

Uusi genomiajan jalostusarvostelu

Timo Pitkänen

13.3.2023



Beefgeno:

Monen rodun monen ominaisuuden ssGBLUP malli



ssGBLUP-malli

- **Single-step**
Genotyypitettyjen ja genotyypittämättömien eläinten jalostusarvot arvioidaan samanaikaisesti (vrt. two-step)
- **G**
Genotyypitettyjen eläinten väliset sukulaisuudet muodostetaan genomista saatavan tiedon perusteella (vrt. snp-blup)
- **BLUP** (best linear unbiased prediction)
Jalostusarvojen laskentamenetelmä, joka tuottaa parhaan ja harhattoman arvion jalostusarvoista

Genomiarvostelussa mukana olevat ominaisuudet

- Syntymäpaino
- Vieroituspaino
- Vuodenpaino
- Emoindeksi
- Poikimahelppous isänä, poikimahelppous emänisänä
- Teuraspaino
- Ruhon laatuluokka
- Ruhon rasvaluokka

Mallin kehittäminen

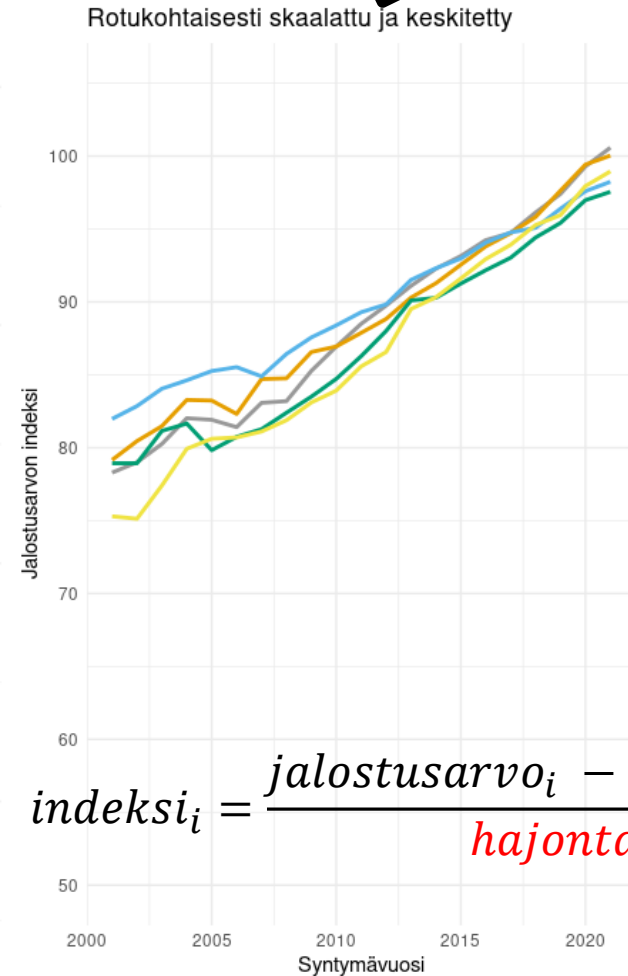
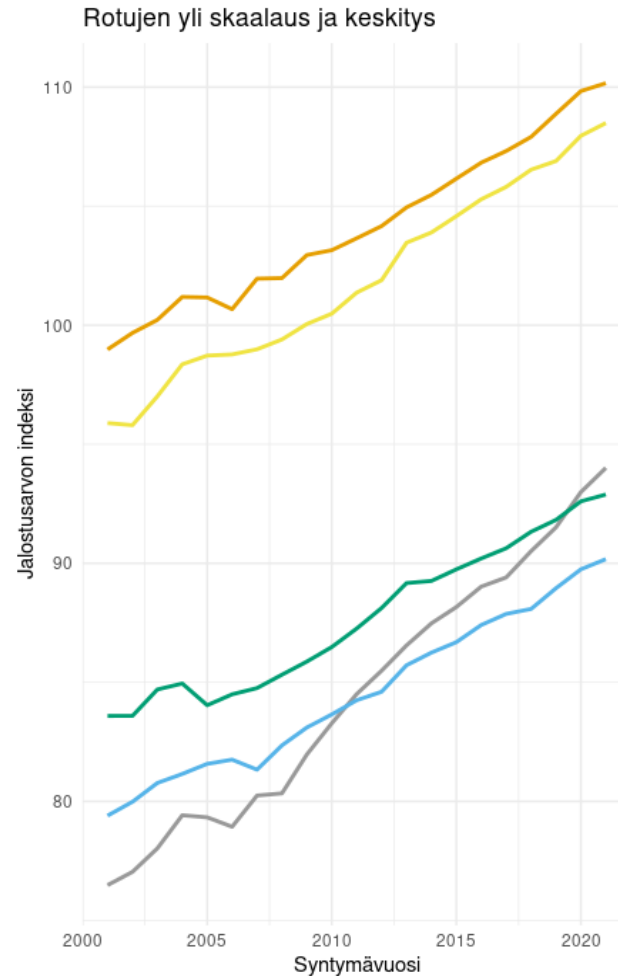
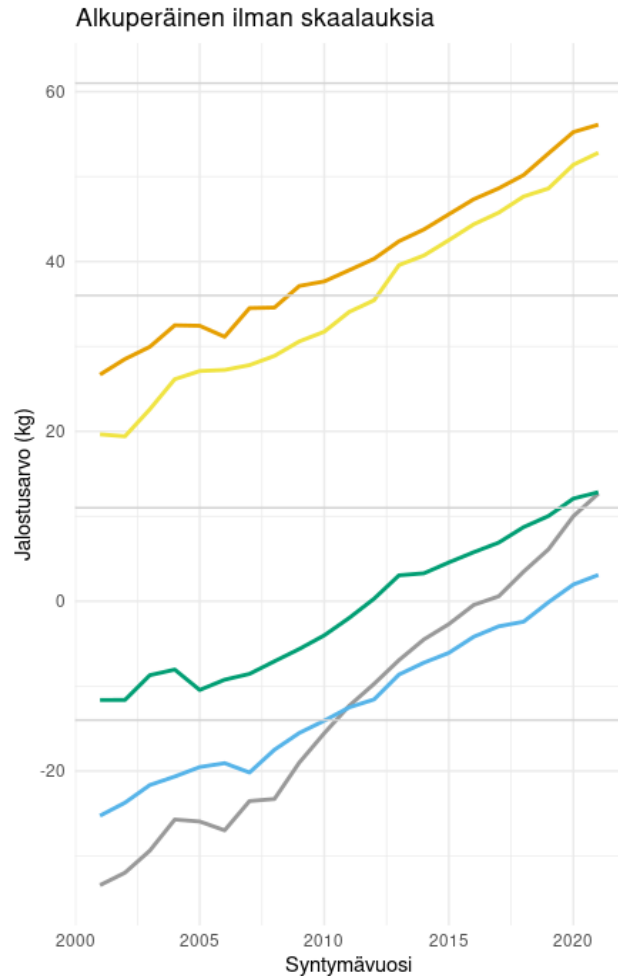
- Lähtökohtana nykyiset yhden rodun arvostelumallit ja niiden periytymisasteet
- Ensin rakennettiin monen rodun arvostelumallit perustuen polveutumistietoihin
 - Eläimille rotuosuuksien mukaiset periytymisasteet
 - Rotujen väliset erot jalostusarvoon
- Monen rodun malli päivitettiin ssGBLUP –malliksi
 - Tuntemattomat vanhempaisryhmät korvattiin perustajavanhemmilla

Muutokset nykyiseen arvosteluun

Nykyinen arvostelu	Genomi-arvostelu
Puhtaat eläimet mukana + muut risteytykset, mutta ei ensimmäisen polven risteytyseläimiä	Sekä puhtaat että kaikki risteytykset mukana
Arvostelut roduittain, sukupuoli rajatumpi, F1-eläinten tietoja ei mukana	Arvostelussa mukana kaikki eläimet → risteytyseläimet linkittävät puhtaat populaatiot toisiinsa, puhtaat eläimet saavat lisää informaatiota niiden risteytyskulaisilta (havaintoja, sukulaisuuslinkkejä)
Rotu on isän rotu	Rotu määritellään kaikki Suomen naudat kattavasta sukulaisuustiedostosta → mahdollisimman oikein
Geneettiset ryhmät karkeammin määritelty <small>Geneettisten ryhmien avulla määritellään arvostelun perusta</small>	Geneettiset ryhmät määritelty täsmällisemmin. Lisäksi niiden määrittelyssä käytetty genomista saatua tietoa, joka edelleen tarkentaa määrittelyä
Heteroosivaikutuksia ei huomioida, vaikka arvostelussa on ollut mukana toisen polven ja sitä kaukaisempia risteytyseläimiä	Heteroosivaikutukset huomioitu, jotta ne eivät siirry ensimmäisen polven risteytyseläinten jalostusarvoihin
Emon rotua ei huomioitu malleissa	Emon rotutieto huomioitu <small>Toistaiseksi emon heteroosivaikutusta ei huomioitu → tulevaisuuden kehityskohta</small>
Ei genomi-informaatiota	Genomista saatava informaatio hyödynnetään

Miten indeksit esitetään?

Kuvassa esimerkkinä vuodenpainon GEBV trendit  Tämä valittu.



$$\text{indeksi}_i = \frac{\text{jalostusarvo}_i - \text{keskiarvo}}{\text{hajonta}} \cdot 10 + 100$$

Ensimmäisen polven risteytyseläinten jalostusarvot, esimerkki hereford x simmental

Eläinten lukumäärät kuvassa: 205956:hf 1348:hfsi 79060:si



Mallien ennustekyky paranee genomiarvostelulla

Angus	Charolais	Hereford	Limousin	Simmental
18 %	19 %	25 %	16 %	9 %

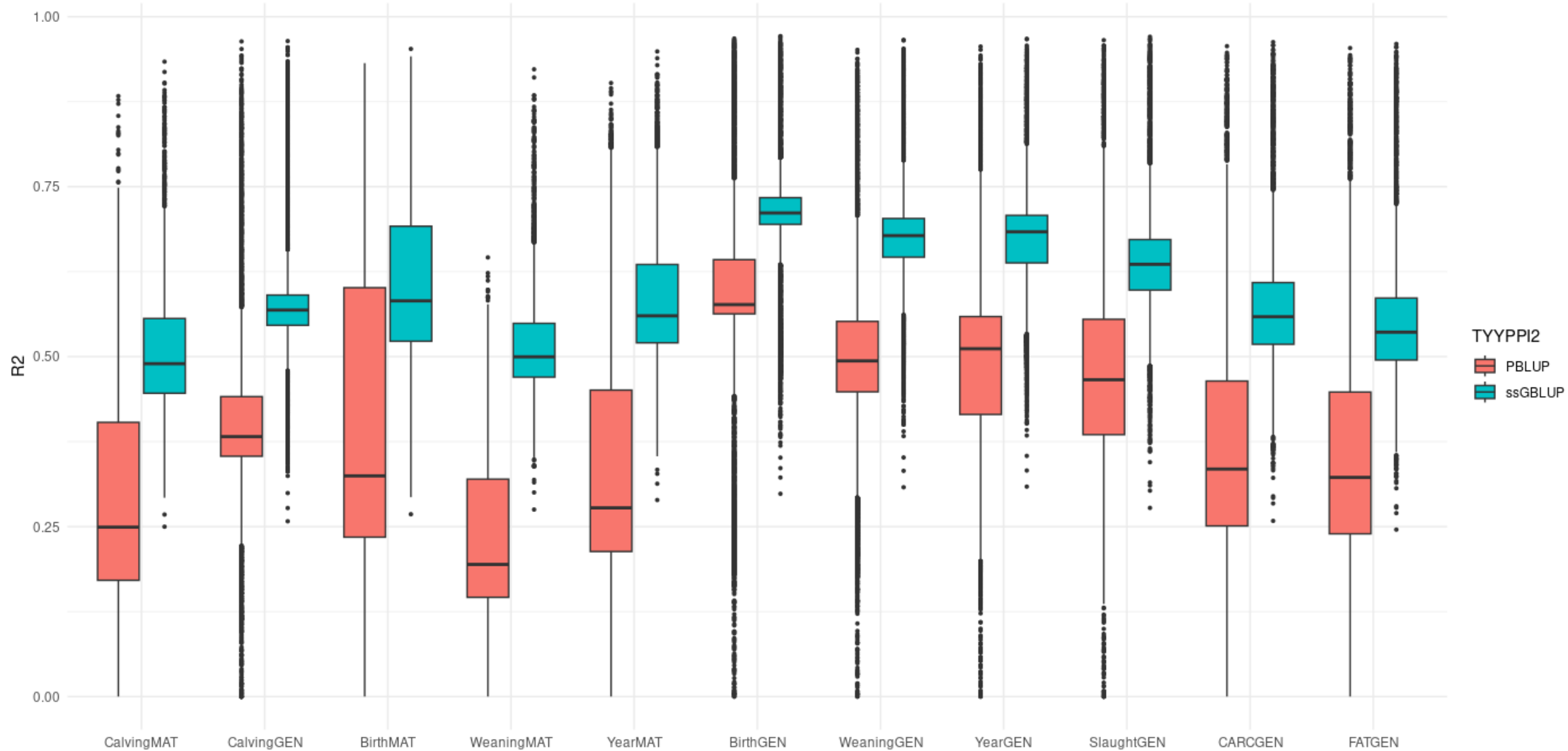
Poikima-helppous suora	Syntymä-paino	Vieroitus-paino	Vuoden-paino	Teuras-paino	Ruholk	Rasvalk
15 %	17 %	15 %	18 %	25 %	16 %	15 %

- Ennustuskyky on mitattu poistamalla viimeisimmät 2v havainnoista ja laskemalla korrelaatio katkaistusta aineistosta ja täydestä aineistosta estimoitujen jalostusarvojen välillä sekä perinteiselle sukupuuhun perustuvalla monen rodun arvostelumallille että genomimallille.

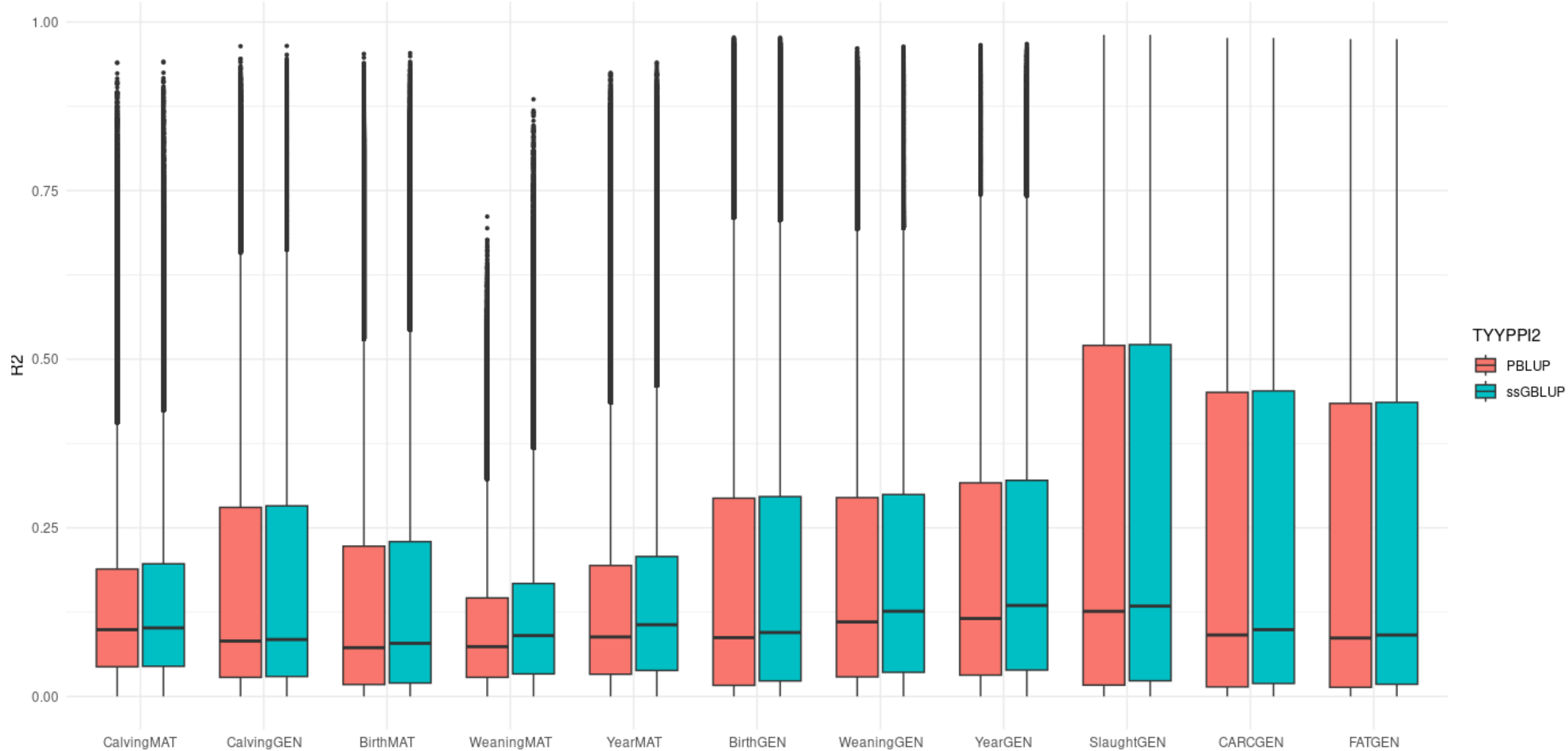
Eläinten genomiset arvosteluvarmuudet

- Kaikki rutiiniarvosteluissa käytössä olevat arvosteluvarmuuksien laskentamenetelmät ovat arvioita
- Genomiset arvosteluvarmuudet lasketaan parhaalla käytettävissä olevalla menetelmällä, joka huomioi genomitiedon
- Menetelmä pyrkii välttämään eri informaation laskemista useampaan kertaan, mikä johtaa arvosteluvarmuuden yliarviointiin
 - Tästä huolimatta genotyyppitettyjen eläinten arvosteluvarmuudet ovat jossain määrin yliarvioituja

R2: PBLUP vs ssGBLUP genotypitetyille



R2: PBLUP vs ssGBLUP EI-genotyypitetyille



Arvosteluvarmuudet

Kuvissa genotyypitetyt omalla värillä

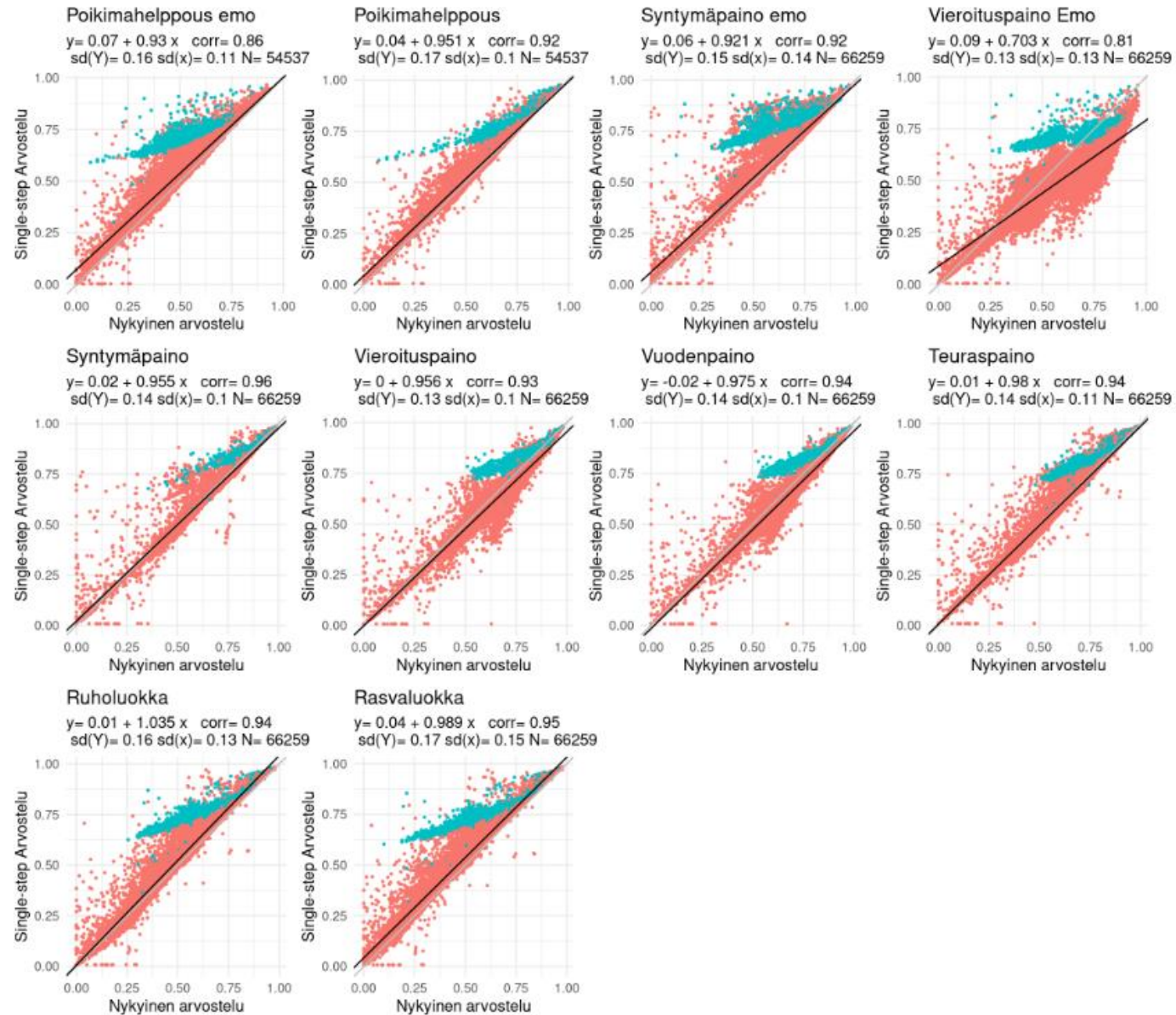
Angus

Charolais

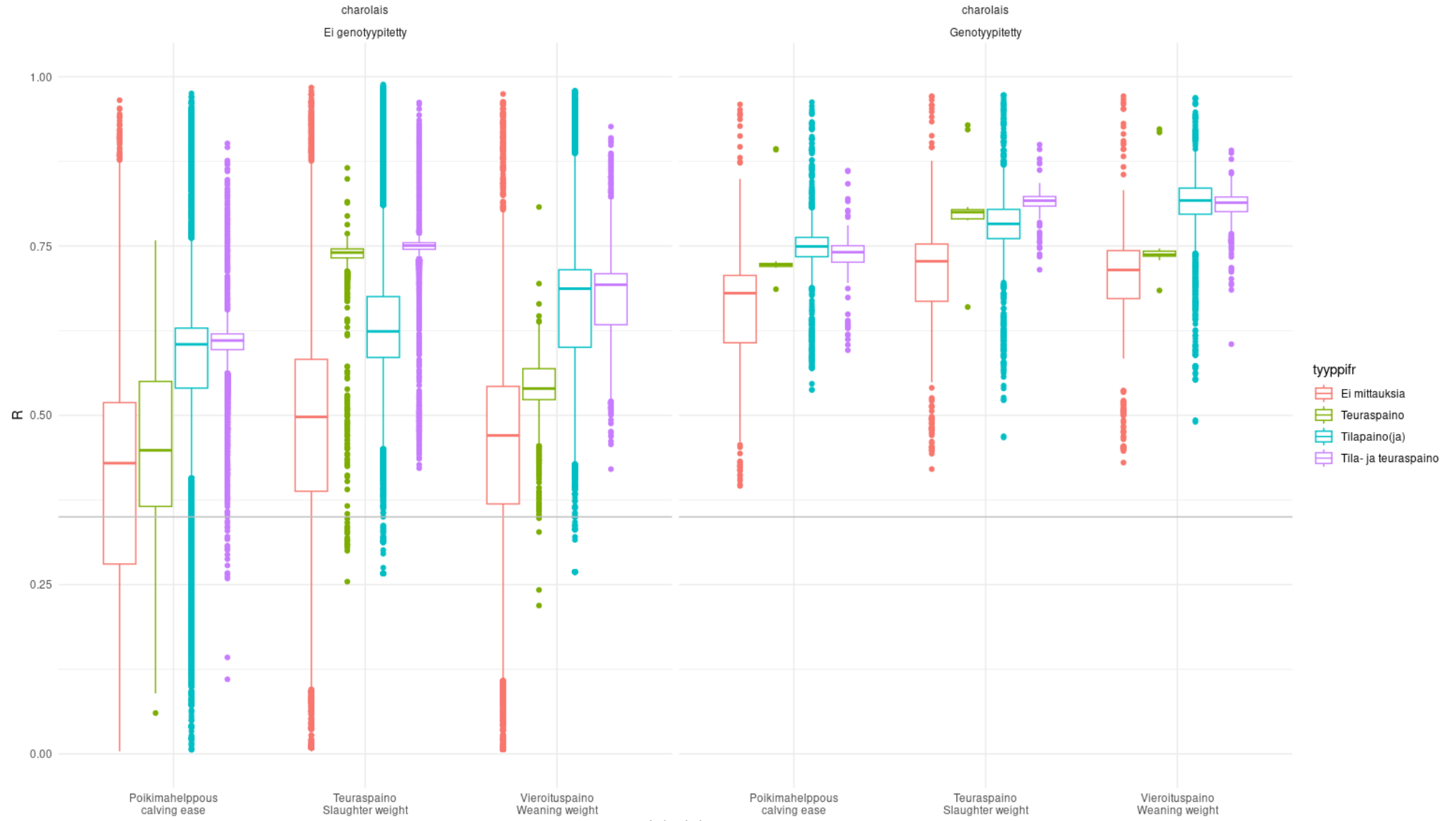
Hereford

Limousine

Simmental



Arvosteluvarmuudet eläimillä mittausmäärien ja genotyypityksen mukaan



- Vaikka Suomessa on kertynyt hyvin genotyypityksiä, genomitiedon määrä on vielä rajallinen
- Emoindeksin ja poikimahelpous emänisänä - ominaisuuksien h^2 on melko alhainen → näiden indeksien kohdalla ei kannata vielä tehdä valintapäätöstä pelkän genomitiedon varassa
 - Koskee kaikkia rotuja ja tulee esille erityisesti tuotantokarjojen kohdalla

