

Omfang og effekt av innkryssing av rømt oppdrettslaks i norsk villaks

Kommentarer til kapittel 6 i VRL rapport 17, 2022



Illustrasjon: Nofima

Nofima er et ledende matforskningsinstitutt som driver med forskning og utvikling for akvakulturnæringen, fiskerinæringen og matindustrien. Vi leverer internasjonal anerkjent forskning og løsninger som gir næringslivet konkurransefortrinn langs hele verdikjeden.

«Bærekraftig mat til alle» er vår visjon.

Kontaktinformasjon

Telefon: 77 62 90 00

post@nofima.no

www.nofima.no

NO 989 278 835 MVA



Hovedkontor Tromsø

Muninbakken 9–13

Postboks 6122

NO-9291 Tromsø



Stavanger

Måltidets hus

Richard Johnsensgate 4

Postboks 8034

NO-4068 Stavanger



Sunnalsøra

Sjølsengvegen 22

NO-6600 Sunndalsøra



Ås

Osloveien 1

Postboks 210

NO-1433 ÅS



Bergen

Kjerreidviken 16

Postboks 1425 Oasen

NO-5844 Bergen

Rapport

<i>Rapportnummer:</i> 5/2023	<i>ISBN:</i> 978-82-8296-740-2	<i>ISSN:</i> 1890-579X
<i>Dato:</i> 28. februar 2023	<i>Antall sider + sider vedlegg:</i> 8 + 0	<i>Prosjektnummer:</i> 13849
<i>Tittel:</i> Omfang og effect av innkryssing av rømt oppdrettslaks i norsk villaks. Kommentarer til kapittel 6 i VRL rapport 17, 2022		
<i>Title:</i> Ingression of escaped farmed salmon into Norwegian wild salmon populations. Comments to VRL-report 17, 2022, chapter 6		
<i>Forfatter(e):</i> Marie Lillehammer		
<i>Avdeling:</i> Avl og genetikk		
<i>Oppdragsgiver:</i> Sjømat Norge		
<i>Eksternt prosjektnummer/Oppdragsgivers ref.:</i>		
<i>Stikkord:</i>		
<i>Sammendrag/anbefalinger:</i> I denne rapporten kommenteres omfang av innkryssing av rømt oppdrettslaks i norsk villaks som er beskrevet i VRL rapport 17, 2022. Videre utleder forfatter hvordan innkryssing, målt med ulike metoder, er forventet å bli påvirket av tiltak for å forhindre rømming og gjenfangst av rømt fisk. Til slutt diskuteres ulike mål på genetisk endring. Genetisk endring i en populasjon som er utsatt for innkryssing av rømt oppdrettsfisk kan måles på DNA markør nivå, som endring i fiskens egenskaper, eller som endring i fiskens fitness eller grad av tilpasning til et liv i naturen. Sammenhengen mellom disse målene er ikke endelig og vil påvirkes av både ny innkryssing og av naturlig seleksjon.		
<i>English summary/recommendation:</i> This report comments on the amount of genetic introgression of farmed salmon into Norwegian wild salmon, as described in VRL rapport 17, 2022. Further, the author shows how introgression, measured by different methods, are expected to be affected by actions to prevent escapes and recapture escaped fish. Then different methods to evaluate genetic changes are discussed. Genetic change as a consequence of introgression of farmed salmon can be measured on DNA marker level, at phenotypic level or as change in fitness or degree of adaptation to a life in the wild. The connection between these measures is not constant and will be affected by new introgression as well as natural selection.		

Forord

Denne rapporten er skrevet på oppdrag fra Sjømat Norge som en kommentar til Vitenskapelig råd for Lakseforvaltning (VRL) sin statusrapport nr. 17, utgitt 2022, referert til som «VRL-rapporten» i denne rapporten. Den besvarer tre konkrete spørsmål fra Sjømat Norge, ved hjelp av VRL sin rapport, publikasjoner referert til i rapporten og andre publiserte kilder, samt forfatters fagkunnskap innen genetikk og evolusjon. Denne rapporten er ikke en fullstendig review av all tilgjengelig litteratur om interaksjon mellom rømt oppdrettslaks og villaks, men som en kommentar til VRL-rapporten der jeg forsøker å klargjøre begreper som er brukt og kommentere påstander som er mangelfull begrunnet.

Innhold

1	Omfang av innkryssing av rømt oppdrettsfisk i villaksstammer	1
2	Endring i genetisk innblanding	3
3	Effekt av innkryssing	4
4	Referanser	7

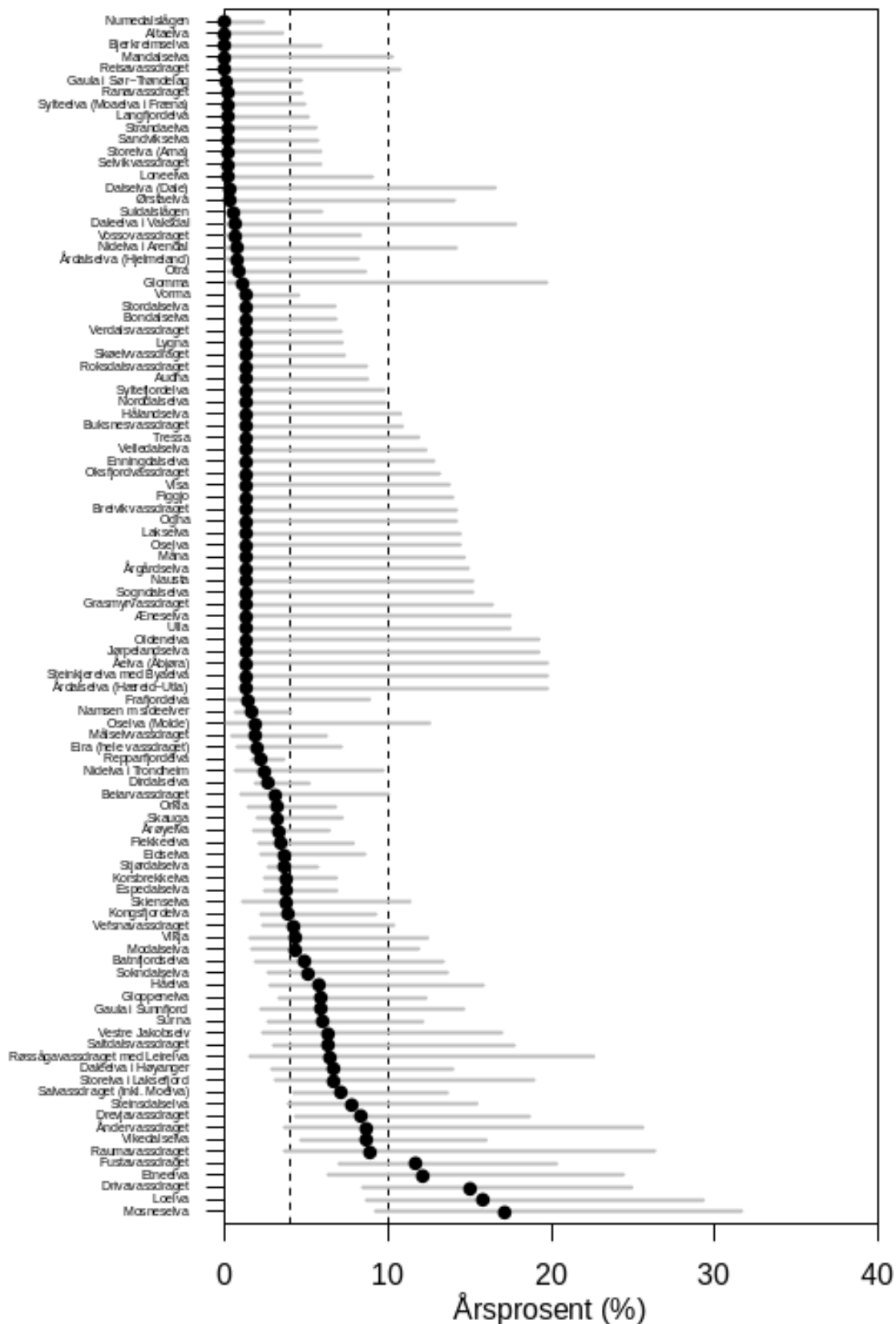
1 Omfang av innkryssing av rømt oppdrettsfisk i villaksstammer

Oppgave: Kommenter VRLs beskrivelse av omfanget av genetiske innblanding fra oppdrettslaks til villaks i Norge

Omfang av innkryssing diskuteres både i kapittel 6.1 og kapittel 6.2 i VRL-rapporten. Kapittel 6.1 beskriver i hovedsak tilstedeværelse av rømt oppdrettsfisk i norske elver. Statistikk på dette har vi fra det nasjonale overvåkningsprogrammet for rømt laks i elver (Glover et al., 2019; Wennevik et al., 2022). VRL-rapporten oppsummerer hovedfunnene derfra. Tilstedeværelse rapporteres som årsprosent, som er et estimat på hvor stor andel av fisken i elva som er oppdrettsfisk gjennom hele året. Det beregnes ved at et utvalg fisk tas opp og testes, og årsprosent beregnes ved en formel som er kalibrert med eksisterende data fra flere år (Diserud et al., 2010) for å gjøre det mulig å sammenligne elver med ulike informasjonskilder på tilstedeværelse av rømt oppdrettslaks. Rapporten oppsummerer data for mange elver, og konklusjonene stemmer godt med eksisterende data. De aller fleste elver ligger godt under tiltaksgrensen for årsprosent på 10 %, men usikkerheten gjør at det ikke er belegg for å konkludere at elvene har under 10 % rømt oppdrettslaks (Løland et al., 2016). I Figur 1 (gjengitt fra Wennevik et al., 2022) ser vi estimater med 95 % konfidensintervall for årsprosent i alle elver der utvalget var større enn 20 fisk, med en eller flere fangstmetoder. VRL-rapporten kommenterer ikke de høye usikkerhetene på årsprosent-estimatene. Verken i VRL rapporten eller i denne rapporten vurderer vi selve beregningen av årsprosent fra de ulike informasjonskildene. I tillegg til årsprosent, rapporterer VRL opprinnelige mål på tilstedeværelse fra de ulike fangstmetodene.

VRL-rapporten viser at trenden for årsprosent er synkende, men 14 elver nevnes fortsatt å ha høyt innslag av rømt oppdrettsfisk (årsprosent >10 %). Bruken av 10 % som grenseverdi for høy forekomst av rømt oppdrettsfisk er etablert over mange år og beskrevet f.eks. i Taranger et al. (2014). Det framstår noe tilfeldig hvorfor akkurat 10 % er blitt valgt som en grenseverdi, og dette diskuteres heller ikke i VRL rapporten. I Taranger et al. (2012) foreslås 20 % som en grenseverdi for høstprosent (tilsvarer årsprosent 13,5 % (Diserud et al., 2010), der høyere verdier anslås å gi høy risiko for genetisk påvirkning. Hvor stor årsprosent må være for å gi uønskede genetiske effekter finnes det mindre data på og er sannsynligvis også avhengig av andre faktorer ved elva. Det er foreslått at tiltaksgrenser ikke bør være styrt av årsprosent/tilstedeværelse alene, men ses i sammenheng mellom hvor robust bestanden forventes å være, f.eks. definert gjennom oppnåelse av gytebestandsmål (Taranger et al., 2012). Dette er i større grad enn før inkludert i risikovurdering etter 2019 (Solberg et al., 2023). Mange elver med høy andel rømt oppdrettsfisk har få villfisk (e.g. Pulg et al., 2020), slik at en høy andel oppdrettsfisk kan skyldes i like stor grad mangel på villfisk som høy tilstedeværelse av oppdrettsfisk.

I kapittel 6.2 beskrives også omfang av innkryssing, men her målt som genetisk endring på markør-nivå som måles ved å teste for utvalgte DNA-markører med ulik frekvens hos villfisk og oppdrettsfisk (Karlsson et al., 2011). Begrepet $p(\text{wild})$, som er definert som andel av gen-poolen eller blodsandelen i en populasjon som nedstammer fra villaks, brukes som et mål på hvor stor den akkumulerte historiske innkryssingen har vært (Bolstad et al., 2017). Det oppsummeres hvor mange elver som har en signifikant endring i $p(\text{wild})$ sammenlignet med historiske prøver, og hvor mange elver der endringen er «stor», det vil si 10 % eller mer. Heller ikke her foreligger noen begrunnelse for at akkurat 10 % skal være grensen for en «stor» endring. Sammenhengen mellom årsprosent og $p(\text{wild})$ avhenger av mange faktorer. Glover et al. (2013) beregner historisk årsprosent basert på observert $p(\text{wild})$, under forutsetning av at innkryssing og årsprosent har vært konstant i hver elv over den studerte perioden. Uten en slik forutsetning kan årsprosent ikke utledes fra $p(\text{wild})$, eller omvendt. Lav $p(\text{wild})$ (e.g. høy innkryssing) kan komme fra noen få år med høy årsprosent eller mange år med lavere årsprosent. Sammenhengen, eller utfordringer ved å finne sammenhengen, mellom årsprosent og $p(\text{wild})$ diskuteres ikke i VRL-rapporten.



Figur 1 (Figur 4.1 i Wennevik et al, 2022)). Beregnet årsprosent med 95 % konfidensintervall for elvene med sportsfiske- og/eller høstfiske data i overvåkingsprogrammet. Data for 101 elver hvor prøvestørrelsen for sportsfiske eller høstfiske er 20 individer eller mer. Stiplede linjer viser 4 % og 10 % som er grensene for lav, moderat og høy risiko for genetisk påvirkning som foreslått av Risikovurdering norsk fiskeoppdrett (Taranger mfl. 2014) og blitt vektlagt i Forskrift om fellesansvar for utfisking mv. av rømt oppdrettsfisk (www.regjeringen.no).

2 Endring i genetisk innblanding

Oppgave: Kommentere hvordan faktisk genetisk innblanding antas å endre seg i lys av reduksjonene i antall rømte fisk de 10-15 årene og i kombinasjon med det systematiske uttaket av rømt oppdrettsfisk i elv organisert gjennom OURO

VRL rapporten beskriver en nedadgående trend både i rapporterte rømminger og tilstedeværelse av rømt oppdrettslaks i elvene. Siden årsprosenten og andre mål på tilstedeværelse beskriver andel oppdrettslaks av totalt antall laks i elvene er det naturlig at denne påvirkes direkte av antall rømt fisk. At disse to informasjonskildene bekrefter hverandre kan derfor brukes som et argument for at de er troverdige, eller i det minste at trenden de beskriver over tid er troverdig, siden de beveger seg i samme retning. Begge målene har likevel høy usikkerhet knyttet til seg, som beskrevet i kapittel 1.

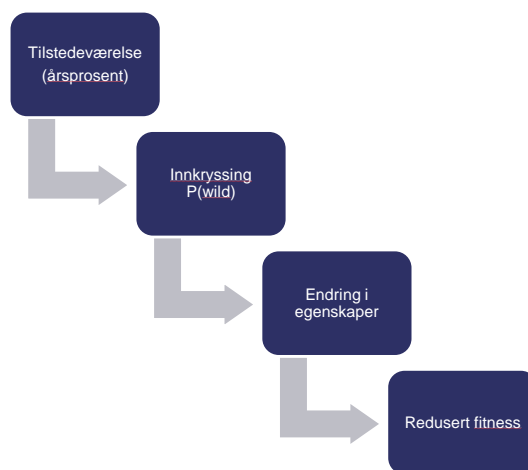
Hvordan «genetisk innblanding» bør defineres og måles avhenger litt av hvilke konsekvenser av innblanding vi er bekymret for. En reduksjon av tilstedeværelse av rømt oppdrettslaks i elvene, gjennom redusert rømming og/eller gjenfangst av rømt fisk, vil effektivt redusere ny genetisk innblanding i ville populasjoner. Hvis man ser for seg et scenario der rømming stopper helt vil det ikke være rømt laks i elvene og man vil ikke få ny genetisk endring på grunn av innkryssing. Redusert $p(\text{wild})$ og endringer av egenskaper hos fisken som følge av tidligere innkryssing (Bolstad et al., 2017) vil imidlertid kunne bli værende i populasjonen dersom det ikke er til vesentlig ulempe for fisken og dermed under naturlig seleksjon. Årsprosent og andre mål på tilstedeværelse av oppdrettsfisk i elvene gir et grunnlag for å estimere ny innblanding av oppdrettsfisk, men for å vurdere hvilken risiko dette representerer bør man også kjenne til historisk innblanding og andre trusselfaktorer mot bestandene.

Det er forventet at $p(\text{wild})$ vil øke på grunn av naturlig seleksjon dersom det ikke tilføres ny rømt oppdrettsfisk fordi fisk med høy blodsandel eller innslag av oppdrettsfisk i gjennomsnitt har lavere overlevelse og reproduksjonssuksess enn ren villfisk (Fleming et al., 2000; Skaala et al., 2012; Sylvester et al., 2019; Wacker et al., 2021). Ved en stopp i rømmingen kan en basert på evolusjonsteori forvente at $p(\text{wild})$ vil øke mer dersom den er et resultat av forholdsvis ny kontra tidligere rømming. Det skyldes at evolusjonen ikke jobber direkte på DNA-nivå med å luke ut fisk med slektskap til oppdrettsfisk, men straffer individer som er dårlig tilpasset, altså som har fenotypiske egenskaper som gir dårlig overlevelse og/eller dårlig gytesuksess. Når $p(\text{wild})$ brukes til å måle slektskap med oppdrettsfisk på markørnivå vil fisk med en eller flere oppdrettsforfedre kunne ha innslag fra oppdrett, selv om naturlig seleksjon har gjort fisken velegnet til et liv i naturen. Sagt på en annen måte: Blant en gruppe fisk med samme blodsandel oppdrettsfisk, som i gjennomsnitt har redusert overlevelse på grunn av innkryssing, vil bare de best tilpassede individene overleve. De vil ha en grad av tilpasning til et liv i naturen som er høyere enn det som forventes ut fra deres $p(\text{wild})$. Effekten av $p(\text{wild})$ på egenskaper hos fisken brytes dermed opp av naturlig seleksjon og forventes å være svakere for gammel innkryssing enn for ny innkryssing. I årets risikovurdering fra havforskningsinstituttet (Solberg et al., 2023) defineres tydelig at det er risiko for ytterligere innkryssing fram i tid som vurderes, ikke risiko forbundet med tidligere rømming. For å evaluere dette ved hjelp av $p(\text{wild})$ som mål er man avhengig av tidsserier for $p(\text{wild})$ for å vurdere endringen. Usikkerheten forbundet med $p(\text{wild})$ for elver med lite datagrunnlag er da et problem.

3 Effekt av innkryssing

Oppgave: Egen beskrivelse av omfang og sannsynligheter for negative genetiske konsekvenser og fitness/robusthet for norske villaks nå og fremover herunder risiko for bestandsreduksjoner som følge av genetisk innblanding fra rømt oppdrettsfisk

Temaet effekt av innkryssing er komplekst og jeg vil begynne med å definere ulike nivåer av effekt av innblanding. Begrepet «negative genetiske konsekvenser» er ikke tydelig definert.



Figur 2 Skjematisk oversikt over hvordan ulike mål på omfang og effekt av innkryssing av oppdrettslaks i ville bestander avhenger av hverandre.

Figur 2 viser omfang og effekt av innkryssing av rømt oppdrettslaks målt på ulike stadier av innkryssingen. Tilstedeværelse (årsprosent) og innkryssing ($p(\text{wild})$) er allerede diskutert i kapittel 1 og 2 og beskriver to ulike mål på omfang av innkryssing. Tilstedeværelse av rømt oppdrettslaks er en forutsetning for ny innkryssing, mens redusert $p(\text{wild})$ er et mål på akkumulert innkryssing. Når vi observerer redusert $p(\text{wild})$ betyr det at det har vært tilstedeværelse av oppdrettslaks, men vi kan verken beregne framtidig $p(\text{wild})$ på bakgrunn av tilstedeværelse nå eller beregne tidligere tilstedeværelse basert på observert $p(\text{wild})$, uten å også gjøre en del andre antagelser (Glover et al., 2013), som beskrevet i kapittel 1.

Når man diskuterer genetiske endringer, er det heller ikke innlysende hvilken av boksene i figuren man bør studere. Genetiske endringer på molekylært nivå kan måles ved redusert $p(\text{wild})$ og kan observeres overalt hvor det har vært historisk innkryssing av oppdrettslaks i villfiskstammer. Det forteller bare at fisken i denne elva er i slekt med oppdrettsfisk, siden den har en eller flere forfedre som stammet fra oppdrett. Det sier ingenting om fiskens egenskaper eller hvor tilpasset den er et liv i naturen. Vi vet riktignok at oppdrettsfisk er dårlig tilpasset å leve i naturen, men etterkommere etter oppdrettsfisk, flere generasjoner senere, behøver ikke å være det. Halvparten av all genetisk variasjon (mendelsk spaltning) genereres på nytt i hver generasjon siden foreldrenes gener kombineres på nye måter. Dette gir stor genetisk variasjon mellom fisk med samme $p(\text{wild})$ og en del fisk kan være godt tilpasset et liv i naturen selv med lav $p(\text{wild})$. Man kan likevel argumentere for at redusert $p(\text{wild})$ i seg selv er et problem, da det påviser tap av genetisk integritet. Dette er en vanlig tankegang i bevaring av spesielt verneverdige populasjoner, for eksempel gamle husdyrraser med kulturhistorisk verdi, som man ønsker at ikke skal blandes med andre fordi de da «utvannes». Begrepet genetisk integritet brukes i kapittel 6.2 i VRL rapporten og også i andre artikler som omhandler innkryssing av oppdrettsfisk i villaksstammer (f.eks. Hindar et al., 2006; Taranger et al., 2012, 2014), men uten at det er helt klart om det er «raserenhet» man er opptatt av eller om man forutsetter at innslag av oppdrettsfisk også har konsekvenser for egenskaper hos fisken.

Flere nyere studier (Bolstad et al., 2017, 2019; Wacker et al., 2021, Besnier et al., 2022) viser en sammenheng mellom $p(\text{wild})$ og fysiske egenskaper ved fisken, som lengde, alder ved kjønnsmodning, dato for tilbakevandring til elv m. fl. Dette betyr at innkryssing av oppdrettsfisk i de studerte populasjonene har endret fisken i disse elvene. Vi kan ikke generalisere dette til alle elver, da effekten av $p(\text{wild})$ på egenskaper under naturlig seleksjon vil avta med økende antall generasjoner siden innkryssing (kap. 2). Likevel kan vi si at det er påvist at innkryssing av oppdrettslaks har ført til at fisken har endret seg i disse elvene og sannsynligvis i andre elver med lignende historisk tilstedeværelse av oppdrettslaks.

Studier av laksens egenskaper (som størrelse og alder ved kjønnsmodning) sier ikke noe direkte om dette er positivt eller negativt for laksens overlevelse og reproduksjonssuksess, i.e. fitness. Basert på evolusjonslæren kan vi si at slike endringer, som ikke kommer av naturlig seleksjon, men innblanding av dårlig tilpasset genmateriale, er negative. Men teorien sier ikke noe om hvor ødeleggende dette er. Det er ulike tilnæringer til hvordan man skal beskrive den negative effekten av en slik endring i fenotype. Man kan definere at endringen er negativ fordi den er unaturlig påført og uønsket. «Vi vil at laksen i en gitt elv skal se ut som den alltid har gjort». I en slik tankerekke kan vi konkludere at innkryssingen er dokumentert skadelig når endring i fenotype kan måles, fordi villaksen da har endret sine karakteristikk. Alternativt kan vi konkludere at en endring i fenotype er skadelig fordi den kan ha eller har effekt på fitness.

En rekke studier har vist redusert fitness, målt på ulike livsstadier, for fisk med en eller to oppdrettsforeldre (e.g. Fleming et al., 2000; McGinnity et al., 2003; Sylvester et al., 2019). Det er også sannsynlig at endret fenotype vil være negativt for fitness, da vi kan forutsette at fenotypen som har utviklet seg i elva er et resultat av evolusjonær tilpasning. Det vi ikke vet er hvor stor en fitness-ulempe av en enkelt fenotype-endring vil være. At fisk med oppdrettsinnslag både er større og har lavere overlevelse (Wacker et al., 2021) betyr ikke at det er størrelsen i seg selv som gir fisken redusert overlevelse. Sett i et føre-var perspektiv er likevel en endring i fenotype en dokumentert endring som vi kan anta er negativ, og dermed gir grunn til bekymring.

Den mest pragmatiske definisjonen på en negativ genetisk endring må være en endring i genetik som fører til redusert fitness, spesielt hvis redusert fitness er stor nok til å gi reduksjon i bestandsstørrelse. Wacker et al (2021) studerte hvordan naturlig seleksjon økte $p(\text{wild})$ i to årsklasser med villaks som ble fulgt over flere år i ferskvannsfasen. Her ble det vist at innkryssing ($1-p(\text{wild})$) i disse kohortene ble halvert fra de var 0 til de var 2 år, noe som viser en betydelig over-dødelighet av fisk med oppdrettsinnslag. Om dette gir bestandsreduksjon er mer komplisert å beregne og kommer litt an på tidsperspektivet vi vurderer. Høy dødelighet av ung fisk med oppdrettsinnslag vil redusere antall fisk som kommer tilbake fra denne generasjonen, og gjøre at det blir et lavere oppdrettsinnslag i senere generasjoner.

Et nyttig verktøy for å vurdere effekter som går over flere generasjoner er stokastisk simulering. IBSEM modellen for dette ble publisert av Castellani et al. (2015) og er senere brukt av Sylvester et al. (2019). I Castellani et al. (2015) antar de at 5-50 % av fisken som gyter er rømt oppdrettsfisk (tilstedeværelse 20 %-80 %). De tester altså verdier som er vesentlig høyere enn grenseverdiene som VRL rapporten og andre opererer med. For den laveste innkryssingen de har testet finner de at man over tid (flere tiår) får en synlig endring i fenotype (f.eks. størrelse), men ingen bestandsreduksjon. Sylvester et al. (2019) fant at avkom etter to oppdrettsforeldre hadde 15 % og 26 % sannsynlighet for å overleve, sammenlignet med ren villaks, mens hybrider med 1 vill og 1 oppdrettsforelder hadde 81 % og 83 % sannsynlighet for å overleve sammenlignet med villaks. En interessant tilnærming i denne studien er at de bruker resultatene sine til å parameterisere IBSEM modellen slik at de kan forutsi hva som blir konsekvensene på lang sikt. Her blir det bekreftet at en tilstedeværelse på 10 % eller mindre i seg selv ikke ser ut til å ha en bestandsregulerende effekt. I denne studien ser vi en nedgang i populasjonsstørrelse dersom

man har 20 % eller mer rømt oppdrettsfisk i elvene. Overlevelsen til oppdrettsavkom i Sylvester et al. (2019) er høyere enn standardparametrene brukt i Castellani et al. (2015). Sammenligning av resultatene fra disse to studiene, samt sensitivitetsstudie i Sylvester et al. (2019) viser at høyere overlevelse gjør at vi lettere får bestandsreduksjon siden innkryssing av oppdrettsfisk etablerer seg lettere i populasjonen.

Man skal være forsiktig med å konkludere fra et begrenset antall simuleringsstudier, basert på samme modell, at rømt oppdrettslaks ikke kan ha bestandsregulerende effekt om innslaget av oppdrettsfisk er lavere enn ~20 %. Det gjøres en hel rekke forutsetninger bak en simulering, som kan påvirke resultater og konklusjoner. Den kanskje viktigste svakheten med de studiene som er publisert er at de tar utgangspunkt i en sunn populasjon som ikke er utsatt for andre bestandsregulerende faktorer, bortsett fra en konstant naturlig seleksjon. Bestander som er utsatt for større miljøendringer, som vannkraftutbygging, forurensing eller nye sykdommer, kan være mer sårbare for innslag av rømt oppdrettsfisk.

Et problem med alle de nevnte målene og studiene er at de tar et enkeltelperspektiv og i stor grad ignorerer effekten av streifing av laks mellom elver. Jeg vil derfor gå gjennom de viktigste effektene av streifing som bør tas i betraktning når man vurderer risiko for ulike former for genetisk innblanding. Streifing er inkludert i IBSEM modellen (Castellani et al., 2015), der det også konkluderes at streifing mellom elver fungerer som en slags forsikring for hver enkelt elv. Dersom en elv får bestandsreduksjon eller store genetiske endringer som gir fisken i elva lav overlevelse, vil streifere kunne bidra til å opprettholde genetisk variasjon og legge grunnlag for videre evolusjon. Pulg et al. (2020) gjorde et forsøk på å bruke genetiske markører til å klassifisere villfisk på sør- og vest-landet etter hvilken elv de stammet fra og fant at en slik klassifisering ble veldig usikker, da fisk fra ulike elver var svært nært beslektet. Dette, sammen med funnet om at vi bare har to meta-populasjoner-laks i Norge (Wennevik et al., 2019), bekrefter betydelig streifing mellom elver og at en elvebestand ikke kan sees som en lukket genetisk populasjon. Pulg et al. (2020) fant at det i enkelte elver var ekstremt høyt innslag av oppdrettsfisk med veldig få effektive gytefisk (<10), og konkluderte med at rømt oppdrettsfisk kan ha høyere suksess i elver der det er få eller ingen villfisk, altså uten nevneverdig konkurranse. Videre hevdes det at små elver på den måten kan fungere som oppformeringsstasjoner for rømt oppdrettsfisk som kan spre seg videre til andre elver (Pulg et al., 2020). Matematisk virker det usannsynlig at streifere fra små elver med høyt oppdrettsinnslag skal kunne ha stor betydning for innkryssing i nærliggende store elver. Selv om rømt oppdrettsfisk som vanligvis ikke ville greid å gyte klarer det i en elv med liten konkurranse, og produserer avkom med lav fitness, vil disse for det første ha høy dødelighet så få av dem vil påvirke neste generasjon. I tillegg vil en elv med få effektive gytefisk ha liten innflytelse på den regionale gen-poolen. Streifing av fisk fra små til store elver vil utgjøre en liten andel av gytefisk i store elver. Det er derfor logisk å se på innkryssing i små elver som et lokalt problem, og innkryssing i store elver som et mer regionalt problem. Dette er anerkjent ved etableringen av nasjonale laksevasdrag, der man systematisk har gitt ekstra vern til et utvalg elver som til sammen utgjør $\frac{3}{4}$ av den norske villaksressursen ved å prioritere elver med store og tallrike bestander (Miljøverndepartementet, 2007).

4 Referanser

- Besnier, F., Ayllon, F., Skaala, Ø., Solberg, M.F., Fjeldheim, P.T., Anderson, K., Knutar, S., Glover, K.A. 2022. Introgression of domesticated salmon changes life history and phenology of a wild salmon population *Evolutionary Applications* 15: 853-864.
- Bolstad, G.H., Hindar, K., Robertsen, G., Jonsson, B., Sægvog, H., Diserud, O.H., Fiske, P., Jensen, A.J., Urdal, K., Næsje, T.F., Barlaup, B.T., Florø-Larsen, B., Lo, H., Niemelä, E. & Karlsson, S. 2017. Gene flow from domesticated escapes alters the life history of wild Atlantic salmon. *Nature Ecology & Evolution* 1: 0124.
- Bolstad, G.H., Karlsson, S., Hagen, I.J., Fiske, P., Sægvog, H., Florø-Larsen, B., Sollien, V.P., Østborg, G., Diserud, O.H., Jensen, A.J., Hindar, K. 2021. Introgression from farmed escapees affects the full life cycle of wild Atlantic salmon. *Science advances* 1: 52.
- Castellani M, Heino M, Gilbey J, Araki H, Svåsand T, Glover KA (2015) IBSEM: An Individual-Based Atlantic Salmon Population Model. *PLoS ONE* 10(9): e0138444. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0138444>
- Diserud, O.H., Fiske, P. & Hindar, K. 2010 Regionvis påvirkning av rømt oppdrettslaks på ville laksebestander i Norge. - NINA Rapport 622. 40 s.
- Fleming, I.A., Hindar, K., Mjølnerød, I.B., Jonsson, B., Balstad, T. & Lamberg, A. 2000. Lifetime success and interactions of farm salmon invading a native population. *Proceedings of the Royal Society of London series B* 267: 1517-1523
- Glover, K.A., Pertoldi, C., Besnier, F., Wennevik, V., Kent, M. & Skaala, Ø. 2013. Atlantic salmon populations invaded by farmed escapees: quantifying genetic introgression with a Bayesian approach and SNPs. *BMC Genetics* 14: 74
- Glover, K.A., Urdal, K., Næsje, T., Skoglund, H., Florø-Larsen, B., Otterå, H., Fiske, P., Heino, M., Aronsen, T., Sægvog, H., Diserud, O., Barlaup, B.T., Hindar, K., Bakke, G., Solberg, I., Lo, H., Solberg, M.F., Karlsson, S., Skaala, Ø., Lamberg, A., Kanstad-Hanssen, Ø., Muladal, R., Skilbrei, O.T. & Wennevik, V. 2019. Domesticated escapees on the run: the second generation monitoring programme reports the numbers and proportions of farmed Atlantic salmon in >200 Norwegian rivers annually. *ICES Journal of Marine Science* 76: 1151-1161
- Hindar, K., Fleming, I.A., McGinnity, P. & Diserud, O. 2006. The genetic and ecological effects of salmon farming on wild salmon: modelling from experimental results. *ICES Journal of Marine Science* 63: 1234-1247
- Karlsson, S., Moen, T., Lien, S., Glover, K. & Hindar, K. 2011. Generic genetic differences between farmed and wild Atlantic salmon identified from a 7K SNP-chip. *Molecular Ecology Resources*, 11 (Suppl 1): 247-253
- Løland, A., Omholt, S. W., Lamberg, A., Kristensen, T., Urke, H. A. og Olsen, Y. 2016. Metodevurdering for registrering rømt oppdrettslaks. NTNU Rapport. ISBN 978-82- 998249-2- 7
- McGinnity, P., Prodöhl, P., Ferguson, A., Hynes, R., Ó Maoiléidigh, N., Baker, N., Cotter, D., O’Hea, B., Cooke, D., Rogan, G., Taggart, J. & 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 Ser. B* 270: 2443-2450.
- Miljøverndepartementet. St.prp. nr. 32 (2006–2007) Om vern av villaksen og ferdigstilling av nasjonale laksevassdrag og laksefjorder.
- Pulg, U., Karlsson, S., Diserud, O., Postler, C., Stranz, S.F., Espedal, E.O., Lennox, R.J. 2020. Laks i sjørettbekker - villaks eller oppdrettslaks? LFI rapport 376, NORCE LFI Bergen.
- Skaala, Ø., Glover, K.A., Barlaup, B.T., Svåsand, T., Besnier, F., Hansen, M.M. & Borgstrøm, R. 2012. Performance of farmed, hybrid and wild Atlantic salmon (*Salmo salar*) families in a natural river environment. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 69: 1994- 2006.
- Solberg, M.F., Glover, K., Skaala, Ø., Stöger, E., Utne, K.R., Wennevik, V., Diserud, O.H., Fiske, P., Hindar, K., Karlsson, S. og Grefsrud, E.S. (red). 2023. Rømt oppdrettslaks – risikovurdering og kunnskapsstatus 2023. Rapport fra havforskningen 2023-5.

- Sylvester, E.V.A., Wringe, B.F., Duffy, S.J., Hamilton, L.C., Fleming, I.A., Castellani, M., Bentzen, P. & Bradbury, I.R. 2019. Estimating the relative fitness of escaped farmed salmon offspring in the wild and modelling the consequences of invasion for wild populations. *Evolutionary Applications* 12: 705-717
- Taranger, G.L., Svåsand, T., Bjørn, P.A., Jansen, P.A., Heuch, P.A., Grøntvedt, R.N., Asplin, L., Skilbrei, O., Glover, K., Skaala, Ø., Wennevik, V. og Boxaspen, K.K. 2012. Forslag til førstegenerasjons målemetode for miljøeffekt (effektindikatorer) med hensyn til genetisk påvirkning fra oppdrettslaks til villaks, og påvirkning av lakselus fra oppdrett på villlevende laksefiskbestander. Rapport fra Havforskningsinstituttet nr. 13 – 2012; Veterinærinstituttets rapportserie Nr. 7-2012.
- Taranger, G.L., Svåsand, T., Kvamme, B.O., Kristiansen, T. & Boxaspen, K.K. (red.) 2014. Risikovurdering norsk fiskeoppdrett 2013. *Fisken og havet, særnummer 2-2014*: 1-158.
- Wacker, S., Aronsen, T., Karlsson, S., Ugedal, O., Diserud, O.H., Ulvan, E.M., Hindar, K. & Næsje T.F. 2021. Selection against individuals from genetic introgression of escaped farmed salmon in a natural population of Atlantic salmon. *Evolutionary Applications* 14: 1450-1460
- Wennevik, V, Quintela, M, Skaala, Ø, Verspoor, E, Prusov, S, Glover, KA. Population genetic analysis reveals a geographically limited transition zone between two genetically distinct Atlantic salmon lineages in Norway. *Ecol Evol.* 2019; 9: 6901– 6921. <https://doi.org/10.1002/ece3.5258>
- Wennevik, V., Ambjørndalen, V.M., Aronsen, T., Bakke, G., Diserud, O., Fiske, P., Fjeldheim, P.T., Florø-Larsen, B., Heino, M., Næsje, T., Skaala, Ø., Stöger, E., Skoglund, H., Solberg, I., Solberg, M.F., Sægrov, H, Tønder, T.S., Urdal, K. og Utne, K.R. 2022. Rømt oppdrettslaks i vassdrag i 2021. Rapport fra det nasjonale overvåkningsprogrammet. Rapport fra havforskningen 2022-21. ISSN: 1893-4536