

Vedlegg 2

Leppefisk – genetisk struktur og translokasjon

Leppefisk brukes i biologisk bekjempelse for avlusning av laks i oppdrettsnæringen. I de senere årene har fisket økt formidabelt grunnet tiltagende etterspørsel, med 1.2 millioner tonn i 2013 (<http://www.ssb.no/en/fiskeoppdrett>) og forventes vokse til 5 millioner tonn i 2050 (Olafson et al. 2012). Årlig fanges det store mengder med leppefisk, flere arter, langs Skagerrakkysten og Vest Norge. Fangstene forflyttes ofte til anlegg på Vestlandet eller områder videre nordover langs kysten. Denne forflytningen av fisk skjer på tross av manglende kunnskap om bestandsstruktur og mulig lokale tilpasninger som artene kan ha. Det er videre ikke kjent hvor plastiske (evne til å takle miljøvariabilitet), eller tilpasningsdyktig arten er i andre miljø.

Det finnes lite kunnskap om bestandsstruktur hos disse artene. For grøngylt er det nylig publisert et par artikler (Robalo et al. 2012, og Knutsen et al. 2013) som viser en kraftig genetisk barriere mellom fisk fra hver side av Nordsjøen, og hvor bestandene har vært tilnærmet adskilt i noen tusen år (Robalo et al. 2012). Europeisk Grøngylt (fra Lisboa til Skotland) har langt mer genetisk variasjon enn den norske komponenten. Videre viser studiene at de skotske fjordene og fjordene i Skagerrak har noe høyere genetisk divergens enn mellom områdene fra Portugal, trolig pga habitat heterogenitet (fjordene begrenser spredning), men forskjellene er små. Det er viktig å understreke at den begrensede genetiske variasjonen med på å redusere muligheten til å oppdage struktur, statistisk (Knutsen et al. 2014). Annen relevant litteratur forteller likevel at slike små forskjeller har en biologisk relevans (Waples 1998, Knutsen et al. 2011). Upubliserte resultater (Gonzalez et al in prep) viser at divergensen mellom vest-norske fjorder er langt høyere enn mellom fjordene i Skagerrak. Det foregår for tiden studier som forsøker å se på om det er lokale tilpasninger langs norskekysten (på CCR <http://prosjekt.uia.no/groups/marint/wp/> og IMR).

For bergnebb finnes og studier som viser relativt stor divergens mellom fisk fra Skagerrak og Vest-Norge (Sundt & Jørstad 1998), og det pågår studier av berggylt, hvor genetisk metoder nylig er utviklet (Quintela et al. 2014) og hvor et studie på populasjonsstruktur er underveis (Quintela et al. In prep). For både bergnebb og grøngylt viser nylig innsamlede felldata (Espeland et al. 2010), Halvorsen et al. (in prep) at arene har begrenset spredning.

Det er flere mulige negative effekter i forbindelse med spredning. For genetikken del, vil en utvanning av genetisk struktur og mulig genetisk tilpasning kunne ha effekt på reproduksjon og overlevelse. Dette ser vi hos andre arter (se review af Fraser et al. 2008). De pågående studiene ved CCR og HI, vil mulig kunne avdekke mulige slike effekter og direkte hos leppefisk.

Referanser

- Espeland, S.H. et al. (2010) Kunnskapsstatus leppefisk - utfordringer i et økende fiskeri (in Norwegian). *Fisken og Havet*, **7**, 1-38.
- Fraser DJ. 2008. *Evol Appl* 1: 535-586
- 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: 768-783.
- Knutsen H, Jorde PE, Blanco Gonzalez E, Robalo JI, Albretsen J, Almada VC (2013) Climate change and genetic structure of leading edge and rear end populations in a northwards shifting marine fish species, the corkwing wrasse (*Symphodus melops*). *PLoS ONE*, **8**, e67492. doi: [10.1371/journal.pone.0067492](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0067492)
- Olafsen T, and others (2012). Verdiskaping basert på produktive hav i 2050 [in Norwegian]. *Report from working group established by the Royal Norwegian Society of Sciences and Letters and the Norwegian Academy of Technological Sciences*. 79pp.
- Robalo JI, Castilho R, Francisco SM, Almada F, Knutsen H, Jorde PE, Almada VC 2012. Northern refugia and recent expansion in the North Sea: the case of the wrasse *Symphodus melops* (Linnaeus, 1758). *Ecology and Evolution* 2: 153-164.
- Sundt RC, Jørstad KE (1998) Genetic population structure of goldsinny wrasse, *Ctenolabrus rupestris* (L.), in Norway: implications for future management of parasite cleaners in the salmon farming industry. *Fisheries Management and Ecology*, **5**, 291-302
- Waples RS (1998) Separating the wheat from the chaff: patterns of genetic differentiation in high gene flow species. *Journal of Heredity*, **89**, 438-450.