

In de gecombineerde indexlijst zal vanaf augustus 55 procent van de top 250 bestaan uit jonge genomicstieren

Genoominformatie in stierfokwaarden

Vanaf augustus wordt genoominformatie van stieren verwerkt in de stierfokwaarden. Het GES publiceert ook voor het eerst een toplijst van stieren zonder dochters. Door de genoominformatie is de betrouwbaarheid van deze stieren sterk toegenomen. Alleen geaccrediteerde rekencentra mogen genoominformatie aanleveren.

tekst **Florus Pellikaan**

Trots, dat is Roel Veerkamp, coördinator van de stichting Genetische Evaluatie Stieren (GES), op de in Nederland afgesproken aanpak wat betreft het opnemen van genoominformatie in de stierfokwaarden. 'We hebben een open systeem opgesteld waarbij alle ki-organisaties die de beschikking hebben over de merkerstechniek, genoominformatie mogen aanleveren en dat is uniek. Het was zelfs mogelijk geweest om buitenlandse genoominformatie mee te nemen, terwijl we in andere landen juist zien dat het afgeschermd wordt', stelt Veerkamp.

Met ingang van de indexdraai in augustus wegen merkereffecten voor holsteinstieren mee in de gepubliceerde Nederlands/Vlaamse fokwaarden. Ook komt er een lijst beschikbaar met de tweehonderd hoogste jonge genoomgeteste stieren. Eerder besloten bijvoorbeeld ook de Verenigde Staten, Canada en Nieuw-Zeeland al om genoomfokwaarden te publiceren.

'Om de kwaliteit van de genoomfokwaarden te garanderen, moet het rekencentrum dat de berekening van de genoominformatie verzorgt, geaccrediteerd worden door de technische commissie van GES. Omdat de buitenlandse rekencentra hier nog niet echt klaar voor waren en de gegevensstroom vanuit het buitenland ingewikkeld is, hebben sperma-importeurs besloten om te wachten tot Interbull de gegevensstroom van genoominformatie faciliteert. Voorzichtige voorspellingen wijzen erop dat dit op z'n vroegst april 2011 zal zijn', vertelt Roel Veerkamp.

Minimaal twaalf maanden oud

Tot op dit moment heeft volgens Veerkamp alleen het CRV-rekencentrum goedkeuring van GES gekregen. Met behulp van door Interbull ontwikkelde tests is het systeem van genoomfokwaardeberekening van CRV uitgebreid doorgelicht en uiteindelijk goedgekeurd door de technische commissie en het bestuur van GES. Tijdens de indexdraai van augustus zullen daardoor alleen de fok-



waarden van CRV-stieren genoominformatie bevatten. GES publiceert fokwaarden van stieren die minimaal 35 procent betrouwbaarheid hebben. Vanaf augustus zijn die fokwaarden dus gebaseerd op dochterinformatie, verwachtingswaarde én – indien beschikbaar – genoominformatie. Dat laatste wordt alleen meegenomen wanneer de betreffende stier een ki-code heeft en minimaal twaalf maanden oud is.

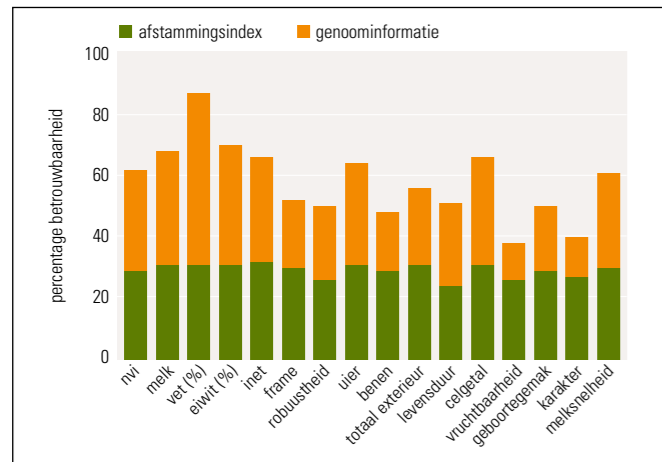
De toevoeging van genoominformatie zorgt voor wat kleine veranderingen in de toplijsten die GES op drie momenten per jaar in een perspublicatie uitbrengt. Voor zowel zwart- als roodbonte holsteins komt er naast de twee traditionele lijsten met nationale en met Interbull-fokwaarden nu nog een extra lijst. Per kleurslag zal er een toplijst komen met de 200 hoogste jonge stieren. Deze genomiclijst bestaat helemaal uit stieren waarvan de fokwaarden alleen zijn gebaseerd op genoominformatie en afstammingsindex en dus niet op dochterinformatie. Daarnaast komt er per kleurslag ook nog een gecombineerde toplijst met stieren die voorkomen in de nationale, de Interbull- en de genomiclijst.

De stieren met een nationale fokwaarde hebben een gemiddelde betrouwbaarheid van de nvi-fokwaarde van 82 procent. Voor stieren in de genomiclijst, dus zonder dochterinformatie, is dit gemiddeld 59 procent.

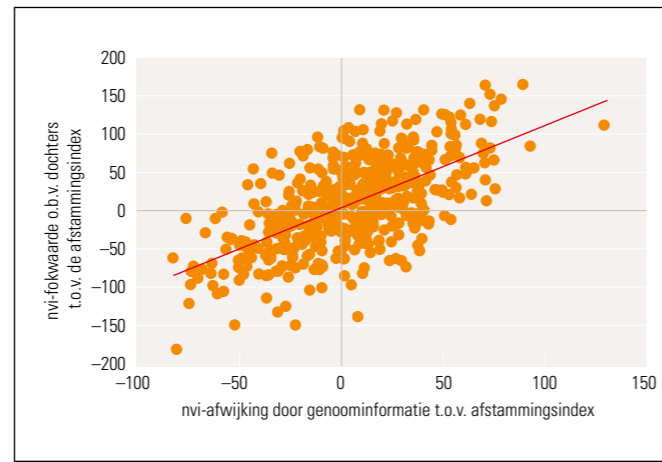
Genomicstieren overheersen niet

Anders dan in Amerika zullen de genomicstieren zeker niet overheersen in de gecombineerde lijst, zo is gebleken in een testrun van het team Animal Evaluation Unit (AEU) van CRV, die de fokwaarde-schatting in Nederland uitvoert. 'Van de top 250 stieren in de gecombineerde lijst gerangschikt op nvi bestaat ongeveer 55 procent uit jonge genomicstieren zonder dochters', vertelt Herwin Eding van AEU. 'In Amerika is het percentage met genoomgeteste stieren in de top 250 veel groter omdat daar de fokwaarden van stiermoeders ingewogen worden in de afstammingsindex en omdat de stiermoeders onderdeel uitmaken van de referentiepopulatie. De kans op overschatting is dan veel groter. Omdat wij de stiermoederinvloed niet meenemen, is er hier een neerwaartse druk op met name de productiefokwaarde van jonge stieren zonder dochters.' Roel Veerkamp vult aan: 'Hiermee kunnen we het veelgehoorde verwijt dat genomicstieren overschat worden dus ontkrachten. Ten opzichte van de oude verwachtingswaarde van proefstieren is de kans op overschatting zelfs kleiner.'

Volgens Gerben de Jong, hoofd AEU bij CRV, heeft het merkeronderzoek en het niet meewegen van de stiermoederinformatie bij jonge stieren gemiddeld een negatief effect op de fokwaarde melk in vergelijking met de verwachtingswaarde van 280 kilogram. De nvi gaat door het genoomonderzoek 40 punten ten opzich-



Figuur 1 – De extra betrouwbaarheid (in procenten) die de genoominformatie per kenmerk toevoegt ten opzichte van alleen de afstammingsinformatie (validaties februari 2010, bron: CRV)



Figuur 2 – De nvi-afwijking door genoominformatie ten opzichte van de afstammingsindex uitgezet tegen de nvi-fokwaarde op basis van dochterinformatie ten opzichte van afstammingsindex (bron: CRV)

te van de verwachtingswaarde naar beneden en het exterieur daalt gemiddeld genomen één punt. De publicatie van een lijst met jonge genomicsstieren waarvan nog geen dochterinformatie bekend is, zal de grootste verandering tijdens de augustusdraai zijn en vooral daar voegt genomics ook wat toe. De genoominformatie staat wat betreft extra betrouwbaarheid van de fokwaarde volgens Herwin Eding

gelijk aan informatie van tien tot vijftien dochters. De extra betrouwbaarheid die de genoominformatie per kenmerk toevoegt ten opzichte van alleen de afstammingsinformatie, staat voor een aantal kenmerken weergegeven in figuur 1.

Oude fokstieren veranderen niet
De genoominformatie wordt uiteraard niet alleen meegenomen in de fokwaar-

de voor jonge stieren, maar ook voor fokstieren. Bij fokstieren die veel gebruikt zijn en duizenden dochters hebben, zoals Delta Canvas en Kian, zorgt deze extra informatie niet tot nauwelijks voor een verandering van de fokwaarden. Jonge fokstieren zoals Ralma O-Man CF Cricket stijgen door de genoominformatie gemiddeld ongeveer vijf procent betrouwbaarheid. In de praktijk is de genoom-



Ook koeien krijgen genomicsfokwaarden

De fokwaardeschatting van koeien valt niet onder de verantwoordelijkheid van GES, maar onder die van het CRV-stamboek. 'De fokwaardeschatting voor koeien is ooit door het NRS ontwikkeld en dient als managementproduct voor veehouders', vertelt stamboekmanager Jos Buiting. 'Dat neemt niet weg dat het stamboek en GES ernaar streven om zo veel mogelijk dezelfde lijn voor het publiceren van fokwaarden te hanteren. Dat geldt voor de berekening van de fokwaarden, de

basisaanpassingen, maar ook voor de implementatie van bijvoorbeeld genomics selection in de fokwaardeschatting. Door dit voor koeien en stieren gelijk te houden en op hetzelfde moment door te voeren blijven de fokwaarden van koeien en stieren volledig vergelijkbaar.'

De koeien die op merkers zijn onderzocht, zullen vanaf augustus 2010 daarom, net als de stieren, een geïntegreerde fokwaarde krijgen gebaseerd op eigen informatie, op afstammingsinformatie én op merker-

informatie. Deze fokwaarden worden in de CRV-databank geplaatst en afgedrukt op de CRV-producten waar normaliter ook al de fokwaarden werden vermeld. Alleen koeien die door CRV op merkers zijn onderzocht, krijgen genoominformatie in de fokwaarden. Veehouders die recent tegen betaling een dier door CRV lieten onderzoeken, hebben daarvan reeds een voorlopige uitslag ontvangen. Per augustus 2010 wordt deze fokwaarde officieel.

Nieuwe codering stieren in perspublicatie

Vanwege het toevoegen van genomische informatie als bron voor de fokwaardeschatting heeft GES besloten de codering van stieren te veranderen. Dit maakt in één oogopslag duidelijk wat de achterliggende informatiebronnen voor de fokwaarden van een stier zijn, met name voor de gecombineerde lijst waarin stieren met een nationale, een Interbull- en een genoomfokwaarde door elkaar gerangschikt zijn op nvi. Voor de komende indexdraaien zijn de volgende codes van belang:

Nat = fokwaarde gebaseerd op Nederlandse en Vlaamse informatie zonder genoominformatie

Gnat = fokwaarde gebaseerd op Nederlandse en Vlaamse informatie met genoominformatie

Int = omgerekende fokwaarde, gebaseerd op informatie uit buitenland zonder genoominformatie

Gint = omgerekende fokwaarde, gebaseerd op informatie uit buitenland met genoominformatie

GFw = fokwaarde gebaseerd op voorouderinformatie en genoominformatie en dus zonder dochterinformatie

GIFw = omgerekende fokwaarde, gebaseerd op informatie uit het buitenland zijnde genoom- en voorouderinformatie

Mdn = mrij-fokwaarde gebaseerd op Nederlandse en Duitse informatie zonder genoominformatie

Ofw = omgerekende fokwaarde, gebaseerd op buitenlandse fokwaarde en omrekeningsfactoren

informatie dan slechts verantwoordelijk voor relatief kleine veranderingen in de fokwaarden zoals een punt exterieur of enkele kilogrammen vet of eiwit. De verandering in fokwaarde door de genoominformatie is per stier te bekijken in stierzoeken op www.cr-delta.nl. Volgens Gerben de Jong komt er per individuele stier een extra tabblad waarin het verschil staat tussen fokwaarden met en zonder genoominformatie. Ook komt er op de site van GES een bestand beschikbaar waar de verandering van nvi of nvi-componenten per individuele stier onder invloed van genoominformatie zichtbaar is. 'Op die manier is alles transparant en kan iedereen zijn eigen afwegingen maken', stelt Veerkamp.

Bewijs geleverd via validatie

Om herkenbaar te maken welke informatie bij welke stier een bijdrage levert aan zijn fokwaarde heeft GES samen met AEU voor de perspublicaties nieuwe codes geformuleerd (zie kader). Stieren met een nationale fokwaarde zonder genoominformatie krijgen bijvoorbeeld een andere code dan stieren met een nationale fokwaarde waar wel genoominformatie in is verwerkt.

Door de veranderingen heeft Veeteelt besloten om de verslaglegging van de indexdraai op beperkte schaal aan te passen (zie kader).

'Voor de praktijk moet genomics selection

zich misschien nog bewijzen, maar wij hebben in feite het bewijs dat het werkt al in handen', vertelt Gerben de Jong. 'De validatieresultaten van het CRV-rekenencentrum geven veel vertrouwen in genoomfokwaarden. Alle stieren waarvan zowel genoominformatie als fokwaarden op basis van dochters beschikbaar is, maken deel uit van de referentiepopulatie. Er is een validatie uitgevoerd door alle stieren die geboren zijn na 2002 uit deze groep te halen. Dit betreft nog vrij jonge fokstieren die zowel een genomicsfokwaarde hebben als een fokwaarde op basis van dochterinformatie. Met de resterende groep als referentiepopulatie is de genomicsfokwaarde van deze na 2002 geboren stieren berekend', vertelt Gerben de Jong. 'De stieren die door de genomics-test zaken in hun fokwaarden ten opzichte van de afstammingsindex bleken op basis van dochterinformatie gemiddeld ook daadwerkelijk gezakt te zijn ten opzichte van de afstammingsindex.' Datzelfde geldt omgekeerd ook voor de stieren die op basis van genomics stegen (zie figuur 2).

'We doen met fokwaardeschatting aan populatiegenetica en dat moet je niet afrekenen met de resultaten van één stier, maar met de resultaten van de methode over de hele populatie', stelt Roel Veerkamp. 'Deze validatie laat zien dat we op de goede weg zitten. Genomics is met ons en zal niet meer verdwijnen. Het

systeem staat in het beginstadium en daarom gaan we voorzichtig te werk, maar we moeten een keer beginnen. Je kunt wachten tot alles zeker is, maar dat is een illusie. De fokwaarden op basis van dochterinformatie verbeteren we ook nog steeds. Het systeem is nu klaar voor toepassing in de praktijk. Door transparant met elkaar te communiceren over de ervaringen, zoals GES dat beoogt, zal het systeem de komende jaren nog veel beter worden. Het mooie is dat veehouders zelf kunnen beslissen of ze jonge genomicsstieren gaan gebruiken of niet. Net zo goed als de ene veehouder een stier al na zijn eerste indexdraai gebruikt en de andere pas na zijn derde.' |

Conclusies

- Vanaf de indexdraai in augustus wordt genomische informatie verwerkt in de stierfokwaarden.
- Voor veelgebruikte fokstieren verandert er niets. Jonge fokstieren stijgen vijf procent betrouwbaarheid en genoominformatie beïnvloedt hun fokwaarden slechts beperkt. Stieren zonder dochterinformatie hebben het meeste profijt van genoominformatie en stijgen naar een betrouwbaarheid van zestig procent. Dit staat ongeveer gelijk aan de informatie van tien tot vijftien extra dochters.
- GES publiceert in augustus voor het eerst een lijst met de tweehonderd hoogste jonge holstein-genomicsstieren per kleurslag.
- De verandering in fokwaarde door de genoominformatie is per stier te bekijken in stierzoeken op www.cr-delta.nl.

Veeteelt publiceert lijst genomicsstieren

Naar aanleiding van de introductie van genomicsfokwaarden voor jonge stieren heeft Veeteelt besloten de verslaggeving van de indexdraai te verrijken met een toplist van de hoogste jonge genomicsstieren.

De publicatie en verslaggeving van stieren met dochterinformatie veran-

dert in vergelijking met eerdere indexdraaien niet. Veeteelt publiceert namelijk voornamelijk niet de gecombineerde lijst waarin zowel stieren met dochterinformatie als jonge stieren met alleen genoominformatie en afstammingsindex door elkaar zijn vermeld.