

2395

NINA Rapport

Genetiske undersøkelser av laks i Vestland - Modalselva, Ekso, Frøysetelva og Samnangervassdraget

Sebastian Wacker, Sten Karlsson, Ola H. Diserud, Eirik Normann,
Harald Sægrov



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.

Genetiske undersøkelser av laks i Vestland - Modalselva, Ekso, Frøysetelva og Samnangervassdraget

Sebastian Wacker
Sten Karlsson
Ola H. Diserud
Eirik Normann
Harald Sægrov

Wacker, S., Karlsson, S., Diserud, O. H., Normann, E. & Sægrov, H.
2023. Genetiske undersøkelser av laks i Vestland - Modalselva,
Ekso, Frøysetelva og Samnangervassdraget. NINA Rapport 2395.
Norsk institutt for naturforskning.

Trondheim, november 2023

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-5200-3

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

KVALITETSSIKRET AV

Ingerid Julie Hagen

ANSVARLIG SIGNATUR

Ingeborg Palm Helland (sign.)

OPPDRAGSGIVER(E)/BIDRAGSYTER(E)

Statsforvalteren i Vestland

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER/BIDRAGSYTER

Gry Walle, Silje Elvatun Sikveland

FORSIDEBILDE

Elfiske i Vosso © Eirik Normann

NØKKEWORD

- Vestland
- Modalselva
- Ekso
- Frøysetelva
- Samnangervassdraget
- Laks
- *Salmo salar*
- Oppdrettslaks
- Innkryssing
- Effektivt antall gytefisk
- Genetisk variasjon

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

Wacker, S., Karlsson, S., Diserud, O.H., Normann, E. & Sægrov, H. 2023. Genetiske undersøkelser av laks i Vestland - Modalselva, Ekso, Frøysetelva og Samnangervassdraget. NINA Rapport 2395. Norsk institutt for naturforskning.

Genetisk innkrysning fra rømt oppdrettslaks regnes som en av de mest alvorlige truslene mot villaksen, siden innkrysning kan påvirke bestandenes lokale genetiske tilpasning og levedyktighet. Bestandens levedyktighet er også avhengig av evnen til å opprettholde den eksisterende genetiske variasjonen, som er grunnlaget for genetisk tilpasning under miljøendringer. Evnen til å opprettholde den genetiske variasjonen måles som effektivt antall gytefisk. I denne rapporten har vi undersøkt genetisk innkrysning og effektivt antall gytefisk i fire laksebestander i Vestland: Ekso, Frøysetelva, Modalselva og Samnangervassdraget. I tillegg beskriver vi den genetiske strukturen til de undersøkte bestandene og fire andre bestander i regionen.

Det var høy grad av genetisk innkrysning av rømt oppdrettslaks i Ekso, Modalselva og Samnangervassdraget i gyteårsklassene 2017 til 2020. Genetisk innkrysning av rømt oppdrettslaks var meget høy i Ekso, og høyest blant de undersøkte elvene. Graden av genetisk innkrysning var lavest og ikke signifikant i Frøysetelva. Genetisk innkrysning i Ekso og Samnangervassdraget var høy og på samme nivå som vist i tidligere studier fra eldre stikkprøver, og den lave graden av innkrysning i Frøysetelva var på samme nivå som tidligere analyser av eldre stikkprøver. Dette er første gangen innkrysning har blitt undersøkt i laks fra Modalselva.

Effektivt antall gytefisk i de fire undersøkte elvene og i de ulike gyteårene varierte mellom 33 og 124 gytefisk. Estimatenes tilsvarte ca. en tredjedel til halvparten (34% - 56%) av laks registrert i gytefisktellinger i de undersøkte gyteårene for Ekso og Samnangervassdraget. Effektivt antall gytefisk ble i de fleste tilfellene underestimert på grunn av utilstrekkelig antall prøver og på grunn av en høy grad av slektskap mellom ungfisk innsamlet ved samme stasjon. Disse estimatene bør derfor anses som minimumsestimater.

Det var en tydelig genetisk struktur mellom de undersøkte laksebestandene. Genetiske forskjeller var moderate mellom bestandene i Osterfjorden (F_{ST} : 0,011 – 0,016) og større til Frøysetelva i Fensfjorden (0,024 – 0,035). Bestandene i Osterfjorden viste ikke like store forskjeller til Samnangervassdraget (0,015 – 0,021) og Oselva (0,009 – 0,019) i Bjørnafjorden. Som forventet var det stor genetisk likhet mellom Modalselva og Vosso (0,002), siden bestanden i Modalselva har blitt reetablert ved bruk av stamlaks fra Vosso.

Sebastian Wacker, Sten Karlsson, Ola H. Diserud. NINA, Postboks 5685 Torgarden, 7485 Trondheim. Epost: sebastian.wacker@nina.no.

Eirik Normann, NORCE AS, LFI, Postboks 22, Nygårdstangen, 5838 Bergen.

Harald Sægrov, Rådgivende Biologer AS, Edvard Greigs vei 3D, 5059 Bergen.

Innhold

Sammendrag	3
Innhold	4
Forord	5
1 Innledning	6
2 Metoder	7
2.1 Materiale	7
2.2 Genetiske analyser	11
2.3 Innkrysning av rømt oppdrettslaks	12
2.4 Genetisk struktur.....	12
2.5 Effektivt antall gytefisk	12
3 Resultater	13
3.1 Innkrysning av rømt oppdrettslaks	13
3.2 Genetisk struktur.....	17
3.3 Effektivt antall gytefisk	20
4 Diskusjon	23
4.1 Innkrysning av rømt oppdrettslaks	23
4.2 Effektivt antall gytefisk	23
4.3 Genetisk struktur.....	24
5 Referanser	26
6 Appendix	29

Forord

NINA, NORCE og Rådgivende Biologer har på oppdrag fra Statsforvalteren i Vestland utført genetiske analyser av laks i fire utvalgte vassdrag i Vestland fylke. Modalselva, Ekso, Frøysetelva og Samnangervassdraget. Oppdraget var ved hjelp av genetiske markører å beregne innkrysning av rømt oppdrettslaks og estimere effektivt antall gytefisk i de fire ulike bestandene av laks. Ved hjelp av eksisterende genetiske data har vi i tillegg undersøkt den genetiske strukturen mellom i alt ni ulike laksebestander i Vestland, målt ved genetisk variasjon i såkalte nøytrale genetiske markører i kjerne-DNA og i det mitokondrielle arvestoffet, og i ikke-nøytrale genetiske markører som er sterkt koplede til alder ved kjønnsmodning (Vgll3 og Six6). Vi takker Statsforvalteren for oppdraget og NINA genlab (NINAGEN) for DNA ekstraksjon og genotyping.

Sten Karlsson, november 2023

1 Innledning

Rømt oppdrettslaks er en av de største truslene mot villaksbestandene i Norge (Forseth et al. 2017, Glover et al. 2017). Genetisk innkryssning fra rømt oppdrettslaks som gyter med villaks er dokumentert i mange norske villaksbestander og graden av innkryssning er korrelert med andel rømt oppdrettslaks i elva (Karlsson et al. 2016, Anonym 2018, Diserud et al. 2020, Diserud et al. 2022). Oppdrettslaks har opphav i et begrenset antall ville bestander (Gjedrem et al. 1991; GjØen & Bentsen 1997) og har blitt selektert for egenskaper som er fordelaktig i matproduksjon, som rask vekst og forsinket kjønnsmodning mens villaksbestander er genetisk differensierte og tilpasset lokale forhold (Bourrett et al. 2013; Garcia de Leaniz et al. 2007; Taylor 1991; Wennevik et al. 2019). Oppdrettslaks er derfor genetisk forskjellig fra villaksen og har lavere genetisk variasjon (Skaala et al. 2004, Theodorou & Couvet 2004, Hutchings & Fraser 2008, Karlsson et al. 2010; 2011). Genetisk innkryssning av oppdrettslaks i villaksbestander påvirker viktige biologiske egenskaper i de lokalt tilpassede bestandene, og det er vist at innkryssning fører til endringer i smoltalder, sjØalder og vekst (Bolstad et al. 2017, Bolstad et al. 2021). Avkom etter kryssninger mellom villaks og oppdrettslaks (hybrider) er derfor dårligere tilpasset det lokale miljøet og kan ha lavere overlevelse og reproduksjonssuksess enn villaks (Fleming et al. 2000, McGinnity et al. 2003, Wringe et al. 2018, Wacker et al. 2021).

I anadrom laksefisk blir bestandsstørrelse vanligvis målt som innsig eller antall gytefisk etter endt sportsfiskesesong. Innsig og antall gytefisk er godt egnet for å vurdere bestandens produksjons- evne og potensialet for høstbart overskudd, men beskriver ikke nødvendigvis bestandens evne til å opprettholde genetisk variasjon. Genetisk variasjon er grunnlaget for bestandens evne til genetisk tilpasning under miljøendringer (Frankham 2005). Bestander taper genetisk variasjon over tid ved tilfeldige svingninger i allelfrekvenser (genetisk drift) og dette går raskere i små bestander enn store bestander. Hvor fort den genetiske variasjonen blir tapt avhenger av antall hunner og hanner som gyter i bestanden og variasjon i antall avkom mellom individene. Effektivt antall gytefisk er et mål som er direkte knyttet til forventet tap av genetisk variasjon (Wright 1931; Luikart et al. 2010). Hvis det er like mange hanner og hunner og alle hunner og hanner i bestanden bidrar til neste generasjonen og variasjonen i antall avkom mellom individene ikke er større enn forventet utfra tilfeldigheter, er effektivt antall gytefisk lik bestandsstørrelsen (Crow & Kimura 1970; Caballero 1994). I naturlige laksebestander forventes det at ikke alle oppvandrende individer får avkom eller at alle får like mange avkom. Effektivt antall gytefisk ligger vanligvis mellom en tredjedel og halvparten av bestandsstørrelsen hos laks (Johnstone et al. 2013; Ferchaud et al. 2016; Wacker et al. 2022). Effektivt antall gytefisk kan estimeres utfra slektskap blant avkomgenerasjonen (Jones & Wang 2010; Luikart et al. 2010). Hvis det er et stort effektivt antall gytefisk forventes det en lav grad av slektskap blant avkom. Ved bruk av genetisk slektskapsanalyse kan effektivt antall gytefisk i foreldregenerasjonen estimeres.

De fire vassdragene ligger i tre forskjellige fjordsystem i Vestland fylke. Frøysetelva ligger relativt nær kysten i Fensfjorden, Modal-elva og Ekso inne i Osterfjorden og Samnangervassdraget ligger langt inne i Bjørnafjorden. Det er laksetrapper i alle fire elvene, i tre av vassdragene er det omfattende vannkraftproduksjon, mens i Frøysetelva er deler av nedbørfeltet fraført. I Modal-elva og Ekso er det kontinuerlige elvestrenger mellom laksetrapper, men i Frøysetelva og Samnangervassdraget er det flere elvedeler i hvert vassdrag og disse er adskilt av innsjøer. I Frøyset, Modal-elva og Ekso blir det kalket for å motvirke effekter av sur nedbør. I Frøysetelva var den lokale laksebestanden trolig utdødd pga. forsuring og laks ble reetablert etter kalking fra og med 1994. I Modal-elva er laksebestanden under reetablering basert på utsettinger av øyerogn fra Vosso (genbankmateriale) (VRL - 2023). I alle elvene har det over tid vært høyt innsig av rømt oppdrettslaks (VRL - 2023). Lengden på den anadrome elvestrekningen og gytebestandsmålet er på henholdsvis 6,0 km og 169 kg hunnfisk, 15,5 km og 598 kg, 6,3 km og 219 kg og 8,1 km og 247 kg for Frøysetelva, Modal-elva, Ekso og Samnangervassdraget.

Formålet med rapporten er å undersøke genetisk innkryssning og effektivt antall gytefisk i Ekso, Frøysetelva, Modal-elva og Samnangervassdraget. I tillegg beskriver vi den genetiske strukturen til de undersøkte bestandene, altså genetiske forskjeller mellom dem.

2 Metoder

2.1 Materiale

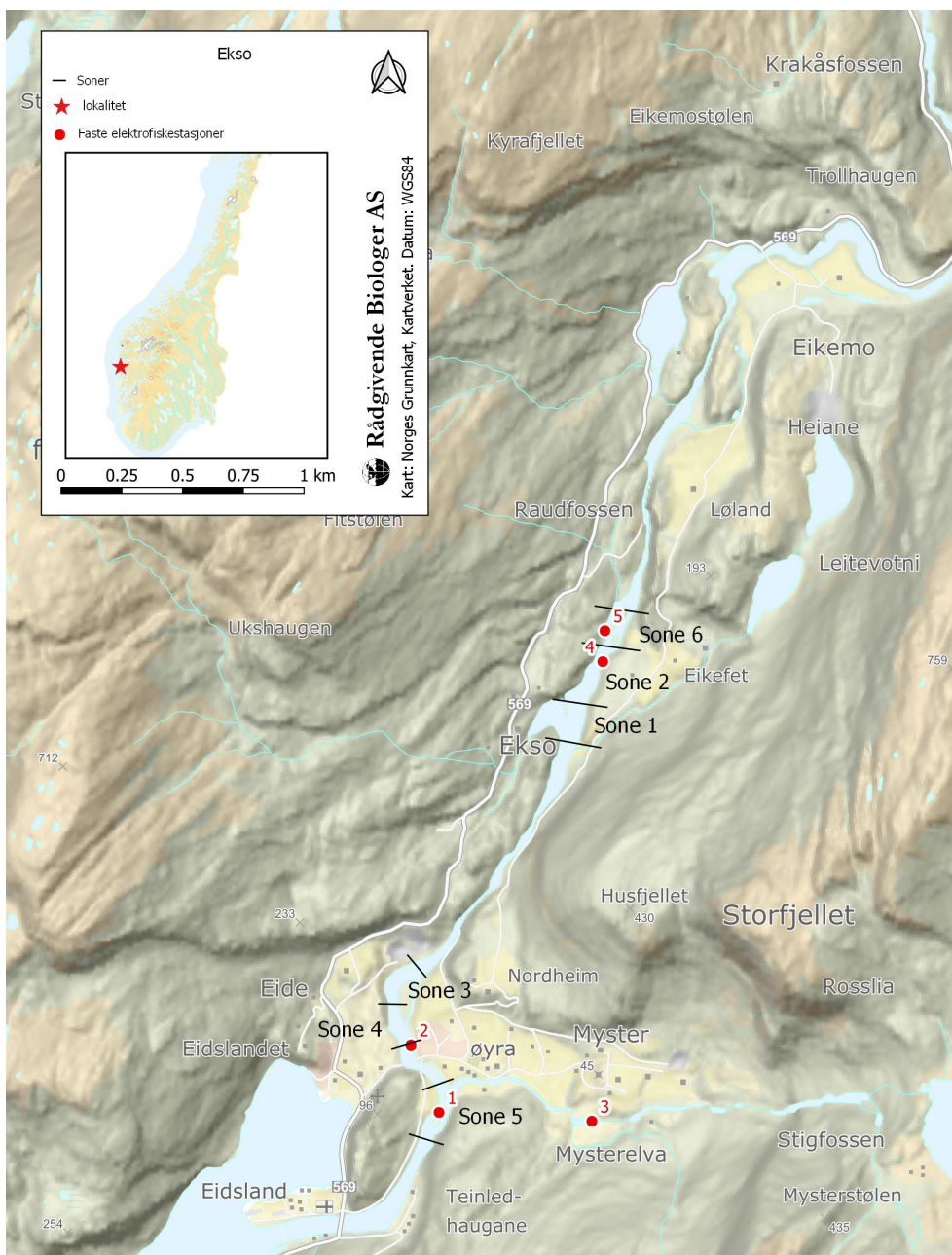
Vi undersøkte innkrysning av rømt oppdrettslaks og effektivt antall gytefisk i Ekso (063.Z), Frøysetelva (067.6Z), Modalselva (064.Z) og Samnangervassdraget (055.Z) ved bruk av ungfiskprøver (**figur 2.1.1; tabell 2.1.1**). Ungfisk med alder 0+ til 3+ ble innsamlet i 2020 og 2021 (**tabell 2.1.1**). Ungfisken ble innsamlet ved flere stasjoner i hver elv (**figur 2.1.2 – 2.1.5**). For å undersøke genetisk struktur brukte vi i tillegg eksisterende genetiske data fra fem andre nærliggende bestander i Vestland (**figur 2.1.1; tabell 2.1.1**).



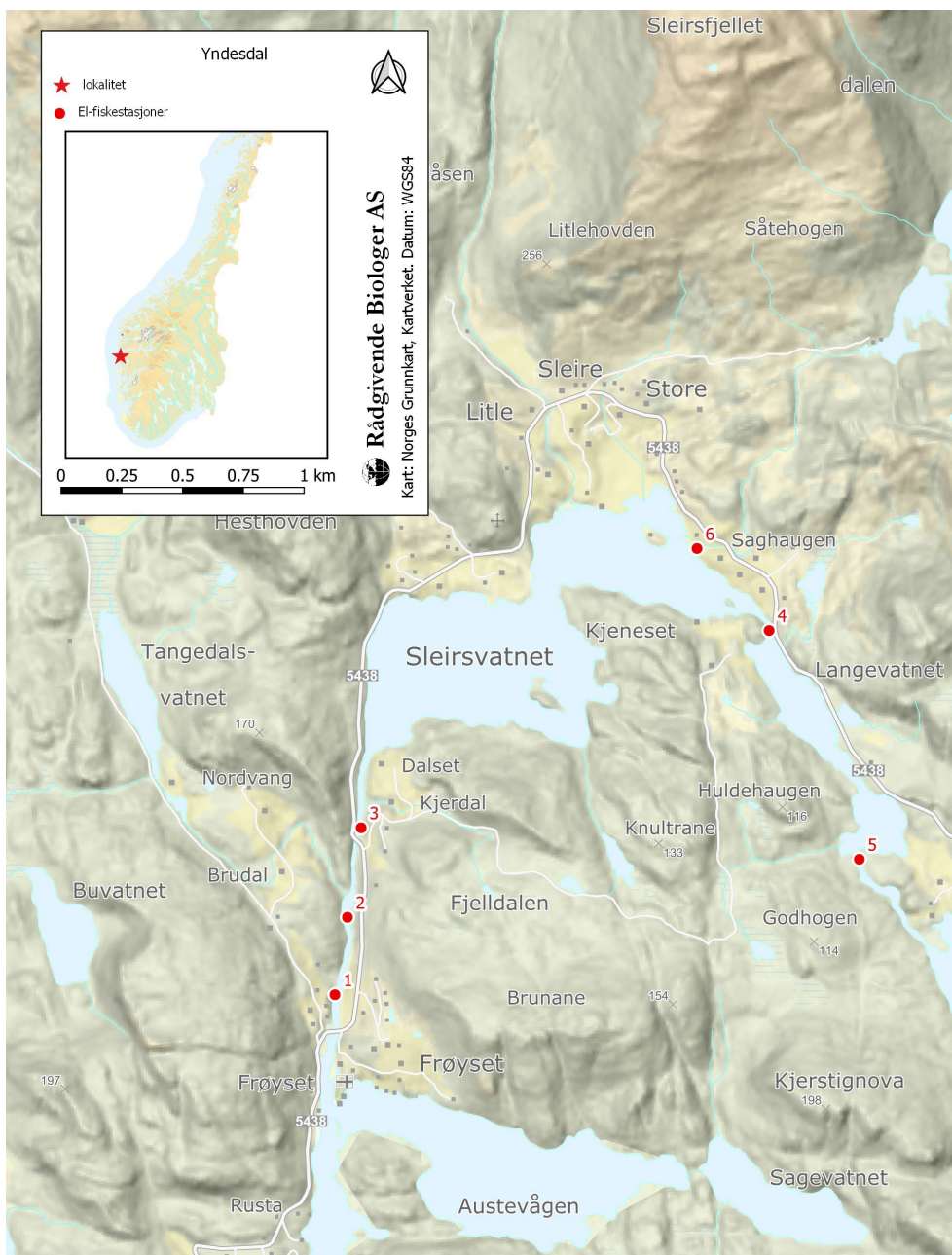
Figur 2.1.1. Kart over Osterfjorden og Fensfjorden som viser vassdragene med laksebestander som er genetisk sammenliknet. Bestander som er undersøkt for genetisk innkrysning og effektivt antall gytefisk er framhevet i oransje.

Tabell 2.1.1. Oversikt over prøvemateriale som ble brukt i genetiske undersøkelser av Ekso, Frøysetelva, Modalselva og Samnangervassdraget. I undersøkelse av genetisk struktur ble i tillegg genetiske data fra fem andre bestander inkludert. Prøvemateriale fra Ekso ble innsamlet delvis høsten 2020 og delvis våren 2021.

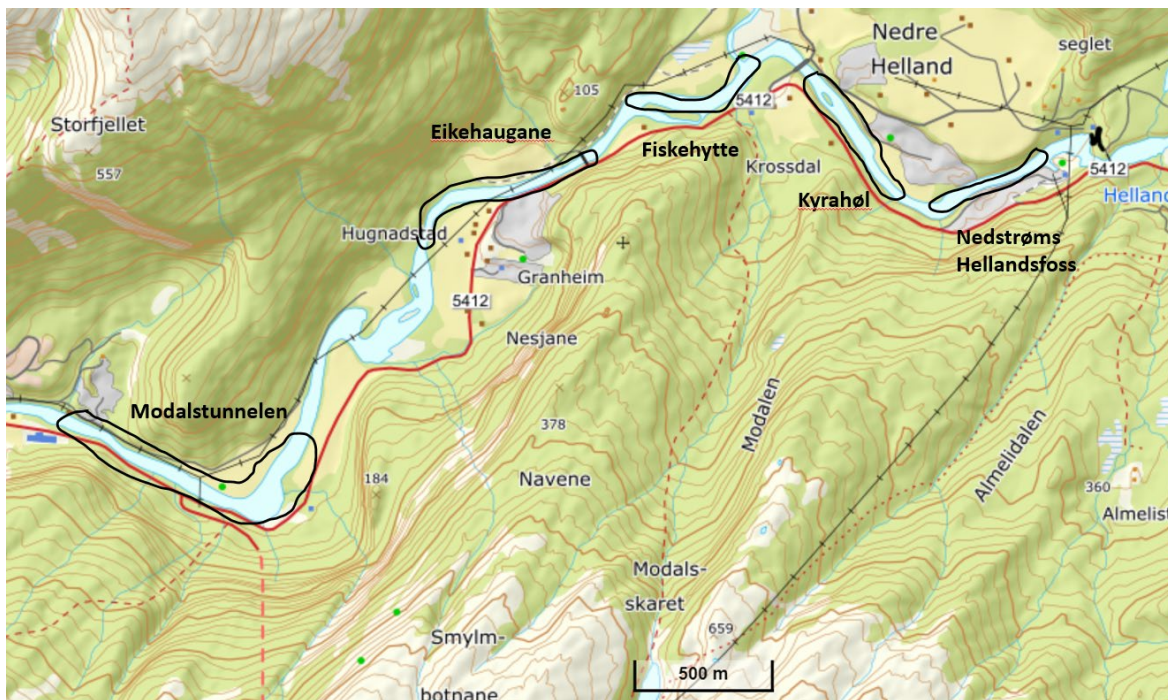
Elv	Innsamlingsår	Gyteår	N	Alder
Ekso	2020	2016	3	3+
Ekso	2020	2017	46	2+
Ekso	2020	2018	212	1+
Ekso	2020	2019	198	0+
Frøysetelva	2021	2019	101	1+
Frøysetelva	2021	2020	106	0+
Modalselva	2021	2018	100	2+
Modalselva	2021	2020	111	0+
Samnanger	2020	2018	122	1+
Samnanger	2021	2019	92	1+
Arnaelva	-	-	85	voksen
Daleelva	-	-	135	voksen
Lone	-	-	66	voksen
Oselva	-	-	106	voksen
Vosso	-	-	142	voksen



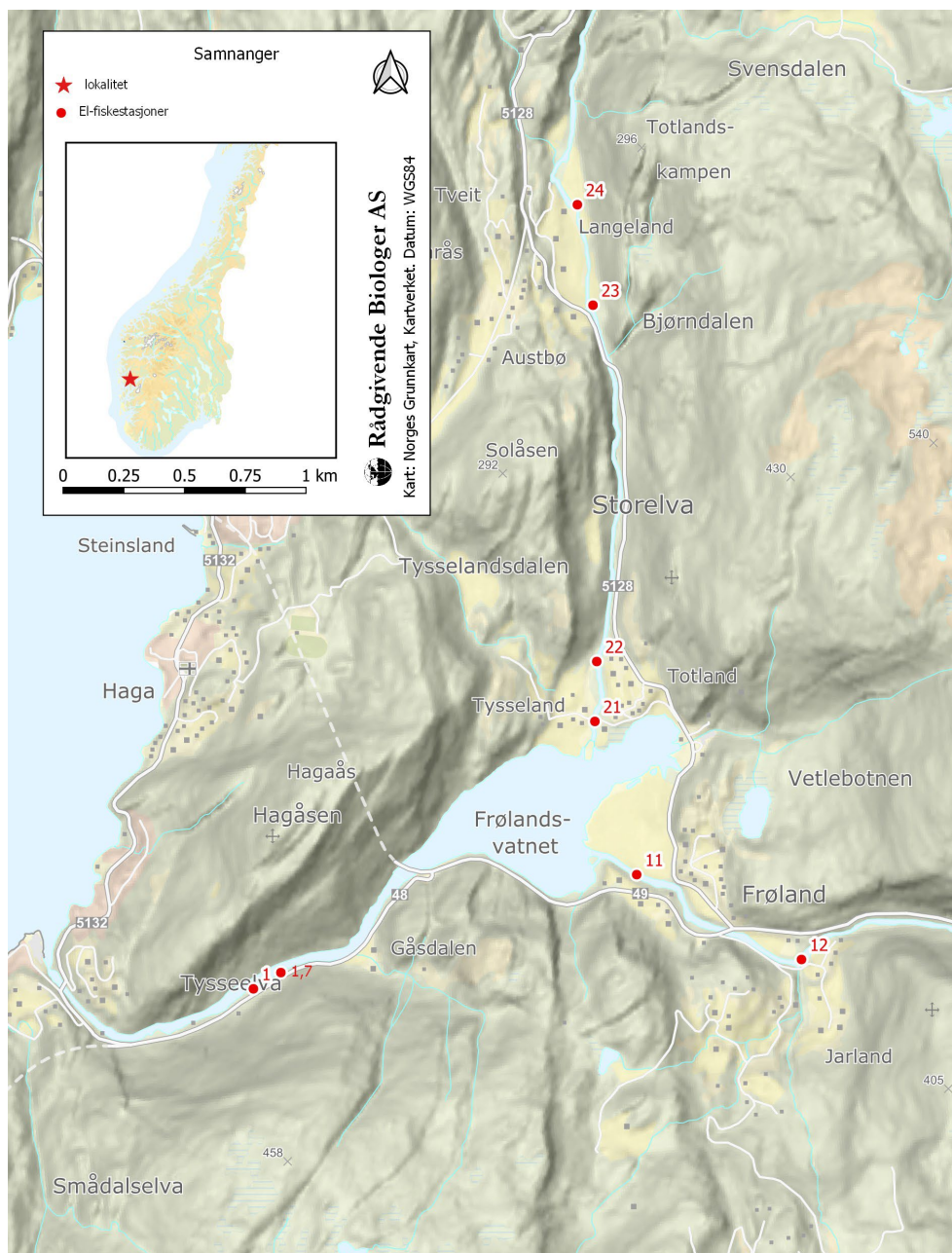
Figur 2.1.2. Kart over innsamlingsstasjoner (røde prikker) for ungfisk i Ekso. Ungfisk ble i tillegg innsamlet i soner (angitt ved strekene).



Figur 2.1.3. Kart over innsamlingsstasjoner (røde prikker) for ungfisk i Frøysetelva.



Figur 2.1.4. Kart over innsamlingssoner for ungfisk i Modalselva.



Figur 2.1.5. Kart over innsamlingsstasjoner (røde prikker) for ungfisk i Samnangervassdraget.

2.2 Genetiske analyser

DNA fra tørkede skjell og finner fra laksungene ble ekstrahert ved bruk av et Qiagen DNeasy®, blood and tissue kit (Qiagen). Nittiseks enkelt-nukleotide-polymorfe-markører (SNPer) ble genotypet på en EP1™ 96.96 Dynamic array IFCs (Fluidigm, San Fransisco, CA.). Sekstiåtte nøytrale SNPer i kjerne-DNA ble brukt for slektskapsanalyse (estimering av effektivt antall gytefisk). De samme 68 SNPene ble brukt for analyser av genetisk struktur i tillegg til 15 SNP-markører i det mitokondrielle arvestoffet og to funksjonelle ikke-nøytrale SNPer (Vgll3 og Six6), som er vist å forklare en stor andel av variasjonen i alder og størrelse ved kjønnsmodning hos laks (Barson et al. 2015).

2.3 Innkryssning av rømt oppdrettslaks

Genetisk innkryssning ble estimert på grunnlag av 48 SNPer som er diagnostiske for å skille mellom villaks og oppdrettslaks (Karlsson et al. 2011), og med de statistiske metodene utviklet av Karlsson et al. (2014). Denne metoden har blitt brukt i landsdekkende undersøkelser av genetisk innkryssning i norske villaksbestander (Karlsson et al. 2016, Diserud mfl. 2020).

For hver fisk estimerer metoden sannsynligheten for å tilhøre villfisk ($P(wild)$) versus oppdrettsfisk (Karlsson et al. 2014). Referansegrunnlaget for villfisk består av historiske (ikke oppdrettspåvirkete) prøver. Deretter blir graden av genetisk innkryssning i den undersøkte bestanden estimert ved å sammenlikne fordelingen av sannsynligheten for å tilhøre villfisk med tilsvarende fordeling i en historisk referanseprøve (Karlsson et al. 2014). Vi testet om estimert genetisk innkryssning var signifikant større enn null (Karlsson et al. 2016). I tillegg rapporterer vi 5-persentilen for de individuelle sannsynlighetene for å tilhøre villfisk og sammenlikner verdien med den tilsvarende verdien for de historiske prøvene. Denne metoden er godt egnet for å oppdage tilfeller der graden av innkryssning i bestanden er relativt lav, men hvor bestanden likevel inneholder noen individer med lav sannsynlighet for vilt opphav (Karlsson et al. 2016).

2.4 Genetisk struktur

Genetisk differensiering mellom bestander ble undersøkt i form av parvise genetiske forskjeller. Parvis genetisk distanse målt som F_{ST} (Weir & Cockerham 1984) og tilhørende P -verdier ble beregnet i R pakken StAMPP (Pembleton et al. 2013). Neis parvise distanse (Nei 1987) ble beregnet i R pakken poppr (Kamvar et al. 2014). Neis parvise distanser mellom de undersøkte bestandene ble visualisert i et PCA plot (R pakke stats; R Development Core Team 2017).

Genetiske forskjeller mellom bestandene ble i tillegg undersøkt ved å sammenlikne genotyperefrekvenser i de funksjonelle markørene *Vgll3* og *Six6* og i mitokondrielle haplotyper. De undersøkte funksjonelle markørene er knyttet til laksens livshistorie (Barson et al. 2015) og ved seleksjonsforskjeller mellom elvene kan bestander ha betydelig større forskjeller i de funksjonelle markørene enn i de nøytrale markørene. De undersøkte mitokondrielle haplotypene er unike kombinasjoner av alleler ved 15 SNPer som ligger i det mitokondrielle arvestoffet.

2.5 Effektivt antall gytefisk

Effektivt antall gytefisk ble estimert i programmet COLONY (Jones & Wang 2010). Programmet estimerer effektivt antall gytefisk for foreldregenerasjonen utfra andelen halv- og helsøsken blant alle parvise sammenlikninger mellom avkom fangede som ungfisk fra den samme gyteårsklassen. For hver parvis sammenlikning av ungfisk blir slektskap identifisert som enten ubeslektet, halvsøsken eller helsøsken. Halv- og helsøsken ble identifisert i COLONY med en sannsynlighetsmetode som tar hensyn til både sannsynlighet av parvis slektskap og rekonstruksjon av slektskap mellom alle individer. For bestander uten betydelig grad av innavl kan effektivt antall gytefisk N_{e_b} estimeres ved bruk av en forenkling av likning (10) i Wang (2009):

$$N_{e_b} = 1/(0.25 \times (H_p + 2 \times F_p))$$

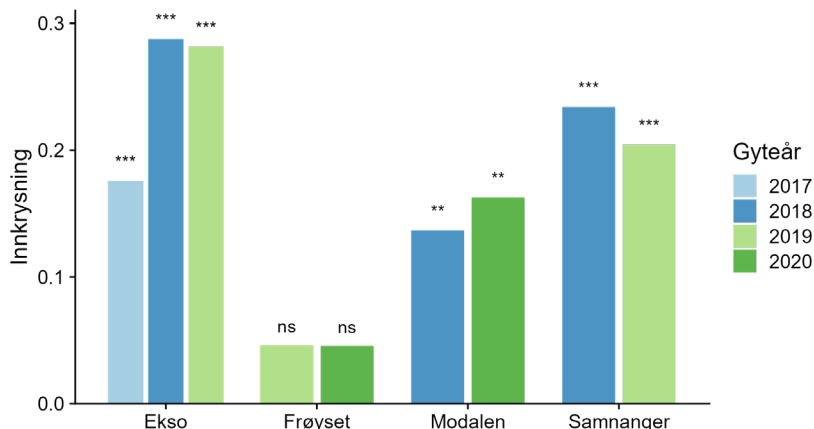
Der H_p og F_p er henholdsvis andel halvsøskenpar (engelsk: Halfsib) og helsøskenpar (engelsk: Fullsib) blant alle parvise sammenlikninger mellom ungfisk.

Effektivt antall gytefisk blir underestimert i programmet COLONY ved (i) utilstrekkelig antall prøver (genotyper), (ii) utilstrekkelig antall genetiske markører og (iii) et ikke-representativt prøveutvalg, der søsken er overrepresentert (Wacker et al. 2022). Estimerer av effektivt antall gytefisk i COLONY bør derfor i mange tilfeller anses som minimumsestimater. Vi undersøkte om antall prøver og prøveutvalget var egnet til å estimere effektivt antall gytefisk uten bias eller om effektivt antall gytefisk ble underestimert, ved bruk av metoder beskrevet i Wacker et al. (2022).

3 Resultater

3.1 Innkryssning av rømt oppdrettslaks

Det var høy grad av genetisk innkryssning av rømt oppdrettslaks i Ekso, Modalselva og Samnangervassdraget i alle de undersøkte gyteårsklassene (**figur 3.1.1**). Graden av genetisk innkryssning var lavere og ikke statistisk signifikant i Frøysetelva (**figur 3.1.1**).



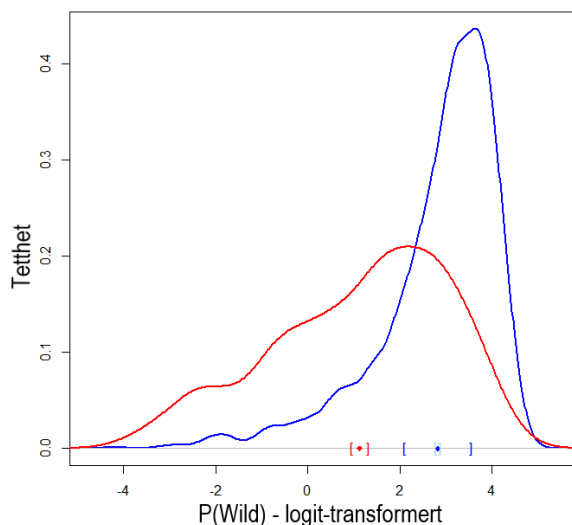
Figur 3.1.1. Estimert grad av innkryssning av rømt oppdrettslaks i Ekso, Frøysetelva, Modalselva og Samnangervassdraget i ulike gyteårsklassene. Det er forskjeller i alder til ungfisk som har blitt innsamlet fra de ulike gyteårene. ns er ikke signifikant og * er signifikant ved en sannsynlighetsgrense på < 0,05, ** ved en sannsynlighetsgrense på < 0,01 og *** ved en sannsynlighetsgrense på < 0,001.

Ekso

Genetisk innkryssning av rømt oppdrettslaks var meget høy i Ekso, og høyest blant de undersøkte elvene. Tidligere undersøkelser basert på ungfiskprøver fra 2009-2011 har vist en enda høyere grad av innkryssning i Ekso (2009-2011: 0,542; Diserud et al. 2020). Innkryssningen var like høy i 1+ ungfisk fra gyteår 2018 og i 0+ ungfisk fra gyteår 2019, men litt lavere i 2+ ungfisk fra gyteår 2017 (**figur 3.1.1**; **tabell 3.1.1**). Det var en betydelig andel ungfisk med veldig lav sannsynlighet for villopphav, men også en stor andel med $P(\text{wild})$ estimerer midt mellom 0 og 1 som vises i fordelingen av $P(\text{wild})$ (**figur 3.1.2**) og i en lav 5-persentil av $P(\text{wild})$ (**tabell 3.1.1**). Dette tyder på at innkryssningen kan ha pågått over lengre tid. Resultatene viser også at innkryssset ungfisk forekommer i alle delene av elva. Det var høy (>0,19) og signifikant genetisk innkryssning i ungfisk fra alle undersøkte soner, med høyest innkryssning i de øverste sonene (2 og 6).

Tabell 3.1.1. Genetisk innkryssning i ungfisk fra Ekso. Genetisk innkryssning er estimert for ulike grupperinger av prøvene, innsamlet høsten 2020 og våren 2021. ns er ikke signifikant og * er signifikant ved en sannsynlighetsgrense på < 0,05, ** ved en sannsynlighetsgrense på < 0,01 og *** ved en sannsynlighetsgrense på < 0,001. 5-persentil angir øvre $P(\text{wild})$ estimatet for 5 % av prøvene med de laveste $P(\text{wild})$ estimatene.

Elv	N	Innkryssning	5-persentil
Alle år	442	0,276 ***	0,078 ***
Prøveår 2020	99	0,281 ***	0,074 ***
Prøveår 2021	343	0,274 ***	0,078 ***
Gyteår 2016 (3+ alder)	3	0,505 ***	NA
Gyteår 2017 (2+ alder)	42	0,176 ***	0,084 *
Gyteår 2018 (1+ alder)	202	0,288 ***	0,081 ***
Gyteår 2019 (0+ alder)	195	0,281 ***	0,067 ***



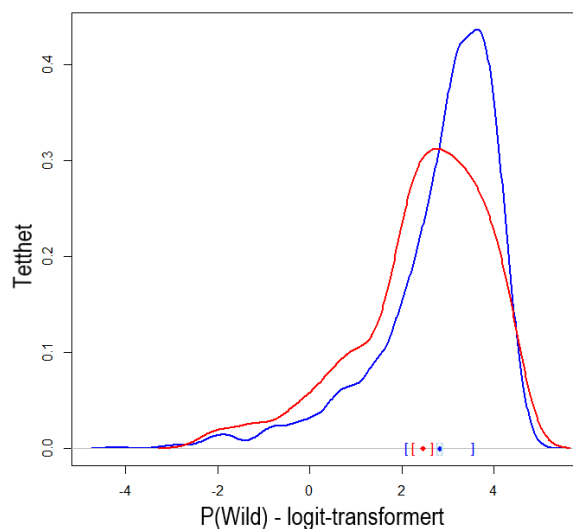
Figur 3.1.2. Fordeling av $P(\text{wild})$ verdier på logit-skala for laks fra Ekso, samlet for alle år og lokaliteter. Blå kurve viser referansen for villaks for hele norske Nord-Atlantiske fylogenetisk gruppe (ikke-Finnmark), mens rød kurve viser fordelingen for utvalget fra Ekso.

Frøysetelva

Genetisk innkrysning av rømt oppdrettslaks var lavere i Frøysetelva enn i de andre bestandene og var ikke statistisk signifikant for de to undersøkte gyteårene (**tabell 3.1.2**), men 5-persentilen for gyteår 2019 var nær statistisk signifikant ($P = 0,052$). Graden av genetisk innkrysning tilsvarer tidligere undersøkte år (2011-2015: 0,054; Diserud et al. 2020). Graden av genetisk innkrysning var lav ved fem av seks innsamlingsstasjoner ($<0,06$), men mye høyere (0,14) og statistisk signifikant ved stasjon 2. Den betydelig høyere graden av innkrysning ved stasjon 2 skyldes forekomst av individer med lav sannsynlighet for villopphav i både 0+ alder 1+ alder.

Tabell 3.1.2. Genetisk innkrysning i ungfisk fra Frøysetelva. Genetisk innkrysning er estimert for ulike grupperinger av prøvene, innsamlet høsten 2021. ns er ikke signifikant og * er signifikant ved en sannsynlighetsgrense på $< 0,05$, ** ved en sannsynlighetsgrense på $< 0,01$ og *** ved en sannsynlighetsgrense på $< 0,001$. 5-persentil angir øvre $P(\text{wild})$ estimatet for 5 % av prøvene med de laveste $P(\text{wild})$ estimatene

Elv	N	Innkrysning	5-persentil
Alle år	186	0,046 ns	0,387 ns
Gyteår 2019 (1+ alder)	87	0,046 ns	0,220 ns
Gyteår 2020 (0+ alder)	99	0,046 ns	0,439 ns



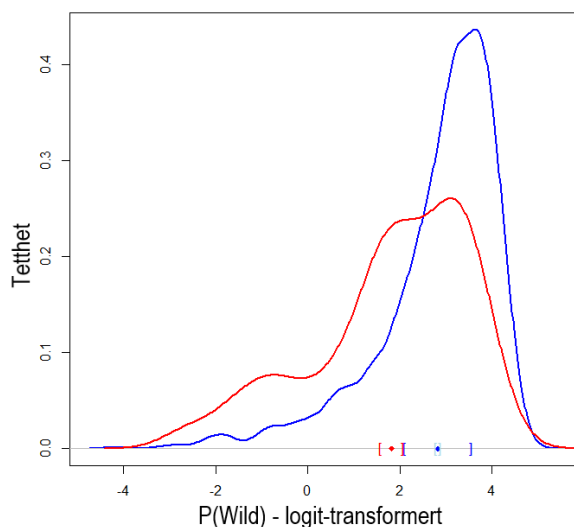
Figur 3.1.3. Fordeling av $P(\text{wild})$ verdier på logit-skala for laks fra Frøysetelva, samlet for alle år og lokaliteter. Blå kurve viser referansen for villaks for hele norske Nord-Atlantiske fylogenetisk gruppe (ikke-Finnmark), mens rød kurve viser fordelingen for utvalget fra Frøysetelva.

Modalselva

Genetisk innkrysning av rømt oppdrettslaks var høy i Modalselva. Innkrysningen var like høy i 2+ ungfisk fra gyteår 2018 og i 0+ ungfisk fra gyteår 2020 (**figur 3.1.1**; **tabell 3.1.3**). Graden av genetisk innkrysning var jevnt høy i alle de undersøkte stasjonene (0,13 – 0,16).

Tabell 3.1.3. Genetisk innkrysning i ungfisk fra Modalselva. Genetisk innkrysning er estimert for ulike grupperinger av prøvene, innsamlet våren og høsten 2021. ns er ikke signifikant og * er signifikant ved en sannsynlighetsgrense på $< 0,05$, ** ved en sannsynlighetsgrense på $< 0,01$ og *** ved en sannsynlighetsgrense på $< 0,001$. 5-persentil angir øvre $P(\text{wild})$ estimatet for 5 % av prøvene med de laveste $P(\text{wild})$ estimatene

Elv	N	Innkrysning	5-persentil
Alle år	192	0,150 **	0,167 ***
Gyteår 2018 (2+ alder)	96	0,137 **	0,160 *
Gyteår 2020 (0+ alder)	96	0,163 **	0,167 *



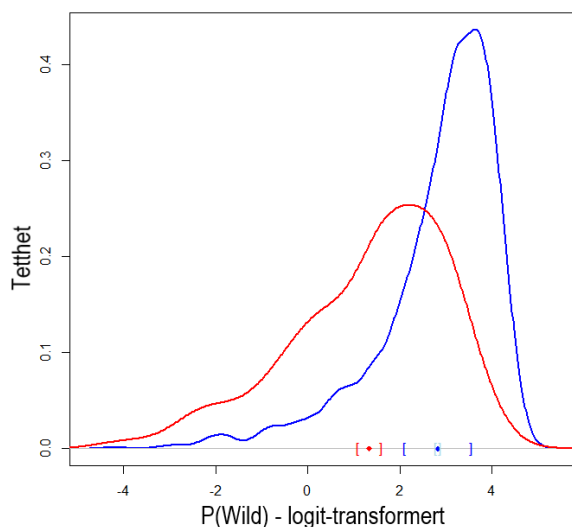
Figur 3.1.4. Fordeling av $P(wild)$ verdier på logit-skala for laks fra Modalselva, samlet for alle år og lokaliteter. Blå kurve viser referansen for villaks for hele norske Nord-Atlantiske fylogenetisk gruppe (ikke-Finnmark), mens rød kurve viser fordelingen for utvalget fra Modalselva.

Samnangervassdraget

Genetisk innkrysning fra rømt oppdrettslaks var høy i Samnangervassdraget. Graden av genetisk innkrysning tilsvarer tidligere undersøkte år (2014-2016: 0,211; Diserud et al. 2020). Innkrysningen var like høy i 1+ ungfisk fra gyteår 2018 og i 1+ ungfisk fra gyteår 2019 (**figur 3.1.1; tabell 3.1.4**). Det var signifikant genetisk innkrysning ved alle undersøkte stasjonene, med noe lavere innkrysning (<0,15) i noen av de øvre stasjonene (stasjon 21, stasjon 22 og stasjon 24; **tabell 3.1.4**).

Tabell 3.1.4. Genetisk innkrysning i ungfisk fra Samnangervassdraget. Genetisk innkrysning er estimert for ulike grupperinger av prøvene, innsamlet høsten 2020 og høsten 2021. ns er ikke signifikant og * er signifikant ved en sannsynlighetsgrense på < 0,05, ** ved en sannsynlighetsgrense på < 0,01 og *** ved en sannsynlighetsgrense på < 0,001. 5-persentil angir øvre $P(wild)$ estimatet for 5 % av prøvene med de laveste $P(wild)$ estimatene

Elv	N	Innkrysning	5-persentil
Alle år	176	0,220 ***	0,102 ***
Prøveår 2020	95	0,234 ***	0,093 ***
Prøveår 2021	81	0,204 ***	0,133 **
Gyteår 2018 (1+ alder)	95	0,234 ***	0,093 ***
Gyteår 2019 (1+ alder)	81	0,204 ***	0,133 **



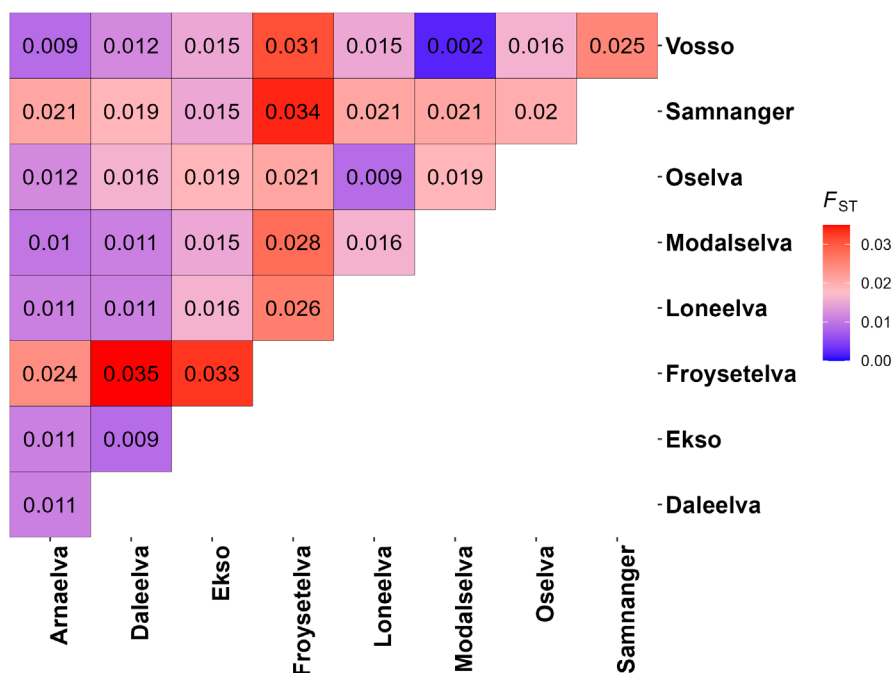
Figur 3.1.5. Fordeling av $P(\text{wild})$ verdier på logit-skala for laks fra Samnangervassdraget, samlet for alle år og lokaliteter. Blå kurve viser referansen for villaks for hele norske Nord-Atlantiske fylogenetisk gruppe (ikke-Finnmark), mens rød kurve viser fordelingen for utvalget fra Samnangervassdraget.

3.2 Genetisk struktur

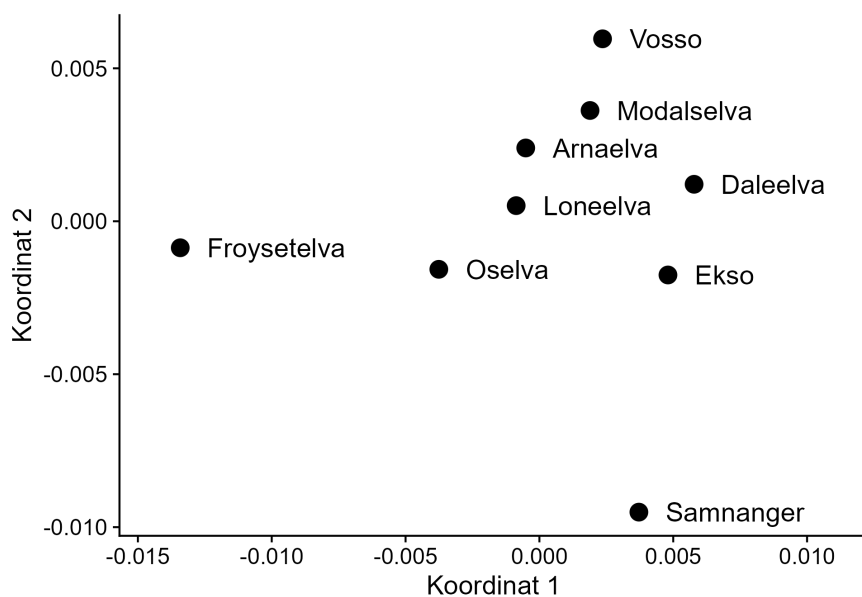
Det var en tydelig genetisk struktur mellom de undersøkte laksebestandene. Genetiske forskjeller var moderate mellom bestandene i Osterfjorden, men større til både Frøysetelva i Fensfjorden og Samnangervassdraget og Oselva i Bjørnafjorden.

Det var statistisk signifikante parvise genetiske forskjeller mellom alle laksebestandene (**Vedlegg tabell 1**). Estimert genetisk distanse (F_{ST}) mellom bestandene i Osterfjorden varierte mellom 0,011 og 0,016 (**figur 3.2.1**), med unntak av Modalselva og Vosso som hadde stor genetisk likhet ($F_{ST} = 0,002$; **figur 3.2.1**). Dette er forventet siden bestanden i Modalselva har blitt reetablert med Vossolaks fra genbanken (Gabrielsen et al. 2021). Genetisk distanse mellom bestandene i Osterfjorden og Frøysetelva i Fensfjorden varierte mellom 0,024 og 0,035 (**figur 3.2.1**) og var større enn genetisk distanse mellom bestandene i Osterfjorden og Samnangervassdraget (F_{ST} : 0,015 – 0,021) og Oselva (F_{ST} : 0,009 – 0,019) i Bjørnafjorden (**figur 3.2.1**).

I visualisering av parvise genetiske distanser blir bestandene i Osterfjorden gruppert sammen, mens bestandene i Frøysetelva, Oselva og Samnangervassdraget ligger utenfor denne grupperingen (**figur 3.2.2**).



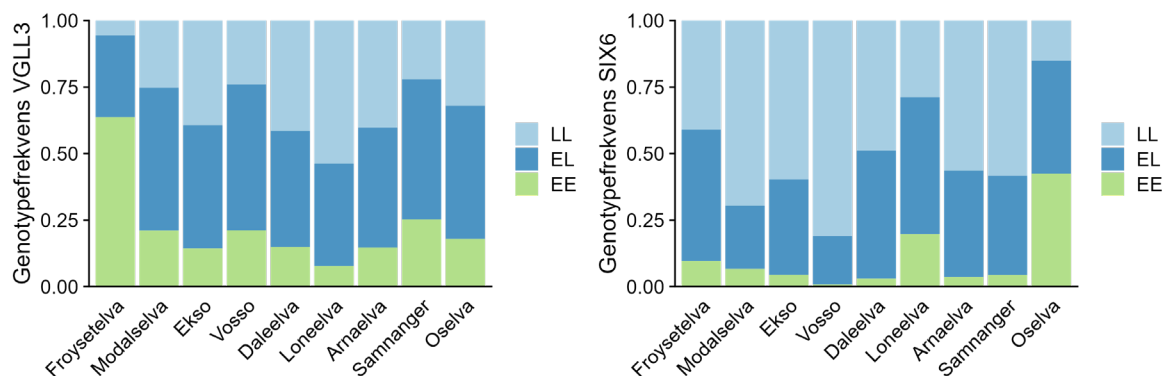
Figur 3.2.1. Parvise genetiske distanser (F_{ST}) mellom laksebestander i Vestland, basert på genetisk variasjon i 68 nøytrale SNP-markører.



Figur 3.2.2. Parvise genetiske distanser (F_{ST}) mellom laksebestander i Vestland basert på genetisk variasjon i 68 nøytrale SNP-markører visualisert i et prinsippal koordinatanalyse plott.

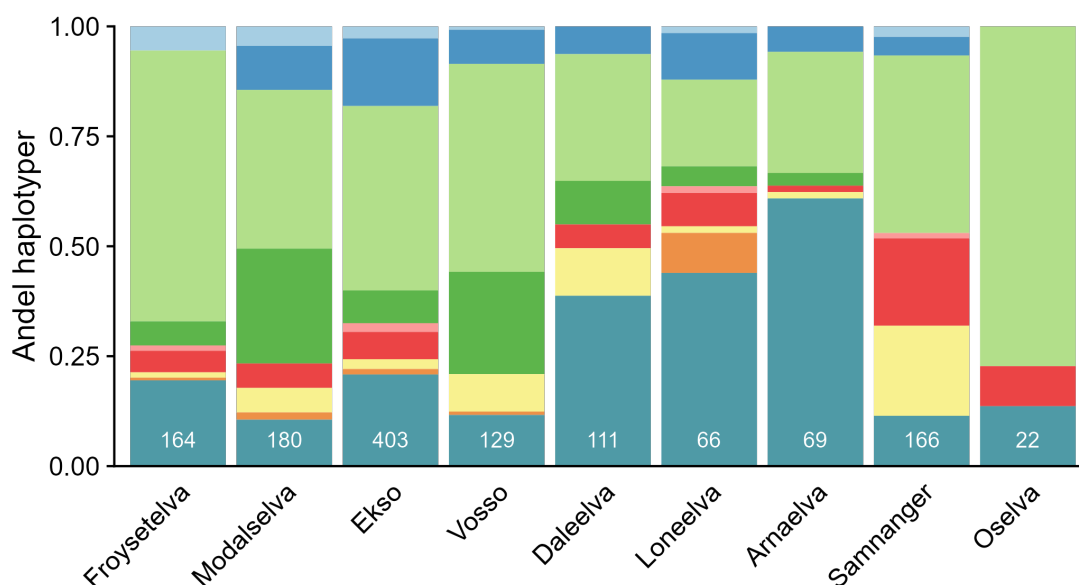
Genetiske forskjeller i de funksjonelle markørene Vgll3 og Six6 er forventet å avvike fra forskjeller i de nøytrale genetiske markørene på grunn av seleksjonsforskjeller mellom bestandene. Bestander som ligger nære hverandre og er genetisk nært beslektede kan ha betydelige forskjeller i de funksjonelle markørene knyttet til ulike seleksjonsregimer, og omvendt så kan fjernt beslektede bestander være like hverandre i de funksjonelle genetiske markørene grunnet like seleksjonsregimer. Det var bare moderate forskjeller i genotypetfrekvensen for Vgll3 mellom de undersøkte bestandene, med unntak av Frøysetelva, som hadde en høyere andel av allelet som

er knyttet til kjønnsmodning etter kort oppholdt i sjøen (**figur 3.2.3**). I motsetning til de nøytrale genetiske markørene skiller ikke Samnangervassdraget og Oselva seg ut i Vgll3 fra bestandene i Osterfjorden (**figur 3.2.3**). Genotypefrekvensene for Six6 avviker mest for Oselva og Loneelva, med en høyere frekvens av allelet som er knyttet til kjønnsmodning etter kort oppholdt i sjøen (**figur 3.2.3**). Frøysetelva viste størst genetisk differensiering i de nøytrale markørene og skilte seg også ut for Vgll3, men genotypefrekvensene for Six6 var ikke betydelig forskjellig fra de andre elvene (**figur 3.2.3**).



Figur 3.2.3. Genotypefrekvenser i de funksjonelle genetiske markørene Vgll3 og Six6 i laksebestander i Vestlandet. LL er Homozygot genotype for sein kjønnsmodning (L= Late), EE er homozygot genotype for tidlig kjønnsmodning (E= Early) og EL er heterozygot genotype.

Det var stor variasjon i forekomst av de mitokondrielle haplotypene både mellom bestandene innenfor Osterfjorden og til bestandene som ligger utenfor Osterfjorden (**figur 3.2.4**). Frøysetelva og Samnangervassdraget skilte seg fra de andre bestandene, men det gjorde også Arnaelva og andre bestander som ligger innenfor Osterfjorden (**figur 3.2.4**). Den avvikende haplotype-sammensetningen i Oselva kan skyldes at bare 22 prøver ble undersøkt (**figur 3.2.4**). Det var som forventet stor likhet mellom Vossovassdraget og Modalselva.



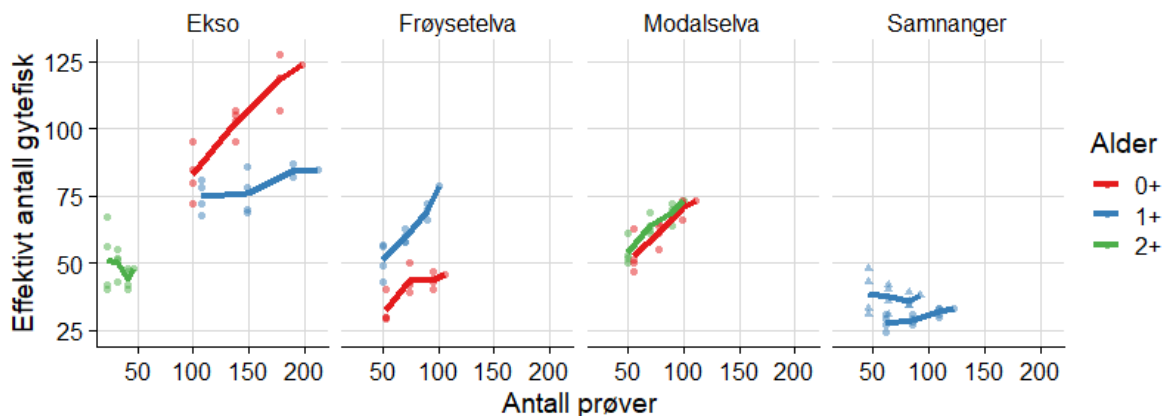
Figur 3.2.4. Mitokondrielle haplotyper representert ved ulike farger og relative frekvenser i laksebestander i Vestland. Antall prøver er vist nederst i stolpene.

3.3 Effektivt antall gytefisk

Effektivt antall gytefisk i de fire undersøkte elvene og i de ulike gyteårene varierte mellom 33 og 124 gytefisk (**tabell 3.3.1**). Effektivt antall gytefisk ble i de fleste tilfellene underestimert på grunn av utilstrekkelig antall prøver (**figur 3.3.1**) og på grunn av en høy grad av slektskap mellom ungfisk innsamlet ved samme stasjon (**vedlegg 3**). Estimatenes forventes ikke å være underestimert for Ekso og Samnangervassdraget for gyteårsklasse 2019. De øvrige estimatene på effektivt antall gytefisk bør anses som minimumsestimater (**tabell 3.3.1**).

Tabell 3.3.1. Antall søskenpar og effektivt antall gytefisk for Ekso, Frøysetelva, Modalselva og Samnangervassdraget, estimert ved bruk av ungfiskprøver (alder 0+, 1+ og 2+). Tabellen viser antall prøver og antall innsamlingsstasjoner. Andel søskenpar der begge ungfiskenes ble innsamlet ved samme stasjon er vist som forventet ved tilfeldig fordeling av søsken i elva og som observert. Effektivt antall gytefisk ble estimert ved bruk av alle prøver (95% konfidensintervall) og ved bruk av utelukkende parvise sammenlikninger gjort innenfor og mellom innsamlingsstasjoner. Antall gytefisk estimert fra gytefisktellinger er vist som referanse. Asterisk viser estimater for effektivt antall gytefisk som forventes å være betydelig underestimert og tilfeller der antall ungfiskprøver mest sannsynlig ikke var tilstrekkelig for estimering av effektivt antall gytefisk.

Gyteår	N	Alder	Antall stasjoner	Andel søskenpar innenfor stasjon		Effektivt antall gytefisk			Gytefisk
				forventet	observert	Total	Innenfor stasjoner	Mellom stasjoner	
Ekso									
2017	46 *	2+	5	0,220	0,247	48 (31-77) *	41	50	--
2018	212	1+	7	0,201	0,448	85 (64-115) *	39	121	152
2019	198	0+	6	0,234	0,353	124 (96-162)	80	148	225
Frøysetelva									
2019	101 *	1+	6	0,191	0,370	79 (58-111) *	37	107	--
2020	106	0+	6	0,258	0,677	46 (31-71) *	16	133	--
Modalselva									
2018	100 *	2+	5	0,195	0,245	73 (52-104) *	57	78	44
2020	111 *	0+	5	0,195	0,522	73 (53-104) *	25	134	310
Samnanger									
2018	122	1+	8	0,157	0,458	33 (21-54) *	10	60	96
2019	92	1+	5	0,462	0,606	38 (25-62)	30	50	75



Figur 3.3.1. Effektivt antall gytefisk for Ekso, Frøysetelva, Modalselva og Samnangervassdraget, estimert fra ulike antall prøver fra 0+, 1+ og 2+ (farge). Hver sirkel viser en analyse i programmet

COLONY for et tilfeldig utvalg av prøver og linjen forbinder gjennomsnitt. Ungfisk i 2+ alder fra to gyteår ble brukt for Samnangervassdraget (trekant: 2019; sirkel: 2018).

Slektskap mellom ungfisk fanget i ulike elvedeler kan gi kunnskap om til hvilken grad gytefisk (foreldre) og/ eller ungfisk (avkom) forflytter seg innad i elven. Ungfiskprøver fra Frøysetelva ble innsamlet nedenfor (stasjoner 1-3) og ovenfor Sleirsvatnet (stasjoner 4-6) (**figur 2.1.3**). De fleste helsøskenpar ble funnet innenfor stasjoner (130 av 146), mens 15 helsøskenpar ble funnet mellom stasjonene 1-3 og ett helsøskenpar ble funnet mellom stasjonene 4-6. Dette viser generelt lite forflytning av 0+ ungfisk mellom elvedelene og at de fleste helsøsken forflyttet seg til nærliggende områder.

Ungfiskprøver fra Samnangervassdraget ble innsamlet nedenfor (stasjoner 1 og 1.7) og ovenfor Frølandsvatnet (stasjoner 21-24), samt i Frølandselva (stasjoner 11 og 12) (**figur 2.1.5**). De fleste helsøskenpar ble funnet innenfor stasjoner (gyteår 2018: 172 av 223; gyteår 2019: 68 av 120). Helsøsken til ungfisk ovenfor Frølandsvatnet (som ikke ble innsamlet ved samme stasjon) ble nesten utelukkende funnet innenfor elvedelen (gyteår 2018: 37 av 38; gyteår 2019: 52 av 54). Helsøsken til ungfisk fra Frølandselva ble bare funnet for gyteår 2018 og ble funnet både innenfor Frølandselva (6 av 14), nedenfor Frølandsvatnet (5 av 14) og ovenfor Frølandsvatnet (3 av 14).

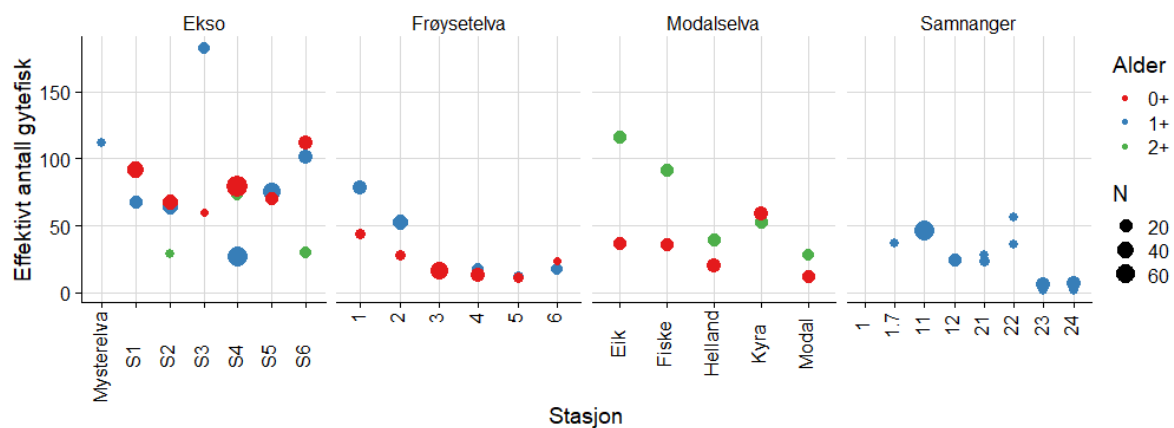
I tilfeller der det ble undersøkt ulike elvedeler som i stor grad er adskilt fra hverandre i forhold til gyting og vandring av ungfisk kan man estimere effektivt antall gytefisk i hver elvedel og deretter summere over de undersøkte elvedelene. For Frøysetelva ble en stor andel av helsøskenpar (gyteår 2019: 87%; gyteår 2020: 99%) og halvsøskenpar (gyteår 2019: 61%; gyteår 2020: 79%) funnet innenfor elvedelene nedenfor og ovenfor Sleirsvatnet. Effektivt antall gytefisk estimert innenfor elvedelene nedenfor og ovenfor Sleirsvatnet var 71 og 42 for gyteår 2019 og 28 og 25 for gyteår 2020. Summen av effektivt antall gytefisk i de to elvedelene for gyteår 2019 var betydelig større (113 gytefisk) enn estimert fra alle prøvene sammenslått (79; **tabell 3.3.1**).

For Ekso var det en større avstand mellom de nedre sonene (S3, S4, S5) og øvre sonene (S1, S2, S6) og de fleste helsøskenpar (gyteår 2018: 54%; gyteår 2019: 69%) og halvsøskenpar (gyteår 2018: 79%; gyteår 2019: 61%) ble funnet innenfor elvedelene. Summen av effektivt antall gytefisk estimert i de nedre sonene og øvre sonene var betydelig større enn estimatene for alle prøvene sammenslått. Effektivt antall gytefisk estimert for den nedre og øvre elvedelen var 55 og 76 for gyteår 2018 (85 for alle prøver sammenslått) og 105 og 100 for gyteår 2019 (124 for alle prøver sammenslått; **tabell 3.3.1**).

Estimering av effektivt antall gytefisk innenfor stasjoner kan vise forskjeller i gytefisktetthet mellom ulike områder i elven, men påvirkes også av forflytning av ungfisk. Det var en lavere grad av slektskap og dermed større effektivt antall gytefisk i nedre delen av Frøysetelva (stasjoner 1-3) enn i øvre delen av vassdraget (stasjoner 4-6) (**figur 3.3.2; vedlegg 2b**). Dette var tilfelle for begge undersøkte gyteårene (**figur 3.3.2; vedlegg 2b**). Resultatet tyder enten på at antall gytefisk innenfor områder var større i nedre delen av vassdraget eller at ungfisk har vandret nedover i vassdraget, som spesielt kan forventes ved høyere alder.

Effektivt antall gytefisk innenfor stasjoner i Modalselva var for begge gyteårene lavest for Modalsstunnelen, nederst i vassdraget (**figur 3.3.2; vedlegg 2c**). Dette tyder på et lavere antall gytefisk i området sammenliknet med øvre deler av elva og på lite forflytning av ungfisk nedstrøms. Effektivt antall gytefisk var moderat ved de andre tre stasjonene for gyteår 2020 (0+), mens estimatene var betydelig større for Eikehaugane og Fiskehytte for gyteår 2018 (2+). Dette kan mest sannsynlig forklares med forflytning av 2+ ungfisk nedstrøms fra øvre deler av elva.

Effektivt antall gytefisk innenfor stasjoner i Samnangervassdraget var for begge undersøkte gyteårene lavest i øvre delen av Storelva (stasjon 23 og 24) (**figur 3.3.2; vedlegg 2d**). Store andeler av ungfisk fra disse stasjonene var halv- eller helsøsken (**vedlegg 2d**). Effektivt antall gytefisk var betydelig større i nedre delen av Storelva (stasjon 21 og 22) og i Frølandselva (stasjon 11 og 12) (**figur 3.3.2; vedlegg 2d**).



Figur 3.3.2. Effektivt antall gytefisk ved elfiskestasjoner i Ekso, Frøysetelva, Modalselva og Samnangervassdraget estimert fra slektskap blant ungfisk i 0+ til 2+ alder.

4 Diskusjon

4.1 Innkryssing av rømt oppdrettslaks

Det var en høy grad av genetisk innkryssing i Ekso, Modalselva og Samnangervassdraget i gyteårsklassene 2017 til 2020. Vestlandet har tidligere blitt funnet å være blant områdene med høyest grad av genetisk innkryssing i ville laksebestander (Diserud et al. 2020). Resultatene i denne rapporten viser at graden av genetisk innkryssing fortsatt er høy.

Ekso hadde det høyeste nivået av genetisk innkryssing blant de undersøkte elvene. I tidligere undersøkelser av ungfisk fanget i 2009-2016 ble det estimert enda høyere grad av innkryssing (Diserud et al. 2020), men dette var basert på færre antall fisk og det er uvisst om en lavere grad av innkryssing estimert med de nyere prøvene i denne rapporten skyldes en redusert grad av innkryssing eller er tilfeldig. Genetisk innkryssing i Samnangervassdraget var like høy som tidligere målt i prøver innsamlet 2014-2016 og tilbake til 1990-tallet (Diserud et al. 2020). Resultatene viser en stabil høy grad av genetisk innkryssing i Ekso og Samnangervassdraget. Dette er første gang innkryssing har blitt undersøkt i laks fra Modalselva. Modalselva har blitt reetablert med Vossolaks fra genbanken og man kunne derfor forvente at innkryssingen var liten. Det er imidlertid påvist innkryssing i en del familier fra genbanken som ble lagt inn før de genetiske testene ble innført, og disse familiene er nå tatt ut fra genbanken. Noe av innkryssingen kan dermed forklares av innkryssing materiale fra genbanken, men fordi ungfisken analysert i dette prosjektet ble samlet inn nedenfor Hellandsfossen, mens rognplanting fra genbanken tilsvarende de årsklassene som ble studert i dette prosjektet hovedsakelig ble gjort ovenfor Hellandsfossen, er det sannsynligvis at innkryssingen i ungfisken stammer fra rømt oppdrettslaks ved naturlig gyting i elva.

Frøysetelva hadde lavest grad av genetisk innkryssing blant de undersøkte elvene. Genetisk innkryssing var ikke signifikant i de to undersøkte gyteårene. Samtidig var 5-persentilen nær signifikant for et av de to gyteårene og genetisk innkryssing var signifikant for en av de undersøkte stasjonene. Resultatene tilsvarer tidligere resultater for prøver innsamlet 2011 til 2015 (Diserud et al. 2020) og tyder på at det er en stabil lav grad av genetisk innkryssing i Frøysetelva. Frøysetelva skiller seg fra de andre vassdragene ved at den ligger nærmere kysten, og er det vassdraget med minst vannføring, noe som gir en forventning om lavere andel rømt oppdrettslaks og dermed en lavere grad av innkryssing (Diserud et al. 2022).

Resultatene for genetisk innkryssing på stasjonsnivå viser at genetisk innkryssing forekommer i alle de undersøkte elvestrekningene. Dette forventes siden genetisk innkryssing er resultatet av innkryssing av rømt oppdrettslaks over flere tiår. Selv med en viss «homing» av gytefisk innenfor elva og en spesielt høy forekomst av oppdrettslaks i noen deler av elva forventes genetisk innkryssing å fordele seg over elva over tid. I noen tilfeller fant vi en lavere (øvre del Samnangervassdraget) eller høyere grad (st.2 Frøysetelva) av genetisk innkryssing i noen deler av elva sammenliknet med gjennomsnittet. Ved undersøkelse av ungfisk fordelt til ulike gyteår kan dette skyldes tilfeldigheter i forekomst av rømt oppdrettslaks eller laks med høy grad av innkryssing.

4.2 Effektivt antall gytefisk

Estimatene for effektivt antall gytefisk tilsvarte ca. en tredjedel til halvparten (34% - 56%) av laks registrert i gytefisktellinger for Ekso og Samnangervassdraget. Dette er innenfor variasjonen i forholdet mellom effektivt antall gytefisk og bestandsstørrelse som tidligere har blitt rapportert for ville laksebestander (Johnstone et al. 2013; Ferchaud et al. 2016). At effektivt antall gytefisk er mindre enn faktisk antall gytefisk viser at ikke alle gytefisker bidrar med avkom og at det er betydelig variasjon i bidraget mellom individene. Mindre laksebestander, som noen av de undersøkte bestandene, har et lavt effektivt antall gytefisk som kan resultere i genetisk drift og tap av genetisk variasjon. Samtidig forekommer det feilvandring av laks og dermed genflyt mellom bestander, som bidrar til å opprettholde den genetiske variasjonen.

Effektivt antall gytefisk for Modalselva ble estimert til 73 for begge undersøkte gyteårsklassene, mens gytefisktellingerne anslå mye flere fisk i gyteår 2020 (310 individer) enn i gyteår 2018 (44 individer). Det ble plantet ut rogn i gyteår 2018 ved tre lokaliteter nedstrøms vandringshindre, som forklarer at effektivt antall gytefisk estimert fra ungfisk var høyere enn antall individer observert ved gytefisktellinger. Det ble også plantet ut rogn i gyteår 2020, men bare ovenfor vandringshindre. Det er ukjent om ungfisk med kultiveringsopphav har forflyttet seg nedstrøms i de undersøkte områdene og dermed bidratt til estimatene av effektivt antall gytefisk. Nederste rognplanting i 2021 (gyteår 2020) skjedde 500 meter ovenfor vandringshindre (Hellandsfossen) og det vurderes som lite sannsynlig at disse forflyttet seg til de nedre delene nedstrøms Hellandsfossen da de ble fanget som 0+.

Estimatene for effektivt antall gytefisk omfatter både anadrom gytefisk og gyteparr, mens gyteparr ikke blir registrert i gytefisktellinger. Forholdet mellom effektivt antall gytefisk og bestandsstørrelse blir derfor generelt overestimert i laks. Gyteparr kan bidra med en stor andel av avkom og dermed også til effektivt antall gytefisk (Martinez mfl. 2000, Perrier mfl. 2014). Telling av gyteparr ved bruk av konvensjonelle metoder er utfordrende, men genetisk merke-gjenfangst er egnet til å estimere antall og reproduktivt bidrag til gyteparr (Wacker et al. 2021).

Undersøkelsen viser i likhet med tidligere undersøkelser (Barlaup et al. 2022; Wacker et al. 2022) potensiale og utfordringer i estimering av effektivt antall gytefisk fra ungfiskprøver. Et stort antall ungfisk har blitt innsamlet og undersøkt, men likevel var antallet ungfiskprøver i noen tilfeller for lavt for å estimere effektivt antall gytefisk. En tommelfingerregel er at man bør ha en stikkprøve som er like stor som effektivt antall gytefisk (Ackerman et al. 2017; Wacker et al. 2022). Utfordringen ved underestimering av effektivt antall gytefisk i COLONY på grunn av for få prøver vil kunne løses ved å bruke et økt antall genetiske markører. Også slektskap av ungfisk innenfor innsamlingsstasjoner er en utfordring, men kan samtidig gi verdifull kunnskap om gyting i ulike deler av elven. Innsamling i forhold til alder må avveies mot tilgjengelig antall ungfisk. Eldre ungfisk er bedre fordelt over elva og familiegrupper oppholder seg i mindre grad samlet. Samtidig er det ofte enklere å fange flere 0+ enn eldre ungfisk.

I tilfeller der ulike elvedeler i stor grad er adskilte fra hverandre i forhold til gyting og ungfiskvandring kan man estimere effektivt antall gytefisk i hver elvedel for seg og så summere estimatene. Dette kan være fordelaktig når det er usikkerhet om de totale ungfiskprøvene fra alle elvedelene er representative for hele bestanden. Metoden forutsetter dog at ungfiskproduksjonen i hver elvedel er proporsjonal til effektivt antall gytefisk. For eksempel, dersom et lite antall gytefisk produserer et stort antall avkom i en elvedel vil effektivt antall gytefisk fra denne gi et uproporsjonalt stort bidrag til den summerte totale effektive bestandsstørrelsen fra andre elvedeler, dersom det ikke vektet i forhold til produksjonen i de ulike elvedelene. For Frøysetelva og Ekso ble total effektivt antall gytefisk større når vi estimerte innenfor elvedeler og deretter oppsummerte. Dette skyldes sannsynligvis i stor grad at elvedelene ikke var reproduktivt atskilte, men at en betydelig andel av halvsøskenpar ble funnet mellom elvedelene.

4.3 Genetisk struktur

Resultatene for genetisk struktur viste som forventet større genetisk likhet mellom bestandene i Osterfjorden enn til Frøysetelva i Fensfjorden og Oselva i Bjørnafjorden. Som forventet var det stor genetisk likhet mellom Modalselva og Vosso, siden bestanden i Modalselva har blitt reetablert ved bruk av stamlaks fra Vosso. De genetiske forskjellene mellom bestandene var på samme nivå som rapportert i tidligere studier (Bourret et al. 2013, Glover et al. 2013). Som følge av innkrysning av rømt oppdrettslaks forventes det at de naturlige genetiske forskjellene mellom bestandene blir mindre som vist av Glover et al. (2012, 2013). I tillegg til innkrysning av rømt oppdrettslaks vil også kultivering kunne bidra til økt feilvandring mellom vassdrag og en reduksjon i genetiske forskjeller, og i Arnaelva, Loneelva, Daleelva og Vosso har det blitt satt ut til dels store mengder anleggsprodusert laks inkludert smolt og slep av smolt (Vosso) og historisk også ved bruk av ikke lokal stamfisk (Hagen et al. 2023). Fra merkestudier er det vist en betydelig

feilvandring av anleggsprodusert smolt fra Vosso som blitt slept ut fjorden, og med en spesielt høy andel registret i Arnaelva (oppsummert av Barlaup et al. 2022). Det er fortsatt tydelige genetiske forskjeller mellom bestandene i Osterfjorden, også mellom Vosso og Arnaelva, men en vedvarende unaturlig homogeniseringsprosess ved innkrysning av rømt oppdrettslaks og feilvandring som følge av kultivering vil over tid kunne bryte ned bestandenes genetiske integritet og motvirke lokale genetiske tilpasninger.

5 Referanser

- Ackerman, M.W., Hand, B.K., Waples, R.K., Luikart, G., Waples, R.S., Steele, C.A., Garner, B.A., McCane, J. & Campbell, M.R. 2017. Effective number of breeders from sibship reconstruction: empirical evaluations using hatchery steelhead. *Evolutionary Applications* 10(2): 146-160.
- Anonym. 2018. Status for norske laksebestander i 2018.
- Barson, N.J., Aykanat, T., Hindar, K., Baranski, M., Bolstad, G.H., Fiske, P., Jacq, C., Jensen, A.J., Johnston, S.E., Karlsson, S., Kent, M., Oen, T.M., Niemela, E., Nome, T., Naesje, T.F., Orell, P., Romakkaniemi, A., Saegrov, H., Urdal, K., Erkinaro, J., Lien, S. & Primmer, C.R. 2015. Sex-dependent dominance at a single locus maintains variation in age at maturity in salmon. *Nature* 528(7582): 405-+.
- Barlaup (red). 2022. Redningsaksjonen for Vossolaksen 2010 – 2020, status per 2021. LFI-rapport 426. ISSN-2535-6623.
- Bolstad, G.H., Hindar, K., Robertsen, G., Jonsson, B., Saegrov, H., Diserud, O.H., Fiske, P., Jensen, A.J., Urdal, K., Naesje, T.F., Barlaup, B.T., Floro-Larsen, B., Lo, H., Niemela, E. & Karlsson, S. 2017. Gene flow from domesticated escapes alters the life history of wild Atlantic salmon. *Nature Ecology & Evolution* 1(5).
- Bolstad, G.H., Karlsson, S., Hagen, I.J., Fiske, P., Urdal, K., Sægrov, H., Florø-Larsen, B., Sollien, V.P., Ostborg, G., Diserud, O.H., Jensen, A.J. & Hindar, K. 2021. Introgression from farmed escapes affects the full life cycle of wild Atlantic salmon. *Science Advances* 7(52).
- Bourret, V., Kent, M.P., Primmer, C.R., Vasemagi, A., Karlsson, S., Hindar, K., McGinnity, P., Verspoor, E., Bernatchez, L. & Lien, S. 2013. SNP-array reveals genome-wide patterns of geographical and potential adaptive divergence across the natural range of Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Molecular Ecology* 22(3): 532-551.
- Caballero, A. 1994. Developments in the prediction of effective population size. *Heredity* 73: 657-679.
- Crow, J.F. & Kimura, M. 1970. An introduction to population genetics theory. Harper & Row, New York.
- Diserud, O.H., Hindar, K., Karlsson, S., Glover, K.A. & Skaala, Ø. 2017. Genetisk påvirkning av rømt oppdrettslaks på ville laksebestander - status 2017. NINA Rapport 1337.
- 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. ISBN: 978-82-426-4702-3
- Diserud, O.H., Fiske, P., Karlsson, S., Glover, K.A., Naesje, T., Aronsen, T., Bakke, G., Barlaup, B.T., Erkinaro, J., Floro-Larsen, B., Foldvik, A., Heino, M., Kanstad-Hanssen, O., Lo, H., Lund, R.A., Muladal, R., Niemela, E., Okland, F., Ostborg, G.M., Ottera, H., Skaala, O., Skoglund, H., Solberg, I., Solberg, M.F., Sollien, V.P., Saegrov, H., Urdal, K., Wennevik, V. & Hindar, K. 2022. Natural and anthropogenic drivers of escaped farmed salmon occurrence and introgression into wild Norwegian Atlantic salmon populations. *Ices Journal of Marine Science* 79(4): 1363-1379.
- Ferchaud, A.L., Perrier, C., April, J., Hernandez, C., Dionne, M. & Bernatchez, L. 2016. Making sense of the relationships between N_e , N_b and N_c towards defining conservation thresholds in Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Heredity* 117(4): 268-278.
- Fleming, I.A., Hindar, K., Mjølnerod, I.B., Jonsson, B., Balstad, T. & Lamberg, A. 2000. Lifetime success and interactions of farm salmon invading a native population. *Proceedings of the Royal Society B-Biological Sciences* 267(1452): 1517-1523.
- Forseth, T., Barlaup, B.T., Finstad, B., Fiske, P., Gjoaester, H., Falkegard, M., Hindar, A., Mo, T.A., Rikardsen, A.H., Thorstad, E.B., Vollestad, L.A. & Wennevik, V. 2017. The major threats to Atlantic salmon in Norway. *Ices Journal of Marine Science* 74(6): 1496-1513.
- Frankham, R. 2005. Genetics and extinction. *Biological Conservation* 126(2): 131-140.
- Gabrielsen, S.-E., Barlaup, B.T. & Lehmann, G.B. 2021. Reetablering av laks i Modalsvassdraget. Statusrapport pr. 2021. NORCE LFI rapport nr. 424.

- Garcia de Leaniz, C., Fleming, I.A., Einum, S., Verspoor, E., Jordan, W.C., Consuegra, S., Aubin-Horth, N., Lajus, D., Letcher, B.H., Youngson, A.F., Webb, J.H., Vollestad, L.A., Villanueva, B., Ferguson, A. & Quinn, T.P. 2007. A critical review of adaptive genetic variation in Atlantic salmon: implications for conservation. *Biological Reviews* 82(2): 173-211.
- Gjedrem, T., Gjoen, H.M. & Gjerde, B. 1991. Genetic-origin of Norwegian farmed Atlantic salmon. *Aquaculture* 98(1-3): 41-50.
- Glover, K.A., Quintela, M., Wennevik, V., Besnier, F., Sorvik, A.G.E. & Skaala, O. 2012. Three Decades of Farmed Escapees in the Wild: A Spatio-Temporal Analysis of Atlantic Salmon Population Genetic Structure throughout Norway. *Plos One* 7(8).
- Glover, K.A., Pertoldi, C., Besnier, F., Wennevik, V., Kent, M. & Skaala, O. 2013. Atlantic salmon populations invaded by farmed escapees: quantifying genetic introgression with a Bayesian approach and SNPs. *Bmc Genetics* 14.
- Glover, K.A., Solberg, M.F., McGinnity, P., Hindar, K., Verspoor, E., Coulson, M.W., Hansen, M.M., Araki, H., Skaala, O. & Svasand, T. 2017. Half a century of genetic interaction between farmed and wild Atlantic salmon: Status of knowledge and unanswered questions. *Fish and Fisheries* 18(5): 890-927.
- Hagen, I.J., Jensen, A.J., Bjørn, B., Holthe, E., Florø-Larsen, B., Lo, H., Ugedal, O. & Karlsson, S. 2019. Evaluering av kultivering med molekylærgenetiske metoder. NINA Rapport 1531. Norsk institutt for naturforskning.
- Hagen, I.J., Karlsson, S., Wacker, S., Florø-Larsen, B., Urdal, K. & Sægvog, H. 2023. Evaluering av frivillig kultivering av laks i Vestland fylke. Arnaelva, Daleelva, Loneelva og Osenelva Vestre Hyen. NINA Rapport 2174. Norsk institutt for naturforskning.
- Hutchings, J.A. & Fraser, D.J. 2008. The nature of fisheries- and farming-induced evolution. *Molecular Ecology* 17(1): 294-313.
- Jones, O.R. & Wang, J.L. 2010. COLONY: a program for parentage and sibship inference from multilocus genotype data. *Molecular Ecology Resources* 10(3): 551-555.
- Johnstone, D.L., O'Connell, M.F., Palstra, F.P. & Ruzzante, D.E. 2013. Mature male parr contribution to the effective size of an anadromous Atlantic salmon (*Salmo salar*) population over 30 years. *Molecular Ecology* 22(9): 2394-2407.
- Kamvar, Z.N., Tabima, J.F. & Grunwald, N.J. 2014. Poppr: an R package for genetic analysis of populations with clonal, partially clonal, and/or sexual reproduction. [PeerJ 2:e2811](#)
- Karlsson, S., Moen, T. & Hindar, K. 2010. Contrasting patterns of gene diversity between microsatellites and mitochondrial SNPs in farm and wild Atlantic salmon. *Conservation Genetics* 11(2): 571-582.
- 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.
- Luikart, G., Ryman, N., Tallmon, D.A., Schwartz, M.K. & Allendorf, F.W. 2010. Estimation of census and effective population sizes: the increasing usefulness of DNA-based approaches. *Conservation Genetics* 11(2): 355-373.
- McGinnity, P., Prodohl, P., Ferguson, K., Hynes, R., O'Maoileidigh, 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 B-Biological Sciences* 270(1532): 2443-2450.

- Martinez, J.L., Moran, P., Perez, J., De Gaudemar, B., Beall, E. & Garcia-Vazquez, E. 2000. Multiple paternity increases effective size of southern Atlantic salmon populations. *Molecular Ecology* 9(3): 293-298.
- Pembleton, L.W., Cogan, N.O.I. & Forster, J.W. 2013. StAMPP: an R package for calculation of genetic differentiation and structure of mixed-ploidy level populations. *Molecular Ecology Resources* 13(5): 946-952.
- Perrier, C., Normandeau, E., Dionne, M., Richard, A. & Bernatchez, L. 2014. Alternative reproductive tactics increase effective population size and decrease inbreeding in wild Atlantic salmon. *Evolutionary Applications* 7(9): 1094-1106.
- R Development Core Team. 2017. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria.
- Skaala, O., Hoyheim, B., Glover, K. & Dahle, G. 2004. Microsatellite analysis in domesticated and wild Atlantic salmon (*Salmo salar* L.): allelic diversity and identification of individuals. *Aquaculture* 240(1-4): 131-143.
- Solberg, M.F., Skaala, O., Nilsen, F. & Glover, K.A. 2013. Does Domestication Cause Changes in Growth Reaction Norms? A Study of Farmed, Wild and Hybrid Atlantic Salmon Families Exposed to Environmental Stress. *Plos One* 8(1).
- Taylor, E.B. 1991. A Review of Local Adaptation in Salmonidae, with Particular Reference to Pacific and Atlantic Salmon. *Aquaculture* 98(1-3): 185-207.
- Theodorou, K. & Couvet, D. 2004. Introduction of captive breeders to the wild: Harmful or beneficial? *Conservation Genetics* 5(1): 1-12.
- Wacker, S., Aronsen, T., Karlsson, S., Ugedal, O., Diserud, O.H., Ulvan, E.M., Hindar, K. & Naesje, T.F. 2021. Selection against individuals from genetic introgression of escaped farmed salmon in a natural population of Atlantic salmon. *Evolutionary Applications* 14(5): 1450-1460.
- Wacker, S., Skaug, H.J., Forseth, T., Solem, O., Ulvan, E.M., Fiske, P. & Karlsson, S. 2021. Considering sampling bias in close-kin mark-recapture abundance estimates of Atlantic salmon. *Ecology and Evolution* 11(9): 3917-3932.
- Wacker, S., Aronsen, T., Hagen, I.J., Karlsson, S., Berntsen, H.H., Skoglund, H., Solem, Ø., Sægvog, H. & Ugedal, O. 2022. Estimering av effektivt antall gytefisk fra stikkprøver av ungfisk av laks. Betydning av antall genetiske markører, antall prøver og romlig fordeling. Norwegian Research Centre for Hydropower Technology.
- Wang, J.L. 2009. A new method for estimating effective population sizes from a single sample of multilocus genotypes. *Molecular Ecology* 18(10): 2148-2164.
- Wennevik, V., Quintela, M., Skaala, Ø., Verspoor, E., Prusov, S. & Glover, K. A. 2019. Population genetic analysis reveals a geographically limited transition zone between two genetically distinct Atlantic salmon lineages in Norway. *Ecology and Evolution* 9: 6901-6921.
- Wright, S. 1931. Evolution in mendelian populations. *Genetics* 16(2): 97-159.
- Wringe, B.F., Jeffery, N.W., Stanley, R.R.E., Hamilton, L.C., Anderson, E.C., Fleming, I.A., Grant, C., Dempson, J.B., Veinott, G., Duffy, S.J. & Bradbury, I.R. 2018. Extensive hybridization following a large escape of domesticated Atlantic salmon in the Northwest Atlantic. *Communications Biology* 1.

6 Appendix

Vedlegg 1. Parvis genetisk distanse F_{ST} mellom laksebestander i Vestland, med tilhørende P-verdier ovenfor diagonalen.

	Arna- elva	Daleelva	Ekso	Frøyset- elva	Loneelva	Modalselva	Oselva	Sam- nanger	Vosso
Arnaelva		<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001
Daleelva	0,011		<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001
Ekso	0,011	0,009		<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001
Frøysetelva	0,024	0,035	0,033		<0,001	<0,001	<0,001	<0,001	<0,001
Loneelva	0,011	0,011	0,016	0,026		<0,001	<0,001	<0,001	<0,001
Modalselva	0,010	0,011	0,015	0,028	0,0156		<0,001	<0,001	0,012
Oselva	0,012	0,016	0,019	0,021	0,009	0,019		<0,001	<0,001
Samnanger	0,021	0,019	0,015	0,034	0,021	0,021	0,020		<0,001
Vosso	0,009	0,012	0,015	0,031	0,015	0,002	0,016	0,025	

Vedlegg 2a. Slektskap blant ungfisk med gyteår 2017, 2018 og 2019 innsamlet ved sju elfiskestasjoner i Ekso. Tabellen viser antall prøver (N), andel halvsøskenpar (antall halvsøskenpar/ antall parvise sammenlikninger), andel helsøskenpar (antall helsøskenpar/ antall parvise sammenlikninger) og effektivt antall gytefisk innenfor stasjon (N_b).

Stasjon	S1	S2	S3	S4	S5	S6	Mysterelva
2017							
N	--	9	2	14	4	14	--
Halvsøsken	--	0,083	0,000	0,033	0,000	0,110	--
Helsøsken	--	0,028	0,000	0,011	0,000	0,011	--
N_b	--	29	NA	73	NA	30	--
2018							
N	19	30	14	69	49	23	8
Halvsøsken	0,058	0,048	0,022	0,122	0,044	0,032	0,036
Helsøsken	0,000	0,007	0,000	0,013	0,004	0,004	0,000
N_b	68	64	182	27	76	101	112
2019							
N	40	33	6	75	21	23	--
Halvsøsken	0,038	0,047	0,067	0,035	0,048	0,028	--
Helsøsken	0,003	0,006	0,000	0,008	0,005	0,004	--
N_b	92	68	60	79	70	112	--

Vedlegg 2b. Slektskap blant ungfisk med gyteår 2019 og 2020 innsamlet ved seks elfiskestasjoner i Frøysetelva. Tabellen viser antall prøver (N), andel halvsøskenpar (antall halvsøskenpar/ antall parvise sammenlikninger), andel helsøskenpar (antall helsøskenpar/ antall parvise sammenlikninger) og effektivt antall gytefisk innenfor stasjon (N_b).

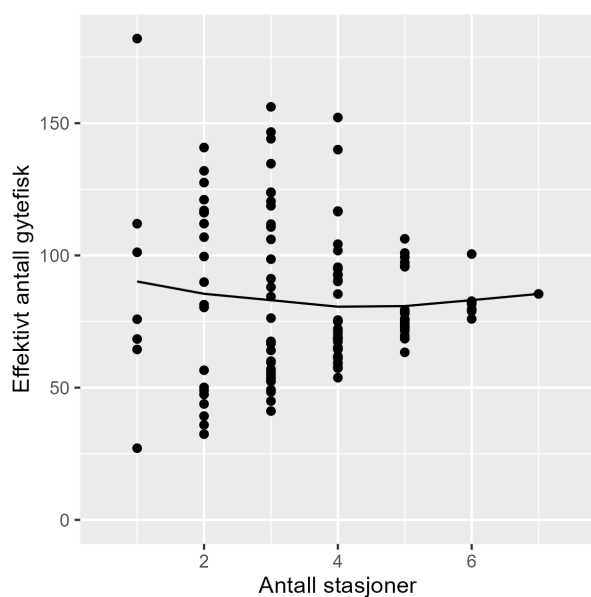
Stasjon	1	2	3	4	5	6
2019						
N	23	30	9	16	10	13
Halvsøsken	0,051	0,034	0,000	0,100	0,111	0,167
Helsøsken	0,000	0,021	0,000	0,058	0,111	0,026
N_b	78	53	--	18	12	18
2020						
N	12	11	45	24	10	4
Halvsøsken	0,061	0,109	0,037	0,120	0,333	0,167
Helsøsken	0,015	0,018	0,101	0,098	0,022	0,000
N_b	44	28	17	13	11	24

Vedlegg 2c. Slektskap blant ungfisk med gyteår 2018 og 2019 innsamlet ved fem elfiskestasjoner i Modalselva. Tabellen viser antall prøver (N), andel halvsøskenpar (antall halvsøskenpar/ antall parvise sammenlikninger), andel helsøskenpar (antall helsøskenpar/ antall parvise sammenlikninger) og effektivt antall gytefisk innenfor stasjon (N_b).

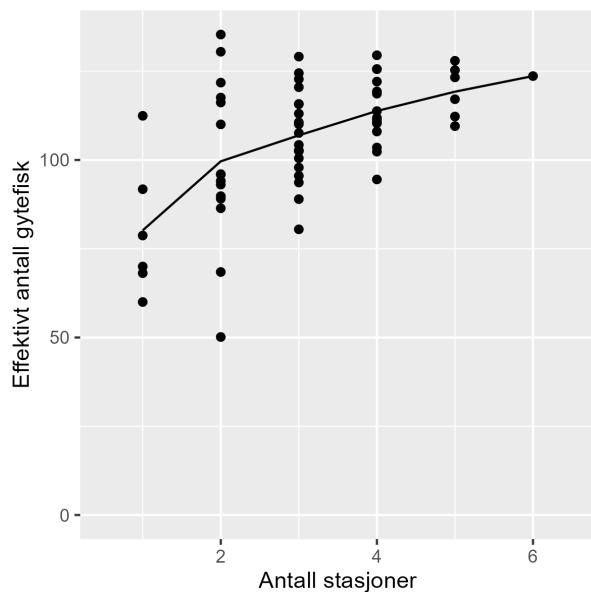
Stasjon	Eikehaugane	Fiskehytte	Modalstunellen	Hellandsfoss	Kyrahøl
2018					
N	22	22	15	20	21
Halvsøsken	0,035	0,035	0,086	0,079	0,076
Helsøsken	0,000	0,004	0,029	0,011	0,000
N_b	116	92	28	40	53
2019					
N	22	18	22	23	26
Halvsøsken	0,082	0,072	0,147	0,158	0,055
Helsøsken	0,013	0,020	0,087	0,020	0,006
N_b	37	36	12	20	59

Vedlegg 2d. Slektskap blant ungfisk med gyteår 2018 og 2019 innsamlet ved seks elfiskestasjoner i Samnangervassdraget. Tabellen viser antall prøver (N), andel halvsøskenpar (antall halvsøskenpar/ antall parvise sammenlikninger), andel helsøskenpar (antall helsøskenpar/ antall parvise sammenlikninger) og effektivt antall gytefisk innenfor stasjon (N_b).

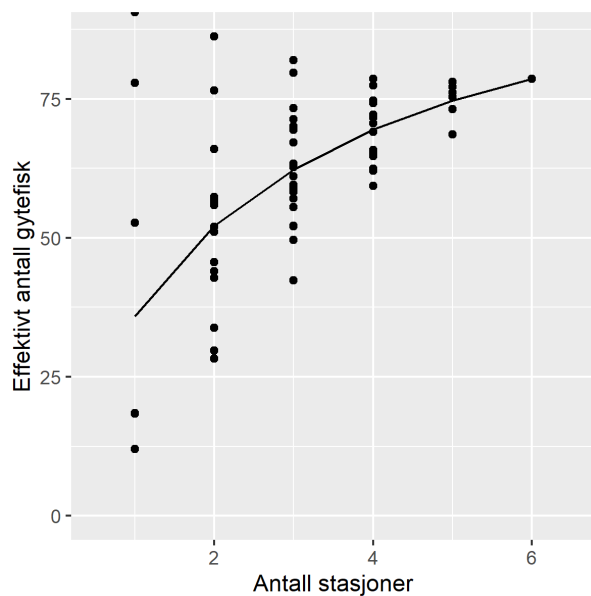
Stasjon	1	1.7	11	12	21	22	23	24
2018								
N	1	8	22	19	12	9	27	24
Halvsøsken	--	0,107	0,078	0,123	0,045	0,111	0,123	0,163
Helsøsken	--	0,000	0,004	0,018	0,061	0,000	0,291	0,225
N_b	--	37	46	25	24	36	6	7
2019								
N	--	--	61	--	7	8	7	9
Halvsøsken	--	--	0,060	--	0,143	0,071	0,000	0,389
Helsøsken	--	--	0,013	--	0,000	0,000	1,000	0,611
N_b	--	--	47	--	28	56	2	2



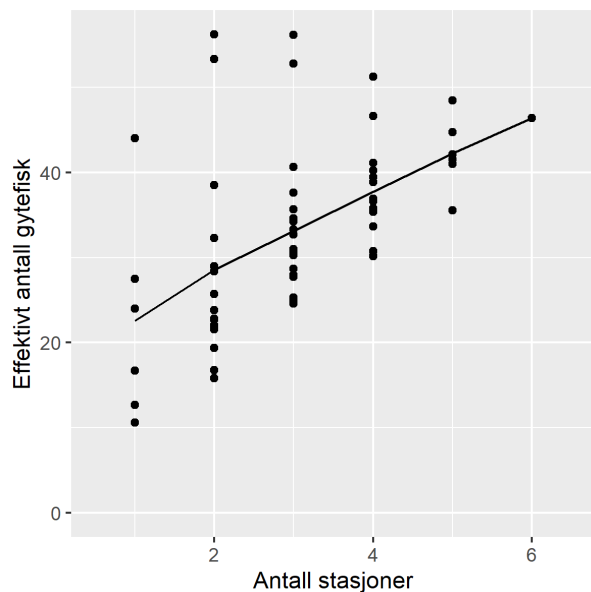
Vedlegg 3a. Effektivt antall gytefisk i Ekso gyteår 2018 beregnet fra slektskap blant 1+ ungfisk. Ungfisk ble innsamlet ved elfiskestasjoner og effektivt antall gytefisk er beregnet ved gjentatt utvalg av prøver fra ulikt antall stasjoner. Dette ble gjort for alle mulige kombinasjoner av et gitt antall innsamlingsstasjoner. Hver svart sirkel viser en kombinasjon av innsamlingsstasjoner og linjen forbinder gjennomsnitt.



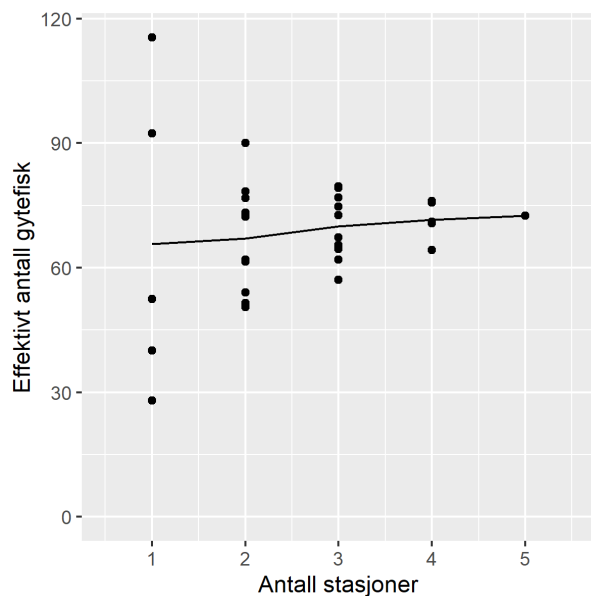
Vedlegg 3b. Effektivt antall gytefisk i Ekso gyteår 2019 beregnet fra slektskap blant 0+ ungfisk. Ungfisk ble innsamlet ved elfiskestasjoner og effektivt antall gytefisk er beregnet ved gjentatt utvalg av prøver fra ulikt antall stasjoner. Dette ble gjort for alle mulige kombinasjoner av et gitt antall innsamlingsstasjoner. Hver svart sirkel viser en kombinasjon av innsamlingsstasjoner og linjen forbinder gjennomsnitt.



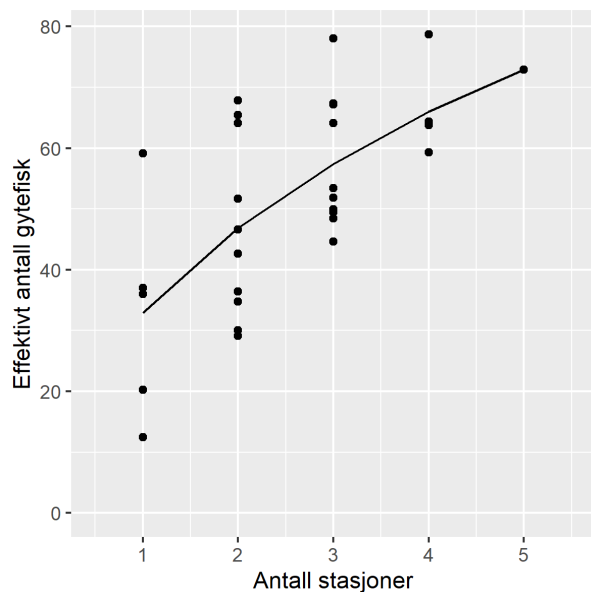
Vedlegg 3c. Effektivt antall gytefisk i Frøysetelva gyteår 2019 beregnet fra slektskap blant 1+ ungfisk. Ungfisk ble innsamlet ved elfiskestasjoner og effektivt antall gytefisk er beregnet ved gjentatt utvalg av prøver fra ulikt antall stasjoner. Dette ble gjort for alle mulige kombinasjoner av et gitt antall innsamlingsstasjoner. Hver svart sirkel viser en kombinasjon av innsamlingsstasjoner og linjen forbinder gjennomsnitt.



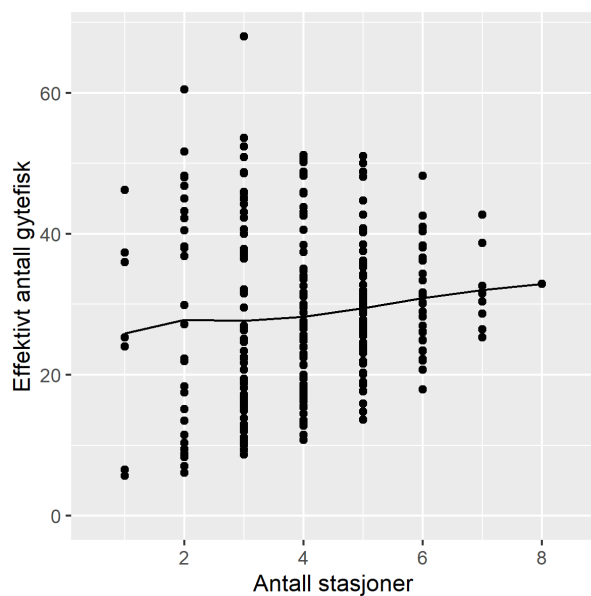
Vedlegg 3d. Effektivt antall gytefisk i Frøysetselva gyteår 2020 beregnet fra slektskap blant 0+ ungfisk. Ungfisk ble innsamlet ved elfiskestasjoner og effektivt antall gytefisk er beregnet ved gjentatt utvalg av prøver fra ulikt antall stasjoner. Dette ble gjort for alle mulige kombinasjoner av et gitt antall innsamlingsstasjoner. Hver svart sirkel viser en kombinasjon av innsamlingsstasjoner og linjen forbinder gjennomsnitt.



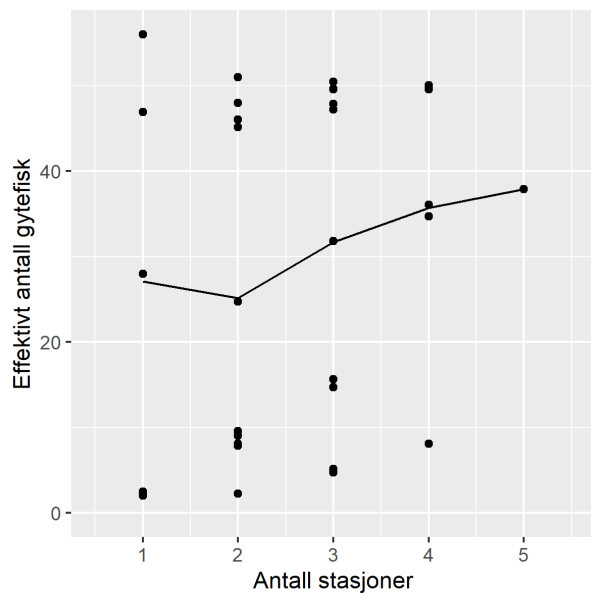
Vedlegg 3e. Effektivt antall gytefisk i Modalselva gyteår 2018 beregnet fra slektskap blant 2+ ungfisk. Ungfisk ble innsamlet ved elfiskestasjoner og effektivt antall gytefisk er beregnet ved gjentatt utvalg av prøver fra ulikt antall stasjoner. Dette ble gjort for alle mulige kombinasjoner av et gitt antall innsamlingsstasjoner. Hver svart sirkel viser en kombinasjon av innsamlingsstasjoner og linjen forbinder gjennomsnitt.



Vedlegg 3f. Effektivt antall gytefisk i Modalselva gyteår 2020 beregnet fra slektskap blant 0+ ungfisk. Ungfisk ble innsamlet ved elfiskestasjoner og effektivt antall gytefisk er beregnet ved gjentatt utvalg av prøver fra ulikt antall stasjoner. Dette ble gjort for alle mulige kombinasjoner av et gitt antall innsamlingsstasjoner. Hver svart sirkel viser en kombinasjon av innsamlingsstasjoner og linjen forbinder gjennomsnitt.



Vedlegg 3g. Effektivt antall gytefisk i Samnangervassdraget gyteår 2018 beregnet fra slektskap blant 1+ ungfisk. Ungfisk ble innsamlet ved elfiskestasjoner og effektivt antall gytefisk er beregnet ved gjentatt utvalg av prøver fra ulikt antall stasjoner. Dette ble gjort for alle mulige kombinasjoner av et gitt antall innsamlingsstasjoner. Hver svart sirkel viser en kombinasjon av innsamlingsstasjoner og linjen forbinder gjennomsnitt.



Vedlegg 3h. Effektivt antall gytefisk i Samnangervassdraget gyteår 2019 beregnet fra slektskap blant 1+ ungfisk. Ungfisk ble innsamlet ved elfiskestasjoner og effektivt antall gytefisk er beregnet ved gjentatt utvalg av prøver fra ulikt antall stasjoner. Dette ble gjort for alle mulige kombinasjoner av et gitt antall innsamlingsstasjoner. Hver svart sirkel viser en kombinasjon av innsamlingsstasjoner og linjen forbinder gjennomsnitt.

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: 978-82-426-5200-3

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