



Slektskapsbaserte genetiske metoder med anvendelse på marin ressursforvaltning

Workshopen «Slektskapsbaserte genetiske metoder med anvendelse på marin ressursforvaltning» ble avholdt på Havforskningsintitutet i Bergen 14-15 april, 2009. Deltagere:

Eric Anderson, Santa Cruz,
Mark Bravington, Hobart,
Per Palsbøll, Stockholm,
Christophe Pampoulie, Reykjavik,
Zach Peery, Madison,
Kristen Ruegg (Santa Cruz),
Hans Skaug, Bergen,
Kevin Glover, Bergen,
Øystein Haaland, Bergen.

Bakgrunn

Bestandsstørrelse og bestandsstruktur er sentrale størrelser i forvaltning av dyrepopulasjoner. For marine arter er det ofte knyttet usikkerhet til disse parametrene. I henhold til prinsippet om bevaring av arts-mangfold ønsker man å unngå at delbestander blir overbeskattet, og det er derfor viktig å skaffe kunnskap om eventuell bestandsstruktur. I denne sammenheng spiller genetiske data i økende grad en viktig rolle. Populasjoner som er geografisk, eller på annen måte, adskilt over tid vil utvikle seg til å bli genetisk forskjellige, og dette kan detekteres ved at

man tar prøver fra de ulike bestandene. Mange statistiske metoder er blitt utviklet for å analysere slike data.

Frekvensbaserte genetiske metoder, som beskrevet over, har imidlertid den klare begrensning at det tar lang tid for at de genetiske forskjellene skal bli store nok til at de kan detekteres. I senere år har en ny alternativ bruk av genetiske data blitt utviklet, såkalte slektskapsbaserte metoder. På samme måte som man i rettsmedisin bruker DNA-profiler til å bestemme slektskap mellom mennesker, kan DNA-profiler brukes til bestemme slektskap mellom individer i dyrepopulasjoner. Workshopen omhandlet metoder for å estimere type slektskap mellom individer og metoder for hvordan slektskapsinformasjon kan benyttes i forvaltning av marine ressurser.

Slektskapsbaserte genetiske metoder

DNA-registere basert på prøver samlet inn fra fangstdata bygges i dag opp i raskt tempo for mange arter. Eksempler som ble diskutert på workshopen var

- Det norske DNA-registeret for vågehval
- Islandske DNA-registre for vågehval, finnhval og ulike fiskearter
- Tunfisk i sørlig stillehav
- Laks langs USA's vestkyst
- Norsk oppdrettslaks med fokus på sporing av rømt laks.

De metodiske utfordringene knyttet til slike data kan deles i to:

1. Statistiske metoder for å etablere slektskap ut fra DNA-profiler.
2. Bruk av slektskapsinformasjon til å få øket biologisk/demografisk kunnskap om en populasjon.

Problemstillingen i 1) er at vanlige DNA-profiler inneholder begrenset informasjon om fjerne slektskap. F.eks. ble det norske DNA-registeret for vågehval designet for individidentifikasjon, og det ble derfor kun brukt 10 markører. Dette er for lite dersom man skal identifisere f. eks. mor-barn par. Statistiske metoder må derfor brukes til å kvantifisere usikkerheten som oppstår som følge av begrenset informasjon i DNA-profilene. Et annet problem er at DNA-profilene ikke er feilfrie. En feil i en enkelt markør hos f.eks. mor kan føre til at

mor og barn blir (mendelsk) inkompatible, og dermed ekskluderes i en sammenlikning. Statistiske metoder kan også brukes til å håndtere slike problemer.

Når det gjelder punkt 2) så ble følgende anvendelser diskutert

- Estimering av bestandstørrelse for vågehval basert på det norske DNA-registeret for vågehval. Hovedideen er her at graden av slektskap i registeret må reflektere bestandstørrelsen (Skaug, 2001).
- Estimering av bestandsstruktur. Ideen er her at dersom man kan observere en geografisk eller temporær opphopning av nære slektinger så tyder dette på en form for bestandsstruktur.
- Estimering av migrasjonsrater mellom ulike geografiske områder.
- Estimering av antallet foreldre som har gitt opphav til et gitt sett av juvenile individer. Dette er nyttig blant annet innen kontroll av oppdrettenæringen for laks (og andre arter) samt forvaltning av tunfiskbestanden i Stillehavet.

Anbefalinger og resultater av workshopen

Det er klart at slektskapsbaserte metoder kommer til å bli viktige i fremtidig forvaltning av marine ressurser. Det er derfor viktig å starte oppbyggingen av databaser for beskattede arter. Innenfor IWC (den internasjonale hvalfangskommisjonen) er det praksis at man tar DNA prøver av alle fangede individer. Norge var først ute her, men andre land har fulgt etter. For andre, mere tallrike, arter enn hval er det ikke praktisk mulig å ta DNA-prøver av alle fangede individer. Her må man nøye seg med et utvalg, men ettersom DNA-teknologien forbedres (blir billigere og raskere) vil terskelen for hvor mange prøver man kan tillate seg å ta heves, og man kan bevege seg «nedover i økosystemet».

Workshopen bidro til å bygge opp et nettverk av forskere som arbeider med slektskapsbaserte metoder for anvendelse i forvaltning. Utviklingen har delvis foregått i parallell, og det var viktig med et møte der ulike aktører kunne møte hverandre.

Som en forlengelse av workshopen, der Anderson og Ruegg oppholdt seg i Bergen, er det blitt arbeidet med estimering av variasjon i mannlige reprodutiv suksess. Dette er en viktig demografisk parameter, som også inngår i ulike matematiske modeller som brukes i forvaltning. Det er aktuelt å anvende metoden på ulike arter, men det norske vågehval DNA-registeret er en naturlig første kandidat. Det arbeides mot at metoden skal publiseres i en internasjonal toppjournal.

Litteratur

- Palsbøll, P. J. 1999 Genetic tagging: contemporary molecular ecology. *Biological Journal of the Linnean Society* 68, 3–22.
- Anderson, E. C. & Garza, J. C. 2006 The power of single-nucleotide polymorphisms for large-scale parentage inference. *Genetics* 172, 2567–2582.
- Bravington M. V., Ward R. D. 2004 , Microsatellite DNA markers: evaluating their potential for estimating the proportion of hatchery-reared offspring in a stock enhancement programme. *MOLECULAR ECOLOGY* 13, 1287–1297.
- Skaug, H.J. (2001), Allele-sharing methods for estimation of population size. *Biometrics*, 55, p. 750–756.