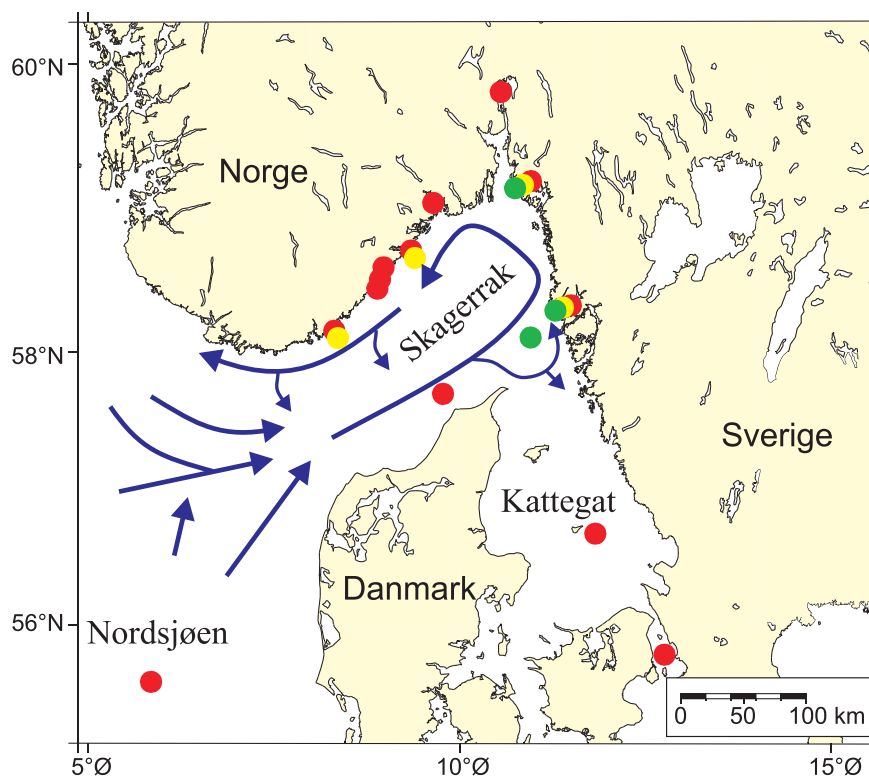


Halvor Knutsen og Per Erik Jorde. Nils Chr. Stenseth, Universitetet i Oslo

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. Det har vært uklart om kysttorsken hovedsakelig består av separate, lokale populasjoner, eller om den blander seg med de store bestandene i havområdene utenfor. Dette spørsmålet er gammelt, og var i sin tid en del av grunnen til etableringen av Statens utklekkingsanstalt i Flødevigen, som nå heter Havforskningsinstituttet Flødevigen.

Allerede på 60-tallet ble torsken gjenstand for genetiske studier med det formål å avdekke bestandsstrukturen innen arten. Slike studier bygger på prinsippet om at individer som er fra samme populasjon er nærmere i slekt med hverandre, og derfor har flere gener felles, enn de er med individer fra andre populasjoner. Bruk av genetiske metoder i populasjonsstudier har bl.a. den fordel at vi ikke trenger å følge enkeltindivider og deres vandring, noe som er både tidkrevende og vanskelig, ikke minst på egg- og larvestadiet. De første genetiske studiene kunne slå fast at skrei og kysttorsken i nord ikke hører til samme bestand, men teknikken den gang var ikke god nok til å påvise de relativt små genetiske forskjellene som finnes mellom andre bestander i våre farvann.



Figur 7.12.1

Kart over Skagerrak-Nordsjøområdet med posisjoner for prøvetaking av voksen torsk (røde prikker) og skjematisk framstilling av de viktigste havstrømmene (blå piler). Stasjoner der prøver av ungtorsk ble tatt i 2000 er vist med grønne prikker (to sammenfallende med prøvetakingsstasjoner for voksen torsk), og i 2001 med gule prikker (alle sammenfallende med prøvetakingsstasjoner for voksen torsk).

Map of the Skagerrak-North Sea area with sample locations for adult cod (red dots) and depicting the predominant ocean currents (blue arrows). Locations where samples of juvenile cod were collected in 2000 are shown by green dots (two are situated at locations for adult cod sampling), and in 2002 by yellow dots (all situated at locations for adult cod sampling).

I Skagerrak er det egne fjordbestander av kysttorsk
 Ved Havforskningsinstituttet Flødevigen har vi i samarbeid med Universitetet i Oslo, Biologisk institutt, foretatt nye genetiske undersøkelser av torsk basert på moderne DNA-teknikker. Metoden som er brukt er analyser av såkalte DNA-mikrosatellitter, som kort beskrevet er ikke-kodende gener som består av korte, repeterte sekvenser og der antallet repetisjoner varierer mye mellom individene. Gjennom denne analysemetoden kan ganske små genetiske forskjeller påvises. Vi har undersøkt gytemoden torsk fra Nordsjøen og kysttorsk (både voksen og ungfisk) langs Skagerrakkysten, fra Høvåg i Vest-Agder til Øresund i Sør-Sverige (Figur 7.12.1). Et batteri av ti forskjellige DNA-mikrosatellitter ble undersøkt hos hver fisk (ca. 100 voksne fisk fra hver lokalitet: røde prikker i Figur 7.12.1), og dette avdekket i alt ca. 200 ulike genvarianter. Den romlige fordelingen til disse genvariantene i Skagerrak viser at det er en statistisk holdbar tendens til at torsk fra ulike lokaliteter er mer genetisk forskjellige fra hverandre enn individer som kommer fra samme lokalitet. Med andre ord har vi å gjøre med ulike bestander (populasjoner) av kysttorsk i dette området. Disse kystbestandene gyter lokalt inne i fjordene langs kysten, og grovt sett ser det ut til at hver fjord kan ha sin egen torskebestand. Merkeforsøk har vist at kysttorsken vandrer lite, og sammen med våre genetiske resultater tyder dette på at den hovedsakelig holder seg i den fjorden den er født.

Der er likevel stor genetisk likhet mellom kysttorsk og nordsjøtorsk

Selv om analysemetoden vi har brukt er så fin at den kan påvise forskjeller mellom torskebestander i de forskjellige fjordene, er det egentlig stor genetisk likhet mellom kystbestandene i Skagerrak. Det er også stor likhet mellom disse bestandene og torsken som gyter ute i Nordsjøen. Våre genetiske undersøkelser av ungtorsk (larver og bunnslått 0-gruppe) fra Skagerrak gir en forklaring på denne høye graden av genetisk likhet, da vi finner at ungtorsken i Skagerrak kan være født i Nordsjøen. Dette betyr at torskelarver driver med havstrømmene fra Nordsjøen inn til Skagerrakkysten, der de tilsynelatende blander seg med stedegen torsk. Dette fenomenet observerer vi både langs norske- og svenskekysten, men slik inndrift av larver ser ut til å være et variabelt fenomen. I to år (2000 og 2001) har vi undersøkt den genetiske sammensetningen av ungtorsk på et utvalg av stasjonene (grønne og gule prikker i Figur 7.12.1), og resultatene er helt forskjellige i de to årene. I 2001 undersøkte vi ungfisk fra fire ulike lokaliteter i Skagerrak (100 larver eller 0-gruppe fisk fra hver lokalitet), og fant på alle lokalitetene at ungfisken var genetisk sett mer lik voksen torsk fra Nordsjøen enn fra de samme lokalitetene i Skagerrak.

Året før, derimot, fant vi ingen slik tendens, og ungfisken fra de tre lokalitetene som ble undersøkt det året representerte sannsynligvis lokalt produsert kysttorsk.

En viktig årsak til en slik variabel drift av larver inn til Skagerrak ligger trolig i strømforholdene i Skagerrak-Nordsjøområdet under gytetiden og like etterpå, når larvene fortsatt er pelagiske. Ved å beregne denne strømkomponenten (ved hjelp av en matematisk modell) for de to aktuelle årene, fant vi at havstrømmen fra Nordsjøen inn mot Skagerrak var langt sterkere i gyte- og larveperioden (mars-april) i 2001 enn i samme periode året før. Våre resultater er også i overensstemmelse med observasjoner gjort av ICES langs den svenske vestkysten, der man i 2001 fant den nest største registreringen på 25 år av ungtorsk. Dette er ungtorsk som sannsynligvis stammer fra Nordsjøen, ifølge våre analyser fra Gullmarfjorden. Videre undersøkelser vil bli gjort for å se om 2001 var et spesielt år mht. larvedrift av torsk fra Nordsjøen, eller om slik larvedrift er et vanlig forekommende fenomen.

Betydning for forvaltning av kysttorsk

At kysttorsken er delt inn i separate bestander, som bare i begrenset grad blander seg med hverandre, innebærer at bestandsutviklingen i stor grad påvirkes av lokale forhold. Dette bør tas hensyn til i forvaltningen av kysttorsken og ved utarbeiding av lokale og regionale planer for kystsonen. Spesielt bør fisketrykket tilpasses rekrutteringsgrunnlaget i de lokale bestandene, og viktige lokale gyte- og oppvekstområder i kystsonen bør identifiseres og sikres mot utilsiktede inngrep. Resultatene våre tyder også på at kysttorsken ikke kan ses isolert fra Nordsjøtorsken, og det synes klart at larvedrift fra Nordsjøen bidrar i alle fall genetisk til kysttorskbestandene, og trolig også til bestandsutviklingen hos disse. Videre undersøkelser av populasjonsdynamikken til torsken i Nordsjøen og tiliggende kystområder vil være avgjørende for forståelsen og forvaltningen av dette bestandskomplekset.

Summary

A recent study of cod genetics in Skagerrak has shown that coastal cod is subdivided into local populations that are separated from each other and partly also from cod in the North Sea. Cod populations in the Skagerrak-North Sea area are nevertheless quite similar genetically, and our results indicate that this is due to drift of cod larvae from the North Sea to the coast of Skagerrak. In other words, cod in the Skagerrak-North Sea area appear to represent a population complex containing both ocean spawning and coastal spawning populations. This poses great challenges for the management of cod in this area.