



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

## **Nye genomiske og management værktøjer for sundere malkekøer**



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

De resultater, der er opnået i GplusE, vil hjælpe malkekvægssektoren med at anvende mere **bæredygtige** produktionsmetoder.

Vores resultater viser, at man kan udpege de køer, der er i fysiologisk ubalance, takket være måling af nogle få **biomarkører i mælk**.

Disse vil gøre det muligt for kvægavlere at forbedre selektionen af **modstandsdygtige**, og samtidigt meget produktive dyr.

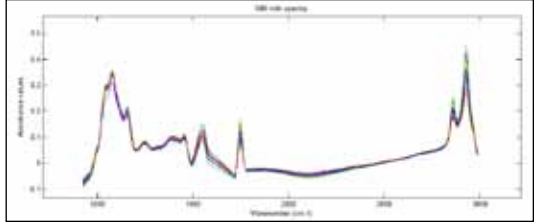
Derudover vil de kunne hjælpe landmænd, dyrlæger og rådgivere til bedre management i besætningerne gennem en individuel overvågning af køernes **sundhed og velfærd**.



## Hovedresultater

En innovativ forskningspopulation, der er opnået ved at forene forskningsbesætninger i 5 forskellige lande, gav den fænotypiske variabilitet til at udvikle nye metoder, der kobler mælkebaserede biomarkører med produktionseffektivitet, sundhed, metabolisk status, frugtbarhed, miljøpåvirkning og dyrevelfærd. Nogle af hovedresultaterne var:

- MIR-mælkespektre kan bruges til en billig, nem implementbar og præcis forudsigelse af mælkekøernes metaboliske status: Der er udviklet modeller, der kan udpege, om en ko er i fysiologisk ubalance med en global nøjagtighed på 87%.



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

- MIR-mælkespektre kan måske også anvendes til at beregne mange andre innovative fænotyper, (f.eks. tilføjede GplusE viden om beregningen af kvælstofeffektiviteten hos malkekøer). Clément Grelet <[c.grelet@cra.wallonie.be](mailto:c.grelet@cra.wallonie.be)>
- De kombinerede målinger af BHB (beta-hydroxy-butyrat), NEFA (ikke-esterificerede fedtsyrer) og IGF-I gør det muligt at bestemme, hvorvidt et dyrs energimetabolisme er i ubalance. Målinger i mælk kan forudsige den metaboliske status med en rimelig nøjagtighed. MIR-spektre og målinger af metabolitter og enzymer fungerer fint, imens IgG glycaner havde en utilstrækkelig nøjagtighed.

Miel Hostens <[Miel.Hostens@ugent.be](mailto:Miel.Hostens@ugent.be)>

Resultaterne fra forskningsbesætningerne blev videre brugt til at skabe mange nye resultater med MIR-fænotyper i en større population af genotypedede køer - Et par hovedpunkter:

- En målrettet kombination af estimerede avlsværdier for MIR baserede biomarkører med mindre præcision, forøgede deres anvendelighed til genetisk vurdering af malkekvægs robusthed.

Nicolas Gengler <[nicolas.gengler@uliege.be](mailto:nicolas.gengler@uliege.be)>

- Hel-genom undersøgelser kan måske forbedre selektionen for øget modstandsdygtighed mod varmemstress hos malkekvæg.

Hedi Hammami <[hedi.hammami@uliege.be](mailto:hedi.hammami@uliege.be)>



Projektet undersøgte ligeledes sammenhængen mellem nogle molekylære fænotyper og vigtige fysiologiske egenskaber:

- RNA-sekventeringsdata blev indsamlet fra blod og lever fra genotypedede køer med omfattende tilgængelige fænotypiske data. Disse har identificeret genetiske sammenhænge, der forbinder metabolisk status med frugtbarhed og mastitis, hvilket giver ny viden for at forstå forholdet mellem immunstatus og sundhed hos malkekøer efter kælvning.

Claire Wathes <dcwathes@RVC.AC.UK>

De biomarkører, der blev udviklet af GplusE, var ikke kun tiltænkt anvendelse indenfor avl. De samme innovative fænotyper blev også evalueret mht. deres potentiale i management:

- Der blev udviklet et HACCP-koncept til management på besætningsniveau af køer med kritisk negativ energibalance: 11 risikofaktorer og 7 kritiske kontrolpunkter blev identificeret som de vigtigste. Værdien af at bruge MIR analyser af mælk til prædiktio af fysiologisk ubalancerede hos køer blev evalueret i forsøg i private besætninger og gennem økonomiske analyser.

Søren Østergaard <soren.ostergaard@anis.au.dk>

**Besøg vores webside**  
<http://www.gpluse.eu/>



- For at se en opdateret liste over vores publikationer;
- For at se informationer om tid og sted for det afsluttende møde i GplusE;
- For at se videoer fra de undervisningsseminarer, som er organiseret af GplusE: “Nye genomiske og management værktøjer for sundere malkekøer”;
- For at se videoen om effekten af GplusE;
- For at se en liste over nøglepersoner i projektet.



## Projektets partnere

GplusE-konsortiet består af akademiske og industrielle partnere fra seks EU-lande sammen med USA og Kina, for at give adgang til forskellige Holstein sub-populationer, der holdes i såvel mælkeproduktionssystemer baseret på afgræsning og i intensive systemer med køer på stald



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



RVC: Royal Veterinary College  
*London, Storbritannien*



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



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



AU: Aarhus University, Department of Animal Science  
*Foulum, Danmark*



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, Kina*



sEAAAP: Service EAAAP Srl, Rom, Italien



UNIFARM: Unifarm BVA, Assen, Holland



KCA: The Knowledge Centre for Agriculture  
*Aarhus, Danmark*



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  
*Liège, Belgien*



CRA-W: Walloon Agricultural Research Centre  
*Gembloux, Belgien*



FBN: Leibniz Institute for Farm Animal Biology  
*Dummerstorf, Tyskland*



**FP7/2007 – 2013 - Tilskudsaftale nr. 613689**

Vi anerkender det syvende EU-rammeprogram for samarbejdsprojektet, GplusE, der er den vigtigste informationskilde til denne plakate, hvis indhold kun afspejler forfatterens opfattelse. Fællesskabet er ikke ansvarlig for nogen form for brug af de oplysningerne, der er indeholdt i denne publikation.