



IJMUIDEN – De visserijsector, wetenschappers en maatschappelijke organisaties werken in onderzoeksprojecten samen aan duurzaam visserijbeheer, zoals innovatie om selectiever te vissen en verbetering van de bestandsschattingen. De projecten worden gefinancierd uit het Europees Fonds voor Maritieme Zaken en Visserij. Over de onderzoekssamenwerking publiceren de projectpartners in een eigen column in Visserijnieuws. Deze week staat het onderzoek over het gebruik van DNA om de hoeveelheid roggen in de Noordzee te schatten centraal.



Onderzoekssamenwerking visserij

Hoe gebruik je DNA-verwantschap voor een bestandsschatting?

Er is nog weinig bekend over de aantallen roggen in de Noordzee inclusief hun leeftjidsverdeling. Alle roggensoorten vallen onder één vangstquotum. Het gevolg is dat er een kans bestaat dat sommige soorten niet duurzaam of optimaal worden bevist.

De huidige bemonsteringgegevens zijn niet geschikt om een nauwkeurige bestandsschatting per soort te maken. Dit betekent dat in de vangstadvisen extra voorzorg is ingebouwd om deze soorten niet per ongeluk te overbevissen. Dit is vooral belangrijk omdat roggen, net als haaien, een relatief lage vruchtbaarheid hebben; per jaar wordt maar een klein aantal jongen geproduceerd.

Wat we wel weten is dat de laatste jaren de vangsten van verschillende roggensoorten toenemen in de jaarlijkse bestandsopnames met de onderzoeksschepen. Maar hoeveel roggen zijn er in totaal? Dat weten we niet. Een bestandsschatting met behulp van DNA-gegevens biedt mogelijk uitkomst.

Hoe kun je met DNA zien of dieren aan elkaar verwant zijn?

In de cellen van elk organisme zit DNA als erfelijk materiaal. Dat DNA bestaat uit lange strengen van bouwstenen. Die strengen heten chromosomen en de bouwstenen heten 'nucleotiden' of 'basen'. In het DNA zitten vier typen nucleotiden, die C, G, A, en T genoemd worden.

Het totale DNA, het genoom, van de mens bestaat uit zo'n drie miljard nucleotiden. Het genoom bevat ook alle genen. De volgorde van de nucleotiden in de genen bepaalt de functie van elk gen, en de genen bepalen grotendeels hoe het organisme er precies uitziet. Ook het genoom van de roggen bestaat uit ongeveer drie miljard nucleotiden.

Mensen en dieren hebben twee kopieën van het genoom: één die ze van de moeder krijgen, en één van de vader. Toch zijn zelfs broers en zussen onderling net anders, omdat ze verschillende stukken van het genoom van de ouders hebben meegekregen. Elke persoon is dus uniek.

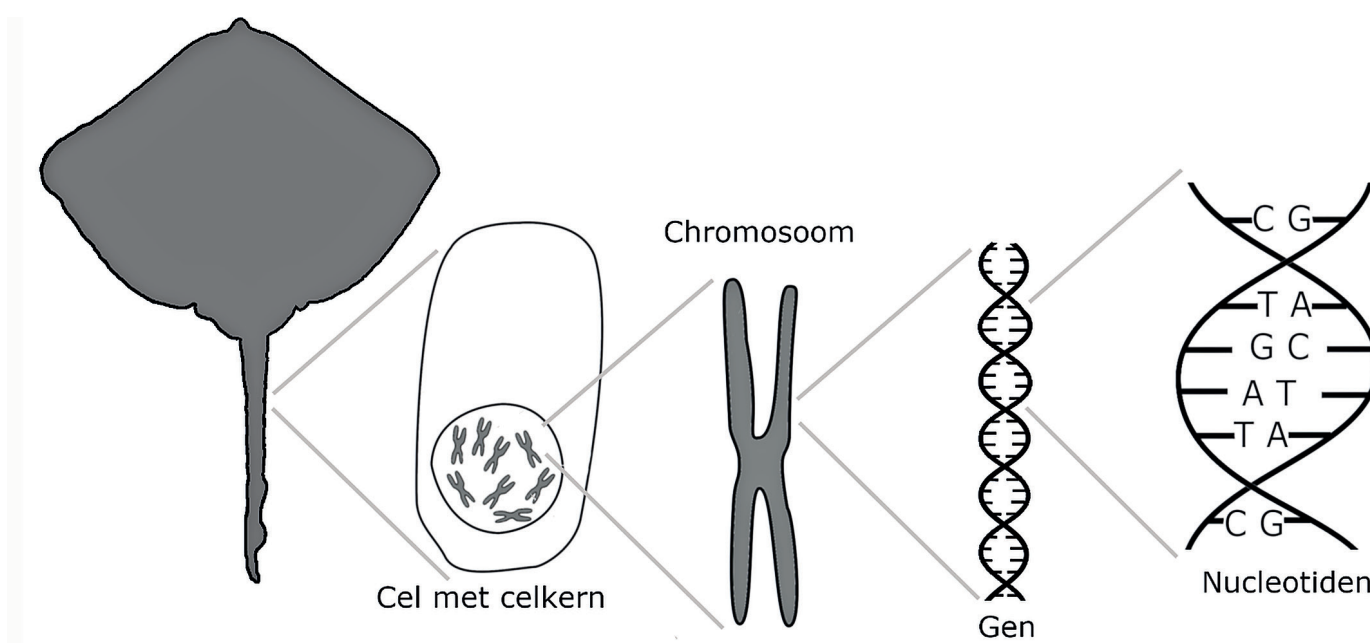
DNA is daarom ook de basis voor verwantschapsonderzoek. Broers en zussen lijken meer op elkaar dan nichten en neven, en die lijken vervolgens weer meer op elkaar dan individuen die niet verwant zijn. Een verloren dochter of kleinzoon kan met honderd procent zekerheid worden geïdentificeerd door DNA-onderzoek. De mogelijkheid om nauwkeurig verwantschappen te bepalen met DNA kan eventueel bij dieren worden gebruikt.



★ Stekelrog.



★ Blonde rog.



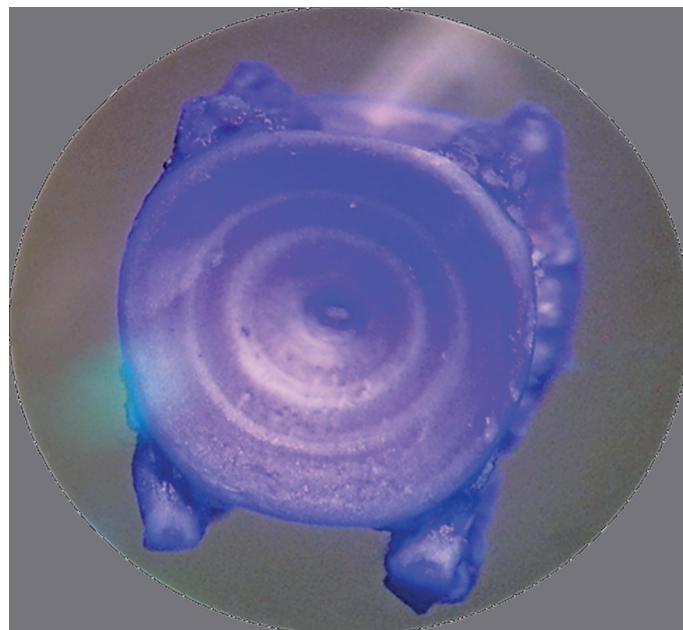
★ Nucleotiden in het DNA van roggen, wat gebruikt wordt om het genotype van roggen te beschrijven. Dit genotype kan gebruikt worden om de verwantschap tussen twee roggen te bepalen.

De gevonden verwantschap binnen een steekproef geeft een schatting van de grootte van het hele rogbestand. Als een bestand klein is, dan zullen de gevangen vissen relatief vaak aan elkaar verwant zijn; je ziet dan veel broertjes en zusjes en neefjes en nichtjes. Als er een groot bestand is, dan zullen de gevangen vissen juist relatief weinig aan elkaar verwant zijn. Verwantschappen bepalen met DNA-techniek is inmiddels in Australië succesvol toegepast om de hoeveelheid blauwvintonijn op het zuidelijk halfrond te schatten.

De ervaringen in Australië brachten ons op het idee om te kijken of we de DNA-verwantschapsmethode kunnen gebruiken voor het verbeteren van de bestandsschattingen van roggen.

Hoe gaat het DNA-onderzoek bij roggen in zijn werk?

Het DNA wordt verzameld door een klein beetje weefsel van de staart of vinnen te nemen. De dieren hoeven niet te worden gedood. De bemonstering kan ook prima plaatsvinden bij dieren die voor consumptie zijn bedoeld. Het weefsel wordt bewaard in een



★ Wervel van een stekelrog. Groeiringen zijn zichtbaar gemaakt door middel van een kleuring.

buisje met alcohol. In het laboratorium wordt uit dat weefsel het DNA gehaald.

Het grootste deel van de nucleotiden van het DNA is hetzelfde voor alle roggen van dezelfde soort. Er zijn echter ook kleine verschillen. Deze verschillen kunnen worden gebruikt om een soort unieke vingerafdruk

te creëren voor iedere rog waar een monster van is genomen. Die vingerafdruk noemen we het genotype. In het geval van de roggen bestaat de beschrijving van het genotype uit ongeveer 6.000 verschillen, verspreid over het genoom.

De DNA-monsters van roggen zijn verzameld in de Noordzee en

het oostelijke deel van het Engelse Kanaal. Het verzamelen is voornamelijk gedaan aan boord van onderzoeksschepen en op visafslagen. Monsters werden ook genomen uit het discardonderzoek, en de visserijsector heeft ook advies gegeven voor het verzamelen van monsters. Er is momenteel weefsel verzameld van ongeveer 1.100 stekelroggen en 600 blonde roggen.

Specialistische laboratoria in Frankrijk en Australië voeren de bepaling uit van de genotypes van de stekelrog en de blonde rog. Het genotype dat zij kunnen opstellen is goed genoeg om bij de roggen verwantschappen aan te tonen tussen ouders en kinderen, en halfbroers en halfzussen. Deze informatie over verwantschappen tussen monsters kan dan weer worden omgezet naar een schatting van de aantallen roggen in de Noordzee, indien we er genoeg hebben bemonsterd, en indien we wat extra informatie hebben.

Van verwantschap naar bestandsschatting

De volgende stap is om de gevonden verwantschap om te zetten naar een bestandsschatting.

Hiervoor zijn nog aanvullende gegevens nodig zoals de leeftijd. Voor beenvissen zoals schol en tong wordt de leeftijd afgelezen met behulp van de otolieten (gehoorsteentjes). Voor roggen kan dat niet, want kraakbeenvissen hebben geen otolieten. Daarom wordt er geprobeerd om met behulp van de lengte en aan de hand van wervels een leeftijd te bepalen. Wervels vertonen namelijk, net zoals otolieten, groeiringen die kunnen worden afgelezen onder een microscoop.

Bij aanvang van het project is ervoor gekozen om 2.000 stekelroggen en 1.000 blonde roggen te onderzoeken. Het succes en de kwaliteit van de bestandsschattingen hangen af van de totale aantallen verwante dieren. Dit project is bedoeld als een start voor het toepassen van DNA-technologie in bestandsschattingen. Naarmate er in de toekomst meer en meer vissen worden toegevoegd aan de DNA-database van elke soort, zullen familieverbanden steeds fijnmaziger in kaart kunnen worden gebracht.

Een DNA-databank wordt dus steeds waardevoller naarmate meer dieren per soort worden toegevoegd. En omdat de DNA-technologie in de basis hetzelfde is voor alle soorten, kunnen we met de inzichten die dit project oplevert op termijn eenvoudig andere soorten toevoegen. Uiteindelijk zouden deze bestandsschattingen op basis van verwantschap in de toekomst mogelijk een snelle en goedkope methode kunnen zijn voor alle soorten waar geen goede schatting voor is, maar die wel belangrijk zijn voor de visserij.

Deze studie wordt uitgevoerd binnen het project Onderzoekssamenwerking 2.1 Innorays. Een gezamenlijk initiatief door Wageningen Marine Research, verschillende onderdelen van de Wageningen Universiteit, VisNed en de Nederlandse Visserijbond. Het project wordt gefinancierd uit het Europees Fonds voor Maritieme Zaken en Visserij.

Hendrik-Jan Megens,
Jurgen Batsleer, Jan Jaap Poos
Wageningen University & Research
Janjaap.poos@wur.nl
+31 317487189



★ Europese Unie, Europees Fondsvoor Maritieme Zaken en Visserij