

# Blålangegenetikk

— *Genetiske undersøkelser av blålange langs Eggakanten og i utvalgte fjorder*

Kristin Helle, Maria Quintela Sanchez og Torild Johansen



Foto: Mareano/Havforskningsinstituttet



# Prosjektrapport

**Rapport:** RAPPORT FRA HAVFORSKNINGEN  
**Nr. – År:** 20-2018  
**Dato:** 02.05.2018

**Tittel (norsk og engelsk):**  
Genetiske undersøkelser av blålange langs Eggakanten og i utvalgte fjorder

Genetical investigations of blue ling along Eggakanten and in selected fjords

**Forfattere:**  
Kristin Helle, Maria Quintela Sanchez og Torild Johansen

**Distribusjon:** Åpen

**Havforskningsprosjektnr.:**  
15179

**Oppdragsgiver(e):**  
Fiskeridirektoratet  
Norges Fiskarlag

**Program:**  
Norskehavet

**Forskningsgruppe:**  
Dyphavsarter og bruskfisk

**Antall sider totalt:**  
16

## Sammendrag (norsk):

Et intenst fiskepress på blålange på 1970- og 1980-tallet førte til alvorlig overbeskatning. Bestanden synes å være i så dårlig forfatning at den i 2006 ble satt på den norske Rødlisten. For å sikre gjenoppbygging av bestanden ble det i 2009 innført forbud mot direkte fiske og en bifangstgrense på 10 % innblanding av blålange. Denne regelen har ført til problemer for fiskerne, og i enkelte områder har de måttet flytte fra tradisjonelle fiskeområder for å unngå å overskride denne grensen. Dette gjelder særlig i enkelte fjorder. For å undersøke om blålange i fjordene er forskjellig fra blålange i havet, ble det tatt prøver fra tre forskjellige områder; Yrkefjorden (en fjord øst for Haugesund), Eggakanten, og Færøyene. Analysene viste at blålange i Yrkefjorden er genetisk forskjellig fra bestandene langs Eggakanten og ved Færøyene, mens det ble funnet forskjell mellom de ved Færøyene og Eggakanten enkelte år. Dette kan tyde på noe utveksling av blålange mellom havområdene rundt Færøyene og Eggakanten enkelte år, men siden dette er foreløpige resultater ønsker vi å gjøre en grundigere studie før vi konkluderer.

## Summary (English):

A very intensive gillnet fishery for blue ling in the 1970s and 1980s resulted in depletion of the stock. The stock was considered in such bad condition that it was put on the Norwegian Red List in 2006. To rebuild the stock, two regulations were approved in 2009: a ban on direct fishing for blue ling, and a by-catch limit of 10% of the total catch. This bycatch rule has led to problems for fishermen, and in some areas, they had to move from traditional fishing areas for ling and tusk because of the 10% bycatch limit. Avoiding the 10% ban is particularly difficult in some fjords. To investigate whether the fjord blue ling populations differ from the oceanic stocks, genetic samples of blue ling were taken from three areas; Yrkefjorden (a fjord east of Haugesund), Eggakanten and around the Faroe Islands. The genetic analyzes indicated that blue ling in the Yrkefjord are significantly different from those along the Eggakanten and the Faroe Islands, while no difference was found between the stocks around the Faroe Islands and Eggakanten. This may indicate some exchange of blue ling between the Faroe Islands and Eggakanten, while there is little exchange between the ocean and the fjord populations.

## Emneord (norsk):

1. Blålange
2. Genetiske forskjeller
3. SNP: Single Nucleotide Polymorphism
4. Hav og fjord

Erik Berg (Sign.)

prosjektleder

## Subject heading (English):

1. Blue ling
2. Genetical differences
3. SNP: Single Nucleotide Polymorphism
4. Ocean and fjord

Ole Thomas Albert (Sign.)

faggrupeleder

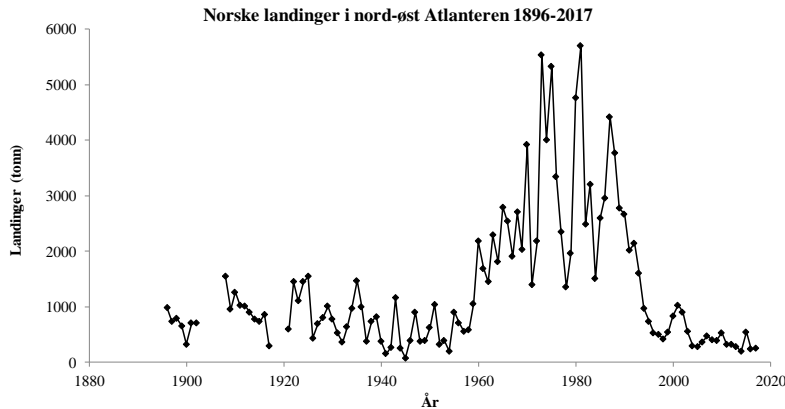


# Innhold

1	Innledning/ Bakgrunn.....	4
2	Material og Metode.....	6
3	Resultater.....	8
4	Diskusjon/Konklusjon.....	11
5	Videre arbeid med genetisk kartlegging.....	12
6	Takk.....	13
7	Appendix. Detaljert beskrivelse av de statistiske analysene .....	14
8	Referanser .....	15

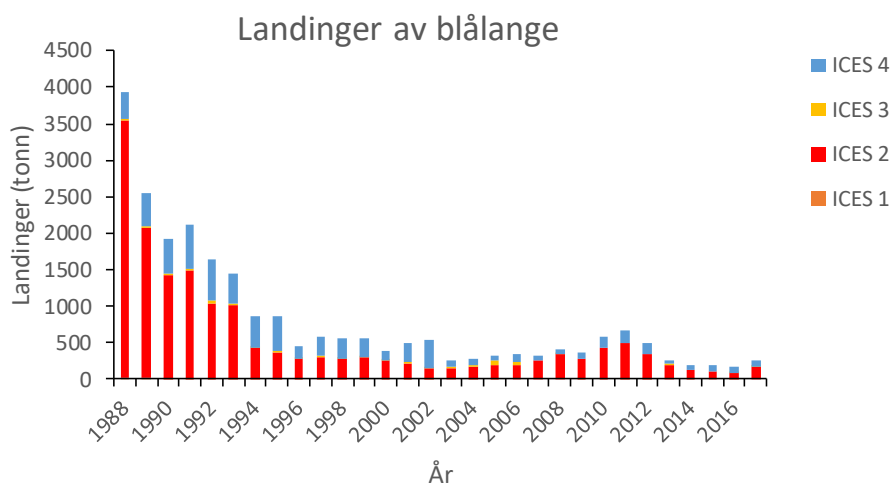
## 1 Innledning/ Bakgrunn

Fisket etter blålange har lange tradisjoner, og det finnes fangststatistikk tilbake til 1898. Fangstene for norske fartøy har variert veldig, fra nesten 6 000 tonn på 1970- og 1980-tallet, til så lite som 244 tonn i 2017. Figur 1 viser de norske landingene i perioden 1896 til 2017 for hele nord-øst Atlanteren.



**Figur 1. Norske landinger i alle ICES områder 1896-2017.**

Da man begynte å fiske blålange med garn på 60- og 70-tallet opplevde man et eventyrlig fiske. Fiskepresset ble enormt, og på slutten av 80-tallet var bestanden svært nedfisket. Verken informasjon fra sluttседler eller data fra autolineflåten viste noen tegn til at bestanden var i ferd med å bygge seg opp, og i 2006 ble blålange satt på rødlisten. For ytterligere vern av bestanden ble det i 2009 innført forbud mot direkte fiske, og bifangst ble begrenset til maksimum 10% av totalfangsten. Figur 2 viser landingene i Barentshavet (ICES område 1), Norskehavet (ICES område 2), Skagerrak (ICES område 3) og Nordsjøen (ICES område 4).



**Figur 2. Leverte fangster i ICES områdene 1-4, landinger i tonn.**

Denne bifangstregelen har ført til problemer for enkelte fiskere, og Norges Fiskarlag påpekte i et brev datert 26.10. 2015 at for å unngå å bryte bifangstregelen må fartøy til tider flytte bort fra store deler av tradisjonelle områder, f.eks. i fisket etter lange og brosme.

Problemet synes å være spesielt stort i fjordene i Rogaland og i Hardangerfjorden hvor innblanding av blålange var særlig høy.

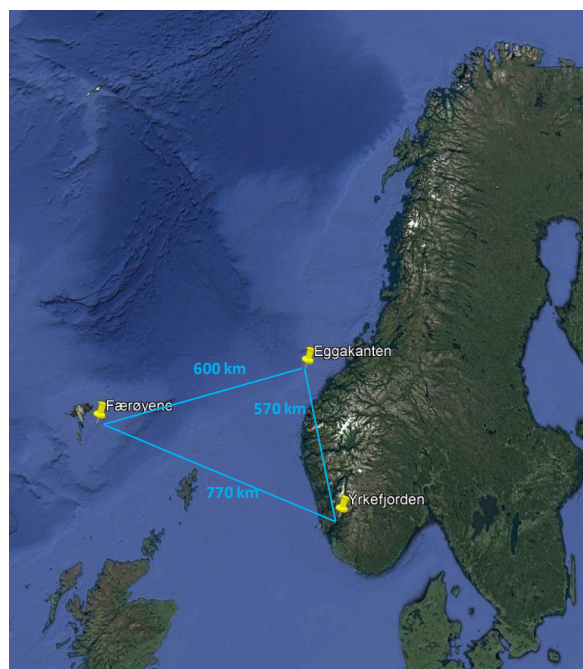
Kunnskapen om blålange generelt er mangelfull, og vi vet for eksempel ikke om det finnes genetisk forskjellige populasjoner langs kysten og i fjordene. Dersom dette er tilfellet er det lite hensiktsmessig å ha samme regulering for «havblålange» og «fjordblålange», og reguleringene bør vurderes på nytt. Målet for dette prosjektet var å avdekke om det er genetiske forskjeller mellom hav- og fjordpopulasjonene.

## 2 Material og Metode

### Prøvetaking

Den opprinnelige planen var å sammenligne prøver fra flere fjorder med prøver fra Eggakanten. Dessverre var det en rekke forhold som gjorde det vanskelig å få til dette. Enkelte fjorder har ikke yrkesfiskere, det er mangelfull dekning av kystreferanseflåten, og i de tilfellene det finnes fiskere opplevde vi både sykdom hos prøvetakere, samt at det var vanskelig å rekruttere prøvetakere. Vi endret derfor planen til å sammenligne prøver fra Yrkefjorden øst for Haugesund med prøver fra to havområder, Eggakanten og farvannene ved Færøyene (Figur 1).

Prøvene fra Eggakanten og Yrkefjorden ble tatt av fiskere, og for å forenkle arbeidet for dem ble det ikke tatt gjelleprøver om bord, men hodene ble pakket ned, frosset og sendt til Bergen. I Bergen ble det tatt vevsprøver av gjellestaver, hodene ble målt, veid og det ble tatt otolittprøver. Gjelleprøvene ble oppbevart i 100% etanol. Prøvene fra Færøyene ble tatt på et dyphavstokt, og gjelleprøver ble tatt umiddelbart etter at fiskene ble fanget. De frosne prøvene viste seg å være av for dårlig kvalitet til å utvikle nye gen-markører, og fiskerne som hadde tatt de første prøvene sa seg villig til å ta nye prøver i 2017. Denne gangen tok de prøver av finnene som ble lagt på sprit umiddelbart. Til sammen ble det tatt prøver av 409 individer.



**Figur. 1.** De tre lokasjonene hvor blålangeprøvene ble tatt og minste avstand mellom lokasjonene.

### Nye genmarkører for blålange:

DNA-prøver fra to geografisk forskjellige områder (Eggakanten og Færøyene) ble sendt til et laboratorium i England som fant SNP-markører (SNP: Single nucleotide Polymorphism) for oss. SNP er en metode for å studere populasjonsstruktur som vi tidligere har brukt for å studere flere fiskearter i våre farvann, for

eksempel sei (Saha et al. 2015), blåkveite (Westgaard et al. 2016), og torsk (Johansen et al 2017). Når SNP-markørene var kartlagt ble de sendt til HI sitt genetikklaboratorium for videre analyser. Der plukket vi ut 65 SNP markører og analyserte ca 409 blålanger. Detaljene for de statistiske analysene finnes i appendix.

### Statistiske analyser

For å finne om noen SNP-loci viste spesielt store forskjeller mellom prøvene, benyttet vi programmet BayScan (påviser uteligger-loci, og avvik fra nøytrale loci). Som resultat får vi ut en Bayes-faktor (BF) som blir brukt for å skille mellom nøytral loci og loci som kan være under seleksjon (se appendix). Da ingen SNP viste tegn på å være spesielt avvikene, ble de videre statistiske analysene gjennomført med alle 65 SNPer.

Standard statiske analyser ble gjennomført med følgende programpakker:

**GenAlEx** (Peakall & Smouse 2006) testet fordeling av genotyper. Både observert ( $H_O$ ) og forventet heterozygositet ( $uHE$ ), samt genotypfordeling for hver SNP og mulig heterozygot-underskudd eller overskudd i forhold til forventningene under Hardy-Weinberg-likevekt.

**GENETIX 4.04** (Belkhir et al. 2004) beregnet innnavlskoeffisienten, FIS, og 95% konfidensintervall ble beregnet ved bruk av 10 000 bootstraps.

**GENEPOP 4.0.6** (Rousset 2008) ble brukt til å vurdere koblingsbalansen under standardparameterne.

**ARLEQUIN v.3.5.1.2** (Excoffier et al. 2005) beregnet den parvise genetiske avstanden ( $F_{ST}$ -estimator) mellom prøvene med 10 000 gjentakelser (permutasjoner) som gjør oss mer i stand til å stole på resultatene (Weir & Cockerham 1984).

**STRUKTUR v.2.3.4** (Pritchard et al. 2000) ble brukt for å finne en tilnærmet nøytral måte i å identifisere genetisk populasjoner. Programmet kan også vise om hver prøve er en blanding av fisk fra flere grupper eller populasjoner. Analysene ble gjennomført med og uten bruk av populasjonsinformasjon. Prøvene ble kjørt med antagelse av seks populasjoner (for detaljer se appendix).

**ADEGENET** (Jombart 2008) ble brukt til å utføre diskriminantanalysen av hovedkomponenter (DAPC) for å illustrere flerdimensjonale slektskap mellom genotyper i et todimensjonalt plot.

**ONCOR** (Kalinowski et al. 2007) testet om det var mulig å tilordne enkeltfisk tilbake til populasjoner.

Denne tilnærmingen anslår en sannsynlighet for at et individ tilhører en baselinepopulasjon ved å vurdere estimater av genotypfrekvensene i hver baselinepopulasjon (Rannala & Mountain 1997). Datasettet ble delt inn i tre populasjoner som ble testet mot seg selv ved å bruke alternativet: "Tilordne individer til baseline populasjonen" for å tilordne hver fisk.

### 3 Resultater

Siden ingen SNP-markører viste spesielle avvik, kunne alle 65 SNPer betraktes som nøytrale markører for populasjonsanalysene (BayeScan-analysen; for detaljer se appendix), Observerte (HO) og forventet heterozygositet (uHE) viste konsistente verdier for alle prøvene og det ble ikke påvist noen alvorlige avvik fra Hardy Weinberg-forventninger eller koblingsulikevekt (Linkage Disequilibrium) (Tabell 1).

**Tabell 1. Statistikk sammendrag. Antall individer per prøve, observert (Ho) og upartisk heterozygositet (uHe), innavlskoeffisient (F<sub>is</sub>) og antall (og prosent) avvik fra Hardy Weinberg-likevekt (HWE) og Linkage disequilibrium (LD) ved P < 0,05.**

Sample	Year	N ind	Ho	uHe	F <sub>is</sub>	No (%) deviations HWE (0.05)	No (%) deviations LD (0.05)
Eggakanten_2016	2016	97	0.351 ± 0.015	0.359 ± 0.015	0.015 ± 0.013	3 (4.6)	100 (4.8)
Eggakanten_2017	2017	89	0.363 ± 0.017	0.359 ± 0.016	-0.016 ± 0.013	2 (3.1)	100 (4.8)
Færøyene_2015	2015	55	0.369 ± 0.017	0.365 ± 0.016	-0.019 ± 0.015	2 (3.1)	105 (5.0)
Færøyene_2016	2016	45	0.351 ± 0.017	0.355 ± 0.016	-0.011 ± 0.019	2 (3.1)	85 (4.1)
Yrkefjorden_2016	2016	99	0.354 ± 0.015	0.356 ± 0.015	-0.004 ± 0.013	3 (4.6)	100 (4.8)
Yrkefjorden_2017	2017	24	0.369 ± 0.016	0.363 ± 0.013	-0.041 ± 0.023	3 (4.6)	88 (4.2)

Vi fant tre populasjoner som reflekterte geografisk opprinnelse. Denne genetiske strukturen var, om enn moderat (F<sub>ST</sub> = 0,007), statistisk signifikant. AMOVA viste at 99,4% av den genetiske variasjonen ble observert innen de seks prøvene, mens bare 0,6% var mellom prøver. Dette er vanlig for marin fisk.

Det ble funnet betydelig forskjell mellom Yrkefjorden og de to andre områdene (Eggakanten og Færøyene) basert på parvis F<sub>ST</sub>. Denne forskjellen fant vi både når analysene ble utført fordelt på alle tre områdene og fordelt på de to årene 2016 og 2017 (se tabell 2). Samme fordeling fant vi når vi grupperte de ulike årene på geografisk område (tabell 3). På den andre siden var Færøyene 2015 signifikant forskjell fra Eggakanten, men ikke Færøyene 2016.

**Tabell 2. Parvis genetisk differensiering (F<sub>ST</sub>; under diagonalen) og tilhørende P-verdier etter 10 000 permuteringer (over diagonalen). For å synliggjøre stabilitet over år per prøvetakingssted er de prøver som ikke viser signifikante P-verdi vist i fet type.**

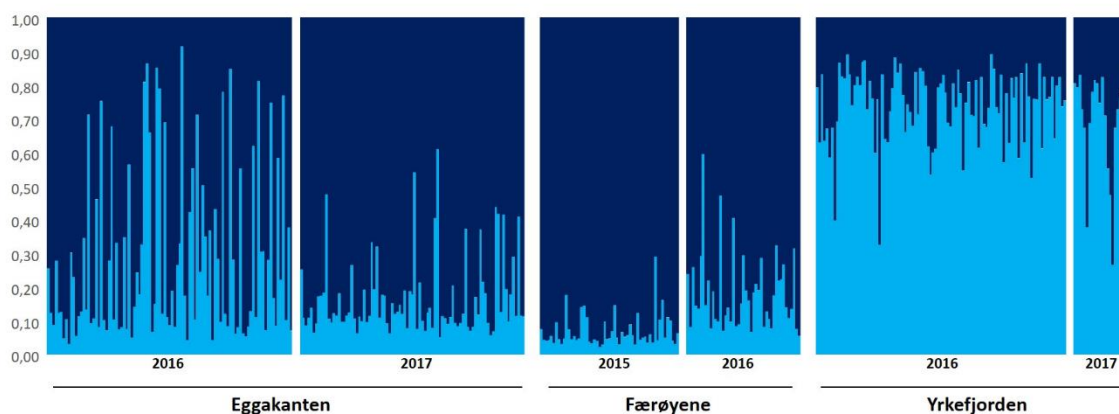
	Eggakanten 2016	Eggakanten 2017	Færøyene 2015	Færøyene 2016	Yrkefjorden 2016	Yrkefjorden 2017
<b>Eggakant 2016</b>	*	<b>0.5430</b>	0.0106	<b>0.8967</b>	0.0000	0.0180
<b>Eggakant 2017</b>	0.0000	*	0.0134	<b>0.9462</b>	0.0000	0.0056
<b>Færøyene 2015</b>	0.0036	0.0035	*	<b>0.2631</b>	0.0000	0.0000
<b>Færøyene 2016</b>	0.0000	0.0000	0.0010	*	0.0000	0.0088
<b>Yrkefjord 2016</b>	0.0068	0.0121	0.0175	0.0080	*	<b>0.2257</b>
<b>Yrkefjord 2017</b>	0.0059	0.0071	0.0137	0.0086	<i>0.0016</i>	*



Tabell 3. Parvis genetisk differensiering,  $F_{ST}$ , (under diagonal) og tilhørende P-verdier etter 10000 permutasjoner (over diagonal) for prøver samlet på tre steder.  $F_{ST}$ -verdier uthevet i fet skrifttype er vesentlig forskjellig fra null.

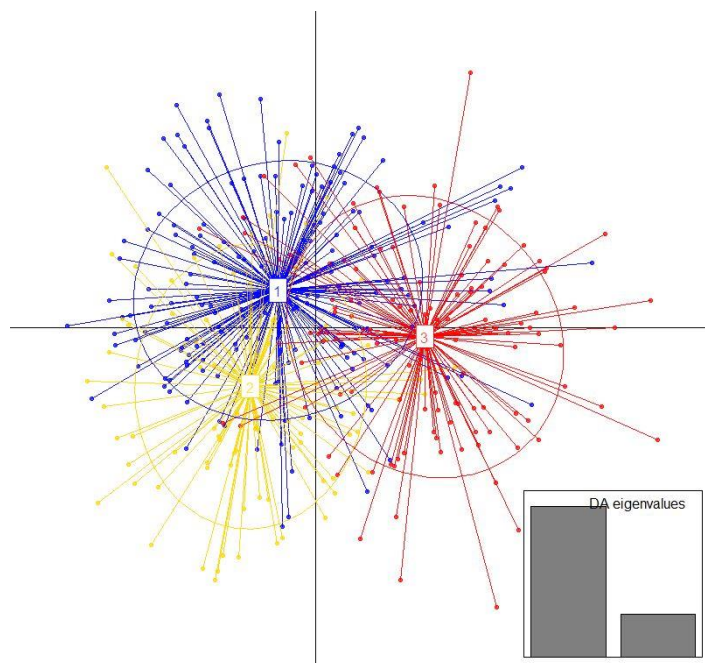
	Eggakanten	Færøyene	Yrkefjorden
Eggakanten	*	0.1463	0.0000
Færøyene	0.0008	*	0.0000
Yrkefjorden	<b>0.0086</b>	<b>0.0124</b>	*

Programmet STRUCTURE ble brukt for å teste antall grupper eller populasjoner i datasettet. I STRUCTURE-analyser er LOCPRIOR-parameteren spesielt informativ når populasjonsstrukturens signaler er svake – noe som kan være tilfelle ved å bruke få SNP-markører, små prøvestørrelser eller på grunn av nære relasjoner mellom populasjoner. Den parvise  $F_{ST}$ -matrisen (Tabell 3) viste en lav, men signifikant, genetisk forskjell mellom populasjonene, og derfor ble STRUCTURE-analyser utført med og uten prøvetakingssted. Programmet er veldig konservativt og i begge tilfeller ble det funnet at det mest sannsynlige antall grupper var to ( $K=2$ ). Således viser Figur 3 en tydelig differensiering mellom Yrkefjorden og de fire prøvene fra Eggakanten og Færøyene. Den synliggjør også forskjellen mellom Færøyene 2015 og 2016.



Figur. 3. Bayesian clustering av blålange prøver utført i STRUCTURE og uttrykt via CLUMP for  $K = 2$  ved bruk av modellen ved bruk av geografisk informasjon. Hver søyle representerer ett individ, og fargen viser sannsynligheten for å tilhøre en av de to klyngene.

Diskriminant analyse (DAPC, figur 4) støtter grafisk disse resultatene, med delvis overlappende ellipser for Eggakanten og Færøyene, mens Yrkefjorden ligger litt til siden for de andre prøvene. På den annen side syntes det ikke å være genetisk forskjell mellom Eggakanten og Færøyene (Tabell 3). Men når man vurderer seks forskjellige prøver, avviker Færøyene\_2015 fra dette mønsteret og viser moderat, men signifikant differensiering fra begge prøver fra Eggakanten. Ingen indikasjoner på blanding av flere populasjoner ble funnet med testen for Wahlund-effekten for Færøyene\_2015 som kunne forklare denne observasjonen, men dette må vi teste nærmere siden det krever utvidet prøvetaking.



Figur. 4. Diskriminantanalyse av blålangeprovne fordelt på tre populasjoner: 1. Eggakanten; 2. Færøyene; 3. Yrkefjorden. Eigenverdier tilsvarende de representerte komponentene er vist i grått.

Programmet ONCOR tester sannsynligheten for å kunne tilordne et individ tilbake til sin opprinnelige prøve. Denne testen viste en høyere prosentandel av riktig tilordning (> 95%) i datasettet delt inn i tre de tre områdene der årene er slått sammen for hver prøve (Tabell 5). Det ble ikke observert noen feiltildning i Yrkefjorden, mens 4% av individer fra Eggakanten ble gruppert med Færøyene, og 5% av fiskene fra Færøyene ble gruppert med blålange fra Yrkefjorden. Når man vurderer antall individer som er riktig fordelt i hver populasjon, og når man setter terskelen for sannsynlighetene for klassifisering til >0,70, ble andelen av individer som var riktig klassifisert til Yrkefjorden 64% og redusert til <40% for Færøyene og Eggakanten. Nøyaktigheten av tilordningen vil derfor ytterligere støtte differensiering mellom Yrkefjorden og de to andre prøvetakingsstedene.

Tabell 5. Antall (og prosent) av individer direkte klassifiser til hver populasjon i henhold til programmet ONCOR. Den riktige tilordningen (self-assignment) er uthevet i fet skrifttype.

Pop origin	Populasjoner som enkeltindivider ble tilordnet		
	Eggakanten	Færøyene	Yrkefjorden
Eggakanten	<b>178 (95.7)</b>	8 (4.30)	0 (0)
Færøyene	0 (0)	<b>95 (95)</b>	5(5)
Yrkefjorden	0 (0)	0 (0)	<b>123 (100)</b>

## 4 Diskusjon/Konklusjon

Våre resultater er basert på foreløpige genetiske analyser av 65 SNP-markører. Det ble funnet signifikante forskjeller mellom blålange i Yrkefjorden og Eggakanten, samt Yrkefjorden og Færøyene. Når prøvene for hvert område ble slått sammen, var det ikke forskjell mellom Færøyene og Eggakanten. Dette kan indikere noe utveksling av blålange mellom havområdene rundt Færøyene og Eggakanten, mens det er liten utveksling mellom hav og fjord.

Færøyene 2015 var forskjellig fra Eggakanten og Yrkefjorden for begge år, men ikke Færøyene 2016. Dette kan indikere noe utveksling mellom Eggakanten og Færøyene. En forklaring kan være at det er kjønnsforskjeller i vandringsmønster hos blålange. Det har blitt observert blant annet for sei (Saha et al. 2015) der hanner kan synes som vandrer mer mellom gyteområder enn hunner. Vi vet lite om livshistorien hos blålange. Bortsett fra utbredelse og at blålange gyter i tette konsentrasjoner har vi svært lite kunnskap om arten i våre farvann. Man vet for eksempel ikke om det foregår lange gytevandringer, og eventuelt hvor de vandrer til og fra. Det er heller ikke sikker informasjon om gytetidspunkt, men ifølge Pethon (2005) gyter blålange i perioden april til juni i havområdene. I Yrkefjorden, Hardangerfjorden og Førdefjorden er det observert at blålange gyter to til tre måneder tidligere (Arve Egil Hersdal, Lars Moe og Leif Havnen, personlig kommunikasjon). Forskjellen i gytetidspunkt kan forsterke den genetiske forskjellen som er observert.

Det finnes ingen informasjon om bestandens størrelse i de forskjellige fjordene, og vi vet heller ikke om blålange i de ulike fjordene er genetisk forskjellige. I de genetiske analysene har vi ikke vurdert bestandenes størrelse. For å trygt kunne øke fiskepresset må bestandsstørrelsen først kartlegges.

## 5 Videre arbeid med genetisk kartlegging

Det er allerede samlet inn ytterligere prøver fra havområdene rundt Færøyene for å undersøke forskjellen mellom prøvene fra 2015 og 2016. Det skal også tas prøver i Hardangerfjorden for å sammenligne disse med Yrkefjorden og Eggakanten. Det er i tillegg ønskelig å få prøver fra et større geografisk område, som fra Island, Rockall og Biscayabukta. Dette vil øke vår kunnskap om den genetiske strukturen til blålange betydelig. Siden vi vet såpass lite om blålange i våre farvann, er behovet for mer kunnskap stort, men selv begrenset innsats vil kunne gi høy uttelling i form av økt kunnskap og bedre rådgivning.

## 6 Takk

Tusen takk til fisker Arve Egil Hersdal som har tatt prøver i Yrkefjorden, skipper Even Hauge og mannskapet hans på «Hauge Junior»/ «Bjørnhaug» som har tatt prøver langs Eggakanten. Takk også til forsker Lise Helen Ofstad for prøvetaking rundt Færøyene. Tusen takk til Fiskeridirektoratet og Norges Fiskarlag for finansiering av prosjektet.

## 7 Appendix. Detaljert beskrivelse av de statistiske analysene

To test whether any loci deviated from neutrality, outlier analyses were conducted using BayeScan under default parameters (prior odds 10, samples size 5000, thinning interval 10000, pilot runs 20, pilot run length 5000, and additional burn-in 50 000). The magnitude of Bayes Factor (BF) was used to differentiate neutral and outlier loci based as suggested by Jeffreys (1961) [a  $\log_{10}(\text{BF}) > 0.5$  “substantial” evidence for selection, 1.5–2.0 “very strong” and  $> 2.0$  “decisive”]. As no loci showed signs of being under selection, the subsequent analyses were conducted with the full suite of 65 SNPs.

Observed ( $H_o$ ), unbiased expected heterozygosity ( $uH_E$ ), inbreeding coefficient ( $F_{IS}$ ) as well as the genotype distribution of each locus and its direction (heterozygote deficit or excess) in regard to the expectations under Hardy-Weinberg equilibrium were computed with GenAIEx (Peakall & Smouse 2006). GENEPOP 4.0.6 (Rousset 2008) was used to assess linkage disequilibrium under the default parameters (10000 steps of dememorisation, 100 batches and 5000 iterations per batch). The pairwise genetic distance ( $F_{ST}$ ) between sites was computed using Weir & Cockerham (1984) unbiased estimator implemented in the software ARLEQUIN v.3.5.1.2 (Excoffier *et al.* 2005), with significance calculated after 10000 permutations.

STRUCTURE v.2.3.4 (Pritchard *et al.* 2000) was used to identify genetic groups under a model assuming admixture and correlated allele frequencies. Analyses were conducted with and without using LOCPRIOR information. Ten runs with a burn-in period consisting of 100000 replications and a run length of 1000000 Markov Chain Monte Carlo (MCMC) iterations were performed for  $K=1$  to  $K=6$  clusters. STRUCTURE runs were automatized with the program ParallelStructure (Besnier & Glover 2013), which distributes the jobs between parallel processors to significantly decrease the computational time. STRUCTURE output was then analysed using two different approaches. First, Evanno *et al.* (2005) *ad hoc* summary statistic  $\Delta K$  test was calculated, which is based on the rate of change of the ‘estimated likelihood’ between successive  $K$  values and allows the determination of the uppermost hierarchical level of structure in the data. Secondly, StructureSelector (Li & Liu early view) was used to estimate four alternative statistics (MedMed, MedMean, MaxMed and MaxMean), which have been described as more accurate than the previously used methods to determine the real number of clusters, for both even and uneven sampling data. Finally, runs for the selected  $K$ s were averaged with CLUMPP v.1.1.1 (Jakobsson & Rosenberg 2007) using the LargeK-Greedy algorithm and the  $G'$  pairwise matrix similarity statistic, and were graphically displayed using barplots.

The R package ADEGENET (Jombart 2008) was used to conduct the discriminant analysis of principal components (DAPC) to illustrate the multidimensional relationships between each individual genotype in a two-dimensional plot.

The assignment of individuals to their populations of origin was performed by using ONCOR (Kalinowski *et al.* 2007). This approach estimates a probability that an individual belongs to a baseline population by assessing estimates of the genotype frequencies in each baseline population (Rannala & Mountain 1997). The dataset divided into three populations was tested against itself using the “Assign individuals to the baseline population” option to assign each fish.

## 8 Referanser

- Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F (2004) GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR. Université de Montpellier II, Montpellier (France).
- Besnier F, Glover KA (2013) ParallelStructure: a R package to distribute parallel runs of the population genetics program STRUCTURE on multi-core computers. *PLoS ONE* **8**, e70651.
- Evanno G, Regnaut S, Goudet J (2005) Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Molecular Ecology* **14**, 2611-2620.
- Excoffier L, Laval G, Schneider S (2005) Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evol Bioinform Online* **1**.
- Jakobsson M, Rosenberg NA (2007) CLUMPP: a cluster matching and permutation program for dealing with label switching and multimodality in analysis of population structure. *Bioinformatics* **23**, 1801-1806.
- Jeffreys H (1961) *Theory of Probability*, 3rd edn. Clarendon Press, Oxford, UK.
- Johansen T, Westgaard J-I, Seliussen BB, et al. (2017) "Real-time" genetic monitoring of a commercial fishery on the doorstep of an MPA reveals unique insights into the interaction between coastal and migratory forms of the Atlantic cod. *ICES Journal of Marine Science* doi:10.1093/icesjms/fsx224.
- Jombart T (2008) adegenet: a R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics* **24**, 1403-1405.
- Kalinowski ST, Manlove KR, Taper ML (2007) ONCOR A computer program for Genetic Stock Identification., Department of Ecology, Montana State University.
- Li Y-L, Liu J-X (early view) StructureSelector: A web-based software to select and visualize the optimal number of clusters using multiple methods. *Molecular Ecology Resources*, n/a-n/a.
- Peakall R, Smouse PE (2006) GenAIEx 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes* **6**, 288-295.
- Pethon, P. 2005 Aschehougs Store Fiskebok (in Norwegian)H. Aschehoug & Co, Oslo (2005).(448 pp.)
- Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P (2000) Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* **155**, 945-959.
- Rannala B, Mountain JL (1997) Detecting immigration by using multilocus genotypes. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* **94**, 9197-9201.
- Rousset F (2008) GENEPOP'007: a complete re-implementation of the genepop software for Windows and Linux. *Molecular Ecology Resources* **8**, 103-106.
- Saha A, Hauser, L, Kent M, Planque B, Neat F, Kirubakaran T. G , Huse I, Í. Homrum E Í., Fevolden S-E, Lien S & Johansen T (2015) Seascape genetics of saithe (*Pollachius virens*) across the North Atlantic using single nucleotide polymorphisms. *ICES Journal of Marine Science*, 72 (9): 2732–2741
- Weir BS, Cockerham CC (1984) Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* **38**.
- Westgaard J-I, Saha A, Kent M, Hansen H H, Knutsen H, Hauser L, Cadrin S X, Albert O T, Johansen T (2016) Genetic population structure in Greenland halibut (*Reinhardtius hippoglossoides*) and its relevance to fishery management. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences* 74(4): 475-485

Retur: Havforskningsinstituttet, Postboks 1870 Nordnes, NO-5817 Bergen

**HAVFORSKNINGSINSTITUTTET**  
**Institute of Marine Research**

Nordnesgaten 50 – Postboks 1870 Nordnes  
NO-5817 Bergen  
Tlf.: +47 55 23 85 00  
E-post: [post@hi.no](mailto:post@hi.no)

**[www.hi.no](http://www.hi.no)**

