

Hva kan et register over vågehvalens DNA fortelle om atferd og biologi?

Hans Julius Skaug, Tore Haug og Nils Øien

DNA-registeret for vågehval inneholder data fra alle de ca. 7000 individene som er tatt av norske hvalfangere siden 1997. De genetiske profilene gjør det mulig å studere bestandsstruktur, vandringsmønster og bestandsstørrelse. Hvordan kan et DNA-register brukes i forvaltningen av viltressurser og gi økt kunnskap om arter og bestander?

En av forutsetningene for at Norge i dag kan drive fangst av vågehval i tråd med retningslinjene utarbeidet av Den Internasjonale Hvalfangst-kommisjonen (IWC), er at det finnes et kontrollsystem som hindrer ulovlig fangst. Dette ble løst ved å opprette et register (en database) som inneholder informasjon om hvert enkelt individs genetik (DNA). Et slikt kontrollsystem innebærer at det tas en vevsprøve (en bit av kjøttet) fra hver eneste hval som blir tatt i den norske fangsten.

Hver vevsprøve gjennomgår en standardisert genetisk analyse, slik at hver enkelt hval får sin egen DNA-profil. Denne blir lagt inn i registeret sammen med informasjon om hvilken båt som tok hvalen, om tidspunkt og posisjon for fangsten, samt om en del biologiske data (kjønn, lengde, etc.). Registeret er lagt til

Fiskeridirektoratet og skal være tilgjengelig for alle. Dermed kan alle som ønsker det teste hvalkjøtt kjøpt på det åpne markedet mot data fra registeret. Alle hvaler som er fanget lovlig skal kunne gjenfinnes i registeret. Innsamling av vev fra fangsta dyr startet i 1996 og 1997, men var da ufullstendig. Fra og med sesongen 1998 ble innsamlingen komplett og registeret ble dermed fullt ut operativt. I dag inneholder registeret DNA-profiler fra vel 7 000 vågehvaler.

Profiler av den typen som finnes i DNA-registeret brukes til å identifisere enkeltindivider. Tradisjonelt har man beregnet størrelsen på bestander ved merking og gjenfangst, der antall merka dyr i forhold til umerka i gjenfangsten sier noe om den totale bestanden. Den genetiske profilen som identifiserer

enkeltindivider er et fullgodt alternativ til denne metoden. Den genetiske identifiseringen er like effektiv som å feste et merke i dyret eller å bruke «naturlige merker», som fargetegninger på undersiden av halen hos knølhval.

DNA-profiler gir direkte informasjon om den genetiske bestandsstrukturen, men åpner også for mange nye muligheter. Profilene inneholder informasjon om slektskap mellom individer, og man kan med relativt høy sannsynlighet gjenkjenne mor og avkom dersom begge skulle dukke opp i registeret. Dette slektskapsforholdet mellom individer kan vi bruke til å beregne bestandsstørrelse. Det vil imidlertid alltid være en usikkerhet i slike beregninger. Denne avhenger av hvor stor andel av bestanden som er merket. Jo flere dyr som er identifisert, desto sikrere blir

beregningene. Vi skal her se nærmere på hvilke nye sider ved vågehvalens adferd og biologi den stadig voksende mengden av informasjon i DNA-registeret har avslørt så langt.

Tilhører alle vågehvaler samme bestand?

Arter med vid utbredelse, som vågehvalen, er ofte avgrenset i mindre enheter eller delbestander. Dersom slike delbestander blir skilt fra hverandre tilstrekkelig lenge, geografisk eller på annen måte, kan de utvikle seg til å bli genetisk forskjellige. I alle bestander er det alltid genetisk variasjon fordi det finnes flere ulike alternativer av mange av genene (alleler) på hvert kromosom. Slike vil, ofte tilfeldig, få ulik hyppighet i ulike bestander, noe som kan påvises med statistiske metoder. Tidligere genetiske undersøkelser av prøver samlet inn fra Vest-Grønland og Nordøstatlanteren antyder at forskjeller finnes, og at i hvert fall bestanden ved Vest-Grønland skiller seg ut. Med det store antall genetiske prøver (over 7 000) som vi nå har i vårt register, burde det være mulig å avsløre om det finnes flere delbestander av vågehval i de farvannene der nordmenn driver fangst.

IWC har etablert et forvaltningsregime («den reviderte forvaltnings-

Vågehvalen kjennes på en spiss snute og hvite felt på sveivene.

prosedyren») som regulerer den norske vågehvalfangsten i fem geografiske områder. Disse områdene representerer ikke nødvendigvis atskilte bestander, men et ønske om å spre fangsten geografisk etter føre-var-prinsippet. Vågehvalene foretar nemlig sesongmessige vandring. Om vinteren oppholder de seg i ukjente områder ved ekvator, der de kalver og parer seg. Derfra vandrer de til høyere breddegrader hvor de oppholder seg vår, sommer og høst, for å utnytte den rike næringsproduksjonen til å bygge opp fettlageret. Det kan finnes genetisk atskilte bestander dersom disse oppholder seg i ulike områder om vinteren, til tross for at de kan blande seg i de attraktive beiteområdene om sommeren. Slikt er kjent hos andre arter. For vågehval er et eksempel kjent fra Japan, der to genetisk forskjellige bestander

blander seg langs vandringsrutene og i beiteområdene.

Når ulike delbestander oppholder seg i det samme området, vil det ikke være mulig å skille mellom dem under fangst. Dette var en av de største utfordringene under utviklingen av «den reviderte forvaltningsprosedyren». Problemet ble løst ved å fordele fangsten på flere områder. Dette fordeler fangsttrykket og nøytraliserer langt på vei de negative virkningene som kan oppstå om en beskatter bestander skjevt uten å vite det.

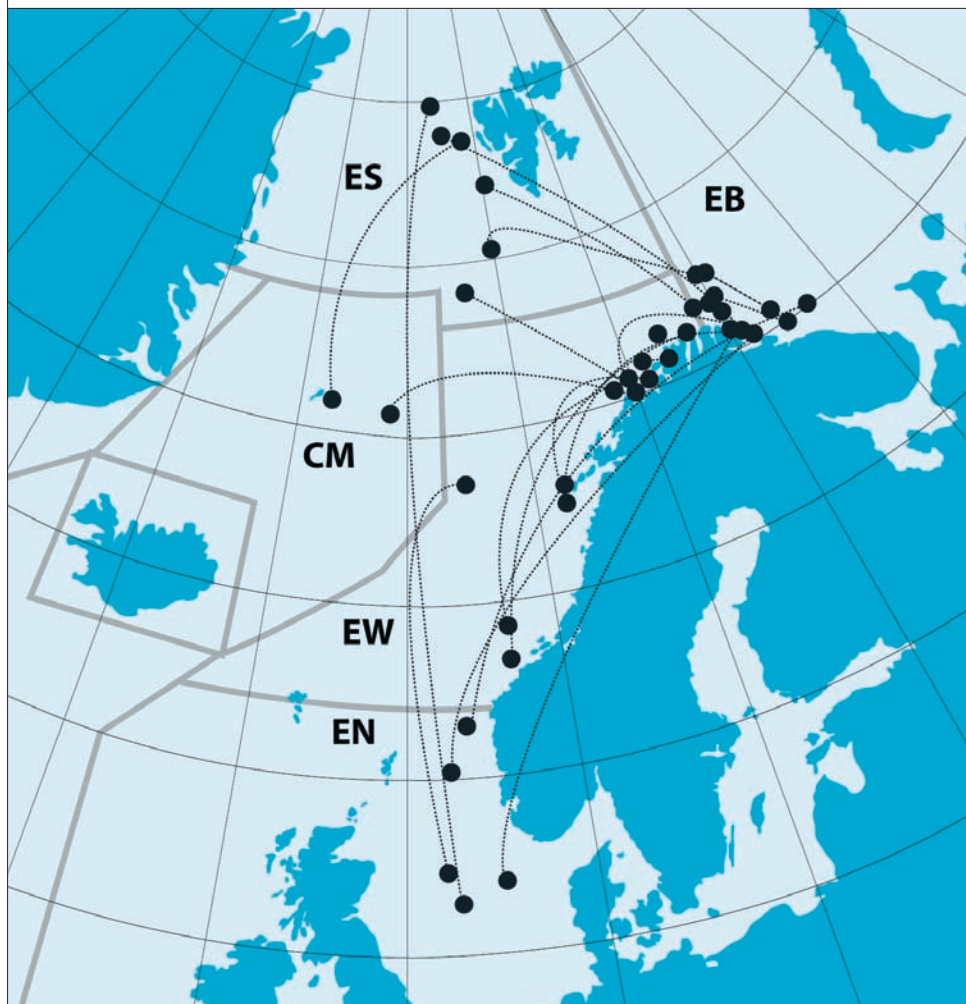
Dataene i DNA-registeret har så langt ikke gitt noen antydning om at det finnes mer enn én enkelt bestand av vågehval i våre farvann. Andre studier, både genetiske, morfologiske og studier basert på annen metodikk (for eksempel



sammensetningen av fettsyrer i spekk eller nivået av ulike miljøgifter i muskler og annet vev), antyder likevel en viss strukturering av bestanden i våre områder. Studiene gir til dels motstridende svar på hvordan organiseringen kan være.

Flere undersøkelser antyder at vågehvalen i Nordsjøen skiller seg fra den som vandrer til den nordøstlige delen av Nordatlanten. En undersøkelse antyder at to genetisk ulike bestander utnytter det samme beiteområdet, som dekker det meste av Nordatlanten fra østkysten av Kanada i vest til Barentshavet i øst. Slike forhold er en

utfordring for forvaltningen. Derfor er genetiske undersøkelser en prioritert oppgave i forvaltningen av vågehvalen. At vågehvalens vandringssmønstre er ukjent gjør naturligvis ikke situasjonen enklere. Forhåpentligvis kan det store antall dyr som er med i DNA-registeret brukes i utviklingen av nye, avanserte analysemetoder, som kan hjelpe oss nærmere et svar både på disse og andre forvaltningsmessige viktige spørsmål.



Hva forteller slektskap?

Rutinene våre er slik at når en drektig hunn blir fanget, blir det også tatt en prøve fra fosteret. En sammenlikning av DNA-profilen til mor og foster kan gi oss «halve» DNA-profilen til den hannen som er faren til fosteret. La oss ta et enkelt eksempel: dersom fosteret har genvariantene 1 og 3 og mor har variantene 2 og 3, så vet vi at fosteret har arvet varianten '1' fra far. Dermed

Fangstposisjoner for 21 par av beslektede vågehvaler. De to individene i hvert par er forbundet med en linje, og er typisk ikke fanget i samme år eller av samme fangstskute. Slektskap er påvist gjennom analyse av data fra DNA-registeret. Kartet viser også avgrensingen av de fem forvaltningsområdene (CM, EN, EW, ES og EB) der det foregår norsk fangst av vågehval, og der Norge gjennomfører et overvåkingsprogram med hvaltelling som viktigste aktivitet.

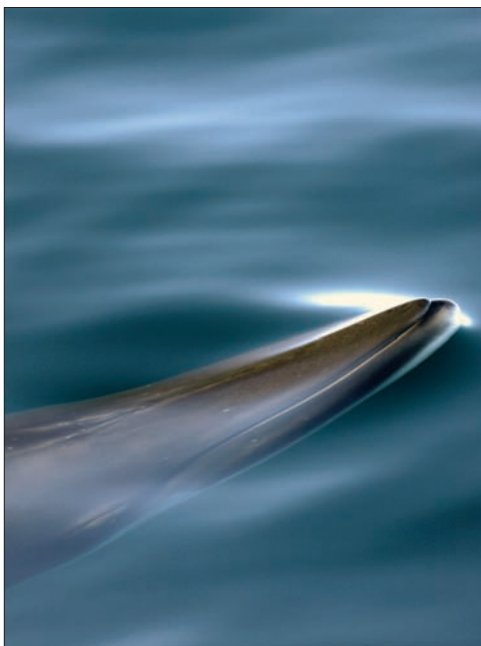
kjenner vi fars halve DNA-profil, og kan søke blant hannene i DNA-registeret for å se om vi får treff. Et pilotstudium har vist at denne metoden er praktisk gjennomførbar, og et lite antall fedre er blitt påvist på denne måten. I tillegg har vi informasjon om tid og sted for fangst av både faren og moren. Dette kan brukes til å kaste lys over ulike sider ved vågehvalens årlige vandringsmønster, men da må et slikt studium gjennomføres i større skala.

Det er også mulig å påvise slektskap mellom individer uten å bruke fosterprøver. Man søker da i registeret etter par av individer som har uvanlig like DNA-profiler. Slike par vil trolig være nært beslektet. Ved å se på hvordan de to profilene i et slikt par er forskjellige, kan man si noe om slektskapet mellom de to dyrene. For eksempel kan par innen gruppa foreldre-barn identifiseres ved at de har samme genvariant for hver markør i DNA-profilen. Å søke gjennom DNA-registeret på denne måten er imidlertid en formidabel oppgave: med 7 000 individer finnes det 24 496 500 mulige parvise sammenlikninger! Likevel har denne metoden blitt brukt til å påvise rundt 21 par av beslektede individer blant 3 300 individer fra perioden 1997–2002.

Sammenlikninger vi fangstposisjonene parvis viser det seg at nære slektninger ikke ble fanget i samme område. Snarere er fangstposisjonene spredd ut over hele Nordøstatlanteren. Dette tyder på at vi kun har én bestand av vågehval i våre farvann, altså at våre vågehvaler ikke kan deles inn i delbestander. Det er

likevel en mulighet for at det kan finnes delbestander som er geografisk atskilt i sine vinterområder, selv om de deler det samme beiteområdet. Metoden med å se på slektskap vil ikke kunne påvise en slik struktur.

Blant de 21 par av påviste slektninger finnes det fire par som består av fire unike individer, alle hunner. Det finnes to mulige familiekonstellasjoner for den kvartetten som disse fire DNA-profilene stammer fra. Enten er det en mor med tre døtre, eller så er det en mor, to døtre og en bestemor. DNA-profilene alene kan ikke brukes til å skille mellom disse to alternativene, men lengden av individene (målt på dekk av fangstskuten) kan gi en pekepinn på hvilken forklaring som er mest sannsynlig. Slike funn kan også kaste lys over andre



spørsmål, for eksempel om monogami hos vågehval, altså om de individene som måtte være døtre har samme far. Ikke uventet var dette ikke tilfelle, men slikt er vanskelig å undersøke på noen annen måte.

Beregning av bestandsstørrelse

Metoden med merking og gjenfangst brukes ofte til å bestemme bestandstørrelse. På 1970-tallet ble ca. 300 vågehvaler merket i området rundt Bjørnøya. Dette foregikk ved at en liten, nummerert pil ble skutt inn i spekklaget på hvalen. Disse pilene ble senere funnet igjen i dyr som ble fanget i den vanlige norske vågehvalfangsten. Antall gjenfunne, merka dyr i forhold til antall umerka dyr i fangsten ble brukt i de første beregningene av bestandens størrelse. Disse beregningene ble brukt ved fastsettelsen av fangstkvoter inntil man begynte å gjøre direkte tellinger av hvaler langs fastlagte linjer (transekter) på kartet. Et velkjent problem ved merking av dyr er at merket kan «mistes». Dette kan skje ved at pilen støtes ut av hvalen ved en betennelsesreaksjon, eller også ved at pilen ikke blir oppdaget når hvalen blir flenset. Dermed var det en risiko for at dyr som egentlig var merka ikke ble identifisert, noe som reduserte antall gjenfangster. Dette i sin tur ville gi et noe for høyt bestandsestimert.

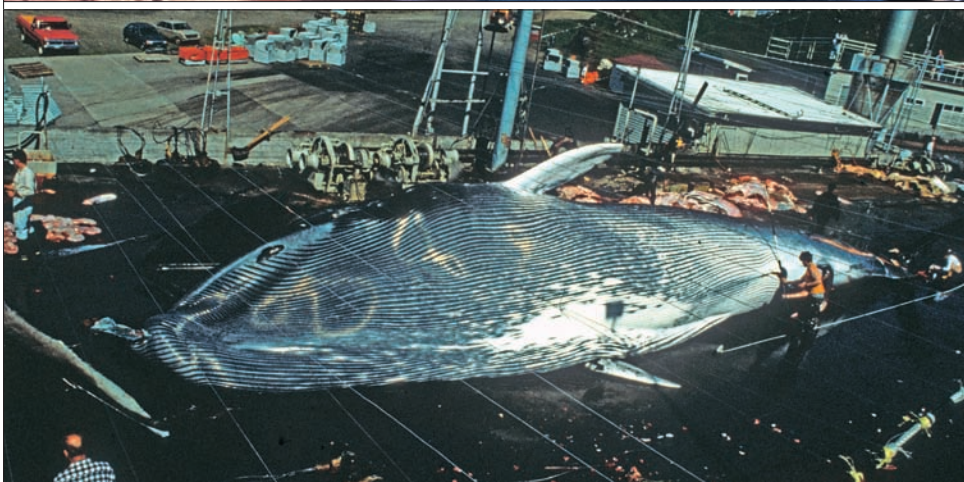
Nå kan vi bruke DNA-profiler i stedet for fysiske merker og utføre

beregningene på samme måte. «Merkingen» består da av innsamling av vevsprøver fra levende hvaler. Dette foregår ved at en hul pil skytes mot hvalen. Pilen kutter ut og tar med seg en liten flik av huden, deretter faller den av og blir umiddelbart hentet inn. Dette krever samme type innsats som for å feste de fysiske merkene som ble brukt på 1970-tallet.

Et «merke» blir gjenfunnet dersom individet senere dukker opp i den kommersielle fangsten og den nye prøven gjenkjennes i DNA-registeret. En fordel med denne metoden er at «merket» (DNA-profilen) ikke kan mistes. Feil i de genetiske analysene kan riktignok oppstå, noe som kan gjøre at prøven ikke blir gjenkjent i registeret, men DNA-profilene inneholder

tilstrekkelig mange markører til at dette vil bli oppdaget. Så langt har innsamling av vevsprøver fra levende dyr bare blitt gjennomført i liten skala.

Studier av slektskap gjennom DNA-registeret åpner for en helt annen måte å beregne bestandstørrelse på. Forenklet er ideen at dersom registeret inneholder mange slektinger, må det være snakk om en liten bestand. Og motsatt, dersom registeret ikke inneholder noen slektinger, må det være snakk om en stor bestand. Statistiske argumenter kan brukes til å skape en forbindelse mellom antall slektinger og bestandstørrelse. Fordelen med denne metoden er at den kan baseres på vevsprøver fra dyr som blir tatt i fangsten og ikke krever innsamling av prøver fra levende dyr. Ulempen er at den forutsetter kjennskap til visse demografiske parametre, for eksempel forventet levetid, som enten er ukjente eller dårlig kjent for nordatlantisk vågehval. Sannsynligvis vil en kombinasjon av analyser av prøver fra fanga dyr og fra levende dyr være en farbar vei framover.



Øverst: Krysning mellom blåhval og finnhval på flenseplanet i Kvalfjórður, Island. Øverst: ryggside og barde- rekka, med mørke og lyse barder typisk for finnhval.

Nederst: buksida, som verken er hvit (finnhval) eller helt blågrå (blåhval)

Foto: Árni Alfreðsson.

Genetiske analyser gir ny innsikt

Da man begynte med genetiske studier av hval, var nok det viktigste spørsmålet å finne ut hvordan bestandsstrukturen er. Vi har nå sett at slike data også kan gi svar på spørsmål og forklare atferd som vi tidligere ikke har forstått. Av og til dukker det også opp skikkelige overraskelser. Under finnhvalfangsten ved Island i 1986 ble det fanget en drektig hunnhval som fangerne syntes så litt merkelig ut. De fanget den jo fordi de trodde det var en finnhval, men på flenseplattformen så de åpenbare trekk som minnet om blåhval. Det ble derfor tatt prøver for DNA-analyser av hvalen. Analysene slo fast at den var en krysning mellom en blåhvalhunn og en finnhvalhann. Hvalens foster viste seg å ha en blåhval til far.

Allerede under storhvalfangsten på Finnmarkskysten i 1880-årene ble det snakket om mulige krysninger mellom blåhval og finnhval, men dette islandske funnet var første gang fenomenet ble påvist helt sikkert. Seinere er det ved DNA-analyser påvist om lag fem hybrider mellom finnhval og blåhval. Ved å sammenlikne genetikken hos mange forskjellige arter av hval har det vært mulig å kartlegge deres evolusjon. De to hovedformene tannhval og bardehval, oppstod for 30–35 millioner år siden. Tannhvalene hadde en spesielt rivende utvikling til mange forskjellige former i tiden umiddelbart etter. De nålevende bardehvalene i finnhvalfamilien, som blåhval, finnhval, seihval, brydehval og

vågehval, utviklet seg for omtrent 5–10 millioner år siden og har alle det samme kromosomtallet ($2n=44$). De påviste krysningene, som til og med kan produsere fertilt avkom, viser at de siden ikke kan ha fjernet seg så altfor langt fra hverandre, verken genetisk eller atferdsmessig. Derfor kan de fortsatt være i stand til å overkomme vanlige krysningsbarrierer.

Dette bringer oss over til hvordan genetiske metoder kan brukes til å kartlegge den sosiale organiseringen hos hval. Tannhvalene er oftest organisert i sosiale grupper, dette gjelder for eksempel spermhval, spekkhogger og grindhval. Dette er blitt undersøkt for grindhval under drivfangsten på Færøyene, da hele flokken ble avlivet. Det viste seg at flokkene består av nært beslektede hunner og deres avkom, og blant avkommet var også voksne hanner. Ungene i flokken har ikke flokkens hanner som fedre. Man tror derfor at hanner fra andre flokker er på kortvarige «besøk» og blir da far til flokkens kalver. Det samme gjelder for spekkhoggeren. Hos disse to artene ser det altså ut til at kjønnsmodne hanner stort sett blir værende i den flokken de er født inn i, og at de ikke parer seg med flokkens hunner som de er i slekt med. Derimot sprer de sine gener til andre flokker ved å dra på utflukter av kortere varighet.

Dette er annerledes hos spermhval, hvor kjønnsmodne hanner forlater flokken for godt. De trekker seg da vanligvis tilbake til et ungkarliv på høyere breddegrader, som for eksempel i Norskehavet,

men søker sørover om vinteren for å delta i paringssesongen.

Norge var tidlig ute med å opprette et DNA-register for vågehval. Siden har andre nasjoner som Japan og Island fulgt etter. I fremtiden kan det forventes at det vil bli tatt prøver i all hvalfangst, og at DNA-databaser vil bli bygget opp for mange bestander rundt om i verden. I tillegg blir det ofte samlet inn vevsprøver også fra bestander som det ikke drives fangst på, slik at også disse kan inngå i databasen. Slike databaser kan gi en unik mulighet til å sammenlikne alle verdens hvalbestander.

Forfatterne:

Hans Julius Skaug er professor i statistikk ved Universitetet i Bergen, men har også en bistilling ved Havforskningsinstituttet. **Tore Haug** (se side 8) og **Nils Øien**, begge marinibiologer, er forskere ved Havforskningsinstituttet i henholdsvis Tromsø og Bergen. Alle tre arbeider med vitenskapelige spørsmål knyttet til bestandsundersøkelser og økologiske undersøkelser, samt forvaltning av marine pattedyr i norske og tilstøtende farvann.
E-post: hans.skaug@math.uib.no
Adresse: Universitetet i Bergen, Matematisk institutt, Postboks 7803, 5020 Bergen.

E-post: nils.oien@imr.no
Adresse: Havforskningsinstituttet, Postboks 1870 Nordnes, 5817 Bergen.