



# **Sekwencjonowanie nowej generacji i rozwój programów selekcyjnych w akwakulturze ryb łososiowatych**

Konrad Ocalewicz

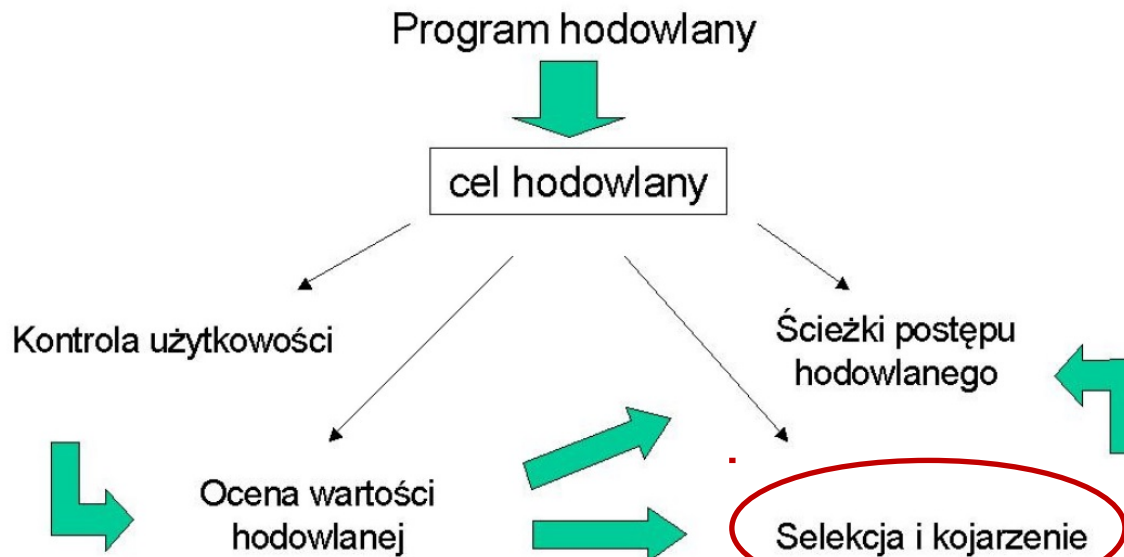
Zakład Biologii i Ekologii Morza, Instytut Oceanografii, Wydział Oceanografii i Geografii,  
Uniwersytet Gdański, e-mail: [konrad.ocalewicz@ug.edu.pl](mailto:konrad.ocalewicz@ug.edu.pl)

Gdynia 12.10.2018

Celem hodowli (a może raczej **programu hodowlanego**) jest uzyskanie zwierząt o lepszych fenotypach/genotypach!

**Programem hodowlanym** nazywamy szczegółowo opracowany schemat genetycznego doskonalenia populacji

Rysunek 1. Struktura programów hodowlanych.



Optymalny program hodowlany jest dostosowany do specyfiki danego gatunku i cech zawartych w celu hodowlanym.

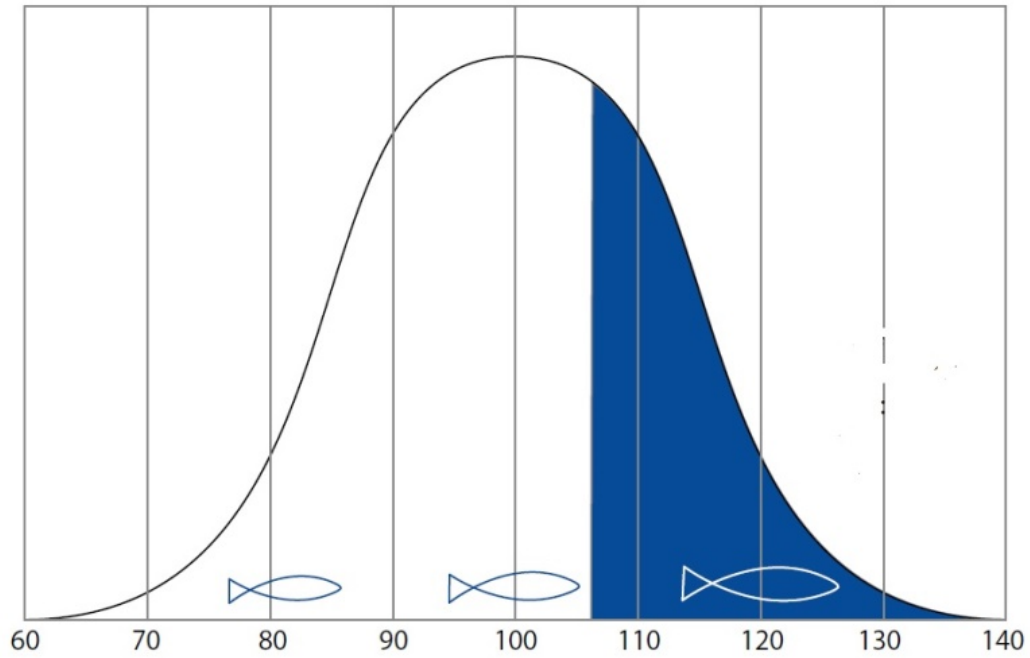
***Cel hodowlany*** wskazuje, które cechy mają być doskonalone:  
**ODZIEDZICZALNOŚĆ CECH**

Za każdy fenotyp odpowiada interakcja **genotypu** ze  
**środowiskiem**

- Odziedziczalność: proporcja zmienności fenotypowej wyjaśnianej zmiennością genetyczną w populacji

Jest to miara udziału cech dziedzicznych **w zmienności**  
**fenotypu**

# Selekcja kierunkowa



# Odziedziczalność – nie wszystkie cechy są odziedziczalne w tym samym stopniu!

*Int. J. Mol. Sci.* **2016**, *17*, 5

**Table 1.** The summary statistics and heritability estimates for the harvest traits.

Traits	Mean (SD)	Heritability (SE)
Harvest weight (kg)	2.65 (0.72)	0.52 (0.05)
Head weight (kg)	0.30 (0.12)	0.21 (0.03)
Body waste weight (kg)	0.34 (0.15)	0.15 (0.02)
Total waste weight (kg)	0.67 (0.21)	0.32 (0.04)
Gutted weight (kg)	2.42 (0.65)	0.53 (0.05)
Deheaded weight (kg)	2.11 (0.57)	0.52 (0.05)
Fillet weight (kg)	1.76 (0.48)	0.53 (0.05)
Fat percentage (%)	13.2 (5.98)	0.18 (0.03)
Fillet colour (20–34)	28.9 (0.74)	0.14 (0.03)
Gut weight (kg)	0.22 (0.08)	0.30 (0.04)

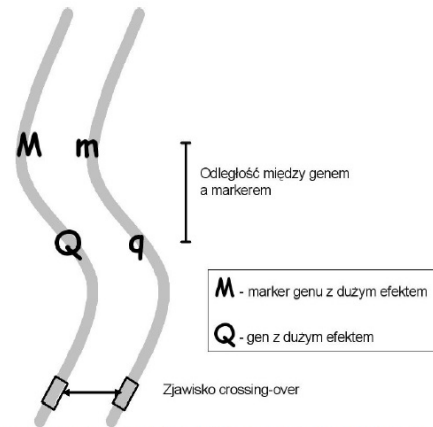
# Wybrane kategorie cech użytkowych, które są celem prac hodowlanych (EU)

	wzrost	morfologia	Odporność na choroby	Wydajność przetwórcza	Jakość - filet	Dojrzałość płciowa, płodność	Zywnienie
dorada	6	4	2	0	2	0	1
sea bass	6	4	1	2	1	1	1
Turbot	2	0	1	0	0	0	0
Pstrąg tęczowy	10	8	5	5	3	5	2
łosoś	7	3	7	6	6	2	2
karp	4	4	2	1	0	1	0

# Liczba programów hodowlanych z wykorzystaniem biotechnik rozrodu (EU)

	sea bass	dorada	turbot	Pstrąg tęczowy	łosoś	karp
Triploidyżacja	1	0	0	7	2	0
Produkcja jedнопłciowych stad	0	0	0	7	1	0
gynogeneza	1	0	0	1	1	0
androgeneza				1		
linie klonalne				2		

# Selekcja osobników do programu hodowlanego i markery genetyczne



Lokalizacja locus genu cechy jakościowej i jego markera na chromosomie.

## Selekcja z wykorzystaniem genetyki molekularnej ma zastosowanie szczególnie wtedy, gdy:

- odziedziczalność cechy jest niska – wykorzystując dodatkowe źródła informacji o genach  
można w istotny sposób zwiększyć dokładność oceny,
- ekonomicznie ważna cecha objawia się u tylko u osobników jednej płci,
- jeśli cecha ujawnia się stosunkowo późno od wyklucia, w szczególności po jego śmierci (np. cechy związane z jakością mięsa),
- doskonalenie zwierząt prowadzi się w stadach zarodowych
- występują wysokie koszty oceny na podstawie potomstwa.

# Selekcja z wykorzystaniem genetyki molekularnej – markery genetyczne

## **Tworzenie stada wyjściowego**

Selekcja wewnątrz-rodzinowa, krzyżowanie między rodzinami.

## **Mapowanie loci cech ilościowych QTL:**

Opracowanie map genetycznych sprzężeń, fenotypowa analiza cech.

## **Walidacja loci cech ilościowych**

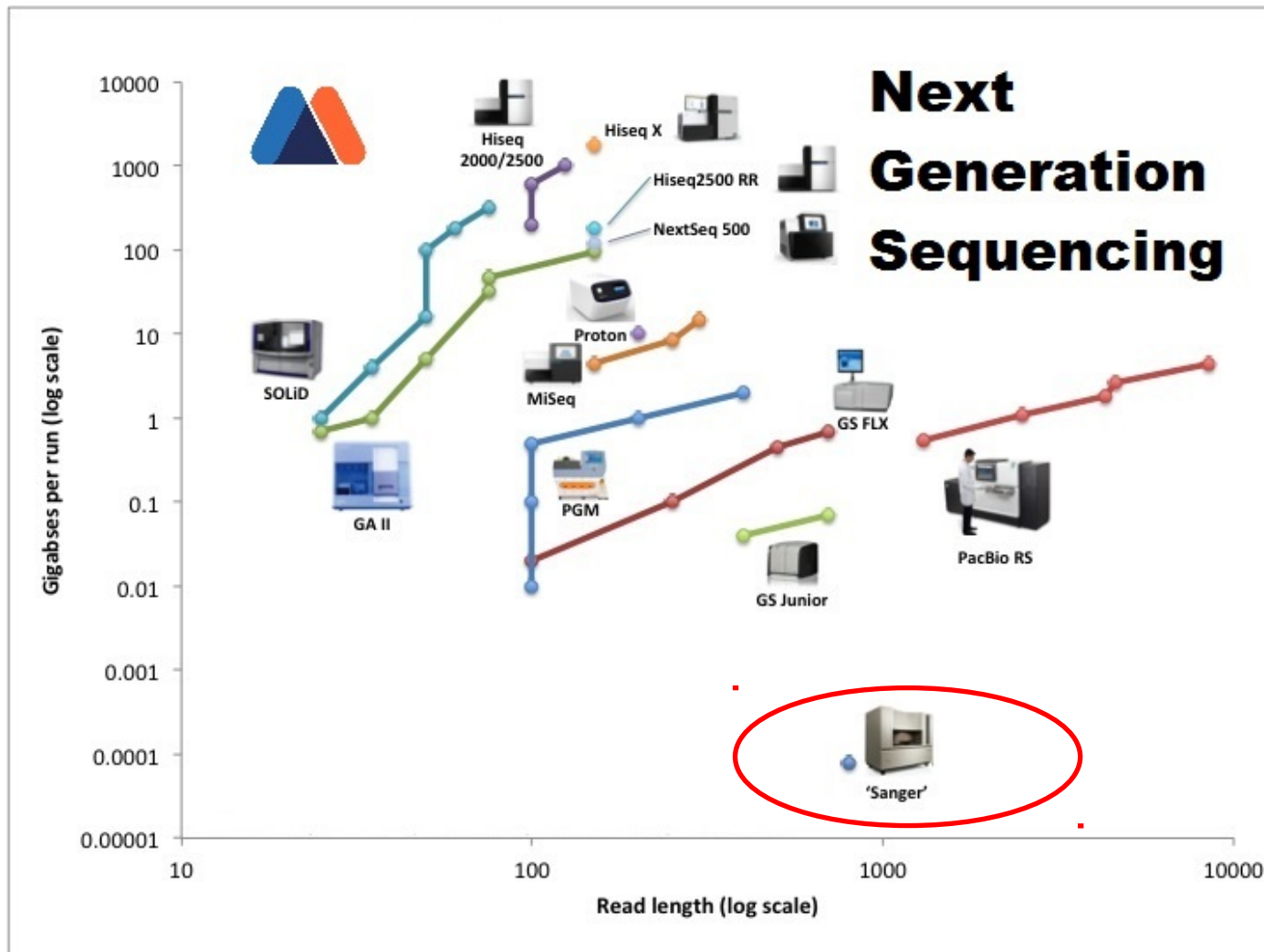
Potwierdzenie umiejscowienia i efektu QTL.  
Weryfikacja QTL na innych liniach, mapowanie genów wpływających na cechę.

## **Testowanie markerów sprzężonych z cechą:**

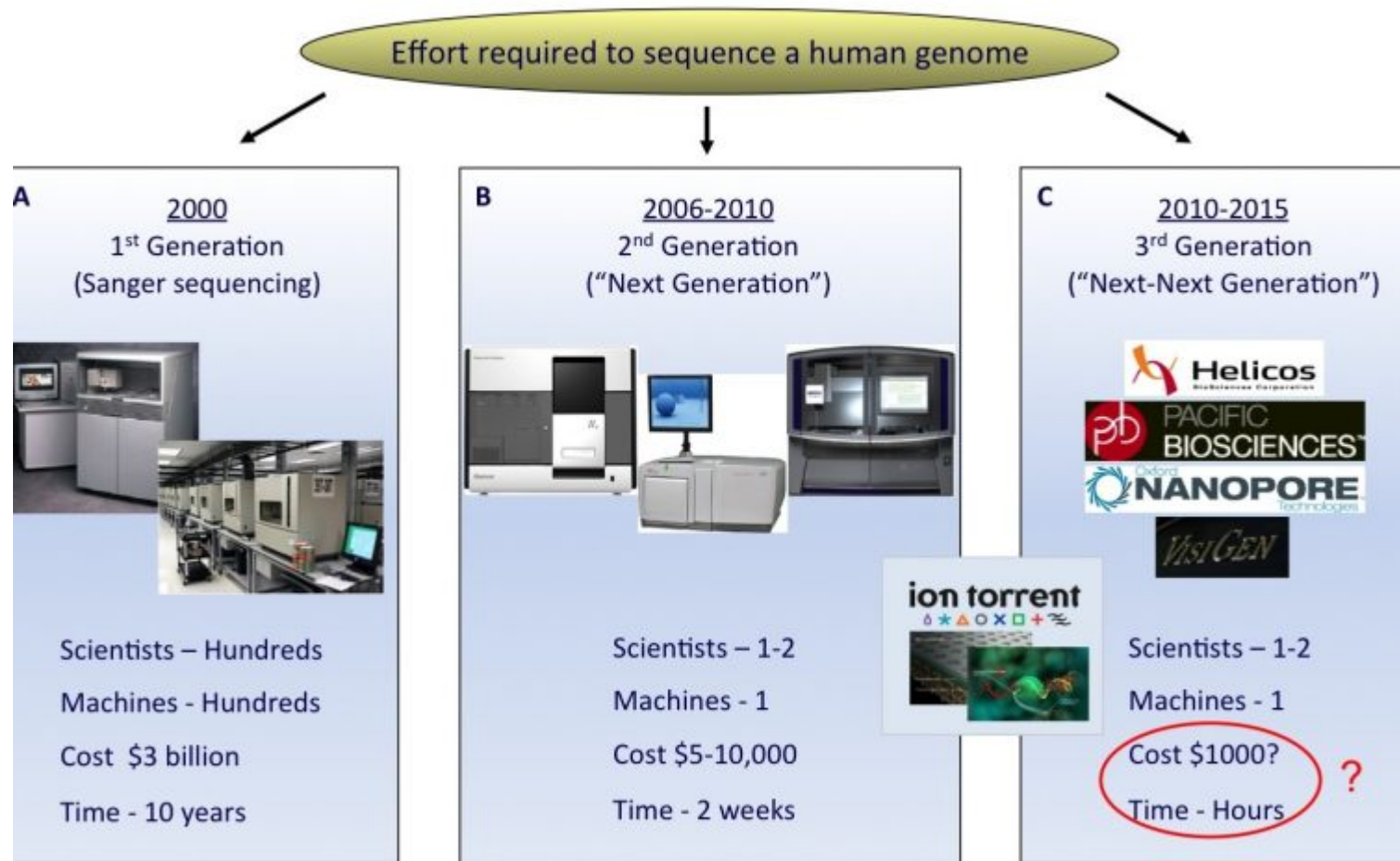
identyfikacja polimorficznych sekwencji DNA (markerów) położonych w sąsiedztwie QTL i dziedziczonych razem z nimi. Sprawdzenie markerów na materiale hodowlanym.

**Prowadzenie selekcji z wykorzystaniem markerów  
DNA (MAS)**

# Uzyskiwanie markerów genetycznych na drodze sekwencjonowanie DNA



# Metody molekularne w hodowli i selekcji: uzyskiwanie markerów genetycznych na drodze sekwencjonowanie DNA

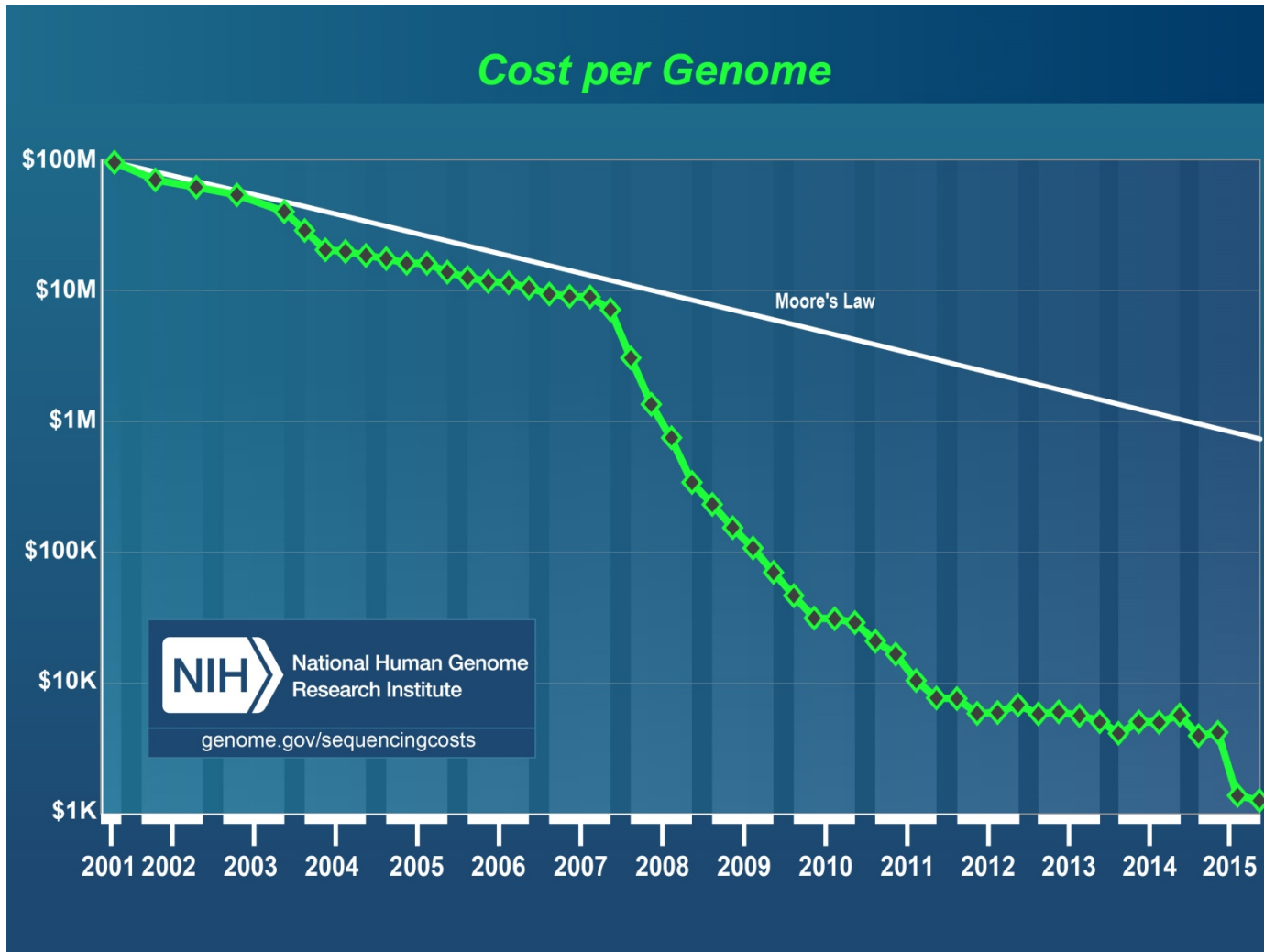


# Genotypowanie przez sekwencjonowanie (całego genomu)

## SELEKCJA GENOMOWA

- Selekcja jest skuteczniejsza gdy wyboru osobnika dokonujemy na podstawie wyników sekwencjonowania całego genomu – selekcja genomowa, niż w wyniku tradycyjnego modelu oceny na podstawie potomstwa. Ale skuteczność programu zależy też od „architektury” samej cechy (np. pewne cechy są kodowane przez kilkanaście genów) oraz „nasylenia” markerami genetycznymi (liczba polimorficznych fragmentów DNA w pobliżu loci QTL).
- Przy ograniczonej liczbie badanych ryb, skuteczność tradycyjnej selekcji i selekcji genomowej w konkretnym kierunku jest podobna. Natomiast skuteczność SG jest dwa razy wyższa niż tradycyjne metody jeżeli genotypuje się większą liczbę osobników.
- Jednym z czynników limitujących zastosowanie selekcji genomowej jest jej koszt. W zasadzie na genotypowanie poprzez zsekwenowanie całego genomu wielu osobników może sobie pozwolić tylko kilka firm na świecie.

# Uzyskiwanie markerów genetycznych na drodze sekwencjonowanie całego genomu – cierpliwość pozwala zaoszczędzić sporo pieniędzy....



# Genotypowanie przez sekwencjonowanie (całego genomu)

## SELEKCJA GENOMOWA

- Selekcja jest skuteczniejsza gdy wyboru osobnika dokonujemy na podstawie wyników sekwencjonowania całego genomu – selekcja genomowa, niż w wyniku tradycyjnego modelu oceny na podstawie potomstwa. Ale skuteczność programu zależy też od „architektury” samej cechy i oraz „nasylenia” markerami genetycznymi.
- Przy ograniczonej liczbie badanych ryb, skuteczność tradycyjnej selekcji i selekcji genomowej w konkretnym kierunku jest podobna. Natomiast skuteczność SG jest dwa razy wyższa niż tradycyjne metody jeżeli genotypuje się większą liczbę osobników.
- Jednym z czynników limitujących zastosowanie selekcji genomowej jest jej koszt. W zasadzie na genotypowanie poprzez zsekwencjonowanie całego genomu wielu osobników może sobie pozwolić tylko kilka firm na świecie.
- Obniżenie kosztów sekwencjonowania pozwoli wdrożyć selekcję genomową do akwakultury.

# Liczba programów selekcyjnych prowadzonych z wykorzystaniem różnych technik poszukiwania/opisywania cech (EU)

gatunek	Selekcja genomowa (NGS)	Selekcja – markery molekularne (MAS)	Identyfikowanie osobników (fingerprinting)	Profil genetyczny
dorada	0	4	2	2
Sea bass	0	3	1	2
turbot	0	0	2	0
Pstrąg tęczowy	0	1	6	3
Łosoś atlantycki	5	6	6	5
karp	0	0	0	0

# Odziedziczalność cech związanych z odpornością na bakteryjne i wirusowe choroby pstrągów tęczowych

Vet Res (1995) 26, 361-368  
© Elsevier/INRA

361

## Selection of rainbow trout resistant to viral haemorrhagic septicaemia virus and transmission of resistance by gynogenesis

M Dorson <sup>1\*</sup>, E Quillet <sup>2</sup>, MG Hollebecq <sup>2</sup>,  
C Torhy <sup>1</sup>, B Chevassus <sup>2</sup>

<sup>1</sup> INRA, unité de virologie et d'immunologie moléculaires,  
pathologie infectieuse et immunité des poissons;

<sup>2</sup> INRA, unité de génétique des poissons, génétique quantitative, 78352 Jouy-en-Josas, France



Aquaculture

Volume 250, Issues 3–4, 30 December 2005, Pages 621-636



Selective breeding provides an approach to increase resistance of rainbow trout (*Onchorhynchus mykiss*) to the diseases, enteric redmouth disease, rainbow trout fry syndrome, and viral haemorrhagic septicaemia

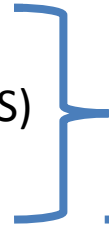
Mark Henryon <sup>a</sup> , Peer Berg <sup>a</sup>, Niels J. Olesen <sup>b</sup>, Torben E. Kjær <sup>b</sup>, Wilhelmina J. Sliereendrecht <sup>c</sup>, Alfred Jokumsen <sup>d</sup>, Ivar Lund <sup>e</sup>

# Odziedziczalność cech związanych z odpornością na VHS u pstrągów tęczowych

jersinioza (ERM)

zespół narybku pstrąga tęczowego (RTFS)

wirusowa krwotoczna posocznica (VHS)



Odziedziczalność odporności na poszczególne choroby : 0.07-0.21

odziedziczalność odporności na ERM, RTFS i VHS (razem) : 0.42-0.57

To czy ryba zachoruje na VHS jest w niewielkim stopniu determinowane genetycznie!



Aquaculture

Volume 250, Issues 3–4, 30 December 2005, Pages 621-636



Selective breeding provides an approach to increase resistance of rainbow trout (*Onchorhynchus mykiss*) to the diseases, enteric redmouth disease, rainbow trout fry syndrome, and viral haemorrhagic septicaemia

Mark Henryon <sup>a</sup> , Peer Berg <sup>a</sup>, Niels J. Olesen <sup>b</sup>, Torben E. Kjær <sup>b</sup>, Wilhelmina J. Slierendrecht <sup>c</sup>, Alfred Jokumsen <sup>d</sup>, Ivar Lund <sup>e</sup>

# Tolerancja niesprzyjających warunków środowiskowych – wysoka temperatura

Aquaculture Reports 9 (2018) 82–88



ELSEVIER

Contents lists available at [ScienceDirect](https://www.sciencedirect.com)

Aquaculture Reports

journal homepage: [www.elsevier.com/locate/aqrep](http://www.elsevier.com/locate/aqrep)

Rainbow trout adaptation to a warmer Patagonia and its potential to increase temperature tolerance in cultured stocks

Sonia Alejandra Crichigno<sup>a,\*</sup>, Leandro Anfbal Becker<sup>a</sup>, Mabel Orellana<sup>b</sup>, Rodrigo Larraza<sup>b</sup>, Guillermo Mirena<sup>b</sup>, Miguel Angel Battini<sup>a</sup>, Víctor Enrique Cussac<sup>a</sup>

<sup>a</sup> Instituto Patagónico de Tecnologías Biológicas y Geoambientales (IPATEC), Universidad Nacional del Comahue (UNCO) – Consejo Nacional de Investigaciones Científicas y Técnicas (CONICET), Quintral 1250, Bariloche, 8400 Río Negro, Argentina

<sup>b</sup> Centro de Salmonicultura Bariloche (CENSALBA), Universidad Nacional del Comahue (UNCO), Argentina



Volume 4 • 2016

10.1093/conphys/cow057



Research article

## High thermal tolerance of a rainbow trout population near its southern range limit suggests local thermal adjustment

Christine E. Verhille<sup>1</sup>, Karl K. English<sup>2</sup>, Dennis E. Cocherell<sup>1</sup>, Anthony P. Farrell<sup>3</sup> and Nann A. Fangue<sup>1,\*</sup>

<sup>1</sup>Department of Wildlife, Fish and Conservation Biology, University of California Davis, Davis, CA 95616, USA

<sup>2</sup>LGL Limited, Sidney, British Columbia, Canada V8L 3Y8

<sup>3</sup>Department of Zoology and Faculty of Land and Food Systems, University of British Columbia, Vancouver, British Columbia, Canada V6T 1Z4

© 2015. Published by The Company of Biologists Ltd | The Journal of Experimental Biology (2015) 218, 803–812 doi:10.1242/jeb.113993



### RESEARCH ARTICLE

## Selection for upper thermal tolerance in rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss* Walbaum)

Zhongqi Chen<sup>1,\*</sup>, Michael Snow<sup>2</sup>, Craig S. Lawrence<sup>2,3</sup>, Anthony R. Church<sup>4</sup>, Shawn R. Narum<sup>5</sup>, Robert H. Devlin<sup>6</sup> and Anthony P. Farrell<sup>1,7</sup>

# Odziedziczalność cech związanych z tzw. termowrażliwością u ryb łososiowatych

$h=0.24h$  – umiarkowane możliwości selekcyjne

Trzeba pamiętać o tym by selekcja w kierunku odporności na wysoką temperaturę była prowadzona z uwzględnieniem innych cech – tempa wzrostu i współczynnika konwersji pokarmu.

Janhunen et al. *Genet Sel Evol* (2016) 48:94  
DOI 10.1186/s12711-016-0272-3

**GSE** Genetics  
Selection  
Evolution

RESEARCH ARTICLE

Open Access

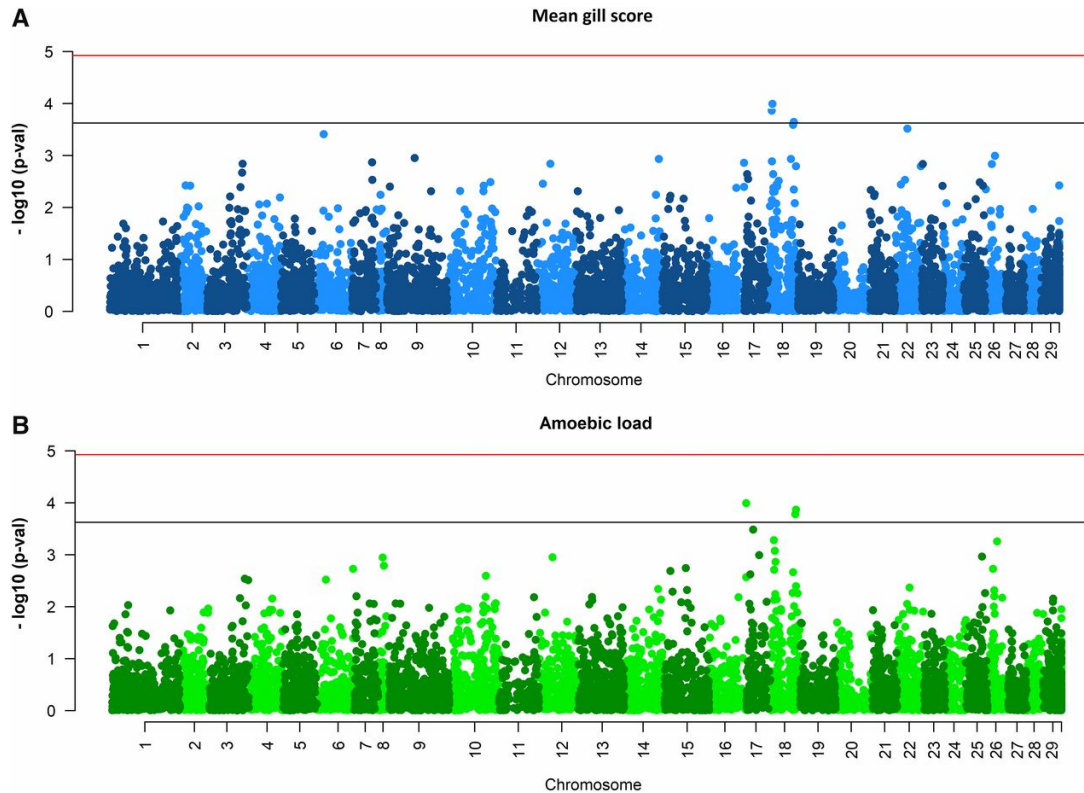


Thermal sensitivity of growth indicates heritable variation in 1-year-old rainbow trout (*Oncorhynchus mykiss*)

Matti Janhunen<sup>1\*</sup>, Juha Koskela<sup>2</sup>, Nguyễn Hữu Ninh<sup>3</sup>, Harri Vehviläinen<sup>1</sup>, Heikki Koskinen<sup>4</sup>, Antti Nousiainen<sup>4</sup> and Ngô Phú Thoa<sup>5</sup>

# Czy nowoczesne metody sekwencjonowania DNA (NGS) mogą pomóc w prowadzeniu nowych programów selekcyjnych?

Wskazują miejsca w genomie gdzie występuje największa zmienność DNA skorelowana z badaną cechą



Zawężamy region poszukiwań genów determinujących daną cechę: nie trzeba prowadzić badań na podstawie potomstwa (tworzyć wielopokoleniowych programów selekcyjnych).

# Czy nowoczesne metody sekwencjonowania DNA (NGS) mogą pomóc w prowadzeniu programów selekcyjnych?

1. Umożliwiają uzyskanie wielu markerów genetycznych skorelowanych z genem kodującym wartościową cechę (ilościową) w relatywnie krótkim czasie (genotypowanie przez sekwencjonowanie).
2. Wykorzystanie technik NGS do poszukiwania markerów genetycznych związanych z interesującymi nas cechami ogranicza liczbę **pokoleń** badanych zwierząt.
3. Niestety całkowita liczba osobników, która musi zostać poddana analizie jest duża lub bardzo duża.
4. **Genotypowanie przez sekwencjonowanie** pozwala na dokładniejszą charakterystykę ryb mających brać udział w selekcji.
5. Cena jednej reakcji sekwencjonowania NGS ciągle spada, ale w przypadku przebadania kilkuset lub kilku tysięcy ryb, nadal jest wysoka.





# Aquaculture

Volume 472, Supplement 1, 1 April 2017, Pages 57-60



## Lack of intermuscular bones in specimens of *Colossoma macropomum*: An unusual phenotype to be incorporated into genetic improvement programs

Caio Augusto Perazza <sup>a</sup>, Jenner Tavares Bezerra de Menezes <sup>b</sup>, José Bento Sterman Ferraz <sup>c</sup>,  
Fabio Luis Valerio Pinaffi <sup>d</sup>, Luciano Andrade Silva <sup>d</sup>, Alexandre Wagner Silva Hilsdorf <sup>a</sup>  

 **Show more**

<https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2016.05.014>

[Get rights and content](#)

# Akwakultura – biznes i technologia



Wydział Oceanografii i Geografii

WYDZIAŁ

REKRUTACJA

STUDENCI

DZIAŁALNOŚĆ  
NAUKOWA

PRACOWNICY

JAKOŚĆ  
KSZTAŁCENIA

Strona główna » Rekrutacja » Zasady rekrutacji » Akwakultura - biznes i technologia - stacjonarne I stopnia

## Rekrutacja

Studij na WOIG

**Zasady rekrutacji**

Kontakt do Komisji Rekrutacyjnej

Internetowa Rejestracja Kandydatów

Pierwsze kroki przyjętych na studia

Rekrutacja na studia III stopnia ▶

## Akwakultura - biznes i technologia

### Studia stacjonarne I stopnia



Rok akademicki: **2018/2019**

Wydział Oceanografii i Geografii

Strona WWW Wydziału: <http://www.oig.ug.edu.pl/>