

NOTAT 15.05.2001

Nye resultater om genetisk populationsstruktur i europæisk ål; konsekvenser for åleudsætningerne.

Michael M. Hansen, DFU-FFI

Indledning

To nye videnskabelige publikationer har dokumenteret, at ål indsamlet forskellige steder i Europa udviser meget små, men statistisk holdbare genetiske forskelle. I det følgende vil der kort blive gjort rede for disse resultater samt de mulige konsekvenser af dette for forvaltningen af ål i Danmark i forhold til den nuværende udsætningspolitik.

Det har tidligere været notorisk svært at afgøre, om marine fisk som torsk, sild etc. er opdelt i genetisk forskellige bestande. Det skyldes blandt andet, at bestandsstørrelserne er endog meget store. Det resulterer i, at selv om der kun foregår meget lidt udveksling af gener, varer det lang tid, før der akkumuleres større genetiske forskelle mellem bestande i de genetiske markører man har brugt. Det har også været et problem, at man ikke har været tilstrækkelig opmærksom på at indsamle fisk fra selve gydepladserne. Fisk fra genetisk forskellige bestande kan sagtens blande sig med hinanden *uden* for gydetiden, og hvis fiskene indsamles på dette stadie er det klart, at det er svært at observere genetiske forskelle. I de senere år har man dels taget nye DNA-teknikker i anvendelse og har endvidere været mere opmærksom på at indsamle fiskene på gydepladserne. Dette har ført til, at man har påvist små, men statistisk holdbare forskelle mellem bestande af en række marine fisk (torsk, sild m.fl.).

Den europæiske ål (*Anguilla anguilla*) er i princippet også en marin fisk. Selv om den kan trække op i ferskvand gyder den i saltvand, i Sargassohavet, hvorefter dens larver føres passivt med Golfstrømmen ind til de europæiske og nordafrikanske kyster. Man vil derfor på forhånd forvente, at ålen i populationsgenetisk henseende er et "problembarn" ligesom andre marine fisk. For at gøre tingene endnu mere komplicerede, er det endnu aldrig lykkedes at fange gydende ål på de formodede gydepladser i Sargassohavet. Der er gennem årene (fortrinsvis 1900-1960'erne) indsamlet et større antal ålelarver i Sargassohavet, dvs. så tæt på gydepladserne som muligt, men de er desværre blevet konserveret i formalin, hvilket helt eller delvist ødelægger DNA'et. Et nyt indsamlingsprogram ville være meget omkostningskrævende, så den eneste tilbageværende mulighed er at analysere ål indsamlet i ferskvand eller langs kysterne i de områder hvor ålen vokser op inden den drager på gydevandring. Dermed er man tilbage ved det problem, som består i, at man ikke ved om man undersøger prøver fra en eller flere gydebestande, da man jo netop IKKE har indsamlet ålene på gydepladserne.

Tidligere populationsgenetiske undersøgelser af ål

Det var danskeren Johannes Schmidt, som fra ca. 1900-1920 gennem en række undersøgelser opdagede, at den europæiske ål gyder i Sargassohavet¹. Han var bl.a. involveret i nogle drabelige diskussioner med især italienske forskere, som påstod, at ålen også gyder i Middelhavet. Trods intensive undersøgelser lykkedes det dog aldrig at finde nyklækkede larver i dette område. Omvendt førte dette til et dogme om, at ålen udelukkende gyder i Sargassohavet, hvilket aldrig for alvor er draget i tvivl, og at

alle ål udgør én samlet bestand. I virkeligheden er det kun få arter af planter og dyr, som ikke på en eller anden måde er opdelt i flere genetisk forskellige bestande. Set i det lys, og ålens store gydeområde i Sargassohavet taget i betragtning, ville det egentlig være overraskende, hvis der ikke fandtes en eller anden form for bestandsopsplitning.

Populationsgenetiske undersøgelser af såvel europæisk som amerikansk ål (*A. rostrata*; gyder også i Sargassohavet) i 1970'erne og 80'erne ved brug af enzymelektroforese tydede ikke på genetiske forskelle mellem ål indsamlet i forskellige områder². I 1990 blev der imidlertid publiceret resultater af undersøgelser af ål fra Island³. Det viste sig højst overraskende, at en forholdsvis stor andel af islandske ål var amerikanske ål, og endvidere var der en meget stor andel (5%) af hybrider, altså "krydsninger", mellem europæiske og amerikanske ål, mange flere end man har observeret andre steder. Det viser for det første, at der i Sargassohavet må findes et område, hvor gydepladserne for europæisk og amerikansk ål overlapper betydeligt, hvilket resulterer i mange "krydsninger". For det andet, da der ikke i samme grad findes "krydsninger" mellem de to arter andre steder i Europa, må det betyde, at ål som gyder i det område af Sargassohavet, hvor der finder udbredt "krydsning" sted, fortrinsvis giver ophav til larver, som driver til Island. Med andre ord: Ålen må være opsplittet i flere bestande, og det er ikke helt tilfældigt, om ålelarver fra den ene eller anden bestand driver ind og "bosætter sig" forskellige steder i Europa.

Nye resultater

I 2001 er der fremkommet to nye undersøgelser, som uafhængigt af hinanden dokumenterer, at ålen må være opsplittet i genetiske forskellige bestande^{4,5}. I den ene undersøgelse⁴ har man undersøgt stikprøver af ål fra hele udbredelsesområdet, fra Island til Nordafrika og analyseret prøverne ved brug af microsatellit-DNA markører (en slags "genetiske fingeraftryk"). Der viser sig at være en meget lille, men statistisk holdbar genetisk forskel mellem ål fra de forskellige områder. Der er tale om så små genetiske forskelle ($F_{ST} = 0,2\%$; til sammenligning har vi selv fundet F_{ST} værdier på 5% mellem ørredbestande i tilløb til Hald Sø, et område på mindre end 10 km²), at det i sig selv blot kunne være et resultat af f.eks. nogle ganske få tekniske fejl. Denne mulighed har forfatterne imidlertid også overvejet, og de har derfor lavet nogle yderligere analyser, som viser en fin sammenhæng mellem den geografiske afstand mellem de områder, hvor prøverne er indsamlet, og den genetiske afstand mellem ål fra de forskellige områder. Dette understøtter, at der er et reelt signal i data'ene og at det ikke bare skyldes tilfældigheder eller tekniske fejl.

I den anden undersøgelse⁵ har man koncentreret sig om at undersøge ål fra Irland, Storbritannien, Italien, Sverige (Østersøen) og Marokko, og man har anvendt både microsatelliter samt en anden type genetisk markør, mitochondrie-DNA. Også i denne undersøgelse findes små men statistisk holdbare genetiske forskelle mellem ål fra forskellige områder, og ål fra Marokko ser ud til at være de genetisk mest afvigende. Der er også indikationer af, at ål *indenfor* et område består af individer fra mere end en bestand, altså at der er tale om en blanding af ål fra flere bestande.

Alt i alt synes man nu at kunne forkaste den hypotese, at alle ål udgør en samlet bestand. Det er imidlertid helt uafklaret på hvilken måde ålen er opdelt i forskellige bestande. Der kan f.eks. være tale om, at alle ål gyder i samme område, men at ål fra

det nordlige Europa "rammer" Sargassohavet og gyder på et lidt andet tidspunkt end ål fra Sydeuropa og Nordafrika. Der vil således være tale om en delvis adskillelse af bestandene i tid snarere end i rum, en hypotese som forfatterne til den ene artikel⁴ er mest tilbøjelige til at tro på. Alternativt kan der være tale om geografisk delvist adskilte gydeområder for ål fra forskellige områder; som tidligere nævnt kunne den høje forekomst af "krydsninger" mellem europæiske og amerikanske ål på Island tyde på dette. Endelig skal man være meget opmærksom på, at der ikke er meget som tyder på, at ål fra det ene eller andet område kun udgøres af én enkelt bestand. Tværtimod er der indikationer på, at ål fra de enkelte lokaliteter består af en blanding af individer fra flere forskellige gydebestande (se også ⁶). Med andre ord, selv om der er en form for bestandsopsplitning blandt gydebestande af ål i Sargassohavet, består rekrutteringen af glasål i Europa og Nordafrika efter alt at dømme af fisk fra flere forskellige bestande, som blot af Golfstrømmen er ført det samme sted hen.

Konsekvenser for udsætning af ål i Danmark

I Danmark udsættes der hvert år millioner af glasål, som oprindelig er indfanget ved den franske Atlanterhavskyst. Det er et oplagt spørgsmål, om dette kan medføre genetiske problemer, givet de (dog meget små) genetiske forskelle, som ser ud til at eksistere mellem ål fra Nord- og Sydeuropa. Der mangler imidlertid stadig helt vitale oplysninger, før man kan komme med et entydigt svar.

- 1) Er ål fra Sydeuropa, som flyttes til Nordeuropa, i stand til at finde tilbage til gydepladserne, dvs. har de overhovedet nogen gydesucces? *Det må nemlig slås fast, at evt. "genetisk forurening" selvfølgelig kun kan foregå på gydepladserne; der overføres jo af indlysende grunde ikke gener udenfor gydetiden!*
- 2) På hvilken måde er ålen opdelt i bestande, dvs. i tid eller rum, hvor mange bestande er der tale om, og er der tale om glidende overgange mellem bestande, eller findes der skarpe adskillelser? Hvis bestande er skarpt adskilte vil der være større risiko for negative effekter ved genetisk opblanding end hvis der mere er tale om glidende overgange.
- 3) Er det ål fra de samme bestande, som findes i f.eks. Nord- og Sydeuropa, men blot i forskellige frekvenser? F.eks. kunne man som et hypotetisk eksempel forestille sig, at der i Nordeuropa findes 50% fra bestand A, 30% fra bestand B og 20% fra bestand C, mens der i Sydeuropa findes 20% fra bestand A, 20% fra bestand B og 60% fra bestand C. Forskelle i fordeling af ål fra forskellige bestande ville passe meget fint med de meget små observerede forskelle mellem ål fra forskellige lokaliteter. Hvis der blot er forskelle i *fordelingen* af ål fra forskellige bestande på forskellige lokaliteter, er det næppe sandsynligt, at udsætning i Nordeuropa af ål fra Sydeuropa vil kunne medføre genetiske problemer.
- 4) I forlængelse af pkt. 3), er de observerede genetiske forskelle stabile over tid, eller finder man ét mønster det ene år og et andet mønster det næste år? Desværre har man ikke i nogle af de to nylige artikler^{4,5} undersøgt dette spørgsmål.
- 5) Det er et stort spørgsmål, om de genetiske forskelle mellem ålebestande er af en størrelsesorden, som kan forventes at skabe genetiske problemer, hvis ål fra forskellige bestande opblandes. Som tidligere nævnt er de observerede genetiske forskelle mellem ål fra forskellige lokaliteter i Europa og Nordafrika særdeles små og kun lige akkurat detekterbare. Imidlertid skal man også huske på, at disse forskelle sikkert *ikke* er udtryk for genetiske forskelle mellem enkeltbestande, men mellem prøver af ål, som *ikke* er indsamlet på gydepladserne og som antagelig

indeholder fisk fra flere forskellige bestande. De *reelle* genetiske forskelle mellem bestande kan således vise sig at være større, end hvad man har observeret for de formodede blandede bestande.

Med alle disse forbehold og ubesvarede spørgsmål, er det svært at give konkrete anbefalinger med hensyn til den nuværende og fremtidige udsætningspraksis. Det var også det svar jeg fik, da jeg spurgte en af forfatterne til den ene artikel⁴ (Prof. Louis Bernatchez, University of Laval, Quebec, Canada), hvad han selv mener man burde drage af konsekvenser med hensyn til åleudsætninger, baseret på deres artikel.

Umiddelbart kunne man anbefale, at der burde udsættes glasål indfanget så nært på eller i Danmark som muligt. Glasål fra den franske Atlanterhavskyst er imidlertid den nærmest beliggende realistiske kilde til udsætningsmateriale. I Nordeuropa kan det næppe lade sig gøre at opfange glasål uden at det samtidig fører til en bestandsstørrelse under bærekapacitet i de områder, hvorfra glasålene opfiskes, lige som der kan være risici med spredning af parasitter. En anden mulighed kunne være helt at stoppe åleudsætningerne under henvisning til forsigtighedsprincippet. Personligt vurderer jeg det til at være en meget drastisk handling, baseret på et meget spinkelt materiale. En tredje mulighed vil være at holde sig informeret og opdateret om nye forskningsresultater indenfor dette område og være indstillet på, at der kan fremkomme resultater som må føre til en ændring af de nuværende åleudsætningsaktiviteter.

Litteratur

¹ Schmidt, J. (1924). The breeding places of the eel. *Smithsonian Inst. Ann. Rep.*, 279-316 (1925).

² Williams, G.C. & Koehn, R.K. (1984). Population genetics of North Atlantic catadromous eels (*Anguilla*). In: *Evolutionary Genetics of Fishes* (Turner, B.J., ed.), pp. 529-559.

³ Avise, J.C., Nelson, W.S., Arnold, J., Koehn, R.K., Williams, G.C. & Thorsteinsson, V. (1990). The evolutionary genetic status of Icelandic eels. *Evolution* **44**, 1254-1262.

⁴ Wirth, T. & Bernatchez, L. (2001). Genetic evidence against panmixia in European eel. *Nature*, **409**, 1037-1040.

⁵ Daemen, E., Cross, T, Ollevier, F. & Volckaert, F.A.M. (2001). Analysis of the genetic structure of European eel using microsatellite DNA and mtDNA markers. *Mar. Biol.*, in press.

⁶ Harding, E.F. (1985). On the homogeneity of the European eel population (*Anguilla anguilla*). *Dana*, **4**, 49-66.