

Data og model for BxD egenskaber

Trine Andersen, oktober 2024

BxD genomisk singlestep indekser er beregnet ud fra nedenstående data, modeller og parametre, på krydsningskalve der har BBLsire og HOldam, og som er født i Danmark.

Afstamning er tracet to generationer bagud og der er anvendt én phantom group for BBLsiden og én phantom group for HOLSiden af afstamningen. Afstamning stammer fra nav_ped.

Der er anvendt genotyper på krydsningskalve, renrace BBLhundyr og -handyr og på renrace HOldhundyr og -handyr. Der er anvendt polygen effekt på 30% ligesom for malkekvæg singlestep.

Der er ikke anvendt birth-year-cut for genotyper.

Der er anvendt samme afstamning og samme genomiske slægtskabsmatrice for alle egenskaber. All renrace BBLdyr (i nav_ped) født efter 2018 samt alle genotyped BBLdyr får beregnet et singlestep indeks for alle egenskaberne, såfremt de har "BBL" som racecode i id_nor. Derudover får krydsningskalvene og HOldyr i afstamningen også beregnet indekser men de publiceres ikke.

Indekserne er standardiseret til at basen (krydsningskalve født 2-5 år siden) har gennemsnit på 100 og genetisk spredning på 10.

Underindekser.....	2
Delindekser.....	2
Xindekser/sammenvejede indekser.....	2
YSS.....	3
SPCT.....	4
HLTH.....	5
CALV.....	6
CARC.....	7
EAQU.....	8
METH.....	9
FEED.....	10

Underindekser

Der beregnes en singlestep avlsværdi for hver af de nedenstående underindekser opdelt i 8 egenskabsgrupper:

gruppe	egenskab	beskrivelse
YSS	YSS1	Ungdyroverlevelse tidlig periode
YSS	YSS2	Ungdyroverlevelse sen periode
SPCT	Fspc	Female slagteprocent
SPCT	Mspc	Male slagteprocent
HLTH	diti	Diarre tidlig periode
HLTH	dise	Diarre sen periode
HLTH	klov	klovsundhed
HLTH	Luti	Lungebetændelse tidlig periode
HLTH	luse	Lungebetændelse sen periode
CALV	sb1	Still birth på kvier (ingen data)
CALV	sb2	Still birth på køer
CALV	ce1	Calving ease på kvier (ingen data)
CALV	ce2	Calving ease på køer
CALV	cs1	Calving size på kvier (ingen data)
CALV	cs2	Calving size på køer
CARC	DGM	Tilvækst, male
CARC	CSM	Conformation score, male
CARC	FAM	Fat score, male
CARC	DGF	Tilvækst, female
CARC	CSF	Conformation score, female
CARC	FAF	Fat score, female
EAQU	MS	Marbleling score
METH	CH4	Median methan
FEED	DFI	Median Daily feed intake
FEED	BW	Vægt
FEED	dBW	deltaBW
FEED	EFF	effektivitet

Delindekser

Der er defineret 13 delindekser ud fra ovenstående underindekser:

navn	beskrivelse	formel
FEFF	fodereffektivitet	= EFF
MEAT	spisekvalitet	= MS
METH	methan produktion	= CH4
NETI	netto tilvækst	= DGM *0.50 + DGF*0.50
SLFO	slagteform	= CSM *0.50 + CSF *0.50
SLGP	slagteprocent	= Fspc * 0.50 + Mspc *0.50
FASC	fedt score	= FaM*0.50 + FaF*0.50
BRTH	livskraft	= SB2
CALV	forløb	= CE2
OVTI	overlevelse tidlig	= YSS1
OVSE	overlevelse sen	= YSS2
HLTI	sundhed tidlig	= (diti * 0.0063*2 + luti * 0.0056*2)/(0.0063*2 + 0.0056*2)
HLSE	sundhed sen	= (dise * 0.0796 + klov *0.0042 + luse * 0.0264)/(0.0796 + 0.0042 + 0.0264)

Xindekser/sammenvejede indekser

	NETI	SLFO	FASC	BRTH	CALV	OVTI	OVSE	KLOV	LUSE	DISE	SLGP	FEED	METH	EAQU
XMAL	0.3650	0.0920	0.0390	0.2840	0.2900	0.2340	0.3720	0.0042	0.0264	0.0796	0.5330	1.7680	0.1390 0.3480 0.8720	0.0000
XSLA	0.3650	0.0920	0.0390	0.0000	0.0000	0.0000	0.3720	0.0042	0.0264	0.0796	0.5330	1.7680	0.1390 0.3480 0.8720	0.0000

YSS**YSS data**

```
INTEGER nav_id nav_sid ymc sexyc dbryr sirbrcod coup herdyr1 herdyr2 cyt  
REAL yss1 yss2
```

YSS nye model

```
yss1 = ymc sexyc herdyr1 - - G(nav_id)  
yss2 = ymc sexyc - herdyr2 cyt G(nav_id)
```

YSS animal parametre

```
1 1 1 1.62E-03  
1 2 1 6.60E-04  
1 2 2 3.00E-03  
2 1 1 1.60E-01  
2 2 1 0.000  
2 2 2 1.97E-01
```

YSS Heritabilitet

```
h2  
YSS1 0.010  
YSS2 0.015
```

SPCT

SPCT data

INTEGERS: nav_id nav_sid CHY1 CCA1 mBMV1 ydambr sirbrcod slghouse
REALS: slweight slweigh2 slage Fspct Mspct

SPCT nye model

Fspct =slweight - CHY1 mBMV1 slghouse G(nav_id)
Mspct =slweight slweigh2 CHY1 mBMV1 slghouse G(nav_id)

SPCT animal parametre

1 1 1 0.0001378611
1 2 1 0.0001367721
1 2 2 0.000158762
2 1 1 0.000138497
2 2 2 0.0001641601

SPCT Heritabilitet

h2
FSPC 0.499
MSPC 0.492

HLTH

HLTH data

INTEGERS: nav_id nav_sid dbryr ymonth sirecode fhys shys
REALS: diarreti diarrese klov lungetid lungesen

HLTH nye model

diarreti = ymonth fhys - G(nav_id)
diarrese = ymonth - shys G(nav_id)
klov = ymonth - shys G(nav_id)
lungetid = ymonth fhys - G(nav_id)
lungesen = ymonth - shys G(nav_id)

HLTH animal parametre

1 1 1 0.001414691
1 2 1 0
1 2 2 0.003129838
1 3 1 0
1 3 2 0.000123331
1 3 3 8.23157E-05
1 4 1 0.000611563
1 4 2 0
1 4 3 0
1 4 4 0.000518602
1 5 1 0
1 5 2 0.004022925
1 5 3 0.000447699
1 5 4 0
1 5 5 0.014679619
2 1 1 0.135918452
2 2 1 0
2 2 2 0.131748562
2 3 1 0
2 3 2 0.00140341
2 3 3 0.01395967
2 4 1 0.021424871
2 4 2 0
2 4 3 0
2 4 4 0.071039725
2 5 1 0
2 5 2 0.044745125
2 5 3 0.004244753
2 5 4 0
2 5 5 0.337150246

HLTH Heritabilitet

h2
diarreti 0.010
diarrese 0.023
klov 0.006
lungetid 0.007
lungesen 0.042

CALV

CALV data

INTEGERS: nav_id nav_sid ymc sexyc dbryr dbryr_cs breedcod ageeffec herdyr1 herdyr2 herdid
REALS: sb1 sb2 ce1 ce2 cs1 cs2

CALV nye model

Phenotypes for sb1, ce1 og sb1 er sat til missing

```
sb1 = ymc sexyc ageeffec herdyr1 - G(nav_id)
sb2 = ymc sexyc ageeffec - herdyr2 G(nav_id)
ce1 = ymc sexyc ageeffec herdyr1 - G(nav_id)
ce2 = ymc sexyc ageeffec - herdyr2 G(nav_id)
cs1 = ymc sexyc ageeffec herdyr1 - G(nav_id)
cs2 = ymc sexyc ageeffec - herdyr2 G(nav_id)
```

CALV animal parametre

```
1 1 1 0.003336217
1 2 1 0.001063063
1 2 2 0.000436216
1 3 1 0.00854289
1 3 2 0.002703266
1 3 3 0.04474966
1 4 1 0.004340783
1 4 2 0.001459091
1 4 3 0.023098278
1 4 4 0.012552984
1 5 1 -0.012805962
1 5 2 -0.003092714
1 5 3 -0.05231448
1 5 4 -0.024978434
1 5 5 0.0775335
1 6 1 -0.005090483
1 6 2 -0.001561739
1 6 3 -0.034407002
1 6 4 -0.01649636
1 6 5 0.04066612
1 6 6 0.030753196
2 1 1 0.064674782
2 2 2 0.033801435
2 3 1 0.039861966
2 3 3 0.346297165
2 4 2 0.025314831
2 4 4 0.244651992
2 5 1 -0.005129218
2 5 3 -0.0892715
2 5 5 0.374842365
2 6 2 -0.001708124
2 6 4 -0.047854875
2 6 6 0.308646953
```

CALV Heritabilitet

```
h2
sb1 0.049
sb2 0.013
ce1 0.114
ce2 0.049
cs1 0.171
cs2 0.091
```

CARC

CARC data

INTEGERS: nav_id nav_sid newCG CCA1 BMY1 ydambr sbr herdid
REALS: DGSM rrny3M CSM FATM DGSF rrny3F CSF FATF

CARC nye model

DGSM = newCG BMY1 G(nav_id)
CSM = newCG BMY1 G(nav_id)
FATM = newCG BMY1 G(nav_id)
DGSF = newCG BMY1 G(nav_id)
CSF = newCG BMY1 G(nav_id)
FATF = newCG BMY1 G(nav_id)

CARC animal parametre

1 1 1 0.00067422
1 2 1 0.003584402
1 2 2 0.21812026
1 3 1 -0.001121601
1 3 2 -0.016658622
1 3 3 0.043558064
1 4 1 0.000655
1 4 2 0.004356832
1 4 3 -0.001239356
1 4 4 0.000923647
1 5 1 0.002745305
1 5 2 0.203291772
1 5 3 -0.019266421
1 5 4 0.005088488
1 5 5 0.223974192
1 6 1 -0.00140703
1 6 2 -0.011375085
1 6 3 0.037472325
1 6 4 -0.001850496
1 6 5 -0.017416934
1 6 6 0.041151016
2 1 1 0.002822301
2 2 1 0.018146196
2 2 2 0.473366865
2 3 1 0.004165501
2 3 2 0.040402137
2 3 3 0.142596412
2 4 4 0.001869983
2 5 4 0.010245655
2 5 5 0.407718366
2 6 4 0.005936601
2 6 5 0.06856718
2 6 6 0.121554918

CARC Heritabilitet

h2
DGSM 0.19
CSM 0.32
FATM 0.23
DGSF 0.33
CSF 0.35
FATF 0.25

EAQU

EAQU data

INTEGER nav_id sex herd Y HY
REAL sltage MS

EAQU nye model

MS = sltage sex HY G(nav_id)

EAQU animal parametre

1	1	1	201.30508
2	1	1	1619.5657

EAQU heritabilitet

h2

MS 0.11

METH

METH data

INTEGER nav_id nav_sid nav_did sex slbes hold sbr sbb1 sban sbch
REAL alder dage_i_test avgCH4 medCH4

METH nye model

medCH4 = alder sex hold G(nav_id)

METH animal parametre

1 1 1 0.24232290E-04
2 1 1 0.45926592E-04

METH heritabilitet

h2

meth 0.35

FEED

FEED data

```
INTEGER  nav_id sex slagt_be besYkon fhy alder
REAL     DFI vægt
```

FEED ny model

```
RANDOM PE G
```

```
MODEL
```

```
vaegt = fhy besYkon CURVE( t2 t3 t4 | besYkon ) PE(t1 t2 t3 - |nav_id) G(t1 t2 t3 - |nav_id)
DFI    = fhy besYkon CURVE( t2 t3 t4 | besYkon ) PE( - - - 1 |nav_id) G( - - - 1 |nav_id)
```

FEED animal parametre

```
1 1 1 645.73977
1 2 1 339.14180
1 2 2 280.32457
1 3 1 -20.079256
1 3 2 65.432498
1 3 3 72.518925
1 4 1 11.509727
1 4 2 7.5942042
1 4 3 0.89039451
1 4 4 0.78701412
2 1 1 347.15881
2 2 1 92.772591
2 2 2 78.966954
2 3 1 -40.998657
2 3 2 16.709784
2 3 3 31.127700
2 4 1 4.2359906
2 4 2 1.7453258
2 4 3 -0.36083445
2 4 4 0.15695992
3 1 1 50.899305
3 2 1 1.0486561
3 2 2 1.8526849
```

FEED heritabilitet

Kommer senere

FEED efterbehandling

Den gennemsnitlige værdi for t1,t2 og t3 i Legendre polynomial tabellen for dagene 100-300 i alder er:

	T1	T2	T3
gns_100_300	0.70711	0.00000	-0.44038

Solani indeholder nav_id solBW_t1 solBW_t2 solBW_t3 solDFI

$$BW = \text{solBW_t1} * 0.70711 + \text{solBW_t2} * 0.00000 + \text{solBW_t3} * -0.44038$$
$$BW100 = \text{solBW_t1} * 0.70711 + \text{solBW_t2} * -0.81109 + \text{solBW_t3} * 0.24961$$
$$BW300 = \text{solBW_t1} * 0.70711 + \text{solBW_t2} * 0.81109 + \text{solBW_t3} * 0.24961$$
$$\text{deltaBW} = BW300 - BW100$$

Et forslag til anvendte parametre for EFF1 og EFF2 kunne være:

data regresionskoefficienter;

RG_BW = 0.010210 ;

RG_dBW = 0.013286 ;

Der er to forskellige måder at anskue fodereffektivitet ud af regressionskoefficienter og avlsværdier:

$$\text{EFF1} = \text{DFI} - (\text{RG_BW} * \text{BW} + \text{RG_dBW} * \text{deltaBW});$$
$$\text{EFF2} = \text{DFI} - (\text{RG_dBW} * \text{deltaBW});$$