

MateMeRight™ –besta parið í eldinu

Ragnar Jóhannsson og Sigríður Hjörleifsdóttir
Matis ohf. Vinlandsleið 12, 113 Reykjavík

Hvað er MateMeRight™?

MateMeRight™ er forrit sem notað er til að velja saman foreldra með það að leiðarljósi að erfðabreytileikinn í stofninum haldist sem mestur en velur einnig bestu einstaklingana hvað varðar kynbótamat. Forritið er hannað fyrir alþjóðlegan markað og verður netlægt. Það túlkar niðurstöður DNA arfgerðagreininga fyrir eldismenn sem stunda vilja markvissar kynbætur á eldisstofni sínum. Markhópurinn er fyrst og fremst fiskeldisfyrirtæki nýrra tegunda og stærri matfiskframleiðendur sem hafa hug á eigin kynbótum. Forritið metur skyldleika fiska, tengsl þeirra og aðstoðar við kynbótamat. Fyrsta útgáfa forritsins er komin í notkun en útlitshönnun og markaðssetning verður unnin á næstu mánuðum.

Hvernig notar viðskiptavinur forritið?

Gerð verður heimasíða fyrir viðskiptavinum þar sem þeir geta skráð sig inn og nálgast erfðagreiningargögn (microsatilites) sem Matis hefur unnið fyrir þá. Gögnin verða á Excel formi. Á síðunni verður forrit sem tekur við gögnunum og reiknar skyldleika-stuðul pörunar (pairwise relatedness) samkvæmt aðferð Lynch and Ritland (1999). Stuðullinn er einungis reiknaður á milli fiska (einstaklinga) af gagnstæðu kyni þar sem forritinu er ætlað til að finna hámarksgæði pörunar. Fleiri aðferðum við að reikna stuðullinn verður bætt við eftir þörfum, eins og t.d. Konovalov and Heg (2008) sem gerir ekki ráð fyrir tíðni genasamsæta (allele). Vegna ónákvæmni í áætlaðri tíðni genasamsæta sem eru reiknuð út frá fyrirbyggjandi gögnum er hugmyndin að Matis geri á síðunni aðgengilegan lista yfir tíðnina hjá mismunandi fiskitegundum. Þennan lista getur viðskiptavinurinn notað til að treysta gæði útreikninganna.

Forritið mun hafa möguleika á að flytja gögnin og niðurstöðurnar yfir á þekkt skráarsnið til að auðveldara verði að vinna með þau í öðrum forritum (t.d. KINSHIP, Excel o.fl.). Til að auðvelda notanda forritsins að finna bestu pörun milli fiska les forritið inn með gögnunum einn eða fleiri gæðastuðla fyrir hvern fisk. Ef stuðlarnir eru fleiri en einn má umbreyta þeim í einn eftir valdri formúlu. Einnig gefur forritið möguleika á að raða pörum eftir gæðum og henda út fiskum eða pörum sem uppfylla ekki lágmarksskilyrði (eða gefa þeim litakóða eftir gæðum).

Erfðabreytileiki og kynbætur

Eitt mikilvægasta atriði í eldi á dýrum er að tapa ekki um of erfðabreytileika í kynbótastofninum. Þegar erfðabreytileiki minnkar í stofni t.d. vegna skyldleikaræktunar, minnkar um leið geta stofnsins til að bregðast við breyttum umhverfis-aðstæðum s.s. vegna aukins sjúkdómsálags eða annarskonar streitu sem getur komið upp. Neikvæð áhrif skyldleikaræktunar hafa verið þekkt frá tímum Darwin 1876. Hnignun í stofni af völdum skyldleikaræktunar (inbreeding depression) leiðir til minnkandi vaxtarþróttar, minni fjósemi og minni lifunar og er hnignunin meiri þegar stofninn er undir álagi. (Armbruster og Reed 2005). Það er því almennt álit að því meir arfblendi (heterozygosity) því betri líkur á stöðugleika í stofninum (Franklin and Frankham, 1998).

Almennt er talað um að þumalfingursreglan sé að um 6000 tonna framleiðslu þurfi til að standa undir kynbótaverkefni. Því er það vaninn að venjuleg framleiðslufyrirtæki sem framleiða matfisk standa ekki í slíku heldur kaupa stofn sinn frá sérstökum kynbótafyrirtækjum eða í það minnsta halda honum við með nýjum seiðum frá nýrri kynslóð klakfiska (Chapman 2005, Eriksson 2008). Einnig er það svo að þegar ný tegund er tekin í eldi að ekki er þekktur innbyrðis skyldleiki upphaflegs klakstofns sem notaður er við að hefja fjölskylduval. Reynt er að komast fram hjá vandamálum vegna þessa með því að byrja með sem flesta einstaklinga en það er kostnaðarsamt. Hefðbundin aðferðafræði í fiskeldi er að aðskilja fjölskyldur í kerum og er þá afkvæmum haldið aðskildum í kerum þar til þau ná stærð til að hægt sé að merkja þau (15-20 g eða um 9 mán fyrir bleikju). Algennt er að kynbótastofn í fiskeldi sé um 200 fjölskyldur. Margskonar umhverfispættir skipta miklu máli í eldinu og má þar nefna hitastig, lýsing, selta, fæða, hreinsun á kerum og margt fleira. Þessi aðferðafræði er mjög kostnaðarsöm eldisfyrirtækjum. Okkar aðferðafræði mun gera kynbætur ódýrari, fyrir nýjar tegundir í eldi. Samstarfaðilar okkar í Noregi sem eru í þorskseiðaeldi telja að þessi aðferðafræði sé um tíu sinnum ódýrari en hefðbundið fjölskylduval.

Erfðagreiningar

Matis, sá hluti sem áður var Prokaria hefur síðatliðin 6 ár þróað DNA arfgerðagreiningartól fyrir margar fiskitegundir þar á meðal, lax, þorsk, bleikju, sandhverfu og lúðu. Auk annarra tegunda sem eru ekki í eldi en þau verkfæri eru aðallega notuð í rannsóknnum á villtum stofnum. Má þar að nefna karfa og leturhumar en verið er að vinna við greiningaraðferðir fyrir síld og krækling. Bakvið þessi arfgerðagreiningasett liggur mikil vinna og mikið fjármagn. Byggð hefur verið upp rannsóknastofa með mjög vel þjálfuðu starfsfólki og góðum tækjakosti til að vinna hratt og örugglega stærri sem smærri verkefni á sviði erfðagreininga. Erfðagreiningaraðferðirnar byggja flestar á svokallaðri stuttraðagreiningu (microsatellite markers) og eru greind 9-20 erfðamörk í hvert skipti. Þetta eru svokölluð hlutlaus erfðamörk, sem þýðir að þau eru ekki tengd neinum sérstökum svipgerðum en nýtast við að þekkja einstaklinga í sundur og ættir þeirra. Við sjáum fyrir að með þeim framförum og þeim búnaði sem við höfum yfir að ráða, munum við í mjög náinni framtíð geta nýtt okkur erfðatækni til að fylgja eftir jákvæðum svipgerðum einstaklinga á sameindafræðilegum grunni. Það mun hraða öllu kynbótaferli og gera það ódýrara. Þegar búið er að erfðagreina kynbótastofninn er hægt að nýta upplýsingarnar til að velja saman foreldra fyrir næstu kynslóð. Einnig má nýta erfðaupplýsingar um kynbótastofninn til að rekja öll afkvæmi sem til verða til foreldra. Þannig verður til fullkomið rekjanleikakerfi sem einnig nýtist eldisfyrirtækjum í markaðssetningu sinni.

Fiskeldi og erfðagreiningar

Fiskeldisfyrirtæki hafa kallað eftir þessari þjónustu. Samstarfsaðilar okkar í Noregi sem stunda framleiðslu á þorskseiðum telja að kynbótastarf með hefðbundinni uppsetningu fjölskyldukerfis sé ótímabær þar sem umhverfisáhrif eigi það stóran þátt í afkomu seiða (um 90% deyja í hverju klaki) að erfðafræðaðáttur komi ekki fram með það afgerandi hætti að það borgi sig að setja upp fjölskylduval. Með öðrum orðum þegar umhverfisáhrif sem ekki er þekkt hvernig á að stjórna né hver almennt eru, drepa 90% seiða er ekki hægt að velja hæfustu einstaklinga á grunvelli erfða þegar

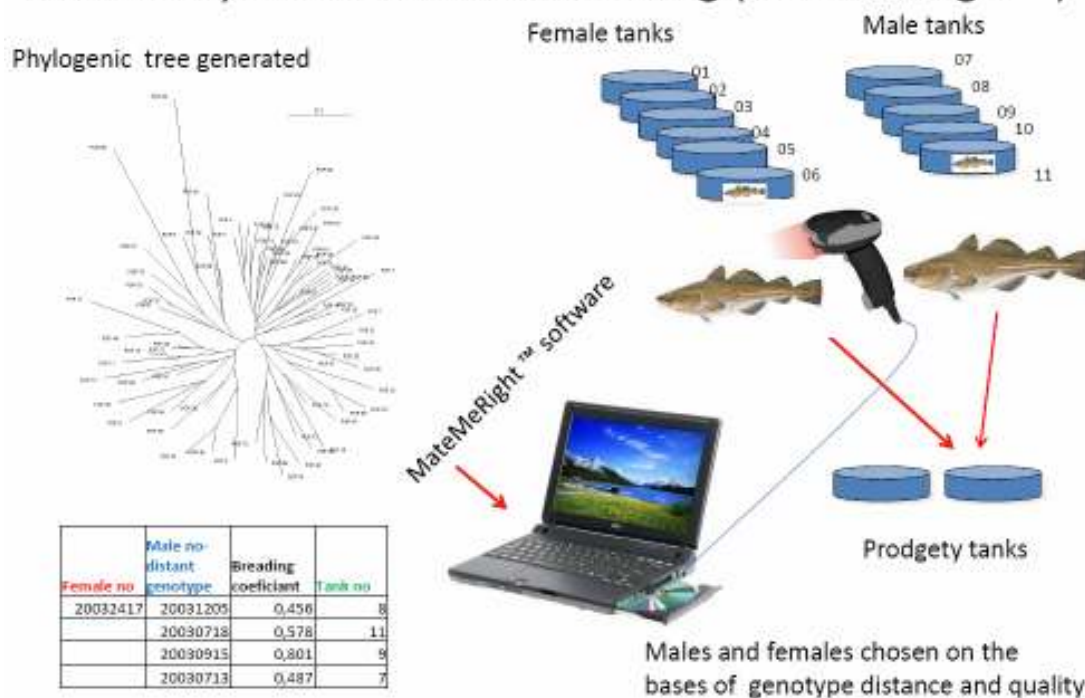
þau ráða eingöngu 10% um afkomu þeirra. Því sé affarasælast að nota einstaklingsval og forðast skyldleikarækt með arfgerðagreiningum.

Því telja þeir að forrit af þeirri gerð sem hér um ræðir og arfgerðagreiningar falli mjög að þorskeldi. Annar þorskseiðaframleiðandi í Noregi hefur sýnt þessu mikinn áhuga og forritið er einnig komið í notkun í sandhverfueldi í Kína.

Hverjum nýtist forritið MateMeRight™

Fyrirtæki, sem velja að halda erfðabreytileikanum sem mestum í kynbótastofni sínum kalla eftir tækni til að meta erfðabreytileikann og út frá honum að velja saman foreldra í næstu kynslóð með það að leiðarljósi að erfðabreytileikinn haldist sem mestur en einnig þannig að hægt sé að byggja á vali fyrir æskilegum eiginleikum sem oft eru hraður vöxtur og seinkaður kynþroski. Arfgerðagreiningar og forrit sem þetta mun t.d. nýtast sérstaklega vel í eldi hraðvaxta fiska með stuttan kynslóðatíma. Dæmi má nefna tilapiu og er norskt fyrirtæki Genomar að hasla sér völl á því sviði (genomar.com). Við stefnum á að þróa einnig aðferðir fyrir tilapiu og barramundi til að vera samkeppnisfær í þeim tegundum.

DNA analysis as a tool for breeding (MateMeRight™)



1. mynd. MateMeRight™ forritið verður netlægt aðgengilegt þeim sem láta arfgerðargreina kynbótastofn sinn hjá Mátis. Forritið er handhægt og auðvelt í notkun á eldistöðvunum.

Heimildir

- Armbruster P and Reed DH. 2005. Inbreeding depression in benign and stressful environments. *Heredity*. 95, 235-242.
- Bentsen H and Olesen I. 2002. Designing aquaculture mass selection programs to avoid high inbreeding rates. *Aquaculture*. 204, 349-359.
- Chapman G. Framkvæmdastjóri North American Tilapia INC, Kynbótafyrirtæki í Kanada. samtal 2005.
- Eriksson L-O Prófessor við Sverges Landbruks Univesitet í Umeå Svíþjóð. Ábyrgur fyrir kynbótaþrógrami fyrir bleikju í Svíþjóð. Samtal 2008
- Franklin IR and Frankham R. 1998. How large must populations be to retain evolutionary potential? *Animal Conservation*. 1, 69-70 .
- Kononov DA and Heg D. 2008. A maximum-likelihood relatedness estimator allowing for negative relatedness values. *MOLECULAR ECOLOGY RESOURCES*. 8, 256-263.
- Lynch M and Ritland K. 1999. Estimation of pairwise relatedness with molecular markers. *GENETICS*. 152, 1753-1766
- Sigríður Hjörleifsdóttir, Sigurlaug Skírnisdóttir, Alexandra M. Klonowski, Sigurbjörg Hauksdóttir, Steinunn Magnúsdóttir, Kristinn Ólafsson. 2009. Erfðagreiningar dýra. Ráðstefnurit Fræðings landbúnaðarins. Reykjavík 12-13 feb. 2009.