

Malkekvægskrydsninger og genomiske avlsværdital

De første skridt mod genomiske avlsværdital for malkekvægskrydsninger er taget



medarbejdere fra VikingDanmark, der har stået for indsamlingen af vævsprøver. Det har været et stort logistisk arbejde at sikre, at alle krydsningskombinationer er repræsenterede,” siger projektleder Jørn Rind Thomasen fra VikingGenetics.

”

Vi vil fra projektets side gerne sige tak til de deltagende besætninger

JØRN RIND THOMASEN, PROJEKTLEDER

Indsamlingen af vævsprøver i DairyCross har ført til bestemmelsen af genotypen på omkring 6.000 krydsningskøer. Det er første skridt mod at kunne beregne genomiske avlsværdital for malkekvægskrydsninger i Danmark. Genomiske avlsværdital giver et rigtig godt grundlag for at kunne bruge køns-sorteret sæd og kødkvægssæd mere målrettet og dermed opnå en større avlsmæssig fremgang i besætningen.

Vævsprøver er første trin

I GUDP-projektet DairyCross er der indsamlet og analyseret vævsprøver fra krydsninger i 75 besætninger. Krydsningerne er forskellige kombinationer af Holstein, RDM og Jersey. Det er avlseråd-givere og inseminører, der har stået for indsamlingen af vævsprøver.

”Vi vil fra projektets side gerne sige tak til de deltagende besætninger og de

Nødvendigt at etablere en referencepopulation for krydsninger

Ud over genotyperne i DairyCross er der også genotypet knap 2.000 danske og svenske Montbéliarde-krydsninger i EU-projektet GenTORE. Tilsammen danner disse dyr grundstammen i den referencepopulation, der skal sikre genomiske avlsværdital for krydsningerne. Og i den sammenhæng har det været meget vigtigt, at de besætninger, som har deltaget, er gode til at registrere. ”Der har været stor opbakning fra de mælkeproducenter, der er blevet kontaktet i forbindelse med indsamlingen af vævsprøver, og mange har givet udtryk for, at de ser frem til at få genomiske avlsværdital på krydsningerne,” siger Jørn Rind Thomasen.

Målet er genomiske avlsværdital for malkekvægskrydsninger

Bestemmelsen af genotyperne er kun første skridt på vejen mod, at krydsningerne får genomiske avlsværdital. Næste skridt bliver at udvikle metoder til at beregne genomiske avlsværdital for egenskaberne i NTM. Dette arbejde foregår ved Center for Kvantitativ Genetik og Genomforskning ved Aarhus Universitet. Vi forventer fra projektets side, at vi kan publicere genomiske avlsværdital for nogle af egenskaberne i NTM på krydsningerne i første halvdel af 2021. ●

