



(12) **PATENT**

(19) NO

(11) **337188**

(13) **B1**

NORGE

(51) Int Cl.

C12Q 1/68 (2006.01)

Patentstyret

(21)	Søknadsnr	20130468	(86)	Int.inng.dag og søknadsnr
(22)	Inng.dag	2013.04.08	(85)	Videreføringsdag
(24)	Løpedag	2013.04.08	(30)	Prioritet
(41)	Alm.tilgj	2014.10.09		
(45)	Meddelt	2016.02.08		
(73)	Innehaver	NIVA, Gaustadalléen 21, 0349 OSLO, Norge		
(72)	Oppfinner	Marc Anglès d'Auriac, Grønvoll Allé 13 A, 0663 OSLO, Norge		
(74)	Fullmektig	Zacco Norway AS, Postboks 2003 Vika, 0125 OSLO, Norge		

(54)	Benevnelse	COMPAS-PCR fremgangsmåte og fremgangsmåter for påvisning, identifisering eller overvåking av laksearter, kit, samt anvendelse av metoden og kit
(56)	Anførte publikasjoner	<p>GYLLENSTEN, U.B. & ERLICH, H.A. Generation of single stranded DNA by the polymerase chain reaction and its application to direct sequencing of the HLA-DQA locus, PNAS, 1988, Vol. 85, Nr. 20, s. 7652-7656.</p> <p>PIERCE, K.E. et al., Linear-after-the -exponential (LATE)-PCR: primer design criteria for high yields of specific single-stranded DNA and improved real-time detection, PNAS, 2005, Vol. 102, No. 24, s. 8609-8614.</p> <p>US 2010129796 A</p> <p>WO 2012033875 A2</p> <p>US 20100304444 A1</p> <p>US 2012164651 A</p> <p>PENDAS, P. et al., Applications of 5S rDNA in Atlantic salmon, brown trout, and in Atlantic salmon x brown trout hybrid identification, Molecular Ecology, 1995, Vol. 4, Nr. 2, s. 275-276</p> <p>TOGNOLI, C. et al., Identification of fish species by 5S rRNA gene amplification, Food Chemistry, 2011, Vol. 129, s. 1860-1864.</p> <p>WO 2011009975 A2</p> <p>ES 2398811 A2</p> <p>YANO, A. et al., An immune-related gene evolved into the master sex-determining gene in rainbow trout, Oncorhynchus mykiss, Current Biology, August 2012, Vol. 22, Nr. 15, s. 1423-1428.</p> <p>Bio-Rad http://www.bio-rad.com/en-no/applications-technologies/pcr-assay-design-optimization, [hentet fra internett 2013.11.02]</p> <p>MA, H. et al., Characterization of the Rainbow Trout egg microRNA transcriptome, PLoS ONE, 2012, Vol. 7, Nr. 6, side 1-7.</p>
(57)	Sammendrag	

Foreliggende oppfinnelse tilveiebringer en asymmetrisk PCR-metode, COMplementary-Primer-Asymmetric (COMPAS)-PCR, og spesifikke fremgangsmåter for å detektere, identifisere eller overvåke arter og/eller kjønn av laksefisk. Foreliggende oppfinnelse omfatter også oligonukleotidprimere tilsvarende artsspesifikke sekvenser. Bruken av fremgangsmåtene og primerne er også et aspekt av den foreliggende oppfinnelse sammen med sett som omfatter nevnte primere.

COMPAS-PCR fremgangsmåte og fremgangsmåter for påvisning, identifisering eller overvåking av laksearter, kit, samt anvendelse av metoden og kit

5 OPPFINNELSENS OMRÅDE

Foreliggende oppfinnelse tilveiebringer en asymmetrisk PCR-fremgangsmåte; COMplementary-Primer-Asymmetric (COMPAS)-PCR og spesifikk fremgangsmåte for å detektere, identifisere eller overvåke arter hos laksefisk samt et kit. Det beskrives oligonukleotidprimere tilsvarende artsspesifikke sekvenser. Bruken av fremgangsmåtene og kit er også et aspekt av den foreliggende oppfinnelsen.

BAKGRUNN FOR OPPFINNELSEN

Siden Polymerase Chain Reaction (PCR) ble oppfunnet av Kary Mullis på midten av 80-tallet [1], har nukleinsyre (NA) amplifiseringsteknikker hatt en enestående påvirkning når det gjelder utviklingen av molekylærbiologiske anvendelser. En medvirkende faktor til denne suksessen er metodens fleksibilitet i forhold til endringer, dette utvider de tekniske mulighetene til PCR. Det er utviklet flere metoder spesielt for påvisning av punktmutasjoner som «Amplification Refractory Mutation System» (ARMS) [2] og varianter som PCR «Amplification of Specific Allels» (PASA) [3, 4], toveis - Pasa [5] eller Mismatch Amplifiserings mutasjonstest (MAMA) [6], Taq - MAMA [7] og Melt - MAMA [8]. Punktmutasjoner også kalt enkel nukleotid polymorfisme (SNP), utgjør differensierende genetisk informasjon som kan være relevant i ulike sammenhenger som f.eks. medisinsk bruk for sykdomsdiagnostikk, populasjonsgenetikk og artsidentifisering. Ettersom mengden av PCR applikasjoner øker kan begrensningene som ligger i DNAets kjemi bli mer utfordrende. For eksempel kan primer komplementaritet som fører til "primer-dimers" dannelse være en begrensende faktor for utformingen av generisk PCR.

Det antas at den asymmetriske PCR-metoden i henhold til den foreliggende oppfinnelse vil utbedre begrensningene som ligger i PCR metoden som følge av primer komplementaritetsinkompatibilitet. Nevnte metode ble ytterligere anvendt i utviklingen av en PCR-analyse for direkte repeterte sekvenser.

NA-teknologien kan karakteriseres som ikke-invasiv, da svært lite materiale er nødvendig for å skaffe tilstrekkelig NA for analyse. Oppdrettsnæringen har behov for slike ikke-invasive fremgangsmåter for identifisering av art og kjønn hos laksefisk og særlig *Salmo salar* (atlantisk laks) og *Salmo trutta* (ørret) og deres hybrider. Metoder for bestemmelse av arter og inter-art hybridisering mellom ulike laksefiskearter er et viktig verktøy i økologiske studier, og ved vurdering av virkningen som rømlinger fra oppdrettsanlegg har på populasjonen av vill laksefisk. Økologiske studier har vist at inter-art hybridisering kan ha sterk påvirkning på populasjonens

størrelse og levedyktighet.

Morfologisk diskriminering mellom hybrider og foreldrearter er i mange tilfeller vanskelig (f.eks. *S. salar* X *S. trutta*), adferden til hybridene også kan være forskjellig fra adferden til

5 foreldreartene [9].

Genetisk kjønnsbestemmelse uten terminal prøvetaking (dvs. ved å drepe fisken) er et verdifullt verktøy i økologiske studier som benytter telemetri. Forskjell i kjønnsatferd hos fisk er ofte en oversett parameter ved vurdering av populasjonens sårbarhet i forhold til miljøforstyrrelser, dvs. i anadrom ørret (*Salmo trutta*), er det en markert kjønnskjevhet i "anadromity", som gjør

10 hunnene (dvs. den økologisk relevante reproduktive delen av populasjonen) mer utsatt for marine miljøfaktorer enn hannene.

Det er også et stort kommersielt potensial for genetisk kjønnsbestemmelse i akvakultur

15 næringen. De avlsselskap som leverer rogn fra utvalgte stammer er i dag avhengige av ultralyd-kjønnsbestemmelse når fisken er 1-2 kg. Denne fremgangsmåten er arbeidskrevende og kostbar. Genetisk kjønnsbestemmelse på et tidlig stadium vil gjøre det mulig for selskapene å redusere produksjonskostnadene for hunner ved tidlig eliminering av hanner, og dermed eliminere den medfølgende kostnaden.

20

Identifisering av fiskearter ved PCR, er tidligere undersøkt og flere løsninger har vært foreslått. Ved valg av tilgjengelige metoder for identifisering av laks og ørret som f.eks. i referansene [10-14], fremgangsmåten publisert av AM Pendas et al. (Chromosomal

20 mapping and nucleotide sequence of two tandem repeats of Atlantic salmon 5 S rDNA Cytogenet Cell genet 67:31-36 (1994)) [14] synes å gi det beste resultatet blant de testede

25 metodene. Overraskende oppdaget oppfinneren at fremgangsmåten ikke var pålitelig for det ovennevnte formål for identifikasjon av artene *Salmo salar* og *Salmo trutta*, da artene ikke differensierte seg fra hverandre på en tilfredsstillende måte ved bruk av PCR metoden og primere som er beskrevet i [14]. Den foreliggende oppfinnelsen tilveiebringer derfor en robust

30 og enkel PCR-metode som er i stand til spesifikt å identifisere *Salmo salar* og å skille mellom *Salmo Salar*, *Salmo trutta* og deres hybrider.

Oppfinneren testet Salmo-A & B PCR metoden utviklet av AM Pendas et al.; primerne var opprinnelig designet basert på 5S rDNA sekvens av regnbueørret (*Salmo gairdnerii*, omdøpt

35 *Oncorhynchus mykiss*) [15] og brukt på *Salmo trutta* og *Salmo salar* i tillegg til andre fiskearter [16]. Disse primere amplifiserer 118bp av 120bp kodede sekvensen for 5S rDNA sammen med den tilknyttede variable ikke-kodede sekvensen. Det amplifiserte produktet(ene) varierte i lengde, og ble brukt å skille nære arter. To "loci" ble opprinnelig funnet å være amplifisert for

Salmo salar, ett stor produkt på om lag 255bp og et mindre produkt på rundt 525bp. Disse resultater er bekreftet av de 2 publiserte sekvensene for *Salmo salar* gb S73107.1 & gb S73106.1. Tilsvarende viste også *Salmo trutta* et dobbel-båndmønster, men med lengre produkter både for store og små "loci" [14].

5

Hybrider fra *Salmo salar* og *Salmo trutta* ble funnet å produsere begge produkttyper for store "loci" på rundt 255bp og henholdsvis lenger [16]. Ingen forskjeller i produktene mellom *Salmo salar* og for *Salmo trutta* ble detektert ved hjelp av fremgangsmåten utviklet av AM Pendas et al., da denne metoden ble testet av oppfinneren for å differensiere *Salmo salar* fra *Salmo trutta* og deres hybrider. Det genetiske målet for nevnte PCR metode, 5S - rDNA, ble brukt til å utvikle en ny og innovativ fremgangsmåte samt spesifikke oligonukleotid-primere for den foreliggende oppfinnelsen.

10

Det meste av arbeidet som er utført for å identifisere kjønnsassosierte genetiske markører hos laksefisk har brukt regnbueørret eller Chinook laks som modellorganismer [17-25]. Flere av disse målsekvensene ble testet av oppfinneren på *Salmo salar* i et forsøk på å skille hunner fra hanner ved PCR, men uten å lykkes.

15

I august 2012, publiserte Yano et al., "Master Sex-Determining" gen sdY i regnbueørret [26]. Primerne beskrevet av Yano et al. ble deretter anvendt av oppfinneren for å videreutvikle en spesiell PCR-metode som var i stand til å identifisere kjønn hos *Salmo salar* og *Salmo trutta*. Det beskrives her en test for identifisering av kjønn hos laksefisk, fortrinnsvis i *Salmo salar* og *Salmo trutta* [27]. Det er videre antatt at både identifikasjon av kjønn og identifisering av art slik det er beskrevet ovenfor vil være mulig å oppnå i en enkelt test.

20

25 SAMMENFATNING AV OPPFINNELSEN

Foreliggende oppfinnelse omfatter fremgangsmåte, kjennetegnet ved asymmetrisk PCR som omfatter å:

- tilveiebringe en nukleinsyreprøve som anvendes som en måltemplat,
- utføre en polymerase kjedereaksjon, ved å utnytte svært eller delvis komplementære primere med henvisning til primere som er komplementære til hverandre og som under tidligere kjente betingelser vil binde til hverandre, og som konsekvens konkurrerer med målsekvensbinding, der enten fremover- eller revers primerkonsentrasjonen reduseres for å oppheve blokkeringen av PCR-reaksjonen, ved først å fremme lineær amplifisering som gradvis vil skifte mot eksponentiell amplifisering ved COMplementary-Primer-ASymmetric (COMPAS)-PCR,
- identifisere den amplifiserte nukleotid-målsekvensen(e).

30

35

Videre omfatter foreliggende oppfinnelse fremgangsmåte for påvisning, identifisering eller
5 overvåking av laksearter, kjennetegnet ved at den omfatter å:
- tilveiebringe en nukleinsyreprøve fra laksefisk til bruk som mål-templat(er);
- utføre en polymerase kjedereaksjon (PCR) ved å anvende COMplementary-Primer-ASymmetric
(COMPAS)-PCR i følge et hvilket som helst av kravene 1-4, for å amplifisere en nukleinsyre-
målsekvens fra templat(en), ved å benytte et sett av svært komplementære primerpar i stand
10 til å prime nevnte mål;
- identifisere den amplifiserte nukleotid-målsekvensen(e);
- bestemme arten.

Omfattet av foreliggende oppfinnelse er også kit for å detektere og identifisere laksearter,
15 kjennetegnet ved at det omfatter en samling av oligonuklotidprimerpar valgt fra tabellene 1 og
2 eller komplementære sekvenser derav, som i stand til å detektere laksearter ved
fremgangsmåten i følge et hvilket som helst av kravene 1-13.

Videre omfatter foreliggende oppfinnelse anvendelse av fremgangsmåtene i følge et hvilket som
20 helst av kravene 1-13.

Omfattet av foreliggende oppfinnelse er også anvendelse av kittet i følge krav 14.

Det beskrives her oligonukleotidprimere, valgt fra oligonukleotidene fra Tabell 1 eller 2, eller en
25 hvilken som helst kombinasjon derav, eller oligonukleotider med komplementære sekvenser
eller funksjonelle tilsvarende sekvenser.

Det beskrives også en fremgangsmåte for å bestemme kjønn hos laksefisk som omfatter å:
- tilveiebringe en nukleinsyreprøve fra laksefisk for å anvendes som (en) mål templat(er);
30 - utføre en to-trinns tosidig sanntid polymerase kjedereaksjon (qPCR), for å amplifisere en
nukleinsyre målsekvens av templat(en), ved å benytte et sett eller flere sett av primerpar valgt
fra Tabell 3,
- identifisere den amplifiserte nukleotid-målsekvensen(e);
- bestemme kjønn ved en smeltekurveanalyse av PCR-produktet.

35 Beskrevet er også en fremgangsmåte for påvisning og identifisering av laksearter og/eller kjønn
som omfatter fremgangsmåten ifølge et hvilket som helst av kravene 1-17, og "High Resolution

Melt analysis", der primersettene er valgt fra Tabellene 1, 2 og/eller 3, eller komplementære sekvenser derav, i en hvilken som helst kombinasjon

5 Videre er det beskrevet et sett for påvisning og identifikasjon av laksearter og/eller kjønn som består av en samling av primere valgt fra Tabellene 1, 2 og/eller 3, eller komplementære sekvenser derav, i en hvilken som helst kombinasjon som er i stand til å detektere laksearter og/eller kjønn ved fremgangsmåten beskrevet heri.

10 Det beskrives også anvendelse av fremgangsmåtene eller oligonukleotidprimerne, eller anvendelsen av settene.

Foretrukne utførelsesformer er angitt i patentkravene og i den detaljerte beskrivelse av oppfinnelsen.

BESKRIVELSE AV FIGURENE

Figur 1. Illustrerer COMPAS - PCR optimaliseringseksempel for *Salmo salar* og *Salmo trutta* med varierende konsentrasjoner av fremover primer 5SNTS - 23F 0,6 til 0,05 μ M mens en benytter en konstant konsentrasjon på 0,6 μ M for den revers primeren 5SNTS - 22R+2.

Figur 2. Illustrerer et forenklet diagram av den direkte gjentatte sekvens COMPAS -PCR, spesielt anvendt ved metoden for identifisering av arter.

10

Figur 3. Illustrerer et detaljert diagram av metoden for identifisering av arter. Alle testede primere er vist med piler. "*Salmo salar* spesifikk" viser den bestemte reverse primeren med tre nukleotider "overheng" i NTS-delen.

Figur 4. Illustrerer spesifikk amplifiseringsdifferensiering mellom *Salmo salar* og *Salmo trutta*, ved bruk av en revers primer med en ekstra nukleotid i 3' sammenlignet med Fig. 3: 5SNTS-23R+3. Fremover og reverse primerkonsentrasjoner er som beskrevet i figur 3.

Figur 5. Illustrerer amplifiseringskurver for tosidig qPCR utført på *S. salar*, *S. trutta* og hybrider for å skille hanner fra hunner basert på SDY deteksjon. 18S brukes som en positiv kontroll.

Figur 6. Illustrerer smeltekurveanalyse for "duplex" qPCR utført på *S. salar*, *S. trutta* og hybrider, for å skille hanner fra hunner basert på SDY deteksjon. 18S brukes som en positiv kontroll.

Figur 7. Illustrerer identifisering av arter metodeprimere. Primerpar 5SNTS23F + 5SNTS23R+3 er indikert med pilene. Merk: Alle reverse primere er vist som sine reverse komplement.

30

Figur 8. Illustrerer resultatene for identifisering av art med fremgangsmåten som beskrevet i eksempel 2.

DETALJERT BESKRIVELSE AV OPPFINNELSEN

35

Det er et mål for foreliggende oppfinnelse å tilveiebringe en asymmetrisk PCR-metode og ikke-invasive metoder for identifisering av arter blant laksefisk, fortrinnsvis *Salmo salar* og *Salmo trutta* og deres hybrider ved å bruke nesten komplementære primere rettet mot direkte tandem

repetisjoner. Det er også beskrevet oligonukleotid primere som tilsvarer artsspesifikke sekvenser eller Singel Nukleotid Polymorfisme (SNP). Anvendelsen av fremgangsmåten og primerne er også et aspekt av foreliggende oppfinnelse, sammen med et sett omfattende nevnte primere. For å frigjøre komplementære primere fra hverandre for amplifikasjon av målproduktet, ble asymmetrisk PCR metoden utviklet ved å minske enten fremover eller revers primerkonsentrasjon inntil optimal PCR amplifikasjon er nådd. Som vist i figur 1, har denne progressivt generert sterk og lik amplifisering (ikke spesifikke) for både *S. salar* og *S. trutta* siden fremover primer konsentrasjonen ble redusert. Asymmetriske PCR- er tidligere beskrevet for å øke probebasert deteksjon hvor PCR vil skifte fra eksponentielt til lineær amplifisering for å favorisere probehybridisering til sin enkelt trådet mål sekvens, en metode som kalles "Linear-After-The-Exponential" (LATE)-PCR [28, 29]. I den foreliggende oppfinnelsen hvor primerne som brukes er svært komplementære vil den asymmetriske PCR ha et motsatt mønster skiftende fra lineær til eksponentiell amplifisering som effektivt fjerner amplifiseringshemming som ellers observeres med komplementære primere (se Fig. 1).

I løpet av de første amplifiseringsrundene vil den konsentrasjonsbegrensede primeren hovedsakelig bli blokkert av den overskytende primeren slik at lineær amplifisering finner sted. Lineært produkt akkumuleres, målsekvenskonsentrasjonen for de begrensende primerne øker, konsentrasjonen av de blokkerende komplementære primerne synker, derfor styrkes målpriming og påfølgende eksponentiell amplifisering. Vi betegner denne PCR-metoden som COMplementary-Primer-ASymmetric (COMPAS)-PCR. De angitte laksefiskeksemplene (eksemplene 2 og 4) bruker komplementær primere som også har den samme målsekvensen, men det er forutsatt at fremgangsmåten kan anvendes på dels komplementære primere som har distinkte målsekvenser.

For å identifisere nukleotidsekvenser som er egnet som et mål for å skille mellom artene gjorde oppfinneren en strukturell studie av 5S-rDNA tandem direkte repetisjoner og la merke til at enhver del av tandem direkte repetisjon som dekker en lengde typisk for primerne (dvs. 20bp) ville være hensiktsmessig for å utforme komplementære primere som strukturelt dekker ett eller flere produkter avhengig av antall tandem direkte repetisjoner (se Fig. 2). Det er allment kjent innen fagfeltet at når primerne er designet med hensyn på ikke tandem direkte repetert DNA, vil komplementære primere amplifisere i motsatt retning, og unnlate å definere og amplifisere et produkt. I tillegg vil komplementære primerpar binde til hverandre og konkurrere med målbindingen og derfor sterkt hemme målampifiseringen.

For å favorisere priming av mål DNA kontra priming til revers primer økte oppfinneren fremover 3' primerenden av fremover primer med to nukleotider som tilfeldigvis var GG (sterk

priming). Tilsvarende ble 3' enden av den reverse primeren forlenget for å favorisere priming til målet kontra priming til den fremover primeren.

Tilstedeværelsen av genetiske variasjoner og dets utnyttelse er nøkkelen til å utvikle en spesifikk test. Siden de publiserte sekvensene ikke ga hensiktsmessig informasjon om genetisk variasjon for *S. salar* og *S. trutta*, testet oppfinneren systematisk ut reverse primere ved å trinnvis øke med 1 nukleotid ved 3'ende. Dermed kunne oppfinneren utforske muligheten én etter én for SNP. Som grunnlag for testingen ble den reverse primeren valgt, da denne primeren var forlenget i den ikke transkriberte sekvensen (NTS), hvor det er mer utsatt for variasjoner enn i den kodende sekvensen der fremover-sekvensen ble utvidet (Fig. 2 og 3). Etter denne modus operandi observerte oppfinneren at ved å utvide den reverse primeren i 3' ende med 3 nukleotider inn i NTS, produserte analysen markert spesifisitet med sterk *S. salar* amplifisering og meget svak *S. trutta* amplifisering (se fig. 4). Denne spesifisitet ble bevart når 5' enden ble forkortet eller forlenget og ved og holde det spesifikke 3' "ankeret" uforandret (Fig. 3). Den observerte rest amplifisering for *S. trutta* ble ytterligere eliminert ved å øke PCR stringens (høyere "annealing" temperatur, kortere amplifiseringstid og to trinns i stedet for tre trinns PCR). Ved å bruke denne fremgangsmåten har oppfinneren utviklet en robust metode og løst problemet med å skille mellom laksearter, fortrinnsvis *Salmo salar* og *Salmo trutta* og deres hybrider, ved hjelp av den asymmetrisk PCR-metoden i henhold til den foreliggende oppfinnelsen, og ved bruk av nesten komplementære primere som målsøker 5S rDNA tandem direkte repetisjoner. Oppfinneren har ved hjelp av komplementære primere også overvunnet en teknisk fordom innen teknikkens stand (Referanse: [30, 31]), da det er vist ved foreliggende oppfinnelse at komplementære primere kan anvendes som et verdifullt verktøy ved anvendelse av COMPAS-PCR-metoden i henhold til den foreliggende oppfinnelse.

Metoden er ikke begrenset til identifisering av fiskearter. Å bruke nesten fullt komplementære primere rettet mot samme sekvensen kan også være aktuelt for en hvilken som helst organisme med direkte repeterte tandem DNA motiver av interesse som målsekvenser. For eksempel finnes 5S r-DNA tandem direkte repetisjonene i hovedsak i alle eukaryote celler [32, 33], og kan derfor ytterligere brukes til å utvikle konkrete komplementære - primer analyser for andre "taxon" og arter enn laksefisk. Videre vil metoden være nyttig for å utvikle analyser som bruker primere rettet mot forskjellige sekvenser, men som genererer primer - dimer grunnet delkomplementaritet.

En metode for identifisering av kjønn i laksefisk er beskrevet heri ved å bruke en kjønns "duplex" qPCR på prøver fra laksefisk fortrinnsvis på *Salmo salar* og *Salmo trutta* og hybrider og primere beskrevet i Yano, A. et al [26].

Metoden til Yano, A. et al. [26] anvendte en vanlig PCR -metode og resultatet ble vist på en gel. Metoden ble utviklet og testet på regnbueørret, *oncorhynchus mykiss*. Det er imidlertid også behov for kjønnsdifferensiering for andre laksefiskearter som for *S. salar* og *S. trutta*, så vel som for utvikling av en raskere, enklere og mer pålitelig test.

- 5 Oppfinneren har med hell utviklet en metode for genetisk kjønnsbestemmelse av *Salmo salar* og *Salmo trutta* [27].

Videre er metoden forbedret ved å anvende sanntid PCR med en smeltekurveanalyse ved hjelp av parametre mer stringente enn det som vanligvis benyttes (dvs. 0,2 °C trinn i stedet for 0,5 °C for smeltekurven). Fremgangsmåten gjør det mulig å vise og klart skille de to toppene (som indikerer to produkter, dvs. hankjønn- og hunkjønnprofiler, se figur 6). Når 0,5 °C intervaller brukes, er det ikke mulig å se de to toppene, og kjønn kan ikke identifiseres direkte av qPCR. Fremgangsmåten ved Yano, A. et al. [26], benytter en "annealing" temperatur på 60 °C med en 3 trinns-amplifikasjonsprotokoll med varighet på totalt 90s (30 + 30 +30). "Annealing" 15 temperaturen kan være i området fra 60 °C til 65 °C, og kan være 62 °C, mer foretrukket 63 °C, mest foretrukket 64 °C, og amplifisering kan være en 2- trinns amplifisering protokoll som fortrinnsvis varer i 20s totalt (5 + 15). Tidsspenn på 10, 15, 25 og 30 sekunder kan også anvendes. Dette gjør det mulig å kjøre amplifiseringen og smeltekurvenene i omtrent 1 time og vil gi resultater uten å kreve noen ekstra arbeid dvs. kjøre en gel.

20

Følgelig vil et første aspekt av foreliggende oppfinnelse vedrøre en fremgangsmåte for asymmetrisk PCR som omfatter å:

- tilveiebringe en nukleinsyreprøve som anvendes som en måltemplat,
- utføre en polymerase kjedereaksjon, ved å utnytte svært eller delvis komplementære primere med henvisning til primere som er komplementære til hverandre og som under tidligere kjente betingelser vil binde til hverandre, og som konsekvens konkurrere med målsekvensbinding, der enten fremover- eller revers primerkonsentrasjonen reduseres for å oppheve blokkeringen av PCR-reaksjonen, ved først å fremme lineær amplifisering som gradvis vil skifte mot eksponentiell amplifisering ved COMplementary-Primer-ASymmetric (COMPAS)-PCR,
- 30 - identifisere den amplifiserte nukleotid-målsekvensen(e).

I en utførelsesform kan de svært komplementære primerne ha en felles overlappende DNA målsekvens eller en forskjellig DNA målsekvens.

I en ytterligere utførelsesform kan den overlappende DNA målsekvensen omfatte direkte tandem repetisjoner. I en ytterligere utførelsesform kan de direkte tandem repetisjonene være i 5S-rDNA regionen. Andre regioner kan imidlertid også være et alternativ.

35

I en ytterligere utførelsesform kan bestemmelse av PCR spesifisiteten foretas ved en smeltekurveanalyse av PCR produktet, dette kan også gjøres ved elektroforeseanalyse.

- 5 Som benyttet her refererer komplementære primere seg til primere som er komplementære med hverandre og vil under tidligere kjente betingelser binde seg til hverandre for å danne primer-dimer.

Et annet aspekt ved foreliggende oppfinnelse vedrører en fremgangsmåte for påvisning, 10 identifisering eller overvåking av laksearter omfattende å:

- tilveiebringe en nukleinsyreprøve fra laksefisk til bruk som måltemplat(er);
- utføre en polymerase kjedereaksjon (PCR) COMplementary-Primer-ASymmetric (COMPAS)-PCR i følge oppfinnelsen, for å amplifisere en nukleinsyremålesekvens fra templat(en), ved å benytte et sett eller flere sett av svært komplementære primerpar i stand til å prime nevnte mål;
- 15 - identifisere den amplifiserte nukleotid-målesekvensen(e);
- bestemme arten.

Som benyttet her referer laksefisk ("salmonid") seg til en familie av strålefinnede-fisk («ray-finned fish»), som inkluderer laks, ørret, røye, hvite ferskvannsfisk og harr. Den atlantiske 20 laksen og ørreten av slekten *Salmo* gir navn til familien og ordenen.

I en ytterligere utførelsesform kan bestemmelsen av arten utføres av en smeltekurveanalyse av PCR- produktet, eller ved hjelp av elektroforese-analyse. Andre metoder for bestemmelse av PCR-produktet kan også brukes.

25 I én eller flere utførelsesformer kan fremover primeren forlenges i 3'-ende for å favorisere priming til målet og ikke til den reverse primeren. Den reverse primeren kan forlenges i 3'-enden for å favorisere priming til målet og ikke til fremover primeren. Den reverse eller fremover primeren kan ha en SNP i sin 3' ende. Nevnte primer kan også gli ut til "høyre" i den 5S - rDNA 30 kodede sekvens, ut av det komplementære området med den reverse primeren. Videre kan den reverse primeren forlenges i 5' ende. 3' fremover primer kan forlenges med 4, fortrinnsvis med 3, mer foretrukket med 2 nukleotider.

I en ytterligere utførelsesform kan primerne i primerparet være oligonukleotider med en lengde 35 på omtrent 12 til omtrent 30, fortrinnsvis omtrent 20 bp.

I en ytterligere utførelsesform kan det komplementære settet av primere som blir valgt fra et sett av primer par(ene), der fremover primeren kan velges fra Tabell 1, eller en komplementær

sekvens derav og den reverse primeren kan velges fra Tabell 2, eller en komplementær sekvens derav, eller en hvilken som helst kombinasjon derav.

5 Den revers primeren kan låses i sin 3' ende ved «+3» i den ikke-kodende sekvensen, ute av det komplementære fremre primer-området, på grunn av at spesifisiteten ligger i nøyaktig posisjonering av denne SNP. I den andre enden, i 5' ende, kan den reverse primeren være kortere eller lengre (avhengig av den fremre primeren).

10 I en utførelsesform av den foreliggende fremgangsmåten kan laksefisken være av arten *Salmo trutta*, *Salmo salar* og hybrider av disse. Fremgangsmåten kan imidlertid anvendes på andre laksefiske-arter, andre fiskearter eller en hvilken som helst organisme med tandem repeterte DNA motiver.

15 I et tredje aspekt av den foreliggende oppfinnelsen tilveiebringes et kit for påvisning og identifisering av laksearter og hybrider av disse som omfatter en samling av oligonukleotid-primere valgt fra Tabellene 1 og 2, i en hvilken som helst kombinasjon, eller komplementære sekvenser derav i stand til å detektere laksearter ved hvilken som helst av fremgangsmåtene ifølge foreliggende oppfinnelse.

20 I videre aspekter omfatter foreliggende oppfinnelse anvendelse av fremgangsmåtene ifølge foreliggende oppfinnelse. Omfattet er også bruk av kittet tilveiebrakt i følge foreliggende oppfinnelse.

25 Den foreliggende oppfinnelsen er nå fullstendig beskrevet i detalj ved hjelp av illustrasjoner og eksempel med det formål å skape forståelse, det vil være åpenbart for en fagmann at oppfinnelsen kan utføres ved å modifisere eller endre oppfinnelsen ved hjelp av et bredt og ekvivalent spekter av tilstander og andre parametere, og at slike modifikasjoner eller endringer er ment å omfattes av omfanget av de vedlagte kravene.

30

35

EKSEMPLER

Eksempel 1

COMPAS – PCR

5 Biter av finner ble samlet inn fra *S. trutta* og *S. salar* individer for analyse. Prøvene ble oppbevart i 98 % EtOH før DNA-ekstraksjon ble utført ved hjelp av mekaniske eller kjemiske metoder for å friggi DNA for PCR. Etterfølgende DNA måling ble utført ved hjelp av et Nanodrop instrument (Thermo Scientific) og alle prøvene ble fortynnet i vann for å oppnå en
10 sluttkonsentrasjon på 4 ng / μ l. Prøver (2.5 μ l) ble amplifisert i 25 μ l endelige reaksjonsblandinger ved bruk av en ABI 7500 qPCR maskin (Life technologies, Applied Biosystems). Blandingen inneholdt 12.5 μ l MESA Blue qPCR MasterMix (Eurogentec), 0.6 μ M revers primer 5SNTS-23R+3, fremover primer 5SNTS-23F konsentrasjon ble suksessivt testet med: 0.6, 0.4, 0.2, 0.1 og 0.05 μ M, reaksjonen ble utført med destillert vann, med et sluttvolum på 25 μ l. Tre-trinns
15 PCR-betingelsene besto av 5 min aktivering ved 95 °C etterfulgt av 30 sykluser til 95 °C i 20 s, 62 °C i 30 s og 72 °C i 60 sek. Sanntidsamplifiserings-kurvene er vist i Fig1.

Eksempel 2

Identifisering av arter

20 Biter av finner ble samlet inn fra fire *S. trutta* og fire *S. salar* individer for analyse. Prøvene ble oppbevart i 98 % EtOH før DNA-ekstraksjon ble utført ved hjelp av mekaniske eller kjemiske metoder for å friggi DNA for PCR. Etterfølgende DNA måling ble utført ved hjelp av en Nanodrop instrumentet (Thermo Scientific) og alle prøvene ble fortynnet i vann for å oppnå en
25 sluttkonsentrasjon på 4 ng/ μ l. Prøver (2.5 μ l) ble amplifisert i 25 μ l endelige reaksjonsblandinger ved bruk av en ABI 7500 qPCR maskin (Life technologies, Applied Biosystems). Blandingen inneholdt 12.5 μ l MESA Blue qPCR MasterMix (Eurogentec), 0.01 μ M fremover primer 5SNTS-23F, 0.6 μ M revers primer 5SNTS-23R+3 ferdigstilt med destillert vann. Den to-trinns PCR betingelsene besto av 5 min aktivering ved 95 °C etterfulgt av 30 sykluser av 95 °C i 20 sek og
30 72 °C i 30 sek. Produktene ble visualisert på 1.2 % agarose gel (Fermentas) farget med SybrGreen (Se Figur 8).

Eksempel 3

Identifisering av kjønn

35 *S. salar* fiskeprøver ble samlet inn og behandlet med DNA-ekstraksjon og måling som beskrevet i Eksempel 1. DNA-prøver (2.5 μ l) ble amplifisert i 12.5 μ l sluttreaksjonsblandinger ved hjelp av en CFX - 96 qPCR maskin (Bio - Rad, Hercules , CA,

USA). Blandingen inneholdt 7.5 µl SsoFast EvaGreen Supermix (Bio - Rad, Hercules, CA, USA), 0.2 µM fremover primer sdYF , 0.2 µM revers primer sdYR2 , 0.05 µM fremover primer 18SF og 0,05 µM revers primer 18SR ferdigstilt med destillert vann. Den to-trinns tosidige PCR betingelsene besto av 2 min aktivering ved 98 °C etterfulgt av 40 sykluser med 98 °C i 5 sek og 65 °C i 15 sek. Smeltekurveanalysen utført etter 5 amplifisering ble gjennomført ved å øke temperaturen trinnvis med 0.2 °C fra 65 °C til 95 °C. Amplifisering kurver og smeltetopp resultatene er vist i Figur 5 og 6.

Eksempel 4

10 Identifisering av arter og kjønn

S. salar fiskeprøver ble samlet inn og behandlet med DNA-ekstraksjon og måling som beskrevet i Eksempel 1. DNA-prøver (2.5 µl) ble amplifisert som beskrevet i Eksempel 2, ved å benytte primere som er beskrevet i Eksempel 1 og 2, i alt 3 primerpar. Triplex PCR amplifiserte 15 produkter ble videre analysert ved smelteanalyse som beskrevet i Eksempel 2, ved hjelp av "High Resolution Melt analysis", eller alternativt ved gel elektroforese.

20

25

30

35

REFERANSER

- 5 1. Mullis, K., et al., *Specific Enzymatic Amplification of DNA Invitro - the Polymerase Chain-Reaction*. Cold Spring Harbor Symposia on Quantitative Biology, 1986. **51**: p. 263-273.
2. Newton, C.R., et al., *Analysis of any point mutation 5 in DNA. The amplification refractory mutation system (ARMS)*. Nucleic Acids Res, 1989. **17**(7): p. 2503-16.
- 10 3. Bottema, C.D. and S.S. Sommer, *PCR amplification of specific alleles: rapid detection of known mutations and polymorphisms*. Mutat Res, 1993. **288**(1): p. 93-102.
4. Sommer, S.S., et al., *A novel method for detecting point mutations or polymorphisms and its application to population screening for carriers of phenylketonuria*. Mayo Clin Proc, 1989. **64**(11): p. 1361-72.
- 15 5. Liu, Q., et al., *Overlapping PCR for Bidirectional PCR Amplification of Specific Alleles: A Rapid One-Tube Method for Simultaneously Differentiating Homozygotes and Heterozygotes*. Genome Research, 1997. **7**(4): p. 389-398.
6. Cha, R.S., et al., *Mismatch amplification mutation assay (MAMA): application to the c-H-ras gene*. PCR Methods Appl, 1992. **2**(1): p. 14-20.
- 20 7. Glaab, W.E. and T.R. Skopek, *A novel assay for allelic discrimination that combines the fluorogenic 5' nuclease polymerase chain reaction (TaqMan) and mismatch amplification mutation assay*. Mutat Res, 1999. **430**(1): p. 1-12.
8. Birdsell, D.N., et al., *Melt analysis of mismatch amplification mutation assays (Melt-MAMA): a functional study of a cost-effective SNP genotyping assay in bacterial*
- 25 *models*. PLoS One, 2012. **7**(3): p. e32866.
9. Urke, H., et al., *Seawater tolerance in Atlantic salmon, *Salmo salar* L., brown trout, *Salmo trutta* L., and *S. salar* × *S. trutta* hybrids smolt*. Fish Physiology and Biochemistry, 2010. **36**(4): p. 845-853.
10. Carrera, E., et al., *Identification of smoked Atlantic salmon (*Salmo salar*) and rainbow trout (*Onchorhynchus mykiss*) using PCR-restriction fragment length polymorphism of the p53 gene*. Journal of Aoac International, 2000. **83**(2): p. 341-346.
- 30 11. Kusser, W.C., R.L. Parker, and X.L. Miao, *Polymerase Chain-Reaction and DNA₃₀ Sequence of Rainbow-Trout Tumor-Suppressor Gene-P53 Exon-5, Exon-6 and Exon-7 to Exon-9*. Aquatic Living Resources, 1994. **7**(1): p. 11-16.
- 35 12. Dalvin, S., et al., *Forensic identification of severely degraded Atlantic salmon (*Salmo**

- salar*) and rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*) tissues. Investigative Genetics, 2010. **1**(1): p. 12.
13. Rasmussen, R.S., M.T. Morrissey, and J. Walsh, *Application of a PCR-RFLP Method to Identify Salmon Species in US Commercial Products*. Journal of Aquatic Food Product Technology, 2010. **19**(1): p. 3-15.
14. Pendas, A.M., et al., *Chromosomal mapping and nucleotide sequence of two tandem repeats of Atlantic salmon 5S rDNA*. Cytogenetic and Genome Research, 1994. **67**(1): p. 31-36.
15. Komiya, H., et al., *Determination of nucleotide sequence of 5S ribosomal RNA from rainbow trout liver by high performance liquid chromatography*. Nucl. Acids Res., 1978. **1**(suppl_2): p. s467-472.
16. Pendas, A.M., et al., *Applications of 5S-rDNA in Atlantic salmon, brown trout, and in Atlantic salmon X brown trout hybrid identification..* Molecular Ecology, 1995. **4**(2): p. 275-276.
17. Brunelli, J.P. and G.H. Thorgaard, *A new Y-chromosome-specific marker for Pacific salmon*. Transactions of the American Fisheries Society, 2004. **133**(5): p. 1247-1253.
18. Brunelli, J.P., et al., *Y-specific sequences and polymorphisms in rainbow trout and Chinook salmon*. Genome, 2008. **51**(9): p. 739-748.
19. Devlin, R.H., *Sequence of sockeye-salmon type-1 and type-2 growth hormone genes and the relationship of rainbow-trout with Atlantic and Pacific salmon*. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 1993. **50**(8): p. 1738-1748.
20. Devlin, R.H., et al., *Variation of Y-chromosome DNA markers in Chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*) populations*. Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences, 2005. **62**(6): p. 1386-1399.
21. Du, S.J., R.H. Devlin, and C.L. Hew, *Genomic structure of growth hormone genes in chinook salmon (*Oncorhynchus tshawytscha*): presence of two functional genes, GH-I and GH-II, and a male-specific pseudogene, GH-Ψ*. DNA and Cell Biology, 1993. **12**(8): p. 739-751.
22. Li, J., et al., *Identification of the Sex Chromosomes of Brown Trout (*Salmo trutta*) and Their Comparison with the Corresponding Chromosomes in Atlantic Salmon (*Salmo salar*) and Rainbow Trout (*Oncorhynchus mykiss*)*. Cytogenetic and Genome Research, 2011. **133**(1): p. 25-33.
23. Veldhoen, N., et al., *Gene expression profiling and environmental contaminant assessment of migrating Pacific salmon in the Fraser River watershed of British Columbia*. Aquatic Toxicology, 2010. **97**(3): p. 212-225.
24. Devlin, R.H., C.A. Biagi, and D.E. Smailus, *Genetic mapping of Y-chromosomal DNA*

markers in Pacific salmon. *Genetica*, 2001. **111**(1-3): p. 43-58.

25. Devlin, R.H., et al., *A rapid PCR-based test for Y-chromosomal DNA allows simple production of all-female strains of chinook salmon*. *Aquaculture*, 1994. **128**(3-4): p. 211-220.

5 26. Yano, A., et al., *An Immune-Related Gene Evolved into the Master Sex-Determining Gene in Rainbow Trout, *Oncorhynchus mykiss**. *Current Biology*, 2012. **22**(15): p. 1423-1428.

27. Anglès d'Auriac M.B., Urke H.A., and Kristensen T. *A rapid qPCR method for genetic sex identification of *Salmo salar* and *Salmo trutta* including simultaneous elucidation of interspecies hybrid paternity by high-resolution melt analysis*. *Journal of Fish Biology*, 2014. **84**(6):1971-1977.

28. Wangh, L.J., et al., *Late PCR*, WIPO, Editor. 2003, Brandeis University (415 South Street Waltham, MA, 02454-9110, US); Wangh, Lawrence s J. (20 Duffield Road Auburndale, MA, 02466, US); Pierce, Kenneth (52 Walnut Street Natick, MA, 01760, US); Hartshorn, Cristina
15 (1560 Great Plain Avenue Needham, MA, 02492, US); Rice, John (268 Common Street Quincy, MA, 02169, US); Sanchez, Aquiles J. (14 Foster Drive Framingham, MA, 01701, US).

29. Sanchez, J.A., et al., *Linear-After-The-Exponential (LATE)-PCR: An advanced method of asymmetric PCR and its uses in quantitative real-time analysis*. *Proceedings of the*
20 *National Academy of Sciences of the United States of America*, 2004. **101**(7): p. 1933-1938.

30. Dieffenbach, C.W., T.M.J. Lowe, and G.S. Dveksler, *General Concepts for Pcr Primer Design*. *Pcr-Methods and Applications*, 1993. **3**(3): p. S30-S37.

31. Degen, H.J., et al., *PCR Applications Manual*. 3d ed. 2006: Roche Diagnostics. 337.

25 32. Barciszewska, M.Z., et al., *Structure and functions of 5S rRNA*. *Acta Biochimica Polonica*, 2001. **48**(1): p. 191-198.

33. Richard, G.-F., A. Kerrest, and B. Dujon, *Comparative Genomics and Molecular Dynamics of DNA Repeats in Eukaryotes*. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 2008. **72**(4): p. 686-727.

PATENTKRAV

1.

Fremgangsmåte, k a r a k t e r i s e r t v e d asymmetrisk PCR som omfatter å:

- 5 - tilveiebringe en nukleinsyreprøve som anvendes som en måltemplat,
- utføre en polymerase kjedereaksjon, ved å utnytte svært eller delvis komplementære primere med henvisning til primere som er komplementære til hverandre og som under tidligere kjente betingelser vil binde til hverandre, og som konsekvens konkurrere med målsekvensbinding der enten fremover- eller revers primerkonsentrasjonen reduseres for å oppheve blokkeringen
10 av PCR-reaksjonen, ved først å fremme lineær amplifisering som gradvis vil skifte mot eksponentiell amplifisering ved COMplementary-Primer-ASymmetric (COMPAS)-PCR,
- identifisere den amplifiserte nukleotid-målsekvensen(e).

2.

- 15 Fremgangsmåten i følge krav 1, k a r a k t e r i s e r t v e d at den svært komplementære primeren har en felles overlappende DNA målsekvens eller en forskjellig DNA målsekvens.

3.

- 20 Fremgangsmåten ifølge krav 2, k a r a k t e r i s e r t v e d at den overlappende DNA-målsekvensen er direkte tandem repetisjoner.

4.

- 25 Fremgangsmåten ifølge et hvilket som helst av kravene 1-3, k a r a k t e r i s e r t v e d at de direkte tandem repetisjonene er i 5S-rDNA regionen.

5.

- 30 Fremgangsmåten ifølge et hvilket som helst av kravene 1-4, k a r a k t e r i s e r t v e d at bestemmelsen av PCR spesifisiteten foretas ved en smeltekurveanalyse av PCR-produktet, eller ved elektroforeseanalyse.

6.

- Fremgangsmåte for påvisning, identifisering eller overvåking av laksearter, k a r a k t e r i s e r t v e d at den omfatter å:
- tilveiebringe en nukleinsyreprøve fra laksefisk til bruk som måltemplat(er);
35 - utføre en polymerase kjedereaksjon (PCR) ved å anvende COMplementary-Primer-ASymmetric (COMPAS)-PCR i følge et hvilket som helst av kravene 1-4, for å amplifisere en nukleinsyre-målsekvens fra templat(en), ved å benytte et sett av svært komplementære primerpar i stand til å prime nevnte mål;

- identifisere den amplifiserte nukleotidmålsekvensen(e);
- bestemme arten.

7.

- 5 Fremgangsmåten ifølge 6, k a r a k t e r i s e r t v e d at bestemmelsen av arten foretas ved en smeltekurveanalyse av PCR-produktet, eller ved elektroforeseanalyse.

8.

- 10 Fremgangsmåten ifølge et hvilket som helst av kravene 1-7, k a r a k t e r i s e r t v e d at fremover primeren er forlenget i 3'-ende for å favorisere priming til målet og ikke til den reverse primeren.

9.

- 15 Fremgangsmåten ifølge et hvilket som helst av kravene 1-8, k a r a k t e r i s e r t v e d at den reverse primeren er forlenget i 3'-ende for å favorisere priming til målet, og ikke til fremover primeren.

10.

- 20 Fremgangsmåten ifølge et hvilket som helst av kravene 1-9, k a r a k t e r i s e r t v e d at enten den reverse eller fremover primeren har en SNP i sin 3'-ende.

11.

- 25 Fremgangsmåten ifølge et hvilket som helst av kravene 1-10, k a r a k t e r i s e r t v e d at primerne i primerparet er oligonukleotider som hver har en lengde på omtrent 12 til omtrent 30, fortrinnsvis omtrent 20 bp.

12.

- 30 Fremgangsmåten ifølge et hvilket som helst av kravene 1-11, k a r a k t e r i s e r t v e d at det komplementære primersettet er valgt fra et sett av primerpar, der fremover primeren er valgt fra Tabell 1, eller en komplementære sekvens derav, og revers primeren er valgt fra Tabell 2, eller en komplementær sekvens derav.

13.

- 35 Fremgangsmåten ifølge kravene 6-12, k a r a k t e r i s e r t v e d at nevnte laksefisk omfatter *Salmo trutta*, *Salmo salar* og hybrider av disse.

14.

Kit for å detektere og identifisere laksearter, k a r a k t e r i s e r t v e d at det omfatter en samling av oligonuklotidprimerpar valgt fra tabellene 1 og 2 eller komplementære sekvenser derav, som er i stand til å detektere laksearter ved fremgangsmåten i følge et hvilket som helst
5 av kravene 1-13.

15.

Anvendelse av fremgangsmåtene i følge et hvilket som helst av kravene 1-13.

10 16. Anvendelse av kittet i følge krav 14.

2013-04-08 Sequence Listing Final.txt
SEQUENCE LISTING

<110> NIVA
Anglès d'Auriac, Marc (US only)

<120> COMPAS PCR and methods for detecting, identifying, or monitoring salmonid species
and/or gender

<130> P61202980N000

<160> 43

<170> PatentIn version 3.5

<210> 1
<211> 12
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Oligonucleotide

<400> 1
gcttacggcc at 12

<210> 2
<211> 13
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Oligonucleotide

<400> 2
gcttacggcc ata 13

<210> 3
<211> 14
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Oligonucleotide

<400> 3
gcttacggcc atac 14

<210> 4
<211> 15
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

<220>
<223> Oligonucleotide

<400> 4
gcttacggcc atacc 15

<210> 5
<211> 16
<212> DNA
<213> Artificial Sequence

2013-04-08 Sequence Listing Final.txt

<220>
 <223> Oligonucleotide

 <400> 5
 gcttacggcc atacca 16

 <210> 6
 <211> 17
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Oligonucleotide

 <400> 6
 gcttacggcc ataccag 17

 <210> 7
 <211> 18
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Oligonucleotide

 <400> 7
 gcttacggcc ataccagc 18

 <210> 8
 <211> 19
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Oligonucleotide

 <400> 8
 gcttacggcc ataccagcc 19

 <210> 9
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Oligonucleotide

 <400> 9
 gcttacggcc ataccagcct 20

 <210> 10
 <211> 21
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Oligonucleotide

 <400> 10
 gcttacggcc ataccagcct g 21

 <210> 11

2013-04-08 Sequence Listing Final.txt

<211> 22
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Oligonucleotide

 <400> 11
 gcttacggcc ataccagcct gg 22

<210> 12
 <211> 23
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Oligonucleotide

 <400> 12
 gcttacggcc ataccagcct ggg 23

<210> 13
 <211> 24
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Oligonucleotide

 <400> 13
 gcttacggcc ataccagcct gggt 24

<210> 14
 <211> 25
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Oligonucleotide

 <400> 14
 gcttacggcc ataccagcct gggtta 25

<210> 15
 <211> 26
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Oligonucleotide

 <400> 15
 gcttacggcc ataccagcct gggtac 26

<210> 16
 <211> 27
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Oligonucleotide

 <400> 16

2013-04-08 Sequence Listing Final.txt

gcttacggcc ataccagcct gggtagc 27

<210> 17
 <211> 28
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Oligonucleotide

<400> 17
 gcttacggcc ataccagcct gggtagc 28

<210> 18
 <211> 29
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Oligonucleotide

<400> 18
 gcttacggcc ataccagcct gggtaggcc 29

<210> 19
 <211> 30
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Oligonucleotide

<400> 19
 gcttacggcc ataccagcct gggtaggcc 30

<210> 20
 <211> 25
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Oligonucleotide

<400> 20
 cgcttacggc cataccagcc tgg 23

<210> 21
 <211> 25
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Oligonucleotide

<400> 21
 tcgcttacgg ccataccagc ctg 23

<210> 22
 <211> 30
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

2013-04-08 Sequence Listing Final.txt

<220>
 <223> Oligonucleotide
 <400> 22
 gccgatctc gtctgatctc ggaagctaag 30

<210> 23
 <211> 30
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Oligonucleotide
 <400> 23
 tcgcttacgg ccataccagc ctgggtacgc 30

<210> 24
 <211> 58
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Oligonucleotide
 <400> 24
 tcgcttacgg ccataccagc ctgggtacgc ccgatctcgt ctgatctcgg aagctaag 58

<210> 25
 <211> 30
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Oligonucleotide
 <400> 25
 cgtaccagg ctggtatggc cgtaagcgag 30

<210> 26
 <211> 29
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Oligonucleotide
 <400> 26
 gtaccaggc tggatggcc gtaagcgag 29

<210> 27
 <211> 28
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Oligonucleotide
 <400> 27
 taccaggct ggtatggccg taagcgag 28

<210> 28

2013-04-08 Sequence Listing Final.txt

<211> 27
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Oligonucleotide

 <400> 28
 acccaggctg gtatggccgt aagcgag 27

 <210> 29
 <211> 26
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Oligonucleotide

 <400> 29
 cccaggctgg tatggccgta agcgag 26

 <210> 30
 <211> 25
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Oligonucleotide

 <400> 30
 ccaggctggt atggccgtaa gcgag 25

 <210> 31
 <211> 24
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Oligonucleotide

 <400> 31
 caggctggta tggccgtaag cgag 24

 <210> 32
 <211> 23
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Oligonucleotide

 <400> 32
 aggctggtat ggccgtaagc gag 23

 <210> 33
 <211> 22
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

 <220>
 <223> Oligonucleotide

 <400> 33

2013-04-08 Sequence Listing Final.txt

ggctggtatg gccgtaagcg ag 22

<210> 34
 <211> 21
 <212> DNA
 <213> Arti fi ci al Sequence

<220>
 <223> O l i g o n u c l e o t i d e

<400> 34
 gctggtatgg ccgtaagcga g 21

<210> 35
 <211> 20
 <212> DNA
 <213> Arti fi ci al Sequence

<220>
 <223> O l i g o n u c l e o t i d e

<400> 35
 ctggtatggc cgtaagcgag 20

<210> 36
 <211> 19
 <212> DNA
 <213> Arti fi ci al Sequence

<220>
 <223> O l i g o n u c l e o t i d e

<400> 36
 tggatggcc gtaagcgag 19

<210> 37
 <211> 18
 <212> DNA
 <213> Arti fi ci al Sequence

<220>
 <223> O l i g o n u c l e o t i d e

<400> 37
 ggtatggccg taagcgag 18

<210> 38
 <211> 17
 <212> DNA
 <213> Arti fi ci al Sequence

<220>
 <223> O l i g o n u c l e o t i d e

<400> 38
 gtatggccgt aagcgag 17

<210> 39
 <211> 16
 <212> DNA
 <213> Arti fi ci al Sequence

2013-04-08 Sequence Listing Final.txt

<220>
 <223> Oligonucleotide

 <400> 39
 tatggccgta agcgag 16

<210> 40
 <211> 15
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Oligonucleotide

 <400> 40
 atggccgtaa gcgag 15

<210> 41
 <211> 14
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Oligonucleotide

 <400> 41
 tggccgtaag cgag 14

<210> 42
 <211> 13
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Oligonucleotide

 <400> 42
 ggccgtaagc gag 13

<210> 43
 <211> 12
 <212> DNA
 <213> Artificial Sequence

<220>
 <223> Oligonucleotide

 <400> 43
 gccgtaagcg ag 12

Tabell 1: Identifikasjon av laksearter; fremover primerne er alle angitt i 5 'til 3'

Name	Sequence	SEQ ID NO :
5SNTS12F	GCTTACGGCCAT	1
5SNTS13F	GCTTACGGCCATA	2
5SNTS14F	GCTTACGGCCATAC	3
5SNTS15F	GCTTACGGCCATAACC	4
5SNTS16F	GCTTACGGCCATACCA	5
5SNTS17F	GCTTACGGCCATACCAG	6
5SNTS18F	GCTTACGGCCATACCAGC	7
Ssa5SNTS19F	GCTTACGGCCATACCAGCC	8
5SNTS20F	GCTTACGGCCATACCAGCCT	9
5SNTS21F	GCTTACGGCCATACCAGCCTG	10
5SNTS22F	GCTTACGGCCATACCAGCCTGG	11
5SNTS23F	GCTTACGGCCATACCAGCCTGGG	12
5SNTS24F	GCTTACGGCCATACCAGCCTGGGT	13
5SNTS25F	GCTTACGGCCATACCAGCCTGGGTA	14
5SNTS26F	GCTTACGGCCATACCAGCCTGGGTAC	15
5SNTS27F	GCTTACGGCCATACCAGCCTGGGTACG	16
5SNTS28F	GCTTACGGCCATACCAGCCTGGGTACGC	17
5SNTS29F	GCTTACGGCCATACCAGCCTGGGTACGCC	18
5SNTS30F	GCTTACGGCCATACCAGCCTGGGTACGCC	19
5SNTS23F-1	CGCTTACGGCCATACCAGCCTGG	20
5SNTS23F-2	TCGCTTACGGCCATACCAGCCTG	21

5NTS30F+26	GCCCGATCTCGTCTGATCTCGGAAGCTAAG	22
5NTS30F-2	TCGCTTACGGCCATAACCAGCCTGGGTACGC	23
5SNTS58F-2	TCGCTTACGGCCATAACCAGCCTGGGTACGC CCGATCTCGTCTGATCTCGGAAGCTAAG	24

Tabell 2 : Identifikasjon laksearter; revers primerne er alle angitt i 5 'til 3'

Name	Sequence	SEQ ID NO :
5SNTS30R+3	CGTACCCAGGCTGGTATGGCCGTAAGCGAG	25
5SNTS29R+3	GTACCCAGGCTGGTATGGCCGTAAGCGAG	26
5SNTS28R+3	TACCCAGGCTGGTATGGCCGTAAGCGAG	27
5SNTS27R+3	ACCCAGGCTGGTATGGCCGTAAGCGAG	28
5SNTS26R+3	CCCAGGCTGGTATGGCCGTAAGCGAG	29
5SNTS25R+3	CCAGGCTGGTATGGCCGTAAGCGAG	30
5SNTS24R+3	CAGGCTGGTATGGCCGTAAGCGAG	31
5SNTS23R+3	AGGCTGGTATGGCCGTAAGCGAG	32
5SNTS22R+3	GGCTGGTATGGCCGTAAGCGAG	33
5SNTS21R+3	GCTGGTATGGCCGTAAGCGAG	34
5SNTS20R+3	CTGGTATGGCCGTAAGCGAG	35
5SNTS19R+3	TGGTATGGCCGTAAGCGAG	36
5SNTS18R+3	GGTATGGCCGTAAGCGAG	37
5SNTS17R+3	GTATGGCCGTAAGCGAG	38
5SNTS16R+3	TATGGCCGTAAGCGAG	39

5SNTS15R+3	ATGGCCGTAAGCGAG	40
5SNTS14R+3	TGGCCGTAAGCGAG	41
5SNTS13R+3	GGCCGTAAGCGAG	42
5SNTS12R+3	GCCGTAAGCGAG	43

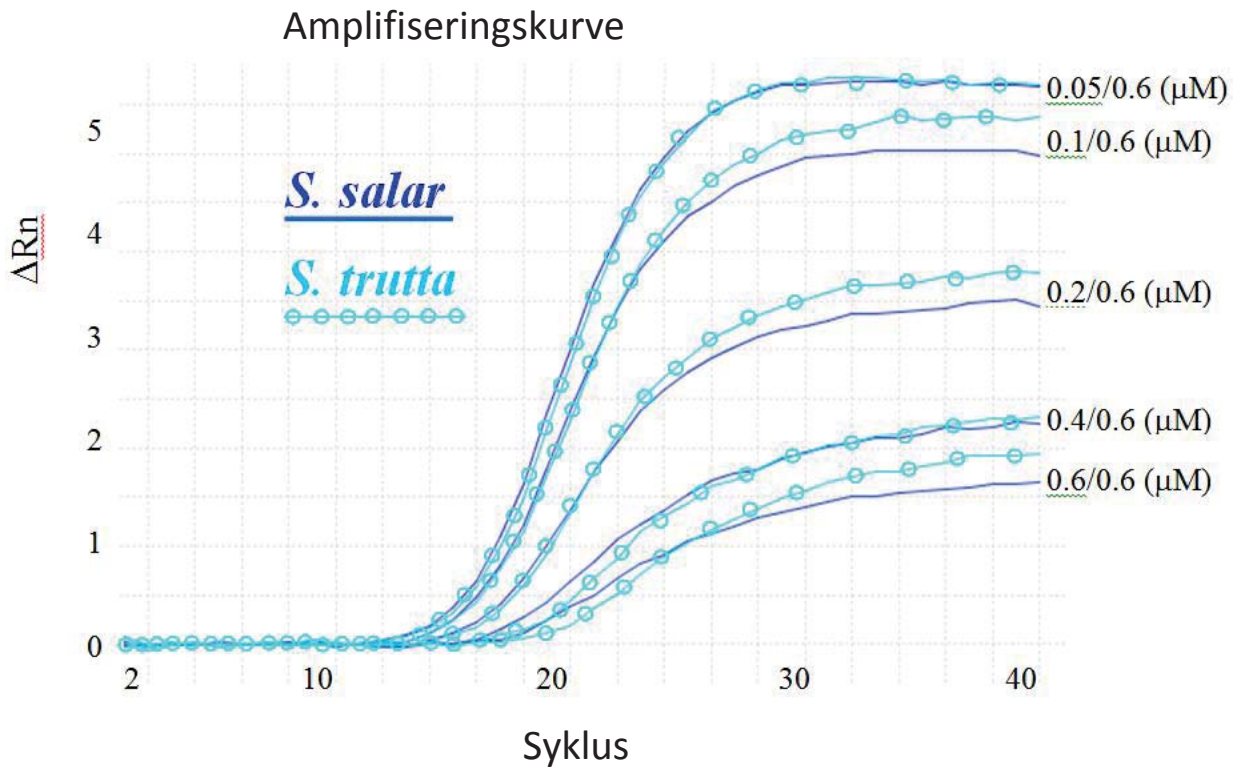
Tabell 3: Identifikasjon av kjønn hos laksefisk; fremover og revers primerene er alle angitt i 5 'til 3'

Name	Sequence
SdY-Fw	CCCAGCACTGTTTTCTTGTCTCA
SdY-Rev2	CTTAAAACCACTCCACCCTCCAT
18S-FwA	GT <u>C</u> CGAAGACGATCAGATACCGT
18S-FwB	GT <u>T</u> CGAAGACGATCAGATACCGT
18S-Rv	CCGCATAACTAGTTAGCATGCCG

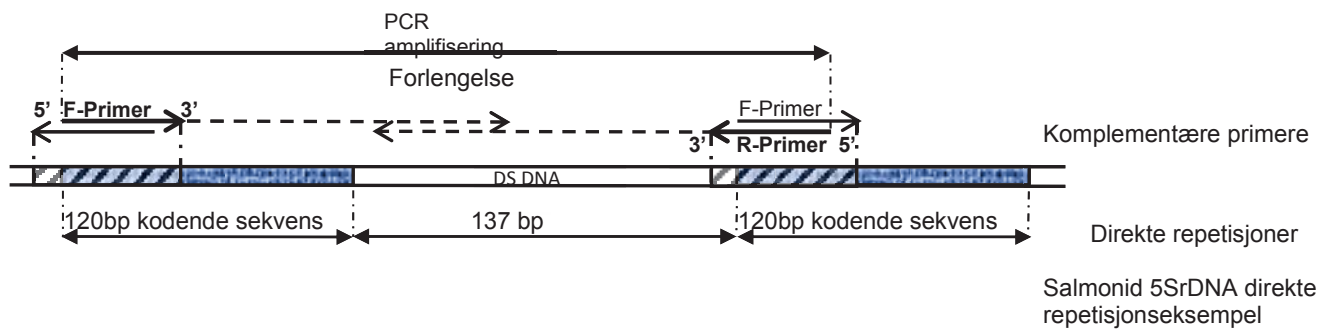
1/5

FIGURER

Figur 1

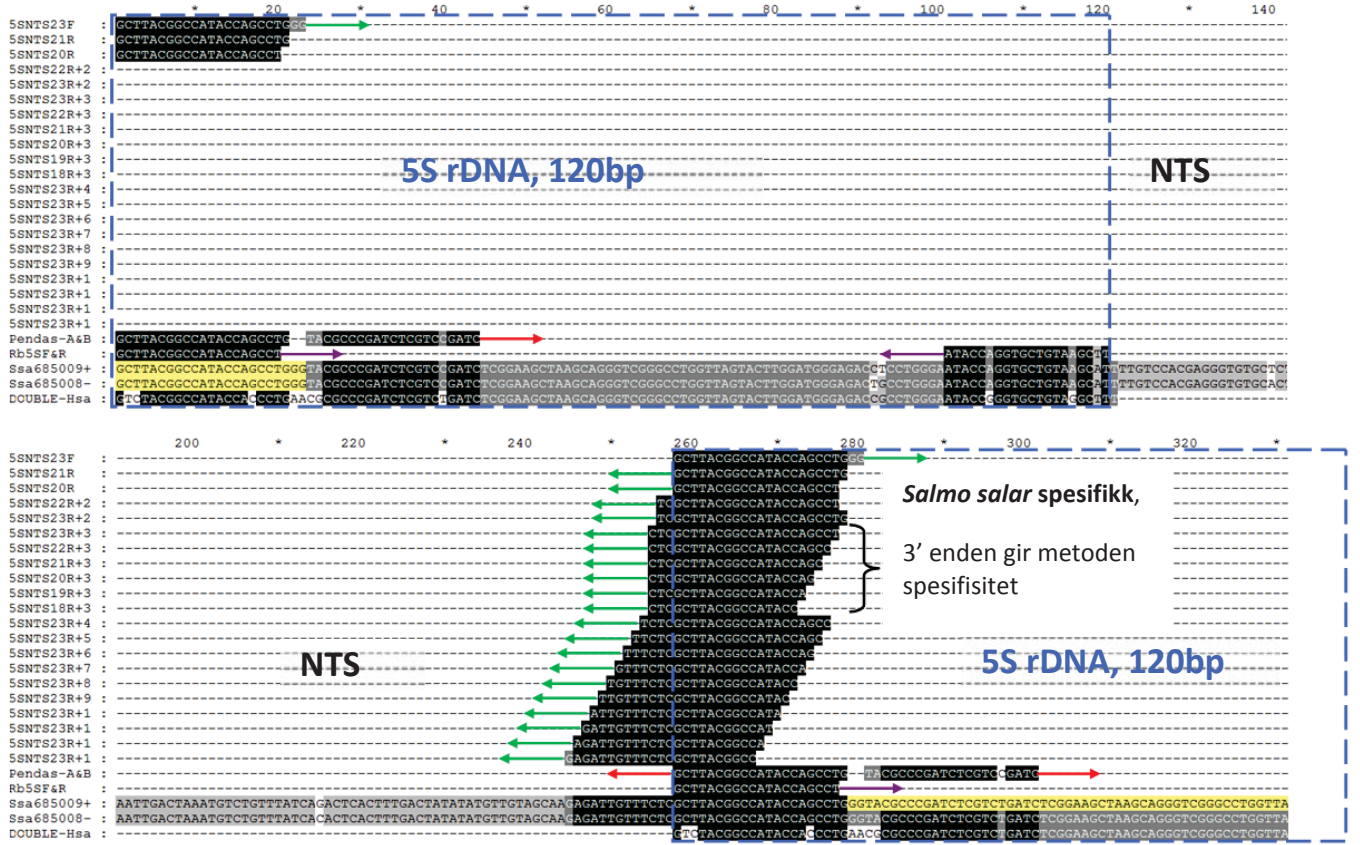


Figur 2



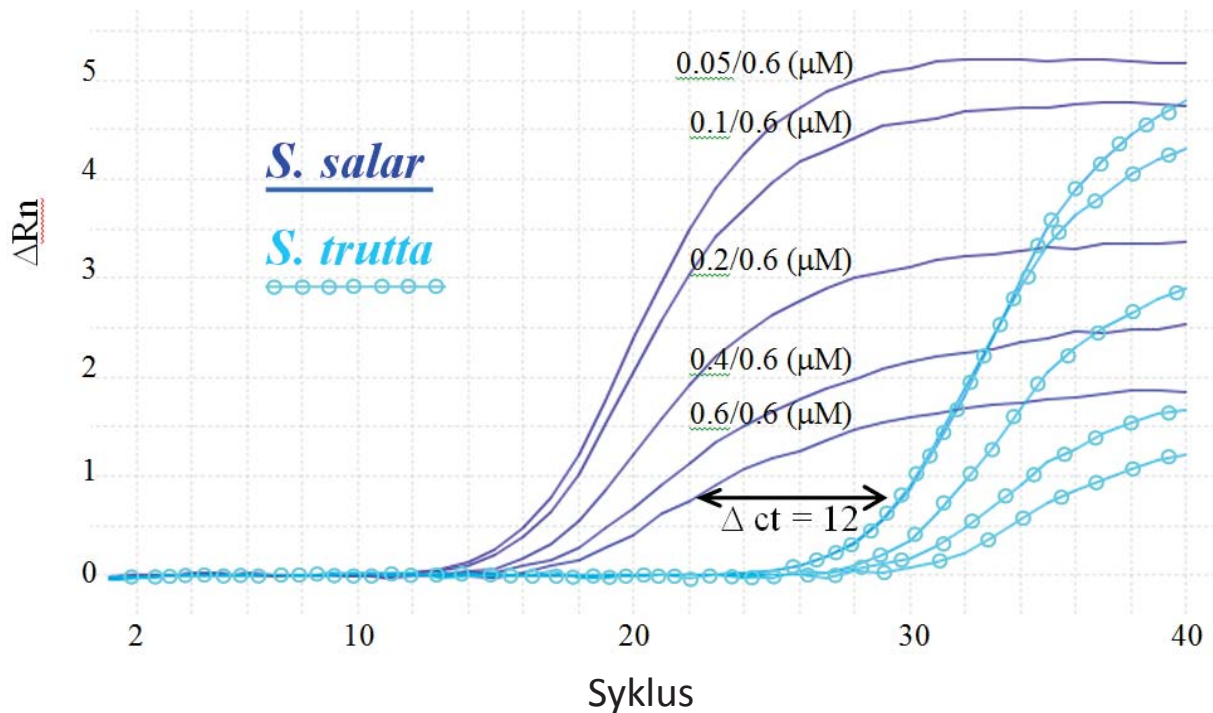
2/5

Figur 3



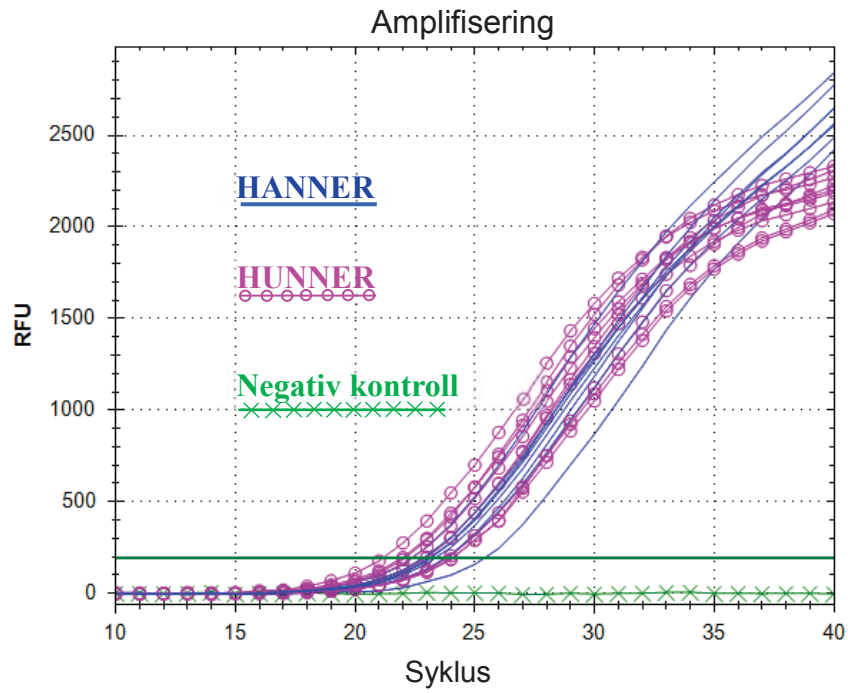
Figur 4

Amplifiseringskurve

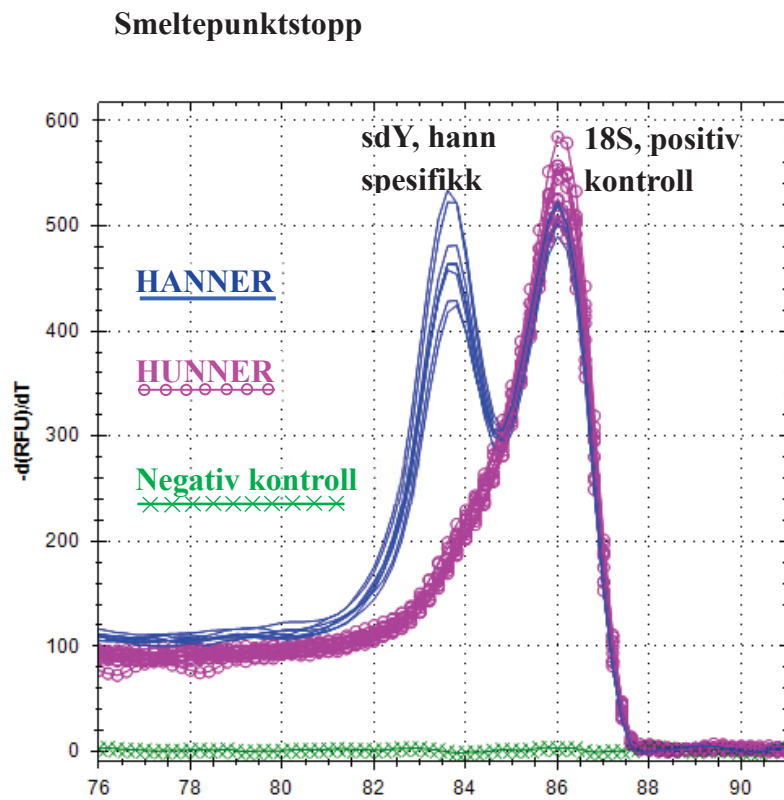


3/5

Figur 5

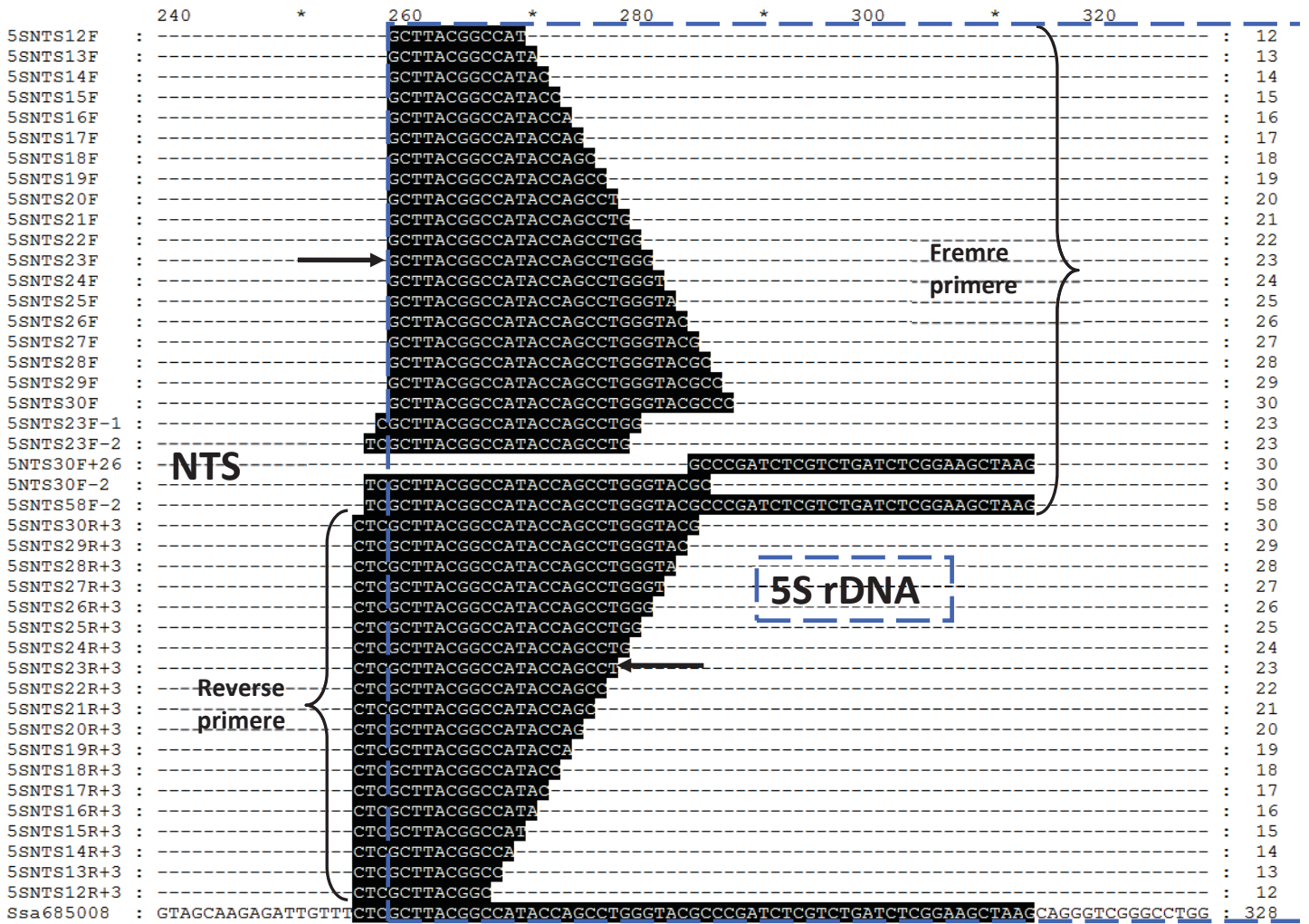


Figur 6



Temperatur, Celsius

Figur 7



Figur 8

