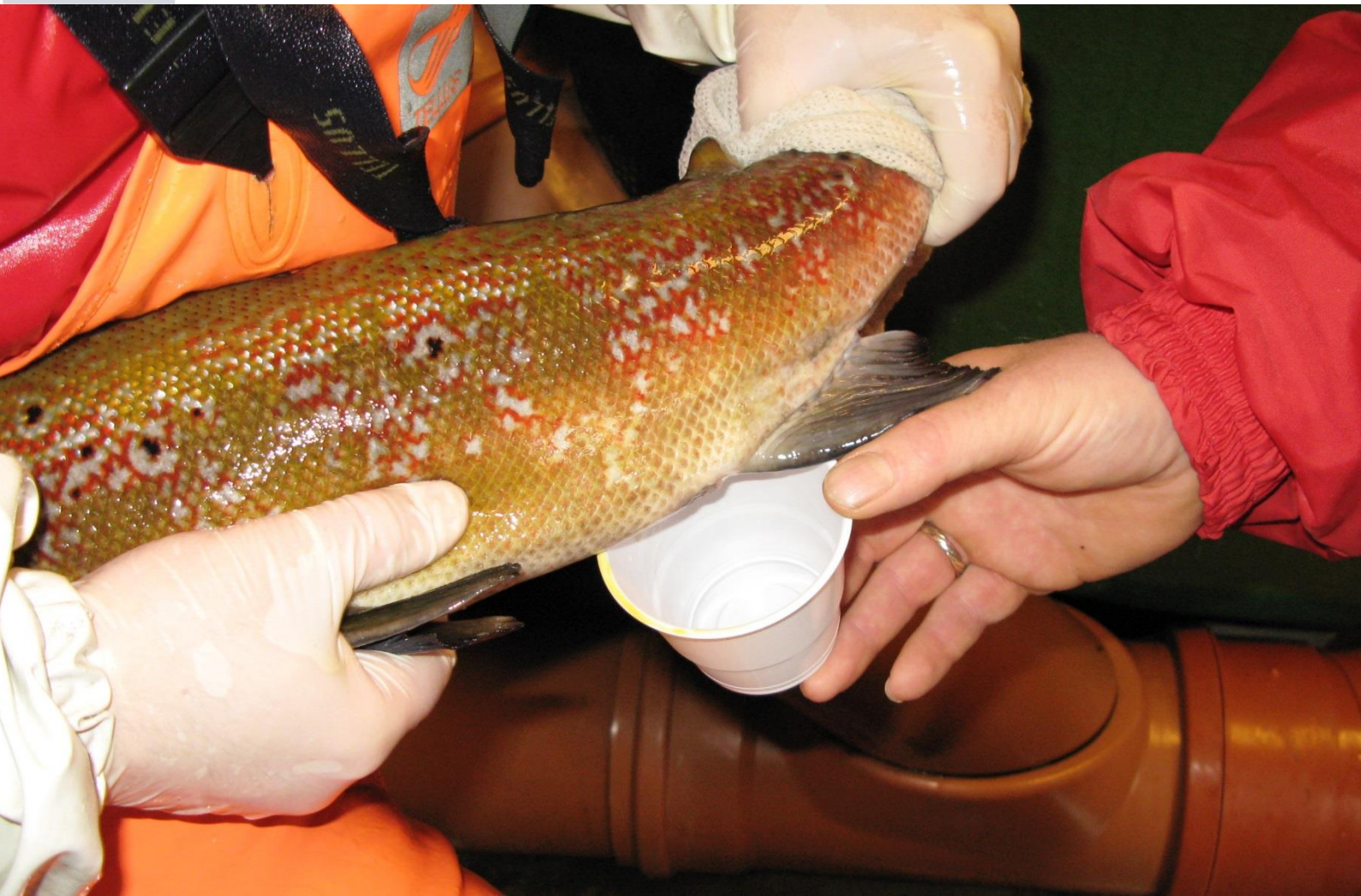


1143 Stamlakskontroll 2014

NINA Rapport

Sten Karlsson
Bjørn Florø-Larsen
Torveig Balstad
Line Birkeland Eriksen



NINAs publikasjoner

NINA Rapport

Dette er en elektronisk serie fra 2005 som erstatter de tidligere seriene NINA Fagrapport, NINA Oppdragsmelding og NINA Project Report. Normalt er dette NINAs rapportering til oppdragsgiver etter gjennomført forsknings-, overvåkings- eller utredningsarbeid. I tillegg vil serien favne mye av instituttets øvrige rapportering, for eksempel fra seminarer og konferanser, resultater av eget forsknings- og utredningsarbeid og litteraturstudier. NINA Rapport kan også utgis på annet språk når det er hensiktsmessig.

NINA Temahefte

Som navnet angir behandler temaheftene spesielle emner. Heftene utarbeides etter behov og serien favner svært vidt; fra systematiske bestemmelsesnøkler til informasjon om viktige problemstillinger i samfunnet. NINA Temahefte gis vanligvis en populærvitenskapelig form med mer vekt på illustrasjoner enn NINA Rapport.

NINA Fakta

Faktaarkene har som mål å gjøre NINAs forskningsresultater raskt og enkelt tilgjengelig for et større publikum. De sendes til presse, ideelle organisasjoner, naturforvaltningen på ulike nivå, politikere og andre spesielt interesserte. Faktaarkene gir en kort framstilling av noen av våre viktigste forskningstema.

Annen publisering

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

Stamlakskontroll 2014

Sten Karlsson
Bjørn Florø-Larsen
Torveig Balstad
Line Birkeland Eriksen



Veterinærinstituttet
Norwegian Veterinary Institute

Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Balstad, T. & Eriksen, L. B. 2015.
Stamlakskontroll 2014. - NINA Rapport 1143. 13 s.

Trondheim, mars 2015

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-2765-0

RETTIGHETSHAVER

© Norsk institutt for naturforskning

Publikasjonen kan siteres fritt med kildeangivelse

TILGJENGELIGHET

Åpen

PUBLISERINGSTYPE

Digitalt dokument (pdf)

REDAKSJON

Norunn S. Myklebust

KVALITETSSIKRET AV

Kjetil Hindar

ANSVARLIG SIGNATUR

Forskningsleder Kjetil Hindar (sign.)

OPPDRAGSGIVER(E)/BIDRAGSYTER(E)

Miljødirektoratet

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER/BIDRAGSYTER

Anne Kristin Jøranlid

FORSIDEBILDE

Stryking av laks. Foto: Knut Bergesen

NØKKELOD

Norge, laks, stamfisk, kultivering, rømt oppdrettslaks, skjellanalyser, genetiske analyser

KEY WORDS

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

KONTAKTOPPLYSNINGER

NINA hovedkontor

Postboks 5685 Sluppen
7485 Trondheim
Telefon: 73 80 14 00

NINA Oslo

Gaustadalléen 21
0349 Oslo
Telefon: 73 80 14 00

NINA Tromsø

Framsenteret
9296 Tromsø
Telefon: 77 75 04 00

NINA Lillehammer

Fakkelgården
2624 Lillehammer
Telefon: 73 80 14 00

www.nina.no

Sammendrag

Karlsson, S., Florø-Larsen, B., Balstad, T. & Eriksen, L. B. 2015. Stamlakskontroll 2014. – NINA Rapport 1143. 13 s.

I henhold til Miljødirektoratets retningslinjer for 2014 for utsetting av anadrom fisk, ble skjell fra all stamlaks sendt inn til registrering, arkivering og skjellanalyse hos Veterinærinstituttet, seksjon for miljø- og smittetiltak. Skjell fra villfisk, samt laks klassifisert som usikker, ble fortløpende transportert videre til NINA for obligatorisk genanalyse. Samlet resultat fra skjellanalyse og genetisk testing bestemte om en stamlaks var godkjent for videre bruk i kultivering i hvert enkelt vassdrag. I alt ble 2171 stamfisk fra 51 forskjellige vassdrag analysert for opphav utfra vekstmønster i skjell. Av disse ble 1686 identifisert som villaks, 114 som rømt oppdrettslaks, 209 som kultivert laks og 116 som usikre. I alt ble 1608 stamfisk sendt videre for genetiske analyser for å teste mulig oppdrettsgenetisk opphav. Av disse ble 251 stamlaks beregnet å ikke ha rent villaksopphav og derfor underkjent som stamfisk. Resultatene fra stamfiskkontroll 2014 viser at analyser for å ekskludere stamfisk med oppdrettsgenetisk opphav er nødvendig.

Sten Karlsson, Torveig Balstad & Line Birkeland Eriksen, NINA, Postboks 5685 Sluppen, 7485 Trondheim. Epost: sten.karlsson@nina.no

Bjørn Florø-Larsen, Veterinærinstituttet, Postboks 5695 Sluppen, 7485 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	12
5 Referanser	13

Forord

I rundskriv av 2. juli 2014 ba Miljødirektoratet om at all stamlaks som skal brukes til kultivering av vassdrag skal undersøkes med hensyn til opphav. Skjellprøver av all stamlaks ble sendt fra de ulike kultiveringsanleggene til Veterinærinstituttet i Trondheim, som videresendte utvalgte individer til NINA for genetisk analyse. Vi takker herved Miljødirektoratet for oppdraget, og alle kultiveringsanleggene og kollegene som gjorde det mulig å gjennomføre stamfiskkontroll på en rask og effektiv måte.

Trondheim, 10. mars 2015, Bjørn Florø-Larsen og Sten Karlsson

1 Innledning

I Norge rømmer hvert år et stort antall oppdrettslaks som finner veien opp i laksevasdrag (Fiske m fl. 2014). Oppdrettslaks har gjennom intensiv avl ført til genetiske forandringer i flere kommersielt viktige egenskaper (Gjedrem & Baranski 2009). Flere forskningsprosjekter har vist at de nedarvede egenskapene til oppdrettslaksen ikke er fordelaktige i naturlige miljøer (Fleming m. fl. 2000; McGinnity m. fl. 2003; Skaala m. fl. 2012). At rømt oppdrettslaks faktisk gyter og får avkom med villaks har blitt vist i mange forskjellige studier (Crozier 1993, 2000; Clifford m fl. 1998; Glover m fl. 2012; 2013). Utfra det samlede kunnskapsgrunnlaget anses rømt oppdrettslaks som en av de viktigste negative påvirkningene på ville laksebestander.

Kultivering av laks forekommer i tildels stor skala i mange vassdrag i Norge. Kultivering av laks ved utilsiktet bruk av rømt oppdrettslaks, eller av laks som er født i naturen men som har opphav i forrige eller tidligere generasjoners rømt oppdrettslaks, har potensial til å forstørre de negative effektene av rømt oppdrettslaks. Skjellkontroll av stamlaks for å luke ut rømt oppdrettslaks har derfor blitt gjennomført hos Veterinærinstituttet på en rekke av landets kultiveringsvassdrag igjennom mange år. Skjellanalysene kan imidlertid ikke si noe om stamfiskens genetiske opphav og kan derfor ikke brukes til å luke ut stamfisk som er født i naturen, men som har opphav i forrige eller tidligere generasjoners rømt oppdrettslaks.

Nylig utviklede molekylærgenetiske metoder (Karlsson m fl. 2011; 2014) har imidlertid gjort det mulig å luke ut stamfisk med oppdrettsgenetisk opphav, selv om de er oppvokst i naturen. For stamfisksesongen 2014 ble skjellkontroll hos Veterinærinstituttet pålagt fra Miljødirektoratet for alle kultiveringsvassdrag i Norge. I retningslinjene fra Miljødirektoratet ble det også pålagt å teste stamfiskens genetiske opphav.

2 Materiale og metoder

2.1 Skjellanalyser

Fortløpende igjennom stamfisksesongen sendes skjellprøver av stamlaks inn til Veterinærinstituttet. 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 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 m. fl. 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.

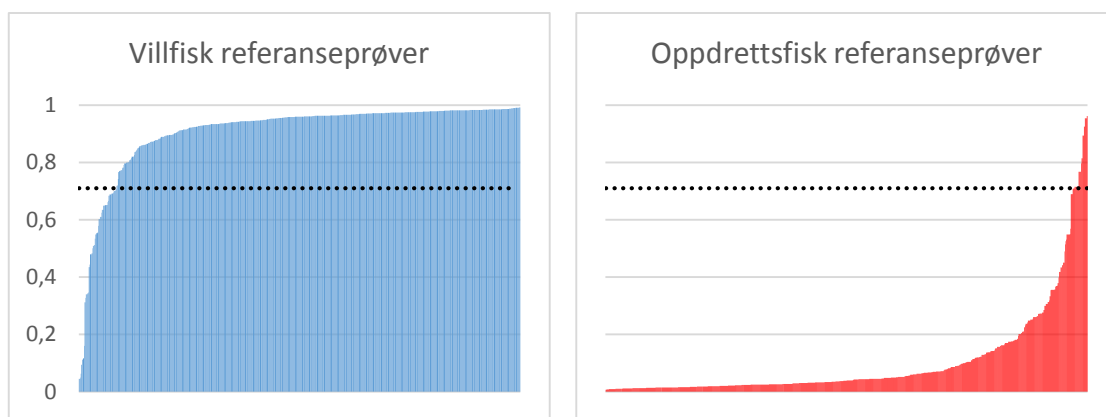


Figur 1. Skjerm bilde fra bildetakning av villaksskjell. Foto: Veterinærinstituttet

2.2 Genetiske analyser

For å identifisere laks som er født i naturen, men som har opphav i forrige eller tidligere generasjoner rømt oppdrettslaks, må man gjøre molekylærgenetiske analyser. Til disse genetiske analysene benyttes et sett av genetiske markører (SNPer) som generelt skiller mellom villaks og oppdrettslaks uavhengig av hvilken villakspopulasjon og oppdrettspopulasjon som sammenliknes (Karlsson m fl. 2011). Med oppdrettspopulasjon menes her oppdrettslaks som har opphav

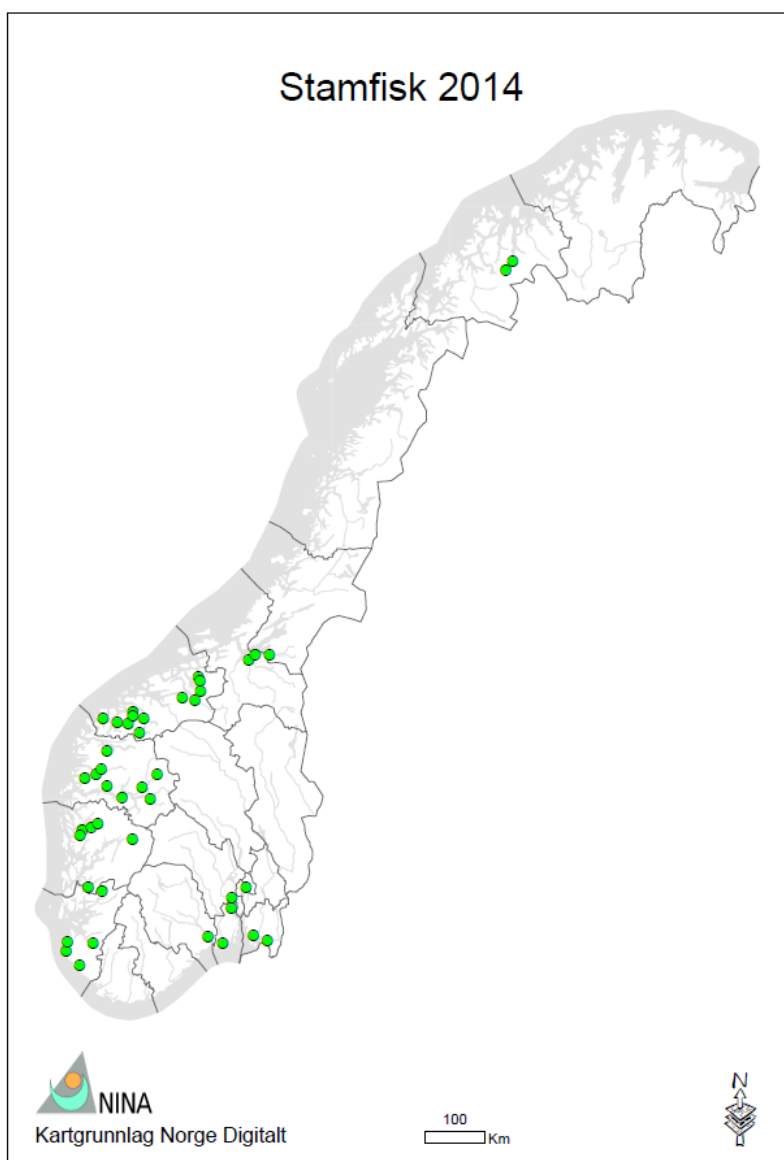
i noen av avlslinjene til AquaGen, SalmoBreed og Marine Harvest (Mowi-stammen). Ut fra den genetiske profilen til enkeltindivider av stamfisk beregnes sannsynligheten for å ha rent villfiskopphav versus oppdrettsgenetisk opphav som beskrevet av Karlsson m. fl. (2014). Enkelt forklart så beregnes sannsynligheten for at et individ tilhører gruppen villfisk versus gruppen oppdrettsfisk. Gruppen villfisk i denne analysen er representert av historiske prøver av villfisk (ikke oppdrettspåvirkede) fra 20 forskjellige villfiskbestander fra Numedalslågen i sør til Tanavassdraget i nord. Ut fra sannsynlighetsfordelingen til disse referanseprøvene av villfisk og oppdrettsfisk for å tilhøre villfiskgruppen (**Figur 2**) ble det satt en sannsynlighetsgrense for å ekskludere en stamfisk på 0,71. Denne grensen motsvarer en forventning om at 97,5 % av rene oppdrettsfisker har en sannsynlighet lavere enn denne mens 91,5 % av alle rene villfisker har en sannsynlighet høyere enn denne verdien. Stamfisk med en sannsynlighet lavere enn 0,71 ble dermed ekskludert. Dette betyr at dersom en bestand kun har laks med rent villfiskopphav forventes i gjennomsnitt 8,4 % av de undersøkte individene bli ekskludert, mens 2,5% av individene med rent oppdrettsopphav forventes ikke bli ekskludert.



Figur 2. Sannsynlighetsfordeling for å tilhøre gruppen villfisk for historiske prøver av laks (villfisk referanseprøver) og prøver av oppdrettslaks. Stiplet linje viser nivå benyttet for å ekskludere stamfisk med en lavere sannsynlighet enn 0,71.

3 Resultater

I alt ble 2171 stamfisk fra 51 forskjellige vassdrag (**Figur 3**) analysert for opphav utfra vekstmønster i skjell. Av disse ble 1686 identifisert som villaks, 114 som rømt oppdrettslaks, 209 som kultivert laks og 116 som usikre. Etter skjellanalysen ble i alt 1608 stamfisk fra 49 forskjellige vassdrag sendt videre for genetiske analyser for mulig oppdrettsgenetisk opphav. Av disse ble 251 (15,7%) stamlaks beregnet å ikke ha rent villaksopphav (dvs. de lå under grenseverdien 0,71) og derfor anbefalt ikke brukt som stamfisk (**Tabell 1**).

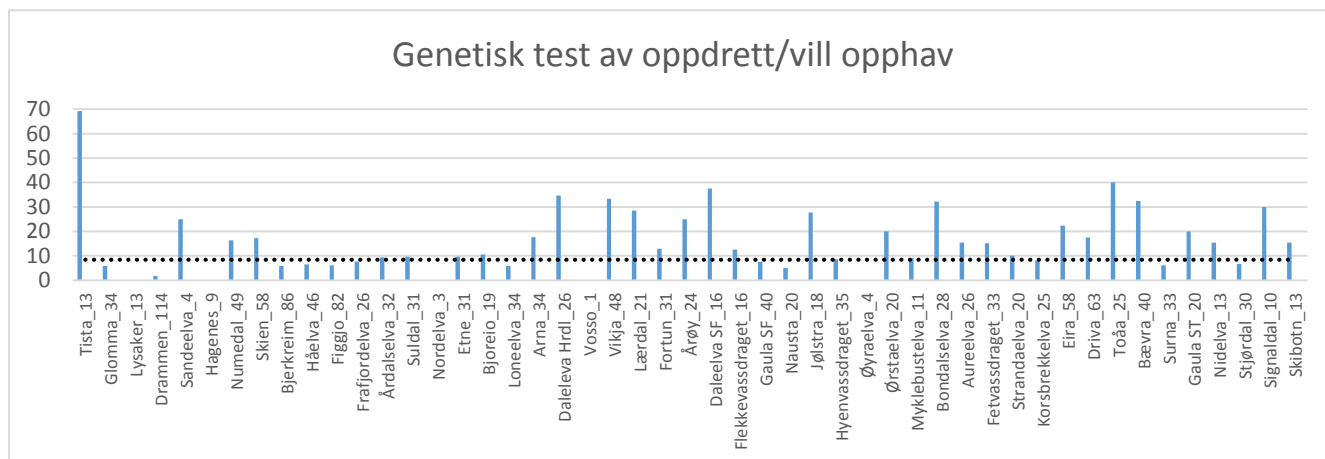


Figur 3. Geografisk beliggenhet av laksebestander der stamfisk ble analysert i 2014

Tabell 1. Oversikt over stamfiskkontroll 2014. For skjellanalysen er antall laks analysert (N), antall laks kategorisert som villaks, oppdrettslaks, utsatt eller i kategorien usikker eller ikke lesbare (usikker/na). For genanalysen er antall laks analysert (N) og antall laks med en oppdretts-genetisk signatur (Oppdrett) gjengitt. Laks som utfra skjellanalysen ble kategorisert som villfisk, utsatt og usikker ble analysert genetisk, mens rømt oppdrettslaks ble forkastet før genetisk analyse. Vassdragene er ordnet utfra vassdragsnummer (fra svenskegrensen i sør til nord).

Vassdrag		Skjellanalyse					Genanalyse	
Navn	#	N	Villfisk	Oppdrett	Utsatt	Usikker/Na	N	Oppdrett
Tista	001.Z	17	13	0	0	4	17	11
Glomma	002.Z	119	67	38	1	13	38	4
Lysaker	007.Z	14	13	0	0	1	14	0
Drammen	012.Z	131	114	0	0	17	126	2
Sandeelva	013.Z	6	4	0	0	2	6	1
Hagenes	015.Z	11	10	0	0	1	10	0
Numedalslågen	015.Z	51	50	0	0	1	50	8
Skienselva	016.Z	93	83	2	0	8	65	14
Bjerkreim	027.Z	91	86	3	0	2	88	5
Håelva	028.3Z	84	72	0	0	12	50	3
Figgjo	028.Z	95	84	4	0	7	90	6
Dirdal	030.2Z	26	24	2	0	0	0	na
Frafjord	030.Z	31	26	1	0	4	30	2
Årdalselva	033.Z	35	32	0	0	3	35	3
Suldalslågen	036.Z	52	50	0	0	2	33	3
Nordelva	037.2Z	3	3	0	0	0	3	0
Etne	041.Z	42	41	0	0	1	32	4
Bjoreio	050.Z	25	22	1	0	2	22	3
Øysteseelva	052.6Z	2	0	1	0	1	0	na
Loneelva	060.4Z	39	34	0	0	5	39	4
Arna	061.2Z	36	34	0	0	2	36	8
Daleelva	061.Z	27	25	0	1	1	27	10
Vosso	062.Z	87	11	1	70	5	2	1
Vikja	070.Z	91	61	6	18	6	51	16
Lærdal	073.Z	22	21	0	0	1	22	6
Fortun	075.Z	35	20	0	11	4	35	5
Årøy	077.Z	65	25	6	33	1	24	6
Daleelva (SF)	079.Z	20	9	1	2	8	17	7
Flekkeelva	082.Z	18	16	1	0	1	17	2
Gaula SF	083.Z	53	42	10	0	1	40	3
Nausta	084.7Z	26	20	0	0	6	26	1
Jølstra	084.Z	26	17	4	1	4	22	6
Hyenvassdraget	086.8Z	48	46	1	1	0	35	3
Øyraelva	094.6Z	4	4	0	0	0	4	0
Ørstaelva	095.Z	27	20	0	0	7	27	6
Myklebust	096.412Z	13	11	0	0	2	13	2
Bondalselva	097.1Z	29	28	1	0	0	28	9
Aureelva	097.72Z	26	26	0	0	0	26	4
Fetvassdraget	097.7Z	33	33	0	0	0	33	5
Strandaelva	098.3Z	22	20	0	0	2	22	2
Korsbrekkelva	098.6Z	26	25	0	0	1	26	3
Eira	104.Z	100	31	3	59	7	64	16
Driva	109.Z	70	61	6	2	1	64	12
Toåa	111.Z	30	26	2	0	2	27	12
Bævra	112.3Z	48	36	3	4	2	44	13
Surna	112.Z	37	32	3	1	1	34	2
Gaula	122.Z	22	20	2	0	0	20	4
Nidelva	123.Z	104	85	10	5	4	16	5
Stjørdal	124.Z	32	31	0	0	1	32	3
Signaldalen	204.Z	12	9	0	0	3	12	3
Skibotn	205.Z	15	13	2	0	2	14	3
Totalt		2171	1686	114	209	161	1608	251

Blant de som ble sendt videre til genetisk analyse var 46 individer ved skjellanalyse kategorisert som usikre med hensyn til å være villaks eller rømt oppdrettslaks og for 76 var skjellanalyse ikke mulig. Når vi unntar disse fra materialet, ble 14,5 % av individene kategorisert som villfisk på bakgrunn av skjellanalyse ekskludert på grunn av mulig oppdrettsgenetisk opphav. Andel stamfisk som ble ekskludert varierte betydelig mellom bestander (**Figur 4**).



Figur 4. Andel stamfisk kategorisert som villaks utfra skjellanalyser og ekskludert ut fra genetisk analyse av opphav i 49 laksebestander. 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.

4 Diskusjon

I alt ble 2171 stamfisk fra 51 forskjellige vassdrag analysert for opphav utfra vekstmønster i skjell. Av disse ble 1686 identifisert som villaks, 114 som rømt oppdrettslaks, 209 som kultivert laks og 116 som usikre, basert på analyse av vekstmønsteret i skjellene.

I alt ble 1608 stamfisk sendt videre for genetiske analyser for å teste mulig oppdrettsgenetisk opphav. Av disse ble 251 stamlaks beregnet til ikke å ha rent villaksopphav og derfor underkjent som stamfisk.

Hvis en sammenlikner med en forventet andel ekskludert stamfisk (8,4%) dersom bestandene hadde vært upåvirket av rømt oppdrettsfisk, ble det ekskludert en større andel enn dette i 32 bestander (2/3 av totalen). Disse tallene er i mange tilfeller beheftet med stor usikkerhet på grunn av små stikkprøver, men viser at analyser for å ekskludere stamfisk med oppdrettsgenetisk opphav er nødvendig.

5 Referanser

- Clifford SL, McGinnity P, & Ferguson, A. 1998. Genetic changes in Atlantic salmon (*Salmo salar*) populations of Northwest Irish rivers resulting from escapes of adult farm salmon. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 55: 358–363.
- Crozier, W.W. 1993. Evidence of genetic interaction between escaped farmed salmon and wild Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) in a Northern Irish river. *Aquaculture*, 113: 19–29.
- Crozier, W.W. 2000. Escaped farmed salmon, *Salmo salar* L., in the Glenarm River, Northern Ireland: genetic status of the wild population 7 years on. *Fisheries Management and Ecology*, 7: 437–446.
- 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. *Proceeding of the Royal Society Lond. B*, 267: 1517-1523.
- Gjedrem, T., & Baranski, M. (eds). 2009. *Selective breeding in aquaculture: an introduction*. Springer, London, U.K.
- Glover, K. A., Quintela, M., Wennevik, V., Besnier, F., Sørvik, A.G.E., & Skaala, Ø. 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): e43129. doi:10.1371/journal.pone.0043129
- 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 Genet.* 14:74.
- 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.
- 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., 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., Diserud O.H., Moen T. & Hindar, K. 2014. A standardized method for quantifying unidirectional genetic introgression. *Ecology and Evolution*, 4(16): 3256–3263.
- 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.
- 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.



Norsk institutt for naturforskning (NINA) er et nasjonalt og internasjonalt kompetansesenter innen naturforskning. Vår kompetanse utøves gjennom forskning, utredningsarbeid, overvåking og konsekvensutredninger.

NINAs primære aktivitet er å drive anvendt forskning. Stikkord for forskningen er kvalitet og relevans, samarbeid med andre institusjoner, tverrfaglighet og økosystemtilnærming. Offentlig forvaltning, næringsliv og industri samt Norges forskningsråd og EU er blant NINAs oppdragsgivere og finansieringskilder.

Virksomheten er hovedsakelig rettet mot forskning på natur og samfunn, og NINA leverer et bredt spekter av tjenester gjennom forskningsprosjekter, miljøovervåking, utredninger og rådgiving.

ISSN:1504-3312
ISBN: 978-82-426-2765-0

Norsk institutt for naturforskning

NINA Hovedkontor

Postadresse: Postboks 5685 Sluppen, 7485 Trondheim

Besøks/leveringsadresse: Hogskoleringen 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