

Elvemusling i Frøylandsbekken, Time kommune

Hva er primærvert for muslinglarvene i vassdraget?

Bjørn Mejdell Larsen & Sten Karlsson

Trondheim, juni 2017

UPUBLISERT

TILGJENGELIGHET
Åpen

PROSJEKTLEDER
Bjørn Mejdell Larsen

ANSVARLIG FORSKNINGSSJEF
Forskningsleder Ingeborg P. Helland

OPPDRAGSGIVER(E)/BIDRAGSYTER(E)
Time kommune

KONTAKTPERSON(ER) HOS OPPDRAGSGIVER/BIDRAGSYTER
Erik Steen Larsen

Innledning

Forekomsten av elvemusling i Frøylandsbekken er undersøkt ved flere anledninger, siste gang i 2016 (Ledje 2016). Totalt ble det da funnet 72 levende elvemusling og 58 tomme skall. Dette var en betydelig reduksjon sammenlignet med tellinger foretatt i 1998 (Nastad 1999). De to minste muslingene som ble funnet i 2016 var 73 og 88 mm lange. Gjennomsnittslengden for levende muslinger var 110 mm (N = 36). En stor andel tomme skall og ingen nyrekruttering vitnet om en bestand som stod i fare for å forsvinne i løpet av få år.

I forbindelse med tiltak for å bevare og styrke bestanden av elvemusling i Frøylandsbekken var det nødvendig å vite hvilken fiskeart (laks eller ørret) som var primærvert for muslingenes larver siden disse har et obligatorisk mellomstadium på laksefisk. Det fantes ingen opplysninger om vertsfisk i de tidligere undersøkelsene i Frøylandsbekken.

Målsettingen var derfor å fastslå om muslingene i Frøylandsbekken hadde ørret eller laks som vertsfisk i sin livssyklus (om de er «ørretmusling» eller «laksemusling»). Dette er viktig å vite for å kunne forvalte muslingbestanden på riktig måte og sikre at muslingene overlever på lang sikt. I anadrome vassdrag der laks er dominerende fiskeart, vil laks normalt være den viktigste (og eneste) vertarten for muslinglarvene (Karlsson mfl. 2014, Larsen & Berger 2010, Larsen mfl. 2012). I små anadrome vassdrag (sjøørretvassdrag) derimot ser det ut til at ørret er foretrukket som vert. Ovenfor naturlige vandringshindre i anadrome vassdrag og i elver og bekker generelt i innlandet, er ørret primærvert (Karlsson mfl. 2014, Larsen 2011). På grunn av landskapsendringer og endringer i fiske-samfunnet over tid vil det likevel være nødvendig å bestemme hvilken fiskeart som er primærvert i hvert enkelt vassdrag.

Frøylandsbekken utgjør den øvre delen av det 102 km² store nedbørfeltet til Orreåna. Orreåna er i dag lakseførende til Bryne sentrum der en gammel mølledam stanser videre oppvandring. Lakseførende strekning er oppgitt til 9,3 km (<http://lakseregister.fylkesmannen.no/lakseregister/public/vissElv.aspx?vassdrag=Orreelva&id=028.4Z>). Om laks kunne gå gjennom Frøylandsvatnet og opp i Frøylandsbekken tidligere er imidlertid noe usikkert. Frøylandsbekken har et nedbørfelt på 20 km² og drenerer arealene mellom Fjermestadvatnet og Mosvatnet i sørøst og Frøylandsvatnet i vest (**figur 1**).

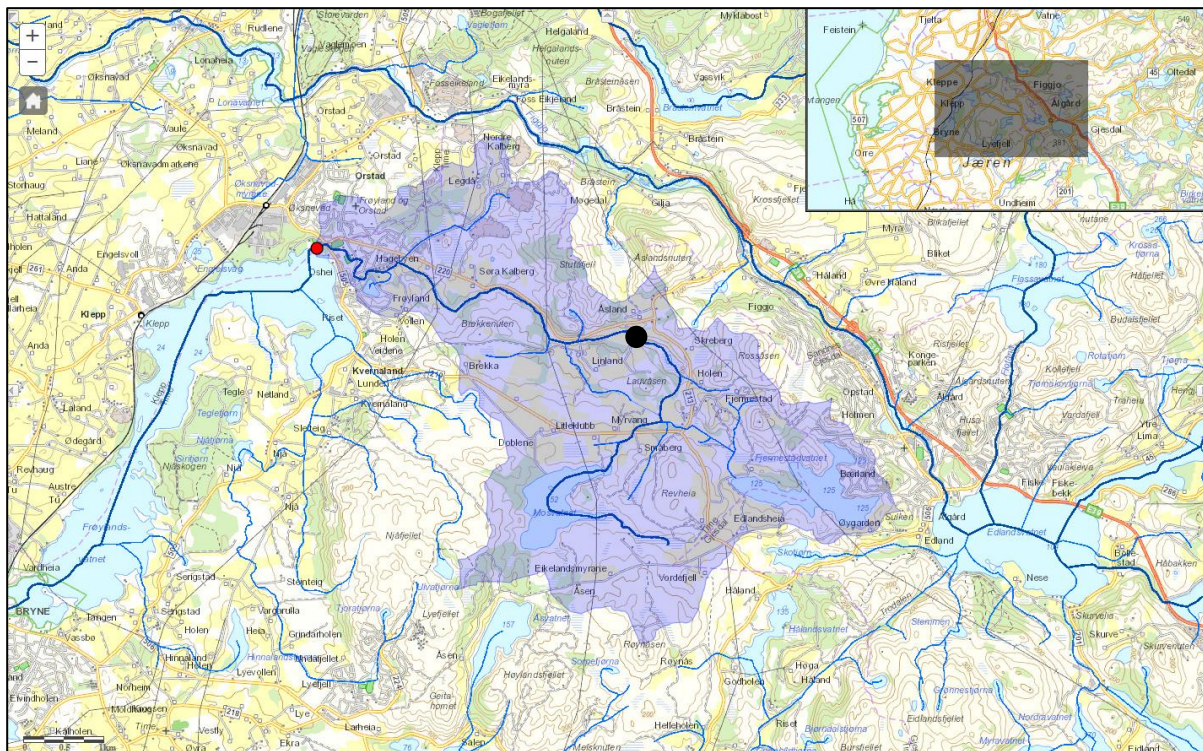
Resultatet fra en innledende undersøkelse i Frøylandsbekken i januar 2017, som inkluderte DNA-analyser av fem elvemusling, kunne ikke konkludere med at disse som gruppe entydig tilhørte en bestand av ørret- eller laksemusling (Larsen & Karlsson 2017). Elvemuslingene i Frøylandsbekken så ut til å ha forskjellig opphav, og kunne med stor sannsynlighet være fra to ulike delpopulasjoner. Dette åpnet opp for at det sannsynligvis var delpopulasjoner av både laksemusling og ørretmusling i bekken. Vi har indikasjoner på at dette kan forekomme andre steder også, bl.a. i en lokalitet i Nord-Trøndelag (Larsen mfl. 2014a).

For å følge opp resultatene fra januar 2017 ble det planlagt å gjennomføre prøvetaking av et større antall muslinger på et senere tidspunkt. Samtidig skulle det gjennomføres et elfiske for å se om det ble funnet muslinglarver på gjellene til ørret i bekken. Det er resultatene fra disse undersøkelsene som beskrives i dette prosjektnotatet.

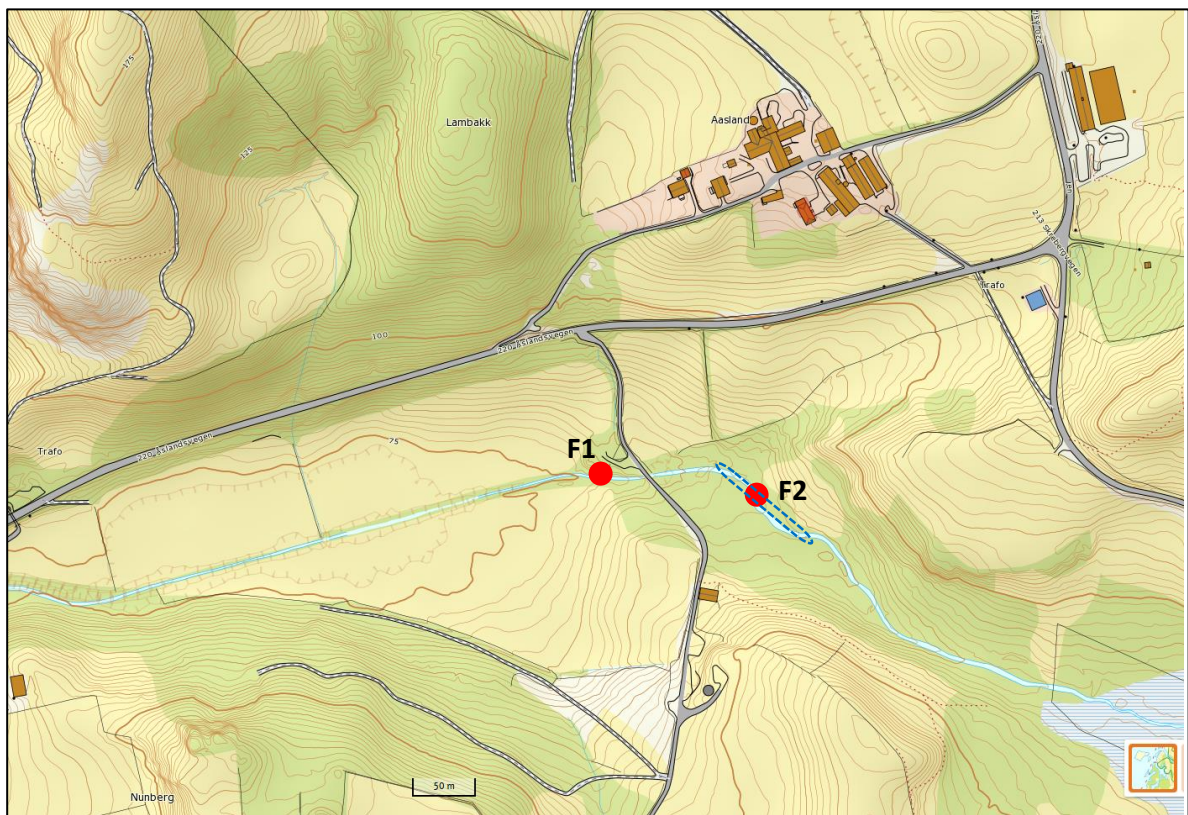
Metoder og materiale

Fisk

Feltarbeid med elfiske ble gjennomført 2. mai 2017 på moderat lav vannføring, og det var gode forhold for innsamling av ungfisk. Det ble samlet inn fisk til gjelleanalyser fra to stasjoner ved Aasland (stasjon F1 og F2; **figur 2**). Det ble tatt vare på til sammen 36 ettårige ørretunger. All fisk ble fiksert på 4 % formaldehyd uten nærmere undersøkelser i felt. Fisken ble bearbeidet under lupe på laboratoriet og gjellene på begge sider av fisken ble undersøkt. Resultatene er presentert ved bruk av termene prevalens (prosentandel infiserte fisk av totalantallet fisk undersøkt), abundans (gjennomsnittlig antall parasitter på all fisk undersøkt, dvs. snitt av både infiserte og uinfiserte fisk) og infeksjonsintensitet (gjennomsnittlig antall muslinglarver på infisert fisk).



Figur 1. Nedbørsfeltet til Frølandsbekken (vassdragsnr. 028.4D). Lokaliteten der elvemusling ble samlet inn for prøvetaking er angitt med en svart prikk.



Figur 2. Lokalisering av elfiskestasjoner (stasjon F1 og F2) samt område der elvemusling ble samlet inn (innenfor blåstiplet område) i 2017.

Elvemusling

Det ble søkt etter elvemusling i Frøylandsbekken ved bruk av vannkikkert på en stasjon ved Aasland (**figur 2**). Levende muslinger ble plukket opp fra bunnen og det ble tatt prøver til genetiske analyser ved å stryke på overflaten av de indre bløtdelene (fot og kappe) med en bomullspinne (Q-tip) (Karls-son mfl. 2013, Karlsson & Larsen 2013). Antall muslinger som ble samlet inn ble begrenset til 30 individer til sammen, 5 individ den 19. januar og 25 individ den 2. mai 2017 (**tabell 1**). Muslingene ble lagt tilbake på elvebunnen umiddelbart etter prøvetaking.

Tabell 1. Materiale samlet inn til genetiske analyser av elvemusling i Frøylandsbekken i 2017.

Stasjon	Dato	Antall	Gj.snitt lengde \pm SD	Minste	Største
Aasland	19.01.	5	106,6 \pm 7,4	97,3	116,5
Aasland	02.05.	25	110,6 \pm 7,8	96,5	124,7

DNA ble ekstrahert som beskrevet av Karlsson mfl. (2013) ved bruk Dneasy tissue kit fra Qiagen. Individene ble analysert for genetisk variasjon for åtte mikrosatellitt markører utviklet av Geist (2003) som beskrevet av Karlsson & Larsen (2013). To av disse åtte mikrosatellittene har tidligere blitt beskrevet med signifikante avvik fra Hardy-Weinberg likevekt som tilskrives upålitelig genotyping (Karlsson & Larsen 2013). På lik linje med tidligere prosjekter ble derfor to av mikrosatellittene utelatt fra videre analyser.

Det er tidligere vist at elvemusling-bestander karakterisert som «laksemusling» eller «ørretmusling» utfra infeksjonsgrad på respektive vertsarter oppviser genetiske forskjeller (Larsen mfl. 2011, Karlsson & Larsen 2013, Karlsson mfl. 2014). Laksemusling-bestander oppviser generelt en høyere genetisk variasjon enn ørretmusling-bestander, og genetiske distanser (F_{ST} eller Nei's genetiske distanse; Nei (1972)) mellom laksemusling- og ørretmusling-bestander grupperer seg i to atskilte genetiske grupper (Karlsson & Larsen 2013, Karlsson mfl. 2014).

For genetisk klassifisering av muslinger fra Frøylandsbekken ble disse sammenliknet med et tidligere beskrevet datasett med 33 forskjellige lokaliteter/bestander av elvemusling (Karlsson & Larsen 2013). Genetisk variasjon i form av forventet heterozygositet og allelrikdom ble estimert ved henholdsvis programvaren Genepop v.4 (Raymond & Rousset 1995) og FSTAT v. 2.9.3 (Goudet 2001). Allelrikdom er et mål på antall forskjellige alleler uavhengig av den reelle sample-størrelsen. For å sammenligne ulike elver må man derfor ta utgangspunkt i stikkprøven med det laveste antall muslinger (i vårt tilfelle var dette en sample størrelse på åtte individer).

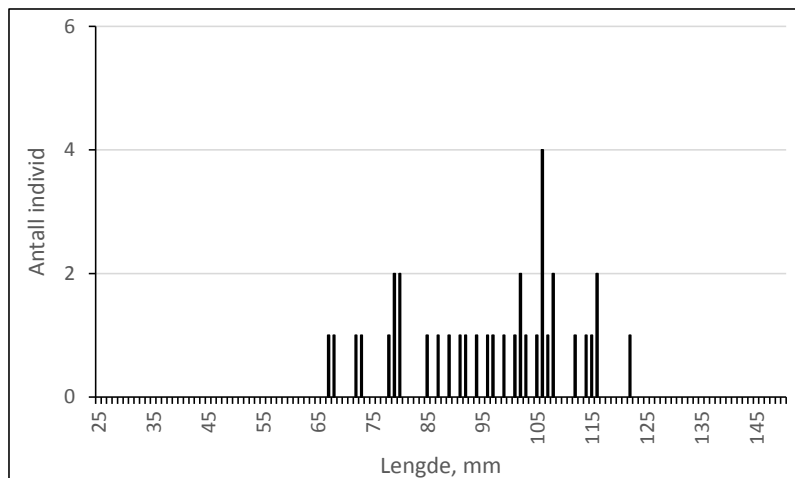
Parvis genetisk distanse (F_{ST}) mellom bestander (Frøylandsbekken og alle bestander fra Karlsson & Larsen (2013)) ble estimert og visualisert i en prinsippkomponentanalyse (PCA, principal component analysis) ved bruk av programmet GENALEX (Peakall & Smouse 2006).

Hvert enkelt individ fra Frøylandsbekken ble i tillegg forsøkt genetisk tilordnet bestander karakterisert som laksemusling eller ørretmusling inkludert i Karlsson & Larsen (2013). Dette ble gjort ved direkte individuell genetisk tilordning med den bayesianske metoden (Rannala & Mountain 1997) implementert i programmet GeneClass2 (Piry mfl. 2004). Med denne metoden blir hver enkelt musling tilordnet de ulike referansebestandene med en relativ sannsynlighet (log likelihood score). Den relative sannsynligheten for å bli tilordnet de forskjellige laksemusling-bestandene ble summert og sammenliknet med den summerte relative sannsynligheten for å bli tilordnet de forskjellige ørretmusling-bestandene.

Resultater

Det ble fanget 36 ettårige ørretunger til sammen på stasjon F1 og F2 i Frøylandsbekken ved Aasland i mai 2017. I tillegg ble det observert flere andre ettårige og enkelte eldre ørretunger på begge stasjonene samt én ål på stasjon F1.

Fisken vokste godt i Frøylandsbekken (**figur 3**), og de ettårige ørretungene var i gjennomsnitt 96 mm i begynnelsen av mai 2017 (SD = 15; N = 36).



Figur 3. Lengdefordeling av ettårige ørretunger fra Frøylandsbekken i mai 2017 som ble undersøkt med hensyn til påslag av muslinglarver.

Det var ingen muslinglarver på gjellene til ørret på stasjon F2 der de fleste muslingene er lokalisert, og det var muslinglarver bare på én av ørretungene på stasjon F1 (**tabell 2**). Denne hadde 53 larver til sammen på alle gjellebuene. Larvene var relativt store (gjennomsnittslengde på $0,36 \pm 0,03$ mm; N = 11), og det gir en liten usikkerhet hvorvidt enkelte muslinglarver kan ha sluppet seg av ørretungene allerede.

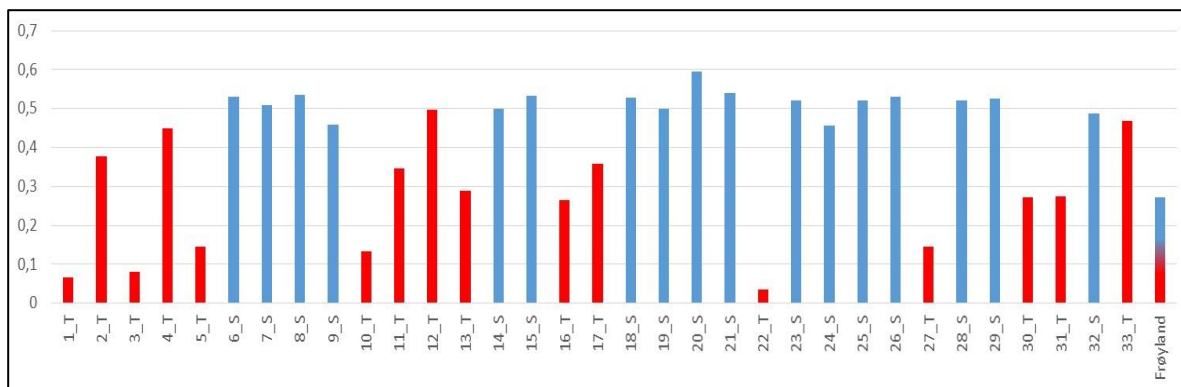
Tabell 2. Registreringer av muslinglarver på ungfisk av ørret (gjellene på begge sider) i Frøylandsbekken ved Aasland 2. mai 2017. Infeksjonen av muslinglarver er presentert som prevalens (prosentandel av undersøkt fisk som er infisert), abundans (gjennomsnittlig antall larver på all fisk undersøkt) og intensitet (gjennomsnittlig antall larver på infisert fisk). N = totalt antall fisk samlet inn; Maks = maksimum antall muslinglarver på enkeltfisk; SD = standardavvik.

Stasjon	Alder	N	Prevalens (%)	Abundans	Intensitet	Maks
				Gj.snitt \pm SD	Gj.snitt \pm SD	
F1	1+	20	5,0	$2,7 \pm 11,9$	53,0	53
F2	1+	16	0	0	0	0

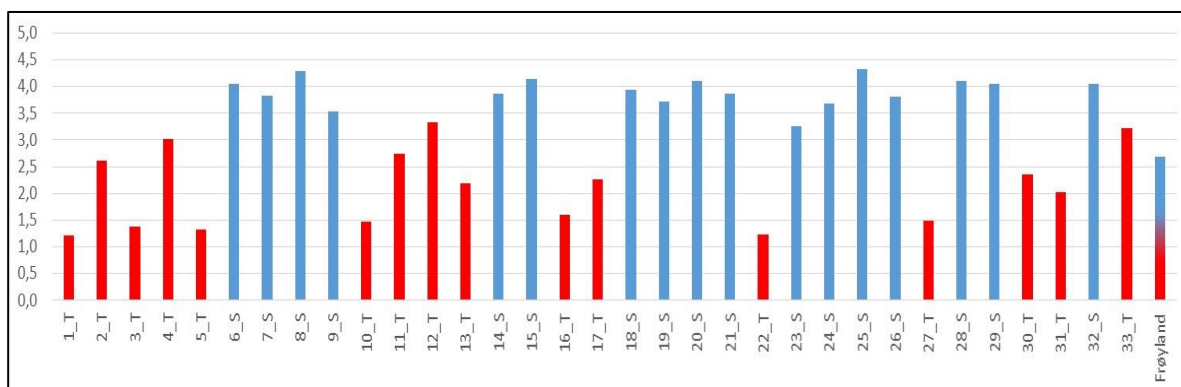
For genetisk karakterisering av elvemuslingene fra Frøylandsbekken som enten ørret- eller laksemusling ble det benyttet et referansemateriale av ørret- og laksemusling som tidligere er analysert for seks mikrosatellitter. Alle muslingene (30 individer) i Frøylandsbekken fikk en vellykket genotyping for de samme seks markørene.

Frøylandsbekken hadde en gjennomsnittlig forventet heterozygositet (H_e) på 0,27 og en gjennomsnittlig allelrikdom (A_r) på 2,7. Dette nivået av forventet heterozygositet og allelrikdom er lavere enn det gjennomsnittlige nivået observert for laksemusling-bestander ($H_e = 0,52$, $A_r = 3,9$; Karlsson & Larsen 2013) og nærmere det totale gjennomsnittlige nivået for ørretmusling-bestander ($H_e = 0,26$, $A_r = 2,1$) (**figur 5** og **6**).

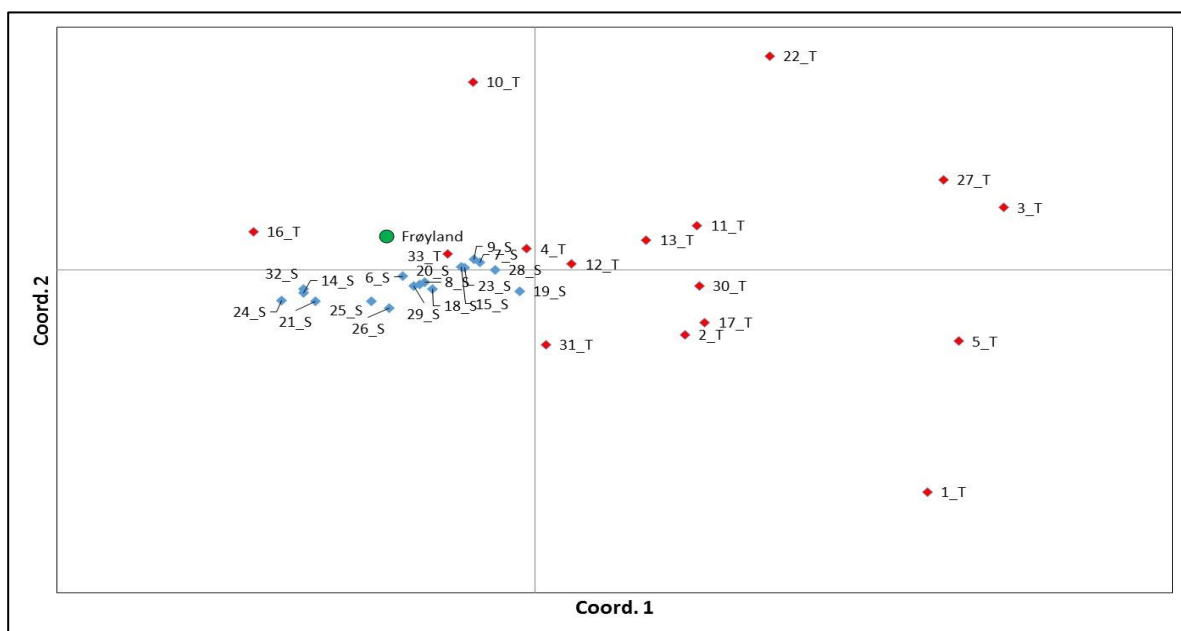
Muslingene i Frøylandsbekken var likevel genetisk nærmere beslektet med bestander beskrevet som laksemusling enn med ørretmusling-bestander, som visualisert i et PCoA-plot (**figur 7**). Det er tidligere vist at populasjonsgenetisk struktur hos elvemusling i stor grad forklares av vertsspesifisitet (laks og ørret), og at det er større forskjell mellom ulike bestander av ørretmusling enn det er mellom ulike bestander av laksemusling (Larsen mfl. 2011, Karlsson & Larsen 2013, Karlsson mfl. 2014). Imidlertid er det også observert at enkelte ørretmusling-bestander kan ligge nær, men likevel utenfor grupperingen av laksemusling-bestander. Frøylandsbekken plasserer seg også litt i utkanten av laksemusling-bestandene, noe som gir en usikkerhet om tilhørighet (**figur 12**). Denne observasjonen, sammen med den relativt lave genetiske variasjonen i populasjonen (**figur 5** og **6**), gjør at muslingene i Frøylandsbekken ser ut til å stå i en mellomstilling.



Figur 5. Sammenligning av gjennomsnittlig forventet heterozygositet i Frøylandsbekken (blå-rød gradert) med 17 laksemusling-bestander (blå) og 16 ørretmusling-bestander (rød) (fra Karlsson & Larsen 2013) basert på genetisk variasjon i seks mikrosatellitt-markører.

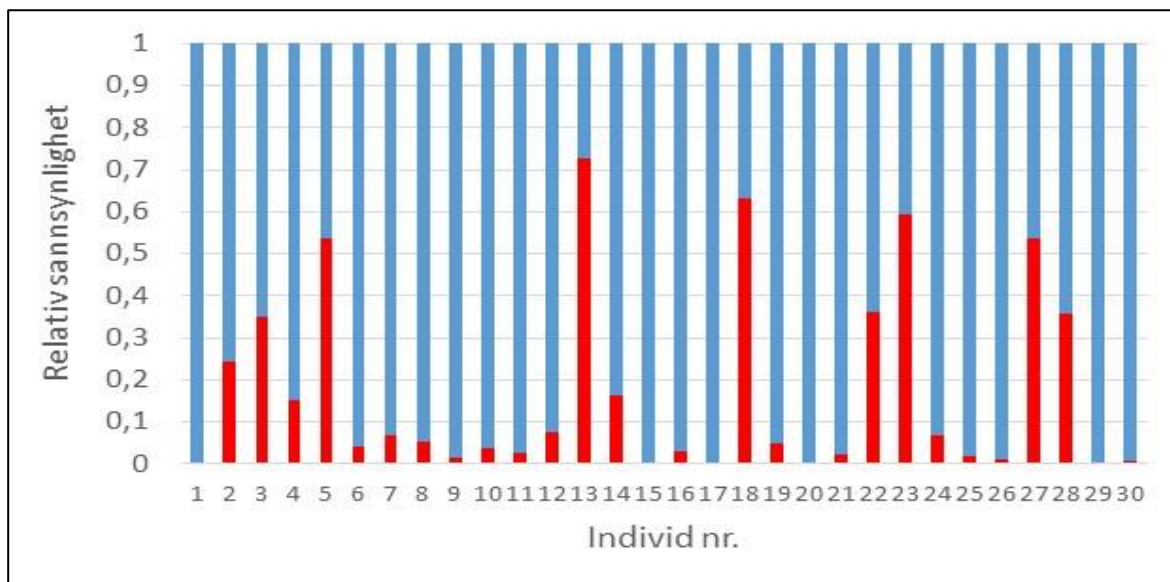


Figur 6. Sammenligning av gjennomsnittlig allelrikdom i Frøylandsbekken (blå-rød gradert) med 17 laksemusling-bestander (blå) og 16 ørretmusling-bestander (rød) (fra Karlsson & Larsen 2013) basert på genetisk variasjon i seks mikrosatellitt-markører og en sample størrelse på åtte individer (som er den minste sample størrelsen blant de 33 undersøkte populasjonene).



Figur 7. Prinsipalkomponentanalyse plot av laksemusling-bestander (blå), ørretmusling-bestander (rød) og Frøylandsbekken (grønn sirkel) basert på parvise F_{ST} estimat.

Individuell genetisk tilordning av muslinger fra Frøylandsbekken til et referansemateriale av 17 laksemusling-bestander og 16 ørretmusling-bestander viste at 25 av 30 muslinger (83,3 %) hadde en genetisk sammensetning som lignet mer på sammensetningen i en laksemusling-bestand enn på sammensetningen i en ørretmusling-bestand (relativ sannsynlighet større enn 0,5). Fem individ (16,7 %) hadde en høyere sannsynlighet for å kunne tilhøre en ørretmusling-bestand (**figur 8**). Det er imidlertid usikkert hvor mye vekt vi kan gi disse observasjonene da vi ikke kjenner den forventede fordelingen av relativ sannsynlighet for å bli tilordnet et referansemateriale av laksemusling- og ørretmusling-bestander, det vil si der vi er sikre på hvilken art som er primærvert.



Figur 8. Individuell genetisk tilordning av muslinger fra Frøylandsbekken til et referansemateriale av 17 laksemusling-bestander og 16 ørretmusling-bestander. Relativ sannsynlighet er summert log likelihood score til henholdsvis laksemusling-bestander (blå) og ørretmusling-bestander (rød).

Oppsummering

Det var bare én av ørretungene som hadde muslinglarver på gjellene i begynnelsen av mai 2017. Ørretungene ble samlet inn like nedstrøms eller på samme sted som den største ansamlingen av elvemusling som er kjent i Frøylandsbekken forekommer. Det var derfor forventet at det kunne være muslinglarver på et flertall av ørretungene, og noe uventet at det bare var muslinglarver på én av ørretungene. Selv om enkelte av muslinglarvene allerede var fullt utvokst (nær 0,40 mm), var det fortsatt enkelte mindre muslinglarver (0,30-0,35 mm) på gjellene. Om vi antar at en del av muslinglarvene allerede hadde sluppet seg av fra gjellene, var det likevel overraskende at ingen av de andre ørretungene hadde rester av et eventuelt påslag av larver. Selv om antall larver går ned over tid (lav abundans og intensitet), vil vi hele tiden likevel kunne ha en relativt høy prevalens. Inntrykket var derfor at påslaget av muslinglarver var svært lavt våren 2017. Dette kan enten bety at ørret ikke er den optimale verten, eller det kan bety at muslingene ikke reproduserer normalt lenger (f.eks. på grunn av stress). Det er tidligere observert mye tomme muslingskall på lokaliteten (Ledje 2016), noe som indikerer høy dødelighet. Ved prøvetakingen i mai 2017 ble det også funnet to ferske skall og fire av de 25 muslingene som ble tatt opp for prøvetaking lå på siden i substratet og responderte ikke ved berøring. Bløtdelene var intakt, og de luktet normalt, men var sannsynligvis døende eller nylig døde.

Ved en individuell genetisk tilordning av muslingene fra Frøylandsbekken var det et flertall av individene som hadde en genetisk sammensetning som lignet mest på det vi ser hos bestander med laks som primærvert. Forventet heterozygositet og allelrikdom var imidlertid lavere enn hos de 17 laksemusling-bestandene som var med i referansematerialet. Dette gjør også at Frøylandsbekken ligger i utkanten av den ansamlingen av punkter som laksemuslingene danner i et PCoA-plot. Det åpner for at det likevel kan være en ørretmusling-bestand selv om indikasjonene på det motsatte er store. En

lokalitet i Nord-Trøndelag (Langhammerelva) som plasserte seg på samme sted i et PCoA-plot som Frøylandsbekken ble for eksempel bestemt til ørretmusling (Larsen mfl. 2014b). Denne lokaliteten hadde en høyere andel (36 %), men ikke overvekt, av muslinger som hadde en genetisk sammensetning som lignet mer på sammensetningen i en ørretmusling-bestand enn på sammensetningen i en laksemusling-bestand. Det som var avgjørende var imidlertid at laks som ble satt ut i Langhammerelva ikke ble infisert med muslinglarver, mens ørretungene var moderat infisert i de to årene som ble undersøkt (prevalens på 33 og 59 %).

Summen av undersøkelser som er gjort i Frøylandsbekken sammen med referanser til andre elver gir oss ikke grunnlag for å konkludere sikkert om hvilken vertsfisk som er primærvert for muslinglarvene i Frøylandsbekken. Det er fortsatt usikkerhet knyttet til om det er ørret eller laks som er best egnet.

Enkelte ørretunger bærer imidlertid fram muslinglarver til de er fullt utviklet i Frøylandsbekken, men antall småmuslinger som produseres er svært lavt. Høy dødelighet gjør at elvemuslingbestanden i Frøylandsbekken er kritisk truet. På kort sikt er det kanskje bare ett tiltak som kan klare å ta vare på den siste rest av muslingbestanden og det genetiske materialet som denne representerer, innsamling av stammuslinger for overføring og oppbevaring (genbank) i kultiveringsanlegget for elvemusling på Austevoll utenfor Bergen. Dette ble etablert i 2011 av Direktoratet for naturforvaltning (nåværende Miljødirektoratet). Målet var å sikre truede bestander av elvemusling ved å produsere og dyrke muslingene til de var 1-5 år gamle for deretter å tilbakeføre dem til vassdraget.

I Frøylandsbekken kan det være aktuelt å samle inn stammuslinger allerede i 2017 så sant kultiveringsanlegget har kapasitet til å prioritere denne lokaliteten. Stammuslingene vil etter oppholdet i kultiveringsanlegget bli tilbakeført til Frøylandsbekken. Da det i 2016 bare ble talt opp 72 muslinger og enkelte av disse allerede har dødd, kan det være nødvendig å samle inn et flertall av de gjenværende individene. Det er anbefalt å holde mellom 20 og 50 muslinger fra hver bestand for å sikre at både hunner og hanner er representert i avlsbestanden (Jakobsen mfl. 2015).

En annen fordel med å oppdrette muslinger ved kultiveringsanlegget er at det da er mulig å sette inn både laks og ørret i eksponeringskarene. Dette vil dermed kunne gi oss muligheten til å fastslå om laks og/eller ørret er primærvert for muslinglarvene.

Referanser

- Geist, J., Rottmann, O., Schröder, W. & Kühn, R. 2003. Development of microsatellite markers for the endangered freshwater pearl mussel *Margaritifera margaritifera* L. (Bivalvia: Unionidea). – Mol. Ecol. Notes 3: 444-446.
- Goudet, J. 2001. FSTAT, a program to estimate and test gene diversities and fixation indices (version 2.9.3). - Available from <http://www.unil.ch/lizea/software/fstat.html>.
- Jakobsen, P., Jakobsen, R.A. & Bjånesøy, T. 2015. Årsrapport 2014. Kultivering av elvemusling for gjenutsetting. - Rapport til Miljødirektoratet. 39 s.
- Karlsson, S. & Larsen, B.M. (red.) 2013. Genetiske analyser av elvemusling *Margaritifera margaritifera* (L.) – et nødvendig verktøy for riktig forvaltning av arten. - NINA Rapport 926. 44 s.
- Karlsson, S., Larsen, B.M., Eriksen, L. & Hagen, M. 2013. Four methods of non-destructive DNA sampling from freshwater pearl mussels *Margaritifera margaritifera* L. (Bivalvia: Unionoida). – Freshwater Science 32: 525-530.
- Karlsson, S., Larsen, B.M. & Hindar, K. 2014. Host-dependent genetic variation in freshwater pearl mussel (*Margaritifera margaritifera* L.). – Hydrobiologia 735: 179-190.
- Larsen, B.M. 2011. Overvåking av elvemusling i Norge. Årsrapport 2010: Ereviksbekken og Svinesbekken, Rogaland. - NINA Rapport 691. 35 s.
- Larsen, B.M. & Berger, H.M. 2010. Overvåking av elvemusling i Norge. Årsrapport for 2008: Håelva, Rogaland. – NINA Rapport 565. 35 s.
- Larsen, B.M. & Karlsson, S. 2017. Genetisk analyse av elvemusling i Frøylandsåna. – NINA notat av 14. februar 2017. 4 s.
- Larsen, B.M., Karlsson, S., Hindar, K. & Balstad, T. 2011. Genetisk variasjon hos elvemusling *Margaritifera margaritifera* (L.) i Norge – en pilotstudie. - NINA Minirapport 316. 20 s.

- Larsen, B.M., Saksgård, R. & Bjerland, J.M. 2012. Overvåking av elvemusling i Ogna, Rogaland. Tiltaksovervåking kalking 2011. - NINA Rapport 887. 38 s.
- Larsen, B.M., Karlsson, S. & Skoglund, S. 2014a. Forsøk med utsetting av laksyngel i Forneselva, Nord-Trøndelag i 2012 og 2013 som et mulig tiltak for å øke rekrutteringen hos elvemusling. – NINA Minirapport 506. 19 s.
- Larsen, B.M., Karlsson, S. & Skoglund, S. 2014b. Forsøk med utsetting av laksyngel i Langhammerelva, Nord-Trøndelag - et mulig tiltak for å øke rekrutteringen hos elvemusling? – NINA Minirapport 507. 15 s.
- Ledje, U.P. 2016. Elvemusling i Frøylandsbekken, Time kommune. – Ecofact rapport uten serienummer. 7 s.
- Nastad, A.T. 1999. Reetablering av elvemusling (*Margaritifera margaritifera*) i Rosslandsåna 1998/99. – Rogaland Consultants a.s. Rapport 26701-1. 13 s.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. – Am. Nat. 106: 283-392.
- Peakall, R. & Smouse, P.E. 2006. GENALEX 6: genetic analysis in excel. Population genetic software for teaching and research. - Mol Ecol Notes 6: 288-855.
- Piry, S., A. Alapetite, J. M. Cornuet, D. Paetkau, L. Baudouin & A. Estoup, 2004. GeneClass2: a software for genetic assignment and first-generation migrant detection. - Journal of Heredity 95: 536–539.
- Rannala, B. & J. L. Mountain, 1997. Detecting immigration by using multilocus genotypes. - Proceedings of the National Academy Science 94: 9197-9201.
- Raymond, M. & Rousset, F. 1995. Genepop (version 2.1): Population genetics software for exact tests and ecumenicism. – J. Hered. 86: 248-249.

Norsk institutt for naturforskning

NINA Hovedkontor

Postadresse: Postboks 5685 Torgard, 7485 Trondheim

Besøks-/leveringsadresse: Høgskoleringen 9, 7034 Trondheim

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

E-post: firmapost@nina.no

Organisasjonsnummer 9500 37 687

<http://www.nina.no>



Samarbeid og kunnskap for framtidens miljøløsninger