December 1999

DJF rapport

Nr. 13 • Husdyrbrug

Morten Kargo Sørensen

Stokastisk simulering af avlsplaner for malkekvæg

Stochastic simulation of breeding schemes for dairy cattle

Ministeriet for Fødevarer, Landbrug og Fiskeri

Danmarks JordbrugsForskning

Stokastisk simulering af avlsplaner for malkekvæg

Stochastic simulation of breeding schemes for dairy cattle

Morten Kargo Sørensen
Afdeling for Husdyravl og Genetik
Postboks 50
DK-8830 Tjele

DJF rapport Husdyrbrug nr. 13 • december 1999

Udgivelse:	Danmarks JordbrugsForskning Forskningscenter Foulum Postboks 50 8830 Tjele	Tlf. 89 99 19 00 Fax 89 99 19 19
Løssalg: (incl. moms)	t.o.m. 50 sider t.o.m. 100 sider over 100 sider	50,- kr. 75,- kr. 100,- kr.
Abonnement:	Afhænger af antallet af tilsendte rapporter, men svarer til 75% af løssalgsprisen.	

FORORD

Nærværende forskningsrapport er baseret på Morten Kargo Sørensens Ph.D.-afhandling, og formålet med arbejdet har været at bidrage til en ajourføring og modernisering af Dansk Kvægavl.

De gennemførte simuleringer afviger på en række områder fra de hidtidige avlsplanberegninger. Der er anvendt en såkaldt stokastisk simuleringsteknik, som i vid udstrækning efterligner selektionsforløbet i praksis. Desuden er der i simuleringerne inddraget teknologier som fysiologiske funktionsprøver, ovum-pick-up og ægtransplantation, ligesom der er taget hensyn til indavlsforløbet. De opnåede resultater forventes at udgøre et væsentligt element i den løbende debat omkring udformningen af de kommende års avlsplaner.

Projektet har været finansieret af De danske Kvægavlsforeninger, Landsudvalget for Kvæg og et erhvervsforskerstipendie fra Akademiet for de Tekniske Videnskaber (ATV). Just Jensen og Peer Berg, Danmarks JordbrugsForskning og Lars Gjøl Christensen, Den Kgl. Veterinær- og Landbohøjskole har fungeret som vejledere og Karin Smedegaard har bistået ved opsætning af manuskriptet.

Lars Gjøl Christensen
Den Kgl. Veterinær- og Landbohøjskole

Søren Borchersen
De danske Kvægavlsforeninger

Bernt Bech Andersen
Danmarks JordbrugsForskning

Henrik Nygård
Landskontoret for Kvæg

Indholdsfortegnelse

1. Sammendrag **5**

2. Summary **8**

3. Introduktion og formål **11**

4. Optimering af avlsplaner. Et litteraturstudie **14**

4.1 Genetisk baggrund for avlsplansimuleringer 15
4.1.1 Genetisk variation 15
4.1.2 Indavl 18
4.1.3 Selektionsintensitet 20
4.1.4 Stokastisk versus deterministisk simulering 20

4.2 Tidligere avlsplansimuleringer 22
4.2.1 Lukkede kerneavlsplaner 23
4.2.2 Åbne avlsplaner 24
4.2.3 Kernestørrelse og populationsstørrelse 24
4.2.4 Avlsmål 26
4.2.5 Avlsværdivurderingsmetode 26
4.2.6 Generationsinterval og ungdyr- kontra voksenplaner 28
4.2.7 Afkomsundersøgelse, procent ungtyre og døtregruppestørrelse 29
4.2.8 Antal tyrefædre og anvendelse af ungtyre som tyrefædre 30
4.2.9 Reproduktionsstrategi 32
4.2.10 Faktoriel kontra hierarkisk parringsplan 33
4.2.11 Åbne kontra lukkede kerneavlsplaner og konventionelle avlsplaner 34

5. Fænotypiske og genetiske parametre for egenskaber i det danske avlsarbejde **36**

5.1 Ydelsesegenskaber 37
5.1.1 Sammenhæng mellem ydelse og frugtbarhed 39
5.1.2 Sammenhæng mellem ydelse og kælvningsevne 40
5.1.3 Sammenhæng mellem ydelse og eksteriøregenskaber 40
5.1.4 Sammenhæng mellem ydelse og malketid 40
5.1.5 Sammenhæng mellem ydelse og temperament 41
5.1.6 Sammenhæng mellem ydelse og celletal 41
5.1.7 Sammenhæng mellem ydelse og mastitis 41
5.1.8 Sammenhæng mellem ydelse og øvrige sygdomme 41
5.1.9 Sammenhæng mellem ydelse og kødproduktion 42
5.1.10 Sammenhæng mellem ydelse og fysiologiske funktionsprøver 42

5.2 Frugtbarhed 42
5.2.1 Sammenhæng mellem frugtbarhed og kælvningsevne 43
5.2.2 Sammenhæng mellem frugtbarhed og eksteriøregenskaber, malketid og temperament 43
5.2.3 Sammenhæng mellem frugtbarhed og celletal 43
5.2.4 Sammenhæng mellem frugtbarhed og mastitis 43
5.2.5 Sammenhæng mellem frugtbarhed og øvrige sygdomme 43

5.3 Kælvningsevne og sammenhæng mellem kælvningsevne og øvrige egenskaber .. 44

5.4 Eksteriør 44
5.4.1 Sammenhænge mellem eksteriøregenskaber 45
5.4.2 Sammenhæng mellem eksteriør og malketid, temperament 46
5.4.3 Sammenhæng mellem eksteriør og celletal 47
5.4.4 Sammenhæng mellem eksteriør og mastitis 48

5.5 Malketid 49
5.5.1 Sammenhæng mellem malketid og temperament 49
5.5.2 Sammenhæng mellem malketid og celletal 49
5.5.3 Sammenhæng mellem malketid og mastitis 50
5.6 Temperament 50
5.7 Celletal 50
5.7.1 Sammenhæng mellem celletal og mastitis 51
5.7.2 Sammenhæng mellem celletal og øvrige sygdomme 51
5.8 Mastitis 51
5.8.1 Sammenhæng mellem mastitis og øvrige sygdomme 52
5.9 Øvrige sygdomme 52
5.10 Kødproduktion 52
5.11 Fysiologiske funktionsprøver 53
6. Egne avlsplansimuleringer 55
6.1 Forudsætninger 55
6.1.1 Populationsstruktur 55
6.1.2 Avlsmål 59
6.2 Metode 63
6.2.1 Program beskrivelse 64
6.2.1.1 Parameterfilen 65
6.2.1.2 Modul 1 69
6.2.1.3 Modul 2 69
6.2.1.4 Modul 3 71
6.2.1.5 Modul 4 72
6.2.1.6 Modul 5 74
6.2.1.7 Modul 7 74
6.2.1.8 Modul 8 78
6.2.2 Design af simuleringsstudiet 79
6.2.3 Analyse af resultater fra stokastiske avlsplansimuleringer 84
6.3 Resultater og diskussion 87
6.3.1 Avlsfremgang ved anvendelse af forskellige avlsplaner 87
6.3.1.1 Samlet økonomisk avlsfremgang 89
6.3.1.2 Avlsfremgang for ydelse 101
6.3.2 Avlsplan statistik 106
6.3.3 Ændring i indavl og genetisk varians ved forskellige avlsplaner 110
6.3.3.1 Indavlsstigning i forskellige avlsplaner 110
6.3.3.2 Genetisk variation og spredning. 117
6.3.4 Udvikling af avlsfremgang over tid 120
6.3.5 Sammenhæng mellem indavl og avlsfremgang 121
6.4 Konklusion af egne undersøgelser 124
7. Konklusion 126
8. Fremtidige arbejdsområder 127
9. Litteraturfortegnelse 128
Bilagsoversigt 143

1. Sammendrag

Formålet med denne rapport var at undersøge den direkte og korrelerede avlsfremgang for økonomisk vigtige egenskaber for dansk malkekvæg ved anvendelse af forskellige avlsplaner, og at undersøge indavlsstigningen og ændringen i genetisk varians i disse avlsplaner. For at opfylde dette formål blev en stokastisk simuleringsmodel konstrueret og anvendt til simulering af disse avlsplaner. Rapporten består af tre hovedkapitler (kapitel 4, 5 og 6).

I kapitel 4 blev litteratur om optimering af avlsplaner gennemgået. Litteraturgennemgangen beskriver teorien vedrørende simulering af avlsplaner, og mange relevante avlsplansimuleringer udført indenfor de seneste 15 år. De fleste af disse var dog enkelt egenskabssimuleringer. Litteraturgennemgangen afslørede, at stokastiske simuleringer, der inkluderede alle relevante egenskaber for malkekvæg, ikke var udført.

I kapitel 5 blev de genetiske og fænotypiske parametre for egenskaber i det danske avlsmål gennemgået, de er en forudsætning for simulering af avlsplaner med mange egenskaber. Denne gennemgang viste, at estimering af genetiske parametre fortsat bør være et aktivt forskningsområde, da genetiske korrelationer mellem mange af egenskaberne i det danske avlsmål stadig er ukendte. For genetiske parametre, hvor estimater ikke var til rådighed, blev korrelationer mellem avlsværdital for danske kvægavlsforeningstyre anvendt.

I kapitel 6 blev simulering af relevante avlsplaner indeholdende de egenskaber, der for nærværende er i det danske avlsmål udført. Simuleringerne blev udført med Kvægsim, et stokastisk simuleringsprogram, som i forbindelse med nærværende projekt er udviklet til simulering af avlsplaner for malkekvæg. Produktionsvilkår og produktionsstruktur for den simulerede population afspejlede typiske danske forhold. Mange variable i programmet, som f.eks. besætningsstørrelse, antal besætninger og drægtighedsprocent blev fastlagt til en bestemt værdi. For hvert simuleret dyr blev genetiske og fænotypiske værdier genereret ud fra en forudbestemt statistisk fordeling, der tog hensyn til den reducerede varians som følge af Bulmer-effekt og indavl. Modellen simulerede avlspopulationer med beslutninger baseret på avlsværdital beregnet ved hjælp af Animal Model.

Simuleringerne blev udført i to dele, KSFA-undersøgelserne og REPRO undersøgelserne. I KSFA-undersøgelserne blev effekten af to forskellige selektionsstrategier og to forskelige avlsstrategier undersøgt, sammen med effekten af

anvendelse af fysiologiske funktionsprøver, samt effekten af to forskellige niveauer for sikkerheden på tyrenes avlsværdital. De to selektionsstrategier, der blev anvendt, var selektion efter et samlet økonomisk indeks, samt selektion efter ydelse alene. I den første af de to avlsstrategier blev avlsdyrene (både hundyr og tyre) udvalgt i en lukket avlsbesætning på 1.500 lakterende køer med anvendelse af ægtransplantation (MOET kerne). Den anden avlsstrategi var en åben kerne, i hvilken MOET kernen på 1.500 køer blev suppleret med 18.500 køer i en avlspopulation. Ved denne strategi udvalgtes avlsdyrene på tværs af kernen og avlspopulationen. Simuleringerne blev foretaget både med og uden anvendelse af fysiologiske funktionsprøver. Hvor fysiologiske funktionsprøver blev anvendt, testedes 750 tyrekalve og 750 kviekalve. Den sikkerhed, hvormed tyrene blev afprøvet, var 80 døtre pr. tyr og 160 døtre pr. tyr. Større afkomsgrupper betød at færre tyre kunne testes. I alle simuleringerne blev det forudsat, at tyrene blev afkomsundersøgt i en produktions-population. Flytning af dyr mellem avlspopulationen og MOET kernen var mulig

I REPRO-undersøgelsen blev der foretaget simuleringer for at undersøge effekten af at inddrage ovum-pick-up i avlsplanen, både på kønsmodne hundyr, samt på meget unge kviekalve. Desuden blev effekten af at anvende en faktoriel parringsplan kontra en hierarkisk parringsplan undersøgt. I REPRO undersøgelserne var selektions-kriteriet ydelse, og udvælgelse af avlsdyr foregik i en lukket kerne. Tyrene afprøvedes med 80 døtre.

Hovedresultaterne af simuleringerne var:

- Der opnåedes størst økonomisk fremgang, når det avlsindeks, der blev selekteres efter, harmonerede med avlsmålet.
- Anvendelse af en åben kerne i kombination med anvendelse af fysiologiske funktionsprøver og selektion for S-indeks gav større samlet økonomisk fremgang end anvendelse af fysiologiske funktionsprøver og selektion for S-indeks i kombination med en lukket kerne.
- Der var lavere indavlsstigning og mindre reduktion i den genetiske varians ved anvendelse af åbne kerner fremfor anvendelse af lukkede kerner.
- Anvendelse af fysiologiske funktionsprøver øgede avlsfremgangen uden væsentlig påvirkning af indavlsstigningen .
- I de fleste avlsplaner øgedes den samlede økonomiske fremgang med øget sikkerhed ved afprøvningen af tyre. Samtidig blev fordelingen af avlsfremgangen ændret, således at avlsfremgangen for ydelse reduceredes, mens avlsfremgan-gen for de omkostningsreducerende egenskaber blev øget.
- Anvendelse af forbedrede reproduktionsmetoder blev kun undersøgt med ydelse som selektionskriterium, og anvendelsen af disse metoder øgede avlsfremgangen.

- Alle avlsplaner resulterede i en indavlgrad på mellem 20% og 35% efter 25 års selektion.
- I alle avlsplaner reduceredes den genetiske variation som følge indavl og Bulmer-effekt. Konsekvensen af det var, at avlsfremgangen i KSFA-undersøgelserne i gennemsnit var ca. 20% lavere efter 25 års selektion i forhold til avlsfremgangen ved selektion i basepopulationen.

2. Summary

The objective of this thesis was to predict the direct and correlated genetic gains in the economically important traits of Danish dairy cattle that can be obtained from different breeding schemes, and to study the rate of inbreeding and change of genetic variance obtained from these schemes. To fulfil this objective a stochastic simulation model ("Kvægsim") was constructed and used to simulate the breeding schemes. The thesis is composed of three main chapters (Chapter 4, 5, and 6).

In Chapter 4, the literature concerning the optimisation of breeding schemes was reviewed. The literature review describes the theory associated with the simulation of breeding schemes, and the relevant breeding schemes simulated within the last 15 years. However, the majority of these breeding schemes were only single trait simulations. The literature review revealed that stochastic simulations including all traits of importance in dairy cattle were needed.

In Chapter 5 the genetic and phenotypic parameters of and between the traits in the Danish breeding goal were reviewed, they are a prerequisite for multitrait simulations. However, genetic covariances between many of the traits in the Danish cattle breeding goal are currently unknown. As such the estimation of genetic parameters should continue to be an active area of research. For the genetic parameters where estimates were not available correlations between breeding values for Danish AI-bulls were used.

In Chapter 6, simulation of relevant breeding schemes which included the traits currently included in the Danish breeding goal were carried out. The simulations were carried out using "Kvægsim", a stochastic simulation program, which in connection with this project was developed for simulation of breeding schemes for dairy cattle. Management and production circumstances for the simulated population reflected a typical Danish production system. Many variables in the program, as for example herdsize, number of herds and fertility percent were defined as constants. For each simulated animal genetic and phenotypic records were generated from predefined statistical distributions, taking the reduced variance due to the Bulmer-effect and inbreeding into account. The model simulated breeding populations with breeding decisions based on the performance of individual animals in the population using animal model predictions of breeding values.

The simulations carried out were a KSFA-investigation and a REPRO-investigation. In the KSFA-investigations, the effect of two different selection strategies and two

different breeding strategies were investigated, together with the effect of using physiological indicator traits and the effect of two different levels of accuracy of the breeding values of AI-bulls. The two selection strategies used were selection for a total merit index or selection for an index including only milk production. In the first of the breeding strategies the breeding animals (i.e., both females and males) were selected in a closed breeding population with 1500 lactating cows with use of embryo transfer (MOET nucleus). The second breeding strategy was an open nucleus, in which the population included 1500 nucleus cows and 18500 cows in a breeding population. Breeding animals were selected across the nucleus and the breeding population. Where physiological indicator traits were used 750 bull calves and 750 heifer calves were tested. The AI-bulls were tested at two different levels of accuracy. At the first level the bulls were tested with 80 daughters, and at the second level with 160 daughters. Larger progeny groups meant that fewer bulls could be tested. In the simulations it was assumed that AI-bulls were progeny tested in the production population, and it was possible to move animals between breeding population and the MOET nucleus.

In the REPRO-investigation, simulations were carried out to investigate the effect of including ovum-pick-up in the breeding schemes, both on mature females and on heifer calves. Furthermore, the effect of a hierarchic breeding design was compared to that of a factorial breeding design. The selection criterium was milk production, and selection was in a closed nucleus. AI-bulls were progeny tested with 80 daughters.

The main results from the simulations were:

- The largest economical progress occured when the selection goal was derived from the true breeding goal.
- The combined use of an open nucleus with physiological indicator traits and selection for a total merit index resulted in larger economical progress than using indicator traits and a total merit index in combination with a closed nucleus.
- A smaller increase in inbreeding and a lower reduction in genetic variance was obtained in breeding schemes with an open nucleus compared to schemes with a closed nucleus.
- Use of physiological indicator traits increased economic progress and progress for production without affecting the rate of inbreeding.
- In most breeding schemes, economic progress was larger when using AI-bulls with higher breeding value accuracy. At the same time the genetic progress for different traits was changed. The progress for production was reduced while the progress for functional traits was increased.

- Use of more efficient reproduction strategies was only investigated with production as selection criteria, and genetic progress for production and economic progress was larger when they were used.
- In all breeding schemes, the level of inbreeding was between 20% and 35% after 25 years of selection.
- In all breeding schemes, the genetic variance was reduced due to inbreeding and Bulmer-effect. The consequence was that genetic progress was approximately 20% smaller after 25 years selection compared to progress obtained when selection was in the base population.

3. Introduktion og formål

I Danmark og Europa har der været drevet kvægavl meget længe. I halvtredserne og tresserne var der dog i Danmark stadig ingen organiseret avlsplan, således anvendtes mange tyre på baggrund af afstamning og dyrskue præstationer før døtregruppe resultater forelå. Det var først med udgivelsen af 411. beretning fra Statens Forsøgslaboratorium: "Kvægavlens planlægning for malke- og kombinationsracer" (Petersen et al. 1973) at avlsarbejdet med malkekvæg blev egentlig organiseret i en avlsplan. På dette tidspunkt var avlsmålet primært mælke- og kødproduktion, samt eksteriør.

Senere er avlsmålet i Danmark og i langt de fleste lande udvidet, og mange lande beregner avlsværdital for omkostningsreducerende egenskaber (Anonym 1996). Danmark og de øvrige nordiske lande indførte således for mere end 15 år siden et samlet økonomisk indeks (Andersen et al. 1993, Pedersen et al. 1993) med varierende vægt på ydelsesegenskaber, kødproduktionsegenskaber, hunlig frugtbarhed, kælvningsevne, eksteriøregenskaber, malketid, temperament, mastitisresistens og for nogle af landene resistens mod øvrige sygdomme. Andre lande såsom USA, Canada, Frankrig og Tyskland er senere fulgt efter, men inkluderer ikke helt så mange egenskaber i det total økonomiske indeks, som det er tilfældet i de nordiske lande. De økonomiske vægte, der anvendes i de forskellige total økonomiske indekser er funderet på mange forskellige forudsætninger (Groen et al. 1997). Disse forskelle skyldes klima, infrastruktur, forskellig lovgivning etc.

Inden for de sidste 15-20 år er flere nye reproduktionsmetoder kommet til: ægtransplantation (ET), ovum-pick-up (OPU), og *in vitro* fertilisation (IVF). Disse metoder muliggør en langt mere intensiv udnyttelse af de bedste hundyr i malkekvægavlen. Effekten af at kombinere brugen af ET med oprettelse af kerneavlsbesætninger blev beregnet af bl.a. Nicholas & Smith (1983). Resultaterne herfra viste, at avl i en lukket kerne med brug af ET teoretisk set kunne give større genetisk fremgang end en konventionel avlsplan.

Disse resultater blev beregnet med deterministiske metoder. Resultaterne var medvirkende til, at en del kerneavlsforsøg blev igangsat, bl.a. det danske Fy-Bi projekt (Liboriussen & Andersen, 1997). Senere beregninger (Juga & Mäki-Tanila 1987, Ruane & Thompson 1989) med anvendelse af stokastiske simuleringsmodeller resulterede i betydelig lavere genetisk fremgang i lukkede kerneavlsbesætninger. Den væsentligste grund hertil er, at stokastiske modeller, modsat traditionelle determinis-tiske modeller, kan tage højde for, at den genetiske varians reduceres som

følge af selektion, den såkaldte "Bulmer-effekt" (Bulmer 1971), og som følge af indavl. Deterministiske beregningsmodeller kan dog udfærdiges, så de tager højde for både indavl (approksimativt) og Bulmer-effekt (Keller et al. 1990a, Ruane & Thompson 1991). Ved simulering af simple avlsplaner giver de to metoder også det samme resultat. Ved komplekse avlsplaner, svarende til de avlsplaner, der anvendes i praksis, er det særdeles kompliceret at opbygge deterministiske beregningsmodeller, der inkluderer alle effekter. Derfor afviger resultater fra deternistiske og stokastiske simuleringer ofte fra hinanden. I avlsplaner med f.eks overlappende generationer, selektionskandidater med forskellig sikkerhed og flertrinsselektion er det derfor nødvendigt at anvende de langt mere tidkrævende stokastiske simuleringer, hvis det bedst mulige skøn for den genetiske fremgang af en given avlsplan skal opnås.

På kvægområdet er der indenfor de seneste år foretaget en del stokastiske og semistokastiske avlsplansimuleringer (Juga & Mäki-Tanila 1987, Dekkers & Shook 1990a, Dekkers & Shook 1990b, Jeon et al. 1990, Ruane & Thompson 1991, Stranden et al. 1991, Schrooten & Van Arendonk 1992, Schrooten et al. 1993, Villanueva et al. 1995a, Villanueva et al. 1995b, Dekkers et al. 1996). Alle disse simuleringer er dog foretaget med én enkelt egenskab og i enkelte tilfælde med to egenskaber. Resultater af disse simuleringer kan derfor ikke direkte overføres til danske forhold, da langt flere egenskaber indgår i avlsmålet for danske malkeracer (Pedersen et al. 1993).

Hidtil er avlsplansimuleringer, baseret på forudsætninger svarende til forholdene for den danske malkekvægpopulation, foretaget med deterministiske modeller (Pedersen & Christensen 1993, Christensen 1995, Christensen & Pedersen 1997, Christensen 1998). Der er derfor et behov for at udarbejde stokastiske simuleringsprogrammer til beregning af genetisk fremgang for det samlede avlsmål og for enkeltegenskaber. Desuden er det af stor interesse at få beregnet reduktionen af den genetisk varians af egenskaberne i avlsmålet og den forventede stigning i indavlsgraden.

Med baggrund i dette er formålet med Ph.D projektet at:

- Foretage et litteratur review over tidligere foretagne avlsplansimuleringer.
- Foretage et litteratur review over genetiske og fænotypiske parametre for egenskaber i det danske avlsmål for malkekvæg.
- Beregne genetiske og fænotypiske parametre mellem udvalgte eksteriøregenskaber og mastitisresistens.
- Beskrive forudsætninger for avlsplansimuleringer, der afspejler danske forhold.
- Konstruere et stokastisk simuleringsprogram til beregning af effekten af forskellige avlstiltag i en malkekvægpopulation.

- Undersøge effekten af forskellige avlstiltag på avlsfremgang for egenskaber i avlsmålet, indavl, og reduktion af genetisk varians ved hjælp af det konstruerede program.

  De avlstiltag der ønskes undersøgt er:

  - Effekten af lukket kontra åben kerne
  - Effekten af selektionsstrategi
  - Effekten af anvendelse af fysiologiske funktionsprøver
  - Effekt af afprøvningssikkerhed på avlstyre
  - Effekt af forbedrede reproduktionsstrategier
  - Effekt af recipientkapacitet
  - Effekt af hierarkiske og faktorielle parringsplaner.

4. Optimering af avlsplaner. Et litteraturstudie

Formålet med at simulere avlsplaner for en given population er at estimere avlsplanens direkte effekt på den genetiske fremgang for egenskaberne i avlsmålet samt den genetiske fremgang på korrelerede egenskaber. Resultater fra avlsplansimuleringer anvendes til at fastlægge den optimale kombination af de elementer, der indgår i et praktisk avlsprogram. Desuden kan det være et formål at studere andre effekter af avlsplanen, som f.eks. indavl, ændringer i den genetiske variation, eller hastigheden, hvormed genetiske ændringer udbredes i populationen. Dette er gennem tiderne gjort ved hjælp af forskellige metoder, som er blevet mere og mere avancerede i takt med udviklingen af bedre matematiske metoder til optimering af avlsprogrammer og i takt med udviklingen indenfor computere og software. Dette kapitel indeholder det teoretiske grundlag for avlsplansimulering, samt et review over de væsentligste avlsplansimuleringer, der er foretaget indenfor de sidste ca. 15 år.

Grundlæggende bygger avlsplansimuleringer på formlen for genetisk overlegenhed (I) af en gruppe selekterede dyr:

$$I = i * r_{IA} * \sigma_a \qquad (4.1)$$

hvor i er selektionsintensiteten,
r_{IA} er korrelationen mellem indekset og den sande avlsværdi,
σ_a er den genetiske spredning.

Denne formel er basis for den kendte formel for genetisk fremgang pr. år (ΔG) (Rendel & Robertson 1950):

$$\Delta G = \frac{i_{tf} * r_{IA(tf)} * \sigma_{a(tf)} + i_{tm} * r_{IA(tm)} * \sigma_{a(tm)} + i_{kf} * r_{IA(kf)} * \sigma_{a(kf)} + i_{km} * r_{IA(km)} * \sigma_{a(km)}}{L_{tf} + L_{tm} + L_{kf} + L_{km}} \qquad (4.2)$$

hvor tf er tyrefædre,
tm er tyremødre,
kf er kofædre,
km er komødre,
og L er længden af generationsintervaller.

Formlen gælder principielt kun i én selektionsrunde, men den er approksimativt anvendt en del i "steady state" situationer. "Steady state" refererer til en situation,

hvor avlsplanen er i ligevægt, dvs. en situation hvor i, r_{IA} og σ_a er konstante fra generation til generation. Dette bliver sjældent opnået i praktiske avlsplaner for kvæg, grundet lange generations intervaller og ændrede avlsplaner i takt med at ny viden tages i anvendelse. Rendel og Robertsons (1950) formel hører under gruppen af simple deterministiske formler. I simple deterministiske avlsplanberegninger forudsættes det, at man har et sikkert kendskab til en række parametre. For enkelte grupper af dyr antages det, at den genetiske varians er kendt, ligesom sikkerheden på avlsværditallet for dyr i gruppen antages at være ens og kendt. Selektionsintensiteten for de enkelte grupper antages også kendt. Ud fra dette ses, at Rendel og Robertsons formel er en betydelig forenkling af virkeligheden. Eksempelvis er dyrene kun inddelt i fire grupper TF, TM, KF og KM. Det vil sige, at alle dyr i gruppen af tyrefædre antages at være avlsværdivurderet med samme sikkerhed. I mange situationer er avlsplanerne så avancerede, at deterministiske modeller til at beskrive disse bliver meget komplekse, og vanskelige at programmere. I disse tilfælde vil simulering af enkeltdyr i avlsplanen (stokastisk simulering/Monte Carlo simulering) give et sikkert estimat for effekten af en given avlsplan, hvis der udføres et tilstrækkeligt antal gentagelser af simuleringerne. Ulempen ved disse simuleringer er, at de er meget beregningstunge og dermed tidskrævende.

4.1 Genetisk baggrund for avlsplansimuleringer

De fleste avlsplansimuleringer bygger på forudsætningen om, at en egenskab er bestemt af et stort antal uafhængige loci, som hver har en lille effekt, den såkaldte "infinitessimal model" (Fisher 1918 c.f. Walsh & Lynch 1998). Denne forudsætning er en forenkling af den virkelige verden, idet f.eks. tilstedeværelsen af eventuelle gener med stor effekt ignoreres.

4.1.1 Genetisk variation

Genetisk variation V_G består grundlæggende af tre komponenter, en additiv (V_A), en dominans (V_D) og en epistatisk (V_I) komponent.

$$V_G = V_A + V_D + V_I \qquad (4.3)$$

I de fleste foretagne simuleringer er V_D og V_I grupperet sammen med den tilfældige miljøkomponent (V_E). I resten af afsnittet menes derfor den additiv genetiske varians, når der tales om den genetiske varians. I mange avlsplansimuleringer er det ofte antaget, at den genetiske variation er konstant over tid (f.eks. Nicholas & Smith

1983). Dette er dog ikke tilfældet, da variansen i alle endelige populationer vil reduceres som følge af indavl. Det gælder også i populationer, der ikke er under selektion. Modsat vil variansen stige som følge af de mutationer, der opstår i en population.

Generelt gælder, at den genetiske variation σ_a^2 for en egenskab er summen af den genetiske variation på de *n* loci, der påvirker egenskaben, plus summen af alle kovarianser mellem disse:

$$\sigma_a^2 = \sigma_{a(1)}^2 + \sigma_{a(2)}^2 + ... + \sigma_{a(n)}^2 + cov_{a(1,2)} + cov_{a(1,3)} + ... + cov_{a(n-1,n)} \quad (4.4)$$

Ved antagelse af koblingsligevægt, såkaldt Hardy-Weinberg ligevægt, vil denne formel for en uselekteret population reduceres til:

$$\sigma_a^2 = \sigma_{a(1)}^2 + \sigma_{a(2)}^2 + ... + \sigma_{a(n)}^2 \quad (4.5)$$

Ved selektion for en egenskab introduceres en negativ kovarians mellem de enkelte loci. Selv om det ikke har noget at gøre med kobling, så kaldes fænomenet ofte koblingsuligevægt. Denne situation bevirker, at den totale varians for egenskaben reduceres. Reduktion i genetisk varians som følge af selektion blev først kvantificeret af Bulmer (1971), og er herefter ofte benævnt som "Bulmer-effekten". Beregningerne er foretaget under forudsætning af "infinitessimal model", som antager at en egenskab er påvirket af et i princippet uendeligt antal loci, hver med meget lille effekt. Denne antagelse bevirker, at genfrekvensen i den selekterede gruppe ikke er forskellig fra genfrekvensen i den oprindelige population, derfor skyldes ændringer i den genetiske varians udelukkende introduktion af koblingsuligevægt. Beregninger af reduktion af genetisk varians som følge af koblingsuligevægt bygger på en approksimation baseret på normalfordelingen (Bulmer 1971, Dempfle 1990). Denne approksimation holder ikke helt efter 1. generation, men anses generelt for at være særdeles god (Bulmer 1971, Dempfle 1990).

Den reducerede varians σ_a^{2*} i en selekteret gruppe beregnes efter følgende formel (Cunningham 1975, Dekkers 1992a):

$$\sigma_a^{2*} = (1 - k * r_{IA}^2) * \sigma_a^2 \quad (4.6)$$

hvor k=i*(i-x), i er selektionsintensiteten og x er trunkationspunktet udtrykt i spredningsenheder i en standard normalfordeling. r_{IA}^2 er den kvadrerede korrelation

mellem avlsmålet og indekset. For en korreleret egenskab Y er den reducerede genetiske varians $\sigma^{2*}_{a(Y)} = (1 - k * r^2_{IY}) * \sigma^2_{a(Y)}$ hvor r^2_{IY} er kvadratet på korrelationen mellem delegenskab Y og indekset. Den additive genetiske varians i generation t+1 ($\sigma^2_{a(t+1)}$) er:

$$\sigma^2_{a(t+1)} = 0{,}25^* \ \sigma^2_{afædre(t)} + 0{,}25^* \ \sigma^2_{amødre\ (t)} + 0{,}5^*(1 - (F_F + F_M)/2)^* \ \sigma^2_{a(0)} \qquad (4.7)$$

hvor $\sigma^2_{afædre(t)}$ er den genetiske variation blandt de selekterede fædre,

$\sigma^2_{amødre(t)}$ er den genetiske variation blandt de selekterede mødre,

$\sigma^2_{a(0)}$ er den genetiske varians i basepopulationen og

F_F og F_M er den gennemsnitlige indavlsgrad i henholdsvis fædre og mødre

Formlen forudsætter, at de selekterede dyr parres tilfældigt, og at der anvendes et tilstrækkeligt antal fædre og mødre, så reduktion i variansen som følge af tilfældig drift undgås. Med tilfældig drift forstås den tilfældige variation i afkommets gennemsnitlige avlsværdi, der opstår som følge af selektion af forældre. Ved selektion af mange forældre bliver denne variation lille. Udtrykket $0{,}5^*(1 - (F_F + F_M)/2)^* \sigma^2_{a(0)}$ er den mendelske variation.

Efter få generationers selektion med samme selektionsstyrke opnås en ligevægt, således at størrelsen af den koblingsuligevægt, der skabes ved selektionen, opvejes af den koblingsuligevægt, der nedbrydes ved den mendelske udspaltning (Bulmer 1971, Gibson & Van Arendonk 1996). Ved sammenligning af alternative avlsplaner er det vigtigt først at foretage sammenligninger, når de genetiske parametre er kommet i ligevægt som følge af selektion. Ved deterministiske beregninger er det vigtigt at tage højde for, at den genetiske varians reduceres som følge af selektion. Flere har udfærdiget algoritmer til dette (f.eks. Dekkers 1992a). Disse er anvendt i de tidligere deterministiske avlsplansimuleringer, der er foretaget i Danmark (f.eks. Christensen 1995). Ved ophør af selektion vil hele den genetiske variation, der var i populationen, før selektionen indledtes efterhånden reetableres, bortset fra den reduktion, der skyldes indavl.

Den reduktion af den genetiske varians, der er en følge af indavl, er, modsat reduktionen som følge af selektion, permanent. Ved indavl mistes alleler, hvorved variationen på de tilhørende loci mindskes. Det medfører ifølge formel (4.4), at den samlede genetiske varians for egenskaben mindskes. Ved selektion øges indavlen og dermed reduceres variansen.

4.1.2 Indavl

I følgende summariske gennemgang af indavl er der fokuseret på de uheldige virkninger af indavl, samt metoder til afhjælpning af disse. For en dybere gennemgang af indavl henvises til Falconer & Mackey (1996). Overordnet set er de skadelige virkninger af indavl en reduktion af den additive genetiske varians og indavlsdepression både for egenskaben eller egenskaberne under selektion og for fitnessegen-skaber (Meuwissen & Woolliams 1994a). Fitnessegenskaber er egenskaber, der har med reproduktion og overlevelse i et givet miljø at gøre (Lende 1997).

Falconer & Mackey (1996) angiver indavlsdepressionen til at være mellem 0,3 og 0,6% af det fænotypiske gennemsnit pr. 1% stigning i indavlsprocenten, og højest for fitnessegenskaber. Dette bekræftes af nyere undersøgelser, hvor der for fedtproduktion er fundet indavlsdepressioner på ca. 0,3% pr. 1% stigning i indavlsprocenten (Miglior et al. 1992, Miglior et al. 1995, Wiggans et al. 1995). Smith et al. (1998) fandt en indavlsdepression på 0,46%, 0,43% og 0,45% for hhv. mælk, fedt og protein pr. 1% stigning i indavlsgraden. De fandt ingen indavlsdepression for celletal.
Quinton et al. (1992) anfører, at indavlsdepressionen for total økonomisk afkast kan være endnu højere. Det bestyrkes af danske krydsningsforsøg, hvor der blev fundet meget høje heterosis effekter for total afkast (Christensen & Pedersen 1988). Heterosis og indavl er nemlig to sider af samme sag, da både heterosis og indavl primært skyldes dominante geneffekter (Falconer & Mackey 1996). Trods det er heterosis og indavlsdepression sjældent inkluderet i de hidtil foretagne avlsplansimuleringer. Petersen et al. (1973), Goddard & Smith (1990), Keller et al. (1990a), Keller et al. (1990b) og Goddard (1992) har dog inkluderet indavlsdepression i avlsplansimuleringer. Brisbane & Gibson (1995) angiver, at indavlsdepression er et ligeså stort problem i avlsplaner som reduceret genetisk varians, som følge af indavl.

I litteraturgennemgangen er der ikke fundet deterministiske beregningsmetoder, der på en sikker og implementerbar måde tager højde for reduceret genetisk varians som følge af indavl. Grunden til dette er, at der indtil videre ikke har eksisteret gode algoritmer til forudsigelse af den forventede indavl i deterministiske beregninger. Algoritmer til håndtering af disse problemstillinger er dog under udvikling (f.eks. Woolliams 1998).

Stokastiske avlsplansimuleringer er i stand til at inkludere indavl, men indavl er ofte udeladt i simuleringer af store populationer. I semi-stokastiske simuleringer af store populationer som f.eks. Schrooten & Van Arendonk (1992), Schrooten et al. (1993) og Dekkers et al. (1996) mistes muligheden for indragelse af indavl.

I de senere år er blevet fokuseret mere på indavl i malkekvægavlen, da malkekvægsavlen, især indenfor de sortbrogede populationer, de seneste år er blevet globaliseret. Goddard (1992) anfører, at den sortbrogede verdenspopulation ud i al fremtid må betragtes som lukket, hvis det ønskes, at den skal forblive sortbroget. Desuden medfører mere effektive avlssystemer, at stigningstakten i indavlsgraden øges. Meuwissen (1997b) angiver fire årsager til mindre effektive populationsstørrelser, og derved større indavlsstigning i moderne avlsplaner:

1) BLUP (Best liniar unbiased prediction) selektion, hvor beslægtede individer ofte selekteres samtidigt (især et problem for egenskaber med lav heritabilitet).
2) Korte generationsintervaller gør, at unge dyr selekteres mere på afstamningsnformation, og derfor vil søskende ofte blive selekteret sammen.
3) Bedre reproduktionsteknikker, bevirker at færre dyr bliver selekteret som forældre til næste generation.
4) Mange nye teknikker anvendes nemmest i små lukkede kerner.

Eksempler på nye teknikker, der nemmest anvendes i et kontrolleret miljø kan være fysiologiske funktionsprøver, *in vitro* befrugtning og cloning. Mange simuleringsstudier har fokuseret på, hvorledes alternative selektionsmetoder og alternative parringsstrategier påvirker både den genetiske fremgang og indavlsstigningen. Undladelse af hel- og halvsøskende parringer samt forældre- afkom parringer er den mest anvendte og lettest implementerbare metode til at undgå indavl. En ændring af selektionsmetoden vil også påvirke indavlsstigningen. Således finder Quinton & Smith (1995) ved selektion i små kerner, at avlsfremgangen ved fænotypisk selektion gennem 10 generationer er ca. 90% af avlsfremgangen ved BLUP selektion i 10 generationer. Samtidig er indavlsstigningen (ΔF) ved fænotypisk selektion kun ca. 50% af ΔF ved BLUP selektion.

Ved anvendelse af kunstig høj heritabilitet i BLUP avlsværdivurderingen i lukkede kerner opnås højere ΔG ved samme ΔF end ved almindelig BLUP selektion (Villanueva & Simm 1994, Quinton & Smith 1995, Villanueva et al. 1995a). Samme effekt opnås ved at tillægge indenfor familie afvigelse større vægt end mellem familie afvigelse (Toro & Pérez-Enciso 1990, Verrier et al. 1993, Villanueva & Woolliams 1997).

Meuwissen (1997a) præsenterede en metode, hvor der sættes begrænsninger på det gennemsnitlige slægtskab mellem forældrene. Brisbane & Gibson (1995) præsenterede et indeks, hvor der lægges en negativ vægt på slægtskabet mellem forældrene.

Ved den samme kernestørrelse øger en faktoriel parringsplan (anvendelse af flere tyre til hver ko) ΔG ved samme ΔF i forhold til en hierarkisk parringsplan (Woolliams 1989, Ruane 1991a, Stranden et al. 1991, De Boer & Van Arendonk 1994, Leitch et al. 1994, Leitch et al. 1995).

4.1.3 Selektionsintensitet

Selektionsintensiteten for en gruppe, selekteret ved trunkationsselektion beregnes vha. formlen $i = z/p$, hvor z er højden af normalfordelingskurven i trunkationspunktet og p er andelen af selekterede dyr. Selektionsintensiteten reduceres, når selektionen foretages ud af en lille gruppe, eller når der er korrelation mellem de estimerede avlsværdital for dyr under selektion (Hill 1976, Rawlings 1976, Meuwissen 1991a). Begge dele er et problem i små kerneavlsbesætninger, mens det i større populationer kun er korrelation mellem avlsværdital, der er et problem. Jo yngre dyr, der anvendes i en given avlsplan, des større andel af familieinformation indgår i avlsværditallene, og det øger korrelationen mellem de estimerede avlsværdital for de enkelte dyr. I deterministiske simuleringsstudier er det derfor meget vigtigt at få korrigeret selektionsintensiteten, da overvurderingen af selektionsintensiteten vil være forskellig fra avlsplan til avlsplan. Hill (1976), Rawlings (1976) og Meuwissen (1991a) har udfærdiget algoritmer til korrektion af selektionsintensiteten. Disse bør anvendes, hvis deterministiske beregninger af forskellige avlsplaner skal kunne sammenlignes.

4.1.4 Stokastisk versus deterministisk simulering

Forskellen mellem stokastisk simulering og deterministisk simulering er grundlæggende den, at i stokastiske modeller simuleres alle dyr i en given avlsplan enkeltvis ud fra en i forvejen given statistisk fordeling. Blandt disse selekteres et antal dyr som forældre til næste generation efter principper, der afhænger af hvilken avlsplan, der er tale om. Dette gør, at stokastiske simuleringer automatisk tager højde for ændring i selektionsintensitet og reduktion i den genetiske varians. I deterministiske modeller er det derimod nødvendigt at få dyrene grupperet, og for hver gruppe at beregne sikkerhed på avlsværdital, selektionsintensitet og genetisk variation.

I Tabel 4.1 er vist forskellige karakteristika for de forskellige simuleringsmetoder. For en dyberegående gennemgang henvises til Gibson & Van Arendonk (1996).

Tabel 4. 1 Karakteristika for deterministisk og stokastisk simulering

	Deterministisk	Stokastisk
Beskrivelse af populationen	Gennemsnit og varians indenfor aldersgrupper	Enkelt dyr
Programmering/matematisk formulering	Vanskelig/umulig	Relativ let
Inkludering af systematiske effekter	Vanskelig	Let
Beregningstid	Lille	Stor
EDB ressource krav	Lille	Stor
Prediktion af avlsfremgang	Gns.	Gns. og varians

Ved meget simple avlsplaner, f.eks. avlsplaner med diskrete generationer, opnås omtrent den samme avlsfremgang, uanset om beregningerne er foretaget med deterministiske eller stokastiske modeller. Når der arbejdes med komplicerede planer med overlappende generationer, er der ifølge Ruane & Thompson (1991) forskel på prediktioner fra en deterministisk model og prediktioner fra en stokastisk model. Den væsentligste grund til disse forskelle er, at deterministiske modeller indtil nu ikke har været detaljerede nok til at efterligne "virkeligheden". En anden væsentlig grund er, at gode algoritmer til beregning af indavl endnu ikke har været implementeret i modellerne. Nye metoder til inddragelse af indavl i deterministiske modeller er dog under udvikling (Woolliams 1998). Problemet med deterministiske modeller ligger især i prediktionen af størrelsen af den genetiske fremgang, idet den indbyrdes rangering af avlsplaner ofte er næsten den samme i deterministiske og stokastiske modeller.

Nicholas & Smith (1983) estimerede f.eks. en særdeles høj avlsfremgang i lukkede kerneavlsbesætninger med deterministiske modeller. Denne avlsfremgang blev senere genberegnet med stokastiske modeller, hvorved der blev fundet en væsentlig lavere avlsfremgang (bl.a. Juga & Mäki-Tanila 1987, Ruane & Thompson 1989, Ruane & Thompson 1991). Colleau (1991) viste med stokastisk simulering, at de deterministiske prediktioner var overvurderede med ca. 8-10%, selv om der i de deterministiske simuleringer blev taget højde for Bulmer-effekten. Dekkers et al. (1996) beregnede forskellen mellem avlsfremgang beregnet med stokastisk simulering og deterministiske simuleringer, hvori der ikke blev taget hensyn til Bulmer-effekt. De deterministiske simuleringer beregnede en avlsfremgang, der var ca. 25%-30% højere end de stokastiske simuleringer. Det er i overensstemmelse med Van Dijk et al. (1997), der indenfor svin fandt, at simple deterministiske prediktioner overestimerer avlsfremgangen med over 50%. Tilsvarende fandt Ruane & Thompson

(1991) en overestimering af avlsfremgangen i kerneavlsplaner på mellem 40 og 67%. Hvis der i de deterministiske simuleringer blev taget hensyn til Bulmer-effekten, var overestimeringen i intervallet fra 6 til 23%.

4.2 Tidligere avlsplansimuleringer

Formålet med dette afsnit er at give et overblik over de seneste 15 års avlsplansimuleringer. Væsentlige avlsplansimuleringer for malkeracer samt øvrige relevante avlsplansimuleringer er inddraget.

Interessen for MOET-kerne avlsplaner indenfor malkekvæg steg voldsomt i slutningen af halvfjerdserne og i begyndelsen af firserne. Baggrunden var, at nye reproduktionsteknikker gav mulighed for at øge reproduktionsraten. Gennembruddet for kerneavlsprogrammer indenfor malkekvæg kom med udgivelsen af artiklen: " Increased rates of genetic change in dairy cattle by embryo transfer and splitting" (Nicholas & Smith 1983), der viste, at systematisk anvendelse af ET i et kerneavlsprogram gav resultater, der var fuldt konkurrencedygtige med konventionelle avlsplaner. Senere har det vist sig, at der er yderligere fordele ved kerneavlsprogrammer. Oprettelse af specielle kernebesætninger giver mulighed for at udføre registreringer, der ikke kan udføres i praksis, specialbehandling af enkelte køer undgås, og endelig giver kernebesætninger gode muligheder for anvendelse af fysiologiske funktionsprøver (Woolliams & Smith 1988, Løvendahl & Jensen 1997). Mange avlsplansimuleringer er senere foretaget både for lukkede kerner og for store populationer. Lukkede kerneavlsplaner er kendetegnet ved, at der ikke tilføres genetisk materiale udefra, når kernen først er etableret. Inden for gruppen af lukkede kerne avlsplaner findes to principielt forskellige typer:

I Lukkede planer uden feltafprøvning af tyre
II Lukkede planer med feltafprøvning af tyre (hybridplaner eller mixed MOET planer)

Indenfor avlsplaner i store populationer findes der også to forskellige typer:
I Konventionelle avlsplaner med feltafprøvning af tyre og udvælgelse af tyremødre i hele populationen.
II Åbne kerneavlsplaner med feltafprøvning af tyre og udvælgelse af tyremødre på tværs af kernen og den øvrige population.

I Appendiks 1A til 1D er givet en oversigt over de væsentligste avlsplansimuleringer, der er foretaget de seneste år. Af tabellerne i dette appendiks fremgår, hvilken

dyreart der er simuleret, og hvilke egenskaber der indgår i simuleringerne. For de deterministiske simuleringer angives tillige, om der blev taget hensyn til Bulmer-effekten og indavl. Ved stokastiske avlsplansimuleringer fremgår det, om der simuleredes indavl samt hvilken avlsværdivurderingsmetode, der blev anvendt. For både de deterministiske og de stokastiske avlsplansimuleringer beskrives i korte træk hvilke avlsplaner, der blev anvendt.

4.2.1 Lukkede kerneavlsplaner

I Appendiks 1A findes en oversigt over væsentlige deterministiske MOET-kerne avlsplansimuleringer og i Appendiks 1B en oversigt over væsentlige stokastiske MOET-kerne avlsplansimuleringer.

De refererede deterministiske simuleringer er alle foretaget indenfor malkekvæg, og alle med undtagelse af Christensen (1995) simulerede kun én egenskab. Denne egenskab var i alle tilfælde ydelse, og i alle tilfælde var heritabiliteten 0,25.

I de stokastiske simuleringer er flere arter repræsenteret, foruden malkekvæg og kødkvæg drejer det sig om svin og mink, samt en del generelle simuleringer som ikke er artsspecifikke. Med undtagelse af simuleringerne foretaget af Juga & Mäki-Tanila (1987) og Berg (1997) blev alle simuleringerne foretaget med kun én egenskab. Juga & Mäki-Tanila (1987) simulerede ud over ydelse tillige frugtbarhed. For kødkvægssimuleringen (Villanueva et al. 1995a) var den simulerede egenskab tilvækst med en heritabilitet på 0,35. Simuleringerne indenfor svin blev foretaget på egenskaben tilvækst med varierende heritabilitet for egenskaben (Belonsky & Kennedy 1988). De generelle simuleringer blev foretaget med varierende heritabilitet for den simulerede egenskab (Quinton et al. 1992, Verrier et al. 1993, Brisbane & Gibson 1995, Quinton & Smith 1995, Meuwissen 1997a, Villanueva & Woolliams 1997). Berg (1997) simulerede egenskaberne kuldstørrelse, fødselsvægt, skindkvalitet, skindfarve og skindrenhed indenfor mink.

I de fleste stokastiske lukkede kerneavlsplansimuleringer anvendtes diskrete generationer. Syv af de refererede simuleringer anvendte overlappende generationer (Belonsky & Kennedy 1988, Jeon et al. 1990, De Boer & Van Arendonk 1994, Luo et al. 1995, Villanueva et al. 1995a, Villanueva et al. 1995b, Berg 1997). Hvis simuleringerne skal være praktisk anvendelige indenfor malkekvæg, bør simuleringerne være foretaget med overlappende generationer.

4.2.2 Åbne avlsplaner

I Appendiks 1C findes en oversigt over væsentlige deterministiske populationssimuleringer og i Appendiks 1D en oversigt over væsentlige stokastiske og semistokastiske populationssimuleringer. Alle deterministiske populationssimuleringer er malkekvægssimuleringer, mens der i gruppen af stokastiske populationssimuleringer ud over malkekvægssimuleringer er enkelte simuleringer af avlsplaner for får.

Indenfor de deterministiske populationssimuleringer simulerede Bovenhuis et al. (1989), Pedersen & Christensen (1993), Christensen (1995), Lindhé & Philipsson (1996) og Christensen & Pedersen (1997) et avlsmål med flere egenskaber. Meuwissen & Woolliams (1993) simulerede ydelse og én ekstra egenskab, mens Meuwissen (1989) alene simulerede ydelse.

I de stokastiske populationssimuleringer blev alle malkekvægssimuleringer foretaget med én egenskab, og alle med undtagelse af Meyer & Smith (1990) anvendte egenskaben ydelse. Kun indenfor får og svin er der foretaget simuleringer med flere egenskaber. Indenfor får simulerede Roden (1996) både fødselsvægt og kuldstørrelse, mens Lauridsen (1998) simulerede kuldstørrelse, tilvækst og slagtekvalitet. Indenfor svin er det muligt med et simuleringsprogram beskrevet af Van Dijk et al. (1997) at simulere et varierende antal egenskaber. BLUP er langt den mest anvendte metode til avlsværdivurdering indenfor stokastisk populationssimulering. Desuden blev der anvendt forskellige modificerede BLUP metoder, samt ren fænotypisk selektion.
I de forskellige avlsplansimuleringer er mange forskellige avlstiltag simuleret. Effekten af de forskellige avlstiltag diskuteres i nedenstående på tværs af de mange referencer. Under gennemgangen lægges specielt vægt på de enkelte avlstiltags effekt på avlsfremgang og indavlsstigning.

4.2.3 Kernestørrelse og populationsstørrelse

I avlsplansimuleringer er det interessant at undersøge effekten af populationsstørrelse på ΔG og ΔF, da der findes mange kvægpopulationer med forskellige størrelser. Det er også interessant at undersøge effekten af kernestørrelse på ΔG og ΔF , da omkostningen ved et avlsprogram er stigende med stigende kernestørrelse. Derfor opererer mange af simuleringerne med varierende kerne- og populationsstørrelse.

Indenfor malkekvæg varierede størrelsen af kernen fra 256 afkom pr. generation (Juga & Mäki-Tanila 1987) til 4.096 afkom pr. generation (Meuwissen 1990, Leitch et al. 1995). Avlsfremgangen øges ved at øge kernestørrelsen. Jeon et al. (1990) fandt en

øget avlsfremgang fra 0,129 til 0,189 genetiske spredningsenheder ved at øge antallet af hundyr fra 88 til 352. Meuwissen (1991b) fandt ved stokastisk simulering en stigning fra 0,189 til 0,228 ved at fordoble antallet af fødte kalve pr. generation i kernen fra 512 til 1.024 i avlsplaner uden afkomsundersøgelse af tyre. Der selekteredes 16 fædre og 64 mødre pr. generation. Ruane & Thompson (1991) fandt ved selektion af 4 fædre pr. generation en stigning i avlsfremgangen for ydelse på 33,7% og et fald i indavlsstigningen på 7,2% ved at øge antallet af overførte embryoner i kernen fra 256 til 1024 og derved øge antallet af selekterede donorer fra 16 til 64. Ved selektion af 8 fædre var den tilsvarende stigning i avlsfremgangen for ydelse 41,0% og ændringen i indavl er en stigning på 12,7%. Villanueva et al. (1995a) fandt en stigning på ca. 10% i avlsfremgang for tilvækst i både en konventionel avlsplan og i en kerneavlsplan ved at fordoble antallet af fødte kalve pr. år fra 303 til 606. I de konventionelle avlsplaner blev indavlsstigningen ikke væsentligt påvirket, mens den i kerneavlsplaner faldt med ca. 15%. Schrooten & Van Arendonk (1992) fandt en stigning på 2,1% i avlsfremgang svarende til 0,005 genetiske spredningsenheder i en lukket kerne ved at øge kernestørrelsen fra 120 til 240 fødte hundyr pr. år. I en åben kerneavlsplan var den tilsvarende stigning 1,2%. I disse simuleringer blev der ikke taget hensyn til indavl.

Indavlsstigningen pr. generation falder, når kernestørrelsen øges (Toro & Silió 1989, Jeon et al. 1990, Verrier et al. 1993, Berg 1997). Berg (1997) fandt en indavlsstigning på 1,5% årligt ved 15 års selektion efter vægt og kuldstørrelse i en population på 200 avlshunner og 40 avlshanner. Reduceredes populationsstørrelsen til 100 avlshunner og 20 avlshanner var indavlsstigningen 2,5% årligt. I forhold til situationen i kvægavl anvendes et stort antal hanner i minkavlen. Havde forholdet mellem antallet af hanner og hunner været mindre, havde der formodentligt været endnu større effekt af at halvere populationsstørrelsen. Jeon et al. (1990) fandt, at avlsfremgangen i små kerner er meget mindre end i store kerner, hvis der er restriktion på indavlsstigningen. Driftvariansen er også noget større i små kerner (Jeon et al. 1990). Dette kan dog afhjælpes ved at åbne kernen (Juga & Mäki-Tanila 1987).

Christensen & Pedersen (1997) viste i deterministiske simuleringer, hvor der ikke blev taget hensyn til indavl, at anvendelse af ægtransplantation eller ovum-pick-up mindsker den optimale kernestørrelse for avlsfremgang, som følge af at donorenes reproduktionsrate øges. Lindhé & Philipsson (1996) har med deterministiske simuleringer, der ikke tog hensyn til Bulmer-effekten og indavl, beregnet effekten på avlsfremgangen af at øge populationsstørrelsen for SRB (Svensk rødt og hvidt) fra 200.000 til 700.000 køer (antallet af røde køer i Norden) til at ligge i intervallet fra 9 til 13%.

Alle de refererede undersøgelser viser samstemmende, at øget kernestørrelse øger avlsfremgangen i en avlsplan. Samtidig har det i de fleste tilfælde en reducerende effekt på indavlsstigningen. Effekten er størst for små kerner. Tillige er de simulerede effekter større i simuleringer, hvor der er taget hensyn til indavl.

4.2.4 Avlsmål

Selv om det er alment accepteret, at den mest optimale avlsplan fås, hvis det avlsmål, der selekteres efter indeholder alle egenskaber af økonomisk betydning (f.eks. Groen et al. 1997) avles der i mange lande primært efter øget ydelse. Derfor er avlsmålet udelukkende ydelse i langt de fleste avlsplansimuleringer indenfor kvæg, og hele selektionstrykket lægges derfor på denne egenskab. Christensen (1995) fandt i avlsplaner med afkomsundersøgelse af tyre, at den optimale døtregruppestørrelse var større for avlsplaner med et total økonomisk avlsmål end for avlsplaner med et avlsmål indeholdende ydelse alene. Meuwissen & Woolliams (1993) koncentrerede sig om effekten af at inddrage omkostningsreducerende egenskaber i avlsmålet i åbne kerneavlsplaner. De deterministiske avlsplansimuleringer viste, at en stor del af effekten ved at inddrage omkostningsreducerende egenskaber blev opnået alene ved at registrere disse i kernen, en konsekvens af at der anvendtes meget unge tyrefædre. Desuden fandt de, at værdien af at inddrage omkostningsreducerende egenskaber er størst for egenskaber, der er negativt korreleret med produktion.

Berg (1997) fandt ved stokastisk simulering i en minkpopulation, at indavlsstigningen er meget afhængig af heritabiliteten på de egenskaber, som selektionstrykket lægges på. Således stiger indavlen, når selektionstrykket lægges på egenskaber med lav heritabilitet eller på kategoriske egenskaber. Belonsky & Kennedy (1988) fandt også øget indavl ved selektion på en egenskab med lav heritabilitet, på trods af at generationsintervallet i dette tilfælde var højere.

4.2.5 Avlsværdivurderingsmetode

Avlsværdivurderingsmetoder har over en årrække udviklet sig fra fænotypisk selektion over selektion efter selektionsindeks til selektion efter BLUP avlsværdiestimater. Selektionsmetodens indflydelse på avlsfremgang og indavlsstigning er undersøgt i mange simuleringer. I de refererede undersøgelser foregår de fleste avls-værdivurderinger, hvor det er muligt, dvs. i de stokastiske simuleringer, ved anvendelse af BLUP. Denne metode er også langt den mest anvendte indenfor malkekvæg i praksis (Anonym 1996). Desuden er der i nogle undersøgelser anvendt fænotypisk selektion eller selektion efter BLUP estimater, hvor der er anvendt en kunstig høj heritabilitet.

I en avlskerne for svin fandt Belonsky & Kennedy (1988) 81% større avlsfremgang ved 10 års selektion efter BLUP end efter fænotype ved en heritabilitet på 0,1. Ved en heritabilitet på 0,3 var avlsfremgangen 31% højere og ved en heritabilitet på 0,6 var avlsfremgangen 3% højere. Tilsvarende var indavlsstigningerne 2,2 gange højere ved en heritabilitet på 0,1, 1,72 gange højere ved en heritabilitet på 0,3 og 1,43 gange højere ved en heritabilitet på 0,6 ved 10 års selektion efter BLUP fremfor selektion efter fænotype. Hvis der alene ses på den indavlsstigning, der ligger ud over den indavl, der skyldes drift, var de tilsvarende forøgelser hhv. 9,62, 4,39 og 2,66 for heritabiliteterne 0,1, 0,3 og 0,6.

Leitch et al. (1994) fandt i avlsplaner uden afkomsundersøgelse af tyre, at avlsfremgangen ved selektion efter en egenskab med en heritabilitet på 0,25 reduceredes med 3-9% ved alene at selektere på egen information samt hel- og halvsøskende information fremfor BLUP avlsværdier. Indavlsstigningen var uændret. Quinton & Smith (1995) fandt ved simulering i 10 generationer, at selektion på fænotype eller BLUP estimater med anvendelse af forhøjet heritabilitet i mindre kerner gav større avlsfremgang ved en given restriktion på indavl end selektion efter BLUP. Effekten var især tydelig for egenskaber med lav heritabilitet. Verrier et al. (1993) undersøgte en lille kerne, hvor der i hver generation selekteredes 5 hanner ud af 50 og 25 hunner ud af 50, samt en stor kerne hvor der selekteredes 50 hanner ud af 500 og 250 hunner ud af 500. I den lille kerne fandt de, at fænotypisk selektion var BLUP selektion overlegen ved selektion over en periode på 30 generationer, når heritabiliteten på egenskaben var 0,25 eller 0,50. Ved en heritabilitet på 0,1 var de to selektionsmetoder jævnbyrdige. Ved alle de tre heritabiliteter var indavlen i den 30. generation omkring 0,60 ved fænotypisk selektion, og i intervallet fra 0,75 til 0,85 ved BLUP selektion. I den store kerne var avlsfremgangen for alle tre heritabiliteter størst ved BLUP selektion, og indavlen var ca. 0,12 ved fænotypisk selektion og i intervallet fra 0,16 til 0,23 ved BLUP selektion i generation 30. Indavlsgraden var højest ved selektion for egenskaber med lav heritabilitet.

Anvendelse af BLUP selektion giver i langt de fleste tilfælde større avlsfremgang end fænotypisk selektion eller selektion efter BLUP estimater med anvendelse af kunstig høj heritabilitet. Ønskes størst mulig fremgang ved en given indavlsstigning er selektion efter BLUP estimater, hvor en kunstig høj heritabilitet har været anvendt, eller selektion efter fænotype, en mulighed. Disse metoder er dog nødløsninger. Det bedste er at anvende korrekte BLUP avlsværdier, og ud fra disse samt kendskabet til slægtskabet at foretage parringer således at størst mulig avlsfremgang opnås ved en given indavlsstigning. Meuwissen (1997a) og Meuwissen & Sonesson (1998) har udviklet metoder til dette.

4.2.6 Generationsinterval og ungdyr- kontra voksenplaner

I husdyravl er generationsintervallet en meget vigtig faktor og varierende generationsintervaller indgår derfor i mange avlsplansimuleringer. Ved ungdyrplaner indenfor kvæg forstås avlsplaner, hvor selektionen af forældre til næste generation foregår inden egenpræstation for disse foreligger. Generationsintervallet for både han- og hundyr bliver derved på ca. 2 år. Ved voksenplaner, hvor selektion af både handyr og hundyr sker, når køerne har afsluttet første laktation, bliver generationsintervallet ca. 4 år. Begreberne ungdyrplaner/voksenplaner anvendes oftest i avlsplaner med diskrete generationer, samt i avlsplaner uden afkomsundersøgelse. I planer med overlappende generationer selekteres de bedste dyr uanset alder. Generelt er der for lukkede kerner fundet større avlsfremgang i ungdyrplaner end i voksenplaner (Nicholas & Smith 1983, Leitch et al. 1994), men samtidig er der fundet væsentligt højere indavlsstigninger i ungdyrplaner (Leitch et al. 1994). Leitch et al. (1994) angav, at fordelen ved ungdyrplaner reduceres, hvis der anvendes forlængede laktationer i voksenplaner.

I åbne kerneavlsplaner er der også fundet øget avlsfremgang ved at anvende ET på unge dyr (Dekkers & Shook 1990c). Meuwissen & Van der Werf (1993) simulerede en åben kerneavlsplan med 10.000 fødte kalve i populationen og 512 fødte kalve i kernen. I udgangssituationen selekteredes kun afprøvede fædre og køer med en afsluttet 1. laktation. Herved blev der opnået en avlsfremgang på 0,238 genetiske spredningsenheder. Ved at tillade selektion af både han- og hundyr, så snart de var kønsmodne, øgedes avlsfremgangen til 0,272 genetiske spredningsenheder. Effekten af indavl blev ignoreret i disse simuleringer.

Bovenhuis et al. (1989) undersøgte effekten af varierende generationsintervaller og fandt, at den samlede profit varierede meget lidt, men fordelingen af genetisk fremgang på egenskaber var forskellig afhængig af længden af generationsintervallerne. I ungdyrplaner var der ca. 3 gange så stor tilbagegang for omkostningsreducerende egenskaber, som i de bedste voksenplaner. Til gengæld var ydelsesfremgangen i voksenplaner noget mindre end i ungdyrplaner.

Christensen & Pedersen (1997) beregnede den optimale andel af ungtyre født af 1., 2. og 3. kalvskøer i en population på 340.000 køer. Ved en avlsfremgang på 0,20 genetiske spredningsenheder pr. år fandtes, at ca. 50% af tyrene skal være født efter 1. kalvskøer, ca. 33% efter 2. kalvskøer og resten efter ældre køer, under forudsætning af at alle aktuelle køer er løbet ved en tyrefar. Christensen (1995) undersøgte fire forskellige avlsplaner, en konventionel avlsplan med ældre tyremødre og en konventionel avlsplan med yngre tyremødre, en ungdyr MOET-avlsplan og en 1.

kalvs MOET-avlsplan. Første kalvs MOET-avlsplaner gav størst samlet økonomisk avlsfremgang.

Lohuis (1993) fandt en avlsfremgang på 0,195 genetiske spredningsenheder pr. år for en ydelseslignende egenskab i en konventionel avlsplan med generationsintervaller som i praksis. Med en mere effektiv avlsplan (kortere generationsintervaller) øgedes dette til 0,214. Meuwissen & Woolliams (1994b) angav, at større restriktion i tilladt indavlsstigning øgede det optimale generationsinterval.
Meuwissen (1991c) fandt, at deterministiske avlsplansimuleringer ofte underestimerer de optimale generationsintervaller som følge af, at disse overvurderer avlsfremgangen, og derved overvurderer avlsværdien af unge dyr.

Generelt stiger avlsfremgangen med mindsket generationsinterval, men samtidig øges indavlsstigningen. Desuden ændres fordelingen af fremgangen på enkelt egenskaber ved at sænke generationsintervallet.

4.2.7 Afkomsundersøgelse, procent ungtyre og døtregruppestørrelse

Afkomsundersøgelse af tyre er en metode, der har været anvendt i lang tid. I Danmark blev metoden systematiseret midt i halvfjerdserne efter principperne i 411. Beretning (Petersen et al. 1973), således at tyrene efter testinseminering stod som ventetyre indtil afkomsundersøgelse forelå. I flere kerneavlssimuleringer er dette princip fraveget, primært for at sænke generationsintervallet (f.eks. Nicholas & Smith 1983, Jeon et al. 1990, Ruane 1991a, Ruane 1991b, Ruane & Thompson 1991, De Boer & Van Arendonk 1994, Leitch et al. 1994, Leitch et al. 1995).

Meuwissen & Woolliams (1994b) angav, at større restriktion i tilladt indavlsstigning øger værdien af afkomsundersøgelse. Luo et al. (1995) fandt, at afkomsprøvning af tyre ved BLUP selektion øgede avlsfremgangen med 3,4%, samtidig med at indavlsgraden mere end halveredes. Ved anvendelse af selektionsmetoder, hvor der lægges mere vægt på dyrets egenpræstation (den mendelske udspaltning) var effekten på avlsfremgangen i intervallet fra 4,0 til 14,0% og reduktionen af indavlen endnu større end ved BLUP selektion. Stranden et al. (1991) fandt en stigning i avlsfremgangen ved at afkomsundersøge tyrene efter selektion. Effekten var størst for egenskaber med lav heritabilitet og i kombination med en faktoriel parringsplan. Modsat Luo et al. (1995) fandt Stranden et al. (1991), at afkomsprøvning af tyre ikke havde ret stor effekt på stigningen i indavlsgraden. Grunden hertil var, at generationsintervallet for tyre var meget kortere i undersøgelserne af Stranden et al. (1991) end i undersøgelserne af Luo et al. (1995).

Når avlsplaner med afkomsundersøgelse af tyre anvendes, afhænger avlsplanens effektivitet af, hvor stor en del af produktionspopulationen der anvendes til testinseminering, samt hvor mange døtre, der testes pr. tyr. Christensen (1995) fandt, at der i konventionelle planer er meget lille ekstra avlsfremgang ved at øge ungtyreprocenten ud over 50%, mens der i MOET-avlsplaner fås øget avlsfremgang ved at øge den andel af populationens køer, der insemineres ved ungtyre til over 50%. Jo højere ungtyreprocent, der anvendes, des højere er det optimale antal døtre pr. ungtyr. Det optimale antal døtre pr. ungtyr, og dermed antallet af afprøvede ungtyre er afhængig af både avlsmål og avlsplan. Således er den optimale døtregruppestørrelse noget højere for et total økonomisk avlsmål end for et avlsmål alene indeholdende ydelse. Ligeledes er den optimale døtregruppestørrelse noget højere i konventionelle avlsplaner end i MOET-avlsplaner. Ved en fast andel ungtyreinseminеringer øgedes det optimale antal døtre pr. ungtyr fra 59 til 101 ved en forøgning af kopopulationens størrelse fra 50.000 til 500.000, når der blev selekteret efter et total økonomisk avlsmål.

Hvis den avlsmæssige fremgang pr. år maksimeres, vil det i en population på 340.000 køer være optimalt at anvende 45% ungtyre og have en døtregruppestørrelse på 119 (Christensen & Pedersen 1997). Det er noget lavere end tidligere beregnet og skyldes formodentligt anvendelse af multitrait-indeks. Dekkers et al. (1996) fandt, at avlsfrem-gangen steg med stigende antal tyre afprøvet og med stigende døtregruppestørrelse.

Der er i de foretagne undersøgelser enighed om, at anvendelse af afkomsundersøgelse øger avlsfremgangen. Derimod er der ikke helt enighed om effekten på indavl. Denne uenighed kan dog, som tidligere anført forklares ved, at Stranden et al. (1991) anvendte tyrene før afkomsundersøgelse forelå, hvorved der lægges større vægt på slægtskabsinformation. Generelt er konklusionen, at afkomsundersøgelse er et meget vigtigt element i en afbalanceret avlsplan for malkekvæg. Den optimale døtregruppestørrelse er højere, når der selekteres for et samlet økonomisk avlsmål, end hvis der selekteres for ydelse alene.

4.2.8 Antal tyrefædre og anvendelse af ungtyre som tyrefædre

I kvægavl har indavl traditionelt ikke været anset for et problem indenfor en tidshorisont på 10-20 generationer (Meuwissen 1990, Pedersen & Christensen 1993). Det har gjort, at anbefalingerne har været at reducere antallet af tyrefædre meget kraftigt. Effekten af antallet af fædre i et avlsprogram er undersøgt i en del undersøgelser.

Juga & Mäki-Tanila (1987) fandt i en lille kerneavlsplan en stigning i avlsfremgangen på 25% ved at reducere antallet af fædre fra 4 til 1 pr. generation. I disse simuleringer blev der ikke taget hensyn til indavl. Quinton et al. (1992), der tog hensyn til indavlens effekt på variationen i simuleringerne, fandt, at der er et optimum for antallet af fædre, der skal selekteres for at få maksimal avlsfremgang. Dette optimum er afhængig af den tidshorisont, der betragtes. Jo kortere tidshorisont des lavere er det optimale antal fædre. I en avlsplan med 200 stk. afkom pr. generation og 50 mødre pr. generation opnåedes det højeste genetiske niveau i generation 10 ved at selektere 10 fædre pr. generation, hvis heritabiliteten var 0,05. Såfremt heritabiliteten var 0,1 var det optimale antal 4-6 og hvis heritabiliteten var 0,5 var det optimale antal 4. Optimum øgedes med øget kernestørrelse og øget reproduktionskapacitet på hundyrsiden. Havde indavlsdepression været inkluderet i simuleringerne ville optimum formodentlig have været højere. Ovenstående resultater bekræftes af Quinton & Smith (1995).

Ruane & Thompson (1991) fandt ingen signifikant effekt på avlsfremgangen for ydelse af at øge antallet af fædre pr. generation fra 4 til 8 i kerneavlsplaner. Derimod reduceredes indavlen med hhv. 41,8% og 34,9%. Simuleringerne blev udført i seks generationer, der blev overført 512 eller 1.024 embryoner pr. generation og afkomsundersøgelse anvendtes ikke. Tilsvarende resultater ses i Ruane (1991a).

Toro & Silió (1989) undersøgte effekten af at øge antallet af fædre pr. generation fra 8 til 16 i en kerneavlsplan med 1.024 fødte dyr pr. år. Effekten var, at avlsfremgangen faldt med 6,2% og indavlsstigningen reduceredes med 35,4%. I en kerneavlsplan, der var dobbelt så stor, var effekten af at øge antal fædre pr. generation fra 16 til 32 et fald i avlsfremgangen på 11,0% og et fald i indavlsstigningen på 45,6%. Tilsvarende fandt Villanueva et al. (1995a) i kødkvægssimuleringer uden afkomsundersøgelse et fald i avlsfremgangen for tilvækst ved at anvende 18 fremfor 6 fædre i både en konventionel og en kerneavlsplan. I en konventionel plan faldt avlsfremgangen med ca. 13%, mens indavlen mere end halveredes. I en kerneavlsplan med en faktoriel parringsstrategi og selektion efter BLUP med anvendelse af forhøjet heritabilitet faldt avlsfremgangen med ca. 9%, mens indavlsgraden faldt med ca. 33%. Juga & Mäki-Tanila (1987), Quinton et al. (1992) og Quinton & Smith (1995) fandt at anvendelse af flere tyrefædre pr. år har en gavnlig effekt på indavlsstigningen. Det optimale antal tyrefædre stiger jo større restriktioner, der lægges på indavlsstigningen, samt jo højere heritabilitet, der er på egenskaben under selektion (Villanueva & Woolliams 1997).

Dekkers & Shook (1990a) simulerede en konventionel avlsplan uden anvendelse af ET. Avlsfremgangen i avlsplaner med anvendelse af 10 tyrefædre pr. 3 måneders

periode var 0,207 genetiske spredningsenheder pr. år. Halveredes antallet af tyrefædre øgedes avlsfremgangen til 0,214 genetiske spredningsenheder pr. år. Schrooten et al. (1993) fandt i semi-stokastiske simuleringer en stigning i avlsfremgangen fra 0,260 til 0,267 ved at halvere antallet af tyrefædre i en avlsplan, hvor tyrene selekteredes fra en toppopulation på 1.600 køer, hvori der anvendtes ET. Tyrene blev afprøvet i en population på 650.000 køer, og der blev i disse simuleringer ikke taget hensyn til indavl.

De Boer og Van Arendonk (1994) simulerede kerneavlsplaner med 1.024 fødte dyr pr. år, hvor antallet af fædre og mødre var lige stort. Ved hhv. 128, 64, 32 og 16 fædre og mødre var det avlsmæssige niveau efter 30 års selektion med en hierarkisk parringsplan forøget med hhv. 4,34; 4,80; 4,78 og 4,69 fænotypiske spredningsenheder. Ved en faktoriel parringsplan var de tilsvarende forøgelser 4,43; 5,00; 5,44 og 5,46 fænotypiske spredningsenheder. Ved både en hierarkisk og en faktoriel parringsplan steg indavlsgraden 4-5 gange ved at reducere antallet af fædre og mødre fra 128 til 16. Simuleringerne viser, at det optimale antal fædre øges, når indavlsdepression inkluderes i simuleringerne. Meuwissen & Woolliams (1994b) angav, at anvendelse af flere fædre reducerer både ΔG og ΔF.

Lauridsen (1998) simulerede stokastiske avlsplaner for får med hensyntagen til både Bulmer-effekt og indavl. Hun fandt, at det optimale antal væddere i relation til total økonomisk fremgang i en population på 1.200 får var ca. 30. Dette tal er meget højt i forhold til det antal tyre, der arbejdes med i kvægavl.

Det kan konkluderes, at der findes et optimum for antallet af tyrefædre, når avlsplanens eneste formål er optimering af avlsfremgang, og det er ikke det biologisk mindst mulige antal tyrefædre. Hvis effekten af indavlsdepression tillige inkluderes i beregningerne, vil dette optimum øges. Den traditionelle opfattelse af færrest mulig antal tyrefædre bør ud fra nærværende litteraturgennemgang revideres.

4.2.9 Reproduktionsstrategi

Avlsplaner, hvor nye reproduktionsmetoder anvendes, sammenlignes ofte med konventionelle avlsplaner. Når det sker, er det vigtigt at være opmærksom på de generationsintervaller, der anvendes i disse konventionelle avlsplaner (Colleau 1989).

Dekkers (1992b) fandt ved hjælp af deterministiske beregningsmetoder en avlsfremgang på 0,26 genetiske spredningsenheder uden hensyntagen til Bulmer-effekten og 0,20 under hensyntagen til Bulmer-effekten. Simuleringerne omfattede

konventionelle avlsplaner med anvendelse af naturlig reproduktion. Der indgik kun ydelse i avlsmålet og heritabiliteten var på 0,25.

Lohuis (1993) fandt, i simuleringer uden hensyntagen til indavl med generationsintervaller som i praksis, at avlsfremgangen kunne øges fra 9% til 32% ved anvendelse af moderne reproduktionsstrategier. Den største forøgelse opnåedes ved anvendelse af ovum-pick-up på meget unge dyr. Under hensyntagen til indavl faldt stigningen til mellem 1% og 12% og indavlen steg ca. 0,8% årligt. Dekkers & Shook (1990a) fandt en stigning i avlsfremgangen fra 0,214 til 0,229 genetiske spredningsenheder pr. år ved at anvende ET på tyremødre, under forudsætning af at hver tyremor fik 3 sønner pr. år.

Større variation i reproduktionsraten (antal afkom pr. hundyr) øger indavlsstigningen (Villanueva & Simm 1994, Villanueva et al. 1995b). Effekten af dette er, at simuleringsplaner, der antager en fast reproduktionsrate for alle køer, undervurderer effekten af indavl. Effekten af en given avlsplan falder væsentligt, hvis nogle køer ikke responderer på ET behandlingen og derved ikke får afkom (Ruane 1991b).

4.2.10 Faktoriel kontra hierarkisk parringsplan

I en del simuleringer indenfor malkekvæg undersøges effekten af en faktoriel parringsplan. I en faktoriel parringsplan anvendes i modsætning til en hierarkisk parringsplan sæd fra flere tyre til in-vitro befrugtning af æg fra den enkelte donor. Resultatet af disse simuleringer viser, som tidligere anført, at en faktoriel plan er bedst, idet der kan opnås samme avlsfremgang ved en lavere indavlsstigning. Luo et al. (1995) fandt dog ingen effekt af faktoriel parring, antageligvis en konsekvens af at de antog et varierende antal embryoner pr. donor, hvor mange andre forfattere antog et konstant antal embryoner pr. donor.

Leitch et al. (1994) fandt, at anvendelse af en faktoriel parringsplan i ungdyrplaner gav højere avlsfremgang end anvendelse af en hierarkisk parringsplan uanset heritabiliteten af den egenskab, der selekteredes efter. Stigningen i avlsfremgang var fra 10 til 45% afhængig af graden af faktoriel parring og afhængig af heritabiliteten på egenskaben. I voksenplaner var effekten af faktoriel parring en ændring i avlsfremgangen fra -4 til 9%. På tværs af ungdyr- og voksenplaner reduceredes indavlsstigningen fra 1 til 30% afhængig af avlsplan.

Ruane (1991a) fandt en avlsfremgang på ca. 12-13% ved i en lukket kerne uden afkomsundersøgelse at gå fra at anvende én tyr pr. ko til at anvende fire tyre pr. ko. Stigningen var ens, uanset om der selekteredes 4 eller 8 fædre pr. generation. Ved

selektion af 4 fædre pr. generation påvirkedes indavlen ikke af anvendelsen af en faktoriel parringsplan, hvorimod indavlen ved selektion af 8 fædre steg med ca. 14% ved at anvende en faktoriel parringsplan.

Stranden et al. (1991) fandt, at anvendelse af 2 tyre pr. donor frem for én øgede avlsfremgangen i alle de undersøgte planer. Undersøgelserne blev foretaget i en lukket kerne med 512 fødte dyr pr. generation. I avlsplaner med afkomsundersøgelse af tyre øgedes avlsfremgangen 8,2%, når heritabiliteten var 0,1, 6,0% når heritabiliteten var 0,25 og 3,8% når heritabiliteten var 0,5. De tilsvarende ændringer i indavlen ved en heritabilitet på hhv. 0,1, 0,25 og 0,5 var hhv. et fald på 3,4%, en stigning på 9,7% og en stigning på 8,1%.

De Boer & Van Arendonk (1994) fandt, at det i avlsplaner uden afkomsundersøgelse er optimalt at anvende flere fædre end mødre. Det skyldes, at der i avlsplaner uden afkomsundersøgelse er der mere information på moderen end på faderen. Ved anvendelse af en faktoriel parringsplan er in vitro fertilisation (IVF) meget effektiv (Leitch et al. 1995), idet en forlængelse af generationsintervallet herved forhindres. Luo et al. (1995) fandt lille effekt af at anvende en faktoriel parringsplan. Årsagen til dette ligger formodentlig i den store variation i antal embryoner pr. donor i denne simulering. Derved bliver effekten af en faktoriel parringsplan, som er reduktion af antallet af helsøskende delvis udvandet. Derfor er effekten størst i avlsplaner med et fast antal embryoner pr. ko, en situation som er vanskelig at opnå i praksis.

4.2.11 Åbne kontra lukkede kerneavlsplaner og konventionelle avlsplaner

I konventionelle avlsplaner er der som tidligere nævnt estimeret avlsfremgange på ca. 0,20 genetiske spredningsenheder pr. år. Det er i overensstemmelse med Dekkers & Shook (1990b), der som reference beregnede en avlsfremgang på 0,20 genetiske spredningsenheder pr. år for en population på 2,0 mill. køer, hvor der testedes 200 ungtyre årligt. Ved overgang til en avlsplan, hvor en åben kerne med indsættelse af 160 hundyr pr. år blev introduceret, steg avlsfremgangen til 0,22 genetiske spredningsenheder pr. år, svarende til 10%. Ved overgang fra lukket til åben kerneavlsplan fandt Dekkers & Shook (1990c) en øget avlsfremgang på knap 2% i voksenplaner, mens der ingen effekt var i ungdyrplaner. Ligeledes fandt de, at lukkede voksen kerneavlsplaner ikke havde højere avlsfremgang end konventionelle planer, hvor der anvendes ET til frembringelse af tyre.

Schrooten & Van Arendonk (1992) beregnede avlsfremgang for ydelse i en population på 650.000 køer, hvor tyrene selekteredes fra en toppopulation på 1.600 køer. 180 ungtyre testedes pr. år. De fandt en avlsfremgang på 0,234 genetiske

spredningsenheder pr. år i en konventionel avlsplan uden hensyntagen til indavl. Ved introduktion af en MOET-kerne med 240 fødte hundyr pr. år, øgedes fremgangen til 0,247 genetiske spredningsenheder pr. år. Effekten af at gå fra en lukket til en åben kerneavlsplan er derimod lille. Således stiger avlsfremgangen med 1,7% ved at åbne kernen når kernestørrelsen er 120 fødte hundyr pr. år, og 0,8% når kernestørrelsen er på 240 fødte hundyr pr. år. Schrooten et al. (1993) antog de samme forudsætninger som i ovenstående. Hvis der anvendtes en avlsplan med åben kerne samt brug af MOET i toppopulationen, øgedes den avlsmæssige fremgang til 0,260 genetiske spredningsenheder pr. år. Roden (1995) og Roden (1996) konkluderede i undersøgelser indenfor får, at åbne kerneavlsplaner i forhold til lukkede kerneavlsplaner giver større avlsfremgang og en lavere indavlsstigning.

Indenfor kvæg er der ikke fundet undersøgelser, hvor effekten af at åbne kernen er undersøgt for indavlsstigning. Med hensyn til avlsfremgang synes effekten af at åbne kernen at være begrænset. Mht. indavl er der indenfor andre arter undersøgelser, der tyder på, at åbning af kernen har en begrænsende effekt på indavlen.
Gennemgående for alle de forskellige avlstiltag, der er diskuteret her, er, at en øget avlsfremgang oftest er fulgt af en forøgelse i indavlsstigningen. Ved gennemførelse af praktiske avlsplaner skal der derfor findes en balance mellem avlsfremgang og indavlsstigning, en balance der er afhængig af den tidshorisont, der betragtes.

5. Fænotypiske og genetiske parametre for egenskaber i det danske avlsarbejde

Ved simulering af avlsplaner og ved avlsværdivurdering er et kendskab til genetiske og fænotypiske parametre nødvendig. Dette kapitel indeholder et review over de genetiske og fænotypiske parametre for egenskaberne i det danske avlsmål for malkekvægracer. For ydelse og celletal betragtes både parametre i 1. og 2. laktation, samt parametre estimeret i både kernebesætninger og i produktionsbesætninger. Korrelationer mellem ydelse og øvrige egenskaber samt mellem celletal og øvrige egenskaber antages at være ens, uanset i hvilken laktation og hvilken besætningstype ydelse og celletal er registreret. Parametre for følgende egenskaber er fastlagt:

Ydelse 1. & 2. lakt. i produktionsbesætninger
Ydelse 1. & 2. lakt. i kernebesætninger
Frugtbarhed
Kælvningsevne
Krop
Lemmer
Malkeorganer
Malketid
Temperament
Celletal 1. & 2. lakt. i produktionsbesætninger
Celletal 1. & 2. lakt. i kernebesætninger
Yversundhed
Generel sundhed
Kødproduktion
Fysiologiske funktionsprøver

Som følge af de mange parametre i reviewet har en begrænsning i litteraturgennemgangen været nødvendig. Reviewet er således baseret på artikler indenfor området "dairy cattle" og "lactation" præsenteret ved verdenskongressen i anvendt genetik, Armidale januar 1998, samt litteratur i Interbull bulletinerne 15 og 17. Desuden blev relevant litteratur i referencerne i ovenstående litteratur gennemgået. Derforuden blev der foretaget en litteratursøgning i CAB (worldwide agricultural literature) og Agricola (American agricultural literature) af litteratur udgivet i 1997 og 1998. De søgeord, der anvendtes, var "dairy", "genetic", den relevante egenskab, "heritability", "cattle" og "correlations". For søgninger med få henvisninger blev

søgeordet "correlations" udeladt og søgningen gennemført igen. Resultatet af dette review blev ca. 50 relevante referencer, som ses i Appendiks 2.
For visse af korrelationerne har det ikke været muligt at finde estimater i litteraturen. Disse er derfor fastlagt på baggrund af korrelationer mellem avlsværdital for danske tyre (Anonym 1997). I de tilfælde hvor der ikke er fundet referencer eller korrelationer mellem tyrenes avlsværdital er både de genetiske og de fænotypiske korrelationer sat til 0.

Typetal for heritabiliteter og korrelationer er bestemt ud fra gennemsnit af de estimater, der er fundet. Disse gennemsnit er beregnet både for alle estimater og for de danske estimater alene. Hvor andre metoder er anvendt til fastsættelse af typetal, er det angivet. Hvor der findes forskelle mellem racer, anvendes parametrene fra de store malkeracer RDM (Rød dansk Malkerace) og SDM (Sortbroget dansk Malkerace) eller HF (Holstein Friesian). Fortegnene på parametrene er valgt således, at positive korrelationer altid er gunstige. Det vil f.eks. sige, at et positiv typetal for fænotypisk korrelation mellem ydelse og celletal betyder, at med stigende ydelse falder celletallet. I litteraturen findes en fænotypisk korrelation mellem celletal og ydelse på -0,08, hvilket er en gunstig sammenhæng, idet højere ydelse giver lavere celletal. I det tilfælde vil typetal for fænotypisk korrelationen mellem celletal og ydelse derfor blive sat til 0,08.

Resultatet af det foretagne review findes i Tabel 5.8. Her er angivet typetal for heritabiliteter samt genetiske og fænotypiske korrelationer for egenskaber i det danske avlsmål for malkekvægracer.

5.1 Ydelsesegenskaber

For ydelsesegenskaberne er de genetiske parametre fundet i dette review vist i Tabel 5.1. I denne tabel er tillige vist estimater fundet i to tidligere reviews (Maijala & Hanna 1974, Pearson et al. 1990).

Tabel 5.1 Gennemsnitsheritabiliteter (på diagonalen) og genetiske korrelationer (under diagonalen) mellem ydelsesegenskaber [antal referencer]

Egenskab	Mælk	Fedt	Protein
Mælk*	0,26 [70]		
	0,31 [16]		
	0,34 [20]		
Fedt*	0,81 [16]	0,23 [28]	
	0,62 [12]	0,29 [16]	
	0,67 [5]	0,31 [13]	
Protein*	0,85 [6]	0,85 [6]	0,27 [7]
	0,84 [11]	0,73 [11]	0,24 [13]
	0,88 [5]	0,78 [5]	0,27 [18]

* Øverste række er fra Maijala & Hanna (1974). Estimater fra før 1974.
Miderste række er fra Pearson et al. (1990). Estimater fra 1974-1990.
Nederste række er estimater fra egen søgning begrænset til 1. laktationsestimater.

Det ses, at heritabilitetsestimaterne for de nyere undersøgelser tenderer til at være højere end estimater fra ældre undersøgelser. En grund hertil kan være, at de nyere estimater kun er baseret på 1. laktation, medens det i de to ældre reviews ikke er opgivet, hvilke laktationer estimaterne stammer fra. 2. laktationsestimater tenderer til at være lavere end 1. laktationsestimater (Visscher & Thompson 1992, Reents et al. 1995, Pösö & Mäntysaari 1996a, Luttinen & Juga 1997). Derfor er det forventeligt, at estimaterne fra de to ældre reviews, hvor både 1. og 2. laktationsestimater indgår, er lavere.

Danske estimater for heritabilitet ligger lidt lavere end udenlandske estimater. Jakobsen et al. (1999) fandt en gennemsnitsheritabilitet på 0,32 for mælk, 0,28 for fedt og 0,29 for protein for de tre malkeracer. Nielsen et al. (1996) fandt gennemsnitlige heritabilitetsestimater for protein på 0,22. Med baggrund i dette sættes typetal for heritabiliteten for den samlede egenskab ydelse til 0,28.

I kernebesætninger er der et mere standardiseret miljø, hvorfor heritabiliteterne i sådanne besætninger ofte er højere. For ydelsesegenskaberne blev dette dokumenteret i det danske FY-BI projekt (Jakobsen et al. 1997). I det projekt blev heritabiliteten for alle tre ydelsesegenskaber fundet til 0,42 i 1. laktation, mens den i 2. laktation varierede fra 0,36 til 0,54. Med baggrund i dette fastsættes typetal for heritabiliteten af ydelse i kernebesætninger til 0,42.

Genetiske korrelationer mellem ydelse i 1. og 2. laktation er på 0,9 eller derover (Mäntysaari et al. 1991, Reents et al. 1995, Jakobsen et al. 1999). Typetal for den

genetiske korrelation imellem ydelsesegenskaber i 1. og 2. laktation sættes til 1,0. Den fænotypiske korrelation mellem ydelsesegenskaber i 1. laktation og 2. laktation findes kun i få referencer. Visscher og Thompson (1992) fandt fænotypiske korrelationer i intervallet fra 0,53 til 0,56 for mælk, fedt og proteinydelse på engelske data. Reents et al. (1995) fandt fænotypiske korrelationer i intervallet fra 0,50 til 0,53 for de samme egenskaber. De seneste danske estimater ligger lidt lavere, for RDM i intervallet fra 0,37 til 0,41, for SDM i intervallet fra 0,38 til 0,42 og for Jersey i intervallet fra 0,34 til 0,41 (Pedersen 1985). Ud fra dette fastsættes typetal for den fænotypiske korrelation i produktionsbesætninger mellem ydelsesegenskaber i 1. og 2. laktation til 0,45. Under antagelse af, at forholdet mellem heritabiliteten i kernebesætninger og heritabiliteten i produktionsbesætninger er lig forholdet mellem den fælles miljøkomponent i kernebesætninger og den fælles miljøkomponent i produktionsbesætninger er den fænotypiske korrelation mellem ydelsesegenskaber i 1. og 2. laktation i kernebesætninger 0,675. Typetal for den fænotypiske korrelation mellem ydelse i 1. laktation og ydelse i 2. laktation i kernebesætninger er derfor fastsat til 0,675. Den fænotypiske korrelation mellem en 1. laktation i kernebesætninger og en 2. laktation i produktionsbesætninger er lig den fænotypiske korrelation i produktionsbesætninger på 0,45.

5.1.1 Sammenhæng mellem ydelse og frugtbarhed

Estimater for genetiske korrelationer mellem frugtbarhedsegenskaber og ydelse afhænger af det miljø, de er estimeret i. Estimater af den genetiske korrelation mellem kælvningsinterval og ydelse er under nordeuropæiske forhold fundet i intervallet fra 0,41 til 0,62, og for den fænotypiske korrelation i intervallet fra 0,15 til 0,27 (Hoekstra et al. 1994, Pösö & Mäntysaari 1996a, Pryce et al. 1997). Estimater for den genetiske korrelation fra New Zealand er under 0,25 (Grosshans et al. 1996). Det kan enten være en følge af, at det er forskellige egenskaber, der vurderes eller en følge af genotype-miljø interaktion. På grund af dette forhold udelades de genetiske parametre estimeret i New Zealand.
Estimater for den genetiske korrelation mellem egenskaben interval mellem kælvning og 1. inseminering og ydelse fandtes i intervallet 0,39 til 0,44, og den fænotypiske korrelation mellem egenskaberne i intervallet fra 0,10 til 0,16. Den genetiske korrelation mellem ydelse og drægtighedsprocent efter 1. inseminering for køer fandtes for HF i intervallet fra –0,19 til –0,41, og den fænotypiske korrelation i intervallet fra –0,08 til –0,13 (Oltenacu et al. 1991, Hoekstra et al. 1994, Pryce et al. 1997). For SRB (Svensk rødt og hvidt) var disse korrelationer henholdsvis –0,14 og –0,07 (Oltenacu et al. 1991). Den genetiske korrelation mellem ikke-omløberprocent ved 56 dage og ydelse var i området –0,25 til –0,40, og den fænotypiske korrelation i intervallet –0,05 til –0,07 (Hoekstra et al. 1994). Korrelationen mellem antal

insemineringer pr. drægtighed og ydelse fandtes i intervallet -0,29 til -0,54 for HF køer, og den fænotypiske korrelation var under 0,1 (Oltenacu et al. 1991, Weller & Ezra 1997). Korrelationen mellem tyres avlsværdital for ydelse og frugtbarhed er på -0,30 for RDM, -0,35 for SDM og -0,16 for DJ. Ud fra ovenstående fastlægges typetal for den genetiske korrelation mellem ydelse og frugtbarhed til -0,35 og den tilsvarende fænotypiske korrelation til -0,10.

5.1.2 Sammenhæng mellem ydelse og kælvningsevne

Der fandtes i litteraturgennemgangen ikke estimater for denne sammenhæng. Korrelationen mellem tyres avlsværdital for egenskaberne er alle på 0,02 eller derunder, derfor fastsættes typetal for både den genetiske og den fænotypiske korrelation mellem ydelse og kælvningsevne til 0.

5.1.3 Sammenhæng mellem ydelse og eksteriøregenskaber

Typetal for disse parametre er baseret på få referencer, samt korrelationer mellem danske tyres avlsværdital. Typetal for genetiske og fænotypiske korrelationer mellem ydelse og egenskaben krop er sat til 0,15 og 0,05. Genetiske korrelationer mellem lemmer og ydelse var på 0,10 eller derunder for HF (Visscher & Goddard 1995, Vollema & Groen 1997). Sammenholdt med korrelationer mellem tyres avlsværdital på 0,04 og derunder sættes både den genetiske og fænotypiske korrelation mellem lemmer og ydelse derfor til 0. De delegenskaber, der indgår i det samlede avlsværdital for malkeorganer, har vidt forskellige korrelationer med ydelse, således fandt Vollema & Groen (1997) en genetisk korrelation mellem yverdybde og ydelse på –0,16 og en genetisk korrelation mellem yverbånd og ydelse på 0,18. Korrelationerne mellem tyres avlsværdital er alle negative –0,06 for RDM, -0,12 for SDM og –0,19 for Jersey. Typetal for den genetiske korrelation mellem malkeorganer og ydelse fastsættes derfor til -0,10 og den fænotypiske til 0.

5.1.4 Sammenhæng mellem ydelse og malketid

Visscher & Goddard (1995) og Luttinen & Juga (1997) fandt lave genetiske korrelationer mellem malketid og ydelse varierende fra –0,05 til 0,13. Luttinen & Juga (1997), som også estimerede fænotypiske korrelationer, fandt disse lidt mere positive. Korrelationen mellem tyrenes avlsværdital varierer fra 0,02 til 0,10 i de forskellige racer. Ud fra dette fastsættes typetal for den genetiske korrelation mellem malketid og ydelse til 0,05 og den fænotypiske korrelation til 0,05.

5.1.5 Sammenhæng mellem ydelse og temperament

Visscher og Goddard (1995) fandt svagt negative genetiske korrelationer mellem temperament og ydelsesegenskaber i intervallet fra 0,0 til –0,18. Korrelationer mellem tyrenes avlsværdital findes derimod svagt positive. Herudfra fastsættes typetal for både den genetiske og den fænotypiske korrelation til 0.

5.1.6 Sammenhæng mellem ydelse og celletal

Sammenhængen mellem celletal og ydelse er baseret på 24 estimater fordelt på 6 kilder (Nielsen et al. 1996, Pösö & Mäntysaari 1996a, Boichard & Rupp 1997, Charfeddine et al. 1997, Luttinen & Juga 1997, Weller & Ezra 1997). Den gennemsnitlige genetiske korrelation var 0,10, og den gennemsnitlige fænotypiske korrelation var –0,08. Gennemsnittet for de danske estimater var 0,07 og –0,10. Disse estimater udtrykker en ugunstig genetisk korrelation og en gunstig fænotypisk korrelation. Derfor fastsættes typetal for den genetiske korrelation til –0,10 og for den fænotypiske korrelation til 0,08.

5.1.7 Sammenhæng mellem ydelse og mastitis

Sammenhængen mellem mastitis og ydelse er baseret på 14 estimater fordelt på 7 referencer (Lyons et al. 1991, Simianer et al. 1991, Nielsen et al. 1996, Pösö & Mäntysaari 1996a , Luttinen & Juga 1997, Pryce et al. 1997, Lund et al. 1999). Den gennemsnitlige genetiske korrelation mellem ydelse og mastitis var 0,31, og den gennemsnitlige fænotypiske korrelation var –0,02 som gennemsnit af 13 estimater. De tilsvarende gennemsnit for de danske estimater var 0,39 og –0,04 (Nielsen et al. 1996). Dette udtrykker en ugunstig genetisk sammenhæng og en gunstig fænotypisk sammenhæng.

Sammenhængen mellem tyres avlsværdital for mastitisresistens og for ydelse er – 0,17 for RDM, –0,21 for SDM og –0,31 for Jersey. Det danske avlsværdital for mastitisresistens er en sammenvægtning af celletalsobservationer og mastitis-registreringer. Ud fra dette fastlægges typetal for den genetiske korrelation mellem mastitis og ydelse til – 0,35 og den fænotypiske korrelation til 0,03.

5.1.8 Sammenhæng mellem ydelse og øvrige sygdomme

Disse typetal er baseret på gennemsnittet af 24 estimater fordelt på 6 referencer (Lyons et al. 1991, Simianer et al. 1991, Nielsen et al. 1996, Pösö & Mäntysaari 1996a, Luttinen & Juga 1997, Pryce et al. 1997). Den gennemsnitlige genetiske korrelation var 0,22, og for de danske estimater alene var gennemsnittet 0,25. Disse korrelationer

er ugunstige. For den fænotypiske korrelation var de tilsvarende gennemsnit 0,02 og –0,02. Herudfra er typetal for den genetiske korrelation fastlagt til -0,25 og for den fænotypiske korrelation til 0.

5.1.9 Sammenhæng mellem ydelse og kødproduktion

Der fandtes ingen genetiske parametre mellem kødproduktion i felten og ydelsesegenskaber, derimod fandtes der genetiske parametre mellem tyrenes individprøveresultater og døtrenes ydelse (Jakobsen et al. 1999). Disse resultater viser positiv genetisk sammenhæng mellem tyrenes tilvækst og døtrenes ydelse for både RDM, SDM og Jersey, samt en negativ sammenhæng mellem tyrenes areal af longissimus dorsi og døtrenes ydelse hos både RDM og SDM. Typetal for både den genetiske og den fænotypiske korrelation er sat til 0.

5.1.10 Sammenhæng mellem ydelse og fysiologiske funktionsprøver

Ifølge Løvendahl & Jensen (1997) kan der udledes et fysiologisk indeks, således at korrelationen mellem dette indeks og mælkeydelse er 0,42, mellem indekset og fedtydelse 0,47 og mellem indekset og proteinydelse 0,42. Det er ud fra disse resultater besluttet at sætte typetal for den genetiske korrelation mellem fysiologiske funktionsprøver og ydelse til 0,42. De fænotypiske korrelationer mellem forskellige fysiologiske mål og ydelse er ikke beregnet, hvorfor typetal for den fænotypiske korrelation er sat til 0.

5.2 Frugtbarhed

Egenskaben frugtbarhed er sammensat af flere forskellige frugtbarhedsmål (Pedersen & Jensen 1996). Ved fastlæggelse af typetal for heritabiliteten af den samlede egenskab frugtbarhed er det besluttet at bruge gennemsnittet af de estimater, der er refereret i Appendiks 2 indenfor egenskaben frugtbarhed, uanset hvilken delegenskab der er tale om. Dette er rimeligt, idet der generelt er fundet høje korrelationer mellem delegenskaberne (Nielsen et al. 1996, Pryce et al. 1997). Den gennemsnitlige heritabilitet beregnet på 27 estimater fordelt på 6 referencer er 0,033 (Oltenacu et al. 1991, Hoekstra et al. 1994, Pedersen & Jensen 1996, Pösö & Mäntysaari 1996a, Pryce et al. 1997, Weller & Ezra 1997). Udfra dette er typetal for heritabiliteten af frugtbarhed sat til 0,03.

5.2.1 Sammenhæng mellem frugtbarhed og kælvningsevne

Idet der ikke er fundet referencer for denne korrelation, baseres fastlæggelsen på korrelationerne mellem tyrenes avlsværdital, som for RDM er 0,28, for SDM 0,19 og for Jersey -0,01. Udfra disse fastsættes typetal for den genetiske korrelation mellem frugtbarhed og kælvningsevne til 0,20, og for den fænotypiske korrelation til 0.

5.2.2 Sammenhæng mellem frugtbarhed og eksteriøregenskaber, malketid og temperament

Der er ikke fundet referencer med korrelationer mellem frugtbarhedsegenskaber og eksteriør, malketid og temperament, og samtidig er der meget lave korrelationer mellem tyres avlsværdital for frugtbarhed og for eksteriør, malketid og temperament. Derfor fastsættes typetal for både den genetiske og den fænotypiske korrelation til 0.

5.2.3 Sammenhæng mellem frugtbarhed og celletal

Weller & Ezra (1997) fandt en genetisk korrelation mellem 100/antal insemineringer pr. drægtighed og celletal på -0,37 og en fænotypisk korrelation på –0,024. Begge disse sammenhænge er gunstige. Det er i overensstemmelse med, at der findes positive korrelationer mellem tyrenes avlsværdital for frugtbarhed og mastitis-resistens i intervallet fra 0,15 til 0,25, hvori celletallet indgår som informationskilde. Typetal for den genetiske korrelation sættes til 0,30 og for den fænotypiske korrelation til 0.

5.2.4 Sammenhæng mellem frugtbarhed og mastitis

Kun i én reference er der fundet estimater for disse korrelationer. Pryce et al. (1997) fandt modsat rettede korrelationer mellem forskellige delegenskaber for frugtbarhed og mastitis, således var der en gunstig korrelation mellem drægtighedsprocent ved 1. inseminering og mastitis på –0,19 (dog med en middelfejl på 0,17), mens korrelationen mellem interval mellem kælvning og første inseminering og mastitis var ugunstig på –0,18 (middelfejl på 0,15). De fænotypiske korrelationer var alle meget nær 0. Korrelationen mellem tyrenes avlsværdital for frugtbarhed og mastitis er positive 0,17 for RDM, 0,25 for SDM og 0,15 for Jersey. Herudfra er typetal for den genetiske korrelation fastsat til 0,20, og for den fænotypiske korrelation til 0.

5.2.5 Sammenhæng mellem frugtbarhed og øvrige sygdomme

Der er fundet to referencer indenfor dette område med 8 estimater (Pösö & Mäntysaari 1996b, Pryce et al. 1997). Gennemsnittet af disse var 0,30, hvilket antyder

en lidt kraftigere sammenhæng mellem frugtbarhed og øvrige sygdomme end mellem frugtbarhed og mastitis. Dette kan eventuelt skyldes, at reproduktionssygdomme er inkluderet i øvrige sygdomme. Den fænotypiske korrelation fandtes i alle tilfælde nær 0. Typetal for den genetiske korrelation mellem frugtbarhed og øvrige sygdomme er derfor fastsat til 0,30 og for den fænotypiske korrelation til 0.

5.3 Kælvningsevne og sammenhæng mellem kælvningsevne og øvrige egenskaber

Kælvningsevne består ligesom frugtbarhed af flere delegenskaber. Et gennemsnit for heritabiliteten baseret på de 24 estimater fordelt på 4 referencer er 0,11 (Cue et al. 1990, Manfredi et al. 1991, Pedersen 1994, Groen et al. 1995). Dette anvendes som typetal for heritabiliteten for kælvningsevne. Der er ikke fundet referencer med korrelationer mellem kælvningsevne og andre egenskaber. Derfor fastlægges de genetiske korrelationer mellem kælvningsevne og andre egenskaber udfra sammenhængen mellem tyrenes avlsværdital. Herudfra er typetal for den genetiske korrelation mellem lemmer og kælvningsevne sat til 0,10, idet korrelationen mellem tyres avlsværdital for lemmer og kælvningsevne er 0,09 for RDM, 0,08 for SDM og 0,09 for Jersey. Typetal for den genetiske korrelation mellem kælvningsevne og celletal er sat til 0,10 og typetal for den genetiske korrelation mellem kælvningsevne og mastitis er sat til 0,20, idet korrelationen mellem tyres avlsværdital for mastitisresistens og kælvningsevne er 0,09 for RDM, 0,15 for SDM og 0,09 for Jersey. De resterende genetiske korrelationer er sat til 0, idet der for disse egenskaber er meget lave korrelationer mellem tyres avlsværdital for disse egenskaber og kælvningsevne. Typetal for de fænotypiske korrelationer er alle sat til 0.

5.4 Eksteriør

Egenskaberne krop, lemmer og malkeorganer er sammensat af flere forskellige delegenskaber. I tabellerne 5.2, 5.3 og 5.4 er givet en oversigt over gennemsnitlige heritabilitetsestimater af disse delegenskaber for hhv. krop, lemmer og malkeorganer.

Tabel 5.2 Heritabiliteter for delegenskaber i egenskaben krop

Delegenskab	Heritabilitet	Antal estimater (antal referencer)
Højde	0,49	6 (3)
Kropsdybde	0,27	3 (1)
Brystbredde	0,18	3 (1)
Overlinje	0,19	3 (1)
Krydsbredde	0,31	4 (2)
Krydsretning	0,32	3 (1)
Malkepræg	0,33	11 (4)

Tabel 5.3. Heritabiliteter for delegenskaber i egenskaben lemmer

Delegenskab	Heritabilitet	Antal estimater (antal referencer)
Hasevinkel	0,18	22 (17)
Hasestilling	0,14	11 (7)
Hasekvalitet	0,17	3 (1)
Knoglebygning	0,24	3 (1)
Klovhældning	0,15	17 (12)

Tabel 5.4. Heritabiliteter for delegenskaber i egenskaben malkeorganer

Delegenskab	Heritabilitet	Antal estimater (antal referencer)
Foryvertilhæftning	0,25	8 (3)
Bagyverbredde	0,26	6 (2)
Yverbånd	0,22	9 (4)
Yverdybde	0,36	8 (4)
Pattelængde	0,42	6 (2)
Pattetykkelse	0,32	6 (2)
Forpatteafstand	0,39	9 (4)

Gennemsnitsheritabiliteten for de 7 delegenskaber i egenskaben krop i Tabel 5.2 er 0,30. Typetal for heritabiliteten af egenskaben krop sættes derfor til 0,30. For delegenskaberne i egenskaben lemmer i Tabel 5.3 er gennnemsnitsheritabiliteten 0,18, hvilket typetallet også sættes til. For malkeorganer i Tabel 5.4 er gennemsnits-heritabiliteten for delegenskaberne 0,32. Typetal for heritabiliteten sættes til 0,32.

5.4.1 Sammenhænge mellem eksteriøregenskaber

Genetiske korrelationer mellem eksteriøregenskaber er vanskelige at estimere, idet egenskaberne består af flere delegenskaber. Fastsættelsen af de genetiske parametre bygger derfor primært på sammenhænge mellem tyrenes avlsværdital, suppleret

med estimater fra tidlige beregninger af korrelationer mellem enkeltegenskaber på danske data (Pedersen 1991) og enkelte udenlandske estimater (Cue et al. 1996).

Korrelationen mellem tyres avlsværdital for krop og for lemmer er -0,21 for RDM, -0,10 for SDM og 0,06 for Jersey. Pedersen (1991) fandt, at gennemsnittet af genetiske korrelationer var nær 0 mellem delegenskaber for egenskaben krop og delegenskaber for egenskaben lemmer. Cue et al. (1996) fandt derimod en genetisk korrelation mellem kropskapacitet og lemmer på -0,31 og en fænotypisk korrelation på -0,13. Typetal for den genetiske korrelation fastsættes til -0,20 og for den fænotypiske korrelation til -0,10.

Korrelationen mellem tyrenes avlsværdital for krop og malkeorganer er for RDM 0,05, for SDM 0,25 og for Jersey -0,27. Cue et al. (1996) fandt en genetisk korrelation på 0,20 og en fænotypisk korrelation på 0,11 mellem kropskapcitet og samlet yverkarakter i analyser, hvor både Jersey og HF data indgik. Visscher og Goddard (1995) fandt en genetisk korrelation på 0,44 og en fænotypisk korrelation på 0,24 mellem kropskarakter og samlet yverkarakter baseret på HF data. I tidligere danske undersøgelser (Madsen et al. 1987) blev gennemsnitlige genetiske korrelationer mellem delegenskaber for krop og delegenskaber for malkeorganer på ca. 0,15 fundet for RDM. Ud fra dette er typetal for den genetiske korrelation sat til 0,20 og for den fænotypiske korrelation til 0,10.

Korrelationen mellem avlsværdital for lemmer og malkeorganer er for både RDM og Jersey meget nær 0, for SDM er korrelationen 0,13. Gennemsnitsestimater fra tidligere undersøgelser for den genetiske korrelation er 0,04 for RDM og 0,03 for SDM. Ud fra dette er typetal for både den genetiske og den fænotypiske korrelation sat til 0.

5.4.2 Sammenhæng mellem eksteriør og malketid, temperament

Idet der i litteraturgennemgangen kun er fundet estimater beregnet af Sørensen et al. (1999), Jensen (1985) , samt ikke publicerede danske estimater (Pedersen 1991), fastsættes de genetiske og fænotypiske sammenhænge ud fra disse undersøgelser samt de beregnede korrelationer mellem tyrenes avlsværdital. Udfra estimater af Sørensen et al. (1999) er den gennemsnitlige genetiske korrelation mellem delegenskaber i egenskaben malkeorganer og malketid beregnet til 0,18 for RDM, 0,08 for SDM og 0,15 for Jersey. Jensen (1985) fandt den tilsvarende korrelation til 0,1 for RDM og 0,06 for Jersey. Korrelationen mellem tyres avlsværdital er 0,18 for RDM og 0,06 for både SDM og Jersey. Ud fra dette sættes typetal for den genetiske korrelation mellem malketid og malkeorganer til 0,10. De gennemsnitlige fænotypiske korrelationer

mellem delegenskaber indenfor malkeorganer og malketid er af Sørensen et al. (1999) fundet til 0,03 for RDM, 0,06 for SDM og 0,05 for Jersey. De tilsvarende ældre estimater er 0,10 for RDM og 0,06 for Jersey (Jensen 1985). Ud fra dette sættes typetal for den fænotypiske korrelation mellem malkeorganer og malketid til 0,05.

Mellem temperament og malkeorganer fandt Jensen (1985) gennemsnitlige estimater for den genetiske korrelation på 0,29 for RDM og 0,09 for Jersey. Korrelationer mellem avlsværdital for malkeorganer og temperament er 0,03 for RDM, 0,14 for SDM og 0,18 for Jersey. Ud fra dette sættes typetal for den genetiske korrelation mellem malkeorganer og temperament til 0,15. For den fænotypiske korrelation mellem malkeorganer og temperament sættes typetal til 0.

Korrelationerne mellem tyrenes avlsværdital for krop og malketid er for alle racer meget nær 0, hvorfor både den genetiske og den fænotypiske korrelation sættes til 0. Korrelationerne mellem tyres avlsværdital for krop og temperament er for RDM 0,04, for SDM 0,18 og for Jersey –0,21. Cue et al. (1996) fandt den genetiske korrelation til 0,06 og den fænotypiske korrelation til 0,05. Jensen (1985) fandt en genetisk korrelation mellem type og temperament på 0,26 for RDM og 0,21 for SDM, de tilsvarende fænotypiske korrelationer er 0,03 og 0,07. Typetal for den genetiske korrelation fastsættes herudfra til 0,20 og for den fænotypiske korrelation til 0,05.
Korrelationerne mellem tyres avlsværdital for lemmer og malketid samt lemmer og temperament er alle under 0,1 for RDM og SDM. Både den genetiske og den fænotypiske korrelation fastsættes derfor til 0.

5.4.3 Sammenhæng mellem eksteriør og celletal

Rogers et al. (1991) og Sørensen (1998) har estimeret korrelationer mellem delegenskaber for egenskaben krop og celletal. Ud fra disse, samt lave korrelationer mellem tyres avlsværdital for krop og mastitisresistens er typetal for den genetiske korrelation mellem krop og celletal fastsat til – 0,05 og typetal for den fænotypiske korrelation til 0. Rogers et al. (1991) estimerede tillige nogle få korrelationer mellem delegenskaber i egenskaben lemmer og celletal. Ud fra disse, samt de lave korrelationer mellem tyres avlsværdital fastsættes typetal for både den fænotypiske og den genetiske korrelation mellem lemmer og celletal til 0.

Estimater for korrelationer mellem delegenskaber i egenskaben malkeorganer og celletal findes der langt flere af. Disse fremgår af Tabel 5.5.

Tabel 5.5 Genetiske korrelationer (r_g) mellem delegenskaber i egenskaben malkeorganer og celletal

Delegenskab	r_g celletal-delegenskab	Antal estimater (antal referencer)
Foryvertilhæftning	0,30	6 (4)
Bagyverbredde	0,13	6 (4)
Yverbånd	0,13	6 (4)
Yverdybde	0,35	5 (3)
Pattelængde	0,14	6 (4)
Pattetykkelse	0,15	1 (1)
Forpatteafstand	0,20	7 (5)

Den gennemsnitlige korrelation mellem delegenskaberne i egenskaben malkeorganer og celletal var 0,20. For danske estimater alene var der 9 estimater for genetisk korrelation mellem delegenskaber i egenskaben malkeorganer og celletal, og gennemsnittet af disse var 0,18. Rogers et al. (1998) fandt genetiske korrelationer mellem avlsværdital for yver i USA og celletal i hhv. Danmark og Sverige på 0,34 og 0,40. Ud fra disse fastsættes typetal for den genetiske korrelation mellem malkeorganer og celletal til 0,25. Fænotypisk korrelation mellem delegenskaber indenfor malkeorganer og celletal er i 9 tilfælde estimeret, og det gennemsnitlige estimat var 0,08. Typetal for den fænotypiske korrelation sættes derfor til 0,08.

5.4.4 Sammenhæng mellem eksteriør og mastitis

Der er i litteraturen kun fundet tre estimater for korrelationer mellem delegenskaber indenfor egenskaben krop og inden for mastitis. Sørensen et al. (1999) fandt ugunstige genetiske korrelationer mellem malkepræg og mastitis, for RDM 0,44, for SDM 0,45 og for Jersey 0,50, mens de fænotypiske korrelationer var meget nær 0. Korrelationen mellem tyrenes avlsværdi for krop og mastitisresistens, hvor mastitis er en væsentlig informationskilde, er 0,07 for RDM, –0,03 for SDM og –0,17 for Jersey. Idet malkepræg kun er en delegenskab i kropskarakteren sættes typetal for den genetiske korrelation mellem krop og mastitis til –0,10, og for den fænotypiske korrelation til 0. For lemmer sættes typetal for både den genetiske og den fænotypiske korrelation til 0.

Estimater for korrelationer mellem delegenskaber i egenskaben malkeorganer og mastitis er i flere tilfælde beregnet, og disse fremgår af Tabel 5.6.

Tabel 5.6 Genetiske korrelationer (r_g) mellem delegenskaber i egenskaben malkeorganer og mastitis

Delegenskab	r_g mastitis-delegenskab	Antal estimater (antal referencer)
Foryvertilhæftning	0,35	5 (2)
Bagyverbredde	0,08	5 (2)
Yverbånd	0,12	5 (2)
Yverdybde	0,48	5 (2)
Pattelængde	0,11	6 (3)
Pattetykkelse	0,18	3 (1)
Forpatteafstand	0,07	7 (3)

Den gennemsnitlige korrelation mellem delegenskaberne i egenskaben malkeorganer og mastitis var 0,20. Ud fra dette sættes typetal for den genetiske korrelation til 0,20. I gennemsnit af 24 estimater blev den fænotypiske korrelation beregnet til 0,04. Typetal for den fænotypiske korrelation er herefter fastsat til 0,04.

5.5 Malketid

Heritabiliteten var i gennemsnit af 9 estimater, fordelt på 4 referencer, 0,26 (Madsen et al. 1987, Nielsen & Pedersen 1995b, Visscher & Goddard 1995, Sørensen et al. (1999). Typetal for heritabiliteten for malketid er derfor sat til 0,26.

5.5.1 Sammenhæng mellem malketid og temperament

Jensen (1985) fandt genetiske korrelationer mellem malketid og temperament for racerne RDM, SDM og Jersey på hhv. 0,32, 0,23 og 0,42 og fænotypiske korrelationer på hhv. 0,18, 0,20 og 0,29. Visscher og Goddard (1995) fandt genetiske og fænotypiske korrelationer på hhv. 0,53 og 0,18 for Australsk HF. Korrelationer mellem avls-værdital for malketid og temperament er 0,32 for RDM, 0,27 for SDM og 0,01 for Jersey. Ud fra dette fastsættes typetal for den genetiske korrelation til 0,30 og for den fænotypiske korrelation til 0,20.

5.5.2 Sammenhæng mellem malketid og celletal

Der findes kun få referencer vedrørende sammenhængen mellem malketid og celletal (Madsen et al. 1987, Luttinen & Juga 1997, Sørensen 1998). Luttinen & Juga (1997) estimerede genetiske korrelationer i størrelsesordenen ca. 0,50, mens Sørensen (1998) fandt 0,09 og Madsen et al. (1987) fandt – 0,05. De fænotypiske korrelationer er alle

nær 0 tenderende mod det ugunstige. Typetal for den genetiske korrelation sættes ud fra dette til – 0,15, mens de for den fænotypiske korrelation sættes til – 0,05.

5.5.3 Sammenhæng mellem malketid og mastitis

Der er fundet 3 referencer vedrørende denne sammenhæng (Madsen et al. 1987, Luttinen & Juga 1997, Sørensen et al. 1999). Alle estimater viste ingen eller en gunstig sammenhæng. Resultater fra Sørensen et al. (1999) viste, at jo længere en mastitis-periode, der betragtedes, des mindre gunstig blev sammenhængen, og endda i visse tilfælde ugunstig. Ud fra dette sættes typetal for den genetiske korrelation til 0,10 og typetal for den fænotypiske korrelation til 0.

5.6 Temperament

Heritabiliteten var i gennemsnit af 6 estimater fordelt på 3 referencer 0,15 (Nielsen & Pedersen 1995a, Visscher & Goddard 1995, Hayes 1998). Typetal for heritabiliteten sættes til 0,15. Der er ikke fundet estimater for sammenhængen mellem temperament og celletal, hvorfor både genetiske og fænotypiske korrelationer fastsættes til 0. Det samme er gældende for sammenhængen mellem temperament og mastitis og mellem temperament og øvrige sygdomme.

5.7 Celletal

Heritabiliteten for celletal er beregnet i mange undersøgelser. Gennemsnittet af 37 estimater fordelt på 12 referencer var 0,132 (Madsen et al. 1987, Emanuelsen et al. 1988, Lund et al. 1994, Reents et al. 1995, Nielsen et al. 1996, Pösö & Mäntysaari 1996a, Boichard & Rupp 1997, Charfeddine et al. 1997, Luttinen & Juga 1997, Reents & Dopp 1997, Weller & Ezra 1997 og Lund et al. 1999). For de danske undersøgelser alene var heritabiliteten 0,135. Typetal for heritabiliteten for celletal er fastsat til 0,13. Korrelationen mellem celletal målt i 1. laktation og celletal målt i 2. laktation er i gennemsnit af 10 estimater 0,87, hvilket viser, at celletal i 1. laktation og celletal i 2. laktation praktisk talt er den samme egenskab. Typetal for den genetiske korrelation mellem celletal i 1. laktation og celletal i 2. laktation er derfor sat til 1. Der er ikke fundet estimater for heritabiliteten, hvor celletallet er målt i kernebesætninger. Under antagelse af at heritabiliteten for celletal målt i kernebesætninger er en halv gang større end i produktionsbesætninger, som det var gældende for ydelsesegenskaberne, er typetal for heritabiliteten i kernebesætninger sat til 0,19. Den fænotypiske korrelation mellem celletal i 1. laktation og celletal i 2. laktation var, i

gennemsnit af 9 estimater fordelt på 5 referencer, 0,35 (Reents et al. 1995, Nielsen et al. 1996, Pösö & Mäntysaari 1996a, Boichard & Rupp 1997, Weller & Ezra 1997). For de danske estimater alene var dette gennemsnit 0,36. Den fænotypiske korrelation fastsættes derfor til 0,35 i produktionsbesætninger. Under antagelse af at forholdet mellem heritabiliteten i kernebesætninger og heritabiliteten i produktionsbesætninger er lig forholdet mellem den fælles miljøkomponent i kernebesætninger og den fælles miljøkomponent i produktionsbesætninger er typetal for den fænotypiske korrelation mellem celletal i 1. og 2. laktation i kernebesætninger sat til 0,52.

5.7.1 Sammenhæng mellem celletal og mastitis

Gennemsnittet for den genetiske korrelation af 17 estimater fordelt på 6 kilder var 0,52 (Emanuelsen et al. 1988, Lund et al. 1994, Nielsen et al. 1996, Pösö & Mäntysaari 1996a, Luttinen & Juga 1997, Lund et al. 1999). Det tilsvarende gennemsnit for danske estimater alene var 0,48. Udelades estimater, hvor Jersey indgår bliver gennemsnittet af 15 estimater 0,56 og for de danske alene 0,60. Grunden til at udelade Jersey er, at Jersey med hensyn til mastitis ofte afviger fra andre racer (Nielsen et al. 1996). Typetal for den genetiske korrelation mellem celletal og mastitis fastsættes derfor til 0,60. Gennemsnittet for den fænotypiske korrelation af de 17 estimater var 0,13, og dette gennemsnit var ikke påvirket af om Jersey indgik eller ej. Gennemsnittet af de danske estimater var 0,19, og hvis Jersey blev udeladt 0,22. Typetal for den fænotypiske korrelation er derfor sat til 0,20.

5.7.2 Sammenhæng mellem celletal og øvrige sygdomme

Lund et al. (1994) fandt i en mindre undersøgelse indenfor SDM en genetisk korrelation mellem celletal og øvrige sygdomme på 0,33 og en fænotypisk korrelation på – 0,01. Nielsen et al. (1996) fandt derimod korrelationer meget nær 0 indenfor SDM og RDM. Ud fra dette fastsættes typetal for både den genetiske og den fænotypiske korrelation til 0.

5.8 Mastitis

Heritabiliteten for mastitis er beregnet i mange analyser (Madsen et al. 1987, Emanuelsen et al. 1988, Lyons et al. 1991, Koenen et al. 1994, Lund et al. 1994, Nielsen et al. 1996, Pösö & Mäntysaari 1996a, Pryce et al. 1997, Lund et al. 1999, Sørensen et al. 1999). Gennemsnittet af 31 estimater fordelt på 10 referencer var 0,041. Heraf var 21 af estimaterne estimeret på danske data, gennemsnittet af disse var 0,042. Udfra dette fastsættes typetal for heritabiliteten af mastitis til 0,04.

5.8.1 Sammenhæng mellem mastitis og øvrige sygdomme

Disse korrelationer er vanskelige at fastsætte, idet øvrige sygdomme består af alle sygdomme undtagen mastitis. Det skøn for sammenhængen, der sættes her, er gennemsnittet af de fundne estimater, uanset hvilken sygdom, der er tale om. Gennemsnittet af 21 estimater fordelt på tre referencer var 0,26 for den genetiske korrelation og 0,006 for den fænotypiske korrelation (Lyons et al. 1991, Lund et al. 1994, Nielsen et al. 1996). Typetal for den genetiske korrelation fastsættes til 0,26 og for den fænotypiske korrelation til 0.

5.9 Øvrige sygdomme

Der er i litteraturgennemgangen fundet 33 estimater fordelt på 7 referencer (Lyons et al. 1991, Mäntysaari et al. 1991, Simianer et al. 1991, Koenen et al. 1994, Nielsen et al. 1996, Pösö & Mäntysaari 1996b Pryce et al. 1997). I Tabel 5.7 er den gennemsnitlige heritabilitet indenfor sygdomsgrupper vist.

Tabel 5.7 Heritabiliteter inden for forskellige sygdomsgrupper

Egenskab	Heritabilitet	Antal estimater (antal referencer)
Reproduktionsygd.	0,013	11 (4)
Fordøjelses-/stofskiftesygd.	0,030	11 (5)
Lemmelidelser	0,021	8 (3)

Ud fra estimater i Tabel 5.7 fastsættes typetal for heritabiliteten for øvrige sygdomme til 0,02.

5.10 Kødproduktion

Kødproduktion er, som mange af de øvrige egenskaber, en egenskab sammensat af flere delegenskaber, hvoraf de væsentligste er tilvækst og klassificering. Kødproduktion er tillige en egenskab, der udtrykkes hos både slagtekalve og slagtekøer. Andersen et al. (1992) fandt heritabiliteter på 0,13 og 0,13 for nettotilvækst for hhv. RDM og SDM. For klassificering er de tilsvarende estimater på 0,33 og 0,24. Nyere beregninger (Pedersen et al. 1999a) finder ved multitrait beregninger en heritabilitet på 0,15 for slagtevægt for RDM og 0,16 for SDM, og 0,31 for klassificering for RDM og 0,28 for SDM. For klassificering er heritabiliteten for køer fundet til 0,17 for RDM og 0,14 for SDM (Sørensen 1992). Ud fra dette sættes typetal

for heritabiliteten af kødproduktion til 0,20. Da der ikke er fundet estimater for korrelationer mellem kødproduktion i felten og øvrige egenskaber er alle disse sat til 0.

5.11 Fysiologiske funktionsprøver

Heritabiliteten for den fysiologiske funktionsprøve er fastsat til 0,30, med baggrund i estimater beregnet af Løvendahl & Jensen (1997). Idet der kun er foretaget estimering af korrelationer mellem fysiologiske funktionsprøver og ydelsesegenskaber, sættes de øvrige genetiske og fænotypiske korrelationer mellem andre egenskaber og ydelsesegenskaber til 0.

Resultater af dette review er som nævnt tidligere samlet i Tabel 5.8. Ved avlsværdivurdering indenfor malkekvæg og ved simulering af avlsplaner for malkekvæg vil anvendelse af disse parametrene resultere i pålidelige resultater.

Tabel 5.8 Oversigt over typetal for heritabiliteter (på diagonalen), genetiske korrelationer (under diagonalen) og fænotypiske korrelationer (over diagonalen) for egenskaber i det danske avlsmål.

	Eg 1	Eg 2	Eg 3	Eg 4	Eg 5	Eg 6	Eg 7	Eg 8	Eg 9	Eg 10	Eg 11	Eg 12	Eg 13	Eg 14	Eg 15	Eg 16	Eg 17	Eg 18	Eg 19
Eg1: Ydelse 1. laktation i kernebesætninger	0,42	,675	-	0,45	-0,10	0	0,05	0	0	0,05	0	0,08	0,08	0,08	0,08	0,03	0	0	0
Eg2: Ydelse 2. laktation i kernebesætninger	1,0	0,42	-	-	-0,10	0	0,05	0	0	0,05	0	0,08	0,08	0,08	0,08	0,03	0	0	0
Eg3: Ydelse 1. laktation i produktionsbesætninger	1,0	1,0	0,28	0,45	-0,10	0	0,05	0	0	0,05	0	0,08	0,08	0,08	0,08	0,03	0	0	0
Eg4: Ydelse 2. laktation i produktionsbesætninger	1,0	1,0	1,0	0,28	-0,10	0	0,05	0	0	0,05	0	0,08	0,08	0,08	0,08	0,03	0	0	0
Eg5: Frugtbarhed	-0,35	-0,35	-0,35	-0,35	0,03	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Eg6: Kælvningsevne	0	0	0	0	0,20	0,11	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Eg7: Krop	0,15	0,15	0,15	0,15	0	0	0,30	-0,10	0,10	0	0,05	0	0	0	0	0	0	0	0
Eg8: Lemmer	0	0	0	0	0	0,10	-0,20	0,18	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Eg9: Malkeorganer	-0,10	-0,10	-0,10	-0,10	0	0	0,20	0	0,32	0,05	0	0,08	0,08	0,08	0,08	0,04	0	0	0
Eg10: Malketid	0,05	0,05	0,05	0,05	0	0	0	0	0,10	0,26	0,20	-0,05	-0,05	-0,05	-0,05	0	0	0	0
Eg11: Temperament	0	0	0	0	0	0	0,20	0	0,15	0,30	0,15	0	0	0	0	0	0	0	0
Eg12: Celletal 1. laktation i kernebesætninger	-0,10	-0,10	-0,10	-0,10	0,30	0,10	-0,05	0	0,25	-0,15	0	0,19	,525	-	0,35	0,20	0	0	0
Eg13: Celletal 2. laktation i kernebesætninger	-0,10	-0,10	-0,10	-0,10	0,30	0,10	-0,05	0	0,25	-0,15	0	1,0	0,19	-	-	0,20	0	0	0
Eg14: Celletal 1. laktation i produktionsbesætninger	-0,10	-0,10	-0,10	-0,10	0,30	0,10	-0,05	0	0,25	-0,15	0	1,0	1,0	0,13	0,35	0,20	0	0	0
Eg15: Celletal 2. laktation i produktions besætninger	-0,10	-0,10	-0,10	-0,10	0,30	0,10	-0,05	0	0,25	-0,15	0	1,0	1,0	1,0	0,13	0,20	0	0	0
Eg16: Yversundhed	-0,35	-0,35	-0,35	-0,35	0,20	0,20	-0,10	0	0,20	0,10	0	0,60	0,60	0,60	0,60	0,04	0	0	0
Eg17: Generel sundhed	-0,25	-0,25	-0,25	-0,25	0,30	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,26	0,02	0	0
Eg18: Kødproduktion	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,20	0
Eg19: Fysiologiske funktionsprøver	0,42	0,42	0,42	0,42	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0,30

6. Egne avlsplansimuleringer

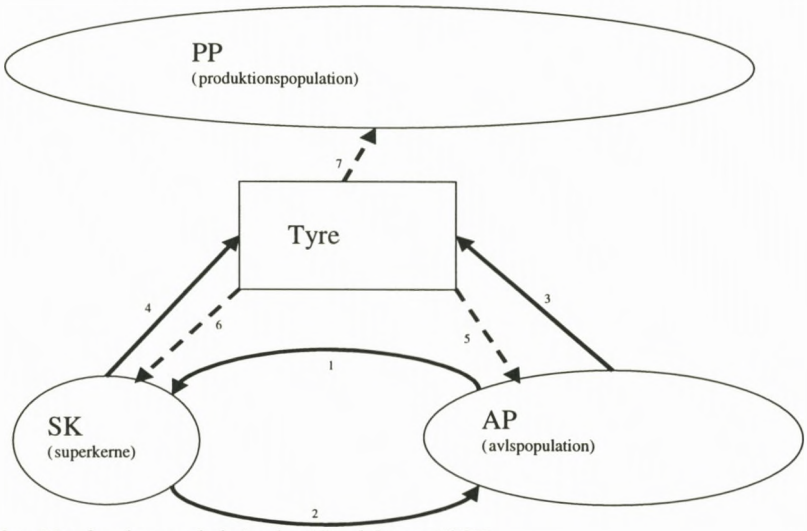
Formålet med dette projekt har været at simulere avlsplaner, der er realistiske under danske forhold. Det kræver, at alle egenskaber i det danske avlsmål, indgår i simuleringerne. Tidligere avlsplansimuleringer, der har afspejlet den danske situation, er foretaget med deterministiske modeller (Pedersen & Christensen 1993, Christensen 1995, Christensen & Pedersen 1997) og har ikke taget hensyn til indavl. Den intense anvendelse af få avlsdyr bevirker, at der både fra teoretisk og praktisk side fokuseres mere og mere på indavl. Derfor er der udfærdiget stokastiske simuleringsprogrammer, der kan efterligne aktuelle problemstillinger i den danske malkekvægspopulation. Programmet er udviklet således, at hovedparten af input parametrene kan ændres efter behov. Det gør programmet meget fleksibelt, og det er derfor meget anvendeligt til analyse af en lang række problemstillinger i relation til avlsplanlægning.

6.1 Forudsætninger

I dette afsnit er forudsætninger for simuleringerne og simuleringsmodeller beskrevet. I simuleringerne har det af tidsmæssige årsager ikke været muligt at variere alle parametre. I afsnittet er det beskrevet, hvilke parametre der er varieret i simuleringerne for at undersøge effekten af en række forskellige avlsplaner.

6.1.1 Populationsstruktur

I simuleringsstudier af avlsplaner er det fundamentalt at beskrive populationsstrukturen. I nærværende studie er det valgt at inddele populationens hundyr i tre avlsgrupper: superkernen (SK), avlspopulationen (AP) og produktionspopulationen (PP) (se Figur 7.1). Størrelsen af de tre grupper kan varieres, f.eks. kan lukkede MOET-avlsplaner simuleres ved at sætte antallet af dyr i AP til nul. Dyr i SK og i AP simuleres enkeltvis, mens dyrene i produktionspopulationen kun fungerer som testpopulation. Dyrene i SK kan være fordelt på forskellige besætninger, men er i denne undersøgelse betragtet som værende én besætning. I SK findes kun unge dyr, således afhændes dyr uanset deres avlsværdi, når de har afsluttet anden laktation. Hundyrene i AP er fordelt på et antal besætninger med et fastsat antal køer i hver besætning.



1: De bedste 11 måneder gamle kvier fra AP selekteres til SK
2: Ældre dyr og ikke selekterede dyr fra SK fordeles i AP
3: De bedste 11 måneder gamle tyre selekteres på tværs af SK og AP
4: De bedste 11 måneder gamle tyre selekteres på tværs af SK og AP
5: Sæd fra de bedste tyre anvendes i AP, uanset tyrenes alder.
6: Sæd fra de bedste tyre anvendes i SK, uanset tyrenes alder.
7: Sæd fra en ungtyre og afprøvede tyre anvendes i PP.

Fig 6.1 Populationsstruktur.

I SK, der er en MOET-kerne, er der mulighed for at anvende tre forskellige reproduktionsstrategier: Ægtransplantation (ET), ovum-pick-up på kønsmodne dyr (OPU) samt ovum-pick-up på både kviekalve og kønsmodne dyr (OPU3M). I ET-avlsplaner foretages ET, når hundyrene er 15, 27 og 39 måneder gamle. I OPU-avlsplaner foretages ovum-pick-up ved 15, 27 og 39 måneders alderen, og i OPU3M-avlsplaner tillige ved 3 måneders alderen. I AP anvendes alene almindelig inseminering.
Ved simulering af en MOET-kerne avlsplan (lukket kerne) simuleres der kun dyr i SK, ved simulering af en åben MOET-kerne avlsplan (åben kerne) simuleres dyr i både SK og AP og ved simulering af en konventionel avlsplan simuleres kun dyr i AP.

En given andel af hundyr udsættes pga. reproduktionsproblemer. Ligeledes opnår en given andel af de ikælvede hundyr en efterfølgende kælvning. Antallet af fødte kalve pr. donor beskrives ved en poissonfordeling. Grunden til at lade antallet af fødte kalve variere fremfor at lade det være konstant er, at det beskriver den biologiske proces bedre. Det er desuden vist, at antagelse om et konstant antal fødte kalve pr.

donor medfører overvurdering af den forventede avlsfremgang for en given avlsplan (Ruane 1991b).
I simuleringerne er det muligt at anvende almindelig inseminering, ægtransplantation (ET), ovum-pick-up på kønsmodne dyr (OPU) samt ovum-pick-up på kønsmodne køer og kviekalve (OPU3M).

Ved parring undgås parringer mellem hel- og halvsøskende samt parringer mellem forældre og afkom. Desuden kan der, med hensyntagen til de nævnte begrænsninger, foretages forskellig grad af assortativ parring. Tyre med de højeste avlsværdital anvendes uanset om de er afkomsundersøgt eller ej. Denne metode er anvendt, da flere undersøgelser peger i retning af, at der kan opnås øget genetisk fremgang ved i nogen udstrækning at anvende uafprøvede tyre (f.eks. Lohuis 1993, Meuwissen & Van der Werf 1993, Pedersen & Christensen 1993).

I programmet er det tillige muligt at lægge restriktioner på det maksimale antal kalve en tyr kan blive far til i en årgang. Denne restriktion kan foretages både indenfor SK og indenfor AP.

Alle dyr i både SK og AP kælver på samme tid af året, og kælvningsintervallet er fastsat til 12 måneder. Programmæssigt har det den fordel, at alle hændelser, der sker i populationen, kan simuleres samtidigt. For at efterligne praksis fordeles køerne på fire forskellige kælvningssæsongrupper inden for år og besætning.

For alle lakterende dyr foretages ydelseskontrol og celletalsregistrering i første og anden laktation, samt eksteriørregistrering og registrering af malketid og temperament i første laktation. For ydelse og celletal er der mulighed for at anvende en højere heritabilitet i SK, end der anvendes i AP, idet heritabiliteter under stationsafprøvning som regel er højere end de heritabiliteter, der findes i praksis (Jacobsen et al. 1997).

For tyre anvendt til testinseminering simuleres der dobbelte døtregruppeafvigelser for egenskaberne ydelse i første laktation, frugtbarhed, kælvningsevne, eksteriør, malketid, temperament, celletal i første laktation, antal mastitistilfælde, antal tilfælde af øvrige sygdomme, samt registrering af sønnegruppegennemsnit for kødproduktion.

Der er mulighed for at udføre fysiologiske funktionsprøver på et antal dyr, og denne prøve udføres i seks måneders alderen efter de samme principper som i det danske Fy-Bi projekt (Liboriussen & Andersen 1997). Udvælgelse af kalve til fysiologiske

funktionsprøver sker på basis af kalvenes avlsværdital. Kalve udvælges på tværs af SK og AP, hvis modellen omfatter dyr fra begge kategorier.

Avlsværdivurdering kan foretages én eller to gange årligt. Ved én årlig avlsværdivurdering ligger denne lige efter, at laktationen er afsluttet. Hvis der udføres to årlige avlsværdivurderinger, udføres den anden avlsværdivurdering 2 måneder efter kælvning.

Med de valgte forudsætninger er årscyklus i både SK og AP som det fremgår af Figur 6.2.

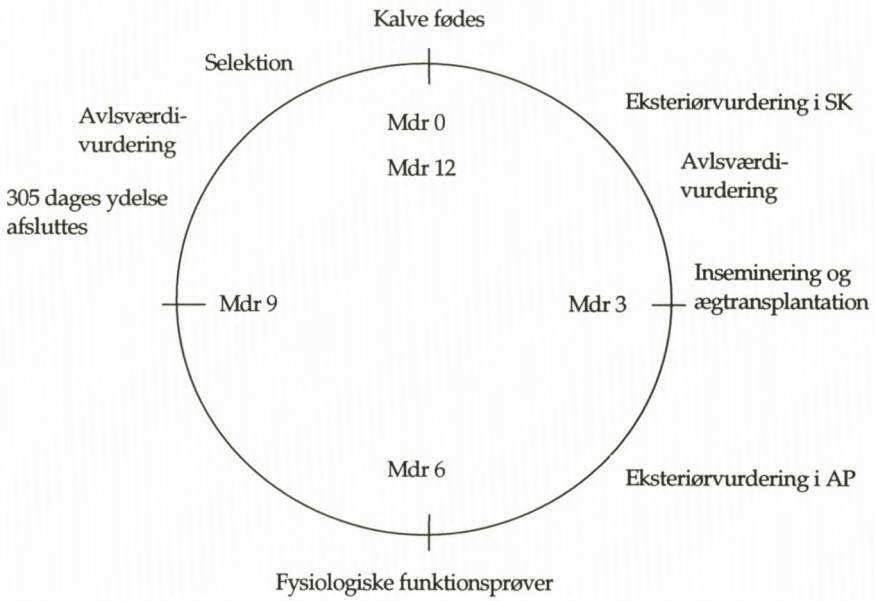


Fig 6.2 Årscyklus i superkerne og avlspopulation.

Dyrene i produktionspopulationen (PP) simuleres ikke. Avlsmæssigt har PP kun funktion som afprøvningspopulation. Avlsfremgang i PP stammer alene fra fædrenes bidrag, dvs. brugs- og ungtyre, idet det antages, at der ikke sker nogen genetisk selektion blandt brugskøerne. Fordelingen af kælvninger i PP følger fordelingen i den danske kvægpopulation, der er som følger: 1. kælvning 37%, 2. kælvning 29%, 3. kælvning 17%, ≥ 4. kælvning 17% (Christensen & Pedersen 1997).

Hvis produktionspopulationen er på 270.000 køer, er der 100.000 første kalvkøer pr. årgang, og hvis der i populationen er en ungtyreanvendelse på 30%, er der årligt 30.000 første kalvskøer med ungtyre som fædre.

Tyre, der skal anvendes som ungtyre, selekteres 11 måneder gamle på tværs af SK og AP. En given andel af de fødte tyre overlever frem til 11 måneders alderen. Det antages, at der er sæd til rådighed i både SK og AP efter alle igangsatte tyre.

Hændelsesforløbet for de sædproducerende tyre er som følger:

11 måneder	Tyren er selekteret til sædproduktion
15 måneder	Anvendelse til testinsemination
24 måneder	Kalve efter tyren fødes
48 måneder	Kvier efter tyren kælver
59 måneder	Avlsværdital for tyren baseret på døtregruppens præstation beregnes

Tyrene kan afprøves med den sikkerhed, der ønskes. Sikkerheden beregnes ud fra antal døtre i testpopulationen pr. ungtyr.

6.1.2 Avlsmål

Simuleringerne er foretaget med to forskellige avlsmål. Et simpelt avlsmål, hvor avlsmålet alene er ydelse af fedt, protein og resttørstof (efterfølgende kaldet ydelse), og et andet hvor avlsmålet er størst mulig samlet økonomisk fremgang (efterfølgende kaldet S-indeks). Baggrunden for at vælge ydelse som avlsmålet er, at der i langt størsteparten af de hidtidige avlsplansimuleringer kun indgår én egenskab, nemlig ydelse. Desuden fokuseres der i den praktiske kvægavl i mange kvægavlslande primært på ydelsesegenskaber (Anonym 1996). Baggrunden for at lade det andet avlsmål være S-indeks er, at det er det avlsmål, der anvendes i Danmark. Desuden vil dette avlsmål, hvis de økonomiske vægte er korrekte, give kvægproducenten det største afkast af avlsarbejdet (Groen et al. 1997). Dertil kommer, at der er væsentlige ulemper ved selektion for ydelse alene, da det genetiske niveau for andre vigtige egenskaber herved forringes (Christensen & Pedersen 1997, Rauw et al. 1998).

Vægtningen af de enkelte egenskaber i det total økonomiske avlsmål er baseret på rapport nr. 33: "S-indeks for tyre af malke og kombinationsracer" (Pedersen et al. 1993). Ved fastsættelsen af de økonomiske vægte i S-indekset var det hensigten at optimere nettooverskuddet pr. besætning. Andre perspektiver kunne have været valgt: f.eks. overskuddet pr. dyr, overskuddet pr. kvægavlsforening, overskuddet for den samlede danske malkekvægssektor eller overskuddet for hele samfundet. Det er dog vist, at under almindelig markedsøkonomiske vilkår er de økonomiske vægte ens, uanset hvad nettooverskuddet optimeres i forhold til, når enkelte antagelser er

opfyldt. Det er bl.a. antagelsen om nul-profit (Brascamp et al. 1985), hvilket vil sige, at der i gennemsnit ikke er overskud ved produktionen, når direkte omkostninger samt aflønning af arbejdskraft og kapital er sket. Desuden er det antaget, at alle udgifter kan betragtes som variable. Det antages også at den ekstra profit, der opnås ved genetisk fremgang, som alternativt kunne være opnået ved udvidelse af produktionen (rescaling), ikke indregnes som profit (Smith et al. 1986).

Fastsættelsen af de økonomiske vægte i avlsmålet er foretaget ud fra forventningen til fremtidens prisforhold. Vægtene i S-indekset er senere justeret, på grundlag af såvel faglig som avlspolitisk argumentation. Teoretisk set bør vægtene ikke være påvirket af politisk argumentation, men modsat skal vægtene også være defineret så avlerne vil anvende indekset. Dekkers & Gibson (1998) argumenterer for at økonomiske vægte, der er accepteret af avlerne, men som teoretisk set ikke er helt optimale, er bedre end teoretisk optimale vægte, der ikke er accepteret af avlerne. De valgte vægte afspejler vægtningen af egenskaber i avlsmålet for de store racer, RDM og SDM anno 1997 (Anonym 1997). Enkelte modifikationer er foretaget i forhold hertil, og hvor det er sket, er det bemærket. Principielt bør værdien af de fleste eksteriøregenskaber være meget tæt på 0, da den information, eksteriøregenskaber bidrager med, som oftest anvendes bedst som korreleret information for egenskaber af økonomisk værdi.

I indeværende simuleringer er det dog valgt at anvende de økonomiske vægte, som i dag anvendes i S-indekset. Avlsmålet er angivet i kr. pr. avlsværditalsenhed ved den i Tabel 6.1 givne kvadrerede sikkerhed på avlsværditallet, samt den givne spredning på avlsværditallet. Vægtningen af de enkelte egenskaber fremgår af Tabel 6.1.

De enkelte egenskaber i simuleringerne gennemgås kort i nedenstående.

Ydelse: Egenskaben ydelse dækker over tre egenskaber, fedt- og proteinydelse samt resttørstof i mælken. Ved beregning af værdien af egenskaben ydelse er der taget hensyn til salgsværdien af de enkelte komponenter, foderomkostninger samt variable omkostninger, altså omkostninger der stiger (eller falder) med stigende (faldende) ydelsesniveau. Siden 1993 er vægtningen på ydelse opskrevet lidt, baseret på en argumentation om at en stadig større andel af indtægterne fra et malkekvæghold kommer fra mælkesalg. Værdien er fastsat til 80 kr. pr. avlsværditalsenhed.

Frugtbarhed: Egenskaben frugtbarhed er køernes evne til at komme i brunst, til at vise brunst og til at blive drægtige ved inseminering. Værdien af egenskaben er genberegnet efter 1993 (Pedersen & Jensen 1996)

med en svag stigning af egenskabens værdi til følge for de store racer. Senere er værdien ændret lidt i nedadgående retning. Værdien af egenskaben frugtbarhed er sat til 20 kr. pr. avlsværditalsenhed.

Kælvningsevne: Egenskaben kælvningsevne udtrykker køernes evne til uden komplikationer at føde en levende kalv. Værdien af egenskaben beror på værdien af en levendefødt kalv, samt på værdien af omkostninger og ydelsestab i forbindelse med kælvningsbesvær. Værdien af egenskaben er genberegnet i 1995 (Pedersen et al. 1995), hvilket resulterede i ca. samme værdi for egenskaben som i 1993. De fandt værdien til 16 kr. pr. avlsværditalsenhed for RDM og 17 kr. pr. avlsværditalsenhed for SDM. Senere er værdien mindsket en smule. Værdien af egenskaben kælvningsevne er sat til 12 kr. pr. avlsværditalsenhed.

Krop: Egenskaben krop er sammensat af syv lineært bedømte egenskaber (Kristensen et al. 1993). Den værdi, som en avlsværditalsenhed for egenskaben krop tillægges i rapport nr. 33, er, såvel som for de øvrige eksteriøregenskaber, primært politisk bestemt. I disse simuleringer er det dog valgt at sætte værdien af en avlsværditalsenhed for egenskaben krop til 0, da ingen har kunnet finde nogen økonomisk værdi af egenskaben krop. Tillige fandt Nielsen & Pedersen (1995b) ikke korrelationer mellem egenskaben krop og antal malkedage (et holdbarhedsmål), der var signifikant forskellige fra 0 for nogen af de danske malkeracer.

Lemmer: Værdien af egenskaben lemmer, der er positiv korreleret med holdbarhed, er sat til 20 kr. pr. avlsværditalsenhed, hvilket svarer til den værdi egenskaben er fastsat til i praksis.

Malkeorganer: Værdien af egenskaben malkeorganer, som også er positiv korreleret med holdbarhed, er sat til 30 kr. pr. avlsværditalsenhed, hvilket er lidt i underkanten af den værdi, der anvendes i praksis.

Malketid: Værdien af en avlsværditalsenhed for egenskaben malketid er sat til 12 kr., hvilket svarer til værdien for SDM. RDM ligger lidt højere.

Temperament: Værdien af en avlsværditalsenhed for egenskaben temperament er sat til 3 kr., hvilket svarer til den værdi, der anvendes i praksis.

Celletal: Værdien af egenskaben celletal er sat til 0, idet egenskaben anvendes som korreleret information for egenskaben mastitisresistens i simuleringerne.

Mastitis: Egenskaben mastitisresistens udtrykker koens evne til at undgå mastitisudbrud. Værdien af egenskaben beror på de omkostninger, der er i forbindelse med et mastitistilfælde, det være sig behandling, medicin, tilbageholdt mælk og ekstra arbejde. Ud fra dette blev værdien af en avlsværditalsenhed beregnet til 23 kr. i rapport nr. 33. Senere er det i praksis bestemt at øge værdien af egenskaben. Værdien pr. avlsværditalsenhed er i nærværende situation sat til 40 kr.

Øvrige sygdomme: Resistens mod øvrige sygdomme indgår endnu ikke i det danske avlsmål, men formodes at komme med indenfor meget nær fremtid (Anonym 1998). Derfor inkluderes egenskaben i simuleringerne, som det også er gjort i de seneste deterministiske simuleringer foretaget med danske forudsætninger (Pedersen & Christensen 1993, Christensen & Pedersen 1997). Værdien af en avlsvær-ditalsenhed for resistens mod øvrige sygdomme sættes til 10 kr.

Kødproduktion: Værdien af en avlsværditalsenhed for kødproduktion er reduceret kraftigt de sidste år, og denne reduktion er primært politisk bestemt som følge af de lavere oksekødspriser de senere år. Formodentlig er reduktionen noget større end prisfaldet berettiger til. Værdien af en avlsværditalsenhed for kødproduktion er derfor sat lidt højere end den aktuelle værdi. Værdien af en avlsværditalsenhed for kødproduktion er fastsat til 14 kr.

Tabel 6.1 Økonomisk vægt for egenskaber i avlsmålet i kr. pr. avlsværditalsenhed, kr. pr. genetisk spredningsenhed og i kr. pr. fænotypisk spredningsenhed. σ_I er spredningen på avlsværditallet. r_{IA}^2 er den kvadrerede sikkerhed på avlsværditallet.

Egenskab	Kr. pr. avlsværditalsenhed	σ_I	r_{IA}^2	Kr. pr. genetisk spredningsenhed[a]	Kr. pr. fænotypisk spredningsenhed[a]	Selektions retning
Ydelse	80	6,1	0,85	529	1000	Højere ydelse
Frugtbarhed	20	5,0	0,40	158	913	Bedre frugtbarhed
Kælvningsevne	12	5,0	0,40	95	335	Bedre kælvningsevne
Lemmer	20	5,0	0,60	129	313	Bedre lemmer
Malkeorganer	30	5,0	0,65	186	365	Bedre malkeorganer
Malketid	12	5,0	0,65	74	152	Kortere malketid
Temperament	3	5,0	0,55	20	51	Bedre temperament
Mastitis	40	5,0	0,50	283	1414	Mindre mastitis
Øvrige sygd.	10	5,0	0,25	100	707	Færre sygdomme
Kødproduktion	14	5,0	0,81	79	177	Bedre kødproduktion

a: Omregning fra kr. pr. avlsværditalsenhed til kr. pr. genetisk og fænotypisk spredningsenhed er udført med parametrene angivet af Christensen & Pedersen (1997)

De økonomiske vægte pr. avlsværditalsenhed er omregnet til kr. pr. genetisk spredningsenhed og til kr. pr. fænotypisk spredningsenhed. I simulerings-programmet opgives vægtene for de enkelte egenskaber i kr. pr. fænotypisk spredningsenhed. Omregning fra kr. pr. avlsværditalsenhed til kr. pr. genetisk spredningsenhed sker på basis af følgende formel $\sigma_a^2 = \sigma_I^2 / r_{IA}^2$. Værdien af en genetisk spredningsenhed er: værdi af én avlsværditalsenhed*σ_I /r_{IA}. Værdien af en fænotypisk sprednings-enhed fås ved at dividere denne værdi med kvadratroden af egenskabens heritabilitet (h). Økonomisk værdi pr. genetisk og fænotypisk spred-ningsenhed for alle egenskaber af økonomisk betydning fremgår af Tabel 6.1.

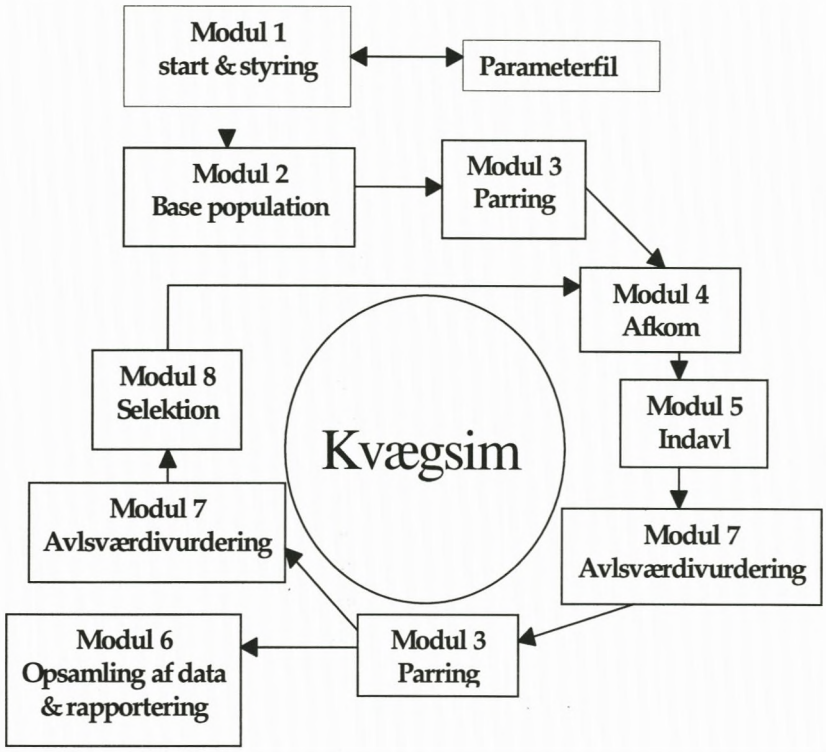
6.2 Metode

I dette afsnit beskrives først opbygningen af programmet "Kvægsim", og de muligheder programmet rummer. Dernæst redegøres for de valg, der er gjort med hensyn til de undersøgelser, der er foretaget i projektet.

6.2.1 Program beskrivelse

Kvægsim er en videreudvikling af et stokastisk simuleringsprogram, der tidligere har været anvendt til simulering af avlsplaner indenfor mink og får (Berg 1997, Lauridsen 1998). For at fremme overskueligheden er programmet opdelt i flere moduler. Figur 7.3 viser en oversigt over de moduler, der indgår i simuleringsprogrammet. Én runde i den angivne cirkel simulerer alle de avlsmæssige hændelser, der sker i populationen i løbet af den tidsperiode, det tager at gennemløbe runden. Gennemløbstiden er et år.

I parameterfilen specificeres de parametre, der anvendes i simuleringerne. Modul 1 er et start- og styremodul. I modul 2 genereres basepopulationen. I modul 3 bliver parringer foretaget. I første runde mellem genererede basedyr og i senere runder mellem selekterede dyr. I modul 4 simuleres avlsværdi og fænotypiske observationer for afkommet. Modul 5 beregner indavlsgraden for dyr, der ikke tidligere har fået beregnet indavlsgrad. I modul 6 opsamles data, og når simuleringerne er afsluttet, rapporteres resultatet af simuleringerne. I modul 7 foretages avlsværdivurderingen, og i modul 8 foretages selektion af dyr, der skal anvendes som forældre i næste parringsrunde. Programmet fortsætter dernæst i modulerne 4, 5, 7, 3, 7 og 8 det antal gange, der er specificeret i parameterfilen. Når alle replikater er afsluttet, udskrives resultatet ved hjælp af modul 6. En mere udførlig beskrivelse af de enkelte moduler er foretaget i nedenstående.



Figur 6.3 Oversigt over moduler i simuleringsprogrammet Kvægsim.

6.2.1.1 Parameterfilen

I parameterfilen angives ved et stort antal parametre, hvordan simuleringerne skal udføres. Disse parametre er angivet i Tabel 6.2. I dette afsnit gennemgås de enkelte parametre. Vektorer og matricer er angivet med fed skrift.

ngen angiver tidshorisonten for simuleringerne (længden, i år, af den periode som simuleringerne skal foretages over) og *nrep* angiver hvor mange gentagelser, der skal udføres af den enkelte simulering. I *avlvur* specificeres, om der skal foretages én eller to årlige avlsværdivurderinger. Ved angivelse af værdien én foretages én avlsværdivurdering årligt, og den udføres lige efter laktationen er afsluttet. Ved angivelse af to udføres tillige en avlsværdivurdering 60 dage efter kælvning, således at udvælgelse af dyr til fysiologiske funktionsprøver og beregning af parringskombinationer udføres på opdaterede avlsværdier, svarende til situationen i praksis hvor der hele tiden er aktuelle avlsværdital til rådighed.

I *parstr* angives om der ved parring anvendes én tyr eller 4 tyre pr. donor. Ved angivelse af hierarkisk anvendes én tyr pr. donor og ved angivelse af faktoriel anvendes 4 tyre pr. donor. Anvendelse af en faktoriel parringsplan har kun mening i en avlsplan med anvendelse af ægtransplantation eller anvendelse af ovum-pick-up.

negenskab angiver hvor mange egenskaber, der simuleres. Dernæst angives de enkelte egenskabers navn. I variablen **gns** angives fænotypisk gennemsnit for hver af egenskaberne i udgangspopulationen. I variablen **std** angives den fænotypiske spredning for egenskaberne. Her er der mulighed for enten at angive estimater for egenskaberne eller standardisere den fænotypiske spredning til én for alle egenskaberne. I **h2** angives heritabiliteten for de enkelte egenskaber. I **r_g** angives genetiske korrelationer mellem de definerede egenskaber. Korrelationerne angives i en nedre triangulær matrix. Matricen indeholder *negenskab*(negenskab+1)/2* elementer. Tilsvarende angives i **r_p** de fænotypiske korrelationer.

I **Vgts** angives økonomiske vægte til beregning af den sande samlede økonomiske avlsfremgang. I **Vgts2** angives de vægte, de enkelte avlsværdital tillægges i beregningen af det indeks, der ligger til grund for selektionen.

I variablen **obstidt** angives det, på hvilket tidspunkt i en tyrs liv hver enkelt egenskab realiseres. I simuleringerne er mange af tyrenes observationer at opfatte som døtregruppegennemsnit. Hvis der er egenskaber, som ikke udtrykkes hos tyre, sættes tidspunktet, hvor egenskaben kommer til udtryk, højere end dyrets maksimale livslængde. Variablen **obstidh** angiver, på hvilket tidspunkt i et hundyrs liv hver enkelt observation realiseres.

nh angiver antallet af hundyr pr. besætning. *nbes* angiver antallet af besætninger i simuleringerne med den modifikation, at antallet af besætninger angivet i variablen *besSK* samles i én kerne (SK). *nt* angiver antallet af tyre i basepopulationen.

I variablene p*kvierSK* og p*kvierAP* angives hvor stor en andel ikke drægtige dyr, der maksimalt kan selekteres i henholdsvis SK og AP. *nalder_t* angiver antallet af aldersgrupper (én gruppe pr. årgang) for tyre, tilsvarende angiver *nalder_h* antallet af aldersgrupper for hundyr. Variablene **alder_t** og **alder_h** angiver fordelingen på aldersgrupper for henholdsvis tyre og hundyr i basepopulationen.

p_max angiver chancen for, at anden kælvning falder i en anden sæson end første kælvning. Variablen *n_afkom* angiver antallet af døtre, en tyr afprøves med i testpopulationen. Det antages, at alle døtre afslutter en fuld laktation. *n_tstdyr* er testkapaciteten i testpopulationen. *rho* er en parameter, der varierer i intervallet -1 til

1. Er værdien 1 er der tale om fuldstændig assortativ parring blandt de selekterede forældre, er parameteren 0, er der tale om tilfældig parring blandt de selekterede forældre. *pratio1* angiver det maksimale antal parringer, der må foretages med en tyr i SK, og *pratio2* angiver det maksimale antal parringer, der må foretages med en tyr i AP.

Tabel 6.2. Variable i parameterfilen

Parameter	Forklaring
ngen	Tidshorisont for simuleringerne (år)
nrep	Antal gentagelser
avlvur	Antal avlsvurderinger pr. år (1 eller 2)
parstr	Anvendelse af hierarkisk eller faktoriel parringsplan
negenskab	Antal egenskaber i simuleringerne
gns	Gennemsnit for hver af de *negenskab* egenskaber
std	Fænotypiske spredning for hver af de *negenskab* egenskaber
h2	Heritabilitet for hver af de *negenskab* egenskaber
r_g	Genetiske korrelationer mellem alle *negenskab* egenskaber
r_p	Fænotypiske korrelationer mellem alle *negenskab* egenskaber
vgts	Økonomiske vægte for de enkelte egenskaber ved beregning af den sande samlede økonomiske avlsfremgang
vgts2	Selektionsindeks vægte for de enkelte egenskaber
obstidt	Hvornår i en tyrs liv de *negenskab* observationer indtræffer
obstidh	Hvornår i et hundyrs liv de *negenskab* observationer indtræffer
nbes	Antal besætninger i simuleringerne
besSK	Antal besætninger der samles i SK
nh	Antal hundyr i de enkelte besætninger
nt	Antal tyre i basepopulationen pr. besætning
rho	Grad af assortativ parring (0 = tilfældig 1 = fuldstændig assortativ)
pkvierSK	Maksimal andel ikke ikælvede hundyr der selekteres i SK
pkvierAP	Maksimal andel ikke ikælvede hundyr der selekteres i AP
nalder_t	Antal aldersgrupper for tyre
nalder_h	Antal aldersgrupper for hundyr
alder_t	Startfordeling på aldersgrupper af tyre
alder_h	Startfordeling på aldersgrupper af hundyr
p_max	Andel hundyr der flytter sæson gruppe
pratio1	Antal parringer en tyr maksimalt kan foretage i SK
pratio2	Antal parringer en tyr maksimalt kan foretage i AP
konratio	Kønsrate

Parameter	Forklaring
drgpct	Chancen for at en ko bliver drægtig eller responderer på ET eller OPU behandling
n_FFtyr	Testkapacitet for fysiologiske funktionsprøver for tyre
n_FFkvie	Testkapacitet for fysiologiske funktionsprøver for kviekalve
n_afkom	Antal døtre pr. ungtyr
n_tstdyr	Testkapaciteten i produktionspopulationen
n_et	Det maksimale antal hundyr der kan udføres ET på
n_kalv	Gns antal levende fødte kalve efter ET
n_opu+n_kalv	Gns antal levende fødte kalve efter OPU.
kokap	Antal recipienter (oftest antal køer i SK)
p_2selt	Andel tyrekalve der afgår inden selektion eller kasseres på andre egenskaber
p_2selh	Andel hundyr som årligt afgår som følge af sygdom eller selektion for andre egenskaber
maxthel	Det maksimale antal hanlige helsøskende der selekteres
maxhhel	Det maksimale antal hunlige helsøskende der selekteres
maxthalv	Det maksimale antal hanlige halvsøskende der selekteres
maxhhalv	Det maksimale antal hunlige halvsøskende der selekteres

konratio angiver frekvensen af tyrekalve blandt de fødte kalve. *drgpct* angiver drægtighedsprocenten for de foretagne parringer, eller, hvis koen er udvalgt til ET eller OPU, chancen for at koen reagerer på behandlingen. Det maksimale antal køer, der kan udføres ægtransplantation eller ovum-pick-up på, er angivet i variablen *n_et*, mens variablen *kokap* angiver antallet af recipienter. Antallet af fødte kalve pr. donor, udvalgt til ægtransplantation, er bestemt ved en Poissonfordeling $p(\lambda)$. *n_kalv* angiver værdien af λ, og dermed det gennemsnitlige antal levendefødte kalve efter køer udvalgt til ægtransplantation. For køer udvalgt til ovum-pick-up, er antallet af fødte kalve en værdi trukket fra fordelingen *n_opu* + $p(\lambda)$.

p_2selt angiver andelen af tyre, der enten afgår inden selektion til testinseminering eller fraselekteres af andre årsager. p_*2selh* angiver andelen af hundyr i både SK og AP, der årligt afgår som følge af sygdom eller selektion for egenskaber, der ikke er inkluderet i avlsmålet. *maxthel* og m*axhhel* angiver det maksimale antal helsøskende, der selekteres indenfor henholdsvis tyre og hundyr. Tilsvarende angiver m*axthalv* og m*axhhalv* det maksimale antal halvsøskende, der selekteres af hvert køn.

n_FFtyr og *n_FFkvie* angiver testkapaciteten for fysiologiske funktionsprøver for henholdsvis tyrekalve og kviekalve.

6.2.1.2 Modul 1

Modul 1 er et start- og styremodul, hvori sammenhængen mellem de øvrige moduler specificeres. Tillige beregnes Cholesky-dekompositionen af både den genetiske og den miljømæssige (ko)variansmatrice. Den genetiske (ko)variansmatrice G beregnes som:

$$\mathbf{G} = \text{Diag}((\mathbf{h2})^{1/2} \bullet \mathbf{std}) * \mathbf{r_g} * \text{Diag}((\mathbf{h2})^{1/2} \bullet \mathbf{std}) \qquad (6.1)$$

hvor $(\mathbf{h2})^{1/2} \bullet \mathbf{std}$ er elementvis multiplikation mellem $(\mathbf{h2})^{1/2}$ og std, det såkaldte Hadamard produkt (angivet ved •) . Diag($(\mathbf{h2})^{1/2} \bullet \mathbf{std}$) er en diagonal matrice bestående af genetiske spredninger for egenskaberne. **r_g** er den genetiske korrelationsmatrice. Den miljømæssige (ko)variansmatrice **E** beregnes som:

$$\mathbf{E} = \text{Diag}(\mathbf{std}) * \mathbf{r_p} * \text{Diag}(\mathbf{std}) - \mathbf{G} \qquad (6.2)$$

hvor Diag(**std**) er en diagonal matrice bestående af fænotypiske spredninger for egenskaberne. **r_p** er den fænotypiske korrelationsmatrice.

Cholesky-dekompositionen af **A** (kaldet **L'**) og **E** (kaldet **C'**) beregnes, og det kontrolleres, at begge matricer er positiv (semi) definite, da de angivne parametre ellers er uden biologisk mening.

6.2.1.3 Modul 2

I modul 2 simuleres avlsværdier og fænotypiske observationer for alle basedyr fordelt på køn, besætning og aldersgrupper, som angivet i parameterfilen. Alle dyr tildeles en entydig identifikation. For hundyr i basepopulationen, hvor forældrene er ukendte, simuleres dyrenes avlsværdier $\mathbf{av}_i$ og deres fænotypiske observationer $\mathbf{obs}_i$ efter følgende formler:

$$\mathbf{av}_i = \mathbf{L'} * \mathbf{r}_1 \qquad (6.3)$$

$$\mathbf{obs}_i = \mathbf{gns} + \mathbf{av}_i + \mathbf{C'} * \mathbf{r}_2 \qquad (6.4)$$

hvor

$\mathbf{av}_i$: Vektor af avlsværdier for de simulerede egenskaber for dyr *i*

$\mathbf{obs}_i$: Vektor af observationer for de simulerede egenskaber for dyr *i*

gns: Vektor med fænotypiske gennemsnit i basepopulationen for de simulerede egenskaber

L: Den nedre triangulære Cholesky-dekomposition af den genetiske (ko)variansmatrix

C: Den nedre triangulære Cholesky-dekomposition af residual (ko)variansmatricen

$\mathbf{r}_1$ & $\mathbf{r}_2$: Vektorer af tilfældige tal fra en standardiseret normal fordeling NID(0,1)

For tyre gælder det, at egenskaben fysiologisk funktionsprøve simuleres på samme måde som egenskaberne for hundyr, idet denne egenskab er en egenpræstation. De øvrige egenskaber simuleres som den dobbelte døtregruppeafvigelse. Dette gøres, fordi dyrene i testpopulationen ikke simuleres, og det medfører, at avlsværdivurderingen af hundyr og tyre kan foregå samtidig. $\mathbf{av}_i$ for tyre beregnes som for hundyr.

Residualen for tyre simuleres som det dobbelte af residualen for døtregruppeafvigelsen. Residualen for en døtregruppeafvigelse simuleres som:

$$(\sqrt{0{,}75} * \mathbf{L}' * \mathbf{r}_1 + \mathbf{C}' * \mathbf{r}_2) * \mathrm{Diag}(\mathbf{n})^{-1/2} \qquad (6.5)$$

hvor leddet $\sqrt{0{,}75} * \mathbf{L}' * \mathbf{r}_1$ er den del af residualen, der stammer fra den mendelske udspaltning og mødrenes genetiske variation, mens leddet $\mathbf{C}' * \mathbf{r}_2$ er den part af residualen, der stammer fra tilfældige miljø effekter. **n** er en vektor, hvor elementerne er antallet af døtre i døtregruppen med registrering af egenskaben. For ydelse, frugtbarhed, kælvningsevne, celletal og kødproduktion er antallet af døtre i døtregruppen *n_afkom*, for eksteriøregenskaberne sættes antallet til 0,5* *n_afkom*, da ikke alle dyr eksteriørvurderes, og for egenskaberne mastitis og øvrige sygdomme sættes antallet til 0,7* *n_afkom*, idet der kun er sygdomsregistreringer på ca. 70% af dyrene i testpopulationen. Med disse reduktioner i antal døtre i døtregruppen for de nævnte egenskaber afspejles situationen i praktisk dansk kvægavl, hvor der for visse egenskaber ikke er 100% registrering.

For tyre i basepopulationen simuleres alle fænotypiske observationer, med undtagelse af fysiologiske funktionsprøver efter følgende formel:

$$\mathbf{obs}_i = \mathbf{gns} + \mathbf{L}' * \mathbf{r}_1 + 2 * (\sqrt{0{,}75} * \mathbf{L}' * \mathbf{r}_1 + \mathbf{C}' * \mathbf{r}_2) * \mathrm{Diag}(\mathbf{n})^{-1/2} \qquad (6.6)$$

Avlsværdierne lagres i en såkaldt dyrfil. De fænotypiske observationer samt tidspunktet for observationens realisering lagres i en observationsfil. Lige efter dette modul køres et mindre editeringsmodul, der i observationsfilen frasorterer observationer for egenskaber, der ikke registreres på hhv. han- og hundyr. I dette modul fordeles dyrene tillige på besætning * år * sæson klasser (HYS-klasser). Alle laktationer er tilfældigt fordelt på 4 sæsoner. Det er gjort for at efterligne en datastruktur svarende til den, der findes i praksis. Værdier for de enkelte HYS-effekter simuleres ikke, da disse ikke påvirker simuleringerne, når de er simuleret ud fra den samme model, som de er avlsværdivurderet efter. Sandsynligheden for at en ko ikke kælver i samme sæson to på hinanden følgende laktationer er angivet i parameterfilen.

Desuden fordeles dyrene på forskellige år * sæson klasser (YS-klasser), som er de YS-klasser, de dyr, der udvælges fysiologiske funktionsprøver, fordeles på. Der er 10 YS-grupper pr. år.

6.2.1.4 Modul 3

I dette modul foretages i første runde parringer mellem dyr fra basepopulationen og i senere runder mellem selekterede dyr. Der konstrueres et datasæt med mulige fædre til kommende afkom. Dette datasæt består af alle tyre under 10 år, der har været afprøvet som ungtyre. Tillige dannes et datasæt med mulige mødre til kommende afkom. Derefter beregnes for alle mulige kombinationer, mellem et dyr fra hvert af de to datasæt, variablen *kriterie*. Denne beregnes efter følgende formel:

$$\text{Kriterie} = rho * (\text{indeks}_{far} + \text{indeks}_{mor}) + \sqrt{(1 - rho^2)} * r \qquad (6.7)$$

hvor *rho* er givet i parameterfilen og r er et tilfældigt tal fra N(0,1) fordelingen.

Er *rho*=1, er værdien af variablen kriterie lig med et eventuelt afkoms forventede avlsværdi. Foretages valg af parringer efter denne, er der tale om fuldstændig assortativ parring. Hvis *rho*=0, er værdien af variablen *kriterie* et tilfældigt tal fra en N(0,1) fordeling, og der er tale om tilfældig parring. For værdier mellem 0 og 1 er værdien af variablen *kriterie* en kombination mellem det forventede avlsværdital og et tilfældigt tal, altså delvis assortativ parring.

Parringer mellem hel- og halvsøskende samt mellem forældre og afkom undgås. De mulige parringer sorteres efter moderens indeks i faldende orden, dernæst efter slægtskab, så nært beslægtede dyr ikke parres, og dernæst efter variablen *kriterie*.

Denne sortering gør, at de bedste parringer så vidt muligt foretages inden sæden af den valgte tyr "slipper op".

Dernæst optælles hvor mange parringer, der er foretaget med en tyr. Når antallet af parringer med en given tyr i SK i en given parringsrunde når op på det tilladte antal parringer (*pratio1*), anvendes denne tyr ikke yderligere i SK. På tilsvarende måde er der en grænse for antallet af parringer i AP (*pratio2*). Herved skabes en parringsliste med udvalgte parringskombinationer. De foretagne parringer gives en vis chance for at føre til fødsel af afkom, angivet ved variablen *drgpct*. *drgpct* beregnes som $1 -(1-p)^n$, hvor n er antal gange der søges insemineret i en paritet, og p er sandsynligheden for at en ko bliver drægtig i en enkelt brunst. Fødselstidspunktet for det forventede afkom beregnes. For alle parringer beregnes forventede avlsværdier (embryo-indekser) for alle egenskaber i simuleringerne. Desuden beregnes den andel af den genetiske basevarians, som den mendelske variation udgør for hvert afkom. Denne beregnes efter den sædvanlige formel (Foulley & Chevalet 1981):

$$\frac{1}{2} * (1 - (F_{far} + F_{mor})/2) \qquad (6.8)$$

hvor F_{far} er faderens indavlsgrad, og F_{mor} er moderens indavlsgrad. Denne formel er også gyldig under selektion (Verrier et al. 1989). Alle ikke drægtige hundyr udsættes. De bedste *n_et* hundyr i SK udvælges til ET eller OPU. Antallet af drægtigheder for disse dyr er bestemt ved en Poissonfordeling, som tidligere beskrevet. Antallet af drægtigheder begyndende med drægtigheder fra hundyr med de højeste indeks tælles op. Når antallet overstiger recipientkapaciteten (*kokap)* slettes drægtigheder fra de resterende dyr i SK, da disse skal bruges som recipienter.

6.2.1.5 Modul 4

I dette modul "fødes" drægtighederne fra parringslisten og tildeles status som levende, ligesom de tildeles et fødselsår og en entydig dyreidentifikation. De fødte dyr fordeles tilfældigt på køn. For alle dyr beregnes en vektor med mendelske udspaltninger $\mathbf{m}_i$ for de simulerede egenskaber:

$$\mathbf{m}_i = \mathbf{L}' * \mathbf{r}_i \qquad (6.9)$$

hvor $\mathbf{L}'$ er en matrix indeholdende den nedre triangulære Cholesky-dekomposition af den genetiske (ko)variansmatrix. $\mathbf{r}_i$ er en vektor af tilfældige tal fra en N(0,1) fordeling. Desuden beregnes to residualafvigelser, én residualafvigelse svarende til en observation på dyret selv, og en anden hvor residualafvigelsen svarer til en

observation, som er det dobbelte af døtregruppeafvigelsen. Residualafvigelsen svarende til en observation på dyret selv simuleres som:

$$\mathbf{resafv}_{\text{egen i}} = \mathbf{C}' * \mathbf{r}_1 \qquad (6.10)$$

hvor $\mathbf{C}'$ er en matrix indeholdende den nedre triangulære Cholesky-dekomposition af residual (ko)variansmatricen. $\mathbf{r}_1$ er en vektor af tilfældige tal fra en N(0,1) fordeling. Residualafvigelsen, svarende til en observation som er den dobbelte døtregruppeafvigelse, simuleres som:

$$\mathbf{resafv}_{\text{afkom i}} = 2^* (\sqrt{0.75} * \mathbf{L}' * \mathbf{r}_1 + \mathbf{C}' * \mathbf{r}_2) * \text{Diag}(\mathbf{n})^{-1/2} \qquad (6.11)$$

For alle fødte dyr beregnes avlsværdien for de simulerede egenskaber som:

$$\mathbf{av}_i = \mathbf{gns} + \tfrac{1}{2}*(\mathbf{av}_{i\,far} + \mathbf{av}_{i\,mor}) + \sqrt{1/2*(1-(F_{i\,far}+F_{i\,mor})/2)} * \mathbf{m}_i \qquad (6.12)$$

For det i'te hundyr beregnes den fænotypiske observationsvektor dernæst som:

$$\mathbf{obs}_i = \mathbf{av}_i + \mathbf{resafv}_{\text{egen i}} \qquad (6.13)$$

For tyr i beregnes den fænotypiske observation for fysiologiske funktionsprøve på tilsvarende vis som:

$$\mathbf{obs}_{i\,FF} = \mathbf{av}_{i\,FF} + \mathbf{resafv}_{\text{egen i FF}} \qquad (6.14)$$

mens den for de resterende egenskaber for tyre beregnes som:

$$\mathbf{obs}_i = \mathbf{av}_i + \mathbf{resafv}_{\text{afkom i}} \qquad (6.15)$$

For alle afkom beregnes et afstamningsindeks som:

$$\tfrac{1}{2} * (\text{indeks}_{far} + \text{indeks}_{mor}) \qquad (6.16)$$

hvor indeks_{far} og indeks_{mor} er hhv. faderens og moderens samlede avlsværdital for det avlsmål, der selekteres efter.

For alle afkom oprettes en variabel *flyt*, der som udgangspunkt sættes til værdien 0. Flyttes dyret efterfølgende ændres værdien på variablen. Ud fra afkommets

fødselstidspunkt beregnes til hvilket tidspunkt, hver enkelt observation vil realiseres. Observationen realiseres kun, hvis dyret er i live på dette tidspunkt.

Lige efter dette modul køres editeringsmodulet igen til fordeling af dyr på HYS-grupper. Desuden foretages der en rangering efter faldende indeks af alle nyfødte han- og hundyr på tværs af SK og AP, hvorefter det ønskede antal han- og hundyr, hvorpå der skal foretages fysiologiske funktionsprøver, selekteres på basis af indekserne. Denne selektion foretages, hvor der kun er én avlsværdivurdering, lige efter fødsel, mens den med to avlsværdivurderinger foretages lige efter den avlsværdivurdering, der ligger to måneder efter kælvning.

6.2.1.6 Modul 5

I dette modul foretages beregning af de enkelte dyrs indavlsgrad. Indavlsgraden er beregnet som Wrights indavlskoefficient (diagonal element af slægtskabsmatricen minus én) ved anvendelse af algoritmen beskrevet af Meuwissen & Luo (1992).

6.2.1.7 Modul 7

I dette modul foretages avlsværdivurderingen med en Animal Model ved brug af DMU programpakken (Jensen & Madsen 1996). I avlsværdivurderingen, som foretages 11 måneder efter kælvning, anvendes alene de observationer, der på dette tidspunkt er realiserede. I avlsværdivurderingen, der foretages to måneder efter kælvning, anvendes tillige for hundyr i SK og AP de observationer, der afsluttes 10 måneder efter kælvning, dvs. ydelse- og celletalsobservationer. Disse observationer betragtes som forlængede laktationer og reduceres med en vægt w. For dyr i SK antages det, at eksteriøregenskaber er vurderet indenfor de to første måneder efter kælvning. Avlsværdivurderingen af både han- og hundyr samt af dyr i SK og AP foretages med samme model.

Grundmodellen for avlsværdivurderingen er følgende:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\beta + \mathbf{Z}_1\mathbf{c} + \mathbf{Z}_2\mathbf{a} + \mathbf{e} \qquad (6.17)$$

hvor
- $\mathbf{y}$: Vektor af observationer
- $\mathbf{X}$: Designmatricen for systematiske effekter
- $\mathbf{Z}_1$: Matrix som relaterer permanent miljø til observationer
- $\mathbf{Z}_2$: Matrix som relaterer avlsværdier til observationer
- β: Vektor af systematiske effekter
- $\mathbf{a}$: Vektor af additive genetiske værdier

c: Vektor af permanente miljøeffekter
e: Vektor af residualeffekter

Alle egenskaberne, undtagen ydelse og yversundhed, evalueres som enkeltegenskaber.

Vægtning af egenskaber med uens varians i avlsværdivurderingen
Observationerne fra SK og AP evalueres sammen. Da nogle af egenskaberne simuleres med en større genetisk varians i SK end i AP, skal disse observationer vægtes højere i avlsværdivurderingen. Først skaleres observationerne fra SK, således at den genetiske varians i SK og AP er ens. Denne skaleringsfaktor k beregnes som:

$$k = \sigma_{a\,AP} / \sigma_{a\,SK} \qquad (6.18)$$

Inden skalering er den observerede observation i SK:

$$y_{SK} = \text{systematiske effekter} + a_{SK} + c_{SK} + e_{SK} \qquad (6.19)$$

Hvor a_{SK} er additiv genetisk effekt
c_{SK} er effekt af permanent miljø
e_{SK} er effekt af tilfældig miljø

Efter skalering har den skalerede observation y^* værdien:

$$y^* = k^* y_{SK} \qquad (6.20)$$

Under antagelse af at kovarianserne mellem de genetiske, de permanente miljø og de tilfældige miljøeffekter er 0, er variansen på y^*:

$$\text{Var}(y^*) = k^2 * \text{Var}(c_{SK}) + k^2 * \text{Var}(a_{SK}) + k^2 * \text{Var}(e_{SK})$$

$$= k^2 * \sigma^2_{c\,SK} + \sigma^2_{a\,AP} + k^2 * \sigma^2_{e\,SK} \qquad (6.21)$$

I det følgende er det forudsat, at forholdet mellem den permanente miljøvarians i SK og AP er som følger:

$$\sigma^2_{c\,AP} = k^2 * \sigma^2_{c\,SK} \qquad (6.22)$$

Den vægt w, som den skalerede observation skal vægtes med i avlsværdivurderingen, er ifølge Jensen & Madsen (1997) residualvariansen i AP divideret med den skalerede residual varians i SK:

$$w = \sigma^2_{e\,AP} / (k^2 * \sigma^2_{e\,SK}) \qquad (6.23)$$

Vægtning af forlængede laktationer i avlsværdivurderingen
Vægtningen af forlængede laktationer for ydelse og celletal foretages efter de metoder, der anvendes i det danske avlsværdivurderingssystem (Jensen & Madsen 1997, Pedersen et al. 1999b). Ved denne beregning tages der hensyn til heritabiliteten af den forlængede laktation, samt den genetiske korrelation mellem den forlængede og den fuldendte laktation. Ud fra disse beregningsmetoder er vægten for ydelsesegenskaber beregnet til 0,75 ved forlængelse fra dag 55 fra kælvning. For celletal skønnes værdien også at være 0,75.

Vægtning af døtregruppeafvigelser i avlsværdivurderingen
Da tyre, hvis observationer er den dobbelte døtregruppeafvigelse, evalueres i samme model som køerne, skal tyrenes observationer tillægges en vægt, så de vægtes mere i avlsværdivurderingen end enkelt observationer på køer. Faktoren k har værdien to, idet døtregruppeafvigelserne simuleres med de samme parametre som i AP. k beregnes som:

$$k = \sqrt{\sigma^2_{a\,AP} / \sigma^2_s} = \sqrt{\sigma^2_{a\,AP} / (0.25 * \sigma^2_{a\,AP})} = 2 \qquad (6.24)$$

hvor σ^2_s er tyre variansen.

I programmet er simuleringerne foretaget således, at det er de skalerede observationer (de dobbelte døtregruppeafvigelser), der er simuleret. Den skalerede residualvarians for døtregruppegennemsnittet $\sigma^{2\,*}_e$ beregnes som:

$$\sigma^{2\,*}_e = (3 * \sigma^2_{a\,AP} + 4 * \sigma^2_{e\,AP}) / n \qquad (6.25)$$

hvor n er antallet af døtre med registrering for egenskaben. For ydelse, frugtbarhed, kælvningsevne, celletal og kødproduktion er n= *n_afkom*, for eksteriør egenskaberne sættes n=0,5* *n_afkom* og for egenskaberne mastitis og øvrige sygdomme sættes n=0,7* *n_afkom*.

Vægten w beregnes da som residualvariansen i AP divideret med residualvariansen for den skalerede døtregruppeafvigelse:

$$w = \frac{n * \sigma^2_{e\,AP}}{2^2 * (3/4 * \sigma^2_{a\,AP} + *\sigma^2_{eAP})} \qquad (6.26)$$

Avlsværdivurdering af enkelt egenskaber
Dyrene avlsværdivurderes for ydelse på baggrund af ydelsesresultater fra første og anden laktation i SK og AP. En model, hvor permanent miljø indgår, anvendes, da det er antaget, at den genetiske korrelation mellem ydelse i første laktation og ydelse i anden laktation er 1. For afprøvede tyre indgår døtregruppeafvigelse for ydelse i første laktation i testpopulationen. Forlængelse af laktationer anvendes kun for køer i SK og AP. Laktationerne i SK og AP er fordelt på besætning-år-sæson grupper, idet laktationerne inden for besætning er fordelt på fire sæsoner. Hvor der er foretaget fysiologiske funktionsprøver, anvendes disse som korreleret information til ydelsesegenskaberne. Der anvendes en model, hvor residual korrelationen såvel som den permanente residualkorrelation mellem fysiologiske funktionsprøver og ydelse er sat til 0.

Eksteriør egenskaber (lemmer, malkeorganer, malketid og temperament) vurderes en gang i løbet af første laktation, og ingen dyr vurderes mere end én gang. Alle dyr i SK og AP eksteriørvurderes. Antallet af dyr i testpopulationen, der eksteriørvurderes, er 0,5* *n_afkom*, døtre pr. tyr.

For yversundhed anvendes den samme model som for ydelsesegenskaberne, hvor celletalsobservationer for både første og anden laktation og mastitis registrering på første laktationskøer i testpopulationen indgår som informationsegenskaber.

For egenskaberne frugtbarhed, kælvningsevne, resistens mod øvrige sygdomme samt kødproduktion beregnes avlsværditallene alene ud fra information fra testpopulationen.

Efter at avlsværdital for de enkelte egenskaber er estimeret, beregnes det samlede avlsværdital, der selekteres efter. Dette avlsværdital er en sammenvejning af de enkelte avlsværdital i henhold til de økonomiske vægte, der er angivet i parameterfilen.

6.2.1.8 Modul 8

I dette modul foretages selektion af avlsdyr. Selektionen foretages 11 måneder efter kælvningstidspunktet. Først selekteres tyre, der skal udvælges til testinseminering. Selektionsgrundlaget er alle 11 måneder gamle tyre født i både SK og AP. En given andel af tyrene afgår inden selektion eller er tilfældigt selekteret fra på egenskaber, der er ukorrelerede med avlsmålet. Det er i selektionsproceduren muligt at angive en maksimal grænse for antallet af halv- og helbrødre, der selekteres. Antallet af tyre, der skal selekteres, er givet som kvotienten mellem antallet af testdyr pr. år i testpopulationen og antallet af døtre pr. ungtyr. Af de levende tyre på 11 måneder selekteres det ønskede antal tyre baseret på tyrenes indekser. De ikke selekterede tyre udsættes, tillige med tyre over en given aldersgrænse. Der regnes ikke med nogen afgang af ventetyre.

Dernæst selekteres de hundyr, der skal forblive i SK eller indsættes i SK fra AP. Selektionsgrundlaget er alle hundyr i SK, der ikke har kælvet to gange plus alle 11 måneder gamle kvier i AP. Af disse er en given andel afgået ved tilfældighed siden hhv. parring og fødsel. Dernæst er der mulighed for at sætte restriktioner på antallet af halv- og helsøstre, som kan selekteres. De resterende dyr rangeres efter indeks. Først selekteres det ønskede antal dyr, der står lige foran kælvning, dvs. dyr der skal kælve første og anden gang. Det ønskede antal er 1 minus andel kvier (p*kvierSK*) i SK gange antal hundyr i SK. Dernæst selekteres det ønskede antal 11 måneders kvier. Det ønskede antal kvier i SK er antallet af hundyr i SK gange andel kvier, eller, hvis det ønskede antal køer ikke er opnået, så antallet af hundyr i SK minus antallet af selekterede køer.

For dyr, som er selekteret ind i SK, sættes variablen flyt til værdien 1, som tegn på at det er et dyr, der er født i AP. Samtidig ændres dyrets besætningsnummer til 1, som er besætningsnummeret på SK. I tilfælde af at simuleringerne foretages i en lukket kerne, dvs. at der ingen dyr er i AP, udsættes ikke-selekterede hundyr. Desuden slettes parringer i parringslisten, når mødrene ikke er selekterede. Dette gælder dog ikke, hvis parringen er resultat af ET. For afgåede dyr slettes alle observationer, der realiseres efter afgangsdatoen fra observationsfilen. Foretages simuleringerne i en åben kerne, fordeles de ikke selekterede dyr fra SK tilfældigt på besætninger i AP.

Ved simulering i en lukket kerne er der naturligvis ingen selektion i AP. Ved simulering i den åbne kerne er selektionsgrundlaget i AP alle levende dyr i AP, inklusiv de dyr der lige er fordelt fra SK. Dernæst afgår en andel, angivet ved *p_selh*, af hundyrene født i AP pga. ufrivillig udsætning. Herefter selekteres, baseret på indeks, indenfor besætning det ønskede antal ikælvede og ikke ikælvede hundyr.

Ikke selekterede dyr afgår, og ufødt afkom efter ikke selekterede mødre slettes. Fremtidige observationer på afgåede dyr slettes.

6.2.2 Design af simuleringsstudiet

Det udfærdigede simuleringsprogram giver, som det fremgår af forrige afsnit, mange variationsmuligheder. I det følgende redegøres for de til- og fravalg, der er foretaget i de her præsenterede simuleringer. Det gøres ved at redegøre for fastsættelsen af de enkelte parametre for simulering af en åben kerne. De anvendte parametre er anført i Tabel 6.3.

Fastlæggelsen af tidshorisonten (antallet af år simuleringerne løber over) og antallet af gentagelser af hver simulering er et kompromis, når der er en given tidsramme til simuleringerne, idet antallet af gentagelser må reduceres, hvis antallet af år, den enkelte simulering løber, øges. De simuleringer, der er foretaget, er meget tidskrævende, således kræver udførelsen af en gentagelse ofte mere end en uges cpu-tid.

Målet er at få den mindste middelfejl på regrecionsestimatet af gennemsnitlig avlsværdi på år. Hvis målingerne indenfor gentagelse er ukorrelerede, er variansen på regrecionsestimatet:

$$\frac{\sigma_w^2 / (\sum_{i=1}^{n} i^2 - (\sum_{i=1}^{n} i)^2) + \sigma_b^2}{r} \qquad (6.27)$$

hvor σ_w^2 er variansen indenfor gentagelse

n er antallet af målinger indenfor gentagelse

σ_b^2 er variansen mellem gentagelse

r er antallet af gentagelser

Formel 6.27 er anvendt til at fastsætte antallet af gentagelser, velvidende at målinger indenfor gentagelse i disse simuleringer er korrelerede. Tidshorisonten er sat til 25 år, og hver simulering gentages 5 gange. En anden måde at reducere tidsforbruget på er kun at foretage én avlsværdivurdering pr. år, idet en væsentlig del af tidsforbruget ved simuleringer skyldes avlsværdivurdering. I simuleringerne er det dog valgt at anvende to avlsværdivurderinger pr. år. Dermed er der nye avlsværdital til rådighed, når beslutning om parringskombination skal foretages, samt når der skal udvælges kalve til fysiologiske funktionsprøver. Simuleringerne svarer derved godt til det, der foretages i praksis.

For hvert dyr er der simuleret 19 egenskaber, disse fremgår af Tabel 5.8, der tillige viser egenskabernes heritabilitet samt genetiske og fænotypiske korrelationer. Ved anvendelse af disse parametre er forholdet mellem den permanente miljøvarians i SK og AP lig med forholdet mellem den additive genetiske varians i SK og AP for både ydelse og celletal, derved er forudsætningerne givet i formel 6.22 opfyldt. Gennemsnittet sættes for alle egenskaber til 0 i basepopulationen, mens den fænotypiske spredning i basepopulationen sættes til 1 for alle egenskaber. Der anvendes to forskellige sæt af økonomiske parametre. Et sæt hvor der alene lægges vægt på ydelse og et med økonomiske vægte svarende til værdierne i Tabel 6.1.

I *obstidt* angives ved hvilken alder de enkelte observationer indtræffer i en tyrs liv. I Tabel 6.3 er givet en værdi for hver af de 19 egenskaber. Ved angivelse af værdien 200 måneder, der ligger ud over en tyrs maksimale levealder, angives, at dyret ikke har nogen observation for den pågældende egenskab. For tyre gælder det for egenskaberne ydelse i første og anden laktation i SK, ydelse i anden laktation i AP, celletal i første og anden laktation i SK, samt celletal i anden laktation i AP. For de øvrige egenskaber "indtræffer" observationen i løbet af døtrenes første laktation, med undtagelse af egenskaberne fysiologiske funktionsprøver og kødproduktion, som indtræffer ved 6 hhv. 34 måneder.

I *obstidh* angives ved hvilken alder de enkelte observationer indtræffer i et hundyrs liv. Værdien 100 måneder angives, at der ikke eksisterer nogen observation for den pågældende egenskab. For hundyr drejer det sig om egenskaberne frugtbarhed, kælvningsevne, yversundhed, generel sundhed samt kødproduktion.

Antallet af hundyr pr. besætning er fastsat til maksimalt 200, heraf er en andel på (1-p*kvierAP*) køer, da p*kvierAP* er fastsat til 0,5 svarer det til 100 køer pr. besætning. Det er en besætningsstørrelse noget højere end den aktuelle i Danmark, men i en størrelsesorden der forventes indenfor 10 år (Anonym 1993). Antallet af besætninger er sat til 200, dvs. at der simuleres en population på 20.000 køer. Dette tal er i overensstemmelse med den aktive avlspopulation indenfor SDM, defineret som antallet af køer i de besætninger, der leverer kvægavlsforeningstyre.

Antallet af besætninger, der samles i SK er 15 (*besSK*=15), hvilket vil sige, at antallet af hundyr, der kælver i SK, er 1.500 årligt. Antallet af tyre i basepopulationen er 400. *Rho* er sat til 1, hvilket vil sige, at der anvendes fuldstændig assortativ parring i disse simuleringer, således at de bedste blandt tyrene anvendes til de bedste af de selekterede hundyr. Antallet af aldersgrupper for hhv. tyre og køer er 10 og 8, det vil for hundyrenes vedkommende sige, at de maksimalt kan kælve 6 gange. Fordelingen af tyre på aldersgrupper er i basepopulationen 15% i hver af de syv yngste grupper

og 5% i den 8. For hundyrenes vedkommende er der 50% kalve og 25% kvier og 25% første laktationskøer i basepopulationen.

Antallet af køer, der flytter sæsongruppe fra første til anden laktation er fastsat til 60%. Dette tal er baseret på estimater for det gennemsnitlige kælvningsinterval og spredningen på disse for de store danske malkeracer (Wassmuth et al. 1999). Antallet af parringer, der maksimalt kan udføres med en tyr i SK, er sat til 100, når reproduktionsstrategien er ET. Det vil sige, at der som minimum anvendes 4 tyre årligt i SK. Antallet af parringer, der maksimalt kan foretages med en tyr i AP, er sat til 4.000, hvilket vil sige, at der som minimum anvendes 5 tyre årligt i AP.
Kønsfordelingen er 0,5. Chancen for, at et hundyr bliver drægtig efter inseminering, eller chancen for at et hundyr responderer på ET eller OPU behandling, er sat til 0,9, hvilket med danske drægtighedsresultater (Borchersen & Hansen 1998) svarer til chancen for, at en ko er drægtig efter 2 insemineringer. Tilsvarende er chancen for, at en ko responderer på hormonbehandling sat til 0,9. Det er lidt over, hvad Callesen et al. (1996) angiver.

Testkapaciteten for fysiologiske funktionsprøver er sat til 750 kviekalve og 750 tyrekalve. Testkapaciteten i produktionspopulationen er fastsat til 30.000 dyr årligt. Hvis produktionspopulationen er på 270.000 køer svarer dette til en ungtyreanvendelse på 30 %. Antallet af effektive døtre pr. ungtyr simuleres på 2 niveauer. Det ene niveau er 80 døtre, som svarer til praksis i dansk kvægavl (Christensen & Pedersen 1997). Det andet niveau er 160. Med den givne testkapacitet svarer det til afprøvning af hhv. 375 og 187 ungtyre pr. år. Det gennemsnitlige antal levende fødte kalve efter køer, der responderer på ægtransplantation, er sat til 5. Her er det antaget, at kalvene i de fleste tilfælde er født efter to skylninger, idet det gennemsnitlige antal brugbare embryoner i det danske Fy-Bi projekt er 5,6 (Callesen et al. 1997), og drægtighedsraten i forskellige undersøgelser er fundet i intervallet fra 50% til 70% (Callesen et al. 1996). Recipientkapaciteten er sat til 1.500 svarende til antallet af kalve født i SK.

Andelen af tyre, der afgår inden selektion, er sat til 5%. Andelen af hundyr, der årligt afgår som følge af sygdom eller som følge af selektion for egenskaber ikke inkluderet i avlsmålet, er sat til 5%. Simuleringerne udføres både med og uden anvendelse af fysiologiske funktionsprøver.

Tabel 6.3 Anvendte parametre i simulering af åben kerne

Parameter	Forklaring	Værdi
ngen	Tidshorisont for simuleringerne	25 år
nrep	Antal gentagelser	5
avlvur	Antal avlsværdivurderinger pr. år	2
parstr	Anvendelse af hierarkisk eller faktoriel parringsplan	hierarkisk
negenskab	Antal egenskaber	19
gns	Egenskabernes gennemsnit	0 for alle eg.
std	Egenskabernes fænotypiske spredning	1 for alle eg.
h2	Egenskabernes heritabilitet	Tabel 5.8
r_g	Egenskabernes genetiske korrelation	Tabel 5.8
r_p	Egenskabernes fænotypiske korrelation	Tabel 5.8
vgts	Økonomiske vægte ved beregning af den sande samlede økonomisk avlsfremgang	Vægtene angivet i Tabel 6.1
vgts2	Selektions indeks vægte	Ydelse alene eller vægtene angivet i Tabel 6.1
obstidt	Hvornår i en tyrs liv en observation indtræffer, angivet i måneder	200 200 58 200 58 58 53 53 53 53 53 200 200 58 200 50 58 34 6
obstidh	Hvornår i et hundyrs liv en observation indtræffer, angivet i måneder	35 47 35 47 100 100 33 33 33 33 33 35 47 35 47 100 100 100 6
nh	Antal hundyr i de enkelte besætninger i AP	200
nbes	Antal besætninger i simuleringerne	200
besSK	Antal besætninger der samles i SK	15
nt	Antal tyre i basepopulationen pr. besætning	2
rho	Grad af assortativ parring	1
pkvierSK	Maksimal andel ikke ikælvede hundyr der selekteres til SK	0,5
pkvierAP	Maksimal andel ikke ikælvede hundyr der selekteres til AP	0,5
nalder_t	Antal aldersgrupper for tyre	10
nalder_h	Antal aldersgrupper for hundyr	8
alder_t	Startfordeling på aldersgrupper af tyre angivet i år	0,15 0,15 0,15 0,15 0,15 0,15 0,05 0 0
alder_h	Startfordeling på aldersgrupper af hundyr angivet i år.	0,50 0,25 0,25 0 0 0 0 0
p_max	Andel hundyr der flytter sæson gruppe	0,6
pratio1	Antal parringer en tyr kan foretage i SK	100
pratio2	Antal parringer en tyr kan foretage i SK	4.000

Parameter	Forklaring	Værdi
konratio	Kønsrate	0,5
drgpct	Drægtighedsprocent	0,9
n_FFtyr	Testkapacitet for FF for tyrekalve	750
n_FFkvie	Testkapacitet for FF for kviekalve	750
n_afkom	Antal døtre pr. ungtyr	80/160
n_tstdyr	Testkapaciteten	30.000
n_kalv	Gns. antal levende fødte kalve efter ET	5
kokap	Antal recipienter (oftest antal køer i SK)	1.500
p_2selt	Andel tyrekalve der afgår inden selektion eller kasseres på andre egenskaber	0,05
p_2selh	Andel hundyr som årligt afgår som følge af sygdom eller selektion for andre egenskaber	0,05

Som det fremgår af ovenstående er langt de fleste af parametrene i simuleringerne fastlagt på forhånd. I alle avlsplanerne afkomsundersøges tyrene i produktionspopulationen. I første del (KSFA-undersøgelsen) ændres på fire faktorer, og hver af faktorerne har to niveauer. Første faktor er **K**ernestrategi med to niveauer: I. en lukket kerne, hvor der kun selekteres i superkernen og II. en åben kerne, hvor der selekteres både i superkernen og avlspopulationen. Faktor to er **S**elektionskriterium: I. selektion for ydelse og II. selektion for S-indeks. Tredje faktor er anvendelse af **F**ysiologiske funktionsprøver med to niveauer: I. ingen anvendelse af fysiologiske funktionsprøver og II. anvendelse af fysiologiske funktionsprøver. Fjerde faktor er **A**fprøvningssikkerheden med to niveauer: I. tyrene afkomsundersøges med 80 døtre og II. tyrene afkomsundersøges med 160 døtre. Samtlige 16 avlsplaner, der kan kombineres af de fire faktorer, er simuleret. Af nedenstående oversigt fremgår de undersøgte faktorer i KSFA-undersøgelsen:

Faktor 1	Kernestrategi (**K**):	I.	Lukket kerne (LK)
		II.	Åben kerne (ÅK)
Faktor 2	Selektionsstrategi (**S**):	I.	Ydelse (Y)
		II.	S-indeks (S)
Faktor 3	Funktionsprøver (**F**):	I.	Ingen anvendelse af fysiologiske funktionsprøver (-FF)
		II.	Anvendelse af fysiologiske funktionsprøver (+FF)
Faktor 4	Afprøvningssikkerhed (**A**):	I.	80 døtre pr. tyr (80)
		II.	160 døtre pr. tyr (160)

Tillige er der udført en mindre undersøgelse. Denne del af simuleringerne (REPRO-undersøgelsen) er foretaget i en lukket kerne med ydelse som det eneste selektionskriterium og en døtregruppestørrelse på 80 døtre pr. tyr. I REPRO-undersøgelsen undersøges effekten af fire faktorer. Første faktor er reproduktionsstrategi med tre niveauer: I. ET, II. OPU og III. OPU3M. Anden faktor er reproduktionskapaciteten med to niveauer: I. det er muligt at "udruge" 1.500 stk. afkom årligt (hvilket svarer til antallet af lakterende køer i kernen) og II. det er muligt at udruge 6.000 stk. afkom årligt (hvilket svarer til, at en stor del af afkommet fra kernen udruges i recipienter udenfor kernen). Tredje faktor er anvendelse af fysiologiske funktionsprøver med to niveauer: I. ingen anvendelse af fysiologiske funktionsprøver og II. anvendelse af fysiologiske funktionsprøver. Fjerde faktor er parringsplan med to niveauer: I. anvendelse af hierarkisk parringsplan og II. anvendelse af faktoriel parringsplan, hvor hver donor parres med 4 forskellige tyre. Samtlige 24 avlsplaner, der kan kombineres af de fire faktorer simuleres. Af nedenstående oversigt fremgår de undersøgte faktorer i REPRO-undersøgelsen:

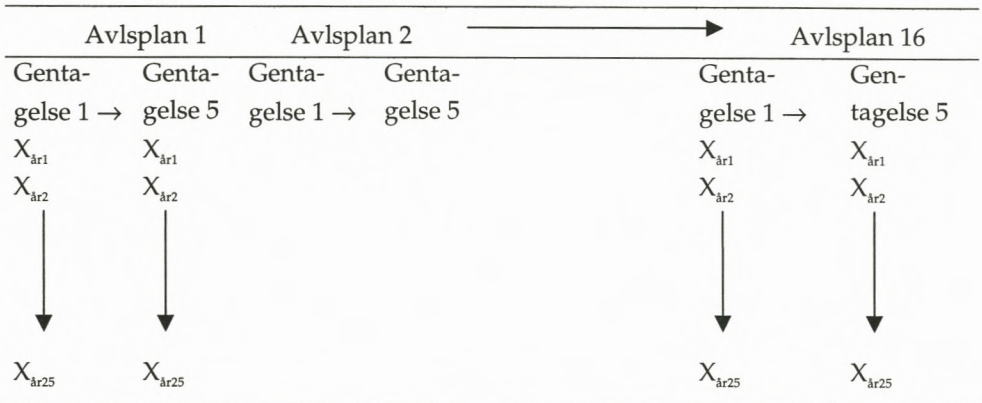
Faktor 1	Reproduktionsstrategi (**RS**):	I.	Ægtransplantation (ET)
		II.	Ovum-pick-up på kønsmodne dyr (OPU)
		III.	Ovum-pick-up på kønsmodne dyr og kviekalve (OPU3M)
Faktor 2	Recipientkapacitet (**RK**):	I.	Recipientkapacitet = 1.500 (antal kælvninger i kernen)
		II.	Recipientkapacitet = 6.000 (4*antal kælvninger i kernen)
Faktor 3	Funktionsprøver (**F**):	I.	Ingen anvendelse af fysiologiske funktionsprøver (-FF)
		II.	Anvendelse af fysiologiske funktionsprøver (+FF)
Faktor 4	Parringsplan (**PP**):	I.	Hierarkisk parringsplan
		II.	Faktoriel parringsplan

6.2.3 Analyse af resultater fra stokastiske avlsplansimuleringer

Ved afslutning af hver simulering findes data om avlsværdier for hvert dyr i den foretagne simulering, samt data om alle de realiserede observationer på de pågældende dyr. Desuden findes oplysninger om slægtsforhold og indavlsgrad for de enkelte dyr.

Herved er det muligt at beregne de gennemsnitlige avlsværdier for alle egenskaber for alle de simulerede dyr født i et givet år. Den gennemsnitlige indavlsgrad eller den genetiske varians for dyr født i et givet år kan også beregnes, og ligeledes de gennemsnitlige generationsintervaller. Ved analyse af avlsplansimuleringer er det netop disse oplysninger, der er af interesse.

Ved udførelse af flere simuleringer af samme avlsplan og simulering af flere alternative avlsplaner, som f.eks. i KSFA-undersøgelserne opnås en datastruktur, som vist i nedenstående:



Hvor X er gennemsnitlig avlsværdi for en af egenskaberne, genetisk varians for en af egenskaberne eller gennemsnitlig indavlsgrad i det givne år.

Simuleringsresultaterne er analyseret med proc mixed i SAS (Littell et al. 1996). Ved at vælge proc mixed er det muligt at vælge imellem forskellige korrelationsstrukturer, når der analyseres på en tidsserie. I analysen af resultater anvendes data fra en 20-årig periode fra år 6 til år 25. Grunden til at data frem til år 6 er udeladt af analysen, er, at simuleringerne skal køre over en periode før fordelingen af dyr på aldersklasser er i balance. Desuden skal der opsamles data fra slægtninge, så avlsværdivurderingen også er baseret på slægtskabsinformation. Inden for hver enkelt gentagelse er der en høj sammenhæng imellem de gennemsnitlige avlsværdier for en egenskab i på hinanden følgende år. Hvis den gennemsnitlige avlsværdi for en egenskab er høj i et år vil den også være høj det næstfølgende år. Anvendelse af proceduren "repeated" muliggør introduktion af en given korrelationsstruktur indenfor gentagelse. Optimalt vælges den ustrukturerede korrelationsstruktur, hvor der for hver enkelt år estimeres en varians, samt en kovarians mellem avlsværdier for hver enkelt år. Den ustrukturerede (ko)varians-matrice ser således ud:

$$
\begin{bmatrix}
\sigma^2_{år6} & \sigma_{år6år7} & \sigma_{år6år8} & \sigma_{år6år9} & \rightarrow & \rightarrow & \rightarrow & \rightarrow & \sigma_{år6år22} & \sigma_{år6år23} & \sigma_{år6år24} & \sigma_{år6år25} \\
\sigma_{år6år7} & \sigma^2_{år7} & \sigma_{år7år8} & \sigma_{år7år9} & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\
\sigma_{år6år8} & \sigma_{år7år8} & \sigma^2_{år8} & \sigma_{år8år9} & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\
\sigma_{år6år9} & \sigma_{år7år9} & \sigma_{år8år9} & \sigma^2_{år9} & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\
\downarrow & \cdot & \cdot & \cdot & \rightarrow & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\
\downarrow & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \rightarrow & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\
\downarrow & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \rightarrow & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\
\downarrow & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \rightarrow & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\
\sigma_{år6år22} & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \sigma^2_{år22} & \sigma_{år22år23} & \sigma_{år22år24} & \sigma_{år22år25} \\
\sigma_{år6år23} & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \sigma_{år22år23} & \sigma^2_{år23} & \sigma_{år23år24} & \sigma_{år23år25} \\
\sigma_{år6år24} & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \sigma_{år22år24} & \sigma_{år23år24} & \sigma^2_{år24} & \sigma_{år24år25} \\
\sigma_{år6år25} & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \sigma_{år22år25} & \sigma_{år23år25} & \sigma_{år24år25} & \sigma^2_{år25}
\end{bmatrix}
$$

Anvendelse af denne (ko)variansstruktur i proc mixed er på grund af begrænset computerkapacitet umulig i analysen af de aktuelle data. Endvidere er der begrænsede datamængder til rådighed for estimation af så mange (ko)varians-komponenter. Analyser af data viser, at variansen på både gennemsnittet af avls-værdien for samlet økonomisk fremgang, gennemsnittet af avlsværdien for ydelse og gennemsnittet af indavlsgraden stiger hen over årene. Det skal der tages hensyn til, hvis der analyseres på de aktuelle avlsværdier. Af den grund er det valgt at analysere på avlsfremgang og indavlsstigning pr. år i stedet, idet analyserne viste, at varianserne på disse kan betragtes som konstante over årene. Det datasæt, der analyseres på for avlsfremgang i KSFA-undersøgelserne, har følgende struktur:

Avlsplan 1		Avlsplan 2		⟶	Avlsplan 16	
Genta-gelse 1 →	Genta-gelse 5	Genta-gelse 1 →	Genta-gelse 5		Genta-gelse 1 →	Gen-tagelse 5
$\Delta G_{år6}$	$\Delta G_{år6}$				$\Delta G_{år6}$	$\Delta G_{år6}$
$\Delta G_{år7}$	$\Delta G_{år7}$				$\Delta G_{år7}$	$\Delta G_{år7}$
↓	↓				↓	↓
$\Delta G_{år25}$	$\Delta G_{år25}$				$\Delta G_{år25}$	$\Delta G_{år25}$

Det er antaget, at korrelationerne mellem disse avlsfremgange er ens for år, der ligger lige op ad hinanden, uanset om det er i de første eller de sidste år af simuleringerne. Endvidere er det antaget, at korrelationerne er ens for avlsfremgange, der ligger med 2 års afstand, 3 års afstand osv. En toeplitz korrelations-struktur opfylder disse krav og kan derfor anvendes, når der analyseres på avlsfremgang. (Ko)variansmatricen ser i dette tilfælde således ud:

$$\begin{bmatrix}
\sigma^2 & \sigma_1 & \sigma_2 & \sigma_3 & \rightarrow & \rightarrow & \rightarrow & \rightarrow & \sigma_{22} & \sigma_{23} & \sigma_{24} & \sigma_{25} \\
\sigma_1 & \sigma^2 & \sigma_1 & \sigma_2 & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \sigma_{24} \\
\sigma_2 & \sigma_1 & \sigma^2 & \sigma_1 & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \sigma_{23} \\
\sigma_3 & \sigma_2 & \sigma_1 & \sigma^2 & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \sigma_{22} \\
\cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \rightarrow & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\
\cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \rightarrow & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\
\cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \rightarrow & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\
\cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \rightarrow & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot \\
\sigma_{22} & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \sigma^2 & \sigma_1 & \sigma_2 & \sigma_3 \\
\sigma_{23} & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \sigma_1 & \sigma^2 & \sigma_1 & \sigma_2 \\
\sigma_{24} & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \sigma_2 & \sigma_1 & \sigma^2 & \sigma_1 \\
\sigma_{25} & \sigma_{24} & \sigma_{23} & \sigma_{22} & \cdot & \cdot & \cdot & \cdot & \sigma_3 & \sigma_2 & \sigma_1 & \sigma^2
\end{bmatrix}$$

For at sikre at der ikke begås fejl ved at anvende en toeplitz korrelationsstruktur fremfor en ustruktueret korrelationsstruktur er delmængder af data bestående af forskellige tiårs-perioder analyseret med både en toeplitz- og en ustruktueret korrelationsstruktur. Der blev ikke fundet signifikante forskelle mellem de to modeller.

6.3 Resultater og diskussion

6.3.1 Avlsfremgang ved anvendelse af forskellige avlsplaner

Ved analyse af den årlige samlede økonomiske avlsfremgang samt avlsfremgang for enkeltegenskaber i KSFA-undersøgelserne blev der anvendt en model, hvor år, kernestrategi, selektionsstrategi, anvendelse af fysiologiske funktionsprøver, sikkerhed samt alle vekselvirkninger mellem disse indgik. Denne model blev reduceret, således at effekter, der ikke var signifikante på 10% niveau, blev udeladt. Denne reduktion blev foretaget for både den samlede økonomiske avlsfremgang og for avlsfremgangen for ydelse. Reduktionen endte ikke op med den samme model for begge egenskaber. Det blev derfor valgt at anvende en model, hvor alle signifikante effekter fra begge de reducerede modeller indgik. Avlsfremgangen for alle egenskaber blev herefter analyseret efter følgende model:

$$Y_{ijklmn} = År_i + K_j + S_k + F_l + A_m + År_i * K_j + K_j * S_k * F_l * A_m + e_{ijklmn} \quad (6.28)$$

hvor

Y_{ijklmn} er enten årlig samlet økonomisk avlsfremgang eller årlig avlsfremgang på enkeltegenskaber i det i'te år, den j'te kernestrategi, den k'te selektionsstrategi, l'te anvendelse af fysiologiske funktionsprøver, den m'te sikkerhed og den n'te gentagelse.

$År_i$ er effekten af det i'te år (i = 6,7,8 ..... 24,25)

K_j er effekten af kernestrategi (j = 1,2) j = 1: lukket kerne, j = 2: åben kerne

S_k er effekten af den anvendte selektionsstrategi (k = 1,2) k = 1: selektion for ydelse, k = 2: selektion for S-indeks

F_l er effekten af at anvende fysiologiske funktionsprøver (l = 1,2) l = 1: ingen anvendelse af fysiologiske funktionsprøver l = 2: anvendelse af fysiologiske funktionsprøver

A_m er effekten af døtregruppestørrelse dvs. den sikkerhed, hvormed tyrene afprøves (m = 1,2) m = 1: 80 døtre pr. tyr, m = 2: 160 døtre pr. tyr

e_{ijklmn} er residualen af det i'te år, den j'te kernestrategi, den k'te selektionsstrategi, den l'te anvendelse af fysiologiske funktionsprøver, den m'te sikkerhed på afkomsundersøgelsen af tyre og den n'te gentagelse (n = 1,..,5). Hvor e har en toeplitz (ko)variansstruktur for at tage hensyn til målinger indenfor samme gentagelse.

Effekten af kernestrategi, selektionsstrategi, anvendelse af fysiologiske funktionsprøver, samt sikkerhed på de enkelte egenskaber fremgår af Appendiks 3A og Appendiks 3B. Estimaterne er mindste kvadraters gennemsnit fra den anvendte model. Dele af resultaterne er endvidere trukket ud og præsenteret i mindre tabeller sammen med den relevante tekst.

Som udgangspunkt i analysen af avlsfremgang i REPRO-undersøgelserne blev anvendt en model hvor år, reproduktionsstrategi, recipientkapacitet, fysiologiske funktionsprøver, parringsplan, samt alle vekselvirkninger mellem disse indgik. Denne model blev reduceret, således at effekter, der ikke var signifikante på 10% niveau, blev udeladt. Grunden til, at modellen i dette design kun blev tilpasset egenskaben ydelse, var, at der i dette design alene selekteredes for ydelse. Avlsfremgangen for alle egenskaber i REPRO-undersøgelserne blev således analyseret efter følgende model:

$$Y_{ijklmn} = År_i + RS_j + RK_k + F_l + PP_m + RS_j*PP_m + RK_k*F_l + År_i*RS_j*RK_k + e_{ijklmn} \quad (6.29)$$

hvor

Y_{ijklmn} er enten årlig samlet økonomisk avlsfremgang eller årlig avlsfremgang på enkelt egenskaber i det i'te år, den j'te reproduktionsstrategi, den k'te reproduktionskapacitet, l'te anvendelse af fysiologiske funktionsprøver, den m'te parringsplan og den n'te gentagelse

$År_i$ er effekten af det i'te år (i = 6,7,8 ..... 24,25)

RS_j er effekten af reproduktionsstrategi (j = 1,2,3) j = 1: Ægtransplantation (ET), j = 2: Ovum-pick-up på kønsmodne dyr (OPU), j = 3: Ovum-pick-up på meget unge dyr (OPU3M)

RK_k er effekten af den anvendte reproduktionskapacitet (k = 1,2) k = 1: reproduktionskapacitet på 1.500 kalve pr. år, k = 2: reproduktionskapacitet på 6.000 kalve pr. år.

F_l er effekten af at anvende fysiologiske funktionsprøver (l = 1,2) l=1: ingen anvendelse af fysiologiske funktionsprøver l = 2: anvendelse af fysiologiske funktionsprøver

PP_m er effekten af parringsplan (m = 1,2) m = 1: en hierarkisk parringsplan, m = 2: en faktoriel parringsplan.

e_{ijklmn} er residualen i det i'te år, den j'te reproduktionsstrategi, den k'te reproduktionskapacitet, den l'te anvendelse af fysiologiske funktions-prøver, den m'te parringsplan og den n'te gentagelse (n = 1,..,5). Hvor e har en toeplitz (ko)variansstruktur for at tage hensyn til målinger indenfor samme gentagelse.

6.3.1.1 Samlet økonomisk avlsfremgang

KSFA-undersøgelserne

Den samlede avlsfremgang for de 16 forskellige avlsplaner i KSFA-undersøgelserne, beskrevet i afsnit 6.2.2, fremgår af Tabel 6.4. Grundet det relativt begrænsede antal gentagelser er mange af forskellene mellem de forskellige avlsplaner ikke signifikante. Med undtagelse af 2 avlsplaner for hvilke der blev udført 10 gentagelser, blev der udført 5 gentagelser for hver avlsplan. Forskelle mellem estimater for de forskellige avlsplaner er signifikante på 5% niveau, når differencen er over 19 kr., mens der er signifikans på 10% niveau, når differencen er over 16 kr. På 20% niveau skal differencen være mere end 12 kr. for at være signifikant. Sammenlignes to avlsplaner, hvor den ene er udført med 5 gentagelser og den anden med 10 gentagelser, er de tilsvarende niveauer 17 kr., 14 kr. og 11 kr.

Tabel 6.4 Samlet økonomisk avlsfremgang i kr. pr. ko pr. år i de forskellige avlsplaner i KSFA-undersøgelserne.

	Selektion for S-indeks				*Selektion for ydelse*			
	Lukket kerne		*Åben kerne*		*Lukket kerne*		*Åben kerne*	
	80 døtre	160 døtre	80 døtre	160 døtre	80 døtre	160 døtre	80 døtre	160 døtre
- FF[a]	160	171	166	158	101	106	105	108
+ FF[a]	160	180[b]	171	185	114	125[b]	136	104

a FF: Fysiologiske funktionsprøver.
De b markerede estimater er baseret på 10 gentagelser, de øvrige på 5 gentagelser.

Det fremgår af Tabel 6.4, at avlsfremgangen er meget afhængigt af det selektionskriterium, der anvendes. Under forudsætning af, at de økonomiske vægte i det S-indeks, der selekteres for, udtrykker det sande avlsmål, er tabet i gennemsnit over avlsplanerne 56,2 kr. pr. ko pr. år ved at anvende et selektionskriterium alene baseret på ydelse fremfor et selektionskriterium baseret på det sande avlsmål. Sammensætningen af avlsfremgangen ændres meget afhængig af selektionskriteriet. Som det fremgår af Tabel 6.5 opnås der naturligvis en større avlsfremgang for egenskaben ydelse, når der udelukkende selekteres for ydelse fremfor at selektere for S-indeks. Forskelle i estimeret avlsfremgang for ydelse imellem de forskellige avlsplaner er signifikante på 5% niveau, når differencen er over 16 kr., på 10% niveau når differencen er over 14 kr., og på 20% niveau når differencen er over 11 kr.

Tabel 6.5 Økonomisk avlsfremgang for ydelse i kr. pr. ko pr. år i de forskellige avlsplaner i KSFA-undersøgelserne. I parentes er angivet avlsfremgangen i genetiske spredningsenheder.

	Selektion for S-indeks				*Selektion for ydelse*			
	Lukket kerne		*Åben kerne*		*Lukket kerne*		*Åben kerne*	
	80 døtre	160 døtre	80 døtre	160 døtre	80 døtre	160 døtre	80 døtre	160 døtre
- FF[a]	113	103	116	108	159	157	165	165
	(0,21)	(0,19)	(0,22)	(0,21)	(0,30)	(0,30)	(0,31)	(0,31)
+ FF[a]	119	114[b]	138	131	163	177[b]	185	176
	(0,23)	(0,22)	(0,26)	(0,25)	(0,31)	(0,33)	(0,35)	(0,33)

a FF: Fysiologiske funktionsprøver.
De b markerede estimater er baseret på 10 gentagelser, de øvrige på 5 gentagelser.

Som det fremgår af Tabel 6.6 og Tabel 6.7, kan den øgede avlsfremgang for ydelse ikke opveje det store tab, der er på de øvrige egenskaber i det sande avlsmål.

Som gennemsnit over de forskellige alternativer er der ikke nogen signifikant effekt på den samlede økonomiske avlsfremgang ved at anvende en åben avlsplan med 1.500 køer i kernen plus 18.500 køer i avlspopulationen i forhold til alene at have en lukket kerne på 1.500 dyr. Dette kan skyldes flere ting. Først og fremmest den højere heritabilitet i kernen. Dernæst at der i simuleringerne ikke blev anvendt ægtransplantation i avlspopulationen, hvilket er en antagelse, der ikke holder i praktisk kvægavl. Tillige er kernestørrelsen temmelig stor. Ifølge litteraturgennemgangen i kapitel 4 er det en væsentlig faktor for at opnå en høj avlsfremgang i en avlskerne (Meuwissen 1991b, Ruane & Thompson 1991, Schrooten & Van Arendonk 1992, Villenueva 1995a). Det bevirker, at det er vanskeligt at opnå yderligere avlsfremgang ved at åbne kernen.

Gennemsnittet dækker dog over variationer, således er effekten størst ved at åbne kernen, når det sker i kombination med anvendelse af fysiologiske funktionsprøver. Når åbningen af kernen sker i avlsplaner uden anvendelse af fysiologiske funktionsprøver, er det kun i kombination med selektion for S-indeks og en døtregruppestørrelse på 160 døtre, at der findes en signifikant effekt, og det er kun på 20% niveau. Resultatet af at åbne kernen er i det tilfælde en tilbagegang for samlet økonomisk avlsfremgang på 12 kr. pr. ko pr. år - et resultat der bør undersøges nærmere. I kombination med anvendelse af fysiologiske funktionsprøver er der en positiv effekt (signifikans niveau på 20%) af at åbne kernen, når det tillige sker i kombination med selektion for S-indeks og en døtregruppestørrelse på 80 døtre. Sker åbningen i kombination med ydelse som selektionskriterium og anvendelse af fysiologiske funktionsprøver, er der både ved en døtregruppestørrelse på 80 og 160 en signifikant effekt på 5% niveau. Ved 80 døtre er der en positiv effekt på 22 kr. ved at åbne kernen, mens der ved 160 døtre er en negativ effekt på 21 kr. Stigningen ved 80 døtre skyldes næsten udelukkende en ekstra avlsfremgang for egenskaben ydelse. Tilbagegangen ved 160 døtre skyldes, at avlsfremgangen i ydelse ikke ændres, samtidig med at tilbagegangen for de øvrige egenskaber stiger. En forklaring på, at avlsfremgangen for egenskaben ydelse kun optræder ved afprøvning af 80 døtre, kan være, at der i denne situation skal bruges dobbelt så mange ungtyre som ved afprøvning af 160 døtre pr. tyr, og derved er det en stor fordel at forøge selektionsgrundlaget.

Tabel 6.6 Økonomisk avlsfremgang i kr. pr. ko pr. år for omkostningsreducerende egenskaber (frugtbarhed, kælvningsevne, mastitis og øvrige sygdomme) i forskellige avlsplaner i KSFA undesøgelserne.

	Selektion for S-indeks				*Selektion for ydelse*			
	Lukket kerne		*Åben kerne*		*Lukket kerne*		*Åben kerne*	
	80 døtre	160 døtre	80 døtre	160 døtre	80 døtre	160 døtre	80 døtre	160 døtre
- FF[a]	1	25	10	11	-52	-47	-55	-51
+ FF[a]	5	26[b]	4	18	-50	-48[b]	-50	-62

a FF: Fysiologiske funktionsprøver.
De b markerede estimater er baseret på 10 gentagelser, de øvrige på 5 gentagelser.

Konsekvensen af anvendelse af fysiologiske funktionsprøver er fra neutral til stærkt positiv på de enkelte avlsplaner, og den overordnede effekt er på 13 kr. pr. ko pr. år. Effekten er størst for ydelse, hvor effekten er på 15 kr. pr. ko pr. år. Det stemmer godt overens med resultater fra Meuwissen & Woolliams (1993), der viste, at introduktion af en fysiologisk funktionsprøve med en korrelation på 0,5 med ydelse vil øge avlsfremgangen for ydelse med ca. 11%. Når der selekteres for S-indeks er effekten af at introducere fysiologiske funktionsprøver størst i kombination med en åben kerne. Det gælder både for den samlede økonomiske avlsfremgang, og især for avlsfremgangen for ydelse. Anvendelse af fysiologiske funktionsprøver har lille effekt i avlsplaner med lukket kerne og afprøvning af 80 døtre pr. tyr. Det skyldes antageligvis, at over halvdelen af de fødte tyre i disse avlsplaner skal anvendes som ungtyre. Derfor vil ekstra information om tyrene kun i mindre grad ændre på, hvilke tyre der vælges.

Ved introduktion af fysiologiske funktionsprøver lægges et større selektionstryk på ydelse, og derved kunne et fald i avlsfremgangen for sundhedsegenskaberne forventes, men det sker ikke. En mulig forklaring på dette kan være, at der, ved at inddrage selektion på fysiologiske funktionsprøver som korreleret information ved beregning af avlsværdital for ydelse, selekteres efter ydelsesanlæg, som er ukorrelerede med sundhedsegenskaberne. Dette er en følge af, at korrelationen mellem fysiologiske funktionsprøver og alle andre egenskaber med undtagelse af ydelse er sat til 0. Derfor mindskes tilbagegangen for de egenskaber, der er negativt korrelerede med ydelse. Dette ses i avlsplanerne, hvor der alene selekteres for ydelse. I avlsplanerne, hvor der selekteres for S-indeks, ophæves denne effekt af, at der lægges et stærkere selektionspres på ydelse i forhold til de øvrige egenskaber, når fysiologiske funktionsprøver anvendes. Det sker, fordi fysiologiske funktionsprøver giver tidlig information om ydelse.

Det er vigtigt at understrege, at disse resultater er baseret på de anvendte korrelationer mellem fysiologiske funktionsprøver og ydelse og øvrige egenskaber. Hvis korrelationerne mellem fysiologiske funktionsprøver og andre vigtige egenskaber er ugunstige, vil den samlede effekt af anvendelse af fysiologiske funktionsprøver formodentlig reduceres, og hvis korrelationerne er gunstige, vil den samlede effekt af fysiologiske funktionsprøver stige.

Tabel 6.7 Økonomisk avlsfremgang i kr. pr. ko pr. år for eksteriør egenskaber (lemmer, malkeorganer, malketid og temperament) i forskellige avlsplaner i KSFA-undersøgelserne.

	Selektion for S-indeks				*Selektion for ydelse*			
	Lukket kerne		*Åben kerne*		*Lukket kerne*		*Åben kerne*	
	80 døtre	160 døtre	80 døtre	160 døtre	80 døtre	160 døtre	80 døtre	160 døtre
- FF[a]	42	41	38	34	-8	-7	-7	-6
+ FF[a]	34	37[b]	27	33	2	-6[b]	-2	-10

a FF: Fysiologiske funktionsprøver.
De b markerede estimater er baseret på 10 gentagelser, de øvrige på 5 gentagelser.

Den gennemsnitlige overordnede effekt af at øge størrelsen af afkomsgrupperne fra 80 til 160 døtre pr. tyr er estimeret til 3 kr. pr. ko pr. år på den samlede økonomiske avlsfremgang. Denne stigning er ikke signifikant, men dækker over underliggende signifikante effekter. Effekten af at øge døtregruppestørrelsen er størst i de avlsplaner, hvor selektionskriteriet er S-indeks. Med dette selektionskriterium stiger den samlede økonomiske avlsfremgang for alle avlsplaner (undtagen når kernen er åben, og der ikke anvendes fysiologiske funktionsprøver) ved at øge afkomsgruppestørrelsen fra 80 til 160. Grunden til, at netop denne plan kommer ud med tilbagegang ved at øge afkomsgruppestørrelsen, er primært, at der ved denne forøgelse af døtregruppen ikke optræder væsentlig avlsfremgang for egenskaberne frugtbarhed, kælvningsevne, mastitis og øvrige sygdomme. Samtidig er der ved denne forøgelse ca. det samme fald i avlsfremgangen for ydelse, som der er i de øvrige avlsplaner med selektion for S-indeks.

Såfremt selektionskriteriet er ydelse, opnås der ikke øget økonomisk avlsfremgang ved at øge døtregruppestørrelsen, med mindre det sker i kombination med anvendelse af fysiologiske funktionsprøver. I kombination med anvendelse af fysiologiske funktionsprøver opnås derimod en effekt. I kombination med en lukket kerne er effekten en stigning i samlet økonomisk avlsfremgang på 11 kr. pr. ko pr. år, hvorimod der er et stærkt signifikant fald på 32 kr. pr. ko pr. år, når det sker i kombination med en åben kerne. Dette store fald bør undersøges nærmere.

Størst økonomisk avlsfremgang opnås i en åben avlsplan med anvendelse af fysiologiske funktionsprøver. Denne plan giver en årlig avlsfremgang på 185 kr. pr. ko pr. år, svarende til 0,30 spredningsenheder på avlsmålet. Som det fremgår af Tabel 6.8, kan hovedparten af denne fremgang tilskrives ydelsesforbedringer.

Tabel 6.8 Årlig avlsfremgang pr. ko pr. år for enkeltegenskaber i en åben avlsplan med anvendelse af fysiologiske funktionsprøver, en døtregruppestørrelse på 160 og selektion for S-indeks.

Egenskab	Avlsfremgang i σ_g enheder	Avlsfremgang i kr.
Samlet avlsfremgang	0,30	185
Ydelse	0,25	131
Frugtbarhed	-0,02	-3
Kælvningsevne	0,09	10
Lemmer	0,07	9
Malkeorganer	0,10	20
Malketid	0,04	3
Temperament	0,04	1
Mastitis	0,04	12
Øvrige sygdomme	-0,01	-1
Kødproduktion	0,05	4

Avlsfremgangen for ydelse er naturligvis ikke så høj, som når der udelukkende selekteres for denne egenskab. Der opnås en avlsfremgang på 0,33 genetiske spredningsenheder pr. år i en tilsvarende plan, hvor der alene selekteres efter ydelse. Det vil sige, at der opnås en avlsfremgang på 74% af den maksimalt opnåelige avlsfremgang for ydelse ved at selektere for S-indeks. Med hensyn til samlet økonomisk avlsfremgang er avlsplanen, hvor der selekteres for ydelse, dog meget underlegen, idet der kun opnås 56% af den fremgang, der opnås ved selektion for S-indeks. Det er en konsekvens af væsentlig tilbagegang for bl.a. de omkostningsreducerende egenskaber.

I tidligere danske undersøgelser foretaget med deterministiske simuleringsmetoder (Christensen & Pedersen 1997) blev der estimeret avlsfremgange for de samme enkeltegenskaber, som er medtaget i nærværende undersøgelse. En sammenligning af resultater fra de to modelstudier er vist i Tabel 6.9.

Tabel 6.9 Årlig fremgang for enkeltegenskaber i σ_g enheder fundet i simuleringerne foretaget af Christensen & Pedersen (1997) samt i egne simuleringer.

Egenskab	Ydelse	Frugtbarhed	Kælvningsevne	Lemmer	Malkeorganer	Malketid	Temperament	Mastitis	Øvrige sygdomme	Kødproduktion
Christensen & Pedersen	0,25	0,02	0,162	0,10	0,15	0,08	0,09	0,07	0,00	0,11
Egne sim.[a]	0,21	-0,02	0,06	0,08	0,11	0,09	0,03	0,00	-0,02	0,05

a Resultater fra en lukket avlsplan, med 80 døtre i afkomsgruppen, selektion efter S-indeks og uden anvendelse af fysiologiske funktionsprøver.

Forudsætningerne for simuleringerne af Christensen & Pedersen (1997) var en kerne på 1.000 dyr, hvori der blev anvendt ægtransplantation, med en succesrate på 4 afkom pr. donor, sammenholdt med i gennemsnit 5 afkom pr. donor i egne undersøgelser. I det anvendte avlsmål blev der lagt en lidt større vægt på ydelse relativt til de øvrige egenskaber, end der gøres i egne simuleringer. Tyrene blev ikke anvendt før afkomsundersøgelse forelå. Der blev avlsværdivurderet med et multitrait-indeks.

De fundne avlsfremgange ved deterministisk simulering var for alle egenskaber højere end de fundne avlsfremgange i egne simuleringer, selvom der blev anvendt en mindre effektiv avlsplan. Det skyldes enten en meget positiv effekt af at anvende multitrait-indeks eller (og) overvurdering af avlsfremgangen som følge af anvendelse af en deterministisk simuleringsmodel, der ikke tager hensyn til indavl. Baseret på en lang række tidligere undersøgelser, som omtalt i kapitel 4, er det rimeligt at antage, at den væsentligste grund til overvurderingen er, at der ikke blev taget hensyn til indavl.

I egne undersøgelser er der foretaget simuleringer med 5 gentagelser, der viser effekten af at anvende en konventionel avlsplan i avlspopulationen med de samme genetiske parametre, som er anvendt i AP. I sådanne simuleringer genereres ingen dyr i SK. Resultater af disse simuleringer fremgår af Tabel 6.10. I simuleringerne er der ikke anvendt fysiologiske funktionsprøver og afkomsgruppestørrelsen er på 80 døtre pr. tyr. Øvrige forudsætninger afviger ikke fra forudsætningerne i KSFA-undersøgelserne.

Tabel 6.10 Fremgang for enkeltegenskaber i konventionelle avlsplaner.

Egenskab	Selektionskriterium			
	Ydelse		S-indeks	
	σ_g enheder pr. år	kr. pr. ko pr. år	σ_g enheder pr. år	kr. pr. ko pr. år
Samlet økonomisk fremgang	0,17	105	0,26	157
Ydelse	0,29	151	0,19	102
Omkostningsreducerende egenskaber	-	-42	-	14
Frugtbarhed	-0,10	-15	-0,02	-3
Kælvningsevne	0,03	4	0,08	9
Mastitisresistens	-0,09	-25	0,03	9
Øvrige sygdomme	-0,06	-6	-0,01	-1
Eksteriøregenskaber	-	-3	-	38
Lemmer	-0,02	-2	0,04	6
Malkeorganer	-0,02	-3	0,12	25
Malketid	0,02	2	0,09	6
Temperament	0,01	0	0,02	0
Kødproduktion	0,00	0	0,04	3

Både i resultater fra KSFA-undersøgelserne og fra den konventionelle avlsplan ses et markant fald i det samlede økonomiske afkast af avlsplanen ved at gå fra S-indeks som selektionskriterium til selektion for ydelse alene. Det fald er noget større end beregnet af Meuwissen & Woolliams (1993). De angiver et tab på ca. 18% ved alene at selektere på ydelse, når det sande avlsmål inkluderer en sekundær egenskab med en heritabilitet på 0,25, en økonomisk vægt pr. fænotypisk spredningsenhed svarende til halvdelen af den økonomiske vægt pr. fænotypisk spredningsenhed for ydelse og en genetisk korrelation på –0,5 mellem den sekundære egenskab og ydelse. Grunden til det større tab i egne undersøgelser er, at der i det sande avlsmål i egne undersøgelser indgår flere egenskaber ud over ydelse, hvoraf mange er negativt korreleret med ydelse og tilmed har en væsentlig økonomisk værdi. Ud over et fald i det samlede økonomiske afkast ses en markant forskydning af avlsfremgangen på de enkelte egenskaber. Avlsfremgangen for ydelse stiger, mens der er tilbagegang for alle de øvrige egenskaber ved at gå fra S-indeks som selektionskriterium til selektion for ydelse alene. Samme forskydning i avlsfremgang på enkeltegenskaber blev fundet i simuleringerne foretaget af Christensen & Pedersen (1997) samt Bovenhuis et al. (1989).

I alle avlsplanerne er avlsfremgangen for frugtbarhed meget tæt på nul eller negativ, også når selektionskriteriet er et S-indeks med stor økonomisk vægt på egenskaben frugtbarhed. Dette skyldes den negative korrelation (-0.35) mellem ydelse og frugtbarhed i kombination med, at registrering af frugtbarhed på hundyr kun indgår i fædrenes avlsværdital og ikke i hundyrets egne avlsværdital. Egenskaben mastitis, der har den samme negative korrelation med ydelse som frugtbarhed, opnår derimod avlsfremgang, når der selekteres for et S-indeks. Det kan forklares med en større økonomisk vægt på egenskaben, samt registrering af celletal på enkelt-køer. Celletal anvendes i multitrait indekset som korreleret informationskilde til mastitis.

REPRO-undersøgelserne

Effekten af anvendelse af en mere avanceret reproduktionsteknologi samt anvendelse af øget reproduktionskapacitet er undersøgt i REPRO-undersøgelserne. Avlsfremgangen for det samlede økonomiske afkast og for ydelse alene ved forskellige avlsplaner fremgår af Tabel 6.11, Tabel 6.12 og Tabel 6.13. Det er vigtigt at bemærke, at der i REPRO-undersøgelserne er selekteret for ydelse alene. I Tabel 6.11 vises effekten af forskellige kombinationer mellem reproduktionskapacitet og reproduktionsstrategi. Ifølge model 6.29 er der en signifikant effekt af vekselvirkningen mellem disse kombinationer og år. Nærmere undersøgelser har dog vist, at vekselvirk-ningen med år skyldes fluktuationer indenfor de enkelte simuleringer. I Figur 6.4 er vist et eksempel på disse fluktuationer. I denne figur ses den gennemsnitlige avlsfremgang for ydelse pr. år i avlsplaner med anvendelse af ovum-pick-up og reproduktionskapacitet på 6.000 fødte kalve pr. år, samt avlsfremgangen i avlsplaner med anvendelse af ovum-pick-up på både kønsmodne dyr og kviekalve og en reproduktionskapacitet på 1.500. Det ses, at der indenfor de to grupper af avlsplaner er fluktuationer. Disse fluktuationer antages at være den væsentligste grund til den signifikante vekselvirkning mellem år, reproduktionsteknologi og reproduktionskapacitet. Det er derfor valgt at præsentere resultater for reproduktionsstrategi * reproduktionskapacitets vekselvirkningen alene.

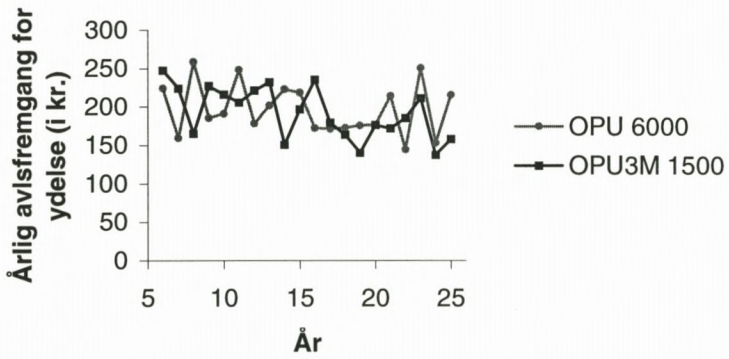


Fig. 6.4 Årlig avlsfremgang for avlplaner med anvendelse af OPU og en reproduktionskapacitet på 6.000 samt på avlsplaner med anvendelse af OPU3M og en reproduktionskapacitet på 1.500.

Tabel 6.11 Avlsfremgang for ydelse og samlet økonomisk avlsfremgang ved forskellige kombinationer af reproduktionskapacitet og reproduktionsstrategi i REPRO-undersøgelserne angivet i kr. pr. ko pr. år. Samlet økonomisk avlsfremgang er angivet med fed. I parentes er angivet avlsfremgangen for ydelse i genetiske spredningsenheder.

Reproduktions-kapacitet	Reproduktionsstrategi[1] ET		OPU		OPU3M	
1500	162 (0,31)	***105***	179 (0,34)	***127***	193 (0,36)	***136***
6000	180 (0,34)	***115***	197 (0,38)	***128***	205 (0,39)	***137***

1) ET: Ægtransplantation, i gennemsnit 5 stk. afkom pr. donor.
OPU: Ovum-pick-up, i gennemsnit 20 stk. afkom pr. donor.
OPU3M: Ovum-pick-up på dyr fra 3 måneders alderen, i gennemsnit 20 stk. afkom pr. donor.

Forskelle mellem estimater for ydelse er signifikante på hhv. 5%, 10% og 20% niveau, når forskellen er over hhv. 8 kr., 7 kr. og 6 kr.

Forskelle mellem estimater for samlet økonomisk avlsfremgang er signifikante på hhv. 5%, 10% og 20% niveau, når forskellen er over hhv. 13 kr., 11 kr. og 9 kr.

Tabel 6.12. Avlsfremgang for ydelse og samlet økonomisk avlsfremgang ved forskellige kombinationer af parringsplan og reproduktionsstrategi i REPRO-undersøgelserne angivet i kr. pr. ko pr. år. Samlet økonomisk avlsfremgang er angivet med fed. I parentes er angivet avlsfremgangen for ydelse i genetiske spredningsenheder.

	Reproduktionsstrategi[1]		
Parringsplan	ET	OPU	OPU3M
Hierarkisk	171 (0,32) ***109***	184 (0,35) ***125***	190 (0,36) ***135***
Faktoriel	171 (0,32) ***112***	192 (0,36) ***130***	207 (0,39) ***139***

1) Se fodnote til Tabel 6.11.

Forskelle mellem estimater for ydelse er signifikante på hhv. 5%, 10% og 20% niveau, når forskellen er over hhv. 8 kr., 7 kr. og 5 kr.

Forskelle mellem estimater for samlet økonomisk avlsfremgang er signifikante på hhv. 5%, 10% og 20% niveau, når forskellen er over hhv. 13 kr., 11 kr. og 8 kr.

Tabel 6.13 Avlsfremgang for ydelse og samlet økonomisk avlsfremgang ved forskellige kombinationer af reproduktionskapacitet og anvendelse af fysiologiske funktionsprøver i REPRO-undersøgelserne angivet i kr. pr. ko pr. år. Samlet økonomisk avlsfremgang er angivet med fed. I parentes er angivet avlsfremgangen for ydelse i genetiske spredningsenheder.

Reproduktions-kapacitet	-FF[a]	+FF[a]
1500	167 (0,32) ***109***	186 (0,35) ***137***
6000	190 (0,36) ***118***	198 (0,38) ***136***

a FF: Fysiologiske funktionsprøver.

Forskelle mellem estimater for ydelse er signifikante på hhv. 5%, 10% og 20% niveau, når forskellen er over hhv. 7 kr., 6 kr. og 4 kr.

Forskelle mellem estimater for samlet økonomisk avlsfremgang er signifikante på hhv. 5%, 10% og 20% niveau, når forskellen er over hhv. 11 kr., 9 kr. og 7 kr.

Ved anvendelse af mere avancerede reproduktionsmetoder og anvendelse af en øget reproduktionskapacitet, findes avlsfremgange på op til 139 kr. pr. ko pr. år i REPRO-undersøgelserne. De tilsvarende avlsfremgange i KSFA-undersøgelserne ligger i intervallet fra 100 til 114 kr. pr. ko pr. år, givet de samme forudsætninger, som er lukket kerne, ydelse som selektionsstrategi og 80 døtre pr. tyr. Der er en væsentlig økonomisk fordel ved at øge hundyrenes reproduktionsrate, således stiger avlsfremgangen fra 105 kr. pr. ko pr. år til 136 kr. pr. ko pr. år ved at gå fra ET til OPU3M, ved en reproduktionskapacitet på 1.500. Ved en reproduktionskapacitet på 6.000 er de tilsvarende fremgange fra 115 kr. til 137 kr. Disse stigninger i den samlede

økonomiske fremgang skyldes udelukkende avlsfremgang for egenskaben ydelse, mens der ingen udvikling ses for de øvrige egenskaber.

Der er ingen signifikant effekt på samlet økonomisk avlsfremgang ved at anvende en faktoriel parringsplan, men sammensætningen af den samlede avlsfremgang ændres, når reproduktionsstrategien er OPU eller OPU3M. Således øges avlsfremgangen for ydelse, mens avlsfremgangen for de øvrige egenskaber mindskes ved anvendelse af en faktoriel parringsplan. Ved ET som reproduktionsstrategi er der ingen ændring i sammensætningen af den samlede avlsfremgang.

Overordnet set er der en stigning i den samlede økonomiske avlsfremgang på 23 kr. pr. ko pr. år ved at anvende fysiologiske funktionsprøver i REPRO-undersøgelserne. Det betyder, at anvendelse af fysiologiske funktionsprøver har større effekt i en avlsplan med høj reproduktionsrate på hundyrene, da den overordnede effekt af at anvende fysiologiske funktionsprøver i KSFA-undersøgelserne kun var på 13 kr. Kun ca. 2/3 af denne avlsfremgang stammer fra avlsfremgang for egenskaben ydelse, resten af avlsfremgangen stammer fra en reduktion i tilbagegangen på andre egenskaber. Det skyldes antageligvis, at der i disse avlsplaner, hvor der alene selekteres på ydelse og hvor generationsintervallerne er lave, selekteres meget kraftigt for fysiologiske funktionsprøver, og derved for den del af egenskaben ydelse, som er forudsat at være ukorreleret med sundhedsegenskaberne.

Delkonklusion
De gennemførte simuleringer viser, at der kan opnås 40-50% større økonomisk avlsfremgang ved at selektere for det sande avlsmål (S-indekset) fremfor ydelse.

Effekten af at anvende en åben kerneavlsplan fremfor en lukket kerneavlsplan er ikke signifikant på tværs af avlsplaner. Ved selektion for S-indeks og anvendelse af fysiologiske funktionsprøver er der dog tendens til øget en samlet økonomisk avlsfremgang ved at åbne kernen.

Anvendelse af fysiologiske funktionsprøver eller andre markører for ydelse øger avlsfremgangen i en given avlsplan. Effekten af anvendelse af fysiologiske funktionsprøver er stigende, jo mere effektive reproduktionsstrategier der anvendes.

Effekten på samlet økonomisk avlsfremgang ved at øge døtregruppestørrelsen fra 80 til 160 er positiv, når selektionskriteriet er S-indekset, og der anvendes fysio-logiske funktionsprøver. Generelt er fordelingen af avlsfremgang på de forskellige egenskabsgrupper påvirket, således at der er en gunstig effekt på de omkostningsreducerende egenskaber på bekostning af ydelsesfremgang.

Anvendelse af ovum-pick-up på kønsmodne dyr øger både den samlede økonomiske avlsfremgang og avlsfremgangen for ydelse, når der selekteres for ydelse. Ved anvendelse af ovum-pick-up på kviekalve øges avlsfremgangen endnu mere.

6.3.1.2 Avlsfremgang for ydelse

Avlsfremgangen for denne egenskab diskuteres separat, fordi det er den vigtigste enkeltegenskab i det samlede avlsmål. Desuden er det den egenskab, der har været fokuseret på i langt de fleste hidtidige avlsplansimuleringer.

Ved selektion for S-indeks varierer avlsfremgangen for ydelse fra 0,20 til 0,26 σ_g enheder pr. ko årligt. Den største avlsfremgang opnås ved anvendelse af en åben kerne, anvendelse af fysiologiske funktionsprøver, samt afprøvning af 80 døtre pr. tyr.

Christensen og Pedersen (1997) beregnede en avlsfremgang på 0,25 σ_g enheder pr. år for ydelse i en lukket kerne avlsplan med 1.000 køer, uden anvendelse af fysiologiske funktionsprøver. I nærværende simuleringer er det tilsvarende estimat for en plan med ca. samme forudsætninger estimeret til 0,21 σ_g enheder pr. år. Forklaringen på den mindre avlsfremgang i nærværende simuleringer er, at de er foretaget efter stokastiske principper, hvor der tages hensyn til såvel indavlens som selektionens indflydelse på den genetiske variation.

Ved selektion efter ydelse alene opnås avlsfremgange fra 0,30 til 0,35 σ_g enheder pr. år i KSFA-undersøgelserne. I REPRO-undersøgelserne findes avlsfremgange i intervallet fra 0,31 til 0,39 σ_g enheder pr. år. Estimaterne fra både KSFA-undersøgelserne og fra REPRO-undersøgelserne er høje i forhold til de fleste estimater fra tidligere simuleringer.

Lukkede kerneavlsplaner

I de lukkede avlsplaner, hvor der selekteres for ydelse alene, er avlsfremgangen for ydelse i intervallet fra 0,30 til 0,33 genetiske spredningsenheder pr. år. Disse fremgange er næsten af samme størrelsesorden som de avlsfremgange, der blev estimeret for ydelse i de tidligste deterministiske MOET-kernesimuleringer. Nicholas & Smith (1983) fandt årlige avlsfremgange for ydelse på 0,358 σ_g enheder i en voksenplan og 0,378 σ_g enheder i en ungdyrplan. Colleau (1985) fandt årlige avlsfremgange mellem 0,310 og 0,344 σ_g enheder i en lukket kerne med en kernestørrelse på 200 køer. Disse estimater var for høje grundet manglende hensyntagen til reduceret genetisk varians som følge af selektion og indavl.

Grunden til, at egne resultater størrelsesmæssigt ligger tæt på disse høje estimater, er, at der i egne undersøgelser er anvendt en heritabilitet for ydelse på 0,42 i superkernen, hvor der i de tidligere simuleringer blev anvendt en heritabilitet på 0,25. Desuden er kernestørrelsen i egne simuleringer væsentlig højere end i de tidligere refererede undersøgelser.

De fundne avlsfremgange for ydelse i egne undersøgelser er større end de fleste tidligere estimater af avlsfremgang for ydelse fundet ved hjælp af stokastiske metoder. F.eks. fandt Juga & Mäki-Tanila (1987) en avlsfremgang for ydelse på 0,152 σ_g enheder pr. år, og Ruane (1991a) estimerede avlsfremgange for ydelse mellem 0,130 og 0,139 σ_g enheder pr. år i en avlsplan af tilsvarende størrelse som Juga & Mäki-Tanila (1987). I begge disse undersøgelser var heritabiliteten for ydelse 0,25. Dette kombineret med det lave antal dyr i simuleringerne bevirkede avlsfremgange på ca. det halve af avlsfremgangene i egne undersøgelser. Det lave antal dyr i de to simuleringer bevirkede forholdsvis lave selektionsintensiteter. Det skal dog påpeges, at selv om kernestørrelsen i egne simuleringer (1.500 fødte kalve i kernen pr. år og 1.500 lakterende køer pr. år) er stor, så ligger den ifølge Meuwissen (1990) under den optimale kernestørrelse, når selektionskriteriet er ydelse.

Jeon et al. (1990) fandt avlsfremgange på 0,193 σ_g enheder pr. år for en ydelsesegenskab med heritabilitet på 0,4. Tilsvarende avlsfremgang fandt Luo et al. (1995) ved samme heritabilitet. Avlsfremgangen var, på trods af ca. samme heritabilitet som i egne undersøgelser, meget mindre i disse undersøgelser end i egne undersøgelser, hvilket i begge undersøgelser er en følge af en mindre kernestørrelse.

Jeon et al. (1990) udførte i samme undersøgelse simuleringer, hvor der var sat restriktioner på indavlsstigningen, således at parringer, der ville resultere i afkom med over 6,25% indavl, ikke blev udført. Herved reduceredes avlsfremgangen til 0,126 σ_g enheder pr. år. Med de samme restriktioner på indavl, hvor kernestørrelsen var fire gange større, øgedes den genetiske avlsfremgang til 0,189 σ_g enheder pr. år. Disse beregninger viser, at avlsfremgangen i små kerner er meget påvirkelig af restriktioner på indavlen. I nærværende simuleringer er restriktionerne på indavl, at hel- og halvsøskende parringer samt forældreafkom parringer undgås, hvilket ikke er så strenge krav, som stillet af Jeon et al. (1990). Dette, kombineret med at antallet af dyr er langt større i egne simuleringer, gør, at avlsfremgangen i egne undersøgelser ikke i så høj grad er påvirket af de foretagne restriktioner på indavl. Det vil i fremtidige undersøgelser være særdeles relevant at undersøge, hvorledes mere avancerede metoder til undgåelse af indavl, som f.eks. beskrevet af Meuwissen & Sonesson (1998), påvirker avlsfremgangen.

De Boer & Van Arendonk (1994) fandt avlsfremgange af samme størrelsesorden som i egne undersøgelser varierende fra 0,264 til 0,342 σ_g enheder. Beregningerne blev foretaget i en lukket kerne uden afkomsundersøgelse. Den maksimale avlsfremgang opnåedes, når der i kernen årligt blev udvalgt 32 tyre og 16 køer, der producerede 512 stk. afkom årligt. Denne avlsplan er meget anderledes end den avlsplan, der anvendes i nærværende beregninger, men avlsfremgangen er ca. det samme. Det skal dog påpeges, at avlsplanen foreslået af De Boer & Van Arendonk (1994) ikke er velegnet, hvis der indgår egenskaber med lav heritabilitet i avlsmålet.

Anvendelse af en forbedret reproduktionsstrategi i lukkede kerner har en væsentlig effekt på avlsfremgangen for ydelse. Således stiger avlsfremgangen med 0,03 til 0,04 σ_g enheder pr. år ved at gå fra ET med 5 stk. afkom i gennemsnit pr. donor til OPU med 20 stk. afkom pr. donor. En forklaring på denne forskel kan bl.a. være den måde, hvorpå antallet af fødte kalve pr. donor simuleres. Ved ET simuleres antallet af levende kalve som beskrevet ved en poissonfordeling med middelværdi 5. Herved vil der være 26 % af de hundyr, der responderer på ET, der kun får nul, én eller to levende kalve, og disse har lille sandsynlighed for at producere både en tyre- og en kviekalv. Ved OPU simuleres antallet af levende kalve derimod sådan, at alle hundyr, der responderer på OPU, får levende tyre- og kviekalve. Ved reproduktionsstrategien OPU vil der derfor altid være både tyre- og kviekalve til rådighed efter de bedste hundyr. En forudsætning som ud fra et biologisk synspunkt måske ikke altid kan opfyldes i praksis. Det er en af grundene til, at avlsfremgangen er højere i OPU-avlsplaner.

Anvendelse af en faktorielt parringsplan i kombination med ET påvirker ikke avlsfremgangen i forhold til anvendelse af en hierarkisk parringsplan. Derimod øges avlsfremgangen med 0,024 σ_g enheder pr. år ved at gå fra ET til OPU i kombination med et hierarkisk parringsplan, og med 0,040 σ_g enheder pr. år i kombination med en faktoriel parringsplan.

Det, at der ikke ses nogen effekt af at gå fra en hierarkisk til en faktoriel parringsplan i kombination med ET, skyldes formodentlig to modsat rettede effekter. Anvendelse af en faktoriel plan mindsker indavlsstigningen og reduktionen i den genetiske varians, hvorved avlsfremgangen påvirkes i opadgående retning. Samtidig betyder anvendelse af en faktoriel plan, at donorer ikke bliver mor til både en tyre- og en kviekalv efter den bedste tyr, hvilket reducerer avlsfremgangen. De to effekter synes at ophæve hinanden. I kombination med ovum-pick-up vil den enkelte donor i langt de fleste tilfælde føde både en tyre- og en kviekalv efter hver tyr. Derved reduceres avlsfremgangen ikke som følge af, at der eventuelt ikke er født både en tyre- og en

kviekalv efter den bedste kombination af forældre. En avlsplan med faktoriel parring bliver derved overlegen i kombination med anvendelse af OPU.

Leitch et al. (1994) fandt, at introduktion af en faktoriel parringsplan øgede avlsfremgangen i en ungdyrplan, mens det i en voksenplan havde meget lille effekt. Dette svarer til resultaterne fra egne undersøgelserne, der viser størst effekt af en faktoriel parringsplan i kombination med ovum-pick-up på meget unge dyr. Woolliams (1989), Stranden et al. (1991) og De Boer & Van Arendonk (1994) fandt også øget avlsfremgang ved anvendelse af en faktoriel parringsplan.

Effekten af at øge reproduktionskapaciteten fra 1.500 til 6.000 kalve pr. år i superkernen er fra 12 til 20 kr. pr. ko pr. år for ydelsesfremgang afhængig af hvilke andre faktorer, det anvendes i kombination med.

Effekten af at anvende fysiologiske funktionsprøver i REPRO-undersøgelserne er uafhængig af reproduktionsstrategi og parringsplan. Derimod afhænger effekten af fysiologiske funktionsprøver af, om de anvendes i kombination med en reproduktionskapacitet på 1.500 eller på 6.000 kalve. I kombination med en reproduktionskapacitet på 1.500 kalve er effekten af at anvende fysiologiske funktionsprøver 16,0 kr. pr. ko pr. år eller 0,03 genetiske spredningsenheder for ydelse. I kombination med en reproduktionskapacitet på 6.000 kalve er effekten på 8,4 kr. pr. ko pr. år eller 0,016 genetiske spredningsenheder for ydelse. Det ses, at effekten af at anvende fysiologiske funktionsprøver er større i REPRO-undersøgelsen end i KSFA undersøgelsen. Det betyder, at effekten af fysiologiske funktionsprøver er størst i avlsplaner med meget effektive reproduktionsstrategier.

Åbne kerneavlsplaner

I egne simuleringer er den overordnede effekt af at anvende en åben kerne i forhold til en lukket kerne en stigning i den gennemsnitlige avlsfremgang fra 0,261 til 0,279 σ_g enheder pr. år, hvilket er en stigning på 6,9%. Det er i overensstemmelse med simuleringsresultater foretaget af Colleau (1986), der viste, at effekten af at åbne kernen var 6% de første 10 år, hvorefter effekten faldt til under 1% pr. år. Dekkers & Shook (1990c) fandt ingen effekt af at åbne kernen i ungdyrplaner, men fandt i voksenplaner en lille effekt af at åbne avlsplanerne.

Effekten af at åbne avlsplaner er størst i avlsplaner, hvor selektionskriteriet er S-indeks. Det må være en konsekvens af, at den øgede information fra avlspopulationen øger mængden af information om egenskaben ydelse. Det samme sker, når selektionskriteriet alene er ydelse, men i det tilfælde er der i forvejen et meget stort selektionspres på egenskaben, hvorfor ekstra information ikke er så værdifuld.

Meuwissen & Woolliams (1994b) fandt en lille effekt af at åbne kernen, når der blev sat moderate krav til variationskoefficienten (maks. 0,32) for egenskaben ydelse. Ved at sætte strengere krav (maks. 0,16) til variationskoefficienten for ydelse sættes samtidig strengere krav til den tilladte indavlsstigning. Ved dette krav til variationskoefficienten var der en effekt af at åbne kernen. Avlsfremgangen var i en lukket kerne med afkomsundersøgelse af tyre 0,281 σ_g enheder. Hvis kernen åbnedes, steg avlsfremgangen til 0,293 σ_g enheder, svarende til en stigning på 4,3%.

I egne undersøgelser fandtes en årlig avlsfremgang på 0,31 σ_g enheder for ydelse i en åben avlsplan uden anvendelse af fysiologiske funktionsprøver og 80 døtre pr. tyr. Denne avlsfremgang er sammenlignelig med avlsfremgangen på 0,290 σ_g enheder estimeret af Meuwissen & Van der Werf (1993) i en avlsplan, hvor der årligt blev født 512 kernedyr plus 10.000 andre og testet 256 ungtyre. Som forventet er avlsfremgangen lidt større i egne simuleringer, da antallet af dyr og de anvendte heritabiliteter er lidt større. Ud fra dette kunne man have forventet en endnu større forskel. En årsag, til at det ikke er tilfældet, er formodentlig, at der i simuleringerne foretaget af Meuwissen & Van der Werf (1993) ikke blev taget hensyn til indavl.

Schrooten et al. (1993) fandt avlsfremgange for egenskaben ydelse i intervallet fra 0,244 til 0,267 σ_g enheder pr. år i en avlsplan med en kernepopulation med anvendelse af ægtransplantation; en toppopulation med eller uden anvendelse af ægtransplantation, samt en produktionspopulation, hvor der anvendtes ungtyre og brugstyre. I produktionspopulationen blev dyrene ikke simuleret individuelt. Da der foregik en udveksling af dyr mellem top- og produktionspopulation, var slægtskabinformationen i simuleringerne utilstrækkelig til beregning af indavl. I simuleringerne blev ungtyrene efter testning ikke anvendt før afprøvning forelå. Ved anvendelse af de samme forudsætninger i eget simuleringsprogram som Schrooten et al. (1993) anvendte, da de fandt en avlsfremgang på 0,267 σ_g enheder pr. år, findes der i egne undersøgelser en avlsfremgang for egenskaben ydelse på 0,246 σ_g enheder pr. år. Det er i meget fin overensstemmelse, at estimatet fra egne undersøgelser ligger lidt under estimatet beregnet af Schrooten et al (1993), da deres model ikke tager hensyn til indavl.

Konventionelle avlsplaner

I egne simuleringer opnåedes en avlsfremgang på 0,285 σ_g enheder pr. år i en konventionel avlsplan. Dekkers & Shook (1990a) fandt ved semi-stokastiske simuleringer en avlsfremgang på 0,207 σ_g enheder pr. år for en konventionel avlsplan, hvor der alene selekteredes efter ydelse. Denne avlsfremgang øgedes til 0,214, hvis antallet af tyrefædre reduceredes fra 10 til 5 pr. 3-månedersperiode.

Anvendtes tillige ET på tyremødrene, steg avlsfremgangen yderligere til 0,229. I disse simuleringer blev der ikke taget hensyn til indavl. Den samme avlsfremgang (0,222) opnåede Dekkers & Shook (1990c) i en konventionel plan med anvendelse af MOET på tyremødre. Den forholdsvis lille avlsfremgang hos Dekkers & Shook (1990a,1990c) skyldes de forholdsvis lange generationsintervaller for henholdsvis brugstyre og tyrefædre på 7,31 og 7,20 år. I egne simuleringer er generationsintervallerne meget kortere, som følge af at tyrene kan anvendes som fædre, uafhængig af om de er afkomsundersøgt eller ej. Inddragelse af indavl i modellen ville endda trække avlsfremgangen længere ned, selv om indavlen stiger langsomt med de lange generationsintervaller og de forholdsvis mange tyrefædre, der blev anvendt. Dekkers et al. (1996) fandt tilsvarende resultater.

Meyer & Smith (1990) fandt ved stokastisk simulering uden hensyntagen til indavl en avlsfremgang på 0,195 σ_g enheder pr. år i en konventionel avlsplan med 8.000 hundyr og afkomsundersøgelse af 150 tyre årligt. Denne avlsfremgang ligger noget under avlsfremgangen på 0,285 σ_g enheder i egne undersøgelser af en konventionel avlsplan. Dette skyldes et større antal dyr, flere afprøvede tyre (388 mod 160), flere døtre pr. tyr (80 mod 60) samt en højere heritabilitet (0,28 mod 0,25) i egne undersøgelser end hos Meyer & Smith (1990).

Delkonklusion
De simulerede avlsfremgange for ydelse i egne undersøgelser fra avlsplaner, hvor selektionskriteriet er ydelse, stemmer overens med simuleringsresultater fra litteraturen, når der tages hensyn til de forudsætninger, disse simuleringer er foretaget under. I egne simuleringer findes avlsfremgange for ydelse i intervallet fra 0,20 til 0,26 σ_g enheder pr. år, når der simuleres for S-indeks, hvilket er mindre end beregnet i tidligere deterministiske simuleringer. I egne simuleringer findes avlsfremgange for ydelse i intervallet fra 0,30 til 0,35, når selektionskriteriet alene er ydelse. De højeste avlsfremgange findes i åbne kerner og i avlsplaner, der anvender fysiologiske funktionsprøver.

Anvendes mere avancerede reproduktionsstrategier stiger avlsfremgangen for ydelse helt op til 0,39 genetiske spredningsenheder pr. år. De højeste avlsfremgange findes i avlsplaner med anvendelse af fysiologiske funktionsprøver, faktorielle parringsplaner samt en reproduktionskapacitet på 6.000 kalve.

6.3.2 Avlsplan statistik

I dette afsnit er det valgt at fokusere på generationsintervallet for han- og hundyr i både KSFA og REPRO-undersøgelserne samt andelen af afkomsundersøgte tyre, der

er født i avlspopulationen. Sidstnævnte kan naturligvis kun undersøges i åbne avlsplaner.

Tabel 6.14 Generationsinterval for tyre i forskellige avlsplaner i KSFA-undersøgelserne.

	Selektion for S-indeks				*Selektion for ydelse*			
	Lukket kerne		*Åben kerne*		*Lukket kerne*		*Åben kerne*	
	80 døtre	160 døtre	80 døtre	160 døtre	80 døtre	160 døtre	80 døtre	160 døtre
- FF[a]	3,93	4,12	3,78	3,82	3,14	3,21	3,17	3,20
+ FF[a]	3,40	3,47	3,03	3,09	2,76	2,77	2,64	2,81

a FF: Fysiologiske funktionsprøver.

Af Tabel 6.14 fremgår, at generationsintervallet for tyre i KSFA-undersøgelserne er mellem 0,28 og 0,91 år kortere i avlsplaner, hvor der selekteres for ydelse fremfor S-indeks, når eneste forskel mellem avlsplanerne er selektionskriteriet. Det ses tillige, at tidlig information på tyrene i form af anvendelse af fysiologiske funktionsprøver mindsker generationsintervallet.

Når selektionskriteriet er S-indeks, reduceres generationsintervallet ved at anvende åbne avlsplaner fremfor lukkede avlsplaner. Det er en konsekvens af, at der kommer mere information om ydelse, hvorved denne egenskab vægtes mere og generationsintervallet mindskes. I avlsplaner med ydelse som eneste selektionskriterium ses denne effekt ikke, da hele selektionstrykket i forvejen ligger på ydelse i disse avlsplaner.

I Tabel 6.15 ses generationsintervallet på hundyrsiden i KSFA-undersøgelsen. Forskellen i generationsintervaller er meget mindre på hundyrsiden end på tyresiden. Det ses især i åbne avlsplaner, hvor der i hele avlspopulationen kun anvendes kunstig inseminering som reproduktionsmetode. I sådanne populationer er det ikke biologisk muligt at komme ret meget under generationsintervaller på 3,2 år, når populationsstørrelsen skal opretholdes. I lukkede kerner er generationsintervallet på hundyr i intervallet fra 2,5 år til 2,7 år. Grunden til, at generationsintervallet i disse avlsplaner er lavere, er, at der anvendes ET i disse avlsplaner. Der ses i de lukkede avlsplaner en tendens til, at generationsintervallet for hundyr er lidt kortere i avlsplaner, hvor der anvendes fysiologiske funktionsprøver.

Tabel 6.15 Generationsinterval for hundyr i forskellige avlsplaner i KSFA-undersøgelserne.

	Selektion for S-indeks				*Selektion for ydelse*			
	Lukket kerne		*Åben kerne*		*Lukket kerne*		*Åben kerne*	
	80 døtre	160 døtre	80 døtre	160 døtre	80 døtre	160 døtre	80 døtre	160 døtre
- FF[a]	2,64	2,63	3,26	3,27	2,68	2,67	3,24	3,23
+ FF[a]	2,57	2,54	3,25	3,22	2,56	2,54	3,19	3,21

a FF: Fysiologiske funktionsprøver.

Af Tabel 6.16 og Tabel 6.17 fremgår generationsintervallerne for hhv. tyre og hundyr i REPRO-undersøgelserne. I alle avlsplanerne med anvendelse af fysiologiske funktionsprøver er generationsintervallet på tyresiden lavere end i tilsvarende avlsplaner uden anvendelse af fysiologiske funktionsprøver. På hundyrsiden ses samme tendens i avlsplaner, hvor ovum-pick-up anvendes, men ikke i avlsplaner der anvender ET.

Anvendelse af en faktoriel parringsplan har en reducerende effekt på generationsintervallet for tyre i avlsplaner uden anvendelse af fysiologiske funktionsprøver, hvorimod der ikke ses nogen effekt i avlsplaner med anvendelse af fysiologiske funktionsprøver.

I avlsplaner uden anvendelse af fysiologiske funktionsprøver ses ingen effekt på generationsintervallet for tyre af at anvende mere avancerede reproduktionsteknikker, for hundyr er der derimod en tendens til længere generationsintervaller ved anvendelse af ovum-pick-up på kønsmodne dyr. I avlsplaner med anvendelse af fysiologiske funktionsprøver ses tendens til kortere generationsintervaller for tyre ved at anvende OPU fremfor ET, og endnu kortere generationsinterval ved at anvende OPU3M. På hundyrsiden er der en tendens til længere generationsintervaller ved anvendelse af OPU, mens det naturligvis afkortes meget ved overgang til OPU3M.

Tabel 6.16 Generationsinterval for tyre i forskellige avlsplaner i REPRO-undersøgelserne.

	Reproduktionskapacitet på 1.500				Reproduktionskapacitet på 6.000			
	Hierarkisk parringsplan		Faktorielt parringsplan		Hierarkisk parringsplan		Faktorielt parringsplan	
	-FF[a]	+FF[a]	-FF[a]	+FF[a]	-FF[a]	+FF[a]	-FF[a]	+FF[a]
Reproduktionstrategi[1)]								
ET	3,14	2,76	2,94	2,75	3,11	2,84	2,85	2,70
OPU	3,36	2,47	2,93	2,52	3,21	2,56	2,76	2,50
OPU3M	3,16	2,37	2,80	2,39	3,09	2,39	2,68	2,32

a FF: Fysiologiske funktionsprøver

1) ET: Ægtransplantation, i gennemsnit 5 stk. afkom pr. donor
OPU: Ovum-pick-up, i gennemsnit 20 stk. afkom pr. donor
OPU3M: Ovum-pick-up på dyr fra 3 måneders alderen, i gennemsnit 20 stk. afkom pr. donor.

Tabel 6.17 Generationsinterval for hundyr i forskellige avlsplaner i REPRO-undersøgelserne.

	Reproduktionskapacitet på 1.500				Reproduktionskapacitet på 6.000			
	Hierarkisk parringsplan		Faktorielt parringsplan		Hierarkisk parringsplan		Faktorielt parringsplan	
	-FF[a]	+FF[a]	-FF[a]	+FF[a]	-FF[a]	+FF[a]	-FF[a]	+FF[a]
Reproduktionstrategi[1)]								
ET	2,68	2,56	2,64	2,53	2,52	2,48	2,49	2,46
OPU	3,03	2,70	2,94	2,64	2,84	2,64	2,72	2,59
OPU3M	2,09	1,73	1,89	1,62	1,96	1,67	1,72	1,47

a FF: Fysiologiske funktionsprøver

1) Se fodnote til Tabel 6.16

I åbne kerneavlsplaner er det interessant at undersøge, hvor stor en del af avlsfremgangen, der stammer fra superkernen, og hvor stor en del der stammer fra avlspopulationen. Et udtryk for dette kan være andelen af afkomsundersøgte tyre født i hhv. superkernen og avlspopulationen. Andelen af afkomsundersøgte tyre født i avlspopulationen er angivet i Tabel 6.18. Andelen af tyrene født i avlspopulationen

er mellem 14% og 32% - afhængig af avlsplan. Der er to væsentlige grunde til den lave andel tyre født i avlspopulationen. For det første flyttes de bedste unge hundyr kontinuerligt fra avlspopulationen og ind i superkernen, hvorved avlspopulationen drænes for de bedste avlsdyr. Dernæst er der i superkernen en højere heritabilitet, hvilket øger sikkerheden af avlsværditallene på tyre født i superkernen.

Tabel 6.18 Andel af afkomsundersøgte tyre, der er født i avlspopulationen.

	Selektion for S-indeks		*Selektion for ydelse*	
	80 døtre	160 døtre	80 døtre	160 døtre
- FF**	0,25	0,19	0,25	0,17
+ FF**	0,32	0,14	0,21	0,14

Af tabellen ses, at andelen af tyre født i avlspopulationen er størst i avlsplaner, hvor der skal anvendes flest tyre, dvs. i avlsplaner hvor tyrene afprøves med 80 døtre pr. tyr fremfor 160 døtre pr. tyr. Det er en naturlig følge af, at der kun fødes ca. 750 tyrekalve årligt i superkernen.

6.3.3 Ændring i indavl og genetisk varians ved forskellige avlsplaner

6.3.3.1 Indavlsstigning i forskellige avlsplaner

Beregningerne af indavl i de simulerede avlsplaner er gennemført efter de samme principper som beregning af avlsfremgangen, hvilket vil sige, at indavlsændringen er fastlagt fra år til år, begyndende med år 6. Den reducerede model, hvorefter indavlsændringen er estimeret i KSFA-undersøgelserne, er vist herunder:

$$\begin{aligned} Y_{ijklmn} = {} & \text{År}_i + K_j + S_k + F_l + A_m \\ & + \text{År}_i * F_l \\ & + K_j * S_k * F_l \\ & + \text{År}_i * K_j * S_k * A_m \\ & + e_{ijklmn} \end{aligned} \qquad (6.30)$$

hvor

Y_{ijklmn} er den årlige ændring af indavl i det i'te år, den j'te kernestrategi, den k'te selektionsstrategi, l'te anvendelse af fysiologiske funktionsprøver, den m'te sikkerhed og den n'te gentagelse.

År_i er effekten af det i'te år (i = 6,7,8 ..... 24,25)

K_j er effekten af kernestrategi (j = 1,2) j = 1: lukket kerne, j = 2: åben kerne

S_k er effekten af den anvendte selektionsstrategi (k = 1,2) k = 1: selektion for ydelse, k = 2: selektion for S-indeks

F_l er effekten af at anvende fysiologiske funktionsprøver (l = 1,2) l = 1: ingen anvendelse af fysiologiske funktionsprøver l = 2: anvendelse af fysiologiske funktionsprøver

A_m er effekten af døtregruppestørrelse, dvs. den sikkerhed hvormed tyrene afprøves (m = 1,2) m = 1: 80 døtre pr. tyr, m = 2: 160 døtre pr. tyr

e_{ijklmn} er residualen af det i'te år, den j'te kernestrategi, den k'te selektionsstrategi, den l'te anvendelse af fysiologiske funktionsprøver, den m'te sikkerhed på afkomsundersøgelsen af tyre og den n'te gentagelse (n = 1,..,5). Hvor e har en toeplitz (ko)variansstruktur for at tage hensyn til målinger indenfor samme gentagelse.

I REPRO-undersøgelserne reduceres den fulde model til:

$$\begin{aligned} Y_{ijklmn} &= År_i + RS_j + RK_k + F_l + PP_m \\ &\quad + År_i * RS_j * RK_k * F_l \\ &\quad + RS_j * RK_k * F_l * PP_m \\ &\quad + e_{ijklmn} \end{aligned} \qquad (6.31)$$

hvor

Y_{ijklmn} er den årlige ændring i indavl i det i'te år, den j'te reproduktionsstrategi, den k'te reproduktionskapacitet, l'te anvendelse af fysiologiske funktionsprøver, den m'te parringsplan og den n'te gentagelse

$År_i$ er effekten af det i'te år (i = 6,7,8 ..... 24,25)

RS_j er effekten af reproduktionsstrategi (j = 1,2,3) j = 1: ET, j = 2: OPU på kønsmodne dyr (OPU), j = 3: OPU på meget unge dyr (OPU3M)

RK_k er effekten af den anvendte reproduktionskapacitet (k = 1,2) k = 1: reproduktionskapacitet på 1.500 kalve pr. år, k = 2: reproduktionskapacitet på 6.000 kalve pr. år.

F_l er effekten af at anvende fysiologiske funktionsprøver (l = 1,2) l = 1: ingen anvendelse af fysiologiske funktionsprøver l = 2: anvendelse af fysiologiske funktionsprøver

PP_m er effekten af parringsplan (m = 1,2) m = 1: en hierarkisk parringsplan, m = 2: en faktoriel parringsplan.

e_{ijklmn} er residualen i det i'te år, den j'te reproduktionsstrategi, den k'te reproduktionskapacitet, den l'te anvendelse af fysiologiske funktionsprøver, den m'te parringsplan og den n'te gentagelse (n = 1,..,5). Hvor e har en toeplitz (ko)variansstruktur for at tage hensyn til målinger indenfor samme gentagelse.

Af model 6.30 fremgår det, at ændringen i indavl i simuleringerne i KSFA-undersøgelserne er forskellig over tid afhængig af avlsplan. Da også disse vekselvirkninger mellem år og forskellige avlsplaner skyldes fluktuationer indenfor grupper af avlsplaner, er det valgt at præsentere stigninger i indavlen, hvori år ikke indgår. Disse fremgår af Tabel 6.19 og Tabel 6.20.

Tabel 6.19 Årlige indavlsstigninger afhængig af kernestrategi, selektionskriterium og anvendelse af funktionsprøver i KSFA-undersøgelserne.

	Selektion for S-indeks		*Selektion for ydelse*	
	Lukket kerne	*Åben kerne*	*Lukket kerne*	*Åben kerne*
- FF[a]	1,16	0,96	1,45	1,27
+ FF[a]	1,15	1,08	1,51	1,25

a FF: Fysiologiske funktionsprøver.
Forskelle større end 0,14 er signifikante på 5% niveau.
Forskelle større end 0,12 er signifikante på 10% niveau.
Forskelle større end 0,09 er signifikante på 20% niveau.

Af både Tabel 6.19 og Tabel 6.20 fremgår det, at indavlen stiger kraftigere, når selektionskriteiet er ydelse, end når selektionskriteriet er S-indeks, hvilket er imod almindelig avlsteori, hvor det forventes, at indavlen stiger kraftigere jo mindre heritabilitet, der er på selektionskriteriet, når der ved selektionen anvendes slægtskabsinformation. Dette er vist i forskellige simuleringsstudier (Belonsky & Kennedy 1988, Keller et al. 1990a, Quinton et al. 1992, Brisbane & Gibson 1995). Leitch et al. (1994) fandt i ungdyr planer ca. samme årlige indavlsstigninger uafhængig af heritabiliteten på avlsmålet, mens de årlige indavlsstigninger mindskedes i voksenplaner ved stigende heritabilitet på avlsmålet. Heritabiliteten for det samlede avlsmål er mindre end heritabiliteten for ydelse.

Grunden til, at indavlen i egne simuleringer stiger kraftigst ved selektion for ydelse alene, er, at generationsintervallet på tyresiden ved dette selektionskriterium er noget lavere end ved selektion for S-indeks. Årsagen til det er, at sikkerheden, på de indekser ikke-afprøvede tyre selekteres efter, er større, når avlsmålet er ydelse, end når avlsmålet er samlet økonomisk fremgang. Det skyldes at mange af de egenskaber, der indgår i S-indekset, såsom frugtbarhed kælvningsevne, mastitis og øvrige sygdomme kun har information fra tyrenes afkomsundersøgelse. Derfor anvendes flere ikke-afkomsundersøgte tyre, når der selekteres for ydelse. Disse er generelt mere beslægtede end afprøvede tyre, da deres indekser alene er baseret på slægtskabsinformation. Hvis der anvendes avlsplaner, hvor tyrene først bliver anvendt, når afkomsundersøgelse foreligger, vil indavlen formodentligt stige

kraftigere i avlsplaner med S-indeks som selektionskriterium end i avlsplaner med ydelse som selektions kriterium, idet der i S-indekset indgår en del egenskaber med lav heritabilitet.

Tabel 6.20 Årlige indavlstigninger afhængig af kernesstrategi, selektionskriterium og afprøvningssikkerhed i KSFA-undersøgelsen.

	Selektion for S-indeks		*Selektion for ydelse*	
	Lukket kerne	*Åben kerne*	*Lukket kerne*	*Åben kerne*
80 døtre	1,17	1,00	1,45	1,23
160 døtre	1,14	1,04	1,50	1,28

Forskelle større end 0,14 er signifikante på 5% niveau.
Forskelle større end 0,12 er signifikante på 10% niveau.
Forskelle større end 0,09 er signifikante på 20% niveau.

Avlsplaner med åbne kerner har signifikant lavere indavlsstigninger end avlsplaner med lukkede kerner. Dette er ikke undersøgt i tidligere simuleringer af åbne kerneplaner indenfor kvæg, da indavl i disse simuleringer er udeladt, men resultatet er forventeligt, da selektionsbasen bliver meget bredere ved, at kernen åbnes. Roden (1995) fandt ved simulering af avlsplaner for får, at indavlsstigningen faldt ved anvendelse af åbne kerner frem for lukkede kerner. Ligeledes er det i litteraturgennemgangen i kapitel fire fundet, at øget kernestørrelse mindsker indavlsstigningen.

Øget døtregruppestørrelse har ingen signifikant effekt på indavlsstigningen. Anvendelse af fysiologiske funktionsprøver har kun i enkelte avlsplaner en signifikant effekt på 10% niveau, det er i åbne avlsplaner med S-indeks som selektionskriterium.

I konventionelle avlsplaner findes lavere indavlsgrader end i såvel lukkede som åbne kerneavlsplaner. I konventionelle avlsplaner med selektion for S-indeks er den årlige indavlsstigning således 0,88 og ved selektion for ydelse 1,22. Grunden til de lavere indavlsstigninger er antageligvis, at antallet af mødre til de tyre, der anvendes til testinseminering i konventionelle avlsplaner, er større end i avlsplaner, hvor ægtransplantation eller ovum-pick-up anvendes.

I alle de simulerede avlsplaner i KSFA-undersøgelsen er de gennemsnitlige indavlsgrader meget høje efter 25 års selektion. Af Tabel 6.21 fremgår de gennemsnitlige indavlsgrader for dyr født i hhv. år 5, år 10, år 15, år 20 og år 25 i de forskellige avlsplaner. Det ses, at der ikke er nogen indavl i dyr født i perioden fra år 0 til år 5. Herefter er der i de fleste avlsplaner en kraftig stigning fra år 5 til år 10. Fra

år 10 og fremad stiger indavlen stadig kraftigt, men dog knap så kraftigt som i perioden fra år 5 til år 10.

Tabel 6.21 Gennemsnitlig indavlsgrad i forskellige avlsplaner i KSFA-undersøgelserne i hhv. år 5, år 10, år 15, år 20 og år 25.

		Selektion for S-indeks				*Selektion for ydelse*			
		Lukket kerne		*Åben kerne*		*Lukket kerne*		*Åben kerne*	
		80 døtre	160 døtre	80 døtre	160 døtre	80 døtre	160 døtre	80 døtre	160 døtre
- FF[a]	år 5	0	0	0	0	0,01	0	0	0,01
	år 10	0,10	0,08	0,06	0,07	0,11	0,11	0,06	0,07
	år 15	0,13	0,12	0,11	0,11	0,18	0,18	0,14	0,15
	år 20	0,19	0,20	0,15	0,14	0,24	0,25	0,20	0,21
	år 25	0,24	0,22	0,20	0,19	0,31	0,28	0,24	0,27
+ FF[a]	år 5	0,01	0	0	0	0,01	0,01	0	0
	år 10	0,09	0,10	0,06	0,06	0,09	0,11	0,06	0,07
	år 15	0,15	0,15	0,11	0,12	0,17	0,18	0,13	0,13
	år 20	0,21	0,18	0,16	0,18	0,24	0,25	0,20	0,19
	år 25	0,24	0,23	0,21	0,23	0,29	0,32	0,25	0,25

a FF: Fysiologiske funktionsprøver

Af Tabel 6.22 fremgår, at indførelsen af mere effektive reproduktionsstrategier i en avlsplan med hierarkisk parringsplan uden anvendelse af fysiologiske funktionsprøver ikke øger indavlsstigningen, snarere tværtimod. En mulig årsag til dette kan være, at antallet af anvendte fædre pr. generation er det samme, uanset hvilken reproduktionsstrategi der anvendes. For avlsplaner, hvor ovum-pick-up anvendes på meget unge hundyr, kan en årsag til den mindre indavlsstigning være, at de jævnaldrende tyre, som er de mest beslægtede, ikke er kønsmodne, hvorfor der anvendes ældre og mindre beslægtede "insemineringstyre" til de meget unge hundyr. Indføres de mere effektive reproduktionsstrategier derimod i hierarkiske parringsplaner i kombination med anvendelse af fysiologiske funktionsprøver øges indavlsstigningen signifikant.

Tabel 6.22 Årlig indavlsstigning i forskellige avlsplaner i REPRO-undersøgelsen.

	Reproduktionskapacitet på 1.500				Reproduktionskapacitet på 6.000			
	Hierarkisk parringsplan		Faktoriel parringsplan		Hierarkisk parringsplan		Faktoriel parringsplan	
	-FF[a]	+FF[a]	-FF[a]	+FF[a]	-FF[a]	+FF[a]	-FF[a]	+FF[a]
Reproduktionstrategi[1)]								
ET	1,50	1,43	1,19	1,24	1,60	1,60	1,22	1,36
OPU	1,39	1,41	1,39	1,33	1,47	1,59	1,45	1,28
OPU3M	1,35	1,90	1,65	1,63	1,48	1,81	1,64	1,82

a FF: Fysiologiske funktionsprøver

1) ET: Ægtransplantation, i gennemsnit 5 stk. afkom pr. donor
OPU: Ovum-pick-up, i gennemsnit 20 stk. afkom pr. donor
OPU3M: Ovum-pick-up på dyr fra 3 måneders alderen, i gennemsnit 20 stk. afkom pr. donor.

Forskelle større end 0,22 er signifikante på 5% niveau.
Forskelle større end 0,18 er signifikante på 10% niveau.
Forskelle større end 0,14 er signifikante på 20% niveau.

Anvendelse af mere effektive reproduktionsstrategier i forbindelse med avlsplaner, der anvender faktoriel parringsplan uden anvendelse af fysiologiske funktionsprøver, medfører signifikante stigninger i den årlige indavlsstigning. Således øges indavlsstigningen fra 1,19 pr. år ved anvendelse af ET til 1,39 ved anvendelse af OPU og til 1,65 ved anvendelse af OPU3M, når reproduktionskapaciteten er 1.500 fødte kalve pr. år. De tilsvarende stigninger, når reproduktionskapaciten er 6.000 fødte kalve pr. år, er 1,22, 1,45 og 1,64. Der er ingen signifikant effekt på indavlsstigningen af at anvende OPU i stedet for ET i avlsplaner med anvendelse af faktoriel parringsplan og anvendelse af fysiologiske funktionsprøver. Anvendes avlsplaner med ovum-pick-up på meget unge dyr i kombination med en faktoriel parringsplan og fysiologiske funktionsprøver, opnås derimod signifikant højere indavlsstigninger end i tilsvarende ET og OPU avlsplaner.

Fysiologiske funktionsprøver har ingen generel effekt på indavlsstigningen i forbindelse med reproduktionsstrategierne ET og OPU. Derimod ses en signifikant (P>0,05) øgning af indavlsstigningen, når fysiologiske funktionsprøver anvendes i kombination med ovum-pick-up på meget unge dyr. En undtagelse er dog avlsplaner med en faktoriel parringsplan i kombination med en reproduktionsrate på 1.500 fødte kalve pr. år.

Anvendelse af faktoriel parringsplan i stedet for hierarkisk parringsplan har en signifikant reducerende effekt på indavlsstigningen i kombination med ET som reproduktionsstrategi. En faktoriel parringsplan i forbindelse med OPU som reproduktionsstrategi har derimod kun en signifikant effekt, når reproduktionskapaciteten er på 6.000 kalve, og der anvendes fysiologiske funktionsprøver. Ved anvendelse af en faktoriel parringsplan fremfor en hierarkisk parringsplan i kombination med OPU3M øges indavlsstigningen, hvilket er et resultat af et væsentligt reduceret generationsinterval på både tyre- og hundyrsiden. Når OPU3M anvendes i kombination med fysiologiske funktionsprøver, er der enten ingen signifikant effekt eller en reducerende effekt på indavlsstigningen ved at anvende en faktoriel parringsplan fremfor en hierarkisk parringsplan.

Både De Boer & Van Arendonk (1994), Leitch et al. (1994) og Leitch et al. (1995) fandt i lukkede kerner uden afkomsundersøgelse af tyre reducerende effekt på indavl ved at anvende en faktoriel parringsplan fremfor hierarkisk parringsplan. Stranden et al. (1991) fandt en mindre indavlsstigning ved at bruge en faktoriel parringsplan. Luo et al. (1995) fandt derimod ingen signifikant effekt af en faktoriel parringsplan fremfor en hierarkisk parringsplan. En mulig årsag kan være, at Luo et al. (1995) simulerede en biologisk variation for antallet af afkom efter hver enkelt donor, hvor de øvrige forfattere antager et fast antal embryoner pr. donor. I egne undersøgelser er der også simuleret en biologisk variation for antallet af fødte kalve pr. donor.

Effekten af forskellige tiltag til reducering af indavl er meget afhængig af de øvrige tiltag, der foretages i en avlsplan for at reducere indavlen. Således er indavlsstigningen meget afhængig af populationsstørrelse (Jeon et al. 1990, de Boer & Van Arendonk 1994, Berg 1997). Antallet af anvendte fædre pr. generation har også betydning for indavlsstigningen (Stranden et al. 1991, De Boer & Van Arendonk 1994, Quinton & Smith 1995). Stigningen i indavl er altid større i mindre populationer og i populationer, der anvender færre fædre. I egne undersøgelser er populationsstørrelsen, hverken i de lukkede avlsstrategier eller i de åbne avlsstrategier, en væsentlig grund til indavlsstigning, idet der i de lukkede avlsplaner fødes 1.500 eller 6.000 stk. afkom pr. år og i de åbne avlsplaner ca. 20.000 stk. afkom pr. år. Antallet af anvendte fædre pr. år formodes at være det kritiske punkt mht. indavlsstigningen i egne undersøgelser.

Delkonklusion

I de undersøgte avlsplaner er indavlsstigningen større i avlsplaner, hvor selektionskriteriet er ydelse end i avlsplaner med selektion for S-indeks. Det er en konsekvens af et kortere generationsinterval på tyresiden, når selektionskriteriet er ydelse.

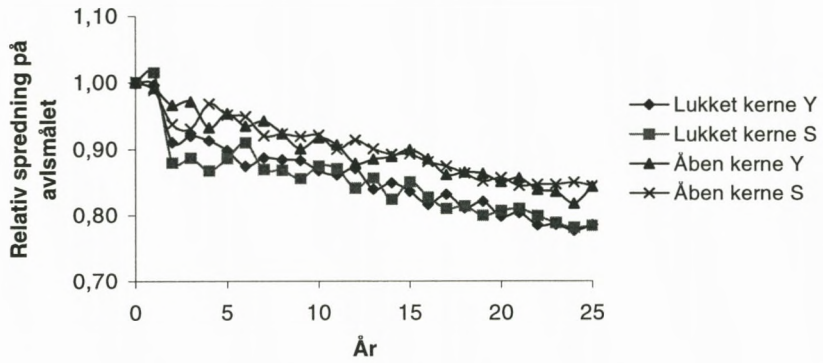
Effekten af at anvende en åben kerneavlsplan fremfor en lukket avlsplan er en lavere indavlsstigning. Anvendelse af fysiologiske funktionsprøver påvirker ikke indavlsstigningen væsentligt. Anvendelse af ovum-pick-up på kønsmodne dyr påvirker ikke indavlsstigningen væsentligt, derimod øges indavlsstigningen når ovum-pick-up anvendes på tre måneders kviekalve.

Anvendelse af en faktoriel parringsplan har en signifikant reducerende effekt på indavlsstigningen i ET avlsplaner, hvorimod effekten er meget mindre eller negativ i OPU og OPU3M avlsplaner.

6.3.3.2 Genetisk variation og spredning.

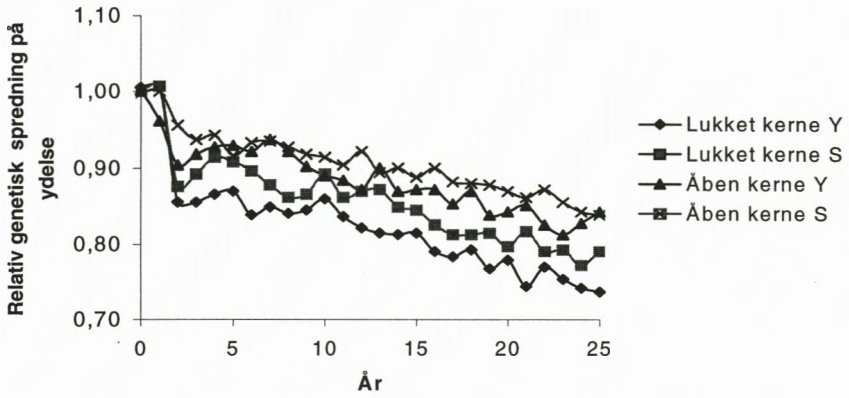
Genetisk variation for det samlede avlsmål (samlet økonomisk fremgang) og for ydelse er analyseret efter samme metode som ændring i avlsfremgang og ændring i indavl. Det er valgt at analysere på selve den genetiske varians, og ikke på ændringen i genetisk varians fra år til år, idet variansen på den genetiske variation modsat variansen på avlsværdier og indavlsgrad er relativ konstant fra år til år. Ved reduktion af modellen har det for KSFA-undersøgelserne vist sig, at femfaktor-vekselvirkningen ikke kunne reduceres væk. De tidligere omtalte fluktuationer over tid er også gældende for den genetiske varians, både for variansen på det samlede økono-miske avlsmål og for variansen på ydelse.

For overskuelighedens skyld er det valgt at vise udviklingen af genetisk spredning for grupper af avlsplaner. Figur 7.5 viser udviklingen for den genetiske spredning for det samlede avlsmål indenfor hver af de forskellige kombinationer af kernestrategi og selektionsstrategi. Figur 7.6 viser for de samme kombinationer udviklingen af den genetiske spredning for ydelse.



Figur 6.5. Udvikling af genetisk spredning for det samlede avlsmål: Samlet økonomisk fremgang inden for fire forskellige kombinationer af kernestrategi og selektionsstrategi i KSFA-undersøgelserneanalyserne. Spredning i basepopulationen er sat til 1.

Af Figur 6.5 og Figur 6.6 fremgår, at den genetiske spredning for både det samlede avlsmål og for ydelse reduceres drastisk i de første fem år af simuleringerne. Reduktionen i denne periode skyldes udelukkende Bulmer-effekten, da der frem til år fem ikke optræder indavl i simuleringerne. Det ses, at reduktionen af spredningen som følge af Bulmer-effekten er størst i de lukkede kerner. Det er en konsekvens af, at der i de lukkede kerner er en højere heritabilitet på ydelse og celletal, hvilket øger selektionspresset, og dermed Bulmer-effekten. Herefter reduceres den genetiske spredning for både det samlede avlsmål og for ydelse jævnt over tiden. Da indavlsgraden i den tilsvarende tidsperiode er jævnt stigende, antages størsteparten af faldet i genetisk variation fra år fem og fremad at skyldes indavl. Der er en kraftigere reduktion af genetisk varians i avlsplaner, hvor kernen er lukket, end i avlsplaner, hvor kernen er åben, hvilket stemmer overens med, at der i avlsplanerne med lukket kerne er en større indavlsstigning end i avlsplanerne med åben kerne. For ydelse er reduktionen af den genetiske varians større i avlsplaner, hvor selektionskriteriet er ydelse end i avlsplaner, hvor selektionskriteriet er S-indeks.



Figur 6.6 Udvikling af genetisk spredning for ydelse, inden for fire forskellige kombinationer af kernestrategi og selektionsstrategi. Spredningen i basepopulationen er sat til 1.

Den genetiske spredning på det samlede avlsmål falder fra ca. 610 kr. til ca. 510 kr. i avlsplaner med åbne kerner og til ca. 475 kr. i avlsplaner med lukkede kerner, svarende til en reduktion på hhv. ca. 30% og ca. 39% i den genetiske varians. For ydelse falder den genetiske spredning fra ca. 0,53 til ca. 0,44 i lukkede avlsplaner, og til ca. 0,40 i åbne avlsplaner, i begge tilfælde med tendens til kraftigere reduktion, når avlsmålet er ydelse. Det svarer til en reduktion i den genetiske varians på hhv. ca. 31% og ca. 43%, hvilket stemmer overens med, at Ruane & Thompson (1991) fandt et fald i genetisk varians for ydelse på ca. 41% ved selektion i seks generationer i lukkede avlsplaner uden afkomsundersøgelse. Tilsvarende fandt Belonsky & Kennedy (1988) næsten en halvering af den genetiske varians efter 8-9 generationers selektion i en kerne med 4 orner og 100 søer pr. generation. Reduktionen var uafhængig af heritabiliteten for egenskaben under selektion. Stranden et al. (1991) fandt også næsten en halvering af variansen efter 8 generationers selektion, og som i egne simuleringer skete over halvdelen af reduktionen i første selektionsrunde (Bulmer-effekten).

For alle egenskaber er reduktionen i genetisk varians som følge af indavl ens. Reduktionen i genetisk varians som følge af indavl i år 25 svarer approksimativt til indavlsgraden i det år, forældrene er født. Reduktionen som følge af indavl er da ca. 17% i åbne kerner med selektion for S-indeks, ca. 20% i lukkede kerner med selektion for S-indeks , ca. 21% i åbne kerner med selektion for ydelse og ca. 25% i lukkede kerner med selektion for ydelse.

Disse reduktioner i genetisk varians som følge af Bulmer-effekten og indavl er langt de væsentligste grunde til at den årlige avlsfremgang reduceres, når der anvendes effektive avlsplaner i flere år.

6.3.4 Udvikling af avlsfremgang over tid

Den genetiske fremgang for de forskellige egenskaber i avlsmålet ændres hen over tid, til trods for at det er den samme avlsplan, der praktiseres gennem alle årene. De tre væsentligste faktorer til det er, at den genetiske varians, selektionsintensiteten og sikkerheden på avlsværditallene ændres hen over tid. Den genetiske varians reduceres, som det er beskrevet i forrige afsnit. Selektionsintensiteten reduceres som beskrevet i kapitel 4 som følge af korrelationer mellem avlsværdital, og denne korrelation øges med årene, efterhånden som dyrene bliver mere beslægtede. Begge dele reducerer avlsfremgangen. Sikkerheden på avlsværditallene øges derimod over tid, som følge af at der opnås øget slægtskabsinformation om de enkelte dyr, hvilket medvirker til at øge avlsfremgangen. I analyserne er der kun anvendt data efter år fem, hvilket vil sige, at den estimerede udvikling over tid ikke i væsentlig grad er påvirket af Bulmer-effekten, da størstedelen af variansreduktionen som følge koblingsuligevægt på dette tidspunkt er sket.

Af model 6.28 fremgår det, at år*kernestragi effekten er signifikant for avlsfremgangen i KSFA-undersøgelserne. Ved hjælp af estimate statement i SAS (Littell et al. 1996) er det undersøgt, om ændringerne i mindste kvadraters gennemsnit over år for hver af de to kernestrategier kan beskrives med en ret linje, et kvadratisk led, et kubisk led eller evt. flere led. Analyser viser, at ændringen over tid for både samlet økonomi og ydelse kan beskrives med en ret linje. Tabel 6.23 viser det årlige fald i avlsfremgangen for samlet økonomisk avlsfremgang (kr. pr. ko pr. år) i hhv. en lukket kerne og en åben kerne.

Tabel 6.23 Det årlige fald i den samlede økonomiske avlsfremgang (kr. pr. ko pr. år) fra år 5 til år 25 i KSFA-undersøgelserne

Lukket kerne	Åben kerne
1,74 kr. +/- 0,49 kr.	1,39 kr. +/- 0,55 kr.

Af tabellen fremgår det, at faldet i en lukket kerne er 1,74 kr. pr. ko pr. år. Der er altså tale om en væsentlig nedgang i avlsfremgangen fra år 5 til år 25. Faktisk falder den årlige avlsfremgang inden for samme avlsplan, hvis der er tale om en lukket avlsplan, med 35 kr. pr. ko pr. år, og hvis der er tale om en åben avlsplan 28 kr. pr. ko pr. år. Af tabellen fremgår det, at de to estimater ikke er signifikant forskellige, selv

om effekten af år*kernestrategi er signifikant. Det må formodes at skyldes de tidligere omtalte fluktuationer. Af Tabel 6.24 fremgår størrelsen af det årlige fald i den genetiske fremgang for egenskaben ydelse pr. ko pr. år. Faldet i avlsfremgangen for ydelse er af samme størrelsesorden som faldet for samlet økonomisk avlsfremgang. Heraf må det konkluderes, at ændringen for egenskaber ud over ydelse ikke ændres hen over tid.

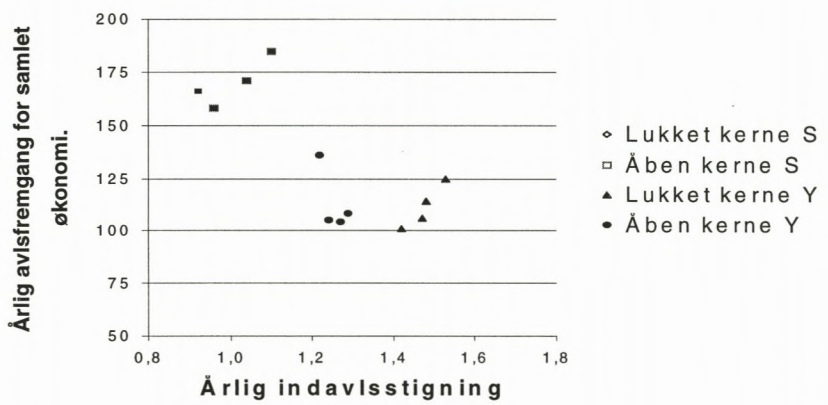
Tabel 6.24 Det årlige fald for avlsfremgang for ydelse fra år 5 til år 25 i KSFA-undersøgelserne.

Lukket kerne	Åben kerne
1,80 kr. +/- 0,42 kr.	1,40 kr. +/- 0,47 kr.

Leitch et al. (1994) udførte mange simuleringer indenfor malkekvæg, og de fandt i alle simuleringer størst avlsfremgang i de første generationer, hvorefter avlsfremgangen reduceredes, hvilket stemmer overens med egne resultater.

6.3.5 Sammenhæng mellem indavl og avlsfremgang

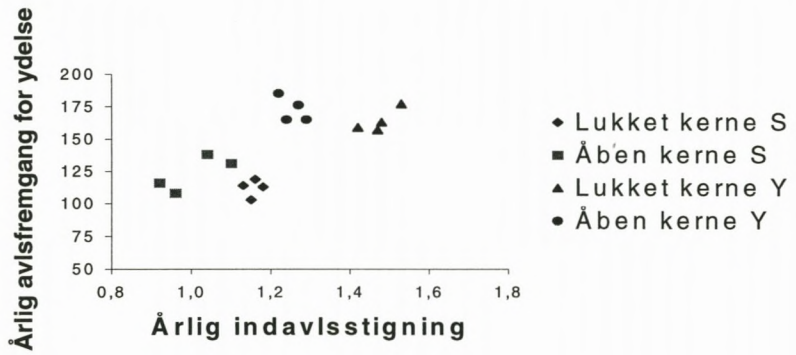
I Figur 6.7 og Figur 6.8 er vist sammenhængen mellem indavl og hhv. samlet økonomisk avlsfremgang og avlsfremgang for ydelse. I figurerne er avlsplanerne grupperet i forhold til kernestrategi og selektionsstrategi. Figurerne viser, at der totalt set ikke er en lineær sammenhæng mellem årlig indavlsstigning og avlsfremgang. Det bevirker, at der ved valg af avlsplan er mulighed for at begrænse indavlen samtidig med, at avlsfremgangen øges.



Figur 6.7 Sammenhæng mellem årlig indavlsstigning og årlig avlsfremgang for samlet økonomi i KSFA-undersøgelserne.

Figur 6.7 viser, at den årlige avlsfremgang for samlet økonomi er væsentlig højere ved selektion for S-indeks end for ydelse og det endda ved en væsentlig lavere indavlsgrad. Desuden ses det, som tidligere beskrevet, at avlsfremgangen i åbne og lukkede avlsplaner generelt er meget ens, hvorimod indavlsstigningen er væsentlig mindre i åbne avlsplaner end i lukkede avlsplaner.

Af Figur 6.8 fremgår det, at sammenhængen mellem indavlsstigningen og avlsfremgang for ydelse er mere lineær end sammenhængen mellem indavl og samlet økonomisk fremgang som vist i Figur 6.7. Ligeledes ses det, at der ved selektion for ydelse opnås en højere fremgang for ydelse end ved selektion for S-indeks, men denne avlsfremgang er fulgt af en forøget indavlsstigning. Det fremgår også, at avlsfremgangen i åbne kerner er lidt højere end i lukkede kerner, hvilket er beskrevet i det tidligere afsnit om avlsfremgang for ydelse. Denne avlsfremgang opnås endda ved en lavere indavlsstigning.

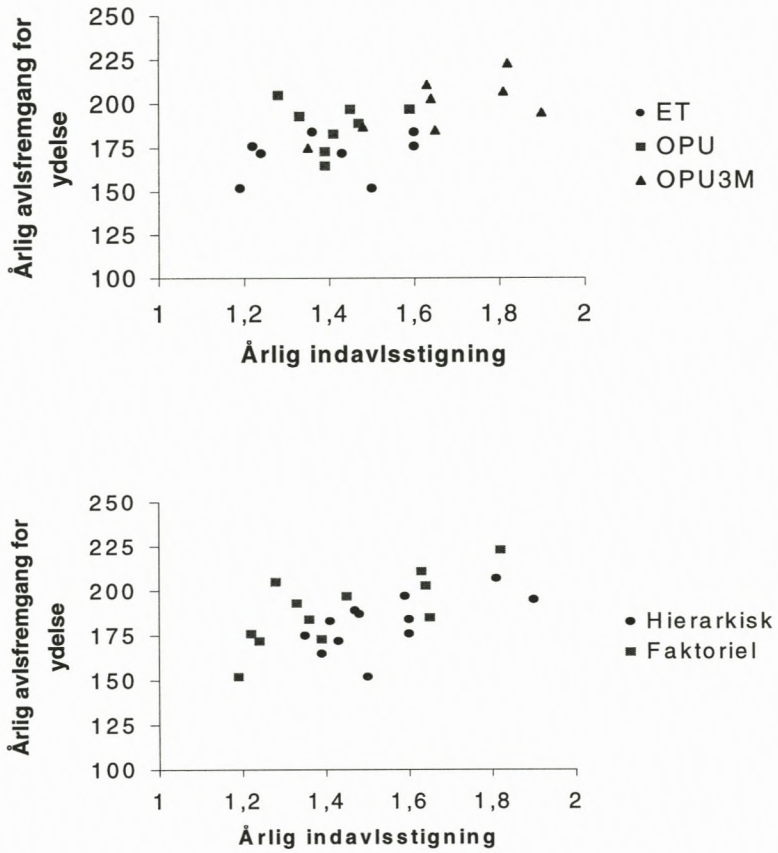


Figur 6.8 Sammenhæng mellem årlig indavlsstigning og årlig avlsfremgang for ydelse i KSFA-undersøgelserne.

Af Figur 6.9 fremgår det, at den generelle sammenhæng mellem indavlsstigning og avlsfremgang for ydelse, som blev fundet i KSFA-undersøgelserne kan genfindes i REPRO-undersøgelserne.

Af figurerne ses, at avlsfremgangen i avlsplaner hvor ovum-pick-up anvendes på kønsmodne dyr er lidt højere end avlsfremgangen i ET avlsplaner, mens indavlsstigningen er meget ens for de to typer af avlsplaner. Derimod ses både højere avlsfremgang og større indavlsstigninger i avlsplaner, hvor ovum-pick-up anvendes på kviekalve.

I nederste del af Figur 6.9 er avlsplanerne opdelt efter om der anvendes hierarkiske eller faktorielle parringsplaner. Heraf ses, at faktorielle parringsplaner generelt har lavere indavlsstigninger end hierarkiske avlsplaner. Desuden ses det, at faktorielle parringsplaner ved en given indavlsstigning medfører større avlsfremgang end hierarkiske avlsplaner. Det svarer til det generelle billede fra afsnit 4.2.10 af effekten af faktorielle parringsplaner.



Figur 6.9 Sammenhæng mellem årlig indavlsstigning og årlig avlsfremgang for ydelse i REPRO-undersøgelserne.

Den i nærværende undersøgelse fundne generelle sammenhæng mellem indavlsstigning og avlsfremgang for ydelse er også fundet i andre simuleringer (Quinton et al. 1992, De Boer & Van Arendonk 1994, Brisbane & Gibson 1995, Quinton & Smith 1995 og Meuwissen 1997a). I disse simuleringer ses en tilnærmelsesvis lineær sammenhæng mellem indavl og avlsfremgang for egenskaber med varierende

heritabilitet ved indavlsgrader op til 40%, dvs. indenfor det område af indavlsgrader, der findes i egne simuleringer. Quinton et al. (1992) og Brisbane & Gibson (1995) har undersøgt sammenhængen ved indavlsgrader større end 40%. De fandt, at den lineære sammenhæng ophører, når indavlgraden overstiger 40%. Først flader avlsfremgangen ud, og ved store indavlsgrader falder avlsfremgangen.

6.4 Konklusion af egne undersøgelser

De foretagne simuleringer med Kvægsim viser, at den avlsplan, der kan anbefales til en middelstor dansk kvægpopulation, skal findes blandt de åbne kerneavlsplaner, hvor der selekteres efter S-indeks, eller blandt de lukkede avlsplaner, hvor tyrene afkomsundersøges med 160 døtre pr. tyr, og der selekteres efter S-indeks. I disse avlsplaner opnås den største avlsfremgang kombineret med de mindst mulige indavlsstigninger.

Den bedste avlsplan er en åben avlsplan, hvor der afprøves 160 døtre pr. tyr og anvendes fysiologiske funktionsprøver. Denne avlsplan forventes at give en samlet avlsmæssig fremgang på 185 kr. pr. ko pr. år og en årlig indavlsstigning på 1,10%. Dernæst følger en tilsvarende lukket avlsplan med en forventet avlsmæssig fremgang på 180 kr. og en indavlsstigning på 1,13% pr år.

De gennemførte simuleringer viser, at der kan opnås 40-50% større økonomisk fremgang ved at selektere for det sande avlsmål (S-indekset) fremfor ydelse.

Effekten af at anvende en åben kerneavlsplan fremfor en lukket kerneavlsplan er ikke signifikant på tværs af avlsplaner, men i kombination med selektion for S-indeks og anvendelse af fysiologiske funktionsprøver er der tendens til øget samlet økonomisk fremgang ved at åbne kernen. Dette, kombineret med en reduceret indavlsstigning i åbne kerner samt et mindre fald i den genetiske varians, gør disse avlsplaner interessante for fremtidens avlsarbejde med kvæg. På den baggrund kan det anbefales, at dansk kvægavl fortsætter og udvider strategien med avl i åbne kerner.

Anvendelse af fysiologiske funktionsprøver eller andre markører for ydelse øger avlsfremgangen i en given avlsplan uden væsentlig påvirkning af indavlsstigningen. Effekten af anvendelse af fysiologiske funktionsprøver er stigende jo mere effektive reproduktionsstrategier, der anvendes.

Når selektionskriteriet er S-indekset og der anvendes fysiologiske funktionsprøver stiger den samlede økonomiske avlsfremgang ved at øge døtregruppestørrelsen fra

80 til 160. Generelt er fordelingen af avlsfremgang på de forskellige egenskabsgrupper påvirket, således at der er en gunstig effekt på de omkostningsreducerende egenskaber på bekostning af ydelsesfremgang ved at øge døtregruppestørrelsen.

Når der selekteres for ydelse øger anvendelse af ovum-pick-up på kønsmodne dyr både den samlede økonomiske avlsfremgang og avlsfremgangen for ydelse. Avlsfremgangen sker uden nogen væsentlig ændring i indavlsstigningen. Ved anvendelse af ovum-pick-up på kviekalve øges avlsfremgangen endnu mere, men da med en betydelig indavlsstigning til følge.

Generelt er indavlstigningen i alle avlsplaner høj, selv om der i de simulerede avlsplaner er brugt mindst fire tyre årligt. Tidligere har anbefalingerne været, at det indenfor en tidshorisont på 25 år ikke var nødvendigt at tage hensyn til indavl. Denne opfattelse skal ændres. Indavl er et problem, som bør tages alvorligt i dansk kvægavl.

En faktoriel parringsplan reducerer indavlsstigningen ved samme avlsfremgang, når reproduktionsstrategien er ET, og der selekteres for ydelse. En faktoriel parringsplan er derfor at anbefale.

Den genetiske varians for både samlet økonomisk fremgang og for ydelse reduceres betydeligt i takt med længden af den periode en given avlsplan har været effektiveret. For det samlede avlsmål var den genetiske varians reduceret med 30 - 39% afhængig af avlsplan efter 25 års avlsarbejde. For ydelse var reduktionen mellem 31 og 43%. Lidt over halvdelen af denne reduktion skyldes indavl, og den resterende del skyldes Bulmer-effekten

Disse reduktioner er skyld i, at de årlige avlsfremgange mindskes væsentligt med tiden. I gennemsnit falder den årlige avlsfremgang for avlsmålet med mellem 1,39 og 1,74 kr. pr. år. Det vil sige, at udbyttet af avlsarbejdet ved gennemførelse af den samme avlsplan er mellem 28 kr. og 35 kr. mindre pr. ko pr. år i år 25 i forhold til år fem.

Undersøgelserne viser, at tidligere deterministiske avlsplansimuleringer har overvurderet avlsfremgangen af en given avlsplan. Det skyldes især, at der ikke er taget hensyn til indavl, som reducerer den avlsmæssige fremgang over årene. Sammenligninger med resultater fra øvrige simuleringsstudier viser, at Kvægsim giver pålidelige resultater, idet programmet predikterer resultater, der svarer til resultater fra tidligere foretagne stokastiske simuleringer, når der anvendes de samme forudsætninger.

7. Konklusion

Litteraturgennemgangen over tidligere foretagne avlsplansimuleringer viste, at der indenfor malkekvægområdet er et behov for at udføre stokastiske avlsplansimuleringer indeholdende alle egenskaber af økonomisk betydning. De tidligere foretagne simuleringer er udført alene for ydelse eller med deterministiske metoder, der ikke tager højde for indavlens påvirkning af den genetiske varians.

Litteraturgennemgangen, over genetiske og fænotypiske parametre mellem egenskaber af økonomisk betydning for malkekvægholdet, viste, at parametrene for ydelsesegenskaber er bestemt i mange undersøgelser, mens parametrene for mange af de omkostningsreducerende egenskaber enten slet ikke er beregnet eller er dårligt bestemte. Estimering af genetiske og fænotypiske parametre for egenskaber af økonomisk betydning for malkekvægholdet bør derfor fortsat være et aktivt forskningsområde.

Avlsplansimuleringerne viser, at det konstruerede avlsplansimuleringsprogram Kvægsim estimerer pålidelige resultater for både avlsfremgang for egenskberne i avlsmålet samt for indavlsstigningen og ændringen af den genetiske varians for egenskaberne. Ulempen ved Kvægsim er, at det er særdeles tidskrævende at udføre simuleringer med programmet, da alle dyr i avlspopulationen skal simuleres. Det bevirker, at det ofte er vanskeligt, at adskille effekten af forskellige avlsplaner med den fornødne sikkerhed.

Det generelle budskab baseret på de foretagne avlsplansimuleringer er, at det altid er bedst at selektere efter avlsmålet. Det er i de fleste tilfælde en fordel at selektere i åbne kerner fremfor lukkede kerner, idet avlsfremgangen tenderer til at være større, samtidig med at indavlstigningen begrænses. Med de foretagne forudsætninger kan det anbefales at anvende fysiologiske funktionsprøver. Afprøvning af tyre med en døtregruppestørrelse på 160 fremfor 80 kan anbefales, da det i de fleste tilfælde øger den samlede avlsfremgang. Samtidig ændres sammensætningen af den samlede avlsfremgang, således at avlsfremgangen for de omkostningsreducerende egenskaber øges, uden at avlsfremgangen for ydelse mindskes tilsvarende. Anvendelse af forbedrede reproduktionsstrategier er alene undersøgt i kombination med ydelse som selektionskriterie. I de tilfælde øger anvendelse af ovum-pick-up på kønsmodne dyr avlsfremgangen uden væsentlig påvirkning af indavlen. Anvendes ovum-pick-up på kviekalve øges fremgangen yderligere, men da med en væsentlig indavlstigning til følge.

8. Fremtidige arbejdsområder

Inden en direkte anbefaling vedrørende valg af avlsplan til gennemførelse i praksis for den danske kvægpopulation kan gives, skal der simuleres flere gentagelser af de mest lovende avlsplaner for at kunne fastlægge den forventede effekt af disse med en større sikkerhed. Desuden er det vigtigt at få de genetiske korrelationer mellem fysiologiske funktionsprøver og egenskaberne i avlsmålet fastlagt, idet den positive effekt af anvendelsen af fysiologiske funktionsprøver beror på de anvendte forudsætninger i simuleringerne. Indenfor de mest lovende avlsplaner er det vigtigt at udføre simuleringer, der viser effekten af at variere døtregruppestørrelsen på flere niveauer. Desuden er det af interesse at undersøge effekten af antallet af tyrefædre, da mange undersøgelser har vist, at indavlsstigningen herved kan reduceres. Indavlen i malkeracerne vil formodentligt øges i de kommende år og undersøgelser vedrørende samspillet mellem forskellige avlstiltag og forskellige metoder til restriktion af indavlsstigningen vil derfor være meget aktuelle.

9. Litteraturfortegnelse

Andersen, B.B., Madsen, P. & Kargo M. 1992. Avlsværdital på CKR-slagtedata. Bilag ved årsmøde i Statens Husdyrbrugsforsøg. 4 sider.

Andersen, B.B., Steine, T. & Pedersen, G.A. 1993. Economic concequences of including health and fertility traits in dairy cattle breeding. 44th meeting of the European Association for Animal Production. Denmark. 7 sider.

Anonym, 1993. Fremtidens landbrug, baggrunds matriale. De danske landbo-foreninger, Danmark . 118 sider.

Anonym, 1996. Sire evaluation procedures for non-dairy-production traits practised in various countries. Interbull Bulletin No. 13. 199 sider.

Anonym, 1997. Årsstatistik, avl 1996-97 sektion for avlssystemer. Rapport nr. 70 fra Landbrugets Rådgivningscenter, Landsudvalget for Kvæg. 363 sider.

Anonym, 1998. Årsrapport 1998. Landsudvalget for Kvæg. Danmark. 54 sider

Belonsky, G.M. & Kennedy, B.W. 1988. Selection on individual phenotype and best linear unbiased predictor of breeding value in a closed swine herd. J. Anim. Sci. 66: 1124-1131.

Berg, P. 1997. Realized inbreeding in simulated mink populations. NJF utredning/ Rapport nr. 116 side 235-242.

Boelling , D. & Pollott, G.E. 1997. The genetics of feet, legs and locomotion in cattle. Animal Breeding Abstracts. 65: 1-11.

Boichard, D. & Rupp, R. 1997. Genetic analyses and genetic evaluation for somatic cell score in French dairy cattle. Interbull Bulletin No. 15:54-61.

Borchersen, S. & Hansen, M.N. 1998. Årsrapport 1997, De Danske Kvægavls-foreninger. Rapport nr. 74. fra Landbrugets Rådgivningscenter, Landsudvalget for Kvæg. Danmark. 60 sider.

Bovenhuis, H., Niebel, E. & Fewson, D. 1989. Implications of selection for secondary traits on MOET-nucleus cattle breeding programs for dairy and dual-purpose breeds. Livest. Prod. Sci. 22: 237-254.

Brascamp, E.W., Smith, C. & Guy, D.R. 1985. Derivation of economic weights from profit equations. Anim. Prod. 40:175-180.

Brisbane, J.R. & Gibson, J.P. 1995. Balancing selection response and rate of inbreeding by including genetic relationship in selection decisions. Theor. Appl. Genet. 91: 421-431.

Brotherstone, S. , Veerkamp, R.F. & Hill, W.G. 1997. Genetic parameters for a simple predictor of the lifespan of Holstein-Friesian dairy cattle and its relationship to production. Animal Science 65:31-37.

Bulmer, M.G. 1971. The effect of selection on genetic variability. Am. Nat. 105:201-211.

Callesen, H., Liboriussen, T. & Bak, A. 1997. Anvendelse af ægtransplantation. I : Liboriussen, T. & Andersen, B.B. (ed.) Ægtransplantation, fysiologiske funktionsprøver og kerneavl med malkekvæg. Beretning nr. 737 fra Danmarks Jordbrugs-Forskning, 23-46.

Callesen, H., Liboriussen, T. & Greve, T. 1996. Practical aspects of multiple ovulation-embryo transfer in cattle. Animal reproduction science 42: 215-226.

Charfeddine, N. , Alenda, R., Groen, A.F. & Carabaño, M.J. 1997. Genetic parameters and economic values of lactation somatic cell score and production traits. Interbull Bulletin No. 15:84-91.

Christensen, L.G. 1995. Optimization of breeding schemes for dairy cattle with multi-trait objectives. 46th meeting of the European Association for Animal Production. Prague 4-7. september. 15 sider.

Christensen, L.G. 1998. Possibilities for genetic improvement of disease resistance, functional traits and animal welfare. Acta agric. Scand. Suppl. 29: 77-89.

Christensen, L.G. & Pedersen, G.A. 1997. Fremtidens avlsplaner for kvæg. Intern rapport nr. 95 fra Danmarks JordbrugsForskning. 47 sider.

Christensen, L.G. & Pedersen, J. 1988. Krydsning af malkekvægracer. Beretning nr. 650 fra Statens Husdyrbrugsforsøg. 229 pp.

Colleau, J.J. 1985. Efficacité génétique du transfert d'embryons dans les noyaux de sélection chez les bovins laitiers. Genet. Sel. Evol. 17: 499-438.

Colleau, J.J. 1986. Genetic improvement by embryo transfer within an open selection nucleus in dairy cattle. Proc. 3th World congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Lincoln 12:127-132.

Colleau, J.J. 1989. The genetics of dairy MOETs. In: E. Kalm & T. Liboriussen (editorer), New selection Schemes in cattle: Nucleus programmes. Pudoc, Wageningen, side 55-63.

Colleau, J.J. 1991. Using embryo sexing within closed mixed multiple ovulation and embryo transfer schemes for selection on dairy cattle. J Dairy Sci. 74: 3973-3984.

Cue, R.I., Monardes, H.G. & Hayes, J.F. 1990. Relationship of calving ease with type traits. J Dairy Sci. 73:3586-3590.

Cue, R.I., Harris, B.L., Rendel J.M. 1996. Genetic parameters for traits other than production in purebred and crossbred New Zealand dairy cattle. Livest. Prod. Sci., 45:123-135.

Cunningham, E.P., 1975. Multi-stage index selection. Theor. Appl. Genet. 46:55-61.

De Boer, I.J.M. & Van Arendonk, J.A.M. 1994. Additive response to selection adjusted for effects of inbreeding in a closed dairy cattle nucleus assuming a large number of gametes per female. Anim. Prod. 58: 173-180.

Dekkers, J.C.M. 1992a. Asymptotic response to selection on best linear unbiased predictors of breeding values. Anim Prod. 54:351-360.

Dekkers, J.C.M. 1992b. Structure of breeding programs to capitalize on reproductive technology for genetic improvement. J. Dairy Sci. 75: 2880-2891.

Dekkers, J.C.M. & Gibson, J. 1998. Applying breeding objectives to dairy cattle improvement. . J. Dairy Sci. 81(2):19-35.

Dekkers, J.C.M. & Shook, G.E. 1990a. Economic evaluation of alternative breeding programs for commercial artificial insemination firms. J. Dairy Sci. 73: 1902-1919.

Dekkers, J.C.M. & Shook, G.E. 1990b. A semi-stochastic model for simulation of genetic improvement by commercial insemination firms in a large cattle population. J. Anim. Breed. Genet. 107: 321-339.

Dekkers, J.C.M. & Shook, G.E. 1990c. Genetic and economic evaluation of nucleus breeding schemes for commercial artificial insemination firms. J. Dairy Sci. 73: 1920-1937.

Dekkers, J.C.M., Van der Voort, G.E. & Burnside, E.B. 1996. Optimum size of progeny group for progeny testing programs by artificial insemination firms. J. Dairy Sci.. 79:2056-2070.

Dempfle, L. 1990. Conservation, creation, and utilization of genetic variation. J. Dairy Sci. 73: 2593-2600.

Emanuelsen, U., Danell, B. & Phillipsson , J. 1988. Genetic parameters for clinical mastitis, somatic cell counts, and milk production estimated by multiple-trait restricted maximum likelihood. J. Dairy Sci 71:467-476.

Falconer, D.S. & Mackey, T.F.C. 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th. ed. Longman. 464 pp.

Fisher, R.A. 1918. The correlation between relatives on the subposition of mendelian inheritance. Trans. Roy. Soc. Edinburgh. 52:399-433.

Foulley, J.L. & Chevalet, C. 1981. Méthode de prise en compte de la consanguinité dans un modéle simple de simulation des performances. Ann Genet sel Anim 13:189-196.

Gibson, J.P. & Van Arendonk, J.A.M., 1996. An introduction to the design and economics of animal breeding strategies. Notes for a nordic graduate cource. Tune, Denmark, 12-23.August. 259 pp.

Goddard, M.E. 1992. Optimal effective population size for the global population of black and white dairy cattle. J. Dairy Sci. 75:2902-2911.

Goddard, M.G. & Smith, C. 1990. Optimum number of bull sires in dairy cattle breeding. J. Dairy Sci. 73: 1113-1122.

Groen, A.F., Brandts, A.G.B.M., Jansen, H.H. & Kanis, E. 1995. Economic value and genetic parameters for calving performance in Dutch dairy cattle breeding. Interbull bulletin No 11. 4 sider.

Groen, A.F., Steine, T., Colleau, J.J., Pedersen, J., Pribyl, J. & Reinsch, N. 1997. Economic values in dairy cattle breeding, with speciel reference to functional traits. Report of an EAAP-working group. Livest. Prod. Sci., 49:1-21.

Grosshans, T., Xu, Z.Z., Burton, L.J. & Johnson D.L, 1996. Genetic parameters for fertility traits in seasonal dairy cattle. Procedings of the New Zealand Society of Animal Production 56:38-41.

Hayes, J. 1998. Heritability in Canadien Holsteins. Proc. 6th World congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Armidale. 23:391-394.

Hill, W.G. 1976. Order statistics of correlated variables and implications in genetic selection programmes. Biometrics 32: 889-902.

Hoekstra, J., Van der Lugt, A.W., Van der Werf, J.H.J. & Ouweltjes, W. 1994. Genetic and phenotypic parameters for milk production and fertility traits in upgraded dairy cattle. Livest. Prod. Sci., 40:225-232.

Jakobsen, J.H. , Liboriussen, T. & Jensen, J. 1997. Genetiske parametre for produktionsegenskaber. I : Liboriussen, T. & Andersen, B.B. (ed.) Ægtransplantation, fysiologiske funktionsprøver og kerneavl med malkekvæg. Beretning nr. 737 fra Danmarks JordbrugsForskning, 47-72.

Jakobsen, J.H., Madsen, P., Jensen J., Petersen, P.H. & Pedersen, G.A. 1999. Genetic correlations between beef traits measured on young performance test bulls and daughter milk yield. Acta Agric. Scand. Submitted

Jamrozik, J. & Schaeffer, L.R. 1997. Estimates of genetic parameters for a test day model with random regression for yield traits of first lactation Holsteins. J. Dairy Sci. 80:762-770.

Jensen, J. 1985. Avlsværdivurdering af tyre for eksteriøregenskaber. 595. Beretning fra Statens Husdyrbrugsforsøg. 116 sider.

Jensen, J. & Madsen, P. 1996. A user's guide to DMU, a package for analysing multivariate mixed models. Nat. Inst. of Anim. Sci., Tjele, Denmark. 19 sider.

Jensen, J. & Madsen, P. 1997. Notat om hensyntagen til heterogen varians i EDM for ydelse. 5 sider.

Jeon, G.J., Mao, I.L., Jensen, J. & Ferris, T.A. 1990. Stochastic modelling of multiple ovulation and embryo transfer breeding schemes in small closed dairy cattle populations. J. Dairy Sci. 73:1938-1944.

Juga, J. & Mäki-Tanila, A. 1987. Genetic change in a nucleus breeding dairy herd using embryo transfer. Acta agric. Scand. 37:511-519.

Kaiser, C.J., Goddard, M.E. & Reverter, A. 1998. Analyses of gametic imprinting effects for test day milk yield in Australian Holstein cattle. Proc. 6th World congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Armidale. 23:355-358.

Keller, D.S., Gearheart, W.W. & Smith, C. 1990a. A comparison of factors reducing selection response in closed nucleus breeding schemes. J. Anim. Sci. 68: 1553-1561.

Keller, D.S., Quinton, M. & Smith, C. 1990b. A comparison of deterministic versus stochastic modelling of closed nucleus breeding schemes for beef cattle. Proc. 4th World congr. Genet. Appl. Livest. Prod. Edinburgh. 15:319-322.

Koenen, E., Berglund, B., Phillipsson , J. & Groen A. 1994. Genetic parameters of fertility disorders and mastitis in the Swedish Friesian breed. Acta Agric. Scand. 44:202-207.

Koenen, E.P.C., Groen, A.F. 1998. Genetic evaluation of body weight of lactating Holstein Friesian heifers using body measurements and conformation traits. Proc. 6th World congr. Genet. Appl. Livest. Prod. , Armidale. 25:31-34.

Kristensen, O.K., Hansen, E., Johansen, E.Ø., Lykke, T., Nielsen U.S., Stendal, M., Pedersen, G.A., Borup, J. & Fruergaard-Pedersen, N.K. 1993. Lineær registrering, registrering og beregning af avlsværdital og eksteriørtal. Rapport nr. 35 fra Landsudvalget for Kvæg. 49 sider.

Lauridsen, J. 1998. Stokastisk simulering af alternative avlsplaner for danske kødtypefår & ultralydscanning af rygmuskel og fedtansætning hos lam. Ph.D. afhandling. Den Kgl. Veterinær- og Landbohøjskole, København. 185 sider.

Leitch, H.W., Smith, C., Burnside, E.B. & Quintion, M. 1994. Genetic response and inbreeding with different selection methods and mating designs for nucleus breeding programs of dairy cattle. J. Dairy Sci. 77: 1702-1718.

Leitch, H.W., Smith, C., Burnside, E.B. & Quintion, M. 1995. Effects of female reproductive rate and mating design on genetic response and inbreeding in closed nucleus dairy herds. Animal Science 60:389-400.

Lende, T. Van der, 1997. Biological aspects of animal breeding. Lecture notes. Department of animal breeding, Wageningen Agricultural University. 127 sider.

Liboriussen, T. & Andersen, B.B. 1997. Ægtransplantation, fysiologiske funktionsprøver og kerneavl med malkekvæg. Beretning nr. 737 fra Danmarks JordbrugsForskning. 116 sider.

Lindhé, B. & Phillipsson , J. 1996. Effects of different levels of cooperation in the breeding of the Nordic red dairy cattle breeds. 47th meeting of the European Association for Animal Production. Norway 25-29. August. 10 sider.

Littell, R.C., Milliken, G.A., Stroup, W.W. & Wolfinger, R.D. 1996. SAS system for mixed models. 1. udgave. SAS institute Inc., SAS campus drive, Cary, North Carolina, 633 sider.

Lohuis, M 1993. Strategies to improve efficiency and genetic response of progeny test programs in dairy cattle. Ph.D. afhandling. Guelph, 151 sider.

Lund, M.S., Jensen, J. & Pedersen, P.H. 1999. Estimation of genetic and phenotypic parameters for clinical mastitis, somatic cell production deviance and protein yield in dairy cattle using Gibbs sampling. J. Dairy Sci. In press.

Lund, T., Miglior, F., Dekkers, J.M.C. & Burnside, E.B. 1994. Genetic relationships between clinical mastitis, somatic cell count, and udder conformation in Danish Holsteins. Livest. Prod. Sci. 39:243-251.

Luo, Z.W., Woolliams, J.A. & Thompson, R. 1995. Controling inbreeding in dairy MOET nucleus schemes. Animal Science 60:379-387.

Luttinen, A. & Juga, J. 1997. Genetic relationship between milk yield, somatic cell count, mastitis, milkability and leakage in Finnish dairy cattle population. Interbull Bulletin No. 15:78-83.

Lyons, D.T., Freeman, A.E. & Kuck, A.L. 1991. Genetics of health traits in Holstein cattle. J. Dairy Sci. 74:1092-1100.

Løvendahl, P. & Jensen, J. 1997. Fysiologiske funktionsprøver. I : Liboriussen, T. & Andersen, B.B. (ed.) Ægtransplantation, fysiologiske funktionsprøver og kerneavl med malkekvæg. Beretning nr. 737 fra Danmarks JordbrugsForskning. Side 73-108.

Madsen, P., Nielsen, S.M., Rasmussen, M.D., Klastrup, O., Jensen, N.E., Jensen, P.T., Madsen, P.S., Larsen, B. & Hyldgaard-Jensen, J. 1987. Undersøgelse over genetisk betinget resistens mod mastitis. 621. Beretning fra Statens Husdyrbrugsforsøg. Danmark. 225 sider.

Maijala, K. & Hanna, M. 1974. Reliable phenotypic and genetic parameters in dairy cattle. Proc. 1th World congr. Genet. Appl. Livest. Prod. , Madrid. 1:541-563.

Manfredi, E., Ducrocq, V. & Foulley, J.L. 1991. Genetic analysis of dystocia in dairy cattle. J. Dairy Sci. 74:1715-1723.

Mäntysaari, E.A., Gröhn, Y.T. & Quaas, R.L. 1991. Clinical ketosis: phenotypic and genetic correlations between occurrences and with milk yield. J. Dairy Sci. 74:3985-3993.

Meuwissen, T.H.E. 1989. A deterministic model for the optimization of dairy cattle breeding based on BLUP breeding value estimates. Anim. Prod. 49:193-202.

Meuwissen, T.H.E. 1990. The effect of size of MOET nucleus dairy cattle breeding plans on the genetic gain and its variance. Proc. 4th World congr. Genet. Appl. Livest. Prod. Edinburgh. 14: 271-274.

Meuwissen, T.H.E. 1991a. Reduction of selection differentials in finite populations with a nested full-half sib family structure. Biometrics. 47: 195-203.

Meuwissen, T.H.E. 1991b. Expectation and variance of genetic gain in open and closed nucleus and progeny testing schemes. Anim Prod. 53: 133.141.

Meuwissen, T.H.E. 1991c. The use of increased female reproductive rates in dairy cattle breeding schemes. Anim. Prod. 52: 21-31.

Meuwissen, T.H.E. 1997a. Maximizing the response of selection with a predefined rate of inbreeding. J. Anim. Sci. 75:934-940

Meuwissen, T.H.E. 1997b. Selection schemes for small populations. 48th meeting of the European Association for Animal Production. Wien 25-28. August. 8 sider.

Meuwissen, T.H.E. & Luo, Z. 1992. Computing inbreeding coefficients in large populations. Genet. Sel. Evol. 24:305-313.

Meuwissen, T.H.E. & Sonesson, A.K. 1998. Maximizing the response of selection with predefined rate of inbreeding: Overlapping generations. J. Anim Sci. 76:2575-2583.

Meuwissen, T.H.E. & Van der Werf, J.H.I. 1993. Impact of heterogeneus within herd variances on dairy cattle breeding schemes: a simulation study. Livest. Prod. Sci. 33: 31-41.

Meuwissen, T.H.E. & Woolliams, J.A. 1993. Responses of multi-trait selection in open nucleus schemes for dairy cattle breeding. Anim. Prod. 56: 293-299.

Meuwissen, T.H.E. & Woolliams, J.A. 1994a. Effective sizes of livestock populations to prevent a decline in fitness. Theor. Appl. Genet. 89:1019-1026.

Meuwissen, T.H.E. & Woolliams, J.A. 1994b. Maximizing genetic response in breeding schemes of dairy cattle with constraints on variance of response. J. Dairy Sci. 77: 1905-1916.

Meyer, K. & Smith, C. 1990. Comparison of theoretical and simulated equilibrium genetic response rates with progeny testing in dairy cattle. Anim. Prod. 50: 207-212.

Miglior, F., Burnside, E.B. & Kennedy, W. 1995. Production traits of Holstein cattle: Estimation of nonadditive genetic variance components and inbreeding depression. J. Dairy Sci. 78: 1174-1180.

Miglior, F., Szkotnicki, B., Burnside, E.B. 1992. Analysis of levels of inbreeding and inbreeding depression in Jersey cattle. J. Dairy Sci. 75: 1112-1118.

Nicholas, F.W. & Smith, C. 1983. Increased rates of genetic change in dairy cattle by embryo transfer and splitting. Anim. Prod. 36: 341-353.

Nielsen, U.S. & Pedersen, G.A. 1995a. LK-meddelelse nr 289. Landbrugets Rådgivningscenter. Danmark. 10 sider

Nielsen, U.S. & Pedersen, G.A. 1995b. Relationship between non-production traits and survival rates in danish dairy cows. Interbull Bulletin No. 11. 13 sider.

Nielsen, U.S., Pedersen, G.A., Pedersen, J. & Jensen, J. 1996. Genetic parameters for mastitis, other diseases and somatic cell count in different parities in Danish dairy breeds. 47th meeting of the European Association for Animal Production. Norway 25-29 August. 10 sider.

Oltenacu, P.A., Frick, A. & Lindhé, B. 1991. Relationship of fertility to milk yield in Swedish cattle. J. Dairy Sci. 74:264-268.

Pearson, R.E., Vinson, W.E. & Meinert, T.R. 1990. The potential for increasing productivity through selection for increased milk and component yields. Proc. 4th World congr. Genet. Appl. Livest. Prod. , Edinburgh. 14:104-113.

Pedersen, G.A. 1991. Upublicerede resultater.

Pedersen, G.A. & Christensen, L.G. 1993. Optimering af avlsplaner. Intern rapport nr. 24 fra Statens Husdyrbrugsforsøg. Foulum. 43 sider.

Pedersen, J. 1985. Miljømæssige og genetiske parametre for protein ydelsen hos RDM, SDM og Jersey. 586. Beretning fra Statens Husdyrbrugsførsøg. Danmark. 111 sider.

Pedersen, J. 1994. Upublicerede resultater.

Pedersen, J. & Jensen, J. 1996. Indeks for hunlig frugtbarhed for malkeracetyre. Rapport nr. 59 fra Landsudvalget for Kvæg. Danmark. 32 sider.

Pedersen, J., Jensen, J. & Madsen, P. 1995. Indeks for kælvningsevne for malkeracetyre. Rapport nr. 50 fra Landsudvalget for Kvæg. Danmark. 56 sider.

Pedersen, J., Johansen, E.Ø., Kristensen, O.K., Lykke, T., Nielsen, U.S., Stendal, M., Andersen, B.B., Christensen, L.G., Pedersen G.A. & Petersen, P.H. 1993. S-indeks for tyre af malke- og kombinationsracer. Rapport nr. 33 fra Landsudvalget for Kvæg. Danmark. 50 sider.

Pedersen, J., Knudsen, M.K., Pedersen, G.A. & Madsen, P. 1999a. Rapport fra Landsudvalget for Kvæg. Danmark. I tryk.

Pedersen, J., Pedersen, G.A., Nielsen U.S., Jensen, J., Madsen, P., Thomasen, J.R. & Christensen, L.G. 1999b. Animal model for ydelse. Rapport fra Landsudvalget for Kvæg. Danmark. I tryk.

Petersen, P.H., Ovesen, E., Christensen, L.G. & Andersen B.B., 1973. Kvægavlens planlægning for malke- og kombinationsracer. 411. beretning fra forsøgslaboratoriet, udgivet af Statens Husdyrbrugsudvalg. Danmark. 88 sider.

Pösö, J., Mäntysaari, E.A., 1996a. Relationship between clinical mastitis, somatic cell score, and production for the first three lactations of Finnish Ayrshire. J. Dairy Sci. 79:1284-1291.

Pösö, J., Mäntysaari, E.A., 1996b. Genetic relationship between reproductive disorders, operational days open and milk yield. Livest. Prod. Sci. 46:41-48.

Pryce, J.E., Veerkamp, R.F., Thompson, R., Hill, W.G. & Simm, G. 1997. Genetic aspects of common health disorders and measures of fertility in Holstein Friesian dairy cattle. Animal Science. 65: 353-360.

Quinton, M. & Smith, C. 1995. Comparison of evaluation-selection systems for maximizing genetic response at the same level of inbreeding. J. Anim. Sci. 73:2208-2212.

Quinton, M., Smith, C. & Goddard, M.E. 1992. Comparison of selection methods at the same level of inbreeding. J. Anim. Sci. 70:1060-1067.

Rauw, W.M., Kanis, E., Noordhuizen-Stassen, E.N. & Grommers, F.J. 1998. Undesirable side effects of selection for high production efficiency in farm animals: a review. Livest. Prod. Sci. 56: 15-33.

Rawlings, J.O. 1976. Order statistics for a special class of unequally correlated multinormal variates. Biometrics. 32: 875-887.

Reents, R., Dekkers, J.C.M. & Schaeffer, L.R. 1994. Genetic parameters of testday somatic cell counts and production traits. Proc. 5th World congr. Genet. Appl. Livest. Prod. , Guelph. 17:120-123.

Reents, R. & Dopp, L. 1997. Genetic evaluation with a multiple lactation test day model for SCS. Interbull Bulletin No. 15:63-67

Reents, R., Jamrozik, L.R., Schaeffer, L.R. & Dekkers, J.C.M. 1995. Estimation of genetic parameters for test day records of somatic cell score. J. Dairy Sci. 78:2847-2857.

Rendel, J.M. & Robertson, 1950. Estimation of genetic gain in milk yield by selection in a closed herd of dairy cattle. J. Genet. 50:1-8.

Roden, J.A. 1995. A simulation study of open nucleus and closed breeding systems in a sheep population. Anim. Sci. 60:117-124.

Roden, J.A. 1996. A comparison of alternative nucleus breeding systems and a sire referencing scheme for sheep improvement. Anim. Sci. 62: 263-270.

Rogers, G.W., Hargrove, G.L., Lawlor, T.J. & Ebersole, J.L. 1991. Correlations among linear type traits and somatic cell counts. J. Dairy Sci. 74:1087-1091.

Rogers, G.W., Banos, G., Nielsen, U.S. & Philipsson, J. 1998. Genetic correlations among somatic cell scores, productive life, and type traits from the United states and udder health measures from Denmark and Sweden. J. Dairy Sci. 81:1445-1453.

Ruane, J. 1991a. The effect of alternative mating designs and selection strategies on adult multiple ovulation and embryo transfer (MOET) nucleus breeding schemes in dairy cattle. Genet. Sel. Evol. 23: 47-65.

Ruane, J. 1991b. The importance of family sizes in adult multiple ovulation and embryo transfer (MOET) nucleus breeding schemes in dairy cattle. Anim. Prod. 52: 33-47.

Ruane, J. & Thompson, R. 1989. Simulation of an adult MOET nucleus breeding scheme in dairy cattle. In: E. Kalm & T. Liboriussen (ed.), New selection Schemes in cattle: Nucleus programmes. Pudoc, Wageningen, 72-80.

Ruane, J. & Thompson, R. 1991. Comparison of simulated and theoretical results in adult Moet nucleus schemes for dairy cattle. Livest. Prod. Sci. 28: 1-20.

Schrooten, C. & Van Arendonk, J.A.M. 1992. Stochastic simulation of dairy cattle breeding schemes: Genetic evaluation of nucleus size and type. J. Anim. Breed. Genet. 109:1-15.

Schrooten, C., Steverink, M.H.A. & Van Arendonk, J.A.M. 1993. Stochastic simulation of dairy cattle breeding schemes: Influence of breeding strategy and biased breeding values in the population. J. Anim. Breed. Genet. 110:268-280.

Simianer, H., Solbu, H. & Schaeffer, L.R. 1991. Estimated genetic correlations between disease and yield traits in dairy cattle. J. Dairy Sci. 74:4358-4365.

Smith, L.A., Cassell, B.G. & Pearson, R.E. 1998. The effects of inbreeding on the lifetime performance of dairy cattle. J. Dairy Sci. 81: 2729-2737.

Smith, C., James, J.W. & Brascamp, E.W. 1986. On the derivation of economic weights in livestock improvement. Anim. Prod. 43: 545-551.

Stranden, I., Mäki-Tanila, A. & Mäntysaari, E.A. 1991. Genetic progress and rate of inbreeding in a closed adult MOET nucleus under different mating strategies and heritabilities. J. Anim. Breed. Genet. 108:401-411.

Swalve, H.H. 1995. The effect of testday models on the estimation of genetic parameters and breeding values for dairy yield traits. J. Dairy Sci. 78:929-938.

Sørensen, M.K. 1992. Analyse af slagtedata på SDM og RDM køer. Point opgave ved Institut for Husdyrbrug og Husdyrsundhed, den Kgl. Veterinær- og Landbohøjskole. 15 sider.

Sørensen, M.K. 1998. Upubliceret.

Sørensen, M.K., Jensen, J & Christensen, L.G. 1999. Udder conformation and mastitis resistance in Danish first lactation cows – heritabilities, genetic and environmental correlations. Acta Agric Scand. Accepted.

Toro, M. & Pérez-Enciso, M. 1990. Optimization of selection response under restricted inbreeding. Genet. Sel. Evol. 22:93-107.

Toro, M. & Silió, L. 1989. Genetic simulation of juvenile MOET breeding nucleus schemes in dairy cattle. In: E. Kalm & T. Liboriussen (ed.). New selection schemes in cattle: Nucleus programmes. Pudoc. Wageningen. Side 64-71.

Van Dijk, J., Rydhmer, L., Johansson, K., Lundeheim, N. & Andersson, K. 1997. A stochastic simulation model of a multiple herd swine breeding nucleus. Publication No. 130. Swedish university of agricultural sciences. Uppsala, Sverige, 56 sider.

Verrier, E., Colleau, J.J. & Foulley, J.L. 1989. Effect of mass selection on the within-family genetic variance in finite populations. Theor Appl Genet 77: 142-148.

Verrier, E., Colleau, J.J. & Foulley, J.L. 1993. Long-term effects of selection based on the animal model BLUP in a finite population. Theor. Appl. Genet. 87:446-454.

Villanueva, B. & Simm, G. 1994. The use and value of embryo manipulation tecniques in animal breeding. 5th World congr. Genet. Appl. Livest. Prod. Guelph. 20:200-207.

Villanueva, B., Simm, G. & Woolliams, J.A. 1995a. Genetic progress and inbreeding for alternative nucleus breeding schemes for beef cattle. Animal Science. 61:231-239.

Villanueva, B. & Woolliams, J.A. 1997. Optimization of breeding programmes under selection and constrained inbreeding. Genet. Res. Camb. 69:145-158.

Villanueva, B., Woolliams, J.A. & Simm, G. 1995b. The effect of improved reproduktive performance on genetic gain and inbreeding in MOET breeding schemes for beef cattle. Genet. Sel. Evol. 27: 347-363.

Visscher, P.M. & Goddard, M.E. 1995. Genetic parameters for milk yield, survival, workability, and type traits for Australiaen dairy cattle. J. Dairy Sci. 78:205-220.

Visscher, P.M. & Thompson, R. 1992. Univariate and multivariate parameter estimates for milk production traits using an animal model. I. Description and results of REML analyses. Genet Sel Eval 24:415-430.

Vollema, A.R. & Groen, A.F. 1997. Genetic correlations between longevity and conformation traits in an upgrading dairy cattle population. J. Dairy Sci.. 80:3006-3014.

Walsh, B. & Lynch, M. 1998. Volume 2: Evaluation and selection of quantitative traits. In press.

Wassmuth, R., Böelling, D., Madsen, P., Jensen, J. & Andersen, B.B. 1999. Genetic parameters of disease incidence, fertility and milk yield of first parity cows and the relation of feed intake of growing bulls. Acta Agric. Scand. Submitted.

Weller, J.I. & Ezra, E. 1997. Genetic analyses of somatic cell score and female fertility of Isreali Holsteins with an individual animal model. J. Dairy Sci. 80:586-593.

Wiggans, G.R., Van Raden, P.M. & Zuurbier, J. 1995. Calculation and use of inbreeding coefficients for genetic evaluation of United States dairy cattle. J Dairy Sci. 78: 1584-1590.

Woolliams, J.A. 1998. A recipe for the design of breeding schemes. Proc. 6th World congr. Genet. Appl. Livest. Prod., Armidale. 25:427-430.

Woolliams, J.A. 1989. Modifications to MOET nucleus breeding schemes to improve rates of genetic progress and decrease rates of inbreeding in dairy cattle. Anim. Prod. 49: 1-14.

Woolliams, J.A. & Smith, C. 1988. The value of indicator traits in the genetic improvement of dairy cattle. Animal Prod. 46: 333-345.

Bilagsoversigt

Appendiks:

1A Oversigt over deterministiske MOET-kerne simuleringer
1B Oversigt over stokastiske MOET/kerne simuleringer
1C Oversigt over deterministiske populations simuleringer
1D Oversigt over stokastiske og semi stokastiske populations simuleringer
2.1 Genetiske og fænotypiske parametre for ydelse
2.2 Genetiske og fænotypiske parametre mellem ydelse og frugtbarhed
2.3 Genetiske og fænotypiske parametre mellem ydelse og krop
2.4 Genetiske og fænotypiske parametre mellem ydelse og lemmer
2.5 Genetiske og fænotypiske parametre mellem ydelse og malkeorganer
2.6 Genetiske og fænotypiske parametre mellem ydelse og malketid/tempera-ment
2.7 Genetiske og fænotypiske parametre mellem ydelse og celletal
2.8 Genetiske og fænotypiske parametre mellem ydelse og mastitis
2.9 Genetiske og fænotypiske parametre mellem ydelse og øvrige sygdomme
2.10 Genetiske og fænotypiske parametre for frugtbarhed
2.11 Genetiske og fænotypiske parametre mellem frugtbarhed og celletal
2.12 Genetiske og fænotypiske parametre mellem frugtbarhed og mastitis
2.13 Genetiske og fænotypiske parametre mellem frugtbarhed og øvrige sygdom-me
2.14 Genetiske og fænotypiske parametre for kælvningsevne
2.15 Genetiske og fænotypiske parametre for krop
2.16 Genetiske og fænotypiske parametre for lemmer
2.17 Genetiske og fænotypiske parametre for malkeorganer
2.18 Genetiske og fænotypiske parametre for malketid og temperament
2.19 Genetiske og fænotypiske parametre for celeltal
2.20 Genetiske og fænotypiske parametre mellem celletal og eksteriør
2.21 Genetiske og fænotypiske parametre mellem celletal og malketid
2.22 Genetiske og fænotypiske parametre mellem celletal og mastitis
2.23 Genetiske og fænotypiske parametre mellem celletal og øvrige sygdomme
2.24 Genetiske og fænotypiske parametre for mastitis
2.25 Genetiske og fænotypiske parametre mellem mastitis og eksteriør
2.26 Genetiske og fænotypiske parametre mellem mastitis og øvrige sygdomme
2.27 Genetiske og fænotypiske parametre for øvrige sygdomme
3A Avlsfremgang i kr. pr. ko pr. år for de enkelte egenskaber i ved forskellige avls-planer i KSFA undersøgelsen
3B Avlsfremgang i genetiske spredningsenheder for de enkelte egenskaber i ved forskellige avlsplaner i KSFA undersøgelsen.

Appendiks 1A. Oversigt over deterministiske MOET-kerne simuleringer

Reference	Dyre art	Egenskab	Hensyntagen til "Bulmer effekt"	Hensyntagen til Indavl	Avlsplan	Kommentar
Christensen (1995)	Malkekvæg	I: Ydelse II: Total indeks: Ydelse, yver, kælvningevne, frugtbarhed, sygdom.	Ja Vha. formler fra Dekkers (1992a)	Nej	I: Kvie MOET plan II: 1. kalvs MOET plan Kernestørrelse fra 300-3.000 hundyr.	Tyrene afkomsundersøges. % ungtyr anvendt varieres. Døtregruppestørrelsen optimeres.
Colleau (1985)	Malkekvæg	Ydelse h^2=0,25, r=0,5	Nej	Nej	200 hundyr i kernen. B: Lukket ungdyrplan. C: Lukket voksenplan. D: Lukket ungdyrplan uden afkomsundersøgelse.	Tyrene afkomsundersøges. 100 tyre afkomsundersøges. 52 døtre pr. tyr.
Meuwissen (1991b)	Malkekvæg	Ydelse h^2=0,25, r_g=1 og r_p=0,4 mellem laktationer	Ja, samt hensyntagen til reduceret selektions-intensitet.	Nej	64 donorer. 4, 8, 16 eller 32 tyre. 8 afkom pr. donor. Kernestørrelse 512.	Overlappende generationer. Tyrene afkomsprøves med 100 døtre pr. tyr.
Meuwissen (1990)	Malkekvæg	Ydelse h^2=0,25, r=0,4	Ja, samt hensyntagen til reduceret selektions-intensitet.	Nej	Kernestørrelse 256, 512, 1.024, 2.048 eller 4.096. 8 afkom pr. donor. 4, 8 eller 16 tyre.	
Nicholas & Smidt (1983)	Malkekvæg	Ydelse h^2=0,25, r=0,35	Nej	Nej	1.024 overførsler pr. år.	Tyrene afkomsundersøges ikke.
Woolliams (1989)	Malkekvæg	Ydelse h^2=0,25	Nej	Ja	36 donorer, 4 tyre, 8 afkom pr. donor. Der anvendes 1, 2 eller 4 tyre pr. donor. Ved restriktion kun en tyr valgt pr. helsøskendegruppe.	Diskrete generationer. Tyrene afkomsundersøges.

Appendiks 1B. Oversigt over stokastiske MOET/kerne simuleringer

Reference	Dyreart	Egenskab	Kernestørrelse	Avlsværdi vurderings- og selektionsmetode	Avlsplan	Kommentar
Belonsky & Kennedy (1988)	Svin	Tilvækstegenskab h^2=0,1, 0,3 eller 0,6	100 søer og 4 orner	I: Tilfældig II: Fænotypisk selektion III: BLUP selektion	Overlappende generationer.	
Berg (1997)	Mink	Kuldstørrelse, fødselsvægt, skindkvalitet, farve og renhed	10, 50, 100, 150, 200 eller 300 avlshunner.	BLUP Avlsmål I: Vægt og skindkvalitet Avlsmål II: Vægt og kuldstørrelse	Overlappende generationer.	
Brisbane & Gibson (1995)	Almen	Én egenskab h^2=0,1, 0,3 eller 0,5	384 eller 768 fødte dyr pr. år.	4 forskellige indeks selektionsmetoder.	9 diskrete generationer.	
De Boer & Arendonk (1994)	Malkekvæg	Ydelse h^2=0,30 i basepopulationen.	1.024 fødte dyr pr. år	BLUP Både han- og hundyr selekteres ved 15 eller 27 mdr.	Overlappende generationer. Antallet af fædre og mødre til næste generation varieres. Faktorielt parringsdesign undersøges.	Ingen afkomsprøve af tyre. Tager hensyn til indavlsdepression.
Jeon et al. (1990)	Malkekvæg	Ydelse h^2=0,40	I: 6 tyre og 88 køer II: 24 tyre 352 køer	BLUP	Overlappende generationer. I: Ingen restiktion på indavl. II: Restriktion på indavl.	Ingen afkomsundersøgelse af tyre.
Juga & Mäki-Tanila (1987)	Malkekvæg	Ydelse (h^2=0,25) frugtbarhed	256 kalve pr. generation	BLUP på ydelse.	Varierer antallet af donorer og antallet af tyre.	Plus afkomsundersøgelse af tyre, men tyrene anvendes alene som ungtyre. Indavl ignoreres.

Fortsættes næste side

Reference	Dyreart	Egenskab	Kernestørrelse	Avlsværdi vurderings- og selektionsmetode	Avlsplan	Kommentar
Leitch et al. (1994)	Malkekvæg	"Total indeks" med h^2=0,1, 0,25 eller 0,5.	1.024 fødte dyr pr. generation.	I: BLUP II: Indeks baseret på egen præstation samt hel- og halv søskende. III:Indeks baseret på egen præstation og for tyre på hel- og halvsøskende.	Diskrete generationer. 8 tyre og 64 hundyr selekteret. Voksen og ungdyr plan undersøges. Faktorielt parringsdesign undersøges.	Ingen afkomsundersøgelse af tyre. Variation i reproduktionsrate ignoreret.
Leitch et al. (1995)	Malkekvæg	"Total indeks" med h^2= 0,25 .	1.024 eller 4.096 stk. afkom pr. generation.		Diskrete generationer. Ungdyr plan. 4, 8 eller 16 tyre. Reproduktionsraten i MOET planer undersøges. Faktorielt parringsplan undersøges.	Ingen afkomsundersøgelse af tyre. Parring mellem helsøskende ikke tilladt.
Luo et al. (1995)	Malkekvæg	Én egenskab med h^2=0,4 og r=0,6	Hvert halvår selekteres 9 tyre 18 eller 27 køer til ET og 126 køer til inseminering	I: BLUP II: BLUP med fradrag for forældres EBV. III: BLUP med anvendelse af kunstig høj h^2 . IV: BLUP med fradrag for dyrets egen indavl..	A:9 tyre selekteres, 18 køer til ET og 126 køer til alm. inseminering. B: Som A, blot slagtes køer når der er udført ET 3 gange. C:9 tyre selekteres, 27 køer til ET og 126 køer til alm. inseminering. D:Som A med afkomsundersøgelse af alle tyre med en døtregruppestørrelse på 50.	Antallet af embryoner ved MOET følger en negativ binomialfordeling.
Meuwissen (1997a)	Almen	Én egenskab med h^2=0,25	50 hundyr og 50 handyr pr. generation.	I: BLUP II: En metode der sætter begrænsninger på det gennemsnitlige slægtskab mellem forældrene.	Diskrete generationer..	Ingen afkomsundersøgelse af handyr. Indavlens effekt på indenfor familie variationen er ignoreret.

Fortsættes næste side

Reference	Dyreart	Egenskab	Kernestørrelse	Avlsværdi vurderings- og selektionsmetode	Avlsplan	Kommentar
Quinton et al. (1992)	Almen	Én egenskab h^2 =0,05, 0,1, 0,25 eller 0,5	I: 200 stk. afkom pr. generation II: 400 stk. afkom pr. generation	I: Fænotypisk selektion II: BLUP	Diskrete generationer. Der selekteres 50 hunner og et varierende antal hanner.	Ingen afkomsundersøgelse af hanner.
Quinton & Smidt (1995)	Almen	Én egenskab h^2=0,1, 0,25 eller 0,5	I: population på 256 stk. II: population på 1.024 stk.	Selektions- og evalueringssystem: I: random II: på sande avlsværdier III: selektion på fænotype IV: BLUP V: BLUP med kunstig høj h^2 VI: BLUP korrigeret for slægtskab VII: BLUP kombineret med assortativ parring	Diskrete generationer. 2, 4, 8, 16, 32 eller 64 hanner selekteres.	Ingen afkomsundersøgelse af hanner.
Raune (1991a)	Malkekvæg	Én egenskab. h^2=0,25 r=0,50.	256 dyr pr. generation.	BLUP	Diskrete generationer. I: Udvælgelse af mere end II: Anvendelse af faktorielt parringsdesign. III: I + II	Ingen afkomsundersøgelse af tyre
Ruane (1991b)	Malkekvæg	Én egenskab. h^2=0,25 r=0,50.	256 dyr pr. generation	BLUP	Diskrete generationer. I: Forskellige familiestørrelser i hierarkiske planer. II: Variation i familiestørrelse III: Faktorielle parringsdesign.	Ingen afkomsundersøgelse af tyre

Fortsættes næste side

Reference	Dyreart	Egenskab	Kernestørrelse	Avlsværdi vurderings- og selektionsmetode	Avlsplan	Kommentar
Ruane & Thompson (1991)	Malkekvæg	Produktion h^2=0,25, r=0,50	16, 32 eller 64 donorer. 4 eller 8 tyre.	BLUP	6 diskret generationer.	Ingen afkomsundersøgelse. 4 stk. hunligt og 1 stk. hanligt afkom pr. donor.
Stranden et al. (1991)	Malkekvæg	Én egenskab. h^2=0,1, 0,25 eller 0,5. r=1,4* h^2	512 dyr pr. generation.	BLUP	Diskrete generationer. 3 forskellige planer: I: hierarkisk parringsplan II: faktoriel plan 2 tyre pr. ko III: faktoriel plan 2 tyre pr. ko	Tyrene afprøves med 100 døtre..
Toro & Silió (1989)	Malkekvæg	Ydelse. h^2= 0,25	1.024 eller 2.048 embryoner overføres pr. generation , hvoraf 512 eller 1.024 overlever indtil selektion.	To forskellige familie indeks.	Diskrete generationer. 8 eller 16 donorer pr. tyr. 4, 8 eller 16 afkom pr. donor.	Det er antaget at ydelse er styret af 30 loci. Anvendelse af Fysiologiske funktionsprøver er simuleret.
Verrier et al. (1993)	Almen	Almen . Én egenskab h^2= 0,1, 0,25 eller 0,5	100 eller 1.000 dyr	I: BLUP II: Indenfor familieselektion III: Modificeret AM BLUP, med øget vægt på indenfor familieselektion.	Diskrete generationer.	
Villanueva et al.(1995a)	Kødkvæg	En egenskab med h^2= 0,35. Måles på begge køn.	152, 303 eller 606 kalve født pr. år	I: BLUP II: BLUP med kunstig høj heritabilitet	Overlappende generationer. Simuleringer med både nested og faktorielt design.	Ingen afkomsundersøgelse af tyre.
Villanueva & Woollims (1997)	Almen	Almen. Én egenskab h^2= 0,1, 0,3 eller 0.6	200, 800 eller 3.200 dyr pr. generation.	Indeks med varierende vægt på egen hel- og halvsøskende præstation.	Diskrete generationer	Formål at finde den bedste avlsplan ved begrænsning på ΔF.

Fortsættes næste side

Appendiks 1C Oversigt over deterministiske populations simuleringer.

Reference	Dyre art	Egenskab	Hensyntagen til		Avlsplan	Kommentar
			"Bulmer effekt"	Indavl		
Bovenhuis et al. (1989)	Malkekvæg	Total indeks: ydelse, kød, frugtbarhed, kælvningsevne, holdbarhed, malketid og celletal	Nej	Nej	500.000 køer, heraf 256 i kernen. Ungdyr- og voksenplaner.	16 embryoner pr. donor, alle donorer responderer.
Christensen (1995)	Malkekvæg	I: Ydelse II: Total indeks: Ydelse, yver, kælvningsevne, frugtbarhed, sygdom.	Ja. Vha. formler fra Dekkers (19992a)	Nej	500.000 køer I: Konventionel avlsplan med gamle tyremødre. II: Konventionel plan med unge tyremødre.	
Christensen & Pedersen (1997)	Malkekvæg	Egenskaberne i danske avlsmål.	Nej	Nej	Populationstørrelser svarende til de tre største racer i Danmark.	Avlsværdi vurderingen er foretaget med et multitrat indeks. For tyre indgår alene døtres information, for køer indgår egen, fars og morfars information.
Colleau (1985)	Malkekvæg	Ydelse h^2=0,25, r=0,5	Nej	Nej	200.000 køer	100 tyre afkomsundersøges årligt med 52 døtre pr. tyr.
Lindhé & Philipsson (1996)	Malkekvæg	Total indeks: protein, frugtbarhed, mastitisresistens, resistens mod øvrige sygdomme, dødfødsler.	Nej	Nej	Ca. 1.000.000 køer	

Fortsættes næste side

Reference	Dyre art	Egenskab	Hensyntagen til		Avlsplan	Kommentar
			"Bulmer effekt"	Indavl		
Lohuis (1993)	Malkekvæg	"Total indeks" som én egenskab med h^2=0,3	Ja	Ja/Nej	1.200.000 køer. Der testes årligt 400 tyre. 5 forskellige planer undersøges: A: konventionel plan B: voksen MOET plan C: Konventionel plan med anvendelse af unge dyr D: MOET plan med anvendelse af unge dyr E: D med anvendelse af IVEP	
Meuwissen (1989)	Malkekvæg	Ydelse h^2=0,25, r=0,40	I nogle af simuleringerne ja i andre nej	Nej	1,5 mill køer.. "Åben kerne plan". Ingen anvendelse af MOET.	Afprøvning af ca. 500 tyre årligt med 100 døtre hver.
Meuwissen (1991c)	Malkekvæg	Ydelse h^2=0,25, r_g=1 og r_p=0,4 mellem laktationer	Ja, samt hensyntagen til reduceret selektionsintensitet	Nej		
Meuwissen & Wooliams (1993)	Malkekvæg	Ydelse (h^2=0,25) og en "sekundær" egenskab. Korrelationen mellem denne og ydelse varieres.	Ja	Nej	1,0 mill køer. 100 døtre pr. testet tyr. Åben kerne plan. Kerne størrelse 512.	Simuleringer både med og uden afkomsunder-søgelse.
Pedersen & Christensen (1993)	Malkekvæg	Egenskaber i S-indekset	Nej	Nej	Populationstørrelser svarende til de tre største racer i Danmark.	

Appendiks 1D.Oversigt over stokastiske og semi stokastiske populations simuleringer

Reference	Dyreart	Egenskab	Populations størrelse	Avlsværdi vurderings- og selektionsmetode	Avlsplan	Kommentar
Dekkers & Shook (1990a)	Malkekvæg	Produktion h^2=0,25, r=0,5	4,000,000 køer. Heraf 1.600.000 under kontrol. Hvoraf 600.000 er elite køer.	Selektionsindeks.	Overlappende generationer. Kun elite køer simuleres, og de simuleres gruppevis. Tyre simuleres enkeltvis. Fokus på antal tyrefædre og antal kalve pr. tyremor.	Semi-stokastisk. Indavl er ignoreret. Fokus på konkurrence mellem kvægavlsforeninger. Der afprøves 500 tyre årligt.
Dekkers & Shook (1990b)	Malkekvæg	Produktion h^2=0,25, r=0,5	2.000,000 køer. Heraf 800.000 under kontrol. Hvoraf 300.000 elite køer.	Selektionsindeks.	Overlappende generationer Kun elite køer simuleres, og de simuleres gruppevis. Tyre og køer i kernen simuleres enkeltvis.. I: Konventionel avlsplan. II: Åben kerneavlsplan.	Semi-stokastik. Indavl er ignoreret. Der afprøves 200 tyre årligt.
Dekkers & Shook (1990c)	Malkekvæg	Produktion h^2=0.,5 og r=0,5	4.000,000 køer. Heraf 1.600.000 under kontrol. Hvoraf 600.000 elite køer.	Selektionsindeks.	Overlappende generationer. Kun elite køer simuleres, og de simuleres gruppevis. Tyre og køer i kernen simuleres enkeltvis. Åben kontra lukket kerne, voksen kontra ungdyr plan og kernestørrelse.	Semi-stokastisk. Indavl er ignoreret. Fokus på konkurrence mellem kvægavlsforeninger. Der afprøves 500 tyre årligt.
Dekkers et al. 1996	Malkekvæg	Produktion h^2=0,25	950.000 køer. Heraf 332.500 elite køer.	Selektionsindeks.	Overlappende generationer. Kun elite køer simuleres, og de simuleres gruppevis. Tyre simuleres enkeltvis.	Semi-stokastisk Indavl er ignoreret. Fokus på konkurrence mellem kvægavlsforeninger 240 tyre afkomsundersøges.
Lauridsen (1998)	Får	Total indeks: kuldstørrelse, tilvækst, kødkvalitet.	1.200 moderfår	BLUP	Overlappende generationer.	

Fortsættes næste side

Reference	Dyreart	Egenskab	Populations størrelse	Avlsværdi vurderings- og selektionsmetode	Avlsplan	Kommentar
Meuwissen & van der Werf	Malkekvæg	Produktion h^2=0,25, r=0,4.	10.000 køer	BLUP	Overlappende generationer. "Spredt" kerne. Der fødes 512 dyr i kernen årligt. I: Anvendelse af afkomsundersøgelse af tyre. II: Ingen afkomsundersøgelse af tyre.	Indavl er ignoreret.
Meyer & Smidt (1990)	Malkekvæg	I: h^2=0,05, r=0,3 II: h^2=0,25, r=0,5 III: h^2=0,5, r=0,7	8.000 køer og 150 tyre.	For tyre anvendes en sire model, for køer egen præstation plus fædrenes avlsværdital	Ungtyrene selekteres af køer med egen præstation.	Indavl er ignoreret. Afkomsundersøgelse anvendes.
Schrooten & Arendonk (1992)	Malkekvæg	Ydelse h^2=0,25, r=0,5	650,000 køer. I top populationen fødes 1.600 hundyr og i kernen 120 eller 240 hyndyr årligt..180 tyre afprøves pr. år.	BLUP	Tyre samt køer i kernen og i elite populationen simuleres enkeltvis. Køer i den kommercielle population simuleres i grupper. Tyrene anvendes først når de er afprøvet. Planer med og uden MOET-kerne afprøves.	Semi-stokastisk. Indavl er ignoreret.
Scrooten et al. (1993)	Malkekvæg	Ydelse h^2=0,25, r=0,5	650,000 køer.. I top populationen fødes 1.600 hundyr og i kernen 240 dundyr årligt.	BLUP	Tyre samt køer i kernen og i elite populationen simuleres enkeltvis. Køer i den kommercielle population simuleres i grupper. Tyrene anvendes først når de er afprøvet. Planer med og uden MOET-kerne afprøves.	Semi-stokastisk Indavl er ignoreret. 180 tyre afprøves pr. år.
Van Dijk et al. (1997)	Svin	Varierende antal		BLUP, både single og multitrait	Avlsplan med kerne og opformeringsbesætninger samt stations- og feltafprøvning kan simuleres.	Et simuleringsprogram.

Appendiks 2.1

Genetiske og fænotypiske parametre for ydelse

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode 1)	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
mælk kg 1. lakt.	1.019,00	0,42	0,08	mælk kg 2. lakt.	0,99	0,14			AM-REML	DK-malkeracer	766	stations afp.	Jakobsen et al 1997
mælk kg 1. lakt.	1.019,00	0,42	0,08	fedt kg 1. lakt.	0,69	0,07			AM-REML	DK-malkeracer	766	stations afp.	Jakobsen et al 1997
mælk kg 1. lakt.	1.019,00	0,42	0,08	protein kg 1. lakt.	0,88	0,03			AM-REML	DK-malkeracer	766	stations afp.	Jakobsen et al 1997
mælk kg 2. lakt.	1.079,00	0,36	0,11						AM-REML	DK-malkeracer	437	stations afp.	Jakobsen et al 1997
mælk kg 3. lakt.	1.165,00	0,41	0,22						AM-REML	DK-malkeracer	175	stations afp.	Jakobsen et al 1997
fedt kg 1. lakt.	44,60	0,42	0,07	fedt kg 2. lakt.	0,94	0,12			AM-REML	DK-malkeracer	766	stations afp.	Jakobsen et al 1997
fedt kg 1. lakt	44,60	0,42	0,07	protein kg 1. lakt.	0,82	0,04			AM-REML	DK-malkeracer	766	stations afp.	Jakobsen et al 1997
fedt kg 2. lakt.	52,20	0,47	0,11						AM-REML	DK-malkeracer	437	stations afp.	Jakobsen et al 1997
fedt kg 3. lakt.	56,90	0,14	0,25						AM-REML	DK-malkeracer	175	stations afp.	Jakobsen et al 1997
protein kg 1. lakt.	29,20	0,42	0,07	protein kg 2. lakt.	0,9	0,11			AM-REML	DK-malkeracer	766	stations afp.	Jakobsen et al 1997
protein kg 2. lakt.	34,30	0,54	0,11						AM-REML	DK-malkeracer	437	stations afp.	Jakobsen et al 1997
protein kg 3. lakt.	36,00	0,35	0,24						AM-REML	DK-malkeracer	175	stations afp.	Jakobsen et al 1997
mælk kg 1. lakt.	781,00	0,39	0,01	fedt kg 1. lakt.	0,75				REML univariate	UK-HF	38.811	1. lakt.	Visscher & Thompson 1992
mælk kg 1. lakt.	781,00	0,39	0,01	protein kg 1. lakt.	0,91				REML univariate	UK-HF	38.811	1. lakt.	Visscher & Thompson 1992
mælk kg 2. lakt.	924,00	0,29	0,02						REML univariate	UK-HF	26.223	2. lakt.	Visscher & Thompson 1992
fedt kg 1. lakt.	30,20	0,36	0,01	protein kg 1. lakt.	0,82				REML univariate	UK-HF	38.811	1. lakt.	Visscher & Thompson 1992
fedt kg 2. lakt.	36,1	0,27	0,02						REML univariate	UK-HF	26.223	2. lakt.	Visscher & Thompson 1992
protein kg 1. lakt.	23,3	0,36	0,01						REML univariate	UK-HF	38.811	1. lakt.	Visscher & Thompson 1992
protein kg 2. lakt.	28,1	0,28	0,02						REML univariate	UK-HF	26.223	2. lakt.	Visscher & Thompson 1992
mælk kg	852	0,29	0,01						SM-REML univ.	DK-RDM	142.309	1. lakt.	Jakobsen et al 1999
fedt kg	35,9	0,30	0,01						SM-REML univ.	DK-RDM	142.309	1. lakt.	Jakobsen et al 1999
protein kg	26,8	0,26	0,01						SM-REML univ.	DK-RDM	142.309	1. lakt.	Jakobsen et al 1999
protein kg	30,0	0,23	0,01						SM-REML biv..	DK-RDM	57.237	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
protein kg		0,268	0,028						AM-Gibbs	DK-RDM	38.219	1. lakt.	Lund et al. 1999
mælk kg	873	0,34	0,01						SM-REML univ.	DK-SDM	805.573	1. lakt.	Jakobsen et al 1999
fedt kg	36,6	0,31	0,01						SM-REML univ.	DK-SDM	805.573	1. lakt.	Jakobsen et al 1999
protein kg	25,3	0,30	0,01						SM-REML univ.	DK-SDM	805.573	1. lakt.	Jakobsen et al 1999
protein kg	28,3	0,24	0,01						SM-REML	DK-SDM	160.195	1. lakt.	Nielsen et al. 1996

M: Middelfejl på estimatet

1) SM: Sire Model AM: Animal Model

Appendiks 2.1 fortsat

Genetiske og fænotypiske parametre for ydelse

	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
mælk kg	610	0,32	0,01						SM-REML univ.	DK-DJ	171.878	1. lakt.	Jakobsen et al 1999
fedt kg	35,4	0,24	0,01						SM-REML univ.	DK-DJ	171.878	1. lakt.	Jakobsen et al 1999
protein kg	25,3	0,30	0,01						SM-REML univ.	DK-DJ	171.878	1. lakt.	Jakobsen et al 1999
protein kg	24,9	0,19	0,02						SM-REML biv.	DK-DJ	30.767	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
mælk kg	1.031	0,48	0,03						SM-REML multiv.	NL-HF	82.659	1. lakt.	Hoekstra et al. 1994
fedt kg	44	0,36	0,03						SM-REML multiv.	NL-HF	82.659	1. lakt.	Hoekstra et al. 1994
protein kg	34	0,33	0,03						SM-REML multiv.	NL-HF	82.659	1. lakt.	Hoekstra et al. 1994
mælk kg 1. lakt.		0,295	0,018	mælk kg 2. lakt.	0,924	0,013			AM-Gibbs testday	CND-HF	15.922	1 .& 2. lakt.	Reents et al. 1995
mælk kg		0,242	0,019						AM-Gibbs testday	CND-HF	15.922	2. lakt.	Reents et al. 1995
fedt kg 1. lakt.		0,254	0,015	fedt kg 2. lakt.	0,922	0,020			AM-Gibbs testday	CND-HF	15.922	1. & 2. lakt.	Reents et al. 1995
fedt kg		0,202	0,018						AM-Gibbs testday	CND-HF	15.922	2. lakt.	Reents et al. 1995
protein kg 1. lakt.		0,248	0,015	protein kg 2. lakt.	0,915	0,023			AM-Gibbs testday	CND-HF	15.922	1 .& 2. lakt.	Reents et al. 1995
protein kg		0,229	0,021						AM-Gibbs testday	CND-HF	15.922	2. lakt.	Reents et al. 1995
mælk kg		0,39							AM-REML	D-HF	15.756	1. lakt.	Swalwe 1995
fedt kg		0,32							AM-REML	D-HF	15.756	1. lakt.	Swalwe 1995
protein kg		0,30							AM-REML	D-HF	15.756	1. lakt.	Swalwe 1995
mælk kg		0,283	0,022							AUS-HF			Kaiser et al. 1998
mælk kg		0,46							SM-REML	NL-HF	58.864	1. lakt.	Vollema & Groen 1997
mælk kg		0,32							AM-Gibbs	CND-HF	6.516	1. lakt.	Jamrozik & Schaeffer 1997
fedt kg		0,28							AM-Gibbs	CND-HF	6.516	1. lakt.	Jamrozik & Schaeffer 1997
protein kg		0,28							AM-Gibbs	CND-HF	6.516	1. lakt.	Jamrozik & Schaeffer 1997
mælk kg	1.078,00	0,34	0,01						AM-REML univ.	SKOT-HF	33.732	alle lakt.	Pryce et al. 1997
mælk kg		0,24	0,02						SM-REML multiv.	AUS-HF	143.250	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
mælk kg		0,28	0,04						SM-REML multiv.	AUS-J	32.003	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
fedt kg		0,20	0,01						SM-REML multiv.	AUS-HF	143.250	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
fedt kg		0,26	0,04						SM-REML multiv.	AUS-J	32.003	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
protein kg		0,21	0,02						SM-REML multiv.	AUS-HF	143.250	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
protein kg		0,26	0,04						SM-REML multiv.	AUS-J	32.003	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
mælk kg		0,40	0,02						SM-REML multiv.	FIN-AYR	10.152	1. lakt. 83-93	Pösö & Mäntysaari 1996 a
mælk kg		0,25	0,03	mastitis					SM-REML multiv.	FIN-AYR	10.152	2. lakt. 83-93	Pösö & Mäntysaari 1996 a

Appendiks 2.1 fortsat

Genetiske og fænotypiske parametre for ydelse

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
mælk kg		0,26	0,03	celletal					SM-REML multiv.	FIN-AYR	10.152	2. lakt. 83-93	Pösö & Mäntysaari 1996 a
mælk kg		0,37							SM-REML multiv.	FIN-AYR	23.849	1. lakt. 91-96	Luttinen & Juga 1997
mælk kg		0,32							SM-REML multiv.	FIN-AYR	23.849	3 laktationer 91-96	Luttinen & Juga 1997
mælk kg		0,43							SM-REML multiv.	FIN-HF	10.716	1. lakt. 91-96	Luttinen & Juga 1997
mælk kg		0,40							SM-REML multiv.	FIN-HF	10.716	3 laktationer 91-96	Luttinen & Juga 1997
mælk kg 1. lakt.	839,00	0,23		mælk kg 2. lakt.	0,93		0,68		SM-REML multiv.	FIN-AYR	28.277	1. & 2. lakt. 83-85	Mäntysaari et al. 1991
mælk kg 2. lakt.	1.036,00	0,19							SM-REML multiv.	FIN-AYR	28.277	1. & 2. lakt. 83-85	Mäntysaari et al. 1991
mælk kg		0,31		fedt kg	0,79		0,8		REML multiv.	SP-HF	44.882	1. lakt.	Charfeddine et al. 1997
mælk kg		0,31		protein kg	0,93		0,93		REML multiv.	SP-HF	44.882	1. lakt.	Charfeddine et al. 1997
fedt kg		0,26		protein kg	0,86		0,8		REML multiv.	SP-HF	44.882	1. lakt.	Charfeddine et al. 1997
protein kg		0,28							REML multiv.	SP-HF	44.882	1. lakt.	Charfeddine et al. 1997
protein kg		0,275							SM multiv.	N-NRF	208.693	1.& 2. lakt.	Simianer et al. 1991
mælk kg		0,251		fedt kg	0,445		0,597		AM-REML multiv.	ISR-HF	59.147	1. lakt.	Weller & Ezra 1997.
mælk kg		0,251		protein kg	0,743		0,873		AM-REML multiv.	ISR-HF	59.147	1. lakt.	Weller & Ezra 1997.
fedt kg		0,354		protein kg	0,608		0,663		AM-REML multiv.	ISR-HF	59.147	1. lakt.	Weller & Ezra 1997.
protein kg		0,238							AM-REML multiv.	ISR-HF	59.147	1. lakt.	Weller & Ezra 1997.
mælk kg		0,390		fedt kg	0,69		0,84		SM-REML	UK-HF	25.227	1. lakt.	Brotherstone et al. 1997
mælk kg		0,390		protein kg	0,92		0,94		SM-REML	UK-HF	25.227	1. lakt.	Brotherstone et al. 1997
fedt kg		0,470		protein kg	0,8		0,88		SM-REML	UK-HF	25.227	1. lakt.	Brotherstone et al. 1997
protein kg		0,340							SM-REML	UK-HF	25.227	1. lakt.	Brotherstone et al. 1997

Appendiks 2.2

Genetiske og fænotypiske parametre mellem ydelse og frugtbarhed

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
mælk kg	1.031	0,48	0,03	kælvningsint.	0,55	,14-,30	0,18	<0,01	SM-REML multiv.	NL-HF	82.659	1. lakt.	Hoekstra et al. 1994
fedt kg	44	0,36	0,03	kælvningsint.	0,41	,14-,30	0,15	<0,01	SM-REML multiv.	NL-HF	82.659	1. lakt.	Hoekstra et al. 1994
protein kg	34	0,33	0,03	kælvningsint.	0,62	,14-,30	0,18	<0,01	SM-REML multiv.	NL-HF	82.659	1. lakt.	Hoekstra et al. 1994
mælk kg	1.031	0,48	0,03	int. klv.-1.ins.	0,44	,14-,30	0,12	<0,01	SM-REML multiv.	NL-HF	82.659	1. lakt.	Hoekstra et al. 1994
fedt kg	44	0,36	0,03	int. klv.-1.ins.	0,39	,14-,30	0,1	<0,01	SM-REML multiv.	NL-HF	82.659	1. lakt.	Hoekstra et al. 1994
protein kg	34	0,33	0,03	int. klv.-1.ins.	0,41	,14-,30	0,11	<0,01	SM-REML multiv.	NL-HF	82.659	1. lakt.	Hoekstra et al. 1994
mælk kg	1.031	0,48	0,03	int. 1.ins.-drægt.	0,28	,14-,30	0,12	<0,01	SM-REML multiv.	NL-HF	82.659	1. lakt.	Hoekstra et al. 1994
fedt kg	44	0,36	0,03	int. 1.ins.-drægt.	0,14	,14-,30	0,11	<0,01	SM-REML multiv.	NL-HF	82.659	1. lakt.	Hoekstra et al. 1994
protein kg	34	0,33	0,03	int. 1.ins.-drægt.	0,43	,14-,30	0,13	<0,01	SM-REML multiv.	NL-HF	82.659	1. lakt.	Hoekstra et al. 1994
mælk kg	1.031	0,48	0,03	56 dg ikke oml.	-0,26	,14-,30	-0,06	<0,01	SM-REML multiv.	NL-HF	82.659	1. lakt.	Hoekstra et al. 1994
fedt kg	44	0,36	0,03	56 dg ikke oml.	-0,25	,14-,30	-0,05	<0,01	SM-REML multiv.	NL-HF	82.659	1. lakt.	Hoekstra et al. 1994
protein kg	34	0,33	0,03	56 dg ikke oml.	-0,4	,14-,30	-0,07	<0,01	SM-REML multiv.	NL-HF	82.659	1. lakt.	Hoekstra et al. 1994
mælk kg	1.031	0,48	0,03	klv% efter 1.ins.	-0,24	,14-,30	-0,1	<0,01	SM-REML multiv.	NL-HF	82.659	1. lakt.	Hoekstra et al. 1994
fedt kg	44	0,36	0,03	klv% efter 1.ins.	-0,24	,14-,30	-0,08	<0,01	SM-REML multiv.	NL-HF	82.659	1. lakt.	Hoekstra et al. 1994
protein kg	34	0,33	0,03	klv% efter 1.ins.	-0,38	,14-,30	-0,11	<0,01	SM-REML multiv.	NL-HF	82.659	1. lakt.	Hoekstra et al. 1994
mælk kg	1.078,00	0,34	0,01	kælvningsint.	0,5	0,06	0,22		AM-REML univ.	SKOT-HF	33.732	alle lakt.	Pryce et al. 1997
mælk kg	1.078,00	0,34	0,01	int. klv.-1.ins.	0,43	0,08	0,16		AM-REML univ.	SKOT-HF	33.732	alle lakt.	Pryce et al. 1997
mælk kg	1.078,00	0,34	0,01	% drægt. v. 1.ins.	-0,19	0,11	-0,13		AM-REML univ.	SKOT-HF	33.732	alle lakt.	Pryce et al. 1997
100 dg fedt kor. yd.				dr.% v 1.ins kv.	-0,13	0,12	-0,12	0,01	SM	SV-SRB	48.830		Oltenacu et al. 1991
100 dg fedt kor. yd.				dr.% v 1.ins kv.	-0,32	0,11	0,13	0,01	SM	SV-HF	21.136		Oltenacu et al. 1991
100 dg fedt kor. yd.				Ins. pr. drægt. kv.	0,06	0,11	0,13	0,01	SM	SV-SRB	48.830		Oltenacu et al. 1991
100 dg fedt kor. yd.				Ins. pr. drægt. kv.	0,22	0,12	0,13	0,01	SM	SV-HF	21.136		Oltenacu et al. 1991
100 dg fedt kor. yd.				dr.% v. 1.ins. køer	-0,14	0,11	-0,07	0,01	SM	SV-SRB	48.830		Oltenacu et al. 1991
100 dg fedt kor. yd.				dr.% v. 1.ins. køer	-0,41	0,12	-0,08	0,01	SM	SV-HF	21.136		Oltenacu et al. 1991
100 dg fedt kor. yd.				ins. pr. drgt. køer	0,16	0,12	0,09	0,01	SM	SV-SRB	48.830		Oltenacu et al. 1991
100 dg fedt kor. yd.				ins. pr. drgt. køer	0,54	0,12	0,09	0,01	SM	SV-HF	21.136		Oltenacu et al. 1991
mælk kg				int. klv. -drgt. dg	0,42	0,08	0,27		SM-REML multiv.	FIN-AYR	11.173	3 første lakt.	Pösö & Mäntysaari 1996 b
mælk kg				int. klv. -drgt. dg	0,251	0,09			SM-REML multiv.	NZ-Dairy	66.294		Grosshans et al. 1996
mælk kg				kælvningsint. dg	0,22	0,09			SM-REML multiv.	NZ-Dairy	66.294		Grosshans et al. 1996
mælk kg				ant. Ins. pr. drgt.	0,171	0,1			SM-REML multiv.	NZ-Dairy	66.294		Grosshans et al. 1996

Appendiks 2.2 fortsat

Genetiske og fænotypiske parametre mellem ydelse og frugtbarhed

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
fedt kg				int. klv. -drgt dg	0,043	0,09			SM-REML multiv.	NZ-Dairy	66.294		Grosshans et al. 1996
fedt kg				kælvningsint. dg	0,026	0,09			SM-REML multiv.	NZ-Dairy	66.294		Grosshans et al. 1996
fedt kg				ant. Ins. pr. drgt.	0,289	0,1			SM-REML multiv.	NZ-Dairy	66.294		Grosshans et al. 1996
protein kg				int. klv. -drgt. dg	0,039	0,09			SM-REML multiv.	NZ-Dairy	66.294		Grosshans et al. 1996
protein kg				kælvningsint. dg	0,072	0,09			SM-REML multiv.	NZ-Dairy	66.294		Grosshans et al. 1996
protein kg				ant. Ins. pr. drgt.	0,191	0,1			SM-REML multiv.	NZ-Dairy	66.294		Grosshans et al. 1996
mælk kg		0,251		100/ant. ins. pr. dr.	-0,29		0,037		AM-REML multiv.	ISR-HF	59.147	1. lakt.	Weller & Ezra 1997.
fedt kg		0,354		100/ant. ins. pr. dr.	-0,30		0,023		AM-REML multiv.	ISR-HF	59.147	1. lakt.	Weller & Ezra 1997.
protein kg		0,238		100/ant. ins. pr. dr.	-0,42		0,023		AM-REML multiv.	ISR-HF	59.147	1. lakt.	Weller & Ezra 1997.

Appendiks 2.3

Genetiske og fænotypiske parametre mellem ydelse og krop

egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
mælk kg				højde	0,09	0,11	0,10		SM-REML multiv.	AUS-HF	10.888	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
mælk kg				højde	-0,08	0,17	0,10		SM-REML multiv.	AUS-J	4.695	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
mælk kg				dairycharacter	0,50	0,08	0,27		SM-REML multiv.	AUS-HF	10.888	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
mælk kg				dairycharacter	0,84	0,06	0,34		SM-REML multiv.	AUS-J	4.695	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
mælk kg				angularity	0,22	0,11	0,09		SM-REML multiv.	AUS-HF	10.888	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
mælk kg				angularity	0,76	0,08	0,18		SM-REML multiv.	AUS-J	4.695	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995

Appendiks 2.4

Genetiske og fænotypiske parametre mellem ydelse og lemmer

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
mælk kg		0,46		hasevinkel	0,10	0,03			SM-REML	NL-HF	58.864	1. lakt.	Vollema & Groen 1997
mælk kg				bagben stilling	0,05	0,12	0,03		SM-REML multiv.	AUS-HF	10.888	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
mælk kg				bagben stilling	-0,28	0,17	-0,04		SM-REML multiv.	AUS-J	3.269	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995

Appendiks 2.5

Genetiske og fænotypiske parametre mellem ydelse og malkeorganer

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
mælk kg		0,46		yverdybde	-0,16	0,03			SM-REML	NL-HF	58.864	1. lakt.	Vollema & Groen 1997
mælk kg		0,46		yverbånd	0,18	0,03			SM-REML	NL-HF	58.864	1. lakt.	Vollema & Groen 1997
mælk kg		0,46		forpatte plac.	0,08	0,03			SM-REML	NL-HF	58.864	1. lakt.	Vollema & Groen 1997
mælk kg				foryver tilh.	0,08	0,12	0,00		SM-REML multiv.	AUS-HF	10.888	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
mælk kg				foryver tilh.	0,18	0,20	-0,03		SM-REML multiv.	AUS-J	3.269	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
mælk kg				yverbånd	0,1	0,11	0,09		SM-REML multiv.	AUS-HF	10.888	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
mælk kg				yverbånd	0,37	0,15	0,1		SM-REML multiv.	AUS-J	3.269	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
mælk kg				forpatte plac.	-0,04	0,11	0,03		SM-REML multiv.	AUS-HF	10.888	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
mælk kg				forpatte plac.	0,4	0,15	0,05		SM-REML multiv.	AUS-J	3.269	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995

Appendiks 2.6

Genetiske og fænotypiske parametre mellem ydelse og malketid / temperament

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
mælk kg				malketid	0,06	0,11			SM-REML multiv.	AUS-HF	14.596	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
mælk kg				malketid	-0,34	0,17			SM-REML multiv.	AUS-J	4.695	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
fedt kg				malketid	-0,05	0,12			SM-REML multiv.	AUS-HF	14.596	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
fedt kg				malketid	-0,28	0,18			SM-REML multiv.	AUS-J	4.695	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
protein kg				malketid	0,05	0,11			SM-REML multiv.	AUS-HF	14.596	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
protein kg				malketid	-0,3	0,17			SM-REML multiv.	AUS-J	4.695	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
mælk kg				temperament	-0,11	0,12			SM-REML multiv.	AUS-HF	14.596	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
mælk kg				temperament	-0,17	0,18			SM-REML multiv.	AUS-J	4.695	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
fedt kg				temperament	-0,18	0,12			SM-REML multiv.	AUS-HF	14.596	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
fedt kg				temperament	0,00	0,19			SM-REML multiv.	AUS-J	4.695	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
protein kg				temperament	-0,13	0,11			SM-REML multiv.	AUS-HF	14.596	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
protein kg				temperament	-0,17	0,18			SM-REML multiv.	AUS-J	4.695	1. lakt.	Visscher & Goddard 1995
mælk kg				malketid	-0,03	0,052	0,06		SM-REML multiv.	FIN-AYR	23.854	1. lakt. 91-96	Luttinen & Juga 1997
mælk kg				malketid	0,03	0,052	0,06		SM-REML multiv.	FIN-AYR	23.854	3 laktationer 91-96	Luttinen & Juga 1997
mælk kg				malketid	0,11	0,086	0,24		SM-REML multiv.	FIN-HF	10.720	1. lakt. 91-96	Luttinen & Juga 1997
mælk kg				malketid	0,13	0,085	0,06		SM-REML multiv.	FIN-HF	10.720	3 laktationer 91-96	Luttinen & Juga 1997

Appendiks 2.7

Genetiske og fænotypiske parametre mellem ydelse og celletal

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
mælk kg				celletal fuld lakt.	0,17		-0,08		REML	FR-Montbiarde	236.628		Boichard & Rupp 1997
mælk kg				celletal fuld lakt.	0,17		-0,10		REML	FR-Normande	256.265		Boichard & Rupp 1997
mælk kg				celletal fuld lakt.	0,10		-0,13		REML	FR-HF	1.429.410		Boichard & Rupp 1997
fedt kg				celletal fuld lakt.	0,18		-0,08		REML	FR-Montbiarde	236.628		Boichard & Rupp 1997
fedt kg				celletal fuld lakt.	0,13		-0,09		REML	FR-Normande	256.265		Boichard & Rupp 1997
fedt kg				celletal fuld lakt.	0,09		-0,13		REML	FR-HF	1.429.410		Boichard & Rupp 1997
protein kg				celletal fuld lakt.	0,20		-0,06		REML	FR-Montbiarde	236.628		Boichard & Rupp 1997
protein kg				celletal fuld lakt.	0,17		-0,06		REML	FR-Normande	256.265		Boichard & Rupp 1997
protein kg				celletal fuld lakt.	0,15		-0,12		REML	FR-HF	1.429.410		Boichard & Rupp 1997
protein kg				celletal 10-180 dg	0,04	0,06	-0,10		SM-REML biv.	RDM	43.364	1. laktation	Nielsen et al. 1996
protein kg				celletal 10-180 dg	0,15	0,04	-0,06		SM-REML biv.	DK-SDM	125.097	1. laktation	Nielsen et al. 1996
protein kg				celletal 10-180 dg	0,01	0,10	-0,14		SM-REML biv.	DK-DJ	23.655	1. laktation	Nielsen et al. 1996
mælk kg				celletal fuld lakt.	0,15		-0,06		REML multiv.	SP-HF	44.882	1. laktation	Charfeddine et al. 1997
fedt kg				celletal fuld lakt.	0,14		-0,04		REML multiv.	SP-HF	44.882	1. laktation	Charfeddine et al. 1997
protein kg				celletal fuld lakt.	0,16		-0,02		REML multiv.	SP-HF	44.882	1. laktation	Charfeddine et al. 1997
mælk kg 1. lakt.				celletal fuld 1. lakt.	0,10	0,08	-0,05		SM-REML multiv.	FIN-AYR		1.-3. lakt. 83-93	Pösö & Mäntysaari 1996 a
mælk kg 2. lakt.				celletal fuld 2. lakt.	-0,11	0,10	-0,10		SM-REML multiv.	FIN-AYR		1.-3. lakt. 83-93	Pösö & Mäntysaari 1996 a
mælk kg				celletal fuld lakt.	0,06	0,056	-0,07		SM-REML multiv.	FIN-AYR	23.854	1. lakt. 91-96	Luttinen & Juga 1997
mælk kg				celletal fuld lakt.	0,08		-0,11		SM-REML multiv.	FIN-AYR	23.854	3 laktationer 91-96	Luttinen & Juga 1997
mælk kg				celletal fuld lakt.	-0,05	0,082	-0,18		SM-REML multiv.	FIN-HF	10.720	1. lakt. 91-96	Luttinen & Juga 1997
mælk kg				celletal fuld lakt.	0,08	0,055	-0,01		SM-REML multiv.	FIN-HF	10.720	3 laktationer 91-96	Luttinen & Juga 1997
mælk kg		0,251		celletal fuld lakt.	0,116		-0,067		AM-REML multiv.	ISR-HF	59.147	1. laktation	Weller & Ezra 1997.
fedt kg		0,354		celletal fuld lakt.	0,054		-0,045		AM-REML multiv.	ISR-HF	59.147	1. laktation	Weller & Ezra 1997.
protein kg		0,238		celletal fuld lakt.	0,172		-0,029		AM-REML multiv.	ISR-HF	59.147	1. laktation	Weller & Ezra 1997.

Appendiks 2.8

Genetiske og fænotypiske parametre mellem ydelse og mastitis

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
protein kg				mast -10 til 180	0,24	0,07	-0,05		SM-REML biv.	DK-RDM	58.259	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
protein kg				mast -10 til 180	0,34	0,05	-0,02		SM-REML biv.	DK-SDM	163.361	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
protein kg				mast -10 til 180	0,55	0,11	-0,05		SM-REML biv.	DK-DJ	31.559	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
protein kg				mast -10 til 50	0,434	0,10	-0,047	0,011	AM-Gibbs multiv.	DK-RDM	136.247	1. lakt.	Lund et al. 1999
mælk kg				mastitis	0,21	0,06	0,01		AM-REML biv.	SKOT-HF	15.280	alle laktationer	Pryce et al. 1997
mælk kg				mastitis	0,18		-0,03		SM-REML multiv.	USA-HF	11.008		Lyons et al. 1991
fedt kg				mastitis	-0,06		-0,05		SM-REML multiv.	USA-HF	11.008		Lyons et al. 1991
mælk kg				mastitis	0,507				SM-REML multiv.	N-NRF	208.693	1. & 2. lakt.	Simianer et al. 1991
mælk kg 1. lakt.				mast -7til150 1.lakt	0,46	0,09	0		SM-REML multiv.	FIN-AYR		1.- 3. lakt. 83-93	Pösö & Mäntysaari 1996 a
mælk kg 2. lakt.				mast -7til150 2.lakt	0,35	0,10	0,01		SM-REML multiv.	FIN-AYR		1.- 3. lakt. 83-93	Pösö & Mäntysaari 1996 a
mælk kg				mast -7 til 150	0,53	0,090	0,00		SM-REML multiv.	FIN-AYR	23.854	1. lakt. 91-96	Luttinen & Juga 1997
mælk kg				mast -7 til 150	0,49	0,075	0,00		SM-REML multiv.	FIN-AYR	23.854	3 laktationer 91-96	Luttinen & Juga 1997
mælk kg				mast -7 til 150	0,31	0,180	-0,02		SM-REML multiv.	FIN-HF	10.720	1. lakt. 91-96	Luttinen & Juga 1997
mælk kg				mast -7 til 150	0,31	0,206	-0,01		SM-REML multiv.	FIN-HF	10.720	3 laktationer 91-96	Luttinen & Juga 1997

Appendiks 2.9

Genetiske og fænotypiske parametre mellem ydelse og øvrige sygdomme

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
protein kg				reprod. sygd.	0,23	0,10	0,01		SM-REML biv.	DK-RDM	58.259	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
protein kg				reprod. sygd.	0,23	0,07	0,01		SM-REML biv.	DK-SDM	163.361	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
protein kg				reprod. sygd.	0,7	0,36	0,02		SM-REML biv.	DK-DJ	31.559	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
protein kg				ford./stofs. sygd.	0,25	0,13	-0,03		SM-REML biv.	DK-RDM	58.259	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
protein kg				ford./stofs. sygd.	0,16	0,07	-0,05		SM-REML biv.	DK-SDM	163.361	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
protein kg				ford./stofs. sygd.	0,16	0,21	-0,12		SM-REML biv.	DK-DJ	31.559	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
protein kg				lemmelidelser	0,21	0,14	-0,02		SM-REML biv.	DK-RDM	58.259	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
protein kg				lemmelidelser	0,3	0,11	-0,03		SM-REML biv.	DK-SDM	163.361	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
mælk kg				mælkefeber	-0,19	0,06	0,05		AM-REML biv.	SKOT-HF		alle lakt.	Pryce et al. 1997
mælk kg				laminitis	0,29	0,11	0,02		AM-REML biv.	SKOT-HF		alle lakt.	Pryce et al. 1997
mælk kg 1. lakt.				ketose 1. lakt.	0,17		0,01		SM-REML multiv.	FIN-AYR	28.277	1.- 2. lakt. 83-85	Mäntysaari et al. 1991
mælk kg 2. lakt.				ketose 2. lakt.	0,00		0,01		SM-REML multiv.	FIN-AYR	28.277	1.- 2. lakt. 83-85	Mäntysaari et al. 1991
mælk kg				reprod. sygd.	0,42	0,11	0,13		SM-REML multiv.	FIN-AYR	11.173	1. - 3. lakt.	Pösö & Mäntysaari 1996 b
mælk kg				børbetændelse	0,68	0,23	0,00		SM-REML multiv.	FIN-AYR	11.173	1. - 3. lakt.	Pösö & Mäntysaari 1996 b
mælk kg				ketose	0,65				SM-REML multiv.	N-NRF	208.693	1. & 2. lakt.	Simianer et al. 1991
mælk kg				reprod. sygd.	-0,27		0,16		SM-REML multiv.	USA-HF	11.008		Lyons et al. 1991
fedt kg				reprod. sygd.	-0,25		0,15		SM-REML multiv.	USA-HF	11.008		Lyons et al. 1991
mælk kg				ford./stofs. sygd.	0,44		0,02		SM-REML multiv.	USA-HF	11.008		Lyons et al. 1991
fedt kg				ford./stofs. sygd.	-0,06		0,02		SM-REML multiv.	USA-HF	11.008		Lyons et al. 1991
mælk kg				lemmelidelser	0,48		0,06		SM-REML multiv.	USA-HF	11.008		Lyons et al. 1991
fedt kg				lemmelidelser	0,45		0,05		SM-REML multiv.	USA-HF	11.008		Lyons et al. 1991
mælk kg				luftvejs sygd.	0,02		0,02		SM-REML multiv.	USA-HF	11.008		Lyons et al. 1991
fedt kg				luftvejs sygd.	-0,39		-0,01		SM-REML multiv.	USA-HF	11.008		Lyons et al. 1991

Appendiks 2.10

Genetiske og fænotypiske parametre for frugtbarhed

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
56 dg ikke oml. % kv.		0,008		lgd. Ins. Per. køer	-0,85		-0,39		SM-REML multiv.	DK-malkeracer			Pedersen & Jensen 1996
lgd. ins. per. Kv.		0,016							SM-REML multiv.	DK-malkeracer			Pedersen & Jensen 1996
56 dg ikke oml.%køer		0,010		lgd. Ins. Per. køer	-0,70		-0,38		SM-REML multiv.	DK-malkeracer			Pedersen & Jensen 1996
56 dg ikke oml.%køer		0,010		int. klv-1.ins. dg	0,15		0,06		SM-REML multiv.	DK-malkeracer			Pedersen & Jensen 1996
lgd. ins. per. Køer		0,02		int. klv-1.ins. dg	0,29		-0,08		SM-REML multiv.	DK-malkeracer			Pedersen & Jensen 1996
int. klv-1.ins. dg		0,07							SM-REML multiv.	DK-malkeracer			Pedersen & Jensen 1996
kælvningsint. dg	51	0,03	0,02						SM-REML multiv.	NL-HF	82.659	1. lakt.	Hoekstra et al. 1994
int. klv-1.ins. dg	36	0,04	0,02						SM-REML multiv.	NL-HF	82.659	1. lakt.	Hoekstra et al. 1994
int. 1.ins.-drægt. dg	39	0,02	0,02						SM-REML multiv.	NL-HF	82.659	1. lakt.	Hoekstra et al. 1994
56 dg ikke oml. %	20,8	0,04	0,02						SM-REML multiv.	NL-HF	82.659	1. lakt.	Hoekstra et al. 1994
klv% efter 1.ins.	23,1	0,05	0,05						SM-REML multiv.	NL-HF	82.659	1. lakt.	Hoekstra et al. 1994
kælvningsint. dg	45	0,032	0,005						AM-REML univ.	SKOT-HF	29.049	alle lakt.	Pryce et al. 1997
int. klv. -drægt dg	40	0,028	0,007						AM-REML univ.	SKOT-HF	21.725	alle lakt.	Pryce et al. 1997
int. klv-1.ins. dg	25	0,031	0,007						AM-REML univ.	SKOT-HF	24.155	alle lakt.	Pryce et al. 1997
ant. ins. pr. drægt.	0,84	0,003	0,007						AM-REML univ.	SKOT-HF	21.725	alle lakt.	Pryce et al. 1997
% drægt. v. 1.ins. dg	0,46	0,019	0,009						AM-REML univ.	SKOT-HF	21.725	alle lakt.	Pryce et al. 1997
dr.% v. 1.ins. kv.		0,04	0,01						SM	SV-SRB	48.830		Oltenacu et al. 1991
dr.% v. 1.ins. kv.		0,04	0,01						SM	SV-HF	21.136		Oltenacu et al. 1991
ins. pr. drægt. kv.		0,05	0,01						SM	SV-SRB	48.830		Oltenacu et al. 1991
ins. pr. drægt. kv.		0,06	0,01						SM	SV-HF	21.136		Oltenacu et al. 1991
dr.% v. 1.ins. Køer		0,05	0,01						SM	SV-SRB	48.830		Oltenacu et al. 1991
dr.% v. 1.ins. Køer		0,05	0,01						SM	SV-HF	21.136		Oltenacu et al. 1991
ins. pr. drægt. Køer		0,05	0,01						SM	SV-SRB	48.830		Oltenacu et al. 1991
ins. pr. drægt. Køer		0,05	0,01						SM	SV-HF	21.136		Oltenacu et al. 1991
int. klv. -drægt. dg		0,033	0,006						SM-REML multiv.	FIN-AYR	11.173	3 første lakt.	Pösö & Mäntysaari 1996 b
int. klv. -drægt. dg		0,023	0,004						SM-REML multiv.	NZ-Dairy	66.294		Grosshans et al. 1996
kælvningsint. dg		0,017	0,004						SM-REML multiv.	NZ-Dairy	66.294		Grosshans et al. 1996
ant. ins. pr. drægt.		0,007	0,005						SM-REML multiv.	NZ-Dairy	66.294		Grosshans et al. 1996
100/ant. ins. pr. dr.		0,035							AM-REML multiv.	ISR-HF	59.147	1. lakt.	Weller & Ezra 1997.
100/ant ins pr dr 1.lakt.		0,017		100/ant -- 2. lakt.	0,891		0,083		AM-REML biv.	ISR-HF	122.008		Weller & Ezra 1997.

Appendiks 2.11

Genetiske og fænotypiske parametre mellem frugtbarhed og celletal

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
100/ant. ins. pr. dr.		0,035		celletal fuld lakt	-0,37		-0,024		AM-REML multiv.	ISR-HF	59.147	1. lakt.	Weller & Ezra 1997.

Appendiks 2.12

Genetiske og fænotypiske parametre mellem frugtbarhed og mastitis

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
kælvningsint. dg				mastitis	0,06	0,13	0,03		AM-REML biv.	SKOT-HF		alle lakt.	Pryce et al. 1997
int. klv. - 1.ins. Dg				mastitis	-0,18	0,15	0,00		AM-REML biv.	SKOT-HF		alle lakt.	Pryce et al. 1997
% drægt. v. 1.ins.				mastitis	-0,19	0,17	-0,02		AM-REML biv.	SKOT-HF		alle lakt.	Pryce et al. 1997

Appendiks 2.13

Genetiske og fænotypiske parametre mellem frugtbarhed og øvrige sygdomme

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
kælvningsint. dg				mælkefeber	0,03	0,1	0,03		AM-REML biv.	SKOT-HF		alle lakt.	Pryce et al. 1997
int. klv. - 1.ins. dg				mælkefeber	0,25	-0,13	0,02		AM-REML biv.	SKOT-HF		alle lakt.	Pryce et al. 1997
% drægt. v. 1.ins.				mælkefeber	0,03	0,05	-0,01		AM-REML biv.	SKOT-HF		alle lakt.	Pryce et al. 1997
kælvningsint. dg				laminitis	0,07	0,14	0,02		AM-REML biv.	SKOT-HF		alle lakt.	Pryce et al. 1997
int. klv. - 1.ins. dg				laminitis	0,18	0,19	0,02		AM-REML biv.	SKOT-HF		alle lakt.	Pryce et al. 1997
% drægt. v. 1.ins.				laminitis	0,7	0,21	0,02		AM-REML biv.	SKOT-HF		alle lakt.	Pryce et al. 1997
int. klv -1.ins. dg				reprod. sygd.	0,8	0,12	0,21		SM-REML multiv.	FIN-AYR	11.173	3 første lakt.	Pösö & Mäntysaari 1996 b
int. klv. -drægt. dg				børbetændelse	0,37	0,25	0,05		SM-REML multiv.	FIN-AYR	11.173	3 første lakt.	Pösö & Mäntysaari 1996 b

Appendiks 2.14

Genetiske og fænotypiske parametre for kælvningsevne

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
kalvens livskraft		0,075							"Henderson 3"	DK-RDM		1. lakt.	Pedersen 1994
kalvens livskraft		0,105							"Henderson 3"	DK-SDM		1. lakt.	Pedersen 1994
kalvens livskraft		0,020							"Henderson 3"	DK-DJ		1. lakt.	Pedersen 1994
kalvens livskraft		0,014							"Henderson 3"	DK-RDM		>1. lakt.	Pedersen 1994
kalvens livskraft		0,009							"Henderson 3"	DK-SDM		>1. lakt.	Pedersen 1994
kalvens livskraft		0,015							"Henderson 3"	DK-DJ		>1. lakt.	Pedersen 1994
kælvnings forløb		0,184							"Henderson 3"	DK-RDM		1. lakt.	Pedersen 1994
kælvnings forløb		0,307							"Henderson 3"	DK-SDM		1. lakt.	Pedersen 1994
kælvnings forløb		0,029							"Henderson 3"	DK-DJ		1. lakt.	Pedersen 1994
kælvnings forløb		0,06							"Henderson 3"	DK-RDM		>1. lakt.	Pedersen 1994
kælvnings forløb		0,053							"Henderson 3"	DK-SDM		>1. lakt.	Pedersen 1994
kælvnings forløb		0,013							"Henderson 3"	DK-DJ		>1. lakt.	Pedersen 1994
kalvens størrelse		0,36							"Henderson 3"	DK-RDM		1. lakt.	Pedersen 1994
kalvens størrelse		0,329							"Henderson 3"	DK-SDM		1. lakt.	Pedersen 1994
kalvens størrelse		0,104							"Henderson 3"	DK-DJ		1. lakt.	Pedersen 1994
kalvens størrelse		0,199							"Henderson 3"	DK-RDM		>1. lakt.	Pedersen 1994
kalvens størrelse		0,173							"Henderson 3"	DK-SDM		>1. lakt.	Pedersen 1994
kalvens størrelse		0,092							"Henderson 3"	DK-DJ		>1. lakt.	Pedersen 1994
fødselsbesvær		0,132							SM-REML	NL-HF	24.581	2. lakt.	Groen et al. 1995
fødselsbesvær		0,087							SM-REML	NL-MRI	20.198	2. lakt.	Groen et al. 1995
fødselsbesvær		0,11							SM	FR-Normande	110.543		Manfredi et al. 1991
fødselsbesvær		0,07							SM	FR-HF	273.964		Manfredi et al. 1991
kælvningsevne		0,056							SM-REML multiv.	CND-HF	37.068	1. Kalv	Cue et al. 1990
kælvningsevne		0,014							SM-REML multiv.	CND-HF	45.261	>1. Kalv	Cue et al. 1990

Appendiks 2.15

Genetiske og fænotypiske parametre for krop

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
højde cm	3,94	0,63	0,02						AM	DK-RDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
højde cm	3,66	0,6	0,01						AM	DK-SDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
højde cm	2,95	0,42	0,02						AM	DK-DJ		1. lakt..	Nielsen & Pedersen 1995
højde cm		0,32	0,04						SM-REML multiv.	AUS-HF	10.888		Visscher & Goddard 1995
højde cm		0,42	0,1						SM-REML multiv.	AUS-J	3.269		Visscher & Goddard 1995
højde cm	3,72	0,54							REML	NL-HF	7.344	1. lakt.	Koenen & Groen 1998
kropsdybde point	1,14	0,25	0,02						AM	DK-RDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
kropsdybde point	1,37	0,31	0,01						AM	DK-SDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
kropsdybde point	1,15	0,25	0,02						AM	DK-DJ		1. lakt..	Nielsen & Pedersen 1995
kropsdybde point		0,43							REML	NL-HF	7.344	1. lakt.	Koenen & Groen 1998
bryst bredde point	1,21	0,18	0,02						AM	DK-RDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
bryst bredde point	1,43	0,18	0,01						AM	DK-SDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
bryst bredde point	1,19	0,17	0,02						AM	DK-DJ		1. lakt..	Nielsen & Pedersen 1995
overlinje point	1,31	0,21	0,02						AM	DK-RDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
overlinje point	1,04	0,16	0,01						AM	DK-SDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
overlinje point	0,85	0,19	0,02						AM	DK-DJ		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
krydsbredde point	1,24	0,33	0,02						AM	DK-RDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
krydsbredde point	1,35	0,27	0,01						AM	DK-SDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
krydsbredde point	1,36	0,32	0,02						AM	DK-DJ		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
krydsbredde point		0,32							REML	NL-HF	7.344	1. lakt.	Koenen & Groen 1998
kryds retning point	1,29	0,34	0,02						AM	DK-RDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
kryds retning point	1,38	0,32	0,01						AM	DK-SDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
kryds retning point	0,99	0,29	0,02						AM	DK-DJ		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
malkepræg point	1,31	0,37	0,02						AM	DK-RDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
malkepræg point	1,75	0,31	0,01						AM	DK-SDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
malkepræg point	1,15	0,27	0,02						AM	DK-DJ		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
malkepræg point		0,38	0,03						SM-REML	DK-RDM	11.306	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
malkepræg point		0,28	0,01						SM-REML	DK-SDM	60.438	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
malkepræg point		0,25	0,03						SM-REML	DK-DJ	10.639	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
dairy character		0,35	0,04						SM-REML multiv.	AUS-HF	10.888		Visscher & Goddard 1995
dairy character		0,48	0,1						SM-REML multiv.	AUS-J	3.269		Visscher & Goddard 1995

Appendiks 2.15 fortsat

Genetiske og fænotypiske parametre for krop

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
angularity		0,22	0,03						SM-REML multiv.	AUS-HF	10.888		Visscher & Goddard 1995
angularity		0,32	0,07						SM-REML multiv.	AUS-J	3.269		Visscher & Goddard 1995
dairy character		0,45							REML	NL-HF	7.344	1. lakt.	Koenen & Groen 1998
muskelfylde		0,44							REML	NL-HF	7.344	1. lakt.	Koenen & Groen 1998

Appendiks 2.16

Genetiske og fænotypiske parametre for lemmer

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
hasevinkel point	1,19	0,23	0,02						AM	DK-RDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
hasevinkel point	1,49	0,23	0,01						AM	DK-SDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
hasevinkel point	0,84	0,14	0,02						AM	DK-DJ		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
hasevinkel side		0,17							SM-REML	NL-HF	58.864	1. lakt.	Vollema & Groen 1997
hasevinkel side		0,18							review af 15 ref.				Boelling & Pollott 1997
hasestilling	1,71	0,19	0,02						AM	DK-RDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
hasestilling	1,79	0,13	0,01						AM	DK-SDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
hasestilling	0,89	0,12	0,02						AM	DK-DJ		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
hasestilling		0,12							review af 8 ref.				Boelling & Pollott 1997
bagben stilling		0,19	0,03						SM-REML multiv.	AUS-HF	10.888		Visscher & Goddard 1995
bagben stilling		0,19	0,05						SM-REML multiv.	AUS-J	3.269		Visscher & Goddard 1995
hase kvalitet point	1,80	0,21	0,02						AM	DK-RDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
hase kvalitet point	1,87	0,18	0,01						AM	DK-SDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
hase kvalitet point	1,01	0,12	0,02						AM	DK-DJ		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
knoglebygning point	1,55	0,27	0,02						AM	DK-RDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
knoglebygning point	1,66	0,28	0,01						AM	DK-SDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
knoglebygning point	0,8	0,16	0,02						AM	DK-DJ		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
klovhældning point	1,33	0,17	0,02						AM	DK-RDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
klovhældning point	1,58	0,13	0,01						AM	DK-SDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
klovhældning point	1,1	0,09	0,02						AM	DK-DJ		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
klovhældning point		0,15							review af 11 ref.				Boelling & Pollott 1997

Appendiks 2.17

Genetiske og fænotypiske parametre for malkeorganer

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
foryver tilh. point	1,37	0,29	0,02						AM	DK-RDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
foryver tilh. point	1,72	0,24	0,01						AM	DK-SDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
foryver tilh. point	1,13	0,25	0,02						AM	DK-DJ		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
foryver tilh. point		0,31	0,03						SM-REML	DK-RDM	11.306	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
foryver tilh. point		0,26	0,01						SM-REML	DK-SDM	60.438	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
foryver tilh. point		0,27	0,03						SM-REML	DK-DJ	10.639	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
foryver tilh.		0,15	0,03						SM-REML multiv.	AUS-HF	10.888		Visscher & Goddard 1995
foryver tilh.		0,21	0,07						SM-REML multiv.	AUS-J	3.269		Visscher & Goddard 1995
bagyver br. point	1,51	0,3	0,02						AM	DK-RDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
bagyver br. point	1,71	0,22	0,01						AM	DK-SDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
bagyver br. point	1,22	0,25	0,02						AM	DK-DJ		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
bagyver br. point		0,34	0,03						SM-REML	DK-RDM	11.306	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
bagyver br. point		0,22	0,01						SM-REML	DK-SDM	60.438	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
bagyver br. point		0,22	0,03						SM-REML	DK-DJ	10.639	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
yverbånd point	1,35	0,25	0,02						AM	DK-RDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
yverbånd point	1,56	0,19	0,01						AM	DK-SDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
yverbånd point	1,01	0,17	0,02						AM	DK-DJ		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
yverbånd point		0,27	0,03						SM-REML	DK-RDM	11.306	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
yverbånd point		0,18	0,01						SM-REML	DK-SDM	60.438	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
yverbånd point		0,15	0,03						SM-REML	DK-DJ	10.639	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
yverbånd		0,25							SM-REML	NL-HF	58864	1. lakt.	Vollema & Groen 1997
yverbånd		0,19	0,03						SM-REML multiv.	AUS-HF	10.888		Visscher & Goddard 1995
yverbånd		0,36	0,08						SM-REML multiv.	AUS-J	3.269		Visscher & Goddard 1995
yverdybde point	1,14	0,39	0,02						AM	DK-RDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
yverdybde point	1,16	0,36	0,01						AM	DK-SDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
yverdybde point	1,03	0,37	0,02						AM	DK-DJ		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
yverdybde point		0,44	0,03						SM-REML	DK-RDM	11.306	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
yverdybde point		0,36	0,01						SM-REML	DK-SDM	60.438	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
yverdybde point		0,38	0,03						SM-REML	DK-DJ	10.639	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
yverdybde		0,26							SM-REML	NL-HF	58864	1. lakt.	Vollema & Groen 1997

Appendiks 2.17 fortsat

Genetiske og fænotypiske parametre for malkeorganer

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
yverdybde		0,35							REML	NL-HF	7.344	1. lakt.	Koenen & Groen 1998
patte længde point	1,39	0,42	0,02						AM	DK-RDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
patte længde point	1,5	0,41	0,01						AM	DK-SDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
patte længde point	1,13	0,42	0,02						AM	DK-DJ		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
patte længde point		0,40	0,03						SM-REML	DK-RDM	11.306	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
patte længde point		0,42	0,01						SM-REML	DK-SDM	60.438	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
patte længde point		0,47	0,03						SM-REML	DK-DJ	10.639	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
patte tykkelse point	1,11	0,29	0,02						AM	DK-RDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
patte tykkelse point	1,25	0,31	0,01						AM	DK-SDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
patte tykkelse point	1,09	0,33	0,02						AM	DK-DJ		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
patte tykkelse point		0,29	0,03						SM-REML	DK-RDM	11.306	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
patte tykkelse point		0,33	0,01						SM-REML	DK-SDM	60.438	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
patte tykkelse point		0,34	0,03						SM-REML	DK-DJ	10.639	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
forpatte afs. point	1,92	0,43	0,02						AM	DK-RDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
forpatte afs. point	1,76	0,4	0,01						AM	DK-SDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
forpatte afs. point	1,26	0,41	0,02						AM	DK-DJ		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
forpatte afs. point		0,42	0,03						SM-REML	DK-RDM	11.306	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
forpatte afs. point		0,4	0,01						SM-REML	DK-SDM	60.438	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
forpatte afs. point		0,44	0,03						SM-REML	DK-DJ	10.639	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
forpatte placering		0,35							SM-REML	NL-HF	58864	1. lakt.	Vollema & Groen 1997
forpatte afstand		0,31	0,04						SM-REML multiv.	AUS-HF	10.888		Visscher & Goddard 1995
forpatte afstand		0,31	0,07						SM-REML multiv.	AUS-J	3.269		Visscher & Goddard 1995

Appendiks 2.18

Genetiske og fænotypiske parametre for malketid og temperament

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
malketid point	1,57	0,32	0,02						AM	DK-RDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
malketid point	1,68	0,26	0,01						AM	DK-SDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
malketid point	1,42	0,19	0,02						AM	DK-DJ		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
malketid point		0,35	0,03						SM-REML	DK-RDM	11.306	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
malketid point		0,27	0,01						SM-REML	DK-SDM	60.438	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
malketid point		0,17	0,03						SM-REML	DK-DJ	10.639	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
malketid		0,197							"Henderson 3"	DK-RDM			Madsen et al. 1987
malketid		0,26	0,04	temperament	0,53	0,09	0,18		SM-REML multiv.	AUS-HF	14.596		Visscher & Goddard 1995
malketid		0,29	0,07	temperament	0,57	0,14	0,19		SM-REML multiv.	AUS-J	4.695		Visscher & Goddard 1995
temperament	1,53	0,2	0,02						AM	DK-RDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
temperament	1,67	0,13	0,01						AM	DK-SDM		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
temperament	1,43	0,05	0,02						AM	DK-DJ		1. lakt.	Nielsen & Pedersen 1995
temperament		0,22	0,03						SM-REML multiv.	AUS-HF	14.596		Visscher & Goddard 1995
temperament		0,25	0,06						SM-REML multiv.	AUS-J	4.695		Visscher & Goddard 1995
temperament		0,05	0,005						SM-REML multiv.	CND-HF	232.064	1. lakt.	Hayes 1998

Appendiks 2.19

Genetiske og fænotypiske parametre for celletal

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
celletal hele 1. lakt.		0,128		celletal hele 2. lakt.	0,85		0,34		REML	FR-Montbiarde	236.628		Boichard & Rupp 1997
celletal hele 1. lakt.		0,134		celletal hele 2. lakt.	0,83		0,36		REML	FR-Normande	256.265		Boichard & Rupp 1997
celletal hele 1. lakt.		0,163		celletal hele 2. lakt.	0,89		0,36		REML	FR-HF	429.410		Boichard & Rupp 1997
celletal hele 2. lakt.		0,108							REML	FR-Montbiarde	236.628		Boichard & Rupp 1997
celletal hele 2. lakt.		0,14							REML	FR-Normande	256.265		Boichard & Rupp 1997
celletal hele 2. lakt.		0,145							REML	FR-HF	429.410		Boichard & Rupp 1997
celletal hele 1. lakt.		0,090							AM-REML testday	CND-HF	15.922	1.- 2. lakt.	Reents et al. 1995

Appendiks 2.19 fortsat

Genetiske og fænotypiske parametre for celletal

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
celletal hele 2. lakt.		0,080							AM-REML testday	CND-HF	15.922	1.- 2. lakt.	Reents et al. 1995
celletal hele 1. lakt.		0,093	0,01	celletal hele 2. lakt.	0,884	0,032	0,287	0,017	AM-Gibbs	CND-HF	15.922	1.- 2. lakt.	Reents et al. 1995
celletal hele 2. lakt.		0,091	0,009						AM-Gibbs	CND-HF	15.922	1.- 2. lakt.	Reents et al. 1995
celletal 10-180 1.lakt	0,89	0,14	0,01	celletal 10-180 2.l.	0,92	0,02	0,36		SM-REML biv	DK-RDM		1.- 2. lakt.	Nielsen et al. 1996
celletal 10-180 2.lakt	0,95	0,10	0,01						SM-REML biv.	DK-RDM		1.- 2. lakt.	Nielsen et al. 1996
celletal 10-180 1.lakt	0,79	0,14	0,01	celletal 10-180 2.l.	0,92	0,02	0,34		SM-REML biv.	DK-SDM		1.- 2. lakt.	Nielsen et al. 1996
celletal 10-180 2.lakt	0,91	0,15	0,01						SM-REML biv.	DK-SDM		1.- 2. lakt.	Nielsen et al. 1996
celletal 10-180 1.lakt	0,88	0,12	0,02	celletal 10-180 2.l.	0,94	0,03	0,39		SM-REML biv.	DK-DJ		1.- 2. lakt.	Nielsen et al. 1996
celletal 10-180 2.lakt	1,03	0,10	0,01						SM-REML biv.	DK-DJ		1.- 2. lakt.	Nielsen et al. 1996
celleprod.10-180 dg		0,168	0,017						AM-Gibbs mv	DK-RDM		1. lakt.	Lund et al. 1999
daglig celleudsk.		0,126							"Henderson 3"	DK-RDM			Madsen et al. 1987
celletal hele 1. lakt.		0,15	0,02	mælk kg					SM-REML multiv.	FIN-AYR	7.234	1. lakt.	Pösö & Mäntysaari 1996 a
celletal hele 1. lakt.		0,16	0,02	mastitis					SM-REML multiv.	FIN-AYR	7.234	1. lakt.	Pösö & Mäntysaari 1996 a
celletal hele 2. lakt.		0,16	0,03	mælk kg					SM-REML multiv.	FIN-AYR	4.830	2. lakt.	Pösö & Mäntysaari 1996 a
celletal hele 2. lakt.		0,18	0,03	mastitis					SM-REML multiv.	FIN-AYR	4.830	2. lakt.	Pösö & Mäntysaari 1996 a
celletal hele 1. lakt.		0,15	0,02	celletal hele 2. lakt.	0,78	0,07	0,4		SM-REML multiv.	FIN-AYR	7.234	1.- 2. lakt.	Pösö & Mäntysaari 1996 a
celletal 10-180 dg		0,175	0,075						AM-REML	DK-SDM	8.167		Lund et al. 1994
celletal 0-305 dg		0,13							REML multiv.	SP-HF	44.882	1. lakt.	Charfeddine et al. 1997
celletal 0-150 dg		0,085							SM-REML	SV-SRB	46.431	1. lakt.	Emanuelsen et al. 1988
celletal 0-150 dg		0,09							SM-REML	SV-SRB	25.373	1. lakt.	Emanuelsen et al. 1988
celletal 0-150 dg		0,039							SM-REML	SV-HF	25.201	1. lakt.	Emanuelsen et al. 1988
celletal hele 1. lakt.		0,08		celletal hele 2. lakt.	0,9				AM-Gibbs	D-HF	26.216	1.- 2. lakt.	Reents & Dopp 1997
celletal hele 2. lakt.		0,13							AM-Gibbs	D-HF	26.216	1.- 2. lakt.	Reents & Dopp 1997
celletal hele lakt.		0,15							SM-REML multiv.	FIN-AYR	23.854	1. lakt. 91-96	Luttinen & Juga 1997
celletal hele lakt.		0,23							SM-REML multiv.	FIN-AYR	23.854	3 laktationer 91-96	Luttinen & Juga 1997
celletal hele lakt.		0,14							SM-REML multiv.	FIN-HF	10.720	1. lakt. 91-96	Luttinen & Juga 1997
celletal hele lakt.		0,19							SM-REML multiv.	FIN-HF	10.720	3 laktationer 91-96	Luttinen & Juga 1997
celletal hele 1. lakt.		0,158							AM-REML multiv	ISR-HF	122.008	1.- 2. lakt.	Weller & Ezra 1997.
celletal hele 1. lakt.		0,133		celletal hele 2. lakt.	0,737		0,329		AM-REML biv	ISR-HF	122.008	1.- 2. lakt.	Weller & Ezra 1997.
celletal hele 2. lakt.		0,132		celletal hele 1. lakt.	0,737		0,329		AM-REML biv	ISR-HF	122.008	1.- 2. lakt.	Weller & Ezra 1997.

Appendiks 2.20

Genetiske og fænotypiske parametre mellem celletal og eksteriør

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
celletal hele 1. lakt.				højde	-0,11				SM-REML	US-HF	>108.632	1.-2. lakt.	Rogers et al. 1991
celletal hele 1. lakt.				styrke	-0,06				SM-REML	US-HF	>108.632	1.-2. lakt.	Rogers et al. 1991
celletal hele 1. lakt.				kropsdybde	-0,05				SM-REML	US-HF	>108.632	1.-2. lakt.	Rogers et al. 1991
celletal hele 1. lakt.				malkepræg	0,18				SM-REML	US-HF	>108.632	1.-2. lakt.	Rogers et al. 1991
celletal 10-180 dg				malkepræg	0,13	0,06	0,01		SM-REML	DK-RDM	98.414	1. lakt.	Sørensen 1998
celletal hele 1. lakt.				krydsbredde	-0,21				SM-REML	US-HF	>108.632	1.-2. lakt.	Rogers et al. 1991
celletal hele 1. lakt.				kryds hældning	0,08				SM-REML	US-HF	>108.632	1.-2. lakt.	Rogers et al. 1991
celletal hele 1. lakt.				hasevinkel	-0,10				SM-REML	US-HF	>108.632	1.-2. lakt.	Rogers et al. 1991
celletal hele 1. lakt.				klovhældning	-0,06				SM-REML	US-HF	>108.632	1.-2. lakt.	Rogers et al. 1991
celletal				foryver	-0,30				AM-REML multiv.	CND-HF	8.450	1. lakt.	Reents et al. 1994
celletal 10-180 1.lakt.				foryver	0,38					DK/US-HF			Rogers et al. 1998
celletal hele lakt.				foryver	0,39					SV/US-HF			Rogers et al. 1998
celletal hele 1. lakt.				foryver	-0,41				SM-REML	US-HF	>108.632	1.-2. lakt.	Rogers et al. 1991
celletal hele 2. lakt.				foryver	-0,16				SM-REML	US-HF	>108.632	1.-2. lakt.	Rogers et al. 1991
celletal 10-180 dg				foryver tilhæft.	-0,17	0,06	-0,07		SM-REML	DK-RDM	98.414	1. lakt.	Sørensen 1998
celletal				bagyver	-0,45				AM-REML multiv.	CND-HF	8.450	1. lakt.	Reents et al. 1994
celletal 10-180 1.lakt.				bagyverbredde	0,11					DK/US-HF			Rogers et al. 1998
celletal hele lakt.				bagyverbredde	0,10					SV/US-HF			Rogers et al. 1998
celletal hele 1. lakt.				bagyverbredde	-0,15				SM-REML	US-HF	>108.632	1.-2. lakt.	Rogers et al. 1991
celletal hele 2. lakt.				bagyverbredde	0,05				SM-REML	US-HF	>108.632	1.-2. lakt.	Rogers et al. 1991
celletal 10-180 dg				bagyverbredde	0,02	0,06	-0,05		SM-REML	DK-RDM	98.414	1. lakt.	Sørensen 1998
celletal				yverbånd	-0,18				AM-REML multiv.	CND-HF	8.450	1. lakt.	Reents et al. 1994
celletal 10-180 1.lakt.				yverbånd	0,09					DK/US-HF			Rogers et al. 1998
celletal hele lakt.				yverbånd	0,21					SV/US-HF			Rogers et al. 1998
celletal hele 1. lakt.				yverbånd	-0,12				SM-REML	US-HF	>108.632	1.-2. lakt.	Rogers et al. 1991
celletal hele 2. lakt.				yverbånd	0,06				SM-REML	US-HF	>108.632	1.-2. lakt.	Rogers et al. 1991
celletal 10-180 dg				yverbånd	-0,21	0,06	-0,08		SM-REML	DK-RDM	98.414	1. lakt.	Sørensen 1998
celletal 10-180 1.lakt.				yverdybde	0,37					DK/US-HF			Rogers et al. 1998
celletal hele lakt.				yverdybde	0,52					SV/US-HF			Rogers et al. 1998
celletal hele 1. lakt.				yverdybde	-0,42				SM-REML	US-HF	>108.632	1.-2. lakt.	Rogers et al. 1991
celletal hele 2. lakt.				yverdybde	-0,26				SM-REML	US-HF	>108.632	1.-2. lakt.	Rogers et al. 1991

Appendiks 2.20 fortsat

Genetiske og fænotypiske parametre mellem celletal og eksteriør

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
celletal 10-180 dg				yverdybde	-0,20	0,05	-0,12		SM-REML	DK-RDM	98.414	1. lakt.	Sørensen 1998
celletal				pattelængde	0,30		0,112		"Henderson 3"	DK-RDM			Madsen et al. 1987
celletal 10-180 1.lakt.				pattelængde	-0,05					DK/US-HF			Rogers et al. 1998
celletal hele lakt.				pattelængde	-0,02					SV/US-HF			Rogers et al. 1998
celletal hele 1. lakt.				pattelængde	0,2				SM-REML	US-HF	>108.632	1.-2. lakt.	Rogers et al. 1991
celletal hele 2. lakt.				pattelængde	0,16				SM-REML	US-HF	>108.632	1.-2. lakt.	Rogers et al. 1991
celletal 10-180 dg				pattelængde	-0,25	0,05	-0,06		SM-REML	DK-RDM	98.414	1. lakt.	Sørensen 1998
celletal 10-180 dg				pattetykkelse	0,15	0,05	-0,08		SM-REML	DK-RDM	98.414	1. lakt.	Sørensen 1998
celletal				forpatte afstand	-0,18				AM-REML multiv.	CND-HF	8.450	1. lakt.	Reents et al. 1994
celletal				forpatte afstand	0,209		0,088		"Henderson 3"	DK-RDM			Madsen et al. 1987
celletal 10-180 dg				forpatte afstand	-0,15	0,05	-0,05		SM-REML	DK-RDM	98.414	1. lakt.	Sørensen 1998
celletal 10-180 1.lakt.				patteplacering	0,24					DK/US-HF			Rogers et al. 1998
celletal hele lakt.				patteplacering	0,18					SV/US-HF			Rogers et al. 1998
celletal hele 1. lakt.				forpatteplac.	-0,312				SM-REML	US-HF	>108.632	1.-2. lakt.	Rogers et al. 1991
celletal hele 2. lakt.				forpatteplac.	-0,12				SM-REML	US-HF	>108.632	1.-2. lakt.	Rogers et al. 1991
celletal 10-180 1.lakt.				yver	0,34					DK/US-HF			Rogers et al. 1998
celletal hele lakt.				yver	0,40					SV/US-HF			Rogers et al. 1998

Appendiks 2.21

Genetiske og fænotypiske parametre mellem celletal og malketid

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
celletal 10-180 dg				malketid	0,09	0,06	-0,01		SM-REML	DK-RDM	98.414	1. lakt.	Sørensen 1998
celletal				malketid	-0,053		0,025		"Henderson 3"	DK-RDM			Madsen et al. 1987
celletal hele lakt.				malketid	0,57	0,045	0,09		SM-REML multiv.	FIN-AYR	23.854	1. lakt. 91-96	Luttinen & Juga 1997
celletal hele lakt.				malketid	0,54	0,046	0,00		SM-REML multiv.	FIN-AYR	23.854	3 laktationer 91-96	Luttinen & Juga 1997
celletal hele lakt.				malketid	0,50	0,072	0,11		SM-REML multiv.	FIN-HF	10.720	1. lakt. 91-96	Luttinen & Juga 1997
celletal hele lakt.				malketid	0,48	0,073	0,10		SM-REML multiv.	FIN-HF	10.720	3 laktationer 91-96	Luttinen & Juga 1997

Appendiks 2.22

Genetiske og fænotypiske parametre mellem celletal og mastitis

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
celletal 10 -180 1.lakt				mast -10 180 1.lakt	0,65	0,06	0,23		SM-REML biv.	DK-RDM	58.259	1.- 2. lakt.	Nielsen et al. 1996
celletal 10 -180 1.lakt				mast -10 180 2.lakt	0,57	0,09	0,06		SM-REML biv.	DK-RDM	58.259	1.- 2. lakt.	Nielsen et al. 1996
celletal 10 -180 2.lakt				mast -10 180 2.lakt	0,43	0,1	0,23		SM-REML biv.	DK-RDM	58.259	1.- 2. lakt.	Nielsen et al. 1996
celleprod.10-180 dg				mast -10 50 1.lakt	0,799	0,080	0,208	0,012	AM-Gibbs mv	DK-RDM		1. lakt.	Lund et al. 1999
celletal 10 -180 1.lakt				mast -10 180 1.lakt	0,57	0,04	0,20		SM-REML biv.	DK-SDM	163.361	1.- 2. lakt.	Nielsen et al. 1996
celletal 10 -180 1.lakt				mast -10 180 2.lakt	0,47	0,05	0,08		SM-REML biv.	DK-SDM	163.361	1.- 2. lakt.	Nielsen et al. 1996
celletal 10 -180 2.lakt				mast -10 180 2.lakt	0,54	0,04	0,20		SM-REML biv.	DK-SDM	163.361	1.- 2. lakt.	Nielsen et al. 1996
celletal 10 -180 1.lakt				mast -10 180 1.lakt	0,00	0,14	0,05		SM-REML biv.	DK-DJ	31.559	1.- 2. lakt.	Nielsen et al. 1996
celletal 10 -180 1.lakt				mast -10 180 2.lakt	0,20	0,16	0,06		SM-REML biv.	DK-DJ	31.559	1.- 2. lakt.	Nielsen et al. 1996
celletal 10 -180 2.lakt				mast -10 180 2.lakt	0,40	0,12	0,20		SM-REML biv.	DK-DJ	31.559	1.- 2. lakt.	Nielsen et al. 1996
celletal hele 1. lakt.				mast -7 150 1.lakt	0,37	0,12	0,05		SM-REML multiv.	FIN-AYR	23.167	1.- 2. lakt.	Pösö & Mäntysaari 1996 a
celletal hele 1. lakt.				mast -7 150 2.lakt	0,66	0,1	0,07		SM-REML multiv.	FIN-AYR	23.167	1.- 2. lakt.	Pösö & Mäntysaari 1996 a
celletal hele 2. lakt.				mast -7 150 1.lakt	0,21	0,13	0,03		SM-REML multiv.	FIN-AYR	23.167	1.- 2. lakt.	Pösö & Mäntysaari 1996 a
celletal hele 2. lakt.				mast -7 150 2.lakt	0,61	0,10	0,15		SM-REML multiv.	FIN-AYR	23.167	1.- 2. lakt.	Pösö & Mäntysaari 1996 a
celletal 10 -180 1.lakt				mast -10 180 1.lakt	0,97		0,23		AM-REML multiv..	DK-SDM	8.167		Lund et al. 1994
celletal 0-150 dg				mast -10 150 dg	0,716		0,100		SM-REML	SV-SRB	46.431	1. lakt.	Emanuelsen et al. 1988
celletal 0-150 dg				mast -10 150 dg	0,639		0,079		SM-REML	SV-SRB	25.373	1. lakt.	Emanuelsen et al. 1988
celletal 0-150 dg				mast -10 150 dg	0,363		0,090		SM-REML	SV-HF	25.201	1. lakt.	Emanuelsen et al. 1988
celletal hele lakt.				mast -7 150	0,31	0,09	0,06		SM-REML multiv.	FIN-AYR	23.854	1. lakt. 91-96	Luttinen & Juga 1997
celletal hele lakt.				mast -7 150	0,48	0,077	0,07		SM-REML multiv.	FIN-AYR	23.854	3 laktationer 91-96	Luttinen & Juga 1997
celletal hele lakt.				mast -7 150	0,48	0,16	0,02		SM-REML multiv.	FIN-HF	10.720	1. lakt. 91-96	Luttinen & Juga 1997
celletal hele lakt.				mast -7 150	0,50	0,166	0,04		SM-REML multiv.	FIN-HF	10.720	3 laktationer 91-96	Luttinen & Juga 1997

Appendiks 2.23

Genetiske og fænotypiske parametre mellem celletal og øvrige sygdomme

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
celletal 10 -180 1.lakt				øvrige sygd.	0,33		-0,01		AM-REML	DK-SDM	8.167		Lund et al. 1994

Appendiks 2.24

Genetiske og fænotypiske parametre for mastitis

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
mast.-10 til 180 1.lakt	0,76	0,06	0,01	mast -10 180 2.lakt	0,96	0,03	0,1		SM-REML	DK-RDM	58.259	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast.-10 til 180 2.lakt	0,71	0,05	0,01						SM-REML	DK-RDM	41.465	2. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast -10 til 50		0,054							SM-REML	DK-RDM	136.247	1. lakt.	Lund et al. 1999
mast -10 til 180		0,056							SM-REML	DK-RDM	136.247	1. lakt.	Lund et al. 1999
mast -10 til 350		0,059							SM-REML	DK-RDM	136.247	1. lakt.	Lund et al. 1999
mast -10 til 50		0,056	0,006						SM-REML	DK-RDM	84.593	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
mast -10 til 180		0,057	0,006						SM-REML	DK-RDM	67.172	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
mast -10 til 350		0,048	0,006						SM-REML	DK-RDM	58.449	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
klinisk mastitis		0,034	0,021						"Henderson 3"	DK-RDM		1. lakt.	Madsen et al. 1987
klinisk mastitis		0,04	0,028						"Henderson 3"	DK-RDM		2. lakt.	Madsen et al. 1987
mast.-10 til 180 1.lakt	0,71	0,04	0,01	mast -10 180 2.lakt	0,95	0,01	0,11		SM-REML	DK-SDM	163.361	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast.-10 til 180 2.lakt	0,67	0,04	0,01						SM-REML	DK-SDM	191.557	2. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast -10 til 50		0,044	0,003						SM-REML	DK-SDM	374.191	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
mast -10 til 180		0,044	0,003						SM-REML	DK-SDM	294.317	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
mast -10 til 350		0,038	0,003						SM-REML	DK-SDM	256.525	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
mast -10 til 180		0,025	0,107						AM-REML	DK-SDM	4603	1. lakt.	Lund et al. 1994
mast -10 180 2.lakt	0,75	0,04	0,01	mast -10 180 2.lakt	0,76	0,09	0,07		SM-REML	DK-DJ	31.559	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast -10 180 2.lakt	0,61	0,03	0,01						SM-REML	DK-DJ	43.756	2. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast -10 til 50		0,026	0,004						SM-REML	DK-DJ	82.222	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
mast -10 til 180		0,019	0,004						SM-REML	DK-DJ	65.762	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
mast -10 til 350		0,02	0,004						SM-REML	DK-DJ	56.684	1. lakt.	Sørensen et al. 1999
mastitis	0,26	0,071	0,012						AM-REML univ.	SKOT-HF	15.280	alle lakt	Pryce et al. 1997
mast -7 til 150 1. lakt.		0,025	0,005	celletal					SM-REML multiv.	FIN-AYR	23.167	1.- 2. lakt.	Pösö & Mäntysaari 1996 a
mast -7 til 150 2. lakt.		0,046	0,008	celletal					SM-REML multiv.	FIN-AYR	17.891	1.- 2. lakt.	Pösö & Mäntysaari 1996 a
mast -7 til 150 1. lakt.		0,025	0,005	mast -7 150 2. lakt.	0,67	0,11	0,09		SM-REML multiv.	FIN-AYR	23.167	1.- 2. lakt.	Pösö & Mäntysaari 1996 a
mastitis		0,07	0,04						SM-REML multiv.	USA-HF	11.088		Lyons et al. 1991
mast -10 til 150 dg		0,018							SM-REML	SV-SRB	46.431	1. lakt.	Emanuelsen et al. 1988
mast -10 til 150 dg		0,02							SM-REML	SV-SRB	25.373	1. lakt.	Emanuelsen et al. 1988
mast -10 til 150 dg		0,01							SM-REML	SV-HF	25.201	1. lakt.	Emanuelsen et al. 1988
mast -10 til 150 dg		0,018	0,015						SM-REML	SV-HF	9.516	vet-info alene	Koenen et al. 1994
mast -10 til 150 dg		0,083	0,03						SM-REML	SV-HF	9.516	vet+udsætnings-info	Koenen et al. 1994

Appendiks 2.25

Genetiske og fænotypiske parametre mellem mastitis og eksteriør

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
foryvertilhæftning				mast -10 til 180	-0,46	0,05	-0,01	0,03	SM-REML	DK-RDM		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
bagyverbredde				mast -10 til 180	-0,04	0,05	-0,20	0,03	SM-REML	DK-RDM		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
yverbånd				mast -10 til 180	-0,20	0,05	-0,08	0,03	SM-REML	DK-RDM		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
yverdybde				mast -10 til 180	-0,49	0,05	-0,09	0,03	SM-REML	DK-RDM		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
pattelængde				mast -10 til 180	-0,08	0,05	-0,03	0,03	SM-REML	DK-RDM		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
pattetykkelse				mast -10 til 180	0,18	0,05	0,03	0,03	SM-REML	DK-RDM		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
forpatte afstand				mast -10 til 180	-0,12	0,05	0,01	0,03	SM-REML	DK-RDM		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
malketid				mast -10 til 180	-0,18	0,05	-0,10	0,03	SM-REML	DK-RDM		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
malkepræg				mast -10 til 180	0,44	0,05	-0,01	0,03	SM-REML	DK-RDM		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
foryvertilhæftning				mast -10 til 180	-0,37	0,03	-0,03	0,01	SM-REML	DK-SDM		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
bagyverbredde				mast -10 til 180	0,01	0,03	-0,02	0,01	SM-REML	DK-SDM		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
yverbånd				mast -10 til 180	-0,14	0,03	-0,08	0,01	SM-REML	DK-SDM		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
yverdybde				mast -10 til 180	-0,58	0,03	-0,06	0,01	SM-REML	DK-SDM		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
pattelængde				mast -10 til 180	-0,19	0,03	0,00	0,01	SM-REML	DK-SDM		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
pattetykkelse				mast -10 til 180	0,28	0,03	0,01	0,01	SM-REML	DK-SDM		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
forpatte afstand				mast -10 til 180	-0,05	0,03	-0,02	0,01	SM-REML	DK-SDM		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
malketid				mast -10 til 180	-0,01	0,03	-0,04	0,01	SM-REML	DK-SDM		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
malkepræg				mast -10 til 180	0,45	0,03	-0,06	0,01	SM-REML	DK-SDM		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
foryvertilhæftning				mast -10 til 180	-0,28	0,06	-0,03	0,03	SM-REML	DK-DJ		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
bagyverbredde				mast -10 til 180	-0,24	0,06	-0,04	0,03	SM-REML	DK-DJ		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
yverbånd				mast -10 til 180	-0,02	0,06	-0,09	0,03	SM-REML	DK-DJ		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
yverdybde				mast -10 til 180	-0,36	0,06	-0,04	0,03	SM-REML	DK-DJ		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
pattelængde				mast -10 til 180	0,01	0,06	-0,03	0,03	SM-REML	DK-DJ		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
pattetykkelse				mast -10 til 180	0,09	0,06	0,02	0,03	SM-REML	DK-DJ		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
forpatte afstand				mast -10 til 180	0,09	0,06	-0,02	0,03	SM-REML	DK-DJ		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
malketid				mast -10 til 180	0,05	0,06	-0,02	0,03	SM-REML	DK-DJ		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
malkepræg				mast -10 til 180	0,5	0,06	-0,03	0,03	SM-REML	DK-DJ		1. lakt.	Sørensen et al. 1999
forpatte afstand				klinisk mast 1.lakt	0,124		0,044		"Henderson3"	DK-RDM			Madsen et al. 1987
pattelængde				klinisk mast 1.lakt	0,24		0,096		"Henderson3"	DK-RDM			Madsen et al. 1987
malketid				klinisk mast 1.lakt	-0,063		0,063		"Henderson3"	DK-RDM			Madsen et al. 1987

Appendiks 2.25 fortsat

Genetiske og fænotypiske parametre mellem mastitis og eksteriør

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
forpatte afstand				klinisk mast 2.lakt	-0,057		-0,009		"Henderson3"	DK-RDM			Madsen et al. 1987
pattelængde				klinisk mast 2.lakt	0,065		0,014		"Henderson3"	DK-RDM			Madsen et al. 1987
foryvertilhæftning				mast -10 til 180	0,34					DK/US-HF		1. lakt.	Rogers et al. 1998
foryvertilhæftning				mast -10 til 150	0,31					SV/US-HF		1. lakt.	Rogers et al. 1998
bagyverbredde				mast -10 til 180	-0,06					DK/US-HF		1. lakt.	Rogers et al. 1998
bagyverbredde				mast -10 til 150	-0,07					SV/US-HF		1. lakt.	Rogers et al. 1998
yverbånd				mast -10 til 180	-0,01					DK/US-HF		1. lakt.	Rogers et al. 1998
yverbånd				mast -10 til 150	0,23					SV/US-HF		1. lakt.	Rogers et al. 1998
yverdybde				mast -10 til 180	0,45					DK/US-HF		1. lakt.	Rogers et al. 1998
yverdybde				mast -10 til 150	0,52					SV/US-HF		1. lakt.	Rogers et al. 1998
pattelængde				mast -10 til 180	-0,09					DK/US-HF		1. lakt.	Rogers et al. 1998
pattelængde				mast -10 til 150	-0,09					SV/US-HF		1. lakt.	Rogers et al. 1998
patteplacering				mast -10 til 180	-0,01					DK/US-HF		1. lakt.	Rogers et al. 1998
patteplacering				mast -10 til 150	0,19					SV/US-HF		1. lakt.	Rogers et al. 1998
yver				mast -10 til 180	0,26					DK/US-HF		1. lakt.	Rogers et al. 1998
yver				mast -10 til 150	0,47					SV/US-HF		1. lakt.	Rogers et al. 1998
malketid				klinisk mast 2.lakt	-0,223		-0,056		"Henderson3"	DK-RDM			Madsen et al. 1987
malketid				mast -7 til 150	-0,11	0,098	0,02		SM-REML multiv.	FIN-AYR	23.854	1. lakt. 91-96	Luttinen & Juga 1997
malketid				mast -7 til 150	0,02	0,085	0,00		SM-REML multiv.	FIN-AYR	23.854	3 laktationer 91-96	Luttinen & Juga 1997
malketid				mast -7 til 150	-0,20	0,183	-0,02		SM-REML multiv.	FIN-HF	10.720	1. lakt. 91-96	Luttinen & Juga 1997
malketid				mast -7 til 150	-0,50	0,18	0,00		SM-REML multiv.	FIN-HF	10.720	3 laktationer 91-96	Luttinen & Juga 1997

Appendiks 2.26

Genetiske og fænotypiske parametre mellem mastitis og øvrige sygdomme

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
mast -10 til 180				repr sygd.	0,05	0,12	0,00		SM-REML biv.	DK-RDM	58.259	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast -10 til 180				repr sygd.	0,36	0,13	-0,01		SM-REML biv.	DK-RDM	41.465	2. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast -10 til 180				ford/stofsk.	-0,16	0,15	0,00		SM-REML biv.	DK-RDM	58.259	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast -10 til 180				ford/stofsk.	0,33	0,12	0,01		SM-REML biv.	DK-RDM	41.465	2. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast -10 til 180				lemmelidelser	-0,20	0,16	0,01		SM-REML biv.	DK-RDM	58.259	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast -10 til 180				lemmelidelser	0,19	0,17	0,00		SM-REML biv.	DK-RDM	41.465	2. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast -10 til 180				repr sygd.	0,32	0,08	0,01		SM-REML biv.	DK-SDM	163.361	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast -10 til 180				repr sygd.	0,18	0,08	0,01		SM-REML biv.	DK-SDM	191.557	2. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast -10 til 180				ford/stofsk.	0,25	0,09	0,00		SM-REML biv.	DK-SDM	163.361	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast -10 til 180				ford/stofsk.	0,21	0,08	0,00		SM-REML biv.	DK-SDM	191.557	2. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast -10 til 180				lemmelidelser	0,28	0,1	0,00		SM-REML biv.	DK-SDM	163.361	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast -10 til 180				lemmelidelser	0,26	0,09	-0,01		SM-REML biv.	DK-SDM	191.557	2. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast -10 til 180				repr sygd.	0,9	6,6	0,00		SM-REML biv.	DK-DJ	31.559	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast -10 til 180				repr sygd.	0,65	0,18	-0,02		SM-REML biv.	DK-DJ	43.756	2. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast -10 til 180				ford/stofsk.	-0,15	0,26	0,01		SM-REML biv.	DK-DJ	31.559	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast -10 til 180				ford/stofsk.	0,37	0,15	0,02		SM-REML biv.	DK-DJ	43.756	2. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast -10 til 180				lemmelidelser	-0,96	1,56	0,02		SM-REML biv.	DK-DJ	31.559	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast -10 til 180				lemmelidelser	0,34	0,19	0,01		SM-REML biv.	DK-DJ	43.756	2. lakt.	Nielsen et al. 1996
mast -10 til 180				øvrige sygd.	0,53		-0,02		AM-REML multiv.	DK-SDM	8.167		Lund et al. 1994
mastitis				reprod. sygd.	-0,11		-0,03		SM-REML multiv.	USA-HF	11.008		Lyons et al. 1991
mastitis				stofsk/ford.	0,52		0,05		SM-REML multiv.	USA-HF	11.008		Lyons et al. 1991
mastitis				lemme/klovl.	0,84		0,09		SM-REML multiv.	USA-HF	11.008		Lyons et al. 1991
mastitis				luftvejslidelser	0,34		-0,01		SM-REML multiv.	USA-HF	11.008		Lyons et al. 1991

Appendiks 2.27

Genetiske og fænotypiske parametre for øvrige sygdomme

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
reproduktions sygd.		0,02	0,004						SM-REML triv	DK-RDM	58.259	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
reproduktions sygd.		0,02	0,004						SM-REML triv	DK-RDM	41.465	2. lakt.	Nielsen et al. 1996
reproduktions sygd.		0,02	0,002						SM-REML biv.	DK-SDM	163.361	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
reproduktions sygd.		0,01	0,002						SM-REML biv.	DK-SDM	191.557	2. lakt.	Nielsen et al. 1996
reproduktions sygd.		0,02	0,001						SM-REML triv	DK-DJ	31.559	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
reproduktions sygd.		0,01	0,002						SM-REML triv	DK-DJ	43.756	2. lakt.	Nielsen et al. 1996
reproduktions sygd.		0,02	0,03	ford/stofs. sygd	0,38		0,04		SM-REML multiv.	USA-HF	11.088		Lyons et al. 1991
reproduktions sygd.		0,02	0,03	lemmelidelser	0,02		0,01		SM-REML multiv.	USA-HF	11.088		Lyons et al. 1991
reproduktions sygd.		0,02	0,03	luftvejslidelser	-0,23		0,03		SM-REML multiv.	USA-HF	11.088		Lyons et al. 1991
reproduktions sygd.		0,008	0,011						SM-REML	SV-HF	9.516	vet-info alene	Koenen et al. 1994
reproduktions sygd.		0,0001	0,003						SM-REML	SV-HF	9.516	vet+udsætnings-info	Koenen et al. 1994
reproduktions sygd.		0,014	0,004						SM-REML	FIN-AYR	11.173	3 første lakt.	Pösö & Mäntysaari 1996 b
Børbetændelse		0,005	0,003						SM-REML	FIN-AYR	11.173	3 første lakt.	Pösö & Mäntysaari 1996 b
ford./stofskif. sygd.		0,01	0,002						SM-REML triv	DK-RDM	58.259	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
ford./stofskif. sygd.		0,02	0,004						SM-REML triv	DK-RDM	41.465	2. lakt.	Nielsen et al. 1996
ford./stofskif. sygd.		0,01	0,002						SM-REML biv.	DK-SDM	163.361	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
ford./stofskif. sygd.		0,02	0,002						SM-REML biv.	DK-SDM	191.557	2. lakt.	Nielsen et al. 1996
ford./stofskif. sygd.		0,03	0,001						SM-REML triv	DK-DJ	31.559	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
ford./stofskif. sygd.		0,02	0,004						SM-REML triv	DK-DJ	43.756	2. lakt.	Nielsen et al. 1996
ford./stofskif. sygd.		0,17	0,06	lemmelidelser	0,87		0,12		SM-REML multiv.	USA-HF	11.088		Lyons et al. 1991
ford./stofskif. sygd.		0,17	0,06	luftvejslidelser	0,76		0,08		SM-REML multiv.	USA-HF	11.088		Lyons et al. 1991
mælkefeber	0,15	0,08	0,009						AM-REML univ	SKOT-HF	15.280	alle lakt.	Pryce et al. 1997
Ketose 1.lakt.	0,209	0,02							SM-REML	FIN-AYR	28.277	1.- 2. lakt.	Mäntysaari et al. 1991
Ketose 2.lakt.	0,218	0,03							SM-REML	FIN-AYR	28.277	1.- 2. lakt.	Mäntysaari et al. 1991
Ketose 1.lakt.		0,078							SM-REML multiv.	N-NRF	208.693	1. & 2. lakt.	Simianer et al. 1991
lemme lidelser		0,01	0,003						SM-REML triv	DK-RDM	58.259	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
lemme lidelser		0,01	0,003						SM-REML triv	DK-RDM	41.465	2. lakt.	Nielsen et al. 1996
lemme lidelser		0,01	0,002						SM-REML biv.	DK-SDM	163.361	1. lakt.	Nielsen et al. 1996
lemme lidelser		0,01	0,002						SM-REML biv.	DK-SDM	191.557	2. lakt.	Nielsen et al. 1996
lemme lidelser		0,01	0,002						SM-REML triv	DK-DJ	31.559	1. lakt.	Nielsen et al. 1996

Appendiks 2.27 fortsat

Genetiske og fænotypiske parametre for øvrige sygdomme

Egenskab 1	σ_p	h^2	$M(h^2)$	Egenskab 2	r_g	$M(r_g)$	r_p	$M(r_p)$	Metode	Race	Antal dyr	Laktation/ kommentar	Kilde
lemme lidelser		0,01	0,002						SM-REML triv	DK-DJ	43.756	2. lakt.	Nielsen et al. 1996
lemme lidelser		0,08	0,04	luftvejslidelser	0,74		0,01		SM-REML multiv.	USA-HF	11.088		Lyons et al. 1991
Laminitis	0,2	0,026	0,008						AM-REML univ	SKOT-HF	15.280	alle lakt.	Pryce et al. 1997
luftvejs lidelser		0,01	0,03						SM-REML multiv.	USA-HF	11.088		Lyons et al. 1991
øvr sygd.		0,011	0,107						AM-REML univ	DK-SDM	4.603		Lund et al. 1994
alle sygd.		0,097							SM-REML multiv.	N-NRF	208.693	1. & 2. lakt.	Simianer et al. 1991

Appendiks 3A. Avlsfremgang i kr. pr. ko pr. år for de enkelte egenskaber i ved forskellige avlsplaner i KSFA undersøgelsen.

Selektions strategi	Kerne-strategi	Fysiologiske funktions-prøver	Afkoms-gruppe-størrelse	Samlet økonomisk fremgang	Ydelse	Frugtbar-hed	Kælvnings-evne	Lemmer	Malke-organer	Malke-tid	Tempera-ment	Mastitis	Øvrige sygdom-me	Kød produk-tion
S	LK	-FF	80	160	113	-4	7	11	23	7	1	0	-2	4
S	LK	-FF	160	171	103	1	8	9	24	7	1	16	0	2
S	ÅK	-FF	80	166	116	-5	7	8	25	4	1	11	-3	2
S	ÅK	-FF	160	158	108	-4	6	9	22	3	0	10	-1	4
S	LK	+FF	80	160	119	-4	3	8	19	6	1	6	-1	1
S	LK	+FF	160	180	114	-2	7	6	25	5	0	20	1	2
S	ÅK	+FF	80	171	138	-4	6	8	17	2	0	5	-2	2
S	ÅK	+FF	160	185	131	-3	10	9	20	3	1	12	-1	4
Y	LK	-FF	80	101	159	-16	1	1	-11	3	0	-29	-9	1
Y	LK	-FF	160	106	157	-14	2	-3	-4	0	0	-28	-7	1
Y	ÅK	-FF	80	105	165	-18	1	3	-8	-2	0	-30	-8	2
Y	ÅK	-FF	160	108	165	-13	1	1	-7	0	0	-32	-7	0
Y	LK	+FF	80	114	163	-15	0	0	2	0	1	-27	-8	-2
Y	LK	+FF	160	125	177	-15	-1	1	-7	0	0	-25	-6	1
Y	ÅK	+FF	80	136	185	-15	2	0	-3	1	0	-30	-6	2
Y	ÅK	+FF	160	104	176	-18	1	1	-10	0	0	-36	-8	-1

Appendiks 3B. Avlsfremgang i genetiske sprednings enheder for de enkelte egenskaber i ved forskellige avlsplaner i KSFA undersøgelsen.

Selektions-strategi	Kerne-strategi	Fysiologiske funktions-prøver	Afkoms-gruppe størrelse	Ydelse	Frugtbar-hed	Kælvnings-evne	Lemmer	Malke-organer	Malke-tid	Tempera-ment	Mastitis	Øvrige sygdomme	Kød produk-tion
S	LK	-FF	80	0,21	-0,02	0,06	0,08	0,11	0,09	0,03	0	-0,02	0,05
S	LK	-FF	160	0,19	0	0,07	0,07	0,12	0,09	0,05	0,06	0,01	0,03
S	ÅK	-FF	80	0,22	-0,03	0,06	0,06	0,12	0,06	0,04	0,04	-0,03	0,03
S	ÅK	-FF	160	0,21	-0,02	0,05	0,06	0,11	0,03	0,01	0,03	-0,01	0,05
S	LK	+FF	80	0,23	-0,02	0,03	0,06	0,09	0,08	0,03	0,02	-0,01	0,01
S	LK	+FF	160	0,22	-0,01	0,06	0,05	0,12	0,07	0,02	0,07	0,01	0,03
S	ÅK	+FF	80	0,26	-0,03	0,05	0,06	0,08	0,03	0,02	0,02	-0,02	0,03
S	ÅK	+FF	160	0,25	-0,02	0,09	0,07	0,10	0,04	0,04	0,04	-0,01	0,05
Y	LK	-FF	80	0,30	-0,10	0,01	0,01	-0,06	-0,03	-0,01	-0,10	-0,09	0,02
Y	LK	-FF	160	0,30	-0,09	0,02	-0,02	-0,02	-0,01	0,02	-0,10	-0,07	0,01
Y	ÅK	-FF	80	0,31	-0,12	0,01	0,02	-0,04	-0,02	0,01	-0,11	-0,08	0,02
Y	ÅK	-FF	160	0,31	-0,08	0,01	0,01	-0,03	0	0	-0,11	-0,07	0
Y	LK	+FF	80	0,31	-0,09	-0,01	0	0,01	0	0,03	-0,10	-0,08	-0,02
Y	LK	+FF	160	0,33	-0,10	-0,01	0,01	-0,03	-0,01	0	-0,09	-0,06	0,01
Y	ÅK	+FF	80	0,35	-0,10	0,02	0	-0,01	0,02	-0,01	-0,11	-0,06	0,02
Y	ÅK	+FF	160	0,33	-0,11	0,01	0,01	-0,05	0	0,01	-0,13	-0,08	-0,02

DJF Foulum

Postboks 50, 8830 Tjele
Tlf. 89 99 19 00. Fax 89 99 19 19

Direktion
Direktionssekretariat, Økonomisekretariat

Afdeling for Animalske Fødevarer
Afdeling for Husdyravl og Genetik
Afdeling for Husdyrernæring og Fysiologi
Afdeling for Husdyrsundhed og Velfærd
Afdeling for Jordbrugssystemer
Afdeling for Plantevækst og Jord

Afdeling for Markdrift
Afdeling for Stalddrift
Centrallaboratoriet
Informationsenhed
IT-funktion
Biblioteksfunktion
International Enhed

DJF Årslev

Kirstinebjergvej 10, 5792 Årslev
Tlf. 63 90 43 43. Fax 63 90 43 90

Afdeling for Prydplanter
Afdeling for Vegetabilske Fødevarer
Afdeling for Infrastruktur

DJF Flakkebjerg

Flakkebjerg, 4200 Slagelse
Tlf. 58 11 33 00. Fax 58 11 33 01

Afdeling for Plantebiologi
Afdeling for Plantebeskyttelse
Afdeling for Infrastruktur

DJF Bygholm

Postboks 536, 8700 Horsens
Tlf. 75 60 22 11. Fax 75 62 48 80

Afdeling for Jordbrugsteknik
Driftsfunktion

Enheder på andre lokaliteter

Afdeling for Sortsafprøvning
Teglværksvej 10, Tystofte
4239 Skælskør
Tlf. 58 16 06 00. Fax 58 16 06 06

Askov Forsøgsstation
Vejenvej 55, 6600 Vejen
Tlf. 75 36 02 77. Fax 75 36 62 77

Bioteknologigruppen
(Afd. f. Plantebiologi)
Thorvaldsensvej 40, 1.
1871 Frederiksberg C
Tlf. 35 28 25 88. Fax 35 28 25 89

Borris Forsøgsstation
Vestergade 46, 6900 Skjern
Tlf. 97 36 62 33. Fax 97 36 65 43

Den Økologiske Forsøgsstation
Rugballegård
Postboks 536, 8700 Horsens
Tlf. 75 60 22 11. Fax 75 62 48 80

Foulumgård, Postboks 50
8830 Tjele
Tlf. 89 99 19 00. Fax 89 99 19 19

Jyndevad Forsøgsstation
Flensborgvej 22, 6360 Tinglev
Tlf. 74 64 83 16. Fax 74 64 84 89

Rønhave Forsøgsstation
Hestehave 20, 6400 Sønderborg
Tlf. 74 42 38 97. Fax 74 42 38 94

Silstrup Forsøgsstation
Højmarken 12, 7700 Thisted
Tlf. 97 92 15 88. Fax 97 91 16 96

Tylstrup Forsøgsstation
Forsøgsvej 30, 9382 Tylstrup
Tlf. 98 26 13 99. Fax 98 26 02 11

ISSN 1397-9892