

En “kongelig norsk oppdrettstorsk” – eller er det ønskelig med flere stammer?

Torsk skal bli vår nye store oppdrettsart etter laks. Både forskningsinstitusjonene og ikke minst industrien selv, investerer nå store summer i utvikling av torskeoppdrett. Som for laks vil det svært viktig at en gjennom domestiseringsprosessen velger ut det genmaterialet som er best egnet under oppdrettsbetingelser. Et basismateriale med bred genetisk variasjon vil være fordelaktig for et målrettet avlsarbeid med sikte på å forbedre produksjonsegenskaper. Et avlsprogram på torsk er under oppbygging i Tromsø og kan få stor fremtidig betydning for økonomien i industrien.

Et avlsprogram vil endre gensemsetningen hos fisken, og vi vil få de samme diskusjonene knyttet til rømming av torsk og risiko for negativ genetisk påvirkning på de ville torskestammene som vi har hatt for laks. Kysttorsk langs norskekysten er delt inn i stammer, og en del av disse stammene er kraftig nedfisket og følsomme for genetisk påvirkning. Økonomisk sett kan det synes best å utvikle kun én “kongelig norsk oppdrettstamme” av torsk som kan brukes overalt, fra Lindesnes i sør til Finnmark i nord, men er det sikkert at én stamme passer inn overalt? Og hvordan varierer genprofilene på vill torsk mellom ulike geografiske områder? Kan en genetisk foredlet oppdrettstorsk representere en trussel mot små og lokalt tilpassede kysttorskbestander?

Knut E. Jørstad

knut.joerstad@imr.no

Ann-Lisbeth Agnalt

ann.lisbeth.agnalt@imr.no

Geir Dahle

geir.dahle@imr.no

Håkon Otterå

haakon.otteraa@imr.no

Terje van der Meeren

terje.van.der.meeren@imr.no

Dette er noe av bakgrunnen for de undersøkelserne Havforskningsinstituttet, under program for havbruk og havbeite, har gjennomført de siste tre årene. Målet har vært å gjennomføre en omfattende genetisk kartlegging av torsk i norske farvann, i tillegg til å studere ulike stammer/populasjoner under gitte oppdrettsbetingelser.

Spørsmålene stilt ovenfor har betydning for utviklingen av kommersielt torskeoppdrett i Norge. Det er viktig å samle den kunnskapen som allerede finnes, men like nødvendig er det å evaluere om det trengs ny og mer omfattende kunnskap, slik at en fremtidig strategi sikrer utviklingen av en lønnsom næring uten negative miljøeffekter.

Tidligere genetiske undersøkelser

Genetiske studier på torsk har lange tradisjoner i Norge. Det kan være store forskjeller i størrelsesfordeling, fargemønstre, kroppsform m.m. mellom torsk fra ulike geografiske områder. Noe av variasjonen kan forklares ut fra forskjeller i miljøbetingelser, men også genetiske faktorer kan være involvert. De første genetiske studiene ble startet av Dag Møller og Gunnar Nævdal på 1960-tallet. De omfattende undersøkelsene var basert på genetisk variasjon i blodproteiner og ulike antistoffer. Det ble funnet genetiske forskjeller mellom de to hovedgruppene kysttorsk og skrei i Lofoten, men det ble også påvist forskjeller mellom kysttorsk fra ulike områder langs kysten og i fjordene. Dette bildet ble også i mange tilfeller bekreftet gjennom sammenligning av biologiske parametere og vandringsmønstre.

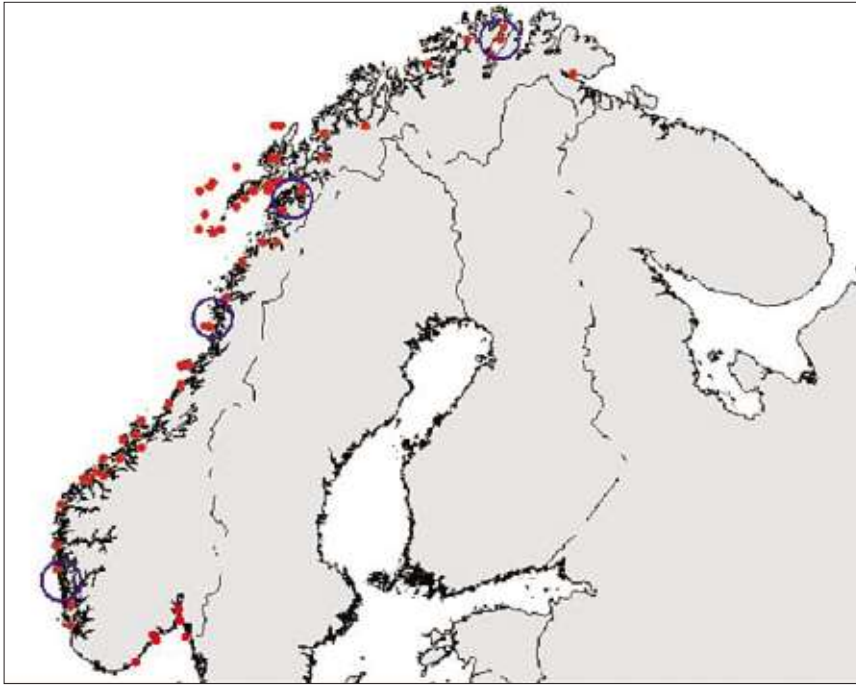
På 1980-tallet ble det tatt i bruk metoder med utgangspunkt i vevszymer, også kalt allozymer. I noen tilfeller bekreftet allozymanalysene de tidligere resultatene, men generelt viste undersøkelser av

vevszymer hos torsk i Nord-Atlanteren mindre variasjon enn ventet, og dette førte til omfattende diskusjon om tolkingen av resultatene. Den rivende utviklingen i molekylærgenetiske metoder det siste tiåret har ført til at nye DNA-metoder er tatt i bruk også på torsk. Ved Fiskerihøgskolen i Tromsø er det påvist store forskjeller mellom kysttorsk og skrei når det gjelder gensystemet pantophysin (PanI). DNA-analyser av såkalte mikrosatellitter, som er gjennomført på torsk en rekke steder, viser generelt høyere grad av genetisk variasjon og/eller genetiske forskjeller enn tidligere systemer. Dette gjelder for eksempel nyere studier på Skagerrakkysten som er gjennomført av Havforskningsinstituttet i samarbeid med Universitetet i Oslo.

Ny genetisk kartlegging av torsk

I tilknytning til utviklingen av torskeoppdrett er det nødvendig med mer detaljert genetisk kunnskap om populasjonene langs kysten. Innenfor prosjektet “Domestisering av marine arter” ble det initiert et omfattende arbeid på genetisk karakterisering av torsk. Arbeidet startet i 2002, og prøveinnsamlingen ble gjennomført på gytefelt langs kysten og i fjordene, fortrinnsvis i gytesesongen. Det ble gjennomført en rekke tokt hvor prøvematerialet til genetiske analyser ble samlet, og levende stamtorsk fra noen utvalgte områder ble tatt vare på. Denne fisken ble brukt som stamtorsk i forsøk, hvor overlevelse og vekst til avkommet blant annet blir sammenlignet under ellers like oppdrettsforhold.

I perioden 2002 til 2005 ble det samlet prøver fra i alt fra 55 lokaliteter eller trålstasjoner fra Finnmark i nord til Rogaland i sør. Lokalitetene er vist på kartet, og prøver fra litt over 5600 torsk ble samlet inn. I tillegg ble det etablert et samarbeid med Fiskerihøgskolen i Tromsø og russerne (Moskva Universitet og PINRO i Murmansk), slik at også torsk fra russiske farvann kunne sammenlignes med det norske materialet. I vurderingen av genetiske metoder var det viktig å inkorporere både “gamle” og nye analyser. Resultatene fra analyser av blod og hemoglobinn kan direkte sammenlignes med Dag Møllers resultater fra 1960-tallet. Tilsvarende kan resultatene fra allozymanalysene sammenlignes med data fra 1980-årene. Det vil derfor være mulig å undersøke om det har skjedd endringer i gensemsetningen over en 30–40-årsperiode.



Figur 5.9.1

Lokaliteter og prøvestasjoner for innsamling av torsk i 2002, 2003, 2004 og 2005. Stamtorsk ble samlet inn fra områder angitt ved blå ring.

*Localities and sampling stations for collection of Atlantic cod (*Gadus morhua*) made in 2002, 2003, 2004 and 2005. The broodstocks were collected in the areas marked with a blue ring.*

Men like viktig er det å bruke de nye DNA-metodene, spesielt Pan 1-systemet og mikrosatellitt DNA-analyser til å vurdere populasjonsstrukturen. Med hensyn til sistnevnte analyser er både 2002- og 2003-materialet ferdig analysert, og resultatene er nå under bearbeiding og statistisk testing. Her vil en også sammenligne med de russiske resultatene. Materialet fra 2004 skal analyseres på laboratoriet i Bergen i første halvdel av 2005. Selv om alle resultatene ikke er fullt ut evaluert og testet i alle detaljer, er hovedtrekkene klare. De bekrefter i hovedsak Møllers resultater som skissert ovenfor – genetiske forskjeller mellom skrei og kysttorsk, men også genetiske forskjeller på kysttorsk fra ulike regioner. Men her vil en få mer detaljert kunnskap når totalmaterialet fra alle årene er ferdig analysert og vurdert. I februar 2005 vil det også bli gjennomført tokt på Sørlandet etter samme opplegg og genetiske analysemetoder. Dermed vil det kunne oppnås full dekning av hele norskekysten og også etableres en helhetlig database på genprofiler for våre torskestammer. Denne kunnskapen vil være grunnleggende for å vurdere om det er mulig eller ønskelig å utvikle en “kongelig norsk” oppdrettstorskstamme. Og ikke minst vil den utgjøre et viktig referansemateriale for å kunne vurdere eventuelle endringer i genprofiler som følge av rømt oppdrettstorsk i fremtiden.

Testing av avkom fra ulike populasjoner

For å kunne vurdere fremtidige genetiske effekter av rømming fra torskenæringen, er det altså viktig å vite i hvilken grad det finnes lokalt tilpassede stammer med sitt eget genetiske særpreg og sine egne livshistoriekarakterer. Det sistnevnte kan gi seg uttrykk som forskjeller mellom ulike stammer med hensyn til biologiske parametere som levedyktighet, vekst, resistens mot sykdom og kjønnsmodning. Dette er egenskaper som er viktige i et avlsprogram på torsk og som vil bli endret som følge av gjennomføring av storskala avlsprogram.

Et viktig moment i sammenligning mellom stammer er at de aktuelle egenskapene blir målt under identiske miljøforhold. Dette innebærer at avkom fra ulike grupper må slås sammen allerede fra klekking og føres opp i samme kar. Utvikling av moderne DNA-metoder (mikrosatellitt-analyser) de siste årene muliggjør et slikt forsøksopplegg. Dette har derfor blitt innarbeidet i de forsøkene som er initiert og som nå gjennomføres ved Havforskningsinstituttets anlegg i Austevoll og i Øygarden.

I disse forsøkene ble det brukt fire kysttorskstammer innsamlet henholdsvis fra Porsangerfjorden, Tysfjorden, Helgeland og Øygarden. De spenner over et stort geografisk område (se kartskisse). I Paris-

vatnet ble det i 2003 etablert 40 egne gyteenheter for produksjon av familiegrupper fra de ulike populasjonene. Gyteforsøk basert på de fire stammene ble gjennomført både i 2003 og 2004, og befruktede egg fra de enkelte enhetene ble registrert daglig, eggkvaliteten ble vurdert og eggene ble eventuelt lagt inn i klekkeriet for videre klekking. De familiegruppene som klekket samtidig, ble umiddelbart slått sammen, og larvene ble startfôret både i intensive og ekstensive systemer. De intensive systemene er karakterisert ved innendørsoppdrett i kar og bruk av høye tettheter av torskelarver og byttedyr (hjuldyr og saltkreps). Det ekstensive systemet er poser ved Parisvatnet der det ble benyttet lavere tettheter av larver og naturlig plankton som byttedyr (copepoder). Når larvene ble store nok ble de tilvent formulert fôr, og den produserte yngelen danner nå grunnlag for videre forsøk i merdfasen. Avkommet fra 2003-årsklassen er individuelt merket og går nå i vekstforsøk ved Havforskningsinstituttet. Mikrosatellitt DNA-analyser er nødvendig for identifisering til familie og stamme. Det tilsvarende materialet produsert i 2004 er mer omfattende, og i alt tre vekstforsøk blir nå satt opp. Et parallelt forsøk med samme familie- og stammemateriale blir også satt opp ved Fiskeriforskning i Tromsø, slik at egenskapene til fisken kan testes under forskjellige miljøforhold.

Et viktig moment i oppsettet av forsøket var å samle inn stamfisk i god tid, slik at den fikk tid til å akklimatisere seg til oppdrettsbetingelsene. Dette var viktig for at gytetidspunktet skulle bli så likt som mulig for de ulike stammene. Stamfisk for gyting i 2003 ble derfor samlet inn våren 2002. Gytingen ble undersøkt gjennom hele sesongen i 2003, og det viste seg å være klare forskjeller mellom stammene når det gjaldt gyteforløp og gytetidspunkt. Det var særlig stamfisk fra Helgeland som utmerket seg med et mye senere tidspunkt for gytingen enn de andre stam-

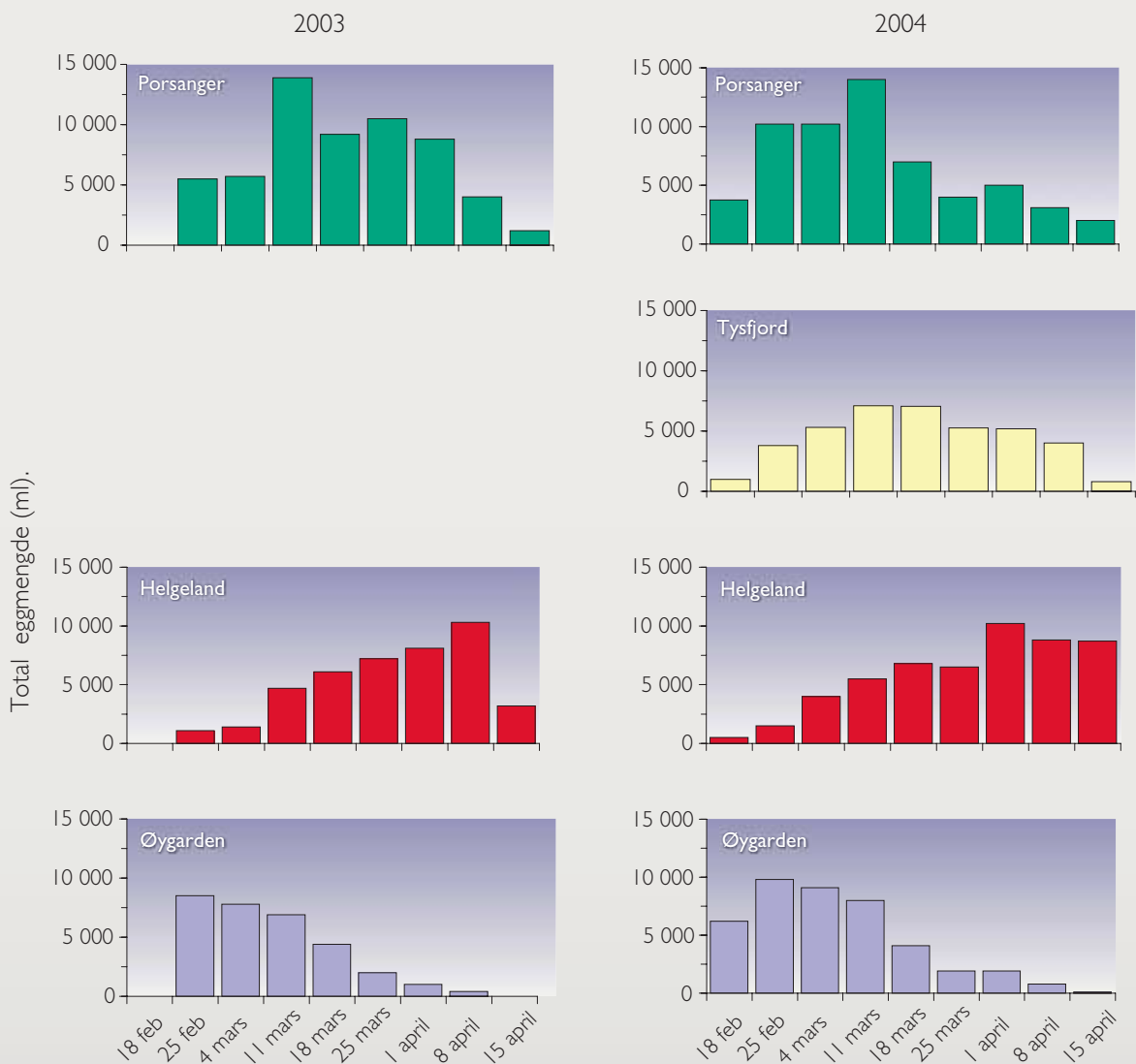
mene. Det var også forbausende at det samme gyttemønsteret var opprettholdt også i 2005 (se figuren nedenunder) for denne stammen. Observasjonene her tyder på at også genetiske komponenter er medvirkende for å bestemme gytetidspunkt for en torskestamme. Dersom dette er en tilpasning til lokale forhold, kan det ha betydning for hvilken stamfisk en skal velge til dette området.

Perspektiver

Selv om de endelige resultatene fra dette prosjektet ikke foreligger, bekrefter de

foreløpige resultatene at vi har betydelig genetisk variasjon mellom torskbestander i våre farvann. Vi vil i løpet av et par år ha etablert mer fullstendige genprofiler på torsk i norske farvann, inkludert Skagerrakkysten. Det vil også foreligge resultater og kunnskap om hvordan avkom fra ulike kysttorskstammer klarer seg under oppdrettsbetingelser. Dette vil være et viktig fundament i vurderingen av om vi trenger å utvikle en eller flere oppdrettsstammer.

Rømming fra oppdrettsanlegg har i mange tilfeller blitt betraktet som utilsiktet utset-



Figur 5.9.2

Gyteforløp (eggmengde/tidsrom) for ulike kysttorskstammer fra fire lokaliteter på norskakysten. Data fra gyteforsøkene i 2003 og 2004 er gitt.

Spawning course (amount of egg at a given time interval) for Atlantic cod (*Gadus morhua*) collected at four different localities along the Norwegian coast. These are results from spawning experiments in 2003 and 2004.

ting, og har blitt sammenlignet med både havbeite på marine arter og kultiveringsarbeid (laks, aure) i ferskvann. Vi kjenner godt til debatten og problemene for laks, med sikringssoner, nasjonale laksevassdrag osv. For marine arter har regelverket blitt utformet for å redusere uønsket miljøpåvirkning, inkludert genetiske effekter i forbindelse med havbeite. I forskriftene til lov om havbeite er det blant annet et krav om bruk av stedege stammer til utsetting. I arbeidet med den nye lov om akvakultur, som skal erstatte både den gamle oppdrettsloven og lov om havbeite, er det også lagt inn betydelige forslag til føringer når det gjelder miljøpåvirkning. Det er derfor viktig at det fremskaffes best mulig kunnskap for å kunne vurdere veivalgene videre når det gjelder kommersielt oppdrett av torsk.

Den store utfordringen ligger i å utvikle den nye torskenæringen på en slik måte at den ikke blir en trussel mot de naturlige bestandene. Kunnskap vil her være en nøkkelfaktor når videre strategi for oppdrett skal velges, og krav og tiltak fra forvaltningsmyndighetene skal vurderes. Torsk har en annen atferd enn laks, og foreløpig erfaring tyder på at det vil bli vanskelig å hindre rømming. Videre vil torsk i motsetning til laks kunne gyte i merdene. Dermed vil utforming av kriterier for valg av stamfisk og vurdering av ulike strategier for avlsarbeid være viktige elementer for å redusere mulighetene for en uønsket genpåvirkning i de naturlige torskebestandene.

Summary

Atlantic cod is proposed to be the new species for farming. Research institutions and the farming industry are now investing significant resources in developing cod farming. As for Atlantic salmon it is important that the domestication process is selecting the genetic material appropriate for farming conditions. A broad genetic material is important when initiating a selective breeding programme to improve economically important traits. A selective breeding programme is being established in Tromsø and will contribute to the future economy in the industry. Any breeding programme will change the genetic compositions of the farmed strain, and the aspects of escapees and risks for negative genetic influence on the wild cod stocks must be evaluated. The coastal cod populations along the Norwegian coast consist of several separate units, and some of these are depleted and possibly sensitive for genetic influence. Based on economically considerations in the breeding programme it is optimal to develop one single "Royal Norwegian cod strain" that can be used everywhere from Lindesnes in south and up to Finnmark in the north. But is it likely that a single strain is optimal under all environmental conditions? And how large is the variation in gene profiles among cod from different geographic regions? Can a highly selected farmed cod strain represent a threat against small and locally adapted coastal cod populations?