Överskattningen av yngsta tjurarnas avelsvärden åtgärdad nov2016

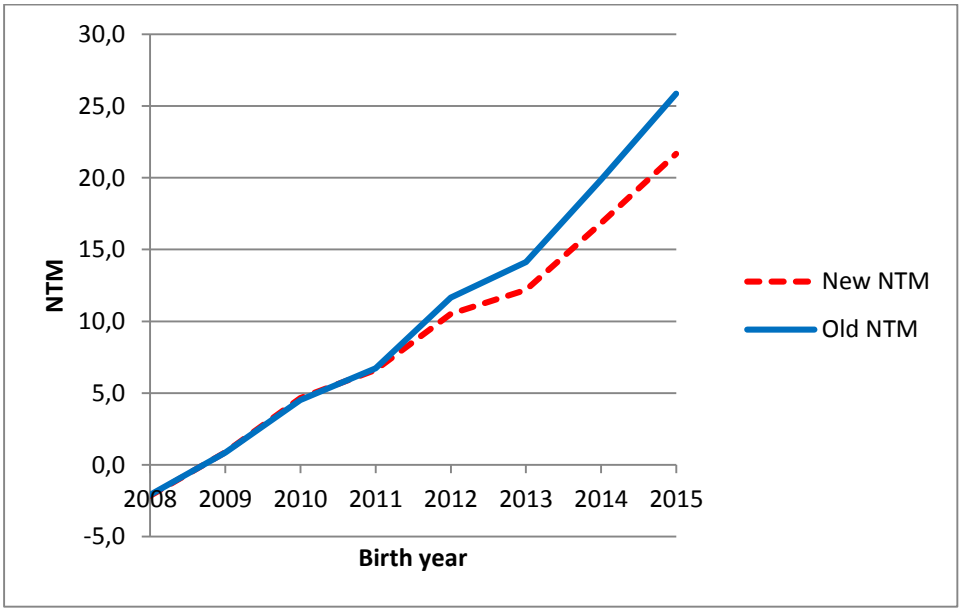
Anders Fogh (NAV/SEGES), Terhi Vahlsten (NAV/Faba) and Emma Carlén (NAV/Växa)

Granskningar har visat att avelsvärdena för speciellt de yngsta genomiskt analyserade semintjurarna faller mer än förväntat vid övergången till avelsvärden baserade även på avkommebedömning.
Det har också visats att onormal förändring sker i tjurarnas avelsvärden när information från en stor dottergrupp inkluderas.
Båda fallen hanteras bättre nu.
Huvudeffekten är att de yngsta tjurarna får avelsvärden på en lägre nivå än tidigare men rangeringen av dessa tjurar påverkas ytterst lite. Det är fortfarande bättre att använda genomiskt testade tjurar än avkommeprövade tjurar.

Genomiska avelsvärderingen förbättras löpande och två betydande förbättringar introduceras i nov2016-avelsvärderingen.
Avelsvärdena ändras, men faktum kvarstår att strategin liksom tidigare är att använda unga genomiskt analyserade tjurar intensivt.

Mer korrekt nivå för yngsta semintjurarna
Det har noterats att avelsvärdena för unga genomiskt analyserade tjurar utan dotterinformation var för höga. Överskattningen är störst för de yngsta tjurarna och minst för tjurar vars döttrar är nära produktionsstart.

Överskattningen reduceras genom att förbättra metoden som korrigerar för variationen över födelseår. Effekten av förändringen illustreras för NTM RDC i figur 1. Där kan ses att minskningen för tjurar födda 2012-2014 är mindre än för tjurar födda 2015.



Figur 1. Illustrering av effekten av förbättrad standardisering av genetiska trenden

Överskattningen korrigeras bort för alla delindex i NTM.
Reduktionen av Mjölkindex är mellan 2.6 – 3.0 indexenheter för de 3 raserna. För Överlevnad har överskattningen uppgått till 6.6 indexenheter för Holstein och 3 enheter för RDC.
Generellt är överskattningen 0 – 2 indexenheter för de andra delindexen i NTM.
Eftersom genomiskt analyserade semintjurar generellt är bland de genetiskt bästa med gynnsamma avelsvärden för de flesta egenskaperna blir överskattningen av NTM relativt större än motsvarande för de enskilda egenskaperna. Den var 4.7 för Holsteintjurar, 4.3 för RDCtjurar och 2.5 för Jerseytjurar födda 2015. Nivåminskningen blir liknande för de genomiskt analyserade kvigorna.

Fortfarande bra beslut att använda unga tjurar intensivt
Avelsvärdena för de yngsta semintjurarna faller och därför är skillnaden mellan de avkomme-prövade tjurarna och de senast genomiskt analyserade tjurarna mindre än tidigare.
Det är viktigt att betona att de yngsta genomiskt analyserade semintjurarna är överlägsna de avkommeprövade tjurarna och de genetiskt bästa semintjurarna har verkligen valts ut tidigare.
Djurägarna ska fortfarande använda unga semintjurar för att maximera genetiska framsteget i besättningarna.

Mjukare övergång när dotterinformation används
Ytterligare notering är att avelsvärden för en del tjurar har ändrats mer än förväntat när information från en stor mängd döttrar inkluderats.
Detta berodde på att vikten på genomiska informationen var för hög. Effekten var att tjurar med positiv genomisk information för en given egenskap i vissa fall hade avelsvärden som var för höga trots att en ansenlig mängd döttrar inkluderats.
Omvänt gällde att en del tjurar med negativ genomisk information för en given egenskap i vissa fall hade för låga avelsvärden när döttrar togs med som informationskälla.

För att komma till rätta med detta reduceras vikten för genomiska informationen och mer vikt läggs på dotterinformationen.
Det innebär en mjukare övergång från avelsvärde med enbart genomisk information till avelsvärde med både genomisk information och dotterinformation till avelsvärde med nästan enbart dottergruppsinformation.

Detta utförs för alla egenskaper för Holstein, RDC och Jersey. För korna är effekten liknande för de egenskaper där korna ingår i referenspopulationen (mjölkproduktion, exteriör och juverhälsa).

Korrelationerna mellan tidigare och nya avelsvärdena för alla raserna är mycket höga både för hondjur (0.98) och unga tjurar (0.95).