

Uudistuksia genomiarvosteluun

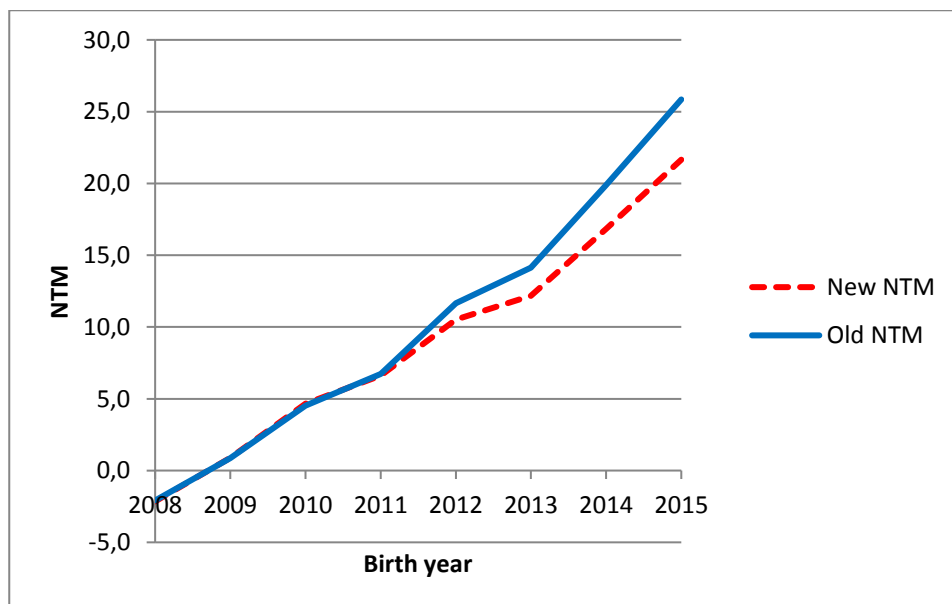
Anders Fogh (NAV/SEGES), Terhi Vahlsten (NAV/Faba) ja Emma Carlén (NAV/Växa)

Nuorimpien genomiarvosteltujen sonnien indeksien on havaittu laskevan, kun ne saavat arvosteluun mukaan tyttären tuloksia. On myös havaittu isoja muutoksia genomisonnien arvosteluissa, kun paljon tyttären tietoja on mukana arvostelussa. Näitä ongelmia on korjattu marraskuun 2016 arvostelussa. Korjausten takia nuorimpien genomiarvostelun saaneiden sonnien jalostusarvot laskevat. Genomisonnit ovat kuitenkin edelleen parempia kuin jälkeläisarvostellut sonnit.

Nuorimmat genomisonnit oikealle tasolle

Nuorimpien genomiarvosteltujen sonnien jalostusarvojen on havaittu olevan liian korkeita. Tämä koskee erityisesti niitä nuorimpia genomisonneja, joilla ei ole vielä lainkaan tyttären tuloksia mukana jalostusarvostelussa. Jalostusarvojen yliarvostus on pienempää niillä genomisonneilla, jotka ovat hyvin lähellä jälkeläisarvostelua eli että arvosteluun alkaa tulla mukaan tyttären tuloksia.

Yliarvostusta korjataan parantamalla menetelmää, jolla korjataan jalostusarvojen hajontaa vuosien välillä. Korjauksen vaikutusta on havainnollistettu kuviossa 1, jossa on RDC-sonnien NTM-arvon perinnöllinen edistyminen. Kuviosta nähdään, että NTM-arvon heikkeneminen hidastuu vuosina 2012 – 2014 syntyneillä sonneilla verrattuna 2015 syntyneisiin sonneihin. Nuorimmat sonnit eivät siis ole enää niin paljon parempia kuin aikaisemmin verrattuna pari vuotta aikaisemmin syntyneisiin sonneihin.



Kuvio 1. Standardointiin tehdyn parannuksen vaikutus perinnölliseen edistymiseen. New NTM = uusi NT, Old NTM = vanha NTM.

Yliarvostuksen korjaus tehdään kaikkiin ominaisuuksiin ja NTM:n. Korjauksen vaikutus on tuotoksessa 2.6 – 3.0 indeksipistettä kaikilla roduilla. Kestävyydessä vaikutus on suurin ja holsteinilla kestävyysindeksi laskee keskimäärin 6.6 indeksipistettä ja RDC:llä 3 indeksipistettä.

Keskimäärin muutos on 0 – 2 indeksipistettä ominaisuuksissa, jotka ovat mukana NTM:ssä. Genomiarvostellut sonnit ovat kuitenkin perinnölliseltä tasoltaan erittäin hyviä lähes kaikissa ominaisuuksissa, joten muutokset NTM-arvoissa ovat suuremmat kuin yksittäisissä ominaisuuksissa. Vuonna 2015 syntyneillä sonneilla NTM laskee keskimäärin 4.7 indeksipistettä holsteinilla, RDC:llä 4.3 ja jerseyllä 2.5. NTM:n muutokset ovat samansuuruisia genomitestatuilla hiehoilla.

Nuoria genomisoneja kannattaa silti käyttää

Nuorimpien genomiarvosteltujen sonnien jalostusarvot laskevat, joten ero jälkeläisarvosteltujen ja nuorimpien genomiarvosteltujen sonnien välillä pienenee. Tästä huolimatta nuorimmat genomiarvostellut sonnit ovat edelleen parempia kuin jälkeläisarvostellut sonnit ja perinnöllisesti parhaat sonnit on valittu aikaisemminkin. Karjanomistajien kannattaa edelleen käyttää nuoria genomisoneja karjassaan.

Sujuvampi siirtyminen genomiarvostelusta jälkeläisarvosteluun

Muutamien sonnien jalostusarvot ovat laskeneet odotettua enemmän, kun tyttärien tuloksia on alkanut tulla jalostusarvosteluaineistoon. Tämä johtuu siitä, että genomitiedon paino on ollut liian korkea verrattuna fenotyyppitiedon painoon. Tämä johti siihen, että jos sonnilla oli positiivinen genomitieto jossain ominaisuudessa, niin ominaisuuden jalostusarvo oli liian korkea, vaikka ominaisuuden jalostusarvostelussa oli jo mukana huomattava määrä tytärtietoja. Sama toimi toisinpäin eli jos sonnilla oli negatiivinen genomitieto ominaisuudessa, niin ominaisuuden jalostusarvo oli liian alhainen, vaikka tytärtietoa oli jo arvostelussa mukana. Tätä ongelmaa korjataan lisäämällä polygeeninen tekijä arvostelumalliin, jolloin genomitiedon painotus laskee ja vastaavasti jälkeläistiedon painotus nousee. Samalla muutos vain genomitietoa sisältävistä jalostusarvoista, genomitietoa ja jälkeläistietoa sisältäviin jalostusarvoihin sekä edelleen vain jälkeläisten tietoa sisältäviin jalostusarvoihin tapahtuu sujuvammin.

Polygeeninen tekijä lisätään kaikkiin ominaisuuksiin ja kaikille roduille. Uuden ja vanhan arvostelun väliset korrelaatiot ovat hyvin korkeita sekä sonneilla (0.95) että lehmillä (0.98).