

FHF møte september 2014

Salm●Breed



avlсарbeid for fremtiden

Luseresistens i avlсарbeidet

Håvard Bakke

## B. Gjerde: Combatting strategies

Salmobreed

- Cleaner fish
- Chemical treatments
- H<sub>2</sub>O<sub>2</sub>
- Health Feed
- Skirt
- Water pressure / temperature
- Closed cages
- Laser
- Snorkel in cage
- Vaccine?
- Avl:

• **NFR prosjekt 2008 – 2011. Nofima.**

• **Selection for increased lice resistance.**

- given that salmon show genetic variation in susceptibility to the lice;  
Genetic variation = Heritability ( $h^2$ ) x Phenotypic variation



# Arvegrader

TalLus/Vekt<sup>2/3</sup>

Salm Breed

Års klasse	Tal fam	Kar Merd	Dato	Stadium	Tal lus	Tett lus	Arvegrad TettLus
2007	154	K1	Jun08	Fa	27.1	0.66	0.30 ± 0.06
		K2	Jun08	Fa	13.9	0.34	0.24 ± 0.06
2008	153	K1	Mai09	Fa	14.2	0.40	0.22 ± 0.04
		K2	Mai09	Fa	11.9	0.34	0.25 ± 0.04
		K1	Nov09	Fa	12.4	0.10	0.19 ± 0.07
		M1	Jan09	Be	19.8	0.14	0.31 ± 0.08
2009	240	M1	Sep10	Fa	13.9	?	0.25 ± 0.04
		M2	Des10	Fa	7.3	?	0.10 ± 0.03
		M2	Jan11	Be	3.4	?	0.?? ± 0.??
2010	280	M1	Sep11	Fa+Be	26.3	0.22	0.10 ± 0.03
		M2	Okt11	Fa+Be	16.7		
		M1	Jun12	Fa+Be	5.0	0.022	0.07 ± 0.03

$r_{sc} = 0.99$

$r_{sc} = 0.99$

$r_{sc} = 0.80 \pm 0.16$

$r_{sc} = 0.87 \pm 0.12$

$r_{sc} = 0.99$

$r_{sc} = 0.77 \pm 0.17$

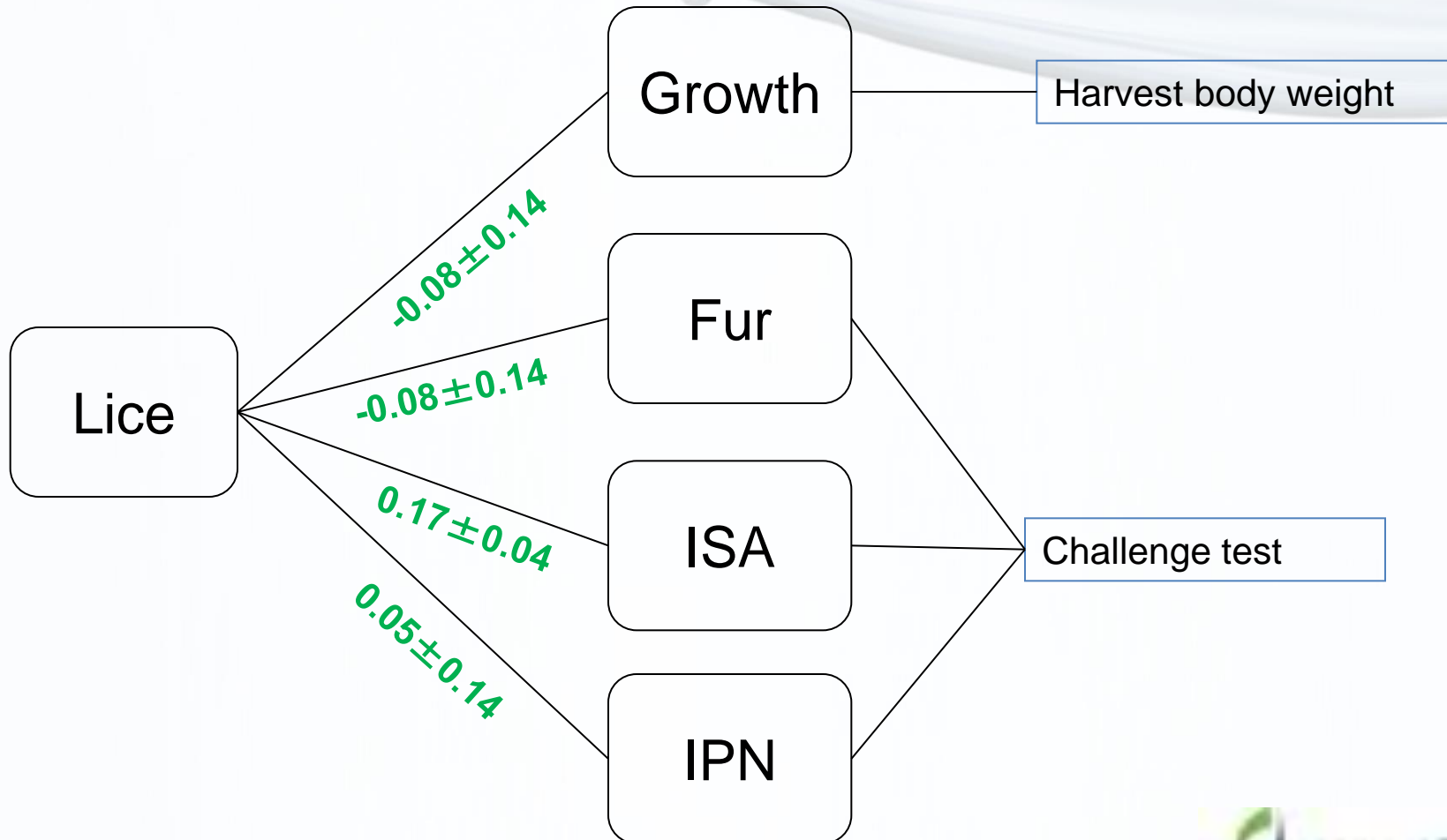
Svært stor FenVar CV (LD) = 0.60 – 0.80  
Svært stor GenVar = Arvegrad x FenVar

Naturleg smitte



# Genetic correlations to other traits? Salmobreed

Year-class 2007



## Konklusjon FoU prosjekt:

- Stor arveleg variasjon i motstandskraft mot lus hos laks
- Ingen ugunstige genetiske korrelasjonar til andre eigenskapar
- Målretta avl for auka motstandskraft er mogleg  
- utan negative effekt på andre eigenskapar

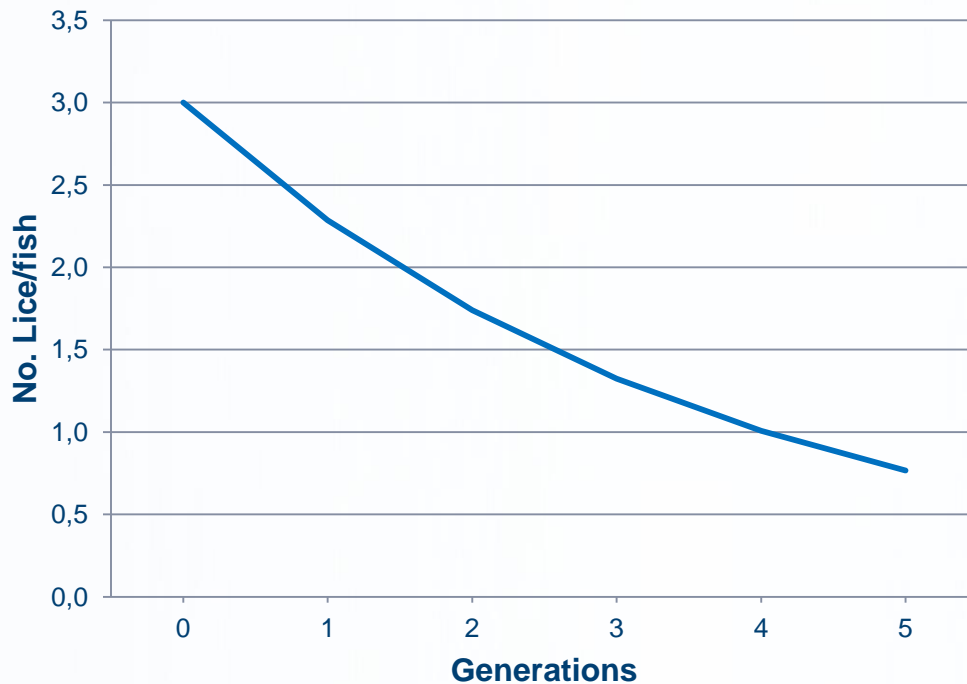
Les meir i : Aquaculture 314 (2011) 66–72

*Estimates of genetic variation in the susceptibility of Atlantic salmon (*Salmo salar*) to the salmon louse *Lepeophtheirus salmonis**

Bjarne Gjerde <sup>a,□</sup>, Jørgen Ødegård <sup>a</sup>, Ingunn Thorland <sup>b</sup>

## B. Gjerde: Predicted genetic gain

- Selection for increased lice resistance only
- 300 families, 14 fish tested/family
- $h^2 = 0.20$  both in challenge test and natural infection
- $r_g = 0.9$  between no. lice in challenge test and natural infection



No. lice/fish reduced with 75% over 5 generations of selection

<b>F0</b>	<b>2001</b>	<b>2002</b>	<b>2003</b>	<b>2004</b>
<b>F1</b>	<b>2005</b>	<b>2006</b>	<b>2007</b>	<b>2008</b>
<b>F2</b>	<b>2009</b>	<b>2010</b>		<b>2011</b>
<b>F3</b>	<b>2012</b>	<b>2013</b>	<b>2014</b>	

Stamfisk hausten 2014 er frå årsklasse L2011 og L2012.

Begge årsklasser av foreldre er selektert for lus (2007, 2008, 2009)

## Lusetetthet (LD)

- Bruker verdi for lusepåslag som er uavhengig av storleik på fisken, nemleg LD.
- Formel:

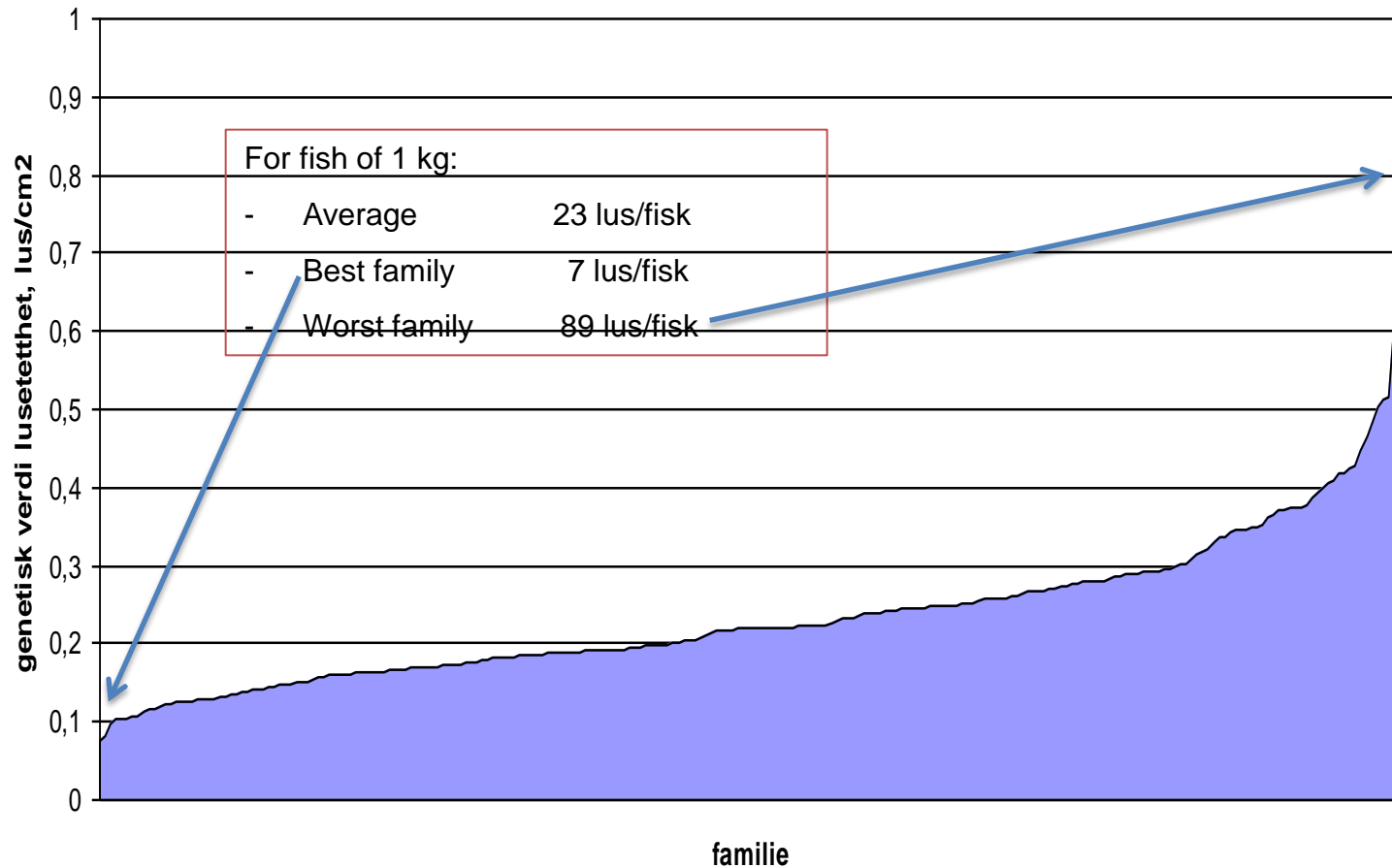
$$LD = LC / BW^{2/3}$$

der

- LC= tal lus i test (lice count)
- BW=rundvekt i g eller kg,  $BW^{2/3}$  blir kalla stoffskiftevekt og er venta å vera proporsjonalt med overflate på fisken.
- Ved å bruka BW som **rundvekt i kg** i formel for LD, kan LD også uttrykkast som lusepåslag på ein fisk ved rundvekt=1 kg.



# Genetic variation in lice density between families. L09. Challenge test.

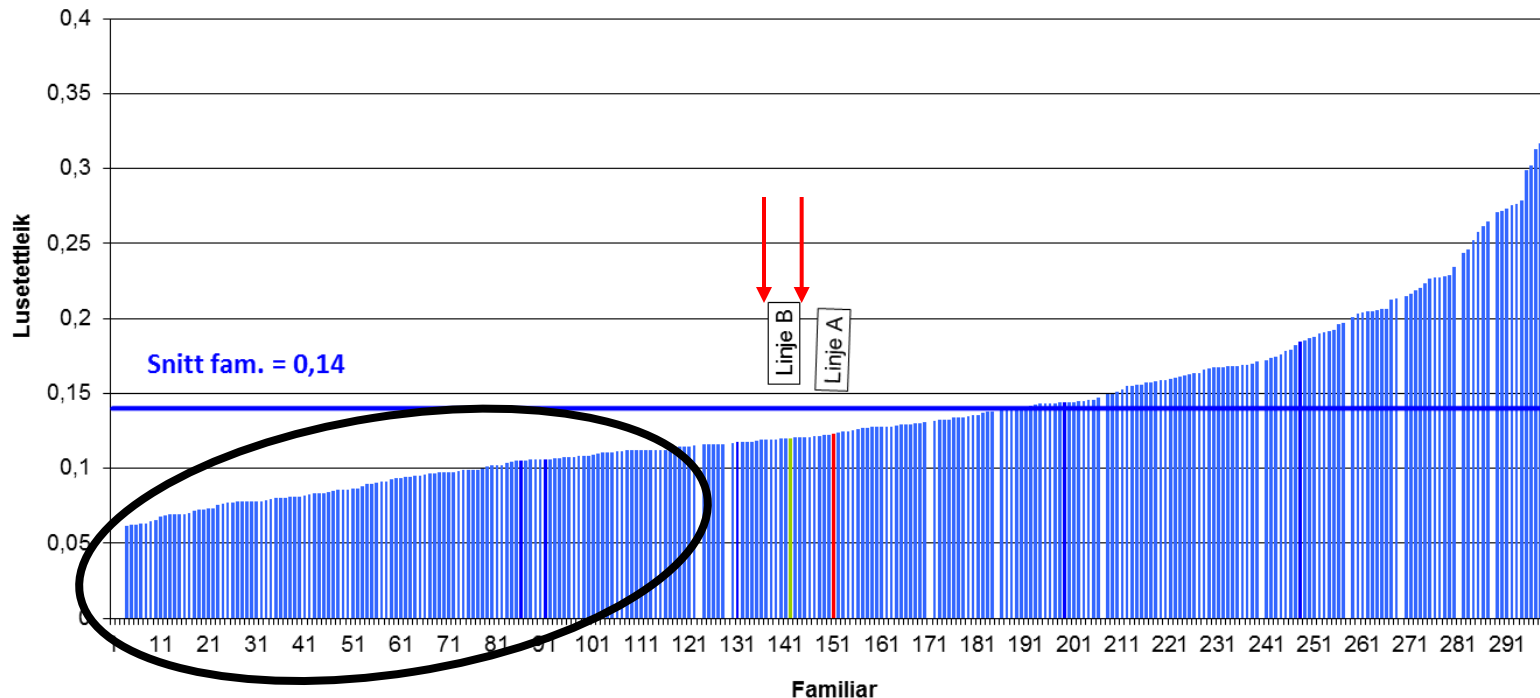


# Familievariasjon i lusetest årsklasse 2011

Salmobreed

Testen er utført: 29.- 30. august 2012. Gjennomsnitt 19 lus/fisk. 1.7kg fisk.

## Lusetettleik L11

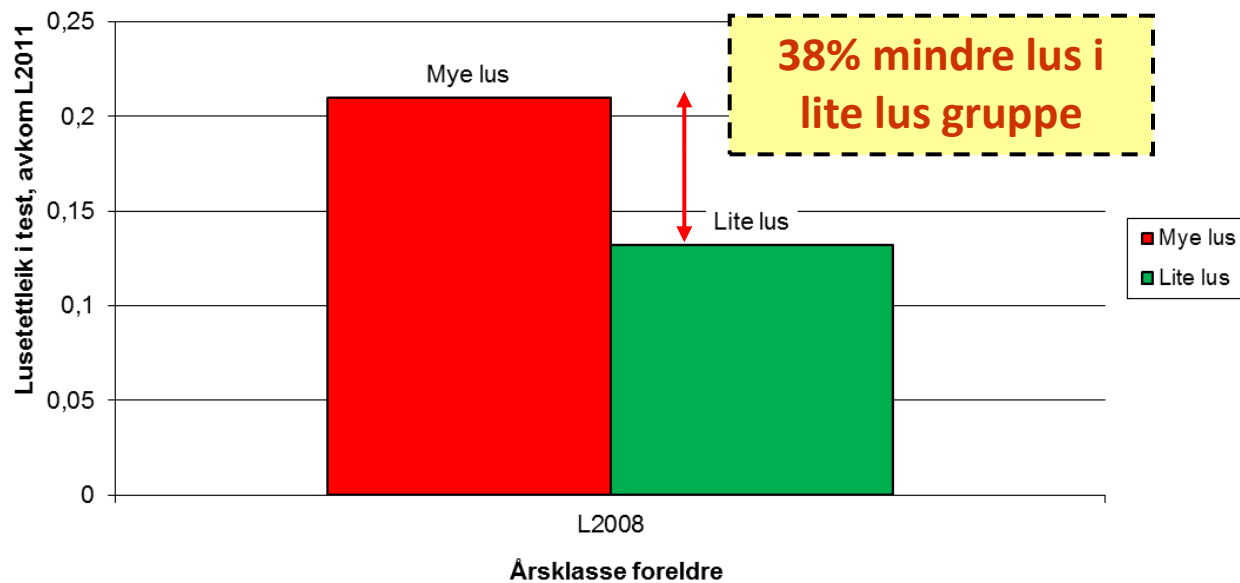


- Både linje A og Linje B (hofisk) har mindre lus enn snitt familiemateriale.
- Hannfisk til luserogn vil vera ytterlegare betre enn linjene.

# Lusetteteik (LD) hos avkom

## Oppsummert for lusegrupper.

Avkom testa august 2012. Snitt # lus i test 19 lus/fisk. Snitt LD: 0,14



		Predikert avlsverdi foreldre	
		Mye lus	Lite lus
Stamfisk bak gruppe		6 ho x 4 hann	5 ho x 5 hann
Mai 09	LD=0,37	+0,15	-0,08
Nov 09	LD=0,10	+0,04	-0,02
Jan 10	LD= 0,14	+0,04	-0,02

44% mindre lus i lite lus vs mye lus gruppe

# QTL, genomisk seleksjon for luseresistens?

- Viktig egenskap for laksenæringa.
- «Alle» prøver å identifisera genetiske markørar (QTL).

*Houston et al, 2014: A GWAS suggested that resistance has a polygenic genetic architecture. The most significant SNP ( $P \sim 10^{-5}$ ) occurred in a gene which has been shown to differ in expression between louse-infected salmon and uninfected controls.*

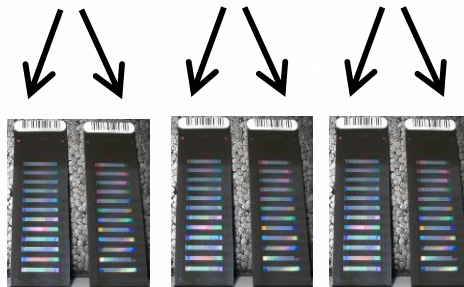
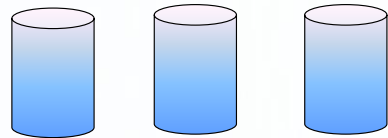
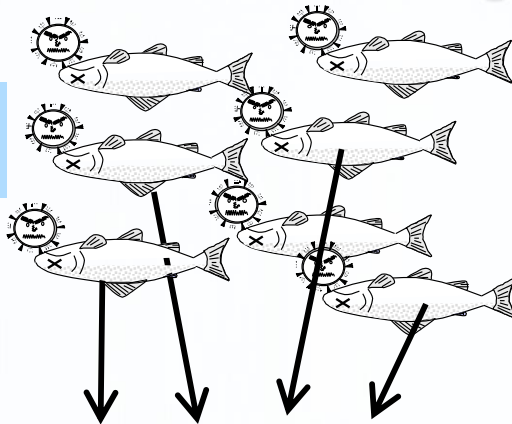
- Salmobreed / Nofima gjorde eit forprosjekt i 2010
  - Indikasjon på fleire signifikante markørar
  - Ingen svært sterke, dvs mange gen involvert
- Nytt prosjekt frå 2013 for innan familie genomisk seleksjon
  - Teknologien utviklar seg raskt
  - Laksegenomet sekvensert
  - Større SNP chip gir betre dekning av genomet

# Pooling design

Matt Baranski, Nofima

Salmobreed

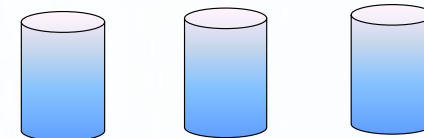
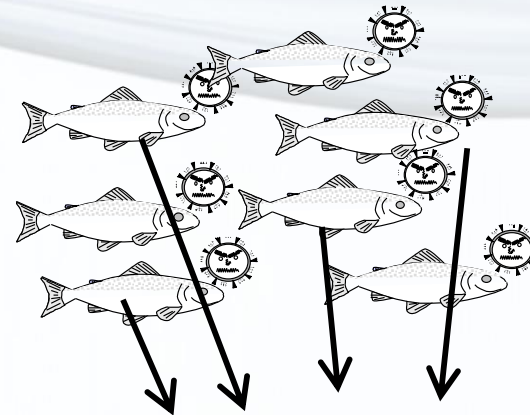
Susceptible progeny



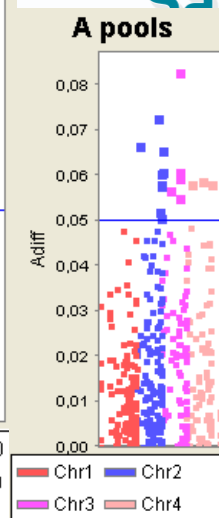
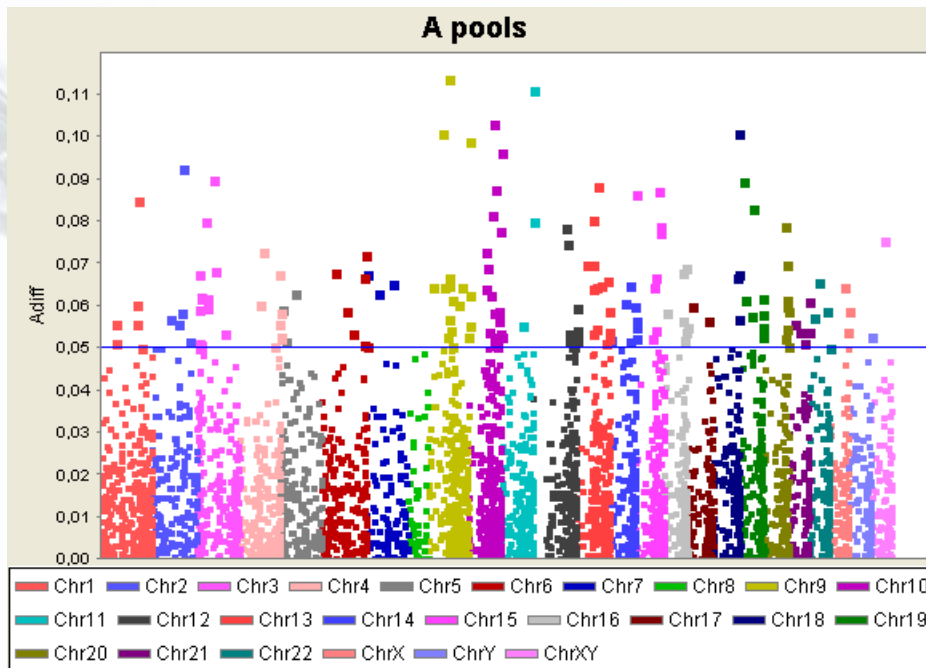
3 subpools, equal contribution from each family

Each pool typed on two chips

Resistant progeny

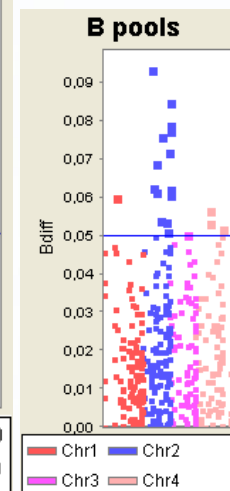
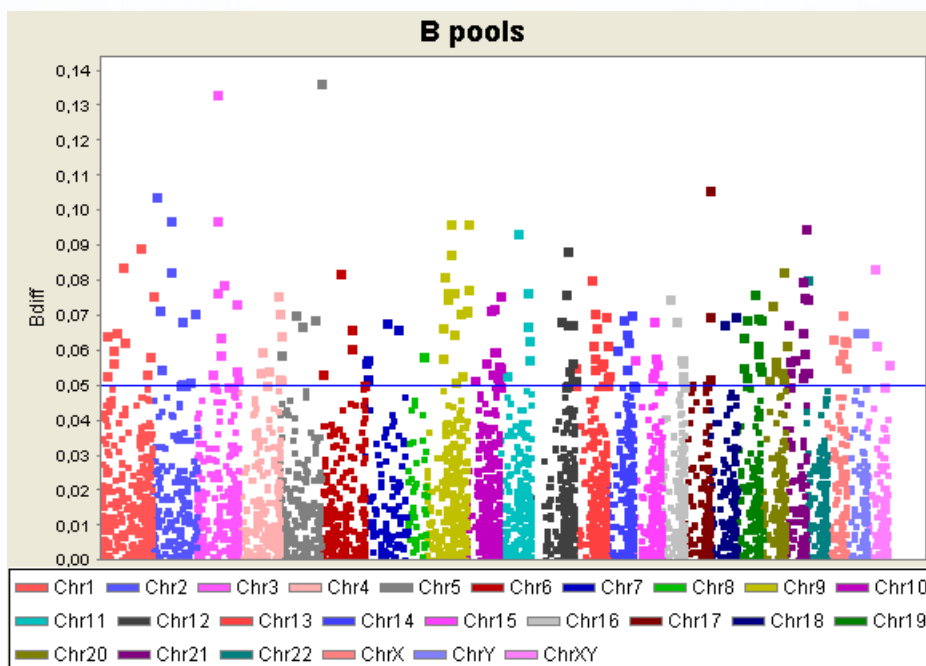


Matt Baranski:  
Nofima/Salmobreed  
search for QTL 2010.  
Pooled samples



A pools = individual  
with the most and  
least lice in each  
family

B pools = individual  
with the second  
most and second  
least lice in each  
family



# Kostnadseffektiv implementering av genomisk seleksjon hos atlantisk laks

(Cost efficient implementation of genomic selection in Atlantic salmon breeding)

NFR prosjekt 226032. 2013 – 2014.

Salmar, MH, Salmobreed, Nofima, NMBU


- **Hovedmål:**
- Å legge til rette for utnyttelse av innen familie genomisk seleksjon hos lakseavls-selskapene ved å bevege oss fra teoretiske resultater til praktiske anbefalinger og verktøy.

## Kostnadseffektiv implementering av genomisk seleksjon hos atlantisk laks

- **Delmål:**
- 1. Å identifisere det beste utvalget av SNPer for å få høy sikkerhet på innen familie genomiske avlsverdier til lavest mulig kostnad for hvert avlsselskap
- 2. Å øke sikkerheten på seleksjon gjennom forbedring av estimeringsmetoden for innen familie genomiske avlsverdier
- 3. Å optimalisere egenskaps- eller avlsmål- spesifikke genotypingsstrategier for hvert avlsselskap



## Kostnadseffektiv implementering av genomisk seleksjon hos atlantisk laks

- 
- Bakgrunn:
    - Fenotypiske data frå 2008 – seleksjon og dokumentasjon.
    - Selektert stamfisk basert på familiedata sidan 2010
    - Forprosjekt QTL-lus 2010 - Nofima
  - NFR prosjekt 2013 – 2014:
    - Utvida testing fenotype årsklasse 2013 (fleire fisk pr fam).
    - Utvikla ny, større SNP chip (Nofima)
    - *Genotyping testmateriale – identifikasjon av interessante SNP*
    - *Validering av SNP* – data frå fleire årsklassar
    - *Genotyping stamfisk*
    - *Innan Familie Seleksjon basert på genotype, frå 2015 (?)*