



Genomisk seleksjon: Vil øke avlsframgangen betydelig

Forfatter

Thor Blichfeldt, Norsk Sau og Geit

Sammendrag

Går det som NSG ønsker, blir Norge det tredje landet i verden som tar i bruk genomisk seleksjon som avlsmetode på sau i stor skala. Vi forventer stor avls messig framgang for søyeeenskapene.

Publisert

2016

Referanse

Sau og Geit nr. 6, s 26-27

Utskriftsdato

03.12.2023 www.fag.nsg.no

Genomisk seleksjon:

Vil øke avlsframgangen betydelig

Går det som NSG ønsker, blir Norge det tredje landet i verden som tar i bruk genomisk seleksjon som avlsmetode på sau i stor skala. Vi forventer stor avlsmessig framgang for søyeegenskapene.

I 2001 lanserte Theo Meuwissen - nå professor ved NMBU - Ben Hayes og Mike Goddard «genomisk seleksjon» som et nytt avlstilltak. Etter dette har genomisk seleksjon vært det heteste



temaet i husdyravl, både i avlsforskningen og i det praktiske avlsarbeidet på alle dyreslag verden over. Så langt er det bare New Zealand og Australia som har tatt i bruk genomisk seleksjon i stor skala i avlsarbeidet på kjøttproduserende sau. Mange andre land er på forsøksstadiet.

Stor nytte

Nytten vil være størst for egenskaper som:

- Registreres kun på døde dyr
- Eksempel: EUROP-klasse
- Registreres kun på ett kjønn (søya)
- Eksempel: Lammetall
- Registreres seint i dyrets liv
- Eksempel: Holdbarhet
- Er vanskelige og/eller kostbare å registrere
- Eksempel: Kjøttkvalitet og klimagassutslipp

Det er ikke tvil om at genomisk seleksjon vil være relevant for å øke avlsframgangen, men tiltaket er relativt kostbart. Spørsmålet blir derfor: Vil nytten være større enn kostnaden?

Klar økonomisk gevinst

Marie Lillehammer ved Nofima har utredet for NSG hvordan genomisk seleksjon vil kunne påvirke avlsframgangen på Norsk Kvit Sau (NKS). Sammenligner vi dagens avlsopplegg med et opplegg der vi i tillegg tar genprøve av prøveværene i væringene, vil den årlige avlsmessige framgangen kunne øke betydelig:

- Søyeegenskaper: + 65%
- O-indeksen: + 18%

NSG fikk tidlig i høst tilbud fra AgResearch New Zealand om gen-

Genomisk seleksjon vil øke effektiviteten ytterligere i norsk saueavl. Laboratorieleder Ellen Frislie i aksjon på NSGs seminastasjon på Staur. Foto: Ole G. Hertzberg.

testing på deres laboratorium, noe som vil halvere kostnadene per prøve. Det fjernet enhver tvil: Den økonomiske gevinsten ved genomisk seleksjon er solid.

Mest aktuelt for NKS

Det er faglig og økonomisk utfordrende å ta i bruk genomisk seleksjon. NSG søker derfor Forskningsrådet om støtte til et FoU-prosjekt på videreutvikling av metoden og oppstart på NKS. Prosjektet er planlagt å gå over 4 år, fra 2017 til 2020. Siste året i prosjektet vil vi ta i bruk genomisk seleksjon i full skala for første gang. Da vil vi genteste de 3 700 mest lovende værlammene om våren slik at vi kan bruke resultatet når væringene skal velge ut sine 1 850 prøveværer høsten 2020.

Verdens fremste

Forskningselementene i prosjektet vil bli utført av Theo Meuwissen og hans medarbeidere ved NMBU. John McEwan og hans medarbeidere ved AgResearch vil bistå oss med alt det praktiske omkring gentesting. John er helt sentral i arbeidet med å implementere genomisk seleksjon på sau over hele verden og han har allerede vært til uvurderlig hjelp for NSG. Det er utrolig godt å ha med seg en dyktig kjentmann når en skal på tur i ukjent terreng.

Koster penger

Prosjektet har en kostnadsramme på 15 mill. kroner. Vi får forhåpentligvis 7,5 mill. kroner i støtte fra forskningsmidlene for jordbruk og matindustri. NSG må selv finansiere 7,5 mill. kroner gjennom egeninnsats fra væringene og egne ansatte, og gjennom bruk av avlsfondet som har vært satt av til tyngre avlssatsinger. Vi får svar på søknaden helt i slutten av januar 2017 og går altså en spennende tid i møte!

Hva er genomisk seleksjon?

Fram til rundt 1960 ble utvalg av avlsdyr utelukkende basert på fenotype (utstillinger, kåringer osv.) Etter hvert fikk vi seleksjonsindeks for værer basert på granskning av avkomsgrupper. Tidlig på 90-tallet tok vi i bruk BLUP. Når vi nå tar i bruk genomisk seleksjon, tar vi et nytt viktig skritt i norsk saueavl.

Genomisk seleksjon gjør det mulig, gjennom å kartlegge et dyrs genprofil, å øke avlsfremgangen vesentlig for egenskaper der avkomsgranskning er mindre egnet.

For å finne genprofilen til et dyr, må vi gjennom følgende trinn:

1. Samle biologisk materiale som inneholder DNA (arvestoffet)
2. Utvinne DNA fra det biologiske materialet
3. Analysere DNA med en såkalt SNP-test

Biologisk materiale kan være blod, sæd, slimhinneceller fra munn eller nese eller annet vev. John McEwan anbefaler å bruke ørevev. I forbindelse med merking av dyr stempler vi ut en bitte liten vevsbit direkte oppi et lite rør med konserveringsvæske. Metoden gir DNA av høy kvalitet, noe som er en forutsetning for å få til en sikker gentest. Når SNP-testen er gjort har vi kartlagt dyrets genprofil. Dette sammenholdes så med det vi vet om hvilke varianter som er positive for en egenskap, og hvilke varianter som er negative. Dermed kan vi regne ut en genomisk avlsverdi for dyret. Genprofilen vil også bli brukt til farskaps-testing (forutsetter genprøve av både far og avkom) og til å sjekke for uønskede mutasjoner vi allerede tester for i dag.

Referansepopulasjon

Sammenhengen mellom den enkelte egenskapen og genprofilen finner vi ved å analysere referansepopulasjonen. Referansepopulasjonen består av gentestede dyr med nøyaktige registreringer av de aktuelle egenskapene, enten målt på dyret selv eller målt på avkomsgrupper. Referansepopulasjonen er veldig viktig

for å få størst mulig effekt av genomisk seleksjon. Den bør bestå av minst 5 000 av de mest informative dyrene, gjerne det dobbelte. Det er altså betydelige etableringskostnader knyttet til gentesting av referansepopulasjonen.

Gentesten øker sikkerheten i avlsarbeidet

Et nyfødt lam har en avlsverdi (indeks) som ligger midt i mellom mors og fars avlsverdi. Er det flere lam i kullet, har alle lammene samme forventning og får samme beregnede avlsverdi. Men så snart vi har analysert en genprøve vil avlsverdien kunne forandre seg. Har lammet vært heldig og fått de positive variantene som mor og/eller far har for en egenskap, går avlsverdien opp fra gjennomsnittet av mors og fars avlsverdi. Har lammet vært uheldig «i trekninga», går avlsverdien ned. Slik kan fullsøsken få ulik avlsverdi. Når vi tar i bruk genomisk seleksjon benytter vi oss av den tradisjonelle BLUP-metoden for å regne avlsverdier, og så legger vi på gentestinformasjonen på dyra som gentestes. Gentestinformasjonen vil øke sikkerheten på den beregnede avlsverdien. Økt sikkerhet gir et mer presist utvalg av avlsdyr, og dermed øker avlsfremgangen.

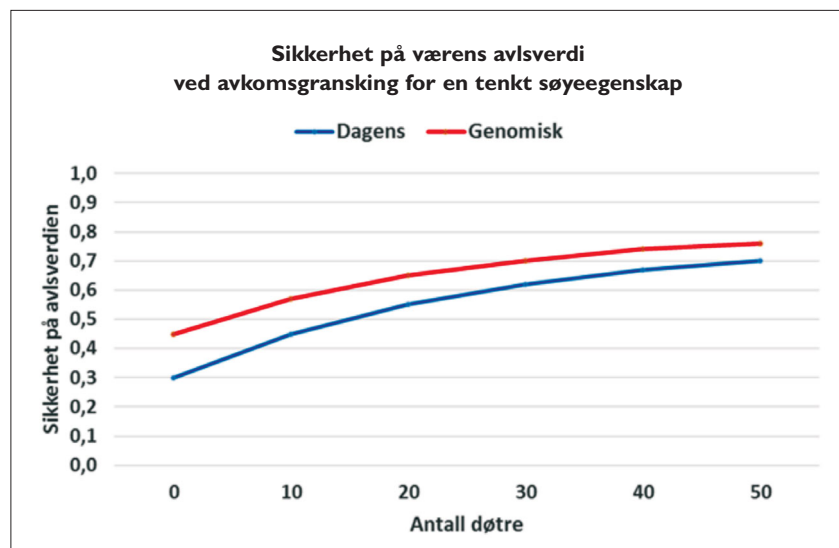
Med dagens avlsopplegg er sikkerheten på avlsverdien kanskje 0,3 når en

vær settes inn som prøvevær. Når væren er 2,5 år gammel og blir seminvær har den fått 10 døtre i produksjon, og sikkerheten har steget til 0,45. Tar vi en gentest av væren og beregner en genomisk avlsverdi stiger sikkerheten på avlsverdien, kanskje til 0,45 som prøvevær og 0,57 som seminvær. Sikkerheten på den genomiske avlsverdien vil hele tida ligge over sikkerheten på den tradisjonelle avlsverdien, men forskjellen blir mindre etter hvert som avkomsgruppa blir større. Store avkomsgrupper og sikre avlsverdier får vi bare etter at dyra har vært brukt mye og levd i lang tid. Da er de viktigste seleksjonstrinnene som utvalg av prøveværer og seminværer gjort for flere år siden. Genomisk seleksjon gir oss mulighet til å få mer og bedre informasjon tidlig i dyrets liv. Det er veldig verdifullt i et avlsarbeid.

Vi må fortsatt registrere

Mange væreringsmedlemmer håper nok at gentesting skal erstatte registreringene som trengs i dag for å få til avlsmessig framgang. Jeg må dessverre skuffe dere. Omfattende og nøyaktige registreringer vil fortsatt være grunnmuren i avlsarbeidet vårt.

Tekst: Thor Blichfeldt, avls- og seminsjef i NSG



Figuren viser effekten av genomisk seleksjon på en søyeeenskap med lav arvegrad, for eksempel lammetall. Avlsverdien er beregnet for en vær i en væring. Væren er prøvevær 0,5 år gammel, elitevær 1,5 år gammel og seminvær 2,5 år gammel.