

*Statusrapport, mars 1993:*

**RØMMING, HAVBEITE OG GMO;  
UNDERSØKINGAR AV GENETISKE OG ØKOLOGISKE  
EFFEKTAR PÅ VILLE BESTANDAR**

*Øystein Skaala*

**HAVFORSKNINGSINSTITUTTET  
SENTER FOR HAVBRUK  
BERGEN, MARS 1993**

## ***INNHALD:***

1. Innleiing
2. Modellstudiet med aure
  - Gjennomføring og resultat
  - Konklusjonar
3. Genetiske og økologiske effektar av havbeite med laks
  - Utforming og framdrift av prosjektet
  - Genetiske markørar
  - Artshybridar mellom laks og aure
  - Oppdrettslaks og transgene organismar
  - Økologiske effektar
4. Oppfølging og finansiering
5. Personale
6. Aktuell litteratur

## 1. INNLEIING

Rapporten gir prosjektstatus medio september 1992. Prosjektet vart aktualisert ved den kraftige ekspansjonen i norsk fiskeoppdrett gjennom 1980-åra (Fig. 1), og tilhøyrande problem med rømming. Dette utløyste ein intens diskusjon ikkje berre nasjonalt, men og internasjonalt, og fleire fora, som td. LENKA, ICES og NASCO tok opp diskusjonen, og gav tilrådingar. Alle har konkludert med at problema må undersøkjast ved eksperimentell bruk av genetiske markørar for å måla den genetiske påverknaden. Måling av genflyt mellom populasjonar er basert på genetisk merka grupper, og reproduksjon og overføring av genetisk materiale frå ein generasjon til den neste. Slike målingar må difor gå over tid.

Seinare har spørsmåla knytta til genflyt mellom oppdrettsfisk og villfisk, og miljøeffektar av rømming, fått ny aktualitet gjennom utviklinga av genmodifiserte organismar, eller gmo, fordi det er store likhetstrekk mop. metodar for identifisering av individ og genmateriale, identifisering og kvantifisering av genstrøm frå oppdretta til ville populasjonar, og identifisering og kvantifisering av genetiske og økologiske konsekvensar. OECD som har hatt ein aktiv rolle i utviklinga av regelverket for bruk av genmodifiserte organismar, har arrangert fleire workshops om temaet. Den siste i rekkja vart arrangert 14.-17. september i år i Ottawa, Kanada. Til dette møtet var det invitert seks føredragshaldarar, ein av desse underteikna. Medan diskusjonen tidlegare har vore fokusert på mikroorganismar og planter, har OECD no vedteke å også inkludera dyr i det vidare arbeidet. Ei av årsakene til dette er truleg den sterke interessa for genmodifiserte akvatiske organismar, som fisk og skjell, og det omfattande utviklingsarbeidet som føregår på dette feltet i ei rekkje land.

Havforskningsinstituttet var mellom dei første som starta populasjonsgenetiske undersøkingar på ville populasjonar. Dette skjedde alt rundt 1960, og la grunnlaget for den kunnskapen ein no har om genetisk populasjonsstruktur og utveksling av genmateriale mellom marine populasjonar. Denne historiske basisen kan gi instituttet ein viktig posisjon på forskingsfelt knytta til genetiske og økologiske interaksjonar mellom populasjonar, antan ville eller oppdretta. Interaksjonsstudiane på laksefisk ved Havforskningsinstituttet er illustrert i Fig. 2.

Resultata i rapporten gir eit godt bilde av dei erfaringane vi har fått gjennom prosjektet så langt, mindre justeringar av talmaterialet kan likevel førekoma ved endeleg publisering. Det er søkt finansiering for vidare drift av prosjektet gjennom NFFR og PUSH. Det vil vidare bli sendt søknad til NAVF under programmet "Miljøeffektar av utsetting av genmodifiserte organismar i naturen", og til DN.

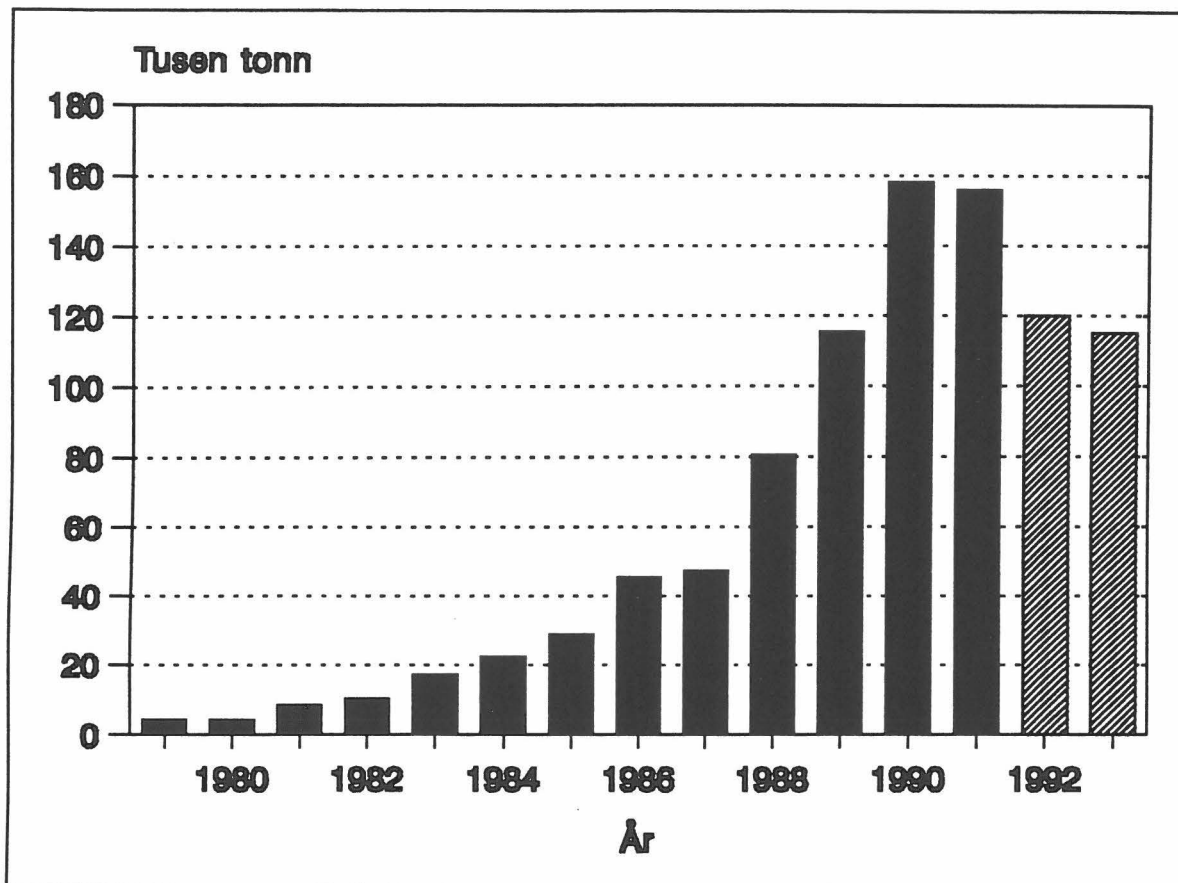


Fig. 1. Produksjon av norsk oppdrettslaks 1979-1991, og prognosar for 1992 og 1993.

Prosjektet er i hovudsak gjennomført slik det vart skissert. Arbeidet er delt i to: 1) Oppfølging av modellstudiet på aure i Øyreselva, og 2) Genetiske effektar av havbeite med laks, også i Øyreselva (Fig. 2). Av ressursmessige omsyn måtte vi endra litt på det eksperimentelle oppsettet for laks, der utsetting av 0+ vart ertsatta av utsetting av genetisk merka smolt. Fordelen med dette er at den utsette fisken raskare når kjønnsmodning og returnerer til forsøkslokaliteten for gyting. Vi tapar informasjon om økologiske interaksjonar i ferskvassfasen før gyting, men får raskare data for genstraum og eventuelle konsekvensar av denne. Forsøkslokaliteten fungerer godt til føremålet, då vassføringa ikkje er større enn at sampling av juvenil fisk og teljing av gytefisk kan gjennomførast utan særlege vanskar. Til no har vi kun registrert ein rømt oppdrettslaks i vassdraget, og vi har difor unngått støy i den genetiske bakgrunnsinformasjonen på dei ville stammene så langt.

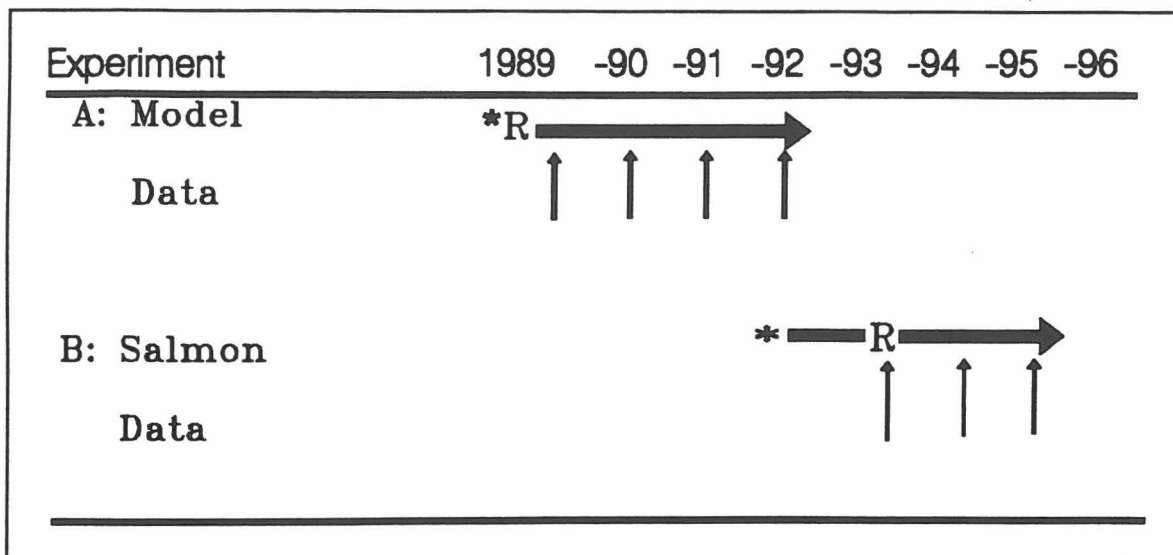


Fig. 2. Undersøking av genflyt mellom oppdretta og vill fisk. "A" viser til modellstudiet med aure, og "B" viser til undersøkinga av genetiske effektar av havbeite med laks. "\*" viser utsettingstidspunktet, og R indikerer forventa tidspunkt for første reproduksjon. Vertikale piler viser tidspunkt for måling av genflyt frå oppdretta til ville stammer.

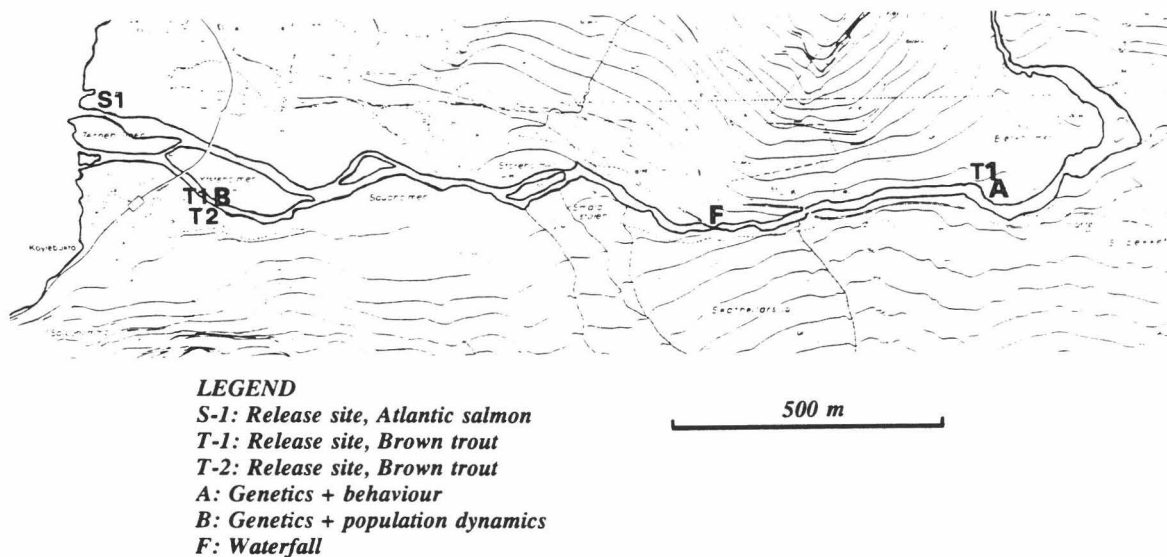


Fig. 3. Kart som viser Øyreselva og utsettingslokalitetane.

## 2. MODELLSTUDIET MED AURE

### Gjennomføring og resultat

Modellstudiet som omfattar genetisk merka aure, er fylgt opp gjennom 1992. Genpulsen introdusert i den ville aurestamma i 1990 årsklassen, er fylgt over to år, ved hjelp av dei to genetiske markørane i seksjon A og B. Parallellt med den genetiske endringa har økologiske og produksjonsrelaterte parametrar i populasjonen i seksjon B blitt overvaka. Dette er gjort ved at talet på juvenil fisk i dei ulike årsklassane og lengdegruppene i seksjon B er estimert ved merking-gjenfangst (Petersen estimat). I tillegg blir individuell vekst, produksjonen av smolt og overlevingsrater mellom ulike aldersklassar registrert.

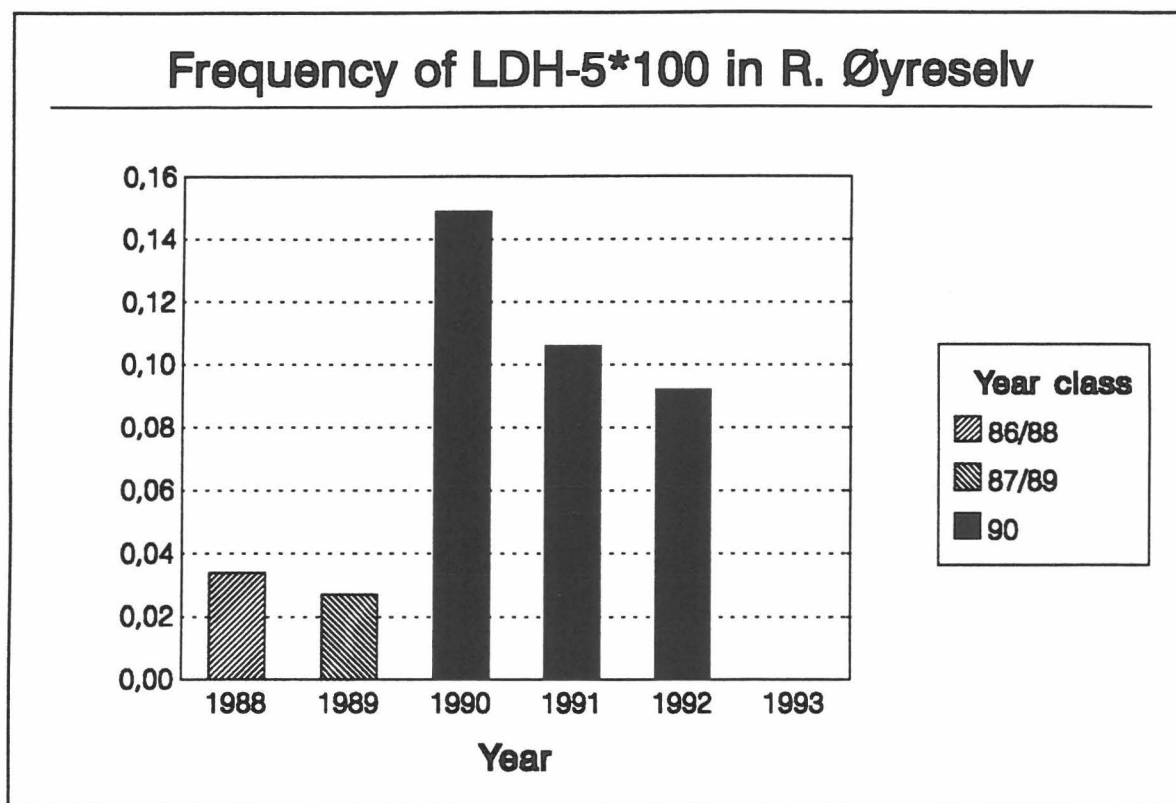


Fig. 4. Aurepopulasjonen i seksjon B. Endring i frekvensen av den genetiske markøren (LDH-5\*100) for det genetiske materialet frå den framande populasjonen. Årsklassane 1986/88 og 1987/89 viser den naturlege bakgrunnsfrekvensen av LDH-5\*100 allelet i den ville aurestamma før genpulsen. Genfrekvensen i den påverka 1990 årsklassen er undersøkt i 1990, 1991 og 1992.

I begge seksjonane i elva avtar frekvensen av det introduserte genmaterialet i 1990 årsklassen gjennom 1991 og 1992. I Fig. 4 er endringa i seksjon B vist. Av Tabell 1 går det fram at individ som er homozygot for det framande genmaterialet (genotype 152/152 i seksjon A, og 100/100 i seksjon B) forsvinn frå populasjonen. Genfrekvensen i 1990 årsklassen ser ut til å endra seg i retning tilbake mot nivået før innkryssing av oppdretta aure.

Det er likevel interessant å merkja seg at sjølv om frekvensen av individ som er homozygote for det introduserte genmaterialet minkar, held frekvensen av heterozygotar (genotype 100/152 i seksjon A, og genotype 90/100 i seksjon B) seg meir stabil (Tabell 1). Dette illustrerer ein mulighet for at det introduserte genmaterialet overlever lengre i populasjonen i heterozygot form. Tendensen viser seg i både seksjon A og B, men ytterlegare statistisk testing gjenstår.

Tabell 1A. Endring i genotyprefrekvensar i markørgenet MDH-2\* i seksjon A.

MDH-2* GENOTYPEFREKVENSAR, SEKSJON A				
ÅR	N	100/100	100/152	152/152
1988*	73	95.9	4.1	0.0
1989*	33	93.9	6.1	0.0
1990#	43	74.4	16.3	9.3
1992#	93	78.5	21.5	0.0

\* Kombinerte årsklassar

# 1990 Årsklassen

Tabell 1B. Endring i genotyprefrekvensar i markørgenet LDH-5\* i seksjon B.

LDH-5* GENOTYPEFREKVENSAR, SEKSJON B				
ÅR	N	90/90	90/100	100/100
1988*	102	93.1	6.9	0.0
1989*	55	94.5	5.5	0.0
1990#	134	75.4	19.4	5.2
1991#	66	80.3	18.2	1.5
1992#	60	81.7	18.3	0.0

\* Kombinerte årsklassar

# 1990 årsklassen

Dei populasjonsdynamiske undersøkingane, som omfattar estimering av antal fiskeungar i kvar årsklasse og lengdegruppe, vart vidareført i 1992. Dette har vore ein stor styrke i arbeidet, fordi det på denne måten er muleg å estimera det **absolutte** talet på individ av dei ulike genotypane (vill, oppdretta og kryssing), og ikkje berre sjå på endringar i **frekvens** av dei ulike allela og genotypane. **Frekvensen** av allel og genotypar kan endra seg utan at det absolutte talet av allel eller genotypar endrar seg, td. dersom det skjer inn- eller utvandring i lokaliteten. Denne feilkjelda kan vi difor langt på veg eliminera. Det er kombinasjonen av genetisk informasjon og informasjon om talet på individ i dei einssilde årsklassane som er uvanleg, og difor gjer datasettet særleg interessant

### **Konklusjonar:**

- 1) Resultata frå 1990 og 1991 viste at gytesuksessen til den utsette auren var ca 25% samanlikna med gytesuksessen til den ville auren.
- 2) Genmateriale vart introdusert i begge dei to ville aurestammene i Øyreselva.
- 3) Frekvensen av det introduserte genmaterialet avtok gjennom 1992 i både seksjon A og B.
- 4) Det er indikasjonar på at det introduserte genmaterialet overlever best i heterozygot form, medan reint avkom av den framande auren forsvinn raskare frå populasjonen. Dette må testast nærare statistisk.
- 5) Det er ingen indikasjonar på at genpulsen i dei to aurestammene har påverka produksjonen til no. Her må det understrekast at gytesuksessen til den utsette oppdretta auren var låg samanlikna med villfisk. Følgjeleg vart det klekka færre hybridlar mellom vill og utsett fisk, og genpulsen vart svakare enn venta. Den eksperimentelle situasjonen avvik frå ein reell situasjon ved at vi har undersøkt ein enkelt genpuls, medan rømlingar frå oppdrett i mange tilfelle inntar ville populasjonar kvart år.



### 3. HAVBEITE MED LAKS: GENETIKK OG ØKOLOGI

#### Utforming og framdrift av prosjektet

I innstillinga frå forskargruppa som vart nedsett av Miljøverndepartementet og Fiskeridepartementet for å gje rammene for eit økologisk og genetisk forsvarleg havbeite, vart det framheva at eksperimentelle undersøkingar av havbeitelaksen si **innkryssing** i ville laksestammer måtte gjennomførast (Anon. 1989). Vidare vart det understreka at **produksjonen** i vassdraget og viktige **økologiske karakterar** hos den lokale bestanden måtte undersøkjast både før og etter ein arrangert og kontrollert påverknad av havbeitefisk. Prosjektet er difor utforma i samsvar med desse tilrådingane.

Framdrifta av prosjektet framgår av tabell 2. Det blir sett ut genetisk merka havbeitesmolt i 1992 og 1993 i ei lita elv med laksestamme. All gytefisk blir talt, lengdemålt, kjønnsbestemt, klassifisert som vill eller utsett, og genotypa før tilbakesetting i elva. Avkomet i F1 generasjonen blir genotypa, genpulsen kvantifisert og genetiske og biologiske data samanlikna med data innsamla før påverknad frå havbeite.

Tabell 2. Framdrift av undersøkinga av geneflow frå havbeitelaks til vill laks i Øyreselv

Milepæl	1990-91	1992	1993	1994	1995
Innleiande	X				
Ut smolt		X	X		
Retur1SW			X	X	
Ktrl. gyt.			X	X	X
Kontroll F1				X	X

Aktiviteten har vore knytta til 1) identifisering av genetiske markørar (ved isoenzym og enkelt-locus DNA-probar) til undersøking av mulige effektar av havbeite og gmo, 2) etablering av genetisk merka stamliner og kontroll av forsøksfisken, 3) elfiske for registrering av genetiske og økologiske informasjonar om den ville laksestamma i Øyreselv, 4) utsetting av genetisk merka smolt.

Gjennom vinteren 1992 gjekk det mykje tid til kontroll og stell av dei genetisk merka laksegruppene. Også frå september og ut året gjekk det mykje tid, særleg for assistenten, til kontroll, sortering og analysing av fiskematerialet. Ved sida av dette, er det gjennomført genetiske studiar av vill laksestamme i utsettingslokaliteten, for oppdatering av genetiske basisdata for den ville laksestamma. Etter sortering og merking vinteren 1992, vart 2800 genetisk merka laksesmolt overført til akklimatiseringsanlegget i Øyreselva i mai. Fordi ein stor del av materialet er av Lonestamma (1SW), er det venta tilbake eit antal havbeitegytarar alt hausten 1993.

Teljing av gytefisk i heile elva vart utført av dykkarar også hausten -92. Talfesting av den ville gytepopulasjonen er nødvendig av fleire omsyn. For det første gir det bakgrunnsdata

for dei ville gytepopulasjonane av laks og aure før eksperimentell manipulering, slik at ei samanlikning er mogeleg i ettertid. For det andre gir den talmessige fordelinga av ville gyttarar og havbeitelaks eit viktig samanlikningsgrunnlag for den genetiske samansettinga i F1 generasjonen. For det tredje gir det informasjon om eventuell førekomst av rømt oppdetttsfisk frå andre kjelder, som kan tenkjast å påverka dei ville populasjonane av laks og aure (artshybridisering) i elva anten genetisk, eller i form av sjukdom eller parasittar.

Gruppene av genetisk merka laks lagt inn i klekkeriet hausten 1991, er kontrollert og sortert med jamne mellomrom. Tre grupper med til saman ca 7.000 laks er flytta ut i større kar for tilvenning til naturleg ljøs og ekstern merking (klipping av feittfinne etc.). Desse gruppene vil bli overført til utsettingslokaliteten i mai -93, og vil representera andre års utsetting, dvs. andre og forhåpentlegvis ein kraftigare genpuls når dei returnerer i 1994 og 1995.

Dei kraftige angrep av lakselus på smolt av laks og sjøaure dei siste par åra kan influera negativt på den genetisk merka smolten i 1992, og tilbakevendinga i 1993 og 1994. Denne usikkerheten, som kjem på toppen av andre faktorar som gir svingingar i populasjonane, understrekar behovet for repetisjon av 1992 utsettinga ved ei ny utsetting i 1993.

### **Genetisk merking**

Valget av laksestammer er gjort ut frå pålegget om bruk av lokale villstammer til produksjon av havbeitelaks, og utsettingsmaterialet er såleis av same stammer som brukt i PUSH (Hordaland). Den genetiske markøren som er lagt inn i havbeitematerialet for utsetting i 1992 og 1993 er eit isoenzym gen, kalla *MDH-3/4\*85*, men stammaterialet er også typa genetisk ved enkelt-locus DNA probar. Allelet førekjem naturleg i Vosso, Lone og Dale stammene, men gjennom genotyping av stamfisk og utvalg av foreldrefisk er frekvensen av det genetiske merket auka til 0.250 i 1992 materialet (Tabell 3), og 50% av individa har difor merket. Dette er ein langt høgare frekvens enn i villstamma der frekvensen er tilnærma lik 0. I 1993 materialet har vi laga ein kraftigare puls ( $p=0.500$ ) og 75% av individa er merka genetisk.

Tabell 3. Utsetting av genetisk merka laks i Øyreselva 1992 og 1993, frekvensen av markørallelet ( $p^*85$ ), prosent genetisk merka individ (% ind.) og ytre merkekodar. "Ø": øyemerke, "S": snutemerke, og "F": feittfinneklipping

Stamme	1992	1993	$p^*85$	% ind.	Ytre merke
Vosso	1.620		0.250	0.500	Ø,S,F
Lone	1.200		0.250	0.500	Ø,S,F
Vosso		1.300	0.500	0.750	F,?
Lone		1.700	0.500	0.750	F,?
Dale		4.000	0.500	0.750	F,?

Det er også søkt etter andre genetiske merke for laks. Den mest interessante markøren er variasjonen i isoenzymgenet *GPI-2\**, der \*105 allel er registrert. Denne er uttrykt i muskel og feittfinne, og ser ut til å vera eit ideelt genetisk merke (sjå avsnittet om oppdrettsfisk og transgene organismar). I Håelva på Jæren vart det registrert ein variant i *GPI-1\**, også eit mulig merke. Etter typing av stamfisken, vart familiegrupper med markørgena etablert. Deler av dette materialet vart overført til eit eigna produksjonsanlegg i Hordaland, i samråd med veterinære styresmakter og fiskeforvaltarane.

### **Artshybridar mellom laks og aure**

Det er antydning i litteraturen at rømt oppdrettsfisk og utsett fisk kan medverka til hybridisering mellom arter (Verspoor 1988; Hurrell & Price 1991; Verspoor & Hammar 1991; Skaala upubl.). Fenomenet er kjent også i naturlege populasjonar, og den høgaste kjente frekvensen (23%) av artshybridar mellom laks og aure er registrert i Grønån som drenerer ut i Gøtaelv (Jansson et al. 1991). Årsakene er ikkje klarlagt, men det er rimeleg å anta at mangel på gytehabitat, fluktuasjonar i det talmessige forholdet mellom artene og ujamn kjønnsfordeling vil verka forstyrrande på isolasjonsmekanismane mellom artene. Det er såleis sannsynleg at oppgang av rømt eller utsett fisk kan påverka graden av artshybridisering. Førekosten av artshybridar i Øyreselva er difor undersøkt før tilbakevending av den utsette havbeitelaksen. I materialet av laks og aure som er undersøkt med stivelsesgel elektroforese i 1991, 1992 og 1993, er det berre 1 artshybrid av av i alt 258 undersøkte individ. Dette er ein viktig referanse som visar at artshybridisering mellom laks og aure til no er svært sjeldan i denne lokaliteten (Tabell 4).

Tabell 4. Frekvensen av artshybridar av aure og laks i Øyreselv 1991-1993.

Prøve	Aure	Laks	Hybridar	
			N	%
1991	52	29	1	1.2
1992	60	29	0	0
1993	47	40	0	0
<b>Sum</b>	<b>159</b>	<b>98</b>	<b>1</b>	<b>0.4</b>

### **Oppdrettslaks og transgene organismar**

Det er mange likhetstrekk i miljøproblematikken knytta til oppdrettsfisk og transgene organismar. Feltforsøk med transgene fisk er kontroversielt, men mange av spørsmåla som vedkjern gmo kan illustrerast ved bruk av oppdrettsfisk. For å sikra eit materiale til genetiske studiar som er aktuelle i samband med miljøproblematikken rundt transgene organismar, vart det gjennomført ei genetisk typing av ca 200 stk. **multigenerasjons oppdrettslaks** ved

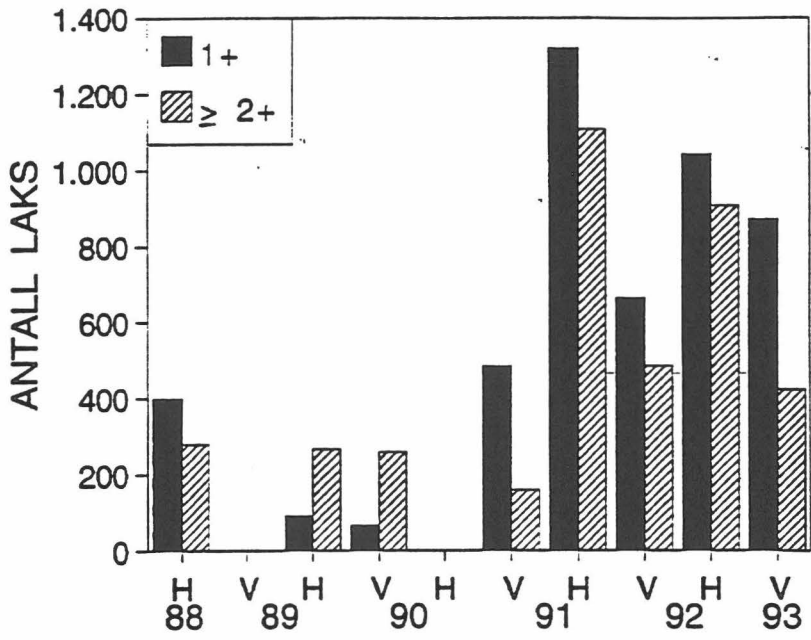
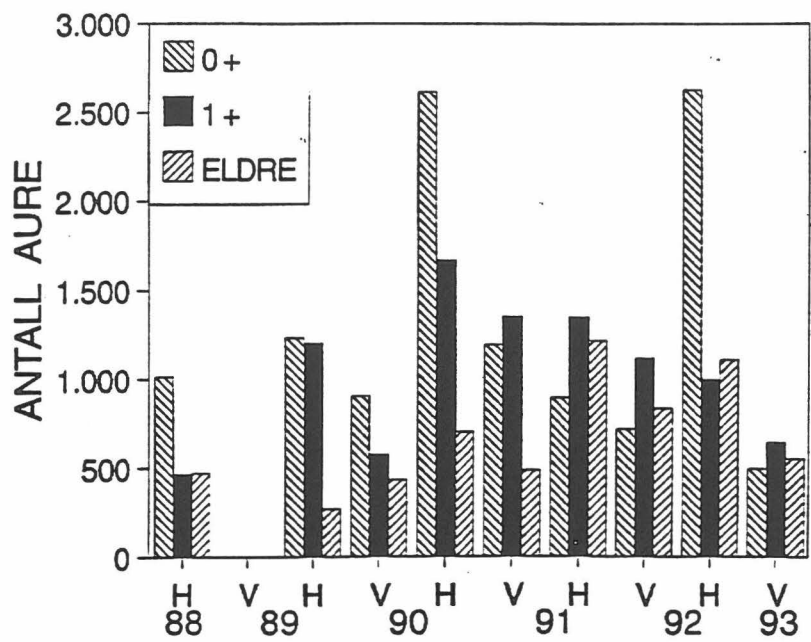
Akvakulturstasjonen Matre. I samband med denne undersøkinga vart det registrert ein *GPI-2\** variant, som etter det vi ser idag, er ein ideell genetisk markør for laks. Variantallelet, *GPI-2\*105*, er tidlegare registrert i svært låg frekvens i eit par populasjonar i Nord-Amerika, eit par populasjonar i Skotland, og i ein populasjon i Sverige. Varianten er lett å typa, gir svært god oppløysing og er uttrykt i muskel- og feittfinnevev. Fire familiegrupper med denne varianten i heterozygot form er etablert. Gruppa som klekka først vart testa like etter klekking, og viser ei fordeling av genotypar i markørgenet *GPI-2\** i nøyaktig samsvar med Mendelsk nedarving. Dette er interessant fordi det er registrert svært få genetiske variantar som er eigna til genetisk merking hos laks.

### **Økologiske effektar**

I naturlege populasjonar er fluktuasjonar både gjennom året og over år regelen snarare enn unntaket. Slike fluktuasjonar oppstår som resultat av at populasjonane møter svingingar i abiotiske forhold og som resultat av at dei inngår i komplekse økologiske interaksjonar med andre organismar. I prosjekta i Øyreselva registrerer vi dette fenomenet som endringar i abundans av individ frå år til år eller svingingar i årsklassestyrke, endringar i kondisjonsfaktor, endringar i konkurranse, predasjon og kanibalisme. Desse naturlege fluktuasjonane kjem på toppen av dei fluktuasjonane som vi reknar med at vi forårsakar gjennom prosjektet. Vitskapleg sett er ikkje dette problematisk, men det stiller krav om gode måleseriar. I Øyreselva har vi etterkvart talfesta ein del av dei naturlege fluktuasjonane i individuell vekst og i forekomsten av både juvenil laks og aure (Fig. 5a og b).

Mengda av aure og laks i lokaliteten (seksjon B) auka frå hausten 1988 til 1990/1991, og har avteke svakt etter dette (Fig. 5a). I 1990 og 1992 er det store årsklassar av aure. I august 1988 var det lite fisk i lokaliteten, og gjennomsnittleg lengde på 0+ og 1+ aldersklassane var relativt stor, ca 6 og 9.5 cm respektivt (Fig. 5b). I august 1990 var det stor tetthet av fisk i lokaliteten, og både 0+ og 1+ er påfallande mindre enn i 1988. Dette forholdet viser seg att i 1991, der det og er mykje fisk. I 1991 og 1992 er tettheten av fisk så stor, og individa i aldersgruppa 2+ så små, at toppane i lengdefordelinga som indikerer dei tre aldersgruppene 0+, 1+ og 2+ flyt saman. Samstundes har kondisjonsfaktoren gått markert ned både hos laks og aure. Dette medfører sannsynlegvis at det går eit ekstra år før individa når smoltstorleik.

Slike økologiske fluktuasjonar involverer endringar i konkurranse innafor aldersgrupper, endringar i predasjonen mellom aldersgrupper, og innverkar dessutan på konkurransen mellom arter. Det er sannsynleg at rømming og utsetting kan influera både økologisk og genetisk gjennom slike mekanismar som dette, td. dersom tilskot av ikkje-lokal gytefisk resulterer i uvanleg store årsklassar av ein art. Dersom ein kraftig 0+ årsklasse er dominert av avkom frå oppdrettsfisk, vil denne årsklassen, forutsett alminneleg god overleving også hos avkom frå oppdrettsfisken, fungera som predatorar på etterfølgjande årsklassar i alle fall i to år. Ein sterk årsklasse med mykje avkom av oppdrettsfisk vil derfor kunna resultera i ekstra predasjonstrykk og derfor 1-2 svake årsklassar.



Figur 5a. Fluktusjon i antal juvenil aure og laks i Øyreselva, seksjon B, 1988-1993.

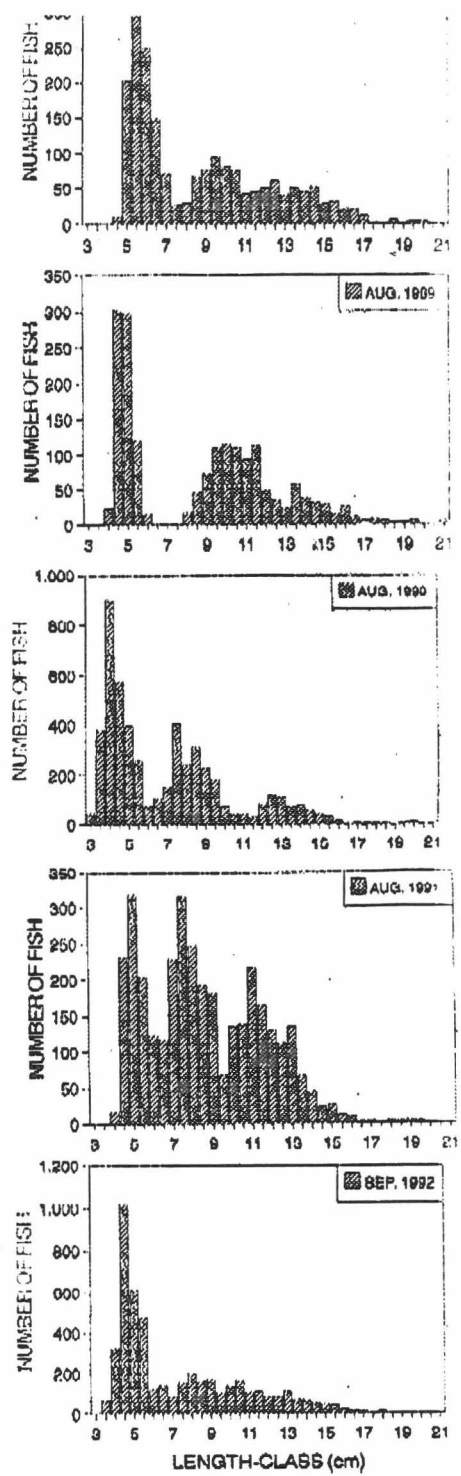


Fig. 5b. Lengdefordeling av juvenil aure i Øyreselva, seksjon B, 1988-1992.

#### 4. OPPFØLGING OG FINANSIERING

Diskusjonen om genflyt frå oppdrettsfisk til villfisk, og eventuelle negative effektar på ville laksestammer, vart for alvor initiert gjennom LENKA. Spørsmåla vart i tillegg understreka i samband med forskingsprogrammet tilknytta PUSH. I tillegg har temaet periodevis turnert rundt i forskingsråd, direktorat og departement (Fiskeridep. og Miljøverndep.). Status er likevel at **det einaste datasettet som føreligg for kvantifisering av genflyt frå oppdretta fisk til villfisk er det som er skaffa til veie gjennom modellstudiet på aure**. Dette forsøket er som nemnt utforma som ein enkelt genpuls tilført to ville aurestammer hausten 1989.

Den vidare framdrifta av undersøkingane av genetiske og økologiske effektar av havbeite omfattar fanging av gytefisken 1993 for å klassifisera denne som vill eller havbeitelaks og for genetisk typing før tilbakesetting i elva. På denne måten får vi eit korrigert estimat for den genetiske samansettinga av gytepopulasjonen, og eit biologisk datasett for ville gytefisk og havbeitelaks. Dette gir grunnlag for å anslå den genetiske påverknaden i F1 generasjonen (1994-årsklassen), og eit grunnlag for samanlikning med resultatane vi får ved typing av 1994 årsklassen.

Den andre og siste utsettinga av havbeitesmolt er planlagt i mai/juni -93, og noko av dette materialet vil venda tilbake som gytemoden havbeitelaks saman med resten av 1992 utsett. Dette utsettet representerer ein sikkerhet mot uhell ved det første utsettet, kfr. lakselusproblematikken.

Arbeidet gjennom 1992 var finansiert av Fiskeridepartementet (460.000,-), Direktoratet for naturforvaltning (200.000,-) og ved skrivestipend til underteikna frå NFFR (150.000,-). Prosjektet har grunnfinansiering frå NFFR på kr. 520.000,- pr år i 1993 og 1994, fullfinansiering manglar. Prosjektet konkurrerer tungt om midlar fordi alt, inklusive forskar, assistent, forsøksfisk og drift, i utgangspunktet må finansierast opp like frå null. Det er sendt søknad til Fiskeridepartementet, men denne er avslått. Også tilbakemeldingane frå PUSH er negative. Mulighetene for å gjennomføra undersøkinga utan fullfinansiering er svært små.

Det er sendt søknad til forskingsprogrammet "Miljøvirkninger av bioteknologi" under NAVF for gjennomføring av undersøkingar som er sikta inn mot problema rundt transgene organismar, der genetisk merka multigenerasjons oppdrettslaks er planlagt brukt som modell. Eit tilslag på dette prosjektet ville letta finansieringa og gjennomføringa av havbeiteundersøkinga i Øyreselva, fordi forskar og assistent på det omsøkte NAVF prosjektet vil ha kapasitet til å handtera ei fullføring også av havbeiteundersøkinga.

Det er tvilsamt om diskusjonen omkring rømlingar, havbeite, genmodifiserte organismar og introduserte arter vil avta sålenge kunnskapsnivået er så lågt som det er på dette området. Aktiviteten og diskusjonane innafor OECD tydar snarare på at behovet for kompetanse og kunnskap på dette feltet er aukande. Også liberaliseringa med omsyn på utsetting/feltforsøk med transgene organismar understrekar behovet for både eigen empirisk kunnskap og teoretisk kompetanse innafor genetiske og økologiske effektar av introduserte populasjonar og arter (kfr. OECD workshop "Environmental impacts of aquaculture using aquatic organisms derived through modern biotechnology", Trondheim 9-11 juni -93).

## **5. PERSONALE SOM HAR BIDREGE TIL PROSJEKTET**

### ***Følgjande personar har motteke lønsmidlar frå prosjektet i 1992:***

Karlsen, Tove, havforskarassistent, HI: *Isozymanalysar, kontroll av fiskemateriale*  
Skaala, Øystein, forskar, HI: *Genetikk og økologi, søknadar, rapportering, publisering*

### ***Følgjande personar løna av andre prosjekt har bidrege til prosjektet:***

Bakke, Gunnar, havforskarassistent, HI: *Stamfisk, røktng*  
Borgstrøm, Reidar, 1. aman., Inst. biologi og naturforvalt. NLH-Ås: *Populasjonsdyn./ økologi*  
Dahle, Geir, forskar, HI: *DNA-fingerprinting stamfisk*  
Farestveit, Eva, havforskarassistent, HI: *Isozymanalysar, dykking/telling*  
Jørstad, Knut E., forskar, HI: *Genetikk, dykking/telling av gytefisk*  
Paulsen, Ole Ingar, ingeniør, HI: *Biopsi og isozymanalyse stamfisk*  
Sundt, Rolf, stipendiat, HI: *Biopsi og isozymanalyse stamfisk*



## 6. AKTUELL LITTERATUR

- Anon., 1989. Havbeite med anadrom laksefisk i Norge. Innstilling fra forskergruppe nedsatt av Miljøverndepartementet og Fiskeridepartementet.
- Borgstrøm, R. and Ø. Skaala. 1992. Size dependent catchability of brown trout and Atlantic salmon parr by electrofishing in a low conductivity stream. *Nordic J. Freshw. Res.* 000-000.
- Hurrell, R.H. and D.J. Price. 1991. Natural hybrids between Atlantic salmon, *Salmo salar* L., and trout, *Salmo trutta* L., in juvenile salmonid populations in south-west England. *J. Fish Biol.* 39 (Supplement A), 335-341.
- Jansson, H., I. Holmgren, K. Wedin and T. Andersson. 1991, High frequency of natural hybrids between Atlantic salmon, *Salmo salar* L., and brown trout, *S. trutta* L., in a Swedish river. *J. Fish Biol.* 39 (Supplement A), 343-348.
- Jørstad, K.E., G. Dahle, og Ø. Skaala. 1992. Populasjonsgenetikk ved Havforskningsinstituttet. Status og nye pespektiver. Senter for havbruk, mars.
- Jørstad, K.E. and G. Nævdal. 1992. Ch. 11: Breeding and genetics. In: *Principles of Salmonid culture*. Ed. W. Pennell. In press.
- Skaala, Ø., K.E. Jørstad and A. Fernö. 1992. Observations of the spawning behaviour of released farmed brown trout. *Aquaculture and Fisheries Management*. Submitted.
- Skaala, Ø. 1992. Genetic population structure of Norwegian brown trout. *J. Fish Biol.* 41:631-646.
- Skaala, Ø., K.E. Jørstad and R. Borgstrøm. 1993. Genetic impact on two wild brown trout (*Salmo trutta* L.) populations after release of reared non-native spawners. *Can. J. Fish. Aquatic. Sci.* Submitted.
- Skaala, Ø. 1992. Measuring gene-flow from farmed to wild fish populations. The OECD Workshop on Methods for Monitoring Organisms in the Environment. Ottawa, Kanada. 14.-17. September 1992. In press.
- Skaala, Ø. 1992. Genetic variation in brown trout *Salmo trutta* L., and application of genetic markers in studies on gene-flow between populations. Dr. Sci. Thesis. Universitetet i Bergen.
- Skaala, Ø., K.E. Jørstad og R. Borgstrøm. 1992. Oppdrettsfisk og villfisk. *Fiskets Gang*, nr. 1:26-30.
- Skaala, Ø. 1992. Genetisk merking og estimering av gytetilslag hos utsett fisk. Vassdragsregulantenes Forening, Fiskesymposiet 1992. P 109-117.

Verspoor, E. 1988. Widespread hybridization between native Atlantic salmon, *Salmo salar*, and introduced brown trout, *S. trutta*, in eastern Newfoundland. *J. Fish Biol.* 32, 327-334.

Verspoor, E. and J. Hammar. 1991. Introgressive hybridization in fishes: the biochemical evidence. *J. Fish Biol.* 39 (Supplement A), 309-334.