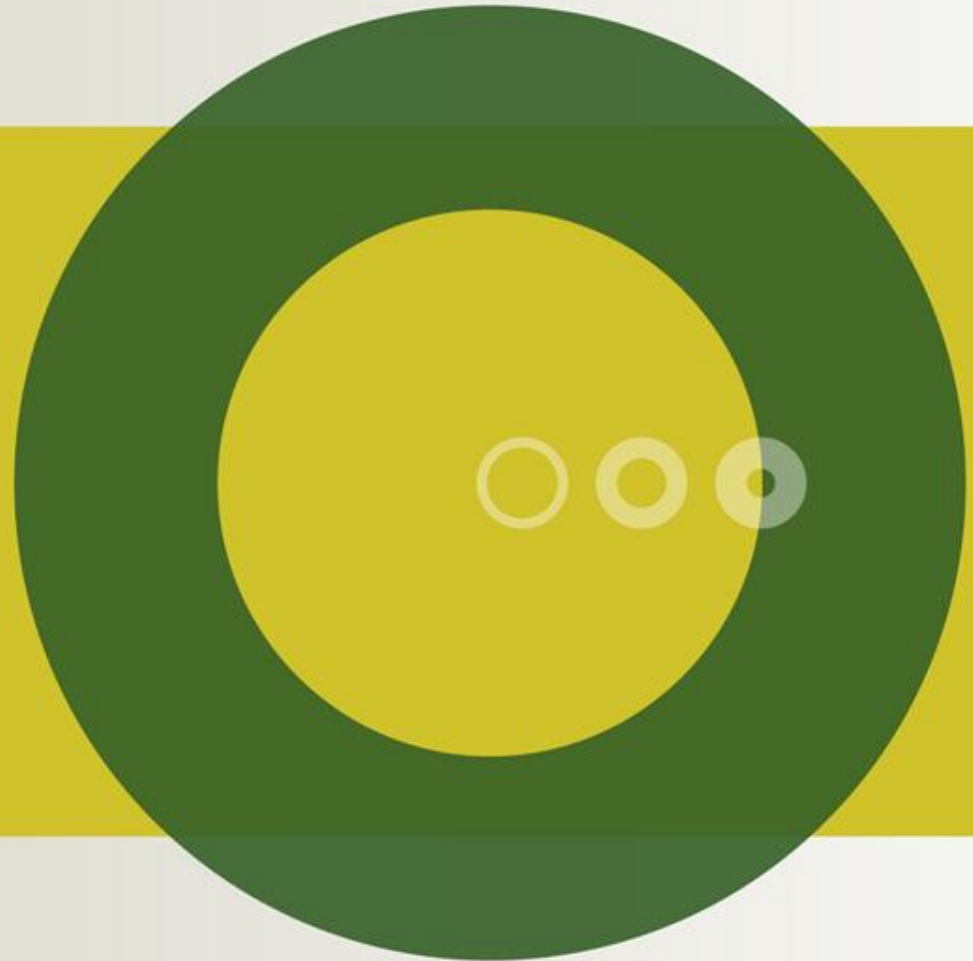


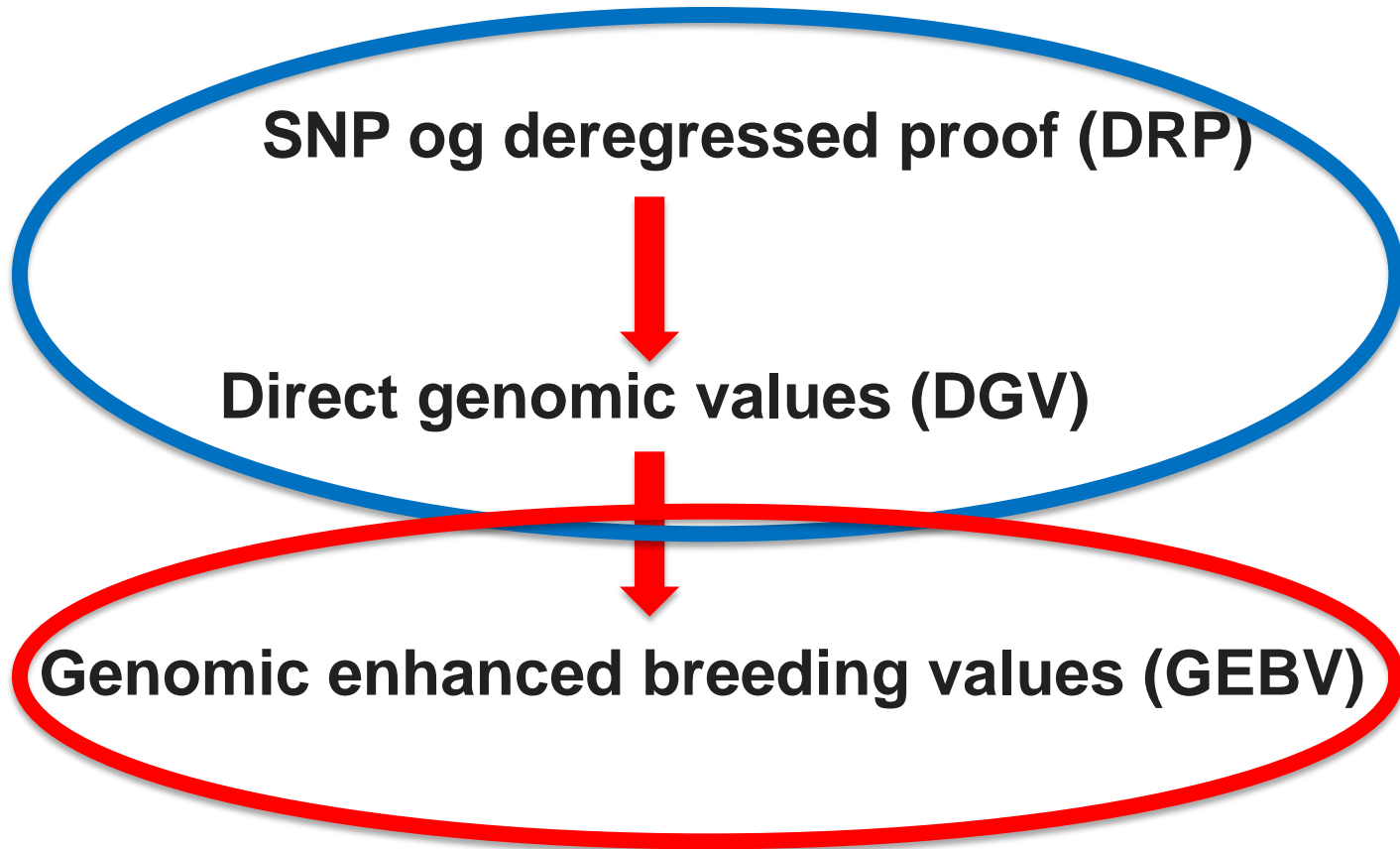


Fra SNP til DGV

Ulrik Sander Nielsen
og Anders Fogh
Informationsmøde
29. september 2011



Nuværende 2-step metode



Grunddata: SNP

- Angivelse af SNP variant for 50.000 positioner fordelt over kvægets kromosomer for alle genotypede tyre

Kevin har fortalt om opbygning

Grunddata: Deregressed proof

Feltdata (kg protein, behandling af yverbetændelse)



Systematisk påvirkning
(kælvningsalder, kælvningsmåned osv.)

Avlsværdital



Afhængig af sikkerhed

Deregressed proof (DRP)

Egen registrering: Deregressed proof (DRP)

- Uden korrektion for systematiske effekter

Ko	Ydelse	h ²	Avlsværdital	Sikkerhed	DRP
A	10	0,2	2,0	0,2	10
B	2	0,2	0,4	0,2	2
C	-4	0,2	-0,8	0,2	-4

Deregressed proof: Avlsværdital / Sikkerhed

Gns. = 0

Døtregruppe: Deregressed proof (DRP)

- Uden korrektion for systematiske effekter

Tyr	Døtres Ydelse	Antal døtre	h ²	Sikkerhed	Avlsværdital	DRP
A	10	30	0,2	0,61	12,20	20
B	2	5	0,2	0,21	0,84	4
C	-4	20	0,2	0,51	-4,08	-8

Deregressed proof: Avlsværdital / Sikkerhed

Gns. = 0

Døtregruppe: fra DRP tilbage til avlsværdital

Tyr	DRP	Eff. døtre	Sikkerhed	Avlsværdital
A	20	30	0,61	$20 * 0,61 = 12,2$
B	4	5	0,26	$4 * 0,26 = 0,84$
C	-8	20	0,51	$-8 * 0,51 = -4,08$

Gns. = 0

Eksempler – virkeligheden er desværre mere kompliceret!

- Slægtsskab mellem tyre
- Nogle tyre har sønnegrupper med data
- Gennemsnit er ikke 0

Anvender metode, som tager højde for dette

Deregressed proof (DRP) basis for DGV

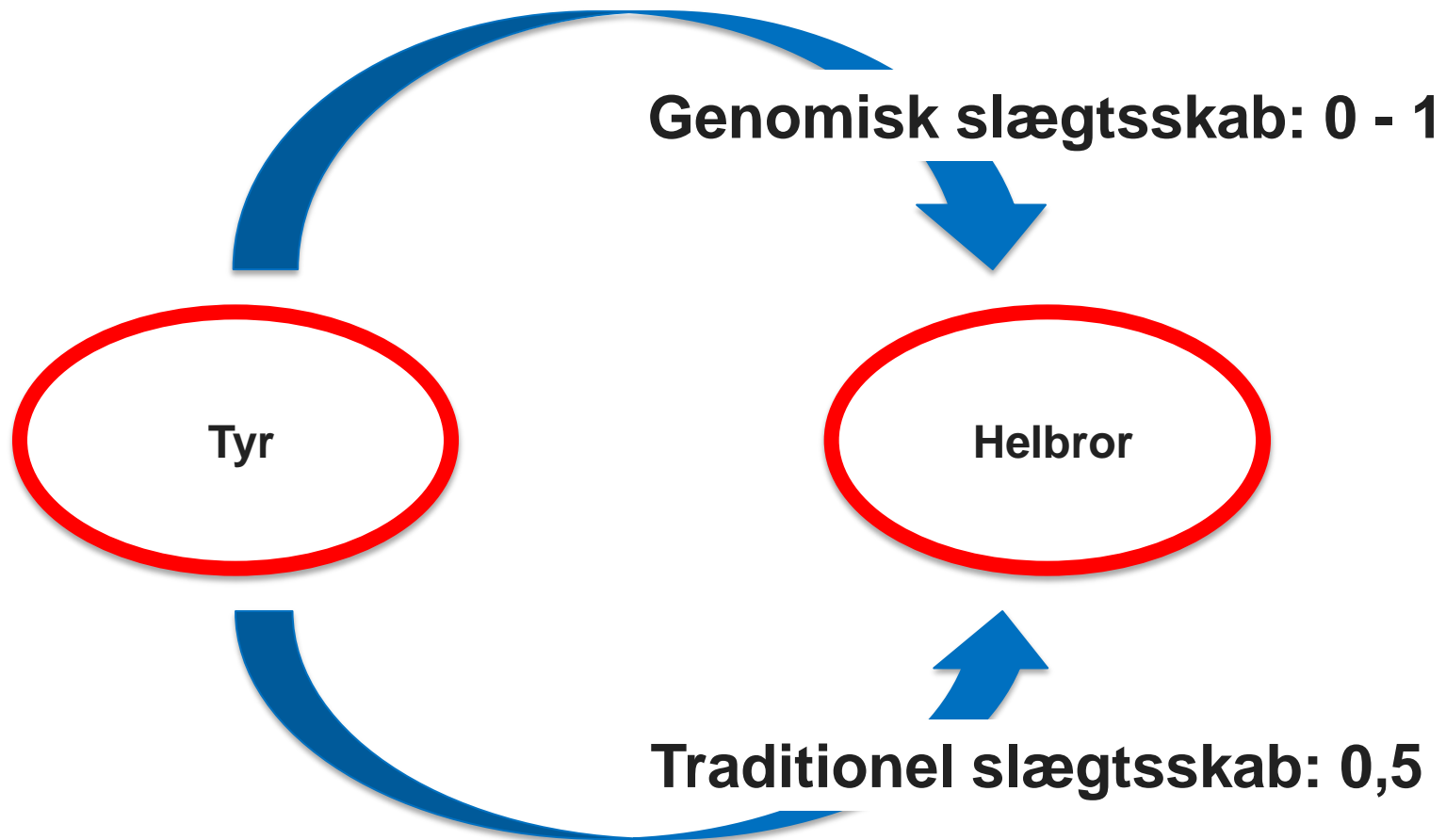
Deregressed proof
eller
felt data

Avlsværdivurdering

Samme
avlsværdital

Årsagen til, at der anvendes DRP er, at mange feltdata kan regnes sammen til et tal pr tyr

Slægtsskab ud fra SNP



Genomisk avlsværdiurdering

$$\text{DRP} = \mu + \text{Testet dyr} + e$$

- Genomisk slægtsskabsmatrice
- Tyre uden DRP er inkluderet
- Sikkerheden på DRP er inddraget i model

Resultat : DGV

Traditionel avlsværdiurdering

$$\text{Felt data} = \mu + \text{sys. effekt.} + \text{dyr} + e$$

- Traditionel slægtsskabsmatrice
- Alle hundyr og tyre er inkluderet

Software og metode til genomisk og traditionel avlsværdiurdering er den samme!

Sikkerheder på DGV for kandidater fastlægges ud fra valideringstest

- **Beregne $DRP_{-4\text{år}}$ med alle testede dyr med afkom i beregningen, men de 4 yngste årgange slettes efter beregningen af DRP**
- **Beregne $DGV_{-4\text{år}}$ på grundlag af $DRP_{-4\text{år}}$**
- **Gemme DRP med alle tyre inkluderet (DRP_{alle})**
- **Foretage lineær regression, hvor kun tyre, der var udeladt i $DRP_{-4\text{år}}$ er inkluderet**
- **Sammenlign med lineær regression, hvor DGV er erstattet af afstamning**

Lineær regression

○ Model 1:

- $DRP_{alle} = b1 + b2 * DGV_{-4år}$ (model 1)

- Forventning:

- $b1 = 0$

- $b2 = 1$

- Sikkerhed på $DGV_{-4år}$: R²/ sikkerhed DRP (R² model 1)

○ Model 2:

- $DRP_{alle} = b1 + b2(1/2 \text{ far} + 1/4 \text{ mf})$ (model 2)

- Sikkerhed pga. afstamning: R²/ sikkerhed DRP (R² model 2)

- Andel, som afstamningen kan forklare

- Ekstra sikkerhed = R²(model 1) - R²(model 2)

Sikkerheder på udvalgte egenskaber for HOL

	Sik. DRP	b_2	R^2	b_2	R^2	Sik. DGV	Sik. afst.	Stig. sik.
		Model 1		Model 2				
Ydelse	0,91	0,89	0,50			0,55		

Sikkerheder på udvalgte egenskaber for HOL

	Sik. DRP	b_2	R^2	b_2	R^2	Sik. DGV	Sik. afst.	Stig. sik.
		Model 1		Model 2				
Ydelse	0,91	0,89	0,50	1,04	0,23	0,55	0,25	0,30

Sikkerheder på udvalgte egenskaber for HOL

	Sik. DRP	b_2	R^2	b_2	R^2	Sik. DGV	Sik. afst.	Stig. sik.
		Model 1		Model 2				
Ydelse	0,91	0,89	0,50	1,04	0,23	0,55	0,25	0,30
Mast.	0,81	0,84	0,39	0,87	0,14	0,48	0,17	0,31
Lemmer	0,58	0,66	0,14	0,83	0,06	0,24	0,10	0,14

Sikkerheder på udvalgte egenskaber for RDC

	Sik. DRP	b_2	R^2	b_2	R^2	Sik. DGV	Sik. afst.	Stig. sik.
		Model 1		Model 2				
Ydelse	0,92	0,82	0,30	0,83	0,10	0,33	0,11	0,22
Mast.	0,84	0,82	0,20	0,83	0,08	0,24	0,10	0,14
Lemmer	0,55	1,11	0,15	0,80	0,04	0,27	0,07	0,20

Sikkerheder på udvalgte egenskaber for JER

	Sik. DRP	b_2	R^2	b_2	R^2	Sik. DGV	Sik. afst.	Stig. sik.
		Model 1		Model 2				
Ydelse	0,92	0,82	0,29		0,32	0,32	0,35	-0,03
Mast.	0,86	1,01	0,27		0,31	0,31	0,11	0,19
Lemmer	0,58	1,14	0,18		0,09	0,31	0,15	0,16

Mange faktorer påvirker sikkerheden

- **Antallet af dyr i referencegruppen**
- **Hvor veldefineret egenskaben er – eksempelvis Euro Genomics, lemmer**
- **Hvor homogen referencegruppen er – eksempelvis Holstein versus RDC**
- **Sikkerheden på traditionelle avlsværdital**
 - **Arvbarhed**
 - **Døtregruppe-størrelse**

Information fra DGV omregnet til døtre

- information fra afstamning er inkluderet

	Sikkerhed på DGV									
Arvbarhed	0,10	0,15	0,20	0,25	0,30	0,35	0,40	0,45	0,50	0,60
0,02	22	35	50	66	85	107	132	162	199	299
0,05	9	15	20	26	34	43	53	65	79	199
0,10	4	7	10	13	17	21	26	32	39	59
0,15	3	5	6	9	11	14	17	21	26	39
0,20	2	3	5	6	8	10	13	16	19	29
0,30	1	2	3	4	5	6	8	10	12	19

Afstamning og ekstra information omregnet til effektive døtre

Eksempel mastitis

Tyr	HOL	RDC	Jersey
Total sikkerhed på DGV	38	26	34
Afstamning	14	9	12
Ekstra information fra GS	ca. 25	ca. 17	ca. 24

Sammenhæng mellem sikkerhed og spredning på indeks

Sikkerhed = $\text{VAR}(\text{indeks})/\text{VAR}(\text{genetisk})$

Eks. Ydelse HOL: $0,91 = (10)^2/(\text{genetisk spredning})^2$

Genetisk spredning = 10,48

Spredningen på ydelsesindekser med en given sikkerhed skal derfor være: $\sqrt{\text{sikkerhed}} * 10,48$

Spredning på DGV ydelse for HOL

- Spred. på ikke std. DGV ydelse HOL: 8.73
- Sikkerhed på DGV: 0.55
- Korrekt spredning på DGV: $\sqrt{0.55} * 10.48 = 7.77$
- Ikke std. DGV skal multip. Med: $7.77/8,73 = 0.89$
- Valideringstest af DGV kan gentages
- Velkendt, at ikke std. DGV har for stor spredning (inflated)

Ny valideringstest for DGV HOL ydelse på grundlag af std. DGV

Model 1

$$\text{DRP}_{\text{alle}} = b_1 + b_2 \times \text{DGV}_{-4\text{år}} \text{ (std.)}$$

Resultat: $b_2 = 1,0$ i stedet for 0,89

Herefter vil indekserne i gennemsnit hverken stige eller falde, når døtre-information inkluderes

Anerkendelse

**Den Europæiske Union ved
Den Europæiske Fond for
Udvikling af Landdistrikter
og Ministeriet for Fødevarer,
Landbrug og Fiskeri har
deltaget i finansieringen af
projektet.**