

استفاده از تکنیک های جدید مبتنی بر ژنوم در ارتقای عملکردی برنامه های آبی پروری

امید جعفری^{۱*}، مریم نصراله پورمقدم^۲، اسماعیل عبدالله زاده^۱

^۱انستیتو تحقیقات بین المللی ماهیان خاویاری، مؤسسه تحقیقات علوم شیلاتی کشور، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، رشت، ایران

^۲گروه شیلات، دانشکده منابع طبیعی، پردیس کشاورزی و منابع طبیعی دانشگاه تهران، کرج، ایران

تاریخ پذیرش: دی ۱۴۰۰

تاریخ دریافت: آذر ۱۴۰۰

چکیده

در صنعت آبی پروری، انتخاب بر مبنای اطلاعات ژنومیک از پتانسیل بالایی جهت ارتقای برنامه های ژنتیکی و سیستم های تولید برخوردار است. انتخاب ژنومیک از روابط ژنومی واقعی بین افراد و همچنین اطلاعات حاصل از نشانگرهای ژنومی در LD قوی با ژن های مهم اقتصادی و بیولوژیکی بهره برداری می کند. در این مقاله، پیشرفت های تکنیکی، نیازهای عملی و کاربردهای اقتصادی که انتخاب ژنومیک را در بسیاری از صنایع آبی پروری عملی کرده است، مورد بحث قرار می گیرد. استفاده از توالی یابی مقرون به صرفه ژنوم امکان تعیین ژنوتیپ تعداد زیادی گونه بخصوص گونه های فاقد اطلاعات پیشین ژنومی را فراهم آورده است. کاربرد انتخاب ژنومیک مزیت های قابل توجهی را از طریق پیش بینی دقیق صفات چند ژنی پیچیده از جمله مقاومت به بیماری، افزایش نرخ منفعت ژنتیکی، حداقل رسانی آمیزش خویشاوندی و خنثی نمودن اثرات بالقوه محدود کننده ناشی از فعل و انفعالات بین ژنوتیپ و محیط در مقایسه با آبی پروری سنتی ارائه می دهد. بر اساس مطالعات صورت گرفته اجرای برنامه های انتخاب ژنومیک می تواند میزان آمیزش خویشاوندی را تا ۸۱ درصد کاهش دهد. در حال حاضر انتخاب ژنومیک در مرحله ای از تکامل خود قرار داشته که در آن برنامه های اقتصادی می توانند پذیرفته شده و راه حل های طولانی مدت و یا کوتاه مدت برای نیل به آبی پروری پایدار اقتصادی ارایه گردد.

کلمات کلیدی: بهگزینی، تعیین ژنوتیپ با استفاده از توالی یابی، چندشکلی تک نوکلئوتیدی، درون آمیزی، لوکوس های صفات کمی

مقدمه

برنامه‌های ارتقای آبزیان بر اساس استفاده از اطلاعات فنوتیپی افراد به همراه دانش کافی از روابط ژنتیکی و اصول ژنتیک کمی می باشد. پرورش دهندگان ارزش و مقدار صفت تولیدی گونه‌های دخیل در پرورش را به وسیله انتخاب افراد اصلح تر به عنوان مولدین برای ایجاد نسل بعدی ارتقا داده اند. آبی پروری بخشی از صنعت است که سریع‌ترین میزان رشد در تولید پروتئین را در دنیا به خود اختصاص داده است بطوری که در سال ۲۰۱۹ حدوداً ۵۶ درصد غذای دریایی را عرضه داشته است (Fishery Statistics, FAO, 2020). با این حال، علی‌رغم رشد سریع تولیدات آبی‌پروری، تنها ۱۰ درصد تولید بر پایه استفاده از برنامه‌های ژنتیکی هستند (Gjedrem *et al.*, 2012). میزان درصد کم تولید آبزیان ارتقا یافته ژنتیکی با چندین عامل در ارتباط می‌باشد از جمله اندازه و میزان پیشرفته بودن صنایع، عدم توانایی اهلی سازی و یا کنترل تولید مثل در بسیاری از گونه ها، تعداد زیاد گونه های تحت پرورش، مشکلات در حفظ شجره نامه در طول کل فرایند تولید، عدم توانایی در ایجاد پایگاه های داده فنوتیپی قابل توجه و عدم آگاهی کلی از پارامترهای ژنتیکی مرتبط با صفات اقتصادی (Gjedrem *et al.*, 2012).

در برنامه‌های تکثیر و پرورش آبزیان تمرکز ابتدایی بر روی صفت رشد بوده است که از توارث متوسطی برخوردار بوده و به راحتی بر روی آن به‌گزینی صورت می‌گیرد. از این منظر، صنعت آبی پروری موفق به پیشرفت ژنتیکی ۴ تا ۵۰ برابر به ازای هر نسل در مقایسه با حیوانات اهلی شده است (Gjerde and Korsvoll, 1999). برای گونه‌های اصلی حاضر در آبی پروری مانند ماهی سالمون اطلس (*Salmo salar*)، تیلاپیا (*Oreochromis niloticus*) و میگوی سفید آرام (*Litopenaeus vannamei*) که برنامه‌های ارتقا بر روی آن‌ها صورت گرفته است، انتخاب برای صفت رشد به طور قابل توجهی کارایی این گونه‌ها را جهت پرورش دادن در جهان افزایش داده است. در حالیکه رشد به عنوان یکی از مهم ترین عوامل تعیین کننده در میزان تولیدات آبی پروری محسوب می شود، صفات

دیگر مانند مقاومت به بیماری، کارایی تبدیل غذا، مقاومت محیطی و کیفیت فیله قابل توجه هستند. این صفات معمولاً نسبت به رشد برای به‌گزینی سخت تر هستند زیرا بطور کلی اندازه گیری آن‌ها مشکل بوده و تنها در اواخر دوره زندگی موجود قابلیت اندازه‌گیری داشته و سنجش آن‌ها باعث از بین رفتن موجود شده و یا اینکه کلا صفات از وراثت پذیری پایینی برخوردار هستند (Yáñez *et al.*, 2015). علاوه بر این، برآورد ارزش تکثیر (EBVs) برای مولدین کاندید بر روی این صفات نمی‌تواند بر روی خود این مولدین صورت گیرد و از اطلاعات فنوتیپی و ارزش تکثیر خویشاوندان استفاده می‌شود. بنابراین انتخاب بر اساس اطلاعات خویشاوندان (Sib selection) از واریانس ژنتیکی بین خانواده درون یک جمعیت استفاده می‌کند و نیمی از واریانس ژنتیکی موجود را نادیده می‌گیرد (Hill, 2013). توسعه و تکامل اهداف تکثیر اختصاصی هر گونه وابسته به اهداف اقتصادی صنعت آبی پروری و شناخت جامع از اطلاعات ژنتیکی صفات می‌باشد. قابلیت بالای انتخاب ژنومیک در ارتقای برنامه‌های تکثیر و پرورش آبزیان و بهینه‌سازی بازده ژنتیکی ناشی از پیاده سازی آن در صنعت آبی‌پروری به خوبی نشان داده شده است (Vallejo *et al.*, 2016; Lillehammer *et al.*, 2020).

بیان مسئله، ضرورت و اهمیت**اصول کلی انتخاب ژنومیک**

با توجه به عدم کارایی برنامه‌های تکثیر سنتی بر روی صفات اقتصادی به جز رشد، رویکردهای جایگزین دیگر به منظور برآورد ارزش ژنتیکی مولدین حامل ژن های غالب این صفات مورد بررسی قرار گرفت. پیشرفت‌های سریع ایجاد شده در شاخه ژنومیکس و روش‌های آنالیزهای کمی مربوطه منجر به ترغیب پرورش دهندگان به استفاده از تکنولوژی مارکرهای ژنتیکی به شیوه انتخاب به کمک نشانگر (MAS) جهت بهبود فرایند انتخاب مولدین شده است. اگرچه روش MAS² برای صفاتی که دارای

¹ Estimated breeding values

² Marker-assisted selection

را فراهم کند که در نتیجه از دقت تخمین بالاتری در محاسبه ارزش‌های اصلاحی نسبت به زمانیکه فقط از اطلاعات شجره استفاده می‌شود، دارد (Vallejo *et al.*, 2017). با این حال، دقت GBLUP به پارامترهای دیگری نیز بستگی دارد از جمله: وسعت LD ژنوم، اندازه جمعیت آموزش (training population) (Daetwyler *et al.*, 2008; Andonov *et al.*, 2017)، ارتباط بین مجموعه داده‌های آموزشی و اعتبار سنجی (Meuwissen *et al.*, 2001)، وراثت پذیری صفت (Daetwyler *et al.*, 2008) و ساختار ژنتیکی صفت شامل اثرات جایگزینی آلل در QTL (Goddard, 2009). علاوه بر GBLUP، مدل‌های انتخاب ژنومیک دیگری مانند $ssGBLUP^8$ ، $WGBLUP^9$ ، $WssGBLUP^{10}$ و روش‌های Bayesian نیز وجود آمدند.

کاربردهای انتخاب ژنومیک در آبی‌پروری

کاربرد انتخاب ژنومیک می‌تواند پاسخ ژنتیکی برنامه‌های تکثیر را در آبی‌پروری بطور قابل توجهی بهبود بخشد. بررسی‌های تئوریک اولیه از انتخاب ژنومیک در گونه‌های آبی نشان می‌دهد که انتخاب ژنومیک می‌تواند دقت بالاتر انتخاب و در ادامه نرخ بالاتر سود ژنتیکی (تا ۱۰ درصد برای صفت وزن بدن) را در مقایسه با روش‌های سنتی فراهم آورد (Campos-Montes *et al.*, 2013; Ødegård *et al.*, 2014; Castillo-Juárez *et al.*, 2015). همچنین بهبود بیشتر پاسخ ژنتیکی می‌تواند با کاهش فاصله نسلی و انتخاب مولدین در اوایل زندگی بر اساس ارزش اصلاحی ژنتیکی اتفاق بیافتد (Campos-Montes *et al.*, 2013; Castillo-Juárez *et al.*, 2015). علاوه بر این، انتخاب ژنومیک می‌تواند میزان درون‌آمیزی را در مقایسه با روش‌های سنتی تا ۸۱٪ کاهش دهد (Vandeputte and Haffray, 2014). این موضوع در گونه‌های آبی‌پروری با هم‌آوری بسیار بالا و

QTL^۳های بزرگی هستند مناسب می‌باشد، ولی برای صفاتی که تحت تأثیر چندین QTL با اثر کوچک هستند، مناسب نمی‌باشد. ارتقای ژنتیکی چنین صفاتی تنها در صورتی امکان پذیر است که از روش‌های پیشرفته‌تر مبتنی بر ژنومیکس استفاده شود؛ که این موضوع در حال حاضر با تکیه بر تکامل‌های صورت گرفته امکان پذیر بوده تا به درستی ارزش تکثیر مولکولی ژنومیک برای ارتقای فرایند انتخاب مولدین برتر صورت پذیرد (Eggen, 2012). این رویکرد با عنوان انتخاب ژنومیک برای اولین بار توسط Meuwissen و همکاران در سال ۲۰۰۱ مطرح شد و به شدت در برنامه‌های کاربردی زیادی در گیاهان و جانوران مورد توجه قرار گرفت. در این رویکرد، تصمیم‌گیری‌ها برای انتخاب مولدین تکثیری با استفاده از اطلاعات ژنومیکی بدست آمده از لوکوس‌های ژنومی اتخاذ می‌شود (VanRaden, 2008).

انتخاب ژنومیک بر اساس این نظریه استوار است که با تعداد کافی و قابل توجه از لوکوس‌ها در سرتاسر ژنوم، اکثر مکان‌های ژنومی کنترل‌کننده صفات کمی حداقل در یک LD^۴ قوی با یک نشانگر خواهند بود (Meuwissen *et al.*, 2001). بنابراین، انتخاب ژنومیک بطور همزمان اثرات ژنتیکی همه QTLهای مربوطه را برآورد کرده و تخمین دقیقی از ارزش ژنتیکی صفت مورد نظر فراهم می‌کند. علاوه بر این، از مارکرهای بدست آمده در پویس ژنومی (genome-wide) می‌توان بطور مستقیم جهت محاسبه ماتریکس روابط ژنومیکی (GRM^۵) بین مولدین استفاده کرد که به نوبه خود جهت محاسبه مقدار اصلاحی تخمینی ژنومی (GEBVs^۶) در مدل‌های GBLUP^۷ استفاده شوند (Aguilar *et al.*, 2011; Goddard *et al.*, 2011). ماتریکس روابط ژنومیکی (GRM) حتی بر اساس تعداد کمتری نشانگر می‌تواند تخمین دقیقی از نسبت ژنوم مشترک بین افراد خویشاوند

³ Quantitative trait loci

⁴ Linkage disequilibrium

⁵ Genomic relationship matrix

⁶ Genomic estimated breeding values

⁷ Genomic best linear unbiased prediction

⁸ Single-step GBLUP

⁹ Weighted GBLUP

¹⁰ trait-specific marker-derived relationship matrix

توالی یابی NGS و فراهم شدن توسعه تکنولوژی های تعیین ژنوتیپ با استفاده از توالی یابی (GBS) که کشف و تعیین ژنوتیپ SNP ها را بطور همزمان در طول ژنوم انجام می دهند، هزینه تکامل و تعیین ژنوتیپ SNP ها در گونه های غیر مدل به شدت کاهش یافته است. از اینرو روش GBS تبدیل به یکی از محبوب ترین روش های تعیین ژنوتیپ در گونه های آبی پروری شده است. بهینه سازی استفاده از منابع ژنومیک دومیین موضوع مهم در برنامه های انتخاب بر مبنای اطلاعات ژنومیک می باشد. بطور کلی جمعیتی با تعداد زیاد افراد برای ایجاد جمعیت training جهت پیش بینی دقیق ژنومیک به خصوص برای صفات با وراثت پذیری پایین ایده آل می باشد. اکثر ذخایر مولدین آبی پروری از اندازه جمعیت مؤثر کوچکی برخوردار هستند که این موضوع بیانگر کافی بودن جمعیت training با سایز متوسط می باشد. علاوه بر بهینه سازی تعداد مولدین کاندید (training population)، کاهش هزینه و تعداد نشانگر از اهمیت بسزایی برخوردار است. به عنوان مثال در میگو روابط ژنومیک دقیق مولدین با استفاده از پانل SNP ۳۰۰۰ عددی برآورد گردید (Zenger et al., 2019). راه حل دیگر برای کاهش هزینه ژنوتایپینگ استفاده از رویکرد imputation می باشد. سومین مرحله در برنامه های انتخاب ژنومیک ارتباط صفت و ژنوتیپ و شناسایی ژن های بزرگ اثر می باشد که در این بین مهم ترین صفات مورد توجه در آبی پروری را می توان رشد و اندازه بدن، تأخیر بلوغ جنسی و مقاومت به بیماری نام برد. از دیگر موارد مهم در اجرای انتخاب ژنومیک، تعیین فنوتیپ دقیق و کم هزینه، شناسایی فاکتورهای مؤثر در استفاده از انتخاب ژنومیک، طراحی برنامه آمیزش، تعداد خانواده، اندازه خانواده ها، تعداد نسل ها، تراکم مارکرهای ژنومیک و تعداد کل نشانگرها را می توان نام برد. بر اساس مطالعات انجام شده تعداد ۲۰۰ خانواده عدد مناسبی برای شروع یک برنامه بهگزینی ژنومیک در نظر گرفته می شود. همچنین از آنجاییکه که آبیان در هر دوره تکثیر تعداد زیادی لارو تولید می کنند، تعداد ۵۰ تا ۱۰۰ نتاج به ازای هر خانواده جهت جلوگیری

جمعیت مؤثر (Ne) بالقوه محدود در مزرعه که منجر به درون آمیزی و از دست رفتن تنوع ژنتیکی می شود، می تواند بسیار مهم باشد (Dupont-Nivet et al., 2008; Holtsmark et al., 2006). در آبی پروری، انتخاب ژنومیک پتانسیل ذاتی بالایی برای تغییر ساختار تکثیر از سیستم های آمیزش تک-لاین به برنامه های تکثیر چند خانواده ای (چندین لاین) در محیط های پرورش مشترک دارد که باعث کاهش نیازهای زیرساختی و بطور بالقوه باعث ارتقای تنوع ژنتیکی و منفعت ژنتیکی می شود (Fernández et al., 2014). در نهایت، انتخاب ژنومیک می تواند به ردیابی نشانه های انتخاب و تنوع ژنتیکی در فرایند اهلی سازی گونه های تحت پرورش بپردازد (López et al., 2014). موفقیت پیاده سازی و اجرای عملی انتخاب مولدین بر اساس اطلاعات ژنومیک در آبی پروری از طریق طراحی مناسب برنامه های تکثیر است بصورتیکه که فعل و انفعالات اثرپذیری ژنوتیپ از محیط و اثرات درون آمیزی و محیطی مرسوم را خنثی می کند. اساس چنین برنامه هایی نیازمند منابع ژنتیکی مؤثر، شناخت روابط ژنوتیپ-فنوتیپی صفت، سیستم های صحیح ذخیره اطلاعات فنوتیپی در مقیاس صنعتی و طراحی سیستم آمیزش مناسب جهت بهبود منفعت ژنتیکی می باشد.

ارائه دستورالعمل

نقشه راه تکثیر و پرورش آبیان بر اساس اطلاعات ژنومیک

ایجاد پایگاه داده و منابع ژنومیک از اصلی ترین موارد در پیشبرد برنامه های آبی پروری مبتنی بر ژنومیکس می باشد. SNP ها امروزه به دلایلی از جمله فراوانی بالا، هم بارزی، سهولت نسبی کشف در روش های high-throughput و هزینه توالی یابی پایین به ازای هر لوکوس از مورد توجه ترین نشانگرهای مولکولی در مطالعات ژنتیکی می باشند. آرایه های SNP آماده به استفاده تنها در تعداد محدودی از گونه های آبی کشف و تأیید شده اند، بنابراین با تکیه بر پیشرفت های اخیر ایجاد شده در صنعت

منابع

- Aguilar, I., Misztal, I., Legarra, A. and Tsuruta, S. 2011. Efficient computation of the genomic relationship matrix and other matrices used in single-step evaluation. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 128(6): 422-428.
- Andonov, S., Lourenco, D.A.L., Fragomeni, B.O., Masuda, Y., Pocrnic, I., Tsuruta, S., and Misztal, I. 2017. Accuracy of breeding values in small genotyped populations using different sources of external information—a simulation study. *Journal of Dairy Science*, 100(1): 395-401. doi: 10.3168/jds.2016-11335
- Campos-Montes, G. R., Montaldo, H. H., Martínez-Ortega, A., Jiménez, A. M., and Castillo-Juárez, H. 2013. Genetic parameters for growth and survival traits in Pacific white shrimp *Penaeus (Litopenaeus vannamei)* from a nucleus population undergoing a two-stage selection program. *Aquaculture International*, 21(2): 299-310. doi: 10.1007/s10499-012-9553-1
- Castillo-Juárez, H., Campos-Montes, G. R., Caballero-Zamora, A., and Montaldo, H. H. 2015. Genetic improvement of Pacific white shrimp [*Penaeus (Litopenaeus) vannamei*]: perspectives for genomic selection. *Frontiers in genetics*, 6:93. doi: 10.3389/fgene.2015.00093
- Daetwyler, H. D., Villanueva, B., and Woolliams, J. A. 2008. Accuracy of predicting the genetic risk of disease using a genome-wide approach. *PLoS One*, 3(10):e3395. doi: 10.1371/journal.pone.0003395
- Dupont-Nivet, M., Vandeputte, M., Haffray, P., and Chevassus, B. 2006. Effect of different mating designs on inbreeding,

از وقوع آمیزش خویشاندی مناسب می باشد. انتخاب استراتژی درست و بهینه آمیزش یکی از مهم ترین مؤلفه ها در طراحی هر برنامه تکثیر است که می تواند میزان درون آمیزی و منفعت ژنتیکی را در طولانی مدت تحت تأثیر قرار دهد. از اینرو در مقایسه با سیستم آمیزشی تک جفت، استراتژی آمیزش فاکتوریل منجر به نرخ درون آمیزی کمتر و بالاترین پاسخ به فرآیند بهگزینی می گردد (Zenger et al., 2019).

توصیه ترویجی

علی رغم ظرفیت بالقوه بالای آبی پروری نسبت به دام و طیور در تهیه منابع پروتئینی مورد نیاز جامعه انسانی، عدم استفاده و یا استفاده کم از اطلاعات ژنتیکی در برنامه های آبی پروری اقتصادی موجب محقق نشدن ظرفیت واقعی این شاخه شده است. امروزه با توجه به پیشرفت های حاصل شده در صنایع توالی یابی، امکان دسترسی به محتوای اطلاعات ژنومی در همه گونه های مدل و غیر مدل فراهم شده است. از اینرو با توجه به افت منابع دریایی و آب شیرین از یک سو و نیاز جامعه انسانی به پروتئین با کیفیت، آبی پروری مبتنی بر اطلاعات ژنتیکی می تواند گامی مهم و مؤثر در انقلاب آبی ایجاد کند. لذا پیشنهاد می شود از آنجاییکه تکثیر و پرورش بسیاری از گونه های بومی مد نظر قرار گرفته است، به منظور توجیه اقتصادی این گونه فعالیت ها برنامه تکثیر و پرورش با تکیه بر انتخاب های ناشی از اطلاعات ژنومی صورت پذیرد. از دیدگاه عملی، پیشنهاد می گردد در مرحله اول شناسایی و پایه گذاری بانک ژنی گونه های مختلف درگیر در امر تکثیر و پرورش با استفاده از جدیدترین روش های مولکولی صورت گیرد و سپس در طول دوره پرورش نیز رکوردهای فنوتیپی از مولدین در خانواده های مختلف انجام شود تا در مرحله آخر با استفاده از این اطلاعات جمع آوری شده و در طی نسل های پرورش برنامه انتخاب ژنومیک بر روی صفات مد نظر با موفقیت به اجرا درآید.

- Hill, W. G. 2013. On estimation of genetic variance within families using genome-wide identity-by-descent sharing. *Genetics Selection Evolution*, 45(1): pp.1-7. doi: 10.1186/1297-9686-45-32
- Holtmark, M., Klemetsdal, G., Sonesson, A. K., and Woolliams, J. A. 2008. Establishing a base population for a breeding program in aquaculture, from multiple subpopulations, differentiated by genetic drift: I. Effects of the number of subpopulations, heritability and mating strategies using optimum contribution selection. *Aquaculture*, 274: 232–240. doi: 10.1016/j.aquaculture.2007.11.042
- Lillehammer, M., Bangera, R., Salazar, M., Vela, S., Erazo, E.C., Suarez, A., Cock, J., Rye, M. and Robinson, N.A., 2020. Genomic selection for white spot syndrome virus resistance in whiteleg shrimp boosts survival under an experimental challenge test. *Scientific reports*, 10(1): pp.1-13.
- López, M. E., Neira, R., and Yáñez, J. M. 2014. Applications in the search for genomic selection signatures in fish. *Frontiers in genetics*. 5:458. doi: 10.3389/fgene.2014.00458
- Meuwissen, T., Hayes, B., and Goddard, M. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics*, 157(4): pp.1819-1829.
- Meuwissen, T., Hayes, B., and Goddard, M. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics* 157:1819.
- Ødegård, J., Moen, T., Santi, N., Korsvoll, S. A., Kjøglum, S., and Meuwissen, T. H. E. 2014. Genomic prediction in an admixed population of Atlantic salmon (*Salmo salar*). *Frontiers in genetics*, 5:402. doi: 10.3389/fgene.2014.00402
- genetic variance and response to selection when applying individual selection in fish breeding programs. *Aquaculture*, 252: 161–170. doi: 10.1016/j.aquaculture.2005.07.005
- Eggen, A. 2012. The development and application of genomic selection as a new breeding paradigm. *Animal frontiers*, 2(1): 10-15. doi: 10.2527/af.2011-0027
- FAO. 2020. The State of World Fisheries and Aquaculture 2020. Sustainability in action. Rome. (also available at <http://www.fao.org/3/ca9229en/ca9229en.pdf>).
- Fernández, J., Toro, M. Á., Sonesson, A. K., and Villanueva, B. 2014. Optimizing the creation of base populations for aquaculture breeding programs using phenotypic and genomic data and its consequences on genetic progress. *Frontiers in genetics*, 5: p.414. doi: 10.3389/fgene.2014.00414
- Gjedrem, T., Robinson, N., and Rye, M. 2012. The importance of selective breeding in aquaculture to meet future demands for animal protein: a review. *Aquaculture*, 350: 117–129. doi: 10.1016/j.aquaculture.2012.04.008
- Gjerde, B., and Korsvoll, A. 1999. Realized selection differentials for growth rate and early sexual maturity in Atlantic salmon. *Aquaculture Europe*, 27: 73–74.
- Goddard, M. 2009. Genomic selection: prediction of accuracy and maximization of long term response. *Genetica*, 136(2): pp.245-257. doi: 10.1007/s10709-008-9308-0
- Goddard, M. E., Hayes, B. J., and Meuwissen, T. H. E. 2011. Using the genomic relationship matrix to predict the accuracy of genomic selection. *Journal of animal breeding and genetics*, 128(6): pp.409-421. doi: 10.1111/j.1439-0388.2011.00964.x

- Vallejo, R.L., Leeds, T.D., Fragomeni, B.O., Gao, G., Hernandez, A.G., Misztal, I., Welch, T.J., Wiens, G.D. and Palti, Y. 2016. Evaluation of genome-enabled selection for bacterial cold water disease resistance using progeny performance data in rainbow trout: insights on genotyping methods and genomic prediction models. *Frontiers in Genetics*, 7: p.96.
- Vandeputte, M., and Haffray, P. 2014. Parentage assignment with genomic markers: a major advance for understanding and exploiting genetic variation of quantitative traits in farmed aquatic animals. *Frontiers in genetics*, 5:432. doi: 10.3389/fgene.2014.00432
- VanRaden, P. M. 2008. Efficient methods to compute genomic predictions. *ournal of dairy science*, 91(11), pp.4414-4423. doi: 10.3168/jds.2007-0980
- Yáñez, J. M., Newman, S., and Houston, R. D. (2015). Genomics in aquaculture to better understand species biology and accelerate genetic progress. *Frontiers in genetics*, 6:128. doi: 10.3389/fgene.2015.00128
- Zenger, K. R., Khatkar, M. S., Jones, D. B., Khalilisamani, N., Jerry, D. R. and Raadsma, H. W. 2019. Genomic selection in aquaculture: application, limitations and opportunities with special reference to marine shrimp and pearl oysters. *Frontiers in genetics*, 9: 693.

Using modern genomic-based techniques towards operational improvement of aquaculture activities

Jafari O.^{1*}; Nasrolah Pourmoghdam M.²; Abdollahzadeh E.¹

¹ International Sturgeon Research Institute, Iranian Fisheries Science Research Institute, Agricultural Research, Education and Extension Organization, Rasht, Iran

² Department of Fisheries, Faculty of Natural Resources, University of Tehran, Karaj, Iran

Received: November 2021

Accepted: January 2022

Abstract

In aquaculture industry, genomic selection has a profound potential to improve the genetic programs and production systems. Genomic selection benefits from both the actual relationship between animals and information from genomic markers in strong LD with commercially and biologically important genes. In this paper, technical progresses, practical requirements and commercial applications of genomic selection in aquaculture will be discussed. Using cost-effective genome sequencing, the genotyping capability in all type of organisms even those with no previous genetic knowledge has been provided. Usage of genomic selection proposes advantages more than traditional aquaculture through accurate estimation of polygenic complex traits such as disease resistance, increase the genetic gain, minimizing the inbreeding and negating the limiting effects of genotype by environment interactions. Based on the performed studies, implementation of a genomic selection program can reduce the rates inbreeding up to 81%. At the moment, the genomic selection is now at the position which can be involved in commercial breeding programs to suggest long and/or short term solutions towards reaching the commercial sustainable aquaculture.

Keywords: Genotyping by sequencing, Inbreeding, Selection, Single nucleotide polymorphism, QTL.

*Corresponding author: Jaafari.omid@yahoo.com