

Udvikling af Singlestep model for fodereffektivitet

Udviklingen sker i samarbejde med AU. I den indledende fase har vi færdiggjort de datasæt som anvendes i opsætningen af en singlestep model, samt lavet de første indledende analyser/fejlfinding på de grundlæggende data.

Udtræk af data

Der er lavet programmer til dataudtræk, samt opdateret eksisterende udtræk. Det drejer sig om:

- Afstammingsfil med information om krydsningskalvene og deres afstamning 4 generationer tilbage
- Genotyper på krydsningskalvene og dyrene i deres afstamning
- Vægte på krydsningskalvene ved indgang og udgang af sti med foderautomater
- Opdatering af editerede foderdata
- Basale data på krydsningskalvene (fødselsdato, flytninger mm.)

Analyser og fejlfinding af data

I forbindelse med grundlæggende analyser er der fundet udfordringer som er blevet rettet. Det er eksempelvis:

- Tilretning af udtræksprogrammer for genotyper og vejninger
- Retning af krydsningsdyr i mismatch
- Kontakt til avlsselskaber omkring manglende genotyper på kødkvægstyre
- Kontakt til landmænd omkring manglende vægte

Det formodes at vi i den indledende fase har fået tilrettet de største udfordringer i forhold til opsætning af genomisk model

Klargøring og diskussion af modeller

Næste trin er opsætningen af en genomisk singlestep model. Der har derfor været diskussioner af fordele og ulemper ved forskellige typer modeller. Dette sker i et tæt samarbejde mellem AU og SEGES. Dette er nødvendigt og omfattende, da der skal bruges en ny type modeller der tager højde for at det er kødkvægstyren der skal avlsværdi vurderes, men at fænotypen måles på et dyr som er en krydsning.