

Sluttrapport for prosjektet

”Genetikk villaks og oppdrettslaks”

FHF-prosjekt (#532014), 2007-2008

Ansvarlig: Thomas Moen (NOFIMA)

Bidrag fra: Sten Karlsson (NOFIMA), Kjetil Hindar (Norsk Institutt for Naturforskning),
Rune Stigum Olsen (SalmoBreed)

Sammendrag: Prosjektet lyktes ikke i å estimere den nøyaktige andelen av ’Vosso-gener’ i dagens SalmoBreed-populasjoner. Imidlertid viste resultatene at dagens Salmobreed-populasjoner er betydelig nærmere beslektet med SalmoBreed enn med de andre ville populasjonene som ble undersøkt. Sammenlikninger av genetisk variasjon mellom ville populasjoner og SalmoBreed sine populasjoner bekreftet at oppdrettspopulasjonene tenderer til å tape sjelden alleler pga. lave effektive populasjonstørrelser. Samtidig tyder resultatene på at oppdrettspopulasjonenes ’sammensatte’ opphav bidrar til å øke den genetiske variasjonen i oppdrettspopulasjoner kontra ville populasjoner

Mål for prosjektet:

1. Å sammenlikne en rekke fenotypiske egenskaper i en utvalgt linje av oppdrettslaks (SalmoBreed) med villaks fra tre lakseelver (Vosso, Rauma og Driva).
2. Å beregne, ved bruk av molekylærgenetiske metoder, innslaget av ”Vosso-gener” i dagens oppdrettslaks av SalmoBreed-avstamning.
3. Å sammenlikne, ved bruk av molekylærgenetiske metoder, den genetiske variasjonen i SalmoBreed sine populasjoner med variasjonen i utvalgte ville populasjoner.

Denne rapporten tar for seg den delen av prosjektet som har vært NOFIMA sitt ansvar, dvs. det som tilhører delmål 2 og 3. Delmål 1 blir ferdigstilt senest våren 2010, da alle fenotypiske registreringer ikke blir tilgjengelige før dette.

Delmål 2:

Bak dette delmålet lå et ønske om å bekrefte at innslaget av ”Vosso-gener” er stort i SalmoBreed sin stamfisk (noe som er antatt, men ikke godt dokumentert), og eventuelt å kunne tallfeste dette innslaget. I tillegg til egenverdien ville dette ha relevans for delmål 1, hvor man sammenliknet SalmoBreed med Vosso på fenotypisk nivå.

Den opprinnelige planen var å identifisere Vosso-spesifikke haplotyper, dvs. kombinasjoner av alleler (varianter) i nærliggende DNA-markører, deretter å bruke frekvensen av slike haplotyper i Salmobreed-populasjonene til å estimere fraksjonen Vosso-gener. Vosso-spesifikke haplotyper skulle identifiseres ved hjelp av en matrise ("SNP-chip") med et stort antall markører for enkeltbasemutasjoner (Single Nucleotide Polymorphisms = SNP), samt familiemateriale fra Vosso og andre elver. Utviklingen av matrisen tok imidlertid lengre tid enn nødvendig, den ble først tilgjengelig i oktober 2008. Det var heller ikke mulig å skaffe familiemateriale fra Vosso. På denne bakgrunnen ble det besluttet å falle tilbake på en mer tradisjonell tilnærming; sammenlikning av genetiske avstander mellom SalmoBreed og ulike ville populasjoner.

Tilfeldige utvalg av fisk fra fem ulike SalmoBreed-årsklasser ble sammenlinket med seks ulike tilfeldige utvalg av villfisk, tilhørende fem ulike populasjoner. Disse prøvene ble undersøkt for 12 mikrosatellittmarkører (en type DNA-markører som framviser meget høy variasjon). Resultatene viste at Vosso var betydelig nærmere beslektet med SalmoBreed enn de andre ville populasjonene som ble undersøkt (Figur 1). Resultatene viste også, som forventet, at årsklassene som tilsvarte samme populasjon (SB_00 og SB04, samt SB_02 og SB_06) var mer like enn årsklasser av forskjellige populasjoner. Dette underbygger metodens validitet.

Delmål 3:

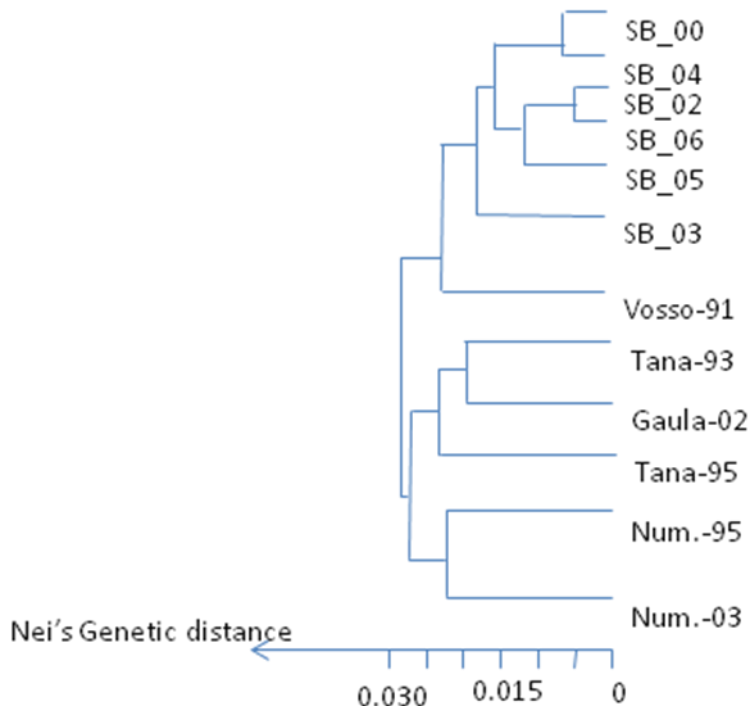
Med tanke på genetisk variasjon viste mikrosatellittdataene at oppdrettspopulasjonene jevnt over har et lavere antall alleler enn de ville populasjonene (Figur 2). Forskjellen mellom oppdrettspopulasjoner og villpopulasjoner var størst for markører med et høyt antall alleler. Målt som heterozygositet, derimot, var ikke variasjonen mindre i oppdrettspopulasjonene enn i de ville populasjonene.

I tillegg til mikrosatellittmarkørene ble 21 SNP-markører lokalisert i det mitokondrielle genomet (mtDNA) genotypet for de ulike populasjonene og slått sammen til en haplotype. Her framviste resultatene, til forskjell fra resultatene for mikrosatellitter, et betydelig høyere antall alleler i oppdrettspopulasjonene enn i de ville populasjonene (Figur 3).

Resultatene er altså ikke entydige hva angår nivået av genetisk variasjon i oppdrettslaks kontra villaks. Mens mikrosatellittdataene indikerer at den genetiske variasjonen er lavere i oppdrettspopulasjonene enn i de ville populasjonene, tyder mtDNA-dataene på det motsatte. Vår tolkning av dataene er som følger: Det er en tendens til at sjeldne alleler går tapt i oppdrettspopulasjonene på grunn av deres relativt lave effektive populasjonsstørrelser (dvs. pga genetisk drift); oppdrettspopulasjonene er små hvert fall i forhold til de relativt store ville populasjonene som er undersøkt her. Samtidig er oppdrettspopulasjonene "syntetiske" populasjoner som er satt sammen av bidrag fra ulike elver, og en slik sammenslåing vil nødvendigvis øke den genetiske variasjonen. Effekten av denne sammenslåingen er først og fremst synlig for den mitokondrielle haplotypen, som har færre alleler, færre sjeldne alleler og større genetisk avstand de ville populasjonene imellom (fordi det mitokondrielle genomet til forskjell fra det nukleære genomet er haploid). For mikrosatellitter, derimot, er effekten av sammenslåing mindre enn effekten av tap av sjeldne alleler.

Resultatene underbygger derfor tidligere funn som viser at sjeldne alleler kan gå tapt i oppdrettspopulasjonene pga. genetiske drift. De viser imidlertid også noe som er blitt oversett i tidligere arbeider: norske oppdrettspopulasjoner er syntetiske populasjoner, noe som i seg selv øker den genetiske variasjon i forhold til enkeltstående ville populasjoner. Resultatene indikerer også at det i sum er liten forskjell i genetisk variasjon mellom oppdrettspopulasjoner og enkeltstående ville populasjoner. Siden man har et relativt lavt antall oppdrettspopulasjoner kan forskjellen i total genetisk variasjon mellom oppdrettsfisk og villfisk allikevel være betydelig.

Figure1: Genetiske avstander mellom ulike SalmoBreed-årsklasser og prøver fra Vosso og andre utvalgte elver



Figur 2: antall alleler i populasjonene, for 12 ulike mikrosatellitter

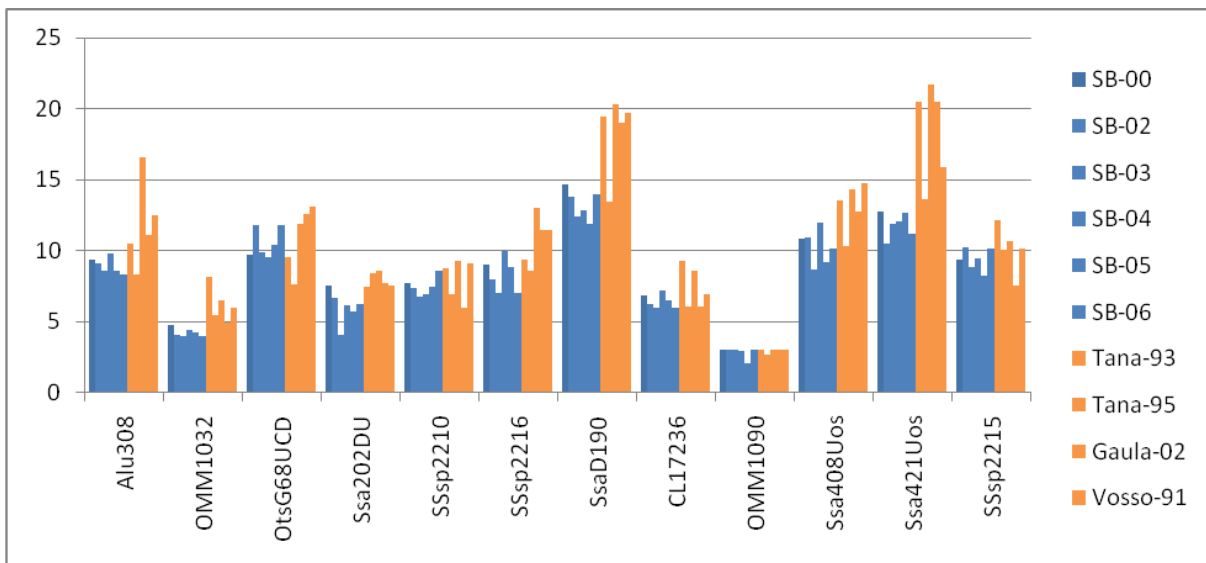


Figure 3: antall mitokondrielle haplotyper i de ulike populasjonen

