

Hvad påvirker sikkerheden på genomiske avlsværdital?

Sikkerheden på tyrenes traditionelle avlsværdital varierer som følge af egenskabernes arvbarhed og døtregruppetørrelsen. I artiklen beskrives de faktorer, der påvirker sikkerheden på de genomiske avlsværdital.

Promilleafgiftsfonden for landbrug

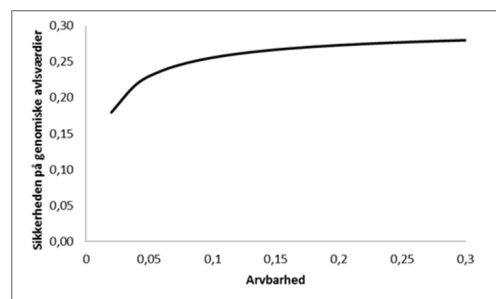


Den Europæiske Union ved Den Europæiske Fond for Udvikling af Landdistrikter og Ministeriet for Fødevarer, Landbrug og Fiskeri har deltaget i finansieringen af projektet.

Sikkerheden på referencetyrenes avlsværdital

Den nordiske referencegruppe består i dag af afprøvede tyre. Alle tyre i referencegruppen er genomisk testede, og sikkerhederne på deres traditionelle avlsværdital uden genomisk information er generelt høje for alle egenskaber i NTM. Sikkerheden på tyrenes traditionelle avlsværdital varierer dog som følge af egenskabernes arvbarhed og døtregruppetørrelsen. Denne artikel handler om de faktorer, der påvirker sikkerheden på de genomiske avlsværdital. Hvis resultaterne fra praksis afviger fra teorien er dette beskrevet i figurteksterne.

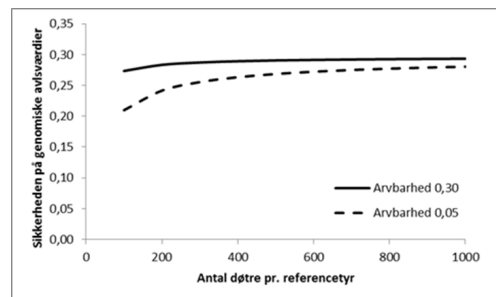
Sikkerheden på unge dyrs genomiske avlsværdital påvirkes bl.a. af sikkerheden på referencetyrenes traditionelle avlsværdital. Som det fremgår af figur 1, er sikkerheden på unge dyrs genomiske avlsværdital højere, når arvbarheden er høj, end når den er lav. Det skyldes, at egenskabens arvbarhed har en gunstig effekt på sikkerheden på referencetyrenes traditionelle avlsværdital.



Figur 1.

Effekten af arvbarhedens størrelse på sikkerheden på de genomiske avlsværdital. Referencegruppen består af 4000 tyre, der hver især har 150 døtre, og som er testet med et 50K panel (38.000 informative SNP'er). De genomiske avlsværdital er baseret på modelberegninger, og derfor er sikkerheden i figur 1 lavere end sikkerheden på de officielle avlsværdital.

Sikkerheden på unge dyrs genomiske avlsværdital stiger endvidere i takt med, at referencetyrenes døtregruppetørrelse stiger (figur 2). Årsagen er også i dette tilfælde, at sikkerheden på referencetyrenes traditionelle avlsværdital påvirkes positivt af antal døtre. Effekten af døtregruppetørrelsen er størst for egenskaber med en lav arvbarhed.

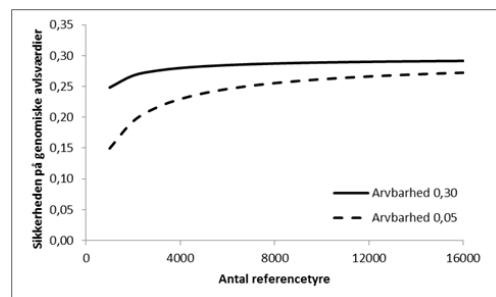


Figur 2.

Sikkerheden på de genomiske avlsværdital for to egenskaber med en arvbarhed på 0,05 og 0,30 afhængig af døtregruppetørrelsen. De 4000 tyre i referencegruppen er testet med et 50K panel, hvoraf 38.000 SNP'er er informative. De genomiske avlsværdital er baseret på modelberegninger, dvs. udelukkende på genomisk information. Som følge heraf er sikkerheden i figur 2 lavere end sikkerheden på de officielle avlsværdital.

Antal referencetyre

Sikkerheden på de unge dyrs genomiske avlsværdital afhænger også af antal tyre i referencegruppen (figur 3). Årsagen er, at effekten af den enkelte SNP-variant kan bestemmes med større sikkerhed jo flere referencetyre, der bærer den pågældende SNP-variant. Populært sagt kan man sige, at der ikke kommer flere ord (SNP-varianter) i DNA-ordbogen, når antallet af referencetyre stiger, for antallet af ord (SNP-varianter) er bestemt af SNP-panelets størrelse, f.eks. 54K, men vi bliver mere sikre på oversættelsen af det enkelte ord (effekten af den enkelte SNP-variant). Jo bedre vi kan bestemme effekten af den enkelte SNP-variant, desto større er sikkerheden på de unge dyrs genomiske avlsværdital.

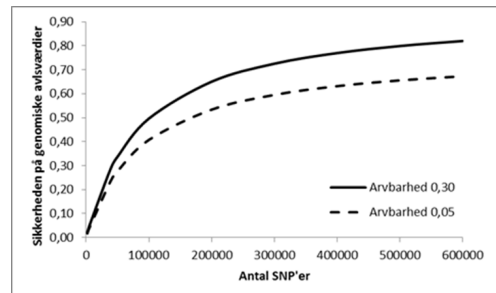


Figur 3.

Effekten af referencegruppens størrelse på sikkerheden på de genomiske avlsværdital for to egenskaber med en arvbarhed på 0,05 og 0,30. Referencetyrene er testet med et 50K panel (38.000 informative SNP'er) og har 150 døtre hver. Sikkerheden på de genomiske avlsværdital i figuren er lavere end sikkerheden på de officielle avlsværdital, fordi avlsværdierne er baseret på modelberegninger. Desuden flader kurven for sikkerheden på de genomiske avlsværdital hurtigere ud i modelberegningerne end i virkeligheden, dvs. i virkeligheden er der en effekt af at øge referencegruppen fra 12.000 tyre til 16.000.

Antal SNP'er

SNP-panelets størrelse har en gunstig effekt på sikkerheden på de unge dyrs genomiske avlsværdital (figur 4). Der er to grunde til, at dette er tilfældet. Den ene årsag er, at færre SNP'er medfører mindre koblingsulige vægt i referencegruppen. Dermed bliver effekten af de enkelte SNP-varianter bestemt med større unøjagtighed, og sikkerheden på unge dyrs genomiske avlsværdital bliver lavere, end hvis vi havde mange SNP'er og dermed mere koblingsulige vægt.



Figur 4.

Sikkerheden på de genomiske avlsværdital for to egenskaber med en arvbarhed på 0,05 og 0,30 afhænger af antal SNP'er. Der er 4000 tyre i referencegruppen med 150 døtre hver. De genomiske avlsværdital er baseret på modelberegninger, og derfor er sikkerheden lavere end sikkerheden på de officielle avlsværdital. I praksis er der fundet en meget lille effekt på sikkerheden af at øge antallet af SNP'er fra 50K til imputerede 800K.

Den anden årsag er, at et stort antal SNP'er øger sandsynligheden for, at den nærmeste SNP til et kodende gen nedarves sammen med det kodende gen. Hvis man anvender et SNP-panel med få SNP'er, vil der være langt mellem de enkelte SNP'er, og muligvis også langt mellem en given SNP og et gen, der koder for en egenskab, vi er interesseret i at forbedre.

Der er alt andet lige større risiko for, at der sker en udveksling af kromosomstykker mellem de kromosomer, som referencetyrene har modtaget fra deres forældre, når afstanden mellem en SNP og et kodende gen er lang, end hvis den er kort. Hvis der sker en udveksling mellem SNP'en og genet i nogle dyr i forbindelse med dannelsen af ægceller og sædceller, kan vi ikke være sikre på, at SNP'en i alle tilfælde er et udtryk for, at dyr i efterfølgende generationer bærer det gen, der er med til at forbedre egenskaben. Dette er uheldigt, da det kun er SNP'en, der kan bestemmes i en genomisk test, og ikke det kodende gen.