

5 Rangering og udvælgelse af avlsdyr afhængig af produktionssystemet

*Per Madsen og Trine Villumsen
Danmarks JordbrugsForskning*

5.1 Baggrund

Økologisk mælkeproduktion har i løbet af det sidste årti fået en ret stor udbredelse. Det er en produktionsform med specielle krav til opstaldning, fodervalg og sygdomsbehandling. Derfor er det logisk at spørge, om dyrematerialet fremavlet i de konventionelle systemer også er det bedst egnede til den økologiske produktion. Er det de samme racer eller linier inden for racer, som bør anvendes inden for de to produktionsformer?

I en review-artikel beskriver Boelling et al. (2003) forskellige måder at modellere en $G \times E$ vekselvirkning på. Ligesom der også gives eksempler på $G \times E$ vekselvirkninger.

Inden for fjerkræ er der fundet et meget tydeligt samspil mellem race og produktionsform, således at én race klarer sig bedst i bursystemer, mens produktion på gulv med fordel kan benytte en anden race/genotype (Sørensen, 2001). Tilsvarende $G \times E$ vekselvirkninger er fundet hos svin, hvor forskellige genotyper er sammenlignet i henholdsvis udendørs og indendørs systemer (Kleinbeck og McGlone, 1999).

Hos kvæg er det mere uafklaret. Organisationen Interbull foretager avlsværdiurdering af tyre på tværs af landegrænser med en metode, der kaldes MACE (Multiple trait Across Country Evaluation). Metoden er baseret på nationale avlsværdital for tyre med døtre i

flere lande. Samme biologiske egenskab registreret i forskellige lande (fx 305-d mælkeydelse) betragtes som forskellige, men korrelerede egenskaber. Til brug for MACE foretager Interbull løbende beregninger af genetiske korrelationer (Anonym, 2004a). Der er fundet meget høje genetiske korrelationer mellem ydelsesegenskaberne fra Canada, USA og de fleste Europæiske lande. Derimod er korrelationerne mellem denne gruppe af lande til New Zealand og Australien noget lavere ($\sim 0,8$). Det betyder, at det ikke er de samme tyre og genotyper, der skal satses på i New Zealands og Australiens mere ekstensive græsningssystemer som i Europas mere intensive produktionsformer. Altså et eksempel på en $G \times E$ vekselvirkning. Tilsvarende finder bl.a. Costa et al. (2000), at den genetiske korrelation mellem avlsværdital opnået i henholdsvis USA og Sydamerika kun er 0,7. Sammenlignes resultaterne fra de dårligste USA-miljøer med de bedste miljøer i Sydamerika, så stiger korrelationen til 0,93 (Cienfuegos-Rivas et al., 1999). Derimod kunne Pryce et al. (1999) ikke påvise $G \times E$ vekselvirkninger i en undersøgelse gennemført i forsøgsbesætninger.

Nyere Amerikanske undersøgelser (Kearney et al., 2004a og Kearney et al., 2004b) af $G \times E$ vekselvirkninger mellem produktionssystemer med græsning minimum seks af årets måneder versus ingen græsning viste, at de genetiske korrelationer ikke var signifikant forskellige

fra 1 hverken for ydelsesegenskaberne eller for frugtbarhed og celletal.

Formålet med nærværende arbejde er at undersøge for $G \times E$ vekselvirkninger mellem økologisk og konventionel mælkeproduktion for ydelsesegenskaberne mælk, protein og fedt samt for de funktionelle egenskaber mastitis, celletal og reproduktion.

5.2 Materiale

Materialet til undersøgelsen omfatter perioden 1990-2003 og er udtrukket fra Kvægdatabase (Bundgaard og Høj, 2000). Alle besætninger registreret som økologiske i 2002, som opfyldte følgende krav blev udvalgt:

1. har officiel ydelseskontrol
2. hovedrace er RDM, SDM eller JER
3. samme staldsystem i 2000 og 2002

I alt 355 besætninger opfyldte disse krav. For hver økologisk besætning blev der udvalgt en konventionel besætning, som bedst muligt matchede den økologiske ud fra følgende kriterier:

1. race
2. region (10 forskellige)
3. staldsystem
4. antal årskøer i 2002

Frasortering af enkelt dyr

Køer med anden race end besætningens hovedrace eller som har første kælvning før 1. januar 1990 er slettet. For de økologiske besætninger gælder, at alle data fra et år før til et år efter omlægning er slettet. Indtil et år før omlægning er de økologiske besætninger betragtet som konventionelle.

Såfremt koen ikke har en 1. laktation er alle laktationsydelse slettet.

Flyttede køer med ydelsesregistreringer i flere besætninger er slettet.

Som det fremgår af tabel 5.1 har det været muligt at matche de økologiske besætninger med en konventionel besætning med samme race og staldsystem samt af samme størrelse.

Grunddata for de gennemførte analyser er ydelsesdata fra de udtrukne besætninger. En oversigt over antal laktationer samt gennemsnit og spredning for ydelsesegenskaberne er vist i tabel 5.2. Det skal bemærkes, at der er betydeligt flere laktationer fra de konventionelle besætninger end for de økologiske. Det skyldes editeringsreglen om, at de økologiske besætninger indtil året før omlægning er betragtet som konventionelle.

Dette bevirker, at gennemsnittene i tabellen ikke giver et direkte udtryk for forskelle i ydelsesniveauet mellem økologiske og konventionelle besætninger. Da de to systemer ikke er ligeligt repræsenteret i de enkelte årgange, vil den genetiske fremgang, der har fundet sted fra 1990 til nu, påvirke gennemsnittene forskelligt for de to systemer.

Formålet med at medtage de økologiske besætninger som konventionelle inden omlægningen er at styrke de genetiske analyser, da der i de omlagte besætninger vil være køer, som har produceret, mens besætningen var konventionel, hvor efterkommere producerer i det økologiske system.

Ydelsesdatasættet er efterfølgende blevet udvidet med reproduktionsdata og yversundhedsdata.

Yversundhedsdata omfatter celletal fra 10 til 180 dage efter 1. kælvning (den naturlige logaritme til det gennemsnitlige celletal, SCS) samt forekomst af mastitis i følgende 4 perioder:

1. 10 dage før til 50 dage efter 1. kælvning (DOM11).
2. 10 dage før til 305 dage efter 1. kælvning (DOM12).
3. 10 dage før til 100 dage efter 2. kælvning (DOM21).
4. 10 dage før til 100 dage efter 3. kælvning (DOM31).

De fire mastitisegenskaber er enten/eller egenskaber. Dvs. der skelnes ikke mellem om en ko har haft et eller flere tilfælde af mastitis.

Reproduktionsdata omfatter afstand fra kælvning til første inseminering (KD-FI) og afstand fra første til sidste inseminering (RPER).

Data vedrørende yversundhed og reproduktion er udtrukket, så de opfylder kravene, der stilles til data for at kunne indgå i den rutinemæssige avlsværdiurdering.

For mastitisdata kræves, at der foretages en regelmæssig sygdomsregistrering i besætningen.

For reproduktionsdata betyder det, at der stilles krav til, at der skal være en registreret inseminering.

Som det ses af tabellerne 5.3 og 5.4, har disse editeringsregler bevirket, at ikke alle køer med ydelsesdata har reproduktions- og mastitis-/celletalsdata.

Til brug i de genetiske analyser er afstamningen for alle køer sporet så langt tilbage som muligt i kvægdata-basen. For hver ko er der beregnet gen-andele af de oprindelige danske racer og af importracer samt heterozygotgrader mellem de racer, der indgår i de aktuelle RDM, SDM og Jersey populationer.

Tabel 5.1 Besætningskarakteristika

Race		Økologisk		Konventionel	
		Løsdrift	Bindestald	Løsdrift	Bindestald
RDM	Antal besætninger	11	5	11	5
	Årskøer	86,3	58,9	86,3	58,8
SDM	Antal besætninger	271	25	271	25
	Årskøer	102,0	58,9	102,4	58,9
JER	Antal besætninger	31	13	31	13
	Årskøer	94,5	57,6	95,4	57,3

Tabel 5.2 Antal observationer, gennemsnit og spredning for ydelsesdata

Race	Lakt. nr.	System	Antal	Mælk, kg		Protein, kg		Fedt, kg	
				Gns.	SD.	Gns.	SD.	Gns.	SD.
RDM	1.	Øko.	2.484	6.207	1.057	217	34	251	289
		Konv.	8.115	6.392	1.204	226	41	268	311
	2.	Øko.	1.443	6.714	1.238	240	40	274	289
		Konv.	5.306	6.984	1.407	250	48	294	311
	3.	Øko.	715	7.106	1.283	250	40	289	289
		Konv.	2.889	7.392	1.434	260	48	311	311
SDM	1.	Øko.	63.689	6.966	1.229	229	38	274	46
		Konv.	149.240	6.935	1.362	230	43	285	54
	2.	Øko.	38.607	7.837	1.523	261	46	312	58
		Konv.	93.469	7.794	1.685	262	52	323	67
	3.	Øko.	21.584	8.212	1.542	271	47	328	61
		Konv.	52.179	8.213	1.710	273	53	342	70
JER	1.	Øko.	8.709	4.521	872	181	31	259	45
		Konv.	18.071	4.774	956	193	37	289	53
	2.	Øko.	5.577	4.977	989	206	37	292	52
		Konv.	11.384	5.220	1.096	216	43	322	62
	3.	Øko.	3.403	5.260	1.017	217	38	309	55
		Konv.	6.819	5.550	1.115	230	44	342	65

Tabel 5.3 Antal observationer, frekvenser (%) for mastitis samt gennemsnit og spredning for SCS

	DOM11 ¹⁾		DOM12 ²⁾		DOM21 ³⁾		DOM31 ⁴⁾		SCS		
	Antal	Frek.	Antal	Frek.	Antal	Frek.	Antal	Frek.	Antal	Gns.	SD
RDM											
Øko.	1.744	14,3	1.505	26,6	969	12,4	462	10,4	2.140	11,25	0,79
Konv.	5.785	18,2	5.208	32,3	3.709	17,0	1962	15,6	6.770	11,20	0,81
SDM											
Øko.	18.964	13,3	15.417	25,8	11.737	11,7	6.403	10,4	19.489	11,22	0,78
Konv.	37.736	12,0	32.305	24,9	23.373	10,4	12.562	9,3	45.488	11,20	0,85
JER											
Øko.	6.286	12,4	5.552	21,9	4.046	10,9	2.457	10,5	7.421	11,20	0,74
Konv.	11.942	14,5	10.630	26,9	7.334	12,8	4.347	12,5	14.294	11,22	0,82

1) 10 dage før til 50 dage efter 1. kælvning

2) 10 dage før til 305 dage efter 1. kælvning

3) 10 dage før til 100 dage efter 2. kælvning

4) 10 dage før til 100 dage efter 3. kælvning

Tabel 5.4 Antal observationer, gennemsnit og spredning for reproduktionsegenskaberne: afstand fra kælvning til første inseminering (KD-FI) og afstand fra første til sidste inseminering (RPER)

Race	Lakt. nr.	System	Antal	KD-FI, dage		RPER, dage	
				Gns.	SD.	Gns.	SD.
RDM	1.	Øko.	2.112	68,3	31,8	42,3	58,0
		Konv.	6.797	70,7	30,3	41,0	56,6
	2.	Øko.	1.216	66,5	29,7	38,4	54,7
		Konv.	4.804	67,7	28,9	40,9	55,5
	3.	Øko.	585	67,2	29,7	37,4	53,0
		Konv.	2.653	69,4	29,2	43,0	56,9
SDM	1.	Øko.	46.372	74,4	34,4	50,2	63,8
		Konv.	111.474	73,7	32,6	48,1	61,2
	2.	Øko.	28.249	72,6	33,8	53,3	64,1
		Konv.	78.212	71,8	31,8	50,2	60,9
	3.	Øko.	15.343	73,6	22,8	54,0	63,8
		Konv.	44.593	72,5	31,8	51,1	60,8
JER	1.	Øko.	6.641	69,2	31,9	35,9	55,0
		Konv.	13.781	69,1	29,1	38,2	54,9
	2.	Øko.	4.310	67,7	31,3	33,1	51,9
		Konv.	9.869	66,0	27,7	36,3	52,5
	3.	Øko.	2.613	66,7	31,0	36,2	55,5
		Konv.	6.188	66,4	28,3	36,6	52,3

5.3 Statistiske modeller og metoder

De statistiske analyser til at undersøge for eksistensen af en G×E vekselvirkning mellem økologiske og konventionelle produktionssystemer er gennemført som multivariate REML analyser, hvor samme biologiske egenskaber i de to systemer betragtes som forskellige egenskaber. Ved denne metode udtrykkes en G×E vekselvirkning som en genetisk korrela-

tion. Hvis den genetiske korrelation afviger signifikant fra 1,0 er der tale om en signifikant G×E vekselvirkning.

De anvendte modeller er baseret på de modeller, der anvendes ved den rutinemæssige beregning af avlsværdier (Anonym, 2002).

Ydelseegenskaber

$$Y = \text{besætning} \times \text{år} \times \text{sæson} + \text{kælvningsår} \times \text{måned} + \text{kælvningsalder} + \text{foregående kælvningsinterval}^{*1} + \text{samtidigt kælvningsinterval (regress.)} + \text{heterozygoti}^{*2} \text{ (regress.)} + \text{raceandele}^{*3} \text{ (regress.)} + \text{dyr (random)} + \text{residual (random)}$$

Yversundhedsegenskaber

$$Y = \text{besætning} \times \text{år} + \text{kælvningsår} \times \text{måned} + \text{kælvningsalder} + \text{heterozygoti}^{*2} \text{ (regress.)} + \text{raceandele}^{*3} \text{ (regress.)} + \text{dyr (random)} + \text{residual (random)}$$

Frugtbarhedsegenskaber

$$Y = \text{besætning} \times \text{år} + \text{kælvningsmåned} + \text{heterozygoti}^{*2} \text{ (regress.)} + \text{raceandele}^{*3} \text{ (regress.)} + \text{dyr (random)} + \text{residual (random)}$$

Effekterne af raceandele og heterozygoti er medtaget for at tage hensyn til additive forskelle mellem de racer, der indgår i de aktuelle populationer, samt for heterosis mellem disse racer.

*1 Foregående kælvningsinterval kun for 2. og 3. lakt.

*2 Heterosis

RDM: RDM*ABK, RDM*HF, RDM*SRB, ABK*HF

SDM: SDM*HF

JER: DJ*NZJ, DJ*USJ, DJ*NZJ

*3 Raceandele

RDM: RDM, ABK, HF, SRB

SDM: SDM, HF

JER; DJ, NZJ, USJ

Analyserne er gennemført som enten Animal eller Sire modeller med anvendelse af AIREML modulet i DMU pakken (Madsen og Jensen, 2004). For heritabiliteter og genetiske korrelationer er der beregnet asymptotiske middelfejl. Det skal bemærkes, at den asymptotiske teori ikke holder, når parametrene er nær kanten af parameterområdet. Dvs. for heritabiliteter tæt på 0,00 eller på 1,00 og for genetiske korrelationer tæt på -1 eller +1. I disse tilfælde er middelfejlene betydeligt overestimerede.

5.4 Resultater

De estimerede genetiske spredninger og heritabiliteter i de to produktionssystemer samt de genetiske korrelationer mellem samme biologiske egenskab udtrykt i de to systemer er vist i tabellerne 5.5 til 5.7.

Ydelse

De estimerede genetiske parametre for ydelsesegenskaberne mælk, protein og fedt er vist i tabel 5.5.

Hos RDM er der fundet lidt højere heritabiliteter i 1. og 2. laktation i det økologiske system i forhold til det konventionelle system. De fundne forskelle er dog ikke signifikante. De beregnede genetiske korrelationer er høje (>0,92), og ingen afviger signifikant fra 1,0.

På grund af datamaterialets størrelse har det været nødvendigt at foretage analyserne for SDM med Sire modeller. Den genetiske spredning og heritabiliteten er gennemgående lidt højere i det konventionelle end i det økologiske produktionssystem. De genetiske korrelationer mellem egenskaberne i de to systemer er høje (> 0,91) og generelt ikke signifikant forskellige fra 1,00.

Tabel 5.5 Estimerede genetiske parametre for ydelsesegenskaber, i parentes er anført middelfejl

Race	Egenskab	Lakt. nr.	Genetisk spredning		Heritabilitet		Genetisk korrelation
			Øko.	Konv.	Økologisk	Konvention.	
RDM	Mælk	1.	614,7	589,8	0,475 (0,056)	0,373 (0,028)	0,99 (0,04)
		2.	558,4	553,0	0,317 (0,073)	0,230 (0,029)	0,99 (0,12)
		3.	604,8	658,4	0,312 (0,109)	0,301 (0,041)	0,99 (0,15)
	Protein	1.	17,91	17,62	0,407 (0,054)	0,332 (0,028)	0,99 (0,04)
		2.	18,84	19,73	0,326 (0,073)	0,260 (0,031)	0,99 (0,10)
		3.	18,11	23,60	0,267 (0,121)	0,349 (0,043)	0,92 (0,19)
	Fedt	1.	25,43	24,76	0,509 (0,054)	0,388 (0,027)	0,95 (0,06)
		2.	26,70	24,90	0,414 (0,070)	0,255 (0,029)	0,98 (0,10)
		3.	20,60	31,03	0,218 (0,102)	0,347 (0,042)	0,99 (0,21)
SDM	Mælk	1.	546,6	602,1	0,326 (0,009)	0,358 (0,008)	0,98 (0,01)
		2.	534,8	619,1	0,212 (0,011)	0,255 (0,009)	0,96 (0,02)
		3.	534,8	547,9	0,186 (0,014)	0,180 (0,011)	0,93 (0,04)
	Protein	1.	14,21	16,60	0,269 (0,008)	0,316 (0,007)	0,99 (0,01)
		2.	14,33	17,68	0,179 (0,010)	0,232 (0,009)	0,95 (0,02)
		3.	13,39	14,57	0,138 (0,012)	0,142 (0,010)	0,91 (0,05)
	Fedt	1.	18,70	22,11	0,272 (0,008)	0,303 (0,007)	0,99 (0,01)
		2.	20,85	25,58	0,210 (0,010)	0,255 (0,009)	0,96 (0,02)
		3.	17,35	22,31	0,123 (0,011)	0,171 (0,010)	0,96 (0,04)
JER	Mælk	1.	445,3	473,0	0,462 (0,027)	0,443 (0,019)	0,92 (0,03)
		2.	483,4	459,1	0,344 (0,030)	0,297 (0,022)	0,94 (0,04)
		3.	504,3	473,6	0,332 (0,038)	0,286 (0,028)	0,95 (0,05)
	Protein	1.	14,40	16,06	0,373 (0,028)	0,390 (0,020)	0,89 (0,04)
		2.	16,76	16,63	0,292 (0,030)	0,261 (0,021)	0,93 (0,04)
		3.	16,81	16,96	0,267 (0,038)	0,246 (0,027)	0,95 (0,06)
	Fedt	1.	18,84	24,09	0,314 (0,027)	0,384 (0,030)	0,91 (0,04)
		2.	22,83	24,61	0,267 (0,030)	0,257 (0,021)	0,97 (0,04)
		3.	22,89	25,14	0,239 (0,037)	0,237 (0,03)	0,97 (0,05)

Hos Jersey er der også rimelig god overensstemmelse mellem heritabilitetsestimaterne for de to systemer. De estimerede genetiske kor-

relationer er høje (>0,89), og kun i 1. laktation er afvigelsen fra 1,00 signifikant.

Yversundhed

Hos RDM afviger de estimerede genetiske parametre for mastitis (tabel 5.6) betydeligt fra det forventede med heritabiliteter over 0,10 for mastitisforekomst i perioden fra 10 dage før til 50 dage efter kælvning i 1. og 2. laktation (DOM11 og DOM21). På grund af det forholdsvis begrænsede datamateriale har estimererne dog store middelfejl, og for DOM21 har det ikke været muligt at beregne middelfejl. For celletal (SCS) er heritabiliteterne på det forventede niveau. De genetiske korrelationer er i alle tilfælde beregnet til 1,00, men også her med store middelfejl.

Hos SDM og Jersey er heritabilitetsestimererne for mastitis og celletal i god overensstemmelse med estimerer fra litteraturen, og der er ingen markant forskel mellem de to produktionssystemer. De estimerede genetiske korrelationer mellem samme egenskaber i de to systemer er alle $\geq 0,97$.

Reproduktion

De estimerede genetiske spredninger og heritabiliteter for afstand fra kælvning til 1. inseminering (tabel 5.7) er rimelig ens på tværs af produktionssystem, race og laktation, dog med undtagelse af RDM i 3. laktation, hvor der er fundet en urealistisk høj genetisk spredning og heritabilitet for det økologiske system. Det må tilskrives datamaterialets begrænsede omfang med registrering på kun 585 køer (tabel 5.4), hvilket også kommer til udtryk i en stor middelfejl for heritabilitetsestimatet. De estimerede genetiske korrelationer er alle $\geq 0,84$ og ikke signifikant forskellige fra 1,00.

Frugtbarhedsmålene baseret på afstand fra første til sidste inseminering har gennemgående lidt højere genetisk spredning og heritabilitet i det økologiske produktionssystem, men forskellene er ikke statistisk signifikante. Hos RDM og Jersey afviger de estimerede geneti-

ske korrelationer gennemgående en del fra 1,00, men alle estimererne har store middelfejl, så ingen af dem er signifikant forskellige fra 1,00. Hos SDM er det kun korrelationen for tredje laktation, som afviger væsentligt fra 1,00, men igen estimeret med stor middelfejl så afvigelsen er ikke signifikant.

5.5 Diskussion og konklusion

For ydelses- og yversundhedsegenskaberne samt for afstand fra kælvning til 1. inseminering er der god overensstemmelse mellem de estimerede genetiske spredninger og heritabiliteter for de to produktionssystemer. De genetiske korrelationer mellem samme biologiske egenskab udtrykt i de to systemer er gennemgående høje, og kun i enkelte tilfælde afviger de signifikant fra 1,00

For frugtbarhedsegenskaberne baseret på afstand fra første til sidste inseminering er billedet anderledes med lidt højere genetisk spredning og heritabilitet i det økologiske system. Estimererne af de genetiske korrelationer er meget varierende, men på grund af store middelfejl på estimererne er de ikke signifikant forskellige fra 1,00.

Det er således kun ringe evidens for eksistens af betydelige $G \times E$ vekselvirkninger, som skulle gøre det nødvendigt at rangere og udvælge avlsdyr forskelligt i de to systemer. Det skal også tages i betragtning, at den rutinemæssige beregning af avlsværdier er baseret på data fra såvel konventionelle som økologiske besætninger. De beregnede avlsværdier er altså udtrykt som et vægtet estimat på tværs af de to systemer.

Et andet tungtvejende argument for ikke at opdele racerne i en økologisk og en konventionel linie er størrelsen af populationerne. For RDMs og Jerseys vedkommende er populationerne så små, at en opdeling i linier vil redu-

cere den genetiske fremgang betydeligt mere end den lille gevinst, der eventuelt kunne være ved at anvende systemspecifikke genetiske parametre ved avlsværdiurderingen.

Der er ikke her lavet nogen vurdering af, om forudsætningerne for de økonomiske vægtfaktorer, der anvendes i S-indekset (Anonym, 2004b), også er gældende for den økologiske mælkeproduktion. Forudsætningerne skal dog afvige betydeligt, før det kan være aktuelt at beregne separate avlsværdier for de to systemer.

Afviger de økonomiske forudsætninger betydeligt kan en strategisk tyreanvendelse være en mulighed. Blandt kvægavlsforeningernes udbud af velafprøvede tyre er der en ret stor variation i avlsværdierne for de enkelte egenskaber. Ved at anvende tyre, som har høje avlsværdier for egenskaber, hvor den økonomiske værdi er højere i det aktuelle produktionsystem end forudsat i S-indekset, kan der delvis kompenseres for forskelle i de økonomiske værdier.

Tabel 5.6 Estimerede genetiske parametre for yversundhedsegenskaber, i parentes er anført middelfejl

Race	Egenskab	Genetisk spredning		Heritabilitet		Genetisk korrelation
		Øko.	Konv.	Økologisk	Konventionel	
RDM	DOM11	0,12	0,12	0,115 (0,061)	0,105 (0,026)	1,00 (0,23)
	DOM12	0,12	0,11	0,076 (0,063)	0,062 (0,023)	1,00 (0,48)
	DOM21	0,12	0,13	0,135 (*)	0,113 (*)	1,00 (*)
	DOM31	0,05	0,09	0,021 (0,196)	0,070 (0,050)	1,00 (4,97)
	SCS	0,25	0,30	0,107 (0,031)	0,155 (0,029)	1,00 (0,13)
SDM	DOM11	0,06	0,06	0,030 (0,005)	0,033 (0,005)	0,99 (0,04)
	DOM12	0,09	0,09	0,051 (0,008)	0,044 (0,005)	0,90 (0,07)
	DOM21	0,05	0,05	0,025 (0,008)	0,023 (0,008)	0,99 (0,11)
	DOM31	0,04	0,05	0,018 (0,011)	0,025 (0,011)	0,99 (0,30)
	SCS	0,30	0,32	0,173 (0,011)	0,181 (0,008)	0,98 (0,02)
JER	DOM11	0,04	0,04	0,017 (0,015)	0,014 (0,009)	1,00 (0,46)
	DOM12	0,05	0,06	0,020 (0,016)	0,023 (0,012)	1,00 (0,41)
	DOM21	0,05	0,03	0,032 (0,024)	0,011 (0,011)	1,00 (0,72)
	DOM31	0,04	0,030	0,015 (0,029)	0,007 (0,024)	1,00 (2,46)
	SCS	0,24	0,29	0,126 (0,024)	0,161 (0,021)	1,00 (0,04)

^{*)} Asymptotisk informationsmatrix ikke positiv definit – middelfejl kan ikke beregnes.

Tabel 5.7 Estimerede genetiske parametre for reproduktionsegenskaber, i parentes er anført middelfejl

Race	Egen-Skab.	Lakt. nr.	Genetisk spredning		Heritabilitet		Genetisk korrelation
			Øko.	Konv.	Økolog.	Konv.	
RDM	KD-FI	1.	7,75	6,39	0,077 (0,038)	0,056 (0,017)	0,92 (0,25)
		2.	4,51	4,47	0,026 (0,053)	0,029 (0,017)	1,00 (1,25)
		3.	11,49	5,29	0,161 (0,119)	0,038 (0,027)	1,00 (0,63)
	RPER	1.	14,02	6,40	0,060 (0,036)	0,014 (0,011)	0,37 (0,53)
		2.	8,81	11,15	0,026 (0,047)	0,042 (0,019)	0,53 (0,75)
		3.	13,71	11,32	0,074 (0,093)	0,041 (0,029)	0,55 (0,72)
SDM	KD_FI	1.	7,77	7,65	0,060 (0,007)	0,066 (0,005)	0,97 (0,03)
		2.	6,76	6,72	0,045 (0,008)	0,052 (0,006)	0,98 (0,05)
		3.	7,82	5,88	0,060 (0,014)	0,040 (0,007)	0,84 (0,12)
	RPER	1.	10,67	8,96	0,029 (0,005)	0,022 (0,003)	0,96 (0,07)
		2.	8,63	8,79	0,019 (0,006)	0,022 (0,004)	0,99 (0,13)
		3.	10,86	8,43	0,029 (0,012)	0,020 (0,005)	0,62 (0,25)
JER	KD-FI	1.	5,01	5,01	0,033 (0,014)	0,037 (0,012)	1,00 (0,18)
		2.	5,99	4,19	0,046 (0,019)	0,028 (0,012)	1,00 (0,23)
		3.	4,88	3,61	0,030 (0,027)	0,020 (0,014)	0,84 (0,52)
	RPER	1.	8,25	6,22	0,023 (0,013)	0,013 (0,007)	0,43 (0,40)
		2.	2,85	4,20	0,003 (0,016)	0,007 (0,008)	1,00 (3,21)
		3.	3,78	6,10	0,005 (0,018)	0,014 (0,013)	0,08 (1,34)

5.6 Litteratur

Anonym, 2002. The Danish Advisory Centre. Principles of Danish Cattle Breeding. Danish Milk and Livestock Federation. 5th edition, 50 pp.
<http://www.lr.dk/kvaeg/diverse/principles.pdf>

Anonym, 2004a. www.interbull.org

Anonym, 2004b. (<http://www.lr.dk/kvaeg/diverse/svaegt.dk.htm>)

Boelling, D., Groen, A.F., Sørensen, P., Jensen, J., 2003. Genetic improvement of livestock for organic farming systems. *Livest. Prod. Sci.* 80, 79–88.

Bundgaard, E., Høj, S., 2000. Direct access to the cattle database with livestock registrations. *Annu. Rep. 1999, National Committee on Danish cattle Husbandry, Aarhus, Denmark.*

Cienfuegos-Rivas, E.G., Oltenacu, P.A., Blake, R.W., Schwager, S.J., Castillo-Juarez, H., Ruiz, F.J., 1999. Interaction between milk yield of Holstein cows in Mexico and the United States. *J. Dairy Sci.* 82, 2218–2223.

- Costa, C.N., Blake, R.W., Pollak, E.J., Oltenacu, P.A., Quaas, R.L., Searle, S.R., 2000. Genetic analysis of Holstein cattle populations in Brazil and the United States. *J. Dairy Sci.* 83, 2963–2974.
- Kearney, J.F., Schultz, M.M., Boettcher, P.J., Weigel, K.A., 2004a. Genotype x Environment Interaction for Grazing Versus Confinement. I. Production Traits. *J. Dairy Sci.* 87, 501-509.
- Kearney, J.F., Schultz, M.M., Boettcher, P.J., 2004b. Genotype x Environment Interaction for Grazing vs. Confinement. II. Health and Reproduction Traits. *J. Dairy Sci.* 87: 510-516.
- Kleinbeck, S.N., McGlone, J.J., 1999. Intensive indoor versus outdoor swine production systems: genotype and supplemental iron effects on blood hemoglobin and selected immune measures in young pigs. *J. Anim. Sci.* 77, 2384–2390.
- Madsen, P., Jensen, J., 2004 DMU: A User's Guide to DMU: A package for Analysing Multivariate Mixed Models. Version 6, release 4.4. DIAS, Foulum, Denmark.
- Pryce, J.E., Nielsen, B.L., Veerkamp, R.F., Simm, G., 1999. Genotype and feeding system effects and interactions for health and fertility traits in dairy cattle. *Livest. Prod. Sci.* 57, 193–201.
- Sørensen, P., 2001. Breeding strategies in poultry for genetic adaptation to the organic environment. In: The 4th NAHWOA Workshop, Wageningen, 24–27 Marts.

