

Helgenomsekvensering avslöjar den genetiska bakgrunden för lokal anpassning hos sill och strömming



*Historia de Gentibus
Septentrionalibus*

Olaus Magnus, 1555

Leif Andersson
Uppsala University
Texas A&M University
Swedish University of Agricultural Sciences

Det finns väldigt många sillar!

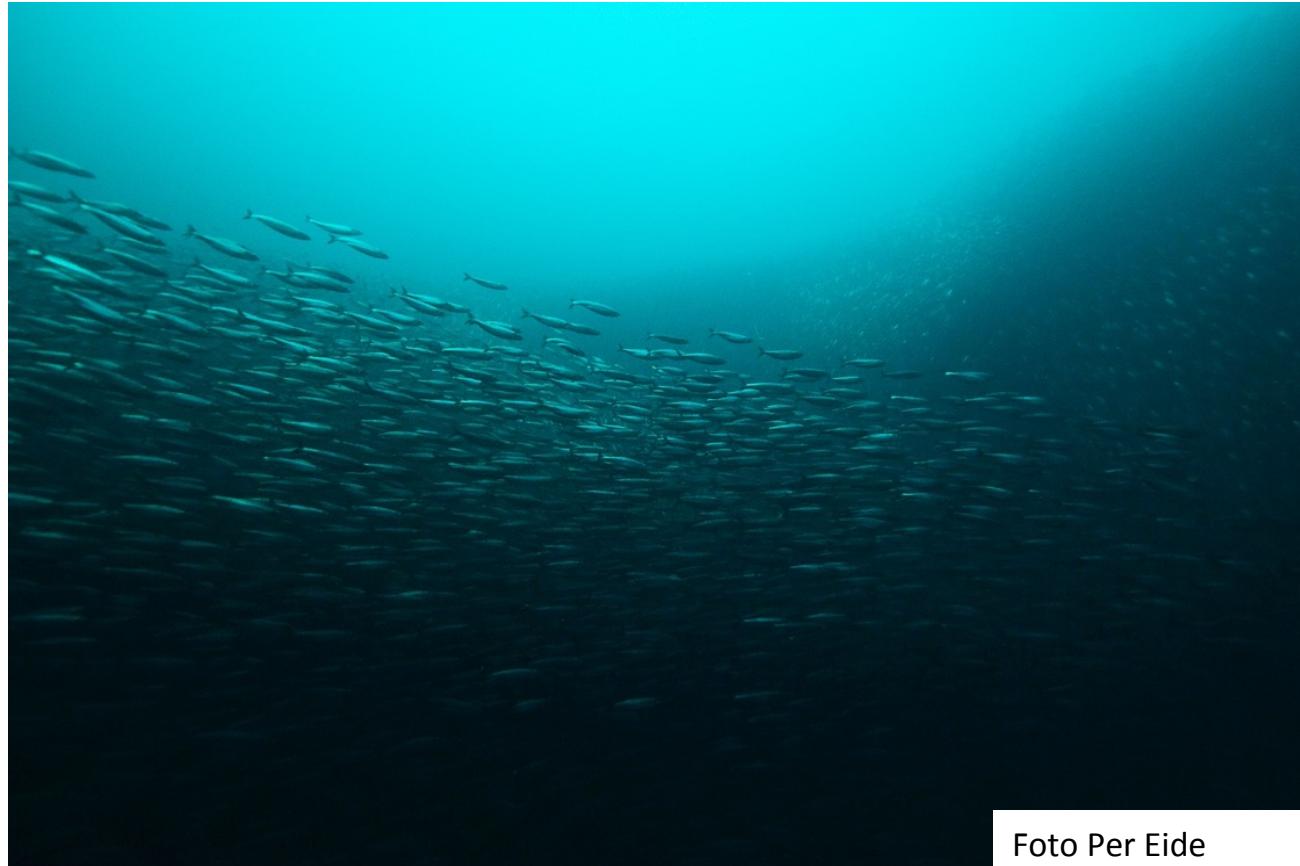


Foto Per Eide

I hela världen: cirka 1000 miljarder individer!

I Östersjön: cirka 90 miljarder individer!

Sillens arvsmassa består av 800 miljoner baspar
(vi människor har 3,000 miljoner)

A	C	G	T
T	G	C	A

**Genvarianter/DNA markörer uppstår via
mutationer**

G	C	G	T
C	G	C	A

Introduktion till populationsgenetiken I

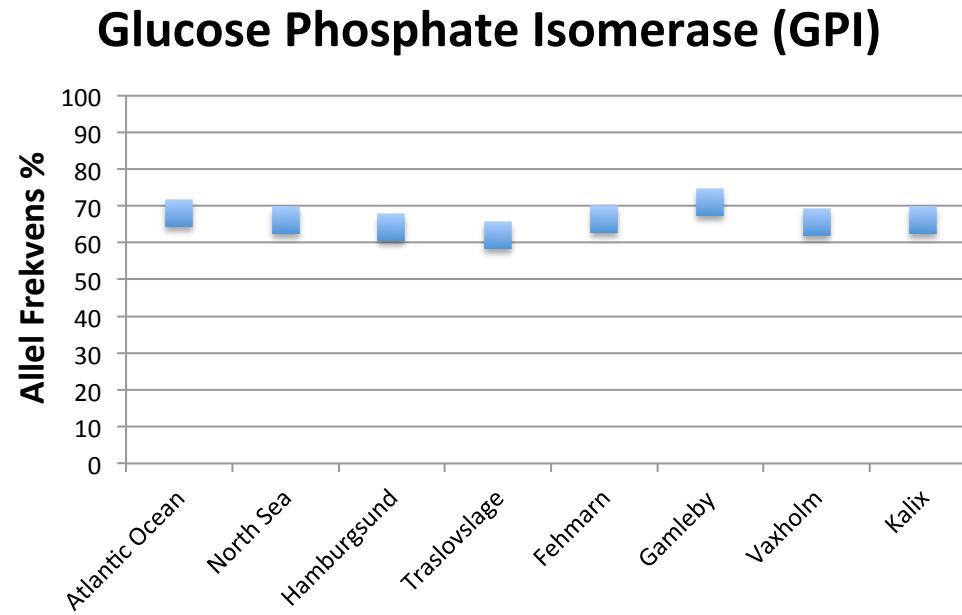
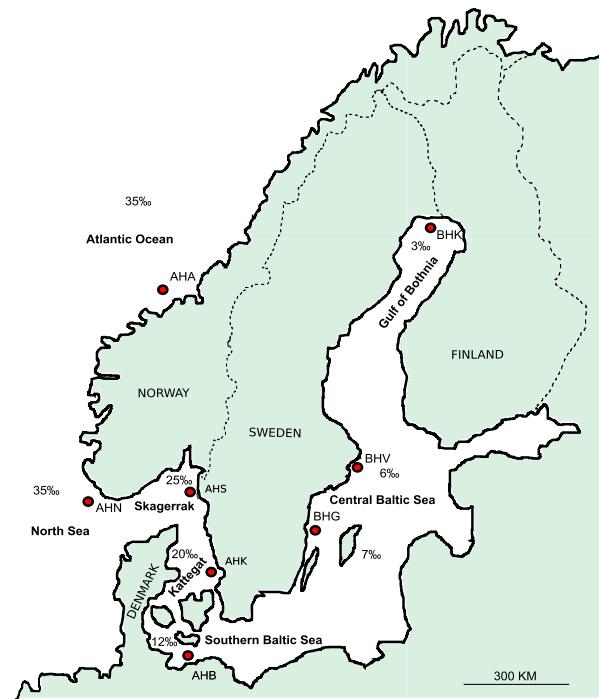
Frekvensen av genvarianter i en population beror på följande faktorer:

<u>Faktor</u>	<u>Sill</u>
Mutationsfrekvensen	Låg
Migration	Troligen betydande
Genetisk drift	Liten betydelse
Naturlig selektion	Stor betydelse

Introduktion till populationsgenetiken II

- Frekvensen av olika genvarianter är karakteristiskt för en viss population och kan variera mellan populationer
- Två stickprov (t ex 100 fiskar vardera) från samma population kommer att visa samma frekvens för ALLA genvarianter i arvsmassan
- Vi kan använda detta för att undersöka om fisk från två olika lokaler tillhör samma bestånd eller inte, samt för att härleda vilket bestånd en enskild fisk tillhör

Jag har studerat sill och strömming sedan slutet på 70-talet!



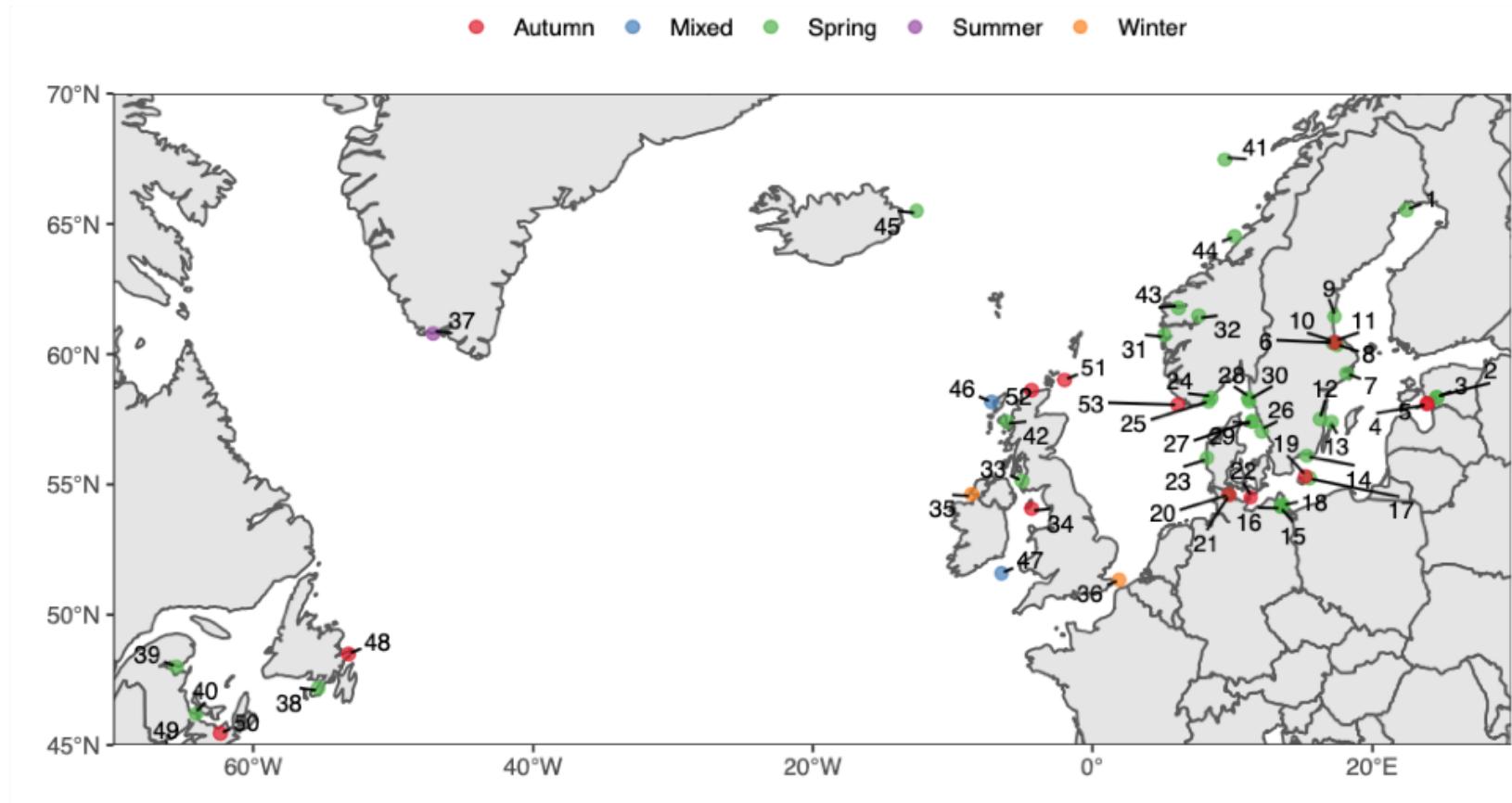
Ryman et al. 1984

Data från 13 gener visade inga som helst genetiska skillnader mellan sill och strömming!

Tillhör alla sillar och strömmingar en enda panmiktisk population??

Genetikens guldålder!

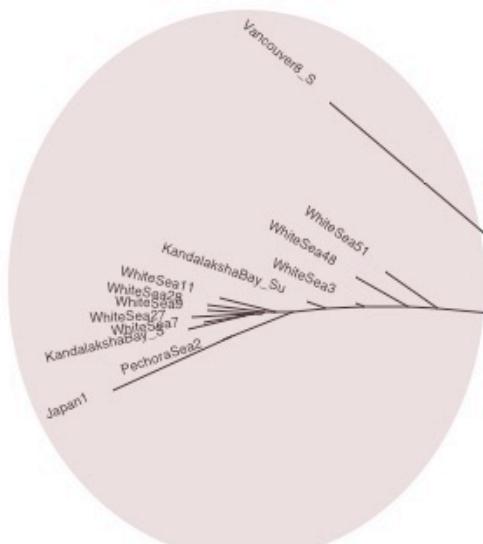
Kartäggning av hela arvsmassan från >50 lokaler



- 50 -100 fiskar per lokal
- Antal genetiska markörer: >15 miljoner (!) DNA markörer

Skäktskapsträd baserat på miljontals DNA markörer

0.01

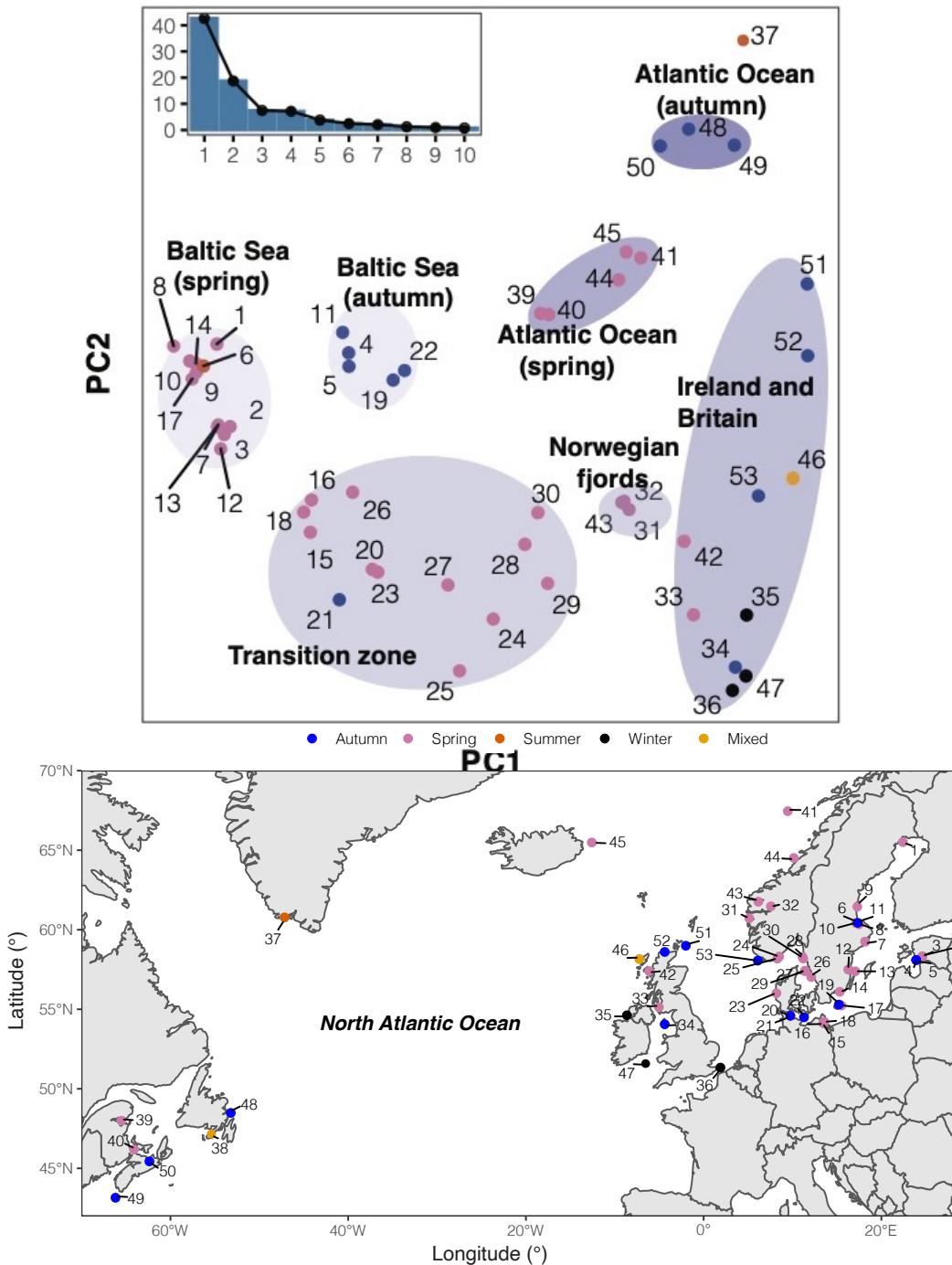


Pacific herring

Balsfjord

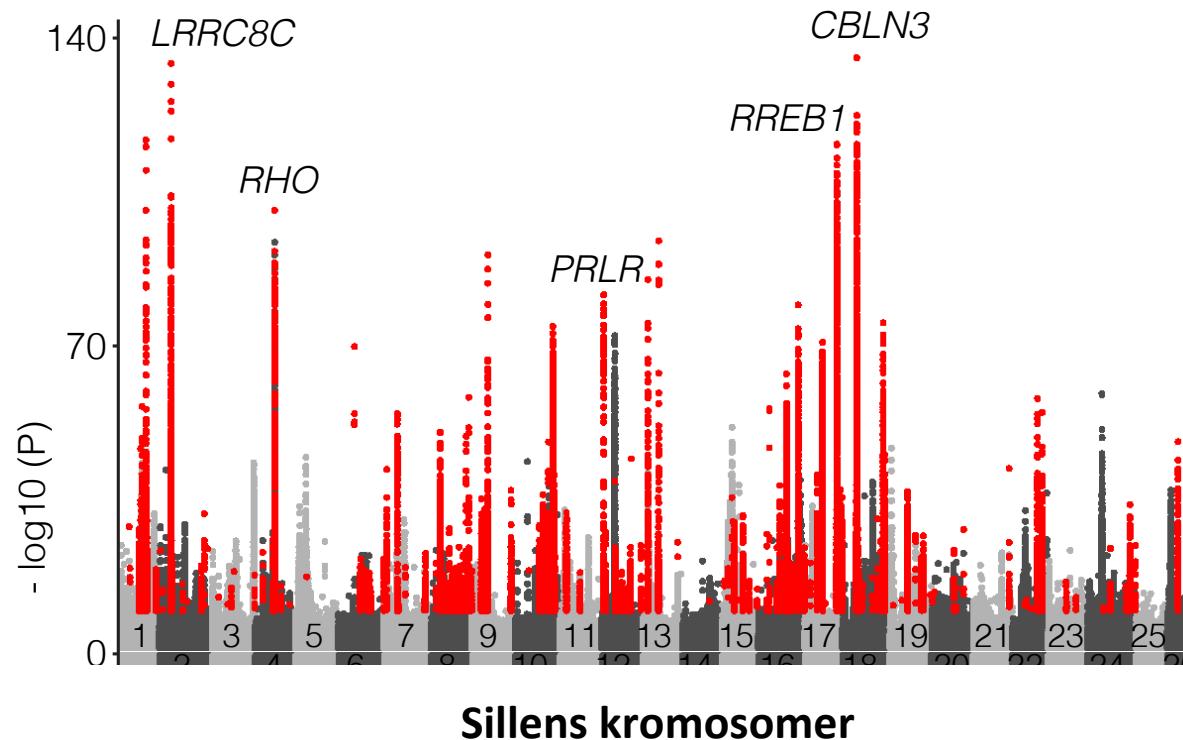
Atlantic/Baltic herring





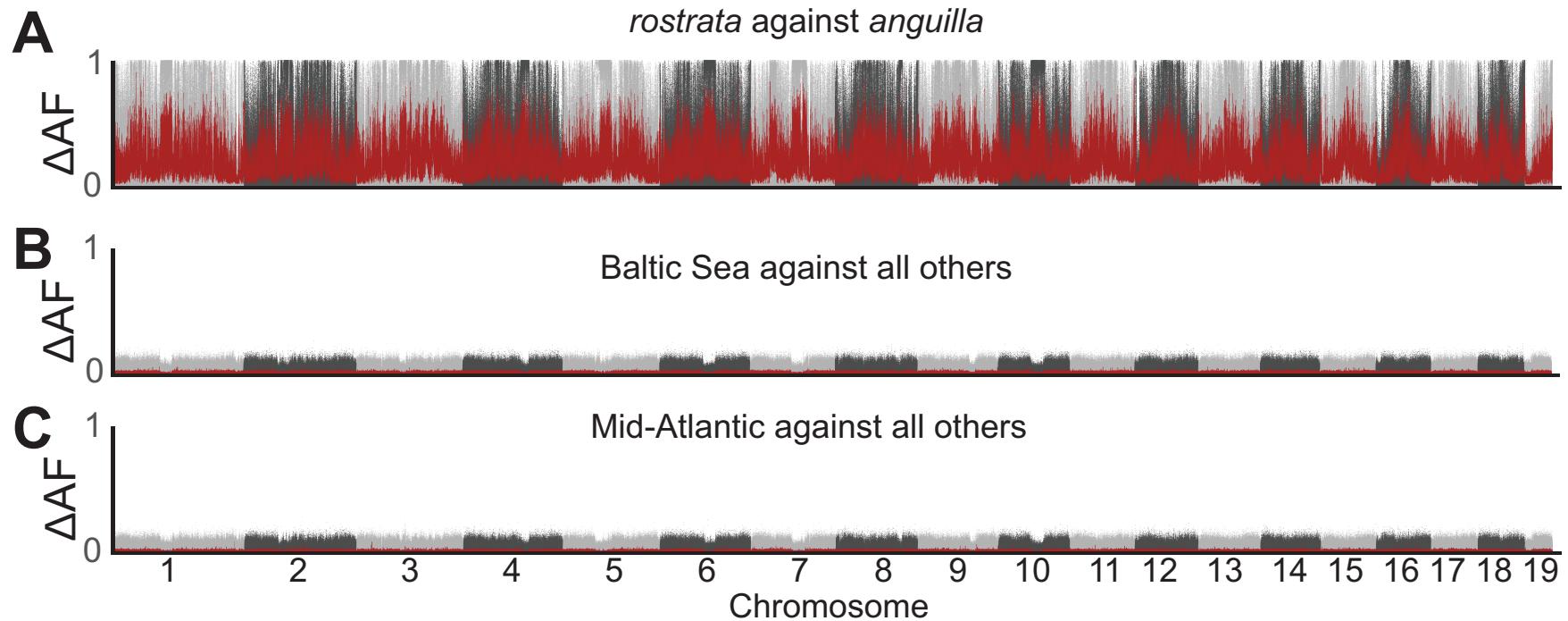
Hundratals gener visar tydliga genetisk skillnader mellan sill och strömming

(A)



Ju högre stapel ju större skillnad i frekvens
Men >95% av de genetiska markörerna visar ingen skillnad!

Sillen är en total kontrast till ålen som utgör en enda panmiktisk population i Europa och Nordafrika

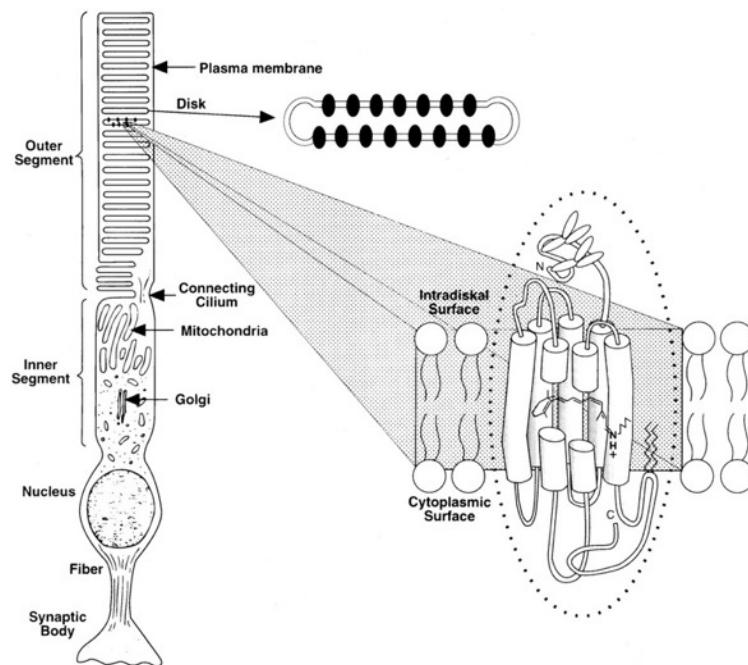


Vår hypotes är att det är miljövariation under leken och den tidiga utvecklingen som är avgörande för graden av lokal anpassning

- **Sill och strömming tillhör samma art, men strömmingen visar en tydlig genetisk anpassning till Östersjöns miljö**
- **Sillen som leker i södra Östersjön visar tydliga genetiska skillnader jämfört med sillen som leker i Nordsjön eller längs norska kusten**
- **Vår- och höstlekande strömming är också tydligt olika**

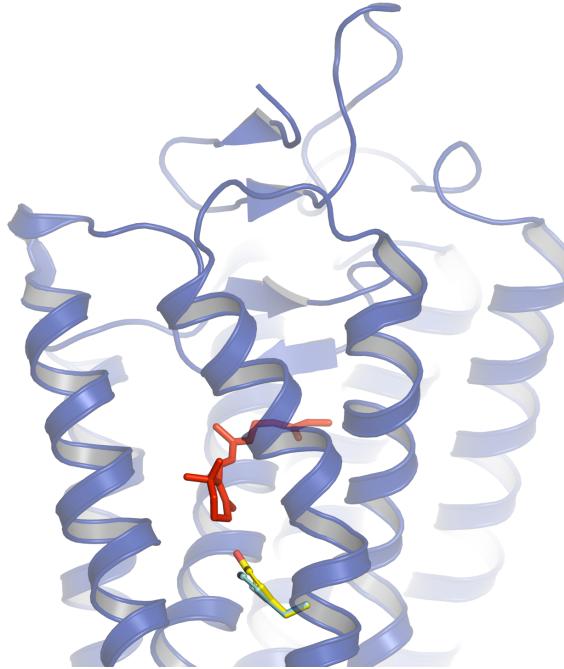
Ett intressant exempel på strömmingens anpassning till Östersjön

Rhodopsin – en av ljusreceptorerna som finns i näthinnans stavar

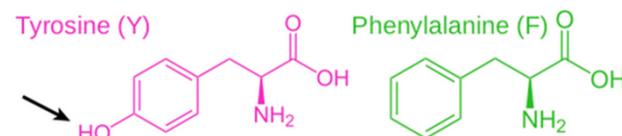
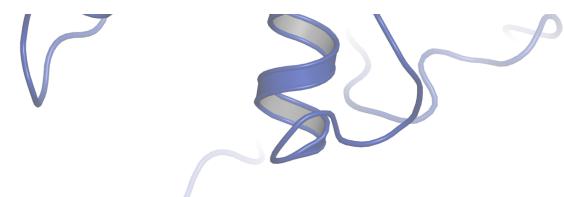


Hargrave, Investigative Ophthalmology & Visual Science January 2001, Vol.42, 3-9

Sillen i Atlanten har fenylalanin i position 261, de flesta strömmingar har tyrosin



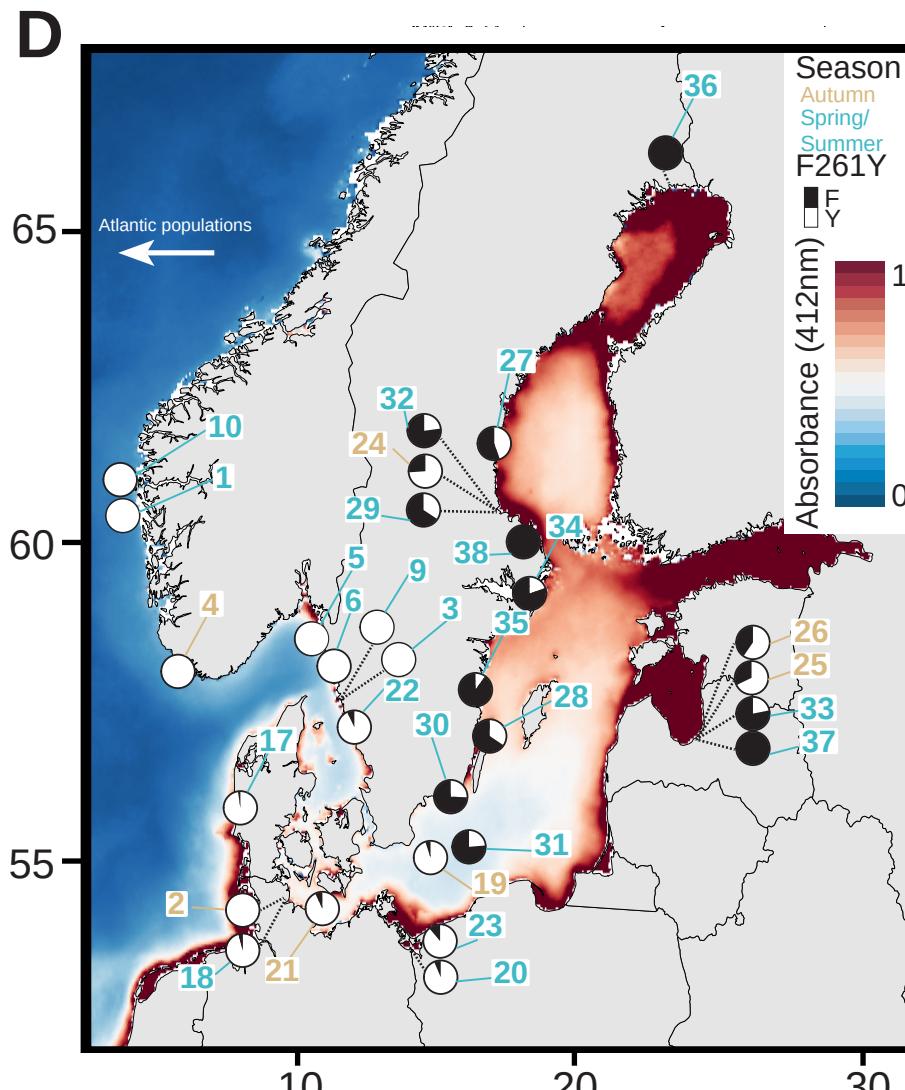
**Phe261Tyr mutationen innebär en
förändring av ljusabsorbansen med ca
10 nm (500 nm – 510 nm)**



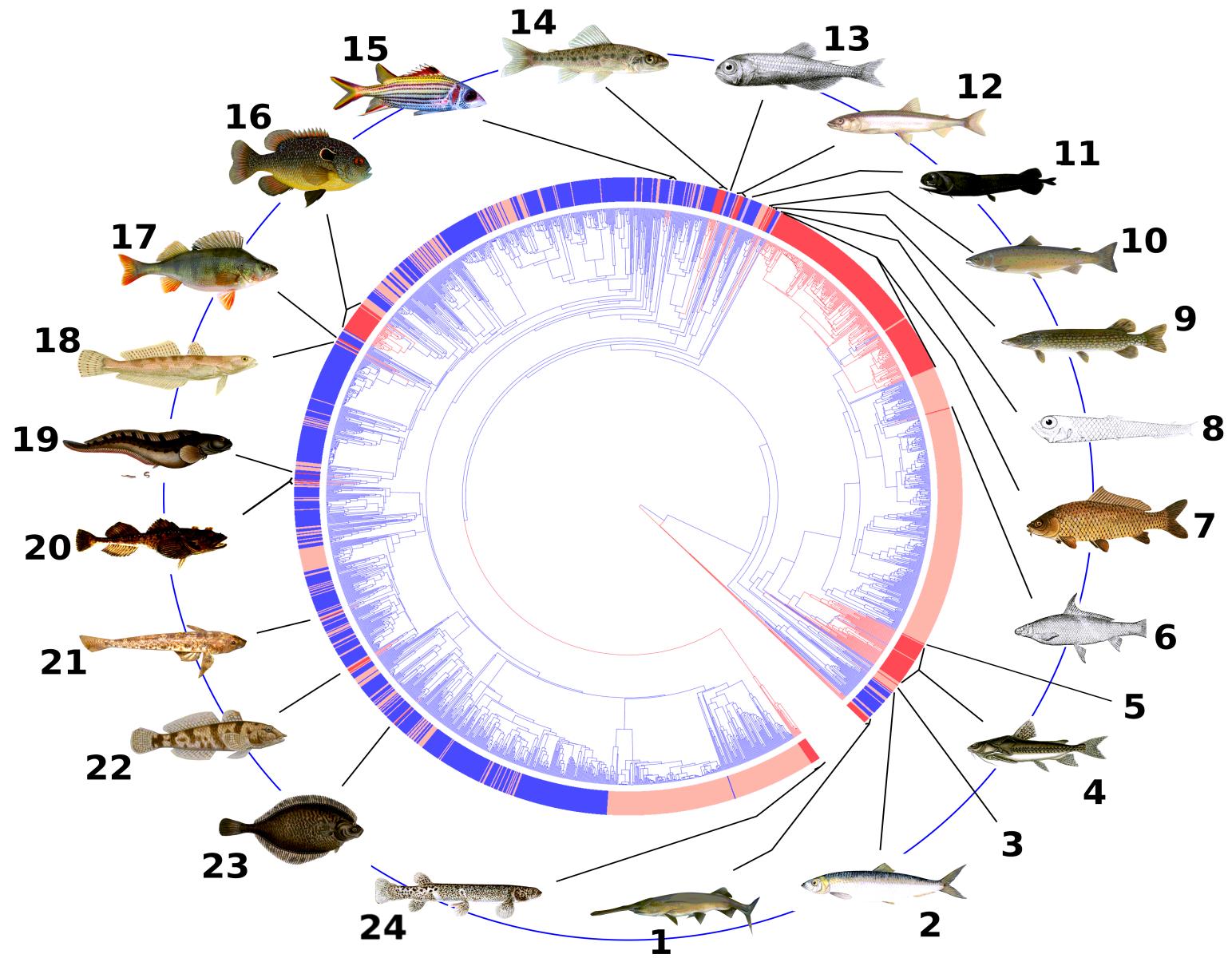
Ljusmiljön i Östersjön är rödskiftad!

Fenylalanin261 dominar i Atlanten

Tyrosin261 dominar I Östersjön



Samma mutation (261Phe till 261Tyr) har inträffat minst 20 gånger under fiskarnas evolution

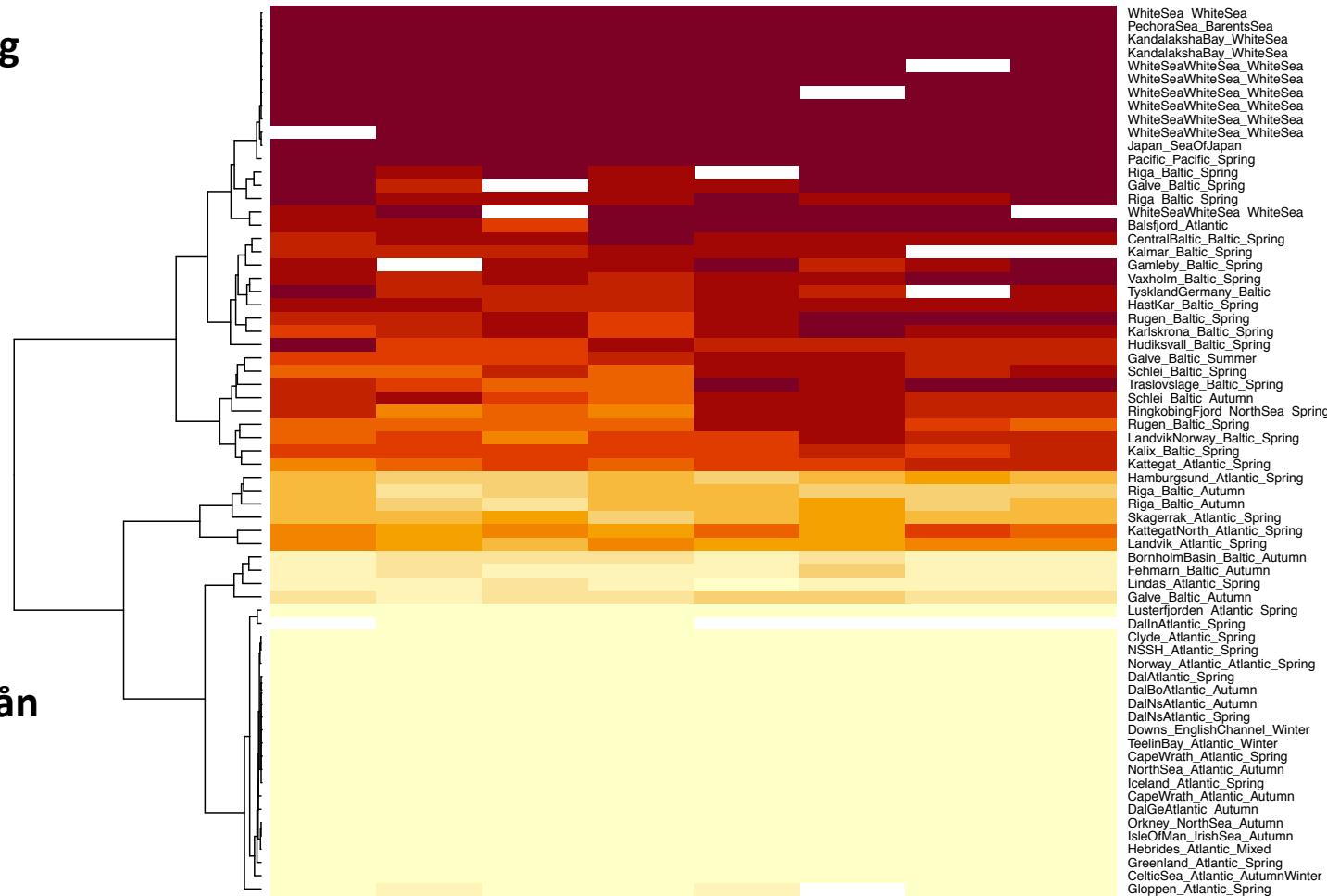


SEC16B: Adaptivt genflöde från Still Havssilen till Östersjön

Pacific herring
Stilla havet
Ishavet

Vårlekande
sill och
strömming
Östersjön

Sill från
Atlanteren +
höstlekare från
Östersjön



Leu40Ile; DAF 0.655

Arg169Lys; DAF 0.636

Ala319Thr; DAF 0.628

Ala411Val; DAF 0.652

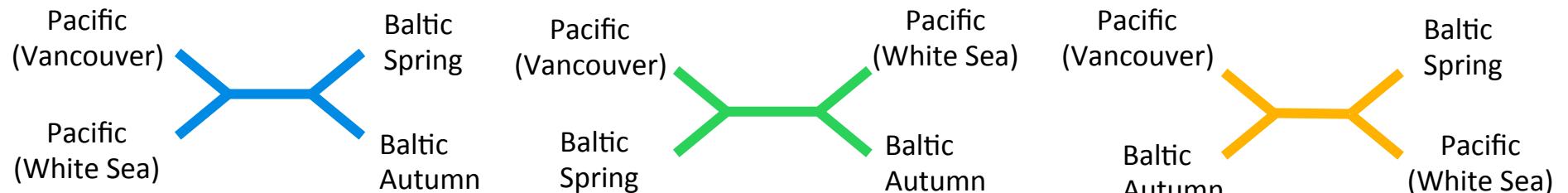
Pro703Leu; DAF 0.703

His779Leu; DAF 0.699

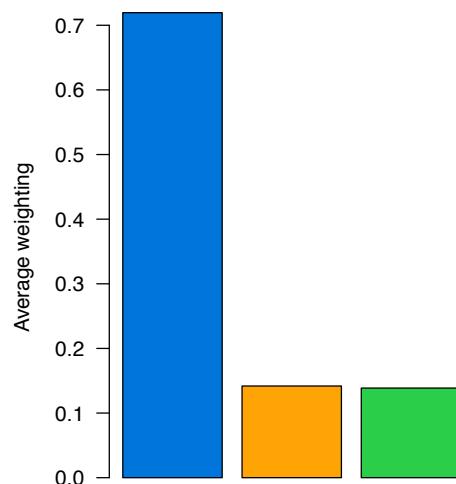
Ser905Ile; DAF 0.682

Gly912Glu; DAF 0.683

Adaptivt genflöde från Still Havssilden till Östersjön

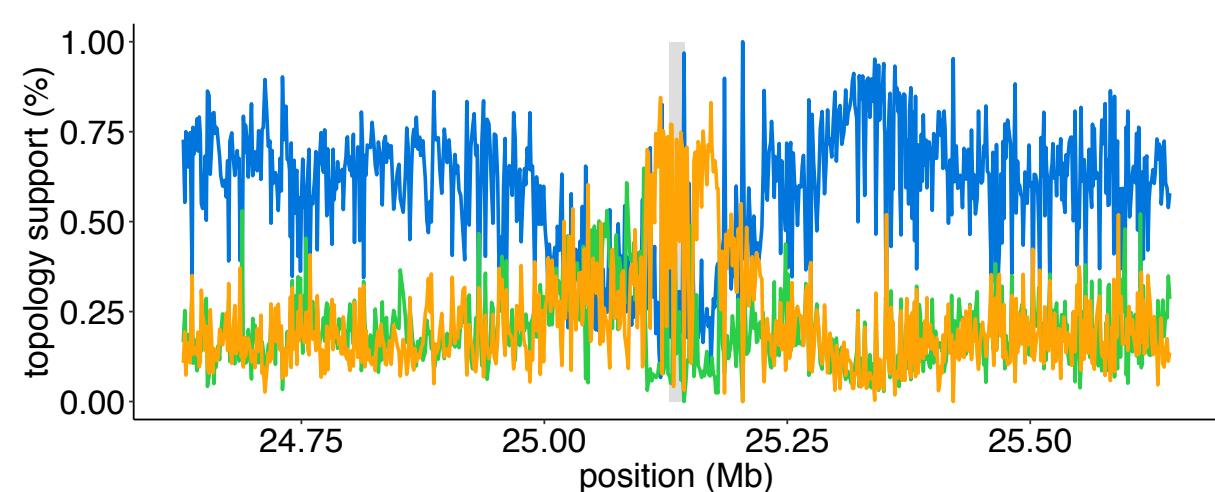


Proportion of three topologies
across Chromosome 10



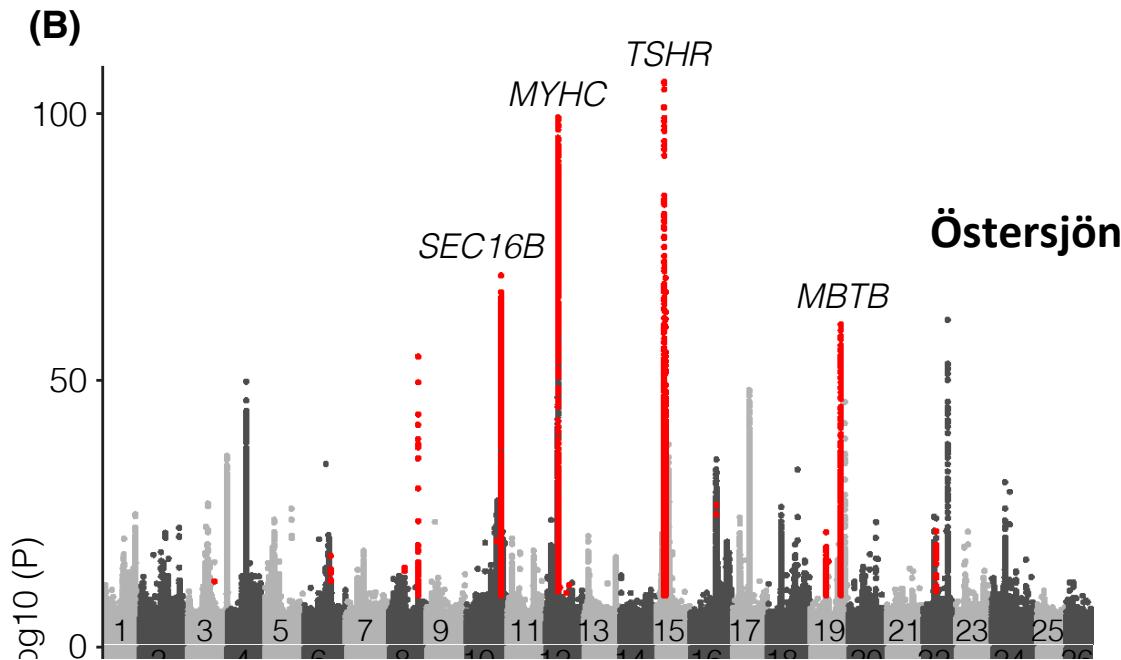
Trees of 50 SNPs

SEC16B



Mafalda Ferreira

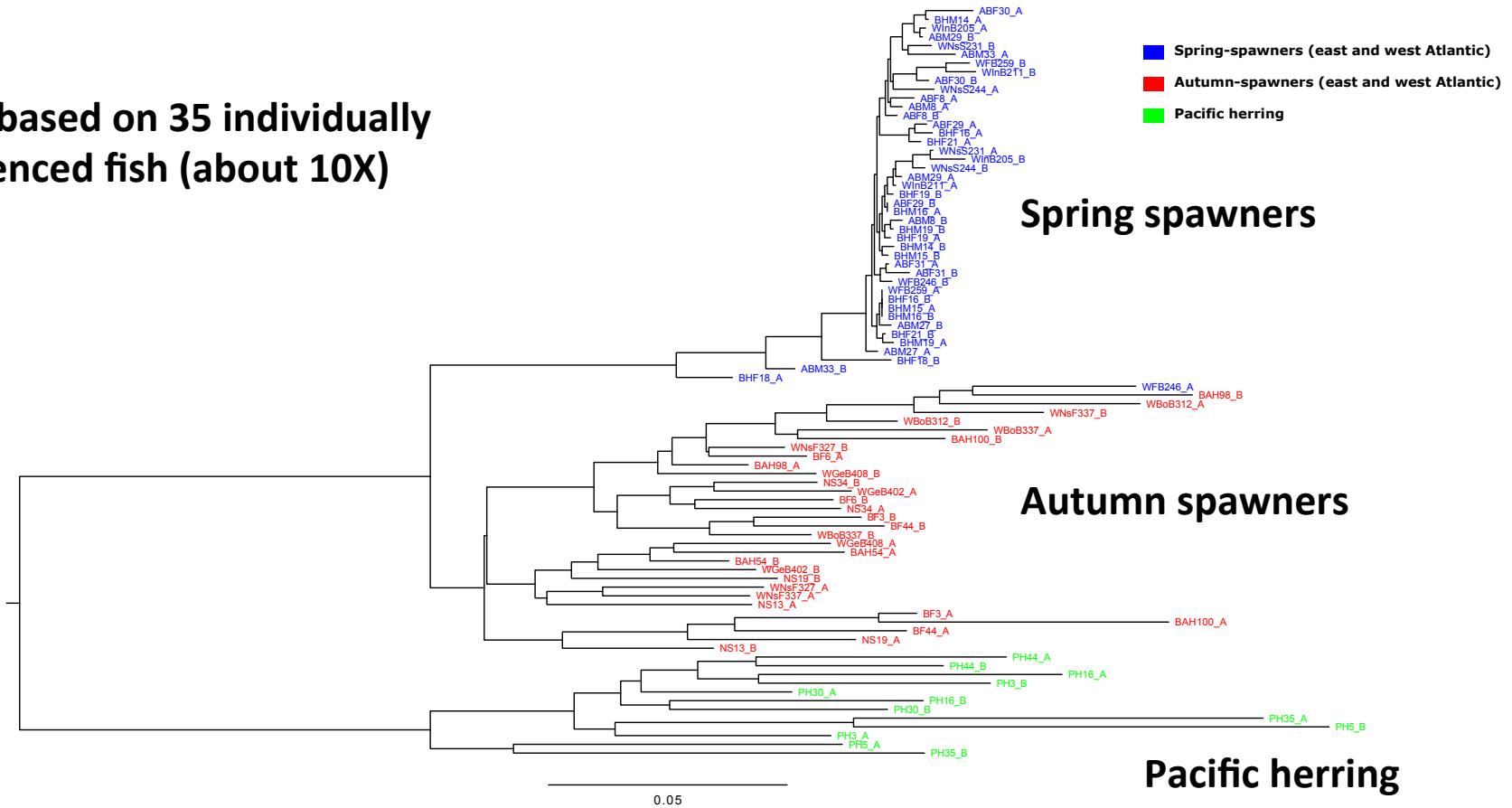
Tydliga genetiska skillnader mellan vårlekande och höstlekande strömming



Vår- och höst-lek representerar olika strategier för reproduktion, men miljöfaktorer påverkar lektiden och fisk kan under vissa förhållanden ändra lektid

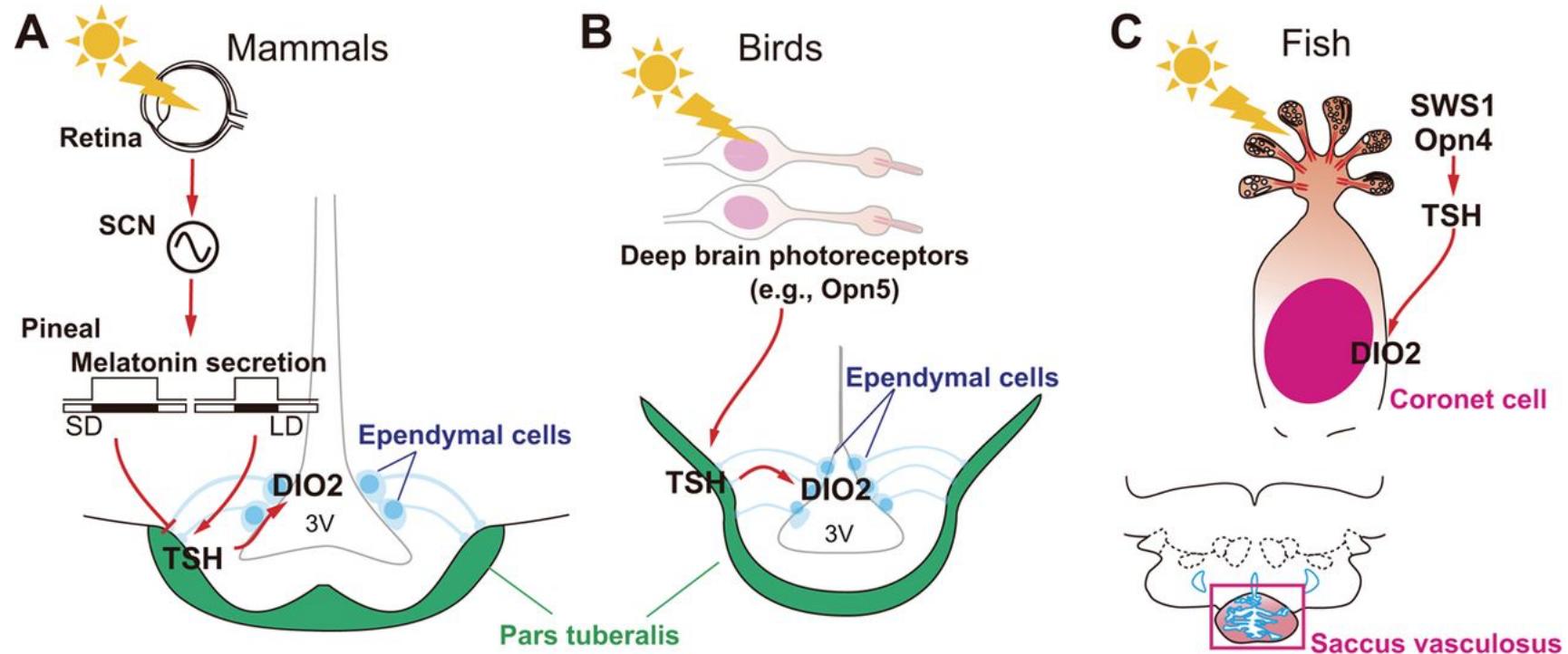
Släktskapsträd för TSHR haplotyper 120 kb region

Data based on 35 individually sequenced fish (about 10X)



Evolutionen av dessa haplotyper har pågått
under hundratusentals år!

Spännande biologi! Fotoperiodisk reglering av leken



Under senare tid ökad förekomst höstlekande jmf. med vårlekande i bottenhavet/bottenviken

Vad kan detta bero på??

- **Vårlekande strömming har ändrat lekbeteende??**
- **Förändrade miljöförhållanden som gynnar höstlek framför vårlek??**
- **Högre fisketryck på vårlekande strömming = minskad konkurrens för höstlekande strömming??**
- **Vi kan nu svara på denna fråga med de redskap vi har om vi kan få in prover från leklokaler samt från båtar som bedriver industriellt fiske i Östersjön**

Andra saker som vi inte vet, ännu!

- Hur många olika bestånd finns det i Östersjön?
- Hur stabila är de över tid och rum?
- Håller ett bestånd ihop utanför lektiden?
- Om ett bestånd kollapsar, hur lång tid tar det innan lekplatsen återkoloniseras?
- Födosöker vår- och höstlekande bestånd i olika områden?

Vi har nu de redskap som behövs för att besvara dessa frågor

- Ett SNP chip för att analysera tusentals DNA markörer från sill, skarpsill och torsk till en kostnad av cirka 200:- per individ kommer finnas tillgänglig från april 2022
- Det som saknas är provinsamlingar som gör det möjligt att besvara frågorna samt finansiering att fullt utnyttja denna potential

Slutsatser

- Sill och strömming mycket näbesläktade men tydligt olika på grund av genetisk anpassning till Östersjön
- Sillen har en verktygslåda med hundratals genvarianter som påverkar anpassningen med avseende på lokala miljöförhållanden främst vid leken (temperatur, salinitet, ljusförhållanden, med mera)
- Tre huvudtyper i Östersjön
- Vårlekande strömming
- Höstlekande strömming
- Sill som leker i södra Östersjön men födosöker i Västerhavet
- Troligen omfattande lokal anpassning inom dessa huvudgrupper

Tack!

Uppsala University

Mats Pettersson

Jason Hill

Erik Enbody

Junfeng Chen

Fan Han

Angela Fuentes Pardo

Arianna Cocco

Carl-Johan Rubin

Texas A&M University

Minal Jamsandekar

Brian Davis

The SNP&SEQ Technology Platform,

Uppsala Genome Center

Herring population biology

Arild Folkvord, Univ of Bergen

Florian Berg, Univ of Bergen

Michele Casini, SLU

Dorte Bekkevold, DTU, Denmark

Ed Farell, UCD, Dublin

Daniel Ruzzante, Dalhousie, Halifax

Population Genetics

Nils Ryman, Stockholm University

Linda Laikre, Stockholm University

Rhodopsin biology

Patrick Scheerer, Charité, Berlin

Gunnar Kleinau, Charité, Berlin

LRRC8C biology

Benjamin Kaupp, MPI CAESAR, Bonn

*Knut and Alice
Wallenbergs
Foundation*



The End

