

Oppdrettet torsk sin innflytelse på vill torsk og mulige løsninger for overvåkning

Av Geir Dahle, Knut E. Jørstad, Terje van der Meeren og Terje Svåsand



PROSJEKTRAPPORT



Nordnesgaten 50, Postboks 1870 Nordnes, 5817 BERGEN
Tlf. 55 23 85 00, Faks 55 23 85 31, www.imr.no

Tromsø **Flødevigen** **Austevoll** **Matre**
9294 TROMSØ 4817 HIS 5392 STOREBØ 5984 MATREDAL

Rapport: Rapport fra Havforskningen	Nr. - År 26-2011
Oppdrettet torsk sin innflytelse på vill torsk og mulige løsninger for overvåkning	
Interaction between farmed and wild cod, and suggestions for future monitoring.	
Forfatter(e): Geir Dahle, Knut E. Jørstad, Terje van der Meeren og Terje Svåsand	

Distribusjon: Åpen
Prosjektnr.: 13483-04
Oppdragsgiver(e): Fiskeri- og kystdepartementet
Oppdragsgivers referanse:
Dato: November 2011
Program: Rådgivnings- og forskningsprogrammet akvakultur
Faggruppe: Populasjonsgenetikk og økologi
Antall sider totalt: 19

Sammendrag (norsk):

Tilstedeværelse av oppdrettsfisk på gyteplassen vil ikke alene kunne si noe om effekten av rømt oppdrettsfisk på vill fisk. Vurderingen må også være basert på genetiske analyser av, i første rekke, yngel samlet inn like etter gyting, samt genetisk overvåking av de aktuelle områdene. Denne rapporten vurderer bruk av genetiske metoder i en slik overvåkning.

Summary (English):

The observed presence of farmed fish on the spawning grounds is not enough to conclude that there is any interaction between farmed and wild cod. The evaluation must be based on genetic analysis of larvae sampled in the vicinity of the spawning grounds and regular monitoring of the individuals present within the system. This report evaluates the use of genetic methods in such monitoring programmes.

Emneord (norsk):

1. oppdrettstorsk
2. genetisk interaksjon
3. overvåkning

Subject heading (English):

1. farmed cod
2. genetic interactions
3. monitoring

Innholdsfortegnelse

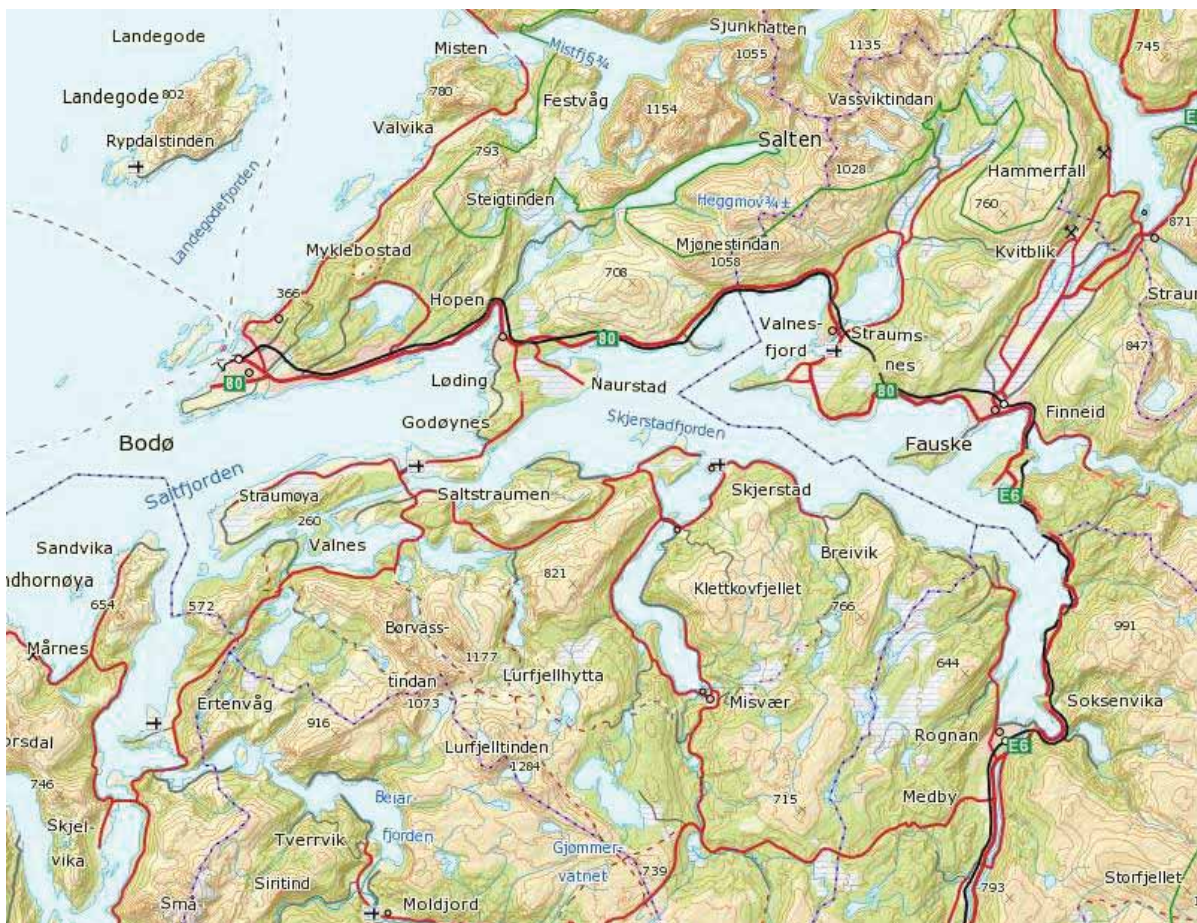
Innledning.....	5
Generell biologi/genetikk.....	6
Utsettingsprogram med oppdrettet torsk.....	7
Vekst, vandring.....	7
Genetikk i oppdrett.....	7
Er oppdrettstorsk forskjellig fra villtorsk?.....	9
Skjelettdeformiteter.....	9
Andre ytre avvik.....	10
Overlevelse og spredning hos rømt oppdrettstorsk.....	11
Genetiske endringer i oppdrett.....	12
Pågående prosjekter ved Havforskningsinstituttet.....	13
Egg-/larveforsøk i Heimark, Gulen og Florø.....	13
Genetisk påvirkning på torsk.....	14
Sporing av rømt oppdrettstorsk.....	14
Feltundersøkelser i Skjerstadvfjorden.....	15
Mulige effektindikatorer.....	15
Overvåkning.....	16
Referanser.....	17

Innledning

Genetisk påvirkning og rømming er identifisert som viktige miljøutfordringer i forbindelse med oppdrett (McGinnity et al 2003, Geneimpact 2006, Hindar et al 2006, Skaala et al 2006). Rømming av fisk utgjør en trussel mot de ville bestandene gjennom mulig genetisk påvirkning som kan påvirke reproduksjonspotensialet og tilpasningsevnen. Vi har imidlertid liten kjennskap til langtidseffektene av slik genetisk påvirkning (genetisk interaksjon).

For å utvikle et miljøvennlig, kommersielt oppdrett av torsk, må det fremskaffes tilstrekkelig kunnskap for å kunne vurdere mulige negative miljøeffekter. Torsk skiller seg fra laks på to viktige områder: den er mye flinkere til å rømme, og kjønnsmoden fisk kan gyte i merdene før den når markedsstørrelse.

Denne rapporten omfatter en utredning av oppdrettet torsk sin innflytelse på vill torsk, basert på tilgjengelig faglitteratur i tillegg til avsluttede og pågående prosjekt ved Havforskningsinstituttet. Her blir både påvirkning ved gyting i merd og effekter av konkrete rømminger av ung og voksen fisk fra oppdrett til ville bestander diskutert. Skjerstadvfjorden (Figur 1) ble undersøkt spesielt i 2010-11, og detaljene i disse undersøkelsene blir presentert i en egne rapport.



Figur 1. Skjerstadvfjorden.

Generell biologi/genetikk

I norske farvann blir atlantisk torsk tradisjonelt forvaltet som tre forskjellige bestander; den vandrende nordøstarktiske torsken (skrei), den mer stasjonære torsken inne i fjordene (kysttorsk), og torsk sør for Stad (nordsjøtorsk). Forskjellen mellom skrei og kysttorsk har vært diskutert i mer enn hundre år (Hjort & Dahl 1900), og har senere blitt behørig dokumentert gjennom ulike studier: otolitt (Rollefsen 1933), blodproteiner (Sick 1961, Frydenberg et al. 1965, Møller 1966, 1968), mitokondrielt DNA (Dahle 1991). Det siste tiåret er det utviklet en rekke nye genmarkører basert på ulike DNA-metoder. Når det gjelder forskjellene mellom nordøstarktisk torsk og kysttorsk er det særlig *PanI* (Fevolden & Pogson 1997, Pogson & Fevolden 2003) som har vært benyttet. Denne markøren viser forskjeller i allelfrekvenser (to ulike genvarianter finnes) mellom de to hovedgruppene kysttorsk og skrei (Fevolden & Pogson 1997, Sarvas & Fevolden 2005a). Siden disse undersøkelsene startet (1993) har torsk fra nordnorske fjorder og fra kystområder lenger sør vist *PanI^A*-frekvenser på 80 % og mer, mens nordøstarktisk torsk viser tilsvarende høye frekvenser av den andre genvarianten, *Pan I^B* (≥ 90 %). Det er gjennomført detaljerte studier av *PanI* som klart demonstrerer betydelig variasjon både på torsk mellom regioner og fjordsystemer (Sarvas 2005, Sarvas & Fevolden 2005a, 2005b, Skarstein et al. 2007, Westgaard & Fevolden 2007).

Selv innen et fjordområde på bare noen titalls kilometer er det observert en temporær struktur mellom forskjellige lokaliteter (Knutsen et al. 2011). Den store genetiske variasjonen mellom torsk fra ulike områder, selv over små geografiske avstander, kan tyde på at mange torskepopulasjoner er tilpasset det miljøet den oppholder seg i (Imslund & Jonsdottir 2003).

Helt siden slutten av 1800-tallet har torsk vært vurdert som en kandidat for kultivering. I starten var fokuset på utsetting av plommeseckklarver, men det var først etter at en fikk et gjennombrudd i produksjon av torskeyngel i Hyltropollen i Austevoll i 1983 (Øiestad et al. 1985) at potensialet kunne utforskes i stor skala. I første omgang var fokus utsetting (Svåsand et al. 2000), men fra ca. 2000 har søkelyset vært satt på oppdrett (Svåsand et al. 2004).

For å undersøke om spesielle genetiske typer (allozymer) hadde bedre vekstegenskaper enn andre, ble all fisk som ble satt under oppdrettsbetingelser analysert ved hjelp av enzym-elektroforese. Dette viste seg ikke å være tilfelle (Jørstad 1986). Materialet ble så brukt for å lage den nå så kjente ”genetisk merkede torsken”. I utgangspunktet var formålet for utviklingsarbeidet å krysse inn en genmarkør på torsk for bruk i oppdrett (Jørstad et al. 1987), dernest for bruk i utsettingsprosjekter. Det genetiske merket på stamfisken innebar også at merket ble overført til egg og larver, hvor det tidligere ikke fantes egnede merkemethoder. Fisken ble derfor brukt i en rekke studier i tidlig livssyklus både i poll (Blom et al. 1994), i feltforsøk (Svåsand et al. 1991, Kristiansen et al. 1997, Svåsand et al. 2000) og ikke minst kontrollerte forsøk ved Forskningsstasjonen Austevoll (van der Meeren et al. 1994, Suthers et al. 1999, van der Meeren & Jørstad 2001).

Som et ledd i den generelle genetiske kartleggingen på torsk langs norskekysten, har instituttet samlet inn referanseprøver også fra gytefelt inne i Skjerstadvfjorden før oppstart av

oppdrett med torsk. Vi har også et nytt prøvemateriale fra 2009–2010, inkludert både vill torsk, rømt torsk og prøver fra ulike merder/anlegg. Dette utgjør et godt utgangspunkt for å kunne gjennomføre en grundig vitenskapelig undersøkelse i Skjerstadvfjorden. Dette materialet er supplert med prøver fra gytefeltene i 2011 og innsamling av fiskeegg og -larver etter gyting i det samme området.

Utsettingsprogram med oppdrettet torsk

I 1990 ble programmet «Plan for Utvikling og Stimulering av Havbeite» (PUSH-programmet) igangsatt. Programmets formål var å klarlegge det biologiske, økologiske, juridiske og økonomiske grunnlaget for en ny kystnæring basert på havbeite med laks, røye, torsk og hummer, med sikte på å utvikle utsettings- og høstingsformer som er økonomisk lønnsomme og økologisk forsvarlige. I perioden 1990–1993 ble det gjennomført en rekke prosjekter ved Havforskningsinstituttet omkring yngelproduksjon i Parisvatnet og utsettinger i Masfjorden, Austevoll og Øygarden (Svåsand et al. 1997, 2000).

Vekst, vandring

I tilknytning til PUSH-programmet ble det bl.a. gjennomført studier av så vel vandring hos utsatt torsk i ulike områder som forskjell i vekst hos nordøstarktisk torsk og kysttorsk. Disse resultatene er viktig i en fullstendig vurdering av effekter av rømt oppdrettsfisk. Resultatene av vekstforsøkene viste at kysttorsk vokser bedre enn skrei under de samme betingelsene (Svåsand et al. 1996), mens det i migrasjonsstudier ble vist liten forskjell i vandringslengde mellom kysttorsk og nordøstarktisk torsk. Alle gjenfangster av torsk ble gjort innenfor en radius på 15 km fra utsettingsstedet (Otterå et al. 1999).

Genetikk i oppdrett

I utformingen av PUSH-programmet var det en omfattende diskusjon knyttet til risiko for uønsket genetisk påvirkning på de ville populasjonene. Denne problemstillingen gjaldt ikke bare for laksefisk, men også for hummer og torsk. Det ble tatt utgangspunkt i å bruke ville og lokale stamorganismer, og genetiske analyser ble innkorporert i undersøkelsene. Dette innebar genetiske analyser av all stamfisk og analyser av den utsatte yngelen. I prøvefisket med sikte på gjenfangst i de ulike områdene ble det tatt rutinemessig prøver av all torsk, både vill og utsatt. Mest omfattende var forsøkene i Masfjorden, Øygarden og Austevoll, som beskrevet ovenfor. De genetiske undersøkelsene i disse prosjektene ble gjennomført i nært samarbeid med Universitetet i Bergen (prof. Gunnar Nævdal).

Som nevnt ovenfor ble det etter omfattende generell kartlegging av torsk langs kysten og av 1983-årsklassen ved Forskningsstasjonen Austevoll, satt sammen fisk med en spesiell genmarkør i muskelenzymet glucosephosphat isomerase (PGI). Dette var starten på en egen torskestamme med en sjelden genprofil (homozygot i GPI*30/30; Jørstad et al. 1991.), og en stamfiskbestand ble bygget opp ved forskningsstasjonen. Stamfisken ble benyttet til å produsere yngel for utsetting i Masfjorden og Øygarden, og omtrent halvparten av fisken som ble satt ut i disse årene var genetisk merket (Jørstad et al. 1994ab). Det ble også satt ut torsk

ved flere anledninger i Heimarkspollen i Austevoll. Generelt lave gjenfangster og sterk reduksjon av feltaktivitet på slutten av PUSH-perioden, gjorde det vanskelig å få data på rekruttering til gytebestand og reproduksjon/ innkryssning med de ville bestandene i om-rådene (Jørstad et al. 1999). En omfattende prøvetaking i disse områdene i dag med til-svarende genetiske analyser, vil kunne gi unik informasjon om genpåvirkning i de lokale stammene. Det ble også gjennomført flere andre studier hvor genetisk merket torsk har gått inn som et viktig element (Svåsand et al. 1996, Otterå et al. 1999).

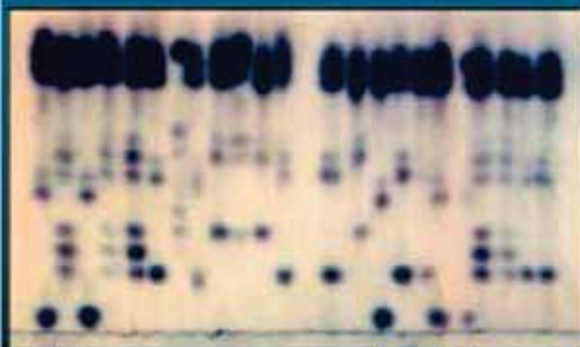
Den nye interessen for oppdrett av torsk på starten av 2000-tallet initierte et prøvefiske i utsettingsområdene under PUSH-programmet. Formålet var å få tak eventuelle genetisk merket fisk som kunne brukes til å bygge opp en ny forsøksstamme. Et større antall fisk ble fanget, men det ble ikke funnet spor av det genetiske merket verken i materialet fra Masfjorden eller Heimarkspollen. Ved gjennomgang av stamfiskene i Parisvatnet i 2002, basert på lokal innfanget villfisk fra Øygarden, ble det derimot funnet et begrenset antall fisk med det genetiske merket (Jørstad et al. 2004, Jørstad 2004). Disse må være avkom fra fisk som ble satt ut i begynnelsen av 1990-tallet og som har overlevd og reprodusert. Det ble imidlertid ikke funnet indikasjoner på en innkryssning med villfisk i dette området. Stamfisk med det genetiske merket ble overført til Forskningsstasjonen Austevoll og dannet der basis for en gjenoppbygging av stammen.

Ved bruk av denne genetisk merkede torsken kan Havforskningsinstituttet i dag drive forskning rundt spørsmål omkring gyting i merd/rømming av oppdrettstorsk, tillegg til en mer generell kartlegging av torskepopulasjoner langs kysten. Forsøkene på gyting i merd vil kunne gi svar på flere spørsmål rundt dette temaet som: overlevelse av avkom fra merd, spredning og eventuelt rekruttering til den lokale gytebestanden og gytetsuksess/innkryssning med vill torsk. Dette arbeidet startet opp i Heimarkspollen i 2006, og eventuell rekruttering til gytebestanden og innkryssning med lokal bestand er prioriterte spørsmål. Den samme genetisk merkede torsken er også brukt i storskala forsøk med kommersielle oppdrettere i Florø og Gulen. Her gjennomføres både overvåking av rømming, og det undersøkes bidrag fra gyting i merd, eventuell innkryssning (se nedenfor).

GENETISK MERKET TORSK

Det genetiske merket hos torsk ble utviklet ved Havforskningsinstituttet på slutten av 1980-tallet, og arbeid med å utvikle en ny stamfiskbestand av torsk med dette merket startet i 2002 ved forskningsstasjonen i Austevoll. To nye årsklasser av denne fisken ble produsert i 2003 og 2004, og disse har vært utgangspunktet for gyteforsøk i merd og storskala forsøk i samarbeid med næringen.

Genetisk merket torsk er krysset fram og har en unik variant av det proteinkodede genet GPI-1 ($GPI-1^{*30/30}$). Slike varianter kan lett identifiseres med en prosess som kalles proteinelektroforese.



Proteinelektroforese. Hver vertikale "stripe" er et individ, og pilene viser individ som er genetisk merket.

Er oppdrettstorsk forskjellig fra villtorsk?

Erfaringene fra oppdrett av torsk de siste ti årene viser at en god del individer utvikler ulike morfologiske karakterer som vil avvike fra villfisk. Det observeres to hovedgrupper av slike karakterer, nemlig skjelettdeformiteter og andre ytre avvik i hud og finner. Endringer i ytre morfologi hos torsk i oppdrett antas hovedsakelig å skje forholdsvis tidlig i livssyklusen (gjennom yngelproduksjonen), selv om f.eks. finneslitasje nok også kan skje senere i livssyklusen. Torskeyngel drettes i dag opp ved tre ulike metoder (van der Meeren og Naas 1997; Svåsand et al. 2004): a) *Ekstensiv metode* i poller med lav fisketetthet og naturlig plankton (copepoder) som fôr, b) *Semiintensiv metode* i store poser i sjø eller i store kar på land med medium fisketetthet og tilførsel av copepoder fra poll eller sjø som fôr, men også bruk av intensivt produsert levendefôr (hjuldyr), og c) *Intensiv metode* innendørs i kar med høy fisketetthet, hjuldyr som fôr og tidlig tilvenning til formulert fôr. Av disse tre metodene er det den ekstensive metoden der torskeyngelen er drettet opp i poller som gir en morfologi som er mest lik villtorsken. Generelt vil det ikke være mulig å skille polltorsk og villtorsk på ytre karakterer.

Skjelettdeformiteter

Synlige skjelettdeformiteter omfatter ulike bøyninger av ryggraden som kyphose (knekk oppover), lordose (knekk nedover), scoliose (knekk til siden med rotering av ryggvirvler) og platyspondyly (sammenvokste virvler, korthale). Kombinasjoner av disse kan forekomme. Det samme gjelder deformasjoner eller sammenvoksning av virvler uten synlige ytre bøyninger eller forkortninger av ryggsøylen. En annet vanlig deformitet er nakkeknekk/-bøy der hodets lengdeakse er bøyd oppover/nedover i forhold til ryggens lengdeakse. Videre er det i oppdrett observert skjelettdeformiteter i hoderegionen. Dette omfatter inntrykt snute (mopsehode, også i noen tilfeller kalt kongetorsk), sideforskyvning av kjeve (kryssbitt), fremover- og nedverbøyd underkjeve (vrent underleppe eller hareleppe), forstørrelse av snuten, reduksjon av underkjeve og deformerte eller reduserte gjellelokk. I tillegg er det også i ett tilfelle observert endret antall og asymmetri i bukfinner på en gruppe oppdrettstorsk.

Av deformitetene nevnt ovenfor er nakkeknekk og vrent underleppe entydig knyttet til oppdrettstorsk. En del av de andre hodedeformitetene er også sterke indikasjoner på oppdrettstorsk, spesielt forstørret snute og deformasjoner av gjellelokket. Av andre hodedeformiteter er mopsehode (kongetorsk) funnet hos villtorsk. Kongetorsken er sjelden og har derfor fra gammelt av blitt knyttet til mytiske fortellinger og spådom om hell i fiske når denne har blitt fanget. Synlige bøyninger av ryggsøylen kan ikke utelukkes hos villtorsk, men er trolig svært sjeldne. Når det gjelder deformerte og sammenvokste virvler, ble dette undersøkt i en studie av Fjelldal et al. i 2009. Disse skjelettavvikene var relativt vanlig hos villtorsk (5–6 %), men de er ikke synlige fra utsiden av fisken, og kan kun observeres ved røntgenfotografering av ryggsøylen. I studien ble det funnet at slike deformerte og sammenvokste virvler er enda mer vanlige hos oppdrettstorsk, inkludert torsk drettet opp i poll, og mest vanlig hos intensivt oppdrettet torsk. Korthalene er en ekstrem variant av denne formen av deformasjoner som fører til kraftig sammentrykking av ryggen i lengderetningen.

Følgelig kan denne lett observeres uten røntgenfotografering. Korthaler kan observeres både blant vill og oppdrettet torsk, men er imidlertid relativt uvanlig å finne blant villtorsk.

Forekomst av skjelettdeformiteter ser ut til å være avhengig av hvilken oppdrettsmetode som er valgt i yngelproduksjonen. Forekomst av nakkeknekk og hodedeformiteter er langt vanligere for intensivt oppdrettet torsk yngel fôret kun med hjuldyr, mens yngel produsert med copepoder fremviser langt lavere andeler av deformiteter. Dette tyder på at årsaken til deformitetene er nært knyttet til ernæring. Også høy temperatur i de tidlige livsstadiene er foreslått som årsak til dannelse av skjelettdeformiteter (Sfakianakis et al. 2004, 2009), men forsøk med semiintensivt oppdrett av torsk yngel i poser under temperaturer opp til 17 °C og med copepoder som fôr resulterte i svært høye vekstrater uten forekomst av deformiteter (Finn et al. 2002). Dette kan tyde på at temperatur innenfor visse grenser heller modulerer deformitetsdannelse enn å være direkte årsak, f.eks. ved at en ernæringsmessig mangel forsterkes ved økende temperatur (Georgakopoulou et al. 2007). Fisk er vekselvarme dyr, og økt vekstrate ved høyere temperatur vil kreve økt tilførsel av de riktige næringsstoffene. Copepoder er vist å være hjuldyr overlegen når det gjelder næringsinnhold (van der Meeren et al. 2008), og dette kan forklare hvorfor andelen av deformiteter er større hos intensivt oppdrettet torsk yngel som bare får hjuldyr å spise i larvefasen. Også strømhastighet og ensidig strømrøretning i runde kar i yngelfasen har blitt foreslått som mulig årsak til ryggdeformiteter (Divanach et al. 1997, Sfakianakis et al. 2006). Det foregår en utstrakt forskning for å klarlegge nærmere årsaksforholdene til skjelettdeformiteter.

Andre ytre avvik

Oppdrettstorsk kan ha en høyere grad av finneslitasje, spesielt på fremre ryggfinne. I noen tilfeller er fremre ryggfinne nesten helt borte. Dette er ikke spesifikt observert på villtorsk, men det kan ikke utelukkes at slike skader også forekommer her. Skader på finnene hos villtorsk har blitt observert i forbindelse med parasitter (torskelus), men dette er langt mindre skader enn det som er observert på oppdrettstorsk. Årsaken til denne skaden er ikke klarlagt, men finneslitasje er vanlig å observere når torsken går tett, f.eks. i kar. Denne skaden er svært uvanlig å se hos torsk som er drettet opp i poller, men den har vært vanlig å finne på intensivt oppdrettet fisk. Siden årsaken kan være av mekanisk art, er det trolig variasjoner i forekomst ut fra til hvilke driftsprotokoller som benyttes. Dette støttes av at slik finneslitasje ikke har vært observert hos grupper av intensivt produsert torsk ved Havforskningsinstituttets forskningsstasjon i Austevoll.

Også kondisjon vil kunne være forskjellig mellom oppdrettstorsk og villtorsk. Næringstilgangen i oppdrett er mye bedre enn i sjøen, og torsken lagrer fettstoffer i leveren. Leveren blir da større enn det som er vanlig hos villtorsk. Utenom gytesesongen vil derfor nylig rømt oppdrettstorsk virke ”feitere” enn villtorsk. I gytesesongen vil appetitten gå ned, og næringsemner i leveren vil overføres til rogn og melke. Det blir derfor vanskeligere å skille vill- og oppdrettstorsk ut fra kondisjon i gytesesongen. Den gode mattilgangen i oppdrett vil også i noen grad føre til en kraftig nakke- og ryggmuskel (loin). Dette kan i noen tilfeller se ut som en svak nakkeknekk og gi oppdrettstorsken antydning til ”pukkel”.

Oppdrettstorsk er ofte mørkere i skinnet enn villtorsk, spesielt på buken. I noen tilfeller blir fargen så mørk at mønsteret på siden av torsken nesten forsvinner. I forsøk har skinnfarge blant annet vist seg å avhenge av hva torsken spiser. Fargepigmenter i fôret ser ut til å kunne lagres i huden. Et eksempel kan være den røde "taretorsken" som mest sannsynlig spiser en overvekt av krepsdyr, mens mer gråaktig torsk trolig beiter mest på fisk. Noen torsker spiser også tang og tare som jo inneholder rikelig med pigmenter. Blant villtorsken vil man derfor finne alle avskygninger av farger, men de fleste vil fremvise tydelig mønster i skinnet. Kombinasjonen av manglende mønster og svært mørk farge kan derfor tyde på oppdrettstorsk. Av erfaring viser torsk drettet opp i poller mer likhet med villtorsk når det gjelder farge og mønster.

Tung infeksjon av "svartprikksjuka" tyder på en villtorsk som har levd mye i tarebeltet gjennom yngelstadiene. Svartprikksyke skyldes en parasitt (ikte) som har bl.a. strandsnegl som mellomvert. Den er derfor svært sjelden å se på oppdrettstorsk. Tung infeksjon av svartprikksyke kan gi både dårlig kondisjon og svært mørk skinnfarge. Parasitten er imidlertid lett å se som små sorte sirkler eller prikker. Den kan derfor lett skilles fra den mørke fargen som ofte opptrer hos oppdrettstorsken.

Overlevelse og spredning hos rømt oppdrettstorsk

Mangler i ernæringen hos larver og tidlig yngel kan ha betydning for yngelkvalitet og overlevelse i seinere livsstadier. Dette kan bl.a. påvirke overlevelse hos torsk som rømmer fra merdene. Blant oppdrettere er det en utstrakt oppfatning av at rømt torsk ikke overlever særlig lenge i sjøen. I undersøkelser som Havforskningsinstituttet har gjort i Norddalsfjorden i Sogn og Fjordane og Masfjorden i Hordaland har andelen av rømt oppdrettstorsk vurdert etter synlige morfologiske karakterer vært svært høy (Taranger et al. 2010). Men andelen av slik rømt torsk er blitt kraftig redusert i løpet av få år etter at oppdrettsanleggene er lagt brakk. Rømt torsk med synlige morfologiske avvik ble her vurdert å ha sin opprinnelse i yngel produsert ved den intensive metoden. Det er observert at en god del rømt torsk av denne typen holder seg i nærheten av anleggene så lenge de er i drift, kanskje fordi de vil finne mat ved anleggene. Når driften opphører kan årsaken til nedgangen være at denne torsken sprer seg over større områder grunnet næringssøk. Andre forklaringer kan være et generelt høyt fiskepress slik at andelen rømt torsk relativt hurtig vil fiskes ut når det ikke er ny tilførsel fra nye rømminger. En siste forklaring kan være at det er riktig som oppdretterne hevder, at rømt torsk ikke vil overleve særlig lenge fritt i sjøen. I denne sammenheng er det observert en del rømte individer som har lav kondisjonsfaktor etter at aktiviteten ved oppdrettsanlegget har opphørt. Dette kan tyde på problemer med å omstille seg til et nytt kosthold basert på "levende mat". Noen av disse individene hadde også mye blåskjell i magen som per volumenhet gir lavt energiinntak. Mest sannsynlig er det noe riktig i alle disse tre forklaringene.

Bruk av genetisk merket torsk produsert i poll har vist at utsatt yngel på PUSH-programmet (som kan betraktes som simulert rømming) vil overleve brukbart ute i sjøen (Svåsand et al. 1998, 2000). Også fra undersøkelsene i Norddalsfjorden er det funnet at rømt genetisk merket

torsk produsert i poll har etablert seg i området og andre fjordsystemer rundt Florø (bl.a. Førdefjorden). Dette viser at oppdrettstorsk fra poller klarer seg bra etter rømming. Hvorvidt intensivt produsert torsk klarer seg like bra, er ikke kjent.

Fra Havforskningsinstituttets studier i Norddalsfjorden ved Florø er det funnet at rømt genetisk merket torsk har beveget seg mellom 20 og 40 km unna oppdrettsanlegget, både i perioden ved drift i anlegget og etter at anlegget ble lagt brakk. Dette tyder på at rømt torsk har et betydelig potensial for spredning. Slik atferd støttes også fra tidligere utsettingsforsøk, som viste at torsk som ble merket og satt ut ved størrelse > 30 cm hadde mer tendens til å vandre enn mindre torsk (15–20 cm). Ut fra dette er det ikke usannsynlig at rømt torsk vil kunne finnes på gytefeltet i en større omkrets fra anlegget hvor rømmingen skjedde. Torskens gyteplasser er ofte i bukter, våger og vikene inne i fjordene, også helt innerst i fjorden. Et fjordsystem kan virke som en trakt for rømt oppdrettstorsk, og det er derfor ikke usannsynlig at den rømte torken kan finnes igjen på disse gyteplassene i forholdsvis god avstand fra oppdrettsanlegget de rømte fra.

Genetiske endringer i oppdrett

Utvikling av nye oppdrettsarter innebærer en tilpasning til helt nye miljøbetingelser. Utgangspunktet er alltid innsamling av ville stamdyr og det kreves kontroll av reproduksjonen under oppdrettsbetingelser. Denne prosessen kalles domestisering av en art, og både prosessen, avlsmål, utforming av avlsprogram og ulike avlsmetoder er grundig beskrevet i Gjødrem 2005. Pågående forskning på aktuelle marine arter er diskutert i Fjalestad et al. 2007. Dersom man ikke kan observere noen endringer i arten i oppdrett er det vanlig å regne at domestisering minst krever tre generasjoner i oppdrett. En grundig litteraturogennomgang på ulike arter på global skala er gjennomført av Bilio (2007a b, 2008). Her blir også akvakulturs sitt fremtidige potensial for matproduksjon og risiko for uønskede genetiske endringer i ville populasjoner vurdert.

Hele poenget med domestisering av en art er å foreta en seleksjon av individer som overlever, trives og vokser godt under kulturbetingelser. Gjennom denne prosessen endres genmaterialet i forhold til den opprinnelige ville bestanden. Et avlsprogram innebærer en genetisk forbedring av produksjonsegenskaper i forhold til økonomiske kriterier. Genetiske endringer av oppdrettsorganismer er derfor en klar målsetting for avlsprogrammer. Potensialet for uheldige genetiske interaksjoner mellom oppdrettsfisk og villfisk har vært diskutert i en årrekke, også for marin fisk (Utter & Epifanio 2002, Youngson et al. 2001, Bekkevold et al. 2006, Araki et al. 2007, Bert 2007). I en oppsummering av publiserte arbeider finner Araki and Schmid 2010 at det rapporteres om redusert levedyktighet (fitness) i et stort flertall av studier på ulike oppdrettsarter.

Når det gjelder torsk i Norge er det flere ”oppdrettstammer”. Ovenfor er nevnt den genetisk merkede oppdrettstorken utviklet ved Havforskningsinstituttet, og denne er først og fremst brukt i ulike forsøk. Den er imidlertid ikke selektert på produksjonsegenskaper, men kan føres helt tilbake til 1983-årsklassen. Dette innebærer mange generasjoner under ”domestiserings-

seleksjon”. Det ”nasjonale” avlsprogrammet for torsk ble etablert i Tromsø i 2001 på basis av to kysttorskstammer pluss nordøstarktisk torsk som stamfisk. Dette er basert på familie-/individbasert utvalg, på samme måte som det kommersielle oppsettet til MarinBreed på Sunndalsøra. I tillegg har Havlandet Marin Yngel i Florø sitt eget avlsprogram (Norsk Sjømatsenter 2011). Alle disse aktørene erklærer vesentlig avlsmessig fremgang, men det finnes lite dokumentasjon. En undersøkelse av noen utvalgte prøver av oppdrettstorsk og mikrosatellitt DNA-analyser viser betydelig genetisk variasjon, noe som også åpner for sporing av rømt oppdrettstorsk tilbake til anlegg (Glover et al. 2010, Glover et al. 2011). Fullsekvensiering av torskens genom som nå er gjennomført, legger grunnlaget for en rekke fremtidige muligheter både med hensyn til utvikling av nye genmarkører og aktiv bruk av disse i de ulike avlsprogrammene (Star et al. 2011).

Mikrosatellitter – korte deler av DNA som inneholder repeterte sekvenser (2-5 bp lang). Disse finnes over hele genomet, og hvert enkelt locus har mange allel. Kan enkelt ”isoleres” og identifiseres ved å amplifisere DNA (PCR).

SNP – ”singel nucleotide polymorphisme”, er genetisk variasjon som oppstår når en base i et gitt området (locus) av genomet byttes mot en annen base. I motsetning til mikrosatellitter har vært locus bare to allel, men til gjengjeld er det mulig å analysere flere hundre, i enkelte tilfeller tusen SNP’er på en gang.

Pågående prosjekter ved Havforskningsinstituttet

Ved Havforskningsinstituttet har det over flere år pågått forskning for å skaffe kunnskap om mulige negative påvirkning på den lokale kysttorskstammen fra torskeoppdrett. Dette gjøres både for å studere effekten av gyting i merd og mer tradisjonell rømming fra oppdrettsmerdene. I det følgende vil vi belyse de viktigste prosjektene.

Egg-/larveforsøk i Heimark, Gulen og Florø

I Heimarkspollen i Austevoll er det satt i gang et prosjekt med genetisk merket torsk for å undersøke effekter av gyting i merd. Gyteforsøkene ble utført i perioden 2006–2008. Her er det vist at torsk i merd produserer befruktete egg og at levende torskelarver (F1-generasjon) fra denne merden er funnet mange kilometer unna. Det er også påvist at larvene vokser opp til samme størrelse som kjønnsmoden torsk. Største lengde som til nå er registrert for genetisk merket torsk med opprinnelse fra gytemerden er 62 cm, registrert i begynnelsen av 2011. Hvordan dette vil påvirke genetisk struktur i den lokale torskebestanden undersøkes nå videre gjennom overvåking av den genetiske markøren hos villtorskstammen i området og torskelarver på gyteområdene. Fisk som undersøkes for genetisk markør, blir i tillegg merket med et ytre plastmerke for å få informasjon om vandring, før den blir sluppet ut igjen etter at prøvene er tatt. For å se om F1-generasjonen av den genetisk merkede torskstammen vil bidra på gytefeltene i Heimarkspoll-systemet, har det foregått prøvetaking av torskelarver siden våren 2009. I gytesesongen 2011 ble det for første gang funnet torskelarver i Heimarkspollsystemet som er direkte avkom (F2-generasjon) av den genetisk merkede torskstammen. Dette betyr at det genetiske signalet fra oppdrettstorskstammen i merdene bringes videre i nye generasjoner, men det gjenstår

analyser for å verifisere om det har forekommet kryssinger mellom genetisk merket torsk fra F1-generasjonen og villtorsk.

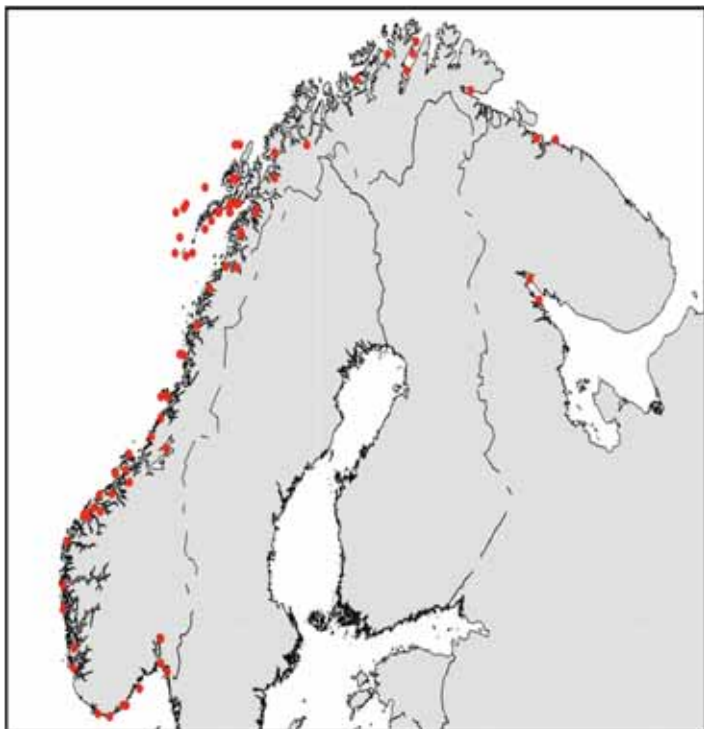
Studiene med gyting i merd foregår også i kommersiell skala. På feltstasjonen Parisvatnet i Øygarden har genetisk merket torskkeyngel blitt produsert i stor skala og er siden overført til to kommersielle oppdrettsanlegg. I tillegg til gyting i merd får man informasjon om rømming, og rømt torsk med genetisk merke er påvist på de lokale gytefeltene. Dersom oppdrettsfisken krysser seg med villfisk, vil den genetiske markøren gjøre det mulig å følge genene fra oppdrettstorsken inn i den ville bestanden. Siden mesteparten av oppdrettstorsken ikke er genetisk merket, har vi til nå vært avhengig av ytre kjennetegn som finneslitasje, nakkeknekk og kjevemisdannelse for å skille oppdrettstorsk fra villtorsk. Denne metoden fungerer ikke for torsk som er produsert i ekstensive system (poller), siden slik torsk ikke kan skilles fra villtorsk med ytre kjennetegn. Derfor har det nå blitt utviklet andre genetiske analyser som langt på vei gjør oss i stand til å identifisere rømt oppdrettsfisk i geografisk begrensede områder. Det arbeides dessuten med å finne nye markører som kan identifisere rømt oppdrettsfisk, i tillegg til å vurdere mulig effekt av rømt oppdrettsfisk på lokale villfiskbestander.

Genetisk påvirkning på torsk

Risiko for negative genetiske effekter vil være knyttet til forekomst av kjønnsmoden rømt oppdrettstorsk på de naturlige gytefeltene, og i hvilken grad denne er i stand til å reproducere og krysse seg inn med vill torsk. Levedyktigheten (fitness) til dette avkommet er grunnleggende for å vurdere eventuelle genetiske endringer over et lengre tidsrom. Bestandene av kysttorsk i fjordene og langs kysten er generelt svake og dermed mer utsatt for endringer i forhold til mer livskraftige og robuste bestander. Havforskningsinstituttet startet i 2002 et omfattende arbeid med biologisk og genetisk kartlegging av kysttorsken. Denne har dekket gytefelt fra Finnmark i nord til Hvaler i sør (ca. 10 000 fisk, Figur 2). Formålet for dette prosjektet (Codbiobank) var å etablere en "baseline" på vill kysttorsk før næringen for alvor tok av. Dette materialet er helt grunnleggende for å kunne vurdere fremtidige effekter av rømt oppdrettstorsk. I siste del av perioden (2006–2007) er det registrert noe oppdrettstorsk i enkelte områder hvor det er oppdrettsanlegg. Men det er i de siste 2–3 årene at det har vært et betydelig fokus på rømt oppdrettstorsk basert på rapporter fra fiskere om "monstertorsk" med deformert utseende. Bortsett fra undersøkelsene som gjennomføres i Austevoll, Gulen og Florø har det ikke blitt gjort systematiske registreringer av oppdrettstorsk på gytefelt, eller i fjorder med oppdrettsanlegg for torsk hvor det har vært registrert rømmingsepisoder.

Sporing av rømt oppdrettstorsk

Ved Havforskningsinstituttet er det utviklet prosedyrer for å identifisere rømt oppdrettsfisk, en teknikk som baserer seg på å sammenligne den genetiske profilen til individuell rømt oppdrettsfisk med grupper av fisk fra mulige "kilder" til rømmingen (Glover 2008, Glover et al. 2009). Imidlertid forutsetter denne metoden at det eksisterer tilstrekkelig genetisk variasjon mellom oppdrettsanlegg for en sikker identifikasjon.



Figur 2. Stasjoner hvor det er tatt prøver av kysttorsk i gytesesongene fra 2002-2007. Kartet viser også prøver tatt i og utenfor Lofoten (nordøstarktisk torsk) og prøver fra Russland.

For å kunne spore rømt oppdrettstorsk tilbake til merden og anlegget som de opprinnelig kom fra, ble det gjennomført en studie for å undersøke den genetiske variasjonen mellom oppdrettsanlegg for atlantisk torsk, og for å kvantifisere den genetiske forskjellen mellom de ulike merdene og anleggene (Glover et al. 2010, Glover et al 2011). Studien viste signifikante genetiske forskjeller mellom grupper av torsk fra oppdrettsanlegg, både innen og mellom anlegg. Denne forskjellen kan brukes til å identifisere rømt oppdrettstorsk tilbake til kilden uten kjennskap til stamtavlen.

Feltundersøkelser i Skjerstadvfjorden

Havforskningsinstituttet ble anmodet spesielt om å gjennomføre feltundersøkelser i Skjerstadvfjorden innefor Saltstraumen i Nordland i forbindelse med denne utredningen. Dette er beskrevet som en av tre fjorder med en spesiell og sårbar stamme. Resultatene fra denne feltundersøkelsen, kombinert med tidligere innsamlet materiale i fjorden, blir presentert i en egen rapport i Fisken og Havet. Generelt sett så viser resultatene av alle analyser at det ikke er mulig, med de markørene vi har brukt i dette forsøket, å påvise noen umiddelbar effekt av oppdrettsvirksomheten på den ville bestanden i Skjerstadvfjorden, men det vil være fullt mulig å identifisere rømt oppdrettsfisk i fjorden.

Mulige effektindikatorer

En indikator som karakteriserer effekt av rømt torsk fra oppdrett på bestander av vill torsk, vil først og fremst være knyttet til innslag (relativ mengde) av oppdrettsfisk på gyteplassene. Dette er ikke tilstrekkelig til å uttale seg om mulig påvirkning fra oppdrettsfisk til vill fisk.

Vurderingen må også være basert på resultater fra genetiske analyser av yngel senere på året, noe som vil gi et mål på oppdrettsfiskens gytesuksess, eventuell innkrysning med villtorsk.

For denne type analyser vil det måtte lages et sett med markører, sannsynligvis basert på både mikrosatellitter og SNP-er.

En mulig fremtidig måte å skille oppdrettstorsk fra vill torsk vil kunne være ved å studere mikrostrukturen i otolittene. Det er satt i gang undersøkelser for å verifisere eventuelle strukturelle forskjeller i otolitter av ett-, to-, og tre-årig oppdrettsfisk, av så vel intensivt som ekstensivt opphav. Mikrostrukturen i oppdrettsfiskens otolitter vil bli sammenlignet med tilsvarende aldersgrupper av villfisk, og resultatene fra disse analysene vil etter planen foreligge i løpet av 2012. Det må også vurderes i hvilken grad det er hensiktsmessig å bruke morfologi/morfometri og skjellanalyser (Uglem et al. 2011) til å identifisere oppdrettsfisk på gytefeltene.

Overvåkning

Det er mange faktorer som spiller inn når det gjelder å velge områder som skal legges inn i et fremtidig overvåkningsprogram.

En overvåkning har som mål å påvise eventuelle endringer i et system, og en av forutsetningene for dette er at det finnes basisdata fra området før oppdrett. Gjennom CodBiobank (Havforskningsinstituttet) ble det i perioden 2003–2007 gjennomført prøvetaking og analyser av torsk fra over hundre lokaliteter langs norskekysten (Figur 1, Jørstad et al. 2007). Disse dataene er nå under opparbeiding og vil være faktor i vurderingen av et fremtidig overvåkningsprogram. I tillegg er det viktig å følge opp områder hvor det har foregått omfattende overvåkning i forbindelse med forsøksvirksomhet de senere årene. Dette gjelder spesielt Florø, Masfjorden/Gulen og Austevoll (Heimarkspollen). Florøområdet er spesielt interessant fordi vi finner genetisk merket torsk over relativt store områder (fra Førdefjorden til Norddalsfjorden), men her har vi ikke undersøkt mot de mest nærliggende gyteområdene nordover (Frøysjøen, Hovden, Sør- og Midtgulen i Svelgen og Bremanger) og vestover fra Florø (Batalden, Askrova). Videre bør lokaliteter der det fremdeles er aktivt torskeoppdrett inkluderes, alternativt i områder hvor det planlegges oppstart av torskeoppdrett. Andre viktige områder er Romsdalsfjorden, Helgelandskysten, Skjerstadvfjorden, Trondheimsfjorden og Storfjorden i Troms. I Romsdalsfjorden er det benyttet torsk importert fra Skottland i oppdrett, en oppdrettsfisk som skiller seg klart fra den norske kysttorsken. Helgelandskysten er et viktig oppdrettsområde, og Skjerstadvfjorden hvor vi har prøver og data fra torsken før oppdrettet tok til, også har data fra oppdrettsanlegg som var i fjorden fram til 2010. Vi har dermed muligheten til å overvåke bestanden fremover med sikte på innkrysning og genetiske endringer over tid. Identifikasjon av oppdrettsfisk og vill fisk uten å bruke en spesiell genetisk markør vil være en utfordring, men det er grunn til å anta at ved å bruke et større antall markører, mikrosatellitter og eventuelt SNP-er, vil det være mulig å identifisere individer fra nærliggende oppdrettsanlegg. I dag har vi et sett med 19 mikrosatellitter som

allerede er testet i forbindelse med sporing av rømt oppdrettstorsk (Storfjorden, Skjerstadfjorden, Masfjorden). Disse analyseres nå rutinemessig på torsk. Vi vet av erfaring at selv med bare ni markører er det stor sannsynlighet for å skille oppdrettsfisk fra villfisk, og en økning av antall markører (kombinasjon av mikrosatellitter og SNP) vil øke sikkerheten i identifikasjonen.

Fremtidig overvåkning vil måtte basere seg på en kombinasjon av mikrosatellitter og SNP-er. Havforskningsinstituttet er en av partnerne i et konsortium som har sekvensert torskegenomet, og i løpet av 2011 vil ca. 12 000 SNP-er bli analysert. Vi kan forvente at noen av disse vil kunne benyttes i et overvåkningsprogram av vill og oppdrettet torsk.

Referanser

- Araki H, Cooper B, Blouin MS (2007). Genetic effects of captive breeding cause a rapid, cumulative fitness decline in the wild. *Science* 318: 100-103.
- Araki H, Schmid C (2010). Is hatchery stocking a help or harm? Evidence, limitations and future.
- Blom G, Svåsand T, Jørstad KE, Otterå H, Paulsen OI, Holm J.C. (1994). Comparative survival and growth of two strains of Atlantic Cod (*Gadus morhua*) through the early life stages in a marine pond. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 1994, 51:1012-1023.
- Bilio M (2007a). Controlled reproduction and domestication in aquaculture. The current state of the art Part I. *Aquaculture Europe* • Vol. 32 (1).
- Bilio M (2007b). Controlled reproduction and domestication in aquaculture. The current state of the art Part II. *Aquaculture Europe* • Vol. 32 (3).
- Bilio M (2008). Controlled reproduction and domestication in aquaculture. The current state of the art Part III. *Aquaculture Europe* • Vol. 33 (1).
- Bekkevold D, Hansen MM, Nielsen EE (2006). Genetic impacts of gadoid culture of wild populations: predictions, lessons from salmonids, and possibilities for minimizing adverse effects. *ICES Journal of Marine Science* 63: 198-208.
- Bert TM (red.) (2007). *Ecological and Genetic Implications of Aquaculture Activities*. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, The Netherlands.
- Dahle G (1991). Cod, *Gadus morhua* L, populations identified by mitochondrial DNA. *Journal of Fish Biology* 38: 295-303.
- Divanach P, Papandroulakis N, Anastasiadis P, Koumoundouros G, Kentouri M (1997). Effect of water currents on the development of skeletal deformities in sea bass (*Dicentrarchus labrax* L.) with functional swimbladder during postlarval and nursery phase. *Aquaculture*, 156: 145-155.
- Fevolden SE, Pogson GH (1997). Genetic divergence at the synaptophysin (*Syp-1*) locus among Norwegian coastal and north-east arctic populations of Atlantic cod, *Gadus morhua*. *J. Fish. Biol.* 51: 895-908.
- Fjalestad KT, Fevolden SE, Jørstad KE, Olesen I, (2007). Breeding and genetics – new species. In: *Aquaculture Research: From cage to consumption*. The Research Council of Norway, p. 285-301.
- Fjellidal PG, van der Meeren T, Jørstad KE, Hansen TJ (2009). A radiological study on vertebral deformities in cultured and wild Atlantic cod (*Gadus morhua*, L.). *Aquaculture*, 289: 6-12.
- Frydenberg O, Møller D, Nævdal G, Sick K (1965). Haemoglobin polymorphism in Norwegian cod populations. *Hereditas* 53: 257-271.
- Georgakopoulou E, Angelopoulou A, Kaspiris P, Divanach P, Koumoundouros G (2007). Temperature effects on cranial deformities in European sea bass, *Dicentrarchus labrax* (L.). *Journal of Applied Ichthyology* 23, 99-103.
- Genimpact (2006). Evaluation of genetic impact of aquaculture activities on native populations a European network. Project (1 November 2005–31 October 2007) under the EU framework program 6. Tilgjengelig: <http://genimpact.imr.no>.
- Glover KA (2008) Genetic characterisation of farmed rainbow trout in Norway: intra- and inter-strain variation reveals potential for genetic assignment of escapees. *BMC Genetics* 9, 87.
- Glover KA, Hansen MM, Skaala Ø (2009). Identifying the source of farmed escaped Atlantic salmon (*Salmo salar*): Bayesian clustering analysis increases accuracy of assignment. *Aquaculture* 290, 37–46.

- Glover KA, Dahle G, Westgaard JI, Johansen T, Knutsen H, Jørstad K.E (2010). Genetic diversity within and among Atlantic cod (*Gadus morhua*) farmed in marine cages: a proof-of-concept study for the identification of escapees. *Animal Genetics*, 41, 515–522
- Glover KA, Dahle G., Jørstad KE (2011). Genetic identification of farmed and wild Atlantic cod, *Gadus morhua*, in coastal Norway. – *ICES Journal of Marine Science*, 68: 901–910
- Hindar K, Fleming IA, McGinnity P, Diserud A (2006). Genetic and ecological effects of salmon farming on wild salmon: modelling from experimental results. *ICES Journal of Marine Science* 63:1234-1247.
- Hjort J, Dahl K (1900). Fishing experiments in Norwegian Fjords. Report of Norwegian Fishery and Marine Investigations, 1 (1).
- Imsland AK, Jonsdottir ODB (2003). Linking population genetics and growth properties of Atlantic cod. *Reviews in Fish and Fisheries*, 13: 1-26.
- Jørstad KE (1986). Genetic studies connected with artificial propagation of cod (*Gadus morhua* L.), *Aquaculture* 57: 227-238.
- Jørstad KE, Øiestad V, Paulsen OI, Naas KE, Skaala Ø (1987). A genetic marker for artificially reared cod (*Gadus morhua* L.). *ICES CM 1987/F:22*, 10 pp.
- Jørstad KE, Paulsen OI, Nævdal G, Thorkildsen S (1991). Genetic-studies of cod, *Gadus morhua* L, in Masfjorden, western Norway - comparisons between the local stock and released, artificially reared cod. *Aquaculture and Fisheries Management*, 25 (1): 77-91
- Jørstad KE, Paulsen OI, Nævdal G, Thorkildsen S (1994a). Genetic studies of cod, *Gadus morhua* L., in Masfjord, western Norway: comparisons between the local stock and released, artificially reared cod. *Aquaculture and Fisheries Management* 25 (Supplement 1): 77-91.
- Jørstad KE, Nævdal G (1994b). Associations between genotypes and growth rate in cod. *ICES marine Science Symposium* 198: 671-675.
- Jørstad KE, Skaala Ø, Nævdal G (1999). Genetic diversity and the Norwegian Sea Ranching Programme: a retrospective perspective. In: *Stock Enhancement and Sea Ranching* (eds. Howell B., Moksness E. & Svåsand T). Fishing News Books, Blackwell Science Oxford, UK.
- Jørstad KE, Dahle G, Agnalt AL, Otterå H, van der Meeren T, Fevolden SE, Fjalestad KT, Svåsand T. 2007 (Abstract). Establishment of a biobank on Atlantic cod (*Gadus morhua*) in the Northeast Atlantic. *Aquaculture* 272 (Supplement 1): S272.
- Jørstad KE, 2004. Genetic studies in marine stock enhancement in Norway. In: *Stock Enhancement and Sea Ranching – Developments, pitfalls and opportunities*. Second edition. (eds. K.M. Leber., S. Kitada, H.L. Blankenship, and T. Svåsand). Fishing News Books, Blackwell Science Ltd, pp. 339-352.
- Jørstad KE, Nævdal G, Karlsen Ø, Torkildsen S, Paulsen OI, Otterå H (2004). Long term studies on genetic interaction between wild and ranched cod (*Gadus morhua*) by use of a genetic marked strain. *Fisheries Society of the British Isles Annual Symposium*, 19-23 July 2004, Imperial College, London.
- Knutsen H, Olsen EM, Jorde PE, Espeland SH, André C, Stenseth NC (2011). Are low but statistically significant levels of genetic differentiation in marine fishes 'biologically meaningful'? A case study of coastal Atlantic cod. *Molecular Ecology* 20 (4): 768-783.
- Kristiansen T.S., Jørstad K.E, Otterå H., Paulsen O.I. & Svåsand T. (1997) Estimates of larval survival of cod by releases of genetically marked yolk-sac larvae. *J. Fish Biol.* 51 (Suppl A): 264-283.
- McGinnity P, Prodöhl P, Ferguson A, Hynes R, Ómaoiléidigh N, Baker N, Cotter D, O'Hea B, Cooke D, Rogan G, Taggart J, Cross T (2003). Fitness reduction and potential extinction of wild populations of Atlantic salmon, *Salmo salar*, as a result of interactions with escaped farm salmon. *Proceedings of the Royal Society of London Series B – Biological Sciences*: 270:2443-2450.
- Møller D (1966). Genetic differences between codgroups in Lofoten area. *Nature* 212: 824.
- Møller D (1968). Genetic diversity in spawning cod along the Norwegian coast. *Hereditas* 60: 1-32.
- Norsk sjømatcenter (2011). Cod farming 2011. Status cod production in Norway 2002-2011. *Aqua Nor*, Trondheim, august 2011.
- Otterå H, Jørstad KE, Svåsand T, Kristiansen T (1999). Migration patterns and recapture rates of North-east Arctic and Norwegian coastal cod reared and released under similar conditions. *J. Fish Biol.* 54 (1): 213-217.
- Pogson GH, Fevolden SE (2003). Natural selection and the genetic differentiation of coastal and Arctic populations of the Atlantic cod in northern Norway: a test involving nucleotide sequence variation at the pantophysin (*PanI*) locus. *Molecular ecology* 12: 63-74.
- Rollefsen G. (1933). The otoliths of cod. *Fiskeridirektoratets skrifter, serie Havundersøkelser* 4: 1-4.
- Sarvas TH, Fevolden SE (2005). The scnDNA locus *PanI* reveals concurrent presence of different populations of Atlantic cod (*Gadus morhua* L.) within a single fjord. *Fish Res.* 76(3): 307-316

- Sfakianakis DG, Koumoundouros G, Divanach P, Kentouri M (2004). Osteological development of the vertebral column and of the fins in *Pagellus erythrinus* (L. 1758). Temperature effect on the developmental plasticity and morpho-anatomical abnormalities. *Aquaculture*, 232: 407-424.
- Sfakianakis DG, Georgakopoulou E, Papadakis IE, Divanach P, Kentouri M, Koumoundouros G (2006). Environmental determinants of haemal lordosis in European sea bass, *Dicentrarchus labrax* (Linnaeus, 1758). *Aquaculture*, 254: 54-64.
- Sick K. (1961). Haemoglobin polymorphism in fishes. *Nature* 35: 894-896.
- Skaala Ø, Wennevik V, Glover KA (2006) Evidence of temporal genetic change in wild Atlantic salmon, *Salmo salar* L., populations affected by farm escapees. *ICES Journal of Marine Science* 63:1224-1233.
- Star B, Nederbragt AJ, Jentoft S, Grimholt U, Malmstrom M, Gregers TF, Rounge TB, Paulsen J, Solbakken MH, Sharma A, Wetten OF, Lanzen A, Winer R, Knight J, Vogel J-H, Aken B, Andersen O, Lagesen K, Tooming-Klunderud A, Edvardsen RB, Tina KG, Espelund M, Nepal C, Previti C, Karlsen BO, Moum T, Skage M, Berg PR, Gjoen T, Kuhl H, Thorsen J, Malde K, Reinhardt R, Du L, Johansen SD, Searle S, Lien S, Nilsen F, Jonassen I, Omholt SW, Stenseth NC, Jakobsen KS (2011) The genome sequence of Atlantic cod reveals a unique immune system. *Nature advance online publication*.
- Svåsand T, Kristiansen TS, Pedersen T, Salvanes AGV, Engelsen R, Nævdal G, Nødtvedt M (2000) The enhancement of cod stocks. *Fish Fish*:173-205
- Svåsand T, Jørstad KE, Kristiansen TS (1991). Enhancement studies of coastal cod in western Norway. 1. Recruitment of wild and reared cod to a local spawning stock. *ICES J. Mar. Sci.* 47 (1): 5-12.
- Svåsand T, Jørstad KE, Otterå H, Kjesbu OS (1996). Differences in growth performance between Arcto-Norwegian and Norwegian coastal cod reared under identical conditions. *Journal of Fish Biology* 49, 108-119
- Svåsand T, Kristiansen TS, Pedersen T, Salvanes AGV, Engelsen R, Nødtvedt M (1998). Havbeite med torsk – artsrapport. *Sluttrapport Norges forskningsråd*, [In Norwegian with English abstract]
- Svåsand T, Kristiansen TS, Pedersen T, Salvanes AGV, Engelsen R, Nævdal G, Nødtvedt M, (2000). The Enhancement of cod stocks. *Fish and Fisheries* 1, 173-205
- Svåsand T, Moksness E (2004). Marine Stock Enhancement and Sea-Ranching, In: *Culture of cold-water marine fish*, pp. 475-486. (eds. E Moksness, E. Kjørsvik & Y. Olsen). Fishing News Books, Blackwell Science Ltd., 528 pp
- Suthers IM, van der Meeren T, Jørstad KE (1999). Growth histories derived from otolith microstructure of three Norwegian cod stocks co-reared in mesocosms; effect of initial size and prey size changes. *ICES J. Mar. Sci.* 56 (5): 658-672
- Taranger GL, Svåsand T, Madhun AS, Boxaspen KK (Eds.) (2010). Risikovurdering miljøvirkninger av norsk fiskeoppdrett. *Fisken og havet særnummer 3-2010*, 97pp.
- Uglem I, Berg M, Varne R, Nilsen R, Mork J, Bjørn PA (2011). Discrimination of wild and farmed Atlantic cod (*Gadus morhua*) base on morphology and scale-circuli patter. *ICES Journ of Marine Science*, 68(9), 1928-1936.
- Utter FM, Epifanio J (2002). Marine aquaculture: Genetic potentialities and pitfalls. *Reviews in Fish Biology and Fisheries* 12, 59-77.
- van der Meeren T, Jørstad KE, Solemdal P, Kjesbu OS (1994). Growth and survival of cod larvae (*Gadus morhua* L.): comparative enclosure studies of Northeast Arctic cod and coastal cod from western Norway. *ICES Marine Science Symposia* 198: 633-645.
- van der Meeren T, Naas KE (1997). Development of rearing techniques using large enclosed ecosystems in the mass production of marine fish fry. *Reviews in Fisheries Science* 5: 367-390.
- van der Meeren T, Jørstad KE (2001). Growth and survival of Arcto-Norwegian and Norwegian coastal cod larvae (*Gadus morhua* L.) reared together in mesocosms under different light regimes. *Aquaculture Research* 32: 549-563.
- van der Meeren T, Olsen RE, Hamre K, Fyhn HJ (2008). Biochemical composition of copepods for evaluation of feed quality in production of juvenile marine fish. *Aquaculture*, 274: 375-397.
- Youngson AF, Dosdat A, Saraglia M., Jordan WC (2001). Genetic interactions between marine finfish species in European aquaculture and wild conspecifics. *Journal of Applied Ichthyology*,
- Øiestad V, Kvenseseth PG, Folkvord A (1985). Mass production of Atlantic cod juveniles (*Gadus morhua*) in a Norwegian saltwater pond. *Trans Am Fish Soc* 114:590-59.

