



Genetiske bånd mellom norske sauebesetninger

Forfatter

Leiv Sigbjørn Eikje, Norsk Sau og Geit

Inger Anne Boman, Norsk Sau og Geit

Thor Blichfeldt, Norsk Sau og Geit

Ronald M. Lewis, Department of Animal & Poultry Sciences, Virginia Tech, U.S.A

Sammendrag

I avlsverdivurderingen prøver vi å skille mellom hvor stor del av et dyrs prestasjon, eller observasjon, som er bestemt av dyrets avlsverdi, av besetningsmiljø og av andre miljøforhold. Genetiske bånd måler styrken av genetisk slektskap mellom dyr i forskjellige besetninger. Om det genetiske gjennomsnittet i besetningene varierer ved starten av et avlsprogram, er det nødvendig med genetiske bånd for å skille forskjeller i avlsverdier fra besetningsmiljø (Kuehn et al., 2008a). Genetiske bånd bidrar således til identifiseringen av besetninger som er egnet til å inngå i den samme avlsverdivurderingen, når en ønsker å sammenligne avlsverdier på tvers av besetninger.

Publisert

2011

Referanse

Husdyrforsøksmøtet 2011

Utskriftsdato

14.02.2025 www.fag.nsg.no

Genetiske bånd mellom norske sauebesetninger

LEIV SIGBJØRN EIKJE¹, INGER ANNE BOMAN¹, THOR BLICHFELDT¹ OG RONALD M. LEWIS²

Norsk Sau og Geit¹, Department of Animal & Poultry Sciences, Virginia Tech, U.S.A²

Innledning

I avlsverdivurderingen prøver vi å skille mellom hvor stor del av et dyrs prestasjon, eller observasjon, som er bestemt av dyrets avlsverdi, av besetningsmiljø og av andre miljøforhold.

Genetiske bånd måler styrken av genetisk slektskap mellom dyr i forskjellige besetninger. Om det genetiske gjennomsnittet i besetningene varierer ved starten av et avlsprogram, er det nødvendig med genetiske bånd for å skille forskjeller i avlsverdier fra besetningsmiljø (Kuehn et al., 2008a). Genetiske bånd bidrar således til identifiseringen av besetninger som er egnet til å inngå i den samme avlsverdivurderingen, når en ønsker å sammenligne avlsverdier på tvers av besetninger.

I avlsarbeidet på sau utnytter vi observasjoner i Sauekontrollen fra slutten av 1980-tallet. Det er rimelig å anta at besetningene da hadde ulike genetiske gjennomsnitt. Med utstrakt flytting av værere i væreringer og betydelig bruk av semin antar vi likevel at de beregnede avlsverdiene til dyr i væreringer kan sammenlignes mellom besetninger. Omfanget av genetiske bånd, etablert gjennom slik deling av værere, og om de er tilstrekkelige for at avlsverdiene rettferdig kan sammenlignes, har imidlertid ikke blitt studert før nå.

Mange av besetningene i Sauekontrollen er ikke med i væreringer. For å ta del i avlsframgangen som blir generert i væreringene, bruker likevel mange av disse besetningene værere som kommer fra væreringsbesetninger, enten ved å kjøpe kåra eller avkomsgranska værere, eller ved å bruke semin. Disse besetningene kan derfor være godt knyttet til væreringene, og burde derfor kunne bidra med nyttig informasjon når avlsverdier til dyr i væreringene beregnes. De bidrar ikke med informasjon i dag. Bidraget vil kanskje være spesielt nyttig for de rasene med relativt få sauer i væreringene.

I dette arbeidet undersøkte vi genetiske bånd mellom besetninger med rasene pelssau og sjeviot, både mellom væreringbesetninger, og mellom væreringbesetninger og de utenfor.

Material og metode

For pelssau er det en værering i Sogn og Fjordane. Det er fire væreringer med sjeviot, tre av ringene er i Sogn og Fjordane og en er i Hordaland. Det er i regler for væreringer (www.nsg.no) krav om at væreringene med sjeviot må bruke minimum 5 % semin.

Genetiske bånd ble studert ved avlsverdiregning for høstvekt (en lammeegenskap), med arvegrad på 0,12. Til å beregne slektskapet mellom dyr brukte vi all tilgjengelig informasjon i Sauekontrollen tilbake til slutten av 1980-tallet, som totalt utgjorde 198 339 dyr for pelssau og 214 391 dyr for sjeviot. En nærmere oversikt over antall dyr og besetninger med pelssau og sjeviot er gitt i Tabell 1.

Tabell 1. Antall dyr og besetninger med pelssau og sjeviot i Sauekontrollen i 2010

	Pelssau		Sjeviot	
	I ring	Utenfor ring	I ring	Utenfor ring
Besetninger	8	134	49	77
Sauer \geq ett år m/lam født	468	1 932	1 824	1 246
Lam m/høstvekt	800	2 777	3 015	1 922

Det beste målet på genetiske bånd mellom besetninger er gjennomsnittlig prediksjonsfeilvarians på forskjeller i estimerte avlsverdier mellom dyr i de ulike besetningene (Kennedy and Trus, 1993; Kuehn et al., 2007). Prediksjonsfeilvariansene og -kovariansene finner en som inverselementer av koeffisientmatrisa som blir satt opp i avlsverdiregningene (Henderson, 1976). En funksjon av prediksjonsfeilvariansen, en besetningskorrelasjon, utviklet av Lewis et al. (1999, 2005), ble brukt for å studere genetiske bånd i denne undersøkelsen. Besetningskorrelasjonen inkluderer gjennomsnittlige bånd mellom alle par av dyr som er født i forskjellige besetninger så langt tilbake som en har opplysninger, den måler altså akkumuleringa av genetiske bånd over tid mellom besetninger.

Genetiske bånd mellom væreringen og den enkelte besetning utenom ringen ble beregnet med utgangspunkt i at hele ringen ble ansett som en stor besetning.

En annen studie har funnet at det er veldig gode genetiske bånd mellom besetninger dersom besetningskorrelasjonen er 0,10 eller høyere (Kuehn et al., 2008b). Våre resultater ble sammenlignet med denne grenseverdien.

Resultater

Pelssau

De genetiske båndene mellom besetningene i væreringen med pelssau var svært sterke. Den gjennomsnittlige besetningskorrelasjonen var 0,62. Det var ingen besetninger som hadde en lavere korrelasjon til en annen besetning enn 0,56. Det høyeste var 0,66.

Utenom væreringen er det 134 besetninger med pelssau i Sauекontrollen i 2010 (Tabell 1). Av disse har 39 besetninger (29%), med til sammen ca 1000 sauer, gode genetiske bånd til ringen.

Sjeviot

For sjeviot undersøkte vi hvor sterke bånd det var mellom væreringene (Tabell 2).

Tabell 2. Genetiske bånd (besetningskorrelasjoner), mellom væreringer med sjeviot i 2010

Værering	1	2	3	4
2	0,37			
3	0,24	0,31		
4	0,32	0,37	0,36	
Gjennomsnitt	0,31	0,35	0,31	0,35

Ingen værering med sjeviot hadde en lavere besetningskorrelasjon enn 0,24 til noen av de andre væreringene, altså godt over den anbefalte minstegrensa på 0,1. I gjennomsnitt er besetningskorrelasjonen mellom en værering med sjeviot og alle de andre væreringene med sjeviot 0,31 - 0,35.

Diskusjon

Resultatene viser at beregnede avlsverdier for pelssau kan sammenlignes innen væreringen. De viser også at informasjon fra mange andre besetninger burde inkluderes i avlsverdiberegningen av dyr i væreringbesetningene. Dette kan gi sikrere avlsverdier, og dermed større avlsframgang.

Beregnede avlsverdier for sjeviot kan sammenlignes mellom væreringer. Det gjenstår å se hvor mange besetninger med sjeviot utenom væreringene som kan inkluderes i beregningen.

I dette arbeidet har vi sett på genetiske bånd for en lammeegenskap med middels arvegrad. Det vil også være interessant å studere genetiske bånd for en søyeegenskap, som blir registrert senere i et dyrs liv enn en lammegenskap, og for egenskaper med lavere arvegrad. Antagelig vil bidraget fra besetninger utenom værering til sikrere avlsverdier være enda større da.

Senere arbeid vil også inkludere beregninger av genetiske bånd for rasene norsk kvit sau og spælsau.

Referanser

Henderson, C.R. 1975. Best linear unbiased estimation and prediction under a selection model. Biometrics. 31: 423-447.

Kennedy, B. and Trus, D. 1993. Considerations on genetic connectedness between management units under an animal model. Journal of Animal Science. 71: 2341-2352.

Kuehn, L.A., Lewis, R.M, and Notter, D.R. 2007. Managing the risk of comparing estimated breeding values across flocks or herds through connectedness: a review and application. Genetics Selection Evolution. 39: 225-247.

Kuehn, L.A., Notter, D.R., Nieuwhof, G.J., and Lewis, R.M. 2008a. Changes in connectedness over time in alternative sheep sire referencing schemes. Journal of Animal Science. 86: 536-544.

Kuehn, L.A., Notter, D.R. and Lewis, R.M. 2008b. Assessing genetic gain, inbreeding and bias due to different flock genetic means in alternative sheep sire referencing schemes. Journal of Animal Science. 86: 526-535.

Lewis, R.M., Crump, E., Simm, G. and Thompson, R. 1999. Assessing connectedness in across-flock genetic evaluations. Page 121 in Proceedings British Society of Animal Science. Scarborough, England.

Lewis, R.M., Crump, R.E. Kuehn, L.A., Simm, G. and Thompson, R. 2005. Assessing connectedness in across-flock genetic evaluations. Journal of Animal Science. 83(Suppl. 1): 129 (Abstract).