



HAVFORSKNINGSINSTITUTTET
INSTITUTE OF MARINE RESEARCH





Genetiske interaksjoner: Kunnskapsstatus og innblanding av oppdrettsfisk i elvene

Kevin A. Glover

Ø. Skaala, V. Wennevik

G.L. Taranger og T. Svåsand



HAVFORSKNINGSINSTITUTTET
INSTITUTE OF MARINE RESEARCH

Bakgrunn

- Norge er verdens største produsent av atlantisk laks
 - Nærmere 1 million tonn i 2010
- Mange av de ville laksebestandene finnes i Norge
 - Mange ville bestander på "historisk lavt nivå"
 - Norge har et "særlig ansvar" for å bevare disse
- Rømming er et stort miljøproblem
 - 921 000 rømt laks rapportert i 2006
 - >50 % rømt laks i enkelte elver
- **Er dette bærekraftig og hva er "tålegrensen"?**



Kunnskapsstatus – hva vet vi...

1. Laksebestander er genetisk differensiert – lokal tilpasning
2. Andel rømt fisk i mange elver er betydelig høyere enn naturlig feilvandring (streifing)
3. Økt feilvandring (rømt fisk og naturlig streifing) vil endre den populasjonsgenetiske strukturen hos villaks
4. Rømt oppdrettslaks kan krysse seg med villaks (lavere suksess)
5. Oppdrettslaks er domestisert og er annerledes enn villaks
6. Avkom fra oppdrettslaks har redusert overlevelsen i naturen sammenlignet med villaks (basert på to empiriske studier og data fra kultivering)
7. Det er dokumentert at rømt oppdrettslaks har forårsaket genetiske forandringer i noen studerte bestander (målt med molekylær-genetiske markører)

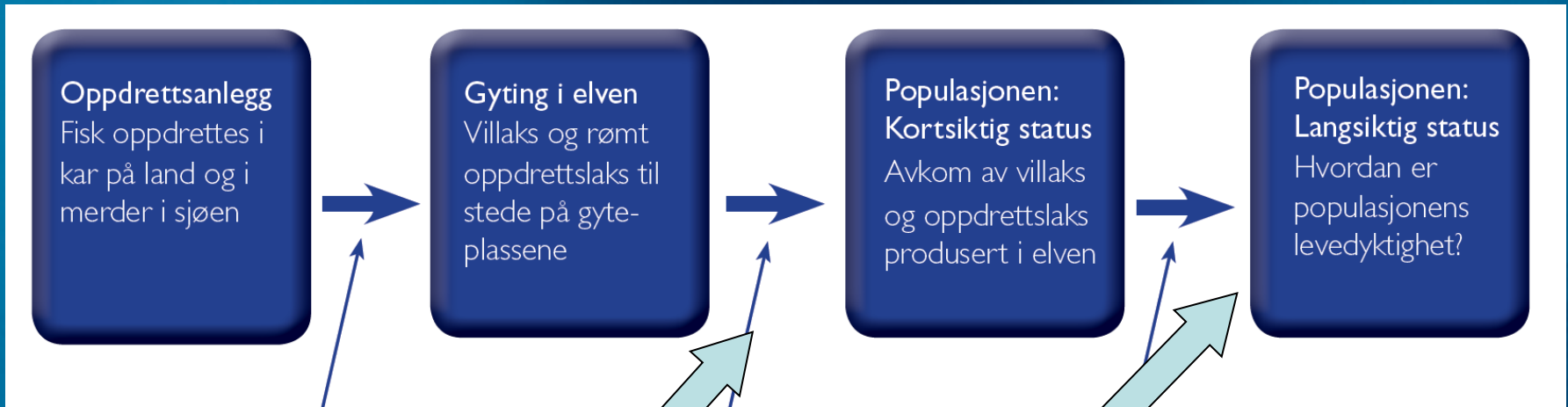


Kunnskapsstatus – hva vi ikke vet

1. Hvor stor andel rømt oppdrettslaks som er kryssset inn i laksebestandene
2. Hvilke biologiske konsekvenser innkrysning av oppdrettsfisk har forårsaket i de ville bestandene
3. I hvilken grad naturlig seleksjon kan “motvirke” genflyt fra oppdrettslaks
4. Relativ overlevelse av oppdrettet og vill laks i ulike bestander (etterprøving av to empiriske studier)
5. Hvor stor og utbredt er lokal tilpasning hos villaks
6. De underliggende molekulære mekanismene koblet mot domestisering og overlevelse i naturen og forskjeller mellom vill og oppdrettet laks
7. Hva er tålegrensen for innblanding av oppdrettsfisk i de ville laksebestandene



To viktige kunnskapshull



Steg 1.

Hvor mye oppdrettslaks har krysset seg inn i de ville bestandene?

Genetiske markører



Steg 2.

Biologisk konsekvens som skyldes innkrysning?

Felt- og eksperimentelle forsøk med biologiske og genetiske analyser

Steg 1 – kvantifisering av innblanding



Resultater mikrosatellittanalyser

1. Variasjon innenfor bestander

- Temporal genetisk stabilitet observert i 15 elver
 - Noen med høyt rapportert innslag av rømt laks
 - F.eks. Etne og Namsen
- Temporale genetiske forandringer observert i 6 elver
 - Vosso, Opo
 - Lone, Vestre Jakobselv
 - Figgjo og Berbyelva
 - Variabel mengde rømt laks er rapportert i alle
 - Nye alleler funnet



Resultater mikrosatellittanalyser

2. Variasjon mellom bestander

- Global F_{st} = verdi for differensiering mellom populasjoner
 - Høyere verdi = mer "differensiert"

Data	Historisk F_{st}	Ny F_{st}	Forandring
21 populasjoner (alle)	0,038	0,030	Reduksjon
6 populasjoner med endring	0,058	0,039	Reduksjon
6 populasjoner uten endring	0,027	0,028	Ingen



Konklusjoner fra mikrosatellittanalyser (1)

- Hovedårsaken til de observerte genetiske forandringene kan tilskrives genflyt fra rømt laks
 - Kun økt genflyt kan redusere populasjonsdifferensiering
 - Populasjonskollaps og elver med egne klekkeri ville økt differensieringen mellom populasjoner på grunn av genetisk drift
 - "Homogenisering" av norske villaksbestander som følge av rømt oppdrettslaks gyting er tidligere predikert



Konklusjoner fra mikrosatellittanalyser (2)

- Størst forandringer er funnet i "svake" populasjoner
 - Konkurransen på gyteplass og på yngelstadiet
- De observerte genetiske forandringene må betraktes som "minimumsestimat"
 - Modeller indikerer at mikrosatellitter underestimerer innkrysning
 - SNP-markører gir et mer presist svar (svar om 6 måneder)
 - Noen av de 15 elvene med ingen målbar forandring kan derfor likevel ha hatt innkrysning



Generelle konklusjoner

- Rømt oppdrettslaks har ført til endring i populasjongenetisk struktur hos norsk villaks, men de biologiske konsekvensene er ennå ikke klarlagt
- Kvantifisering av de biologiske konsekvensene som følge av innkrysningen er komplisert og krever langsiktig forskning
- Mer ny kunnskap kommer seinere i år (SNP-arbeid). Det er et stort arbeid på gang for å utrede biologiske konsekvenser

