

## KYSTTORSK:

## Genetiske analyser påviser lokale bestander

En ny genetisk studie av torskens langs Skagerrakkysten, fra Østfold til Vest-Agder, er gjennomført. Resultatene viser store genetiske forskjeller mellom individuelle torsk, men også at torsk fra samme lokalitet er mer lik hverandre genetisk. Dette tyder på at kysttorskens er delt inn i separate, lokale bestander som bare i begrenset omfang blander seg med hverandre.



*Otolittene (øresteinene) fjernes fra hver fisk. Disse får nemlig en årring for hvert år torskens lever, omtrent som med trærne. Dermed finner vi fiskens alder.*

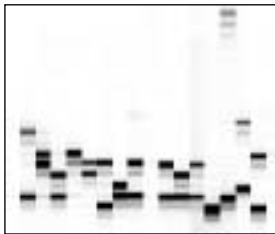
Et viktig utgangspunkt for forvaltning av biologiske ressurser er kunnskap om deres romlige struktur, det vil si hvordan bestandene er avgrenset geografisk. Torsk er en viktig ressurs, både i åpne havområder og langs kysten. Hittil har vi visst lite om kysttorskens populasjonsstruktur, og det har vært uklart i hvilket omfang bestandene vi fisker på, representerer biologisk separate populasjoner eller ikke.

Spørsmålet er gammelt og lå i sin tid bak etableringen av Flødevigen Udklækningsanstalt, nå Forskningsstasjonen Flødevigen under Senter for kystsoner.

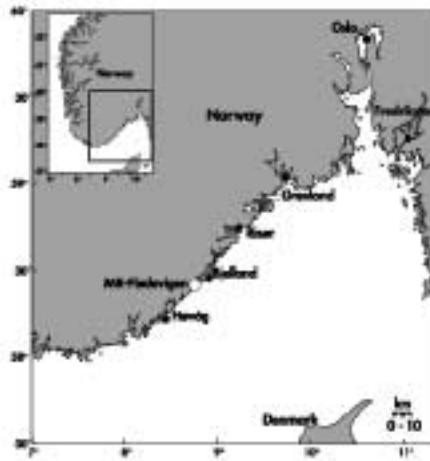
Allerede på 60-tallet ble genetiske studier utført på torskbestandene. Siden torsk fra samme bestand er nærmere i slekt med hverandre enn med andre, og derfor har flere

gener felles, kan slike undersøkelser avdekke romlig populasjonsstruktur. Genetiske analyser har den fordel framfor andre, mer direkte metoder, at vi ikke trenger å følge enkeltindivider og deres vandringer, noe som er både tidkrevende og vanskelig, ikke minst på egg- og larvestadiet. De første genetiske studiene kunne blant annet slå fast at skrei og kysttorsk ikke hører til samme bestand, men teknikken den gang var ikke god nok til å påvise de relativt små genetiske forskjellene som finnes mellom kysttorskbestander.

Senter for kystsoner, Forskningsstasjonen Flødevigen, har i samarbeid med Universitetet i Oslo, Biologisk institutt, foretatt nye genetiske undersøkelser basert på moderne gen-teknikk, såkalte DNA-mikrosatellitter. De har undersøkt 100 gytemodne kysttorsk fra hver av seks lokaliteter langs Skagerrakkysten, fra Fredrikstad i Østfold til Høvåg i Vest-Agder. Ti forskjellige gener ble undersøkt fra hver fisk, og dette avdekket i alt 181 ulike genvarianter (figur 2). Den romlige fordelingen til disse genvariantene viser at det er en statistisk holdbar tendens til at torsk fra



**Figur 2.** Mikrosatellitt,  
DNA-profil av 15 kysttorsk



ulike lokaliteter er mer forskjellige fra hverandre enn de fra samme lokalitet, i gjennomsnitt 0,23 % mer forskjellige. Disse resultatene tyder på at vi har å gjøre med ulike biologiske bestander (populasjoner).

Det at kysttorsk er strukturert i separate bestander, som bare i begrenset omfang blander seg med hverandre, innebærer at bestandsutviklingen i stor grad påvirkes av lokale forhold. Dette bør tas hensyn til i forvaltningen av kysttorsk, og ved utarbeiding av lokale og

regionale planer for kystbruken. Spesielt bør fisketrykket tilpasses rekrutteringsgrunnlaget i den eller de lokale bestandene, og viktige lokale gyte- og oppvekstområder bør identifiseres og sikres mot utilsiktede inngrep.



*De genetiske analysene ble hovedsakelig utført på moden gytefisk. Her ligger en gytemoden hanntorsk med melke i buken.*

---

#### Kontaktperson:

Halvor Knutsen og Per Erik Jorde (HI), Nils Chr. Stenseth (UiO).  
Havforskningsinstituttet, Senter for kystsoner, Forskningsstasjonen Flødevigen, N-4817 His.  
Tel: +47 37 05 90 11. Fax: +47 37 05 90 01.  
E-post: halvor@imr.no, p.e.jorde@imr.no, n.c.stenseth@bio.uio.no