

Metabolisen elopainon, teuraspainon ja rakenneominaisuuksien perinnölliset tunnusluvut lypsykarjalla



Terhi Mehtiö, Timo Pitkänen, Anna-Maria Leino, Esa Mäntysaari, Riitta Kempe, Enyew Negussie, Martin Lidauer

Maataloustieteen Päivät 2022

Tavoitteena parantaa lypsylehmien rehunkäyttökykyä

→ Kehitetty rehunsäästöindeksi jalostusta varten

- Otettiin käyttöön Suomessa, Tanskassa ja Ruotsissa vuonna 2019
- Lisättiin mukaan kokonaisjalostusarvoon vuonna 2020
- Koostuu kahdesta osasta:

1) Rehunkäyttökyky

→ Miten tehokkaasti eläin käyttää rehusta saamansa energian

2) Ylläpitotarve

→ Kuinka paljon eläin tarvitsee ylläpitoon energiaa

– Perustuu eläimen metaboliseen elopainoon ($mBW = BW^{0.75}$)

Haasteet ylläpitotarpeen mittaamisessa

- Elopainon mittaaminen rinnanympärysmittaan perustuen vähenee
 - Lypsyroboteilta saatavien vaakapainomittausten määrä kasvaa hitaasti
- Voidaanko lehmien teuraspainoja hyödyntää elopainojen arvioinnissa?



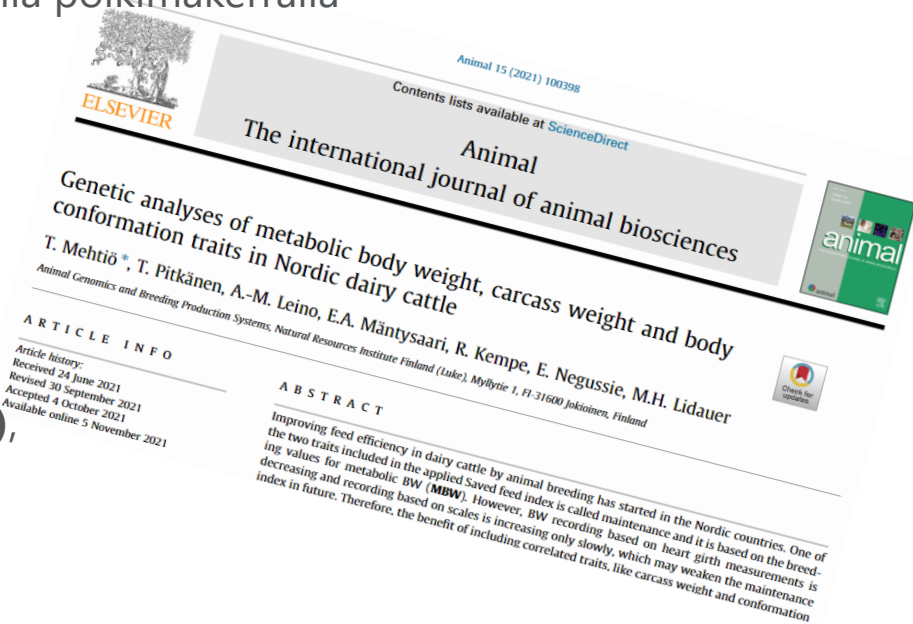
Tutkimuksen tavoite

Tutkia perinnöllistä vaihtelua ja perinnöllisiä yhteyksiä 8 ominaisuuden välillä ylläpitotarpeen mallin parantelua varten:

- Metabolinen elopaino kolmella ensimmäisellä poikimakerralla
 - 1) mBW1, 2) mBW2, 3) mBW3
- Ensikkokauden rakenneominaisuudet
 - 4) takakorkeus (ST)
 - 5) rinnan leveys (CW)
 - 6) rungon syvyys (BD)

7) Teuraspaino (CARW)

8) Ennustettu metabolinen elopaino (pMBW),
joka perustuu teurastietoihin



Aineisto

Datalähteet:

- 1) Elopainoaineisto (sis. vain mittanauhamittauksia),
- 2) Rakennearvosteluaineisto,
- 3) Teurastiedot (teuraspaino ja EUROP rasvaluokka)

Mukana suomalaiset AY ja HOL lehmät, joilla ainakin yksi painotieto ensimmäiseltä poikimakerralta vuosina 2002-2012 ja lisätty saatavilla olevat teuraspainot

Datan muokkaus:

- Teuraspainoa ei otettu mukaan dataan, jos
 - Teurasikä < 25 kk tai > 100 kk,
 - > 5 poikimakerta,
 - Poikimisesta oli > 57 viikkoa, tai
 - > 4 SD keskiarvosta

→ Analysoitu data sisälsi

- AY-lehmiltä 21 329 havaintoa
- HOL-lehmiltä 9 780 havaintoa

Ominaisuus	Havaintojen lkm	Keskiarvo	Keskihajonta
Metabolinen elopaino (MBW1) ¹	21 452	115.0	10.4
Metabolinen elopaino (MBW2) ¹	14 223	121.5	10.6
Metabolinen elopaino (MBW3) ¹	8 623	125.9	11.1
Takakorkeus (ST) ²	18 889	141.2	5.7
Rinnan leveys (CW) ³	18 889	5.0	1.2
Rungon syvyys (BD) ³	18 889	5.1	1.1
Teuraspaino (CARW) ¹	9 626	276.8	45.8
CARW1 ¹	1 221	255.9	40.8
CARW2 ¹	2 682	274.7	46.0
CARW3 ¹	2 555	281.4	46.2
CARW4 ¹	2 029	284.0	45.1
CARW5 ¹	1 139	280.8	44.1
Ennustettu metabolinen elopaino (pMBW) ¹	6 458	126.8	8.2
pMBW1 ¹	1 221	120.0	7.6
pMBW2 ¹	2 682	126.7	7.0
pMBW3 ¹	2 555	130.2	7.4

¹ kilograms

² centimeters

³ scores from 1 to 9

Trait	Ayrshire			Holstein		
	Records no.	Mean	SD	Records no.	Mean	SD
MBW1 ¹	14 832	112.9	9.6	6 620	119.7	10.6
MBW2 ¹	9 876	119.0	9.7	4 347	127.2	10.6
MBW3 ¹	6 066	123.4	10.3	2 557	131.9	10.8
ST ²	12 612	138.7	4.6	6 277	146.1	4.4
CW ³	12 612	5.0	1.1	6 277	5.0	1.2
BD ³	12 612	5.1	1.0	6 277	5.3	1.0
CARW1 ¹	858	253.1	40.2	363	262.3	41.4
CARW2 ¹	1 826	272.8	46.1	856	278.9	45.6
CARW3 ¹	1 734	279.7	46.1	821	285.1	46.2
pMBW1 ¹	858	117.81	6.9	363	125.2	6.7
pMBW2 ¹	1 826	124.4	6.4	856	131.4	5.8
pMBW3 ¹	1 734	128.1	6.9	821	134.8	6.4

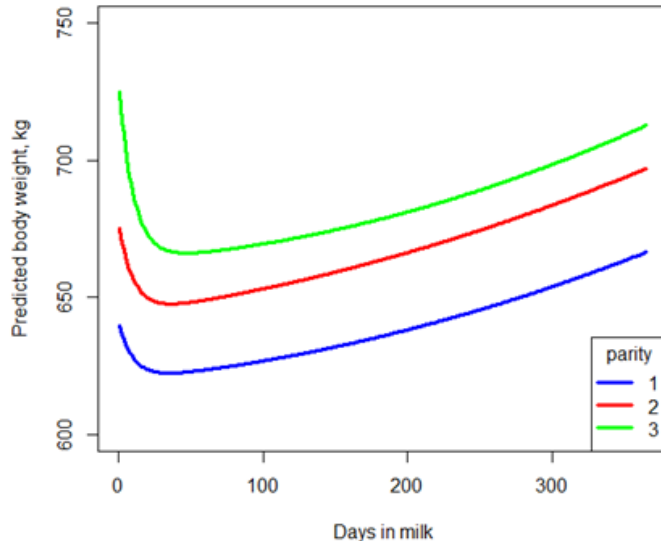
¹ Kilograms.

² Centimetres.

³ Scores from 1 to 9.

Ennustettu metabolinen elopaino (pmBW)

Haaste: teurastusajankohdan elopainotietoa ei ole saatavilla
→ Halusimme tutkia, onko eroa käyttäkö suoraan teuraspainoa (jossa esim rasvaluokkaa ei ole huomioitu) vai onko parempi käyttää siitä ennustettua metabolista elopainoa?



AY-lehmien ennustetut painot ensimmäisellä, toisella ja kolmannella poikimakerralla

Therefore, it was assumed that the BW trajectory follows the equation by Mäntysaari and Mäntysaari (2015):

$$BW(dim) = f_0 + f_1 dim + f_2 dim^2 + f_3 e^{(-0.1dim)}$$

and hence, the difference in BW between two days, dim_1 and dim_2 , can be modelled as:

$$BW(dim_2) - BW(dim_1) = f_1(dim_2 - dim_1) + f_2(dim_2^2 - dim_1^2) + f_3(e^{-0.1dim_2} - e^{-0.1dim_1})$$

The model used for predicting BW from carcass records was as follows:

$$BW_{ipc} = f_{p1}(dim_{i1}^* - dim_{i2}^*) + f_{p2}(dim_{i1}^{*2} - dim_{i2}^{*2}) + f_{p3}(e^{-0.1dim_{i1}} - e^{-0.1dim_{i2}}) + breed_i + parity_p + \beta_{pc}CARW_i + \varepsilon_{ipc}$$

where BW_{ipc} is the BW observation for animal i in parity p and in fat class c , measured at dim_{i1} and slaughtered at dim_{i2} ; f_{p1}, f_{p2}, f_{p3} are the regression coefficients for the BW trajectory for parity p , where $dim_{i1}^* = \frac{dim_{i1}}{365}$, and $dim_{i2}^* = \frac{dim_{i2}}{365}$; $breed_i$ is the effect of breed; β_{pc} is the regression coefficient for CARW that was measured in parity p and where the carcass had a fat class c ; and ε_{ipc} is an error term.

Yhtälö hyödynnettävissä myös esim kasvihuonekaasupäästöjen inventaarioissa!

Perinnölliset analyysit

7-ominaisuuden malli:

Kiinteät tekijät

Satunnaistekijät

$$mBW_{1,2,3} = \text{painokäyrä(rotu)} + \text{pvkk} + \text{pikä} + \text{k5v} + \text{kv} + \text{a} + \text{e}$$

$$ST, CW, BD = \text{painokäyrä(rotu)} + \text{arvostelija} + \text{pvkk} + \text{pikä} + \text{k5v} + \text{kv} + \text{a} + \text{e}$$

$$CARW \text{ tai } pmBW = \text{painokäyrä(rotu*poikimakerta)} + \text{tvkk} + \text{tika} + \text{k5v} + \text{kv} + \text{a} + \text{e}$$

Sukupuussa 67 002 eläintä (4 sukupolvea)

Analyysit MiX99-ohjelmalla

Tulokset

Diagonaalilla periytyvyysasteet, ylemmässä kolmiossa geneettiset korrelaatiot ja alemmassa fenotyypiset korrelaatiot

	mBW1	mBW2	mBW3	ST	CW	BD	CARW	pmBW
mBW1	0.44	0.97	0.95	0.65	0.58	0.52	0.77	0.84
mBW2	0.65	0.53	0.98	0.70	0.54	0.47	0.84	0.89
mBW3	0.61	0.72	0.56	0.68	0.52	0.53	0.85	0.90
ST	0.44	0.48	0.49	0.60	0.18	0.21	0.59	0.67
CW	0.25	0.23	0.20	0.10	0.17	0.56	0.59	0.57
BD	0.26	0.23	0.23	0.11	0.31	0.26	0.40	0.42
CARW	0.47	0.56	0.62	0.41	0.22	0.15	0.52	
pmBW	0.51	0.60	0.65	0.47	0.24	0.17		0.54

Tulosten perusteella

NAV päätti

- ottaa ylläpidon jalostusarvosteluun mukaan korreloituneena ominaisuutena teuraspainon
- pudottaa pois aiemmin käytetyt rakenneominaisuudet:
 - rinnan leveys ja rungon syvyys
- Ruotsista, Tanskasta ja Suomesta kerättiin teuraspainodata, joka on nyt Lukessa yhdistetty
- Ylläpitoindeksin genomisen arvostelumallin päivitys on parhaillaan käynnissä

Kiitos!

Luken A++Lehmä –projektin rahoittajat ja yhteistyökumppanit

