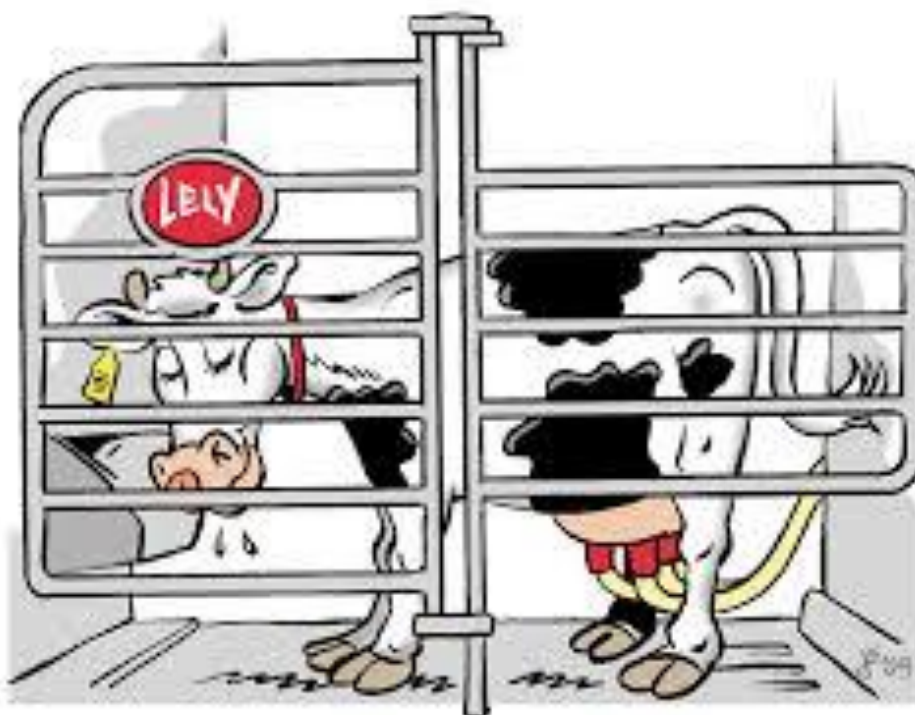


# Intern rapport for projektet ”Data fra AMS til forbedring af avlsværdital for sundhed”



Line Hjortø

December, 2015

STØTTET AF  
mælkeafgiftsfonden

## Indholdsfortegnelse

Indholdsfortegnelse .....	2
Baggrund .....	3
Formål .....	4
Data fra malkerobotter .....	4
Editering.....	5
Data vedrørende mastitisbehandlinger.....	6
Valg af udglatningsmodel .....	6
Ydelsesegenskaberne.....	6
Ledningsevne .....	7
Afstand mellem hhv. for- og bagpatter .....	7
Damped Trend Exponential Smoothing model .....	8
Beregning af alarmer .....	9
Genetiske korrelationer mellem antal alarmer og mastitisbehandlinger .....	9
Forskellige definitioner af celletal og mastitisbehandlinger.....	11
Tidsvindue for alarmerne .....	12
Definition af den nye fænotype .....	13
Tærskelværdi for den nye fænotype.....	13
Fænotypiske opgørelser .....	15
Genetiske og fænotypiske parametre for den nye fænotype og mastitisbehandlinger .....	19
Model for summen af hhv. alarmer for den nye fænotype og mastitisbehandlinger.....	19
Model for gennemsnittet af hhv. alarmer for den nye fænotype og mastitisbehandlinger .....	21
Gentagelsesmodel for hhv. alarmer for den nye fænotype og mastitisbehandlinger .....	24
Forskelle mellem tyre.....	24
Huller i data fra malkerobotterne .....	27
Konklusion .....	28
Appendiks .....	30
Implementering af resultaterne .....	30
Formidling af resultaterne .....	30
Ændringer i forhold til den oprindelige ansøgning .....	30

## Baggrund

Arvbarheden for mastitisbehandlinger er lav. Den lave arvbarhed skyldes blandt andet, at der er mange miljømæssige forhold, der har indflydelse på, om en ko får yverbetændelse eller ej. En anden årsag er, at det ikke er objektivt, om en ko bliver behandlet eller ej. Det afhænger blandt andet af, hvor dygtig kvægbrugeren er til at observere sygdomme og af hans behandlingstærskel. Behandling er således ikke et objektivt mål for, om koen er syg eller ej. Når man pt. beregner avlsværdital, defineres koens sundhedstilstand imidlertid ud fra, om den er behandlet for mastitis mindst én gang i løbet af laktationsperioden eller ej.

En effekt af den lave arvbarhed er, at det kræver en stor døtregruppe, for at en tyr får sikre avlsværdital for sundhedsegenskaberne. I dag er sikkerheden på avlsværditalene for sundhed således 50 til 70 pct. for afprøvede insemineringstyre. Andre effekter af den lave arvbarhed er, at sikkerheden på de genomiske avlsværdital for sundhedsegenskaberne er lavere end for egenskaber med højere arvbarhed, og at det er vanskeligt at øge sikkerheden på de genomiske avlsværdital for sundhedsegenskaberne markant ved at inkludere køer i referencegruppen.

Avlsværditalene for yversundhed er i dag baseret på registreringer af kliniske behandlinger af yverbetændelse samt celletal og yvereksteriør. Celletal og yvereksteriør anvendes i beregningen, fordi der er en avlsmæssig sammenhæng mellem disse egenskaber og forekomsten af yverbetændelse.

Ved indsamling af data fra malkerobotter har vi fået en række nye variable til rådighed, som formentligt kan hjælpe os med bedre at karakterisere, om den enkelte ko har yverbetændelse eller ej. Eksempelvis kan daglige variationer i ydelsesniveauet og mælkenes ledningsevne benyttes til at nuancere graden af yverbetændelse (betændelse i én eller flere pletter; infektionens varighed; mild eller svær infektion). Ved at anvende disse nye data sammen med eksisterende data for behandlinger, celletal og yvereksteriør forventer vi at kunne øge arvbarheden og dermed sikkerheden på avlsværditallet for yversundhed.

Inddragelse af data fra malkerobotter i avlsværdivurderingen for sundhedsegenskaberne kan foretages ud fra forskellige metoder. Projektets aktiviteter består i at afgøre hvilken af to mulige metoder, som giver den største stigning i sikkerheden på avlsværditalene. Uanset hvilken metode som vælges, skal der udføres en grundlæggende analyse af data. Analysen vil være tidskrævende, fordi der overføres store mængder data fra malkerobotterne, og fordi disse ikke er kvalitetssikrede.

### Metode 1:

Vurderingen af, om en ko er syg eller rask, foretages af kvægbrugeren og dyrlægen, og er som før nævnt subjektiv. Ved at inddrage objektive mål kan man få en mere sikker bestemmelse af, om koen er syg eller rask, og man vil eventuelt kunne graduere sygdommen i flere sværhedsgrader. Dette mere objektive mål kan bruges som input i avlsværdivurderingen. Første skridt er dermed at definere et mere objektivt mål. Hvis eksempelvis en ko både har højt celletal, fald i daglig kirtelydelse for en af kirtlerne og kortere tyggetid er det

nærliggende, at koen reelt har yverbetændelse, selv om den ikke er behandlet. Det objektive mål kan valideres i forhold til kliniske registreringer. Denne validering foretages i tæt dialog med kvægdyrlæger med god indsigt i de forskellige sygdomme.

På basis af et mere objektive mål for om koen er rask eller syg, skal der i projektet beregnes arvbårheder og genetiske sammenhænge til eksisterende avlsværdital for yversundhed.

#### Metode 2:

De nye registreringer fra malkerobotterne udnyttes i avlsværdivurderingen ved, at man bruger den genetiske sammenhæng mellem indikatorerne og de egentlige sygdomsbehandlinger direkte i avlsværdivurderingen. På den måde kan indikatorerne bruges på samme måde, som vi eksempelvis bruger celletal i dag. Der skal foretages genetiske analyser af indikatoregenskaberne, og informationsværdien af de enkelte indikatorer skal vurderes.

Uanset om metode 1 eller 2 giver de bedste resultater, skal det herefter vurderes, hvordan man opnår den største nytteværdi af at inddrage de nye registreringer. Hvis det giver lovende resultater, skal der udvikles metoder og modeller, som kan håndtere de nye registreringer. Efterfølgende kan NAV implementere modelerne i den rutinemæssige beregning af avlsværdital for yversundhed.

#### **Formål**

Formålet med projektet er at skabe større avlsfremgang og bedre dyrevelfærd i nordiske malkekvægsbesætninger ved gennem avlsmæssige tiltag at sænke mastitisforekomsten.

Mere specifikt er projektet en dansk pilotundersøgelse, der undersøger muligheden for at kunne udnytte data fra malkerobotter til at øge arvbårheden og dermed sikkerheden på avlsværditalene for yversundhed.

#### **Data fra malkerobotter**

Pilotundersøgelsen gennemføres med data fra Lely malkerobotter, fordi det pt. er det eneste fabrikat, hvor der rutinemæssigt overføres data til Kvægdatabasen. Indsamlingen af data fra Lely malkerobotter startede i november 2011.

Følgende datasæt indgår i undersøgelsen:

Robotdata: lely\_reduceret\_line.sas7bdat

Celletaldata: yktr\_line.sas7bdat

Kælvningsdata: klv\_line.sas7bdat

Sygdomsdata: sund\_line.sas7bdat

De oprindelige datasæt ligger i følgende directory: /usr/home/nav/denmark/data/malketid/

Robotdatasættet indeholder ikke observationer, hvor Milkingrefusal er lig med True. Det vil sige observationer, hvor koen ikke er malket, fordi afstanden til den foregående malkning er for kort.

Datasættene indeholder observationer inden for alle racer og laktationer, men i dette pilotprojekt anvendes kun data fra Holsteinkøer i første laktation. Programmet vil let kunne ændres til at gælde andre racer og laktationer. For at mindske beregningstiden testes metoden på 13 besætninger i dele af projektet.

## Editering

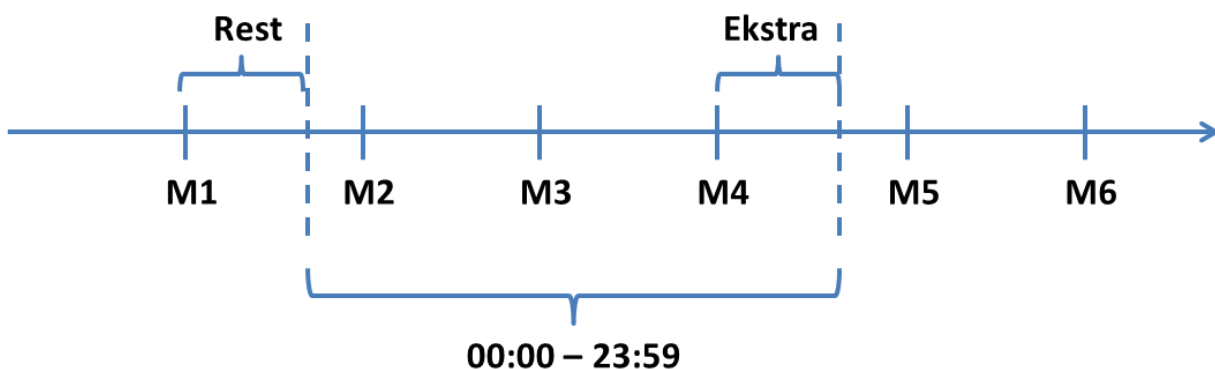
Editeringsprogrammet hedder edit\_OneObs.sas, og det ligger i følgende directory:

/usr/home/nav/denmark/navlhb/AMS

Data er editeret for følgende otte egenskaber: mælkeydelse pr. malkning, mælkeydelse pr. kirtel, afstand mellem hhv. for- og bagpatter og forholdet mellem kirtlen med den højeste og den laveste ledningsevne.

I udglatningsmodellerne skal der for hver egenskab bruges én observation pr. ko pr. dag. For de tre egenskaber 'afstand mellem forpatterne', 'afstand mellem bagpatterne' og 'forholdet mellem kirtlen med den højeste og den laveste ledningsevne' beregnes gennemsnittet inden for døgn. Dette er ikke muligt for ydelsesegenskaberne, idet afstanden mellem malkningerne varierer. På den baggrund beregnes døgnydelsen. For hver malkning, hvor det er muligt, beregnes kg mælk pr. sekund. Mælkeydelse pr. malkning og mælkeydelse pr. kirtel omregnes til døgnydelse vha. følgende formel:

$$\text{Døgnydelse} = (\text{M2-Rest}) + \text{M3} + \text{M4} + \text{Ekstra}$$



Hvis det ikke er muligt at beregne døgnydelsen vha. ovenstående formel benyttes én af de følgende formler, hvor der tages udgangspunkt i den sidste malkning i døgnnet (her M4):

Døgnydelse = (Kg mælk pr. sek.) × (sek. siden midnat) + Ekstra

Døgnydelse = Aktuel ydelse + Ekstra

Ved at benytte kg mælk pr. sekund til at beregne døgnydelsen antager vi, at mælkeproduktionen er den samme, uanset om koen lige er blevet malket, eller om det er mange timer siden, at hun sidst er blevet malket. Dette er ikke korrekt, idet mælkeproduktionen nedsættes i takt med, at yveret fyldes med mælk. Vi mener dog, at dette er den bedste måde, vi kan beregne døgnydelse på ud fra de data, der er til rådighed.

Det editerede datasæt med mælkeydelse pr. malkning og mælkeydelse pr. kirtel hedder phen\_mlk.sas7bdat. Der er kun én observation pr. ko pr. dag, idet døgnydelsen er beregnet fra midnat til midnat.

Det editerede datasæt med afstand mellem hhv. for- og bagpatter og forholdet mellem kirtlen med den højeste og den laveste ledningsevne hedder phen\_ec\_pos.sas7bdat. Der er taget udgangspunkt i de editeringsgrænser, som Elise Norberg brugte i sin ph.d.-afhandling til at finde outliers for ledningsevne. Datasættet indeholder flere observationer pr. ko pr. dag, idet SAS-proceduren beregner gennemsnittet inden for døgn, inden udglatningsmodellen anvendes.

Begge datasæt ligger i directoriet: /usr/home/nav/denmark/navlhb/AMS/data

## Data vedrørende mastitisbehandlinger

Datasættene med mastitisbehandlinger dannes i programmet mastitis.sas. Genbehandlinger er ikke med i datasættene, dvs. observationer, hvor variabelen genbehandling er lig med 1, og observationer, hvor der er otte dage eller færre mellem to mastitisbehandlinger, er ikke med i datasættene. Der indgår kun data fra de besætninger, der er med i avlsværdivurderingen for yversundhed. Der dannes et datasæt med én linje pr ko (0 = ingen behandlinger og 1 = mindst én behandling), og et datasæt med flere linjer pr ko afhængig af antal behandlinger. Datasættene hedder hhv. tjemmast.sas7bdat og mastflereobs.sas7bdat.

Begge datasæt ligger i directoriet: /usr/home/nav/denmark/navlhb/AMS/data

## Valg af udglatningsmodel

Der anvendes Automatic model selection i PC SAS til at finde den model, der passer bedst til data. Automatic model selection kan desværre kun køre ét dyr ad gangen, da der ikke er en BY function. I PC SAS er det muligt at undersøge, om der er trend og/eller en sæsoneffekt i data. Det er også muligt at undersøge, om det er nødvendigt at log-transformere responsvariablen. Undersøgelserne i PC SAS er baseret på ganske få dyr.

## Ydelsesegenskaberne

Undersøgelserne i PC SAS viser, at der er en trend i data, men ingen sæson-effekt, og at det ikke er nødvendigt at log-transformere responsvariablen. Proc esm i SAS har tre modeller, der kan tage højde for trend i data. De tre modeller er: (1) Damped Trend Exponential Smoothing, (2) Double (Brown) Exponential

Smoothing og (3) Linear (Holt) Exponential Smoothing. Det virker mest rimeligt at bruge den samme model for de fem ydelsesegenskaber.

I PC SAS og i dette projekt anvendes Root mean square error (RMSE) til at vurdere, hvor godt modellen passer til data. Jo mindre RMSE des bedre passer modellen. Ud fra beregningerne af RMSE blev det besluttet at bruge modellen Damped Trend Exponential Smoothing (Tabel 1).

Tabel 1. Root mean square error (RMSE) for de fem ydelsesegenskaber. Beregningerne er baseret på data fra de 13 test-besætninger.

Model	RMSE				
	Mlk24	LFmlk24	LRmlk24	RFmlk24	RRmlk24
Damped Trend Exponential Smoothing	2.01836	0.63737	0.80051	0.65793	0.79639
Double (Brown) Exponential Smoothing	2.28104	0.69894	0.87345	0.71835	0.86896
Linear (Holt) Exponential Smoothing	2.05815	0.64664	0.81033	0.66695	0.80670

### Ledningsevne

Undersøgelserne i PC SAS viser, at der er trend i data, men ingen sæson-effekt, og at det muligvis er nødvendigt at log-transformere responsvariablen. Ud fra beregningerne af RMSE blev det besluttet at bruge modellen Damped Trend Exponential Smoothing til at beregne alarmer for ledningsevne (Tabel 2).

Tabel 2. Root mean square error (RMSE) for ledningsevne. Beregningerne er baseret på data fra de 13 test-besætninger.

Model	RMSE
Damped Trend Exponential Smoothing	0.043178
Double (Brown) Exponential Smoothing	0.046835
Linear (Holt) Exponential Smoothing	0.043503
Simple Exponential Smoothing	0.044019
Log Damped Trend Exponential Smoothing	0.043391
Log Double (Brown) Exponential Smoothing	0.046875
Log Linear (Holt) Exponential Smoothing	0.044039
Log Simple Exponential Smoothing	0.043818

### Afstand mellem hhv. for- og bagpatter

Undersøgelserne i PC SAS viser, at der er trend i data, men ingen sæson-effekt, og at det muligvis er nødvendigt at log-transformere responsvariablene. Ud fra beregningerne af RMSE blev det besluttet at bruge modellen Damped Trend Exponential Smoothing til at beregne alarmer for yvreksteriøregenskaberne (Tabel 3).

Tabel 3. Root mean square error (RMSE) for afstanden mellem hhv. for- og bagpatter. Beregningerne er baseret på data fra de 13 test-besætninger.

Model	RMSE	
	Afstand ml. forpatter	Afstand ml. bagpatter
Damped Trend Exponential Smoothing	2.86263	2.68485
Double (Brown) Exponential Smoothing	3.91970	3.60084
Linear (Holt) Exponential Smoothing	3.29991	3.05629
Simple Exponential Smoothing	3.03168	2.84556
Log Damped Trend Exponential Smoothing	3.00997	2.85153
Log Double (Brown) Exponential Smoothing	3.91307	3.62323
Log Linear (Holt) Exponential Smoothing	3.31970	2.87890
Log Simple Exponential Smoothing	3.04662	2.86430

Modellen Damped Trend Exponential Smoothing anvendes således til alle egenskaber fra malkerobotten.

#### **Damped Trend Exponential Smoothing model**

Når der anvendes en Damped Trend Exponential Smoothing model, antages det, at den underliggende model har følgende form:

$$Y_t = \mu_t + \beta_t t + \varepsilon_t$$

hvor

$Y_t$  er responsvariablen til tiden  $t$

$\mu_t$  er det tidsvarierende gennemsnit

$\beta_t$  er den tidsvarierende hældning

$t$  er tiden

$\varepsilon_t$  er tilfældig støj til tiden  $t$

Udglatningsligningerne er:

$$L_t = \alpha Y_t + (1 - \alpha)(L_{t-1} + \phi T_{t-1})$$

$$T_t = (L_t - L_{t-1}) + (1 - \gamma) \phi T_{t-1}$$

hvor

$L_t$  er et udglattet niveau, der estimerer  $\mu_t$

$T_t$  er en udglattet trend, der estimerer  $\beta_t$

$\alpha$  er en vægt, der udglatter niveauet

$\gamma$  er en vægt, der udglatter trenden

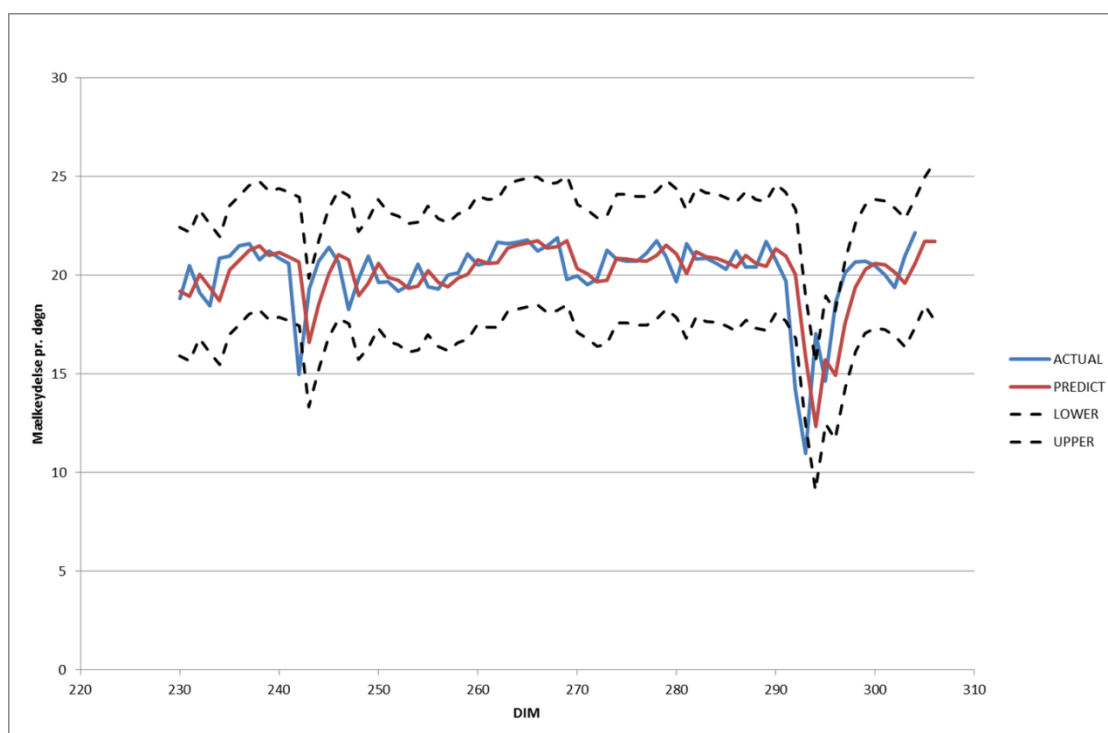
$\phi$  er en vægt, der dæmper trenden



## Beregning af alarmer

Programmerne, der beregner alarmerne for 1) de fem ydelsesegenskaber og 2) ledningsevne og afstand mellem hhv. for- og bagpatter, hedder `es_model.sas` og `es_model_ec.sas`. Programmerne ligger i følgende directory: `/usr/home/nav/denmark/navlhb/AMS`. Det er nødvendigt at bruge `rsaas93` til at starte `proc esm` på `nav-clusteret`.

I udglatningsmodellerne estimeres værdien for den efterfølgende dag, og der beregnes et 95 % konfidensinterval for estimatet. Hvis den faktiske værdi ligger hhv. over eller under konfidensintervallets øvre eller nedre grænse, så udløses der en alarm. For ydelsesegenskaberne udløses der en alarm, hvis den faktiske værdi er under den nedre grænse (Figur 1), for ledningsevne udløses der en alarm, hvis den faktiske værdi er over den øvre grænse, og for afstand mellem hhv. for- og bagpatter udløses der en alarm, hvis den faktiske værdi er udenfor konfidensintervallet, da der kan forekomme enten hævelse eller svind.



Figur 1. Den faktiske værdi for mælkeydelse (blå linje), den estimerede værdi for mælkeydelse for den efterfølgende dag (rød linje) og et 95 % konfidensinterval for estimatet (sorte stiplede linjer).

## Genetiske korrelationer mellem antal alarmer og mastitisbehandlinger

Egenskabernes heritabilitet og de genetiske korrelationer mellem antal alarmer og mastitisbehandlinger er afgørende for, om egenskaberne fra malkerobotterne kan bruges som indikatoregenskaber i avlsværdiurderingen for yversundhed. Det er desuden tanken, at vægtningen af alarmerne inden for den nye fænotype skal baseres på de genetiske korrelationer mellem alarmerne og mastitisbehandlinger. De genetiske para-

metre beregnes vha. DMU. Programmet, hvori alarmerne samles, og de systematiske effekter beregnes, hedder gencorr.sas, og det ligger i følgende directory: /usr/home/nav/denmark/navlhb/AMS.

Det er ikke muligt at definere alarmerne som 0/1-egenskaber med en linje for hver dag, koen malkes i robotten, da frekvensen og dermed heritabiliteten bliver for lav i forhold til at bruge lineære modeller. Alarmerne er i stedet defineret som antal alarmer i perioden fra 0 til 100 dage efter kælvning. Der skal være mere end otte dage mellem to alarmer, for at de begge tæller med i summen af alarmer. Mastitisbehandlinger er defineret som summen af behandlinger i perioden fra 0 til 100 dage efter kælvning, men kun mastitisbehandlinger, der er foretaget på dage, hvor koen er malket i robotten.

De systematiske effekter er baseret på de systematiske effekter i avlsværdiurderingen for ydelse og yversundhed. De tre systematiske effekter i modellerne for alarmer og mastitisbehandlinger er 'kælvningsalder', 'år × måned for første kælvning' og 'besætningsnummer'. Den eneste tilfældige effekt i modellerne for alarmer og mastitisbehandlinger er 'dyr'.

Afstamningsfilen traces i programmet pedigree.sas. Afstamningsfilen til DMU hedder ped\_final.

DMU-programmerne, der beregner genetiske korrelationer mellem alarmerne og mastitisbehandlinger, hedder MASTfinal2.DIR til MASTfinal13.DIR og final16.DIR til final18.DIR.

Fænotypiske og genetiske parametre for antal alarmer og mastitisbehandlinger er vist i Tabel 4. Der er ikke beregnet fænotypiske og genetiske parametre for 'antal alarmer for fald i ydelse på hhv. højre for- og bagkirtel', da de forventes at have samme størrelsesorden som de genetiske parametre for 'antal alarmer for fald i ydelse på hhv. venstre for- og bagkirtel'.

Tabel 4. Heritabiliteter for (på diagonalen) samt genetiske korrelationer (over diagonalen) og fænotypiske korrelationer (under diagonalen) mellem sum af alarmer for de syv egenskaber og mastitisbehandlinger.

Middelfejl er præsenteret i parentes.

	Ydelse	Ydelse, VF	Ydelse, VB	Ledningsevne	SCS	Afstand, FP	Afstand, BP	Mastitisbeh.
Ydelse	<b>0,01 (0,00)</b>	<b>0,99</b>	<b>0,99</b>	0,52 (0,21)	0,47 (0,21)	0,66 (0,19)	0,62 (0,18)	0,20 (0,31)
Ydelse, VF <sup>1</sup>	<b>0,59*</b>	<b>0,01 (0,00)</b>	<b>0,97*</b>	0,45 (0,25)	0,34 (0,25)	0,64 (0,22)	0,76 (0,16)	0,30 (0,34)
Ydelse, VB <sup>2</sup>	<b>0,61*</b>	<b>0,57*</b>	<b>0,01 (0,00)</b>	0,28 (0,25)	0,71 (0,17)	0,58 (0,21)	0,65 (0,16)	0,48 (0,29)
Ledningsevne	0,42	0,40	0,40	<b>0,01 (0,00)</b>	-0,24 (0,24)	0,47 (0,25)	0,58 (0,20)	0,16 (0,33)
SCS	0,15	0,13	0,14	0,14	<b>0,02 (0,01)</b>	0,06 (0,27)	-0,01 (0,23)	0,97 (0,14)
Afstand, FP <sup>3</sup>	0,45	0,48	0,44	0,40	0,09	<b>0,01 (0,00)</b>	0,95 (0,08)	-0,37 (0,37)
Afstand, BP <sup>4</sup>	0,45	0,44	0,46	0,39	0,09	0,58	<b>0,02 (0,01)</b>	0,16 (0,33)
Mastitisbeh.	0,05	0,05	0,06	0,07	0,17	0,02	0,01	<b>0,01 (0,00)</b>

\* Ikke konvergeret efter 200 iterationer

<sup>1</sup> Ydelse, VF = mælkeydelse på venstre forkirtel

<sup>2</sup> Ydelse, VB = mælkeydelse på venstre bagkirtel

<sup>3</sup> Afstand, FP = Afstand mellem forpatter

<sup>4</sup> Afstand, BP = Afstand mellem bagpatter

Heritabiliteterne for de syv alarmer og mastitisbehandling er meget lave (0,01 til 0,02).

De genetiske korrelationer mellem antal alarmer for de tre ydelsesegenskaber er positive og meget høje (0,97 til 0,99). Estimeringen af de genetiske parametre var ikke konvergeret efter 200 iterationer. Det skyldes formentlig, at mastitis i én af kirtlerne resulterer i nedsat mælkeydelse på den pågældende kirtel og efterfølgende nedsat mælkeydelse på de tre resterende kirtler og totalydelse. Når vi vælger at definere egenskaberne som summen af alarmer fra 0 til 100 dage efter kælvning, så forsvinder den tidsmæssige forskel mellem faldende i mælkeydelse.

De genetiske korrelationer mellem på den ene side antal alarmer for en af de tre ydelsesegenskaber og på den anden side antal alarmer for ledningsevne, SCS, afstand mellem forpatter eller afstand mellem bagpatter er positive og moderate (0,28 til 0,76). Den genetiske korrelation mellem antal alarmer for ledningsevne og antal alarmer for højt SCS er negativ og moderat (-0,24), mens de genetiske korrelationer mellem antal alarmer for ledningsevne og afstand mellem hhv. for- og bagpatter er positive og moderate (0,47 til 0,58). De genetiske korrelationer mellem antal alarmer for højt SCS og antal alarmer for afstand mellem hhv. for- og bagpatter er lave (0,06 til -0,01). Den genetiske korrelation mellem antal alarmer for afstand mellem hhv. for- og bagpatter er positiv og meget høj (0,95). Det er især de genetiske korrelationer mellem på den ene side antal alarmer for højt SCS og på den anden side de tre egenskaber, der ikke er relateret til ydelse, der adskiller sig fra de øvrige genetiske korrelationer ved at være negative og/eller lave.

Den genetiske korrelation mellem antal alarmer for højt celletal og mastitisbehandlinger er positiv og meget høj (0,97), mens de øvrige korrelationer mellem antal alarmer og mastitisbehandlinger er positive, lave til moderate og ikke signifikant forskellige fra nul (Tabel 4). Den genetiske korrelation mellem antal alarmer for afstand mellem forpatter og mastitisbehandlinger er dog negativ, moderat og ikke signifikant forskellig fra nul (-0,37). Der er ikke nogen umiddelbar forklaring på, hvorfor denne korrelation er negativ. Middelfejlene på de genetiske korrelationer er generelt høje.

Da hovedparten af de genetiske korrelationer mellem antal alarmer og mastitisbehandlinger er lave til moderate og ikke signifikant forskellige fra nul, blev det besluttet ikke at bruge dem til at vægte alarmerne sammen til en ny objektiv fænotype. Som følge af de lave heritabiliteter for antal alarmer og de lave til moderate genetiske korrelationer mellem antal alarmer og mastitisbehandlinger kan alarmerne ikke bruges som indikator-egenskaber i den nuværende avlsværdiurdering for yversundhed, dvs. metode 2 kan ikke anbefales.

### **Forskellige definitioner af celletal og mastitisbehandlinger**

'Antal alarmer for højt celletal' er defineret anderledes end de øvrige alarmer, idet celletal registreres hver måned eller hver anden måned, og vi ved ikke, om der har været et fald eller en stigning i celletal mellem to målinger. I Tabel 4 er alarmer for celletal defineret således, at koen får en alarm for højt celletal, hvis celletal-

let er 200.000 celler/ml eller højere. Koen får en ny alarm for højt celletal, hvis celletallet er 200.000 celler/ml eller højere ved den næste måling, men vi ved reelt ikke, om begge målinger skyldes det samme mastitistilfælde. På den baggrund er der beregnet genetiske parametre for celletal, hvor celletal er defineret som en 0/1-egenskab (0 = alle celletalsmålinger har været mindre end 200.000 celler/ml i perioden fra 0 til 100 dage efter kælvning og 1 = mindst én celletalsmåling har været 200.000 celler/ml eller højere i samme periode). Hvis mastitisbehandlinger bliver defineret som en 0/1-egenskab (0 = koen er ikke behandlet for mastitis i perioden fra 0 til 100 dage efter kælvning og 1 = koen er behandlet mindst én gang for mastitis i samme periode) påvirker det muligvis co-variansstrukturen, og derfor blev egenskaben både defineret som summen af mastitisbehandlinger i perioden fra 0 til 100 dage efter kælvning og som en 0/1-egenskab. De genetiske parametre for 'Antal alarmer for stigning i ledningsevne', de to definitioner af alarm for højt celletal og de to definitioner af mastitisbehandling er vist i Tabel 5. 'SCS (Sum)' og 'Mastitisbeh. (Sum)' er de samme som 'SCS' og 'Mastitisbeh.' i Tabel 4.

Tabel 5. Heritabiliteter for (på diagonalen) samt genetiske korrelationer (over diagonalen) og fænotypiske korrelationer (under diagonalen) mellem alarm for stigning i ledningsevne, to definitioner af alarm for højt celletal og to definitioner af mastitisbehandling. Middelfejl er præsenteret i parentes.

	Ledningsevne	SCS (Sum)	SCS (0/1)	Mastitisbeh. (Sum)	Mastitisbeh. (0/1)
Ledningsevne	<b>0,01 (0,00)</b>	-0,17 (0,24)	-0,16 (0,25)	-0,21 (0,24)	-0,23 (0,24)
SCS (Sum)	0,14	<b>0,03 (0,01)</b>		0,90 (0,10)	0,88 (0,10)
SCS (0/1)	0,14		<b>0,02 (0,01)</b>	0,93 (0,11)	0,90 (0,11)
Mastitisbeh. (Sum)	0,02	0,15	0,15	<b>0,03 (0,01)</b>	
Mastitisbeh. (0/1)	0,02	0,14	0,14		<b>0,03 (0,01)</b>

Der er ikke forskel på, om hhv. alarm for højt celletal og mastitisbehandling er defineret som en sum eller en 0/1-egenskab (Tabel 5).

## Tidsvindue for alarmerne

I denne del af undersøgelsen blev datasættene, hvor der er en linje for hver dag, koen er malket i robotten, og en linje for hver dag, koen er behandlet for mastitis flettet sammen. Programmet hedder alarmdage.sas, og det ligger i følgende directory: /usr/home/nav/denmark/navlhb/AMS.

I første omgang blev værdien for de ni alarmer lagt sammen til et samlet mål for mulig mastitisforekomst. Dette samlede mål kan have en værdi fra nul til ni, eller det kan være missing, fordi én eller flere alarmer er missing. Værdien for det samlede mål er 1,8 på dagen for den første mastitisbehandling. Det blev kun undersøgt, hvor højt det samlede mål er på dagen for den første mastitisbehandling, da der kan være flere forskellige strategier for en eventuel anden eller tredje behandling.

En mulig årsag til, at værdien for det samlede mål 'kun' er 1,8 på dagen for den første mastitisbehandling, kunne være, at de ændringer, som alarmerne er baseret på, kommer til udtryk på forskellige dage og muligvis ikke samme dag, som det bliver synligt for kvægbrugeren, at koen er syg. På den baggrund blev der lavet tre tredages vinduer, der enten summerer værdierne for det samlede mål, eller værdierne for alarmerne, således at værdien for alarmen er nul, hvis den er nul for alle tre dage, og én, hvis den er én for mindst én af de tre dage. Med den første metode kan tredages vinduet antage værdier fra nul til 25, og med den anden metode kan tredages vinduet antage værdier fra nul til 9.

Det tredages vindue, der består af den aktuelle dag samt de to foregående dage, giver den højeste værdi uanset måden at summere på (Tabel 6). Summen af det samlede mål er højere end summen af alarmer, men summen af alarmer er forholdsvis højere, når man tager den maksimale værdi i betragtning. På den baggrund anvendes summen af alarmer fremadrettet i projektet. Det virker også intuitivt mere rigtigt, at den maksimale værdi svarer til den maksimale værdi inden for dag.

Tabel 6. Summen af det samlede mål og summen af alarmer for tre tredages vinduer. Beregningerne er baseret på data fra de 13 test-besætninger.

Tredages tidsvindue	Sum af det samlede mål	Sum af alarmer
Aktuel dag samt de to foregående dage	4,7	3,6
Aktuel dag samt dagen før og dagen efter	4,2	3,2
Aktuel dag samt de to efterfølgende dage	3,1	2,8

## Definition af den nye fænotype

Alarmerne for hver af de ni egenskaber er nul, hvis den er nul for den pågældende dag og de to foregående dage, og én, hvis den er én for mindst én af de tre dage. Efterfølgende summeres alarmerne inden for dag. Dog kan alarmerne for de fire kirtelydelsesegenskaber kun tælle som én alarm, og alarmerne for afstand mellem hhv. for- og bagpatter kan også kun tælle som én alarm inden for dag. Den beslutning er taget på baggrund af de meget høje genetiske korrelationer mellem alarmerne for ydelsesegenskaberne og mellem alarmerne for afstand mellem hhv. for- og bagpatter. Dermed kan den nye fænotype antage værdier fra nul til fem. Desuden summerer alarmerne for mælkeydelse, kirtelydelse og afstand mellem for- eller bagpatter kun til 2,5, da ingen af de tre egenskaber kun forekommer ved mastitis. For alle andre kombinationer af egenskaber vægtes hver egenskab med én.

## Tærskelværdi for den nye fænotype

Sensitivitet, specificitet og Kappa-værdien mellem mastitisbehandlinger og den nye fænotype for mastitis beregnes for at validere den nye fænotype. Det er ikke helt korrekt at beregne sensitivitet og specificitet, når mastitisbehandlinger ikke er det samme som mastitistilfælde, dvs. mastitisbehandlinger er ikke en 'gold standard test'. Af den grund beregnes Kappa-værdien også. Sensitiviteten er sandsynligheden for, at et sygt dyr vil blive klassificeret som sygt vha. den nye metode, og specificiteten er sandsynligheden for, at et raskt

dyr vil blive klassificeret som raskt vha. den nye metode. Kappa-værdien kan fortolkes som overensstemmelsen mellem mastitisbehandlinger og den nye fænotype for mastitis udover tilfældighed. Kappa-værdien angiver sammenhængen mellem de to mål, men den siger ikke noget om, hvor gode mål de er for mastitistilfælde. Kappa-værdien beregnes som:

		Mastitisbehandlinger		Total
		+	-	
Ny fænotype	+	a	b	a + b
	-	c	d	c + d
Total		a + c	b + d	N

$$Kappa = \frac{a + d - Ea - Ed}{N - Ea - Ed}$$

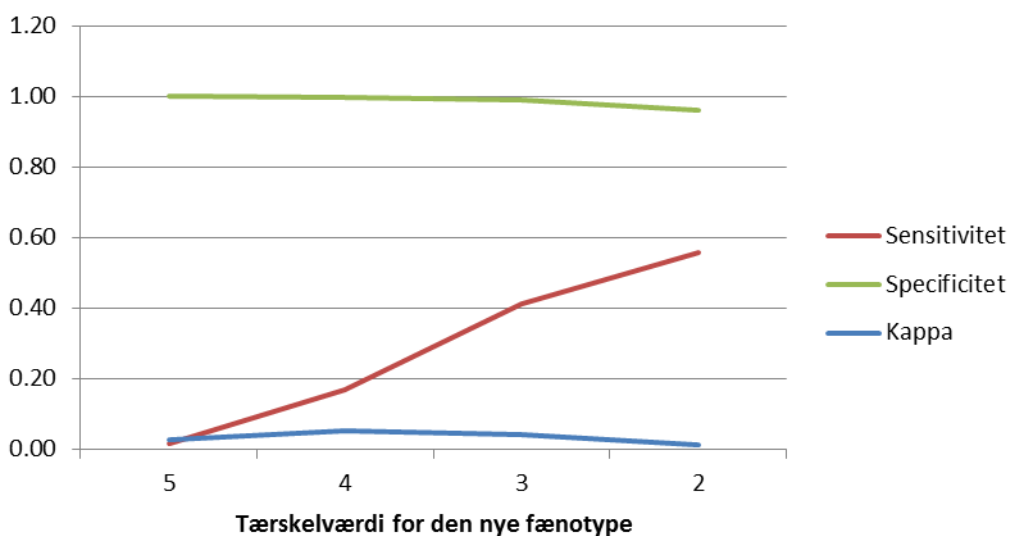
hvor

$$Ea = \frac{(a + b) \times (a + c)}{N}$$

og

$$Ed = \frac{(c + d) \times (b + d)}{N}$$

Specificiteten er høj, når tærskelværdien er tre, fire eller fem (Figur 2). Sensitiviteten stiger i takt med, at tærskelværdien falder, men det absolutte niveau bliver aldrig højt. Kappa-værdien er meget lav for alle de afprøvede tærskelværdier, især når tærskelværdien er to. Baseret på disse værdier bruges en tærskelværdi på tre.

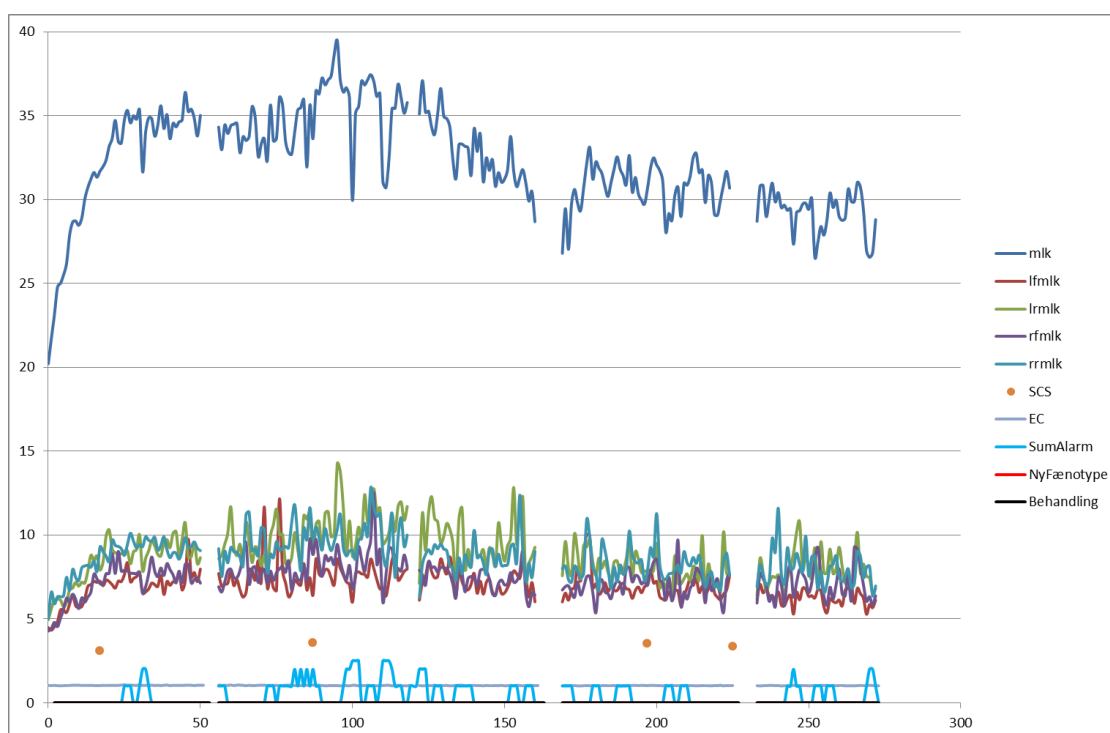


Figur 2. Sensitivitet, specificitet og Kappa-værdi mellem mastitisbehandlinger og den nye fænotype for mastitis.

## Fænotypiske opgørelser

I dette afsnit vises fem figurer med fænotypisk information om køer, der er ekstreme pga. mange alarmer for den nye fænotype, mange mastitisbehandlinger eller store forskelle mellem antal alarmer for den nye fænotype og antal mastitisbehandlinger.

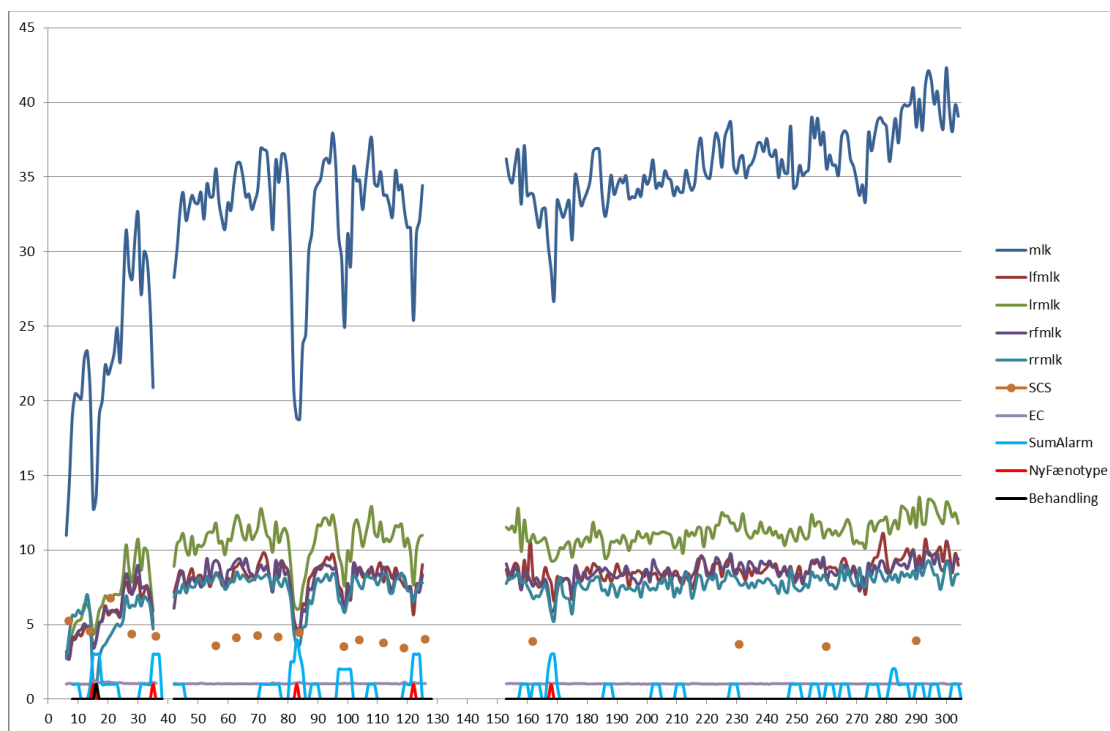
Figur 3 viser et eksempel på en ko, der ikke har nogen alarmer for den nye fænotype, og som ikke er behandlet for mastitis. Denne ko klassificeres som rask ifølge begge systemer. Der er dog som oftest større sammenhæng mellem hhv. ydelserne på de to bagkirtler og ydelserne på de to forkirtler. I gennemsnit er ydelsen på en bagkirtel 1,1 kg højere end ydelsen på en forkirtel.



Figur 3. Mælkeydelse (milk), kirtelydelse (lfmilk, lrmilk, rfmilk og rrmilk), SCS, ledningsevne (EC), sum af alarmer (SumAlarm), alarm for den nye fænotype (NyFænotype) og mastitisbehandling (Behandling) for en ko i perioden fra 0 til 273 dage efter kælvning.

Der er to besætninger i datasættet, hvor der i en periode er ugentlig ydelseskontrol. Figur 4 viser et eksempel på en ko, der har ugentlige celltalsmålinger i perioden fra 6 til 126 dage efter kælvning. Dette bidrager med yderligere information om koen. Der er en alarm for den nye fænotype 15 dage efter kælvning, og koen er behandlet for mastitis 16 dage efter kælvning. Dette virker plausibelt, idet ydelsen på den venstre bagkirtel falder drastisk for derefter at stige til samme niveau som de to forkirtler. Der er en alarm for den nye fænotype 35 dage efter kælvning. Fedtprocenten stiger fra 3,75 til 5,47 % i ydelseskontrollerne omkring denne dato. På samme måde er der en alarm for den nye fænotype 83 dage efter kælvning, og fedtprocenten stiger fra

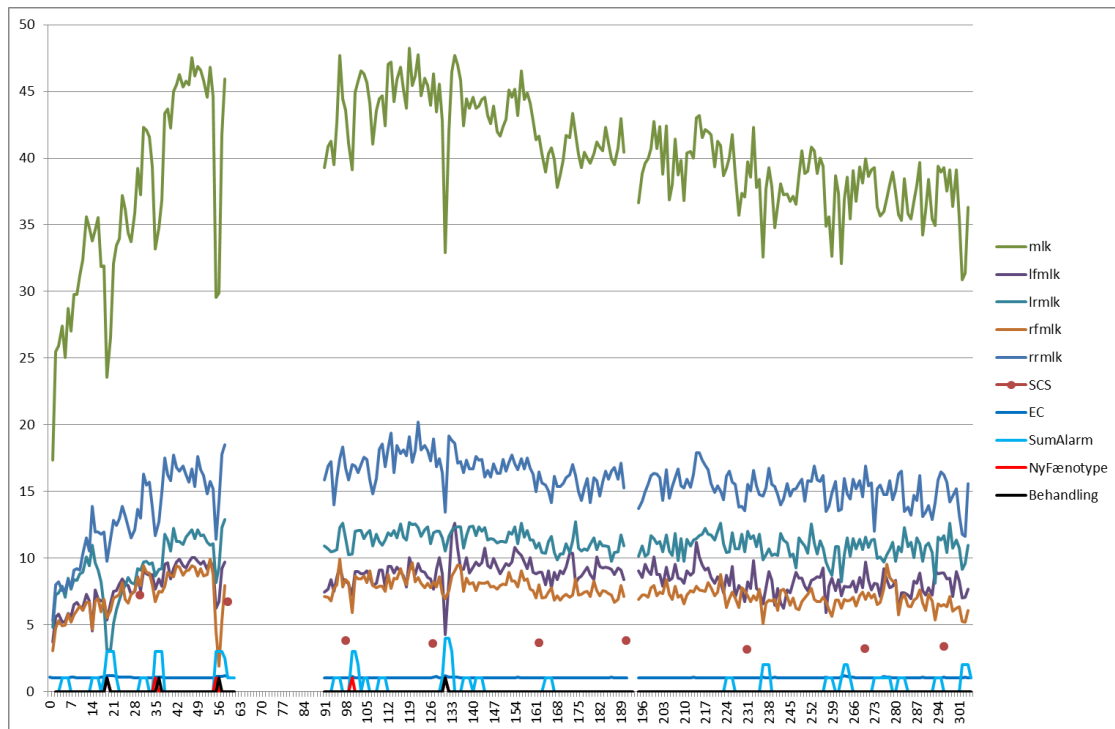
3,75 til 5,47 % i ydelseskontrollerne omkring denne dato. En mulig forklaring på dette er, at koen har subklinisk ketose, og som følge heraf svækkes immunforsvaret, så det ikke kan holde mastitisinfektionen nede. Det har ikke været muligt at finde nogen hændelser, der tidsmæssigt svarer til alarmerne for den nye fænotype 122 dage efter kælvning. Koen er undersøgt og behandlet for brunstmangel 161 dage efter kælvning, og den har en alarm for den nye fænotype 168 dage efter kælvning. Det er usikkert, om der er nogen sammenhæng mellem disse hændelser.



Figur 4. Mælkeydelse (mlk), kirtelydelse (lfmilk, lrmilk, rfmilk og rrmilk), SCS, ledningsevne (EC), sum af alarmer (SumAlarm), alarm for den nye fænotype (NyFænotype) og mastitisbehandling (Behandling) for en ko i perioden fra 6 til 305 dage efter kælvning.

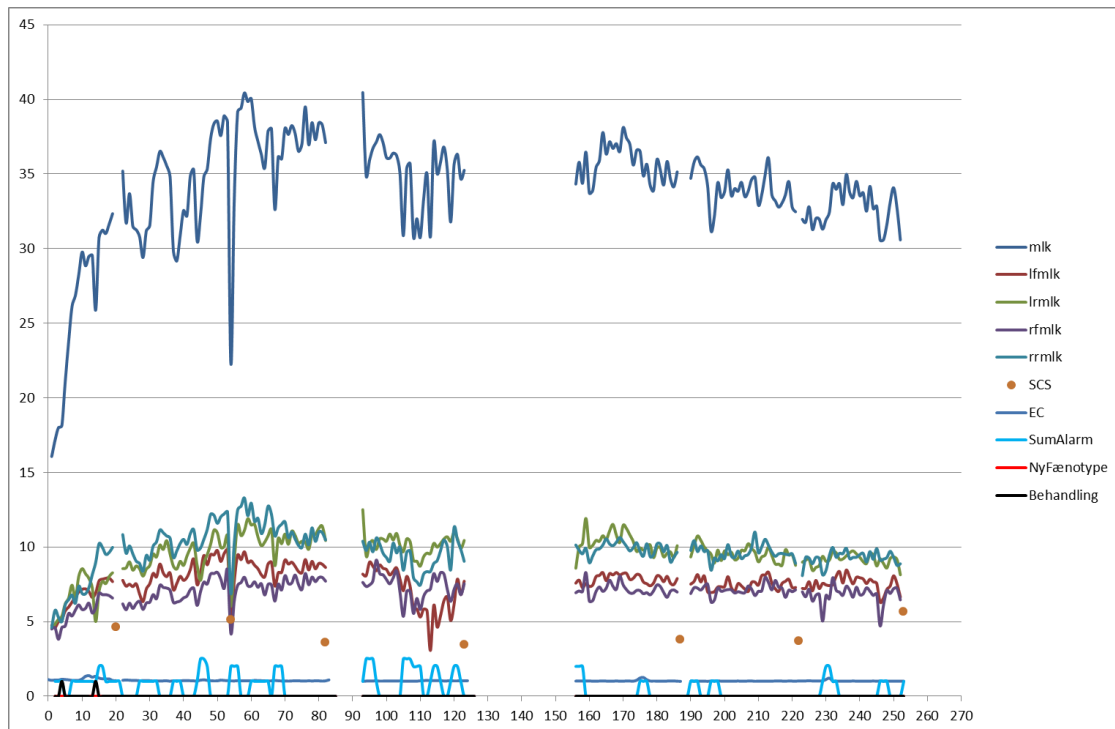
Figur 5 viser et eksempel på en ko, der har fem alarmer for den nye fænotype og fire mastitisbehandlinger. I fire ud af fem tilfælde falder alarmerne for den nye fænotype enten på den samme dag som mastitisbehandlingerne eller dagen før. Der er en alarm for den nye fænotype 100 dage efter kælvning og ingen mastitisbehandling i den tidsperiode.





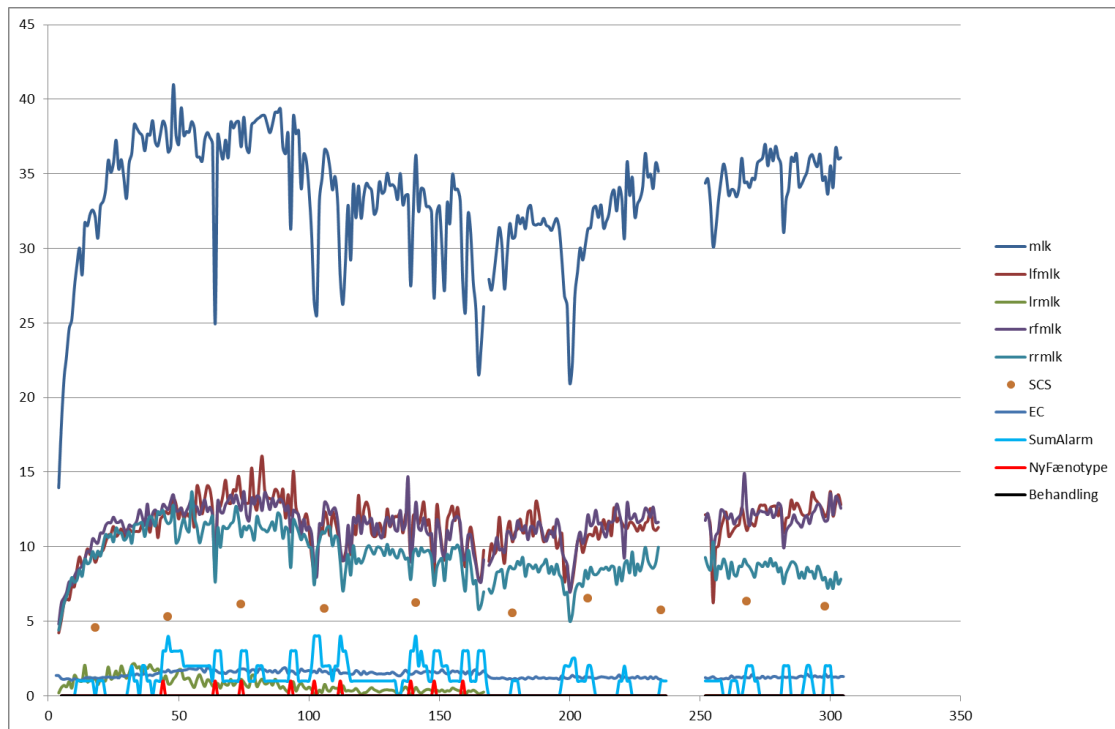
Figur 5. Mælkeydelse (mlk), kirtelydelse (lfmilk, lrmilk, rfmilk og rrmilk), SCS, ledningsevne (EC), sum af alarmer (SumAlarm), alarm for den nye fænotype (NyFænotype) og mastitisbehandling (Behandling) for en ko i perioden fra 0 til 305 dage efter kælvning.

Figur 6 viser et eksempel på en ko, der er behandlet to gange for mastitis, og som ikke har alarmer for den nye fænotype. Det ser dog ud til, at koen har en infektion på højre forkirtel. Udglatningsmodellen kan ikke finde et mastitistilfælde, når ydelsen er stigende på alle kirtler men på et lavere niveau for en af kirtlerne.



Figur 6. Mælkeydelse (mlk), kirtelydelse (lfmilk, lrmilk, rfmilk og rrmilk), SCS, ledningsevne (EC), sum af alarmer (SumAlarm), alarm for den nye fænotype (NyFænotype) og mastitisbehandling (Behandling) for en ko i perioden fra 0 til 253 dage efter kælvning.

Figur 7 viser et eksempel på en ko med meget lav ydelse på venstre bagkirtel fra begyndelsen af laktationen og faldende ydelse på højre bagkirtel fra dag 49 efter kælvning. Ydelsesfaldende skyldes formentlig mastitis i begge tilfælde, idet celletallet og ledningsevnen er høj. Koen har ni alarmer for den nye fænotype og ingen mastitisbehandlinger. Der er ikke flere alarmer for den nye fænotype efter at koen bliver gold på den venstre bagkirtel.



Figur 7. Mælkeydelse (mlk), kirtelydelse (lfmlk, lrmilk, rfmlk og rrmilk), SCS, ledningsevne (EC), sum af alarmer (SumAlarm), alarm for den nye fænotype (NyFænotype) og mastitisbehandling (Behandling) for en ko i perioden fra 3 til 305 dage efter kælvning.

Ovenstående eksempler viser, at køerne får flere alarmer for den nye fænotype, når et mastitistilfælde ikke bliver behandlet eller ikke bliver behandlet tilstrækkeligt. Det kan skabe forholdsvis store forskelle mellem antal alarmer for den nye fænotype og antal mastitisbehandlinger.

## Genetiske og fænotypiske parametre for den nye fænotype og mastitisbehandlinger

I dette afsnit defineres responsvariablene på forskellige måder, og data analyseres vha. forskellige modeller.

### Model for summen af hhv. alarmer for den nye fænotype og mastitisbehandlinger

Den nye fænotype og mastitisbehandlinger er her defineret som summen af hhv. alarmer for den nye fænotype og behandlinger eller som 0/1-egenskaber i perioden fra 0 til 50 dage efter kælvning, 51 til 305 dage efter kælvning og 0 til 305 dage efter kælvning. Der skal være mere end otte dage mellem hhv. to alarmer for den nye fænotype eller to behandlinger, for at de begge tæller med i summen af hhv. alarmer for den nye fænotype og behandlinger.

De tre systematiske effekter i modellerne for den nye fænotype og mastitisbehandlinger er 'kælvningsalder', 'år × måned for første kælvning' og 'besætningsnummer'. Den eneste tilfældige effekt i modellerne er 'dyr'.

Heritabiliteterne for den nye fænotype og mastitisbehandlinger er meget lave i alle tre perioder, uanset om egenskaberne er defineret som en sum eller som en 0/1-egenskab (Tabel 7). I den tidlige periode er de genetiske korrelationer lave, og middelfejlene er meget store. I den sene periode og i hele perioden er de genetiske korrelationer positive og meget høje, og middelfejlene er væsentlig mindre end i den tidlige periode.

Tabel 7. Genetiske og fænotypiske parametre for summen af alarmer for den nye fænotype og mastitisbehandlinger med middelfejl i parentes.

Egenskab, periode	$h^2$ Ny fænotype	$h^2$ Behandling	$r_g$	$r_p$
Sum, 0 – 50 DIM	0,006 (0,004)	0,001 (0,002)	0,18 (0,86)	0,10
0/1, 0 – 50 DIM	0,004 (0,003)	0,001 (0,002)	-0,10 (0,86)	0,09
Sum, 51 – 305 DIM	0,013 (0,006)	0,015 (0,006)	1,00 (0,17)	0,11
0/1, 51 – 305 DIM	0,004 (0,003)	0,012 (0,005)	1,00 (0,39)	0,10
Sum, 0 – 305 DIM	0,016 (0,005)	0,011 (0,004)	0,97 (0,14)	0,09
0/1, 0 – 305 DIM	0,004 (0,003)	0,008 (0,004)	1,00 (0,30)	0,07

Den genetiske korrelation mellem summen af alarmer for den nye fænotype i den tidlige periode og summen af mastitisbehandlinger i den sene periode er positiv og moderat (0,47; Tabel 8). De øvrige genetiske korrelationer er positive og meget høje (0,99 til 1,00) og fastlagt med meget store middelfejl.

Tabel 8. Genetiske korrelationer mellem summen af alarmer for den nye fænotype og summen af mastitisbehandlinger med middelfejl i parentes

Egenskab, periode	Ny fænotype, 51 - 305 DIM	Behandlinger, 51 – 305 DIM
Ny fænotype, 0 – 50 DIM	1,00 (0,30)	0,47 (0,35)
Behandlinger, 0 – 50 DIM	1,00 (0,54)	0,99 (0,96)

De fænotypiske korrelationer mellem summen af alarmer for den nye fænotype og summen af mastitisbehandlinger i den tidlige og den sene periode er lave (Tabel 9).

Tabel 9. Fænotypiske korrelationer mellem summen af alarmer for den nye fænotype og summen af mastitisbehandlinger.

Egenskab, periode	Ny fænotype, 51 - 305 DIM	Behandlinger, 51 – 305 DIM
Ny fænotype, 0 – 50 DIM	-0,07	-0,04
Behandlinger, 0 – 50 DIM	-0,01	0,05

Den genetiske korrelation mellem alarmer for den nye fænotype (0/1-egenskab) i den tidlige periode og mastitisbehandlinger (0/1-egenskab) i den sene periode er positiv og moderat (0,44; Tabel 10). Den genetiske korrelation mellem mastitisbehandlinger (0/1-egenskab) i den tidlige og den sene periode er positiv og høj (0,83), og på niveau med de genetiske korrelationer, der er estimeret mellem den tidlige og den sene

periode i yversundhedsindekset (efter samtale med Ulrik Sander Nielsen). De øvrige genetiske korrelationer er positive og meget høje (1,00) og fastlagt med meget store middelfejl.

Tabel 10. Genetiske korrelationer mellem alarmer for den nye fænotype og mastitisbehandlinger begge defineret som en 0/1-egenskab med middelfejl i parentes.

Egenskab, periode	Ny fænotype, 51 - 305 DIM	Behandlinger, 51 – 305 DIM
Ny fænotype, 0 – 50 DIM	1,00 (0,63)	0,44 (0,37)
Behandlinger, 0 – 50 DIM	1,00 (1,07)	0,83 (0,83)

De fænotypiske korrelationer mellem alarmer for den nye fænotype (0/1-egenskab) og mastitisbehandlinger (0/1-egenskab) i den tidlige og den sene periode er lave (Tabel 11).

Tabel 11. Fænotypiske korrelationer mellem alarmer for den nye fænotype og mastitisbehandlinger begge defineret som en 0/1-egenskab.

Egenskab, periode	Ny fænotype, 51 - 305 DIM	Behandlinger, 51 – 305 DIM
Ny fænotype, 0 – 50 DIM	-0,07	-0,04
Behandlinger, 0 – 50 DIM	-0,03	0,04

De estimerede genetiske og fænotypiske parametre afviger fra det, vi havde forventet. Eksempelvis havde vi forventet, at heritabiliteten for mastitisbehandlinger defineret som en 0/1-egenskab ville være omkring 0,04. De heritabiliteter, der er estimeret i denne undersøgelse, er væsentligt lavere. De lave heritabiliteter for mastitisbehandlinger skyldes muligvis en lavere forekomst i denne undersøgelse end i tidligere undersøgelser. Vi havde tillige forventet, at de genetiske korrelationer mellem den nye fænotype og mastitisbehandlinger ville være positive, men lavere end 1. Det virker ikke troværdigt, at de genetiske korrelationer er så høje, når de to mål er udtryk for forskellige egenskaber, dvs. den nye fænotype inkluderer en andel af de kliniske og subkliniske mastitistilfælde og mastitisbehandlinger inkluderer en andel af de kliniske mastitistilfælde.

### **Model for gennemsnittet af hhv. alarmer for den nye fænotype og mastitisbehandlinger**

En mulig årsag til at resultaterne ikke er som forventet kunne være, at køerne ikke har lige mange dage med data. Hvis der er information om en ko i 305 dage, vil der alt andet lige være større risiko for, at den får en alarm for den nye fænotype, end hvis der kun er information i f.eks. 45 dage. Det samme gælder risikoen for en mastitisbehandling, idet der kun er medtaget behandlinger på de dage, hvor der er information om koen fra malkerobotten. En måde at overkomme udfordringerne med forskellige antal dage med data er at bruge gennemsnittet af hhv. alarmer for den nye fænotype og mastitisbehandlinger som responsvariable og antal dage med data som en vægt i modellen. De systematiske og tilfældige effekter i modellen er de samme som beskrevet i afsnittet for summen af hhv. alarmer for den nye fænotype og mastitisbehandlinger.

Heritabiliteterne er meget lave for gennemsnittet af antal alarmer for den nye fænotype og gennemsnittet af mastitisbehandlinger på nær for gennemsnittet af mastitisbehandlinger i den sene periode (0,02; Tabel 12). Den genetiske korrelation mellem gennemsnittet af antal alarmer for den nye fænotype og gennemsnittet af mastitisbehandlinger i den tidlige periode er positiv og moderat (0,36), mens den genetiske korrelation mellem gennemsnittet af antal alarmer for den nye fænotype og gennemsnittet af mastitisbehandlinger i den sene periode er negativ og høj (-0,92). Der er ikke nogen umiddelbar forklaring på, hvorfor denne korrelation er negativ.

Tabel 12. Fænotypiske og genetiske parametre for gennemsnittet af antal alarmer for den nye fænotype og gennemsnittet af mastitisbehandlinger med middelfejl i parentes. Residualen er vægtet med antal dage med data.

Periode	$h^2$ Gns. ny fænotype	$h^2$ Gns. behandlinger	$r_g$	$r_p$
0 – 50 DIM	0,0003 (0,0002)	0,0001 (0,0002)	0,36 (0,55)	0,06
51 – 305 DIM	0,0001 (0,0000)	0,0186 (0,0009)	-0,92 (0,10)	0,15
0 – 305 DIM	0,0004 (0,0001) <sup>*</sup>	0,0022 (0,0002) <sup>*</sup>	0,51 (0,09) <sup>*</sup>	0,04 <sup>*</sup>

<sup>\*</sup> Ikke konvergeret efter 200 iterationer.

Responsvariablene er ikke normalfordelte, og derfor kvadratrodstransformeres responsvariablene. Residualen er vægtet med antal dage med data som beskrevet i modellen ovenfor. Heritabiliteterne for det kvadratrodstransformerede gennemsnit af antal alarmer for den nye fænotype er lave til moderate (0,005 til 0,13), mens heritabiliteterne for det kvadratrodstransformerede gennemsnit af antal mastitisbehandlinger er lave til meget høje (0,02 til 0,98; Tabel 13). De genetiske korrelationer er positive og lave for alle tre perioder.

Tabel 13. Fænotypiske og genetiske parametre for det kvadratrodstransformerede gennemsnit af hhv. antal alarmer for den nye fænotype og mastitisbehandlinger med middelfejl i parentes. Residualen er vægtet med antal dage med data.

Periode	$h^2$ Gns. ny fænotype	$h^2$ Gns. behandlinger	$r_g$	$r_p$
0 – 50 DIM	0,13 (0,01)	0,98 (0,15)	0,10 (0,01)	-0,10
51 – 305 DIM	0,01 (0,00)	0,11 (0,01)	0,17 (0,01)	-0,03
0 – 305 DIM	0,005 (0,000)	0,02 (0,00)	0,19 (0,02)	-0,03

De genetiske korrelationer mellem det kvadratrodstransformerede gennemsnit af antal alarmer for den nye fænotype og mastitisbehandlinger i den tidlige og den sene periode er lave (Tabel 14).

Tabel 14. Genetiske korrelationer mellem det kvadratrodstransformerede gennemsnit af hhv. antal alarmer for den nye fænotype og mastitisbehandlinger i tidlig og sen periode med middelfejl i parentes.

	Ny fænotype, 51 – 305 DIM	Behandlinger, 51 – 305 DIM
Ny fænotype, 0 – 50 DIM	-0,08 (0,02)	-0,10 (0,02)

Behandlinger, 0 – 50 DIM

-0,03 (0,02)\*

0,06 (0,01)\*

\* Ikke konvergeret efter 200 iterationer.

Når residualen er vægtet med antal dage med data, giver DMU heritabiliteten for én dag. På den baggrund vægtes residualen med antal dage med data divideret med det halve antal dage i perioden, f.eks. 25 i perioden fra 0 til 50 dage efter kælvning. I dette tilfælde er responsvariablene ikke transformerede. Heritabiliteterne er lave for begge egenskaber på nær for mastitisbehandlinger i perioden fra 51 til 305 dage efter kælvning (Tabel 15). Den genetiske korrelation er positiv og moderat i den tidlige periode (0,36), positiv og meget høj i den sene periode (0,97) og positiv og lav i hele perioden (0,19). De fænotypiske korrelationer er lave i alle tre perioder.

Tabel 15. Fænotypiske og genetiske parametre for gennemsnittet af antal alarmer for den nye fænotype og gennemsnittet af mastitisbehandlinger med middelfejl i parentes. Residualen er vægtet med antal dage med data divideret med det halve antal dage i perioden.

Periode	h <sup>2</sup> Gns. ny fænotype	h <sup>2</sup> Gns. behandlinger	r <sub>g</sub>	r <sub>p</sub>
0 – 50 DIM	0,007 (0,004)	0,003 (0,004)	0,36 (0,56)	0,07
51 – 305 DIM	0,022 (0,005)	0,330 (0,000)	0,97 (0,06)	0,09
0 – 305 DIM	0,005 (0,000)	0,015 (0,001)	0,19 (0,02)	-0,03

Der er 492 køer, der bliver flyttet i løbet af første laktation. Resultaterne i Tabel 16 er baseret på et datasæt, der kun inkluderer observationer fra den første besætning, der opsamles data fra, dvs. observationer efter, at koen er flyttet til en anden besætning, er slettet. Dette er det eneste, der adskiller resultaterne i Tabel 15 og Tabel 16. Det er kun estimerne fra den sene periode og hele perioden, der ændrer sig (Tabel 16). Heritabiliteterne stiger betydeligt for begge egenskaber, og de genetiske korrelationer mellem egenskaberne er på samme niveau som for den tidlige periode.

Tabel 16. Fænotypiske og genetiske parametre for gennemsnittet af antal alarmer for den nye fænotype og gennemsnittet af mastitisbehandlinger med middelfejl i parentes. Observationer efter at koen er flyttet til en anden besætning er slettet. Residualen er vægtet med antal dage med data divideret med det halve antal dage i perioden.

Periode	h <sup>2</sup> Gns. ny fænotype	h <sup>2</sup> Gns. behandlinger	r <sub>g</sub>	r <sub>p</sub>
0 – 50 DIM	0,007 (0,005)	0,003 (0,004)	0,35 (0,60)	0,07
51 – 305 DIM	0,22 (0,02)	0,70 (0,01)	0,30 (0,03)	0,13
0 – 305 DIM	0,29 (0,02)	0,58 (0,01)	0,32 (0,03)	0,12

Kvadratrodstransformationen er muligvis ikke den rette transformation, og derfor blev responsvariablene transformeret vha. proc transreg, der finder den transformation, der passer bedst til data. Residualen er vægtet med antal dage med data divideret med det halve antal dage i perioden. Heritabiliteterne er høje til

meget høje for begge egenskaber i alle tre perioder (Tabel 17). Dette gælder især for den nye fænotype. De genetiske og fænotypiske korrelationer er lave til moderate i alle tre perioder.

Tabel 17. Fænotypiske og genetiske parametre for det transformerede gennemsnit af antal alarmer for den nye fænotype og gennemsnittet af mastitisbehandlinger med middelfejl i parentes. Residualen er vægtet med antal dage med data divideret med det halve antal dage i perioden.

Periode	$h^2$ Gns. ny fænotype	$h^2$ Gns. behandlinger	$r_g$	$r_p$
0 – 50 DIM	0,98 (0,01)	0,38 (0,00)	0,15 (0,00)	0,03
51 – 305 DIM	0,82 (0,01)	0,28 (0,22)	0,36 (0,08)	0,25
0 – 305 DIM	0,65 (0,02)	0,52 (0,21)	0,22 (0,05)	0,23

### Gentagelsesmodel for hhv. alarmer for den nye fænotype og mastitisbehandlinger

En anden måde at overkomme udfordringerne med forskellige antal dage med data er at bruge en gentagelsesmodel. I gentagelsesmodellen defineres alarmerne for den nye fænotype og mastitisbehandlinger som 0/1-egenskaber med en linje for hver dag, koen malkes i robotten. Heritabiliteterne for den nye fænotype og mastitisbehandlinger er meget lave i den tidlige periode, når data analyseres med en gentagelsesmodel (Tabel 18). Den genetiske korrelation er høj, og middelfejlen er stor.

Tabel 18. Heritabiliteter for (på diagonalen) og den genetiske korrelation (over diagonalen) mellem den nye fænotype og mastitisbehandlinger. Middelfejlen for den genetiske korrelation er præsenteret i parentes.

Egenskab, periode	Ny fænotype, 0 – 50 DIM	Behandlinger, 0 – 50 DIM
Ny fænotype, 0 – 50 DIM	0,00005	0,87 (0,70)
Behandlinger, 0 – 50 DIM		0,00024

### Forskelle mellem tyre

Døtregruppernes gennemsnitlige antal alarmer for den nye fænotype og gennemsnitlige antal mastitisbehandlinger kan give en indikation af, om der er forskelle mellem tyrene. I denne undersøgelse er der anvendt data fra 0 til 50 dage efter kælvning, og der er ikke fundet signifikante forskelle mellem tyrene for de to egenskaber (Tabel 19).

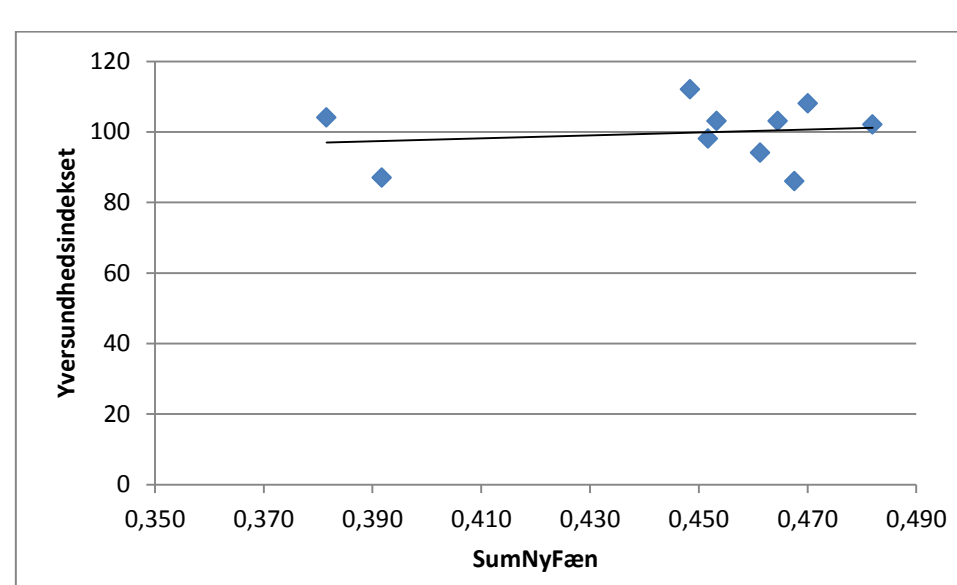
Tabel 19. Døtregruppernes gennemsnitlige antal alarmer for den nye fænotype og gennemsnitlige antal mastitisbehandlinger samt yversundhedsindekset for ti tyre med mere end 250 døtre i perioden 0 til 50 dage efter kælvning.

Stambogsnr.	Antal døtre	SumNyFæn	Std afv, SumNyFæn	SumBeh	Std afv, SumBeh	Yversundheds- indekset
248199	289	0,453	0,650	0,028	0,164	103



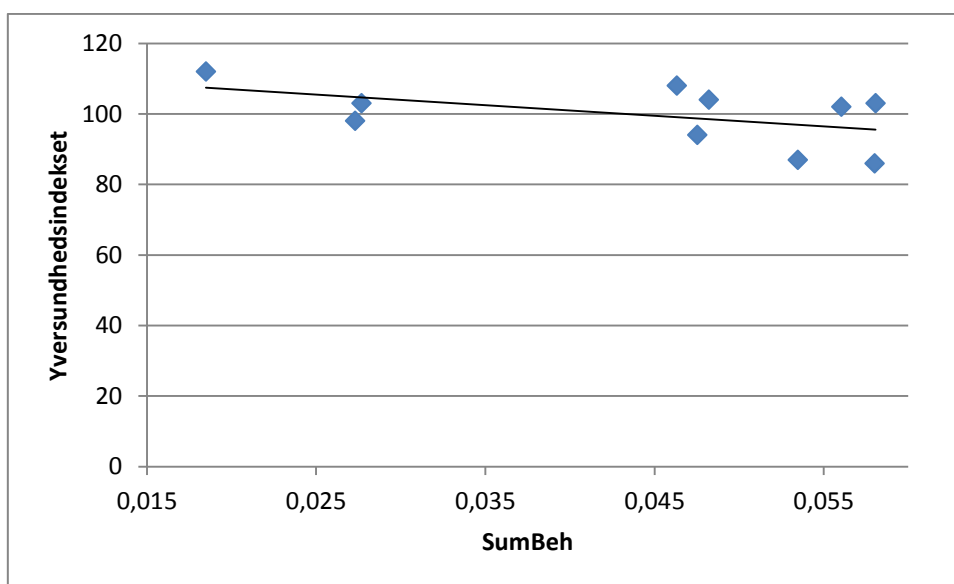
247385	293	0,468	0,719	0,058	0,234	86
248938	310	0,465	0,666	0,058	0,248	103
248700	476	0,452	0,655	0,027	0,163	98
48202	568	0,461	0,641	0,048	0,237	94
249155	649	0,448	0,639	0,018	0,135	112
92980	726	0,382	0,609	0,048	0,214	104
248975	748	0,392	0,617	0,053	0,231	87
248526	803	0,482	0,707	0,056	0,246	102
248715	885	0,470	0,673	0,046	0,221	108

Sammenhængene mellem på den ene side døtregruppernes gennemsnitlige antal alarmer for den nye fænotype eller deres gennemsnitlige antal mastitisbehandlinger og på den anden side yversundhedsindekset for tyrene kan give en indikation af, om det er data eller modellerne, der skaber problemer i forhold til at estimere genetiske parametre. For de ti tyre i datasættet med mere end 250 døtre er der ingen eller en meget svag, positiv sammenhæng mellem døtregruppernes gennemsnitlige antal alarmer for den nye fænotype og yversundhedsindekset (Figur 8). Det vil sige, jo flere alarmer for den nye fænotype des højere yversundhedsindeks. Det ville have været mere logisk, hvis sammenhængen havde været negativ.



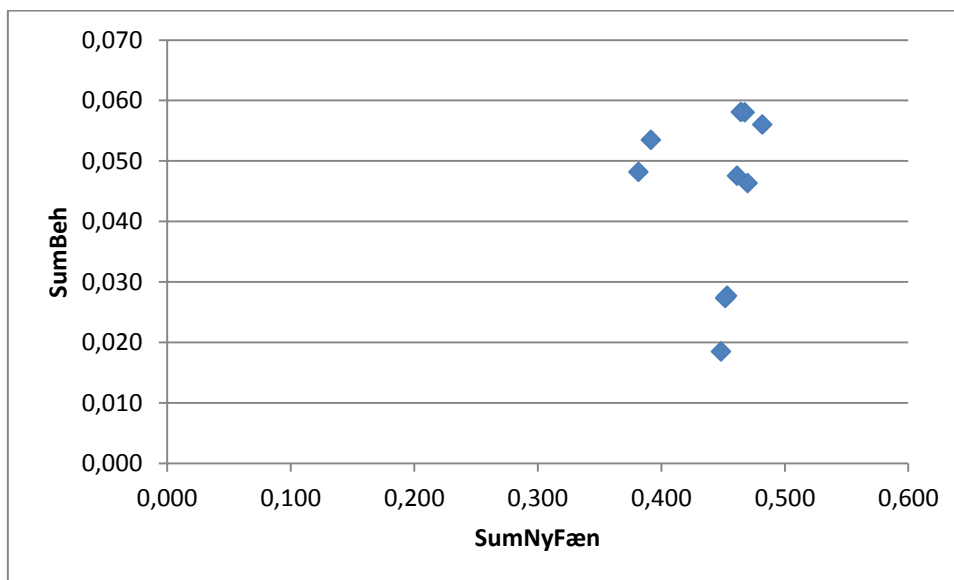
Figur 8. Sammenhængen mellem døtregruppernes gennemsnitlige antal alarmer for den nye fænotype og yversundhedsindekset for ti tyre med mere end 250 døtre i perioden 0 til 50 dage efter kælvning.

Der er en svag, negativ sammenhæng mellem døtregruppernes gennemsnitlige antal mastitisbehandlinger og yversundhedsindekset for de ti tyre i datasættet med mere end 250 døtre i perioden 0 til 50 dage efter kælvning (Figur 9). Dette er forventeligt, idet yversundhedsindekset er beregnet ud fra behandlingsdata.



Figur 9. Sammenhængen mellem det døtregruppernes gennemsnitlige antal mastitisbehandlinger og yversundhedsindekset for ti tyre med mere end 250 døtre i perioden 0 til 50 dage efter kælvning.

Der er ikke nogen klar sammenhæng mellem døtregruppernes gennemsnitlige antal alarmer for den nye fænotype og deres gennemsnitlige antal mastitisbehandlinger (Figur 10).



Figur 10. Sammenhængen mellem det døtregruppernes gennemsnitlige antal alarmer for den nye fænotype og deres gennemsnitlige antal mastitisbehandlinger for ti tyre med mere end 250 døtre i perioden 0 til 50 dage efter kælvning.

Det har desværre ikke været muligt at analysere data, så der opnås troværdige genetiske og fænotypiske parametre. En mulig årsag til dette kan være hullerne i data fra malkerobotterne. I ovenstående beregninger

er der kun medtaget behandlinger på de dage, hvor der er information om koen fra malkerobotten. Dette reducerer det gennemsnitlige antal mastitisbehandlinger. Eksempelvis er det gennemsnitlige antal mastitisbehandlinger 0,12 i perioden fra 0 til 100 dage, når alle behandlinger medtages, uanset om koen har data fra malkerobotten eller ej, og det gennemsnitlige antal mastitisbehandlinger er 0,05 i perioden fra 0 til 100 dage, når der kun medtages de behandlinger, der foretages på en dag, hvor koen har data fra malkerobotten. I begge tilfælde er egenskaben defineret som en 0/1-egenskab.

## Huller i data fra malkerobotterne

Der er forholdsvis mange huller i data, dvs. kortere eller længere perioder, hvor vi ikke har information fra malkerobotterne (Tabel 20). Disse huller i data kan være tilfældige eller systematiske. Nogle huller i data kan skyldes, at ydelseskontrollanten af den ene eller den anden grund ikke har overført data fra besætningen til kvægdatabasen. Dette rammer alle køer, der malkes i den pågældende robot. Andre huller i data kan skyldes, at landmanden flytter køerne til en sygeboks, når de bliver syge.

Tabel 20. Antal observationer hvor der er huller i data.

Editeringsregler	Antal observationer
Det samlede datasæt	3.486.706
Afstanden til den efterfølgende observation er 1 dag eller den sidste observation inden for ko (Ingen huller i data)	3.460.381
Observationer der udgår, fordi koen flyttes til en anden besætning	492
Afstanden til den efterfølgende observation er >1 dag inden for ko	25.833
Hullet i data starter med en ydelseskontrol og afstanden til den efterfølgende observation er den samme inden for besætning +/- 2 dage (Huller i data pga. ydelseskontrol)	17.390
Antal køer med huller i data inden for den samme besætning og på den samme dato er >10 (Stor gruppe med huller i data)	2.320
Det resterende antal observationer (Huller i data pga. sygdom)	6.123

Det var forventeligt, at afstanden mellem to observationer er omkring 30 dage for datasættet med huller i data pga. ydelseskontrol, da det svarer til afstanden mellem to ydelseskontroller (Tabel 21). Antal alarmer for den nye fænotype har samme niveau i datasættene med huller i data pga. ydelseskontrol og sygdom. Det skyldes formentlig ikke, at køerne er mere syge i datasættet med huller i data pga. ydelseskontrol end i datasættet uden huller i data, men at de kun kan få en alarm for SCS på de dage, hvor de er ydelseskontrolleret. Dette underbygges af, at antal alarmer for den nye fænotype på den næstsidste dag med data inden et hul i data og ledningsevne på den sidste dag med data inden et hul i data er på samme niveau i datasættet med huller i data pga. ydelseskontrol og i datasættet uden huller i data.

I datasættet med huller i data pga. sygdom er afstanden mellem to observationer kort (3 dage), og det er kun få køer inden for den samme besætning, der har huller i data på den samme dato (2 køer). Der er grund til at

tro, at køerne i dette datasæt er syge, idet antal mastitisbehandlinger, antal alarmer for den nye fænotype og ledningsevnen er høj. Hullerne i data skyldes formentlig, at køerne flyttes til en sygeboks. Ifølge Snorri Sigurdsson fra SEGES Kvæg er tilbageholdelsestiden for det mest anvendte antibiotikum til behandling af mastitis 72 timer, og det er det ikke ualmindeligt, at kvægbrugerne flytter køer, der er i antibiotikabehandling, til en sygeboks, idet det forbedrer dyrevelfærden, eliminerer risikoen for, at der kommer medicinrester i mælken, og sparer tid i malkerobotten. Sidstnævnte skyldes, at malkerobotten skal vaskes ekstra grundigt igennem, efter at en behandlet ko er blevet malket, og dette vaskeprogram tager lige så lang tid, som det tager at malke fire køer.

Datasættet, hvor en forholdsvis stor gruppe af dyr inden for den samme besætning har huller i data på den samme dag, virker som en mellemting mellem datasættene med huller i data pga. ydelseskontrol og sygdom. Der er store standardafvigelser på alle gennemsnit i Tabel 21.

Tabel 21. Det gennemsnitlige antal dage mellem to observationer, antal dyr med huller i data, antal mastitisbehandlinger, antal alarmer for den nye fænotype og forhold mellem kirtlen med den højeste og den laveste ledningsevne på den sidste eller næstsidste dag med data inden et hul i data eller på dage uden huller i data. Standardafvigelser er præsenteret i parentes.

Datasæt	Afstand ml. obs. i dage	Antal dyr	Behandlet	Den nye fænotype	Den nye fænotype, dagen før	Ledningsevne
Huller i data pga. ydelseskontrol	33 (33)	47 (27)	0,0002 (0,0152)	0,014 (0,119)	0,009 (0,092)	1,05 (0,07)
Stor gruppe med huller i data	21 (27)	44 (16)	0,0017 (0,0416)	0,006 (0,078)	0,008 (0,088)	1,05 (0,06)
Huller i data pga. sygdom	3 (5)	2 (1)	0,0029 (0,0538)	0,013 (0,112)	0,020 (0,139)	1,12 (0,17)
Ingen huller i data	1 (0)	-	0,0005 (0,0216)	0,009 (0,093)	0,009 (0,093)	1,06 (0,08)

## Konklusion

Et af formålene med dette projekt var at definere et mere objektive mål for, om koen har mastitis samt at undersøge om anvendelsen af dette objektive mål øger arvbarheden og dermed sikkerheden på avlsværditalene for yversundhed. I projektet er der blevet defineret en ny fænotype for mastitis vha. data fra malkerobotterne, men det har desværre ikke været muligt at analysere data, så der opnås troværdige genetiske og fænotypiske parametre for den nye fænotype. Af den årsag har det heller ikke været muligt at prædikere avlsværdital samt vise, om den nye fænotype øger arvbarheden og dermed sikkerheden på avlsværditalene for yversundhed. En mulig forklaring på, at det ikke været muligt at opnå troværdige estimater, kan være hullerne i data fra malkerobotterne. Nogle af hullerne i data skyldes, at ydelseskontrollanten ikke overfører data fra malkerobotten til kvægdatabase. Disse huller i data rammer alle køer, der malkes i den pågældende robot. Det er formentlig i mindre grad dem, der skaber problemer i forhold til estimeringen af genetiske parametre. Der er imidlertid grund til at tro, at der også er huller i data pga. sygdom. Disse kan skyldes, at landmanden flytter køerne til en sygeboks, når de bliver syge. Disse huller i data skaber formentlig en bias i data.

Hullerne i data er også problematiske i forhold til udglatningsmodellerne, idet modellerne har brug for nogle dage med data for at kunne give en præcis prædiktion for den efterfølgende dag. Modellerne giver derfor færrest falske alarmer, når der anvendes data uden huller.

Et andet formål med projektet var at undersøge, om nogle af registreringerne fra malkerobotterne kan bruges som indikatorer i avlsværdiurderingen for yversundhed på samme måde, som vi bruger celledetal i dag. Som følge af de lave heritabiliteter for summen af alarmer for de enkelte egenskaber og de lave til moderate genetiske korrelationer mellem summen af alarmer for de enkelte egenskaber og mastitisbehandlinger kan alarmerne ikke bruges som indikatoregenskaber i den nuværende avlsværdiurdering for yversundhed, dvs. metode 2 kan ikke anbefales.

## Appendiks

### Implementering af resultaterne

Nordisk Avlsværdivurdering, som foretager avlsværdivurdering i Danmark, Sverige og Finland, er ansvarlige for den eventuelle implementering af resultaterne fra projektet i det praktiske kvægavlsarbejde.

### Formidling af resultaterne

Resultaterne fra projektet vil blive formidlet i relevante fagblade i regi af SEGES Kvæg.

### Ændringer i forhold til den oprindelige ansøgning

Avlsværditallet for fordøjelses- og stofskiftelidelser indgår i indekset for øvrige sygdomme og er i dag baseret på kliniske behandlinger af en række fordøjelses- og stofskiftelidelser herunder ketose og mælkefeber. Arvbarheden for disse sygdomsbehandlinger er lav, og sikkerheden på avlsværditalle er derfor kun 50 til 70 pct. for afprøvede tyre.

I ansøgningen står der, at formålet med projektet bl.a. er at øge sikkerheden på avlsværditalle for fordøjelses- og stofskiftelidelser ved at anvende nye data. Vægtfald og kortere tyggetid kan være indikatorer for sygdom, men de er ikke udelukkende indikatorer for fordøjelses- og stofskiftelidelser. Specifikke indikatorer for fordøjelses- og stofskiftelidelser vil i højere grad kunne findes i data fra sundhedsrådgivningen og ydelseskontrollen. Ulempen ved disse typer af data er, at de i modsætning til vægt og tyggetid ikke registres dagligt. Den metode, der er udviklet i dette projekt, vil kunne bruges til at inddrage vægt og tyggetidsdata i avlsværdivurderingen af fordøjelses- og stofskiftelidelser, mens data fra sundhedsrådgivningen og ydelseskontrollen vil kræve et andet metodevalg. Af tidsmæssige årsager har vi ikke undersøgt andre metoder end eksponentielle udglatningsmodeller, og vi har derfor valgt at udelade den del af projektet, der omhandler fordøjelses- og stofskiftelidelser, for i stedet at koncentrere os om at øge sikkerheden på avlsværditalle for yversundhed.

I projektet "Lavere frekvens af stofskifte- og lemmelidelser gennem avl", der er bevilliget af Promilleafgiftsfonden i 2015, vil metoder til at inddrage data fra sundhedsrådgivningen og ydelseskontrollen i avlsværdivurderingen blive undersøgt. Desuden kan metoden fra dette projekt anvendes til at inddrage data fra malkebotter i avlsværdivurderingen af fordøjelses- og stofskiftelidelser.