



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

Nieuwe genomische en managementtools voor gezondere melkkoeien



**Prof.
Mark Crowe**
*GplusE
Coördinator*

De resultaten die verkregen zijn in GplusE zullen zuivelketens helpen overstappen naar **duurzame** praktijken.

Uit onze resultaten blijkt dat men koeien met een onevenwichtig metabolisme kan detecteren door middel van de meting van enkele **biomarkers in de melk**.

Deze biomarkers zullen het mogelijk maken om de selectie van **metabool gezonde**, uiterst productieve dieren te verbeteren.

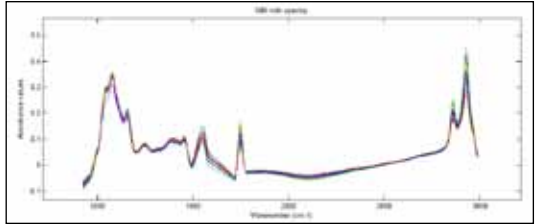
Ze zullen ook melkveehouders, dierenartsen en melkcontrole organisaties helpen om melkveebedrijven beter te beheren, via individuele monitoring van de **gezondheid en het welzijn** van de dieren.



Hoofresultaten

Een innovatieve onderzoekspopulatie verkregen door combinatie van melkveebedrijven afkomstig uit vijf landen verstrekte de fenotypische variabiliteit om nieuwe benaderingen te ontwikkelen waarbij biomarkers in de melk gekoppeld worden aan de productie-efficiëntie, gezondheid, metabole status, vruchtbaarheid, milieu-impact en dierenwelzijn; enkele hoofresultaten waren:

- MIR-spectra van melk kunnen gebruikt worden voor een goedkope, gemakkelijk te implementeren en precieze voorspelling van de metabole status van melkkoeien: er zijn modellen opgesteld die kunnen evalueren of het metabolisme van een koe onevenwichtig is met een globale precisie van 87%.



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

- MIR-spectra van melk kunnen ook gebruikt worden om vele andere innovatieve fenotypes te voorspellen (bv. Gpluse heeft kennis ontwikkeld over de voorspelling van stikstofefficiëntie van melkkoeien).

Clément Grelet <c.grelet@cra.wallonie.be>

- Dankzij de gecombineerde metingen van BHB (bèta-hydroxy-boterzuur), NEFA (niet-veresterde vetzuren) en IGF-I kan er bepaald worden of het energiemetabolisme van een dier onevenwichtig is. Metingen in melk kunnen de metabole status voorspellen met een redelijke precisie. MIR-spectra en metingen van metabolieten en enzymen werken goed, IgG-glycanen hebben onvoldoende precisie.

Miel Hostens <Miel.Hostens@ugent.be>

De resultaten van de onderzoekspopulatie werden gebruikt om vele nieuwe resultaten te verkrijgen in een grotere populatie van MIR-fenotypes en gegenotypeerde koeien; enkele hoogtepunten:

- Doelgerichte combinatie van geschatte fokwaarden voor op MIR gebaseerde biomarkers met een lagere precisie verhoogde hun nut bij de genetische evaluatie van melkkoeien voor robuustheid.

Nicolas Gengler <nicolas.gengler@uliege.be>

- Associatieonderzoeken op basis van het genoom kunnen helpen bij de selectie voor verbeterde weerstand van melkkoeien tegen hittestress.

Hedi Hammami <hedi.hammami@uliege.be>



In het project werden ook de verbanden onderzocht tussen sommige moleculaire fenotypes voor belangrijke fysiologische kenmerken:

- De RNA-sequentie werd bepaald van het bloed en de lever van gegenotypeerde koeien waarvan de fenotypes beschikbaar waren. Deze hebben genetische verbanden geïdentificeerd die de metabole status koppelen aan de vruchtbaarheid en mastitis, en hebben zo nieuw bewijs verstrekt om het verband tussen de immuniteitsstatus en de gezondheid bij melkkoeien postpartum te begrijpen.

Claire Wathes <dcwathes@RVC.AC.UK>

De door GplusE ontwikkelde biomarkers werkten niet alleen bij de selectie en de fokkerij van melkkoeien; door gebruik te maken van dezelfde innovatieve fenotypes droegen ze bij tot vooruitgang op het vlak van management:

- Er is een HACCP-benadering ontwikkeld voor het management van de negatieve energiebalans op bedrijfsniveau: 11 risicofactoren en 7 kritische controlepunten werden geïdentificeerd. De voordelen van het gebruik van de voorspelling van de metabole status op basis van MIR-spectra in melk zijn beoordeeld door proeven op melkveebedrijven en door economische analyses.

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

Bezoek onze website

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



- Om een geüpdatete lijst van onze publicaties te verkrijgen;
- Om geïnformeerd te worden over de locatie en datum van de laatste vergadering van GplusE;
- Om de video's van de door GplusE georganiseerde trainingsscholen te bekijken: "Nieuwe genomische en managementtools voor gezondere melkkoeien";
- Om de video die de impact van GplusE op ons dagelijks leven toont te bekijken;
- Om een lijst met de contactgegevens van de belangrijkste personen in het project te krijgen.



Projectpartners

Het GplusE-consortium omvat academische en branchepartners vanuit zes EU-landen samen met de VS en China om toegang te hebben tot diverse subtypes Holstein melkkoeien die zowel onder weidegebaseerde als indoor intensieve systemen gehouden worden



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



RVC: Royal Veterinary College
Londen, VK



AFBI: The Agri-Food and Biosciences Institute
Belfast, Noord-Ierland, VK



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



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



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



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



HZAU: Huazhong Agricultural University
Wuhan, China



sEAAAP: Service EAAAP Srl, *Rome, Italië*



UNIFARM: Unifarm BVA, *Assen, Nederland*



KCA: The Knowledge Centre for Agriculture
Aarhus, Denemarken



MU: University of Missouri
Columbia, MO, VS



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



ULiège-FVM: University of Liège, Faculty of Veterinary Medicine
Liège, België



CRA-W: Walloon Agricultural Research Centre
Gembloux, België



FBN: Leibniz Institute for Farm Animal Biology
Dummerstorf, Duitsland



FP7/2007 – 2013 - akkoord voor subsidie 613689

We erkennen het 7e Europese kadersamenwerkingsproject GplusE dat de voornaamste informatiebron voor deze poster is waarvan de inhoud alleen de meningen van de auteurs weerspiegelt; de Gemeenschap is niet aansprakelijk voor mogelijk gebruik van de informatie in deze publicatie.