

Andre aspekter af genomisk selektion

Gert Pedersen Aamand og Anders Fogh

NAV



Nordisk Avlsværdi Vurdering • Nordic Cattle Genetic Evaluation

Andel af unge tyre på toplisten

- Andel af ungtyre på toplisten afhænger af:
 - Antal genomisk testede ungtyre i forhold til traditionel afprøvede. Genotypes mange ungtyr vil andelen af ungtyre på toplisten stige
 - Hvilke årgange der medtages – tages tyre med under 20 mdr, under 1 år etc. Jo yngre dyr der medtages jo højere bliver andelen af unge tyre på toplisten

Andel af unge tyre på toplisten

- Andel af ungtyre på toplisten:
 - CDN, FRA, NLD, DEU og Norden har ca samme andel af ungtyre blandt de bedste ca 60-70%
- Andelen af unge tyre på toplisten er noget højere i USA. USA indregner tyremoderen i GEBV for ungtyre. Amerikanerne taler om at deres unge tyre er overvurderet

NAV



Nordisk Avlsværdi Vurdering • Nordic Cattle Genetic Evaluation

Haplotyper med effekt på frugtbarhed

- Med SNP information kan arvelige defekter der forårsager tidlig fosterdød findes
- Princippet er enkelt der tjekkes om der findes afkom med alle mulige kombinationer af haplotyper (kromosomstykke med SNP'er -) blandt afkom efter genotypedede far/morfar kombinationer.

Haplotyper med effekt på frugtbarhed

- Det undersøges om en udspaltning (homozygot) mangler blandt det fødte afkom (= tidlig fosterdød)
- Det er samme princip som ved påvisning af CVM her kiggede man blot på udspaltning blandt født afkom (en homozygot var defekt eller manglede pga. tidlig fosterdød)

Lethaler – arvelige sygdomme

- En undersøgelse i USA har påvist 5 arvelige sygdomme der relaterer sig til tidlig fosterdød indenfor HOL, BSW og JER (se ADF artikel på ww.lr.dk)
- Lignende studier bliver foretaget på nordiske data

Lethaler – arvelige sygdomme

- I avlsarbejdet er det formentlig forsat mest effektivt at udelade recessive lethaler også af denne type blandt kandidater.
- Vi vil forsat lettest kunne påvise lethaler hos tyre der er brugt stærkt

Nye egenskaber

- **Egenskaber der kan registreres i en del af besætningerne (f.eks. vægt i robotbesætninger)**
 - **Stort antal køer i referencegruppen er hurtigste vej til rimelig sikkerhed på GEBV**
 - **Irland har aktuelle planer om at genotype alle hundy i et større antal besætninger med særlige registreringer**
- **Storskala genotypning af hundy nødvendig**

NAV



Nye egenskaber

Egenskaber der kun kan registreres under forsøgsforhold (eg. foderoptagelse).

- h^2 er 0,05-0,15 for de mest interessante egenskaber
- Referencegruppe få tusinde dyr hvis data puljes på tværs af lande – meget lav sikkerhed på GEBV
- Ulempe effekt kan ikke måles i praksis

NAV



Samarbejde om referencegruppe

- Holstein - CDN, UK, USA, ITA (15.000 tyre)
- Holstein - FRA, NLD/BEL, DEU/AUT, Norden, SPA (20.000 tyre)
- Brunkvæg – de fleste populationer (Interbull) (4.500)
- Flekvieh (DEU, AUT) (5.500 tyre)
- RDC – de fire nordiske lande (7.000)

NAV



Køer i referencegruppen

I dag anvender de fleste lande kun tyre i referencegruppen. USA anvender dog også køer.

Pt. er de fleste genotypedede køer i tyremoderklassen og "HIP" kan forringe sikkerheden på de genomiske avlsværdital, hvis køer bruges i referencegruppen.

Køer i referencegruppen

Sikkerheden på genomiske avlsværdital afhænger af referencegruppens størrelse.

Køer i referencegruppen er en vej til at øge sikkerheden på genomiske avlsværdital

NAV



Nordisk Avlsværdi Vurdering • Nordic Cattle Genetic Evaluation

Køer versus tyre i referencegruppen

(Roos, 2011) – antal større hvis racen har stor effektiv populationstr.

h^2	Antal køer lig med 1 tyr med 100 døtre
0,02	40
0,05	15
0,10	7
0,20	5
0,30	3

Afrunding – spørgsmål emner

- Hvorfor er der ikke sikkerhed på genomiske avlsværdital? Der findes ikke standard metode til beregning af sikkerhed – det er et af de næste trin vi arbejder med.
- Kan man se om genomisk information indgår i det enkelte avlsværdital? Målet er at komme til en situation hvor genomisk information indgår for alle genotypedede dyr og egenskaber, så det er nok at vide om dyret er genotypet

Afrunding – spørgsmål emner

Avlsværdital genotypede køer

- Målet er at kombinere genomisk information + egen præstation (arbejde i gang)
- I dag er det offentliggjorte avlsværdi baseret alene på traditionel information
- **Det offentliggjorte avlsværdital kunne også baseres alene på genomisk information, men så vil vi tage en zig-zag kurs mod målet.**

NAV



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.