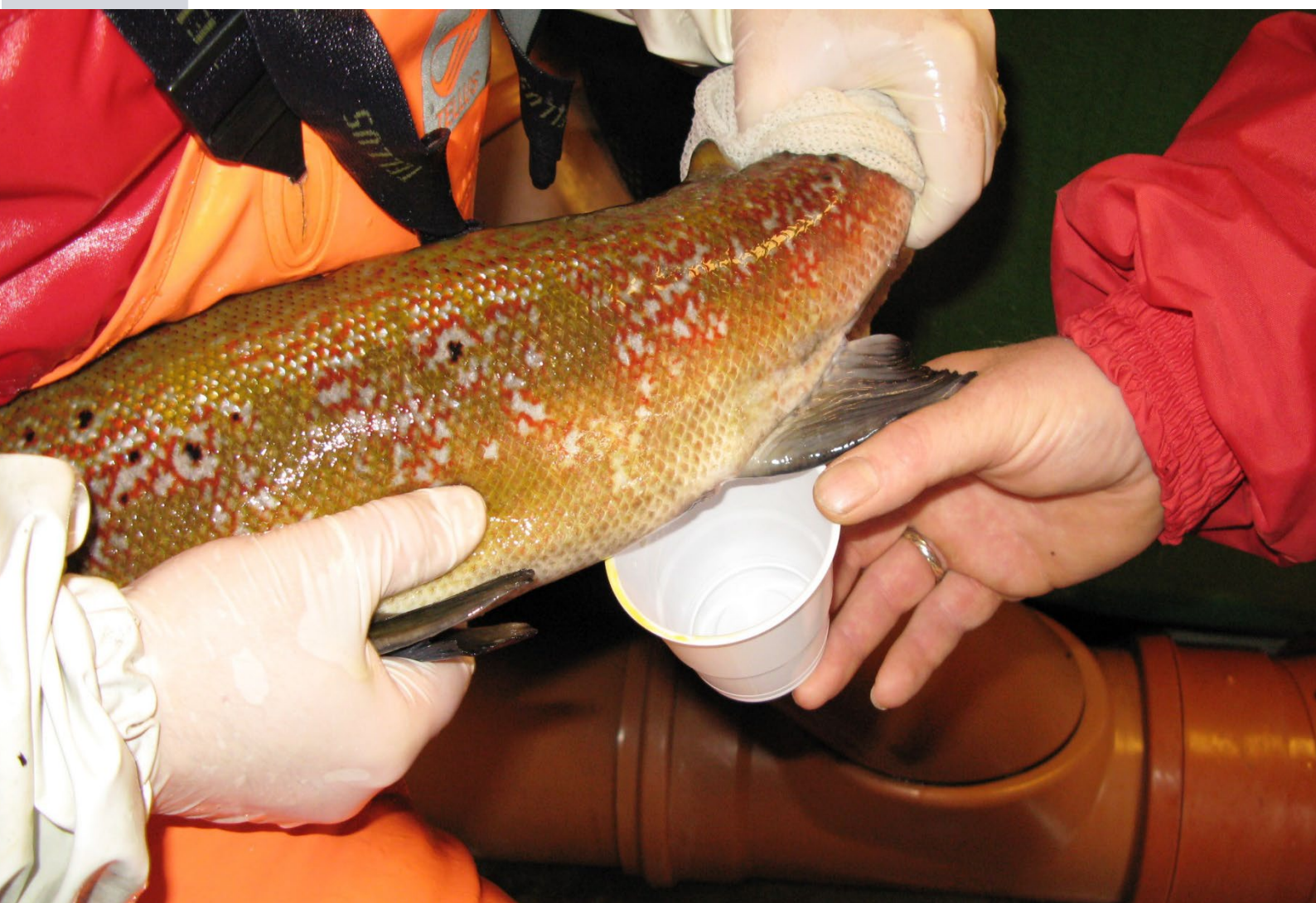


2465

NINA Rapport

Stamlakskontroll 2023

Sten Karlsson
Bjørn Florø-Larsen
Jonas Børresen Havn
Sigve Nistad Arntzen
Tine Solvoll Tønder
Solveig Berg
Line Birkeland Eriksen
Kristin Forfang



NINAs publikasjoner

NINA Rapport

Dette er NINAs ordinære rapportering til oppdragsgiver etter gjennomført forsknings-, overvåkings- eller utredningsarbeid. I tillegg vil serien favne mye av instituttets øvrige rapportering, for eksempel fra seminarer og konferanser, resultater av eget forsknings- og utredningsarbeid og litteraturstudier. NINA Rapport kan også utgis på engelsk, som NINA Report.

NINA Temahefte

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

NINA Fakta

Faktaarkene har som mål å gjøre NINAs forskningsresultater raskt og enkelt tilgjengelig for et større publikum. Faktaarkene gir en kort framstilling av noen av våre viktigste forskningstema.

Annen publisering

I tillegg til rapporteringen i NINAs egne serier publiserer instituttets ansatte en stor del av sine forskningsresultater i internasjonale vitenskapelige journaler og i populærfaglige bøker og tidsskrifter.

Stamlakskontroll 2023

Sten Karlsson
Bjørn Florø-Larsen
Jonas Børresen Havn
Sigve Nistad Arntzen
Tine Solvoll Tønder
Solveig Berg
Line Birkeland Eriksen
Kristin Forfang



Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Havn, J. B., Arntzen, S. N., Tønder, T. S., Berg, S., Eriksen, L. B., Forfang, K. 2024. Stamslakskontroll 2023. NINA Rapport 2465. Norsk institutt for naturforskning.

Trondheim, april 2024

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-5274-4

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

[Åpen]

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

KVALITETSSIKRET AV

Kjetil Hindar

ANSVARLIG SIGNATUR

Forskningsjef Ingeborg Palm Helland (sign.)

OPPDRAGSGIVER(E)/BIDRAGSYTER(E)

Miljødirektoratet

OPPDRAGSGIVERS REFERANSE

M-2785|2024

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER/BIDRAGSYTER

Lovise Marie Vårhus

FORSIDEBILDE

Stryking av laks ©Knut Bergesen

NØKKELOD

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

KEY WORDS

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

KONTAKTOPPLYSNINGER

NINA hovedkontor
Postboks 5685 Torgarden
7485 Trondheim
Tlf: 73 80 14 00

NINA Oslo
Sognsveien 68
0855 Oslo
Tlf: 73 80 14 00

NINA Tromsø
Postboks 6606 Langnes
9296 Tromsø
Tlf: 77 75 04 00

NINA Lillehammer
Vormstuguvegen 40
2624 Lillehammer
Tlf: 73 80 14 00

NINA Bergen
Thormøhlens gate 55
5006 Bergen
Tlf: 73 80 14 00

www.nina.no

Sammendrag

Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Havn, J. B., Arntzen, S. N., Tønder, T. S., Berg, S., Eriksen, L. B. Forfang, K. 2024. Stamlakskontroll 2023. NINA Rapport 2465. Norsk institutt for naturforskning

I henhold til Miljødirektoratets retningslinjer for utsetting av anadrom fisk ble skjell fra all stamlaks høsten 2023 sendt inn til Veterinærinstituttet for registrering, arkivering og skjellanalyse. Ut fra vekstmønster i skjellene ble laksen klassifisert som villaks, rømt oppdrettslaks, utsatt (kultivert), usikker eller som ikke lesbar. Stamlaks klassifisert som rømt oppdrettslaks ble ikke godkjent, mens de andre ble fortløpende videresendt til NINA for genetisk analyse for å beregne mulig opphav i rømt oppdrettslaks. I alt ble skjell fra 1070 laks fra 46 forskjellige vassdrag analysert. Blant disse var 908 klassifisert som villaks, 12 som rømt oppdrettslaks, 144 som utsatt laks og 7 som usikre. Skjellprøver fra 1051 laks ble videresendt for genetiske analyser. Av disse hadde 139 en lav sannsynlighet for å ha rent villaksopphav og ble ikke godkjent som stamlaks. Av de skjellprøvene som ble videresendt til genetisk analyse, var 1034 identifisert som vill eller utsatt, og 138 av disse (13,3 %) ble forkastet ved at de hadde sannsynlig opphav i rømt oppdrettslaks. Mellom elver varierte andelen forkastet stamlaks blant de som ble identifisert som vill eller utsatt, fra 0 % (10 bestander med én til 38 stamlaks analysert) til 50 % forkastet (to av fire i Opo og én av to i Usma).

Sten Karlsson, Solveig Berg, Line Birkeland Eriksen, Kristin Forfang. NINA, Postboks 5685 Tor-garden, 7485 Trondheim. Epost: sten.karlsson@nina.no

Bjørn Florø-Larsen, Jonas Børresen Havn, Sigve Nistad Arntzen, Tine Solvoll Tønder. Veteri-nærinstituttet, Postboks 4024 Angelltrøa, 7457 Trondheim. Epost: bjorn.floro-larsen@vetinst.no

Innhold

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

Forord

I 2014 kom det nye retningslinjer fra Miljødirektoratet med krav om at kontroll av stamlaks ble utvidet med en genetisk analyse for å luke ut avkom etter rømt oppdrettslaks klekket i naturen. Dette gjøres i tillegg til å luke ut rømt oppdrettslaks basert på skjellkarakterer. Ordningen ble igangsatt ved stamfisket i 2014 og videreført i de påfølgende årene. Rapporten for 2023 er dermed den tiende rapporten om stamlakskontroll i denne serien. Skjell fra all stamlaks ble sendt til Veterinærinstituttet fra alle kultiveringsanlegg for registrering, arkivering og skjellanalyser. Skjell som ut fra skjellanalysen hos Veterinærinstituttet ikke ble forkastet, ble videresendt til NINA for genetiske analyser. Vi takker Miljødirektoratet for oppdraget og kultiveringsanleggene for et godt samarbeid som gjorde det mulig å gjennomføre stamlakskontrollen på en rask og effektiv måte.

Trondheim, april 2024
Sten Karlsson og Bjørn Florø-Larsen

1 Innledning

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

- Omfanget av rømt oppdrettslaks (Glover et al. 2019, Diserud et al. 2019)
- Innkrysning av rømt oppdrettslaks i villaks (Glover et al. 2013, Karlsson et al. 2016a, Diserud et al. 2023)
- Funksjonelle genetiske forandringer i oppdrettslaks i forhold til sitt ville opphav som følge av avl (Gjedrem & Baranski 2009)
- Funksjonelle genetiske forandringer i viktige livshistorieegenskaper i villaksbestander som følge av innkrysning (Bolstad et al. 2017, 2021)
- Lavere fitness hos oppdrettslaks og avkom etter oppdrettslaks i naturen (Fleming et al. 2000, McGinnity et al. 2003, Skaala et al. 2012, 2019, Wacker et al. 2020)
- Lavere overlevelse til juvenil villaks i konkurranse med hybrider mellom vill- og oppdrettslaks (Sundt-Hansen et al. 2015, Robertsen et al. 2019)

I en omfattende studie av Karlsson et al. (2016a) som inkluderte mer enn 20 000 laks klekket i naturen ble det påvist signifikant innkrysning av rømt oppdrettslaks i 51 av 109 (47 %) bestander, målt i prøver av voksen laks. Grad av genetisk introgresjon (innkrysning) fra rømt oppdrettslaks varierte mye mellom bestandene; fra ingen påvist introgresjon til 42,2 % med et gjennomsnitt på 6,4 %. Innkrysning av rømt oppdrettslaks i villaksbestander har siden blitt overvåket og data blir rapportert og inngår som et element i å klassifisere status for villaksbestander i henhold til kvalitetsnormen for villaks (VRL, 2021). I alt har nå den genetiske statusen med tanke på innkrysning av rømt oppdrettslaks blitt vurdert for 250 villaksbestander, hvorav 82 bestander (32,8 %) har god eller svært god tilstand, 70 (28 %) moderat tilstand, 21 (8,4 %) dårlig tilstand og 77 bestander (30,8 %) svært dårlig tilstand (Diserud et al. 2023). Utover den innkrysningen som allerede har skjedd i norske villaksbestander, vurderes fem produksjonsområder for akvakultur av matfisk (PO 5, 6, 9, 10 og 12) å ha moderat risiko for ytterligere genetisk innkrysning, fem produksjonsområder høy risiko for ytterligere genetisk innkrysning (PO 3, 4, 7, 8 og 11), og kun tre av 13 produksjonsområder (PO 1, 2 og 13) er vurdert å ha lav risiko for ytterligere genetisk innkrysning (Grefsrud et al. 2024). Graden av innkrysning er i hovedsak styrt av andel rømt oppdrettslaks på gyteplassen (Diserud et al. 2022). Så lenge oppdrett av laks skjer med dagens teknologi og ikke-steril laks, kan ingen bestander av villaks sies å være beskyttet mot innkrysning

Bruk av rømt oppdrettslaks eller avkom etter rømt oppdrettslaks som stamfisk for produksjon av laks til utsetting er uønsket. I en omfattende studie av smoltutsettingene i elven Eira er det vist at bruk av stamfisk med helt eller delvis opphav i rømt oppdrettslaks (årene 2005-2011) fikk flere returnerende avkom enn stamfisk med rent villaksopphav (Hagen et al. 2019). Smoltutsettingene kan dermed utilsiktet bidra til å forsterke graden av innkrysning dersom stamlaks med opphav av rømt oppdrettslaks blir benyttet.

I 2014 ble opphavskontrollen av stamlaks i form av skjellanalyser for identifikasjon av rømt oppdrettslaks utvidet med en obligatorisk genetisk analyse for identifikasjon av stamlaks som er avkom etter rømt oppdrettslaks. Den utvidete genetiske kontrollen er basert på molekylærgenetiske metoder som gjør det mulig å skille mellom oppdrettslaks og villaks uavhengig av hvilken oppdrettspopulasjon eller villakspopulasjon laksen kommer fra (Karlsson et al. 2011) og en statistisk metode som kan sannsynliggjøre hvorvidt en laks har rent villaksopphav eller ikke (Karlsson et al. 2014).

Den obligatoriske genetiske stamlakskontrollen ble gjennomført for første gang i 2014 og resultater fra kontrollen viste nødvendigheten av disse analysene (Karlsson et al. 2015, 2016b, 2017, 2018, 2019, 2020, 2021, 2022, 2023). Her rapporterer vi stamlakskontrollen for 2023.

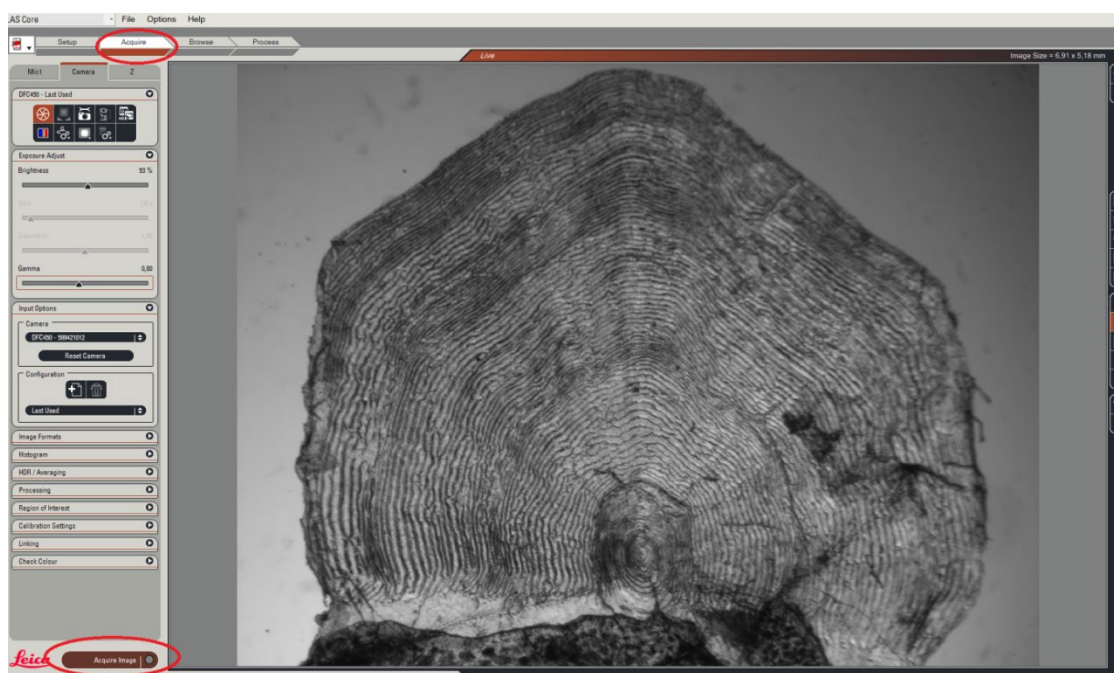
2 Materiale og metoder

2.1 Skjellanalyser

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

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

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



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

2.2 Genetiske analyser

Skjell fra stamfisk som ut fra vekstmønsteret i skjellene ble karakterisert som vill, utsatt (kultivert) eller med usikker klassifisering ble videresendt fra Veterinærinstituttet til NINA for genetiske analyser. Arvestoffet (DNA) ble ekstrahert ved hjelp av en halvautomatisk ekstraksjonsrobot; King-Ficher Apex System, ved bruk av MagMax DNA Multi-Sample Ultra 2.0 kit. Stamfaksen ble analysert for 96 genetiske markører (SNP-er) på en Fluidigm SNP genotypingsplattform, hvorav 48 SNP-er ble benyttet for å skille mellom oppdrettslaks og villaks (Karlsson et al. 2011).

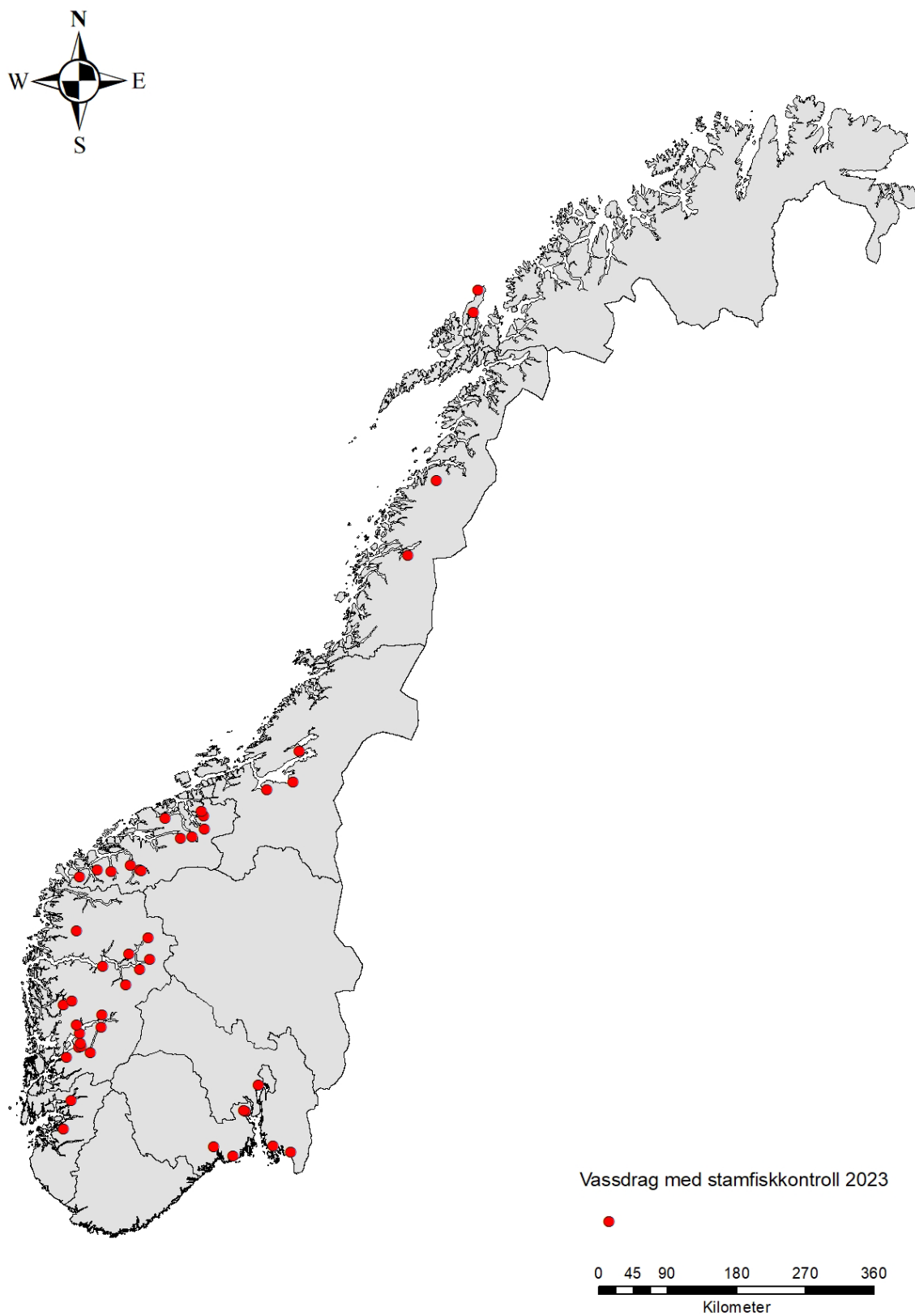
Ut fra den genetiske profilen til hver enkelt stamlaks ble sannsynligheten for å ha opphav i oppdrettslaks eller villaks beregnet i forhold til et referansemateriale av villaks og et referansemateriale av oppdrettslaks (Karlsson et al. 2014, Karlsson et al. 2016a). En sannsynlighetsgrense mindre enn 0,71 ble satt for å forkaste stamfisk med sannsynlig oppdrettsopphav og ikke rent villaksopphav. Denne grensen tilsvarer en forventning om at 91,6 % av laks med rent villopphav har en verdi høyere enn denne og 97,5 % av laks med rent oppdrettsopphav har en verdi lavere enn denne. Dette betyr at en liten andel av laks med faktisk rent villaksopphav blir forkastet og en liten andel laks med rent oppdrettsopphav ikke blir forkastet. Dersom de ville bestandene har 100 % rent villaksopphav forventes i gjennomsnitt 8,4 % av villaksen å bli forkastet, mens 2,5 % av individene med rent oppdrettsopphav forventes i gjennomsnitt ikke å bli forkastet (Karlsson et al. 2015).

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

3 Resultater

I alt ble 1070 stamfisk fra 46 villaksbestander (**Figur 2**) analysert for opphav ut fra vekstmønsteret i skjellene. Av disse var 908 klassifisert som villaks, 12 som rømt oppdrettslaks, 144 som utsatt laks og 7 som usikker eller også at det ikke var mulig å analysere skjellene. Av ulike grunner ble ikke alle individer fra skjellanalysen videresendt til genetiske analyser; rømt oppdrettslaks ble ekskludert kun basert på skjellanalysen, flere individer enn nødvendig ble innsamlet fra noen elver som reservefisk eller det var en ekstra innsats i forbindelse med overvåkning av rømt oppdrettslaks, noen var umodne eller døde i karet og mange av de klassifisert som utsatt ble ikke med videre til genetisk analyse. Skjellanalysen sorterte også ut flere sjøørret, som var sendt inn som antatt laks. Skjell fra 1051 stamlaks, inkludert to gytepar fra Rosendal, 2 gytepar fra Bondhuselva, 2 gytepar fra Årdalsvassdraget (Utle) og 22 gytepar fra Fortunelva ble sendt videre for genetiske analyser. Av disse ble 139 beregnet til ikke å ha rent villaksopphav (13,2 %) (**Tabell 1**).

Én ørret-x-laks hybrid ble identifisert i Sandvikselva (008.Z). Én ørret ble identifisert i Årdalselva (033.Z), én hybrid og én ørret i Austrepollselva (046.32Z), én hybrid i Årdalsvassdraget (074.Z) og én ørret i Mossa (131.1Z).



Figur 2. Geografisk beliggenhet av laksebestander der stamfisk ble analysert i 2023 (Kart: Eva Marita Ulvan, NINA).

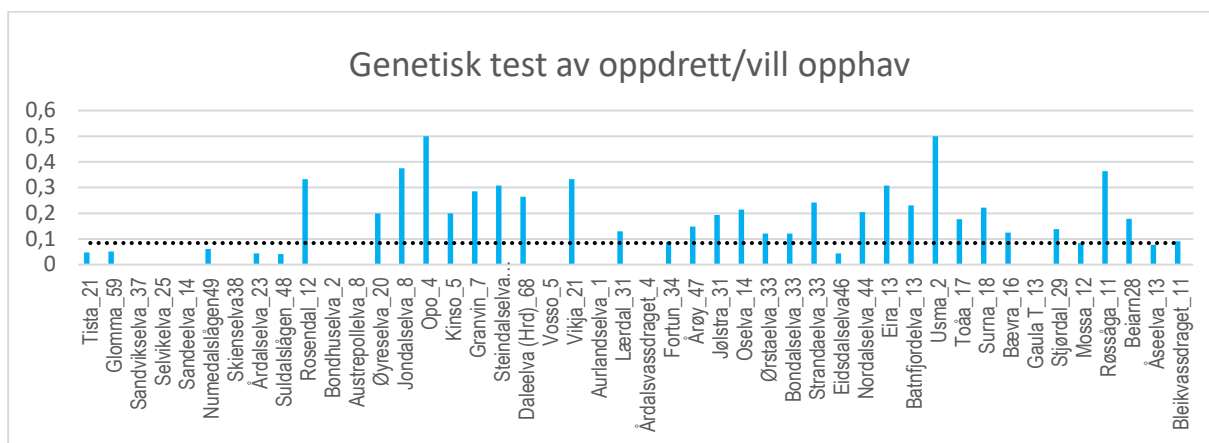
Tabell 1. Oversikt over stamlakskontroll 2023. For skjellanalysen er det angitt antall laks analysert (N), antall laks kategorisert som villaks, rømt oppdrettslaks, utsatt (kultivert) eller i kategorien usikker eller ikke lesbare (usikker/Na). For genetisk analyse er antall laks analysert (N) og antall laks med en oppdrettsgenetisk signatur (Oppdrettsopphav) gjengitt. Laks som ut fra skjellanalysen ble kategorisert som villfisk, utsatt og usikker ble analysert genetisk, mens rømt oppdrettslaks og en del utsatt laks ble forkastet før genetisk analyse. Vassdragene er ordnet ut fra vassdragsnummer (fra svenskegrensen i sør til Vesterålen i nord). *Analysene av stamfisk fra Rosendal, Bondhuselva, Årdalsvassdraget og Fortun inkluderer henholdsvis 2, 2, 2 og 22 gyttepar. Stamfisk fra Austrepollelva, Øyreselva og Aurlandselva er voksen laks innsamlet som parr.

Navn	#	Skjellanalysen					Gentest	
		N	Vill	Rømt oppdrett	Utsatt	Usikker/Na	N	Oppdrettsopphav
Tista	001.Z	21	21	0	0	0	21	1
Glomma	002.Z	90	30	0	59	1	59	3
Sandvikselva	008.Z	41	41	0	0	0	38	0
Selvikelva	013.1Z	25	25	0	0	0	25	0
Sandeelva	013.Z	14	14	0	0	0	14	0
Numedalslågen	015.Z	52	52	0	0	0	52	3
Skienelva	016.Z	41	41	0	0	0	41	0
Årdalselva	033.Z	24	23	0	0	1	24	1
Suldalslågen	036.Z	66	46	0	20	0	49	2
Rosendal*	045.4Z	11	10	1	0	0	10	4
Bondhuselva*	046.3Z	0	0	0	0	0	2	0
Austrepollelva	46.32Z	0	0	0	0	0	10	0
Øyreselva	46.4Z	0	0	0	0	0	20	4
Jondalselva	047.2Z	8	8	0	0	0	8	3
Opo	048.Z	5	4	1	0	0	4	2
Kinso	050.1Z	7	5	0	2	0	5	1
Granvin	052.1Z	7	7	0	0	0	7	2
Steinsdalselva (Hrd)	052.7Z	15	14	0	1	0	13	4
Daleelva (Hrd)	061.Z	68	43	0	25	0	68	18
Vosso	062.Z	6	5	1	0	0	5	0
Vikja	070.Z	24	21	0	3	1	21	7
Aurlandselva	072.Z	0	0	0	0	0	1	0
Lærdal	073.Z	31	31	0	0	0	31	4
Årdalsvassdraget*	074.Z	3	3	0	0	0	5	0
Fortun*	075.Z	12	5	0	7	0	34	3
Årøy	077.Z	49	24	1	23	1	48	7
Jølstra	084.Z	35	32	2	1	0	31	6
Oselva	093.2Z	14	14	0	0	0	14	3
Ørstaelva	095.Z	33	33	0	0	0	33	4
Bondalselva	097.1Z	33	33	0	0	0	33	4
Strandaelva	098.3Z	33	33	0	0	0	33	8
Eidsdalselva	099.1Z	46	46	0	0	0	46	2
Norrdalselva	099.2Z	44	44	0	0	0	44	9
Eira	104.Z	13	13	0	0	0	13	4
Batnfjordelva	108.3Z	13	13	0	0	0	13	3

Navn	#	Skjellanalysen					Gentest	
		N	Vill	Rømt oppdrett	Utsatt	Usikker/Na	N	Oppdretts opphav
Usma	109.4Z	2	2	0	0	0	2	1
Toåa	111.Z	19	19	0	0	0	17	3
Surna	112.Z	19	18	1	0	0	18	4
Bævra	112.3Z	25	17	5	3	0	18	3
Gaula Trd	122.Z	13	13	0	0	0	13	0
Stjørdalselva	124.Z	29	29	0	0	0	29	4
Mossa	131.1Z	13	11	0	0	2	13	1
Røssåga	155.Z	11	11	0	0	0	11	4
Beiarn	161.Z	29	28	0	0	1	29	5
Åseelva	186.22Z	14	14	0	0	0	14	1
Bleikvassdraget	186.62Z	12	12	0	0	0	12	1
		1070	908	12	144	7	1051	139

Av 1051 stamfisk analysert genetisk var én kategorisert som usikker på skjellanalysen, og for to var skjellanalysen ikke mulig. Når vi luker ut individer som var usikre eller der skjellanalysen ikke var mulig, og individer identifisert som ørret eller ørret-x-laks hybrider (dvs. kun ser på individer kategorisert som vill eller utsatt på skjellanalysen), ble 138 av 1034 stamlaks ekskludert på grunn av at de hadde sannsynlig opphav i rømt oppdrettslaks (13,3 %).

Andel forkastet stamfisk blant de kategorisert som utsatt eller vill på skjellanalysen varierte betydelig mellom bestander fra ingen forkastet i 10 bestander til 50 % forkastet i Opo (to av fire) og Usma (én av to). Sammenlikningen mellom elver er imidlertid usikker i mange tilfeller på grunn av få stamfisk (**Figur 3**). Nivået på $< 0,71$ brukt for å forkaste en stamfisk har en forventning om at 8,4 % av stamfisken skulle bli forkastet dersom bestanden kun bestod av laks med rent vill-laksopphav. En større andel enn dette ble forkastet i 28 av 46 (60,9 %) bestander.



Figur 3. Andel stamfisk (y-aksen) forkastet ut fra genetisk analyse av opphav i oppdrettslaks. Laks som ut fra skjellanalysen er usikker eller som ikke var mulig å lese er ekskludert og kun de kategorisert som utsatt (92) og villlaks (942) er inkludert. Stiplet sort linje angir gjennomsnittlig forventet andel (8,4 %) rene villfisk forkastet dersom bestanden er upåvirket. Tall etter elvenavn er antall fisk analysert med hensyn til genetisk opphav (Merk at antall fisk er lavt for noen elver). Prøvene fra i alt 46 laksebestander er ordnet etter vassdragsnummer fra grensen mot Sverige i sørøst til Vesterålen i nord.

4 Diskusjon

I alt ble 1070 stamlaks analysert for opphav ved skjellanalyser. Av disse ble 12 identifisert som rømt oppdrettslaks (1,1 %), 908 (84,9 %) som villaks, 144 (13,5 %) som utsatt smolt og syv (0,7 %) som usikker eller umulig å analysere. I alt ble 1051 stamfisk videresendt for genetiske analyser. Av disse ble 139 (13,2 %) forkastet som stamfisk på grunn av sannsynlig opphav i rømt oppdrettslaks. Blant individer som ut fra skjellmønster ble karakterisert som villaks eller utsatt laks, ble 138 (13,3 %) individer forkastet. Til sammenlikning ble 14,5 %, 18,6 %, 16,4 %, 14,0 %, 14,6 %, 15,0 %, 13,8 %, 14,6 % og 16,3 % forkastet i årene 2014-2022. Sammenlikningen er ikke helt korrekt siden det er forskjeller i antall individer og hvilke elver som inngår, og at de som er vurdert som utsatt fisk forventes være avkom etter tidligere godkjent stamfisk, men det ser likevel ikke ut til å være noen stor forandring i andel laks med sannsynlig opphav i rømt oppdrettslaks.

I 2023 ble 250 bestander karakterisert i henhold til delnormen «Genetisk integritet» etter «Kvalitetsnormen for ville bestander av laks (*Salmo salar*)» (Diserud et al. 2023). I to tredeler av de undersøkte bestandene ble det påvist genetisk innkrysning av rømt oppdrettslaks. Dette er i samsvar med analysene fra stamlakskontrollen i 2014 (Karlsson et al. 2015), 2015 (Karlsson et al. 2016b), 2016 (Karlsson et al. 2017), 2018 (Karlsson et al. 2019), 2019 (Karlsson et al. 2020), 2020 (Karlsson et al. 2021), 2021 (Karlsson et al. 2022), 2022 (Karlsson et al. 2023) og i denne rapporten siden en større andel stamfisk enn det som skulle forventes dersom bestandene var upåvirket, ble forkastet i to tredjedeler eller mer av bestandene. Tilsvarende andel for forkasting av stamfisk fra stamlakskontrollen i 2017 (Karlsson et al. 2018) var noe lavere (58 %).

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

De genetiske dataene som blir benyttet for å kontrollere oppdrettsopphav til stamlaksen kan også benyttes for å undersøke slektskap mellom stamfisk for å unngå krysninger mellom nært beslektede individer. Slektskapsanalyser er ikke obligatorisk, men et økt antall kultiveringsprogram ønsker dette og i 2022 ble det utført slektskapsanalyser for stamlaks fra 13 vassdrag i tillegg til de stammene som blir tatt inn til levende genbank. Som en følge av den obligatoriske genetiske stamlakskontrollen er all kultivert laks i Norge sporbar til stamlaksforeldre siden 2014. Foreldresporing av utsatt fisk gjør det mulig å evaluere ikke bare tilslaget fra kultiveringen, men også om bidraget fra de ulike stamfiskene er godt balansert i forhold til den naturlige produksjonen i vassdraget (Karlsson et al. 2016c). En slik evaluering av kultivering har blitt gjort for en rekke kultiveringsprogram i Norge (Hagen et al. 2020, 2021a, 2021b, 2021c, 2022, 2023) og er oppsummert av Hagen & Karlsson (2023).

5 Referanser

- Bolstad, G.H., Hindar, K., Robertsen, G., Jonsson, B., Sægrov, H., Diserud, O., Fiske, P., Jensen, A.J., Urdal, K., Næsje, T.F., Barlaup, B.T., Florø-Larsen, B., Lo, H., Niemelä, E. & Karlsson, S. 2017. Gene flow from domesticated escapes alters the life history of wild Atlantic salmon. *Nature Ecology & Evolution* 1: 0124.
- Bolstad, G. H., Karlsson, S., Hagen I. J., Fiske, P., Urdal, K., Sægrov, H., Florø-Larsen, B., Sollien, V. P., Østborg, G., Diserud, O. H., Jensen, A. J., Hindar, K. 2021. Introgression from escapees affects the full life cycle of wild Atlantic salmon. *Science Advances* 7, eabj3397.
- Diserud, O. H., Fiske, P., Sægrov, H., Urdal, K., Aronsen, T., Lo, H., Barlaup, B. T., Niemelä, E., Orell, P., Erkinaro, J., Økland, F., Østborg, G., Hansen, L. P. & Hindar, K. 2019. Escaped farmed Atlantic salmon in Norwegian rivers during 1989-2013. *ICES Journal of Marine Science* 76: 1140-1150.
- Diserud, O. H., Hindar, K., Karlsson, S., Glover, K. A. & Skaala Ø. 2023. Genetisk påvirkning av rømt oppdrettslaks på ville laksebestander – oppdatert status 2023. NINA Rapport 2393. Norsk institutt for naturforskning.
- Diserud, O.H., P. Fiske, S. Karlsson, K.A. Glover, T. Næsje, T. Aronsen, G. Bakke, B.T. Barlaup, J. Erkinaro, B. Florø-Larsen, A. Foldvik, M. Heino, Ø. Kanstad-Hanssen, H. Lo, R.A. Lund, R. Muladal, E. Niemelä, F. Økland, G.M. Østborg, H. Otterå, Ø. Skaala, H. Skoglund, I. Solberg, M.F. Solberg, V.P. Sollien, H. Sægrov, K. Urdal, V. Wennevik, & K. Hindar. 2022. Natural and anthropogenic drivers of escaped farmed salmon occurrence and introgression into wild Norwegian Atlantic salmon populations. *ICES Journal of Marine Science* 79: 1363-1379.
- Fleming, I. A., Hindar, K., Mjølnerød, I. B., Jonsson, B., Balstad, T. & Lamberg, A. 2000. Lifetime success and interactions of farmed salmon invading a native population. *Proceedings of the Royal Society of London B* 267: 1517-1523.
- Forseth, T., Barlaup, B. T., Finstad, B., Fiske, P., Gjøsæter, H., Falkegård, M., Hindar, A. et al. 2017. The major threats to Atlantic salmon in Norway. *ICES Journal of Marine Science* 74: 1496–1513.
- Gjedrem, T., & Baranski, M. (Red). 2009. *Selective breeding in aquaculture: an introduction*. Springer, London, U.K.
- Glover, K. A., C. Pertoldi, F. Besnier, V. Wennevik, M. Kent, & Skaala, Ø. 2013. Atlantic salmon populations invaded by farmed escapees: quantifying genetic introgression with a Bayesian approach and SNPs. *BMC Genetics* 14:74.
- Glover, K. A., Solberg, M. F., McGinnity, P., Hindar, K., Verspoor, E., Coulson, M. W., Hansen, M. M., Araki, H., Skaala, Ø. & Svåsand, T. 2017. Wild Atlantic salmon, farmed escapees and genetic interactions: status of knowledge and unanswered questions after 40 years of research. *Fish and Fisheries* 18: 890-927.
- Glover, K. A., Urdal, K., Næsje, T. F., Skoglund, H., Florø-Larsen, B., Ottera°, H., Fiske, P., Heino, M., Aronsen, T., Sægrov, H., Diserud, O., Barlaup, B., Hindar, K., Bakke, G., Solberg, I., Lo, H., Solberg, M. F., Karlsson, S., Skaala, Ø., Lamberg, A., Kanstad-Hanssen, Ø., Muladal, R. & Wennevik, V. 2019. Domesticated escapees on the run: The “second generation” monitoring program reports the numbers and proportion of farmed Atlantic salmon in >200 Norwegian rivers annually. *ICES Journal of Marine Science* 76: 1151-1161.
- Hagen, I.J., Karlsson, S., Bjørn, B., Holthe, E., Lo, H., Florø-Larsen, B. & Sollien, V.P. 2021. Evaluering av frivillig kultivering i Fetvassdraget. NINA Rapport 2027. Norsk institutt for naturforskning.
- Hagen, I. J., Jensen, A. J., Bolstad, G. H., Diserud, O. H., Hindar, K., Lo, H. & Karlsson, S. 2019. Supplementary stocking selects for domesticated genotypes. *Nature Communications* 10: 199.
- Hagen, I. J., Karlsson, S., Urdal, K., Hellen, B-A. 2021a. Evaluering av kultivering av laks i Korsbrekkelva. NINA Rapport 1961. Norsk institutt for naturforskning.
- Hagen, I. J., Karlsson, S., Fiske, P., Bjørn, B., Holthe, E., Lo, H., Florø-Larsen, B., Sollien, V. P. Evaluering av kultivering i Ørstaelva. 2021b. NINA Rapport 1960. Norsk institutt for naturforskning.
- Hagen, I. J., Karlsson, S., Sægrov, H., Hellen, B. A., Øygard, J-I., Lo, H. 2021c. Genetiske undersøkelser av laksen i Fortunelva. NINA Rapport 1987. Norsk institutt for naturforskning.

- Hagen, I.J., Karlsson, S., Wacker, S., Florø-Larsen, B., Urdal, K. & Sægrov, 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.
- Hagen, I.J. & Karlsson, S. 2023. Knowledge gained from evaluating 16 Norwegian stocking programs for Atlantic salmon (*Salmo salar*). NINA Report 2347. Norwegian Institute for Nature Research.
- Hagen, I. J., Ugedal, O., Jensen, A. J., Lo, H., Holthe, E., Bjørn, B., Florø-Larsen, B., Sægrov, H., Skoglund, H. & Karlsson S. 2020. Evaluation of genetic effects on wild salmon populations from stock enhancement. ICES Journal of Marine Science 78: 900-909.
- Lund, R. A., Hansen, L. P. & Järvi, T. 1989. Identifisering av oppdrettslaks og villaks ved ytre morfologi, finnestørrelse og skjellkarakterer. NINA Forskningsrapport, 001:1-54. Norsk institutt for naturforskning.
- Lund, R. A. & Hansen, L. P. 1991. Identification of wild and reared Atlantic salmon, *Salmo salar* L., using scale characters. Aquaculture and Fisheries Management 22: 499-508.
- Karlsson, S., Bjørn, B., Holthe, E., Lo, H. & Ugedal, O. 2016c. Veileder for utsetting av fisk for å ivareta genetisk variasjon og integritet. NINA Rapport 1269. Norsk institutt for naturforskning.
- Karlsson S., Moen T., Lien S., Glover K. & Hindar, K. 2011. Generic genetic differences between farmed and wild Atlantic salmon identified from a 7K SNP-chip. Molecular Ecology Resources 11 (Suppl. 1): 247-253.
- Karlsson S., Hagen M., Eriksen L., Hindar K., Jensen A.J., Garcia de Leaniz C., Cotter D., Gudbergsson G., Kahilainen K, Gudjonsson S. 2013. A genetic marker for the maternal identification of Atlantic salmon x brown trout hybrids. Conservation Genetics Resources 5: 47-49.
- Karlsson S., Diserud O.H., Moen T. & Hindar, K. 2014. A standardized method for quantifying unidirectional genetic introgression. Ecology and Evolution 4: 3256–3263.
- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Balstad, T., Eriksen, L. B. & Spets, M. H. 2015. Stamlakskontroll 2014. NINA Rapport 1143. Norsk institutt for naturforskning.
- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Balstad, T., Eriksen, L. B. & Spets, M. H. 2016b. Stamlakskontroll 2015. NINA Rapport 1266. Norsk institutt for naturforskning.
- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Balstad, T., Eriksen, L. B. & Spets, M. H. 2017. Stamlakskontroll 2016. NINA Rapport 1330. Norsk institutt for naturforskning.
- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Havn, J. B., Sollien, V. G., Tønder, T. S., Andersskog, I. P. Ø., Brandsegg, H., Eriksen, L. B., Forfang, K., Opsahl, N. N., & Spets, M. H. 2023. Stamlakskontroll 2022. NINA Rapport 2268. Norsk institutt for naturforskning.
- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Havn, J. B., Sollien, V.P., Tønder, T. S., Andersskog, I. P. Ø., Brandsegg, H., Eriksen, L. B. & Spets, M. H. 2022. Stamlakskontroll 2021. NINA Rapport 2133. Norsk institutt for naturforskning.
- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Sollien, V.P., Andersskog, I. P. Ø., Brandsegg, H., Eriksen, L. B. & Spets, M. H. 2020. Stamlakskontroll 2019. NINA Rapport 1836. Norsk institutt for naturforskning.
- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Sollien, V.P., Andersskog, I. P. Ø., Brandsegg, H., Eriksen, L. B. & Spets, M. H. 2021. Stamlakskontroll 2020. NINA Rapport 1973. Norsk institutt for naturforskning.
- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Sollien, V.P., Brandsegg, H., Eriksen, L.B., Erlandsen, S. E. & Spets Hagen, M. 2019. Stamlakskontroll 2018. NINA Rapport 1698. Norsk institutt for naturforskning.
- Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Sollien, V.P., Eriksen, L.B., Andersskog, I.P.Ø, Brandsegg, H., Halvorsen, B.U. & Hemphill, E.J.K. 2018. Stamlakskontroll 2017. NINA Rapport 1486. Norsk institutt for naturforskning.
- Karlsson S., Diserud O. H., Fiske P. & Hindar K. 2016a. Widespread genetic introgression of escaped farmed Atlantic salmon in wild salmon populations. ICES Journal of Marine Science 73: 2488-2498.
- McGinnity, P., Prodöhl, P., Ferguson, A., Hynes, R., Ó Maoiléidigh, N., Baker, N., Cotter, D., O'Hea, B., Cooke, D., Rogan, G., Taggart, J. & Cross, T. 2003. Fitness reduction and potential extinction

- of wild populations of Atlantic salmon, *Salmo salar*, as a result of interactions with escaped farm salmon. Proceedings of the Royal Society of London B 270: 2443-2450.
- Robertsen, G., Reid, D., Einum, S., Aronsen, T., Fleming, I. A., Sundt-Hansen, L., Karlsson, S., Kvingedal, E., Ugedal, O. & Hindar, K. 2019. Can variation in standard metabolic rate explain context-dependent performance of Atlantic salmon offspring? Ecology and Evolution 9: 212-222.
- Skaala, Ø., Glover, K.A., Barlaup, B.T., Svåsand, T., Besnier, F., Hansen, M. M., & Borgstrøm, R. 2012. Performance of farmed, hybrid, and wild Atlantic salmon (*Salmo salar*) families in a natural river environment. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences 69: 1994–2006.
- Skaala, Ø., Besnier, F., Borgstrøm, R., Barlaup, B., Sørvik, A.G., Normann, E., Østebø, B.I., Hansen, M.M. & Glover, K.A. 2019. An extensive common-garden study with domesticated and wild Atlantic salmon in the wild reveals impact on smolt production and shifts in fitness traits. Evolutionary Applications 12: 1001–1016.
- Grefsrud et al. 2024. Risikorapport norsk fiskeoppdrett 2024 -Produksjonsdødelighet hos oppdrettsfisk og miljøeffekter av norsk fiskeoppdrett. Rapport fra havforskningen 2021-4 ISSN: 1893-4536.
- Sundt-Hansen, L., Huisman, J., Skoglund, H. & Hindar, K. 2015. Farmed Atlantic salmon *Salmo salar* L. parr may reduce early survival of wild fish. Journal of Fish Biology 86: 1699-1712.
- Vitenskapelig råd for lakseforvaltning 2021. Status for norske laksebestander i 2021. Rapport fra Vitenskapelig råd for lakseforvaltning nr 16, 227 s.
- Wacker, S., Næsje, T.F., Karlsson, S., Ugedal, O., Diserud, O.H., Ulvan, E.M., Saksgård, L., Aronsen, T. 2020. Genetisk påvirkning av rømt oppdrettslaks blant laksunger og voksen laks fra samme årsklasse i Altaelva. NINA Rapport 1853. Norsk institutt for naturforskning.

Norsk institutt for naturforskning, NINA, er en uavhengig stiftelse som forsker på natur og samspillet natur–samfunn.

NINA ble etablert i 1988. Hovedkontoret er i Trondheim, med avdelingskontorer i Tromsø, Lillehammer, Bergen og Oslo. I tillegg driver NINA Sæterfjellet avlsstasjon for fjellrev på Oppdal, og forskningsstasjonen for vill laksefisk på lms i Rogaland.

NINAs virksomhet omfatter både forskning og utredning, miljøovervåking, rådgivning og evaluering. NINA har stor bredde i kompetanse og erfaring med både naturvitere og samfunnsvitere i staben. Vi har kunnskap om artene, naturtypene, samfunnets bruk av naturen og sammenhenger med de store drivkreftene i naturen.

ISSN:1504-3312
ISBN: 978-82-426-5274-4

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