

3.8.2 SPORING AV URAPPORTERT RØMT LAKS; KVA NO?

Av ulike årsaker havnar ein del oppdrettslaks på utsida av merdane. Nokre av desse vandrar opp i gyteområda til villaksen og deltek i gytinga. Når ein oppdrettar oppdagar at han har mista fisk, pliktar han å melda frå om dette til fiskeriforvaltinga, som så undersøker nærare kva som er årsaka røminga. Finn ein årsaka, kan ein dra lærdom av episoden. I dei tilfella der oppdrettaren ikkje rapporterer røming, vil ein ikkje umiddelbart finna årsaker til røminga. I 2007 identifiserte vi opphavet til rømt laks i Romsdalsfjorden ved hjelp av DNA-markørar.

Figur 3.8.2.1

Kart over Romsdalsfjorden med plasseringa av matfiskanlegg og gjenfanga rømlingar avmerka.

Map of the Romsdalsfjord with the locations of the salmon farms and the locations where the escapees were captured, indicated.

Øystein Skaala

oystein.skaala@imr.no

Kevin A. Glover

kevin.glover@imr.no

Ove T. Skilbrei

ove.skilbrei@imr.no

Talet på rapportert laks som rømer har dei seinare åra variert mellom ca. 300 000 og 900 000 individ. Sett i høve til all oppdrettslaksen på innsida av merdane er dette lite, men sett i høve til talet på villaks, er det mykje.

Stundom oppdagar ikkje oppdrettaren at han har mista fisk, og han kan då sjølvstilt ikkje rapportera. Difor er dei rapporterte tala minimumstal for røming. Sidan det er uklart kor stor del av rømingane som blir rapportert, ynskjer forvaltinga å ha tilgang på metodar som gjer at ein kan identifisera opphavet til urapportert røming.

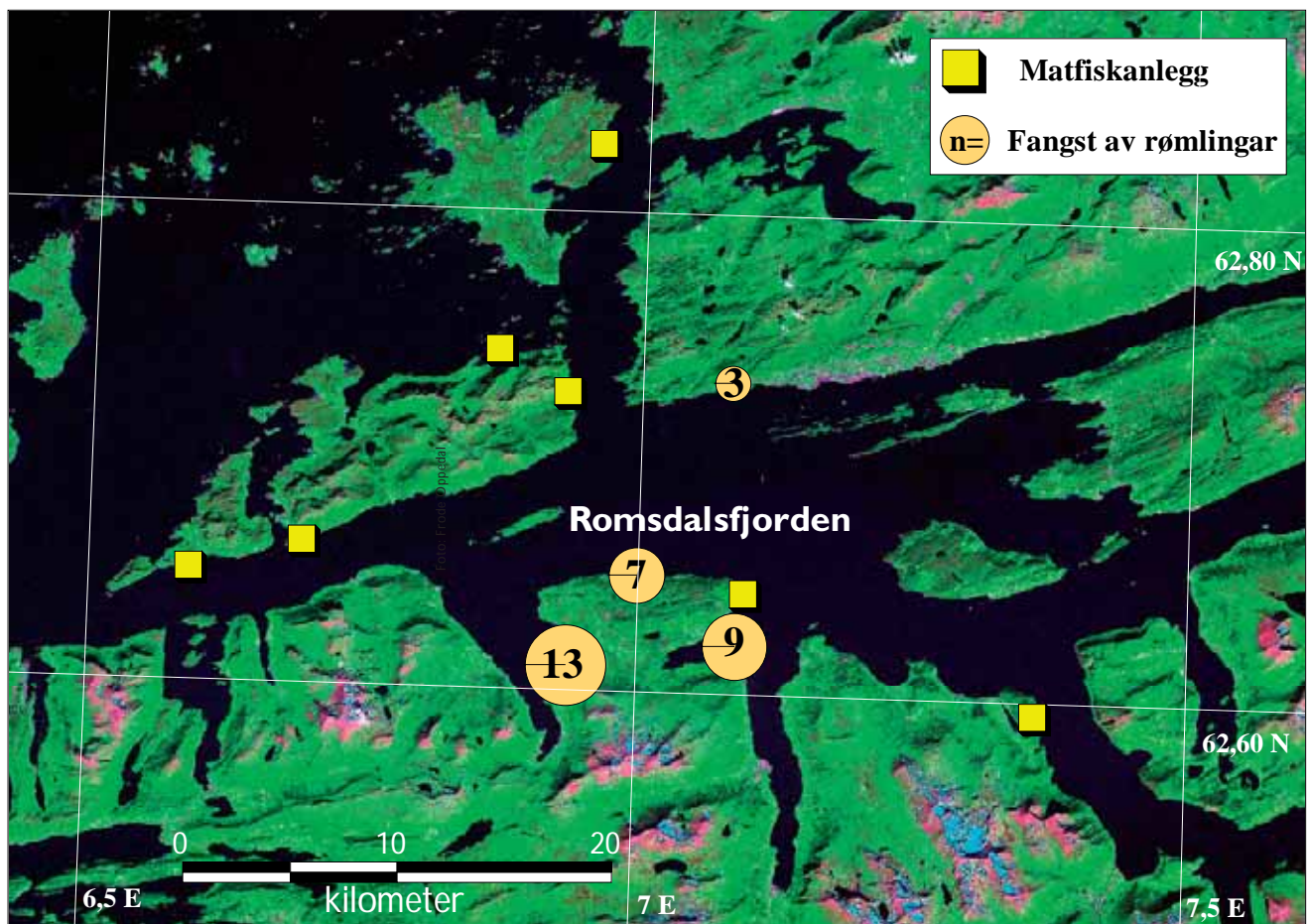
Beredskapsmetoden

Fiskeri- og kystdepartementet tok i 2003 initiativ til å oppretta eit nasjonalt utval for å greia ut spørsmål knytt til merking av oppdrettsfisk, "Merkeutvalet". Initiativet hadde bakgrunn i St.meld.nr. 12 (2001-2002) Reint og rikt hav, og Innst. S. nr.134

(2002-2003) Om oppretting av nasjonale laksevassdrag og laksefjorlar. Utvalet konkluderte med at det er to metodar som kan vera eigna for identifisering av rømt laks: "Snutemerking" og "Beredskapsmetoden". Beredskapsmetoden baserer seg på laksen sine naturlege eigenskapar som DNA-profilar, fettisyreprofilar, sporstoff etc., og det er difor ikkje nødvendig å tilføra fisken noko form for merke. Metoden handterer kvar rømingsepisode for seg ved at profilen til kvar rømling vert samanlikna med referanseprøvar frå oppdrettsanlegga i området. Dermed er det heller ikkje nødvendig å utvikla databasar med informasjon om kva fisk som finst i avlsbestandane, stamfiskstasjonar eller på det einiskilde anlegget.

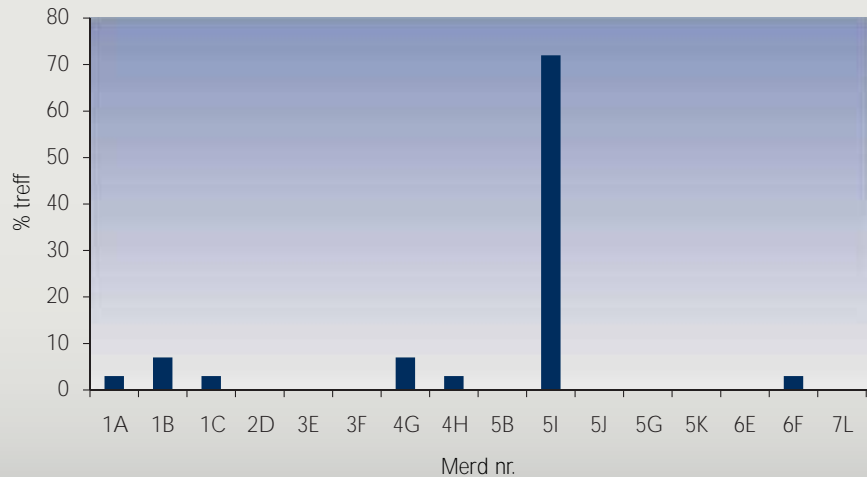
DNA-jakt

Hausten 2006 rapporterte fiskarar i Romsdalsfjorden plutselige førekomstar av rømt laks i garna (Figur 3.8.2.1). Fiskeridirektoratets regionskontor i Møre og Romsdalen kontakta rutinemessig dei ulike oppdrettsselskapa i området, men mottok ingen rapport om røming. Etter dialog med Havforskningsinstituttet samla regionkontoret inn prøvar frå alle oppdrettsanlegga i området. Det blei kun teke prøvar frå merdar som inneheldt laks som var av

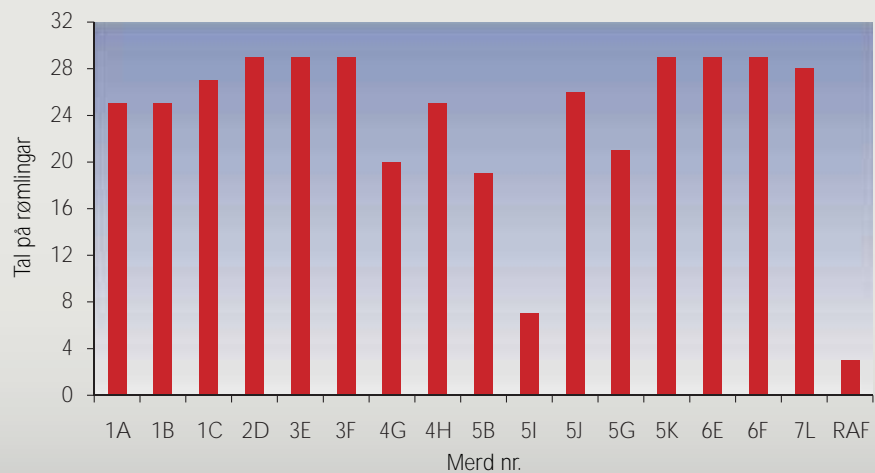


Figur 3.8.2.2

Prosent av rømlingane med DNA-profilar som passa i dei 16 ulike merdane.
Percentage of escapees with a DNA profile that matched the salmon in various sea cages.

**Figur 3.8.2.3**

Absolutt tal på rømlingar med DNA-profilar som utelukka dei frå merdane. "RAF": rejected all farms, viser antal individ som ikkje kunne koma frå nokon av dei 16 merdane. Totalt tal på genotypa rømlingar er 29.
Absolute number of escapees with DNA profiles that exclude them from the various sea cages. "RAF" refers to the number of escapees rejected from all farms and are possibly coming from sources outside the Romsdalsfjord.



same storleik som den som blei fanga av fiskarane. På nokre anlegg blei det teke prøvar av fleire merdar fordi anlegga hadde smolt frå ulike smoltprodusentar. Alle oppdrettsanlegga gav samtykke til innsamlinga, og det blei samla inn 50 feittfinnar frå kvar av dei 16 merdane på dei sju oppdrettsanlegga. Nokre anlegg har smolt frå same smoltprodusent (Tabell 3.8.2.1), og i slike tilfelle er det muleg at andre karakterar som t.d. lipidprofilar kan auka presisjonen i sporinga.

Fem av fiskarane som hadde fanga rømt oppdrettslaks i Romsdalsfjorden på det aktuelle tidspunktet (Figur 3.8.2.1), blei kontakta av Fiskeridirektoratet, og det lukkast å framskaffa vevsprøver av 32 rømlingar frå fiskarane sine fryseboksar.

Etter at sjølve DNA-profilen er laga for kvart individ, går testen vidare gjennom to trinn. Fyrst blindtestar vi kvart individ frå referanseprøvene i oppdrettsanlegga for å finna ut om den genetiske skilnaden mellom anlegga er tilstrekkeleg stor til å gje presis identifisering. Dersom det er tilfelle, går vi vidare og testar kvar av rømlingane mot referanseprøvene frå oppdrettsanlegga. I

materialet frå Romsdalsfjorden viste blindtestinga stor nok skilnad mellom referanseprøvene til at vi kunne gå vidare til neste steg. Kvar av rømlingane vart testa på to måtar, "direkte samanlikning" (Figur 3.8.2.2) og "utelukking" (Figur 3.8.2.3). Ved direkte samanlikning ser vi bort frå at ikkje alle moglege kjelder til rømlingane er representert, dvs. vi tek ikkje omsyn til at nokre av rømlingane kan ha kome frå andre kjelder enn dei vi har prøvar av. Ved metoden "Utelukking" ser vi på skilnad mellom kvar rømling og referanseprøvene,

Tabell 3.8.2.1

Smoltleverandør til dei ulike oppdrettsanlegga.

Overview of the different smolt types in the seven salmon farms.

SMOLTPRODUSENT												
Farm	A	B	C	D	E	F	G	H	I	J	K	L
1	x	x	x									
2				x								
3					x	x						
4							x	x				
5		x					x		x	x	x	
6					x	x						
7												x

og brukar profilen til kvar rømling til å utelukka individet frå dei ulike anlegga. Her blir profilen brukt til å "frikjenna" anlegg som har fisk som ikkje samsvarar med rømlingane.

Av dei totalt 32 innsamla rømlingane i Romsdalsfjorden, lukkast det å få nok DNA med god kvalitet frå 29 individ. Resultata viste at om lag 72 % av desse rømlingane gav treff på ein spesifikk merd (5-I), medan nokre få individ gav signal på seks andre merdar i området (Figur 3.8.2.2). Metoden



som ”frikjenner” ved å utelukke rømlingar frå anlegg, viste at mellom 25 og 29 av dei 29 rømlingane ikkje kunne ha opphav i 12 av merdane, og i tre andre merdar vart mellom 18 og 21 individ avviste. Også her var det ein merd som peika seg ut, og det var same merd som gav kraftig signal ved den fyrste testen. Berre sju av rømlingane hadde DNA-profil som utelukka dei frå denne merden, innafor gitt signifikansnivå (0.01).

Implementering og vidareutvikling

Utviklinga av metodar for identifisering av individ og grupper basert på DNA-teknologi, har gått veldig fort dei siste ti åra, og utviklinga held fram i høgt tempo. Presisjonen vert stadig betre, analysesetida vert kortare og kostnadane lågare. Kravet til kompetanse vert derimot stadig høgare, og heng vi ikkje med i utviklinga, er ein fort utdatert. Gjennom ein serie prosjekt, mellom anna TRACES, med støtte frå Noregs forskingsråd, har Havforskningsinstituttet saman med andre forskingsmiljø og forvaltningsetatar, etablert kompetanse og metodikk for identifisering av individ og grupper av laks. Dette utviklingsarbeidet er grunnlaget for sporing av rømlingar ved hjelp av DNA-profilar. Sporinga av rømt laks i Romsdalsfjorden har vist at det i mange tilfelle er muleg å identifisera opphavet til urapportert rømt laks og andre fiskeslag. Det blir no utforma prosedyrar som skal kvalitetssikra dei ulike trinna i gjennomføringa av sporing, dvs. innsamling av prøvar, genotyping,

statistisk arbeid og rapportering. Røminga i Romsdalsfjorden omfatta eit nokså lite tal anlegg. Imidlertid viser resultatane frå TRACES at også i langt større system, som Hardangerfjorden, er det tilstrekkeleg kraft i DNA-markørane til at urapportert røming kan sporast.

”Beredskapsmetoden” representerer ein svært kostnadseffektiv metode for å spora opphavet til urapportert rømt laks, samanlikna med t.d. ”snutemerkemetoden”. Snutemerkemetoden har likevel nokre fordelar som beredskapsmetoden manglar, t.d. identifisering av laks som har vore lenge på rømmen og er spreidd over store geografiske avstandar, og identifisering av ”drypplekksjar”.

Utviklingsarbeidet på sporing av urapportert rømt laks vart lagt ned ved avslutninga av TRACES. Dersom fiskeriforvaltninga skal ha nytte av beredskapsmetoden også i framtida, er det heilt nødvendig å vidareutvikla metoden for å auka presisjonen, redusera analysestida og kvalitetssikra heile prosessen frå innsamling til leveranse. Samstundes må det etablerast ein reell beredskap både i forvaltninga og forskingsmiljøa. Denne må omfatta personell som på svært kort varsel kan reisa ut i felt for å samla inn rømlingar og referanseprøvar, og laboratoriekapasitet med personell som har høg kompetanse på akkurat dette analysearbeidet og er klar til å ta fat på arbeidet straks prøvane er mottekne.

Tracing Escaped Salmon

In 2003 the Ministry of Fisheries and Coastal Affairs initiated a process with the aim to find methods that could be used to tag farmed salmon and identify the origin of unreported escaped salmon. A national committee recommended that the “Stand-by” method and the “Coded Wire Tag” method were further developed to meet the requirements of a tagging system to identify unreported, escaped salmon. In autumn 2006, fishermen reported high numbers of escaped farmed salmon in the Romsdalsfjord, although none of the fish farms in the area had reported losses. The Directorate of Fisheries collected DNA samples of 29 escapees and from all sea cages with salmon of size that corresponded to the escapes in the area. Fifty reference samples from each of 16 cages in 7 farms were sampled and genotyped by DNA microsatellite markers. Statistical testing showed that between 25 and 29 of the 29 collected escapees could with high probability not have come from 12 of the 16 cages. A small number of escapees could not be excluded with high probability from three cages. Most interestingly however, was the fact that 72% of the escapees matched with the genotypes in one specific cage, and that only 7 of the escapees could with some certainty be excluded from this specific cage. This is the first time ever that the origin of unreported escaped salmon has been successfully traced by DNA markers.