

Uutisia – NAVin rutiiniarvostelu

1. marraskuuta 2016

Uudet pohjoismaiset jalostusarvostelut on laskettu NTM-kokonaisjalostusarvolle, tuotos- ja rakenneominaisuuksille, hedelmällisyydelle, utareterveydelle, muille hoidoille, lypsettävyydelle, vuodolle ja luonteelle, poikimaominaisuuksille, kasvulle, kestävyydelle, vasikan elinvoimalle ja sorkkaterveydelle. NAV laskee arvostelut roturyhmittäin:

Holsteinarvostelu, mukana olevat rodut: Tanskan holstein, Tanskan punainen holstein, Ruotsin holstein ja Suomen holstein. Suomen ayrshire ja suomenkarja ovat mukana holsteinarvostelussa vain tuomassa lisäinformaatiota. Tanskassa punaiset holsteinit käsitellään omana rotunaan (indeksit standardoidaan omaan rotukeskiarvoon), Suomessa ja Ruotsissa kaikki holsteinit käsitellään samana rotuna.

Punaisten rotujen (RDC) arvostelu, mukana olevat rodut: Tanskan punainen (RDM), Ruotsin punakirjava rotu (SRB), Suomen ayrshire ja suomenkarja. Suomen holstein on mukana arvostelussa vain tuomassa lisäinformaatiota.

Jerseyarvostelu, mukana oleva rodut: Tanskan jersey, Ruotsin jersey (vain tuotos- ja rakenne-, hedelmällisyys ja poikimaominaisuuksien arvostelu) ja Suomen jersey (vain hedelmällisyys- ja poikimaominaisuuksien arvostelu).

Muutoksia NAV-arvosteluun

Genomiarvostelu

Genomisten jalostusarvojen standardointia on parannettu ja genomitiedon painoarvoa on vähennetty

Jälkeläisarvostelu

- Seuraavien ominaisuuksien jalostusarvostelua on päivitetty: hedelmällisyys, poikimaominaisuudet ja tuotos
- Lypsyroboteilta saatavia utarerakennetietoja on hyödynnettyä utarerakenneominaisuuksien jalostusarvostelussa

Muutokset tytärhedelmällisyyden jalostusarvosteluun

Tärkein muutos on, siementyyppin vaikutuksen huomioinen arvostelumallissa. Tällä ei ole juurikaan vaikutusta sonnien jalostusarvoihin, mutta muutoksella on suurempi vaikutus yksittäisten lehmien jalostusarvoihin erityisesti silloin, jos lehmä on siennetty seksatulla siemenellä. On erittäin tärkeää, että lehmillä on mahdollisimman luotettavat jalostusarvot, koska lehmät ovat mukana genomisen arvostelun referenssipopulaatiossa.

EuroGenomics-yhteistyöhön osallistuvat maat harmonisoivat jalostusarvostelujaan ja tämän takia uusimattomuus (non return rate, NRR) on korvattu tiinehtymisellä (conception rate, CR) hedelmällisyysarvostelussa. Tiinehtyminen kuvaa jokaisen yksittäisen siemennyksen onnistumista, kun taas uusimattomuus kuvasi vain aloitussiemennyksen onnistumista. Uusimattomuuden ja tiinehtymisen jalostusarvojen välinen korrelaatio on noin 0.85. Tiinehtyminen ei ole mukana hedelmällisyysindeksissä, joten hedelmällisyyden jalostustavoite on ennallaan.

Taulukkoon 1 on koottu kaikki hedelmällisyysarvosteluun tehdyt muutokset ja niiden vaikutukset.

Taulukko 1. Hedelmällisyysarvosteluun tehdyt muutokset ja niiden vaikutukset.

| Vanha arvostelu | Marraskuun 2016 arvostelu | Kommentit | Vaikutus |
|--|---|--|---|
| Uusimattomuus (NRR) | Tiinehtyminen (CR) | Uusimattomuus korvataan tiinehtymisellä. Tiinehtyminen kuvaa jokaisen yksittäisen siemennyksen onnistumista eikä vain aloitussiemennyksen kuten uusimattomuus. | Vähän vaikutuksia jalostusarvoihin – ei vaikutusta hedelmällisyysindeksiin |
| Siementyyppin vaikutusta ei huomioitu | Siementyyppin vaikutus huomioidaan | Uusi arvostelumalli ottaa huomioon siementyyppin vaikutuksen seuraavissa ominaisuuksissa: Aika 1. siem. viimeiseen, siemennysten lkm, tiinehtyminen. | Pieni vaikutus sonnien jalostusarvoihin, mutta merkittävä vaikutus erityisesti niille lehmillä, joita on siemennetty seksatulla siemenellä. |
| Tanskan jersey | Suomen ja Ruotsin jersey mukana | Arvostelussa on mukana jersey-lehmien havainnot kaikista kolmesta maasta | Vaikuttaa suomalaisiin ja ruotsalaisiin jersey-lehmiin. |
| | Aineiston laatua parannettu | Laskenta-aineistossa on nyt mukana Suomesta tiineystulostiedot ja Ruotsin hiehoaineiston editointia on parannettu. | Pieni vaikutus suomalaisten lehmien tuloksiin ja ruotsalaisten hieho-ominaisuuksien perinnölliseen edistymiseen |
| RDC ja jersey-arvostelussa huomioidaan heteroosivaikutus | Myös holsteinilla huomioidaan heteroosivaikutus | Kaikilla roduilla arvostelussa huomioidaan heteroosivaikutus | Pieni vaikutus |

Taulukossa 1 listatuilla muutoksilla on vähäinen vaikutus hedelmällisyyden jalostusarvoihin. Korrelaatiot vanhan ja uuden hedelmällisyysindeksin välillä ovat yli 0.98 jälkeläisarvostelluilla sonneilla ja yli 0.97 lehmillä. Holstein-sonneista 96 prosentilla hedelmällisyysindeksi muuttuu vähemmän kuin 4 indeksipistettä. Vastaavasti RDC:llä ja jerseyllä noin 90 prosentilla indeksi muuttuu vähemmän kuin 4 indeksipistettä. Havaitut muutokset ovat hieman suurempia RDC:llä ja jerseyllä verrattuna holsteiniin, koska erityisesti jerseyllä käytetään yleisemmin seksattua siementä ja suhteellisesti suuremmalla osalla RDC-sonneja on jälkeläisiä Suomessa. Lehmillä on havaittu samanlaisia muutoksia eli holsteinilehmillä on vähemmän ja pienempiä muutoksia kuin RDC- ja jersey-lehmillä.

Taulukko 2. Muutosten osuudet (%) sonneilla, joiden hedelmällisyysindeksi on muuttunut marraskuun 2016 arvostelussa verrattuna elokuun 2016 arvosteluun. Sonnit ovat syntyneet vuosina 2008 – 2011.

| Muutos hedelmällisyysindeksissä (indeksipisteinä) | Holstein | RDC | Jersey |
|---|----------|-----|--------|
| Alle 2 | 74 | 58 | 52 |
| 2-3 | 23 | 32 | 37 |
| Yli 3 | 3 | 10 | 11 |

Taulukko 3. Osuus (%) lehmistä, joiden hedelmällisyysindeksi on muuttunut marraskuun 2016 arvostelussa verrattuna elokuun 2016 arvosteluun. Lehmät ovat syntyneet vuodesta 2012 lähtien.

| Muutos hedelmällisyysindeksissä (indeksipisteinä) | Holstein | | | RDC | | | Jersey |
|---|----------|--------|-------|--------|--------|-------|--------|
| | Tanska | Ruotsi | Suomi | Tanska | Ruotsi | Suomi | Tanska |
| Alle 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 |
| Yli 3 | 0.1 | 0.7 | 4.9 | 0.2 | 0.3 | 1.6 | 0.7 |

Utarekoordinaatit mukaan utarerakenteen jalostusarvosteluun

Utarerakenteen kuten muidenkin rakenneominaisuuksien jalostusarvostelu on perustunut pelkästään subjektiivisesti tehtyyn lineaariseen rakennearvostelusysteemiin. Utarerakenteominaisuuksia on kuitenkin mahdollista arvioida lypsyroboteilta saatavien utarerakennemittausten (AMS-mittaus) perusteella. Robotit keräävät aineistoa utarerakenteesta päivittäin ja yhä useampi lehmä lypsetään robotilla. AMS-mittaukset lisätään arvostelumalliin korreloituneina ominaisuuksina neljälle utarerakenteominaisuudelle: etu- ja takavedinten sijainti, tasapaino ja muoto. Mittaukset huomioidaan kolmelta ensimmäiseltä lypsykaudelta ja keskiarvona 30 – 60 päivää poikimisen jälkeen.

Lypsyroboteilta saatavaa utarerakenteaineistoa saadaan vain Tanskasta. Havaintoja on kertynyt eri rotujen lehmille vuodesta 2008 lähtien seuraavasti: HOL 53.000, RDC 3.400 ja JER 3.700.

Lypsyroboteilta saatavien utarerakenteominaisuuksien periytymisasteet ovat korkeampia kuin lineaarisesti arvosteltujen utarerakenteominaisuuksien (Taulukko 4.). Lineaaristen utarerakenteominaisuuksien ja AMS-mittausten välinen korrelaatio on yli 0.90, joten ominaisuudet ovat geneettisesti samat. Holstein aineiston perusteella laskettuja geneettisiä tunnuslukuja (periytymisasteet ja geneettiset korrelaatiot) käytetään kaikille roduille.

Taulukko 4. Utarerakenteominaisuuksien perinnölliset tunnusluvut, kun ominaisuus on arvosteltu lineaarisesti tai lypsyrobotilla (AMS-mittaus).

| Ominaisuus | Periytymisaste Lineaarinen arvostelu, 1. lypsykausi | | | Periytymisaste AMS-mittaus, 1. lypsykausi | Geneettinen korrelaatio, 1. lypsykausi, |
|-----------------------|---|------|--------|--|---|
| | HOL | RDC | Jersey | HOL,RDC, JER | HOL,RDC, JER |
| Eturvedinten sijainti | 0.32 | 0.27 | 0.27 | 0.61 | 0.91 |
| Takavedinten sijainti | 0.28 | 0.26 | 0.26 | 0.48 | 0.93 |
| Tasapaino | 0.16 | 0.16 | 0.16 | 0.48 | 0.90 |
| Muoto | 0.39 | 0.34 | 0.34 | 0.67 | 0.97 |

AMS-mittausten sisällyttämisellä utarerakenteearvosteluun on vähäinen vaikutus sonnien jalostusarvoihin, koska sonneilla on jo erittäin korkea arvosteluvarmuus utarerakenteominaisuuksissa. Korrelaatiot marraskuun 2016 jalostusarvostelun ja aiemman arvostelun välillä ovat yli 0.99. Vain muutamalla jälkeläisarvostelun saaneella sonnilla muutos on enemmän kuin kaksi indeksipistettä. Näillä sonneilla on useita tyttäriä, joilla on AMS-mittauksia.

AMS-mittauksilla on suurempi vaikutus lehmien jalostusarvoihin. Tämä johtuu siitä, että AMS-mittauksia on paljon yksittäisellä lehmällä ja näin ollen lehmä saa paljon lisäinformaatiota. AMS-mittausten vaikutus riippuu myös siitä, miten paljon lehmältä on lineaarisia mittauksia. Jos lehmällä on ollut aikaisemmin vain sukulaisuustietoja utarerakenteen jalostusarvostelussa ja nyt sille on tullut useita AMS-mittauksia kolmelta ensimmäiseltä lypsykaudelta, niin lehmän utarerakenteindeksi saattaa muuttua huomattavasti. Myös lineaarisesti rakennearvosteltujen lehmien jalostusarvot saattavat muuttua, koska niillekin tulee paljon lisää havaintoja laskenta-aineistoon.

Utarerakenteen jalostusarvosteluun on tehty toinenkin muutos. Holsteinilla on aikaisemmin käytetty liian alhaista (0.04) periytymisastetta utareen tasapainon jalostusarvostelussa. Tämä virhe on nyt korjattu ja oikea

periytymisaste 0.16 on otettu käyttöön. Tämä korjaus aiheuttaa hieman normaalia suurempia muutoksia holstein-sonnien ja -lehmien jalostusarvoihin kuin mitä normaalisti nähdään arvostelujen välillä.

Poikimaominaisuuksissa otettiin käyttöön eläinmalli

Poikima- ja syntymäominaisuuksien jalostusarvostelussa otettiin käyttöön eläinmalli. Tällä muutoksella on vähäinen vaikutus sonnien jalostusarvoihin. Vaikutus on suurempi lehmien jalostusarvoihin, koska nyt lehmät saavat niiden omiin ja sukulaisten tuloksiin perustuvat jalostusarvot poikima- ja syntymäominaisuuksissa. Eläinmallin käyttöön otto mahdollistaa myös sen, että lehmät voidaan ottaa mukaan poikima- ja syntymäominaisuuksien genomisen arvostelun referenssipopulaatioon. NAV tulee testaamaan tätä talven aikana.

Taulukkoon 5 on koottu kaikki poikima- ja syntymäominaisuuksien arvosteluun tehdyt muutokset ja niiden vaikutus.

Ruotsin vanha poikimavaikeusasteikko oli kaksiportainen, 1 – 2. Vuodesta 2012 alkaen Ruotsissa alettiin siirtää neliportaiseen asteikkoon, 1 – 4. Sama asteikko on käytössä Tanskassa ja Suomessa. Aiemmin Ruotsin 1 – 4 asteikon aineisto on uudelleen koodattu kahteen luokkaan ennen jalostusarvojen laskentaa, jotta se sopii yhteen Ruotsin vanhan aineiston kanssa. Marraskuun arvostelussa uudelleen koodausta ei enää tehty ja Ruotsin poikimavaikeusaineisto on asteikolla 1 – 4.

Taulukko 5. Poikima- ja syntymäominaisuuksien jalostusarvosteluun tehdyt muutokset ja niiden vaikutukset.

| Vanha arvostelu | Marraskuun 2016 arvostelu | Kommentit | Vaikutus |
|---|---|--|--|
| Isämalli | Eläinmalli | Lehmien jalostusarvot perustuvat niiden omiin ja sukulaisten tuloksiin. Lehmät voidaan ottaa mukaan genomisen arvostelun referenssipopulaatioon. | Vähäinen vaikutus sonnien jalostusarvoihin, suurempi vaikutus lehmien jalostusarvoihin |
| Ruotsin poikimavaikeusasteikko 1-4 on uudelleen koodattu asteikolle 1-2 | Ruotsin poikimavaikeusasteikko 1 – 4 käytössä | | Vaikuttaa sonneihin, joilla on jälkeläisiä Ruotsissa |
| Tanskan jersey | Tanskan, Ruotsin ja Suomen jersey | Poikima- ja syntymäaineistoa kaikista kolmesta maasta käytetään jersey-arvostelussa | Vaikuttaa suomalaisiin ja ruotsalaisiin jersey-lehmiin. |

Poikimaominaisuuksien arvosteluun tehdyt muutokset aiheuttavat hieman muutoksia sonnien ja lehmien jalostusarvoihin. Jälkeläisarvostelluilla sonneilla korrelaatiot uuden ja vanhan arvostelun välillä ovat 0.94 – 0.97. Ruotsalaisilla sonneilla muutoksia on enemmän, koska suurin osa niiden jälkeläisistä on Ruotsissa ja asteikon muutos vaikuttaa niiden tuloksiin (Taulukko 6).

Taulukko 6. Uuden ja vanhan arvostelun väliset jalostusarvojen korrelaatiot poikima- ja syntymäominaisuuksille, vuoden 2009 jälkeen syntyneet jälkeläisarvostellut sonnit.

| Sonnin syntymämaa | Kaikki maat | | DNK | | FIN | | SWE | |
|-------------------|-------------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|---------|
| | Syntymä | Poikima | Syntymä | Poikima | Syntymä | Poikima | Syntymä | Poikima |
| 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 | | | | | | |

Suurimmalla osalla sonneista muutokset poikima- ja syntymäominaisuuksien jalostusarvoissa ovat hyvin pienet. Alle neljän indeksipisteen muutoksia syntymäindeksissä on holsteinsonneista 99 prosentilla (Taulukko 7). RDC- ja JER-sonneilla on hieman enemmän muutoksia.

Taulukko 7. Muutosten osuudet (%) sonneilla, joiden indeksit ovat muuttuneet marraskuun 2016 arvostelussa verrattuna elokuun 2016 arvosteluun. Sonnit ovat syntyneet vuoden 2000 jälkeen.

| Muutos indeksipisteinä | Holstein | | RDC | | Jersey | |
|------------------------|----------|---------|---------|---------|---------|---------|
| | Syntymä | Poikima | Syntymä | Poikima | Syntymä | Poikima |
| Alle 3 | 79 | 70 | 81 | 59 | 64 | 60 |
| 3-5 | 20 | 27 | 17 | 32 | 29 | 32 |
| Yli 5 | 1 | 3 | 2 | 9 | 7 | 8 |

Koska poikima- ja syntymäominaisuuksien arvostelussa otettiin käyttöön eläinmalli, lehmät saavat niiden omiin ja sukulaisten tuloksiin perustuvat poikima- ja syntymäominaisuuksien jalostusarvot. Aikaisemmin näiden ominaisuuksien jalostusarvot perustuivat lehmillä vain sukulaisilta saatuihin tietoihin. Uuden ja vanhan arvostelun välinen korrelaation on lehmillä selvästi alhaisempi kuin sonneilla eli 0.80 – 0.85. Lehmillä havaitaan enemmän ja suurempia muutoksia jalostusarvoissa kuin sonneilla (Taulukko 8).

Taulukko 8. Muutosten osuudet (%) lehmillä, joiden indeksit ovat muuttuneet marraskuun 2016 arvostelussa verrattuna elokuun 2016 arvosteluun. Lehmät ovat syntyneet vuoden 2000 jälkeen.

| Muutos indeksipisteinä | Holstein | | RDC | | Jersey | |
|------------------------|----------|---------|---------|---------|---------|---------|
| | Syntymä | Poikima | Syntymä | Poikima | Syntymä | Poikima |
| Alle 6 | 77 | 90 | 79 | 86 | 91 | 91 |
| 6-10 | 19 | 9 | 18 | 11 | 7 | 7 |
| Yli 10 | 4 | 1 | 3 | 3 | 2 | 2 |

Muutoksia tuotosarvosteluun

Lypsyroboteilta saatavissa koelypsytuloksissa on enemmän vaihtelua rasva- ja valkuaistuotoksessa verrattuna perinteisten lypsyjärjestelmien koelypsytuloksiin. Tämä johtuu pääosin siitä, että lypsyjen välinen aika vaihtelee enemmän lypsyroboilla kuin perinteisillä lypsyjärjestelmillä.

Marraskuun 2016 arvostelusta lähtien tuotosarvostelussa korjataan eroja, joita on eri lypsymenetelmien koelypsytulosten keskihajonnassa. Korjauksen vaikutus jalostusarvoihin on vähäinen sonneilla. Tämän lisäksi on parannettu keinoja, joilla havaitaan erittäin poikkeavat koelypsytulokset. Tällaiset tulokset ovat joko liian korkeita tai matalia ollakseen todellisia. Liian poikkeavat havainnot poistetaan laskenta-aineistosta. Tällä on vähäinen vaikutus sonnien jalostusarvoihin, mutta yksittäisillä lehmillä vaikutus voi olla merkittävä. Mikäli lehmällä on useita poikkeavia havaintoja, jotka poistetaan eikä vielä runsaasti koelypsytuloksia, niin tuotosominaisuuksien jalostusarvot voivat muuttua huomattavasti.

Uuden ja vanhan tuotosarvostelun väliset korrelaatiot sonneilla ja lehmillä ovat yli 0.995, joten eläinten järjestys ei juurikaan muutu. RDC- ja jersey-sonneista yhdenkään tuotosindeksi ei muutu yli kolmea indeksipistettä. Holsteinsonneista 7 tuotosindeksi muuttuu yli kolme indeksipistettä. Lehmistä 98 prosentilla tuotosindeksi muuttuu alle kaksi indeksipistettä ja vain muutamilla lehmillä tuotosindeksi muuttuu yli 5 pistettä.

Genomiarvostelun muutokset

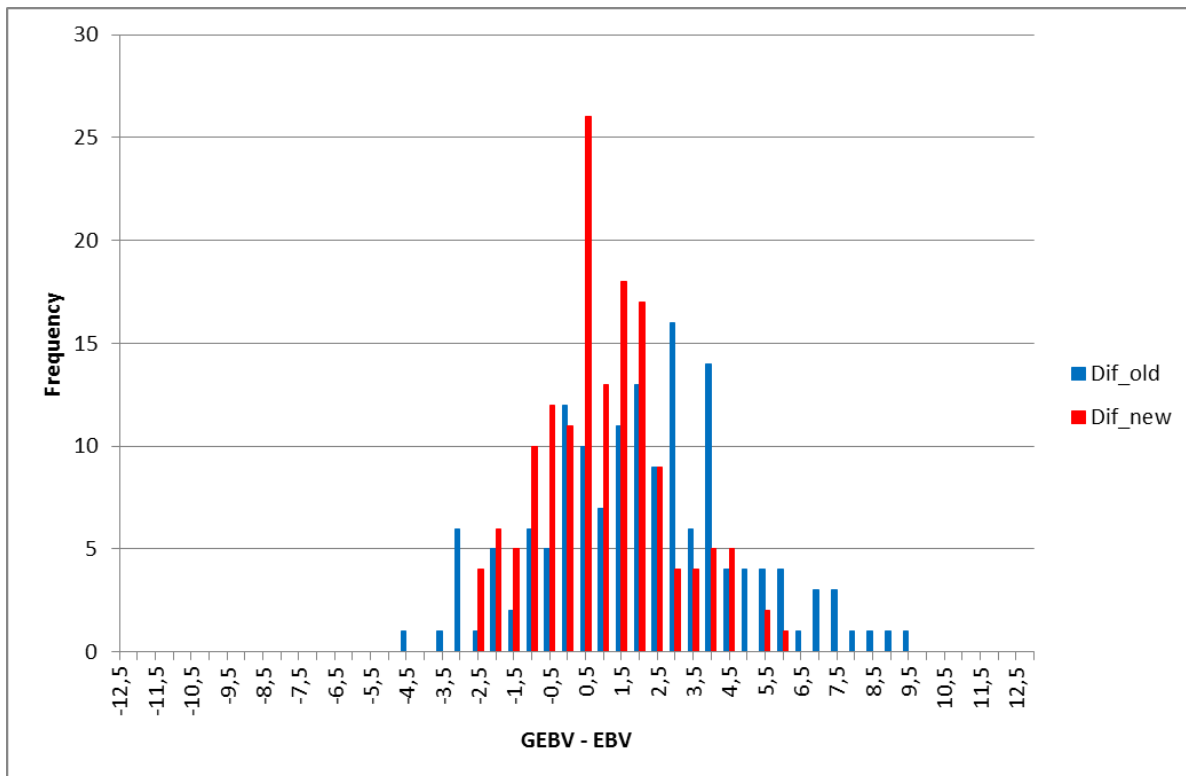
Taulukossa 9 on esitelty genomiseen arvosteluun tehdyt muutokset ja niiden vaikutukset.

| Vanha arvostelu | Marraskuun 2016 arvostelu | Kommentit | Vaikutus |
|--|--|---|--|
| Vanhat perinteiset arvostelumallit hedelmällisyydelle, tuotokselle, poikimaominaisuuksille ja utarerakenteelle | Parannetut perinteiset arvostelumallit hedelmällisyydelle, tuotokselle, poikimaominaisuuksille ja utarerakenteelle | | Perinteisten arvostelumallien muutosten vaikutukset ovat samanlaiset GEBV-arvoihin kuin EBV-arvoihin |
| | GEBV-arvojen standardointia on parannettu, jotta nuorimpien ikäluokkien "yliarvostus" on saatu korjattua | Nuorimpien genomiarvosteltujen sonnien ja hiehojen jalostusarvot hieman laskevat | Vaikuttaa nuorimpiin genomiarvosteltujen sonnien ja hiehojen järjestykseen ikäluokassa, mutta indeksi-arvot ovat hieman alhaisempia. |
| Genotyypitiedon (SNP) on oletettu selittävän kaiken geneettisen vaihtelun | Genotyypitiedon (SNP) oletetaan selittävän 90 % geneettisestä vaihtelusta, polygeeninen vaikutus selittää 10 % | Genomitiedon painoa on vähän laskettu ja vastaavasti omien/tyttärien tulosten ja sukulaistiedon painoa on lisätty | Vähäinen vaikutus GEBV-arvoihin lehmillä ja sonneilla, joilla ei vielä ole tyttäriä arvostelussa tai on vasta vähän tyttäriä |

Polygeeninen tekijä

Sonneilla on havaittu, että vain jälkeläisten havaintoihin perustuvien EBV-arvojen ja GEBV-arvojen, jotka perustuvat genomitiedon lisäksi suuren tyttäryhmän tietoihin (arvosteluvarmuus yli 90 %), välinen ero on ollut suurempi kuin on odotettu. Tätä on kuvattu kuviossa 1 sinisillä pylväillä. Kuvioista nähdään, että muutamilla holsteinsonneilla GEBV- ja EBV-arvojen erotus on yli 8 indeksipistettä. Tämä johtuu siitä, että genomitiedon painotus on ollut liian suuri genomisessa arvostelumallissa. Tämä johti siihen, että jos sonnilla oli positiivinen genomitieto jossain ominaisuudessa, niin ominaisuuden GEBV-arvo oli liian korkea, vaikka ominaisuuden jalostusarvostelussa oli jo mukana huomattava määrä tyttäretietoja. Sama toimi toisinpäin eli jos sonnilla oli negatiivinen genomitieto ominaisuudessa, niin ominaisuuden GEBV-arvo oli liian alhainen, vaikka tyttäretieto 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.

Aikaisemmin genomisen arvostelumalli oletti genomitiedon selittävän kaiken eläinten välisestä perinnöllisestä vaihtelusta. Kun genomiseen arvostelumalliin lisätään polygeeninen tekijä, jonka suuruus on 10 prosenttia, niin tällöin genomitiedon oletetaan selittävän 90 prosenttia eläinten välisestä perinnöllisestä vaihtelusta. Polygeeninen tekijä on käytössä useimmissa maissa, joissa on genomisen arvostelu. Polygeenisen tekijän vaikutuksia on havainnollistettu holsteinin valkuaistuotoksessa kuviossa 1. Punaiset pylväät ovat uusien GEBV-arvojen (polygeeninen tekijä 10 % mukana) ja EBV-arvojen välinen erotus ja niiden jakauma on kapeampi kuin vanhojen GEBV-arvojen (ei polygeenistä tekijää) ja EBV-arvojen välinen erotus (siniset pylväät) ja tämä on odotusten mukainen. Sama havaitaan muissakin ominaisuuksissa ja myös RDC:llä ja jerseyllä. Polygeeninen tekijä (10 %) on lisätty genomiseen arvostelumalliin kaikille roduille ja kaikkiin ominaisuuksiin.



Kuvio 1. Polygeenisen tekijän vaikutus holsteinsonnien valkuaistuotoksessa. Mukana ovat vuoden 2010 jälkeen syntyneet sonnit (152 kpl), joiden arvosteluvarmuus on yli 90 %. Siniset pylväät (Dif_old) ovat vanhojen GEBV-arvojen (ei polygeenistä tekijää) ja EBV-arvojen välinen erotus. Punaiset pylväät ovat uusien GEBV-arvojen (polygeeninen tekijä mukana) ja EBV-arvojen välinen erotus. Tutkimus on tehty ennen GEBV-arvojen standardoinnin muutosta.

GEBV-arvojen standardointia on parannettu

On havaittu, että nuorimpien genomitestattujen eläinten perinnöllinen edistyminen on yliarvioitu useissa ominaisuuksissa kaikilla roduilla. Yliarvioiminen voidaan poistaa parantamalla menetelmää, jolla GEBV-arvojen hajontaa korjataan. Aikaisemmin hajontaa on standardoitu vain vuoden sisällä. Nyt GEBV-arvoja standardoidaan vuosien välillä siten, että kaksi nuorinta sonni-ikäluokkaa, joilla on tyttärien tuloksia, toimii vertailutasona. Käytännössä tämä tarkoittaa sitä, että perinnöllinen edistyminen hidastuu ja nuorimpien genomiarvostelun saaneiden sonnien ja hiehojen GEBV-arvot laskevat. Vaikutus on suurin nuorimpiin eläimiin.

Genomiarvosteltujen eläinten NTM muuttuu

Kaikilla perinteisiin jalostusarvosteluihin ja genomiarvosteluun tehdyillä muutoksilla on vaikutusta genomitestattujen eläinten NTM-arvoihin. Perinteisiin jalostusarvosteluihin tehdyt parannukset aiheuttavat jonkin verran muutoksia eläinten paremmuusjärjestykseen. Polygeenisen tekijän lisääminen genomiarvosteluun helpottaa muutosta genomiarvostelusta jälkeläisarvosteluun ja tämä on erityisen mielenkiintoista genomiarvostelluilla elävillä lehmillä sekä hyvin lähellä jälkeläisarvostelua oleville sonneilla. GEBV-arvojen standardoinnin parannus vaikuttaa erityisesti nuorimpiin genomitestattuihin sonneihin sekä hiehoihin.

Kaikki taulukossa 9 listatut muutokset vaikuttavat genomitestattujen eläinten jalostusarvoihin. Taulukoissa 10 – 12 on esitetty muutosten keskimääräinen vaikutus yksittäisiin ominaisuuksiin ja NTM:n vuonna 2015 syntyneillä sonneilla kaikilla roduilla.

Muutosten vaikutus tuotosominaisuuksiin on 2.6 – 3.0 indekspistettä kaikilla roduilla. Kestävyydessä yliarviointi on ollut keskimäärin 6.6 indekspistettä holsteinilla ja 3 indekspistettä RDC:llä. Keskimäärin yliarviointi on ollut 0 – 2 indekspistettä NTM:ssä mukana olevissa ominaisuuksissa. Yliarviointi NTM:ssä on keskimäärin korkeampi kuin yksittäisissä ominaisuuksissa, koska korkean NTM-arvon eläimillä on korkeat jalostusarvot useimmissa NTM:ssä mukana olevissa ominaisuuksissa. Vuonna 2015 syntyneillä sonneilla muutos NTM:ssä on keskimäärin indekspisteinä 4.7 holsteinilla, 4.3 RDC:llä ja 2.5 jerseyllä.

Taulukko 10. Uusi GEBV, vanha GEBV ja näiden erotus ($GEBV_{uusi} - GEBV_{vanha}$) laskettu vuonna 2015 syntyneiltä HOL-sonneilta (99 kpl)

| Ominaisuus | Uusi GEBV | Vanha GEBV | Erotus |
|-------------------|-------------|-------------|-------------|
| Tuotos | 115.1 | 118.1 | -3.0 |
| Maito | 108.3 | 109.9 | -1.7 |
| Rasva | 114.8 | 116.8 | -2.0 |
| Valkuainen | 113.8 | 116.8 | -3.1 |
| Kasvu | 99.6 | 99.6 | -0.1 |
| Hedelmällisyys | 108.9 | 110.6 | -1.7 |
| Syntymäindeksi | 105.5 | 106.8 | -1.3 |
| Poikimaindeksi | 109.2 | 110.2 | -1.1 |
| Utareterveys | 109.4 | 111.2 | -1.8 |
| Muut hoidot | 106.9 | 107.5 | -0.7 |
| Koko | 105.7 | 105.4 | 0.3 |
| Jalat | 108.5 | 109.1 | -0.6 |
| Utarerakenne | 117.3 | 117.2 | 0.1 |
| Lypsettävyys | 106.7 | 107.1 | -0.5 |
| Luonne | 105.2 | 105.2 | 0.1 |
| Kestävyys | 114.2 | 120.8 | -6.6 |
| Sorkkaterveys | 107.4 | 108.3 | -0.9 |
| Vasikan elinvoima | 101.4 | 102.8 | -1.3 |
| NTM | 28.7 | 33.4 | -4.7 |

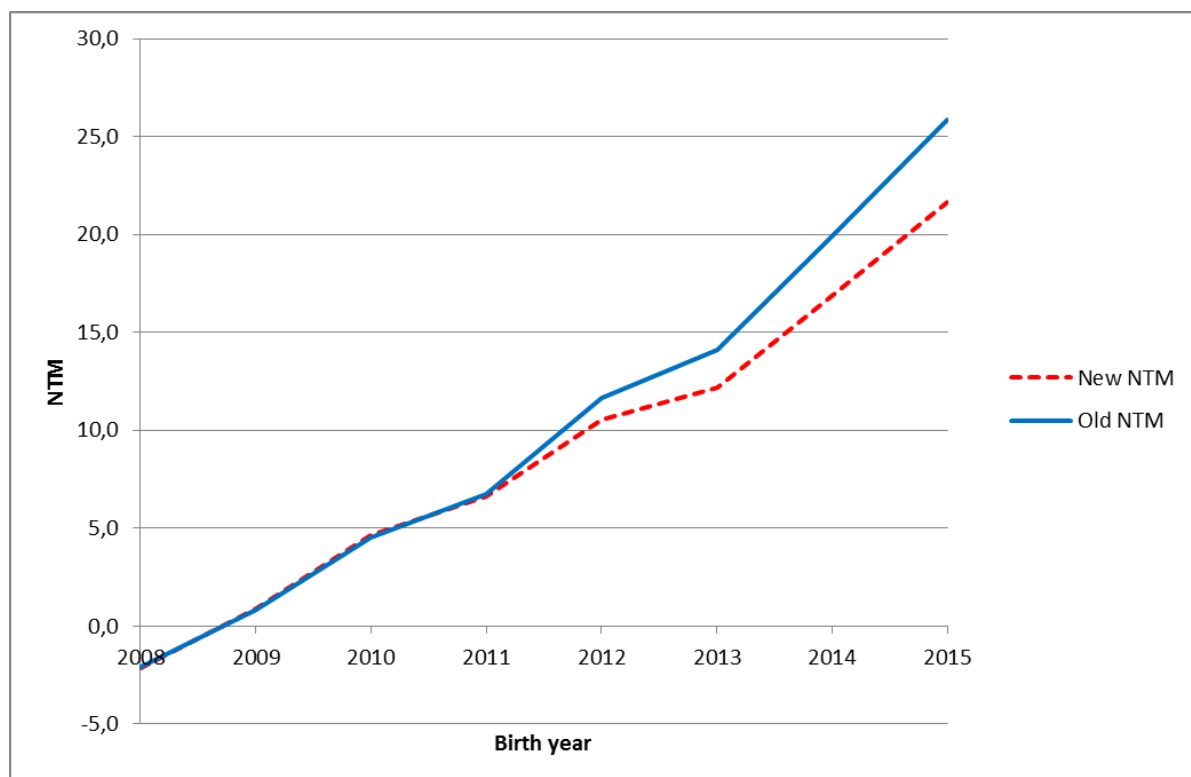
Taulukko 11. Uusi GEBV, vanha GEBV ja näiden erotus ($GEBV_{uusi} - GEBV_{vanha}$) laskettu vuonna 2015 syntyneiltä RDC-sonneilta (98 kpl)

| Ominaisuus | Uusi GEBV | Vanha GEBV | Erotus |
|-------------------|-------------|-------------|-------------|
| Tuotos | 112.4 | 115.3 | -2.9 |
| Maito | 106.9 | 109.0 | -2.0 |
| Rasva | 110.8 | 112.9 | -2.1 |
| Valkuainen | 111.9 | 115.0 | -3.1 |
| Kasvu | 99.5 | 99.6 | -0.1 |
| Hedelmällisyys | 104.1 | 104.7 | -0.6 |
| Syntymäindeksi | 102.6 | 103.3 | -0.7 |
| Poikimaindeksi | 103.5 | 104.8 | -1.3 |
| Utareterveys | 107.8 | 109.1 | -1.3 |
| Muut hoidot | 105.4 | 106.0 | -0.6 |
| Koko | 103.9 | 103.9 | 0.0 |
| Jalat | 106.9 | 108.8 | -1.9 |
| Utarerakenne | 110.3 | 11.3 | -1.0 |
| Lypsettävyys | 106.9 | 106.9 | 0.0 |
| Luonne | 102.5 | 103.3 | -0.8 |
| Kestävyys | 111.9 | 114.4 | -3.0 |
| Sorkkaterveys | 102.6 | 103.0 | -0.3 |
| Vasikan elinvoima | 99.7 | 99.6 | 0.1 |
| NTM | 22.1 | 26.4 | -4.3 |

Taulukko 12. Uusi GEBV, vanha GEBV ja näiden erotus ($GEBV_{uusi} - GEBV_{vanha}$) laskettu vuonna 2015 syntyneiltä JER-sonneilta (49 kpl)

| Ominaisuus | Uusi GEBV | Vanha GEBV | Erotus |
|-------------------|-------------|-------------|-------------|
| Tuotos | 111.5 | 114.1 | -2.6 |
| Maito | 104.6 | 105.7 | -1.1 |
| Rasva | 109.5 | 111.9 | -2.4 |
| Valkuainen | 110.6 | 112.3 | -1.7 |
| Kasvu | 99.1 | 99.5 | -0.3 |
| Hedelmällisyys | 102.6 | 102.6 | 0.1 |
| Syntymäindeksi | 100.4 | 100.0 | 0.4 |
| Poikimaindeksi | 103.3 | 104.3 | -1.0 |
| Utareterveys | 107.2 | 107.6 | -0.4 |
| Muut hoidot | 100.3 | 100.1 | 0.2 |
| Koko | 106.7 | 107.6 | -0.9 |
| Jalat | 104.3 | 104.3 | -0.1 |
| Utarerakenne | 109.2 | 108.6 | 0.5 |
| Lypsettävyys | 101.7 | 103.0 | -1.3 |
| Luonne | 100.1 | 100.6 | -0.5 |
| Kestävyys | 108.1 | 108.9 | -0.8 |
| Sorkkaterveys | - | - | - |
| Vasikan elinvoima | - | - | - |
| NTM | 17.3 | 19.8 | -2.5 |

Muutos on pienempi vuosina 2012 – 2014 syntyneille genomiarvostelun saaneille sonneille, koska standardointimuutoksen vaikutus on pienempi. Tätä on havainnollistettu kuviossa 2 (RDC:n NTM). On tärkeää huomata, että jälkeläisarvosteltujen sonnien perinnöllinen taso on ennallaan (ennen vuotta 2012 syntyneet sonnit). Genomiarvostelun saaneilla hiehoilla muutokset ovat samanlaisia kuin sonneilla.



Kuvio 2. Genomiarvostelun standardointiparannuksen muutokset perinnölliseen edistymiseen, RDC-sonnit NTM. Muutos on suurin nuorimmissa ikäluokissa. New NTM = uusi NTM, Old NTM = vanha NTM

Eläimen NTM muuttuu johtuen standardoinnista, mutta myös perinteisiin jalostusarvosteluihin (tuotos, hedelmällisyys, poikimaominaisuudet ja utarerakenne) tehtyjen uudistusten johdosta. Taulukkoon 13 on koottu uuden ja vanhan arvostelun perusteella laskettujen NTM-arvojen väliset korrelaatiot genomiarvostelluille sonneille, hiehoille ja lehmille kaikilla roduilla. Sonneilla korrelaatiot ovat hieman alhaisemmat kuin hiehoilla, koska sonnien valinta on ankarampaa.

Taulukko 13. Korrelaatiot uuden ja vanhan NTM-arvon välillä vuosina 2013 – 2015 syntyneillä sonneilla ja vuoden 2010 jälkeen syntyneillä hiehoilla ja lehmillä.

| | Sonnit | Hiehot | Lehmät |
|----------|--------|--------|--------|
| Holstein | 0.95 | 0.98 | 0.98 |
| RDC | 0.95 | 0.98 | 0.98 |
| Jersey | 0.96 | 0.98 | 0.99 |

Taulukoissa 14 – 16 esitetään muutosten jakaumaa NTM:ssä genomitestatuille sonneille (Taulukko 14), genomitestatuille hiehoille (Taulukko 15) ja genomitestatuille lhemille (Taulukko 16).

Taulukko 14. NTM:n muutoksen osuudet (%) uuden ja vanhan arvostelun välillä vuonna 2015 syntyneillä genomitestatuilla sonneilla.

| NTM:n muutos | 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 |
| Keskimääräinen muutos | -4.7 | -4.3 | -2.5 |

Taulukko 15. NTM:n muutoksen osuudet (%) uuden ja vanhan arvostelun välillä vuonna 2015 syntyneillä genomitestatuilla hiehoilla.

| NTM:n muutos | 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 |
| Eläimiä yhteensä | 10,956 | 10,218 | 4,077 |

Taulukko 16. NTM:n muutoksen osuudet (%) uuden ja vanhan arvostelun välillä vuonna 2015 syntyneillä genomitatuilla lehmillä.

| NTM:n muutos | 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 |
| Eläimiä yhteensä | 16,364 | 20,220 | 12,704 |

Suomenkarjan rakenneominaisuudet

Suomenkarjalla muutamien rakenneominaisuuksien painotuksia on muutettu. Taulukkoon 17 on listattu ominaisuudet ja niiden uusi ja vanha painokerroin. Muutoksilla on vähäinen vaikutus sonnien ja lehmien rakenneindekseihin

Taulukko17. Suomenkarjan rakenneominaisuuksien painokerrointen muutokset.

| Ominaisuus | Vanha painokerroin | Uusi painokerroin |
|-------------------------|--------------------|-------------------|
| Takakorkeus | 10 | 15 |
| Rungon syvyys | 15 | 13 |
| Rinnan leveys | 15 | 12 |
| Takakiinnityksen leveys | 5 | 9 |
| Etuvedinten sijainti | 30 | 26 |

Vertailuryhmä

Sonnien ja lehmien jalostusarvot ilmaistaan suhteellisina indekseinä, jolloin kaikkia eläimiä verrataan samaan vertailuryhmään. Tämän arvostelun vertailuryhmän (joiden indeksien keskiarvo on 100) muodostavat 1.11.2011-1.11.2013 väliä aikana syntyneet lehmät.

NTM:n julkaiseminen

Sonnin NTM julkaistaan, jos sonnilla on virallinen arvostelu (joko NAV-arvostelussa tai Interbullin arvostelussa) tuotosominaisuuksissa, rakenteessa ja utareterveydessä. Virallisella arvostelulla tarkoitetaan sitä, että sonni täyttää kyseisen ominaisuuden arvosteluvarmuskriteerit. NTM:ää laskettaessa käytetään ensisijaisesti ominaisuuden NAV-arvostelua. Ulkomaiselle sonnille käytetään NAV-arvostelun puuttuessa kyseisen ominaisuuden Interbull-arvostelua. Mikäli sonnilla ei ole jossain ominaisuudessa NAV- tai Interbull-arvostelua, lasketaan sonnille suvun mukainen odotusarvo.

Jalostusarvojen julkaisu

Suomessa, Ruotsissa ja Tanskassa keinosiemennyskäytössä olevien sonnien viralliset jalostusarvot julkaistaan [NAV Sonnihauussa](#). Ulkomaisille sonneille, jotka on rekisteröity keinosiemennyskäyttöön

Suomessa, Ruotsissa tai Tanskassa, julkaistaan genomiset jalostusarvot kaikissa niissä ominaisuuksissa, joissa Interbull laskee jalostusarvot. Mikäli ulkomaisille sonneille halutaan genomiset jalostusarvot sorkkaterveydessä, vasikan elinvoimassa, muissa hoidoissa ja kasvussa, niin tästä tehdään erillinen sopimus.

Viralliset NAV:n laskemat genomiset jalostusarvot ulkomaisille keinosiemennyssonneille, joita ei käytetä keinosiemennykseen Suomessa, Ruotsissa tai Tanskassa, julkaistaan [NAV:n kotisivuilla](#). Sivuilta löytyvillä listoilla julkaistaan myös Suomessa, Ruotsissa ja Tanskassa keinosiemennyskäytössä olleiden sonnien genomiset jalostusarvot. Listoilla julkaistaan kaikkien yli 10 kuukautta ja enintään 5 vuotta vanhojen sonnien genomiset jalostusarvot ja listat on tarkoitettu pääasiassa ulkomaisille keinosiemennysorganisaatioille.

Interbull-jalostusarvot julkaistaan [NAV Interbull-haussa](#). Huhtikuusta 2016 lähtien NAV ei laske NTM:ää genomisten jalostusarvojen perusteella. Interbullin säännöt eivät tätä vaadi eikä se myöskään ole kansainvälinen käytäntö.

NAV-arvostelujen julkaisu

NAV julkaisee vuosittain neljä jalostusarvostelua, joissa lasketaan jalostusarvot perustuen fenotyyppi- ja genotyyppiaineistoon. Lisäksi julkaistaan 8 kertaa vuodessa genomitietoon perustuvat jalostusarvot. Taulukossa 18 on NAV-arvostelujen Interbull-arvostelujen päivämäärät.

Taulukko 18. NAV- ja Interbull-arvostelujen julkaisupäivät vuosina 2016-2017. Helmi-, elo- ja marraskuun arvostelut toimitetaan seuraavaan Interbull-arvosteluun.

| Kuukausi | NAV-genomi-arvostelu | NAV-arvostelu | INTERBULL |
|----------------|----------------------|---------------|-----------|
| Marraskuu 2016 | | 1 | |
| Joulukuu 2016 | 6 | | 6 |
| Tammikuu 2017 | 3 | | |
| Helmikuu 2017 | | 7 | |
| Maaliskuu 2017 | 7 | | |
| Huhtikuu 2017 | 4 | | 4 |
| Toukokuu 2017 | | 2 | |
| Kesäkuu 2017 | 8 | | |
| Heinäkuu 2017 | 4 | | |
| Elokuu 2017 | | 8 | 8 |
| Syyskuu 2017 | 5 | | |
| Lokakuu 2017 | 3 | | |
| Marraskuu 2017 | | 7 | |
| Joulukuu 2017 | 5 | | 5 |

Lisätietoja englanninkielisessä uutiskirjeessä NAV:n englanninkielisillä sivuilla.