

# Stovnsgull: Et genomisk dykk inn i bestandene hos gullaks

Svein-Ole Mikalsen og Sunnvør Klettskarð í Kongsstovu

Náttúruvísindadeildin

Fróðskaparsetur Føroya

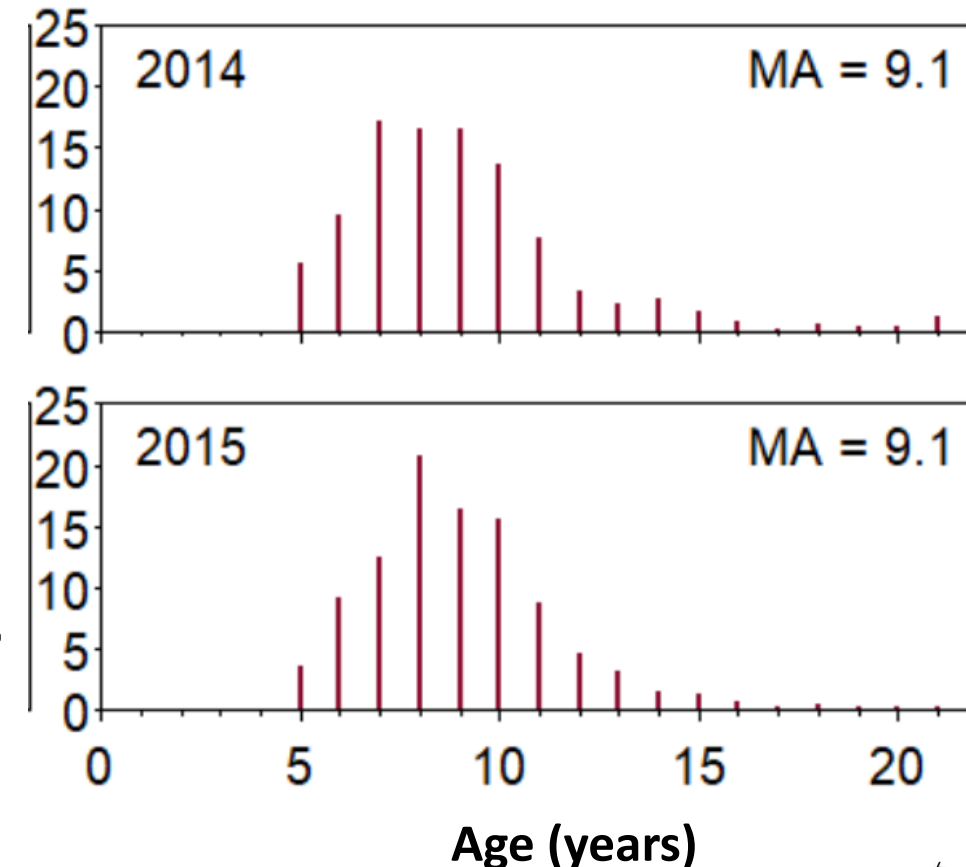


# Vi vet langt mindre om bestandene til gullaks enn til sild, makrell, torsk...

## Det vi vet:

- Gullaks vokser sakte
- Kjønnsmoden 6-8 (4-12) år gammel
- Kan bli minst 30 år gammel
- Hoveddelen av fangsten er 6-10 år gammel
- Synes ikke å være bestemte og tydelige gyteområder
- Gyting fra vår til høst

Aldersfordeling av fangst  
Føroyar - Skotland



# Vi vet langt mindre om bestandene til gullaks enn til sild, makrell, torsk...

## Det vi ikke vet:

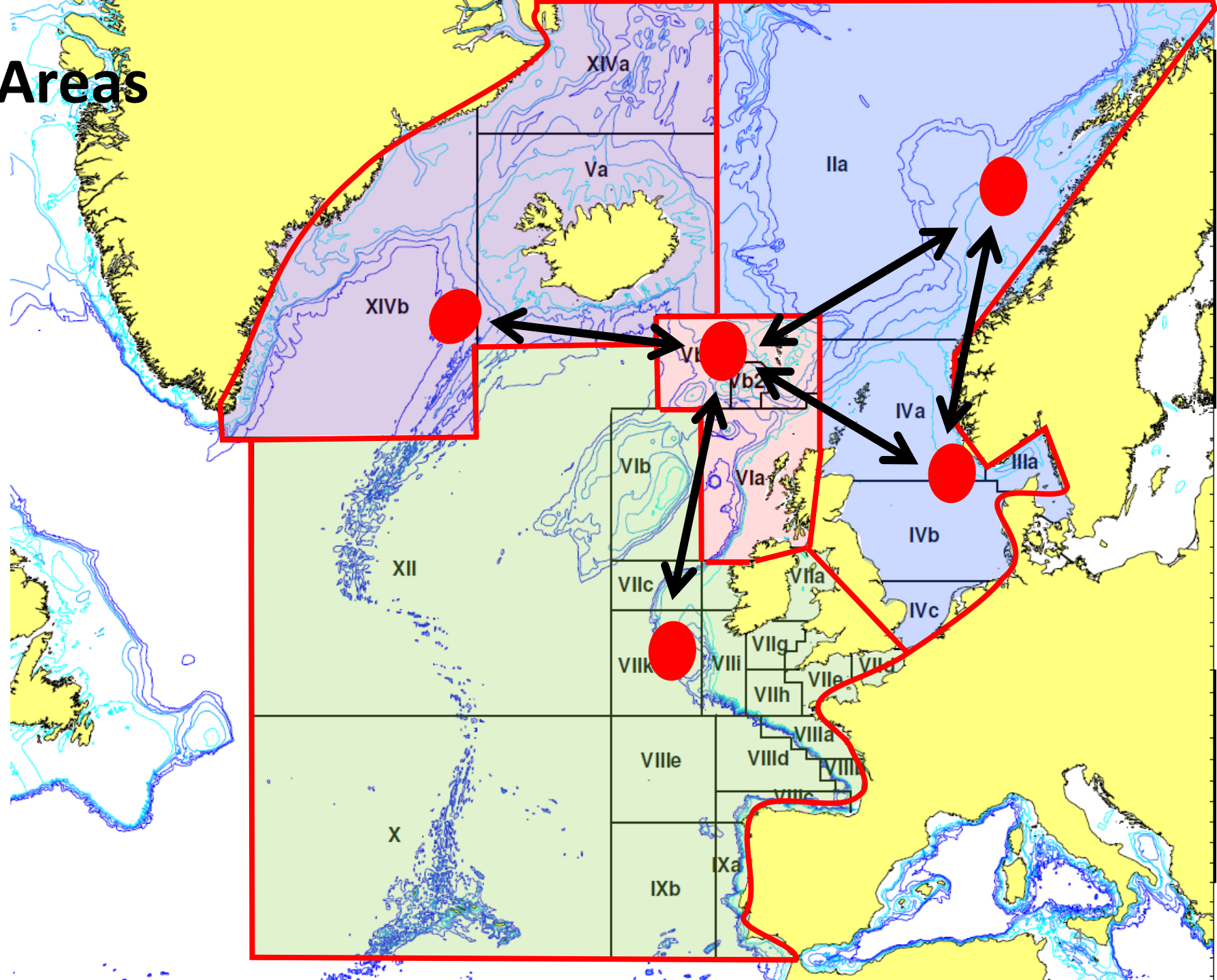
- Er det en felles bestand i Nordøst-Atlanteren, eller er det mange lokale bestander?
- Har bestanden i et område sine spesifikke lokale gyteområder?
- Er det stor utveksling mellom de forskjellige geografiske områdene (som voksne individer, eller som egg/yngel) ?



# ICES Management Areas

## Gullaks

??



**DNA kan (helt eller delvis) gi oss svar på slike spørsmål!**

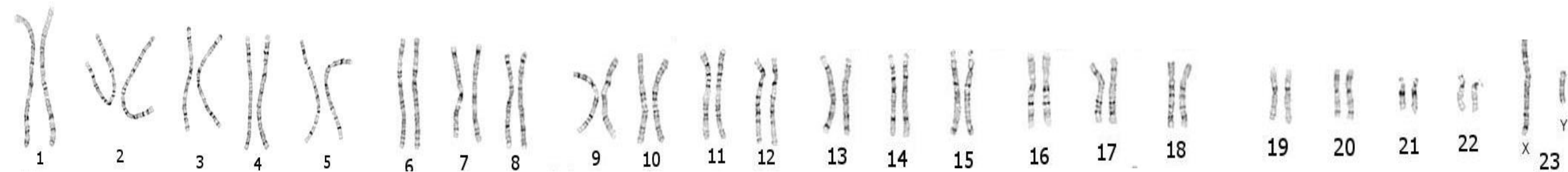
**DNA: Arvematerialet i alle levende vesener**





# Kort om DNA (arvematerialet)

- Arvematerialet er organisert i kromosomer
  - Halvparten fra mor
  - Halvparten fra far
- Arvematerialet bestemmer våre arvelige egenskaper
- Genomet: Den totale mengden av DNA i en organisme (summen av alle kromosomer)
- Genomet kan avleses (sekvenseres)
- Arvematerialet er 99.9% identisk mellom to tilfeldige personer
- ... og det er disse 0.1% variasjoner som er den genetiske bakgrunnen for at vi er forskjellige...
- ... og det gjelder også hos fisk!



**Enten det er folk eller fisk....**

**...dess nærmere i slekt er vi er, dess mer lik er DNA...**

**...dess fjernere i slekt er vi er, dess mer forskjeller finnes i DNA...**





ARTICLE

# Highly discrepant proportions of female and male Scandinavian and British Isles ancestry within the isolated population of the Faroe Islands

Thomas D Als<sup>\*1</sup>, Tove H Jorgensen<sup>1</sup>, Anders D Børglum<sup>2</sup>, Peter A Petersen<sup>3</sup>, Ole Mors<sup>1</sup> and August G Wang<sup>4,5</sup>

<sup>1</sup>Centre for Basic Psychiatric Research, Aarhus University Hospital, Risskov, Denmark; <sup>2</sup>Institute of Human Genetics, University of Aarhus, Denmark; <sup>3</sup>The Faroese Church, Copenhagen, Denmark; <sup>4</sup>Department of Psychiatry, Landssjúkrahúsíð (National Hospital), Torshavn, Faroe Islands and <sup>5</sup>Department of Psychiatry, Amager Hospital, Copenhagen University Hospital, Copenhagen S, Denmark

The Faroe Islands in the North Atlantic Ocean are inhabited by a small population, whose origin is thought to date back to the Viking Age. Historical, archaeological and linguistic evidence indicates that the present population of the Faroe Islands may have a mixture of Scandinavian and British Isles ancestry. In the present study we used 122 new and 19 previously published hypervariable region I sequences of the mitochondrial control region to analyse the genetic diversity of the Faroese population and compare it with other populations in the North Atlantic region. The analyses suggested that the Faroese mtDNA pool has been affected by genetic drift, and is among the most homogenous and isolated in the North Atlantic region. This will have implications for attempts to locate genes for complex disorders. To obtain estimates of Scandinavian vs British Isles ancestry proportions, we applied a frequency-based admixture approach

Gislason *BMC Genomics* (2023) 24:707  
<https://doi.org/10.1186/s12864-023-09763-x>

BMC Genomics

RESEARCH

Open Access



## SNP heterozygosity, relatedness and inbreeding of whole genomes from the isolated population of the Faroe Islands

Hannes Gislason<sup>1\*</sup>

### Abstract

**Background** The population of the Faroe Islands is an isolated population but very little is known about it from whole genome sequencing. The population of about 50000 people has a high incidence of rare diseases e.g., 1:300 for Primary Carnitine Deficiency. A screening programme was implemented, and eleven persons were also whole genome sequenced at x37 coverage for diagnostic purposes of those cases that were not affected by the known mutations. The purpose of our study is to utilize the high coverage data to explore the genomic variation and the ancestral history of the population. We study the SNP heterozygosity, the pairwise relatedness from kinship, the inbreeding from runs of homozygosity *ROH*, and we find the minor allele frequency distribution. We estimate the population ancestry and the timing of the founding event by using the whole genomes from eight consenting individuals.

**Results** We find the number of SNPs and the heterozygosity for the eight individual samples, and for merged samples, for which we also study the relatedness. We find close relatedness between the supposedly unrelated individuals. From *ROH*, we interpret the high relatedness as an ancient property of the isolated population. A bottleneck event is estimated starting between years ~ 50 – 300 with a maximum consanguineous population in year ~ 600 and similarly consanguineous between years 500 – 700. The ancestry analysis shows the population descends from founders



# Det er MYE informasjon i DNA (og en del av det vet vi fremdeles lite om)

- Informasjonsmengden i menneskelig DNA tilsvarer omtrent 1,6 millioner boksider  
(80 tegn/linje x 50 linjer/side = 4000 tegn/side)

- Informasjonsmengden i gullaks DNA tilsvarer omtrent 350 000 boksider  
(80 tegn/linje x 50 linjer/side = 4000 tegn/side)



fArgSil1 (ID 979627) - BioProject

ncbi.nlm.nih.gov/bioproject/PRJEB62529/

Fróðskaparsetur Føroya Nyheter Setrið 4R yr Companies Zoom Outlook

An official website of the United States government [Here's how you know](#)

**NIH** National Library of Medicine  
National Center for Biotechnology Information

BioProject BioProject

Advanced Browse by Project attributes

Display Settings: ▾

**fArgSil1 (greater argentine)**

**Argentina silus (greater argentine) genome assembly, fArgSil1**

This project provides the genome assembly of *Argentina silus*, common name greater argentine, as part of the Reference Genome Atlas Pilot Project (<https://www.erga-biodiversity.eu/pilot-project>). The data under this project is made available subject to the Tree of Life Open Data Release Policy (<https://www.darwinia.org/2019/07/10/tree-of-life-open-data-release-policy/>). The assembly is provided by the Wellcome Sanger Institute Tree of Life Programme (<https://www.sanger.ac.uk/programme/tree-of-life/>) in collaboration with Svein-Ole Mikalsen (The University of the Faroe Islands, species ambassador ERGA), Helga Bára Mohr Vang (Faroe Marine Research Institute) and the Reference Genome Atlas Pilot Project team. [Less...](#)

Accession	PRJEB62529
Data Type	Genome sequencing and assembly
Scope	Monoisolate
Organism	<a href="#">Argentina silus</a> [Taxonomy ID: 446415] Eukaryota; Metazoa; Chordata; Craniata; Vertebrata; Euteleostomi; Actinopterygii; Neopterygii; Teleostei; Protacanthopterygii; Argentinidae; Argentina; Argentina silus
Submission	Registration date: 3-Jun-2023 WELLCOME SANGER INSTITUTE

**Project Data:**

Resource Name	Number of Links

22813-tol - BioSample - NCBI

ncbi.nlm.nih.gov/biosample/29171295

Fróðskaparsetur Føroya Nyheter Setrið 4R yr Companies Zoom Outlook Telefonkataloger Literature

BioSample BioSample Search

Advanced Help

Full ▾ Send to: ▾

**22813-tol**

Identifiers BioSample: SAMEA110137642; SRA: ERS12235622

Organism [Argentina silus \(greater argentine\)](#)  
cellular organisms; Eukaryota; Opisthokonta; Metazoa; Eumetazoa; Bilateria; Deuterostomia; Chordata; Craniata; Vertebrata; Gnathostomata; Teleostomi; Euteleostomi; Actinopterygii; Actinopteri; Neopterygii; Teleostei; Osteoglossococephala; Cluipocephala; Euteleostomorpha; Protacanthopterygii; Argentiniformes; Argentinidae; Argentina

Attributes

collected by	HELGA BÁRA MOHR VANG
collection date	2021-09-12
depth	470
geographic location	<a href="#">Faroe Islands</a>
identified by	HELGA BÁRA MOHR VANG
life stage	adult
tissue	GILL ANIMAL
project name	ERGA
sample name	22813
sex	male
specimen voucher	NOT PROVIDED
ENA-CHECKLIST	ERC000053
GAL	Sanger Institute
GAL_sample_id	ERGA SM FO 02
INSDC center name	Tree of Life Programme
Submitter Id	22813
collecting institution	Faroe Marine Research Institute
common name	greater argentine
geographic location (latitude)	61.13
geographic location (longitude)	-9.35
geographic location (region and locality)	Faroe Bank
habitat	Sand
identifier_affiliation	Faroe Marine Research Institute
sample derived from	SAMEA110137623
scientific_name	<a href="#">Argentina silus</a>
specimen id	
symbiont	
tolid	

BioProject [PRJEB59966](#) fArgSil  
Retrieve [all samples](#) from this project

Submission EBI: 2022-08-17

**Related information**

BioProject

Taxonomy

**Recent activity** [Turn Off](#) [Clear](#)

22813-tol biosample


BioSample Links for BioProject (Select 935650) (4) BioSample

fArgSil BioProject

BioProject for BioProject (Select 979627) (1) BioProject

fArgSil1 BioProject

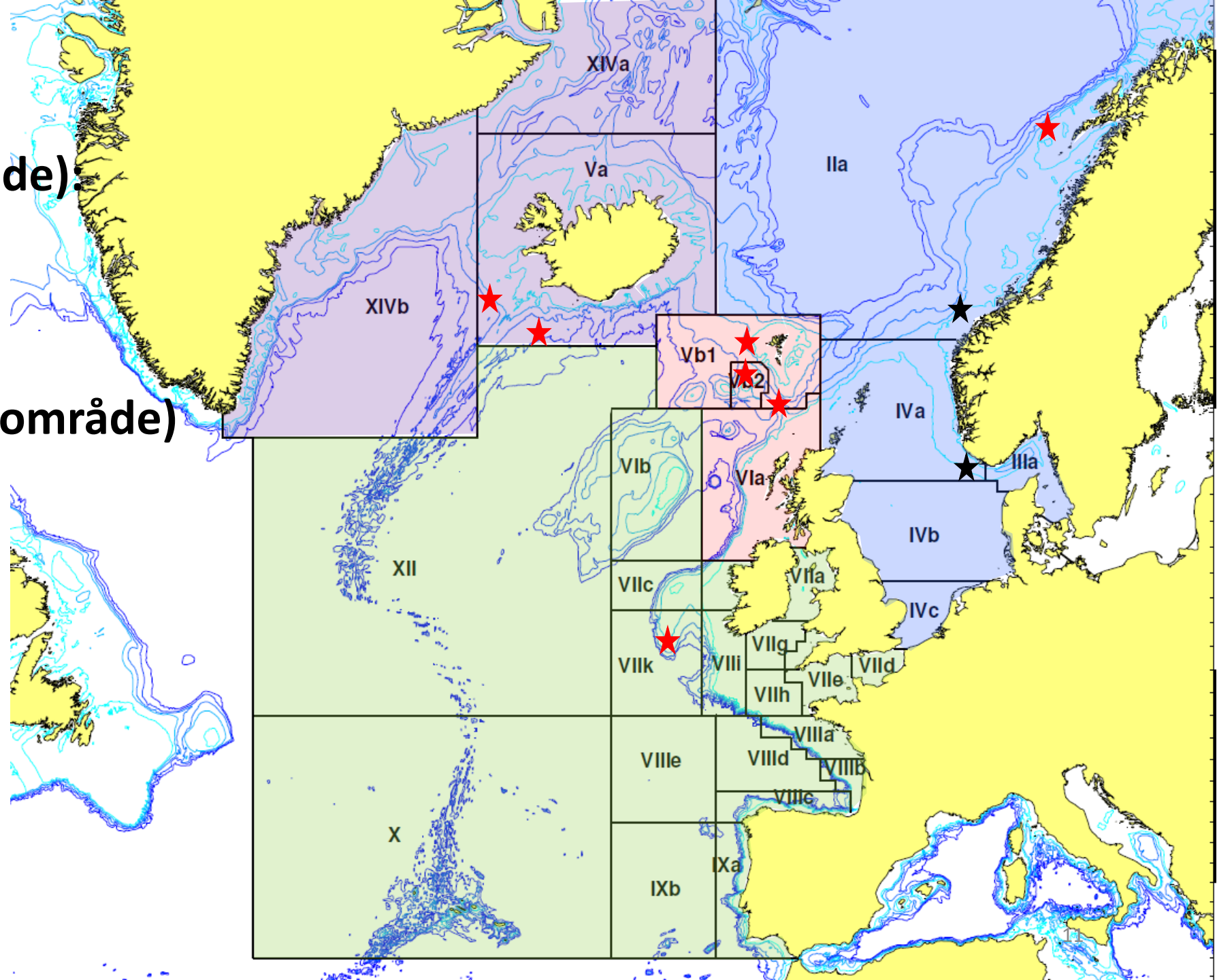
[See more...](#)



collecting institution	Faroe Marine Research Institute
common name	greater argentine
geographic location (latitude)	61.13
geographic location (longitude)	-9.35
geographic location (region and locality)	Faroe Bank

## Prøver fra gullaks (~50 fisk fra hvert område):

- Island (2 områder)
- Føroyar (3 områder)
- Norge (3 områder)
- Irland (via Spania; 1 område)



# Stovnsgull (I)

- Lese genomet hos ~50 fisk fra hvert område
- Sammenligne genomene fra alle individene fra hvert område og finne hva som er likt og forskjellig

Island 1	->	AGTCTAAGTG <b>A</b> AGCATCAATGGCCTTACTTTCTAATCATTTC	} 1
Island 2	->	AGTCTAAGTG <b>T</b> AGCATCAATGGCCTTACTTTCTAATCATTTC	
.....			
Føroyar 1	->	AGTCTAACTGAAGCATCA <b>T</b> TGGCCTTACTTACTAATCATTTC	} 1
Føroyar 2	->	AGTCTAACTGAAGCATCA <b>C</b> TGGCCTTACTTACTAATCATTTC	
.....			



# Stovngull (II)

- Lese genomet hos 30-50 fisk fra hvert område
- Sammenligne genomene fra alle individene fra hvert område og finne hva som er likt og forskjellig
- **Sammenligne alle områdene, og finne hva som er spesifikt for hvert område**

Island	->	AGTCTAAG <b>TG</b> AAGCATCA <b>AT</b> GGC <b>C</b> TTACTTT <b>CT</b> AATCAT <b>TTC</b>	
Føroyar	->	AGTCTAA <b>C</b> TG <b>A</b> AAGCATCA <b>T</b> TTGGC <b>C</b> TTACTTT <b>A</b> CTAATCAT <b>TTC</b>	
Norra	->	AGTCTAA <b>C</b> TG <b>C</b> AAGCATCA <b>G</b> TTGGC <b>G</b> TTACTTT <b>G</b> CTAATCAG <b>TTC</b>	
.....			





# Stovnsgull

## Formål

Er det en eller flere bestander med gullaks i Nordøst-Atlanteren?

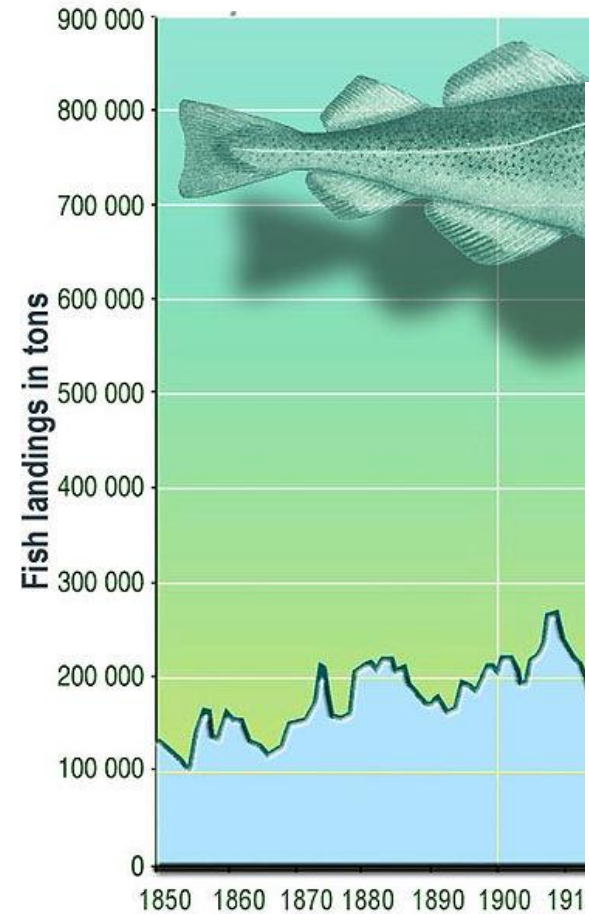
Er det stor, liten eller ingen utveksling av individer mellom områdene?

→ Denne kunnskapen kan brukes...

- i forvaltningen av gullaks i Nordøst-Atlanteren (stovnsumsiting)
- sikre bæredyktighet i fiskeriene (burðardyggan fiskiskap)

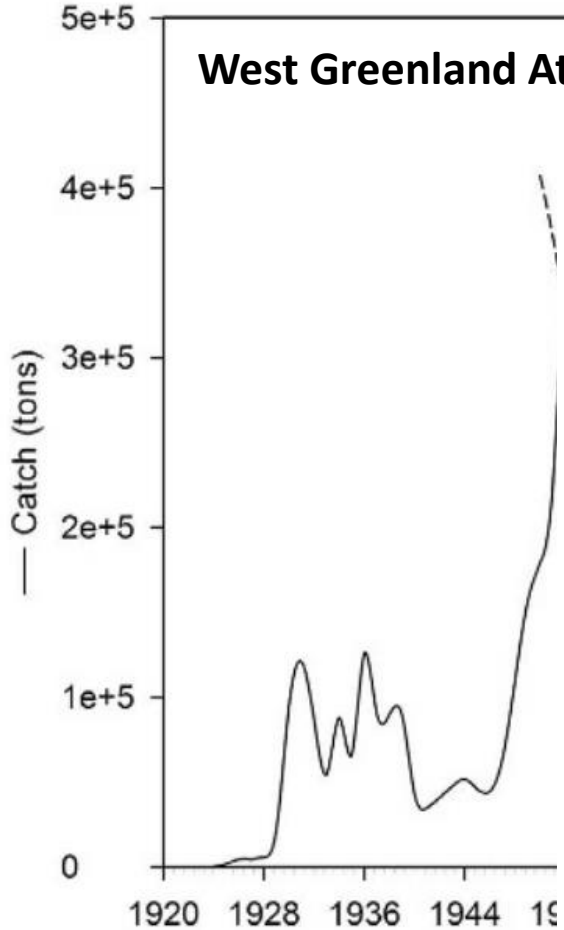


# New Foundland Atlantic cod



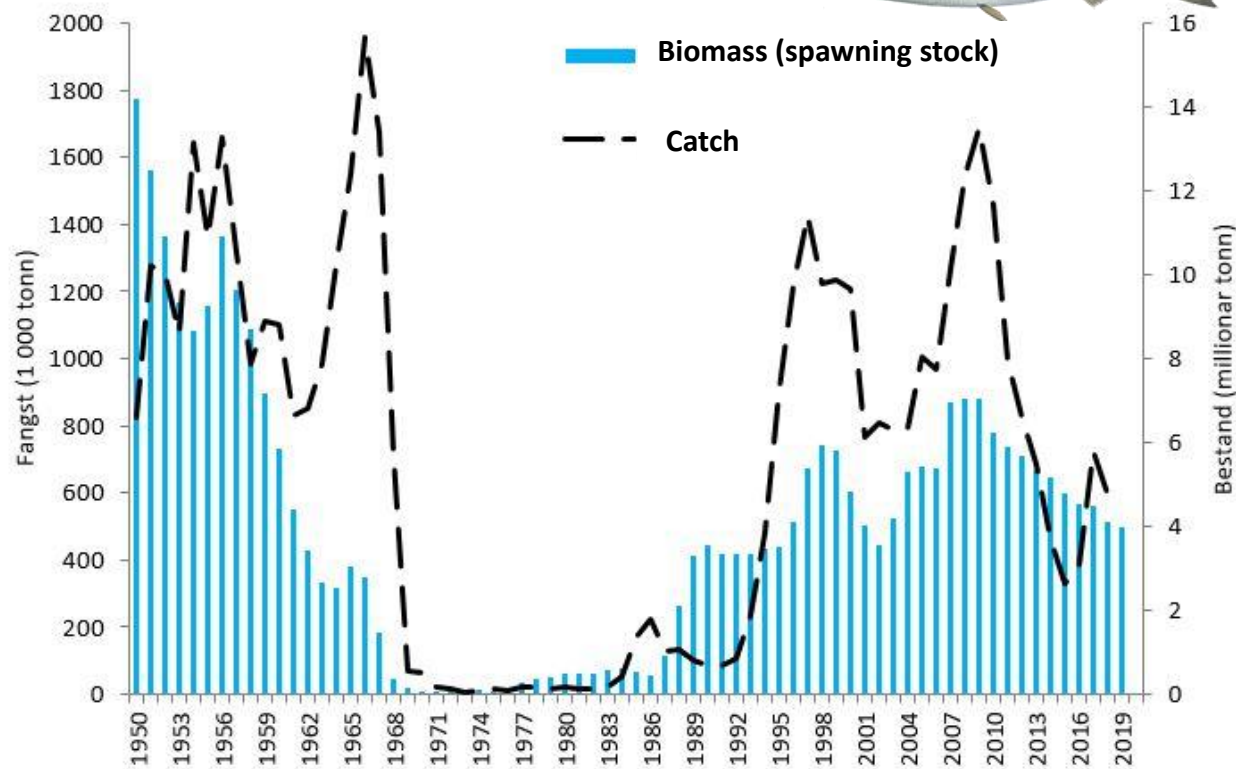
<https://en.wikipedia.org/wiki/Colla>

# West Greenland Atlantic cod



Bonanomi S et al (2015) Sc

# Norwegian spring-spawning herring



<https://www.hi.no/hi/temasider/arter/norsk-vargytende-sild>

# Stovngull

## Formål

Er det en eller flere bestander med gullaks i Nordøst-Atlanteren?

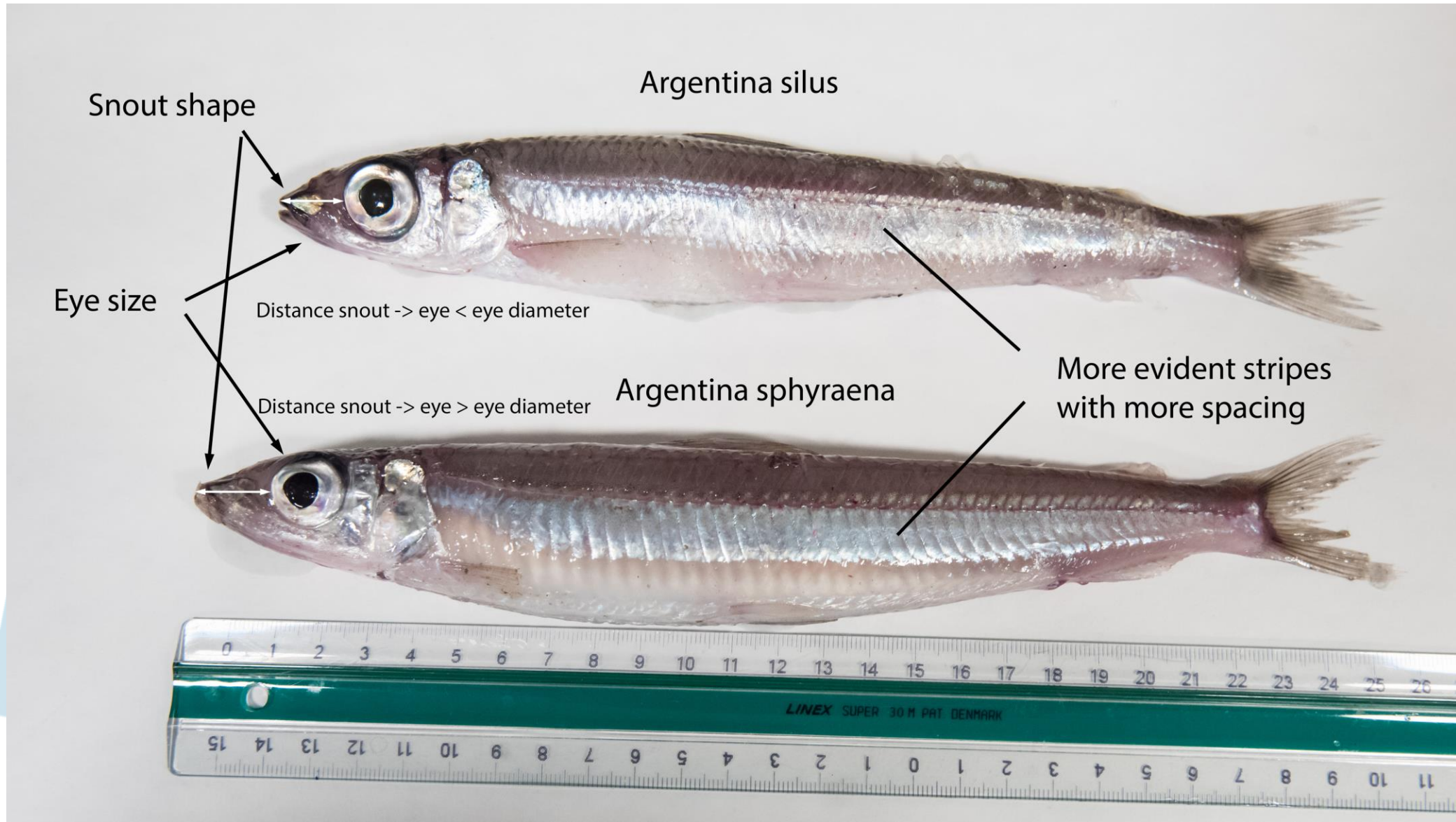
Er det stor, liten eller ingen utveksling av individer mellom områdene?

→ Denne kunnskapen kan brukes...

- i forvaltningen av gullaks i Nordøst-Atlanteren (stovnsumsiting)
- sikre bæredyktighet i fiskeriene (burðardyggan fiskiskap)
- **sporing av fisk og fiskeprodukter (sporføri)**
- **bekjempe ulovlig, urapportert og uregulert fiske**



# En utvidelse av Stovnsgull: "Streymgull"



# Stovngull

## Formål

Er det en eller flere bestander med gullaks i Nordøst-Atlanteren?

Er det stor, liten eller ingen utveksling av individer mellom områdene?

→ Denne kunnskapen kan brukes...

- i forvaltningen av gullaks i Nordøst-Atlanteren (stovsumsiting)
- sikre bæredyktighet i fiskeriene (burðardyggan fiskiskap)
- sporing av fisk og fiskeprodukter (sporføri)
- bekjempe ulovlig, urapportert og uregulert fiske

→ Denne kunnskapen kan brukes også i mer grunnleggende biologi...

- Hva er de genetiske forskjeller mellom "Argentiniformes" og andre fisk?
- Hvordan migrerte gullaks inn i Nordøst-Atlanteren etter siste istid?



# Takk til følgende personer og til institusjoner for "in-kind" bidrag:

## *Styringsbólk*

- Durita í Grótinum (Faroe Islands Sustainable Fisheries)
- Joen Magnus Rasmussen (Tavan)
- Petur Steingrund (Havstovan)

## *Innsamling av prøver til genomsekvensering og populasjonsgenetikk*

- Joen Magnus Rasmussen, Nicolas Stauss (Tavan)
- Torild Johansen, Elvar Hallfredson (Havforskningsinstituttet, Norge)
- Pamela Woods, Áki Jarl Láruson, Magnús Thorlacius (HAFRO, Island)
- Fransisco Baldo (Spanish Institute of Oceanography)
- Petur Steingrund, Ian Salter, Helga Bára Mohr Vang, Hannipoula Olsen (Havstovan)
- RV Jákup Sverri med mannskap (Havstovan)
- Mark Blaxter og medarbeidere (Wellcome Sanger Institute, UK)
- Tom Gilbert og medarbeidere (Yggdrasil sequencing center, Globe Institute, KU)



INSTITUTE OF MARINE RESEARCH



YGGDRASIL



Center for Evolutionary Hologenomics  
Globe Institute



INSTITUTO  
ESPAÑOL DE  
OCEANOGRAFÍA

# Takk for finansiering av prosjektet:

FISKIVINNU  
GRANSKING



FISKIVINNU- OG SAMFERÐSLUMÁLARÁÐIÐ  
Ministry of Fisheries and Infrastructure

**TAVAN**  
FISH PROCESSING FACTORY



granskingar ráðið  
THE FAROESE RESEARCH COUNCIL

FØROYAGRUNNURIN



UNIVERSITY OF  
THE FAROE ISLANDS



# Takk for oppmerksomheten!