



Norges miljø- og
biovitenskapelige
universitet

Masteroppgave 2016 30 stp
Institutt for husdyr- og akvakulturvitenskap

Genomiske avlsverdier for kjøttproduksjonsegenskaper hos Norsk Rødt Fe

Genomic breeding values of beef production traits
in Norwegian Red

Elena Kirsanova
Husdyrvitenskap, avl og genetikk

Forord

Denne masteroppgaven har blitt skrevet som en avsluttende oppgave ved Institutt for husdyr- og akvakulturvitenskap (IHA) ved Norges miljø- og biovitenskapelige universitet (NMBU). Oppgaven er en del av toårs masterstudiet i husdyrvitenskap, retning avl og genetikk.

Jeg har alltid vært glad i dyr og ville lære mer om dem. Avl og genetikk har jeg stor interesse for da det handler både om dyrene og om hvordan gjøre livet deres bedre. Analysen for kjøttegenskaper til Norsk Rødt Fe (NRF) i ssGBLUP metodikk, som er utført i oppgaven, er et lite undersøkt område av storfeavl i Norge og derfor er av betydning og vil danne grunnlag for videre analyse for andre egenskapsgrupper som inngår i avlsmålet for NRF.

Jeg vil takke hjertelig min hovedveileder Bjørg Heringstad, for dyktig veiledning og gode kommentarer, som har alltid hatt tid til et hyggelig møte og svare på spørsmål, takk for hjelp med SAS og DMU, godt humør og mulighet for å skrive om det jeg er veldig interessert i. Tusen takk til min biveileder Øyvind Nordbø for viktige og gode innspill, masse hjelp med program R og hyggelig samarbeid. I tillegg vil jeg takke Geno SA for tilgang til datasettet. Til slutt vil jeg rette en stor takk til Marte Moe for korrekturlesing og min familie for støtte gjennom hele studietiden ved NMBU.

Norges miljø- og biovitenskapelige universitet

Ås, 12.05.2016

Elena Kirsanova

Sammendrag

Norsk Rødt Fe (NRF), som er den mest brukte rasen i Norge, har gode både melke- og kjøttproduksjonsegenskaper. Kjøttproduksjonsegenskaper er viktig egenskapsgruppe som har vært vektlagt i alvsmålet til NRF siden starten. Avlsverdier beregnes basert på slaktedata fra slakteokser. Geno har i 2016 vedtatt overgang til genomisk seleksjon og bruk av ettrinns GBLUP (ssGBLUP) for å beregne avlsverdier. I ssGBLUP kombineres slektskapsmatrise basert på stamtavlen for ikke genotypedede dyr (**A** matrise) og genomisk slektskapsmatrise for genotypedede dyr (**G** matrise) i **H** matrisen. Hensikten med denne oppgaven var å undersøke effekten av å justere **G** matrisen med informasjon fra **A**, i større eller mindre grad. Ett datasett med fenotype- og genotypeinformasjon for 746 NRF slakteokser ble brukt til validering.

Resultatene viste at sikkerheten på avlsverdiene for kjøttproduksjonsegenskaper økte betydelig av å inkludere genotypeinformasjon. For oksene i valideringssettet var sikkerheten på avlsverdiene fra ssGBLUP 0,57 for slaktevekt, 0,60 for slakteklasse, og 0,76 for fettgruppe. For slakteklasse og fettgruppe oppnår en høyeste sikkerhet ved 20 % vektlagt **A** og 80 % **G** matrise i **H** ved bruk av ssGBLUP. For slaktevekt vil 10 % vektlagt **A** og 90 % **G** gi høyeste sikkerheten ved ssGBLUP. «Bias» for avlsverdier for slakteklasse vil være minst (regresjonskoeffisient nær 1) ved 20 % - 30 % vekt på **A** og 70 % - 80 % **G** i **H** matrisen i ssGBLUP. For fettgruppe og slaktevekt var der 100 % **G** matrise som er GBLUP som ga minst bias.

Summary

Norwegian Red (NRF) is the most used cattle breed in Norway, and have good both milk and meat productions traits. Meat production traits are important and have been included in the breeding goal since 1962. Breeding values for the traits slaughter weight, slaughter class, and fat group are calculated based on information from slaughter bulls, where EUROP-system was used for classification. In 2016 Geno decided to fully implement genomic selection and started using the single-steps genomic evaluation method (ssGBLUP) for routine genetic evaluation. The aim of this master thesis was to evaluate the effect of using different weighting of pedigree relationship (**A** matrix) and genomic relationship (**G** matrix) in ssGBLUP evaluations. Phenotypic and genotypic records of 746 NRF slaughter bulls were used for validation.

The results showed that reliability (accuracy) of breeding values for meat production traits increased significantly by including genotypic information. For bulls in the validation set, reliabilities on their breeding values from ssGBLUP was 0,57 for carcass weight, 0,60 for slaughter class, and 0,76 for fat group. For slaughter class and fat group, ssGBLUP model gave the highest validation reliabilities at 20 % **A**- and 80 % **G**- matrix in **H** matrix. For carcass weight 10 % **A**- and 90 % **G**- matrix weight in **H** matrix gave highest validation reliabilities. Validation bias for breeding values of slaughter class, calculated by ssGBLUP method, was at lowest (regression coefficient close to 1) with 20 % - 30 % used weight of **A**- and 70 % - 80 % weight of **G**- matrix in **H** matrix. For slaughter weight and fat group 100 % **G** matrix, which is also GBLUP method, gave lowest bias.

Innhold

1.0 Innledning.....	1
2.0 Teori	3
2.1 Avlsmessig framgang	3
2.2 Avlsarbeid til Norsk Rødt Fe.....	3
2.3 Avlsmålet.....	6
2.4 Kjøttproduksjonsegenskaper	9
2.5 Arvegrad	10
2.6 Genetisk korrelasjon	11
2.7 Avlsverdi og sikkerhet.....	14
2.8 Genomisk seleksjon.....	16
3.0 Materiale og metode.....	19
3.1 Materiale	19
3.2 Modell.....	22
3.3 Validering	24
4.0 Resultater.....	26
4.1 Sikkerhet.....	26
4.2 Regresjonskoeffisient	27
4.3 Korrelasjon	28
4.4 Genetisk trend.....	31
5.0 Diskusjon.....	34
5.1 Sikkerhet.....	34
5.2 Regresjonskoeffisient	34
5.3 Korrelasjon	35
5.4 Genetisk trend.....	35
5.5 Begrensninger og anbefalinger	36
6.0 Konklusjon	37

7.0 Referanser.....	38
Vedlegg 1.	IX
Vedlegg 1.1.....	IX
Vedlegg 1.2.....	IX
Vedlegg 1.3.....	X

1.0 Innledning

Kjøttproduksjonen er et viktig tema i norsk landbruk. Landbruks- og matmeldingen i 2012 slår fast at matproduksjonen i Norge skal økes i samsvar med årlig befolkningsvekst (Meld.st.9, 2011 – 2012). I tillegg var det nevnt at: “*å øke produksjonen av produkter fra grasetende dyr i takt med etterspørselen er derfor spesielt viktig for å holde arealene i drift og som grunnlag for økonomisk aktivitet og sysselsetting i mange områder*”. Etter det, i oktober 2012, nedsatte landbruks- og matministeren en ekspertgruppe for å undersøke hvordan storfekjøttproduksjonen i Norge kan økes (Animalia 2013). Resultatet ble en faglig rapport med anbefalinger på lang og kort sikt (Ruud et al. 2013).

Den mest brukte rasen til storfekjøttproduksjonen i Norge er Norsk Rødt Fe (NRF) (Bjørnholt et al. 2014) som er en kombinasjonsrase som ble avlet fram for å produsere både kjøtt og melk (Geno 2014e). Årsmelding fra Animalia (Bjørnholt et al. 2014) viser at 50,98 % av totalt slaktede ungekser i landet er NRF. En mulighet for å bidra til økt storfekjøttproduksjonen kan være å øke tilveksten per okse gjennom avlsmessig framgang. I Norge er det avlsselskapet Geno som gjennomfører avlsarbeid for NRF. Måltrettet avlsarbeidet for økt tilvekst har ført til reduksjon i slaktealderen med 1 måned siden 1985 (Nesse 2015). Det vil si at for å øke kjøttproduksjonen kan en øke avlsframgang. Genomisk seleksjon (GS) kan bidra til dette (Meuwissen et al. 2001).

I 2016 vedtok Geno fullstendig overgang til GS (Buskap 2016). Da vil de beste oksene bli valgt basert på genomiske avlsverdier (Geno 2015b).

Tradisjonell avkomsgransking krever fra 6 til 6,5 år for at oksene kan få døtre med fenotypiske data for å så beregne avlsverdier (Schaeffer 2006). Med fenotypiske data menes det alle trekk eller egenskaper som kan observeres hos et individ, eksempelvis melkeytelse. Ved bruk av genomisk seleksjon kan generasjonsintervallet reduseres til 1,75 år da beregningene baserer seg på informasjon om DNA (Deoxyribonucleic acid).

I 2001 publiserte Meuwissen et al. (2001) en artikkel der de foreslo bruk av genomisk seleksjon (GS) som metode for å få økt avlsmessig framgang.

Geno benytter ettrinns genomisk seleksjonsmetode (Geno 2015b) eller single step Genomic Best Linear Unbiased Prediction - ssGBLUP (Aguilar et al. 2010) for å beregne avlsverdier. Metoden innebærer analyse av to grupper av dyr samtidig (Legarra et al. 2009). Den ene består av genotypede dyr med genomisk slektskapsinformasjon (**G** matrise) og den andre er

ikke genotypede dyr med slektskap basert på stamtavlen (**A** matrise). En studie utført av Su et al. (2012) har vist at bruk av ettrins metoden gir nøyaktig beregnet avlsverdier. Derfor vil metoden kunne være et godt alternativ for rutine avlsverdi beregning da det kan bli tatt hensyn til alle dyr med fenotypisk og genotypisk informasjon. Gao et al. (2012) undersøkte effekten av å justere vektlegging av **A**- og **G**- matriser i en **H** matrisen som utgjør en kombinasjon av **A**- og **G**- matriser. Gao et al. (2012) konkluderte med at den høyeste sikkerheten oppnår en ved å inkludere fra 0,15 til 0,2 andel vektlegging av **A** matrisen i ssGBLUP.

I denne masteroppgaven er det sett på ssGBLUP, der en kombinerer genomisk slektskap for genotypede dyr (**G** matrise) og antatt slektskap basert på stamtavlen for alle ikke genotypede dyr (**A** matrise) i en felles **H** matrisen. Effekten av å justere **G** matrisen med informasjon fra **A**, i større eller mindre grad i en multivariat modell for kjøttegenskaper – slakteklasse, fettgruppe og slaktevekt ble undersøkt. Målet var å undersøke om ulik vektlegging av **G** og **A** påvirket sikkerheten og bias (regresjonskoeffisient) for genomiske avlsverdier (GEBV) fra ssGBLUP for NRF. Seminokseemner som ble genotypet men ikke kjøpt inn av Geno og som nå har egne slaktedata ble brukt for validering.

2.0 Teori

2.1 Avlsmessig framgang

Avlsmessig framgang betyr at avkom har høyere produktivitet sammenlignet med foreldregenerasjon eller tidligere generasjoner. Avlsmessig framgang beregnes slik (Mrode 1996):

$$\Delta G = \frac{i \times r \times \sigma_G}{L}$$

Hvor ΔG er avlsmessig framgang per år, i er seleksjonsintensitet, r er sikkerhet på avlsverdi, σ_G er genetisk standardavvik og L er generasjonsintervallet.

Tradisjonell avkomsgransking krever fra 6 til 6,5 år for at oksene kan få døtre med fenotypiske data for å så beregne avlsverdier, men ved bruk av GS kan generasjonsintervallet reduseres til 1,75 år (Schaeffer 2006). Innføring av GS har gjort det mulig å velge de beste dyrene basert på DNA informasjon i kombinasjon med fenotypedata (Meuwissen et al. 2001). Potensialet med GS er at en kan beregne genomiske avlsverdier rett etter fødsel. Da generasjonsintervallet skal reduseres for å øke avlsmessig framgang (Schaeffer 2006) avhenger metoden om en kan opprettholde sikkerheten på avlsverdiene, som er en korrelasjon mellom sanne og beregnet avlsverdi (Mrode 1996), på et rimelig nivå. Flere studier har vist at sikkerheten til de genomiske avlsverdiene er høy for noen raser og for noen egenskaper og kan være opp mot 85 % (Bennewitz et al. 2009; Calus & Veerkamp 2007). Men sikkerheten er lavere sammenlignet med beregnet avlsverdi basert på avkomsgranskinger, som kan være opp mot 90 % for noen egenskaper med høy arvegraden for NRF (Solberg 2009). Avlsmålet til NRF har flere egenskaper med lav arvegrad, hvor bruk av GS vil gi lavere sikkerhetsverdier sammenlignet med avkomsgransking (Svendsen et al. 2013) som avlsarbeid til NRF i Geno baserer seg på (Steine et al. 2004).

2.2 Avlsarbeid til Norsk Rødt Fe

Avlsarbeid for NRF startet i 1935 da gårdbrukere i Norge dannet Avlsforeningen for Hedmarksfe (Vangen et al. 1994). Avlsmålet ble bestemt av bøndene selv og i midten av 1970-tall satset de på avl for bedre helse (Geno 2014d). Målrettet avlsarbeid for NRF startet opp på 1960-tallet og i 1962 lanseres det første avlsmålet med hovedvekt på melkeytelsen (Geno 2014c). Melkeytelsen utgjorde da 68,2 % mens at resterende 31,8 % var fordelt på

kjøtt, hastighet, bein/kropp og jur (Geno 2014a). Avlsforening for NRF skiftet navn til Geno i 1999 (Steine et al. 2004).

Avlsselskapet Geno er et samvirkeforetak, eid av 9 500 norske bønder, som har ansvar for utvikling av avlsmålet for NRF (Geno 2015a). Allerede i 1958 startet Geno med fenotypetesting av NRF oksekalver (Ødegård 2002). Det var et viktig bidrag til utvikling av kjøttproduksjonsegenskaper da det ble grunnlaget for å starte med avkomsgransking for kjøttegenskaper i 1959. I år 2000 har Geno registrert 300 gram høyere daglig tilvekst på ungoxsene, det vil si en økning fra 1000 gram til 1300 gram i løpet av 40 år siden 1960. I tillegg til fenotypetesten har Geno brukt data fra Kukontrollen som grunnlag for å beregne avlsverdier for kjøtt. Kukontrollen er den sentrale storfedatabanken i Norge som inneholder alle opplysningene på storfe (Steine et al. 2004). Produsentene, rådgivere og veterinærer registrerer data i Kukontrollen. I tillegg bidrar slakteriene, distriktslaboratoriene og Genos seminbase med rapportering av henholdsvis slaktedata, melkeanalyser og semindata. For å opprettholde kontroll over storfebestand i Norge var det pålagt at alle nyfødte kalver skal ha individmerke i øret. Disse benyttes blant annet på slakteriene for å koble slakteopplysningene til individ. Deretter bindes dataene i Kukontrollen med informasjon om avstamning og fødselsdato. Samtidig vil slaktedata på et individ føre til at dyrene blir meldt ut av databasen ved slakting.

Avkomsgransking, fenotypetest og helseattester har gitt grunnlag for valg av seminokser (Steine et al. 2004) før vedtaket om fullstendig overgang til genomisk seleksjon i 2016 (Buskap 2016). Hvert år ble det kjøpt inn 250 - 300 oksekalver (Geno 2014f) for å teste disse for tilvekst og eksteriør (Steine et al. 2004). Tilvekstpoeng var ett av kriteriene for seleksjon av ungoxer. Tilveksten ble registrert i perioden fra 5 til 11 måneders alder gjennom veiing av kalver på fôringsautomaten hver gang de fikk tildelt kraftfôr. Ved 11 måneders alder ble det beregnet daglig tilvekstpoeng basert på registrert tilvekst.

Ved ett års alder ble funksjonelt eksteriør med vekt på bein og klauver vurdert. Tilvekstpoeng settes fra 1 til 10, der 1 er lavest og 10 er størst. For at oksekalven skulle bli valgt ut som seminokse burde den ha poeng bedre enn 5. Basert på klassifiseringen ble de 115 beste oksene valgt ut til seminokser hvert år etter å ha gjennomført fenotype- og helsetester. Når det gjelder helse ble det sett på sædkvalitet og sjukdommer. Seminokser ble avkomsgransket. Hver okse fikk gjennomsnittlig 250 – 350 døtre (Geno 2014f) og 250 – 350 sønner (Steine et al. 2004). Døtrene ble testet og målt og kunne gi informasjon om blant annet avdrått, helse, fruktbarhet, lynne og eksteriør (Geno 2014f). Sønnene ble fôret opp til slakt og slaktedata ble registrert på

slakteriene samt videresendt til Kukontrollen. Basert på slektskaps- og fenotypeinformasjon har det blitt regnet ut indeks for hver egenskap og brukt til å beregne samla avlsverdi. Til slutt ble det valgt ut 10 – 12 seminokser med de høyeste avlsverdiene til å være eliteokser, mens at resterende okser som ikke ble plukket ut ble slaktet.

Ved kjøttproduksjon slaktes oksene vanligvis ved 17 – 18 måneder alder. Da har de en levendevekt på ca. 540 kg. Siden slaktevekten utgjør ca. 52 – 53 % av levendevekt vil slaktevekten være på 280 – 290 kg. Gjennomsnittlig slaktevekt for ung okse har økt i perioden fra 2012 – 2014 og i 2014 utgjorde den 300 kg (Bjørnholt et al. 2014). En fullvoksen NRF okse kan være ca. 1 300 kg levendevekt (Geno 2014e). En masterstudie utført av Lina Rundlöf i 2014 viste at NRF rasen har hatt raskere tilvekst per dag sammenlignet med de gamle norske storferasene som er dølafe, østlandsk rødkolle, vestlandsk rødkolle, vestlandsk fjordfe, telemarksfe, sidet trønder og nordlansfe. Forskjellen på tilveksten utgjorde 200 – 300 gram mer per dag og totalt var på 1 373 gram per dag for NRF okser (Rundlöf 2014). Mens vekten var 500 kg større for en voksen okse sammenlignet med de gamle norske storferasene (Korkman 1953; Blikstad 2006; Simensen 2008; Hallander 1989).

Høsten 2012 startet Geno med innsamling av Deoxyribonucleic acid (DNA) prøver fra aktuelle seminokseemner (Nævdal 2013). Prøvene ble brukt for genotyping og for å beregne genomiske avlsverdier, som videre ble en tilleggsopplysning ved innkjøp av seminokser (Svendsen et al. 2013). Dette har gitt grunnlag for å implementere GS i avlsarbeidet for NRF i Norge. De første GS-okser ble lansert i Geno i 2013 (Geno 2016b). Oksene ble da plukket ut fra hver ungeksepulje og først brukt i ett år. Per i dag kjøper Geno inn de beste oksekalvene basert på genotypeinformasjon, mens resterende genotypedede oksekalver brukes til kjøttproduksjon og får registrert egen fenotype for slaktedata. I 2016 ble det vedtatt fullstendig overgang fra avkomsgransking til genomisk seleksjon (Buskap 2016). I overgangsfasen vil det være vurdert både avkomsgransket okser og okser med genomiske avlsverdier så lenge avkomsgransket elite okser er tilgjengelig.

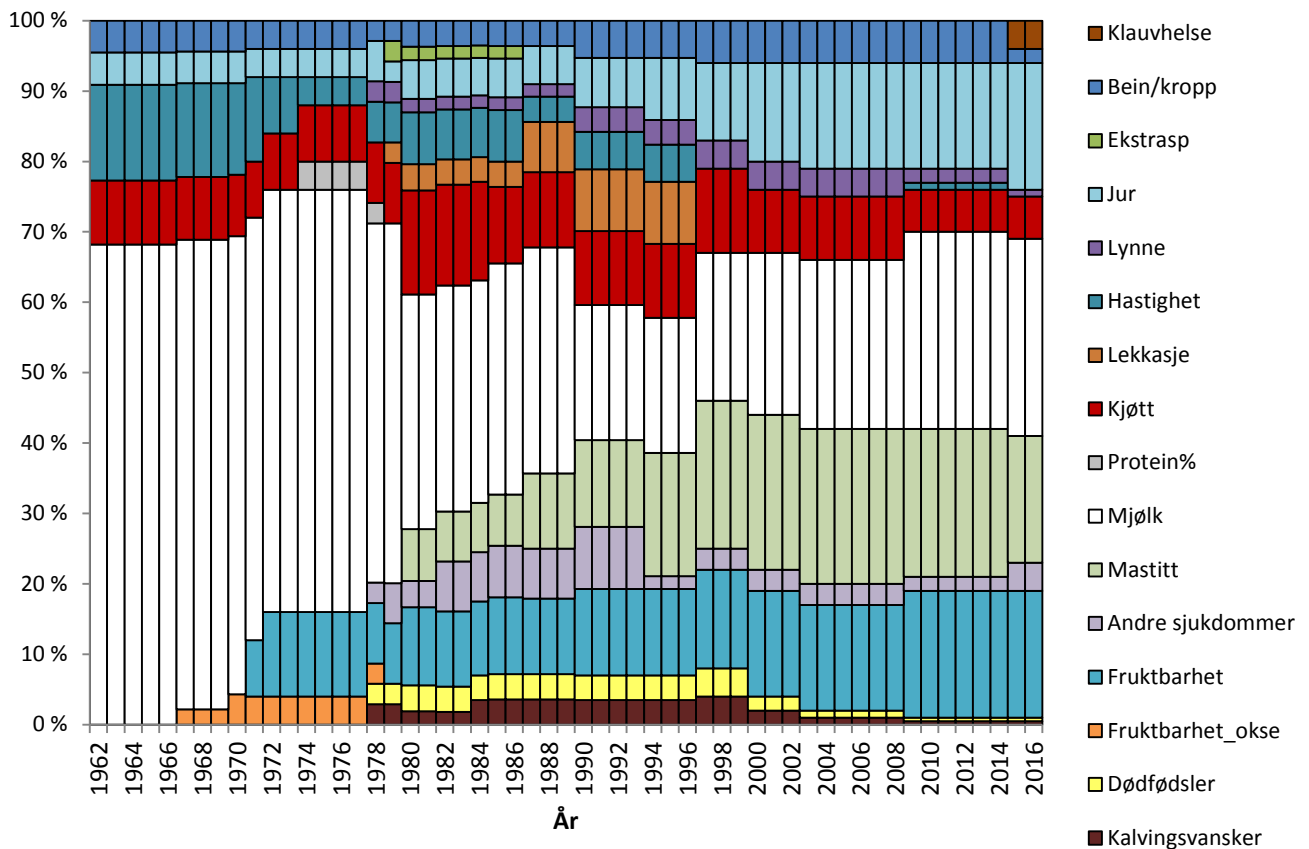
For å få kjøpt inn de beste NRF oksekalvene stiller Geno følgende krav (Geno 2016c). Det settes minimumskrav til kalvens avlsverdi, samt beregnet slektskapsindeksen skal være høyere enn -25. Neste viktig krav er at far til oksen skal være NRF eller Viking Rød eliteokse og mor til kalven ikke skal være hormonbehandlet for eggstokkcyster og/eller brunstmangel. Seminokseemner listes ut etter hver avlsverdiberegning. Måltall brukes for antall utlisteringer per fødselsmåned. Men grunnet at antall fødte kalver per måned varierer og er størst i høsten i Norge vil da antall innkjøpte kalver være avhengig av det.

Etter nyeste avlsverdberegning som skjedde i februar 2016 ble det bestemt å kjøpe inn kalver fra ungekser også (Geno, 2016c). Kravene vil være de samme som er fremstilt for seminokseemner etter eliteokser.

Det er ca. 2 000 aktuelle seminokseemner som listes ut hvert år (Nævdal 2014). Kalvingsopplysninger rapporteres til Kukontrollen og når kalven er okse vil Biobank sende ut informasjonsbrev sammen med prøveutstyr. Produsentene bruker nesevaber og tar en prøve av slimhinne i kalvens nese. Prøven returneres til Biobank som ekstraherer DNA. Videre blir prøvene genotypet. Genotyping gir blant annet informasjon om kalvens genetiske hornstatus, kaseinvarianter og om kalven er bærer for rekesmakgenet. Etter det sjekkes slektskap og prøvene går videre til neste genotyping for å så beregne GS-avlsverdi. GS-resultatene inneholder da informasjon om samla GS-verdi, GS-avlsverdi for samleindeks fruktbarhet, kjøtt, jur og bein, samt GS-avlsverdi for 45 enkelttegenskaper og slektskapsindeks (Geno 2016d). Kalvene med de beste GS-verdiene skal vurderes selv og det foretas eksteriørvurdering av mor til kalven. Det blir vurdert ca. 250 kalver per år. Vurdering av kalven med kombinasjon av GS-verdiene danner den endelige avgjørelse om innkjøp eller avslag.

2.3 Avlsmålet

NRF er en kombinasjonsrase med bredt avlsmål, som i 2016 har til sammen inkludert 11 egenskapsgrupper (Geno 2016a). Avlsmålet oppdateres jevnlig og angir hvilke egenskaper det skal legges vekt på i samla avlsverdi (Vangen et al. 1994). I tillegg viser den hvor viktig egenskapene er i forhold til hverandre og med dette styrer Geno hvilke egenskaper som skal ha størst genetisk fremgang og hvilke som skal være på et forholdsvis stabilt nivå. (Steine et al. 2004). Det første avlsmålet var utviklet i 1962 og avlsarbeidet har blitt gjennomført ved hjelp av avkomsgransking av de beste oksene (Vangen et al. 1994). Historisk utvikling av avlsmålet tilbake til 1962, med oversikt over egenskaper og vektlegging av egenskaper er vist i figur 1.



Figur 1. Historisk prosentvis utvikling av avlsmålet for NRF fra 1962 til 2016 (Geno 2014a; Geno 2016)

Figur 1 viser at egenskaper kjøtt, melk, hastighet, jur og bein/kropp har vært inkludert i avlsmålet i hele tidsperioden fra 1962 til 2016. Målet med avlsarbeid for NRF fra starten var å avle fram en rase med gode melke- og kjøttproduksjonsegenskaper (Geno 2014b). Derfor har melkeytelse vært høyt prioritert på 1960-tallet og utgjorde 70 % av avlsmålet. Resterende 30 % var fordelt mellom utmjølkingshastighet, kjøtt og eksteriør. Siden 1962 har avlsmålet gjennomgått betydelige endringer i forhold til både vektlegging og type egenskaper, som et eksempel har vektlegging av melk blitt redusert med 40,2 % over 54 år. I 1980 ble vektlegging av flere egenskaper endret, der blant annet vekt på melk blitt redusert. Blant de viktige produksjonsegenskaper i avlsmålet er kjøtt. Med kjøttegenskapen menes her evne til å vokse raskt opp til slaktevekten (Vangen et al. 1994). Denne egenskapen har blitt vektlagt siden første avlsmålet med 9,1 % i 1962, mens etter hvert har vektleggingen blitt redusert til å være 6,0 % i 2016. I år 2000 har avlsselskapet satset på å utvikle robuste dyr, det vil si dyr som skal utnytte tilgjengelige ressurser i Norge og som følge gi gode økonomiske resultater

(Steine et al. 2004). I juni 2015 oppdaterte Geno avlsmålet for NRF og følgende egenskapsgrupper har blitt vektlagt (Tabell 1).

Tabell 1. Avlsmålet for NRF, 2015 år. Vektlegging av egenskaper i samla avlsverdi (Geno 2015a)

Egenskap	Vektlegging (%)
Mjølkk	28
Mastitt og celletall	18
Fruktbarhet	18
Jur	18
Kjøtt	6
Andre sykdommer	4
Klauvhelse	4
Bein	2
Lynne	1
Kalvingsvansker	0,5
Dødfødsel	0,5

Tabell 1 viser at det er vektlagt 11 egenskapsgrupper, der mjølkk har 28 % og mastitt med celletall, fruktbarhet og jur har 18 % hver. Kjøtt vektlegges med 6 % og andre sykdommer og klauvhelse har fått 4 % hver. Bein vektlegges med 2 % og lynne med 1 %, kalvingsvansker og dødfødsel har 0,5 % vekt.

Avlsmålet til NRF skal ta hensyn til både velferd og økonomien. Det er mål om å avle frem ei ku som er *“frisk og fruktbar, har god produksjon av mjølkk og kjøtt, god livskraft, et funksjonelt jur, god kropp, sterke bein og godt lynne”* (Geno 2016a).

Olesen et al. (2000) vurderte ulike modeller av bærekraftige husdyrproduksjoner, hvor avlsmålet for NRF var inkludert. Det var oppgitt tre forskjellige alternativer for avlsmål med ulikt vektlegging av egenskaper som melk, kjøtt, mastitt og fruktbarhet samt økonomisk verdi. Studien viste at vektlegging av helseegenskaper i avlsmålet vil gi bedre økonomisk resultat på langt sikt, sammenlignet med vektlegging av melkeproduksjon som vil gi større gevinst på kort sikt. Konklusjonen var at husdyravl i bærekraftige systemer bør ha et bredt avlsmålet for å ivareta god dyrevelferd, -helse og miljø. En seinere studie av Gamborg og

Sandøe (2005) viste at det mangler en detaljert definisjon av bærekraftig husdyravl. Studien har pekt på at dagens definisjon er åpenbart avhenger av personer eller grupper som bruker den, selv om bærekraftig husdyravl inkluderer dyrehelse, -velferd, mat kvalitet og flere viktige aspekter (Gamborg & Sandøe 2005).

2.4 Kjøttproduksjonsegenskaper

I kjøttproduksjonsegenskaper inngår fettgruppe, slaktevekt og slakteklasse. Egenskapene blir registrert av sertifiserte klassifisører på slakteriene (Steine et al. 2004). I Norge ble klassifiseringen av slakt innført i 1931 gjennom Norges Kjøtt og Fleskesentral (NKF) (Animalia 2012). Det er i dag Animalia som har ansvar og kontroll for klassifiseringsarbeid. Dette innebærer blant annet opplæring, sertifisering og videreutvikling av klassifiseringssystemene. Etter at slaktedataene er registrert overføres disse videre til Kukontrollen og derfra overføres de til Geno SA som beregner avlsverdier (Steine et al. 2004). Det vil si at det kun er informasjon om kjøttegenskapene for de oksene som kommer fra besetninger som er medlem i Kukontrollen, som brukes ved beregning av avlsverdier.

Basert på ulike kjøttkarakteristikk deles slakteklassene totalt i 15 grupper (Berg & Matre 2001). Først tas det helthetsvurdering som avgjør hvilken hovedklasse dyret skal tilhøre. Klassene rangeres som følger – E, U, R, O, P, hvor av E er den høyeste med 80 – 85 % kjøttprosent og P er den laveste med tilsvarende 75 % eller lavere. Etter en generell helthetsvurdering blir dyrene vurdert nærmere. Det vil si at framparten (bog, bryst, nakke og høyrygg), midtparten (rygg og side) og bakparten (lår og mørbrad) blir vurdert med hensyn til kjøttfylde. Med tilstrekkelig utvikling og kjøttfylde får dyrene pluss i tillegg til hovedklasse, eller minus ved noe redusert utvikling.

Fettgruppe er delt i fem hovedklasser – 1, 2, 3, 4 og 5 (Berg & Matre 2001). Disse rangeres avhengig av fettmengde, hvor av den første klassen har opp til 10 % fettinnhold og den siste klassen på over 30 % fettinnhold. I tillegg gis det minustegn i tilfelle slaktet er magrere eller pluss da den er feitere sammenlignet med gjennomsnittet i hovedklasse. Med fettinnhold menes det mengden av underhudsfett og fett i brysthulen.

Slaktevekt utgjør vanligvis 52 – 53 % av levendevekt for NRF (Geno 2014e). Slaktevekt, i forbindelse med avlsarbeid, benyttes som indikator på tilveksthastighet til oksene (Steine et al. 2004). Slakteinformasjon brukes kun fra oksene og kobles direkte med alder ved slakting som gir «netto» tilveksthastighet. Dette vil være en av de viktigste egenskapene med betydning for økonomien i drifta. En rask framføring gir reduserte kostnader.

Registrert slakteklasse, fettgruppe og slaktevekt kobles til informasjonen om slektskap mellom dyrene og brukes for å beregne avlsverdi (Geno 2014f). Beregnet avlsverdi viser oksens genetiske- og arvelige potensial for egenskapene. Oksene selekteres fra samlet avlsverdi og det tas hensyn til blant annet sædproduksjonskapasitet og innavlssfare ved bruk av oxen.

2.5 Arvegrad

Arvegraden er definert som den andelen av variasjonen i en egenskap som forklares med arv (Lynch & Walsh 1998). Arvegraden varierer fra 0 til 1. Med 1 vil alle forskjeller mellom dyrene være på grunn av arv. Et eksempel på arvegrad lik 1 er hornet/kollet dyr som fullstendig skyldes arv. Arvegraden avgjør antall observasjoner som trenges for å drive et effektivt avlsarbeidet. Dersom arvegrad er lav vil det være behov for flere observasjoner for å oppnå sikkerhet på avlsverdiene, enn med høyere arvegraden.

Arvegraden (h^2) beregnes slik (Lynch & Walsh 1998):

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_p^2}$$

Hvor σ_g^2 er genetisk varians og σ_p^2 er variansen i observerte fenotypiske verdier for den egenskapen. Ut i fra formelen ser en at arvegraden består av arv og miljø. Derfor kan den variere i en viss grad selv om den blir målt hos samme rase. Eksempler til arvegrader for tilvekstegenskaper målt på testingsstasjoner er gitt i tabell 2 (Aass 1996).

Tabell 2. Arvegraden for utvalgte egenskapene beregnet ved hjelp av ANOVA med antall observasjoner for hver egenskap for NRF oksene fra testingsstasjonen, testet i perioden fra 1989 til 1991 (Aass 1996)

Egenskap	Antall observasjoner	Arvegraden
1. Daglig tilvekst, 90 - 330 dager	450	0,35
2. Levendevekt ved 330 dager	450	0,33
3. Mankehøyde	413	0,54
4. Høyde ved krysset	413	0,41
5. Slakteskotten	439	0,52
6. Slakte % av totalvekt	417	0,32
7. Intramuskulært fett	449	0,56

Tabell 2 viser arvegraden beregnet ved hjelp av ANOVA for egenskaper målt hos NRF okser fra testingsstasjonen. Egenskapene har en høg arvegrad fordi disse er over 0,30. Da arvegraden er mellom 0 og 0,15 er den liten, mellom 0,15 og 0,30 er den middels, mens over 0,30 er høg. Dette vil si at den forskjellen mellom oksene vil i stor grad forklares forskjeller i avlsverdi mellom dyrene.

Kjøttegenskapene slakteklasse, fettgruppe og slaktevekt har moderate arvegrader som er vist i tabell 3.

Tabell 3. Arvegraden for kjøttproduksjonsegenskaper – slakteklasse, fettgruppe og slaktevekt for NRF benyttet av Geno (Holtmark 2016)

Egenskap	Arvegrad
Slakteklasse	0,29
Fettgruppe	0,35
Slaktevekt	0,24

Tabell 3 viser arvegrader som brukes av Geno i rutine beregninger for NRF okser for slakteklasse, fettgruppe og slaktevekt, hvor av slakteklasse og slaktevekt har moderat arvegrad på 0,29 og 0,24. Fettgruppe har noe høyere arvegrad sammenlignet med to andre egenskaper og er lik 0,35.

2.6 Genetisk korrelasjon

Genetisk korrelasjon mellom to egenskaper kan defineres som korrelasjon mellom genetiske effekter som påvirker de to egenskapene (Pirchner 1983). Korrelasjonen kan være positiv eller negativ, og variere mellom -1 og +1, hvor av 0 betyr at det er ingen korrelasjon/sammenheng mellom egenskapene. Ved negativ korrelasjon vil økning i en egenskap resultere i reduksjon for en annen egenskap, mens ved positiv korrelasjon eller +1, vil begge egenskapene ha samme retning utvikling. Årsaken til genetisk korrelasjon er følgende mekanismer. Den ene er pleiotropi, som skjer da et eller flere gener påvirker mer enn et locus eller med andre ord flere egenskaper (Wright 1968). Pleiotropi er også en forklaring til stor genetisk variasjon hos individer. Den andre er kobling mellom egenskaper som kan arves sammen, grunnet at disse ligger tett sammen og påvirker hver sin egenskap (Lie et al. 1988; Pirchner 1983). Genetisk korrelasjon er også korrelasjon mellom de sanne avlsverdiene for to egenskaper (Falconer &

Mackay 1996). Sikkerheten til avlsverdiene avhenger av mengde tilgjengelig informasjon om dyret selv og slektninger og av arvbarheten til egenskapen (Vangen et al. 1994).

For å regne ut genetisk korrelasjon brukes det følgende formelen (Lynch & Walsh 1998):

$$corr = \frac{Cov(g_1, g_2)}{\sqrt{Var(g_1)Var(g_2)}}$$

Hvor av *corr* er genetisk korrelasjon, $Cov(g_1, g_2)$ er kovariansen mellom to egenskaper, som viser samvariasjon og $\sqrt{Var(g_1)Var(g_2)}$ er det geometriske middel av genetisk standard avvik for de to egenskapene.

Aass (1996) undersøkte variasjon av slakteskotten og egenskaper for kjøttkvalitet mot tilvekst for NRF. Kriteriet for å vurdere slakteskotten var brukt norsk praktiserende system, der kjøttfylde varierte på en skala fra 1 til 4, hvor av 1 er best og 4 er dårligst (Aass 1996). EUROP klassifiseringen ble først tatt i bruk i Norge i 1996, etter dette arbeidet. Det ble funnet positiv genetisk korrelasjon mellom kroppslengde og tilvekst samt kroppsstørrelsen (Aass 1996). Målt mankehøyde og krysshøyde var negativ genetisk korrelert med slakteprosent. Det betyr at høy tilvekstkapasitet vil føre til at dyrene skal ha større kropp, men mindre slakteprosent. Resultatene var i samsvar med tidligere studier (Shelby et al. 1963; Andersen et al. 1971, Andersen et al. 1977). Konklusjonen i forsøket til Aass (1996) var at seleksjon for høy tilvekstrate vil føre til større dyr og tyngre slakt men med en tendens til mindre kjøttfylde og slakteprosent. Tabell 4 viser genetisk korrelasjon mellom utvalgte egenskaper som ble beregnet av Aass (1996).

Tabell 4. Genetisk korrelasjon og gjennomsnittsverdier for utvalgte kjøttegenskaper (Aass 1996)

Egenskap	No.obs.	Gj.snitt	Måleenhet	Egenskap					
				2.	3.	4.	5.	6.	7.
1. Daglig tilvekst ¹⁾	450	1 241	kg/day	0,96	0,30	0,84	0,81	0,06	-0,08
2. Levende vekt ²⁾	450	399	kg		0,37	0,82	0,92	-0,01	-0,45
3. Mankehøyde	413	120,8	cm			0,80	0,66	-0,48	-0,92
4. Krysshøyde	413	126,7	cm				0,92	-0,32	-0,75
5. Slakteskotten ³⁾	439	195,5	cm					-0,17	-0,75
6. Slakteprosent	417	51,1	%						0,44
7. Intramuskulært fett	449	1,25	%						

1) Daglig tilvekst er målt i perioden fra 90 til 330 dager

2) Levendevekt er målt ved 330 dager

3) Slakteskotten er målt fra første ribbe til fremre kant av symfylen

Tabell 4 viser at daglig tilvekst har gjennomsnitt på 1 241 kg per dag og er gunstig korrelert med egenskap nummer 2, 3, 4 og 5, men nærmest ingen (0,06) korrelasjon med slakteprosent og intramuskulær fett (-0,08). Positiv korrelasjon observeres mellom egenskapene 1, 2, 3, 4 og 5 som tyder på at ved høy tilvekst vil både slaktevekt og kroppsstørrelse øke. Men det er ugunstig korrelasjon mellom overnevnte egenskapene og slakteprosent. Det vil si at hvis oksens total vekt/størrelse øker vil kjøttandelen i kroppen reduseres. Samtidig er det positiv korrelasjon mellom slakteprosent og intramuskulær fett %.

Seinere har Aass og Vangen (1997) utført et lignende forsøk som inkluderte flere egenskaper for NRF. Det ble sett på om seleksjon for høy tilvekst og høy melkeproduksjon vil påvirke spisekvalitet på kjøtt (Aass & Vangen 1997). For å vurdere slakteskotten ble det brukt EUROP klassifiseringssystem. Aass og Vangen (1997) konkluderte med at det ikke ble funnet ugunstig korrelasjon mellom seleksjon for høy melkeproduksjon og EUROP klassifiseringen av oksene, og at seleksjon for høy tilvekst kan føre til fysiologiske endringer i muskulaturen. Følgende tabell viser hvordan påvirker kjøttegenskapene, som er brukt i denne oppgaven, hverandre gjennom genetisk korrelasjon.

Tabell 5. Genetisk korrelasjon mellom kjøttproduksjonsegenskapene, slakteklasse, fettgruppe og slaktevekt for NRF benyttet av Geno (Holtsmark 2016)

Egenskap	Fettgruppe	Slaktevekt
Slakteklasse	0,29	0,46
Fettgruppe		0,09

Tabell 5 viser positiv genetisk korrelasjon som brukes av Geno i rutine beregninger for NRF okser mellom kjøttegenskapene slakteklasse, fettgruppe og slaktevekt. Den høyeste korrelasjonen er mellom slakteklasse og slaktevekt som er 0,46. Korrelasjonen mellom slaktevekt og slakteklasse er gunstige og høy slaktevekt har genetisk sammenheng med god klassifisering. Fettgruppe og slakteklasse og fettgruppe og slaktevekt har genetisk korrelasjon som er forholdsvis lik 0,29 og 0,09. Disse er midlertidig ugunstige og betyr at okser med gode resultater på slaktevekt eller slakteklasse ofte har høy fettinnhold ved slakt som er ugunstig.

2.7 Avlsverdi og sikkerhet

Avlsverdi viser summen av additive effekter til alleler av et individ (Lynch & Walsh 1998). I tradisjonell husdyravl brukes det fenotypiske data som grunnlag for å beregne avlsverdiene (Vangen et al. 1994). Beregnet avlsverdi for dyr med enkelt observasjon, basert på Mrode (1996) kan beregnes slik:

$$\hat{a}_i = h^2(y - \mu)$$

Hvor av \hat{a}_i er beregnet avlsverdi, h^2 er arvegrad, y er en enkel observasjon for egenskap, μ er gjennomsnitt fenotypeverdi for egenskap for dyr fra samme gruppe. Beregnet avlsverdi vil da vise om for eksempel kjøttegenskaper til oksen er bedre eller dårligere enn gjennomsnittet i populasjonen. Dersom egenskapene er dårligere vil det gi negative verdier, mens bedre da vil gi positive. Grunnet avkomsgranskinger og stor antall avkom for NRF okser er sikkerhetsgraden høy (Vangen et al. 1994). Sikkerheten er en korrelasjon mellom sanne og beregnet avlsverdi, som varierer fra 0 til 1 hvor av 0 betyr ingen samsvar mellom sann og beregnet avlsverdi og jo høyere jo større samsvar er det (Mrode 1996). Sikkerheten (*rel*) vil være avhengig av tilgjengelig informasjon og for dyr med enkelt observasjon, basert på Mrode (1996) kan beregnes slik:

$$r(\text{rel}) = \frac{\text{Cov}(a, y)}{(\sigma_a * \sigma_y)} = \sqrt{h^2}$$

Hvor av $\text{Cov}(a, y)$ er kovariansen mellom avlsverdi og enkelt observasjon, σ_a er standardavvik til avlsverdi og σ_y er standardavvik til observasjon for egenskap, h^2 er arvegrad.

Det finnes flere metoder for å beregne sikkerheten (Daetwyler et al. 2012; Resende et al. 2012; Pryce et al. 2011). Blant dem er følgende metoden som vil bli brukt i oppgaven (Daetwyler et al. 2012; Pryce et al. 2011):

$$\text{rel} = \frac{\text{corr}(GEBV, \text{korrPh})}{\sqrt{h^2}}$$

Hvor av $\text{corr}(GEBV, \text{korrPh})$ er korrelasjon mellom genomiske avlsverdier ($GEBV$) og korrigerede fenotypeverdier (korrPh), $\sqrt{h^2}$ er kvadrat rotet av arvegraden. Denne metoden var brukt av Daetwyler et al. (2012) for å beregne sikkerheten for populasjonen av sau og av Pryce et al. (2011) for beregning av sikkerhetsverdiene for Holstein fra Australia og New Zealand.

Sikkerheten avhengig av arvegraden (Lynch & Walsh 1998). Ved høyere arvegraden vil sikkerheten være høyere. For eksempel med arvegraden lik 0,2 vil den høyeste sikkerheten til en egenskap da være 0,65 til 0,7 hvis en har data om dyret selv og alle slektningene (Holtmark 2009). Tabell 6 viser hvordan mengde tilgjengelig informasjon påvirker sikkerheten for egenskap årsvekt med arvegraden 0,46.

Tabell 6. Tilgjengelig informasjon om årsvekt egenskap med arvegraden 0,46 i forhold til sikkerheten på avlsverdiene for årsvekt (Holtmark 2009)

Tilgjengelig informasjon om årsvekt	Sikkerhet
Fars- ellers mors årsvekt	0,23
Fars- + mors årsvekt	0,32
Dyret + fars + mors årsvekter	0,52
Dyrets + far + mor + 5 paternale halvøskens årsvekter	0,54
Dyrets + 20 avkoms årsvekter	0,67

Tabell 6 viser at større mengde tilgjengelig informasjon for en målt egenskap vil øke sikkerheten til avlsverdi for egenskapen. En kan se ut i fra tabellen at med å bruke informasjon bare fra foreldrene til dyra vil gi sikkerheten på 0,23 og 0,32 avhengig av om det er en eller begge. Om en har fenotypeinformasjon på dyret selv og foreldrene vil det gi 0,52 i sikkerhet. Hvis en da legger til data om 5 paternale halvøsken til dyret og foreldrene vil sikkerheten ha en svak økning til 0,54, men hvis en inkluderer data om 20 avkom til data om dyret selv vil det gi største sikkerheten på 0,67 selv om foreldre og søsken informasjon er ikke inkludert.

2.8 Genomisk seleksjon

Genomisk seleksjon (GS) er en teknologi som ble startet av flere vitenskapelige studier (Hayes et al. 2009). En av dem var utvikling av GS av Meuwissen et al (2001), der det ble konkludert med at ved hjelp av GS er det mulig å beregne nøyaktige avlsverdier for dyr uten å ha egne fenotypiske data. GS er mye brukt i både Norge og andre land som for eksempel USA, Nederland og Australia (Hayes et al. 2009).

Det finnes mange ulike modeller som brukes for å beregne genomiske avlsverdier (Gianola et al. 2009). Blant dem er GBLUP og ssGBLUP som vil bli brukt i denne oppgaven, som bygger på Mixed Model og Best linear unbiased prediction (BLUP) metodikk.

BLUP brukes for å beregne avlsverdier (Mrode 1996). Metoden ble først utviklet av C. R. Henderson (1949) og har fått stor utbredelse innen husdyravl på grunn av sine statistiske egenskaper. BLUP baserer seg på The general Mixed Model (Gianola & Hammond 1990):

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{e}$$

Hvor av \mathbf{y} – er en vektor med observasjoner av egenskap, $\boldsymbol{\beta}$ – er en vektor med faste effekter og \mathbf{u} – er en vektor med tilfeldig effekter, \mathbf{X} og \mathbf{Z} – er tilhørende designmatriser, mens \mathbf{e} – er en vektor med tilfeldig feil.

Fordelen med en BLUP er at den utnytter all tilgjengelig informasjon om slektskap og eventuelt korrigerer for miljøfaktorer. VanRaden (2008) utviklet modellen som baserer seg på \mathbf{G} matrise/genomisk slektskapsmatrise. Som da videre ble brukt i Genomic Best Linear Unbiased Prediction (GBLUP), da beregningen av genomiske avlsverdiene ble basert på slektskap beregnet ut i fra genotypeinformasjon som er fått gjennom SNP data og er mer nøyaktig sammenlignet med tradisjonell slektskapsmatrisen da slektskap beregnes ut ifra forventet fordeling av DNA (VanRaden 2008).

Misztal et al. (2009) viste at slektskapsmatrise kan erstattes med **H** matrise. Der **H** matrise inkluderer informasjon om både slektskapsdata basert på stamtavlen og differanse mellom slektskap basert på stamtavlen og genomisk informasjon. Studien har gitt grunnlag for videreutvikling av BLUP. Legarra et al. (2009) har utviklet **H** matrisen og viste at den kan være en kombinasjon av slektskaps matriser **-A** og **-G**, der **A** matrise baserer seg på stamtavleinformasjon med beregnet slektskapskoeffisienten ut i fra forventet fordeling av DNA, mens **G** matrisen baserer seg på genotype informasjon, det vil si slektskap som er beregnet ut i fra SNP data. Aguilar et al. (2010) utarbeidet ssGBLUP. ssGBLUP står for single-step genomic best linear unbiased prediction, der \mathbf{A}^{-1} har blitt erstattet med \mathbf{H}^{-1} (Aguilar et al. 2010), metoden brukes for å beregne avlsverdier for alle dyr med og uten genotypedata (Legarra et al. 2009). Den metoden vil da gi mer nøyaktig beregnet avlsverdi sammenlignet med GBLUP (Su et al. 2012). Samtidig for å kombinere **A**- og **G**- matriser i **H** trenger en å skalere **G** matrisen for å minimalisere bias gjennom å bruke blant annet α - og β - verdier (Misztal et al. 2013). «Bias» som er også en regresjonskoeffisient mellom genetiske avlsverdier og korrigerte fenotypeverdiene beregnes for å undersøke systematisk feil (Olson et al. 2011). Det er ønskelig å ha regresjonskoeffisient = 1 som indikerer at det ikke er bias i beregning av avlsverdier. Ved regresjonskoeffisienter større enn 1 er avlsverdier underestimert, med mindre enn 1 er avlsverdier overestimert. Christensen et al. (2012) utviklet følgende formelen for å justere **G** matrisen slik at den kom på samme skala som **A** matrisen:

$$\mathbf{G}_{\text{Adj}} = \mathbf{G}\beta + \alpha$$

Hvor av \mathbf{G}_{Adj} er justert **G** matrise, **G** er genomisk slektskapsmatrise for genotypede dyr, mens β og α verdier som bestemmes ut ifra følgende beregninger (Christensen et al. 2012):

$$\text{Avg.diag}(\mathbf{A}_{11}) = \text{Avg.diag}(\mathbf{G})\beta + \alpha$$

$$\text{Avg.offdiag}(\mathbf{A}_{11}) = \text{Avg.offdiag}(\mathbf{G})\beta + \alpha$$

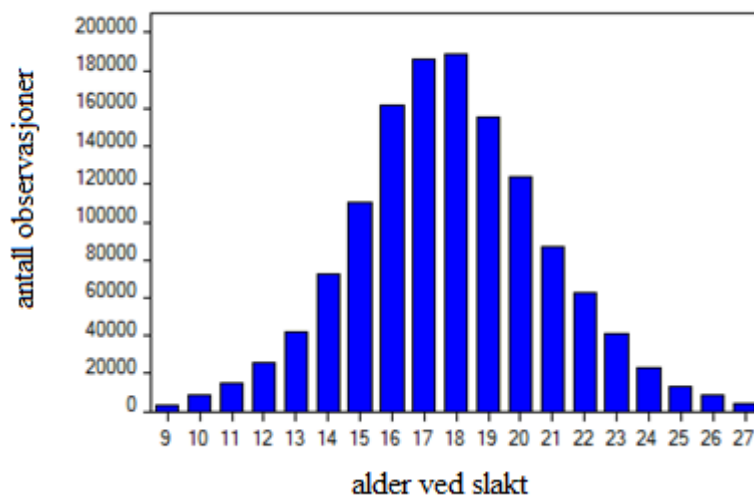
Hvor $\text{Avg.diag}(\mathbf{A}_{11})$ – er gjennomsnittlige verdier i diagonal for slektskapsmatrisen basert på stamtavlen, $\text{Avg.diag}(\mathbf{G})$ – er gjennomsnittlige verdier i diagonalen for genomisk slektskapsmatrise for genotypede dyr, $\text{Avg.offdiag}(\mathbf{A}_{11})$ er gjennomsnittlige verdier som ikke er på diagonalen for slektskapsmatrisen basert på stamtavlen, $\text{Avg.offdiag}(\mathbf{G})$ er gjennomsnittlige verdier som ikke er på diagonalen for genomisk slektskapsmatrise for genotypede dyr, β og α er justeringsparameter.

Gao et al. (2012) sammenlignet tre typer GBLUP metoder og to ssGBLUP metoder brukt for å beregne avlsverdier for Nordisk Holstein. De inkluderte informasjon om 5 214 genotypede okser og 9 374 ikke genotypede okser. Det var sammenlignet: 1. simple GBLUP med **G** matrise; 2. GBLUP med både **A**- og **G**- matriser; 3. GBLUP med justerte **A**- og **G**- matriser; 4. single-step GBLUP med **H** matrisen som er en kombinasjon av **A**- og **G**- matriser; 5. single-step GBLUP med **H** matrise, med en kombinasjon av **A**- og en justert **G**- matrise (Gao et al. 2012). Den femte metoden ble representert med ulike vektlegginger av **A**- og **G**- matriser. Vektlegging varierte fra 5 % til 40 %, hvorav **A** matrise utgjorde fra 5 til 40 % i justert **G** matrisen. Det ble analysert 16 egenskaper, hvorav også tilvekst med arvegraden på 0,3 var inkludert. Resultatene viste en forskjell på 0,007 i prediksjonsevne av genomisk avlsverdi for tilvekst mellom simple GBLUP og GBLUP med **A**- og **G**- matriser. Gao et al. (2012) konkluderte med at i gjennomsnitt for alle egenskapene oppnår en den beste sikkerheten for avlsverdiene ved å bruke fra 0,15 til 0,2 andel vektleggingen av **A** matrise i ssGBLUP. En lignende studie var utført av Christensen et. al (2012) der ble det funnet at optimal vektlegging av **A** matrise i ssGBLUP skal være 20 % for å oppnå høyeste sikkerhet og minst bias (regresjonskoeffisient nær 1) for avlsverdier for daglig tilvekst og fôropptak for Dansk Duroc gris. Seinere har Koivula et al. (2015) sett på egenskapene kg melk, kg protein og kg fett hos Viking Rød og effekten av å justere vektlegging av **A**- og **G**- i **H** matrisen brukt i ssGBLUP, med 10 %, 15 % og 20 % vekt på **A**. Resultater var i samsvar med Gao et al. (2012) og Christensen et. al (2012) da det var høyst sikkerhet til beregnet avlsverdi, samt minst bias med 20 % vektlagt **A** i **H** matrisen. Koivula et al. (2015) har også sett på korrelasjon mellom GEBV beregnet ved justert vektlegging av **A** for okser og kyr. Korrelasjonene var høyest (0,999) mellom 10 % og 15 % og mellom 15 % og 20 % vektlegging av **A** matrisen.

3.0 Materiale og metode

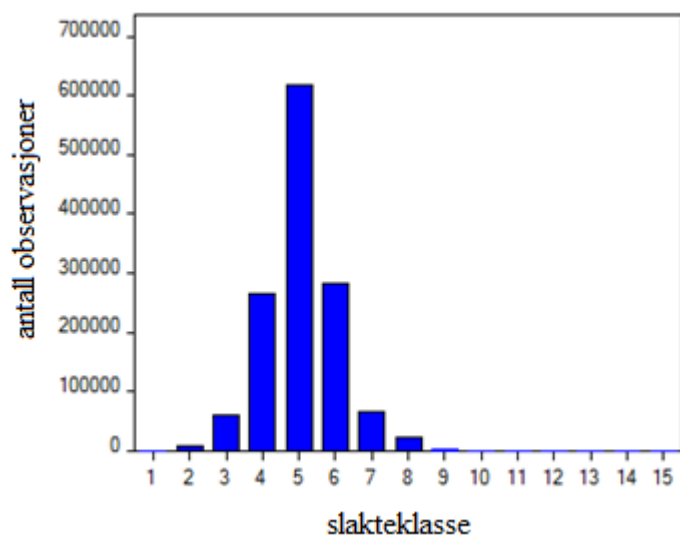
3.1 Materiale

Datamaterialet som er brukt i denne oppgaven er et datasett med slaktedata fra Kukontrollen som ble brukt av Geno i avkomsgransking 01.2016. Datasett inkluderer informasjon om sønner til NRF seminokser. Det er registrert data om 1 333 862 slaktede okser som er født i perioden fra 1993 til 2015. Det var registrert besetning nummer og år da dyret ble satt inn i besetning, slaktealder til okser, dato (år og måned) ved slakt, besetning nummer over N-år, ID til okse, fødselsår, ID til far, slakteklasse, fettgruppe og slaktevekt. Fordeling av registrerte slaktealder, slakteklasse, fettgruppe og slaktevekt er vist i figurene 2 – 5.



Figur 2. Fordeling av alder ved slakting for NRF okser som har registrert slaktedata

Figur 2 viser fordeling av slaktealder for NRF okser som har registrert slaktedata. Slaktealder varierer fra 9 til 27 med størst antall slaktede okser ved 17 og 18 måneder, der gjennomsnittslaktealder var på 17,8 måneder.

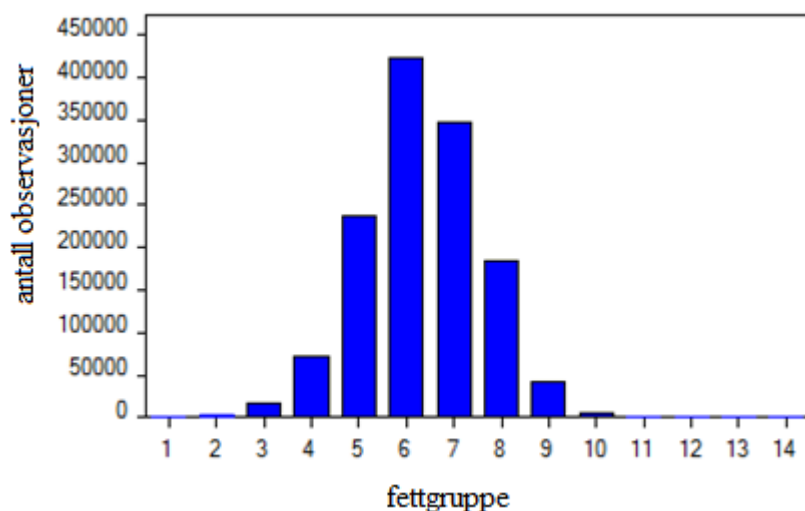


Figur 3. Fordeling av slakteklasse for NRF okser som har registrert slaktedata

Figur 3 viser fordeling av slakteklasse av NRF okser som har registrert slaktedata. Det ble brukt følgende slakteklasser ifølge EUROP-systemet:

E+	E	E-	U+	U	U-	R+	R	R-	O+	O	O-	P+	P	P-
15	14	13	12	11	10	9	8	7	6	5	4	3	2	1

Hvorav E+ er den beste slakteklasse med størst kjøttfylde (80 % - 85 %) og P- er den dårligste (mindre enn 70 %). Slakteklasse varierer fra 1 til 15 med størst antall okser som har klasse O som er 5 i oppgaven, som også er gjennomsnittsklasse for populasjonen.

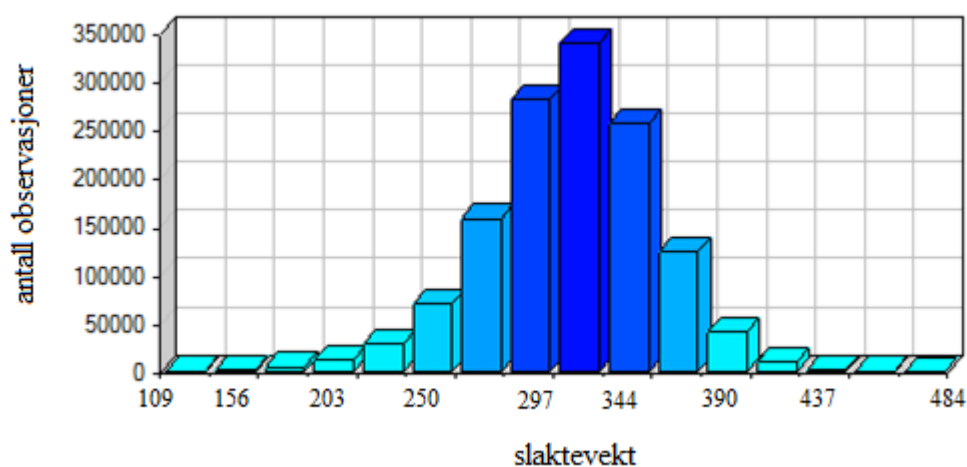


Figur 4. Fordeling av fettgruppe for NRF okser som har registrert slaktedata

Figur 4 viser fordeling av fettgruppe fra NRF okser som har registrert slaktedata. Det ble brukt følgende fettgrupper:

1-	1	1+	2-	2	2+	3-	3	3+	4-	4	4+	5-	5	5+
1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15

Hvor av fettgruppe 1- er den med minst fettinnhold (opp til 10 %) og 5+ er den med størst fettinnhold (over 30 %). Fettgruppe varierte fra 1 til 14 med gjennomsnittsguppe 2+ som er 6 i oppgaven.



Figur 5. Fordeling av slaktevekt for NRF okser som har registrert slaktedata

Figur 5 viser fordeling av slaktevekt for NRF okser som har registrert slaktedata. Slaktevekten varierer fra 109 til 484 kg med gjennomsnittsvekt på 302,4 kg.

Slektskapsdata hadde slektskapsinformasjon om 3 208 188 individer og besto av dyrets ID, ID til far og mor til dyret og fødselsår til dyret. Det var registrert slektskapsinformasjon til oksene med data og deres foreldre. Denne slektskapsfila ble brukt for å konstruere **A** matrise.

Genomisk slektskapsinformasjon var beregnet for genotypede dyr. Genomisk slektskapsmatrise (**G** matrise) hadde til sammen 13 658 individer. Genomisk slektskap ble beregnet basert på SNP-data fra kombinasjon av 25 k Affymetrix, 54 k Illumina og 55 k Affymetrix SNP-chip. Siden det var brukt flere typer chip tidligere (25 k Affymetrix og 54 k Illumina) har det vært nødvendig med imputering, det betyr å predikere hva resultatet ville blitt, ved å bruke 55 k SNP-chip, for dyr som ble genotypet ved andre typer chip.

Programvare som var brukt for å utføre imputering var levert av CIGENE (www.cigene.no). I oppgaven ble det brukt 35 651 SNP fra imputert datasettet.

Valideringssett i oppgaven inneholder informasjon om 746 genotypede okser som hadde registrert slaktedata, slektskaps- og genotypedata. Det er oksene som var aktuelle seminokseemne men som ikke ble kjøpt inn av Geno, og som nå hadde genotypeinformasjon og egne slaktedata. Oksene er født i 2013 og 2014. Fenotypedata til oksene i valideringssettet ble tatt ut av datasettet med slakteopplysninger som ble analysert.

3.2 Modell

Det ble brukt DMU (v6.R5.1) programpakke for å beregne avlsverdier og analysere datasettet. DMU (2012) er en programpakke som ble utviklet for å analysere Multivariate Mixed Model (Madsen & Jensen 2012). Geno bruker ett stegs GBLUP (ssGBLUP) for å beregne avlsverdier, samme metode ble brukt i oppgaven, den baserer seg på The Mixed Model:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{W}\mathbf{h} + \mathbf{Z}\mathbf{u} + \mathbf{e}$$

Hvor av \mathbf{y} – er en vektor med observasjoner av slakteklasse, fettgruppe og slaktevekt, $\boldsymbol{\beta}$ – er en vektor med faste effekter \mathbf{h} – er en vektor av tilfeldig effekt av besetning-år og \mathbf{u} – er vektor av tilfeldig effekter av dyrets ID, \mathbf{X} , \mathbf{W} og \mathbf{Z} – er tilhørende designmatriser som knytter effektene til observasjonene, mens \mathbf{e} – er en vektor med tilfeldig feil (residualer).

De 3 kjøttegenskapene ble analysert samtidig i en multivariat modell. Det ble brukt samme (ko)variaskomponenter som Geno bruker i sine rutinekjøringer. Arvegrader og genetisk korrelasjon for egenskaper er gitt i Tabell 7.

Tabell 7. Arvegraden (på diagonalen) og genetisk korrelasjon (over diagonalen) for kjøttegenskapene slakteklasse, fettgruppe og slaktevekt

	slakteklasse	fettgruppe	slaktevekt
slakteklasse	0,29	0,288	0,462
fettgruppe		0,35	0,093
slaktevekt			0,24

Arvegraden (h^2) er beregnet slik:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{(\sigma_a^2 + \sigma_e^2)}$$

der σ_a^2 er varianskomponent til dyr (additiv genetisk effekt) og σ_e^2 er varianskomponent til feilledet.

Korrelasjon ($corr$) er beregnet slik:

$$corr = \frac{cov_{1,2}}{(\sqrt{\sigma_1^2} * \sqrt{\sigma_2^2})}$$

der $cov_{1,2}$ er kovarianskomponent mellom egenskap 1 og 2, $\sqrt{\sigma_1^2}$ og $\sqrt{\sigma_2^2}$ er standardavvik til de 2 egenskapene.

Følgende modell er brukt for hver enkelt kjøttegenskap:

$$y = hys + imalder + ny_hny + nyhy + dyr + e$$

Hvor:

y – er kjøttegenskap – slakteklasse, fettgruppe eller slaktevekt

hys – fast effekt av slakteri-måneder-år med 242 nivå

$imalder$ – fast effekt av slaktealder i måneder med 19 nivå

ny_hny – fast effekt av besetning-flere år med 47 087 nivå

$nyhy$ – tilfeldig effekt av besetning-år (fødselsår til oksekalven)

dyr – tilfeldig effekt av dyrets ID

e – tilfeldig effekt av error/feil

Det ble brukt samme modellen for slakteklasse, fettgruppe og slaktevekt.

I ssGBLUP benyttes **H** matrisen som er en kombinasjon av **A**- og **G**- matrisene. Der **A** matrise er basert på stamtavlen og **G** matrise inkluderer genotypeinformasjon fra okser. For å teste effekten av ulik vektlegging av **A**- og **G**- matriser i ssGBLUP (justere **G** med informasjon fra **A**) ble det kjørt 11 analyser med 0 %, 10 %, 20 %, 30 %, 40 %, 50 %, 60 %, 70 %, 80 %, 90 % og 100 % vekt på **A** matrise. Følgende formelen ble brukt for å justere vektlegging av **G**- og **A**- matriser i DMU:

$$\mathbf{G}(w) = (1-w)*\mathbf{G} + w*\mathbf{A}$$

Hvor av w er vektlegging av \mathbf{A} matrise og justeres fra 0,0, da er \mathbf{G} matrise 100 % vektlagt, til 1,0 da er \mathbf{A} matrise 100 % vektlagt. Med 100 % \mathbf{A} matrise tilsvarer det BLUP og med 100 % \mathbf{G} matrise tilsvarer det GBLUP.

For å justere \mathbf{G} matrisen var det brukt samme α (0,043) og β (1,016) verdier for hver prosent andel av \mathbf{G} matrisen:

$$\mathbf{G}_{\text{Adj}} = \mathbf{G}\beta + \alpha$$

Der α og β parameter er beregnet slik:

$$\text{Avg.diag}(\mathbf{A}_{11}) = \text{Avg.diag}(\mathbf{G})\beta + \alpha$$

$$\text{Avg.offdiag}(\mathbf{A}_{11}) = \text{Avg.offdiag}(\mathbf{G})\beta + \alpha$$

Hvor $\text{Avg.diag}(\mathbf{A}_{11})$ – er gjennomsnittlige verdier i diagonal for slektskapsmatrisen basert på stamtavlen, $\text{Avg.diag}(\mathbf{G})$ – er gjennomsnittlige verdier i diagonalen for genomisk slektskapsmatrise for genotypede dyr, $\text{Avg.offdiag}(\mathbf{A}_{11})$ er gjennomsnittlige verdier som ikke er på diagonalen for slektskapsmatrisen basert på stamtavlen, $\text{Avg.offdiag}(\mathbf{G})$ er gjennomsnittlige verdier som ikke er på diagonalen for genomisk slektskapsmatrise for genotypede dyr, β og α er justeringsparameter.

Videre \mathbf{G}_{Adj} ble brukt for å erstatte \mathbf{G} matrise som kombineres med \mathbf{A} i \mathbf{H} matrisen i ssGBLUP.

3.3 Validering

I oppgaven er det brukt 746 okser som er definert valideringssett. Valideringssett er brukt for å teste sikkerheten på genomiske avlsverdier.

Sikkerheten (rel):

$$rel = \frac{\text{corr}(GEBV, \text{korrPh})}{\sqrt{h^2}}$$

Hvor av nevneren er korrelasjon mellom $GEBV$ (genomiske avlsverdier) og korrPh , som står for fenotypeverdiene som er korrigeret for alle effekter brukt i modellen unntatt genetisk effekt av dyr, h^2 står for arvegrad for egenskap. For å beregne korrPh var det beregnet differanse

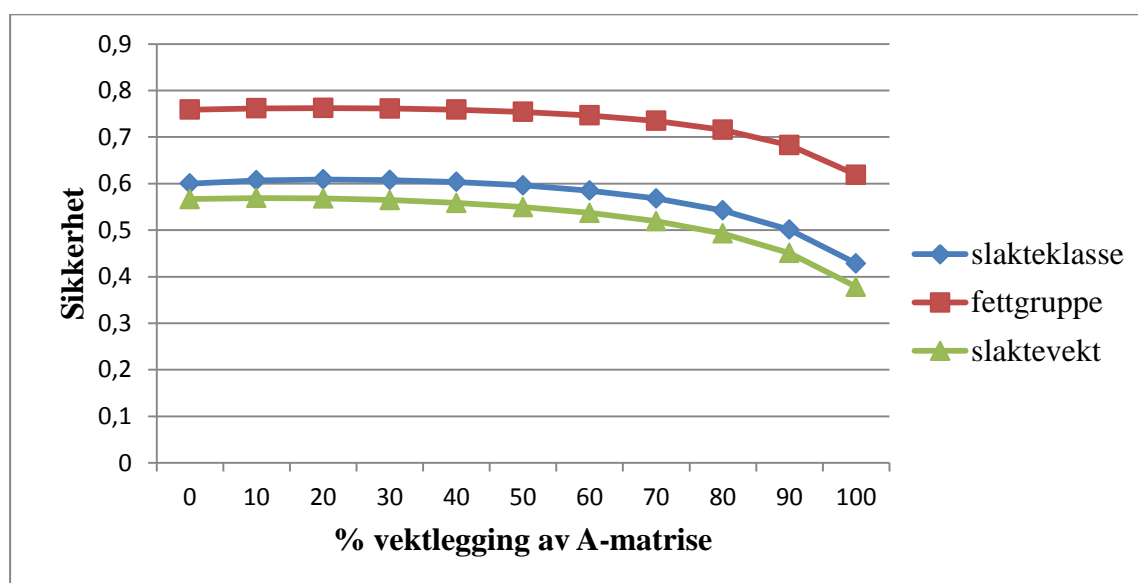
mellom fenotypisk verdi for kjøttegenskap og løsninger for effekter brukt i modellen unntatt genetisk effekt:

$$korrPh = \hat{y} - \widehat{hus} - \widehat{imalder} - \widehat{ny_hny} - \widehat{nyhy}$$

Det ble hentet løsning for faste og tilfeldige effekter fra DMU kjøringene og korrigerede fenotypeverdier ble hentet ved hjelp av SAS (2002 – 2010). Genomiske avlsverdier (GEBV) ble hentet for okser i valideringssett. Etter det ble det beregnet korrelasjon mellom GEBV og korrigerede fenotypeverdiene, samt sikkerhet og regresjonskoeffisient for hver av de 11 analysene ved hjelp av R programmet (R-3.1.3 2014). Regresjonskoeffisienten mellom GEBV og korrigerede fenotypeverdiene ble brukt for å undersøke mulig bias (Olson et al. 2011). Regresjonskoeffisient = 1 indikerer at det ikke er bias i beregning av GEBV.

4.0 Resultater

4.1 Sikkerhet



Figur 6. Sikkerheten til genomiske avlsverdiene (GEBV) for slakteklasse, fettgruppe og slaktevekt for okser i valideringssettet ved ulike vektlegginger av A- og G- matriser i ssGBLUP

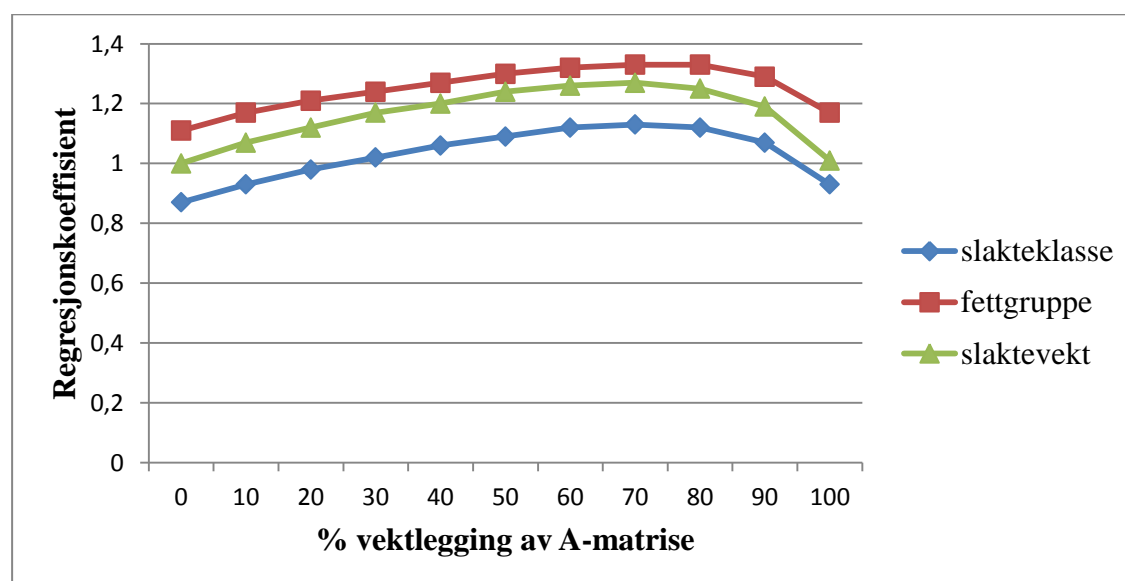
Figur 6 viser sikkerheten til GEBV for kjøttproduksjonsegenskapene slakteklasse, fettgruppe og slaktevekt. Med 0 % A matrise betyr det at G matrise er 100 % vektlagt i H matrisen som er brukt i ssGBLUP. Med 100 % A matrise tilsvarende det BLUP metodikk. Ut i fra figuren ser en at den høyeste sikkerheten til avlsverdiene for slaktevekt oppnår en ved å vektlegge A matrise med 10 % og tilsvarende G med 90 %. For fettgruppe og slakteklasse er sikkerheten høyest med 20 % A matrise og 80 % G matrise. Sikkerheten er lavest ved 100 % A matrise (BLUP) som øker ved å inkludere genotypeinformasjon om dyrene med høyeste punkt fra 10 % til 20 % vektlagt A i H matrisen for og så går den ned, med liten variasjon fra og med 40 % til 0 % vektlagt A matrise. Tallene som ligger bak figuren er presentert i Vedlegg 1.1.

Tabell 8. Effekten på sikkerhet til avlsverdier for kjøttproduksjonsegenskaper av å inkludere genomisk informasjon for okser i valideringssettet

Egenskap	100 % G (GBLUP)	100 % A (BLUP)	Differanse
Slakteklasse	0,60	0,43	0,17
Fettgruppe	0,76	0,62	0,14
Slaktevekt	0,57	0,38	0,19

Tabell 8 viser effekten av å inkludere genomisk informasjon i beregning av avlsverdier for unge dyr uten egen fenotype. For oksene i valideringssettet vil 100 % A være BLUP-verdier basert på foreldremiddel og med 100 % G er genotypeinformasjonen deres inkludert i beregning av GBLUP-verdier. Tabellen viser at ved å inkludere genotypeinformasjonen øker sikkerheten for slakteklasse med 0,17, for fettgruppe med 0,14, og for slaktevekt med 0,19.

4.2 Regresjonskoeffisient



Figur 7. Regresjonskoeffisient mellom genomisk avlsverdi og korrigert fenotypeverdi for slakteklasse, fettgruppe og slaktevekt for okser i valideringssettet ved ulik vekt av A og G i ssGBLUP

Figur 7 viser regresjonskoeffisient mellom GEBV og korrigert fenotypeverdien for okser i valideringssettet, som er et mål på bias/systematisk feil med forskjellige vektlegging av A- og

G- matriser i **H** matrisen, fra 100 % vektlagt **G** (GBLUP) til 100 % vektlagt **A** (BLUP). Figur 7 viser at regresjonskoeffisient er nærmest 1 med 0 % **A** matrise for fettgruppe og slaktevekt, og også med 100 % **A** matrise for slaktevekt, for slakteklasse er koeffisienten nærmest 1 med 20 % **A**. Regresjonskoeffisient nær 1 betyr at det ikke er systematisk feil (minst bias) i beregning av avlsverdier. Med **A** matrise vektlagt med 0 %, 10 % og 100 % er avlsverdi overestimert for slakteklasse, fordi at regresjonskoeffisient er mindre enn 1. Med 30 % vekt på **A** matrise er koeffisient nær 1 for slakteklasse, men fra og med 40 % - 90 % vektlagt **A** matrise er avlsverdiene til oksene i valideringssettet underestimert fordi at koeffisient er større enn 1. For slaktevekt er avlsverdiene underestimert med vektlegging av **A** matrise fra 10 % til 90 %. For fettgruppe får en regresjonskoeffisient nær 1 med 0 % **A** og deretter med 100 % **A**, mest resterende forhold mellom **G**- og **A**- matriser vil gi underestimerte avlsverdiene. For alle tre egenskaper er regresjonskoeffisient størst når en vektlegger **A** med 60 % - 80 %. Tallene som ligger bak figuren presentert i Vedlegg 1.2.

4.3 Korrelasjon

Tabell 9. Korrelasjon (over diagonalen) mellom genomisk avlsverdi (GEBV) for slakteklasse for valideringssettet med fra 0 % til 100 % vekt på A i H matrisen i ssGBLUP, med standardavvik for GEBV (på diagonalen)

	0 %	10 %	20 %	30 %	40 %	50 %	60 %	70 %	80 %	90 %	100 %
0 %	0,29	1,00	0,99	0,98	0,96	0,95	0,92	0,89	0,84	0,77	0,65
10 %		0,27	1,00	0,99	0,98	0,97	0,95	0,92	0,87	0,81	0,68
20 %			0,26	1,00	0,99	0,98	0,97	0,94	0,90	0,83	0,72
30 %				0,25	1,00	0,99	0,98	0,96	0,92	0,86	0,75
40 %					0,24	1,00	0,99	0,97	0,94	0,89	0,78
50 %						0,23	1,00	0,99	0,96	0,92	0,82
60 %							0,22	1,00	0,98	0,94	0,86
70 %								0,21	0,99	0,97	0,89
80 %									0,20	0,99	0,94
90 %										0,20	0,98
100 %											0,19

Tabell 9 viser korrelasjon mellom GEBV for slakteklasse med fra 100 % vekt på **G** (GBLUP) til 100 % **A** (BLUP) i **H** matrisen i ssGBLUP. Diagonalen viser standardavvik for GEBV som gir variasjonen for GEBV i valideringssettet. De fleste korrelasjonene ligger i område 0,9 -

1,0, mens noen korrelasjoner til 70 % - 100 % **A** er i område 0,6 – 0,9. Standardavvik for GEBV varierte fra 0,19 til 0,29 og ble redusert med økt vektlegging av **A** matrise.

*Tabell 10. Korrelasjon (over diagonalen) mellom genomisk avlsverdi (GEBV) for fettgruppe for valideringssettet med fra 0 % til 100 % vekt på **A** i **H** matrise i ssGBLUP, med standardavvik for GEBV (på diagonalen)*

	0 %	10 %	20 %	30 %	40 %	50 %	60 %	70 %	80 %	90 %	100 %
0 %	0,41	1,00	0,99	0,98	0,97	0,95	0,93	0,91	0,87	0,82	0,73
10 %		0,39	1,00	0,99	0,98	0,97	0,96	0,93	0,90	0,85	0,76
20 %			0,38	1,00	0,99	0,98	0,97	0,95	0,92	0,87	0,79
30 %				0,37	1,00	0,99	0,98	0,97	0,94	0,90	0,82
40 %					0,36	1,00	0,99	0,98	0,96	0,92	0,84
50 %						0,35	1,00	0,99	0,97	0,94	0,87
60 %							0,34	1,00	0,99	0,96	0,90
70 %								0,33	1,00	0,98	0,93
80 %									0,32	0,99	0,96
90 %										0,32	0,98
100 %											0,32

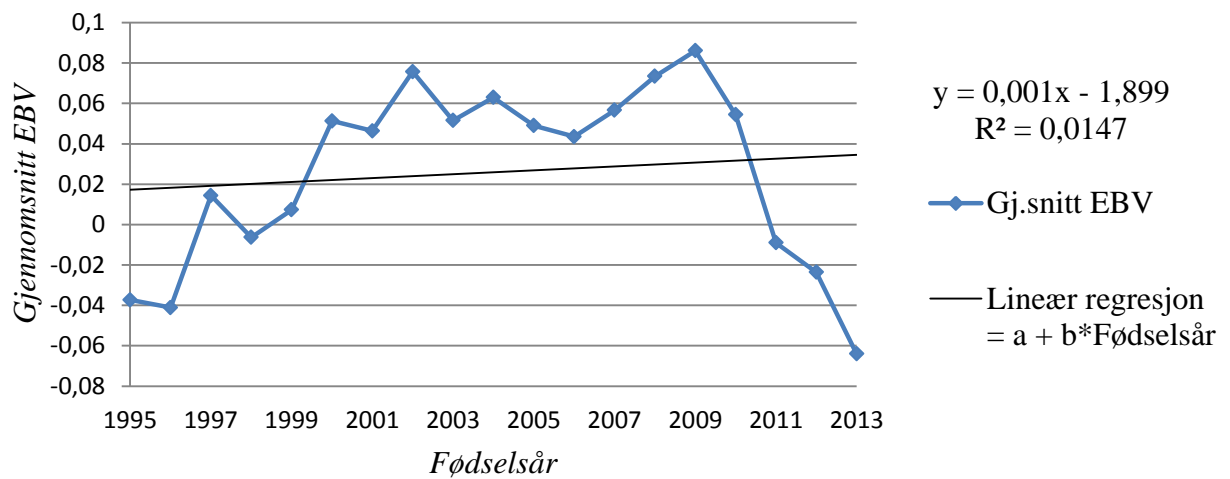
Tabell 10 viser korrelasjon mellom GEBV for fettgruppe med fra 100 % vekt på **G** (GBLUP) til 100 % **A** (BLUP) i **H** matrisen i ssGBLUP. Diagonalen viser standardavvik for GEBV som gir variasjonen for GEBV i valideringssettet. De fleste korrelasjonene ligger i område 0,9 - 1,0, mens noen korrelasjoner til 80 %, 90 % og 100 % **A** matrise er i område 0,7 – 0,9. Standardavvik for GEBV varierte fra 0,32 til 0,41 og ble redusert med økt vektlegging av **A** matrise.

Tabell 11. Korrelasjon (over diagonalen) mellom genomisk avlsverdi (GEBV) for slaktevekt for valideringssettet med fra 0 % til 100 % vekt på A i H matrisen i ssGBLUP, med standardavvik for GEBV (på diagonalen)

	0 %	10 %	20 %	30 %	40 %	50 %	60 %	70 %	80 %	90 %	100 %
0 %	8,16	1,00	0,99	0,97	0,95	0,93	0,90	0,86	0,80	0,72	0,59
10 %		7,69	1,00	0,99	0,98	0,96	0,93	0,90	0,85	0,77	0,63
20 %			7,32	1,00	0,99	0,98	0,96	0,93	0,88	0,81	0,68
30 %				6,99	1,00	0,99	0,97	0,95	0,91	0,84	0,72
40 %					6,70	1,00	0,99	0,97	0,94	0,87	0,76
50 %						6,43	1,00	0,98	0,96	0,91	0,80
60 %							6,17	1,00	0,98	0,94	0,84
70 %								5,92	0,99	0,96	0,88
80 %									5,68	0,99	0,93
90 %										5,49	0,97
100 %											5,43

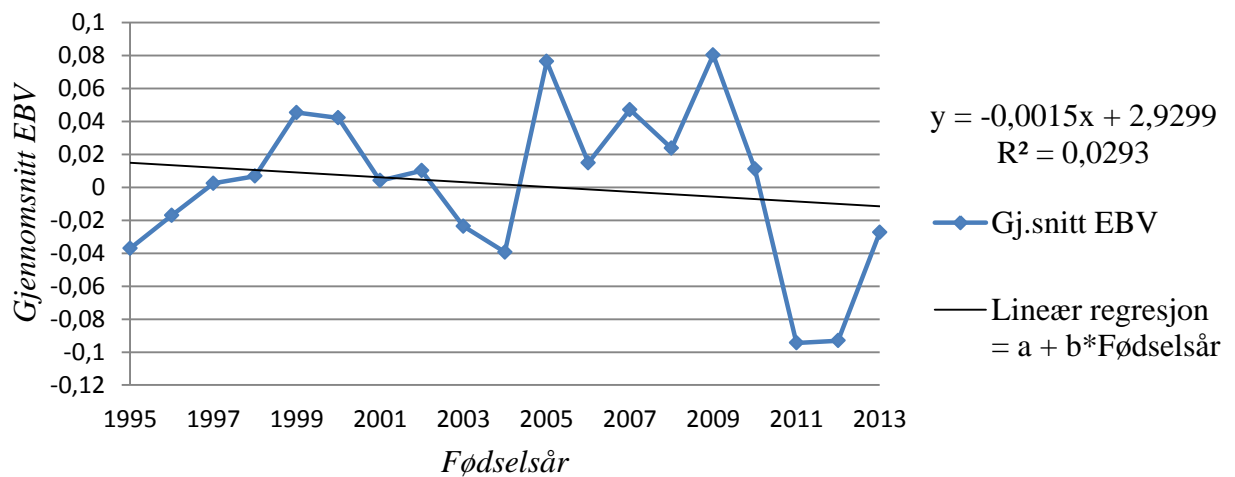
Tabell 11 viser korrelasjon mellom GEBV for slaktevekt fra 100 % vekt på G (GBLUP) til 100 % A (BLUP) i H matrisen. Diagonalen viser standardavvik for GEBV som gir variasjonen for GEBV i valideringssettet. De fleste korrelasjonene ligger i område 0,9 - 1,0, mens noen korrelasjoner til 70 %, 80 %, 90 % og 100 % vektlagt A matrise er i område 0,5 – 0,9. Standardavvik for GEBV varierte fra 5,43 til 8,16 og ble redusert med økt vektlegging av A matrise.

4.4 Genetisk trend



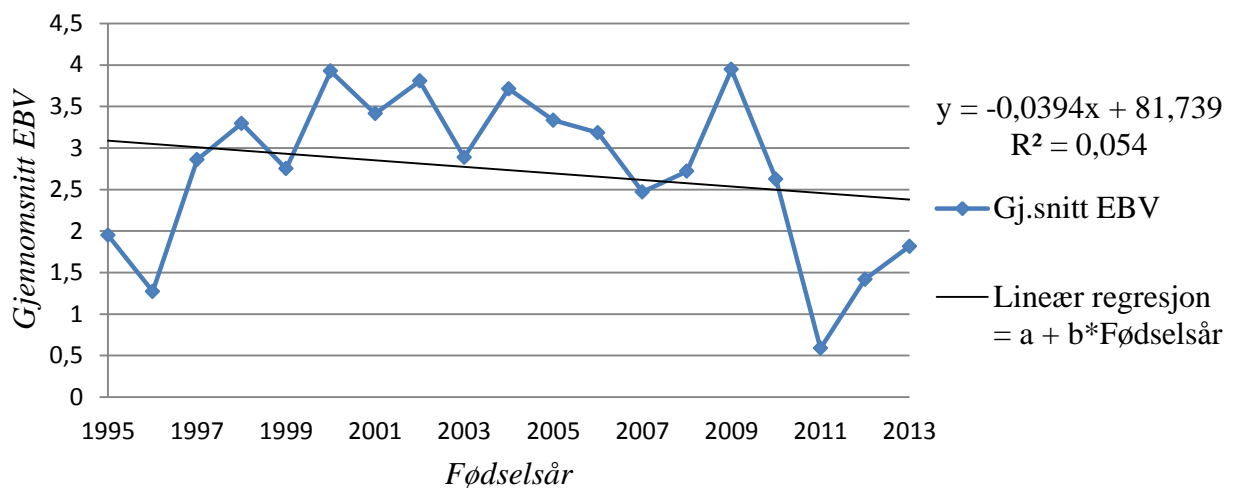
Figur 8. Genetisk trend for slakteklasse, gitt som gjennomsnitt avlsverdi per fødselsår, for NRF slakteokser født i perioden fra 1995 til 2013 med BLUP-verdier med tilhørende lineær regresjon per fødselsår

Figur 8 viser utvikling for gjennomsnitt avlsverdi (EBV) for slakteklasse målt i klassenummer per fødselsår. Gjennomsnitt avlsverdi varierte fra -0,04 i 1995 til -0,06 i 2013. Den høyeste verdien var lik 0,09 i 2009 (Vedlegg 1.3). Lineær regresjon gir som vist i figur 8 en forklaringsgrad på 0,0147 som forklarer andelen av variasjon i y-aksen med fødselsår for NRF slakteokser og et stigningstall på 0,001.



Figur 9. Genetisk trend for fettgruppe gitt som gjennomsnitt avlsverdi per fødselsår for NRF slakteokser født i perioden fra 1995 til 2013 med BLUP-verdier med tilhørende lineær regresjon per fødselsår

Figur 9 viser utvikling av gjennomsnitt avlsverdi (EBV) for fettgruppe målt i grupper per fødselsår. Gjennomsnitt avlsverdi har variert fra 0,08 som var den høyeste verdien i 2009 til den laveste -0,09 i 2011 (Vedlegg 1.3). Lineær regresjon gir som vist i figur 9 en forklaringsgrad på 0,0293 som forklarer andelen av variasjon i y-aksen med fødselsår for NRF slakteokser og et stigningstall på -0,0015.



Figur 10. Genetisk trend for slaktevekt gitt som gjennomsnitt avlsverdi per fødselsår av slaktevekt for NRF slakteokser født i perioden fra 1995 til 2013, med BLUP-verdier med tilhørende lineær regresjon per fødselsår

Figur 10 viser utvikling av gjennomsnitt avlsverdi (EBV) for slaktevekt målt i kilo per fødselsår. Gjennomsnitt avlsverdi var lik 1,95 i 1995 og i 2013 var den 1,82. Høyeste gjennomsnitt avlsverdi var registrert i 2009 på 3,95 og den laveste i 2011 på 0,59 (Vedlegg 1.3). Lineær regresjon gir som vist i figur 10 en forklaringsgrad på 0,054 som forklarer andelen av variasjon i y akse med fødselsår for NRF slakteokser og et stigningstall på -0,04.

5.0 Diskusjon

5.1 Sikkerhet

Ulike kombinasjoner av **A**- og **G**- slektskapsmatriser i ssGBLUP påvirker sikkerheten av genomiske avlsverdier for kjøttproduksjonsegenskapene (Gao et al. 2012; Koivula et al. 2015; Christensen et al. 2012). Resultatene viser at genotypeinformasjon gir betydelig bidrag til sikkerhet til avlsverdi for kjøttegenskapene for unge dyr. For slaktevekt oppnår en den høyeste sikkerhet med å bruke 10 % informasjon fra **A** matrise og 90 % fra **G**, mens for fettgruppe og slakteklasse var det 20 % **A** og 80 % **G** som ga best sikkerhet i ssGBLUP. At den mest optimale vektleggingen er på 10 % - 20 % **A** matrise for kjøttproduksjonsegenskaper er i samsvar med tidligere utførte studier. Gao et al. (2012) konkluderte med at den høyeste sikkerheten ble oppnådd ved å bruke 15 % - 20 % vektlagt **A** i en **H** matrise i ssGBLUP da det ble sett på 16 egenskaper hos Nordisk Holstein. Samme resultater ble funnet av Koivula et al. (2015) som konkluderte med at for å oppnå høyeste sikkerhet skal en bruke 20 % vekt på **A** matrisen for egenskapene kg melk, kg protein og kg fett hos Viking Rød. Christensen et al. (2012) konkluderte også med 20 % vektlagt **A** i **H** matrisen for egenskapene daglig tilvekst og fôropptak for Dansk Duroc gris.

Ved å inkludere genotypeinformasjon økte sikkerheten på avlsverdiene med 0,17 for slakteklasse, 0,14 for fettgruppe og 0,19 for slaktevekt, noe som regnes for å være betydelig.

Beregnet sikkerhet for kjøttegenskapene for valideringssettet var høy (0,57 - 0,76) sammenlignet med andre egenskapene i avlsmålet til NRF (Svendsen et al. 2013). Dette tyder på at det går an å beregne sikre avlsverdier for kjøttproduksjonsegenskaper for kalver som er relevante for Geno å vurdere som seminokseemne. Kjøttegenskapene har relativ høy arvegrad, noe som kan være grunnen til at en oppnår høy sikkerhet på GEBV. Sikkerheten til genomiske avlsverdier avhenger blant annet av type egenskap og rasen eller type dyr som det blir beregnet avlsverdi for (Bennewitz et al. 2009; Calus & Veerkamp 2007).

5.2 Regresjonskoeffisient

Beregnet regresjonskoeffisient for valideringssett med varierende vektlegging av **A** og **G** i **H** matrisen viste at for slaktevekt var koeffisient nærmest 1 ved å bruke enten 100 % vekt på **A** (BLUP) eller 100 % vekt på **G** (GBLUP), mens for slakteklasse er det 30 % **A** og for fettgruppe er 100 % **G** i **H** matrisen som gir koeffisienten nærmest 1. Koivula et al. (2015) fant lignende resultater for egenskapene kg melk og kg protein, hvor regresjonskoeffisientene

var nærmest 1 ved 20 % vektlagt **A** i **H** matrisen. Tilsvarende fant Gao et al. (2012) at 20 % vektlagt **A** matrise i ssGBLUP for tilvekst egenskap ga regresjonskoeffisient 1,084 som er nær 1. Det er ønskelig å få regresjonskoeffisient nær 1 som betyr at det ikke er systematisk feil (bias) i beregning av avlsverdiene (Christensen et al. 2012).

Optimal vektlegging av **A**- og **G**- matriser med hensyn til bias er noe forskjellig fra resultatet for hva som gir best sikkerhet. For å få høyest sikkerhet skal en vektlegge **A** med 10 % – 20 %, men en slik vektlegging vil ikke gi tilsvarende regresjonskoeffisient nærmest 1 for fettgruppe og slaktevekt, mens for slakteklasse var optimal vekt den samme med hensyn på sikkerhet og regresjonskoeffisient. Beregnet avlsverdi med høyest sikkerhet for fettgruppe vil ha 1,21 i regresjonskoeffisient som betyr at disse er underestimert. For slaktevekt ved å vektlegge **A** matrise med 10 % får en regresjonskoeffisient 1,07. Det vil være rimelig å bruke 10 % vekt på **A** også for fettgruppe da det vil redusere bias (regresjonskoeffisient) til 1,17 mens sikkerhet reduseres med 0,0006. Samt hvis en reduserer vekt til **A** til 0 % og øker tilsvarende **G** til 100 % vil da bias være 1,11 som er nærmest 1 for fettgruppe og sikkerhet reduseres med 0,0036 til å være 0,759 som er fortsatt på forholdsvis høy nivå sammenlignet med andre kjøttproduksjonsegenskapene.

5.3 Korrelasjon

Korrelasjon mellom genomisk avlsverdi (GEBV) med forskjellige vektlegging av **A** og **G** i **H** matrisen viser seg å være nær 1 i område fra 0 % til 60 % vektlagt **A** matrise. Korrelasjonen blir lavere mellom GEBV når vektlegging blir mere forskjellig, noe som er i samsvar med Koivula et al. (2015) som funnet høyest (0,999) korrelasjon mellom 10 % og 15 % og mellom 15 % og 20 % vektlegging av **A** matrisen for Viking Rød. Den laveste korrelasjonen var mellom 0 % **A** og 100 % **A**, det vil si korrelasjon mellom henholdsvis GBLUP og BLUP. Dette er i samsvar med tidligere resultater som har vist at bruk av genomisk informasjon øker sikkerheten (Koivula et al. 2015; Gao et al. 2012; Christensen et al. 2012), som tyder på at en får forskjellige verdier ved bruk av forskjellige metoder. Dette kan skyldes kvaliteten på informasjon, ved å bruke SNP data for å beregne genetisk slektskap istedenfor stamtavlen vil det gi mer nøyaktig slektskapsinformasjon (VanRaden 2008).

5.4 Genetisk trend

Genetisk trend viser liten endring i perioden fra 1995 til 2009. I 2009 hadde kjøttegenskaper høyeste gjennomsnitt avlsverdier, men etter 2009 har den gått ned. Genetisk trend for slakteklasse og fettgruppe viser variasjon mellom år fra -0,1 til 0,1. I følge lineær regresjon

har slakteklasse hatt en svak utvikling med stigningskoeffisient 0,001, som er nær 0. Fettgruppe og slaktevekt hadde tendens til negativ utvikling, der stigningstall er henholdsvis -0,0015 og -0,0394 som er også nær 0. Grunn til det kan være at vektlegging av kjøttegenskaper i avlsmålet i perioden 1995 – 1999 ble vektlagt med 10 – 12 %, fra 2000 til 2008 med 9 %, mens i 2009 ble vektlegging redusert til 6 % (Geno 2014a; Geno 2016). For å beregne genetisk trend av gjennomsnitt avlsverdier var det brukt 100 % vektlagt **A** matrisen (BLUP metodikk). Det at genetiske grupper ikke var inkludert i modellen kan påvirke utvikling av beregnet genetiske trender og føre til at den er nær 0, som har Christensen et al. (2012) funnet for Dansk Duroc gris for egenskapene daglig tilvekst og fôropptak født i perioden 1985 – 2005 av gjennomsnitt avlsverdi ved ssGBLUP og BLUP per fødselsår. Tilsvarende resultatene ble funnet av Svendsen (2016) at hvis en ikke inkluderer genetiske grupper ved beregning av avlsverdier vil genetisk trend for blant annet egenskap melk hos NRF bli undervurdert.

5.5 Begrensninger og anbefalinger

I oppgaven er det sett på effekten av å inkludere genomiske data i **H** matrise i ssGBLUP. Dette er lite undersøkt område og det finnes kun noen få tilgjengelig vitenskapelige artikler som viser resultater som resultatene fått i oppgaven kan sammenlignes med. Sikkerheten avhenger av mengde tilgjengelig informasjon (Falconer & Mackay 1996) derfor ville et større valideringssett med fenotype- og genotypeinformasjon kunne gi bedre grunnlag. Ved tilstrekkelig antall kan en dele opp valideringssettet i grupper og lage krysningsvalidering for å beregne sikkerhet og finne standardavvik for å finne hvor presis sikkerhet er beregnet.

Når det gjelder andre egenskapsgrupper som det er lagt vekt på i avlsmålet til NRF så kan effekten av ulik vektlegging av **A**- og **G**- matriser på sikkerheten/regresjonskoeffisient være annerledes enn for kjøttproduksjonsegenskaper. Kjøttegenskaper har forholdsvis høy arvegrad, så lavarvelige egenskaper kan muligens gi andre resultater (Svendsen et al. 2013). Derfor vil det være anbefalt å gjøre tilsvarende tester for andre egenskapsgrupper fra avlsmålet for å finne den mest optimale gjennomsnitt vektlegging av **A**- og **G**- matriser i **H** matrisen i ssGBLUP, som kan brukes for flere egenskapsgrupper samtidig.

6.0 Konklusjon

Basert på resultatene som er funnet i oppgaven kan følgende konklusjoner og anbefalinger trekkes:

- For å få høyest sikkerhet til genomiske avlsverdier for kjøttproduksjonsegenskaper for NRF skal **G** matrisen som inngår i ssGBLUP justeres med informasjon fra **A** matrisen, **A** matrisen vektlegges med 20 % og **G** matrisen med 80 % for slakteklasse og fettgruppe, mens for slaktevekt er det 10 % vekt på **A** matrise og 90 % på **G** som gir høyest sikkerhet.
- For å få regresjonskoeffisient nær 1, det vil si minimere bias skal **A** matrise vektlegges med 20 % i ssGBLUP for slakteklasse, og med 0 % **A** eller med andre ord med 100 % **G** matrise for fettgruppe og slaktevekt.
- Det vil være anbefalt å kjøre tilsvarende tester for andre egenskapsgrupper som inngår i avlsmålet til NRF.

7.0 Referanser

- Aass, L. (1996). Variation in carcass and meat quality traits and their relations to growth in dual purpose cattle. *Livestock Production Science*, 46: 1-12.
- Aass, L. & Vangen, O. (1997). Effect of selection for high milk yield and growth on carcass and meat quality traits in dual purpose cattle. *Livestock Production Science*, 52: 75-86.
- Aguilar, I., Misztal, D., Johnson, D. L., Legarra, A., Tsuruta, S. & Lawlor, T. J. (2010). *Hot topic*: A unified approach to utilize phenotypic, full pedigree, and genomic information for genetic evaluation of Holstein final score. *Journal of Dairy Sciences*, 93 (11): 743-752.
- Andersen, A. D., Nielsen, A. Kousgaard, K. & Buchter, L. (1971). Afkomsprøver for kødproduktion III. 386 *Beretn. fra Forsøgslaboratoriet*, København, Danmark, 64 pp.
- Andresen, B. B., Lykke, T., Kousgaard, K., Buchter, L. & Wismer-Pedersen, J. (1977). Growth, feed utilization, carcass quality and meat quality in Danish dual-purpose cattle. 453. *Beretn. fra Statens Husdyrbrugsforsøg*. 86 pp.
- Animalia. (2012). Klassifisering. Publisert 11.10.2012. Lokalisert 28.01.16 på verdensveven: <http://www.animalia.no/Slakt--kjott--og-eggkvalitet/Klassifisering/>
- Animalia. (2013). Økt storfekjøttproduksjon i Norge. Publisert 14.03.2013. Lokalisert 14.03.2016 på verdensveven: <http://www.animalia.no/Listesider/Aktuelt-og-fagstoff/Okt-storfekjottproduksjon-i-Norge/>
- Bennewitz, J., Solberg, T. & Meuwissen, T. (2009). Genomic breeding value estimation using nonparametric additive regression models. *Genetics Selection Evolution*, 41 (1): 20-32.
- Berg, J. & Matre, T. (2001). *Produksjon av storfekjøtt*. 1 utg. Oslo: Landbruksforlaget.
- Bjørnholt, S., Ringdal, G. & Lystad, M. L. (2014). Storfekjøttkontrollen. Årsmelding. *Animalia*.
- Blikstad, E. (2006). *Telemarksfeet gjennom 150 år 1856 – 2006*. Telemark Landbruksselskap i samarbeid med Landslaget for Telemarksfe.
- Buskap. (2016). Pressemelding. 1: 6.
- Calus, M. P. L. & Veerkamp, R. F. (2007). Accuracy of breeding values when using and ignoring the polygenic effect in genomic breeding value estimation with a marker density of SNP per cM. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 124 (9): 362-368.

- Christensen, O. F., Madsen, P., Nielsen, B, Ostersen, T. & Su, G. (2012). Single-step methods for genomic evaluation in pigs. *Animal*, 6 (10): 1565-1571.
- Daetwyler, H. D., Swan, A. A., Van der Werf, J. HJ. & Hayes, B. J. (2012) Accuracy of pedigree and genomic predictions of carcass and novel meat quality traits in multi-breed sheep data assessed by cross-validation. *Genetics Selection Evolution*, 44: 33.
- DMU (2012). A Package for Analysing Multivariate Mixed Model. Lokalisert 17.04.2016 på verdensveven: <http://dmu.agrsci.dk/dmu/DMU>
- Falconer, D. S. & Mackay, T. F. C. (1996). *Introduction to quantitative genetics*. 4 utg. Harlow, Longman Groups.
- Gamborg, C. & Sandøe, P. (2005). Sustainability in farm animal breeding: a review. *Livestock Production Science*, 92 (6): 221-231.
- Gao, H., Christensen, O. F., Madsen, P., Nielsen, U. S., Zhang, Y., Lund, S. M. & Su, G. (2012). Comparison on genomic predictions using three GBLUP methods and two single-step blending methods in the Nordic Holstein population. *Genetics Selection Evolution*, 44: 8.
- Geno. (2014a). Vektlegging av egenskapene i avlsmålet. Publisert 08.12.2014. Lokalisert 05.01.2016 på verdensveven: http://www.geno.no/globalassets/geno-sa/02_dokumenter/03_okser_avl/03_avlsmal/utvikling-av-avlsmalet_1960-2015.pdf
- Geno. (2014b). Historie. Publisert 08.01.2014. Lokalisert 05.01.2016 på verdensveven: <http://www.geno.no/Start/Geno-Avler-for-bedre-liv/OM-NRF-KUA1/Historie/>
- Geno. (2014c). Utvikling av avlsmålet for NRF kua. Publisert 08.12.14. Lokalisert 08.01.16 på verdensveven: <http://www.geno.no/Start/Avl/Avlsmal/Utvikling-av-avlsmalet-for-NRF-kua1/>
- Geno. (2014d). NRF i Norge og verden. Publisert 08.01.14. Lokalisert 14.01.16 på verdensveven: <http://www.geno.no/Start/Geno-Avler-for-bedre-liv/OM-NRF-KUA1/NRF-i-Norge-og-verden/>
- Geno. (2014e). Karakteristikk hos NRF. Publisert 09.01.14. Lokalisert 14.01.16 på verdensveven: <http://www.geno.no/Start/Geno-Avler-for-bedre-liv/OM-NRF-KUA1/Karakteristikk-hos-NRF/>
- Geno. (2014f). Hva er avkomsgransking? Publisert 31.01.14. Lokalisert 08.03.16 på verdensveven: <http://www.geno.no/Start/Avl/Avkomsgransking/Egenskaper1/>
- Geno. (2015a). Om Geno SA. Publisert 01.04.15. Lokalisert 14.01.16 på verdensveven: <http://www.geno.no/Start/Geno-Avler-for-bedre-liv/Om-Geno-SA/>

- Geno. (2015b). Genomisk seleksjon. Metoden. Publisert 17.12.15. Lokalisert 14.01.16 på verdensveven: <http://www.geno.no/Start/Avl/Genomisk-seleksjon/Metoden/>
- Geno. (2016a). Avlsmålet for NRF. Publisert 14.01.16. Lokalisert 05.01.2016 på verdensveven: <http://www.geno.no/Start/Avl/Avlsmal/Avlsmålet-for-nrf/>
- Geno. (2016b). Bruk av genomisk seleksjon i NRF-avlen. Publisert 29.01.16 Lokalisert 10.04.2016 på verdensveven: <http://www.geno.no/Start/Avl/Genomisk-seleksjon/genomisk-seleksjon-i-nrf-avlen/?parent=>
- Geno. (2016c). Krav til seminokseemnet. Publisert 25.02.16 Lokalisert 10.04.2016 på verdensveven: <http://www.geno.no/Start/Avl/Kalvekjop/Krav-til-seminokseemnet/>
- Gianola, D., Campos, G., Hill, W. G., Manfredi, E. & Fernando, R. (2009). Additive Genetic Variability and the Bayesian Alphabet. *Genetics*, 183(9): 347-363.
- Gianola, D. & Hammond, K. (1990). *Statistical Methods for Genetic Improvement of Livestock*. Germany: Spriger-Verlag Berlin Heidelberg.
- Hallander, H. (1989). *Fjällkon. Svenska lantraser: deras betydelse förr och nu*. Blå ankan.
- Hayes, B. J., Bowman, P. J., Chamberlain A. J. & Goddard, M. E. (2009). Invited review: Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. *Journal of Dairy Sciences*, 92 (2): 433-443.
- Henderson, C. R. (1949). Estimation of changes in herd environment [abstract]. *Journal of Dairy Science*, 32: 706.
- Holtmark, M. (2009). Forbedring av avlsverdier for norsk kjøttfe. *Husdyrforsøksmøtet 2009*. s. 327-330.
- Holtmark, M. (2016). Personlig kommunikasjon, per. med. Dr. Marte Holtmark, Geno SA. Samtale dato: 09.05.2016.
- Koivula, M., Strandén, I., Pösö, J., Aamand, G.P. & Mäntysaari, E.A. (2015). Single-step genomic evaluation using multitrait random regression model and test-day data. *Journal of Dairy Science*, 98: 2775-2784.
- Korkman N. (1953). Nötkreatur. I: Johansson, I. (red.) *Husdjursraserna*. Stockholm: LTs Förlag.
- Legarra, A., Aguilar, I. & Misztal, I. (2009). A relationship matrix including full pedigree and genomic information. *Journal of animal science*, 92 (9): 4656-4663.
- Lie, Ø., Olsaker, I. & Lingaas, F. (1988). *Arv og helse hos husdyr*. Norges veterinærhøgskole og Veterinærinstituttet. Oslo.

- Lynch, M. & Walsh, B. (1998). *Genetics and analysis of Quantitative Traits*. 1 utg. U.S.A.: Sinauer Associates, Inc.
- Madsen, P. & Jensen, J. (2012). A User's Guide to DMU A Package for Analysing Multivariate Mixed Models. University of Aarhus, Faculty Agricultural Sciences (DJF). Denmark.
- Meldingen til Stortinget 9 (2011 – 2012). Landbruks- og matpolitikken – Velkommen til bords. Det Kongelige Landbruks- og Matdepartement, 301 s.
- Meuwissen, T. H. E., Hayes, B. J. & Goddard, M. E. (2001). Prediction of Total Genetic Value Using Genome-Wide Dense Marker Maps. *Genetics*, 157 (4): 1819-1829.
- Misztal, I., Legarra, A. & Aguilar, I. (2009). Computing procedures for genetic evaluation including phenotypic, full pedigree, and genomic information. *Journal of Dairy Sciences*, 92 (4): 4648-4655.
- Misztal, I., Aggrey, S. E. & Muir, W. M. (2013). Experiences with a single-step genome evaluation. *Poultry Science*, 92 (11): 2530-2534.
- Mrode, R. A. (1996). *Linear Models for the Prediction of Animal Breeding Values*. CAB INTERNATIONAL. Wilts (UK): Biddles Ltd, Guildford.
- Nesse, K. A. (2015). Kjøttets tilstand. Status i norsk kjøtt- og eggproduksjon. Statusrapport. *Animalia*.
- Nævdal, I. (2013). Kvalitetsforbedringer ved kjøp av kalv og uttak av ungoxer I NRF-avlenn. *Husdyrforsøksmøtet 2013*. s.10-13
- Nævdal, I. (2014). GS-testing av oksekalver. *Buskap*, 8: 8-9.
- Olesen, I., Groen, A. F. & Gjerde, B. (2000) Definition of animal breeding goals for sustainable production systems. *Journal of Animal Science*, 78 (3): 570-582.
- Olson, K. M., VanRaden, P. M., Tooker, M. E. & Cooper T. A. (2011). Difference among methods to validate genomic evaluations for dairy cattle. *Journal of Dairy Sciences*, 94 (5): 2613-2620.
- Pirchner, F. (1983). *Population Genetics in Animal Breeding*. Second edition. New York (USA): Plenum Press.
- Pryce, J. E., Arias, J., Bowman, P. J., Davis, S. R., Macdonald, K. A., Waghorn, G. C., Wales, W. J., Williams, Y. J., Spelman, R. J. & Hayes, B. J. (2011). Accuracy of genomic predictions of residual feed intake and 250-day body weight in growing heifers using 625,000 single nucleotide polymorphism markers. *Journal of Dairy Sciences*, 95 (11): 2108-2119.

- R-3.1.3. (2014). The R Project for Statistical Computing. Lokalisert på verdensveven
17.04.2016: <https://cran.r-project.org/>
- Resende, M. F. R., Muñoz, P., Resende, M. D. V., Garrick, D. J., Fernando, R. L., Davis, J. M., Jokela, E. J., Martin, T. A., Peter, G. F. & Kirst, M. (2012). Accuracy of Genomic Selection Methods in a Standard Data Set of Loblolly Pine (*Pinus taeda* L.). *Genetics*, 190 (01): 1503-1510.
- Rundlöf, L. (2014). Gamle norske storferaser og NRF – sammenligning av tilvekst og vekt. Masteroppgave. Ås, Norges miljø- og biovitenskapelige universitet.
- Ruud, T. A, Wittussen, H. T., Juul-Hansen, B.-O., Mellby, J. O., Røhnebæk, E., Aass, L., Rustad, L. J., Flitte Anderssen, Å. M. & Nafstad, O. (2013). Økt storfekjøttproduksjon i Norge. Rapport fra ekspertgruppen, februar 2013.
- SAS (2002 – 2010). 9.3 utgave. USA. SAS Institute Inc.
- Schaeffer, L. R. (2006). Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle. *Journal of Animal Breeding and Genetics*, 123 (4): 218-223.
- Shelby, C. E., Harvey, W. R., Clark, R. T., Quesenberry, J. R. & Woodward, R. R. (1963). Estimates of phenotypic and genetic parameters in ten years of miles city R. O. P. steer data. *Journal of Animal Science*, 22: 346-353.
- Simensen, E. (2008). *Dølafætt*. Nordøsterdalsmuseet – Dølafelaget – Tine Meieriet Øst BA.
- Solberg, T. R. (2009). Genomisk seleksjon: En revolusjon i avlsarbeidet med mjølkeku? *Husdyrforsøksmøtet 2009*. s.223-226.
- Steine, T., Sehested, E., Svendsen, M., Andersen-Ranberg, I. A., Larsgard, A. G., Heringstad, B., Karlson, A. & Rise, O. (2004). *Storfeavl*. 1 utg. Oslo: GAN Forlag AS.
- Su, G., Nielsen, U. S., Mäntysaari, E. A., Aamand, G. P., Christensen, O. F. & Lund, M. S. (2012). Genomic prediction for Nordic Red Cattle using one-step and selection index blending. *Journal of animal science*, 95 (2): 909-917.
- Svendsen, M., Heringstad, B. & Solberg, T. R. (2013). Bruk av genomisk avlsverdi ved innkjøp av seminokseemner i NRF avlen. *Husdyrforsøksmøtet 2013*. s.14-17.
- Svendsen, M. (2016). BLUP vs Single Step GBLUP and genetic trends. Avlsforsker i Geno. Presentert: 15.04.2016. Institutt for husdyr- og akvakulturvitenskap, Norges miljø- og biovitenskapelige universitet.
- Vangen, O., Steine, T., Olesen, I. & Hårdnes, T. (1994). *Avlslære*. 1 utg. Oslo: Landbruksforlaget.

- VanRaden, P. M. (2008). Efficient methods to compute genomic predictions. *Journal of Dairy Sciences*, 91 (6): 4414-4423.
- Wright, S. (1968). *Evolution and the genetics of populations. I. Genetic and biometric foundations*. Univ. Chicago Press, Chicago. [1, 5, 9, 11, 12, 13, 21, A2].
- Ødegård, A.K. (2002). Førte års avl på kjøtt. *Buskap 2*: 58-59.

Vedlegg 1.

Vedlegg 1.1

Under vedlegg 1.1 presentert beregnet sikkerhet til genomiske avlsverdier for slakteklasse, fettgruppe og slaktevekt for NRF slakteokser fra valideringssettet med vektlegging fra 0 % til 100 % **A** matrise i ssGBLUP.

	slakteklasse	fettgruppe	slaktevekt
0 %	0,60010	0,75873	0,56680
10 %	0,60688	0,76172	0,56897
20 %	0,60883	0,76236	0,56802
30 %	0,60748	0,76136	0,56448
40 %	0,60329	0,75872	0,55846
50 %	0,59605	0,75405	0,54963
60 %	0,58491	0,74654	0,53710
70 %	0,56813	0,73467	0,51918
80 %	0,54239	0,71549	0,49261
90 %	0,50095	0,68265	0,45072
100 %	0,42833	0,61908	0,37828

Vedlegg 1.2

Under vedlegg 1.2 presentert beregnet bias (regresjonskoeffisient) til genomiske avlsverdiene for slakteklasse, fettgruppe og slaktevekt for NRF slakteokser fra valideringssettet med vektlegging fra 0 % til 100 % **A** matrise i ssGBLUP.

	slakteklasse	fettgruppe	slaktevekt
0 %	0,87	1,11	1,00
10 %	0,93	1,17	1,07
20 %	0,98	1,21	1,12
30 %	1,02	1,24	1,17
40 %	1,06	1,27	1,20
50 %	1,09	1,30	1,24
60 %	1,12	1,32	1,26
70 %	1,13	1,33	1,27
80 %	1,12	1,33	1,25
90 %	1,07	1,29	1,19
100 %	0,93	1,17	1,01

Vedlegg 1.3

Under vedlegg 1.3 er det presentert beregnet gjennomsnitt avlsverdi per fødselsår for slakteklasse, fettgruppe og slaktevekt for NRF slakteokser født (f_aar) i perioden fra 1995 til 2013 med antall observasjoner for hvert år (_FREQ_). Avlsverdiene beregnet ved bruk av BLUP metodikk der **A** matrise er 100 % vektlagt.

Obs	f_aar	_FREQ_	EBVkl	EBVf	EBVslv
1	1995	62 917	-0,037315	-0,037108	1,95125
2	1996	66 476	-0,041123	-0,016961	1,27185
3	1997	71 255	0,014378	0,002459	2,86120
4	1998	73 271	-0,006327	0,006865	3,29506
5	1999	69 521	0,007306	0,045453	2,75056
6	2000	68 726	0,051334	0,042207	3,92725
7	2001	71 795	0,046357	0,004084	3,41421
8	2002	73 276	0,075710	0,010146	3,80670
9	2003	72 265	0,051556	-0,023535	2,88766
10	2004	73 107	0,062992	-0,039311	3,71304
11	2005	70 186	0,048974	0,076452	3,33515
12	2006	69 654	0,043576	0,014904	3,18473
13	2007	66 820	0,056600	0,047208	2,47187
14	2008	65 942	0,073437	0,023765	2,71939
15	2009	61 931	0,086135	0,080372	3,94508
16	2010	59 370	0,054414	0,011185	2,62482
17	2011	58 022	-0,008970	-0,094364	0,58759
18	2012	55 797	-0,023550	-0,093041	1,41843
19	2013	54 966	-0,064042	-0,027338	1,81519



Norges miljø- og biovitenskapelig universitet
Noregs miljø- og biovitenskapelige universitet
Norwegian University of Life Sciences

Postboks 5003
NO-1432 Ås
Norway