

Mere sikker rangering af malkekvægskrydsninger med genomiske avlsværdital

Anders Fogh, Huiming Liu og Kevin Byskov

Med genomiske avlsværdital kan du mere præcist finde de avlsmæssigt bedste kvier. Du tjener mere på de avlsmæssigt bedste dyr, og de vil også give bedre kviekalve som mødre til næste generation. Kombineret med intensiv brug af kønssorteret sæd og kødkvægssæd kan genomiske avlsværdital øge det avlsmæssige potentiale og dermed økonomien i din besætning.

Der beregnes et NTM for genotypede to- og trevejskrydsninger mellem RDC, Jersey og Holstein. Det genomiske NTM giver dig et værktøj til at målrette brugen af kønssorteret sæd og kødkvægssæd. Dermed kan du mere sikkert finde de avlsmæssigt bedste hundyr og inseminere dem med kønssorteret sæd fra malketyre. Ligeledes kan du finde de avlsmæssigt ringeste hundyr og inseminere dem med kødkvægssæd. Det hæver det avlsmæssige niveau af den fremtidige generation af kvier.

Grundlaget for de genomiske avlsværdital er udviklet i GUDP-projektet DairyCross baseret på arbejde udført af Aarhus Universitet, SEGES Innovation, VikingGenetics og VikingDanmark.

Højere genomiske avlsværdital giver køer, der præsterer bedre

For at kunne illustrere at et genomisk NTM er mere præcist, er der analyseret på resultater fra 60 danske bedrifter, der anvender krydsning mellem malkeracer og genomiske test. I disse besætninger får kvier født efter 2013 beregnet to NTM'er baseret på enten forældres gennemsnitlige NTM ($NTM_{\text{forældre}}$) eller indekser, hvor genomisk information er inkluderet (NTM_{genomisk}). Kvier bliver opdelt i to grupper inden for besætningen baseret på enten $NTM_{\text{forældre}}$ eller NTM_{genomisk} . Efterfølgende beregnes forskel i præstation mellem grupper, når kvier bliver til køer og får 1. og 2. laktation. Til sidst beregnes gennemsnitlige forskelle på tværs af besætninger. Resultater på tværs af besætninger er vist i Tabel 1.

Tabel 1. Forskel i præstation mellem grupper med højeste eller laveste NTM inden for besætningen, når grupper er opdelt på NTM_{genomisk} eller $NTM_{\text{forældre}}$

Egenskab	Kvier grupperet ud fra		Hvad er favorabelt?
	NTM_{genomisk}	$NTM_{\text{forældre}}$	
1. laktation			
Mælkeydelse (kg)	1050	750	Lavere = mindre mælk
Fedtydelse (kg)	30	23	Højere = mere fedt
Proteinydelse (kg)	26	16	Højere = mere protein
Kælvning til 1. inseminering (dage)	-5	-2	Lavere = færre dage
1. til sidste inseminering (dage)	-10	-6	Lavere = færre dage
Køer med yverbetændelse (%-point)	-6	-3	Lavere = lavere forekomst
2. laktation			
Mælkeydelse (kg)	1300	950	Lavere = mindre mælk
Fedtydelse (kg)	34	27	Højere = mere fedt
Proteinydelse (kg)	30	21	Højere = mere protein
Kælvning til 1. inseminering (dage)	-6	-4	Lavere = færre dage
1. til sidste inseminering (dage)	-8	-9	Lavere = færre dage
Køer med yverbetændelse (%-point)	-5	-5	Lavere = lavere forekomst

Resultaterne viser, at forskellen i ydelse af både mælk, fedt og protein er væsentligt højere når grupperne er baseret på NTM_{genomisk} sammenlignet med $NTM_{\text{forældre}}$. Det viser at NTM_{genomisk} er bedre til at forudsige hvilke dyr der har den højeste produktion.

Landmanden afregnes efter kg fedt og protein. Det koster foder at producere laktose i mælken, og ARLAs betalingsmodel har samtidig en negativ værdi på kg mælk. Med de nuværende prisforhold i afregningsmodellen vil kvierne med det højeste NTM således have en samlet økonomiske værdi af ydelse (mælk, fedt og protein) som er omkring 600 kroner højere end dyrene med lavt NTM i både 1. og 2. laktation, når der opdeles på NTM_{genomisk} sammenlignet med $NTM_{\text{forældre}}$.

For frugtbarhed og yversundhed er NTM_{genomisk} også mindst lige så god eller bedre til at finde de dyr som klarer sig bedst, sammenlignet med $NTM_{\text{forældre}}$. For frugtbarhed har kvierne med højest NTM 15 dage kortere tomperioden i 1. laktation end kvierne med lavest NTM, når de sorteres ud fra NTM_{genomisk} . Forskellen er 7 dage hvis de sorteres på $NTM_{\text{forældre}}$. I 2. laktation er der ingen forskel. For yversundhed er NTM_{genomisk} også bedre til at identificere de dyr som klarer sig bedst i 1. laktation, mens der ikke er forskel i 2. laktation.

Konklusioner er, at set over både ydelse, frugtbarhed og yversundhed er de genomiske avlsværdital bedre til at finde de kvier, der klarer sig bedst og dermed har det højeste økonomiske potentiale. Vi forventer tilsvarende effekt for de øvrige egenskaber i avlsarbejdet. Vil du vise mere om værdien af genomisk test af malkekvægs krydsninger kan du kontakte din avlsrådgiver

Besætninger i analysen

Analysen omfattede danske besætninger. Udgangspunktet var kviekalve født efter 2013, og kun genomisk testede dyr blev inkluderet.

Yderligere var et minimumsniveau for registrering påkrævet. Besætningerne skulle have mindst 20 dyr med ydelsesregistreringer, samt registreringer for frugtbarhed og yversundhed. Hvis dette ikke var tilfældet, blev registreringerne for den pågældende egenskab slettet.