

Genomisk selektion på besättningsnivå

– Uppföljning av LD-projektet

Use of genomic selection in dairy farms

– Evaluation of the LD-project

Sofia Wahlèn



Genomisk selektion på besättningsnivå - uppföljning av LD-projektet

Use of genomic selection in dairy farms - evaluation of the LD-project

Sofia Wahlén

Handledare: Madeleine Magnusson, SLU, Biosystem och teknologi

Btr handledare: Hans Stålhammar, Växa, Senior Geneticist

Examinator: Anders Herlin, SLU, Biosystem och teknologi

Omfattning: 15 hp

Nivå och fördjupning: Grundnivå, G2E

Kurstitel: Examensarbete i djurbiologi

Kurskod: EX0526

Program/utbildning: Lantmästare - kandidatprogram

Utgivningsort: Alnarp

Utgivningsår: 2020

Omslagsbild: Sofia Wahlén

Elektronisk publicering: <http://stud.epsilon.slu.se>

Nyckelord: genomisk selektion, enkät, avelsvärdering, mjölkkor, avel, genetiska markörer,



Sveriges lantbruksuniversitet
Swedish University of Agricultural Sciences

Fakulteten för landskapsarkitektur, trädgårds-
och växtproduktionsvetenskap
Institutionen för biosystem och teknologi

FÖRORD

Lantmästare kandidatprogrammet är en 3 årig universitetsutbildning vilken omfattar 180 högskolepoäng (hp). En av de obligatoriska delarna i denna är att genomföra ett eget arbete som ska presenteras med en skriftlig rapport och ett seminarium. Detta arbete kan t.ex. ha formen av ett mindre försök som utvärderas eller en sammanställning av litteratur vilken analyseras. Arbetsinsatsen ska motsvara minst 10 veckors heltidsstudier (15 hp).

Idén till studien kom från Hans Stålhammar som vid projektets start arbetade på VikingGenetics som även varit extern handledare för arbetet. Jag har själv varit intresserad av mjölkkor och speciellt avel och ville därför undersöka effekten av genomisk selektion.

Ett varmt tack riktas till mina handledare Hans Stålhammar, senior geneticist på Växa samt Madeleine Magnusson, forskare på institutionen för biosystem och teknologi som bidragit med många värdefulla kunskaper och råd kring mitt arbete. Jag vill också tacka min familj för att de alltid funnits där för att stödja mig.

Universitetslektor Anders Herlin har varit examinator

Alnarp maj 2020

Sofia Wahlén
(Student)

INNEHÅLLSFÖRTECKNING

SAMMANFATTNING	3
SUMMARY	4
INLEDNING	5
BAKGRUND	5
MÅL	6
SYFTE	6
AVGRÄNSNING	6
LITTERATURSTUDIE	7
AVELSARBETE PÅ BESÄTTNINGSNIVÅ	7
AVELSVÄRDERING	7
EGENSKAPER I AVELSMÅLET	11
GENETISK VARIATION	11
GENOMISK SELEKTION (GS)	13
HÄLSOSAM AVEL GENOM GS	14
PROVTAGNING FÖR GENOMISK SELEKTION	15
LD-PROJEKTET	16
MATERIAL OCH METOD	17
ENKÄTEN	17
RESULTAT	19
ENKÄTER	19
DISKUSSION	26
REFERENSER	29
SKRIFTLIGA	29
MUNTLIGA	30
BILAGOR	31
BILAGA 1: ENKÄT	31
BILAGA 2:	34
BILAGA 3:	35
BILAGA 4: KOMMENTARER TILL ENKÄTEN	36

SAMMANFATTNING

Avelsarbete är ett viktigt ekonomiskt verktyg i mjölkbesättningar idag och för att göra den mer effektiv kan man använda sig av genomisk selektion (GS). Genom modern teknik kan man idag segmentera och kartlägga en stor del av ett djurs genetiska förutsättningar och skapa genetiska markörer som visar vilka egenskaper ett djur är bärare av vilket ger en förståelse för vad som påverkar dess funktion och lönsamhet i besättningen. För att få ett tillförlitligt resultat krävs en stor referenspopulation vilket med fördel tar hänsyn till både hon- och handjur. Med hjälp av GS har man lyckats sänka generationsintervallet med 3,8 år hos vid framtagning av tjurfäder.

GS möjliggör ett tidigt selekterande i besättningarna och säkerställer att rätt djur går vidare i avelsarbetet. VikingGenetics driver LowDensity-projektet (LD-projektet), LD står för att man inte analyserar hela genomet utan att man har kartlagt ca 10 000 genetiska markörer. Projektet subventionerar genetiska tester för lantbrukare som är villiga att testa alla sina djur. Detta skall öka motivationen att använda sig av GS vilket leder till en större referenspopulation och ett säkrare avelsarbete.

Syftet med arbetet är att undersöka hur man kan motivera fler att använda sig utav genomisk selektion och göra det till en naturlig del av avelsarbetet på besättningsnivå. För att undersöka detta skickades en enkät ut till 163 stycken lantbrukare aktiva i LD-projektet. Svarefrekvensen uppgick till 69,3 % och svaren visade på att intresset för genomisk selektion var fortsatt stort. Största fördelen med GS var enligt enkätsvaren att man underlättade avelsarbetet på kvigor som inte har fenotypiska avelsvärden och på så sätt underlättar utgallringen av djur i ett tidigt skede.

Kritiken kring GS och LD-projektet låg bland annat i att svarstiden från det att lantbrukaren skickat in vävnadsprov till dess att ett genomiskt avelsvärde var tillgängligt ansågs vara för lång, en kortare svarstid skulle möjliggöra en ännu effektivare utgallring av djur som inte håller i besättningen. De tillfrågade lantbrukarna kände en viss oro inför att resultaten på GS inte speglade verkligheten tillräckligt bra för att men helhjärtat kunde satsa på GS. En bättre rådgivning och ett tätare samarbete mellan lantbrukare, rådgivare och VikingGenetics är önskvärt för att öka förståelsen och användningen av GS. 94% av de tillfrågade lantbrukarna vill fortsätta vara aktiva i LD-projektet.

SUMMARY

Breeding is an important economic tool in dairy production. In order to make it as efficient as possible one can use genomic selection (GS) which creates a map of the animal's genetic code with selected markers important for a healthy and economic milk cow. In order to get a reliable result, a large reference population with a broad variety is required. With the help of GS, the generation interval of the bulls has been reduced by 3.8 years making the breeding more efficient. GS enables early selection in the herds and ensures that the genes from the right animal are passed on to future generations.

VikingGenetics has a project that subsidizes genetic test to farmers that are willing to test all their heifers called the LowDensity-project (LD-project). This should motivate farmers to use GS and lead to a larger reference population with more genomic markers.

The purpose of this paper is to investigate how VikingGenetics can motivate a larger use of GS and make sure that it is a natural tool in future breeding. A survey was sent out to 163 farmers active in the LD-project. The response rate was 69,3% and showed a large interest for GS. According to the questionnaire the biggest advantage of GS was that it facilitate breeding of heifers that did not have a phenotypic value due to a low age and also that it made the culling easier, making sure that the high value heifers got a better breeding plan.

The main criticism of GS and LD-project was that the response time from the test being gathered to actually having a genomic merit for the heifer was too long. A shorter response time would allow an even more efficient use of GS. The answers also showed that the farmers did not feel that the result of the GS reflected the reality and future phenotypic value. A better collaboration between farmers, advisors and VikingGenetics is desirable in order to increase understanding and thus the use of GS. Although the farmers questioned the project in the survey, the main part (94%), wanted to remain in the LD-project.

INLEDNING

En av de största grenarna inom svenskt jordbruk är mjölkproduktion och ända sedan nötkreaturen domesticerades har det funnits ett behov av att få fram det bästa djurmaterialet. Detta har i sin tur resulterat i en utveckling av avelsmål för att kunna kartlägga vilka djur som har de bästa genetiska förutsättningarna för att föra aveln framåt. Tidigare var avkommebedömningar och analys av fenotypiska resultat de största hjälpmedlen inom mjölkkoaveln, men de senaste åren har det varit möjligt att genom ett DNA-prov få fram säkrare uppgifter om vilka egenskaper djuret bär på redan som kalv. VikingGenetics är nordens största avelsföretag och har sedan 2012 drivit LD-projektet (Low Density) som skall motivera fler lantbrukare att använda sig av genomiska tester. Detta genom bland annat subventioner och tydligare rådgivning.

Bakgrund

För att svensk mjölkproduktion skall fortsätta att utvecklas är det viktigt att vi även i fortsättningen har konkurrenskraftiga djur med god hälsa samt hög avkastning för att ge förutsättningar för en god lönsamhet. Avelsarbetet måste därför fortsätta att utvecklas och ligga i framkant. Tidigare när huvuddelen av semineringarna gjordes med sperma efter avkommeprövade tjurar blev aveln utdragen då generationsintervallet hos nötkreatur är lång. Med dagens teknik kan man med hjälp av blodprov eller vävnadsprov istället analysera genetiska markörer på unga djur och på så sätt tidigare urskilja djur som är extra viktiga för att föra avelsframstegen framåt. Det är viktigt att en stor del av djuren testas för att det skall vara möjligt att hitta de bästa djuren men även för att identifiera individer med ett lägre släktskap till populationen för att öka de genetiska variationerna och på sikt minska inavelsgraden.

VikingGenetics har sedan 2013 drivit ett LowDensity-projekt (LD- projekt) där man har subventionerat genomiska tester av hondjur av raserna Svenskt rödbrokgigt boskap (SRB), Holstein (SH) samt Svenskt Jersey boskap (SJB). Ett viktigt arbete då säkerheten är betydligt högre på de genomiska avelsvärdena än härstamningsindex. Detta skapar en större säkerhet för lantbrukare då hen vet vilka hondjur det är viktigt att rekrytera efter och vilka som kan gå vidare till köttproduktion och inte användas som mjölkkor. Det ökar lantbrukarens lönsamhet och ger besättningar med höga NTM-värden (Nordic Total Merit). Varje NTM-enhet är värd 100 kr/ko och år. För att vara en del av projektet krävs det att besättningen är ansluten till kokontrollen, kvigorna som testas skall ha fäder som är semintjurar, veterinärbehandlingar och klövverkning skall registreras och besättningen skall vara med i individavel. Ett genomiskt test kostade 2015 420 kr/djur och var man med i LD-projektet kostar det 285 kr/djur. Priset för testen har de senaste åren sjunkit

dramatiskt och 2019 är ordinariepriset för testet 215 kr/djur och 185 kr/djur om man är med i LD-projektet.

Mål

Målet är att utvärdera VikingGenetics LD-projektet och få svar på följande frågor:

- Vilka förväntningar och kunskaper finns idag om genomisk selektion på besättningsnivå hos lantbrukare?
- Hur väl speglar resultatet av de genomiska testerna lantbrukarens förväntningar?
- Hur kan rådgivningen motivera att besättningar i större utsträckning skall använda sig utav genomisk selektion?
- Om förutsättningarna för att genomföra genomiska tester ändras ekonomiskt, tidsmässigt eller tekniskt, vilket genomslag har det på avelsarbetet?
- Hur kan man motivera lantbrukaren att testa fler genetiskt viktiga djur och öka variationen inom populationen och avelsframstegen?

Syfte

Syftet är att utvärdera VikingGenetics LD-projekt samt undersöka vad som motiverar lantbrukare att använda sig utav genomisk selektion och ge verktyg för att utveckla avelsarbetet på gårdsnivå genom att genomisk selektion blir en naturlig del av avelsarbetet.

Avgränsning

Arbetet berör avel på mjölkkor i Sverige och raserna som berörs är de vanligaste inom mjölkproduktionen, dvs. SRB, SH samt SJB. Enkätundersökningarna berör de lantbrukare som är eller har varit aktiva i LD-projektet som drivs av VikingGenetics.

LITTERATURSTUDIE

Avelsarbete på besättningsnivå

Avelsarbetet är ett viktigt verktyg för att öka sin lönsamhet och produktion. Rekryteringen sker efter de bästa djuren och de sämsta gallras ut eller betäcks med kötrastjur. En välplanerad strategi för besättningens avelsmål översätts sedan i en semineringsplan, antingen av den enskilde lantbrukaren och dess anställda eller i samråd med avelsrådgivare (Nilsson, 2009).

Individavel är ett verktyg för de besättningar som vill ha sina kor exteriörbedömda. En auktoriserad bedömare från husdjursföreningen kommer ut till besättningen och bedömer förstakalvarna och poängsätter alla exteriöregenskaper enligt en linjär skala. Lantbrukaren får sedan berätta om mjölkbarhet och lynne på djuret för att fånga in bruksegenskaperna. Därefter sker en uppdatering på koindexet utifrån observationerna och kon får ett komplett koindex motsvarande ett tjurindex vilket gör det lättare att följa upp sin besättnings utveckling och att göra rätt semineringsplan (Växa Sverige, u.d.).

Genvägen är ett dataprogram som räknar ut vilka tjurar som kan matchas till korna. Dessa uträkningar grundar sig på gruppinställningar av kor, inavelsgrad samt önskemål om vilka tjurar man vill använda. Även här görs inställningar och bedömningar gemensamt av lantbrukare och avelsrådgivare.

Avelsvärdering

För att kunna jämföra olika individers avelsvärden med varandra måste egenskaperna registreras. Om en individ är för ung för att kunna uttrycka egenskapen förlitar man sig på härstamningsindex. För att ett avelsvärde skall bli säkert krävs det att man har ett stort underlag av djur med säkra resultat, detta blir extra viktigt för de egenskaper som har låg arvbarhet (Nilsson, 2009).

Det finns olika sätt att avelsvärdera mjölkdjur på, Estimated Breeding Value (EBV), Direct Genetic Value (DGV) samt Blended index ($GEBV=EBV+DGV$). Det traditionella avelsvärdet EBV får alla kalvar, både tjur och kvigkalvar, med kända föräldrar vid födsel och är kalvens härstamningsindex som utgår från föräldradjurens avelsvärden. Härstamningsindex har en låg säkerhet på endast 20 – 30 %. Ett genomiskt test kan man ta på kalven som nyfödd och detta skickas sedan på analys. Informationen visar vilka anlag som nedärvt och ger i kombination med härstamningsindexet säkerhet på ca 50–70% för ett ungt djur som ännu inte används i avel. Den högsta säkerheten hittar man hos

avkommebedömda tjurar över 5 år där avkommorna bedömts. Detta kräver dock både resurser, tid samt en stor dottergrupp (Stålhammar, 2013).

Totalindex

När de olika egenskaperna vägs ihop och värdesätts i kronor skapas ett index. Detta gör att egenskaper med större betydelse ges mer utrymme i indexet. När de olika delegenskaperna är ihop räknade får man ett totalindex, detta är inte statistiskt utan kan uppdateras med hänsyn till vad man vill prioritera i aveln (Nilsson, 2009). Den senaste uppdateringen av totalindexet i Norden genomfördes i november 2018.

NAV och NTM

Nordisk avelsvärdering (NAV) är ett samarbete mellan de nordiska länderna Sverige, Danmark, Finland samt Norge (endast Holstein) och har som uppgift att rutinmässigt skatta avelsvärden samt att förbättra och utveckla avelsvärderingen. NAV startade 2002 och har sen dess bidragit till att medlemsländerna har liknande avelsmål som är sammanfattat i NTM (Nordic total merit index). De olika egenskaperna man tar hänsyn till är: mjölkbarhet, tillväxt, fertilitet, födelseindex, kalvningsegenskaper, juverhälsa, övriga sjukdomar, klövhälsa, kroppsstorlek, klövar och ben, juver, mjölkbarhet, temperament, livslängd och ungdjuröverlevnad. Dessa olika egenskaper bedöms sedan utefter deras ekonomiska värde som visas i figur 1 och ju högre totalvärde desto högre NTM-index får djuret. De olika egenskaperna värdesätts olika inom de olika raserna SH, SRB och SJB (Kargo *et al.*, 2014). Gemensamt för alla mjölkkraser är att mjölkavkastning väger tyngst, därefter juverhälsa, juver samt fertilitet (figur 1).

Då aveln hela tiden skall röra sig framåt är det viktigt att förstå att NTM-värdena inte är statiska. De ändras beroende av att ett genomsnittligt värde på kor mellan 3 och 5 år sätts till 0. Bedöms ett djur som över 0 är denna bättre än genomsnittet medan ett djur med ett negativt värde är sämre än genomsnittet. En skillnad på NTM på 1 enhet värderas till 100 kr/ko och år (Nordic Cattle Genetic Evaluation, 2018).

	SRB	SH	SJ
Avkastning	0,02/0,93*	0,90/0,81*	0,83/0,75*
Tillväxt	0,1	0,08	0
Fertilitet	0,36	0,36	0,26
Födelseindex	0,11	0,14	0,04
Kalvningsindex	0,1	0,14	0,07
Juverhälsa	0,26	0,3	0,44
Övriga sjukdomar	0,11	0,14	0,14
Klövhälsa	0,07	0,1	0,04
Kroppstorlek	0	0	0
Klövar och ben	0,06	0,05	0,07
Juver	0,26	0,18	0,15
Mjölklarhet	0,11	0,09	0,09
Lynne	0,03	0,06	0,09
Livslängd	0,06	0,06	0,09
Ungdjursöverlevnad	0,19	0,13	0,1

*viktningvärde för kor med egen avkastningsdata, men utan genomisk information

Figur 1. Beskrivning av de olika egenskaperna i NTM-index och dess viktningvärde (Nordic Cattle Genetic Evaluation, 2018).

Avelsframsteg

Avelsarbete har ett starkt samband med ökad lönsamhet inom animalieproduktionen. Ett lyckat avelsarbete kräver långsiktig planering och tydliga mål då de djur som används i aveln idag påverkar besättningen långt fram i tiden genom kommande generationer. För att veta att rätt individer används som rekryteringsdjur måste tydliga mål för besättningen vara uppsatta. Registreringar om djuret och dess härstamning tas in från flera håll.

Tidigare har utbudet av tjurar varit relativt smalt och rekryteringen av nya avelsdjur långdragen. Detta eftersom en tjurkalv som ansågs intressant för avel var tvungen att ha höga härstamningsindex (endast 20 – 30 % säkerhet), vilket innebär att tjuren skall ha en moder med fenotypisk data för minst 2 laktationer samt en fader med säkra avkommebedömningar och alltså i sin tur var över 5 år. Innan tjurkalven sedan kunde användas i avel behövde han vara minst 1 år. Efter att ungtjuren producerat minst 100 döttrar måste döttrarna kalva in och ha en avslutad laktation. Först när tjuren är 4 ½ år gammal hade den unga tjuren visat på vilka egenskaper han för vidare och säkerheten var för de egenskaperna i NTM hela 75% men kostnaden för uppfödning av tjuren och hans döttrar har varit hög (Schaeffer, 2006).

Tid (månader)	Händelse
0	Elitkor väljs ut och inseminerade
9	Tjurkalven föds
21	Ungtjurssemineringar i mindre omfattning
30	Döttrar efter tjuren föds
45	Döttrar efter tjuren insemineras
54	Döttrarna kalvar in och börjar laktation 1
57	Första bedömning på döttrar
64	Döttrarna färdiga med laktation 1 och tjuren har 75% säkerhet på egenskaperna

Figur 2. Tid i månader för att få fram avelsvärden på tjurar med hjälp av avkommebedömning (Schaeffer, 2006).

Vid användning av artificiell insemination (AI) som reproduktionsmetod är det framförallt valet av tjurar som driver avelsarbetet framåt på grund av att de har en högre reproduktionsförmåga. Det är därför viktigt för avelsframsteget att välja tjurar med höga NTM-värden men också att ungtjurarna får utrymme att visa vad de går för, särskilt på de unga hondjuren (Stålhammar, 2013). För att göra avelsframsteg måste egenskaper mätas och det måste finnas en genetisk variation i populationen.

Formeln för det genetiska framsteget är:

$$\Delta T = (r_{Ti} * i * \delta T) / L$$

ΔT = årligt genetiskt framsteg

r_{Ti} = Korrelation mellan index och avelsmål

i = Selektionsdifferensen

δT = avelsmålets spridning

L = Generationsintervallet

Använder man sig utav denna formel ser man att avelsframsteget blir störst då man använder sig utav unga, starkt selekterade föräldradjur med avelsvärden med hög säkerhet (Stålhammar, 2014).

Egenskaper i avelsmålet

Vilka egenskaper som det avlats på har varierat genom åren och för en vital avel är det viktigt att avelsmålen är ett levande verktyg. Något som däremot alltid vägt tungt är jakten efter mer mjölk och/eller högre köttproduktion, detta har i sin tur lett till att vi idag har många olika raser, alla med sin specialitet (Nilsson, 2009).

Egenskaper som man idag avlar på inom mjölkrasaveln och som ligger för:

- Produktionsegenskaper
 - Mjölkkavkastning, kg
 - Mjölkkavkastning, kg ECM (Energikorrigerad mjölk)
 - Protein, kg
 - Protein, %
 - Fett, kg
 - Fett, %
 - Tillväxt
 - Klassificering.

- Hälsogenskaper
 - Mastitresistens
 - Klövhälsa
 - Sjukdomsresistens övriga sjukdomar
 - Fruksamhet
 - Kalvningssvårigheter
 - Överlevandetal
 - Ungdjursöverlevnad

- Bruksegenskaper:
 - Exteriör
 - Kroppsstorlek, olika delegenskaper
 - Ben, olika delegenskaper
 - Juver, olika delegenskaper
 - Mjölkbärlighet
 - Lynne

Genetisk variation

DNA

I varje cell finns en cellkärna med en arvs massa lagrad i kromosomerna, dessa är uppbyggda av en stor mängd gener som i sin tur utgörs av ett speciellt avsnitt på DNA-

dubbelspiralen med olika baspar (Einarsson *et al.*, 1987). Spiralen består utav två vridna kedjor av baser som byggs upp av en pentos, en fosfatgrupp samt en kväveförening. Det finns 4 olika baser som ingår i DNA: *adenin* (A), *guanin* (G), *cytosin* (C) och *tymin* (T). För att bilda de baspar som DNA-dubbelspiralen är uppbyggd av kan de olika baserna bilda par med sin komplementära bas, basparen är A-T och G-C (Boren *et al.*, 2008). Med hjälp av det repetitiva mönstret i DNA-spiralen kan man analysera en gen och vilka anlag som finns lagrade (Einarsson *et al.*, 1987).

Olika djurslag har olika uppsättning av kromosomer, nötkreatur har 60 kromosomer som hittas i 30 kromosompar. Hälften av dessa kommer från moderdjuret och hälften från faderdjuret vilket gör att varje djur har en unik uppsättning kromosomer, det gör att i en grupp djur kan det finnas en mycket stor variation (Einarsson *et al.*, 1987).

Fenotyp

Det finns både kvalitativa och kvantitativa egenskaper som påverkar djuret. Utmärkande för de kvalitativa egenskaperna är att de finns i en eller i ett fåtal gener som påverkar dessa. Genetiska defekter är ett speciellt exempel där en gen kan ha en stor genomslagskraft på en egenskap. De kvantitativa egenskaperna däremot har en stor variation med många gener som påverkar egenskaperna och påverkas också i hög grad av miljön (Stålhammar, 2014).

I en könscell är det slumpen som har avgjort vilken del av kromosomerna som skall föras vidare, då ett nötkreatur har 60 kromosomer (d.v.s. 30 kromosompar), 58 är autosomala och två är könskromosomer som betecknas XY för handjur och XX för hondjur. Med olika anlag i de olika kromosomerna innebär det att det hos ett djur kan bildas 2^{30} könsceller som alla bär på en unik uppsättning gener som sedan skall träffa en annan könscell från ett djur med lika mycket variation. Detta gör att det är mycket komplicerat att veta vad som nedärvs från föräldradjuret till kalven. Ytterligare en faktor som spelar in är miljön, vilket innebär att trots att djuret har anlag för en viss egenskap är det inte säkert att det visas då miljön inte är optimal för egenskapen (Nilsson, 2009).

Den genetiska möjligheten som ett djur har påverkas alltså i stor utsträckning av den miljö som den befinner sig i och det vi kan se hos ett djur är det fenotypiska värdet, genotyp + miljö = fenotyp (Wallenbeck *et al.*, 2005).

Arvbarhet

Arvbarhet eller heritabilitet brukar i formler anges som h^2 och beskriver hur stor del av den fenotypiska variationen som är ärftligt betingad. Herabiliteten beskrivs i måttenheter mellan 0 och 1 eller om det skall uttryckas i procent som ett värde mellan 0 och 100. Fruktsamhet är ett exempel på en egenskap som har låg arvbarhet då värdet endast ligger på 0,05–0,15, värden under 0,2 anses vara låga. Juveregenskaper och mjölkavkastning

däremot har en arvbarhet mellan 0,2 och 0,4 och ses därför ha en medelhög arvbarhet. Men trots att en egenskap anses ha låg arvbarhet innebär inte det att det inte är viktigt i avelsarbetet, fertilitet som exempel är mycket viktigt för ett djurs lönsamhet och bör därför också vara en del av avelsarbetet (Björnhag *et al.*, 1989).

Samband mellan olika egenskaper är vanliga och beskrivs med en korrelationskoefficient och regressionskoefficient. Det innebär att med en viss egenskap följer en annan och är båda egenskaperna positiva alternativt negativa finns det en positiv korrelation. Går egenskaperna åt skilda håll till exempel mjölkavkastning och fetthalt anses dessa vara negativ korrelation. Regressionskoefficienten beskriver hur stor inverkan en egenskap har på en annan, det vill säga hur mycket en egenskap förändras om den andra egenskapen förändras en enhet (Björnhag *et al.*, 1989).

Genomisk selektion (GS)

Kunskapen om att man kan använda DNA-markeringar som ett sätt att selektera djur är inte en ny idé utan har funnits länge. Det har varit svårt att lokalisera gener som påverkar vissa egenskaper. Dessutom påverkas kvantitativa egenskaper av ett stort antal gener. Detta gjorde att genomisk testning länge har varit för dyr i jämförelse med vad man tjänade på att använda sig av det (Hayes *et al.*, 2009).

Det stora genombrottet kom när man kunde segmentera och kartlägga stora delar av djurets genetiska variation genom att utnyttja variationen inom enkla baspar i DNA-koden och på så sätt skapa ett stort antal genetiska markörer, kallade Single Nukleotide Polymorphism (SNP). För att ta reda på ett djurs genetiska förutsättningar delar man först in genomet i korta delar. Sedan jämförs dessa med genomet hos en referensgrupp med djur där både fenotypiska observationer och genomiska data finns insamlade, denna grupp fungerar alltså som ett "facit" för genotyper. Genom att jämföra de olika genetiska markörerna kan man på så sätt få en detaljerad bild av vilken eller vilka gener och dess haplotyper som har inverkan på variationer hos en eller flera specifika egenskaper, kallade quantitative trait loci (kvantitativa egenskaper), QTL. Detta görs alltså endast på referenspopulationen. När sedan andra djur skall få ett genomiskt värde jämförs deras DNA-markörer med facit (Hayes *et al.*, 2009). Resultaten för djuren i referenspopulationen lagras i databaser.

I slutändan leder detta till att man genom ett DNA-prov kan få ett genetiskt index på ett djur och därefter selektera efter genetiska markörer som påverkar djurets funktion och lönsamhet (Mc Hugh *et al.*, 2011). Detta gör att man kan testa unga djur utan egna fenotypiska observationer och ändå få ett avelsvärde som är 50–70 % säkert till skillnad från härstamningsindex som endast ger en säkerhet på 20–30 %. Den genetiska framstegstakten ökar då avelsdjur inte behöver testas i flera år innan man har ett säkert avelsvärde. Genom genomisk selektion kan man öka den genetiska trenden med 50 %

vilket innebär att NTM-värden får en värdeökning på 3 enheter/år istället för 2 enheter/år (Stålhammar, 2013).

För att det genomiska resultatet skall bli tillförlitligt krävs det en stor referenspopulation. Tidigare har endast tjurar använts som referenser men forskning har visat att även hondjur med fördel kan användas som referenser. När säkerheten på de genomiska avelsvärdena har stigit har man kunnat använda unga tjurar som tjurfäder och därmed minskat generationsintervallen med 3,8 år. (Mc Hugh *et al.*, 2011).

Hälsosam avel genom GS

Genom att analysera ett djurs DNA kan man inte bara få fram hur väl den borde kunna prestera utan också se vilka defekta och letala gener den bär på. De vanligaste nedärvda sjukdomarna har en autosomal recessiv nedärvning. Detta innebär att ett djur kan vara heterozygot bärare utan att visa defekter, blir ett djur däremot homozygot bärare av genen syns sjukdomen. Genom att endast para föräldradjur så att avkomman kan bli heterozygot bärare förhindrar man att defekten kommer till uttryck (Nickolaus, 2009).

Ett exempel på en ärftlig defekt är BLAD, som ökar risken för bakteriesjukdomar hos djuret då det påverkar de vita blodkropparna negativt. En studie i USA har visat att den defekta genen som orsakar sjukdomen kan hittas på plats D128G i genomet. Den defekta genen fanns hos 15 % av alla tjurar samt 6 % av alla kor och var därför en av de vanligaste genetiska sjukdomarna bland mjölkkor. Alla djur som bär på denna genvariant härstammar från en och samma tjur som användes flitigt under 50- och 60-talet (Shuster *et al.*, 1992). Övriga genetiska defekter som genetiskt nedärvs är bland annat Complex Vertebral Malformation (CVM; Pryce & Hayes, 2011) och koagulationsproblem (Ikonen *et al.*, 1999).

Genomiska data från testerna kan alltså hjälpa oss att anpassa aveln genom att bärare av defekta gener inte paras och då minska sjukdomsfallen. Det är dock lättare att hitta defekterna genom en specifik sökning för den aktuella defekten på misstänkta fall än att söka igenom hela det genomiska spektret (Pryce & Hayes, 2011).

Genomisk selektion öppnar också för möjligheten att avla på egenskaper med stor ekonomisk betydelse men med låg arvbarhet, nära exempel på sådana egenskaper är till exempel: hur effektivt djuret kan omsätta energi, proteinupptag, fertilitetsaktivitet m.m. (Pryce & Hayes, 2011).

Inavel

En studie på Irland visade att ökningen av inavelsgraden bland mjölkarna av rasen Holstein låg på 0,10 % per år. En acceptabel ökning av inavelsgraden ligger på 1 % per generation. Genom att jämföra en traditionell avelsbedömning med BLUP-metoden med en avelsbedömning med genomisk selektion kunde man se att den senare ökade inavelsgraden något. Däremot ökade de genetiska framstegen betydligt snabbare med genomisk selektion än om man bara skulle använda sig av härstamningsindex (Mc Hugh *et al.*, 2011).

Provtagning för genomisk selektion

Testet som antingen tas som ett blodprov på TEGO-papper eller genom vävnadsprov i samband med öronmärkning av djuret tas på gården av lantbrukare eller anställd, eller med hjälp av husdjurstekniker som samlar in ett DNA-prov från djuret. Därefter skickas proverna till VikingGenetics i Skara för vidarebefordring till ett laboratorium i Danmark.

TEGO

Ett provtagnings kit kan man beställa själv via sin husdjursförening eller om djuret anses vara extra intressant skickar VikingGenetics ut provtagnings kit till berörd lantbrukare. Kittet består av en lansett, ett kuvert och ett TEGO-papper med streckkod som ses i figur 3. Med hjälp av lansetten sticker man ett litet hål på djurets öra och låter sedan en droppe blod sugas upp av TEGO-pappret. Det behövs en mycket liten mängd blod för att få säkra resultat. Blodet får sedan torka innan pappret läggs i ett vanligt kuvert och sedan skickas till VikingGenetics.



Figur 3. Tegopapper som absorberar blodprovet.

Tång

En ny tång för öronmärkning av kalvar gör det möjligt att plocka ut ett vävnadsprov samtidigt som kalven skall märkas, detta gör att det behövs endast ett ingrepp på djuret (figur 4). Öronmärken och provtuben som vävnaden hamnar i efter provtagning levereras som en enhet. Det är därför viktigt att provtuben används till rätt öronmärke då denna redan är uppmärkt och redo att skickas till laboratorium (Stallmästaren, 2016).



Figur 4. Tång laddad med öronmärke och provtub för provtagning.

LD-projektet

2012 startade VikingGenetics ett projekt som fick namnet LowDensity- projektet (LD-projektet) med syfte att stärka säkerheten i de genomiska avelsvärdena och öka antalet hondjur i referenspopulationen, detta genom att subventionera genomiska tester för besättningar som prövar alla sina hondjur. LD står för att man inte analyserar hela genomet utan att man har kartlagt ca 10 000 genetiska markörer. Ordinarie pris för ett test 2016 var 420 kr men genom projektet kostade testet 285 kr. Priset för testen har de senaste åren sjunkit dramatiskt och 2019 är ordinariepriset för testet 215 kr/djur och 185 kr/djur om man är med i projektet. Genom ett genomiskt test som genomfördes 2016 kunde man kartlägga 10 000 - 14 000 genetiska markörer som beskrev ett djurs genetiska värde. Antalet genetiska markörer har nu utökats, över 80 000 markörer kan kartläggas 2019. Det är VikingGenetics som driver projektet men det är husdjursföreningarna VÄXA och Skånesemin som marknadsför projektet till intresserade lantbrukare.

De som vill delta i projektet måste vara med i kokontrollen, registrera veterinärbehandlingar samt klövhälsa vid klövverkning. Målet var att 2015 genomiskt testa 4000 SRB, 2000 SHB och 200 SJB kvigor. Målet uppnåddes inte för SRB där det testades 500 djur för lite. 2018 bytte projektet namn till Genvik-projektet och då testades totalt 6 721 SRB och 5 643 SHB kvigor i Sverige varav 4 823 SRB och 4 452 SHB var genom Genvik-projektet.

MATERIAL OCH METODER

För att utvärdera LD-projektet genomfördes en enkätundersökning som skickades ut till de lantbrukare som valt att delta i projektet till och med vintern 2015. Individuella intervjuer skulle ha tagit för lång tid eftersom antalet deltagare i projektet var för högt och spridda över hela landet. Dessutom kunde lantbrukarna själva bestämma när de kunde avsätta tid för att besvara frågorna. Svaren skulle till viss utsträckning kunna generaliseras, därför var en kvantitativ undersökning med standardiserade frågor och svar mest lämplig för ändamålet.

Enkäten

Deltagare och urval

Endast personer som var eller hade varit aktiva inom LD-projektet 2015 tillfrågades. VikingGenetics hade en lista på de lantbrukare som var aktiva i projektet och dessa fick en beskrivning om vad projektet gick ut på (bilaga 1) samt en enkät (bilaga 2) totalt skickades 163 enkäter ut och målet var 50 % svarsfrekvens (82 svar). För att motivera lantbrukare att svara utlovades också 5 semindoser till 5 slumpvis utvalda svarande gårdar.

Frågor

Enkätfrågorna i detta arbete var standardiserade med en hög grad av strukturering, egna kommentarer gavs utrymme sist i enkäten för att få med eventuella tankar angående LD-projektet som de föregående frågorna inte tagit upp.

Enkäten och följebrevet

För att öka svarsfrekvensen var det viktigt att frågorna fick plats på 1 A4 papper (fram och baksida) detta för att underlätta för de svarande att se alla frågor och att uppgiften inte skulle kännas övermäktig. Jag ville inleda med neutrala och oprovocerade frågor för att få igång svarandet (Eljertsson, 1996).

Jag presenterade mig själv i följebrevet (Bilaga 1) samt beskrev varför det var viktigt med en hög svarsfrekvens. Kontaktuppgifter till mig skrevs med för att skapa en personlig kontakt samt att undvika att sänka svarsfrekvensen på grund av förvirring kring frågorna.

Datainsamling och utskick

I utskicket fanns följebrev, enkät samt ett för frankerat svarskuvert. Tidsramen sattes till två veckor för att svara på enkäten men ytterligare tid gavs innan påminnelse skickades ut på grund utav röda dagar då enkäten skickades ut under december månad 2016. I påminnelsen kom ett kortare följebrev, enkät samt ett förfrankerat kuvert.

Bearbetning och Analys

Då enkäten hade utformats utfördes en pilotundersökning hos studenter med lantbruksbakgrund för att säkerställa att den som svarar på enkäten tolkar och analyserar frågorna på samma sätt som jag som konstruktör gjort. Efter denna underökning ändrades en del frågor och vissa förtydliganden gjordes.

Svaren bearbetades i Excel där varje svarsalternativ ersattes med en siffra.

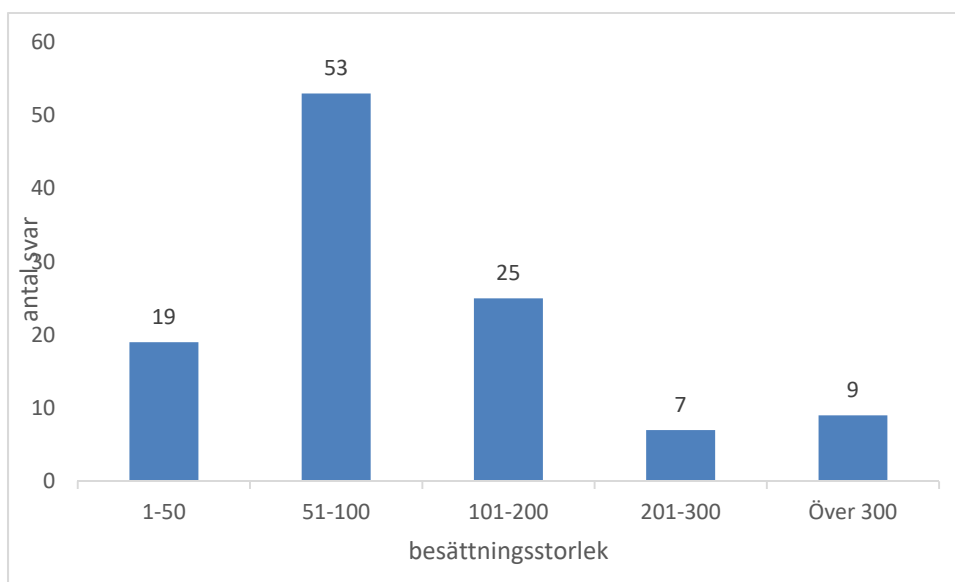
RESULTAT

Enkäter

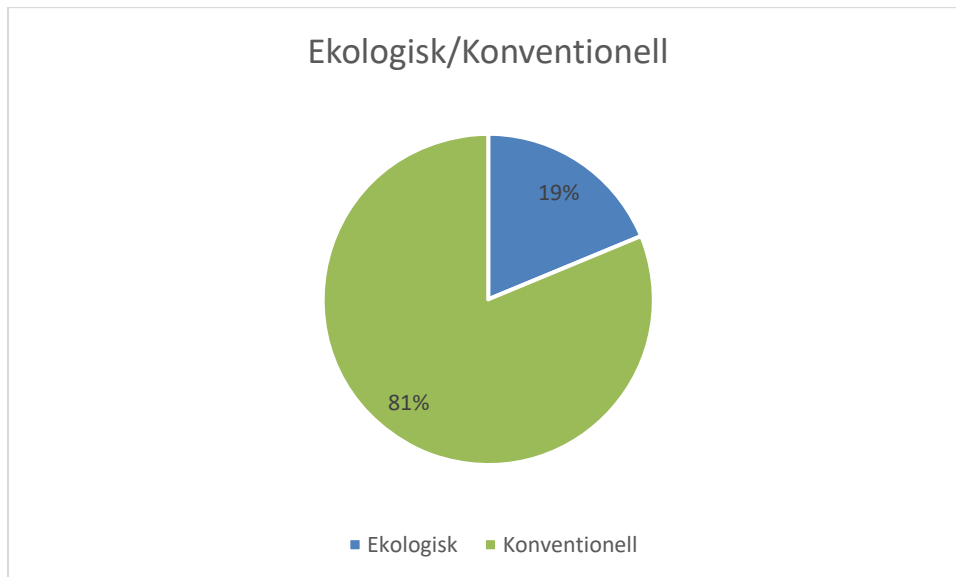
Inom den utsatta svarstiden på båda utskicken inkom 113 svar av 163 vilket är en mycket hög svarsfrekvens 69,3 %. Fler svar inkom efter utsatt deadline men dessa svar togs inte med i arbetet eftersom arbetet med sammanställningen redan påbörjats, men de sent inkomna svaren stämde väl överens med de tidigare inkomna svaren.

Deltagande

I de inkomna svaren visade det sig att av de 113 svarande var det 95 (84 %) som fortfarande var aktiva i projektet, övriga hade antingen lämnat eller hade ännu inte påbörjat arbetet med provtagning för GS. På 81 % av gårdarna som medverkade drevs gården konventionellt och de flesta besättningarna hade mellan 51–100 kor (Figur 5 och 6).



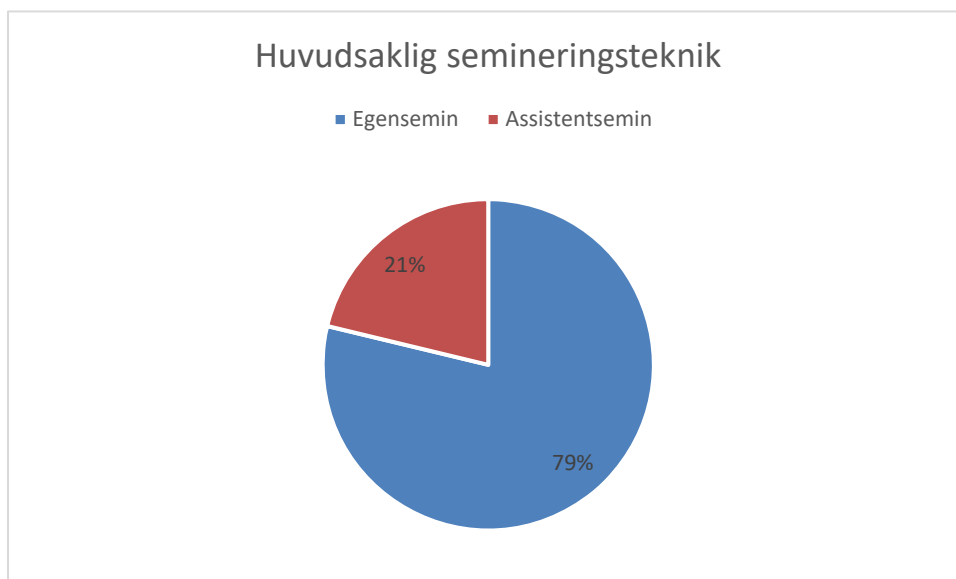
Figur 5. Besättningsstorlek bland de svarande i LD-projektet.



Figur 6. Fördelning mellan de ekologisk och konventionell produktion.

Avelsarbetet

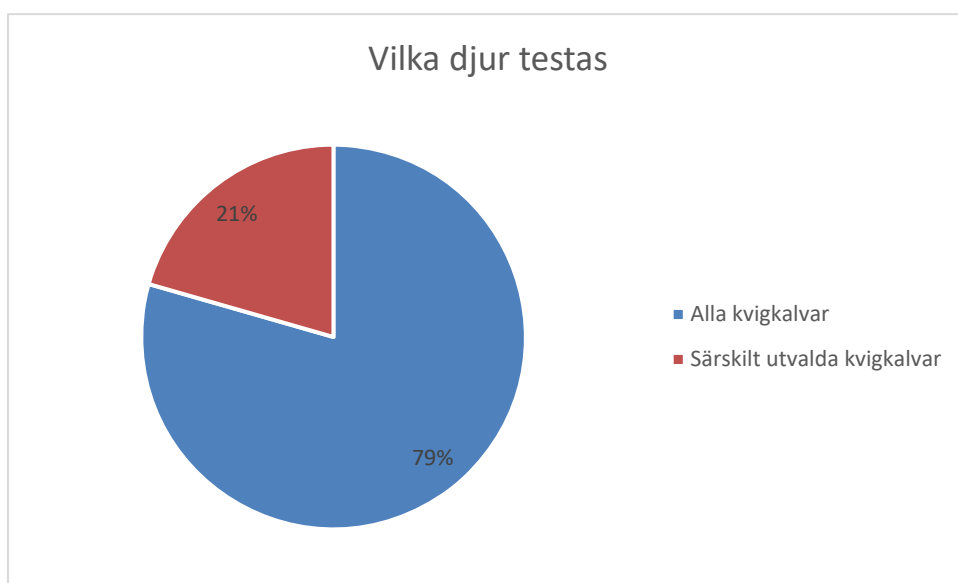
Majoriteten av de som svarade på enkäten tog hjälp av en avelsrådgivare vid utformandet av en avelsplan men semineringarna gjordes vanligtvis av någon på gården (Figur 7). Användandet av egen betäckningstjur var lågt och användes endast i 8 fall av 112 och då efter flera omlöp (Figur. 8). De flesta tog ett genomiskt test på alla sina kvigkalvar (Figur 9) och metoden som användes utav de flesta var tego. Endast 7 hade testat tången men många angav att det var intresserade av att använda den i framtiden om arbetet med GS skulle fortgå (Figur 10). Lantbrukarna ville ha ett snabbt svar på testerna och endast 5 stycken av 109 svarande accepterade 4 månaders svarstid (Figur 11).



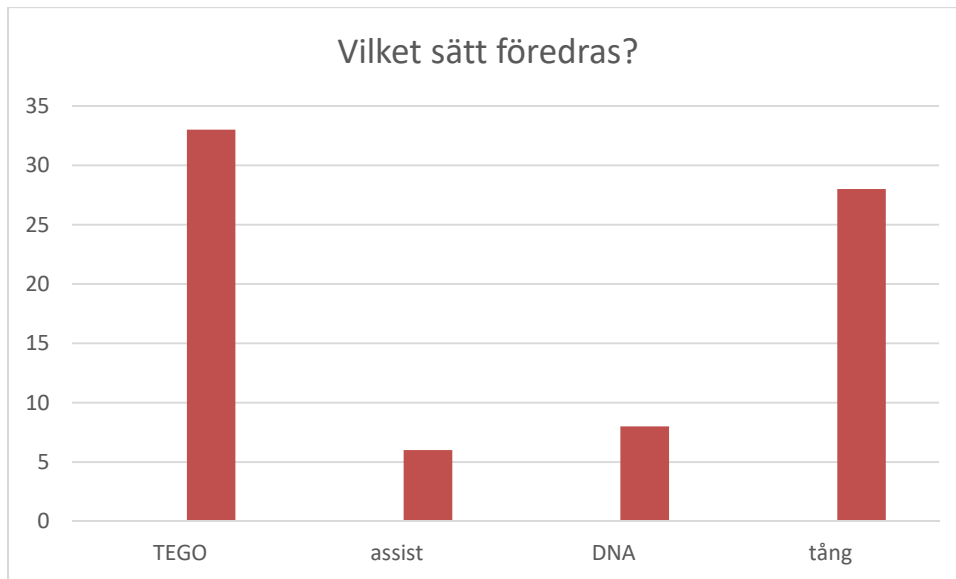
Figur 7. Andel egenseminörer jämfört med de som tar hjälp av assistent.



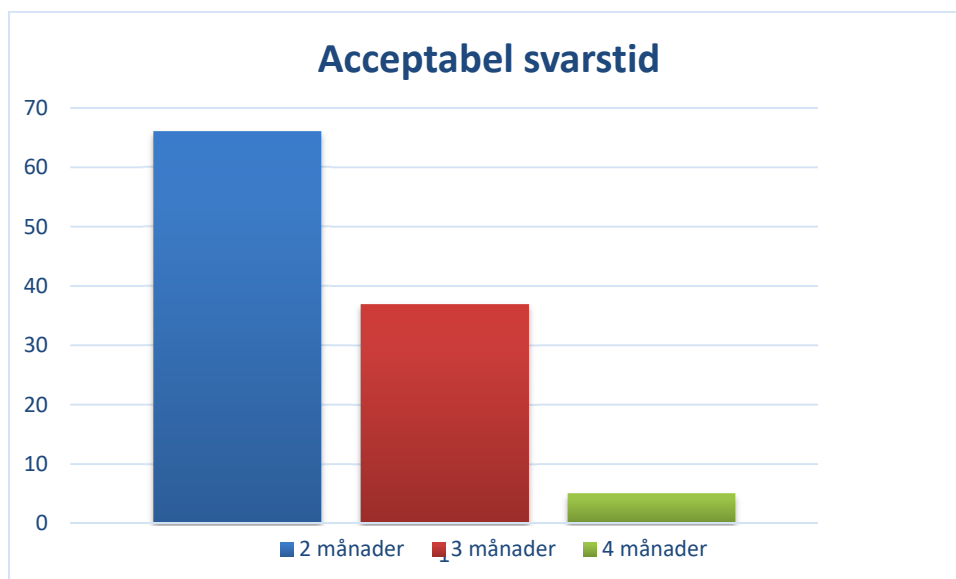
Figur 8. Andel av tillfrågade som använder sig av tjurbetäckning.



Figur 9. Vilka djur som testades i besättningen.



Figur 10. Beskrivning av hur de tillfrågade vill ta proven för GS.



Figur 11. Hur lång tid de tillfrågade kunde acceptera att vänta på svar från provtagningen.

Användning av resultatet

Främsta anledningen till användandet av GS var för att underlätta utgallringen av djur samt underlätta avelsarbetet på kvigorna (Tabell 1). I de egna alternativen angav de flesta att de ville höja sin besättnings avelsvärde och använde GS för att vara säkra på att de bästa djuren fick vara kvar och bidra till detta. Resultatet på det genomiska provet avgjorde sedan om djuret skulle semineras med könssorterad sperma, köttrassperma eller säljas vidare. (bilaga 4).

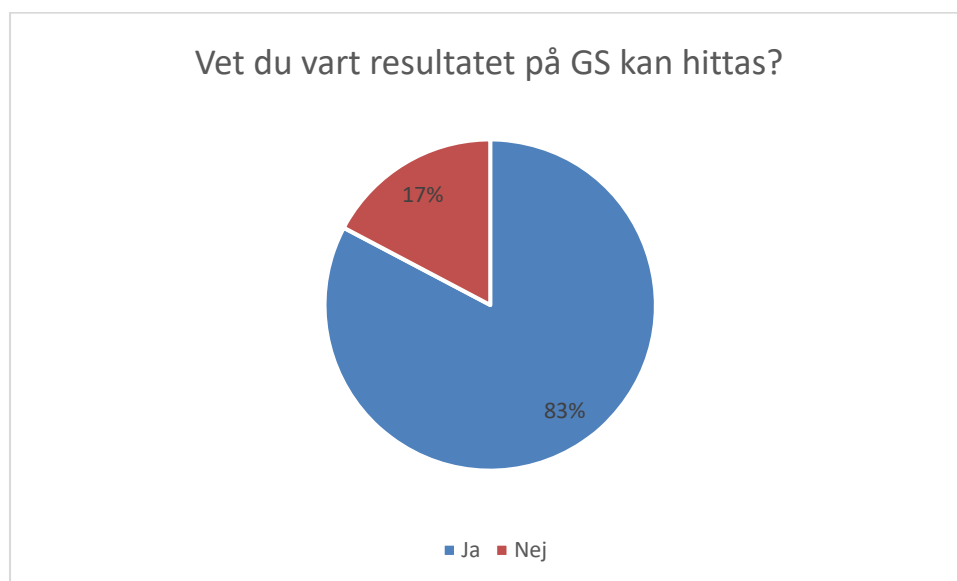
Majoriteten av de som svarade visste var man kunde se resultatet på det genomiska provet men de 19 som inte var helt säkra var intresserade av att veta detta (Figur 12).

Hos de lantbrukare som angav ett eget alternativ som viktigt handlade dessa främst om att få fram ett sant NTM-värde som i sin tur gav en bra helhetsbedömning på den testade kvigan. En delegenskap som lyftes fram i de egna kommentarerna var ett högt mjölkindex följt av bra ben och klövar (bilaga 4).

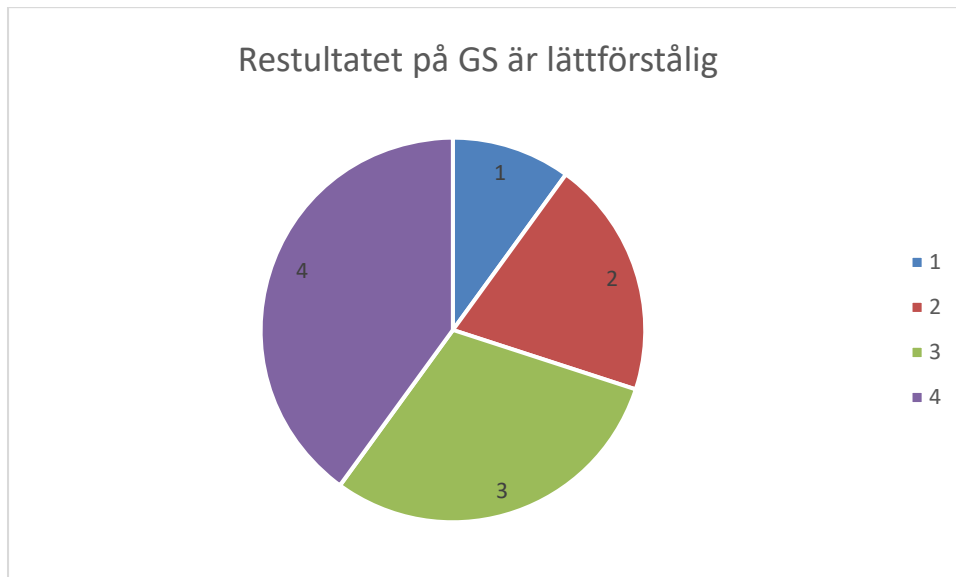
Resultaten av provet var för de flesta både lätt att hitta och lätt att tolka men de individuella svaren visade på att en del inte visste hur man aktivt kunde arbeta med resultaten och vad som egentligen är ett bra respektive dåligt resultat (bilaga 4).

Tabell 1. Anledningar för att använda GS, rangordnade av de svarande samt antal som placerade anledningen på respektive plats.

Rangordning	1	2	3	4
Tjurmoder kandidat	19	28	41	9
Gallra kvigor	38	29	26	5
Avelsplaner kvigor	34	35	24	2
Egna alternativ	8	4	4	27



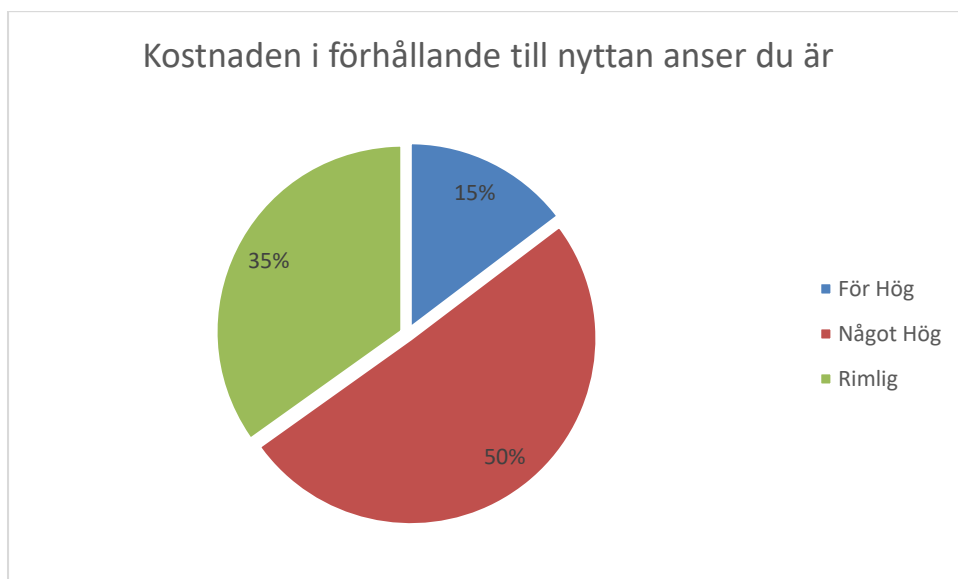
Figur 12. Hur stor andel av de tillfrågade som visste var resultaten kunde hittas.



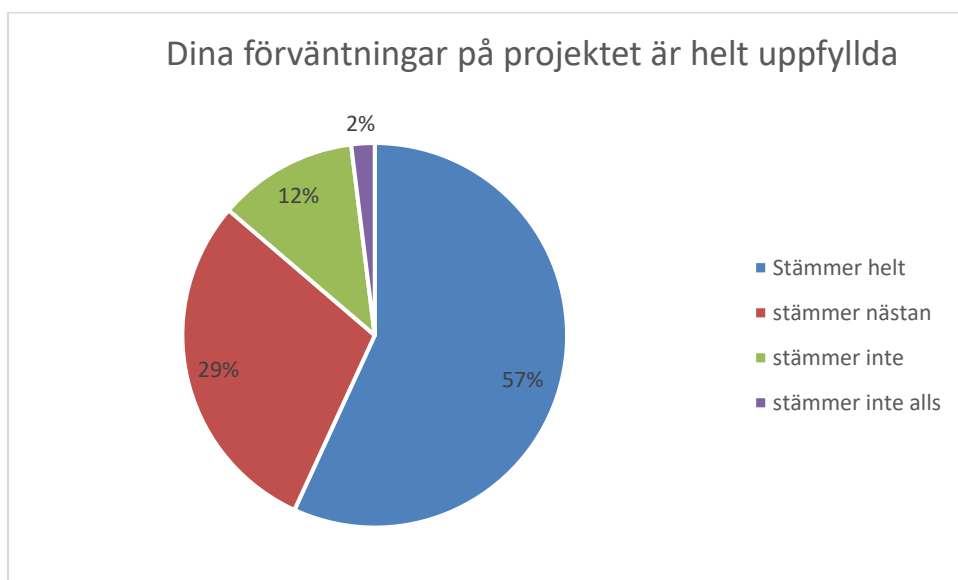
Figur 13. Hur stor andel av de tillfrågade som ansåg att resultatet var lättolkat 1 = Stämmer helt, 2 = Stämmer nästan 3 = Stämmer inte 4 = Stämmer inte alls).

Kostnad, förväntan och framtid

75 % av de tillfrågade ansåg att kostnaden för det genomiska testet var för dyrt (figur 14). Medelpriset när de tillfrågade själva fick sätta ett pris de ansåg vara rimligt hamnade på 172 kr. Men många påpekade att de varit med för kort tid för att rättvist kunna bedöma om priset var rimligt eller inte. Ett lågt mjölkpris påverkade kommentarerna som visade på ett pressat läge hos många lantbrukare (bilaga 4). Majoriteten av de tillfrågade var nöjda med projektet då 86 % tyckte att förväntningarna på projektet var helt eller delvis uppfyllda (figur 15). Kritiken i de individuella svaren låg bland annat i att svarstiden ansågs vara för lång samt att de tillfrågade lantbrukarna kände en oro över att resultaten inte speglade verkligheten. De tillfrågade ville också ha en bättre kontakt med VikingGenetics och avelsrådgivare för att få mer kunskap kring de genomiska resultaten samt hur man ska använda det på bästa sätt (bilaga 4). Detta visade att 94 % av de tillfrågade vill fortsätta vara aktiva i LD-projektet.



Figur 14. Vad de tillfrågade ansåg om kostnaderna för GS.



Figur 15, Hur väl de tillfrågades förväntningar var uppfyllda.

DISKUSSION

Enkäten skickades ut i december 2015 och sammanställdes i början på 2016. När detta arbete slutförs har det hunnit gå några år och förutsättningarna för GS har ändrats något. "LD-projektet" har bytt namn till "Genvik-projektet" då Low-Density inte längre är en bra beskrivning då antalet genetiska markörer man nu kan kartlägga har utökats från 20 000 - 80 000. Man kan nu spåra genetiska defekter och lättare hitta diverse missbildningar och genetiska sjukdomar som ett djur bär på. Genom att VG samarbetar med Eurogenetics för att få fram chip har man kunnat få ner kostanden för framställningen av chippen vilket gör att kostnaden för GS genom LD-projektet har gått från 285 kr till 185 kr och man börjar nu närma sig önskemålet från lantbrukarna på 172 kr. Är man inte med i projektet har kostnaden sänkts till 225 kr istället för 420 kr. För att ytterligare motivera användningen av GS skulle en specifikation på vad analysen faktiskt kostar samt hur stor del VikingGenetics subventionerar skapa en större förståelse för kostanden.

Deltagande

I litteraturen angående enkäter avråder man från att skicka ut enkäter i december månad, vid skollov eller semester eller under sommarmånaderna (Eljertsson, 1996). Då projektet var tidsbegränsat och de svarande var lantbrukare eller på annat sätt verksamma inom djurproduktionen ansåg jag att detta hade mindre betydelse för detta projekt. Under vintermånaderna är det oftare ett lägre arbetstryck inom lantbrukssektorn då växtperioden är över. Detta visade svarsfrekvensen på enkäten som uppgick till 69,3 % vilket gör att svaren kan anses tillförlitliga.

Svaren i Enkäten visade att GS uppfyller många av de krav och förväntningar som lantbrukare hade på projektet. Många är intresserade av att snabba på avelsframstegen i sin besättning och GS är ett effektivt verktyg för att göra detta. Många av de egna åsikterna som lyftes fram var att man ville ha en effektivare hantering av de genetiska proven. Max 2 månader ansågs vara en accepterad svarstid från VikingGenetics, speciellt på tjurkalvar som gärna kastreras innan de uppnått en ålder på 2 månader. De gårdar som säljer kalvar till annan besättning kan ha ett större behov av att få reda på resultaten snabbt. Det är önskvärt för de besättningar som inte prövar alla sina djur att de får ut ett prov kit snabbt så att ett test kan tas på djuret så snart som möjligt efter födelsen. Svarstiden har gått från ca 3 månader 2016 till ca 6 veckor 2018 beroende på hur snabbt lantbrukarna skickar in sina prov vilket gör att målet för hur snabbt svaret på det genomiska testen måste vara tillbaka är uppnått.

Viljan att använda sig av GS verkar hög då majoriteten av de som deltagit i LD-projektet avser att fortsätta. Kunskapen om vad man kan få fram och varför resultaten ser ut som de gör behöver bli bättre för att öka motivationen att testa fler djur.

Många uttryckte en besvikelse över att de djur som man trodde skulle ge mycket goda resultat kanske inte alls fick ett sådant gott genomiskt resultat som man hoppats. Detta belyser nyttan av GS då man på ett mycket snabbt sätt kan hitta rätt rekryteringsdjur. Tydligt är att många inte vet hur man skall använda sig av NTM-värden och hur dessa är föränderliga med tiden. Detta är förvånande då lantbrukare som är aktiva i projektet verkar ha ett stort intresse för avelsarbete. Rådgivning kring avel har här en del att tillföra då det behövs en förklaring på vad NTM är och hur man kan använda detta som en jämförelse mellan djur. Andra åsikter rörde de tekniska till hemsidan och att det var svårt att se en överblick över egenskaper och djuren i besättningen.

För att motivera fler att använda sig av GS behöver man på ett bättre sätt belysa fördelarna med det. Det finns nu lantbrukare som varit aktiva i flera år. Att belysa deras framsteg och låta dem redovisa för varför de använder sig av GS skulle kunna motivera fler att använda sig av GS. Precis som enkäten visade är intresset för användandet av tången stort och den har nu helt kommit att ta över. Tops för insamling av genetiskt material har helt försvunnit.

Att föda upp en kviga är både kostnads- och tidskrävande. Därför är det viktigt för lantbrukare att man lägger resurser på rätt djur. De kvigor som har sämre genetiska förutsättningar att bli mjölkkor kan genom GS gallras ut eller förmedlas i tidigt skede och påverka den ekonomiska situationen för lantbrukaren. Det enda alternativet som finns kvar om man inte vet hur man ska tolka resultaten är att VG kan hitta eventuella tjurmoderkandidater, något som inte rankades högst i enkätsvaren, utan sågs som en bonus. För att fler skall vara intresserade av att använda sig av GS bör rådgivningen fokusera mer på utbildning av lantbrukare som då själva kan arbeta aktivt med resultaten.

Alla de som inte visste var resultaten kunde hittas ville veta var man kunde finna de genomiska avelsvärderingarna. Detta görs på ”mina sidor” på Växa och här kan man också se status på de prover som ännu inte är färdigtestade. En bättre översikt och tydligare hemsida kan underlätta för lantbrukare att själva leta efter resultaten.

Majoriteten vill fortsätta att arbeta med GS, och de som var tveksamma efterfrågar bättre information och handledning från rådgivare och lantbrukare samt ett bättre samarbete mellan VikingGenetics, rådgivare och lantbrukare. Det pressade prisläget för många mjölkföretagare tvingar en del att kapa kostnader och GS är då enkelt att prioritera bort då intäkterna som det kan medföra är svårare att kalkylera för.

Något som detta arbete inte visar på är hur rådgivarna marknadsför projektet till lantbrukare samt hur de uppfattar attityden kring GS ute på gårdarna. Det skulle vara intressant att höra avelsrådgivarnas syn på GS samt deras uppfattning om hur GS kan användas och om de gårdar som använt sig av GS en längre tid har gjort större avelsframsteg än vad man annars skulle kunna räkna med. Ett sådant underlag skulle tydligare visa på de ekonomiska fördelarna att använda sig utav GS. Eftersom projektet skall vara ett samarbete mellan husdjursföreningarna och VG är det av stor vikt att detta samarbete fungerar och att erfarenheter och upplevelser på ett transparant sätt kan delas

mellan de olika instanserna och lantbrukarna. Att man i de olika rasernas föreningar lyfter gårdar med inte bara höga NTM som tidigare, utan även innefattar de som har höga genomiska index har detta säkert lett till en större medvetenhet kring GS.

Att GS har ökat markant de senaste åren visar att de förändringar som enkäten visade på behöves göras för att öka genomslagskraften för GS. Mellan 2015 och 2019 har antalet djur som testats genomiskt mer än fördubblats vilket drivit på utvecklingen och gör att man nu kan spåra ännu fler egenskaper. Detta gör att aveln snabbare kan ta större steg framåt mot friskare och mer ekonomiska mjölkkor.

Mina slutsatser blir därför att genomisk selektion är ett bra och effektivt sätt att föra mjölkkoaveln framåt men att fler goda exempel på lyckade resultat måste lyftas fram och att det i sin tur kan motivera fler att testa sina djur.

REFERENSER

Skriftliga

Bio Medical Animal Healthcare (2014). *TEGO Card, Simple and Safe Blood Collection*. Tillgänglig: <http://itlbiomedical.com/animal/products-animal/tego-card.html> [16-03-2016].

Björnhag, G., Jonsson, E., Lindgren, E. & Malmfors, B. (1989). *Husdjur- ursprung, biologi och avel*. Stockholm: LTs förlag.

Boren, H., Börner, M., Larsson, M., Lindh, B. & Lundström, J. (2008). *Kemiboken B4*. Stockholm: Liber AB.

Einarsson, S., Gustafsson, H., Larsson, K., Swensson, T. & Söderquist, L. (1987). *Artificiell insemination och reproduktion*. Eskilstuna: Svensk Hushållsskötsel ek.för.

Ejlertsson, G. (2006). *Enkäten i praktiken - En handbok i enkätmetodik*. Lund: Studentlitteratur AB.

Hayes, B.J., Bowman, P.J., Chamberlain, A.J. & Goddard, M.E. (2009). Genomic selection in dairy cattle: Progress and challenges. *Journal of Dairy Science*, 92(2), ss. 433-443.

Ikonen, I., Ahlfors, K., Kempe, R., Ojala, M. & Ruottinen, O. (1999). Genetic Parameters for the Milk Coagulation Properties and Prevalence of Noncoagulating Milk in Finnish Dairy Cows. *Journal of Dairy Science*, 82(1), ss. 205-214.

Kargo, M., L, H., Toivonen, M., Eriksson, J.A., Aamand, G. & Pedersent, J.P. (2014). Economic basis for the Nordic Total Merit Index. *Journal of Dairy Science*, 97, ss.7887-7884.

Mc Hugh, N., Meuwissen, T.H.E., Cromie, A.R. & Sonnesson, A.K. (2011). Use of female information in dairy cattle genomic breeding programs. *Journal of Dairy Science*, 94(8), ss. 4109-4117.

Nickolaus, F.W. (2009). *Introduction to veterinary genetics*. UK: Wiley Blackwell.

Nilsson, M. (2009). *Mjölkkor*. Stockholm: Natur & Kultur.

Nordic Cattle Genetic Evaluation (2018). NTM- weight factors. Tillgänglig: https://www.nordicebv.info/wp-content/uploads/2018/11/NTM-%E2%80%93weight-factors_06112018.pdf [2020-05-07]

Pryce, J. & Hayes, B. (2011). A review of how dairy farmers can use and profit from genomic technologies. *Animal Production Science*(52), ss. 180-184.

Schaeffer, L.R. (2006). *Strategy for applying genome-wide selection in dairy cattle*. (Department of Animal and Poultry Science, Centre for Genetic Improvement of Livestock, 123). Berlin: University of Guelph.

Shuster, D.E., Kehrlı Jr, M.E., Ackermann, M.R. & Gilbert, R.O. (1992). *Identification and prevalence of a genetic defect that causes leukocyte adhesion deficiency in Holstein cattle*. (uppl 89). USA: Proceedings of the National Academy of Sciences.

Stallmästaren (u.d.). *Effektiv inhämtning av vävnadsprover*. Tillgänglig: <http://www.stallmastaren.se/2693.2691.DNA.html> [29-01-2016].

Stålhammar, H. (2013). Genomiska avelsvärden revolutionerar avelsarbetet. *Djurhälso- och Utfodringskonferencen 2013*. Skara: Växa Sverige, ss. 19-36.

Wallenbeck, A., Lundheim, N. & Rydhmer, L. (2005). Djurmaterialets betydelse i ekologisk grisproduktion. *Ekologiskt Lantbruk*. Uppsala: Institutionen för husdjursgenetik, SLU, ss. 195-200.

Växa Sverige (u.d). *Nordiskt avelsarbete - ett sammarbete på djupet*. Tillgänglig: <http://www.vxa.se/Radgivning-service/Avel/Avel-pa-djupet1/Avelns-organisation1/Nordiskt-avelarbete/> [12-01-2016].

Muntliga

Stålhammar, H. (2014). Alnarp: VikingGenetics.

BILAGOR

Bilaga 1: Enkät

- 1) Hur många mjölkande finns i besättningen:
 1-50 51-100 101-200 201-300 Över 300
- 2) Vilken inriktning har du på din besättning idag?
 Ekologisk/krav Konventionell
- 3) I besättningen finns idag:
 ___ st Hol ___ st SRB ___ st SJB
- 4) Är du aktiv i LD-projektet idag?
 Ja Nej
- 5) Om du lämnat projektet ange varför:

- 6) Seminerings sker idag huvudsakligen med:
 Egensemin Assistentsemin
- 7) Hur gör du avelsplanen för besättningen, (välj 1 alternativ):
 Själv I samarbete med rådgivare från Växa
 Annan rådgivare Med hjälp från rådgivare från Växa som använder
 ”Genvägen”
- 8) I besättningen används idag tjurbetäckning, (välj 1 alternativ):
 Inte alls Till alla kvigor Till kvigor och kor efter fler omlöp
- 9) Ett genomiskt test tas på
 Alla kvigkalvar Särskilt utvalda kvigkalvar
- 10) Hur har du tagit de genomiska testen i din besättning? (fler svar möjliga om du testat mer än ett sätt)
 TEGO (blod på läskapper) Assistent tar provet
 DNA-tops Med tång i samband med öronmärkning
- 11) Vilket sätt föredrar du? _____

12) Acceptabel svarstid på de genomiska testerna på kvigor är:
 2 månader 3 månader 4 månader

13) Rangordna främsta anledningen till genomisk selektion i din besättning, 1-4 där 1 är viktigast och 4 minst viktig:
 Hitta tjurmoderkandidater
 Hitta kvigor att gallra ut
 Bättre avelsplaner till kvigorna

Eget alternativ _____

14) Vet du vart resultatet på de genomiska testen kan hittas?
 Ja Nej

15) Om Nej på fråga 14: är du intresserad att veta resultatet? (Om ja på fråga 14, gå vidare till fråga 16)
 Ja Nej

16) Vilket resultat på det genomiska testet är viktigast för dig?

17) Resultatet på genomiska test på kvigkalvarna anser du är lättförståelig, (ringa in 1 alternativ):

Stämmer helt				stämmer inte alls
	1	2	3	4

18) Om annat än 1 på fråga 17: Vad är svårt att utläsa ur resultatet?

19) Kostnaden i förhållande till nyttan med genomiska test anser du är:
 För hög Något hög Skälig

20) Om du svarade "för hög" alternativt "något hög" på fråga 19, vad anser du är en rimlig kostnad för testet?

21) Dina förväntningar på projektet är helt uppfyllda, (ringa in 1 alternativ):

Stämmer helt			stämmer inte alls
	1	2	3 4

22) Om annat än 1 på fråga 21 förklara varför:

23) Du kommer fortsätta utföra genomiska tester på dina kvigkalvar:

Ja nej

24) Om nej på fråga 23, motivera varför:

Vad kan göras för att förenkla medverkan och nyttan för dig som deltar i projektet?



Bilaga 2: Följebrev till enkäten

Till dig som är eller har medverkat i LD-projektet

Jag heter Sofia Wahlén och läser sista året på lantmästarkandidatprogrammet på Sveriges Lantbruksuniversitet, Alnarp. Som sista del i min utbildning skall ett examensarbete skrivas i samarbete med VikingGenetics och Växa Sverige. Syftet med arbetet är att utvärdera LD-projektet samt svara på hur arbetet med genomisk selektion kan fortsätta att utvecklas på besättningsnivå. Jag vill också se hur man kan öka intresset för genomisk selektion och vad VikingGenetics och Växa Sverige kan göra i sin rådgivning för att underlätta för lantbrukare att använda sig utav genomisk selektion på kvigor som en naturlig del av avelsarbetet.

Du som mottagit detta brev har varit eller är aktiv i LD-projektet och är därför en viktig del i att föra avelsarbetet framåt. Det är givetvis frivilligt att medverka i undersökningen, men ditt svar är viktigt. Det kan leda till åtgärder för att förbättra och utveckla arbetet med genomisk selektion. Genom att skicka in dina svar på enkäten är du dessutom med i utlottningen av 5 st. semindoser. Försök svara så fullständigt som möjligt på frågorna, på de flesta frågor skall endast ett svarsalternativ anges annars står det angivet i enkäten. Skicka sedan tillbaka enkäten i bifogat portofritt svarskuvert så fort som möjligt och helst inom 2 veckor.

Dina svar kommer att behandlas konfidentiellt

Det slumpvis utvalda nummer som finns på din enkät gör att vi vet vilka som skickat in svar och som alltså inte behöver få ett påminnelse brev. Numret gör också att endast de som svarar på enkäten är med i utlottningen av semindoser. De svaren som kommer in kommer inte kunna kopplas till er som person utan redovisas i form av tabeller, diagram samt med avidentifierade citat på de frågor där det är möjligt att lämna egna kommentarer.

Enkäten tar 5-10 minuter att besvara.

Om du har några frågor angående undersökningen eller upplever svårigheter i att svara på enkäten tveka inte att höra av dig till mig Sofia Wahlén

Tack på förhand för din medverkan!

Bilaga 3: Påminnelse till de som inte svarade efter första utskicket

Påminnelse till dig som är eller har medverkat i LD-projektet

Jag heter Sofia Wahlén och läser sista året på lantmästarkandidatprogrammet på Sveriges Lantbruksuniversitet, Alnarp. Som sista del i min utbildning skall ett examensarbete skrivas i samarbete med VikingGenetics och Växa Sverige. Syftet med arbetet är att utvärdera LD-projektet samt svara på hur arbetet med genomisk selektion kan fortsätta att utvecklas på besättningsnivå.

För några veckor sedan mottog enkäten och vi har ännu inte tagit del av ditt svar. Det är givetvis frivilligt att medverka i undersökningen, men ditt svar är viktigt. Det kan leda till åtgärder för att förbättra och utveckla arbetet med genomisk selektion. Genom att skicka in dina svar på enkäten är du dessutom med i utlottningen av semindoser.

Försök svara så fullständigt som möjligt på frågorna, på de flesta frågor skall endast ett svarsalternativ anges, annars står det angivet i enkäten. Skicka sedan tillbaka enkäten i bifogat portofritt svarskuvert så snart som möjligt.

Dina svar kommer att behandlas konfidentiellt

Det slumpvis utvalda nummer gör att endast de som svarar på enkäten är med i utlottningen av semindoser. De svaren som kommer in kommer inte kunna kopplas till er som person utan redovisas i form av tabeller, diagram samt med aidentifierade citat på de frågor där det är möjligt att lämna egna kommentarer.

Enkäten tar 5-10 minuter att besvara.

Om du har några frågor angående undersökningen eller upplever svårigheter i att svara på enkäten tveka inte att höra av dig till mig Sofia Wahlén

Tack på förhand för din medverkan!

Sofia Wahlen 070-388 60 28

Sown0003@stud.slu.se

Bilaga 4: Kommentarer till enkäten

Fråga 5, Om du lämnat projektet ange varför.

Här fick lantbrukarna själva beskriva varför de lämnat projektet, av de 18 som svarade att de lämnat var det 10 stycken som lämnade egna kommentarer.

”Stor kostnad per prov, lite för låg säkerhet på avelsvärdet på SRB”, ”Är för kostsamt, samtidigt som jordbrukets kostnader stiger och mjölkpriset går ner”, ”Dåligt mjölkpris”, ”Dålig lönsamhet”, ”Misstag, skall åter ta upp det”, ”ville utvärdera resultatet först”, ”Då vi just nu inte prioriterar renrasigt försvinner meningen med selektering”, ”Mer än 1 år sedan”, ”Uppehåll på grund utav byggnation”, ”Orkade inte med extra arbetet”

Fråga 13, Rangordna främsta anledningen till genomisk selektion i din besättning, 1-4 där 1 är viktigast och 4 minst viktig:

45 stycken angav ett eget alternativ

”Höja nivån i besättningen”, ”Hitta de främsta individerna att avla vidare på”, ”För att få mer information av mina djur”, ”Allmänt avelsintresse, möjlighet att se avelsutvecklingen i besättningen på ett säkrare sätt än enbart med härstammingsindex”
 ”Hitta djur till försäljning”, ”Öka produktionen m.m. i besättningen”, ”Använda kötttras på de sämsta”, ”Hjälpa Viking o få fram mer resultat på SRB”, ”Snabba upp avelsframsteget och säkerheten”, ”Hitta djur att satsa på”, ”Hitta kvigor att spola”, ”Hitta lämpliga kvigor att sem. Med x-vik”, ”Långsiktig avelsplanering”, ”Öka referenspopulationen”, ”Gallra på enstaka egenskaper, tex mjölkbarhet”, ”Stärka SRB-rasen”, ”Effektivare avelsframsteg”, ”För skojs skull/ Ev, få sälja kviga till viking”, ”Ev. spolningsdjur”, ”Bättre följa med och hålla uppe en jämn kvalité på kvigorna”
 ”Få koll om avelsarbetet går framåt”, ”Kunna välja rätt tjur till kvigorna”, ”Kunna ta undan de sämsta, kötttras eller utslakta, vilka som ska ha X-vik”,
 ”Till ET-inläggning alt. Spolning”, ”De som har lågt index åker på en gång”,
 ”Roligt och spännande”, ”Roligt att se hur de går”, ”Hitta svagheter som man behöver se upp med”, ”Få koll på kvigornas anlag”.

Fråga 16, Vilket resultat på det genomiska testet är viktigast för dig?

Av 113 svarsenkäter svarade 92 st med egna kommentarer, dessa kommentarer hittas nedan tillsammans med antal som svarade samma inom parantes.

Allt är viktigt (7), helheten (8), NTM (47), index (1), om de är tjurmoder exemplar (2), ett sannare värde (1), Om det är någon som ska gallras ut (7), hitta bästa avelsdjuren(6).

Juverhälsa (2), Fruktksamhet (4), Juver (5), Ben, klövar (6), Mjölkmängd (2), Mjölkindex (15), Hälsoegenskaper (4), Tillväxt (1), Hållbarhet(1), Mastitresistens (1), Lynne (1), Exteriör (1).

Trender inom besättningen (1), Våra avelsmål (1) Snabbare och säkrare avelsframsteg (2), långsiktig avelsförbättring (2) utöka ET-verksamheten (1)

”Det är en dålig hemsida på växa bör redovisas på samma sätt som tjurar”

Fråga 18 Kommentarererna var då:

”Skillnaden före och efter det genomiska testet , Finns en del oklarheter tillexempel 0 på fett och protein”, ”vilken kviga som är sämst, kanske resultat på årsbasis, ingen dålig en månad, 3 dåliga en annan..”, ”Vet inte hur resultatet ser ut.”, ”Ny, vet ej”, ”Borde vara uppställt som på tjurarna, staplar höger eller vänster!”, ”Har precis börjat ta proven”, ”För att jag inte vet vilken nivå de bra kvigorerna börjar på, tex är det +14 bra eller dåligt?”, ”Det är inte alltid teori och statistik stämmer med verkligheten”, ”Har inte fått svar än”, ”Vad exakt alla siffror och värden betyder”, ”Vad siffrorna verkligen stå för”, ”Man måste flytta bilden i sidled för att se alla egenskaper”, ”Teknisk fråga- det är svårt att få en överblick på dataskärmen då jag inte ser alla parametrar samtidigt”, ”Dålig hemsida, allt utom NTM”, ”På hemsidan följer inte svaret, rubriken ovanför”, ”Vill veta mer om enskilda egenskaper”, ”Svårt att hitta provsvaren!”, ”Svårt att se i bilden på delvärden”, ”Spenplacering, spenstorlek, anfästning, juverdjup”, ”Skulle vara mer överblickbart”, ”Lite svårt att veta hur man skall värdera de olika resultatet”, ”Resultatet är en siffra som oftast sjunker efter varje avelsvärdering beroende på mer info. Spec för SRB är det svårt att veta hur mycket avelsvärdet som kommer att avspeglas i djurets produktion och hälsa”.

Fråga 20, egna kommentarer om pris

”100 kr, Ett lågt pris ökar motivationen att testa fler djur”, ”200 kr, Just nu så pressad lönsamhet i mjölkproduktionen så alla extrakostnader väljs bort”, ”Billigaste möjligt”, ”50-50 kostnadsfördelning djurägare – viking”, ”I förhållande till mjölkpriset är det för dyrt”, ”Just nu är det väll ok när man är med i projektet men utanför projektet tycker jag att det blir för dyrt”, ”rimligt att få en utförlig faktura där det står exakt vad man betalar för, Ingen har kunnat redovisa för vad den egentliga kostnaden blev i slutändan”, ”beroende på mjölkpris”, ”Vet inte än om det ekonomiska utfallet av bättre koll på index, om djuren mjölkar så mycket som förväntat”, ”Svårt att svara på, har varit med för kort tid”, ”Det skiljer inte ofta mycket från härstammningsindex”, ”Än så länge har vi inte sett vilka intäkter resp, minskade kostnader det medför”, ”Har ännu inte hunnit se de ekonomiska positiva konsekvenserna av nydata”, ”Viking drar nytta

av informationen som bonden betalar/rimlig kostnad ca 100 kr”, ”Det borde vara en rabatt på ca 20-25% vid anslutning av hela besättningen”, ”Kostnaden måste jagas pga dålig lönsamhet”, ”Inom LD-projektet en ok kostnad”, ”vet inte vad kostnaden är på labb så det är svårt att säga om priset är skäligt”, ”Om man ska få fler att använda testet till ”vardags” bör det bli billigare för att få fler att testa”, ”Allt för dyrt idag”, ”halva kostnaden”, ”För hög i förhållande till säkerheten i värden”, ”Man vill väl alltid att det ska vara billigare”,

18 stycken svarade ”för hög” eller ”Något hög” men gav inget svar på vad de ansåg som en rimlig kostnad, 3 stycken svarade att kostnaden var ”för hög” eller ”Något hög” men angav att rimligt pris var 300 kr, dyrare än vad testet är idag om man aktivt deltar i projektet.

Medelpriset som angavs när man fick ställa ett eget värde var 172 kr.

Fråga 21, dina förväntningar på projektet är helt uppfyllda, (ringa in ett alternativ 1-4)

Kommentarer:

”Tego har kommit hem mycket sent, strax innan det ska vara inskickat, svaren kommer också för sent”, ”provsvaret tar tid”, ”Vill man sälja kvigkalvar blir e för gamla innan man får provsvaret”, ”För dyrt och svaren tar för lång tid”, ”På sista utskicket var det bättre men att skicka ut test lite oftare så man kan ta proverna så tidigt som möjligt, helst vid avhorning då de ligger still”, ”Tar för lång tid att få svar”, ”Det tar för lång tid med svar”, ”Ibland håller man inte ”med” resultatet och går ”egen väg”, ”osäker på om resultatet stämmer med verkligheten, vill se uppföljning särskilt på tjurarna som är genomiskt testade, vad blir resultatet av avkommebedömningen”, ”Hoppas och förväntar mig att säkerheten på gentesten (ca 50% idag) blir högre inom snar framtid”, ”osäker på om resultatet stämmer med verkligheten, vill se uppföljning särskilt på tjurarna som är genomiskt testade, vad blir resultatet av avkommebedömningen!?” ”resultatet stämmer inte alltid, kviga med fader och moder med höga index fick 120 -4 mjölkade efter 2 månader 40 kilo/dygn”, ”Det skiljer ganska många enheter upp/Ner på förväntat index mot genomet! Inte på alla men på vissa”, ”lite dåligt insatt i NTM/ tex varför varierar värdet över tid? Lite kritisk till hur egenskaperna viktas/felkällor?”, ”Hade gärna sett någon slags rapport från viking gällande LD”, ”Allt kan bli bättre”, ”Är skeptisk till om det stämmer med fenotyp”, ”Bör vara lättare att läsa ut skillnaden mellan härstamningsindex och genomiskt index”, ”Svårt att läsa ut resultaten, sanningen, osäkerheten för SRB, i min besättning är det inte heller de bästa korna (snarare de sämsta) de med högst avelsvärden (Gäller båda raserna)”, ”Skulle vilja få information vilka anlag kvigor har då det gäller kappakasein, tror det kan vara viktigt för framtiden!”, ”Det är bara våra SLB-kvigor som fått vara med”, ”våldigt luddigt med vad de kostar”, ”har testet”, ”Dålig kontakt, vi testade kvigor i Maj månad sedan skulle det ske igen på nya kvigor efter sommaren-ingen kontakt!”

”Gått genom LD-projektet eller ej?”, ”Har inte hittat system att få med alla kvigor”, ”NTM sjunker för varje körning, de som ligger på runt 15 sjunker ner till 5 på ett år. Vid varje körning på mina djur så har den som fått högst index kommit från en mor på -0-5”, ”Har inte följt upp en del kvigor med höga resultat”, ”Har ej fått information om hur jag kan se svaren”, ”NTM-värdet före och efter GS parallellt” ”För dyrt”, ”vet inte ännu, återstår att se”, ”har inte fått in kalvfärdiga genomiskt testade i besättningen ännu”, ”För tidigt att utvärdera”, ”kan inte svara då jag är för ny än”, ”har inte vart med tillräckligt länge men det ser lovande ut”, ”Svårt att svara på, har varit med för kort tid”, ”Det har gått för kort tid, de första testade kvigorerna kalvade 14 dagar sedan, så det behöver gå mer tid”, ”Har inte haft tid att utvärdera resultatet förens nu”, ”Ny vet ej”.

Fråga 23, kommer du fortsätta utföra genomiska tester på dina kvigkalvar?

Kommentarer på varför:

”Viking bara intresserade av våra resultat inte av våra djur, kvittar hur bra så duger dom inte, (behöver nog vara dansk för o duga?)”, ”Vi kommer fortsätta nu när det blev möjligt med öronmärken”, ”För dyrt”, ”Om informationen sköts bättre, allt verkar vara så rörligt och det känns som man får reda på fakta alldeles för sent för att se vilka som ska satsas på”, ”Inte på eget initiativ, Bara på de som VikingGenetics vill ha provtagna”, ”Om lönsamheten blir bättre och lägre pris på testerna”, ”För lite nytta till för hög kostnad”, ”Dåligt med pengar, drar in på kostnaderna”, ”med bättre kontakt med viking”, ”Tid-intresse”, ”Vi får se, har inte varit med så länge”, ”Beror på vad resultatet blir”, ”lat”, ”Osäker på resultaten” ”tills vidare är vi med men vi får se hur det funkar- om det funkar”.

Fråga 24, vad kan göras bättre?

Egna kommentarer:

Tid, ”Fler testtillfällen och kortare svarstid”, ”Snabbare svar”, ”snabbare svar”,
Information ”info om hur man kan lägga upp testerna på olika sätt för att få största nyttan i den egna besättningen”, ”Semineringsplanen på kvigor”, ”Enklare provtagning, att alla redovisningar med ett ”G” framför avelsvärdet vilket markerar vilka djur som är Genomiskt testade”, ”Göra det tydligare när provet är klart, tex skicka ut ett provsvar i samband med provmjölkningen”, ”Hade gärna sett den ”linjära bedömningen” redovisad även på mina sidor tex efter ett ”dubbelklick” på individen”, ”redovisa delegenskaperna tydligt, så snart det finns fenotypvärde som är relevanta skall de väga tungt”, ”Trots att jag är med på hur genomisk selektion fungerar har jag svårt att gallra bort kvigkalvar efter väldigt bra mödrar”, ”Ett utskick på resultat, kan skickas mes nästa provtagning utskick”, ”Bättre information”, ”Informera tydligare att testet kan göras väldigt tidigt på kvigkalvar”, ”Information om vad testet kostar totalt timavg- individavg”, ” hur ser man att man betalar via LD-projektet”, ”Information om hur man skall tolka svar och hur man bäst använder svaren”, ”Gör det enklare att få reda på provresultat”, ”Enklare att hitta testresultat i växas hemsida”, ”Gärna en flik med typ svar g-test”.

Pris ”Lägre pris, snabbare svar”, ”Sänk priset för provtagningen och utöka till svar varje månad”, ”Sänk priset på testerna”, ”Sänkta provpriser, Hade gärna sett det ”Gamla” värdet innan värderingen, någonstans bredvid det nya” ”Billigare och snabbare svar”, ”Enklare test, Billigare, Mest nytta för viking”, ”Varför måste alla förstakalvare bedömas? Onödigt dyrt!”

Utbildning ”nyttan och den ekonomiska nyttan med gentest blir högre då jag inte förlitar mig på resultatet helt idag, Säkerheten är för låg för att jag skall kunna avla på resultatet”, ”Är för dåligt insatt men svårt att se nyttan med det”, ”Hjälp med att utläsa och använda resultatet”, ”Någon kursdag med info om genomiskselektion och möjlighet att fråga någon kunnig person”,

Övrigt ”Införa provtagning med DNA-tops istället för blod.”, ”nyttan för mig och ”mitt” mejeri är att tillföra aven anlag för kappakasein!”, ”Få möjlighet för medlemmar av LD-projektet att officiellt ingå i en öppen svars-bas”, ”Enklare provtagning men framförallt större säkerhet annars är det ganska meningslöst” ”Bättre kvalitet på djurflödet”, ”Att man inte måste ta alla i nr ordning, ibland vet du ju att en individ inte är aktuell osv, bortkastade pengar”, ”Osäkerheten i SRB:s avelsvärden kommer nog att fortsätta länge ännu pga. inblandningen av många andra raser.”, ”Att man bokar tid med tekniker, så det blir av!”

Bra ”Det är mycket roligt att få ta del av framgångarna inom aveln och tack vare dagens information blir avelsarbetet så mycket roligare! Tack!”, ”Det fungerar bra som det är”, ”Tycker det fungerar bra idag när vi tar med tång på alla kvigorna”, ”Det går smidigt som det är, tången är mycket bra!”, ”Jag tycker att det fungerar bra, det är smidigt att vi har abonnemang idag!”, ”Den nya tågen och öronmärkena är ett steg i rätt riktning om inte märkerna blir mycket dyrare.”,