

Lakselus (*L. salmonis*) på oppdrettslaks i Norge forårsaker store økonomiske tap på grunn av hyppige behandlinger og økt dødelighet og redusert vekst på grunn av disse behandlingene. Målet med denne studien var gjennom en hel-genom assosiasjonsanalyse (GWAS) å søke etter QTLer for egenskapen antall fastsittende lus per fisk (AL) og regne ut sikkerheten til predikerte genomiske avlsverdier (GEBV) for AL for fisk i to årsklasser (foreldre- og avkomsgenerasjonen). Genetisk variasjon for AL ble også estimert. AL ble registrert på 7473 fisk fra årsklassen 2018 (YC-2018, avkom etter 126 fedre og 176 mødre) og YC-2022 (avkom etter 133 fedre og 129 mødre) fra avlskjernen til MOWI GENETICS. Fiskene ble genotypet med en ~65K SNP-array. Hver årsklasse ble infisert med lusekopepoditter i to (YC-2018) og tre (YC-2022) kar, og AL ble talt av flere personer, men hver fisk av bare én person. Egenskapen AL var positiv skjevfordelt og ble derfor log-transformert for å få den mer normalfordelt. De statistiske analysene ble utført med en lineær blandet dyremodell i ASREML v4.2, og GWAS med GCTA ved hjelp av funksjonen "--mlma-loc". Arvbarhet for log(AL) var $0,25 \pm 0,03$ (YC-2018) og $0,20 \pm 0,02$ (YC-2022), og med en middels genetisk korrelasjon ($0,69 \pm 0,06$) mellom de to årsklassene. GWAS-analysen viste sterke signaler fra fire QTLer lokalisert på kromosom 2, 5, 11 og 25. Imidlertid forklarte den sterkeste av disse QTLene (på kromosom 2) bare 4,7% av den genetisk variasjon i log(AL). Sikkerheten til de predikerte GEBV innen årsklasse var middels høy (i gj.snitt 0,60) mens de predikerte GEBV i YC-2022 årsklasse basert på data fra YC-2018 var lav (0,22). Studien viste at mottakelighet for fastsittende lus hos laks i liten grad er styrt av QTLer, men viser stor genetisk variasjon. Den lave sikkerheten til de predikerte GEBV i YC-2022 betyr at en må teste hver årsklasse/generasjon av laks for lus.