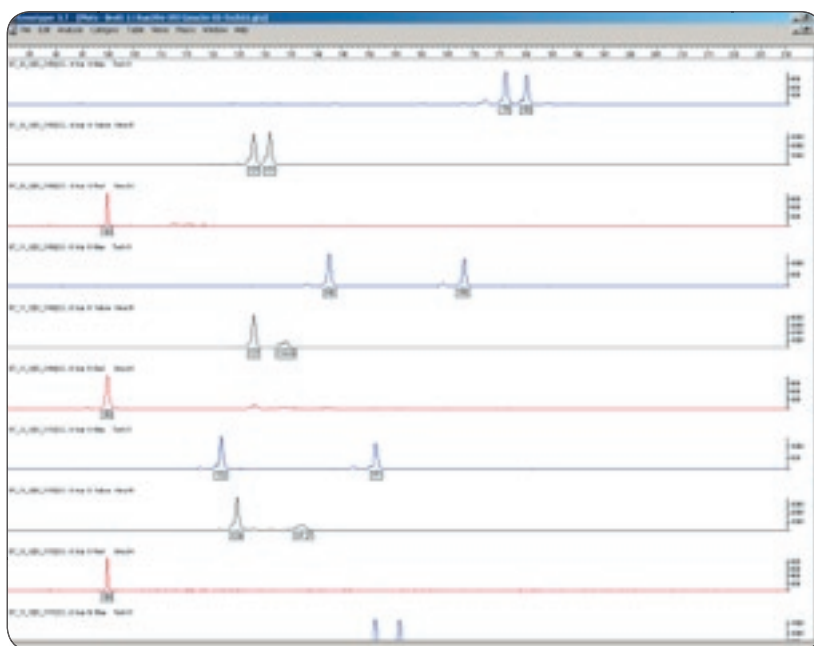




Nr. 6 - 2003

Domestisering av marine arter – bruk av molekylærgenetisk verktøy

Akvakulturindustrien i Norge fokuserer nå på å utvikle torsk til en økonomisk drivverdig oppdrettsart. I tillegg er det allerede flere aktører som har drevet noen år med oppdrett av kveite. Oppdrett av marin fisk er for det meste basert på villfanget fisk, og en mulig fremtidig suksess er avhengig av kvaliteten på stamfisken.



Oppdrett av marine arter gir oppdretterne nye utfordringer i forhold til oppdrett av laks, bl.a. fordi egg og yngel er meget små i forhold til laksefisk, og i noen tilfeller er man kanskje ikke klar over hvem eller hvor mange av stamfiskene som faktisk har bidratt i gyttingen (torsk).

Ved Havforskningsinstituttet har man de siste årene arbeidet med å optimalisere og forbedre molekylærgenetiske verktøy som gjør oss i stand til å analysere og identifisere enkeltindivider genetisk. Metoden er så følsom at det er mulig å gjennomføre analyser på enkelttegg.

Metoden baserer seg på såkalte mikrosatellitter. Dette er områder på arvestoffet – DNA – som lett lar seg oppformere og analysere. Denne metoden er godt innarbeidet ved Havforskningsinstituttet, som har både instrumentering og ekspertise til å gjennomføre en rekke analyser på stamfisk og avkom i marine oppdrettsanlegg. Metoden er meget følsom, det trengs bare en meget liten prøve fra hver stamfisk, og det er derfor ikke nødvendig å ta livet av stamfisken. En liten bit av en finne er alt som trengs. Det er også mulig å gjøre analyser på enkelttegg og yngel.

Ved hjelp av denne teknikken gjennomfører laboratoriet i dag følgende analyse:

1. Beregner slektskap mellom individer i en stamfiskbestand

Nært slektskap (for eksempel søsken/halvsøsken) mellom individene i en stamfiskbestand vil kunne føre til innavl og uønskede defekter på avkommet i fremtidige generasjoner – innavlsdepresjon. Ettersom stamfisken i stor grad fanges inn som villfisk for første års produksjonen, vil dette sannsynligvis ikke være et problem i en oppstartingsfase, men dersom egenprodusert fisk brukes som stamfisk vil dette raskt kunne bli et problem.

Vi produserer et ”krysningskjema” som gir oppdretteren en indikasjon om hvilke individer som bør / ikke bør krysses med hverandre. Dette baserer seg på at all stamfisken er karakterisert.

2. Identifiserer foreldrene til enkelt-individer i en gruppe med avkom

Dersom all stamfisken er karakterisert, er det stort sett en enkel oppgave å identifisere foreldrene til et hvilket som helst avkom. Dermed er det mulig å gå inn på et hvilket som helst tidspunkt i livssyklusen og bestemme familietilhørigheten til alt avkom. Disse opplysningene kan for eksempel benyttes til å identifisere stamfisk som gir avkom med de egenskaper man ønsker i oppdrett, det være seg rask vekst, lav kjønnsmodning, sykdomsresistens osv.

Dette er de to viktigste bruksområdene i dag. I tillegg er det mulig å beregne antall foreldrepar som har bidratt i gyting, selv om en på forhånd ikke kjenner til den genetiske bakgrunnen i stamfiskmaterialet.

Genetikklaboratoriet ved Havforskningsinstituttet gjennomfører i dag disse undersøkelsene på flere arter, med spesielt fokus på kveite og torsk. Vi har god kompetanse og erfaring innen disse teknikkene, og har etter hvert bygget opp en bred database på flere oppdrettsarter.

Kontaktperson:

Geir Dahle, Havforskningsinstituttet, Postboks 1870 Nordnes, 5817 Bergen.
Telefon: 55 23 63 49. Fax: 55 23 85 31. E-post: geir.dahle@imr.no.

Havforskningsinstituttet informerer også på Internett: <http://www.imr.no>