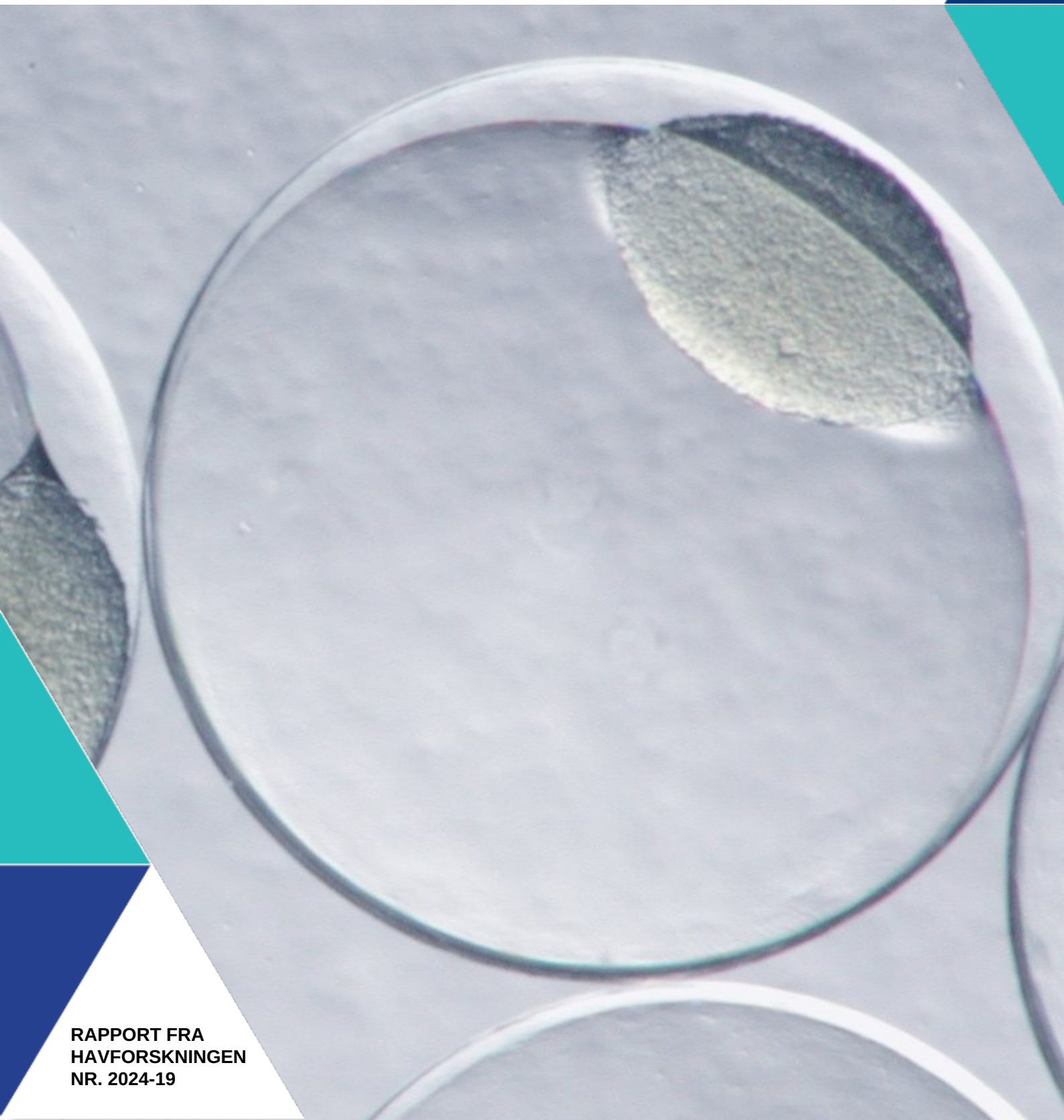
GENETISK ANALYSE AV SKREITOKTETS EGGSURVEY 2022

Edvin Fuglebakk, Anders Thorsen, Ida Kristin Mellerud (HI), Marte Sodeland (Universitet i Agder) og Hanne Sannæs (HI)



RAPPORT FRA HAVFORSKNINGEN NR. 2024-19

Tittel (norsk og engelsk):

Genetisk analyse av skreitoktets eggsurvey 2022

Genetic analysis of an egg-survey covering cod spawning grounds

Rapportserie:	År - Nr.:	Dato:
Rapport fra havforskningen	2024-19	30.05.2024
ISSN:1893-4536		

Forfatter(e):

Edvin Fuglebakk, Anders Thorsen, Ida Kristin Mellerud (HI), Marte Sodeland (Universitet i Agder) og Hanne Sannæs (HI)

Forskningsgruppeleder(e): Jane Aanestad Godiksen (Bunnfisk)
Godkjent av: Forskningsdirektør(er): Geir Huse Programleder(e): Maria Fossheim

Distribusjon:

Åpen

Prosjektnr:

14157

Program:

Barentshavet og Polhavet

Forskningsgruppe(r):

Bunnfisk
Fiskeridynamikk
Reproduksjon og utviklingsbiologi

Antall sider:

24

Samarbeid med

Universitetet i Agder

Sammendrag (norsk):

Vi har bestemt artssammensetning i eggprøver fra skreitoktets eggsurvey i 2022 med genetisk analyse. Formålet har vært å kvalitetssikre den mikroskopiske artsbestemmelsen som inngår i den faste skreitoktprotokollen.

Vi har særlig vært interessert i forvekslingsfaren mellom torsk og hyse, ettersom disse ikke lar seg skille ved mikroskopi. Vi fant en lavere mengde hyseegg enn det som var ventet ut i fra fangster av gytende hyse og nær samtidige tokt i nær overlappende område. Noen få håvtrekk hadde også store mengder egg som ikke lot seg sikkert bestemme genetisk.

Det klare flertall av håvtrekk var imidlertid genetisk bestemt med få usikre egg, og vi fant i hovedsak svært godt samsvar mellom artsbestemmelse gjort ved hjelp av henholdsvis mikroskop og genetikk.

Sammendrag (engelsk):

We have analysed the composition of species in egg samples from the 2022 Northeast Arctic Cod spawning survey, with both genetic and microscopic methods. The purpose of the analysis was to assure the quality of the microscopic methods that are used in the standard annual execution of the survey.

We have been particularly interessted in any confusion between cod and haddock, as these cannot reliably be separated microscopically. We did find a lower abundance of haddock-eggs than what was expected based on catches of spawning haddock, and results from other surveys in close spatial and temporal proximity. A few egg samples also had a large abundance of eggs for which species could not be genetically determined.

However, the vast majority of samples was determined genetically, with very few uncertain eggs, and we found generally very good agreement between genetic and microscopic methods for determination of species.

Innhold

1 Bakgrunn 5

2 Metode 6

3 Resultater 9

3.1 Artsbestemmelse 9

3.2 Sammenligning 10

3.3 Austnesfjorden 13

4 Konklusjon 15

5 Referanser 16

6 Vedlegg 1 – Oversikt over eggprøver fra skreitoktet i 2022 17

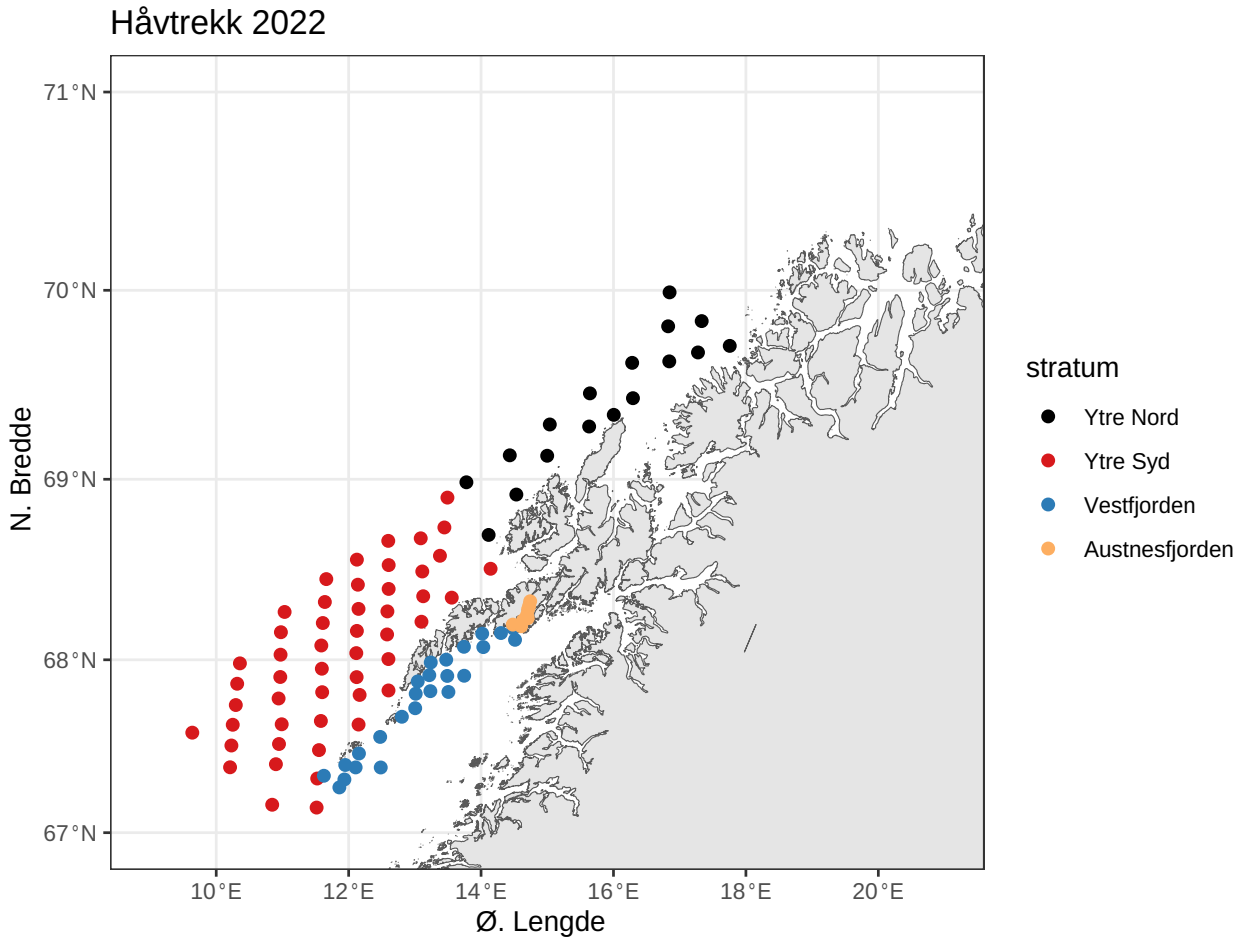
7 Vedlegg 2 – Genetisk analyse av eggprøver fra skreitoktet 2022 21

1 - Bakgrunn

På det årlige skreitoktet inngår systematisk sampling av egg med håvtrekk som en del av den faste overvåkingen. Egg blir sortert ombord med stereomikroskop, og egg som er klassifisert som gadoide egg med diameter 1.2-1.6 mm blir i videre databehandling antatt å være torskeegg. Det blir også observert andre gadoide fisk i området, og noe innblandig av andre arter kan ikke utelukkes. Etter skreitoktet i 2022 gjennomførte vi derfor en genetisk analyse for å undersøke innblanding av andre arter i håvtrekkene. Prøvene ble fiksert på sprit etter normal opparbeiding ombord, og senere genetisk analysert på laboratorium ved Havforskingsinstituttet sin stasjon i Flødevigen. Vi håper med det å avdekke eventuell innblanding av andre arter enn torsk (*Gadus morhua*). 2022 var et år med et moderat innsig av skrei til Lofoten og Vesterålen (Fuglebakk & Thorsen 2022). Vi regner derfor mulighetene for innblanding av andre gadoide egg som høy sammenlignet med tidligere år, og det er slikt sett et år som er godt egnet for å ettergå artsbestemmelsesprotokollen som blir brukt på toktet.

2 - Metode

Egg ble samlet inn ombord på Johan Hjort under ordinært skreitokt i 2022. Håvtrekk utføres på skreitoktet i et fast rutenett med forskjellig tetthet i tre forskjellige strata, som vist i figur 1. Håvtrekk utføres med en T-80 egghåv med 375 µm maskevidde. Denne trekkes vertikalt gjennom de øverste 100 m av vannmassene med en vinsjhastighet på om lag 0,5 m/s. Når bunndypet er grunnere enn 105 m trekkes håven fra 5 m over bunn og opp til overflaten.



Figur 1: Håvtrekk på skreitoktet 2022. Fargelagt etter områdestratifisering.

Protokoll for prøveopparbeiding og eggklassifisering ombord er beskrevet i interne kvalitetsdokument (Overvåkingstokt - skreitokt) og i de årlige toktrapportene (Fuglebakk & Thorsen 2022). I korthet var prosedyren som følger: Når håvtrekkene kom ombord ble prøven vurdert og deretter delt med planktondeler ut fra ønsket om at delprøven skulle inneholde mellom 100 og 200 egg (se vedlegg 1). Delprøven ble så opparbeidet levende

under stereomikroskop; alle eggene ble plukket ut, deretter fotografert og til sist konservert på 96 % etanol for genetisk analyse. Bildene ble analysert ved hjelp av spesialutviklet billedanalyse programvare hvor hvert egg ble diametermålt samt type- og stadiebestemt. Alle gadoid lignende egg med diameter mellom 1.2 og 1.6 mm ble klassifisert som torskeegg.

De innsamlede eggprøvene ble tatt videre til genetisk analyse ved Lab Flødevigen. Utvalg av prøvene fra de ulike ønskede håvtrekk ble plukket ut tilfeldig og satt opp til DNA-ekstraksjon i 96-brønns plateformat på Hamilton Star robot. Det ble valgt ut 11 egg fra hver håv, bortsett fra håver med mer enn 500 egg, hvor 93 egg med utvalgt for genetisk analyse. For håver med mindre enn 11 egg ble alle egg genetisk analysert. Hver plate fikk to negative kontroller randomisert for å kvalitetssikre plateidentitet og orientering av platen i videre analyser. Kjemien og metoden for ekstraksjonen er levert av Omega Biotek (omegabiotek.com) og baseres på Mag-Bind® Blood and Tissue DNA HDQ.

Mag-Bind-teknologien isolerer DNA ut fra enzymatisk nedbrutte celler i løsning ved at små magnetiske kuler binder til seg DNA. Dette renses videre og separeres til slutt fra kulene og gir et DNA-ekstrakt. Konsentrasjon av DNA-ekstraktene ble videre målt ved hjelp av en fluorometrisk metode på en ThemoFisher Fluoroskan Microplate Fluorometer med Quan IT kit dsDNA High Sensitivity (0.2-50ng) (Ref Thermofisher Scientific)

Prøvene normaliseres til en konsentrasjon på <= 5 ng/µl for videre tilberedning av DNA-bibliotek for sekvensering. Den aktuelle sekvensen er en universell mini barcode 295 bp sekvens av det mitokondrielle COI (cytochrome c oxidase underenhet 1) utviklet for artsidentifisering av fisk av Sultana *et al.* (2018).

Bibliotekprepareringen skjer gjennom en todelt prosess, med to runder PCR. Ved PCR1 oppkopieres COI-fragmentet, og ved PCR2 merkes hver individuelle prøve med en barkode (i 5), samtidig som den får en indekskode (i 7) som representerer platen. Slik kan hver enkelt prøve identifiseres etter sekvensering. Biblioteksprepareringen gjøres med egne barkoder og indekser, som ikke er del av et kommersielt kit, men som tidligere er utviklet fra protokoll beskrevet i Campell *et al.* (2015).

Hvert DNA-bibliotek til sekvensering for artsidentifisering er sammensatt av fragmenter fra 16 plater, det vil si maksimum 1504 individuelle prøver og i tillegg 32 negative kontroller.

Biblioteket ble kvalitetskontrollert ved kjøring på en Agilent Bioanalyzer, som gir en profil av biblioteket ved gel elektroforese, og konsentrasjonsmålt på Qubit fluorometer (ThermoFisher Scienific). Sekvenseringen av biblioteket ble utført på en Illumina MiSeq, ved såkalt «paired end sequencing» med et MiSeq Reagent Kit v3 (150 bp) med bruk av 5% PhiX som kontroll.

Rådata fra sekvenseringen i fastq format ble behandlet i R (R Core Team 2021) med modulen DADA2 (Callahan *et al.* 2016). Kvalitetssikrede sekvenser ble deretter sammenliknet med en database bestående av COI sekvenser for gadoide fisk. Sammenlikningen ble gjort med R modulen rBLAST (Hahsler 2019). For suksessfull artsbestemmelse ble det forutsatt at et segment har minst 250 sammenhengde basepar som er sammenstilt med 100% likhet med et segment i databasen, og at dette forekommer for kun en enkelt art.

Genetisk analyse ble utført på et tilfeldig valgt sub-sample av de prøvene som var sortert ombord ved hjelp av mikroskopi. Noe forskjell i antall torskeegg identifisert med de to metodene må derfor påregnes som følge av tilfeldige samplingfeil. Vi kan estimere total antall torskeegg i mikroskopi-sorterte prøver i et håvtrekk ved:

$$\hat{t} = \frac{N}{n} y$$

hvor y er antall egg identifisert som torskeegg i genetisk analyse. n er antall egg i sub-sample til genetisk

analyse, og *N* er totalt antall egg sortert ombord. Forventet samplingfeil er gitt ved standardfeilen:

$$\hat{s}=\sqrt{\frac{N(N-n)}{n}\left(y\left(1-\frac{y}{n}\right)^2+(n-y)\left(0-\frac{y}{n}\right)^2\right)}$$

Vi lar *u* betegne antall torske-egg identifisert ved mikroskopi, og regner ut absolutt forskjell mellom identifiseringsmetodene som:

$$r=|\hat{t}-u|$$

For å få et innblikk i praktisk betydning av forskjeller i artsidentifiseringsmetodikk, kan vi estimere gjennomsnittlige håvfangster for romlige strata på bakgrunn av begge metodene. Vi behandler håvtrekkene som et tilfedig utvalg i hvert strata og regner gjennomsnittlig eggmengde pr håv i et strata som:

$$\hat{\mu}=\frac{1}{M}\sum_{i=1}^{M}h_i$$

hvor h_i er antall torskeegg i håvtrekk *i*, estimert enten fra artssortering med mikroskopi eller genetikk. *M* er totalt antall håvtrekk i strata. Hvert enkelt håvtrekk dekker en forsvinnende liten andel av det totale arealet i hvert strata, og standardfeilen til gjennomsnittlig eggmentde kan estimeres som:

$$\hat{d}=\frac{1}{\sqrt{M}}\sqrt{\left(\frac{1}{M}\sum_{i=1}^{M}(h_i-\hat{\mu})^2\right)}$$

Vi ser da vekk fra samplingfeil som skriver seg fra sub-sampling av hvert håvtrekk (Se Delingsfaktor i Vedlegg 1).

3 - Resultater

3.1 - Artsbestemmelse

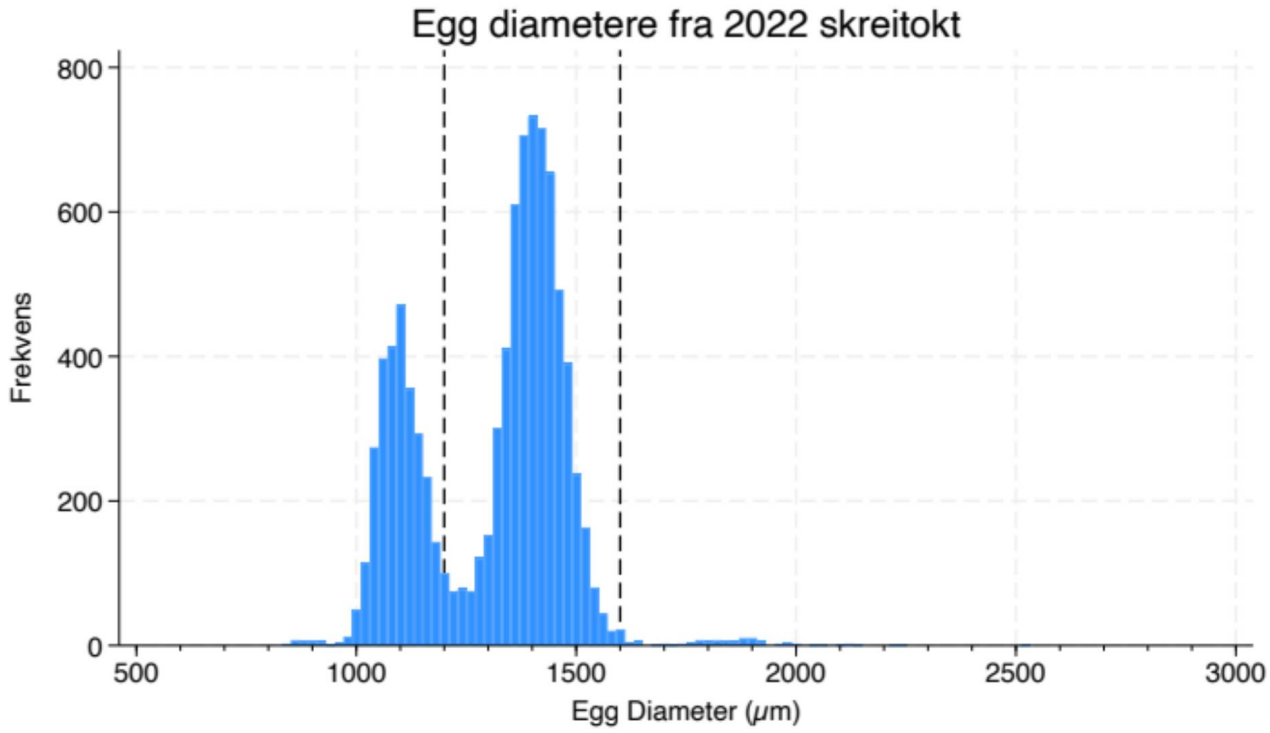
Grunnet naturlig variasjon i genfragmentet som ble analysert er det en viss risiko for feilklassifisering, og en viss risiko for at vi finner varianter av en art som ikke er belagt i databasen, og derfor ikke kan artsbestemmes. Som en kontroll på metodikken har vi derfor analysert sekvenslikhet mellom de forskjellige artene i databasen. Disse er oppsummert i Tabell 1. Med den genetiske variasjonen som er belagt i databasen er det kun mellom hyse og hvitting det er en viss forvekslingsfare med kriteriene vi bruker for genetisk bestemmelse. Den reelle variasjonen er naturlig nok større, men statistikken i tabell 1 viser likevel at torskesekvensene vi har analysert ikke kan forveksles med de 681 sekvensene fra 9 ulike arter torskefisk (Gadiformes) som vi har i databasen. Særlig ser vi at forvekslingsfaren mellom torsk og hyse er lav, med ingen like sekvenser funnet for 473*194 sammenlignede sekvenspar. Det er av interesse, fordi vi på forhånd regnet hyse som den viktigste forvekslingsarten i mikroskopiundersøkelsene.

Tabell 1: Maksimal sekvenslikhet for sekvenspar lengre enn eller lik 250 basepar, mellom arter i databasen. Antall sekvenser for hver art er angitt i parentes under artsnavn i kolonneoverskrifter.

	Torsk (473)	**Hyse (194)**	**Sei (152)**	**Lyr (34)**	**Hvitting (112)**	**Øyepål (16)**	**Brosme (27)**	**Kolmule (109)**	**Sypike (37)**	**Lysing (307)**
Torsk (*Gadus morhua*)	**100,0**	98,1	95,0	94,6	96,5	86,1	92,9	91,9	90,5	89,2
Hyse (*Melanogrammus aeglefinus*)		**100,0**	97,8	97,4	**100,0**	90,7	95,3	91,5	91,5	93,9
Sei (*Pollachius virens*)			**100,0**	97,6	95,4	86,3	93,2	92,2	90,2	91,3
Lyr (*Pollachius pollachius*)				**100,0**	95,4	90,3	92,9	91,6	91,6	90,2
Hvitting (*Merlangius merlangus*)					**100,0**	85,8	94,1	91,0	90,0	89,6
Øyepål (*Trisopterus esmarkii*)						**100,0**	90,4	99,6	95,9	
Brosme (*Brosme brosme*)							**100,0**	91,5	92,9	90,9
Kolmule (*Micromesistius poutassou*)								**100,0**	96,6	89,9
Sypike (*Trisopterus minutus*)									**100,0**	89,2
Lysing (*Merluccius merluccius)*										**100,0**

De fleste eggene lot seg genetisk identifisere med protokollen beskrevet over. 373 av 1468 analyserte egg hadde ikke 100% treff på sekvens i databasen. Av disse hadde 321 mer enn 98% sekvenslikhet med

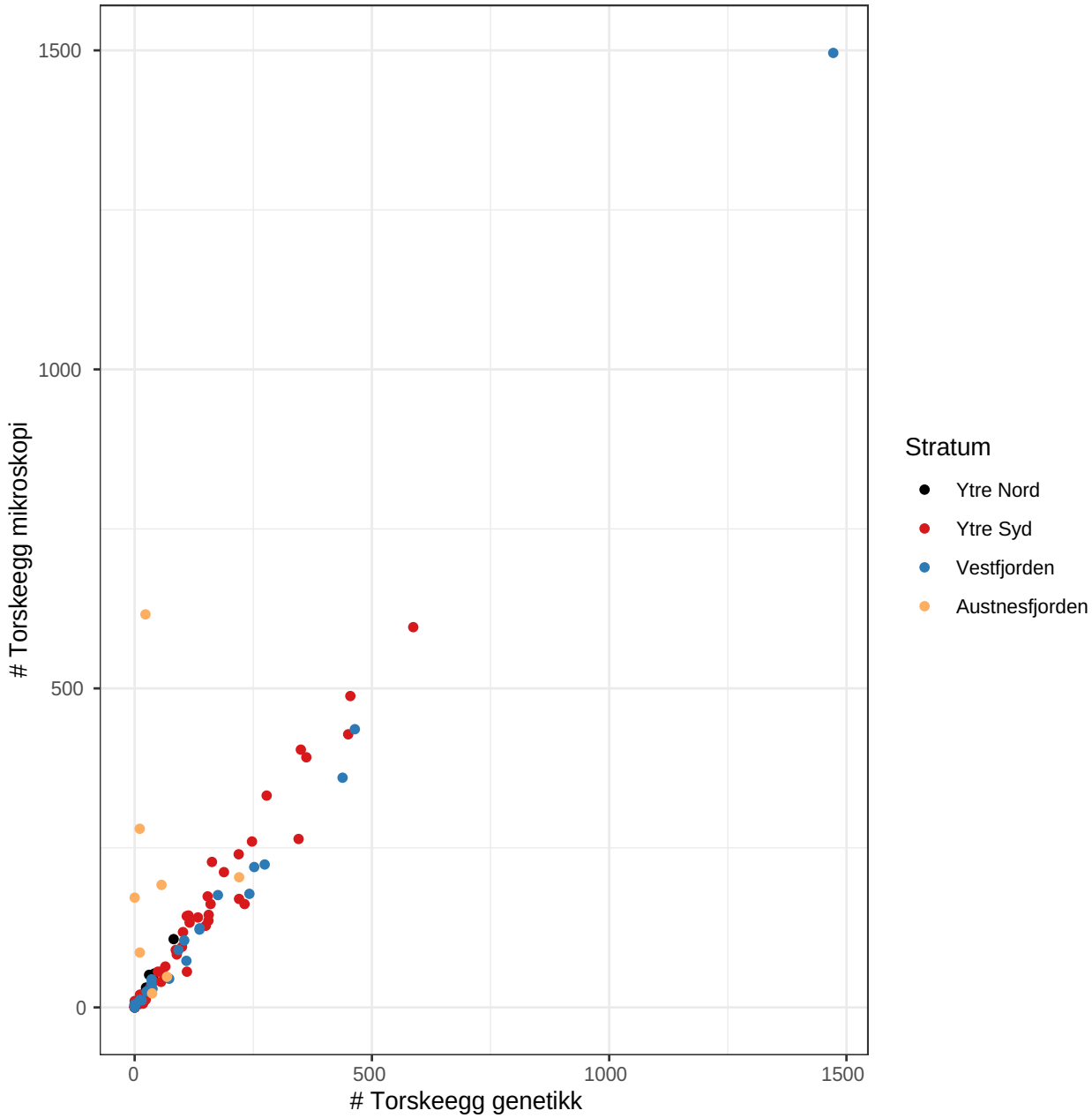
øyepålindivider (*Trisopterus esmarkii*) i databasen. Disse uidentifiserte eggene er utelatt fra videre analyse. 834 egg ble identifisert som torskeegg, og kun 11 ble identifisert som hyse (*Melanogrammus aeglefinus*), som er den arten som vi på forhånd regnet som den som det er størst forvekslingsfare med ved mikroskopisk bestemmelse. Det lave antallet hyse-egg var et noe overraskende funn, da det ble funnet en del gytende hunn-hyse ved tråling under det samme toktet, og i overlappende toktområde på umiddelbart påfølgende tokt (se vedlegg 1 til Johannesen *et al.* 2022). Av de øvrige eggene var de fleste identifisert som sei (*Pollachius virens*, 247 egg) . For disse regner vi med liten forvekslingsfare med torskeegg ved mikropskiopisk bestemmelse ettersom diameteren typisk er noe mindre. Russel (1976) oppgir diameteren for seiegg til å være mellom 1.03 og 1.22 mm og torskeegg fra 1.16 til 1.89 mm. Imidlertid er vår erfaring fra mange eggtokt helt tilbake til 70-årene at skrei og kysttorsk i dette området gyter egg med diametere innenfor et mer snevert intervall, typisk mellom 1.2-1.6 mm. En viss overlapp med sei kan det imidlertid være, noe som også indikeres når man ser på størrelses fordelingen av egg fra toktet (Figur 2).



Figur 2: Eggdiametere fra skreitoktet i 2022. Vertikale stiplede linjer angir intervallet fra 1200 – 1600 µm som vi regner som nedre og øvre grense for torskeegg.

3.2 - Sammenligning

Figur 3 viser sammenligning av total estimert antall egg for hvert håvtrekk basert på enten artsidentifisering ved mikroskopi eller genetikk. Det overordnede bildet er et godt samsvar, foruten stasjonene i Austnesfjorden. Vi kan også merke oss at forskjell i eggmengde mellom håvtrekk later til å være vesentlig større enn forskjellen mellom artsbestemmelsesmetodene for samme håvtrekk. Dette indikerer at totalestimater fra toktet ikke vil være veldig sensitiv til hvilken artsbestemmelsesmetodikk som benyttes.



Figur 3: Antall torskeegg i håv. Estimert fra mikroskopi ombord og fra genetikk av subsample

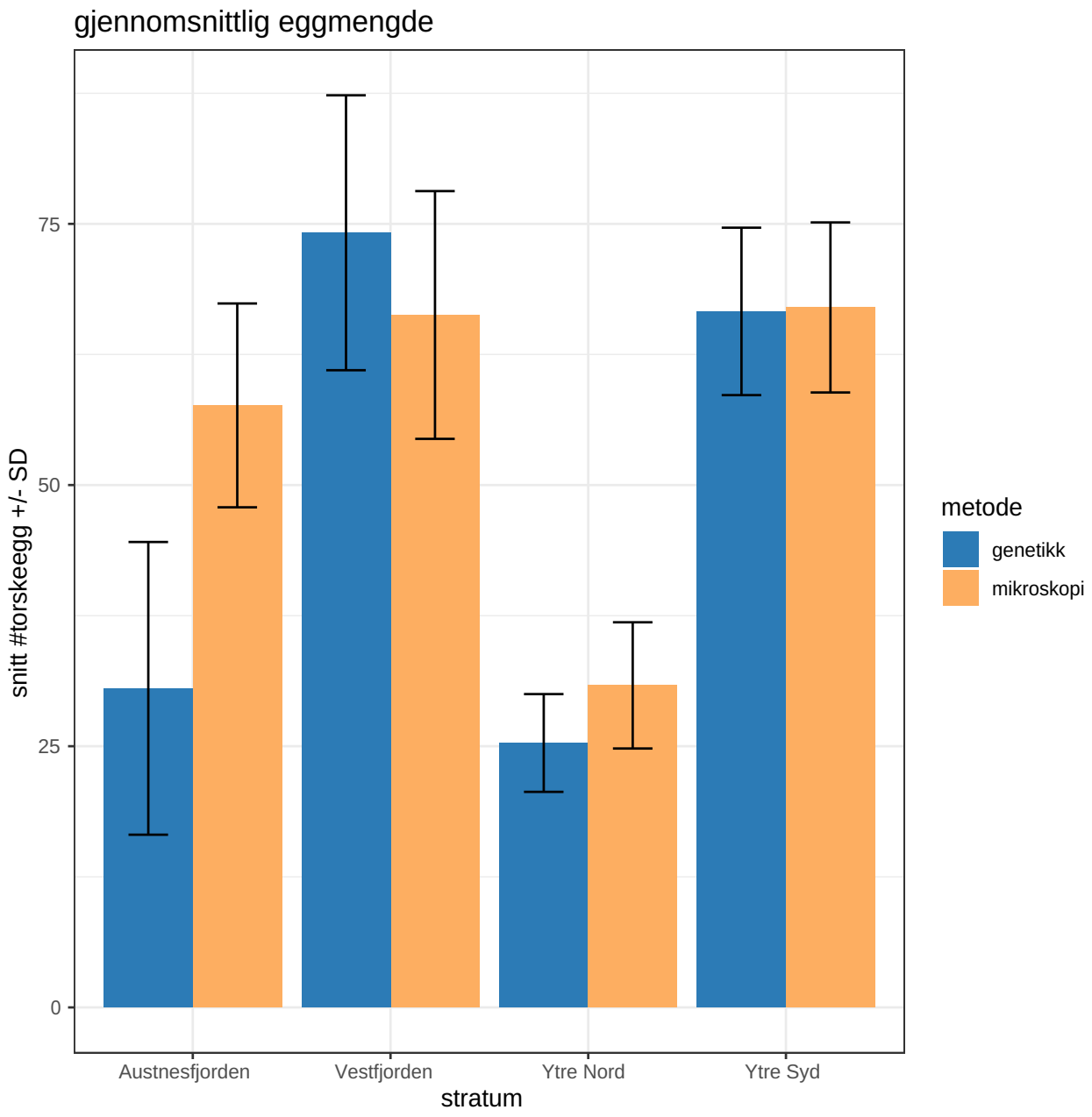
Som vist i tabell 2 er også gjennomsnittlig absolutt forskjell mellom antall torskeegg identifisert i samme størrelsesorden som forventet samplingfeil. Det tyder på at forskjellene er mindre enn eksperimentet er egnet til å demonstrere. Også her ser vi imidlertid et tydelig unntak for stasjonene i Austnesfjorden.

Tabell 2: gjennomsnittlig standardfeil og absolutt forskjell mellom artsbestemmelsesmetoder

strata	Gjennomsnitlig standardfeil (s) genetikkestimat	Gjennomsnittlig absolutt forskjell (r)
Ytre Nord	6 egg	6 egg
Ytre Syd	14 egg	10 egg
Vestfjorden	11 egg	10 egg

strata	Gjennomsnitlig standardfeil (s) genetikkestimat	Gjennomsnittlig absolutt forskjell (r)
Austnesfjorden	14 egg	38 egg

For å vise praktisk betydning av hvilken artsbestemmelsesmetodikk som blir brukt estimerer vi gjennomsnitlig eggmengde for hvert romlig stratum og bergener standardfeil. Denne beregningen inngår i beregning av eggindeksen, slik den er formulert i vedlegg til Fuglebakk & Thorsen (2022). Sammenligningen er vist i Figur 4.



Figur 4: Gjennomsnittlig eggmengde +/- standardfeil for hhv artsbestemmelse ved mikroskopi og genetikk

Vi ser at forskjellen mellom artsbestemmelsesmetodikk er mindre enn omtrentlig ett standardavvik for alle områdene, igjen med unntak av Austnesfjorden. For en total eggmengdeindeks må det tas hensyn til at

håvtrekkene ikke er utført med lik tetthet i de forskjellige områdene (Figur 2). Siden Austnesfjorden utgjør et svært lite areal bidrar den lite eggmengdeindeks for hele toktområde. En arealvektet bergening for hele toktområdet gir et gjennomsnitt på 53 +/- 5 torskeegg for genetikk, og 54 +/- 5 egg for mikroskopi. Vi regner at håven sampler et areal på ca 2 m^2, så dette tilsvarer mellom 20 og 30 egg pr. m^2.

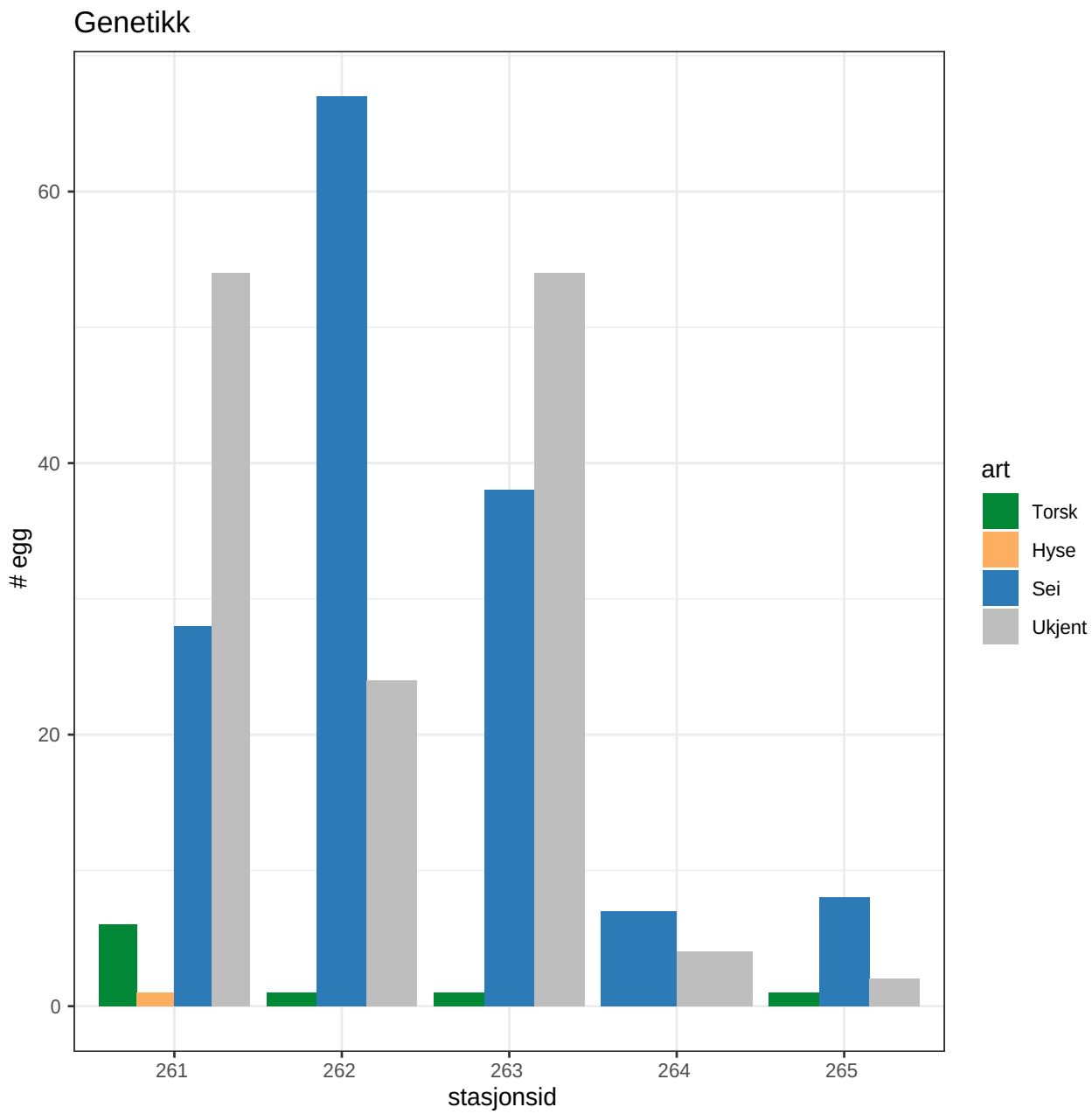
3.3 - Austnesfjorden

Avvikene i Austnesfjorden skriver seg fra håvtrekkene med stasjonsnummer (CTD-nummer) 261, 262, 263, 264, og 265. Disse utgjør de fleste og innerste stasjonene i Austnesfjorden. I tabell 3 er det angitt noen nøkkeltall om prøveutvalget.

Tabell 3: Nøkkeltall om prøveutvalg for utvalgte stasjoner i Austnesfjorden.

stasjonsid	Torsk genetikk	Torsk mikroskopi	N	n
261	6	48	219	93
262	1	35	125	93
263	1	77	265	93
264	0	43	91	11
265	1	86	120	11

De fleste av disse stasjonene har altså blitt svært intensivt samplet for genetisk analyse, og det er ikke sannsynlig at forskjellene skyldes samplingfeil, i alle fall ikke for stasjonene 261, 262 eller 263. Figur 4 viser at artssammensetningen i disse prøvene i hovedsak er sei og ukjente arter. Eggene som her ikke er identifisert med 100% sekvenslikhet har 99% sekvenslikhet med øyepål. Vi forventer imidlertid liten grad av forveksling med torsk for både sei og øyepål. Det er mulig at avvikene kan forklares med forvekslingsarter som ikke er beskrevet i databasen vi har brukt for genetisk analyse. Dette kan ettergåes senere etterhvert som databasen utvides med nye data. Austnesfjorden har spesielle forhold sammenlignet med toktområdet forøvrig, og vi finner ofte relativt store mengder med egg i sene utviklingsstadier der. Det kan tilsi at tilknyttede gyteplasser er godt egnet for arter og bestander som har best oppvekstvilkår nært kysten.



Figur 5: Genetisk artsbestemmelse for utvalgte stasjoner i austnesfjorden. sekvenser med <100% sekvenslikhet med art i database er vist som Ukjent.

4 - Konklusjon

Genetisk analyse av skreitoktets eggsurvey i 2022 viser at torskeegg er dominerende i håvtrekkene også i et år med et relativt lite innsig av gytetorsk fra Barentshavet. Analysen bekrefter også i hovedsak at protokollen for å identifisere torskeegg med mikroskopi fungerer tilfredstillende for beregning av eggmengdeindekser. Vi har ikke en fullgod forklaring på at en del stasjoner i Austnesfjorden avviker fra dette bildet (Figur 3 og 4), men dette har lite praktisk betydning for eggmengdebestemmelser for toktområdet som helhet. Vi var også litt overrasket over at vi ikke fant mer hyseegg, ettersom vi gytende hyse er observert i trålhal i Vestfjorden på denne tiden. Vi har heller ikke en fullgod forklaring på det, men har kontrollert mot et rikt utvalg av hysesekvenser i genetikkdatabasen.

Feil i artsbestemmelse later til å være av en størrelsesorden som er mindre enn samplingfeil (Figur 4, Tabell 2), og slik ikke av betydning for fortolkning av indeksen. Vi føler oss betrygget på at artssortering med mikroskopi er en kostnadseffektiv metode for å opparbeide en pålitelig eggmengdeindeks. Artsbestemmelse med mikroskopi er likevel prisgitt forholdene i havet, slik som mengde av forvekslingsarter i området, og deres gytetidspunkt. Begge disse forholdene kan være gjenstand for endring over tid. Eksperimentet kan derfor med fordel gjentas om noen år, og mulighetene for å gjennomføre rutinemessig genetisk analyse bør fortløpende vurderes mot kostnad.

5 - Referanser

Fuglebakk, Edvin og Thorsen, Anders. 2022. Skreitokt 2022. Toktrapport 2022-10 ISSN: 1503-6294 (https://www.hi.no/hi/nettrapporter/toktrapport-2022-10)

Fra Havforskningsinstituttets Kvalitetsportal (intern): «Overvåkningstokt – Skreitokt» (https://hi.dkhosting.no/docs/pub/DOK06743.pdf)

Sultana, Sharmin, Md. Eaqub Ali, M.A. Motalib Hossain, Asing, Nina Naquiah, og I.S.M. Zaidul. Universal Mini COI Barcode for the Identification of Fish Species in Processed Products'. Food Research International 105 (March 2018): 19–28. (https://doi.org/10.1016/j.foodres.2017.10.065)

Campbell, Nathan R., Stephanie A. Harmon, og Shawn R. Narum. 'Genotyping-in-Thousands by Sequencing (GT-seq): A Cost Effective SNP Genotyping Method Based on Custom Amplicon Sequencing'. Molecular Ecology Resources 15, no. 4 (July 2015): 855–67. (https://doi.org/10.1111/1755-0998.12357)

R Core Team (2021). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. (https://www.R-project.org/)

Callahan, B., McMurdie, P., Rosen, M. et al. DADA2: High-resolution sample inference from Illumina amplicon data. Nat Methods 13, 581–583 (2016). (https://doi.org/10.1038/nmeth.3869)

Hahsler M, Nagar A (2019). rBLAST: R Interface for the Basic Local Alignment Search Tool. R package version 0.99.2. (https://github.com/mhahsler/rBLAST)

Russel, F. S.1976. The Eggs and Planktonic Stages of British Marine Fishes, Academic Press, London - New York - San Francisco.

Johannesen, Edda; Gabrielsen, Heidi; Frøysa, Håvard Guldbrandsen; Holm, Else; Husebø, Åse; Pedersen, Ronald; Petersen Marianne; og Seim, Silje Elisabeth. 2022. Gytefeltskartlegging Nordøstarktisk hyse Toktnummer 2022609. Toktrapport 2022-8 ISSN: 1503-6294 (https://www.hi.no/hi/nettrapporter/toktrapport-2022-8)

6 - Vedlegg 1 – Oversikt over eggprøver fra skreitoktet i 2022

Tabellen viser oversikt over håvtrekk på ordinært tokt (stasjoner fra snitt er utelatt). Torske-egg er antall egg bestemt til å være torsk ved mikroskopi. Total egg er totalt antall egg i prøven som ble undersøkt. Delingsfaktor angir hvor stor andel denne prøven utgjør en av alle eggene i håvtrekket. Betegnelsene u og N refererer til variable i avsnittet «Metode».

Stratum	Stasjons-nummer	Bredde-grad	Lengde-grad	Delings-faktor	Torske-egg (u)	Total egg (N)
Austnesfjorden	258	68.189	14.605	1	22	45
	259	68.222	14.632	2	102	173
	260	68.234	14.705	1	48	150
	261	68.285	14.711	4	48	219
	262	68.329	14.742	8	35	125
	263	68.304	14.728	8	77	265
	264	68.252	14.694	4	43	91
Vestfjorden	225	67.334	11.626	1	25	92
	226	67.266	11.860	1	0	1
	227	67.312	11.936	1	2	4
	228	67.397	11.949	1	26	85
	229	67.383	12.106	1	5	7
	230	67.463	12.156	1	45	80
	231	67.382	12.485	1	1	4
	232	67.476	12.463	1	0	0
	233	67.559	12.476	1	3	4
	234	67.524	12.703	1	0	0
	235	67.609	12.704	1	1	1
	236	67.675	12.804	1	124	137
	237	67.638	13.005	1	2	2
	238	67.724	13.005	1	12	16
	239	67.807	13.013	1	176	193
	240	67.731	13.236	1	4	8
	241	67.877	13.043	2	110	154
	242	67.822	13.234	1	44	56
	243	67.913	13.218	2	89	133
	244	67.817	13.507	1	105	115
	245	67.985	13.240	2	180	241
	246	67.909	13.490	2	61	94
	247	68.001	13.474	1	73	109

Stratum	Stasjons-nummer	Bredde-grad	Lengde-grad	Delings-faktor	Torske-egg (u)	Total egg (N)
	248	67.910	13.745	2	112	137
	249	67.996	13.743	1	1	1
	250	68.074	13.741	4	109	174
	251	67.986	14.028	1	2	6
	252	68.072	14.034	1	29	46
	253	68.148	14.017	8	187	199
	254	68.073	14.297	1	3	7
	255	68.151	14.300	1	38	49
	256	68.113	14.513	1	11	18
	257	68.176	14.489	1	90	127
Ytre Nord	157	69.711	17.756	1	32	38
	158	69.840	17.332	1	21	31
	159	69.989	16.847	1	51	56
	160	69.813	16.826	1	31	33
	161	69.676	17.276	1	46	61
	162	69.629	16.842	1	32	34
	163	69.622	16.282	1	18	28
	164	69.435	16.294	1	3	6
	165	69.460	15.644	1	4	4
	166	69.346	16.004	1	13	17
	167	69.284	15.632	1	11	14
	168	69.295	15.038	1	19	30
	169	69.127	14.999	1	20	25
	170	69.129	14.434	1	43	51
	171	68.917	14.533	1	53	57
	172	68.984	13.778	1	20	23
	173	68.696	14.114	1	107	113
Ytre Syd	174	68.900	13.492	1	64	79
	175	68.737	13.446	2	214	225
	176	68.510	14.144	2	106	115
	177	68.582	13.379	4	83	85
	178	68.678	13.089	1	145	156
	179	68.664	12.599	2	72	104
	180	68.495	13.112	2	81	88
	181	68.349	13.557	1	56	60
	182	68.357	13.126	1	143	151
	183	68.530	12.604	1	31	51

Stratum	Stasjons-nummer	Bredde-grad	Lengde-grad	Delings-faktor	Torske-egg (u)	Total egg (N)
	184	68.560	12.125	1	56	68
	185	68.398	12.604	2	87	94
	186	68.215	13.100	2	196	199
	187	68.273	12.585	4	122	125
	188	68.421	12.139	2	68	95
	189	68.453	11.663	1	41	44
	190	68.287	12.149	2	114	128
	191	68.143	12.581	1	141	163
	192	68.004	12.601	4	149	150
	193	68.163	12.125	1	118	140
	194	68.325	11.641	1	83	122
	195	68.207	11.610	1	20	123
	196	68.038	12.116	4	101	107
	197	67.826	12.602	2	130	136
	198	67.800	12.166	2	120	134
	199	67.630	12.150	1	95	122
	200	67.902	12.121	2	64	103
	201	68.081	11.587	1	90	119
	202	68.269	11.033	1	40	68
	203	68.156	10.977	2	81	182
	204	67.950	11.595	2	132	190
	205	67.816	11.600	1	12	128
	206	68.029	10.972	1	22	149
	207	67.902	10.967	2	28	101
	208	67.651	11.581	1	133	182
	209	67.483	11.552	2	85	121
	210	67.780	10.942	1	10	120
	211	67.980	10.358	1	6	65
	212	67.864	10.317	1	1	7
	213	67.632	10.989	1	0	8
	214	67.318	11.526	1	0	2
	215	67.518	10.948	1	2	10
	216	67.742	10.296	1	0	1
	217	67.629	10.249	1	1	2
	218	67.401	10.902	1	5	102
	219	67.148	11.516	1	0	17
	220	67.283	10.883	1	0	0
	221	67.510	10.229	1	1	6
	222	67.584	9.639	1	1	1

Stratum	Stasjons-nummer	Bredde-grad	Lengde-grad	Delings-faktor	Torske-egg (u)	Total egg (N)
	223	67.383	10.209	1	0	1
	224	67.165	10.845	1	0	1

7 - Vedlegg 2 – Genetisk analyse av eggprøver fra skreitoktet 2022

Tabellen viser resultat av genetikk utført på ordinære håvtrekk i skreitoktet. Noen få stasjoner fra snitt ble også analysert, men er ikke inkludert i tabellen. Betegnelsen *n* refererer til variable i avsnittet «Metode».

Stratum	Stasjonsnummer	Analyserte egg (n)	Torsk	Hyse	Sei	Brosme	Uidentifisert
Ytre Nord	157	10	10	0	0	0	0
	158	11	7	0	1	0	3
	159	11	6	0	1	0	4
	160	11	8	1	1	0	1
	161	9	7	0	1	0	1
	162	11	10	0	1	0	0
	163	11	8	0	0	0	3
	164	6	1	0	2	0	3
	165	4	0	0	4	0	0
	166	10	8	0	0	0	2
	167	8	7	0	0	0	1
	168	10	5	0	0	0	5
	169	11	7	0	0	0	4
	170	11	8	0	0	0	3
	171	10	8	0	0	0	2
	172	10	9	0	0	0	1
	173	11	8	0	0	0	3
Ytre Syd	174	11	9	0	1	0	1
	175	11	11	0	0	0	0
	176	11	9	0	0	0	2
	177	10	9	0	0	0	1
	178	11	11	0	0	0	0
	179	11	6	0	0	0	5
	180	10	10	0	0	0	0
	181	10	9	0	0	0	1
	182	11	8	0	0	0	3
	183	10	7	0	0	0	3
	184	11	9	0	0	0	2
	185	11	9	1	0	0	1
	186	10	10	0	0	0	0
	187	11	10	0	0	0	1

Stratum	Stasjonsnummer	Analyserte egg (n)	Torsk	Hyse	Sei	Brosme	Uidentifisert
	188	11	9	0	1	0	1
	189	11	10	1	0	0	0
	190	11	7	2	2	0	0
	191	10	9	0	0	0	1
	192	92	91	0	0	0	1
	193	10	8	0	0	0	2
	194	11	8	0	3	0	0
	195	10	1	0	2	0	7
	196	11	9	0	1	0	1
	197	11	10	0	0	0	1
	198	10	9	0	0	0	1
	199	11	9	0	0	0	2
	200	11	8	0	0	0	3
	201	11	8	0	0	0	3
	202	11	9	0	2	0	0
	203	10	7	0	0	0	3
	204	10	10	0	0	0	0
	205	11	2	0	1	0	8
	206	11	2	0	0	0	9
	207	11	6	0	3	0	2
	208	11	7	0	2	0	2
	209	11	10	0	0	0	1
	210	11	0	0	3	0	8
	211	10	3	0	6	0	1
	212	7	0	0	2	0	5
	213	8	0	0	1	0	7
	214	2	0	0	0	0	2
	215	10	0	0	2	0	8
	216	1	0	0	0	0	1
	217	2	0	0	0	0	2
	218	11	1	0	2	0	8
	219	10	0	0	0	0	10
	221	6	0	0	0	0	6
	222	1	1	0	0	0	0
	223	1	0	0	1	0	0
	224	1	0	0	0	0	1
Vestfjorden	225	11	3	0	7	0	1
	226	1	0	0	0	0	1

Stratum	Stasjonsnummer	Analyserte egg (n)	Torsk	Hyse	Sei	Brosme	Uidentifisert
	227	4	0	0	1	0	3
	228	11	4	0	2	0	5
	229	7	0	0	5	0	2
	230	11	10	0	0	0	1
	231	4	0	0	0	0	4
	233	2	0	0	2	0	0
	236	11	11	0	0	0	0
	238	9	8	0	0	0	1
	239	10	10	0	0	0	0
	241	11	9	0	1	0	1
	242	10	7	1	0	0	2
	243	11	10	0	1	0	0
	244	10	10	0	0	0	0
	245	11	10	0	0	0	1
	246	11	8	0	0	0	3
	247	11	11	0	0	0	0
	248	11	11	0	0	0	0
	250	91	62	0	5	0	24
	252	11	9	0	0	0	2
	253	93	86	0	7	0	0
	255	11	8	1	0	1	1
	256	11	9	0	0	1	1
	257	11	8	0	0	0	3
Austnesfjorden	258	11	9	1	1	0	0
	259	11	7	1	1	0	2
	260	11	5	1	1	0	4
	261	89	6	1	28	0	54
	262	92	1	0	67	0	24
	263	93	1	0	38	0	54
	264	11	0	0	7	0	4
	265	11	1	0	8	0	2

HAVFORSKNINGSINSTITUTTET

Postboks 1870 Nordnes
5817 Bergen
Tlf: 55 23 85 00
E-post: post@hi.no
www.hi.no