МИНИСТЕРСТВО СЕЛЬСКОГО ХОЗЯЙСТВА РОССИЙСКОЙ ФЕДЕРАЦИИ ДЕПАРТАМЕНТ ЖИВОТНОВОДСТВА И ПЛЕМЕННОГО ДЕЛА



# Геномные технологии в современной аквакультуре

Научные основы, мировой опыт и перспективы для России

Екатерина Черняева, к.б.н.

Заместитель директора по научной работе



#### ГЕНОМНАЯ СЕЛЕКЦИЯ

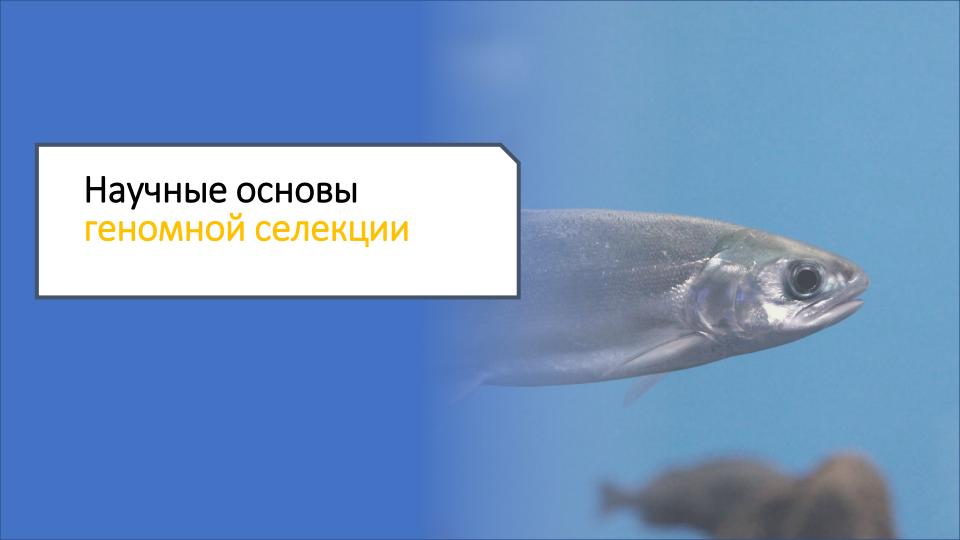


- Отбор по генотипу
- Повышение эффективности племенной работы
- Сокращение сроков оценки

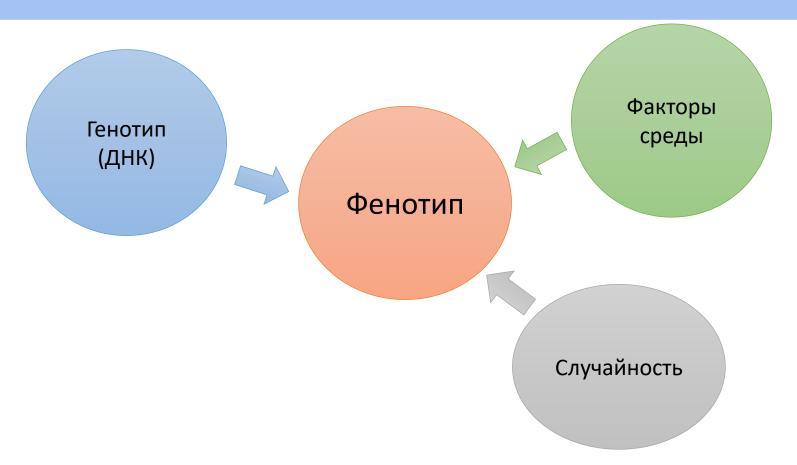


Прогнозирование хозяйственно-важных признаков:

- Продуктивность
- Устойчивость к болезням
- Качество продукции



#### ОТ ЧЕГО ЗАВИСЯТ ПОКАЗАТЕЛИ КОЛИЧЕСТВЕННЫХ ПРИЗНАКОВ?



#### ЧТО ЛЕЖИТ В ОСНОВЕ СЕЛЕКЦИИ

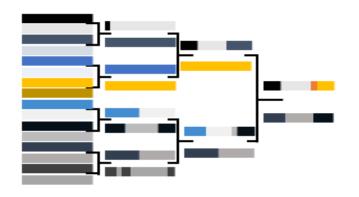
$$\Delta / t = (r * i * \sigma) / L$$

- △ генетический прогресс или изменение среднего показателя в популяции
- t время
- r точность селекции (зависит от точности определения племенной ценности)
  - интенсивность селекции (зависит от доли сохраняемого потомства)
- о среднеквадратическое отклонение показателя признака
- L генерационный интервал средний возраст животных, находящихся в воспроизводстве

#### ЗА СЧЕТ ЧЕГО ГЕНОМНЫЙ АНАЛИЗ ПОВЫШАЕТ ТОЧНОСТЬ ПРОГНОЗА?

#### Разные потомки одних родителей не идентичны:

имеют отличающиеся генотипы и разную ценность для разведения



Большинство признаков имеет сложный тип наследования

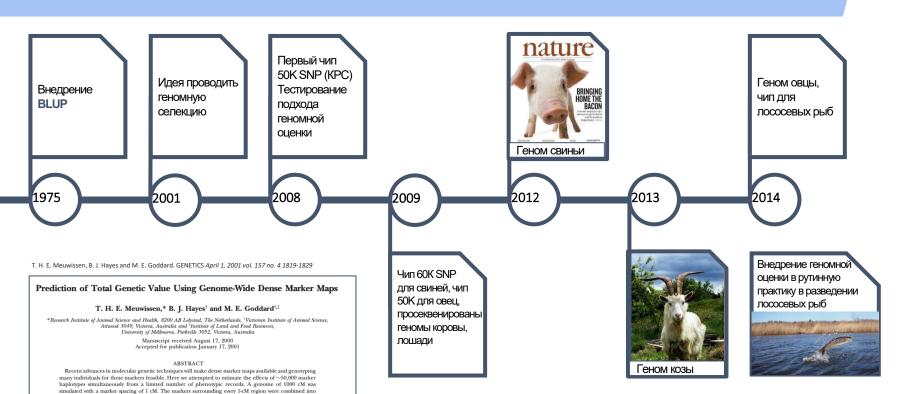
Принцип наследования «сложных» и «моногенных» признаков идентичен. Однако для сложных признаков важен контроль наибольшего количества нуклеотидных вариантов, обеспечивающих их наследование

Высокопроизводительное генотипирование или прочтение полных геномов позволяет различать потомков с лучшими комбинациями аллелей

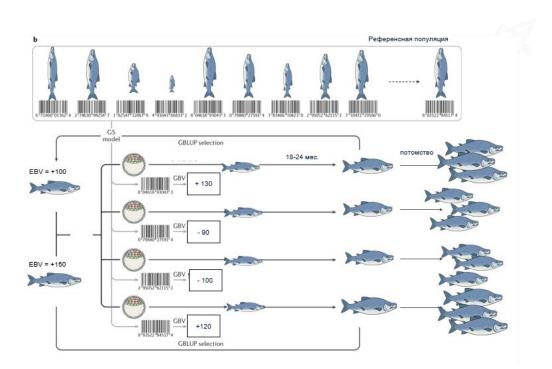
Использование информации о десятках тысяч нуклеотидных вариантов повышает точность оценки племенной ценности

### ОТ КЛАССИЧЕСКОЙ К ГЕНОМНОЙ СЕЛЕКЦИИ

marker haplotypes. Due to finite population size  $(N_c=100)$ , the marker haplotypes were in linkage disequilibrium with the QTL located between the markers. Using least squares, all haplotype effects could not be estimated simultaneously. When only the biggest effects were included, they were overestimated and the accuracy of predicting genetic values of the offspring of the recorded animals was only 0.82. Best linear unbiased prediction of haplotype effects assumed equal variances associated to each 1-M chromosomal segment, which yielded an accuracy of 0.73, although this assumption was far from true. Bayesian methods that assumed a prior distribution of the variance associated with each chromosome segment increased this accuracy to 0.85, even when the prior was not correct. It was concluded that selection on genetic values predicted from markers could substantially increase the rate of genetic gain in animals and plants, especially if combined with reproductive techniques to shorten the generation interval.



### ПРИНЦИП ГЕНОМНОЙ СЕЛЕКЦИИ

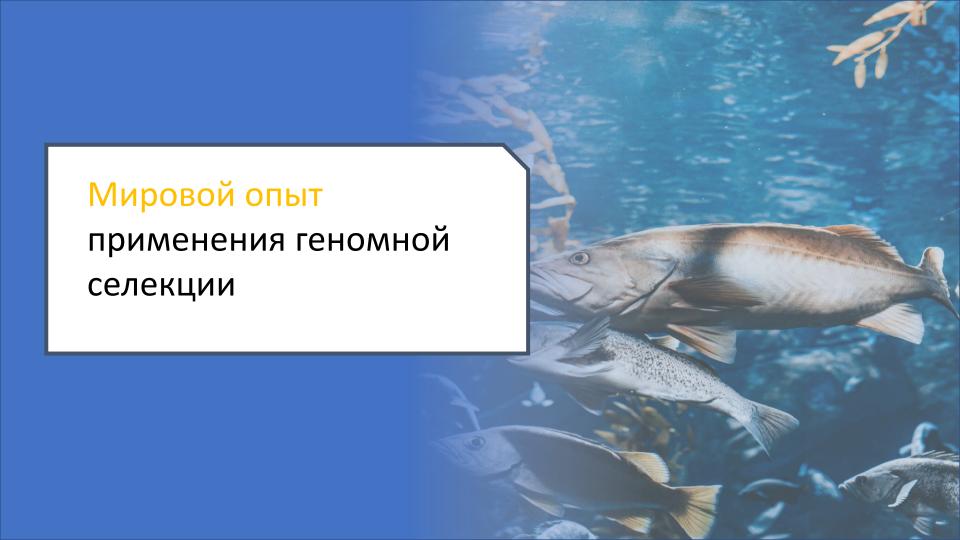




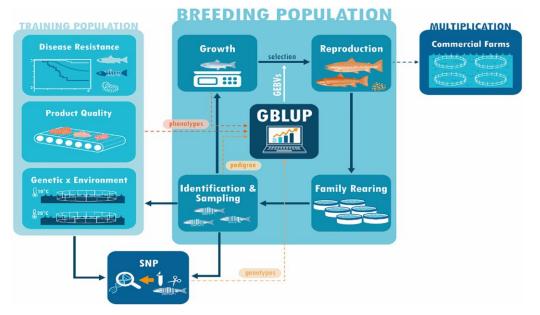
#### Геномная оценка аквакультуры

Вес туши	Родословная	Геномика
Точность*	0.6	0.76

<sup>\*</sup> Зависит от размера референсной популяции, наследуемости признака и структуры популяции. Приведены референсные значения для веса туши форели, определена на обучающей выборке 2000 особей



## ЭТАПЫ ГЕНОМНОЙ СЕЛЕКЦИИ



- 1. Постановка селекционной цели (целей)
- 2. Формирование референсной популяции с фенотипами (обучающая выборка) Фенотипы+генотипы
- 3. Генотипирование кандидатов, статистический анализ (BLUP)
- 4. Отбор кандидатов в ядро
- Валидация результата, корректировка моделей

Reviews in Aquaculture, Volume: 15, Issue: 2, Pages: 645-675, First published: 17 November 2022, DOI: (10.1111/raq.12750)

## СЕЛЕКЦИОННЫЙ ИНДЕКС В РЫБОВОДСТВЕ

**Селекционный индекс состоит из нескольких признаков**, каждый из которых вносит вклад в экономику в различных пропорциях. На основе комбинированного селекционного индекса проводят отбор особей для усовершенствования племенного ядра

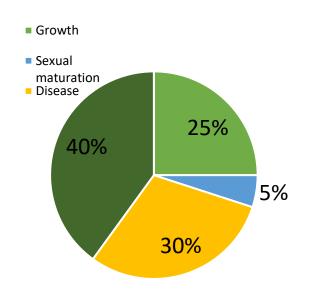


Table 1. Percentage weighting of traits 2001

Main traits	Sub-traits	Main weighting	Parital weighting
Growth		25	
	Smolt weight		5
	Slaughter weight		20
Sexual maturation		5	5
Disease		30	
	IPN		10
	ISA		15
	Furunculosis		5
Quality		40	
	Filet colour		20
	Body shape		5
	Total fat		10
	Visible fat		5
Total		100	100

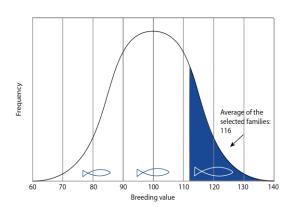


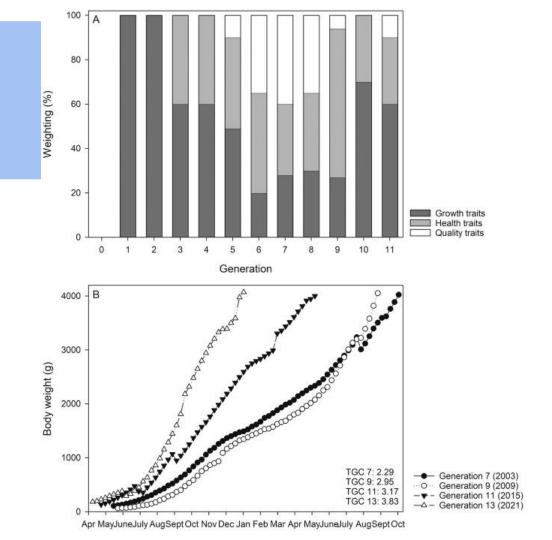
Figure 2. Distribution of breeding values in the population. Selected fish are in the area marked with blue.

## ПРИМЕР ИЗМЕНЕНИЯ СЕЛЕКЦИОННОЙ ПРОГРАММЫ

В программе селекции AquaGen оценка признаков менялась от поколения к поколению

Если в ранних поколениях акцент был на скорости роста, то в последующих он был сбалансирован другими важными характеристиками.

Эти характеристики делятся на три категории: рост (в пресной и морской воде), здоровье (устойчивость к болезням и обработкам) и качество (цвет и жирность филе



#### Геномная селекция фокусируется на экономически значимых показателях

Повышение продуктивности

Конверсия корма

Устойчивость к заболеваниям

Адаптация к климатическим изменениям

Фармакогеномика

#### Accumulated selection response

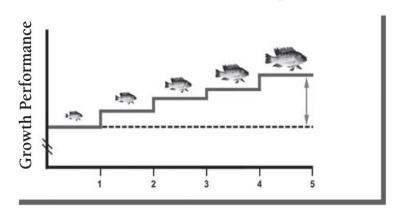
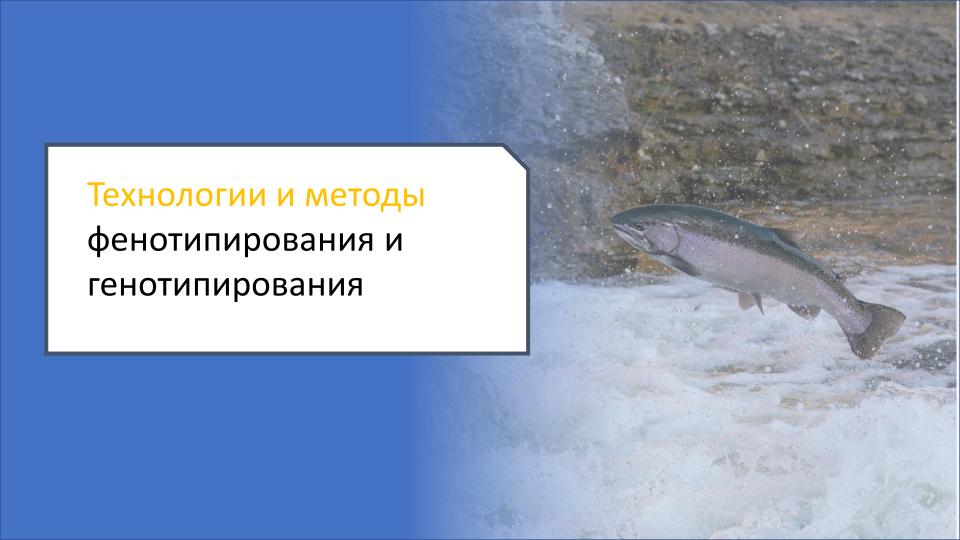


Figure 3. Genetic gain in GIFT fish over five generations.

> 230 млн. \$/год

Сокращение затрат норвежской индустрии выращивания лосося на корм в результате эффективного распространения генетически усовершенствованного атлантического лосося



## СБОР ФЕНОТИПИЧЕСКИХ ПОКАЗАТЕЛЕЙ BIOMARK





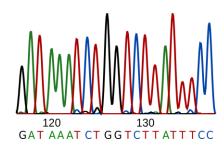






Необходимые фенотипические признаки связываются уникальным PIT tag идентификатором В систему может вноситься до 20 показателей.

### Современные методы генотипирования







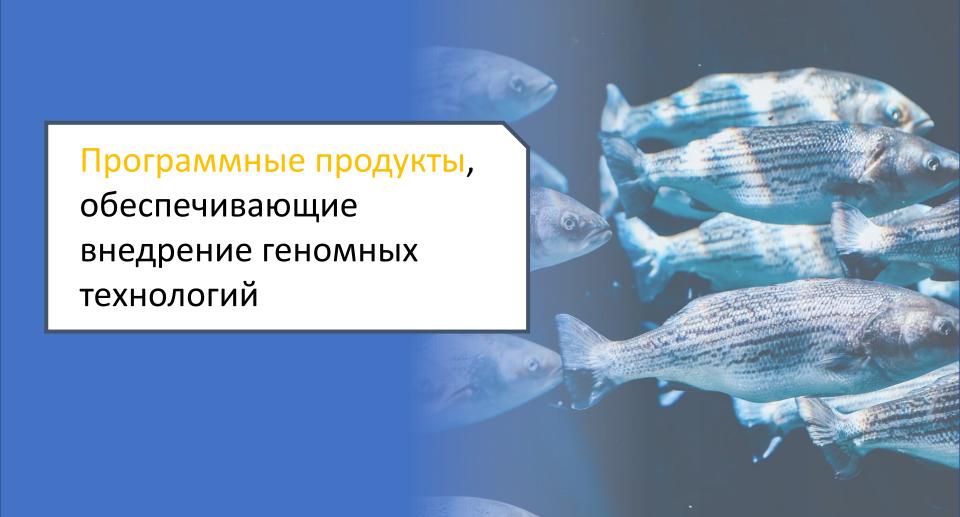




## СОВРЕМЕННЫЕ ТЕХНОЛОГИИ ГЕНОМНОГО АНАЛИЗА ДОСТУПНЫЕ В РФ

- > ДНК-микрочипы
  - Доступно только в лабораториях ранее оснащенных оборудованием,
  - Доставка реагентов через третьи страны
  - Нет российских аналогов оборудования и реагентов
- Секвенирование нового поколения (NGS)
  - Доступно для новых лабораторий
  - Доставка реагентов не ограничена, уже сейчас возможно применение российских реагентов
  - Технология активно развивается, ведется разработка отечественного оборудования (Синтол и др.).

Технология NGS имеет потенциал стать полностью независимой от иностранных поставок в течение 5-7 лет



## Интеллектуальная система поддержки принятия решений

Программный комплекс, предоставляющий следующие функциональные возможности:

хранение и анализ фенотипических и геномных данных

определение носительства нежелательных мутаций

оценка племенной ценности и ранжирование животных, подбор пар для

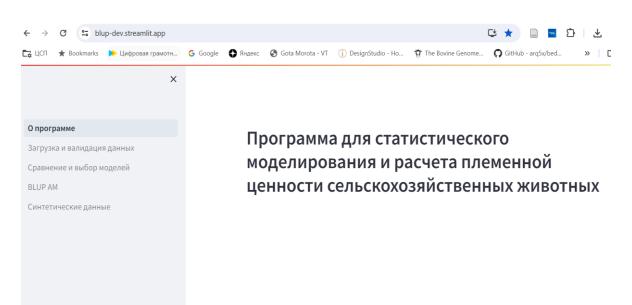
скрещивания

расчет селекционных индексов

моделирование экономических результатов селекции

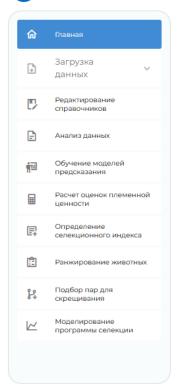
подбор оптимальных сценариев селекции по заданным требованиям.

### ИНСТРУМЕНТЫ АНАЛИЗА ДАННЫХ ДЛЯ СЕЛЕКЦИОНЕРА



- ✓ Статистический анализ данных
- √ Выбор модели
- ✓ Оценка племенной ценности методом BLUP:
  - ✓ Количественные признаки
  - ✓ Категориальные признаки

#### 3



## Интеллектуальная система поддержки принятия решений в области селекции

предприятий в научно-технической сфере.

Проект выполнен при поддержке Фонда содействия развитию малых форм

ФОНД СОДЕЙСТВИЯ

ИННОВАЦИЯМ

МОДЕЛИРОВАНИЕ ПРОГРАММЫ СЕЛЕКЦИИ

 $\sim$ 

 В загрузка данных
 Редактирование справочников

 В расчет оценок племенной ценности
 Подбор пар для скрещивания

 В ранжирование животных
 Загрузка данных

 Подбор пар для скрещивания

#### ФОКУС НА ДАННЫХ: СТАНДАРТИЗАЦИЯ И КОНТРОЛЬ КАЧЕСТВА

- Внедрение систем индивидуального учета
- Развитие технологий автоматизированного сбора данных (индивидуальное потребление корма, показатели экстерьера, здоровье животных)
- Стандартизация методик (сопоставимые данные)
- ДНК-тестирование для контроля происхождения и/или для геномной селекции
- Регулярное проведение межлабораторных сличительных испытаний для лабораторий ДНК-экспертизы, геномного анализа и биоинформатической обработки.

Россия не имеет возможности участия в международных системах сертификации (ISAG, ICAR), критически важно создать собственные инструменты контроля качества данных.



Екатерина Черняева, к.б.н.

Заместитель директора по научной работе

ФНБНУ ВНИИплем МСХ РФ

e.n.chernyaeva@vniiplem.ru

+7 911 102 02 98

