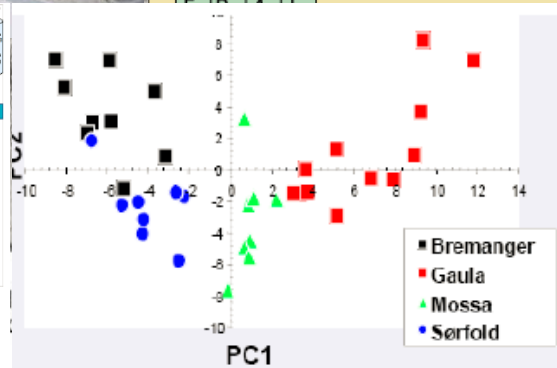
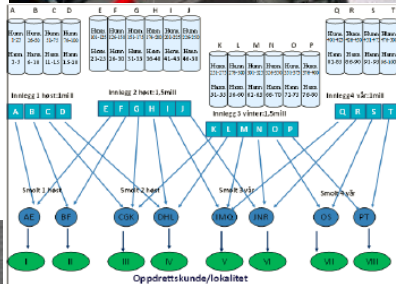
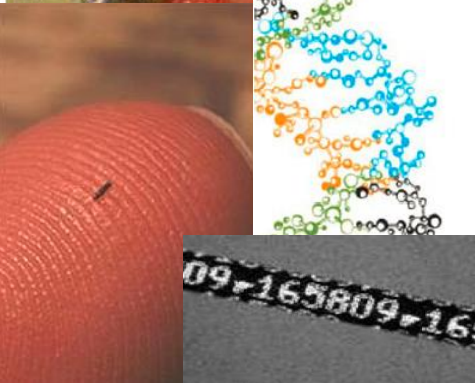
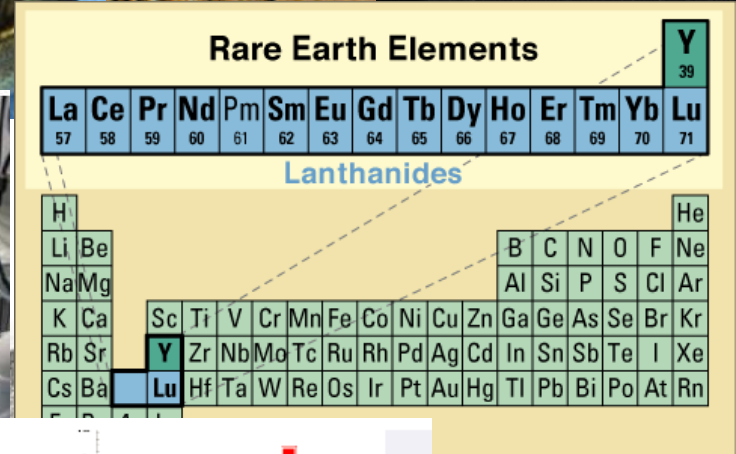
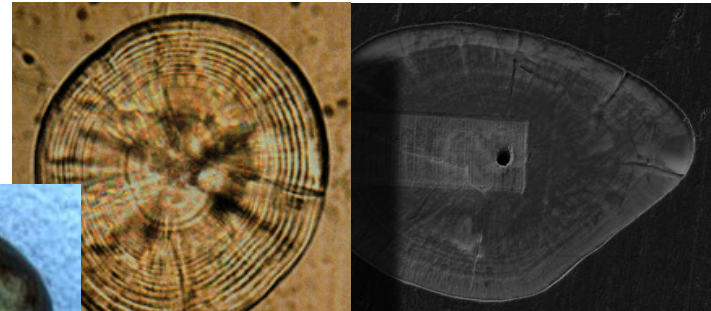


# FHF seminar

## Merking og sporing

Gardermoen 19.-20.11.2013



Oppdrettslaks med jevn vekst uten og vintersoner

Figur: MareLife

## Sporing av rømt laks tilbake til lokalitet (TRACES)

FHF/NFR prosjekt 542022 (2006 – 2008)



- Oppfølging «Merkeutvalget» i FiDir (2004)
- Så på:
  - DNA mikrosatelitter
  - SNP genotyper (punktmutasjoner)
  - Fettsyrer og stabile isotoper
  - Sporelement-analyser
- Viste at det kan være praktisk mulig å identifisere opphavet til rømt laks, forutsatt at man følger prosedyrene for **beredskapsmodellen** foreslått av Merkeutvalget.



FOTO: KNUF ANNE AARST

## No går laksealarmen

Jubelen går over i fortviling i Ørsta-elva. Beste laksefisket på år og dag kan skuldast invasjon av oppdrettslaks som har vore i havet sidan dei

var smolt. Skjelprøver er sendt til testing, Kjell Harald (til venstre) og Eivind Fylling ventar spent på svaret.

Mo, styremedlem i Ørstaelva elve-  
eigarlag.

Han er jublande glad over at  
laksealarmen frå før helga kan ha  
vore falsk alarm.

- I ettermiddag fekk vi svar på  
prøveresultata frå 21 laks fiska i  
Ørstaelva. Tjue var villaks, og  
berre ein var oppdrettslaks, seier  
Mo.

de. Trass i det



OPTIMIST. Sindre Mo i Ørstaelva elveeigarlag er forsiktig optimist, og svært glad for at prøvene tyder på att det er villaks som går opp elva.

FOTO: KNUT ARNE AARSET.

# Lakse-lette i Ørsta

## Skjellprøver tyder på at villaksen dominerer

- No er eg letta. Det ser ut  
som det likevel er villaks som  
går opp Ørstavassdraget.

FALARM. Det seier Sindre  
Mo, styremedlem i Ørstaelva elve-

Mo er jublande glad over at  
laksealarmen frå før helga kan ha  
vore falsk alarm.

- I ettermiddag fekk vi svar på  
prøveresultata frå 21 laks fiska i  
Ørstaelva. Tjue var villaks, og  
berre ein var oppdrettslaks, seier  
Mo.

Avventande. Trass i det oppløf-

hadde fått var for feit til å vere  
Ørsta-fisk, og hadde korte gjeller,  
noko som er eit teikn på at det er  
oppdrettsfisk.

Det kom også rapportar frå  
Fyrdselva, der Knut Magne Arseth  
og andre dreiv prøvefiske etter det  
dei meinte var store mengder opp-  
drettsfisk.

- Dette er truleg ein økologisk

**Framleis er det eit  
mysterium**

SINDRE MO



# FHF utlysning 2011 – totalt 17 mill NOK

- Beredskapsmodellen har svakheter
  - Treffsikkerhet til enkeltlokalitet / eier av laksen ikke god nok
  - Ny kunnskap, særlig genetisk, gir nye muligheter
- FHF lyste derfor ut midler til FoU om merking og sporing, endte etter uavhengig evaluering i regi av Forskningsrådet med:
  - To prosjekt om fysisk merking / fiskevelferd
  - To prosjekt om genetiske sporingsmetoder
  - To prosjekt om sporing basert på tilsetning av sporelementer

# Fra utlysningsteksten

## Utlysning

### Målsettinger:

Fiskeri og havbruksnæringens forskningsfond (FHF) vil bidra til at det så snart som mulig

- 1) er mulig med høy sikkerhet å identifisere om en laks er en rømt oppdrettslaks eller en villaks, om mulig uten innsending av prøver til laboratorium eller lignende, og
- 2) at oppdrettet laks raskt og med høy sikkerhet kan spores tilbake til eier og/eller oppdrettslokalitet.

FoU for fangst av rømt oppdrettslaks er ikke tema for denne utlysningen. Utlysning skjer både i Norge og internasjonalt. Økonomisk ramme fra FHF er på inntil 15 millioner kroner **totalt**. Både FoU-institusjoner og bedrifter kan sende innspill.

- Prosjektinnspillet må beskrive tydelig hvordan følgende kan oppnås (alle eller enkelte av punktene) hvis prosjektet gjennomføres:
  - Tilnærmet 100 prosent sikker mulighet for å skille oppdrettslaks fra villaks, om mulig uten bruk av laboratorieanalyser eller lignende som krever innsending av prøver fra fisken
    - Kritisk evaluering av mulige feilkilder, risiko for feil og hvordan disse kan reduseres mest mulig må inngå i prosjektinnspillet
  - Tilnærmet 100 prosent sikker identifikasjon av rømt oppdrettslaks tilbake til eier og helst lokalitet
    - Kritisk evaluering av logistikk, mulige feilkilder, risiko for feil og hvordan disse kan reduseres mest mulig må inngå i prosjektinnspillet
- God og realistisk vurdering av prosjektets nytteverdi for næringen
  - Direkte nytteverdi relatert til utlysningens formål
  - Annen nytteverdi for næringen

---

## Noen kriterier (presentert av FHL)

- Felles metode
- Må kunne integreres i allerede eksisterende arbeidsoperasjoner
- Ikke representere en HMS-, mattrygghet-, dyrevelferds- eller miljørisiko
- Ferdig merket fisk til minimum av kostnad.
- Noen metoder kan ha merverdi og dette må tas inn i vurderingen.
- Merkemethoden skal være sikkert ift rett identifikasjon og systemet må inngi integritet og tillit
- Merketeknologien skal ikke kunne kopieres/misbrukes
- En eller flere merkemetoder kan i sum tilfredsstillende minimumskravet

# Hi ble invitert for å holde presentasjon om «Beredskapsmetoden» De som arbeider med hadde ikke anledning til å delta, men sendte følgende kommentar

«Vi takker for invitasjon til seminar om merking og sporing av laks. Som du vet har vi jobbet med disse problemstillingene nokså lenge, og alt i 2008 publiserte vi internasjonalt verdens første vellykkete sporing av rømt oppdrettslaks ved hjelp av DNA markører. Vi har vist at sporing i mange tilfeller, ikke alltid, kan gjøres ved hjelp av en stand-by metode med DNA markører. Underveis har vi også utført utredninger av merking og sporing av rømt laks for fiskeriforvaltningen. I dette utredningsarbeidet fremkommer det, basert på kriterier næring og forvaltning stiller til merkesystem, og utfra hensikten med merking, at utfordringer knyttet til logistikk og økonomi er så omfattende at med unntak av stand-by metoden basert på DNA identifisering, er det lite sansynlig at noen av de igangsatte prosjektene vil resultere i implementerte metoder..»

## Genetic assignment identifies farm of origin for Atlantic salmon *Salmo salar* escapees in a Norwegian fjord

K. A. Glover, O. T. Skilbrei, and Ø. Skaala

Glover, K. A., Skilbrei, O. T., and Skaala, Ø. 2008. Genetic assignment identifies Norwegian fjord. – ICES Journal of Marine Science, 65: 912–920.

This study represents the first example of genetic assignment being used to identify the farm of origin for escaped farmed salmon in Romsdalsfjorden. Following reports by local fishers of escaped farmed salmon in Romsdalsfjorden, genetic assignment was used to identify the farm of origin for 15 of the 16 baseline samples collected on seven operational farms. The baseline samples, in addition to pairwise  $F_{ST}$  values between baseline samples varied from  $<0.001$  to 0.154. Direct assignment of the escapees (data from 13 informative loci) from a single baseline sample (S1) collected at one farm. At a probability of 0.999, 19–21 escapees were rejected from another three baselines. Consequently, these data demonstrate that, and importantly, that 15 of the 16 baseline samples could with high probability be assigned to their farm of origin.

**Keywords:** assignment, Atlantic salmon, escapees, farm, microsatellite, *Salmo salar*. Received 24 July 2007; accepted 17 March 2008; advance access publication 2 March 2008.

K. A. Glover, O. T. Skilbrei and Ø. Skaala: Institute of Marine Research, PO Box 1856, 5017 Nordnes, Bergen, Norway. E-mail: kevin.glover@imr.no

### REVIEW

## Forensic identification of fish farm escapees in the Norwegian experience

Kevin A. Glover\*

Institute of Marine Research, PO Box 1856, 5017 Nordnes, Bergen, Norway

**ABSTRACT:** Aquaculture management authorities require the ability to identify escaped fish. Physical tagging is routinely conducted for domesticated animals (but, however, there are considerable logistical, animal welfare and economic) the feasibility of physically tagging all farmed fish. A DNA stand-by method for identifying escaped Atlantic salmon, back to the cage and farm of origin, was established at the Institute of Marine Research in Norway. In addition, proof-of-concept for the method has been demonstrated by tracing rainbow trout and Atlantic cod escapees back to their farm of origin. This paper reviews the method, its challenges, and the alternatives considered. It is concluded that as the method has been successful in Norway, each with contrasting production logistics including level of domestication, and magnitude of production, the DNA stand-by method can be used for forensic identification of fish farm escapees for a wide range of aquaculture species in all aquaculture systems.

**KEY WORDS:** Farm escapee · Wildlife forensics · Law enforcement · Genetic assignment

\*BMC Genetics 2012, 13:147

OPEN ACCESS Freely available online

## Molecular Genetic Analysis of Stomach Contents of Wild Atlantic Cod Feeding on Piscine Reovirus-Infected Atlantic Salmon Originating from a Fish Farm

Kevin Alan Glover<sup>1\*</sup>, Anne Grete Eide Sørvik<sup>1</sup>, Egil Karlsbakk<sup>1</sup>, Zhiwei Zhang<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Institute of Marine Research, Bergen, Norway, <sup>2</sup>Jiangsu Institute of Marine Fisheries, NanFong City, P. R. China

### Abstract

In March 2012, fishermen operating in a fjord in Northern Norway reported catching Atlantic cod feeding on Atlantic salmon in this region, with unusual prey in their stomachs. This was the first time that Atlantic cod were reported to feed on Atlantic salmon in the sea. The prey were Atlantic salmon, 2. These salmon did not originate from a fish farm. Statistical analyses of genetic data from 17 microsatellite markers showed that the prey were Atlantic salmon. The local farm was the most probable source of these prey. Additional tests demonstrated that the prey were infected with piscine reovirus and that the infection was still under scientific debate, this disease had caused mortality of farmed Atlantic salmon in the north prior to the fishermen's observations. These analyses provide new insight into the potential link between piscine reovirus and wild fish.

**Citation:** Glover KA, Sørvik AGE, Karlsbakk E, Zhang Z, Skaala Ø (2013) Molecular Genetic Analysis of Stomach Contents of Wild Atlantic Cod Feeding on Piscine Reovirus-Infected Atlantic Salmon Originating from a Commercial Fish Farm. *PLoS ONE* 8(6): e6924. doi:10.1371/journal.pone.006924

**Editor:** Martin Kieseck, University of Toronto, Canada

**Received:** October 1, 2012; **Accepted:** March 4, 2013; **Published:** April 19, 2013

**Copyright:** © 2013 Glover et al. This is an open-access article distributed under the terms of the Creative Commons Attribution License, which permits unrestricted use, distribution, and reproduction in any medium, provided the original author and source are credited.

**Funding:** This study was financed by the Norwegian Department of Fisheries. The funders had no role in study design, data collection and analysis, decision to publish, or preparation of the manuscript.

**Competing Interests:** The authors have declared that no competing interests exist.

\* E-mail: kevin.glover@imr.no

PLOS ONE

Glover et al. BMC Genetics 2012, 13:147  
http://www.biomedcentral.com/1471-2156/13/147

### RESEARCH ARTICLE

BMC Genetics

Open Access

## Atlantic salmon populations invaded by farmed escapees: quantifying genetic introgression with a Bayesian approach and SNPs

Kevin Alan Glover<sup>1\*</sup>, Ciro Pertoldi<sup>2</sup>, Francois Besnier<sup>1</sup>, Vidar Wernevik<sup>1</sup>, Matthew Kent<sup>3</sup> and Øystein Skaala<sup>1</sup>

### Abstract

**Background:** Many native Atlantic salmon populations have been invaded by domesticated escapees for three decades or longer. However, thus far, the cumulative level of gene-flow that has occurred from farmed to wild salmon has not been reported for any native Atlantic salmon population. The aim of the present study was to investigate temporal genetic stability in native populations, and quantify gene-flow from farmed salmon that caused genetic changes where they were observed. This was achieved by genotyping historical and contemporary samples from 20 populations covering all of Norway with recently identified single nucleotide polymorphism markers that are collectively diagnostic for farmed and wild salmon. These analyses were combined with analyses of farmed salmon and implementation of Approximate Bayesian computation based simulations.

**Results:** Five of the populations displayed statistically significant temporal genetic changes. All five of these populations became more similar to a pool of farmed fish with time, strongly suggesting introgression of farmed fish as the primary cause. The remaining 15 populations displayed weak or non-significant temporal genetic changes. Estimated introgression of farmed fish ranged from 2.47% per population using approximate Bayesian computation. Thus, some populations exhibited high degrees of farmed salmon introgression while others were more or less unaffected. The observed frequency of escapees in each population was moderately correlated with estimated introgression per population ( $R^2 = 0.47$ ,  $P < 0.001$ ). Genetic isolation by distance existed within the historical and contemporary data sets, however, the among-population level of divergence decreased with time.

**Conclusions:** This is the first study to quantify cumulative introgression of farmed salmon in any native Atlantic salmon population. The estimations demonstrate that the level of introgression has been population-specific, and that the level of introgression is not solely predicted by the frequency of escapees observed in the population. However, some populations have been strongly admixed with farmed salmon, and these data provide policy makers with unique information to address this situation.

**Keywords:** Admixture, Aquaculture, Environmental impact, Escapees, Simulation, ABC, Fish farming, Migration



## Annen nytteverdi

- Avlsarbeidet
- Forskning
  - Helse
  - Kvalitet
  - Fôringsoptimalisering
- Produktverifisering

## Tirsdag 19.november

Registrering - kaffe - mingling fra kl 10:00

10:30 - 10:45	Velkommen, bakgrunn, målsetting	Kjell Maroni -FHF
10:45 - 11:45	Bruksområder for merking og sporing, eksempler fra næring og forskning - Uttak av fisk og statistiske utfordringer - Genetisk sporing i verdikjeden forbi oppdrettsfasen – erfaring med Tilapia  - Merking / sporing i avlsarbeidet	Paul Midtlyng – Aquamedic Vidar Lund – Salmar  Håvard Bakke – SalmoBreed
11:45 - 12:00	Diskusjon	
Hvordan skille oppdrettslaks fra villaks uten analyseutstyr?		
12:00 - 12:30	Ytre kjennetegn i videoregistrering og drivtelling	Anders Lamberg – Skandinavisk Naturovervåking AS
12:30 - 13:00	Fenotypisk karakterisering	Øyvind Solem – NINA/NTNU
13:00 - 14:00	LUNCH	
14:00 - 14:30	Fettfinneklipping, frysemerking og VIE	Atle Mortensen – Nofima
14:30 - 15:00	Fettfinneklipping – fiskevelferd	Melanie Andrews – NVH
15:00 - 15:15	Billedgjenkjenning brukt i elv	Bernt Saugen – Biosort AS
15:15 - 15:40	Pause	
Hvordan skille oppdrettslaks fra villaks med analyseutstyr?		
15:45 - 16:15	Lesing av skjell	Harald Sægrov - Rådgivende biologer
16:15 - 16:45	Geoelementer – naturlige variasjoner mellom vassdrag	Vidar Moen - Veterinærinstituttet Trondheim
16:45 - 17:15	Snutemerking Coded Wire Tag (CWT)	Jim Roger Nordly – Europharma
17:15 - 17:45	Diskusjon	
19:00	MIDDAG	

## Onsdag 20.november 2013

Sporing med naturlige sporstoffer

08:30 - 08:45	Overview of geochemical marking techniques	Steve Swearer – UoMelbourne
08:50 - 09:10	Sporstoffer tilsatt via føret	Magny Thomassen – UMB
09:15 - 09:35	Otolith fingerprinting with geochemical markers by vaccination	Fletcher Warren-Myers – UoMelbourne
09:40 - 10:00	Otolith fingerprinting with geochemical markers by maternal transfer	Fletcher Warren-Myers – UoMelbourne
10:00 - 10:20	Otolith fingerprinting with geochemical markers by egg immersion	Fletcher Warren-Myers – UoMelbourne
10:25 - 10:45	Oppsummering og anvendelse i næringen	Per Gunnar Fjelldal - HI
11:00 - 11:15	Diskusjon	
11:15 - 11:30	PAUSE	

Sporing med DNA-baserte metoder

11:30 - 12:00	SNP-basert sporing	Randi Krontveit – NVH Matthew Kent – UMB/Cigene
12:00 - 12:30	Mikrosatelitt-basert sporing	Celeste Jacq – Nofima
12:30 - 13:00	Diskusjon	
13:00 - 14:00	LUNCH	