

Genetisk analyse av klauvhelse i NRF

CECILIE ØDEGÅRD^{1,2}, BJØRG HERINGSTAD^{1,2} OG MORTEN SVENDSEN²

¹Institutt for husdyr og akvakulturvitenskap, Universitetet for miljø- og biovitenskap, ²Geno SA

Innledning

Klauvhelse har de senere årene fått økt fokus i Norge ettersom flere besetninger har gått fra bås fjøs til løsdrift. Klauv lidelser er et velferdsproblem for kua, samtidig som det påvirker driftsresultatet for bonden. Klauv lidelser har lav arvbarhet (f.eks. Buch et al., 2011; Swalve et al., 2008), og er påvirket av ulike miljøfaktorer. Sogstad et al. (2006; 2007a; 2007b) har funnet sammenhenger mellom klauv lidelser og fruktbarhet, utrangering og mjølkeproduksjon. Til nå er det kun korketrekkerklauv registrert ved kvigemåling som brukes i avlsarbeidet for NRF. I 2004 ble Helsekort klauv innført og klauv lidelser funnet ved klauvskjæring kan nå rapporteres til Kukontrollen. Disse dataene har så langt ikke vært bruk til avlsformål. Målet var derfor å gjøre en genetisk analyse av klauv lidelser i NRF, hvor arvegrader og genetiske korrelasjoner for de ulike klauv lidelsene ble beregnet.

Materiale og metode

Klauvhelsedata

Totalt 309 885 klauvhelsehendelser fra 178 452 kyr var rapportert til Kukontrollen fra 2004 til 2011. Antall hendelser har økt for hvert år, og i 2011 var det 69 966 innrapporterte hendelser fra 3 036 besetninger. Oksene hadde i gjennomsnitt 110 hendelser fra døtre, men antallet varierte fra 1 til 6 013 per okse. Oksene som hadde sin første avkomsgransking i 2010 eller 2011 hadde i gjennomsnitt 50 døtre med klauvhelsedata. Helsekort klauv har ni klauv lidelser definert; korketrekkerklauv (KTK), v-formet hornforråtnelse (VHF), hudbetennelse (HB), såleknusning (SK), løsnings/byll i den hvite linje (WLD), blødning såle/hvite linje (BSH), klauvspalteflegmon (KSF), halthet (HA) og akutt traume (AT). Kyr med normale klauver, dato for klauvskjæring og klauvskjærer blir også registrert. Ei ku kan ha flere klauv lidelser registrert ved samme klauvskjæring. Frekvensen av klauv lidelsene økte fra 2004 til 2011, med unntak av KSF, HA og AT, som i hovedsak skyldes økning i antall innrapporteringer. Av alle registrerte klauvhelsehendelser er 30 % en klauv lidelse, resten er normale klauver.

Klauvhelsedataene måtte oppfylle visse kriterier for å bli brukt i analysene. Besetningen måtte ha minst 10 % eller 10 kyr med normale klauver. Far måtte være NRF-seminokse. Alder ved kalving måtte være innenfor bestemte intervaller, som for de fire første kalvingene var 16-48, 26-61, 36-74 og 45-87 måneder. Kun laktasjoner med klauvhelsedata ble inkludert. Ei ku kunne ha flere klauv lidelser per laktasjon, og ble definert som enten frisk (0) eller syk (1) for hver enkelt lidelse. Etter at utvalgskriteriene var oppfylt inneholdt datasettet 243 158 klauvhelsehendelser fra 141 659 kyr, 1 904 fedre og 6 156 besetninger. Tre grupper av klauv lidelser ble definert: infeksjøs klauv lidelse (INFEK), som inkluderte VHF, HB og KSF; forfangenhetsrelaterte klauv lidelser (FORFAN), som inkluderte SK, WLD og BSH; og samlet klauv lidelse, som inkluderte alle ni klauv lidelsene. Tabell 1 viser frekvensen for enkeltlidelser og gruppene etter at utvalgskriteriene er oppfylt. Av enkeltlidelsene har KTK høyest frekvens (10 %). KSF blir ofte behandlet av veterinær og blir dermed ikke registrert i Helsekort klauv. Derfor er sannsynligvis frekvensen høyere enn vist her.

Modell

Alle enkeltlidelsene og gruppene ble først analysert hver for seg med en univariat terskel modell. Deretter ble to multivariate modeller kjørt, en for de fem klauv lidelsene med høyest frekvens (KTK, VHF, HB, SK og WLD) og en for KTK, INFEK og FORFAN. Fra disse

modellene ble genetiske korrelasjoner beregnet. Modellene inkluderte effekt av laktasjonsnummer, kalvingsår og -måned, tidspunkt for klauvskjæring (måneder etter kalving), klauvskjærer, far og besetning. Utfyllende beskrivelse av modellen finnes i Ødegård et al. (2013).

Resultater og diskusjon

Arvegraden for klauvlidelsene (på underliggende skala) var mellom 0,04 (HA og AT) og 0,23 (KTK) (tabell 1). Standardavvik for arvegradene var lave, med unntak for KSF (0,06). Ingen av arvegradene hadde 95 % konfidensintervall (KI) som inkluderte null. Arvegradene fra de multivariate analysene (ikke presentert) var tilnærmet lik arvegradene fra de univariate analysene. Resultatene stemmer overens med resultatene fra Swalve et al. (2008) og Buch et al. (2011), som fant arvegrader mellom 0,07 og 0,17 for samme klauvlidelser. Arvegradene for INFEK, FORFAN og samlet var henholdsvis 0,11, 0,11 og 0,15. HA og AT hadde de laveste arvegradene, men disse er ikke like relevante i avl for bedre klauvhelse, fordi de kan være forårsaket av andre sykdommer eller skader.

Tabell 1. Frekvens (%) per klauvlidelse og gjennomsnitt (gj.snitt), standardavvik (SD) og 95 % konfidensintervall (KI) for arvegraden for klauvlidelser (på den underliggende skalaen) fra univariate analyser.

	Frekvens %	Arvegrad		
		gj.snitt	SD	KI
Korketrekkerklauv	10,2	0,23	0,02	[0,19; 0,26]
V-formet hornforråtnelse	4,4	0,09	0,02	[0,06; 0,13]
Hudbetennelse	1,7	0,20	0,03	[0,14; 0,26]
Såleknusning	2,7	0,18	0,02	[0,13; 0,22]
Løsning/byll i den hvite linje	2,9	0,06	0,02	[0,03; 0,10]
Blødning såle/hvite linje	2,2	0,07	0,01	[0,04; 0,09]
Klauvspalteflegmon	0,2	0,14	0,06	[0,03; 0,24]
Halthet	1,3	0,04	0,01	[0,01; 0,06]
Akutt traume	0,1	0,04	0,02	[0,01; 0,08]
Infeksiøse klauvlidelser	5,7	0,11	0,02	[0,08; 0,14]
Forfangenhetsrelaterte klauvlidelser	6,8	0,11	0,02	[0,08; 0,14]
Samlet klauvlidelse	25,5	0,15	0,02	[0,12; 0,18]

Genetiske korrelasjoner mellom klauvlidelsene er presentert i tabell 2. Det er høy genetisk korrelasjon mellom WLD og SK (0,79) og mellom HB og VHF (0,65). For flere av de genetiske korrelasjonene er null inkludert i KI (tabell 2), blant annet mellom WLD og de to klauvlidelsene VHF og HB. De genetiske korrelasjonene funnet mellom gruppene var relativt lave. De genetiske korrelasjonene mellom enkeltegenskapene som ble gruppert som INFEK eller FORFAN var høye innen hver gruppe og lavere mellom gruppene. Det betyr at enkeltlidelsene innen gruppen tildels er påvirket av de samme genene.

Tabell 2. Genetiske korrelasjoner [95 % konfidensintervall] mellom koretrekkerklauv (KTK), v-formet hornforråttelse (VHF), hudbetennelse (HB), såleknusning (SK), løsning/byll i den hvite linje (WLD), infeksjose klauvlidelser (INFEK) og forfangenhetsrelaterte klauvlidelser (FORFAN).

	KTK	VHF	HB	SK	INFEK	FORFAN
VHF	0,13 [-0,06; 0,32]					
HB	0,02 [-0,18; 0,20]	0,65 [0,46; 0,81]				
SK	0,42 [0,27; 0,56]	0,42 [0,23; 0,60]	0,19 [-0,02; 0,39]			
WLD	0,04 [-0,18; 0,26]	0,22 [-0,06; 0,49]	0,04 [-0,22; 0,32]	0,79 [0,63; 0,92]		
KTK					0,06 [-0,12; 0,23]	0,31 [0,15; 0,46]
INFEK						0,24 [0,04; 0,44]

Definisjon av friske kyr

Rapportering av klauvhelse til Kukontrollen er frivillig, og det finnes derfor ikke data fra alle besetninger. Det er også tilfeller hvor kun kyr med klauvlidelser er innrapportert, noe som gir en utfordring i forhold til definisjon av normale klauver. Kriteriene som ble satt i denne analysen kan føre til at forholdet mellom normale klauver og klauvlidelser ikke er riktig. Et alternativ kunne vært å definere alle kyr som mangler klauvhelsesdata som friske. Dette kunne derimot ført til en underestimert frekvensen av klauvlidelser, fordi de fleste lidelsene ikke blir oppdaget uten klauvskjæring. De fleste kyr som har en mild form for klauvlidelse er ikke synlig halte og kan dermed bli feilaktig kategorisert som friske.

Klauvhelse i avlsarbeidet

Informasjonen som nå er tilgjengelig fra klauvskjæring gir nye muligheter for å inkludere klauvhelse i avlsarbeidet. For å kunne beregne sikre avlsverdier må ungoksene ha tilstrekkelig mange døtre med klauvhelsesdata ved tidspunkt for avkomsgransking. For andre egenskaper er det krav om at oksene har minst 140 døtre med helseopplysninger for at de skal få sin første offisielle gransking. Danmark, Sverige og Finland inkluderte en klauvhelseindeks med sju klauvlidelser i samla avlsverdi i 2011 (Johansson et al., 2011). Antall kyr med klauvhelsehendelser i 2010 var 179 240 for Viking Rød (SRB, RDM og FAY). Gjennomsnittlig antall døtre med klauvhelsesdata per okse var for Danmark, Sverige og Finland henholdsvis 19, 59 og 11. Frekvensen av klauvlidelsene i de andre nordiske landene er høyere enn i Norge, med unntak av koretrekkerklauv.

Konklusjon

De ulike klauvlidelsene har lave til moderate arvegrader, og de kan defineres som enkelttegenskaper, grupperte egenskaper eller en samlet egenskap. For at det skal være mulig å inkludere klauvhelse i avlsarbeidet er det nødvendig med økt innrapportering av klauvhelse til Kukontrollen, inkludert normale klauver. Slik at antall hendelser per okse øker og det blir mulig å beregne sikrere avlsverdier for klauvhelse.

Referanser

Buch, L. H., A. C. Sørensen, J. Lassen, P. Berg, J.-Å. Eriksson, J. H. Jakobsen, and M. K. Sørensen. 2011. Hygiene-related and feed-related hoof diseases show different patterns of genetic correlations to clinical mastitis and female fertility. *J. Dairy Sci.* 94:1540-1551.

Johansson, K., J.-Å. Eriksson, U. S. Nielsen, J. Pösö and G. P. Aamand. 2011. Genetic evaluation of claw health in Denmark, Finland and Sweden. Interbull Bulletin 44:224-228.

Sogstad, Å. M., O. Østerås, and T. Fjeldaas. 2006. Bovine claw and limb disorders related to reproductive performance and production diseases. J. Dairy Sci. 89:2519-2528.

Sogstad, Å. M., O. Østerås, T. Fjeldaas, and O. Nafstad. 2007a. Bovine claw and limb disorders related to culling and carcass characteristics. Livest. Sci. 106:87-95.

Sogstad, Å. M., O. Østerås, T. Fjeldaas, and A. O. Refsdal. 2007b. Bovine claw and limb disorders at claw trimming related to milk yield. J. Dairy Sci. 90:749-759.

Swalve, H. H., H. Alkhoder, and R. Pijl. 2008. Estimates for breeding values for sires based on diagnoses recorded at hoof trimming: Relationship with EBV for conformation traits. Interbull bulletin 38:87-90.

Ødegård, C., B. Heringstad and M. Svendsen. 2013. Genetic analyses of claw health in Norwegian Red cows. J. Dairy Sci. (Submitted).