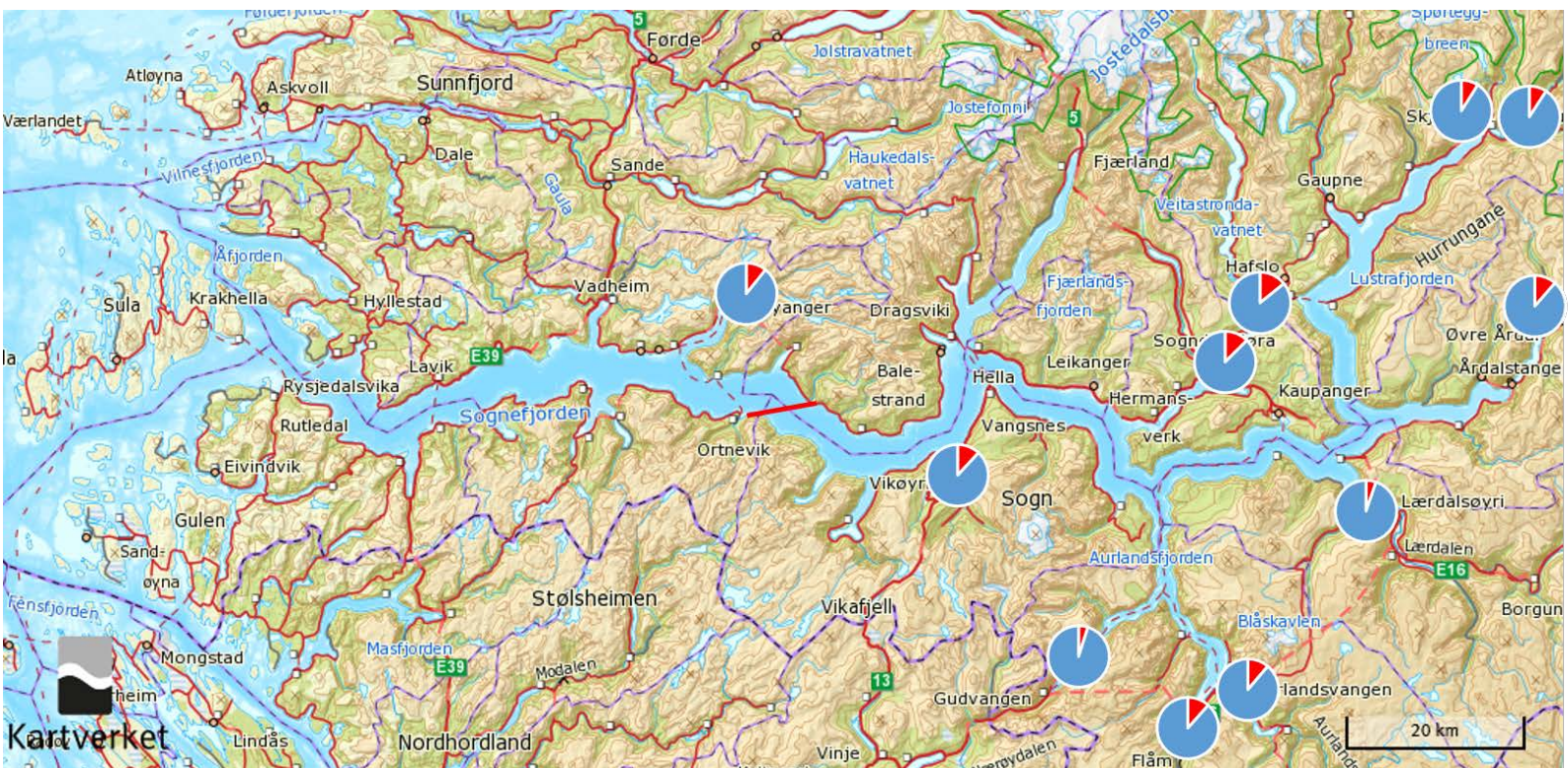


Innkrysning av rømt oppdrettslaks i Sognefjorden

Sten Karlsson, Ola H. Diserud, Harald Sægrov og Ola Ugedal



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.

Innkrysning av rømt oppdrettslaks i Sognefjorden

Sten Karlsson
Ola H. Diserud
Harald Sægrov
Ola Ugedal

Karlsson, S., Diserud, O. H., Sægrov, H. Ugedal, O. 2017.
Innkrysning av rømt oppdrettslaks i Sognefjorden. – NINA Rapport
1387. 13 s.

Trondheim, august 2017

ISSN: 1504-3312

ISBN: 978-82-426-3114-5

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

Forsknings sjef Kjetil Hindar (sign.)

OPPDRAGSGIVER(E)/BIDRAGSYTER(E)

Sogn Villaksråd

OPPDRAGSGIVERS REFERANSE

KONTAKTPERSON(ER) HOS

OPPDRAGSGIVER/BIDRAGSYTER

Bjarne Meel

FORSIDEBILDE

Innkrysning av rømt oppdrettslaks i 11 lakseelver i Sognefjorden

NØKKEWORD

- Sognefjorden
- Laks
- Salmo salar
- Oppdrettslaks
- Villaks
- Genetisk integritet
- Genetiske markører
- SNP

KEY WORDS

Sognefjord, Atlantic salmon, Salmo salar, Farmed salmon, wild salmon, genetic integrity, genetic markers, SNP

KONTAKTOPPLYSNINGER

NINA hovedkontor

Postboks 5685 Torgard

7485 Trondheim

Tlf: 73 80 14 00

NINA Oslo

Gaustadalléen 21

0349 Oslo

Tlf: 73 80 14 00

NINA Tromsø

Postboks 6606 Langnes

9296 Tromsø

Tlf: 77 75 04 00

NINA Lillehammer

Fakkeltgården

2624 Lillehammer

Tlf: 73 80 14 00

NINA Bergen

Thormøhlensgate 55

5006 Bergen

Tlf: 73 80 14 00

www.nina.no

Sammendrag

Karlsson, S., Diserud, O. H., Sægrov, H. Ugedal, O. 2017. Innkryssning av rømt oppdrettslaks i Sognefjorden. – NINA Rapport 1387. 13 s.

Vitenskapelig råd for lakseforvaltning har vurdert rømt oppdrettslaks som den største trusselfaktoren for norske villaksbestander. Innkryssning av rømt oppdrettslaks blir derfor overvåket og inngår som et kvalitetselement i klassifiseringen av villaksbestander etter «Kvalitetsnormen for ville bestander av laks (*Salmo salar*)». Så langt har i alt 175 villaksbestander blitt kategorisert for dette kvalitetselementet. I denne rapporten har vi fokusert på å kvantifisere grad av genetisk innkryssning i ville laksebestander i Sognefjorden. Vi presenterer estimater av innkryssning i 11 laksebestander i Sognefjorden. Disse estimatene er basert på tidligere publiserte data og på analyser av nye stikkprøver fra 543 individer fra sportsfiske i 2016 i Årdalselva, Vikja, Sogndalselva og Daleelva. I våre estimater har vi kun inkludert stikkprøver fra inntil seks år, regnet fra siste tilgjengelige stikkprøve. Etter sammenslåing av stikkprøver fra de siste årene ble den genetiske innkryssningen av rømt oppdrettslaks i villaks estimert til 10,8 % i Daleelva, 11,9 % i Vikja, 4,9 % i Nærøydalselva, 11,6 % i Flåmselva, 11,2 % i Aurlandselva, 12,6 % i Sogndalselva, 14,2 % i Årøyelva, 5,3 % i Lærdalselva, 11,4 % i Årdalselva, 9,0 % i Mørkridselva og 9,2 % i Fortunelva.

Sten Karlsson, Ola H. Diserud, Ola Ugedal. NINA, Postboks 5685 Torgarden, 7485 Trondheim. Epost: sten.karlsson@nina.no

Harald Sægrov. Rådgivende Biologer AS, Bredsgården, 5003 Bergen. Epost: harald.saegrov@radgivende-biologer.no

Abstract

Karlsson, S., Diserud, O. H., Sægrov, H. Ugedal, O. 2017. Genetic introgression of escaped farmed salmon in the Sogne Fjord. – NINA Report 1387. 13 pp.

The Scientific Board for Salmon Management (in Norwegian: Vitenskapelig råd for lakseforvaltning) considers escaped farmed salmon as the largest threat to wild Atlantic salmon populations in Norway. Genetic introgression of escaped farmed salmon in wild salmon populations is therefore monitored and is included as a quality element in the classification of the Norwegian wild salmon populations according to the “National Quality Norm for Wild Salmon (*Salmo salar*)”. So far, 175 Norwegian populations have been classified according to genetic introgression from escaped farmed salmon. Here, we present estimates of genetic introgression from escaped farmed salmon in 11 wild salmon populations in the Sogne Fjord. Our estimates are based on previously published data and additional samples from 543 individuals collected in River Årdalselva, Vikja, Sogndalselva, and Daleelva during angling season 2016. Our estimates only include samples from the last, up to 6 years of sampling. From pooled samples from these years we estimated the proportion of farmed genome in the wild populations at 10.8% in River Daleelva, 11.9% in River Vikja, 4.9% in River Nærøydalselva, 11.6% in River Flåmselva, 11.2% in River Aurlandselva, 12.6% in River Sogndalselva, 14.2% in River Årøyelva, 5.3% in River Lærdalselva, 11.4% in River Årdalselva, 9.0% in River Mørkridselva, and 9.2% in River Fortunelva.

Sten Karlsson, Ola H. Diserud, Ola Ugedal. NINA, Postboks 5685 Torgard, NO-7485 Trondheim. Email: sten.karlsson@nina.no

Harald Sægrov. Rådgivende Biologer AS, Bredsgården, NO-5003 Bergen. Email: harald.saegrov@radgivende-biologer.no

Innhold

Sammendrag	3
Abstract	4
Innhold	5
Forord	6
1 Innledning	7
2 Material og Metoder	8
3 Resultater	9
4 Diskusjon og konklusjon	11
5 Referanser	12

Forord

På bakgrunn av publiserte estimater av genetisk innkrysning av rømt oppdrettslaks i lakseelver i Sognefjorden, ønsket Sogn Villaksråd en utvidet kartlegging av den genetiske integriteten til villaksen i Sognefjorden i forhold til rømt oppdrettslaks, i form av flere individer og flere elver. Stikkprøver av laks fra sportsfiske i 2016 ble derfor samlet inn og analysert fra Daleeleva, Årdalselva, Vikja og Sogndalselva og sammen med eksisterende data ble innkrysning av rømt oppdrettslaks estimert for 11 laksebestander i Sognefjorden. Et annet delmål med prosjektet var å undersøke hvorvidt avkom etter rømt oppdrettslaks har et annet oppvandringstidspunkt enn laks med rent villaksopphav. Dette delmålet er ikke inkludert i denne rapporten men vil bli undersøkt ved en senere anledning der flere elver og et betydelig større datasett vil bli benyttet. Vi takker Sogn Villaksråd ved Bjarne Meel for oppdraget og følgende bidragsytere: Fylkesmannen i Sogn og Fjordene, Sogn og Fjordene fylkeskommune, Vik Kommune, Lærdal elveeigarlag, Vik sportsfiskarlag, Nærøydalen elveeigarlag, Årdal jeger og fiskeforening og Miljødirektoratet. Høyanger Jakt- og Fiskelag samlet inn skjellprøver fra Daleelva, mens Statkraft Energi AS betalte for analyse av vekstmønster i disse skjellprøvene. Prosjektet har også blitt gjennomført ved tilskudd fra Sogn villaksråd og egeninnsats fra NINA.

15.08.17 Sten Karlsson

1 Innledning

Avlsprogram for oppdrettslaks ble opprettet tidlig på 70-tallet (Gjedrem mfl. 1991, GjØen og Bentzen 1997) og har ved rettet utvalg oppnådd betydelige genetiske forbedringer i kommersielt viktige egenskaper (Thodesen mfl. 1999, Gjedrem & Baranski 2009, Solberg mfl. 2013). Disse egenskapene er imidlertid ikke gunstige i det naturlige miljøet (Fleming mfl. 2000, McGinnity mfl. 2003, Skaala mfl. 2012, Reed mfl. 2015) og det er også vist at innkrysning av rØmt oppdrettslaks med villaks fører til forandringer i viktige livshistorieegenskaper (Bolstad mfl. 2017). Tilgjengelige innrapporterte tall over antall rØmt oppdrettslaks har i årene 2001 til 2016 i gjennomsnitt vært 340 000 og variert mellom 38 000 og 920 000 (<http://www.fiskeridir.no/Akvakultur/Statistikk-akvakultur/Roemningsstatistikk>), men utfra kontrollerte utsetninger og simuleringsmodeller er det vist at det faktiske antallet rØmt oppdrettslaks kan være to til fire ganger høyere enn de innrapporterte tallene (Skillbrei mfl. 2015).

RØmt oppdrettslaks vandrer opp i laksevassdrag (Fiske mfl. 2006), der de gyter med villaks og kan etterlate seg avkom i elva. Det er påvist genetisk innkrysning av oppdrettslaks i en rekke norske villaksbestander (Glover mfl. 2013, Karlsson mfl. 2016). Av 109 undersøkte bestander ble det påvist signifikant genetisk innkrysning i 51 bestander (47 %) med en gjennomsnittlig grad av innkrysning på 6,4 % og så mye som 42,2 % innkrysning i noen bestander (Karlsson mfl. 2016). I den siste kategoriseringen av norske laksevassdrag etter kvalitetselementet «Genetisk integritet» til bruk for klassifisering av norske laksevassdrag i henhold til «Kvalitetsnormen for ville laksebestander (*Salmo salar*)», ble genetisk status i 50 bestander karakterisert som svært dårlig (store genetiske endringer påvist), 11 som dårlig (moderate genetiske endringer påvist), 54 som moderat (svake genetiske endringer indikert) og 60 bestander (34 %) ble kategorisert som svært god eller god (ingen genetiske endringer påvist) (Diserud mfl. 2017). På bakgrunn av tilgjengelig informasjon om omfanget av rØmt oppdrettslaks, innkrysning med villaks og betydning for villaksens levedyktighet er rØmt oppdrettslaks vurdert som den største ikke-stabiliserte trusselen mot norske villaksbestander (Forseth mfl. 2017).

Av 10 undersøkte laksebestander i Sognefjorden ble syv kategorisert som å ha svært dårlig status, én som dårlig og to som moderat status med hensyn til genetisk påvirkning av rØmt oppdrettslaks (Diserud mfl. 2017). Statusen til disse bestandene er betydelig verre enn landsgjennomsnittet. På grunn av dette bekymringsfulle resultatet var det ønskelig å utvide det eksisterende datasettet med flere individer og flere elver for å få sikrere resultater. Datasettet ble utvidet med 543 nye individer fra fire elver, hvorav en elv (Årdalselva) ikke tidligere var analysert. Analysene av innkrysning av rØmt oppdrettslaks i de nye stikkprøvene sammen med tidligere analyser (Diserud mfl. 2017) presenteres her for 11 laksebestander i Sognefjorden: Daleeleva, Vikja, Nærøydalselva, Flåmselva, Aurlandselva, Sogndalselva, Årøyelva, Lærdalselva, Årdalselva, Mørkridselva og Fortunelva.

2 Materiale og metoder

Vekstmønsteret i skjellprøver ble analysert for å luke ut rømt oppdrettslaks. Individuer karakterisert som enten utsatt laks eller villaks ble videre analysert genetisk for å estimere opphav i rømt oppdrettslaks. Fra sportsfiske i 2016 ble det analysert 100 individer fra Sogndalselva, 192 individer fra Vikja, 61 individer fra Årdalselva og 190 individer fra Daleelva. Sammen med disse nye analysene ble eksisterende data fra elver i Sognefjorden i Diserud mfl. (2017) benyttet for å oppnå så sikre estimat som mulig på grad av genetisk innkrysning. For å gi en så oppdatert status som mulig på innkrysning ble kun stikkprøver fra innsamling de siste seks årene inkludert. I alt ble 1810 individer analysert fordelt på 11 laksevassdrag i Sognefjorden (Tabell 1).

Arvestoffet (DNA) ble ekstrahert fra skjell ved hjelp av Dneasy kit fra Qiagen. Samtlige individer ble analysert for 96 enkelt nukleotid polymorfe loci (SNP-er). SNP genotyping ble utført med en EP1™ 96.96 Dynamic array IFCs (Fluidigm, San Fransisco, CA.). Av de 96 SNP-ene ble 48 brukt for å skille mellom oppdrettslaks og villaks. Disse markørene er blant de samme som tidligere har blitt identifisert som diagnostiske for å skille mellom oppdrettslaks og villaks uavhengig av opphavspopulasjon til villaksen eller avlskjerne til oppdrettslaksen (Karlsson mfl. 2011). Med oppdrettslaks i disse analysene menes oppdrettslaks fra avlskjernene til Aqua Gen AS, Marine Harvest og Salmobreed. Analysemetoden for å beregne sannsynligheten for hvert enkelt individ å ha genetisk opphav i villaks ($P(\text{wild})$) og oppdrettslaks er utviklet og beskrevet av Karlsson mfl. (2014) og videre forklart av Karlsson mfl (2016) og Diserud mfl. (2017). Kort forklart så analyseres ett og ett individ sammen med en referansepopulasjon av villaks og en referansepopulasjon av oppdrettslaks og sannsynligheten for å tilhøre to antatte populasjoner (vill og oppdrett) beregnes ved hjelp av programmet STRUCTURE (Pritchard mfl. 2000). Vi utførte 50 000 repetisjoner som «Burn-in» og 100 000 repetisjoner etter «burn-in» uten forhåndsinformasjon om opprinnelsespopulasjon. Tilsvarende beregninger for historiske prøver av villaks fra 31 forskjellige bestander og prøver av oppdrettslaks fra Aqua Gen AS, Marine Harvest og Salmobreed ble brukt som referanse for henholdsvis villaks og oppdrettslaks til kvantifisering av innkrysning og statistisk testing av hvorvidt stikkprøvene fra de forskjellige elevene i Sognefjorden var genetisk påvirket av rømt oppdrettslaks.

3 Resultater

Laksebestandene i de undersøkte elvene i Sognefjorden viste stor grad av innkryssning med rømt oppdrettslaks. Prosentvis andel av genetisk opphav fra oppdrettslaks i de ni bestandene der vi hadde stikkprøver av voksen laks, varierte fra 4,9 % i Nærøydalselva til 14,2 % i Årøyelva (**Tabell 1**). Gjennomsnittlig innkryssning for de årene vi hadde prøver av ungfisk fra Aurlandselva og fra Mørkridselva var på henholdsvis 11,2 % og 9,0 %. For de sammenslåtte prøvene var det signifikant innkryssning ($P < 0,05$) i alle elver unntatt i Nærøydalselva og i Daleelva. I Daleelva ($P = 0,053$) og Lærdalselva ($0,1 > P > 0,05$) var det imidlertid nesten signifikant innkryssning og utfra tester på innsamlingsår var det signifikant innkryssning også i Daleelva og Lærdalselva, men ikke i Nærøydalselva (Diserud mfl. 2017).

Tabell 1. Estimat (Innkr. %) og statistisk test (P Innkr.) av innkryssning av rømt oppdrettslaks i 11 laksebestander i Sognefjorden. I tabellen er det også angitt elvenavn (Elv), Vassdragsnummer, om stikkprøven består av voksen laks (ad) eller ungfisk (juv), Innsamlingsår (År), Stikkprøvestørrelser (N) og kategorisering av kvalitetselementet «Genetisk integritet» gitt av Diserud mfl. 2017. Dette er første gang Årdalselva har blitt analysert og det foreligger derfor ingen kategorisering av denne (na).

Elv	Vassdragsnummer	ad/juv	År	N	Innkr. %	P Innkr.	Status Genetisk integritet (Diserud mfl. 2017)
Daleelva	079.Z	ad	2012-2016	313	10.8	0,053	Svært dårlig
Vikja	070.Z	ad	2013-2016	404	11.9	0,029	Svært dårlig
Nærøydalselva	071.Z	ad	2011-2014	75	4.9	ns	Moderat
Flåmselva	072.2Z	ad	2015-2016	48	11.6	< 0,05	Svært dårlig
Aurlandselva	072.Z	juv	2012	31	10.5	< 0,01	Dårlig
Aurlandselva	072.Z	juv	2013	90	10.9	< 0,01	
Aurlandselva	072.Z	juv	2014	72	12.3	< 0,01	
Sogndalselva	077.3Z	ad	2014-2016	200	12.6	0,013	Svært dårlig
Årøyelva	077.Z	ad	2011-2016	242	14.2	< 0,001	Svært dårlig
Lærdalselva	073.Z	ad	2014-2016	121	5.3	0,1 > P > 0,05	Svært dårlig
Årdalselva	074.Z	ad	2016	61	11.4	0,018	na
Mørkridselva	075.4Z	juv	2006	26	15.9	< 0,05	Moderat
Mørkridselva	075.4Z	juv	2008	30	2.1	ns	
Fortunelva	075.Z	ad	2014-2016	97	9.2	< 0,05	Svært dårlig

Ser man på estimert innkryssning og den geografiske beliggenheten til disse elvene i Sognefjorden (**Figur 1**) er det vanskelig å se noen sammenheng mellom innkryssning og hvor langt inn i Sognefjorden disse elvene ligger. Det ser heller ikke ut som at noen fjordarmer har mer eller mindre innkryssning enn andre. Et unntak fra dette kan være Nærøydalselva som ligger innerst i Nærøyfjorden og som hadde lavest beregnet og ikke signifikant innkryssning.



Figur 1. Beregnet innkryssning av rømt oppdrettslaks i 11 laksebestander i Sognefjorden. Den røde og blå andelen i kakediagrammene angir andel av det samlede arvestoffet i bestanden som har opphav i henholdsvis rømt oppdrettslaks og villaks. Beregningene er gjort fra sammenslåtte stikkprøver fra de siste seks årene med innsamling som det foreligger data for. Stikkprøvene fra Mørkridselva og Aurlandselva er fra ungfisk og de andre elvene av voksen laks. Den nasjonale laksefjorden er innenfor den røde streken. For detaljer, se tabell 1.

4 Diskusjon og konklusjon

De undersøkte laksebestandene i Sognefjorden er sterkt påvirket genetisk fra innkryssning av rømt oppdrettslaks. I kun en av de 11 undersøkte bestandene fant vi ingen signifikant genetisk påvirkning fra rømt oppdrettslaks, mens de øvrige bestandene viste signifikant innkryssning der andelen av arvestoffet med oppdrettsopphav varierte mellom 5,3 % (Lærdalselva) og 14,2 % (Årøyelva). Ti av de undersøkte bestandene har tidligere blitt kategorisert med tanke på genetisk integritet i forhold til kvalitetsnormen (Diserud mfl. 2017). Syv av disse er plassert i rød kategori (svært dårlig), én i oransje kategori (dårlig) og to i gul kategori (moderat). I denne undersøkningen har vi også analysert Årdalselva og utfra kriteriene brukt av Diserud mfl. (2017) havner også denne bestanden i rød kategori med signifikant innkryssningsgrad på 11,4 %. Prosjektet har også gitt flere prøver av laks fra sportsfiske i 2016 i Vikja, Daleelva og Sogndalselva. Disse prøvene har bidratt til å få sikrere estimater av innkryssning sammenliknet med de tidligere estimatene av Diserud mfl. (2017). For disse elvene har estimert innkryssning minsket for Daleelva fra 15 % til 10,8 % og for Vikja fra 15,3 % til 11,9 %, mens estimert innkryssning i denne rapporten er høyere for Sogndalselva (12,6 %) sammenliknet med estimatet i Diserud mfl. (2017) (9,8 %).

På grunn av store variasjoner i andel rømt oppdrettslaks i villakselver i ulike år (Fiske mfl. 2006) forventes innkryssning med villaks å kunne variere mye mellom ulike årsklasser. For å få sikre estimater av hvor stor andel av det samlede arvestoffet som har opphav i oppdrettslaks er det derfor viktig å analysere mange årsklasser. Det utvidete prøvematerialet analysert i dette prosjektet har bidratt til dette ved at et stort antall individer er blitt analysert og sammen med tidligere datasett er mange årsklasser representert: gyteår 2009 til 2012 i Vikja, 2009 til 2011 i Årdalselva, 2006 til 2012 i Sogndalselva, og 2003 til 2012 i Daleelva.

Det er tidligere vist en noe generelt lavere innkryssning av rømt oppdrettslaks i nasjonale lakselver og nasjonale laksefjorder og en generelt høyere grad av innkryssning i oppdrettsintensive områder (Karlsson mfl. 2016). Beskyttelsen fra rømt oppdrettslaks som nasjonale laksefjorder gir ser ut å variere mye; for eksempel er det forholdsvis lite innkryssning av rømt oppdrettslaks i elver i Trondheimsfjorden som i sin helhet er en nasjonal laksefjord, mens Etneelva i den mye mindre nasjonale laksefjorden Etne-Ølsfjorden og elvene i indre Sognefjorden som presentert her har en betydelig grad av innkryssning av rømt oppdrettslaks. Det er nærliggende å tro at størrelsen på de nasjonale laksefjordene har betydning for hvor effektivt de beskytter mot innkryssning av rømt oppdrettslaks. Indre, men ikke ytre Sognefjorden er en nasjonal laksefjord. Alle elver som ble analysert i denne studien ligger i indre Sognefjorden, med unntak av Daleelva. Graden av innkryssning ser imidlertid ikke ut å henge sammen med om elven ligger i eller utenfor den nasjonale laksefjorden. Det var heller ingen tydelig trend til at laksen i elvene langt inn i fjorden hadde mindre innkryssning enn laksen i elvene lengre ut i Sognefjorden, med unntak av Nærøydalselva der det ikke var en signifikant innkryssning av rømt oppdrettslaks. En faktor her kan være at bestandsstørrelsen i den mest tallrike bestanden i Sognefjorden, Lærdalselva, i mange år har vært kunstig lav på grunn av parasitten *Gyrodactylus salaris*. Dette kan ha gjort denne ellers tallrike bestanden mer sårbar for gyting av rømt oppdrettslaks.

5 Referanser

- Bolstad, G. H., Hindar, K., Robertsen, G., Jonsson, B., Sægrov, H., Diserud, O. H., Fiske, P., Jensen A. J., Urdal, K., Næsje, T., Barlaup, B. T., Florø-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: 0124.
- Diserud, O. H., Hindar, K., Karlsson, S., Glover, K. & Skaala Ø. 2017. Genetisk påvirkning av rømt oppdrettslaks på ville laksebestander – status 2017. - NINA Rapport 1337. 55 s.
- Fiske, P., Lund, R. A. & Hansen, L. P. 2006. Relationships between the frequency of farmed Atlantic salmon, *Salmo salar* L, in wild salmon populations and fish farming activity in Norway, 1989–2004. – *ICES Journal of Marine Science*, 63: 1182–1189.
- Fleming, I. A., Hindar, K., Mjølnerød, 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 of London B*, 267: 1517–1523.
- Forseth, T., Barlaup, B. T., Finstad, B., Fiske, P., Gjøsæter, H., Falkegård, M., Hindar, A., Mo, T. A., Rikardsen, A. H., Thorstad, E., Vøllestad, L. A. & Wennevik, V. 2017. The major threats to Atlantic salmon in Norway. – *ICES Journal of Marine Science*, 74: 1496-1513.
- Gjedrem, T., Gjøen, H. M. & Gjerde, B. 1991. Genetic origin of Norwegian farmed salmon. – *Aquaculture*, 98: 41–50.
- Gjedrem, T., and Baranski, M. 2009. *Selective Breeding in Aquaculture: An Introduction*. – Springer, London, U.K.
- Gjøen, H. M. & Bentsen, H. B. 1997. Past, present, and future of genetic improvement in salmon aquaculture. – *ICES Journal of Marine Science*, 54: 1009–1014.
- Glover, K. A., Pertoldi, P., Besnier, F., Wennevik, V., Kent, M. P. & Skaala, Ø. 2013. Atlantic salmon populations invaded by farmed escapees: quantifying genetic introgression with a Bayesian approach and SNPs. – *BMC Genetics*, 14: 74
- 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 & Evolution* 4: 3256-3263. DOI: 10.1002/ece3.1169
- 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: 2488–2498. doi:10.1093/icesjms/fsw121
- McGinnity, P., Prodöhl, P., Ferguson, A., Hynes, R., Ó Maoiléidigh, N., Rogan, G., Taggart, J. & Cross, T. 2003. Fitness reduction and potential extinction of wild populations of Atlantic salmon, *Salmo salar*, as a result of interaction with escaped farm salmon. – *Proceedings of the Royal Society London B*, 270: 2443–2520.
- Pritchard, J. K., Stephens, M. & Donnelly, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. – *Genetics*, 155: 945-959.
- Reed, T. E., Prodöhl, P., Hynes, R., Cross, T., Ferguson, A. & McGinnity, P. 2015. Quantifying heritable variation in fitness-related traits of wild, farmed and hybrid Atlantic salmon families in a wild river environment. – *Heredity*, 115: 173–184.
- 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.
- Skilbrei, O. T., Heino, M. & Svåsand, T. 2015. Using simulated escape events to assess the annual numbers and destinies of farmed escaped farmed Atlantic salmon of different life stages from farm sites in Norway. – *ICES Journal of Marine Science*, 72: 670–685.

Thodesen, J., Grisdale-Helland, B., Helland, S. J., & Gjerde, B. 1999. Feed intake, growth and feed utilization of offspring from wild and selected Atlantic salmon (*Salmo salar*). – Aquaculture, 180: 237–246.

www.nina.no

ISSN:1504-3312
ISBN: 978-82-426-3114-5

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 og Oslo. NINA er i ferd med å etablere et kontor i Bergen. I tillegg driver NINA Sæterfjellet avlsstasjon for fjellrev på Oppdal, og forskningsstasjonen for vill laksefisk på Ims 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.

1387

NINA Rapport

Norsk institutt for naturforskning

NINA Hovedkontor

Postadresse: Postboks 5685 Torgard, 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