

Lakselusen er en marin parasitt som sprer seg i vannmassene som frittlevende larver. Alle laksefisk-arter langs norskekysten, nærmere bestemt Atlantisk laks, sjørøtt, røye og pukkellaks, er verter for lakselus og bidrar til spredningen. Eksperimentell sporing av de smittsomme kopepodittene tilbake til deres opprinnelse er foreløpig ikke mulig, og modellering er ikke i stand til å skille mellom kopepoditter som stammer fra oppdrettsfisk eller fra villfisk.

I prosjektet TraceLice (901860) undersøker vi om epigenetiske mekanismer kan gi svar på hvor lakselusmitten stammer fra og om det er epigenetiske forskjeller på lakselusens DNA avhengig av hvilken vert (oppdrettslaks eller ville laksefisker) lusene stammer fra. De epigenetiske forskjellene TraceLice fokuserer på er DNA metylering, en epigenetisk mekanisme som justeres etter ytre påvirkning (miljø). Potensielt kan altså de epigenetiske justeringene være vertsavhengige for lusene. Disse forskjellene kan oppstå i én generasjon og videreføres til avkommet.

I TraceLice ble adulte hunnlus fra forskjellige laksefisk langs norskekysten samlet inn og deres DNA-metyleringsmønstre ble undersøkt ved hjelp av Reduced-Representation-Bisulfite-Sekvensering (RRBS) for å finne vertsspesifikke Epi-markører. Epi-markørene ble evaluert ved å analysere samspillet mellom DNA-metyleringsmønstre og genuttrykk målt med RNA-sekvensering for samme lus.

Vi fant vi at metyleringsraten på lusens DNA er utfordrende lav (~1-2%) sammenlignet med andre arter (beinfisk ~75%). Metyleringen var fordelt over genomet og ikke regulert i promotor-regioner hvor transkripsjonen igangsettes som er vanlig hos for eksempel vertebrater. Dette er ikke uvanlig i artropoder. Vi fant ingen markør som tydelig kan skille mellom lus fra oppdrettslaks versus ville laksefisker. Men resultatene viser likevel signifikante justeringer av DNA metylering for flere CpG i lakselusen DNA avhengig av om verten var en oppdrettslaks eller sjørøtt eller røye. For disse Epi-markørene tester vi metyleringsspesifikk qPCR, som skal brukes til å evaluere om Epi-markørene kan skille mellom ulike vertsfisk for både hunnlus og på deres avkom.