

Genetiska studier av inkryssning av oppdrettslaks i Namsenvattendraget – En komprimerad rapport med foreløpige resultater

Sten Karlsson, Peder Fiske, Ola Diserud och Kjetil Hindar – NINA

Frode Staldvik - KLV

Bakgrund

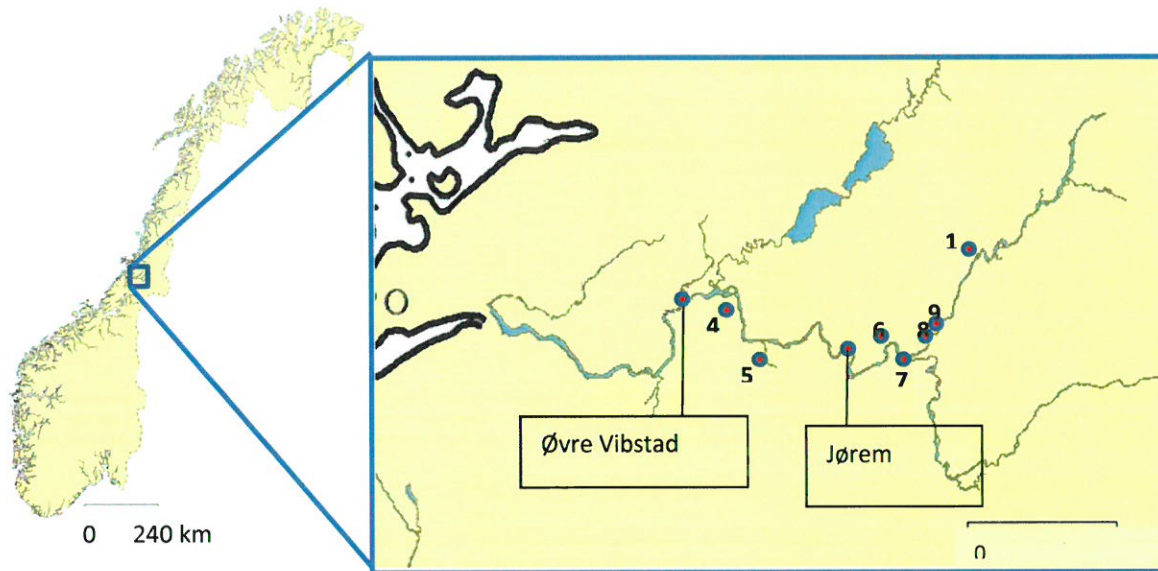
Ett set med genetiska markörer har utvecklats som på generellt grundlag kan skilja mellan oppdrettslaks och villaks (Karlsson m fl.). Detta markörset'et har använts i ett avslutande projekt, finansierat av FHL-miljøfond och Nord-Trøndelag fylkeskommune. Huvudmålena i projektet har varit att undersöka:

1. Hur stor andel av oppdrettslaks som inkryssats med villaks i Namsen.
2. Hur väl korrelerar det fysiska inslaget av oppdrettslaks i fangstene fra overvåkingsfiske med andelen som kryssas med vildlaks?
3. Hur stor är andelen hybrider mellan oppdrettslaks och vildlaks bland årsyngel jämfört med andelen hybrider bland vuxen lekande fisk?

Material och Metoder

För att undersöka i hur stor grad oppdrettslaks har inkryssats med villaks i Namsen inkluderade vi existerande prov av vuxen fisk karakteriserade som villaks och oppdrettslaks utifrån fiskfjällanalyser från 1989 och ett villaks sample från 2007, samt nya samples av oppdrettslaks och villaks fångad i Namsen 2010. Dessa samplena tillsammans med existerande genotype data från 12 avelslinjer bildade datagrundlaget för att estimeras möjligt genetiskt inslag av oppdrettslaks i Namsen.

Totalt 190 individer av 0+ infångad vid nio olika stationer i 2011 (Figur 1) bildade grundlaget för att identifiera möjliga hybrider mellan oppdrettslaks och villaks, för att undersöka i vilken grad hybridisering sker i större grad i de övre delarna av Namsen där man observerar en större andel oppdrettslaks jämfört med de nedre delarna av Namsen.

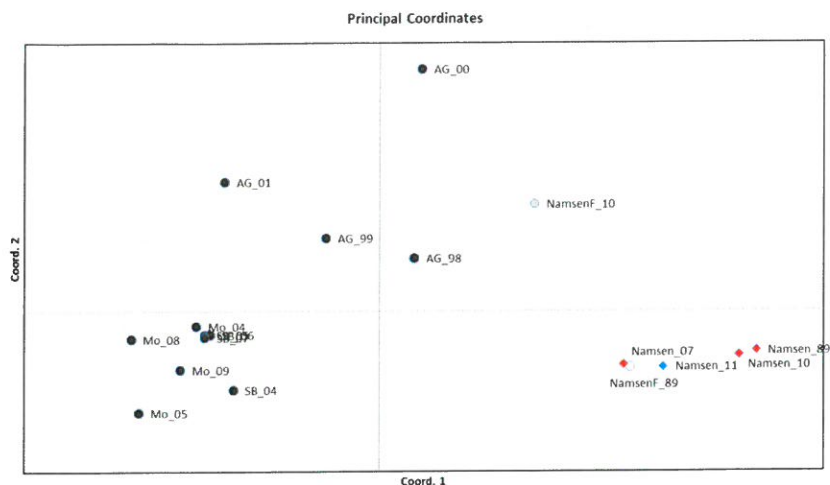


Figur 1. Insamlinglokaliteter av 0+ i Namsen 2011.

Totalt genomiskt DNA extraherades från 60 vuxenfisk insamlade i 2010, bestående av 30 villfisk och 30 oppdrettsfisk, samt 190 0+ insamlade i 2011. Individerna blev analyserade för genotyp vid 59 genetiska markörer, som på generellt grundlag tillsammans skiljer mellan oppdrettsfisk och villfisk, som beskrivet i Karlsson m fl. (2011). Det genetiska datamaterialet blev analyserat med hjälp av GENALEX 6.0 (Peakall & Smouse 2006) i ett principal koordinat analys (PCoA) plot, baserad på parvisa genetiska distanser i form av F_{ST} , för att utforska fördelningen av genetisk variation mellan olika samples från Namsen och samples från oppdrettspopulationer. Vidare undersöktes diskriminering av individuell fisk från olika vildfisk samples från Namsen med samples av oppdrettsfisk, utan a priori information om ursprungspopulation, men endast utifrån individuell genetisk sammansättning med hjälp av STRUCTURE (Pritchard et al. 2000).

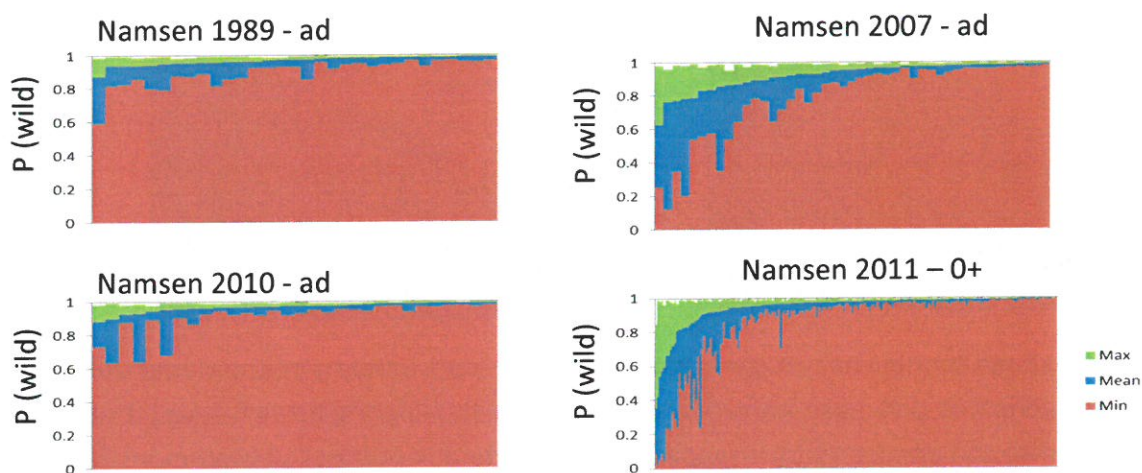
Resultater

Figur 2 visar ett Principal koordinat analyse plot baserad på parvisa genetiska distanser mellan samples av oppdrettsfisk från de dominerande avelslinjerna i Norge från Aqua Gen AS, Marine Harvest (Mowi) och Salmobreed, samt samples av fisk från Namsen i olika år karakteriserade som villfisk och oppdrettsfisk utifrån fiskjällanalyser. Plottet visar att oppdrettsfisk insamlad i Namsen 1989 ej skiljer sig mycket från villfisken, medans oppdrettsfisken insamlad i 2010 är betydligt olika villfisken och grupperar med oppdrettsfiskreferenserna från avelskärnorna. Vidare visar plottet att villfisken insamlad i 2007 är mera olika villfisken från 1989, men mera lika oppdrettsfisken från 1989 och närmare oppdrettsfisk gruppen, jämfört med villfisken insamlad i 2010 som genetiskt placerar sig nära villfisken från 1989. Ungfisken (0+) insamlad i 2011 placerade sig genetiskt längre ifrån villfisken från 1989 i riktning mot oppdrettsgruppen.



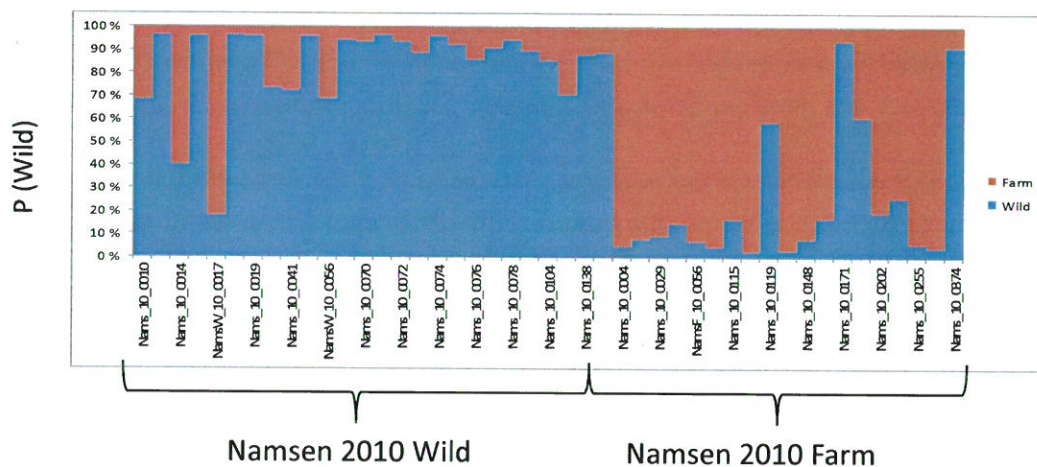
Figur 2. Principal Coordinate Analysis plot från parvisa genetiska distanser mellan oppdrettsfisk från 12 avelslinjer (svarta cirklar), oppdrettsfisk insamlad i Namsen 2010 (grå cirkel), oppdrettsfisk insamlad i Namsen 1989 (öppen cirkel) och villfisk insamlad i Namsen i olika år (diamanter). Blå diamant är ungfisk sample och röda diamanter är vuxen fisk.

Gruppering av individuell fisk till två antagna populationer, utfördes parvis mellan de olika vildsamplena från Namsen och de olika med oppdrettsamplena från de 12 avelskärnorna (Figur 3). Detta utfördes utan annan information än deras fler-markör-genotype med hjälp av programmet STRUCTURE (Pritchard m. fl. 2000). Resultatet från dessa analyserna antyder som Figur 1 att individer av vuxen fisk insamlad i 2007 och ungfisk insamlad i 2011 har större genetisk likhet med oppdrettsfisk än vuxen fisk insamlad i 1989. Vuxen fisk insamlad i 2010 visade i motsättning till fisken insamlad i 2007 en mycket liten grad av oppdrettsinslag. Utfirån resultaten i dessa analyserna verkar det därför vara belägg för att hävda att inkryssning av oppdrettslaks med villaks i Namsen sker, men att grad av inkryssning varierar mycket mellan år.

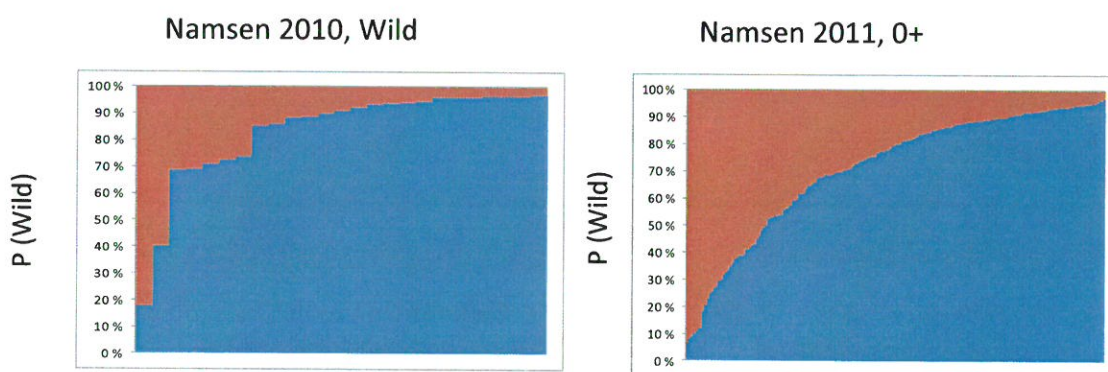


Figur 3. Parvisa analyser av samples från Namsen med 12 samples av oppdrettsfisk från avelskärnor. För varje individ anges genomsnittlig, min och max sannolikheten att tillhöra en av två antagna populationer i parvis jämförelse med de 12 oppdrettspopulationerna.

Förutom att undersöka oppdrettsinslag i den lekande populationen i Namsen hade projektet som mål att identifiera första generations hybrider mellan oppdrettsfisk och villfisk bland 0+ fisk insamlad i 2011. För denna delen av projektet inkluderas samples potentiella föräldrar till dessa, dvs villfisk och oppdrettsfisk från lekåret 2010. Som grupper var den genetisk separation mellan villfisken och oppdrettsfisken tydlig (Figur 2), men på individuellt nivå, såg en del (5 st.) oppdrettsfiskar ut som villfisk och en del villfiskar liknade mera på oppdrettsfisk gruppen (Figur 4.) Utifrån detta resultatet kunde vi inte på individnivå förvänta att eventuella första generations hybrider kunde identifieras med tillförlitlig säkerhet. Emellertid, så som demonstrerades i Figur 2, visade 0+ samplena från 2011 en genetisk signatur att vara mera lika oppdrettsfisken än deras potentiella villfiskföräldrar i 2010 (Figur 5).

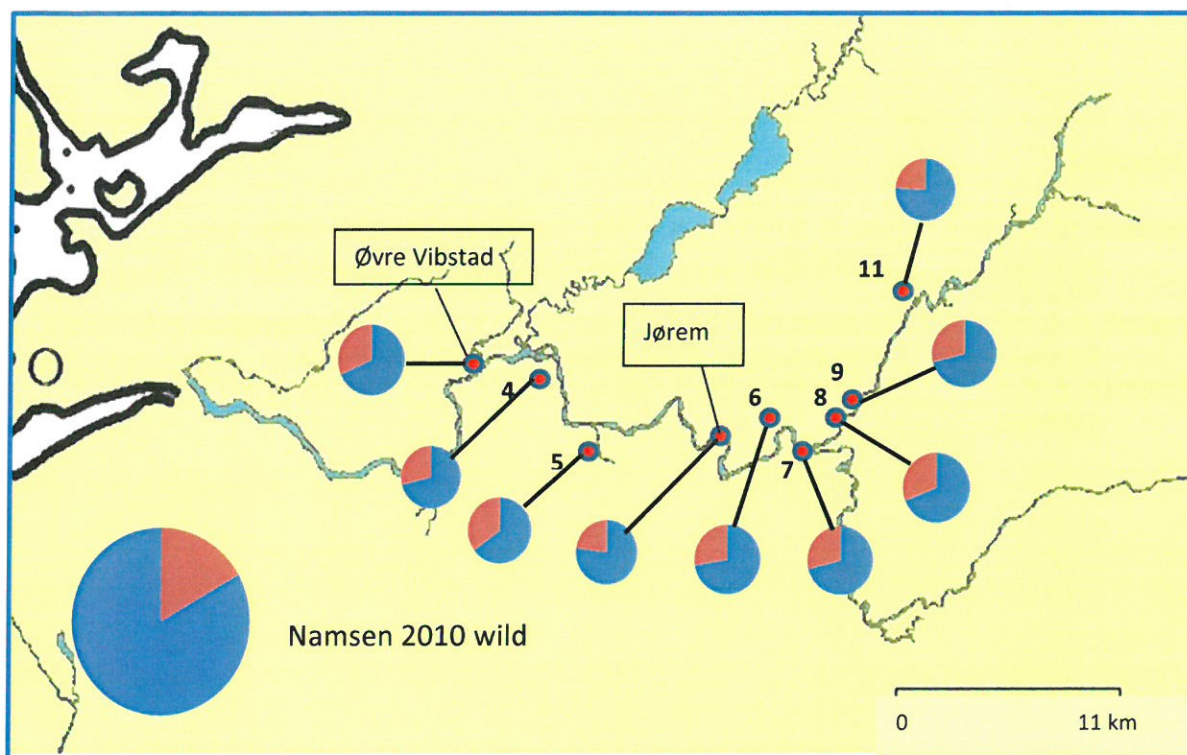


Figur 4. Individuell sannolikhet att genetiskt tillhöra en av två antagna populationer utifrån fler-markör-genotype och ingen information om a priori klassifiering till villfisk/oppdrettsfisk för vuxen fisk insamlad i 2010.



Figur 5. Individuell sannolikhet att genetiskt tillhöra en av två antagna populationer utifrån fler-markör-genotype och ingen information om a priori klassifiering till villfisk/oppdrettsfisk för vuxen villfisk och oppdrettsfisk insamlad i 2010 och deras potentiella avkommor i 2011 (0+).

Utifrån estimat av individuell sannolikhet att tillhöra villfisk och oppdrettsfisk gruppen i figur 5, beräknades genomsnittlig sannolikhet över individer samplade vid olika stationer. Resultatet av detta antyder att det inte var någon betydlig skillnad i oppdrettsinkryssning mellan de olika stationerna, eller mellan de övre och nedre delarna av Namsenvattendraget (Figur 6).



Figur 6. Genomsnittlig estimerad sannolikhet att tillhöra en av två antagna populationer av individuell ungfisk insamlad i 2011 i jämförelse med vuxenfisk insamlad i 2010, bestående av både oppdrettsfisk och villfisk, presenterad för varje insamlingsstation.

Slutsatser

- Inkryssning av oppdrettslaks med villaks i Namsen sker, men grad av inkryssning verkar variera mycket från år till år. För att kvantifiera grad av inkryssning i hela Namsen populationen bör man därför undersöka flera påföljande år, för att omfamna variation mellan årsklasser.
- Samplena av ungfisk (0+) från 2011 verkade ha en större grad av oppdrettsinslag än deras potentiella vildfisk föräldrar.
- I detta datamaterialet kunde vi inte avtäckta skillnader i oppdrettsinslag i ungfisken mellan olika insamlingstationer, ej heller mellan de övre och nedre delarna av Namsen. Emellertid, datamaterialet gav ej grundlag för att tillförlitligt identifiera enskilda individer som första generationshybrider mellan oppdrettsfisk och villfisk, varför teststyrkan för undersöka geografisk fördelning av hybrider ansågs som svag.
- Huvudorsakerna till den relativt dåliga separationen mellan individuell villfisk och oppdrettsfisk insamlad i Namsen 2010, antas vara en för liten sample storlek av dessa

grupperna i tillägg till att oppdrettslaksen insamlad i Namsen troligtvis har sitt ursprung i många olika oppdrettspopulationer. Man kan heller inte utesluta att någon av fiskarna blivit felklassificerade utifrån fiskjällanalyser. Det sistnämnda anses dock inte vara en huvudorsak, då flera av oppdrettsfiskarna grupperades med villfisken, hade flera tydliga karaktärer (morfologiskt och växtmönster) som utpekade dem som oppdrettsfisk.

Referenser

- Karlsson, S., Moen, T., Lien, S. & Hindar, K. 2011. Generic genetic differences between farmed and wild Atlantic salmon identified from a 7K SNP-chip. - *Molecular Ecology Resources* 11 (Suppl. 1): 247-253.
- Peakall, R. & Smouse, P. E. 2006. GENALEX 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. - *Molecular Ecology Notes* 6 (1): 288-295.
- Pritchard, J. K., Stephens, M. & Donnelly, P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. - *Genetics* 155: 945-959.