

Nyhedsbrev – NAV rutine avlsværdivurdering

1. november 2016

Den seneste NAV evaluering af ydelse, frugtbarhed, eksteriør, yversundhed, øvrige sygdomme, kælvningsevne, malketid, temperament, vækst, holdbarhed, klovsundhed, ungdyroverlevelse 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, svensk (kun ydelse, frugtbarhed, kælvning og eksteriør) og finsk Jersey (kun frugtbarhed og kælvning).

Datoer for dataudtræk

Datoer for dataudtræk fra de nationale databaser er givet i tabel 1.

Tabel 1 – Datoer for dataudtræk fra de nationale databaser.

Egenskab	Danmark	Finland	Sverige
Y-indeks	27.09.2016	18.09.2016	23.09.2016
Type, malketid og temperament	27.09.2016	18.09.2016	23.09.2016
Frugtbarhed	27.09.2016	18.09.2016	24.09.2016
Yversundhed og øvrige sygdomme	28.09.2016	18.09.2016	24.09.2016
Kælvning	27.09.2016	18.09.2016	24.09.2016
Holdbarhed	27.09.2016	18.09.2016	24.09.2016
Vækst	28.09.2016	18.09.2016	25.09.2016
Klovsundhed	28.09.2016	18.09.2016	23.09.2016
Ungdyroverlevelse	27.09.2016	18.09.2016	24.09.2016

Data anvendt i den genomiske avlsværdivurdering

Genotyper blev udtaget fra den fælles Nordiske SNP database 19. oktober 2016. Interbull information fra august 2016 blev også inddraget i den genomiske avlsværdivurdering.

Nyheder i forbindelse med NAV's avlsværdivurdering

Genomisk avlsværdivurdering

- Forbedrede standardisering af GEBV'er, hvilket tager højde for overestimering af GEBV'er. Introduktion af en polygen effekt i den genomiske avlsværdivurdering model. Dette udjævner overgangen fra GEBV til EBV

Traditionel avlsværdivurdering

- Forbedrede avlsværdivurdering for frugtbarhed
- Forbedrede avlsværdivurdering for kælvningsevne
- Forbedrede avlsværdivurdering for Y-indekset
- Yver koordinater inkluderes i avlsværdivurderingen for yveregenskaber

Frugtbarhedsmodellen indeholder nu korrektion for kønssorteret sæd og gentagen drægtighedschance

Den største ændring for frugtbarhed er, at der nu foretages korrektionen for kønssorteret sæd i modellen. Dette vil have en mindre effekt på tyrenes avlsværdital, fordi kønssorteret sæd bliver sjældent brugt mere i en døtregruppe frem for en anden. Ændringen vil have en stor effekt på avlsværdital for den enkelte ko. Det er vigtigt at tage højde for dette, når køer kommer til at indgå i referencegruppen, som bruges til at beregne genomiske avlsværdital. Andre ændringer er meget små.

En komplet liste over ændringer i november 2016 avlsværdivurderingen er vist i tabel 2.

Tabel 2 – Væsentlige forskelle mellem november 2016 avlsværdivurderingen og den tidligere frugtbarheds avlsværdivurdering.

Tidligere avlsværdivurdering	November 2016 avlsværdivurdering	Kommentarer	Effekt
Ikke-omløber %	Gentagen drægtighedschance	Avlsværdital for gentagne drægtighedschance publiceres i stedet for ikke-omløber %. GD er defineret som ikke-omløber % for alle insemineringer og ikke kun for 1. inseminering som tidligere.	Nogle ændringer i avlsværdital – men ingen effekt på frugtbarhedsindekset.
Ingen korrektion for kønssorteret sæd	Korrektion for kønssorteret sæd	Modellen tager nu højde for brugen af kønssorteret sæd for de følgende frugtbarhedsegenskaber: Interval fra først til sidste inseminering, antal insemineringer og gentagne drægtighedschance.	Har en lille effekt for tyre, men en større effekt for køer insemineret med kønssorteret sæd.
Kun data fra Dansk Jersey	Svensk og Finsk data inkluderet	Frugtbarhedsdata fra alle tre lande er inkluderet i Jersey avlsværdivurderingen.	Effekt for svenske og finske Jersey køer.
	Forbedret data kvalitet	Kvaliteten af data er blevet forbedret ved at inkludere finske drægtighedstest, og ved at opdatere editeringen af data fra svenske kvier	Nogen effekt på den genetiske trend for svenske kvie egenskaber og finske hundyr
Korrektion for heterosis i avlsværdivurderingen for RDC og Jersey.	Korrektion for heterosis i avlsværdivurderingen nu også for Holstein.	Korrektion for heterosis sker nu for alle tre racer.	Mindre effekt

Implementeringen af forbedringerne i frugtbarheds avlsværdivurderingen, som nævnt i tabel 2, forårsager nogle mindre ændringer i avlsværditalene for frugtbarhed. Korrelationen mellem det tidligere frugtbarhedsindeks og frugtbarhedsindekset fra november 2016 er over 0,98 for afprøvede tyre, og over 0,97 for køer. 97 % af Holstein tyrene ændrer sig mindre end 4 indeks enheder. De observerede ændringer er lidt større for RDC og Jersey sammenlignet med Holstein, fordi der er en mere intensiv brug af kønssorteret sæd hos Jersey, og at relative flere RDC tyre har afkom i Finland (effekt af forbedret data kvalitet). Det samme mønster ses for køernes avlsværdital (tabel 4).

Tabel 3 – Frekvens (%) af ændringer i avlsværdital for frugtbarhedsindekset mellem november 2016 avlsværdivurderingen og den tidligere avlsværdivurdering for tyre født fra 2008-2011.

Ændring i frugtbarhedsindeks (enheder)	Holstein	RDC	Jersey
Mindre end 2	74	58	52
2-3	23	32	37
Mere end 3	3	10	11

Tabel 4 – Frekvens (%) af ændringer i avlsværdital for frugtbarhedsindekset mellem november 2016 avlsværdivurderingen og den tidligere avlsværdivurdering for køer født efter 2012.

Ændringer i frugtbarhedsindekset (enheder)	Holstein			RDC			Jersey
	Danmark	Sverige	Finland	Danmark	Sverige	Finland	Danmark
Mindre end 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
Mere end 3	0,1	0,7	4,9	0,2	0,3	1,6	0,7

Som en konsekvens af harmoniseringen på tværs af lande der er med i Eurogenomics, bliver gentagne drægtighedschancer introduceret som en ny egenskab, og bliver publiceret i stedet for ikke-omløber %. Gentagne drægtighedschance (GD) tager højde for ikke-omløber % for alle insemineringer, og ikke kun den første inseminering som tidligere. Korrelationen mellem avlsværditalene for ikke-omløber procent og gentagne drægtighedschancer er omkring 0,85. Avlsmålet for frugtbarhed udtrykt i frugtbarhedsindekset forbliver dog uændret - GD bliver ikke inkluderet i avlsmålet, ligesom tilfældet var for ikke-omløber %.

Yverkoordinater øger sikkerheden på avlsværditalet for yver

Data fra malkerobotter er nemme at indsamle fordi registreringerne bliver gjort automatisk. De beskriver vigtige yveregenskaber dagligt. Ved at tilføje data fra AMS, er der kun en begrænset effekt på tyrenes avlsværdital fordi, deres sikkerheder for eksteriør egenskaber allerede er høje. Imidlertid vil de give væsentligt mere information til køerne. Dette er vigtigt i insemineringsplaner, og fordi køer i fremtiden vil være en vigtig del af referencegruppen brugt til at beregne genomiske avlsværdital.

Avlsværdivurdering for yveregenskaber i NAV lande har tidligere kun været baseret på subjektive lineære bedømmelses systemer (kåringer). Nu, hvor der er et stort antal malkekøer der malkes i AMS, bliver yverkoordinater automatisk registreret gentagne gange for hver ko. Ved at bruge yver koordinaterne, er det muligt at beregne mål der svarer til de nuværende lineære egenskaber som registreret af afkomsinspektørene. Kun data fra Danske Lely robotter er tilgængelige på nuværende tidspunkt. Registreringer fra AMS inkluderes som korreleret egenskaber til de 4 lineære egenskaber: Patteafstand for og bag, yverdybde og yverbalance. For 1. til 3. laktation bliver AMS registreringer beregnet som et gennemsnit, ved at bruge data fra dag 30 til 60 efter kælvning.

Yverkoordinater er blevet lagret i den Danske database siden 2008. Indtil nu indeholder databasen data fra 53.000 Holstein køer, 3.400 RDC køer og 3.700 Jersey køer.

Patte- og yveregenskaber beregnet ud fra AMS data har en væsentlig højere heritabilitet end de lineære bedømt yveregenskaber (tabel 5). Den genetiske korrelation mellem mål for yverkoordinater and lineære

bedømte egenskaber er høj (over 0,90), hvilket indikerer at de genetisk set er den samme egenskab. Genetiske parametre for yver koordinat egenskaber baseret på data fra Holstein, bliver anvendt for alle 3 racer.

Tabel 5 – Genetiske parametre for yvereksteriør egenskaber baseret på enten lineære bedømmelser foretaget af afkomsinspektører eller AMS data.

Egenskab	Heritabilitet Lineær bedømmelse, 1. Lak			Heritabilitet AMS koordinater, 1. lakt	Genetisk korrelation 1. Lakt,
	HOL	RDC	JER	HOL,RDC, JER	HOL,RDC, JER
Patteplacering -for	0,32	0,27	0,27	0,61	0,91
Patteplacering -bag	0,28	0,26	0,26	0,48	0,93
Yverbalance	0,16	0,16	0,16	0,48	0,90
Yverdybde	0,39	0,34	0,34	0,67	0,97

Effekten af at inkludere data fra AMS er begrænset for tyre. Korrelationen mellem avlsværdital fra den nye og tidligere model er over 0,99. Kun nogle få afprøvede tyre, som alle har mange døtre med AMS data, ændrer sig mere end 2 indekseenheder.

Ændringer i yverindekset for køer på grund af inddragelsen af AMS data er væsentlig større. Det er fordi AMS information ofte tilføjer en signifikant mængde ny information fra op til 3 laktationer for den individuelle ko. Effekten afhænger af hvor meget information koen havde før. Når koen får AMS information fra 3 laktationer, og de tidligere kun havde information om deres afstamning, kan det ændre avlsværdital for yver meget. Men også køer, der allerede have en lineær bedømmelse, vil få yderligere information, og avlsværdital kan ændre sig væsentligt.

Udover de forbedringer, der er nævnt i det ovenstående, er der også blevet rettet en fejl i avlsværdivurderingen for Holstein. Tidligere var heritabiliteten for yver balance hos Holstein, sat til en lav værdi (0,04) ved en fejl. Den korrekte heritabilitet for yverbalance er 0,18. Denne rettelse forårsager større ændringer i avlsværdital for Holstein dyr, end der normalt ville forekomme mellem rutine kørsler.

Animal model for kælvnings- og fødselsegenskaber – fundamentet for hundyr i referencepopulationen

Den største forbedring for kælvnings- og fødselsegenskaber, er ændringen fra sire model til animal model (tabel 8). Dette har nogen effekt på tyrenes avlsværdital. Effekten er dog større for avlsværdital på individuelle køer. Ændringer i modellen betyder at køer kan være en vigtig del af referencepopulationen, som bruges til at beregne genomiske avlsværdital for kælvningsegenskaber. NAV forventer at afprøve denne mulighed i løbet af vinteren 2016/17. En ændring i kodningen af svenske kælvningsbesvær data har en effekt på avlsværditalene for tyre, der har hovedparten af deres afkom i Sverige. Der sker mindre ændringer i form af inklusion af data fra svenske og finske Jersey.

Det gamle svenske kælvningsbesvær data blev kodet 1-2. I 2012 begyndte Sverige en trinvis implementering af 1-4 kodning af kælvningsbesvær, som i Danmark og Finland. Tidligere blev det svenske data omkodet fra 1-4 skalaen tilbage til 1-2 skalaen. Fra 1. november bliver brugen af de svenske data ændret, så det er registreringerne fra den 1-4 skala der bruges i avlsværdivurderingen.

Tabel 6 – Væsentlige forskelle mellem november 2016 avlsværdiurderingen og den tidligere avlsværdiurdering for kælvnings- og fødselsegenskaber.

Tidligere avlsværdiurdering	November 2016 avlsværdiurdering	Kommentarer	Effekt
Sire model	Animal model	Køer får avlsværdital, der indeholder egen information. Køer kan bruges i referencepopulation for genomisk avlsværdiurdering	Nogen effekt på avlsværdital for tyre, og en større effekt på avlsværdital for køer.
Svensk kælvningsbesvær data fra 1-4 skala omkodet til 1-2 skal	Ikke omkodet til 1-2, data fra 1-4 skala anvendes.		Effekt for tyre med mange afkom i Sverige
Dansk Jersey data	Dansk, Svensk og Finsk Jersey data	Kælvningsdata fra alle tre lande er inkluderet i Jersey avlsværdiurderingen	Svenske og Finske køer får mere præcise avlsværdital

Totalt set forårsager de introducerede forbedringer nogle ændringer i avlsværdital for kælvnings- og fødselsegenskaber for både tyre og køer. Generelt er korrelationen for afprøvede tyre født efter 2009, mellem 0,94 og 0,97. Ved at se på korrelationerne delt på tyrens fødselsland, er det tydeligt at ændringerne i avlsværdital er størst for de svenske tyre, der har hovedparten af deres afkom i Sverige (tabel 7). Korrelationer for svensk fødte tyre varierer mellem 0,89-0,92, hvilket indikerer væsentlige større ændringer i avlsværdital for svensk fødte tyre, sammenlignet med danske og finske tyre. Dette er på grund af ændringer af skalaen for kælvningsbesvær, fra 1-2 til 1-4, som blev introduceret i 2012 i Sverige.

Tabel 7 – Korrelation mellem avlsværdital fra den nye og tidligere avlsværdiurdering for kælvnings- og fødselsindekset, for afprøvede tyre født efter 2009

Tyrens fødselsland	Mellem lande		DNK		FIN		SWE	
Egenskab	Fødsel	Kælvning	Fødsel	Kælvning	Fødsel	Kælvning	Fødsel	Kælvning
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 % af Holstein tyrene ændrer sig mindre en 4 indeks enheder for fødselsindekset. For RDC og Jersey er det hhv. 98 % og 89 % af tyrene, der ændrer sig mindre end 4 indeks enheder for fødselsindekset. For kælvningsegenskaber ændrer 97 % af Holstein tyrene sig mindre end 5 indeks enheder, og hhv. 91 % og 92 % for RDC og Jersey.

Tabel 8 – Frekvens (%) af ændringer i avlsværdital mellem den nye og tidligere avlsværdiurdering for tyre født efter 2000.

Ændring i avlsværdital (indeks enheder)	Holstein		RDC		Jersey	
	Fødsel	Kælvning	Fødsel	Kælvning	Fødsel	Kælvning
Mindre end 3	79	70	81	59	64	60
3-5	20	27	17	32	29	32
Mere end 5	1	3	2	9	7	8

Med ændringen til animal model, får køer indekser baseret på deres egen præstation og ikke kun på information fra deres forældre (afstammingsindeks). Dette forklarer hvorfor korrelation mellem de tidligere indekser (afstammings indeks) og de nye indekser for køer, ligger mellem 0,80-0,85. Dette betyder at der vil være meget mere omrangering for køer end for tyre, hvilket indikerer, at køerne får mere sikre avlsværdital end tidligere. Tabel 9 viser ændringer fra den tidligere til den nye avlsværdivurdering for køer, f.eks. 11 % af RDC køerne ændrer sig 6-10 indeks enheder, og 3 % ændrer sig mere end 10 indeks enheder.

Ændring i avlsværdital (indeks enheder)	Holstein		RDC		Jersey	
	Fødsel	Kælvning	Fødsel	Kælvning	Fødsel	Kælvning
Mindre end 6	77	90	79	86	91	91
6-10	19	9	18	11	7	7
Mere end 10	4	1	3	3	2	2

Y-indeks – forbedret datahåndtering

Fedt og protein ydelse baseret på mælkeprøver fra AMS har en større standard afvigelse end fedt og protein ydelse baseret på mælkeprøver fra konventionelle malkesystemter (CMS). Dette skyldes hovedsagligt at afstanden mellem malkninger varierer mere i AMS. Det er svært at korrigere for malkeafstand i AMS.

Fra 1. november retter NAV forskelle i standard afvigelse mellem AMS og CMS. Effekten på tyrenes avlsværdital er imidlertid meget begrænset. Foruden denne ændring, har NAV også forbedret den metode der anvendes til at finde ekstreme observationer (outlier) – data der er så ekstremt højt eller lavt, at det er svært at forestille sig at det kunne være sandt, og kan ses som fejlregistreringer. Nogle køer kan have en registrering som tidligere var inkluderet, men med den nye forbedret metode, bliver den defineret som en outlier (fejlregistrering) og bliver derfor slettet fra avlsværdivurderingen.

Korrelationen mellem den tidligere og den nye avlsværdivurdering, både for tyre og for køer, er over 0,995, hvilket indikerer meget lidt omrangering af dyrene. Ingen RDC eller Jersey tyre ændrer sig mere end 3 Y-indeks enheder, og kun 7 Holstein tyre ændrer sig mere end 3 indeks enheder. 98 % af køerne ændrer sig mindre end 2 indeks enheder, og meget få køer ændrer sig mere end 5 indeks enheder. Køer med store ændringer i Y-indekset har tidligere haft en meget afvigende enkelt observation, som blev inkluderet i avlsværdivurderingen, men bliver nu slettet.

Den genomiske avlsværdivurdering er blevet opgraderet – en polygen effekt er blevet inkluderet og standardiseringen er blevet revurderet for at tage hånd om overvurderingen af de genomiske avlsværdital.

NAV introducerer forbedringer i den genomiske avlsværdivurdering 1. november 2016. En oversigt over forbedringerne, der har effekt på den genomiske avlsværdivurdering er vist i tabel 10.

Tabel 10 – Væsentlige forskelle mellem november 2016 avlsværdivurderingen og den tidligere.

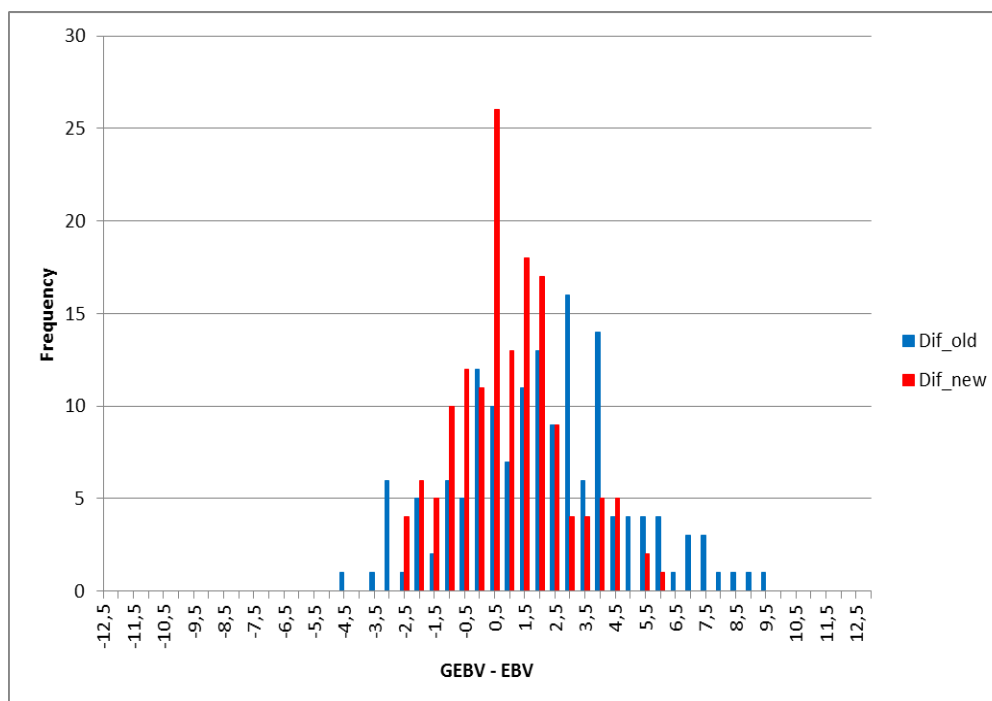
Tidligere model	November 2016 model	Kommentarer	Effekt
Fænotypiske modeller for frugtbarhed, ydelse, kælvning og yvereksteriør	Forbedrede fænotypiske modeller for frugtbarhed, ydelse, kælvning og yvereksteriør		Ændringer i den fænotypiske model, bevirker ændringer af samme omfang, i både de almindelige og genomiske avlsværdital
	Standardisering af genomiske avlsværdital for at håndtere den overvurdering, der akkumulerer sig i de yngste kandidater, fordi den genetiske trend har været overvurderet.	Genomisk testet unge tyre og genomisk testet kvier får lavere genomiske avlsværdital som følge af den observerede overestimering.	Mindre effekt på rangeringen af genomisk testet unge tyre eller genomisk testet kvier, indenfor fødselsår, men det genetisk niveau er lavere for unge genotypedyr.
Genotype (SNPs) forventes at forklare al genetisk variation	Polygen effect forklarer 10 % af den genetiske variation og genotype (SNPs) forklarer 90 %.	Lidt mindre vægt er tillagt den genetiske information – mere vægt er tillagt afstamningen + egen/døtre information	Har en mindre effekt på de genomiske avlsværdital for genotypedyr og tyre med ingen eller en lille afkomsgruppe.

Polygen effekt

Det blev observeret, at forskellen mellem avlsværdital baseret udelukkende på døtre information, og genomisk avlsværdital baseret både på døtre information og genomisk information for tyre med store døtregrupper (over 90 % sikkerhed), var større end det man teoretisk set skulle forvente. Dette er illustreret ved de blå søjler i figur 1. Figuren viser, at nogle få Holstein tyre har en forskel mellem deres genomiske avlsværdital (GEBV) og almindelige avlsværdital (EBV) der er større end 8 indeks enheder. Det er fordi vægten på den genomiske information i den genomiske avlsværdiurdering har været for stor. Det forårsagede at tyre med positiv genomisk information for en specifik egenskab, i nogle tilfælde havde GEBV'er, der var for høje, når de havde en anseelig mængde døtre information inkluderet, og det modsatte var gældende for nogle tyre med negativ genomisk information. For at tage hånd om dette, blev en polygen effekt inkluderet. I praksis reduceres vægten på den genomiske information lidt, og mere vægt tillægges døtre informationen. Konsekvensen af dette er, at overgangen fra kun genomisk information til både genomisk og døtre information til næsten udelukkende døtre information er mere glidende.

Tidligere tillod den genomisk model, at op til 100 % den genetiske variation blev forklaret af den genomiske information. En polygen effekt på 10 % er nu inkluderet i modellen, hvilket skal sikre at den genomiske information, kun kan forklare op til 90 % af den samlede genetiske variation. Døtre information kan forklare hele den genetiske variation, når en tyr har et uendeligt antal døtre. En polygen effekt er også brugt i avlsværdiurderingen i langt de fleste andre lande i verden.

Effekten af at inkludere en polygen effekt for protein for Holstein er vist ved de røde søjler i figur 1, de viser en smallere fordeling end de blå søjler, hvilket er i overensstemmelse med de teoretiske forventninger. Det samme mønster, som er illustreret for Holstein protein ydelse, kan ses for alle egenskaber, og også for RDC og Jersey. En polygen effekt på 10 % er blevet inkluderet for alle egenskaber og alle tre racer.



Figur 1 – Effekten af en model der inkludere (Dif_new) eller ikke inkludere (Dif_old) en polygen effekt på 10 % på forskellen mellem EBV og GEBV for protein for Holstein tyre der har en sikkerhed på EBV>90 % (undersøgelsen er foretaget før korrektion af standardiseringen), i alt 152 tyre født efter 2010.

Forbedret standardisering af GEBV

Det er blevet fundet at den genetiske trend har været overvurderet for genomisk testet unge dyr for flere egenskaber i alle tre racer. Overvurderingen kan fjernes ved at forbedre den metode, der bruges til at justere spredningen af de genomiske avlsværdital. Tidligere er det kun variationen indenfor år, der er blevet standardiseret. Nu er det også den genetiske trend på tværs af år, der bliver standardiseret. Det sker ved at bruge de to sidste fødselsårs grupper af tyre med lakterende døtre, som basis værdier for den genetiske trend fra år til år. I praksis betyder dette, at den genetiske trend bliver reduceret med den samme reduktionsfaktor, og det genetiske niveau af unge genotypedede tyre og hundyr bliver reduceret. Effekten er størst for de yngste dyr.

NTM for dyr med genomisk information bliver påvirket af en sum af ændringer

Alle ændringerne i både den traditionelle- og den genomiske avlsværdiurdering har en effekt på NTM for alle genomisk testede dyr. Forbedringer af den traditionelle avlsværdiurdering forårsager en del omrangering af alle genomisk testet dyr. Den polygen effekt giver en mere glidende ændring i GEBV over tid, og det er især interessant for levende genotypedede køer, og nyligt afprøvede tyre. Ændringer i standardiseringen vil især påvirke de genomisk testede unge insemineringstyre og genomisk testet kvier.

Resultatet af alle tre ændringer (tabel 10) har indflydelse på avlsværditallene for dyr med genomisk information. I tabel 11-13 er effekten på NTM and de enkelte egenskaber inkluderet i NTM vist for AI tyre født i 2015 for Holstein, RDC og Jersey.

Effekten på ydelsesegenskaber er mellem 2,6-3,0 indeks enheder for alle 3 racer. For holdbarhed har overvurderingen været på 6,6 indeks enheder for Holstein, og 3 indeks enheder for RDC. Generelt set har

overvurderingen været på 0-2 indeks enheder for del-indekserne i NTM. Men fordi dyr der har et højt NTM har positive avlsværdital for de fleste egenskaber, er effekten af overvurderingen af NTM relativt større end for enkelt egenskaber. Forskellen i NTM mellem den tidligere og den avlsværdiurdering er: 4,7 for Holstein, 4,3 for RDC og 2,5 for Jersey – for tyre født i 2015.

Tabel 11 – Ny GEBV, tidligere GEBV og forskel mellem de 2 for 88 Holstein AI tyre født i 2015.

Egenskab	Ny GEBV	Tidligere GEBV	Forskel
Y-indeks	115,1	118,1	-3,0
Mælk	108,3	109,9	-1,7
Fedt	114,8	116,8	-2,0
Protein	113,8	116,8	-3,1
Vækst	99,6	99,6	-0,1
Frugtbarhed	108,9	110,6	-1,7
Fødsel	105,5	106,8	-1,3
Kælvning	109,2	110,2	-1,1
Yversundhed	109,4	111,2	-1,8
Øvrige sygdomme	106,9	107,5	-0,7
Kropskapacitet	105,7	105,4	0,3
Klove og Lemmer	108,5	109,1	-0,6
Yver	117,3	117,2	0,1
Malketid	106,7	107,1	-0,5
Temperament	105,2	105,2	0,1
Holdbarhed	114,2	120,8	-6,6
Klovsundhed	107,4	108,3	-0,9
Ungdyrooverlevelse	101,4	102,8	-1,3
NTM	28,7	33,4	-4,7

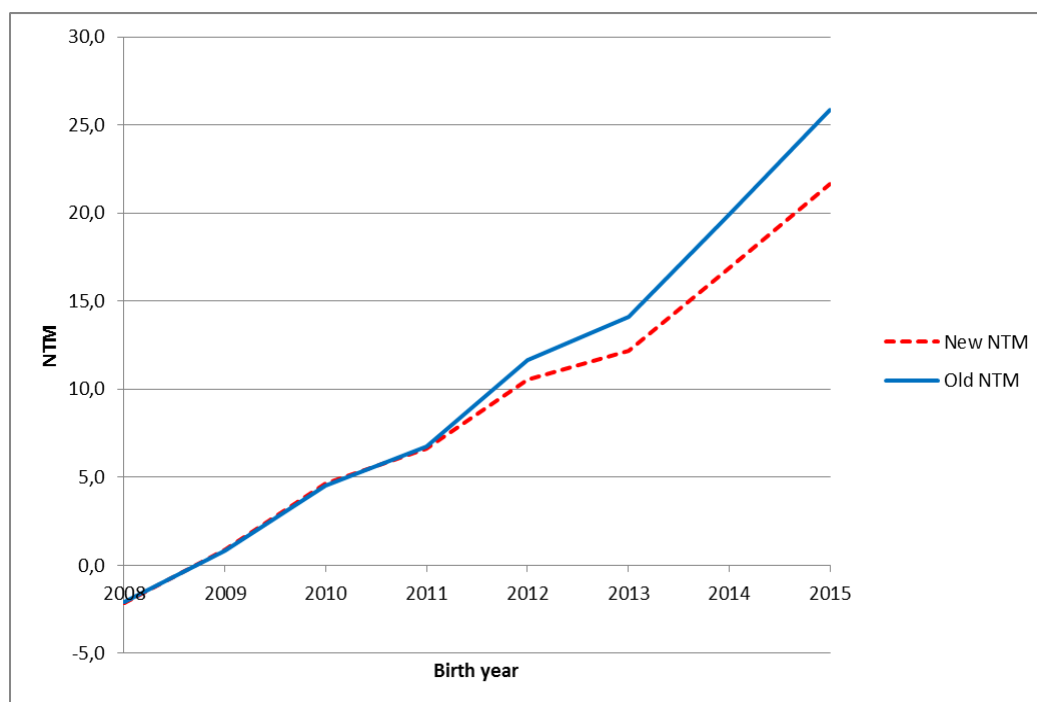
Tabel 12 - Ny GEBV, tidligere GEBV og forskel mellem de 2 for 98 RDC AI tyre født i 2015.

Egenskab	Ny GEBV	Tidligere GEBV	Forskel
Y-indeks	112,4	115,3	-2,9
Mælk	106,9	109,0	-2,0
Fedt	110,8	112,9	-2,1
Protein	111,9	115,0	-3,1
Vækst	99,5	99,6	-0,1
Frugtbarhed	104,1	104,7	-0,6
Fødsel	102,6	103,3	-0,7
Kælvning	103,5	104,8	-1,3
Yversundhed	107,8	109,1	-1,3
Øvrige sygdomme	105,4	106,0	-0,6
Kropskapacitet	103,9	103,9	0,0
Klove og Lemmer	106,9	108,8	-1,9
Yver	110,3	11,3	-1,0
Malketid	106,9	106,9	0,0
Temperament	102,5	103,3	-0,8
Holdbarhed	111,9	114,4	-3,0
Klovsundhed	102,6	103,0	-0,3
Ungdyrooverlevelse	99,7	99,6	0,1
NTM	22,1	26,4	-4,3

Tabel 13 - Ny GEBV, tidligere GEBV og forskel mellem de 2 for 49 Jersey AI tyre født i 2015.

Egenskab	Ny GEBV	Tidligere GEBV	Forskel
Y-indeks	111,5	114,1	-2,6
Mælk	104,6	105,7	-1,1
Fedt	109,5	111,9	-2,4
Protein	110,6	112,3	-1,7
Vækst	99,1	99,5	-0,3
Frugtbarhed	102,6	102,6	0,1
Fødsel	100,4	100,0	0,4
Kælvning	103,3	104,3	-1,0
Yversundhed	107,2	107,6	-0,4
Øvrige sygdomme	100,3	100,1	0,2
Kropskapacitet	106,7	107,6	-0,9
Klove og Lemmer	104,3	104,3	-0,1
Yver	109,2	108,6	0,5
Malketid	101,7	103,0	-1,3
Temperament	100,1	100,6	-0,5
Holdbarhed	108,1	108,9	-0,8
Klovsundhed	-	-	-
Ungdyrooverlevelse	-	-	-
NTM	17,3	19,8	-2,5

For genomisk testet unge tyre født mellem 2012-2014 vil nedgangen i NTM være mindre end for tyre født fra 2015 og frem, fordi effekten af den ændrede standardisering er mindre. Dette er illustreret i figur 2 (NTM for RDC). Bemærk at det genetiske niveau er uændret for afprøvede tyre (op til tyre født i 2012). Nedgangen i NTM vil være tilsvarende for genomisk testede kvier.



Figur 2 – illustration af effekten af den forbedrede standardisering på den genetiske trend for NTM hos RDC. Bemærk at effekten er størst i de yngste fødselsårsgrupper.

NTM for et dyr vil ændre sig pga. standardiseringen, men bortset fra det vil omrangering af tyre og hundyr, hovedsagligt skyldes ændringer i den traditionelle avlsværdivurdering for kælvning, frugtbarhed, yvereksteriør og ydelse. I tabel 14 er der vist korrelationen mellem det nye og tidligere NTM for genomisk testede AI tyre og hundyr. Korrelationerne for tyre er lidt lavere end for kvier hos alle tre racer, hvilket også er forventet fordi AI tyre er blevet selekteret hårdere.

Tabel 14 – Korrelation mellem NTM fra den nye og tidligere avlsværdivurdering for AI tyre født i 2013-2015 og køer og kvier født efter 2010.

	Tyre	Kvier	Køer
Holstein	0,95	0,98	0,98
RDC	0,95	0,98	0,98
Jersey	0,96	0,98	0,99

Tabel 15-17 viser fordelingen af ændringer i NTM for genomisk testet unge tyre (tabel 15), genomisk testet kvier (tabel 16) og genomisk testet køer (tabel 17).

Tabel 15 – Frekvensen (%) af ændringer i NTM mellem den nye og tidligere avlsværdivurdering for genomisk testet tyre født i 2015.

Ændring i NTM (indeks enheder)	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
Gennemsnitlig ændring	-4,7	-4,3	-2,5

Tabel 16 – Frekvensen (%) af ændringer i NTM mellem den nye og tidligere avlsværdivurdering for genomisk testet kvier født i 2015.

Ændring i NTM (indeks enheder)	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

Tabel 17 – Frekvensen (%) af ændringer i NTM mellem den nye og tidligere avlsværdivurdering for genomisk testet køer født efter 2010.

Ændring i NTM (Indeks enheder)	Holstein	RDC	Jersey
-10	0,0	0,0	0,0
-9	0,0	0,0	0,0
-8	0,0	0,0	0,0
-7	0,2	0,0	0,0
-6	1,2	0,1	0,0
-5	4,7	0,6	0,0
-4	12,8	2,9	0,1
-3	22,7	9,8	1,6
-2	26,1	21,2	8,2
-1	20,0	26,9	23,1
0	9,4	22,2	33,2
1	3,3	11,5	24,2
2	0,7	3,8	8,2
3	0,1	0,8	1,3
4	0,0	0,1	0,1
5	0,0	0,0	0,0
Antal	16,364	20,220	12,704

Genetisk base

Avlsværdital for tyre og hundyr er udtrykt på samme kobase. I basen indgår køer født fra 01.01.2011 til 01.11.2013 (gennemsnit 100).

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 opfyldt og internationale avlsværdital anvendes når Interbull foretager en beregning for tyren. For egenskaber uden officielle NAV avlsværdital eller Interbull avlsværdital anvendes et afstamningsindeks.

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

NAV søgeside

NAV offentliggør (G)EBV for stambogsførte insemineringstyre fra alle 3 lande på NAV – søgning på tyre og (G)EBV fra Interbull på Interbull – søgning på tyre. Links til de to sider kan findes på

www.nordicebv.info/

NAV – frekvens og timing af rutineevaluering

NAV har 4 evalueringer pr. år for alle egenskaber baseret på data fra praksis. I tabel 18 er fremtidige NAV og INTERBULL publiceringsdatoer angivet. NAV udfører yderligere otte genomiske avlsværdivurderinger for at beregne avlsværdital baseret på de nyeste genotyper for tyrekalve og hundyr. De ekstra evalueringer finder i 2016 sted den 5.1, 1.3, 5.4, 7.6, 5.7, 6.9, 4.10, and 6.12. Efter de ekstra evalueringer bliver genomiske avlsværdital for hundyr opdateret på de nationale kvægdata-baser.

Tabel 18 – NAV og Interbull udgivelsesdatoer for 2016/17. EBV udgivet ved NAV datoer som er angivet med fed skrift, vil blive sendt til den internationale genetiske avlsværdivurdering.

Måned	NAV Lille kørsel ¹⁾	NAV Stor kørsel ²⁾	INTERBULL
November 2016		1	
December 2016	6		6
Januar 2017	3		
Februar 2017		7	
Marts 2017	7		
April 2017	4		4
Maj 2017		2	
Juni 2017	8		
Juli 2017	4		
August 2017		8	8
September 2017	5		
Oktober 2017	3		
November 2017		7	
December 2017	5		5

¹⁾ Genotyper opdaterede; ²⁾ Genotyper og fænotyper opdaterede

Du kan få mere information om den fælles Nordiske avlsværdivurdering her:

Generelt om Nordisk Avlsværdivurdering (NAV): www.nordicebv.info

Kontaktperson: Gert Pedersen Aamand, Ph.: +45 87405288 gap@seges.dk,

Danmark: <https://www.landbrugsinfo.dk>

Kontaktperson: Ulrik Sander Nielsen, Seges Kvæg, Ph. +45 87405289, usn@seges.dk

Sverige: www.sweebv.info, www.vxa.se

Kontaktperson: Jan-Åke Eriksson, Växa Sverige, Ph +46 10 4710626.

Jan-Ake.Eriksson@vxa.se

Finland: www.faba.fi

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