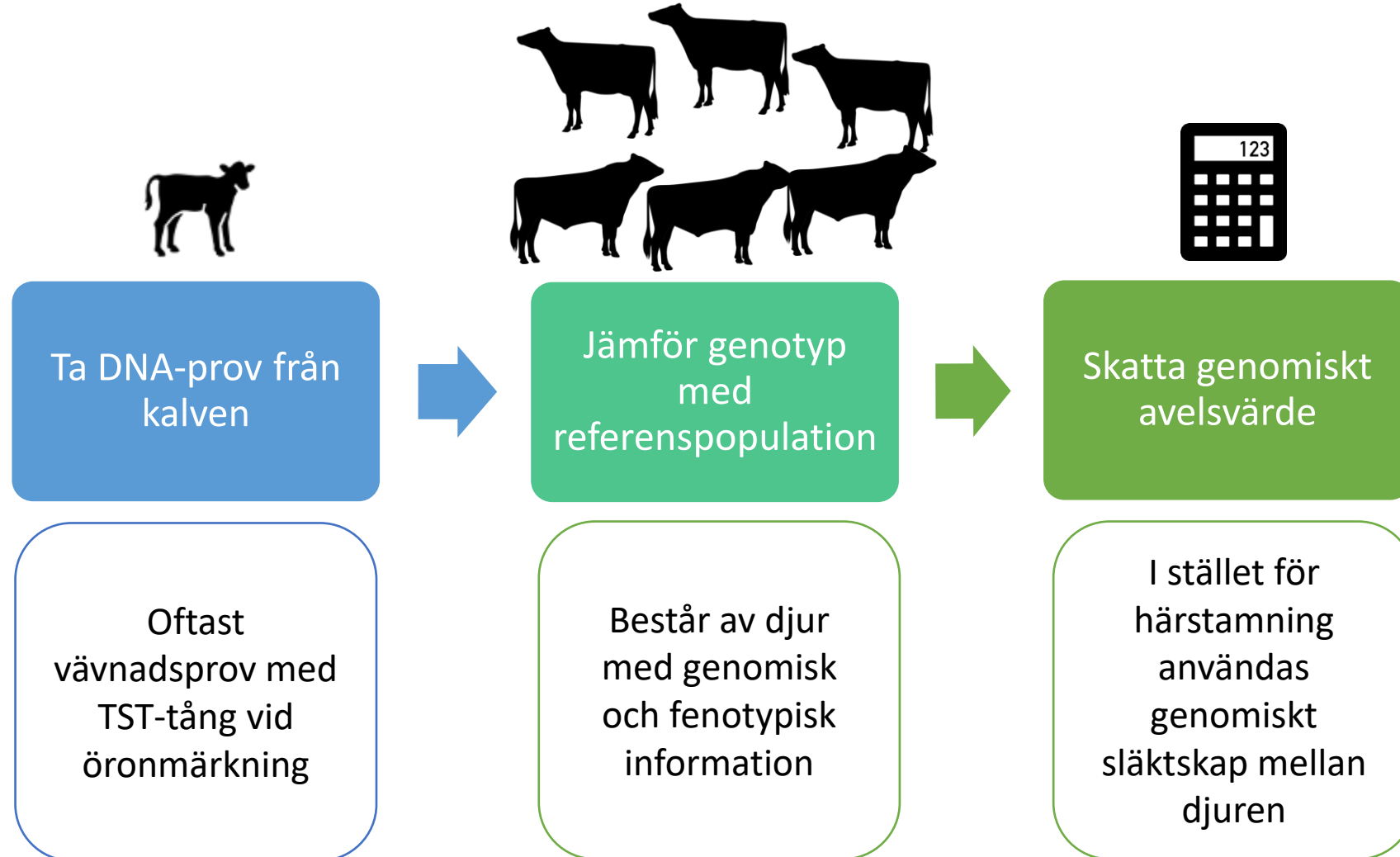


Framtida utmaningar och möjligheter

Erling Strandberg, inst. för husdjursgenetik, SLU
Sofia Malm Persson, SKK

Genomisk selektion

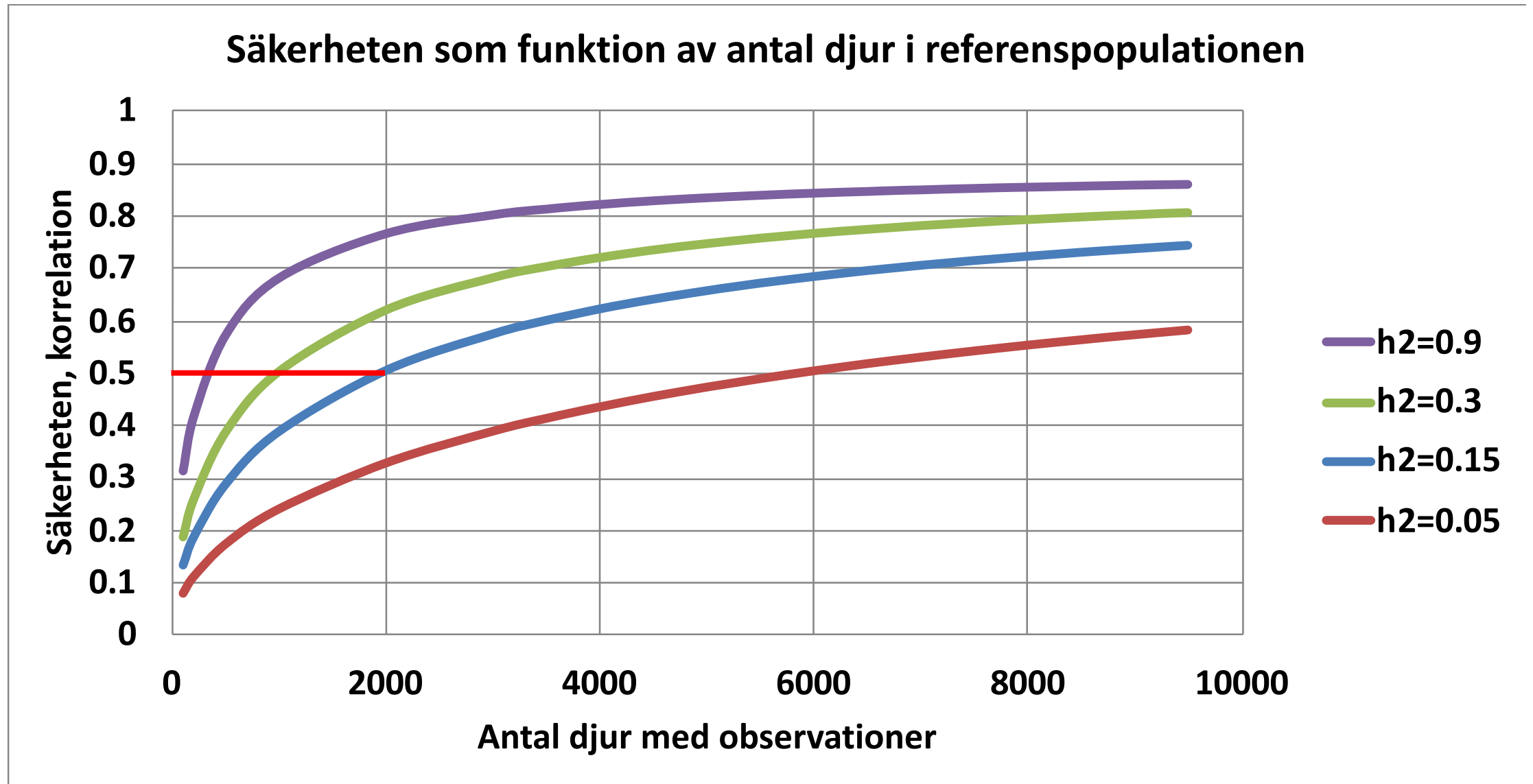
Genomisk selektion inom mjölkkoaveln



Säkerheten i genomisk selektion beror på

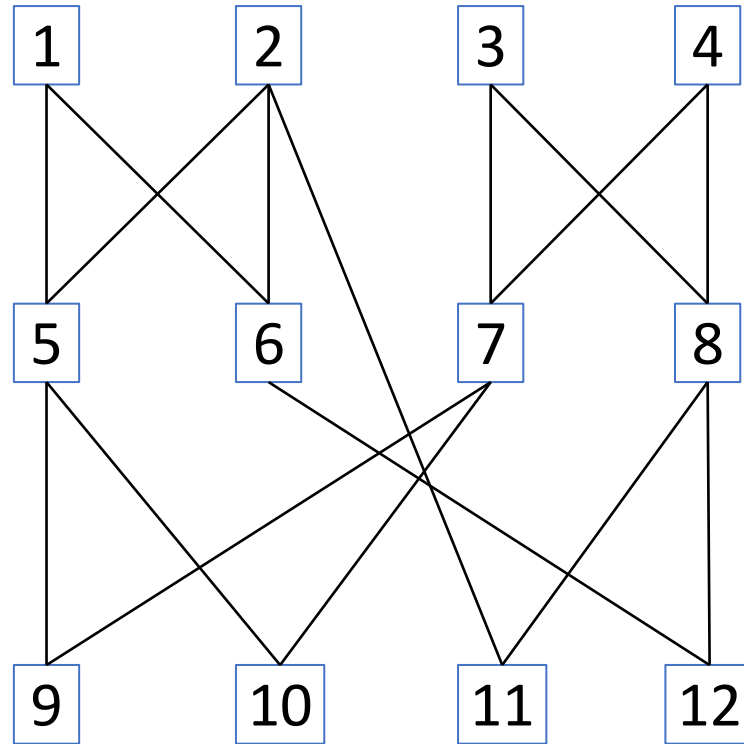
- Antal djur i referenspopulationen
- Effektiv populationsstorlek (kopplingsojämvikt, LD) – låg N_e ökar säkerheten
- Släktskapet mellan djuren i referenspopulationen
 - och mellan testdjuret och djuren i referenspopulationen
- Antal DNA-markörer som testas
- Genomisk (statistisk) modell för skattning av avelsvärde

Säkerheten i genomisk selektion beror på

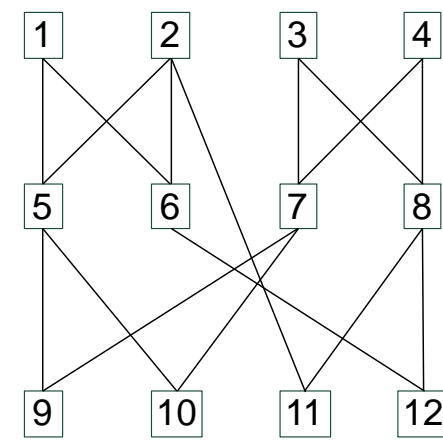


Medelsläktskap och släktskapsindex

Släktskap, litet exempel

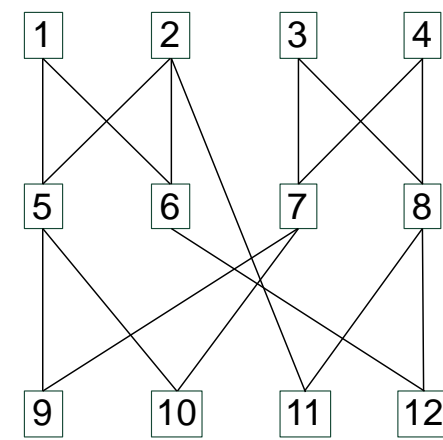


Släktskap, litet exempel



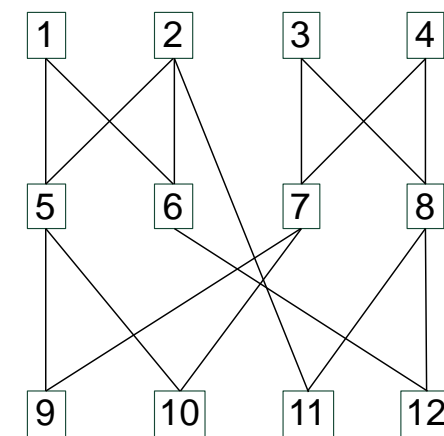
					1,2	1,2	3,4	3,4	5,7	5,7	2,8	6,8
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	1	0	0	0	0.5	0.5	0	0	0.25	0.25	0	0.25
2	0	1	0	0	0.5	0.5	0	0	0.25	0.25	0.5	0.25
3	0	0	1	0	0	0	0.5	0.5	0.25	0.25	0.25	0.25
4	0	0	0	1	0	0	0.5	0.5	0.25	0.25	0.25	0.25
5	0.5	0.5	0	0	1	0.5	0	0	0.5	0.5	0.25	0.25
6	0.5	0.5	0	0	0.5	1	0	0	0.25	0.25	0.25	0.5
7	0	0	0.5	0.5	0	0	1	0.5	0.5	0.5	0.25	0.25
8	0	0	0.5	0.5	0	0	0.5	1	0.25	0.25	0.5	0.5
9	0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.25	0.5	0.25	1	0.5	0.25	0.25
10	0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.25	0.5	0.25	0.5	1	0.25	0.25
11	0	0.5	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.25	0.25	1	0.375
12	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.25	0.5	0.25	0.25	0.375	1

Medelsläktskap, litet exempel



					1,2	1,2	3,4	3,4	5,7	5,7	2,8	6,8	medel- släktskap
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	
1	1	0	0	0	0.5	0.5	0	0	0.25	0.25	0	0.25	0.159
2	0	1	0	0	0.5	0.5	0	0	0.25	0.25	0.5	0.25	0.205
3	0	0	1	0	0	0	0.5	0.5	0.25	0.25	0.25	0.25	0.182
4	0	0	0	1	0	0	0.5	0.5	0.25	0.25	0.25	0.25	0.182
5	0.5	0.5	0	0	1	0.5	0	0	0.5	0.5	0.25	0.25	0.273
6	0.5	0.5	0	0	0.5	1	0	0	0.25	0.25	0.25	0.5	0.250
7	0	0	0.5	0.5	0	0	1	0.5	0.5	0.5	0.25	0.25	0.273
8	0	0	0.5	0.5	0	0	0.5	1	0.25	0.25	0.5	0.5	0.273
9	0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.25	0.5	0.25	1	0.5	0.25	0.25	0.318
10	0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.25	0.5	0.25	0.5	1	0.25	0.25	0.318
11	0	0.5	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.25	0.25	1	0.375	0.284
12	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.25	0.5	0.25	0.25	0.375	1	0.307
											medel	0.252	

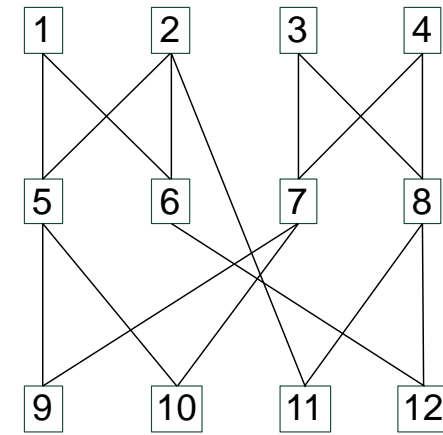
Släktskapsindex, litet exempel



					1,2	1,2	3,4	3,4	5,7	5,7	2,8	6,8	medel- släktskap	index
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12		
1	1	0	0	0	0.5	0.5	0	0	0.25	0.25	0	0.25	0.159	84
2	0	1	0	0	0.5	0.5	0	0	0.25	0.25	0.5	0.25	0.205	92
3	0	0	1	0	0	0	0.5	0.5	0.25	0.25	0.25	0.25	0.182	88
4	0	0	0	1	0	0	0.5	0.5	0.25	0.25	0.25	0.25	0.182	88
5	0.5	0.5	0	0	1	0.5	0	0	0.5	0.5	0.25	0.25	0.273	104
6	0.5	0.5	0	0	0.5	1	0	0	0.25	0.25	0.25	0.5	0.250	100
7	0	0	0.5	0.5	0	0	1	0.5	0.5	0.5	0.25	0.25	0.273	104
8	0	0	0.5	0.5	0	0	0.5	1	0.25	0.25	0.5	0.5	0.273	104
9	0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.25	0.5	0.25	1	0.5	0.25	0.25	0.318	112
10	0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.25	0.5	0.25	0.5	1	0.25	0.25	0.318	112
11	0	0.5	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.25	0.25	1	0.375	0.284	106
12	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.25	0.5	0.25	0.25	0.375	1	0.307	110
											medel	0.252	100	

Släktskapsindex, litet exempel

- bara medelsläktskap inom en senare del av populationen
- men hela populationen för att räkna ut släktskap



					1,2	1,2	3,4	3,4	5,7	5,7	2,8	6,8			
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12			
1	1	0	0	0	0.5	0.5	0	0	0.25	0.25	0	0.25			
2	0	1	0	0	0.5	0.5	0	0	0.25	0.25	0.5	0.25			
3	0	0	1	0	0	0	0.5	0.5	0.25	0.25	0.25	0.25			
4	0	0	0	1	0	0	0.5	0.5	0.25	0.25	0.25	0.25			
5	0.5	0.5	0	0	1	0.5	0	0	0.5	0.5	0.25	0.25	0.286	94	
6	0.5	0.5	0	0	0.5	1	0	0	0.25	0.25	0.25	0.5	0.250	85	
7	0	0	0.5	0.5	0	0	1	0.5	0.5	0.5	0.25	0.25	0.286	94	
8	0	0	0.5	0.5	0	0	0.5	1	0.25	0.25	0.5	0.5	0.286	94	
9	0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.25	0.5	0.25	1	0.5	0.25	0.25	0.357	113	
10	0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.25	0.5	0.25	0.5	1	0.25	0.25	0.357	113	
11	0	0.5	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.25	0.25	1	0.375	0.304	99	
12	0.25	0.25	0.25	0.25	0.25	0.5	0.25	0.5	0.25	0.25	0.375	1	0.339	108	
													medel	0.308	100

medel-
släktskap

index

Medelsläktskap och släktskapsindex

- Släktskapsindexet är ett hjälpmedel för att hitta hundar som är mer obesläktade än “medelhunden”.
- Kan användas när man valt ut bra hundar för en möjlig parning
 - i ”bra hundar” ingår bl.a. att det inte blir hög inavel i avkomman
- Om allt annat är lika bra, blir avkomman mindre släkt med resten av rasen om man väljer en hund med lågt släktskapsindex
- Men man ska inte gå på släktskapsindex först, risk att alla använder samma hundar vilket ger överanvändning och ökat släktskap i senare generationer.

Utbyte av data mellan länder

Gemensam avelsvärdering av HD NO-SE

- Pilotras Norsk älghund (grå), gråhund
- Problem: svårt att rangordna t ex norska hundar för användning i Sverige
- Exempel:
 - norsk hund utan eget resultat i Sverige: säkerhet i avelsvärdet 0,30
 - med gemensamma data: säkerhet 0,57

Utbyte av släktskap över länder

- Minskar risken för underskattning av importerade hundars medelsläktskap med (svenska) populationen

Mer modernt "Avelsdata"

Behov och önskemål om modernisering av Avelsdata (eller alternativ tjänst)

- Rutinmässigt utbyte av data mellan länder, möjliggör internationell/nordisk avelsvärdering, mer komplett härstamning, inavel etc.
- Mer flexibel filtrering och bättre målgruppsanpassning
- Rapportfunktioner och möjlighet till export av data
- Avelsvärdering för fler egenskaper (t ex andra hälsoegenskaper, livslängd?, funktionsegenskaper och på sikt även baserat på exteriörbeskrivning?)
- Släktskapsindex för fler raser
- Möjlighet att plocka in data från andra källor, t ex veterinärdata och hundägarrapporterad information