

Genomiske avlsværdier for renracet kødkvæg

Elisenda Rius-Vilarrasa, Jakob Lykke Voergaard, Carolina Markey, Terhi Vahlsten

I november 2024 offentliggjorde NAV for første gang genomiske avlsværdier for vægt, vækst og slagteegenskaber for de fem største kødkvægseracer (AAN, CHA, HER, LIM og SIM). Ved de resterende racer samt for egenskaber i kælvningsvurderingen for alle racer anvendes stadig en traditionel avlsværdivurdering.

Renracet kødkvæg for genomisk avlsværdier

Hvordan?

NAV har offentliggjort genomiske avlsværdier for renracet kødkvæg. Avlsværdierne er beregnet ved brug af single step metoden, hvor al tilgængelig information - fænotypiske registreringer, afstamning og genotyper - bruges samtidigt. Den anvendte metode har den fordel, at avlsværdier for både genotypedede og ikke-genotypedede dyr kan beregnes i den samme procedure.

Denne tilgang sikrer, at både genomiske og afstammingsbaserede relationer udnyttes effektivt i beregningen af avlsværdier.

Hvilke dyr er inkluderet?

Genotyperne medtages så frem at dyrets genotype stemmer overens med kendte genotyper i deres afstamning. Derudover skal dyrene følge de samme redigeringsregler som dyrene med fænotypiske data 1) deres stamtavle er komplet, dvs. far og moder er kendt, og 2) det genotypedede dyr er klassificeret som raceren (andelen af hovedracen er på 87,5 % eller mere).

Hvorfor?

Brugen af genotypeoplysninger sammen med fænotypiske registreringer og afstammingsinformation øger sikkerheden på de beregnede avlsværdier. Den ekstra stigning i sikkerheden har vist sig at være omkring 10 % – på tværs af alle racer og egenskaber. I praksis betyder en stigning i sikkerheden, at der kan træffes mere nøjagtige selektionsbeslutninger, hvilket fører til hurtigere genetiske fremskridt for egenskaberne af interesse.

Avlsværdi ændres ved tilføjelse af genotypeinformation

I teorien

Tilføjelse af den ekstra information fra genotypedata i den genetiske evaluering påvirker beregningen af de individuelle avlsværdier, ved at øge avlsværdiernes sikkerhed. For dyr med kun afstammingsinformation og fænotyperegistreringer forventes ændringerne i avlsværdierne at være ubetydelige.

I praksis

Sammenligningen mellem den gamle NAV renrace kødkvægsevaluering og den nye NAV evaluering viste høj sammenhæng i avlsværdier på tværs af racer. Som forventet blev de største forskelle i den nye evaluering fundet hos dyr med genotype og ingen fænotyperegistreringer. For ikke-genotypedede dyr er rerangeringen minimal.



November 2024

Hvad er det næste?

Den genomisk evaluering af renracet kødkvæg fortsætter med at udvikle sig, og næste skridt vil være at undersøge beregningen af genomiske sikkerheder for vægt, vækst og slagteegenskaber. Endvidere vil det blive undersøgt, om racer med et mindre antal genomisk testet dyr, kan indgå i den genomiske evaluering så som Blonde og Skotsk højland. I 2025 er det planen at offentliggøre genomiske avlsværdier for kælvningsegenskaber, for de fem store racer.