

Slutrapport till Stiftelsen Lantbruksforskning dec. 2010 för projekt inom mjölkproduktion med projektnr H0530175 som övergick i projektnr S0730323, Susanne Eriksson, SLU

## **Urvalsstrategier för produktions- och hälsoegenskaper hos mjölkkor i avelsprogram med kärnbesättningar.**

### **BAKGRUND**

#### *Huvudsakliga frågeställningar i projektet*

Då projektet påbörjades var den svenska kärnavelsbesättningen vid Nötcenter Viken relativt nystartad. Trenden pekade mot ökad betydelse av kärnavelsbesättningar internationellt. Intresset från näringen var stort för hur urvalet i kärnbesättningen skulle bedrivas för att nå ökade genetiska framsteg i viktiga egenskaper. Det var känt att utnyttjande av kärnbesättningar och MOET (multiple ovulation embryo transfer) kan ge större framsteg i avelsarbetet för mjölkproduktionsegenskaper, genom att generationsintervallet kan förkortas och säkerheten i urvalet av elitkor kan ökas genom en större kontroll av djurens miljö.

Det finns dock osäkerhet kring riskerna med en avelsstrategi där större vikt läggs vid individurval av tjurmodrar, främst vad gäller avelsbasens storlek samt utvecklingen för t.ex. hälso- och fertilitetsegenskaper. Dessa egenskaper är ogynnsamt genetiskt korrelerade med produktionsegenskaper och har dessutom låga arvbarheter. Det var därför troligt att dessa funktionella egenskaper riskerade att försämrats då kärnavelsbesättningen fick större betydelse.

En hypotes vi hade var att egenskaper relaterade till fertilitet och hälsa skulle kunna registreras med större noggrannhet i kärnbesättningen än i fält, och att man där även skulle kunna registrera nya indikatoregenskaper som är svåra att mäta i fält. Med hjälp av bättre registreringar och därmed höjda arvbarheter för dessa egenskaper skulle en negativ utveckling av dessa egenskaper kunna motverkas. Vi förväntade oss att ju mer information om fertilitet och juverhälsa som användes vid selektionen av tjurmodrar, desto mer gynnsamt skulle det vara för utvecklingen av dessa egenskaper.

Projektet var därför främst inriktat på att studera förutsättningarna att nå genetiskt framsteg även i funktionella egenskaper i avelsprogram med MOET och kärnbesättningar. Under projektet har vi använt oss av både datorsimuleringar och verkliga data från Viken och en försöksbesättning för analyser. Under projektets gång har dock vissa förutsättningar förändrats då selektion baserad på genomiska avelsvärden har blivit en reell möjlighet och intresset för genomisk selektion snabbt har ökat i hela världen, samtidigt som intresset för påkostade registreringar i kärnbesättningen har minskat.

En annan ursprunglig frågeställning i projektet rörde effekten av olika urvalsstrategier och förändrad populationsstruktur i avelsprogram med kärnbesättning på genetiskt framsteg och inavelsutveckling. Även här har införandet av genomisk avelsvärdering och -selektion förändrat förutsättningarna. Vi har därför inte prioriterat denna frågeställning i projektet.

## ***Omvandling till doktorandprojekt och forskningssamverkan***

Projektet (H0530175) påbörjades år 2006 av AgrD Susanne Eriksson. I mitten av 2006 fick Susanne en forskarassistenttjänst med liknande inriktning och vi ansökte därför om att omvandla projektet till ett doktorandprojekt. Detta beviljades, under nytt projektnummer (S0730323), under hösten 2007 och Helen Hansen Axelsson anställdes som doktorand i projektet. Handledare för Helen under projekttiden har varit Jan Philipsson, Lotta Rydhmer, Kjell Johansson, Susanne Eriksson och Karl-Johan Petersson. Hans Stålhammar vid Viking Genetics har varit resursperson. Projektet har bedrivits i samarbete med danska forskare. Helen har gjort flera besök vid Foulum i Danmark. Hon tillbringade en studieperiod under februari-mars 2009 där för att fördjupa samarbetet med främst doktorand Line Hjortø Buch och hennes handledare Anders Christian Sørensen och Morten Kargo Sørensen, som även fungerat som resursperson för Helen. Line har även vistats en tid vid Inst. för husdjursgenetik under våren 2008, och flera möten har hållits där även Anders Christian Sørensen och Morten Kargo Sørensen har varit med.

En viss förskjutning i tidsplanen har skett p.g.a. föräldraledigheter, varför projektet har pågått under hela 2010 och en viss del av Helens arbetstid under januari 2011 kommer också att röra projektet.

## ***Ekonomisk rapport***

Vi slutrapporterar här hela projektet samtidigt, d.v.s. båda delarna med olika projektkod i samma rapport i december 2010, vilket vi fått tillstånd till av Gunilla Nilsson-Linde. Det totala beviljade bidraget var 1 800 000 kr, varav 600 000 under projektnr H0530175 och 1 200 000 under projektnr S0730323. Den ekonomiska redovisningen ska alltså jämföras med totalsumman 1 800 000 kr och inte de i formuläret förfyllda 600 000 kr.

## **MATERIAL OCH METODER**

### ***Analys av data från Nötcenter Viken***

Omfattning och kvalitet på registrering av fertilitets- respektive juverhåloegenskaper vid Nötcenter Viken kartlades inledningsvis i form av två examensarbeten. Data analyserades för att ge svar på om vissa egenskaper som registreras vid kärnbesättningen men inte i fält har samband med avelsmåsegenskaper, t.ex. om det fanns något samband mellan antal embryon vid spolning av elitdjuren och andra fertilitetsegenskaper. Vi studerade även hur olika modeller för avelsvärdering av celltal mätt hos elitkorna förhöll sig till det härstamningsindex som användes vid urvalet.

I ett arbete om superovuleringsresultat och andra fertilitetsregistreringar vid Nötcenter Viken använde vi uppgifter om antal uppsamlade och antal överförbara embryon vid spolning, antal insemineringar som kvigor, intervall från kalvning till första seminering, samt brunststyrka hos elitkvigor och – kor från databasen Vikendata. Vi editerade data, tog fram beskrivande statistik, prövade olika modeller och genomförde statistiska analyser med hjälp av SAS programpaket (SAS Institute Inc., 2006). Vi gjorde variansanalys och skattade även residualkorrelationer mellan spolningsresultat (antal embryon) och övriga fertilitetsegenskaper. Vi prövade även att

inkludera spolningsresultat som förklarande variabel i modellerna för övriga fertilitetsegenskaper. I studien ingick 761 embryospolningar av 423 djur, insamlade 2004-2006 (Häggström et al., 2006).

I en uppföljning av examensarbetet skattade Susanne Eriksson med hjälp av DMU (Jensen et al. 1997) även arvbarheter och uppreparheter för, och korrelationer mellan, antal uppsamlade embryon, antal överförbara embryon, samt antal kasserade embryon (Eriksson et al., 2007).

I ett annat examensarbete kartlades vilken juverhälsodata som fanns tillgänglig i Vikendata. Vi använde då också uppgifter om provmjölkningsdatum från kokontrollen och jämförde avelsvärdering med djurmodell av celltal för kor i kärnbesättningen med testdagsmodell respektive laktationsmedeltalsmodell. Korna var födda efter 2002 och uppgifter om första laktation i minst 90 dagar fanns för 261 kor. Olika modeller testades i SAS, och vi beräknade avelsvärden för celltal med DMU4. För skattning av avelsvärden med laktationsmedeltalsmodell användes samma arvbarhet som i NAV:s avelsvärdering medan omräknade parametrar skattade från en farmodell på svenskt material (Grandinson, 2007, opublicerade data) användes för testdagsmodellen. Ett försök gjordes även att skatta varianskomponenter med DMU-AI för data i studien.

### ***Analys av data från SLU:s försöksbesättning Jälla***

För att belysa frågeställningen om vilka utökade provtagningar som skulle kunna leda till ökad säkerhet i urvalet av elitkor vid kärnavelsbesättningen vad gäller fertilitet och juverhälsa, analyserades data från SLU:s försöksbesättning Jälla (Hansen et al., 2008). Där har provmjölkning sedan många år skett veckovis, vilket gjorde datat lämpligt för vår studie. Data från Jälla från 1989-2004 analyserades med hjälp av SAS för att se hur olika registreringsfrekvens under olika tidsperioder av laktationen (första 60, 100 eller 300 dagarna, samt 300 dagar i första laktationen tillsammans med de 60 första dagarna i andra laktationen) påverkade hur bra celltal fungerade som mått för mastitförekomst. Celltal, både i form av rena celltal och logaritmerade celltal, samt variationen i celltal (SD) korrelerades med förekomst av mastit under de första 50 dagarna i laktationen. Förklaringsgraden av olika modeller jämfördes med logistisk regression för att förutsäga mastit med de olika typerna av celltalsmätningar. Uppreparheten för celltal mättes, och beräkningar av säkerheten vid avelsvärdering gjordes för olika alternativ. Även litteraturuppgifter användes för att se om registrering av andra indikatorer egenskaper kan förväntas ge säkrare urval.

### ***Simuleringsstudie***

För att studera hur det genetiska framsteget i produktion respektive fertilitet och juverhälsa påverkas av tillgången till information om egenskaper mätta i fält respektive i kärnbesättningen, och av att använda olika ekonomiska vikter, så genomfördes en simuleringsstudie (Hansen et al, 2010). Programmet SelAction som vi tänkt använda oss av visade sig inte vara tillräckligt flexibelt för de scenarier vi ville pröva. Istället gjordes en deterministisk simulering med selektionsindexmetodik i SAS. Grunddesignen i simuleringen baserades på den dåvarande selektionen av tjurmödrar i kärnbesättningen Viken.

De ekonomiska vikterna baserades på de som användes i den gemensamma nordiska avelsvärderingen (NAV). De målegenskaper som togs med var proteinavkastning, dräktighetsprocent, intervall mellan kalvning och första insemination, antal fruktsamhetsbehandlings, samt klinisk mastit. Både uppgifter från kvigor och kor i första och andra laktation användes. En fullständig multi-trait modell användes med alla egenskaper, till skillnad från den multi-trait modell som idag används i den nordiska avelsvärderingen där olika egenskapsgrupper avelsvärderas i subindex. Åtta olika scenarier prövades (Tabell 1).

Samma avelsmål användes i samtliga scenarier, medan nya indexvikter och säkerheten för indexet beräknades för varje scenario. Det genetiska framsteget för en selektionsomgång av tjurmoderurval beräknades för varje egenskap och uttrycktes i genetiska standardavvikelse / generation.

*Tabell 1. Scenarier testade i simuleringsstudien, förkortningar och tillgänglig information vid selektion av tjurmödrar*

Scenario	Känd information för tjurmödrar
Ped	Enbart härstamningsindex
P	Ped + Proteinavkastning
PF	Ped + Proteinavkastning och fertilitetsegenskaper
PU	Ped + Proteinavkastning och juverhälsoegenskaper
PFU	Ped + Proteinavkastning, fertilitets- och juverhälsoegenskaper
PFUAd	Ped + Proteinavkastning, fertilitets-, juverhälso- och extra indikatoregenskaper för juverhälsa och fertilitet mätta enbart i kärnbesättningen
PFURes	Restricted index, baserat på samma information som i scenario PFU
PFUAdRes	Restricted index, baserat på samma information som i scenario PFUAd

Då "restricted index" användes innebar det att det genetiska framsteget i funktionella egenskaperna låstes till 0 (dvs. inte tilläts försämrings).

Litteraturuppgifter användes för att bestämma rimliga parametrar för de egenskaper som idag registreras även i fält (dräktighetsprocent vid första insemination, intervall mellan kalvning och första insemination, antal fruktsamhetsbehandlings, klinisk mastit samt logaritmerade celltal). De egenskaper som vi antog registrerades enbart i kärnbesättningen var brunststyrka, progesteronhalt, intervall kalvning till första insemination (mätt noggrannare och därmed med högre arvbarhet än i fält), samt logaritmerade celltal (mätt dubbelt så ofta och därmed med högre arvbarhet än i fält).

## *Övriga relaterade studier*

Resultaten från simuleringsstudien väckte nya frågeställningar varför vi har påbörjat en fortsättningsstudie av genetiska trender hos SRB baserat på fältdata. Denna studie kommer att slutföras inom ramen för Helen Hansen Axelssons doktorandprojekt.

## **RESULTAT**

### *Analys av data från Nötcenter Viken*

Studien av embryospolningsresultat visade på en tydlig förbättring av antalet överförbara embryon från år 2004 till år 2006 (Häggström, 2006). Standardavvikelsen var hög, liksom upprepbarheten, vilket indikerade att det kan finnas möjlighet för selektion i egenskapen. Undersökningens 761 embryospolningar resulterade i genomsnitt 6,1 uppsamlade respektive 3,6 överförbara embryon per spolningstillfälle. Undersökningen visade dock inte på någon signifikant effekt av embryospolningsresultat på övriga fertilitetsegenskaper, då antalet överförbara embryon användes som förklarande variabel i modeller för fertilitetsegenskaper. Vi såg heller inga starka eller signifikanta korrelationer eller residualkorrelationer mellan embryospolningsresultat och övriga fertilitetsegenskaper, i det relativt lilla datasetet. Det fanns en signifikant effekt av ras för antal uppsamlade embryon, där SRB hade något bättre resultat än SLB. Korrelationen mellan antal uppsamlade och antal överförbara embryon var 0,78. Upprepbarheten mellan spolningar var relativt hög, 0,44 för antal uppsamlade och 0,40 för antal överförbara embryon. Sambandet mellan faders eller morfaders avelsvärde för dotterfruktsamhet och antalet överförbara embryon hos hondjuret var mycket svagt. Djurets ålder hade inte någon större effekt på resultaten för embryospolningarna. Datakvaliteten var god, men vissa uppgifter saknades i Vikendata. Praktiska rekommendationer om förbättringar av registreringen lämnades till Nötcenter Viken.

I den genetiska analysen av embryospolningsdatan fann vi som väntat en genetisk variation i egenskaperna, med en arvbarhet på 0,11 för antal uppsamlade embryon, 0,12 för antal överförbara embryon, och 0,13 för antal kasserade embryon per spolning (Eriksson, 2007). Den genetiska korrelationen mellan antal uppsamlade och antal överförbara embryon var hög (0,70). Även mellan antal uppsamlade och antal kasserade var den genetiska korrelationen hög (0,67). Korrelationen mellan antal överförbara och antal kasserade var dock låg (-0,07).

Studien av celltalsdata från Vikendata visade att juverhälsoläget var gott på Nötcenter Viken (Tufvesson, 2007). Det geometriska medeltalet för celltal var 91 000 celler/ml att jämföra med 183 000 celler/ml i medeltal i kokontrollen. Medeltalet för celler för kor i kokontrollen baserades på alla laktationer, medan data från Viken var för första och andra laktation, vilket delvis kan ha ökat skillnaden i medelcelltal. Kor som haft mastit under laktationen hade signifikant högre celltal än kor utan mastit. Senare laktationer gav högre celltal och kor som kalvat under sommaren hade signifikant lägre celltal. Vi fann inga signifikanta skillnader mellan raserna, olika inkalvningsår eller ålder vid kalvning.

Korrelationen mellan avelsvärden för kor på Viken för celltal i första laktation skattade med laktationsmedeltalsmodell respektive testdagsmodell var hög: 0,92. Korrelationen med

härstamningsindex var mycket lägre: -0,16 för avelsvärdet skattat med laktationsmedeltalsmodell och -0,26 för avelsvärdet skattat med testdagsmodell. För härstamningsindex var höga tal önskvärda medan höga avelsvärden i vår studie innebar högre celltal. På grund av den omvända skalan var det därför logiskt med negativa korrelationer. Härstamningsindex är ett begränsat hjälpmedel då man vill rangera kor i en kärnbesättning, då helsyskon får samma härstamningsindex. Det är önskvärt att kunna rangera korna i en kärnbesättning med djurmodell som tar hänsyn till djurens egna fenotypvärden. Vår studie visade att detta var möjligt, även med en testdagsmodell. Även denna studie resulterade i en lista med rekommendationer vad gäller registrering och lagring av datauppgifter i Vikendata, som har presenterats vid Nötcenter Viken.

### *Analyser av data från SLU:s försöksbesättning Jälla*

Korrelationen mellan medelcelltal och mastitförekomst de 50 första dagarna var ungefär lika hög då provtagningsfrekvensen var en gång i veckan under de första 60 dagarna (0,44) som vid provtagning två gånger i månaden (0,44) eller en gång i månaden (0,43) (Hansen et al, 2008). Provtagning senare i laktationen var inte lika informativ, och korrelationerna mellan celltal och mastit var då lägre. Sambandet mellan variationen i celltal (SD) och mastitförekomst visade sig vara starkare. Då standardavvikelsen för celltal användes blev även skillnaden mellan olika provtagningsfrekvens större, med korrelationen 0,49 mellan celltal (SD) och mastitförekomst vid veckovisa provtagningar, 0,45 vid provtagning varannan vecka och 0,43 vid månadsvisa provtagningar. Även förklaringsgraden av en modell med logistisk regression för att förutsäga mastit med hjälp av celltalsmätning var högre vid tätare provtagningar. En beräkning av vad tätare registrering av celltal skulle betyda för säkerheten i en avelsvärdering visade att man kan uppnå en nästan 20-procentig ökning i säkerhet genom att gå från provmjölkning en gång i månaden till två gånger i månaden de första 60 dagarna i laktationen.

Genomgången av litteratur visade att elektrisk konduktivitet är ett bra komplement till celltalsmätningar, men att det kan vara riskfyllt att enbart lita på det eftersom konduktiviteten påverkas av t.ex. typ av patogen och mjölkfraktion, och resultaten ibland kan vara svåra att tolka. Progesteronmätningar tillsammans med brunstregistreringar och övrig fruktsamhetsinformation, hull och vikt kan användas för ett förbättrat fruktsamhetsindex vid en kärnbesättning. Även ben- och klövsjukdomar bör registreras vid en kärnbesättning. Den fullständiga listan med rekommendationer återfinns i rapporten som togs fram som beslutsunderlag till verksamhetsansvariga vid Nötcenter Viken (Hansen et al., 2008).

### *Simuleringsstudie*

Det genetiska framsteget i tjurmoderledet för fertilitets- och juverhälsoegenskaper var ogynnsamt då endast härstamningsinformation användes (Scenario Ped) (Hansen et al., 2010). Även säkerheten för indexet var då låg (0,53). I Scenario P, där även information om mjölkproduktion (protein) ingick var säkerheten 0,72 och den totala genetiska responsen högre, medan responsen i funktionella egenskaper försämrades ytterligare. Detta resultat var väntat. Övriga resultat var däremot resultaten från scenarier där information fanns om funktionella egenskaper hos korna (PF, PU och PFU). När den informationen inkluderades ökade säkerheten för potentiella tjurmödrars index till 0,72–0,73, samtidigt som responsen i flera av de funktionella egenskaperna blev ändå mer ogynnsam. Istället för att bidra till förbättring av de funktionella egenskaperna bidrog den

ytterligare informationen till att förstärka selektionen för protein i det simulerade urvalet av tjurmodrar.

Att inkludera extra egenskaper, indikatoregenskaper för juverhälsa och fertilitet registrerade enbart vid kärnbesättningen (scenario PFUAd), bidrog inte heller till en mer gynnsam respons i funktionella egenskaper, utan höjde istället säkerheten i indexet (0,74) och gynnade responsen i proteinavkastning ytterligare. Genetiska framsteg i de olika egenskaperna i respektive scenario visas i Tabell 2.

I de två sista scenarierna (Scenario PFURes och PFUAdRes) tvingades det genetiska framsteget att vara noll för viktiga funktionella egenskaper i tjurmoderledet. De resulterande indexvikterna blev då betydligt annorlunda, jämfört med de som motsvarade vikterna använda inom NAV (Tabell 3). Detta orsakade även en kraftig försämring av den genetiska framstegstakten i proteinavkastning hos tjurmodrarna.

*Tabell 2. Genetisk respons i tjurmoderledet per generation (i genetiska standardavvikelser) för egenskaper registrerade i fält, indexets säkerhet ( $r_{HI}$ ) och totala responsen ( $S_H$ ) mätt i euros, i scenarier med olika mängd information om tjurmodrar*

Scenario	Egenskap													
	PFI 0	PFI 1	PFI 2	CFI 1	CFI 2	RD0	RD1	RD2	CM1	CM2	PY 1	PY 2	$r_{HI}$	$S_H$
Ped	-0,09	-0,17	-0,17	0,17	0,16	-0,01	0,05	0,04	0,11	0,10	0,52	0,50	0,53	60,34
P	-0,12	-0,24	-0,24	0,24	0,24	-0,01	0,08	0,08	0,16	0,16	0,70	0,69	0,72	81,94
PF	-0,13	-0,25	-0,25	0,24	0,23	-0,01	0,08	0,07	0,16	0,16	0,71	0,70	0,72	82,21
PU	-0,12	-0,24	-0,24	0,24	0,24	-0,01	0,08	0,08	0,22	0,21	0,72	0,71	0,73	82,90
PFU	-0,13	-0,25	-0,25	0,24	0,24	-0,01	0,08	0,07	0,18	0,18	0,72	0,70	0,73	82,81
PFUAd	-0,12	-0,24	-0,24	0,26	0,26	-0,01	0,08	0,08	0,22	0,22	0,73	0,72	0,74	83,73
PFURes	0,08	0,00	0,00	0,00	0,00	-0,03	-0,01	-0,01	0,00	0,00	0,48	0,47	0,52	60,30
PFUAdRes	0,07	0,00	0,00	0,00	0,00	-0,03	-0,01	-0,01	0,00	0,00	0,48	0,48	0,54	60,77

Laktationsnummer anges som 0, 1 eller 2. PFI = dräktighets% vid första insemination, CFI = intervall från kalvning till första insemination, RD = reproduktionsstörningar, CM = klinisk mastit, PY = proteinavkastning.

Tabell 3. Ekonomiska vikter (euro per egenskapsenhet) motsvarande de som används i NAV, och nya ekonomiska vikter för selektion av tjurmodrar från restricted index beräkningar

Egenskap	Restriktion <sup>1</sup>	Nuvarande vikt	Scenario PFURes	Scenario PFUAdRes
PFI 0, %-enhet		0,18	0,18	0,18
PFI 1, %-enhet	X	0,29	3,73	3,95
PFI 2, %-enhet	X	0,18	3,93	3,44
CFI 1, dagar	X	-0,35	-7,36	-4,73
CFI 2, dagar	X	-0,21	-5,27	-7,53
RD 0, %-enhet		-0,33	-0,33	-0,33
RD 1, %-enhet		-1,53	-1,53	-1,53
RD 2, %-enhet		-1,11	-1,11	-1,11
CM 1, %-enhet	X	-1,46	-4,10	-4,39
CM 2, %-enhet	X	-1,05	-3,79	-2,85
PY 1, kg (305 d.)		3,01	3,01	3,01
PY 2, kg (305 d.)		1,80	1,80	1,80

<sup>1</sup> Restriktion användes för egenskapen. Förkortningar som i Tabell 2.

## DISKUSSION

Resultaten från vår simuleringsstudie var delvis oväntade och mycket intressanta. Studien omfattade visserligen inte alla egenskaper i dagens nordiska avelsvärdering utan var begränsad till några viktiga egenskaper, så som oftast i simuleringsstudier, men visade på klara risker med för stor vikt vid produktion jämfört med funktionella egenskaper med låg arvbarhet. Resultaten pekade på att urvalet av tjurmodrar skulle ha en ogynnsam påverkan på den genetiska trenden i fertilitet vid selektion med dagens ekonomiska vikter.

I vår ursprungsplan ingick att analysera mer data från kärnavelsbesättningen efter det att utökade registreringar gjorts av rekommenderade indikatoregenskaper för juverhälsa och fertilitet. Detta för att fastställa om dessa egenskaper skulle kunna registreras med högre arvbarhet där än i fält. Vi kunde dock inte genomföra denna del av studien då de ekonomiska prioriteringarna hos avelsföretaget förändrades och de utökade registreringarna inte kunde startas.

Resultaten från simuleringen tydde i vilket fall på att vår hypotes om effekten av bättre registreringar av egenskaper relaterade till fertilitet och hälsa i kärnavelsbesättningen inte höll. Den extra informationen om tjurmodrarna i simuleringen motverkade inte att tjurmoderurvalet bidrog ogynnsamt till utvecklingen av funktionella egenskaper, om inte även vikterna i avelsvärderingen förändrades så att dessa egenskaper gynnades.

Tvärt emot vårt ursprungliga antagande ledde inkluderandet av funktionella egenskaper i den simulerade selektionen av tjurmoderkandidater till ökade framsteg i mjölkproduktionsegenskapen proteinavkastning istället för att gynna fertilitets- och juverhälsoegenskaper. Att det genetiska



framsteget i fertilitets- och juverhälsoegenskaper var ogynnsamt då endast härstamningsinformation användes skulle kunna tolkas som att dessa egenskaper är på väg att försämrans i det nordiska avelsarbetet vilket vore mycket oroande. Vid kontakt med näringen har vi dock inte fått denna bild bekräftad. Vi har fokuserat på vad som händer i just tjurmoderledet och studien speglar inte vad övriga selektionsled bidrar med till framsteget i hela populationen. I simuleringsstudien använde vi dessutom den teoretiskt korrekta fullständiga multi-trait modellen. I dagens praktiska avelsvärdering inom NAV avelsvärderas dock egenskapsgrupperna separat och avelsvärdena vägs sedan ihop i subindex som används för att räkna ut totalindex. Detta spelar troligen roll för hur informationen om t.ex. celltal, mastit och fertilitetsegenskaper påverkar responsen i funktionella egenskaper respektive produktionsegenskaper. Det är därför möjligt att den modell som idag används i praktiken ger en mindre ogynnsam utveckling av egenskaper som honlig fertilitet. Därför går vi vidare och studerar hur de verkliga genetiska trenderna för fertilitetsegenskaper ser ut på populationsnivå.

Möjligheten att använda genomisk selektion har inneburit ett paradigmskifte inom mjölkkoaveln. Detta förväntas förändra kärnavelsbesättnings roll och har minskat viljan att satsa mer ekonomiska resurser för vidare registreringar i den svenska kärnavelsbesättningen i dagsläget. Förhoppningarna kring möjligheten att förbättra lågarvbarhetsegenskaper med hjälp av genomisk selektion är stora. Även genomisk selektion kräver dock en god registrering av fenotypdata i referensbesättningar för att vara framgångsrik. Detta behöver dock inte ske just i en kärnavelsbesättning, men man kan mycket väl tänka sig att vissa stora, speciellt utvalda besättningar kommer att kunna registrera ”nya” egenskaper relaterade till funktionella egenskaper så som foderutnyttjande, hälsa eller fertilitet, och bidra till information som kan användas i ett avelsprogram med genomisk selektion. Här finns likheter med grundtanken med särskilda egenskapsregistreringar i en kärnbesättning. I den sista delen av Helens doktorandprojekt, som är finansierad via ett annat SLF-projekt, kommer hon att studera detta närmare. Vi kan då dra nytta av erfarenheterna från detta projekt vad gäller registrering av indikatoregenskaper i en väl skött besättning. Användningen av MOET (multiple ovulation embryo transfer) lär även fortsättningsvis spela en stor roll, och för detta är miljön i en kärnbesättning eller liknande lämplig.

### ***Viktigaste slutsatser***

Det är möjligt att selektera tjurmödrar för funktionella egenskaper i en kärnbesättning, men det kräver mycket höga indexvikter för de funktionella egenskaperna för att inte tjurmoderselektionen ska bidra till en ogynnsam utveckling av t.ex. fertilitet och juverhälsa. Om dessa vikter inte höjs hjälper inte en noggrannare mätning av funktionella egenskaper, eller nya indikatoregenskaper, i kärnbesättningen för att motverka en ogynnsam utveckling av dessa egenskaper i tjurmoderledet.

## **PUBLIKATIONER**

Eriksson, S., Häggström, M., Stålhammar, H. 2007. Genetic analysis of superovulatory response in Swedish Red and Swedish Holstein heifers. Proc. 58<sup>th</sup> ann. meet. European Assoc. of

Animal Prod., 26-29 aug., Dublin, Irland, s80. Awarded as “Best poster in commission on animal genetics”.

Hansen Axelsson, H., Johansson, K., Eriksson, S., Petersson, K-J., Rydhmer, L., Philipsson, J. 2010. Selection of bull dams for production and functional traits in an open nucleus herd. Revised version submitted for publication in Journal of Dairy Science.

Hansen Axelsson, H., Johansson, K., Petersson, K-J., Eriksson, S., Rydhmer, L. and Philipsson, J. 2009. Selection of bull dams for production and functional traits in an open nucleus herd. Proc. 60<sup>th</sup> ann. meet. European Assoc. of Animal Prod. 24-27 aug., Barcelona, Spanien, s107.

Hansen, H., Petersson, K-J., Eriksson, S., Johansson, K., Rydhmer, L., Philipsson, J. 2008. Utvidgade registreringar av lågarvbarhetsegenskaper på Viken. Rapport nr 26, Institutionen för husdjursgenetik SLU, 12 sid.

Häggström, M. 2006. Beskrivning och analys av superovuleringsresultat och andra fertilitetsregistreringar vid Nötcenter Viken. Examensarbete 289. Inst. för husdjursgenetik, SLU.

Tufvesson, E. 2007. Analys av juverhälsodata från kärnbesättningen Viken. Examensarbete 294. Inst. för husdjursgenetik, SLU.

Tufvesson, E. 2007. Nötcenter Viken – möjligt avelsvärdera korna för juverhälsa. Avelskuriren nr 4, 2007.

## **ÖVRIG RESULTATFÖRMEDLING TILL NÄRINGEN**

Projektet har hela tiden bedrivits i nära kontakt med näringen. Kjell Johansson som ingår i Helens handledargrupp är anställd vid Svensk Mjölk, och resultaten har även diskuterats med Jan-Åke Eriksson och Anki Roth vid Svensk Mjölk. Vid presentation på EAAP-konferensen 2009 var även representanter för NAV (Nordiska avelsvärderingen) närvarande och kommenterade resultaten. Hans Stålhammar vid Viking Genetics har fungerat som resursperson i projektet och också fått ta del av resultat från både Helens doktorandprojekt och de båda examensarbeten som gjorts. Examensarbetena har också presenterats vid Viking Genetics. Både examensarbetare och Helen har även besökt Nötcenter Viken och diskuterat med deras medarbetare under projektiden. Ytterligare minst en populärvetenskaplig artikel med resultat från Helens simuleringsstudie planeras när den vetenskapliga granskningen av resultaten är färdig. Resultat från den påbörjade studien av genetiska trender i fertilitet som inspirerats av resultaten från simuleringsstudien kommer också att presenteras för, och diskuteras med representanter för näringen, samt publiceras i vetenskaplig tidskrift.

## **ÖVRIGA REFERENSER**

SAS Institute Inc. 2006. SAS OnlineDoc® 9.1.3. SAS Institute Inc., Cary, NC, USA.

Jensen, J., Mäntysaari, E. A., Madsen, P., and Thompson, R. 1997. J. Ind. Soc. Ag. Stat. 49:215-236.