



Sveriges lantbruksuniversitet
Swedish University of Agricultural Sciences

Fakulteten för veterinärmedicin och husdjursvetenskap
Institutionen för husdjursgenetik

Genomisk selektion inom köttraser

Stina Blomdahl



Examensarbete / SLU, Institutionen för husdjursgenetik,
460
Uppsala 2015

Examensarbete, 15 hp
– Kandidatarbete
(Litteraturstudie)
Agronomprogrammet–Husdjur



Sveriges lantbruksuniversitet
Swedish University of Agricultural Sciences

Fakulteten för veterinärmedicin och husdjursvetenskap
Institutionen för husdjursgenetik

Genomisk selektion inom köttraser

Genomic selection for Beef cattle

Stina Blomdahl

Handledare:

Anna Johansson, SLU, Institutionen för husdjursgenetik

Examinator:

Erling Strandberg, SLU, Institutionen för husdjursgenetik

Omfattning: 15 hp

Kurstitel: Kandidatarbete i husdjursvetenskap

Kurskod: EX0553

Program: Agronomprogrammet–Husdjur

Nivå: Grund, G2E

Utgivningsort: Uppsala

Utgivningsår: 2015

Omslagsbild: Stina Blomdahl. Boskap släpps ut till bete. Australien

Serienamn, delnr: Examensarbete / SLU, Institutionen för husdjursgenetik, 460

On-line publicering: <http://epsilon.slu.se>

Nyckelord: Genomisk selektion, köttras, avel

Key words: Genomic selection, beef cattle, breeding

Abstract

Genomic selection (GS) is used for selection of breeding animals of dairy cattle. GS is though not as extensively used within the beef industry. One reason for that is the low accuracy (r_{TI}) of the breeding value that is of great importance for the final genetic gain. Causes to the low accuracy are high effective population size, a small reference population and a genetically differentiated population. There is however a market for genomic selection with High Density (HD) tests for beef cattle. It is foremost offered to Black Angus where a HD test of 50 000 markers are used for production traits. GS for beef cattle could be utilised for traits that are expensive or difficult to measure, for example feed efficiency, marbling and tenderness. The big advantage with a well-functioning GS is that it reduces the generation interval and that enhances the final genetic gain.

Sammanfattning

Genomisk selektion (GS) används i dag inom mjölkkoaveln. GS används dock inte lika frekvent inom kötttrasaveln. En anledning till det är låg säkerhet på avelsvärdena vilket i sig har stor betydelse för det slutliga genetiska framsteget. Bidragande orsaker till den låga säkerheten är en liten referenspopulation, hög effektiv populationsstorlek (N_e) och en population som är genetiskt differentierad från de större populationerna i Europa. Utbudet av GS för kötttraser är störst för svart angus, med högdensitetstest med över 50 000 markörer för ett antal produktionsegenskaper. Fördelen med GS är att det minskar generationsintervallet vilket ger ett snabbare genetiskt framsteg. För kötttraser skulle GS kunna användas för produktionsegenskaper som är kostsamma eller svåra att mäta, så som fodereffektivitet, marmorering och mörhet.

Introduktion

En ny selektionsmetod, GS, har utvecklats och som ger exempelvis mjölktraser ytterligare en förbättring av avelsframsteget (Meuwissen et al., 2001; Wensch-Dorendorf et al., 2011). Genomisk selektion används dock inte i dagsläget i någon större omfattning för kötttraser (Hayes, 2013).

I GS används information från djurets genom och avelsvärderingen är inte längre lika beroende av djurens fenotypmätningar (Garrick, 2011). Informationen i genomet utgörs av markörer i djurens deoxiribonukleinsyra (DNA). De markörer som används idag är främst Single Nucleotide Polymorphism (SNP) som är en genetisk variation i form av att ett nukleotidpar till exempel A-T som är utbytt till G-C och som skiljer sig från andra populationers genom. Dessa SNP finns utspridda över hela DNA-strängen (Alberts et al., 2009).

GS utgår från att det finns en kopplingsjämvikt (LD) mellan markör och gen. LD innebär att vissa alleler ofta nedärvs tillsammans på grund av att de befinner sig nära varandra på DNA-strängen. Detta får till följd att även vissa marköralleler och alleler vid loci som styr egenskaper förekommer tillsammans oftare än slumpen. Denna LD finns i hela populationen (Guimarães, 2007). Kopplingsjämvikt kan mätas och ligger sedan till grund för hur bra selektionsmetoden är.

Syftet med denna uppsats är att beskriva varför GS inte används i samma utsträckning inom kötttrasaveln som inom mjölktrasaveln. Arbetet syftar även till att ge en inblick i vad GS är och vilket utbud av genomiska test som finns på marknaden.

MAS utvecklades till GS

Tidigare användes markörstöd selektion (MAS) där man med ett begränsat antal markörer kunde hitta enstaka alleler som representerade viktiga egenskaper hos djuret. Denna

selektionsmodell ger ett extra genetiskt framsteg jämfört med selektion baserad på traditionella avelsvärden. Dock minskar det extra genetiska framsteget med MAS över tid (Hayes et al., 2009). Detta beror på att allelerna som selekterats med hjälp av markörer ökat i frekvens, vilket medför en minskad varians hos de markörmärkta generna (Meuwissen & Goddard, 1996). MAS användning är begränsad då kopplingen måste kartläggas mellan markör och gen för varje familj. Den GS som är aktuell idag är en utvecklad form av MAS där i stället för ett begränsat antal markörer så används ett stort antal markörer, 50 000 SNP eller fler, som täcker hela genomet. Med ett större antal markörer ökar sannolikheten att minst en markör befinner sig nära ett QTL. När en markör och ett QTL befinner sig nära varandra ökar sannolikheten att alleler vid dessa loci nedärvs tillsammans. Detta kallas för kopplingsojämvikt (LD). Denna teknik kan då användas över familjegränser, och i hela populationen till skillnad från MAS (Meuwissen et al., 2001).

GS i jämförelse med traditionell selektion

Vid den traditionella selektionen används ofta avelsvärderingen Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) som skattar ett avelsvärde. BLUP är baserad på en statistisk metod som räknar samman fenotypvärden från djuret själv, avkomman och släktingar. Samtidigt korregerar den bort miljöpåverkan. När en kalv föds får den ett skattat avelsvärde som är baserad på medelvärdet av föräldrarnas avelsvärden (EBV). Detta innebär att alla kalvar som är helsyskon förväntas ha lika alleler till 50 % (Simm, 2000) och får då samma avelsvärden vid födseln oberoende av det mendelska arvet (Hayes et al., 2009). Till skillnad från EBV så tar GS hänsyn till det mendelska arvet. Redan när kalven är född kan DNA-prov tas. Det innebär att kalven får ett avelsvärde vid tidig ålder och kan därför också selekteras tidigt. Detta bidrar till ett kortare generationsintervall vilket bidrar till ett snabbare genetiskt framsteg (Schaeffer, 2006). För djurpopulationer utan avkommeprövning eller fenotypvärden kan GS också ge ett avelsvärde. Detta skulle potentiellt vara användbart i framtiden för utvecklingsländer där registrering och skattningar av traditionella BLUP-värden ännu inte är utvecklat (Montaldo et.al., 2012).

För att BLUP ska kunna beräkna ett korrekt avelsvärde så måste det finnas en genetisk länk mellan besättningarna och den länken byggs upp främst genom artificiell insemination (AI) för boskap (Simm, 2000). I besättningar med kötraser är det vanligt med naturlig betäckning. AI används därför mer frekvent hos mjölktraser jämfört med kötraser (Garrick, 2011). När det inte finns något klarlagt släktskap mellan djuren så minskar säkerheten för BLUP-värderingen. Det genomiska uppskattade avelsvärdet är inte lika beroende av detta och kan därför användas på djur som inte har dessa genetiskt täta länkar mellan sig (Meuwissen, 2007).

Genetiska framsteget

Fördelen med en selektionsmetod mäts genom det uppskattade genetiska framsteget (ΔT). Ett snabbare genetiskt framsteg, ger till exempel högre mjölkavkastning, högre slaktvikt, bättre fodereffektivitet, hälsosammare djur eller mer marmorert kött. Detta beräknas med formeln: $\Delta T = r_{TI} \sigma_A / L$ (Simm, 2000). Varje komponent i formeln påverkar det slutliga genetiska framsteget. Ju högre säkerhet, selektionsintensitet och variation och kortare generationsintervall, desto snabbare blir det genetiska framsteget.

Boskap har en lång tidsperiod fram till könsmognaden. Detta är en av orsakerna till ett långt generationsintervall vilket i sin tur leder till ett långsammare genetiskt framsteg för arten (Simm, 2000). I nuläget är generationsintervallet för charolais och limousine i Europa beräknat till ca 5 år (Bouquet et al., 2011). På grund av artens långa generationsintervall så är GS ett intressant alternativ.

Användning av GS

För att kunna använda GS måste man koppla de genetiska markörerna till en egenskap. Detta görs genom att använda sig av en referenspopulation. En referenspopulation bildas genom att ett stort antal djur väljs ut till att registrera de fenotypiska egenskaperna och dessa individer genotypas även för markörerna (Hayes et al., 2013). En referenspopulation kan exempelvis bestå av avelstjurar av en viss ras som tack vare sin individ- och avkommeprövning har en hög säkerhet på avelsvärdet ("fenotypen") (Garrick, 2011). Alla individer skiljer sig något från varandra, därför måste tillräckligt många djurs genom genotypas för att alla haplotyper ska finnas representerade (Schaeffer, 2006). För att referenspopulationen ska ge tillräckligt bra information för att tillräknas en hög säkerhet till avelsvärdet ska fenotypvärden från flera generationer användas. Därför är det bra om fenotypvärden registreras från både inom och mellan generationer (Muir, 2007). Individerna i referenspopulationen ska ha släktband med de djur som sedan ska avelsvärderas (Habier et al., 2007).

För att GS ska kunna användas måste djuret genotypas. Vid genotypning av ett djur framkommer vilka alleler djuret har, informationen används då för att beräkna ett avelsvärde. Detta avelsvärde kallas för Direkt Genotypiskt Värde (DGV) (pers. meddelande Näsholm, 2013). Man kan också kombinera DGV med EBV, och på så sätt fås ett mer komplett skattat avelsvärde: genomiskt avelsvärde GEBV (Saatchi et al., 2011).

GS kan med fördel användas för många produktionsegenskaper, så som vikt vid 200 dagar, vikt vid 400 dagar, ansatta muskler och marmorering (Pimentel & König, 2012). I en jämförelse mellan selektionsmetoderna GEBV och fenotypmätning med ultraljud visade Pimentel och König (2012) att GEBV gav ett större genetiskt framsteg för egenskapen marmorering. Dock krävdes en säkerhet för GEBV på 0,5. För tillfället ligger säkerheten för rasen angus GEBV på 0,476, se tabell 1.

Vissa egenskaper kan vara svåra, tidskrävande och resurskrävande att registrera (Rolf et al., 2010). Sådana egenskaper kan exempelvis vara effektivitet i foderintag, köttets mörhet (Garrick, 2011) eller mjölmängd. Mjölmängd mäts genom avkommeprövning, vilket är mycket tidskrävande och resulterar i ett långt generationsintervall. Resurskrävande egenskaper för fenotypmätning för köttboskap är exempelvis den individuella fodereffektiviteten (Mujibi et al, 2011a). GS kan även användas för egenskaper med låg arvbarhet (Muir, 2007).

DGV kan skattas genom olika statistiska metoder exempelvis LS, SNP-BLUP, Bayes-A, Bayes-B. De olika metoderna skattar effekten av SNP. Metoderna utgår från olika uppfattningar om hur många QTL som finns och deras effekt (Meuwissen, 2007). De olika statistiska metoderna ger ofta varierande resultat. Metoden Bayes-B är enligt Meuwissen (2007), och Habier et al. (2007), den metod som ligger närmast det sanna avelsvärdet.

Säkerhet

Säkerheten kan anges som, r^2 eller r_{TI} , där $r_{TI}=r$. De är mått som används för att beskriva säkerheten i avelsvärdet och är ett uttryck för korrelationen mellan det sanna avelsvärdet och det skattade avelsvärdet (Meuwissen et al., 2001). Säkerheten är ett mått mellan 0 och 1 (pers. meddelande Näsholm, 2013). I en översiktsartikel av Hayes et al. (2013) skriver de att GS inte används i samma utsträckning för köttboskap som för mjölkkor. Detta beror enligt författarna på att avelsvärdets säkerhet för egenskaperna har varit låg (Hayes et al, 2013; Saatchi et al., 2011). Den låga säkerheten beror på att inom köttdjursuppfödningen finns det ett stort antal raser, vilket ger små referenspopulationer, till skillnad från mjölkornas större referenspopulationer (Hayes et al., 2013). Saatchi et al. (2011) säger också att den mindre användningen av AI inom köttboskap är en bidragande orsak till den låga säkerheten. Nedan i tabell 1 och 2 finns beräknade säkerheter för DGV för olika egenskaper hos köttträs. I tabell 3

finns beräknade säkerheter för DGV för olika egenskaper hos mjölkkor. Säkerheten för kötttrasernas avelsvärde, tabell 1, är lägre jämfört med säkerheten för nordamerikansk holstein, tabell 3. Dock är säkerhetsvärdena för svensk röd och vit boskap (SRB) betydligt lägre jämfört med nordamerikansk holstein och är jämförbara med de låga säkerheterna för köttboskapens avelsvärde. Trots detta används GS för SRB (Viking Genetics, 2015). För rasen SRB har säkerheten kunnat ökas genom att bilda en större referenspopulation tillsammans med andra nordiska länder (Brøndum et al., 2011; Rius-Vilarrasa, 2012). Detta visade sig inte vara möjligt för kötttraser. I en studie av Saatchi et al. (2013) så visar de att avelsvärdets säkerhet inte ökar med en gemensam referenspopulation från amerikansk, argentinsk och kanadensisk Hereford till skillnad från en referenspopulation med endast amerikansk Hereford. Detta kan bero på att populationerna är genetiskt differentierade från varandra och att de olika populationerna inte längre har samma LD (de Roos et al., 2008).

Tabell 1. Säkerhetsvärden för DGV (r^2) och arvbarhetsvärden (h^2) för rasen angus (modifierad från Saatchi et al., 2011)

Egenskaper	r^2	h^2
Födelsevikt (kg)	0,307	0,42
Direkt kalvningsförmåga (%)	0,238	0,18
Maternell kalvningsförmåga (%)	0,173	0,12
Slaktkroppsvikt (kg)	0,221	0,40
Foglighet/ temperament (%)	0,048	0,37
Fettlagrets tjocklek (mm)	0,364	0,34
Dräktighets andel för kviga (%)	0,072	0,13
Marmorering (enheter)	0,476	0,45
Maternell kalvningsvikt, avvänjning (kg)	0,101	0,14
Mankhöjd i vuxen ålder (mm)	0,129	0,82
Vikt vid vuxen ålder (kg)	0,097	0,55
Musklighet/ansatta muskler vid revben (mm ²)	0,361	0,51
Testikelomkrets (mm)	0,237	0,43
Kalvningsvikt (kg)	0,110	0,20
Mankhöjd vid ett år (mm)	0,331	
Vikt vid ett år (kg)	0,127	

Tabell 2. Egenskapsspecifika säkerhetsvärden som visas som en korrelation mellan GEBV och egenskapsfenotyper. \pm SE= standardfel. Modifierad tabell från Mujibi et al. (2011b)

Metod	Ras	ADG	DMI	RFI
Bayes-B	angus	0,25 \pm 0,05	0,33 \pm 0,07	0,55 \pm 0,04
	charolais	0,28 \pm 0,13	0,20 \pm 0,10	0,30 \pm 0,12
	hybrid	0,35 \pm 0,10	0,261 \pm 0,08	0,45 \pm 0,08
RR-BLUP	angus	0,36 \pm 0,11	0,51 \pm 0,04	0,54 \pm 0,04
	charolais	0,45 \pm 0,13	0,32 \pm 0,17	0,31 \pm 0,08
	hybrid	0,51 \pm 0,08	0,495 \pm 0,08	0,53 \pm 0,09

Bayes-B= statistisk metod för att uppskatta avelsvärde. RR-BLUP= Slumpmässig Regressions BLUP. RFI= residualfoderintag. ADG= daglig medeltillväxt. DMI= torrsustansintag per dag. angus=stutar, avkomma från angustjurar. charolais= stutar, avkomma från charolaistjurar. hybrid= stutar, avkomma från blandrastjurar.

Tabell 3. Säkerhetsvärden för SRB i Sverige och SRB gemensamt i Norden (Brøndum et al., 2011). Säkerheter och arvbarheter för nordamerikansk holstein (VanRaden et al., 2009)

Egenskap	r^2		h^2	
	SRB i Sverige	SRB Norden	Nordamerikansk holstein	Nordamerikansk holstein
Mjölk-avkastning	0,14	0,27	0,49	0,30
Fett-avkastning	0,12	0,34	0,44	0,30
Fett %			0,63	0,50
Protein-avkastning	0,11	0,22	0,47	0,30
Protein %			0,58	0,50
Avkastnings-index	0,11	0,23		
Juverhälsa	0,19	0,28		0,12
Fertilitet	0,18	0,26		
Dräktighets % dotter			0,29	0,04
Andra sjukdomar	0,28	0,43		
Livslängd	0,07	0,15	0,27	
SCC			0,38	
Kalvning direkt	0,18	0,32		
Maternell kalvning	0,04	0,26		0,06
Paternell kalvning			0,22	0,09
kropp	0,30	0,55	0,50	
Klövar och ben	0,32	0,31		
Juverform	0,21	0,38	0,28	
Mjölklarhet	0,19	0,29		
temperament	0,31	0,33		
Nordiskt totalindex	0,16	0,19		
Tillväxt	0,31	0,32		

Referenspopulation

Som tidigare nämnts ska djuren som avelsvärderas med GS ha släktband med individerna som utgör referenspopulationen (Habier et al., 2007). Detta kan vara ett problem för populationer som blivit genetiskt avskärmade från resten av rasen. Den svenska populationen av rasen charolais är ett exempel. Det franska genetiska bidraget till den svenska populationen har sjunkit från 80 % till 38 % för djur födda 1989 till 2008 och det danska genetiska tillskottet har sjunkit från 15 % från 1990 till 10 % 2008. Istället har de svenska besättningarna influerats av genetiskt material från Nordamerika. Tillskottet av genetiskt material 2008 uppgick till 49 % från Nordamerika. Till skillnad från Sverige har Frankrike, mellan 1989 och 2008, fortsatt använt sig uteslutande av avelsmaterial från franska besättningar (Bouquet et al., 2011). Detta ger en differentierad genetisk bakgrund i populationerna mellan Sverige och

Frankrike. Det leder i sin tur till försämrade möjligheter för charolaispopulationen i Sverige att använda sig av Frankrikes referenspopulation som grund för GS. Liknande problematik finns även i Latinamerika, där köttuppfödningen utgörs av många små raser och där populationerna influerats av avelsmaterial från Europa, Nordamerika och andra delar av världen. Med små raser där den genetiska strukturen differentierats från de huvudsakliga raserna i Europa och Nordamerika, blir referenspopulationerna små, vilket leder till låga säkerheter för DGV (Montaldo et al., 2012).

Vilken storlek som behövs på referenspopulationen styrs bland annat av vilken säkerhet för DGV man eftersträvar. Pimentel och König (2012) kunde konstatera att för ett stigande värde på säkerheten för egenskaperna (vikt vid 200, vikt vid 400 dagar, muskelansättning, marmorering) krävdes ett stigande antal djur i referenspopulationen. För att uppnå en säkerhet på 0,5 för avelsvärdet för marmorering krävdes 473 individer i referenspopulationen. För att uppnå en säkerhet av 0,8 krävdes 2524 individer, och för säkerheten 0,9 krävdes 6052 djur. Detta gällde under förutsättningarna att N_e är 100, och att genömlängden är 30 Morgan (Pimentel & König, 2012). Det kan vara svårt att skapa en tillräckligt stor referenspopulation för en ras med få individer (Erbe et al., 2012). I Sverige 2012 föddes 886 anguskalvar, och 3799 charolaiskalvar (Växa, 2015).

I USA prövades möjligheten att låta flera köttraser utgöra en större gemensam referenspopulation. Två olika referenspopulationer användes, den första där djurmaterialet kom från 3358 individer från 14 olika köttraser och två blandraskorsningar. Den andra referenspopulationen bestod av 1834 avelstjurar från 13 köttraser. Säkerheten ökade dock inte med en gemensam referenspopulation jämfört med de säkerheter som beräknades för enskilda köttraser (Weber et al., 2012). För att en referenspopulation över rasgränserna skall fungera krävs bland annat att liknande QTL markörer finns hos de raser som ingår i referenspopulationen (Erbe et al., 2012).

Effektiv populationsstorlek

Effektiv populationsstorlek (N_e) beskriver den genetiska diversiteten i en population. När inavelsgraden i en population ökar så minskar N_e (Bouquet et al., 2011).

Holsteinrasen som används för mjölkproduktion har en effektiv populationsstorlek på 66 individer (FAO, 2014). Köttraser i Europa har ett högre N_e , till exempel har irländska charolais ett N_e på 244 individer och den franska rasen limousine ett N_e på 2459 individer (Bouquet et al, 2011). Med en större effektiv populationsstorlek är djuren mindre besläktade med varandra. N_e påverkar säkerheten för DGV genom att den minskar när N_e ökar (Saatchi et al., 2011). Detta kan bero på att mindre genomisk variation bland föräldradjuren bidrar till färre rekombinationstillfällen (pers. meddelande Fikse, 2012).

Arvbarhet

Arvbarhet (h^2) är andelen av föräldrarnas överlägsenhet (dvs avvikelse från medelvärdet) i en egenskap som i medel nedärvs till avkomman (Simm, 2000). För att man ska kunna avla på en egenskap så ska egenskapen ha en h^2 och en genetisk variation av egenskapen måste finnas i populationen. Vid traditionell avelsvärdering, BLUP, påverkar h^2 säkerheten. När arvbarheten ökar så ökar även säkerheten för avelsvärdet (Simm, 2000).

Fodereffektivitet är inte bara en dyr egenskap att registrera, den har en varierande och delvis låg h^2 beroende på ras. För fodereffektiviteten var h^2 0,16 för Hereford i Storbritannien (Herd & Bishop, 2000) och 0,43 för rasen charolais i Frankrike (Arthur et al, 2001).

Vid en jämförelse mellan h^2 för produktionsegenskaper för angus (tabell 1) och amerikansk holstein (tabell 3) kan ingen större skillnad hittas. Bland annat är h^2 för holsteins produktionsegenskaper (mjölkavkastning, fettavkastning, fettprocent, proteinavkastning och

proteinprocent) i samma storlek som h^2 för angus produktionsegenskaper (födelsevikt, slaktkroppsvikt, foglighet/ temperament, fettlagrets tjocklek, marmorering, mankhöjd i vuxen ålder). Detta ger indikationer på att andra variabler än h^2 har resulterat i de låga säkerhetsvärdena för köttboskap.

Försämrad säkerhet över tid

Det sker nya rekombinationer och mutationer i varje generation (Simm, 2000). Detta bidrar till en minskad säkerhet för varje generation. Habier et al. (2007) kom fram till att minskningen i säkerhet per generation var 0,0031, 0,0042, 0,0037 och 0,0034 enheter för de olika metoderna LS, BLUP, Bayes-B1 och Bayes-B2. Dessa siffror ger en indikation på hur stor minskningen av säkerheten kan vara per generation. Vidare hävdar Habier et al. (2007) att minskningen i säkerheten är proportionerlig mot rekombinationsfrekvensen mellan markör och QTL. Rekombinationsfrekvensen styrs i sin tur av avståndet mellan markör och QTL där ett större avstånd mellan markör och QTL ger en större rekombinationsfrekvens. Därför ger en högre rekombinationsfrekvens en snabbare minskning av säkerheten. Om säkerheten försämras så måste en genotypning göras för en ny referenspopulation.

Tillgång på genomiska test på marknaden

Det internationella företaget Zoetis (Pfizer), erbjuder olika genomiska tester på marknaden med varierande antal SNP. Högdensitetstestet "HD 50K for Black Angus" med 50 000 SNP finns att tillgå för följande egenskaper för rasen svart angus: födelsevikt, vikt vid avvänjning (direkt), vikt vid avvänjning (maternell), kalvningssvårighet (direkt), kalvningssvårighet hos döttrar, marmorering, fettdjup vid revbenen, muskler vid revbenen, slaktkroppsvikt, mörhet, daglig tillväxt efter avvänjning, dagligt torrsustansintag och fodereffektivitet. Testet används för att ta fram ett genomiskt förbättrat EBV-värde (Zoetis, 2013a). Ett liknande test "HD 50K for red Angus" finns att tillgå för egenskaperna: kalvningssvårighet (direkt), födelsevikt, vikt vid avvänjning, årsvikt, mjölkningförmåga, maternell kalvningssvårighet, marmoreringspoäng, slaktvikt, ansatta muskler vid revben, fettdjup, mörhet, foderintag och residualfoderintag (Zoetis, 2013b). Det finns även ett test som kallas "HD 50K test global", för anguspopulationer med starka släktband till svart och röd angus i USA. "HD 50K global" testar för 18 egenskaper som är relaterade till kalvningssvårighet, tillväxt, storlek vid vuxen ålder, effektivitet, maternell produktivitet, temperament, slaktkroppsutbyte och köttkvalité. Ett DGV beräknas baserat på genomtestet. Ett ekonomiskt selektionsindex erbjuds för att underlätta selektionen för ett flertal egenskaper samtidigt. Dessa egenskaper är tillväxt, effektivitet och slaktkroppsegenskaper (Zoetis, 2013d). Företaget hänvisar inte till någon publicerad vetenskaplig studie angående referenspopulation eller säkerhetsvärden för GEBV men skriver att referenspopulationen för "HD 50 global" kommer från 1317 djur. Dessa djur kommer från Nordamerika, Australien, Nya Zeeland, Storbritannien och Sydamerika och gäller för egenskaper hos djur i intensiv slutuppfödning (Zoetis, 2013c; Zoetis, 2013d).

Företaget Genemax erbjuder ett avelsvärdessystem, "GMX-Score", där ett poängsystem används för att väga ihop egenskaperna marmorering och tillväxt för att möjliggöra selektion av båda egenskaperna samtidigt. Testet är riktat till användning för selektion av kvigor. (Cabpartners, 2013a). Genemax erbjuder testet "Sire match" då faderskapet testas och den mest troliga tjuren till avkomman redovisas (Cabpartners, 2015). Detta test kräver dock att tjuren DNA-testats med "Pfizer Animal Health HD 50K" och är registrerad hos American Angus Association (Cabpartners, 2013b). Företaget refererar inte till några vetenskapliga artiklar för aktuell referenspopulation eller säkerhetsvärden (Cabpartners, 2013c).

Företaget Neogen (före detta Geneseek) erbjuder ett flertal tester grundade på genetiska analyser för svart angus. I testerna används fler än 140 000 SNP. De produktionsegenskaper

och sjukdomar som testas är: residualfoderintag, dagligt foderintag, mörhet, marmorering, kvalitetsbedömning, avkastning, fettlagrets tjocklek, muskler vid revben, kvigans dräktighetsprocent, stabilitet, kalvningssvårighet, foglighet, myostatin, pälsfärg, kullighet, faderskapstest, persistent infektion av bovint diarrévirus (BVD) och ett antal genetiska defekter. Företaget refererar inte till några vetenskapliga artiklar för aktuell referenspopulation eller säkerhetsvärden (Neogen, 2013).

Diskussion

Vid en jämförelse av säkerheten för produktionsegenskapernas avelsvärden mellan köttdjur och holstein (tabell 1 och 3) kan en påtaglig skillnad ses mellan värdena. Säkerhetsvärdena för nordamerikansk holstein är högre än säkerhetsvärdena för köttjurens avelsvärde, och detta kan vara en orsak till varför GS används med framgång hos mjölkkraser som holstein men inte hos köttraser.

Det är troligt att mindre användning av AI bidrar till den lägre säkerheten för ett GEBV för köttboskap (Saatchi et al., 2011). Enligt Goddard, (2008) påverkar h^2 säkerheten. Dock kan inga skillnader för h^2 mellan nordamerikansk holstein och angus (ses i tabell 1 och 3) och därför kan inte en lägre h^2 anges som orsak till den lägre säkerheten för köttboskapens avelsvärde.

N_e skiljer sig markant mellan amerikansk holstein och till exempel fransk limousine. Då säkerheten minskar när djuren är mindre besläktade med varandra (Saatchi et al., 2011) så är det troligt att säkerheten för GS kommer att vara lägre för raser som limousine i Frankrike på grund av att djuren inom denna population är mindre besläktade med varandra. Eftersom N_e påverkar säkerheten (Saatchi et al., 2011) så skulle det vara av intresse att veta vad N_e är inom den population av köttraser som GS ska användas för, exempelvis de svenska köttraspopulationerna.

För att uppnå en högre säkerhet krävs ett större antal individer i referenspopulationen enligt Pimentel & König (2012) och eftersom de svenska köttraspopulationerna är små (Växa, 2015) skulle det bli svårt för svenska köttraspopulationer att bilda tillräckligt stora referenspopulationer.

Brøndum et al. (2011) och Rius-Vilarrasa (2012) visar att det går att lägga samman två eller flera referenspopulationer och därigenom få ett högre värde på säkerheten. Detta fungerade dock inte för köttrasen hereford (Saatchi et al., 2013), inte heller i ett försök med blandrastjurar av olika köttraser (Weber et al., 2012). De Roos et al. (2008) visar att alltför genetiskt differentierade populationer inte delar samma LD. Detta skulle kunna vara en orsak till de låga säkerheterna för gemensamma referenspopulationer inom köttboskap.

Marknadsutbudet av GS kan vara svårt att tyda, då det inte står helt klart vilka köttraser GS kan erbjudas till. Dock tycks utbudet på marknaden av GS vara störst för köttrasen angus, och då främst för svart angus. Vad detta beror på framgår inte ur insamlad fakta. Företagen som säljer testerna refererar inte till några vetenskapligt beräknande säkerheter för det genomiska avelsvärdet. Det finns heller ingen vetenskapligt grundad information om storlek, ras eller ursprung på referenspopulationerna som använts för utformandet av de genetiska testerna. Dessa sammantagna brister i vetenskapliga fakta ger en låg trovärdighet till dessa GS-tester och därmed kan framsteget med hjälp av dessa tester inte betraktas som pålitliga.

Ingen avsevärd skillnad på säkerheterna går att se mellan angus och andra köttraser från tabell 2. Därför kan en höjd säkerhet för avelsvärden för angus inte ses som en orsak till att GS erbjuds främst för angus.

Slutsats

GS används inte i dagsläget i någon större omfattning på grund av för låga säkerhetsvärden på köttrasernas avelsvärden. Bidragande orsaker till detta är en liten referenspopulation, mindre användning av AI, genetisk differentiering mellan köttraser och hög effektiv populationsstorlek. Dessa säkerhetsvärden har inte hittills kunnat förbättras genom en gemensam referenspopulation med andra köttraser. GS kan därför troligen inte användas med framgång inom köttrasaveln innan dessa säkerhetsvärden förbättrats.

Referenser

- Alberts, B., Bray, D., Hopkin, K., Johnson, A.D., Lewis, J. 2009. Essential cell biology. 3 ed. 320, 678. New York & London.
- Arthur, P.F., Renand, G., Krauss, D. 2001. Genetic and phenotypic relationships among different measures of growth and feed efficiency in young Charolais bulls 68, 131-139.
- Bouquet, A., Venot, E., Laloë, D., Forabosco, F., Fogh, A., Pabiou, T., Moore, K., Eriksson, J.-Å., Renard, G., Phocas, F. 2011. Genetic structure of the European Charolais and limousin cattle metapopulations using pedigree analysis. *Journal of animal science* 89, 1719-1730.
- Brøndum, R.F., Rius-Vilarrasa, E., Strandén, I., Guldbandsen, B., Fikse, W.F., Lund, M.S. 2011. Reabilities of genomic prediction using combined reference data of the Nordic Red dairy cattle populations. *Journal of dairy Science* 94, 4700-4707.
- Cabpartners. 2013a. <http://www.cabpartners.com/genemax/results.php>. Åtkomst, juli.
- Cabpartners. 2013b. <http://www.cabpartners.com/genemax/index.php>. Åtkomst, maj.
- Cabpartners. 2013c. <http://www.genomexchange.com/ranches>. Åtkomst, juli.
- Cabpartners. 2015d. <http://www.cabpartners.com/genemax/strategies.php>. Åtkomst, januari.
- De Roos, A.P.W., Hayes, B.J., Spelman, R.J. & Goddard, M.E. 2008. Linkage Disequilibrium and Persistence of Phase in Holstein-Friesian, Jersey and Angus Cattle. *Genetics* 179, 1503-1512.
- Fikse, F. 2012. Personligt meddelande. Forskningsledare, Sveriges Lantbruksuniversitet.
- Food and Agriculture Organisation of the United Nations (FAO) 2014. <http://www.fao.org/docrep/x5305e/x5305e05.htm>. Åtkomst, april.
- Erbe, M., Hayes, B.J., Matukumalli, L.K., Goswami, S., Bowman, P.J., Reich, C.M., Mason, B.A., Goddard M.E. 2012. Improving accuracy of genomic predictions within and between dairy cattle breeds with imputed high-density single nucleotide polymorphism panels. *Journal of Dairy Science* 95, 4114-4129.
- Garrick, D.J. 2011. The nature, scope and impact of genomic prediction in beef cattle in the United States. *Genetics Selection Evolution* 43, 11.
- Goddard, M. 2008. Genomic selection: Prediction of accuracy and maximization of long term response. *Genetica* 136, 245-57.
- Guimarães, E.P., Ruane, J., Scherf, B. D., Sonnino, A., & Dargie, J.D. 2007. Marker-assisted selection - an overview of the issues. Current status and future perspectives in crops, livestock, forestry and fish. Food and agriculture organization of the United Nations. Rome.
- Habier, D., Fernando, R.L., Dekkers, J.C.M. 2007. The impact of genetic relationship information on Genome-Assisted Breeding Values. *Genetics* 177, 2389-2397.
- Hayes, B.J., Bowman, P.J., Chamberlain, A.J., Goddard, M.E. 2009. Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. *Journal of Dairy Science* 92, 433-443.
- Hayes, B.J., Lewin, H.A., Goddard, M.E. 2013. The future of livestock breeding: genomic selection for efficiency, reduced emissions intensity, and adaptation. *Trends in Genetics* 29, 206-214.

- Herd, R.M., Bishop, S.C., 2000. Genetic variation in residual feed intake and its association with other production traits in British Hereford cattle. *Livestock Production Science* 63, 111-119.
- Meuwissen, T.H.E. 2007. Genomic selection: marker assisted selection on a genome wide scale. *Journal of Animal Breeding Genetics* 124, 321-322.
- Meuwissen, T.H.E., Goddard, M.E. 1996. The use of marker haplotypes in animal breeding schemes. *Genetics Selection Evolution* 28, 161-176.
- Meuwissen, T. H. E., Hayes, B.J., Goddard, M.E. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. *Genetics* 157, 1819–1829.
- Montaldo, H.H, Casas, E., Ferraz, J.B.S., Vega-Murillo, V.E., Román-Ponce, S.I. 2012. Opportunities and challenges from the use of genomic selection for beef cattle breeding in Latin America. *Animal Frontiers* 2:1, 23-29.
- Muir, W.M. 2007. Comparison of genomic and traditional BLUP-estimated breeding value accuracy and selection response under alternative trait and genomic parameters. *Journal of Animal Breeding Genetics* 124, 342–355.
- Mujibi, F.D.N., Nkrumah, J.D., Durunna, O.N., Grant, J.R., Mah, J., Wang, Z., Basarab, J., Plastow, G. Cres, D.H., Moore, S.S. 2011a. Associations of marker panel scores with feed intake and efficiency traits in beef cattle using preselected single nucleotide polymorphisms. *Journal of Animal Science* 89, 3362-3371.
- Mujibi, F.D.N., Nkrumah, J.D., Durunna, O.N., Stothard, P., Mah, J., Wang, Z., Basarab, J., Plastow, G., Crews, D.H., Moore, S.S. 2011b. Accuracy of genomic breeding values for residual feed intake in crossbred beef cattle. *Journal of Animal Science* 89, 3353-3361.
- Neogen, 2013. <http://www.neogen.com/Genomics/pdf/Catalogs/GenomicsSolutionsBrochure.pdf>. Åtkomst, december.
- Näsholm, A., 2013. Personligt meddelande, maj 2013.
- Pimentel, E.C.G, König, S. 2012. Genomic selection for the improvement of meat quality in beef. *Journal of Animal Science* 90, 3418-3426.
- Rius-Vilarrasa, E., Brøndum, R.F. Strandén, I., Guldbandsen, B., Strandberg E., Lund, M.S., Fikse, W.F. 2012. Influence of model specifications on the reliabilities of genomic prediction in a Swedish–Finnish red breed cattle population. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 129, 369-379.
- Rolf, M.M., Taylor, J.F., Schnabel, R.D., McKay, S.D., McClure, M.C., Northcutt, S.L., Kerley, M.S., Weaber, R.L. 2010. Impact of reduced marker set estimation of genomic relationship matrices on genomic selection for feed efficiency in Angus cattle. *BMC genetics* 11, 24
- Saatchi, M., McClure, M.C., McKay, S.D., Rolf, M.M., Kim, J.-W., Decker, J.E., Taxis, T.M., Chapple, R.H., Ramey, H.R., Northcutt, S.L., Bauck, S., Woodward, B., Dekkers, J. C.M., Fernando, R.L., Schnabel, R.D., Garrick D.J., Taylor, J.F. 2011. Accuracies of genomic breeding values in American Angus beef cattle using K-means clustering for cross-validation. *Genetics Selection Evolution* 43, 40.
- Saatchi, M., Ward, J., Garrick, D. J. 2013. Accuracies of direct genomic breeding values in Hereford beef cattle using national or international training populations. *Journal of Animal Science* 91, 1538-1551.
- Schaeffer, L.R. 2006. Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 123, 218-223.
- Simm, G. 2000. *Genetic Improvement of Cattle and Sheep*. 1-433. CABI publishing. Oxfordshire, UK.
- Van Raden, P.M., Van Tassell, C.P., Wiggans, G.R., Sonstegard, T.S., Schnabel, R.D., Taylor, J.F., Shenkel, F.S. 2009. Reliability of genomic predictions for North American Holstein bulls. *Journal of Dairy Science* 92, 16-24.
- Viking Genetics. 2015. <http://www.vikinggenetics.se/om-oss/produktblad02>. Åtkomst januari.

Växa. 2015. Husdjursstatistik 2013.

<http://www.taurus.mu/sitebase/default.aspx?idnr=ZcahouDCBIPHcdzq17EKYfs9GTa6KkFtbF26BCXT2LeBQ6iNpFibuNbPlei>. Åtkomst, januari.

Weber, K.L., Thallman, R.M., Keele, J.W., Snelling, W.M., Bennett, G.L., Smith, T.P.L., McDanel, T.G., Allan, M.F., Van Eenennaam, A.L., Kuehn, L.A. 2012. Accuracy of genomic breeding values in multibreed beef cattle populations derive from deregressed breeding values and phenotypes. *Journal of Animal Science* 90, 4177-4190.

Wensch-Dorendorf, M., Yin, T., Swalve, H.H., König, S. 2011. Optimal strategies for the use of genomic selection in dairy cattle breeding programs. *Journal of Dairy Science* 94, 4140–4151.

Zoetis. 2013a. <https://online.zoetis.com/US/EN/Products/Pages/HD50K%20for%20Angus.aspx>. Åtkomst, juli.

Zoetis. 2013b.

https://online.zoetis.com/US/EN/Products/PublishingImages/Genetics%20Images/HD50K_RedAngus_SS_PAGG1078_LR.PDF. Åtkomst, juli.

Zoetis. 2013c. <https://online.zoetis.com/US/EN/Products/Pages/HD50KGlobal.aspx>. Åtkomst, juli.

Zoetis. 2013d.

https://online.zoetis.com/US/EN/Products/PublishingImages/Genetics%20Images/Tech_Summary_PAGG1082_09042012.pdf. Åtkoms, juli.