

# Slutrapport från SLF-projektet "Avelsvärdering grundad på genomiska data, för en miljövänligare mjölkproduktion" projnr V1030045

*Lotta Rydhmer, Erling Strandberg och Freddy Fikse, Inst. för husdjursgenetik, SLU*

## **Bakgrund**

Avelsarbete för mer hållbar mjölkproduktion har sedan projektet startade 2010 blivit ett allt mer aktuellt ämne för näringen och inom akademien. Det beror dels på samhällets ökade intresse för miljöfrågor och dels på allt högre produktionskostnader och låga avräkningspriser på mjölk.

De senaste åren har avelsföretagen börjat tillämpa genomisk avelsvärdering av mjölkkor och det ska ge större framsteg i avelsarbetet. Vid genomisk avelsvärdering används både egenskapsregistreringar och information om djurens DNA för att skatta avelsvärden. Genomisk avelsvärdering kan leda till snabbare genetisk förändring eftersom även unga djurs avelsvärde kan skattas med stor säkerhet vilket minskar generationsintervallet. Genomisk avelsvärdering har visat sig användbart för de egenskaper som redan är med i avelsprogrammet, och det kan även vara ett effektivt verktyg för att förbättra nya egenskaper som är svåra att registrera, så som fodereffektivitet och metangasutsläpp.

Med detta projekt ville vi besvara frågan: Hur ska de nordiska avelsorganisationerna använda genomisk avelsvärdering för nya egenskaper och under vilka förutsättningar är det lönsamt att använda genomisk avelsvärdering? Vår idé var att egenskaper som är för dyra för att mäta i stor skala i kokontrollen kan registreras i speciella mätbesättningar. Exempel på relevanta, nya egenskaper i avelsarbetet är foderutnyttjande och produktion av växthusgaser, egenskaper som har stor betydelse för klimatförändringen. Med genomisk avelsvärdering kan uppgifter om metangasutsläpp från kor i mätbesättningar utnyttjas för att nå ett genetiskt framsteg i hela kopopulationen. Detta skulle göra det möjligt att minska mjölkproduktionens klimatpåverkan, men till vilken kostnad? Vi ville studera under vilka förutsättningar som genomisk avelsvärdering för nya egenskaper, i en ny avelsstruktur, är genomförbart och lönsamt.

## **Material och metoder**

Projektet, som startade i oktober 2010, har ingått i Helen Hansen Axelssons doktorandarbete vid Institutionen för husdjursgenetik, SLU. Helen disputerade med avhandlingen "Breeding for sustainable milk production – from nucleus herds to genomic data" 11 juni 2013. Projektet har också ingått i en nordisk satsning på forskning som omfattar skattning av marköreffekter samt beräkning av genomiska avelsvärden och utformning av avelsprogram. Projektet har därför genomförts i samråd med Nordiska samarbetsgruppen för genomisk selektion. Där ingår bl a Anders Christian Sørensen från Århus universitet som vi har samarbetat med i detta projekt. Anders Christian är ansvarig för utvecklingen av ett av de simuleringsprogram som vi har använt. Vi har också samarbetat med Morten Kargo från Århus universitet som har varit en resursperson i Helens forskarutbildning och vår kontaktperson på Foulum (Århus universitet). Hans Stålhammar från Viking Genetics har också varit en viktig resursperson.

Vi studerade genetiska och ekonomiska möjligheter med ett avelsprogram som använder sig av genomisk avelsvärdering och specialiserade mätbesättningar. Projektet genomfördes som två delstudier där vi har använt simuleringsprogram som kallas ADAM och ZPLAN. Den simulerade kopopulationen är i samma storleksordning som SRB-populationen. För

mjölkproduktion och funktionella egenskaper utgick vi från de parametrar som används i den nordiska avelsvärderingen. Vi fokuserade på egenskaper som beskriver mjölkproduktionens klimatpåverkan, men resultaten kan överföras till andra nya egenskaper som t ex mjölkens kvalitet för osttillverkning eller resistens mot specifika mikrober.

Sex olika egenskaper som skulle kunna registreras för att mäta klimatpåverkan, så kallade indikatoregenskaper, användes i simuleringarna. Två egenskaper som redan registreras rutinmässigt i kokontrollen var kons hållbarhet (utslagen eller inte efter första laktationen) och kroppsstorlek (korshöjd). Två egenskaper som skulle kunna registreras i besättningar med mjölkrobot var kons vikt och metangasproduktion, den senare mätt i kons utandningsluft under mjölkningen. Två komplicerade egenskaper som bara skulle kunna registreras i speciella besättningar var metangas mätt i klimatkammare samt ett mått på foderutnyttjande.

Vi simulerade många olika scenarier för ett framtida avelsarbete som innehåller tre avelsmålsegenskaper: mjölkproduktion, funktionella egenskaper och klimatpåverkan. I varje scenario registrerades mjölkproduktion, funktionella egenskaper och en indikatoregenskap för klimatpåverkan. Dessutom simulerade vi ett scenario med tre målegenskaper men utan någon indikatoregenskap för klimatpåverkan och ett scenario som endast innehöll två målegenskaper, mjölkproduktion och funktionella egenskaper. Det scenariot representerar det nuvarande avelsprogrammet där minskad klimatpåverkan inte ingår i avelsmålet.

För mjölkproduktion och funktionella egenskaper användes de ekonomiska vikter som används i den nordiska avelsvärderingen idag. Klimatpåverkan fick en negativ ekonomisk vikt (för minskad klimatpåverkan) som var lika stor som den ekonomiska vikten som används för mjölkproduktion. De sanna genetiska sambanden mellan alla de studerade indikatoregenskaperna och målegenskaperna är ännu inte kända. Därför simulerade vi både gynnsamma och ogynnsamma samband mellan olika egenskaper. Dessutom varierade vi säkerheten för de genomiska avelsvärdena för metangas mätt i klimatkammare, eftersom det idag är svårt att förutse hur säkra dessa avelsvärden skulle kunna bli.

I den första delstudien gjorde vi en så kallad stokastisk simulering med programmet ADAM, vilket innebär att en effekt av slumpen tas med i simuleringen och att utfallet i varje scenario simuleras många gånger. Det totala värdet av det årliga genetiska framsteget skattades i euro. Dessutom skattades det genetiska framsteget i var och en av målegenskaperna.

I den andra delstudien simulerade vi samma scenarion som i den första, men med det deterministiska datorprogrammet ZPLAN. I en deterministisk simulering ingår ingen slump utan resultaten beräknas enligt de formler som finns i simuleringsprogrammet. Syftet med denna delstudie var att utvärdera hur stort det ekonomiska utrymmet är för registrering av specifika indikatoregenskaper för klimatpåverkan. En nollpunktsanalys genomfördes för att räkna ut hur mycket pengar registreringen av en ny egenskap får kosta utan att underskrida vinsten i ett grundscenario där ingen indikatoregenskap för klimatpåverkan registreras. I detta grundscenario har alltså dagens avelsmål utökats med en ny målegenskap för minskad klimatpåverkan, men inga nya registreringar görs.

## **Resultat**

Genomisk avelsvärdering skulle kunna användas för att minska mjölkproduktionens klimatpåverkan utan påtagliga försämringar av mjölkproduktion och funktionella egenskaper. Det totala genetiska framsteget var störst i det scenario som använde hållbarhet som indikatoregenskap. Den genetiska förändringen i klimatpåverkan var gynnsam i alla scenarion (minskad klimatpåverkan), även i det scenario som efterliknade det nuvarande avelsmålet. Det

genetiska framsteget i klimatpåverkan var dock betydligt högre när klimatpåverkan var med i avelsmålet och indikatoregenskaper som metangas mätt i mjölkrobot eller metangas mätt i klimatkammare användes (Tabell 1).

Tabell 1. Årligt totalt genetiskt framsteg ( $\Delta G$ ) i euro, och den genetiska förändringen i mjölkproduktion ( $\Delta G_{MP}$ ), funktionella egenskaper ( $\Delta G_{FE}$ ) och klimatpåverkan ( $\Delta G_{KP}$ ) uttryckt i genetiska standardavvikelser i de scenarier som simulerades i den första delstudien. Scenariot med det största framsteget är markerat med en cirkel och scenariot med det lägsta framsteget med en fyrkant

Scenario, indikatoregenskap	$\Delta G$	$\Delta G_{MP}$	$\Delta G_{FE}$	$\Delta G_{KP}$
Ingen indikatoregenskap	46,6	0,251	0,161	-0,152
<i>Storskalig registrering i alla besättningar</i>				
Hållbarhet	51,4	0,259	0,184	-0,180
Korshöjd (kroppsstorlek)	49,4	0,260	0,180	-0,160
<i>Registrering i alla besättningar med mjölkrobot</i>				
Kroppsvikt	48,1	0,246	0,171	-0,166
Metan i utandningsluft, mjölkrobot <sup>1</sup> ⊕	48,9	0,235	0,159	-0,198
Metan i utandningsluft, mjölkrobot <sup>2</sup> ⊕	50,5	0,238	0,171	-0,203
<i>Registrering i speciella mätbesättningar</i>				
Foderutnyttjande	49,6	0,252	0,164	-0,183
Metan i klimatkammare <sup>3</sup> ⊕ hög säkerhet	49,5	0,241	0,166	-0,192
Metan i klimatkammare <sup>4</sup> ⊕ hög säkerhet	49,8	0,242	0,171	-0,191
Metan i klimatkammare <sup>5</sup> ⊕ låg säkerhet	47,5	0,246	0,174	-0,156
Metan i klimatkammare <sup>6</sup> ⊕ låg säkerhet	47,7	0,247	0,173	-0,158

<sup>1</sup> Ogynnsam korrelation ⊕ indikatoregenskap - mjölkproduktion (MP) och funktionella egenskaper (FE)

<sup>2</sup> Gynnsam korrelation ⊕ indikatoregenskap - MP och FE

<sup>3</sup> Ingen korrelation ⊕ indikatoregenskap - MP och FE, säkerhet på genomiska avelsvärden=0,40

<sup>4</sup> Gynnsam korrelation ⊕ indikatoregenskap - MP och FE, säkerhet på genomiska avelsvärden=0,40

<sup>5</sup> Ingen korrelation ⊕ indikatoregenskap - MP och FE, säkerhet på genomiska avelsvärden=0,10

<sup>6</sup> Gynnsam korrelation ⊕ indikatoregenskap - MP och FE, säkerhet på genomiska avelsvärden=0,10

Det ekonomiska utrymmet för registrering var störst i det scenario som innehöll metangas mätt i klimatkammare där genomiska avelsvärden med låg säkerhet användes. Med få registreringar kan varje registrering få kosta mer och därför var det ekonomiska utrymmet störst i detta scenario. Men ju färre registreringar som görs desto lägre blir säkerheten för de genomiska avelsvärdena. Eftersom det genetiska framsteget i klimatpåverkan var lågt är detta scenario inte ett bra alternativ. Betydligt mindre pengar per registrering kan spenderas på registrering av hållbarhet och korshöjd samt levande vikt och metangas mätt i mjölkrobot, eftersom dessa registreringar görs på många fler kor. I praktiken kräver dock hållbarhet och korshöjd inga nya investeringar för att bli registrerade. Scenariot med hållbarhet resulterade dessutom i ett stort genetiskt framsteg i klimatpåverkan (Tabell 2). Hållbarhet verkar därför mycket lovande som indikatoregenskap i ett avelsarbete för minskad klimatpåverkan. Även metangas mätt i mjölkrobot kan vara en intressant indikatoregenskap. Det förutsätter dock att kostnaden för teknisk utrustning som mäter metangas i utandningsluft är rimliga.

Tabell 2. Genetisk förändring i klimatpåverkan ( $\Delta G_{KP}$ ) i de scenarier som simulerades i den andra delstudien, uttryckt i genetiska standardavvikelser jämfört med scenariot ”Ingen indikatoregenskap”, samt det diskonterade värdet av det totala genetiska framsteget av avelsarbetet per ko i euro (DIn), ekonomiskt utrymme för registrering i referenspopulationen uttryckt som maximal kostnad per registrering i euro (MaxKostn), och maximalt antal fenotypregistreringar av indikatoregenskapen med den kostnaden (AntReg)

Scenario	$\Delta G_{KP}$	DIn	MaxKostn	AntReg
Ingen indikatoregenskap	100	283		
Hållbarhet	+12,1	302	3	1400000
Korshöjd (kroppsstorlek)	+2,7	294	4	600000
Kroppsvikt	+7,0	296	16	195000
Metan i utandningsluft, mjölkrobot <sup>1</sup> ⊕	+19,4	300	22	195000
Metan i utandningsluft, mjölkrobot <sup>2</sup> ⊕	+22,4	305	29	195000
Foderutnyttjande	+11,6	299	622	6300
Metan i klimatkammare <sup>3</sup> ⊖ hög säkerhet	+15,1	300	753	5700
Metan i klimatkammare <sup>4</sup> ⊕ hög säkerhet	+15,4	303	854	5700
Metan i klimatkammare <sup>5</sup> ⊖ låg säkerhet	+3,3	294	11170	250
Metan i klimatkammare <sup>6</sup> ⊕ låg säkerhet	+3,6	294	11170	250

<sup>1</sup> Ogynnsam korrelation ⊕ indikatoregenskap - mjölkproduktion (MP) och funktionella egenskaper (FE)

<sup>2</sup> Gynnsam korrelation ⊕ indikatoregenskap - MP och FE

<sup>3</sup> Ingen korrelation ⊖ indikatoregenskap - MP och FE, säkerhet på genomiska avelsvärden=0,40

<sup>4</sup> Gynnsam korrelation ⊕ indikatoregenskap - MP och FE, säkerhet på genomiska avelsvärden=0,40

<sup>5</sup> Ingen korrelation ⊖ indikatoregenskap - MP och FE, säkerhet på genomiska avelsvärden=0,10

<sup>6</sup> Gynnsam korrelation ⊕ indikatoregenskap - MP och FE, säkerhet på genomiska avelsvärden=0,10

Ett viktigt resultat av studien är att referenspopulationens sammansättning spelar stor roll för om det är ekonomiskt lönsamt eller inte att börja registrera nya egenskaper (Tabell 3). Det ekonomiska utrymmet för investeringar blir betydligt större när referenspopulationen består av genomiskt testade *kor* med egna registreringar på indikatoregenskapen jämfört med en referenspopulation som består av genomiskt testade *tjurar* vars döttrar har registreringar på indikatoregenskapen.

Tabell 3. Två referenspopulationer för scenariot Metan i klimatkammare (gynnsam korrelation indikatoregenskap - MP och FE) som ger en säkerhet på genomiska avelsvärden på 0,40. Antal djur i referenspopulationen (ref.pop.), antal döttrar med registrering per tjur i referenspopulationen, ekonomiskt utrymme för registrering i referenspopulationen uttryckt som maximal kostnad per registrering i euro (MaxKostn), och maximalt antal fenotypregistreringar av indikatoregenskapen med den kostnaden (AntReg)

Antal djur i ref.pop.	Antal döttrar per tjur	MaxKostn	AntReg
570 tjurar	10	854	5700
1150 kor	-	4223	1150

## Slutsatser

Ett brett avelsmål som innehåller både produktionsegenskaper och funktionella egenskaper minskar mjölkproduktionens klimatpåverkan. Men genom att dessutom ta med klimatpåverkan i avelsmålet och genom att använda fenotypregistreringar och genomisk information för en indikatoregenskap kan det genetiska framsteget i minskad klimatpåverkan bli ännu större. Med flera egenskaper i avelsmålet sjunker det genetiska framsteget i var och en av egenskaperna, men studien visar att ett stort framsteg i miljöpåverkan är möjligt utan någon stor minskning av framstegstakten i mjölkproduktion och funktionella egenskaper.

En bra indikatoregenskap ska ha en hög genetisk korrelation med målegenskapen och hög säkerhet vad gäller genomiska avelsvärden. För att nå en hög säkerhet för de genomiska avelsvärdena är det viktigt att referenspopulationen är tillräckligt stor. Genomisk avelsvärdering för minskad klimatpåverkan fungerar bäst när den genetiska korrelationen mellan indikatoregenskapen och målegenskapen (i detta fall klimatpåverkan) är hög och tillräckligt många registreringar av indikatoregenskapen görs för att nå en god säkerhet för de genomiska avelsvärdena.

Den låga säkerheten för genomiska avelsvärden för komplicerade indikatoregenskaper som registreras i liten skala gör att sådana egenskaper knappast ökar framsteget i klimatpåverkan, jämfört med ett avelsprogram utan indikatoregenskap. Detta gäller även om det finns en hög genetisk korrelation mellan målegenskapen (klimatpåverkan) och indikatoregenskapen, t ex kons metangasutsläpp mätt i klimatkammare.

Det är genetiskt och ekonomiskt fördelaktigt att använda kons hållbarhet (utslagen eller ej efter första laktation) som indikatoregenskap, eftersom det resulterar i en relativt stor minskning i klimatpåverkan utan att generera några nämnvärda extra kostnader.

Utformningen av referenspopulationen har en stor inverkan på det ekonomiska utrymmet för investeringar i utrustning och arbete för registrering av indikatoregenskapen. Om referenspopulationen består av genotypade kor ökar detta ekonomiska utrymme avsevärt (jämfört med genotypade tjurar), vilket betyder att mer komplicerade indikatoregenskaper kan löna sig trots att de är dyrare att registrera.

## Diskussion

Detta projekt har lett till mycket ny kunskap, men också några nya vetenskapliga frågor. Ett aktuellt ämne är genotypning av kor. Projektet har visat att en referenspopulation som består av kor kan ge genomiska avelsvärden med hög säkerhet och samtidigt sänka kostnaden för registrering av indikatoregenskaper, eftersom färre registreringar behövs. Kornas värde i referenspopulationen bör därför utforskas noggrannare. Ett nätverk av speciella mätbesättningar kan skapas för att registrera komplicerade egenskaper. Besättningar som Viken skulle kunna ingå i detta nätverk. Detta reser nya forskningsfrågor om vem som ska äga genomisk och fenotypisk information och om avelsstruktur och beslutsfattande i avelsarbetet.

I detta projekt har vi använt parametrar från litteraturen för att simulera en SRB-population men en del parametrar som beskriver klimatpåverkan har vi fått anta. Det behövs mer forskning för att fastställa nya indikatoregenskapers arvbarheter och genetiska samband mellan de nya egenskaperna och egenskaperna i avelsmålet. Det är också viktigt att skatta samband mellan metangasutsläpp och fruktsamhet. Sådana skattningar kräver storskalig registrering av aktuella egenskaper. Pågående och planerade projekt där t ex individuellt

foderintag och metangasutsläpp registreras lägger grunden för framtida genetiska studier. Här behövs dock ytterligare metodutveckling för att få ned kostnaderna och göra det praktiskt möjligt att registrera dessa egenskaper i tillräckligt stor skala.

Den svåraste forskningsuppgiften är kanske att beräkna vilken relativ vikt som ska läggas på mjölkproduktionens klimatpåverkan. Denna vikt påverkas av politiska beslut om t ex koldioxidskatt och förändringar i CAP. Konsumenters attityder och betalningsvilja, effekter av klimatmärkning på mejeriprodukter och kraftiga svängningar i foderpriset påverkar också den vikt som ska läggas på klimatpåverkan. Detta reser nya forskningsfrågor om vem som ska betala för livsmedelsproduktionens och konsumtionens klimatpåverkan.

### **Avvikelser från projektplanen och ekonomisk redovisning**

När vi skrev ansökan räknade vi och våra kolleger på Foulum med att simuleringsprogrammet ADAM vid projektstart skulle vara utvecklat för att kunna simulera avelsvärdering grundad på genomisk information på allel-nivå. Så blev det inte och vi valde därför att genomföra studien med det befintliga ADAM-programmet och simulera ”genomiska egenskaper” som är genetiskt korrelerade till målegenskaperna. För att kompensera för denna förenkling har vi simulerat flera alternativ för samma mätegenskap, med varierande korrelation mellan det skattade genomiska avelsvärdet och det sanna avelsvärdet. Det gav oss kunskap om det möjliga avelsframsteget under olika förutsättningar för genomisk avelsvärdering. I projektets andra delstudie använde vi simuleringsprogrammet ZPLAN, bl a för att kunna ta hänsyn till diskontering vid de ekonomiska beräkningarna.

Helen kom tillbaka från föräldraledighet i början av oktober 2010 och hade en del andra arbetsuppgifter fram till årsskiftet 2010-2011. Därför bokfördes inga kostnader på detta projekt under 2010 och de 74 000 kr som betalades ut av SLF i november 2010 fördes över till 2011. Helen var barnledig 20 % från oktober 2010 till mars 2011 och från januari 2012 till projektets slut. Det ledde till en viss förskjutning jämfört med den ursprungliga tidplanen, men vi har ändå kunnat avsluta projektet och slutrapportera det nu enligt plan.

Den allra största delen av projektmedlen har planenligt används till löner, främst för Helen men till en del även för Freddy Fikse. Helen har arbetat på Foulum tillsammans med våra danska kolleger under flera perioder, vilket lett till extra kostnader för resor, uppehåll etc. Dessa resor har stärkt vårt samarbete och underlättat arbetet med att anpassa simuleringsprogrammen till detta projekt.

### **Publikationer**

Projektet har resulterat i två vetenskapliga artiklar för faktagranskade internationella tidskrifter, se bilaga 1 och 2.

- Hansen Axelsson, H, Fikse, F, Kargo, M, Sørensen, AC, Johansson, K, Rydhmer, L. 2013. Genomic selection using indicator traits to reduce the environmental impact of milk production. *Journal of Dairy Science. Accepterad för publicering, april 2013.*
- Hansen Axelsson, H, Thomassen, JR, Sørensen, AC, Rydhmer, L, Kargo, M, Johansson, K, Fikse, FW. 2013. Breakeven prices for recording of indicator traits to reduce the environmental impact of milk production. *Inskickad, juni 2013.*

Hansen Axelsson, H, Fikse, FW, Johansson, K, Sørensen, MC, Sørensen, AC, Petersson, K-J, Rydhmer, L. 2012. New systems design and technologies to mitigate emissions. Proc. 63rd Annual Meeting of the European Association for Animal Production, Bratislava, Slovakia. Session 31.

Hansen Axelsson, H. 2013. Breeding for sustainable milk production – from nucleus herds to genomic data. Doctoral thesis. Acta Universitatis agriculturae Sueciae 2013:43. Swedish University of Agricultural Sciences. <http://pub.epsilon.slu.se/10438/>

### **Övrig resultatförmedling till näringen**

Kjell Johansson från Svensk Mjök (nu Växa Sverige) har, som en av Helens handledare, varit involverad i hela projektet och fungerat som en brygga till näringen. Det andra delprojektet gjordes i nära samarbete med Jörn Thomasen från Viking Genetics. Vi har också haft kontakt med Hans Stålhammar från Viking Genetics under projektets gång. Helen har redovisat frågeställningar och resultat för Nordiska samarbetsgruppen för genomisk selektion vid två årsmöten och för dess styrgrupp vid två tillfällen. Hon har också presenterat preliminära resultat på en forskningsdag arrangerad av Svensk Mjök och Institutionen för Husdjursgenetik 2011.

Helen har handlett en student i husdjursvetenskap som skrivit kandidatuppsats med anknytning till projektet. Uppsatsen ”Avel för minskad klimatförändring” av Sofia Jansson (2011) finns tillgänglig i SLU:s databas: <http://stud.epsilon.slu.se/2658/>. Resultat från projektet har också använts i undervisningen av studenter i husdjursvetenskap på SLU, bl a på masterkursen Designing breeding programmes. Projektet har presenterats med en populärvetenskaplig poster på Fakulteten för veterinärmedicin och husdjursvetenskaps fakultetsdag 2011.

Resultat från projektet presenterades på den europeiska husdjurskonferensen EAAP i Bratislava 2012, på Cattle Breeders Round Table i Norge 2012 och på Bertebos-konferensen i Falkenberg 2012, där Helen var en av de inbjudna talarna. Alla dessa konferenser hade deltagare från näringen.

Projektet har varit dockat till SLU:s strategiska forskningsplattform Framtidens lantbruk och presenterats med en poster på Framtidens lantbruk-dagen i oktober 2012 samt på Framtidens lantbruks hemsida. Helens disputation uppmärksammades även på SLFs hemsida (Figur 1). Vi kommer att skicka in ett manuskript till tidningen Husdjur där resultaten från Helens doktorandprojekt redovisas på ett populärvetenskapligt sätt.

I samband med Helens disputation 11 juni 2013 (Figur 2) ordnade vi ett öppet seminarium där Jan-Åke Eriksson från Växa Sverige samt Hans Stålhammar och Jörn Thomasen från Viking Genetics var med och gav presentationer.

The screenshot shows the homepage of Stiftelsen Lantbruksforskning. The main navigation bar includes 'Hem', 'Projektbanken', 'För sökande', 'För beslutsgrupper', 'För finansörer', 'Press & publikationer', and 'Om stiftelsen'. A secondary navigation bar contains 'För sökande', 'Hem / För sökande / Forskningsområden / Mjölk / Artiklar', and 'Kontakt'. The main content area features a large article titled 'Helen Hansen-Axelsson har disputerat, stiftelsen gratulerar'. The article text states: 'Tisdag den 11 juni 2013 disputerade Helen Hansen-Axelsson, vid SLU i Ultuna, på en avhandling om avelsarbete för hållbar mjölkproduktion: "Breeding for sustainable milk production – from nucleus herds to genomic data".' It further mentions that her doctorate work has been largely funded by the foundation and that she is part of a project 'Avelsvärdering grundad på genomiska data, för en miljövänligare mjölkproduktion, projekt V1030045'. A photograph shows Helen Hansen-Axelsson smiling while working with a computer. Below the photo is the caption: 'Helen Hansen-Axelsson spikar sin avhandling. Fotograf: Susanne Eriksson'. On the left side, there are two vertical menus: 'För sökande' with options like 'Handbok för sökande', 'Logga in', 'Allt ansöka', 'Kontrakt', 'Lägesrapport', 'Slutrapport', 'Så här bedöms din ansökan', 'Ansökningsprocess', and 'Övriga stiftelser'; and 'Forskningsområden' with options like 'Arbetsmiljö', 'Bienergi', 'Fosfor', 'Fältförsök', 'Häst', 'Kött', 'Livsmedel', 'Mjölk', 'Potatis', 'Slaktfjäderfå', 'Socker', 'Tillväxt och lönsamhet', 'Trädgård', 'Vall- och grovfoder', 'Växtförädling', and 'Växtodling'. On the right side, there is an orange box with 'Forskningsprogram', 'Artiklar', 'Bestut', and 'Beslutsgrupp', and a small image of a glass of milk.

Figur 1. Från SLF:s hemsida, 11 juni 2013.



Figur 2. Helen Hansen Axelsson försvarar sin avhandling "Breeding for sustainable milk production – from nucleus herds to genomic data". Opponent är prof Jarmo Juga från Helsingfors universitet. Fotograf: Caroline Carlström.



Accepted by Journal of Dairy Science, April 20, 2013

## Genomic selection using indicator traits to reduce the environmental impact of milk production

*H. Hansen Axelsson*\*, *W.F. Fikse*\*, *M. Kargo*†, *A. C. Sørensen*†, *K. Johansson*§, *L. Rydhmer*\*

\* Swedish University of Agricultural Sciences, Department of Animal Breeding and Genetics, Box 7023, SE-750 07 Uppsala, Sweden

† Aarhus University, Department of Molecular Biology and Genetics, Nordre Ringgade 1, DK-8000 Aarhus C, Denmark

§ Växa Sweden, Box 7023, SE-750 07 Uppsala, Sweden

### ABSTRACT

The aim of this simulation study was to test the hypothesis that phenotype information of specific indicator traits of environmental importance recorded on a small-scale can be implemented in breeding schemes with genomic selection in order to reduce the environmental impact of milk production. A stochastic simulation was undertaken to test alternative breeding strategies. The breeding goal consisted of milk production (MP), a functional trait (FT), and environmental impact (EI). The indicator traits (IT) for EI were categorized as large-, medium- or small-scale, depending on how the traits were recorded. The large-scale traits were stayability and stature; the medium-scale traits were live weight and methane in the breath of the cow measured during milking; and the small-scale traits were residual feed intake and methane recorded in a respiration chamber. Simulated scenarios considered information for just one IT in addition to information for milk production and functional traits. The annual monetary genetic gain was highest in the large-scale scenario that included stayability as IT. The annual monetary gain in the scenarios with medium- or small-scale IT varied from €50.5 to €47.5. The genetic gain improvement in EI was, however, best in the scenarios where the genetic correlation between IT and EI was  $\geq 0.30$  and the accuracy of direct genomic value was  $\geq 0.40$ . The genetic gain in EI was 26-34% higher when indicator traits such as greenhouse gases in the breath of the cow and methane recorded in respiration chamber were used compared to a scenario where no indicator trait was included. It is possible to achieve increased genetic gain in EI by using a highly correlated indicator trait, but it requires that the established reference population for the indicator trait is large enough so that the accuracy of direct genomic values will be reasonably high.

*Key words:* methane mitigation, genomic selection, indicator trait, dairy cattle

To be submitted in July, 2013

## Breakeven prices for recording of indicator traits to reduce the environmental impact of milk production

*H. Hansen Axelsson*\*, *J. R. Thomasen*‡, *A. C. Sørensen*†, *L. Rydhmer*\*, *M. Kargo*†, *K. Johansson*#, *W.F. Fikse*\*

\* Swedish University of Agricultural Sciences, Department of Animal Breeding and Genetics, Box 7023, SE-750 07 Uppsala, Sweden

† Aarhus University, Department of Molecular Biology and Genetics, Nordre Ringgade 1, DK-8000 Aarhus C, Denmark

‡ VikingGenetics, Ebeltoftvej 16, 8860 Assentoft, Denmark

# Växa Sweden, Box 7023, SE-750 07 Uppsala, Sweden

### SUMMARY

A breeding scheme using genomic selection and an indicator trait was studied to find the most effective recording strategy. The breeding scheme was evaluated in terms of annual monetary genetic gain (AMGG) and breakeven price for the recording of indicator traits. The breeding goal consisted of three traits – milk production (MP), functional trait (FT) and environmental impact (EI). The economic values were €83, €82 and €83, respectively. The first scenario included only breeding goal traits (No IT). The other scenarios included all three breeding goal traits and one indicator trait (IT) for EI. The indicator traits were grouped into traits recorded on a large-scale (stayability and stature), medium-scale (live weight and greenhouse gases (GHG) measured in the breath of the cow during milking) or small-scale (residual feed intake and total enteric methane measured in respiration chamber). All results in scenarios with indicator traits were compared to the scenario No IT. A deterministic approach using the gene flow method and a selection index procedure was undertaken to test the scenarios. In the scenario with stayability the AMGG in EI was at least 12% higher compared to No IT. The breakeven price of recording stayability was €3 per record. Stayability is, however, very easy to record in the national milk recording system, and its use as an indicator trait for EI will not generate any additional recording costs. Therefore, stayability will be a good indicator trait to use in efforts to mitigate EI. The highest AMGG for EI was achieved when the GHG measured in the breath of the cow was used as indicator trait for EI. The breakeven price for this indicator trait was €29 per record in the reference population. The highest breakeven price was estimated for the scenario with methane, measured in a respiration chamber on 250 animals; but the AMGG in EI was lowest in this scenario. Ideally the recording of a specific indicator trait for EI would take place when: 1) the genetic correlation between the IT and EI is high, 2) the reliability of direct genomic values is moderately high, and 3) the number of phenotypic records for the indicator trait is optimal to gain the desired reliability of direct genomic values. The design of the reference population has a large effect on breakeven price. In this study, a reference population consisting of genotyped cows with own phenotype records increased the breakeven price considerably. In other words, there is more room for investment in recording equipment when a cow reference population is used instead of a reference population of progeny tested bulls.

*Keywords:* dairy cattle, environmental impact, breakeven price, indicator trait