



*Genotype **plus** Environment
Integration for a sustainable
animal production system*

Neue genomische Tools und Managementinstrumente für gesündere Milchkühe



**Prof.
Mark Crowe**
*GplusE -
Koordinator*

Die durch GplusE erzielten Ergebnisse werden den Milcherzeugern helfen, zu **nachhaltigeren** Praktiken überzugehen.

Unsere Ergebnisse zeigen, dass man dank der Messung einiger weniger **Biomarker in der Milch** Kühe mit unausgewogenem Energiezustand erkennen kann.

Dies ermöglicht es den Tierzüchtern, die Auswahl an sowohl widerstandsfähigeren als auch produktiveren Tieren zu verbessern.

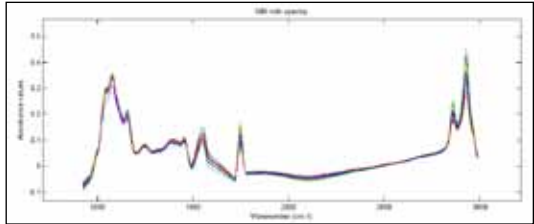
Die Ergebnisse werden auch Landwirten, Tierärzten und MROs helfen, Milchviehbestände besser zu managen, indem sie die **Gesundheit und das Wohlbefinden** der Tiere individuell überwachen.



Wichtigste Ergebnisse

Eine innovative Forschungspopulation von Kühen, die durch die Zusammenführung von Forschungsherden aus 5 Ländern gewonnen wurde, lieferte die phänotypischen Variationen um neue Ansätze zu entwickeln, Biomarker auf Basis der Milchezusammensetzung mit Produktionseffizienz, Gesundheit, Stoffwechselzustand, Fruchtbarkeit, Umweltbilanz und Tierschutz zu verbinden; unter den wichtigsten Ergebnissen waren:

- MIR-Spektren von Milch können für eine kostengünstige, einfach umzusetzende und genaue Vorhersage des Stoffwechselzustands von Milchkühen verwendet werden: Es wurden Modelle entwickelt, mit denen mit einer relativen Genauigkeit von 87 % beurteilt werden kann, ob eine Kuh metabolisch unausgewogen ist.



Grelet et al., 2018, <https://doi.org/10.1017/S1751731118001751>

- MIR-Spektren von Milch können auch für die Vorhersage vieler anderer innovativer Phänotypen verwendet werden (z.B. hat GplusE Erkenntnisse über die Vorhersage der Stickstoffeffizienz von Milchkühen geliefert). Clément Grelet <c.grelet@cra.wallonie.be>

- Die kombinierten Messungen von BHB (Beta-Hydroxy-Butyrat), NEFA (unveresterte Fettsäuren) und IGF-I ermöglichen es zu bestimmen, ob der Energiestoffwechsel eines Tieres unausgewogen ist.

Messungen der Milch können den Stoffwechselzustand mit einer angemessenen Genauigkeit vorhersagen. MIR-Spektren und Messungen von Metaboliten und Enzymen funktionieren gut, IgG-Glykane hatten keine ausreichende Genauigkeit.

Miel Hostens <Miel.Hostens@ugent.be>

Die Ergebnisse aus der Forschungspopulation wurden genutzt, um die vielen neuen Ergebnisse in einer größeren Population von MIR-Phänotypen und genotypisierten Milchkühen anzuwenden; zwei Beispiele:

- Gezielte Kombination von geschätzten Zuchtwerten für weniger genaue MIR-basierte Biomarker erhöhte ihren Nutzen bei der genetischen Bewertung von Milchkühen auf Widerstandsfähigkeit.

Nicolas Gengler <nicolas.gengler@uliege.be>

- Genomweite Assoziationsstudien können bei der Auswahl hitzeresistenterer Milchkühe helfen. Hedi Hammami <hedi.hammami@uliege.be>



Das Projekt untersuchte auch die Beziehungen zwischen einigen molekularen Phänotypen für wichtige physiologische Merkmale:

- Die RNA-Sequenzierungsdaten wurden aus Vollblut und Leber von genotypisierten Kühen gewonnen, wodurch umfangreiche phänotypische Daten verfügbar gemacht wurden. So konnten Gempfade identifiziert werden, die den Stoffwechselzustand mit Fruchtbarkeit und Mastitis verbinden und neue Erkenntnisse liefern, um die Zusammenhänge zwischen Immunstatus und Gesundheit bei Milchkühen nach der Geburt zu verstehen. **Claire Wathes** <dcwathes@RVC.AC.UK>

Die von GplusE entwickelten Biomarker funktionierten nicht nur in der Zucht, sondern trugen mit den gleichen innovativen Phänotypen auch zu Fortschritten im Management bei:

- Es wurde ein HACCP-Ansatz für das Management der kritischen negativen Energiebilanz auf Ebene des landwirtschaftlichen Betriebs entwickelt: 11 Risikofaktoren und 7 kritische Kontrollpunkte wurden als die wichtigsten identifiziert. Die Vorteile der MIR-Vorhersage in Milch bei physiologisch unausgewogenen Kühen wurden durch nachgeordnete Versuche in landwirtschaftlichen Betrieben und durch wirtschaftliche Analysen bewertet. **Søren Østergaard** <soren.ostergaard@anis.au.dk>

**Besuchen Sie
unsere Website**

<http://www.gpluse.eu/>



- Um eine aktuelle Liste unserer Publikationen zu erhalten;
- Um Ort und Datum der Abschlussitzung von GplusE zu erfahren;
- Um die Videos der von GplusE organisierten Trainingsschulen zu sehen: „Neue genomische Tools und Managementinstrumente für gesündere Milchkühe“;
- Um das Video zu sehen, das die Auswirkungen von GplusE auf unser tägliches Leben zeigt;
- Um eine Kontaktliste der Hauptakteure im Projekt zu erhalten.



Projektpartner

Das GplusE-Konsortium setzt sich aus akademischen und industriellen Partnern aus sechs EU-Ländern sowie den USA und China zusammen, um den Zugang zu einer Reihe von Holsteiner Subtypen zu ermöglichen, die in intensiver Milchrindhaltung sowohl auf der Weide als auch im Stall gemangt werden



UCD: University College Dublin, School of Veterinary Medicine
Dublin, Irland



RVC: Royal Veterinary College
London, Großbritannien



AFBI: The Agri-Food and Biosciences Institute
Belfast, Nordirland, Großbritannien



UGent: Universiteit Gent, Faculty of Veterinary Medicine
Merelbeke, Belgien



AU: Aarhus University, Department of Animal Science
Foulum, Dänemark



CREA: Consiglio per la Ricerca in Agricoltura e l'Analisi dell'Economia Agraria, *Rom, Italien*



ICBF: The Irish Cattle Breeding Federation Society Limited
Bandon, Irland



HZAU: Huazhong Agricultural University
Wuhan, China



sEAAP: Service EAAP Srl, *Rom, Italien*



UNIFARM: Unifarm BVA, *Assen, Niederlande*



KCA: The Knowledge Centre for Agriculture
Aarhus, Dänemark



MU: University of Missouri
Columbia, MO USA



ULiège-GxABT : University of Liège, Gembloux Agro-Bio Tech
Gembloux, Belgien



ULiège-FVM: University of Liège, Faculty of Veterinary Medicine
Lüttich, Belgien



CRA-W: Walloon Agricultural Research Centre
Gembloux, Belgien



FBN: Leibniz Institute for Farm Animal Biology
Dummerstorf, Deutschland



FP7/2007 – 2013 - Fördervereinbarung Nr. 613689

Wir bestätigen das 7. EU-Rahmenprojekt GplusE, das die wichtigste Informationsquelle für diesen Aushang darstellt, dessen Inhalt allein die Meinung der Autoren widerspiegelt; die Gemeinschaft haftet nicht für die Verwendung der in dieser Veröffentlichung enthaltenen Informationen.