

"Teknikken" i testdagsmodellen (2)

Gert Pedersen Aamand, Nordisk Avlsværdivurdering

Multi trait avlsværdivurdering:

- Giver mere sikre avlsværdital end single trait og giver dermed mulighed for større genetisk fremgang
- Giver en anden sammenhæng mellem avlsværditalene for mælk, fedt og protein end single trait modeller
- Har størst betydning for køer, hvor der er færrest informationer

Genetiske parametre

Den nordiske testdagsmodel er en fleregenskabsmodel (multi trait model), hvor avlsværdital for mælk, fedt og protein beregnes i samme evaluering. I den tidligere danske 305 dages model forgik avlsværdivurderingen for en egenskab af gangen (single trait). I en fleregenskabsmodel udnyttes de genetiske og miljømæssige sammenhænge mellem egenskaberne i avlsværdivurderingen, hvorimod det antages, at både de genetiske og miljømæssige korrelationer er nul i en single trait model. I en multi trait model for mælk, fedt og protein giver alle de genetiske og miljømæssige sammenhænge mellem de tre egenskaber information ved beregningen af de tre avlsværdital.

Tabel 1 og 2 viser de genetiske, miljømæssige og fænotypiske korrelationer for 1. laktation, som vi anvender for Holstein og Røde racer i den nordiske model. De systematiske miljøeffekter kan vi korrigere for (f.eks. kælvningsalder, besætning), hvorimod vi ikke kan korrigere for de tilfældige miljøeffekter. Den tilfældige miljømæssige variation er den observerbare (fænotypiske variation) minus den genetiske variation. De miljømæssige korrelationer udtrykker sammenhængen mellem egenskaber, som skyldes tilfældige miljøeffekter, der påvirker begge egenskaber. Det er vigtigt at skelne mellem systematiske miljøeffekter og tilfældige miljøeffekter.

Tabel 1. Genetiske korrelationer, miljømæssige korrelationer og fænotypiske korrelationer. 1. laktation

Korrelationer		Genetiske	Miljømæssige	Fænotypiske
Røde racer	Mælk-protein	0,86	0,96	0,92
	Mælk-fedt	0,62	0,93	0,80
	Fedt-protein	0,78	0,97	0,87

Tabel 2. Genetiske korrelationer, miljømæssige korrelationer og fænotypiske korrelationer. 1. laktation

Korrelationer		Genetiske	Miljømæssige	Fænotypiske
Holstein	Mælk-protein	0,84	0,98	0,92
	Mælk-fedt	0,51	0,94	0,77
	Fedt-protein	0,72	0,94	0,86

Bemærk, at for begge racegrupper er:

- De tilfældige miljømæssige sammenhænge større end de tilsvarende genetiske sammenhænge
- Forskellen mellem de miljømæssige og genetiske korrelationer er størst for fedt-mælk
- Forskellen mellem de miljømæssige og genetiske korrelationer er størst for Holstein

Multi trait versus single trait avlsværdiurdering

I en multi trait avlsværdiurdering udnyttes de genetiske korrelationer mellem egenskaberne til at give information om egenskaberens genetiske værdi. Tilsvarende giver de miljømæssige korrelationer information om den miljømæssige værdi. For de tre ydelsesegenskaber er de miljømæssige korrelationer højere end de genetiske korrelationer. Ved avlsværdiurdering for fedtydelse får vi derfor mere korreleret information om den miljømæssige komponent end den genetiske komponent fra mælk og protein. Tilsvarende gør sig gældende i beregningerne for protein og mælk. Populært kan vi sige, vi udnytter information om de to andre egenskaber til at lave en bedre miljøkorrektio n og genetisk bestemmelse.

Avlsværdital for hver ydelsesegenskab kan beregnes ved at gange en vægtfaktor (b) på hver fænotypisk ydelse (P). For en ko ser ligningen således ud, hvis vi kun betragter koens egen ydelse i en laktation.

$$AV = b_{\text{mælk}} \times P_{\text{mælk}} + b_{\text{fedt}} \times P_{\text{fedt}} + b_{\text{protein}} \times P_{\text{protein}}$$

Vægtfaktorerne (b) bestemmes af egenskaberens arvbarhed samt genetiske og miljømæssig sammenhæng.

I tabel 3 er vist en oversigt over b-vægte ved beregning af avlsværdital for mælkeydelse i henholdsvis en single trait og multi trait model. For koen er der alene set på hendes egen ydelse i første laktation. For tyre er der alene set på information fra døtre med 1. laktationsydelse. Antal døtre er varieret.

Tabel 3. Multi trait avlsværdiurdering for mælkeydelse. Responset er udtrykt i fænotypiske spredningsenheder. Holstein parametre er anvendt

		Ko	Tyr 20 døtre	Tyr 100 døtre	Tyr 10 000 døtre
		1. laktation	1. laktation	1. laktation	1. laktation
Vægte	Mælk	0,77	1,62	1,91	2,00
	Fedt	-0,24	-0,19	-0,06	0
	Protein	-0,18	-0,13	-0,04	0
Sikkerhed	M-indeks	0,52	0,71	0,93	1,00
Fremgang udvælgelse efter mælk	Mælk	0,47	0,55	0,62	0,65
	Fedt	0,04	0,20	0,28	0,31
	Protein	0,26	0,39	0,47	0,50

Af tabel 3 fremgår det, at i multi trait evalueringen:

- Tillægges fedt og protein negativ vægt ved beregningen af avlsværditallet for mælk
- Den negative vægt bliver reduceret ved stigende sikkerhed
- Når sikkerheden er 100%, bliver der ingen vægt lagt på fedt og protein.

Bemærk, at der lægges negativ vægt på fedtydelse. Årsagen til dette er, at høj fedtydelse som regel viser, at koen har haft gode miljøforhold til at producere både fedt og mælk. Dette bliver der automatisk taget højde for ved multi trait evalueringen.

Tabel 4. Single trait avlsværdiurdering for mælkeydelse. Responset er udtrykt i fænotypiske spredningsenheder. Holstein parametre er anvendt

		Ko	Tyr 20 døtre	Tyr 100 døtre	Tyr 10 000 døtre
		1. laktation	1. laktation	1. laktation	1. laktation
Vægte	Mælk	0,42	1,40	1,84	2,00
	Fedt	0	0	0	0
	Protein	0	0	0	0
Sikkerhed	M-indeks	0,42	0,70	0,92	1,00
Fremgang udvælgelse efter mælk	Mælk	0,42	0,54	0,62	0,65
	Fedt	0,20	0,26	0,29	0,31
	Protein	0,32	0,42	0,48	0,50

Af tabel 4 fremgår det, at i single trait evalueringen:

- Tillægges fedt og protein ingen vægt ved beregningen af avlsværditallet for mælk.

Sammenligning af resultater fra multitrait (tabel 3) og single trait (tabel 4) viser, at:

- Sikkerheden på avlsværditallet for mælk er størst i multi trait evalueringen, hvor fedt og protein anvendes som "indikatoregenskaber"
- Fremgangen i mælk ved udvælgelse efter multi trait avlsværditallet for mælk er større end for single trait evalueringen. Samtidig, er den korrelerede fremgang for fedt og protein mindre
- Gevinsten ved at anvende multi trait aftager med stigende sikkerhed.

I ovenstående eksempler er det antaget, at mælk er avlsmålet. I praksis er det en sammenvejning af mælk, fedt og protein. Vi vil opnå de samme fordele ved multi trait modellen ved selektion efter Y-indekset, som det her er illustreret for mælk.

Eksempel: Tre køers avlsværdital

Tre Holstein køer har følgende fænotypiske ydelser:

Ko A: + 800 kg mælk (= +1 fænotypisk spredningsenhed) +0 kg fedt + 0 kg protein

Ko B: + 0 kg mælk (= 0 fænotypisk spredningsenhed) +0 kg fedt + 0 kg protein

Ko C: - 800 kg mælk (= -1 fænotypisk spredningsenhed) + 0 kg fedt + 0 kg protein

Vi indregner ikke afstammingsinformation. I tabel 5 er køens avlsværdital for mælk, fedt og protein vist fra en multi trait model og i tabel 6 fra en single trait model..

Tabel 5. Tre Holstein køers avlsværdital for mælk, fedt og protein udtrykt i fænotypiske spredningsenheder. Multi trait model

		Avlsværdital	Avlsværdital	Avlsværdital
		mælk	fedt	protein
Vægte	Mælk	0,77	-0,17	-0,02
	Fedt	-0,24	0,52	-0,18
	Protein	-0,18	-0,04	0,52
Sikkerhed		0,52	0,40	0,37
Avlsværdital – ko A		+0,77	-0,17	-0,02
Avlsværdital – ko B		0	0	0
Avlsværdital – ko C		-0,77	+0,17	+0,02

Tabel 6. En Holstein kos avlsværdital for mælk, fedt og protein udtrykt i fænotypiske spredningsenheder. Single trait model

		Avlsværdital mælk	Avlsværdital fedt	Avlsværdital protein
Vægte	Mælk	0,42	0	0
	Fedt	0	0,36	0
	Protein	0	0	0,35
Sikkerhed		0,42	0,36	0,35
Avlsværdital – ko A		0,42	0	0
Avlsværdital – ko B		0	0	0
Avlsværdital – ko C		-0,42	0	0

- Ko A i eksemplet ovenfor får højere M-indeks og lavere F- og P-indeks ved skiftet fra single trait til multi trait
- Ko B i eksemplet får uændret avlsværdital ved skiftet fra single trait til multi trait
- Ko C i eksemplet ovenfor får lavere M-indeks og højere F- og P-indeks ved skiftet fra single trait til multi trait.

Skiftet fra single trait til multi trait har følgende effekter på køers og tyres avlsværdital

- Køer med høj mælkeydelse i forhold til fedtydelse har fået højere M-indeks og lavere F-indeks og dermed lavere Y-indeks. Årsagen til dette er, at høj mælkeydelse som regel viser, at koen har haft gode miljøforhold til at producere både mælk og fedt
- Køer med lav mælkeydelse i forhold til fedtydelse har fået lavere M-indeks og højere F-indeks og dermed højere Y-indeks. Årsagen til dette er, at lav mælkeydelse som regel viser, at koen har haft dårlige miljøforhold til at producere både mælk og fedt
- Skiftet fra single trait til multi trait har kun beskeden effekt på tyres avlsværdital. Effekten aftager med stigende døtregruppe størrelse.

For mælk og fedt er der største forskel på den genetiske og den miljømæssige korrelation (tabel 2), derfor er effekten af multi trait modellen størst for disse to egenskaber, men de beskrevne principper er også gældende for protein.

Sammenhænge mellem avlsværdital

Ud fra de genetiske og de miljømæssige korrelationer kan man forudsige korrelationerne mellem avlsværdital:

1. Hvis de miljømæssige korrelationer er mindre end de genetiske, vil korrelationerne mellem avlsværdital være større end de genetiske korrelationer
2. Hvis de miljømæssige korrelationer er lig med de genetiske, vil korrelationerne mellem avlsværdital være lig med de genetiske korrelationer
3. Hvis de miljømæssige korrelationer er større end de genetiske, vil korrelationerne mellem avlsværdital være mindre end de genetiske korrelationer

For ydelsesegenskaberne er de miljømæssige korrelationer større end de genetiske korrelationer:

1. I en multi trait model får vi derfor korrelationer mellem avlsværditalene, der er mindre end de genetiske korrelationer
2. I en single trait model ignoreres de genetiske og miljømæssige korrelationer i beregningerne, og korrelationerne mellem avlsværditalene er større end de genetiske korrelationer.

Korrelationer mellem avlsværdital er påvirket af avlsværditallets sikkerhed. Generelt gælder, at korrelationen mellem avlsværditalle nærmere sig den genetiske korrelation i takt med, at sikkerheden på avlsværditallet stiger.

Korrelationen mellem avlsværdital for ydelsesegenskaber er således påvirket meget af ændringen fra en single trait (gammel dansk model) til multi trait model (NAV-model).