

# **Intern rapport for projektet Strategier for anvendelse af genomiske test på besætningsniveau**

Projektet er udarbejdet som et samarbejde mellem Line Hjortø, Jehan Ettema (SimHerd A/S), Anders Christian Sørensen (AU), Morten Kargo (AU/VFL), Anders Fogh (VFL) og Torben Nørremark (VD)



Rapporten er udarbejdet i 2012 af Line Hjortø

## Indhold

Baggrund .....	3
Formål.....	3
Strategier .....	3
Scenarier.....	4
Reproduktionseffektivitet .....	4
Kønssorteret sæd .....	4
Genomiske test.....	5
Grafisk illustration af scenarierne .....	5
Ekstra-scenarier.....	6
Simuleringsprogrammer.....	6
SimHerd .....	7
ADAM.....	7
Modelbesætningen i SimHerd.....	7
Overordnet avlsplan .....	10
Populationen .....	11
Modelbesætningen i ADAM .....	12
Gennemsnitsbesætningen.....	13
Simulering af sande avlsværdier og fænotypiske værdier .....	13
Avlsmål og estimerede avlsværdier .....	15
Resultater .....	16
SimHerd .....	16
ADAM.....	19
Samlet økonomisk resultat.....	21
Maksimumbeløb for en genomisk test.....	23
Diskussion.....	24
Egne resultater .....	24
Udenlandske undersøgelser .....	25
Konklusion .....	26
Litteraturliste.....	26

## Baggrund

Ved genomisk selektion udnytter man kendskabet til sammenhængen mellem et meget stort antal SNPer fordelt over kvægets DNA og avlsværdital for afprøvede tyre til at beregne unge dyrs avlsmæssige niveau for alle egenskaber i avlsmålet. Det betyder i praksis, at genomisk selektion gør det muligt at bestemme unge dyrs avlsmæssige niveau med langt større sikkerhed end tidligere. For at kunne bruge denne metode skal de unge dyr være genomisk testede. En genomisk test er en bestemmelse af dyrets DNA i en vævs- eller blodprøve. Metoden har hidtil primært været brugt til at bestemme det avlsmæssige niveau for unge tyre, men den kan i princippet være med til at bestemme det avlsmæssige niveau for alle dyr med få fænotypiske registreringer. Anvendelse af genomiske test vil derfor også gøre det muligt at udvælge de avlsmæssigt bedste hundyr med stor sikkerhed.

I øjeblikket er prisen på en genomisk test høj (740 kr. den 14. marts 2012), og det er derfor kun relevant at genotype i forbindelse med udvælgelse af tyremødre eller ungtyre til kvægavlsforeningen. Forventningen er dog, at prisen på en genomisk test vil falde yderligere inden for de kommende år. Prisfaldet kan ske som følge af fremskridt inden for genotypningsteknologien, udvikling af mindre tætte markørpaneler koblet med imputation eller som en kombination af begge. Anvendelse af genomiske test kan derfor blive relevant ved udvælgelse af de avlsmæssigt bedste køer, som skal producere mælk i besætningen, eller de hundyr, som skal producere næste generation af kviekalve. Dette vil gøre teknikken interessant i alle besætninger.

## Formål

Formålet med projektet er, at undersøge tekniske og økonomiske konsekvenser af forskellige strategier for anvendelse af genomiske test på besætningsniveau. Herunder skal det belyses hvilke grupper af hundyr det er mest fordelagtigt at genotype.

## Strategier

I projektansøgningen er der nævnt to mulige strategier, der sammen med et højere genetisk niveau kan være med til at finansiere brugen af kønssorteret sæd (KSS) og genomiske test: (1) produktion af krydsningskalve til slagting og (2) produktion af renracede kælvekvier til levebrug. I dette projekt bruges betegnelsen KSS kun om sæd, der fortrinsvis indeholder sædceller med et x-kromosom. Som følge af den nuværende økonomiske situation er der i praksis fokus på at anvende sæd fra kødkvæg til de avlsmæssigt dårligste hundyr i besætningen. Derfor prioriterer vi denne strategi højere end strategien, hvor der udelukkende produceres renracede kælvekvier.

Vi ønsker at undersøge scenarier med KSS og genomiske test op imod scenarier med KSS og uden genomiske test. Det vil også være relevant at teste scenarierne op imod et scenarie uden KSS og uden genomiske test, men med en lav udskiftningsprocent og gode reproduktionsresultater.

## Scenarier

### Reproduktionseffektivitet

Vi simulerer tre niveauer for reproduktionseffektivitet i modelbesætningen (Tabel 1). Disse tre niveauer indgår også i beregningerne i ReproManagement – sund fornuft, kapitel 1. Det er kun inseminerings- og drægtighedsprocenten for køerne, der ændres. Forudsætningerne for kvierne ændres ikke. Dette er muligvis ikke helt i overensstemmelse med, hvad man vil se i praksis, men det er lettere at fortolke resultaterne, når man kun ændrer få faktorer.

Tabel 1. Insemineringsprocent, drægtighedsprocent og reproduktionseffektivitet for de tre niveauer for reproduktionseffektivitet.

Scenarie	Insemineringsprocent	Drægtighedsprocent	Reproduktionseffektivitet
Lav	27	35	0,09
Gennemsnitlig	36	42	0,15
Høj	51	49	0,25

Reproduktionseffektiviteten og udskiftningsprocenten har afgørende betydning for aldersfordelingen i besætningen. Vi har i dette projekt valgt at undersøge fire kombinationer af reproduktionseffektiviteten og udskiftningsprocenten. Disse fire kombinationer er:

- Lav reproduktionseffektivitet og en udskiftning på 44 %
- Gennemsnitlig reproduktionseffektivitet og en udskiftning på 41 %
- Høj reproduktionseffektivitet og en udskiftning på 38 %
- Høj reproduktionseffektivitet og en udskiftning på 33 %

Udskiftningsprocenten har desuden betydning for, hvor meget kødkvægssæd der kan bruges i besætningen. En anden begrundelse for at undersøge to niveauer for udskiftningsprocenten inden for besætningen med høj reproduktionseffektivitet er derfor, at udskiftningsprocenten og dermed brugen af kødkvægssæd ikke er optimeret inden for de tre niveauer for reproduktionseffektivitet, således at dækningsbidraget er maksimeret.

### Kønssorteret sæd

Det er nødvendigt at bruge KSS i besætninger med lav eller gennemsnitlig reproduktionseffektivitet, hvis der både skal produceres renracede kviekalve til indsætning i besætningen og kødkrydsningskalve til slagtning. Vi forudsætter, at den anvendte kødkvægssæd er Dansk Blåkvæg.

Vi har valgt at undersøge følgende otte niveauer for brug af KSS i modelbesætningen:

- Ingen brug af KSS
- 40 % kvier
- 60 % kvier
- 80 % kvier
- 40 % kvier og 20 % førstekalvskøer
- 40 % kvier og 40 % førstekalvskøer
- 60 % kvier og 20 % førstekalvskøer
- 60 % kvier og 40 % førstekalvskøer

For at kunne estimere effekten af de otte niveauer for KSS, holdes udskiftningsprocenten konstant inden for de fire niveauer for reproduktionseffektivitet og udskiftningsprocent og på tværs af de otte niveauer for KSS.

Kvier og køer insemineres med traditionel sæd fra malkekvæg, hvis de ikke er drægtige efter to insemineringer med KSS. Kvier insemineres dog maksimalt to gange med traditionel sæd fra malkekvæg, og køer insemineres med traditionel sæd fra malkekvæg indtil de når grænsen for den sidste insemineringsdag. Denne er 336 og 308 dage fra kælvning for hhv. højtydende førstekalvskøer og ældre køer. Insemineringsperioden er 105 dag kortere end de førnævnte perioder for lavtydende førstekalvskøer og ældre køer. Kvier, der ikke skal insemineres med KSS, insemineres med traditionel sæd fra malkekvæg, da risikoen for en vanskelig kælvning er høj, hvis der anvendes sæd fra kødkvæg til kvier.

Andelen af køer, der kan insemineres med sæd fra kødkvæg, afhænger af brugen af KSS, reproduktionseffektiviteten og udskiftningsprocenten, og den skal derfor tilpasses individuelt for hver kombination af disse tre faktorer.

## Genomiske test

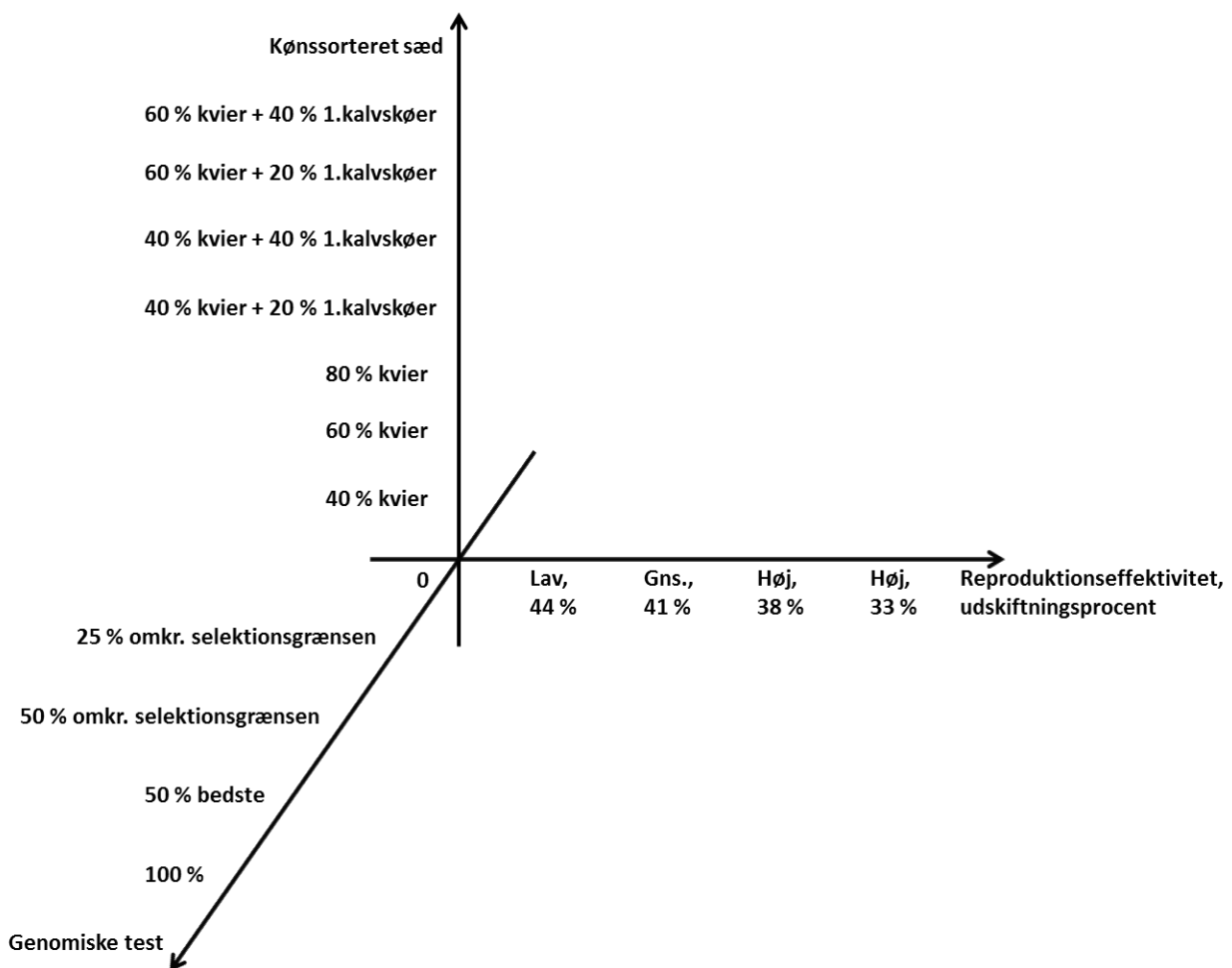
Formålet med projektet er bl.a. at belyse, hvilken gruppe af hundyr, kvægbrugeren får mest ud af at genotype. Derfor har vi valgt at undersøge fem niveauer for hvor stor en andel af kvierne, der bør gentyper:

- Ingen brug af genomiske test
- 25 % omkring selektionsgrænsen
- 50 % omkring selektionsgrænsen
- 50 % bedste
- 100 %

I dette projekt tager vi udgangspunkt i en mælkeproduktionsbesætning og ikke i en besætning, der har fokus på at sælge avlsdyr. Vi ønsker derfor at finde ud af, hvor få kvier kvægbrugeren kan nøjes med at genotype og samtidig være i stand til at inddele dyrene i grupper afhængig af, om de skal udsættes eller insemineres med KSS, traditionel sæd eller kødkvægssæd. Kvierne udvælges til genotypning efter deres totaløkonomiske indeks.

## Grafisk illustration af scenarierne

Figur 1 er en grafisk illustration af scenarierne. De 32 scenarier i xy-planen bliver analyseret i simuleringssprogrammet SimHerd. De scenarier i xyz-planen (op til 160 scenarier), som, vi vurderer, er relevante i praksis, vil blive analyseret i simuleringssprogrammet ADAM.



Figur 1. Illustration af scenarierne med reproduktionseffektivitet og udskiftningsprocent på x-aksen, KSS-strategi på y-aksen og genotypningsstrategi på z-aksen.

## Ekstra-scenarier

Vi valgte desuden at undersøge ti ekstra-scenarier for modelbesætningen med høj reproduktionseffektivitet. På trods af at der ikke anvendes KSS i de ti ekstra-scenarier, bliver der produceret et overskud af kvier, fordi reproduktionseffektiviteten er høj, og fordi der ikke anvendes kødkvægssæd. I fem af de ti ekstra-scenarier bliver alle overskudskvier afprøvet i besætningen, mens overskudskvierne bliver solgt i de resterende fem scenarier. Disse to niveauer for håndtering af overskudskvier bliver undersøgt i kombination med de fem genotypningsstrategier (GT-strategier). Udskiftningsprocenten er 49 og 37 % i de scenarier, hvor overskudskvierne hhv. afprøves i besætningen eller sælges.

## Simuleringsprogrammer

Det har ikke været muligt at finde ét program, der kan beregne den samlede økonomiske effekt af forskellige niveauer og strategier relateret til både management og avl. Derfor har vi valgt at bruge to programmer: SimHerd og ADAM.

## SimHerd

SimHerd er en mekanistisk, dynamisk og stokastisk computermodel, der kan simulere den aktuelle situation for hvert enkelt dyr i en malkekvægsbesætning under forskellige managementscenarier. Et dyrs aktuelle situation defineres vha. dets alder, paritet, laktationsstadium, aktuelle mælkeydelse, vægt, udsætningsstatus, reproduktionsstatus, celletal og sygdomsstatus samt en permanent komponent for ydelsespotentiale. Fremskrivningen af den aktuelle situation foretages uge for uge for hvert dyr i besætningen. SimHerd skal i dette projekt bruges til at beregne virkningen af forskellige niveauer for reproduktionseffektivitet og udskiftningsprocent samt forskellige strategier for brug af KSS på dækningsbidraget.

## ADAM

ADAM er et computerprogram, der modellerer avlsplaner ved hjælp af stokastisk simulering (Pedersen et al., 2009). Programmet simulerer en population af dyr og følger genetiske ændringer i populationen under forskellige avlsscenarier. Programmet kan håndtere forskellige populationsstrukturer, genetiske modeller, udvælgelsesstrategier og parringsdesign. ADAM skal i dette projekt bruges til at beregne effekten af forskellige strategier for brug af KSS og genomisk information på den avlsmæssige fremgang.

Det er tanken, at scenarierne i SimHerd skal køres før scenarierne i ADAM, og at input- og outputparametrene fra SimHerd skal bruges som inputparametre i ADAM, således at beregningsgrundlaget er det samme i de to programmer. Hvis nogle af scenarierne i SimHerd viser sig at være urealistiske i praksis, vil vi ikke køre disse scenarier i ADAM, men i stedet bruge tiden på de scenarier, der har praktisk relevans.

## Modelbesætningen i SimHerd

Modelbesætningen i dette projekt er den samme som i ReproManagement – sund fornuft, kapitel 1, og beskrivelsen af modelbesætningen i dette projekt er i meget høj grad baseret på beskrivelsen i førnævnte kapitel.

Modelbesætningen er en Holsteinbesætning, hvor sundhedsniveauet svarer til en gennemsnitlig dansk Holsteinbesætning i 2011 og besætningsstørrelsen og ydelsesniveauet er lidt højere end gennemsnittet. Der blev ikke brugt KSS, kødkvægssæd eller genomiske test i modelbesætningen fra ReproManagement – sund fornuft. Modelbesætningen er defineret på baggrund af resultaterne fra Benchmarking (VFLKvæg, maj 2011), KvægInfo 1929a (Ancker et al., 2008), KvægInfo 1597 samt diverse videnskabelige artikler (se [www.simherd.com](http://www.simherd.com)).

Vi har valgt at tage udgangspunkt i denne modelbesætning, fordi vi mener, at den er aktuel, og fordi det dermed er muligt at sammenholde resultaterne fra ReproManagement – sund fornuft med resultaterne fra dette projekt. Desuden har Holstein på nuværende tidspunkt højere sikkerheder på de genomiske

avlsværdital end RDM og Jersey. På det genomiske område kan modelbesætningen dermed repræsentere et fremtidigt niveau for de to andre racer.

Der er dog brugt en anden startsituation for kvierne i dette projekt end i ReproManagement-projektet, idet der i ReproManagement-projektet var forholdsvis få kvier i startsituationen. Dette er slet ikke en atypisk situation, men det betyder, at antal kvier stiger gennem mange år, idet modelbesætningen med en gennemsnitlig reproduktionseffektivitet kun lige akkurat er selvrekutterende. Der går derfor lang tid før besætningen er oppe på et stabilt niveau (se f.eks. udviklingen af antal kvier i ReproManagement – sund fornuft). For at undgå andre effekter på resultaterne end effekterne af KSS og kødkvægssæd er der i denne analyse brugt cirka det samme antal kvier i startsituationen, som besætningen vil få på sigt. Konsekvensen af at have flere kvier ved starten er, at udskiftningsprocenten er en smule højere (ét procentpoint) end i ReproManagement-projektet, idet der er lidt flere kvier til rådighed til udskiftning.

I tabellen nedenfor er der givet et udpluk af modelbesætningens nøgletal (Tabel 2). Disse nøgletal indgår i SimHerd-analyserne, mens det kun er nogle af nøgletallene, der indgår i ADAM-analyserne.

Tabel 2. Nøgletal for modelbesætningen.

Nøgletal	Middelværdi
Aktuelt antal køer	211
Aktuelt antal kvier	191
<b>Reproduktion</b>	
Start inseminering for køer, dage efter kælvning	49
Dage fra kælvning til 1. inseminering for køer, gennemsnit	94
Dage fra kælvning til 1. inseminering for køer, spredning	41
Insemineringsprocent for køer, %	36
Drægtighedsprocent for køer der insemineres med malkekvægsæd, %	42
Drægtighedsprocent for køer der insemineres med kødkvægsæd (faktor 1,1), %	46
Insemineringsprocent for kvier, %	60
Drægtighedsprocent for kvier, %	55
Alder ved første kælvning, mdr.	25,7
Andel påbegyndte, %	85
Andel drægtige 150 dage efter kælvning, %	52
Andel drægtige af kælvende, %	65
Insemineringer pr. drægtighed, antal	2,42
Kælvninger pr. årsko, antal	1,03
Dødfødsel, %	6
Døde kalve, %	7,4
<b>Omsætning</b>	
Udskiftning, %	41
Solgte renracede kælvkvier, antal	0
Købte renracede kælvkvier, antal	0
Solgte renracede tyrekalve, antal	105
<b>Mælkeproduktion</b>	
Ydelse pr. årsko, kg EKM	10.161



Ydelse 1 – 24 uger efter kælvning for køer i 1. paritet, kg EKM	30,4
Ydelse 1 – 24 uger efter kælvning for køer i 2. og senere paritet, kg EKM	36,8
Ydelsesfald 60 – 305 dage efter kælvning for køer i 1., 2. og senere paritet, %	12; 29; 34
Celletal, leveret	233.000
Celletal, alle køer	246.000
<b>Sundhed, antal pr. 100 årskøer</b>	
Mælkefeber	3,9
Kælvningsbesvær	14,1
Børbetændelse	17,8
Ketose	8,2
Tilbageholdt efterbyrd	11,2
Løbedrejning	2,9
Klinisk yverbetændelse	43
Subklinisk yverbetændelse	122
Digital dermatitis	50
Klovbrandbyld	4,6
Klov- og lemmelidelser	24,7
Døde køer	5,6

I dette projekt bliver alle renracede kviekalve i besætningen, mens alle tyrekalve og krydsningskvier sælges. Vi har valgt at ajourføre priserne for kælvkvier, renracede kalve og krydsningskalve samt udgifterne, der er forbundet med at inseminere, så disse prisforudsætninger varierer i forhold til prisforudsætningerne i ReproManagement – sund fornuft, kapitel 1. For at få så aktuelle priser som muligt har vi rådført os med Per Spleth (VFL, Kvæg – d. 26. marts 2012) og Torben Nørremark (VikingDanmark - d. 23. marts 2012). I SimHerd sælges tyrekalvene, når de er én dag gamle. Prisen for disse slagtekalve korrigeres, således at der tages højde for en fodringsperiode på 14 dage. Tabel 3 viser prisforudsætningerne for alle scenarier i SimHerd.

Tabel 3. Prisforudsætninger for alle scenarier i SimHerd.

Prisforudsætninger	kr.
<b>Indtægter</b>	
EKM, kg	2,6
Slagtepris for en renracet malkeko, kg levende vægt	7,0
Renracet kælvkvie*	10.000
Renracet tyrekalv**	524
Kødkvægskrydsning – kviekalv**	451
Kødkvægskrydsning – tyrekalv**	1.106
<b>Udgifter</b>	
Fuldfoder til køer, FE	1,4
Grovfoder til kvier, FE***	1,0
Kraftfoder til kvier, FE***	1,7
Afgræsning til kvier i 1. sæson, pr. græsdag***	5,4
Afgræsning til kvier i 2. sæson, pr. græsdag***	8,4
Mælkefeber	640

Børbetændelse	300
Ketose	200
Tilbageholdt efterbyrd	200
Yverbetændelse	500
Digital dermatitis	190
Klovbrandbyld	330
Klov- og lemmelidelser	480
Traditionel sæd fra afkomsundersøgte tyre inkl. besøg og inseminering	180
Traditionel sæd fra ungtyre (GenVik) inkl. besøg og inseminering	135
KSS fra malkekvæg inkl. besøg og inseminering	365
Kødkvægssæd inkl. besøg og inseminering	190
Øvrige omkostninger til dyrlæge, avls- og kvægbrugsrådgiver, pr. årsko	1.700
Øvrige omkostninger til vaccinationer mm., pr. årskvie***	100
<p>* I Simherd sælges kvierne ved kælving. Prisen fra budgetkalkulerne er derfor forhøjet.</p> <p>** Markedspriserne (MP) er reducerede for at korrigere for kalvedødelighed (3 %) og fodring gennem 14 dage (5 kg mælk pr. dag og 2,6 kr. pr. kg mælk). Priserne, som modellen har regnet med, er derfor: <math>((MP - 14 \times 5 \times 2,6) \times 0,97 - 0,03 \times 7 \times 5 \times 2,6)</math>. Det antages, at de 3 % døde kalv kun er blevet fodret gennem 7 dage.</p> <p>*** Opdrætsomkostningerne er på cirka 7,5 kr. pr. dag og 5.800 kr. fra fødsel til 1. kælving.</p>	

Resultaterne fra dette projekt vil afvige fra resultaterne ReproManagement-projektet, idet vi har valgt ikke at inddrage genetik i SimHerd-beregningerne, idet alle aspekter vedrørende avl beregnes i ADAM. I dette projekt har alle dyr i SimHerd en avlsværdi, men den videregives ikke til afkommet. I stedet bliver hver nyfødt kalv tildelt en avlsværdi fra en distribution med et gennemsnit på nul og ikke et gennemsnit baseret på forældrenes niveau.

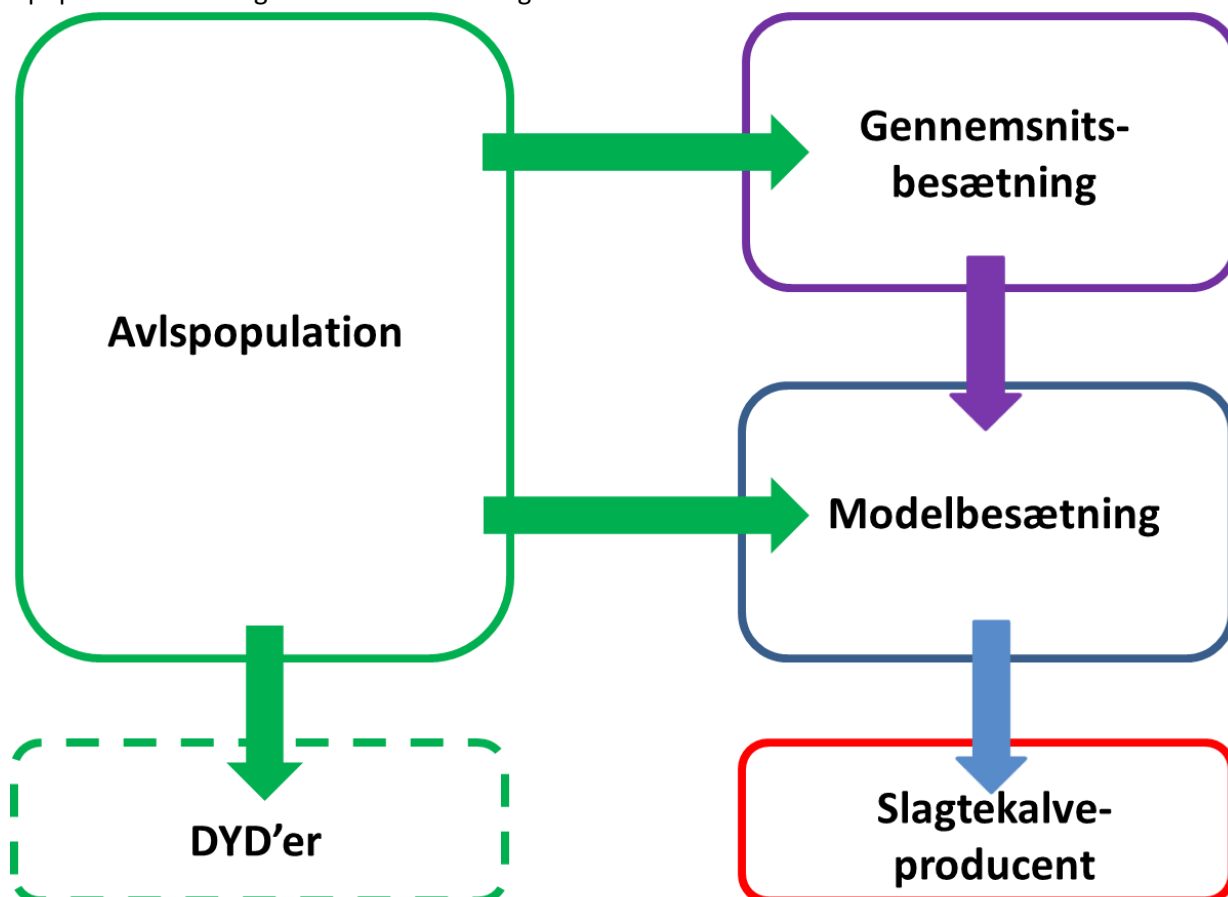
Kriteriet, som hunddyrene udvælges efter, ændrer sig i takt med, at køerne begynder at producere mælk. Kvierne med de højeste indekser og førstekalvskøerne med de højeste mælkeydelser (ren fænotype) insemineres med KSS, så der produceres nok kviekalve til at supplere besætningen, dvs. ikke et overskud af kviekalve, der kan selekteres iblandt. Køerne, der skal insemineres med kødkvægssæd, udvælges på baggrund af deres aktuelle mælkeydelse. Det har ikke nogen betydning, at disse lavtydende køer udvælges på baggrund af deres fænotype, for de kan ikke give deres avlsmæssige niveau for ydelse videre til afkommet.

Hvert scenarie i SimHerd dækker en 20-årig periode og gentages 1000 gange. Resultaterne baseres på gennemsnitlige værdier for de sidste 10 år.

## Overordnet avlsplan

I ADAM simuleres to besætninger samt den øvrige Holsteinpopulation: (1) modelbesætningen, (2) en gennemsnitsbesætning, hvorfra der kan købes kælvekvier og (3) avlspopulationen, hvor alt avlsarbejde i den øvrige population foregår. Det har ikke nogen betydning for resultaterne, at avlsarbejdet er samlet ét sted og ikke fordelt ud på mange besætninger som i praksis.

Figur 2 viser, hvordan genetisk materiale og dyr kan flyttes mellem de simulerede besætninger og avlspopulationen. Der simuleres ikke en decideret slagtekalveproducent, men alle kalve, der ikke er renrace kviekalve, flyttes væk fra modelbesætningen, og ingen af disse kalve flyttes hen til avlspopulationen eller gennemsnitsbesætningen.



Figur 2. Præsentation af hvordan tyresæd (grønne pile) og dyr (lilla og blå pile) kan flyttes mellem modelbesætningen, gennemsnitsbesætningen, avlspopulationen og slagtekalveproducenten. Registreringer til afkomsundersøgelse af tyrene kommer fra besætninger uden for avlspopulationen i form af døtregruppeafvigelse, DYDer.

## Populationen

Avlspopulationen repræsenterer en lukket avlskerne i en population af Holstein. En basepopulation af ubeslægtede dyr genereres og fordeles mellem aldersgrupperne et til otte år for hundyr og et til seks år for handyr. Avlspopulationen består af 2.000 køer og omkring 1.000 kælvkvier. De 2.000 hundyr, der skal blive i avlspopulationen, selekteres på baggrund af EBVer. Det vil ikke have nogen effekt at genotype tyremødrene, idet alle tyrekalve bliver genomisk testet. Hundyrene i avlspopulationen insemineres med traditionel malkekævsæd, og de producerer ét levedygtigt afkom hver med en kønsfordeling på 1:1. Selektionen af hundyr finder sted hvert år, og alle selekterede hundyr er mellem et og fem år gamle.

Der genotypes 1.000 renrace tyre hvert år. Tyrene er ét år gamle, når de genotypes, og de udvælges ved trunkering på baggrund af forældrenes gennemsnitlige EBVer eller GEBVer, hvis sidstnævnte er til rådighed.

Blandt de genotypedede tyre udvælges der hvert år 100 tyre, som afkomsundersøges. Tyrene udvælges på baggrund af GEBVer og ved trunkering.

I dette projekt anvendes en avlsplan med unge, genomisk testede tyre og afkomsundersøgte tyre. Dermed indeholder brugsplanen både unge tyre og afkomsundersøgte tyre, sådan som det er tilfældet i praksis. De 16 højest rangerende unge, genomisk testede tyre og de 16 højest rangerende afkomsundersøgte tyre udvælges hvert år ved trunkering. For disse aktive tyre gælder, at de unge, genomisk testede tyre udvælges blandt tyre, der er højest fire år gamle, og at de afkomsundersøgte tyre udvælges blandt tyre, der er mindst fem år gamle. Tyrene bruges tilfældigt og i lige store andele blandt hundryrene i avlspopulationen. Antallet af unge, genomisk testede tyre og antallet af afkomsundersøgte tyre, der skaber en avlsfremgang på tre NTM-enheder pr. år svarende til 225 kr. pr. år, blev fastlagt i et pilotstudie. Som det fremgår af tabel 4, opnås denne avlsfremgang ved hvert år at anvende 16 unge, genomisk testede tyre og 16 afkomsundersøgte tyre.

Tabel 4. Den årlige genetiske fremgang for det samlede indeks ( $\Delta G$ ) i kr., mælkeproduktionssegenskaben (MÆLK) og den funktionelle egenskab (FUNK) i genetiske standardafvigelser samt standardfejlene på estimerne (SE) ved anvendelse af et forskelligt antal unge, genomisk testede tyre (UT) og afkomsundersøgte tyre (AT)

# UT	# AT	$\Delta G$	SE ( $\Delta G$ )	MÆLK	SE (MÆLK)	FUNK	SE (FUNK)
8	8	243,6	0,20	0,234	0,003	0,160	0,002
10	10	239,6	0,19	0,227	0,002	0,160	0,002
12	12	233,9	0,17	0,221	0,002	0,157	0,002
14	14	229,4	0,14	0,223	0,002	0,148	0,002
16	16	226,7	0,13	0,220	0,002	0,146	0,002
18	18	222,7	0,13	0,215	0,002	0,145	0,002
20	20	220,1	0,14	0,212	0,002	0,144	0,002
22	22	219,1	0,14	0,210	0,002	0,144	0,002

Alle kandidater, der ikke udvælges som aktive tyre, og alle tyre, som er mere end seks år gamle, udsættes. Der gemmes dog 5.000 sæddoser fra hver tyr, der afkomsundersøges.

De aktive tyre, der bruges i model- og gennemsnitsbesætningen, er de samme 32 tyre som anvendes i avlspopulationen. Dermed vil disse besætninger få del i den avlsfremgang, der genereres i avlspopulationen.

## Modelbesætningen i ADAM

Inputparametrene til ADAM-simuleringerne består af en kombination af input- og outputparametrene fra SimHerd-simuleringerne. Blandt de væsentligste outputparametre fra SimHerd er fordelingen af antal renracede kviekalve født af en given gruppe af hundryr defineret ud fra hundryrenes alder og hvilken type af sæd, de var insemineret med. Detaljerne omkring denne fordeling kan ses i regnearket GSherd\_numbers.

Selektionsgrænsen, der omtales ovenfor i afsnittet om genomiske test, er grænsen for, om en kvie skal insemineres med KSS eller traditionel malkekvægsæd. Hvis der ikke anvendes KSS i det pågældende

scenarie bliver de 25 eller 50 % midterste kvier genotypet. Kvierne udvælges ved trunkering. Tabel 5 viser, hvor mange kvier der bliver genotypet inden for hvert scenarie.

Tabel 5. Antallet af genomiske test inden for de fire genotypningsstrategier (GT-strategi) og de fire niveauer for reproduktionseffektivitet og udskiftningsprocent. Antallet af genomiske test er uafhængigt af KSS-strategi.

GT-strategi	2	3	4	5
<b>Lav RE (44 %)</b>	-	-	-	-
<b>Gns. RE (41 %)</b>	22	44	44	87
<b>Høj RE (38 %)</b>	20	40	40	81
<b>Høj RE (33 %)</b>	17	34	34	69

Halvdelen af de køer, der ikke skal insemineres, bortselekteres tilfældigt. Blandt de resterende udvælges køerne, der skal producere krydsningskalve, som de dårligste køer i besætningen, og de udvælges ved trunkering indenfor aldersgruppe på det totaløkonomiske indeks. Der simuleres ikke Blåkvæg i avlspopulationen men udelukkende Holstein. Køerne i modelbesætningen, der skal producere krydsningskalve, insemineres derfor med traditionel sæd fra avlspopulationen. Det forudsættes dog, at disse køer udelukkende får tyrekalve. Dette kan bruges som et redskab til at styre, hvor mange renracede kviekalve, der fødes i modelbesætningen hvert år og af hvilke køer. Det har ingen betydning for resultaterne, at køerne insemineres med sæd fra Holsteintyre og ikke med sæd fra Blåkvægstyre, da tyrekalvene fra modelbesætningen altid flyttes til en slagtekalveproducent og dermed aldrig bliver kandidater i avlspopulationen (Figur 2).

### Gennemsnitsbesætningen

Gennemsnitsbesætningen består af 200 hundy, der udvælges tilfældigt. Der bruges KSS til alle hundy, hvormed der produceres et overskud af kvier. Af den årsag er det altid muligt for modelbesætningen at købe kvier fra gennemsnitsbesætningen, hvis dette skulle blive aktuelt. Det er tilfældigt, hvilke kvier der sælges fra gennemsnitsbesætningen, hvor det i praksis formentlig ville være de dårligste, der blev solgt fra.

Hvert scenarie i ADAM dækker en 25-årig periode og gentages 100 gange. Resultaterne baseres på gennemsnitlige værdier for de sidste 10 år.

### Simulering af sande avlsværdier og fænotypiske værdier

Der simuleres sande avlsværdier for mælkeproduktionsegenskaben og den funktionelle egenskab for alle dyr. Derudover simuleres der fænotypiske værdier for alle køer, der afslutter første laktation, og døtregruppeafvigelse (DYD) for alle afkomsundersøgte tyre, der er fem år gamle. DYDerne simuleres på baggrund af 150 og 135 døtre med registreringer for hhv. mælkeproduktionsegenskaben og den funktionelle egenskab. Direkte genomiske værdier (DGV) for mælkeproduktionsegenskaben og den funktionelle egenskab simuleres for alle genotypedede dyr uden at simulere kromosomer, gener eller markører. Denne metode er sammenlignelig med den metode, som Dekkers (2007) udviklede.

Den genetiske varians sættes til én, så den genetiske fremgang udtrykkes i genetiske standardafvigelser. Som følge heraf er residualvariansen og co-varianserne skalerede. Vi bruger følgende genetiske og miljømæssige parametre til at simulere sande avlsværdital, fænotypiske værdier, DYDer og DGVer:

$$\mathbf{G} = \begin{bmatrix} 1 & -0,30 & 0,74 & -0,201 \\ -0,30 & 1 & -0,222 & 0,67 \\ 0,74 & -0,222 & 1 & -0,149 \\ -0,201 & 0,67 & -0,149 & 1 \end{bmatrix},$$

$$\mathbf{R} = \begin{bmatrix} 2,33 & 0,748 & 0 & 0 \\ 0,748 & 24 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0,01 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0,01 \end{bmatrix}$$

De genetiske og miljømæssige (co)-variansmatricer,  $\mathbf{G}$  og  $\mathbf{R}$ , er  $4 \times 4$  matricer. De to første egenskaber er mælkeproduktionsegenskaben og den funktionelle egenskab, og de to sidste egenskaber er DGVerne for mælkeproduktionsegenskaben og den funktionelle egenskab. De genetiske og miljømæssige parametre beregnes som i Dekkers (2007) og er baseret på de antagne heritabiliteter, genetiske korrelationer og sikkerheder på DGVerne. Heritabiliteten for mælkeproduktionsegenskaben og den funktionelle egenskab er hhv. 0,30 og 0,04, og den genetiske korrelation mellem egenskaberne er -0,30. Hver DGV har en heritabilitet på 0,99. Den genetiske korrelation til den sande avlsværdi for den observerede egenskab er kvadratroden af sikkerheden på DGV'en, dvs. 0,74 for mælkeproduktionsegenskaben og 0,67 for den funktionelle egenskab. Heritabiliteten for DGVerne er gentagelseskoefficienten for markørinformationen, og den genetiske korrelation medfører en sikkerhed på 55 og 45 %. Vi anvender en heritabilitet på 0,99 (i stedet for 1) for at sikre, at  $\mathbf{R}$  er positiv definit.

For hvert dyr  $i$  i basepopulationen beregnes en vektor af sande avlsværdital ( $\mathbf{tbv}_i$ ) for alle simulerede egenskaber vha. følgende formel:

$$\mathbf{tbv}_i = \mathbf{L}' \times \mathbf{r}_1$$

hvor  $\mathbf{L}'$  er Cholesky dekompositionen af den genetiske (co)-variansmatrice  $\mathbf{G}$ , og  $\mathbf{r}_1$  er en vektor af tilfældige tal fra en standardiseret normalfordeling.

I senere generationer simuleres  $\mathbf{tbv}_i$  som:

$$\mathbf{tbv}_i = 0.5 \times (\mathbf{tbv}_{i(\text{sire})} + \mathbf{tbv}_{i(\text{dam})}) + \sqrt{0.5} \times (\mathbf{L}' \times \mathbf{r}_1)$$

For hvert hundyr  $i$  beregnes en vektor af observationer ( $\mathbf{obs}_i$ ) for alle simulerede egenskaber, dvs. både observerede egenskaber og DGVer, vha. følgende formel:

$$\mathbf{obs}_i = \mathbf{tbv}_i + \mathbf{C}' \times \mathbf{r}_2$$

hvor  $\mathbf{C}'$  er Cholesky dekompositionen af den miljømæssige (co)-variansmatrice  $\mathbf{R}$ , og  $\mathbf{r}_2$  er en vektor af tilfældige tal fra en standardiseret normalfordeling.

For unge, genotypedede tyre simuleres  $\mathbf{obs}_i$  for DGVerne med den samme formel som for hundyr, og for afkomsundersøgte tyre simuleres  $\mathbf{obs}_i$  for den observerede egenskab som to gange DYDen vha. den følgende formel:

$$\mathbf{obs}_i = \mathbf{tbv}_i + 2 \times (\mathbf{D} \times \mathbf{L}' \times \mathbf{r}_1 + \mathbf{C}' \times \mathbf{r}_2) \times \mathbf{N}$$

hvor  $\mathbf{D}$  er en diagonalmatrice med diagonalelementer lig med  $\sqrt{0,5 + 0,25 \times (1 - h^2)}$ , hvor  $h^2$  er heritabiliteten for den pågældende egenskab, og  $\mathbf{N}$  er en diagonalmatrice, der indeholder ettaller divideret med kvadratroden af antal døtre med registreringer for hver egenskab.

## Avlsmål og estimerede avlsværdier

Avlsmålet består af en mælkeproduktionsegenskab og en funktionel egenskab, der skal repræsentere hhv. alle mælkeproduktionsegenskaber og alle funktionelle egenskaber. De økonomiske værdier for disse to egenskaber er 622,50 og 615,00 kr. pr. genetisk standardafvigelse. Som følge heraf er standardafvigelsen på avlsmålet 732,14. Disse økonomiske værdier er fastsat, så korrelationen mellem det simulerede avlsmål og mælkeproduktionsegenskaben er lig med korrelationen mellem det nordiske totaløkonomiske indeks (NTM) og ydelsesindekset. Avlsmålet er det samme i alle scenarier.

Avlsværditalle præsenteres vha. en konventionel multivariat best linear unbiased prediction (BLUP) model, og de er sammenlignelige med GEBVer med back-blending i avlsplaner med genomisk selektion:

$$\mathbf{y} = \mathbf{Xb} + \mathbf{Za} + \mathbf{e}$$

hvor  $\mathbf{y}$  er en vektor af fænotypiske observationer for køer, to gange DYDen for afkomsundersøgte tyre, og DGVer for genotypede dyr,  $\mathbf{b}$  er en vektor af systematiske besætning-år-sæson-effekter,  $\mathbf{a}$  er en vektor af tilfældige dyreffekter,  $\mathbf{e}$  er en vektor af tilfældige residualeffekter,  $\mathbf{X}$  og  $\mathbf{Z}$  er incidensmatricer, der forbinder fænotypiske observationer med systematiske effekter og tilfældige dyreffekter. Besætning-år-sæson-effekten modelleres ved at fordele dyr på en af fire sæsoner inden for besætning og år. For afkomsundersøgte tyre gælder, at alle DYDer tildeles den samme besætning-år-sæson-effekt inden for år.

Den følgende (co)-variansstruktur anvendes til at prædiktere avlsværdital:

$$\begin{pmatrix} \mathbf{a} \\ \mathbf{e} \end{pmatrix} \sim N\left(0; \begin{bmatrix} \mathbf{G} \otimes \mathbf{A} & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbf{R}^* \end{bmatrix}\right)$$

hvor matricen  $\mathbf{A}$  er slægtskabsmatricen mellem alle dyr, og matricen  $\mathbf{G}$  er den additive genetiske (co)-variansmatrice mellem egenskaber (som tidligere beskrevet). Matricen  $\mathbf{R}^*$  er defineret som:

$$\mathbf{R}^* = \begin{bmatrix} r_{1,1} \mathbf{W}_1 & \cdots & r_{1,i} \mathbf{W}_1^{1/2} \mathbf{W}_i^{1/2} & \cdots & r_{1,n} \mathbf{W}_1^{1/2} \mathbf{W}_n^{1/2} \\ \vdots & \ddots & & & \vdots \\ r_{i,1} \mathbf{W}_i^{1/2} \mathbf{W}_1^{1/2} & & r_{i,i} \mathbf{W}_i & & r_{i,n} \mathbf{W}_i^{1/2} \mathbf{W}_n^{1/2} \\ \vdots & & & \ddots & \vdots \\ r_{n,1} \mathbf{W}_n^{1/2} \mathbf{W}_1^{1/2} & \cdots & r_{n,i} \mathbf{W}_n^{1/2} \mathbf{W}_i^{1/2} & \cdots & r_{n,n} \mathbf{W}_n \end{bmatrix}$$

hvor matricen  $\mathbf{W}_i$  er en diagonalmatrix, der indeholder ettaller for køer og vægte for tyre for egenskaben  $i$ . Vægtene er en funktion af variansen for to gange DYDen og bliver udledt som det  $i$ 'te diagonalelement i den følgende matrix:  $4(\mathbf{DGD} + \mathbf{R})\mathbf{N}\mathbf{N}\mathbf{R}^{-1}$ . Matricerne  $\mathbf{D}$ ,  $\mathbf{N}$ ,  $\mathbf{G}$  og  $\mathbf{R}$  defineres som tidligere beskrevet. Matricen  $\mathbf{W}_i$  anvendes i stedet for en identitetsmatrice for at kunne inkludere tyre med DYDer i den samme model som hundyr med en enkelt observation pr. egenskab.  $r_{ij}$  er element i den  $i$ 'te række og den  $j$ 'te kolonne i  $\mathbf{R}$ , som er (co)-variansmatricen for residualeffekter (som tidligere beskrevet). Der anvendes de samme

varianskomponenter til at prædiktere avlsværdital som til at simulere data. Prædiktionen af avlsværdital udføres vha. DMU (Madsen & Jensen, 2008).

## Resultater

I dette afsnit beskrives først resultaterne fra SimHerd-simuleringerne og dernæst resultaterne fra ADAM-simuleringerne. Disse resultater skal betragtes som mellemregninger, og det er ikke tanken, at de skal præsenteres i artikler til LandbrugsInfo eller diverse avlsblade. Endelig præsenteres de samlede økonomiske resultater, hvor alle indtægter og udgifter er forsøgt medtaget. Resultaterne fra SimHerd-simuleringerne kan findes i regnearket "resultater NTM SimHerd 06072012" og resultaterne fra ADAM-simuleringerne kan findes i regnearkene "u44, Resultater fra ADAM-simuleringer", "u41, Resultater fra ADAM-simuleringer", "u38, Resultater fra ADAM-simuleringer", "u33, Resultater fra ADAM-simuleringer" og "Ekstra scenarier til u33, Resultater fra ADAM-simuleringer".

## SimHerd

Det er nødvendigt at købe kvier i samtlige scenarier af besætningen med lav reproduktionseffektivitet, selv om der anvendes KSS, og dermed er det ikke muligt at bruge kødkvægssæd (Tabel 6). Omvendt er det muligt at bruge kødkvægssæd i besætningen med gennemsnitlig reproduktionseffektivitet, hvis der også anvendes KSS. Der produceres et overskud af kvier i begge besætninger med høj reproduktionseffektivitet, uanset om der anvendes KSS eller ej. Dermed er det muligt at anvende kødkvægssæd i disse 16 scenarier.

Tabel 6. Indkøbte kælvkvier i procent af det samlede antal kvier (rød skrifttype) og køer, der insemineres med kødkvægssæd, i procent af det samlede antal køer (sort skrifttype) for 32 scenarier med otte niveauer for brug af kønssorteret sæd (KSS) og fire niveauer for reproduktionseffektivitet (RE) og udskiftningsprocent. Procentdelen er valgt således, at udskiftningsprocenten er den samme på tværs af de otte KSS-strategier inden for RE.

KSS-strategi	1	2	3	4	5	6	7	8
KSS kvier, %	0	40	60	80	40	40	60	60
KSS køer, %	0	0	0	0	20	40	20	40
Lav RE (44 %)	14	9	6	4	8	6	5	4
Gns. RE (41 %)	0	17	25	32	21	25	29	32
Høj RE (38 %)	28	38	43	48	41	44	46	49
Høj RE (33 %)	37	45	50	54	48	51	52	55

Dækningsbidraget pr. år er lavest i besætningen med lav reproduktionseffektivitet og højest i besætningen med gennemsnitlig reproduktionseffektivitet (Tabel 7). Det kan umiddelbart virke ulogisk, at dækningsbidraget er højere i besætningen med gennemsnitlig reproduktionseffektivitet end i besætningen med høj reproduktionseffektivitet. Årsagen er formentlig, at SimHerd (i disse beregninger) ikke tager højde for den avlsmæssige fremgang, der kan opnås ved at få renracede kviekalve efter de avlsmæssigt bedste hundyr og ved at undgå renracede afkom efter de avlsmæssigt dårligste køer. Værdien af dette beregnes i ADAM.



Tabel 7. Dækningsbidrag pr. år i millioner kr. for 32 scenarier med otte niveauer for brug af kønssorteret sæd (KSS) og fire niveauer for reproduktionseffektivitet (RE) og udskiftningsprocent.

KSS-strategi	1	2	3	4	5	6	7	8
KSS kvier, %	0	40	60	80	40	40	60	60
KSS køer, %	0	0	0	0	20	40	20	40
Lav RE (44 %)	2,56	2,58	2,60	2,63	2,59	2,60	2,61	2,63
Gns. RE (41 %)	2,86	2,85	2,85	2,84	2,85	2,85	2,84	2,84
Høj RE (38 %)	2,86	2,86	2,85	2,85	2,85	2,85	2,85	2,85
Høj RE (33 %)	2,81	2,81	2,81	2,81	2,81	2,81	2,81	2,80

I besætningen med lav reproduktionseffektivitet er dækningsbidraget pr. år højest ved brug af 80 % KSS til kvierne (KSS-strategi 4, Tabel 7). På trods af at KSS er væsentlig dyrere end traditionel sæd, kan denne strategi betale sig, fordi der skal indkøbes færre kvier. I besætningerne med gennemsnitlig og høj reproduktionseffektivitet (38 %) er dækningsbidraget pr. år højest for KSS-strategi 1. Årsagerne er formentlig, (1) at reproduktionseffektivitet er så god i disse besætninger, at de ikke behøver at købe kvier, (2) at KSS er væsentlig dyrere end traditionel sæd, og at SimHerd ikke tager højde for den avlsmæssige fremgang i disse beregninger og (3) at kødkvægssæd er dyrere end traditionel sæd, men at prisen på kødkvægskrydsninger ikke er så høj. I besætningen med høj reproduktionseffektivitet (33 %) er dækningsbidraget pr. år en smule højere for KSS-strategi 7 end for de øvrige scenarier. Det er ikke muligt at beregne, hvilke scenarier inden for reproduktionseffektivitet og udskiftningsprocent der er signifikant forskellige fra hinanden.

Forskellen i dækningsbidrag pr. år mellem modelbesætningen med en gennemsnitlig og en lav reproduktionseffektivitet skyldes hovedsageligt forskellen i indtægten fra mælk (Tabel 8). Den lavere mælkeydelse i besætningen med lav reproduktionseffektivitet er et resultat af færre kalve pr. årsko (1,03 vs. 0,84) og færre kg EKM pr. årsko (10.156 vs. 9.873).

Tabel 8. Udspecificering af dækningsbidrag (DB, kr.) pr. år og pr. årsko for modelbesætningen med en gennemsnitlig reproduktionseffektivitet (RE) samt forskelle i indtægter og udgifter mellem denne besætning og besætningerne med hhv. lav og høj RE. Der anvendes ikke KSS i disse fire scenarier.

	Gns. RE (44 %)	Lav RE (41 %)	Høj RE (38 %)*	Høj RE (33 %)*
<b>Indtægter</b>				
Mælk	5.556.633	-449.200	+22.337	-108.420
Køer	329.132	+14.657	-33.414	-82.267
Kvier	34.584	-8.263	-2.478	-7.403
Kalve	55.069	-13.415	+28.049	+31.749
Statusforskydning	-615	+1.415	+2.600	+1.261
I alt	5.974.802	-454.805	+17.093	-165.080
<b>Udgifter</b>				
Foder, køer	1.982.787	-154.954	+15.297	-24.811
Foder, kvier	516.986	-121.364	-35.447	-108.368
Kælvekvier	892	+210.247	-880	+236
Behandlinger	150.778	-39.924	+26.773	+22.108
Insemineringer	90.500	-23.770	+5.231	-2.027

<b>Øvrige omkostninger, køer</b>	358.147	-20.626	+1.473	-1.776
<b>Øvrige omkostninger, kvier</b>	19.581	-4.556	-1.342	-4.103
<b>I alt</b>	3.119.671	-154.946	+11.105	-118.741
<b>DB pr. år</b>	2.855.132	-299.858	+5.988	-46.339
<b>DB pr. årsko</b>	13.561	-682	-27	-154

\* Der anvendes kødkvægssæd til de dårligste køer.

Dækningsbidragene pr. år er meget lig hinanden i besætningen med høj reproduktionseffektivitet (38 %) og besætningen med gennemsnitlig reproduktionseffektivitet (Tabel 8). Forskellene skyldes især muligheden for en større slagtekalveproduktion, en mindre ungdyrbestand og flere behandlinger i besætningen med høj reproduktionseffektivitet (38 %).

Dækningsbidraget pr. år er omkring 46.000 kr. lavere i besætningen med høj reproduktionseffektivitet (33 %) end i besætningen med en gennemsnitlig reproduktionseffektivitet (Tabel 8). Det er vigtigt at holde sig for øje, at der anvendes forholdsvis meget kødkvægssæd til de dårligste køer i denne besætning, mens der ikke anvendes kødkvægssæd i besætningen med gennemsnitlig reproduktionseffektivitet. Af den årsag er scenarierne ikke helt sammenlignelige. Som følge af brugen af kødkvægssæd er udskiftningsprocenten lav, hvilket giver flere kælvninger og flere ældre køer i besætningen og dermed øget sygdomsrisiko. Man kunne overveje, om nogle af de syge køer skulle have været udsat tidligere, hvilket ville hæve udskiftningsprocenten og forbedre økonomien. I det valgte scenarie er anvendelsen af kødkvægssæd formentlig begyndt at påvirke ydelsen negativt. Det er derfor vigtigt, at brugen af kødkvægssæd ikke er højere end det niveau, vi har valgt i denne analyse.

Forskellen i DB mellem besætningen med høj (33 %) og gennemsnitlig reproduktionseffektivitet skyldes især lavere indtægter fra mælk og køer i besætningen med høj reproduktionseffektivitet. Der er mindst tre årsager til, at indtægterne fra mælk er lavere. Disse tre årsager er: (1) flere kælvninger, (2) flere ældre køer og (3) flere gold dage pr. årsko. Flere kælvninger og flere ældre køer øger som før nævnt risikoen for de fleste produktionssygdomme og resulterer derfor i flere sygdomstilfælde og lavere mælkeydelse. Som følge af et kortere kælvningsinterval (390 vs. 409 dage) har besætningen med høj reproduktionseffektivitet 2 % flere gold dage pr. årsko end besætningen med gennemsnitlig reproduktionseffektivitet. Denne stigning i antal gold dage resulterer i et ydelses tab på 200 kg, hvis udgangspunktet er 10.000 kg mælk, og er derfor af væsentlig betydning for mælkeydelsen. I denne undersøgelse opvejes ulemperne ved en høj reproduktionseffektivitet kun delvist af fordelene. Til eksempel resulterer en høj reproduktionseffektivitet i et kortere kælvningsinterval, og ældre køer har generelt en højere mælkeydelse end yngre køer. Som følge heraf er ydelsen pr. årsko korrigeret for antal gold dage højere i besætningen med høj reproduktionseffektivitet end i besætningen med gennemsnitlig reproduktionseffektivitet (11.251 vs. 11.130 kg). Resultaterne fra denne undersøgelse ville formentlig have set anderledes ud, hvis besætningen som udgangspunkt havde haft færre sygdomme, eller hvis ydelsesforskellen mellem de ældre køer og førstekalvskøerne havde været endnu højere. I denne undersøgelse udgør ydelsen blandt førstekalvskøerne 82 % af ydelsen blandt de ældre køer.

På udgiftssiden opvejes de lavere indtægter i høj grad af færre udgifter til foder til kvierne. Denne udgiftsreduktion skyldes den lave udskiftningsprocent og dermed en lille ungdyrbestand. Et dækningsbidrag

er defineret således, at pasningsomkostninger som f.eks. omkostninger til stald og arbejde ikke indgår. Selv om disse udgifter ikke indgår i dækningsbidraget, påvirker de kvægbrugerens økonomi i en positiv retning, og de mindsker forskellen mellem besætningen med høj (33 %) og gennemsnitlig reproduktionseffektivitet.

Dækningsbidraget pr. år er 2,90 og 2,88 millioner kr. for ekstra-scenarierne, hvor overskudskvierne hhv. sælges eller afprøves i besætningen. Ekstra-scenariet, hvor overskudskvierne sælges, resulterer dermed i det højeste dækningsbidrag af samtlige scenarier.

## ADAM

Tabel 10, 11, 12 og 13 viser den avlsmæssig overlegenhed hos de fire modelbesætninger ift. avlspopulationen, efter at evt. omkostninger til genomiske test er trukket fra. Resultaterne kan kun sammenlignes inden for tabel og indenfor kolonne. Dvs. disse tabeller viser, hvilken GT-strategi, der er den økonomisk fordelagtigste, givet besætningens reproduktionseffektivitet og givet valget af KSS-strategi. Tallene kan kun sammenlignes indenfor kolonne, da den avlsmæssige overlegenhed også er en funktion af KSS-strategi og omkostningerne til KSS er ikke medtaget i disse tabeller. Den avlsmæssige overlegenhed, efter at evt. omkostninger til genomiske test er trukket fra, er lavere i modelbesætningerne end i avlspopulationen for samtlige scenarier på nær to scenarier i besætningen med høj reproduktionseffektivitet og en udskiftning på 33 %.

De grønne markeringer i Tabel 10, 11, 12 og 13 viser det scenarie inden for tabel og kolonne, hvor den avlsmæssige overlegenhed ift. avlspopulationen er størst. Det kunne umiddelbart se ud til, at det er økonomisk fordelagtigt at genotype flere kvier, når reproduktionseffektiviteten stiger og udskiftningsprocenten falder (de grønne markeringer rykker sig nedad i tabellerne mod GT-strategi 5).

Besætningen med lav reproduktionseffektivitet er nødt til at købe kælvekvier, uanset hvilken KSS-strategi der anvendes. På den baggrund har vi valgt kun at undersøge GT-strategi 1, da vi mener, at det er nytteløst at genotype kvierne, når der ikke kan selekteres iblandt dem. Forskellen mellem det avlsmæssige niveau i avlspopulationen og modelbesætningen er mindst for KSS-strategi 4, hvor der bruges 80 % KSS til kvierne (Tabel 10).

Tabel 10. Avlsmæssig overlegenhed (kr.) hos besætningen med lav reproduktionseffektivitet i forhold til avlspopulationen fratrukket evt. omkostninger til genomiske test.

KSS-strategi	1	2	3	4	5	6	7	8
KSS kvier, %	0	40	60	80	40	40	60	60
KSS køer, %	0	0	0	0	20	40	20	40
<b>GT-strategi 1</b>	-34.671	-15.442	-17.266	<b>-8.409</b>	-20.594	-11.705	-15.334	-10.682

Den største avlsmæssige overlegenhed i besætningen med gennemsnitlig reproduktionseffektivitet fås ved at anvende KSS-strategi 7 og GT-strategi 2. I dette scenarie bliver der anvendt kødkvægssæd til 29 % af køerne. Den avlsmæssige effekt af, at de dårligste køer ikke får renracede afkom, er indregnet i disse resultater. Der bliver ikke anvendt KSS eller kødkvægssæd i KSS-strategi 1, hvorved der ikke er forskel på de gode og de mindre gode køers chance for at bidrage med hunligt afkom. Derfor er den avlsmæssige overlegenhed mindst for denne strategi.

Tabel 11. Avlsmæssig overlegenhed (kr.) hos besætningen med gennemsnitlig reproduktionseffektivitet ift. avlspopulationen fratrukket evt. omkostninger til genomiske test.

KSS-strategi	1	2	3	4	5	6	7	8
KSS kvier, %	0	40	60	80	40	40	60	60
KSS køer, %	0	0	0	0	20	40	20	40
<b>GT-strategi 1</b>	<b>-59.211</b>	<b>-28.119</b>	-27.449	<b>-6.552</b>	<b>-19.403</b>	-12.519	-16.448	-9.223
<b>GT-strategi 2</b>	-60.296	-32.117	<b>-12.921</b>	-15.392	-22.336	<b>-9.385</b>	<b>-542</b>	<b>-5.105</b>
<b>GT-strategi 3</b>	-67.655	-31.140	-19.116	-27.865	-45.023	-36.566	-5.508	-16.101
<b>GT-strategi 4</b>	-70.126	-31.370	-23.241	-18.513	-27.528	-15.717	-21.561	-15.195
<b>GT-strategi 5</b>	-85.111	-50.826	-39.042	-55.188	-49.313	-34.079	-42.960	-27.908

I besætningen med høj reproduktionseffektivitet og en udskiftning på 38 % giver KSS-strategi 8 og GT-strategi 2 den største avlsmæssige overlegenhed.

Tabel 12. Avlsmæssig overlegenhed (kr.) hos besætningen med høj reproduktionseffektivitet (udskiftning på 38 %) i forhold til avlspopulationen fratrukket evt. omkostninger til genomiske test.

KSS-strategi	1	2	3	4	5	6	7	8
KSS kvier, %	0	40	60	80	40	40	60	60
KSS køer, %	0	0	0	0	20	40	20	40
<b>GT-strategi 1</b>	-45.674	-25.110	-23.108	-32.319	-5.641	<b>-4.279</b>	<b>-4.783</b>	-9.068
<b>GT-strategi 2</b>	<b>-42.278</b>	<b>-8.094</b>	<b>-19.613</b>	-6.808	<b>-3.277</b>	-21.218	-5.940	<b>-1.480</b>
<b>GT-strategi 3</b>	-52.562	-9.985	-21.432	-21.130	-11.379	-6.639	-7.972	-7.873
<b>GT-strategi 4</b>	-54.714	-13.517	-26.806	<b>-4.091</b>	-28.809	-4.360	-5.801	-13.657
<b>GT-strategi 5</b>	-60.260	-29.378	-30.193	-25.455	-33.134	-25.186	-32.904	-31.596

I scenariet KSS-strategi 8 og GT-strategi 5 og scenariet KSS-strategi 5 og GT-strategi 4 er den avlsmæssige overlegenhed fratrukket evt. omkostninger til genomiske test højere i besætningen med høj reproduktionseffektivitet og en udskiftning på 33 % end i avlspopulationen. Dette skyldes en højere selektionsintensitet på hundyr, der giver renracet, hunligt afkom, i modelbesætningen, hvor der bruges KSS, end i avlspopulationen, hvor der ikke bruges KSS.

Tabel 13. Avlsmæssig overlegenhed (kr.) hos besætningen med høj reproduktionseffektivitet (udskiftning på 33 %) ift. avlspopulationen fratrukket evt. omkostninger til genomiske test.

KSS-strategi	1	2	3	4	5	6	7	8
KSS kvier, %	0	40	60	80	40	40	60	60
KSS køer, %	0	0	0	0	20	40	20	40
<b>GT-strategi 1</b>	-48.510	-27.527	-7.997	-10.766	-35.269	-5.357	<b>-5.323</b>	-13.941
<b>GT-strategi 2</b>	<b>-44.672</b>	<b>-23.951</b>	-16.841	-14.852	-10.178	-9.844	-18.106	-1.168
<b>GT-strategi 3</b>	-55.064	-29.721	-33.525	<b>-10.148</b>	-8.123	-12.089	-13.183	-898
<b>GT-strategi 4</b>	-53.291	-25.385	<b>-3.607</b>	-12.899	<b>370</b>	-12.985	-15.725	-13.688
<b>GT-strategi 5</b>	-49.911	-33.364	-27.512	-24.091	-36.787	<b>-3.205</b>	-21.417	<b>2.251</b>

I ekstra-scenarierne, hvor der ikke anvendes KSS og kødkvægssæd, er det mest fordelagtigt at genotype de midterste 25 % af kvierne og mindst fordelagtigt at genotype alle kvier (Tabel 14).

Tabel 14. Avlsmæssig overlegenhed (kr.) hos besætningen med høj reproduktionseffektivitet ift. avlspopulationen fratrukket evt. omkostninger til genomiske test, når overskudskvierne enten sælges eller afprøves i besætningen (ekstra-scenarier).

Overskudskvier	Sælges	Afprøves
----------------	--------	----------

GT-strategi 1	-62.505	-46.088
GT-strategi 2	<b>-56.988</b>	<b>-34.948</b>
GT-strategi 3	-67.824	-55.808
GT-strategi 4	-65.518	-64.206
GT-strategi 5	-87.035	-81.696

## Samlet økonomisk resultat

De følgende tabeller viser modelbesætningens årlige dækningsbidrag korrigeret for avlsmæssigt niveau ift. avlspopulationen. I disse resultater er der både taget højde for management (SimHerd), avlsfremgang (ADAM) og evt. omkostninger til genomiske test (740 kr. pr. test).

Den lave reproduktionseffektivitet skyldes som tidligere beskrevet lave inseminerings- og drægtighedsprocenter for køerne, men ikke for kvierne. Det var derfor forventeligt, at der ville være en positiv økonomisk effekt af at bruge KSS til kvierne i modelbesætningen med lav reproduktionseffektivitet, da det er omkostningstungt at købe kælvekvier (Tabel 15). Forskellen mellem scenarierne med det højeste og det laveste dækningsbidrag er omkring 100.000 kr. og skyldes alene brugen af KSS. Der tages ikke højde for den smitterisiko, der er forbundet med at indkøbe dyr til besætningen i SimHerd og ADAM. Dette kan dog have stor økonomisk betydning for besætningen og taler yderligere for brugen af KSS (Tabel 6).

Tabel 15. Dækningsbidrag (kr.) for besætningen med lav reproduktionseffektivitet korrigeret for avlsmæssigt niveau ift. avlspopulationen for GT-strategi 1.

KSS-strategi	1	2	3	4	5	6	7	8
Kvier, %	0	40	60	80	40	40	60	60
Køer, %	0	0	0	0	20	40	20	40
<b>1</b>	<b>2.520.603</b>	2.563.888	2.583.333	<b>2.622.593</b>	2.566.836	2.584.256	2.595.854	2.617.150

GT-strategi 2 giver det højeste dækningsbidrag inden for kolonne, hvis der anvendes KSS-strategi 3, 6, 7 eller 8 (Tabel 16). En mulig forklaring kunne være, at når der anvendes KSS til 80 % af kvierne, er der mindre sandsynlighed for, at en kvie omrangerer, og at der træffes andre valg mht. inseminering med KSS, end hvis der anvendes KSS til 40 eller 60 % af kvierne, fordi forskellen mellem den dårligste og den bedste udvalgte kvie er større ved 80 % (intervallet under normalfordelingskurven er bredere) end ved 40 og 60 % (intervallet under normalfordelingskurven er smallere).

Dækningsbidraget er højere for KSS-strategi 6 end for KSS-strategi 7, hvis der ikke genotypes nogen kvier (GT-strategi 1, Tabel 16). Omvendt er dækningsbidraget højere for KSS-strategi 7 end for KSS-strategi 6, hvis 25 % af kvierne omkring selektionsgrænsen genotypes. Dette kunne indikere en vekselvirkning mellem KSS- og GT-strategierne. Det er ikke muligt på baggrund af disse resultater at fastslå, om der er en vekselvirkning mellem KSS- og GT-strategierne, da vi ikke kan beregne om forskellene er signifikante.

Tabel 16. Dækningsbidrag (kr.) for besætningen med gennemsnitlig reproduktionseffektivitet korrigeret for avlsmæssigt niveau ift. avlspopulationen for GT-strategi 1 til 5.

KSS-strategi	1	2	3	4	5	6	7	8
Kvier, %	0	40	60	80	40	40	60	60
Køer, %	0	0	0	0	20	40	20	40
<b>1</b>	2.795.921	2.825.291	2.818.894	2.833.563	2.832.951	2.834.768	2.825.155	2.835.460

2	2.794.836	2.821.292	2.833.422	2.824.723	2.830.017	2.837.901	2.841.062	2.839.578
3	2.787.477	2.822.269	2.827.227	2.812.250	2.807.330	2.810.720	2.836.096	2.828.582
4	2.785.005	2.822.039	2.823.102	2.821.602	2.824.825	2.831.569	2.820.043	2.829.488
5	2.770.020	2.802.583	2.807.301	2.784.927	2.803.040	2.813.207	2.798.643	2.816.775

GT-strategi 2 og 3 er til forskel fra GT-strategi 4 designet ud fra selektionsgrænsen for kvierne. For KSS-strategi 6 og 7 er dækningsbidraget for besætningen med høj reproduktionseffektivitet og 38 % udskiftning for GT-strategi 4 sammenlignet med GT-strategi 2 og 3 højere end forventet (Tabel 17). Det kan skyldes, at selektionsgrænsen for kvierne ikke er den eneste vigtige selektionsgrænse i dyrenes levetid. Blandt kvierne er selektionsgrænsen afgørende for, om de insemineres med KSS eller traditionel sæd. Uanset om de insemineres med den ene eller den anden type sæd, har de dog en chance for at få et renracet afkom. Blandt køerne er selektionsgrænserne bl.a. afgørende for, om de slagtes, eller om de insemineres med kødkvægssæd, dvs. ikke får chancen for at få et renracet afkom. Hvis kvægbrugeren vælger at genotype de 50 % bedste dyr (GT-strategi 4), er der stor sandsynlighed for, at disse dyr får lov til at leve videre, og at senere udvælgelsestrin kan baseres på et sikkert grundlag.

Tabel 17. Dækningsbidrag (kr.) for besætningen med høj reproduktionseffektivitet (38 %) korrigeret for avlsmæssigt niveau ift. avlspopulationen for GT-strategi 1 til 5.

KSS-strategi	1	2	3	4	5	6	7	8
Kvier, %	0	40	60	80	40	40	60	60
Køer, %	0	0	0	0	20	40	20	40
1	2.815.446	2.831.358	2.829.747	2.817.623	2.848.290	2.849.820	2.845.092	2.840.276
2	2.818.842	2.848.374	2.833.242	2.843.134	2.850.653	2.832.881	2.843.935	2.847.864
3	2.808.558	2.846.483	2.831.423	2.828.812	2.842.552	2.847.460	2.841.903	2.841.471
4	2.806.406	2.842.951	2.826.049	2.845.851	2.825.122	2.849.740	2.844.075	2.835.687
5	2.800.860	2.827.089	2.822.663	2.824.487	2.820.796	2.828.913	2.816.971	2.817.748

Værdierne i tabel 18 er lavere end i tabel 17, fordi udskiftningsprocenten er for lav (Se evt. diskussionen under SimHerd-resultaterne). Den lavere udskiftningsprocent og dermed større andel af ældre køer bidrager ikke tilstrækkeligt til en større genetisk overlegenhed, der kan kompensere for den lavere ydelse og flere sygdomstilfælde.

Tabel 18. Dækningsbidrag (kr.) for besætningen med høj reproduktionseffektivitet (33 %) korrigeret for avlsmæssigt niveau ift. avlspopulationen for GT-strategi 1 til 5.

KSS-strategi	1	2	3	4	5	6	7	8
Kvier, %	0	40	60	80	40	40	60	60
Køer, %	0	0	0	0	20	40	20	40
1	2.760.284	2.783.017	2.798.189	2.799.055	2.772.358	2.800.226	2.805.401	2.789.868
2	2.764.121	2.786.593	2.789.345	2.794.969	2.797.448	2.795.740	2.792.618	2.802.641
3	2.753.729	2.780.823	2.772.661	2.799.673	2.799.504	2.793.494	2.797.541	2.802.911
4	2.755.502	2.785.160	2.802.579	2.796.922	2.807.996	2.792.598	2.794.999	2.790.121
5	2.758.882	2.777.181	2.778.674	2.785.730	2.770.840	2.802.378	2.789.307	2.806.060

Hvis kvægbrugeren vælger at genotype nogle af sine dyr og at bruge kødkvægssæd for at undgå et evt. overskud af kvier, bør det ud fra et økonomisk perspektiv kombineres med anvendelsen af KSS. Dette er et overordnet resultat, der både gælder besætninger med gennemsnitlig og høj reproduktionseffektivitet.

Ekstra-scenariet, hvor alle overskudskvier afprøves i besætningen, og de midterste 25 % af kvierne genotypes, giver det højeste dækningsbidrag (2.867.324 kr. pr. år) blandt samtlige scenarier (Tabel 19). Dækningsbidraget er dermed knapt 16.700 kr. højere pr. år for dette scenarie, end for scenariet hvor reproduktionseffektivitet er høj (38 %), og der anvendes KSS-strategi 5 og GT-strategi 2. Vi kan desværre ikke beregne, om forskellen er signifikant.

Tabel 19. Dækningsbidrag (kr.) for besætningen med høj reproduktionseffektivitet korrigeret for avlsmæssigt niveau ift. avlspopulationen, når overskudskvierne sælges eller afprøves i besætningen (ekstra-scenarier).

Overskudskvier	Sælges	Afprøves
GT-strategi 1	2.816.763	2.856.184
GT-strategi 2	<b>2.822.280</b>	<b>2.867.324</b>
GT-strategi 3	2.811.445	2.846.464
GT-strategi 4	2.813.751	2.838.066
GT-strategi 5	<b>2.792.233</b>	<b>2.820.576</b>

### Maksimumbeløb for en genomisk test

Tabel 20 viser, hvor meget en genomisk test maksimalt må koste, for at det er økonomisk fordelagtigt at genotype nogle af kvierne, dvs. hvor langt prisen for en genomisk test skal ned, for at dækningsbidraget ikke længere er højest for GT-strategi 1 inden for et givet niveau for reproduktionseffektivitet og udskiftningsprocent og en given KSS-strategi.

For 17 af de 24 scenarier, vi har undersøgt, er dækningsbidraget højest, hvis kvægbrugeren vælger at genotype nogle af kvierne. For fem af de resterende syv scenarier skal prisen sænkes med mindre end 140 kr., for at det er rentabelt at genotype nogle af kvierne.

Tabel 20. Den maksimale pris (kr.) for en genomisk test for at det er økonomisk fordelagtigt at genotype nogle af kvierne. Denne beregning er kun relevant for de scenarier, hvor GT-strategi 1 resulterede i det højeste dækningsbidrag.

KSS-strategi	1	2	3	4	5	6	7	8
KSS kvier, %	0	40	60	80	40	40	60	60
KSS køer, %	0	0	0	0	20	40	20	40
Gns. RE (41 %)	690	670	-	465	605	-	-	-
Høj RE (38 %)	-	-	-	-	-	735	710	-
Høj RE (33 %)	-	-	-	-	-	-	505	-

Tabel 21 viser, hvor meget en genomisk test maksimalt må koste, for at det er økonomisk fordelagtigt at genotype alle kvier, dvs. hvor langt prisen for en genomisk test skal ned, for at dækningsbidraget er højest for GT-strategi 5 inden for et givet niveau for reproduktionseffektivitet og udskiftningsprocent og en given KSS-strategi.

GT-strategi 5 giver det højeste dækningsbidrag i to af de 24 scenarier, vi har undersøgt (Tabel 21). I begge scenarier er reproduktionseffektiviteten høj, og udskiftningen er på 33 %. Hvis prisen for en genomisk test halveres til 370 kr., er det fordelagtigt at genotype alle kvier i yderligere seks scenarier. I fem af disse seks scenarier er reproduktionseffektiviteten høj (udskiftning på 38 eller 33 %).



Tabel 21. Den maksimale pris (kr.) for en genomisk test for at det er økonomisk fordelagtigt at genotype alle kvier. Denne beregning er kun relevant for de scenarier, hvor GT-strategi 5 ikke resulterede i det højeste dækningsbidrag, når prisen for en genomisk test er 740 kr.

KSS-strategi	1	2	3	4	5	6	7	8
KSS kvier, %	0	40	60	80	40	40	60	60
KSS køer, %	0	0	0	0	20	40	20	40
<b>Gns. RE (41 %)</b>	330	280	275	*	230	310	*	385
<b>Høj RE (38 %)</b>	445	265	525	215	205	230	75	160
<b>Høj RE (33 %)</b>	635	510	55	340	*	**	500	**

\* Den avlsmæssige overlegenhed er højere før korrektion for genotypningsomkostninger for en af de andre GT-strategier end for GT-strategi 5.

\*\* Den avlsmæssige overlegenhed er ved 740 kr. pr. genomisk test højere for GT-strategi 5 end for de andre GT-strategier.

En genomisk test må maksimalt koste 300 og 140 kr., for at det er økonomisk fordelagtigt at genotype alle kvier i besætningen med høj reproduktionseffektivitet, når overskudskvierne hhv. sælges eller afprøves i besætningen (ekstra-scenarier). Prisforskellen er et udtryk for, at værdien af genomisk information er mere værd, når overskudskvierne sælges end når de indgår i besætningen. Den noget højere værdi for nogle af scenarierne i tabel 21 indikerer, at selektionen blandt hundyr til inseminering med kødkvægssæd kan betale for dyrere genomiske tests, da værdien af deres afkom er højere.

## Diskussion

### Egne resultater

I hovedparten af de undersøgte scenarier er det økonomisk fordelagtigt at bruge KSS. Hvis en forholdsvis stor andel af mælkeproducenterne vælger at bruge KSS til de avlsmæssigt bedste hundyr i deres besætninger, er det nødvendigt, at kvægavlsforeningen hurtigt og effektivt screener populationen af hundyr for dermed at sikre sig, at der fødes tyrekalve efter de avlsmæssigt bedste hundyr i populationen.

På trods af den forholdsvis høje pris for en genomisk test er det i mange scenarier økonomisk fordelagtigt at genotype nogle af kvierne. Hvis en betydelig andel af hundyrerne i produktionsbesætningerne genotypes, vil der være flere dyr, der kan indgå i referencepopulationen og dermed gen-estimeringen af markøreffekterne. I denne undersøgelse er der ikke taget højde for effekten af køer i referencepopulationen på selektionssikkerheden og dermed den genetiske fremgang. Som følge heraf kan effekten af den genetiske fremgang på det økonomiske resultat for modelbesætningen være underestimeret.

Det er muligt at generere mere sofistikerede parringsplaner, der kan bidrage til at øge den genetiske fremgang og minimere det genetiske slægtskab, hvis det bliver almindelig praksis at genotype malkekøer. Værdien af sådanne parringsplaner er ikke inkluderet i disse beregninger.

Beregningerne af avlsmæssig overlegenhed korrigeret for omkostninger til genotypning inkluderer ikke diskontering og der er derfor tale om ligevægtsbetragtninger. Da omkostningerne til igangsætning af en bestemt GT-strategi må forventes at ligge tidligt og resultaterne i form af producerende, avlsmæssigt overlegne hundyr foreligger senere vil der være tale om en nettoudgift i starten. Analysen i dette projekt giver ikke svar på, hvornår en investering kan forventes at være betalt tilbage.



I dag er det ikke tilladt at bruge genomiske test til forældreskabstest. Det betyder i praksis, at afstamningen (evt. kun faderen) ikke bliver slettet på kvægdata-basen, selvom den ifølge testresultaterne er forkert. Det forventes dog, at ICAR inden for en overskuelig fremtid vil komme med nogle retningslinjer for at bruge genomiske test til forældreskabstest. I dag bliver hovedparten af forældreskabstestene taget i forbindelse med stambogsføring og registrering af ET-kalve, hvor der er anvendt sæd fra flere tyre. Det kan derfor være svært at argumentere for, at udgifterne til genomiske test kan træde i stedet for udgifterne til forældreskabstest i en traditionel mælkeproduktionsbesætning. Hvis det bliver almindelig praksis at genotype hundyr, kan en sikker bestemmelse af afstamningen dog være en gevinst for de besætninger, der ønsker at sanere for eksempelvis paratuberkulose.

## Udenlandske undersøgelser

Weigel et al. (2012) kvantificerede i deres undersøgelse den genetiske fremgang, der kan opnås i en kommerciel mælkeproduktionsbesætning ved at bruge genomiske test til at udvælge, hvilke hundyr der skal blive i besætningen, og hvilke der skal udsættes. Resultaterne fra Weigel et al. (2012) viste, at den genetiske fremgang for kviekalve og etårige kvier ligger i intervallet fra 19 til 87 \$ ved udvælgelse af hhv. de 20 % bedste og de 80 % bedste (Tabel 10). Ved udvælgelse af de 20 % bedste kviekalve og etårige kvier er den bedste strategi at genotype de 50 % bedste dyr, ved udvælgelse af de 40 og 60 % bedste ungdyr bør alle dyr genotypes, og ved fravælgelse af de 20 % dårligste ungdyr er den bedste strategi at genotype de 50 % dårligste dyr. Undersøgelsen af Weigel et al. (2012) viste desuden, at genomisk information bliver mindre værdifuldt, jo flere fænotypiske registreringer der er til rådighed, og at den bedste strategi er at genotype dyrene omkring selektionsgrænsen (Tabel 10).

Tabel 10. Forskelle i det totaløkonomiske indeks (US\$) for dyr med fuld afstammingsinformation, der selekteres vha. genomiske avlsværdital og traditionelle avlsværdital, afhængig af selekteret andel og aldersgruppe. Omkostningerne til genomiske test er fratrukket (Modificeret efter Weigel et al., 2012)<sup>1</sup>.

Selekteret andel	Top 20 %	Top 40 %	Top 60 %	Top 80 %
<b>Kviekalve</b>	87 <sup>B</sup>	47 <sup>A</sup>	33 <sup>A</sup>	19 <sup>D</sup>
<b>Etårige kvier</b>	84 <sup>B</sup>	47 <sup>A</sup>	33 <sup>A</sup>	21 <sup>D</sup>
<b>1.kalvskøer</b>	42 <sup>B</sup>	31 <sup>M</sup>	20 <sup>M</sup>	11 <sup>D</sup>
<b>2.kalvskøer</b>	32 <sup>B</sup>	27 <sup>M</sup>	17 <sup>M</sup>	9 <sup>D</sup>
<b>3.kalvskøer</b>	18 <sup>B</sup>	22 <sup>M</sup>	13 <sup>M</sup>	3 <sup>D</sup>

<sup>1</sup> Tekstmarkeringen viser den genotypningsstrategi, der maksimerer ovennævnte forskel:

A = alle dyr inden for den pågældende aldersgruppe genotypes;

B = de 50 % bedste dyr inden for den pågældende aldersgruppe genotypes;

M = de 50 % midterste dyr inden for den pågældende aldersgruppe genotypes;

D = de 50 % dårligste dyr inden for den pågældende aldersgruppe genotypes.

Weigel et al. (2012) foretog de samme beregninger som i tabel 10 for dyr med kendt far eller uden afstammingsinformation. Resultaterne fra disse beregninger viste, at genomisk information bliver mere og mere værdifuldt, jo mindre vi ved om dyrets avlsmæssige potentiale. Denne sammenhæng gælder uanset om denne viden kommer fra afstammingsinformation eller egen præstation. Resultaterne viste desuden, at kvægbrugeren i højere grad kan nøjes med at genotype en del af dyrene, hvis information om fænotype og/eller afstamning er til rådighed.

Pryce et al. (2012) finder i deres undersøgelse et nettoudbytte på 46 € pr. ko diskonteret over fire generationer (345 kr.), når der genotypes 40 kvier med det formål at udvælge de 20 bedste som erstatningskvier (pr. 100 køer). I denne beregning er omkostningerne til genomiske test fordelt på de erstatningskvier, der beholdes. Forudsætningerne for beregningen er, at erstatningskvierne selekteres på

baggrund af det irske Economic Breeding Index (EBI), at standardafvigelsen for EBI er 62 € (465 kr.), og at en genomisk test koster 29 € pr. ko (218 kr.). Det er imidlertid omkostningsfrit at bruge forældrenes gennemsnitlige avlsværdi, og disse kan allerede nu bruges til at udvælge erstatningskvier (Pryce et al., 2012). På den baggrund skal prisen for en genomisk test sænkes til 15 € pr. ko (113 kr.), for at det bliver økonomisk rentabelt udelukkende at bruge genomisk information til at selekttere erstatningskvier. Omkostninger til opdræt og salg er ikke inddraget i disse beregninger, da det antages, at kvægbrugeren ikke opdrætter et overskud af kvier udelukkende med det formål at sælge dem (Pryce et al., 2012).

## Konklusion

- Når man ser bort fra forskelle i avlsmæssigt niveau, er KSS kun rentabelt for besætninger med lav reproduktionseffektivitet (tabel 7). Omvendt er det altid fordelagtigt at anvende KSS i en eller anden form, når man inkluderer forskelle i avlsmæssigt niveau (tabel 15-18).
- Der synes at være en vekselvirkning mellem KSS-strategi og GT-strategi, således at det er mest fordelagtigt at anvende KSS og genomiske test i fællesskab. Vi har dog ikke mulighed for at beregne om forskellene mellem de samlede økonomiske resultater er signifikante, så vi kan ikke fastslå, om dette er tilfældet.
- Det giver ingen mening at genotype kvier i besætninger med lav reproduktionseffektivitet.
- I besætninger med gennemsnitlig reproduktionseffektivitet kan det kun i enkelte KSS-scenarier betale sig at genotype kvier, og i så fald er det den fjerdedel af kvierne, som, man er i tvivl om, skal insemineres med KSS eller ej.
- For besætninger med gennemsnitlig reproduktionseffektivitet skal prisen på en genomisk test kun falde til ca. 600 kr., for at det bliver økonomisk fordelagtigt at genotype mindst en andel af kvierne uanset valgt KSS-strategi.
- I besætninger med høj reproduktionseffektivitet kan det i de fleste scenarier betale sig at genotype mindst en andel af kvierne.

Dette projekt har ikke haft til mål at finde den optimale udsætningsprocent, men en udsætning på 33 % synes at være for lav, selv med en høj reproduktionseffektivitet.

## Litteraturliste

Ancker, M.-L., 2009. ReproManagement – sund fornuft, Kapitel 1, Strategi, Videncentret for Landbrug, Kvæg (Tilgængelig på: <http://www.landbrugsinfo.dk/Kvaeg/Reproduktion/Filer/Repro-kap1.pdf>; sidst set 2. juli 2012).

Dekkers, J.C.M. 2007. Prediction of response to marker-assisted and genomic selection using selection index theory. *J. Anim. Breed. Genet.* 124, 331-341.

Madsen, P. og Jensen, J. 2008. An user's guide to DMU: A package for analysing multivariate mixed models. Version 6, release 5.0, Aarhus Universitet, Foulum, Danmark (Tilgængelig på: <http://dmu.agrsci.dk>; sidst set 2. juli 2012).

Pedersen, L.D., Sørensen, A.C., Henryon, M., Ansari-Mahyari, S., og Berg, P. 2009. ADAM: A computer program to simulate selective breeding schemes for animals. *Livest. Sci.*, 121, 343-344.

Pryce, J.E., Hayes, B.J. og Goddard, M.E. 2012. Genomics – what does the future hold for dairy farmers? Artikel fra den 38. ICAR session, Cork, Irland (Tilgængelig på: [http://www.icar.org/Cork\\_2012/Manuscripts/Published/Pryce%201.pdf](http://www.icar.org/Cork_2012/Manuscripts/Published/Pryce%201.pdf); sidst set 2. juli 2012).

Weigel, K.A., Hoffman, P.C., Herring, W. og Lawlor Jr., T.J. 2012. Potential gains in lifetime net merit from genomic testing of cows, heifers, and calves on commercial dairy farms. *J. Dairy Sci.* 95, 2215-2225.