

Appendix A

Common data layout for traits used in Nordic Cattle Genetic Evaluation

NCGE2 contain information used for the fixed effects.

NCGE32 contain information for each dependent variable separately.

Data file NCGE2 must only be prepared one time for each routine evaluation, whereas NCGE3 must be repeated for each trait and each time it is recorded as a new case or culling reason.

DATAFILE NCGE2

Variable name*	Position in file		Description of variable	Key
<i>animid</i>	1-15	15.	Animal's local unique ID	
<i>clvnumb</i>	16-17	2.	Calving number	1
<i>clvdate (yyyymmdd)</i>	18-25	8.	Calving date of cow	2
<i>herdid</i>	26-35	10.	Herd of calving	3
<i>culling (yyyymmdd)</i>	36-43	8.	Date of culling or movement	
<i>cullcode</i>	44	1.	Culling Code	4
<i>newherd</i>	45-54	10.	New herd ID	5

*Information used for fixed effects

DATAFILE NCGE32

Variable name*	Position in file		Description of variable	Key
<i>animid</i>	1-15	15.	Animal's local unique ID	
<i>type</i>	16-17	2.	Record type	6
<i>date (yyyymmdd)</i>	18-25	8.	Date of treatment or culling	
<i>code1</i>	26-30	5.	Code for treatment or culling	7
<i>herdid</i>	31-40	10.	Reg. of herd id	

* Repeats of records within each calving

Key	Description
1	if heifer record then calving number=0
2	If heifer record then leave blank
3	If heifer record then herd of birth
4	Animal moved to another herd =1 Animal slaughtered =2 Animal dead =3
5	Herd id in new herd if cow is moved
6	Treatment for disease =1 Culling date and code =2
7	Code for other diseases treatment or =NAV codes for treatments Culling =NAV codes for culling

Appendix B

Inclusion of BHB and acetone data in the NAV genetic evaluation for General Health

Freddy Fikse. Växa Sverige

The revision of the NAV genetic evaluation for “General Health” encompasses the inclusion of routinely collected BHB and acetone data from (at first hand) Denmark. BHB and acetone have been found to be strongly correlated to clinical diagnosis of ketosis, but may also be good indicators for subclinical ketosis.

The present NAV genetic evaluation for “General Health” includes a trait group “metabolic health” in which diagnosis for milk fever and ketosis are combined. While BHB and acetone are strongly correlated to ketosis, less is known about the relationship with milk fever. This poses the question how to best utilize the BHB and acetone data.

Prevalence of metabolic disorders in the NAV countries

Metabolic disorders in the NAV genetic evaluation consists of five groups:

- g2 Ketosis
- g3 Milk fever (incl. Downer cow)
- g11 Other metabolic diseases (e.g. grass tetany, hypomagnesia)
- g12 Other feed related disorders (e.g. displaced abomasum, rumen acidosis)
- g13 Other diseases (e.g. pneumonia, bronchitis, diarrhoea)

The frequencies of treatments of ketosis vs the other four groups differs by country and breed and across time. For example, ketosis is the dominating disorder in recent years in Denmark for Holstein and RDC, but in Finland and Sweden milk fever is the dominating disorder. For details, see the graphs in the accompanying pdf files.

A scan of the literature

While there exist several genetic studies of both ketosis and milk fever, there are only few that have investigated the genetic correlation between both traits. Heringstad et al (2005) reported low genetic correlations between ketosis and milk fever (0.19, 0.35 and 0.24 in lactation 1, 2 and 3, resp.) in NRF cattle. Ederer et al. 2016 reported a genetic correlation between ketosis and milk fever of 0.45 for Austrian Fleckvieh cattle.

Closter et al. reported a strong correlation between BHB/acetone and ketosis for Danish Holstein cattle. Other studies are in agreement with that observation; Pryce et al. summarized estimates ranging from 0.37 to 0.75. No reports on the genetic correlation between BHB/acetone and milk fever were found.

Alternatives

We identified three options to incorporate BHB/acetone in the genetic evaluation:

1. Add two traits (BHB and acetone) to the existing 13 traits
2. Add two traits (BHB and acetone), take out ketosis from the group of metabolic traits; this will result in a 16+2-trait model.
3. Add BHB and acetone as a sixth group within the metabolic disorders, and reduce the weight according to the genetic correlation between BHB/acetone and ketosis.

Ad 1.

Pros:

- Only few new genetic parameters to be estimated
- Leaves the current grouping in-tact

Cons:

- Potentially sub-optimal use of the BHB/acetone data, as the correlation between “metabolic health” and BHB/acetone is (much?) lower than the genetic correlation between ketosis and BHB/acetone.

Ad 2.

Pros:

- Optimal use of BHB/acetone data to predict ketosis

Cons:

- Distorts the current grouping intact, and frequencies of non-ketotic metabolic disorders will be even lower.
- Many more genetic parameters to (gu)estimate.

Ad 3.

Pros:

- Easy to do

Cons:

- Even though there is an adjustment for heterogeneous variance, combining a normally distributed trait together with a very skewed distributed trait may not be desirable
- The definition of the trait “metabolic health” becomes more fuzzy.

Recommendation

Alternative 2

Final implementation

There was the consensus that among the three alternatives that were presented the one that will make most use of the new BHB and Acetone data includes splitting metabolic diseases into Ketosis and “rest”. It is believed that this strategy will ensure a more accurate genetic evaluation of ketoses and an effective use of the BHB and acetone data.

Appendix C

Lavere frekvens af stofskifte- og lemmelidelser gennemavl

Ane M. Closter, Jørn Pedersen og Anders Fogh, SEGES Kvæg

Introduktion

Projektets baggrund og formål (fra ansøgning om tilskud i 2015)

Forekomsten af stofskiftelidelser er stigende fra første laktation (3-5 pct.) til tredje laktation (13-16 pct.). For lemmelidelser er forekomsten ret konstant, idet den er 7-8 pct. i 1. laktation og 5-7 pct. i tredje laktation. Der er dermed en høj forekomst af sygdommene, og samtidig har de en stor effekt på omkostninger til behandling og tabt mælkeydelse. Desuden har syge dyr smerter og dermed nedsat dyrevelfærd. Sygdommene er tabsvoldende for kvægbruget, og formålet med projektet er at øge sikkerheden på avlsværditallene for stofskiftelidelser og lemmelidelser ved at anvende nye typer data. Ved at øge sikkerheden kan man opnå større avlsfremgang og i sidste ende større produktivitetsstigning og bedre dyrevelfærd i kvægbruget. Avlsværdital for stofskiftelidelser og lemmelidelser indgår i indeks for "Øvrige sygdomme".

Ketose

Stofstiftelidelsen ketose udvikles som følge af negativ energibalance i tidlig laktation. Mælkeydelsen hos køer kan stige så meget i de første par måneder efter kælvningen, at energibehovet ikke kan dækkes gennem foderoptagelsen. Koen mobiliserer derfor energi fra kropsdepoter - især fedt. Mobiliseringen af fedt medfører dannelse af ketoner, navnlig acetone og smørsyre, der kan fremkalde acidose. Leveren har derefter svært ved at omsætte de mange mobiliserede fedtsyrer (NEFA) fra fedtvævet. Derfor stiger indholdet af NEFA, ketonstofferne beta-hydroxybutyrat (BHB) og acetone i blodet. En del af de mobiliserede fedtsyrer udledes direkte i mælken, med stigning i fedtprocenten til følge, og betegnes derfor som biprodukter fra en ufuldstændig omsætning af fedt.

Når koen har et højt niveau af disse ketonstoffer i mælken gennem længere tid, er der en forøget risiko for, at koen udvikler ketose. Køer med forhøjet BHB vil tit være de samme som dem, der har forhøjet fedtprocent og forhøjet fedtprotein forhold (FPF) i mælken. Ketose er et udtryk for energimangel og kan inddeltes i klinisk ketose og subklinisk ketose. De kliniske tegn forekommer typisk sent i sygdomsforløbet og er vanskelige at opdage. Køer, der har subklinisk eller klinisk ketose, kommer oftere langsomt i gang med laktationen samtidige med, at de har nedsat ædelyst, lavere ydelse, er modtagelige for infektioner - deriblandt mastitis og problemer som løbedrejning. Klinisk ketose er forbundet med et fald i tørstof indtag, huldtab og et fald i mælkeproduktionen. Subklinisk ketose er defineret som forhøjede niveauer af ketonstoffer uden tilstedsvarsel af kliniske tegn. Forekomsten af subklinisk ketose er størst hos ældre køer, som almindeligvis har en større ydelse og derfor mobiliserer mere end førstekalvskøer. I forbindelse med ydelseskontrol bliver alle mælkeprøver analyseret for BHB og acetone.

Leverbylder

Leverbylder er en stofskiftelidelse betinget af fodringen, som oftest forekommer hos slagtekalve, der bliver fodret intensivt. Leverbylder forekommer i mindre grad hos kvier og køer. Udoer de fodrings- og pasningsmæssige faktorer, har det vist sig, at der er forskel på den avlsmæssige resistens mod leverbylder hos slagtekalve. Frekvensen af leverbylder hos store sønnegrupper efter Holstein insemineringstyre er således forskellig. I denne del af projektet vil det blive vurderet, om det er muligt at inkludere leverbylder hos slagtekalve og ungtyre, som en genetisk indikatoregenskab for sur vom hos malkekøer.

Lemmelidelser

En stor andel af sundhedsregistreringer for malkekøer er rettet mod halthed. Halthed hos koen kan enten skyldes lemmelidelser eller klovlidelser. De danske registreringer af lemmelidelser eller klovlidelser omfatter følgene

egenskaber: Balleforrådnelse, betændelse klovspalte, klovbeskæring, klovspalte nydannelse, laminitis, såleknusning, trykning, tyk has, lemmelidelse andet og digital dermatitis. Der sker i dag en samlet avlsværdivurdering for klov- og lemmelidelser uden at skelne til, om lidelsen er relateret til klove eller lemmer.

Formål

Formålet med projektet "Lavere frekvens af stofskifte- og lemmelidelser gennem avl" er at skabe bedre økonomi for kvægbrugeren samt højne dyrevelfærden. Mere specifikt er formålet at øge sikkerheden på avlsværditallene for stofskifte- og lemmelidelser ved at anvende nye typer data. Sikkerheden på avlsværditallene for sundhedsegenskaberne er i dag 50-60 pct. for afprøvede insemineringstyre. Anvendelse af nye typer data vil give større sikkerhed, større avlsfremgang og i sidste ende større produktivitetsstigning i malkekvaægsbesætninger.

Projektet omfatter: En pilotundersøgelse, hvori effekten af at bruge registreringer af beta-hydroxybutyrat (BHB) fra mælkeprøver og data fra sundhedsrådgivningsbesøg undersøges. Disse datakilder opsamles rutinemæssigt og giver indikation af koens sundhedsstatus med hensyn til stofskifte- og lemmelidelser. Ved at anvende disse data sammen med eksisterende data om behandlinger forventer vi at kunne give et mere nuanceret billede af, om koen er syg eller ej. Vi vil med andre ord komme tættere på koens sande sundhedsstatus. For leverbylder vil vi beregne genetiske parametre samt sammenhæng over til avlsværditallene for egenskaber i det samlede avlsmål (NTM).

Datasammensætning for BHB og acetone

I analysen af BHB og acetone er data afgrænset til at indeholde kælvninger mellem 23. august 2012 og 27. juni 2014. Der er i alt 3.268.916 registreringer i de uredigerede data. Der er blandt andet flere registreringer pr. ko pr. Laktation, og den enkelte ko kan også have observationer fra flere laktationer (tabel 1). De negative værdier for BHB- og acetonemålinger skyldes målefejl eller måleusikkerhed. Ved meget lave måleresultater, som ligger tæt på nul, kan målingen blive negativ på grund af forekomsten af måleusikkerheden.

Tabel 1. Antallet af registreringer for BHB og acetone (mmol/L), gennemsnit, standardafvigelse, minimum og maksimum.

Variable	Antal	Gns.	Std.	Minimum*	Maksimum
BHB (mMol)	3.268.916	0,04	0,05	-0,34	4,51
Acetone (mMol)		0,02	0,07	-0,68	3,73

*De negative værdier skyldes forekomsten af måleusikkerhed ved målingen af BHB og acetone. Ved meget lave værdier kan målingen derfor blive negativ.

Ydelse data

Registreringerne kommer fra 490.920 Holstein køer fordelt på 2.669 danske besætninger, som via RYK er samlet i Kvægdatabasen. I alt indgik 3.268.916 kontrolleringer med BHB og acetone, 3.268.637 kontrolleringer med kg mælk, fedt- og proteinprocent og 3.259.479 kontrolleringer med celletal i datasættet (tabel 2).

Tabel 2. Antal registreringer for BHB og acetone (mmol/L) efter data er blevet flettet med ydelsesdata, gennemsnit, standardafvigelse, minimum og maksimum

Variable	Antal	Gns.	Std.	Minimum*	Maksimum
BHB	3.268.916	0,04	0,05	-0,34	4,51
Acetone	3.268.916	0,02	0,06	-0,68	3,73
Kg Mælk	3.268.637	31,17	9,26	0	99,2
Fedt%	3.268.637	4,13	0,75	0	19,77
Protein%	3.268.637	3,46	0,40	0	9,99
Celletal**	3.259.479	278,53	753,2	0	9999

*Negative værdier skyldes forekomsten af måleusikkerhed ved målingen af BHB og acetone og lave værdier kan give negativ værdi. **Celletal/ml*1000

Efter redigering er der registreringer på 258.985 køer fordelt på 2.580 besætninger. Der blev kun anvendt BHB-værdier i perioden fra dag tre til dag 60 efter kælvning. Der er målinger fra første laktation og op til 13. laktation for enkelte køer. Analyserne gennemføres kun for første, anden og tredje laktation. I alt indgår 225.605 første laktationskøer, 171.879 anden laktationskøer og 110.874 tredje laktationskøer. Dette reducerer antallet af observationer til 463.175. Data blev koblet med viden om laktationsnummer og kælvningsdato og blev efterfølgende filtreret i et valideringsprogram med henblik på at identificere og fjerne utroværdige registreringer (tabel 3). Gennemsnitlig BHB og acetone ligger lidt under, hvad der blev fundet i et hollandsk studie (van der Drift et al., 2012) og i et canadisk studie (Koeck et al., 2014).

Tabel 3 Redigering af data. Antallet af observationer er efter redigering

Fejl / kommentar	Redigering	Antal observation
Antal observationer inden redigering	–	3.268.916
Manglende kælvningsdato	Slettet	3.260.775
Kun køer mellem 3 og 60 dage efter kælvning	Under 3 og over 60 dage fra kælvning slettet	595.515
Kun 1. til 3. gangs kælvninger	Slettet højere end 3. kælvning	493.237
BHB = 0,1 og acetone = 0,1, Fedt % = 4, Protein % = 3 og BHB = 0,1	Slettet	489.618
Observationer hvor Kg mælk er 0	Slettet	488.856
Observationer hvor Kg mælk er under 10	Slettet	488.364
Fedt% under 1 og over 12	Slettet	488.260
Protein% under 1 over 6	Slettet	487.953
Observationer hvor celletal mangler	Slettet	487.774
Observationer hvor celletal er 0	Slettet	487.595
Observationer hvor celletal er 9999	Slettet	486.939
Danmarks Kvægforskningscenter (DKC)	Slettet DKC	486.058
Pedigree: Manglende Nav_sid (=far)	Slettet	463.175

Tabel 4 viser BHB, acetone og ydelsesresultater for samtlige køer efter redigering af data. Data blev flettet med sygdomsdata for ketose. Da ydelseskontrolle og ketose-registreringer sjældent falder på samme dag, blev der brugt et vindue på 15 dage før ydelseskontrol og 15 dage efter ydelseskontrol, når data blev flettet (tabel 4).

Tabel 4. Antal registreringer for BHB og acetone, kg mælk, fedt%, protein% og celletal efter data er blevet redigeret.

Sygdomskategorien for ketose blev flettet på ydelseskontroldata indenfor \pm 15 dage af ydelseskontroldatoen.

Variable	Antal	Gns.	Std.	Minimum*	Maksimum
BHB		0,05	0,07	-0,34	3,02
Acetone		0,04	0,09	-0,23	3,73
Kg mælk	463.175	34,07	9,69	5,00	92,20
Fedt%		4,20	0,84	1,01	12,00
Protein%		3,30	0,38	1,16	6,00
Celletal**		247,96	684,11	1,00	9990,00
Ketose	4971	0,01	0,1	–	–

*De negative værdier skyldes forekomsten af måleusikkerhed ved målingen af BHB og acetone. Ved meget lave værdier kan målingen blive negativ. ** Celletal/ml*1000

Ny sundhedsregistrering

Indenfor sundhedsrådgivning af kvæg er der tre forskellige modeller for rådgivningsbesøg, som landmanden kan vælge imellem. Sundhedsrådgivning kan deles op i basismodul, modul 1 (gammel sundhedsrådgivning) og modul 2 (ny sundhedsrådgivning). Modul 2 eller ny sundhedsrådgivning er baseret på relativ høj frekvens af dyrlægebøgesamtidigt med, at landmanden har flere beføjelser til selv at behandle. Ny sundhedsrådgivningen (modul 2) og kvartalsrapporten indeholder stort set det samme som under modul 1, men derudover vil den også omfatte resultater af kliniske undersøgelser, besætningsdiagnoser, behandlingseffekt mv. Kliniske data fra ny sundhedsrådgivning kan måske give et mere nuanceret billede af koens sundhedstilstand.

Der er gennemført statistiske analyser af de kliniske registreringer fra ny sundhedsrådgivning. Der var kun få kliniske data fra ny sundhedsrådgivningsbesøg, og de havde en ringe kvalitet. Det var derfor ikke muligt at bruge disse data til beregning af de genetiske parametre for stofskiftelidelser og lemmelidelser.

Opdeling af målinger på basis af grænseværdier fra BHB målinger

Opdeling af sundhedstilstanden af den enkelte ko ud fra BHB målinger i mælken er foreslået i tre kategorier (KvægInfo nr. 2456):

Negativ (raske køer); hvor BHB < 0,15 mMol

Mistanke (subklinisk); hvor BHB 0,15 – 0,20 mMol

Positiv (klinisk); hvor BHB > 0,20 mMol

Tabel 5 viser resultaterne for ketose-registreringer, acetone, kg mælk, fedtprocent, proteinprocent og celletal fordelt på første, anden og tredje laktation og opdelt i de tre BHB-kategorier; negative, mistanke og positiv. Frekvensen af ketose-tilfælde stiger fra 0,01 i første laktation til 0,12 i tredje laktation. Acetone, kg mælk og fedtprocenten varierer afhængig af opdeling af BHB-niveau. Gruppen positiv har lavere gennemsnitlig kg mælk og en højere fedtprocent i forhold til de to andre grupper, negativ og mistanke. Proteinprocenten er stort set ens i alle grupper i tabel 5. Celletal stiger fra første laktationskører til anden og tredje laktationskører, samt når BHB-kategorierne skifter fra negativ, mistanke og positiv.

Tabel 5. Antal registreringer for BHB og acetone, kg mælk, fedt%, protein% og celletal når køer er opdelt afhængig af BHB niveau. Negative/raske hvor BHB < 0,15 mMol, mistanke om ketose/subkliniske; hvor BHB 0,15 – 0,20 mMol og positiv / klinisk; hvor BHB > 0,20 mMol og opdelt per første, anden og tredje laktation. Resultaterne er baseret på gennemsnit pr. ko pr. laktation

Laktation		Første			Anden			Tredje		
BHB		N	Gns.	Std.	N	Gns.	Std.	N	Gns.	Std.
Negativ (rask)	Ketose		0,01	0,07		0,04	0,04		0,01	0,12
	Acetone		0,03	0,06		0,02	0,05		0,05	0,04
	Kg mælk	194.515	28,4	6,63	147.778	37,82	8,84	100.565	40,21	9,51
	Fedt%		4,15	0,77		4,13	0,78		4,16	0,81
	Protein%		3,28	0,33		3,33	0,40		3,29	0,41
Mistanke (subklinisk)	Celletal*		161,85	504,14		256,24	671,77		352,35	827,10
	Ketose		0,03	0,18		0,02	0,16		0,05	0,22
	Acetone		0,17	0,13		0,12	0,12		0,13	0,12
	Kg mælk	4685	26,18	6,9	4885	37,20	8,64	4823	38,39	9,15
	Fedt%		5,04	1,08		4,79	0,98		4,90	1,05
Positiv (klinisk)	Protein%		3,31	0,44		3,28	0,40		3,26	0,42
	Celletal*		317,44	825,35		432,67	1087,69		537,67	1191,05
	Ketose		0,07	0,07		0,07	0,26		0,12	0,32
	Acetone		0,40	0,34		0,30	0,30		0,35	0,33
	Kg mælk	3703	23,79	7,12	3467	34,04	9,86	4369	33,97	10,73
	Fedt%		5,50	1,32		5,23	1,28		5,44	1,34
	Protein%		3,38	0,49		3,32	0,46		3,30	0,48
	Celletal*		417,21	1021,46		501,67	1194,72		623,23	1337,38

*(Celletal/mL × 1000)

Huld og risiko for stofskifteproblemer

Koens huld ved kælvningen har muligvis en sammenhæng med, om den udvikler ketose umiddelbart efter kælvningen. Resultaterne i tabel 6 viser, at gennemsnitligt BHB stiger lidt, jo højere huldkode køerne har fået (dyrlægeregistreringer). Tidlige undersøgelser har vist, at der er sammenhæng mellem huld ved kælvning, huldtab og antallet af køer med stofskiftesygdomme. Aaes (2013) beskrev, at der er sammenhæng mellem huld ved kælvning og ændring i huld efter kælvning. Kør med et huld på tre ved kælvning taber sig typisk 0,6 huldenheder, mens køer med et huld på fire taber op til 1,2 huldenheder (KvæglInfo nr. 2339). Forekomsten af subklinisk ketose er størst hos køer, som er i højt huld ved kælvning (>3,5), da disse køer malker meget, æder mindre, og derfor mobiliserer meget (KvæglInfo nr. 2339). Tabel 6 viser, at BHB målinger i tidlig laktation og fedtprocenten der ligger i tidsintervallet minus fem til plus fem dage fra huldmålingen steg, når huldmålingerne blev større og samtidig steg fedtydelsen.

Tabel 6. Gennemsnitlig BHB, acetone, kg mælk, fedtprocent, proteinprocent og celletal for delt per huld kode fra dyrlæge observationer. Huld koderne er flettet sammen med Bhb og ydelsesobservationer +/- 5 dage fra kontroldagen og hulddatoen.

Huldkode	N	BHB		Acetone		Kg mælk		Fedtprocent		Proteinprocent		Celletal	
		Gns.	SD	Gns.	SD	Gns	SD	Gns.	SD	Gns.	SD	Gns.	SD
1	11	0,06	0,03	0,06	0,04	33,71	8,87	5,06	0,44	3,68	0,31	210,55	360,46
1,25	1	0,03		0,00		26,00		3,92		3,29		36,00	
1,5	3	0,02	0,01	-0,03	0,18	26,90	5,11	4,91	0,84	3,62	0,40	88,00	95,39
1,75	5	0,02	0,10	0,06	0,08	32,72	11,00	4,61	0,99	3,62	0,51	279,00	336,31
2	46	0,06	0,09	0,08	0,18	29,25	8,60	4,66	1,11	3,57	0,50	340,13	566,90
2,25	183	0,06	0,06	0,05	0,13	32,09	9,92	4,53	0,94	3,50	0,39	370,33	986,20
2,5	1004	0,06	0,07	0,05	0,14	31,82	9,93	4,63	0,96	3,53	0,43	370,30	894,72
2,75	2979	0,06	0,07	0,05	0,13	32,15	9,12	4,64	0,91	3,56	0,41	333,05	835,43
3	7209	0,06	0,07	0,06	0,12	31,23	9,21	4,75	0,93	3,61	0,40	310,93	805,15
3,25	9602	0,06	0,07	0,06	0,13	30,37	8,90	4,83	0,94	3,63	0,40	298,29	747,16
3,5	9159	0,06	0,07	0,06	0,13	29,67	8,79	4,91	0,93	3,66	0,39	297,55	744,71
3,75	3243	0,07	0,08	0,07	0,14	29,15	9,09	5,05	0,96	3,69	0,40	299,20	780,58
4	796	0,07	0,08	0,07	0,12	28,80	8,78	5,12	0,97	3,71	0,40	303,49	769,95
4,25	129	0,07	0,08	0,08	0,15	28,02	7,63	5,10	0,96	3,70	0,41	369,16	1075,74
4,5	43	0,07	0,09	0,09	0,14	27,92	7,89	5,25	1,35	3,80	0,50	270,21	454,24
4,75	9	0,07	0,09	0,06	0,09	26,98	8,95	5,31	0,91	3,82	0,24	279,00	456,18
5	2	0,04	0,07	0,03	0,05	27,10	6,65	5,35	0,08	3,57	0,45	82,00	87,68

Resultaterne fra tabel 7 er baseret på huldkåringer fra afkomsinspektørerne, som ikke viser helt så entydig billede som tabel 6. Tabel 7 viser, at gennemsnitlig BHB falder jo højere huldkåringer. Dog er der kun halvt så mange huldkåringerne fra afkomsinspektørerne i den givne periode, da disse huldkåringer ikke er sundhedsorienteret og foretages i hele laktationsperioden. Fedtprocenten ligger gennemsnitlig 0,8 % højere, og proteinprocenten ligger gennemsnitlig 0,4 % levere i tabel 7 i forhold til tabel 6. Derimod ligger giver kg mælk i tabel 7 2,7 kg højere end kg mælk i tabel 6. Da både huldkåringerne fra afkomsinspektørerne og hulddataene fra dyrlægerne er flettet på samme data, kan det antages, at registreringerne ikke er foretaget på samme ko eller ved forskellige lejligheder.

Tabel 7 Gennemsnitlig BHB, acetone, kg mælk, fedtprocent, proteinprocent og celletal for delt pr. huldkode fra afkomsinspektørernes kårlinger. Huldkåringerne er flettet sammen med BHB og ydelsesobservationer +/- 5 dage fra kontroldagen og hulddatoen.

Huldkåring	N	BHB		Acetone		Kg mælk		Fedtprocent		Proteinprocent		Celletal	
		Gns.	SD	Gns.	SD	Gns.	SD	Gns.	SD	Gns.	SD	Gns.	SD
1	7	0,05	0,03	0,00	0,12	35,61	9,55	3,64	0,53	2,95	0,07	113,14	96,75

2	196	0,04	0,05	0,03	0,08	33,48	9,27	3,81	0,54	3,05	0,22	120,05	273,07
3	1518	0,04	0,06	0,02	0,07	34,63	8,71	3,85	0,60	3,13	0,22	138,50	422,35
4	1644	0,03	0,05	0,02	0,06	33,39	8,13	3,91	0,60	3,19	0,23	124,41	408,35
5	1144	0,03	0,04	0,02	0,05	32,34	7,10	3,96	0,65	3,24	0,23	102,81	260,23
6	211	0,04	0,08	0,03	0,06	31,88	7,54	4,06	0,75	3,24	0,24	130,45	341,24
7	49	0,03	0,04	0,04	0,09	30,41	7,04	3,87	0,57	3,28	0,20	61,16	81,88
8	6	0,04	0,05	0,03	0,05	31,55	4,36	4,26	0,31	3,44	0,30	53,67	34,70
9	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-

Daglige fedt- og proteinprøver fra Lely robotter

De månedlige målinger fra ydelseskontrollen af BHB, acetone, fedtprocenten og proteinprocent fra ydelseskontrollen og managementovervågning giver ikke det fulde overblik over den enkeltes kos sundhedstilstand, da koen kan have været syg mellem kontrolleringerne. AMS malkesystemer fra Lely kan måle fedtindholdet, proteinindholdet og celletallet ved hver enkelt malkning ved et standard in-line fedt og protein målesystem. Da en stigning i fedtprocenten kan have sammenhæng til ketose, kan målinger fra hver malkning af fedt- og proteinindholdet i mælk give en mere nuanceret information, om den enkelte ko er ved at udvikle ketose.

Data fra AMS Lely

Et pilotstudie af Lely AMS data for 126 Holstein køer fra en enkelt besætning i perioden 15. august til 24. august 2015 blev sammenlignet med ydelseskontrolmålinger fra den 20. august 2015. Tabel 8 viser gennemsnit for kg mælk, fedtprocent og proteinprocent fra AMS malkesystem og fra ydelseskontrollen.

Tabel 8. AMS Lely malkesystem: Antal observationer, gennemsnit, standardafvigelse, minimum og maksimum. Enkelt besætning malket i perioden 15. august til 24. august 2015. Ydelseskontrol: Antal observationer, gennemsnit, standardafvigelse, minimum og maksimum var den 20. august 2015. Data er ikke redigeret.

	Variabel	Antal	Gns.	SD	Minimum	Maksimum
AMS Lely	Kg mælk	3.512	12,34	4,02	0	34,9
	Fedt%	3.493	3,97	0,71	1,61	7,484
	Protein%	3.497	3,39	0,60	2,60	35
	Celletal*	1.443	288,5	14,4	1	3793
Ydelseskontrol	Kg mælk		36,72	9,12	0	60
	Fedt%	125	3,93	0,87	0	8,3
	Protein%		3,41	0,45	0	4,39
	Celletal*		233,75	633,66	11	5838

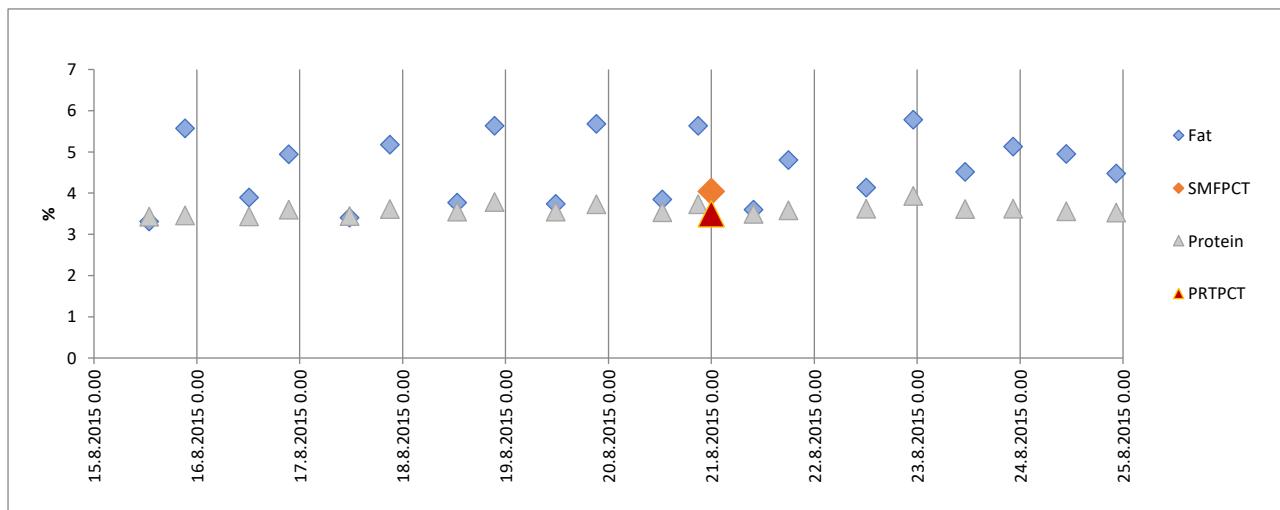
*Celletal/mL × 1,000

Målinger af kg mælk fra AMS Lely malkesystemer er baseret på enkeltmalkninger, hvorimod ydelseskontrollen er et gennemsnit af døgnnydelsen af kg mælk målt over flere dage, og fedt- og proteinprocenten er et gennemsnit af to malkninger. Der er ingen dyr i perioden, der har sygdomsregistreringer ketose, og derfor er der ingen kontrolgruppe (tabel 8).

Sammenligning mellem AMS målinger og målinger fra ydelseskontrol

Et eksempel på fedt- og proteinprocent målt med Lely AMS og fra ydelseskontrollen fra en enkelt ko kan ses i figur 1. Målingerne fra ydelseskontrollen er et gennemsnit af mælkeprøverne fra to malkninger den 20. august 2015 eller den 21. august 2015. Proteinprocenten er stabil gennem observationsperioden, hvorimod fedtprocenten svänger (figur 1). Sammenligning af det daglige gennemsnit for kg mælk, fedt- og proteinprocent fra ydelseskontrollen og fra Lely AMS viser middelhøje korrelationer (tabel 9). Gennemsnit for AMS data er beregnet ud fra to malkninger fra den dag, der blev foretaget ydelseskontrol. Korrelationen mellem kg mælk fra AMS Lely og kg mælk fra ydelseskontrol ligger på 0,85. Korrelationen for fedtprocent fra AMS Lely og fra ydelseskontrol ligger på 0,73 og for proteinprocent er

korrelationen målt med AMS Lely og ved ydelseskontrol på 0,53. Disse korrelationer indikerer, at der en vis sammenhæng mellem AMS målingerne og ydelseskontrollen.

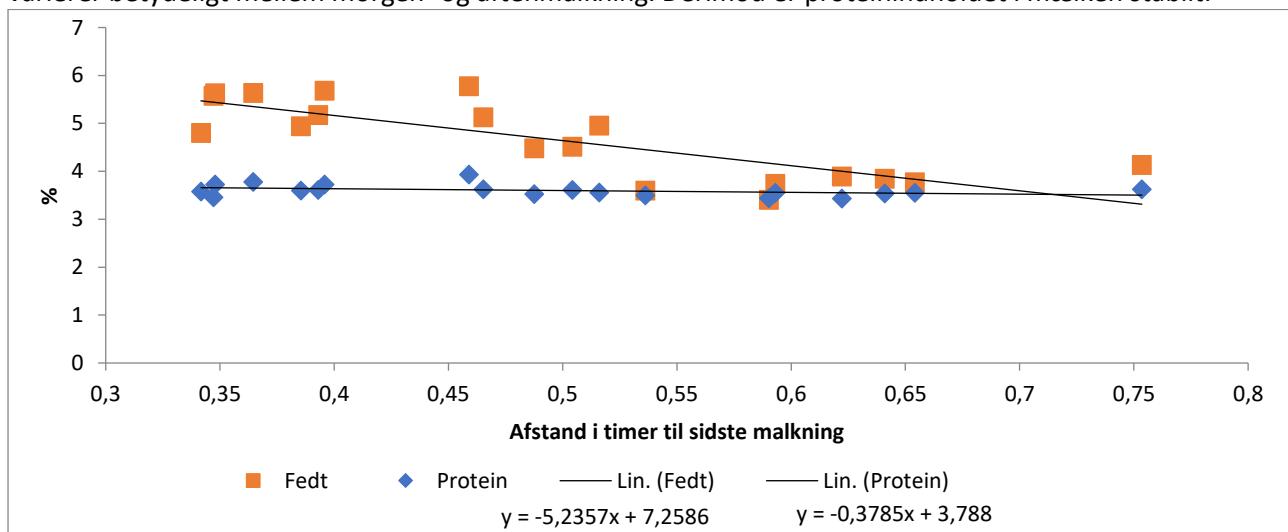


Figur 1 Eksempel på enkeltmålinger fra en ko i perioden 15. august til 24. august 2015. Fedt og protein er procenten målt med AMS Lely og SMFPCT og PRTPCT er fedt- og proteinprocenten fra RYK ydelseskontrol (20. august 2015).

Tabel 9. Antal observationer, gennemsnit, standard afvigelse, minimum og maksimum for AMS Lely malkemaskine og ydelseskontrol efter data er blevet redigeret.

Variabel	Antal	Gns.	SD	Minimum	Maksimum	Korrelation
Kg mælk (AMS Lely)	116	35,86	10,28	12,40	59	0,85
Kg mælk (ydelseskontrol)	116	36,22	8,67	15,4	60	
Fedtprocent (AMS Lely)	116	4,01	0,68	2,63	5,93	0,73
Fedt procent (ydelseskontrol)	116	3,95	0,68	2,36	5,61	
Proteinprocent (AMS Lely)	116	3,38	0,23	2,86	4,32	0,53
Proteinprocent (ydelseskontrol)	116	3,45	0,34	2,74	4,39	

Der kan opnås mere retvisende mål for fedt- og proteinprocenten, hvis der korrigeres for afstand til sidste malkning. Fedtprocenten falder (figur 2) jo længere tid, der har været mellem malkningerne, hvormod proteinprocenten ikke er afhængerig af afstanden mellem malkningerne. Denne observation stemmer overens med, at fedtindhold i mælk varierer betydeligt mellem morgen- og aftenmalkning. Derimod er proteinindholdet i mælken stabilt.



Figur 2 Målinger fra en enkelt ko, hvor der er redigeret for afstand til sidste malkning

Fedt- og proteinmålinger fra AMS Lely

Da der er en forventning om, at fedtprocenten ændrer sig, når koen udvikler ketose, kan daglige AMS målinger af fedtprocenten hjælpe med at afgøre, hvilke køer der er i risikogruppen til at udvikle ketose. Sammenhængen mellem AMS Lely og ydelseskøn er beregnet for redigerede data, hvor Lely AMS falder så vidt muligt sammen med de målinger, der er brugt for ydelseskøn data. Baseret på det datasæt, som var til rådighed, kan det udledes, at der var stærk sammenhæng mellem de to fedtprocent målinger, hvorimod der var moderat sammenhæng mellem de to målinger af proteinprocenten. Et større datasæt vil kunne give et bedre indblik i sammenhængen mellem ydelsesmålinger fra AMS Lely og fra ydelseskønen. Den foreløbige konklusion er derfor, at målingerne af fedtprocenten fra AMS Lely giver en indikation af den daglige fedtprocentudvikling.

Datasammensætning for leverbylder

Forekomsten af leverbylder ligger på ca. 15 pct. for danske slagtekalve, og det er et mål at reducere forekomsten til 8 pct. i 2018 samlet. En af årsagerne til den høje forekomst af levebylder hos slagtekalve er, at kalvene fodres med energirigt foder. Danish Crown, som slagter en stor del af de danske tyrekalve, straffer forekomst af leverbylder hos slagtedyr med et fradrag på 50 kr. pr. dyr under 10 måneder og 25 kr. ved dyr over 10 måneder med leverbylder. Derfor er der også et økonomisk aspekt i at reducerer forekomsten af leverbylder. Malkekøer fodres også i perioder med store mængder energirigt foder. Denne fodringsstrategi er et forsøg på at forebygge, at koen udvikler ketose. Fodringen af malkekøer med store mængder energi kan imidlertid medføre udviklingen af sur vom. Derfor kan der være en mulig avlsmæssig sammenhæng mellem stofskiftelidelser hos malkekøer og leverbylder slagtekalve.

Editering af slagtedata fra Holstein tyre- og ungtyre

Data med informationer fra slagterierne blev editeret som beskrevet i tabel 10.

Tabel 10. Redigering af data for leverbylder. Antallet af observationer er efter redigering

Fejl / kommentar	Redigering
Levende vægt	Intervallet: 250-700 kg
Slagtevægt	Intervallet: 125-375 kg
Race	Holstein
Kønskoden	Handyr
Slagtealder	Intervallet 8-20 måneder
Slagtedata og dyrets fødsels- og slagtedato	Sletter manglede information
Slagteperiode	Perioden: 2006-2014
Slagtehuset	Minimum 10.000 slagtninger i perioden
Besætningsleverandøren	Færre 500 dyr til slagtning i perioden slettet
Enkelte slagteri	Minimum 10 slagtninger om dagen
Enkelte slagteri	Registeret forekomst af minimum 1 % leverbylder om dagen

Fænotypiske resultater for leverbylder

I analysen af leverbylder indgår der 934.022 Holstein tyrekalve og ungtyre, som er slagtet på 10 slagterier (tabel 11). Slagterierne har i gennemsnit 93.402 slagtninger i den tidsperiode, der indgår i analysen. Der var leveret tyrekalve fra 488 leverandører, som i gennemsnit leverede 1.914 tyrekalve. Leverandørerne leverede minimum 10 tyrekalve af gangen og maksimalt 501 tyrekalve. Slagtevægten på de leverede dyr var i gennemsnit 208 kg med en standardafvigelse på 23,85 kg. Levende vægt var kun registeret på 835.088 tyrekalve. Den gennemsnitlige levende vægt var 398 kg med en standardafvigelse på 41,71 kg (tabel 11).

Tabel 11. Deskriptiv statistik for variabler i datasættet. N = antal observationer, SD = standardafvigelse, Min. = minimum værdi, Maks. = maksimal værdi.

Variabel	N	Gennemsnit	SD	Min.	Maks.
Slagteri	10	93.402		6.833	234.718
Leverandører	488	1.914		10	501
Slagtevægt	934.022	208	23,85	126	374
Levende vægt	835.088	398	41,71	251	698

Ud af de 934.022 tyrekalve og ungtyre havde 107.640 leverbylder, hvilket giver en frekvens af leverbylder i det analyserede datasæt på 11,52 pct. (tabel 12).

Tabel 12. Frekvensanalyse for forekomsten af leverbylder og frekvensen af leverbylder i procent.

Kode for leverbylder	Frekvens	Frekvens i procent
Leverbylder	107.640	11,52
Ikke registeret leverbylder	826.382	88,48

Datasammensætning for lemmelideler

Den sidste del af projektet fokuserede på, om man kan udnytte sundhedsregistreringerne bedre i forhold til klov- og lemmelideler. Ved rutineberegningen af avlsværdital for lemmelideler er følgene sygdomsdiagnoser medtaget i samme beregning: Balleforrådnelse, Betændelse klospalte, Klovsækning, Klospalte nydannelse, Laminitis, Såleknusning, Trykning, Tyk has, Lemmelidelse andet og Digital dermatitis. Det er undersøgt, om lemmelideler bør deles op i henholdsvis lemmelidelse og klovlidelse. Lemmelidelse består af: Trykning, Tyk has og Lemmelidelse andet. Klovlidelse består af følgene egenskaber: Balleforrådnelse, Betændelse klospalte, Klovsækning, Klospalte nydannelse, Laminitis, Såleknusning og Digital dermatitis. Herudover vil der bliver foretaget en vurdering af mulighederne for at bruge data fra sundhedsregistreringerne i avlsværdivurderingen.

Bagvedliggende håndtering af data

Dataanalysen for klov- og lemmelideler er baseret på Holstein køer fra ydelseskontrollen. Data blev koblet med laktationsnummer og kælvningsdato og blev efterfølgende filtreret i et valideringsprogram med henblik på at identificere og fjerne utroværdige registreringer (tabel 13). I analysen af lemmelideler er data afgrænset til at indeholde observationer foretaget i perioden 2008 – 2015, og der er henholdsvis 674.649 registreringer for lemmelideler og klovlideler fra Holstein køer. I det editerede datasæt havde 137.875 køer en lemmelidelse, og 536.773 havde en klovlidelse.

Tabel 13. Redigering af data. Antallet af observationer er efter redigering.

Fejl/kommentar	Redigering	Antal observationer
Antal observationer inden redigering	–	1.560.025
Pedigree: Manglende Nav_sid	Slettet	1.436.787
Kun Holstein	Slettet	1.235.358
Manglende kælvningsnummer	Slettet	1.117.196
En observation pr. sæson og kælvning	Slettet	706.082
Manglende pedigree oplysninger	Slettet	674.649

Estimering af genetiske parametre

Genetiske parametre for BHB, acetone, kg mælk, fedtprocenten, proteinprocenten, celletal og registreringer af ketose blev beregnet ved hjælp af programmet DMU (Madsen og Jensen, 2000), og der blev anvendt metoden restricted maximum likelihood (REML).

Der blev anvendt en sire model for estimering af genetiske parametre for stofskifteegenskaber:

$$y_{ijklm} = \mu + DIM_i + S_j + Herd_k + An_l + Sire_m + e_{ijklm} \quad (1)$$

Hvor

Y_{ijklm} den afhængige variable for BHB, acetone, kg mælk, fedt procenten, protein procenten, celletal eller registreringer af ketose

μ er gennemsnittet

DIM_i er den systematiske effekt af dage mellem prøve og sidste kælvning

S_j er den systematiske effekt af sæson for, hvornår prøven er taget

$Herd_k$ er den tilfældige effekt af besætning

An_l er den tilfældige effekt af gentagende observationer pr. dyr

$Sire_m$ er den tilfældige effekt af genetisk variation mellem tyrene

e_{ijklm} er den tilfældige effekt af residual varians

Der blev anvendt en Animal model for estimering af genetiske parametre for lemmelidelser og klovlidelser:

$$y_{ijklm} = \mu + Klvnr_i + S_j + Alder_k + Klvårmr_l + Herd_m + An_n + e_{ijklm} \quad (2)$$

Hvor

Y_{ijklm} den afhængige variable for lemmelidelser og klovlidelser

μ er gennemsnittet

$Klvnr_i$ er den systematiske effekt af kælvningsnummer

S_j er den systematiske effekt årstiden for, hvornår prøven er taget

$Alder_k$ er den systematiske effekt af alder ved kælvning

$Klvårmr_l$ er den systematiske effekt

$Herd_m$ er den tilfældige effekt af besætning

An_n er den tilfældige effekt af gentagende observationer per dyr

e_{ijklm} er den tilfældige effekt af residual varians

Der blev anvendt en Animal model for estimering af genetiske parametre for leverbylder for tyrekalve:

$$y_{ijklm} = \mu + Bes * år_i + Fødtår * mdr_j + Slgvgt_k + Alder_l + %byld_m + An_n + e_{ijklm} \quad (3)$$

Hvor

Y_{ijklm} den afhængige variable for leverbylder

μ er gennemsnittet

$Bes * år_i$ er den systematiske effekt af slagtebesætning og slagteår

$Fødtår * mdr_j$ er den systematiske effekt fødselsår og måned

$Slvgvgt_k$ er den systematiske effekt af slagtevægt

$Klvårmr_l$ er den systematiske effekt

$Alder_l$ er den tilfældige effekt af slagtealder

$\%byld_m$ er den tilfældige effekt procent slagtebylder pr. slagteri

An_n er den tilfældige effekt genetisk variation mellem dyrene

e_{ijklmo} er den tilfældige effekt af for residual varians

Heritabiliteten (arvbarheden, h^2) blev beregnet som for model 1:

$$h^2 = \frac{4 * \sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2} \quad (4)$$

hvor σ_a^2 er den additiv genetiske varians og σ_e^2 er residual variansen.

Heritabiliteten (arvbarheden, h^2) blev beregnet som for model 2 og 3:

$$h^2 = \frac{\sigma_a^2}{\sigma_a^2 + \sigma_e^2} \quad (5)$$

hvor σ_a^2 er den additiv genetiske varians og σ_e^2 er residual variansen.

Genetisk korrelation $r_{G(AB)}$, som er korrelationen mellem den genetiske effekt for to egenskaber, blev beregnet som:

$$r_{G(AB)} = \frac{\sigma_{G(AB)}}{\sqrt{\sigma_{G(A)}^2 \sigma_{G(B)}^2}} \quad (6)$$

Hvor $\sigma_{G(AB)}$ er den genetiske ko-variation mellem to egenskaber, $\sigma_{G(A)}^2$ er den genetiske spredning for egenskab A og $\sigma_{G(B)}^2$ er den genetiske spredning for egenskab B.

Estimering af avlsværdital

Avlsværditallene standardiseres og omregnes til et indekstal med henblik på at udtrykke avlsværditallene på samme skala, som Nordisk Avlsværdivurdering normalt anvender. Indekset er beregnet med

$$\text{Index } y = \left(\left(\frac{10}{SD \text{ base sire}} \right) * EBV_y - \mu EBV_y \right) + 100$$

Hvor y er stofskifteegenskaben (ketose), SD basen SIRE er spredningen baseret på tyre født i årene 1997 til 1998, som har mere end 15 døtre. Standard deviation for base sires brugt i beregning af indeks er henholdsvis 0,0043 for første kalvs køer, 0,0041 for anden kalvs køer og 0,0064 for tredje kalvs køer.

Beregning af selektionsindeks sikkerhed for ketose

Beregningen af sikkerhederne for selektionsindekserne er foretaget med programmet Selection Index Program, SIP (Wagenaar et al., 1995). Parametrene brugt i SIP er baseret på de arvbarheder, genetiske og fænotypiske korrelationer beregnet med model 1 og er baseret på 100 døtre pr. afkomsgruppe.

Resultater/diskussion

Resultatafsnittet er delt op i tre sektioner: Stofskiftelidelser, lemmelidelser og leverbylder.

Forholdet mellem ketose, BHB og acetone

De genetiske parametre er vist i tabel 11 til 13, hvor tabel 11 viser resultaterne for første laktationskøer, tabel 12 viser resultaterne for anden laktationskøer og tabel 13 viser resultaterne for tredje laktationskøer. Tabel 11, 12 og 13 viser arvbarheder, genetiske korrelationer, fænotypiske korrelationer og residual korrelationer mellem egenskaberne. De fænotypiske og residuale korrelationer mellem egenskaberne er stort set ens. Arvbarheden for ketose er forholdsvis lav (0,01), hvilket er relativt tæt på det, Koeck et al. (2014) fandt med en Animal Model (0,02). Arvbarhederne for BHB ligger mellem 0,07 og 0,10, og for acetone ligger mellem 0,04 og 0,05 for de tre laktationsperioder. Van der Drift et al. (2012) fandt en arvbarhed på 0,12 for BHB og 0,09 for acetone, og Koeck et al. (2014) fandt en arvbarhed for BHB på 0,12. Van der Drift et al. (2012) og Koeck et al. (2014) brugte en Animal Model, hvorimod det nuværende studie anvendte en Sire Model. BHB og acetone har en høj genetisk korrelation (0,85 til 0,92) for alle tre laktationsperioder, og den fænotypiske korrelation ligger mellem 0,51 og 0,54. De genetiske korrelationer mellem ketose og de to målinger af ketonstof (BHB og acetone) for de tre laktationsperioder ligger mellem 0,64 og 0,89, hvilket angiver, at der en positiv genetisk sammenhæng mellem forhøjet BHB og forhøjet acetoneniveau i mælken og en registrering af ketose.

Tabel 11. Genetiske parametre for BHB, acetone, ketose, kg mælk, fedtprocent, proteinprocent og celletal for første laktationskøer. Øvre del: Arvbarhederne er i diagonal, genetisk korrelation er over diagonalen og fænotypisk korrelation under diagonal. Nedre del: Residual korrelatoner mellem egenskaberne. Standardafvigelsen er i sæknet skrift. Der ikke vist korrelationer mellem kg mælk, fedt- og proteinprocent

	BHB	Acetone	Ketose	Kg mælk	Fedt	Protein	Celletal
BHB	0,09	0,85 _{0,03}	0,69 _{0,07}	0,40 _{0,05}	0,08 _{0,06}	-0,34 _{0,05}	0,32 _{0,08}
Acetone	0,53 _{0,003}	0,05	0,79 _{0,07}	0,39 _{0,06}	0,04 _{0,06}	-0,39 _{0,05}	0,09 _{0,09}
Ketose	0,07 _{0,004}	0,09 _{0,003}	0,01	0,40 _{0,10}	0,01 _{0,10}	-0,60 _{0,09}	0,44 _{0,13}
Kg mælk	-0,08 _{0,005}	-0,08 _{0,004}	-0,03 _{0,004}	0,37	—	—	—
Fedt	0,26 _{0,004}	0,20 _{0,004}	0,07 _{0,004}	—	0,18	0,46 _{0,04}	—
Protein	-0,09 _{0,004}	-0,06 _{0,004}	0,002 _{0,004}	—	0,13 _{0,005}	0,47	—
Celletal	0,05 _{0,004}	0,01 _{0,004}	0,01 _{0,004}	—	—	—	0,02
Residual korrelatoner							
BHB	—	—	—	—	—	—	—
Acetone	0,52 _{0,003}	—	—	—	—	—	—
Ketose	0,07 _{0,004}	0,08 _{0,004}	—	—	—	—	—
Kg mælk	-0,11 _{0,004}	-0,10 _{0,004}	-0,03 _{0,004}	—	—	—	—
Fedt	0,27 _{0,003}	0,20 _{0,004}	0,07 _{0,004}	—	—	—	—
Protein	-0,08 _{0,004}	-0,04 _{0,004}	0,01 _{0,004}	—	0,10 _{0,004}	—	—
Celletal	0,05 _{0,004}	0,01 _{0,004}	0,004 _{0,004}	—	—	—	—

Tabel 12. Genetiske parametre for BHB, acetone, ketose, kg mælk, fedtprocent, proteinprocent og celletal for anden laktationskøer. Øvre del: Arvbarhederne er i diagonal, genetisk korrelation er over diagonalen og fænotypisk korrelation under diagonal. Nedre del: Residual korrelatoner. Standardafvigelsen er i sæknet skrift. Der ikke vist korrelatoner mellem kg mælk, fedt- og proteinprocent.

	BHB	Acetone	Ketose	Kg mælk	Fedt	Protein	Celletal
BHB	0,10	0,92 _{0,02}	0,64 _{0,09}	0,33 _{0,06}	0,19 _{0,06}	-0,36 _{0,05}	0,17 _{0,09}
Acetone	0,51 _{0,003}	0,05	0,79 _{0,08}	0,38 _{0,03}	0,21 _{0,07}	-0,45 _{0,06}	0,04 _{0,1}
Ketose	0,05 _{0,004}	0,09 _{0,004}	0,01	0,72 _{0,08}	-0,11 _{0,11}	-0,65 _{0,08}	0,06 _{0,16}
Kg Mælk	-0,13 _{0,004}	-0,13 _{0,004}	-0,05 _{0,004}	0,30	-	-	-
Fedt	0,30 _{0,004}	0,21 _{0,004}	0,06 _{0,004}	-	0,20	0,34 _{0,05}	-
Protein	-0,07 _{0,004}	-0,04 _{0,004}	0,001 _{0,004}	-	0,12 _{0,004}	0,41	-
Celletal	0,07 _{0,004}	0,02 _{0,004}	0,002 _{0,004}	-	-	-	0,03
Residual korrelatoner							
BHB	—	—	—	—	—	—	—

Acetone	0,52 0,003	-	-	-	-	-
Ketose	0,07 0,004	0,08 0,004	-	-	-	-
Kg Mælk	-0,11 0,004	-0,10 0,004	-0,03 0,004	-	-	-
Fedt	0,27 0,003	0,20 0,004	0,07 0,004	-	-	-
Protein	-0,08 0,004	-0,04 0,004	0,01 0,004	-	0,10 0,004	-
Celletal	0,05 0,004	0,01 0,004	0,004 0,004	-	-	-

Tabel 13. Genetiske parametre for BHB, acetone, ketose, kg mælk, fedtprocent, proteinprocent og celletal for tredje laktationskøer. Øvre del: Arvbarhederne er i diagonal, genetisk korrelation er over diagonalen og fænotypisk korrelation under diagonal. Nedre del: Residual korrelation. Standardafvigelsen er i sæknet skrift. Der ikke vist korrelationer mellem kg mælk, fedt- og proteinprocent.

	BHB	Acetone	Ketose	Kg mælk	Fedt	Protein	Celletal
BHB	0,07	0,89 0,03	0,71 0,09	0,31 0,08	0,15 0,08	-0,46 0,06	0,13 0,11
Acetone	0,54 0,004	0,04	0,89 0,07	0,31 0,09	0,10 0,09	-0,55 0,06	0,14 0,13
Ketose	0,11 0,005	0,12 0,005	0,01	0,34 0,12	-0,16 0,13	-0,53 0,10	0,19 0,17
Kg mælk	-0,14 0,005	-0,14 0,006	-0,06 0,006	0,20	-	-	-
Fedt	0,33 0,005	0,25 0,005	0,09 0,005	-	0,16	0,36 0,10	-
Protein	-0,06 0,006	-0,03 0,006	-0,001 0,005	-	0,13 0,006	0,37	-
Celletal	0,08 0,005	0,03 0,006	0,01 0,005	-	-	-	0,02
Residual korrelatoner							
BHB	-	-	-	-	-	-	-
Acetone	0,52 0,003	-	-	-	-	-	-
Ketose	0,06 0,004	0,09 0,004	-	-	-	-	-
Kg mælk	-0,11 0,005	-0,11 0,005	-0,04 0,004	-	-	-	-
Fedt	0,29 0,004	0,20 0,004	0,06 0,004	-	-	-	-
Protein	-0,08 0,005	-0,05 0,005	-0,01 0,004	-	0,14 0,005	-	-
Celletal	0,07 0,004	0,02 0,004	0,002 0,004	-	-	-	-

Sikkerhed for selektionsindeks

Da der er intentioner om at formindske frekvensen af stofskiftelidelsen ketose blandt de danske malkekøer, er effekten på sikkerhed på indeks for ketose illustreret ved at lave et simpelt selektionsindeks for en tyr med observationer på 100 døtre. Samtidig er målinger af BHB og acetone anvendt som informationsegenskaber (tabel 14) i sikkerhedsberegningen.

Når ketose er i avlsmålet, og der kun inddrages målinger af ketose, ligger sikkerheden på 0,2. Hvis BHB eller acetone medtages som informationsegenskab, stiger sikkerheden til 0,41 for BHB og 0,43 for acetone. Hvis begge ketonstoffer medtages som informationsegenskaber, stiger sikkerheden til 0,46. Ud fra stigningen i sikkerhed anbefales det, at enten BHB eller acetone bliver medtages i avlværditallet. Da BHB har en højere arvbarhed end acetone, bør BHB medtages som informationsegenskab.

Tabel 14. Korrelation mellem indeks og den samlede genotype (selektionsindeks sikkerhed)

	Selektionsindeks sikkerhed (r)	Selektionsindeks sikkerhed (r^2)
Ketose	0,448	0,20
Ketose og BHB	0,644	0,41
Ketose og Acetone	0,653	0,43
Ketose, acetone og BHB	0,680	0,46

Arvbarhederne for produktionsegenskaberne

Arvbarhederne for kg mælk, fedt- og proteinprocent afviger en anelse i forhold til de arvbarheder, der antages i forbindelse med avlværdivurderingerne (Årsstatistik Avl 2014/15). Arvbarhederne for kg mælk ligger en smule under de arvbarheder, der sædvanligvis bliver beregnet for Holstein. For proteinprocenten ligger de nuværende arvbarheder noget højere end de arvbarheder, der normalt bliver beregnet. Derimod ligger arvbarheder for

fedtprocent væsentligt under de arvbarheder, der er noteret i Årsstatistik Avl 2014/15. For at finde en mulig årsag til de afvigende arvbarheder blev modellen for fedtprocent ændret, så der ikke blev korrigert for besætning. Derved stiger arvbarheden for fedtprocent, og resultatet ligger tættere op af de arvbarheder, der sædvanligt bliver beregnet for Holstein.

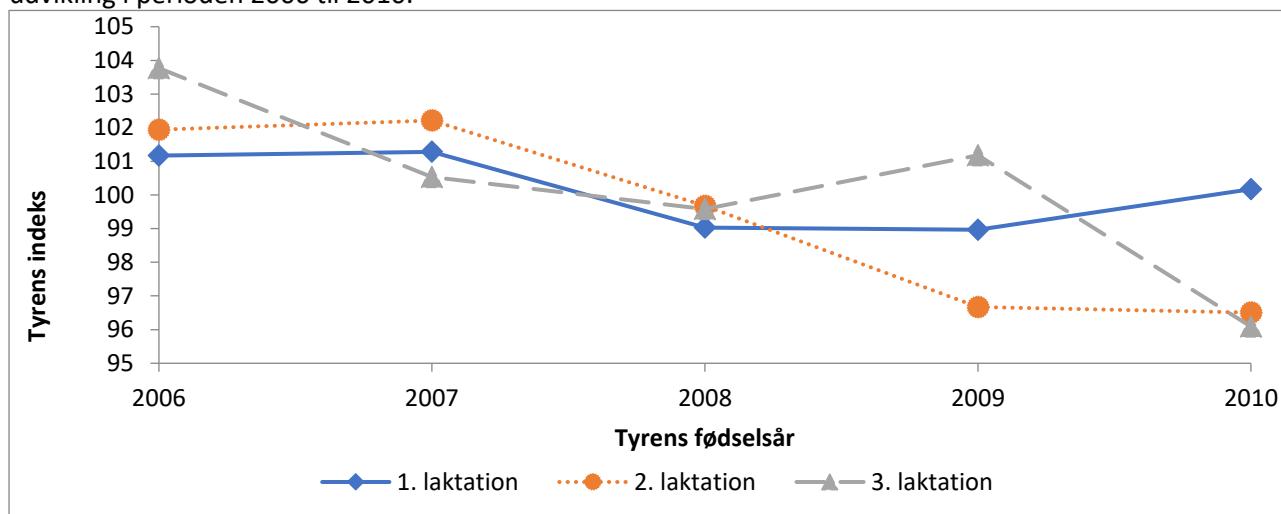
Den genetiske korrelation mellem kg mælk og BHB ligger på 0,31 og mellem kg mælk og acetone på 0,40, hvilket indikerer, at der en svag positiv sammenhæng mellem forhøjet BHB og acetoneniveau i mælken og den mængde mælk, koen producerer. Det vil sige, at højtydende køer har større risiko for forhøjet niveau af ketonstoffer (BHB og acetone) i mælken. Den genetiske korrelation mellem fedtprocenten og BHB er lav på 0,04, og den genetiske korrelation mellem fedtprocenten og acetone er 0,21, hvilket indikerer, at der en svag positiv til ingen sammenhæng mellem fedtprocenten og forhøjet BHB eller mellem fedtprocenten og forhøjet acetoneniveau i mælken. Samtidig er der en svag negativ sammenhæng mellem ketose og fedtprocenten. Det skal noteres, at standardafvigelser er høje, og derfor er de genetiske korrelationer ikke forskellige fra nul. Data giver derfor ikke evidens for, at der en genetisk sammenhæng mellem fedtprocenten og ketonstoffer i mælken. For proteinprocenten er den genetiske korrelation med BHB på -0,34 og mellem proteinprocenten og acetone, er den genetiske korrelation på -0,39 (første laktationskøer). Den genetiske korrelation mellem registreringer af ketose og proteinprocent er ligeledes negativ på -0,6 for første laktationskøer. De genetiske korrelationer mellem ketose, proteinprocent og ketonstoffer indikerer, at der er en svag til middel negative sammenhæng mellem forhøjet BHB/forhøjet acetoneniveau, proteinprocenten i mælken samt for udviklingen af ketose og proteinprocenten.

Højere celletal hos køer med forhøjet BHB i mælken

Arvbarhederne for celletal på tværs af laktationer ligger forholdsvis lavt i forhold til de arvbarheder, der sædvanligvis bliver beregnet. Samtidig er der også en stor standardafvigelse på de genetiske korrelationer mellem celletal og BHB, mellem celletal og acetone og mellem celletal og ketose (0,04 og 0,44). Tidlige studier har vist, at køer i negativ energibalancen har større risiko for at udvikle fedtlever og ketose. Klinisk ketose er forbundet med en stigning i risikoen for klinisk mastitis (KvægInfo nr. 2456). Dette skyldes, at ketose nedsætter aktiviteten af fagocytterne og leukocytterne, så der dannes færre cytokiner. Tilsammen er det med til at nedsætte immunforsvaret, og koen bliver mere modtagelig overfor mastitis. Dog kan disse tidlige resultater for sammenhængen mellem ketose og forhøjet celletal ikke blive bekræftet af nuværende analyse.

Avlsværdital for ketose med BHB og acetone

Der er beregnet et indeks for ketose baseret på registreringerne af ketose, BHB og acetone. Indekset er beregnet i en multitrait model. Figur 3 viser trenden for indekset for ketose baseret på tyre med mere end 15 døtre pr. tyr. Tyrene er født i årrækken 2006 til 2010. For alle tre laktationer fluktuerer EBV mellem årene, men der er en lille negativ udvikling i perioden 2006 til 2010.



Figur 3 Indeks (sire) baseret for ketose for Holstein køer fordelt på første, anden og tredje laktation

Resultater for Lemmelidelser

Arvbarheder og genetiske korrelationer for lemmelidelser og for klovclidelser er angivet i tabel 15.

Arvbarheden for lemmelidelser er 0,22, og for klovclidelser er den 0,25. Den genetiske korrelation mellem lemmelidelser og klovclidelser er beregnet til -1, og den fænotypiske korrelation var beregnet til -0,23. Da den genetiske korrelation er usandsynlig høj, kan det antages, at de genetiske resultater ikke er pålidelige (tabel 15), men på basis af resultaterne kan der delvis konkluderes, at når der beregnes avlsværdital for klov- og lemmelidelser, bør de deles op til to egenskaber.

Tabel 15. Arvbarheder for lemmelidelse for Holstein kør, genetiske og fænotypiske

Parameter	Lammelidelser	Klovclidelser
Arvbarhed	0,22 0,006	0,25 0,008
Genetisk korrelation	-1	
Fænotypisk korrelation	-0,23	

Resultater for leverbylder

I pilotundersøgelsen af leverbylder med 615.000 Holstein tyrkalve slagtet i perioden 2005 til 2014, blev der fundet en arvbarhed på 0,03 for leverbylder (tabel 16). Arvbarheden er på højde med mange af de andre sundhedsegenskaber i avlsarbejdet. Den genetiske spredning er relativ høj for egenskaben (5,6 pct.), hvilket indikerer, at der er stor forskel på forekomsten af leverbylder i afkomsgrupper efter forskellige tyre. Egenskaben i sig selv bliver formodentlig ikke interessant at inkludere i beregninger af avlsværditallene, da værdien af at reducere leverbylder er beskedent. Avl for færre leverbylder kan skabe økonomisk merværdi for slagtekalveproducenterne ved at reducere antallet af leverbylder hos de slagtede tyrekalve. Dette vil være en besparelse på ca. 50-100 kr. pr. fund afhængigt af, om der leveres til Dansk Kalv konceptet.

Tabel 16. Genetiske parametre for leverbylder for Holstein ungtyre og kalve. Øverste del af tabellen viser arvbarheden for leverbylder, og nederste del af tabellen viser korrelationerne mellem avlsværditallene leverbylder og følgende egenskaber (Sundhed i øvrigt, klovsundhed, holdbarhed og vækst). Standardafvigelsen er i sæknet skrift.

Leverbylder	
Arvbarhed	0,03
Korrelationer mellem avlsværdital for leverbylder og følgende egenskaber	
Sundhed i øvrigt	0,02 0,49
Klovsundhed	0,07 0,05
Holdbarhed	0,04 0,32
Vækst	0,13 0,005

Færre leverbylder giver større tilvækst men reducere ikke dødeligheden

Forekomsten af leverbylder stresser muligvis tyrekalvene, og derfor er sammenhængen mellem leverbylder og overlevelsen i hele opdrætsperioden for begge køn undersøgt. Sammenhængen var dog lav (0,06), og avl efter lavere ungdyrdødelighed reducerede således ikke forekomsten af leverbylder. Korrelationen mellem leverbylder hos kalve og sundhedsegenskaber beregnet hos malkekæg (tabel 16) ligger også lavt, og der kan ikke findes nogen sammenhæng mellem disse egenskaber. I undersøgelsen er der fundet en gunstig sammenhæng mellem vækst og leverbylder (tabel 16). Dette betyder, at tyre, som har højt avlsmæssigt niveau for vækst, også har reduceret forekomst af leverbylder. Undersøgelsen viser også, at kalve, der ikke havde leverbylder, havde en signifikant højere slagtevægt på 3,9 kg end

kalve med leverbylder ved slagtning. Dermed vil avl for færre leverbylder kunne skabe en økonomisk merværdi gennem større tilvækst.

Opsummering

Der er gennemført beregninger af genetiske parametre for stofskiftelidelser samt for lemmelidelser og leverbylder hos malkekæg.

Stofskiftelidelser

De genetiske korrelationer mellem egenskaberne ketose og BHB og mellem ketose og acetone ligger mellem 0,64 og 0,89, hvilket angiver, at der en positivt genetisk sammenhæng mellem forhøjet BHB/acetone og ketose.

De genetiske korrelationer mellem BHB og acetone er mellem 0,85 og 0,95 - afhængig af laktationsstadiet, hvilket indikerer, at BHB og acetone genetisk ikke er helt samme egenskab.

Sikkerhed for beregningen af ketose forøges, når enten BHB eller acetone medtages i beregninger som informationsegenskab. På grund af den højere arvbarhed for BHB kan det anbefales, at BHB fremfor acetone bliver medtaget i avlværditallet som informationsegenskab.

De genetiske korrelationer mellem kg mælk og BHB og acetone ligger mellem 0,31 og 0,40, hvilket indikerer, at der en svag positiv sammenhæng mellem forhøjet BHB og acetoneniveau i mælken og kg mælk, koen producerer.

De genetiske korrelationer mellem fedtprocenten og BHB og acetone ligger mellem 0,04 og 0,21, hvilket indikerer, at der en svag positiv til ingen sammenhæng mellem forhøjet BHB og acetoneniveau og fedtprocenten i mælken.

De genetiske korrelationer mellem proteinprocenten og BHB, acetone og ketose ligger mellem -0,34 og -0,65. Den store variation i den genetiske korrelation indikerer, at der ikke er en klar sammenhæng mellem ketose og proteinprocenten.

Data fra AMS Lely bestod af et mindre datasæt fra en enkelt besætning. Resultaterne viste, at fedtprocenten fra AMS Lely og ydelseskontrol havde en korrelation på 0,73, mens proteinprocenten fra AMS Lely og ydelseskontrollen havde en korrelation 0,53.

I forhold til at bedømme om registreringer af fedtprocent fra AMS Lely kan indikere, om fedtprocent og ketose har sammenhæng, er der behov for, at et datasæt med længere tidsperiode og gerne med køer med ketose.

Lemmelidelser

Arvbarheden for lemmelidelser var 0,22 og for klovclidelser 0,25. De genetiske beregninger havde svært ved at konvergere.

Derfor er de genetiske resultater ikke pålidelige, og på basis af disse resultater kan der kun delvis blive konkluderet, at klov- og lemmelidelser bør deles op i to egenskaber.

Leverbylder

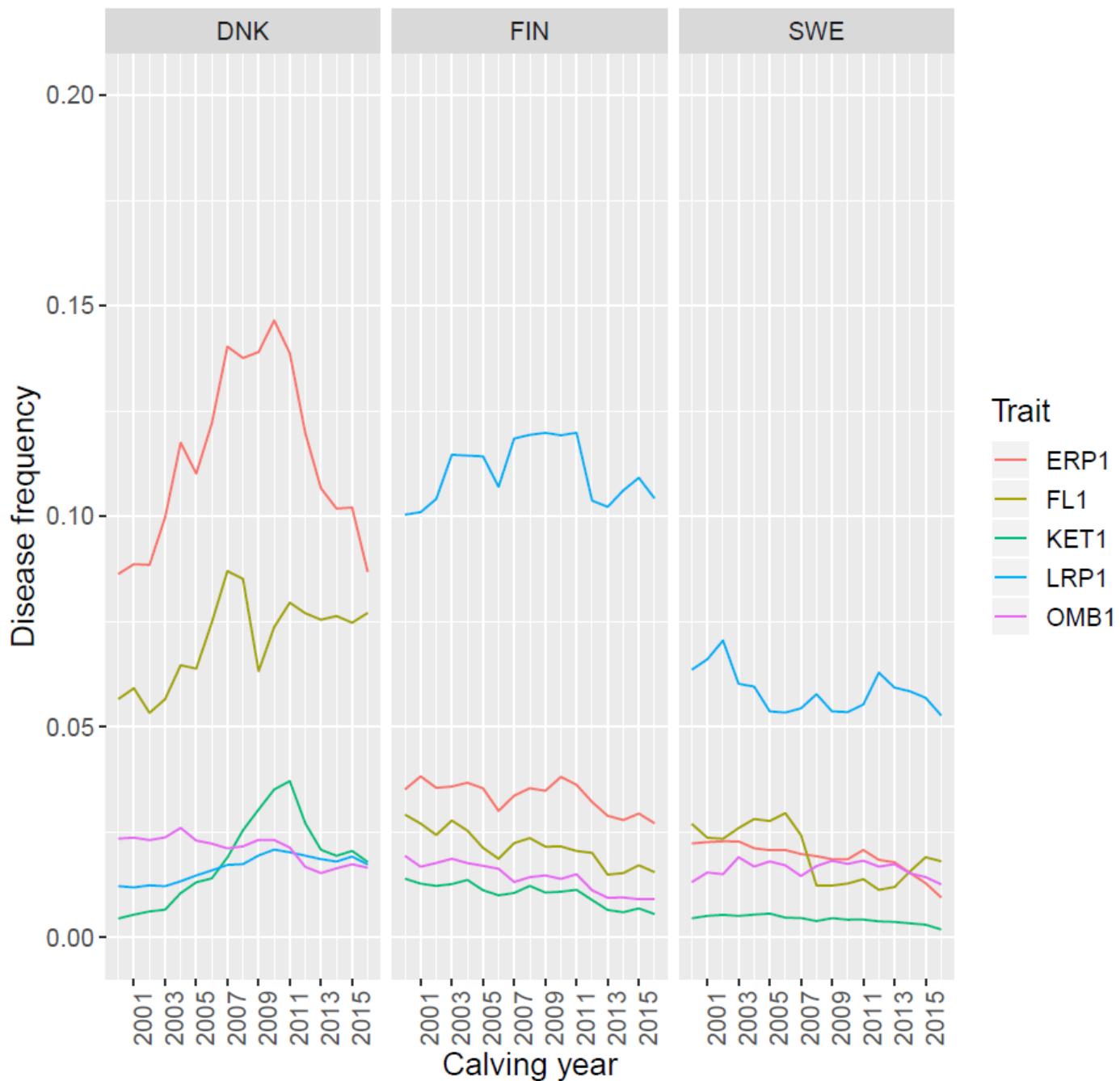
Arvbarhed for leverbylder ligger på 0,03 hos slagtekalve og ungtyre.

Det er muligt at inddrage leverbylder i avlsarbejdet, da egenskaben er arvbar og har en genetisk variation. Dette er nødvendigt, hvis man ønsker avlsfremgang, da leverbylder ikke har avlsmæssig sammenhæng med andre egenskaber i avlsarbejdet.

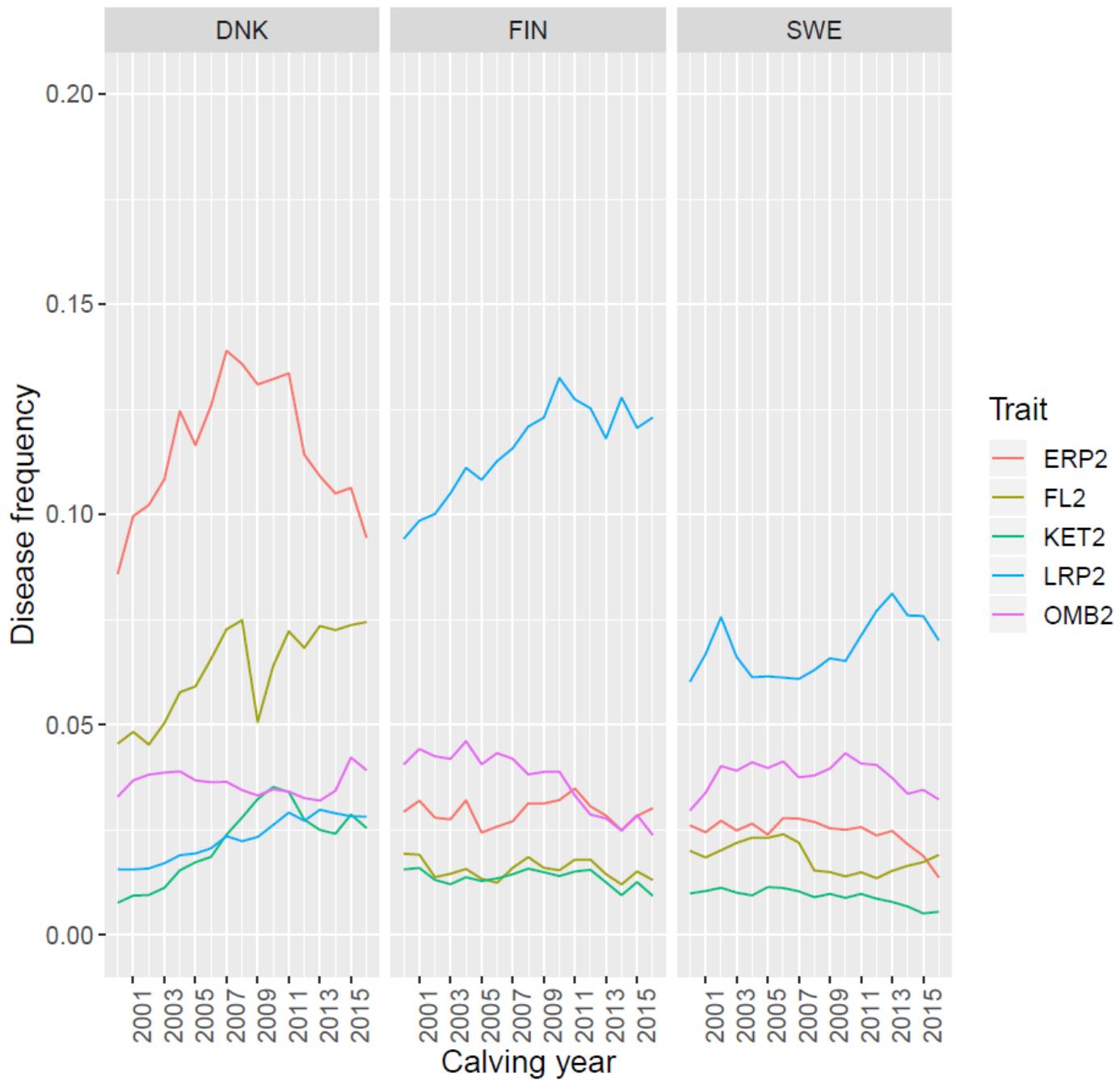
Inddragelse i avlsarbejdet vil dog kræve en bedre registrering på slagteriet end tilfældet er i dag, da datakvaliteten er ringe. I fremtidige undersøgelser vil det også være interessant at undersøge, om krydsning mellem malkekæg og kødkæg giver en reduceret forekomst af leverbylder, da dette er et højaktuelt emne i dansk kvægbrug.

Appendix D

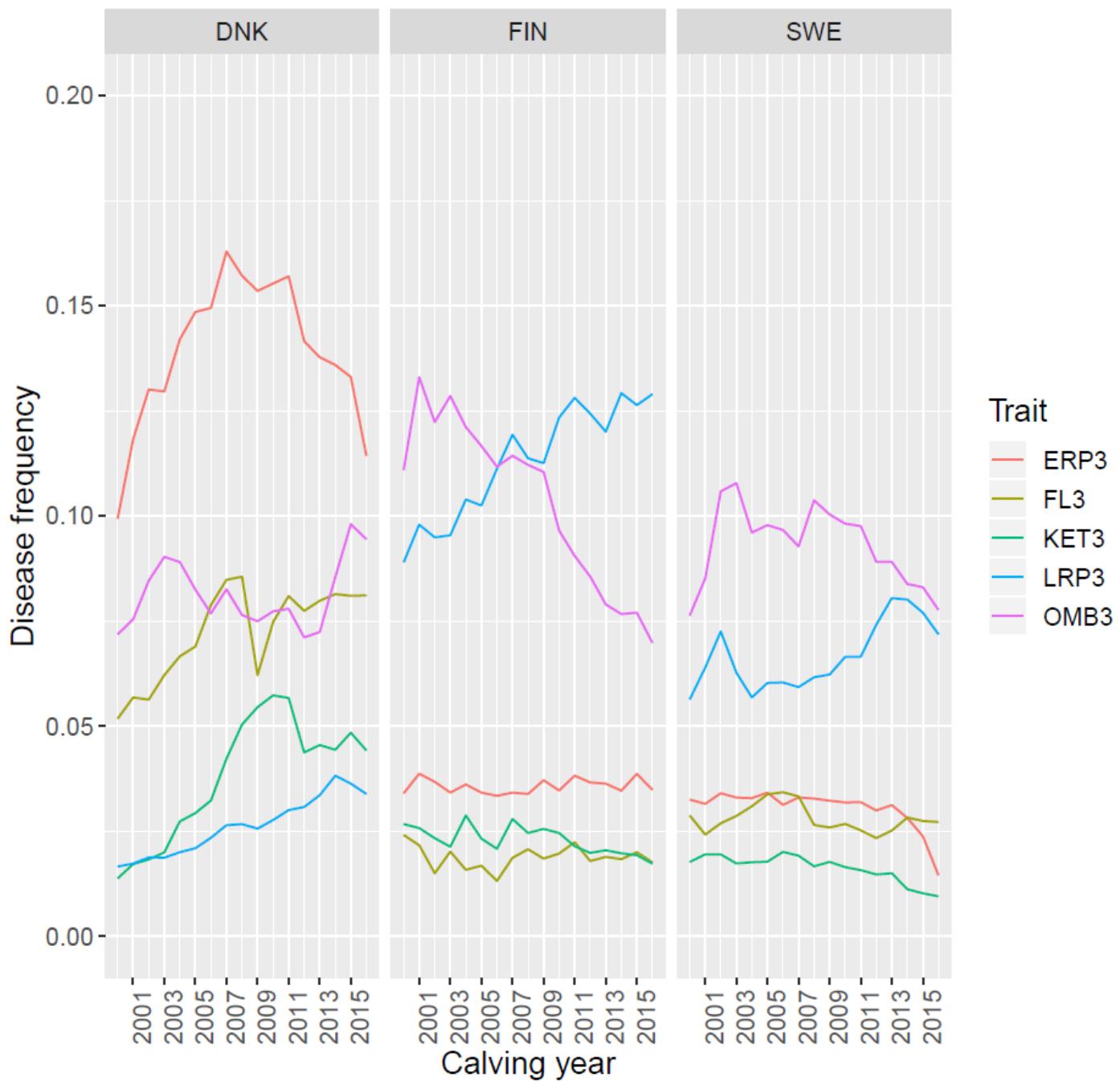
Disease frequency – lact1-HOL



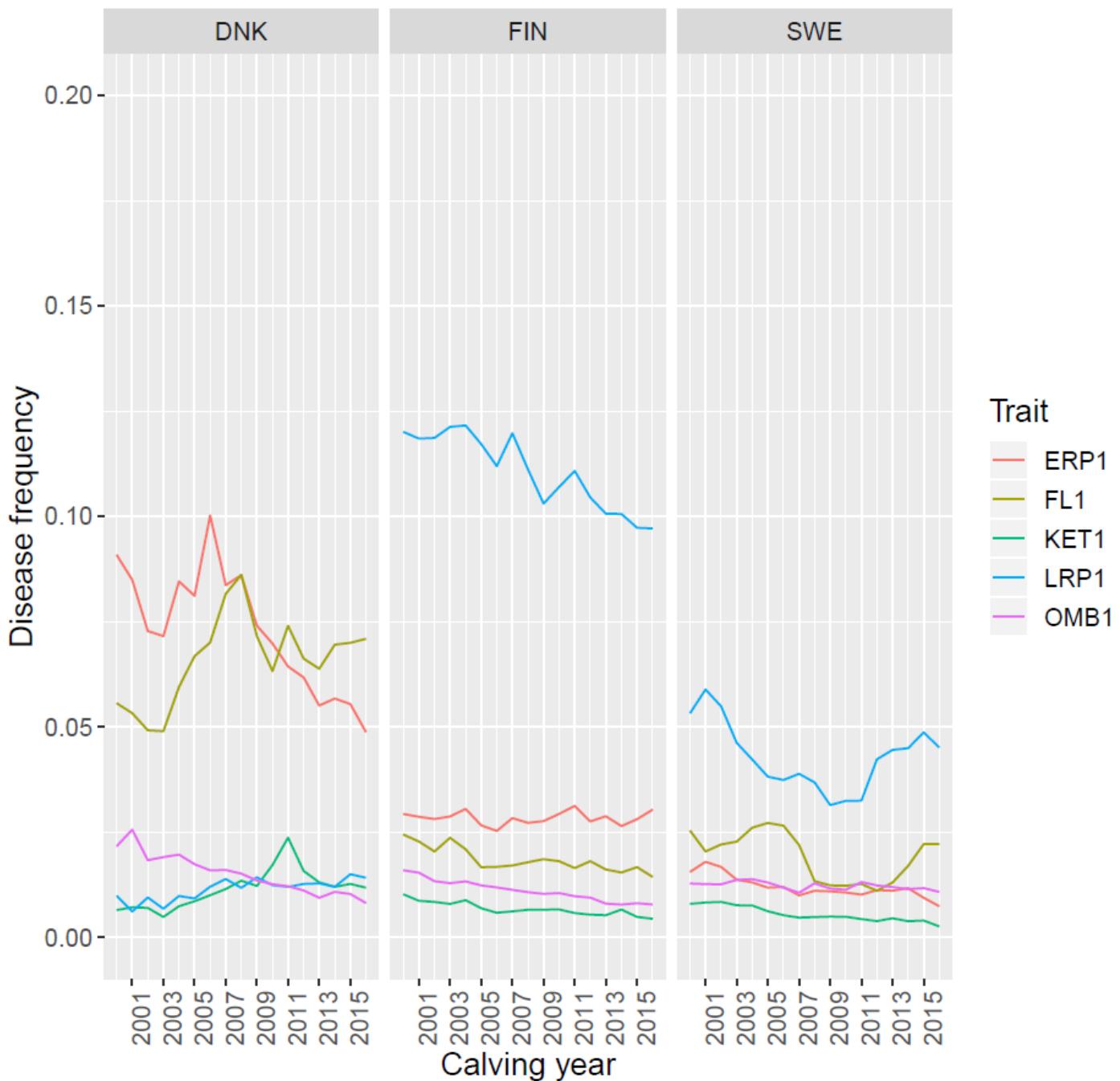
Disease frequency - lact2-HOL



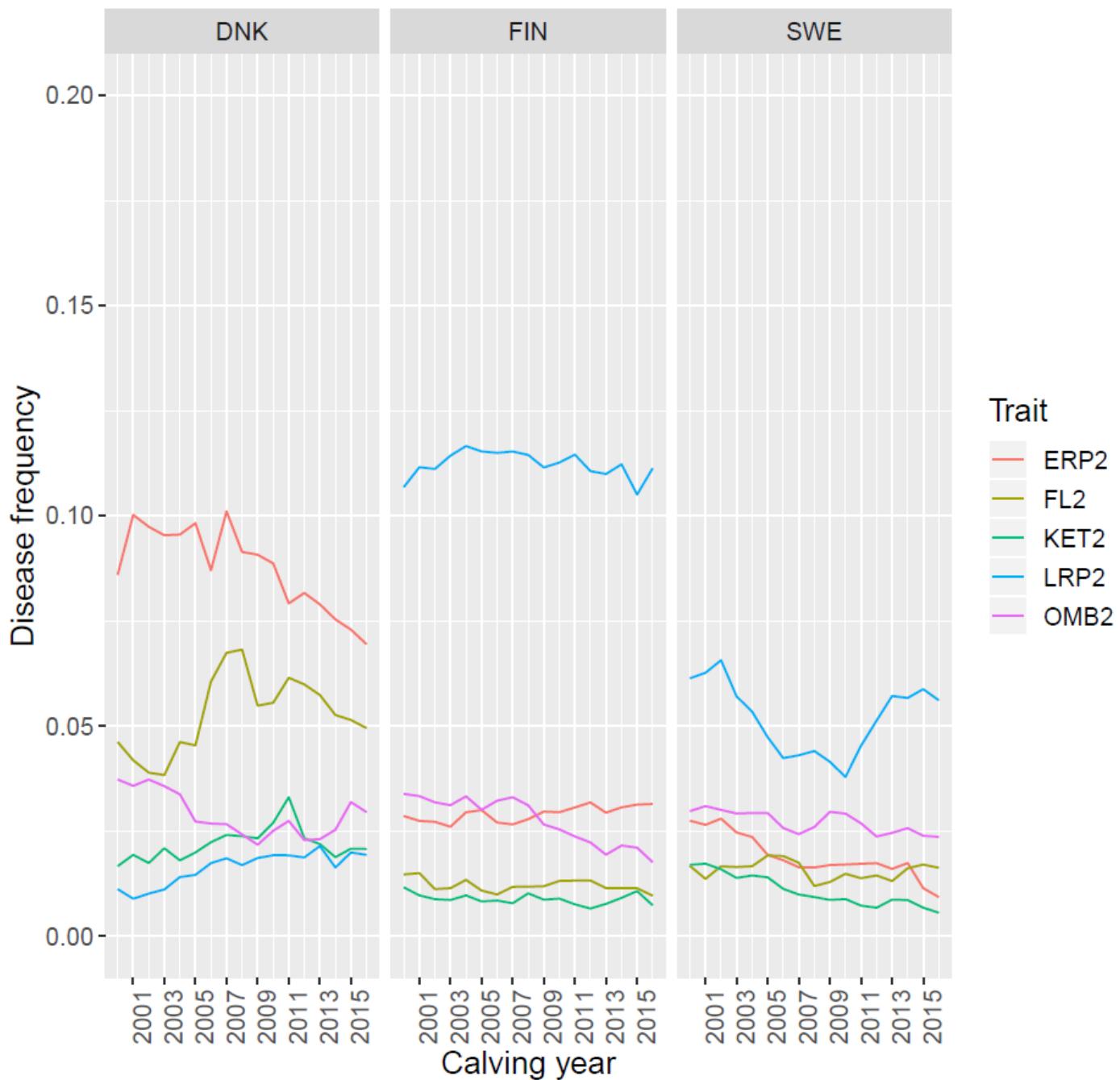
Disease frequency - lact3-HOL



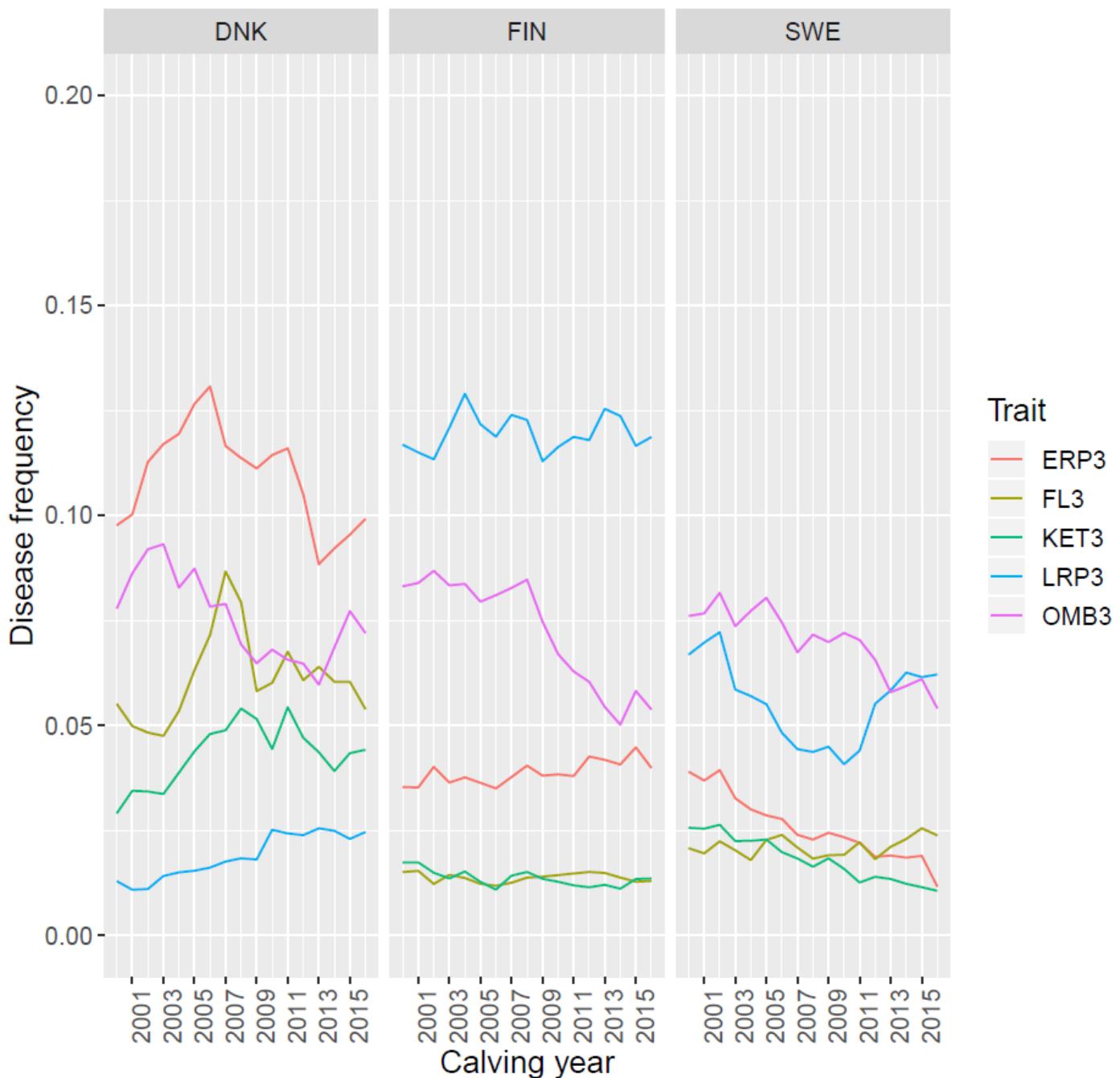
Disease frequency - lact1-RDC



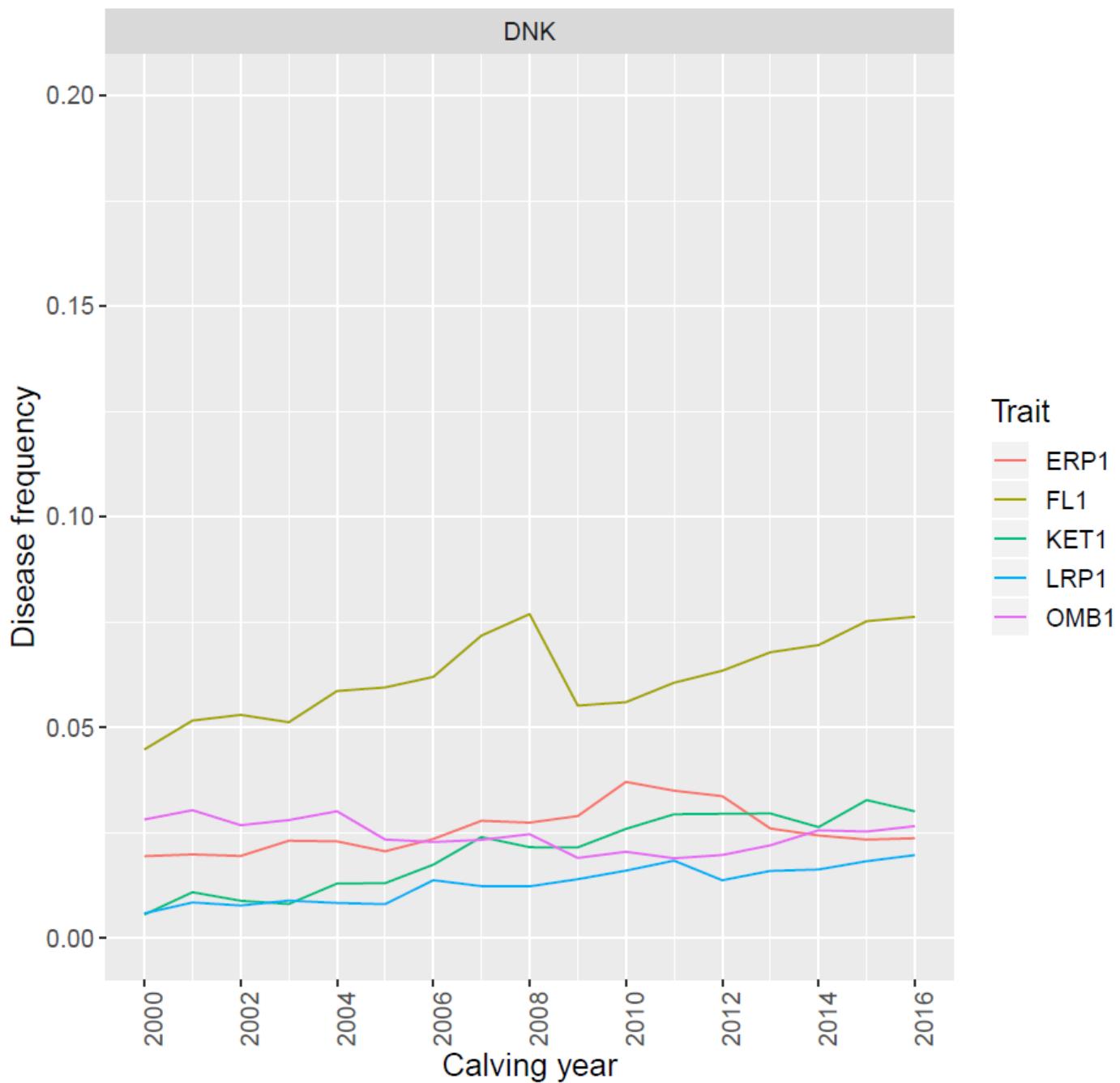
Disease frequency - lact2-RDC



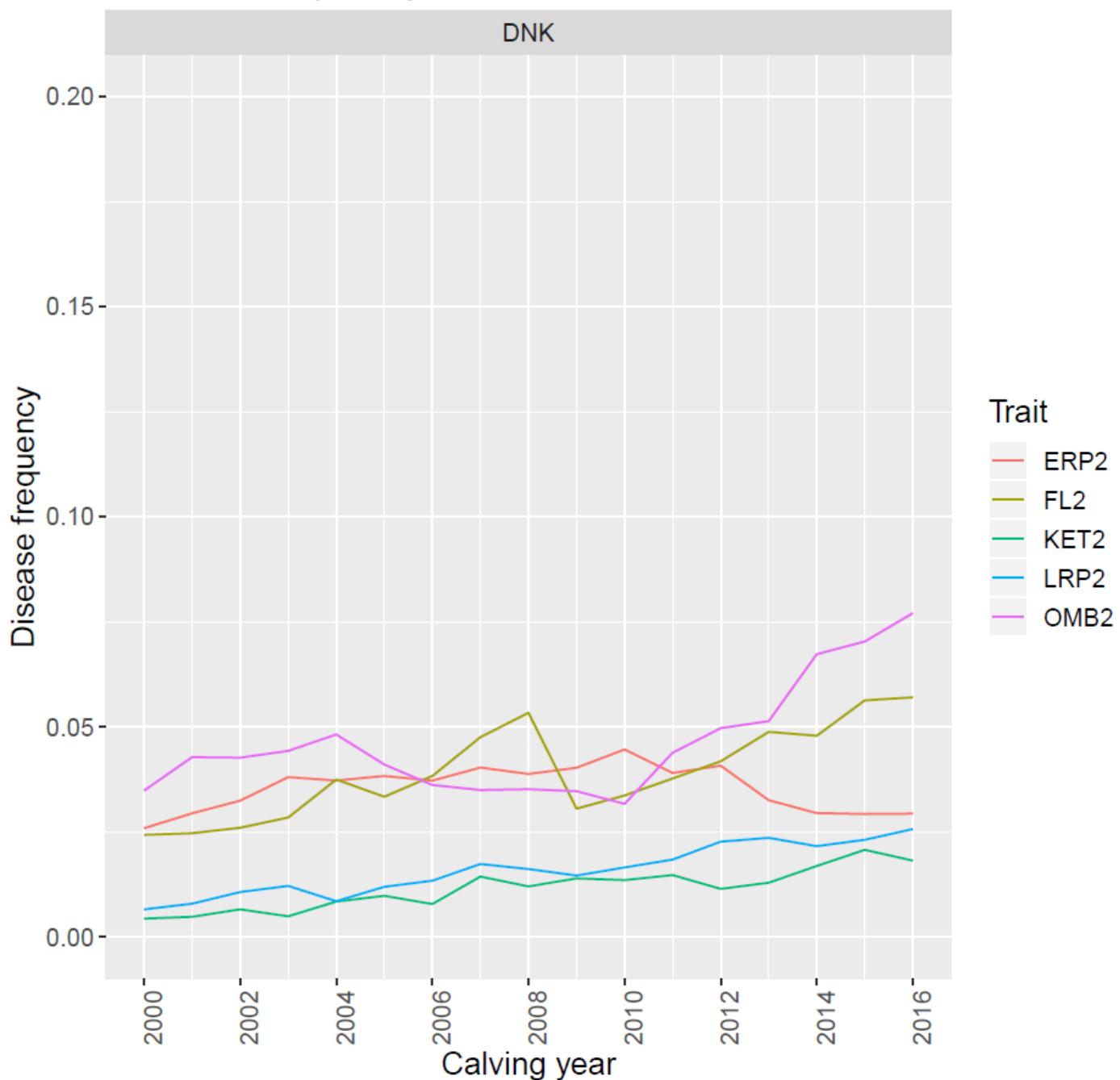
Disease frequency - lact3-RDC



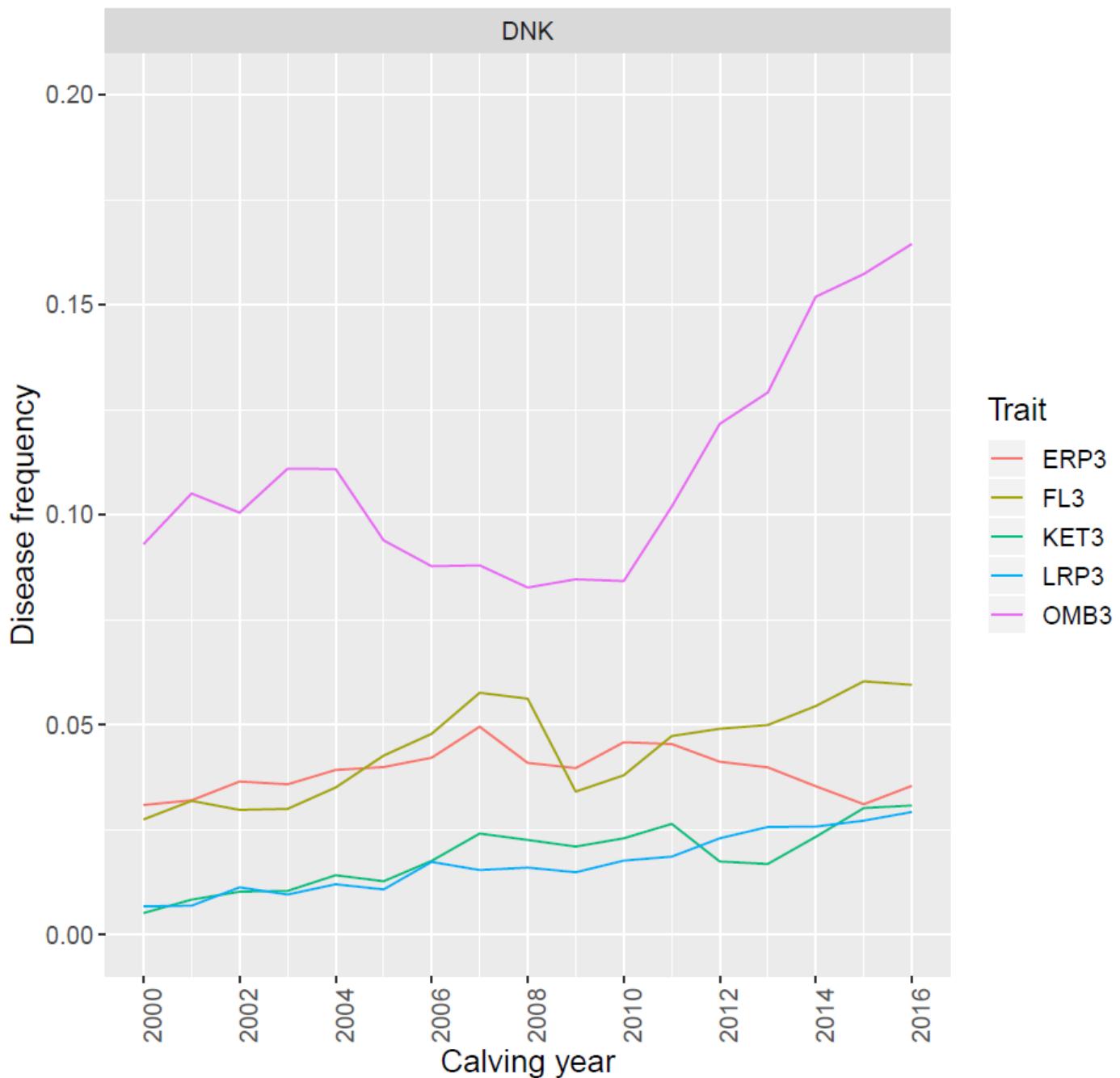
Disease frequency - lact1-JER



Disease frequency - lact2-JER



Disease frequency - lact3-JER



Appendix E

Heterogeneity adjustment for General health traits in the NAV evaluation.

The heterogeneous variance adjustment for the general health traits is based on the concept developed for young stock survival (YSS) evaluation (for further details see report for YSS) but here the differences in genetic variance due to frequency differences across years and countries are taken into account.

Underlying heritability is assumed to be constant and is used to estimate the heritability in the observed scale.

After assuming a reference population for the breeds, which is for example Sweden for RDC and Denmark for HOL, the underlying heritability can be calculated as:

$$h^2\text{-underlying} = h^2 * p * (1-p) / z^2 \text{ or}$$

where h^2 is the heritability from the PARIN file and the p is the average disease rate for the reference population, z is a parameter also calculated based on the average disease rate for the reference population.

Given the estimates of $h^2\text{-underlying}$, the heritability on the observed scale can then be calculated for a stratum as follow:

Having a frequency of 0.05587411 then the observed heritability, h_o^2 is equal to $0.1835395 * h_u^2$. The factor 0.1835395 is calculated as $z^2/pq = 0.0812^2/(0.963*(1-0.963))$. Being p and q the disease frequencies. The phenotypic variance on the observed scale for this stratum equals $0.963*(1-0.963) = 0.035631$. Hence, the genetic variance on the observed scale for this stratum equals $0.1835395 * h_u^2 * 0.035631$.

For another stratum, with a frequency of 0.981, the heritability on the observed scale is equal to $0.115279 * h_u^2$. The factor 0.115279 is calculated as $z^2/pq = 0.0464^2/(0.981*(1-0.981))$.

The phenotypic variance on the observed scale for this stratum equals $0.981*(1-0.981) = 0.018639$. Hence, the genetic variance on the observed scale for this stratum equals $0.115279 * h_u^2 * 0.018639$.

Analyzing the data of both strata together would cause problems, because the genetic variance on the observed scale differs between strata. This can be circumvented by multiplying the observations for each stratum with a factor that differs for each stratum such that the genetic variance for the adjusted observations is the same across both strata.

Let's set the desired genetic variance for the adjusted observations to G^2 . Then multiplying the observations for the first stratum by $\sqrt{(G^2 / (0.1835395 * h_u^2 * 0.035631))}$ will cause the adjusted observations for the first stratum to have a genetic variance of G^2 .

Multiplying the observations for the second stratum by $\sqrt{(G^2 / (0.115279 * h_u^2 * 0.018639))}$ will cause the adjusted observations for the second stratum to have a genetic variance of G^2 .

The value of G^2 is to some extent arbitrary, but it is important that this value relates to the genetic variance used in the breeding value estimation (PARIN in DMU).

Note that the frequencies relate to young stock survival in RDCCDNK and RDCCFIN, and that the ratio of both factors is equal to 1.744, i.e. the factor used to adjust RDCCFIN observations. That is, leaving the RDCCDNK observations untouched, the RDCCFIN observations need to be multiplied by 1.744 for the adjusted observations to have the same genetic variance as the RDCCDNK observations. This factor does not depend on h_u^2 , but only on the frequencies in both strata. In fact, the factor is the ratio of z's for both strata.

The adjustment of observations results in a homogenous genetic variance across strata, and next issue to handle that the heritabilities on the observed scale differs in both strata. Since genetic variance on the observed scale after adjustment is the same across strata, differences in heritabilities essentially imply differences in residual variances. Those can be handled through weights in the breeding value estimation. In DMU, specifying a weight w modifies the residual variance to $V = (1/w) Ve$, where w is the weight and Ve is the general residual variance specified as prior (PARIN).

The heritability on the observed scale for the first stratum is $0.1835395 * h_u^2$, and hence the residual variance on the observed scale will be equal to $G^2 * (1 - 0.1835395 * h_u^2) / (0.1835395 * h_u^2)$.

The heritability on the observed scale for the second stratum is $0.115279 * h_u^2$, and hence the residual variance on the observed scale will be equal to $G^2 * (1 - 0.115279 * h_u^2) / (0.115279 * h_u^2)$.

Let the reference value for the residual variance be E^2 . Then using as weight $E^2 / (G^2 * (1 - 0.1835395 * h_u^2) / (0.1835395 * h_u^2))$ will ensure that the ratio of residual to genetic variance on the observed scale corresponds to the heritability on the observed scale for the first stratum.

Using weight $E^2 / (G^2 * (1 - 0.115279 * h_u^2) / (0.115279 * h_u^2))$ will ensure that the ratio of residual to genetic variance on the observed scale corresponds to the heritability on the observed scale for the second stratum.

The value of E^2 is to some extent arbitrary, but it is important that this value relates to the residual variance used in the breeding value estimation (PARIN in DMU).

Note that the ratio of weights of both strata is equal to 0.624, i.e. the weight used for RDCCFIN observations. This value is essentially the ratio of variance ratio on the observed scale, and does depend on the value of h_u^2 .

In summary, given values for G^2 , E^2 and h_u^2 , the multiplication factors and weights can be calculated for each stratum, on the basis of the frequency in the stratum. If values of G^2 and E^2 are chosen to reflect genetic and residual variance on the observed scale for a certain stratum, then the multiplication factor and weight will be equal to 1 for that stratum.

SAS Development:

```
data hv_par;
  set in;
  *parameters for the underlying h2 -reference population is swe;
```

```

x_u=quantile("normal",p_ref2use);
z_u=pdf("normal", x_u);

*parameters for the observed h2;
x_o=quantile("normal",p);
z_o=pdf("normal", x_o);

*h2 underlying and observed;
h2_und=(h2*(p_ref2use*(1-p_ref2use))/(z_u**2));
h2_obs=h2_und*((z_o**2)/(p*(1-p)));

*Observed phenotypic variance and SD by stratum;
VP_obs=p*(1-p);
SDP_obs=sqrt(VP_obs);

*Observed genetic variance by stratum;
VG_obs=h2_obs*VP_obs;

*Factor so that the genetic variance for adjusted observations is the same across stratus;
*assuming that our desired genetic variance is the genetic variance from the parin files that is
"estimated_vg";
factor=sqrt(estimate_vg)/sqrt(VG_obs);

*Multiplying the observations of each stratum by the ration: SQRT (estimated_ve) /SQRT(VG_obs);
*will cause the adjusted observations of each stratum to have the desired homogenized genetic variance
(in this case the one from the parin file);
VP_adj=(factor*SDP_obs)**2;

*Checking that the genetic varaince is homogenized after adjusting the observations;
VG_check=VP_adj*h2_obs;

/*The adjustment of observations results in a homogenous genetic variance across strata,
and next issue to handle that the heritabilities on the observed scale differs in both strata.
Since genetic variance on the observed scale after adjustment is the same across strata,
differences in heritabilities essentially imply differences in residual variances.
Those can be handled through weights in the breeding value estimation.
In DMU, specifying a weight w modifies the residual variance to V = (1/w) Ve,
where w is the weight and Ve is the general residual variance specified as prior (PARIN).*/
 
*Residual variance on the obsrved scale;
VE_obs=estimate_vg*(1-h2_obs)/h2_obs;

*weight so that residual variance can be modify according to differences in heretablities for each stratum;
*assuming that our desired residual variance is the one form the parin files:"estimated_ve";
weight=estimate_ve/VE_obs;
run;

```

Appendix F

Table 1. Definition of the genetic groups for the RDC evaluation

breed	year classes	DNK	sire	dam	FIN	sire	dam	SWE	sire	dam
RDC	Nordic y < 1980	-111980	19513	29485	-121980	8264	65263	-131980	83877	86150
RDC	Nordic 1980<=y < 1985	-111985	3171	3794	-121985	3715	12895	-131985	14993	16739
RDC	Nordic 1985<= y < 1990	-111990	2009	1730	-121990	4789	17514	-131990	11050	11187
RDC	Nordic 1990<=y< 1995	-111995	2172	1262	-121995	8122	14676	-131995	11010	8512
RDC	Nordic 1995<=y< 2000	-112000	1515	709	-122000	5097	3693	-132000	7968	3935
RDC	Nordic 2000<=y< 2005	-112005	484	122	-122005	2294	961	-132005	3921	1322
RDC	Nordic 2005<=y< 2010	-112010	167	65	-122010	1066	392	-132010	3081	862
RDC	Nordic y>= 2010	-112015	grouped into 2010		-122015	305	191	-132015	870	208
Diff breeds (ex. JER)	Nordic Others	-141980	4494	5852	-151980	1867	2864	-161980	3515	4322
HOL	Nordic y < 1980	-211980	489	676	-221980	2151	12326	-231980	3108	3789
HOL	Nordic 1980<=y < 1985	-211985	166	402	-221985	1707	5171	-231985	775	1318
HOL	Nordic 1985<= y < 1990	-211990	167	461	-221990	2319	7476	-231990	479	1091
HOL	Nordic 1990<=y< 1995	-211995	195	476	-221995	4476	7672	-231995	550	1249
HOL	Nordic 1995<=y< 2000	-212000	232	652	-222000	3373	2550	-232000	510	1162
HOL	Nordic 2000<=y< 2005	-212005	137	448	-222005	1946	936	-232005	276	583
HOL	Nordic 2005<=y< 2010	-212010	47	97	-222010	1311	431	-232010	80	99
HOL	Nordic y>= 2010	-212015	group into 2010		-222015	389	181	-232015	group into 2010	
HOL	USA and CAN	-241980	412	1083						
HOL	not (DFS,USA,CAN)	-251980	205	568						
RDC (CAN or USA)	all	-261980	210	360						
BSW	all	-271980	104	112						
Others	all	-281980	414	558						

Table 2. Definition of the genetic groups for the HOL evaluation

breed	year classes	Denmark			Finland			Sweden		
		GG	#sire	#dam	GG	#sire	#dam	GG	#sire	#dam
HOL	Nordic y < 1980	-211980	118325	152033	-221980	2151	12326	-231980	55018	56442
HOL	Nordic 1980<=y < 1985	-211985	27606	29663	-221985	1707	5171	-231985	17641	19416
HOL	Nordic 1985<= y < 1990	-211990	18880	15751	-221990	2319	7476	-231990	14447	14522
HOL	Nordic 1990<=y< 1995	-211995	25726	15667	-221995	4476	297	-231995	15006	12927
HOL	Nordic 1995<=y< 2000	-212000	25124	13057	-222000	3373	2551	-232000	10899	6109
HOL	Nordic 2000<=y< 2005	-212005	16497	4835	-222005	1946	936	-232005	7712	3313
HOL	Nordic 2005<=y< 2010	-212010	17701	4068	-222010	1311	430	-232010	7708	3190
HOL	Nordic y>=2010	-212015	7296	1624	-222015	389	181	-232015	2286	770
Diff breeds (ex. XXX, JER)	Nordic Others	-141980	22393	28833	-151980	1868	2865	-161980	6574	7455
RDC	Nordic y < 1980	-111980	1623	2122	-121980	8255	65247	-131980	4066	5746
RDC	Nordic 1980<=y < 1985	-111985	267	804	-121985	3715	12895	-131985	1833	3938
RDC	Nordic 1985<= y < 1990	-111990	236	1034	-121990	4788	17513	-131990	1532	3897
RDC	Nordic 1990<=y< 1995	-111995	308	1388	-121995	8122	14676	-131995	1938	4539
RDC	Nordic 1995<=y< 2000	-112000	358	1203	-122000	5097	3693	-132000	1533	4408
RDC	Nordic 2000<=y< 2005	-112005	140	640	-122005	2294	961	-132005	874	2096
RDC	Nordic 2005<=y< 2010	-112010	22	105	-122010	1066	392	-132010	443	464
RDC	Nordic y>= 2010				-122015	305	191	-132015		
HOL	USA and CAN	-241980	1535	2299						
HOL	not (DFS,USA,CAN)	-251980	2192	2696						
RDC	USA and CAN	-261980	156	297						
Others	all	-271980	439	600						

Table 3. Definition of the genetic groups for the JER evaluation

Breed	Year classes	Denmark		
		Genetic group	sires	dams
JER	Nordic , yob < 1980	-11980	29120	36461
JER	Nordic , 1980 ≤ yob < 1990	-11990	1672	956
JER	Nordic , 1990 ≤ yob < 1995	-11995	4029	2071
JER	Nordic , 1995 ≤ yob < 2000	-12000	2322	780
JER	Nordic , 1995 ≤ yob < 2005	-12005	2083	460
JER	Nordic , 2005 ≤ yob	-12010	2193	310
JER	USA	-21980	280	334
JER	NZL, yob < 1990	-31980	66	66
JER	Others, yob < 1990	-41980	3225	4490

Appendix G

Update of the Economic index for the GH evaluation

The revision of the Nordic Total Merit Index (NTM) in 2018 considered a new set of biological and economic assumptions which have changed the economics weights of all traits in the breeding goal including the General Health index. The economic values are expressed as E per case.

The second phase upgrade of the GH evaluation will be implemented in May 2019 and the new economic weights will be used. The present document describes the methodology behind the calculation of the new GH index.

Disease rates

Average disease rates across the three Nordic countries differ. Fewest differences among countries exist for Other metabolic traits. For some traits, for example Early reproductive disorders, the average disease frequency difference between countries is larger than for Other metabolic diseases (Table 1). Differences in disease frequencies across countries for the same trait implies differences in the value of one index EBV unit per country. Table 1 illustrates differences between countries for reproductive disorders: the frequency of ERP is high in Denmark, and the effect of 4 index units is 2½ times as high compared to that in Sweden, for which the frequency is low. For LRP, on the other hand, the frequency is lowest in Denmark, and the effect of 4 index units is much higher in Finland and Sweden.

Table 1. Screen shot of the NAV bull search for VR Thiago NTM 37

Trait	Breeding value	NAV Countries Average	Comment	Bull effect	Denmark Average	Bull effect	Finland Average	Bull effect	Sweden Average
Yield	125								
Growth	101								
Fertility	110								
Birth	108								
Calving	111								
Udder health (%)	106	-1.09	8.1	Notable differences between countries	-1.30	11.8	-1.04	7.4	-1.04
General health	104								
Early reproductive disorders (%)		-0.17	2.9	Notable differences between countries	-0.26	7.1	-0.19	2.9	-0.10
Late reproductive disorders (%)		-0.31	7.5	Notable differences between countries	-0.16	1.7	-0.37	10.3	-0.27
Ketosis (%)		-0.04	0.9	Notable differences between countries	-0.06	1.8	-0.04	0.9	-0.03
Other metabolic diseases (%)		-0.11	2.2		-0.12	2.7	-0.10	2.1	-0.11
Feet and leg problems (%)		-0.06	2.3	Notable differences between countries	-0.10	6.4	-0.05	1.3	-0.06
									2.1

Calculation of indexes (combination of 1st, 2nd and 3rd lactation BV)

Lactation index traits will now be weighted according to the new weights as follow:

$$SOL_RPL_{123} = 0.3 \times \frac{SOL_RPL1}{sdG_{RPL1}} + 0.25 \times \frac{SOL_RPL2}{sdG_{RPL2}} + 0.45 \times \frac{SOL_RPL3}{sdG_{RPL3}} \quad \text{Equation (1)}$$

Where, SOL_RPL_{123} is the sum of lactation 1 to 3 of the animal solution for Early reproductive disorders, SOL_RPL1 is animal solution for Early reproductive disorders in lactation 1 and sdG_{RPL1} is the genetic standard deviation of the reference population for Early reproductive disorders in lactation 1.

The heterogeneous variance adjustment (within lactation number) takes into account differences in genetic variance due to frequency differences across year and countries and breeds. Consequently, animal solutions from different lactations have a different genetic standard deviations. To transform the animal solutions to a common scale we divide them by their genetic standard deviation (i.e. sdG_{RPL1} for Early reproductive disorders in lactation 1, etc., see equation 1). This results in an index across lactation solution SOL_RPL_{123} that is unitless.

Back-multiplying the lactation index traits solutions by a genetic standard deviation and a factor (ratio between the phenotypic standard deviation before and after HV adjustment) will give back units (#cases) to the solutions that could then be used to calculate the GH index.

However, genetic variances are expressed based on a reference population chosen to calculate factors and weights for the heterogeneous variance adjustment. The reference population is somewhat arbitrary: in the case of the Holstein population we chose the Danish population and in SRB the Swedish population. Using the genetic standard deviation on the observed scale as in the PARIN files will describe the genetic level of the reference population but not necessarily the other populations.

Using population specific disease frequencies and heritability's on the underlying scale, trait specific genetic standard deviations have been calculated for each lactation number and country. That produces an output of 45 genetic standard deviations that we need to summarize into 5, the five across lactation index traits used in the calculation of the GH index.

$$GH\ index = (w1 * sol1 * factor1) + (w2 * sol2 * factor2) + (w3 * sol3 * factor3) + (w4 * sol4 * factor4) + (w5 * sol5 * factor5)$$

To do that genetic standard deviations are sum across lactation 1 to 3 by trait and country. The weights .3, .25, and .45, respectively from the new 2018 NTM are used. After this step there are 15 genetic standard deviations 5 for each trait and country. These genetic standard deviations vary across traits and countries. That is, whereas RDC in Denmark has the highest genetic standard deviation for ERP, The RDC in Sweden has the largest genetic standard deviation for OMB. Therefore, using specific genetic standard deviations calculated from the Swedish population for the general health index will not be representative of the Danish neither the Finnish population.

The same trait-country differences are found for the 15 factors (5 traits in 3 countries). These factors, the ratio between the phenotypic standard deviation before and after HV adjustment, are multiplied by the 15 genetic standard deviations. The result of these multiplication is used to compute a weighted mean, where N = number of records will be used to weight the mean across countries.

$$SOL_RPL_{index} = SOL_RPL_{123} \times weighted_mean(sdG_{RPL-cou} \times factor_{RPL-cou}) \quad \text{Equation (2)}$$

Where, SOL_RPL_{index} is the animal solution that will be used to calculate the GH index, SOL_RPL_{123} is the sum of lactation 1 to 3 of the animal solution for Early reproductive disorders computed in equation (1), $sdG_{RPL-cou}$ is country specific genetic standard deviation and $factor_{RPL-cou}$ is the country specific factor: ration between standard deviation before HV adj. / Phenotypic standard deviation after HV adj.

NEW GH index economic weights

According to the use of the NTM scenario with a 10 % lower milk price for all three breeds. The new economic weights can be found in Chapter 8: Sensitivity Analyses (in the Full NTM Report) Tables 8.1 to 8.3: Cow average + milk price -10%.

Currently in routine analysis (February 2019) the General Health evaluation, the economic value per trait unit is used directly for weighting the traits as follow:

$$\text{sol28} = 2.00 * \text{solrpl} + 1.05 * \text{solrp} + 1.88 * (2 * \text{solmb} + \text{solket}) / 3 + 1.75 * \text{solfl};$$

The new GH index will consider different values for the n different breeds as below:

(The new ones will be (values take directly from my Excel sheet used for the Tables 8.1 – 8.3)

$$\text{HOL: GH} = 2.04 * \text{SOL_RPL} + 1.78 * \text{SOL_RP} + 3.12 * \text{SOL_MB} + 1.45 * \text{SOL_KET} + 1.57 * \text{SOL_FL}$$

$$\text{RDC: GH index} = 2.04 * \text{SOL_RPL} + 1.73 * \text{SOL_RP} + 3.12 * \text{SOL_MB} + 1.49 * \text{SOL_KET} + 1.58 * \text{SOL_FL}$$

$$\text{JER: GH index} = 1.98 * \text{SOL_RPL} + 1.63 * \text{SOL_RP} + 3.05 * \text{SOL_MB} + 1.56 * \text{SOL_KET} + 1.75 * \text{SOL_FL}$$

Appendix H

About reliability approximation in the GH evaluation

Freddy Fikse & Elisenda Rius-Vilarrasa
 September 2017

Background

Up to 2017, the general health evaluation was based on a sire model and reliabilities were approximated use a home-brewed procedure implemented in SAS. The switch to an animal model for genetic evaluation prompted a change to another approach for approximation of reliabilities and the apax99 software was considered for that purpose.

Choice of method

The apax99 software allows approximation of reliabilities with three different approaches: 1) Misztal and Wiggans (1988), 2) Jamrozik et al (2000) and 3) Meyer and Tier (2004). Initially, the M&W approach was chosen, but the results were not found to be consistent. To take a Jersey bull with more than 500 offspring as example, the reliabilities for the various indexes across lactations were:

Early repr	Late repr	Other MB	Ketosis	Feet&legs	GH index	BHB	Acetone
0.86275	0.26679	0.27448	0.86331	0.28162	0.33088	0.25004	0.26099

There was an apparent difference between the reliability of the various traits, which was unexpected as the heritability of the various indexes is of similar magnitude and the pattern of observations was similar for all offspring of this bull (i.e. if a daughter had a record for early reproductive disorders in lactation 1, it also had information for the other 4 veterinary treatment traits in lactation 1). Interestingly, a different value was obtained when the reliability for the GH index was calculated separately, which is a not so desirable property.

Following the advice from the developer of Apax, we looked at the two other options (Meyer and Tier (2004) and Jamrozik et al. (2000)) for approximation of reliabilities. The choice fell on the Jamrozik *et al.* approach, as there appeared to be a slightly better agreement between reliabilities for indexes for traits that have similar patterns of observations (e.g. ketosis and other metabolic disorders, late reproductive disorders and feet&legs).

Results

There is generally good agreement between reliabilities for early and late reproductive disorders as well as feet&legs from the sire model (February 2017) and the new animal model, with the notion that the animal model reliabilities were somewhat lower than the sire model reliabilities (Figures 1a and 1b). For the two metabolic traits (ketosis and other metabolic disorders) the agreement is worse, which can be attributed to the addition of BHB and acetone data, and the re-definition of the metabolic traits.

Cows with observations for treatments have on average a reliability around 0.24-0.30 (Tables 1a-c). Availability of BHB and acetone information lead to a difference in reliability of, on average, 5-7 percent units for ketosis and other metabolic diseases in Holstein and RDC (Table 2). The benefit was somewhat smaller for Jersey, probably as a result of differences in genetic parameters (heritability of BHB/acetone, genetic correlation MB/Ketosis with BHB/acetone).

Table 1a: Approximate reliabilities for seven across-lactation indexes and the GH index, for Holstein cows with observations (for both treatments and BHB/acetone, or only treatments) but without own progeny (N= 3,172,104).

	RPL_ind	RP_ind	MB_ind	KET_ind	FL_ind	GH_ind	BHB_ind	ACE_ind
MIN	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00
1stQ	0.26	0.24	0.26	0.25	0.23	0.27	0.20	0.22
median	0.31	0.30	0.31	0.31	0.29	0.32	0.29	0.30
MEAN	0.29	0.28	0.29	0.29	0.28	0.30	0.27	0.28
3rdQ	0.34	0.33	0.34	0.34	0.33	0.34	0.32	0.33
MAX	0.46	0.45	0.46	0.48	0.45	0.47	0.69	0.62

Table 1b: Approximate reliabilities for seven across-lactation indexes and the GH index, for RDC cows with observations (for both treatments and BHB/acetone, or only treatments) but without own progeny (N= 1,882,112).

	RPL_ind	RP_ind	MB_ind	KET_ind	FL_ind	GH_ind	BHB_ind	ACE_ind
MIN	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00
1stQ	0.23	0.23	0.22	0.22	0.21	0.24	0.17	0.19
median	0.29	0.29	0.28	0.28	0.27	0.29	0.25	0.27
MEAN	0.27	0.27	0.27	0.27	0.26	0.28	0.24	0.25
3rdQ	0.32	0.32	0.32	0.32	0.31	0.33	0.30	0.31
MAX	0.41	0.42	0.44	0.46	0.40	0.42	0.57	0.52

Table 1c: Approximate reliabilities for seven across-lactation indexes and the GH index, for Jersey cows with observations (for both treatments and BHB/acetone, or only treatments) but without own progeny (N= 259,159).

	RPL_ind	RP_ind	MB_ind	KET_ind	FL_ind	GH_ind	BHB_ind	ACE_ind
MIN	0.01	0.00	0.00	0.00	0.00	0.01	0.00	0.00
1stQ	0.22	0.18	0.21	0.23	0.21	0.23	0.20	0.21
median	0.30	0.27	0.29	0.30	0.29	0.31	0.28	0.29
MEAN	0.27	0.25	0.27	0.28	0.27	0.28	0.26	0.27
3rdQ	0.33	0.31	0.32	0.33	0.32	0.33	0.32	0.32
MAX	0.40	0.37	0.40	0.41	0.40	0.41	0.48	0.44

Table 2: Approximate reliabilities for seven across-lactation indexes and the GH index, for cows with observations but without own progeny, separate for cows with or without BHB&acetone observations.

Breed	BHB obs	RPL	RP	MB	KET	FL	GH	BHB	ACE	N
HOL	Yes	0.30	0.28	0.34	0.36	0.28	0.32	0.44	0.41	329,277
	No	0.29	0.28	0.29	0.29	0.28	0.30	0.25	0.27	2,842,827
RDC	Yes	0.28	0.27	0.32	0.34	0.26	0.30	0.43	0.41	31,382
	No	0.27	0.27	0.27	0.27	0.26	0.28	0.23	0.25	1,850,730
JER	Yes	0.28	0.25	0.28	0.31	0.27	0.29	0.35	0.33	56,705
	No	0.27	0.25	0.26	0.27	0.27	0.28	0.24	0.25	202,454

Apax reliability (Jam;y) against sire model reliability(x) - HOL

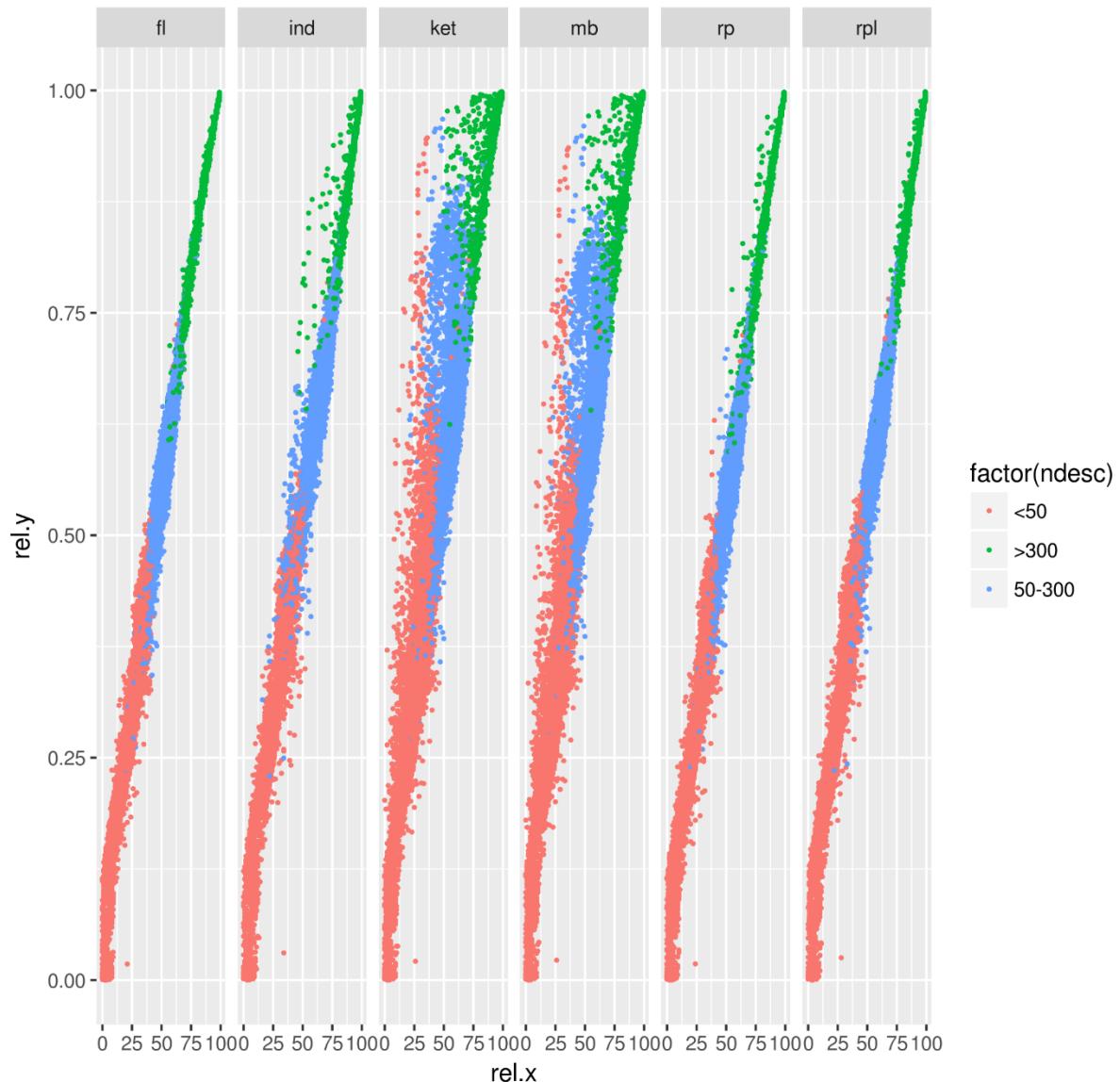


Figure 1a: Approximated reliabilities for five across-lactation indexes and the GH index from the sire model (February 2017; x-axis) and new animal model (with metabolic disorders split and including BHB/acetone; y-axis), for Holstein sires grouped by number of offspring (< 50 red; between 50-300 blue; >300 green).

Apax reliability (Jam;y) against sire model reliability(x) - RDC

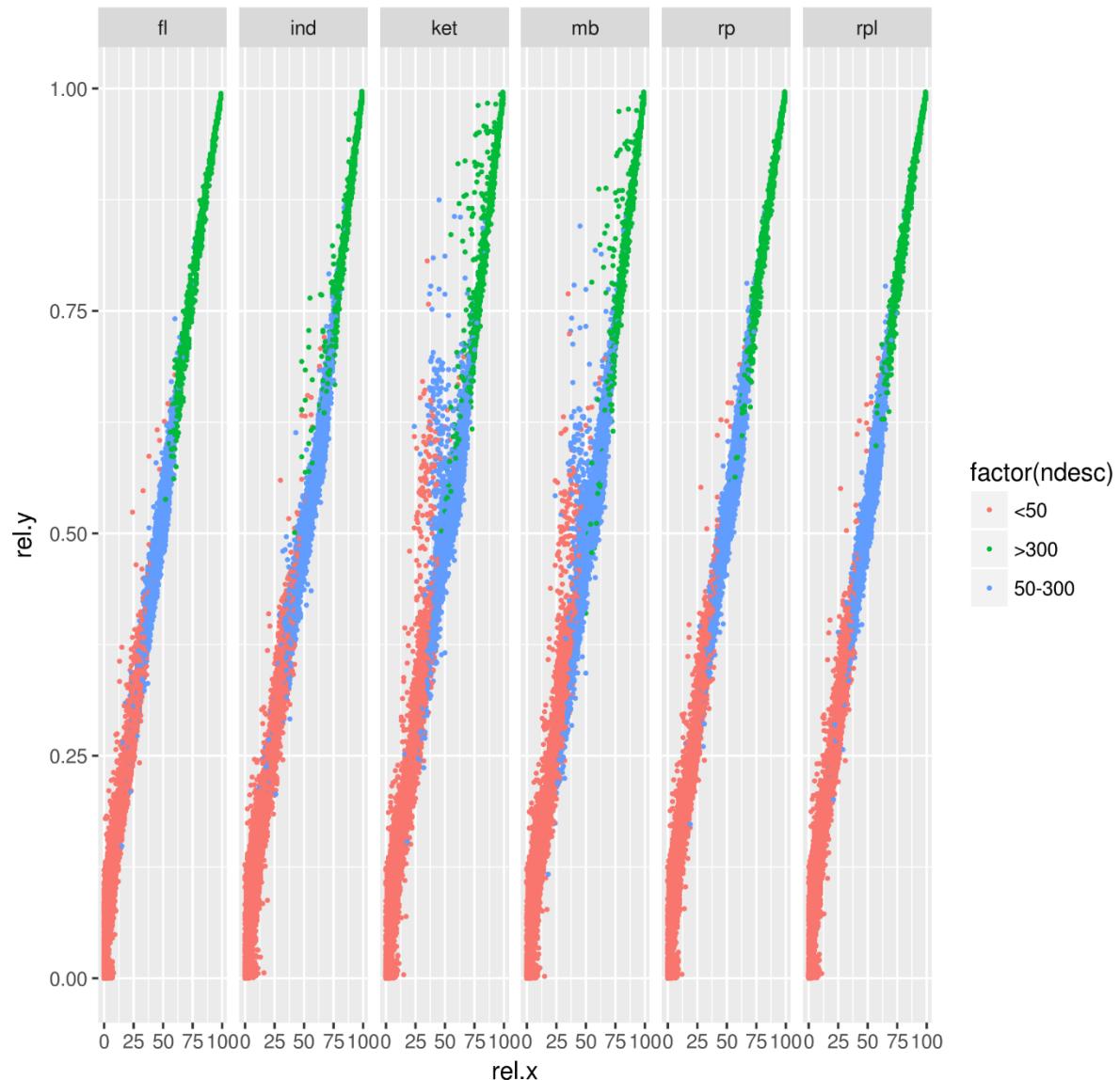


Figure 1b: Approximated reliabilities for five across-lactation indexes and the GH index from the sire model (February 2017; x-axis) and new animal model (with metabolic disorders split and including BHB/acetone; y-axis), for RDC sires grouped by number of offspring (< 50 red; between 50-300 blue; >300 green).