

Ocena wartości hodowlanej krów rasy PHF odmiany czarno-białej i czerwono-białej

SPIS TREŚCI

OCENA KONWENCJONALNA.....	2
Ocena wartości hodowlanej krów dla cech produkcyjnych i zawartości komórek somatycznych.....	2
Model	2
Baza genetyczna.....	3
Indeks produkcyjny (w kg)	4
Podindeks produkcyjny	4
Ocena wartości hodowlanej krów dla cech pokroju	5
Model	5
Baza genetyczna.....	6
Podindeksy pokrojowe	6
Optymalne wartości liniowych cech pokroju.....	6
Wagi cech wchodzących w skład podindeksów	7
Ocena wartości hodowlanej krów pod względem cech płodności.....	9
Model	9
Baza genetyczna.....	10
Podindeks cech płodności	10
Ocena wartości hodowlanej krów dla długowieczności	11
Indeks PF dla krów	12
OCENA GENOMOWA.....	13

OCENA KONWENCJONALNA

Ocena wartości hodowlanej krów dla cech produkcyjnych i zawartości komórek somatycznych

Model

Ocena wartości hodowlanej dla cech produkcyjnych i zawartości komórek somatycznych (SCS) odbywa się na podstawie analizy dziennych wydajności mleka, tłuszczu i białka oraz liczby komórek somatycznych (SCC). Próbné udoje przeprowadzone w jednym stadzie w tym samym dniu są zaliczane do jednej podklasy zwanej dniem doju w stadzie.

Wartości hodowlane szacuje się za pomocą jednocechowej, wielolaktacyjnej (ograniczonej do trzech pierwszych laktacji) metody BLUP - model zwierzęcia z losowymi regresjami:

$$Y_{ijklm} = HTD_i + \sum_{n=1}^3 b_{jln} x_{jln} + \sum_{n=1}^3 a_{kln} z_{kln} + \sum_{n=1}^3 p_{kln} z_{kln} + e_{ijklm}$$

gdzie:

Y_{ijklm}	m-ta wydajność dzienna mleka, tłuszczu, białka lub SCS k-tej krowy w l-tej laktacji, w i-tej podklasie dnia doju w stadzie, j-tej podklasie wieku ocielenia-sezonu ocielenia-odmiany-okresu czasu,
HTD_i	efekt losowy dnia doju w stadzie,
b_{jln}	współczynniki stałych regresji w podklasach wieku ocielenia-sezonu ocielenia-odmiany-okresu czasu,
a_{kln}	współczynniki losowych regresji dla efektu addytywnego genetycznego,
p_{kln}	współczynniki losowych regresji dla efektu trwałego środowiskowego,
x_{jln} i z_{kln}	współzmiennie obliczone na podstawie dnia laktacji,
e_{ijklm}	efekt błędu losowego.

Utworzono łącznie 12 klas wieku ocielenia, w tym 5 klas w obrębie pierwszej laktacji, 4 klasy w obrębie drugiej laktacji oraz 3 klasy w obrębie trzeciej laktacji, 2 sezony ocielenia (kwiecień-wrzesień i październik-marzec) oraz okresy czasu złożone z trzech kolejnych lat wycielenia (począwszy od roku 1995). Krzywe laktacji w podklasach wieku ocielenia-sezonu ocielenia-odmiany-okresu czasu modelowane są za pomocą funkcji Wilminka, a pozostałe krzywe laktacji - za pomocą wielomianów Legendre'a stopnia 2-go. Przyjmuje się homogeniczny rozkład wariancji błędu dla kolejnych dni laktacji.

Wartości hodowlane dla procentowej zawartości tłuszczu i białka oblicza się na podstawie oszacowanych wartości hodowlanych dla wydajności mleka, tłuszczu i białka oraz średniej wydajności mleka i procentowej zawartości tłuszczu i białka w drugiej laktacji krów urodzonych w roku przyjętym jako baza genetyczna.

Zakres i rodzaje obserwacji

W ocenie uwzględnia się dane dla krów wycielonych po 1 stycznia 1995r. Metoda oceny

rozdziela czy dzienna wydajnoŝć mleka jest sumą wydajnoŝci ranej i wieczornej (metody oceny A4 i A8) czy teŝ jest obliczona na podstawie tylko ranej lub tylko wieczornej doju (metoda oceny AT4). Obserwacjom z systemu AT4 nadaje siê mniejsz¹ wagê, tzn. dla metody A4 i A8 przyjmuje siê wagê równ¹ 100%, a dla metody AT4 – wagê 80%.

Liczbê komórek somatycznych SCC w próbnym udojach poddaje siê transformacji logarytmicznej wg poniŝszego wzoru, otrzymuj¹c zawartoŝć komórek somatycznych SCS.

$$SCS = \log_2(SCC/100000) + 3$$

Grupy genetyczne

Grupy genetyczne tworzone s¹ dla nieznanymi rodziców ocenianymi zwierz¹t. Okreŝlenie "nieznani rodzice" oznacza w tym przypadku brak informacji o rodzicach. Wszystkie pozostałe oceniane zwierz¹ta przypisywane s¹ do grup genetycznych poŝrednio, poprzez powi¹zania rodowodowe. Utworzono oddzielnie 3 grupy genetyczne dla buhajów-ojców oraz 9 grup genetycznych dla krów-matek. W obrêbie płci przyjêto dodatkowo podzia³ w zaleŝnoŝci od wieku oraz udzia³u genów HF. Rok urodzenia zwierz¹t, które nie posiadaj¹ tej informacji, szacuje siê na podstawie znanych dat urodzenia ich krewnych.

Poprawki na niejednorodnoŝć wariancji w stadach-latach

W celu wyrównania róŝnic w zmiennoŝci wydajnoŝci dziennych i SCS w obrêbie stad, zastosowano poprawki na niejednorodnoŝć wariancji.

Parametry genetyczne

Przy szacowaniu wartoŝci hodowlanej zwierz¹t przyjêto wartoŝci odziedziczalnoŝci zamieszczone w tabeli 1.

Tabela 1. Odziedziczalnoŝci laktacyjnych wydajnoŝci mleka, t³uszczu, białka i SCS

Wydajnoŝci laktacyjne			
Mleko	T³uszcz	Białko	SCS
0,33	0,29	0,29	0.32

Sposób wyrażania wartoŝci hodowlanej

W wyniku stosowania metody opartej na próbnym udojach otrzymuje siê wartoŝci hodowlane zwierz¹cia dla kolejnych dni laktacji. Suma tych wartoŝci z okresu od 5. do 305. dnia po ocieleniu daje tzw. wartoŝć hodowlan¹ laktacyjn¹. Wartoŝć hodowlana zwierz¹cia jest obliczana jako ŝrednia arytmetyczna z wartoŝci hodowlanych dla trzech pierwszych laktacji. Przed uŝrednieniem przeprowadza siê standaryzacjê zmiennoŝci ocen drugiej i trzeciej laktacji do poziomu zmiennoŝci ocen w pierwszej laktacji. Przy obliczaniu zmiennoŝci ocen uwzglêdnia siê wartoŝci hodowlane buhajów oparte na minimum 10 córkach.

Wielolaktacyjna metoda BLUP-model zwierz¹cia, wykorzystuj¹c powi¹zania genetyczne miêdzy laktacjami, umoŝliwia oszacowanie wartoŝci hodowlanej dla kaŝdej, nawet brakuj¹cej, laktacji.

Baza genetyczna

Średnią wartość hodowlaną krów urodzonych w 2010 r. przyjęto za bazę genetyczną. Wartości hodowlane wszystkich krów i buhajów wyrażane są jako odchylenia od bazy.

Indeks produkcyjny (w kg)

Indeks produkcyjny uwzględnia wartości hodowlane dla wydajności tłuszczu i białka:

Indeks [kg] = wartość hodowlana dla tłuszczu [kg] + 2 * wartość hodowlana dla białka [kg]

Podindeks produkcyjny

Podindeks produkcyjny (PI_PROD) =
= wartość hodowlana dla tłuszczu + 2 * wartość hodowlana dla białka

Wartości hodowlane cech wydajności przed utworzeniem podindeksu produkcyjnego (PI_PROD), będącego jednym ze składników indeksu ogólnego, zestandaryzowano na średnią 100 i odchylenie standardowe 10, przyjmując jako bazę średnią wartość hodowlaną buhajów urodzonych w latach 2004-2006, posiadających co najmniej 20 córek w 10 oborach.

Ocena wartości hodowlanej krów dla cech pokroju

Liniową oceną pokroju objętych jest 15 cech punktowanych w skali od 1 do 9, pomiar wysokości w krzyżu, cztery cechy opisowe punktowane od 50 do 100 oraz utworzona z nich ocena ogólna. Tabela 2 podaje zestawienie ocenianych cech pokroju i ich odziedziczalności.

Tabela 2 . Odziedziczalności cech pokroju

Cecha	h^2
Kaliber (50-100pkt.)	0.50
Typ-budowa (50-100pkt.)	0.33
Nogi-racice (50-100pkt.)	0.11
Wymię (50-100pkt.)	0.14
Budowa ogólna (50-100pkt.)	0.25
Wysokość w krzyżu (cm)	0.54
Głębokość tułowia (1-9 pkt.)	0.21
Szerokość klatki piersiowej (1-9 pkt.)	0.21
Ustawienie zadu (1-9 pkt.)	0.28
Szerokość zadu (1-9 pkt.)	0.30
Postawa nóg tylnych z boku (1-9 pkt.)	0.13
Racice (1-9 pkt.)	0.09
Postawa nóg tylnych z tyłu (1-9 pkt.)	0.09
Zawieszenie przednie wymienia (1-9 pkt.)	0.21
Zawieszenie tylne wymienia (1-9 pkt.)	0.24
Więzadło środkowe wymienia (1-9 pkt.)	0.20
Położenie wymienia (1-9 pkt.)	0.33
Szerokość wymienia (1-9 pkt.)	0.19
Ustawienie strzyków przednich (1-9 pkt.)	0.29
Długość strzyków (1-9 pkt.)	0.36
Ustawienie strzyków tylnych (1-9 pkt.)	0.29
Charakter mleczny (1-9 pkt.)	0.28

Model

Oszacowań wartości hodowlanej dokonuje się przy pomocy metody BLUP - model zwierzęcia, oddzielnie dla każdej cechy wg modelu liniowego uwzględniającego losowy wpływ genetyczny krowy, stały wpływ grupy genetycznej, regresja liniowa i kwadratowa na wiek krowy przy ocieleniu, stały wpływ stada-roku-sezonu ocielenia-klasyfikatora, wpływ stadium laktacji w którym dokonano oceny pokroju i wpływ błędu losowego.

Szacowano wartości hodowlane krów posiadające znanego ojca, których wiek ocielenia mieścił się w przedziale od 18 do 48 miesiąca. W ocenie uwzględniono krowy kandydatki nie posiadające własnej oceny pokroju. Wartości hodowlane oszacowane dla tych krów są oparte

na ocenie ich krewnych.

W trakcie tworzenia podklas stado rok sezon ocielenia-klasyfikator przyjęto dotychczas obowiązującą zasadę podziału roku na dwa sezony ocieleń kwiecień-wrzesień i październik-marzec.

Oceny pokroju powinny być dokonane w okresie między 15 a 180 dniem trwania laktacji. Okres ten podzielono na 11 piętnastodniowych przedziałów (stadium laktacji). Nie szacowano wartości hodowlanych krów ocenionych przed 15 lub po 180 dniu laktacji.

Konstrukcję grup genetycznych oparto na koncepcji Westell i wsp. (1988), tworząc je dla nieznanymi rodziców ocenianych zwierząt. W przypadku odmiany czarno-białej jako podstawowe kryterium podziału na grupy przyjęto procentowy udział genów rasy holsztyńsko-fryzyjskiej u potomka. W grupach krów-matek wprowadzono dodatkowy podział w zależności od roku urodzenia. Łącznie utworzono 17 grup genetycznych, w tym cztery grupy dla buhajów-ojców i 13 grup dla krów-matek. W ocenie odmiany czerwono białej podział na grupy oparto na wieku potomka tworząc trzy grupy dla buhajów-ojców i 4 grupy dla krów-matek.

Wartości hodowlane dla wszystkich cech wyrażono jako odchylenia od średniej bazy, a następnie przekształcono na zmienną o średniej 100 i odchyleniu standardowym 10

Baza genetyczna

Jako bazę przyjęto średnią wartość hodowlaną buhajów dla cech pokroju, oparte na co najmniej 10 ocenionych córkach, znajdujących się w co najmniej 5 oborach.

Podindeksy pokrojowe

Duża liczba ocenianych cech pokroju spowodowała zapotrzebowanie na bardziej syntetyczne ich przedstawienie, najczęściej w postaci indeksów częściowych. W związku z tym utworzono podindeksy odpowiadające grupom cech charakteryzującym najważniejsze elementy pokroju krowy.

Optymalne wartości liniowych cech pokroju

Liniowa metoda oceny pokroju polegająca na punktacji każdej cechy w skali od 1 do 9 nie oznacza, że najbardziej pożądane są cechy o najwyższej punktacji. Często najbardziej pożądana wartość przypada w innym miejscu skali liniowej. Tabela 3 podaje dla wszystkich cech punktację przyjętą za optymalną.

Tabela 3. Wartości liniowych cech pokroju przyjęte za optymalne

Głębokość tułowia	6,5
Szerokość klatki piersiowej	6
Ustawienie zadu	5

Szerokość zadu	6,5
Postawa nóg tylnych z boku	5
Racice	7
Postawa nóg tylnych z tyłu	9
Zawieszenie przednie wymienia	7
Zawieszenie tylne wymienia	9
Więzadło środkowe wymienia	9
Położenie wymienia	7
Szerokość wymienia	9
Ustawienie strzyków tylnych	4
Ustawienie strzyków przednich	5
Długość strzyków	4,5
Charakter mleczny	7,5

Liniowe cechy pokroju poddawane są transformacji tak, aby wyższa wartość oceny zawsze odpowiadała postaci cechy, która jest bardziej pożądana przez hodowców. Na podstawie transformowanych cech pokroju przeprowadza się ocenę wartości hodowlanej krów i buhajów przy pomocy metody BLUP, a oszacowane wartości hodowlane wykorzystuje się do obliczenia podindeksów pokrojowych.

Wagi cech wchodzących w skład podindeksów

W tabeli 4 podano podindeksy cząstkowe i wagi przypisane cechom, które wchodzą w ich skład.

Tabela 4. Wagi cech wchodzących w skład podindeksów pokrojowych.

Podindeks ramy ciała		
1.	ustawienie zadu	40%
2.	wysokość w krzyżu	25%
3.	szerokość zadu	20%
4.	szerokość klatki piersiowej	15%
Podindeks siły mleczności		
1.	charakter mleczny	50%
2.	szerokość klatki piersiowej	25%
3.	głębokość tułowia	15%
4.	wysokość w krzyżu	10%
Podindeks nóg i racic		

1.	przekątna racycy	45%
2.	ustawienie nóg widok z tyłu	35%
3.	ustawienie nóg widok z boku	20%
Podindeks wymienia		
1.	położenie wymienia	35%
2.	zawieszenie przednie	18%
3.	zawieszenie tylne	15%
4.	więzadło środkowe	10%
5.	szerokość wymienia	10%
6.	ustawieniem strzyków - tył	6%
7.	ustawienie strzyków przednich	3%
8.	długość strzyków	3%
Podindeks ogólny (PI_POKR)		
1.	Podindeks wymienia	50%
2.	Podindeks nóg i racycy	30%
3.	Podindeks siły mleczności	10%
4.	Podindeks ramy ciała	10%

Podindeksy standaryzowano na średnią 100 i odchylenie standardowe 10 przyjmując jako bazę średnią podindeksów dla buhajów urodzonych w latach 2004-2006, posiadających co najmniej 20 córek w 10 oborach.

Ocena wartości hodowlanej krów pod względem cech płodności

Ocenie poddano cztery cechy płodności:

- wskaźnik niepowtarzalności unasiwienia do 56 dnia po pierwszym zabiegu inseminacji jałówek (NPj)
- wskaźnik niepowtarzalności unasiwienia do 56 dnia po pierwszym zabiegu inseminacji krów po pierwszym ocieleniu (NPk).
- długość przestoju poporodowego (PP) - odstęp czasu od pierwszego ocielenia do pierwszego zabiegu unasiwienia.
- długość okresu międzyciążowego (OMC) - odstęp czasu od pierwszego ocielenia do ponownego zacielenia.

Wskaźniki NPj i NPk zdefiniowano następująco: jeśli jałówka/krowa w ciągu 56 dni od pierwszego zabiegu unasiwienia nie wykazała objawów rui, to jej wartość fenotypowa wynosiła 1, w przeciwnym wypadku wartość ta była równa 0.

Tabela 5. Odziedziczalności (na przekątnej) oraz korelacje genetyczne (nad przekątną) i fenotypowe (pod przekątną) między cechami płodności

Cecha	NPj	NPk	PP	OMC
NPj	0,020	0,103	0,581	-0,006
NPk	0,031	0,021	0,013	0,007
PP	-0,001	0,325	0,053	0,713
OMC	-0,003	-0,193	0,609	0,080

Model

Wartości hodowlane cech płodności oszacowano metodą BLUP - wielocechowy model zwierzęcia, uwzględniając w modelu liniowym następujące wpływy:

1. dla NPj: stały efekt stada-roku, stały efekt miesiąca, regresję na wiek jałówki w chwili przeprowadzenia pierwszego zabiegu inseminacyjnego,
2. dla NPk: stały efekt stada-roku, stały efekt miesiąca, regresję na wiek jałówki w chwili przeprowadzenia pierwszego zabiegu unasiwienia,
3. dla PP: stałe efekty stada-roku i miesiąca ocielenia oraz regresja na wiek krowy przy ocieleniu,
4. dla OMC: stałe efekty stada-roku i miesiąca ocielenia oraz regresja na wiek krowy przy ocieleniu.

Wartości hodowlane dla wszystkich cech wyrażono jako odchylenia od średniej bazy, a następnie przekształcono na zmienną o średniej 100 i odchyleniu standardowym 10.

Dla NPj i NPk wyższa wartość hodowlana oznacza mniej powtórzeń zabiegu unasiwienia. Wyższa wartość hodowlana pod względem OMC lub PP oznacza krótsze odstępy międzyocieleniowe lub przestoje poporodowe.

Baza genetyczna

Jako bazę genetyczną przyjęto średnią wartość hodowlaną buhajów urodzonych w latach 2004-2006, ocenionych na podstawie co najmniej 50 córek, znajdujących się w co najmniej 30 oborach.

Podindeks cech płodności

Podindeks płodności PI_PŁOD:

$$\mathbf{PI_PŁOD = 0,70 \times NPj + 0,10 \times NPk + 0,10 \times PP + 0,10 \times OMC}$$

Podindeks płodności został standaryzowany na średnią 100 i odchylenie standardowe 10.

Ocena wartości hodowlanej krów dla długowieczności

Długowieczność zdefiniowano jako różnicę w dniach między datą ubycia dla krów wybrakowanych (dane „nieocenzurowane”) lub ostatniego odnotowanego próbnego udoju dla krów żyjących (dane „ocenzurowane”) a datą pierwszego wycielenia.

Wartość hodowlaną krów oszacowano na podstawie oszacowań wartości hodowlanych ojców i matczynych dziadków wg wzoru:

$$\text{WH_DŁUG} = 100 + 0.5 * (\text{WH ojców} - 100) + 0.25 * (\text{WH matczynego dziadka} - 100)$$

Wartość hodowlaną buhajów (WH ojca i matczynego dziadka) dla długowieczności (przeżywalności) oszacowano za pomocą metody „analizy przeżywalności”, przy pomocy pakietu Survival Kit 3.1.

Zastosowano model mieszany Weibull’a z jednolitą funkcją hazardu (ryzyka). Model uwzględniał stałe efekty środowiskowe takie jak wiek pierwszego wycielenia, numer laktacji, stadium laktacji, względną wydajność białka i tłuszczu w obrębie stada w danym roku i sezonie wycielenia, klasy zmiany wielkości stada w kolejnych latach, losowy efekt stado-rok-sezon i addytywny genetyczny efekt ojca.

Tabela 6. Parametry rozkładu Weibull’a, parametry genetyczne oraz parametr rozkładu efektu losowego hys

parametry rozkładu Weibulla:	
ρ	2,07
λ	0,007
γ dla efektu losowego hys	2,23
parametry genetyczne	
wariancja efektu ojca σ_s^2	0,0451
odziedziczalność h_{orig}^2	0,19

Oszacowane wartości hodowlane EBV oraz względny poziom ryzyka brakowania $RR = \exp(\text{EBV})$ dla buhajów poddano transformacji polegającej na zmianie znaku na przeciwny tak by wyższe wartości hodowlane oznaczały większą długowieczność córek buhaja.

Wartości hodowlane buhajów wyrażano jako odchylenia od bazy a następnie przekształcono na zmienną o średniej 100 i odchyleniu standardowym 10. Jako bazę przyjęto średnią wartość hodowlaną buhajów urodzonych w latach 2004-2006, które uzyskały powtarzalność oceny co najmniej 50%.

Indeks PF dla krów

Indeks selekcyjny **PF** „Produkcja i Funkcjonalność” dla krów ma następującą postać:

$$\mathbf{PF = 0.4 * PI_PROD + 0.25 * PI_POKR + 0.15 * PI_PŁOD + 0.1 * WH_KSOM + 0.1 * WH_DŁUG}$$

gdzie:

- PI_PROD - podindeks produkcyjny
- PI_POKR - podindeks pokrojowy
- PI_PŁOD - podindeks płodności
- WH_KSOM - wartość hodowlana dla zawartości komórek somatycznych
- WH_DŁUG - wartość hodowlana dla długowieczności

Indeks selekcyjny **PF** zestandaryzowano na średnią 100 i odchylenie standardowe 10, przyjmując jako bazę średni indeks buhajów urodzonych w latach 2004-2006, posiadających co najmniej 20 krajowych córek w 10 oborach

OCENA GENOMOWA

Dane

Polimorfizm pojedynczych nukleotydów (ang. *Single Nucleotide Polymorphisms; SNP*) jest analizowany z wykorzystaniem platformy Illumina Bovine Genotyping BeadChip. Przy wyborze SNP wykorzystywanych w ocenie odrzuca się polimorfizmy, które wykazują ponad 10% brakujących genotypów lub dla których częstotliwość rzadszego allelu wynosi mniej niż 0.01.

Dane fenotypowe pochodzą z deregresowanych (*deregressed*) konwencjonalnych wartości hodowlanych (*EBV- Estimated Breeding Value*).

Model

Bezpośrednia ocena genomowa (DGV)

Bezpośrednia ocena genomowa (*Direct Genomic Value*) jest oparta na jednocechowym liniowym modelu mieszanym z losowym addytywnym efektem SNP, wykorzystującym jako zmienne zależne zderegresowane konwencjonalne wartości hodowlane, a jako zmienną niezależną genotypy SNP określone dla osobników jak podano w punkcie 4.1 bezpośrednio, lub na drodze imputacji z innych platform genotypujących.

Genomowa kombinowana wartość hodowlana (GEBV)

Genomowa kombinowana wartość hodowlana (ang. *Genomic Enhanced Breeding Value; GEBV*) jest obliczana jako indeks złożony z konwencjonalnej wartości hodowlanej EBV lub, w przypadku jej braku, indeksu rodowodowego (PI) i bezpośredniej oceny genomowej DGV, ważonych przez ich dokładność.

Powtarzalność oceny

Dokładność bezpośredniej oceny genomowej (DGV).

Dokładność (powtarzalność) bezpośredniej genomowej oceny jest aproksymowana przez dokładność zrealizowaną na podstawie walidacji Interbull.

Dokładność kombinowanej wartości hodowlanej (GEBV).

Dokładność (powtarzalność) kombinowanej wartości hodowlanej GEBV dla ocenionych zwierząt szacowana jest na podstawie dokładności obliczonych dla DGV, oraz EBV lub indeksu rodowodowego (PI).

Indeks i podindeksy

Genomowe wartości hodowlane są łączone w podindeksy oraz indeks selekcyjny na zasadach opisanych w części poświęconej ocenie konwencjonalnej.