

STØTTET AF

Mælkeafgiftsfonden

Ny metode til beregning af avlsværdital for malkeracerne

Anders Fogh, Terhi Vahlsten og Carolina Markey

Single Step er en ny metode til at beregne avlsværdital. Den vil gradvist erstatte den nuværende to-trins-metode for alle egenskaber og medføre mere nøjagtige avlsværdier. Indekset for Sparet foder er allerede baseret på denne nye type metode og vil blive efterfulgt af Eksteriør i november 2022.

Avlsværdivurderingen forbedres konstant, når der er mere viden til rådighed, eller når computerkapaciteten forøges. I de nordiske lande har genomisk testede dyr tidligere fået beregnet avlsværdital med en to-trins-metode for alle egenskaber undtagen Sparet foder. I det første trin beregnes traditionelle avlsværdier uden genomisk information. I det andet trin kombineres disse avlsværdier med genomisk information. Dyr, der ikke har en genomisk test, indgik kun i det første trin.

Større computerkapacitet har dog gjort det muligt at anvende en ny metode, kaldet Single Step, der kombinerer afstamning, registreringer og genotype i én og samme beregning. Med denne metode får både genomisk testede dyr og ikke-genomisk testede dyr beregnet avlsværdital samtidigt. Denne metode har flere fordele og vil gradvist erstatte den nuværende metode for alle egenskaber.

Højere sikkerhed – nu og i fremtiden

Når al information fra både genotypede og ikke-genotypede dyr bruges samtidigt, øges sikkerheden. Dette skyldes, at afstamning, registreringer og genotyper vil blive vægtet sammen på en mere optimal måde.

De traditionelle metoder, vi bruger i dag som en del af to-trins-metoden, bygger på flere antagelser. Den vigtigste er, at det gennemsnitlige avlsmæssige niveau af insemineringstyre og mødrene til næste generation af kviekalve er lig med gennemsnittet af forældrene. Dette er ikke tilfældet, når vi gradvist bruger genomisk selektion mere intenst og derved er i stand til at udvælge netop de insemineringstyre og hundyr, der har modtaget de bedste gener fra forældrene. Det kan få indflydelse på avlsværditalenes udvikling i fremtiden.

Al information bruges for insemineringstyre

I den nuværende nordiske avlsværdivurdering bruger vi generelt al tilgængelig information. For insemineringstyre sker der dog det, at når de opnår en høj sikkerhed baseret på egne døtre, bortfalder den genomiske information. Ved brug af Single Step metoden bruges al information – altid.