

Kunnen we met jonge Genomic stieren ook effectief en corrigerend fokken?

Dat was de vraag die Tim van Zante uit Woudrichem, student aan de HAS te Den Bosch, mocht beantwoorden tijdens zijn stage bij Huub Peek voor Peek & van der Kroon.

Om volledig te zijn luidde de opdracht: Is het, terugkijkend, gerechtvaardigd om jonge Genomic stieren met fokwaarden van lage betrouwbaarheid, in te zetten in het paringsprogramma M84U ter correctie van productie-, lineaire- en fitness kenmerken in plaats van dochter-geteste Fokstieren? De richtlijnen voor dit onderzoek vindt u onder aan het artikel.

Uiteraard realiseren wij ons op voorhand dat de betrouwbaarheid van fokwaarden bij Genomic stieren lager ligt dan die van Fokstieren. Daarmee is de statistische kans op grotere afwijkingen voor de hand liggend. Maar de vraag is vooral hoe groot zijn die veranderingen over tijd; als die binnen een acceptabele marge liggen dan zou je daarmee tot goed resultaat kunnen komen. Bij forse afwijkingen tussen moment van inzet en latere dochter-vergelijking moet je vaak concluderen dat een andere stier had moeten worden ingezet om eigenschappen te corrigeren. M84U stieradvies is immers gebaseerd op het streven naar optimalisatie van de (eventuele) zwakste kenmerken die tot een (toekomstig-) probleem kunnen leiden; stel dat dit een te steile achterbeenstand is, dan selecteer je stieren die hun fokwaarde gemiddeld of liefst iets krommer aangeven, maar als over tijd de beenstand fokwaarde wijzigt en nu een rechttere beenstand aangeeft is de kans op verbetering achteraf gezien heel gering. Dit terwijl de stier wellicht voor totaalindex, zoals NVI, nog eenzelfde niveau heeft behouden, kent hij met veel hogere betrouwbaarheid wel een ander verervingsprofiel.

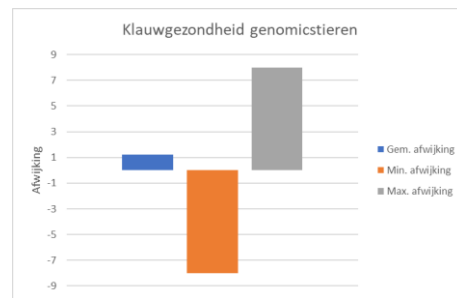
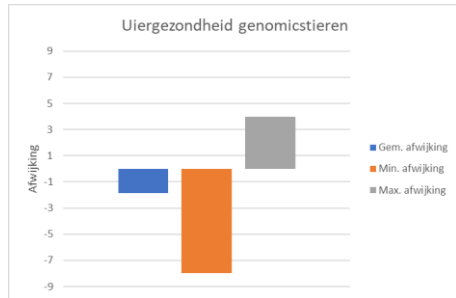
		INET	Levensduur	% Betr Prod	Kg melk	% vet	% eiwit	Kg vet	Kg eiwit	Kg lactose	% Betr Ext	Frame	Robuustheid / Type	Uier	Beenwerk	Totaal exterieur	Hoogtemaat	Voorhand	Inhoud	Openheid	Conditie score	Kruisligging	Kruisbreedte	Beenstand achter	Beenstand zij
Fok	Gem. afwijking	7,5	-25,6	5,2	0,8	0,00	0,02	-0,5	2,3	1,1	5,3	-0,5	-1,2	-1,0	-1,7	-2,0	-1,0	-0,5	-0,3	-0,3	-0,2	-0,4	-0,5	-1,3	0,1
Genomic	Gem. afwijking	-1,4	-126,7	30,5	-93,4	0,04	0,04	-1,3	0,8	-3,0	28,5	-0,4	-1,1	-0,1	-0,7	-0,9	-0,1	0,5	-0,4	-0,7	0,8	0,0	-0,7	-0,3	-1,4
Fok	Grootste afwijking +	149	402		525	0,13	0,15	19	25	33		2	2	2	3	2	1	3	2	3	3	2	2	2	4
Fok	Grootste Afwijking -	-167	-351		-746	-0,17	-0,09	-26	-25	-36		-3	-5	-4	-6	-6	-4	-3	-3	-6	-3	-3	-4	-5	-5
Genomic	Grootste afwijking +	242	245		901	0,56	0,24	46	33	51		7	4	4	8	6	6	8	5	4	16	5	7	7	7
Genomic	Grootste Afwijking -	-224	-710		-944	-0,29	-0,11	-47	-27	-42		-7	-7	-6	-7	-8	-6	-5	-6	-13	-5	-6	-8	-6	-11
Fok	2* standaarddeviatie +	130	284		515	0,12	0,10	19	21	27		2	2	1	2	1	1	3	2	4	3	2	2	2	3
Fok	2* standaarddeviatie -	-115	-335		-514	-0,12	-0,05	-20	-16	-25		-3	-4	-3	-6	-5	-3	-3	-3	-4	-3	-3	-3	-5	-3
Genomic	2* standaarddeviatie +	168	235		718	0,38	0,22	28	27	37		5	4	5	7	5	5	7	5	5	8	5	6	5	5
Genomic	2* standaarddeviatie -	-171	-489		-905	-0,29	-0,13	-31	-26	-43		-6	-6	-5	-8	-7	-5	-6	-6	-6	-6	-5	-7	-6	-8

Uitwerking: In de 2 tabellen de gemiddelde afwijking voor alle beschikbare fokwaarde-kenmerken, met de grootste afwijking +/- naar boven en omlaag en deze afwijkingen omgezet naar 2 keer de standaarddeviatie.

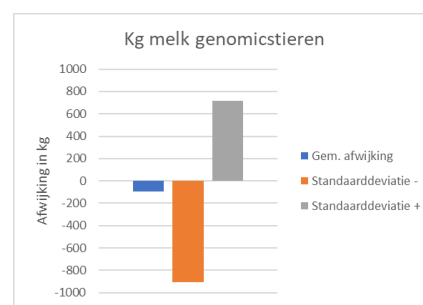
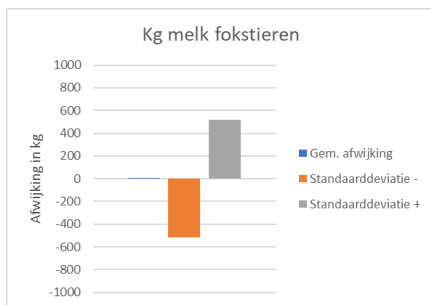
		Klauwhoek	Beengebbruik	Vooruieraanhechting	Voorspeen plaatsing	Speenlengte	Uierdiepte	Achteruierhoogte	Ophangband	Achterspeenplaatsing	Vruchtbaarheid	Tussenkaalfijd	Non-return	Drachtpercentage koe	Persistentie	Laatrijtheid	Uiergezondheid	Celgetal	Melksnelheid	Karakter	Geboortegemak	Klauwgezondheid	Geboorte index	Kalvervitaliteit	Melkrobot interval
Fok	Gem. afwijking	-0,6	-1,6	-1,0	0,1	-0,2	-1,3	-0,6	-0,5	-0,1	3,0	2,4	0,3	1,9	-4,8	0,2	-0,6	-0,4	0,3	-0,1	-0,5	-0,7	0,7	0,1	5,7
Genomic	Gem. afwijking	1,1	-0,1	0,4	0,4	-0,2	0,2	-0,7	-1,2	-0,5	2,4	2,3	0,5	1,3	-3,3	1,4	-1,8	0,8	-1,1	0,8	-1,1	1,2	0,5	-0,3	6,2
Fok	Grootste afwijking +	2	3	4	3	5	1	3	3	3	12	11	9	9	0	6	6	4	8	5	3	5	5	6	15
Fok	Grootste Afwijking -	-5	-6	-4	-2	-5	-5	-4	-4	-3	-2	-3	-6	-5	-12	-8	-5	-5	-4	-7	-3	-6	-4	-6	-4
Genomic	Grootste afwijking +	9	9	6	8	6	7	7	5	5	7	7	7	9	6	8	4	6	6	10	5	8	5	7	14
Genomic	Grootste Afwijking -	-5	-6	-5	-5	-8	-5	-11	-10	-8	-4	-3	-11	-8	-9	-5	-8	-7	-11	-5	-10	-8	-8	-12	-5
Fok	2* standaarddeviatie +	3	2	2	2	3	1	2	3	3	8	7	7	8	0	6	4	4	4	4	2	4	4	5	13
Fok	2* standaarddeviatie -	-5	-6	-4	-2	-3	-4	-3	-4	-3	-2	-3	-7	-4	-9	-5	-5	-5	-4	-4	-3	-5	-3	-5	-2
Genomic	2* standaarddeviatie +	8	7	6	6	5	6	5	4	5	7	7	8	8	3	8	4	6	6	7	4	8	6	7	14
Genomic	2* standaarddeviatie -	-6	-7	-5	-5	-5	-5	-6	-7	-6	-3	-2	-7	-6	-9	-5	-7	-4	-9	-5	-6	-6	-5	-8	-2

Bevindingen: kijken we in de bovenste tabel naar Beenstand zij, dan zou bij het gebruik van fokstieren in 95% van de gevallen de fokwaarde niet meer dan +3 of -3 veranderen, terwijl de Genomic stieren in 95% van de gevallen tussen +5 en -8 fokwaarde punten veranderen, waardoor het meer 'geluk dan wijsheid' is als je de juiste stier ter correctie hebt gekozen.

Bij fokken op levensproductie zijn naast de productie-fokwaarden ook vooral gezondheids-kenmerken van belang. In het 1^e figuur is zichtbaar dat Genomic stieren gemiddeld maar 1,8 fokwaardepunten dalen, maar de variatie zit tussen de +4 en -8 punten. En dat is zelfs tussen -8 en +8 bij klauwgezondheid.

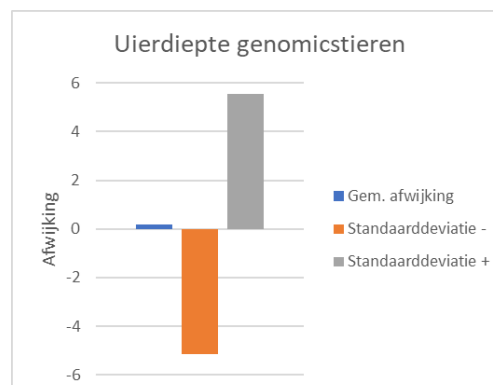
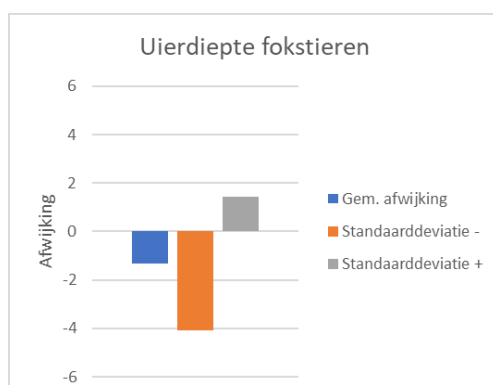


Ook bij fokwaarde kg Melk is de vergelijking tussen afwijking bij Fok- en Genomic stieren opvallend:

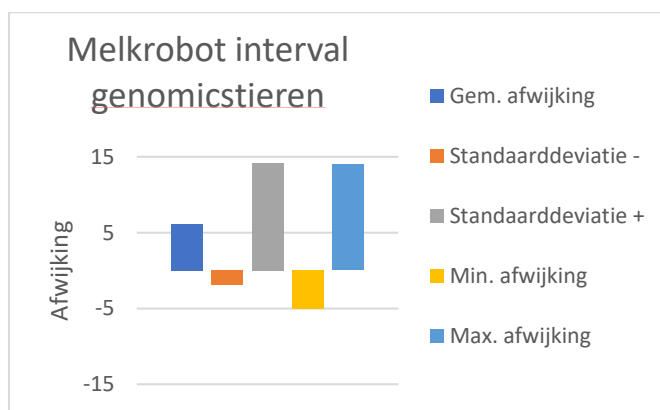
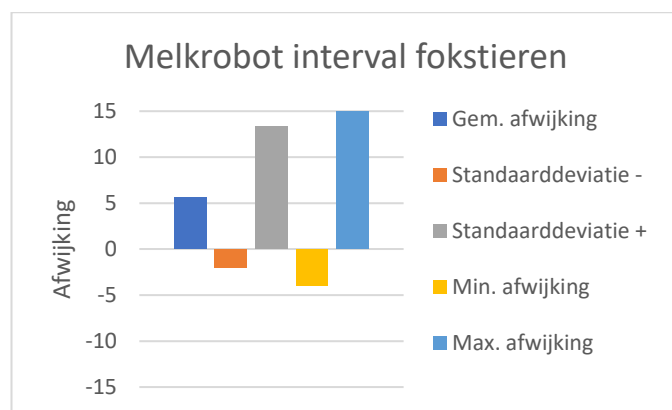
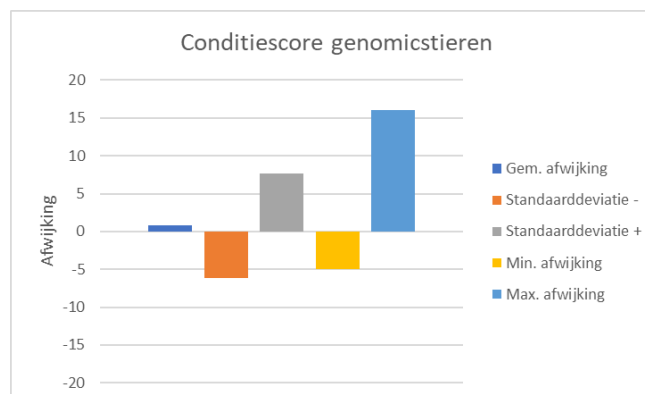
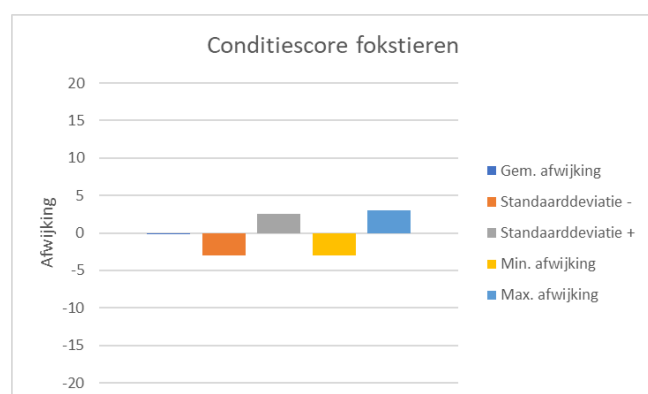
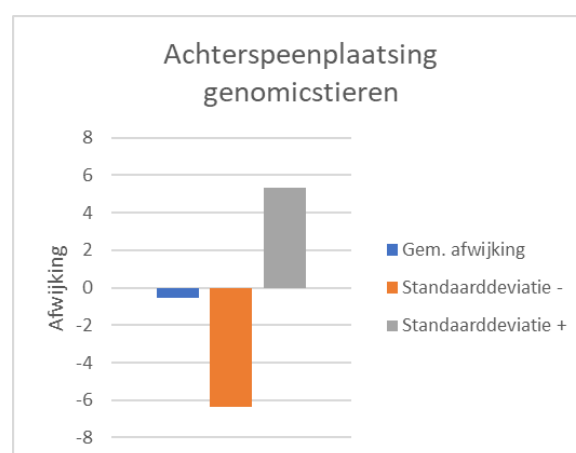
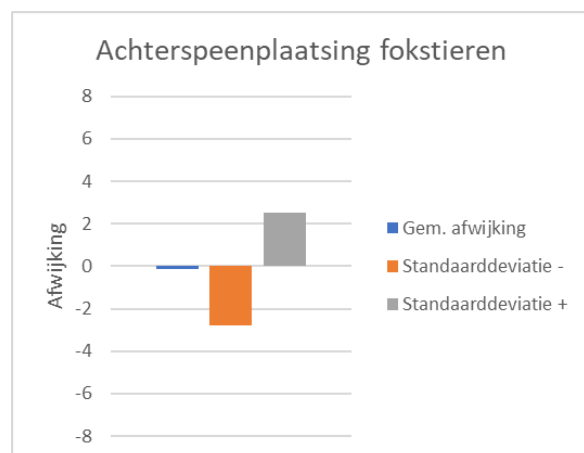


Conclusie: Genomic techniek kan, bij goede toepassing, zeker helpen in een vroeg stadium verschillen in genetische aanleg tussen verwante dieren (broers en zussen) zichtbaar te maken: wie is beter voor gewenste kenmerken. Maar om op bedrijfsniveau met Genomic stieren individuele kenmerken te corrigeren richting meer gewenste score of -niveau loopt u een groter risico op teleurstelling, ten op zichte van inzet van Fokstieren met grotere dochteraantallen in de fokwaarden. Dat geldt voor veel lineaire kenmerken en ook melksnelheid, maar verrassend genoeg ook voor productie eigenschappen meer dan je zou verwachten.

Echter, daar waar u bij inzet van Genomic stieren ten op zichte van Fokstieren flink betrouwbaarheid inlevert, werkt dit bij vrouwelijke dieren nét andersom. Bij Genomic testen van vrouwelijke jonge dieren voor Genomische fokwaarden, stijgt juist de betrouwbaarheid ten op zichte van de oorspronkelijke verwachtingswaarde. Daarom hebben wij in M84U paringsprogramma nu ook de optie om het stieradvies te baseren op Genomic fokwaarden, daar waar bedrijven ervoor kiezen hun dieren laten onderzoeken. Maar, of u als melkveehouder kiest voor inzet van vooral Fokstieren en/of juist Genomic stieren is volledig aan u. Wij vinden het belangrijk dat u die afweging kunt maken op basis van objectieve informatie.



Aanvullend nog enkele interessante figuren met vergelijking tussen Fokstieren en Genomic stieren. Wat opvalt, zijn de verschillen bij o.a. Achterspeenplaatsing, Conditie-score. Maar juist voor fokwaarde Melkrobot Interval blijkt dat veranderingen bij Fokstieren nét zo groot zijn als bij Genomic stieren, waarbij de afwijkingen dermate groot zijn dat het twijfelachtig is om hier effectief op te kunnen selecteren.



Richtlijnen: Om dit objectief te onderzoeken heeft Tim van Zante zo veel mogelijk een reële praktijk benadering toegepast; uit de publicatielijst Zwartbont Holstein voor NVI de 25 hoogste stieren geselecteerd voor zowel Genomic als bij de Fokstieren. Dit voor de jaren 2015, 2016 en 2017 en allen de december publicatielijst. Aan de selectie werden de volgende eisen gesteld: per december '21, het eindmeetpunt, moesten de stieren minimaal 100 dochters in de productie- en minstens 50 dochters in exterieurfokwaarde hebben. De Fokstieren moesten vanaf dat ze in de toplist stonden tot het meetpunt in dochteraantallen gestegen, ofwel gebruikt als fokstier zijn. Alle fokwaarden zijn verzameld op beide meetpunten en per kenmerk vergeleken om de eventuele afwijking te berekenen en deze eerst per jaargang en opvolgend als geheel te verzamelen voor vergelijking. De fokwaarden zijn gecorrigeerd voor de basisaanpassing van 2020, en de gevonden afwijkingen zijn omgezet naar 2 maal de standaard deviatie om hiermee de juiste spreiding te tonen (binnen 95% van de populatie; naar beide kanten is dan nog een 2,5% grotere afwijking mogelijk).

Meer informatie: Peek Onafhankelijk Fokkerijadvies, Huub Peek, tel. 06-26 098 998, huub@peek-vdkroon.nl
Dit artikel is digitaal deelbaar via deze QR-code:

