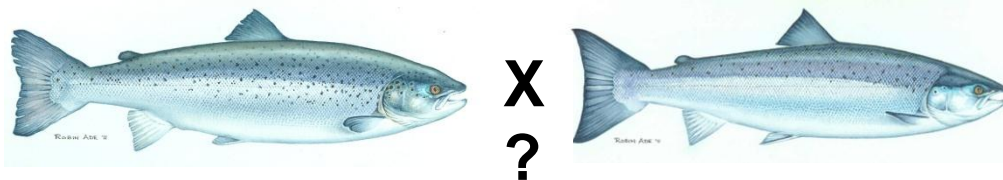


NINA Minirapport 403

# Genetiske studier av innkrysning av rømt oppdrettslaks i Namsenvassdraget

Sten Karlsson  
Peder Fiske  
Ola Diserud  
Kjetil Hindar  
Frode Staldvik



Karlsson, S., Fiske, P., Diserud, O., Hindar, K. & Staldvik, F. 2012. Genetiske studier av innkrysning av rømt oppdrettslaks i Namsenvassdraget - NINA Minirapport 403. 17 s.

Trondheim, oktober 2012

**RETTIGHETSHAVER**

© Norsk institutt for naturforskning

**TILGJENGELIGHET**

Upublisert

**PUBLISERINGSTYPE**

Digitalt dokument (pdf)

**ANSVARLIG SIGNATUR**

Prosjektleder Sten Karlsson (sign.)

**OPPDRAGSGIVER(E)**

Kunnskapssenter for laks og vannmiljø

**KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER**

[Frode Staldvik]

**FORSIDEBILDE/ILLUSTRASJON**

Eva B. Thorstad/Robin Ade

**NØKKEWORD**

Namsen, laks, rømt oppdrettslaks, villaks, genetiske analyser

**KEY WORDS**

River Namsen, Atlantic salmon, escaped farmed salmon, wild salmon, genetic analysis

NINA Minirapport er en enklere tilbakemelding til oppdragsgiver enn det som dekkes av NINAs øvrige publikasjonsserier. Minirapporter kan være notater, foreløpige meldinger og del- eller sluttresultater. Minirapportene registreres i NINAs publikasjonsdatabase, med internt serienummer. Minirapportene er ikke søkbare i de vanlige litteraturbasene, og følgelig ikke tilgjengelig på vanlig måte. Således kan ikke disse uten videre refereres til som vitenskapelige rapporter.

**KONTAKTOPPLYSNINGER**

**NINA hovedkontor**

Postboks 5685 Sluppen  
7485 Trondheim  
Telefon: 73 80 14 00  
Telefaks: 73 80 14 01

**NINA Oslo**

Gaustadalléen 21  
0349 Oslo  
Telefon: 73 80 14 00  
Telefaks: 73 80 14 01

**NINA Tromsø**

Framsenteret  
9296 Tromsø  
Telefon: 77 75 04 00  
Telefaks: 77 75 04 01

**NINA Lillehammer**

Fakkeltgården  
2624 Lillehammer  
Telefon: 73 80 14 00  
Telefaks: 61 22 22 15

[www.nina.no](http://www.nina.no)

## Sammendrag

Karlsson, S., Fiske, P., Diserud, O., Hindar, K. & Staldvik, F. 2012. Genetiske studier av innkryssning av oppdrettslaks i Namsenvassdraget. - NINA Minirapport 403. 17 s.

Namsenvassdraget er den tredje største laksebestanden i Norge målt etter årlige fangster av laks. Gjennomsnittlig årlig fangst av laks i perioden 1995 til 2011 var på 24 tonn i Namsenvassdraget. Laks fra Namsen har stor betydning som rekreasjon for et stort antall fritidsfiskere og som inntektskilde for et stort antall grunneiere langsmed Namsen og sjøfiskere langs innvandringsrutene til Namsenlaksen. Videre så representerer laksebestanden i Namsen, på grunn av sin størrelse og sin tilpasning til Namsenvassdraget, en del av det genetiske mangfoldet hos laks i Norge. Namsenfjorden har status som en nasjonal laksefjord og har derfor blitt gitt spesielt vern. I dette vernet inngår blant annet vern mot påvirkning fra oppdrettsvirksomhet. Imidlertid har det blitt observert store mengder rømt oppdrettsfisk i Namsen, siden overvåkningsfiske ble innført i 1989. I hvilken grad denne oppdrettslaksen har krysset seg med villaksen i Namsen har imidlertid hvert ukjent. Med hjelp av et nylig utviklet sett med genetisk markører for å skille mellom oppdrettslaks og villaks ble det i denne studien påvist genetiske signaturer av oppdrettslaks i voksen villaks. Grad av innkryssning varierte betydelig mellom ulike innsamlingsår. Det ble også observert en større grad av oppdrettsinnslag i ungfisk innsamlet i 2011 enn i potensielle villaks-foreldre innsamlet i 2010, hvilket antyder at det har skjedd en hybridisering mellom oppdrettslaks og villaks. Dette er første forsøk på å spore innkryssning av oppdrettslaks i villaks fra Namsen. Ut fra kunnskap om store variasjoner av andel oppdrettsfisk og den observerte variasjonen i innkryssning av oppdrettslaks mellom forskjellige år kan vi i denne studien ikke tallfeste graden av innkryssning av oppdrettslaks i Namsenlaksen. For å forbedre presisjonen foreslår vi å øke stikkprøvestørrelsen av voksen fisk og å inkludere et større antall stikkprøver fra ulike år.

## Forord

Frykten for at rømt oppdrettslaks på villaksens gyteplasser kan skade villaksens egenart er stor, også i Namdalen. Derfor har ulike lokale og regionale lakseinteresser siden 2007 samarbeidet om å sette i gang økt overvåking, teste metoder for å sortere ut rømt oppdrettslaks på vei inn Namsenfjorden og vassdraget og å undersøke om rømt oppdrettslaks har gitt genetiske endringer i Namsenlaksen. Kunnskapssenter for laks og vannmiljø (KLV) har siden 2007 koordinert arbeidet hvor en rekke lokale ressurspersoner, regionale forvaltningsmyndigheter og nasjonale fagfolk har deltatt. Våren 2011 besluttet en bredt sammensatt arbeidsgruppe\* opprettet av «Laksefond Namdalen» enstemmig å be KLV omsøke finansiering og få satt i gang prosjekter innenfor områdene:

- Sorteringsfiske etter rømt oppdrettslaks med en spesiallaget kilenot ved Kvatningen.
- Teste ut videoovervåking av relativ andel oppdrettslaks som passerer Sellægshylla.
- Overvåkingsfiske etter rømt oppdrettslaks om høsten på minst ti stasjoner i vassdraget.
- Genetiske studier av lakseunger og gytelaks ved bruk av nylig publiserte og mer treffsikre genetiske metoder.

Denne rapporten omhandler de genetiske studiene og den gir helt ny kunnskap om effekter av rømt oppdrettslaks på Namsenlaksen. Den kan derfor være et viktig bidrag i den kunnskapsbaserte lakseforvaltningen.

De genetiske studiene er finansiert av Nord-Trøndelag fylkeskommune, Fylkesmannen i Nord-Trøndelag, FHLs miljøfond og med betydelig egeninnsats i overvåkingsfiske av grunneiere langs Namsenvassdraget og sportsfiske linja ved Grong videregående skole. I tillegg har NINA egenfinansiert mye av sitt arbeid.

SWECO og NINA har stått for innsamling av laksunger. Skjellprøver av voksen laks er samlet inn av Namsenvassdragets grunneierforening i forbindelse med overvåkingsfiske og sportsfiske. Disse er analysert av NINA for sikker bestemmelse av gruppene villaks og rømt oppdrettslaks. For villaksen har NINA i tillegg bestemt smoltalder, sjøalder og tidligere gytealder. NINA har isolert DNA fra prøvematerialet, Centre for Integrative Genetics, Universitetet for miljø og biovitenskap, Ås, har genotypet materialet og NINA har analysert resultatene.

Stor takk til alle som har deltatt med stort engasjement på møtene i arbeidsgruppen, uten noen form for godtgjørelse. Størst takk må likevel gå til alle dem som med gratis dugnadsinnsats i sure høstdager har gjennomført overvåkingsfisket!

Namsos, Trondheim 20.10.2012

Frode Staldvik  
prosjektkoordinator

Sten Karlsson  
fagansvarlig, genetik

### \*Arbeidsgruppen

Ove Løfsnæs, Bjørøya Fiskeoppdrett

Jon Arne Grøttum/Knut Staven, FHL

Leif Skorstad, sjølaksefisker

Ragnar Holm/Tom Riise-Hanssen, Namsenvassdragets grunneierforening

Anton Rikstad, Fylkesmannen i Nord-Trøndelag

Bjørn Grenne, Nord-Trøndelag fylkeskommune

Sturla Romstad, Mattilsynet

Nils Roger Duna, leder Namdal lakseråd

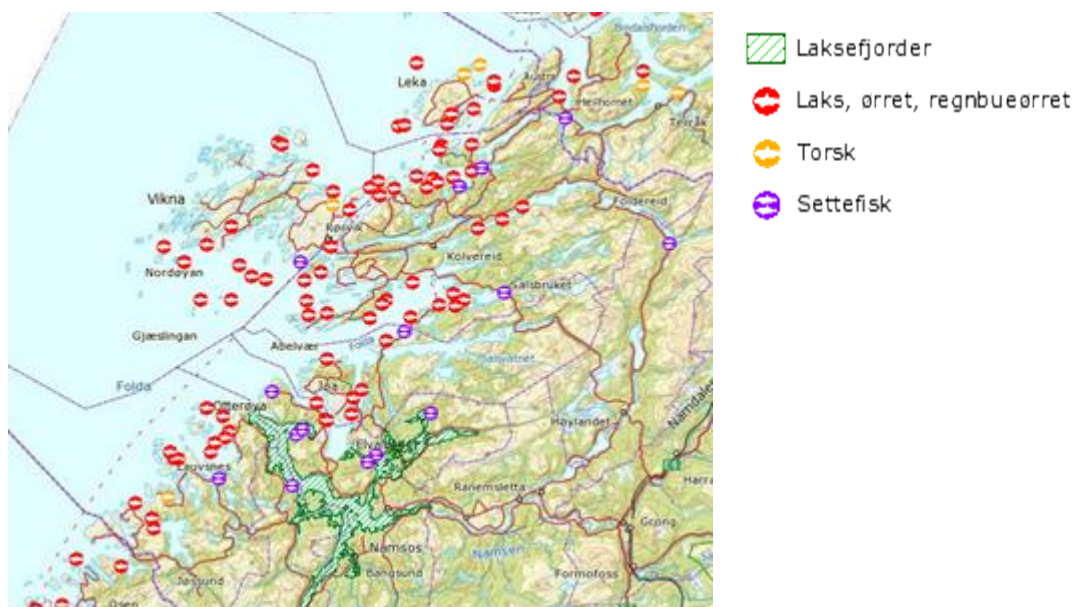
KLV, sekretær/koordinator

# Innhold

<b>Forord .....</b>	<b>4</b>
<b>Innhold .....</b>	<b>5</b>
<b>1 Innledning.....</b>	<b>6</b>
<b>2 Metoder og materiale.....</b>	<b>8</b>
2.1 Innsamling og analyse av skjellprøver fra voksen laks .....	8
2.2 Innsamling av 0+ i Namsen 2011 .....	8
2.3 Genetiske analyser .....	9
<b>3 Resultater .....</b>	<b>10</b>
3.1 Genetisk variasjon mellom oppdrettslaks og villaks .....	10
3.2 Innkrysning av rømt oppdrettslaks med villaks.....	10
3.3 Førstegenerasjons oppdrett-x-villakshybrider .....	13
<b>4 Diskusjon.....</b>	<b>14</b>
4.1 Genetisk innkrysning av rømt oppdrettslaks hos voksen villaks .....	14
4.2 Identifisering av oppdretts- x-villakshybrider .....	15
4.3 Konklusjoner .....	16
<b>5 Referanser .....</b>	<b>16</b>

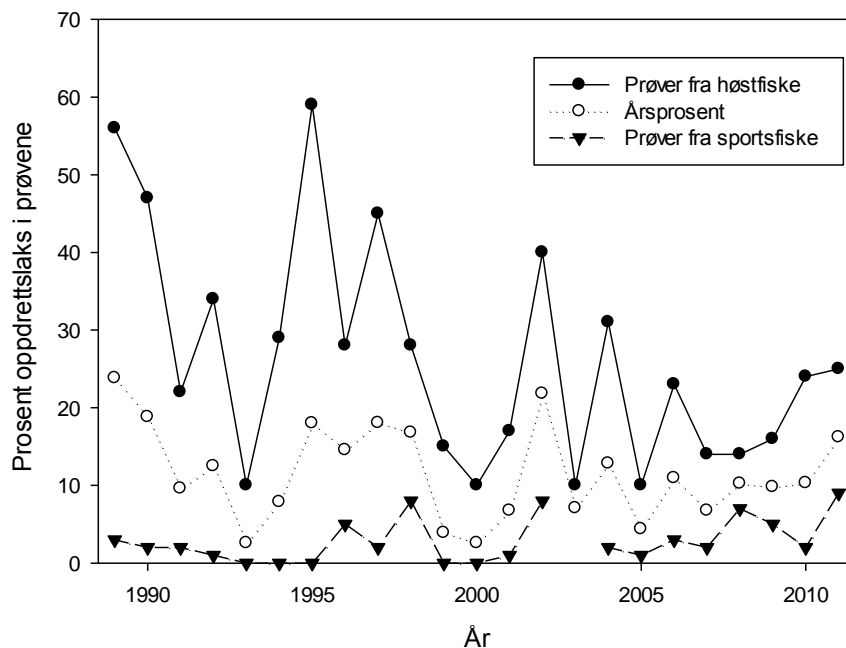
# 1 Innledning

Namsenvassdraget er et 210 km langt mangfoldig vassdrag som er brukt til vannkraftproduksjon, drikkevannskilde, næringsvirksomhet og rekreasjon. Sportsfiske etter laks i Namsen representerer en meget viktig inntektskilde til et stort antall grunneiere langsmed Namsenvassdraget. Tall fra Statistisk sentralbyrå (<http://www.ssb.no/>) viser at årlige fangster av laks i Namsen varierte mellom 16 og 37 tonn i perioden 1995 til 2011, med en gjennomsnittlig fangst på 24 tonn. Fangstene av Namsenlaks i sjøen er sannsynligvis større enn dette, og representerer store verdier for sjølaksefiskere. Thorstad m fl. (2006) presenterer en grundig gjennomgang av Namsenvassdragets karakter, sammensetning, betydning for samfunnet, naturlige og menneskeskapte faktorer som påvirker Namsen generelt og laksen i Namsen spesielt. Viktige menneskeskapte påvirkninger på laksen (og andre organismer) i Namsen er vannkraftutbygginger, forurensning fra landbruk i visse områder, forhøyede mengder lakselus i sjøen og rømt oppdrettslaks (Thorstad m fl. 2006). Parasitten *Gyrodactylus salaris* er ikke påvist i Namsen og forsuring anses ikke å være et stort problem (Thorstad m fl. 2006). Namsenfjorden er en nasjonal laksefjord og Namsen er et nasjonalt laksevasdrag (St.prp.nr.32, 2006-2007), noe som betyr at villaks her skal gis særskilt beskyttelse, blant annet mot påvirkning fra oppdrettsvirksomhet. Det er en betydelig akvakulturvirksomhet i kystområdene utenfor Namsenfjorden (Figur 1). Total matfiskproduksjon av laks for Nord-Trøndelag fylke i 2010 var 80 162 tonn (<http://www.fiskeridir.no/>).



**Figur 1.** Akvakulturlokaliteter i Nord-Trøndelag (<http://www.miljostatus.no/>) med avgrensning av nasjonale laksefjorder (skravert).

Andelen rømt oppdrettslaks i sjøfiskefangster i Namsenfjorden har blitt registrert siden 1988 (Fiske m fl. 2001), og andel rømt oppdrettslaks i elvefiskefangster i Namsen har blitt registrert siden 1989 (Fiske m fl. 2001, Fiske & Wennevik 2011, Anon 2012, Figur 2). Andelen rømt oppdrettslaks har i alle år vært høyere i prøvene fra høstfiske enn i prøvene fra sportsfiske (Figur 2). Sammenlignet med større vassdrag i Trondheimsfjorden har innslaget rømt oppdrettslaks i prøvene vært høyere i Namsen gjennom hele tidsperioden.



**Figur 2.** Andel rømt oppdrettslaks i skjellprøver fra sportsfiske, høstfiske og årsprosent (Diserud m fl. 2012) fra Namsenvassdraget i perioden 1989 – 2011. Data fra Anon. (2012).

En uttalt bekymring er at rømt oppdrettslaks gyter sammen med villaks. Avlsprogram på laks startet i begynnelsen av 70-talet (Gjedrem m fl. 1991; Gjølven & Bentsen 1997). Etter fem generasjoner med avl ble det demonstrert en mer enn fordobling av veksthastigheten (Thodesen m fl. 1999). Andre avlskriterier som er blitt inkludert er sykdomsresistens, fettinnhold og filetfarge. Oppdrettslaksen har med andre ord utviklet kommersielt viktige egenskaper som ikke nødvendigvis er fordelaktige, men sannsynligvis ufordelaktige i et liv i naturen. Det siste har blitt demonstrert i forsøk i Norge (Fleming m fl. 2000) og i Irland (McGinnity m fl. 2003), der hybrider mellom oppdrettslaks og villaks viste en lavere fitness enn villaksen. Videre så har man observert en lavere genetisk variasjon hos oppdrettslaks sammenliknet med villaks (Mjølnerød m fl. 1997; Skaala m fl. 2004, 2005; Karlsson m fl. 2010). På bakgrunn av eksisterende kunnskap om mulige effekter fra interaksjon mellom villfisk og kultivert/oppdretts-fisk fra laksefisk spesielt (Hindar m fl. 1991) og andre arter generelt (Araki & Schmid 2010) foreligger en bekymring om at innkryssing av oppdrettslaks med villaks kan føre til en lavere genetisk variasjon i villaksbestanden og en homogenisering av genetiske forskjeller mellom bestander, samt en lavere fitness (produktivitet) i de ville bestandene. Fra studier av ville laksebestander fra spesifikke rømninger i Irland og Nord-Irland (Clifford m.fl. 1998; Crozier 1993, 2000), har man demonstrert genetiske forandringer fra innkryssing av oppdrettslaks. I en nylig publisert artikkel av Glover m fl. (2012) ble det med hjelp av målte genetiske forandringer i ville bestander sannsynliggjort at disse forandringene skyldtes innkryssing av oppdrettslaks. I denne studien ble det benyttet genetiske markører (mikrosatellitter) som på generelt grunnlag ikke skiller mellom oppdrettslaks og villaks. Ett sett med genetiske markører som skiller mellom oppdrettslaks og villaks, uavhengig av opprinnelsespopulasjon har imidlertid blitt identifisert (Karlsson m fl. 2011). Dette markørsettet kan således benyttes for å skille mellom oppdrettslaks, villaks og mulige hybrider mellom disse uten å kjenne til hvilke opphavspopulasjoner foreldrene kan komme fra. Utviklingen av dette markørsettet var bakgrunnen for å forsøke besvare følgende problemstillinger i dette prosjektet:

1. Hvor stor andel av rømt oppdrettslaks som er innkrysset med villaks i Namsen.
2. Hvor godt samvarierer andelen rømt oppdrettslaks i fangstene i overvåkingsfiske med andelen som krysses med villaks?
3. Hvor stor er andelen hybrider mellom rømt oppdrettslaks og villaks hos årsyngel sammenliknet med andel hybrider hos voksen gytelaks?

## 2 Metoder og materiale

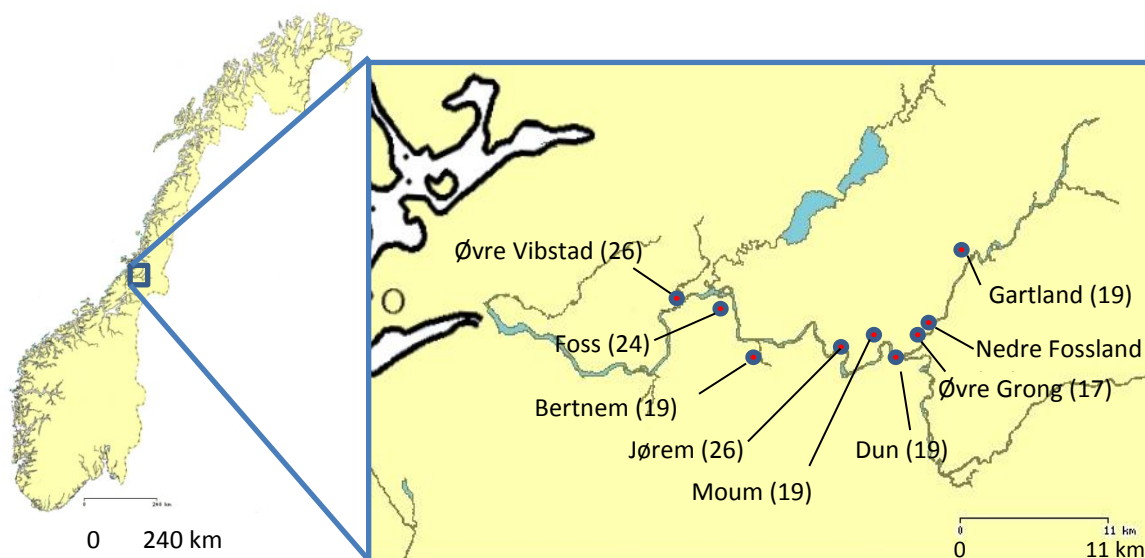
### 2.1 Innsamling og analyse av skjellprøver fra voksen laks

Skjellprøver er samlet inn fra sportsfiske (1. juni – 31. august) og fra overvåkingsfiske om høsten (september/oktober). Prøvene er i hovedsak tatt på sportsfiskeredskap om sommeren og om høsten. I tillegg er noen av prøvene fra høsten tatt på garn. I 2011 ble også en del av prøvene samlet inn ved hjelp av elfiskebåt. Prøvene fra sportsfisket er dominert av prøver fra Moumvaldet, mens prøvene fra høstfisket fram til og med 2006 er i hovedsak samlet inn fra øvre deler av Namsen nedstrøms Fiskumfoss, samt fra Sæleggshylla. I perioden 2007 – 2011 er prøvene fra høstfisket samlet inn fra større deler av vassdraget (Fiske & Wennevik 2011).

Prøvene ble bestemt til villaks eller oppdrettslaks på bakgrunn av skjellkarakterer (Lund & Hansen, 1991, Lund m fl., 1989, Fiske m fl., 2005). I tillegg ble sjøalder, tidligere gytealder og smoltalder for villaks bestemt ut fra skjellanalyse (ICES, 2011). I denne sammenheng er det viktig å presisere at laks som karakteriseres som vill utfra skjellanalyser er laks som hele sitt liv har levd i naturen, men at de likevel kan være avkom fra rømt oppdrettslaks som gytt i naturen.

### 2.2 Innsamling av 0+ i Namsen 2011

Innsamling av 0+ (årsyngel) ble utført av SWECO med elektrisk fiskeapparat i 2011 ved i alt 14 ulike stasjoner i Namsenvassdraget. Innsamlet materiale fra syv av disse stasjonene ble inkludert i denne studien, i tillegg til innsamlet materiale med hjelp av el-fiskebåt (NINA) fra to stasjoner (Figur 3). Totalt ble 190 individer av 0+ analysert for mulig innkrysning av oppdrettslaks.



**Figur 3.** Kart som viser lokalitetene i Namsen der det ble innsamlet 0+ av laks i 2011 som er analysert i denne studien. Nummer i parentes angir antall fisk analysert.



## 2.3 Genetiske analyser

DNA ble isolert fra skjell- (voksenfisk) og finneprøver (0+) med E-Z 96™ Tissue DNA kit (E.Z.N.A.™, Omega Bio-Tek Inc, Norcross), i overensstemmelse med protokollen «Tissue and Mouse Tail protocol». Samtlige individer (250) ble genotypet for 59 enkelt nukleotidpolymorfismer (single nucleotide polymorphisms, SNPs), tidligere identifisert som diagnostiske for å skille mellom oppdrettslaks og villaks uavhengig av opprinnelsespopulasjon (Karlsson m. fl. 2011). PCR ble utført i fire multiplekser, etterfulgt av 'primer extension' i henhold til anbefaling fra Sequenom (www.sequenom.com). PCR-fragmentene ble separert og identifisert med en Sequenom MassARRAY™ Analyzer (Autoflex mass spectrometer). Genotypene ble analysert og identifisert med programmet MassARRAY™ RT v3.4 (Sequenom). I tillegg til de genetiske data generert i denne studien, ble følgende genetiske data fra andre pågående prosjekter inkludert i videre analyser av genetisk oppdrettsinnslag i Namsen: 12 separate avlslinjer fra Aqua Gen AS, Salmobreed og Marine Harvest (Mowi), alle analysert av Karlsson m. fl. (2011), voksen villaks og oppdrettslaks innsamlet i Namsen i 1989, og voksen villaks innsamlet i 2007 i forbindelse med NINAs overvåkingsprogram for laks basert på skjellprøveinnsamling.

Parvise genetiske distanser ( $F_{ST}$ ) mellom samtlige stikkprøver av rømt oppdrettsfisk og villaks ble estimert og visualisert i en prinsipal koordinat analyse (PCoA), ved hjelp av GENALEX 6.0 (Peakall & Smouse 2006). For å vurdere mulig innslag av oppdrettsgener i Namsen ble samtlige stikkprøver av villaks fra Namsen parvis sammenliknet med de 12 separate avlslinjene av oppdrettslaks. Dette ble gjort gjennom individuell allokering av fisk til to antatte populasjoner, uten annen *a priori* informasjon enn hvert enkelt individs flermarkør-genotype, ved hjelp av programmet STRUCTURE (Pritchard m fl. 2000). Vi utførte 50 000 repetisjoner som "burn-in" og 100 000 repetisjoner etter "burn-in" uten *a priori* informasjon om opprinnelsespopulasjonen til fisken. Enkelt beskrevet så ble fisken sortert i et på forhånd bestemt antall populasjoner (2) ut fra deres genotyper slik at avvik fra Hardy-Weinberg genotype-fordeling og koblings-ulikevekt mellom genetiske markører ble minimert. For hvert individ ble det estimert en sannsynlighet for å tilhøre de ulike populasjonene (i dette tilfellet to antatte populasjoner: villaks og oppdrettslaks). Disse sannsynlighetsestimaterne kan også tolkes som en andel av et individs genom som har sin opprinnelse i den ene eller den andre populasjonen.

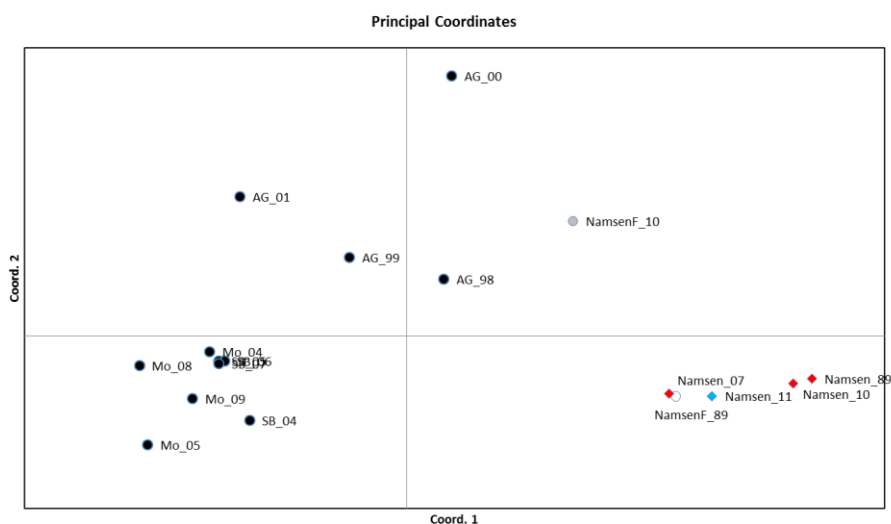
Mulig samsvar mellom estimerte andeler rømt oppdrettslaks fra overvåkningsfiske og estimerte andeler av genetisk innkrysning av oppdrettslaks ble undersøkt. For denne analysen ble voksen laks, karakterisert som villaks fra skjellanalyser, fra innsamlingsårene 1989, 2007 og 2010 sortert til de årene de ble gytt, utfra sjøalder og smoltalder, og estimerte genetiske oppdrettsinnslag ble sammenliknet med andeler oppdrettslaks i de forskjellige gyteårene.

For å undersøke hvorvidt det var mulig å identifisere mulige førstegenerasjonshybrider mellom rømt oppdrettslaks og villaks blant 0+ innsamlet i 2011, ble deres potensielle foreldre innsamlet i 2010 allokert til to antatte populasjoner (vill og oppdrett), ved hjelp av STRUCTURE som beskrevet ovenfor. Ett og ett individ av 0+ ble deretter analysert i STRUCTURE sammen med deres potensielle foreldre. Vi kunne da estimere sannsynlighetene for hver av 0-åringene for å tilhøre den ene eller den andre av to antatte populasjoner (vill og oppdrett) og sammenlikne disse estimatene med estimatene for hvert individ av deres potensielle ville foreldre. Vi undersøkte også om estimatene av sannsynligheter blant 0-åringene til å tilhøre oppdrettslaks eller villaks varierte mellom innsamlingsstasjoner, siden tidligere studier har vist at det er variasjon innenfor Namsenvassdraget i hvor stor andel rømt oppdrettslaks utgjør i prøvefisket om høsten (Fiske & Wennevik 2011) og variasjon i hvor radiomerket oppdrettslaks stopper i vassdraget (Thorstad m fl. 1998).

## 3 Resultater

### 3.1 Genetisk variasjon mellom oppdrettslaks og villaks

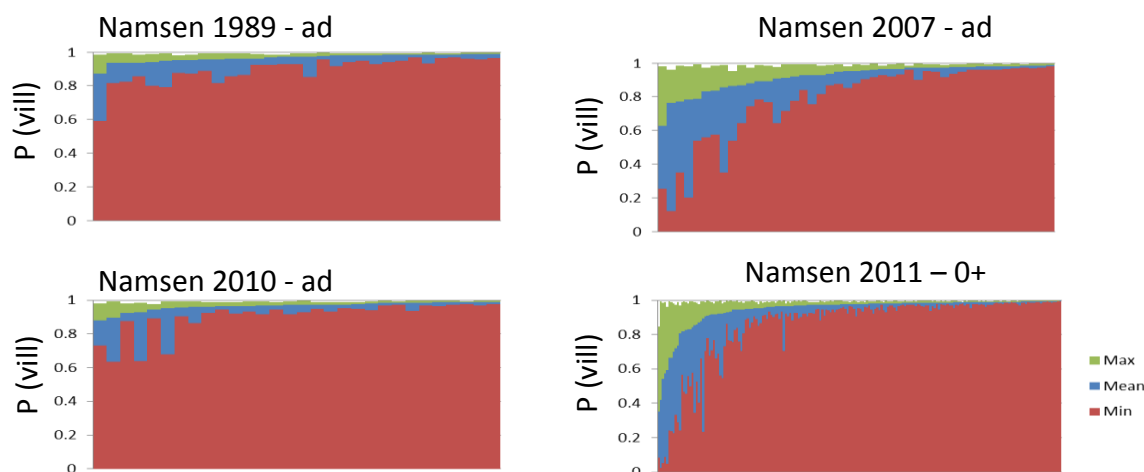
Figur 4 viser en PCoA-illustrasjon av parvise genetiske distanser ( $F_{ST}$ ) mellom oppdrettsfisk og villaks innsamlet i Namsen i forskjellige år, sammen med 12 avlslinjer av oppdrettslaks. Ut fra denne oversikten ser man at rømt oppdrettslaks fra Namsen i 2010 er genetisk mer like oppdrettslaks enn villaksen i Namsen, og at rømt oppdrettslaks innsamlet i Namsen i 1989 er betydelig mer lik villaksen enn dagens oppdrettslaks. Figuren antyder også at villaksen fra 2007 og ungfisken fra 2011 likner mer på oppdrettspopulasjonene enn det villaksen fra 2010 gjør, om vi bruker villaksen fra 1989 som 'baseline' for villaks i Namsen. De parvise  $F_{ST}$ -estimatene var imidlertid ikke forskjellige fra 0 mellom de ulike stikkprøvene av villaks innsamlet i Namsen.



**Figur 4.** Prinsipal koordinat analyse (PCoA) basert på parvise genetiske distanser ( $F_{ST}$ ) mellom 12 avlslinjer (sorte sirkler), rømt oppdrettslaks innsamlet i Namsen i 1989 (hvit sirkel) og 2010 (grå sirkel), voksen villaks fra Namsen i 1989, 2007 og 2010 (røde diamanter) og 0+ laksunger innsamlet i Namsen i 2011 (blå diamanter).

### 3.2 Innkrysning av rømt oppdrettslaks med villaks

Mulig genetisk påvirkning fra innkrysning av oppdrettslaks for enkeltindivider i stikkprøvene av villaks fra Namsen ble undersøkt ved parvis sammenlikning med de 12 avlslinjene (Figur 5). I denne analysen estimeres sannsynligheter for hvert enkelt individ å tilhøre den ene eller den andre av to antatte populasjoner (forklart i Metoder og materiale). Resultatene av disse analysene samsvarer med oversiktsfiguren av genetiske distanser mellom populasjoner (Figur 4), nemlig at villaksen fra 2007 har en større grad av oppdrettsinnslag enn villaksen fra 1989 og 2010, samt at 0+ fra 2011 har en større grad av oppdrettsinnslag enn deres ville foreldre i 2010.



**Figur 5.** Parvise analyser av stikkprøver av villaks fra Namsen med 12 avlslinjer av oppdrettslaks. Hvert individ er representert med en søyle, med gjennomsnittlig (blå), minimal (rød) og maksimal (grønn) sannsynlighet å tilhøre én av to antatte populasjoner i parvis sammenlikning med de 12 avlslinjene. Beregningene er gjort kun basert på fler-markør-genotypen til hver enkelt fisk, og uten informasjon om opphav. Ad = voksen laks; 0+ = laksunger i første leveår.

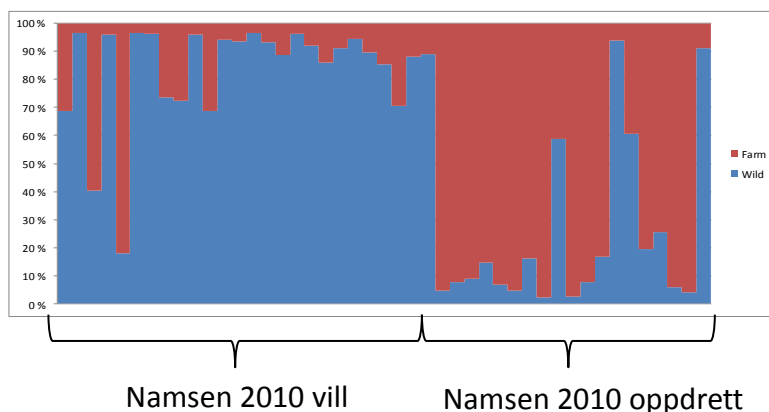
Vi observerte ingen samvariasjon over årsklasser mellom andel rømt oppdrettslaks i fangstene fra overvåkningsfisket og graden av genetisk innkrysning av rømt oppdrettslaks. Analysen ble utført ved å fordele den voksne villaksen fra innsamlingsårene 1989, 2007 og 2010 til den årsklassen de tilhørte (dvs. til foreldrenes gyteår), ut fra deres totale alder ved fangst (smolt- og sjøalder). Derne st så vi om det var noen samvariasjon mellom det beregnete oppdrettsinnslaget i foreldrenes gyteår (Anon. 2012), og den genetiske signaturen av rømt oppdrettslaks i hver årsklasse (Tabell 1). Siden det er betydelig variasjon i livshistorie, og få innsamlingsår, ble det få antall individer per gyteår og stor usikkerhet i estimatene. I Tabell 1 har vi definert ett individ som en oppdrett-x-villakshybrid dersom det hadde et minimumsestimat for å tilhøre villaksgruppen i sammenlikning med de 12 avlslinjene lavere enn 0,6 (Figur 5). Minimumsestimatet ble benyttet da vi skal forvente en sterkere genetisk signatur som oppdrettslaks hos hybridene i sammenlikning med den avlslinjen fra hvilken oppdrettslaksforelderen hadde sitt opphav, enn i sammenlikning med de andre avlslinjene. Dette skyldes at det er betydelige genetiske forskjeller mellom forskjellige avlslinjer av oppdrettslaks (Figur 4).

**Tabell 1.** Sammenlikning mellom beregnet andel oppdrett-X-villakshybrider blant voksen villaks i Namsen og beregnet årsprosent (Diserud m fl. 2012) for innslaget av rømt oppdrettslaks i gyteåret for hvert enkeltindivid. Voksen villaks fra 1989, 2007 og 2010 inngår i analysen.

<b>Gyeteår</b>	<b>N</b>	<b>Andel hybrider (%)</b>	<b>Andel rømt oppdrettslaks (%) (Årsprosent)</b>
1980	1	0	
1981	2	0	
1982	5	0	
1983	14	7	
1984	8	0	
1985			
1986			
1987			
1988			
1989			24
1990			19
1991			10
1992			12
1993			3
1994			8
1995			18
1996			15
1997			18
1998	1	0	17
1999	5	0	4
2000	6	33	3
2001	18	22	7
2002	13	8	22
2003	10	10	7
2004	16	0	13
2005	5	0	4
2006	1	0	11

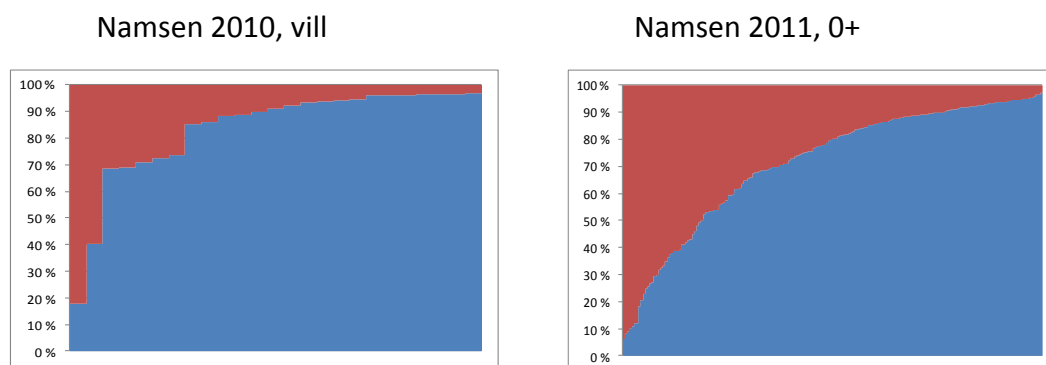
### 3.3 Førstegenerasjons oppdrett-x-villakshybrider

Som vist i Figur 4 var det en relativt tydelig forskjell mellom laks kategorisert fra skjell som rømt oppdrettslaks og villaks fra Namsen i 2010. Enkelte individer av oppdrettslaks hadde en genetisk sammensetning mer lik villaks og to individer av villaks hadde en genetisk sammensetning mer lik oppdrettslaks (Figur 6).



**Figur 6.** Individuell sannsynlighet for genetisk tilhørighet til en av to antatte populasjoner for voksen villaks og rømt oppdrettslaks innsamlet i Namsen 2010. Beregningene er gjort kun basert på fler-markør-genotypen til hver enkelt fisk, og uten informasjon om opphav.

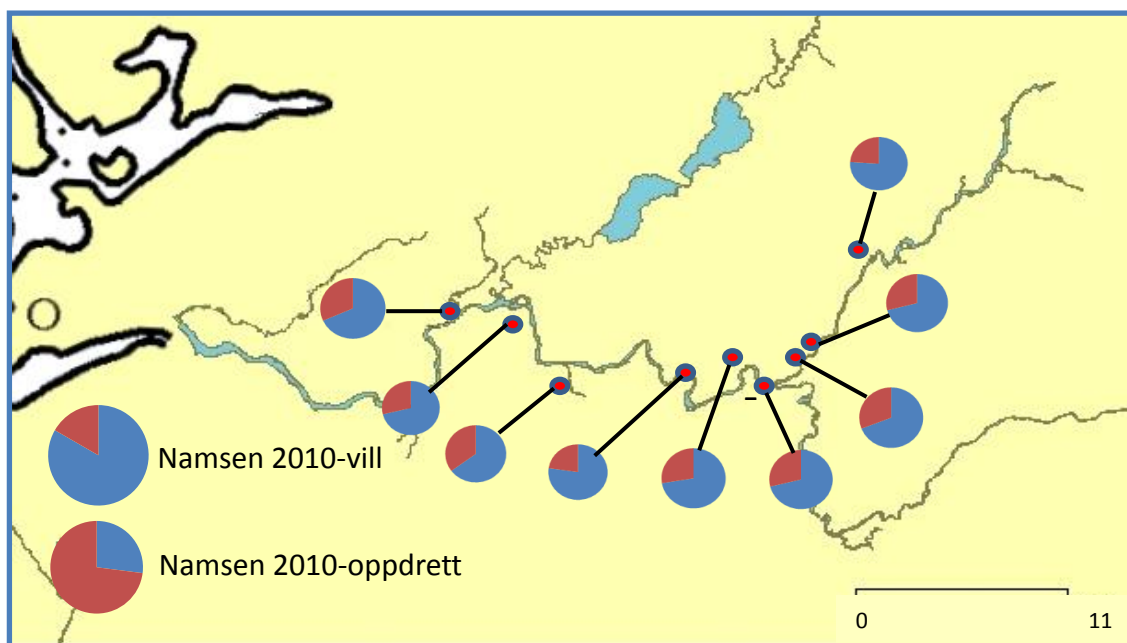
Ett og ett 0+ individ fra 2011 ble så analysert sammen med rømt oppdretts- og villaksen fra 2010 og sammenliknet med deres potensielle ville foreldre (Figur 7).



**Figur 7.** Individuell sannsynlighet for genetisk tilhørighet til en av to antatte populasjoner for henholdsvis voksen villaks innsamlet i Namsen 2010 (venstre panel = Vill fra Figur 6, sortert) og 0+ ungfisk innsamlet i Namsen 2011 (høyre panel). Ett og ett individ av 0+ ble analysert sammen med voksen villaks og rømt oppdrettslaks fra 2010. Beregningene er gjort kun basert på fler-markør-genotypen til hver enkelt fisk, og uten informasjon om opphav.

Den relativt upresise atskillelsen av enkeltindivider av rømt oppdrettslaks og villaks fra 2010 og den relativt store variasjonen av sannsynlighetsestimater for å tilhøre den ene eller den andre gruppen blant 0+, antyder at individuell identifikasjon av mulige villaks-x-oppdrettslakshybrider er usikker. Teststyrken for å finne mulige forskjeller i andel førstege-

nerasjonshybrider blant stikkprøver fra de øvre og nedre delene i Namsen, eller mellom stasjoner, blir derfor svak. Den optimale atskillelsen hadde vært om samtlige rømt oppdrettslaks hadde vist en sannsynlighet tilnærmet lik null og villaksen en sannsynlighet tilnærmet lik 1 for å tilhøre den ene av to populasjoner, og at deres potensielle avkom (0+, 2011) hadde vist sannsynligheter nær 1 for ren villaks, 0 for ren oppdrettslaks og 0,5 for hybrider. Istedenfor å ha som mål å identifisere enkelthybrider, så brukte vi sannsynlighetsestimatene fra enkeltindivider av 0+ for se hvordan disse var fordelt i de ulike innsamlingsstasjonene (Figur 8). Andelen ungfisk fra 2011 klassifisert til gruppen «2010-oppdrett» viste ingen markerte forskjeller mellom stasjoner, eller mellom de øvre og de nedre delene av Namsen.



**Figur 8.** Gjennomsnittlig sannsynlighet for å tilhøre en av to antatte populasjoner for 0+ laksunger innsamlet ved ulike stasjoner i Namsen 2011 i sammenlikning med voksen vill- og rømt oppdrettslaks i Namsen 2010.

## 4 Diskusjon

### 4.1 Genetisk innkryssing av rømt oppdrettslaks hos voksen villaks

Rømt oppdrettslaks og villaks fanget i Namsen i 2010 er genetisk forskjellige. Oppdrettslaksen er genetisk mer lik referansepopulasjoner av oppdrett fra de store avlslinjene, mens villaksen ikke er signifikant genetisk forskjellig fra villaks fanget i 1989. Rømt oppdrettslaks fanget i Namsen i 1989 er mer like villaksen i Namsen enn rømt oppdrettslaks fanget i 2010. De er også mer like villaksen i Namsen enn de er noen av de store avlslinjene av oppdrett som inngår i denne studien. Dette resultatet antyder at genetiske spor av innkryssing av rømt oppdrettslaks som har skjedd tidligere, vanskelig kan detekteres med de metodene vi bruker. Det er derfor rimelig å anta at estimat av akkumulert genetisk innkryssing av rømt oppdrettslaks i en villaksstamme blir underestimert.

I sammenlikning med de 12 avlslinjene viste de ulike villakssamplene fra Namsen en varierende grad av oppdrettsinnslag. Voksen villaks fra 2007 viste en større andel fisk med genetisk likhet til oppdrettspopulasjonene enn voksen villaks fra 2010 og 1989. Siden vi i liten grad kan spore tidligere innkryssninger av rømt oppdrettslaks, og det er variasjon i estimert innslag fra forskjellige innsamlingsår, bør et større antall fisk analyseres fra mange forskjellige år. Dette for å ta høyde for store årlige forskjeller i andel rømt oppdrettslaks i Namsen (Anon. 2012) og potensielt stor årlig variasjon i relativ gytesuksess hos disse (Hindar m fl. 2006).

Et forsøk ble gjort på å undersøke mulig samvariasjon mellom årlig andel rømt oppdrettslaks fra overvåkningsfiske og andel fisk med genetisk signatur av oppdrettsgener i motsvarende år de ble gytt. Vi fant variasjon mellom gyteår i beregnet andel fisk med oppdrettsgener, men fant ingen samvariasjon med estimerte andeler rømt oppdrettslaks fra overvåkningsfisket i Namsen. Det bør imidlertid påpekes at denne analysen er svært sårbar på grunn av meget lave utvalgsstørrelser i de ulike gyteårene.

## 4.2 Identifisering av oppdretts- x-villakshybrider

Årsyngel fanget i 2011 hadde et større beregnet oppdrettsgenetisk innslag enn deres potensielt ville foreldre i 2010. En nærliggende forklaring på dette er at det skjedde hybridisering mellom rømt oppdrettslaks og villaks i 2010. Identifiseringen av mulige hybrider mellom rømt oppdrettslaks og villaks blant årsyngel innsamlet i 2011 var imidlertid usikker. Det er to sannsynlige hovedgrunner til dette: 1. Små utvalg av voksen villaks og rømt oppdrettslaks i 2010, og 2. Rømt oppdrettslaks i Namsen 2010 hadde sitt opphav i flere ulike avlspopulasjoner av oppdrettslaks. På grunn av små utvalg av villaks og rømt oppdrettslaks i 2010 var det stor variasjon i hvordan enkeltfisk genetisk kunne tilhøre den ene eller den andre gruppen. Dette fordi de få individene fra hver gruppe ikke vil kunne representere den genetiske sammensetningen til villaksen og oppdrettslaksen på en tilfredsstillende måte. Som vist i figur 4 er det meget stor genetisk variasjon mellom forskjellig oppdrettsstammer (avlslinjer). Dersom rømt oppdrettslaks har opphav fra flere av oppdrettsstammene vil de innsamlede oppdrettslaksene i Namsen i 2010 ikke representere en oppdrettspopulasjon, men heller en heterogen gruppe av oppdrettslaks. De analytiske metodene for å skille mellom grupper av fisk som benyttes, forutsetter at de har sitt opphav i enkeltpopulasjoner, og at visse individer kan være en kryssning mellom de antatte populasjonene som inngår. Til tross for at populasjoner av rømt oppdrettslaks og villaks genetisk kan plasseres i to forskjellige grupper (Figur 4), så er det meget stor variasjon innen hver gruppe (spesielt mellom forskjellige avlslinjer). Om referansegruppene (spesielt oppdrettslaksen) består av en mix av laks fra forskjellige populasjoner blir derfor gruppering av enkeltindivider til rømt oppdrett- eller villaks mindre effektiv og identifisering av hybrider vanskelig.

En alternativ måte å identifisere mulige førstegenerasjons hybrider mellom rømt oppdrettslaks og villaks på, kan være å bruke de forskjellige avlspopulasjonene som referanser for oppdrettslaks istedenfor stikkprøver av rømt oppdrettslaks fra elva. Dette ble ikke forsøkt gjort i denne studien, da de analytiske metodene for dette ikke er ferdigutviklede og fordi vi mangler genetiske data fra de siste generasjonene av oppdrettslaks fra Aqua Gen AS, som eventuell oppdrettslaks fra 2010 stammer fra. Det siste er spesielt viktig, da Aqua Gen AS i 2005 slo sammen alle fire avlslinjer til en «superpopulasjon». Oppdrettslaks fra Aqua Gen AS i dag stammer derfor ikke lenger fra en av de fire avlslinjene, men fra en blanding av disse. I denne studien valgte vi derfor å ikke identifisere enkelt laks som oppdrett-villaks hybrider, men heller beregne den gjennomsnittlige sannsynligheten (genetiske signaturen) for oppdrettstilhørighet i forhold til rømt oppdrettslaks og villaks innsamlet i elva 2010. Vi vil teste ut alternative måter å beregne innslag av hybrider på i nær framtid.

Vi observerte ingen åpenbare forskjeller i oppdrettsinnslag mellom de ulike innsamlingsstasjonene for ungfisk, og spesielt ikke mellom de øvre og nedre delene av Namsen. Imidlertid var

analysen for dette svak, da vi ikke med sikkerhet kunne identifisere enkelt individer som hybrider mellom rømt oppdrettslaks og villaks, men isteden brukte de gjennomsnittlige sannsynlighetstematene for å genetisk tilhøre oppdrettslaks og villaks.

### 4.3 Konklusjoner

1. Signaturer av innkrysning av rømt oppdrettslaks med villaks i Namsen ble observert og disse varierte mellom innsamlingsår og mellom ulike årsklasser. For å kartlegge og kvantifisere genetiske forandringer i villakspopulasjonens genom i Namsen som en følge av innkrysning av rømt oppdrettslaks bør det derfor analyseres et større antall fisk fra et større antall innsamlingsår og årsklasser.
2. Vi observerte ingen samvariasjon over årsklasser mellom andel rømt oppdrettslaks i fangstene fra overvåkningsfiske og grad av genetisk innkrysning av oppdrettslaks. Tallmaterialet fra denne analysen ble imidlertid meget liten etter at fisk fra de ulike innsamlingsårene ble fordelt til årsklasser.
3. Den genetiske signaturen av oppdrettslaks var høyere i ungfisksamplet (2011) enn i samplet av voksen villaks i 2010. Ut fra dette er det rimelig å konkludere med at det skjedde hybridisering mellom rømt oppdrettslaks og villaks i 2010. Imidlertid, var det vanskelig å identifisere enkeltfisk som hybrider, noe som i stor grad antas å være på grunn av for små samples av voksen villaks og rømt oppdrettslaks i 2010 og at de rømte oppdrettslaksene hadde opphav i mange genetisk forskjellige oppdrettspopulasjoner. For framtidige analyser vil det derfor være viktig å øke samplestørrelsene og forbedre analysemetodene.

## 5 Referanser

- Anon. 2012. Vedleggsrapport med vurdering av måloppnåelse og beskatningsråd for de enkelte bestandene. Rapport fra Vitenskapelig råd for lakseforvaltning nr 4b: 1-599.
- Araki, H. & Schmid, C. 2010. Is hatchery stocking a help or a harm? Evidence, limitations and future directions in ecological and genetic surveys. *Aquaculture*, 308: S2-S11.
- Clifford, S. L., 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 Science*, 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.
- Diserud, O. H., Fiske, P. & Hindar, K. 2012. Forslag til kategorisering av laksebestander som er påvirket av rømt oppdrettslaks. NINA Rapport 782: 1-32 + vedlegg.
- Fiske, P., Lund, R. A. & Hansen, L. P. 2005. Identifying fish farm escapees. In: *Stock Identification Methods*, eds. S. X. Cadrin, K. D. Friedland & J. R. Waldman, pp. 659-680. Amsterdam: Elsevier Academic Press.
- Fiske, P., Lund, R., Østborg, G. M. & Fløystad, L. 2001. Rømt oppdrettslaks i sjø- og elvefiske i årene 1989-2000. NINA Oppdragsmelding 704, 26 s.
- Fiske, P. & Wennevik, V. 2011. Overvåking- og utfisking av rømt oppdrettslaks i Namsen og Namsenfjorden 2007 – 2009. . Oppdragsrapport Kunnskapssenteret for Laks og Vannmiljø 11: 1-18.



- Fleming, I. A., Hindar, K., Mjølnerød I. B., Jonsson, B., Blastad, T. & Lamberg, A. 2000. Lifetime success and interactions of farm salmon invading a native population. *Proceedings of the Royal Society London B*, 267: 1517-1523.
- Gjedrem, T., Gjøen, H. M. & Gjerde, B. 1991. Genetic origin of Norwegian farmed Atlantic salmon. *Aquaculture*, 98: 41-50.
- 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., 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.
- Hindar, K., Ryman, N., Utter, F. 1991. Genetic effects of cultured fish on natural fish populations. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Science*, 48: 954-957.
- Hindar, K., Fleming, I. A., McGinnity, P., Diserud, O. 2006. Genetic and ecological effects of salmon farming on wild salmon: modelling from experimental results. *ICES Journal of Marine Science*, 63: 1234-1247.
- ICES. 2011. Report of the workshop on age determination of salmon (WKADS). *ICES CM 2011/ACOM 44*: 1-63.
- Karlsson, S., Moen, T. & Hindar K. 2010. Contrasting patterns of genetic diversity between microsatellites and mitochondrial SNPs in farm and wild Atlantic salmon. *Conservation Genetics*, 11: 571-582.
- Karlsson, S., Moen, T., Lien, S. & 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.
- 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.
- Lund, R. A., Hansen, L. P. & Järvi, T. 1989. Identifisering av oppdrettslaks og villlaks ved ytre morfologi, finnestørrelse og skjellkarakterer. NINA forskningsrapport 001: 1-54.
- 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.
- Mjølnerød, I. B., Refseth, U. H., Karlsen, E., Balstad, T., Jakobsen, K. S. & Hindar, K. 1997. Genetic differences between two wild and one farmed population of Atlantic salmon (*Salmo salar*) revealed by three classes of genetic markers. *Hereditas*, 127: 239-248.
- Peakall, R. & Smouse, P. E. 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. - *Molecular Ecology Notes*, 6 (1): 288-295.
- Pritchard, J. K., Stephens, M. & Donnelly, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. - *Genetics*, 155: 945-959.
- Skaala, Ø., Høyheim, 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: 131-143.
- Skaala, Ø., Taggart, J. B. & Gunnes, K. 2005. Genetic differences between five major domesticated strains of Atlantic salmon and wild salmon. *Journal of Fish Biology*, 67: 118-128.
- 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.
- Thorstad, E. B., Heggberget, T. G. & Økland, F. 1998. Migratory behaviour of adult wild and escaped farmed Atlantic salmon, *Salmo salar* L., before, during and after spawning in a Norwegian river. *Aquaculture Research* 29(6): 419-428.
- Thorstad, E. B., Rikstad, A. & Sandlund, O. T. 2006. Kunnskapsstatus for laks og vannmiljø i Namsenvassdraget. Kunnskapscenter for Laks og Vannmiljø, Namsos, 64 s.

## Norsk institutt for naturforskning

NINA Hovedkontor

Postadresse: Postboks 5685 Sluppen, NO-7485 Trondheim

Besøks/leveringsadresse: Tungasletta 2, NO-7047 Trondheim

Telefon: 73 80 14 00, Telefaks: 73 80 14 01

E-post: [firmapost@nina.no](mailto:firmapost@nina.no)

Organisasjonsnummer 9500 37 687

<http://www.nina.no>

Samarbeid og kunnskap for framtidens miljøløsninger