

Beiarelva og Saltdalselva – et prosjekt med fokus på bestands- overvåking og påvirkning fra oppdrettsnæringen

Statusrapport fra NINA april 2010

Arne J. Jensen og Kjetil Hindar

Innhold

| | |
|--|----|
| 1 Innledning | 2 |
| 2 Metoder og materiale | 3 |
| 2.1 Skjellprøver av voksen fisk..... | 3 |
| 2.2 Genetiske analyser | 3 |
| 2.3 Tetthet av ungfisk | 5 |
| 3 Resultater | 7 |
| 3.1 Skjellprøver av voksen fisk..... | 7 |
| 3.1.1 Beiarelva | 7 |
| 3.1.2 Saltdalselva | 9 |
| 3.2 Genetiske analyser | 12 |
| 3.2.1 Er de ulike stikkprøvene av villaks og oppdrettslaks genetisk forskjellige? | 12 |
| 3.2.2 Hvor mye genetisk variasjon inneholder stikkprøvene?..... | 12 |
| 3.2.3 I hvilken grad likner rømt oppdrettslaks på lokal oppdrettslaks og villaks? | 13 |
| 3.2.4 Hva er den mest sannsynlige tilhørigheten til enkeltindivider av rømt oppdrettslaks i Beiarelva? | 14 |
| 3.3 Tetthet av ungfisk | 14 |
| 4 Diskusjon | 16 |
| 4.1 Fiskens opprinnelse analysert fra skjellprøver..... | 16 |
| 4.2 Genetiske analyser | 16 |
| 5 Referanser | 18 |

1 Innledning

NINA bidrar med skjellanalyser og genetiske analyser av laks fra Beiarelva og Saltdalselva i et større prosjekt med tittel: "Beiarelva og Saltdalselva - et prosjekt med fokus på bestandsovervåking og påvirkning fra oppdrettsnæringen". Prosjektets mål er over en periode på fem år å prøve å kartlegge den totale oppvandringen av fisk i Beiarelva og Saltdalselva. Oppvandringsregistreringen vil i Saltdalselva skje ved videoovervåking, som utover antall, arts- og størrelses- og kjønnsfordeling også gir informasjon om andelen av laks med klare oppdrettskarakterer og på en grovere skala kan gi et inntrykk av forekomsten av lakselus. I tillegg vil antall gytefisk bli talt ved overflatedriv omhøsten (gytefisketelling). I Beiarelva viste videoovervåking i sesongen 2008 at metoden ikke er egna på grunn av dårlig sikt. Fra og med 2009 vil totalbestandsregistreringer i Beiarelva søkes oppnådd gjennom gytefisketelling. Slike registreringer vil langt på vei gi samme informasjon som videoregistreringer dersom de kombineres med fangststatistikk, men vi mister informasjon om oppvandringstidspunkt og eventuelle påslag av lakslus.

NINA har i mange år overvåket ungfiskbestandene av laks og ørret i Saltdalselva. Disse undersøkelsene finansieres av DN og NINA. Vi har inkludert data om tetthet av ungfisk i denne rapporten da disse dataene bidrar til å beskrive langtidsvariasjoner i bestandsstørrelse.

Foreliggende rapport viser status for NINAs aktivitet i prosjektet pr. april 2010.

2 Metoder og materiale

2.1 Skjellprøver av voksen fisk

I 2009 ble det levert inn 735 prøver av laks og 38 prøver av sjøørret fra sportsfisket i Beiarelva. Tilsvarende tall for 2008 var 896 prøver av laks og 30 prøver av sjøørret (**tabell 1**). I Saltdalselva ble det samlet inn prøver av 147 laks og 333 sjøørret i 2008 og 180 laks og 290 i 2009 sjøørret. Bare skjellprøver av laks bearbejdes i forbindelse med dette prosjektet.

Alle prøvene fra Saltdalselva og halvparten av prøvene fra Beiarelva ble analysert med hensyn til opprinnelse, alder og vekst, slik at fiskens alder ved utvandring til sjøen (smoltalder) og antall år i sjøen ble registrert. Dessuten ble fiskens lengde ved smoltutvandring (smoltlengden) tilbakeberegnet ved lineær tilbakeberegning. Da NINA mottok skjellmaterialet fra Beiarelva i 2009 var det allerede sortert ut en bunke på 45 skjellprøver, og der var en stor andel oppgitt som rømt oppdrettsfisk. Vi analyserte derfor alle disse prøvene samt annenhver av de øvrige 690 prøvene. Totalt ble 439 prøver fra Beiarelva analysert i 2008 og 387 i 2009.

Tabell 1. Skjellprøver av laks og sjøørret innsamlet fra sportsfisket i Beiarelva og Saltdalselva i årene 2008-2009.

| År | Beiarelva | | Saltdalselva | |
|------|-----------|----------|--------------|----------|
| | Laks | Sjøørret | Laks | Sjøørret |
| 2008 | 896 | 30 | 147 | 333 |
| 2009 | 735 | 38 | 180 | 290 |

2.2 Genetiske analyser

Fra materialet i 2008 ble 80 villaks fra hver elv analysert genetisk. Disse ble plukket ut tilfeldig blant de som ble skjell-lest. I tillegg ble alle laks analysert som ut fra skjellkarakterer ble karakterisert som rømt oppdrettsfisk. Det gjaldt ca. 40 individer fra Beiarelva og 3-5 fra Saltdalselva.

I tillegg er det hittil tatt prøver av 200 laks fra oppdrettsanlegget til Salten Aqua AS til genetiske analyser. Disse tilhørte årsklassene som klekket i 2007 og 2008, med 100 prøver fra hver årsklasse. Vi har også mottatt 100 prøver fra årsklassen som klekket i 2009, men disse prøvene er enda ikke analysert.

Genetiske analyser ble foretatt på et utvalg av voksen laks innsamlet i 2008 fra Beiarelva og Saltdalselva, og fra et kommersielt oppdrettsanlegg. I denne omgang ble i alt 287 individer valgt ut for å representere villaks i Beiarelva (80) og Saltdalselva (77), to årsklasser av oppdrettlaks (48 fra smoltutsett 2007, 45 fra 2008) og fisk karakterisert som rømt oppdrettslaks i Beiarelva (37). Fisk som ble karakterisert som ”usikre” ble ikke analysert i denne omgang. Om lag like store utvalg av skjellprøvene fra 2009 vil bli gjenstand for genetiske analyser.

Arvestoff (DNA) fra de i alt 387 individene ble utvunnet fra skjellprøver på NINAs populasjonsgenetiske laboratorium i Trondheim med et EZNA tissue kit. Åtte antatt høyvariable DNA-sekvenser, såkalte DNA-mikrosatellitter, ble oppformert på laboratoriet med en polymerase-kjedereaksjon (PCR, polymerase chain reaction), og analysert i en DNA-sekvenseringsmaskin for å bestemme genotypen i hver mikrosatellitt. Mikrosatellitter er DNA-sekvenser på 100–300 basepar (=byggeklossene i arvestoffet) der arvestoffet ”stammer” på den måten at de samme 2-4 byggeklossene er repetert et stort og varierende antall ganger. Dette gir mulighet for å finne et stort antall ulike genotyper i hver mikrosatellitt. En genotype er kombinasjonen av de to variantene av hvert gen (her: hver mikrosatellitt) som individet har fått fra henholdsvis far og mor. De to genvariantene (eller allelene) kan være ulike – da er individet heterozygot i genet, eller de er like – da er individet homozygot i genet. Ved analyse av flere mikrosatellitter for et individ, er det mulig å påvise og kvantifisere genetiske forskjeller mellom individer og bestander.

Alle de valgte mikrosatellittene, *Ssa289*, *SsOSL438*, *SsOSL85*, *Ssa14*, *Ssa171*, μ 20.19, *Ssa197* og *Ssa408*, er vanlig brukt i litteraturen og anvendt i studier av laks ved NINAs laboratorium tidligere. To av disse mikrosatellittene kan skille mellom laks og ørret, og ett feil-klassifisert individ fra Saltdalselva (en ”rømt oppdrettslaks” viste seg å være sjøørret) ble ekskludert fra analysene.

Basert på kunnskap om genotypene hos hvert enkeltindivid i de åtte mikrosatellittene, er det utført genetisk-statistiske tester av materialet. Testene er utført med standard populasjonsgenetisk analyseverktøy, først og fremst programvaren Genepop (Raymond & Rousset, 1995). Vi analyserte hvorvidt stikkprøvene var i genetisk likevekt, og hvorvidt de viste ulik sammensetning av genvarianter i de åtte mikrosatellittene. Vi lagde et to-dimensjonalt plot over genetiske forskjeller mellom stikkprøver, og målte de relative forskjellene mellom stikkprøver med Wrights mål for genetisk variasjon mellom bestander – F_{st} (Wright, 1969).

Analyse av genetisk tilhørighet hos enkeltindivider er gjennomført med GeneClass (Cornuet m. fl., 1999). Testene er basert på at hvert individ er karakterisert ved sin genotype (dvs. kombinasjonen av de to genvariantene som individet har fått fra henholdsvis far og mor) i mange gener (en såkalt ”mange-gens genotype”). Ut fra denne mange-gens genotypen kan vi finne den bestanden som individet med størst sannsynlighet kommer fra, basert på kunnskap

om frekvensene av ulike genvarianter i de samme genene i et sett av mulige kilder (referansebestander).

Vi har utført to typer tester med denne metodikken:

- 1. Tilhørighet til referansebestand.** Ett og ett individ fra et ukjent materiale (her: rømt oppdrettslaks i Beiarelva) testes mot ulike referansebestander for å finne den mest sannsynlige tilhørigheten. Vi beregner sannsynligheten for å finne individets mange-gens genotype ut fra den genetiske sammensetningen i hver referansebestand. Denne sannsynligheten vil naturlig nok være lav for alle mange-gens genotyper i gener med mange genvarianter, men den kan kvantifiseres og sammenliknes mellom ulike referansepopulasjoner som mulig kilde. Den referansebestanden som individet har høyest sannsynlighet for å tilhøre, velges som den rette – uansett om den sanne kilden er representert blant referansebestandene.
- 2. Eksklusjon av referansebestand.** Dette er en analyse som sjekker hvorvidt vi har funnet en tilhørighet som er sannsynlig eller ikke. Den gjennomføres ved å etterlikne store bestander i datamaskin for å se hvor ofte ulike sannsynligheter for tilhørighet (som de vi har målt) forekommer i bestanden. Denne testen kan brukes til å forkaste en referansebestand som kilde, selv om den er ”likest” de ukjente fiskene blant de referansebestandene vi har informasjon om. Her kan vi bruke ulike grenser for forkasting – for eksempel forkastes en referansebestand om individet er sjeldnere enn 1/1000 av bestanden.

Vi understreker at en slik test ikke ekskluderer muligheten for at individene har rømt fra andre anlegg som bruker samme oppdrettsstamme: testen vurderer ”stammetilhørighet” og ikke ”anleggstilhørighet”. Testen vil også være noe urealistisk for voksen laks fanget i 2008, siden denne ikke kan tilhøre smoltutsett i 2008 og kun delvis tilhøre smoltutsett i 2007 (dvs. laks rømt i løpet av 2007-08 som kommer til elva som smålaks i 2008. Testene vil være mer realistiske for materialet samlet inn i elvene i 2009 og 2010.

2.3 Tetthet av ungfisk

NINA har beregnet tettheter av ungfisk i Saltdalselva, men ikke i Beiarelva. I Saltdalselva har det årlig i august siden 1976 blitt samlet inn ungfisk til tetthetsberegninger med elektrisk fiskeapparat på åtte faste stasjoner. En stasjon ligger i Lønselva, en i Junkerdalselva og seks i hovedelva. Stasjonenes beliggenhet er vist i Jensen & Saksgård (1987) og Jensen & Johnsen (1999). Fem av de seks stasjonene i hovedelva og stasjonen i Junkerdalselva har vært benyttet hvert år siden 1976. Stasjonen i Lønselva ble benyttet hvert år siden 1979. På grunn av naturlige endringer i elva måtte en av stasjonene i hovedelva (st. 9) flyttes i 2000 og ble samtidig gitt nytt nummer (st. 16). Alle stasjonene har et areal på 100 m² hver (inntil 1994 var en av stasjonene på 120 m²). Før 1985 ble hver stasjon bare overfisket to ganger, mens vi senere har fisket tre omganger på hver stasjon. Årsyngelen er ikke inkludert i tetthetsberegningene på grunn av liten størrelse (vanligvis bare 27-34 mm) og lav fangbarhet.

Ved tetthetsberegningene på ettersommeren har vannføringen (målt av NVE på stasjon 163.5.0 nederst i Junkerdalselva) variert mellom 4,7 og 42,0 m³/s, med et gjennomsnitt på 23,2 m³/s. Det er dokumentert at tetthetsestimater for ungfisk påvirkes av hvor stor vannføringen er i elva når feltarbeidet utføres, idet elfiske på høy vannføring gir lavere estimater enn på lav vannføring (Jensen & Johnsen 1988). Jensen & Johnsen (1988) anbefalte derfor å justere tetthetsestimater til å gjelde for en fast referansevannføring. 28 års data fra Saltdalselva (1976-2003) viste en signifikant sammenheng mellom vannføring og tetthet av både laks ($y = -0,525 x + 26,0$, $r^2 = 0,340$, $p < 0,01$) og ørret ($y = -0,615 x + 40,4$, $r^2 = 0,414$, $p < 0,01$) (Jensen 2004). Vi har derfor justert alle tetthetstall til å gjelde for en vannføring på 20 m³/s (målt nederst i Junkerdalselva), som er median vannføring på dette målepunktet pr. 8. august.

3 Resultater

3.1 Skjellprøver av voksen fisk

3.1.1 Beiarelva

2008

Av de 439 individene som ble analysert med hensyn til opprinnelse, alder og vekst, var det åtte individer som hadde så dårlige skjell at de ikke kunne analyseres. Blant de øvrige 431 individene (**tabell 2**) var det 387 (89,8 %) villfisk, 37 (8,6 %) var rømt oppdrettsfisk og sju individer (1,6 %) var enten rømt eller kultivert (produsert for å settes ut i elv som forsterkningstiltak), uten at vi kunne avgjøre det sikkert.

Av de analyserte skjellprøvene var det 206 hanner og 120 hunner (**tabell 3**), og dette gir en kjønnsfordeling på 63 % hanner og 37 % hunner. Tabellen viser at det var stor overvekt av hanner blant smålaksen (1 år i sjøen), omtrent jevn fordeling for mellomlaksen (2 år i sjøen) og overvekt av hunner for eldre fisk. Dette er normal kjønnsfordeling i de fleste norske laksebestandene.

Smoltalderen hos villaks som ble fisket i Beiarelva i 2008 varierte mellom 2 og 5 år (**figur 1**). Det var overvekt av 4 års smolt (76 %), mens tre års smolt var det nest vanligste (14 %). Gjennomsnittlig smoltalder var $3,89 \pm 0,53$ (SD) år.

Tabell 2. Analyser av skjellmateriale av laks fra sportsfiskefangstene i Beiarelva i 2008. Tabellen viser fordeling mellom villfisk og rømt oppdrettsfisk, samt hvor lenge (antall år) de har vært i sjøen. Sju individer var enten rømt eller utsatt, uten at vi kunne avgjøre det sikkert.

| Sjøalder | Villaks | Rømt | Utsatt/rømt | Sum |
|----------|---------|------|-------------|-----|
| 1 | 117 | 1 | 0 | 118 |
| 2 | 120 | 0 | 3 | 123 |
| 3 | 113 | 0 | 3 | 116 |
| 4 | 19 | 1 | 0 | 20 |
| 5 | 3 | 0 | 0 | 3 |
| Usikker | 15 | 35 | 1 | 51 |
| Sum | 387 | 37 | 7 | 431 |

Tabell 3. Kjønnfordeling av villaks fra Beiareelva i 2008, basert på opplysninger fra innsendte skjellkonvolutter, fordelt etter alder (antall år) i sjøen. 61 prøver der det manglet opplysninger om kjønn er utelatt fra tabellen.

| Sjøalder | Hann | Hunn | Sum |
|----------|------|------|-----|
| 1 | 82 | 13 | 95 |
| 2 | 54 | 56 | 110 |
| 3 | 61 | 42 | 103 |
| 4 | 8 | 8 | 16 |
| 5 | 1 | 1 | 2 |
| Sum | 206 | 120 | 326 |

2009

I 2009 ble 387 av totalt 735 skjellprøver av laks analysert. Fordelingen mellom villfisk, rømt oppdrettsfisk og utsatt fisk i de analyserte prøvene fra 2009 er vist i **tabell 4**. Materialet er imidlertid ikke representativt (se Metoder). En representativ fordeling vil utgjøre ca. 680 villfisk, ca. 49 oppdrettsfisk og ca. 6 utsatt fisk. Dette utgjør 92,5 % villfisk, 6,7 % oppdrettsfisk og 0,8 % utsatt fisk.

Tabell 4. Analyser av skjellmateriale av laks fra sportsfiskefangstene i Beiareelva i 2009. Tabellen viser fordeling mellom villfisk, rømt oppdrettsfisk og utsatt fisk, samt hvor lenge (antall år) de har vært i sjøen.

| Sjøalder | Villaks | Rømt | Utsatt | Sum |
|----------|---------|------|--------|-----|
| 1 | 47 | 1 | | 48 |
| 2 | 129 | | 1 | 130 |
| 3 | 130 | | 1 | 131 |
| 4 | 8 | | 1 | 9 |
| 5 | 3 | | | 3 |
| Usikker | 27 | 38 | 1 | 66 |
| Sum | 344 | 39 | 4 | 387 |

Av de analyserte skjellprøvene var det 143 hanner og 155 hunner (**tabell 5**), og dette gir en kjønnfordeling på 48 % hanner og 52 % hunner. Tabellen viser at det var stor overvekt av hanner blant smålaksen (1 år i sjøen), omtrent jevn fordeling for mellomlaksen (2 år i sjøen)

og overvekt av hunner for eldre fisk. Dette er normal kjønnsfordeling i de fleste norske laksebestandene.

Smoltalderen hos villaks som ble fisket i Beiarelva i 2009 varierte mellom 2 og 5 år (**figur 1**). Det var overvekt av 4 års smolt (75 %). De fleste andre var tre (13 %) eller fem år (12 %). Gjennomsnittlig smoltalder var $3,98 \pm 0,52$ (SD) år.

Tabell 5. Kjønnsfordeling av villaks fra Beiarelva i 2009, basert på opplysninger fra innsendte skjellkonvolutter, fordelt etter alder (antall år) i sjøen. 46 prøver der det manglet opplysninger om kjønn er utelatt fra tabellen.

| Sjøalder | Hann | Hunn | Sum |
|----------|------|------|-----|
| 1 | 27 | 14 | 41 |
| 2 | 69 | 53 | 122 |
| 3 | 44 | 80 | 124 |
| 4 | 2 | 6 | 8 |
| 5 | 1 | 2 | 3 |
| Sum | 143 | 155 | 298 |

3.1.2 Saltdalselva

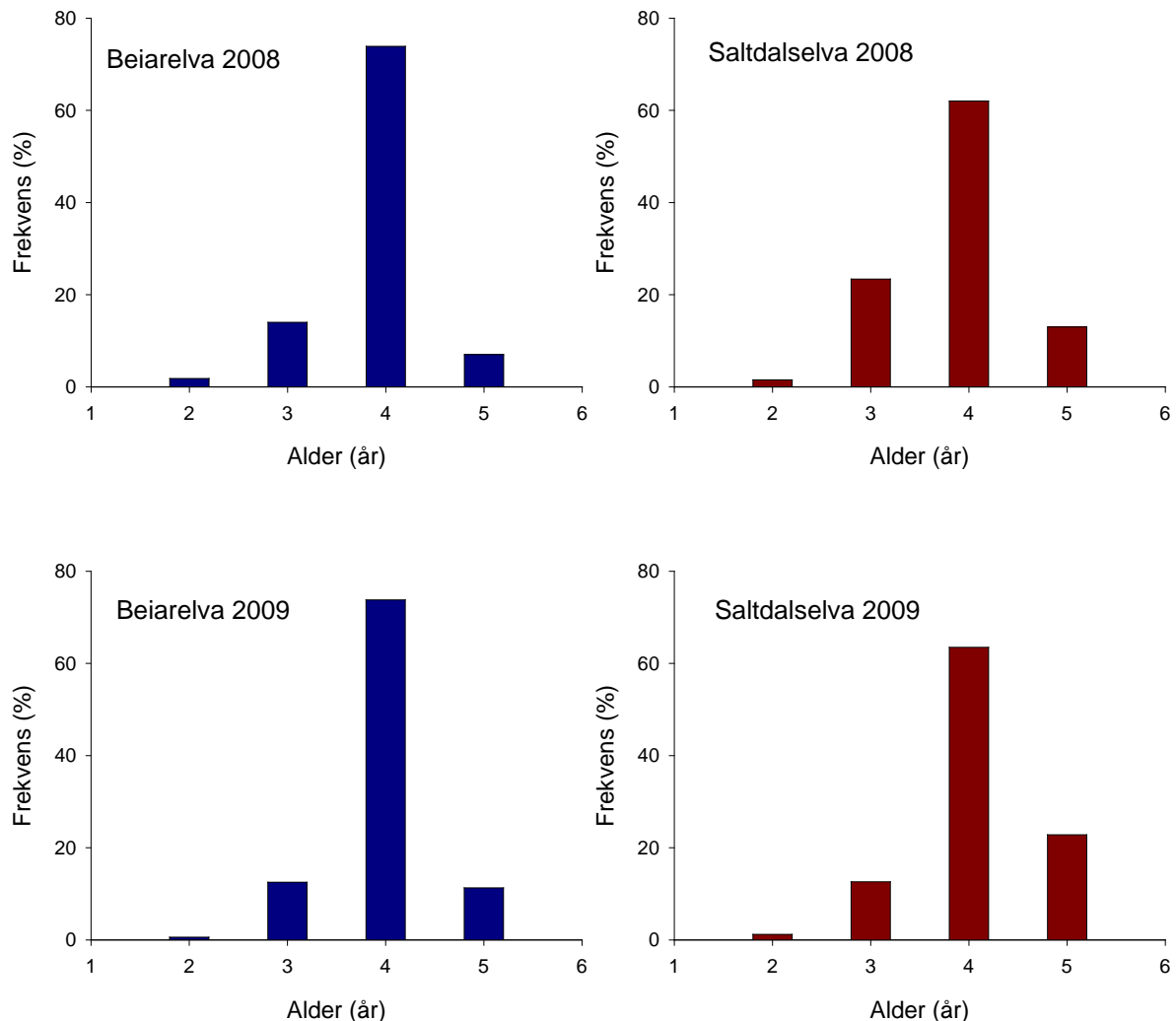
2008

Det ble levert inn 147 skjellkonvolutter med prøver av laks fra sportsfisket i Saltdalselva i 2008, men fire av konvoluttene var tomme. I følge fangststatistikken ble det totalt tatt 484 laks i 2008. Av disse ble 206 satt ut igjen, mens 278 ble avlivet. Det betyr at vi mottok skjellprøver av 51 % av de laksene som skulle vært prøvetatt.

Av de 143 laksene var 138 villfisk, tre var rømt oppdrettsfisk, mens det ikke var mulig ut fra skjellkarakterer å klassifisere de to siste. Av de 138 villfiskene hadde 60 individer (43 %) vært ett år i sjøen, 51 (37 %) hadde vært to år i sjøen og 20 (14 %) hadde vært tre år i sjøen (**tabell 6**). Det ble også funnet to individer som hadde vært fire år i sjøen og et hadde vært fem år i sjøen. Denne aldersfordelingen er ikke representativ for bestanden, i og med at det er forbudt å avlive vill hunnlaks over 65 cm.

Ifølge opplysningene som er gitt på skjellkonvoluttene, så var det 120 hannfisk og 12 hunnfisk i prøvene (**tabell 6**). Årsaken til den svært skjeve kjønnsfordelingen er opplagt at det er forbudt å avlive vill hunnlaks over 65 cm. Hunnlaksen er normalt større og oppholder seg flere år i sjøen enn hannlaksen.

Smoltalderen hos villaks som ble fisket i Saltdalselva i 2008 varierte også mellom 2 og 5 år, slik som i Beiarelva (**figur 1**). Det var overvekt av 4 års smolt (62 %), mens tre års smolt var det nest vanligste (23 %). Gjennomsnittlig smoltalder var $3,87 \pm 0,64$ (SD) år, som er det samme som i Beiarelva samme år, men med noe større variasjon.



Figur 1. Fordeling av smoltalderen til laks som ble fisket i Beiarelva og Saltdalselva i 2008 og 2009.

2009

I 2009 ble det levert 180 skjellprøver av laks. I følge fangststatistikken ble det tatt 558 laks i vassdraget i 2009. Av disse ble 318 avlivet og 240 satt ut igjen. Dermed ble det sendt inn skjellprøver av 57 % av de som skulle vært prøvetatt.

Av de 180 prøvene var det 170 villfisk, 9 rømt oppdrettsfisk og en med usikker opprinnelse. 22 (13 %) av villaksene hadde vært et år i sjøen, 88 (52 %) hadde vært to år i sjøen, 37 (22 %)

%) hadde vært tre år i sjøen og et individ (1 %) hadde vært fire år i sjøen (**tabell 7**). Heller ikke i 2009 var aldersfordelingen representativ for bestanden, i og med at det er forbudt å avlive vill hunnlaks over 65 cm.

Ifølge opplysningene på skjellkonvoluttene så var det 141 (83 %) hanner og 25 (15 %) hunner i materialet (**tabell 7**). For fire fisk var kjønnnet ikke oppgitt. Kjønnfordelingen var også i 2009 svært skjev, noe som i stor grad skyldes at det er utsetningsplikt for hunnfisk over 65 cm. Imidlertid var det 12 prøver av hunnfisk over 65 cm i materialet, og dessuten var det to fisk i denne størrelsesgruppen som det ikke var notert kjønn på. Disse skulle vært satt ut igjen.

Smoltalderen hos villaks som ble fisket i Saltdalselva varierte også i 2009 mellom 2 og 5 år (**figur 1**). Det var overvekt av 4 års smolt (62 %), mens fem års smolt var det nest vanligste (22 %). Gjennomsnittlig smolalder var $4,08 \pm 0,63$ (SD) år.

Tabell 6. Analyser av skjellmateriale av vill laks fra sportsfiskefangstene i Saltdalselva i 2008. Tabellen viser aldersfordelingen (antall år) i sjøen, fordelt på kjønn.

| Antall år i sjøen | Hann | Hunn | Usikker | Sum |
|-------------------|------|------|---------|-----|
| 1 | 53 | 1 | 6 | 60 |
| 2 | 45 | 6 | 0 | 51 |
| 3 | 15 | 5 | 0 | 20 |
| 4 | 2 | 0 | 0 | 2 |
| 5 | 1 | 0 | 0 | 1 |
| Usikker | 4 | 0 | 0 | 4 |
| Sum | 120 | 12 | 6 | 138 |

Tabell 7. Analyser av skjellmateriale av vill laks fra sportsfiskefangstene i Saltdalselva i 2009. Tabellen viser aldersfordelingen (antall år) i sjøen, fordelt på kjønn.

| Antall år i sjøen | Hann | Hunn | Usikker | Sum |
|-------------------|------|------|---------|-----|
| 1 | 18 | 3 | 1 | 22 |
| 2 | 73 | 14 | 1 | 88 |
| 3 | 29 | 6 | 2 | 37 |
| 4 | 1 | 0 | 0 | 1 |
| Usikker | 20 | 2 | 0 | 22 |
| Sum | 141 | 25 | 4 | 170 |

3.2 Genetiske analyser

3.2.1 Er de ulike stikkprøvene av villaks og oppdrettslaks genetisk forskjellige?

En test av om *alle* de fem stikkprøvene av laks (dvs Oppdrett 07, Oppdrett 08, Rømt oppdrett i Beiarelva, Beiarelva villaks, og Saltdalselva villaks) kan representere én og samme bestand, viste at de var høyt signifikant genetisk forskjellige ($P < 0,0001$). Dette gjaldt for 7 av 8 mikrosatellitter ($P < 0,0001$ i alle) mens den siste (*Ssa14*) viste ikke-signifikant variasjon mellom stikkprøver ($P = 0,15$). For å finne ut mer om eventuelle mønstre i de genetiske forskjellene, ble det gjort parvise sammenlikninger mellom de fem stikkprøvene.

De fem stikkprøvene viste følgende resultat med hensyn til innbyrdes genetiske forskjeller:

- Alle par av stikkprøver er høyt signifikant genetisk forskjellige fra hverandre, selv når vi tar hensyn til at det er gjort mange tester med de samme stikkprøvene. Dette betyr blant annet at:
 - To utsett (årsklasser) av oppdrettslaks fra samme oppdrettsanlegg var høyt signifikant forskjellige.
 - Villaks fra Beiarelva og Saltdalselva var høyt signifikant forskjellige.
 - Rømt oppdrettslaks i Beiarelva var høyt signifikant forskjellig fra villaks i Beiarelva.

3.2.2 Hvor mye genetisk variasjon inneholder stikkprøvene?

Vi kvantifiserte genetisk variasjon i hver stikkprøve ved å beregne heterozygositet og ved å beregne det vi kan kalle "allelrikdom" (dvs. mangfoldet av alleler eller genvarianter, analogt med artsrikdom for mangfoldet av arter). Mens den observerte heterozygositeten hos de to stikkprøvene av oppdrettslaks var henholdsvis 0,66 og 0,61 for 07- og 08-utsettet (som betyr at i gjennomsnitt rundt to tredjedeler av individene er heterozygote i et gen; **tabell 8**), er den observerte heterozygositeten i stikkprøvene av villaks noe større, hhv 0,74 i Beiarelva og 0,76 i Saltdalselva (eller altså tre fjerdedeler av individene var heterozygote). Laksen som var karakterisert som rømt oppdrettslaks i Beiarelva 2008, hadde en observert heterozygositet som lå mellom stikkprøvene av oppdrettslaks og villaks.

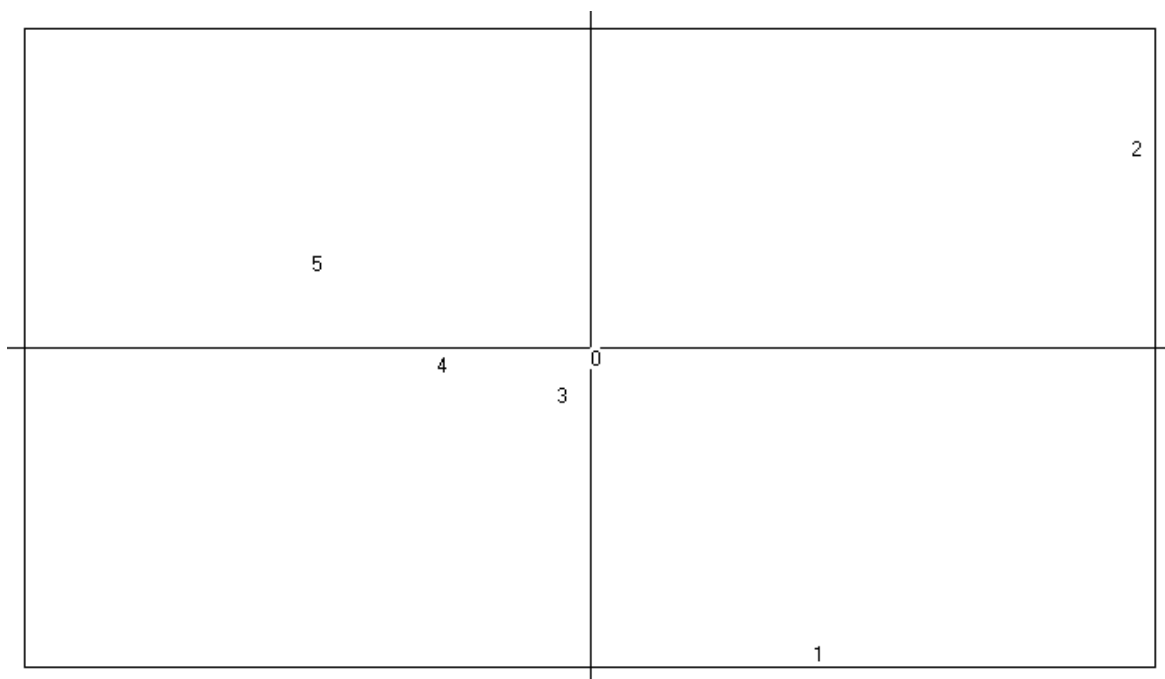
Et alternativt mål for genetisk variasjon innad i en bestand er antall ulike genvarianter (alleler). Når dette tallet er justert for antall individer i stikkprøven, kalles det "allel-rikdom" eller "allel-rikhet". I vårt materiale sammenliknet vi alle stikkprøvene i forhold til hvor mange ulike alleler vi forventer å finne hos 36 individer i de 8 studerte mikrosatellittene. Også for dette målet ser det ut til at oppdrettslaksen har et noe redusert mangfold i forhold til stikkprøvene av villaks; henholdsvis til sammen 60 og 54 ulike alleler for åtte mikrosatellitter blant 36 individer av oppdrettslaks fra anlegget og rundt 80 ulike alleler for åtte mikrosatellitter blant 36 individer av villaks (**tabell 8**). Her var antall ulike alleler blant 36 individer av fisk karakterisert som rømt oppdrettslaks, like høyt som for villaksen i Beiarelva og Saltdalselva.

Tabell 8. Beregnet nivå for genetisk variasjon innenfor stikkprøver av oppdrettslaks og villaks. Forkortelsene av stedsnavn refererer til teksten. H_{obs} = observert heterozygositet; H_{exp} = forventet heterozygositet; Ar = allel-rikdom (antall alleler i åtte mikrosatellitter blant 32 individer i hver stikkprøve)

| Stikkprøve | H_{obs} | H_{exp} | Ar |
|------------------------|-----------|-----------|------|
| Oppdrett utsett 07 | 0,663 | 0,671 | 59,6 |
| Oppdrett utsett 08 | 0,614 | 0,631 | 54,2 |
| Rømt oppdr i Beiarelva | 0,715 | 0,740 | 78,6 |
| Villaks i Beiarelva | 0,743 | 0,744 | 81,6 |
| Villaks i Saltdalselva | 0,760 | 0,757 | 77,4 |

3.2.3 I hvilken grad likner rømt oppdrettslaks på lokal oppdrettslaks og villaks?

Ut fra allelfrekvensene i alle de studerte mikrosatellitene, er det mulig å lage et slektskapstre for de ulike stikkprøvene av oppdrettslaks og villaks (**figur 2**). I dette slektskapstree, som er en såkalt prinsipalkomponentanalyse, er stikkprøvene sortert i figuren i forhold til sine innbyrdes genetiske forskjeller. Slektskapstree viser at de to stikkprøvene av oppdrettslaks i anlegg (1 og 2 i figuren) er høyst forskjellig fra hverandre – og også at de er forskjellige fra laks karakterisert som rømt oppdrettslaks i Beiarelva (3).



Figur 2. Prinsipalkomponentanalyse (PCA 1 og 2) av allelfrekvenser i åtte mikrosatellitter i fem stikkprøver av laks. 1 = oppdrettslaks utsett 2007, 2 = oppdrettslaks utsett 2008, 3 = fisk karakterisert som rømt oppdrettslaks i Beiarelva, 4 = villaks i Beiarelva, 5 = villaks i Saltdalselva.

Forskjellene mellom villaks fra Beiarelva (4) og Saltdalselva (5) er mindre enn forskjellene mellom to utsett av oppdrettslaks. De to stikkprøvene som likner mest på hverandre, er fisken karakterisert som rømt oppdrettslaks i Beiarelva (3) og fisken karakterisert som villaks i Beiarelva.

3.2.4 Hva er den mest sannsynlige tilhørigheten til enkeltindivider av rømt oppdrettslaks i Beiarelva?

Fra Beiarelva har vi analysert 37 individer som ble karakterisert som rømt oppdrettslaks på bakgrunn av skjellkarakterer. Vi gjorde en test for hver og én av dem mot en referansebestand bestående av tre mulige ”opprinnelser”: Oppdrett -07 og -08, Beiarelva vill, og Saltdalselva vill.

Testen sorterte den rømte oppdrettslaksen fra Beiarelva slik: 19 ble plassert med mest sannsynlig tilhørighet blant Oppdrett-07 og -08, 13 ble plassert med mest sannsynlig tilhørighet hos Beiarelva vill, og 5 blant Saltdalselva vill.

Om vi gjorde samme test med fire referansebestander ved å skille Oppdrett-07 og Oppdrett-08, ble 11 plassert med størst sannsynlighet for tilhørighet til Oppdrett-07 og 7 ble plassert med mest sannsynlig tilhørighet blant Oppdrett-08.

Når vi testet om vi kunne ekskludere én eller begge de to Oppdrettsstammene som kilde til de 37 rømte oppdrettslaksene i Beiarelva, fant vi at for 13 av dem, kunne vi både ekskludere Oppdrett-07 eller Oppdrett-08 som kilde – dvs. disse individene hadde vært sjeldnere enn 1/1000 av en stor bestand simulert i datamaskin med genfrekvensene vi målte for disse bestandene. To av disse individene fant ingen av de fire bestandene som en mulig tilhørighet, mens Beiarelva vill var den ”kilden” vi i de fleste tilfeller ikke kunne ekskludere.

En mulig årsak til at denne siste testen er såpass inkonklusiv, kan være at vi benytter for få loci (mikrosatellitter) i testen.

3.3 Tetthet av ungfisk

I Saltdalselva var gjennomsnittlig tetthet av laksunger (unntatt årsyngel) 16,3 pr. 100 m² i perioden 1976-2009, men har variert mellom 7,0 og 31,8 fisk pr. 100 m². Høyest tetthet ble registrert på slutten av 1980-tallet, med rundt 30 individer pr. 100 m² tre år på rad. Både tidlig på 1980-tallet og spesielt midt på 1990-tallet var det lave tettheter av laks (**figur 3**). Tetthetene tok seg noe opp på slutten av 1990-tallet, men var i 2001 på nytt nede i 7,1 individer pr. 100 m². De tre siste årene har tettheten ligget mellom 14,8 og 19,0 pr. 100 m². Dette er noe lavere enn de fire årene før det igjen, men betydelig høyere enn i den svakeste perioden midt på 1990-tallet.

Tettheten av ørretunger (unntatt årsyngel) varierte mellom 17,3 og 42,7, med et gjennomsnitt på 28,2 individer pr. 100 m². Variasjonen fra år til år var mindre enn for laks (**figur 3**).

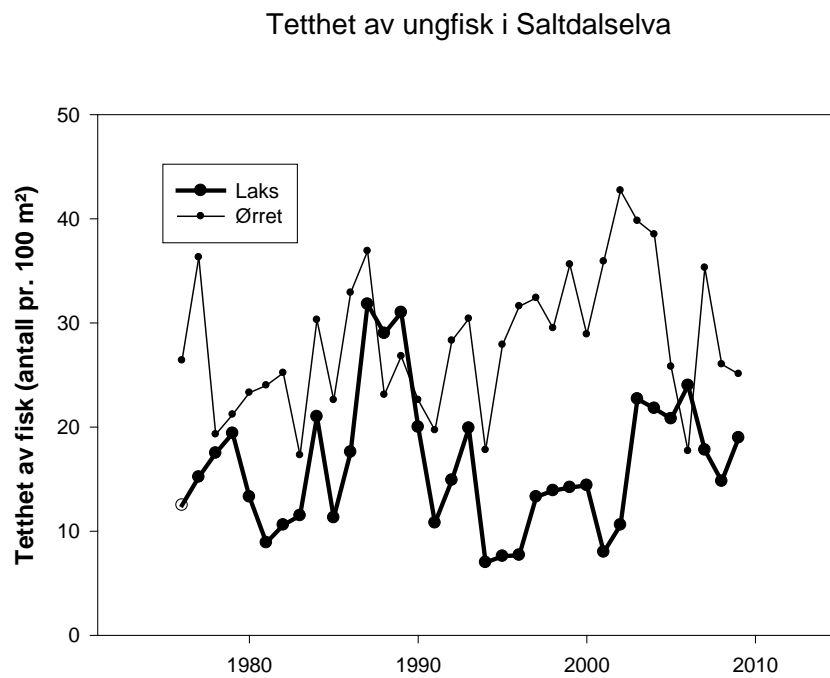


Fig. 3. Tetthet av ungfisk (antall pr. 100 m², unntatt årsyngel) i Saltdalselva 1976-2009. Tallene er justert til å gjelde for ei vannføring på 20 m³/s i Junkerdalselva mens innsamlingen ble utført.

4 Diskusjon

4.1 Fiskens opprinnelse analysert fra skjellprøver

Andelen av rømt oppdrettslaks var høyere i Beiarelva enn i Saltdalselva både i 2008 og 2009 (tabell 9). Generelt er innslaget av oppdrettslaks som blir fanget i sportsfisket i elvene i underkant av 10 % (Anon. 2009), og andelen i begge elvene, Spesielt Saltdalselva, er lavere enn dette gjennomsnittet. Lavere innslag av rømt oppdrettslaks i sportsfisket i elvene enn i sjøfisket skyldes at oppdrettslaksen i hovedsak går opp i elva seinere enn villaksen og dermed ikke blir utsatt for fangst i et like langt tidsrom som villaksen. Innslaget av rømt oppdrettslaks i prøvene fra prøvefiske og stamfiske like før gyting har de siste ti årene ligget rundt 15 % (uveid gjennomsnitt, Anon. 2009). Årsaken til at dette ligger høyere enn i sportsfisket i elvene er at rømt oppdrettslaks går senere opp i elvene enn villaks.

Tabell 9. Innslag av rømt oppdrettslaks i skjellprøvene som ble samlet inn fra sportsfisket i Beiarelva og Saltdalselva i årene 2008-2009.

| År | Beiarelva | | Saltdalselva | |
|------|-----------|---------|--------------|---------|
| | Antall | Prosent | Antall | Prosent |
| 2008 | 37 | 8,6 | 3 | 2,1 |
| 2009 | 49 | 6,7 | 9 | 5,0 |

4.2 Genetiske analyser

I dette forholdsvis begrensede materialet har vi funnet at oppdrettslaks fra anlegg i Skjerstadvjorden og villaks i de to elvene Beiarelva og Saltdalselva er innbyrdes genetisk forskjellige. Fisk karakterisert som rømt oppdrettslaks i Beiarelva, er genetisk forskjellig fra villaksen i Beiarelva, men likevel mer lik denne enn noen av de andre gruppene.

Oppdrettslaksen er mindre variabel genetisk enn villaksen, men viser betydelig innbyrdes forskjell. Dette er i tråd med andre genetiske undersøkelser (Ståhl 1987; Skaala m.fl. 2006; King m.fl. 2007).

Analyse av tilhørighet på enkeltindivider (Cornuet m.fl. 1999) viste at noen enkeltindivider av rømt oppdrettslaks i Beiarelva kunne ha sannsynlig tilhørighet til oppdrettsanlegg i nærheten, men de kunne også tilhøre villaks fra Beiarelva og Saltdalselva. For å gjøre en slik test så god som mulig, bør en øke antallet mulige bestander for tilhørighet. Videre vil det være en styrke for analysen om antallet mikrosatellitter kan økes.

Det er i disse analysene ikke noe grunnlag for å si at fisk karakterisert som rømt oppdrettslaks i Beiarelva kommer fra ett av de to utsettene (-07 og -08) i oppdrettsanlegg i nærheten, selv om det ikke kan utelukkes at enkeltindivider gjør det. Det kan heller ikke utelukkes at enkeltindivider av "rømt oppdrettslaks" er feilklassifisert. I løpet av kommende år håper vi at vi har utviklet en genetisk markør som kjenner igjen oppdrettslaks og deres avkom, uavhengig av hvilket anlegg (eller hvilken oppdrettsstamme) de kommer fra. Dette vil gjøre det lettere å skille ut eventuelle feilklassifiserte fisk i forhold til om de har opphav i en oppdrettsstamme eller en villaksstamme.

5 Referanser

- Anon. 2009. Status for norske laksebestander i 2009 og råd om beskatning. - Rapport fra Vitenskapelig råd for lakseforvaltning nr 1, 230 s.
- Cornuet, J.-M., Piry, S., Luikart, G., Estoup, A. & Solignac, M. 1999. New methods employing multilocus genotypes to select or exclude populations as origins of individuals. - *Genetics* 153: 1989-2000.
- Jensen, A.J. (red.). 2004. Geografisk variasjon og utviklingstrekk i norske laksebestander. – NINA Fagrapport 80: 1-79.
- Jensen, A.J. & L. Saksgård 1987. Fiskeribiologiske undersøkelser i lakseførende deler av Beiarelva, Saltdalselva, Lakselva og Ranaelva, Nordland, 1978-1985. - Direktoratet for naturforvaltning. Reguleringsundersøkelsene. Rapport nr. 9-1987: 1-96.
- Jensen, A.J. & Johnsen, B.O. 1988. The effect of river flow on the results of electrofishing in a large, Norwegian salmon river. - *Verh. Internat. Verein. Limnol.* 23: 1724-1729.
- Jensen, A.J. & Johnsen, B.O. 1999. The functional relationship between peak spring floods and survival and growth of juvenile Atlantic salmon (*Salmo salar*) and brown trout (*Salmo trutta*). – *Functional Ecology* 13: 778-785.
- King, T. L., Verspoor, E., Spidle, A. P., Gross, R., Phillips, R. B., Koljonen, M.-L., Sanchez, J. A. & Morrison, C. 2007. Biodiversity and population structure. Side 117-166 i E. Verspoor, L. Stradmeyer & J. L. Nielsen (red.) *The Atlantic Salmon: Genetics, Conservation and Management*. Blackwell, Oxford.
- Raymond M, & Rousset F. 1995. GENEPOP Version 1.2: Population genetics software for exact test and ecumenism. – *Journal of Heredity* 86: 248-249.
- Skaala, Ø., V. Wennevik, & K. Glover. 2006. Evidence of temporal genetic change in wild Atlantic salmon, *Salmo salar* L., populations affected by farmed escapes. – *ICES Journal of Marine Science* 63: 1224-1233.
- Ståhl, G. 1987. Genetic population structure of Atlantic salmon. Side 121-140 i N. Ryman & F. Utter (red.). *Population Genetics and Fishery Management*. University of Washington Press, Seattle, WA.