

## Slutrapport från SLF-projektet: "Säkrare avelsvärdering och effektivare urval av avelsdjur med hjälp av genomisk selektion för Svensk Röd Boskap"

### Bakgrund

Som ett resultat av kartläggningen av husdjurens arvs massa kan man få en beskrivning av enskilda djurs arvs massa för ett stort antal DNA-markörer till en kostnad som är ekonomiskt försvarbar även för storskalig användning i praktiken och inte bara för forskning. Genomisk selektion är en ny biometrisk metod som utnyttjar dessa DNA-markörer för att avelsvärdera och selektera djur.

När projektet startades var utvecklingen av genomisk avelsvärdering för holsteinrasen redan på gång och det var angeläget att utveckla genomisk avelsvärdering även för SRB-rasen för att upprätthålla rasens konkurrenskraft. Att utarbeta och utvärdera genomisk avelsvärdering för den svenska SRB-rasen var således eftertraktat av näringen. Samtidigt pågick insatser för ett fördjupat samarbete mellan SRB-rasen, Finsk Ayrshire (FAY) och Röd Dansk Maelkerace (RDM) i VikingGenetics gemensamma avelsprogram för de röda raserna. En förutsättning är att avelsvärden är direkt jämförbara mellan raserna, vilket var fallet på grund av den gemensamma nordiska avelsvärderingen. Det var angeläget att jämförbarheten bibehölls även när DNA-markörer och genomisk selektion kom att tillämpas.

Principen för genomisk selektion är att man skattar samband mellan DNA-markörer och egenskaper av intresse i en referenspopulation, t.ex. bestående av redan testade tjurar med många döttrar. Med hjälp av dessa skattningar kan man sedan beräkna ett genomiskt avelsvärde – summan av markörernas effekt – för djur utan egna observationer eller avkomma, redan kort efter födseln. Ett genomiskt avelsvärde har en betydligt högre säkerhet än ett traditionellt härstamningsindex baserat på föräldrarnas avelsvärde.

Förutsättningen för genomisk avelsvärdering och selektion är att sambandet mellan markörerna och egenskaperna som är skattade i referenspopulationen (t.ex. avkommeprövade tjurar) håller även för unga kandidatdjur. Om det finns en gen eller ett genkomplex tillräckligt nära en markör, kan man använda markörer för att välja ut djur med den gynnsamma genvarianten (allelen). Problemet att är veta vad som är "tillräckligt nära". Man kan använda markörer när avståndet till genen är kort och det finns en mycket stark koppling mellan markören och genen (det vill säga kopplingsojämvikt = linkage disequilibrium). Men, när genen ligger längre bort från markören, är sambandet inte lika starkt längre och kan det hända att en annan markörvariant är kopplad till den gynnsamma allelen för delar av populationen (t.ex. enstaka familjer). Även när genen och markören är i kopplingsojämvikt inom två raser, men det är länge sedan raserna bildades, kan det hända att olika markörvarianter är kopplade till den gynnsamma allelen. Eftersom SRB-rasen har en "mångkulturell" bakgrund var förväntningen att kopplingsojämvikten inte var lika stark som i holsteinrasen, och att detta kunde påverka hur väl metodiken för genomisk avelsvärdering fungerar.

Frågeställningar som vi ville besvara var följande:

1. I vilken utsträckning är det samma markörvarianter (alleler) som förekommer tillsammans i den sammanslagna referenspopulationen (SRB, FAY och RDM) och inom SRB-referenspopulationen? Svaret på dessa frågor ger en indikation om vi kan förvänta oss att en gynnsam genvariant är kopplad med en och samma markörallel för alla raser, vilket är en viktig förutsättning för att kunna bedriva genomisk selektion över raser.
2. Hur hög blir säkerheten för genomiska avelsvärden inom SRB-rasen för egenskaper i avelsmålet när endast svensk information används i referenspopulationen?

3. Kan man förbättra säkerheten för genomiska avelsvärden genom att slå ihop referenspopulationerna för SRB, FAY och RDM?
4. Fungerar det väl att selektera bland finska och danska tjurar med hjälp av genomiska avelsvärden baserat på markörernas effekt som skattats för den svenska SRB-referenspopulationen och vice versa? Denna fråga kommer att studeras för några egenskaper som registreras i såväl Sverige, Danmark som Finland, som t.ex. mjölkavkastning, juverhälsa och fruktsamhet.
5. Genomisk avelsvärdering för klövhälsa. Klövhälsodata för DNA-testade tjurar används för att skatta samband mellan DNA-markörer och klövhälsa. Man håller på att införa registreringar av denna egenskap även i Danmark och Finland och vid projektets slut kan vi förhoppningsvis använda dessa för att bekräfta hur framgångsrikt det varit att använda genomiska avelsvärden baserade på svenska data för att selektera bland finska och danska tjurar.

## Material och Metoder

Projektet, som startade oktober 2009, har bedrivits av en vid inst för Husdjursgenetik anställd post-doc, Elisenda Rius Vilarrasa, samt Freddy Fikse (på deltid). Projektet har ingått i en nordisk satsning på forskning på genomisk avelsvärdering och utformning av avelsprogram.

Första delstudien i projektet fokuserade på frågeställningarna 2-4. Det fanns genotypdata och NAV-avelsvärden för ungefär 1500 avkommeprövade SRB-tjurar och sammanlagt för nästan 4000 avkommeprövade tjurar för de tre röda raserna i Sverige (SRB), Finland (FAY) och Danmark (DNK). Vi använde en metod för genomisk avelsvärdering som tillåter ett begränsat antal markörer ha en stor effekt på egenskapen, medan de flesta markörerna har en liten effekt. Säkerheten för genomiska avelsvärden skattades med denna metod utvärderades genom en valideringsstudie. Principen för valideringsstudien var att ta bort data från en femtedel av tjurarna (baserad på födelseår), och skatta markörernas effekt baserat på data från övriga tjurar. Med hjälp av de skattade marköreffekterna beräknades ett genomiskt avelsvärde för de borttagna tjurarna, och en jämförelse av dessa genomiska avelsvärden med NAV-avelsvärdena baserat på dotterinformation är ett mått på säkerheten. Ett antal olika scenarier undersöktes:

- a. Marköreffekterna skattades i SRB-referenspopulationen och användes för att skatta genomiska avelsvärden och räkna ut säkerheten för SRB-tjurar.
- b. Marköreffekterna skattades i FAY- och RDM-referenspopulationerna och användes för att skatta genomiska avelsvärden och räkna ut säkerheten för SRB-tjurar.
- c. Marköreffekterna skattades i den sammanslagna SRB- och FAY-referenspopulationen och i den sammanslagna SRB-, FAY- och RDM-referenspopulationen och användes för att räkna ut genomiska avelsvärden och deras säkerhet.

I nästa delstudie undersökte vi frågeställningen hur val av statistisk modell för den genomiska avelsvärderingen påverkade säkerheten av genomiska avelsvärden. Denna delstudie berör frågeställning 3 och även frågeställning 1, där hypotesen var att mer avancerade modeller tog bättre hänsyn till kopplingsojämvikt. Data som användes var desamma som i första delstudien, förutom att inga data för RDM användes eftersom första delstudien visade att denna population inte bidrog mycket till säkerheten för SRB-tjurar. Modellerna, som jämfördes med hjälp av en valideringsstudie på samma sätt som för första delstudien, skilde sig i två aspekter:

- i. Storleken av marköreffekterna. I första delstudien antogs ett begränsat antal markörer ha en stor effekt på egenskapen, medan de flesta markörerna har en liten effekt. Vi studerade två varianter, en som tillät färre markörer ha en stor effekt och fler markörer en liten effekt, och en där ett begränsat antal markörer tilläts ha en stor effekt och de övriga ingen effekt alls.

- ii. Polygen effekt. En polygen effekt förväntas förklara genetisk variation som inte kan förklaras av DNA-markörer.

I den tredje delstudien har vi med hjälp av genotypdata undersökt populationsstruktur och kopplingsjämvikt i den sammanslagna referenspopulationen (SRB, FAY och RDM). Dessutom har vi undersökt hur populationsstruktur påverkar valideringsstudier och beräkningen av säkerheten för genomiska avelsvärden. Genotypdata för nästan 5600 tjurar och genomiska avelsvärden från delstudie 1 för ungefär 4000 tjurar användes. Principalkomponentanalys och klusteranalys gjordes för att upptäcka subpopulationer i den sammanslagna referenspopulationen. Resultat från principalkomponentanalysen användes för att visualisera populationsstrukturen. Klusteranalysen gav mer objektiva siffror på vilken subpopulation ett djur tillhörde. Kopplingsjämvikt inom och mellan subpopulationer räknades ut, först då genotypade tjurar grupperades på födelseland och sedan då tjurar grupperades på grupptillhörighet från klusteranalysen.

I den sista delstudien studerade vi en genomisk avelsvärdering för klövhälsa. Resultat från första delstudien visade att små referenspopulationer med bara en av tre raser resulterade i en låg säkerhet och eftersom det fanns en gemensam NAV-avelsvärdering för klövhälsa för de röda raserna fokuserade vi på att undersöka säkerheten för klövhälsa för hela den sammanslagna referenspopulationen. Data fanns för 900-2000 tjurar och 7 olika klövegenskaper. Säkerheten av genomiska avelsvärden skattades med en valideringsstudie.

## Resultat

Säkerheten för genomiska avelsvärden för SRB-tjurar för egenskaper som ingår i det nordiska tjurindexet var i genomsnitt 0.19, och varierade mellan 0.12 och 0.43 för de 17 egenskaperna när bara SRB-tjurar ingick i referenspopulationen (tabell 1). Säkerheten låg på samma nivå för FAY-tjurar (0.19) och något högre (0.23) för RDM-tjurar. Säkerheten för produktion, reproduktion och hälsa låg på ungefär samma nivå.

Att använda RDM i referenspopulation för att skatta genomiska avelsvärden för SRB-tjurar resulterade i en väldigt låg säkerhet (tabell 1). En referenspopulation med FAY-tjurar fungerade bättre för att skatta genomiska avelsvärden för SRB-tjurar (säkerheten var i genomsnitt 0,14).

En sammanslagen referenspopulation av SRB och FAY, jämfört med en referenspopulation av bara SRB-tjurar, resulterade i en ökning av säkerheten med 0.06 enheter för SRB-tjurar. Att även ta med RDM referenspopulation gav endast en marginell ökning.

Tabell 1: Säkerhet av genomiska avelsvärden för SRB-tjurar skattade med olika referenspopulationer.

<b>Egenskap</b>	<b>SRB</b>	<b>FAY</b>	<b>RDM</b>	<b>SRB-FAY</b>	<b>SRB-FAY-RDM</b>
<b>Mjök</b>	0,14	0,13	0,02	0,21	0,23
<b>Fett</b>	0,12	0,18	0,02	0,26	0,30
<b>Protein</b>	0,11	0,12	0,01	0,20	0,21
<b>Juvehälsa</b>	0,19	0,13	0,02	0,25	0,25
<b>Fruktamhet</b>	0,18	0,16	0,09	0,25	0,27
<b>Kalvningar, far</b>	0,18	0,18	0,05	0,25	0,27
<b>Kropp</b>	0,30	0,21	0,07	0,38	0,41
<b>Medelvärde<sup>1</sup></b>	<i>0,19</i>	<i>0,14</i>	<i>0,05</i>	<i>0,25</i>	<i>0,26</i>

<sup>1</sup> Medelvärde av 17 egenskaper

Säkerheten för genomiska avelsvärden varierade beroende på den statistiska modellen. Modeller som förutsatte en mindre andel markörer med stor effekt (M5 och MP5) gav en något lägre säkerhet jämfört med övriga modeller (tabell 2). Att inkludera en polygen effekt (MP40 och MP5) resulterade i

en marginell ökning av säkerheten. Ett bekymmer med genomiska avelsvärden har varit att de generellt är överskattade. Jämförelsen av modellerna visade att genomiska avelsvärden var något mindre överskattade när det fanns en polygen effekt i modellen.

Tabell 2: Säkerhet av genomiska avelsvärden skattade med fyra olika statistiska modeller<sup>1</sup>

Traits	GBLUP	CP	M40	M5	MP40	MP5
<b>Mjölk</b>	0,26	0,25	0,25	0,12	0,24	0,18
<b>Fett</b>	0,33	0,32	0,31	0,17	0,30	0,21
<b>Protein</b>	0,22	0,21	0,21	0,12	0,19	0,10
<b>Juvernäs</b>	0,21	0,21	0,16	0,16	0,22	0,17
<b>Fruktsamhet</b>	0,30	0,31	0,26	0,26	0,31	0,25
<b>Kalvningar, far</b>	0,32	0,29	0,29	0,26	0,29	0,26
<b>Kropp</b>	0,34	0,36	0,34	0,33	0,38	0,33
<i>Medelvärde<sup>2</sup></i>	<i>0,28</i>	<i>0,28</i>	<i>0,26</i>	<i>0,20</i>	<i>0,28</i>	<i>0,21</i>

<sup>1</sup> GBLUP: de flesta markörer har en liten effekt på egenskapen; CP: ett begränsat antal markörer har en stor effekt, medan de flesta markörer har en liten effekt; M40/MP40 & M5/MP5: ett begränsat antal markörer (40 % resp. 5 %) tilläts ha en stor effekt och de övriga ingen effekt. MP60 och MP95 inkluderar även en polygen effekt.

<sup>2</sup> Medelvärde av 7 egenskaper

Finessen med att kunna genotypa djur är att få information om vilka alleler ett djur har fått i arv från sina föräldrar. Utan den informationen kan vi bara räkna ut ett *förväntat* avelsvärde för en nyfödd kalv (utifrån föräldrarnas avelsvärde), men genom genotypning kan vi se utfallet av den mendelska slumpdragningen av alleler. Vi har räknat ut sambandet mellan genomiska avelsvärden och den mendelska slumpen (tabell 3): modellerna som gav högst säkerhet av genomiska avelsvärden var bäst att förutsäga utfallet av den mendelska slumpen. Dock var styrkan på sambandet generellt låg.

Tabell 3: Samband mellan genomiska avelsvärden skattade med fyra olika statistiska modeller<sup>1</sup> och mendlande arvet

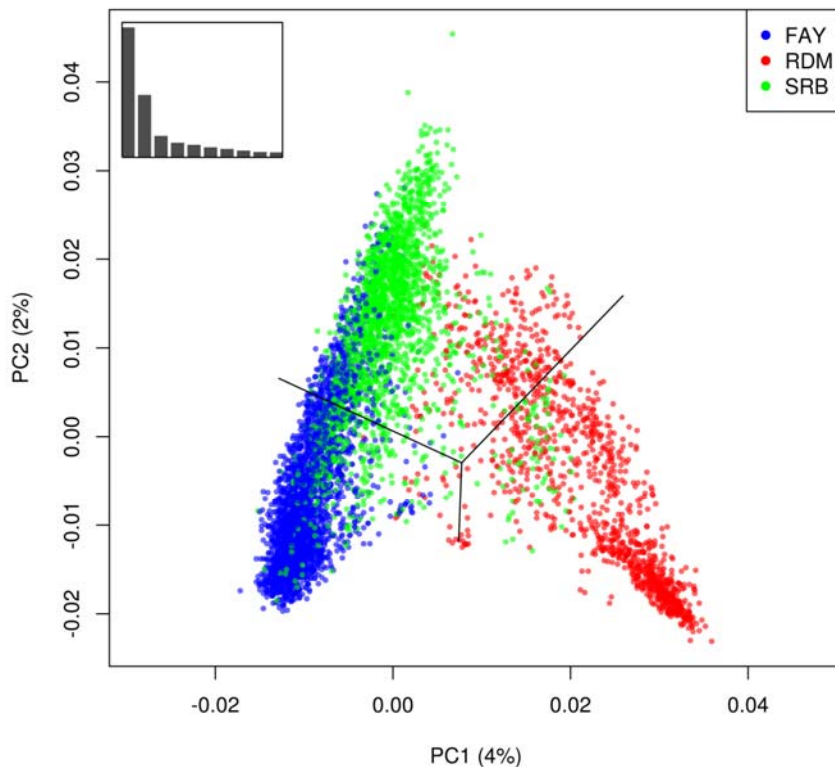
Traits	GBLUP	CP	M40	M5	MP40	MP5
<b>Mjölk</b>	0,06	0,04	0,04	0,02	0,03	0,01
<b>Fett</b>	0,07	0,06	0,05	0,03	0,04	0,01
<b>Protein</b>	0,04	0,03	0,03	0,01	0,03	0,01
<b>Juvernäs</b>	0,04	0,04	0,03	0,02	0,03	0,01
<b>Fruktsamhet</b>	0,09	0,08	0,07	0,06	0,08	0,05
<b>Kalvningar, far</b>	0,10	0,08	0,09	0,10	0,08	0,07
<b>Kropp</b>	0,04	0,04	0,06	0,07	0,05	0,06
<i>Medelvärde<sup>2</sup></i>	<i>0,06</i>	<i>0,05</i>	<i>0,05</i>	<i>0,04</i>	<i>0,05</i>	<i>0,03</i>

<sup>1</sup> GBLUP: de flesta markörer har en liten effekt på egenskapen; CP: ett begränsat antal markörer ha en stor effekt, medan de flesta markörer har en liten effekt; M40/MP40 & M5/MP5: ett begränsat antal markörer (40 % resp. 5 %) tilläts ha en stor effekt och de övriga ingen effekt. MP40 och MP5 inkluderar även en polygen effekt.

<sup>2</sup> Medelvärde av 7 egenskaper

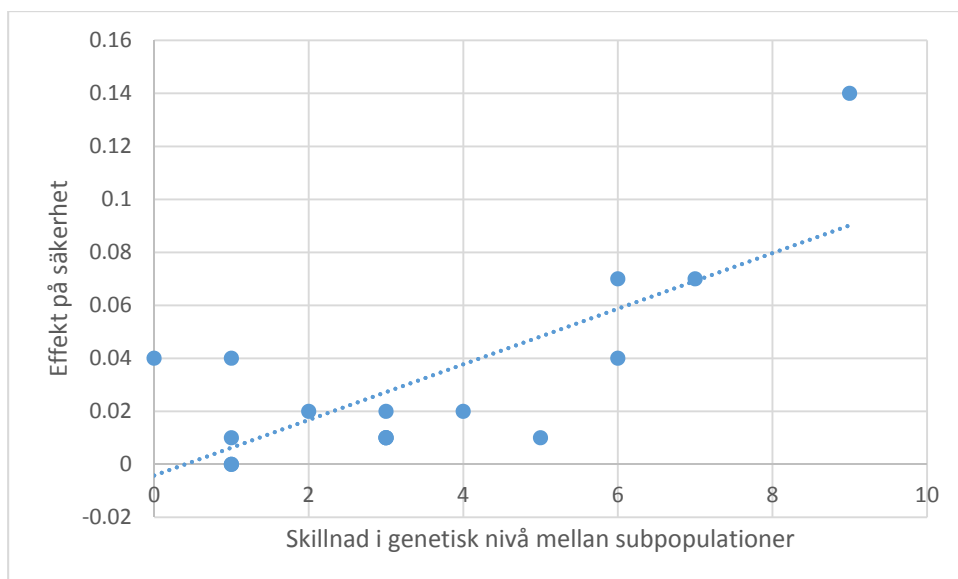
Resultaten från principalkomponentanalysen visade ett triangulärt mönster (figur 1) som kan kopplas till ursprunget av de tre olika raser som ingår i den nordiska röda populationen. Ett djurs födelseland (färgerna i figur 1) förklarade dock inte helt och hållet den genetiska bakgrunden för det djuret. Det

finns t.ex. finska tjurar (FAY) som genetiskt är väldigt lika SRB och svenska tjurar som genetiskt är väldigt lika FAY. RDM visade sig vara genetiskt mest olika övriga raser. Kopplingsjämnvikten var något starkare när djur grupperades baserat på genotypdata jämfört med födelseland.



Figur 1. Populationsstruktur i den nordiska röda populationen. De två viktigaste principalkomponenterna (PC1 och PC2) förklarar 4 % och 2,1 % av genetiska skillnader mellan genotypade djur.

Resultaten visade också vikten av beakta populationsstruktur i valideringsstudier för att räkna ut säkerheten för genomiska avelsvärden. Kropp är t.ex. en egenskap som skiljer sig avsevärt mellan RDM å ena sidan och FAY/SRB å andra sidan, och i en enkel valideringsstudie skattades säkerheten av genomiska avelsvärden till 0,51, men när valideringen gjordes inom subpopulation minskade säkerheten till 0,37 för SRB/FAY subpopulationen. Figur 2 visar att det finns ett samband mellan genetiska nivåskillnader mellan subpopulationer och den beräknade säkerheten för genomiska avelsvärden. Genotypdata har som fördel att kunna visa utfallet av mendelska slumpen, och genomiska avelsvärden är som mest lämpade för att selektera inom familj. Säkerheten räknas ut för att få ett mått på effektiviteten av selektion, och effektiviteten av inom-familj selektion avspeglas bättre av säkerheten beräknad inom subpopulation än av säkerheten beräknad för populationen som helhet. Detta understryker vikten att beakta populationsstruktur även i valideringsstudier.



Figur 2. Populationsstruktur och säkerhet. Tjurarna (i den sammanslagna SRB-FAY-RDM referenspopulationen) är uppdelade i två grupper utifrån genotypdata: en grupp bestående av främst SRB och FAY tjurar, och en grupp med övriga tjurar (mest RDM men även SRB och RDM). Skillnaden i NAV-avelsvärden mellan båda grupperna (x-axeln) jämförs med skillnaden i säkerhet uträknat för alla tjurar eller för ”SRB-FAY gruppen” (y-axeln) för 17 egenskaper. Figuren visar att ju större skillnaden i genetisk nivå är mellan de två grupperna (t. ex. 9 enheter för Kropp) desto större är skillnaden mellan säkerheten baserad på hela gruppen och säkerheten baserad bara på den egna SRB-FAY-gruppen. Denna ökade säkerhet har man dock ingen nytta av för att skilja t ex mellan helsyskon.

Trots att klövhälsogenskaper inte registrerats under lång tid var säkerheten för genomiska avelsvärden högre än för de övriga egenskaper som ingår i det nordiska totalindexet (NTM). Den statistiska modellen för genomisk avelsvärdering var inte särskilt anpassad för att hitta enskilda gener med stor effekt, men det fanns en väldigt tydlig signal för en viss region i genomet för egenskapen klövröta.

Tabell 4. Säkerhet för genomiska avelsvärden för klövhälsogenskaper

Egenskap	Säkerhet
Korkskruvsklöv	0,62
Klöveksem	0,24
Klövsulesår	0,36
Klövröta	0,42
Sulblödning	0,46
Limax/vårtor	0,62
Hålvägg	0,31

## Diskussion

Säkerheten för genomiska avelsvärden för SRB-rasen var, som väntat, lägre än för holsteinrasen. Den lägre säkerheten beror delvis på den ”mångkulturella” bakgrunden av SRB, som vi har kunnat illustrera med hjälp av genotypdata i delstudie 3. Genom att slå ihop referenspopulationen för SRB,

FAY och RDM blev säkerheten högre, högre än säkerheten för härstamningsindex, och näringen har nu infört denna metodik för att välja ut djur för avelsprogrammet.

I delstudie 1 fann vi att en sammanslagning av SRB- och FAY-referenspopulationen resulterade i en markant ökning av säkerheten för genomiska avelsvärden, men att även ta med RDM i referenspopulationen hade nästan ingen effekt (för SRB-tjurar). Dessa resultat stämmer väl överens med resultat från delstudie 3, där vi med hjälp av genotypdata kunde se att SRB och FAY är genetiskt mer lika jämfört med SRB-RDM eller FAY-RDM.

Delstudie 2 hade som mål att undersöka om säkerheten påverkades av val statistiska modeller, men skillnaderna var små. Under projektets gång och efter projektets slut har det gjorts flera studier för att få en högre säkerhet för genomiska avelsvärden för den nordiska röda populationen. Som exempel kan nämnas att använda s.k. haplotypblock (kombination av flera närliggande markörer) i genomisk avelsvärdering, olika sätt att beräkna genomiskt släktskap mellan djur som även beaktar populationsstruktur och att öka antalet markörer som används i den genomiska avelsvärderingen. Förändringen i säkerheten för genomiska avelsvärden har dock varit relativt liten. Hittills har det mest effektiva sätt att öka säkerheten varit att öka storleken på referenspopulationen. Vi kunde visa det i delstudie 1, och efter projektets slut har satsningen på att genotypa kor lett till en större ökning av säkerheten för genomiska avelsvärden.

När genomisk avelsvärdering lanserades byggde förklaringen till hur det fungerar på kopplingsojämvikt mellan DNA-markörer och gener. Om så vore fallet, skulle sambandet mellan genomiska avelsvärden och den mendelska slumpen behöva vara betydligt starkare än vad vi kan observerat (tabell 3), och dagens synsätt är att genomisk avelsvärdering fungerar för att DNA-markörer även beskriver familjestrukturen. Konsekvensen är att marköreffekterna skattade i en viss referenspopulation är som mest användbar för att räkna ut genomiska avelsvärden för djur som är nära besläktade med referenspopulationen. Detta visas av att RDM-referenspopulation inte bidrog med mycket information, vilket vi observerade vi i delstudie 1 och det medför att en sammanslagning av referenspopulationerna för de nordiska röda raserna och holstein kan till och med *försämra* de genomiska avelsvärdena för SRB-tjurar. På det viset har projektet bidragit till en ökad förståelse för hur genomisk avelsvärdering fungerar, och samtidigt inspirerat till nya forskningsfrågor.

## Slutsatser

1. Genotypdata ger intressanta nya möjligheter att studera populationsstruktur, vilket är särskilt intressant för SRB-rasen med dess ”mångkulturella” bakgrund. Födelseland är ingen bra indikation på den genetiska profilen för ett djur, och en klusteranalys kan användas för att hitta grupper av djur som genetiskt är lika varandra. Då det kan finnas genetiska nivåskillnader för avelsmåsegenskaper mellan dessa olika grupper, är det viktigt att beakta det i beräkningen av säkerheten för att undvika en överskattning.
2. Säkerheten för genomiska avelsvärden för egenskaper i avelsmålet blev i genomsnitt 0,19 för SRB-rasen. Säkerheten för produktionsegenskaper och funktionella egenskaper (reproduktion och hälsa) låg på ungefär samma nivå, vilket ökar möjligheten att få mer genetisk respons för reproduktions- och hälsoegenskaper jämfört med det hittills tillämpade avelsprogrammet baserat på avkommeprövning.
3. Säkerheten för genomiska avelsvärden ökade genom att slå ihop referenspopulationen för SRB, FAY och RDM. Viktigast för säkerheten för genomiska avelsvärden för SRB-tjurar var att inkludera FAY i referenspopulationen.
4. Att selektera bland svenska tjurar med hjälp av genomiska avelsvärden baserade på markörernas effekt som skattats för den finska FAY-referenspopulationen skulle resultera i ett något lägre genetiskt framsteg jämfört med att selektera på genomiska avelsvärden skattade för SRB-referenspopulationen.

Att selektera bland svenska tjurar med hjälp av genomiska avelsvärden baserade på markörernas effekt som skattats för den danska RDM-referenspopulationen (och vice versa) fungerar dåligt.

5. Säkerheten för genomiska avelsvärden för klövhälsa var relativt hög (högre än för mjölkproduktionsegenskaper) trots den ringa datamängden.

## Resultatförmedling

Målgruppen för projektet identifierades i projektplanen som: "Dessa studier bedöms främst vara av intresse för nordiska avelsorganisationer, men även för lantbrukare.". Detta projekt har bidragit till implementering av en rutinmässig genomisk avelsvärdering som sjuösettes under projektets gång. Avelsorganisationer har varit en tydlig avnämare av resultat från projektet, men sedan implementeringen av genomiska avelsvärdering har en avsevärd skillnad i genetisk nivå mellan genomisk testade tjurar och övriga tjurar observerats och användningen av semin från genomiskt testade tjurar har ökat markant, vilket visar på att även lantbrukare (på ett indirekt sätt) har gagnats av projektets resultat.

Projektet utgjorde Sveriges del i den stora gemensamma nordiska satsningen på forskning inom området genomisk avelsvärdering och selektion. Inom ramen för den nordiska satsningen har det anordnats ett flertal arbetsmöten med forskare för att diskutera resultat. Dessa möten fungerade som en naturlig plattform för kunskaps- och erfarenhetsutbyte forskare sinsemellan och mellan forskare och näringen, då även näringen har varit representerade på dessa arbetsmöten. Erling Strandberg och Freddy Fikse är medlemmar i NAV:s Scientific Advisory Council och har informerat om framstegen i projektet. Referensgruppen har bidragit till projektets utveckling delvis genom gemensamma video/Skype-möten, delvis genom individuella möten och diskussioner vid olika tillfällen och på olika mötesplatser. I sin anställning som avelsvärderingsexpert på Växa Sverige sprider och tillämpar Elisenda Rius-Vilarrasa resultaten och erfarenheter från detta projekt inom näringen.

### Populärvetenskapligt

Resultat från projektet har presenterats vid ett flertal arbetsmöten med förtroendevalde lantbrukare samt personal från avelsorganisationer. Freddy Fikse har medverkat vid tre utbildningar för avelsrådgivare anordnad i Svensk Mjölks/Växa Sveriges regi, och har då presenterat och diskuterat resultat från detta projekt. Implementeringen av genomisk avelsvärdering för de nordiska röda raserna har uppmärksammats i ett antal facktidskrifter (Avelsnytt, SRB-bladet).

### Vetenskapligt

Resultat från projektet har presenterats på världskonferensen i husdjursgenetik WCGALP i Leipzig (2010), på den europeiska husdjurskonferensen EAAP i Stavanger (2011) och på International Cattle Roundtable i Uppsala (2012). Alla dessa konferenser hade även deltagare från näringen.

### Publikationer:

Rius-Vilarrasa E, Vilkki J, Tapio M, Iso-Touru T, Strandén I, Schulman N, Guldbbrandtsen B., Strandberg E, Lund MS & WF Fikse. Characterization of Linkage Disequilibrium in the Nordic Red Cattle population. In preparation.

Rius-Vilarrasa E, Brøndum RF, Strandén I, Guldbbrandtsen B, Strandberg E, Lund MS & WF Fikse. 2012. Influence of model specifications on the reliabilities of genomic prediction in a Swedish-Finnish Red Breed Cattle Population. *J Anim Breed Genet* 129, 369-379.

Brøndum RF, Rius-Vilarrasa E, Strandén I, Su G, Guldbbrandtsen B, Fikse WF & MS Lund. 2011. Reliabilities of genomic prediction using combined reference data of the Nordic red dairy cattle populations. *J Dairy Sci* 94, 4700-4707.



Rius-Vilarrasa E, Brøndum RF, Strandén I, Guldbandsen B, Strandberg E, Lund MS & WF Fikse. 2010. Bayesian models for predicting genomic breeding values in a Swedish-Finnish Red Breed cattle population. *Proc 9<sup>th</sup> World Congress Genetics Applied to Livestock Production*.

Brøndum RF, Rius-Vilarrasa E, Strandén I, Su G, Guldbandsen B, Fikse WF & MS Lund. 2010. Investigation of the reliability of genomic selection using combined reference data of the Nordic red populations. *Proc 9<sup>th</sup> World Congress Genetics Applied to Livestock Production*.

Rius-Vilarrasa E, Iso-Touru T, Strandén I, Schulman N, Guldbandsen B, Strandberg E, Lund MS, Vilkki J & WF Fikse. 2011. Characterization of linkage disequilibrium in a Danish, Swedish and Finnish Red breed cattle population. *Proc. 62<sup>th</sup> Annual Meeting of the EAAP, Stavanger, Norway*, 177 (Abstr.)