

Utvikling av SNP-panel for atlantisk torsk

A. Kettunen and M. L. Aslam

For å øke konkurranseevnen til oppdrettsnæringen for atlantisk torsk bør tradisjonell familiebasert avl suppleres med avanserte genomiske verktøy som kan brukes til genkartlegging og genomisk seleksjon. Genomisk seleksjon muliggjør seleksjon innen familier og resulterer i høyere nøyaktighet og seleksjonsintensitet og dermed økt genetisk framgang, og er spesielt verdifullt for egenskaper som krever et stort antall testfisk, f.eks. smittetester for sykdomsresistens og slakteforsøk. I denne studien har vi brukt eksisterende genomsekvensdata for å finne eller validere SNP-markører, utviklet et SNP-panel spesifikt for den norske torskebestanden før vi demonstrerte bruken av SNP-panelet ved å analysere data fra Nasjonalt avlsprogram for torsk.

Genomskevensdata fra 111 individer fra et tidligere NFR finansiert prosjekt (#207680) ble supplert med sekvensdata fra 30 ville torsk fra en offentlig database (Star et al. 2016) og brukt for å utvikle et SNP-panel. SNP-markørene ble selektert basert på flere kriterier, inkludert posisjon på genomet, MAF (minor allele frequency) og kjent funksjon. Totalt ~21000 SNP-markører ble inkludert på SNP-panelet (Illumina Infinium™ Array).

Fenotypiske data for tilvekst (VEKT, årsklasse 2016, vekt i 2+) og tidlig kjønnsmodning (MODNING, årsklasse 2019) ble brukt for å demonstrere bruken av det nyutviklede panelet. Individmerket fisk (N=1224) fra 199 familier ble registrert for VEKT i november 2018 og for MODNING i et avlsforsøk avsluttet i mars 2021 (1272 fisk fra 67 familier). All fisk (N=2496) fisk ble genotypet med det nyutviklede SNP-panelet.

Genetiske parametere for VEKT og MODNING ble estimert med en bivariat lineær modell der vi antok at slektskap mellom individer fulgte den genomiske slektskapsmatrisen. Vi utførte assosiasjonsanalyser av helgenom (GWAS) for å avdekke områder på genomet som mulig forklarer en stor andel av variasjonen i fenotypene (QTL). Analysene ble utført ved å bruke GCTA-programmet (Yang et al., 2011).

Arvegrad på 0.45 ± 0.04 og 0.23 ± 0.04 ble estimert for henholdsvis VEKT og MODNING. GWAS for VEKT viste overraskende et sterkt signal av QTL lokalisert på kromosom 7, og det var indikasjoner på betydelig QTL for VEKT også på kromosom 12, 15 og 21. En enkel signifikant SNP for MODNING ble funnet på kromosom 23. En tidligere detektert QTL for kjønn ble validert (Star et al., 2016).

Star, B, A Nederbragt, and S Jentoft. 2011. <https://doi.org/10.1038/nature10342>

Yang J, S.H. Lee, M.E. Goddard, P.M. Visscher. 2011. doi: 10.1016/j.ajhg.2010.11.011.

Denne studien var finansiert av MABIT program.