

Genomisk seleksjon

- hvordan vil det påvirke avlsframgangen og det praktiske avlsarbeidet på sau?

Thor Blichfeldt og Jette Jakobsen, Norsk Sau og Geit

NSG er nå inne i det 4. og siste året i prosjektet som skal etablere genomisk seleksjon i avlsarbeidet på Norsk Kvit Sau. Første april 2020 skal Avlsrådet for sau i NSG beslutte om vi skal ta i bruk geninformasjon i beregning av avlsverdiene (indeksene), og hvordan vi i så fall best tilpasser det praktiske avlsopplegget slik at vi får mest mulig igjen for det nye avlstillaket.

I skrivende stund (slutten av januar) er vi ikke ferdige med utredningene, men hovedkonklusjonen vår er klar: Vi bør ta i bruk genomisk seleksjon, da det vil øke avlsframgangen for søyeegenskapene vesentlig, og det vil gi oss mulighet til å ta inn nye, viktige egenskaper i avlsarbeidet.

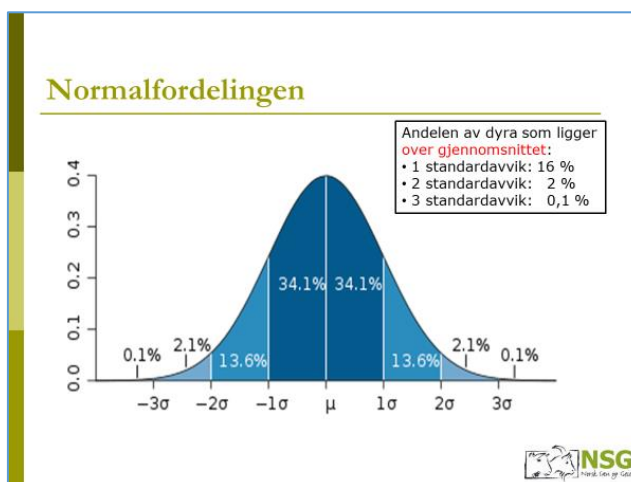
1 Grunnleggende genetikk

Arvestoffet på sau (DNA) er fordelt på 54 kromosomer (27 par). Det ene kromosomet i paret kommer fra mor med eggcella, og den andre kromosomet kommer fra far med sædcella.

På hvert kromosom finner vi mange gener som koder for proteiner. Mutasjoner innen det enkelte genet gjør at det produseres ulike varianter av et protein, eller proteinet produseres ikke i det hele tatt. De ulike proteinvariantene resulterer i det vi kaller den arvelige variasjonen for en egenskap.

Noen egenskaper er bestemt ut fra variasjonen i ett enkelt gen, for eksempel hvit eller ikke-hvit (svart/brun) ull. Vi sier da at egenskapen har en enkel nedarving, og vi refererer ofte til Mendel som var den første som beskrev dette (Mendelsk nedarving).

De fleste av egenskapene av betydning for avlsarbeidet på sau er regulert av mange gener, der det enkelte genet har relativt liten innvirkning på egenskapen. Eksempel på en slik egenskap er tilvekst som påvirkes av appetitten, fordøyelsen, muskeloppbyggingen osv. Hver av disse egenskapsgruppene påvirkes igjen av mange ulike gener. Måler vi mange dyr for en slik egenskap vil den vanligvis være normalfordelt, med de fleste rundt gjennomsnittet, og med få som er veldig gode eller veldig dårlige.



2 Avlsmessig framgang

Formålet med avlsarbeidet er å skape avlsframgang. Avlsframgang har vi når den nye årgangen er bedre enn den forrige.

Formelen for avlsmessig framgang i en populasjon, for eksempel NKS-populasjonen i væreringene, består av 4 ledd:

1. Den genetiske variasjonen (G)
2. Seleksjonsintensiteten (I)
3. Sikkerheten i utvalget (S)
4. Generasjonsintervallets lengde (L)

Den årlige framgangen beregnes ved følgende formel: $(G * I * S) / L$

Jo større genetisk variasjon vi har (G), jo mer intenst vi klarer å selekere (I) og jo større sikkerhet vi har (S), jo større blir framgangen per år.

Generasjonsintervallets lengde (L) har motsatt effekt: Stiger generasjonsintervallet synker framgangen per år.

2.1 Den genetiske variasjonen

Uten genetisk variasjon får vi ingen avlsmessig framgang. I dette foredraget forutsetter vi at vi har god genetisk variasjon, og at den er konstant.

2.2 Seleksjonsintensiteten

Skal vi få til avlsmessig framgang må vi finne de beste avlsdyra og la dem bli foreldre til neste generasjon. Jo strengere vi kan være i utvalget (større seleksjonsintensitet), jo større blir avlsframgangen.

Seleksjonen foregår på ulike stadier i produksjonen:

- Saueholderen velger de ut 30 % beste søyelammene i besetningen til å bli livlam.
- Væreringen velger de 5 % beste blant ringmedlemmenes værlam for å bruke dem som høstens prøveværer (0,5 år gamle)
- Væreringen velger de 25 % beste av de avkomsgranskede prøveværene for å bruke dem som eliteværer i ringen (1,5 år gamle)
- NSG velger ut de 2 % beste av de avkomsgranskede eliteværene for å sette dem inn i semin (2,5 år gamle)

I husdyravlen er hanndyrseleksjonen alltid mye sterkere enn hunddyrseleksjonen, og værene betyr derfor mye mer for avlsframgangen enn søyene.

2.3 Sikkerheten

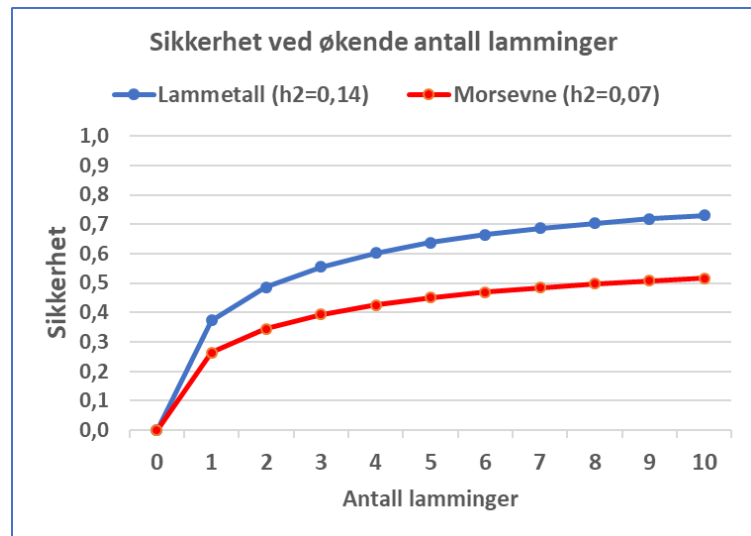
Vi velger de beste ut fra den kunnskapen vi har om dyra på seleksjonstidspunktet. Kan vi være 100 % sikre på at dyra vi har valgt ut, er de beste? Nei, slettes ikke! Årsaken til det er at seleksjonskriteriet, forhåpentligvis den beregnede O-indeksen, er beheftet med usikkerhet. Den beregnede indeksen kan være lik den sanne avlsverdien, men den sanne avlsverdien kan også være høyere eller lavere.

Sikkerheten i utvalget beregnes som ett tall som ligger mellom 0,0 (rein tipping) og 1,0 (100 % sikkert).

For å beregne avlsverdier (indekser) for dyra trenger vi informasjon om dyrets egne prestasjoner (fenotype) og/eller slektningenes prestasjoner. Informasjonen fra nære slektninger er mer verdifull enn informasjon fra fjernere slektninger (helsøster betyr mer enn halvsøster osv.)

Figuren viser hvordan sikkerheten for egenskapen lammetall (arvegrad 0,14) og egenskapen morsevne (arvegrad 0,07) øker etter hvert som søya får flere kull. Vi har her forutsatt at vi ikke vet hvem som er mor eller far til søya, og vi har ingen slektninger som bidrar til å øke sikkerheten.

Sikkerheten starter på 0 før søya har lammet første gang. Etter ett kull er sikkerheten 0,37 for lammetall og 0,27 for morsevne, og etter tre kull er den henholdsvis 0,56 og 0,39.



Jo lavere arvegraden for egenskapen er, jo lavere er sikkerheten. Legg merke til at sikkerheten stiger mest i starten, og så avtar stigningen etter hvert. Ei søye vil aldri få så mange kull at sikkerheten nærmer seg 1.

I praksis er sikkerheten på unge dyr bedre enn figuren viser, for vi har informasjon om mor og far.

2.4 Generasjonsintervallet

Generasjonsintervallet er gjennomsnittlig alder på foreldrene på fødselstidspunktet for avkom som vi bruker videre i avlen. Hvis vi setter på en prøvevæer etter en seminvæer som er 3 år gammel og ei søye som er 1 år gammel, blir generasjonsintervallet for dette værlammet 2 år. Er far 3 år og mor 3 år, blir generasjonsintervallet 3 år.

Generasjonsintervallet står under brøkstreken i formelen for avlsmessig framgang *per år*. Et høyt generasjonsintervall vil derfor kunne gi lavere framgang *per år*.

3 BLUP, delindekser og O-indeks

BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) er den statistiske metoden vi bruker for å beregne avlsverdier. Vi utnytter da all tilgjengelig informasjon på best mulig måte. NSG tok i bruk BLUP allerede i 1991 og var tidlig ute med denne viktige nyvinningen.

Når vi beregner avlsverdi for en egenskap med BLUP-metoden bruker vi:

- Slektstreet for alle dyra
- Fenotypiske registreringer av egenskapen (antall lam, kg høstvekt osv)
- Genetiske parametere
 - Arvegraden for egenskapen
 - Genetisk sammenheng til andre egenskaper som inngår i beregningen

Vi beregner avlsverdier for alle egenskapene som inngår det samlede avlsmålet. Avlsverdiene beregnes i faktiske enheter, for eksempel antall lam, kg tilvekst osv. I Norge har vi tradisjon for å regne om avlsverdiene til delindekser for å presentere dem på en kjent, felles skala.

Vi tar så delindeksen for egenskapen og multipliserer denne med egenskapens vektall, og til slutt summerer vi slik at vi får ett tall for samlet avlsverdi. Denne tallet kaller vi O-indeksen, og er hovedkriteriet når vi rangerer dyra i avlsarbeidet.

4 Genomisk seleksjon (GS)

4.1 Gentesting gir økt sikkerhet i avlsarbeidet

Genomisk seleksjon baserer seg på analyse av dyrets arvestoff (alt DNA = hele genomet). Genprofilen vi får ut av genanalysen inngår som ny informasjonskilde, sammen med de tradisjonelle informasjonskildene, i BLUP-beregningen av avlsverdien. Vi sier da at vi beregner genomiske avlsverdier, men «genomisk forbedrede avlsverdier» er et bedre begrep.

Legg merke til at det er *forbedrede* avlsverdier, *ikke forhøyede* avlsverdier. Den beregnede avlsverdien er vårt beste anslag for dyret gener. Dyret får ikke bedre gener av å bli gentestet, så i gjennomsnitt skal avlsverdien ikke stige etter en gentest. Men geninformasjonen er ny informasjon, og sikkerheten på de beregnede avlsverdiene øker.

De fleste av de gentestede dyra har en genprofil som er omtrent som forventet, og da vil forskjellen mellom den tradisjonelle avlsverdien og den genomiske avlsverdien være liten. Noen dyr har en «positiv» genprofil i forhold til forventningen, og da blir den genomisk avlsverdi høyere enn den tradisjonelle avlsverdien. Andre dyr har en «negativ» genprofil i forhold til forventningen, og da blir den genomiske avlsverdien lavere enn den tradisjonelle.

Når vi går fra dagens tradisjonelle avlsverdier til «genomisk forbedrede avlsverdier» vil vi få en omrangering av hvilke dyr vi mener er best. Slike omrangeringer kan være frustrerende, men hadde vi ikke fått omrangeringer kunne vil like gjerne droppet hele gentestinga, for da hadde den ikke gitt noen ny informasjon.

5 Prøvetaking, utvinning av DNA og genetisk analyse

Saueholderen setter i et øremerke (såkalt GS-merke), og samtidig stemples det ut en liten vevsbit som samles opp i et rør med konserveringsvæske. Fra vevsbiten utvinnes det så DNA som brukes i genanalysene.

BioBank AS, Hamar, sender ut GS-merkene, mottar prøvene, utvinner DNA og sender det til AgResearch, New Zealand, for den genetiske analysen. NSG bearbeider så resultatene og sender dem til væreringene.

5.1 Kostnaden med gentestingen

Vi regner med at det koster ca 300 kroner å ta en gentest av ett dyr. Prisen inkluderer prøvetakingen, DNA-ekstraksjonen og den genetiske analysen som gir oss genprofilen for dyret. Den inkluderer *ikke* saueholderens arbeid med å ta ut genprøven og avlsavdelingen i NSG sitt arbeid med å administrere prøvene.

Prisen forutsetter også at prøvene går inn i den automatiserte prosessen som vi har lagt opp til for prøver fra væreringene. Genprøver som ikke går direkte inn i denne prosessen, vil ha en høyere kostnad.

5.2 De uønskede mutasjonene

Den genetiske analysen gir oss svar på om dyret er bærer av en av de uønskede mutasjonene:

- Myostatinmutasjonene hos NKS (og andre langhalede raser)
 - Mutasjonen gir økt muskelvekst og redusert fettavleiring.
 - Dyr med mutasjonen i dobbel dose blir «ekstreme», og det er derfor en uønsket mutasjon
- Myostatinmutasjonene hos spælsau
 - Mutasjonen gir økt muskelvekst og redusert fettavleiring.
 - Dyr med mutasjonen i dobbel dose blir «ekstreme», og det er derfor en uønsket mutasjon
- Finnevarianten
 - Gir økt lammetall og øker sjansen for uønsket store kull
 - Skal ikke forekomme i noen rase bortsett fra NKS, der vi aksepterer at avlsdyr har mutasjonen i enkel dose.
- Gult fett
 - Har dyret mutasjonen i dobbel dose blir fett kraftig gulfarget
 - Gulfarget fett er en kvalitetsfeil på slaktet

Informasjon om mutasjonene er en tilleggsverdi ved genomisk seleksjon.

5.3 Farskapstesten

Hvis vi har en gentest av et dyr og av faren (den som er registrert i Sauekontrollen), kan vi teste om registrert far er biologisk far. Hvis registrert far er feil, kan vi ofte finne fram til hvem som er biologisk far, for vi har etter hvert samlet genprøve av alle værene som brukes i paringa.

Korrekt slektskap er viktig for at avlsarbeidet skal bli best mulig. Vi finner i utgangspunktet 6-7 % feil farskap i væreringene, og da setter vi far til ukjent. Men så leter vi etter riktig biologisk far. Når vi har lagt denne inn i Sauekontrollen, er det under 1 % som blir stående med ukjent far.

Vi farskapstester nå alle prøveværer i væreringene, ikke bare NKS; men også spælsau, sjeviot og pelssau. Det har forbedret avlsarbeidet vårt, for nå sløser vi ikke lenger bort avkomsgranskingskapasitet på dyr som aldri skulle vært valgt ut som prøveværer.

5.4 SNP-ene

I genomisk seleksjon (GS) bruker vi informasjon fra utvalgte punkter på kromosomene som viser variasjon. Disse punktene kaller vi SNP-er (uttales snipper). SNP-ene bør være jevnt spredd utover alle kromosomene slik at vi får best mulig informasjon fra hele arvestoffet (alle kromosomene).

SNP-ene er ikke nødvendigvis en del av et gen som koder for et protein av betydning for egenskapene vi er interessert i, men ligger forhåpentligvis i nærheten av et gen av interesse. Når vi har analysert hvilken variant dyret har av en SNP så vet vi forhåpentligvis hvilke varianter dyret har av interessante gener plassert på samme kromosomet i nærheten av SNP-en.

Jo flere SNP-er vi analyserer for, jo mer vet vi om dyrets gener. Det vanligste på sau er å bruke 50 000 SNP-er for rutinemessige analyser. Vi i NSG har valgt å benytte samme teknologien AgResearch i New Zealand bruker, med 18 000 SNP-er. Vi taper noe informasjon i forhold til en analyse med flere SNP-er, men prisen per genprøve blir lavere med færre SNP-er. Har vi et gitt beløp å bruke på gentesting kan vi ta prøve av flere dyr, og det er bedre bruk av pengene.

5.5 Referansepopulasjonen

Referansepopulasjonen består av dyr som er gentestet og som har en registrering av en aktuell egenskap (fenotype). Avlssøyer og avlsværer som ikke selv har en fenotypisk registrering, for eksempel av slaktevekt, inngår i referansepopulasjonen for slaktevekt hvis de har slaktede avkom.

Så kommer vi til det avgjørende punktet i vurderingen av om vi skal ta i bruk genprofilen (SNP-informasjonen) i avlsarbeidet. Hva forteller den statistiske analysen oss om sammenhengen mellom SNP-ene (genprofilen) og fenotypen? Hvor mye forklarer SNP-ene (genprofilen) av variasjonen mellom dyr? Forklarer genprofilen mye av variasjonen, er genanalysen et godt verktøy i utvelgelsen av avlsdyra. Forklarer den lite, er det ikke sikkert at genprøven gir så mye informasjon at den forsvarer kostnaden.

Det er flere egenskaper som inngår i avlsmålet vårt (fødselsvekt, vårvekt, høstvekt, slaktevekt, slakteklasse, fettgruppe, ullvekt, ullklasse, lammetall og spenestørrelse), og vi må registrere fenotypen for hver av disse egenskapene for dyra i referansepopulasjonen. Gentesten og genanalysen (genprofilen) vi bruker i analysene, er felles for alle egenskapene, men det vil være ulike SNP-er som bidrar mest til å forklare variasjon i fenotypen for de ulike egenskapene.

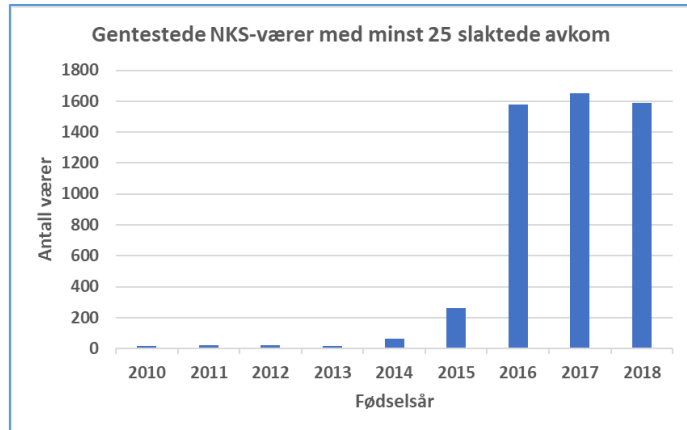
Jo større og bedre referansepopulasjon vi har, jo mer nytte kan vi ha av genprofilen i beregning av «genomisk forbedrede avlsverdier» for de ulike egenskapene.

De viktigste kravene til en god referansepopulasjon er:

- Samme rase som dyra vi skal beregne avlsverdier for.
- Gode fenotypiske registreringer.
- Liten aldersforskjellen mellom dyra i referansepopulasjonen og dyra vi beregner avlsverdier for.
- Tilstrekkelig mange dyr i referansepopulasjon.
Tilstrekkelig er et meget tøyelig begrep. Jo flere, jo bedre, men tilleggsværdien av flere dyr er avtagende etter hvert som antallet stiger.

Statusen for arbeidet med å etablere en god referansepopulasjon på NKS er:

- Vi har gentestet et utvalg på 4887 søyer født i 2017 fra 234 væreringsmedlemmer. De aller fleste av disse søyene har 2 lamminger med fenotypiske registreringer for søyeegenskapene (lammetall, spenestørrelse og morsevne).
- Vi har gentestet 5410 værer født 2000 og utover som er avkomsgransket i væreringene og har fått offisiell O-indeks med minst 25 slaktede avkom. Figuren viser aldersfordeling blant de gentestede værene født 2010-2018.



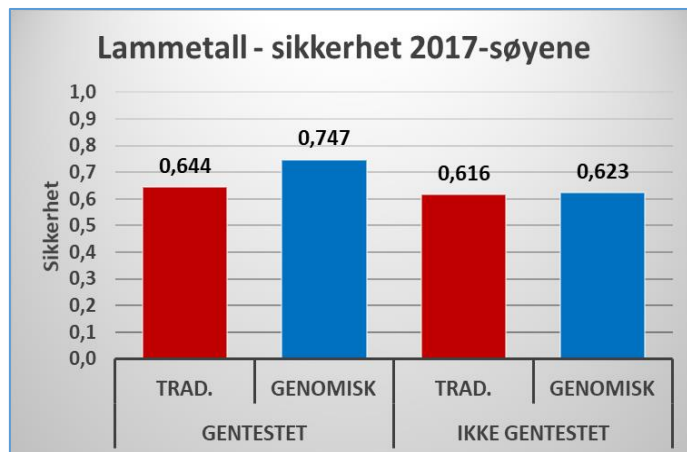
Referansepopulasjonen vår, med over 10 000 informative dyr født 2016-2018, er et godt utgangspunkt for å beregne genomisk forbedrede avlsverdier for alle dyr i NKS-populasjonen.

Vi må vedlikeholde referansepopulasjonen hvert eneste år med nye dyr. De nye prøveværene (ca. 1600 i året) vil bli gentestet og lagt til referansepopulasjonen. Vi planlegger også å ta genprøve av 3000 søyer i året i besetningene som bidrar med omfattende registreringer.

6 Hvor mye øker sikkerheten på den beregnede avlsverdien?

6.1 Søyer født 2017 - lammetallet

Vi har beregnet sikkerheten for egenskapen lammetall for de genotypede søyene født i 2017 som har lammet minst én gang, først med den tradisjonelle metoden, og så sikkerheten etter at vi har lagt til genomisk informasjon fra hele referansepopulasjonen. Det samme har vi gjort for 2017-søyene i væreringene som *ikke* er genotypet.



De fleste av søyene har hatt 2 lamminger, og da er den sikkerheten på de tradisjonelle avlsverdiene ca 0,63. De

genotypede søyene har en sikkerhet på 0,644 og de ikke-genotypede søyene 0,616. Denne forskjellen skyldes ikke at den ene gruppen er gentestet og den andre ikke, men at det er to ulike grupper av dyr. De gentestede søyene har en større andel seminfedre enn søyene som ikke er gentestet, og det øker sikkerheten på de tradisjonelle avlsverdiene.

I avsnittet om sikkerhet i starten av foredraget så vi at sikkerheten på lammetall ved 2 lamminger var 0,49, men det var uten å ta hensyn til informasjon om foreldre og andre slektninger. Med informasjon om mor, far og andre slektninger stiger den altså til 0,63.

Legger vil til genomisk informasjon stiger sikkerheten for de genotypede søyene fra 0,64 til 0,75, en økning på 17 %.

Søyene som ikke er genotypet, får også økning i sikkerhet, men bare på 1 %. Forklaringen på at sikkerheten øker så lite er at få søyer i denne gruppa har en far som er gentestet. Økningen vil bli større når vi om 2-3 år har alle ringværene med i referansepopulasjonen.

6.2 Prøveværer født 2019 - lammetallet

Høsten 2019 satte væreringene inn 1659 genotypede prøveværer til avkomsgransking. Ca 85 % av dem har seminfar. Vi har beregnet sikkerheten på avlsverdien for lammetall for prøveværene født 2019, både tradisjonelle avlsverdier og genomiske avlsverdier.

Sikkerheten på den tradisjonelle avlsverdien når værulammet er ½ år gammel, er 0,51. Sikkerheten på værulammetts avlsverdi gjenspeiler sikkerheten på foreldrenes avlsverdi. Det er forklaringen på den høye gjennomsnittlige sikkerheten så tidlig i livet, for nesten alle av prøveværene har en seminfar med god sikkerhet.

Avlsverdi	Gj.snitt	Min	Maks
Tradisjonell	0,51	0,18	0,63
Genomisk	0,71	0,52	0,80

Sikkerheten til prøveværene varierer mye, fra 0,18 til 0,63. Værulammet med den laveste sikkerheten har fått skiftet far fra en god seminvær til en lokal prøvevær uten datterinformasjon.

Når vi beregner genomiske avlsverdier stiger den gjennomsnittlige sikkerheten fra 0,51 til 0,71 (39 %). Dette er en betydelig økning, og gir et vesentlig bidrag til et sikrere innsett av prøveværer. Vi får også mindre variasjon i sikkerhetene, fra 0,52 til 0,80. Værulammet med tradisjonell sikkerhet på 0,18 har en sikkerhet på 0,52 på den genomiske avlsverdien for lammetall. Det viser potensialet for økt framgang med genomisk seleksjon i et avlsopplegg som i utgangspunktet har svært usikre avlsverdier (les utlandet).

6.3 Andre søyeegenskaper

Lammetall er en av søyeegenskapene i avlsmålet vårt. Den skiller seg litt fra de andre søyeegenskapene.

- Arvegraden er 0,14, og det er høyt til å være en søyeegenskap i vårt avlsarbeid. Morsevnen (melkeevnen) har til sammenligning en arvegrad på 0,07.
- Jo høyere arvegraden er, jo sikrere blir de beregnede avlsverdiene (forutsatt samme informasjonsmengde).
- Det er obligatorisk å registrere lammetall, og registreringen har 100 % oppslutning.
- Vi har registrert lammetall i «alle år». Mange eldre dyr, særlig værene, har stor sikkerhet på egenskapen. Vi får dermed også ganske god sikkerhet på lammetall for nyfødte dyr basert på sikkerheten til far og mor.

Sikkerheten på tradisjonelle avlsverdier er lavere for morsevne på grunn av lavere arvegrad, og for spenestørrelse pga færre registreringer.

Vi kan derfor regne med at økningen i sikkerhet med genomiske avlsverdier blir større for de andre søyeegenskapene enn vi ser for lammetall. Øker sikkerheten fra 0,35 til 0,5 tilsvarer dette 43 % økning.

For nye egenskaper som «Fødselshjelp» som har begrenset opplutning om registreringene, vil den relative gevinsten i % ved genomiske avlsværdier kunne bli enda større.

7 Blir det store endringer og mye omrangering?

Seinsommeren 2020 skal vi velge ut årets nye seminværer, og disse vil i hovedsak være født i 2018.

Hvem hadde vi valgt ut hvis vi skulle valgt dem ut allerede nå, enten basert på tradisjonelle avlsværdier og O-indeksen fra 2019-H5, eller basert på genomiske avlsværdier fra samme indeksskjøring?

Vi finner vanligvis de 25 nye seminværene blant de 50-60 beste på O-indeksen. Det er ca 50 værer av 2018-årgangen som har 138 eller mer i O-indeks i slutten av 2019. Hvordan går det med disse seminkandidatene etter at vi har beregnet genomiske avlsværdier og bruker det som seleksjonskriterium?

Med tradisjonelle avlsværdier velger vi blant værene i Kvadrat A og Kvadrat B.

Med genomiske avlsværdier velger vi blant værene i Kvadrat A og Kvadrat C. Omkring 60 % av seminkandidatene blir altså skiftet ut når vi går fra tradisjonell O-indeks til genomisk O-indeks.

Det største fallet blant seminkandidatene med tradisjonell O-indeks er fra 139 til 122 for genomisk O-indeks. Og den største økningen er fra 115 ved tradisjonell O-indeks til 138 ved genomisk.

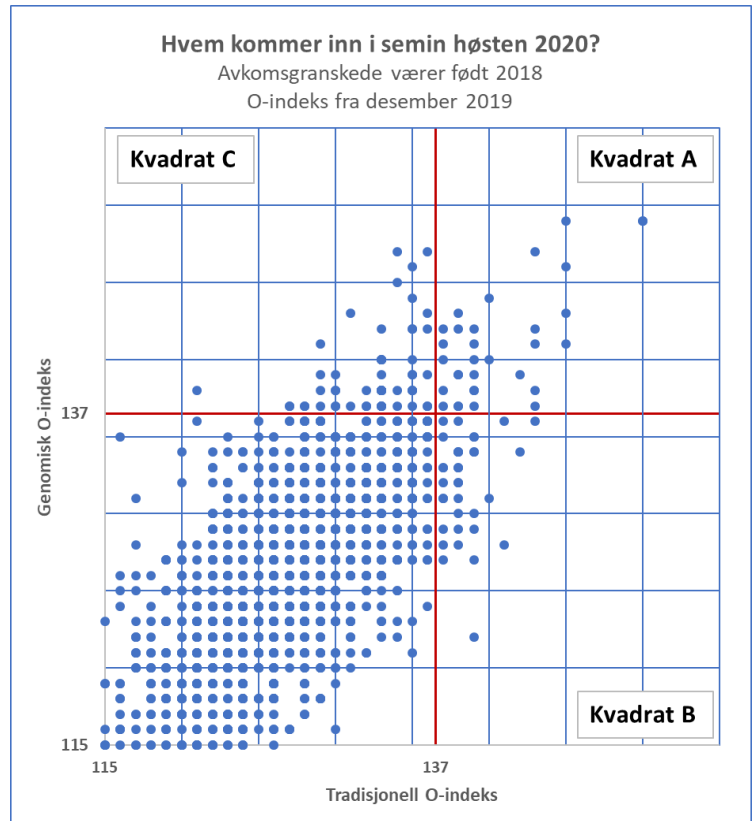
Vi får en betydelig endring i avlsværdier og omrangering ved overgangen fra tradisjonelle til genomiske avlsværdier. Det gjelder ikke bare seminværkandidatene, men alle ringværene og alle søyene i ringbesetningene.

Vi har som målsetting å publisere nye genomiske avlsværdier for alle dyr i Sauekontrollen i slutten av april 2020.

8 Endringer i det praktiske avlsopplegget?

Skal vi lykkes genomisk seleksjon og få en betydelig økning i avlsframgangen for søyeegenskapene, og for nye egenskaper som det er vanskelig eller kostbart å registrere, må vi:

- Etablere en god referansepopulasjon for alle aktuelle egenskaper
- Genteste så mange værlam at vi finner de beste og bruker dem som prøvevær



8.1 Væringene består

Vi har ikke planlagt å gjøre drastiske endringer i væringssystemet. Vi trenger væringene for å avkomsgranske værer der vi kan ta de beste inn til semin, og bruksbesetningen trenger dem for å kunne kjøpe gode avkomsgranska værer og kåra lam.

Væringene må genteste alle værlam som det er aktuelt å sette inn som prøveværer. Vi er anbefalt å genteste 5 ganger så mange værlam som ringen trenger som prøveværer.

Genprøven bør tas om våren, før fjellsending. Da vil resultatet være klart i juli, og vi har regnet genomiske avlsverdier før høstens slaktesesong starter.

8.2 Vi trenger referansebesetninger

Vi må ha en god referansepopulasjon for alle egenskapene vi ønsker å inkludere i avlsarbeidet. Det har vist seg vanskelig å kreve at alle væringsmedlemmene skal gjøre mer omfattende registreringer enn vi har som obligatoriske registreringer i dag.

Skal vi ta inn nye egenskaper i avlsarbeidet, må vi finne væringsmedlemmer som er villige til å registrere dem for oss. Planen så langt er å ha ca 100 besetninger med ca 10 000 søyer totalt som våre referansebesetninger. Disse besetningene registrerer alt vi ber om, og de gentester alle søyene sine.

8.3 Optimalisering av avlsopplegget

Elementene i formelen for avlsmessig framgang: Sikkerheten, seleksjonsintensiteten og generasjonsintervallet, er ikke uavhengig av hverandre. Øker vi sikkerheten i utvalget ved å vente til søya har fått mange kull og væren har fått mange døtre, øker generasjonsintervallet. Hvordan går det da med avlsframgangen per år, når vi får en økning både over og under brøkstreken?

Avlsarbeidet må optimaliseres slik at vi får størst mulig avlsframgang per år. Dette har vi gjort med dagens avlsopplegg. Når vi tar i bruk genomisk informasjon, stiger sikkerheten hos unge dyr. Vi må derfor gjøre nye beregninger av hva som er best mulig avlsopplegg.

I dag er seminværene 2,5 år når de kommer til seminstasjonen. Å ta dem inn når de er 1,5 år gamle, er noe vi vil vurdere.

8.4 Økonomien med genomisk seleksjon

Vi bruker i dag ca 3,2 millioner kroner på å støtte avlsarbeidet på NKS. Støtten går til avkomsgransking av værer. Det ser ikke ut til at beløpet vi bruker på avl vil øke framover. Vi må derfor få til nødvendige registreringer og omfattende gentesting ved omfordeling av dette beløpet.

Hvordan vi best utnytter avlsbudsjettet framover vil være et hovedtema i møtet i Avlsrådet før påske 2020.

9 Tusen takk!

I prosjektet samarbeider vi med Theo Meuwissen og Xijiang Yu, NMBU, og John McEwan, AgResearch i New Zealand. Vi takker dem for uvurderlig bistand.

Vi vil også takke BIONÆR-programmet i Norges Forskningsråd som har gitt finansiell støtte til GS-prosjektet.