Ny metod för beräkning av avelsvärden för mjölkraser

Anders Fogh, Terhi Vahlsten and Carolina Markey

Single step är en ny metod för avelsvärdering. Den kommer stegvis att ersätta den nuvarande 2-stegsmodellen för beräkning av alla avelsvärden och metoden kommer att ge ännu mer precisa avelsvärden. Indexet för sparat foder beräknas redan med den nya modellen och från och med november 2022 kommer också exteriör beräknas på samma sätt.

Avelsvärderingen utvecklas hela tiden tack vare mer kunskap och bättre datorkapacitet. Hittills har en 2-stegsmodell använts för beräkning av alla avelsvärden förutom sparat foder, i alla nordiska länder. I den traditionella modellen sker avelsvärderingen i två steg. Härstamningsbaserade avelsvärden för alla djur beräknas i steg ett. I steg två beräknas genomiska avelsvärden för de djur som är genomtestade. Tack vare bättre datorkapacitet är det nu möjligt att använda Single step, där härstamning, fenotypvärden och genotypvärden kombineras i ett och samma steg. Den nya modellen har flera fördelar.

Större precision – nu och i framtiden

Säkerheten ökar när all information från både genomtestade och inte genomtestade djur beräknas i samma steg. Det beror på att härstamning, genotyper och fentotyper viktas tillsammans på ett bättre sätt.

Den modell som används i dagens 2-stegsmodell baseras på antagandet att den genetiska nivån på semintjurar och moderdjur till nästa generation kvigkalvar är densamma som härstamningsindex. Antagandet stämmer inte helt eftersom vi går över alltmer till att selektera djur baserat på deras genomiska information. Ju mer vi övergår till att använda genomiska avelsvärden när vi väljer avelsdjur, desto mer kommer avelsvärdena och den genetiska trenden att påverkas av antagandet.

All information under semintjurens liv används

När en tjur får höga säkerheter till följd av att mer dotterinformation, räknas inte längre den genomiska informationen med i avelsvärderingen. Med Single step används däremot alltid all tillgänglig information i avelsvärderingen.