

# Felles referansepopulasjon for beregning av genom-baserte avlsverdier for de nordiske røde rasene

BJØRG HERINGSTAD<sup>1,2</sup>, GUOSHENG SU<sup>3</sup>, MORTEN SVENDSEN<sup>2</sup>, BERNT GULDBRANDTSEN<sup>3</sup>, TRYGVE R. SOLBERG<sup>2</sup> OG MOGENS S. LUND<sup>3</sup>

<sup>1</sup>IHA, UMB, <sup>2</sup>Geno SA, <sup>3</sup>Århus Universitet

## Genombasert avl

I genombasert avl tar en utgangspunkt i en såkalt referansepopulasjon som består av dyr som er genotypa (har genetiske markører = SNP data) og som har opplysninger om egenskapene vi er interessert i (fenotype data). I vårt tilfelle består referansepopulasjonen av avkomsgranska okser som er genotypa. Sammenhengen mellom genetiske markører (SNP) og hver enkelt egenskap beregnes i referansepopulasjonen. Resultatet er verdien av den enkelte SNP og dette brukes for å beregne genombaserte avlsverdier (summen av SNP effektene). På denne måten kan man beregne avlsverdi for dyr uten egne prestasjoner kun ut fra genotype.

## Felles referansepopulasjon

Geno SA og Viking Genetics har etablert en felles referansepopulasjon for NRF og Viking Rød (SRB, RDM og Finsk Ayrshire). Målet er bedre sikkerhet på genombaserte avlsverdier. Felles nordisk referansepopulasjon består av mer enn 7000 avkomsgranska okser, hvorav ca 2800 er NRF og vel 4400 er Viking Rød. Med flere okser i referansepopulasjonen skal en forvente at sikkerheten på de genombaserte avlsverdiene blir bedre. Målet med dette arbeidet var å sammenligne sikkerheten på genombaserte avlsverdier beregnet med bruk av felles og separate (NRF og Viking Rød hver for seg) referansepopulasjoner.

## Analyser

Til disse analysene brukte vi såkalte "deregressede" avlsverdier. Deregressing er en metode for å regne seg tilbake til grunnlaget for avlsverdien (fenotypisk verdi korrigeret for ikke genetiske effekter). Med utgangspunkt i Interbull avlsverdier på henholdsvis norsk og DFS (Danmark, Sverige, Finland) skala ble det med bruk av Mix99 (Standén et al., 2010) beregnet deregressede avlsverdier for utvalgte egenskaper som inngår i samla avlsverdi. Mjølkeproduksjon, helse, fruktbarhet, eksteriør og bruksegenskaper var inkludert. Sammenligninger ble gjort både for enkelt egenskaper (f.eks. ikke-omløp 56 dager) og egenskapsgrupper (f.eks. fruktbarhet). Totalt ble 46.512 SNP markører, fra imputert 25k+54k data (imputert begge veier) (Solberg et al., 2011), brukt i analysene. Genombaserte avlsverdier ble beregnet med gBLUP (Meuwissen et al., 2001).

## Hvor sikre er genombaserte avlsverdier?

Korrelasjonen mellom genombaserte avlsverdier og oksens sanne avlsverdi er et mål på presisjonen eller sikkerheten på de genombaserte avlsverdiene. Det nærmeste vi kommer sann avlsverdi er avlsverdien til avkomsgranska okser. Vi brukte derfor ferdig avkomsgranska okser for å teste sikkerheten. Her ble okser født etter 2001 (3 årganger) brukt for validering (testing), totalt 281 NRF okser og 1035 fra DFS. Fordi ikke alle okser hadde Interbull avlsverdier for alle egenskaper varierte antall okser i referansepopulasjonen litt mellom egenskaper (Heringstad et al., 2011). I gjennomsnitt var felles nordisk referansepopulasjon 60 % større enn for DFS alene, og mer enn dobbelt så stor som for NRF alene.

## Resultater

Tabell 1 viser korrelasjoner mellom genombaserte- og tradisjonelle avlsverdier for noen viktige egenskaper for NRF. Det er relativt god sammenheng for mjølkeproduksjonsegenskaper, med korrelasjoner rundt 0,6, og langt dårligere sikkerhet for fruktbarhet, med korrelasjoner mellom 0,3 og 0,4. Sikkerheten på avlsverdiene for produksjonsegenskapene ble noe bedre med felles referansepopulasjon, mest for proteinavdrått (kg protein). For de lavarvelige egenskapene helse og fruktbarhet ble ikke presisjonen på genombaserte avlsverdier bedre med bruk av felles referansepopulasjon.

Tabell 1. Presisjon på genombaserte avlsverdier for NRF beregnet med norsk og felles nordisk referansepopulasjon. Korrelasjon mellom deregressede avlsverdier og predikerte genombaserte verdier for 281 NRF okser.

Egenskap	Norsk	Felles nordisk
Mjølkeavdrått, kg	0,59	0,61
Protein, kg	0,51	0,61
Fett, kg	0,60	0,65
Celletall	0,58	0,61
Mastitt	0,47	0,44
Ikke-omløp 56 dager, kvige	0,34	0,27
Ikke-omløp 56 dager, ku	0,37	0,34
Intervall kalving – første inseminering	0,31	0,29
Kalvingsintervall	0,35	0,28
<i>Gjennomsnitt</i>	<i>0,46</i>	<i>0,46</i>

Også for DFS ble sikkerheten på avlsverdiene for produksjonsegenskapene noen bedre med felles referansepopulasjon, mens det var liten eller ingen endring for lavarvelige egenskaper som helse, fruktbarhet og kalving (Tabell 2).

Tabell 2. Presisjon for genombaserte avlsverdier for DFS beregnet med DFS og felles nordisk referansepopulasjon. Korrelasjon mellom deregressede avlsverdier og predikerte genombaserte verdier for 1035 Viking Rød okser.

Egenskap	DFS	Felles nordisk
Mjølk, kg	0,58	0,61
Protein, kg	0,57	0,59
Fett, kg	0,66	0,67
Fruktbarhet	0,46	0,46
Jurhelse	0,46	0,47
Kalving	0,32	0,34
Fødsel	0,42	0,44
Bein	0,40	0,41
Jureksteriør	0,51	0,52
Utmjølking	0,51	0,53
Lynne	0,48	0,48
<i>Gjennomsnitt</i>	<i>0,50</i>	<i>0,51</i>

Presisjonen for genombaserte avlsverdier er på samme nivå for NRF og DFS (Tabell 1 og 2), med korrelasjoner rundt 0,6 for mjølkeproduksjonsegenskaper, og lavere korrelasjoner for egenskaper med lavere arvegrad.

Med flere okser i referansepopulasjonen skulle en forvente at sikkerheten på de genombaserte avlsverdiene ble bedre. De foreløpige resultatene viser imidlertid kun marginale forbedringer, med størst utslag for produksjonsegenskaper. For helse og fruktbarhet økte ikke sikkerheten når vi brukte felles nordisk referansepopulasjon. Nyttan av felles referansepopulasjoner har

vært langt større for Holstein, f.eks i EuroGenomics samarbeidet hvor de har funnet at sikkerheten i gjennomsnitt økte med 10 % ved bruk av felles referansepopulasjon (Lund et al., 2011).

Årsaken til at vi finner kun marginale forbedringer er sammensatt. For det første er slektskapet mellom de nordiske røde rasene mindre enn slektskapet mellom ulike Holstein populasjoner. Videre er effektiv populasjonsstørrelse betydelig større for disse rasene, både hver for seg og sammen, noe som gjør genombasert avl mer krevende. For NRF alene er effektiv populasjonsstørrelse rundt 200 (Geno, 2012), mens for Holstein har effektiv populasjonsstørrelse vært beregnet å være i underkant av 50 (Sørensen et al., 2005; Weigel et al., 2001). I tillegg har vi i vår sammenligning inkludert mange egenskaper med lav arvegrad, som helse og fruktbarhet, og disse egenskapene har vist seg å være mer utfordrende også når det gjelder genombasert avl (Luan et al., 2009).

Arbeidet med hvordan vi best kan utnytte en felles nordisk referansepopulasjon for NRF og Viking Rød fortsetter. Resultatene som er vist her er kun en første tilnærming.

## Takk

Vi vil takke Geno og Viking Genetics for tilgang til data, Ulrik Sander Nielsen, Dansk landbruksrådgiving, som leverte deregressed proofs for DFS, Ismo Strandén et al., MTT, Finland for tilgang til å bruke MiX99 for å beregne deregressed proofs for NRF, Cigene, UMB, for genotyping av NRF okser og Harald Grove, Cigene, UMB for imputering av norske data.

## Referanser

- Geno, 2012. Årsmelding 2011. <http://www.geno.no/no/Forsiden/Om-Geno/Arsmelding-og-arsstatistikk/>
- Heringstad, B., G. Su, T.R. Solberg, B. Guldbrandtsen, M. Svendsen, and M.S. Lund. 2011. Genomic predictions based on a joint reference population for Scandinavian red breeds. *Book of abstracts of the 62<sup>nd</sup> Annual meeting of the EAAP*, 29.
- Luan, T., J.A. Woolliams, S. Lien, M. Kent, M. Svendsen, and T.H.E. Meuwissen. 2009. The accuracy of genomic selection in Norwegian Red cattle assessed by cross validation. *Genetics* 183: 1119-1126.
- Lund, M. S., A. P.W. de Roos, A. G de Vries, T. Druet, V. Ducrocq, S. Fritz, F. Guillaume, B. Guldbrandtsen, Z. Liu, R. Reents, C. Schrooten, F. Seefried and G. Su. 2011. A common reference population from four European Holstein populations increases reliability of genomic predictions. *Genetics Selection Evolution*, 43:43  
doi:10.1186/1297-9686-43-43.
- Meuwissen, T.H.E., B.J. Hayes, and M.E. Goddard. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics* 157:1819–1829.
- Solberg, T.R., B. Heringstad, M. Svendsen, H. Grove, and T. H. E. Meuwissen. 2011. Genomic predictions for production- and functional traits in Norwegian Red from BLUP analyses of imputed 54K and 777K SNP data. *Interbull Bulletin no 44*:240-243.
- Strandén, I. 2010. MiX99. Command language interface manual. *Biotechnology and Food Research, Biometrical Genetics, MTT – Agrifood Research Finland, 31600 Jokioinen, Finland.*
- Sørensen, A. C., M. K. Sørensen og P. Berg, 2005. Inbreeding in Danish dairy cattle breeds. *J. Dairy Sci.* 88, 1865-1872.
- Weigel, K. A. 2001. Controlling inbreeding in modern breeding programs. *J. Dairy Sci.* 84(E. Suppl.), 177-184.