

## Notat

**Til:** Tillitsvalgte i væreringene og andre avlsinteresserte

**Fra:** Jette Jakobsen og Thor Blichfeldt, Avlsavdelingen i NSG

**Dato:** 29.05.2020

**Sak:** Genomiske avlsverdier (indekser) for NKS

Formålet med dette notatet er å redegjøre for hvilke endringer vi får i *væreindeksene* når vi går fra tradisjonell BLUP-beregning til genomisk BLUP-beregning.

Vi viser endringene for værene som er avkomsgransket i NKS-væringene, brutt ned på årgang, men vi viser ikke resultater for enkeltværer. Enkeltværer med offisiell O-indeks finner du ved å slå opp på [https://www.saueavl.nsg.no/vaer\\_list.cfm](https://www.saueavl.nsg.no/vaer_list.cfm)

Ringene vil finne de nye indeksene på sine egne værer inne på ringens sider. Her presenterer vi også indekser for 2019-årgangen, altså prøveværene som avkomsgranskes i år.

### Datamaterialet

I beregningen av genomiske avlsverdier inngår 13001 dyr med egen genprøve. Dyra fordeler seg på årganger og kjønn som vist i tabellen nedenfor.

| Fødselsår | 2013 | 2014 | 2015 | 2016 | 2017 | 2018 | 2019 | Totalt |
|-----------|------|------|------|------|------|------|------|--------|
| Vær       | 4    | 50   | 259  | 1633 | 1766 | 2221 | 2167 | 8100   |
| Søye      | 0    | 0    | 3    | 7    | 4887 | 4    | 0    | 4901   |
| Totalt    | 4    | 50   | 262  | 1640 | 6653 | 2225 | 2167 | 13001  |

Vårt utgangspunkt er væreindeksene fra siste offisielle indeksskjøring i 2019, indeksen 2019-H5. Denne kaller vi heretter **2019-H5-tradisjonell**. For å bedre å kunne vise hva endringene fra 2019-H5-tradisjonell fram til ny 2020-S0-genomisk innebærer, har vi gjort det i to trinn. Først fra tradisjonelle indekser til genomiske indekser, og deretter de andre endringene som Avlsrådet har vedtatt. Endringene er beskrevet nedenfor.

#### 1. Fra 2019-H5-tradisjonell til 2019-H5-genomisk

- Ny slektskapsmatrise med 90 % vekt på genomisk slektskap og 10 % vekt på tradisjonelt slektskap.
- Ny beregningsmetode for genetiske grupper (regresjoner). Genetiske grupper er viktig for dyr som mangler slektskapet, for eksempel mangler far fordi far ikke ble godkjent i farskapstesten.

#### 2. Fra 2019-H5-genomisk til 2020-S0-genomisk

- Økt spredningen i indeksene for ullmengde og ullkvalitet
- Endret vektlegging av ullvekt fra 3 % til 5 %
- Endret vektlegging av slakteklasse fra 16 % til 17 %
- Endret vektlegging av fettgruppe fra 10 % til 7 %
- Endret optimum for lammetall fra 110 til 120
- Endret skaleringsårgangene (alltid 5 årganger: Den eldste ut, den yngste inn inn)

I 2020-S0-genomisk har vi *ikke* inkludert nye fenotyper (lammetall, fødselsvekter osv.) som har kommet inn i Sauekontrollen hittil i 2020.

Benevnelsen 2020-S0-genomisk er brukt bare i dette notatet. I listene på nettet heter den denne første indeksskjøringen 2020-S1.

### Hovedtrender i endringen for avkomsgranskede værer

Tabellen nedenfor viser endringene i O-indeks for avkomsgranskede NKS-værer med offisiell O-indeks for årgangene 2010-2018. Årgangen 2019 er også inkludert, selv om denne årgangen ikke har offisiell indeks enda. Utvalget for 2019 er værene som er satt inn som prøveværer i ringene sist høst. Disse har altså ikke egne avkom i beregningene enda.

| Fødselsår | Antall | 2019-H5-tradisjonell |               | Endring<br>2019-H5-tradisjonell<br>→ 2019-H5-genomisk |               | Endring<br>2019-H5-genomisk<br>→ 2020-S0-genomisk |               |
|-----------|--------|----------------------|---------------|---|---------------|---|---------------|
|           |        | Gjennomsnitt         | Standardavvik | Gjennomsnitt  | Standardavvik | Gjennomsnitt                                      | Standardavvik |
| 2011      | 1793   | 99,5                 | 7,6           | -0,1  | 0,1           | -2,5  | -0,4          |
| 2012      | 1890   | 101,9                | 8,4           | -0,1  | 0,1           | -3,1  | -0,2          |
| 2013      | 1805   | 105,2                | 7,7           | -0,1  | 0,1           | -2,7  | -0,6          |
| 2014      | 1784   | 109,9                | 7,4           | 0,0   | 0,0           | -3,0  | -0,4          |
| 2015      | 1737   | 112,1                | 7,3           | 0,0   | 0,0           | -3,3  | -0,3          |
| 2016      | 1739   | 117,1                | 7,8           | -0,5  | 0,1           | -3,5  | -0,4          |
| 2017      | 1662   | 120,7                | 7,5           | 0,2   | 0,4           | -3,6  | -0,5          |
| 2018      | 1587   | 126,9                | 5,7           | 0,3   | 1,4           | -4,2  | -0,3          |
| 2019      | 1730   | 131,9                | 4,0           | -1,3  | 2,4           | -4,4  | -0,2          |

Vi starter med å se på O-indeksen fra 2019-H5-tradisjonell. Gjennomsnittet øker årgang for årgang, slik det skal gjøre når vi har avlsframgang. Fra 2017 til 2018 er framgangen 6,2 O-indekspoeng, fra 2018 til 2019 er den 5,0 O-indekspoeng. Det er en fare for at vi alltid overvurderer avlskvaliteten på de siste par årgangene noe, da indeksene ikke er så sikre når vi plukker ut prøveværene. Sikkerheten på indeksene øker når værene får egne slaktede avkom og egne døtre som har lammet, og dermed forsvinner den mulige «overvurderingen» etter hvert.

Det er også interessant å se på spredningen i indeksene. Se kolonnen for standardavvik for 2019-H5-tradisjonell. I 2019 og 2018-årgangen er spredningen liten i forhold til eldre årganger. Alle ringene prøver å få satt inn best mulig værer, og helst med 127 eller mer i O-indeks for å få tilskudd på dem, og dermed blir det relativt liten spredning (lite standardavvik) mellom dem. Etter hvert som sikkerheten på indeksen øker når værene får egne avkom, så øker spredningen.

Ser vi på endringen fra 2019-H5-tradisjonell til 2019-H5-genomisk, så skjer det lite med gjennomsnittet for årgangene. Det ser ikke ut til at genprøven for værene født 2018 avslører de som overvurdert (øker med 0,3 poeng), mens 2019-årgangen blir nedjustert med 1,3 poeng. Vi hadde håpet og forventet at genomiske avlsverdier i større grad hadde tatt hånd om overvurderinger. En alternativ forklaring er at værene født 2018 ikke er overvurdert. Det korrekte svaret får vi først om 1-2-3 år.

Flytter vi oss til kolonnen for endring i standardavvik fra 2019-H5-tradisjonell til 2019-H5-genomisk, er det liten endring i årgangene fra 2010 til 2016. Så starter spredningen å øke, fra 0,4 i 2017-årgangen til 1,4 i 2018-årgangen og videre til 2,4 i 2019-årgangen. Denne økningen skyldes at genprøven av væren er å sammenligne med direkte informasjon for alle egenskapene i avlsarbeidet, informasjon som ved tradisjonell avlsverdiberegning må komme fra avkom og andre slektninger.

De to kolonne lengst til høyre i tabellen viser endringene fra 2019-H5-genomisk til 2020-S0-genomisk. Gjennomsnittet per årgang synker som forventet 3-4 poeng på grunn av de nye skaleringsårgangene. Det ser også ut til at standardavviket blir litt mindre med nye skaleringsårganger og alle de andre endringene.

### Endringer for værer med høy sikkerhet på O-indeksen

Værer som har mange slaktede avkom og mange døtre som har lammet, har en høy sikkerhet på avlsverdiene for enkelteegenskapene og på O-indeksen. Her forventer vi ikke at indeksene endrer seg ved beregning av genomiske avlsverdier, selv i de tilfeller hvor væren selv har en genprøve.

For å sjekke om denne forventningen stemmer, har vi valgt ut værer som har mer enn 50 slaktede avkom og mer enn 50 døtre som har lammet. Vi må tilbake til værer født før 2017 for å finne dem. Tabellen nedenfor viser **endringene for disse værene fra 2019-H5-tradisjonell til 2019-H5-genomisk.**

| Endring O-indeks | 2011 | 2012 | 2013 | 2014 | 2015 | 2016 | Total |
|------------------|------|------|------|------|------|------|-------|
| -9               | 0    | 1    | 0    | 0    | 0    | 0    | 1     |
| -8               | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0     |
| -7               | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0     |
| -6               | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0     |
| -5               | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0    | 0     |
| -4               | 0    | 0    | 0    | 2    | 1    | 0    | 3     |
| -3               | 0    | 0    | 1    | 2    | 3    | 3    | 9     |
| -2               | 0    | 2    | 3    | 9    | 4    | 1    | 19    |
| -1               | 13   | 7    | 21   | 19   | 11   | 2    | 73    |
| 0                | 67   | 85   | 58   | 39   | 19   | 4    | 272   |
| +1               | 16   | 27   | 15   | 25   | 12   | 0    | 95    |
| +2               | 1    | 1    | 1    | 4    | 5    | 0    | 12    |
| +3               | 0    | 0    | 0    | 2    | 0    | 2    | 4     |
| +4               | 0    | 0    | 0    | 0    | 1    | 0    | 1     |
| Totalt           | 97   | 123  | 99   | 102  | 56   | 12   | 489   |

Vi ser at de aller fleste av værene ender seg svært lite (-1, 0 eller +1 O-indekspoeng) med genomiske avlsverdier. Vær oppmerksom på at det er bare i 2016 at alle værene har en egen genprøve. I årgangene 2013, 2014 og 2015 er det bare noen av værene i materialet som har egen genprøve.

Det er en vær som virkelig skiller seg ut, og som faller 9 O-indekspoeng ved den genomiske beregningen. Væren er født i 2012, har bekreftet farskap, har *ikke* egen gentest i den genomiske indeksberegningen, og har 20 sønner født med offisiell indeks, født i 2014 eller 2015, som heller ikke er gentestet. Vi forsker videre på denne!

Etter publisering av nye væreindekser på fredag, vil folket i felten ikke se endringene fra 2019-H5-tradisjonell til 2019-H5-genomisk, men fra 2019-H5-tradisjonell til 2020-S0-genomisk (på nettet kalt 2020-S1). Her er endringene for alle ringværene i årgangene 2011-2018 som har fått offisiell indeks.

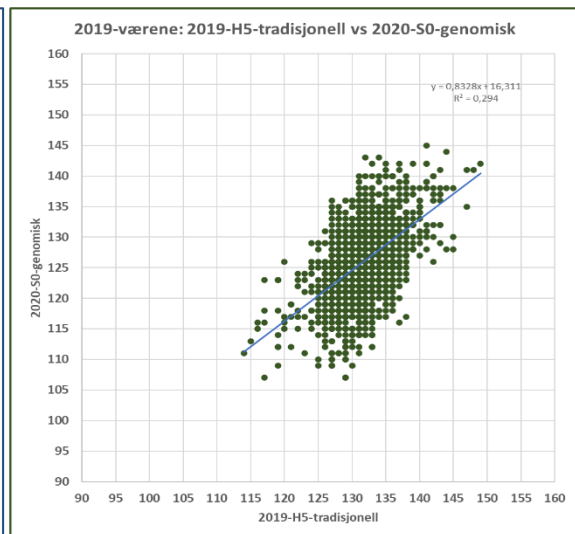
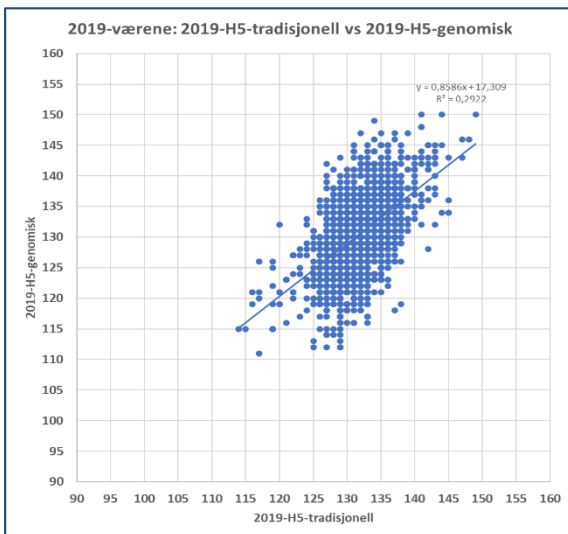
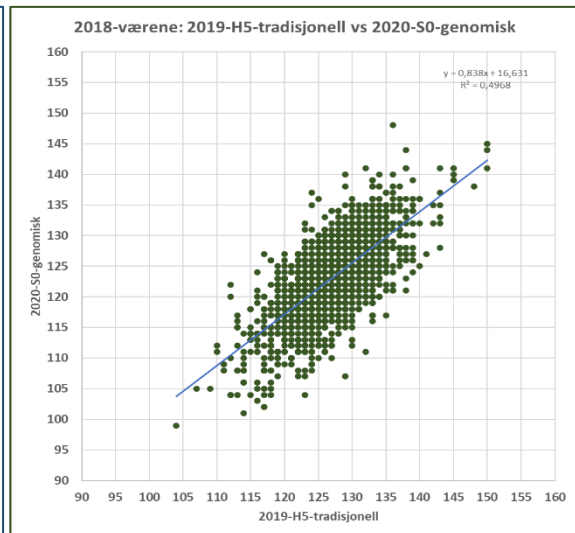
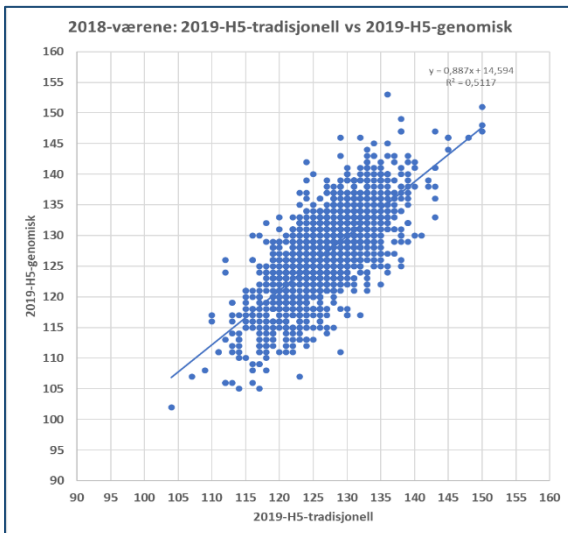
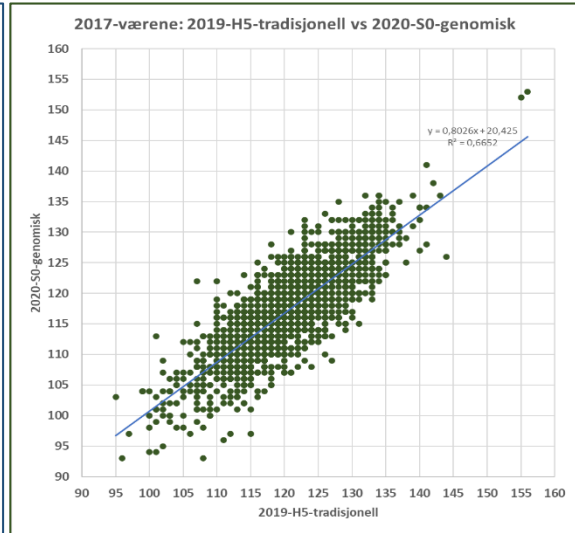
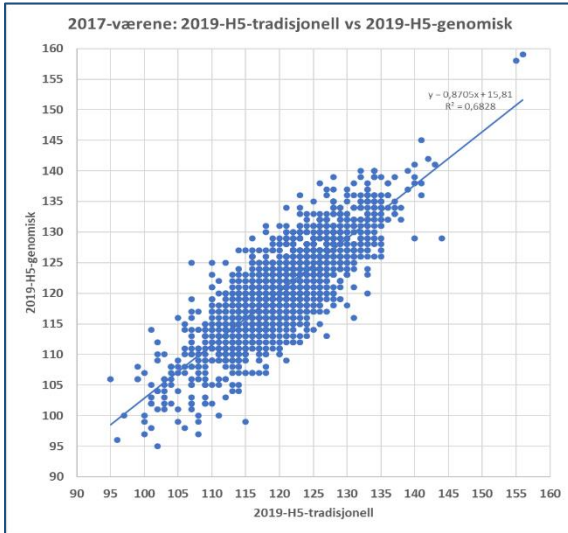
| Endring<br>O-indeks | 2011        | 2012        | 2013        | 2014        | 2015        | 2016        | 2017        | 2018        |
|---------------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|-------------|
| -22                 | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 1           |
| -21                 | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 1           |
| -20                 | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           |
| -19                 | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 1           |
| -18                 | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 1           | 3           | 2           |
| -17                 | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 2           | 0           | 4           |
| -16                 | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 2           | 3           | 4           |
| -15                 | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 13          | 4           | 17          |
| -14                 | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 12          | 10          | 16          |
| -13                 | 0           | 0           | 0           | 0           | 2           | 12          | 16          | 26          |
| -12                 | 0           | 0           | 0           | 0           | 1           | 28          | 32          | 28          |
| -11                 | 0           | 1           | 0           | 0           | 5           | 35          | 31          | 52          |
| -10                 | 0           | 0           | 1           | 2           | 5           | 57          | 46          | 60          |
| -9                  | 0           | 2           | 1           | 3           | 15          | 63          | 62          | 77          |
| -8                  | 1           | 11          | 7           | 8           | 19          | 113         | 87          | 79          |
| -7                  | 6           | 32          | 21          | 21          | 43          | 112         | 108         | 88          |
| -6                  | 34          | 106         | 64          | 68          | 113         | 163         | 130         | 118         |
| -5                  | 128         | 251         | 209         | 194         | 197         | 172         | 153         | 145         |
| -4                  | 317         | 414         | 328         | 392         | 364         | 180         | 134         | 114         |
| -3                  | 488         | 440         | 393         | 435         | 424         | 161         | 144         | 125         |
| -2                  | 422         | 339         | 364         | 353         | 328         | 147         | 147         | 128         |
| -1                  | 282         | 189         | 253         | 209         | 127         | 140         | 123         | 117         |
| 0                   | 93          | 86          | 114         | 78          | 63          | 92          | 104         | 96          |
| 1                   | 18          | 19          | 39          | 14          | 17          | 71          | 90          | 76          |
| 2                   | 4           | 0           | 10          | 5           | 8           | 47          | 80          | 58          |
| 3                   | 0           | 0           | 1           | 1           | 2           | 35          | 52          | 60          |
| 4                   | 0           | 0           | 0           | 0           | 2           | 24          | 33          | 36          |
| 5                   | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 18          | 30          | 26          |
| 6                   | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 15          | 12          | 12          |
| 7                   | 0           | 0           | 0           | 1           | 0           | 10          | 13          | 5           |
| 8                   | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 5           | 6           | 5           |
| 9                   | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 1           | 5           | 3           |
| 10                  | 0           | 0           | 0           | 0           | 1           | 5           | 1           | 2           |
| 11                  | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 2           | 0           | 3           |
| 12                  | 0           | 0           | 0           | 0           | 1           | 0           | 2           | 1           |
| 13                  | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 1           |
| 14                  | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           |
| 15                  | 0           | 0           | 0           | 0           | 0           | 1           | 1           | 0           |
| <b>Total</b>        | <b>1793</b> | <b>1890</b> | <b>1805</b> | <b>1784</b> | <b>1737</b> | <b>1739</b> | <b>1662</b> | <b>1587</b> |

Hvis vi ser spesielt på 2018-årgangen, den som var elitevær i ringene i 2019 og som vi skal hente seminværer fra i 2020, så går de fleste som forventet ned med fra 1- til -6 poeng. Endringene skyldes genprøven av væren og alle de andre endringene vi gjør nå i 2020, inkludert endret skaleringsårgang som fører til en nedjustering på ca 4 poeng for alle dyr. Vi bør leve godt med disse endringene.

### Endringene i årgangene 2017, 2018 og 2019

Se neste side. Venstre figur viser endringene fra 2019-H5-tradisjonell til 2019-H5-genomisk. Høyre figur viser endringene fra 2019-H5-tradisjonell til 2020-S0-genomisk.

Først 2017-årgangen, deretter 2018-årgangen og til slutt 2019-årgangen.



Vi ser at forskjellene mellom de tradisjonelle og de genomisk indeksene øker fra 2017-årgangen til 2018-årgangen, og den øker videre fra 2018-årgangen til 2019-årgangen. Den letteste måten å se det på, er at punktvermen går fra å være sigarformet for 2017-årgangen til mer ball-lignende i 2019.

Gentesten gir stor endring fra tradisjonell indeks til genomisk O-indeks, og endringen er større jo yngre værene er. Det er forbausende lite økt endring i O-indeks på grunn av de andre endringene vi innfører samtidig med overgangen til genomiske avlsverdier.

Tabellen nedenfor sammenfatter i hvilken grad O-indeksen fra 2019-H5-tradisjonell forklarer O-indeksen for henholdsvis 2019-H5-genomisk og 2020-S0-genomisk. Verdiene i tabellen er  $R^2$  fra regresjonsligningene.

| Sammenligning  | 2017 | 2018 | 2019 |
|--|------|------|------|
| 2019-H5-tradisjonell $\leftarrow \rightarrow$ 2019-H5-genomisk | 0,68 | 0,51 | 0,29 |
| 2019-H5-tradisjonell $\leftarrow \rightarrow$ 2020-S0-genomisk | 0,67 | 0,50 | 0,29 |

Jo lavere forklaringsgraden ( $R^2$ ) er, jo større endringer får vi. Vi har tro på at endringene vi får ved å gå fra tradisjonelle indekser til genomiske indekser skyldes at de genomiske indeksene er sikrere. Med sikrere indekser ved utvalg av prøveværer, eliteværer og seminværer, øker avlsframgangen.

## Oppsummering

- **Genomiske avlsverdier har større sikkerhet enn tradisjonelle avlsverdier, spesielt for:**
  - Unge dyr
  - «Søyeegenskapene»
- **Større sikkerhet gir større avlsframgang**

Vår innstilling til Avlsrådets behandling av genomisk seleksjon den 17.-18. juni 2020 er:

- ✓ Vi anbefaler at vi tar i bruk genomiske avlsverdier for NKS.
- ✓ Hvordan vi endrer avlstiltakene og hvor mye av avlsbudsjettet vi skal bruke på gentesting og registrering av nye egenskaper, må vi diskutere videre.