

# Valintajalostus ja genominen valinta kirjolohella ja siialla



# Valintajalostus ja genominen valinta



Antti Kause / Luke



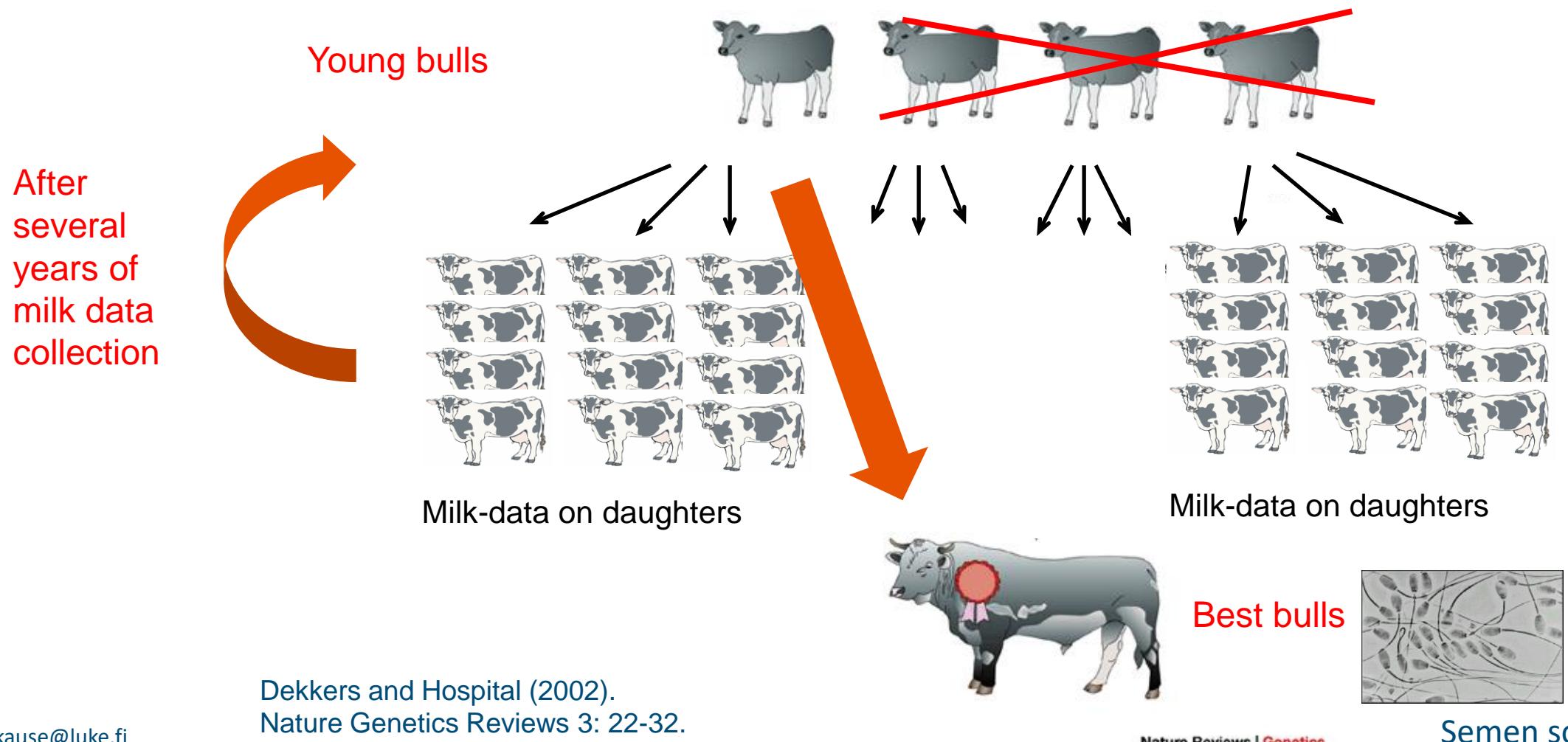
Erkki Oksanen / Luke



Tapio Tuomela

**Genominen valinta** - Yksilön kudosnäytteen dna profiilista ennustetaan yksilön potentiaali periyttää ominaisuuksia jälkeläisille

# Progeny testing in dairy cattle



# Progeny testing combined with genomic selection

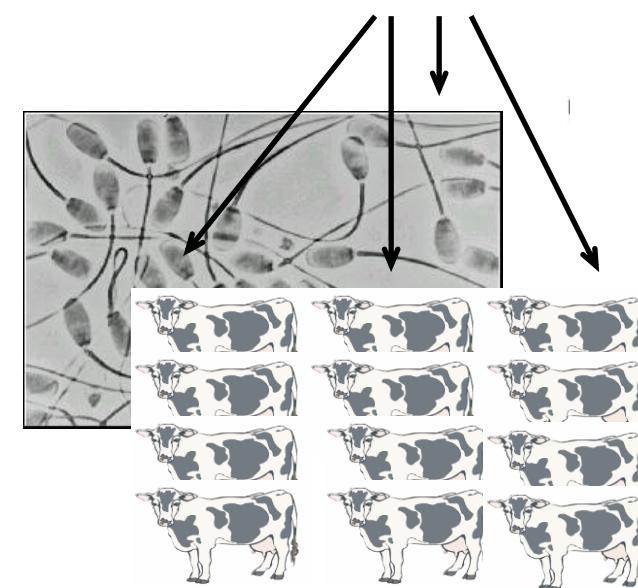
Young bulls: GENOTYPE and PREDICT ->

GEBV



Best bulls

Semen sold before  
progeny testing



Dekkers and Hospital (2002).  
Nature Genetics Reviews 3: 22-32.

# Genomisen valinnan käyttöönotto eläinjalostuksessa

- Rutiinikäytössä valintaohjelmissa, alkaen:
- Nauta: 2009
- Possut: 2011 (Topigs)
- Kana: 2012 (Aviagen)
- Lohi: 2016 (Saltas, AquaGen), 2017 (Mowi)
- Suomessa Luken avaintekemistä

## Original idea:

Meuwissen, Hayes, and Goddard (2001).

Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps.

*Genetics* **157**: 1819-1829.

**Ennustamisessa käytetään tuhansia dna-merkkejä:**

Tuotanto-ominaisuudet määräytyvät tuhansien geenien toimesta!

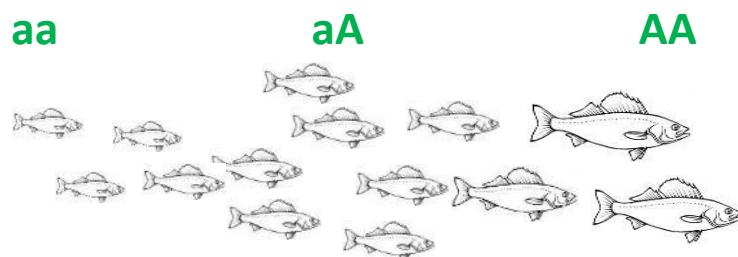


# Sukupuu ja dna markkerit: Ero

Vanhemmat



Jälkeläiset



## Data kaikille yksilöillinen

Yksilö1 Isä1 Äiti2

Yksilö2 Isä1 Äiti2

Yksilö3 Isä1 Äiti2

...

Yksilön1 oma dna profiili

Yksilön2 oma dna profiili

Yksilön3 oma dna profiili

...

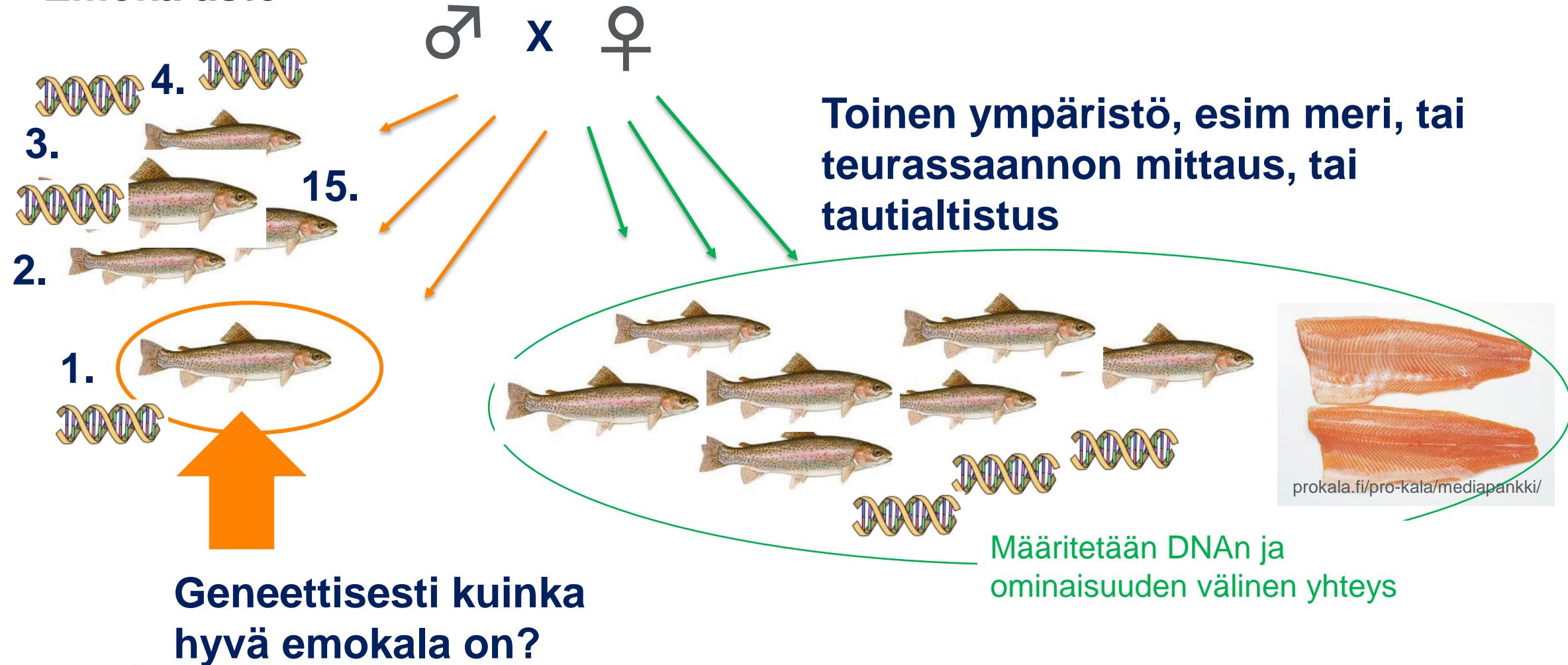
**dna markkerit  
genomisessa arvostelussa:**

Perheen jälkeläiset ovat  
geneettisesti erilaisia

Puolet geneettisestä  
vaihtelusta on perheen  
sisällä

# Jalostusarvon tarkkuus ja genominen valinta

## Emokalasto





# Genomic selection and *Flavobacterium columnare*

## Aim:

**Field experiment to test if requirements are fulfilled for genomic selection of disease resistance against *F. columnare* in rainbow trout**

Warm water - Flavo

Major disease for multipliers

Only dna markers will work - occurs in so small fingerlings that fish cannot be id-tagged



Clemence Fraslin



THE UNIVERSITY of EDINBURGH  
Royal (Dick) School of  
Veterinary Studies





# Experimental design

## Natural outbreak of *F. columnare*

Tissue sample: 1 500 dead + 1 500 alive

Data set:

Genotyped for 27,907 SNPs markers

Survived (1) or not (0)

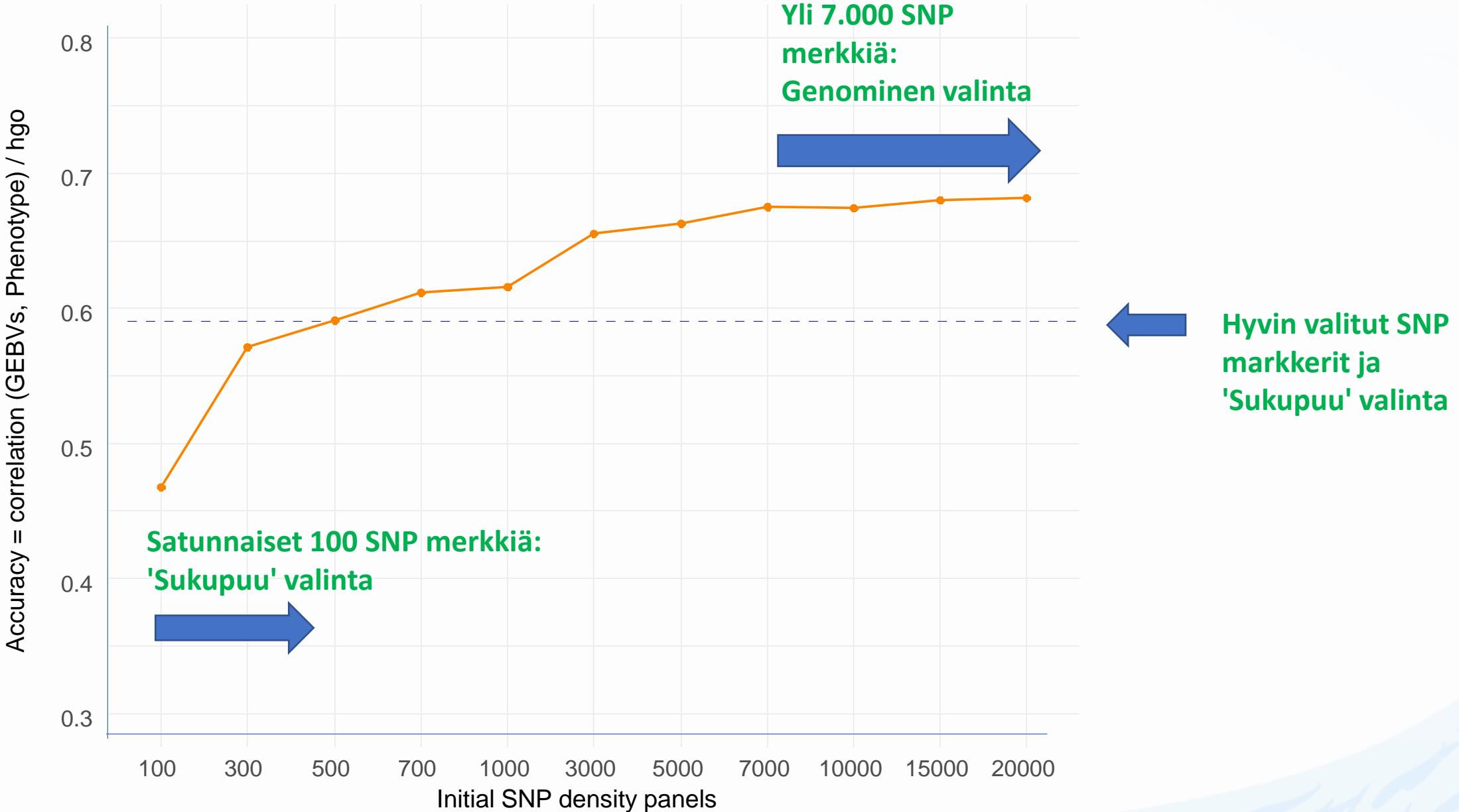
Genetic variation for *F. columnare* resistance (survival):

Heritability of 32%



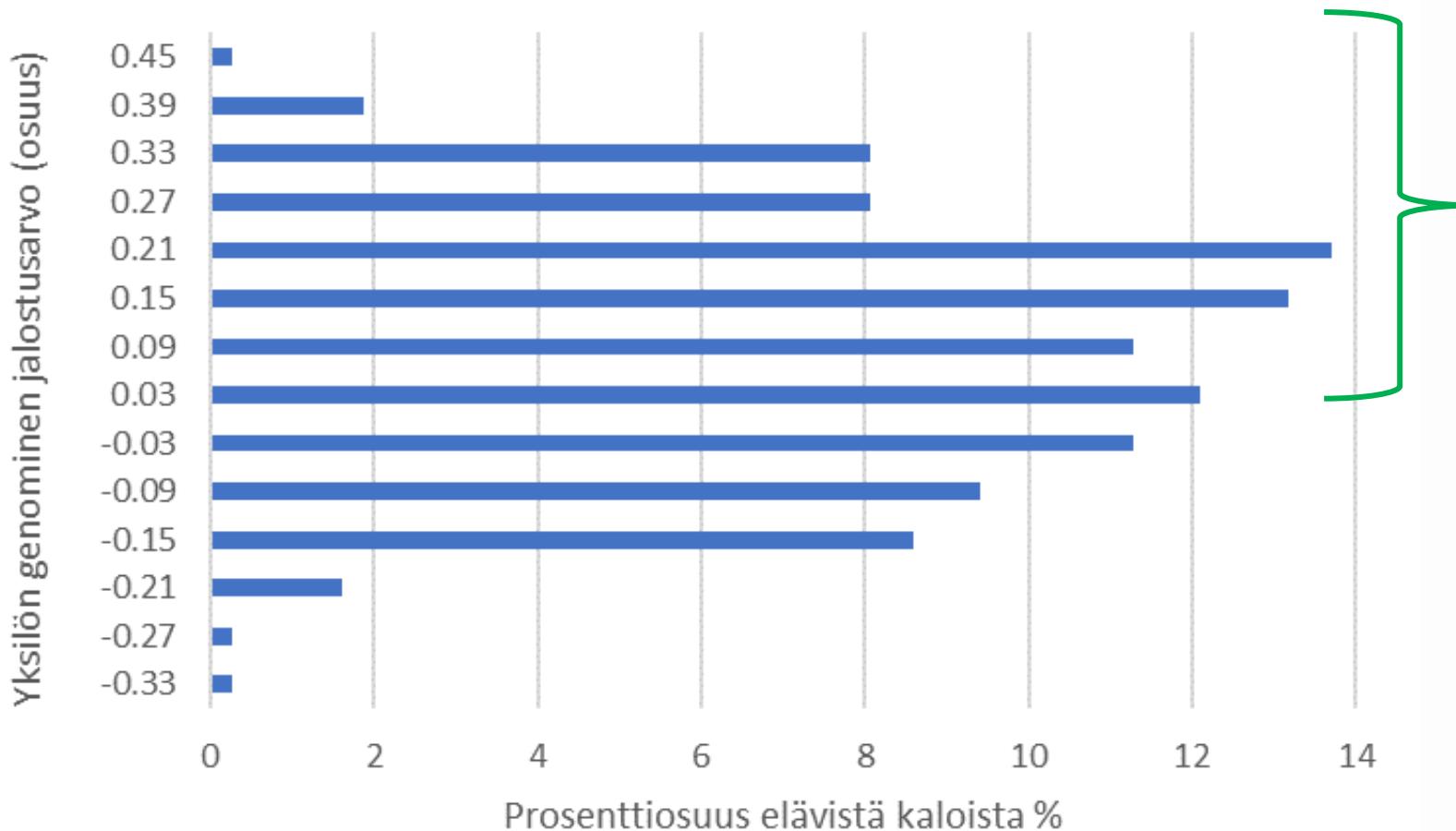


# Accuracy of genomic prediction





# Genomiset jalostusarvot eläville kaloiille



Valitaan emoiksi kaloihin  
jotka voivat periyttää  
esim yli 20 %  
korkeampaa  
elossasäilyvyyttä

Myös suurivaikutteisia SNP merkkejä:

- aa = -0.11
- AA = +0.11

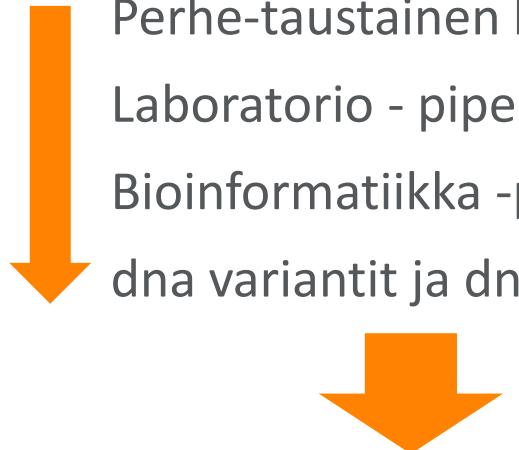


# dna-merkkien kehitys JALO-siialle

Täytyy kehittää itse

## Next-generation sequencing:

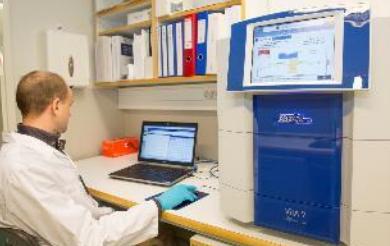
Perhe-taustainen kala-aines  
Laboratorio - pipeline  
Bioinformatiikka -pipeline  
DNA variantit ja DNA merkit



JALO-siialle 15.000 DNA merkkiä  
Tehty myös Saimaan nieriälle...

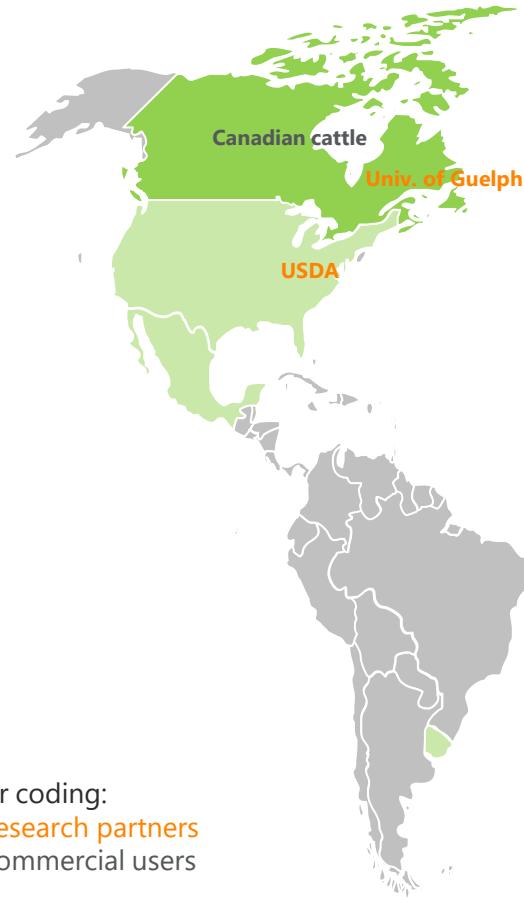


This project has received funding under Kolarctic CBC programme 2014-2020 with a contract number 4/2018/095/KO4058 'Arctaqua - Cross-border innovations in Arctic aquaculture'



# Advancing our international networks through scientific research in genomics and genomic prediction

**MiX99**  
Solving Large Mixed Model Equations



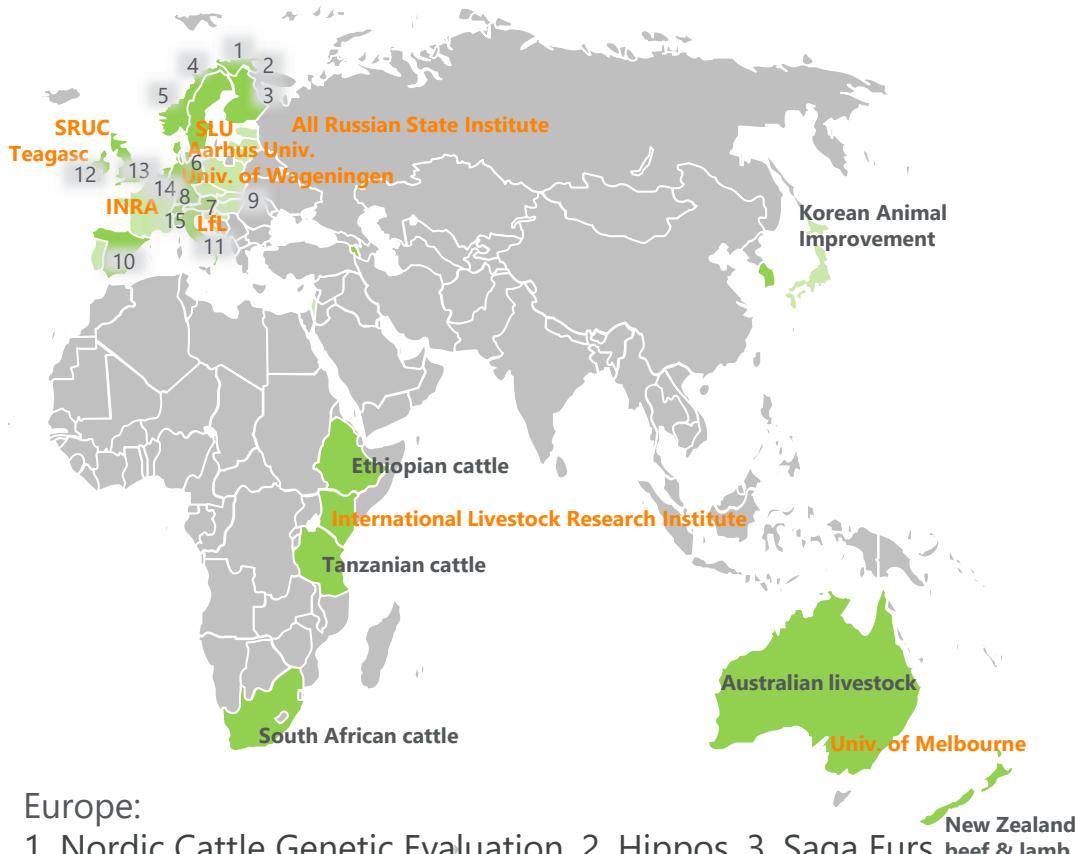
Color coding:  
- Research partners  
- Commercial users



MiX99 users



International cattle evaluation using MiX99



## Europe:

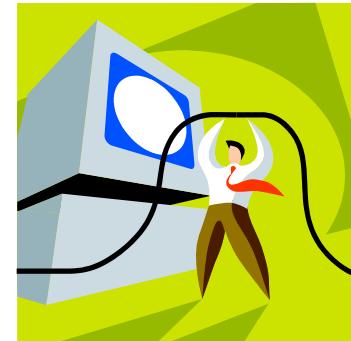
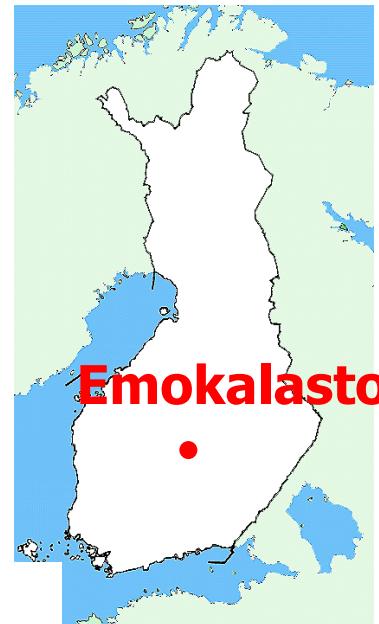
1. Nordic Cattle Genetic Evaluation, 2. Hippos, 3. Saga Furs, 4. Geno Norway, 5. Aqua-Gen Norway, 6. vit Germany, 7. LfL Bavaria, 8. Zuchtdaten Austria, 9. Baden-Württemberg (LGL), 10. CONAFE, 11. Italian livestock ANAFIJ, ANARB, ANAPRI, 12. Ireland livestock ICBF, 13. UK livestock SRUC, 14. MiXBLUP The Netherlands, 15. Swiss livestock QUALITAS and SUISAG.

International Evaluations Interbull (SLU)

# JALO –kirjolohen ja siijan kansallinen valintaohjelma



**Mittaus (meri, RAS, emokalasto)**



**Jokioinen**



$$\begin{aligned} \hat{G}_i^{(k+1)} &= \frac{1}{n_i} \sum_{p=1}^{n_i} \left( A_p \right)^T = \frac{1}{n_i} \sum_{p=1}^{n_i} \left( \sum_{s=1}^S S_{ps}^o + \sum_{s=1}^S S_{ps}^r \right) \\ \hat{\mathbf{R}}_c^{(k+1)} &= \left( \sum_{s=1}^S S_{sc}^o + \sum_{s=1}^S S_{sc}^r \right) \left( \hat{\mathbf{u}}_{ip} \hat{\mathbf{u}}_{ip}^T + C_{pp}^{u_i u_i} \right) \end{aligned}$$

# Johtopäätökset

- Genominen valinta on eläin- ja kasvijalostuksen nykystandardi
- Integroituu sujuvasti nykyisten jalostusohjelmien sisään

## • Vesiviljelyssä, hyödyt:

- Nopeampi perinnöllinen edistyminen ominaisuuksissa
- Uudet ominaisuudet (taudit, rehuteho, tuotelaatu)
- Tarkempi valinta (teuras-, tuotelaatu ominaisuudet)



## Valintajalostuksen genetiikka-yhteyshenkilö

antti.kause@luke.fi

[www.luke.fi/aquaimpact/newsletters/](http://www.luke.fi/aquaimpact/newsletters/) <---- TILAA UUTISKIRJE!!

Photos: Pro Kala.