

Sammenligning mellom skjellanalyser og genetiske analyser – Glomma og Aagaardselva

Sten Karlsson, Gunnel Østborg og Peder Fiske

Norsk Institutt for Naturforskning, NINA

På oppdrag fra Kjell Cato Strand (NGOFA) har vi undersøkt et utvalg av tidligere analyserte skjellprøver, genetisk for å øke vår presisjon med hvilken fisk som klassifiseres som vill eller utsatt/rømt som smolt. De viktigste resultatene fra disse analysene er at for fisk som utfra skjellanalyser klassifiseres som usikker bør alle mulige opprinnelser presiseres, dvs at det kan være vill 1-årig smolt, utsatt smolt eller rømt smolt fra oppdrettsanlegg eller fra kultiveringsanlegg. Videre er det viktig å presisere at fisk som utfra skjellkarakterer ser ut som villfisk kan ha ett genetisk opphav fra oppdrettsfisk, fra kryssing mellom oppdrettsfisk i naturen eller fra kryssing mellom oppdrettsfisk og villfisk (hybrider). Innkryssing av oppdrettsfisk i naturen kan bare detekteres ved hjelp av genetiske metoder.

Skjellanalysene kan gi svar på en fisks vekstbetingelser gjennom livet, herunder om en fisk har levd hele eller deler av sitt liv i ett oppdrettsmiljø, eller i ett naturlig miljø. Genetiske analyser gir ikke svar på hvordan fisken har vokst, men beskriver fiskens nedarvede opphav. For de genetiske analysene som her presenteres ble det benyttet et sett med 59 genetiske markører som til sammen kan skille mellom villaks og oppdrettslaks (kommersiell oppdrettslaks) (Karlsson m fl 2011). I tillegg ble det benyttet 17 tilfeldige genetiske markører som *a priori* ikke har spesielle egenskaper. Elleve fisker fra Glomma og 12 fisker fra Aagaardselva ble analysert med hensyn på mulig oppdrettsbakgrunn. For disse analysene ble fiskene sammenlignet med et datasett bestående av de dominerende avlslinjene fra Aqua Gen AS, Salmobreed og Marine Harvest (Mowi) og referansefisk fra Glomma og Aagaardselva. Fisk som så ut å ha vill opprinnelse ble sammenlignet med eksisterende referansedata fra følgende elver: Glomma, Aagaardselva, Enningdalsleva, Numedalslågen, Skienselva og Gaula i Sør-Trøndelag. Gaula i Sør-Trøndelag ble inkludert som referanseelv ettersom laks fra denne elven ble benyttet for utsettinger i Glomma på slutten av 70-tallet.

Oppdrettsinnslag

En fisk fra Glomma og en fisk fra Aagaardselva ble genetisk tilordnet en oppdrettspopulasjonsreferanse, Id: Glom_11_0001 og Aaga_11_0072. I tillegg var det to fisker som ikke var rene oppdrettsfisker, men som muligens hadde genetisk innkryssing av oppdrettsfisk, Id: Glom_11_0023 og Aaga_11_0059, (Tabell 1). Fiskene som genetisk så ut som oppdrettsfisk var fisk som var bestemt til usikker på bakgrunn av skjellkarakterer om disse var satt ut, rømt eller vill 1-årig smolt. Ytterligere to fisker var bestemt til usikre og disse så genetisk ut som villfisk, Id: Glom_11_0001 og Aaga_11_0072 (Tabell 1). Resultatene fra skjellanalysene og de genetiske analysene var således ikke i konflikt, men en fisk som utfra skjellanalysene ble bestemt til usikker som utsatt smolt eller 1-årig villsmolt (anmerkningsfeltet i regneark levert til Kjell Cato Strand), kan også være en rømt oppdrettsfisk. Fisk som bestemmes til *usikker* kan derfor utfra skjellkarakterer være vill 1-årig smolt, utsatt smolt eller rømt smolt fra oppdrettsanlegg eller fra kultiveringsanlegg. I videre skjellanalyser bør det derfor alle mulige opprinnelser til *usikker* fisk presiseres.

Ettersom utsatt smolt eller rømt oppdrett smolt forventes å gi de samme skjellkarakterer er det ikke mulig å skille mellom disse gruppene av fisk, uten å ta i bruk genetiske metoder. Det er også viktig å bemerke at fisk som ut fra skjellkarakterene ser ut som naturlig produsert fisk kan ha et genetisk opphav fra kryssing mellom rømt oppdrettsfisk, alternativt mellom oppdrettsfisk og villfisk.

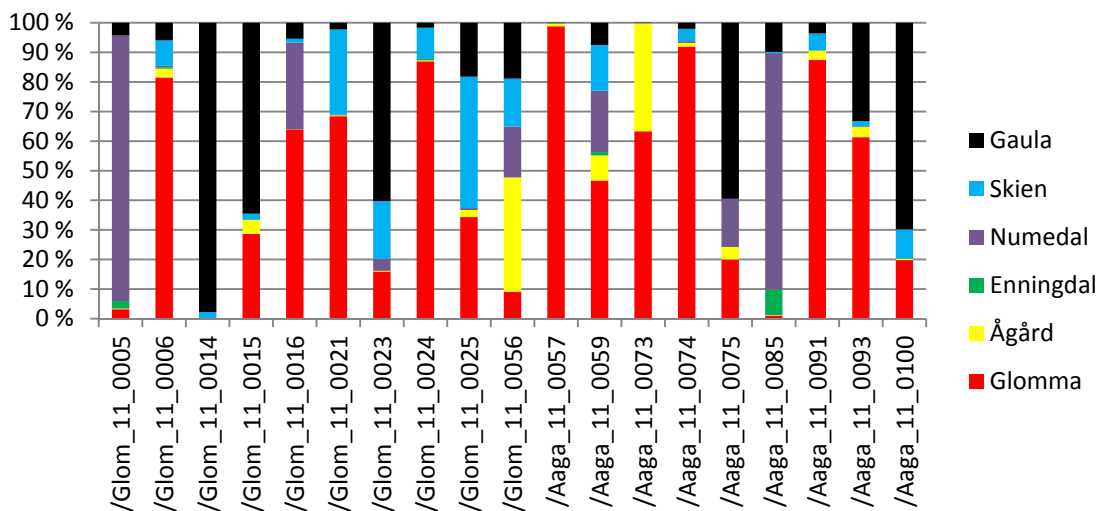
Tabell 1. Oppsummering av resultater av identifisering av mulig oppdrettsfisk blant laks fra Glomma og Aagaardselva. **Direkte tilordning** angir hvorvidt individuell fisk har en fler-markør genotype som i størst mulig grad passer genotypesammensetningen til en av 6 ville laksepopulasjoner (vill) eller til en av 12 oppdrettspopulasjoner (oppdrett). **P Oppdrett Gjennomsnittlig (Max – Min)** angir gjennomsnittlig, maximum og minimum sannsynlighet for at hvert enkelt individ tilhører en av de 12 oppdrettspopulasjonene. Structure P(oppdrett) angir sannsynligheten for hvert enkelt individ å tilhøre en av to antatte populasjoner (vill og oppdrett) ut fra diskriminering utført i Structure. Skjellanalyser angir karakteriseringen av hver enkelt fisk som vill smolt, utsatt smolt eller rømt smolt. Usikker betyr usikker alle, men er anmerket som usikker om det er vill 1-årig vill smolt eller utsatt smolt. Resultater som antyder (eller ikke kan ekskludere) oppdrettsbakgrunn står med rød skrift, og der samtlige genetiske analyser antyder oppdrettsbakgrunn er hele raden farget grå.

Id	Genetiske Analyser			Skjellanalyser	
	Direkte tilordning	P Oppdrett Gjennomsnittlig (Max – Min)	Structure P(Oppdrett)	Skjellanalyser 2011	Skjellanalyser 2012
Glom_11_0001	Oppdrett	0,113 (0,403-0,006)	0,422	Usikker	Nye skjell: Usikker
Glom_11_0005	Vill	0,001 (0,007-0,000)	0,014	Villfisk	
Glom_11_0006	Vill	0,002 (0,014-0,000)	0,011	Villfisk	
Glom_11_0014	Vill	0,000 (0,001-0,000)	0,007	Usikker	Nye skjell: Usikker
Glom_11_0015	Vill	0,029 (0,093-0,003)	0,077	Villfisk	
Glom_11_0016	Vill	0,016 (0,041-0,000)	0,012	Villfisk	
Glom_11_0018	NA	NA	NA	Villfisk	
Glom_11_0021	Vill	0,004 (0,02-0,000)	0,007	Usikker	Nye skjell: ok vill
Glom_11_0023	Vill	0,253 (0,528-0,000)	0,222	Villfisk	
Glom_11_0024	Vill	0,007 (0,055-0,000)	0,027	Villfisk	
Glom_11_0025	Vill	0,000 (0,000-0,000)	0,009	Villfisk	
Aaga_11_0056	Vill	0,000 (0,001-0,000)	0,014	Villfisk	
Aaga_11_0057	Vill	0,005 (0,011-0,000)	0,054	Villfisk	
Aaga_11_0059	Vill	0,018 (0,084-0,001)	0,247	Villfisk	
Aaga_11_0072	Oppdrett	0,042 (0,130-0,000)	0,657	Usikker	Nye skjell: Usikker
Aaga_11_0073	Vill	0,021 (0,069-0,003)	0,014	Villfisk	
Aaga_11_0074	Vill	0,005 (0,021-0,000)	0,014	Villfisk	
Aaga_11_0075	Vill	0,002 (0,004-0,000)	0,010	Villfisk	
Aaga_11_0085	Vill	0,035 (0,126-0,000)	0,030	Usikker	
Aaga_11_0091	NA	0,013 (0,151-0,000)	0,012	Villfisk	
Aaga_11_0093	Vill	0,006 (0,045-0,000)	0,022	Usikker	Nye skjell: ok vill
Aaga_11_0095	Vill	0,001 (0,012-0,000)	0,005	Villfisk	
Aaga_11_0100	Vill	0,001 (0,006-0,000)	0,035	Villfisk	

Stammeopphav

Fiskene som genetisk ble klassifiserte som ville ble sammenliknet med den genetiske sammensetningen i Gaula, Skienselva, Numedalslågen, Enningdalselva, Aagaardselva og Glomma. De fleste fiskene hadde størst sannsynlighet å tilhøre Glomma (10 av 19). To fisker ble tilordnet Numedalslågen og fem fisker Gaula, mens de øvrige kunne tilordnes flere ulike populasjoner med forholdsvis like sannsynligheter. Disse analysene er imidlertid beheftede med stor usikkerhet, ettersom ingen referansepopulasjon kunne ekskluderes som opphavs populasjon for samtlige individer, unntatt Glom_11_0014 der Enningdalselva kunne ekskluderes, Glom_11_0025 der Enningdalselva og Numedalslågen kunne ekskluderes og Aaga_11_0072 der Numedalslågen og Gaula kunne ekskluderes.

Relative Assignment Score



Figur 1. Genetisk sammenlikning av fler-markør-genotype-sammensetningen hos individuell fisk fra Glomma og Aagaardselva med den genetiske sammensetningen i seks forskjellige elver.