

Rømming 2-2015

Spring av rømt oppdrettslaks fanget i Oselva (Molde) høsten 2015

Wennevik, V., Quintela, M., Sørvik, A.G.E., Skaala, Ø., Glover, K.A.

Havforskningsinstituttet, Postboks 1870, Nordnes, 5817 Bergen
17. desember 2015.

Innledning

Denne rapporten beskriver genetiske og statistiske analyser av prøver fra rømt oppdrettslaks innsamlet fra Oselva innerst i Fannefjorden (vassdragsnummer 105.Z) i Møre og Romsdal i perioden 05.10-18.10.2015, samt analyse av prøver fra oppdrettslokaliteter i regionen. Rapporten gir en sannsynlighetsvurdering av muligheten for at den rømte laksen stammer fra disse anleggene, basert på DNA-analysene. Undersøkelsen ble initiert av Fiskeridirektoratet på bakgrunn av opplysninger om fangst og observasjon av mye rømt laks i Oselva etter avslutning av høstfiske i elva. Informasjonen som ble mottatt tydet på at fisken kunne stamme fra en nylig rømming i området.

Materiale og metode

Materiale

Rømt oppdrettslaks:

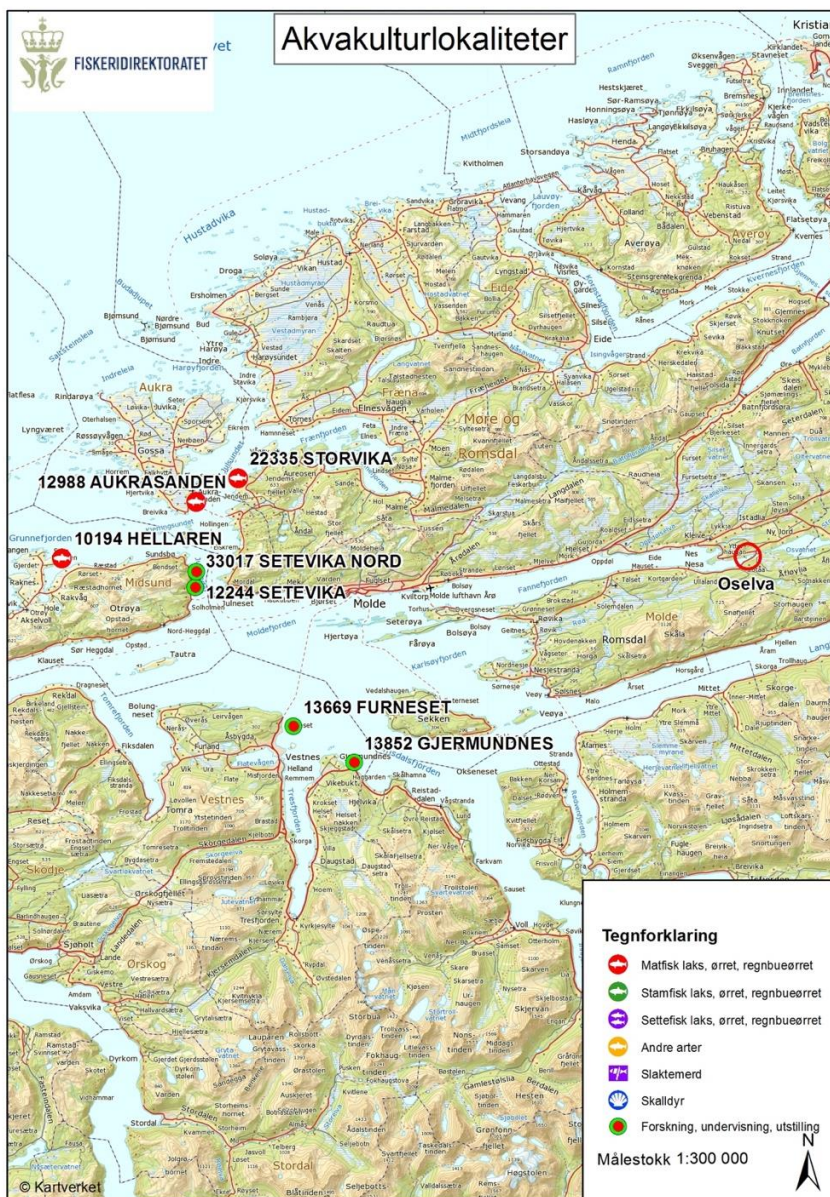
Prøver av rømt fisk ble samlet inn av lokale fiskere. Den rømte laksen var relativt homogen i størrelse (med en del unntak) og ble samlet inn i et begrenset tidsrom, noe som indikerer at individene kunne ha opphav i en større rømmingsepisode.

Totalt ble det samlet inn prøver av 52 laks som ble antatt å være rømt oppdrettslaks basert på ytre kjennetegn. To av disse laksene ble fanget i Fannefjorden, mens resten ble fanget i ulike deler av Oselva. (Vedlegg 1). For alle innsamlede individ foreligger det registreringer av lengde og vekt (Vedlegg 1). Gjennomsnittsvekt for de rømte laksene var 3588 g, varierende fra 600 g til 7000 g. Skjellprøver ble også tatt av alle individene. Prøvene fikk samlenavn: RF, med individ nr: 2-15RF1 til 2-15RF52.

Referanseprøvene (baseline) fra anleggene:

Prøver av oppdrettslaks ble samlet inn fra de av anleggene i området som hadde fisk av tilsvarende størrelse som de rømte fiskene (Tabell 1). Det ble til sammen tatt 567 prøver av laks fra 15 merder på 7 anlegg, og alle disse prøvene ble gitt en entydig nummerering (Tabell 1). For anlegg 1 og anlegg 2 var det ikke mulig å hente prøver

fra merdene, da fisken allerede var slaktet ut på innsamlingstidspunktet. Det ble derfor benyttet skjellprøver innsamlet ved smoltutsett av Veterinærinstituttet for sporstoffprosjektet. Det foreligger ikke prøver fra 2E. Antallet prøver fra disse merdene var begrenset (fra 10-30). Fra de andre anleggene ble det samlet inn prøver av ca 47 fisk fra aktuelle merder. Prøvene 3A, 3B, 3C og 4A ble samlet fra fisk under slakting. Det ble ikke samlet inn prøver fra merd 5D da fisken i denne ble oppgitt å være fra samme smoltleveranse som 4B. Prøvene fra anleggene refereres til som "baselineprøvene" og representerer mulige opphav til de rømte fiskene. Alt materialet ble samlet av Fiskeridirektoratet og overlevert Havforskningsinstituttet 16.11.2015.



Figur 1 Kart som viser Oselva, og plassering av oppdrettsanlegg hvor det er tatt prøver til sporingsanalyse

Genotyping av DNA-markører

DNA analyser ble utført i Molekylærbiologisk laboratorium ved Havforskningsinstituttet i Bergen i tidsrommet 16.11.15 - 24.11.15. DNA ble isolert fra skjellprøver eller fettfinner med Qiagen DNeasy isoleringskit, og 16 DNA markører ble analysert for alle individ. Analysene ble utført i henhold til protokollen for sporing av rømt oppdrettslaks ved Havforskningsinstituttet (Glover et al., 2008).

Etter DNA-ekstraksjon og analyse av genetiske markører, ble prøver med dårlige/svake resultater kjørt om igjen slik at brukbare data kunne hentes ut av flest mulig prøver. Etter omkjøring ble alle prøver med akseptable resultater for mindre enn 12 av de 16 markørene forkastet før videre analyse. Noen få prøver ble også forkastet fordi de var forurenset, dvs. det var spor i prøven av DNA fra mer enn ett individ. Det var også noen (8) triploide individer i prøvene fra anleggene, og disse ble ikke benyttet. Totalt ble 14 av de 52 rømte fiskene utelukket fra datasettet av ulike årsaker (forurenset prøve, duplisert prøve, triploid, dårlig DNA kvalitet, tom skjellkonvolutt) før videre analyser (Vedlegg 1).

Statistiske metoder

Genetisk forskjell mellom individer, og mellom samleprøver av individ, kan undersøkes ved hjelp av flere ulike statistiske teknikker. Et mye benyttet mål på genetisk differensiering mellom samleprøver av individ (for eksempel mellom populasjoner, eller mellom grupper) er F_{ST} . F_{ST} er et mål for genetisk distanse, jo høyere verdi, jo større distanse og jo større genetisk forskjell mellom prøvene. Parvis F_{ST} mellom alle prøver ble beregnet i programmet ARLEQUIN. Det ble også foretatt en analyse av parvis F_{ST} hvor prøvene fra anlegg 1 og 2 ble slått sammen, fordi det var svært små prøver fra de enkelte merdene i disse anleggene.

Genetisk diversitet i prøvene, målt som antall alleler og "allelic richness" ble beregnet ved hjelp programmet GENALEX (Tabell 4).

Videre ble genetisk struktur og clustering av individer i grupper analysert i programmet STRUCTURE 2.3.4. En strukturanalyse (Figur 2) viser genetisk likhet mellom prøvene basert på individuelle data (i motsetning til F_{ST} som viser forskjell i gjennomsnitt for prøvene). Analysen beregner tilhørighet for alle individer til et forhåndsdefinert sett av clusterer (genetiske grupper). Hver genetisk gruppe blir i figurene angitt med en farge. Analysen tar høyde for at en samlet prøve evt. kan bestå av fisk med forskjellige opphav (både genetisk blanding dvs. krysninger mellom grupper og fysisk blanding). Strukturanalysen kjøres for et varierende antall forhåndsdefinerte clusterer og utfra resultatene finner det antall clusterer som best beskriver det aktuelle datasettet.

Muligheten for å kunne bruke genetiske metoder for å identifisere opphavet til rømt fisk øker med den genetiske forskjellen mellom baselineprøvene. En genetisk tilordningsanalyse ble utført ved hjelp av programmet GeneClass. Genetisk tilordning ble simulert mellom de ulike baselineprøvene fra oppdrettsanleggene, for å teste om det var tilstrekkelig genetisk forskjell mellom baselineprøvene til å kunne identifisere de rømte fiskene. Graden av genetisk differensiering mellom baseline-prøvene (målt som F_{ST} verdi) og potensialet for genetisk tilordning er tett koblet.

Videre identifisering av opphavet til den rømte fisken ble gjennomført ved to metoder. 1) Direkte tilordning til baselineprøvene, og 2) Ekskludering fra baselineprøver på signifikansnivå 0,001 og 0,05. Direkte tilordning plasserer et individ i den baseline-prøven som er genetisk mest lik (uansett absolutt grad av likhet).

Direkte tilordning tar ikke med i betraktningen at ikke alle kilder som teoretisk sett kan ha gitt opphav til rømlingene er representert i datamaterialet, dvs. alle individer tilordnes en av baselineprøvene som er representert i datamaterialet selv om de med lav sannsynlighet kan ha sitt opphav i en rømming som har skjedd langt unna. Følgelig er det viktig å få et mål for genetisk likhet mellom den rømte fisken og baselineprøvene. Dette oppnår man ved ”Eksklusjons basert simulering” kalkulert for ulike grader av sannsynlighet. Denne metoden ekskluderer hvert individ i tur og orden fra hver av baselineprøvene ut fra sannsynligheten for at et gitt individ tilhører baselineprøven.

Det er viktig å merke seg at disse metodene beregner sannsynlighet for at den rømte laksen har opphav i anleggene det er samlet inn prøver fra, eller sannsynlighet for at den ikke har opphav i disse. Disse testene kan likevel ikke utelukke at noen eller alle de undersøkte rømlingene i området teoretisk sett kan ha opphav i ett eller flere anlegg utenfor det undersøkte området, eller i de merdene som det ikke ble tatt prøver fra i forbindelse med denne episoden, og som derfor ikke inngår i baseline-materialet.

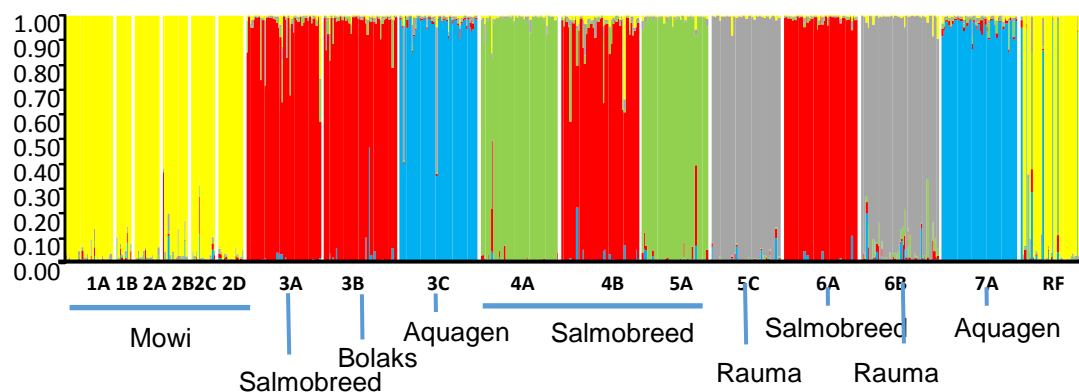
Resultater og diskusjon

Genetisk differensiering mellom prøvene

De minste genetiske forskjellene ble observert mellom ulike prøver fra anlegg 2 (Tabell 2). Den genetiske forskjellen mellom prøve 2A og 2B målt som F_{ST} var faktisk 0, noe som stemmer med opplysninger om at disse begge stammet fra samme smoltgruppe. Forskjellen mellom de to prøvene fra anlegg 1 (1A og 1B) var noe større. Det er imidlertid viktig å merke seg at antallet individer i prøvene fra anlegg 1 og 2 var svært små, noe som gir begrenset presisjon i bestemmelsen av genetiske forskjeller mellom prøvene fra disse to anleggene. Ved de andre anleggene hvor det var samlet inn flere prøver (4, 5 og 6) var forskjellene mellom prøvene større.

For prøven av rømt fisk ble det observert minst genetisk distanse i sammenlikningen med prøve 2B og prøve 2C. Det var generelt lave F_{ST} verdier også mot de andre prøvene fra anlegg 1 og 2. F_{ST} verdiene mot prøver fra anleggene 3-7 var langt høyere, noe som indikerer at mesteparten av den rømte fisken var av samme stamme som fisken i anlegg 1 og 2 (Mowi-stamme). I analysen hvor prøvene fra anlegg 1 og 2 var slått sammen fant vi at F_{ST} -forskjellen var minst sammenliknet med anlegg 2, og forskjellene mellom rømt fisk og anlegg 1 og 2 var klart mindre enn forskjellene målt mot de andre anleggene (Tabell 3).

Analysen av genetisk diversitet i prøvene (Tabell 4 viste at antall alleler (varianter i de genetiske markørene) var noe lavere i anlegg 1 og 2 sammenliknet med de andre anleggene. Den genetiske diversiteten i den samlede prøven av rømt fisk var høyere enn i noen av prøvene fra anleggene (Tabell 4). Dette indikerer at prøven av rømt fisk er sammensatt av individer fra flere rømmingsepisoder, noe som også spredningen i vekt tyder på.



Figur 2 Strukturdiagram som viser hvordan laks fra ulike merder og anlegg fordeler seg i fem ulike genetiske grupper, og hvilke anlegg de rømte fiskene (RF) ligner på.

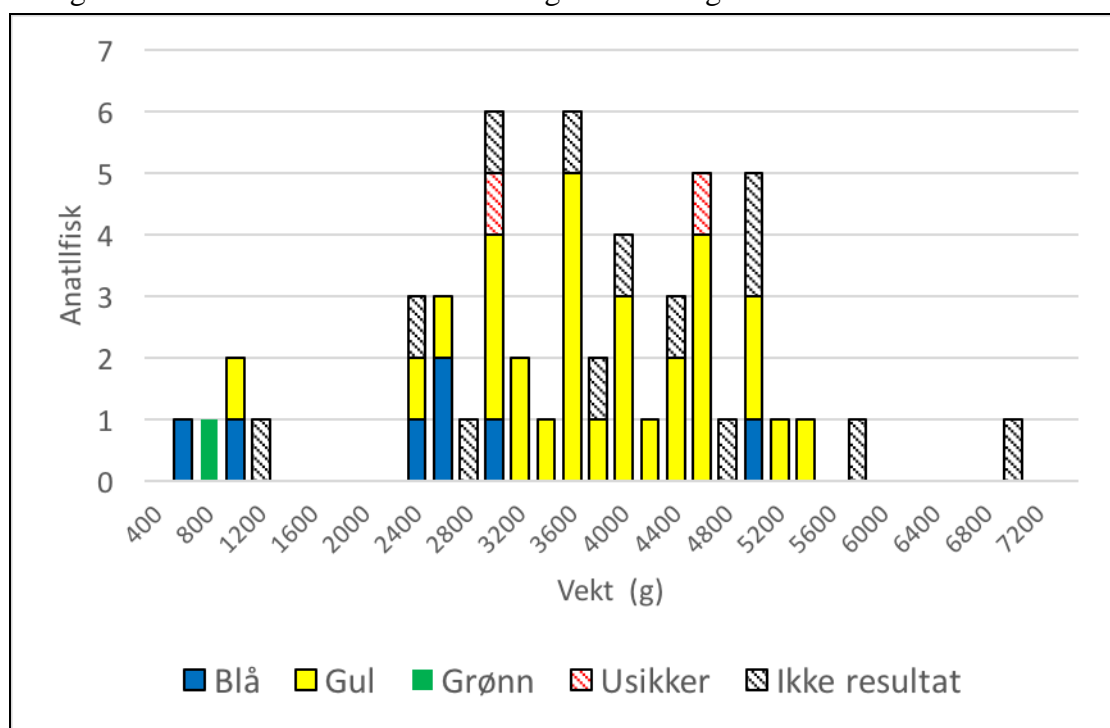
Resultatene fra strukturanalysen støtter i hovedtrekk resultatene fra F_{ST} estimatene som er beskrevet over, men gir samtidig mer detaljert informasjon. Prøvene fra anleggene deler seg i fem grupper og i Figur 2 er disse markert med fargene gult, rødt, blått, grønt og rosa, som representerer ulike genetiske grupperinger, som i hovedsak svarer til de genetiske linjene. Anlegg med Mowi, Aquagen og Rauma-stamme framstår som homogene innad i anlegg, og mellom anlegg. Prøvene 4A og 4B splittes her i to ulike genetiske grupper, selv om begge er oppgitt å være av Salmobreed-stamme. De kommer imidlertid fra ulike rogn- og smoltleverandører. F_{ST} -analysen viste også relativt store forskjeller mellom disse to prøvene.

Gruppen av rømt fisk framkommer i denne analysen som en blanding av flere farger, men er imidlertid sterkt dominert av gult, med enkelte blå individer og noen få grønne. Dette er en klar indikasjon på at hovedmengden av den rømte fisken er av

samme genetiske gruppe som fisken i anlegg 1 og 2 (Mowi), selv om enkelte individer ser ut til å ha en annen genetisk bakgrunn.

Strukturanalyse er også en form for genetisk tilordning. Strukturanalysene klassifiserer de rømte individene i forhold til et antall valgte kategorier, med en angitt "andel av genomet" tilhørende hver av kategoriene (Vedlegg 1). I dette tilfellet er det definert fem kategorier. For de fleste fiskene vil en av de fem kategoriene være dominerende, mens enkelte individ framstår som en blanding mellom ulike kategorier. I Figur 2 vil slike individ være karakterisert ved at søylen som representerer individet består av flere farger.

Hvis vi sammenholder resultatene fra STRUCTURE med størrelsesfordelingen av den rømte fisken (Figur 3) ser vi at hovedmengden av individene er "gule" individer (Mowi-stamme). Det er også individer med avvikende størrelse i begge ender av histogrammet. Disse har til dels en annen genetisk bakgrunn.



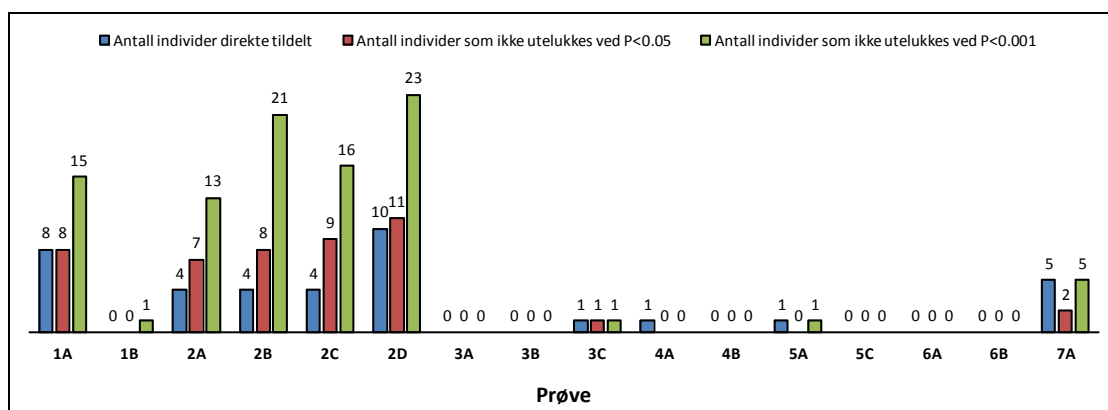
Figur 3 Størrelsesfordelingen av de rømte fiskene, klassifisert i de ulike genetiske gruppene. Fargene brukt her tilsvarer fargene på de ulike genetiske linjene som framkommer i figur 2 (strukturdiagrammet)

Simulering av genetisk tilordning (assignment) mellom prøvene

I gjennomsnitt var graden av selv-tilordning (self-assignment) mellom baselineprøvene 65,7 %. Dette betyr at 360 av 548 individer fra disse 6 baseline prøvene ville blitt riktig identifisert tilbake sin opprinnelige kilde (merd) ved bruk av genetisk informasjon. Dette er for upresist til å bestemme opphavet til rømt fisk basert

på denne typen analyse alene. Men når vi ser på individer som ble feil tilordnet så ser vi at alle ble tilordnet til et anlegg med fisk av samme genetiske linje. Og for anlegg 1 ble alle individene korrekt tilordnet riktig prøve, for anlegg 2 ble en del individer tilordnet til feil prøve (merd), men fra samme anlegg.

Identifisering av den rømte fisken



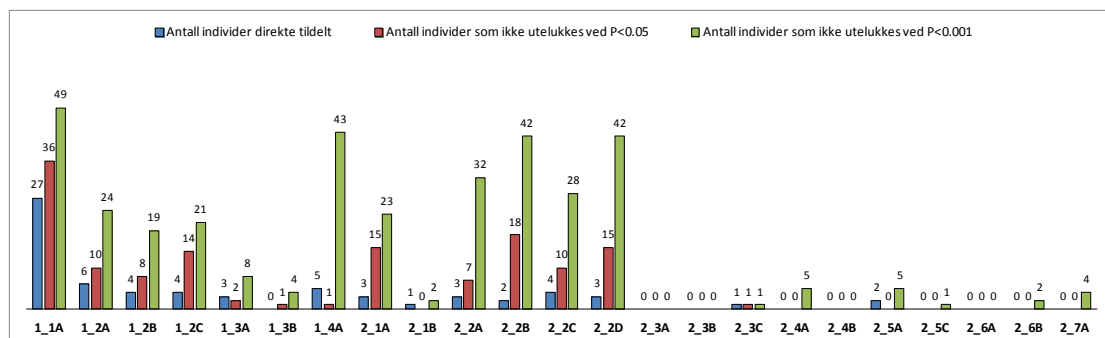
Figur 4 Direkte tilordning av rømte individer til anlegg (blå søyler). Antall fisk som *ikke* kan ekskluderes fra det anlegget ved sannsynlighetsnivå 0.05 (røde søyler) og sannsynlighetsnivå 0.001 (grønne søyler).

Som det framgår av Figur 4, ble den rømte fisken i analysen i GENECLASS tilordnet til flere av prøvene fra anlegg 1 og anlegg 2. Noen få individer ble også tilordnet anlegg 7, og anlegg 3 og 5. Som strukturanalysen også viste så ser hovedmengden av den rømte fisken ut til å tilhøre samme genetiske gruppe som fisken i anlegg 1 og 2, dvs. Mowi-stamme. Anleggene 3, 4, 5, 6 og 7 kan ut fra denne analysen utelukkes som hovedkilde til den rømte fisken. Det er imidlertid vanskelig å skille mellom de ulike prøvene fra anlegg 1 og 2. Både tilordnings- og eksklusjonsverdier er relativt like mellom prøvene, selv om noe mer fisk tilordnes 2D enn de andre prøvene. Mange av disse prøvene bestod av svært få fisk og dette vil påvirke presisjonen i analysen. Det er også opplyst at det mangler prøver fra én merd ved anlegg 2. Basert på denne analysen kan det fastslås med relativt høy grad av sikkerhet at hovedmengden av den rømte fisken er av Mowi-stamme og at vi ikke kan utelukke anlegg 1 og 2 som kilde til den rømte fisken.

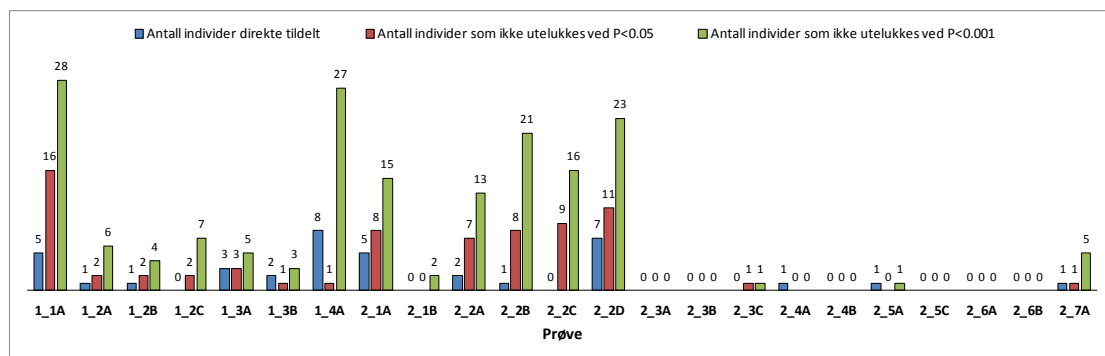
Som en tilleggsundersøkelse har vi sett på om det kan være en sammenheng mellom denne saken og den tidligere rapporterte sak 1-2015, hvor hovedmengden av den rømte fisken også var av Mowi-stamme. De to elvene Ørstaelva og Oselva ligger også relativt nær hverandre, og tidsrommet for fangst av den rømte fisken er til dels overlappende. Vi gjennomførte derfor to ekstra tilordningsanalyser:

- Vi analyserte tilordning av rømt fisk fra sak 1-2015 mot en baseline bestående av alle prøver anlegg i sak 1-2015, inkludert ekstra prøve fra anlegg 1-4A, og sak 2-2015
- Vi analyserte tilordning av rømt fisk fra sak 2-2015 mot en baseline bestående av alle prøver anlegg i sak 1-2015, inkludert ekstra prøve fra anlegg 1-4A, og sak 2-2015

Resultatene fra disse analysene er vist i figur 5 og 6 nedenfor.



Figur 5 Tilordning av rømt fisk fra sak 1-15 til baselineprøver fra sak 1-2015 og 2-2015



Figur 6 Tilordning av rømt fisk fra sak 2-2015 til baselineprøver fra sak 1-5 og 2-15

Som det framgår av figur 5 endrer ikke de ekstra baseline-prøvene i analysen bildet av at prøve 1_1A ser ut til å være hovedkilden til de rømte fiskene i Ørstaelva (sak 1-2015). For de rømte fiskene i Osaelva (denne saken = 2-2015) fører de ekstra baseline-prøvene til at tilordningen nå spres på flere prøver, alle med genetisk linje Mowi. Det er fortsatt ikke mulig å peke på en hovedkilde til de rømte fiskene. Dette kan, som tidligere nevnt, ha sammenheng med det begrensede antallet baseline-prøver fra anlegg 1 og 2 i sak 2-2015, eller at fiskene stammer fra et anlegg med Mowi-stamme som ikke er inkludert i denne undersøkelsen.

Konklusjoner

En kombinasjon av DNA og statistisk analyser demonstrerer med høy grad av sikkerhet at de fleste (79%) rømte fisk i denne saken er av Mowi stamme. Dermed kan det med stor grad sikkerhet utelukkes at anlegg 3-7 er hovedkilde til de rømte fiskene i denne saken. Det er midlertidig ikke mulig å fastslå med sikkerhet om den rømte fisken av Mowi stamme har sitt opphav i anlegg 1 eller 2, en kombinasjon av disse to anleggene, eller evt. fra et annet anlegg med fisk av Mowi- stamme utenfor samplingsområdet.

- De rømte fiskene ble fanget i begrenset tid og rom, men det var stor spredning i størrelse, og flere genetiske grupper, noe som demonstrerer at det var rømt fisk fra flere rømmingsepisoder i elva. Mesteparten (79%) var likevel av Mowi stamme.
- Det er svært stor grad av genetisk likhet mellom prøvene fra anlegg 1 og 2. I tillegg er det begrensede prøvestørrelser fra anlegg 2. Med så små prøvestørrelser fanges ikke all genetisk variasjon opp, og analysen blir mindre presis. På grunn av disse to faktorene i kombinasjon, er det ikke mulig å utpeke et enkelt anlegg som opphav til de fleste rømte fiskene, eller fastslå om det har skjedd rømming fra mer enn et anlegg med Mowi stamme
- Denne saken må sees i sammenheng med sak 1-2015 der fisk av Mowi stamme også dominerte fangstene i Ørstaelva som ligger i geografisk nært. Det er ikke mulig å utelukke at det er noe overlapp mellom disse sakene. Det er likevel viktig å påpeke at konklusjonene i sak 1-2015 er uforandret.

Tabell 1. Oversikt over prøvene samlet inn fra anlegg i området i forbindelse med rømmingsepisode 2-2015.

* Prøvene fra lokalitet Storvika og Aukrasanden, samt en gruppe fra Setevika er utlånt av Veterinærinstituttet og styringsgruppa i sporstoffprosjektet. Viser her til avtale med Øyvind Oaland (Marine Harvest), Alf Jostein Skjærvik (Salmar) og Kjetil Skår (Veterinærinstituttet). Prøvene fra Storvika og Aukrasanden er tatt på matfiskanlegget, prøvene fra Setevika er tatt på settefiskanlegget. Disse prøvene er skjellprøver. Resterende referanseprøver er fettfinner. **Fettfinner fra fersk dødfisk. *** Fettfinner tatt av personal på Vikenco slakteri.

HI nr	Prøve	Antall prøver	Selskap	Lokalitet	Merd	Innsamlet	Vekt	Smoltleverandør	Dato utsatt / levert brønnbåt	Rognleverandør	Rogninnlegg dato	Genetisk linje
2-151A	1A	35	Marine Harvest	22335 Storvika	(4, 5, 6, 7, 8, 9)	05.08.14 *	4,2	Rovde	03.04.2014	BLU-Tveitevåg	23.10.2012	Mowi
2-151B	1B	10	Marine Harvest	22335 Storvika	(1, 3,)	05.08.14 *	3,6	Haukå	24.06.2014	BLU-Tveitevåg	23.11.2012	Mowi
2-152A	2A	15	Marine Harvest	12988 Aukrasanden	1 (ved utsett)	12.08.14 *	4 (juni)	Dalsfjord 141	05-07.04.14	BLU-Tveitevåg	04.10.2012	Mowi
2-152B	2B	15	Marine Harvest	12988 Aukrasanden	2 (ved utsett)	12.08.14 *	4 (juni)	Dalsfjord 141	05-07.04.14	BLU-Tveitevåg	04.10.2012	Mowi
2-152C	2C	15	Marine Harvest	12988 Aukrasanden	3 (ved utsett)	12.08.14 *	4	Dalsfjord 142	04.05.14	BLU-Tveitevåg	14.11.2012	Mowi
2-152D	2D	15	Marine Harvest	12988 Aukrasanden	4 (ved utsett)	12.08.14 *	4,1	Dalsfjord 143	27.05.14	BLU-Tveitevåg	14.11.2012	Mowi
	2E mangler		Marine Harvest	12988 Aukrasanden	9 (ved utsett)	nei	3,7	Dalsfjord 144	20.06.2014	BLU-Tveitevåg	14.11.2012	Mowi
2-153A	3A	47	Salmar Organic	13852 Gjermundnes	12, 24	27.10.15 **	5	Villa Smolt	24.08.14	Bolaks/Salmobreed	28.02.13	Salmo Breed
2-153B	3B		Salmar Organic	13852 Gjermundnes	22, 23	27.10.15 **	4,1	Villa Smolt	10.10.14	Bolaks/Salmobreed	28.02.13	Bolaks
2-153C	3C	47	Salmar Organic	13852 Gjermundnes	14	27.10.15 **	3,9	Hjelvik settefisk	13.08.14	Aquagen	10.10.13	Aquagen
2-154A	4A	47	Salmar Organic	33017 Setevika Nord	11	27.10.15 ***	5,3	Rauma Eik as	25.04.14	Erfjord Stamfisk	07.03.13	Salmo Breed
2-154B	4B	47	Salmar Organic	33017 Setevika Nord	25	03.11.15 ***	5,7	Villa Smolt	11.06.14	Salmobreed Mjånes	28.02.13	Salmo Breed
2.155A	5A	47	Salmar Organic	12244 Setevika	24	22.10.15 ***	5,8	Rauma Sætre as	08.05.14	Erfjord Stamfisk	07.03.13	Salmo Breed
2-155C	5C	47	Salmar Organic	12244 Setevika	22, 25	24.06.14 *	4,7	Rauma Sætre as	27.06.14	Rauma Stamfisk, Reistad	10.04.2013	Rauma
	5D tilsvarer 4B		Salmar Organic	12244 Setevika	14,24, 25	03.11.15 ***	5,2	Villa Smolt as	11.06.14	Salmobreed Mjånes	28.02.13	Salmo Breed
2-156A	6A	47	Salmar Organic	13669 Furneset	23	03.11.15	2,4	Namdal Settefisk as, Villa Smolt	07.11.14	Bolaks as	07.05.13	Salmo Breed
2-156B	6B	47	Salmar Organic	13669 Furneset	12	03.11.15	2,8	Rauma Sætre as	08-09.09.14	Rauma Stamfisk	03.01.14	Rauma
2-157A	7A	47	Øylaks as	10194 Hellaren	3	27.10.15 ***	5	Sande Settefisk	16.05.14	Aquagen	16.01.13	Aquagen

Tabell 2. Genetisk relasjon mellom prøvene. Parvise F_{ST} verdier under diagonalen og P verdier over diagonalen. P verdi <0.05 betyr at prøvene er statistisk signifikant forskjellige til hverandre. Beregnet i Arlequin med 9999 permuteringer.

	1A	1B	2A	2B	2C	2D	3A	3B	3C	4A	4B5D	5A	5C	6A	6B	7A	RF
1A	****	0.0000	0.0128	0.0693	0.0617	0.1942	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
1B	0.0444	****	0.0006	0.1886	0.0000	0.0077	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0006
2A	0.0132	0.0379	****	0.5051	0.0604	0.0059	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0018
2B	0.0070	0.0052	0.0000	****	0.1525	0.2046	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.4214
2C	0.0073	0.0434	0.0100	0.0045	****	0.0304	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0796
2D	0.0037	0.0231	0.0217	0.0039	0.0126	****	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0173
3A	0.0999	0.1075	0.0947	0.0764	0.0917	0.0992	****	0.0071	0.0000	0.0000	0.0761	0.0000	0.0000	0.0022	0.0000	0.0000	0.0000
3B	0.1022	0.1039	0.1010	0.0810	0.0878	0.1005	0.0081	****	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0041	0.0000	0.0000	0.0000
3C	0.1012	0.1141	0.0910	0.0785	0.0847	0.0994	0.0732	0.0725	****	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
4A	0.1093	0.1208	0.0992	0.0823	0.1091	0.1072	0.1061	0.1060	0.1389	****	0.0000	0.0369	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
4B5D	0.0921	0.1069	0.0870	0.0711	0.0927	0.0952	0.0037	0.0221	0.0843	0.0957	****	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
5A	0.1055	0.1131	0.0969	0.0794	0.1033	0.1054	0.0926	0.0911	0.1278	0.0044	0.0829	****	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
5C	0.1167	0.1099	0.1180	0.0958	0.1125	0.1131	0.1121	0.1062	0.1048	0.1646	0.1180	0.1551	****	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
6A	0.1149	0.1227	0.1098	0.0917	0.1059	0.1162	0.0115	0.0101	0.0745	0.1156	0.0254	0.1035	0.1190	****	0.0000	0.0000	0.0000
6B	0.1068	0.0901	0.0954	0.0735	0.0992	0.0997	0.0731	0.0704	0.0916	0.1025	0.0715	0.0920	0.0686	0.0807	****	0.0000	0.0000
7A	0.0975	0.1090	0.0968	0.0768	0.0865	0.0932	0.0785	0.0826	0.0534	0.1083	0.0848	0.1063	0.1212	0.0861	0.1002	****	0.0000
RF	0.0172	0.0288	0.0157	0.0003	0.0066	0.0123	0.0680	0.0693	0.0727	0.0777	0.0647	0.0723	0.0907	0.0847	0.0713	0.0584	****

Tabell 3. Parvise F_{ST} verdier (genetisk distanse – nede til venstre), og tilhørende P-verdier (oppe til høyre) mellom baselineprøvene fra anleggene samt de rømte fiskene. Enkeltpøver fra anlegg 1 og 2 er slått sammen

	1	2	3A	3B	3C	4A	4B	5A	5C	6A	6B	7A	RF
1	****	0.2592	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
2	0.0009	****	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0035
3A	0.0954	0.0887	****	0.0081	0.0000	0.0000	0.0784	0.0000	0.0000	0.0014	0.0000	0.0000	0.0000
3B	0.0967	0.0917	0.0081	****	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0067	0.0000	0.0000	0.0000
3C	0.0984	0.0871	0.0732	0.0725	****	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
4A	0.1049	0.0960	0.1061	0.1060	0.1389	****	0.0000	0.0399	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
4B	0.0887	0.0836	0.0037	0.0221	0.0843	0.0957	****	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
5A	0.0995	0.0917	0.0926	0.0911	0.1278	0.0044	0.0829	****	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
5C	0.1078	0.1061	0.1121	0.1062	0.1048	0.1646	0.1180	0.1551	****	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000
6A	0.1101	0.1033	0.0115	0.0101	0.0745	0.1156	0.0254	0.1035	0.1190	****	0.0000	0.0000	0.0000
6B	0.0968	0.0907	0.0731	0.0704	0.0916	0.1025	0.0715	0.0920	0.0686	0.0807	****	0.0000	0.0000
7A	0.0939	0.0865	0.0785	0.0826	0.0534	0.1083	0.0848	0.1063	0.1212	0.0861	0.1002	****	0.0000
RF	0.0129	0.0065	0.0680	0.0693	0.0727	0.0777	0.0647	0.0723	0.0907	0.0847	0.0713	0.0584	****

Tabell 4. Oppsummeringsstatistikk for baselineprøvene og for de rømte fiskene (RF).

Prøve	Antall individer	Alleler	AR	Ho	Avvik HWE (0.05)	Avvik LD (0.05)
1A	29	103	5.11	0.721 ± 0.046	0	23
1B	9	73	4.56	0.708 ± 0.043	1	2
2A	15	98	5.35	0.713 ± 0.051	0	6
2B	15	104	5.63	0.792 ± 0.038	0	14
2C	15	98	5.33	0.746 ± 0.057	0	8
2D	15	105	5.66	0.708 ± 0.051	1	2
3A	45	125	5.48	0.740 ± 0.039	0	38
3B	44	113	5.37	0.756 ± 0.036	2	55
3C	47	119	5.75	0.766 ± 0.040	2	70
4A	47	112	5.26	0.766 ± 0.047	0	66
4B5D	47	119	5.36	0.714 ± 0.041	0	60
5A	40	112	5.31	0.763 ± 0.041	1	62
5C	42	121	5.34	0.722 ± 0.049	0	26
6A	45	105	5.19	0.723 ± 0.045	0	80
6B	47	137	5.86	0.852 ± 0.026	1	102
7A	46	138	6.06	0.783 ± 0.050	0	34
RF	38	155	6.41	0.743 ± 0.041	1	34