Genomiska avelsvärden för mjölkraskorsningar ger nya möjligheter

Anders Fogh, Terhi Vahlsten och Carolina Markey

Från och med december 2021 beräknar NAV genomiska avelsvärden för mjölkraskorsningar från Sverige, Danmark, och Finland. Till en början beräknas avelsvärden för genotypade två- och treraskorsningar av raserna RDC, Jersey och Holstein. Under 2022 kommer även avelsvärden för korsningar med Montbeliarde att tas fram. De genomiska avelsvärenda för korsningsdjur har utvecklats av Århus Universitet, VikingGenetics och VikingDanmark inom GUDPs projekt DairyCross.

Nästan samma egenskaper som för renrasiga djur

Genotypade korsningsdjur får genomiska avelsvärden för nästan samma egenskaper som de renrasiga mjölkkorna med den enda skillnaden att de genomiska avelsvärdena för ungdjuröverlevnad inte beräknas för korsningsdjur. Precis som för renrasiga djur, viktas alla index samman till ett NTM. De genomiska avelsvärdena baseras enbart på genomisk information och djurets egen prestation ingår därför inte i beräkningarna. Säkerheterna för de genomiska avelsvärdena är generellt lägre för korsningsdjur än för renrasiga djur.

Målinriktad användning av könssorterad från mjölk- och köttraser

Genomiska avelsvärden, kombinerat med användning av könssorterad sperma från mjölk- och köttrastjurar, är ett effektivt verktyg för att höja den genetiska nivån i din besättning. Genom att seminera de bästa hondjuren med könssorterade mjölkrasdoser och de sämsta djuren med könssorterade köttrasdoser maximeras lönsamheten och det genetiska framsteget i besättningen. Tänk på att en storskalig användning av könssorterad sperma från mjölk- och köttraser krävs för att du ska få maximal lönsamhet vid användning av genomiska test.

Genom att välja en tjur som väger upp för kons svaga egenskaper, kan genomiska avelsvärden också användas för att hitta den bästa tjuren för ett specifikt djur.