

4.5

Oppdrettslaks på avvegar: omfang, konsekvensar og identifisering

Ifølgje fiskeriforvaltinga er det knytt stor uvisse til kor mykje laks som faktisk rømer frå norske oppdrettsanlegg. Dei fleste registreringane av rømd laks er baserte på stikkprøvar som berre er eit uttrykk for prosentdel rømd laks i ein gytebestand. Difor er det sjeldan ein veit nokolunde nøyaktig kor mykje rømt fisk det er i ein vill gytebestand. Vanlegvis veit ein heller ikkje kor stor den naturlege, ville gytebestanden er. Prosentdelen rømlingar er avhengig av både mengda av rømlingar og mengda av villaks. Dermed vert det vanskeleg å avgjera om mengda av rømd fisk eitt år er større eller mindre enn førekomsten eit anna år. Dette er problematisk med tanke på å evaluera effekten av tiltak mot røming.

Øystein Skaala

oystein.skaala@imr.no

Bjørn Barlaup

bjorn.barlaup@zoo.uib.no

Universitetet i Bergen

Reidar Borgstrøm

reidar.borgstrom@umb.no

Institutt for naturforvaltning,

Universitetet for miljø- og biovitenskap

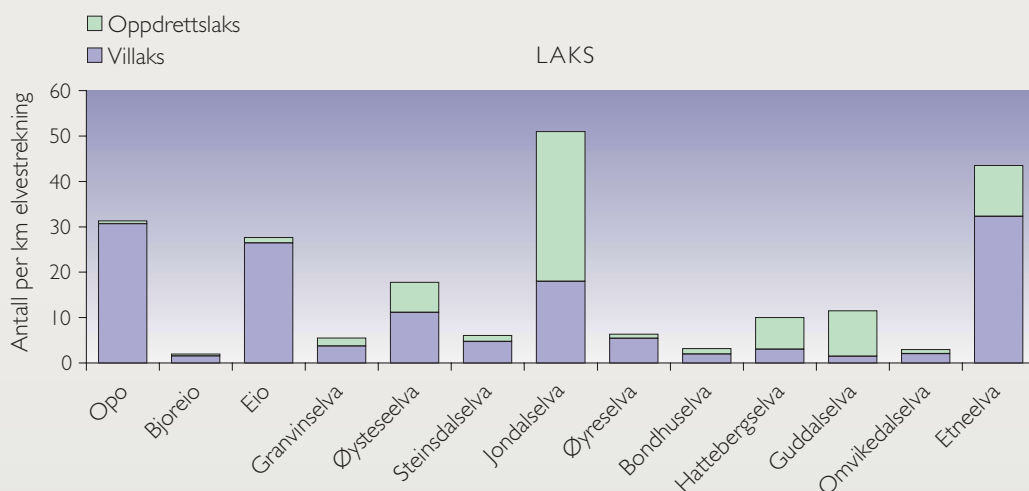
Hausten 2004 vart det gjennomført ei omfattande dykkarteljing av laks og sjøaure i 13 elvar i Hardangerfjordområdet, frå Opo inst i Sørfjorden ut til Etnelva inst i Etnefjorden. Dette er ein region med stor oppdrettsaktivitet og omfattande fiske etter rømlingar. Måla med denne registreringa var å undersøkje om teljing ved hjelp av dykkarteam var praktisk gjennomførbart, og å undersøkje korleis metoden kan optimaliserast og standardiserast for bruk i eit framtidig overvåkingsprogram. Undersøkinga stadfesta at villbestandane av laks og sjøaure i elvane i Hardangerfjorden, med nokre få unntak, er kritisk små. Saman med stikkprøvar av skjelmateriale for bestemming av prosentdel rømd laks, er dette ein rask og effektiv metode for å framskaffa gode data på mengda av rømd og vill laks.

Konsekvensar

Studiar av overlevingsevne hos avkom av oppdrettslaks og villaks kan gjennomførast ved utplanting av rogn frå familiar som er definerte ved DNA-profilar. Slike utplantingar kan gje informasjon om omfang og konsekvensar av gentransport frå rømd oppdrettslaks. Det er gjennomført ei slik undersøking i Burrishoole, Irland, og ei mindre omfattande i Imsa, Noreg. Desse forsøka har vist sterke negative effektar på villbestanden. Sidan det empiriske datagrunnlaget om konsekvensane av rømd laks er lite, er det vanskeleg å generalisera observasjonane. For å utvida kunnskapsgrunnlaget gjennomfører vi eit omfattande prosjekt med utplanting av over 60 familiegrupper av oppdrettslaks, villaks og hybridlar i eit naturleg elvemiljø i Guddalselva. Kvar enkelt individ kan identifiserast til familie og gruppe ved DNA-mikrosatellittmarkørar, slik at vi kan samanlikna tilslaget og produksjonen av oppdrettslaks og villaks under naturlege miljøtilhøve, og få meir nøyaktig informasjon om omfang og konsekvensar av gentransport frå rømd laks.

Identifisering

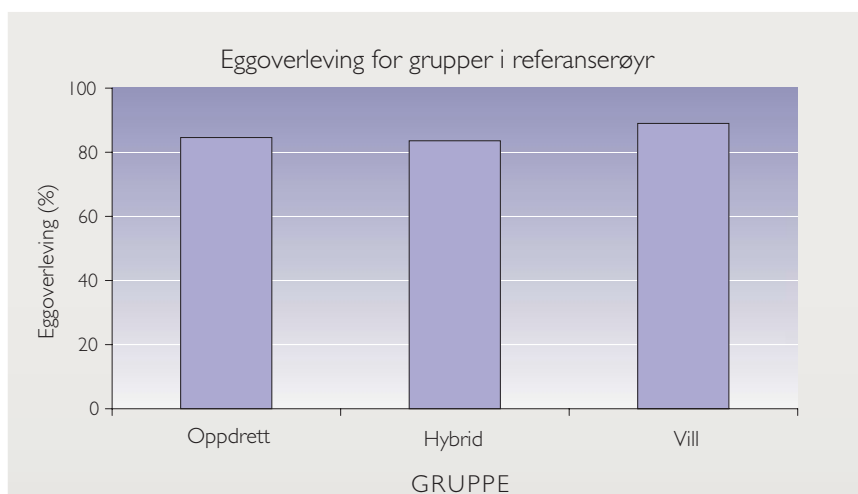
DNA-baserte metodar gjer det no mogeleg å identifisera kva familie og bestand



Figur 4.5.1

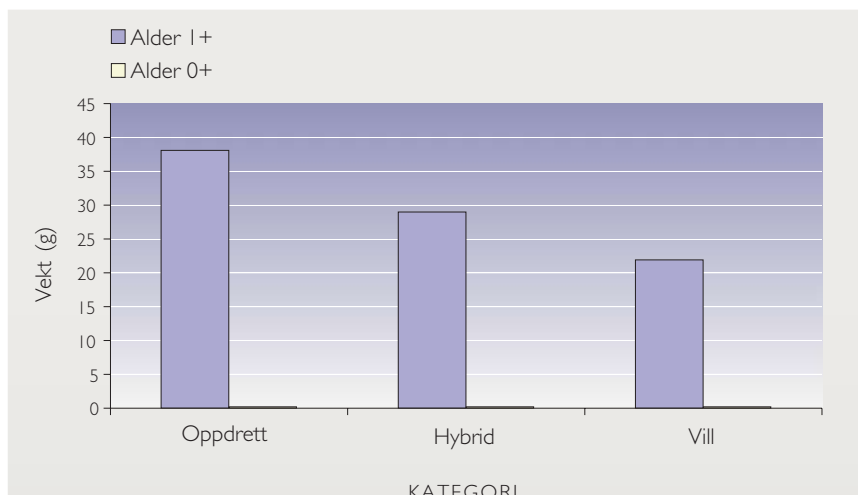
Tal på laks per km elvestrekning observert av dykkarteam i 13 elvar i Hardangerfjorden hausten 2004, etter at omfattande utfisking av rømlingar var gjennomført. Prosentdelen rømd fisk er basert på direkte observasjon og difor underestimert, sidan ein del av tidleg rømd oppdrettslaks framstår som villaks. Når teljinga vert kombinert med informasjon frå skjelpøvar, får ein presis informasjon om talet på rømd og vill fisk.

Total number of salmon per kilometre river length observed by diver team in 13 rivers in the Hardangerfjord area in autumn 2004, after massive catch effort. The true fraction of farmed salmon is underestimated.



Figur 4.5.2

Overlevinga av utplanta rogn av oppdrettslaks, vill lærdalslaks og hybridar i elveforsøket er god og nokså lik for alle tre gruppene. Prøvar vert samla inn ved ulike tidspunkt for vidare samanlikning av mellom anna overleving, vekst, smoltifisering og utvandring. *Survival of planted eggs from farmed and wild salmon and their hybrids in a natural river habitat is good in all three groups. Sampling is continued for further comparisons.*



Figur 4.5.3

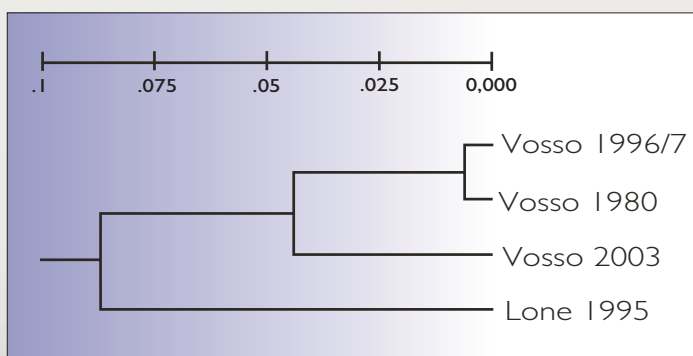
Gjennomsnittsvikt (g) på kontrollgrupper av oppdrettslaks, vill lærdalslaks og hybridar ved alder 0+ og 1+ i karforsøk. Forsøket vil visa om den store skilnaden mellom gruppene som eittåringar i karforsøka også vil koma til uttrykk i det naturlege elvemiljøet, og om overlevingsevna varierer mellom gruppene. *Mean weight (g) of control groups of farmed and wild salmon and their hybrids at age 0+ and 1+ in tank experiments.*

eit individ kjem frå. Dette gjer at vi no kan gjennomføra undersøkingar av laksebestandar og forandringar i desse som følgje av rømd laks, og oppnå presise data om omfang og konsekvensar. Vi kan også laga genetiske profilar for ein gitt laksebestand ut frå det DNA'et som fins i gamle fiskeskjel, og samanlikna desse profilane med profilar av den same laksebestanden slik han er i dag.

Kva skjer med villaksen når rømd laks med oppdrettsegenskapar gyt i naturen? I mange villaksbestandar har ein over lang tid observert høge prosentdelar av rømd oppdrettslaks. Døme på dette er Vosso, Opo, Etne og til dels Namsen. Er desse og andre viktige bestandar tapt, eller har vi framleis villaksbestandar som er upåverka av rømd oppdrettslaks? Dette spørsmålet kan ein nærma seg på fleire måtar, og vi har freista å finna svar gjennom forskingsaktivitet som består av fleire delprosjekt med finansiering frå Havforskningsinstituttet og Noregs forskingsråd.

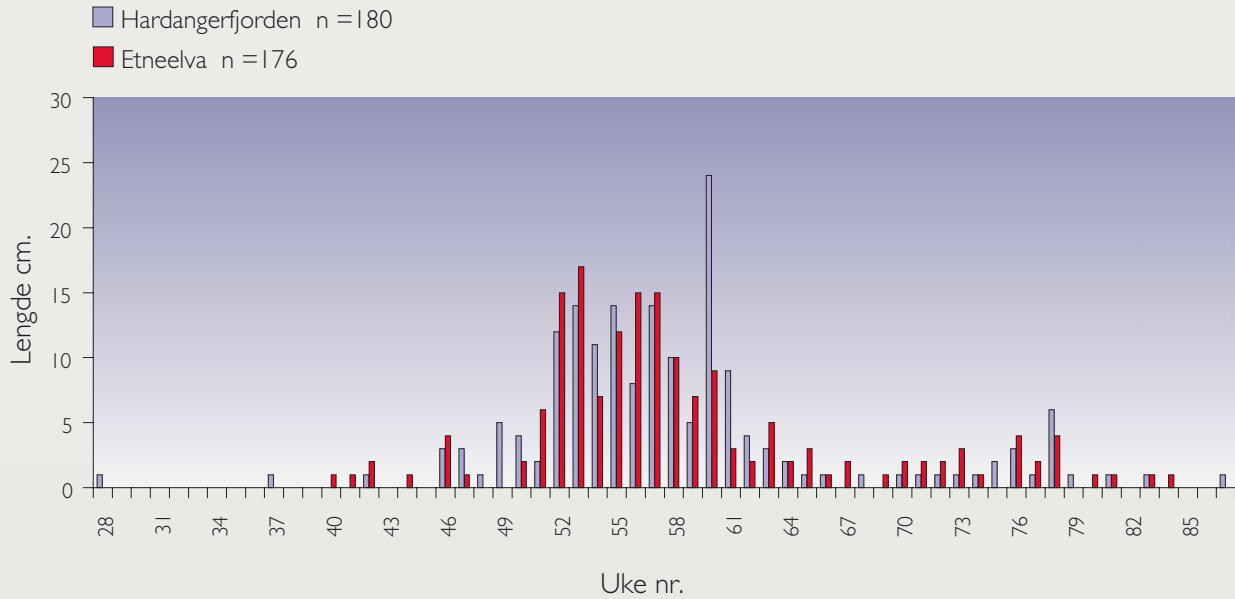
Kor kjem dei frå, rømlingane, og kva er den relative fordelinga av drypplekkasjar og større episodar? Innleiande arbeid ved Havforskningsinstituttet har vist at DNA-markørar og nyutvikla statistiske testar i mange samanhengar gir høve til identifisering med god presisjon. I eit innleiande arbeid med prøvar av oppdrettslinjer og villaks kunne vi skilja mellom oppdrettslaks og villaks med over 96 % presisjon ved 12 mikrosatellit-markørar. Identifiseringa av individuelle villaksbestandar var mindre presis, med unntak av laks frå Neiden, der identifiseringa var 93 %. I eit påfølgjande sporingsforsøk med smolt frå fire matfiskanlegg i Hardangerfjorden, levert frå seks smoltprodusentar, lukkast det å identifisera seks av ti individ til rett matfiskanlegg ved åtte DNA-markørar, noko vi vurderer som lovande.

Hausten 2004 vart det samla inn eit større skjelmateriale av rømd laks i sjø og elvar



Figur 4.5.4

Genetisk distanse er eit mål for skilnader mellom prøvar eller bestandar, her vist ved DNA mikrosatellittar. Det var ingen påviseleg skilnad mellom gytebestandane i Vosso i 1980 og 1996/97. Prøven av vossolaks frå 2003 viser likevel ei genetisk endring i bestanden. Tilsvarande har vi sett i Opo, medan vi ikkje har påvist endringar i laksen frå Namsen og Etne. *Genetic distance is a measure for the genetic differences between samples or populations, here based on DNA microsatellites. No difference was observed between samples from the spawning population in River Vosso collected in 1980 and in 1996/97, while the 2003 sample deviates genetically. Changes have also been observed in River Opo, but not in River Namsen, so far.*



Figur 4.5.5

Lengdefordelinga (cm) syner at det aller meste av den rømde laksen både i Etneelva og i midtre deler av Hardangerfjorden i 2004 var umoden fisk mellom 1 og 2,2 kilo. DNA-analysar frå skjelmateriale kan visa om dette er ei eller fleire grupper av laks, om det er same gruppe rømlingar som blir registrert i ulike geografiske soner og vassdrag i fjordsystemet, kor mange av rømlingane som kjem attende frå havet i 2005 som høyrer til same gruppe, og om den relative fordelinga av drypplekksjar og større einskildepisodar.

The length distribution (cm) shows that most of the escaped salmon in River Etne and middle parts of the Hardangerfjord in 2004 were immature individuals from 1 to 2.2 kilos. DNA analyses from scale samples will tell us if the escaped salmon belongs to one or more groups.

i Hardangerfjordområdet. Biologiske data på rømd laks frå det nasjonale laksevassdraget Etneelva, og frå lokalitetar i midtre del av fjordområdet, viste at hovudtyngda av rømlingane var frå 52 til 62 cm, det var i all hovudsak umoden fisk mellom 1 og 2,2 kilo. Resultata viser svært få fisk mindre enn denne lengdegruppa, og få fisk over denne lengdegruppa. Dersom hovudmengda av rømd laks har opphav i berre ei einskild røming, tyder det på at drypplekksjar i dette tilfellet er eit mindre problem for villaksen enn større einskildepisodar. Dersom ein hadde kjente referanseprøvar, kunne ein estimera kor stor del av rømlingane i regionen som stammar frå rapportert røming, og om det er fisk frå fleire rømingar i materialet. Dersom smoltleverandøren har levert smolt av same linje og årsklasse til fleire matfiskanlegg, kunne det likevel ikkje utelukkast at fleire matfiskanlegg med same smolttype hadde tapt fisk samstundes. Nye kjemiske analysar i kombinasjon med DNA-markørar ville truleg auka presisjonen i identifiseringa ytterlegare.

Summary

According to the Norwegian Directorate of Fisheries the amount of salmon escaping from fish farms is not easy to estimate. Most of the registrations of escapees are based on random sampling giving only a percentage number of the spawning population. It is therefore seldom known precisely how many escapees there would be in any given wild population. The percentage is dependent on both the number of escapees and the number of wild fish. To compare between years is therefore difficult. A survey done in the river with divers drifting down with the current proved to be a good method for estimating the amount of both wild and escaped salmon. The comparison of survival for farmed, wild and hybrid salmon can give data on the consequence of gene flow between the two groups.