Nyheter - NAV gemensam Svensk – Finsk – Dansk rutinavelsvärdering 1 november 2016

Den senaste rutinkörningen i NAV-samarbetet för mjölkegenskaper, tillväxt, honlig fruktsamhet, exteriör, juverhälsa, övriga sjukdomar, kalvningsförmåga, mjölkbarhet, lynne, överlevnad, klövhälsa, ungdjursöverlevnad och NTM genomfördes som planerat. NAV gjorde tre körningar per egenskapsgrupp:

Holstein med data från: dansk Holstein, dansk röd Holstein, svensk Holstein, finsk Holstein, finsk Ayrshire och finsk boskap (de två sistnämnda raserna för att öka förbindelserna) .

Röda raser med data från: dansk röd/RDM, svensk röd/SRB, finsk Ayrshire, finsk Holstein och finsk boskap (de två sistnämnda raserna för att öka förbindelserna).

Jersey med data från: dansk Jersey och svensk Jersey (endast avkastning, exteriör, honlig fruktsamhet och kalvning) och finsk jersey (endast honlig fruktsamhet och kalvning).

Utsökningsdatum

Datum för utsökning av data från de nationella databaserna redovisas i tabell 1.

Tabell 1. Datum för utsökning av data från de nationella databaserna

Egenskap	Danmark	Finland	Sverige
Mjölkegenskaper	20160927	20160918	20160923
Exteriör, Mjölkbarhet, Lynne	20160927	20160918	20160923
Honlig fruktsamhet	20160927	20160918	20160924
Juverhälsa och Övrig sjukdomsresistens	20160928	20160918	20160924
Kalvningsförmåga	20160927	20160918	20160924
Överlevnad	20160927	20160918	20160924
Tillväxtegenskaper	20160928	20160918	20160925
Klövhälsa	20160928	20160918	20160923
Ungdjursöverlevnad	20160927	20160918	20160924

Data till genomiska skattningar

Genotyper söktes ut från den nordiska SNP-databasen den 19 oktober 2016. Interbull-resultat från augusti 2016 inkluderades i genomiska avelsvärderingen.

Nyheter i samband med avelsvärderingen

Genomiska avelsvärderingen

Förbättrad standardisering av GEBV, vilket motverkar överskattning och introduktion av polygen effekt i modellen, vilket ger mjukare övergång från GEBV till EBV

Traditionella avelsvärderingen

- Förbättrad avelsvärdering för honlig fruktsamhet
- Förbättrad avelsvärdering för kalvningsförmåga
- Förbättrad avelsvärdering för mjölkproduktionsegenskaper
- Juverkoordinater utnyttjas i avelsvärderingen för juveregenskaper

Fruktsamhet, modell för att hantera effekt av könsseparerad sperma och som inkluderar dräktighetsprocent 'conception rate (CR)'

Huvudsakliga modellförändringen är korrigering för könsseparerad sperma. För tjurarnas EBV är påverkan av mindre storlek eftersom könsseparerad sperma sällan använts mer i en tjurs dottergrupp jämfört med en annan tjurs dottergrupp. Modelländringen har större effekt på enskilda kors EBV. Användningen av könsseparerad sperma är viktig att ta hänsyn till i strävan att alltid skatta säkrast möjliga avelsvärde. Det blir alltmer viktigt eftersom även korna ingår i referenspopulationen som används vid skattningen av GEBV. Övriga förändringar har mindre påverkan.

En fullständig lista med utförda förändringar i November-2016-avelsvärderingen av honlig fruktsamhet redovisas i tabell 2.

Tabell 2. Huvudsakliga skillnaderna mellan November-2016-avelsvärderingen och tidigare avelsvärdering för honlig fruktsamhet

Tidigare fruktsamhets-avelsvärdering	**November 2016 avelsvärderingen**	**Kommentarer**	**Effekt**
Omlöpnings% 'NonReturnRate'	Dräktighetsprocent 'Conception rate (CR)'	EBV för dräktighetsprocent 'conception rate' publiceras i stället för EBV för Omlöpnings%. Dräktighetsprocent definieras som omlöpnings% efter alla inseminationer till skillnad från tidigare omlöpnings% som enbart beräknades för 1:a inseminationen.	Viss påverkan på EBV – men påverkar inte fruktsamhets-indexet
Ingen korrigering för könsseparerad sperma	Korrigering för könsseparerad sperma	Nya modellen korrigerar för användning av könsseparerad sperma för följande egenskaper: Intervall första till sista ins, Antal ins och Dräktighetsprocent.	Liten påverkan på tjurar men större effekt på kor seminerade med könsseparerad sperma
Endast danska Jersey data	Svenska och finska data inkluderade	Fruktsamhetsdata från alla 3 länderna är inkluderade i avelsvärderingen av Jersey	Påverkar svenska och finska Jerseykor
	Förbättrad datakvalitet	Datakvalitén har förbättrats genom att inkludera information om finska dräktighetsundersökningar	Viss påverkan på genetiska trenden för svenska kvigor

		och förbättrad editering av svenska kvigdata.	och finska hondjur
Korrigering för heterosis i RDC och Jersey-avelsvärderingen	Heterosiskorrigering även för Holstein	Heterosiskorrigering för alla tre raserna	Liten effekt

Genomförandet av ändringarna ovan för honlig fruktsamhet orsakade mindre förändringar i EBV.
Korrelationerna mellan gamla och nya fruktsamhetsindexet är över 0.98 för avkommeundersökta tjurar och över 0.97 för kor.
97 % av Holsteintjurarna ändras mindre än 4 enheter, se tabell 3. Motsvarande för RDC och Jersey är 90 % respektive 89 %.
Förändringarna är aningen större för RDC och Jersey jämfört med Holstein på grund av intensivare användning av könsseparerad sperma inom Jersey och relativt fler RDC-tjurar har avkommor i Finland och påverkas av den förbättrade datakvaliteten. Samma mönster ses för kor, se tabell 4.

Tabell 3. Frekvens (%) ändringar i EBV för fruktsamhetsindex mellan November-2016-värderingen och den gamla avelsvärderingen för tjurar födda 2008-2011

Antal enheters förändring i fruktsamhetsindex	Holstein	RDC	Jersey
Mindre än 2	74	58	52
2-3	23	32	37
Större än 3	3	10	11

Tabell 4. Frekvens (%) ändringar i EBV för fruktsamhetsindex mellan November-2016-värderingen och den gamla avelsvärderingen för kor födda efter 2012

Antal enheters förändring i fruktsamhetsindex	Holstein			RDC			Jersey
	Danmark	Sverige	Finland	Danmark	Sverige	Finland	Danmark
Mindre än 2	96.6	87.3	74.1	95.0	91.5	80.2	76.2
2-3	3.3	12.0	11.0	4.8	8.2	8.8	23.1
Större än 3	0.1	0.7	4.9	0.2	0.3	1.6	0.7

Som en konsekvens av harmoniseringen tvärs över länder i Eurogenomics-samarbetet introduceras en ny egenskap, dräktighetsprocent som publiceras i stället för omlöpnings% (non return rate) NRR.
Dräktighetsprocent omfattar omlöpnings% från alla inseminationer jämfört med NRR som endast omfattar omlöpnings% efter första inseminationen. Korrelationen mellan avelsvärden för de båda egenskaperna är ca 0.85. Avelsmålet uttryckt som fruktsamhetsindex är oförändrat dvs dräktighetsprocent är inte inkluderat i fruktsamhetsindexet, vilket även gällde NRR.

Juverkoordinater ökar säkerheten i avelsvärderingen för juverexteriör

Registrering i mjölkningsrobotar sker automatiskt och data kan överföras till databasen och användas i avelsvärderingen.
Data innehåller viktig information om juverexteriören och registreras dagligen. Säkerheten i tjurarnas EBV för juverexteriöregenskaper är hög även utan koordinatdata från

mjölkningsrobotar. För korna bidrar koordinatdata väsentligt till ökad säkerhet. Detta är viktigt i avelsplanering på besättningsnivå och för avelsvärderingen av genomiska avelsvärden eftersom korna ingår I referenspopulationen som är betydelsefull för skattningen av GEBV.

Avelsvärdering av juverexteriöregenskaper har i NAV-samarbetet baserats på linjär klassificering. Allt fler kor mjölkas i automatiska mjölkningssystem, AMS, där juverkoordinater registreras regelbundet. Dessa koordinater kan utnyttjas i samma avelsvärdering som baseras på den linjära 1-9-skalan.

Tyvärr är enbart data från Danmark tillgängliga.

Registreringar från AMS inkluderas som korrelerade egenskaper till 4 linjärt beskrivna egenskaper: spenplacering fram och bak, juverdjup och juverbalans.
AMS-registreringar i intervallet 30-60 dagar efter kalvning i laktation 1-3 beräknas som medeltal.
Juverkoordinater har lagrats i danska databasen sedan 2008. Data består av 53 000 Holsteinkor, 3400 RDC-kor och 3700 Jerseykor.

Spen- och juver-egenskaper från AMS-data uppvisar väsentligt högre arvbarheter än den linjära exteriörbeskrivningen, se tabell 5.

Genetiska korrelationerna mellan juverkoordinater och linjärt beskrivna egenskaperna är från över 0.9 till nära 1, vilket indikerar att det är genetiskt samma egenskaper.
De genetiska parametrarna för juverkoordinater skattade från Holstein-data används till alla 3 raserna.

Tabell 5. Genetiska parametrar för juverexteriöregenskaper baserade på antingen exteriörbedömarnas beskrivningar på linjärskalan eller AMS-data

Egenskap	Arvbarhet Linjärbeskrivning, 1:a laktation			Arvbarhet AMS juverkoordinater, 1:a laktation	Genetisk korrelation, 1:a laktation
	HOL	RDC	Jersey	HOL,RDC, JER	HOL,RDC, JER
Spenplacering fram	0.32	0.27	0.27	0.61	0.91
Spenplacering bak	0.28	0.26	0.26	0.48	0.93
Juverbalans	0.16	0.16	0.16	0.48	0.90
Juverdjup	0.39	0.34	0.34	0.67	0.97

Effekten av att inkludera AMS-data är begränsad för tjurar. Korrelationen mellan EBV från nya respektive gamla modellen är över 0.99. Endast ett fåtal avkommebedömda tjurar med många döttrar med registreringar från AMS ändras mer än 2 indexenheter.

Däremot är förändringen i juverindexet orsakad av att använda AMS-data väsentligt större för kor.
Detta beror på att AMS registreringarna ofta bidrar med stor mängd ny information upp till 3:e laktation för individuella kor.
Effekten beror på hur mycket information som fanns för kon tidigare. Exempelvis är förändringen väldigt stor för kor som tidigare enbart hade härstamningsinformation när AMS-data från 3 laktationer adderas.
Även för kor som tidigare var linjärt exteriörbeskrivna får mer information och EBV kan ändras avsevärt.

Utöver förändringarna ovan har ett fel i avelsvärderingen av Holstein rättats till.
Arvbarheten för Holstein juverbalans var av misstag satt till 0.04. Den korrekta är 0.16. Detta har nu korrigerats och har medfört aningen större förändring i EBV än normalt mellan två avelsvärderingar.

Djurmodell för kalvningsförmåga – fundamental för referenspopulationens kor

Den stora förändringen är övergång till djurmodell, se tabell 6. Det har viss betydelse för tjurarna, men större effekt för individuella kor.
Bytet till djurmodell innebär att kor kan utgöra en betydelsefull del av referenspopulationen som används i skattningen av genomiska avelsvärden för kalvningsförmåga.
Inom NAV förväntar vi oss att testa denna möjlighet under vintern 2016/2017. En förändring i koderna för kalvningsförloppet i svenska data har betydelse för tjurar med huvuddelen av avkommorna i Sverige.
En smärre förändring är att även svensk och finsk Jersey ingår i avelsvärderingen.

Äldre data från Sverige för kalvningsförloppet var kodade i 2 klasser. 2012 infördes 4 klasser, liksom i Danmark och Finland, som gradvis togs i bruk.
Tidigare översattes de fyra klasserna till 2, men från och med 1 november används de 4 klasserna fullt ut som de är i avelsvärderingen.

Tabell 6. Skillnader mellan november-2016-avelsvärderingen och tidigare avelsvärdering för kalvningsförmåga

Tidigare avelsvärdering	**November 2016 avelsvärdering**	**Kommentarer**	**Effekt**
Sire modell	Djurmodell	Korna får avelsvärden med utnyttjad egen information. Kor kan användas i referenspopulationen för genomisk avelsvärdering	Viss effekt på tjurars EBV, men större påverkan på kornas avelsvärden
Svenska data omkodade från 1-4 till 1-2 skala.	Svenska kalvningsförloppdata inte längre omkodade från 1-4		Effekt på tjurar med avkommor i Sverige
Dansk Jersey data	Danska, Svenska och Finska Jersey-data	Kalvningsförmåga från alla 3 länderna inkluderade i Jerseyavelsvärderingen	Svenska och finska kor får mer exakta EBV

Förändringarna medför ändrade EBV för kalvningsförmåga för både tjurar och kor. Korrelationer för avkommebedömda tjurar födda efter 2009 är mellan 0.94 och 0.97. Granskning av korrelationer per land visar att EBV-förändringarna är större för svenska tjurar, tjurar som har huvuddelen av avkommorna i Sverige, se tabell 7.
Korrelationer för svenskfödda tjurar varierar mellan 0.89 och 0.92 vilket indikerar att förändringen är större för svenskfödda tjurar än tjurar födda i Danmark eller Finland. Detta beror på förändringen från 2 till 4 klasser introducerad i Sverige 2012.

Tabell 7. Korrelationer mellan EBV från nya och gamla avelsvärderingen för kalvning för avkommebedömda tjurar födda efter 2009

Tjurens födelse-land	Länderna ihop		DNK		FIN		SWE	
Egen-skap	Kalv-ninar F	Kalvningar maternell	Kalv-ningar F	Kalv-ningar mater-nell	Kalv-ningar F	Kalv-ningar mater-nell	Kalv-ningar F	Kalv-ningar maternell
Holstein	0.95	0.96	0.97	0.97	0.96	0.96	0.89	0.92
RDC	0.96	0.94	0.98	0.94	0.98	0.96	0.92	0.87
Jersey	0.97	0.97						

99 % av Holsteintjurarna ändras 5 indexenheter eller mindre för kalvningar Far. För RDC och Jersey 98 % respektive 93 % av tjurarna ändras max 5 indexenheter för Kalvningar Far. Kalvningar Maternell ändras för 97 % av Holstein-tjurarna med 5 indexenheter eller mindre och motsvarande 91-92 % för RDC respektive Jersey.

Tabell 8. Frekvens (%) EBV-förändringar mellan nya och gamla avelsvärderingen för kalvning för tjurar födda efter 2000

Förändring EBV indexenheter	Holstein		RDC		Jersey	
	Kalvn. F	Kalvning Mat.	Kalvn. F	Kalvning Mat.	Kalvn. F	Kalvning Mat.
Mindre än 3	79	70	81	59	64	60
3-5	20	27	17	32	29	32
Större än 5	1	3	2	9	7	8

Med övergången till djurmodell får korna kalvningsindex baserade även på deras egen förmåga och inte bara från föräldrarna (härstamningsindex).
Detta förklarar att korrelationen mellan nya och gamla kalvningsindexet är 0.80 – 0.85.
Det innebär också att mycket större omrangering sker mellan kor än mellan tjurar.
Korna får nu med andra ord säkrare avelsvärden.
I tabell 9 redovisas förändringar från gamla till nya avelsvärderingen för kor bland annat att 11 % av RDC-korna ändras 6-10 kalvningsindexenheter och 3 % ändras mer än 10 kalvningsindexenheter.

Tabell 9. Frekvens (%) EBV-förändringar från gamla till nya avelsvärderingen för kalvning för kor födda efter 2000

Förändring i EBV indexenheter	Holstein		RDC		Jersey	
	Kalvn. F	Kalvning Mat.	Kalvn. F	Kalvning Mat.	Kalvn. F	Kalvning Mat.
Mindre än 6	77	90	79	86	91	91
6-10	19	9	18	11	7	7
Större än 10	4	1	3	3	2	2

Mjölkavkastning – Förbättrad datahantering

Fett och proteinavkastning baserade på mjölkprover från AMS har större spridning än motsvarande från konventionella mjölkningssystem. I huvudsak beror det på att tidsavståndet mellan mjölkningar varierar mer i AMS än vid konventionell mjölkning. Det är svårt att direkt korrigera för tidsavståndet.

Från och med 1 november korrigeras för skillnaden i spridning för AMS respektive konventionell mjölkning. Begränsad effekt för tjurarna. Förutom denna korrigering har metoden för att upptäcka och hantera extrema data förbättrats. Begränsad effekt på tjurarna men större för enskilda kor.

Korrelationerna mellan gamla och nya EBV är både för kor och tjurar över 0.995, vilket innebär väldigt liten omrangering.
Inga RDC- eller Jersey-tjur ändras mer än 3 mjölkindexenheter och endast 7 Holsteintjurar ändras mer än 3 mjölkindexenheter.
98 % av korna ändras mindre än 2 mjölkindexenheter och väldigt få kor ändras mer än 5 mjölkindexenheter. Kor som ändras mycket hade tidigare avvikande enstaka mjölkprover som nu definierats om och raderats från avelsvärderingen.

Uppgraderad genomisk skattning - polygen effekt inkluderad och reviderad standardisering för att hantera överskattningen av GEBV

NAV-samarbetet introducerar förbättrad genomisk avelsvärdering 1 november. I tabell 10 redovisas en översikt.

Tabell 10. Största skillnaderna mellan tidigare genomiska avelsvärderingen och nya från november 2016

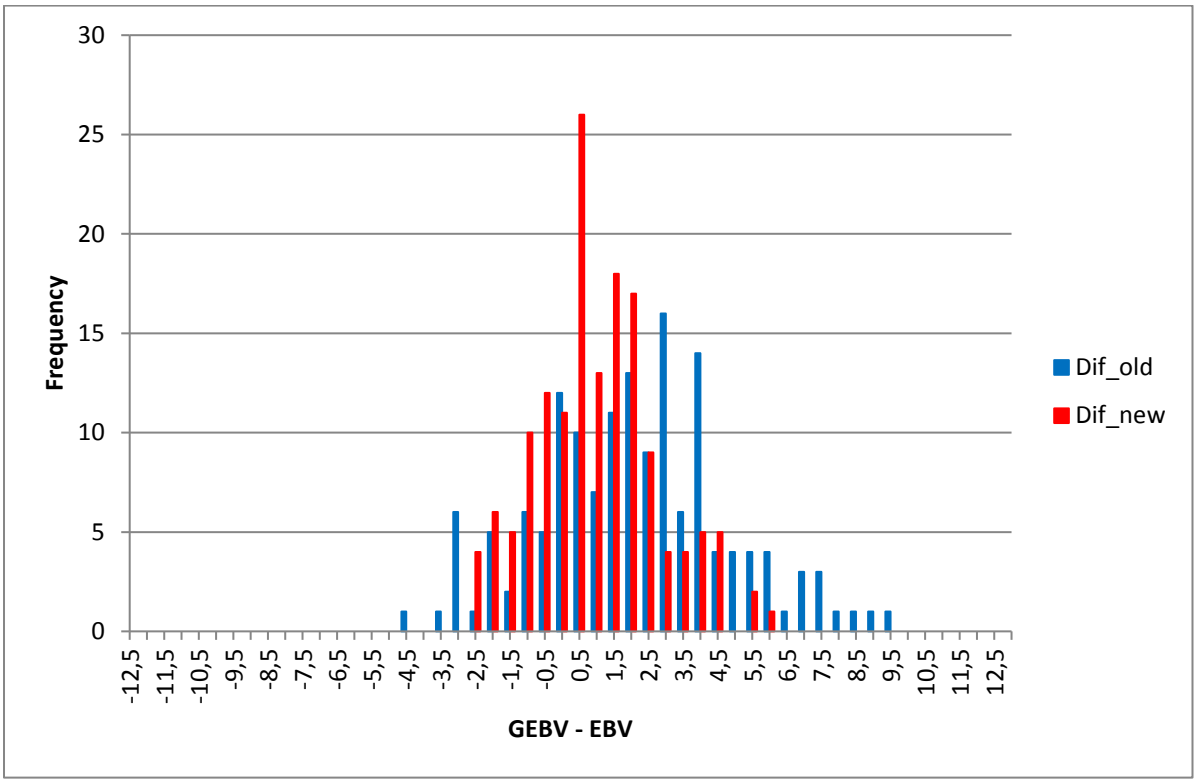
Tidigare modell	November 2016 modell	Kommentar	Effekt
Gamla traditionella modeller för honlig fruktsamhet, mjölkproduktion, kalvning och juverexteriör	Förbättrade modeller för honlig fruktsamhet, mjölkproduktion, kalvning och juverexteriör		Modelländringar i traditionella avelsvärderingen skapar förändringar av samma magnitud såväl för GEBV som kan ses för EBV
	GEBV standardisering förbättrad till att hantera ackumulerande överskattningen för yngsta individerna orsakad av överskattad genetisk trend	Genomiskt testade unga tjurar och kvigor får lägre GEBV motsvarande observerad överskattning	Mindre effekt på rangordningen av genomiskt testade unga tjurar och kvigor inom födelseår, men genetiska nivån sänkt för yngre genotypade individer
Genotyper (SNPs) förväntade att förklara all genetisk variation	Polygen effekt på 10 % - genotyper (SNPs) förväntade att förklara 90 % av genetiska variationen	Aningen mindre vikt på genomiska informationen – större vikt på härstamning + egen information /dotterinformation	Har mindre effekt på GEBV för genotypade kor och tjurar utan eller med små avkommegrupper

Polygen effekt

Vid granskning av avelsvärderingsutfall upptäcktes för stor skillnad mellan EBV baserade på enbart dottergruppsinformation och GEBV baserade på dottergruppsinformation och genomisk information för tjurar med stora dottergrupper (över 90 % säkerhet).
Detta illustreras med blå staplar i figur 1.
I diagrammet kan det ses att några Holsteintjurar har mer än 8 enheters skillnad mellan GEBV och EBV. Detta berodde på vikten på genomiska informationen i genomiska avelsvärderingen var alltför hög. Effekten blev att tjurar med positiv genomisk information för en given egenskap i vissa fall hade för höga GEBV trots stor mängd döttrar inberäknade. Omvänt hade vissa tjurar med negativ genomisk information för en given egenskap alltför lågt GEBV när dotterinformation inkluderades.
För att hantera detta inkluderades en polygen effekt i modellen. I praktiken reduceras vikten på genomiska informationen och mer vikt placeras på dottergruppsinformationen.

En konsekvens av detta blir att övergången från enbart genomisk information till genomisk information plus dottergruppsinformation till enbart dottergruppsinformation blir mjukare utan stora hopp.
Tidigare tilläts i den genomiska modellen att den genomiska informationen förklarade 100 % av den genetiska variationen. Med en polygen effekt på 10 % kan genomiska informationen förklara max 90 % av den totala genetiska variationen.
Informationen från en oändligt stor dottergrupp kan däremot förklara hela genetiska variationen. Tekniken med en polygen effekt används i en majoritet av världens länder.

Resultatet av att inkludera en polygen effekt i modellen för Holstein protein visas med röda staplar i figur 1. Fördelningen är smalare än fördelningen med de blå staplarna, helt enligt teorin.
Samma utfall som illustreras för Holstein proteinproduktion observeras för alla egenskaper och för RDC och Jersey. En polygen effekt har inkluderats för alla egenskaper och alla raser.



Figur 1. Utfall i en modell med polygen effekt (Dif_new) eller utan polygen effekt (Dif_old) på 10 % av skillnaden mellan EBV och GEBV för proteinproduktion för Holsteintjurar med säkerhet på EBV >90 % (utredningen är utförd före korrigering av spridningen), 152 tjurar födda efter 2010.

Förbättrad standardisering av GEBV

Den genetiska trenden har överskattats för genomiskt testade unga individer för flera egenskaper i alla tre raserna.
Överskattningen kan elimineras genom att förbättra metoden för korrigering av GEBV-variansen. Tidigare har variationen standardiserats inom år. Nu standardiseras även

genetiska trenden över år genom att använda de två senaste födelseårklasserna av tjurar med avkastande döttrar som bas för genetiska trenden år från år.
I praktiken innebär det att genetiska trenden reduceras med samma faktor som spridningen inom år reduceras med och därmed reduceras genetiska nivån för genotypade tjurar och hondjur. Effekten är störst för de yngsta individerna.

Alla förändringarna i både traditionella och genomiska avelsvärderingarna påverkar NTM för alla genomiskt testade individer.
Förbättringar i traditionella avelsvärderingen orsakar omrangering av alla genomiskt testade individer, polygena effekten ger en mjukare övergång mellan avelsvärdets olika stadier av informationsmängd och är speciellt viktigt avseende genotypade kor och färskt avkommeprövade tjurar.
Förbättrad standardisering påverkar främst unga genomiskt testade semintjurar och genomiskt testade kvigor.

Resultatet av alla tre förändringarna, se tabell 10, påverkar avelsvärdena för individer med genomisk information. I tabellerna 11-13 redovisas effekterna på NTM och de enskilda egenskaperna i NTM för semintjurar födda 2015 för Holstein, RDC och Jersey.

Effekterna på mjölkproduktionsegenskaperna är mellan 2.6 – 3 indexenheter för de 3 raserna. För Överlevnad Holstein har överskattningen uppnått 6.6 indexenheter och 3 indexenheter för RDC. Generellt är överskattningen 0 - 2 indexenheter för delegenskaperna i NTM. Eftersom individer med höga NTM har positiva avelsvärden för de flesta egenskaperna är överskattningen relativt större för NTM än för de enskilda egenskaperna. 4.7 för Holstein, 4.3 för RDC och 2.5 för Jersey – tjurar födda 2015.

Tabell 11. Nya GEBV, gamla GEBV och skillnaden ($GEBV_{nya}$ – $GEBV_{gamla}$) för 99 Holstein semintjurar födda 2015

Egenskap	**Nya GEBV**	**Gamla GEBV**	**Skillnad**
Mjölkindex	115.1	118.1	-3.0
Mjölkmängd	108.3	109.9	-1.7
Fettmängd	114.8	116.8	-2.0
Proteinmängd	113.8	116.8	-3.1
Tillväxt	99.6	99.6	-0.1
Fruktsamhet	108.9	110.6	-1.7
Kalvningar Far	105.5	106.8	-1.3
Kalvningar Maternell	109.2	110.2	-1.1
Juverhälsa	109.4	111.2	-1.8
Övrig sjukdomsresistens	106.9	107.5	-0.7
Kroppsstorlek	105.7	105.4	0.3
Ben	108.5	109.1	-0.6
Juver	117.3	117.2	0.1
Mjölkbarhet	106.7	107.1	-0.5
Temperament	105.2	105.2	0.1
Överlevnad	114.2	120.8	-6.6
Klövhälsa	107.4	108.3	-0.9
Ungdjursöverlevnad	101.4	102.8	-1.3
NTM	**28.7**	**33.4**	**-4.7**

Tabell 12. Nya GEBV, Gamla GEBV och Skillnad ($GEBV_{nya}$ – $GEBV_{gamla}$) för 98 RDC semintjurar födda 2015

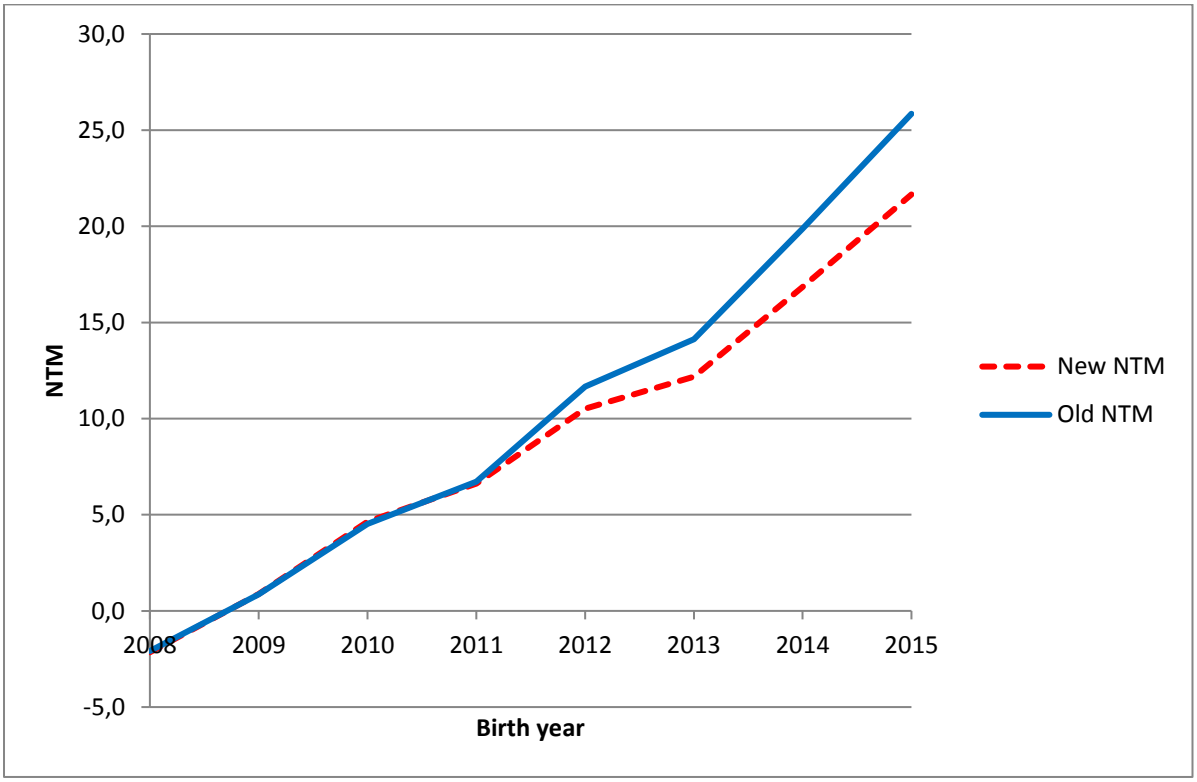
Egenskap	Nya GEBV	Gamla GEBV	Skillnad
Mjölkindex	112.4	115.3	-2.9
Mjölkmängd	106.9	109.0	-2.0
Fettmängd	110.8	112.9	-2.1
Proteinmängd	111.9	115.0	-3.1
Tillväxt	99.5	99.6	-0.1
Honlig fruktsamhet	104.1	104.7	-0.6
Kalvningar Far	102.6	103.3	-0.7
Kalvningar Maternell	103.5	104.8	-1.3
Juverhälsa	107.8	109.1	-1.3
Övrig sjukdomsresistens	105.4	106.0	-0.6
Kroppsstorlek	103.9	103.9	0.0
Ben	106.9	108.8	-1.9
Juver	110.3	11.3	-1.0
Mjölkbarhet	106.9	106.9	0.0
Temperament	102.5	103.3	-0.8
Överlevnad	111.9	114.4	-3.0
Klövhälsa	102.6	103.0	-0.3
Ungdjursöverlevnad	99.7	99.6	0.1
NTM	**22.1**	**26.4**	**-4.3**

Tabell 13. Nya GEBV, Gamla GEBV och Skillnad ($GEBV_{nya}$ – $GEBV_{gamla}$) för 49 Jersey semintjurar födda 2015

Egenskap	Nya GEBV	Gamla GEBV	Skillnad
Mjölkindex	111.5	114.1	-2.6
Mjölkmängd	104.6	105.7	-1.1
Fettmängd	109.5	111.9	-2.4
Proteinmängd	110.6	112.3	-1.7
Tillväxt	99.1	99.5	-0.3
Honig fruktsamhet	102.6	102.6	0.1
Kalvningar Far	100.4	100.0	0.4
Kalvningar Maternell	103.3	104.3	-1.0
Juverhälsa	107.2	107.6	-0.4
Övrig sjukdomsresistens	100.3	100.1	0.2
Kroppsstorlek	106.7	107.6	-0.9
Ben	104.3	104.3	-0.1
Juver	109.2	108.6	0.5
Mjölkbarhet	101.7	103.0	-1.3
Temperament	100.1	100.6	-0.5
Överlevnad	108.1	108.9	-0.8
Klövhälsa	-	-	-
Ungdjursöverlevnad	-	-	-
NTM	**17.3**	**19.8**	**-2.5**

För genomiskt testade unga tjurar födda 2012-2014 är reduktionen i avelsvärdena mindre än för tjurar födda 2015 eftersom effekten av standardiseringen är mindre.

Detta är illustrerat i figur 2 (NTM för RDC). Notera att genetiska nivån är oförändrad för avkommeundersökta tjurar (upp till födelseår 2012). Reduktionen av NTM blir liknande för genomiskt testade kvigor som för unga tjurarna.



Figur 2 Illustrering av effekten av förbättrad standardisering av genetiska trenden. RDC NTM. Notera den större effekten I de yngsta födelseårgångarna.

Individuella NTM förändras på grund av standardiseringen, men omrangering sker även på grund av förändringarna av traditionella avelsvärderingen för kalvningsförmåga, fruktsamhet, juverexteriör och mjölkproduktion. I tabell 14 redovisas korrelationerna mellan nya och gamla NTM för genomiskt testade semintjurar och hondjur. Korrelationerna för tjurar är aningen lägre än för kvigorna för alla 3 raserna vilket är förväntat eftersom tjurarna är starkare selekterade.

Tabell 14. Korrelationer mellan NTM från nya respektive gamla avelsvärderingen för semintjurar födda 2013-2015 och hondjur födda efter 2010

	Tjurar	Kvigor	Kor
Holstein	0.95	0.98	0.98
RDC	0.95	0.98	0.98
Jersey	0.96	0.98	0.99

I tabell 15-17 redovisas fördelningen av förändringarna i NTM för genomiskt testade unga tjurar (tabell 15), genomiskt testade kvigor (tabell 6) och genomiskt testade kor (tabell 17).

Tabell 15. Frekvens (%) förändringar i NTM mellan nya och gamla avelsvärderingen för genomiskt testade semintjurar födda 2015

Förändring i NTM	Holstein	RDC	Jersey
-10	0.0	0.0	0.0
-9	0.0	0.0	0.0
-8	2.2	0.0	0.0
-7	3.2	4.1	0.0
-6	18.3	10.2	2.0
-5	33.3	33.7	0.0
-4	26.9	22.4	12.2
-3	8.6	20.4	34.7
-2	7.5	8.2	30.6
-1	0.0	1.0	20.4
0	0.0	0.0	0.0
Medelförändring	-4.7	-4.3	-2.5

Tabell 16. Frekvens (%) förändring i NTM mellan nya och gamla avelsvärderingen för genomiskt testade kvigor födda 2015

Förändring i NTM	Holstein	RDC	Jersey
-10	0.0	0.0	0.0
-9	0.1	0.0	0.0
-8	0.9	0.1	0.0
-7	5.5	0.8	0.0
-6	15.3	3.9	0.2
-5	26.8	13.8	1.4
-4	27.6	27.5	10.0
-3	16.5	29.9	29.5
-2	5.9	17.8	34.9
-1	1.3	5.1	19.6
0	0.2	1.0	4.2
1	0.0	0.1	0.3
Antal	10,956	10,218	4,077

Tabell 17. Frekvens (%) förändringar i NTM mellan nya och gamla avelsvärderingen för genomiskt testade kor födda efter 2010

Förändring i NTM	Holstein	RDC	Jersey
-10	0.00	0.00	0.0
-9	0.00	0.00	0.0
-8	0.01	0.00	0.0
-7	0.20	0.00	0.0
-6	1.20	0.11	0.0
-5	4.74	0.62	0.0
-4	12.75	2.94	0.1
-3	22.70	9.80	1.6
-2	26.10	21.19	8.2
-1	18.95	26.92	23.1
0	9.40	22.20	33.2
1	3.26	11.47	24.2
2	0.56	3.78	8.2
3	0.12	0.81	1.3
4	0.01	0.13	0.1
5	0.00	0.01	0.0
Antal	16,364	20,220	12,704

Genetisk bas

Avelsvärden för tjurar och kor är jämförda mot samma kobas. Vid denna körning är kobasen (medelavelsvärde=100) kor födda från 1:a november 2011 till 1:a november 2013.

Publicering av NTM för Nordiska och importerade tjurar

NTM publiceras om tjuren har officiella EBV (NAV (G)EBV eller internationellt (G)EBV beräknat av Interbull) för Mjölkegenskaper, Juverhälsa och Exteriöregenskaper. NAV EBV blir officiellt om given säkerhet är uppnådd och för internationell EBV (Interbullberäknade EBV) att Interbull EBV finns för enskilda tjuren.
NAV-härstamningsindex beräknas om NAV (G)EBV eller Interbull (G)EBV saknas.

Beräkningen av NAV härstamningsindex är beskrivet i nyhetsbrevet oktober 2008 information om rutinavelsvärdering. Importtjurar med nordiskt stamboksnummer får härstamningsindex enligt ½(EBVfar-100) +1/4(EBVmorfar-100) +100. Om EBVfar eller EBVmorfar inte är officiellt används 100.

Officiella GEBV för semintjurar använda i Danmark, Finland eller Sverige publiceras på 'NAV bull search', https://nordic.mloy.fi/navbull, NAVET. Importtjurar registrerade för seminanvändning i Danmark, Finland eller Sverige får från och med 3 maj GEBV för alla Interbull-egenskaper, men för att få GEBV för klövhälsa, ungdjursöverlevnad, övrig sjukdomsresistens och köttindex krävs speciellt avtal.

Officiella NAV GEBV för importtjurar som inte är använda i semin i Danmark, Finland eller Sverige publiceras på http://www.nordicebv.info/genomic-evaluation/ . Detta Excel-dokument inkluderar även GEBV för semintjurar använda i Danmark, Finland eller Sverige. Excel-

dokumentet inkluderar semintjurar 10 månader till 5 år gamla vid publiceringstidpunkten och är i huvudsak avsett för utländska intressenter.

Interbull EBV/GEBV publiceras på NAV Interbull sida https://nordic.mloy.fi/InterBull. Från och med april 2016 publicerar inte NAV NTM baserat på GMACE GEBV, eftersom Interbull-reglementet inte kräver att medlemsländer beräknar samlat totalavelsvärde baserat på Interbull GEBV, och det är inte heller vanligt att göra det internationellt.

NAV söksida med tjurars avelsvärden

Inom NAV-samarbetet med Danmark, Finland och Sverige har en ny websida introducerats för publicering av tjurars avelsvärden.
Gå till www.sweebv.info Välj NAVET i vänstermenyn eller via NAV http://www.nordicebv.info

Tidsplan för NAV-avelsvärdering och Interbull internationell avelsvärdering

NAV utför 4 avelsvärderingar per år inkluderande både genomiska och fenotypiska data. NAV utför 8 extra genomiska avelsvärderingar och GEBV publiceras med senaste informationen för genomiskt analyserade hondjur och tjurar. Från och med 2015 publiceras avelsvärderingsresultat första tisdagen i varje månad. I tabell 18 redovisas publiceringsdatum för 2016/2017.

Tabell 18. NAV och INTERBULL publiceringsdatum 2016. Avelsvärden publicerade vid fetstilade datum levereras även till Interbull internationella avelsvärdering

	2016/2017		
Månad	**NAV GEBV/ EBV**	**INTERBULL**	**NAV GEBVUPPDATERING**
November 2016	**1**		
December 2016		6	6
Januari 2017			3
Februari	**7**		
Mars			7
April		4	4
Maj	2		
Juni			8
Juli			4
Augusti	**8**	8	
September			5
Oktober			3
November	**7**		
December 2017		5	5

För mer information om NAV-gemensam svensk-dansk-finsk avelsvärdering kontakta:

Generell information om Nordic Cattle Genetic Evaluation: www.nordicebv.info
Kontaktperson: Gert Pedersen Aamand, Ph. +45 87405288 gap@seges.dk,

Danmark: https://www.landbrugsinfo.dk
Kontaktperson: Ulrik Sander Nielsen, Seges, Cattle, Ph. +45 87405289, usn@seges.dk

Sverige: www.sweebv.info**,** www.vxa.se
Kontakt person: Jan-Åke Eriksson, Växa Sverige, Ph. +46 (0)10-471 06 26
jan-ake.eriksson@vxa.se

Finland: www.faba.fi
Kontaktperson: Jukka Pösö, Faba, Ph. +358-(0)207472071 jukka.poso@faba.fi