

Phenotypic and genetic analysis of functional traits in dairy cattle under experimental management system

Doctoral Thesis

Author(s):

Karacaören, Burak

Publication date:

2006

Permanent link:

<https://doi.org/https://doi.org/10.3929/ethz-a-005271326>

Rights / license:

[In Copyright - Non-Commercial Use Permitted](#)

Diss. ETH No. 16792

**Phenotypic and Genetic Analysis of Functional Traits in Dairy
Cattle under Experimental Management System**

A dissertation submitted to the
SWISS FEDERAL INSTITUTE OF TECHNOLOGY ZURICH
for the degree of
DOCTOR of SCIENCES

presented by
BURAK KARACAÖREN
MSc, University of AKDENIZ
born 20th of August 1977

Citizen of
REPUBLIC of TURKEY

Accepted on the recommendation of
Prof. Dr. Haja N. KADARMIDEEN, examiner
Dr. Florence JAFFRÉZIC, co-examiner
Dr Luc L.G. JANSS, co-examiner

Zurich 2006

ABSTRACT

The main aim of the thesis was to investigate phenotypic and genetic properties of, and relationships among functional traits; milk yield (MY), milking speed (MS), dry matter intake (DMI), body weight (BW), and body condition score (BCS). To investigate these issues data were obtained from first lactation records of dairy cows stationed at the Chamau research farm of the Swiss Federal Institute of Technology, Switzerland over the period of April 1994-2004 ($n=320$). In addition body condition scoring was done by Swiss Holstein Breeding Association, during May 2004- March 2005 for 7 times ($n=55$). Type traits were evaluated for Holstein cows ($n=28$). For comparisons of different statistical methodologies, simulations were made.

Quadratic random regression models were used to investigate changes of heritabilities and genetic correlations among functional traits on daily bases. Estimated heritabilities varied from 0.18 to 0.30 ($\bar{h}^2=0.24$) for MY, 0.003 to 0.098 ($\bar{h}^2=0.03$) for MS, 0.22 to 0.53 ($\bar{h}^2=0.43$) for BW and, 0.12 to 0.34 ($\bar{h}^2=0.23$) for DMI. Estimated genetic correlations varied from 0.31 to 0.41 between MY and MS, -0.47 to 0.29 between MY and DMI, -0.60 to 0.54 between MY and BW, 0.17 to 0.26 between MS and DMI, -0.18 to 0.25 between MS and BW and -0.89 to 0.29 between DMI and BW. Results on daily genetic variance-covariance of many functional traits are reported for the first time and would be useful when constructing selection indices for more than one trait, based on longitudinal genetic parameters.

Principal component analyses with correlation matrix was used to find the relationship among BCS, MY, MS, DMI and BW and other fixed effects including breed, year at calving, season, parity and year-season interaction. It was found that for all functional traits first four principal components explained more than 70% of the total variation. It was found that trading loss of accuracy using principal components scores instead of explanatory variables benefited reduction of dimension of explanatory variables and broke collinearity. Relationship among type traits and functional traits were also investigated. Results showed that first four principal components were informative enough except for MS and DMI. Clustering analyses was performed based on different linkage methods; MY was associated with MS and DMI in the same cluster which could be expected because each cow was by fed by her MY

performance. BCS was correlated with BW and all these functional traits are related with mean lactation curve.

To investigate existence of major gene for milk yield, milking speed, dry matter intake, and body weight Gibbs sampling was used to make statistical inferences on posterior distributions; inferences were based on single run of the Markov chain for each trait with 500000 Gibbs samples, with each 10th sample collected due to the high correlation among the samples. Posterior mean (and SD) of major gene variance for MY was 2.61 (2.46), for MS was 0.83 (1.26), for DMI was 4.37 (2.34) and for BW was 2056.43 (665.67). Highest posterior density regions for all three traits did not include zero except MS, which supported the evidence for major gene. With additional tests for agreement with Mendelian transmission probabilities, we could only confirm the existence of major gene for MY, but not for MS, DMI and BW.

Usefulness of Kalman Filter (KF) Random Walk methodology (KF-RW) was investigated. Benefits of KF were demonstrated using recursive least squares and random walk models. Breeding values were predicted over days in milk for BCS by KF-RW. Effect of different number of subjects and number of observations per subject to estimates of variance components and states were investigated. Fifty subjects with 10 observations each, started to gave reasonable estimates. Since KF gives online estimation of breeding values and does not need to store or invert matrices, this methodology could be useful in animal breeding industry for obtaining online estimation of breeding values over DIM.

ZUSAMMENFASSUNG

Ziel dieser Theis war es, phenotypische und genetische Beziehungen zwischen den folgenden funktionellen Eigenschaften zu untersuchen: Milchmenge (MY), Melkgeschwindigkeit (MS), Trockenfutteraufnahme (DMI) und Körpergewicht (BW), and body condition score (BCS). Um diese Bereiche zu untersuchen wurden Daten von der ersten Melkung von Milchkühen gesammelt, die in der Chamau Untersuchungs Farm des Eidgenössischen Schweizer Technologie Instituts stationiert waren. Die Daten wurden während der Periode vom April 1994-2004 ($n=320$) erhoben. Alle genannten Eigenschaften wurden täglich erhoben. Dabei wurden automatische Maschinen verwendet. Zusätzlich zu diesen Daten Erhebungen wurde von Mai 2004 - März 2005 von der Schweizerischen Holstein Zucht Vereinigung ein body condition scoring 7 Mal ($n=55$) gemacht. Die Eigenschaften der Typen wurden für die Holstein Kühe evaluiert ($n=26$). Um die verschiedenen statistischen Methoden zu vergleichen, wurden Simulationen gemacht.

Um die Veränderungen von vererbten Eigenschaften und genetischen Korrelationen zwischen Funktionellen Eigenschaften auf einer täglichen Basis zu untersuchen wurden quadratische random regression models verwendet. Die geschätzten vererbten Eigenschaften variierten von 0.18 bis 0.30 ($\bar{h}^2=0.24$) für MY, 0.003 bis 0.098 ($\bar{h}^2=0.03$) für MS, 0.22 bis 0.53 ($\bar{h}^2=0.43$) für BW und 0.12 bis 0.34 ($\bar{h}^2=0.23$) für DMI. Ein permanenter Effekt von der Umwelt wurde in beiden Modellen (Uni- und Bi-variant) gefunden. Aber es wurde angenommen, das er konstant sei beim Schätzen von manchen genetischen Korrelationen wegen den Konvergenz Problemen. Die geschätzten genetischen Korrelationen variierten von 0.31 bis 0.41 zwischen MY und MS, -0.47 bis 0.29 zwischen MY und DMI, -0.60 bis 0.54 zwischen MY und BW, 0.17 bis 0.26 zwischen MS und DMI, -0.18 bis 0.25 zwischen MS und BW und -0.89 bis 0.29 zwischen DMI and BW. Genetische Korrelationen für MY, MS, DMI und BW beim Kalben bis zu der Mitte des Laktations (Milchspende, Säugen) nahmen monoton ab zu 0.40, 0.36, 0.14 und 0.36 und nahmen am Ende des Säugens ab zu den Werten -0.06, 0.23, -0.07 respektiv 0.09. Die Resultate der täglichen genetischen Varianz-Kovarianz von vielen funktionellen Eigenschaften wurden das erste mal berichtet. Es wäre sinnvoll Selektions Indices zu konstruieren, die für mehr al seine Eigenschaft benutzt werden können und auf longitudinalen genetischen Parametern beruhen.

Die Prinzipal Komponenten Analyse mit Korrelations Matrizen wurde benutzt, um die Verhältnisse zwischen BCS, MY, MS, DMI, BW und anderen fixierten Effekten zu finden. Dazu gehören Zucht, Jahr beim Kalbens (Alter beim Kalben), Jahreszeit und Jahr – Jahreszeit Interaktion. Es wurde gefunden, dass die ersten vier Prinzipal Komponenten über 70% der totalen Variation bei allen funktionellen Eigenschaften erklären. Die Determinationskoeffizienten der Prinzipal Komponenten Regression und der linearen Regression, die auf den erklärenden Variablen beruhen wurden verglichen. Es wurde gefunden, dass es einen Verlust an Exaktheit gibt durch das benutzen von den Prinzipal Komponenten Werten anstatt der erklärenden Variablen, die von der Reduktion der Dimension der erklärenden Variablen profitierten und die Kollinearität unterbrachen. Das Verhältnis zwischen den Typen Eigenschaften und den funktionellen Eigenschaften wurde auch untersucht. Die Resultate zeigten, dass die ersten vier Prinzipal Komponenten genug Informationen lieferten ausser für MS und DMI. Darum waren MS und DMI Vorhersagen nicht so exakt wie für BCS, MY, und BW. Um eine bestimmte Genauigkeit zu erreichen wurden mehr Prinzipal Komponenten benutzt. Eine Cluster Analyse wurde ausgeführt, die auf verschiedenen linkage Methoden beruhte. Die Resultate zeigten klare verständliche Muster der physiologischen Verhältnisse zwischen funktionellen Eigenschaften: weil die Daten aus dem experimentier Bauernhof kamen, bei der jede Kuh nach ihrer MY Performance gefüttert wurde und darum MY mit MS und DMI im selben Cluster verbunden wurde. BCS ist mit BW korreliert und alle diese funktionellen Eigenschaften wurden mit der mittleren Laktationskurve in Verbindung gebracht.

Um die Existenz eines dominanten Gens für die Milchmenge, Milchgeschwindigkeit, Trockenfutter Aufnahme und Körpergewichts zu untersuchen wurden Daten modelliert, die auf der simplen Wiederholbarkeit der Kovarianz Struktur beruhen. Die Daten wurden mit Hilfe der Bayer'schen Segregations- Analyse analysiert. Die Gibbs'sche Methode zur Stichprobengewinnung wurde benutzt, um statistische Inferenzen zu machen bezüglich posteriorer Verteilungen: die Inferenzen beruhen auf einem einmaligen Durchlaufen einer Markov Kette für jede Eigenschaft mit 500'000 Stichproben, wobei jede zehnte Stichprobe gesammelt wurde aufgrund der hohen Korrelation zwischen den Stichproben. Der posteriore Mittelwert (und die SD) der dominierenden Gen Varianz für MY waren 2.61 (2.46), für MS waren es 0.83 (1.26), für DMI waren es 4.37 (2.34) und für BW waren es 2056.43 (665.67). Die höchsten posteriore Dichte Regionen für alle drei Eigenschaften enthielt nicht das Null Ausnahme MS, welches den Beweis für ein dominantes Gen unterstützt. Mit zusätzlichen

Tests für die Übereinstimmung der Mendelschen Übertragungs Wahrscheinlichkeiten konnten wir nur die Existenz eines dominanten Gens für MY bestätigen aber nicht für MS, DMI und BW. Die erwarteten Mendelschen Übertragungs Wahrscheinlichkeiten und ihr Modell Fit wurden auch verglichen.

Die Brauchbarkeit der Kalman Filter (KF) Random Walk Methode (KF-RW) wurde untersucht. Die Vorteile des KF wurden gezeigt mit Hilfe der kleinsten Quadrate und des Random Walk Models. Die Aufzuchtswerte wurden vorhergesagt über days in milk von BCS durch den KF-RW. Die Wirkung wurde untersucht, die eine verschiedene Anzahl von Subjekten und Anzahl Beobachtungen pro Subjekt auf die Schätzungen der Varianz der Komponenten und Zustände hat. Der Schwellenwert für vernünftige Schätzungen lag bei 50 Subjekten mit je 10 Beobachtungen. Weil der KF online-Schätzungen der Aufzucht Werte gibt, ist es nicht nötig Matrizen zu speichern oder zu invertieren. Diese Methode könnte für die Tierzuchtindustrie brauchbar sein, um online-Schätzungen für die Aufzucht Werte über DIM zu erhalten.