fordelen med denne tilnærmingen er at det ikke er nødvendig med noen form av merking annet enn ved å ta en vevsprøve fra ungfisk fra én gyteårsklasse fra forskjellige lokaliteter ved to eller flere tidspunkter. Under antagelsen om at helsøsken kommer fra den samme gytegruppen vil fordelingen av helsøsken ved de ulike fangsttidspunktene kunne si noe om spredningen. En ulempe med helsøskentilnærmingen er at det vil være nødvendig å analysere store stikkprøver for å identifisere et tilstrekkelig antall helsøsken. En ulempe med genetiske metoder er at den faktiske vandringen i liten grad blir registrert. Det anbefales derfor at dette studiet følges opp med vandringsstudier på laksunger som er store nok til å bære akustiske merker. Hvis dette blir aktuelt vil det også bli fanger små laksunger. Det anbefales i så fall at disse små laksungene følges opp og undersøkes på samme måte som det er gjort i denne rapporten for å øke kunnskapsgrunnlaget ytterligere.

5 Referanser

- Appleby, C. & Mo, T. A. 1997. Population dynamics of *Gyrodactylus salaris* (Monogenea) infecting Atlantic Salmon, *Salmo salar*, parr in the river Batnfjordselva, Norway. *Journal of Parasitology* 83: 23-30.
- Bakke, T. A., Soleng, A. & Harris, P. D. 1999. The susceptibility of Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) x brown trout (*Salmo trutta* L.) hybrids to *Gyrodactylus salaris* Malmberg and *Gyrodactylus derjavini* Mikailov. *Parasitology* 119: 467-481.
- 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.
- Hindar, K., Mo, T.A., Eken, M., Hagen, A. Gjørwad, Hytterød, S., Sandodden, R., Vøllestad, A. & Aamodt, K.O. 2018. Kan *Gyrodactylus salaris* utryddes fra Drammensregionen? – Sluttrapport fra arbeidsgruppen for Drammensregionen. NINA Rapport 1456. Norsk institutt for naturforskning.
- Jansen, P. A. & Bakke, T. A. 1993. Regulatory processes in the monogenean *Gyrodactylus salaris* Malmberg-Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) association. I. Field studies in southeast Norway. *Fisheries Research* 17: 87-101.
- Jones, O.R. & Wang, J. 2010. COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Molecular Ecology Resources* 10: 551-555.
- 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: 3256-3263.
- 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.
- Mo, T.A. 1987. Undersøkelser av fisk for å påvise ektoparasitter i slekten *Gyrodactylus*. *Gyrodactylusundersøkelsene ved Zoologisk Museum, Universitetet i Oslo*. 20 s.
- Mo, T. A. 1992. Seasonal variations in prevalence and infestation intensity of *Gyrodactylus salaris* Malmberg, 1957 (Monogenea: Gyrodactylidae) on Atlantic salmon parr, *Salmo salar* L., in the River Batnfjordselva, Norway. *Journal of Fish Biology* 41: 697-707.
- Mo, T.A., Museth, J., Bremset, G. & Finstad, B. 2018. Har laksunger opphold i Drammensfjorden og i områder utenfor elvemunningene? NINA Rapport 1450. Norsk institutt for naturforskning.
- Peakall, R. & Smouse, P.E. 2006. GENALEX 6: genetic analysis in excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes* 6: 288-855.
- 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: 536-539.
- Rannala, B., & Mountain, J.L. 1997. Detecting immigration by using multilocus genotypes. *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America* 94: 9197-9201.
- Wang, J. 2011. Coancestry: a program for simulating, estimating and analysing relatedness and inbreeding coefficients. *Molecular Ecology Resources* 11: 141-145.

6 Vedlegg

Vedlegg 1. Stasjon, lengde (i mm) og ID-nummer for laksunger fanget i Drammenselva og Drammensfjorden 4.-5. november 2020. De to individene merket ¹ og de to individene merket ² er helsøsken. – betyr at fisken ikke ble undersøkt for Gyrodactylus.

Dato	Stasjon	Lengde (mm)	ID nr.	Genetisk artsbestemmelse	Antall Gyrodactylus
04.11.2020	4	127	A	Laks	1137
04.11.2020	4	123	B ¹	Laks	6
04.11.2020	4	109	C ¹	Laks	7
04.11.2020	4	112	D ²	Laks	1153
04.11.2020	4	71	E	Laks	276
04.11.2020	5	128	1	Laks	–
04.11.2020	5	123	2	Laks	–
04.11.2020	5	131	3	Laks	–
04.11.2020	5	129	4	Laks	–
04.11.2020	5	118	5	Laks	–
04.11.2020	6	110	6	Laks	–
04.11.2020	7	134	7	Laks	–
04.11.2020	7	127	8	Laks	–
04.11.2020	7	123	9	Laks	–
04.11.2020	7	126	10	Laks	–
04.11.2020	7	125	11	Laks	–
04.11.2020	8	119	12	Laks	–
04.11.2020	8	123	13 ²	Laks	–
04.11.2020	8	120	14	Laks	–
04.11.2020	8	135	15	Laks	–
04.11.2020	8	124	16	Laks	–
04.11.2020	8	117	17	Laks	–
04.11.2020	8	115	18	Laks	–
04.11.2020	8	138	19	Laks	–
04.11.2020	8	78	20	Laks	–
04.11.2020	8	62	21	Laks	–
04.11.2020	8	74	22	Laks	–
04.11.2020	8	78	23	Laks	–
04.11.2020	8	77	24	Laks	–
04.11.2020	9	133	25	Laks	–
04.11.2020	9	128	26	Laks	–
04.11.2020	9	123	27	Laks	–
04.11.2020	9	75	28	Laks	–
04.11.2020	10	120	29	Laks	–
04.11.2020	10	139	30	Laks	–
04.11.2020	10	123	31	Laks	–
04.11.2020	10	124	32	Laks	–
04.11.2020	10	128	33	Laks	–

04.11.2020	10	135	34	Laks	–
04.11.2020	10	128	35	Laks	–
04.11.2020	10	138	36	Laks	–
04.11.2020	10	137	37	Laks	–
04.11.2020	10	134	38	Laks	–
04.11.2020	10	126	39	Laks	–
04.11.2020	10	118	40	Laks	–
04.11.2020	10	75	41	Laks	–
04.11.2020	10	87	42	Laks	–
05.11.2020	14	123	43	Laks	–
05.11.2020	14	148	44	Laks	–
05.11.2020	17	162	45	Laks	–
05.11.2020	17	147	46	Laks	–
05.11.2020	17	148	47	Laks	–
05.11.2020	17	138	48	Laks	–
05.11.2020	17	140	49	Laks	–
05.11.2020	17	142	50	Laks	–
05.11.2020	17	83	51	Laks	–
05.11.2020	17	113	52	Laks	–
05.11.2020	17	96	53	Laks	–
05.11.2020	17	98	54	Laks	–
05.11.2020	17	93	55	Laks	–
05.11.2020	17	72	56	Laks	–
05.11.2020	18	153	57	Laks	–
05.11.2020	18	160	58	Laks	–
05.11.2020	18	128	59	Laks	–
05.11.2020	18	128	60	Laks	–
05.11.2020	18	138	61	Laks	–
05.11.2020	18	160	62	Laks	–
05.11.2020	18	140	63	Laks	–
05.11.2020	18	148	64	Laks	–
05.11.2020	18	67	65	Laks	–
05.11.2020	18	120	66	Laks	–
05.11.2020	18	88	67	Laks	–
05.11.2020	18	85	68	Laks	–
05.11.2020	18	76	69	Laks	–
05.11.2020	18	70	70	Laks	–
05.11.2020	18	66	71	Laks	–
05.11.2020	18	88	72	Laks	–
05.11.2020	18	73	73	Laks	–
05.11.2020	19	92	74	Laks	–
05.11.2020	21	150	75	Laks	–
05.11.2020	21	140	76	Laks	–
05.11.2020	22	83	77	Laks	–
05.11.2020	22	64	78	Laks	–

Vedlegg 2. Stasjon, lengde (i mm) og ID-nummer for laks, hybrider og ørret fanget i Drammenselva og Drammensfjorden 11.-12. mai 2021. De to individene merket ¹ er helsøsken.

Dato	Stasjon	Lengde (mm)	ID nr.	Genetisk artsbestemmelse	Antall <i>Gyrodactylus</i>
11.05.2021	3	135	1	Laks	549
11.05.2021	4	140	2	Laks	332
11.05.2021	4	123	3	Laks	614
11.05.2021	4	70	4	Laks	>1000
11.05.2021	5	128	5	Laks	94
11.05.2021	5	111	6	Laks	367
11.05.2021	6	80	7	Laks	169
11.05.2021	6	153	8	Laks	1073
11.05.2021	6	83	9	Laks	328
12.05.2021	7	123	10	Laks	674
12.05.2021	7	118	11	Laks	454
12.05.2021	7	145	12	Ørret	1
12.05.2021	7	151	13	Ørret	1
12.05.2021	7	151	14	Ørret/laks hybrid	41
12.05.2021	7	143	15	Laks	1
12.05.2021	7	147	16	Ørret	5
12.05.2021	7	134	17	Ørret	4
12.05.2021	9	139	18	Laks	0
12.05.2021	9	102	19	Laks	97
12.05.2021	9	128	20	Laks	69
12.05.2021	9	124	21 ¹	Ørret/laks hybrid	0
12.05.2021	9	98	22	Laks	7
12.05.2021	9	78	23	Laks	402
12.05.2021	9	138	24	Laks	977
12.05.2021	9	118	25	Laks	253
12.05.2021	9	91	26	Laks	609
12.05.2021	9	122	27	Ørret	1
12.05.2021	9	98	28	Ørret/laks hybrid	12
12.05.2021	9	137	29	Ørret	6
12.05.2021	9	140	30	Ørret	0
12.05.2021	9	133	31	Laks	50
12.05.2021	9	133	32	Ørret	12
12.05.2021	9	89	33	Laks	52
12.05.2021	9	93	34	Laks	0
12.05.2021	9	124	35	Laks/ørret hybrid	0
12.05.2021	10	155	36	Ørret	5
12.05.2021	10	120	37 ¹	Ørret/laks hybrid	4
12.05.2021	11	128	38	Ørret/laks hybrid	2
12.05.2021	12	83	39	Laks	0
12.05.2021	12	81	40	Laks	393

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: 978-82-426-4912-6

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