

Prosjekt rømning

Bakgrunn

Oppdrettsnæringens interesse av å verne om villaksen er begrunnet av et ønske om å bevare en så stor genbank som mulig. Det genmaterialet norsk oppdrettslaks er basert på har sitt utgangspunkt i materiale fra 40 elver innsamlet mellom 1971 og 1974, som ble gruppert i 4 avlslinjer med til sammen 400 familier. Bidrag fra Namsen, Gaula, Nidelva (Sør-Trøndelag), Vosso og Årøyelva var dominerende innslag da avlsprogrammet ble etablert ¹. Dersom avlsarbeidet over tid fører til en uønsket utarming av genetisk variasjon, er det viktig at tilbakekrysning med villaks kan gjennomføres for å friske opp avlsmaterialet, og følgelig at utvalget av genetisk variasjon er størst mulig for å dekke et eventuelt behov for tilførsel av arvemateriale som ikke er alminnelig i alle populasjoner.

Næringen er også opptatt av at forvaltningen av både villaksen og oppdrettsnæringen skal være mest mulig kunnskapsbasert.

Påvirkningen fra rømt oppdrettslaks

Rømninger av oppdrettslaks er vurdert som uønsket av 3 grunner: 1) fordi eventuelle smittebærere kan spre smitte til villaks, 2) fordi avl har endret genene til oppdrettslaksen, og eksport av oppdrettsgener til villaksen vurderes som en negativ påvirkning, og 3) fordi rømt oppdrettslaks kan påvirke villaksens gytesuksess ved å ødelegge villaksens gytegroper, og avkom etter krysninger av oppdrettslaks og villfisk kan utkonkurrere villaks under oppveksten i elv.

I dette prosjektet er det bare 2) og 3) som skal vurderes. Det fokuseres altså på rømninger av frisk fisk, og hvordan dette eventuelt påvirker villaksen.

Beskrivelser av problemet

Villaksutvalget skrev i sin innstilling fra 1999:

”Økt og vedvarende immigrasjon fra en felles donor til mange resipienter forventes å gjøre hver enkelt resipient mer og mer lik donor, og samtidig redusere forskjellene som eksisterte mellom resipientene før det nye immigrasjonsregimet.” (avsnitt 4.6.1.)

Havforskningsinstituttet skrev i 2002: ²

¹ Villaksutvalget 1999, s.81 og 243

<http://www.regjeringen.no/Rpub/NOU/19991999/009/PDFA/NOU199919990009000DDDPDFA.pdf>

² Lastet ned i juli 2010 fra <http://www.kystsone.no/news.cfm?newsitemid=460>

”Fra de arbeidene som foreligger, kan en dra flere konklusjoner om påvirkningen fra rømt oppdrettslaks på ville laksebestander. Det er uproblematisk å trekke generelle konklusjoner, men vanskeligere å trekke presise konklusjoner om graden av påvirkning på den enkelte bestand. Nye empiriske studier (Se relevante kilder), viser at:

- Oppdrettslaksen endrer seg genetisk, og de ville bestandene likens som følge av innkryssing. Genstrømmen går hovedsaklig via oppdrettshunner og ville hanner.
- Avkom av oppdrettslaks som er klekket i en bestand av villaks har dårligere overleving enn villaks og krysninger i tidlig livsfase.
- Avkom av oppdrettslaks vokser bedre enn villaks i et naturlig laksehabitat, og avkom av oppdrettslaks er vist å kunne fortrenge avkom av villaks fra oppveksthabitatet.
- Enveis genstrøm fra oppdrettslaks vil redusere diversiteten mellom ville populasjoner. Enveis genstrøm øker tapet av både nøytral og selektivt fordelaktig genetisk diversitet innenfor populasjonen. Genstrøm fra oppdrettslaks er vist å kunne redusere produktiviteten i en laksebestand.
- Naturlig seleksjon vil til en viss grad motvirke immigrasjonen av oppdrettslaks, men vi kjenner ikke styrken av denne kraften, og vi kjenner ikke i hvilken grad naturlig seleksjon vil motvirke immigrasjon av individ med lavere fitness.”

Det ble tidlig pekt på potensialet for genetiske skadevirkninger av rømninger. Vi ønsker en kritisk vurdering av hypotesene om skader, og en kritisk gjennomgang av forskningen som indikerer slike skader. Det er særlig 3 spørsmål som bør undersøkes nærmere:

1. Er genstrømmen så stor at villaksen over tid vil preges av genvarianter med opphav i oppdrettslaks?
2. Hvis avkom etter rømt oppdrettslaks har svært mye dårligere overlevelse gjennom alle stadier i livssyklusen, vil ikke naturlig seleksjon sørge for å selekttere krysninger tilbake til stedegen stamme relativt raskt?
3. Er det sikkert at en enveis genstrøm fra oppdrettslaks til villaks utelukkende er negativt? Kan det tenkes at den bidrar til å øke det genetiske mangfoldet, og til og med gi krysningsfrodighet på populasjonsnivå?

Debatten omkring rømninger har vært preget av så godt som unison enighet om at genetiske effekter av rømninger er prinsipielt uønsket og skadelige. Det springende punktet med hensyn til å vurdere *hvor* skadelig såkalt genforurensning er eller kan bli, er hvorvidt naturlig seleksjon motvirker og eventuelt nøytraliserer genstrømmen fra rømt oppdrettslaks, selv om genflyten foregår kontinuerlig. Videre bør en vurdere selve bedømmelsen av at avlsarbeidet på oppdrettslaks har resultert i genetiske endringer som er prinsipielt uheldig dersom disse overføres til villaks.

Hvor forskjellig er avlet laks?

Norsk oppdrettslaks er som nevnt basert på seleksjon fra 400 familier fra 40 norske elver (Namsenlaks er et dominerende innslag). Oppdrettslaks er ikke tilført gener som ikke allerede eksisterer hos norsk villaks, men kan ha endrete allelfrekvenser og færre genvarianter. En eventuell genstrøm fra rømt oppdrettslaks til villaks vil ikke eliminere genvarianter fra villaksen, og heller ikke tilføre villaks artsfremmede genvarianter, men kan øke frekvensen av genvarianter som er sjeldne hos villaksen. Problemstillingen i forbindelse med rømminger og genetisk påvirkning av villaks er ikke at gener kan forsvinne, men at villaksens *fitness* kan påvirkes. Fitness defineres her som egenskaper som fremmer reproduksjon.

Det er utført studier³ som tyder på at bare ca 6% av den totale genetiske variasjonen hos villaks forekommer *mellom* populasjoner. Resten av variasjonen er mellom individer *innen* populasjonene. Den store genetiske variasjonen innen populasjoner innebærer at det kontinuerlig produseres individer med et stort register av egenskaper. Den evolusjonære betydningen av dette er at en stamme raskt kan respondere på miljøendringer, ved at det nesten alltid vil forekomme individer i gytepopulasjonen som er bærere av genvarianter som støtter en tilpasningsdyktig livsstrategi.

Naturlig seleksjon er derfor en mekanisme som slår hurtig inn, og kan virke fra en generasjon til den neste. Laks er en art som kan produsere mange tusen avkom pr hunnfisk, og avkommet utsettes for sterk seleksjon gjennom hele livssyklusen. Dette betyr trolig også at villakspopulasjoner har stor kapasitet til å rense ut genetisk påvirkning som ikke gir en fitnessfordel. Det virker sannsynlig at laksestammer vil være svært robuste mot fitness-reducerende genetisk påvirkning.

Oppdrettslaksen er hovedsakelig selektert for raskere vekst, senere kjønnsmodning og bedre motstandskraft mot sykdom. Er det skadelig at slike egenskaper eventuelt overføres til villaksen, hvis bærere av slike gener viser seg å ha omtrent samme eller ubetydelig lavere overlevelse/fitness enn villaksen?

Det er trolig riktig at avlet laks har mindre genetisk variasjon, men hvor stor er sjansen for at denne egenskapen (reduert antall alleler på bestemte loci) skal vise seg å være levedyktig i naturen? Er det ikke nettopp dette fenomenet som lukes ut av naturlig seleksjon gjennom dårligere overlevelse i ulike stadier av laksens livssyklus? Og hva er i tilfelle koplingen mellom redusert antall alleler på undersøkte loci og egenskapene bedre vekst, senere kjønnsmodning og bedre immunrespons? Hvis det er en slik kopling, og den selekteres vekk i

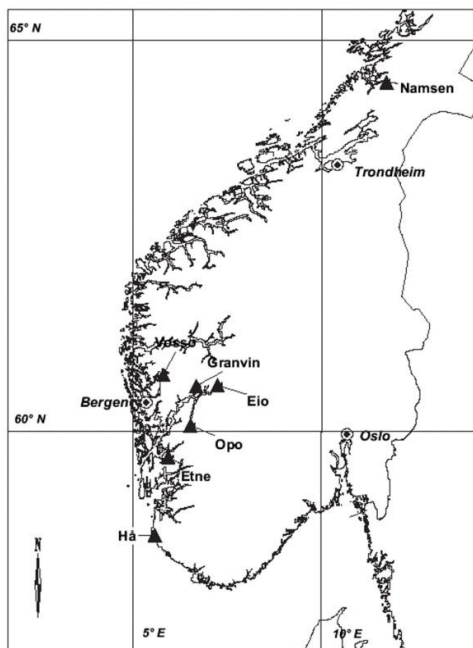
³ T.L. King, S.T. Kalinowski, W.B. Schill, A.P. Spidle & B.A. Lubinski 2001: Population structure of Atlantic salmon (*Salmo salar* L.): a range-wide perspective from microsatellite DNA variation. *Molecular Ecology* (2001) 10, 807–821

naturen, hvorfor mener man da at en slik endring av allelfrekvenser er en trussel mot villaksen?

Dette er eksempel på spørsmål som trenger avklaring.

Genstrømmens påvirkningsevne

Så vidt vi kjenner til, er det bare dokumentert små genetiske endringer hos stedegne stammer i norske elver, til tross for at de i en årrekke har hatt betydelig oppvandring av rømt oppdrettslaks. Det er gjort en studie av Skaala et.al.⁴ i elvene Namsen, Etneelva, Opo, Vosso, Granvinelva, Eio og Håelva (se kartet nedenfor), som konkluderte med at det ikke kunne påvises endringer i Namsen, Etneelva, Granvinelva og Håelva, mens det var endringer i Opo, Vosso og Eio. De 3 sistnevnte elvene (og Granvinelva) har i lang tid vært preget av svært



svekkete bestander av laks. Rapporten "Interaksjoner mellom lakseoppdrett og villaks: oppdatering av kunnskap etter NOU 1999:9"⁵ (s.27) oppgir følgende gjennomsnittlige andeler av rømt oppdrettslaks i høstfisket for perioden 1989-2005 for 4 av de studerte elvene:

Etneelva	62%
Vosso	52%
Namsen	29%
Håelva	9%

Forskerne bak rapporten diskuterer den overraskende genetiske stabiliteten slik:

"For the populations in the Vosso, Opo,

Granvin, and Eio Rivers, the stability observed in genetic diversity was un-expected because these populations are currently relatively small and presumably susceptible to genetic changes from the large number of escaped farmed salmon that enter the rivers. Although the salmon populations in the Granvin and Opo Rivers are naturally small, the populations in the Vosso and Eio Rivers were previously much larger and have declined markedly during the past 15 years. Therefore, a lower level of genetic diversity was expected in some of the populations. It is possible that the reduction in population size in the Vosso and Eio Rivers has

⁴ Øystein Skaala, Vidar Wennevik and Kevin A. Glover. 2006. Evidence of temporal genetic change in wild Atlantic salmon, *Salmo salar* L., populations affected by farm escapees. ICES J. Mar. Sci. 63: 1224-1233 <http://icesjms.oxfordjournals.org/content/63/7/1224.full.pdf>

⁵ Jonnson, B. (red.), Boxaspen, K., Fiske, P., Gjerde, B., Poppe, T. og Wennevik, V. 2006: Interaksjoner mellom lakseoppdrett og villaks: oppdatering av kunnskap etter NOU 1999:9, Kunnskapsserien for laks og vannmiljø 2, 80 s. <http://www.klv.no/pdf/bok2.pdf>

*not persisted long enough to cause a genetic bottleneck. Alternatively, **immigration of farmed salmon may have counteracted a decline in genetic diversity.** In the Opo, Eio, and Granvin Rivers, the proportion of farmed salmon in the spawning populations has been larger than that of wild salmon for several years. **Therefore, the absence of a reduction in genetic diversity, and even an increase in observed heterozygosity in temporal samples from the Opo and Eio Rivers, most likely reflects gene flow from farmed salmon that have been recorded in these rivers in large proportions.**" (Våre uthevninger.)*

Opo, Eio, Vosso og Granvinelva er altså elver med målbare genetiske forandringer, og som kjennetegnes av fåtallige naturlige bestander av villaks, som har blitt vesentlig mindre tallrike i de siste tiårene, og som lenge har hatt et svært stort innslag av rømt oppdrettslaks. Så vidt vi skjønner har altså ikke den antatte tilførselen av oppdrettsgener ført til en utarming av det genetiske mangfoldet hos villaksen selv i slike elver. Det er videre interessant å merke seg at forfatterne ser ut til å mene at gentilførselen fra rømt oppdrettslaks har vært en fordel for den genetiske variasjonen til disse populasjonene. Dette er tilsynelatende et svært avvikende syn i forhold til det som kommuniseres fra mange villaksforskere.

Vi har merket oss at studien er basert på allelfrekvenser i relativt få loci i genomet. Hvilken betydning kan bruken av nøytrale genmarkører (i stedet for proteinkodende gener) ha for tolkningen av resultatet?

En arbeidsgruppe nedsatt av FAO⁶ har anbefalt at måling av genetisk distanse bør baseres på minst 25 individ som analyseres på minst 20 -30 loci som har 4-10 alleler hver. Hvis analysen baseres på et mindre materiale, risikerer man å finne forskjeller som ikke er reelle, eller omvent at man ikke oppdager reelle forskjeller, fordi de rette markørene ikke er valgt. I studien til Skaala et.al. var analysen basert på 8 loci, men et stort antall fisk (1066).

En amerikansk studie⁷ av reetableringen av den utryddete laksestammen i Connecticut River viste at den nyetablerte stammen etter kort tid var genetisk forskjellig fra kilde-stammen i Penobscot River (Maine), men hadde tilsvarende heterozygoti som kildestammen. I perioden

⁶ Barker, J. S. F. & Food and Agriculture Organization of the United Nations. Animal Production and Health Division. 1993 *An integrated global programme to establish the genetic relationships among the breeds of each domestic animal species : report of a Working Group, June, 1993 / J.S.F. Barker ... [et al.] for Animal Production and Health Division FAO, Roma, Italy*

⁷ Spidle, A.P., King, T.L. og Letcher, B.H. 2003 Comparison of genetic diversity in the recently founded Connecticut River Atlantic Salmon population to that of its primary donor stock, Main's Penobscot River. *Aquaculture* 236 (2004) 253 – 265.
http://www.sciencedirect.com/science?_ob=ArticleURL&_udi=B6T4D-4BKN1R4-4&_user=10&_coverDate=06%2F14%2F2004&_rdoc=1&_fmt=high&_orig=search&_origin=search&_sort=d&_docanchor=&view=c&_searchStrId=1534943613&_rerunOrigin=google&_acct=C000050221&_version=1&_urlVersion=0&_userid=10&md5=4755d3238789096b132e8045706c7184&searchtype=a

1967-1975 ble det satt ut smolt av canadiske stammer i Connecticut River. Fra 1976 benyttet man materiale fra Penobscot River, til man i 1996 hadde tilstrekkelig tilbakevandring av F₁ og F₂ laks til Connecticut River. Fra da av ble denne stammen benyttet i klekkeriprogrammet.

Studien indikerer så vidt vi skjønner at tilfeldig genetisk drift og naturlig tilpasning til det lokale elvemiljøet er mekanismer som i løpet av kort tid kan føre til utvikling av en stedegen stamme.

En studie ⁸ av den genetiske variasjonen mellom 8 laksestammer i Maine konkluderte slik:

“The committee concludes that North American Atlantic salmon are clearly distinct genetically from European salmon. In addition, despite the extensive additions of nonnative hatchery and aquaculture genotypes to Maine’s rivers, the evidence is surprisingly strong that the wild salmon in Maine are genetically distinct from Canadian salmon. Furthermore, there is considerable genetic divergence among populations in the eight Maine rivers where wild salmon are found.

The heavy stocking of salmon in Maine’s rivers and streams has included periods of heavy Canadian stocking, interspersed with strictly Maine stocking. Exactly how much Canadian genetic material has infiltrated Maine salmon populations is impossible to judge at this date. It is thus appropriate to ask whether wild salmon in Maine reflect only (or mainly) the result of decades of hatchery stocking. That seems unlikely, because if that were so, Maine salmon should be more similar to Canadian salmon than they are. In addition, if their genetic makeup were largely due to stocking of nonlocal salmon broadly across Maine’s rivers, salmon populations within Maine would be genetically much more similar than they are. A related question is whether the genetic differences among the fish in the various Maine streams reflect natural processes that occur in watersheds that are connected in networks. More specifically, the issue concerns the relative importance of natural selection over long periods, which influenced the differentiation of Maine’s original salmon populations, versus recent genetic drift (sampling effects) caused by small populations. This question cannot be answered at present, but the pattern of genetic variation seen among Maine streams is similar to patterns seen elsewhere in salmon and their relatives where no stocking has occurred. Maine streams have salmon populations that are genetically as divergent from Canadian salmon populations and from each other as would be expected in natural salmon populations anywhere else in the Northern Hemisphere.”

De tre ovenfor refererte studiene ser ut til å indikere at rømt oppdrettslaks i noen tilfeller kan styrke den genetiske variasjonen i sterkt svekkete villaksstammer, og at laksestammer

⁸ Genetic Status of Atlantic Salmon in Maine: Interim Report. Committee on Atlantic Salmon in Maine, Board on Environmental Studies and Toxicology, Ocean Studies Board, National Research Council, lastet ned i august 2010 fra http://www.nap.edu/openbook.php?record_id=10273&page=10

ser ut til å være svært robuste selv mot massiv ekstern genetisk påvirkning. Er dette en korrekt vurdering?

Overlevelsen til avkom etter oppdrettslaks

En irsk studie⁹ av McGinnity et.al. beregnet at avkom etter oppdrettsfisk som gyter på elv har en livssyklus overlevelse på 2% (evt. 4%) sammenlignet med villaks. Studien kartla overlevelsen til avkom etter gruppene 1-7 i tabellen nedenfor. Prosent overlevelse gjennom hele livssyklusen er angitt i kolonnene til høyre. Kolonne 1 er basert på antall smolt som faktisk passerte nedvandringssella. Kolonne 2 er data korrigert for nedvandring av 0+ yngel forbi nedvandringssella. Tanken var at villyngel som vandret ned var fordrevet fra oppvekstområdet der den ble klekket pga konkurranse fra sterkere krysninger, og ville gå til grunne nedstrøms hvis bæreevnen i denne delen av elva var fullt utnyttet. Ettersom relativt flere villaksyngel vandret nedstrøms enn yngel fra de andre gruppene, ble overlevelsen fra yngel til smolt korrigert. Fordi overlevelsen fram til smoltstadiet da blir mindre for villaksen, blir overlevelsen på dette stadiet relativt høyere for de andre gruppene. Denne framgangsmåten var ment å skulle avspeile situasjonen i en elv der bæreevnen for yngel var fullt utnyttet. En slik korrigering ville derfor reflektere den reelle situasjonen i forbindelse med oppvandring av rømt oppdrettslaks med påfølgende gyting. Dette er årsaken til at livssyklus overlevelsen i kolonne 2 er høyere for de andre gruppene.

	1	2
1. Villaks x villaks (kontroll)	100%	100%
2. Tilbakevandret 1.generasjons krysning (F_1) x villaks)	89%	100%
3. Vill hunnlaks x oppdrettet hannlaks	42%	58%
4. Vill hannlaks x oppdrettet hunnlaks	27%	33%
5. $F_2 = F_1 \times F_1$	(34%)	(63%)
6. F_1 x oppdrettslaks	31%	62%
7. Oppdrett x oppdrett	2%	4%

Forsøket viste at krysninger mellom villaks og oppdrettslaks har vesentlig bedre overlevelse gjennom livssyklusen enn avkom etter oppdrettslaks. Krysninger mellom villaks og rømt oppdrettslaks (særlig mellom rømte hunner og ville hanner) er også vanligere enn krysninger mellom oppdrettslaks. Det er denne typen krysninger som regnes som den potensielt viktigste kilden til flyt av gener fra oppdrettslaks til villaks.

⁹ McGinnity, P., Prodoehl, P., Ferguson, A., Hynes, R., O' Maoile' idigh, N., Baker, N., Cotter, D., O'Hea, B., Cooke, D., Rogan, G., Taggart, J., and Cross, T. 2003. Fitness reduction and potential extinction of wild populations of Atlantic salmon, *Salmo salar*, as a result of interactions with escaped farm salmon. Proceedings of the Royal Society of London, Series B, 270: 2443e2450.
<http://rspb.royalsocietypublishing.org/content/270/1532/2443.full.pdf>

Gruppe 2 i den irske studien var avkom etter oppdrett x oppdrett som hadde gjennomført en vellykket livssyklus og vendt tilbake for å gyte, og som deretter ble krysset tilbake med villaks. Den ene av foreldrene var altså sterkt selektert i første generasjon (2% overlevelse), og gruppen fikk dermed hele 89% overlevelse i neste generasjon. Det synes rimelig å tolke dette som et uttrykk for at eventuelle "negative" oppdrettsgener relativt raskt forsvinner ut av populasjonens genbeholdning. Den negative innflytelsen oppdrettsgener antas å ha på overlevelsen, tolkes vanligvis som at seleksjon for rask vekst (økt nivå av veksthormoner) samtidig selekterer for bl.a. økt aggresjon og redusert fluktnespons i forhold til predatorer.

Studien viste også at F_2 -kryssninger ($F_1 \times F_1$) hadde stor dødelighet på rognstadiet (68%). Dette ble tolket som resultatet av utavlsdepresjon (reduert fitness forårsaket av nedbrytning av genkomplekser tilpasset de naturlige forholdene populasjonen lever under). Sjøoverlevelsen ble ikke målt for denne gruppen, men satt til 100% (det samme som for villaks). På denne forutsetningen ble livssyklus overlevelse beregnet til 34% (63%), og er altså maksimumstall. Studien indikerte at når dødeligheten på rognstadiet var unnagjort, hadde F_2 -gruppen overlevelse på nivå med villfisken i resten av ferskvannsperioden. Dette kan igjen tolkes som at naturlig seleksjon raskt eliminerer gener som svekker stammens fitness.

Forskerne bak den irske studien trekker imidlertid den motsatte konklusjonen av sine observasjoner:

"In many cases, where escaped farm salmon enter a river, production of F_1 hybrids rather than pure farm offspring is the outcome (Clifford et al. 1998; Fleming et al. 2000). Thus part of the potential wild juvenile recruitment is converted to hybrids in the first generation and to backcrosses in the second and later generations. Inevitably the lower lifetime success of such 'hybrids' will reduce the fitness of the wild population." (s.2448)

Vi ønsker at denne konklusjonen vurderes kritisk. F_2 -generasjonen hadde omtrent 90% overlevelse. Kan man da tenke seg at allerede F_3 -generasjonen er selektert tilbake til villaks-nivået for overlevelse og generell fitness? Spørsmålet må stilles om den irske studien virkelig viser at det har foregått, eller kan foregå, negativ påvirkning av villaks-populasjonen.

Det virker naturlig å tenke seg at selv ved en kontinuerlig tilførsel av oppdrettsgener til en villakspopulasjon, vil det innstille seg en balanse i genbeholdningen som opprettholder stammens fitness. En slik balanse forutsetter trolig at genstrømmen ikke er alt for sterk (et begrenset innslag av aktivt reproduserende oppdrettslaks), og at metapopulasjonseffekter slår inn i tillegg til naturlig seleksjon. Vi ønsker er kompetent vurdering av dette.

Hindar med flere har utviklet en modell som beregner effekten av rømninger etter 10 laksegenerasjoner med 20% innslag av rømt oppdrettslaks på gyteplassene¹⁰. Denne

¹⁰ Hindar, K., Fleming, I. A., McGinnity, P., and Diserud, O. 2006. Genetic and ecological effects of salmon farming on wild salmon: modelling from experimental results. _ ICES Journal of Marine Science, 63: 1234e1247.

modellen følger tankegangen til den irske undersøkelsen og bygger i stor grad på data fra Burrishoole og Imsa. Konklusjonen var denne:

“Whole-river experiments in Ireland and Norway have shown that the lifetime success of farmed salmon is reduced relative to wild salmon. Based on data from these experiments, we model the future of wild salmon populations experiencing invasions of escaped farmed salmon. Simulations with a fixed intrusion rate of 20% escaped farmed salmon at spawning suggest that substantial changes take place in wild salmon populations within ten salmon generations (~40 years).” (s.1234)

Vi ber om en kritisk vurdering av forutsetningene som ligger til grunn for modellen, og om modellen kan gi et misvisende bilde av endringene som kan finne sted. Effekten av naturlig seleksjon ser ut til å være undervurdert i modellen. Registreringen av rømt oppdrettlaks i høstbestanden i de aller fleste norske laksevassdrag viser verdier langt under 20% (se tabell s.13-14).

Spredningsvandring

Så vidt vi kjenner til er det vanlig å regne med 3-20% spredningsvandring (“feilvandring” eller “straying”) for laks på innsig i Norge. Det skal visstnok være målt et gjennomsnitt på 4% spredningsvandring. Det vil si at relativt mye villaks går opp i en annen elv enn sin oppvekstelv og gyter. Storparten av spredningsvandrerne går opp i elver i samme fjordsystem eller region, men en god del laks kan vandre svært langt, mange ganger til en annen landsdel. Laksestammene i samme fjordsystem eller region danner en metapopulasjon, der det foregår relativt hyppig utveksling av gener mellom stammene.

Den naturlige genstrømmen mellom villaksbestandene antas å være en viktig del av laksens evolusjonære strategi. Genspredning forårsaket av spredningsvandring skaper kryssninger mellom stedegen og fremmede stammer, og introduserer fremmede gener i den mottakende stammen. Mekanismen er et kompromiss mellom det å adaptere til lokale miljøforhold og det å få erstattet allel-tap som kan skyldes genetisk drift i små populasjoner. Spredningsvandringen motvirker innavl og sikrer genetisk variasjon i bestandene.

Det er vanlig å anta at det som oftest er laks fra et dominerende vassdrag i et fjordsystem som eksporterer sine gener til stammer i mindre elver med færre gytefisk (“source-sink” modellen). Import av gener fra mindre elver har trolig små sjanser til å sette sitt preg på stammen i et stort vassdrag. Denne utvekslingen av gener mellom populasjoner vurderes som positiv, ettersom den hindrer innavl i elver med liten gytebestand, og kan tilbakeføre gener til en bestand etter en katastrofe (for eksempel isgang eller storflom). Det synes som et betimelig spørsmål å stille om hvorfor gentilførsel fra ikke-stedegen stamme vurderes positivt, mens tilførsel fra avlet laks ikke vurderes som et bidrag til økt genetisk mangfold (jfr. Skaala et.al. ovenfor). Kan rømt oppdrettlaks tvert om vurderes som en genbank villaksen har fordel av, i det minste i visse situasjoner?

Genetiske forskjeller mellom elvestammer

Det foreligger en del eldre undersøkelser som beskriver genetiske stammeforskjeller mellom elver ved hjelp av enzyrnelektroforese. I de senere år har det blitt mulig å drive slik kartlegging på DNA-nivå (såkalte DNA-fingeravtrykk). Det har ikke lyktes å finne publisert informasjon om eventuell DNA-kartlegging av norske villaksstammer. Uten en slik omfattende kartlegging vil det være vanskelig å måle genstrømmer mellom villaksstammer, fra oppdrettslaks til villaks, og innen metapopulasjoner.

I regi av det europeiske samarbeidsprosjektet SALSEA – Merge (startet i 2008) er en europeisk database med genetiske profiler for laksebestander under oppbygging¹¹. Det er videre etablert et prosjekt¹² for fullstendig genomsekvensering av atlantisk laks, som i løpet av noen år vil gjøre det mulig å identifisere detaljerte genetiske forskjeller mellom stammer og individer. Det synes å være en svakhet i mange studier av genetiske forskjeller at de baserer seg på få loci, som kan være mer eller mindre tilfeldig utvalgt, og som er nøytrale (ikke-kodende) gener.

Ettersom moderne målinger foreløpig ikke er publisert, kan spørsmålet stilles om beskrivelsen av skadevirkninger av rømninger har vært gjort på et tilstrekkelig vitenskapelig grunnlag, og om framstillingen er basert på faktisk kunnskap om endringer i genbeholdningene. I tillegg må det vurderes hvilken betydning endringene i genbeholdningene kan ha.

Konkurransen mellom kryssninger og villaks

Det Vitenskapelige råd skriver i sin rapport nr 2/ 2010 (s. 74):

”I Imsa i Rogaland fant Fleming mfl. (2000) at oppdrettslaksens reproduksjonssuksess var ca 16 % av villaksens – målt over én generasjon. Oppdrettslaksavkom og kryssninger hadde raskere veksthastighet og lavere alder ved kjønnsmodning enn den lokale villaksen. Den samlede smoltproduksjonen var ca 30 % lavere enn det en skulle forvente ut fra en ’stock-recruitment’-modell for Imsa (kfr. Jonsson mfl. 1998). Det lave smolttallet gjaldt også for rene Imsalaksavkom, og ser ut til å skyldes negative interaksjoner mellom oppdretts- og villfisk, i tillegg til at oppdrettslaksen produserte dårligere enn villfisken. I Burrishoole-vassdraget i Irland fant McGinnity mfl. (2003) at alle gruppene som var avkom av oppdrettslaks og ”hybrider” (første- og andregenerasjons hybrider, samt tilbakekryssninger) hadde redusert overlevelse i naturen i forhold til lokal villaks, men de vokste raskere enn

¹¹ Se også http://www.imr.no/filarkiv/2010/04/genetisk_kartlegging_av_norsk_villaks_akvakultur_.pdf/nb-no.

¹² The International Cooperation to Sequence the Atlantic Salmon Genome, se <http://www.genomebc.ca/portfolio/projects/fisheries-projects/>

villaks og fortrenget disse i deler av ungestadiet. Konklusjonen deres var, som for Imsa, at interaksjonene mellom oppdretts- og villaks resulterte i redusert overlevelse for den ville bestanden og at denne reduksjonen var kumulativ over generasjoner (McGinnity mfl. 2003). Modellering av resultater fra disse eksperimentene til mange laksegenerasjoner viser store endringer i villaksbestandens sammensetning som følge av rømt oppdrettslaks (Hindar mfl. 2006), der særlig andelen rømt oppdrettslaks per generasjon og antall generasjoner påvirker endringene.”

I eksperimentet i Imsa ble det satt ut 56% gytemoden oppdrettslaks og 44% gytemoden villaks. Oppdrettslaksen stod for 60% av eggdeponeringen. Oppdrettsgenotyper ble redusert til 18% fram til smoltstadiet, og videre til 16% til gytemoden laks på elva. Sjøoverlevelsen for avkom etter oppdrettslaks var beregnet på grunnlag av svært få fisk. Totalt 26 gytemodne laks ble registrert (sjø + elv), hvorav 4 var krysninger.

Med utgangspunkt i data fra forsøket, kan det beregnes at hvis for eksempel 5% aktive gytere er oppdrettshunner, skulle mindre enn 1% av den gytemodne laksen på innsig til kysten ha innslag av gener med opphav i oppdrettslaks ($5\% \cdot 0,16 / (95\% \cdot 0,84 + 5\% \cdot 0,16) \cdot 100 = 0,99\%$). I de fleste norske elver er andel rømt oppdrettslaks i høstbestanden mindre enn 5% (se tabell på sidene 13 og 14), og bare en viss ukjent prosent av oppdrettslaksen på gyteplassene er *aktive* gytere. Den estimerte genstrømmen på $m=0,19$ pr generasjon (s.1522 i Fleming et.al.) kan se ut til å skyldes den kunstig høye innblandingen av oppdrettslaks i gytebestanden, eventuelt også det spinkle datagrunnlaget for beregning av sjøoverlevelsen.

Det er uansett et poeng at avkom etter oppdrettslaks og krysninger vokser hurtigere og er mer aggressive, og at slik yngel kan fordrive og utkonkurrere villaksunger i oppvekstområdene. Ettersom krysninger har vesentlig lavere overlevelse under sjøoppholdet, kan den totale produksjonen av tilbakevandrende laks derfor reduseres. Dette er et forhold som synes veldokumentert, og ser ut til å være alminnelig akseptert.

På den andre siden viste en eldre studie¹³ at rømte oppdrettshunner har ca 30% gytesuksess sammenlignet med ville hunner, fordi de har mindre effektiv gyteatferd, bygger færre gytegroper, har flere ugytte rogn etter avsluttet gyting, er mindre effektive mht å dekke til rogn lagt i gytegroper, får ødelagt flere gytegroper og har større dødelighet på rogn enn ville hunner. Dette kan sannsynligvis tolkes som at ikke alle rømte hunner på gyteplassene om høsten blir aktive gytere, at de som gyter oppnår et dårlig resultat, og at dette indikerer at andel rømt oppdrettslaks på gyteplassene er et misvisende mål for produksjonen av krysninger i elva.

¹³ I. A. Fleming, B. Jonsson, M. R. Gross and A. Lamberg 1996: An Experimental Study of the Reproductive Behaviour and Success of Farmed and Wild Atlantic Salmon (*Salmo salar*), Journal of Applied Ecology Vol. 33, No. 4, pp. 893-905 <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1690700/pdf/11007327.pdf>

En nyere kanadisk studie¹⁴ av konkurransen mellom krysninger og villaks viste at dersom mindre enn 15% av yngelbestanden i elva er krysninger, er det lite sannsynlig at dødeligheten til villaksyngelen i elva påvirkes negativt. Forskerne bak studien mener at vi trolig må opp i 30-50% krysninger for at effekter skal bli synlige. Både i Imsa-eksperimentet og i Burrishoole-eksperimentet hadde antall gyttelagte egg stor overvekt av avkom etter oppdrettslaks. I Burrishoole var bare ca 20-25% av eggene fra villaks. I lys av den kanadiske studien kan dette signifikant ha påvirket resultatene, slik at suksessen til oppdrettslaksen kan ha blitt betydelig overestimert.

NINAs vurdering av rømminger i 2009 var: "Det uveide gjennomsnittlige innslaget av rømt oppdrettslaks i prøvene fra de 37 elvene i tabell 1 var 12,4 %, en liten nedgang fra 2008 (...), og betydelig lavere enn innslaget som ble beregnet i perioden 1989-1997"¹⁵. Notatet gjør ikke rede for om de 37 elvene er et representativt utvalg av norske lakseelver.

I NINAs notat er det lagt inn en figur, som viser at innslaget av oppdrettslaks i høstbestandene er redusert fra typisk 25-35% på begynnelsen av 1990-tallet til 8-12% i dag. Det er svært stor variasjon mellom vassdragene, fra 0 til 60%. Det er de små elvene med svak bestand som har det største prosentvise innslaget av oppdrettslaks.

Rapportene fra Imsa og Burrishoole bør vurderes kritisk i lys av den nye kanadiske studien. Hvis innslaget av rømt oppdrettslaks er på for eksempel 15%, og oppdrettslaksen har lavere gytesuksess og overlevelse fram til parr-stadiet, vil innslaget av krysninger i elva neppe overstige 5-10%. Er det sannsynlig at dette er tilstrekkelig til å påvirke den totale produksjonen av smolt, samt overlevelsen fra smoltutvandring til oppgang av gytemoden fisk?

Det er verdt å merke seg at publiserte data for innslaget av rømt oppdrettslaks i Namsen i en årrekke har ligget relativt høyt (typisk over 15%, opp til 50% tidlig på 1990-tallet¹⁶. Skaala et.al. kunne likevel ikke påvise genetiske endringer hos Namsenlaksen (se diskusjonen på s.4-5).

Vedlegget til rapport nr 2/2010 fra det Vitenskapelige råd for lakseforvaltning inneholder data for innslaget av rømt oppdrettslaks i storparten av 227 elver, som rådet vurderer måloppnåelse for i forhold til gytebestandsmål. Tabellen nedenfor viser den prosentvise

¹⁴ Houde, A.L.S., Fraser, D.J., og Hutchings, J.A. 2010: Fitness-related consequences of competitive interactions between farmed and wild Atlantic salmon at different proportional representations of wild-farmed hybrids. ICES Journal of Marine Science, 67: 657–667.

¹⁵ NINAs rapport til FD og DN av 19.mai 2010 "Rømt oppdrettslaks i prøver fra laksebestandene innsamlet høsten 2009", og finnes på FDs hjemmeside <http://www.fiskeridir.no/akvakultur/aktuelt/2010/0610/nedgang-i-innblanding-av-roemt-oppdrettslaks>).

¹⁶ Rapport fra Kunnskapssenteret for Laks og Vannmiljø, se <http://www.fhl.no/getfile.php/DOKUMENTER/Staldvik.pdf> (lastet ned i november 2010)

andelen av rømt oppdrettslaks i gytebestanden i de 52 nasjonale laksevassdragene. Rådets metode for å beregne dette framgår av hovedrapporten (nr 2/2010), og i sammendrags form av vedlegget. Det er ikke skilt mellom rømt oppdrettslaks som befinner seg i elva på gytetidspunktet og aktive gytere. Se også kommentar om hvor vanskelig det er å skille entydig mellom villaks og rømt oppdrettslaks under omtalen av Nidelva på s.16.

Vassdrag	Fylke	2007	2008	2009
Enningsdalselva	Østfold	0	0	0
Numedalslågen	Vestfold	5,15	8,51	7,50
Mandalselva	Vest-Agder	4,15	10,42	1,10
Bjerkreimselva	Rogaland	0	9,52	0,60
Suldalslågen	Rogaland	23,30	50,22	37,90
Ogna	Rogaland	0	0,71	1,50
Håelva	Rogaland	3,10	6,67	0
Figgjo	Rogaland	7,14	0,95	0,48
Etneelva	Hordaland	23,66	18,39	31,40
Vosso	Hordaland	0	23	20
Nærøydalselva	Sogn og Fjordane	1,74	1,80	1,86
Lærdalselva	Sogn og Fjordane	Gyro *		
Nausta	Sogn og Fjordane	9,09	0,87	2,10
Vikja	Sogn og Fjordane	58,40	59,20	53,10
Flåmselva	Sogn og Fjordane	2,68	1,74	1,80
Årøyelva	Sogn og Fjordane	17,60	20,90	14,30
Oldenelva	Sogn og Fjordane	17,40	17,14	5,00
Stryneelva	Sogn og Fjordane	0	4,88	0
Gaula	Sogn og Fjordane	10,08	3,76	17,10
Eidselva	Sogn og Fjordane	7,70	7,14	3,30
Rauma	Møre og Romsdal	Gyro *		
Ørstaelva	Møre og Romsdal	8,04	8,33	1,56
Driva	Møre og Romsdal	Gyro *		
Surna	Møre og Romsdal	12,26	10,09	4,50
Stordalselva- Norrdalselva	Sør-Trøndelag	1,18	1,05	1,14
Gaula	Sør-Trøndelag	1,47	0	1,40
Orkla	Sør-Trøndelag	0	0	0,70
Nidelva	Sør-Trøndelag	4,20	0,97	4,20
Stjørdalselva	Nord-Trøndelag	0,38	0,77	1,40
Figga	Nord-Trøndelag	Gyro *		
Steinkjervassdraget	Nord-Trøndelag	Gyro *		
Årgårdsvassdraget	Nord-Trøndelag	0,88	0	0
Verdalselva	Nord-Trøndelag	0,49	0,43	0,47
Namsen	Nord-Trøndelag	1,97	6,73	4,70
Roksdalsvassdraget	Nordland	1,41	0	0
Vefsna	Nordland	Gyro *		

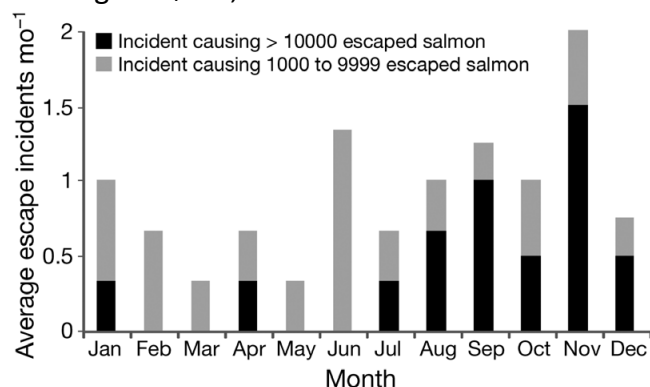
Ranaelva	Nordland	1,19	6,84	5,04
Beiarelva	Nordland	34,62	9,41	6,70
Reisaelva	Troms	4,11	4,35	4,90
Målselva	Troms	4,84	13,01	3,00
Kvænangselva	Troms	15,91	9,63	7,09
Altaelva	Finnmark	1,28	1,79	0,80
Repparfjordelva	Finnmark	0	0,70	2,50
Stabburselva	Finnmark	1,19	0	1,90
Lakselva	Finnmark	0,46	0,55	0,49
Børselva	Finnmark	0,46	0,55	0,49
Langfjordvassdraget	Finnmark	1,72	2,05	2,20
Tana	Finnmark	0,23	0,10	0,07
Komagelva	Finnmark	0	0,39	0
Vestre Jakobselv	Finnmark	4,55	1,69	6,40
Neidenelva	Finnmark	0,34	0	0
Kongsfjordelva	Finnmark	0	0	0
Uveid gjennomsnitt		6,4	7,2	5,7
- 5 ekstremelver **		3,8	4,1	2,7

* Det vitenskapelige råd oppgir ikke data for elver med gyroinfeksjon

** Suldalslågen, Vosso, Etneelva, Vikja, Beiarelva, som alle har minst ett enkeltår med mer enn 20%

Det uveide gjennomsnittet for årene 2007 -2009 ligger mellom 5,7% og 7,2%. Når vi tar ut de 5 ekstremvassdagene med store innslag av rømt oppdrettslaks (4 på Vestlandet og 1 i Nordland, alle med relativt beskjedne fangstbidrag til den norske totalfangsten i elv), synker disse prosentene til 2,7-4,1 for de resterende 47 vassdragene.

Overlevelsen til rømt oppdrettslaks har vært beregnet til 0,2% for laks som rømmer om høsten, og 5,5% for laks som rømmer om våren¹⁷. Av den totale gjenfangsten i dette utsettingsforsøket, som omfattet ca 4000 stor laks utsatt på 2 lokaliteter, ble omtrent 2/3



tatt som bifangst i marine fiskerier relativt kort tid etter utsetting. Det var bare henholdsvis 0,35% og 0,68% som ble gjenfanget i elver. Studien indikerer at rømt oppdrettslaks generelt har liten overlevelse, og at få fisk finner veien til ferskvann.

Flest oppdrettsfisk rømmer om

¹⁷ Hansen, L. P. 2006. Migration and survival of farmed Atlantic salmon (*Salmo salar* L.) released from two Norwegian fish farms. *ICES Journal of Marine Science*, 63: 1211e1217.

sommeren og høsten. Dette er illustrert i figuren ovenfor ¹⁸, som viser rømninger i perioden 01.09.2006 til 31.12.2009. Store rømninger utgjorde bare 19% av rapporterte tilfeller, men stod for 91% av antall rømte fisk. Dette skulle tyde på lav overlevelse for rømt oppdrettslaks totalt sett, som en funksjon av flest fisk rømmer om sensommeren og høsten, da den målte overlevelsen er minst.

Et illustrerende regnestykke som følger av dette kan settes opp slik: dersom det rømmer 1 mill laks, og 1% (det dobbelte av målte prosent) vandrer opp i elver for å gyte, utgjør dette ca 10.000 laks på gyte plassene. Dette utgjør neppe mer enn ca 2-5% av antall gytefisk av villaks, og dette bekrefter tilsynelatende det Vitenskapelige råds data (jfr. tabellen ovenfor). Anslag på 10-30% oppdrettslaks på gyte plassene synes derfor å være overdrevet, eller så rømmer det 5-15 millioner oppdrettslaks hvert år. Til sammenligning var rapporterte rømningstall 3,98 mill laks og 0,98 mill regnbueaure samlet for perioden 2001-2009 ¹⁹.

Vi kan også merke oss at Rådet har beregnet innslaget av rømt oppdrettslaks i Namsen til 1,97-6,73% (2007-2009), som er betydelig mindre enn angitt i data publisert tidligere (se eksempel ovenfor). Det må være rimelig å spørre om et slikt nivå av innblanding av rømt oppdrettslaks kan karakteriseres som "genetisk forsøpling", som er uttrykket som brukes i en brosjyre utgitt av Norske Lakseelver. Som påpekt nedenfor utgjør de 52 nasjonale laksevassdragene 75% av den nasjonale villaksressursen, og kanskje bortimot 100% av genressursen.

Kultiveringsarbeidet i laksevassdrag

Veterinærinstituttet gjorde undersøkelser av effekten av kultiveringsarbeidet i Nidelva, Sør-Trøndelag, i årene 2005-2007 ²⁰. Konklusjonen var at 80% av laksen i Nidelva stammet fra utsettinger av kultivert fisk. For perioden 1994-2008 ble det godkjent færre enn 10 individer som stamlaks i 6 av de 14 årene (s.16 i rapporten).

Vitenskapelig råd for lakseforvaltning anslår innslaget av rømt oppdrettsfisk i Nidelva til 4,20% i årene 2005-2007, og 4,06% i 2004 (s.276 i vedlegget til rapport 2/2010). Ingen av individene tatt med i Veterinærinstituttets undersøkelse (269 stk) ble karakterisert som

¹⁸ Ø. Jensen, T. Dempster, E. B. Thorstad, I. Uglem, A. Fredheim 2010: Escapes of fishes from Norwegian sea-cage aquaculture: causes, consequences and prevention, AQUACULTURE ENVIRONMENT INTERACTIONS, Vol. 1: 71-83, 2010, s.74. <http://www.int-res.com/articles/aei2010/1/q001p071.pdf>

¹⁹ Ibid., s.71

²⁰ Veterinærinstituttets rapportserie 09-2009 · Innslag av kultivert laks i sportsfiskefangster i Nidelva i 2005-2007. Lastet ned i august 2010 fra http://www.kaf.no/artikkel.cfm?ID_art=51

oppdrettsfisk ut fra skjellkarakterer. Veterinærinstituttet konkluderte videre med at den kultiverte fisken i Nidelva var vanskelig å skille fra vill fisk ut fra skjellkarakterer (s. 12).

Studien fra Nidelva er interessant fordi den viser 1) at kultiveringsarbeidet i mange norske laksevasdrag kan ha betydelig genetisk påvirkning på stedefgen stamme, og 2) oppdrettsfisk er vanskelig å skille fra kultivert fisk og fra villfisk. Veterinærinstituttets vurdering av innslaget av rømt oppdrettslaks i gytebestanden var 0%, mens det Vitenskapelige råd mente at det lå på vel 4%. En rimelig konklusjon er vel at det hefter betydelig usikkerhet ved beregningene av andel rømt laks i alle vassdrag, og ikke bare i Nidelva.

Det Vitenskapelige råd skriver om omfanget av utsettinger i laksevasdrag:

”I perioden 2005 til 2009 ble det i gjennomsnitt satt ut nesten 8 millioner fisk eller rogn årlig i norske laksevasdrag (**tabell 6.1**). Av dette var 65 % rogn, slik at det ble satt ut ca 2,8 millioner fisk på ulike stadier (plommeseekyngel, fôret yngel eller smolt). Etter våre opplysninger settes det ut om lag 400 000 smolt årlig i norske laksevasdrag. Omregner vi de andre utsettingene til smoltekvivalenter (ut fra standard overlevelser; Hindar mfl. 2007) får vi et grovt anslag på at det settes ut rogn og fisk tilvarende i størrelsesorden 600 000 smolt årlig. Til sammenligning kan vi svært grovt anslå (ut fra estimert innsig og sjøoverlevelser på mellom 3 og 7 %) at det i de senere år har vært produsert i størrelsesorden 7-15 million villsmolt per år i norske laksevasdrag. Kultivert fisk utgjør således i størrelsesorden 4-9 % av smoltproduksjonen i norske vassdrag i de senere år.” (s. 148 i rapport 2/2010)

Det er derfor neppe langt fra sannheten at kultivert fisk utgjør omtrent samme mengde smolt som utvandrende krysninger. Overlevelsen i sjø er trolig vesentlig større for kultivert fisk, slik at krysninger utgjør en mindre andel på F₁-stadiet. Det er et tankekors at DN i alle år har lagt til rette for et kultiveringsarbeid som påvirker villaksen genetisk. I sin rapport 2/2010 har det Vitenskapelig råd vurdert kultiveringsarbeidet, og tilrår at det avvikles. DN har enda ikke fattet en beslutning.

Den potensielle genetiske påvirkningen fra utsettinger er etter rådets vurderinger liten. Rådet mener at påvirkningen er omtrent halvparten av forventet påvirkning fra rømt oppdrettslaks. Hva er det vitenskapelig grunnlaget for å konkludere med dette?

Rådet har foreslått en svært restriktiv holdning til kultiveringstiltak. Rådet selv skriver om dette:

”I en situasjon hvor gytebestandene i mange norske vassdrag består både av villfisk, rømt oppdrettsfisk og hybrider mellom disse, er det risiko for at uønskede genotyper introduseres til bestandene gjennom kultivering. I kultivering kan disse få større suksess enn de ville hatt i vassdraget, særlig dersom de har høy overlevelse i anlegget og settes ut på områder med

liten konkurranse, som ovenfor naturlig lakseførende strekning. I noen tilfeller er det grunn til å anta at stamfisk velges uten annet enn en ytre vurdering av stamfisken (for å identifisere rømt oppdrettslaks), i de fleste tilfellene sjekkes trolig skjellprøver for identifisering av rømt oppdrettslaks, mens bare i noen få tilfeller testes fiskene genetisk for opprinnelse. I tillegg viser vår gjennomgang av kultiveringspraksis i Norge at det oftest brukes for få stamfisk som grunnlag for kultivering (16 i gjennomsnitt; variasjon: 2-50). Stamfisken er således sjelden representativ for bestandene, og der utsatt fisk utgjør mye av produksjonen kan dette være et betydelig problem med tap av genetisk variasjon og tilpasninger som resultat.” (s. 151, rapport 2/2010)

Åpning av ikke lakseførende strekninger ved bygging av laksetrappet skal vurderes i neste rapport. Nye oppvekstområder tilbyr laksen et endret oppvekstmiljø, og seleksjonen vil følgelig kunne ta en annen retning når laksen utsettes for nye påvirkningsfaktorer.

Ulike strategier for bevaring av genetisk mangfold

Vi ber om at man vurderer om noen vassdrag er viktigere enn andre med hensyn til å bevare en størst mulig genbank, eller med andre ord om det lar seg gjøre å identifisere laksestammer med unike genetiske ressurser. Det er alminnelig akseptert at spredningsvandring er grunnlaget for utvikling av metapopulasjoner, som omfatter flere nærliggende elver. Små elver i en fjord er stort sett mottakere av gener fra større, nærliggende elver. Det er derfor sannsynlig at små elver i samme fjordsystem som en eller flere større elver, har mindre eller samme genetiske varians i forhold til den/de dominerende elva/elvene.

Spørsmål vi ønsker belyst:

1. Er det gjort målinger av genetisk varians innen en metapopulasjon (for eksempel i regi av SALSEA-Merge), med sikte på å finne ut om småelvene innen en metapopulasjon har en genbeholdning som avviker fra den dominerende elva, eller om allelfrekvensene er vesentlig forskjellig?
2. Er det slik at den dominerende elva har en genbeholdning med så stor varians at den også omfatter variansen i alle småelvene innen metapopulasjonen?

En konsekvens vil i så fall være at et mindre vassdrag som taper sin egen laksestamme vil kunne rekoloniseres uten tap av genetisk variasjon.

I forlengelsen av denne tankegangen ønsker vi følgende problemstilling utredet:

Kan vi tenke oss en modell der vi grupperer vassdrag i genetisk viktige og mindre viktige, og konsentrere innsatsen om å verne de viktigste elvestammene? Ifølge DN ²¹ omfatter

²¹ <http://www.dirnat.no/content.ap?thisId=1346>

ordningen med 52 nasjonale laksevasdrag ca 75% av den norske villaksressursen. De nasjonale laksevasdragene omfatter store og tallrike bestander med høy produktivitet eller potensielt høy produktivitet, storlaksbestander og bestander med spesiell genetisk karakter. Følgende type spørsmål blir da relevante:

1. Hvor mange av disse elvene er dominerende i sitt fjordsystem, og hvor mange "satellitt-elver" har de 52 elvene til sammen?
2. Hvilke elver i tillegg til de 52 bør få status som særlig verneverdige hvis 90% av villaksressursen målt som biomasse skal omfattes av ordningen?
3. Hvor mange elver (og hvilke) bør få status som særlig verneverdige hvis tilnærmet 100% av villaksressursen målt som genetisk varians skal omfattes av ordningen?

Man kan altså tenke seg en strategi der man satser på 75-90% av villaksressursen målt som biomasse gytebestand, men som kanskje omfatter tilnærmet 100% av det genetiske mangfoldet. En slik strategi er basert på erkjennelsen av at det neppe er mulig å bevare levedyktige bestander i alle 452 elver med nåværende eller tidligere lakseførende strekninger (hvorav 45 bestander ansees som tapt allerede), og at det kan være vanskelig å beskytte små elver med veldig lite gytelaks mot et høyere innslag av rømt oppdrettslaks. Denne tanken ser ut til å ha støtte i utredningen "*Interaksjoner mellom lakseoppdrett og villaks: oppdatering av kunnskap etter NOU 1999:9*"²², der det heter: "Det er således trolig de mest tallrike elvebestandene som er bærere av det største genetiske mangfoldet hos norsk villaks" (s. 8).

I tillegg til rapport 2/2010 fra det Vitenskapelige råd for lakseforvaltning er det referert gytebestandsmål for 227 elver. Dette er 56% av alle elver som fremdeles har lakseoppgang. I tabellen nedenfor er de 227 elvene gruppert etter gytebestandsmål, slik at det framgår at gytebestandsmålet er mindre enn 100 kg hunnfisk i 17 elver, mellom 100 og 500 kg i 112 elver osv. Grunnen til at man opererer med kg hunnfisk i stedet for antall fisk er at det er antall rognkorn pr m² elveareal som er grunnlaget for gytebestandsmålet. Tommelfingerregelen er at en hunnlaks gyter 1450 rognkorn pr kg kroppsvekt.

Det framgår av tabellen at 34 av de 227 elvene (15%) har ca 72% av den samlede gytebestanden, og 65 elver (29%) har ca 85% av gytebestanden. Og omvendt: at litt i underkant av 60% av elvene betyr svært lite for den totale gytebestanden, ved at de representerer bare litt over 8%.

²² Jonnson, B. (red.), Boxaspen, K., Fiske, P., Gjerde, B., Poppe, T. og Wennevik, V. 2006: Interaksjoner mellom lakseoppdrett og villaks: oppdatering av kunnskap etter NOU 1999:9, Kunnskapsserien for laks og vannmiljø 2, 80 s. <http://www.klv.no/pdf/bok2.pdf>

	Antall elver	Prosent av antall elver	Akk. antall elver	Totalt kg hunnlaks	Prosent av kg hunnlaks	Akk. kg hunnlaks
1-99 kg	17	7,5	99,9%	1254	0,4	99,9%
100-499 kg	112	49,3	92,4%	26996	8,0	99,6%
500-999 kg	33	14,5	43,1%	23498	6,9	91,5%
1000-1999 kg	31	13,7	28,6%	42476	12,5	84,6%
2000-9999 kg	28	12,3	14,9%	101821	30,0	72,1%
>10000kg	6	2,6	2,6%	142564	42,1	42,1%
	227	99,9		338609	100	

Hvis de 227 elvene som rådet har vurdert er et representativt utvalg av norske lakseelver, kan dette tyde på at 80-90% av den genetiske ressursen som villaksen representerer kan beskyttes gjennom satsning på 60-70 elver. Dersom hypotesen om at spredningsvandring resulterer i metapopulasjoner med omtrent identisk genmateriale er riktig, kan det da være mulig at disse elvene omfatter omtrent hele genressursen?

I boka "The Atlantic salmon: Genetics, conservation and management"²³ konkluderes det med at laksevasdrag trenger en minimums gytebestand på 150 laks (hunner og hanner) for at det ikke skal utvikle seg innavlsdepresjon. Det kan se ut til at i minst 100 av de 227 vassdragene i tabellen ovenfor er gytebestandsmålet satt lavere enn foreslått av forfatterne av kap.8 i denne boka. Det blir da naturlig å spørre om gytebestandsmålene er satt under forutsetning av at spredningsvandring og metapopulasjonseffekter vil sikre krysningsfrodighet og motvirke innavl. Et følgespørsmål blir da om det kan påvises genetisk differensiering mellom kildstammen(e) og det vi må anta er minst 100 satelittvassdrag. Alternativt må vel fastsettelsen av gytebestandsmål på mindre enn 150 individer bety at disse stammene ikke kan anses som selvstendige enheter?

Alle de 52 nasjonale laksevasdragene er med blant de 227 vurderte. Til sammen er gytebestandsmålet for de 52 elvene 252.508 kg, eller 75% av totalen. De nasjonale laksevasdragene utgjør dermed en betydelig andel av den nasjonale genressursen.

Er det slik at villaksforvaltningens strategi er å satse på at samtlige bestander som kan vurderes som potensielt levedyktige skal bevares, uten hensyn til hvor viktige de er for samlet produksjon av villaks eller for det genetiske mangfoldet? Er målsetningen at allefrekvenser skal opprettholdes på samme nivå over tid i alle vassdrag, eller er poenget at færrest mulig allel-varianter skal gå tapt? Hvor mange av bestandene som er klassifisert av DN som truede eller sårbare (se tabell nedenfor) er marginale bestander med få gytefisk? Hva er årsakene til at bestander har gått tapt, er truet, sårbare eller reduserte?

²³ Verspoor, E. et.al. (Eds): The Atlantic Salmon: Genetics, conservation and management, Wiley-Blackwell (2007), kapittel 8.7, s.264

Totalt antall lakselver i Norge	452
1 Tapte bestander	45
2 Truede bestander	32
3a Sårbare bestander – nær truet	30
3b Sårbare bestander – opprettholdt ved tiltak	21
4a Reduserte bestander – betydelig redusert ungfiskproduksjon	63
4b Reduserte bestander – bare redusert voksenfiskbestand	2
5a Moderate eller lite påvirkede bestander – spesielt hensynskrevende	208
5b Moderate eller lite påvirkede bestander – ikke spesielt hensynskrevende	38
X Bestandsstatus usikker	13

Vi ønsker å invitere villaksnæringen til å finne en middelvei i forvaltningen, som tar inn over seg at oppdrettsnæringen har en legitim plass i det norske samfunnet, og at denne næringen uten tvil vil fortsette å være en blant flere menneskeskapt faktorer som påvirker villaksen. En nullvisjon for påvirkning er ikke realistisk. Vi ber om en vurdering av følgende forslag til plattform for diskurs:

Rømt oppdrettslaks bør bedømmes som en menneskeskapt endring av villaksens miljø, som i likhet med for eksempel utsettinger og selektivt laksefiske påvirker bestandene genetisk. Vassdragsreguleringer, grusuttak fra elver, bygging av laksetrappet, forurensninger og lignende er andre antropogene faktorer som påvirker miljøet som laksen gjennom naturlig utvalg vil fortsette å tilpasse seg. Laksepopulasjoner er dynamiske, og tilpasser seg relativt raskt til endrede miljøforhold og selektivt press forårsaket av menneskelig aktivitet. Genetisk *endring* av villaksstammene er uunngåelig i en virkelighet preget av menneskenes økonomiske virksomhet. Genetisk *svekkelse* må vi imidlertid tilstrebe å minimalisere.

Forskningen bør følgelig fokuseres på å kvantifisere det reelle omfanget denne påvirkningen har, og om det er korrekt at den bare er negativ.

Prosjektets problemstillinger

Det eksisterer et behov for en kritisk gjennomgang av forskningen omkring forholdet mellom rømt oppdrettslaks og villaks. FHL ønsker derfor å bestille en utredning i form av en gjennomgang av forskningen på området. Utredningen skal velge ut sentrale norske og utenlandske arbeider, og vurdere disse i et kritisk lys.

En gjennomgang av litteraturen bør også vurdere om forskningen på området preges av at det har satt seg et vitenskapelig paradigme som etter hvert er selvreproduserende og ekskluderende i forhold til kritisk selvanalyse. Det kan virke som at referanselistene i den vitenskapelige litteraturen er omtrent identiske i ulike artikler, og at "bevisførselen" til dels gjennomføres ved hjelp at sirkelreferanser innen et begrenset fagmiljø. Eventuelle rotartikler (root papers) bør identifiseres og kommenteres.

Hovedproblemstillingen i studien blir å besvare spørsmålet om det kan dokumenteres, eller i det minste sannsynliggjøres, at frisk, rømt oppdrettslaks har påvirket, og/eller vil kunne

påvirke, bestandsutviklingen til villaks på en negativ måte, på de tre geografiske nivåene nasjonalt, regionalt og lokalt.

Vi ønsker videre at litteraturstudien skal finne svar på følgende spørsmål:

1. Finnes det robuste data som kvantifiserer uheldig genetisk påvirkning?
2. Er det hold i hypotesen om at krysninger vil bli selektert tilbake til stedegen stamme i løpet av et par generasjoner?
3. Bygger publiserte modelleringer av potensiell påvirkning på rimelige forutsetninger?
4. Må det forutsettes at en genstrøm fra avlet fisk til villfisk er utelukkende negativt?
5. Kan en strategi for å bevare det genetiske mangfoldet i villaksstammene baseres på å satse på mindre enn 100% av stammene?
6. Kan en forvaltningsstrategi basert på metapopulasjoner være mer effektiv enn en vassdragsvis forvaltningsstrategi? Kan dette også være en strategi for vassdrag som alene kan vurderes som en metapopulasjon?
7. Vi viser ellers til spørsmål og problemstillinger som er innbakt i teksten ovenfor.

I teksten ovenfor har vi stilt spørsmål ved det som kan se ut til å være overdrevne anslag på størrelsen på genflyten som faktisk finner sted. Et illustrerende regnestykke som viser dette kan settes opp basert på følgende forutsetninger:

1. 5% oppdrettshunner på gyte plassene
2. 30% gytessuksess
3. 30% overlevelse fra egg til smolt (sammenlignet med villaks)

Andel utvandrende smolt som er bærere av allel-frekvenser som stammer fra oppdrettlaks kan da beregnes slik: $5\% \times 0,3 \times 0,3 = 0,45\%$

4. Sjøoverlevelsen settes til 60% av villaks (basert på Burrishoole, fordi data for Imsa er basert på et svært lite antall registreringer)

Andel tilbakevandrende gytemoden laks med islett av genvarianter med opphav i oppdrettlaks kan da beregnes slik: $0,45\% \times 0,6 = 0,28\%$

5. Utaviseffekt i F_2 : 68% dødelighet på rogn (Burrishoole)

Andel F_3 - plommesekeyngel med genpåvirkning fra oppdrettlaks kan da beregnes slik: $0,28\% \times 0,32 = 0,09\%$

Er dette en modell med rimelige forutsetninger, og illustrerer den i tilfelle at genflyten fra rømt oppdrettlaks til villaks er minimal? Og videre: vil et konstant innslag av rømt

oppdrettslaks som aktivt gytende hunner på 5% over tid likevel resultere i et påvisbart genetisk avtrykk på villaksen? I tilfelle ikke, hvilken andel aktive gytere må man ha for å få et målbart genetisk avtrykk?

Listen over spørsmål og problemstillinger er ikke fullstendig. Forskningsmiljøene inviteres til å utvide listen, og integrere dette i sine tilbud. Tilbudet skal spesifisere:

1. Hva utredningen skal gi svar på
2. Prisen
3. Hvor lang tid arbeidet vil ta, og hvilken dato det ferdige produktet vil bli levert
4. Hvem som skal utføre arbeidet
5. Hvordan utredningen skal kvalitetssikres