

## Naturlig seleksjon er en renseprosess

Hindar og rapportfetterne glemte å informere om at den hurtigvoksende hybrid yngelen (kryssinger mellom oppdrettslaks og villaks) utkonkurreres av villaks yngelen i elvene og i senere livsstadier. Formuleringene som var valgt i oppslaget på NINAs hjemmeside og de påfølgende lanseringsintervjuene var egnet til å formidle et inntrykk av at den hurtigvoksende hybrid yngelen vokste fra sine ville konkurrenter og dermed utkonkurrerte villaks yngelen. Det er det motsatte som skjer.

Hybrid yngelen blir utkonkurrert, med det resultatet at andel yngel med oppdrettslaks i slektstreet går ned år for år. Hybrid yngelen har høyere dødelighet i elva enn villaks yngelen. Dette vet vi fordi studier har vist at andelen 1-årig yngel (1<sup>+</sup>) med oppdrettspåvirkning er vesentlig mindre enn i populasjonen av nyklekt og sommer gammel yngel (0<sup>+</sup>), og andel påvirket 2-somrig yngel (2<sup>+</sup>) er i enda mindre grad påvirket. Når smolten er klar til å vandre ut i havet som 3- og 4-åringer har andelen sunket ytterligere. Under beitevandringen i havet har hybridlaks dårligere overlevelse enn villaks, slik at andel hybridlaks i populasjonen av tilbakevandrende laks til kysten 1-3 år senere er enda lavere.

Poenget er at hybridfisken er dårligere tilpasset et liv i naturen (har dårligere *fitness*) og derfor går den til grunne i større grad enn villfisk. Dette kalles naturlig utvalg, og er en renseprosess som luker ut genvarianter (egentlig endrer allelfrekvenser) som gir hybridlaksen en ulempe i kampen for tilværelsen. Dette er altså positivt, og slett ingen ulempe for villaksens framtidsutsikter.

## Genetisk unike laksestammer eksisterer ikke

Hindar tilhører en menighet som faktisk fremdeles tror at hver elv huser en genetisk distinkt populasjon av laks som skiller seg fra alle andre elvestammer på en måte som gjør den stedegne stammen unik for sin hjemmeelv. Realiteten er at villaks streifer til andre elver enn sin egen hjemmeelv og forplanter seg rundt omkring. Slik vises genetiske forskjeller mellom elvestammene ut, og laksen i en gruppe av naboelver blir ganske like hverandre i genetisk forstand. Vi snakker derfor om geografiske regioner som består av metapopulasjoner av laks.

Til tross for dette er grunnlaget for norsk villaksforvaltning tuftet på dogmet om unike genressurser i hver elv. Formålet blir dermed å bevare den genetiske integriteten til hver enkelt elvestamme. Man skal liksom stoppe opp evolusjonære prosesser og støpe en genetisk struktur i aspik, som skal bevares urørt for ettertiden. Dette ser bort fra prosesser som streifing, forsterkningsutsettinger av klekker produsert lakseyngel, genflyt (tilfeldige endringer i DNA), naturlig utvalg og mutasjoner.

Hvis læresetningen om unike genressurser i hver elv faller, så faller også grunnlaget for å måle såkalt genetisk integritet i enkeltelver. Slike målinger er basis for oppfinnelsen av kvalitetsnormen for villaks, som er basert på en sannsynlighetsberegning for at villaksens genom har mottatt DNA fra rømt oppdrettslaks. Sannsynligheter har som kjent stort slingringsmonn.

## Kan rømt oppdrettslaks forplante seg mer effektivt enn villaks?

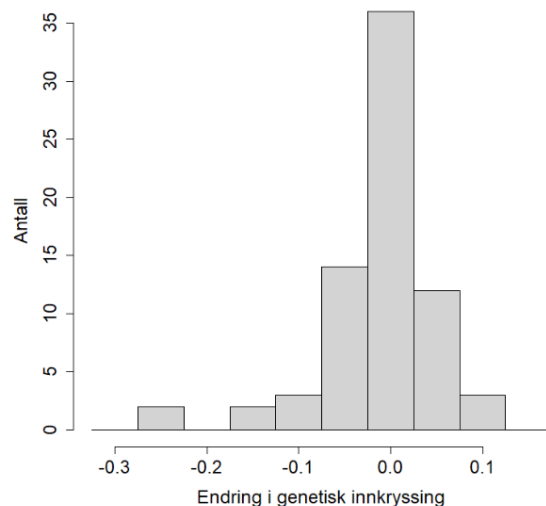
Stammefundamentalistene ser ut til å mene at villaksen ikke greier noe som den langt dårligere tilpassete oppdrettslaksen får til: nemlig å sette et genetisk avtrykk på laksepopulasjonene. Hvis streifende villaks ikke greier å viske ut genetiske forskjeller mellom elvestammene, hvorfor skulle rømt oppdrettslaks med dårligere fitness greie det?

Poenget er at eventuell innkryssing av «oppdrettsgener» i en elvepopulasjon ikke er et fenomen som rammer *populasjonen*, men *individene* som blir avkom etter en rømt hunnlaks som samavler med en vill hannlaks. Rømte hanner greier seg ikke i konkurransen på gyte plassene, og samavler derfor bare i

svært sjeldne tilfeller med villakshunner. Hybridindivider som blir resultatet av samavling har dårligere fitness, og blir gradvis rensket ut av populasjonen, som beskrevet ovenfor.

Det er altså en viss liten prosent av individene i en populasjon som kan bli «genetisk forurenset». Denne prosenten har de siste tiårene blitt mindre og mindre, fordi det er stadig færre rømlinger som overlever til de kommer tilbake til kysten som gytemoden laks. Stadig færre av disse finner veien til ferskvann og vandrer opp i elver, og stadig færre greier seg i konkurransen på gyte plassene. Vi snakker nå om mindre enn 1% innslag av rømt oppdrettslaks i de fleste elvene, og bare en liten andel av disse greier å forplante seg. Det har i praksis utviklet seg en reproduktiv barriere mellom villaks og rømt oppdrettslaks. Dette er en funksjon av at oppdrettslaksen i avlsgenerasjon 10-14 har blitt stadig bedre tilpasset et liv som husdyr, og stadig dårligere tilpasset et liv i naturen.

Stadig færre rømlinger som reproducerer, sammen med naturens egen genetiske renseprosess, vil over tid gjenskape en «genetisk naturtilstand» hos villaksen. Rapportforfatterne har selv beskrevet prosessen i form av figuren nedenfor.



**Figur 5.** Fordelingen til endring i estimert genetisk innkryssing mellom de to siste laksegenerasjonene fra samme vassdrag. Endringen i genetisk innkryssing for et vassdrag er målt som innkryssing i samleprøven fra siste laksegenerasjon minus innkryssingen i samleprøven fra foregående laksegenerasjon.

Forfatterne av rapporten skriver:

*Vi har tilstrekkelig lange og detaljerte tidsserier til å studere utviklingen i genetisk innkryssing av rømt oppdrettslaks på ville laksebestander over tid for 71 av vassdragene. For disse bestandene har vi satt sammen en samleprøve fra siste laksegenerasjon (de siste seks årene med genetiske prøver) og sammenliknet genetisk innkryssing i denne med innkryssingen i en samleprøve fra foregående laksegenerasjon. Figur 5 viser fordelingen for endringen i genetisk innkryssing innen vassdrag; en negativ verdi betyr at siste laksegenerasjon har en lavere estimert innkryssing enn foregående generasjon. For 21 av bestandene ser vi at vi har en endring på mindre enn  $-0,025$ , dvs. en positiv utvikling mot mindre innkryssing. Vi finner tilnærmet ingen endring i genetisk innkryssing ( $\pm 0,025$ ) for nær halvparten av bestandene (35 av 71), mens 15 bestander har en utvikling mot en økt innkryssing i siste laksegenerasjon (endring  $>0,025$ ).*

Den tunge halen på venstre side av stolpen med 0 endring, illustrerer at renseprosessen er i gang. Sammenligningen er altså fra foregående generasjon til den nyeste. Vi kan forestille oss at en

sammenligning av eldre generasjoner med den nyeste ville gitt enda større utslag. En sammenligning med de neste generasjonene vil med stor sannsynlighet bekrefte dette.

I figuren ovenfor er rensingen i gang i 20% av populasjonene, 66% står foreløpig på stedet hvil, og i 14% har det blitt verre. Forverringen skyldes enten at dette er et utvalg elver som fremdeles mottar mange rømlinger, eller at slingringsmonnet i sannsynligheter er stort. Dette er en litt annen fortelling enn elendighetsbeskrivelsen i rapporten og i presseoppslagene. Her legges det vekt på at det er påvist store genetiske endringer i ca 1/3 av elvene, 1/3 har svake til moderate endringer, og 1/3 har ingen genetiske endringer. Og det blir etter sigende stadig verre. Forskjellen på store og svake endringer er statistiske grenser bestemt i et lukket kollegium av forskere, men er sannsynligvis så små at de er uten betydning for bestandsutviklingen.

Det er selvfølgelig et etisk-politisk valg forskerne har gjort når de framstiller saken på denne måten. Uredelig forskningsformidling er et uttrykk som kunne anvendes. Det hadde vært en enkel sak å bruke observasjonene til å skrive en gladmelding om at genetisk forurensing trolig ikke er et like farlig fenomen som tidligere beskrevet.

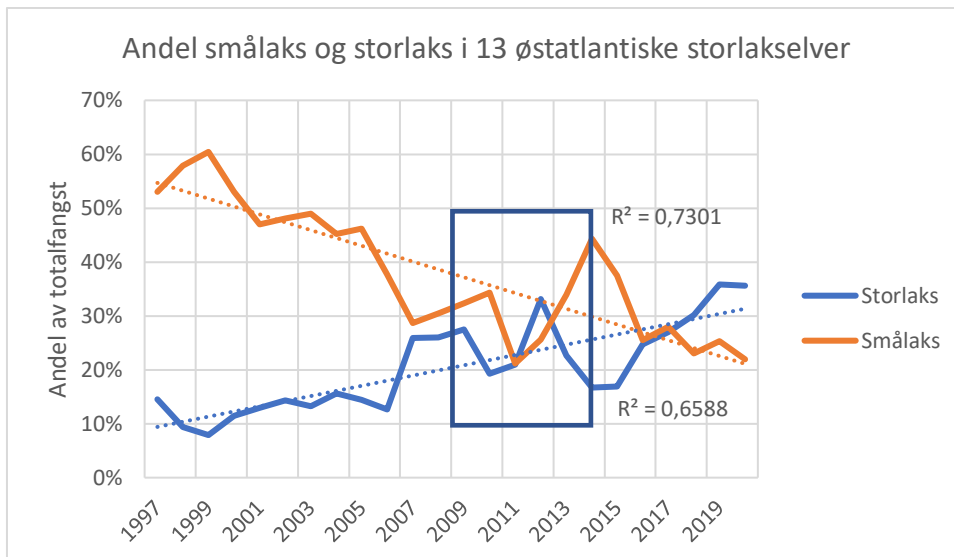
### **Sannhetsbeviset som forduftet**

I 2017 dukket det opp en artikkel publisert i *Nature Ecology and Evolution* som hevder at villaks som er genetisk påvirket av oppdrettslaks har en annen alder og størrelse når den blir kjønnsmoden enn villaks uten oppdrettslaks i slektstreet (Bolstad et al<sup>1</sup>). Ifølge forfatterne vil dette blant annet føre til at det blir færre storlaks i elvene, og at storlakselvene blir mer lik smålakselvene. HIs risikorapport for 2021 henviser til denne artikkelen som bevis på at genetisk påvirkning av villaksen fra rømt oppdrettslaks er negativt for villaksens livshistorieegenskaper (*fitness*). Nå gjentas dette av forskerne bak den nylig publiserte NINA-studien. De påstår altså at økende genetisk påvirkning fra oppdrettslaks gjør at laksen i storlakselvene blir mer lik laksen i smålakselvene, fordi det blir færre av de eldste og største laksene.

Men *faktisk* har det blitt færre smålaks og flere mellom- og storlaks i Bolstad-studiens utvalg av storlakselver. Hva kan da årsaken være til at forskerne kom fram til et *kontrafaktisk* resultat? Bolstad og co brukte data fra 6-årsperioden 2009-2014. Denne perioden er markert med en svart boks i figuren nedenfor, som sammenligner utviklingen i Bolstads østatlantiske storlakselver. Det viser seg da at det i denne avgrensede perioden faktisk var en liten nedgang i storlaks og mellomlaks, og en liten økning i smålaks. Mellomlaks er ikke vist i figuren, for å gi bedre lesbarhet.

---

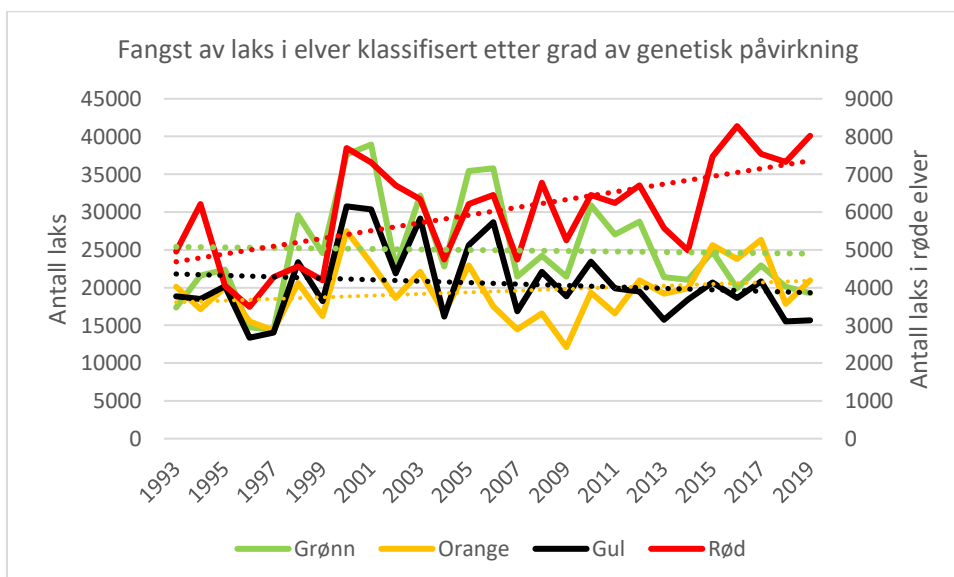
<sup>1</sup> Bolstad, G. H. et al. Gene flow from domesticated escapes alters the life history of wild Atlantic salmon. *Nat. Ecol. Evol.* 1, 0124 (2017) <http://www.nature.com/articles/s41559-017-0124>.



Den langsiktige trenden i 24-årsperioden illustrert i figuren viste motsatt utvikling i forhold til Bolstad-studiens prediksjon. Sammenhengen mellom endret sjøalder og slektskap med oppdrettslaks som studien mente å påvise var et kunstig produkt av den valgte perioden. Bolstad-artikkelen er kritisert i en bloggpost fra 2017<sup>2</sup>, som bl.a. demonstrerte at de statistiske sammenhengene som Bolstad og co mente å påvise var svært svake, og ramlet sammen hvis 10-20 fisk i ytterkanten av punktsvermene ble trukket ut av utvalget på over 4100 laks.

### Forskjellen på individ og populasjon, atter en gang

Naturlig seleksjon luker ut mistilpassete **individer**. Den luker ikke ut **bestander**. Det er derfor vi kan observere bestandsmessig framgang i røde og oransje elver, og uendret status i grønne og gule elver, som vist i figuren nedenfor. Fargekodene er de som er brukt i NINA-artikkelen som omtales her, men gule elver er vist med svart kurve for å gi bedre kontrast til den oransje kurven.



<sup>2</sup> <https://www.aquablogg.no/er-det-sant-at-genetisk-pavirkning-fra-romt-oppdrettslaks-gir-faerre-storlaks-i-elvene/>

Trendlinjene viser at framgangen i 27-årsperioden 1993-2019 var 52% i røde elver, 17% i oransje elver, mens utviklingen var flat i de grønne elvene og gule elver hadde en nedgang på 15%.

### **Konklusjon**

Neste gang bør NINA studere utviklingen av renseprosessen i enkeltelver og metapopulasjoner. Vi kan håpe at de skriver rapporten på en måte som gjør det mulig å finne ut hvilke elver som har kommet langt i rensingen, og eventuelt også om det fremdeles skulle finnes elver der utviklingen er negativ.

Referanse til NINA-rapporten:

Diserud, O.H., Hindar, K., Karlsson, S., Glover, K.A. & Skaala, Ø. 2023. Genetisk påvirkning av rømt oppdrettslaks på ville laksebestander – oppdatert status 2023. NINA Rapport 2393.