

# Riðukynbótamat



Jón Hjalti Eiríksson<sup>1</sup>, Þórdís Þórarinsdóttir<sup>2</sup>, Egill Gautason<sup>1</sup> og Eypór Einarsson<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Landbúnaðarháskóla Íslands, <sup>2</sup>Ráðgjafarmiðstöð landbúnaðarins

Landbúnaðarháskóli Íslands, 2025.

Rit Lbhí nr. 175

ISSN 1670-5785

ISBN 978-9935-512-53-6

Verkefnið var styrkt af Þróunarsjóði Sauðfjarræktarinnar

Höfundar: Jón Hjalti Eiríksson (verkefnisstjóri), Þórdís Þórarinsdóttir, Egill Gautason og Eypór Einarsson

Ljósmynd á forsíðu: Jón Hjalti Eiríksson

Landbúnaðarháskóli Íslands starfar á sviði sjálfbærrar auðlindanýtingar, búvísinda, umhverfivísinda, skipulagsfræði og matvælaframleiðslu á norðurlóðum. Fagfólk skólans nýtur akademíks frelsis og hefur sjálfðæmi við val á viðfangsefnum, túlkun niðurstaðna og birtingu þeirra, innan ramma starfsreglna skólans. Hlutverk Rits Lbhí er að miðla faglegri þekkingu en það er ekki ritrýnt. Efni hvers rits er á ábyrgð höfunda og ber ekki að túlka sem álit Landbúnaðarháskóla Íslands.

# Efnisyfirlit

Samantekt .....	1
1 Inngangur .....	2
2 Aðferðir .....	5
2.1 Spáð fyrir um arfgerðir .....	5
2.2 Spáð fyrir um riðumótstöðu/riðunæmi byggt á arfgerðum .....	5
2.3 Prófanir á hermigögnum .....	7
2.4 Prófun á raungögnum .....	9
2.5 Kynbótamat fyrir stofninn í heild .....	10
3 Niðurstöður .....	12
3.1 Prófun á hermigögnum .....	12
3.2 Prófun á raungögnum .....	13
3.3 Athugun á kynbótamati fyrir allan stofninn .....	15
4 Umræður .....	18
4.1 Öryggi .....	18
4.2 Gæði gagna .....	18
4.3 Hagnýting .....	19
5 Ályktanir .....	19
6 Þakkir .....	19
7 Heimildir .....	20
Viðauki .....	23

## Samantekt

Uppgötvun verndandi arfgerða gagnvart riðu í íslenska sauðfjárstofninum veitir vonir um að uppræta megi riðu hér á landi. Jafnframt hafa bættar upplýsingar um áhrif fleiri arfgerða prion gensins (*PRNP*) gagnvart riðuveiki veitt vonir um að fleiri möguleikar séu til að draga úr líkum á uppkomu riðu en einungis verndandi arfgerðir með ARR. Arfgerðargreining *PRNP* á stórum hluta stofnsins er kostnaðarsöm og ætti að vera óþörf ef vel er haldið utan um ætternisskráningu.

Markmið þessa verkefnis voru: 1) að prófa aðferð til að spá fyrir um arfgerð *PRNP* í kindum sem ekki hafa verði arfgerðargreindar byggt á ætternisupplýsingum, 2) að prófa aðferð til spá fyrir um riðumótstöðu allra ættfærðra kinda byggt á öllum þekktum *PRNP* arfgerðum, og 3) að setja fram kynbótamat fyrir riðumótstöðu, með sama hætti og fyrir framleiðslueiginleika, sem hjálpartæki í ræktun fyrir riðuþolnum stofni.

Notað var línulegt líkan til að spá fyrir um fjölda samsæta fyrir sex erfðabreytileika *PRNP* sem eru þekktir á Íslandi. Byggt á þessari spá var reiknað kynbótamat fyrir riðumótstöðu kinda sem ekki hafa verið arfgerðargreindar. Fyrst var matið prófað á hermdum gögnum sem byggðu á hluta ættskrár íslenska stofnsins. Mismunandi sviðsmyndir hvað varðar hlutfall arfgerðagreindra kinda, nákvæmni ætternisgagna, öryggi arfgerðargreininga og öryggi mats á vernd hverrar arfgerðar voru skoðaðar. Í öllum tilfellum var öryggi kynbótamats riðumótstöðu yfir 0,40, bæði fyrir yngsta árgang kinda þar sem engin hafði verið arfgerðargreind úr árganginum og fyrir jafnaldra arfgerðargreindra kinda. Prófun á raungögnum gaf öryggi upp á 0,65 fyrir kindur sem áttu ekki arfgerðagreinda jafnaldra.

Að loknum prófunum var reiknað kynbótamat fyrir allar ásettar kindur og sett fram með sama hætti og annað kynbótamat og niðurstöðurnar skoðaðar. Það leiddi í ljós óeðlilegt mat fyrir ær sem átt höfðu lömb með arfblendnum verndandi hrútum ef lömbin voru fyrir tilviljun öll með verndandi arfgerðir eða ekkert þeirra með verndandi arfgerðir. Lausnir sem koma í veg fyrir flest slík tilfelli fundust. Að öðru leyti lítur matið vænlega út. Þó helstu ákvarðanir í kynbótum gegn riðuveiki eigi að vera byggðar á arfgerðargreiningum getur kynbótamat fyrir riðu fyrir óarfgerðargreindar kindur verið nytsamlegt hjálpartæki við að gera sauðfjárstofninn þolinn.

# 1 Inngangur

Riða er banvænn og ólæknandi smitsjúkdómur í sauðfé. Riða hefur greinst reglulega hér á landi, og hefur verið mætt með niðurskurði heilla hjarða með töluverðum kostnaði fyrir bændur og ríkið (Reglugerð um útrýmingu á riðuveiki og bætur vegna niðurskurðar. nr. 651/2001). Arfgerð príon prótein gensins (*PRNP*) hefur áhrif á næmi sauðfjár fyrir riðusmiti. Áhrif breytileika í þremur sætum innan gensins eru vel þekkt og mismunandi arfgerðir í þeim sætum veita allt frá að því nær algera vernd, til þess að auka næmi fyrir riðusmiti verulega (Goldmann, 2008). Með vali á mest verndandi samsætunni, oftast nefnd ARR, hefur árangursríkum áætlunum til að vinna gegn útbreiðslu riðu með kynbótum verið hrint í framkvæmd meðal annars á Bretlandi, Kýpur og Hollandi (Arnold & Rajanayagam, 2020; European Food Safety Authority, 2014; Hagenaars o.fl., 2010).

Þar til nýlega var talið að ARR samsætan, sem veitir mesta vernd gegn riðu, fyndist ekki hér á landi (Lühken o.fl., 2022; Thorgeirsdóttir o.fl., 1999) og val einskorðaðist við að minnka tíðni mest móttækilegu arfgerðarinnar (oft nefnd áhættuarfgerð; VRQ) (Eva Hauksdóttir, 2020). Nú hafa forsendur breyst. Í fyrsta lagi hefur ARR samsætan fundist í stofninum (Eyþór Einarsson o.fl., 2022; Lühken et al., 2022), og í öðru lagi hafa fleiri breytileikar í príon geninu fundist sem niðurstöður benda til að geti haft verndandi áhrif gagnvart riðusmiti (Bragason & Palsdóttir, 2005; Lühken o.fl., 2022; Thorgeirsdóttir o.fl., 1999; Vaccari o.fl., 2009). Þetta eykur mjög vonir til að hægt sé að rækta upp ónæmi fyrir riðu í íslenska sauðfjárstofninum. Ræktunaráætlanir til að auka riðumótstöðu í Evrópu hafa nær eingöngu horft til þess að auka tíðni ARR samsættunnar (European Food Safety Authority, 2014). Þrátt fyrir að þessi samsæta hafi fundist í íslenska stofninum er tíðni hennar mjög lág og þekktir arfberar allir komnir út af fáum upphafskindum. Líkanareikningar benda til þess að hægt sé að innleiða ARR samsættuna frekar hratt inn í stofninn, en það leiði til aukningar skyldleikaræktar, tapaðra erfðaframtara og geti tekið allmörg ár þar sem ekki er farið í það af fullum krafti (Þórdís Þórarinsdóttir o.fl., 2023). Það kann því að vera áhugavert að horfa til fleiri breytileika í *PRNP*, að minnsta kosti á meðan unnið er að fjölgun ARR gripa.

Þó að best væri að sem mest af ákvörðunum varðandi val til að stuðla að aukinni riðumótstöðu færi fram beint á grunni arfgerðargreiningar, væri slíkt mjög kostnaðarsamt og varla raunhæft. Þess vegna verður hluti ákvarðana að byggjast á áætlun út frá arfgerðum foreldra eða annarra ættingja. Það getur aftur á móti fljótt orðið flókið, einkum ef valið fyrir riðumótstöðu byggir á vali fyrir mörgum samsætum sem veita mismikla vernd gegn riðu.

Erfðir samsæta *PRNP* fylgja einföldum erfðalögmálum og því fræðilega einfalt að rekja erfðir þeirra á milli kynslóða. Þrátt fyrir þennan einfaldleika hefur reynst tímafrekt og erfitt að halda utan um spár og líkindareikninga um arfgerðir fyrir stóra stofna með umfangsmikla ættartölu. Gengler o.fl. (2007) bentu á hagnýta einföldun til að spá fyrir um arfgerðir fyrir stórar ættskrár. Þau lögðu til að horfa á fjölda ákveðinna samsæta í línulegu líkani eins og eiginleika í kynbótamati byggt á ættartölu þegar spá þarf fyrir um arfgerð heilla stofna. Sem dæmi notuðu Gengler o.fl. (2007) slíka aðferð til að spá fyrir um arfgerðir í míóstatín vöðvavaxtargeninu í holdanautgripum. Þessi aðferð er líka grundvöllur sönnunar Christensen og Lund (2010) á jöfnunum sem eru notaðar við eins-skrefs erfðamengjakynbótamat.

Boareki o.fl. (2021) notuðu línulegt líkan til að spá fyrir um líklega arfgerð *PRNP* og riðumótstöðu kinda sem ekki voru arfgerðargreindar. Líkan Boareki o.fl. (2021) tók til 5 mismunandi samsæta og þau reiknuðu spá fyrir hverja samsætu með einbreytulíkani, þ.e. þau tóku ekki tillit til þess að hver einstaklingur getur aðeins borið tvær samsætur. Legarra og Vitezica (2015) kynntu líkan sem gerir ráð fyrir fylgni á milli samsæta þegar fleiri en tvær samsætur eru í sama sætinu, og taka þannig tillit til þess að þegar ein samsæta er til staðar minnka líkur á annarri samsætu.

Aðferð Boareki o.fl. (2021) krefst tölulegra gilda um riðumótstöðu samsæta *PRNP*. Þau byggðu mat sitt á samsætunum á flokkum arfgerða í áhættuflokka. Nokkar rannsóknir hafa metið hlutfallslega vernd sem algengustu samsætur príon gensins veita í stofnum þar sem riða er landlæg. Til dæmis mátu Baylis o.fl. (2004) hlutfallslega áhættu mismunandi arfgerða fyrir breskar kindur og Hagenars o.fl. (2010) gerðu slíkt hið sama fyrir hollenskar. Jafnframt gefa niðurstöður Thorgeirsdóttir o.fl. (1999) einhverjar vísbendingar með íslenskum gögnum, sem kunna að eiga betur við vegna mismunandi riðustofna og aðstæðna á milli landa. Minna er til af gögnum yfir sjaldgæfari (alþjóðlega) samsætur sem vonir eru bundnar við að veiti vernd í íslenska stofninum. Niðurstöður Vaccari o.fl. (2007, 2009) ættu þó að gefa vísbendingar um áhrif T137 til að raða þeim miðað við aðrar samsætur. Innlend reynsla getur líka gefið vísbendingar um áhrif C151 og N138 breytileikanna.

Markmið þessa verkefnis voru því að:

1. Finna og prófa góða aðferð til að spá fyrir um arfgerðir gripa fyrir eitt sæti með mörgum (>2) samsætum. Aðferðin ætti að byggja á ætternisupplýsingum og helst ganga í sama kerfi og aðrir kynbótamatsútreikningar.

2. Prófa spá fyrir riðumótstöðu kinda sem byggir á arfgerðum, bæði fyrir þá gripi sem hafa verið arfgerðargreindir og hafa ekki verið arfgerðargreindir.
3. Setja fram kynbótamat fyrir riðumótstöðu fyrir allar ættfærðar kindur í stofninum.

## 2 Aðferðir

Í þessum kafla verður aðferðunum sem voru notaðar lýst gróflega. Fræðilegur bakgrunnur og nákvæmari aðferðalýsing verður birt í fræðigrein á ensku.

### 2.1 Spáð fyrir um arfgerðir

Við byggðum líkanið til að spá fyrir um arfgerðir fjár sem ekki var arfgerðargreint á aðferð Gengler o.fl. (2007), en með aðferðum sem Legarra og Vitezica (2015) settu fram til að taka tillit til þess að margar samsætur eru um sama sætið með því að taka tillit til fylgni á milli samsætanna.

Í grófum dráttum virkar þetta þannig að við setjum inn arfgerðir þeirra gripa sem hafa verið arfgerðargreindir. Arfgerðirnar eru settar fram þannig að hver samsæta er eins og sérstakur eiginleiki, nema hvað einni samsætu er sleppt. Gildið fyrir hverja samsætu er fjöldi samsæta sem gripurinn ber, sem getur þannig verið 0, 1 eða 2. Kynbótamatsforritið tekur þessar greiningar inn ásamt æternisupplýsingum og býr til spá um hversu margar samsætur kindur sem hafa ekki verið arfgerðargreindar bera.

### 2.2 Spáð fyrir um riðumótstöðu/riðunæmi byggt á arfgerðum

Til að auðvelda röðun fjár til ásetnings útbjuggum við samsett kynbótamat sem á að gefa mynd af því hvers má vænta um riðumótstöðu afkvæma allra kinda, bæði þeirra sem hafa verið arfgerðargreindar og annarra. Til þess að það sé mögulegt þarf að gefa hverri samsætu gildi sem lýsir því riðunæmi/riðumótstöðu sem kindur með hverja arfgerð hafa.

Allnokkrar rannsóknir hafa verið gerðar sem sýna hlutfallslegt næmi arfgerða gagnvart riðusmiti. Við gerðum safngreiningu (e. *meta-analysis*) til að taka saman niðurstöður margra rannsókna og fá þannig sem besta mynd af þeirri vernd sem arfgerðirnar veita. Við leit að orðunum „scrapie“, „sheep“ og „genotype“ í PubMed vísindagreinagrunninum komu upp 673 greinar. Eftir skoðun á titlum og leit að nothæfum niðurstöðum stóðu eftir 10 greinar með nothæfum niðurstöðum til að reikna gagnlíkindahlutfall (e. *odds-ratio*), þ.e. hlutfallið á hlutfalli kinda með riðu á móti heilbrigðum, í arfgerðinni sem er skoðuð á móti ARQ/ARQ. Greinarnar eru sýndar í 1. töflu. Þar af eru níu greinar með niðurstöðum varðandi arfgerðir með ARR, AHQ, ARQ og VRQ samsætunnar og ein sem gefur upplýsingar um T137/ARQ arfgerðina.



1. tafla. Yfirlit yfir greinar sem voru notaðar í safngreiningu til að finna hlutfallslegt riðunæmi arfgerðanna.

Höfundar	Fj. hópa	Arfgerðir prófaðar	Land
Hunter o.fl. (1997)	5	ARR/ARR, ARR/AHQ, ARR/ARQ, ARR/VRQ, AHQ/AHQ, AHQ/ARQ, AHQ/VRQ, VRQ/ARQ, VRQ/VRQ	Bretland
Billinis o.fl. (2004)	1	ARR/ARQ, AHQ/ARQ, AHQ/VRQ, VRQ/VRQ	Grikkland
Hagenaars o.fl. (2010)	1	ARR/ARR, ARR/AHQ, ARR/ARQ, ARR/VRQ, AHQ/AHQ, AHQ/ARQ, AHQ/VRQ, VRQ/ARQ, VRQ/VRQ	Holland
Harrington o.fl. (2010)	1	ARR/ARR, ARR/AHQ, ARR/ARQ, ARR/VRQ, AHQ/ARQ, VRQ/ARQ	Kanada
Þorgeirsdóttir o.fl. (1999)	1	AHQ/ARQ, VRQ/ARQ, VRQ/VRQ	Ísland
Tranulis o.fl. (1999)	2	ARR/ARR, ARR/AHQ, ARR/ARQ, ARR/VRQ, AHQ/ARQ, AHQ/VRQ, VRQ/ARQ, VRQ/VRQ	Noregur
Belt o.fl. (1995)	1	ARR/ARR, ARR/ARQ, ARR/VRQ, VRQ/ARQ, VRQ/VRQ	Holland
Acín o.fl. (2004)	1	ARR/ARR, ARR/ARQ, ARR/VRQ, VRQ/ARQ	Spánn
Baylis o.fl. (2004)	1	ARR/ARR, ARR/AHQ, ARR/ARQ, ARR/VRQ, AHQ/AHQ, AHQ/ARQ, AHQ/VRQ, VRQ/ARQ, VRQ/VRQ	Bretland
Vaccari o.fl. (2009)	5	T137/ARQ	Ítalía

Fallið *metabin* úr *meta* pakkanum (Schwarzer o.fl., 2015) var notað til safngreiningarinnar. Mantel-Haenszel aðferðin var notuð í líkani með föstum hrifum. Aðferðirnar við safngreininguna vinna á náttúrulega logranum af gagnlíkindahlutfallinu og við notuðum þann mælikvarða áfram sem mat á hlutfallslegu riðunæmi vegna þess að það eru þægilegri tölur til að vinna með og nær því að gefa samleggjandi áhrif en gagnlíkindahlutfallið beint. Til að fá mat fyrir riðumótstöðu er svo formerki mats fyrir hlutfallslegt riðunæmi einfaldlega breytt.

Úr safngreiningunni fékkst mat á þeim arfgerðum sem eru algengar í öðrum löndum. Fyrir T137 samsætuna fékkst einungis niðurstaða í arfblandnu formi á móti hlutlausu arfgerðinni ARQ. Fyrir frekari greiningar var gert ráð fyrir sama hlutfallslega riðunæminu í öðrum arfgerðum með þessari samsætu að T137/VRQ arfgerðinni undanskilinni sem fékk sama gildi og ARQ/VRQ arfgerðin. Fyrir arfgerðir sem innifela C151 eða N138 samsætunnar fékkst ekkert mat úr safngreiningunni.

Til að reikna kynbótamat þarf gildi fyrir hverja samsætu frekar en arfgerð, nánar tiltekið meðalsamsætuáhrif (Falconer & Mackay, 1996; e. *mean allele effect*). Meðalsamsætuáhrifin gefa til kynna hvaða áhrif samsætan hefur að meðaltali á kynbótagildi afkvæmis, þegar það er við einstakling úr stofninum af handahófi. Þar sem áhrif samsætanna eru ekki fyllilega samleggjandi (arfblendnir gripir eru ekki með gildi mitt á milli arfhreinna) þarf að taka tillit til tíðni arfgerðanna við útreikning meðal samsætuáhrifanna. Meðaláhrif samsætu eru þannig reiknuð sem

$$\hat{\alpha}_i = \sum_k \sum_l \hat{f}_k \hat{f}_l (\hat{g}_{i,l} - \hat{g}_{k,l}),$$

þar sem  $\hat{\alpha}_i$  eru metin meðaláhrif samsætu  $i$ ,  $k$  og  $l$  tákna samsæturnar tvær sem hver gripur ber,  $\hat{f}_k$  er metin tíðni samsætunnar  $k$ ,  $\hat{f}_l$  er metin tíðni samsætunnar  $l$  og  $\hat{g}_{i,l}$  ( $\hat{g}_{k,l}$ ) er metin riðumótstaða viðkomandi arfgerða; hér sett fram sem náttúrulegi logrinn af hlutfallslegri áhættu.

Þegar áhrif samsætanna eru þekkt er hægt að reikna kynbótamat fyrir hlutfallslegt riðunæmi sem  $\hat{a}_j = \sum_i \hat{y}_{i,j} \hat{\alpha}_i$ , þar sem  $\hat{a}_j$  er kynbótamat fyrir grip  $j$  og  $\hat{y}_{i,j}$  er spá um fjölda samsæta  $i$  í grip  $j$ . Aðferðunum og fræðilegri útleiðslu þeirra er betur lýst af Eiríksson o.fl. (2024).

## 2.3 Prófanir á hermigögnum

Til að leggja mat á hversu nákvæm spáin samkvæmt líkönunum er prófuðum við þau með hermdum gögnum. Hermunina unnum við þannig að við tókum fyrst æternisupplýsingar úr Fjávís sem ætti þá að gefa raunhæfa mynd af uppbyggingu stofnsins. Til að takmarka umfang hermdu gagnanna og til að forðast kindur í ættskránni sem skortir æternistengingar var aðeins hluti skrárinnar notaður. Sá hluti var valinn þannig að við tókum saman alla ásetta gripi fædda árið 2021 sem áttu báða foreldra og alla fjóra foreldra foreldranna skráða. Frá þessum gripum, tókum við alla gripi úr ættskránni sem fundust allt að því 10 kynslóðir aftur. Gripir í ættartölunni sem voru með óþekkta foreldra var úthlutað arfgerðum af handahófi. Arfgerðartíðnin í upphafskynslóðinni var 0,15, 0,05, 0,01, 0,001 og 0,789 fyrir arfgerðir sem við nefndum A1, A2, A3, A4 og A5, í þessari röð. Afkomendur þessara gripa fengu svo arfgerðir eftir hefðbundnum erfðalögmálum. Raunverulegar arfgerðir gripanna í ættartölunni koma ekki hér inn í.

Til að athuga áhrif mögulegra villna í æternisskránni eða villna í arfgerðargreiningunum prófuðum við sviðsmyndir með villum í þessum þáttum. Jafnframt voru settar upp sviðsmyndir með mismunandi hlutfalli arfgerðargreininga. Í öllum tilfellum var yngsti árgangurinn ekki með

arfgerðargreiningar. Sviðsmyndunum er lýst í 2. töflu. Ætternisvillurnar voru hermdar með tvennu móti. Af heildar ætternisvillunum voru 80% þannig að faðir ruglaðist, þá var settur í stað rétts föður, hrútur sem valinn er af handahófi úr hópi þeirra hrúta sem eiga afkvæmi á sama búi sama ár. Afgangurinn, 20% af villunum, voru gerðar þannig að foreldrum tveggja gripa á sama búi sama ár var víxlað.

2. tafla. Lýsing á sviðsmyndum í prófunum á hermigögnum.

Sviðsmynd	Lýsing
hr20	20% ásettra hrúta arfgerðargreindir af handahófi
hr40	40% ásettra hrúta arfgerðargreindir af handahófi
hr40x1	40% ásettra hrúta arfgerðargreindir, 5% villur í ættskrá
hr40x2	40% ásettra hrúta arfgerðargreindir, 10% villur í ættskrá
hr40y1	40% ásettra hrúta arfgerðargreindir, 1% villur í arfgerðargreiningu
hr40y2	40% ásettra hrúta arfgerðargreindir, 2% villur í arfgerðargreiningu
rand	5% kinda arfgerðargreind af handahófi

Með þessum gögnum var gerð spá fyrir fjölda samsæta með línulegu líkani. Við spána fyrir fjölda samsæta var prófað að gera ráð fyrir þremur mismunandi gildum fyrir arfgengi samsætufjölda: 0,99, 0,95 og 0,90. Samkvæmt spánni um fjölda samsæta var kynbótamat fyrir hlutfallslegt riðunæmi sýndargripanna reiknað. Það gerðum við með því að setja gildi á hermdu samsæturnar sem samsvöruðu metnum gildum fyrir ákveðnar samsætur úr safngreiningunni. Þannig létum við A1 samsvara AHQ, A2 samsvara VRQ, A3 samsvara T137, A4 samsvara ARR og A5 samsvara ARQ. Við reiknuðum þannig samsætuáhrifin miðað við hlutfallslegt riðunæmi tengt þessum samsætum og með samsætutíðnunum sem voru notaðar fyrir hermanirnar. Þessi gildi gerðum við ráð fyrir að væru rétt gildi fyrir samsæturnar. Til að gera ráð fyrir ónákvæmninni sem óhjákvæmilega er til staðar, notuðum við annað mat við að reikna kynbótamatið fyrir hlutfallslegt riðunæmi. Það gerðum við með því að bæta við eða draga slembistærð frá „réttu“ gildunum. Slembistærðin fékkst úr normaldreifingu með meðaltal 0 og staðalfrávik jafnt staðaskekkju matsins fyrir hlutfallslegt riðunæmi viðkomandi arfgerðar.

Öryggi (fylgni spár og raunverulegrar arfgerðar) og dreifnibjagi (línulegur aðhvarfsstuðull raun arfgerðar á spána; e. *dispersion*, *dispersion bias*) matsins var metin fyrir tvo hópa. Annarsvegar notuðum við yngsta árganginn þar sem engar kindur voru með þekkta arfgerð, sem samsvarar þá lömbum sem koma til greina til ásetnings, og hins vegar óarfgerðargreindar kindur úr 5

árgöngum þar á undan, sem samsvarar þá ám sem ættu að vera á lífi og að eiga lömb sem koma til álita sem ásetningur.

Hermanirnar voru endurteknar 10 sinnum og niðurstöðurnar sýndar sem meðaltal þessara 10 endurtekninga. Hermunum er lýst í frekari smáatriðum af Eiríksson o.fl. (2024).

## 2.4 Prófun á raungögnum

Fyrir athugun á raungögnum tókum við allar arfgerðargreiningar sem voru inni í Fjárvís gagnagrunninum í september 2023, samtals greiningar á 47.782 kindum. Hluti greininganna, á um 7.000 kindum, náði aðeins til þeirra breytileika sem voru þekktir í stofninum og vitað var með vissu að tengdust mun á riðunæmi, þ.e. í táknum 136 (VRQ eða ARQ) og 154 (AHQ eða ARQ). Nokkrar kindur voru greindar fyrir tákna 136, 154 og 171.

Jafnframt unnum við með æternisskrá sauðfjárstofnsins. Fyrir prófanir á spánum unnum við aðeins með hluta af ættskránni, þ.e. arfgerðargreindar kindur og forfeður þeirra allt að 10 kynslóðir til baka. Minnkaða ættskráin náði til 221.569 kinda.

Afgerandi þáttur í árangri spáa sem byggja á æterni er hversu rétt æternisskráningin er. Að sama skapi skiptir máli í þessu tilfelli hvort villur séu til staðar í erfðagreiningunum. Ef hvort tveggja æterni og arfgerðargreining er 100% rétt, ætti arfgengi arfgerðar að vera 1,00. Forneris o.fl. (2015) lögðu til að mat á arfgengi gæti verið notað til að meta hvort einstaka sæti væru með óeðlilega mikið af röngum arfgerðargreiningum. Þess vegna gerðum við tilraun til að meta hversu réttar æternisupplýsingar og arfgerðargreiningar eru með því að meta arfgengi arfgerðanna með AI-REML algríminu með dmuai forritinu úr DMU pakkanum (Madsen & Jensen, 2018).

Til að prófa öryggi spánna fyrir raungögnin, létum við sem hluti af arfgerðargreindu kindunum væru ekki greindar og athuguðum öryggi og dreifingu spánna metin fyrir þá gripi. Þetta var gert fyrir þrjá hópa: ær fæddar 2021 og 2022, kindur (ær og hrúta) fæddar 2022 og kindur fæddar 2023. Þegar ær 2021-2022 voru í prófunarhópnum voru allar kindur fæddar 2020 og fyrr, og allir arfgerðargreindir hrútar fæddir 2021 og 2022 í gagnaskránni. Þegar allir 2022 gripir voru í prófunarhóp voru arfgerðir allra arfgerðargreindra kinda fæddra 2021 og fyrr með í gagnaskránni. Þegar allir 2023 gripir voru í prófunarhóp voru arfgerðir allra arfgerðargreindra kinda fæddra 2022 og fyrr með í gagnaskránni. Með þessu fæst mat á hversu góðar spáarnar eru fyrir lömb sem eiga enga greinda jafnaldra annarsvegar og fyrir ær sem eiga arfgerðargreinda jafnaldra hins vegar. Vert er að hafa í huga að niðurstöður fyrir 2023 árganginn litast af því að

Þegar gögn voru sótt í prófunina voru fyrst og fremst lömb undan arfblandnum ARR eða T137 hrútum inni í gagnaskránni.

Fyrir prófunina á aðferðunum þarf erfðastuðla sem byggja á samsætutíðninni, sjá formúlur í Eiríksson o.fl. (2024). Við byggðum erfðastuðlana á raungögnum um arfgerðatíðni sem Eyþór Einarsson (2022) birti í Hrútaskránni. Við prófuðum, líkt og með hermigögnin, þrjár mismunandi ályktanir um arfgengi: 0,90, 0,95 og 0,99. Fyrir prófunarhópana tvo bárum við svo saman kynbótamatið fyrir hlutfallslegt riðunæmi út frá spánni úr líkaninu annarsvegar og byggt á raun arfgerðargreiningum hins vegar. Í þessari prófun gerðum við ráð fyrir að C151 samsætan jafngildi AHQ samsætunni og að N138 samsætan jafngildi ARQ samsætunni. Jafnframt gerðum við ráð fyrir því að matið á hlutfallslegu riðunæmi sem fylgir hverri arfgerð sé rétt. Samsætutíðnin sem var notuð til að reikna meðal áhrif samsætanna byggði á samsætufjöldaspánni fyrir yngsta heila árganginn sem var með arfgerðarupplýsingar í hverri prófun.

## 2.5 Kynbótamat fyrir stofninn í heild

Kynbótamat byggt á þeim aðferðum sem hér voru prófaðar var svo reiknað fyrir allan stofninn byggt á ættskrá sem nær yfir alla ásetta gripi ásamt lömbum sem eru með skráða *PRNP* arfgerð. Fyrir kynbótamatið fyrir allan hópinn var annað mat notað fyrir mótstöðu mismunandi arfgerða en í prófununum á líkaninu. Hér var byggt á nýjum rannsóknarniðurstöðum sem höfðu ekki birst þegar prófanirnar sem lýst er í kafla 2.4 fóru fram (Igel o.fl., 2023), og flokkun arfgerða gagnvart aðgerðum stjórnvalda (Erla Sturludóttir o.fl., 2023) sem ekki lágu fyrir, auk safngreiningarinnar sem áður var lýst. Gildin sem reiknað var með eru í 3. töflu.

3. tafla. Tölugildi fyrir næmi gegn riðu fyrir mismunandi arfgerðir *PRNP* sem við notuðum við útreikning kynbótamats fyrir sauðfjárstofninn.

	VRQ	T137	N138	C151	AHQ	ARR	ARQ
VRQ	2,50	0,00	1,50	0,00	0,00	0,00	1,50
T137	0,00	-2,50	-2,50	-2,50	-2,50	-3,50	-2,50
N138	1,50	-2,50	-0,50	-2,50	-2,50	-3,50	-0,50
C151	0,00	-2,50	-2,50	-2,50	-2,50	-3,50	-2,50
AHQ	0,00	-2,50	-2,50	-2,50	-2,50	-3,50	-2,50
ARR	0,00	-3,50	-3,50	-3,50	-3,50	-4,00	-3,50
ARQ	1,50	-2,50	-0,50	-2,50	-2,50	-3,50	0,00

Kynbótamatið var staðlað með sama hætti og annað kynbótamat, þ.e. meðaltal viðmiðunarhóps var sett á 100 og staðalfrávik mats þess hóps á 10. Jafnframt var skalanum snúið við, hærri tala í birtu kynbótamati táknar minni hlutfallslegt riðunæmi, þ.e. meiri mótstöðu.

### 3 Niðurstöður

4. tafla sýnir metið hlutfallslegt næmi mismunandi arfgerða gagnvart riðusmiti úr safngreiningunni. Arfhreinar ARR kindur sýna mesta mótstöðu en arfhreinar VRQ minnsta. Í flestum tilfellum eru arfblendnu arfgerðirnar með metna hlutfallslega mótstöðu á milli mótstöðu arfhreinu arfgerðanna. Undantekningin frá því er AHQ/VRQ arfgerðin sem fær mat sem er hærra en arfhreinar AHQ. Staðalskekkja á þessu mati er þó það há að munurinn er ekki tölfræðilega marktækur.

4. tafla. Hlutfallslegt næmi arfgerða gagnvart riðusmiti samkvæmt safngreiningu á útgefnum niðurstöðum.

Arfgerð	Hlutfallslegt riðunæmi*	Fjöldi samanburða
ARR/ARR	-4,74 (0,53)	11
ARR/AHQ	-3,65 (0,56)	6
ARR/ARQ	-3,53 (0,23)	12
ARR/VRQ	-0,26 (0,14)	10
AHQ/AHQ	-1,94 (0,40)	3
AHQ/ARQ	-1,48 (0,16)	10
AHQ/VRQ	-2,41 (0,35)	5
VRQ/ARQ	1,81 (0,07)	12
VRQ/VRQ	2,45 (0,11)	8
T137/ARQ	-3,01 (0,64)	5

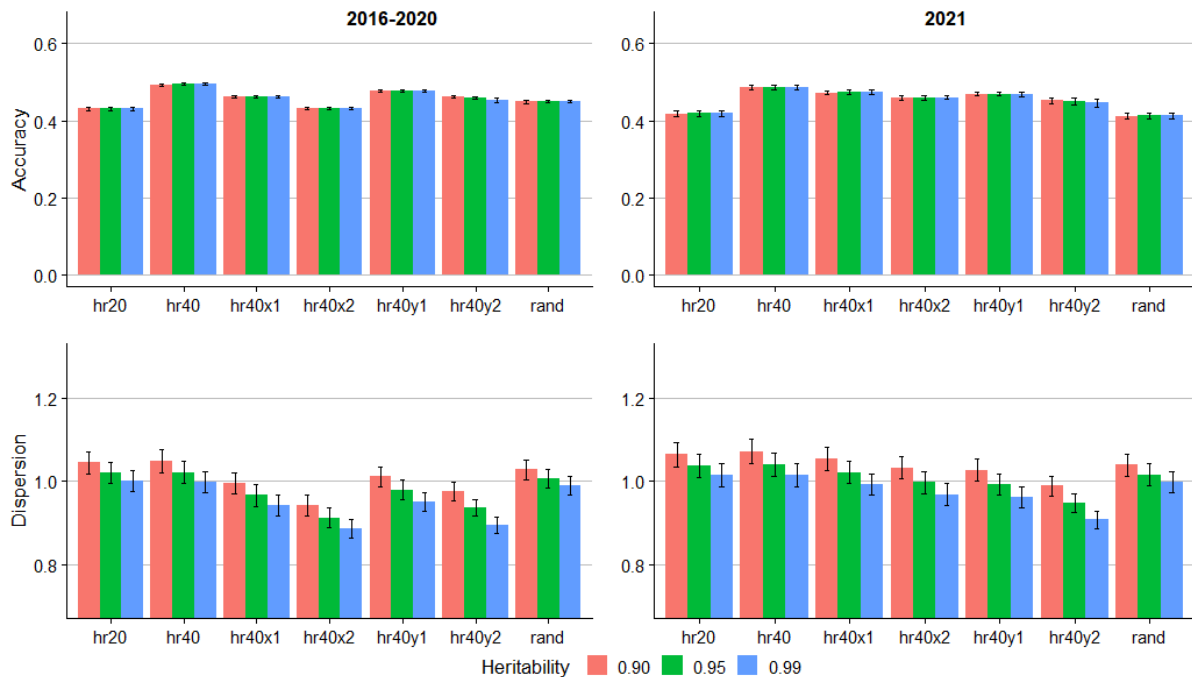
\*Mælt sem náttúrulegi logrinn af gagnlíkindum á að greinast með riðu, samanborið við arfgerðina ARQ/ARQ. Staðalskekkja í sviga

#### 3.1 Prófun á hermigögnum

Spár fyrir fjölda samsæta voru öruggari fyrir samsætur sem eru ekki mjög sjaldgæfar (A1 til dæmis, með samsætutíðnina 0,15), heldur en þær sjaldgæfustu, svo sem A4 (Myndir V1 til V5 í viðauka). Hvaða arfgengi var gert ráð fyrir hafði ekki áhrif á öryggi spánna en aftur á móti nokkur áhrif á dreifnibjaga, þannig að hærra arfgengi leiddi til lægri aðhvarfstuðuls.

Fyrsta mynd sýnir niðurstöðu um kynbótamat fyrir hlutfallslegt riðunæmi fyrir mismunandi sviðsmyndir þegar ekki var gert ráð fyrir að við vissum áhrif hveirar samsætu nákvæmlega. Öryggið var hæst, 0,49, þegar 40% hrúta voru arfgerðargreindir og ekki er gert ráð fyrir villum í ættskráningu eða arfgerðargreiningum. Öryggið lækkaði niður í 0,41 til 0,42 ef hlutfall arfgerðargreindra hrúta helmingaðist eða ef handahófsúrtak áa og hrúta var arfgerðargreint frekar en bara hrútar. Á sama hátt minnkaði öryggið ef villur voru í ættskrá eða arfgerðargreiningum, niður í 0,46 við 20% villur í ætterni og 0,45 við 2% villur í

arfgerðargreiningum. Nánari útlístaun á niðurstöðum prófana á hermdum gögnum eru í Eiríksson o.fl. (2024).



**1. mynd.** Öryggi (e. accuracy) og dreifnibjagi (dispersion) kynbótamats fyrir hlutfallslegt riðunæmi fyrir mismunandi sviðsmyndir og mismunandi áætlað arfgengi í hermigögnum. Vinstra megin eru niðurstöður fyrir kindur sem eru jafnaldrar arfgerðargreindra kinda og hægra megin fyrir yngri kindur en hafa verið greindar. hr20: 20% hrúta arfgerðargreindir; hr40: 40% hrúta arfgerðargreindir; hr40x1: 40% hrúta arfgerðargreind og 5% villur í ættemisskrá; hr40x2: 40% hrúta arfgerðargreind og 10% villur í ættemisskrá; hr40y1: 40% hrúta arfgerðargreind og 1% villur í arfgerðargreiningu; hr40y2: 40% hrúta arfgerðargreind og 2% villur í arfgerðargreiningu; rand: 5% handahófsúrtak af ásettum kindum (ám og hrútum) arfgerðargreint.

### 3.2 Prófun á raungögnum

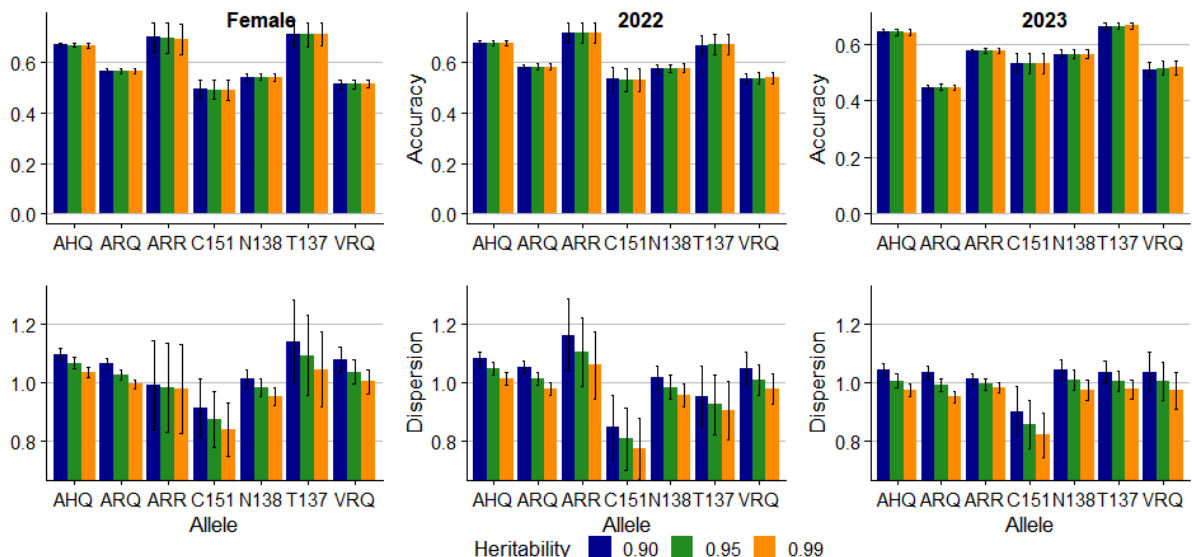
Fimmta tafla sýnir metið arfgengi fyrir fjölda samsætanna. Það var mjög breytilegt og alveg niður í 0,17 fyrir ARR. Ekki virðist því gott að byggja á því til að ákvarða hve mikið er um villur í ættskrá eða arfgerðargreiningum. Í 6. töflu kemur einnig fram meðaláhrif samsætanna annarsvegar sem byggja á niðurstöðum safngreiningarinnar og samsætutíðni fyrir 2021 árganginn og hinsvegar miðað við forsendur sem voru notaðar til að reikna kynbótamat fyrir allan stofninn. Þær tölur geta þó breyst með breytingu á samsætutíðni.



5. tafla. Arfgengi fjölda eintaka samsæta sem hver kind ber metið með raungögnum með REML aðferðum og meðaláhrif samsætanna, annars vegar fyrir forsendur sem voru notaðar við prófun og byggja á niðurstöðu safngreiningar og hins vegar sem byggja á forsendum sem voru notaðar þegar kynbótamat var reiknað fyrir allan sauðfjárstofninn.

Samsæta	Arfgengi	Meðaláhrif prófun	Meðaláhrif stofninn
VRQ	1,00	1,62	1,71
T137	0,46	-2,71	-2,11
N138	0,93	0,07	-0,28
C151	0,73	-1,42	-2,11
AHQ	0,87	-1,42	-2,11
ARR	0,17	-3,29	-3,07
ARQ		0,07	0,13

Önnur mynd sýnir öryggi spár fyrir fjölda samsætanna í raungögnunum. Öryggið er á bilinu 0,45 til 0,7 fyrir einstakar samsætur en niðurstöður um dreifnibjaga eru breytilegar, sérstaklega fyrir sjaldgæfari samsætunnar. 6. tafla sýnir niðurstöður prófunar á riðukynbótamati fyrir raungögnin. Fyrir kindur fæddar 2022 var öryggið 0,65 en 0,63 til 0,64 fyrir ær fæddar 2021 til 2022. Öryggið var lægra fyrir 2023 hópinn, 0,46 óháð því við hvaða arfgengi er miðað. Dreifing matsins var almennt góð og aðhvarfsstuðullinn nálægt 1,0 þegar gert var ráð fyrir arfgenginu 0,99.



2. Mynd. Öryggi (accuracy) og dreifnibjagi (dispersion) fyrir spá um fjölda samsæta í raungögnum fyrir íslenskt fé. Svörtu línurnar sýna staðalfrávik 10.000 handahófsúrtaka með skilum (bootstrap).

6. tafla. Niðurstöður prófunar á kynbótamati riðumótstöðu með raungögnum. Staðalfrávik 10.000 handahófsúrtaka með skilum (bootstrap) í sviga.

Arfgengi	Ær		Lömb 2022		Lömb 2023	
	Öryggi	Dreifing	Öryggi	Dreifing	Öryggi	Dreifing
0,90	0,64(0,01)	1,09(0,02)	0,65(0,01)	1,06(0,02)	0,46(0,01)	1,01(0,02)
0,95	0,64(0,01)	1,06(0,02)	0,65(0,01)	1,03(0,02)	0,46(0,01)	0,99(0,02)
0,99	0,63(0,01)	1,03(0,02)	0,65(0,01)	1,00(0,02)	0,46(0,01)	0,97(0,02)

### 3.3 Athugun á kynbótamati fyrir allan stofninn

Þegar kynbótamat var reiknað fyrir allan stofninn fengust meðal áhrif samsætanna eins og listuð eru í 5. töflu. Eins og búast mátti við eru lægst hlutfallslegt riðunæmi (minna næmi=meiri vernd) af ARR samsætunni og mest hlutfallslegt næmi af VRQ samsætunni. Við skoðun á einstaka kindum sást að þörun við gripi sem eru arfblendnir fyrir áhrifamiklum samsætum geta breitt mati gripa óeðlilega. Þetta sést í ám sem ekki eru arfgerðargreindar og hafa átt lömb með ARR/- hrútum og lömbin hafa fyrir tilviljun annaðhvort öll fengið ARR eða ekkert þeirra. Einfaldanir línulega líkansins gera það að verkum að ærnar sem eiga ekki ARR berandi lömb lækka í mati en þær sem eiga 2 eða 3 ARR berandi lömb hækka í mati. Fyrir fyrrnefnda tilfellið er ástæðan sú að spá fyrir fjölda ARR samsæta verður neikvæð, sem er óeðlilegt. Með því að setja það skilyrði að spá fyrir samsætufjölda eigi að vera á bilinu 0,0 til 2,0 er hægt að draga úr þessum áhrifum. Eftir stendur þó hækkað mat á ám sem eiga mörg ARR lömb fyrir tilviljun. Til að leiðrétta fyrir þessu var það sett sem skilyrði að einungis kindur sem eiga forfeður sem skráðir eru með búsnúmer á Þernunesi geti fengið mat á fjölda ARR samsæta sem er hærra en 0,00. Þegar ARR samsætan fannst á fleiri búum var þeim bætt við listann af búum sem þurfa að vera í ættartrénu. Ef ær eiga lömb undan arfblendnum hrútum með aðrar samsætur en ARR getur það sama gerst, þ.e. það hversu mörg lambanna bera samsætu sem að öllum líkindum kemur frá föður hefur áhrif á móðurina. Skilyrði um að mat á fjölda samsæta sé innan bilsins 0,0 til 2,0 dregur aðeins úr þessu. Þó verða einhver áhrif á loka kynbótamatið fyrir til dæmis óarfgerðargreindar ær sem sæddar eru með T137/ARQ hrútum og eiga 2 lömb sem bera T137.

7. tafla. Dæmi um staðlað kynbótamat fyrir riðumótstöðu fyrir arfgerðargreindar kindur.

Arfgerð	Kynbótamat	Arfgerð	Kynbótamat
ARR/ARR	191	C151/ARQ	129
ARR/AHQ	177	N138/N138	108
AHQ/AHQ	162	AHQ/VRQ	105
T137/AHQ	159	N138/ARQ	102
ARR/N138	150	ARQ/ARQ	96
ARR/ARQ	143	VRQ/ARQ	73
AHQ/ARQ	130	VRQ/VRQ	48
T137/ARQ	129		

Í 7. töflu eru dæmi um staðlað riðukynbótamat arfgerðargreindra kinda með mismunandi arfgerðir miðað við fyrstu keyrslu á matinu fyrir allan stofninn. Talan fyrir hverja arfgerð breytist svo eftir því sem samsætutíðnin í stofninum breytist og eins ef upplýsingum um næmi samsætanna er breytt. Eins og við var að búast eru arfhreinar ARR kindur með hæsta matið, 191, og arfhreinar VRQ með lágsta matið, 48. Í 8. töflu eru dæmi um mat á kindum með mismunandi upplýsingar inni í matinu um arfgerðargreinda ættingja en hafa sjálfar ekki verið arfgerðargreindar. Þar sést til dæmis í línu 1 að ær sem á arfhreina VRQ móður er með 72, sem er mjög svipað og arfgerðargreind kind með VRQ/ARQ í töflu 7. Eins má sjá í línu 5 að kind sem er hægt að fullyrða að er með arfgerðina ARQ/ARQ miðað við ætterni fær kynbótamatið 95, sem er innan þess bils sem arfgerðargreindar ARQ/ARQ kindur fá. Í neðsta tilfellinu (lína 17) er ær sem öll þrjú arfgerðargreind lömb undan hafa reynst bera AHQ samsætuna, þannig að næsta víst er að hún ber samsætuna. Þetta lætur hana fá mat sem er hærra en arfgerðargreindar arfblendnar ARQ/AHQ kindur fá, þó að ætterni hennar bendi ekki til að hún geti verið arfhrein fyrir AHQ.

8. tafla. Dæmi um riðukynbótamat kinda án eigin arfgerðargreiningar en með upplýsingar um arfgerð ættingja.

Númer	Mat	Arfg. ættingja	Arfg. ættingja	Arfg. ættingja	Arfg. ættingja
1.	72	M: VRQ/VRQ	FM: ARQ/ARQ	FFM: ARQ/ARQ	FFFM: VRQ/ARQ
2.	84	M: VRQ/ARQ	FM: VRQ/ARQ	FFM: VRQ/ARQ	FFFM: VRQ/ARQ
3.	90	F: ARQ/ARQ	MF: VRQ/ARQ	MMF: ARQ/ARQ	MMM: ARQ/ARQ
4.	94	F: ARQ/ARQ	MF: ARQ/ARQ	MMF: VRQ/ARQ	MMMF: ARQ/ARQ
5.	95	F: ARQ/ARQ	MM: ARQ/ARQ	MF: ARQ/ARQ	
6.	97	Foreldrar óþekkt			
7.	99	F: N138/ARQ	MFF: ARQ/ARQ	MMF: ARQ/ARQ	MMMF: ARQ/ARQ
8.	100	F: ARQ/ARQ	MF: ARQ/ARQ		
9.	105	F: ARQ/ARQ	MFF: ARQ/ARQ	MMF: AHQ/ARQ	MMMF: ARQ/ARQ
10.	109	L: ARQ/ARQ	M: AHQ/ARQ	FF: ARQ/ARQ	FMFF: ARQ/ARQ
11.	111	F: C151/ARQ	M: ARQ/ARQ		
12.	113	F: AHQ/ARQ	MFM: ARQ/ARQ	MFFF: AHQ/ARQ	MMFF: ARQ/ARQ
13.	116	FF: AHQ/AHQ	MF: ARQ/ARQ	MMF: ARQ/ARQ	FMF: ARQ/ARQ
14.	125	L: AHQ/ARQ	FF: ARQ/ARQ	FM: AHQ/ARQ	MFF: ARQ/ARQ
15.	128	F: C151/ARQ	M: AHQ/ARQ		
16.	133	L: AHQ/ARQ	FF: AHQ/AHQ	MF: AHQ/ARQ	
17.	137	3*L: AHQ/ARQ	F: ARQ/ARQ	M: AHQ/ARQ	

F: faðir, M: móðir, L: lamb, FF: Föðurfaðir, MF: móðurfaðir, o.s.frv.

## 4 Umræður

### 4.1 Öryggi

Spárnar höfðu hærra öryggi með raungögnunum fyrir ær og lömb fædd 2022, yfir 0,6, samanborið við hermigögnin, þar sem öryggið var á bilinu 0,4-0,6. Líkleg ástæða er sú að hærra hlutfall kinda var arfgerðargreint fyrir raungögnin. Öryggið fyrir 2023 lömbin var síðan nokkru lægra enda var sá hópur nokkuð frábrugðinn hinum. Fyrir allan stofninn er öryggið trúlega mun lægra þar sem gögnin sem voru notuð hér hafa einskorðast við bú þar sem eitthvað er arfgerðargreint. Þannig gætu niðurstöður úr hermigögnunum verið nær réttum gildum almennt fyrir stofninn. Í rannsókn Boareki o.fl. (2021) var öryggið á spá um riðumótstöðu 0,54 og 0,60, eftir tíðni samsæta, nokkru hærra en fékkst í okkar rannsókn með hermigögnunum. Þar var hlutfall arfgerðagreininga lægra en í þessari rannsókn. Aftur á móti voru ekki samsætur í jafn lágri tíðni og í okkar rannsókn og öryggi spánna var skoðað fyrir allar óarfgerðargreindar kindur á meðan við skoðuðum einungis yngstu árgangana.

### 4.2 Gæði gagna

Niðurstöður um arfgengi samsætufjöldans fyrir einstaka samsætur voru mjög breytilegar og því óvarlegt að draga miklar ályktanir af því. Trúlega er þó meira að marka niðurstöðurnar fyrir samsætur með hærri tíðni, sem skiluðu sæmilega háu mati á arfgengi á bilinu 0,87-1,00. Þess vegna virðist vera að ekki sé mjög mikið um villur í arfgerðagreiningu eða ættskráningu, þó eitthvað sé greinilega um það. Niðurstöðurnar fyrir raungögn benda til þess að ekki sé rétt að gera ráð fyrir lægra arfgengi en 0,99 fyrir samsætufjöldann þar sem minnstur dreifnibjagi var við það gildi í tveimur af þremur hópum sem við skoðuðum spár fyrir.

Samanburður niðurstaðna fyrir mismunandi sviðsmyndir úr hermírrannsókninni sýnir að villur í ættskrá eða arfgerðargreiningum lækka öryggi spánna eins og við mátti búast. Áhrifin eru aftur á móti ekki ýkja mikil og sæmilegt öryggi, yfir 0,40, þrátt fyrir 10% ætternisvillur. Lækkað hlutfall arfgerðargreindra hafði álíka áhrif á öryggið og villurnar.

Mótstaða kinda með mismunandi arfgerðir gegn riðuveiki sem matið fyrir allan stofninn byggir á (3. tafla), byggir á þeim gögnum og viðmiðunum stjórnvalda sem gilda í dag. Ef nýjar upplýsingar eða breytt viðmið gefa ástæðu til er lítið mál að breyta þeirri töflu og þar með hvernig mismunandi samsætur hafa áhrif á reiknað kynbótamat.

### 4.3 Hagnýting

Hlutfallslegt riðunæmi, var hér metin sem náttúrulegi logrinn af gagnlíkindahlutfalli fyrir að greinast með riðu. Túlkun talnanna sem út úr því koma er ekki alveg augljós. Talan fyrir ARR/ARR þýðir um það bil að ARR/ARR kindur séu 114 sinnum ólíklegri til að greinast með riðu en hlutlausar (ARQ/ARQ) kindur, ARR/ARQ séu 34 sinnum ólíklegri, og VRQ/ARQ kindur séu 6 sinnum líklegri en ARQ/ARQ. Fyrir almenna birtingu var sú leið farin að setja niðurstöðurnar fram sem staðlað kynbótamat sem er form sem fólk þekkir frá öðrum eiginleikum.

Riðumótstöðuræktun í Evrópu hefur víða einblínt á verndandi samsætuna ARR (European Food Safety Authority, 2014). Þórdís Þórarinsdóttir o.fl. (2023) sýndu fram á að það er hægt að rækta upp riðumótstöðu hér á landi eingöngu byggt á þeirri samsætu. Riðukynbótamatið sem kynnt er hér hefur lítið gildi fyrir ræktun sem byggir bara á einni samsætu þó það geti gefið vísbendingar um líkur á þeirri samsætu. Notagildið er meira ef horft er til þess að minnka líkur á riðu með því bæði að auka tíðni verndandi arfgerða og lítið næmra arfgerða.

Þó sæmilegt öryggi fáist með línulega líkaninu ættu stærri ræktunarákvarðanir, svo sem val ásetningshrúta, að taka á grunni arfgerðargreiningar hér eftir sem hingað til. Öryggi riðukynbótamatsins er jafnframt mjög háð því hve mikið er arfgerðargreint samkvæmt niðurstöðum á hermigögnunum (1. mynd), og því nýtist það ekki eitt og sér. Notagildi riðukynbótamatsins væri þá frekar í vali á ásetningsgimbrum eða til að finna ær sem mögulega bera verndandi eða mögulega verndandi svo sem AHQ eða C151. Þær ær mætti þá til dæmis sæða frekar en aðrar ær eða láta arfgerðargreina lömbin þeirra eða þær sjálfar til að ganga úr skugga um arfgerðina.

## 5 Ályktanir

Riðukynbótamat byggt á línulegu mati á samsætufjölda og samantekt rannsóknarniðurstaðna um riðutilfelli í mismunandi arfgerðum getur gefið ágætar vísbendingar um riðumótstöðu hjá óarfgerðargreindum kindum. Riðukynbótamat gæti verið ágæt viðbót við arfgerðargreiningar til að velja fyrir riðumótstöðu í fé, einkum til að velja ásetningsgimbrar og við að finna ær sem gætu borið verndandi eða minna næmar arfgerðir í hjörðinni án víðtækra arfgerðargreininga.

## 6 Þakkir

Þróunarsjóði sauðfjárræktarinnar er þakkaður fjárhagsstuðningur.

## 7 Heimildir

- Acín, C., Martín-Burriel, I., Goldmann, W., Lyahyai, J., Monzón, M., Bolea, R., Smith, A., Rodellar, C., Badiola, J. J., & Zaragoza, P. (2004). Prion protein gene polymorphisms in healthy and scrapie-affected Spanish sheep. *Journal of General Virology*, *85*(7), 2103–2110. <https://doi.org/10.1099/vir.0.80047-0>
- Arnold, M. E., & Rajanayagam, B. (2020). Will there be any more classical scrapie cases in sheep in Great Britain? A modelling study to predict future cases. *Epidemiology and Infection*, *148*, e190. <https://doi.org/10.1017/S0950268820001855>
- Baylis, M., Chihota, C., Stevenson, E., Goldmann, W., Smith, A., Sivam, K., Tongue, S., & Gravenor, M. B. Y. 2004. (2004). Risk of scrapie in British sheep of different prion protein genotype. *Journal of General Virology*, *85*(9), 2735–2740. <https://doi.org/10.1099/vir.0.79876-0>
- Belt, P. B. G. M., Muileman, I. H., Schreuder, B. E. C., Bos-de Ruijter, J., Gielkens, A. L. J., & Smits, M. A. (1995). Identification of five allelic variants of the sheep PrP gene and their association with natural scrapie. *Journal of General Virology*, *76*(3), 509–517. <https://doi.org/10.1099/0022-1317-76-3-509>
- Billinis, C., Psychas, V., Leontides, L., Spyrou, V., Argyroudis, S., Vlemmas, I., Leontides, S., Sklaviadis, T., & Papadopoulos, O. (2004). Prion protein gene polymorphisms in healthy and scrapie-affected sheep in Greece. *Journal of General Virology*, *85*(2), 547–554. <https://doi.org/10.1099/vir.0.19520-0>
- Boareki, M., Schenkel, F., Kennedy, D., & Cánovas, A. (2021). Prediction of genetic resistance for scrapie in ungenotyped sheep using a linear animal model. *Genes*, *12*(9), 1432. <https://doi.org/10.3390/genes12091432>
- Bragason, B. T., & Palsdottir, A. (2005). Processing of ovine PrPARQC-EGFP chimeras containing Asn138 and Cys151 polymorphisms. *Biochemical and Biophysical Research Communications*, *336*(2), 544–553. <https://doi.org/10.1016/j.bbrc.2005.08.124>
- Christensen, O. F., & Lund, M. S. (2010). Genomic prediction when some animals are not genotyped. *Genetics Selection Evolution*, *42*, 2. <https://doi.org/10.1186/1297-9686-42-2>
- Eiríksson, J.H., Þórarinsdóttir, Þ., & Gautason, E. (2024). Predicted breeding values for relative scrapie susceptibility for genotyped and ungenotyped sheep. *Genetics Selection Evolution*, *56*, 77. <https://doi.org/10.1186/s12711-024-00947-x>
- Erla Sturludóttir, Hákon Hansson, Jón Hjalti Eiríksson, Ólafur Jónsson, Stefanía Þorgeirsdóttir, Vilhjálmur Svansson, Thor Aspelund, & Sigurborg Daðadóttir. (2023). *Aðgerðir gegn riðuveiki ný nálgun með verndandi arfgerðum*. [https://www.mast.is/static/files/skyrslur/Skyrsla-ridu-2023/rida\\_serfraedingahopur\\_skyrsla\\_leidrett.pdf](https://www.mast.is/static/files/skyrslur/Skyrsla-ridu-2023/rida_serfraedingahopur_skyrsla_leidrett.pdf)

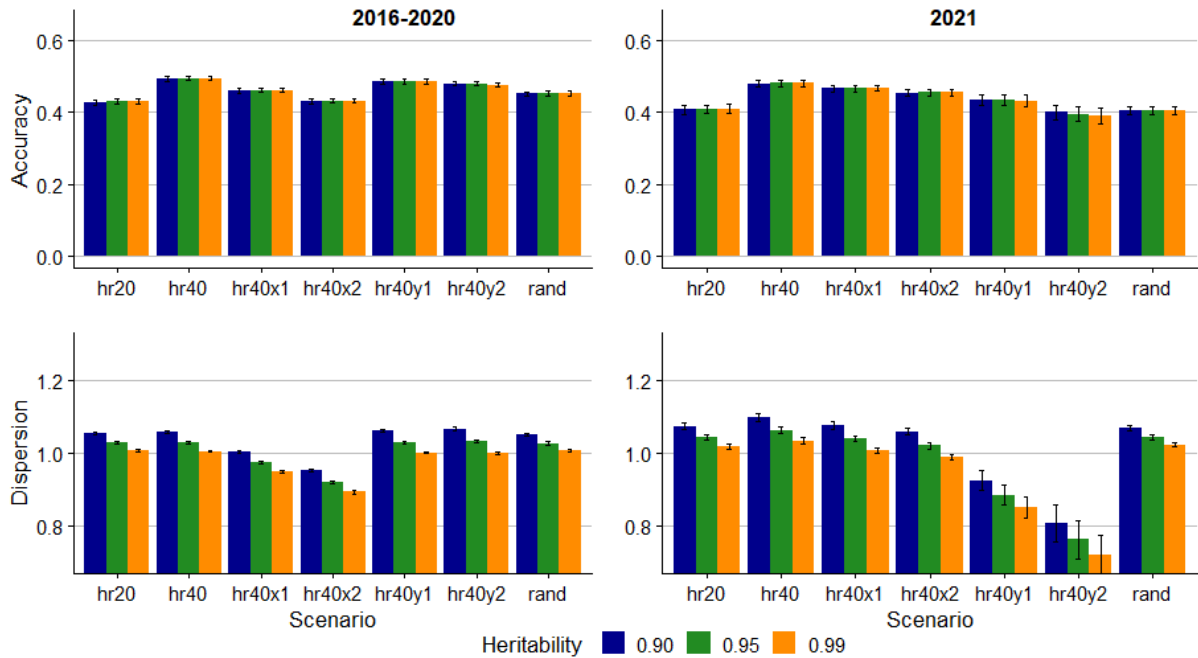
- European Food Safety Authority. (2014). Scientific opinion on the scrapie situation in the EU after 10 years of monitoring and control in sheep and goats. *EFSA Journal*, 12(7), 3781. <https://doi.org/10.2903/j.efsa.2014.3781>
- Eva Hauksdóttir. (2020). Prion protein genotypes in Icelandic scrapie flocks. MSc thesis from the University of Iceland.
- Eyþór Einarsson. (2022). Uppgjör átaksverkefnisins og árangur leitar að verndandi arfgerðum. Í Guðmundur Jóhannesson (Ritstjóri), *Hrútaskrá 2022-2023* (s. 54–55). Sauðfjársæðingastöð Suðurlands og Sauðfjársæðingastöð Vesturlands.
- Eyþór Einarsson, Lühken, G., Karólína Elísabetardóttir, Stefanía Þorgeirsdóttir, & Vilhjálmur Svansson. (2022). *Verndandi arfgerðin ARR fundin*. Ráðgjafarmiðstöð landbúnaðarins. <https://www.rml.is/is/starfsemi/frettir/verndandi-arfgerdin-arr-fundin>
- Falconer, D. S., & Mackay, T. F. C. (1996). *Introduction to quantitative genetics* (4. edition). Pearson education.
- Forneris, N. S., Legarra, A., Vitezica, Z. G., Tsuruta, S., Aguilar, I., Misztal, I., & Cantet, R. J. C. (2015). Quality control of genotypes using heritability estimates of gene content at the marker. *Genetics*, 199(3), 675–681. <https://doi.org/10.1534/genetics.114.173559>
- Gengler, N., Mayeres, P., & Szydlowski, M. (2007). A simple method to approximate gene content in large pedigree populations: Application to the myostatin gene in dual-purpose Belgian Blue cattle. *Animal*, 1(1), 21–28. <https://doi.org/10.1017/S1751731107392628>
- Goldmann, W. (2008). PrP genetics in ruminant transmissible spongiform encephalopathies. *Veterinary Research*, 39(4), 1–14. <https://doi.org/10.1051/vetres:2008010>
- Hagenaars, T. J., Melchior, M. B., Bossers, A., Davidse, A., Engel, B., & van Zijderveld, F. G. (2010). Scrapie prevalence in sheep of susceptible genotype is declining in a population subject to breeding for resistance. *BMC Veterinary Research*, 6, 25. <https://doi.org/10.1186/1746-6148-6-25>
- Harrington, N. P., O'Rourke, K. I., Feng, Y., Rendulich, J., DiFruscio, C., & Balachandran, A. (2010). Prion genotypes of scrapie-infected Canadian sheep 1998–2008. *Canadian Journal of Veterinary Research*, 74(3), 228–232.
- Hunter, N., Goldmann, W., Foster, J. D., Cairns, D., & Smith, G. (1997). Natural scrapie and PrP genotype: Case-control studies in British sheep. *The Veterinary Record*, 141(6), 137–140. <https://doi.org/10.1136/vr.141.6.137>
- Igel, A., Fast, C., Eva Hauksdóttir, Eyþór Einarsson, Lühken, G., Karólína Elísabetardóttir, Nonno, R., Stefanía Þorgeirsdóttir, Vilhjálmur Svansson, & Béringue, V. (2023). *Polymorphisms in prion protein of Icelandic sheep and their susceptibility to classical scrapie* (22 s.). [https://www.rml.is/static/files/RML\\_Frettir/2023/eythor/report\\_17nov23.pdf](https://www.rml.is/static/files/RML_Frettir/2023/eythor/report_17nov23.pdf)
- Legarra, A., & Vitezica, Z. G. (2015). Genetic evaluation with major genes and polygenic inheritance when some animals are not genotyped using gene content multiple-trait



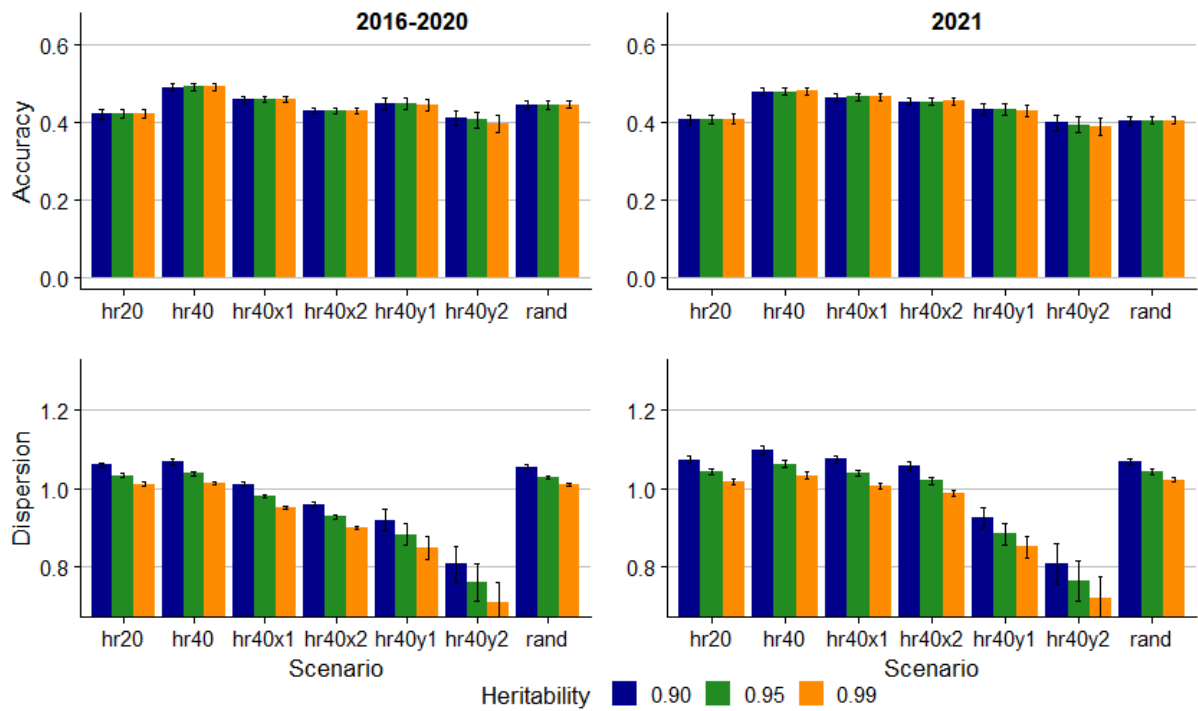
- BLUP. *Genetics Selection Evolution*, 47, 89. <https://doi.org/10.1186/s12711-015-0165-x>
- Lühken, G., Elísabetardóttir, K., Einarsson, E., Svansson, V., & Thorgeirsdóttir, S. (2022). Widespread search for potentially protective protein variants in the Icelandic sheep population delivers promising results. *Prion 2022 Conference Abstracts: Pushing the Boundaries*, 16, 185–185. <https://doi.org/10.1080/19336896.2022.2091286>
- Madsen, P., & Jensen, J. (2018). *DMU, A package of analyzing multivariate mixed models. Ver. 6, rel 5.3*. [https://dmu.ghpc.au.dk/dmu/DMU/Doc/Current/dmuv6\\_guide.5.3.pdf](https://dmu.ghpc.au.dk/dmu/DMU/Doc/Current/dmuv6_guide.5.3.pdf)
- Reglugerð um útrýmingu á riðuveiki og bætur vegna niðurskurðar. nr. 651/2001
- Schwarzer, G., Carpenter, J. R., & Rücker, G. (2015). *Meta-Analysis with R* (1st ed.). Springer. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-21416-0>
- Thorgeirsdóttir, S., Sigurdarson, S., Thorisson, H. M., Georgsson, G., & Palsdóttir, A. (1999). PrP gene polymorphism and natural scrapie in Icelandic sheep. *Journal of General Virology*, 80(9), 2527–2534. <https://doi.org/10.1099/0022-1317-80-9-2527>
- Tranulis, M. A., Osland, A., Bratberg, B., & Ulvund, M. J. (1999). Prion protein gene polymorphisms in sheep with natural scrapie and healthy controls in Norway. *Journal of General Virology*, 80(4), 1073–1077. <https://doi.org/10.1099/0022-1317-80-4-1073>
- Vaccari, G., D'Agostino, C., Nonno, R., Rosone, F., Conte, M., Di Bari, M. A., Chiappini, B., Esposito, E., De Grossi, L., Giordani, F., Marcon, S., Morelli, L., Borroni, R., & Agrimi, U. (2007). Prion protein alleles showing a protective effect on the susceptibility of sheep to scrapie and bovine spongiform encephalopathy. *Journal of Virology*, 81(13), 7306–7309. <https://doi.org/10.1128/JVI.02880-06>
- Vaccari, G., Scavia, G., Sala, M., Cosseddu, G., Chiappini, B., Conte, M., Esposito, E., Lorenzetti, R., Perfetti, G., Marconi, P., Scholl, F., Barbaro, K., Bella, A., Nonno, R., & Agrimi, U. (2009). Protective effect of the AT\_137RQ and ARQK\_176 PrP allele against classical scrapie in Sarda breed sheep. *Veterinary Research*, 40(3), 1–11. <https://doi.org/10.1051/vetres/2009002>
- Þórdís Þórarinsdóttir, Jón Hjalti Eiríksson, Egill Gautason, Eyþór Einarsson, & Eyjólfur Ingvi Bjarnason. (2023). *Ræktun gegn riðu – Áhrif mismunandi leiða við innleiðingu verndandi arfgerða metin með slembihermunum* (39 s.). Ráðgjafarmiðstöð Landbúnaðarins. [https://www.rml.is/static/files/RML\\_saudfjarraekt/2023/raektun\\_rida\\_hermi\\_lokaskyrs\\_la2.pdf](https://www.rml.is/static/files/RML_saudfjarraekt/2023/raektun_rida_hermi_lokaskyrs_la2.pdf)

## Viðauki

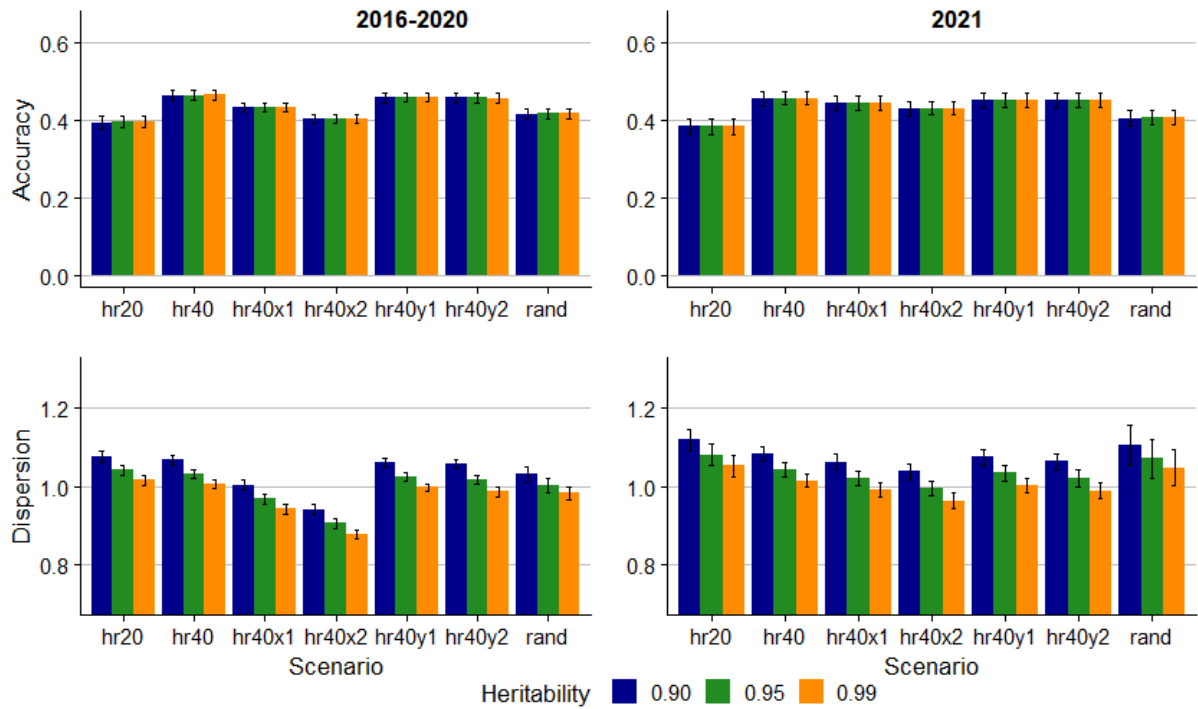
Myndir V1 til V5 sýna öryggi spá fyrir fjölda samsæta fyrir samsætur A1, A2, A3, A4 og A5, í þessari röð.



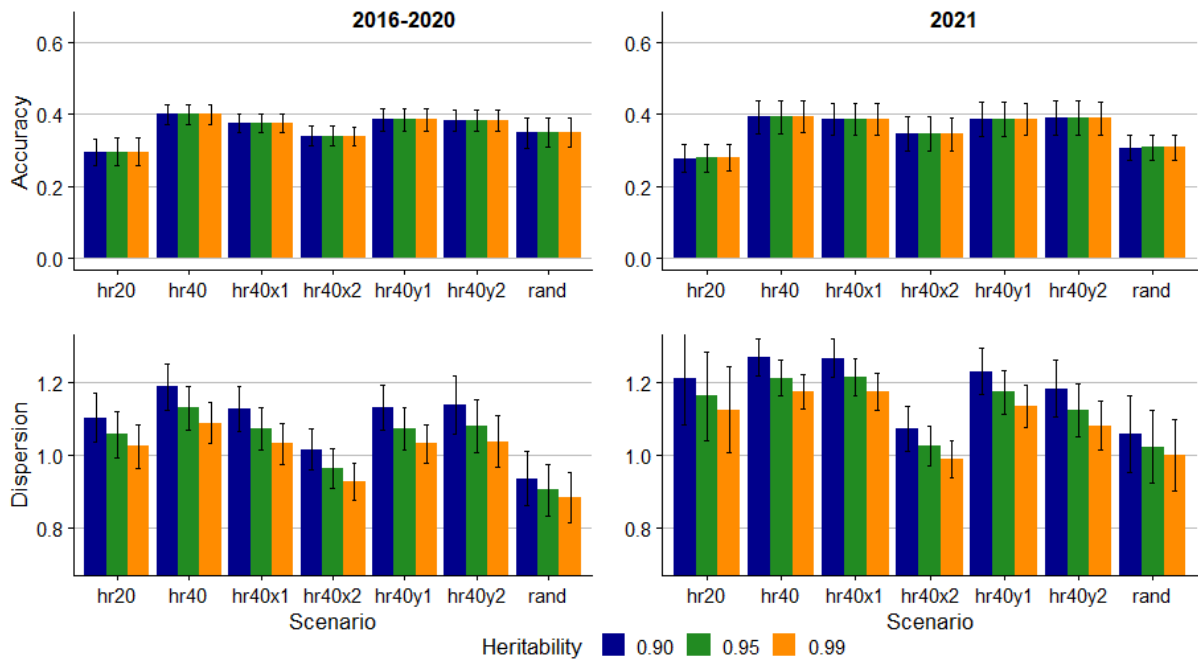
Mynd V1. Öryggi og dreifnibjagi fyrir spá fyrir fjölda eintaka af A1 samsætunni. Staðalskekking 10 endurtekninga er sýnd með svörtum línunum. hr20: 20% hrúta arfgerðargreindir; hr40: 40% hrúta arfgerðargreind; hr40x1: 40% hrúta arfgerðargreind og 5% villur í ætternisskrá; hr40x2: 40% hrúta arfgerðargreind og 10% villur í ætternisskrá; hr40y1: 40% hrúta arfgerðargreind og 1% villur í arfgerðargreiningu; hr40y2: 40% hrúta arfgerðargreind og 2% villur í arfgerðargreiningu; rand: 5% handahófsúrtak af ásettum kindum (ám og hrútum) arfgerðargreint.



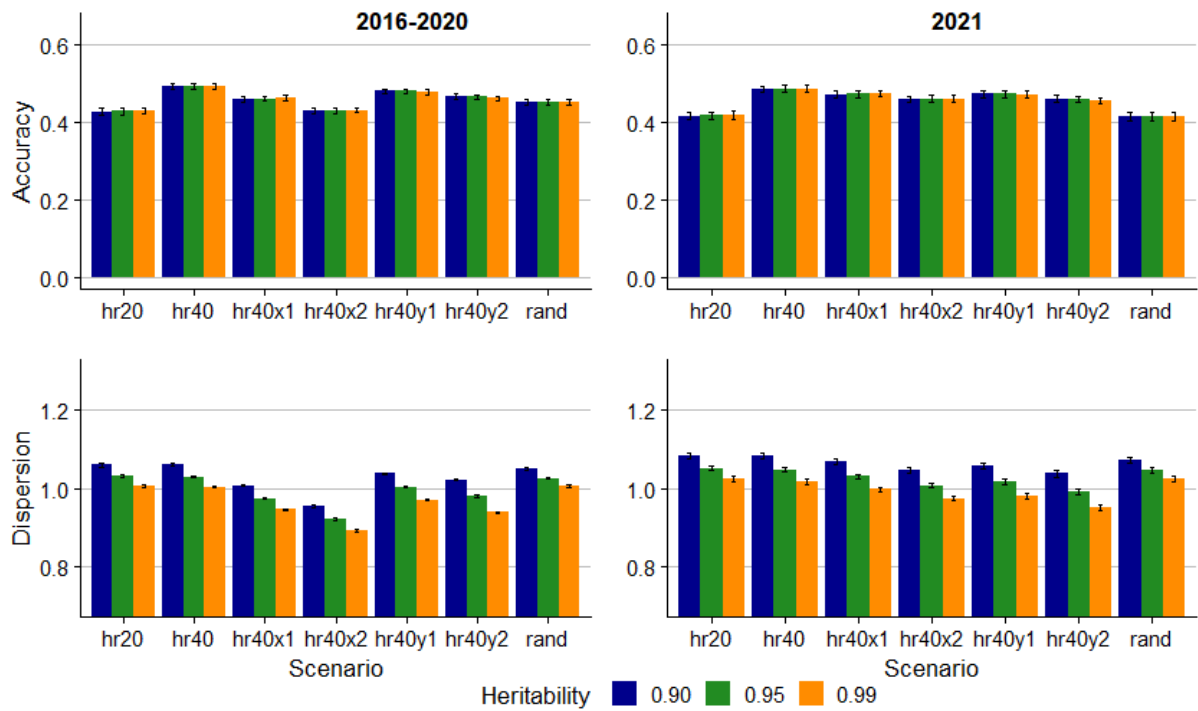
Mynd V2. Öryggi og dreifnibjagi fyrir spá fyrir fjölda eintaka af A2 samsætunni. Staðalskekkja10 endurtekninga er sýnd með svörtum línunum. hr20: 20% hrúta arfgerðargreindir; hr40: 40% hrúta arfgerðargreind; hr40x1: 40% hrúta arfgerðargreind og 5% villur í ættmisskrá; hr40x2: 40% hrúta arfgerðargreind og 10% villur í ættmisskrá; hr40y1: 40% hrúta arfgerðargreind og 1% villur í arfgerðargreiningu; hr40y2: 40% hrúta arfgerðargreind og 2% villur í arfgerðargreiningu; rand: 5% handahófsúrtak af ásettum kindum (ám og hrútum) arfgerðargreint.



Mynd V3. Öryggi og dreifnibjagi fyrir spá fyrir fjölda eintaka af A3 samsætunni. Staðalskekkja10 endurtekninga er sýnd með svörtum línunum. hr20: 20% hrúta arfgerðargreindir; hr40: 40% hrúta arfgerðargreind; hr40x1: 40% hrúta arfgerðargreind og 5% villur í ættmisskrá; hr40x2: 40% hrúta arfgerðargreind og 10% villur í ættmisskrá; hr40y1: 40% hrúta arfgerðargreind og 1% villur í arfgerðargreiningu; hr40y2: 40% hrúta arfgerðargreind og 2% villur í arfgerðargreiningu; rand: 5% handahófsúrtak af ásettum kindum (ám og hrútum) arfgerðargreint.



Mynd V4. Öryggi og dreifnibjagi fyrir spá fyrir fjölda eintaka af A4 samsætunni. Staðalskekkja10 endurtekninga er sýnd með svörtum línum. hr20: 20% hrúta arfgerðargreindir; hr40: 40% hrúta arfgerðargreind; hr40x1: 40% hrúta arfgerðargreind og 5% villur í ætternisskrá; hr40x2: 40% hrúta arfgerðargreind og 10% villur í ætternisskrá; hr40y1: 40% hrúta arfgerðargreind og 1% villur í arfgerðargreiningu; hr40y2: 40% hrúta arfgerðargreind og 2% villur í arfgerðargreiningu; rand: 5% handahófsúrtak af ásettum kindum (ám og hrútum) arfgerðargreint.



Mynd V5. Öryggi og dreifnibjagi fyrir spá fyrir fjölda eintaka af A5 samsætunni. Staðalskekkja10 endurtekninga er sýnd með svörtum línunum. hr20: 20% hrúta arfgerðargreindir; hr40: 40% hrúta arfgerðargreind; hr40x1: 40% hrúta arfgerðargreind og 5% villur í ætternisskrá; hr40x2: 40% hrúta arfgerðargreind og 10% villur í ætternisskrá; hr40y1: 40% hrúta arfgerðargreind og 1% villur í arfgerðargreiningu; hr40y2: 40% hrúta arfgerðargreind og 2% villur í arfgerðargreiningu; rand: 5% handahófsúrtak af ásettum kindum (ám og hrútum) arfgerðargreint.