



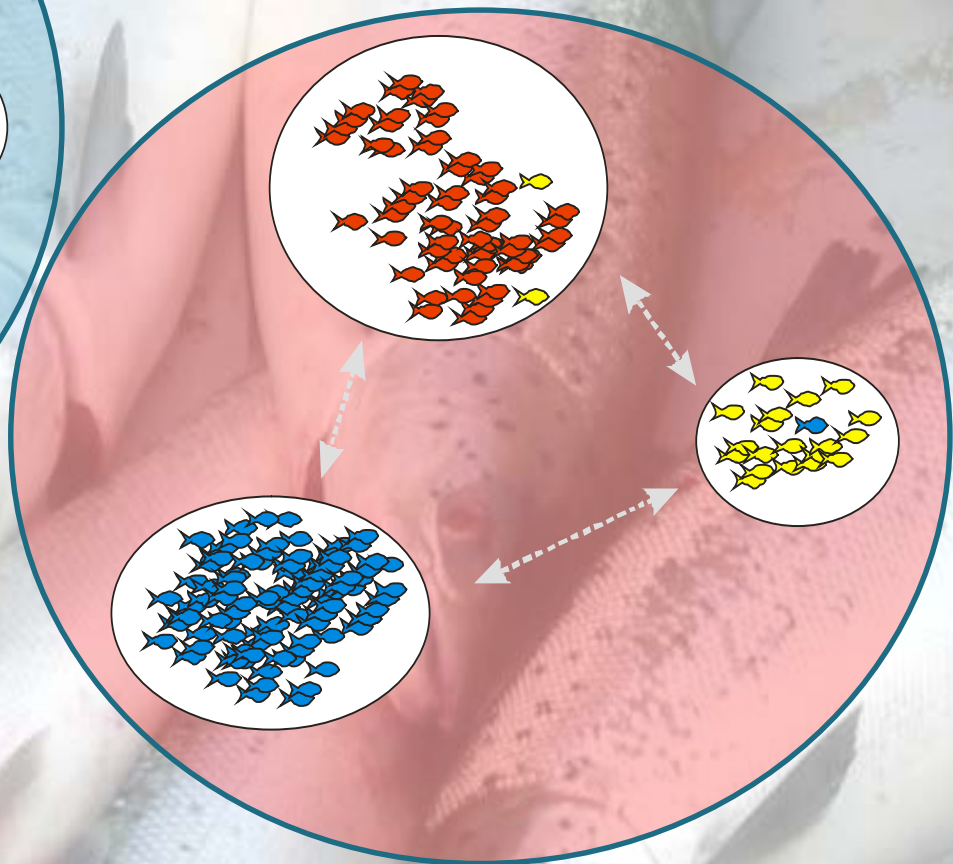
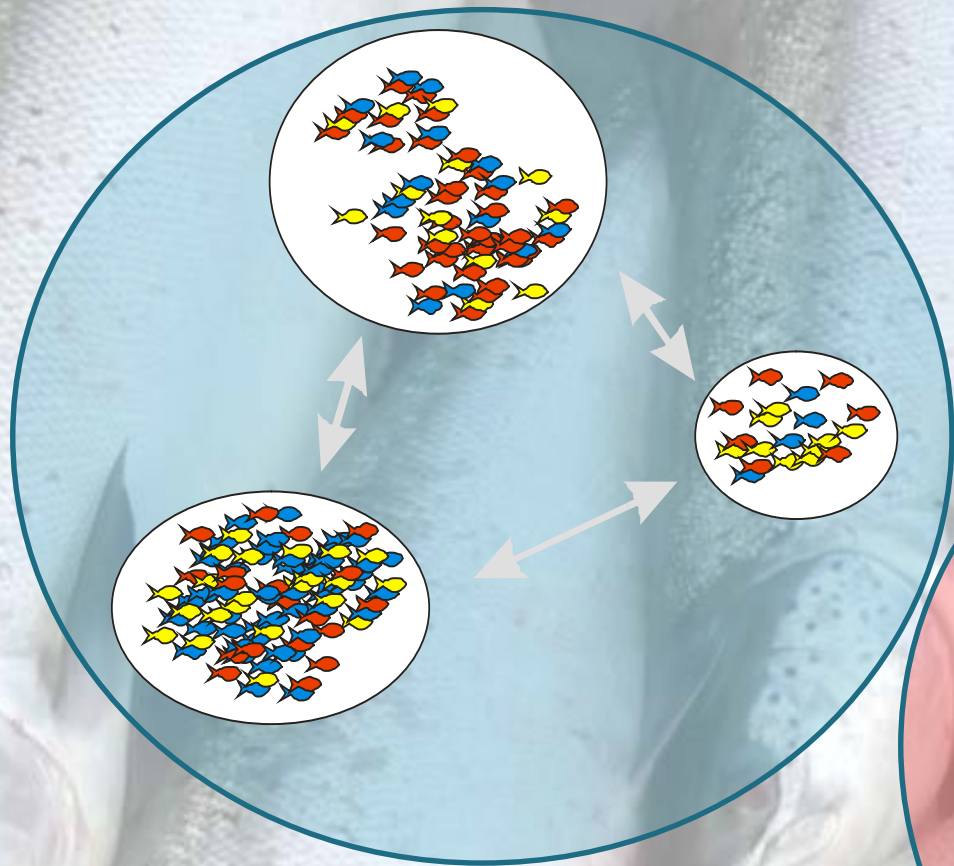
Sveriges lantbruksuniversitet  
Swedish University of Agricultural Sciences

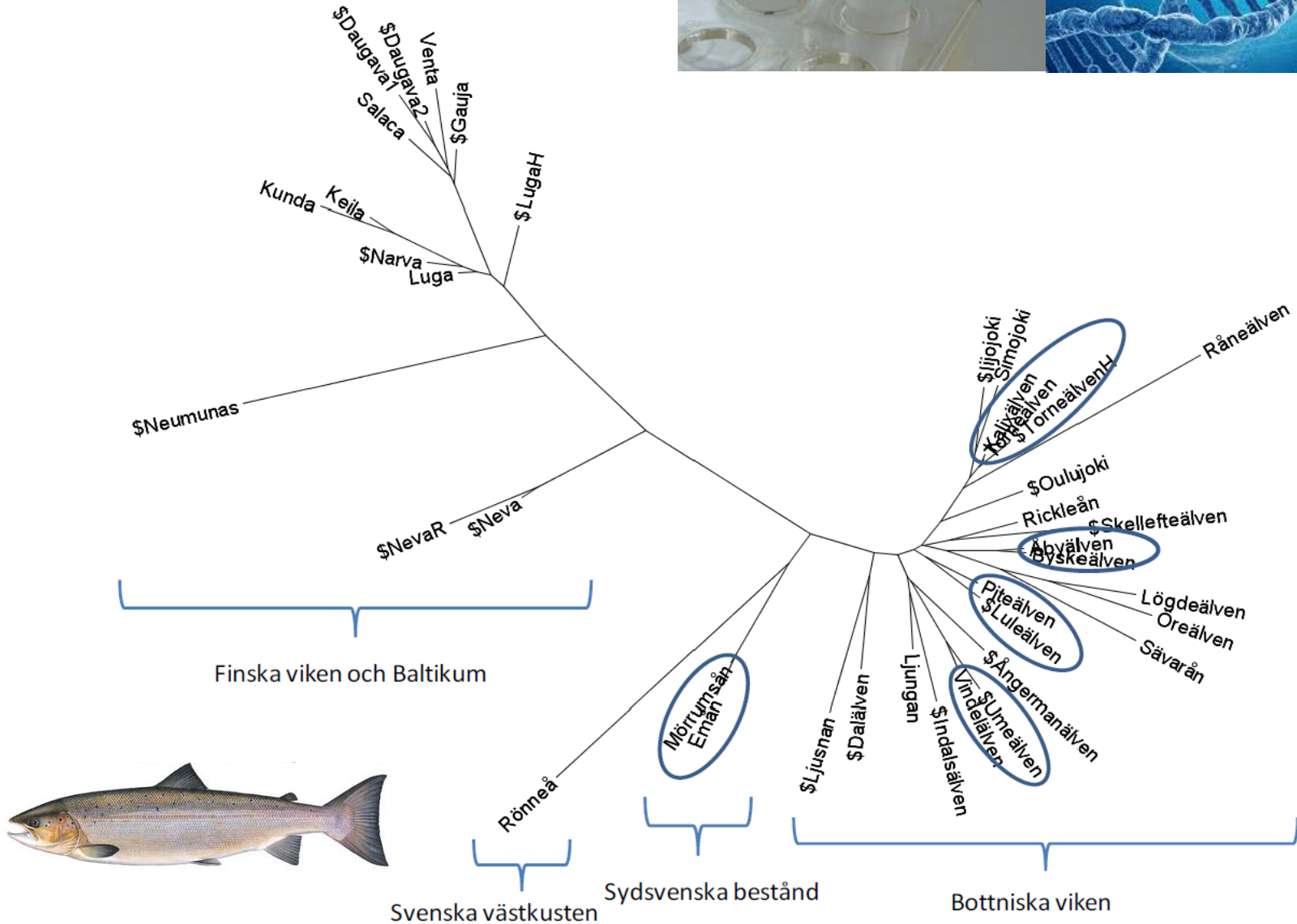
Sötvattenslaboratoriet

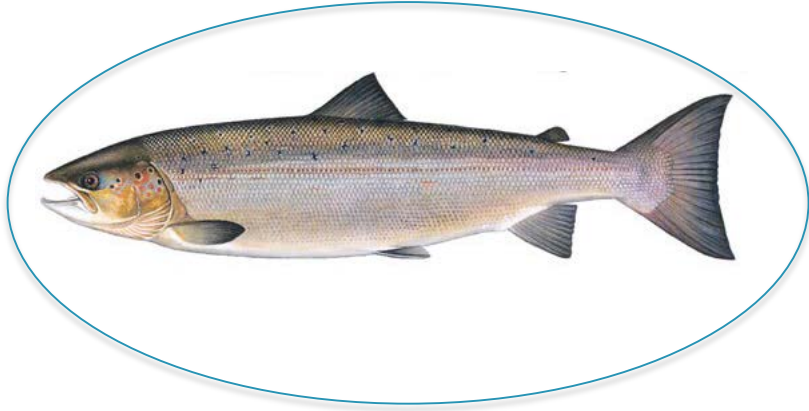
# Märkning av odlad lax – är DNA ett alternativ?

Stefan Palm, Sötvattenslaboratoriet, SLU Aqua

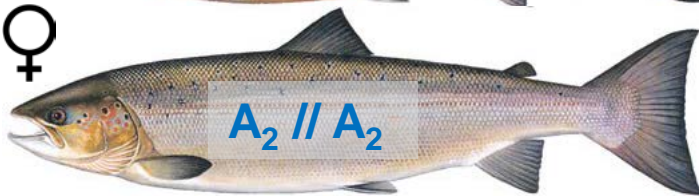
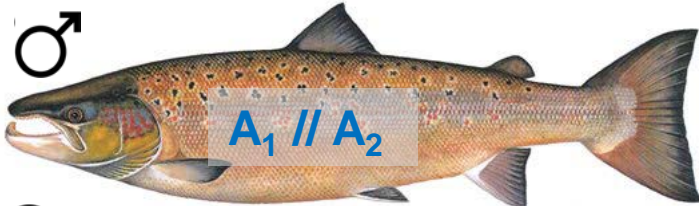
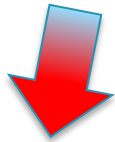
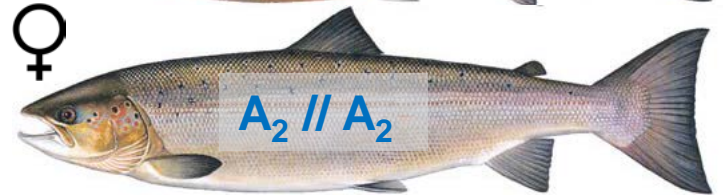
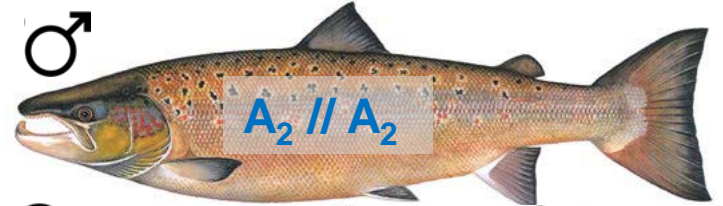
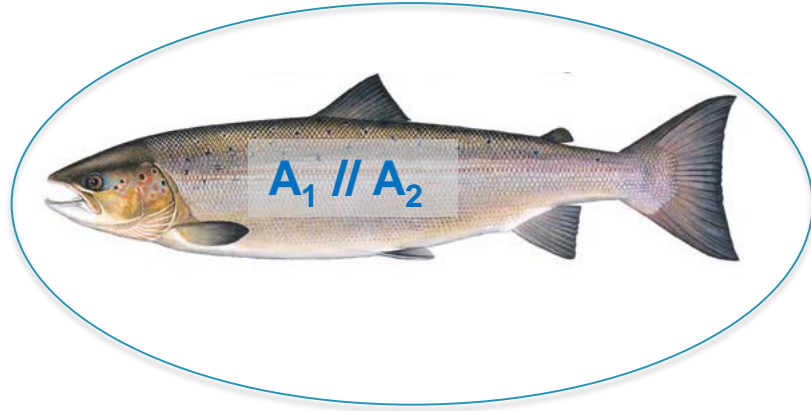
Nationellt smoltkompensationsseminarium 2017-02-23













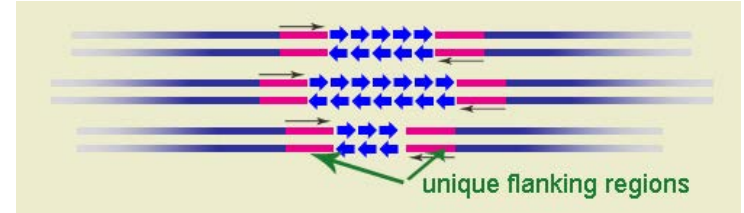
"Alla individer naturligt märkta"  
"Ingen påverkan på fisken"  
"Kräver ingen frivillig  
inrapportering"



# DNA-markörer

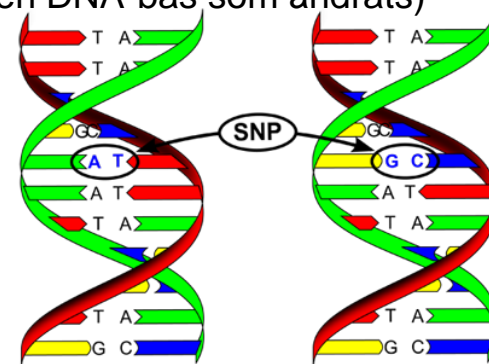
- **"Mikrosatelliter" (msat)**

- Finns i kärn-DNA, "normalt" nedärvda
- Anlagsvarianter utgörs av DNA-fragment med olika längd
- 17-18 markörer rutinmässigt analyserade för östersjö lax
- Många anlagsvarianter (i genomsnitt ca 10 per markör hos östersjö lax)
- SLU Aqua (Sötvattenslaboratoriet, Drottningholm)



- **"SNP" (Single Nucleotide Polymorphisms)**

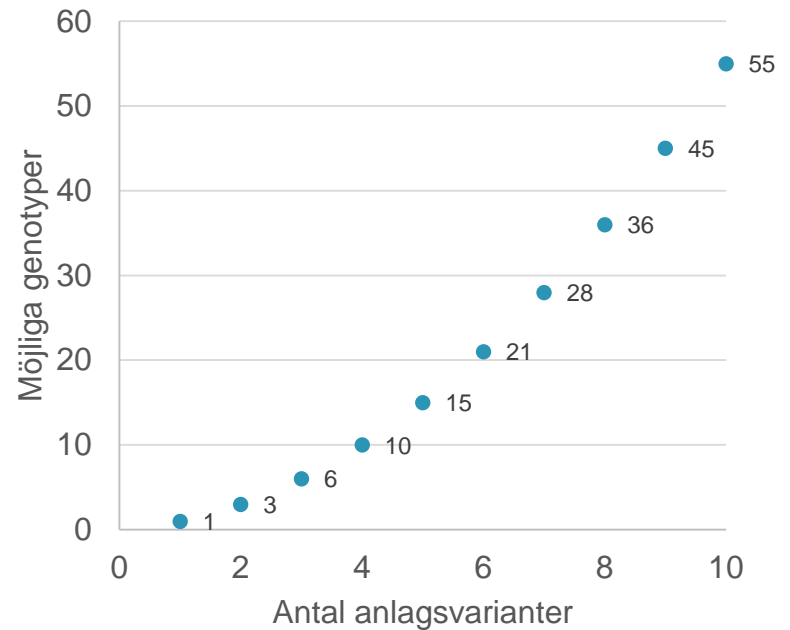
- Finns i kärn-DNA, "normalt" nedärvda
- Anlagsvarianter utgörs av "punktmutationer" (en DNA-bas som ändrats)
- 81 st. markörer framtagna för östersjö lax
- Endast två anlagsvarianter per markör
- SLU VFM (Umeå)





# En enda DNA-markör

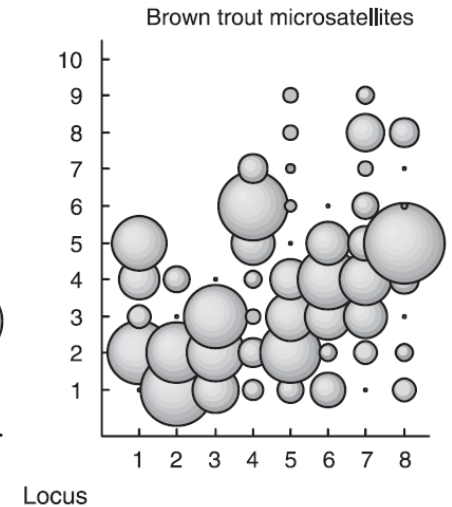
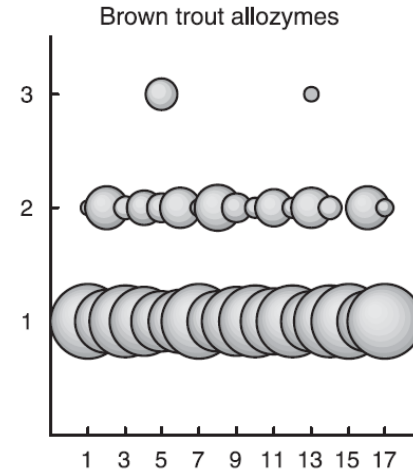
Anlagsvarianter	Möjliga genotyper
1	1
2 (SNP)	3
3	6
4	10
5	15
6	21
7	28
8	36
9	45
10 (msat)	55



msat (10 anlagsvarianter per markör)		SNP (2-anlagsvarianter per markör)	
Antal markörer	Möjliga komb. genotyper	Antal markörer	Möjliga komb. genotyper
1	55	1	3
2	3025	2	9
3	166375	3	27
4	9150625	4	81
5	5.03E+08	5	243
6	2.77E+10	6	729
7	1.52E+12	7	2187
8	8.37E+13	8	6561
9	4.61E+15	9	19683
10	2.53E+17	10	59049
11	1.39E+19	11	177147
12	7.66E+20	12	531441
13	4.21E+22	13	1594323
14	2.32E+24	14	4782969
15	1.27E+26	15	14348907
16	7.01E+27	16	43046721
17	3.86E+29	17	1.29E+08
		...	
		81	4.43E+38

# Utmaningar..

- Alla anlagsvarianter är inte lika vanliga
- Antalet anlagsvarianter varierar mellan markörer och stammar (msat)
- Många avelspar...
- Nära släktingar (syskon, halvsyskon, kusiner...)
- Flera årsklasser av avkomma blandas i hav och älv
- Mutationer samt andra "fel"



# Simuleringsstudie

preliminära resultat

# Avelsfisk och smolt

Stam	Antal avelsfiskar (honor/hanar)	Utsatta smolt (andel av total)
Luleälven (Lu)	400 (200/200)	533 700 (30%)
Skellefteälven (Sk)	90 (45/45)	142 000 (8%)
Umeälven (Um)	110 (55/55)	95 700 (5%)
Ångermanälven (An)	120 (60/60)	229 700 (13%)
Indalsälven (In)	250 (125/125)	343 000 (20%)
Ljusnan (Ls)	200 (100/100)	172 700 (10%)
Dalälven (Da)	200 (100/100)	238 700 (14%)
<b>Summa</b>	<b>1370 (685/685)</b>	<b>1 755 500 (100%)</b>
<b>Medelvärde</b>	<b>196 (98/98)</b>	<b>250 800</b>



# Överlappande generationer...

	Antal år i havet (odlad lax enligt fjällanalys)					
	1	2	3	4	5	Summa
<b>S Östersjön</b>	559	775	225	7	0	1566
	36%	49%	14%	0%	0%	100%
<b>Kust och älv</b>	1883	1718	702	24	3	4330
	43%	40%	16%	1%	0%	100%
<b>Antagen andel</b>	40%	45%	15%	0%	0%	

# Analys 1 – "Luleälven"

- Datorsimulerade laxgenotyper (17 msat respektive 81 SNP)
- Luleälvens "genetik"
- 200 honor och 200 hanar kramade per år (1 hona x 1 hane)
- Tre efterföljande avelsår = 600 unika avelspar
- Totalt 1000 återvändande avkommor från tre smoltårsklasser (15%; 45%; 40%)
- Föräldraskapsanalys ("matchning av DNA-profiler")
- Analys utan/med "genetiska fel" ("drop-outs"/"other errors": 0.005/0.005)
- Två svarsmöjligheter: "rätt" eller "fel" (en eller båda föräldrarna fel, flera alternativ)

# Analys 1 – "Luleälven"

			Not accounting for spawning year or stock		Accounting for spawning year or stock	
Marker	drop-out	"other error"	Prop. correct	Prop. wrong/ambiguous	Prop. correct	Prop. wrong/ambiguous
msat	0.000	0.000	1.000	0.000	1.000	0.000
	0.005	0.005	0.997	0.003	1.000	0.000
snp	0.000	0.000	0.997	0.003	0.997	0.003
	0.005	0.005	0.923	0.077	0.977	0.023

# Analys 2 – "S Östersjön"

- Datorsimulerade laxgenotyper (17 msat respektive 81 SNP)
- **Alla sju svenska odlade stammar av östersjöfax (Luleälven -> Dalälven)**
- **Respektive odlingsstams "genetik"**
- Antal honor och hanar som i verkligheten (1 hona x 1 hane)
- Tre efterföljande avelsår = **2 055 unika avelspar (2 055 honor, 2 055 hanar)**
- Totalt 1000 återvändande avkommor från tre smoltårsklasser (15%; 45%; 40%)
- **Stamproportioner satta i relation till mängd utsatt smolt (genomsnitt senare år)**
- Föräldraskapsanalys ("matchning av DNA-profiler")
- Analys utan/med "genetiska fel" ("drop-outs"/"other errors": 0.005/0.005)
- Två svarsmöjligheter: "rätt" eller "fel" (en eller båda föräldrarna fel, flera alternativ)

# Analys 2 – "S Östersjön"

			Not accounting for spawning year and stock		Accounting for spawning year and stock	
Marker	drop-out	"other error"	Prop. correct	Prop. wrong/ambiguous	Prop. correct	Prop. wrong/ambiguous
msat	0.000	0.000	1.000	0.000	1.000	0.000
	0.005	0.005	0.998	0.002	0.999	0.001
snp	0.000	0.000	0.994	0.006	0.998	0.002
	0.005	0.005	0.934	0.066	0.996	0.004



# Avslutningsvis

DNA tycks vara ett realistiskt märkningsalternativ för östersjö lax

Vad behövs i så fall?

- Vävnadsprov från samtliga avelsfiskar, varje år
- Parningsprotokoll
- Genetisk analys av avelsfisk (msat eller SNP)
- Genetisk databas
- Genetisk analys av avkomma (från hav eller älv)
  
- Frågeställningarna styr behoven!
- Fisken måste fångas in och provtas
- Genetiska analyser kostar pengar...
- Pilotstudier...

