



## Rømt laks reduserer overlevingsevna hos villaks

I mange norske laksevassdrag har det blitt påvist rømt oppdrettslaks sidan slutten på 1980-talet, og i fleire av vassdraga har andelen rømlingar vore høg heilt sidan undersøkingane starta. Dette utløyste tidleg spørsmål om villaksbestandane sine arvelege eigenskapar ville bli endra, og korleis ei slik endring ville påverka overlevingsevna hos villaksen. Eit av dei aller fyrste initiativa til eit nasjonalt møte for å diskutera problema og mulege tiltak, kom frå Miljøavdelinga hos Fylkesmannen i Finnmark i april 1985. Ei medverkande årsak til at akkurat dette fylket var så tidleg ute, var naturleg nok bekymring for dei viktige villaksbestandane der, med Tana som ein av verdas aller største laksepopulasjonar. Det var bakgrunnen for det fyrste nasjonale fagmøtet om miljøeffektar av lakseoppdrett, og ei innleiing til opprettinga av nasjonale laksevassdrag og nasjonale laksefjorlar, tiltak som skal bidra til å sikra villaksbestandar. Det er no ei viktig oppgåve å overvaka genetiske eigenskapar i ville bestandar av laks, slik at vi veit kva bestandar som blir påverka og kva bestandar som er intakte.

**Tabell 1.14.1**

Observerte genetiske skilnader mellom villaks og oppdrettslaks i nøytrale einskildgenar og i eigenskapar som påverkar overlevinga. *Observed genetic differences between domesticated and wild salmon at neutral single genes and at fitness related traits.*

**Øystein Skaala**  
oystein.skaala@imr.no

**Kevin Glover**  
kevin.glover@imr.no

**Vidar Wennevik**  
vidar.wennevik@imr.no

### Villaks og oppdrettslaks – er dei egentleg så ulike?

I Noreg oppretta ein tidleg egne avlsprogram for laks for å betra laksen sine produksjonsegenskapar og tilpassa han til eit oppdrettsmiljø. Gjennom avlsarbeidet endrar oppdrettslaksen seg frå generasjon til generasjon. For 20 år sidan hadde ein lite kunnskap om korleis rømlingar ville påverka villaksen, i dag veit vi langt meir, og det er godt dokumentert at innkryssing har negative effektar på dei ville laksebestandane. Vi har imidlertid ikkje oversikt over kva laksebestandar som er påverka og kva bestandar som er upåverka av oppdrettslaks. I 2005 vart det også lagt fram vitenskaplege data som antyd at genetisk påverknad frå oppdrettslaks kan skje gjennom andre mekanismar enn direkte innkryssing, ved at smitteutbrot endrar immungenane hos villaksen og hos andre arter.

På landsbasis har den gjennomsnittlege andelen rømt laks i villaksbestandar variert frå 11 til 35 % frå 1989 til 2003, men då med store variasjonar mellom år, regionar og elvar. I nokre villakspopulasjonar, som til dømes i Etneelva i Hordaland, har andelen rømt laks dominert sidan 1989. I kontrast til dette står elvar på Jæren, eit område med lite oppdrettsaktivitet, og svært lite rømlingar i villaksbestandane. Ved undersøkingar av pigment i rogn og yngel som reflekterer ulik diett hos villaks og oppdrettslaks, fann ein tidleg på 1990 talet at rømt laks faktisk produserte levedyktig avkom i fleire elvar. I ei skotsk undersøking fann ein pigment frå rømt laks i 14 av 16 undersøkte elvar, med eit gjennomsnittleg innslag på 5.1 % frå rømlingar. I Vosso

i Noreg vart bidraget frå rømt laks estimert til opp mot 80 %.

Kva veit vi så om endringar i arvelege eigenskapar hos dei ville laksebestandane? Forskarar både i inn- og utland har vore opptekne av dette, i alle fall sidan slutten av 1980-åra. Etter kvart føreligg det atskillege undersøkingar basert på ulike metodiske innfallsvinklar, der ein har freista å svara på spørsmålet. Undervegs har dei molekylargenetiske metodane gjennomgått ei revolusjonerande utvikling, slik at forsøk som blir gjennomførte i dag, har langt større presisjon og informasjonsverdi enn tidlegare undersøkingar. Undersøkingane kan delast i tre grupper avhengig av metodisk tilnærming:

- Samanlikningar av arvelege eigenskapar hos villaks og oppdrettslaks. Dette kan vera variasjonsmengde i spesifikke eigenskapar, anten nøytrale einskildgen eller samansette eigenskapar som påverkar overleving, tilvekst, aggresjon eller åtferd
- Samanlikningar av arvelege eigenskapar i villaksbestandar over tid. Her utformar ein profiler av laksebestandane sitt arvemateriale ved hjelp av DNA frå skjelmateriale innsamla før og etter at rømt oppdrettslaks vart eit problem.
- Eksperimentelle undersøkingar, eller “common garden”-undersøkingar der ein samanliknar vekst, overleving og åtferd hos avkom av villaks, oppdrettslaks og hybridar mellom desse, anten innafor ein del av ein generasjon eller over generasjonar. Dette kan gjerast anten i naturleg miljø eller i forsøkskar.

Ved hjelp av ulike biokjemiske og molekylargenetiske metodar er det vist at rømt oppdrettslaks gyt i elvar. I fleire tilfelle er det også vist at dei arvelege profilane i villaksbestandar har endra seg. Provfør at rømt laks produserte levedyktig avkom vart også funne i Irland ved hjelp av arve-

Eigenskap	Observasjon
Proteinkodande gen	Reduksjon i genetisk variasjon
DNA-minisatellittmarkørar	Sterk reduksjon i genetisk variasjon
DNA-mikrosatellittmarkørar	Sterk reduksjon i genetisk variasjon
Tilvekst	Ungar av oppdrettsfisk veks fortare enn ungar av villfisk
Aggresjon	Ungar av oppdrettsfisk er meir aggressive enn ungar av villfisk
Predatorrespons	Redusert hos ungar av oppdrettsfisk
Veksthormon	Høgare innhald av veksthormon hos oppdrettsfisk enn hos villfisk

lege markørar. I ei av undersøkingane, fann ein også at rømt laks som vandra opp i elva som umoden, overlevde og returnerte ved kjønnsmodning for å gyta i elva. Også langt utanfor det naturlege utbreingsområdet til den atlantiske laksen, i British Columbia, er det vist at rømt atlantisk laks produserer levedyktig avkom.

#### Lekkasje av avlsmateriale – kva medfører det?

Det er framleis berre gjennomført to empiriske studiar under naturlege miljøtilhøve, som verkeleg evaluerer dei genetiske effektane av at rømt oppdrettslaks kryssar seg inn i villakspopulasjonar. Det eine vart gjennomført i Burrishoole i Irland, det andre i Imsa i Noreg. Inntil seinare tid har det vore avgrensingar i metodane som har vore tilgjengelege for å identifisera genpåverknad frå rømlingar, men med dei nye molekylargenetiske metodane for foreldre-/avkomidentifisering, har det oppstått ein heilt ny situasjon med godt verktoy for å undersøka desse effektane.

Slike “common garden”-studiar i naturlege miljø der ein samanliknar tilvekst, åtferd og overleving hos definerte familiegrupper av oppdrettslaks, villaks og hybridlar, er ei svært direkte og informativ tilnærming til problematikken. Undersøkingane baserer seg på anten utplanting av lakserogn frå definerte og DNA-identifiserbare familiar av oppdrettslaks, villaks og hybridlar, eller utsetting av kjønnsmodne individ med kjende genetiske profilar i naturleg elvemiljø. Alle individ i ulike livsstadium frå rogn til kjønnsmodning blir identifiserte ved DNA-markørar.

I eit større EU-finansiert prosjekt i Burrishoole, Irland, undersøkte ein tilvekst, overleving og populasjonsdynamikk hos villaks, oppdrettslaks og hybridlar gjennom to generasjonar. Ei stor mengd individ frå mange familiar av villaks, oppdrettslaks,

ulike hybridlar av vill x oppdrett, tilbakekryssingar til vill, og tilbakekryssingar til oppdrett, vart planta ut i tre årsklassar som augerogn ovanfor fiskefella i Burrishoole. Tilsvarande grupper vart sette ut som smolt for å samanlikna gruppene gjennom den marine delen av livssyklusen. Ein omfattande innsats med innsamling og DNA-identifisering av alle individ, vart gjennomført frå yngel til gytefisk som vende tilbake frå havet etter eitt og to år i sjø.

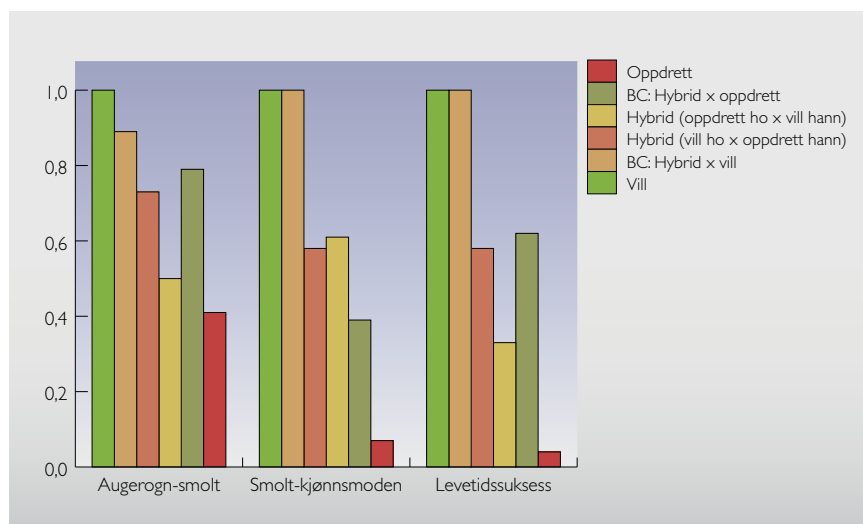
Ikkje overraskande, viste det seg at oppdrettslaksen vaks betre enn villaksen, og at den større oppdrettsparren fortrengde den ville parren nedover elva gjennom konkurranse. I alle tre årsklassar hadde oppdrettslaksen klart lågare representasjon enn villaksen i prøvar av 0+ parr. Sjølv om oppdrettslaksen vaks betre og fortrengde ein del av den juvenile villaksen, var smoltproduksjonen av oppdrettslaks berre høvesvis 34, 34 og 55 % samanlikna med villaksen i dei tre årsklassane. Den gjennomsnittlege gjenfangsten etter sjøopp-haldet var 0.3 % for oppdrettslaksen og 8 % for villaksen. Hybridane viste seg ofte å ha prestasjonar som låg ein stad mellom villaks og oppdrettslaks.

Eit liknande prosjekt vart gjennomført i Imsa, Noreg. I dette prosjektet vart det sett ut kjønnsmodne villaks og oppdrettslaks med kjende genetiske profilar ovanfor fiskefella i Imsa. Dei to gruppene hadde liknande vandringsmønster og valde dei same gytestadane i elva, men ville hannlaks var meir aktive i kurtisering av holaksen enn oppdretthannane var, og hadde dessutan mindre av gonadane att etter gytinga enn oppdretthannane hadde. Gytesuksessen var mykje lågare hos oppdrettslaksen både for hannar (24%) og hoer (32%), samanlikna med villaksen. Gjennom ferskvassfasen endra andelen av genotypar seg i disfavour av oppdrettslaksen, og det meste av genmaterialet frå oppdrettslaks var represen-

tert i form av hybridlar, der oppdrettshoer hadde gytt med ville hannar. Undersøkingar av dietten viste ein monaleg overlapp i næringsval, noko som viser næringskonkurranse mellom oppdrettslaks- og villakslungar. Smoltproduksjonen var 28 % lågare enn forventa ut frå rognmengda, og erfaringsgrunnlaget i Imsa med omsyn på relasjonen mellom rognmengde og talet på smolt, er at oppdrettslaksen smoltifiserte og vandra ut tidlegare og ved lågare alder enn villaksen. I motsetnad til resultatata frå Burrishoole-prosjektet, fann ein i Imsa-prosjektet ingen skilnad mellom gruppene med omsyn på marin overleving.

Framleis er det berre gjennomført to slike “common garden”-undersøkingar. Dette er eit tynt grunnlag for generaliseringar, særleg sidan dei to undersøkingane på nokre punkt gir ulike resultat. I prosjektet vårt “*Survival, growth and disease resistance in offspring of domesticated and wild Atlantic salmon and their hybrids*”, byggjer vi på erfaringane frå Burrishoole, ved at familiegrupper av vill og domestisert laks, og hybridlar mellom desse, er definerte. Samstundes som egg av familiegruppene blir planta ut i det naturlege elvehabitatet ovanfor smoltfella i Guddalselva, Hardangerfjorden, er det lagt inn egg frå kvar gruppe ved Havforskningsinstituttet Matre som kontroll for klekking, tilvekst og overleving. Sidan all foreldrefisk er genotypa med DNA-markørar, kan alle individ utplanta som augerogn i elvemiljøet identifiserast til familie. Undervegs er det samla inn juvenil laks av alle dei tre utplanta årsklassane frå elvehabitatet, slik at vi kan samanlikna tilvekst og overleving for dei ulike familiane.

Ved smoltutvandringa over fiskefella, blir all smolt genotypa og identifisert til familie. Resultata så langt tyder på høg overleving av utplanta augerogn, og i løpet av 2006 vil genotypinga også visa korleis tilvekst og overleving har vore for dei ulike familiegruppene. Eit anna spørsmål som prosjektet prøver å svara på, er kva mekanismar som eventuelt fører til skilnad i overleving hos domestisert og vill laks. Er det konkurranse om mat, eller kan det vera mortalitet på grunn av predasjon, eller er det begge deler?



Figur 1.14.1

Overleving og levetidssuksess for gruppene “vill”, “oppdrett” og “hybrid” av atlantisk laks. Resultata representerer gjennomsnittsverdiar over tre årsklassar. Overleving hos vill gruppe er sett til 1.0. (Etter McGinnity og kollegar 2003). *Survival and lifetime success for farmed and hybrid categories of salmon relative to wild salmon.* (After McGinnity et al. 2003).



**Figur 1.14.2**

I studiar av villaks og oppdrettslaks under naturlege miljøtilhøve er representativ prøvetaking ei stor utfordring. Fiskefellene ved feltstasjonen i Guddalselva sikrar prøvar av all utvandrande laksesmolt og all oppvandrande gytelaks. Ved DNA-identifisering kan vi samanlikna tilvekst, overleving, alder og storleik ved smoltifisering og kjønnsmodning hos villaks, oppdrettslaks og hybridlar. *Representativ sampling is a challenge in experimental common garden studies in natural habitats. The fish traps in River Guddal are a key component in the study of genetic impact on wild salmon from escapes. By DNA identification every individual can be assigned to family and to wild, farmed and hybrid category.*

#### Er dei norske villaksstammene tapt?

Sidan to undersøkingar har vist at innkryssing av rømt oppdrettslaks medfører redusert overleving hos villaks, var det naturleg å spørja i kva grad norske laksestammer er endra som følgje av rømt oppdrettslaks. Som ei innleiande undersøking laga vi DNA-profilar på dei sju laksepopulasjonane Namsen, Etne, Opo, Vosso, Granvin, Eio og Hælvå. Til dette brukte vi gamle skjelpørvar og materiale innsamla i nyare tid, etter lengre tids immigrasjon av rømt

oppdrettslaks. Resultata var til dels overraskande. I tre av laksebestandane, Opo, Vosso og Eio i Hordaland, fant vi sikre endringar i dei genetiske profilane over tid. Alle desse bestandane har hatt høge andelar rømt laks over lang tid, så dette var ikkje uventa. Meir overraskande var det likevel at vi ikkje fant endringar hos etnelaks, namsenlaks eller laks frå Granvinelva, som også har hatt høge andelar rømlingar i gytebestandane, permanent eller periodisk. Det er også viktig å merkja seg at i Hælvå på



**Figur 1.14.3**

Ny forskning tyder på at genetiske endringar kan skje ved andre mekanismar enn direkte innkryssing. Immungena hos aure (*Salmo trutta* L.) kan bli endra ved smitteutbrot i oppdrettslaks. *Recent studies suggest that disease outbreaks in farmed salmon can induce changes in immune genes also in trout (Salmo trutta L.).*

Jæren, der det mest ikkje er lakseoppdrett, fann vi ikkje endring i dei genetiske profilane. I denne elva har andelen rømt laks vore svært låg, truleg under 5 %.

Resultata viser at i nokre villaksbestandar er påverknaden frå rømt laks mindre enn ein skulle venta ut frå observasjonar av andelen rømt laks. Framleis har vi mange villaksbestandar som er lite eller ikkje påverka. Det er viktig at vi veit noko om kva bestandar som er påverka, kva bestandar som er upåverka og kva mekanismar som reduserer genpåverknaden frå rømlingar. Resultata understrekar at overvåkingsprogrammet knytt til nasjonale laksevassdrag og -fjorðar må omfatta ei overvaking av genetiske profilar i eit utval av laksebestandar. Havforskningsinstituttet har difor initiert eit eige overvåkingsprogram for dette, der vi i fyrste rekkje følgjer 12 utvalde villaksbestandar frå Jæren til Finnmark.

#### Gene flow from escapes reduce survival in wild salmon populations

In many Norwegian salmon rivers, escaped domesticated salmon have been detected for about 20 years. In some rivers the proportion of escaped salmon has been high. This has led to a concern for a negative genetic impact that could possibly reduce the survival rate in wild salmon. Scientists have employed various methods to learn more about the consequences of gene flow from domesticated to wild salmon. Not unexpected, domesticated salmon deviates genetically from its wild counterpart in many aspects. Allelic diversity measured at single genetic loci has been shown to be significantly lower in domesticated salmon. In more complex traits such as growth, aggression and predator avoidance, all known to affect survival in nature, significant differences between domesticated and wild salmon have also been documented. In experimental common garden field studies, survival of hybrids and domesticated salmon has been found to be significantly lower than that of wild salmon, suggesting that gene flow from escapes tends to reduce the fitness of wild populations. More recently, it has been suggested that genetic changes in wild populations can also result from disease outbreaks in domesticated salmon, which also change immune genes in wild salmon and trout. There is a great need to monitor wild salmon and trout populations genetically, to know which populations that are affected and which are not.