

I dag bliver der beregnet avlsværdier for kødkvæg brugt på malkekvæg for Dansk Blåkvæg og Angus, og øget brug af ungtyre kan nu hjælpe med at finde fremtidens toptyre til krydsning.

Af teamleder
Jakob Lykke Voergaard,
SEGES Innovation

Sådan udvælges fremtidens kødkvægstyre til malkekvæg

Forbruget af kødkvægssæd, som bruges på malkekvæg, har været stærkt stigende over de seneste ti år. Den næste store milepæl er, at 40 % af insemineringerne på malkekvæg på tværs af alle malkekvægssacer sker med kødkvægssæd. Det større forbrug af kødkvægssæd til malkekvæg gør det nødvendigt at udvikle avlssystemet. Det skal være muligt at udvælge de kødkvægstyre, som er bedst egnet til brug på malkekvæg og derved giver det bedste afkast til både mælkeproducenten og slagtekalveproducenten.

Genomisk selektion er vejen frem

En vigtig del af alle moderne avlsprogrammer er genomisk selektion. Genomisk selektion gør det muligt, ud fra en DNA-prøve, at bedre bestemme et dyrs genetiske potentiale frem for det klassiske forældregennemsnit. Det betyder, at det er muligt at få bedre avlsværdital for helt unge dyr, og derved nemmere at selekttere de genetisk bedste dyr til den fremtidige produktion.

I projektet Genomiske avlsværdiurdering for kødkvæg anvendt på malkekvæg, som er støttet af Kvægafgiftsfonden, blev der udviklet genomiske avlsværdier for kødkvæg brugt på malkekvæg for kødkvægssacerne Dansk Blåkvæg og Angus. I dag beregnes der uofficielle genomiske avlsværdier, som kvægavlsforeningen VikingGenetics bruger i deres selektion af tyre til køb for sædproduktion, samt af kvier til skyllearbejde for at lave embryoner.

Hvordan bruges de genomiske indekser i praksis?

For at få indsigt i brugen af genomiske avlsværdier er Line Hjortø, avlsspecialist fra VikingGenetics, sat i stævne.

Hvordan bruger VikingGenetics de genomiske avlsværdier?

VikingGenetics bruger de genomiske avlsværdital til at selekttere tyre- og kviekalve inden for racerne Angus og Dansk Blåkvæg. Tyrene bliver efterfølgende afkomsundersøgt for at øge sikkerheden på deres avlsværdital. Før vi havde mulighed for at bruge genomiske avlsværdital, selekterede vi kalvene på baggrund af deres forældregennemsnit, der ikke siger noget om, hvorvidt kalven har været heldig at arve de gode gener fra forældrene eller uheldig at arve de dårlige gener.

Hvor længe har VikingGenetics brugt de genomiske avlsværdier?

VikingGenetics har selekteret kalve inden for Angus og Dansk Blåkvæg på baggrund af de genomiske avlsværdital siden februar 2025.

Hvilke fordele får de danske mælkeproducenter og slagtekalveproducenter ved brug af genomisk selektion?

De genomiske avlsværdital har en højere sikkerhed end de forældregennemsnit, vi tidligere valgte tyrekalve ud fra. Så nu kan vi bedre end tidligere udvælge de ungtyre, der både har

høje avlsværdital for fødselsegenskaberne og produktionsegenskaberne. Med de genomiske avlsværdital for fodereffektivitet og metanproduktion kan vi også fremavle kødkvægstyre, der giver krydsningskalve med større økonomisk overskud og lavere klimaaftryk.

Hvordan ser du fremtidens brug af genomiske avlsværdier?

For nuværende fortsætter vi med at bruge genomiske avlsværdital til at udvælge tyre- og kviekalve, der hhv. afkomsundersøges og bruges som donorer i vores embryoprogram. På den længere bane vil datamængden på krydsningskalvene stige, hvilket vil resultere i mere præcise genomiske avlsværdital, så forskellen i sikkerheder mellem ungtyre og afkomsundersøgte tyre bliver mindre. Det vil øge den avlsmæssige fremgang til gavn for hele kvægsektoren.

Vær med til at finde fremtidens toptyr

Selv om der bruges genomisk selektion skal tyrene stadig afkomsundersøges som ungtyre for derved at finde fremtidens toptyr. Med genomisk selektion er ungtyrene i gennemsnit blevet bedre, og derved er deres afkom også blevet bedre. Så husk som mælkeproducent at bruge ungtyre, og som slagtekalveproducent at opfordre dine leverandører til at bruge ungtyre. Så kan du være med til at finde fremtidens toptyr, der giver en god økonomi til både mælkeproducenter og slagtekalveproducenter.