



NVO vergelijkt genomicsfokwaarden met dochterinformatie

'NVI niet voorspelbaar'

De eerste stieren die ooit met een uitgebreide genomicsindex in de publiciteit kwamen, hebben inmiddels dochterfokwaarden. NVO-secretaris Joop Olieman toont aan dat er grote verschillen bestaan tussen beide. Volgens de Wageningse onderzoeker Piter Bijma zal genomics desalniettemin de bestaande fokwaardeschatting vervangen. „De discussie hierover is een gepasseerd station.”

Arjen Braeken, een student van de HAS Den Bosch, heeft in opdracht van KI Samen een onderzoek gedaan naar de ontwikkelingen rondom genomics. Hij interviewde ingewijden over de techniek, waarbij ze een standaard vragenlijst dienden in te vullen. Wat opvalt, is dat niet iedere expert met naam en toenaam genoemd wilde worden, getuige een aantal anoniem ingevulde vragenlijsten. Niet dat de anoniemen goed zijn voor gepeperde uitspraken overigens. Een anoniem persoon die wel laat weten via het onderzoek en de voor de fokwaardeschatting verantwoordelijke stichting Genetische Evaluatie Stieren (GES)

te maken te hebben met genomics, komt niet veel verder dan dat de techniek veel toegevoegde waarde heeft, omdat de informatie eerder beschikbaar komt.

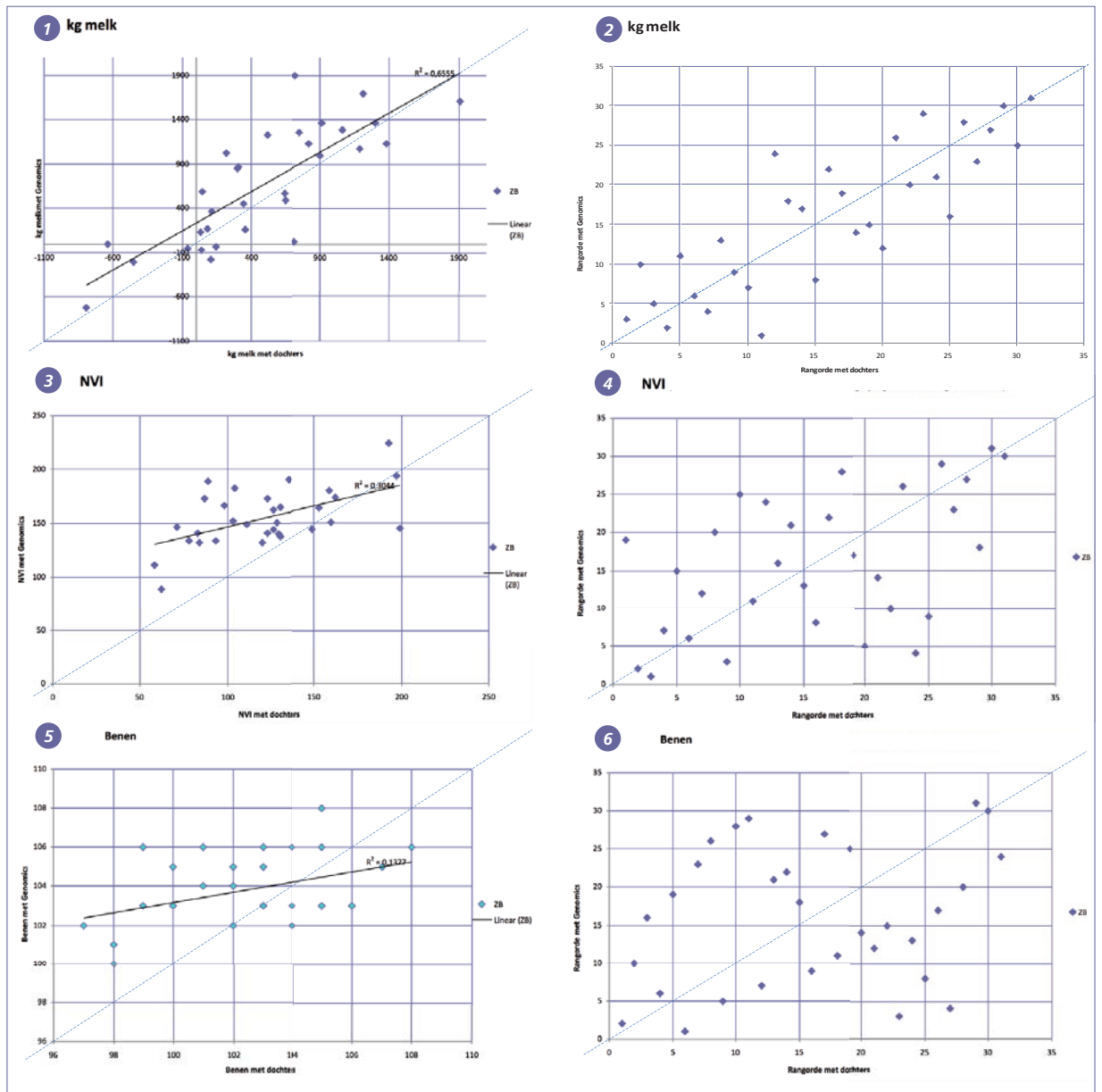
Gepasseerd station

Iemand die wel goed is voor gepeperde uitspraken, is Piter Bijma. Hij is als onderzoeker en universitair docent verbonden aan de Wageningen Universiteit. Hij stelt dat de genomics-techniek de huidige fokwaardeschatting op basis van dochterinformatie zal vervangen. „De discussie hierover is een gepasseerd

station.” Op de vraag of de betrouwbaarheid van de techniek al voldoende bewezen is om een volwaardig alternatief te zijn, antwoordt Bijma dat niet zozeer de betrouwbaarheid, maar de sterk verhoogde genetische vooruitgang die behaald kan worden, de belangrijkste reden is. „Informatie over een kenmerk als levensduur komt in de klassieke fokwaardeschatting te laat beschikbaar. Een probleem dat in het huidige genomics-tijdperk niet meer speelt.”

Sander de Roos, hoofd genetica bij CRV, is wat voorzichtiger. Hij ziet genomics als een extra bron van informatie, vooral voor stieren zon-

◀ De NVI-volgorde waarin jonge stieren op basis van hun genomicsindexen staan, wordt enorm door elkaar gehusseld bij het aan de melk komen van hun dochters.



der dochters. In tegenstelling tot Bijma stelt De Roos dat de genomics-techniek en de klassieke fokwaardeschatting niet zonder elkaar kunnen, ook niet in de toekomst.

Bedrieglijk simplistisch

Een geïnterviewde die duidelijk kritischer is, is de oud-exportdirecteur van Holland Genetics Kees van Velzen. „Experts geven in hun meest optimistische publicaties een betrouwbaarheid van 70 procent voor de genomicsfokwaarden. Voor bepaalde kenmerken kan ik dat begrijpen, maar voor kenmerken als vruchtbaarheid en levensduur niet. Die zijn veel te complex.” Het is duidelijk dat Van Velzen visie daarmee haaks staat op die van Bijma. „Michel George van de Universiteit Luik zei bij een bijeenkomst dat hij niet begreep dat veehouders nog twijfelden over het inzetten van genomics. Alles was toch al bewezen? Ik vraag me juist af wat er dan is bewezen”, aldus Van Velzen.

„Het ergste wat kan gebeuren, is dat het proef-wacht-fokstiersysteem wegvalt. Dat is het enige systeem dat een hoge betrouwbaarheid geeft en daar draait het allemaal om. Een

boer wil met grote mate van zekerheid kunnen voorspellen wat er uit een paring komt. Hij hoeft geen ‘gemiddeld’ betere vaarzen. Stel dat je van de tien vaarzen vier slechte, vier gemiddelde en twee toppers krijgt, dan ben je het geld van de slechte kwijt”, stelt de oud-exportdirecteur. „Ik heb niks tegen nieuwe technieken, maar nu wordt er bedrieglijk simplistisch naar gekeken. Binnen een half jaar hebben we meer zekerheid. Dan komen de eerste dochterfokwaarden voor de zogenaamde InSire-stieren, stieren die CRV vanaf september 2008 als genomicsstier inzette.”

Eerste genomicsindex

Ook nu is er al een aantal stieren met dochterfokwaarden die eerder uitgebreid met hun genomicsindexen (genomicsfokwaarden voor de verschillende kenmerken) in de publiciteit kwamen. Zo publiceert GES sinds augustus 2010 toplijsten met genomicsstieren en stonden er de afgelopen jaren genomicsstieren in de CRV Magazines vermeld, met inmiddels dochterinformatie. Joop Olieman van de zelfstandige inseminatiedienst HJ-KI verzamelde alle beschikbare informatie en vergeleek de

genomicsfokwaarden met de fokwaarden op basis van dochters. Olieman is tevens secretaris van de Nederlandse Veeverbeteringsorganisatie (NVO), die zich opwerpt als waakhond voor de sectorbelangen. Eerder was Olieman directeur van de afdeling onderzoek en ontwikkeling bij multinational Unilever.

„We hebben de meest recente indexdraai op basis van dochterinformatie vergeleken met de allereerste genomicsindex van de stieren. Ik heb namelijk het idee dat er bij een genomicsstier richting zijn eerste draai met dochterinformatie, al productiegegevens van dochters in de genomicsindex worden meegenomen. Er zijn natuurlijk al productiegegevens van dochters beschikbaar, voordat een stier zijn eerste index krijgt op basis van dochterinformatie”, stelt Olieman.

Kilogram melk

In de figuren 1 tot en met 6 zijn de eerste genomicsfokwaarden uitgezet tegen de laatste fokwaarden op basis van dochterinformatie van de 31 zwartbonte stieren die in december 2011 dochterinformatie hadden (voor informatie van de 59 roodbonte stieren en ▶

In de figuren 1 tot en met 6 zijn de eerste genomicsfokwaarden uitgezet tegen de laatste fokwaarden op basis van dochterinformatie van de 31 zwartbonte stieren die in december 2011 dochterinformatie hadden.



GRAFIEKEN

Grafieken van de 59 roodbonte stieren en de overige kenmerken zijn te vinden op www.melkveemagazine.nl.

overige kenmerken, zie www.melkveemagazine.nl). Figuur 1 geeft de stand van zaken voor het kenmerk kilogram melk. In de ideale situatie zouden alle punten op de stippellijn moeten liggen. Een stier die bijvoorbeeld +400 kilo melk scoort op basis van zijn genomics, scoort dan later op basis van zijn dochters ook +400 kilo melk.

Hoewel er duidelijke afwijkingen zijn – er is bijvoorbeeld een stier met een genomicsfokwaarde van +1.900 kilo melk, die op basis van zijn dochters niet verder komt dan +700 kilo melk – liggen de punten redelijk verdeeld rond de stippellijn. De meeste stieren met een genomicsfokwaarde van boven de +500 kilo melk, realiseren ook op basis van dochterinformatie een fokwaarde van boven de +500 kilo melk, terwijl het omgekeerde ook geldt. Aangezien er meer punten boven de stippellijn liggen dan er onder, zorgen de genomics voor een kleine overschatting.

Rangorde

Figuur 2 geeft de stand van zaken voor hetzelfde kenmerk weer, maar dan op basis van de rangorde van de 31 stieren. De hoogste genomicsstier (de nummer 1) op basis van kilo's melk (+1.900) komt verder dan de elfde plaats op basis van dochters (+700 kilo melk). De laagste genomicsstier (de nummer 31, -800 kilo melk), blijkt ook de laagste stier op basis van dochters (-700 kilo melk) en ligt daarom op de stippellijn. Over het algemeen blijkt dat de genomicsstieren die het hoogste in de rangorde voor kilo's melk staan, later ook het hoogst in de rangorde voor kilo's melk op basis van hun dochters staan. Het omgekeerde geldt eveneens.

Uit de figuren 1 en 2 kan worden geconcludeerd dat de genomicsfokwaarden voor kilogram melk in grote lijnen iets zeggen over de latere werkelijke fokwaarden op basis van dochters. „Op basis van de genomics kun je voor melkproductie een groep toppers, een middenklasse en een groep floppers aanwijzen”, aldus Olieman.

Eurogenomics

In figuur 3 zijn de genomicsfokwaarden uitgezet tegen de dochterfokwaarden voor de totaalindex NVI. Wat opvalt is dat het gros van de genomicsfokwaarden zich tussen de 130 en 190 NVI bevindt, terwijl de meeste dochterfokwaarden zich tussen de 80 en 170 NVI bevinden. De spreiding op basis van dochterinformatie is dus groter. Figuur 4 toont het verband tussen de rangordes voor NVI op basis van genomics en dochterinformatie. Slechts enkele punten liggen op de stippellijn. De meeste punten liggen echter ver van de stippellijn, wat betekent dat de rangorde enorm door elkaar wordt gehusseld. De spreiding blijkt dusdanig groot dat er met de NVI-rangorde op basis van genomics eigenlijk maar weinig te zeggen is over de uiteindelijke NVI-rangorde

op basis van dochterinformatie.

Het wordt nog een graadje erger als we naar het beenwerk kijken (figuren 5 en 6). Daar blijkt nauwelijks nog een verband tussen de genomics- en de dochterfokwaarden aanwezig te zijn. „Het scoren van het kenmerk beenwerk is internationaal slecht vergelijkbaar, omdat inspecteurs verschillend blijken te scoren”, noemt Olieman als mogelijke verklaring. De referentiepopulaties van de verschillende Europese landen zijn samengevoegd in het Eurogenomics-project. De fokwaarden voor beenwerk in de referentiepopulatie zijn op zichzelf dus al discutabel, laat staan de genomicsfokwaarden die daar weer op zijn gebaseerd.

Gigantisch complex

Ook Olieman is geënthousiast door Braeken. In Braekens verslag geeft Olieman aan dat de ontwikkeling van de genomics-techniek zich nog in een vroeg stadium bevindt en dat sommige bedrijven er te hard mee weglopen. „Daardoor hebben niet alle veehouders in de gaten hoe onbetrouwbaar het nog is”, zo stelt hij. „Een groot probleem is dat ze met heel veel ingewikkelde berekeningen correlaties tussen genen en kenmerken proberen te vinden. Maar de natuur is zo gigantisch complex dat de huidige techniek niet in staat is dit betrouwbaar te doorgronden.”

Uit Oliemans vergelijkingen blijkt dat er bij de zwartbonte stieren weliswaar sprake was van overschatting, maar dat dat bij roodbont niet zo was. „De overschatting is vooral in Amerika en Nieuw-Zeeland gebleken. Het lijkt erop dat dit probleem ook in Nederland speelde, maar dat ze het er voor de officiële perspublicaties uit gecorrigeerd hebben. Het gemiddelde zal de komende tijd dan ook wel redelijk kloppen, maar ik ben bang dat de grote groep genomicsstieren met een NVI hoger dan 200, dat niveau niet zal kunnen

waarmaken”, voorspelt Olieman.

Olieman denkt dat overschatting inherent is aan de genomics-techniek. „Het probleem is dat de techniek nog niet de complexiteit van het dier aan kan en dat het nu een soort optelsommetje van genen is. Maar stel dat er een schakeling van goede eigenschappen nodig is. Wanneer daar dan een kink in zit, is de zwakste schakel bepalend. En daarom kom je snel tot overschatting, omdat dit nog te complex is voor de huidige genomics-techniek.” Olieman heeft ontdekt dat bij het toenemen van het aantal merkers, de betrouwbaarheid van de genomicsfokwaarden niet is gestegen, maar is gedaald. „De spreiding bij de uiteindelijke dochterfokwaarden blijkt dus groter dan verwacht.” Olieman denkt dat de beperking in de referentiepopulatie zit. „Het aantal dieren neemt wel toe, maar het aantal onbekenden (merkers, red.) en het aantal informatiegegevens (stieren in de referentiepopulatie, red.) moeten wel in balans zijn om snel vooruitgang te boeken. 16.000 stieren is nog steeds niet veel als je het vergelijkt met het aantal genen en al zeker niet als het over de combinatie van genen gaat.”

Hoge spermaprijzen

Het stoort Olieman dat genomicsstieren voor hoge spermaprijzen op de stierenkaart staan. „De betrouwbaarheid is veel te laag om veehouders er zulke hoge prijzen voor te laten betalen. In mijn tijd bij Unilever heb ik geleerd dat je niet iets op de markt moet brengen, waarvan je zelf nog niet helemaal begrijpt hoe het werkt. Je laat mensen betalen voor risico's, die je zelf niet kunt overzien. Bij Unilever wilden we weten of een bepaald product ook echt beter was dan het bestaande. Met een bepaalde betrouwbaarheid wilden we kunnen zeggen of iets nieuws echt beter was. Dat blijkt bij de fokkerijorganisaties niet.” ■

NVO-secretaris Joop Olieman aan het werk op het melkveebedrijf van zijn neef. Olieman vergeleek de genomicsfokwaarden van stieren met hun latere fokwaarden op basis van dochters.

