



THE GLOBAL STANDARD
FOR LIVESTOCK DATA

Część 19 - Wytyczne dotyczące rejestrowania pobierania paszy na potrzeby oceny genetycznej

Wersja: czerwiec 2020

Oficjalna, zatwierdzona przez ICAR, jest wyłącznie wersja angielska Wytycznych dostępna [tutaj](#) .

Spis treści

Spis treści.....	2
1. Wstęp	4
2. Oświadczenie.....	4
3. Definicje i terminologia	4
4. Zakres	5
5. Wykorzystanie istniejących danych dotyczących spożycia paszy	5
6. Konfigurowanie optymalnego zapisu danych	6
7. Rejestracja pobierania paszy w pomieszczeniu i na pastwisku.....	7
8. Kalibracja	10
9. Analizy chemiczne	12
10. Liczba zwierząt na pojemnik.....	16
11. Dodatkowa rejestracja	18
12. Buhaje, krowy i młode zwierzęta	19
13. Okres laktacji	19
14. System żywienia	20
15. Genotypowanie i przypisywanie	21
16. Scalanie i udostępnianie danych w ocenach genetycznych	22
17. Zamienniki dla pobrania paszy	23
18. Efektywność żywienia w celu hodowlanym	24
19. Podziękowania	28
20. Literatura.....	28
21. Załącznik A: Standardowa procedura operacyjna Nottingham.....	33
22. Załącznik B. Alkanowa technika pobierania paszy, Piacenza, Włochy	34

Summary of Changes

Date of Change	Nature of Change
March 2020	Draft from Feed & Gas WG put into standard template for ICAR Guidelines.
April 2020	Edits and acknowledgements added by Feed & Gas WG.
April 2020	File paginated according the agreed template.
May 2020	Approved by ICAR Board on 26th May subject to addition of disclaimer. Disclaimer added as new chapter 2 - the fact specific device manufacturers are mentioned in these guidelines is in no way an endorsement of the devices or their accuracy by ICAR.

1. Wstęp

Powszechne wykorzystanie informacji genomowej w programach hodowli bydła mlecznego dało możliwość selekcji na pobieranie paszy i wydajność żywienia. Wynika to z faktu, że zwierzęta ze stad badawczych mogą być wykorzystane jako populacja referencyjna do kalibracji równania predykcji genomowej, które jest następnie wykorzystywane do przewidywania wartości hodowlanych dla wybranych kandydatów na podstawie ich własnego genotypu. Fenotypy dotyczące pobierania paszy są jednak nadal ważnym czynnikiem ograniczającym uzyskanie wysokiej dokładności wartości hodowlanych i przeprowadzania analizy genetycznej dla pobierania paszy. Opierając się na doświadczeniach zdobytych podczas kilku projektów, zapewniamy wytyczne dotyczące rejestrowania i postępowania z rejestrami pobierania paszy na potrzeby oceny genomowej i genetycznej.

2. Oświadczenie

Fakt, że w niniejszych wytycznych wymieniono konkretnych producentów urządzeń, w żaden sposób nie potwierdza popierania tych urządzeń ani ich dokładności przez ICAR.

3. Definicje i terminologia

Tabela 1 zawiera listę ważnych definicji terminów i skrótów używanych w niniejszych wytycznych

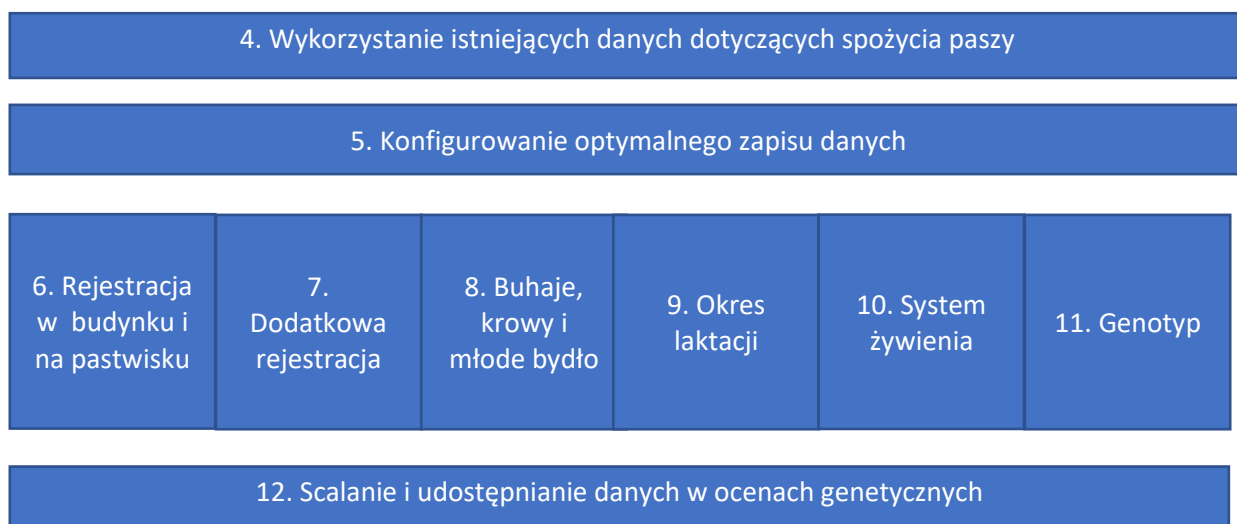
Tabela 1. Definicje terminów używanych w niniejszych wytycznych.

Termin	Definicja
DM	Dry matter – sucha masa
DMI	Dry matter intake – pobieranie suchej masy
EID	Electronic identification device – elektroniczne urządzenie identyfikacyjne
PMR	Partly mixed ration - częściowo mieszane racje żywnościowe
REML	Restricted maximum likelihood - ograniczone maksymalne prawdopodobieństwo
RFI	Residual feed intake – rezydualne spożycie paszy
RFID	Radio-frequency identification - identyfikacja z wykorzystaniem częstotliwości radiowej
RIC	Roughage intake control system - system kontroli poboru błonnika

4. Zakres

Rysunek 1 ilustruje główne elementy niniejszych wytycznych. Liczby na tym rysunku odnoszą się do numerów rozdziałów wytycznych. Celem jest przedstawienie wytycznych dotyczących rejestrowania pobierania paszy na potrzeby oceny genetycznej i genomowej.

Rysunek 1. Zakres wytycznych.



5. Wykorzystanie istniejących danych dotyczących spożycia paszy

Na świecie istnieje stosunkowo niewiele zaprojektowanych eksperymentów specjalnie nadających się do analizy genetycznej spożycia paszy (i powiązanych cech). Przykładami są długoterminowy eksperyment w Scottish Agricultural College (obecnie SRUC) Dairy Research Center z siedzibą w stadzie Langhill w Edynburgu (Pryce i in., 1999, Veerkamp, 1996), eksperyment w holenderskiej farmie 't Gen (Lelystad, Holandia) (Veerkamp i in., 2000), gromadzenie danych w gospodarstwie mleczarskim Karkendamm z Christian-Albrechts-University Kiel w północnych Niemczech (Buttchereit i in., 2011), lub nowsze dane zebrane na temat młodych jałówek w Australii (Williams i in., 2011) i Nowej Zelandii (Waghorn i in., 2012). Wspólnym mianownikiem w tych badaniach było zarejestrowanie około 1000 zwierząt, które karmiono mieszanką pełnoporcjową (TMR) ad libitum, a krowy mleczne oceniano od początku laktacji do ustalonego punktu laktacji (10, 26 lub 38 tygodni).

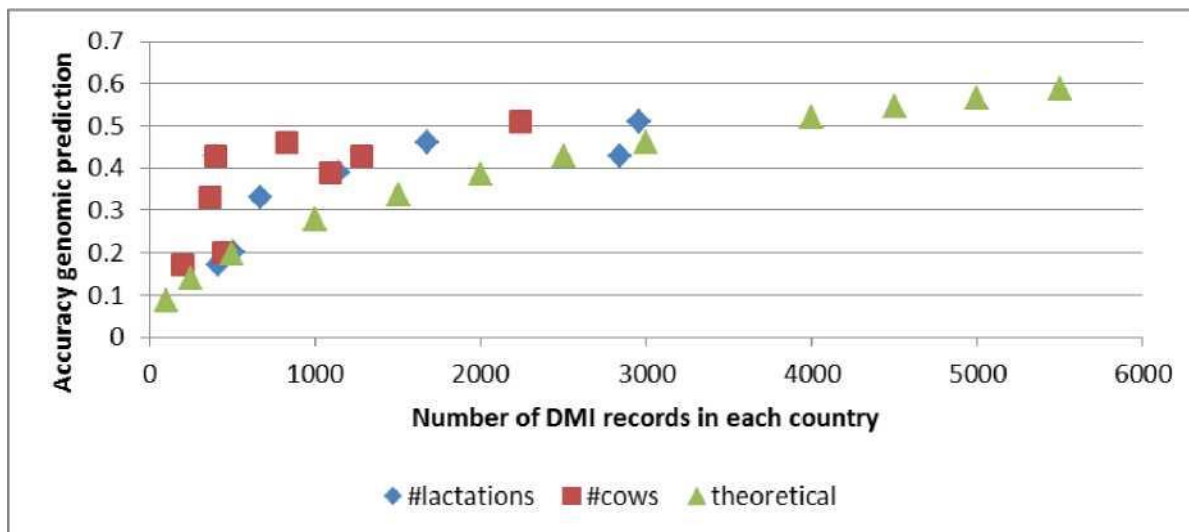
Zaprojektowane badania są zbyt małe dla populacji referencyjnej wykorzystującej prognozy genomowe, dlatego w wielu krajach dodano dodatkowe źródła rejestracji spożycia paszy. Na przykład na podstawie eksperymentów żywieniowych (Tempelman i in., 2015, Veerkamp

i in., 2014) utworzono konsorcja, które połączyły dane z różnych krajów (Banos i in., 2012, Berry i in., 2014, de Haas i in., 2012, Pryce i in., 2012, Tempelman i in., 2015) lub wykorzystując informacje genomowe ras bydła mięsnego dla bydła mlecznego (Khansefid i in., 2014). Łączenie wszystkich tych rodzajów danych jest atrakcyjnym i opłacalnym sposobem na zwiększenie populacji referencyjnej, ale jednocześnie dane stają się bardziej niejednorodne pod wieloma względami. Na przykład okres prowadzenia oceny podczas laktacji może być inny, powtarzane zapisy w okresie laktacji i pomiędzy nimi mogą być dostępne lub nie, a systemy żywienia mogą być różne, szczególnie w doświadczeniach żywieniowych. Ten heterogeniczny zbiór danych skierował uwagę na podejście statystyczne „wykorzystuj to, co mamy”, a nie na zaprojektowanie najbardziej optymalnego zapisu spożycia paszy. Jest to szerzej opisane w rozdziale 15 „Genotypowanie i przypisywanie”.

6. Konfigurowanie optymalnego zapisu danych

Zaczynając gromadzić zapisy dotyczące spożycia paszy, ważne pytanie brzmi: w jaki sposób zoptymalizować „liczbę wejść przez bramkę-dni w ciągu roku” przez „liczbę krów x okres rejestracji na krowę”? Liczbę krów można ustalić na podstawie teoretycznej prognozy Daetwyler i in. (2008). Rzeczywista dokładność uzyskana dzięki walidacji krzyżowej, gdy rekordy były używane w danym kraju, ściśle odpowiada temu wzorowi (rysunek 2). W tym przykładzie dokładności empiryczne były nieco wyższe niż teoretyczne, prawdopodobnie ze względu na ściśle powiązanie walidacji i szkolenia zwierząt. Ogólnie rzecz biorąc, jasne jest, że tysiące krów musi zostać ocenionych, aby uzyskać dokładne równania prognostyczne.

Rysunek. 2. Dokładność prognozowania genomowego na podstawie prognoz teoretycznych (Daetwyler i in., 2008) i uzyskanych na podstawie analizy gDMI (De Haas i in., 2015), z wykorzystaniem informacji w każdym kraju indywidualnie, z wykorzystaniem #laktacji lub #krów dostępnych w każdym kraju.



7. Rejestracja pobierania paszy w pomieszczeniu i na pastwisku

Minimalny wymóg rejestrowania indywidualnego pobierania paszy to ilość świeżego pokarmu oferowanego i pozostawionego na krowę dziennie, wraz z powiązaniem procentem suchej masy. Bezpośredni pomiar u wiązanych krow jest prosty, ale należy zapobiegać zanieczyszczeniu odrzuconej paszy wodą pitną, a wiązane krowy mogą nie zachowywać się tak samo jak krowy w oborach wolnostanowiskowych. Ponadto pomiar koncentratów jest stosunkowo łatwy, ponieważ koncentrat jest często rozdzielany w ograniczonych i stałych ilościach przez rolnika lub zautomatyzowany system. Pomiar spożycia ad libitum paszy objętościowej lub mieszanki pełnoporcjowej (TMR) jest bardziej skomplikowany. Zautomatyzowane systemy zostały opracowane przez Calan Broadbent (American Calan Inc. Northwood, NH, USA), Gallagher Animal Management Systems (Hamilton, New Zealand), GrowSafe 4000 System (GrowSafe Systems, Ltd., Airdrie, AB, Canada), the RIC-system (Insentec B.V., Marknesse, The Netherlands), the CRFI (BioControl, Technology for biology), SmartFeed (C-lock Inc., Rapid City, SD, USA). Każdy system ma unikalne funkcje wraz z ogólnymi funkcjami, takimi jak otwieranie bramki i ważenie paszy w pojemniku.

Dzięki bramce do karmienia Calan Broadbent zwierzęta mają dostęp do żywności za pośrednictwem „elektronicznych bramek Calan”, przy czym każda bramka umożliwia dostęp do karmidła zamontowanego na wadze i połączonego z automatycznym systemem

identyfikacji krów (Griffith Elder; Bury St Edmunds, Wielka Brytania). Otwieranie bramek Calan jest kontrolowane za pomocą transpondera zamontowanego na opasce szyjnej (Ferris i in., 2006).

Dzięki Gallagher Animal Management Systems jednostki pobierania paszy są podłączone do rejestratorów danych, które sondują każdy elektroniczny czytnik identyfikacyjny i wskaźnik odczytu masy co sekundę, aby ustalić, czy zwierzę było obecne, jego identyfikację i masę kosa na paszę w tym konkretnym punkcie czasu (Williams i in., 2011).

W systemie Growsafe 4000 każde stanowisko jest wyposażone w antenę do wykrywania obecności zwierząt w kojcu paszowym, czujniki obciążenia dla pomiaru zjedzonej paszy, kłonicę wyposażoną w pręty szyjne, które umożliwiają wejście tylko jednego zwierzęcia na stanowisko naraz, i oprogramowanie do pozyskiwania danych (GrowSafe DAQ; v. 9.25). Zapisuje wszystkie dane dotyczące zachowania podczas karmienia i pobierania paszy. System GrowSafe został zaprojektowany do monitorowania zachowania podczas karmienia poprzez ciągłe rejestrowanie obecności zwierzęcia w kojcu paszowym, gdy EID przekroczy pręty szyjki słupka stanowiska paszowego. Jednocześnie system elektroniczny mierzy spożycie paszy poprzez ciągłe ważenie paszy podczas każdej wizyty na stanowisku. Dane te (numer EID, numer stanowiska, znacznik czasu każdego zapisu transpondera i skala wagi) są w sposób ciągły rejestrowane w komputerze do gromadzenia danych za pomocą transferu bezprzewodowego (Mendes et al., 2011).

System RIC składa się z inteligentnego karmienia w połączeniu z tak zwanymi korytami do ważenia pasz RIC, gdzie pasza jest dokładnie ważona w sposób ciągły. Ta wersja umożliwia ograniczone i nieograniczone karmienie (ad-lib). Jeżeli zwierzę zbliży się do jednego z koryt, zostaje ono zidentyfikowane. Następnie rejestruje się numer zwierzęcia i czas rozpoczęcia wizyty. Po wizycie rejestrowany jest czas zakończenia i ilość pobranej paszy. Ilość pobieranej paszy jest elektronicznie mierzona przez koryto wagowe RIC i przechowywana w bazie danych RIC (Hokofarm Group, n.d.).

CRFI zapewnia poszczególnym krowom dostęp do określonych żłobów. Żłoby są umieszczane na komórkach ważących, które mierzą ciężar żłobu przed i po dostępie krowy do niego. Ta różnica masy jest przenoszona do komputera centralnego w celu analizy. Krowy można rozpoznać po kolczykach lub transponderach na szyi. Krowy zostają wpuszczone po

zidentyfikowaniu przez opuszczoną bramę. Po określonym czasie karmienia brama dostępu podnosi się i odpycha krowę od żłobu. Dostępne są wersje bez bramki dostępu, można dodać masę krowy i dostępna jest pokrywa do żłobu. Żłób jest łatwy do czyszczenia, ponieważ może się przechylać (BioControl, n.d.). Należy pamiętać, że te funkcje są również dostępne dla podajników RIC.

SmartFeed to przenośny, niezależny system przeznaczony do pomiaru całkowitego dziennego spożycia paszy przez pojedyncze duże zwierzęta. System SmartFeed obejmuje czytnik RFID, wagi i pojemnik na paszę, który stale rejestruje dane w celu ustalenia pobrania paszy na wizytę na zwierzę. System oblicza pobór paszy w czasie rzeczywistym w ramach każdego systemu SmartFeed. Są to różne wersje, jedna przeznaczona jest na pastwisko.

Bloch i in. (2017) argumentowali, że obecne metody pomiaru nie pozwalają na określenie wydajności indywidualnego żywienia zwierząt oraz że istniejące modele żywienia można zastosować jedynie do grupowej prognozy pobierania paszy. Opracowali modelowe systemy wydajności poszczególnych pasz, wykorzystując pomiary czujników zachowania i produkcji w połączeniu z modelem matematycznym o dokładności do $R^2 = 0,93$. Metoda jest opisana w patencie (PCT/L2014/051071).

W każdym przypadku należy wziąć pod uwagę zminimalizowanie ilości paszy zmarnowanej lub skradzionej. Należy także zminimalizować sortowanie pasz, szczególnie w systemach, w których stosuje się wiele krow na stację karmienia. Wszystkie zwierzęta muszą mieć odpowiednią przestrzeń i czas, aby spożywać pokarm, który jest naprawdę ad libitum i nie powoduje zmian w zachowaniu żywieniowym.

Pomiar pobierania suchej masy (DMI) na pastwisku może być trudny. Gdy zwierzęta pasą się w stadzie lub grupie, uzyskanie indywidualnych oszacowań DMI może być szczególnie trudne. Nieco łatwiej jest uzyskać grupowe pobranie suchej masy, chociaż mogą być one w postaci surowej i podatne na błędy. Analizy genetyczne polegają na porównaniu zwierząt w tej samej grupie, dlatego też szacunki grupowe nie są szczególnie przydatne. Technika n-alkanowa jest jedyną metodą, za pomocą której można oszacować indywidualne spożycie DM przez pojedynczą krowę. Technika ta wymaga, aby zwierzętom podawano dwa razy dziennie syntetyczny n-alkan o równej długości łańcucha, w znanej ilości dziennie, przylegający do długości łańcucha do naturalnie występującego n-alkanu o nieparzystej długości

występującego w spożywanej paszy (Dove and Mayes, 1991). Najlepsze szacunki spożycia zwykle osiąga się dla pary n-alkanów C33 i C32, w wyniku podobnych wskaźników odzysku n-alkanów z kału (Dillon, 1993; Wright et al. submitted). Wright i in. (publikacja przedłożona) niedawno potwierdził dokładność techniki n-alkanowej w porównaniu z pomiarem oferowanej ilości trawy porównując z tą niedojedzoną na co dzień i stwierdził, że technika n-alkanowa była dobrym oszacowaniem pobierania suchej masy. Istnieje jednak wiele czynników, które są punktami krytycznymi dla tej techniki. Są to:

- jednorodne wieloletnie murawy życicy,
- dobra technika pobierania próbek ziół (tj. reprezentatywna dla tego, co faktycznie jadła krowa, zwracając szczególną uwagę na wysokość po wypasie),
- brak zanieczyszczenia próbek kału (tj. brak moczu, trawy, gleby, kału od innej krowy),
- reprezentatywne łączenie próbek zebranych w ciągu sześciodniowego okresu pomiaru,
- wyjątkowa dbałość o szczegóły w laboratorium podczas ekstrakcji alkanów.

8. Kalibracja

Kalibracja wagi jest niezbędna do zachowania dokładności pomiarów. Wagi muszą być regularnie kalibrowane, aby mieć pewność, że problemy z wagami nie będą miały wpływu na wasze pomiary. To, jak często powinna być przeprowadzana kalibracja zależy od wielu czynników: zalecenia producenta, jak często używana jest waga, środowisko, w którym znajduje się waga oraz jak szczegółowa musi być wasza obserwacja (Precision Solution Inc., 2018). Podczas kalibracji wagi do pasz ważne jest, aby zmierzyć zarówno odchylenie wagi (zbyt wysoki lub zbyt mały pomiar masy), jak i nachylenie (*slope* -odchylenie przy różnych masach). Do kalibracji odchylenia, używa się jednej znanej masy do sprawdzenia, czy waga pokazuje prawidłową masę. Do kalibracji nachylenia używa się wielu znanych mas, aby skorygować wagę pod kątem błędów odpowiedzi. Kalibrację zastosowaną przez partnerów ICAR z Grupy Roboczej Ds. Pasz i Gazu przedstawiono w tabeli 2. Kalibracja jest często wykonywana co tydzień lub co miesiąc.

Partnerzy prowadzą kalibrację w różny sposób i w różnych odstępach czasu, ponieważ sytuacja jest inna w każdym gospodarstwie. Przedstawienie ogólnej rekomendacji jest trudne, ponieważ różne czynniki (zalecenia producenta, zastosowanie, środowisko i potrzeba szczegółów) różnią się w zależności od partnera.

Tabela 2. Partnerzy Grupy Roboczej ICAR ds. Pasz i Gazu, zastosowany automatyczny system żywienia i informacje dotyczące kalibracji. Informacje są zgromadzone z prezentacji PowerPoint z konferencji poświęconej paszy i gazowi ICAR w 2017 r.

Partner	Zastosowany system żywienia automatycznego	Kalibracja
Wageningen University (Netherlands)	RIC	Cotygodniowa kalibracja pudeł o wadze 20 kg .
Denmark	RIC	Miesięczna kalibracja masy 20 kg +/- 200g.
Dpto. Técnico de CONAFE (Spain)	‘ system własny ’ DeLaval ‘ system własny ’ Moofeeder Tecnozoo	co tydzień
Institut für Tierzucht und Tierhaltung der Christian-Albrechts-Universität zu Kiel (Germany)	Nieznany	Nieznana
Elora, University of Guelph (Canada)	RIC	Raz na kwartał
Dairy Research and Technology Centre, University of Alberta (Canada)	Calan	Nieznana
ILVO (Belgium)	RIC	Przed i po próbie (masa 10 kg)
Irish Cattle Breeding Federation (Ireland)	RIC oraz Calan	Przed każdym testem wydajności i co 3 tygodnie podczas testu. Również niezależnie kalibrowane co roku
University of Piacenza (Italy)	Oszacowano techniką alkanową	Nieznana
University of Milan (Italy)	RIC	Przed każdą próbą i co miesiąc, jeśli próba trwa dłużej niż miesiąc. (Masa 10 kg)
ANAFI	RIC	Przed każdą próbą (masa 10 kg).
SRUC Langhill (Scotland)	RIC	Masa 50kg jest ważona w każdym pojemniku co tydzień
Trinottieres (France)	Nieznany	Raz na miesiąc

Partner	Automatyczny system żywienia	Kalibracja
Méjusseume (France)	Nieznany	Rolymetr, ważenie: codziennie z 10 kg, co tydzień z zestawem wag (10 + 20 + 2 + 10 kg)
(Switzerland)	RIC	Nieznana

9. Analizy chemiczne

W niniejszych wytycznych omówiono jedynie oznaczanie zawartości suchej masy (DM). Oznaczanie DM jest stosunkowo prostym i szybkim procesem, który można łatwo wykonać. Najczęstszym sposobem określania wilgotności jest odparowywanie wody z paszy, pozostawiając jedynie suchą zawartość. Istnieją jednak również elektroniczne metody określania zawartości wilgoci w paszach. Suchą masę można określić za pomocą: pieca z wymuszonym obiegiem powietrza, Koster Testerem, mikrofalówki, suszarki wirowej, dehydratora do żywności oraz metod elektronicznych (Nennich et al., 2007).

9.1 Piec z wymuszonym obiegiem powietrza

Najczęstszym sposobem suszenia pasz w laboratorium jest piec z wymuszonym obiegiem powietrza. Jednak piece z wymuszonym obiegiem powietrza są zwykle dość drogie w porównaniu do innych urządzeń do suszenia i mają dłuższy czas suszenia w porównaniu do metod omówionych poniżej. Czas schnięcia próbek kiszonki wynosi od 24 do 48 godzin.

9.2 Koster Tester

Tester Koster to urządzenie elektryczne, które wdmuchuje podgrzane powietrze przez sito, na którym umieszcza się paszę. Tester Koster zapewnia stosunkowo szybki i niedrogi sposób suszenia pasz. Może wystąpić ubytek próbki, co zwiększa prawdopodobieństwo błędów. Wysuszenie próbki za pomocą tego testera zajmuje około 25 do 50 minut.

9.3 Mikrofalówka

Mikrofale zapewniają względnie szybki sposób suszenia pasz. Największym wyzwaniem przy użyciu kuchenki mikrofalowej jest możliwość spalenia. Ze względu na prawdopodobieństwo spalenia próbki suszone w kuchence mikrofalowej nie powinny być przekazywane do laboratorium w celu analizy składników odżywczych. Korzystanie z kuchenki mikrofalowej wymaga stałego monitorowania. Czas schnięcia wynosi około 5 do 10 minut dla próbek

kiszonki.

9.4 Suszarka wirowa

Suszarka wirowa jest łatwą i niedrogą metodą suszenia pasz. Ponieważ próbka pozostaje w zamkniętym pojemniku, istnieje mniejsze prawdopodobieństwo strat, co zmniejszy błąd. Czasy schnięcia są podobne do Koster Testera (25 do 50 minut).

9.5 Dehydrator do żywności

W doświadczeniu badawczym w amerykańskim centrum badań pasz mlecznych oceniono wykorzystanie dehydratora (odwadniacza) żywności z 9 półkami do suszenia próbek pasz (Mertens i in., 2004). Ta metoda wymaga minimalnej uwagi operatora i zajmuje około 2 do 8 godzin, aby określić DM kiszonki.

9.6 Metody elektroniczne

Metody elektroniczne są szybkim sposobem na określenie DM pasz. Większość z nich jest przeznaczona do użytku z próbkami siana lub zboża. Jednak co najmniej jeden tester oparty na tej zasadzie może być używany z próbkami kiszonki. Opublikowano artykuł porównujący ten tester z innymi metodami oznaczania DM (Oetzel i in., 1993). Testery te zapewniają odczyt DM w czasie krótszym niż 5 minut.

9.7 Spektroskopia w bliskiej podczerwieni

Spektroskopia w bliskiej podczerwieni (NIRS) jest szeroko stosowana w (komercyjnych) laboratoriach do analizy pasz i składników koncentratów. Ponieważ woda jest nieprzezroczysta dla światła NIR, DM jest bardzo dokładne. NIRS jest idealny do oznaczeń na dużą skalę, ponieważ skanowanie każdej próbki zajmuje mniej niż minutę i nie jest konieczne ważenie próbek. Zaletą NIRS jest to, że zapewnia również wartości dla wszystkich innych składników odżywczych, które mają równanie kalibracyjne. Przechodzi z zaawansowanych urządzeń na podręczne.

9.8 Wybór urządzenia

Zastosowane urządzenie zależy od priorytetów oznaczania suchej masy. Kuchenka mikrofalowa jest najtańszą i najszybszą opcją, ale musi być monitorowana ze względu na ryzyko spalania. Ponadto próbki suszone w kuchence mikrofalowej nie powinny być poddawane analizie składników odżywczych. Jeśli jest wystarczająco dużo czasu, piec z wymuszonym obiegiem powietrza jest niezawodnym sposobem na określenie zawartości

suchej masy. Maszyna jest droga w zakupie, ale piec z wymuszonym obiegiem powietrza jest często używany ze względu na niezawodność. Suszarka wirowa jest bezpieczną opcją, gdy suszenie należy wykonać szybko, ponieważ ryzyko strat jest niewielkie. Dehydrator do żywności i metody elektroniczne często nie są stosowane z powodu braku wiedzy i badań. NIRS daje szybkie wyniki i jest często stosowany, z pewnością w komercyjnych laboratoriach.

Aby dokładnie określić DM paszy, pobrana próbka musi być reprezentatywna dla paszy (Nennich, 2007). Idealnie powinno się dokonywać ciągłego oznaczania suchej masy, aby dokładnie obserwować pasze zjadane przez poszczególne krowy. Nie dzieje się tak w praktyce. W tabeli 3 pokazano, w jaki sposób i jak często zawartość suchej masy jest określana przez różnych partnerów ICAR z Grupy Roboczej ds. Pasz i Gazu.

Tabela 3. Partnerzy ICAR z Grupy Roboczej ds. Pasz i Gazu oraz informacje dotyczące oznaczania suchej masy. Informacje są zgromadzone z prezentacji PowerPoint z konferencji poświęconej paszy i gazowi ICAR w 2017 r.

Partner	Jak oznaczano DM	Jak często mierzono
NL	Próbki PMR pobrane z każdego Niewyjady do analiz żywieniowych. Pozostałości są pobierane codziennie, ale nie przeprowadza się analiz niewyjadów.	
Denmark		
Nottingham	Patrz załącznik A	
Spain		Gospodarstwo 1: co tydzień Gospodarstwo 2: 3 razy w tygodniu Gospodarstwo 3: codziennie Gospodarstwo 4: codziennie

Partner	Jak oznaczano DM	Jak często mierzono
Kiel		Codziennie
Canada	DM określa się przez suszenie próbek paszy w piecu z wymuszonym obiegiem powietrza w 105 ° C przez noc	Sucha masa jest określana, gdy zmienia się racja, DM niewyjadów nie jest określana. Trzy próbki są zbierane w 3 różnych dniach w tygodniu i łączone w celu uzyskania tygodniowego odsetka DM. DM podawał również w comiesięcznej analizie próbek paszy.
ILVO BE	Metody chemiczne	Co dwa tygodnie trawa a kiszonka z trawy co tydzień. Jeśli racja i poszczególne składniki są takie same podczas badania, próbki są łączone do przetwarzania danych w celu przekształcenia świeżej materii z powrotem w pobór suchej masy.
ICBF Ireland		RIC: pobieranie paszy dla zwierząt jest rejestrowane w czasie rzeczywistym na podstawie świeżej masy, a następnie przywracane do stanu suchej masy. Calan: cotygodniowe ważenia tyłu w celu usunięcia niewyjadów. DM niewyjadów nie jest określana . Mleczne: próbki trawy na każdy dzień w 6-dniowym cyklu pobierania są analizowane.
Italy	Piacenza: patrz załącznik B Milan: zgodnie z reg. UE . 152/2009	Raz w ciągu ostatnich 12 dni pomiarów emisji. Niewyjady suszy się w piecu, aby zmierzyć zawartość DM, DM określa się na podstawie niewyjadów . Każda partia suchego TMR. Nie wspomniano o resztkach.
Langhill	DM całej diety określa się przez suszenie dokładnie wymieszanej próbki w suszarce przez 24 godziny	Próbka jest pobierana z każdego pojemnika przy każdej dostawie i przechowywana do końca tygodnia. Próbkę niewyjadów są pobierane z każdego pojemnika, asymilowane, a następnie suszone .
France	Tinottieres: piec 105 ° C - 24h M'jusseume: piekarnik 8 ° C - 48 godz	Codziennie od poniedziałku do piątku. DM niewyjadów z próbki globalnej, nie indywidualnej. Pasze, codziennie od poniedziałku do piątku. Koncentrat się raz w tygodniu. Brak ustalania niewyjadów.
Switzerland	Standardowe metody oznaczania DM i przybliżenia analiz (AOAC, VDLUFA)	Oznaczanie DM pasz i resztek - częstotliwość zależy od składników pasz .

10. Liczba zwierząt na pojemnik

Zachowanie zwierzęcia ma wpływ na to, jak powinny być trzymane. Krowy są zwierzętami prowadzącymi dzienny tryb życia; wolą synchronizować swoje zachowanie. Ma to wpływ na to, ile miejsca potrzebują podczas jedzenia. Należy zapewnić wystarczającą ilość miejsca, aby nie wpływać na naturalne zachowanie krów.

Na liczbę zwierząt na pojemnik ma również wpływ ilość paszy podawanej zwierzętom. Krowy mogą być karmione określoną ilością paszy, co często odbywa się na farmach, lub ad libitum, co często odbywa się w badaniach. Wpływ ma również skład paszy, ponieważ różne składniki mają różne wartości energetyczne.

Metoda doju wpływa na zachowanie krów podczas karmienia. Jeśli wszystkie zwierzęta zostaną wydojone w tym samym czasie, wszystkie zjadą potem. Tak więc większość krów będzie chciała jeść jednocześnie. Jeśli istnieje zautomatyzowany system doju, termin karmienia będzie różny dla poszczególnych zwierząt w stadzie.

W tabeli 4 pokazano, ile zwierząt na pojemnik wykorzystuje się w różnych systemach rejestrowania paszy.

W badaniach z Corkum i in. (1994) pokazano, że umiarkowanie konkurencyjna sytuacja żywieniowa w grupie zachęca do spożywania przez ułatwienia społeczne, ma to wpływ na idealną liczbę zwierząt na pojemnik.

Tabela 4. Różne sposoby wykorzystania automatycznego systemu żywienia w badaniach i zwierząt wykorzystywanych w tych badaniach.

Zautomatyzowany system	Zródło	Liczba zwierząt na pojemnik	Wykorzystane zwierzę
Calan Broadbent	Krawczel et al., 2012	1 osobnik na pojemnik	Krowy mleczne Holstein w trakcie laktacji
	Corkum et al., 1994	1 osobnik na pojemnik	Woły Hereford
		12 osobników na 3 pojemniki	Woły Hereford
		12 osobników na 4 pojemniki	Woły Hereford
	ICBF1	1 osobnik na pojemnik	rasy mięsne
Gallagher Animal Management Systems	Macdonald et al., 2014	9 lub 10 osobników na 7 pojemników	Cielęta jałówki Holstein Friesian
		54 osobników na 30 pojemników	Cielęta jałówki Holstein Friesian
		1 osobnik na pojemnik	Cielęta jałówki Holstein Friesian
	Williams et al., 2011	15 do 20 osobników na 2 pojemniki	Cielęta jałówki Holstein Friesian
	Waghorn et al., 2012	8 osobników na pojemnik	Jałówki Holstein Friesian
Growsafe 4000 System	Mendes et al., 2011	32 osobniki na 4 pojemniki	Jałówki (Angus, Braford, Brangus, Simbrah)

Zautomatyzowany system	Zródło	Liczba zwierząt na pojemnik	Wykorzystane zwierzę
RIC-system	Dairy campus, n.d.	2 osobników na pojemnik	
	Chapinal et al., 2007	42 osobników na 24 pojemniki	Krowy Holstein
	Nottingham	50 osobników na 32 pojemniki	Krowy Holstein
	Canada1	2 osobniki na pojemnik	cielne jałówki i pierwiastki
	ICBF1	3 osobniki na pojemnik	rasy mięsne
	Langhill	2 osobniki na pojemnik	
	University of Milan	Max 2 osobniki na pojemnik	Krowy Holstein
	ANAFI	Max 7 osobników na 2 pojemniki	Rosnące buhaje Holstein
	ILVO	40 osobników na 20 pojemników lub 13 osobników na 6 pojemników 20 osobników na 10 pojemników	krowy Holstein w trakcie laktacji Zasuszone krowy Holstein

11. Dodatkowa rejestracja

Oprócz rejestrowania pobierania paszy wydaje się oczywiste, że do analizy genetycznej muszą być rejestrowane identyfikacja krów i rodowod. Jednak eksperymenty żywieniowe często używają własnego anonimowego lokalnego numeru identyfikacyjnego dla krów, co utrudnia odnalezienie krowy w krajowym rejestrze rodowodowym. Najlepiej byłoby pobrać DNA lub próbkę włosów albo krwi od każdej krowy, aby umożliwić późniejsze genotypowanie.

Inne cechy, które należy wziąć pod uwagę przy cotygodniowym rejestrowaniu, to wydajność i skład mleka, masa w odniesieniu do wagi żywej i ocena kondycji. Te cechy pochłaniania energii mogą być szczególnie przydatne w przypadku krótkich okresów pobierania paszy i mogą być związane z tymczasowymi zapisami produkcji, które nie są reprezentatywne dla całej laktacji. Wykorzystanie zapisów pobierania paszy określa, które cechy należy zapisać. Na przykład, w przypadku krajowych wartości hodowlanych dla buhajów wykorzystywanych w sztucznym unasienianiu, niewiele jest dodatkowych informacji na temat rejestrowania wydajności mlecznej tej ograniczonej liczby krów. W przypadku buhajów i jałówek we

Włoszech mierzona jest również co tydzień wysokość i szerokość klatki piersiowej. Jednak, aby ustalić genetyczną korelację między wydajnością a pobieraniem paszy, bardzo przydatne może być zebranie tych dodatkowych zapisów lub gdy należy opracować prognozę genomową dla rezydualnego spożycia paszy (RFI). W przypadku RFI rejestrowanie cech pochłaniania energii jest niezbędne. Cechy zdrowia i płodności powinny być również brane pod uwagę w celu zbadania związków z pobieraniem i produkcją. Skład racji żywnościowej może być przydatny do zrozumienia interakcji genotyp x dieta lub do obliczania wydajności energetycznej albo wydajności białka. Jak wspomniano, wybór zależy od celu prowadzenia oceny. Czasami jednak dodatkowe zapisy są rejestrowane jako zabezpieczenie: zapisy mogą być ważne w przyszłości, a w porównaniu z rejestrowaniem poboru paszy koszty są stosunkowo niewielkie.

12. Buhaje, krowy i młode zwierzęta

Ocena krów dojnych może być trudna i praktycznie łatwiejsze może być rejestrowanie pobierania paszy przez stada młodego bydła lub buhaje. Korelacje genetyczne tych zwierząt niemających laktacji ze zwierzętami w okresie laktacji były wyższe niż 0,74 (Nieuwhof i in., 1992), co wskazuje, że ponad 50% zmienności genetycznej wśród zwierząt w okresie laktacji można zaobserwować u zwierząt niebędących w okresie laktacji. W Australii i Nowej Zelandii RFI obliczono dla rosnących jałówek. Ekstremalne wartości (górne i dolne 10%) zostały zachowane dla eksperymentu z krowami w okresie laktacji, gdzie wykazano, że utrzymano rozbieżność dla RFI ($P < 0,01$) (Macdonald et al. 2014).

Gdy dostępne są zapisy dotyczące pobierania paszy dla buhajów i krów, można je połączyć w jedną populację odniesienia (Calus i in., 2013). W związku z tym istnieje możliwość rejestrowania liczby rekordów łączących populacje krów i buhajów. Wciąż jest mało informacji na temat optymalnego projektu rejestrowania pobierania paszy, a parametry genetyczne prawdopodobnie nie są jeszcze wystarczająco dokładne, aby wykonać dokładne obliczenia indeksu.

13. Okres laktacji

Najlepiej byłoby, gdyby pobieranie paszy było mierzone w ciągu całego życia zwierzęcia. Nie jest to realne i często dostępne są tylko krótkie okresy oceny. U zwierząt w okresie laktacji szczególnie ważne może być rozważenie okresu, w którym mierzone jest pobieranie paszy.

Krowy mogą zrównoważyć bardziej ujemny bilans energetyczny we wczesnym okresie laktacji przez wyższe pobieranie w późniejszej fazie laktacji. Dlatego biologiczne pobieranie paszy może być inną cechą podczas różnych części laktacji, co jest poparte względnie niską korelacją genetyczną między DMI podczas wczesnej i późnej fazy laktacji (Berry et al., 2007, Buttchereit et al., 2011, Coffey et al., 2001, Koenen and Veerkamp, 1998, Li et al., 2014, Manzanilla Pech et al., 2014b, Spurlock et al., 2012, Veerkamp and Thompson, 1999). Jednym ze sposobów przezwyciężenia tego błędu wynikającego z mobilizacji tkanek może być zastosowanie RFI dostosowanego do odbiorników energii. W związku z tym pod względem poprawy wydajności paszy w całej laktacji wydaje się, że konieczne jest, aby rejestrowanie pobierania paszy było dostępne na wszystkich etapach laktacji, zamiast skupiać się na pierwszej fazie laktacji, jak to zrobiono w większości zaprojektowanych eksperymentów.

Na pytanie, kiedy rejestrować pobieranie paszy, można również podejść z perspektywy genetyki ilościowej przy użyciu metodologii indeksu selekcji. Parametry genetyczne można wykorzystać do oszacowania dokładności wartości hodowlanych DMI w całej laktacji, gdy rejestrowana jest tylko część laktacji (Manzanilla Pech et al., 2014a). Autorzy ci doszli do wniosku, że rejestracja DMI przez 15 tygodni daje dokładność 0,58, która była średnio 0,25 bardziej dokładna niż rejestracja DMI przez 5 tygodni, a 0,11 dokładniejsza niż rejestracja DMI przez 10 tygodni. Również rozpoczęcie rejestrowania DMI w środkowej lub późnej fazie laktacji dało dokładniejsze szacunki dotyczące przewidywania DMI w laktacji niż rozpoczęcie rejestracji we wczesnej fazie laktacji (Manzanilla Pech et al., 2014a). Jednak wymagane są bardziej wiarygodne szacunki korelacji genetycznych między pomiarami pobierania paszy w okresie laktacji, aby precyzyjniej określić, kiedy należy zarejestrować DMI.

Jeśli pobieranie paszy mierzy się w ramach kompleksowej analizy wydajności żywienia, badając wszystkie pochłaniacze energii i obliczając RFI, czas i okres trwania rejestrowania pobierania paszy można skrócić i przeprowadzić we wcześniejszym okresie laktacji. Connor i in. (2013) ustalili, że korelacje dla tygodniowego RFI na przestrzeni tygodni, nawet już w 4 tygodniu, były wysokie ($r = 0,8$) i że odziedziczalność RFI była podobna ($h^2 = 0,45$), czy tylko pierwsze 50 DIM, czy pierwsze 100 DIM zostały wzięte pod uwagę; odziedziczalność dla wcześniejszych ocen RFI była niższa.

14. System żywienia

Dieta podawana krowom powinna być zbilansowana, aby spełnić wymagania dotyczące

energii, białka, minerałów i witamin, a karmienie dobrze wymieszanym TMR z kiszonką lub innymi mokrymi paszami prawdopodobnie zminimalizuje segregowanie. Jeśli karma jest sucha, na przykład sucha karma w kostkach, może być ważne, aby osobno zmierzyć % DM w karmie pozostawionej.

Powszechną praktyką jest to, że stosowana jest żywienie ad libitum, ale niewiele wiadomo na temat skutków jej nieprzestrzegania. Dieta powinna być porównywalna z dietą podawaną stadom komercyjnym, reprezentatywną dla średniej dla danego kraju. Nie zawsze jest to łatwe w tak zróżnicowanym kraju jak USA, gdzie diety mogą się znacznie różnić w zależności od regionu. RFI może być wtedy przydatne, ponieważ można to obliczyć w grupie porównawczej (Tempelman i in., 2015), co sprawia, że skład diety jest mniej ważny. Wysoką korelację RFI uzyskano, gdy krowa była karmiona dietą o wysokiej lub niskiej zawartości skrobi (Burczynski i in., 2013). Oczywiście jest jednak, że karmienie dietą sformułowaną zgodnie z poziomem produkcji prowadzi do stronnictwa; doprowadziłoby to niesprawiedliwie do dostarczenia bardziej strawnej diety zwierzęciu wysokoprodukcyjnemu, a także mogłoby zwiększyć korelację między DMI a wydajnością mleka. W niektórych krajach w badaniach żywieniowych krowy otrzymują TMR częściowo mieszane (PMR) zamiast TMR i są indywidualnie uzupełniane koncentratami zgodnie z ich potrzebami (i produkcją mleka). Być może najważniejszym kryterium jest to, że dieta musi być taka sama dla wszystkich krów należących do tej samej grupy porównawczej, a grupy porównawcze powinny być wystarczająco duże (> 5 zwierząt) i genetycznie połączone przez wspólnych przodków męskich (ojców/dziadków).

15. Genotypowanie i przypisywanie

Jednym z problemów z łączeniem danych ze stad badawczych do analizy genomowej jest to, że w każdym eksperymencie można stosować różne chipy SNP. Na szczęście większość dostępnych na rynku chipów SNP ma wiele wspólnych SNP, więc ogólnie można zidentyfikować zestaw wspólnych SNP. Inną opcją jest przypisanie genotypów o niskiej gęstości do wyższej (np. od 50K do 777K (HD)), co może być korzystne w przypadku niektórych (bayesowskich) podejść do prognozowania genomowego. Strategia ta opiera się na referencyjnym zbiorze danych dotyczącym buhajów lub krów, które są genotypowane za pomocą chipów dużej gęstości i które mają pewne powiązania genetyczne (tj. wspólne haplotypy) ze zwierzętami w zbiorze danych, który ma zostać przypisany. Pryce i in. (2014) wykazali, że można przypisać genotypy badanych zwierząt hodowlanych z 50K do HD przy

użyciu dwóch niezależnych referencyjnych zestawów danych o wysokiej zgodności. W przypadku zwierząt z historycznymi danymi dotyczącymi pobierania paszy, ale bez informacji DNA, można rozważyć przypisanie genotypów (Bouwman i in., 2014, Pimentel i in., 2013), gdy genotypuje się potomstwo.

16. Scalanie i udostępnianie danych w ocenach genetycznych

Aby zwiększyć dokładność, ważne jest, aby gromadzić zapisy dotyczące pobierania paszy o zwierzętach możliwie ściśle powiązane z kandydatami do selekcji. W związku z tym duży dystans genetyczny między danymi historycznymi a obecnymi kandydatami do selekcji jest wadą. Również powiązanie genetyczne między współczesnymi grupami poprzez wspólne buhaje jest ważne dla oddzielenia trwałych skutków środowiskowych i genetycznych w danych. Przy wielu małych, niepowiązanych eksperymentach żywieniowych może to stanowić problem.

Jednym z aspektów przy rozważaniu odpowiednich podejść statystycznych jest radzenie sobie z różnymi okresami rejestracji w ramach laktacji i pomiędzy nimi. Eksperymenty żywieniowe są często przeprowadzane na zwierzętach w drugiej lub późniejszych laktacjach, a gromadzenie danych może koncentrować się na okresie przejściowym (wczesnej fazie laktacji) lub fazie laktacji od średniej do późnej. Eksperymenty mogą być krótkie (miesiąc) lub kilkumiesięczne.

Dlatego potrzebne jest rozwiązanie mające na celu standaryzację danych. Jednym z rozwiązań może być standaryzacja rekordów do jednego rekordu DMI dla każdej krowy i wykorzystanie tego jednego rekordu w późniejszej analizie genetycznej. Jedną cechę można znormalizować na podstawie prognozy modelu regresji losowej dla krowy, na podstawie (powtarzanych) danych zebranych podczas różnych laktacji oraz struktury kowariancji stwierdzonej w populacji (Banos i in., 2012, Berry i in., 2014) lub jedna cecha może być oparta na zapisach fenotypowych dostępnych dla krowy w znormalizowanym czasie, np. pierwszy 28-dniowy okres od 50 do 205 dnia (Tempelman i in., 2015). Alternatywą dla standaryzacji dla jednej cechy jest wykorzystanie wszystkich dostępnych zapisów dotyczących pobierania paszy w analizach genetycznych, nie uwzględniając trwałych efektów genetycznych krów, poprzez zastosowanie test-day modelu o stałej regresji (*fixed regressions test-day model*) (Veerkamp i in., 2014).

Drugim ważnym aspektem przy rozważaniu metod statystycznych jest uwzględnienie różnic w średniej i wariancji DMI. Najczęstszą metodą uwzględnienia średnich różnic w analizie genetycznej jest przeprowadzenie analizy wewnątrz grupy porównawczej: porównanie córek różnych buhajów w grupie zwierząt z tego samego stada, które są tak samo traktowane. Dobrze znane techniki REML są powszechną praktyką w tym zakresie. Tradycyjnie grupy porównawcze opierają się na sposobie traktowania i sezonach wycielenia, jednak zabiegi żywieniowe w ramach badań zmieniają się wraz z upływem czasu, a racje żywieniowe mogą się zmieniać z czasem (tj. wszystkie krowy w danym dniu otrzymują kiszonkę z tego samego zbiornika kiszonki, niezależnie od daty wycielenia). Dlatego często mądrze jest stosować poprawkę na grupy porównawcze zależne od czasu. Różnice między zwierzętami mogą być większe ze względu na eksperymentalne traktowanie, stado, dietę lub stadium laktacji. Z tego powodu często stosuje się heterogeniczną wariancję rezydualną (*heterogeneous residual variances*) pomiędzy poszczególnymi sposobami traktowania lub poszczególnymi stadami. Tempelman i in. (2015) wykazali, że należy zachować ostrożność, aby uwzględnić różne relacje między DMI, a na przykład wydajnością lub wagą żywą w różnych środowiskach.

Trzecim ważnym aspektem przy rozważaniu metod statystycznych jest założenie, że definicje cech różnią się w zależności od kraju, a zatem dopasowanie modelu wielocechowego umożliwiającego niejednorodne korelacje genetyczne między krajami. Chociaż może się to wydawać oczywiste, jest to możliwe tylko wtedy, gdy każdy kraj ma wystarczającą ilość danych, aby oszacować korelację genetyczną z rozsądną precyzją. W idealnym przypadku wymaga to wspólnych buhajów między środowiskami, ale wykorzystanie relacji genomowych pomaga w ustanowieniu powiązań genetycznych między krajami (Pryce i in., 2014).

W sumie do scalenia danych DMI i przeprowadzenia późniejszej analizy genetycznej wymagana jest rozsądna ilość statystyk; wspólne doświadczenie jest jednak ogólnie pozytywnym elementem. Korelacje genetyczne między krajami są stosunkowo duże, a prognozy genomowe między krajami mają wyższą wiarygodność niż stosowanie mniejszego zestawu danych krajowych (de Haas i in., 2012, de Haas i in., 2015, Tempelman i in., 2015).

17. Zamienniki dla pobrania paszy

Niezależnie od współpracy międzynarodowej, rejestrowanie pobierania paszy zawsze będzie czynnikiem ograniczającym dokładność wartości hodowlanych (Veerkamp, 2013). Dlatego istnieje zainteresowanie wykorzystaniem predyktorów w celu poprawy dokładności wartości hodowlanych.

DMI można przewidzieć na podstawie cech wydajności z rozsądną dokładnością. Jednak tego przewidywanego DMI nigdy nie można wykorzystać do identyfikacji zmienności genetycznej wydajności paszy, ponieważ wszelkie różnice między zwierzętami wynikają z różnic w cechach wydajności mlecznej. Dlatego dane DMI są zawsze wymagane do wyboru w celu lepszego wykorzystania paszy.

Obok wydajności oczywistą grupą predyktorów są cechy pokroju; szerokość klatki piersiowej, wzrost, głębokość ciała i kątość, które pomagają przewidzieć wagę żywą (Coffey i in., 2003), a zatem stanowią dobry predyktor do oszacowania paszy wymaganej do utrzymania. Inne potencjalne predyktory to:

- Ocena punktowa kondycji (BCS) wskazująca poziom tkanki tłuszczowej i białka
- Dane dotyczące aktywności można wykorzystać do uwzględnienia różnic w sposobie utrzymania,
- Kamery termowizyjne na podczerwień mogą być używane do zbierania pomiarów ciepła (związanych z DMI)
- Wykazano, że analiza MIR próbek mleka przeprowadzana regularnie przez agencje prowadzące ocenę użytkowości mlecznej jest skorelowana z bilansem energetycznym, który jest matematycznie powiązany z RFI (McParland i in., 2011)
- Zmiany w sposobie odżywiania mają wpływ na przewidywanie choroby. Hierarchia społeczna może również wpływać na sposób odżywiania.

18. Efektywność żywienia w celu hodowlanym

Na pierwszy rzut oka włączenie pobierania paszy lub wydajności do celu hodowlanego może wydawać się stosunkowo prostą sprawą. Celem jest więcej mleka z mniejszą ilością paszy. Jednak kilka czynników komplikuje włączenie pobierania paszy lub wydajności do zrównoważonego celu hodowlanego (Veerkamp i in., 2013).

Wydajność paszy w całym okresie życia, a także wydajność mleka i pobieranie paszy, muszą również uwzględniać długość życia, wydajność reprodukcyjną, dni zasuszenia i masę ciała po uboju (dochód z wołowiny). Sugeruje to, że wydajność musi być określona ilościowo na poziomie systemu produkcyjnego, a zatem może być bardziej złożona niż wydajność paszy na poziomie pojedynczej krowy. Jednak na krótką metę do dyskusji przyjęto, że niewielka zmiana na poziomie krów przyczyni się do wydajności całego systemu.

Większa ilość mleka (tj. wydajność) na kg pobierania paszy (tj. wkład) sugeruje, że wydajność paszy powinna być przedstawiana jako stosunek wkładu i produkcji, tj. efektywność paszy

brutto lub współczynnik konwersji paszy. Takie cechy przemawiają do producentów, ponieważ wydają się łatwe do interpretacji, ale cechy proporcji mają kilka wad w hodowli zwierząt (Veerkamp i Emmans, 1995). Wydajność paszy brutto sprzyja zwierzętom o wysokiej wydajności, ponieważ koszty utrzymania są zmniejszone (Veerkamp i Emmans, 1995). Co gorsza, wzrost wydajności brutto niekoniecznie sprzyja bardziej wydajnej konwersji paszy na mleko (Vandehaar, 2012). Z tych powodów wynikiem dyskusji nt. gDMI było to, że cechy dawki żywieniowej, konwersja paszy lub efektywność paszy brutto, mogą być prezentowane jako osobne cechy ze względu na ich atrakcyjność. Jednak jego bezpośrednie włączenie do ogólnego celu hodowlanego może być skomplikowane i najlepiej można je przedstawić jako zlinearyzowane wyrażenie stosunku. Istnieją dwie opcje, które w idealnym świecie powinny dać podobny rezultat.

Pierwszą opcją jest obliczenie rezydualnego spożycia paszy (RFI) dla wszystkich zwierząt, które mają zapisy dotyczące pobierania paszy. RFI to zmierzone pobieranie paszy minus oczekiwane pobieranie paszy na potrzeby produkcji mleka, wzrostu (w tym mobilizacji tkanki ciała) i utrzymania (a także innych czynników pochłaniających energię, jeśli dostępne są dane) w oparciu o równania zapotrzebowania na paszę. RFI jest popularny u rosnącego bydła (Berry i Crowley, 2013) i jest prawdopodobnie najbliższym przybliżeniem wydajności paszy netto na poziomie populacji do oceny genetycznej / genomowej. Jednak RFI jest niezależna od produkcji mleka i kosztów utrzymania. Dlatego te koszty pasz dla wydajności, wzrostu i utrzymania powinny być idealnie uwzględnione w celu hodowlanym jako cechy same w sobie z ich odpowiednimi wartościami ekonomicznymi. Ta złożoność może skutkować ujemną wartością ekonomiczną wielkości ciała, co może wpłynąć na akceptację producenta. Niemniej jednak ujemna wartość ekonomiczna wielkości ciała jest już przyjęta i zaakceptowana przez producentów w Nowej Zelandii, Irlandii i Stanach Zjednoczonych (\$NM - poprzez obniżenie wzrostu).

Drugą opcją zlinearyzowanego włączenia wydajności paszy do celu hodowlanego nie jest przewidywanie wartości hodowlanej dla RFI, ale przewidywanie wartości hodowlanej dla samego DMI; w każdym przypadku należy to zrobić, jeśli RFI ma zostać zdefiniowane na poziomie genetycznym. Cel hodowlany można następnie zdefiniować jako wpływy z mleka, pomniejszony o koszt DMI. Ponieważ DMI automatycznie uwzględnia paszę zużywaną na wzrost, utrzymanie i produkcję, nie ma potrzeby osobnego rozliczania kosztów zwierząt o różnej wielkości lub różnic np. w stosunku tłuszczu do białka w mleku. Kolejne włączenie

wielkości ciała do celu hodowlanego można pozostawić pożądanemu wynikowi indeksu.

Może to być długa dyskusja pomiędzy tymi dwoma podejściami, które mają swoje zalety i wady i zastosowano wiele różnych definicji (Tabela 5). Oba podejścia są jednak liniową kombinacją tych samych cech i dlatego oczekuje się, że przyniosą ten sam rezultat (Kennedy, 1993). Selekcjonując zwierzęta na podstawie RFI, pewne jest, że zwierzęta z ujemnym RFI jedzą mniej niż oczekiwano na podstawie ich wyników (zakładając, że definicja RFI jest prawidłowa). Efektywne karmienie zwierząt jest trudniejsze do zidentyfikowania, jeśli stosuje się sam DMI. Również obliczanie RFI jest bardziej elastyczne (np. związek między DMI a produkcją lub utrzymaniem może być nieliniowy), ale musi być odpowiednio modelowany (tj. należy wziąć pod uwagę wkład mobilizacji tkanek w kinetykę energii). Jednak RFI może być trudniejsze do zrozumienia, ponieważ obecnie nie jest jasne, czym dokładnie jest RFI i czy jest to po prostu kumulacja wariancji związana z niedokładnym modelem statystycznym. RFI może zależeć od stadium laktacji, a zatem w ramach laktacji korelacje i wkład komponentów do RFI mogą się zmieniać. Dlatego jeśli użyjesz jednego zestawu parametrów, RFI może nie zostać poprawnie obliczony. Również wartości hodowlane RFI będą oparte na małej populacji referencyjnej, podczas gdy obok DMI, wielkość ciała i wydajność mogą być wykorzystywane jako cechy predykcyjne, a także inne potencjalne predyktory, takie jak mleko Mid Infra-Red (MIR) (McParland i in., 2011). RFI jest jednak zasadniczo podindeksem i już istnieje pierwszeństwo rozkładania indeksów całkowitej wartości na podindeksy. Zastosowanie DMI sprawia, że indeks jest bardziej podatny na indywidualne dostosowanie indeksu stada poprzez zmianę wartości ekonomicznej kosztów pasz dla tego gospodarstwa. Wulfhorst i in. (2010) stwierdził, że RFI jest trudną koncepcją, dlatego włączenie pobierania paszy bezpośrednio do celów hodowlanych może zapobiec nieporozumieniom wśród użytkowników końcowych.

Jednym z kompromisów, który jest obecnie wybierany w większości krajów, jest definicja zapisanego żywienia (Australia i Holandia). Pozwala na dodatkowe oczekiwane pobieranie paszy ze względu na wzrost wydajności mleka, ale nie na dodatkowe pobieranie paszy w celu utrzymania lub na rezydualne pobieranie paszy.

Tabela 5. Definicje wydajności paszy u zwierząt rosnących i w trakcie laktacji/ dojrziałych; analogiczne definicje wydajności paszy u zwierząt rosnących i dojrziałych znajdują się w tym samym rzędzie.

Zwierzęta rosnące	Zwierzęta w trakcie laktacji / dojrziałe
$FCE = \frac{ADG}{FI}$	$FCE = \frac{ECM}{FI}; FCE_{adj} = \frac{ECM + b_{1a}\Delta WT^+}{FI - b_{1b}\Delta WT^-}$
$PEG = \frac{ADG}{FI - FI_{Maintenance}}$	$PEMP = \frac{ECM}{FI - b_1 WT^{0.75}}$
$RGR = \frac{100 \cdot (\log_e WT_{END} - \log_e WT_{START})}{Days\ on\ test}$	
$KR = \frac{ADG}{WT^{0.75}}$	$KR = \frac{ECM}{WT^{0.75}}; KR = \frac{ECM + b_{1a}\Delta WT^+}{WT^{0.75}}$
	$FtW = \frac{FI}{WT^{0.75}}$
$RFI = FI - (b_1 WT^{0.75} + b_2 ADG + b_3(\Delta)FAT + b_4 WT^{0.75} \cdot FAT + b_5 ADG \cdot \Delta FAT)$	$RFI = FI - (Parity \cdot \sum_{i=1}^n DIM^n + b_1 WT^{0.75} + b_2 ECM + b_3(\Delta)BCS + b_4 \Delta WT + b_5 WT^{0.75} \cdot BCS + b_6 \Delta WT \cdot \Delta BCS)$
$RG = ADG - (b_1 WT^{0.75} + b_2 FI + b_3(\Delta)FAT + b_4 WT^{0.75} \cdot FAT)$	$RSP = ECM - (Parity \cdot \sum_{i=1}^n DIM^n + b_1 WT^{0.75} + b_2 FI + b_3(\Delta)BCS + b_4 \Delta WT + b_5 WT^{0.75} \cdot BCS + b_6 \Delta WT \cdot \Delta BCS)$
$RIG = RG - RFI$	$RISP = RSP - RFI$

FCE = efektywność konwersji paszy, ADG = średni dzienny przyrost, ECM = mleko skorygowane o wartość energetyczną; FI = pobranie paszy, [AWT] * + = przyrost żywej wagi; [AWT] A— utrata żywej wagi; PEG = częściowa efektywność przyrostu, PEMP = częściowa wydajność produkcji mleka; WT = żywa waga; RGR = względne tempo wzrostu; KR = współczynnik Kleibera; RFI = reszkowe pobranie paszy; FAT = głębokość tłuszczu; BCS = ocena kondycji ciała; Ft \ V = stosunek paszy do masy; RG = zysk rezydualny; RIG = reszkowe spożycie i przyrost; ECM = mleko o skorygowanej wartości energetycznej; PEMP = częściowa wydajność produkcji mleka; DIM = dni w mleku; RSP = produkcja pozostałości stałych. RISP = reszkowe pobranie i produkcja substancji stałych.

19. Podziękowania

Niniejszy dokument jest wynikiem pracy grupy roboczej ICAR ds. Pasz i Gazu oraz jej grupy łączącej przemysł i badania. Członkowie grupy roboczej ds. Pasz i Gazu ICAR w momencie publikacji w kolejności alfabetycznej to:

- Christine Baes, Department of Animal Biosciences, University of Guelph, Canada and Institute of Genetics, Vetsuisse Faculty, University of Bern, Switzerland
- Yvette de Haas, Animal Breeding and Genomics, Wageningen Livestock Research
- Raffaella Finocchiaro, ANAFI, Italy
- Phil Garnsworthy, School of Biosciences, University of Nottingham, United Kingdom
- Birgit Gredler-Grandl, Animal Breeding and Genomics, Wageningen Livestock Research
- Nina Krattenmacher, Institute of Animal Breeding and Husbandry, Christian- Albrechts-University, Germany
- Jan Lassen, Viking Genetics, Denmark
- Jennie Pryce, Centre for AgriBioscience, AgriBio, Agriculture Victoria Research and School of Applied Systems Biology, La Trobe University, Australia
- Roel Veerkamp, Animal Breeding and Genomics, Wageningen Livestock Research (chairperson)

Bardzo doceniana jest praca Marinus te Pas i Lillie Zegeling (obie z Animal Breeding and Genomics, Wageningen Livestock Research) w opracowywaniu wersji roboczych .

20. Literatura

- 1) Banos, G., Coffey, M.P., Veerkamp, R.F., Berry, D.P., and Wall, E. 2012. Merging and characterising phenotypic data on conventional and rare traits from dairy cattle experimental resources in three countries. *Animal* 6:1040-1048.
- 2) Berry, D.P., Coffey, M.P., Pryce, J.E., De Haas, Y., Lovendahl, P., Krattenmacher N., Crowley, J.J., Wang, Z., Spurlock, D., Weigel K., Macdonald, K., and Veerkamp, R.F. 2014. International genetic evaluations for feed intake in dairy cattle through the collation of data from multiple sources. *J. Dairy Sci.* 97:3894-3905.
- 3) Berry, D. P. and Crowley, J. J. 2013. Cell Biology Symposium: Genetics of feed efficiency in dairy and beef cattle. *J. Anim. Sci.* 91:1594-1613.
- 4) Berry, D.P., Horan, B., O'donovan, M., Buckley, F., Kennedy, E., Mcevoy, M., and Dillon, P. 2007. Genetics of grass dry matter intake, energy balance and digestibility in grazing irish dairy cows. *J. Dairy Sci.* 90:4835-4845.

- 5) BioControl. n.d. Controlling and Recording Feed Intake | BioControl.no. Retrieved January 15, 2020, from <http://www.biocontrol.no/products/controlling-and-recording-feed-intake/>
- 6) Bloch, V., Levit, H., Richter, I., Meir, Y. B., Miron, J., Parmet, Y., Halachmi, I. 2017. Monitoring or modelling the individual feed efficiency-quantifying the efficient and inefficient dairy cows in commercial farms. In: Proceedings of the 8th Nordic Feed Science Conference, Uppsala, Sweden, 13-14 June 2017 (pp. 7-12). Swedish University of Agricultural Sciences, Department of Animal Nutrition and Management.
- 7) Bouwman, A.C., Hickey, J.M., Calus, M.P.L., and Veerkamp, R.F. 2014. Imputation of non-genotyped individuals based on genotyped relatives: Assessing the imputation accuracy of a real case scenario in dairy cattle. *Genet Sel Evol.* 46:6. doi: 10.1186/1297- 9686-46-6.
- 8) Burczynski, S.E., Liesman, J.S., Tempelman, R.J., Ploetz, J.C., Allen, M.S., Lock, A.L., and VandeHaar, M.J. 2013. Residual feed intake is repeatable when high and low starch diets are fed to lactating Holstein dairy cows. *J. Dairy Sci.* 96(E-Suppl.):397.
- 9) Buttchereit, N., Stamer, E., Junge, W., and Thaller, G.. 2011. Short communication: Genetic relationships among daily energy balance, feed intake, body condition score, and fat to protein ratio of milk in dairy cows. *J. Dairy Sci.* 94:1586-1591.
- 10) Calus, M.P.L., De Haas, Y., and Veerkamp, R.F.. 2013. Combining cow and bull reference populations to increase accuracy of genomic prediction and genome-wide association studies. *J. Dairy Sci.* 96:6703-6715.
- 11) Chapinal, N., Veira, D. M., Weary, D. M., and von Keyserlingk, M.A.G. 2007. Technical Note: Validation of a System for Monitoring Individual Feeding and Drinking Behavior and Intake in Group-Housed Cattle. *J. Dairy Science*, 90:5732-5736.
- 12) Coffey, M.P., Emmans, G.C., and Brotherstone, S. 2001. Genetic evaluation of dairy bulls for energy balance traits using random regression. *Anim. Sci.* 73:29-40.
- 13) Connor, E.E., Hutchison, J.L., Norman, H.D., Olson, K.M., Van Tassell, C.P., Leith, J.M., and Baldwin, R.L. 2013. Use of residual feed intake in holsteins during early lactation shows potential to improve feed efficiency through genetic selection. *J. Anim. Sci.* 91:3978-3988.
- 14) Corkum, M.J., Bate, L.A., Tennessen, T., and Lirette, A. 1994. Consequences of reduction of number of individual feeders on feeding behaviour and stress level of feedlot steers. *Appl. Anim. Behav. Sci.* 41:27-35.
- 15) Dairy Campus. n.d. Retrieved 14 November 2019, from http://tour.periview.nl/352_dairy_campus/tour/?tour_language=en
- 16) Daetwyler, H.D., Villanueva, B., and Woolliams, J.A. 2008. Accuracy of predicting the genetic risk of disease using a genome-wide approach. *PLoS One.* 2008 3(10).
- 17) De Haas, Y., Calus, M.P.L., Veerkamp, R.F., Wall, E., Coffey, M.P., Daetwyler, H.D., Hayes, B.J., and Pryce, J.E. 2012. Improved accuracy of genomic prediction for dry matter intake of dairy cattle from combined european and australian data sets. *J. Dairy Sci.* 95:6103-6112.
- 18) De Haas, Y., Pryce, J.E., Calus, M.P.L., Wall, E., Berry, D.P., Lovendahl, P., Krattenmacher, N., Miglior, F., Weigel, K., Spurlock, D., Macdonald, K.A., Hulsege, B., and Veerkamp, R.F. 2015. Genomic prediction of dry matter intake in dairy cattle from an international data set consisting of research herds in europe, north america and australasia. *J. Dairy Sci.* 98:6522-6533 .
- 19) Dillon, P., Crosse, S., and Flynn, F. 1993. Recent developments in milk production systems. *Farm and Food* 3:17-20.
- 20) Dove, H., and Mayes, R. 1991. The use of plant wax alkanes as marker substances in studies of the nutrition of herbivores: a review. *Austr. J. Agric. Res.*, 42(6), 913.

- 21) Ferris, C. P., Keady, T.W.J., Gordon, F. J., and Kilpatrick, D. J. 2006. Comparison of a Calan gate and a conventional feed barrier system for dairy cows: feed intake and cow behaviour. *Irish J. Agric. Food Res.* 45:149-156.
- 22) Hokofarm Group. (n.d.). Hokofarm website. Retrieved 15 November 2019, from <https://www.hokofarmgroup.com/ric/feed-weigh/>
- 23) Kennedy, B.W., van der Werf, J.H.J., Meuwissen, T.H.E. and Van der Werf, J.H.J. 1993. Genetic and statistical properties of residual feed intake. *J. Anim. Sci.* 71: 3239-3250.
- 24) Khansefid, M., Pryce, J.E., Bolormaa, S., Miller, S.P., Wang, Z., Li, C., and Goddard, M.E. 2014. Estimation of genomic breeding values for residual feed intake in a multibreed cattle population. *J. Anim. Sci.* 92:3270-3283.
- 25) Krawczel, P.D., Klaiber, L M., Thibeau, S.S., & Dann, H.M. 2012. Technical note: Data loggers are a valid method for assessing the feeding behavior of dairy cows using the Calan Broadbent Feeding System. *J. Dairy Sci.* 95:4452-4456.
- 26) Koenen, E.P.C. and Veerkamp, R.F.. 1998. Genetic covariance functions for live weight, condition score, and dry-matter intake measured at different lactation stages of holstein friesian heifers. *Livest. Prod. Sci.* 57:67-77.
- 27) Li, B., Lovendahl, P., Fikse, W., Lassen, J., Patel, M., and Berglund, B. 2014. Genetic parameters for dry matter intake at different lactation stages among primiparous holstein, jersey and red cows. in *Proc. 10th World Congress on Genetics Applied to Livestock Production (WCGALP)*.
- 28) Macdonald, K.A., Pryce, J.E., Spelman, R.J., Davis, S.R., Wales, W.J., Waghorn, G.C., Williams, Y.J., Marett, L.C., and Hayes, B.J.. Holstein-friesian calves selected for divergence in residual feed intake during growth exhibited significant but reduced residual feed intake divergence in their first lactation. *J. Dairy Sci.* 97:1427-1435.
- 29) Manzanilla Pech, C., Veerkamp, R., Calu, s M., Pryce, J., and De Haas, Y. 2014a. Genetic parameters and accuracy of recording dry matter intake in first parity holstein-friesian cows. in *Proc. Proceedings, 10th World Congress of Genetics Applied to Livestock Production*.
- 30) Manzanilla Pech, C.I.V., Veerkamp, R.F., Calus, M.P.L., Zom, R., Van Knegsel, A., Pryce, J.E., and De Haas, Y. 2014b. Genetic parameters across lactation for feed intake, fat-and protein-corrected milk, and liveweight in first-parity holstein cattle. *J. Dairy Sci.* 97:5851-5862.
- 31) Mayes, R.W., Lamb, C.S., and Colgrove, P.M. 1986. The use of dosed and herbage n-alkanes as markers for the determination of herbage intake. *J. Agric. Sci.* 107:161-170.
- 32) Mendes, E D.M., Carstens, G.E., Tedeschi, L.O., Pinchak, W.E., and Friend, T.H. 2011. Validation of a system for monitoring feeding behavior in beef cattle1. *J. Anim. Sci.* 89:2904-2910.
- 33) Mertens, D.R., Bolton, K., and Jorgensen, M. 2004. Measure dry matter routinely using a food dehydrator. *UD Dairy Forage Research Summary*, Madison, WI. 49-52
- 34) Nennich, T., Chase, L. (2007, May 14). Dry Matter Determination - DAIReXNET. Retrieved 19 November 2019, from <https://dairy-cattle.extension.org/dry-matter-determination/>
- 35) Nieuwhof, G.J., Van. Arendonk J.A.M., Vos, H., and Korver, S., 1992. Genetic relationships between feed intake, efficiency and production traits in growing bulls, growing heifers and lactating heifers. *Livest. Prod. Sci.* 32:189-202.
- 36) Oetzel, G.R., Villalba, F.P., Goodger, W.J., and Nordlund, K.V. 1993. A Comparison of On-Farm Methods for Estimating the Dry Matter Content of Feed Ingredients. *J. Dairy Sci.* 76:293-299.
- 37) Pimentel, E., Wensch-Dorendorf, M., Konig, S., and Swalve, H. 2013. Enlarging a training set for genomic selection by imputation of un-genotyped animals in

- populations of varying genetic architecture. *Genet. Select. Evol.* 45:12.
- 38) Precision Solutions inc. (2018, June 28). Guide to Scale Calibration | How Often Should Calibrate Your Scales? Retrieved 16 December 2019, from <https://www.precisionsolutionsinc.com/scale-calibration-guide/>
 - 39) Pryce, J.E., Arias, J., Bowman, P.J., Davis, S.R., Macdonald, K.A., Waghorn, G.C., Wales, W.J., Williams, Y.J., Spelman, R.J., and Hayes, B.J. 2012. Accuracy of genomic predictions of residual feed intake and 250-day body weight in growing heifers using 625,000 single nucleotide polymorphism markers. *J. Dairy Sci.* 95:2108-2119.
 - 40) Pryce, J.E., Johnston, J., Hayes, B.J., Sahana, G., Weigel, K.A., Mcparland, S., Spurlock, D., Krattenmacher, N., Spelman, R.J., Wall E., and Calus, M.P.L. 2014. Imputation of genotypes from low density (50,000 markers) to high density (700,000 markers) of cows from research herds in europe, north america, and australasia using 2 reference populations. *J. Dairy Sci.* 97:1799-1811.
 - 41) Pryce, J.E., Nielsen, B.L., Veerkamp, R.F., and Simm, G. 1999. Genotype and feeding system effects and interactions for health and fertility traits in dairy cattle. *Livest. Prod. Sci.* 57:193-201.
 - 42) Spurlock, D.M., Dekkers J.C.M., Fernando, R., Koltes, D.A., and Wolc, A. 2012. Genetic parameters for energy balance,, feed efficiency, and related traits in holstein cattle. *J. Dairy Sci.* 95:5393-5402.
 - 43) Tempelman, R.J., Spurlock, D.M., Coffe,y M., Veerkamp, R.F., Armentano, L.E., Weigel, K.A., De Haas, Y., Staples, C.R., Connor, E.E., Lu, Y., and Vandehaar, M.J. 2015. Heterogeneity in genetic and nongenetic variation and energy sink relationships for residual feed intake across research stations and countries. *J. Dairy Sci.* 98:2013-2026.
 - 44) Vandehaar, M. J. 2012. Considerations in using residual feed intake to define feed efficiency in dairy cattle. in *Proc. Considerations in using residual feed intake to define feed efficiency in dairy cattle.* Department of Animal Science Cornell University, Easy Syracuse, New York
 - 45) Veerkamp, R.F. and Emmans, G.C. 1995. Sources Of Genetic-Variation In Energetic Efficiency Of Dairy-Cows. *Livest. Prod. Sci.* 44, 87-97.
 - 46) Veerkamp, R.F. 1996. Liveweight and feed intake in dairy cattle breeding. *INTERBULL BULLETIN.* 1996(12).
 - 47) Veerkamp, R. F., Oldenbroek, J.K., Van Der Gaast, H.J., and VanDer Werf, J.H.J. 2000. Genetic Correlation Between Days Until Start of Luteal Activity and Milk Yield, Energy Balance, and Live Weights. *J. Dairy Sci.* 83: 577-583.
 - 48) Veerkamp, R.F., Pryce, J.E., Spurlock, D., Berry, D., Coffey, M., Lovendahl, P., van der Linde, R., Bryant, J., Miglior, F., Wang, Z., Winters, M., Krattenmacher, N., Charfeddine, N., Pedersen, J., de Haas, Y. 2013. Selection on feed intake or feed efficiency: A position paper from gDMI breeding goal discussions. *INTERBULL BULLETIN NO. 47.* Nantes, France, August 23 - 25, 2013.
 - 49) Veerkamp, R.F., Calus, M.P.L., De Jong, G., Van Der Linde, R., and De Haas, Y.. 2014. Breeding value for dry matter intake for dutch bulls based on dgv for dmi and bv for predictors. in *Proc. Proceedings of the 10th World congress of genetics applied to livestock production*, Vacouver, Canada.
 - 50) Veerkamp, R.F. and Thompson, R. 1999. A covariance function for feed intake, live weight, and milk yield estimated using a random regression model. *J. Dairy Sci.* 82:1565-1573.
 - 51) Waghorn, G., Macdonald, K., Williams, Y., Davis, S., and Spelman, R. 2012. Measuring residual feed intake in dairy heifers fed an alfalfa (medicago sativa) cube diet. *J. Dairy Sci.* 95:1462-1471.
 - 52) Williams, Y., Pryce, J., Grainger, C., Wales, W., Linden, N., Porker, M., and Hayes, B. 2011. Variation in residual feed intake in holstein-friesian dairy heifers in southern

- australia. J. Dairy Sci. 94:4715-4725.
- 53) Wright, M. M., Lewis, E., Garry, B., Galvin, N., Dunshea, F.R., Hannah, M.C., Auldist, M.J., Wales W.J., Dillon, P., and Kennedy, E. 2019. Evaluation of the n-alkane technique for estimating herbage dry matter intake of dairy cows offered herbage harvested at two different stages of growth in summer and autumn. Anim. Feed Sci. Technol. 247:199-209.
- 54) Wulforth, J. D., Ahola, J.K., Kane, S.L., Keenan, L.D., and Hill, R.A. 2010. Factors affecting beef cattle producer perspectives on feed efficiency. J. Anim. Sci. 88:3749-3758.

21. Załącznik A: Standardowa procedura operacyjna Nottingham

Oznaczanie suchej masy próbek paszy i kału.

21.1 Wymagany sprzęt:

1. Suszarka nastawiona na 80°C
2. Tace foliowe (upewnij się, że mają odpowiedni rozmiar dla posiadanej próbki)
3. Waga (przetestowana PAT)
4. Fartuch i rękawiczki
5. Żaroodporne rękawice ochronne

21.2 Metoda:

1. Wyzerować wagę.
2. Zważyć pustą tacę foliową i zanotować wagę.
3. Dodaj próbkę do tacy foliowej. NIE zeruj wagi przed dodaniem próbki.
4. Zapisz masę próbki + folii.
5. W przypadku próbek kału stosuje się jedną tacę na każdą próbkę, a próbki pasz zwykle suszy się w trzech powtórzeniach. Zależy to od ilości posiadanej próbki.
6. Suszyć w temperaturze 80 ° C przez 5-7 dni, aż próbki całkowicie wyschną.
7. Aby sprawdzić suchość próbek, folię i próbkę należy zważyć dwukrotnie w ciągu dwóch kolejnych dni. Jeśli waga ponownie spadnie (> o. 3 g), należy ją zważyć po raz trzeci.
8. Aby obliczyć suchą masę, oblicz masy próbki przed i po suszeniu, odejmując ciężar tacy foliowej od masy próbki + folii.
9. Wtedy sucha masa = masa próbki po wysuszeniu / masa próbki przed suszeniem.
10. Pomnóż tę wartość przez 100, aby uzyskać % DM, i przez 1000, aby uzyskać DM g / kg.
11. Średnią wartość DM można obliczyć dla próbek wykonanych w dwóch lub trzech powtórzeniach. Jeśli powtórzone wartości różnią się o > 5%, powtórz oznaczenie.

21.3 Szkolenie:

Użytkownicy powinni być nadzorowani przez przeszkoloną osobę podczas pierwszego przeprowadzania procedury.

22. Załącznik B. Alkanowa technika pobierania paszy, Piacenza, Włochy

Oszacowanie indywidualnego pobierania paszy przeprowadza się z wykorzystaniem wszystkich krów w grupie (maksymalnie 50 krów). Krowy karmione są mieszanką pełnoporcjową (TMR), ad libitum, z około 3-5% niewyjadami.

Spożycie paszy szacuje się za pomocą zaadaptowanej techniki alkanowej. Stała ilość C32 Dotriacontane zdyspergowanego w 50 g mączki kukurydzianej jest zawarta w bolusie i za pomocą pistoletu dozowana krowom mlecznym podczas karmienia. Pierwszego dnia dozowana jest podwójna dawka markera. Po 7 dniach podawania markera kał zbiera się rano w czasie karmienia przez 5 kolejnych dni (od 8 do 12 dnia), kontynuując dawkowanie markera. Kał homogenizuje się, a próbkę 200 g suszy się w suszarce.

Reprezentatywne próbki TMR są pobierane od dnia przed okresem pobierania do dnia przed zakończeniem pobierania kału. Niewyjady paszy są pobierane codziennie w połączeniu z gromadzeniem kału.

Ilości TMR oferowane i niewyjedzonego są ważone każdego dnia w okresie pobierania próbek (dzień 7–11 w przypadku TMR, dzień 8–12 w przypadku niewyjadów).

Pod koniec okresu zbierania kału wysuszone próbki kału są łączone dla poszczególnych zwierząt, mielone i analizowane pod kątem obecności alkanów za pomocą GC. Próbki TMR są podobnie przetwarzane. Niewyjady suszy się w piecu, aby zmierzyć zawartość suchej masy. Indywidualne spożycie jest wstępnie przewidywane dla każdej krowy, przy założeniu takich samych wartości odzysku dla alkanów C31, C32 i C33, zgodnie z równaniem (Dove and Mayes 1996):

$$y = (F_i/F_j * D_j) / [H_i - (F_i/F_j) * H_j]$$

gdzie: y jest przewidywanym poborem suchej masy (kg DM / d); F_i i H_i są odpowiednimi stężeniami (mg / kg DM) naturalnego n-alkanu o nieparzystym łańcuchu w diecie i kale; F_j i H_j odpowiednie stężenia (mg / kg DM) parzystego łańcucha n-alkanu w diecie i kale; D_j to szybkość dawkowania parzystego łańcucha n-alkanu (mg / d).

Spożycie paszy oblicza się poprzez skorygowanie wstępnych danych na podstawie stosunku między średnim przewidywanym poborem całej grupy krów a poborem suchej masy

obliczonym jako różnica między paszą oferowaną a niewyjedzoną.