

Title: Genetic variation in gut-microbial composition in Atlantic Salmon

Tittel: Genetisk variasjon i mikrobiell sammensetning i tarm hos Atlanterhavslaks

Keywords/Stikkord: Microbiome, Complex traits, Kvantitativ genetikk, microbiability, Atlantic salmon, Laks, heritability, genetic variation, GWAS

Thesis type/Oppgavetype: Master

Credits/Stp: 30, 45, 60

Language/Språk: English, Norsk

Supervisors/Veiledere: Cathrine Brekke, Simen Rød Sandve

Contact/Kontakt: cathrine.brekke@nmbu.no; simen.sandve@nmbu.no

Description:

Variation in the gut microbiome has been associated with health, greenhouse gas emissions, milk production, growth and host genetic variation in land-based farm animals, but very little is known about the gut microbiome of aquatic species in general. In this project we collected gut samples from and genotyped more than 1600 Atlantic salmon individuals from sea cages. 16S amplicon sequencing was performed on the stool samples to identify taxonomic groups of microbes in the salmon gut. Early analysis find that a single Mycoplasma species dominates the microbiome with > 90 % abundance across individuals and that variation in both this dominant species and several other low abundance microbial species is associated with genetic variation in the host. Are you interested in studies on microbiomes or just genetic studies on complex traits in general? There are several research questions that can be investigated within this project and the student will be able to help form the topic of the master project within this framework. Feel free to contact the supervisor(s) for an informal chat if interested.

Beskrivelse:

Variasjon i mikrobiell sammensetning i tarmen har blitt assosiert med både helse, klimagass utslipp, melke produksjon og genetisk variasjon i landbruksdyr, men vi vet foreløpig veldig lite om mikrobiom sammensetningen hos akvatiske dyr. I dette prosjektet ble det samlet inn tarmprøver fra over 1600 dyr og 16S amplikon sekvensering ble utført for å se på mikrobiell sammensetning. De samme dyrene ble genotypet på en 70K SNP chip. Foreløpige analyser har vist at en enkelt Mykoplasma art dominerer tarm samfunnet og utgjør gjennomsnittlig over 90% av mikrobefolkningen. Vi finner også at både denne arten og arter av andre taksonomiske grupper viser en arvelig variasjon hos laksen. Det er mange spørsmål som kan utforskes innen dette prosjektet og master studenten vil selv få være med å bestemme hvilket fokus master oppgaven skal ha. Er du interessert i mikrobiom, eller bare generelt i forskning på komplekse egenskaper? Ta gjerne kontakt med veileder for en uformell prat om mulige oppgaver.

Additional info: No lab work. Bioinformatics project. skills within quantitative genetics fits well, but

not mandatory.

Project and/or collaborators: ImprovaAfish

Date published/Dato publisert: 10/21/2024