

Udvikling af genomiske avlsværdital for metan for kødkvægskrydsninger

I projektet Kvalitetskød fra miljørigtige krydsningskalve (FutureBeefCross), der er støttet af GUDP og Kvægafgiftsfonden, er formålet at foretage storskalaregistrering af spisekvalitet, foderudnyttelse og klimabelastning i dansk slagtekalveproduktion samt på baggrund af disse data at beregne genomiske avlsværdital for kødkvægstyre anvendt til krydsning på malkekvæg. Nedenfor er beskrevet udviklingsarbejdet af genomiske avlsværdital for metan.

Dataindsamling

Metan måles i 7 slagtekalvebesætninger med gasmoniterer, i daglig tale metan-sniffere, af typen Guardian NG fra Edingburg Instruments Ltd. Hver metan-sniffer er tilkoblet op til 6 foderkasser, en multiplexer styrer hvilken foderkasse, der måles koncentration af CH₄ og CO₂ i. Data opsamles hvert 2. sekund, når der er en kalv ved en af foderkasserne, og gemmes direkte i en data-lake, hvorfra data er tilgængelige for videre analyse. Til udviklingsarbejdet med metan har Aarhus Universitet lavet en procedure for udtræk og grundlæggende editering af data, hvorefter data er samlet til daglige observationer for koncentration af CH₄ og CO₂.

Det modtagne data d. 24. oktober 2023 til udviklingsarbejdet af en genomisk avlsværdivurdering af metan indeholder 234.968 dagsobservationer fra 10.966 forskellige kalvenumre. Af disse kalvenumre er der 7 individer, hvor der er problem med ID, som ikke er aflæst korrekt, og yderligere 7 individer, hvor det ikke er muligt at identificere hvilket foderhold, disse kalve har gået, hvor det er overvejende kalve, der er afprøvet i november 2021, der har dette problem. Endelig er 757 kalve, der har færre end 5 dagsobservationer, og disse editeres også bort. For hver kalv anvendes medianen af daglige CH₄/CO₂ koncentrationer som fænotype for metanudledning. Ratioen er bl.a. valgt da Madsen et al. (2010) angav at ratio-egenskaben i sig selv giver brugbar information, og muligvis er den bedste indikator variable til at udtrykke effektiviteten af den mikrobielle omsætning af foderet.

Efter ovennævnte editering, er der 9997 individer tilbage, hvoraf 4199 har en HOL mor og en BBL far, 1348 har en HOL mor og en AAN far samt 1104 har en HOL mor og en CHA far. De resterende individer har enten ukendt far (190 individer), morrace andet end HOL (1895 individer) eller morrace = HOL men farrace andet end BBL, AAN eller CHA (1261 individer). Til udvikling af det genomiske avlsværdital for metan anvendes kun data kalve med HOL mor og BBL far.

Yderligere fjernes data fra den ene besætning, hvor der fodres med fuldfoder, da det har vist sig, at målinger af metan i dette setup ikke er anvendelige. Også data fra en anden besætning fra august 2022 og frem er slettet, da det har vist sig, at der har været en fejlkobling, så metan er målt i en anden foderkasse end forventet. Data fra kalve fjernet, hvis deres alder, beregnet som gennemsnit af alder ved første og sidste dag med data, er uden for intervallet 100-280 dage, eller hvis ratioen overstiger 0,15. Endelig defineres observationer som outliers, hvis observationen ligger uden for et 99% konfidensinterval beregnes for en lineær regression af ratio på alder ved afprøvning korrigeret for vekselvirkning mellem kalvens køn og slagtekalvebesætning. Tilbage er der 2901 observationer af krydsningskalve med HOL mor og BBL far.

Foderhold defineres for hver kalv, på baggrund af start og slutdatoer for gasmålinger. Fx startes et nyt hold, hvis der er mere end 10 dage i forskel på startdato for 2 dyr, eller hvis gennemsnit af slutdatoer for en gruppe er mindre end startdatoen for et nyt dyr. Antallet af dyr pr hold er optalt, og små hold med mindre end 10 dyr er lagt sammen med det efterfølgende hold i besætningen.

Til estimering af varianskomponenter er data fra en besætning, hvor det er påvist at flere kalve har stået ved foderkassen på samme tid udeladt. Desuden kræves det, at der skal være mindst 10 afkom med fænotype efter hver tyr, for at data inkluderes.

Til estimering af varianskomponent er har vi tilbage 2327 kalve med data, hvor fænotypisk gennemsnit og spredning af ratio-egenskaber er hhv. 0,0336 og 0,0109. Minimums- og maksimumsværdi er hhv. 0,0101 og 0,0808. Alderen på kalvene er gennemsnit 210 dage ved afprøvning med en spredning på 38 dage.

Modellen vi bruger til at estimere varianskomponenter er som nedenfor

$$y = \mu + hold + køn + \beta * alder + a + e$$

Hvor y er median af daglig ratio CH₄/CO₂ pr kalv, μ er intercept, hold er systematisk effekt af afprøvningshold inden for besætning (126 hold), køn er systematisk effekt af kalven køn (tyr eller kvie), β er regression på kalvens alder ved afprøvning, a er den genetiske effekt og e er residualen.

Varians og covarians komponenter er estimeret med (AI)REML procedure i DMU (Madsen & Jensen, 2014). Nedenfor ses estimerede varianskomponenter.

	Estimat
Genetisk varians	0,242E-04 ± 0,715E-05
Residual varians	0.459E-04 ± 0,551E-05
Heritabilitet	0,35 ± 0,09

Litteratur:

Madsen, P., & Jensen, J. (2014): A User's Guide to DMU, version 6, release 5.0. Aarhus University, Faculty of Agricultural Sciences Denmark.

Madsen, J., Berg, B.S., Hvelplund, T., Weisbjerg, M.R., Lund, P. (2010): Methane and carbon dioxide ratio in excreted air for quantification of the methane production from ruminants. Livestock Science 129:223-227.

Lassen, J. ...