

Genomisk avelsværding av renrasiga kött djur

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

I november 2024 publicerade NAV för första gången genomiska avelsvärden för vikt/tillväxt- och slaktkroppsegenskaper för de fem största raserna (AAN, CHA, HER, LIM och SIM). För övriga raser vad gäller vikt/tillväxt- och slaktkroppsegenskaper, samt för kalvningsegenskaper hos samtliga raser, används fortfarande den traditionella avelsværdingen.

NAV:s genomiska avelsværding för renras kött

Hur?

NAV beräknar genomiska avelsvärden för kött med hjälp av single-step-metoden, där all tillgänglig information — fenotypiska registreringar, härstamningsdata och genotyper — används samtidigt. Denna metod har fördelen att avelsvärden kan beräknas gemensamt för både genotypade och icke-genotypade djur, i ett och samma steg. Detta angreppssätt säkerställer att både genomiska och härstamningsbaserade samband utnyttjas effektivt vid beräkningen av avelsvärden.

Vilka djur inkluderas?

Genotypade djur inkluderas om deras genotyp överensstämmer med föräldradjurens. Dessutom måste djuren uppfylla samma publiceringskrav som de med fenotypiska data: 1) härstamningen ska vara komplett, det vill säga både far och mor är kända, och 2) djuret ska vara klassificerat som renrasigt (minst 87,5 % renrasighet).

Varför?

Genotypinformation, i kombination med fenotypiska registreringar och härstamningsdata, ökar säkerheten i beräkningen av avelsvärden med cirka 10 % för alla raser och egenskaper. I praktiken innebär denna ökade säkerhet att mer exakta avelsbeslut kan fattas, vilket leder till snabbare genetiska framsteg.

Förändringar i avelsvärden när genomisk information inkluderas

Teoretiskt

Att inkludera ytterligare information från genotypdata i avelsværdingen påverkar beräkningen av individuella avelsvärden genom att öka deras säkerhet. För djur som endast har härstamnings- och fenotypdata förväntas förändringarna i avelsvärden däremot vara marginella.

Praktiskt

NAV:s tidigare avlsvärdding för renrasiga köttjur och den nya genomiska avlsvärddingen visar en hög korrelation i avlsvärden mellan raserna. Som förväntat blir det störst förändringar i avlsvärden för genomiskt testade djur utan fenotypregistreringar. För icke-genomiskt testade djur är omrankningen däremot minimal.

Vad är nästa steg?

NAV:s genomiska avlsvärdding för renrasiga köttjur fortsätter att utvecklas, och nästa steg blir att arbeta med beräkningen av genomiska säkerheter för vikt-, tillväxt- och slaktkroppsegenskaper. Dessutom kommer man att undersöka om mindre raser, såsom Blonde d'Aquitaine och Highland cattle, kan inkluderas i den genomiska avlsvärddingen. Planen är att genomiska avlsvärden för kalvningsegenskaper ska publiceras till 2025.