



Nærings- og fiskeridepartementet
Postboks 8090 Dep
0032 OSLO

Att: Melkstavik Stina

Deres ref:
16/5362

Vår ref: 2017/400

Arkivnr: 329
Løpenr: 6083/2017

BERGEN 22.03.2017

BER OM FAGLIG VURDERING VEDRØRENDE IMPORT AV SKOTSK ROGN

Viser til brev om spørsmål knyttet til import av skotsk rogn fra Atlantisk laks. Nærings- og fiskeridepartementet har formulert fire spørsmål som er besvart under. All import av levende materiale representerer en viss risiko, og i det følgende har vi kun svart på de konkrete spørsmålene som er rettet fra Nærings og fiskeridepartementet i denne saken.

Spørsmål 1. Vi ber om His faglige vurdering av konklusjoner på del 3 av NINA-rapporten: fylogenetisk gruppering

I del 3. *Sammenstilling av eksisterende kunnskap om genetiske forskjeller mellom skotsk og norsk villaks og oppdrettslakstrekker* trekker NINA fram fire elementer (presentert i *uthevet kursiv* tekst nedenfor). Vi har vurdert disse punkt for punkt.

«Genetiske slektskapsanalyser viser at skotsk villaks er forskjellig fra norsk villaks. Den genetiske sammensetningen av skotsk og norsk laks har blitt formet uavhengig av hverandre».

Atlantisk laks viser store genetiske forskjeller mellom bestander gjennom hele sitt naturlige utbredelsesområde og bestandsstrukturen er hierarkisk oppbygd. Grovt sett kan man si at de største genetiske forskjellene er observert mellom bestander på vest og østsiden av Atlanterhavet og de minste genetiske forskjellene er observert mellom nabobestander innenfor samme geografisk område (f.eks. to bestander i samme fjord). Disse forskjellene er skapt av de forskjellige rekoloniseringsprosessene etter at isen trakk seg tilbake, samt modifieringsfaktorer som eksempel lokal geografi, samt seleksjon og tilpasning til lokale forhold i elvene.

I den seinere tid har mange bestander, og de genetiske forskjellene mellom dem, også blitt noe påvirket av menneskeskapte utfordringer som rømt oppdrettslaks og utbygging av vannkraft. Både genetisk strukturering på ulik geografisk skala, og hvordan bestandene påvirkes av

menneskelig aktivitet er godt dokumentert i en rekke vitenskapelig artikler i internasjonale tidsskrifter. Tilgjengelige data viser at skotsk villaks har delvis et annet fylogenetisk opphav enn norsk laks. Se også punktene nedenfor.

«Innkrysning av rømt oppdrettslaks med delvis skotsk opphav i Norge vil innebære en introduksjon av genetisk materiale av et annet genetisk opphav og genetisk sammensetning enn det som finnes naturlig i Norge».

Det er ingen vitenskapelige studier som vi kjenner til som indikerer at det har vært utveksling av genetisk materiale mellom skotske og norske laksebestander siden rekoloniseringen av lakseelvene etter siste istid for ca. 8-10.000 år siden. Feilvandring av villaks vil i hovedsak foregå mellom bestander i det samme geografiske område, og i svært liten grad mellom bestander som har sitt opphav i Skottland og Norge. Introduksjon av skotsk laks i Norge vil således utgjøre et annet genetisk opphav enn hva som finnes naturlig i Norge, og vil i motsetning til norsk oppdrettslaks, som er basert på norsk villaks, kunne inneholde genvarianter som ikke forekommer i norsk villaks.

«Norsk villaks består av to genetiske grupper og norsk oppdrettslaks har opphav i en av disse. Skotsk laks er en egen genetisk gruppe som er forskjellig fra de to norske genetiske gruppene. Observerte genetiske forskjeller mellom norsk og skotsk villaks skyldes i hovedsak ulike genfrekvenser (dvs frekvensen av ulike varianter av samme gen) slik at kombinasjoner av gener er forskjellig mellom norsk og skotsk laks».

Flere publiserte, samt upubliserte studier (egne data) har vist at det er genetiske forskjeller mellom laks i Nord-Norge og resten av Norge (vest og sør). Grensen mellom disse to fylogenetiske grupperinger går i Troms, der man finner noen bestander som ser ut til å være en blanding. Det er også dokumentert at skotsk laks er vesentlig forskjellig fra begge disse fylogenetiske enhetene.

Det er korrekt at norsk oppdrettslaks (avhengig av avlslinjen) har sitt opphav i laks fra Sør-Norge. Men det er viktig å påpeke at i noen av de opprinnelige linjene ble noe genetisk materiale skaffet fra bestander i Nord-Norge, selv om det i dag sannsynligvis er en stor overvekt av materiale fra Sør-Norge i norsk oppdrettslaks. Det vil imidlertid være svært krevende å kvantifisere dette.

Det er riktig å påpeke at det er også er forskjellige grupperinger av laks i Skottland (og det er indikasjoner på at laks som rekoloniserte Skottland og de sørlige og vestlige delene av Norge kom fra samme refugium (oppholdssted under istiden), mens laks som rekoloniserte Nord-Norge sannsynligvis kom både fra et østlig refugium, og fra vest. Dette er delvis illustrert i Fig. 3 i NINA rapporten der den genetiske gjennomsnittlige forskjellen mellom skotsk laks og norsk ikke-Finnmark laks er beregnet til å være omtrent det samme som mellom norsk ikke-Finnmark laks og laks fra Finnmark (Tana i dette tilfellet). Det er viktig å påpeke at dette (Fig. 3 i NINA rapporten) er basert på en foreløpig analyse av noen få bestander (kun én i Finnmark) og må dermed tolkes svært forsiktig.

Hvilken effekt villaksopphavet til ulike oppdrettsstammer vil kunne ha må fortrinnsvis vurderes ved å analysere slektskapet mellom de ville opphavspopulasjonene siden stikkprøver fra de ulike oppdrettsstammene i liten grad vil gjenspeile opphavet. Dette skyldes at oppdrettsstammene har opphav i flere forskjellige villakspopulasjoner og at de ved tilfeldigheter vil kunne avvike i ulike retninger bort fra den opprinnelige genetiske sammensetningen.

Det er komplisert (kanskje umulig med en akseptabel grad av nøyaktighet – litt avhengig av spørsmålet) å fastslå villaksopphav til oppdrettsstammene etter at disse nå har gått i avl i mer enn 10 generasjoner. Det skjer mye med den genetiske sammensetningen i en oppdrettsstamme under avl (seleksjon, genetisk drift, «founder» effekter), og mange av disse avlspopulasjoner er basert på materiale fra flere bestander. Likevel mener vi at det er teoretisk mulig å utføre en genetisk sammenlikning av disse avlspopulasjonene for å sammenlikne dem, og evt. sammenlikne dem med villaks fra Skottland og Norge for evt. å fastslå at skotsk oppdrettslaks stammer fra villaksbestander i Skottland og at norsk oppdrettslaks stammer fra villaksbestander i Norge. Dette har delvis blitt gjort av Housten (mfl. 2014) (oppført som Fig. 4 i NINA rapporten). Vi mener likevel at en slik analyse ville gitt begrenset kunnskap i denne sammenhengen. Vi vet hvilke geografiske områder som skotsk og norsk oppdrettslaks har blitt basert på, og dersom dette skal hensyntas i forbindelse med eksport av rogn fra Skottland til Norge, bør en kunne vektlegge fylogenetisk forskjeller mellom bestander fra disse land som veiledende. Det er i hvert fall ikke feil så lenge som man er usikker på om en gitt avlspopulasjon faktisk stammer fra dens oppgitte område.

Spørsmål 2. Havforskningsinstituttets faglige vurdering av konklusjoner på del 4 av NINA-rapporten; genetisk og økologisk risiko

I del fire trekker NINA fram fire elementer (presentert i *uthevet kursiv* tekst nedenfor). Vi har vurdert dem punkt for punkt.

Oppdrettslaks med delvis skotsk opprinnelse antas å ha like stor sannsynlighet for rømming som norsk oppdrettslaks.

Vi finner ingen dokumentasjon som motsier denne vurderingen.

Rømt oppdrettslaks av delvis skotsk opprinnelse vil med stor sannsynlighet spre seg utenfor anleggenes kontroll og krysse seg inn i ville laksebestander i Norge.

Det må antas at laks med skotsk opprinnelse vil ha samme sannsynlighet til å rømme som laks med norsk opprinnelse, og omfang som vurdert i NINA sin risikovurdering. I vurderingen har en tatt inn data fra en vitenskapelig publikasjon fra Havforskningsinstituttet (Skilbrei mfl. 2015) hvor en fant at det faktiske rømmingstallet i perioden 2005-2011 sannsynligvis var 2-4 ganger høyere enn det rapporterte. Det har ikke vært gjort tilsvarende analyser for perioden etter 2011.

Konsekvensene av innkrysning av denne oppdrettslaksen for ville bestander forventes å bli større (mer negativ) enn konsekvensene av innkrysning av norsk oppdrettslaks.

Samtidig øker usikkerheten siden det ikke er gjort kontrollerte forsøk med oppdrettslaks av delvis skotsk opprinnelse i Norge.

Genetisk forskjeller mellom oppdrettet og vill laks skyldes hovedsakelig fire forhold:

1. *Fylogenetiske forskjeller (dette gjelder dersom oppdrettslaksen er oppdrettet i område der avlsfiskene ikke var opprinnelig tatt fra).*
2. *Seleksjon for egenskaper i oppdrett (hurtig vekst, redusert kjønnsmodning osv).*
3. *Generelle domestiseringseffekter (som inkludere fravær av naturlig seleksjon i oppdrett og forandring i andre egenskaper «hitch hiking» med egenskaper som er selektert for).*
4. *Genetisk drift (tilfeldig genetisk prosess som også fører til redusert genetisk variasjon på sikt).*

Basert på disse fire punktene er det faglig mest logisk å konkludere at en negativ effekt av innkrysning forventes å bli større (mer negativ) dersom oppdrettslaks krysser seg inn i bestander utenfor det fylogenetiske område den ble opprinnelig tatt, og er i tråd med risikovurderingen til NINA. Det er likevel riktig å påpeke at den relative negative effekten av punkt 1, kontra den akkumulerte negative effekten av punktene 2-4 er ikke kvantifisert i dag.

Det er for eksempel teoretisk mulig at den akkumulerte konsekvensene fra punkt 2, 3 og 4 blir så stor på sikt (etter flere generasjoner med avl) at punkt 1 vil før eller siden spille en mindre (og kanskje til slutt ingen) rolle dersom rømt oppdrettslaks krysser seg inn i de ville bestandene. Dette har vi ikke data på i dag og her en trenger mer kunnskap.

Det er utført tre empiriske sammenlikninger av overlevelse av avkom fra rømt oppdrettslaks og villaks i naturen. To av disse er utført i Norge (Guddal og Ims), og begge har sammenliknet norsk oppdrettslaks og norsk villaks. Den tredje studien ble utført i Irland (Burrishoole) hvor en sammenliknet norsk oppdrettslaks og irisk vill laks. Alle tre studier viste at avkom fra oppdrettslaks har en lavere overlevelse i naturen enn avkom av vill laks.

Spørsmål 3. Vi ønsker en vurdering av hvordan bruken av sørnorsk rogn til oppdrett i nord stiller seg annerledes enn bruken av den omsøkte skotske rognen.

Det er korrekt som NINA skriver at norsk oppdrettslaks har sin basis i all hovedsak fra bestander fra Midt- og Vest-Norge. Det er også dokumentert tydelig genetiske forskjeller mellom vill laks i nord og sør. Dette har ikke vært hensynstatt i norsk forvaltning slik vi kjenner til, og en har fortsatt ikke tatt inn denne forskjellen når en vurderer risiko ved rømming for genetisk påvirkning i Nord- og Sør-Norge. Vi planlegger å ta inn en slik vurdering i Risikovurdering av norsk fiskeoppdrett 2018. Det betyr at vi i dag ikke har tilstrekkelig vitenskapelig grunnlag for å ta stilling til dette.

Spørsmål 4. Bør NINA etter HI sitt syn også gjøre en vitenskapelig vurdering og genetisk plassering av den islandske rognen, som tillates importert til Norge? I lys av denne saken, bør NINA også bli bedt om å gjøre en risikovurdering av import av andre arter

(eksempler gitt over av klager er rensefisk og kveite), og beskyttelsesnivå for norske genetiske stammer/materiale?


All import av levende organismer medfører risiko, og burde ideelt sett vært utredet i hvert tilfelle. Utfra et biodiversitetshensyn vil det være viktig å vurdere den genetiske bakgrunnen til stamfisk til importerte individene i forhold til populasjonsstrukturen til ville individer av samme art i oppdrettsområdet. Dersom en slik risikovurdering ikke foreligger for importen av islandsk rogn, anbefales det at dette gjøres.

Import og flytting av rensefisk behandles i de årlige risikovurderingene av norsk fiskeoppdrett fra Havforskningsinstituttet, basert på forskning som gjøres av forskere ved Havforskningsinstituttet og samarbeidspartnere. Fortsatt mangler vi et tilstrekkelig datagrunnlag for å risikovurdere flytting og import av flere av rensefiskartene, men det arbeides målrettet med å skaffe dette datagrunnlaget.

Vennlig hilsen,



Karin Kroon Boxaspen
Forskningsdirektør



Terje Svåsand
Programleder akvakultur

Referanser

Houston RD, Taggart JB, Cézard T, Bekaert M, Lowe NR, Downing A, Talbot R, Bishop SC, Archibald AL, Bron JE, Penman DJ, Davassi A, Brew F, Tinch AE, Gharbi K, Hamilton A (2014). Development and validation of a high density SNP genotyping array for Atlantic salmon (*Salmo salar*). BMC Genomics 15: 90. DOI: 10.1186/1471-2164-15-90

Skilbrei, O. T., Heino, M., Svåsand, T. 2015. Using simulated escape events to assess the annual numbers and destinies of different life stages, from farm sites in Norway. ICES Journal of Marine Science 72: 670-685.

