

Genetisk kartlegging av norsk villaks

Kunnskap om hvordan villaks er oppdelt i ulike genetiske enheter har vært begrenset, men flere forskningsprosjekter kartlegger nå den genetiske variasjonen i norsk villaks. Kunnskapen vil gi forvaltningen et bedre grunnlag for å sikre at laksefisket i framtiden vil være bærekraftig.

VIDAR WENNEVIK (vidar.wennevik@imr.no)

Laksefiske har lange tradisjoner som representerer både en kulturarv og en viktig økonomisk ressurs i mange regioner. I Norge er det atlantisk laks i ca. 400 elver, og i Europa er atlantisk laks utbredt fra Spania til Nordvest-Russland. Denne vide geografiske utbredelsen gjør at laks i ulike vassdrag lever under svært forskjellige livsbetingelser, både med hensyn til fysiske og biologiske faktorer. Fra langt tilbake har man lagt merke til at laks fra ulike vassdrag varierer både i utseende, størrelse og livshistorie. Det er rimelig å anta at laksen gjennom seleksjon over mange generasjoner tilpasser seg sitt lokale livsmiljø, og at de forskjellene man observerer har bakgrunn i underliggende genetiske forskjeller mellom ulike laksebestander.

Ulike genetiske metoder

Siden 1960-tallet har man anvendt ulike genetiske metoder for å studere hvordan laksebestander er genetisk forskjellige fra hverandre. Metodene har endret seg etter hvert som ny teknologi og metodikk ble tilgjengelig. De første studiene baserte seg i hovedsak på å påvise variasjon i ulike proteiner, mens det i dag er DNA-metoder som er mest brukt.

Genetiske forskjeller mellom bestander kan oppstå av flere årsaker. Dersom de er geografisk isolert fra hverandre over tid, vil forskjeller oppstå gjennom tilfeldige endringer akkumulert over tid, såkalt genetisk drift. Disse endringene skjer både i funksjonelle gener og i såkalte nøytrale områder av arvematerialet. Laksens evne til å vende tilbake til sin barndoms elv for å gyte, opprettholder den nødvendige

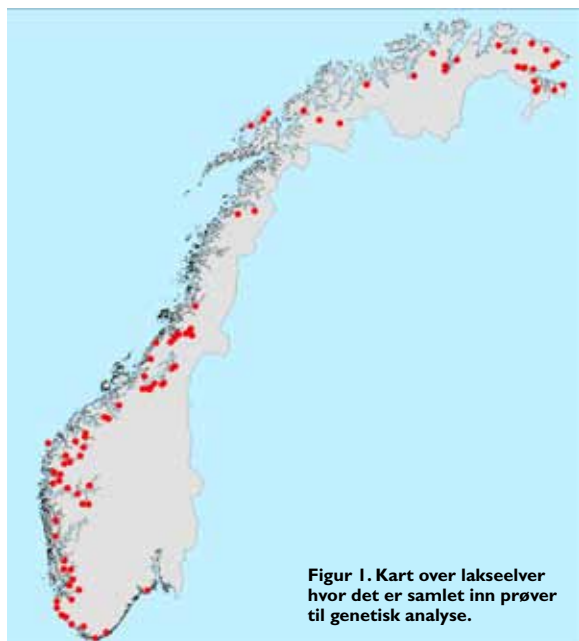
isolasjonen for at slike forskjeller kan utvikle seg. Miljøet laksen lever i, utøver også et seleksjonspress som over tid fører til endringer i de funksjonelle genene som har betydning for laksens vekst og overlevelse. Over mange generasjoner skjer det endringer i frekvensen av ulike genetiske varianter. De variantene som er best egnet i det aktuelle livsmiljøet videreføres til neste generasjon, mens andre forsvinner. Slik blir laksen lokalt tilpasset sin egen elv. Transplantasjonsforsøk hvor laks er blitt overført til andre elver har vist at disse har lavere vekst og overlevelse enn lokal laks.

Isolerte bestander

Hvordan norske laksebestander er strukturert genetisk er av interesse av flere grunner. Studier av genetiske forskjeller og hvordan disse forskjellene er fordelt geografisk, kan fortelle oss noe om i hvilken grad bestandene er isolert fra hverandre, og i hvilken grad det skjer utveksling av individer mellom bestandene. For å ha en god forvaltning av laks, er det viktig å ha kunnskap om samspillet mellom bestander. I mange større vassdrag er laksen inndelt i til dels isolerte bestander i ulike deler av vassdraget, noe som gjør at disse enhetene bør forvaltes særskilt. Opprettelsen av genetiske profiler for lakseelvene gir også muligheten til å bestemme opprinnelsen til laks fanget i hav og kyststrøk. Ved å sammenligne genetiske data for et individ mot genetiske profiler fra lakseelver kan man med en viss sikkerhet bestemme hvor fisken kommer fra. Dette kan være nyttig i for eksempel forvaltningen av sjølaksefisket,



Elektrofiske etter lakseyngel og lakseparr i Grense Jakobselv.



Figur 1. Kart over lakseelver hvor det er samlet inn prøver til genetisk analyse.

hvor bedre kunnskap om hvilke bestander som inngår i fangstene vil være viktig.

Kunnskapen øker

Kunnskapen om den genetiske strukturen i norske laksbestander har vært begrenset, men gjennom flere prosjekter kartlegges nå den genetiske variasjonen i norsk villaks. Et prosjekt finansiert av Norges forskningsråd som omfattet 33 vassdrag ble nylig avsluttet, og Havforskningsinstituttet deltar i et større EU-prosjekt, SALSEA-Merge, som vil øke antallet genetisk kartlagte vassdrag til rundt 100 (figur 1). Prøver til genetisk analyse blir samlet inn ved hjelp av elektrofiske etter yngel og parr i lakseelvene.

Prøver av laksen blir analysert for variasjon i såkalte mikrosatellitter, som er repeterte sekvenser i DNA-tråden. Variasjonen i disse markørene er stor, både mellom individer og mellom ulike bestander, og de er antatt å ikke være utsatt for seleksjon. Den variasjonen og de forskjellene vi observerer mellom elver i disse markørene er altså et resultat av lang tids isolasjon. Resultatene fra analysene blir lagt inn i en database som etter hvert vil omfatte lakseelver fra hele det europeiske utbredelsesområdet.

Store genetiske forskjeller

Analysene har vist at det er til dels store genetiske forskjeller mellom norske lakseelver. Det ser også ut til at det eksisterer en regional struktur i fordelingen av den genetiske variasjonen. Elver fra samme region ligner mer på hverandre enn mer fjerntliggende elver. Dette kan ha sin forklaring i at når laks feilvandrer, dvs. returnerer til en annen elv enn den ble født i, så skjer det som oftest til nærliggende elver. Forskjellene mellom elver synes å være særlig stor i Finnmark, og finnmarkslaksen er også markant forskjellig fra laks lenger sør i landet. Det kan være flere årsaker til dette. Bestandene lengst sør i Norge ble hardt rammet av sur nedbør, og flere bestander døde helt ut. Laks er siden blitt introdusert på nytt ved hjelp av utsettinger etter at vannkvaliteten ble bedret som følge av kalking. Det var ikke alltid mulig å benytte den opprinnelige stammen til disse utsettingene, og flere nåværende bestander ble etablert med tilførsel av fisk fra andre bestander. Andelen rømt oppdrettsfisk i gytebestandene i de fleste elvene i Finnmark er også lavere enn i andre deler av landet. Studier av genetiske profiler i lakseelver over tid har gitt indikasjoner på at rømt oppdrettsfisk som gyter i elvene, kan bidra til å redusere de genetiske forskjellene. Bestandene i vårt nordligste fylke kan også ha hatt en annen koloniseringshistorie etter siste istid. Studier av russiske bestander på Kolahalvøya kan tyde på at laks fra den vestatlantiske delen av utbredelsesområdet har bidratt til rekoloniseringen der etter istiden.

Viktig verktøy

Med en database med genetiske profiler for de viktigste laksebestandene i Europa har vi fått et nytt verktøy som vil komme til nytte både for forskning og forvaltning i de kommende årene.