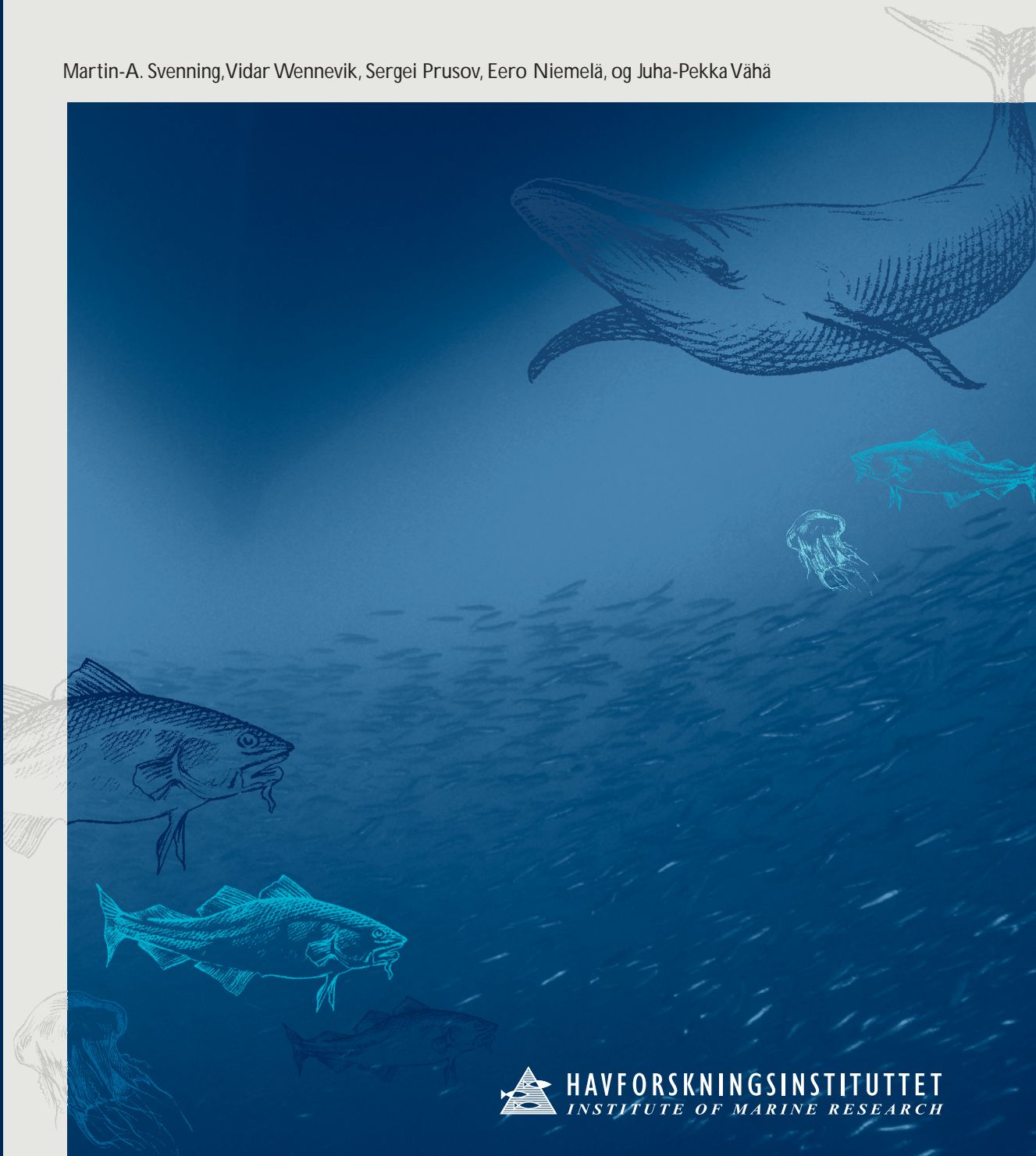


Sjølaksefiske i Finnmark: Ressurs og potensial Del II

Genetisk opphav hos atlantisk laks (*Salmo salar*) fanga av sjølaksefiskere langs kysten av Finnmark sommeren og høsten 2008

Martin-A. Svenning, Vidar Wennevik, Sergei Prusov, Eero Niemelä, og Juha-Pekka Vähä



Sjølaksefiske i Finnmark: Ressurs og potensial Del II

Genetisk opphav hos atlantisk laks (*Salmo salar*) fanga av sjølaksefiskere langs kysten av Finnmark sommeren og høsten 2008

Martin-A. Svenning

Norsk institutt for naturforskning (NINA-Tromsø)

Vidar Wennevik

Havforskningsinstituttet (Bergen)

Sergei Prusov

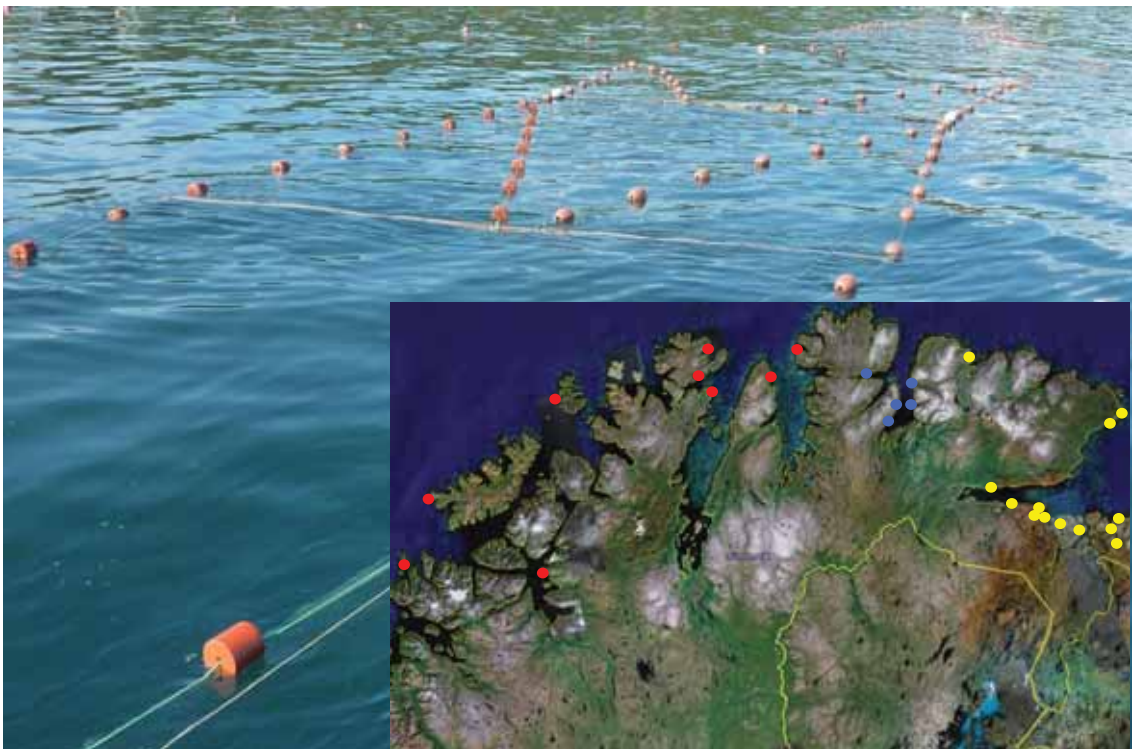
N.M. Knipovitsj polarvitenskapelige forskningsinstitutt for sjøfiskehusholdning
og oseanografi (PINRO-Murmansk)

Eero Niemelä

Det finske vilt- og fiskeriforskningsinstituttet (RKTL)

Juha-Pekka Vähä

Universitetet i Turku (UTU)



RAPPORT fra Norsk institutt for naturforskning (NINA), Havforskningsinstituttet (IMR), Det finske vilt- og fiskeriforskningsinstituttet (RKTL), N.M. Knipovitsj polarvitenskapelige forskningsinstitutt for sjøfiskehusholdning og oseanografi (PINRO-Murmansk) og Universitetet i Turku (UTU).

Henvendelser kan rettes til:

Norsk institutt for naturforskning

NINA-Tromsø

Framsenteret, 9296 Tromsø

v/ Martin-A. Svenning

Tlf.: 77750400 / 93466725

Fax.: 77750401

Epost: martin.svenning@nina.no

Havforskningsinstituttet

Postboks 1870 Nordnes

5817 Bergen

v/ Vidar Wennevik

Tlf.: 55 23 85 00 / 90662394

Faks: 55 23 85 31

Erpost: vidar.wennevik@imr.no

Bilde side 3: Kart over Finnmark, der røde, blå og hvite punkter angir fangstområdene til de 27 laksefiskerne i henholdsvis Vest-Finnmark, Tanafjorden og Øst-Finnmark, som deltok under sjølaksefisket i 2008.

PROSJEKTRAPPORT



Nordnesgaten 50, Postboks 1870 Nordnes, 5817 BERGEN
Tlf. 55 23 85 00, Faks 55 23 85 31, www.imr.no

Tromsø 9294 TROMSØ **Flødevigen** 4817 HIS **Austevoll** 5392 STOREBØ **Matre** 5984 MATREDAL

Rapport: Fisken og Havet	Nr. - År 3-2011	Distribusjon: Åpen
Tittel (norsk/engelsk): Sjølaksefiske i Finnmark: Ressurs og potensial Del II Genetisk opphav hos atlantisk laks (<i>Salmo salar</i>) fanga av sjølaksefiskere langs kysten av Finnmark sommeren og høsten 2008		Prosjektnr.:
Forfatter(e): Martin-A. Svenning, Vidar Wennevik, Sergei Prusov, Eero Niemelä og Juha-Pekka Vähä		Oppdragsgiver(e): Direktoratet for naturforvaltning
		Oppdragsgivers referanse:
		Dato: 3. oktober 2011
		Program:
		Faggruppe:
		Antall sider totalt: 35

Sammendrag:

For å øke kunnskapen om laks langs kysten av Finnmark ble prosjektet "Sjølaksefisket i Finnmark; ressurs og potensial" startet sommeren 2008. Prosjektet var et samarbeid mellom Norsk institutt for naturforskning (NINA-Tromsø), det finske vilt- og fiskeriforskningsinstituttet (RKTL), Fylkesmannen i Finnmark (FMVA) og sjølaksefiskerne i Finnmark. Fra 2009 deltok også Havforskningsinstituttet (IMR) og Knipovitsj polarvitenskapelige forskningsinstitutt for sjø, fiskehusholdning og oseanografi (PINRO-Murmansk) i prosjektet, samt at Universitetet i Turku (UTU) kom med fra 2010. Til sammen 27 sjølaksefiskere samla i 2008 inn bestandsdata og skjellprøver fra mer enn 4 200 laks, samt mager fra 3 000 laks. Det ble fisket med både krokgarn og kilenot. Nærmere 2 000 av laksene er analysert genetisk ved Havforskningsinstituttet og ved Universitetet i Turku. Formålet med dette arbeidet har vært å stadfeste det genetiske opphavet til laksene, dvs. forsøke å finne hvilke elver, regioner og/eller land laksene stammer fra.

Fisket foregikk fra 20. mai til 31. juli 2008, og de fleste laksene ble fanga på krokgarn (87,8 %). I tillegg til 4 224 villaks, ble det fanga 154 (3,6 %) oppdrettslaks, én sjøørret, én oppdrettsørret og tre pukkellaks. I Vest-Finnmark utgjorde oppdrettslaks 6,3 % av fangstene, mens innslaget i Tanafjorden og Øst-Finnmark bare var 1,1 %. Basert på ytre karakterer ble 54 laks karakterisert som oppdrettslaks, mens skjellanalysene viste at ytterligere 100 laks var rømt oppdrettsfisk. Det ble fanget flere storlaks i Vest-Finnmark (33 %) og i Tanafjorden (36 %) enn i Øst-Finnmark (20 %). For hele fylket avtok andelen storlaks fra 50 % i slutten av mai til mindre enn 15 % i slutten av juli. Andelen hunner avtok tilsvarende fra 80 % i mai til 50 % ultimo juli. Hunner utgjorde 40, 70 og 80 % av henholdsvis små- (< 3 kg), mellom- (3-7 kg) og storlaks (> 7 kg).

For å kunne bestemme opphav til laksen, ble det satt sammen en såkalt genetisk baseline, dvs. data med genetisk informasjon om de ulike laksebestandene, som genetiske prøver av laksen fanget i sjølaksefisket kunne sammenliknes mot. Denne databasen inneholdt genetiske profiler for 51 laksebestander fra Kvitsjøen til Senja, utviklet gjennom å analysere et antall genetiske markører i

prøver av ungfisk fra disse vassdragene. Det ble utviklet to ulike baseline, en med 18 genetiske markører for alle elvene (BL18) og en med 12 genetiske markører som hadde bedre dekning av den komplekse bestandstrukturen i Tanavassdraget (BL12). Usikkerhet og presisjon ved bruk av disse baselinene til å bestemme sammensetning av fangstene fra sjølaksefisket ble vurdert. Vurderingene viste at estimatene basert på dette datasettet er beheftet med en del usikkerhet i forhold til å bestemme laksens hjemelv, men at de gir relativt presise estimater på regional og nasjonal skala. Vi anbefaler at baseline utvikles videre til å omfatte både flere vassdrag og deler av vassdrag, samt at antallet genetiske markører økes.

Av de totalt 4 224 villaksene ble 1 387 fisk analysert genetisk i henhold til baseline 1 (BL18, 18 mikrosatellitter) og 1 958 fisk i henhold til baseline 2 (BL12, 12 mikrosatellitter). Laks som ble fanga i Tanafjorden ble kun analysert i henhold til BL12. Videre inneholder BL18 kun to sideelver i Tana, mens BL12 inkluderer 12 sideelver (inklusive hovedvassdraget). Ved å øke presisjonsnivået vil sannsynlig-heten for å tilordne hver fisk til riktig hjemelv øke, samtidig som at mange usikre fisk "faller" fra. Ved valgt presisjonsnivå på 90 % hadde ca 20 % av de undersøkte laksene sitt opphav i russiske elver. Innslaget var høyest tidlig i sesongen, samt i østre del av fylket (Varangerfjorden).

I Vest-Finnmark sank andelen 1- og 2-sjøvinter russisk laks fra ca 60 % i mai til ca 10 % i juli, noe som tyder på at det kom et innsig av russisk laks fra vest i 2008. Innslaget av 3-sjøvinter russisk laks var imidlertid svært lavt hele sesongen (mindre enn 3 %). Det totale innslaget av Tanalaks i Vest-Finnmark sank fra 18 % i mai til 12 % i juli, mens all Tanalaks som ble fanget i mai var 3-sjøvinterlaks. Innslaget av 1-sjøvinter Tanalaks økte imidlertid utover sommeren, noe som indikerer at også smålaksen fra Finnmarkselvane vandrer inn fra vest, men kommer senere inn til kysten enn storlaksen.

I Øst-Finnmark (Varangerfjorden) var innslaget av både 1- og 2-sjøvinter russisk laks høyt i mai (67 %) og sank til ca 50 % i juli. Også innslaget av 3- og 4-sjøvinter russisk laks var høyt i mai (70 %), men sank raskt utover sommeren til bare 15 % i juli. Det høye innslaget av storlaks i Varangerfjorden allerede i mai kan tyde på at 3- og 4-sjøvinter russisk laks ikke har samme vandringsmønster og/eller ikke bruker de nøyaktig samme oppvekstområdene som Tanalaksen og laks fra andre elver i Finnmark. Totalt sett var innslaget av Tanalaks nesten like høyt i Varangerfjorden (15 %) som i Vest-Finnmark (18 %). Dette åpner for mange alternative vandringsruter, som for eksempel at en del av laksebestanden vandrer inn vestfra allerede på senvinteren, at en del av laksen beiter i Varangerfjorden om vinteren og/eller at det også vandrer en del laks inn fra nord-øst. Innslaget av russisk flersjøvinter laks i fangstene i Tanafjorden var vesentlig lavere enn i Vest-Finnmark og Varangerfjorden.

Resultatene viser at vi nå er i stand til å utvikle en genetisk baseline for laksebestandene i Nord-Norge og Russland, og anvende denne til å stadfeste det genetiske opphavet til laksene. Ved å utvide baselinene ytterligere, dvs. ved å analysere flere elver i regionen samt øke antall genetiske markører, viser denne undersøkelsen at det vil være mulig å finne – ikke bare region og opphavsland – men også hjemelva til laks som fanges langs kysten av Nord-Norge. I løpet av 2013 vil den nye baselinene være operativ, noe som vil gi forvaltningen et nytt verktøy til å sikre en bærekraftig utnyttelse av de nordlige laksebestandene i årene fremover.

Summary:

A multistock Atlantic salmon (*Salmo salar*) sea-fishery operates off the coast of Finnmark, the northernmost county in Norway, where the average annual landings the last 15-20 years have been 200-300 tonnes. This is approximately equal to the total annual river landings in the 43 Finnmark rivers. The total river and sea-fishery catch in Finnmark constitutes around 50 % of the total catch of Atlantic salmon in Norway. The salmon sea-fishery in Finnmark has long cultural traditions, and has been under strong debate the last 10 years, due to the complexities involved in the potential mixed stocks harvesting, especially since Russian salmon from more than 60 Kola rivers may also

be harvested during their homeward spawning migration.

To increase our knowledge of adult Atlantic salmon along the Finnmark coastal area, the Kolarctic-project "Sea salmon fishery – resources and potential" was initiated in summer 2008. The project was a co-operation between Norwegian Institute for Nature Research (NINA-Tromsø), Finnish Game and Fisheries Research Institute (RKTL), The County Governor of Finnmark and the three sea-fishery organizations in Finnmark. From 2009, the Institute of Marine Research (IMR-Bergen) and the Polar Research Institute of Marine Fisheries and Oceanography (PINRO-Murmansk) were included and from 2010 also the University of Turku.

Between mid May and late July 2008, more than 4 200 salmon were captured (hook net and keyway) by local sea-fishermen along the Finnmark coast. All fish were measured and weighed, their sex and maturity defined, the number of sea lice counted, and their stomachs frozen. Scales were sampled from all fish, and 3 000 individuals were analyzed for microsatellite genetic markers, in an attempt to define country, region and/or specific river origin of each salmon.

To determine the origin of the salmon caught in the sea fisheries, the genetic data of individuals were compared to a database of genetic profiles from 51 rivers in north Norway and Russia, using statistical assignment methods. These methods assigned each fish with a given probability to possible source populations. The precision of the assignment depends both on the coverage of the genetic baseline and the number and variability of the genetic markers used. In this study, we compared the performance of two different baselines; one consisting of 18 microsatellite markers covering all rivers, but with a limited coverage of the River Tana, the largest river within the survey area, and one consisting of 12 microsatellite markers with a more complete coverage of the Tana River system. The results showed that while the precision in general (measured as correct assignment to home river) achieved was higher using the 18 marker baseline, the limited coverage of the Tana system led to mis-assignment of fish belonging to this river system to other rivers in the region. There was, however, a general tendency for mis-assigned fish to be assigned to rivers within the same region, consistent with an isolation by distance pattern, where geographically close populations are more similar than distant ones.

In Western Finnmark, the proportion of 1- and 2-seawinter Russian salmon in the catches decreased from 60 % in May to ca 10 % in July (given a precision level of $p > 0.7$), suggesting that Russian salmon approached the Finnmark coast from the west in summer 2008. The proportion of 3-seawinter Russian salmon was, however, very low (< 3 %) during the entire fishing season (May-July). The proportion of Tana salmon in western Finnmark decreased from 18 % in May to 12 % in July, whereas all Tana salmon captured in western Finnmark in May were 3-seawinter salmon. The amount of 1-seawinter (small) Finnmark salmon increased during summer, indicating that also small Finnmark salmon approached the coast from the west, although significantly later than the larger salmon (2- and 3-SW).

In Eastern-Finnmark (Varanger fjord) the proportion of Russian salmon was fairly high during the entire fishing season, although decreasing from 67 % in May to 50 % in late July. Also the amount of large Russian salmon (3- and 4-seawinter) was very high in May (70 %), but decreased significantly during summer, being less than 15 % in late July. The relatively high incidence of large Russian salmon in Eastern Finnmark in May may indicate that the larger salmon have a different migration patterns, and/or use other feeding areas, compared to salmon from the Norwegian/Finnmark rivers.

The incidence of Russian salmon was low in the catches within the Tana fjord, while the amount of Tana salmon in the catches was at the same level both from western and eastern Finnmark. This may indicate that Tana/Finnmark salmon, after feeding in winter in the Barents Sea, may approach the Finnmark coast both from west, north and east. Some salmon/populations may, however, feed in the eastern coastal area in winter. The migration patterns of Atlantic salmon along the Finnmark coast in summer may thus be very complex.

Our results illustrate that by developing a genetic base line for Atlantic salmon populations in North-Norway and Russia, it is possible to document the genetic origin of salmon caught along the

Finnmark coast. By expanding the number of baseline rivers and increasing the number of genetic markers, we will be able to not only confirm from which home region or country the salmon originate, but also determine the home river for each salmon caught. In 2013, during the new Kolarctic-salmon project (2011-2013), an improved baseline will be finalized, giving the management authorities a new tool to ensure a future viable exploitation of the northernmost Atlantic salmon populations in Europe.

Emneord (norsk):

1. Atlantisk laks
2. Vandringsmønster
3. Genetisk opphav

Subject heading (English):

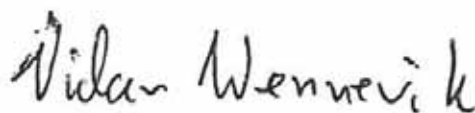
1. Atlantic salmon
2. Migration pattern
3. Genetic origin



Martin A. Svenning

Prosjektleder

Norsk institutt for naturforskning



Vidar Wennevik

Prosjektleder

Havforskningsinstituttet

Innhold

Forord.....	11
1 Bakgrunn og målsetting	13
2 Metoder og materiale	15
2.1 Fangstområder, fangstinnsats og redskapstype	15
2.2 Karakterisering av gytefisk/gjellfisk, flergangsgytere og oppdrettsfisk.....	16
2.3 Skjellanalyser	18
2.4 Genetisk baseline av nordlige laksebestander	19
3 Resultater.....	23
3.1 Fangster fra sjølaksefisket i 2008.....	23
3.2 Størrelsessammensetning i fangstene	24
3.3 Innslag av oppdrettslaks	24
3.4 Genetisk testing av baseline	26
3.5 Laksenes tilhørighet.....	29
4 Sammenfattende diskusjon.....	32
5 Litteratur.....	34

Forord

Kunnskapen om sjøoppholdet til de nordlige laksebestandene er svært mangelfull. Dette gjelder også vandringsmønster og beiteadferd når laksen vandrer inn mot kystområdene i Finnmark i sommerhalvåret (gytevandring). Vi antar at sjølaksefisket i Finnmark beskatter laks fra de fleste elvene i fylket, samt fra en del elver på Kolahalvøya, dvs. at sjølaksefisket i Finnmark representerer et fiske på såkalt blanda bestander. Dette er analogt med fisket i for eksempel Tanaelva, der beskatningen i hovedelva skjer på minst 30 ulike bestander, fra minst like mange sideelver.

For å øke kunnskapen om villaksen langs kysten av Finnmark startet prosjektet ”Sjølaksefisket i Finnmark; ressurs og potensial” sommersesongen 2008. Prosjektet var et samarbeid mellom Norsk institutt for naturforskning (NINA-Tromsø), det finske vilt- og fiskeriforskningsinstituttet (RKTL), de tre sjølaksefiskerorganisasjonene i Finnmark og Fylkesmannen i Finnmark (FMVA). De to førstnevnte var faglig ansvarlige for prosjektet, mens Fylkesmannen var koordinator. Direktoratet for naturforvaltning (DN) ga særskilt tillatelse til at 27 navngitte sjølaksefiskere (med oppgitte lakseplasser) kunne starte laksefisket allerede 20. mai, og at de kunne benytte krokgarn fram til 31. juli.

De 27 laksefiskere som deltok i prosjektet gjorde en formidabel innsats. I overkant av 4 200 skjellprøver ble samlet inn, og all fisk ble lengdemålt, veid og kjønnsbestemt. Videre ble antall voksne lus talt, og det ble frosset ned vel 3 000 laksemager. Vi takker laksefiskerne for et svært godt samarbeid gjennom hele prosjektperioden. En stor takk og honnør går også til de daværende (2008) lederne av de tre sjølaksefiskerorganisasjonene i Finnmark: Astrid Daniloff (Sør-Varanger Sjølaksefiskerlag), Bjarne Johansen (Tana og omegn Sjølaksefiskerlag) og Knut Lauritsen (Finnmark Sjølaksefiskerlag)

I 2009 ble prosjektet utvidet ved at det ble benyttet genetiske metoder for å bestemme opphavet til laksene gjennom skjellprøvene som var samlet inn i sjølaksefisket. Ved Havforskningsinstituttet (IMR-Bergen) forelå det allerede et omfattende datamateriale med genetiske profiler for norske lakseelver i nordområdene. Dette materialet ble utvidet med genetiske analyser av prøver fra russiske elver i samarbeid med Knipovitsj polarvitenskapelige forskningsinstitutt for sjøfiskehusholdning og oseanografi (PINRO-Murmansk). Videre ble et omfattende genetisk datamateriale fra ulike deler av Tanavassdraget stilt til disposisjon av Universitetet i Turku (UTU). Samlet utgjorde dette datamaterialet en bakgrunnsinformasjon som de genetiske profilene av prøvene fra sjølaksefisket kunne sammenliknes mot for å bestemme opphavet til laksen. I denne rapporten har vi valgt ut et representativt utvalg av skjellprøvene, dvs. fra ca. 2 000 villaks, som vi har analysert genetisk, der målsettingen først og fremst har vært å forsøke å finne opphav til laksene. Med opphav mener vi hvilken region og/eller land laksene stammer fra.

Vi betrakter dette prosjektet som et pilotprosjekt, som først og fremst har hatt som hensikt å undersøke hvilken presisjon som kan oppnås ved å benytte genetiske metoder til å bestemme opphav til laks fanget i sjøen og om dette kan anvendes i en framtidig bærekraftig forvaltning

av villaks. Resultatene fra de genetiske analysene er beheftet med usikkerhet, men gir likevel en god indikasjon på sammensetningen av fangstene og viser at dette vil være et egnet forvaltningsverktøy for å regulere fisket etter laks i både elv og sjø. Arbeidet videreføres i prosjektet "Kolarctic salmon" (2011–2013), der vi i samarbeid med sjølaksefiskere i de tre nordligste fylkene skal forsøke å beskrive vandringsmønsteret til atlantisk laks langs kysten av Nord-Norge. Her vil presisjonsnivået økes, slik at målsettingen ikke bare er å finne hvilken region eller land laksen kommer fra, men finne selve hjemvassdraget til laksene.

Vi takker Direktoratet for naturforvaltning for økonomisk støtte til innsamling av laks, genetiske analyser og rapportering.

Tromsø, 3. oktober 2011

Martin-A. Svenning
(prosjektleder)

1 Bakgrunn og målsetting

De rapporterte fangstene fra sjølaksefisket og elvefisket i Finnmark de siste 20 årene utgjør gjennomsnittlig i overkant av 400 tonn laks per år, og med rimelig lik fordeling mellom elv og sjø (Svenning m.fl. 2009). Det totale laksefisket i Finnmark utgjør dermed halvparten av den totale mengden av laks som fanges årlig i elv og sjø i Norge (ca. 800 tonn). Antall brukte lakseplasser i sjøen i Finnmark har avtatt fra ca. 2 000 i siste halvdel av 1990-tallet til i overkant av 800 i 2008. Kroggarn benyttes på ca. 75 % av fangstplassene. Fangstene på kroggarn utgjør også om lag 75 % av fangstene (vekt), og har en litt større andel av mellom- og storlaks sammenlignet med kilenotfangstene (Svenning m.fl. 2009). De om lag 800 fangstplassene i 2008 ble benyttet av ca. 450 aktive fiskere. Det er knyttet mange tradisjonsrike og kulturelle interesser til sjølaksefisket. I 2008 ble kroggarnfisket redusert fra 24 til 18 fiskedøgn (25 %), og kilenotfisket fra 48 til 34 fiskedøgn (30 %).

Kunnskapen om sjøoppholdet til de nordlige laksebestandene er svært mangelfull. Dette gjelder også vandringsmønster og beiteadferd når laksen vandrer inn mot kystområdene i Finnmark i sommerhalvåret (gytevandring). Merkinger av smolt i Tanaelva på slutten av 1970-tallet (Rikstad & Niemelä 2009) viste at laksene i hovedsak ble gjenfanga i sjøen (45 %) og i Tanaelva (52 %). Det ble også gjenfanga flere laks på Kolahalvøya. På 1960- og 70-tallet ble det merket i overkant av 4 500 laks fanget i kilenøter utafor Breivik og Sørvær i Vest-Finnmark. Mer enn 1 000 laks ble senere gjenfanga i sjø og elv, og i overkant av 13 % av laks merket i Breivik og 10 % av laks merket i Sørvær ble gjenfanga i Russland (Hansen 2009). Vi antar derfor at sjølaksefisket i Finnmark beskatter laks fra de fleste elvene i fylket samt fra en del elver på Kolahalvøya, dvs. at sjølaksefisket representerer et fiske på såkalt blanda bestander. Dette er analogt med fisket i for eksempel Tanaelva, der beskatningen i hovedelva skjer på minst 30 ulike bestander, fra minst like mange sideelver.

Vi antar at gytelaksen i finnmarkselvne i de fleste årene vandrer inn fra det nordvestlige Barentshavet og videre østover langs Finnmarkskysten, til sine respektive hjemelver. Det er sannsynlig at laks fra de russiske elvene på Kola utgjør en betydelig andel av dette lakseinnslaget, slik som merkestudiene fra 1960- og 1970-årene viste (Hansen 2009). Det finnes imidlertid også indikasjoner på at lakseinnslaget enkelte år kommer fra nordøst, og da med vesentlig lavere innslag av kolalaks langs Finnmarkskysten. Likevel er det sannsynlig at innslaget av russisk laks i de fleste åra er høyest i de østlige delene av fylket, og at innslaget av russisk laks er høyest i de vestlige delene av Finnmark tidlig i fiskesesongen. På den annen side er det uvisst om de mer vestlige laksebestandene i Finnmark beiter andre steder i havet enn laks fra elver i Øst-Finnmark og på Kola. Det er også påvist betydelige mengder laks i kystområdene i Øst-Finnmark senhøstes, og fram til 1974 foregikk det et lovlig sjølaksefiske i perioden oktober–desember. Ifølge lokale fiskere finnes det vinterstid også villaks i deler av fjordsystemene i Øst-Finnmark.

Utviklingen i genteknologi og statistiske metoder de siste årene har åpnet for nye muligheter i anvendelsen av genetiske data i fiskeriforvaltningen. Nye DNA-metoder har gjort det mulig å påvise og definere tidligere ukjent genetisk strukturering i en lang rekke arter, og på ulik

geografisk skala. At laksebestander fra ulike deler av utbredelsesområdet er genetisk forskjellige har lenge vært kjent, og Ståhl (1987) viste at laks kunne deles inn i tre hovedgrupper, hvorav den ene tilhørte østkysten av Nord-Amerika (vestatlantisk) og de to andre henholdsvis Østersjøen (Baltisk) og Atlanterhavskysten av Europa (østatlantisk). En rekke undersøkelser gjennom flere tiår, med ulike typer genetiske markører, har også demonstrert en rekke regionale strukturer innenfor disse hovedgrupperingene (Verspoor m.fl. 2007). Laksen i ulike vassdrag møter ulike miljøutfordringer og tilpasses det vassdraget den vokser opp, og siden gyter i. Laksen blir født i en elv, vokser opp der til den er klar til å legge ut på beitevandring i havet som smolt, og returnerer til sin barndoms elv for å gyte, selv om en liten andel vandrer feil. Disse mekanismene, tilbakevandring til opprinnelseselv, og ulike miljøforhold i de ulike elvene, bidrar til at det gjennom tid oppstår genetiske forskjeller mellom laks fra ulike vassdrag, og til dels også innen de enkelte vassdrag. Dermed oppstår det ulike genetiske varianter av laks i ulike elver. Dersom en kjenner disse ulike laksetypene, kan en ved å analysere enkeltindivider av laks som for eksempel fanges i havet, sannsynliggjøre fra hvilken elv laksen kommer fra. For å tilordne en laks til ett vassdrag benytter en enten en såkalt "tilordningsanalyse" eller en "mixed stock-analyse". Begge metodene forutsetter at laks som fanges kan sammenliknes mot en såkalt genetisk baseline, dvs. mot kjente genvarianter fra potensielle elver laksen kan ha kommet fra. Dette betyr at det må samles inn representative prøver (laksunger) for genetisk analyse av et antall genetiske markører i flest mulig av de bestandene som kan inngå i fisket. Når slike data foreligger, og man har analysert de ukjente individene for de samme markørene, kan man gjennom ulike statistiske tester estimere sannsynligheten for hvilke elver de ulike individene stammer fra og dermed kvantifisere bestandskomponentene i en fangst. Det er utviklet en rekke statistiske programmer for dette formålet de siste årene, og det er demonstrert gjennom flere publiserte studier at slike analyser kan gi rimelig presise estimater (Koljonen m.fl. 2005, Griffiths m.fl. 2010).

For å kunne forvalte de nordlige laksebestandene på en forsvarlig måte er det nødvendig å skaffe til veie mer relevant kunnskap om bestandsstatus, vandringsmønster og genetisk opphav hos laks som oppholder seg langs Finnmarkskysten i sommerhalvåret. Lokal kunnskap er også viktig. I samarbeid med 27 sjølaksefiskere i Finnmark ble det sommeren 2008 samla inn blant annet skjellprøver fra mer enn 4 000 villaks (Svenning m.fl. 2009). Av disse er det nå foretatt genetiske analyser (mikrosatellitter) av i underkant av 2 000 av laksene. Formålet med dette prosjektet har vært å 1) beskrive hvordan vi har utviklet en genetisk baseline for de nordlige laksebestandene i Troms, Finnmark og Russland, og 2) anvende denne baselinen til å stadfeste det genetiske opphavet til laksene, dvs. forsøke å finne hvilke elver, regioner og/eller land laksene stammer fra. Samtidig har vi forsøkt å vurdere presisjonen og usikkerheten i metodene og datamaterialet vi har benyttet, samt i hvilken grad disse metodene er et egnet forvaltningsverktøy for å regulere fisket etter laks i sjø og elv.

2 Metoder og materiale

2.1 Fangstområder, fangstinnsats og redskapstype

De 27 sjølaksefiskerne som deltok i prosjektet var lokalisert fra fylkesgrensa mot Troms i vest til grensa mot Russland i øst (se side 23). Fiskerne hadde tillatelse til å fiske tre dager per uke fra 20. mai til 31. juli 2008. Om lag halvparten av fiskerne startet første uka (uke 20), mens de fleste var godt i gang i uke 23. Innsatsen varierte også en del utover i sesongen grunnet værforhold, ferieavvikling osv. Dette innebærer at fangstinnsatsen varierte både mellom periode, fiskere og områder. De fleste fiskerne benyttet krokarn, spesielt de som fisket i de ytre kystområdene. Maskevidden i krokarna var fra 64 til 78 mm. Kilenotfiskerne var stort sett lokalisert i mer skjermede områder, og kun fire av fiskerne brukte både kilenot og krokarn.



Figur 1. Fiskerne fanget laks langs kysten av Finnmark i perioden 20 mai til 31. juli i 2008. Noen av fiskerne brukte kilenot (se bildet), mens de fleste brukte krokarn. (Foto: Eero Niemelä)

I de første to ukene ble all laks målt og veid, kjønn og modningsgrad bestemt, og antall voksne lus ble talt. Det ble videre tatt skjellprøver fra all laks, og alle magene ble frosset. På grunn av sterk økning i fangstene ble det etter første uka av juni enighet om å begrense prøvetakingen per fisker til inntil 20 fisk fra hver av størrelsesgruppene små-, mellom- og storlaks. Skjellprøvene ble oppbevart i skjellkonvolutter, og all informasjon om fisken ble påført konvoluttene. Fiskerne førte også tradisjonelle fangstjournaler, slik at en i ettertid kunne skaffe oversikt over den reelle størrelsessammensetningen i fangstene. Innsamling av fangstjournaler, skjellprøver og mager var svært ressurskrevende, og resultatene i denne rapporten er kun basert på laks vi har mottatt skjellprøver fra. Det må derfor tas forbehold om at fangstsammensetningen basert på skjellprøvene ikke nødvendigvis er representative for totalfangsten. På bakgrunn av det ovennevnte mottok vi 4 283 skjellprøver som fiskerne mente bestod av 4 224 villaks, 54 oppdrettslaks, 1 sjøørret, 1 oppdrettsørret og 3 pukcellaks (tabell 1). I tillegg ble det frosset ned i overkant av 3 000 mager.

Vi har valgt å dele inn fangstområdene i tre regioner (se side 23); 1) Vest-Finnmark, som dekker området vest av Laksefjorden (9 fiskere), 2) Tanafjorden (5 fiskere) og 3) Øst-Finnmark, dvs. Berlevåg, Vardø og Varangerfjorden (13 fiskere). Totalt mottok vi 1 836, 622 og 1 825 skjellprøver av laksefisk fanget i henholdsvis Vest-Finnmark, Tanafjorden og Øst-Finnmark (tabell 1). Dette tilsvarte gjennomsnittlig 205, 125 og 141 skjellprøver per fisker fra hvert av de tre områdene. Under analysene av skjellprøvene fant vi en noe større andel oppdrettslaks, samt at én skjellprøve ikke kunne analyseres og ble karakterisert som ”usikker” (tabell 1). I den videre fremstillingen av rapporten er analysene av skjellprøvene lagt til grunn.



Figur 2. Alle opplysninger om hver enkelt laks som fanges noteres nøye på skjellkonvolutten. Dette gjelder fiskerens navn og lokalitet, samt fangstredskap og fangsttidspunkt. Videre registreres laksens lengde, vekt, kjønn og gytestadium, samt antall lus. Det ble også notert om fisken var villaks eller oppdrettslaks. I tillegg ble 30-40 skjell fra hver laks lagt inn i skjellkonvolutten. Skjellene benyttes til å bestemme fiskens alder, samt til genetiske analyser. (Foto: Eero Niemelä)

2.2 Karakterisering av gytefisk/gjellfisk, flergangsgytere og oppdrettsfisk

Både mengden flergangsgytere og oppdrettsfisk har økt i fangstene langs Finnmarkskysten de senere årene (figur 3, 4). Flergangsgytere har relativt mange sorte prikker/flekker på gjellelokkene og under sidelinja (figur 4) og som oftest lysere kjøttfarge enn førstegangsgytere. I motsetning til villaks har rømt oppdrettslaks mer slitte finner, særlig på halefinnen (figur 5). Oppdrettsfisk kan også ha flere prikker på gjellelokkene og sidelinje, og blir derfor i noen tilfeller forvekslet med flergangsgytere av villaks. Ved å analysere skjellprøvene mener vi å kunne skille mellom oppdrettsfisk, flergangsgytere og gjellfisk (fisk som ikke skal gyte inneværende år).

Tabell 1. Antall skjellprøver mottatt fra 27 sjølaksefiskere i Finnmark, basert på fangster fra 9, 5 og 13 fiskere fra henholdsvis Vest-Finnmark, Tanafjorden og Øst-Finnmark. All fisk ble lengdemålt og veid, samt at kjønn og modningsgrad ble bestemt. Fangstene ble foretatt i perioden 20. mai til 31. juli i 2008. Alle dataene er basert på fiskernes vurderinger ved fangst, mens tallene i parentes () viser fordelingen av arter og villaks/oppdrettslaks basert på analyser av skjellprøvene.

	Vest-Finnmark	Tanafjorden	Øst-Finnmark	Totalt
Villaks	1794 (1709)	622 (614)	1808 (1800)	4224 (4123)
Oppdrettslaks	42 (127)	0 (7)	12 (20)	54 (154)
Sjøørret	0	0	1	1 (1)
Oppdrettsørret	0	0	1	1 (1)
Pukkellaks	0	0	3	3 (3)
Usikker	0	0	0	0 (1)
Totalt	1836	622	1825	4283



Figur 3. To kjønnsmodne hannlakser på henholdsvis fire sjøvintre (4 SW) og én sjøvinter (1 SW). Laksene ble fanget på vei opp Tanaelva i juni og skulle normalt ha gytt litt senere på høsten. Begge fiskene er typiske villakser, med slank kroppsform og velutviklede finner uten tegn til slitasje. (Foto: Eero Niemelä)



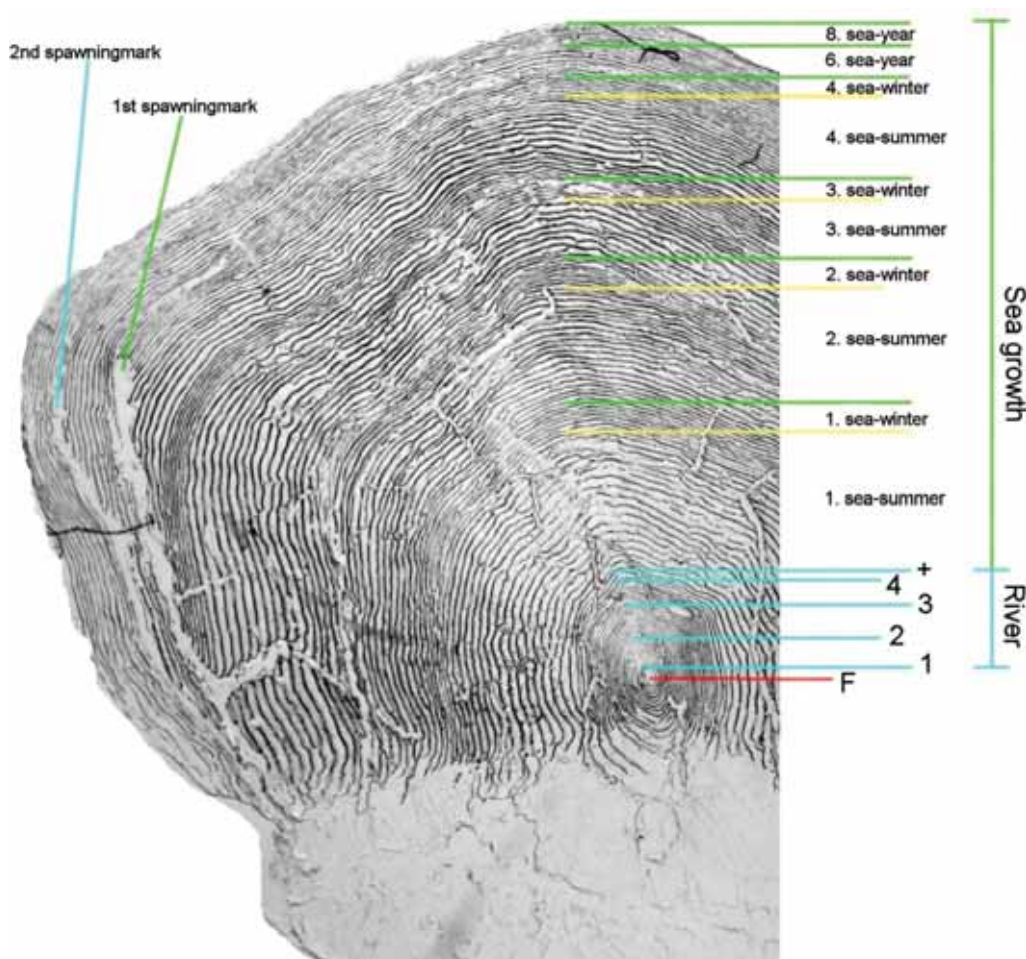
Figur 4. Bildet viser en flergangsgyter. Legg merke til de relativt mange sorte prikkene på gjellelokket og på sidelinja. Normalt vil også kjøttfargen på en flergangsgyter være vesentlig lysere enn hos en førstegangsgyter. (Foto: Eero Niemelä)



Figur 5. Bildet viser en typisk oppdrettslaks. Kroppsformen er ikke strømlinjeformet som hos de to villaksene i figur 3 og 4 (se ovenfor). Legg merke til de nedslitte brystfinnene, samt slitasjen på halefinna. Oppdrettsfisk kan ofte ha relativt mange sorte prikker på gjellelokkene og sidelinja. Oppdrettsfisk blir derfor av og til forvekslet med flergangsgytere. (Foto: Eero Niemelä)

2.3 Skjellanalyser

Skjellene ble analysert ved RKTLs forskningsstasjon ved Utsjok av Esa Hassinen, Pauli Aro, Jari Haantie og Eero Niemelä. Personellet ved stasjonen har svært lang erfaring i å lese/analysere lakseskjell. Årlig blir i størrelsesorden 5 000–8 000 skjell analysert ved stasjonen. Alle skjellene (se figur 6) ble forsøkt bestemt med hensyn til smoltalder og sjøalder, samt om de skulle gyte inneværende høst (gytefisk) eller ikke (gjellfisk). Det ble også vurdert om fisken hadde gytt tidligere og hvorvidt den stammet fra oppdrett.



Figur 6. Eksempel på skjell fra en flergangsgytende hunn-laks (villaks) som ble fanget i Tanaelva i 2008. Da var laksen 128 cm lang, veide 21.5 kg og var 12 år gammel. Den vandret ut som smolt da den var fire år og gytte første gang i 2004 som 9-åring etter fire år i sjøen (4 SW). Den vandret ut i sjøen igjen i 2005 og vandret tilbake for å gyte i 2006. Så vandret den ut i sjøen igjen i 2007 og vandret opp i Tana-elva i 2008 for å gyte. Etter Svenning m.fl. 2009.

2.4 Genetisk baseline av nordlige laksebestander

Både ”mixed stock”-analyser og tilordningsanalyser forutsetter at ukjente individer og fangster kan sammenliknes mot en såkalt *genetisk baseline* som representerer de ulike mulige kildene til fangsten. For dette formålet må det samles inn representative prøver for genetisk analyse av et antall markører i flest mulig av de bestandene som kan inngå i fisket. Havforskningsinstituttet hadde gjennom ulike prosjekter utviklet en genetisk baseline for norske laksebestander, og gjennom samarbeid med PINRO ble det mulig å utvide denne baselinen til å omfatte også russiske laksebestander fra Kolahalvøya og Kvitsjøen.

Innsamling av prøver til genetisk baseline

Prøver av lakseyngel og parr til genetisk analyse ble samlet inn i totalt 51 elver i Norge og Russland (BL18; se tabell 2, figur 7). Yngel og parr ble samlet inn ved hjelp av elektrofiske. I de norske elvene ble det samlet inn prøver fra 1–3 ulike stedfestede lokaliteter i elvene for å få en god representasjon av den genetiske variasjonen hos laksungene i elva. I de russiske elvene ble det samlet inn prøver over representative elvestrekninger uten nærmere geografisk angivelse av hvor de enkelte individ ble fanget. Fra hvert individ ble det tatt en finneprøve (fett- eller bukfinne) som ble preservert i 96 % alkohol. Individer fanget i de norske elvene ble også lengdemålt. For å få et bedre bilde av variasjon i Tana ble også resultater fra analyser av prøver fra 11 lokaliteter i sidevassdrag og hovedløp i dette vassdraget (se tabell 2) lagt inn i datamaterialet (BL12).

DNA-isolering og fragmentanalyser

DNA ble isolert fra 20–50 mg vev, eller 3–4 lakseskjell ved hjelp av Qiagen Dneasy i henhold til produsentens anbefalte prosedyre for ekstraksjon. Konsentrasjonen av DNA-ekstraktet ble målt spektrofotometrisk, og det ble laget en fortykning av ekstraktet med konsentrasjon på 15ng/ul for PCR og videre analyser.

PCR og mikrosatellittanalyser

DNA-templat fra prøvene ble amplifisert for 18 mikrosatellitter fordelt i tre PCR-multiplex. PCR-produkt ble analysert for variasjon i fragmentstørrelser på en ABI 3730XL sekvenseringsmaskin, og allel størrelser for mikrosatellittene ble bestemt ved hjelp av programmet GeneMapper 4.0 (Applied Biosystems).

Utvikling av baseline

Den genetiske baselinen som ble utviklet fra analyser av ungfiskprøvene fra 51 elver inneholdt genetisk informasjon fra 18 mikrosatellitter (Baseline 1). Selv om denne baselinen dekker et bredt geografisk område, ble det vurdert at dekningen av kompleksiteten i Tanavassdraget var noe mangelfull, i og med at bare to sidevassdrag var representert. I samarbeid med Universitetet i Turku, som hadde en omfattende genetisk baseline fra Tanavassdraget, ble det derfor laget en ny baseline (Baseline 2) basert på totalt 12 mikrosatellitter som var brukt ved begge laboratorier. Denne økte antall lokaliteter analysert i Tana fra 2 til 11. Et utvalg av prøvene fra sjølaksefisket i Tanafjorden var også analysert i Turku, også for 12 mikrosatellitter, og med en slik sammensatt baseline var det mulig å foreta

en samlet analyse av alt materiale basert på disse 12 mikrosatellittene. I resultat- og diskusjonsdelen blir Baseline 1 og Baseline 2 omtalt som henholdsvis BL18 og BL12.

Statistiske analyser

For å verifisere hvor godt egnet de utviklede baselinene var til både sammensetningen av blandete fangster og for å bestemme opphavet til enkeltfisk, ble det gjennomført en rekke statistiske tester på både baseline1(BL18) og baseline 2 (BL12). Testene og analyser av prøvene ble utført ved hjelp av programmene GeneClass2 (Cornuet m.fl. 1999) og Oncor (Kalinowski m.fl. 2008).

Selv-tilordning; "Leave one out test"

I denne testen undersøkes styrken av individuell tilordning ved at ett og ett individ trekkes ut av baseline, defineres som ukjent, og forsøkes tilordnet til en av baseline-populasjonene. Dette gjøres for alle individene etter tur, og analysen viser både i hvor stor grad individene tilordnes korrekt populasjon, og til hvilke andre uriktige populasjoner de tilordnes. Testen gir også et kvantitativt mål på styrken i den enkelte tilordning.

100 % simuleringer

En måte å verifisere hvor godt en gitt baseline vil kunne identifisere komponentene i et blandet fiske er såkalte 100 % simuleringer. I en slik simulering genereres en prøve bestående av simulerte individer (basert på allefrekvenser i baselineprøvene) fra én og én populasjon, og disse simulerte individene blir forsøkt tilordnet de ulike populasjonene i baselinen. Simuleringene kjøres en rekke ganger, og et gjennomsnitt av tilordningene, med standardavvik og konfidensintervall, er resultatet av analysen. Ideelt skal da 100 % av individene tilordnes den populasjonen de stammer fra. Vi kjørte slike simuleringer for alle populasjonene i baseline, med en generert prøvestørrelse på 200 individer og 100 simuleringer.

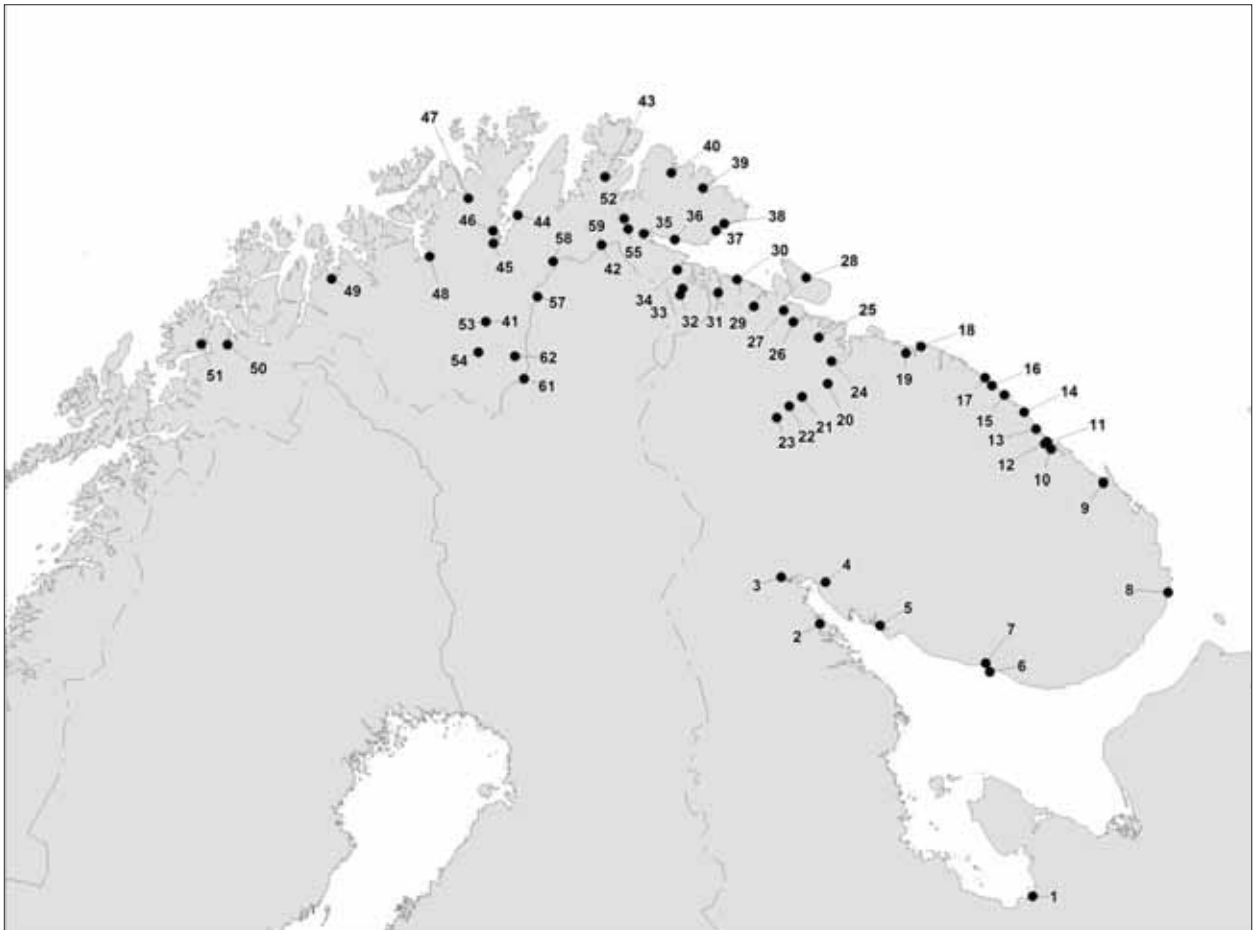
"Realistic Fishery Simulations"

En annen og kanskje mer realistisk måte å verifisere styrken i en genetisk baseline på er å simulere mer realistiske sammensetninger av fangster enn 100 % simuleringen. Her simuleres igjen individer (200) ut fra baselinepopulasjonene, men til forskjell fra den forrige simuleringen angis det her blandete fiskeriprøver med individer fra flere elver i et forhold som kan varieres i ulike kjøring. Vi konstruerte tre ulike blandinger av simulerte individer fra et antall populasjoner (tabell 2). Den ene blandingen inneholdt individer fra populasjoner fra de vestlige delene av undersøkelsesområdet, den andre blandingen besto av individer fra grenseområdet mellom Russland og Norge (Varanger og vestlige Kolahalvøya), og den tredje blandingen ble satt sammen av individer fra den østlige delen av Kolahalvøya. Det ble kjørt 1000 simuleringer av hver av disse blandningene.

Genetisk struktur i nordlige laksebestander

Genetisk struktur i nordlige laksebestander ble undersøkt ved hjelp av programmet Structure 2.3.3 (Pritchard m.fl. 2000). Analysen i dette programmet "fordeler" genomet til individer i et

antall kategorier eller enheter som defineres av brukeren når programmet kjøres. Ved å kjøre programmet med ulike antall enheter (= genetiske enheter, strukturer) kan man finne fram til hvilket antall enheter som best beskriver de genetiske strukturene i en region. Fordelingen av de individuelle genomene i en bestand kan summeres opp til bestandsnivå, og illustreres vanligvis i form av søyleplott hvor den enkelte bestands tilhørighet til ulike enheter er vist med farger.



Figur 7. Kart over vassdrag hvor det ble samlet inn prøver av laksunger for genetisk analyse. Nummer på kartet refererer til nummer og navn på elv i tabell 2.

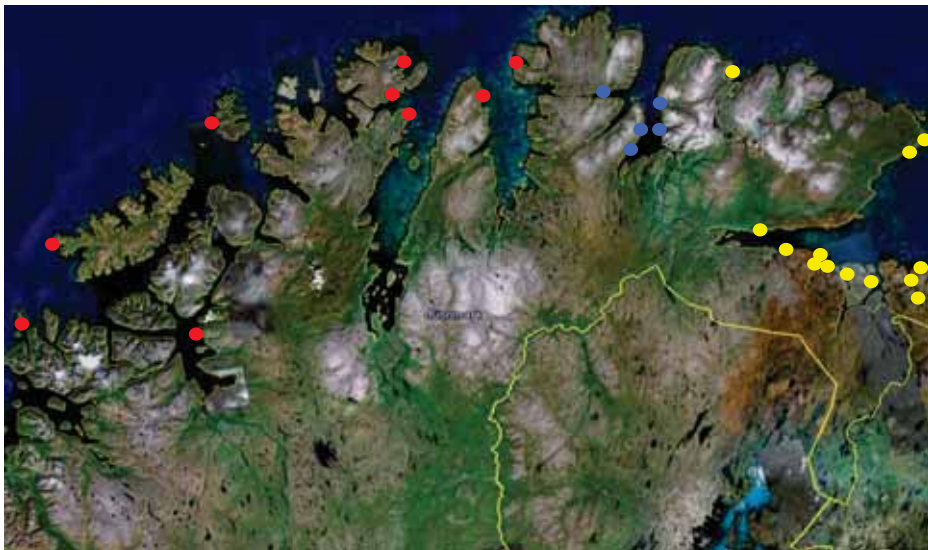
Tabell 2. Elver hvor det har vært samlet inn laksunger for genetisk analyse. Navn og nummer på elvene refererer til nummer på elvene i figur 7. Elvene nummerert fra 52 til 62 tilhører Tanavassdraget.

Russiske elver			Norske elver		
Nr. Vassdragsnavn	Antall prøver	Innsamlet	Nr. Vassdragsnavn	Antall prøver	Innsamlet
1 Onega	77	juli 2009	30 Grense Jakobselv	79	august 2006
2 Kovda	46	september 2009	31 Karpelv	86	september 2009
3 Kanda	48	september 2009	32 Munkelv	80	september 2009
4 Kolvitsa	43	september 2009	33 Neiden	86	september 2006
5 Umba	80	juli 2009	34 Klokkarelv	90	oktober 2009
6 Varzuga	86	august 2009	35 Vesterelv	89	oktober 2009
7 Kitsa	91	september 2009	36 Vestre Jakobselv	82	oktober 2006
8 Ponoï	134	juni 2008/2009	37 Skallelv	89	september 2009
9 Iokanga	72	juni 2009	38 Komagelv	88	august 2006
10 Drozdovka	61	juli 2009	39 Syltefjordelv	86	oktober 2009
11 Penka	39	juli 2009	40 Kongsfjordelv	74	juli 2007
12 Varzina	60	juli 2009	41 Iesjohka	74	august 2006
13 Sidorovka	67	juli 2009	42 Laksjohka	76	oktober 2007
14 Vostochnaya Litza	77	august 2009	43 Langfjordelv	87	august 2006
15 Kharlovka	70	august 2009	44 Børselv	78	august 2006
16 Zolotaya	76	august 2009	45 Lakselv	82	august 2006
17 Rynda	75	august 2009	46 Stabburselv	54	august 2006
18 Orlovka	62	juli 2009	47 Repparfjordelv	82	august 2006
19 Dolgaya	69	juli 2009	48 Alta	78	juli 2005
20 Kola	91	august 2009	49 Reisa	46	juli 2006
21 Pak	88	juli 2009	50 Målselv	50	august 2007
22 Ulita	71	juli 2009	51 Laukhelle	83	august 2006
23 Pecha	59	juli 2009	52 Maskejohka	45	august 2008
24 Kulonga	45	juni 2009	53 Iesjohka-2	128	august 2007
25 Ura	95	august 2009	54 Karasjohka	78	august 2009
26 B. Zapadnaya Litsa	96	august 2009	55 Tana bru (hovedelv)	62	august 2010
27 Titovka	87	august 2009	56 Ailestrykene	60	august 2010
28 Pyave	35	juni 2009	57 Outakoski	59	august 2010
29 Pechenga	42	august 2009	58 Levajohka	49	august 2010
			59 Laksjohka-2	52	august 2010
			60 Iskuras	44	august 2010
			61 Inarjoki/Anarjohka	71	august 2010
			62 Gossjohka	32	september 2010

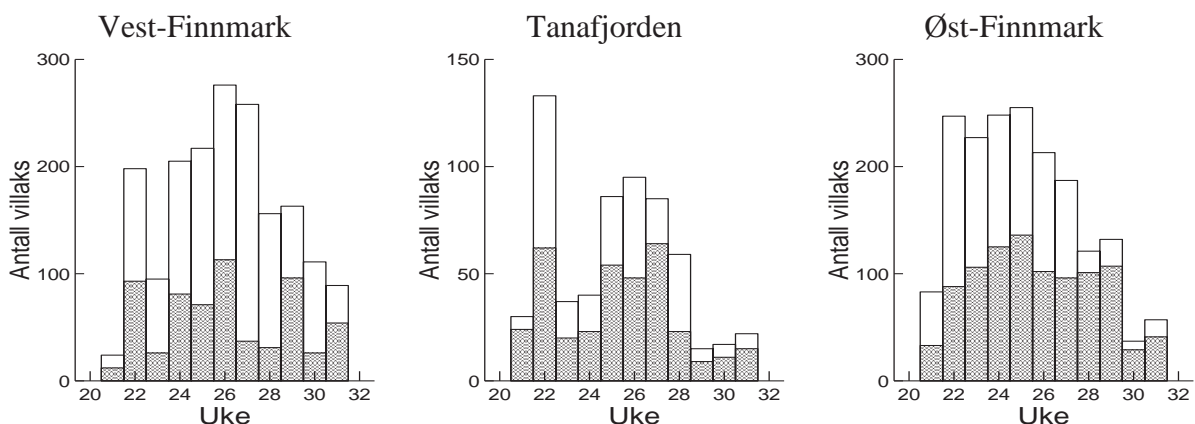
3 Resultater

3.1 Fangster fra sjølaksefisket i 2008

Fiskerne (figur 8) oppga å ha fanget 4 224 villaks og 54 oppdrettslaks (1.3 %), mens skjellanalysene viste at antall oppdrettslaks trolig var 154, tilsvarende 3.6 %. Oppdrettslaks utgjorde nærmere 7 % av fangstene i Vest-Finnmark, mens bare ca 1 % av fangstene i Tanafjorden og Øst-Finnmark ble karakterisert som oppdrettslaks. Basert på skjellprøvene (se Tabell 1) ble det fanget 1 709, 614 og 1 800 villakser i henholdsvis Vest-Finnmark, Tanafjorden og Øst-Finnmark. I vekt utgjorde dette 10.2 tonn, 3.5 tonn og 8.5 tonn, eller henholdsvis 1 137 kg, 704 kg og 654 kg per fisker. Det ble fanget mellom 200 og 300 villaks i flere av ukene i Vest- og Øst-Finnmark, mens ukefangstene var noe lavere i Tanafjorden (Tabell 1, Figur 9). Antall villaks fanget per fisker var lavest i Tanafjorden (125) og høyest i Vest-Finnmark (190). Fangstene avtok i siste halvdel av juli, delvis på grunn av redusert fiskeinnsats.



Figur 8. Inndeling av fiskere/fiskeplasser representert med 9 fiskere i Vest-Finnmark (rødt), 5 fiskere i Tanafjorden (blått) og 13 fiskere i Øst-Finnmark (gult).



Figur 9. Ukesvise fangster av villaks i Vest-Finnmark, Tanafjorden og Øst-Finnmark under sjølaksefisket i 2008 (åpne søyler), samt antall fisk som ble analysert genetisk (skravert). Legg merke til ulike målestokk på y-aksene.

3.2 Størrelsessammensetning i fangstene

Andelen smålaks økte fra i overkant av 8 % i slutten av mai til om lag 40 % i slutten av juli. Andelen storlaks avtok i samme perioden fra rundt 50 % i mai til mindre enn 15 % i siste uka av juli. Andelen mellomlaks utgjorde om lag 50 % av fangstene gjennom hele sesongen. Innslaget av storlaks var vesentlig høyere i Tanafjorden og i Vest-Finnmark enn i Øst-Finnmark (tabell 3). Hver tredje laks fanget i Tanafjorden og i Vest-Finnmark var storlaks, mens bare hver femte laks i Øst-Finnmark ble karakterisert som storlaks. Gjennomsnittsvekta på laks fanget i Tanafjorden og Vest-Finnmark var 5,8 kg mot 4,8 kg i Øst-Finnmark. I Øst-Finnmark var det ingen forskjell i snittvekt på laks fanget på krokarn og i kilenot, mens snittvekta på krokarn- og kilenotfangstene i Tanafjorden var henholdsvis 6,4 og 4,4 kg. I Vest-Finnmark ble det ikke brukt kilenot. Det ble foretatt et representativt utvalg på 1 938 villaks/skjellprøver (48 %) som ble analysert i henhold til baseline 2, mens 1 370 villaks (34 %) ble analysert i henhold til baseline 1 (tabell 3).

Tabell 3. Antall smålaks (< 3 kg), mellomlaks (3-7 kg) og storlaks (> 7 kg) fanget i ulike regioner under sjølaksefisket i 2008, samt antall fisk som ble analysert genetisk i henhold til baseline 1 (BL18) og baseline 2 (BL12). Kun villaks med oppgitt vekt (n=4 060) er tatt med i denne tabellen.

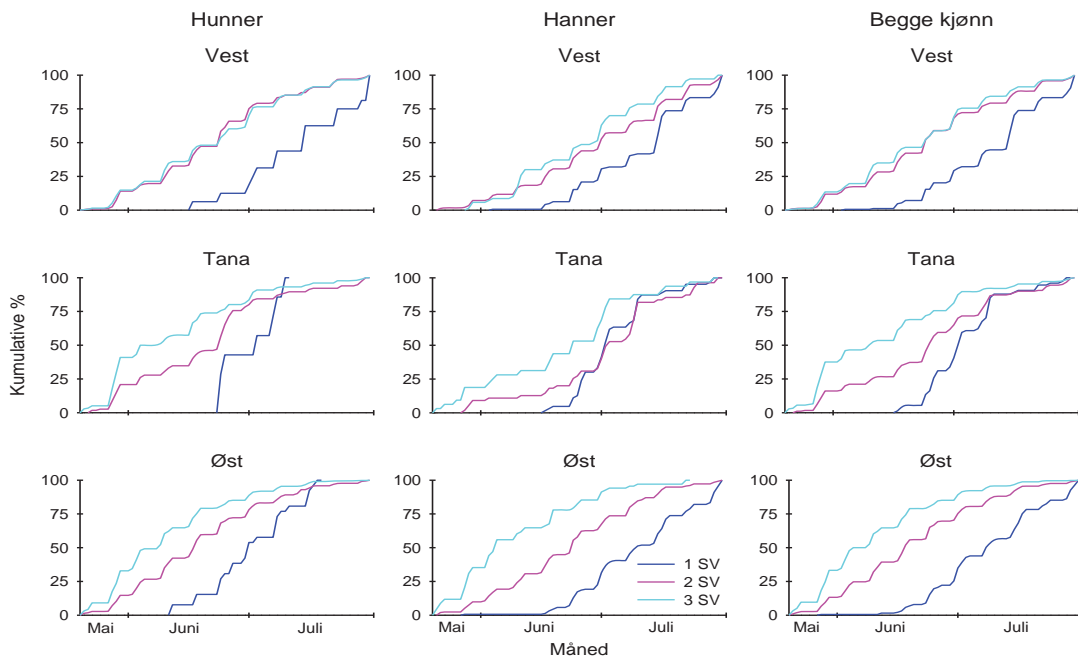
	Smålaks			Mellomlaks			Storlaks		
	Totalt	BL12	BL18	Totalt	BL12	BL18	Totalt	BL12	BL18
Vestlig region	338	143	106	796	269	225	550	222	181
Tanafjorden	111	73		275	131		214	147	
Østlig region	432	286	263	991	501	461	353	166	134
Totalt	881	502	369	2062	901	686	1117	535	315

I fangstene i mai og juni (uke 21–26) var de ulike sjøalderklassene relativt likt fordelt mellom de tre regionene. Innslaget av 1 SW laks i siste halvdel av juli var imidlertid noe høyere i Tanafjorden enn i Vest- og Øst-Finnmark (figur 10). Innslaget av 3 SW i de to–tre siste ukene av juni, var vesentlig lavere i Vest-Finnmark enn i de to andre områdene. I Øst-Finnmark var derfor halvparten av 3 SW-fisk fanget allerede rundt 10. juni, mens 50 % av 3 SW-laks i Vest-Finnmark ikke var fanget før rundt 25. juni (figur 10). Den kumulative (opphopende) fangsten av 2 SW-laks, som også var den dominerende aldersgruppen i fangstene, varierte lite mellom regionene (figur 10).

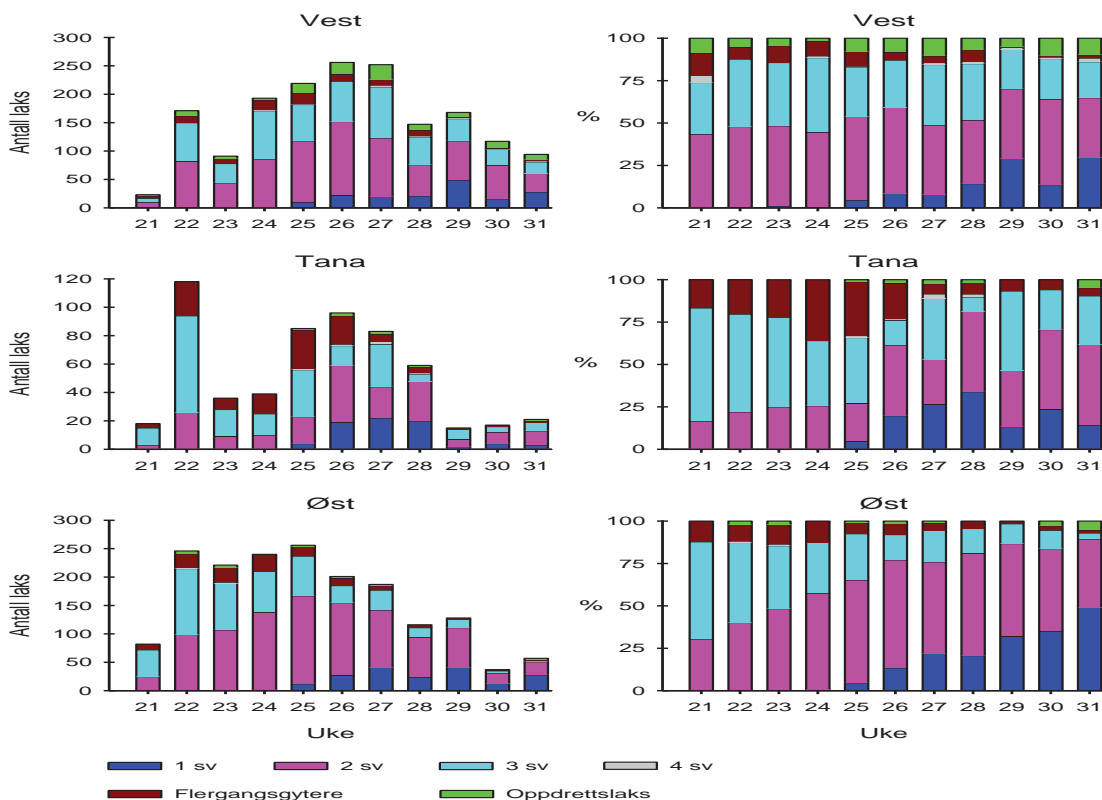
3.3 Innslag av oppdrettslaks

Basert på skjellanalysene fant vi at 3,6 % av laksene som ble fanga var oppdrettslaks, mens sjølaksefiskerne bare ”oppdaget” 1,3 % oppdrettsfisk i fangstene. Dette skyldes trolig at laks som rømmer tidlig fra anleggene, og/eller oppholder seg lenge i sjøen før de blir fanget, har mindre synlige slitte på finnene og vanskeligere lar seg skille fra villaks. De fleste oppdrettslaksene ble fanget i Vest-Finnmark (6,9 %), mens innslaget i Tanafjorden og i Øst-Finnmark var 1,1 % (figur 11). Ingen av fiskerne i Tanafjorden rapporterte å ha fanget oppdrettsfisk, selv om 7 av de 621 laksene som det ble levert skjell fra var oppdrettslaks. I Vest- og Øst-Finnmark ”oppdaget” fiskerne henholdsvis 33 (42 av 127) og 60 (12 av 20) % av oppdrettslaksene. Det ble fanget relativt flere oppdrettslaks i juli (5,0 %) enn i mai og juni (2,8 %).

Totalt 81,5 % av villaksene hadde voksne lakselus. De mest infiserte hadde 40 lus, mens gjennomsnittlig antall lus per villaks var 6,3, 4,5 og 3,6 hos laks fanget i henholdsvis Vest-Finnmark, Tanafjorden og Øst-Finnmark. Gjennomsnittlig antall lus på oppdrettsfiskene var 4,8.



Figur 10. Kumulativ (oppnopende) fangst av 1-, 2- og 3-sjøvinterlaks (SV) av hunner og hanner i de tre regionene i Finnmark i 2008.



Figur 11. Sjøalder hos laks i antall (venstre) og andel (høyre), fanget i de tre regionene i Finnmark i 2008.

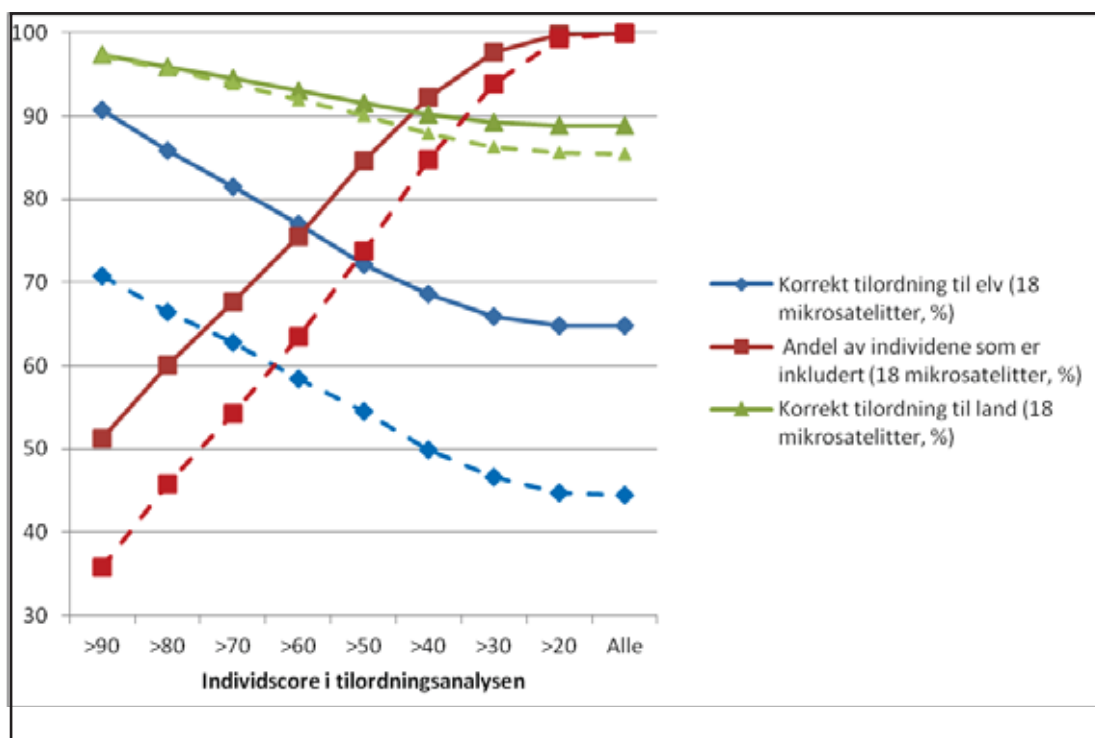
3.4 Genetisk testing av baseline

Selv-tilordning – "Leave one out test" i Oncor

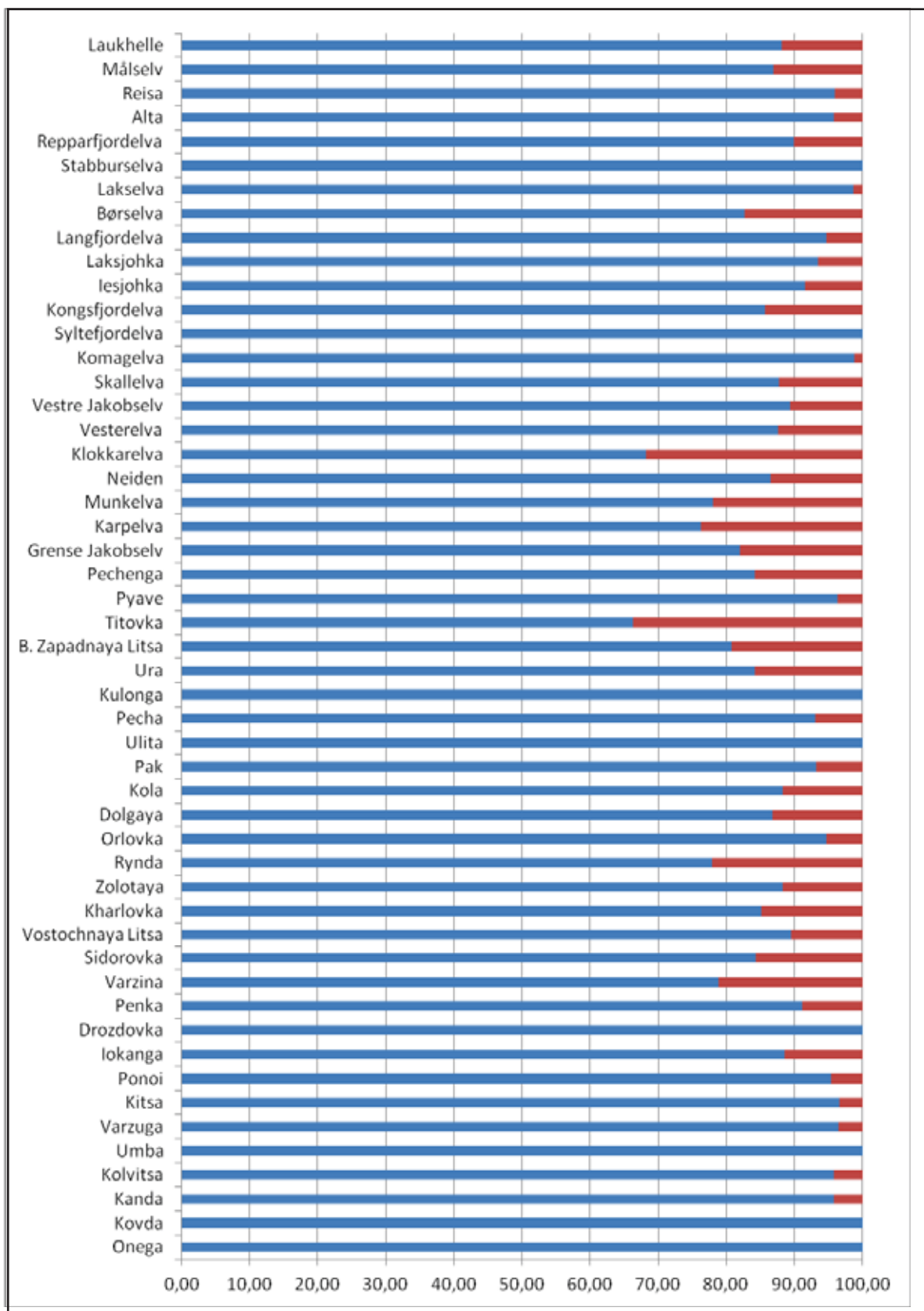
Testen viste at 68,2 % av individene ble korrekt tilordnet til sin opprinnelsespopulasjon ved bruk av baseline 1. De fleste individer som ble tilordnet feil, ble tilordnet en geografisk nærliggende elv. For det enkelte vassdrag varierte korrekt tilordning fra 32,6 % (Titovka) til 100 % (Kovda og Kulonga). Gjennomsnittlig 90,0 % av individene ble tilordnet korrekt opprinnelsesland. Det var høyere andel individer tilordnet feil land i elvene nærmest grensen (Varanger og vestre Kolahalvøya) enn for mer vestlige og østlige elver (figur 12, 13).

Selv-tilordning i GeneClass 2.0

I selv-tilordningstesten i GeneClass ble 64 % av individene tilordnet korrekt elv med BL18. Ved bruk av BL12 sank andelen korrekt identifisert fisk til 54,8%. En analyse av andelen korrekt tilordnete individer til elv, og til land, ved ulike grader av tilordningsscore, og med de to ulike baselinene er vist i figur 12 og for de enkelte elvene i figur 13. Korrekt tilordning til elv var ca. 90 % for individer med høy tilordningsscore (>90) for BL18, og ca. 20 % lavere for BL12. Ved å bare se på individer med høy score oppnås presisjon, men samtidig blir da en stor andel av individene ikke tilordnet (50 % med BL18, 65 % med BL12). Andelen som blir korrekt tilordnet til land er høyere; ved score over 90 blir over 98 % av individene tilordnet riktig land ved bruk av begge baselinene. Når alle individer tas med og tilordningsscorer godtas faller denne andelen til henholdsvis 88 % og 85 % for BL18 og BL12.



Figur 12. Figuren viser hvordan en minkende andel av individene i baseline tilordnes riktig elv og riktig land ved lavere tilordningsscore. Samtidig vises hvordan andelen av individer som blir tilordnet øker når lavere score godtas. Heltrukne og brukne linjer representerer henholdsvis 18 og 12 mikrosatelitter.

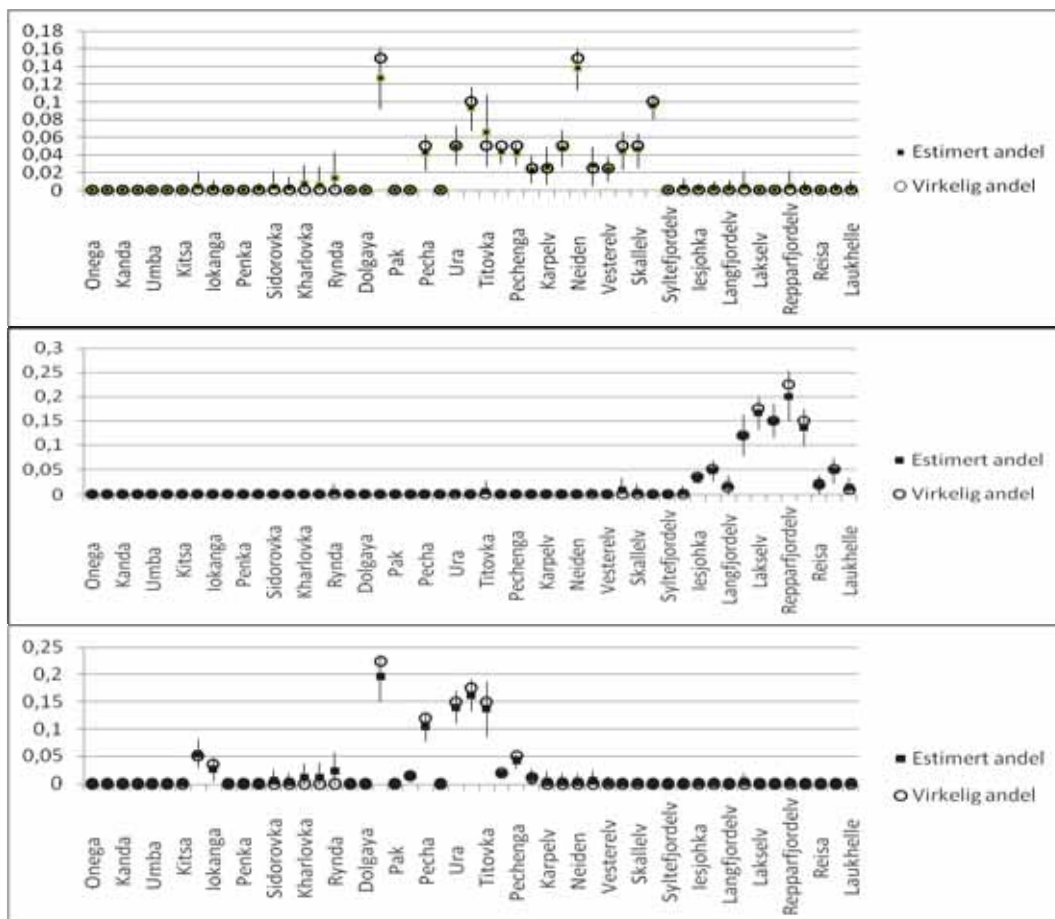


Figur 13. Figuren viser andelen korrekt tilordning (blå søyle) til opprinnelsesland for de enkelte elver i BL18. Elvene er ordnet geografisk fra vest mot øst. Andelen feiltilordning er minst i Kvitsjøen og Vest-Finnmark, høyest i Varanger og vestlige Kola.

Resultatene fra tilordning av 50 simulerte prøver fra elvene bestående av 200 individer fra hver av de 50 baseline populasjonene viste at gjennomsnittlig korrekt klassifisering var 90 % i denne simuleringen, mens for de enkelte vassdrag varierte korrekt tilordning mellom 100 % og 57 % (Rynda).

Simulerte fangster (fra BL18)

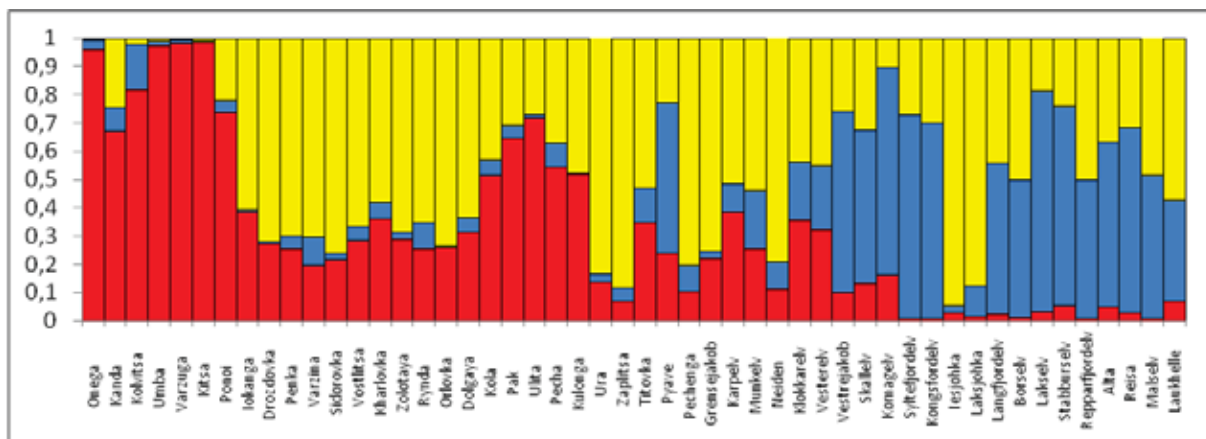
Resultatene fra mixed-stock-analysen av simuleringer av tre fangster med ulik sammensetning (vestlige Finnmark, grenseområdet og nordøstlige Kolahalvøya) er vist i figur 14. Analysen viste at den faktiske andelen av laks fra de ulike vassdragene lå innenfor 95 % konfidensintervall for de estimerte andelen. Analysen viste også at det er en tendens til at den estimerte andelen ligger noe lavere enn den reelle verdien for vassdragene med størst bidrag til fangsten, og at analysen fordeler en liten andel av fangsten til vassdrag som ikke er bidragsyttere. Enkelte elver, som Rynda i Russland, og Repparfjordelva i Norge ser ut til å få fordelt en større feilaktig andel av fangsten enn andre vassdrag.



Figur 14. Figuren viser resultatene fra en mixed-stock-analyse utført på tre ulike fangstsammensetninger av 200 individer, simulert ut fra baseline. De tre simulerte fangstene er satt sammen av laks fra Kolahalvøya (øverst), nordlige Kolahalvøya og Varanger (midten), og vestlige Finnmark (nederst). Åpne sirkler viser reell andel av laksen fra en enkelt elv, mens sorte firkanter viser estimert andel i analysen. Simuleringene er kjørt 1000 ganger for å oppnå et estimat av standardavvik og konfidensintervall (95 %).

Genetisk struktur i de nordlige bestandene av laks (basert på BL18)

De innledende analysene av genetisk struktur viste klare regionale strukturer og genetiske ”sprangsjikt” (figur 15). Klarest er skillet mellom bestandene i Kvitsjøen og den nordlige delen av Kolahalvøya, men det kan også observeres klare overganger mellom Øst-Varanger og resten av Finnmark. Tana ser i denne analysen til å skille seg ut som en egen genetisk region, og er klart forskjellig fra andre bestander i Finnmark. Bestander i Øst-Varanger er ikke klart forskjellige fra bestander på vestlige Kola, noe som vil øke usikkerheten i bestemmelse av opprinnelse til fangster i denne regionen. Dette bekreftes som referert ovenfor av de simulerte fangstene, og av figur 11 som viser en høyere andel feiltildordning mellom land i elver nær grensen.



Figur 15. Plott fra analyse av genetisk struktur i programmet Structure. Her er antall enheter satt til tre (representert ved fargene rød, gul og blå) og der hver bestands tilhørighet til disse enhetene er beregnet. Plottet viser relativt skarpe overganger i genetisk struktur mellom bestandene i Kvitsjøen og nordlige Kolahalvøya (fra Kitsa til Ponoï, og hvordan en ny genetisk komponent (markert med blått) blir dominerende i bestandene vest for Varanger, med unntak av de to tanabestandene.

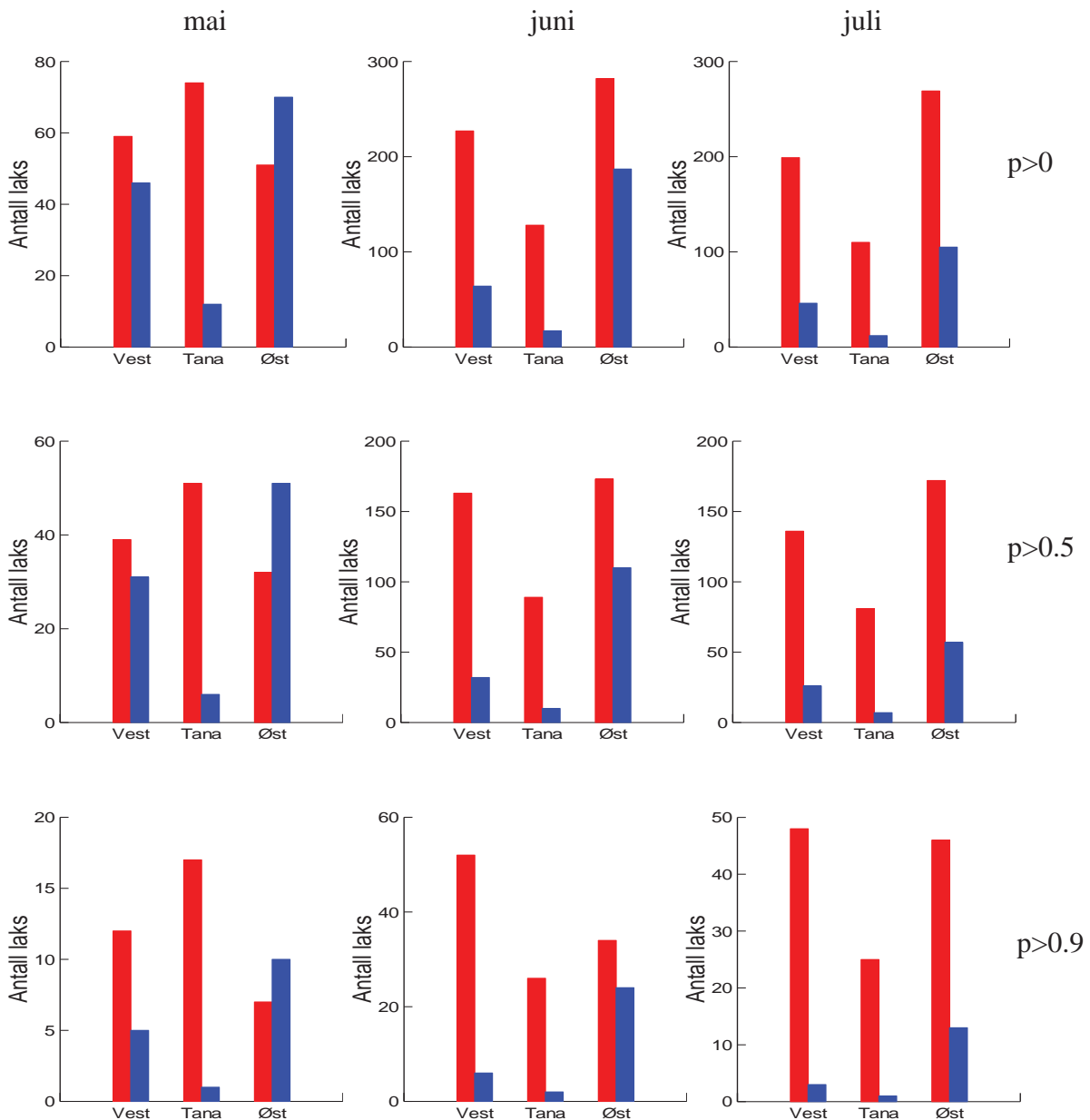
3.5 Laksenes tilhørighet

Ved å inkludere samtlige 1 958 genetisk analyserte (BL12) villaks fanget i 2008, ble 559 fisk (28,5 %) antatt å ha sitt opphav i russiske elver. Ved å høyne presisjonsnivået til henholdsvis mer enn 0,5 eller 0,9, reduseres antall laks som kan tilordnes land til henholdsvis 1 266 og 332 individer, samt at andelen russisk laks ble redusert til henholdsvis 26,1 og 19,6 % (gitt presisjonsnivå på 90 %).

Andelen russisk laks var høyest i Varangerfjorden (26–35 %) og lavest i Tanafjorden (6–11 %), samt at andelen russisk også avtok gjennom sesongen i alle tre områdene (figur 16). Gitt presisjonsnivå høyere enn 0,9 avtok andelen russisk laks i Vest-Finnmark fra 29 % i mai til mindre enn 6 % i juli (figur 16). Tilsvarende for Øst-Finnmark var henholdsvis 59 og 22 %, mens innslaget i Tanafjorden var 5,6 og 3,8 % i mai og juli (figur 16).

Totalt ble 1 387 villaks analysert i henhold til baseline 1 (BL18), hvorav 422 (40,9 %) ble antatt å ha sitt opphav i russiske elver. Ved å høyne presisjonsnivået til 0,5 eller 0,9, reduseres antall laks som kan tilordnes opphavsland (Norge eller Russland) til henholdsvis 868 og 223

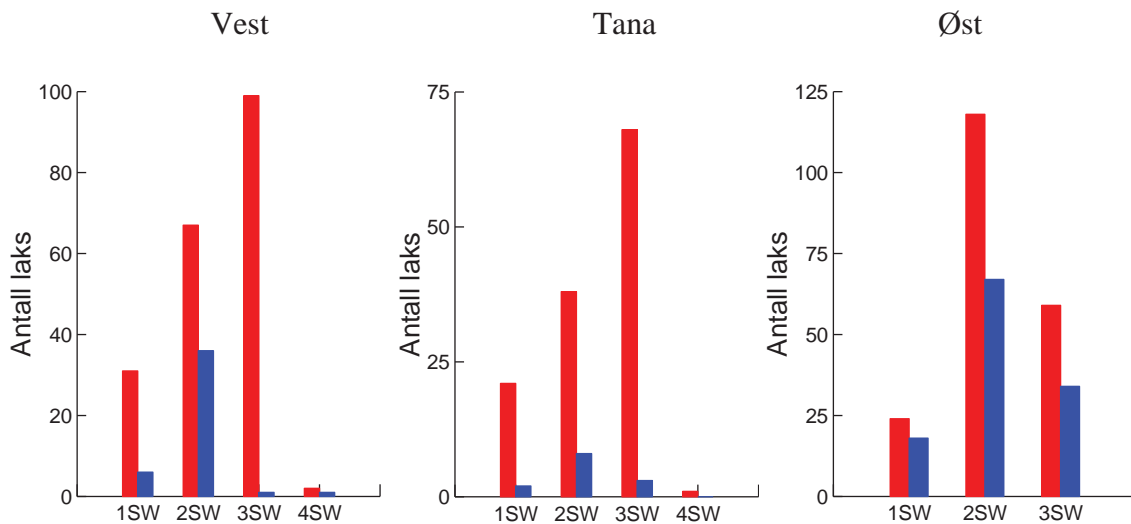
individer, samt at andelen russisk laks reduseres til henholdsvis 38,2 og 31,4 %. Den estimerte andelen russisk laks i fangstene var derfor generelt sett høyere ved bruk av baseline 1 (BL18) enn ved baseline 2 (BL12). Ved BL18, og gitt presisjonsnivå høyere enn 0,9, var estimert andel russisk laks i fangstene i Vest-Finnmark i mai, juni og juli henholdsvis 41,2, 12,8 og 2,9 %. Tilsvarende for Øst-Finnmark var 64,7, 49,0 og 35,7 %.



Figur 16. Antall laks med henholdsvis norsk (rødt) og russisk (blått) opphav, fanget sommeren 2008, vest for Tanafjorden ("Vest"), i Tanafjorden ("Tana") og i Varangerfjorden ("Øst"), i henholdsvis mai (venstre), juni (midten) og juli (høyre). Øverste rad viser all fisk ($p > 0$), mens midterste og nederste rad angir forholdet der presisjonsnivået settes henholdsvis høyere enn 0.5 og 0.9. Legg merke til ulike målestokk på y-aksene.

I innslaget av russisk 1SW og 2SW-laks utgjorde totalt 25–30 % (BL12 og $p > 0,9$) i fangstene, mens innslaget av russisk 3SW og 4SW-laks bare utgjorde 9 % (figur 17). Innslaget var høyest i mai, der andelen av russisk 1SW/2SW utgjorde 67 % og andelen av 3SW/4SW

utgjorde 32 %. Utover sommeren minket andelen russisk laks kraftig, og i juli måned utgjorde andelen av 1SW/2SW og 3SW/4SW russisk laks bare henholdsvis 19 og 3 %.



Figur 17. Antall laks av ulike sjøalder (SW) med henholdsvis norsk (rødt) og russisk (blått) opphav, fanget sommeren 2008 vest for Tanafjorden ("Vest"), i Tanafjorden ("Tana") eller i Varangerfjorden ("Øst"). Resultatene bygger på baseline 2 (BL12) og presisjonsnivået er satt til > 0,7. Legg merke til ulike målestokk på y-aksene.

I Vest-Finnmark utgjorde fangstene av 1SW og 2SW russisk laks henholdsvis 63 % i mai, 26 % i juni og 9 % i juli (BL12, $p > 0,7$), mens innslaget av 3SW og 4SW var svært lavt, dvs. henholdsvis 0, 3 og 0 % (figur 17). I Øst-Finnmark (Varangerfjorden) var både innslaget av russisk 1SW/2SW (67 %) og 3SW/4SW (70 %) svært høyt i mai, mens innslaget var henholdsvis 51 og 15 % i juni. I juli utgjorde russisk 1SW/2SW 25 % av fangstene, mens innslaget av russisk 3SW/4SW var mindre enn 1 %.

Innslaget av russisk laks i Tanafjorden var generelt lavt (figur 17). Særlig 3SW og 4SW russisk laks utgjorde mindre enn 7 % i både mai, juni og juli. Innslaget av 1SW og 2SW var høyest i mai (33 %) og lavest i juni/juli (6-8 %).

Innslaget av tanalaks i fangstene i Vest-Finnmark avtok fra 18 % i mai til 12 % i juli (BL12, $p > 0,7$). I mai ble det kun fanget 3SW tanalaks i Vest-Finnmark, mens innslaget av 1SW tanalaks var høyest i juli. I Øst-Finnmark (Varangerfjorden) ble det ikke fanget tanalaks i mai, mens innslaget var 29 og 23 % i henholdsvis juni og juli.

Innslaget av laks med opphav i Troms eller Vest-Finnmark utgjorde 50 % totalt, hvorav innslaget økte fra ca 20 % i mai til nærmere 60 % i juli (BL12, $p > 0,7$). Innslaget av smålaks (1SW) fra de vestlige elvene var relativt lavt (25 %) i fangstene fra Vest-Finnmark. I fangstene i Øst-Finnmark var innslaget av laks fra elver i Troms og Vest-Finnmark ca. 13 %, mens omtrent samme andel var tanalaks.

4 Sammenfattende diskusjon

I denne undersøkelsen er det benyttet genetiske data/profiler fra 51 laksevassdrag fra Kvitsjøen til Senja. Selv om de største elvene er representert, er deknningen langt fra komplett. Vi har for denne undersøkelsen ikke hatt tilgang til prøvemateriale fra de østligste elvene i Russland (Pechora, Mezen, Megra Dvina bl.a.). Videre er det også en del elver i Finnmark og Troms som ikke er representert i denne versjonen av genetisk baseline. Og for enkelte større vassdrag er prøvematerialet for begrenset til at all genetisk variasjon i vassdraget er representert. Merkeforsøkene som ble gjennomført på slutten av 1960-tallet/begynnelsen av 1970-tallet viste at laks som ble fanget og merket utafor Breivik og Sørvær i Vest-Finnmark, ble gjenfanget over et større område (Hansen 2009) enn det som er dekket i vår nåværende baseline. Det er derfor høyst sannsynlig at det forekommer laks i materialet fra sjølaksefisket i 2008 som har sitt opphav fra elver som ikke er representert i de to baselinene (BL12 og BL18) vi har brukt i den genetiske analysen. Til tross for dette, antar vi at den foreliggende analysen gir en brukbar indikasjon på sammensetningen av fangstene i sjølaksefisket. Som analysene viser, vil laks fra vassdrag som ikke er representert i baseline som oftest tilordnes et vassdrag i samme region som hjemelva. Siden de genetiske forskjellene er relativt små mellom noen av laksebestandene i Øst-Finnmark og på Kola, kan det ikke utelukkes at enkelte individer/bestander fra Kola kan ha blitt tilordnet elver i Øst-Finnmark.

Sammenlikningen av BL12 og BL18 med hensyn til presisjon i tilordning i forhold til land, viste at for materialet som helhet, var de estimerte andelene norsk og russisk laks i fangstene relativt sammenlignbare. Ved sammenlikning av korrekt tilordning til hjemelv var det imidlertid store forskjeller i presisjonen ved bruk av BL18 versus BL12. BL12 hadde bedre dekning i vårt største laksevassdrag, Tana, og sammenlikning av tilordning mellom de to baselinene viste at ved bruk av BL12 identifiserte vi en større andel individer med opprinnelse i Tana. Ved bruk av BL18, som kun hadde to av Tana-bestandene representert, ble disse individene tilordnet både andre norske elver og noen individer ble tilordnet russiske elver.

Vi konkluderer med at økt presisjon i estimatene kan oppnås ved å 1) øke antall elver i baseline, 2) samle flere prøver fra hvert vassdrag for bedre representasjon av den genetiske strukturen i vassdraget og 3) øke antall genetiske markører som analyseres. Tidligere analyser har vist at antall alleler (genvarianter) er avgjørende for tilordningsstyrken til en genetisk markør. Ved en senere utvidelse av analysene av baseline er det derfor viktig å legge til høyvariable mikrosatellitter, eventuelt et stort antall lavvariable markører som SNP-er. Særlig vil økt presisjon være av betydning for å skille laks fra elver i grenseområdet, hvor det ikke er tydelige regionale genetiske sprangsjikt. Den geografiske deknningen bør utvides til å omfatte også de østlige russiske elvene og elver i den nordlige delen av Nordland fylke, samt supplere med flere elver i Troms og Finnmark.

Av de totalt 4 224 villaksene ble 1 387 fisk analysert genetisk i henhold til baseline 1 (BL18; 18 mikrosatellitter) og 1 958 fisk i henhold til baseline 2 (BL12; 12 mikrosatellitter). Laks som ble fanga i Tanafjorden ble kun analysert i henhold til BL12. Videre inneholder BL18 kun to sideelver i Tana, mens BL12 inkluderer 12 sideelver (inkludert hovedvassdraget). Ved å

øke presisjonsnivået vil sannsynligheten for å tilordne hver fisk til riktig hjemelv øke, samtidig som at mange usikre fisk "faller" fra. Gitt presisjonsnivå på 90 % ble om lag 20 % av de undersøkte laksene antatt å ha sitt opphav i Russland. Innslaget av russisk laks var høyest tidlig i sesongen, samt i østre del av fylket (Varangerfjorden).

I Vest-Finnmark sank andelen 1- og 2-sjøvinter russisk laks fra ca. 60 % i mai til ca. 10 % i juli, noe som tyder på at det kom et innsig av russisk laks fra vest i 2008. Innslaget av 3-sjøvinter russisk laks var imidlertid svært lavt hele sesongen (mindre enn 3 %). Det totale innslaget av tanalaks sank fra 18 % i mai til 12 % i juli, mens all tanalaks som ble fanget i mai var 3-sjøvinterlaks. Det er uvisst om 3- og 4-sjøvinter russisk laks var til stede langs kysten av Finnmark enda tidligere på våren, og at storlaks fra henholdsvis Tana og Kola muligens har ulikt vandringsmønster. Innslaget av 1-sjøvinter tanalaks økte imidlertid utover sommeren, noe som indikerer at også smålaksen fra Tana (og finnmarkselvne) trolig vandrer inn fra vest, men kommer senere inn til kysten enn storlaksen. Samtidig ble det også fanget en god del tanalaks i Varangerfjorden, noe som også åpner for østlig innvandring mot Tanafjorden.

I Øst-Finnmark (Varangerfjorden) var innslaget av både 1- og 2-sjøvinter russisk laks høyt i mai (67 %) og sank til ca. 50 % i juli. Også innslaget av 3- og 4-sjøvinter laks var høyt i mai (70 %), men sank raskt utover sommeren til bare 15 % i juli. Det høye innslaget av storlaks i Varangerfjorden allerede i mai kan tyde på at 3- og 4-sjøvinter russisk laks ikke har samme vandringsmønster og/eller ikke bruker nøyaktig samme oppvekstområdene som tanalaksen. Totalt sett var innslaget av tanalaks nesten like høyt i Varangerfjorden (15 %) som i Vest-Finnmark (18 %). Dette åpner for mange alternative forklaringer som for eksempel at en del av laksebestanden vandrer inn vestfra allerede på senvinteren, at en del av laksen beiter i Varangerfjorden om vinteren, og/eller at det også vandrer en del laks inn fra nordøst. Dette støttes av at nærmere 18 % av laks som ble fanget i Varangerfjorden trolig skulle gyte i elver vest for Tana og/eller i Troms. Innslaget av russisk flersjøvinter laks i fangstene i Tanafjorden var vesentlig lavere enn i Vest-Finnmark og Varangerfjorden. De fleste russiske en-sjøvinterlaksene ble fanget i juni, mens andelen avtok på slutten av sesongen. Dette kan tyde på at deler av de russiske bestandene ikke har vandret inn langs kysten av Vest-Finnmark, men har kommet inn fra Barentshavet og/eller har beitet ei tid i enkelte fjorder i nordøstlige deler av Finnmark.

Resultatene fra dette forprosjektet viser at det er mulig å etablere en genetisk baseline for laksebestandene i Nord-Norge og Russland, samt anvende denne til å stadfeste det genetiske opphavet til voksen laks som fanges i Barentsregionen. Resultatene må imidlertid vurderes med en viss forsiktighet, spesielt fordi baselinen per nå er basert på for få elver. Gjennom Kolarctic-prosjektet, "Kolarctic salmon" (2011–2013), vil vesentlig flere elver inngå i baseline (og med flere prøver per elv), samt at flere genetiske markører analyseres. Dette vil høyne presisjonen i analysene betraktelig, og gi grunnlag for å tilordne – ikke bare region og opphavsland – men også hjemelva til laks som fanges langs kysten av Nord-Norge. I løpet av 2013 vil den nye baselinen være operativ, noe som vil gi forvaltningen et nytt verktøy til å forbedre forvaltningen av de nordlige laksebestandene i årene fremover.

5 Litteratur

- Cornuet, J.-M., Piry, S., Luikart, G., Estoup, A. & Solignac, M. (1999). New methods employing multilocus genotypes to select or exclude populations as origins of individuals. *Genetics* **153**, 1989-2000.
- Griffiths, A.M., Machado-Schiaffino, G., Dillane, E., Coughlan, J., Horreo, J.L., Bowkett, A.E., Minting, P., Toms, S., Roche, W., Gargan, P., McGinnity, P., Cross, T., Bright, D., Garcia-Vazquez, E. & Stevens, J.R. (2010). Genetic stock identification of Atlantic salmon (*Salmo salar*) populations in the southern part of the European range. *BMC Genetics* **11**, 31.
- Hansen, L-P. 2009. A note on interception of Atlantic salmon of foreign origin in Norwegian homewater fisheries. ICES, Working Group on North Atlantic Salmon, Working Paper 32 2009.
- Kalinowski, S.T., Manlove, K.R., Taper, M.L. 2008. ONCOR: a computer program for genetic stock identification, v.2. [<http://www.montana.edu/kalinowski/software/Oncor.htm>]. Department of Ecology, Montana State University, Bozeman, USA
- Koljonen, M. L., Pella, J. J. & Masuda, M. (2005). Classical individual assignments versus mixture modeling to estimate stock proportions in Atlantic salmon (*Salmo salar*) catches from DNA microsatellite data. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* **62**, 2143-2158.
- Pritchard, J.K., Stephens, M. & Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* **155**, 945-959.
- Rikstad, A. & Niemelä E. 2009. Tanalaksens vandringer. Resultater fra merkinger av laksesmolt i Tanavassdraget 1974-1981. Rapport nr. 4-2009. Fylkesmannen i Finnmark. 14 s.
- Ståhl, G. (1987). Genetic Population Structure of Atlantic Salmon. (Ryman, N. & Utter, F., eds.), pp. 121-140. Seattle: University of Washington Press.
- Svenning, M-A., Niemelä E., Christiansen B., Daniloff, A., Lauritsen, K. & Johansen, B. 2009. Sjølaksefiske i Finnmark; ressurs og potensial. Fangst og bestandssammensetning hos laks fanga på krokarn og kilenot av 27 sjølaksefiskere i Finnmark, fra 20. mai til 31. juli 2008. Rapport nr. 8-2009. Fylkesmannen i Finnmark. 19 s.
- Verspoor, E., Beardmore, J.A., Consuegra, S., Garcia de Leaniz, C., Hindar, K., Jordan, W.C., Koljonen, M.L., Mahkrov, A.A., Paaver, T., Sanchez, J.A., Skaala, O., Titov, S. & Cross, T.F. (2007). Population structure in the Atlantic salmon: insights from 40 years of research into genetic protein variation. *Journal of Fish Biology* **67** (Supplement A), 3-54.

Retur: Havforskningsinstituttet, Postboks 1870 Nordnes, NO-5817 Bergen



HAVFORSKNINGSINSTITUTTET
Institute of Marine Research

Nordnesgaten 50 – Postboks 1870 Nordnes
NO-5817 Bergen
Tlf.: +47 55 23 85 00 – Faks: +47 55 23 85 31
E-post: post@imr.no

HAVFORSKNINGSINSTITUTTET
AVDELING TROMSØ

Sykehusveien 23, Postboks 6404
NO-9294 Tromsø
Tlf.: +47 77 60 97 00 – Faks: +47 77 60 97 01

HAVFORSKNINGSINSTITUTTET
FORSKNINGSSTASJONEN FLØDEVIGEN

Nye Flødevigveien 20
NO-4817 His
Tlf.: +47 37 05 90 00 – Faks: +47 37 05 90 01

HAVFORSKNINGSINSTITUTTET
FORSKNINGSSTASJONEN AUSTEVOLL

NO-5392 Storebø
Tlf.: +47 55 23 85 00 – Faks: +47 56 18 22 22

HAVFORSKNINGSINSTITUTTET
FORSKNINGSSTASJONEN MATRE

NO-5984 Matredal
Tlf.: +47 55 23 85 00 – Faks: +47 56 36 75 85

AVDELING FOR SAMFUNNSKONTAKT
OG KOMMUNIKASJON

Public Relations and Communication
Tlf.: +47 55 23 85 00 – Faks: +47 55 23 85 55
E-post: informasjonen@imr.no

www.imr.no

