

# Populasjonsstruktur av rognkjeks langs kysten av Norge:

## Bedre føre var enn etter snar

Formålet med dette studiet var å utvikle nødvendig kunnskap og analysemetoder som gjør mulig å belyse bestandsstrukturen hos rognkjeks langs norskekysten, der målet å få til optimal forvaltning av rognkjeks. Genetiske prøver fra vill rognkjeks ble samlet inn langs kysten og ved hjelp av nyutviklet mikrosatellitter i multipleks ble populasjonsstrukturen undersøkt hos arten.

Ólöf Dóra Bartels Jónsdóttir, Albert K. D. Imsland: AKVAPLAN-NIVA. Julia Schregel, Snorre B. Hagen, Camilla Tobiassen, Siv Grethe Aarnes: NIBIO. Caroline Durif: HI. | [albert.imsland@akvaplan.niva.no](mailto:albert.imsland@akvaplan.niva.no)



Figur 1. Prøvetakingsområde av rognkjeks langs kysten av Norge.

| Samplings område              | N   | L          | Breddegrad | Lengdegrad |
|-------------------------------|-----|------------|------------|------------|
| 1. Mandal                     | 50  | 33.8 ± 7.2 | N 57.99    | Ø 7.48     |
| 2. Hardangerfjord             | 46  | 12.9 ± 9.6 | N 59.75    | Ø 5.55     |
| 3. Austevoll                  | 7   | 29.6 ± 7.0 | N 60.10    | Ø 5.19     |
| 4. Averøy                     | 100 | 40.2 ± 5.6 | N 63.07    | Ø 7.59     |
| 5. Hekkingen                  | 94  | 41.3 ± 3.6 | N 69.37    | Ø 17.48    |
| 6. F1 oppdrettsfisk (Kraknes) | 18  | 23.2 ± 1.2 | N 69.76    | Ø 19.05    |

Tabell 1: Prøver av rognkjeks, N = antall, L = størrelse (cm) ± standard avvik (SD), Bredde- og lengdegrader.



De siste årene har det vært kraftig fokus på det økende lakselusproblemet i norsk oppdrettsnæring. Lakselus forårsaker store økonomiske tap for næringen i form av tapt tilvekst, økt dødelighet, tapt fôr, sekundærinfeksjoner og nedgradering. For å vinne over lakselus i et langsiktig perspektiv er det viktig å se på alle virkemidlene i en total bekjempelsesstrategi. Som en del av slik strategi har det de siste årene skjedd en veldig rask utvikling innen oppdrett og bruk av rognkjeks, *Cyclopterus lumpus*, for biologisk avlusing på oppdrettslaks (Imsland et al., 2014a,b,c; 2015a-b, 2016). Oppnådde resultater i små-skala merdforsøk med laks og rognkjeks viser helt klart at rognkjeks har stort potensial som lusespiser og kan oppnå opp mot 97 % avlusing av voksne hunnlus på laks (Imsland et al. 2014a). I kjølvannet av disse resultatene er bruk av rognkjeks som rensefisk for atlantisk laks blitt meget vanlig langs hele kysten av Norge. Mens noen rognkjeksoppdrettere har satset på lokale bestander av rognkjeks forgår det også for tiden en utstrakt forflytting av rognkjeksungel langs hele kysten. En slik innblanding av bestander uten at vi kjenner til selve bestandsstrukturen er meget uheldig i ett føre-var perspektiv og for ømdømmet av oppdrettsnæringen.

Nylig ble en studie publisert (Pampoulie et al., 2014) der bestandsstruktur hos rognkjeks ble undersøkt v.h.a. mikrosatellitter ved Canada, Grønland, Island, sør Norge og Østersjøen. Denne undersøkelsen viste klar populasjonsgenetisk struktur (minst 3 atskilte populasjoner) i det undersøkte området, men det var kun en prøve fra Norge slik at bestandsstruktur langs Norges kyst er ikke undersøkt. En annen

nylig studie langs vestkysten av Grønland (Garcia-Mayoral et al. 2016) indikerte klare forskjeller mellom ulike sub-populasjoner langs kysten av Grønland.

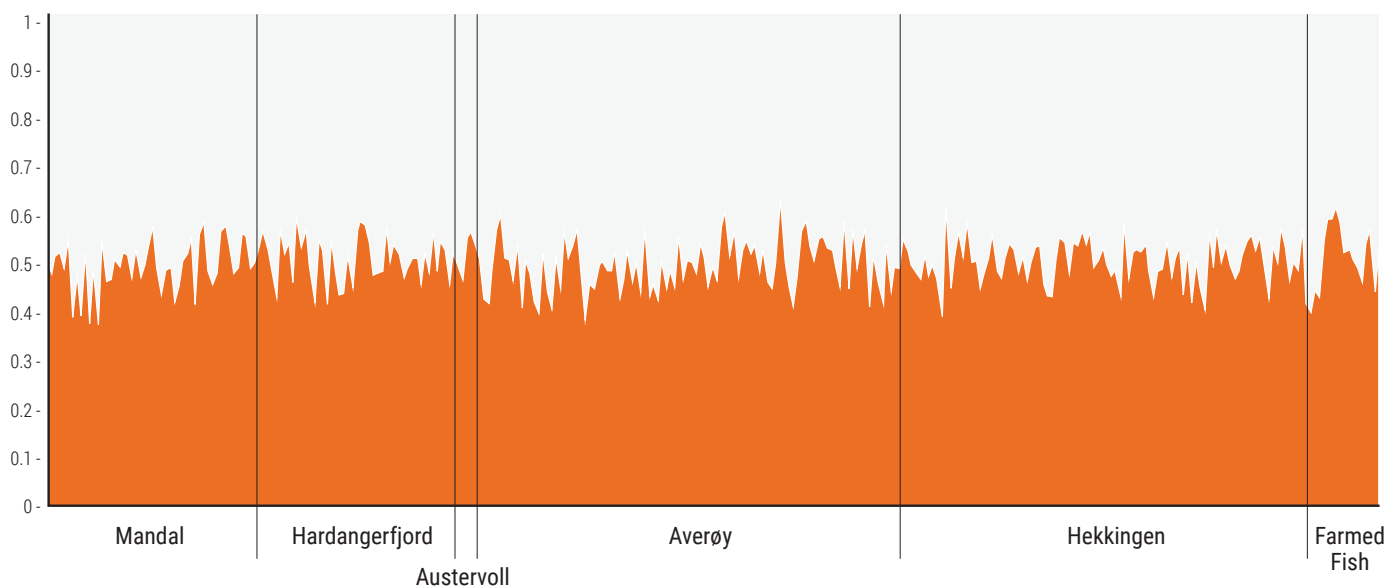
## Materiale og metode

Med det hensikt å kartlegge populasjonsstrukturen av rognkjeks langs norskekysten ble det samlet 297 prøver av villfisk fra fem samplingsområder (**Figur 1**). Disse dekker stor del av den norske kystlinje fra sør til nord, med ytterligere 18 prøver tatt fra første generasjons oppdrettsfisk fra oppdrettsanlegg rett utenfor Tromsø (**Tabell 1**).

Fjorten mikrosatellitt loci ble brukt for analysene (Skirnisdóttir et al. 2013). Disse ble satt sammen i fire multiplekser til å maksimere effektiviteten av analysen (for tekniske detaljer se Jónsdóttir et al. 2018). Dataene ble behandlet med ulike statistiske hjelpeverktøy og programpakker for å: a) undersøke genetisk diversitet; b) sammenligne simulerte og observerte  $F_{ST}$  verdier der global  $F_{ST}$  er et mål for differensiering mellom populasjoner og c) gjennomføre en Bayesian klase-analyse for å undersøke antall populasjoner i prøvematerialet.

## Resultater

Resultatene i vår undersøkelse viste ingen indikasjon på signifikant genetisk strukturering av rognkjeks mellom prøvetakingsområdene (**Figur 2**). For hvert individ var sannsynligheten å tilhøre ulike klase rundt 50% som indikerer ingen sub-po-



**Figur 2:** Bayesian klaste-analyse fra STRUCTURE programmet av de analyserte rognkjeksprøvene. Hver vertikal søyle indikerer en fisk, mens ulike toner (grått og sort) indikere ulike klaser. Y-aksen viser sannsynligheten for at ulike individer tilhører ulike klaser.

populasjonsstruktur i det analyserte materialet.

Den overordnede genetiske differensieringen mellom rognkjeks fra de ulike prøvetakingsområdene var ikke signifikant ( $F_{ST} = 0.026$ ,  $P > 0.45$ ). Parvise  $F_{ST}$  estimater var mellom 0.004 og 0.031 der signifikant forskjell ble kun funnet mellom F1 oppdrettsfisk og prøvene fra Averøy, Hardangerfjorden og Mandal.

I samsvar med den lave differensieringen mellom prøvetakingsområder ble det ikke funnet noen korrelasjon mellom geografisk og genetisk avstand ( $R^2 = 0.004$ ,  $P > 0.9$ , **Figur 3**) og derfor ingen indikasjon på *isolasjon ved avstand* (IBD).

## Oppsummering

Den overordnede populasjons differensieringen i vår studie var estimert til å være ca. 3% som er sammenlignbart til det funnet i studiene av Pampoulie et al. (2014) og Garcia-Mayoral et al. (2016), der den var estimert til å være ca. 4%. Men i motsetning til vår studie så fant

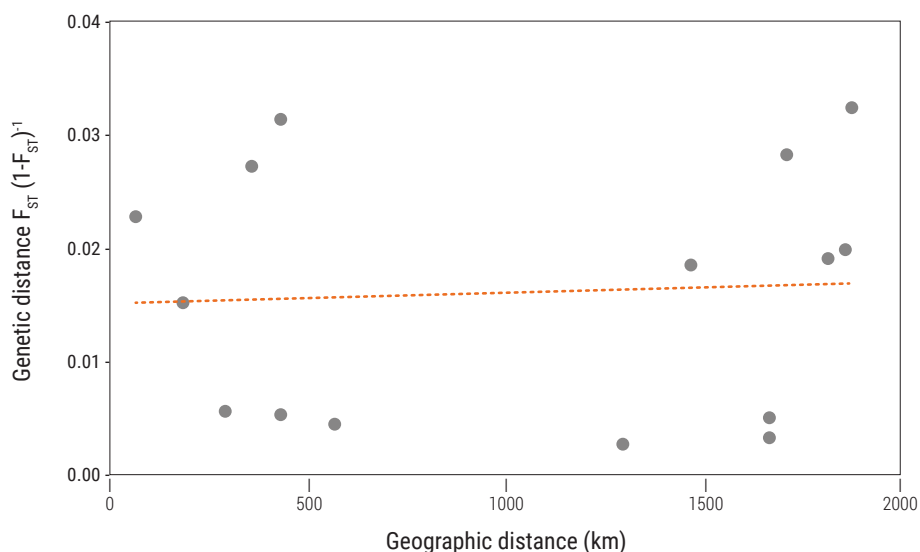
Garcia-Mayoral et al. (2016) en klar sammenheng mellom genetisk og geografisk avstand (IBD). Ved vestkysten av Grønland finnes rognkjeks langs en stor (> 1500 km) nord-sør kystgradient og langs den finnes det store forskjeller i temperatur, salinitet, isdekke og havstrømmer (Ribergaard 2014). Langs kysten av Norge er det ikke samme omfang av slike geografiske- og miljømessige barrierer. Rognkjeks gyter i kystnære farvann i hovedsak langs kysten av Nordland, Troms og Finnmark (Eriksen et al. 2014). Larver og juveniler finnes både i grunne områder nær kysten samt i åpne farvann. Umoden fisk finnes spredt i Barentshavet og i Norskehavet (Eriksen et al. 2014). Det er trolig at forskjellen i slik lokal populasjonsmikning kan forklare forskjellene i subpopulasjonsstruktur i vår studie sammenlignet med det som ble funnet ved vest Grønland.

I motsetning til våre funn på rognkjeks så indikerer nyere funn på sub-populasjonsstruktur hos to leppefiskarter som brukes som rensefisk dvs. berggyllt og grønngyllt. Hos grønngyllt ble det funnet en klar genetisk forskjell mellom populasjoner langs

vest- og sørkysten av Norge (Gonzales et al. 2016). Til nå er ikke populasjonsstrukturen hos berggyllt undersøkt i Norge, men en nylig studie fra Spania viser en klar forskjell mellom ulike populasjoner (Quintela et al. 2016). Dette kan tyde på at, i motsetning til rognkjeks, så bør forflytting av disse artene mellom ulike områder forgå varsomt for å hindre evt. negativ effekt på ville populasjoner av berggyllt og grønn-gyllt.

## Konklusjoner

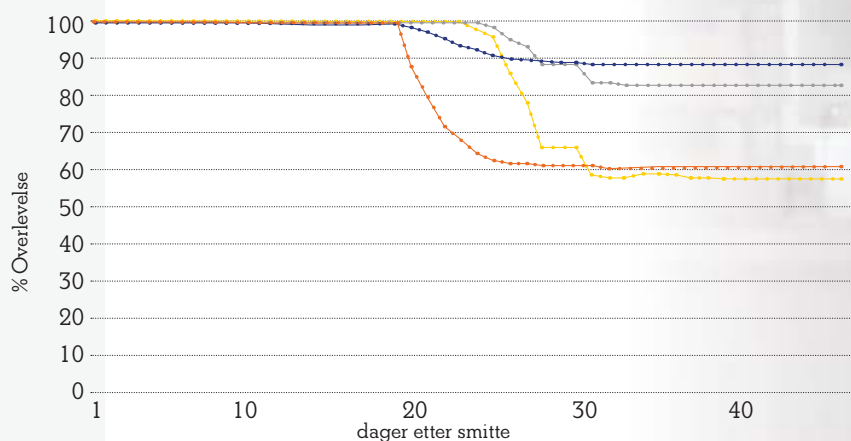
Resultatene fra vår studie om ingen klar subpopulasjonsstruktur hos vill rognkjeks langs kysten av Norge tyder på at, hvis transponerte individer av rognkjeks skulle rømme fra laksemerd, vil det sannsynligvis ha liten eller ingen innvirkning på den genetiske sammensetningen av vill rognkjeks i området. Dette er viktig funn for artens videre bruk som rensefisk i oppdrett.



Figur 3: Sammenheng mellom geografisk og genetisk avstand [estimert som  $F_{ST} (1-F_{ST})^{-1}$ ] av rognkjeksprøver langs kysten av Norge. Regresjonslinjen er ikke signifikant ( $P > 0.9$ ).

### FORSKNINGSRESULTATER VISER:

## VI HAR ROGN MED HØY MOTSTANDSKRAFT MOT PD



Resultat fra 2 ulike forsøksmodeller viser det samme: rogn med høye avlsvardier for PD (HØY) har signifikant bedre overlevelse enn rogn med lave avlsvardier (LAV).

SalmoBreed har forsket på PD i mange år. Våre siste forsøk viser at Genomisk seleksjon gir svært gode resultater for resistens mot PD.

**Kontakt oss gjerne for en nærmere presentasjon av resultatene. Du kan også lese mer på:**  
[salmobreed.no/produkter](http://salmobreed.no/produkter)



SalmoBreed

A Benchmark Company

salmobreed.no