

# Genomisk seleksjon: En revolusjon i avlsarbeidet med mjølkeku?

Trygve R. Solberg  
Geno

## Innledning

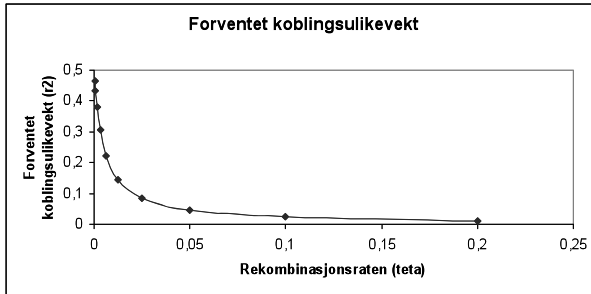
De siste årene har til dels store forskningsressurser blitt brukt på genomisk seleksjon. Genomisk seleksjon kan ses på som en mer direkte seleksjonsmetode sammenlignet med tradisjonell seleksjon, da genomisk seleksjon baserer seg direkte på dyrets DNA. Med hjelp av genetiske markører kan til dels store individuelle forskjeller observeres mellom populasjoner og mellom individer. De mest brukte genetiske markørene i dag kalles ”single nucleotide polymorphism” (SNP) og er bl.a. vanlig brukt i kriminalsaker til å skille mellom individers DNA. Et dyr kan genotypes for ti tusener av slike SNP markører, og dermed vise store genetiske variasjoner.

I genomisk seleksjon brukes SNP markørene som ”merkelapper” til å gjenkjenne kromosomområder, og effekten av kromosomområdene estimeres på genotypedyr i en referansepopulasjon hvor man også har tilgjengelig fenotypisk informasjon. Avkommene til dyrene i referansepopulasjonen genotypes for de samme markørene, og siden effekten av kromosomområdene er kjent, summeres effekten til å predikere en total avlsverdi, en såkalt genomisk avlsverdi (GEBV). Siden denne avlsverdien kan beregnes tidlig (rett etter fødsel) vil genomisk seleksjon være et attraktivt verktøy til prediksjon av avlsverdier. Sikkerheten på avlsverdiene er imidlertid avgjørende for hvorvidt man stoler på denne metoden, og foreløpig er ikke sikkerheten like høy som med dagens avkomsgransking basert på dyrets slektskap og fenotypisk informasjon, spesielt for lavarvelige egenskaper.

### Sikkerheten på avlsverdier med genomisk seleksjon

Flere simuleringsstudier viser imidlertid at sikkerheten på avlsverdiene med bruk av genomisk seleksjon er relativt høy (opp mot 0,85) (for eksempel Calus *et al.*, 2007; Solberg *et al.*, 2008a; Bennewitz *et al.*, 2008 og Solberg *et al.*, 2008b). Få studier er foreløpig publisert på reelle data, og resultatene så langt tyder på at sikkerheten på reelle data ligger noe lavere enn de fleste simuleringsstudier (for eksempel Legarra *et al.*, 2008 og Gianola *et al.*, 2008). Sikkerheten på genomiske avlsverdier vil avhenge av mange faktorer, bl.a. hvor mange markører man har (markørtettheten), rekombinasjonsraten mellom markørene, og dermed graden av koblingsulikevekt, effektiv populasjonsstørrelse, antall dyr, samt den genetiske arkitekturen i populasjonen. Koblingsulikevekten er mulig å estimere, og avhenger av effektiv populasjonsstørrelse og rekombinasjonsraten mellom markørene. Figur

1 viser forventet koblingsulikevekt mot rekombinasjonsraten, og en høy koblingsulikevekt vil være en indikasjon på hvorvidt genomisk seleksjon vil fungere bra eller ikke.



Figur 1. Forventet koblingsulikevekt mot rekombinasjonsraten. Genomisk seleksjon er avhengig av koblingsulikevekt mellom markørene.

## Potensiell gevinst med genomisk seleksjon

Sikkerheten på avlsverdiene med tradisjonell avlsverdiregning basert på fenotypisk informasjon og dyrets slektskap er allerede høy (med avkomsgransking opp mot 90 % for egenskaper med høy arvbarhet). Genomisk seleksjon vil dermed ha et begrenset fortrinn p.g.a. høy sikkerhet på avlsverdiene. Muligheten til genotyping av dyr på et veldig tidlig tidspunkt betyr imidlertid at en genomisk avlsverdi kan beregnes på dyrene rett etter fødsel, m.a.o. kan vi med hjelp av genomisk seleksjon redusere generasjonsintervallet. En annen potensiell gevinst fra genomisk seleksjon er økt seleksjonsintensitet. Har man et utvalg genotypede dyr, vil man kunne direkte selektere de dyrene som har størst potensial. Gevinsten kan enkelt illustreres med hjelp av formelen for genetisk forandring:

$$\Delta_G = \frac{i \times r \times \sigma_G}{L}$$

hvor  $\Delta_G$  er genetisk forandring,  $i$  er seleksjonsintensiteten,  $r$  er sikkerheten på avlsverdien,  $\sigma_G$  er genetisk standardavvik, og  $L$  er generasjonsintervallet. Hvis for eksempel generasjonsintervallet halveres, og man samtidig opprettholder lik sikkerhet og intensitet, vil den genetiske fremgangen doubles.

## Bærekraftig avlsarbeid

Funksjonelle egenskaper som helse og fruktbarhet vektlegges høyt i avlsarbeidet på NRF, hvilket gir et bærekraftig avlsarbeid. Ofte er det vanskelig å oppnå

genetisk fremgang for slike egenskaper, fordi de er vanskelige å måle fenotypisk, har lav arvbarhet, eller begge deler. Genomisk seleksjon kan ha et fortrinn i et bærekraftig avlsarbeid, fordi genomisk seleksjon er mindre avhengig av observasjoner på seleksjonskandidaten. I et bærekraftig avlsarbeid vil også graden av innavl være nøye kontrollert. Med bruk av genomisk seleksjon må man være ekstra nøye med kontroll av innavl, siden antall dyr som selekteres per generasjon kan reduseres.

## Implementering av genomisk seleksjon

Den enkleste formen for implementering av genomisk seleksjon vil være en pre-seleksjon av ungokser. Dette vil ikke gi noen stor økonomisk gevinst, da avkomsgransking fortsatt vil være det dominerende verktøyet i utvelgelsen av eliteokser. Flere alternativer er her mulig, men generelt vil fordelene i dette tilfelle vil være at avlsverdiene til ungoxene vil være bedre enn dagens situasjon, siden alle vil være selektert på bakgrunn av genomiske avlsverdier. Denne enkle formen for implementering vil imidlertid ikke gi full uttelling av genomisk seleksjon.

En annen mulig implementering vil derfor være å avskaffe avkomsgransking, og kun basere seg på genomisk seleksjon av oksekalver. Dette vil være den ultimate form for genomisk seleksjon, og gi full uttelling av metodikken. Dette krever imidlertid at vi fullt ut stoler på de beregnede genomiske avlsverdiene. Tilliten til genomiske avlsverdier krever erfaring med genomisk seleksjon, og vil neppe bli implementert de første 5-10 årene. En avlsplan hvor avkomsgransking er basert på dötrenes prestasjoner som tidligere, men hvor ungokser tilbys basert på genomiske avlsverdier vil gradvis resultere i at vi stoler mer og mer på genomisk seleksjon, og at gradvis de avkomsgranskede oksene blir erstattet med okser som baserer seg på genomiske avlsverdier.

## Konklusjon

Genomisk seleksjon bruker den estimerte effekten av kromosomsegmenter til å predikere en genomisk avlsverdi (GEBV). Fordelen med genomisk seleksjon er muligheter til økt genetisk fremgang, prediksjon av avlsverdier på et tidlig stadium, og mulig reduserte kostnader på lang sikt. Genomisk seleksjon kan også øke seleksjonsmulighetene for funksjonelle egenskaper, hvilket er svært verdifullt i et bærekraftig avlsarbeid.

## Referanser

*Bennewitz, J., Solberg, T.R., Meuwissen, T.H.E., 2008. Genomic breeding value estimation using nonparametric additive regression models. Genet. Sel. Evol., In-press.*

Calus, M.P.L. and Veerkamp, R.F., 2007. Accuracy of breeding values when using and ignoring the polygenic effect in genomic breeding value estimation with a marker density of one SNP per cM. *J. Anim. Breed. Genet.*, 124: 362-368.

Gonzalez-Recio, O., Gianola, D., Long, N., Weigel, K.A., Rosa, G.J.M and Avendano, S., 2008. Nonparametric methods for incorporating genomic information into genetic evaluations: An application to mortality in broilers. *Genetics*, 178: 2305-2313.

Legarra, A., Robert-Granie, C., Manfredi, E. and Elsen, J.M., 2008. Performance of genomic selection in mice. *Genetics*, 180: 611-618.

Solberg, T. R., Sonesson, A. K., Woolliams, J. A. and Meuwissen, T. H. E., 2008a. Genomic selection using different marker types and densities. *J. Anim. Science* 86: 2447-2454.

Solberg, T. R., Sonesson, A. K., Woolliams, J. A. and Meuwissen, T. H. E., 2008b. Reducing dimensionality for prediction of genome-wide breeding values. *Genet. Sel. Evol.*, In-press.