

13/12-2007

Svar til Fiskeri og kystdepartementet

- Torskeoppdrett og stedeagne stammer av kysttorsk

Utdypet faglig bakgrunn for rådene

1. Genetiske interaksjoner

Genetisk påvirkning på ville bestander er en av de viktigste miljøutfordringene ved oppdrett. Torsk har en annen atferd enn laks, og har lettere for å rømme når det først er hull i merden. Det er allerede rapportert om større rømmingsepisoder. Sammenlignet med laks, er det flere forhold som tilsier at utfordringene vil bli større med torskeoppdrett. Kysttorsk har gyte- og oppvekstområder i de samme områdene som oppdrettsanleggene ligger, uten barrierer. Under normale forhold blir torsk i oppdrett kjønnsmoden etter to år, og genetisk påvirkning kan da skje uten at torsk rømmer, ved at befruktete egg slippes ut av merden.

Disse problemstillingene var grunnlaget for at instituttet i 2002 satte i gang et omfattende arbeid fokusert på genetisk kartlegging av vill torsk langs kysten, sammenligning av gyteforløp og vekst mellom av ulike stammer under like miljøforhold og gyting i merdforsøk basert på en genetisk merket torsk. Resultatene fra denne forsøksvirksomheten er kort omtalt nedenfor.

Genetisk kartlegging av vill torsk

Genetisk variasjon i blodprotein og ulike antistoffer ble studert hos torsk allerede på 1960-tallet av Dag Møller og Gunnar Nævdal. Dette ble videreført i studier av proteiner og i dag er det ulike DNA metoder som blir brukt. I den storskala kartlegging av kysttorsk langs hele norskekysten fra 2002 til 2007, ble det samlet et stort materiale som dekket hele kysten fra Finnmark til Østfold. For å kunne sammenligne med tidlige data ble hele materialet (ca. 10 000 fisk) analysert både for gamle (proteiner) og moderne gen markører (DNA). De siste laboratorieanalysene ble gjennomført høsten 2007.

Resultatene fra analysene og de statistiske sammenligningene bekrefter tidligere undersøkelser – store genetiske forskjeller mellom skrei og ulike kysttorsk bestander. I tillegg er det betydelig genetisk variasjon mellom kysttorsk i de ulike regionene. De genetiske forskjellene er klart dokumentert både når det gjelder protein markører (hemoglobin) og DNA markører som Pan1 og mikrosatelitter. Et mindre utvalg av prøver er også analysert med ”single nucleotide polymorphism” (SNPs) som også bekrefter resultatene. De genetiske forskjellene funnet for den sistnevnte metoden er imidlertid større enn for de andre markørene.

Total materialet er også vurdert på basis av en oppdeling i regioner – Finnmark, Troms, Lofoten/Vestfjorden m.m., Helgeland, Møre/Trondheimsfjorden, Vestlandet og Sørlandet. Det er forskjeller mellom regionene, men også enkelte fjorder/områder innenfor hver region som torsken skiller seg ut genetisk. Området med høyst genetisk diversitet er området Vestfjorden (inkludert Tysfjord) /Lofoten/ Eidfjorden i Vesterålen. Dette er også forventet i med at det er

her skreien gyter. Men området er også et av de viktigste gyteområdene for flere kysttorsk grupper.

Sammenligning av stammer under like miljøforhold

Stamfisk fra ulike fjorder ble samlet inn fra gytefeltene og transportert til Havforskningsinstituttets feltstasjon Parisvatnet i Øygarden. Der er gjennomført både gyteforsøk og sammenligning av overleving / vekst på avkom fra ulike torskstammer. Det ble funnet forskjeller mellom stammer både når det gjelder gytetidspunkt, overleving under samme miljøforhold og vekst i oppdrettfasen. Dette tyder på at livshistorie karakterer også en noen grad er knyttet opp mot stammer og at det kan være en arvelig komponent involvert.

Gyting i merd og spredning i naturlig miljø

Basert på stamfisk fra Øygarden har det lyktes å bygge opp en ny genetisk merket stamfisk linje ved Austevoll havbruksstasjon. Den første årsklassen var kjønnsmoden i 2006, og det første gyteforsøket ble gjennomført i Heimarkspollen i Austevoll i perioden fra februar til april samme år. Innsamling av torskelarver fra Heimarkspollen og genetisk analyser av disse viste at 20 -25 % var avkom fra gyting i merden. Det ble også funnet spredning av larver utenfor selve Heimarkspollen. Forsøket ble gjentatt og oppskalert i 2007 og undersøkelsene bekreftet 2006 bildet, men med en betydelig større andel av larver fra gytemerden og spredning til farvannene utenfor merden. Forsøkene viser entydig effektiv gyting av oppdrettstorsk i merden og levedyktig avkom i alle fall fram til larvestadiet. I de siste feltundersøkelsene (juni og november) har vi funnet yngel som stammer fra gytingen i merden. Det er imidlertid få fisk i de aktuelle størrelsesgrupper, og det trengs mer materiale for å få sikrere estimat. Det er nå to årsklasser fra gytingen i Heimarkspollen og det legges nå opp til et undersøkelsesprogram for å se om dette avkommet overlever og rekrutterer til gytebestanden i området. Dersom den gjør det, vil det være mulig å registrere omfanget av krysning med villfisk.

I 2007 har en også lyktes å produsere et stort antall genetisk merket yngel i Parisvatnet i Øygarden. Dette la grunnlaget for å etablere et fullskala forsøk i samarbeid med næringen. I alt ble 500 000 av denne yngelen overført til Nærøysund Matfisk utenfor Florø hvor den går inn i den ordinære matfisk produksjon. På basis av det genetiske merket på denne fisken, er det mulig å i detalj, registrere rømming på alle stadier (yngel, ungfisk, moden fisk) samt avkom fra gyting i merd. Det er foreslått en videre oppfølging både i form av produksjon av genetisk merket yngel i 2008, samt et overvåkningsprogram for å registrere rømming / påvirkning av den lokale ville torsken i området. Omfanget av aktiviteten vil være avhengig av ressurstilgang. Resultatene fra disse forsøkene er grunnleggende for å kunne vurdere risiko for som gytingen i merdene representerer med hensyn til genetisk påvirkning av vill torsk.

Vurdering av aktuelle tiltak

Utgangspunktet for vurderingene er at det er dokumentert betydelig genetisk variasjon på torsk i norske farvann, og noe som også gjelder sårbare kysttorsk bestander. En utvikling av kommersielt oppdrett av torsk må utformes slik at det blir minimal risiko for negative effekter på vill torsk. De mest aktuelle tiltakene nå vil her være a) Etablere områder uten torskeoppdrett b) Bruk av stedegen stamfisk i spesielle områder 3) Restriksjoner på transport av fisk mellom ulike regioner. Samtidig bør det tas opp en vurdering av avls-systemet – et nasjonalt avls program eller mer regionale system? Også alternative avls strategier bør



evalueres. Det er ønskelig, fra et genetisk synspunkt, å vurdere utviklingen av steril torsk som en miljøvennlig torsk for å unngå genetisk interaksjon med de lokale torskebestandene fullstendig.

Når det gjelder etablering av områder uten oppdrett, må dette baseres på spesielle områder både med hensyn til viktige gyteområder, genetisk diversitet, smitterisiko og mulige konsekvenser av smitteoverføring. For enkeltbestander i fjordområder er det også genetisk og biologisk særegenhet og sårbarhet som må vektlegges. I den sammenheng er det særlig området Vestfjorden (Tysfjord) - Lofoten – Eidsfjorden som peker seg ut. Dette er hovedgyteområdet for skrei, men i tillegg et viktig gyteområde for flere populasjoner kysttorsk. Dette kommer til uttrykk i den store genetiske diversiteten i regionene, også når skrei bestanden holdes utenfor.

Som eksempel på en enkeltbestand som trenger spesielt vern, kan det nevnes Porsangerfjord torsken. Den har sitt avgrensede gytefelt (Smørfjorden) og er spesiell både basert på genetiske og biologiske data. Samtidig er den nedfisket og svært sårbar for påvirkninger. Dersom slike bestander ikke ser ut til å rehabiliteres, kan det være en mulighet å gjennomføre et program med ”gyting i merd” basert på stedegen fisk. Dette vil i tilfellet være mer et kultiveringstiltak i motsetning til et kommersielt oppdrett.

Bruk av stedegen stamme bør knyttes til områder / fjorder hvor det er dokumentert en spesiell stamme, men hvor bestanden ikke anses å være spesiell sårbar. Et eksempel på dette er torsken i Balsfjorden, men andre aktuelle områder som f. eks. Skjærstadvfjorden, Trondheimsfjorden og andre bør evalueres. På bakgrunn av det kartleggingsarbeidet som nå er gjennomført, kan i prinsippet krav til nye konkrete konsesjoner vurderes.

På grunnlag av resultatet fra den genetiske kartleggingen, er det uønsket med fri transport mellom ulike regioner. Sørlandet er en region som er uaktuell til torskeoppdrett. Inkluderes også Lofoten m.m. som område uaktuell for oppdrett av torsk, er det fire regioner (Troms/Finnmark; Helgeland; Møre/Trondheimsfjorden; Vestlandet) hvor det i dag er ingen restriksjoner på overføring av fiskematerialet. Det bør utarbeides nye regler for å redusere overføring av materialet mellom de nevnte regionene.

2. Sykdom og smittespredning

Francisellose ble første gang diagnostisert i Norge i 2004. To uavhengige forskergrupper, henholdsvis ved Universitetet i Bergen og ved Veterinærinstituttet har begge vitenskapelig beskrevet bakterien og sykdommen francisellose (Olsen m. fl. 2006, Ottem m. fl. 2006, Nylund m. fl. 2006). Tilgjengelige feltobservasjoner tyder på at sykdommen har forekommet hos vill og oppdrettet fisk relativt lenge. En epidemi på vill torsk i Skagerrak/ Kattegat i 2004 er beskrevet og omtalt av svenske forskere (Alfjorden m. fl. 2006). Det er sannsynlig at vill torsk i Skagerrak/ Kattegat og langs kysten av Sør-Norge kan utgjøre bakteriens naturlige reservoar. Sykdommen er ved siden av nodavirus ansett som den mest alvorlige sykdommen i torskeoppdrett i dag. For en generell beskrivelse av sykdommen henviser vi til Ottem m. fl. (2007).

Våre undersøkelser av utbredelsen av *Francisella piscicida* i vill og oppdrettet torsk er gjennomført i samarbeid mellom Universitetet i Bergen og Havforskningsinstituttet. Universitetet i Bergen ble brukt som samarbeidspartner på grunn av den omfattende



erfaringen med *F. piscicida* som finnes i forskningsgruppen til professor Are Nylund ved Institutt for biologi. Ved at forskere ved de to institusjonene har samarbeidet ble det mulig raskt å gjennomføre en vesentlig mer omfattende feltstudie enn det som ellers hadde latt seg gjøre for institusjonene enkeltvis. Undersøkelsen er antatt for publisering i *Journal of Fish Diseases* (Ottem m. fl. under trykking). For ordens skyld presiseres det at Havforskningsinstituttet også har hatt forskningssamarbeid med Veterinærinstituttet om denne sykdommen, men da knyttet til laboratoriestudier. Så vidt vites er det ikke andre felldata tilgjengelig enn det som her er omtalt.

Undersøkelsen omfatter et materiale fra i alt 422 ville torsk fra 13 undersøkte områder og 955 oppdrettede torsk fra 10 områder langs norskekysten. To ulike kvantitativ real-time PCR assayer ble designet. Ett var spesifikt for 16S rDNA for *F. piscicida*, og ett for et yttermembranprotein (FopA). Det siste detekterer også en nært beslektet bakterie, *Francisella philomera*. Begge assayer er testet negativt mot en rekke andre bakterier isolert fra torsk. Assayet mot 16S rDNA ble brukt med cDNA (RNA) siden dette var mest sensitivt. Av i alt 1165 oppdrettstorsk (samlet fra oktober 2004 til tidlig vinter 2007 var 26 % positiv for *F. Piscicida*). I Møre og Romsdal var 48 % (N=201) av fisken positiv. I Rogaland var 25 % (N=414) positiv. I Hordaland var 16 % (N=162) positiv. I Nordland var 35 av 141 fisk positiv. I Sogn og Fjordane ble det bare funnet en positiv fisk, og i Troms ble det ikke funnet positiv fisk. Antallet undersøkte fisk fra disse fylkene var imidlertid lavt, hhv. 33 og 4. Det ble ikke undersøkt oppdrettslokaliteter fra Trøndelagsfylkene eller Finnmark. Det ble heller ikke undersøkt oppdrettet fisk fra Sørlandskysten.

Det ble funnet *F.piscicida* positiv villtorsk i fylkene Aust-Agder (6 av 53), Vest-Agder (4 av 60), Rogaland (8 av 37) og Hordaland (11 av 71). Nord for dette var villtorsken negativ. Antall testede individer var 61 i Sogn og Fjordane, 100 i Møre og Romsdal, og 40 i Nordland. Det må presiseres at antallet testede ville individer i Nord-Norge er relativt lavt.

Det går utenfor rammene for dette notatet å forklare hvorfor sykdommen synes utbredt i vill torsk i de sørligste fylkene, men ikke ble funnet i fylkene fra Sogn og Fjordane og nordover. Sykdommen har hittil opptrådt spesielt ved høye vanntemperaturer, og vi har fremsatt hypoteser om at (1) et varmere klima kan føre til at francisellose spres nordover (Bergh m. fl. 2007), og (2) at smittespredning fra torskeoppdrett kan utgjøre en trussel for ville torskebestander (Svåsand m. fl. 2007). De foreliggende dataene viser at bakterien er spredt til oppdrettsfisk i Nord-Norge, og det er nærliggende å tro at dette skyldes den omfattende transporten av settefisk fra sør til nord. Forekomsten på vill torsk i Agderfylkene, sammen med de tidligere publiserte funnene fra Kattegat og Skagerrak støtter hypotesen om at smittereservoaret er fra vill torsk i disse farvannene. Samtlige funn fra oppdrettstorsk er nedstrøms i kyststrømmen forhold til disse funnene.

3. Referanser for smittespredning:

- Alfjorden A, Jansson E, Johansson K.E. 2006. A systemic granulomatous inflammatory disease in wild Atlantic cod, *Gadus morhua* associated with a bacterium of the genus *Francisella*. *DIPNET Newsletter* 44 <http://www.dipnet.info/>
- Bergh Ø, Asplin L, Boxaspen K, Lorentzen T, Nylund A, Ottem K, Sundby S. 2007. Klimaendringer – konsekvenser for akvakultur i Norge. *Havforskningstema 2-2007*. Havforskningsinstituttet
- Nylund, A., Ottem KF, Watanabe K, Karlsbakk E, Krossøy B. 2006. *Francisella* sp. (Family Fracisellaceae) causing mortality in Norwegian cod (*Gadus morhua*) farming. *Archives of Microbiology* 185:383-392.
- Olsen, A.B., Mikalsen, J., Rode, M., Alfjorden A., Hoel, E., Straum-Lie K., Haldorsen, R., Colquhoun D. 2006. A novel systemic granulomatous inflammatory disease in farmed Atlantic cod, *Gadus morhua* L., associated with a bacterium belonging to the genus *Francisella*. *Journal of Fish Diseases* 29:307-311.
- Ottem KF, Nylund A, Isaksen TE, Karlsbakk E, Bergh Ø. (under trykking) Occurrence of *Francisella piscicida* in farmed and wild Atlantic cod *Gadus morhua* L. in Norway. *Journal of Fish Diseases*.
- Ottem KF, Nylund A, Karlsbakk E (2007). Utbredelse og status av *Francisella* på torsk i Norge. I: Dahl E, Hansen PK, Haug T, Karlsen Ø (red.) *Kyst og Havbruk* s. 164-165, *Fisken og havet*, særnummer 2, s. 178-179.
- Ottem KF, Nylund A, Karlsbakk E, Friis-Møller A., krossøy B. 2006. Characterization of *Francisella* sp. GM2212, the first *Francisella* isolate from marine fish, Atlantic cod (*Gadus morhua*). *Archives of Microbiology* 187 (2007) 187:343-350
- Svåsand T, Bergh Ø, Dahle G, Hamre L, Jørstad KE, Karlsbakk E, Korsnes K, Taranger GL. 2007. Miljøeffekter av torskeoppdrett. *Havforskningstema 3-2007*. Havforskningsinstituttet