

# Nyheder - NAV rutine evaluering

## 12. August 2014

Den seneste NAV evaluering af ydelse, frugtbarhed, eksteriør, yversundhed, øvrige sygdomme, kælvningsevne, malketid, temperament, vækst, holdbarhed, klovsundhed og NTM fandt sted som planlagt. NAV har foretaget tre evalueringer – én pr. racegruppe:

*Holstein evaluering*, herunder data fra: Dansk Holstein, Dansk Rød Holstein, Svensk Holstein, Finsk Holstein, Finsk Ayrshire og Finn Cattle.

*Evaluering for røde racer*, herunder data fra: RDM, Svensk Rød, Finsk Ayrshire, Finsk Holstein og Finn Cattle.

*Jersey evaluering*, herunder data fra: Dansk Jersey og Svensk Jersey (kun ydelse og eksteriør).

### Udtræksdatoer

Datoer for udtræk af data fra nationale databaser er anført i tabel 1.

Tabel 1. Tidsplan for udtræk af data fra de nationale databaser

Egenskab	Danmark	Finland	Sverige
Ydelse	25.06.2014	15.06.2014	13.06.2014
Eksteriør, malketid og temperament	01.07.2014	15.06.2014	23.06.2014
Frugtbarhed	01.07.2014	15.06.2014	14.06.2014
Yversundhed og øvrige sygdomme	01.07.2014	15.06.2014	14.06.2014
Kælvningsegenskaber	01.07.2014	15.06.2014	14.06.2014
Holdbarhed	01.07.2014	15.06.2014	14.06.2014
Vækst	25.06.2014	15.06.2014	14.06.2014
Klovsundhed	01.07.2014	15.06.2014	16.06.2014

### Data anvendt til beregning af genomiske avlsværdital

Genotyper er udtrukket fra den fælles nordiske SNP data base 9 juli 2014. Interbull information fra april 2014 og national information jvf. udtræksdatoer angivet i tabel 1 er anvendt til genomisk avlsværdiurdering.

### Nyheder i NAV avlsværdiurdering

- Ændringer i den genomiske prediction for RDC og Jersey
  - Hundyr er indregnet i reference population
  - Animal Model afstamning er anvendt i den genomiske prediktion
  - En forbedret procedure til blending
- Mælkeflow data fra stationære elektroniske mælkemålere indgår nu i avlsværdiberegningen for malketid
- Betegnelsen krop udgår og bliver på dansk erstattet med ordet kropskapacitet og på engelsk med ordet Frame.
- Vægte og optimum i beregning af kropskapacitet hos Holstein and Red Holstein er ændret

## Genomisk avlsværdiurdering

Den genomiske avlsværdiurdering for RDC og Jersey blev betydelig forbedret ved evalueringen den 2. juli. Ændringerne har betydning for hundyr GEBV der blev publiceret d. 2. juli og ungtires GEBV fra d. 12. august. Anvendelse af køer i reference populationen øger sikkerheden på de genomiske avlsværdital betydeligt. Det er således muligt mere sikkert at udvælge de bedste insemineringstyre og de bedste hundyr til ET eller inseminering med kønssorteret sæd.

Referencepopulationens størrelse har lige siden starten på genomisk selektion været den største udfordring for RDC og især jersey. Holstein har en betydelig større reference population, primært fordi afkomsundersøgte tyre fra EuroGenomics samarbejdet indgår i beregningerne. I dag udveksler jersey genotyper for afkomsundersøgte tyre med US jersey og RDC med NRF. Mulighederne for at samarbejde med andre populationer er således begrænset for RDC og Jersey, og den eneste mulighed for at øge reference population er derfor at indregne information fra genotypede køer.

VikingGenetics startede i 2012 et samarbejde med RDC og Jersey kvægbrugere i Danmark, Sverige og Finland om genotyping af hundyr i bestemte aldersklasser i udvalgte besætninger. Dette samarbejde har øget antallet af testede hundyr betydeligt. Samtidig med at der er testet flere hundyr har NAV i tæt samarbejde med MTT og AU udviklet og testet de genetiske modeller og metoder der er nødvendige for at kunne inkludere hundyr i referencepopulationen. Tabel 2 viser en oversigt over de ændringer, der er foretaget i den genomiske prediktion for jersey og RDC, og tabel 3 en oversigt over størrelsen af referencepopulationerne anvendt i evalueringen 12. august 2014.

Tabel 2. Oversigt over ændringer i den genomiske avlsværdiurdering for RDC og Jersey, der blev introduceret 2. juli for genotypede hundyr og 12. august for genotypede ungtire.

	<b>Gammel model</b>	<b>Ny model 2. Juli</b>	<b>Bemærkninger</b>
Afstamning i den genomiske prediktion	Sire-Maternal grandsire	Animal Model	
Reference population	Tyre	Tyre+køer	6800 Jersey køer og 10000 RDC køer indregnet
Blending metode	Metode udviklet af MTT i 2010	Revideret metode udviklet af MTT i 2013/14	Revideret metode er bedre til at undgå double counting, hvilket gør det muligt at indregne køer i ref. populationen

Tabel 3. Reference population for Holstein, Jersey og RDC i rutineevalueringen 12. august 2014

	Reference population	
	Tyre	Køer
Holstein	25700 <sup>a)</sup>	-
RDC	7800 <sup>b)</sup>	10000
Jersey	2400 <sup>c)</sup>	6800

a) Inklusiv NLD, FRA, DEU, ESP ref. Tyre

b) inklusiv NOR ref. Tyre

c) inklusiv US ref. tyre

Cirka 10.000 RDC køer indgår i RDC referencepopulationen 12. august og cirka 6.800 køer for Jersey. Foreløbige analyser indikerer, at det ikke har nogen væsentlig betydning for ungtires genomiske avlsværdi om tyremødrene indgår i referencegruppen. Betydningen af at anvende

forskellige kategorier af hundyr i referencepopulationen vil blive analyseret yderligere i de kommende måneder.

Genotypede køer indgår i referencepopulationen for følgende egenskaber: ydelse, yversundhed, eksteriør, temperament (kun RDC) og malketid. Det gælder således alle de egenskaber hvor køernes egen præstation indgår i køernes officielle avlsværdital.

Den genomisk prediktion for RDC og Jersey er blevet betydeligt forbedret ved at indregne genotypede køer i referencepopulationen og anvende en forbedret blendingsprocedure. Sikkerheden på de genomiske avlsværdital for RDC er i gennemsnit steget med 5 %, og med cirka 8 % for jersey.

Tabel 4. Ekstra sikkerhed udover afstammingsinformation hos RDC ved at anvende tyre eller tyre+køer i referencepopulationen – hundyr information indgår for egenskaber markeret med **fed**

	Referencepopulation	
	Tyre	Tyre+køer
<b>Mælk</b>	<b>0.17</b>	<b>0.23</b>
<b>Fedt</b>	<b>0.16</b>	<b>0.23</b>
<b>Protein</b>	<b>0.12</b>	<b>0.18</b>
<b>Y-indeks</b>	<b>0.13</b>	<b>0.18</b>
Frugtbarhed	0.14	0.14
Fødselsindeks	0.18	0.18
Kælvningsindeks	0.02	0.02
<b>Yversundhed</b>	<b>0.17</b>	<b>0.23</b>
Andre sygdomme	0.14	0.14
<b>Kropskapacitet</b>	<b>0.24</b>	<b>0.29</b>
<b>Lemmer</b>	<b>0.24</b>	<b>0.33</b>
<b>Malkeorganer</b>	<b>0.23</b>	<b>0.30</b>
<b>Malketid</b>	<b>0.17</b>	<b>0.22</b>
<b>Temperament</b>	<b>0.18</b>	<b>0.21</b>
Holdbarhed	0.07	0.07

Tabel 5. Ekstra sikkerhed udover afstamning hos Jersey ved at anvende tyre eller tyre+køer i referencepopulationen – hundyr information indgår for egenskaber markeret med **fed**

Reference population	Reference population	
	Tyre	Tyre+køer
<b>Mælk</b>	<b>0.23</b>	<b>0.37</b>
<b>Fedt</b>	<b>0.13</b>	<b>0.21</b>
<b>Protein</b>	<b>0.18</b>	<b>0.32</b>
<b>Y-indeks</b>	<b>0.16</b>	<b>0.22</b>
Frugtbarhed	0.17	0.17
Fødselsindeks	0.00	0.00
Kælvningsindeks	-0.02	-0.02
<b>Yversundhed</b>	<b>0.09</b>	<b>0.16</b>
Andre sygdomme	-0.11	-0.11
<b>Kropskapacitet</b>	<b>0.19</b>	<b>0.30</b>
<b>Lemmer</b>	<b>0.05</b>	<b>0.13</b>
<b>Malkeorganer</b>	<b>0.26</b>	<b>0.29</b>
<b>Malketid</b>	<b>0.15</b>	<b>0.34</b>
Temperament	0.00	0.00
Holdbarhed	0.11	0.11

Sikkerhederne for RDC og Jersey er stadig ca. 12-15 % lavere end for Holstein, men signifikant højere end tidligere. I den kommende tid vil endnu flere genotypedede RDC og Jersey kvier kælve og efterfølgende indgå med information i referencepopulationen, og det må forventes at sikkerheden vil stige yderligere på de genomiske avlsværdital for RDC og Jersey.

Forbedringen i den genomiske prediktion fjerner endvidere undervurdering af det genetiske niveau som tidligere var påvist hos RDC og Jersey. For RDC er Y-indeks og NTM i gennemsnit steget med 4 indekseenheder og med 0 til 2 indekseenheder for de øvrige egenskaber, hvor køer indgår i referencepopulationen. De tilsvarende resultater for jersey viser en stigning på 2 indekseenheder for Y-indeks og NTM, og 0-1 indekseenheder for de øvrige egenskaber, hvor køer indgår i referencepopulationen.

Stigningen i sikkerheden (tabel 4 og 5) skabt af at køer indgår i referencepopulationen – gør det muligt mere sikkert at finde de genetisk bedste dyr. Det betyder imidlertid også, at der er sket nogen rerangering hos genotypedede ungtyre og hundyr. Korrelationerne mellem GEBV'er fra maj og august 2014 er 0,80-0,90 for egenskaber, hvor køer indgår i referencepopulation (ydelse, yversundhed, eksteriør, temperament og malketid). Jersey opnår en relativ større stigning i sikkerheden ved at få køer med i referencepopulationen end RDC, da jersey har relativ få referencetyre. Ændringerne er derfor større for genotypedede jersey dyr end for genotypedede RDC dyr (tabel 6).

Tabel 6. Korrelationer mellem GEBVer beregnet maj og august 2014

	RDC		Jersey	
	Genotypedede ungtyre og kvier	Genotypedede køer	Genotypedede ungtyre og kvier	Genotypedede køer
Egenskaber uden genotypedede køer i referencepopulation	0,97-0,99	0,97-0,99	0,94-0,96	0,94-0,96
Egenskaber med genotypedede køer i referencepopulation	0,88-0,93	0,89-0,92	0,77-0,85	0,87-0,90

De indførte forbedringer i den genomiske prediktion bevirker at cirka 20 % af de genotypedede kvier, ungtyre og køer har en ændring på mere end 4 indekseenheder fra maj til august 2014.

Til effekten af den øgede sikkerhed skal vi også lægge effekten af, at det genetiske niveau er højere (undervurderingen er fjernet) når vi sammenligner genotypedede kvier og ungtyres avlsværdital fra maj og august 2014. Effekten på gennemsnittet er som tidligere nævnt størst for Y-indeks og NTM - cirka 4 enheder for RDC og cirka 2 enheder for jersey.

Der er således samlet set tale om betydelige ændringer i de genomiske avlsværdital for RDC og Jersey. Dette er imidlertid en positiv historie, idet ændringerne skyldes at køer er inddraget i referencepopulationen og har været med til at øge sikkerheden på GEBV'er for Jersey og RDC betydelig, og dermed retfærdiggøre den store investering der er gjort i storskala genotyping af hunde.

Mulighederne for at anvende hundyr i referencepopulationen for endnu flere egenskaber hos RDC og jersey, samt anvendelse af hundyr i referencegruppen hos Holstein vil blive undersøgt i den kommende tid.

### Traditionel avlsværdivurdering

#### Malketid

Rutine avlsværdivurderingen for malketid har indtil maj 2014 været baseret på registreringer af malketid fra spørgeskema og mælkeflow fra danske TruTest målere. Et stigende antal kvægbrug har stationære mælkeålere installeret og flowdata fra disse målere, samt fra Lely malkerobotter i Danmark bliver opsamlet.

Data fra stationære mælkeålere i de tre nordiske lande og Lely malkerobotter i Danmark indgår i rutine avlsværdivurderingen fra 12. august. Mælkeflow data fra de stationære mælkeålere/robotter erstatter – ligesom for TruTest målere – resultater fra spørgeskema, når begge typer af registreringer findes for en ko. Tabel 7 viser antal flow data fra stationære mælkeålere/robotter som indgår i avlsværdiberegningen fra hver land.

Tabel 7. Flow data fra stationære mælkeålere/robotter som indgår i avlsværdiberegningen for malketid.

	Holstein	RDC	Jersey
Danmark	40.000	2.700	2.900
Sverige	17.000	13.000	200
Finland	600	1.100	-

Korrelationen mellem avlsværdital for malketid fra maj og august rutineevalueringen for tyre er meget høj – over 99 % for alle racer. Og bare 15 % af alle tyre har ændringer i avlsværditallet på over en indeksenhed. For køer, hvor den samme fænotype indgår i avlsværdiurderingen er korrelationerne også meget høje, hvorimod korrelationer som forventet er betydelig lavere for køer, hvor registreringer fra de stationære mælkeålere indgår. Korrelationen for denne gruppe af køer er cirka 75 %.

#### Kropskapacitet

Fremover vil betegnelsen kropskapacitet blive anvendt for det avlsværdital der tidligere blev benævnt krop. På engelsk vil betegnelsen Frame blive anvendt

Hos RDC og Jersey er vægte og optimum, der anvendes til beregning af kropskapacitet præcis de samme som hidtil anvendt til beregning af krop. Hos Holstein og DRH anvendes der nye vægte og et teknisk optimum til beregning af kropskapacitet (tabel 8 og 9).

Tabel 8. Optimum og vægte anvendt til beregning af kropkapacitet hos Holstein

	Tidligere Krop		Nuværende Kropkapacitet		
	Avlsmål optimum	Vægt	Avlsmål optimum	Teknisk optimum	Vægt
Størrelse	148	3	148	155	5
Kropsdybde	6	15	6	9	25
Brystbredde	5	15	5	9	30
Malkepræg	6	20	6	9	20
Overlinie	7	12	7	7	0
Krydsbredde	5,5	15	5,5	9	20
Krydsretning	5	20	5	5	0

Tabel 9. Optimum og vægte anvendt til beregning af kropkapacitet hos DRH

	Tidligere Krop		Nuværende Kropkapacitet		
	Avlsmål optimum	Vægt	Avlsmål optimum	Teknisk optimum	Vægt
Størrelse	146	10	146	155	5
Kropsdybde	6,5	20	6,5	9	25
Brystbredde	6	16	6	9	30
Malkepræg	5,5	15	5,5	9	20
Overlinie	7	10	7	7	0
Krydsbredde	6	11	6	9	20
Krydsretning	5,2	8	5,2	5	0

Hos Holstein og DRH er vægtning og optimum for henholdsvis det hidtidige Krop og kropskapacitet noget forskellig, hvilket gør at dyrenes avlsværdital ændrer sig meget. Således er korrelationen mellem det gamle indeks for krop og det nye for kropskapacitet ca. 75%.

## Genetisk base

Avlsværdital for tyre og hundyr er udtrykt på samme kobase. I basen indgår køer født fra 12.08.2009 til 12.08.2011 (gennemsnit 100).

## Genomiske avlsværdital (GEBV'er)

GEBV'er kombinerer genomisk og fænotypisk information. GEBV'er er beregnet for alle sammensatte egenskaber, der indgår i NTM og for NTM, Tabel 10 beskriver hvordan forskellige kategorier af genotypede dyr er håndteret. Alle ikke genotypede dyr får traditionelle avlsværdital.

Tabel 10. Publicering af sammenvejede avlsværdier (GEBV'er) og traditionelle avlsværdital for forskellige kategorier af dyr.

Kategori af dyr		Status	Publiceret avlsværdi
Genotypede tyre	Tyre uden afkomsgruppe undersøgelse	Slagtede	Ingen
		Kvf tyre med et nordisk stambogsnr	<b>GEBV</b> når tyren er mere end 10 mdr på publiceringsdagen
		Kvf tyre med et nordisk stambognummer og en udenlandsk genotype	<b>IB GEBV</b> når tyren er mere end 10 mdr på publiceringsdagen
	Tyre med en nordisk eller en udenlandsk afkomsgruppe undersøgelse	Kvf tyre med en nordisk afkomsundersøgelse	EBV
		Udenlandsk kvf tyre med nordisk stb nr og en udenlandsk afkomsundersøgelse	IB EBV for alle tilgængelige internationale egenskaber, <b>GEBV</b> for egenskaber baseret kun på afstammingsinformation
Genotypede hundyr	Kvier og køer		<b>GEBV</b>

- EBV = Avlsværdital baseret på felldata alene – fænotypisk information
- IB EBV = Interbull avlsværdital baseret på felldata alene – fænotypisk information
- GEBV=Genomic Enhanced breeding value – sammenvejet af genomisk information og fænotypisk information

GEBV'er og EBV'er er sammenlignelige. Genotypede hundyr og ungtyre får publiceret GEBV'er i stedet for EBV'er hvis de opfylder publiceringskravene.

## GMACE

Interbull fortog den første officielle GMACE rutine evaluering den 12. august 2014. Det betyder at Interbull GEBV'er er tilgængelige for genotypede tyre fra de 10 lande der deltager i GMACE.

Interbull avlsværditalene kan findes på NAVs søgeside med Interbull avlsværdital:

<http://www2.mloy.fi/SKJOWeb/WWWjasu/NAV/BullSearch.asp?strLang=DNK&strBreed=&strBirthCountry=&strBirthCountryID=&strName>

## Offentliggørelse af NTM for nordiske og udenlandske tyre

NTM indekset offentliggøres kun for tyre, der har officielle avlsværdital (NAV avlsværdital eller internationale avlsværdital) for ydelse, yversundhed og eksteriør. NAV avlsværdital for delindekserne i NTM er officielle, når de beskrevne sikkerhedsgrænser er passeret og internationale avlsværdital anvendes når Interbull foretager en beregning for tyren. Avlsværdital for delindekserne i NTM

anvendes i følgende prioriterede rækkefølge NAV EBV, Interbull EBV, NAV GEBV, IB-GEBV og afstammingsindeks. For egenskaber uden officielle NAV avlsværdital eller Interbull avlsværdital anvendes et afstammingsindeks.

For tyre med et nordisk stambogsnummer beregnes afstammingsindekset som beskrevet i informationsbrevet udsendt 15. oktober 2008, For udenlandske tyre uden et nordisk stambogsnummer beregnes afstammingsindekset som  $\frac{1}{2}(AVfar -100) + \frac{1}{4}(AVmorfar-100) +100$ . Hvis AVfar eller AVmorfar er uofficielle så sættes afstammingsindekset til 100.

### NAV – frekvens og timing af rutineevaluering

NAV har 4 evalueringer pr. år for alle egenskaber baseret på data fra praksis. I tabel 11 er NAV og INTERBULL publiceringsdatoer for 2014 angivet. NAV udfører yderligere otte genomiske avlsværdiurderinger for at beregne avlsværdital baseret på de nyeste genotyper for tyrekalve og hundyr. De ekstra evalueringer i 2014 finder sted 2.1, 2.3, 2.4, 2.6, 2.7, 2.9, 2.10, 2.12, Efter de ekstra evalueringer bliver genomiske avlsværdital for hundyr opdateret på de nationale kvægdata-baser.

Tabel 11. NAV og Interbull publiceringsdatoer i 2014, Avlsværdital publiceret på NAV datoer angivet med **fed** vil blive afleveret til international avlsværdiurdering,

Måned	2014	
	NAV	INTERBULL
Januar 2014		
Februar 2014	<b>3</b>	
Marts 2014		
April 2014		1
Maj 2014	2	
Juni 2014		
Juli 2014		
August 2014	<b>12</b>	12
September 2014		
Oktober 2014		
November 2014	<b>3</b>	
December 2014		2

Du kan få flere oplysninger om den fælles nordiske evaluering:

Generelt om Nordic Cattle Genetic Evaluering: [www.nordicebv.info](http://www.nordicebv.info)

Kontaktperson: Gert Pedersen Aamand, Tel: +45 87405288 [gap@vfl.dk](mailto:gap@vfl.dk)

Denmark: [www.landbrugsinfo.dk/kvaeg/avl/avlsvaerdital-for-malkekvaeg](http://www.landbrugsinfo.dk/kvaeg/avl/avlsvaerdital-for-malkekvaeg)

Contact person: Ulrik Sander Nielsen, Danish Cattle, Ph, +45 87405289, [usn@vfl.dk](mailto:usn@vfl.dk)

Sverige: [www.sweebv.info](http://www.sweebv.info), [www.vxa.se](http://www.vxa.se)

Kontakt person: Jan-Åke Eriksson, Växa Sverige, Tel +46 010 471 06 26

[Jan-Ake.Eriksson@vxa.se](mailto:Jan-Ake.Eriksson@vxa.se)

Finland: [www.faba.fi](http://www.faba.fi)

Kontakt person: Jukka Poso, Faba, Tel +358- (0) 207472071 [jukka.poso@faba.fi](mailto:jukka.poso@faba.fi)