

# Nyheder - NAV rutine evaluering

## 13 august 2013

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

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

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

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

### Udtræksdatoer

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

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

Egenskab	Danmark	Finland	Sverige
Ydelse	26.06.2013	16.06.2013	14.06.2013
Eksteriør, malketid og temperament	01.07.2013	16.06.2013	10.06.2013
Frugtbarhed	01.07.2013	16.06.2013	15.06.2013
Yversundhed og øvrige sygdomme	01.07.2013	16.06.2013	15.06.2013
Kælvningsegenskaber	01.07.2013	16.06.2013	15.06.2013
Holdbarhed	01.07.2013	16.06.2013	15.06.2013
Vækst	26.06.2013	16.06.2013	16.06.2013
Klovsundhed	01.07.2013	16.06.2013	16.06.2013

### Data anvendt til beregning af genomiske avlsværdital

Genotyper er udtrukket fra den fælles nordiske SNP data base 5 juli 2013. Interbull information fra april 2013 og national information jvf. udtræksdatoer angivet i tabel 1 er anvendt til genomisk avlsværdiurdering.

### Nyheder i NAV avlsværdiurdering

#### Genomisk avlsværdiurdering

##### RDC reference tyres

2-3 årgange af NRF tyre med malkede døtre er tilføjet RDC referencepopulationen i juni.

##### Low Density (LD) chip

LD (10K) genotyper blev for første gang indregnet i rutine evalueringen den 2. juli og ved evalueringen 13. august indgår over 7500 hundyr med LD genotyper. Indtil 2. juli blev X-kromosomet anvendt i den genomiske prædiktions for RDC og Jersey. Men imputation fra 10K til 54K er kompliceret for X-kromosomet og kræver mere forskning inden det er muligt. Derfor er X-kromosomet udeladt af den genomiske prædiktions medvirkning fra 2. juli. Tidligere forskningsresultater har vist, at effekten af at inkludere SNP'er fra X-kromosomet er meget lille.

Imputationen er udført med enten Beagle- eller FImpute softwareprogrammet. Beagle har været det program, der har klaret sig bedst i imputationsstudier. Beagle er imidlertid meget beregningskrævende,

når referencepanelet er stort. Flmpute er derimod meget hurtig og er blandt de softwareprogrammer, der har klaret sig næstbedst efter Beagle. Den største forskel på de to softwareprogrammer er, at Flmpute anvender afstammingsinformation mere end Beagle i imputationen. NAV kan i øjeblikket håndtere Beagle i rutineevalueringen for Jersey og RDC (med nogle begrænsninger i referencepanelet for RDC). Hos RDC anvendes kun tyre fra Finland, Sverige og Danmark i imputationen. Flmpute anvendes hos Holstein. I tabel 2 er vist resultater fra undersøgelsen af hvor præcist imputationen kan foretages for de tre racer.

Tabel 2. Genotype fejlrate (antal dyr) – imputation fra 10K til 54K.

Race	Imputation software	Kun faderen genotypet	Begge forældre genotypet
Holstein	Flmpute	3,2 (1213)	0,7 (432)
Holstein	Beagle	Cannot be handled on routine basis	
RDC – alle genotyper	Flmpute	4,3 (1147)	0,7 (234)
RDC – alle genotyper	Beagle	1,3 (1147)	1,0 (234)
RDC- genotyper fra danske, svenske og finske tyre	Beagle	1,4 (1147)	1,1 (234)**
Jersey	Flmpute	1,5 (110)	0,5 (75)
Jersey	Beagle	Ikke undersøgt, men Beagle forventes at være bedre end Flmpute	

The imputation er udført på:

- 54K genotyper – alle manglende SNP'er er imputeret – har størst betydning for SNP der ikke er fælles for Illumina version 1 and version 2
- Imputation fra 10K til 54K

Ændringerne i editeringen af SNP'er skaber lidt større ændringer i GEBV'er end vi normalt ser ved sammenligning af GEBV fra to på hinanden følgende evalueringer. Endvidere har vi observeret en lidt større spredning og avlsmæssig udvikling for alle tre racer ved at anvende den nye editering og imputation af 54K genotyper.

I evalueringen 13. august indgår over 7.500 nye hundyr genotyper i beregningssystemet primært Jersey og RDC hundyr fra hundyr test programmet som VikingGenetics har igangsat. Vi har observeret, at RDC hundyr i gennemsnit falder med 4-5 NTM enheder, når den genetiske information er regnet sammen med den traditionelle information. Dette skyldes primært en afvigelse for ydelsesindekset. Faldet ser ud til at være størst for de yngste hundyr. Vi ser den samme tendens hos jersey dog i mindre grad, hvor effekten er 2-3 NTM indeksenheder. Eftersom næsten alle nye hundyr er testet i hundyrtestprogrammet forventes disse at være uselekerede, og vi skal derfor ikke forvente en sådan afvigelse. Vi tror at afvigelsen skyldes problemer med skalering i relation til den genomiske prædiktionsmodel, hvilket skal undersøges nærmere. Vi forventer at kunne løse problemet inden for de nærmeste måneder.

Den fundne afvigelse betyder, at rangeringen på tværs af gruppen af genomisk testede dyr og gruppen af ikke genomisk testede dyr ikke er 100 % fair hos RDC og jersey, hvilket man bør tage højde for ved selektion af avlsdyr i praksis.

## NTM

Med virkning fra 13. august anvendes den reducerede vægt på ydelse i NTM kun for køer med egen ydelse uden genomisk information.

Tabel 3. Vægtfaktorer i NTM

	Holstein	RDC	Jersey	DRH
Ydelse*	0,75/0,68	0,92/0,84	0,87/0,78	0,75/0,68
Vækst	0,06	0,00	0,00	0,11
Frugtbarhed	0,31	0,26	0,20	0,23
Fødsel	0,15	0,14	0,06	0,17
Kælvning	0,17	0,12	0,06	0,17
Yversundhed	0,35	0,32	0,44	0,35
Øvrige sygdomme	0,11	0,12	0,04	0,12
Krop	0,00	0,00	0,00	0,00
Lemmer	0,12	0,09	0,04	0,15
Malkeorganer	0,25	0,32	0,26	0,24
Malketid	0,08	0,10	0,10	0,08
Temperament	0,03	0,03	0,03	0,03
Holdbarhed	0,11	0,07	0,08	0,11
Klovsundhed	0,08	0,05	0,05	0,10

\*Vægt faktor for tyr/vægt faktor for køer med egen ydelse

## Genetiske base

Avlsværdital for tyre og hundyr er udtrykt på samme kobase. I basen indgår køer født fra 13.08.2008 til 13.08.2010 (gennemsnit 100).

## Genomiske avlsværdital (GEBV'er)

GEBV'er kombinerer genomisk og fænotypisk information. GEBV'er er beregnet for alle sammensatte egenskaber, der indgår i NTM og for NTM, Tabel 4 beskriver hvordan forskellige kategorier af genotypedyr er håndteret, Alle ikke genotypedyr får traditionelle avlsværdital,

Tabel 4., Publicering af sammenvejede avlsværdier (GEBV'er) og traditionelle avlsværdital for forskellige kategorier af dyr,

Kategori af dyr		Status	Publiceret avlsværdi
Genotypedyr tyre	Tyre uden afkomsggruppe undersøgelse	Slagtede	Ingen
		Kvf tyre med et nordisk stambogsnr	<b>GEBV</b> når tyren er 17 mdr på publiceringsdagen
	Tyre med en nordisk eller en udenlandsk afkomsggruppe undersøgelse	Kvf tyre med en nordisk afkomsgundersøgelse	EBV
		Udenlandsk kvf tyre med nordisk stb nr og en udenlandsk afkomsgundersøgelse	IB EBV for alle tilgængelige internationale egenskaber, <b>GEBV</b> for egenskaber baseret kun på afstammings information
Genotypedyr hundyr	Kvier og køer		<b>GEBV</b>

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

GEBV'er og EBV'er er sammenlignelige. Dyr som har GEBV'er får disse publiceret i stedet for EBV'er hvis de opfylder publiceringskravene,

### Offentliggørelse af NTM for nordiske og udenlandske tyre

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

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

### NAV – frekvens og timing af rutineevaluering

NAV har 4 evalueringer pr. år for alle egenskaber baseret på data fra praksis. I tabel 8 er NAV og INTERBULL publiceringsdatoer for 2013 angivet. NAV udfører yderligere syv genomiske avlsværdivurderinger for at beregne avlsværdital baseret på de nyeste genotyper for tyrekalve og hundyr. De ekstra evalueringer finder sted 2.3, 2.4, 2.6, 2.7, 2.9, 2.10, 2.12, Efter de ekstra evalueringer bliver genomiske avlsværdital for hundyr opdateret på de nationale kvægdata-baser,

Tabel 5. NAV og Interbull publiceringsdatoer i 2013, Avlsværdital publiceret på NAV datoer angivet med **fed** vil blive afleveret til international avlsværdivurdering,

Måned	2013	
	NAV	INTERBULL
Januar 2013		
Februar 2013	<b>4</b>	
Marts 2013		
April 2013		9
Maj 2013	2	
August 2013	<b>13</b>	13
September 2013		
October 2013		
November 2013	<b>2</b>	
December 2013		3

Du kan få flere oplysninger om den fælles nordiske evaluering:

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

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

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

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

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

Kontakt person: Jan-Åke Eriksson, svensk Dairy Association, Tel +46 08-790 58 67

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

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

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