

Partneriaeth Arloesi Ewrop (EIP) yng Nghymru

Asesu potensial profion genomig i heffrod llaeth i gynyddu'r gwelliant genynnol a'r elw ariannol

Adroddiad terfynol

Trevor Lloyd, Ty Mawr
Aled Morris, Marian Mawr
Aled Jones, Bwthyn Hendy
Rhys Jones, Old Llwyn Onn
Tom Bletcher, Argoed Hall
Dewi Jones, Llysfasi
Huw Jones, Pengwern
Giles Rowland, Bachymbyd Fawr
Ceredig Evans, Erw Fawr
Victoria Hicks, Kite Consulting
Will Jones, Kite Consulting
Neil Blackburn, Kite Consulting

Tachwedd 2020

Y prosiect yn gryno

- 432 o heffrod wedi cael prawf genomig yn 2018
- 21 o heffrod â'r tarw wedi ei gofnodi yn anghywir (4.9%)
- Cost cyfartalog magu heffrod i'r ffermydd a gymerodd ran oedd £1,420
- 15.4% o'r heffrod a brofwyd wedi methu cyrraedd diwedd eu llaethiad cyntaf
- Oedran cyfartalog wrth loea y tro cyntaf oedd 24.9 mis
- Perfformiad llaethiad cyntaf cyfartalog oedd 8,216kg a 100 diwrnod i gyfebu o 2.16 rhidiad
- Roedd y gostyngiad yn y £PLI ar gyfartaledd rhwng y dull traddodiadol â'r profion genomig o -£44 yn arwyddocaol
- Arweiniodd sefyllfa fridio ddamcaniaethol at 23% o heffrod yn cael eu magu yn anghywir, a arweiniodd at golli potensial £PLI o £6,914 i'r genhedlaeth nesaf
- Roedd y dyddiau hyd ffrwythloni a'r nifer o ridiadau yn dangos perthynas nes â'r mynegai ffrwythlondeb genomig na'r mynegai ffrwythlondeb traddodiadol (arwyddocaol yn ystadegol $p < .05$)
- Roedd y nifer o ddigwyddiadau SCC uchel wedi eu cysylltu yn nes â'r mynegai SCC genomig na'r mynegai SCC traddodiadol (arwyddocaol yn ystadegol $p < .05$), ond nid SCC cronol
- Dim gwahaniaeth yn y berthynas ar gyfer cynnyrch llaeth neu solidau rhwng y dull genomig a'r dull traddodiadol o fesur kg llaeth

Cefndir

Bwriad y prosiect hwn oedd ymchwilio i fanteision profi heffrod llaeth yn genomig. Yn hanesyddol, gwerth bridio tybiedig oedd yr unig wybodaeth oedd ar gael i ffermwyr i seilio eu penderfyniadau bridio arnynt. Dim ond 35% yn ddibynadwy yw'r cyfartaledd yma ar gyfer rhieni pan ddaw yn fater o ragweld perfformiad yn y dyfodol. Gan i brofi DNA genomig ddod ar gael yn fasnachol ym marchnad y Deyrnas Unedig sawl blwyddyn yn ôl, daeth cyfle i gynyddu dibynadwyedd gwerthoedd bridio o 35% i rhwng 60 a 70%.

Ond, mae profi genomig yn ychwanegu £25 i £30 ychwanegol at gostau magu, sy'n rhwystro sylweddoli na fydd yr anifeiliaid hyn yn dechrau 'talu yn ôl' eu costau magu hyd eu hail laethiad. O ganlyniad, mae angen i fantais ariannol profi anifeiliaid yn genomig fod yn un fesuradwy cyn y bydd nifer fawr yn troi at y dechnoleg flaengar hon.

Bwriad y prosiect hwn oedd deall beth yw mantais cost profi genomig ar sail gwybodaeth am gostau magu heffrod, proffil genynnol a chymharu'r berthynas rhwng cyfartaledd y rhiant a phrofi genomig â pherfformiad yn y dyfodol ar ffermydd unigol.

Cychwynnodd y prosiect ar 1 Rhagfyr 2017 a daeth i ben ar 31 Hydref 2020.

Recriwtio, Profi a pherfformiad wrth laetha

Cymerodd cyfanswm o 9 o ffermydd yng Ngogledd Cymru ran yn y prosiect sydd yn fuchesi Holstein/Friesian i gyd. Dewiswyd heffrod i'w profi ar sail eu dyddiad geni er mwyn iddynt weddu ag amserlen y prosiect, a arweiniodd at weld 432 o heffrod oedd yn gymwys ar draws 9 fferm. Roedd ansawdd cofnodion anifeiliaid yn broblem i nifer o fuchesi. Roedd hyn yn bennaf yn ymwneud â defnyddio codau bridio yn gywir a nodi tad/mam yr heffrod, sy'n wers a ddysgwyd o'r prosiect.

Cyflawnwyd y profion genomig yn Ebrill 2018 gan dechnegydd fferm i leihau camgymeriadau o ran profi a samplo. Cyrhaeddodd y canlyniadau yn ôl ym Mehefin a Gorffennaf 2018. Ond fe wnaeth AHDB adnewyddu'r mynegai oes broffidiol (£PLI) yng ngwanwyn 2020, a wnaeth olygu bod angen gostwng y £PLI genomig gwreiddiol o £149 er mwyn cyfateb â lefelau £PLI heddiw.

Un o fanteision ychwanegol profi genomig yw y bydd yn dynodi unrhyw dadau anghywir, a daeth y prosiect hwn o hyd i 21 o heffrod â'u tadau wedi eu nodi yn anghywir (4.9%). Llwyddodd y profion i ddynodi 20 o'r 21 o dadau ar gyfer yr heffrod hyn a newidiwyd cofnodion eu rhieni yn ôl hynny. Canfu Israel & Weller (2000) bod yr ennill genynnol yn gostwng o 4.3% pan oedd cyfradd anghywir ar gyfer y tad o 10% yn digwydd.

Roedd y cyfartaledd costau magu heffrod ar gyfer y grŵp wedi ei gyfrifo ar £1,420/pen gyda'r fferm isaf ar £1,199 a'r uchaf ar £1,570 gan roi ystod o gostau o £370 ymhlith y grŵp. Roedd rhaniad o 50/50 bron mewn ffermydd oedd yn defnyddio rhywun i fagu heffrod ar ryw bwynt yn oes yr heffer.

Roedd yn rhaid i'r prosiect wedyn aros i'r heffrod yma fod wedi lloea a chychwyn ar eu llaethiad cyntaf. Gan fod llaeth y buchesi i gyd yn cael ei gofnodi, roedd y prosiect yn gallu lawrlwytho perfformiad llaetha ar gyfer yr anifeiliaid yma ym Medi 2020. Ni wnaeth cyfanswm o 30 o anifeiliaid gyrraedd dechrau eu llaethiad cyntaf ac ni wnaeth 37 arall o anifeiliaid gwblhau eu llaethiad cyntaf (15.4%). Roedd y rhesymau a gofnodwyd pam eu bod wedi gadael gan y ffermydd yn cynnwys anffrwythlondeb, gwaredu oherwydd TB ac anafiadau.

Llwyddodd y prosiect i greu set ddata derfynol yn cynnwys 291 o anifeiliaid oedd â chanlyniadau genomig a PTA a gwybodaeth llaethiad 305 diwrnod gyflawn. Nid oedd rhai anifeiliaid wedi cyrraedd 305 diwrnod yn llawn yn eu llaethiad cyntaf neu roedd y wybodaeth am eu ffrwythlondeb ar goll. Roedd nifer o anifeiliaid hefyd na ellid ail-gyfrifo eu PTA traddodiadol oherwydd nad oedd prawf swyddogol yn y Deyrnas Unedig ar gael ar gyfer y tad.

	Oedran lloea am y tro cyntaf (mis)	kg llaeth 305 diwrnod	kg solidau 305 diwrnod	Nifer y digwyddiadau SCC uchel	Cyfrif celloedd somatig cronol (SCC)	Dyddiau hyd y rhidiad cyntaf	Dyddiau hyd cyfebu	Nifer y Rhidiadau
Lleiafswm	18.9	4,667	371	0	10	25	38	0
Chwartel Cyntaf	23.27	7,136	567	0	26	51	64	1

Canolrif	24.6	8,190	641	0	39	59	84	2
Cymedr	24.9	8,216	635	0.7835	108.6	64.18	100	2.158
3ydd Chwarter	26.2	9,220	707	1	84.5	72	131	3
Uchafswm	33.63	13,054	965	9	2111	150	304	7

Tabl 1. Cyfartaledd ac amrywiad o ran perfformiad yn y llaethiad cyntaf.

Dadansoddiad Genynnol

Nes bydd heffer yn cyrraedd ei hail laethiad, yr unig wybodaeth enynnol sydd ar gael yw'r hyn sy'n hysbys fel PTA (Gallu Trosglwyddo a Ragwelir) Cyfartalog Rhiant. Mae hyn yn cyfuno gwybodaeth am bedigri'r teulu, gwerthusiadau genynnol y fam a'r tad yn bennaf, sy'n cael eu cynhyrchu gan AHDB bob chwarter. Ar ôl i'r heffer gasglu digon o wybodaeth cynhyrchu ei hun, yna bydd y wybodaeth yn cael ei hymgorffori yn ei gwerthusiad genynnol. Ond, nid yw PTA yn ddangosydd ar gyfer perfformiad yr anifail hwnnw yn y dyfodol; amcangyfrif ydyn nhw o faint o nodwedd benodol fydd yr anifail, ar gyfartaledd, wedi ei dderbyn gan ei rieni. Mae hyn yn cyferbynnu â gwerthusiadau genomig, sy'n rhoi syniad o berfformiad yr anifail hwnnw yn y dyfodol.

Bwriad y prosiect hwn oedd cymharu'r gwahaniaeth rhwng PTA traddodiadol a PTA genomig ar gyfer yr un anifeiliaid i helpu ffermwyr i ddeall y fantais o ran cost o gael y wybodaeth ychwanegol yma yn gynnar ym mywyd yr anifail. Mae Tablau 2 a 3 isod yn dangos crynodeb o'r ystadegau ar gyfer y prif nodweddion genynnol y llwyddodd y prosiect i edrych arnyn nhw ochr yn ochr â pherfformiad llaetha. Sylwch fod y PTA traddodiadol (cyfartaledd y rhiant) wedi'u hail-gyfrifo ym mis Medi 2020 gan ddefnyddio gwybodaeth peiri o'r prawf tystiolaeth yn Awst 2020.

Tabl 2. Canlyniadau PTA traddodiadol.

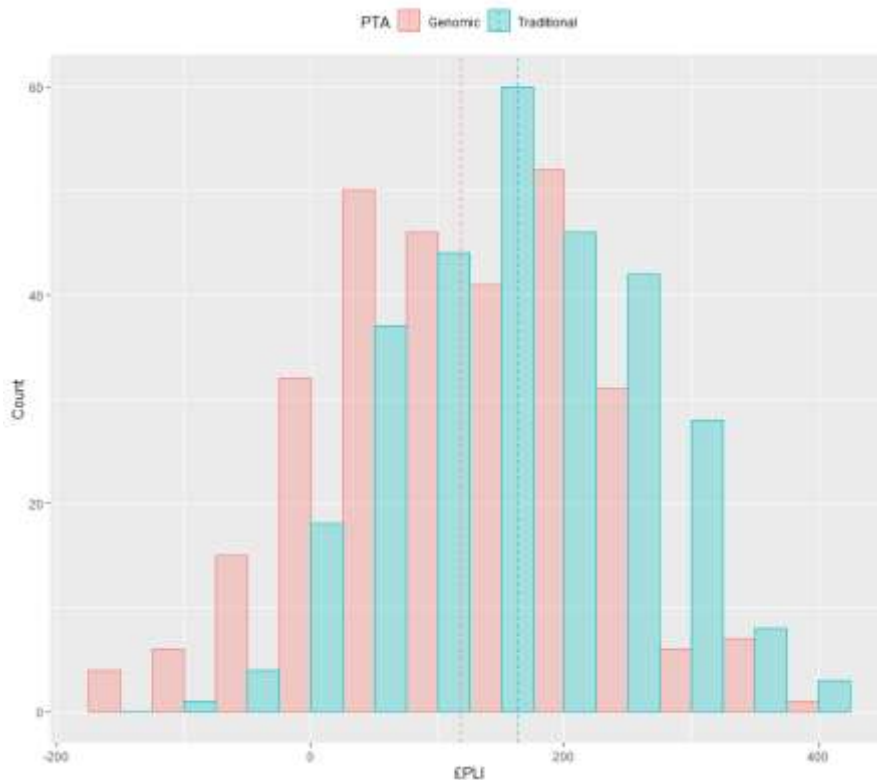
	£PLI	Mynegai Ffrwythlondeb	Llaeth kg	SCC
Lleiafswm	-89	-10	-315	-22
Chwarter Cyntaf	98	-0.8	36.5	-8.5
Canolrif	155	1.7	159	-5
Cymedr	162.6	2.277	172.1	-4.601
3ydd Chwarter	233.5	5.35	308	-1
Uchafswm	394	14.6	766	16

Tabl 3. Canlyniadau PTA genomig.

	£PLI	Mynegai Ffrwythlondeb	Llaeth kg	SCC
Lleiafswm	-171	-5.3	-311	-30
Chwartel Cyntaf	42	2.15	95	-14
Canolrif	121	4.7	259	-9
Cymedr	118.2	5.114	269.1	-9.213
3ydd Chwartel	193	8.05	431	-4
Uchafswm	388	16.8	984	11

Ar gyfer Tablau 2 a 3, sylwer bod y mynegi celloedd somatig (SCC) yn nodwedd negyddol, ac felly mae gwerth negyddol yn fwy dymunol nag un positif.

Wrth gymharu'r mynegai dethol £PLI (Mynegai Oes Broffidiol), lle mae gwerth £ uwch yn fwy dymunol, roedd y £PLI genomig cyfartalog £44.4 yn is na'r mynegai £PLI traddodiadol. Gwelir y newid yn nosbarthiad yr heffrod ar sail eu PTA £PLI genomig neu draddodiadol yng Ngraff 1.

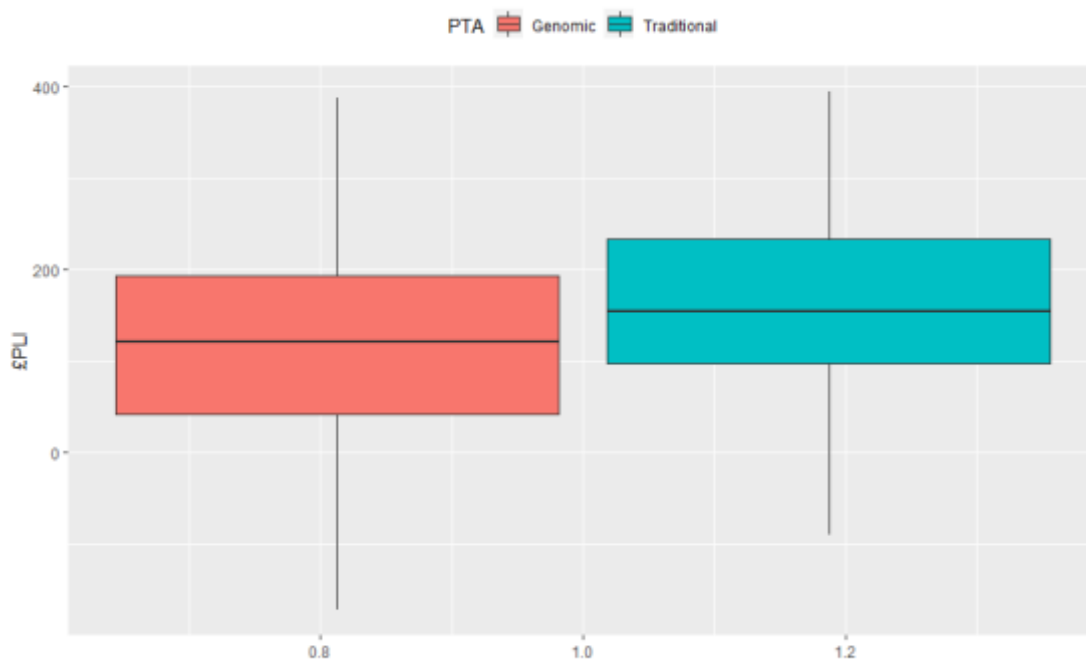


Graff 1. Histogram o werthoedd £PLI ar gyfer PTA genomig a thraddodiadol.

Dynodir y gostyngiad yn y cymedr £PLI ar gyfer PTA genomig mewn cymhariaeth â PTA traddodiadol gan ddwy linell doredig. Mae'r newid yn y cymedr yn amlwg o ganlyniad i'r newid yn y dosbarthiad i'r chwith gyda llawer o heffrod yn cael gwerthoedd £PLI genomig is mewn cymhariaeth â phan amcangyfrifwyd eu PTA traddodiadol. Cynhaliwyd prawf paru t i gymharu'r

cymedr £PLI ar gyfer heffrod o ran eu PTA traddodiadol a genomig. Roedd y gwahaniaeth rhwng y £PLI cyfartalog genomig (M= £118.20, SD = £105.42) a'r £PLI traddodiadol (M= £162.70, SD= £96.38) yn sylweddol (amodau; t(580)= -5.295, p= 0.000). Trwy hyn daethpwyd i'r canlyniad bod y gostyngiad yn y cymedr £PLI ar gyfer PTA genomig yn arwyddocaol, felly, mae'r canlyniadau yma yn awgrymu bod gwerthoedd £PLI traddodiadol yn rhoi amcangyfrif rhy bositif o wir werth £PLI anifail. Gellir dangos hyn yn weledol trwy edrych ar y blwch plot yng Graff 2.

Graff 2. Blwch plot o £PLI PTA genomig a £PLI PTA traddodiadol.



Ond nid oedd y newid yn y £PLI rhwng y dull traddodiadol a'r genomig yn newid y gwerthoedd yn unig, roedd hefyd yn newid trefn yr anifeiliaid. Er mwyn dangos hyn, defnyddiwyd pwynt dethol damcaniaethol o £150 PTL i benderfynu a fyddai heffrod yn cael eu troi at darw biff neu laeth, a beth fyddai'r gwahaniaeth petai £PLI genomig neu draddodiadol yn cael eu defnyddio. Dyluniwyd y mynegai dethol £PLI i fod yn ffordd o drefnu'r anifeiliaid i wneud penderfyniadau bridio gan ei fod yn cyfuno nodweddion cynhyrchiant, iechyd, ffrwythlondeb a hirhoedledd. Felly, mae'r ymarfer yn anelu at ddangos y nifer o anifeiliaid a fyddai wedi cael eu dethol yn anghywir petai dim ond £PLI traddodiadol yn hysbys.

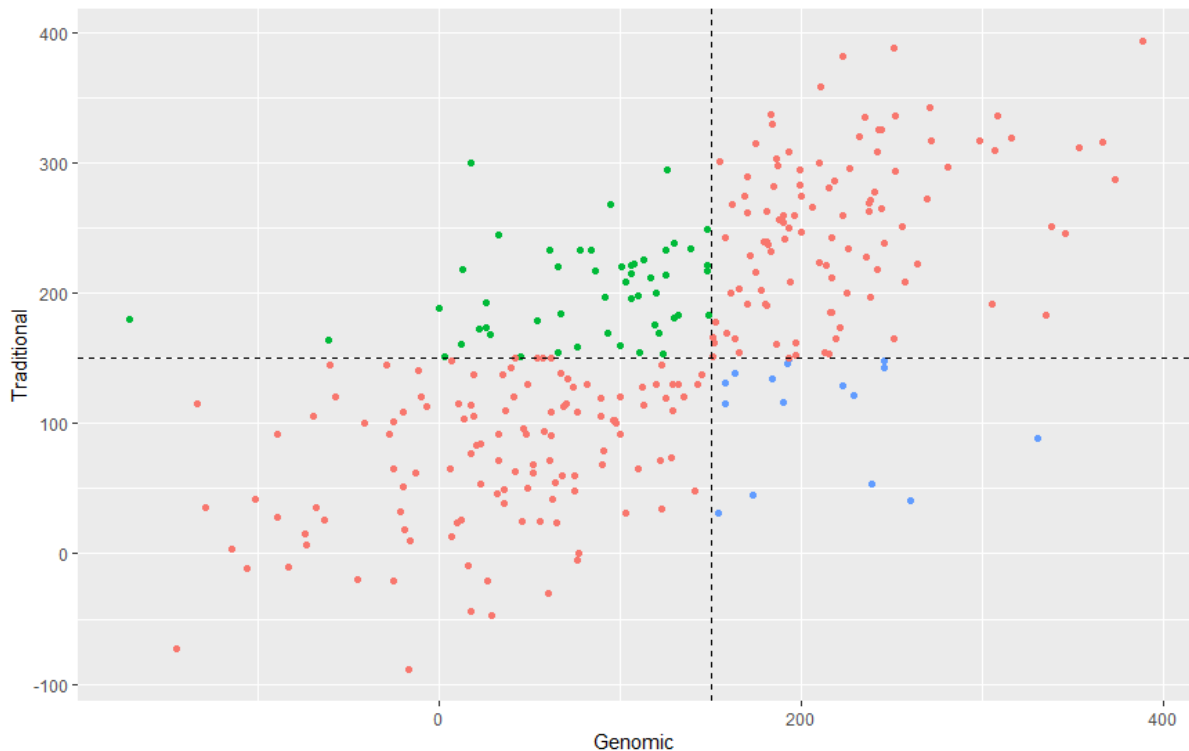
Mae Graff 3 yn dangos y berthynas rhwng gwerthoedd £PLI traddodiadol a genomig. Yr anifeiliaid mewn coch yw'r rhai a ddynodwyd yn gywir fel rhai naill ai dros £150 neu dan £150 PTL trwy PTA traddodiadol a genomig (224 heffer = 76.9%).

Mae'r anifeiliaid mewn glas dan £150 yn seiliedig ar PTA traddodiadol ond dros £150 PTL ar y genomig. Yn y sefyllfa fridio ddamcaniaethol, petai dim ond y gwerth £PLI traddodiadol yn hysbys, yna byddai'r anifeiliaid yma wedi cael eu rhoi i darw biff ac ni fyddai eu genynnau wedi cael eu trosglwyddo i stoc cyfnewid yn y dyfodol. Mae'r anifeiliaid glas yma (16 heffer = 5.4%)

felly yn cynrychioli cyfleoedd a gollwyd ar gyfer gwella'r cynnydd genynnol yn y fuches laeth. Cyfartaledd £PLI genomig yr anifeiliaid glas oedd £209, sy'n golygu colled o £3,344 mewn £PLI i'w drosglwyddo i genedlaethau'r dyfodol.

Ar y llaw arall, mae'r dotiau gwyrdd yn cynrychioli anifeiliaid oedd dros £150 PLI ar PTA traddodiadol ond a oedd dan £150 mewn gwirionedd, pan oedd eu PLI genomig yn hysbys. Byddai'r heffrod yma (51 heffer = 17.5%) wedi cael eu troi at darw llaeth yn ein sefyllfa fridio ddamcaniaethol, sy'n golygu y byddai eu genynnau oedd wedi eu gorbrisio yn cael eu trosglwyddo ymlaen i'r genhedlaeth nesaf o stoc cyfnewid llaeth. Mae hyn yn golygu bod cynnydd genynnol yn cael ei arafu yn y fuches oherwydd bod y gwerthoedd £PLI wedi eu pennu yn anghywir pan ddefnyddiwyd PTA traddodiadol yn unig. £80 oedd cyfartaledd PLI genomig yr heffrod hyn, sy'n £70 yn llai na'r trothwy £150 a osodwyd i ddewis heffrod i'w troi at darw llaeth. O ganlyniad, mae'r PLI posibl a gollwyd yn cyfateb i £3,570 ar gyfer y grŵp hwn o anifeiliaid mewn cymhariaeth â'r lleiafswm genynnol cyfatebol i heffrod aeth at darw llaeth petai'r PLI genomig yn hysbys ar yr adeg y cawsant eu troi at y tarw.

Graff 3. Plot gwasgaredig yn dangos y toriad damcaniaethol o £150 PLI i wneud penderfyniadau bridio gan ddefnyddio naill ai PTA genomig neu draddodiadol.



Felly mae Graff 3 yn dangos y camgymeriadau bridio posibl y gellir eu gwneud wrth ddefnyddio gwerthoedd PTA traddodiadol yn unig gan fod 22.9% o'r heffrod wedi eu cam-ddynodi dros neu dan £150 PLI.

Cyfuno defnyddio genodeipio benywod ynghyd â semen lle mae'r rhyw yn hysbys sydd fwyaf manteisiol ar gyfer cynyddu'r gyfradd o gynnydd genynnol yn y fuches (Bérodier et al., 2019). Dylai'r gyfradd o gynnydd genynnol fod yn ystyriaeth bwysig ar gyfer pob fferm laeth gan ei fod yn rhoi cyfle i wneud y mwyaf o arferion cyson ffermydd fel bridio buchod. Dangosodd Cole a VanRaden (2018) bod y gwelliannau mewn cynhyrchiant yn yr UDA rhwng 1957 a 2015 wedi eu rhannu yn gyfartal rhwng gwelliannau mewn potensial genynnol yn ogystal â gwelliannau o ran porthi a rheoli. Er bod yr enillion posibl trwy eneteg neu well ffactorau amgylcheddol yn amrywio o ran i ba raddau y mae nodwedd yn etifeddol, gall hyn helpu

cynhyrchwyr i benderfynu pa anghenion ddylai gael blaenoriaeth yn eu system er mwyn gwella perfformiad ar sail y nodweddion a ddymunant.

Perthynas gyda pherfformiad yn y dyfodol

1) Trefn yr heffrod mewn cymhariaeth â gwir berfformiad

Ar ôl adolygu'r dadansoddiad genynnol a'r gwahaniaethau rhwng PTA traddodiadol a genomig, roedd y perfformiad llaetha yn ychwanegu dimensiwn arall i helpu i bennu mantais profi genomig yn ariannol. Gellir gweld y perfformiad llaethiad gwirioneddol yn Nhabl 1.

Er mwyn cymharu'r berthynas rhwng gwir berfformiad a PTA genomig a thraddodiadol, fe wnaethom ddsbarthu'r heffrod mewn chwarteli ar gyfer pob nodwedd ac yna edrych ar y perfformiad cyfartalog yn y llaethiad cyntaf ar gyfer y chwarteli yma i bennu tueddiadau. Y cwestiynau yr oeddem yn chwilio am atebion iddyn nhw oedd:

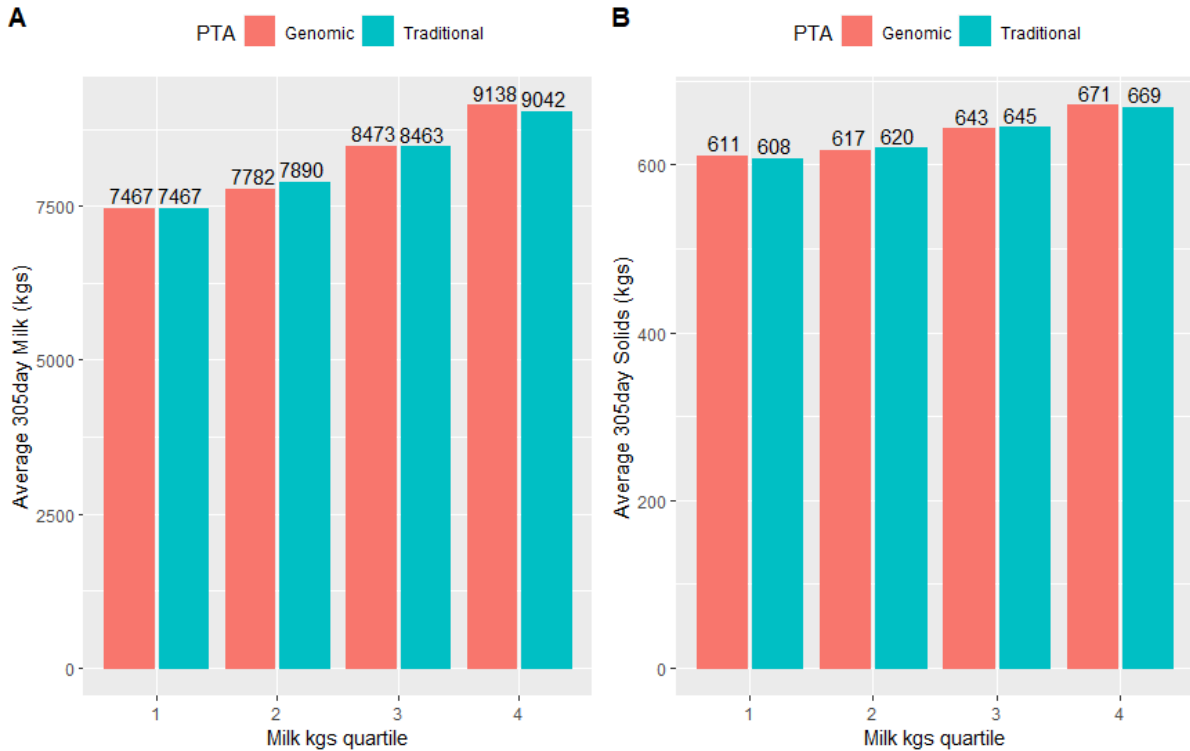
1. A yw ein hanifeiliaid genynnol orau, wedi eu dosbarthu naill ai yn ôl eu gwerth PTA genomig neu draddodiadol, yn berfformwyr gorau mewn gwirionedd?
2. A yw ein hanifeiliaid genynnol waethaf, wedi eu dosbarthu naill ai yn ôl eu gwerth PTA genomig neu draddodiadol, yn berfformwyr gwaethaf mewn gwirionedd?

Fe wnaethom ganolbwyntio ar dri maes: cynhyrchu llaeth, ffrwythlondeb ac SCC. Ar gyfer cynhyrchu llaeth fe wnaethom edrych ar gynnyrch llaeth 305 diwrnod a chynhyrchiant solidau mewn cymhariaeth â'u nodwedd kg llaeth. Ar gyfer dadansoddi ffrwythlondeb, fe wnaethom ddefnyddio'r dyddiau hyd cyfebu, dyddiau hyd y rhidiad (service) cyntaf a'r nifer o ridiadau mewn cymhariaeth â'r mynegai ffrwythlondeb. Ar gyfer SCC, fe wnaethom ddefnyddio'r nifer o SCC uchel (uwch na 250) a'u SCC 305 diwrnod cronol mewn cymhariaeth â'u mynegai SCC.

Yng Ngraffiau 4 i 6, mae'r chwarteli yn cynrychioli:

- 1 = 25% Isaf
- 2 = 25% i 50% Isaf
- 3 = 25% i 50% Uchaf
- 4 = 25% Uchaf

Graff 4. Cynhyrchiant llaethiad cyntaf mewn cymhariaeth â chwartel PTA ar gyfer kg llaeth.



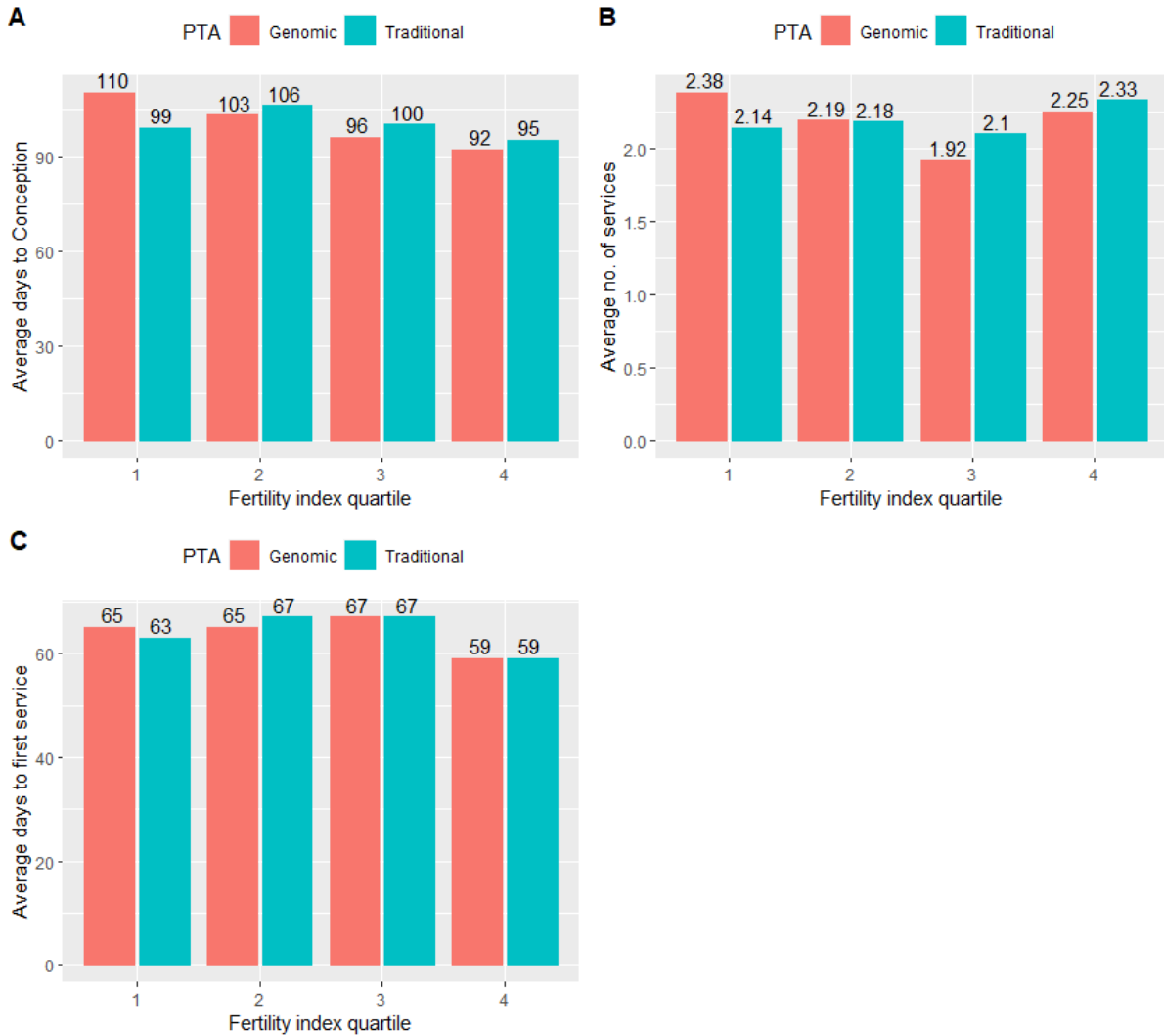
A = cyfartaledd cynnyrch llaeth 305 diwrnod yn ôl chwarter kg llaeth.

B = cyfartaledd cynnyrch solid 30 diwrnod yn ôl chwarter kg llaeth.

Ni wnaeth cymharu perfformiad cynhyrchu llaeth yr heffrod â naill ai eu PTA genomig neu draddodiadol am kg llaeth ddangos unrhyw wahaniaethau. Roedd gwahaniaethau rhifol bychan ond nid oedd y rhain yn arwyddocaol yn ystadegol (gweler Tabl 4). O'r graff hwn ar ei ben ei hun, gallwn gasglu mai ein heffrod gorau a gwaethaf yn enynnol hefyd yw ein perfformwyr gorau a gwaethaf os cânt eu trefnu yn ôl PTA kg llaeth genomig neu PTA kg llaeth traddodiadol. Efallai bod hyn oherwydd bod cynnyrch llaeth yn nodwedd etifeddol iawn ar 0.55.

Mae hyn yn wahanol i brofiad buches laeth Prifysgol Wisconsin-Madison a ganfu wahaniaeth o 4,801 pwys (2117.7 kg) o laeth cyfatebol 305 diwrnod pan fydd buchod yn cael eu dosbarthu yn ôl PTA llaeth genomig, mewn cymhariaeth â dim ond 2,366 pwys (1073.2 kg) ar sail PTA y tarw (Weigel, Mikshovsky, & Cabrera, 2015).

Graff 5. Perfformiad ffrwythlondeb llaethiad cyntaf mewn cymhariaeth â sefyllfa PTA ar gyfer mynegai ffrwythlondeb.



A = Cyfartaledd y dyddiau i gyfebu yn ôl chwarter mynegai ffrwythlondeb.

B = Cyfartaledd y rhidiadau yn ôl chwarter mynegai ffrwythlondeb.

C = Cyfartaledd y dyddiau hyd y rhidiad cyntaf yn ôl chwarter mynegai ffrwythlondeb.

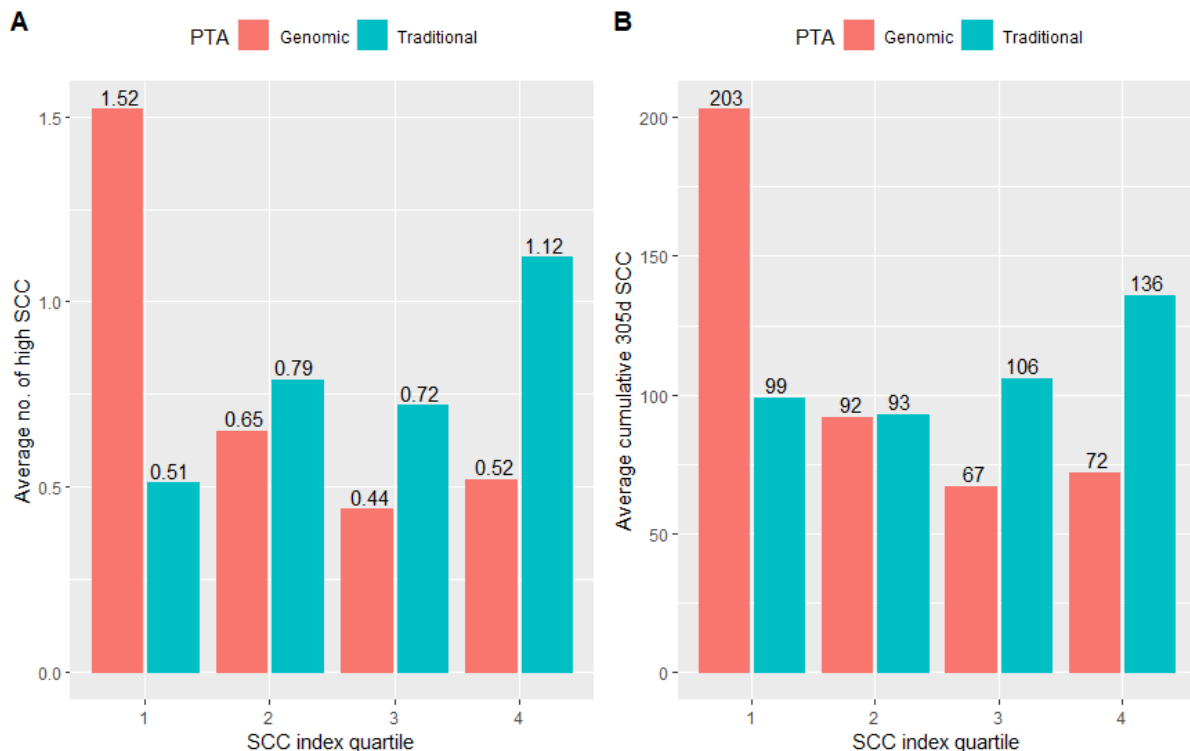
Yn wahanol i gynhyrchu llaeth, mae perfformiad ffrwythlondeb yn dangos patrymau gwahanol ar sail y math o PTA a ddefnyddiwyd i ddsbarthu heffrod ar eu mynegai ffrwythlondeb. Yng ngraff 5A, mae gwahaniaeth o 18 diwrnod hyd cyfebu wrth gymharu'r 25% uchaf ac isaf ar sail y mynegai ffrwythlondeb genomig. Ar y llaw arall, dim ond 4 diwrnod o wahaniaeth sydd rhwng y 25% uchaf ac isaf ar sail mynegai ffrwythlondeb traddodiadol, gyda'r dyddiau cyfartalog hyd cyfebu yn cynyddu mewn gwirionedd rhwng y ddau chwarter yma. Felly, ein hanifeiliaid gorau a gwaethaf yn enynnol oedd yr anifeiliaid gorau a gwaethaf pan ddsbarthwyd nhw yn ôl mynegai ffrwythlondeb genomig ond nid yn ôl y mynegai ffrwythlondeb traddodiadol. Roedd y gwahaniaeth yn arwyddocaol yn ystadegol (Tabl 4). Mae cyfartaledd y gwahaniaeth ar gyfer pob chwarter ar graff 5A yn dod yn 5.25 diwrnod, sydd, os byddwch yn cyfrifo cost llaethiad estynedig ar £5 y dydd yn dod â chyfanswm o £26.25; byddai hyn yn talu am gostau heb dreth ar werth profion genomig.

Gellir gweld patrwm gwahanol o berfformiad hefyd o ran nifer y rhidiadau (Graff 5B), er nad yw hyn mor glir â'r dyddiau hyd cyfebu. Wrth edrych ar y nifer o ridiadau wedi eu dosbarthu yn ôl mynegai ffrwythlondeb genomig, y 25% isaf wnaeth gael y nifer uchaf ar gyfartaledd, ac

er bod y ffigwr hwn yn gostwng trwy'r chwarteli, gan y 25% uchaf y mae'r ail nifer uchaf o ridiadau. Mae'r darlun ar gyfer mynegai ffrwythlondeb traddodiadol yn fwy cymysg gyda'r 25% isaf yn cael yr ail nifer isaf o ridiadau a'r 25% uchaf yn cael y nifer fwyaf. Er gwaethaf y darlun cymysglyd o ran perfformiad ffrwythlondeb wedi eu trefnu yn ôl mynegai ffrwythlondeb genomig a thraddodiadol, roedd y gwahaniaethau yn arwyddocaol yn ystadegol (Tabl 4). Efallai bod ffactor rheoli yn berthnasol yma os yw cynhyrchwyr yn dewis rhoi mwy o gyfleoedd i anifeiliaid gwell o ran nodweddion genynnol gyfebu ac yna byddent yn cael nifer uwch o ridiadau er mwyn cadw'r genynnau gwell hyn yn y fuches.

Er gwaethaf dod o hyd i wahaniaethau sylweddol rhwng y berthynas am ddyddiau hyd cyfebu a'r nifer o ridiadau a gawsant mewn cymhariaeth â'r mynegai ffrwythlondeb, ni wnaeth y dyddiau cyfartalog hyd y rhidiad cyntaf (Graff 5C) ddangos unrhyw wahaniaethau mewn perfformiad. Eto, efallai bod elfen reoli yn drysu'r canlyniadau hyn ar sail cyfnod aros wirfoddol fferm (y nifer o ddyddiau y mae fferm yn aros cyn rhoi tarw i'r anifail ar ôl lloea).

Graff 6. Perfformiad SCC llaethiad cyntaf yn ôl chwartel mynegai SCC.



A = Nifer cyfartalog yr SCC uchel yn ôl chwartel mynegai SCC.

B = Nifer cyfartalog cronnol SCC 305 diwrnod yn ôl chwartel mynegai SCC.

Y pwynt mwyaf trawiadol wrth edrych ar graffiau 6A a 6B yw mai'r 25% isaf o heffrod wedi eu trefnu yn ôl mynegai SCC genomig oedd â'r cyfartaledd uchaf o ddigwyddiadau SCC uchel a hefyd y nifer fwyaf o SCC cronnol. Mae hyn yn cyferbynnu yn amlwg â pherfformiad anifeiliaid wedi eu trefnu yn ôl eu mynegai SCC traddodiadol; digwyddodd y perfformiad SCC gwaelaf yn y 25% uchaf ar gyfer digwyddiadau SCC uchel ac SCC cronnol. Ond, dim ond y nifer o SCC uchel oedd yn cael eu hystyried yn ystadegol arwyddocaol (Tabl 4) er gwaethaf y duedd a welwyd mewn SCC cronnol. Felly, roedd ein hanifeiliaid gwaethaf o ran perfformiad SCC yn wirioneddol waethaf yn enynnol pan oeddent yn cael eu gosod yn ôl mynegai SCC genomig,

ond, roedd y gwrthwyneb yn wir pan oeddent wedi eu dosbarthu yn ôl mynegai SCC traddodiadol.

2) Cydberthynas

O gymharu y dosbarthiad chwarteli ar gyfer perfformiad llaethiad cyntaf â rhai nodweddion genynnol, mae'n amlwg bod gwahaniaethau ar gyfer rhai paramedrau ffrwythlondeb a SCC rhwng y PTA genomig a thraddodiadol. Er mwyn pennu a oedd y cysylltiadau yma yn arwyddocaol yn ystadegol neu beidio, fe wnaethom gymharu'r cyfernod cydberthynas ar gyfer pob paramedr perfformiad gyda'r gwerthoedd PTA genomig a thraddodiadol.

Tabl 4. Cyfernodau cydberthynas ar gyfer PTA genomig a thraddodiadol mewn cymhariaeth â pherfformiad llaethiad cyntaf.

	Cyfernodau Cydberthynas								
	Cyfartaledd	SD +/-	Mynegai Ffrwythlondeb Genomig	Mynegai Ffrwythlondeb Traddodiadol	Llaeth Genomig (kg)	Llaeth Traddodiadol (kg)	Mynegai SCC genomig	Mynegai SCC traddodiadol	Gwerth P
Mynegai Ffrwythlondeb Genomig	5.11	4.18							
Mynegai Ffrwythlondeb Traddodiadol	2.28	4.48	0.7251						
Cyfebu (dyddiau)	100	49	-0.1531*	-0.0409*					0.0091
Nifer y rhidiadau	2.5	1.33	-0.0543*	0.0501*					0.0159
Dyddiau hyd y rhidiad cyntaf	64	20.5	-0.1052	-0.0653					0.3566
Llaeth Genomig (kg)	269	235.38							
Llaeth Traddodiadol (kg)	172	206.50			0.7238				
Kg llaeth 305 diwrnod	8216	1491.3			0.4769	0.4612			0.6773
Kg solidau	635	106.74			0.2582	0.2790			0.6192

305 diwrnod									
Mynegai SCC genomig	-9.21	7.54							
Mynegai SCC traddodiadol	-4.60	5.83					0.6193		
Nifer y digwyddiadau SCC uchel	0.78	1.65					0.2352*	0.0779*	0.0017
SCC Cronnol 000	109	235.30					0.2363	0.1525	0.0931

* Yn dynodi canlyniad arwyddocaol yn ystadegol ar werth $p < .05$ neu is.

Roedd y prawf am arwyddocâd a ddefnyddiwyd i bennu a ddylai'r ddamcaniaeth null gael ei gwrthod yn seiliedig ar z Pearson a Filon (Pearson, 1898). Cyfrifwyd y cyfernodau cydberthynas yn Microsoft Excel ac yna eu trosglwyddo i'r pecyn cocor R (Diedenhofen & Musch, 2015) trwy'r rhyngwyneb ar y we yn <http://comparingcorrelations.org/> i gyfrifo'r ystadegyn z a'r gwerthoedd p . Roedd y profion a gynhaliwyd yn seiliedig ar grwpiau dibynnol gyda newidynnau yn gorgyffwrdd gan ddefnyddio prawf dwygynffon.

Cadarnhaodd y dadansoddiad hwn y gwahaniaethau gweledol o adolygu trefn yr anifeiliaid. Y cydberthnasau a gafwyd yn ystadegol arwyddocaol oedd:

- Dyddiau i gyfebu a'r mynegai ffrwythlondeb
- Nifer o ridiadau a'r mynegai ffrwythlondeb.
- Nifer y mynegai SCC uchel

Trwy hyn, gallwn gasglu bod y gwahaniaeth rhwng y ddwy gydberthynas, fel y dyddiau i gyfebu a'r mynegai ffrwythlondeb genomig mewn cymhariaeth â'r dyddiau i gyfebu a'r mynegai ffrwythlondeb traddodiadol, yn arwyddocaol o wahanol. Y cydberthnasau na chafwyd eu bod yn ystadegol wahanol oedd (cadwyd y ddamcaniaeth null):

- Dyddiau hyd y rhidiad cyntaf a'r mynegai ffrwythlondeb
- Cynhyrchu llaeth 305 diwrnod a kg llaeth
- Cynhyrchu solidau 305 diwrnod a kg llaeth
- Mynegai cronol SCC a mynegai SCC

Er nad yw PTA traddodiadol wedi eu dylunio i fod yn ddangosydd ar gyfer perfformiad anifail yn y dyfodol, dangosodd y berthynas rhwng PTA kg llaeth a chynnyrch 305 diwrnod y gydberthynas gadarnhaol gryfaf beth bynnag oedd y kg llaeth genomig neu draddodiadol. Ar gyfer nodweddion sy'n llai etifeddol fel ffrwythlondeb ac SCC, roedd yn ddarlun cymysg. Roedd cryfder y cydberthnasau yn llawer is, a rhai yn negyddol, ond er gwaethaf hyn, fe welwyd nifer o wahaniaethau arwyddocaol.

Casgliadau

Mae gallu profion genomig i ddynodi heffrod gwell neu salach yn ifanc wedi cael ei brofi ar gyfer iechyd, ffrwythlondeb a chynhyrchiant. Dangoswyd manteision penodol ar gyfer gwella

ffrwythlondeb a pherfformiad SCC trwy ddethol anifeiliaid ar sail PTA genomig yn hytrach na PTA traddodiadol. Roedd y fantais economaidd o leihau'r dyddiau hyd cyfebu yn cyfateb i £26.25.

Mae budd profion genomig yn deillio o'r cynnydd yn yr enillion genynnol. Roedd y sefyllfa fridio ddamcaniaethol a awgrymwyd yn yr adroddiad hwn yn dangos colled bosibl o £6,914 o PLI na fyddai'n cael ei drosglwyddo ymlaen i genedlaethau'r dyfodol. Wedi ei gyfartalu dros y cohort o anifeiliaid a gyrhaeddodd y dadansoddiad terfynol a 15.4% i gyfrif am gollodion (290 + 45), mae hyn yn cyfateb i £20.64 o PLI a gollwyd i bob anifail.

Roedd cyfanswm y budd economaidd a gafwyd o brofion genomig yn £46.89, tynnu cost y profion genomig o £27.50 sy'n creu budd o £19.39. Ond nid yw hyn yn cynnwys y llogau ychwanegol y mae buddsoddi yng ngeneteg y fuches yn ei greu, na manteision cywiro teirw a nodwyd yn anghywir.

Dylai cynyddu'r gyfradd o enillion genynnol fod yn flaenoriaeth i bob ffermwr llaeth o ystyried y pryderon amgylcheddol a'r gofynion cynyddol y maent yn eu hwynebu yn barhaus. Bydd gwella ffrwythlondeb ac iechyd trwy ddefnyddio profion genomig yn gadael i fuchod gynyddu eu hoes gynhyrchiol yn y fuches. Bydd hyn yn ei dro yn lleihau'r gyfradd gyfnewid ac yn rhoi rhyddid o ran dwyster dethol. Gan fod cost gyfartalog magu yn £1,420, mae'r cyfalaf sydd wedi ei glymu mewn stoc cyfnewid i'r fuches yn fawr a bydd lleihau hyn yn rhyddhau arian ar gyfer gweithgareddau eraill, fel profi genomig.

Nid oedd y prosiect hwn yn archwilio gwahanol sefyllfaoedd profi genomig, ond dylai hyn fod yn ystyriaeth i gynhyrchwyr sy'n gobeithio dechrau cynnal profion genomig. Nid yw buchesi sy'n ehangu ac angen cael y niferoedd mwyaf posibl o heffrod yn debygol o gael y buddion ariannol llawn a welwyd yn y prosiect hwn gan na fyddant yn gallu rhoi pwysau wrth ddethol. Ond, gall ehangu buches ddod dan sylw yn y dyfodol wrth i'r Strategaeth Aer Glân gael ei weithredu ac i Ddeddf Aer Glân 1993 gael ei hymgorffori ym Mesur Amgylcheddol Llywodraeth y Deyrnas Unedig. Felly bydd ehangu trwy wella geneteg y fuches i wella perfformiad er mwyn gwneud y mwyaf o'r allbwn o bob buwch yn dod yn bwysig.

Cydnabyddiaeth

Ni fyddai'r prosiect wedi bod yn bosibl heb arian hael gan EIP Cymru a Menter a Busnes dan y cynllun EAFRD. Mae'r prosiect yn cydnabod cefnogaeth gan y bobl a'r sefydliadau canlynol:

- Yr holl ffermydd a gymerodd ran sy'n cael eu crybwyll ar glawr blaen yr adroddiad hwn
- Owain Rowlands, Menter a Busnes
- Lynfa Davies, Menter a Busnes
- Fern Pearston, AHDB
- NMR
- Clarifide

Cyfeiriadau

Bérodier, M., Brochard, M., Boichard, D., Dezetter, C., Bareille, N., & Ducrocq, V. (2019). Use of sexed semen and female genotyping affects genetic and economic outcomes of Montbéliarde dairy herds depending on the farming system considered. *Journal of Dairy Science*, 102(11), 10073–10087. <https://doi.org/10.3168/jds.2018-16041>

- Cole, J. B., & VanRaden, P. M. (2018). Symposium review: Possibilities in an age of genomics: The future of selection indices1. *Journal of Dairy Science*, 101(4), 3686–3701. <https://doi.org/10.3168/jds.2017-13335>
- Diedenhofen, B., & Musch, J. (2015). Cocor: A comprehensive solution for the statistical comparison of correlations. *PLoS ONE*, 10(4), 1–12. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0121945>
- Israel, C., & Weller, J. I. (2000). Effect of misidentification on genetic gain and estimation of breeding value in dairy cattle populations. *Journal of Dairy Science*, 83(1), 181–187. [https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302\(00\)74869-7](https://doi.org/10.3168/jds.S0022-0302(00)74869-7)
- Weigel, K. A., Mikshowsky, A. A., & Cabrera, V. E. (n.d.). *Effective Use of Genomics in Sire Selection and Replacement Heifer Management*.
- Pearson K, Filon LNG. Mathematical Contributions to Theory of Evolution: IV. On the Probable Errors of Frequency Constants and on the Influence of Random Selection and Correlation. *Philos Trans R Soc Lond A*. 1898; 191: 229–311.
- Weigel, K. A., Mikshowsky, A. A., & Cabrera, V. E. (2015). Effective use of genomics in sire selection and replacement heifer management. In *Proc. Western Dairy Management Conference, Reno, NV*. <http://www.wdmc.org/2015/Weigel.pdf>.