

# SCHWEIZERISCHE VEREINIGUNG FÜR TIERPRODUKTION (SVT)

Swiss Association for Animal Production    Association Suisse pour la Production Animale

## Frühjahrstagung 2008

*Aktuelle Forschung in der Schweiz im Bereich Tierproduktion  
Zusammenfassung der Vorträge*

**Donnerstag, 27. März 2008**

**Schweizerische Hochschule für Landwirtschaft, Zollikofen**

• • • •  
• Haute école spécialisée bernoise  
Berner Fachhochschule  
• **Haute école suisse d'agronomie HESA**  
**Schweizerische Hochschule**  
**für Landwirtschaft SHL**

## Inhalt

Influence de l'alimentation durant la période de tarissement sur la composition du lait en début de lactation <i>Isabelle Morel</i> .....	5
Schafmilch ist ein hochwertiges Nahrungsmittel <i>Jürg Maurer, Walter Schaeren</i> .....	5
Milchfettzusammensetzung bei der Verfütterung von Kunst- und Naturwiesenfutter <i>Ueli Wyss und Marius Collomb</i> .....	6
Das Agroscope Forschungsprogramm NutriScope <i>Ueli Bütikofer</i> .....	6
Genetische Feinkartierung der Mutation der vererbten Mikrophthalmie beim Texelschaf <i>A. Brunner, T. Leeb, C. Drögemüller</i> .....	7
Tanniferous forage plants with anthelmintic properties: The example of sainfoin (Onobrychis viciifolia) <i>Heckendorn F., Maurer V., Häring D., Langhans W., Hertzberg H.</i> .....	7
Einfluss der Verfütterung von tanninhaltiger, konservierter Esparsette auf die Pansenfermentation und die Stickstoffbilanz von Lämmern <i>F. Dohme, A. Scharenberg, A. Gutzwiller, Y. Arrigo, U. Wyss, H.D. Hess, M. Kreuzer</i> .....	8
Verbreitung von Euterinfektionen bei Ziegen und Schafen <i>Walter Schaeren, Jürg Maurer</i> .....	8
Stand der Zuchtwertschätzung bei Pferden in der Schweiz: Merkmale der linearen Beschreibung, Stockmass und Exterieurnoten <i>Ch. Hagger, F. Schmitz-Hsu, M. Schneeberger, PA. Poncet, S. Rieder</i> .....	9
Stand der Zuchtwertschätzung bei Pferden in der Schweiz: Leistungsmerkmale <i>Ch. Hagger, F. Schmitz-Hsu, M. Schneeberger, PA. Poncet, S. Rieder</i> .....	9
Ein verbessertes Modell zur Zuchtwertschätzung Nutzungsdauer <i>Christian Stricker und Urs Schnyder</i> .....	10
Das Genomic Selection Projekt der ASR <i>Christian Stricker und Jürg Moll</i> .....	10
Ergebnisse aus dem Einsatz von Mischsperma beim Rind <i>Schmitz-Hsu Fritz, Bigler Andreas</i> .....	11
Untersuchungen zur Wirkung der Andenpflanze Maca bei Zuchtstieren <i>Céline Clément, Nicole Locher, Cornelia Iten, Ulrich Witschi, Michael Kreuzer</i> .....	11
Molekulare Untersuchungsmethoden zur Optimierung der bakteriologischen Samenqualität <i>Ines Smole, Andreas Thomann, Vincent Perreten, Joachim Frey</i> .....	12
Einfluss eines permanenten Hengstkontakts auf die Rosseaktivität und Fruchtbarkeit bei Stuten: Erste Resultate nach zwei Decksaisons <i>D. Burger, S. Trauffler, F. Janett, I. Bachmann, V. Gerber, R. Thun</i> .....	12
Effect of litter size and birth weight on growth performance, carcass characteristics, meat quality, and post mortem proteolysis in barrows <i>J. Bérard, M. Kreuzer, G. Bee</i> .....	13
Beurteilung der Qualität von Rinderschlachtkörpern mit Videobildanalyse <i>Markus Schneeberger und Peter Christen</i> .....	13
Qualité de la viande bovine produite en montagne <i>Dufey P.-A., Silacci P., Messadene J., Collomb M.</i> .....	14
Mucin4 Gen als Marker für den Escherichia coli F4ac Rezeptor beim Schwein <i>David Joller, Hans Ulrich Bertschinger, Esther Bürgi, Peter Vögeli</i> .....	14
Zum Vorkommen von Porzinem Circovirus 2 bei Ebern einer Schweizer Besamungsstation	

<i>Kai Caspari, Dolf Kümmerlen, Ruedi Gugelmann</i> .....	15
Die Erbkrankheit Arthrogyposis multiplex congenita beim Schwein	
<i>M. Haubitz, B. Bucher, H. R. Wettstein, P. Vögeli</i> .....	15
Molekulargenetische Untersuchungen zur Fellfarbe beim Pferd	
<i>B. Haase, G. Obexer-Ruff, M. Engensteiner, C. Drögemüller, D. Burger, P.-A. Poncet, S. Rieder, T. Leeb</i> .....	16
Genetische Analyse weisser Abzeichen an Kopf und Extremitäten beim Freiburger	
<i>S. Rieder, Ch. Hagger, G. Obexer-Ruff, B. Haase, T. Leeb, P.-A. Poncet</i> .....	16
Gentestentwicklung für die Farbvariante Blüem/Ryf beim Schweizer Braunvieh	
<i>C. Drögemüller, S. Moser, A. Brunner, T. Leeb, S. Rieder</i> .....	17
Relationship between metabolic status and the first follicular wave postpartum in high yielding dairy cows	
<i>N. Castro; C. Kawashima; H.A. v. Dorland; S. Richter; I. Morel; A. Miyamoto; R.M. Bruckmaier</i> .....	17
Einfluss einer kaliumarmen Ration auf die Säure-Basen-Homöostase der Milchkuh während des peripartalen Zeitraums	
<i>Anja Philipp, Hans Dieter Hess, Annette Liesegang, Michel Rérat</i> .....	18
Unterschiede in der Regulation des Stoffwechsels von Milchkühen während der Trockenzeit und in der frühen Laktation	
<i>H.A. van Dorland, S. Richter, I. Morel, R. M. Bruckmaier</i> .....	18
Eutergesundheit und Einsatz von Antibiotika in Schweizerischen Biobetrieben vor und nach Einführung einer Bestandesbetreuung	
<i>P. Klocke, S. Ivemeyer, A. Maeschli, M. Walkenhorst, F. Heil, S. Oser, C. Notz</i> .....	19
Störung der Milchabgabe: Evaluation der Lage in der Schweiz	
<i>C.J. Belo, S. Schlegel, J. Moll, R.M. Bruckmaier</i> .....	19
Genetische Variation bei der Bindung von Staphylococcus aureus an die Euterschleimhaut des Rindes	
<i>Hannes Jörg, Bruno Dietrich, Urs Schuler, Fredi Janett</i> .....	20
Genetischer Wert – Ein neues Selektionskriterium für die Kernzucht beim Schwein	
<i>Luther H., Hofer A.</i> .....	20
Genetische Parameter und kombinierte Zuchtwertschätzung für Prüfstations-, Feldprüfungs- und Schlachthofmerkmale im CH-Zuchtprogramm	
<i>Daniel Kaufmann</i> .....	21
Ist Zucht gegen Ebergeruch möglich? Erste Ergebnisse aus der MLP-Sempach	
<i>Luther H., Hofer A., Bee G., Ampuero S.</i> .....	21
Von Fusarien gebildete Mykotoxine und Fruchtbarkeit von Schweinen	
<i>Andreas Gutzwiller</i> .....	22
Wie wirkt sich das Flächenangebot auf das Verhalten, die Verschmutzung und die Tageszunahmen von Mastmunis aus?	
<i>Beat Wechsler, Regula Siegwart, Lorenz Gyga</i> .....	22
Sind Trennwände am Freßplatz geeignet, um soziale Auseinandersetzungen zwischen nebeneinander fressenden Ziegen zu minimieren?	
<i>Janine Aschwanden, Lorenz Gyga, Beat Wechsler, Nina M. Keil</i> .....	23
Einfluss der Bodenart im Liegeboxenlaufstall und des Weidegangs auf das Verhalten und die Klauengesundheit von Milchkühen	
<i>Helge Christiane Haufe, Katharina Friedli, Beat Wechsler</i> .....	23
Variation der Ergänzungsfütterung zu Vollweide bei Milchkühen	
<i>Münger A.</i> .....	24
Vergleich von zwei Milchproduktionssystemen	
<i>H.J. Frey, W. Gut, P. Thomet, P. Kunz, P. Hofstetter</i> .....	24

Quelle génétique pour la pâture intégrale? Comparaison de vaches suisses et néozélandaises sur 13 exploitations laitières <i>V. Piccand, P. Kunz, P. Thomet</i> .....	25
Genotyp x Umwelt Interaktionen zwischen den Umwelten Konventionell und Biologisch und den Umwelten Tal und Berg <i>Beat Bapst, Christian Stricker und Jürg Moll</i> .....	26
Conjoint-Analyse – Eine neue Methode zur Ableitung der wirtschaftlichen Gewichte für Einzelmerkmale und Merkmalskomplexe beim Milchvieh? <i>Beat Bapst und Silvia Wegmann</i> .....	26
Einfluss unterschiedlicher Fütterungsstrategien in der Zuchtsauenfütterung während der Trächtigkeit auf die Körperkondition der Sau <i>Peter Stoll</i> .....	27
Gruppenhaltung ferkelführender Sauen als Produktionssystem im ökologischen Landbau <i>Barbara Früh, Christel Simantke, Erhard Aubel, Johannes Baumgartner, Werner Hagmüller</i> .....	27
Indirekter Gentest zur Arachnomelie/Spinnengliedrigkeit beim Braunvieh <i>C. Drögemüller, M. Rossi, A. Gentile, S. Testoni, H. Jörg, G. Stranzinger, M.-L. Glowatzki-Mullis, T. Leeb</i> .....	28
Möglichkeiten der Pneumonieprophylaxe bei Mastkälbern zu Mastbeginn <i>Michel Rérat, Pamela Stähli, Jörg Spranger</i> .....	28
Assessment of the risk status for livestock breeds in developing countries: does the molecular estimation of effective population size open new perspectives? <i>C. Flury, M. Tapio, H. Simianer, O. Hanotte and S. Rieder</i> .....	29
Ein Vergleich zwischen SNP Typisierungen für eine Genom-weite Selektion <i>Urs Schuler, Hannes Jörg, Bruno Dietrich, Andrea Patrignani</i> .....	29

## 1. Milchqualität

### **Influence de l'alimentation durant la période de tarissement sur la composition du lait en début de lactation**

*Isabelle Morel*

*Agroscope Liebefeld-Posieux (ALP), 1725 Posieux*

Les possibilités d'influencer la composition de la matière grasse du lait pendant la lactation ont déjà fait l'objet de nombreuses études. En début de lactation, une partie des acides gras du lait provient non seulement de la composition de la ration mais également des réserves corporelles mobilisées pour compenser le déficit énergétique. Dans le but d'étudier les possibilités d'agir sur la matière grasse du lait en influençant la composition des réserves corporelles, un projet a été mis en place dont les premiers résultats sont présentés ici. Vingt-huit vaches laitières du troupeau d'ALP ont été réparties en deux groupes au moment du tarissement. Jusqu'au vêlage, les vaches de la variante expérimentale (T) ont reçu 2 kg par jour d'un aliment contenant 50% de graines de tournesol broyées, alors que celles du groupe de contrôle (C) recevaient un aliment apportant la même quantité de matière grasse sous forme de graisse animale. Au moment du vêlage et dans les semaines qui ont suivi, toutes les vaches ont reçu une même ration pauvre en matière grasse. Les analyses des prélèvements de tissu adipeux effectués sous anesthésie locale au tarissement et au vêlage ont révélé une augmentation plus importante de la concentration en C18:2 durant le tarissement pour le groupe T ( $P < 0.05$ ). Au cours des 12 premières semaines de lactation, le niveau d'ingestion, la production laitière et les teneurs du lait (matière grasse, protéines, lactose), de même que les bilans énergétiques ne se sont pas différenciés entre les 2 variantes. La composition en acides gras du lait a été analysée toutes les 2 semaines à partir de la fin de la 1<sup>re</sup> semaine et jusqu'à la 11<sup>e</sup> semaine de lactation. Tendanciellement, le lait des vaches expérimentales T est moins riche en acides gras saturés et il contient davantage d'acides gras monoinsaturés que le lait C en tout début de lactation (sem. 1 à 3). Il est également plus concentré en acides gras polyinsaturés et plus particulièrement en C18:2 c9c12, avec des écarts significatifs en 1<sup>re</sup> semaine uniquement. Les autres acides gras analysés dans le tissu adipeux et dans le lait n'ont pas été influencés par les traitements.

### **Schafmilch ist ein hochwertiges Nahrungsmittel**

*Jürg Maurer, Walter Schaeren*

*Agroscope Liebefeld-Posieux (ALP), 3003 Bern*

Die Ziele der Erhebung bestanden darin, die Zusammensetzung und Qualität von Schafmilch besser umschreiben zu können, sowie mögliche Unterschiede zwischen den zwei in der Schweiz am häufigsten gehaltenen Schafrassen (Lacaune, Ostfriesisches Milchschaaf) aufzuzeigen. Die Keimzahlen in den Lieferantenmilchproben waren sehr tief. In einzelnen Fällen wurden allerdings auch sehr hohe Werte gefunden. Sporen von Buttersäurebazillen konnten in allen Milchproben nachgewiesen werden. Häufig waren die Gehalte derart hoch, dass sie zu Problemen bei der Käsebereitung führen könnten. Humanpathogene Erreger wurden in keiner Probe gefunden. Die Milch von Lacaune unterscheidet sich gegenüber der Milch der Ostfriesischen und der Kreuzungstiere signifikant im Fettgehalt jedoch nicht im Protein- und Laktosegehalt. Die Ostfriesischen Milchschaafe unterschieden sich mit ihrem tieferen Zellzahlgehalt in der Lieferantenmilch signifikant von Lacaune und Kreuzungstieren. Mögliche Ursachen könnten sein, dass die Ostfriesischen Milchschaafe schon besser auf tiefe Zellzahlen selektioniert wurden. Der Gefrierpunkt von Schafmilch lag im Durchschnitt deutlich tiefer als in Kuhmilch.

## **Milchfettzusammensetzung bei der Verfütterung von Kunst- und Naturwiesenfutter**

*Ueli Wyss und Marius Collomb*

*Agroscope Liebefeld-Posieux (ALP), 1725 Posieux*

In einem Versuch wurden die drei Varianten Kunstwiesenfutter, Naturwiesenfutter und Naturwiesenfutter ergänzt mit 5 kg TS Maissilage verglichen. Das Ziel war, den Einfluss der Fütterung auf die Milchfettzusammensetzung zu untersuchen. Der Versuch dauerte fünf Wochen. In jeder Variante waren sechs Milchkühe. Das Grünfutter wurde im Stall ad libitum verfüttert. Alle Kühe erhielten zusätzlich die gleiche Mineralstoffergänzung. Futteraufnahme und Milchleistung wurden täglich erhoben. Vor Versuchsbeginn sowie dreimal während des Versuches wurden Milchproben gezogen und neben dem Fett-, Protein- und Laktosegehalt auch das Fettsäurenmuster untersucht.

Das Grünfutter der Kunstwiese enthielt mehr als 85 % Gräser, der Rest war hauptsächlich Klee. Das junge Naturwiesenfutter bestand aus 45 % Gräsern und 45 % Kräutern (Löwenzahn). Bei den Fettsäuren dominierten sowohl im Kunst- als auch im Naturwiesenfutter die Linolensäure (C18:3) mit Anteilen über 60 %, gefolgt von der Palmitin- (C16:0) und Linolsäure (C18:2) mit Anteilen zwischen 10 und 20 %.

Die durchschnittliche Menge an Energie korrigierter Milch (ECM) nach der Vorperiode betrug 26,8 kg und sank dann bei allen drei Varianten während den fünf Versuchswochen auf 22,4 kg. Die Milch der Variante Naturwiesenfutter hatte im Vergleich zur Variante Kunstwiesenfutter höhere Anteile an ungesättigten Fettsäuren und mehr Omega-3-Fettsäuren sowie konjugierte Linolsäuren (CLA). So waren die CLA-Gehalte bei der Verfütterung von Naturwiesenfutter je nach Versuchswoche um 10 bis 22 % und die Omega-3- und Omega-6-Fettsäuren um je 25 bis 46 % höher als bei der Variante mit Kunstwiesenfutter. In der Variante mit Maissilage wurden die höchsten Anteile an gesättigten Fettsäuren gefunden. Ausserdem wies diese Milch die tiefsten Gehalte an Omega-3-Fettsäuren und CLA auf.

## **Das Agroscope Forschungsprogramm NutriScope**

*Ueli Bütikofer*

*Agroscope Liebefeld-Posieux ALP, 3003 Bern*

Das Programm NutriScope hat zum Ziel, entlang der Lebensmittelkette vom Anbau bis zum verzehrfertigen Produkt die über die Qualität, Sicherheit und Gesundheit entscheidenden Parameter zu optimieren um den Konsumentinnen und Konsumenten ein Maximum an Mehrwert zu bieten. Im Sinne des gesetzlichen Auftrages von Agroscope werden in erster Linie die wirtschaftlich wichtigsten, mit Rohprodukten aus der schweizerischen Landwirtschaft hergestellten Lebensmittel bearbeitet.

Modul 1 - Optimierung der gesundheitsfördernden Wirkung entlang der Lebensmittelkette: Bei der Züchtung von Pflanzen und der landwirtschaftlichen Produktion ergeben sich verschiedene erfolgversprechende Möglichkeiten um bioaktive Wirkungen zu optimieren. Mit schonenden Verfahren soll das positive, bioaktive Wirkungspotenzial bei der Verarbeitung möglichst erhalten werden.

Modul 2 - Steigerung der Sicherheit und Qualität entlang der Lebensmittelkette: Im Zentrum stehen Prävention und Früherkennung von Rückständen in Lebensmitteln, Wasser und Umwelt sowie die mikrobiologische Lebensmittelsicherheit.

Modul 3 - Wege und Strategien für die Förderung einer nachhaltigen Ernährung (Synthesemodul): NutriScope hat das Ziel mögliche Wege und Strategien für die Förderung einer nachhaltigen Ernährung zu erarbeiten. Unter nachhaltiger Ernährung verstehen wir eine bedarfsgerechte und gesundheitsfördernde Ernährung mit Produkten von hoher Qualität und Sicherheit, die risikoarm, umweltverträglich und wirtschaftlich erzeugt werden und zudem die unterschiedlichen sozialen und kulturellen Bedingungen berücksichtigen.

## 2. Gesundheit Kleinwiederkäuer

### **Genetische Feinkartierung der Mutation der vererbten Mikrophthalmie beim Texelschaf**

*A. Brunner, T. Leeb, C. Drögemüller*

*Institut für Genetik, Vetsuisse-Fakultät, Universität Bern*

Die ovine Mikrophthalmie (OMO) stellt eine kongenitale Anomalie dar, die durch beidseitige hochgradige Verkleinerung der Augäpfel und vollständige Blindheit bei ansonsten vitalen neugeborenen Lämmern gekennzeichnet ist. Dieser vorrangig bei Texelschafen auftretende Defekt wird monogen autosomal rezessiv mit vollständiger Penetranz vererbt. Das Ziel der Studie bestand zunächst darin, das unbekannte OMO Gen im Schafgenom zu lokalisieren und danach die entsprechende Region weiter einzugrenzen. Für die genetische Kartierung wurden 18 Einzelfamilien mit 119 Individuen und 48 betroffenen Lämmern verwendet und das OMO Gen wurde auf dem Schafchromosom 23 lokalisiert. Nach der Entwicklung weiterer Mikrosatelliten aus verfügbaren genomischen ovinen BAC Klon-Randsequenzen konnte durch Haplotypenanalyse ein 12,4 cM umfassendes kritisches Intervall eingegrenzt werden. Gemäß der etablierten hochauflösenden vergleichenden Genkarte zwischen Schaf und Mensch beinhaltet dieser Bereich einen evolutionären Chromosomenbruchpunkt und entspricht daher zwei Regionen auf dem humanen Chromosom 18. Das in diesem Chromosomenabschnitt lokalisierte TGIF Gen wurde als mögliches Kandidatengen ausgeschlossen. Bereits jetzt ist mit den gekoppelten Mikrosatelliten-Markern eine familienbasierte, indirekte Gendiagnose durchführbar, wobei jedoch für jede Familie zumindest ein an Mikrophthalmie erkranktes Lamm unverzichtbar ist.

Zur Feinkartierung der OMO Mutation werden zur Zeit positionsspezifische SNP Marker entwickelt. Mit einem erweiteren Probenmaterial (>120 betroffene Lämmer) soll somit eine erhebliche Eingrenzung des kritischen Intervalls über Kopplungsungleichgewichtskartierung erzielt werden.

### **Tanniferous forage plants with anthelmintic properties: The example of sainfoin (*Onobrychis viciifolia*)**

*Heckendorn F., Maurer V., Häring D., Langhans W., Hertzberg H.*

**Introduction:** Sainfoin is a high-quality condensed tannin containing forage plant. The knowledge about anthelmintic effects against sheep nematodes and about the influence of plant preservation (e.g. ensiling) on the anthelmintic activity is limited.

**Method:** 36 parasite naïve lambs (6 groups of 6 animals each) were infected with *H. contortus* (7,000 L3) and *C. curticei* (15,000 L3). From day 28 until day 44 p.i., groups A1, B1 and C1 received fresh, dried or ensiled sainfoin. Groups A2, B2 and C2 served as respective tannin-free controls. Individual faecal egg counts on a dry matter basis (FECDM) were performed every 3-4 days. On day 44, all animals were slaughtered and adult worm populations were determined.

**Results:** The consumption of sainfoin was associated with a reduction of adult *H. contortus* (35% ( $P<0.1$ ), 47% ( $P<0.05$ ) and 49% ( $P<0.1$ ) for fresh, dried and ensiled sainfoin, respectively) but had little effect on adult *C. curticei*. Compared to the controls, *H. contortus* specific FECDM was reduced by 62% ( $P<0.05$ ), 58% ( $P<0.01$ ) and 48% ( $P<0.1$ ) for fresh, dried and ensiled sainfoin. FECDM specific to *C. curticei* were decreased by sainfoin hay and silage (hay 81% , silage 74%, both tests  $P<0.001$ ) but were unchanged when fresh sainfoin was administered.

**Conclusion:** For *H. contortus* the FECDM decrease seemed to be due to a nematocidal effect towards adult *H. contortus*. In contrast for *C. curticei*, the reduction in FECDM appeared to be a result of a reduced per capita fecundity. The use of conserved tanniferous fodder offers promising perspectives as a complementary control approach against nematodes in sheep.

## **Einfluss der Verfütterung von tanninhaltiger, konservierter Esparsette auf die Pansenfermentation und die Stickstoffbilanz von Lämmern**

F. Dohme<sup>1</sup>, A. Scharenberg<sup>1</sup>, A. Gutzwiller<sup>1</sup>, Y. Arrigo<sup>1</sup>, U. Wyss<sup>1</sup>, H.D. Hess<sup>1</sup>, M. Kreuzer<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Agroscope Liebefeld-Posieux ALP, Tiolyere 4, 1725 Posieux

<sup>2</sup>ETH Zürich, Institut für Nutztierwissenschaften, 8092 Zürich

Kondensierte Tannine (KT) sind sekundäre Pflanzeninhaltsstoffe, die mit Futterprotein Komplexe bilden und damit die Verwertung dieses Nährstoffes im Tier beeinflussen können. Da ferner bekannt ist, dass Silierung die Wirkung der KT verändern kann, wurde in einer Studie an 12 Lämmern (unvollständiges Crossover-Design) der Einfluss von getrockneter und siliierter Esparsette (75 g KT/kg TS) im Vergleich zu einem tanninfreien Raigras-Klee-Gemisch auf den Stickstoff(N)-Stoffwechsel untersucht. Um den Effekt der KT von dem der Futterpflanze getrennt prüfen zu können, wurde die Esparsette mit und ohne Polyethylenglykol verfüttert, eine Substanz, die an die KT bindet und deren Wirkung neutralisiert. Jedes Lamm erhielt nacheinander 3 der 6 Versuchsrationen (n=6) für je 3 Wochen. Die Zuteilung erfolgte zufällig und in verschiedener Reihenfolge. Jeweils in Woche 3 wurden Kot und Harn quantitativ gesammelt und Blut- und Pansensaft entnommen. Die Verfütterung von Esparsette führte im Vergleich zu Raigras-Klee zu einer höheren N-Aufnahme ( $P<0.001$ ), was eine höhere Kot- und totale N-Ausscheidung nach sich zog ( $P<0.001$ ). Die KT der Esparsette senkten ( $P<0.001$ ) die ruminale Ammoniakkonzentration, die Harnstoffkonzentration im Plasma sowie die Harnstoffexkretion über den Urin. Während die N-Ausscheidung über den Kot mit KT stieg ( $P<0.001$ ), sank jene über den Urin ( $P<0.01$ ), womit die totale N-Exkretion unverändert blieb. Im Fall der fäkalen N-Ausscheidung und der Harnstoffausscheidung über den Urin verstärkte die Silierung des Futters die Wirkung der KT ( $P<0.01$ ). Ansonsten blieb der Einfluss der Konservierungsart aber gering. Insgesamt gesehen entlastete die Verfütterung von tanninhaltiger Esparsette den Organismus der Lämmer, führte jedoch nicht zu einer verbesserten N-Retention im Körper. Der Rückgang der Harn-N-Exkretion zu Gunsten jener über den Kot, lässt eine geringere N-Emission aus den Exkrementen erwarten.

## **Verbreitung von Euterinfektionen bei Ziegen und Schafen**

Walter Schaeren, Jürg Maurer

Agroscope Liebefeld-Posieux (ALP), 3003 Bern

Für die Milch von Kühen wird seit Jahrzehnten der Zellgehalt als wichtiges diagnostisches Hilfsmittel für die Erkennung von Euterentzündungen verwendet. Für Ziegen- und Schafmilch existieren bislang noch keine Beanstandungsgrenzwerte. Mit zwei, jeweils auf drei Betrieben während einer gesamten Laktation durchgeführten Untersuchungen von Einzeltieren, wurden die Grundlagen für die Beurteilung der Häufigkeit und Ursachen von Euterinfektionen unter schweizerischen Produktionsverhältnissen geschaffen.

In der Schweiz sind 25% bis 30% der Euterhälften von Milchschaafen und Milchziegen von einer Euterinfektion betroffen. In der Mehrzahl der Fälle handelt es sich um koagulasenegative Staphylokokken. *Staphylococcus aureus* sind eher selten und Streptokokken kaum je die Ursache von chronischen, subklinischen Euterentzündungen.

Die Zellzahlen der Einzelgemelkproben von Ziegen lagen in 30% der Proben von infizierten bzw. 20% der Proben von nicht infizierten Tieren über 750'000 Zellen/ml. Zudem bestand kaum ein Zusammenhang zwischen den Zellzahlen in den Euterhälftenvorgemelkproben und einer vorhandenen Infektion. In Eutergesundheits- und Milchqualitätskontrollprogrammen für Ziegen müssen daher auch bakteriologische Milchanalysen einbezogen werden. Im Gegensatz dazu waren die Zellzahlen in der Schafmilch ähnlich wie bei Kühen.



### 3. Zuchtwertschätzung

#### **Stand der Zuchtwertschätzung bei Pferden in der Schweiz: Merkmale der linearen Beschreibung, Stockmass und Exterieurnoten**

Ch. Hagger<sup>1</sup>, F. Schmitz-Hsu<sup>1</sup>, M. Schneeberger<sup>3</sup>, PA. Poncet<sup>2</sup>, S. Rieder<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Schweizerische Hochschule für Landwirtschaft, Zollikofen

<sup>2</sup>Nationalgestüt Avenches

<sup>3</sup>INW ETH Zürich

Nach einer ersten Initiative in den 90iger Jahren entschlossen sich 2004 der Verband CH-Sportpferde und 2006 der Freiburgerzuchtverband, für Merkmale der linearen Beschreibung eine Zuchtwertschätzung einzuführen. Basierend auf Angaben zu 6837 bzw. 7877 Pferden geboren 1994-2004 wurden mit REML, in den beiden Populationen, für 24 Merkmale der linearen Beschreibung, Stockmass und Exterieurnoten für Typ, Körperbau und Gänge Varianzkomponenten geschätzt. Daraus resultierten Heritabilitäten sowie phänotypische und genetische Korrelationen. Den Auswertungen liegt ein Mehrmerkmals-Tiermodell zugrunde. Neben dem Einfluss des Pferdes wurden im Modell systematische, auf die Merkmale einwirkende Umweltfaktoren wie Ort und Datum der Beschreibung, der Experte, das Geschlecht und das Alter des Pferdes bei der Beschreibung berücksichtigt. Rassenspezifisch ergaben sich Unterschiede, am deutlichsten bei den Schätzwerten der Heritabilität für das Stockmass: 0.46 beim CH-Sportpferd und 0.72 beim Freiburger. Aus den durchschnittlichen geschätzten Zuchtwerten je Geburtsjahr lassen sich die genetischen Trends für die analysierten Merkmale darstellen. Dies ermöglicht Aussagen zu Richtung und Wirkung der jeweils praktizierten Selektion. Sowohl beim CH-Sportpferd wie beim Freiburger sind für die untersuchten Merkmale unterschiedliche Entwicklungen erkennbar.

#### **Stand der Zuchtwertschätzung bei Pferden in der Schweiz: Leistungsmerkmale**

Ch. Hagger<sup>1</sup>, F. Schmitz-Hsu<sup>1</sup>, M. Schneeberger<sup>3</sup>, PA. Poncet<sup>2</sup>, S. Rieder<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Schweizerische Hochschule für Landwirtschaft, Zollikofen

<sup>2</sup>Nationalgestüt Avenches

<sup>3</sup>ETH Zürich, Institut für Nutztierwissenschaften, 8092 Zürich

Im Jahr 2004 entschlossen sich der Verband CH-Sportpferde und 2006 der Freiburgerzuchtverband, für Merkmale der Leistungsprüfungen eine Zuchtwertschätzung einzuführen. Für die Leistungsprüfungen wurden aufgrund unterschiedlicher Zuchtziele und Verwendungszwecke beim CH-Sportpferd vier Merkmale des Feldtests (Schritt, Trab, Galopp, Freispringen) und drei Merkmale der Promotion (4-, 5-, 6-jährig), sowie beim Freiburger zwölf Merkmale des Feldtests (Fahren, Reiten) ausgewertet. Die Varianzkomponentenschätzung mit REML basierte für CH-Sportpferde auf Daten von 8738 (Feldtest) und 7648 (Promotion) Erhebungen, und auf 3346 (Feldtest) für Freiburger. Daraus resultierten Heritabilitäten sowie phänotypische und genetische Korrelationen. Den Auswertungen liegt ein Mehrmerkmals-Wiederholbarkeits-Tiermodell zugrunde. Neben dem Einfluss des Pferdes wurden im Modell systematische, auf die Merkmale einwirkende Umweltfaktoren wie Ort und Datum der Prüfung, Geschlecht des Pferdes, Alter des Pferdes an der Prüfung, Stockmass des Pferdes sowie der Einfluss des Reiters berücksichtigt. Für die CH-Sportpferde werden die geschätzten Zuchtwerte zu drei Indices (Grundgangarten, Springen, Promotion) zusammengefasst. Aus den durchschnittlichen geschätzten Zuchtwerten je Geburtsjahr lassen sich die genetischen Trends für die analysierten Merkmale in den beiden Populationen darstellen. Dies ermöglicht Aussagen zu Richtung und Wirkung der jeweils praktizierten Selektion.

## **Ein verbessertes Modell zur Zuchtwertschätzung Nutzungsdauer**

*Christian Stricker<sup>1</sup> und Urs Schnyder<sup>3</sup>*

<sup>1</sup>*applied genetics network (agn), Börtjistrasse 8b, CH-7260 Davos*

<sup>2</sup>*Schweizer Braunviehzuchtverband (SBZV), Chamerstrasse 56, 6300 Zug*

<sup>3</sup>*Arbeitsgemeinschaft Schweizerischer Rinderzüchter (ASR), Postfach, CH-3000 Bern 14*

Die Tierverkehrsdatenbank hält heute den Zeitpunkt des Todes eines Tieres genau fest. Früher musste ein Tier, das aus der Leistungsprüfung ausschied als tot betrachtet werden. Dies bedeutet, dass heutige Daten zur Nutzungsdauer von höherer Qualität sind. Durcrocq (2004) hat gezeigt, dass das Abgangsrisiko von Kühen während der Laktation stark variiert und je nach Laktationsstadium ein unterschiedliches Abgangsrisiko modelliert werden sollte. Diese beiden Umstände haben die ASR bewogen, ein Projekt zur Neuentwicklung der Zuchtwertschätzung Nutzungsdauer an agn zu vergeben. 215'000/1.2Mio/800'00 Laktationen von Töchtern von 2455/9685/5942 Stieren der Holstein-/Braunvieh- bzw. Red Holsteinrasse standen zur Verfügung. Verwendet wurde ein Stierenmodell mit laktationsstadium-spezifischem Abgangsrisiko und den Effekten maternaler Grossvater, Erstkalbealter, Herde\*Jahr\*Saison, Region\*Saison, Milchleistung je Herde\*Jahr. Die neue Modellierung ergab ein markant besseres Modell für die Zuchtwertschätzung Nutzungsdauer und einen geringeren genetischen Trend für das Merkmal Nutzungsdauer verglichen mit der alten Auswertung.

Ein Problem bei der Selektion bzgl. Nutzungsdauer besteht darin, dass zuverlässige Zuchtwerte für Nutzungsdauer erst spät im Leben eines Tieres zur Verfügung stehen. Durch Kombination mit Hilfsmerkmalen mittels eines Selektionsindex haben die Rindviehzuchtverbände bisher versucht, einen kombinierten Zuchtwert mit höherem Bestimmtheitsmass zu schätzen. Im Selektionsindex können aber nur Merkmale berücksichtigt werden, die untereinander multivariat normal verteilt sind. Dies ist für einige Hilfsmerkmale nicht erfüllt (z.B. Milchfluss). agn wurde von der Arbeitsgemeinschaft Schweizer Rinderzüchter beauftragt, ein Verfahren zu entwickeln, das auch solche Merkmale berücksichtigen kann. Hierzu werden erste Resultate präsentiert.

## **Das Genomic Selection Projekt der ASR**

*Christian Stricker<sup>1</sup> und Jürg Moll<sup>2,3</sup>*

<sup>1</sup>*applied genetics network (agn), Börtjistrasse 8b, CH-7260 Davos*

<sup>2</sup>*Schweizer Braunviehzuchtverband (SBZV), Chamerstrasse 56, 6300 Zug*

<sup>3</sup>*Arbeitsgemeinschaft Schweizerischer Rinderzüchter (ASR), Postfach, CH-3000 Bern 14*

Auf dem Genom des Rindes existieren zehntausende SNPs. SNPs sind Marker mit zwei Allelen. Sie sind sehr häufig und relativ gleichmässig auf dem Genom verteilt. Heute existieren bereits Rinder-DNA-Chips mit 50'000 SNPs. Wegen der grossen Anzahl von SNPs werden einige so nahe an QTL liegen, dass sie zumindest teilweise den Effekt des QTL zu erklären vermögen. Meuwissen et al. (2001) haben ein Verfahren zur Zuchtwertschätzung aufgezeigt, das die Effekte dieser SNPs modelliert. Dazu ist nur ein relativ kleiner Datensatz mit phänotypischen Messungen notwendig, Abstammungsdaten sind nicht mehr notwendig. In ihrer Simulationsrechnung ergab sich eine hohe Genauigkeit für diese neue Art der Zuchtwertschätzung im Vergleich zum wahren Zuchtwert. Aufgrund dieser Erkenntnisse hat sich die ASR entschlossen, die Möglichkeiten der 'genomic selection', wie diese Art der Zuchtwertschätzung mit nachfolgender Selektion genannt wird, bezüglich des Einsatzes in den Schweizer Zuchtprogrammen zu prüfen. Dabei wird schrittweise geprüft, (a) ob sich die Ergebnisse von Meuwissen et al. (2001) anhand einer unabhängigen Simulation bestätigen lassen, (b) welches Labor in der Lage ist, 50'000 SNPs zuverlässig und routinemässig zu typisieren, (c) welche Tiere typisiert werden müssen und (d) welche Art der SNP-basierenden Zuchtwertschätzung eingeführt werden soll. Schritt (a), als Teilprojekt an agn vergeben, wurde im Sommer 2007 abgeschlossen, im Moment laufen die Schritte (b) und (c). Die Resultate aus der Simulationsstudie bestätigen das grosse Potential dieser neuen Technologie in der Tierzucht und werden an dieser Stelle erläutert. Soweit vorhanden werden auch erste Erkenntnisse aus den Teilprojekten (b) und (c) vorgestellt.

## 4. Reproduktion

### Ergebnisse aus dem Einsatz von Mischsperma beim Rind

Schmitz-Hsu Fritz, Bigler Andreas  
Swissgenetics, 3052 Zollikofen

Seit 2004 bietet Swissgenetics unter dem Namen SILIAN ein Mischsperma bestehend aus je einem Simmental-, Limousin- und Angusstier an. Scherrer und Wagner (2005) zeigten in ihrer Semesterarbeit an der SHL über den Einsatz von SILIAN, dass bei einer Stichprobe von 674 Kälbern deren 613 (= 91.0 %) der Vater auf Grund der Farbe zugeordnet werden konnte und unter den zuordnungsbaaren Kälbern 61.8 % vom Simmentaltier DONALD abstammten, 28.1 % vom Limousinstier LEMMING und 10.1 % vom Angusstier ROB. Die um verschiedene Umwelteinflüsse korrigierte Non Return Rate 56 Tage (NR56) des Mischspermas war 1.8 Prozentpunkte höher war als diejenige des Stieres mit dem besten Einzelergebnis (DONALD).

Swissgenetics hat in der Zwischenzeit ein weiteres Mischspermaprodukt (SILIAN-2) mit Sperma von drei anderen Stieren lanciert. Bei einer Stichprobe von 763 Geburten aus dem Einsatz von SILIAN-2 wurde analog zu SILIAN der Vater des Kalbs erhoben. Bei insgesamt 696 (= 91.2 %) der Kälber konnte der Tierbesitzer auf Grund der Farbe des Kalbs den Vater zuordnen. Die Verteilung auf die drei Stiere: 323 Kälber (= 46.4 %) stammen vom Limousinstier GLOBI ab, 205 Kälber (= 29.4 %) vom Simmentaltier EDLOCK und 168 Kälber (= 24.1 %) vom Angusstier NEW TRANSIT.

Schlussfolgerungen: Durch das Mischen von Sperma verschiedener Stiere kann die Befruchtungsfähigkeit verbessert werden.

### Untersuchungen zur Wirkung der Andenpflanze Maca bei Zuchtstieren

Céline Clément<sup>1</sup>, Nicole Locher<sup>1</sup>, [0]Cornelia Iter<sup>2</sup>, Ulrich Witsch<sup>2</sup>, Michael Kreuzer<sup>1</sup>

<sup>1</sup>ETH Zürich, Institut für Nutztierwissenschaften, 8092 Zürich

<sup>2</sup>Swissgenetics, Eichenweg 4, 3052 Zollikofen

Maca (*Lepidium meyenii* Walp) ist eine Pflanze, die ausschliesslich in den Anden Perus und Boliviens zwischen 3800 und 4500 m.ü.M. wächst. Versuche mit Ratten haben gezeigt, dass die Zufütterung von Maca positive Effekte auf qualitative und quantitative männliche Fruchtbarkeitsparameter (Ejakulatvolumen, Spermienzahl und Motilität) haben kann. Daten über Macazufütterung bei Zuchtstieren existieren noch nicht. In einem Vorversuch wurde abgeklärt, ob negative Auswirkungen der Aufnahme von Maca auf Gesundheit und Samenqualität der Stiere ausgeschlossen werden können. Anschliessend wurde ein kontrolliertes, umfangreiches Experiment gestartet, um die Wirkung von Maca auf die Qualität und Befruchtungsfähigkeit des Stiersamens zu quantifizieren. Pulver aus Macahypocotylen wurde von der peruanischen Firma Koken erworben. Im Vorversuch wurden acht Zuchtstiere von vergleichbarer Samenproduktion aber verschiedenen Rassen (Holstein, Brown Swiss, Simmental, Red Holstein, Original Braunvieh) in zwei Gruppen (+/- Macazufütterung) aufgeteilt. Dabei wurde eine Dosis von 120 g täglich während 82 Tagen zugefüttert. Die Stiere wurden an zwei Absamungstagen pro Woche je zweimal mittels künstlicher Vagina abgesamt. Im Hauptversuch, der nach einem Cross-over Design angelegt ist (Gruppe 1: Zufütterung von Maca für 10 Wochen, anschliessend eine 10 wöchige Beobachtungsperiode; Gruppe 2: umgekehrt; Gruppe 3: Kontrolle) werden ca. 100 Stiere in den Versuch genommen. Neben Standardparametern werden tiefergehende Spermaanaysen mittels Durchflusszytometrie durchgeführt. Im Vorversuch zeigten sich keine negativen Effekte durch Maca auf den Gesundheitszustand und Ejakulatsqualität (Konzentration, Motilität und Anteil anomaler Spermien). Die Stiere beider Gruppen erhöhten ihre Samenproduktion[0] im Laufe des Versuches leicht, ohne dass signifikante Unterschiede zwischen den Gruppen auftraten. Aus dem laufenden Hauptversuch liegen erst in Kürze erste Ergebnisse vor.

## **Molekulare Untersuchungsmethoden zur Optimierung der bakteriologischen Samenqualität**

*Ines Smole, Andreas Thomann, Vincent Perreten, Joachim Frey*

*Institut für Veterinär-Bakteriologie, Vetsuisse Fakultät der Universität Bern, 3012 Bern*

Swissgenetics hat im Geschäftsjahr 2006/2007 allein im Inland 970'000 Samendosen verkauft. Über 320'000 Samendosen wurden zusätzlich in 37 Länder exportiert.

Swissgenetics ist deshalb bestrebt, hygienisch einwandfreie Samendosen zu produzieren. Dies gelingt durch die Einhaltung der international geforderten Standards und Richtlinien für die Samengewinnung, einer optimalen Laboreinrichtung, korrekt geschultem Personal und einer artgerechten Haltung der Stiere, sowie durch eine geeignete Qualitätskontrolle des Endproduktes. Samen von klinisch gesunden Stieren ist nicht steril und kann physiologischerweise Bakterien der Gattungen *Mycoplasma*, *Staphylococcus*, *Streptococcus*, *Proteus*, *Coryne-bacterium*, *Pseudomonas*, *Bacillus* und *Escherichia coli* enthalten.

Im Rahmen von zusätzlichen bakteriologischen Qualitätskontrollen wurde das Bakterium *Pseudomonas aeruginosa*, ein opportunistischer nosokomialer gramnegativer Keim, isoliert. Die üblicherweise im Sperma gefundene Bakterienflora konnte nicht nachgewiesen werden. Durch bakteriologische und biochemische Analysen des im Sperma diagnostizierten *Pseudomonas aeruginosa*, wurde festgestellt, dass dieser das Wachstum der normalerweise im Samen vorkommenden Bakterien hemmt. Dies erschwert oder verunmöglicht sogar eine reguläre bakteriologische Qualitätskontrolle.

Es wurde beschrieben, dass *Pseudomonas aeruginosa* einen Einfluss auf die metabolischen Prozesse und die Vitalität von Spermien haben kann. Um die Quelle der Kontamination zu eruieren, wurden deshalb molekularepidemiologische Methoden eingesetzt. Mittels Pulsfeld-Gelelektrophorese (PFGE), einer genetischen Fingerabdruck-Methode, konnten verschiedene Isolate von *Pseudomonas aeruginosa* als genotypisch identisch dokumentiert werden, was einen eindeutigen Rückschluss auf die Kontaminationsquelle erlaubte.

Durch eine umfassende Optimierung des bestehenden Absamungsprozesses kann Swissgenetics sowohl hygienisch einwandfreie wie auch bezüglich der Fertilität qualitativ hochstehende Samendosen anbieten.

## **Einfluss eines permanenten Hengstkontakts auf die Rosseaktivität und Fruchtbarkeit bei Stuten: Erste Resultate nach zwei Decksaisons**

*D. Burger<sup>1</sup>, S. Trauffer<sup>1</sup>, F. Janett<sup>2</sup>, I. Bachmann<sup>1</sup>, V. Gerber<sup>3</sup>, R. Thur<sup>2</sup>*

*<sup>1</sup>Nationalgestüt, Avenches, <sup>2</sup>Klinik für Fortpflanzungsmedizin der Universität Zürich, <sup>3</sup>Pferdeklinik der Universität Bern*

Die Schweiz zählt insgesamt rund 85'000 Equiden aller Art, wovon 84% auf rund 13'000 Landwirtschaftsbetrieben gehalten werden. In den letzten Jahren stärkte das Nationalgestüt seine Position als national und international anerkanntes Kompetenzzentrum für Pferdehaltung, das Wohlbefinden und die Zucht von Pferden im ländlichen Raum und trägt unter anderem mit seinem Forschungs- und Ausbildungsprogramm zu den Zielen einer wettbewerbsfähigen und nachhaltigen Landwirtschaft bei.

Ziel der hier vorgestellten Studie war es, den Einfluss eines permanent mit den Stuten während derer Rosse gehaltenen Probihengstes auf deren Sexualverhalten, Fortpflanzungsfunktionen und Fertilität abzuklären. So sind Fruchtbarkeitsstörungen bei Pferden mit hohem genetischen Potential keine Seltenheit und haben nicht nur züchterische und emotionale, sondern auch grosse wirtschaftliche Bedeutung. Trotz intensivem Management erreichen die Abfohlraten selten höhere Werte als 75%, im Gegensatz zu 95% bei wildlebenden Pferden. Bis heute liegen zu dieser Beobachtung keine interdisziplinären ethologischen und reproduktionstechnischen Untersuchungen vor.

In unserer Studie wurden 195 klinisch gesunde Stuten zufällig in Einzelboxen mit oder ohne permanentem Hengstkontakt zugeteilt, danach standardisiert untersucht, periodisch Cortisol und Oestradiol bestimmt und mit Frisch-, Kühl- oder Gefriersperma besamt. Unsere vorläufigen Ergebnisse zeigen bei Stuten mit permanentem Hengstkontakt deutliche Aenderungen des Sexualverhaltens, eine tendenziell vergrösserte Cervixöffnung zum Zeitpunkt der Besamungen sowie höhere Trächtigkeitsraten und damit eine verbesserte Produktivität bei Verwendung sowohl von Frisch- und Kühl- wie auch von Gefriersamen.

## 5. Fleischqualität

### Effect of litter size and birth weight on growth performance, carcass characteristics, meat quality, and post mortem proteolysis in barrows

J. Bérard<sup>1,2</sup>, M. Kreuzer<sup>2</sup>, G. Bee<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Agroscope Liebefeld-Posieux ALP, 1725 Posieux, Switzerland

<sup>2</sup>ETH Zurich, Institute of Animal Science, 8092 Zurich, Switzerland

The aim of the present study was to test if the effects of birth weight (BtW) on growth performance, carcass characteristics, meat quality, and post mortem (pm) proteolysis differ when pigs originate from small or large litters. The 60 Swiss Large White barrows used in this study originated from 10 litters with  $\leq 10$  (S) and 10 with  $\geq 14$  (L) piglets born per litter. Within each litter, 3 barrows were selected per litter at birth: the lightest (L-BtW), the heaviest (H-BtW), and the one with a BtW nearest to the average BtW of the litter (M-BtW). At weaning the barrows were individually penned and they had free access to standard diets. At slaughter, the carcass characteristics were assessed. The pH 30 min and 24 h pm, the drip loss after 48 h, the thaw loss, the shear force, and pm proteolysis were measured in the longissimus dorsi muscle (LD) and in the dark portion of semitendinosus (STD). The L-BtW and M-BtW barrows from L-litters were lighter than from S-litters whereas no differences in BtW were observed in H-BtW barrows (litter size  $\times$  BtW;  $P = 0.07$ ). Compared to H-BtW and M-BtW barrows, the L-BtW barrows grew slower, ingested less feed, and were still less efficient ( $P < 0.01$  for each). The carcass yields were higher and livers and kidneys were lighter in L-BtW compared to H-BtW barrows ( $P < 0.01$  for each). Regardless of the BtW, barrows from S-litters had higher percentages of shoulder and lower percentages of omental fat than barrows from L-litters ( $P \leq 0.06$  for each). In M-BtW barrows the STD was more tender ( $P < 0.01$ ) than the STD of H-BtW and L-BtW barrows. Proteolysis of titin at 24 h and nebulin at 72 h pm in the LD was greater ( $P \leq 0.07$ ) in H-BtW than L-BtW barrows. At 72 h pm, intact integrin of the LD was less ( $P = 0.08$ ) degraded in barrows originating from S- than from L-litters. The study confirms the effect of BtW on growth performance, while its impact on carcass characteristic and meat quality could only be partially demonstrated. Although litter size affected average BtW of the L-BtW and M-BtW barrows, its impact on the analyzed parameters was minor.

### Beurteilung der Qualität von Rinderschlachtkörpern mit Videobildanalyse

Markus Schneeberger<sup>1</sup> und Peter Christer<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Institut für Nutztierwissenschaften, ETH, 8092 Zürich;

<sup>2</sup>Proviande, Finkenhubelweg 11, 3001 Bern

In den grösseren schweizerischen Schlachthöfen wird die Qualität der Schlachtkörper von Tieren der Rindergattung im Auftrag des Bundes durch Beurteiler der Branchenorganisation Proviande gemäss dem System CHTAX nach den Kriterien Fleischigkeit und Fettgewebe subjektiv beurteilt. Als Alternative zur subjektiven Beurteilung stehen objektive Verfahren zur Verfügung, entweder durch Messungen am Schlachtkörper und bei dessen Zerlegung, oder basierend auf technischen Verfahren. Während sich beim Schwein Ultraschallverfahren durchgesetzt haben, werden zur Beurteilung der Qualität von Rinderschlachtkörpern in europäischen Ländern Geräte zur Videobildanalyse eingesetzt. Aus den Bilddaten wird die Qualität des Schlachtkörpers – wie bei der Beurteilung nach CHTAX – nach den Kriterien Fleischigkeit und Fettgewebe beurteilt (EUROP-System). Am weitesten fortgeschritten ist der Einsatz der Videobildanalyse zur Beurteilung der Schlachtkörperqualität in Irland, wo in einem grossen Versuch mit Geräten dreier Hersteller die Tauglichkeit des Verfahrens nachgewiesen wurde. Basierend auf den Resultaten dieses Versuchs und von Besichtigungen verschiedener Geräte in französischen Schlachthöfen entschied die Proviande, versuchsweise ein derartiges Klassifizierungsgerät einzusetzen und auf das schweizerische CHTAX-Verfahren zu kalibrieren. Ergebnisse aus diesem Versuchseinsatz werden im ersten Quartal 2008 vorliegen und der Bundesbehörde für einen Entscheid über die Zulassung zur Verfügung stehen. Neben dem Nachvollziehen der Schlachtkörperbeurteilung nach CHTAX bringt das Verfahren Voraussetzungen für alternative Methoden der Beurteilung der Qualität von Rinderschlachtkörpern zu prüfen und zu entwickeln.

## Qualité de la viande bovine produite en montagne

Dufey P.-A., Silacci P., Messadene J., Collomb M.

Agroscope Liebefeld-Posieux ALP, Tiolyere 4, 1725 Posieux

La qualité de la viande de montagne est méconnue. L'alimentation à base d'herbe y tient une place particulière et constitue un lien au terroir. Elle pourrait conférer à la viande des caractéristiques particulières. Dans un premier essai, la viande de la race d'Hérens provenant de trois régions de production distinctes a été comparée, une de plaine (Domaine des Barges, Valais) et deux de montagne (Nax, 1200 m., Valais et La Frêtaz, 1200 m., Jura vaudois). Les abattages se sont déroulés à Martigny de manière centralisée et standardisée. Dans ce premier essai, les analyses physico-chimiques et sensorielles n'ont pas révélé de différences marquantes. Par contre, l'analyse des acides gras notamment des acides linoléiques conjugués (CLA) a permis de mettre en évidence un profil spécifique de la région d'élevage ou du lieu de production, ce qui laisse envisager des perspectives intéressantes (biomarqueurs – empreintes - liens au terroir).

## 6. Gesundheit Schwein

### Mucin4 Gen als Marker für den Escherichia coli F4ac Rezeptor beim Schwein

David Joller<sup>1</sup>, Hans Ulrich Bertschinger<sup>1</sup>, Esther Bürg<sup>2</sup>, Peter Vögeli<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institut für Nutztierwissenschaften, ETH Zürich, 8092 Zürich

<sup>2</sup>Departement für Nutztiere, Universität Zürich, 8057 Zürich

Darminfektionen beim Schwein verursachen weltweit grosse Verluste. Im Vordergrund stehen die *Escherichia coli* Darminfektionen, welche zu Ödemkrankheit und/oder Colidurchfall führen können. Bei enterotoxigenen *E. coli* sind adhäsive Fimbrien des Typs F4 vorherrschend. Sie kommen in den drei Varianten F4ab, F4ac und F4ad vor, wobei F4ac die wichtigste ist. Durch spezifische Bindung der *E. coli* F4ac an einen Rezeptor auf Epithelzellen und Toxinausschüttung kann bei neugeborenen und bei abgesetzten Ferkeln Colidurchfall entstehen. Der Rezeptor für *E. coli* F4ac (*F4acR*) wird dominant vererbt.

Mittels Marker- und Kopplungsanalysen wurde *F4acR* zwischen den Markern *SW207* und *S0075* auf Chromosom 13 kartiert. Insgesamt untersuchten wir 331 Tiere aus der Schweizer Versuchsherde und 78 Tiere der MLP Sempach. Ein *XbaI*-Polymorphismus im Mucin4 Gen (*MUC4*) zeigte eine gute Übereinstimmung mit den Resultaten des mikroskopischen Adhäsionstests mit *E. coli* F4ac. In der Versuchsherde stimmten die Resultate der Adhäsions-Phänotypen mit den *MUC4*-Genotypen in 328 von 331 Fällen, bei den Tieren der MLP in 72 von 78 Fällen überein. Der *XbaI*-Polymorphismus ist daher ein guter Marker zur Ermittlung der *E. coli* F4ac Empfänglichkeit bei Schweinen, vermutlich jedoch nicht die kausale Mutation für *F4acR*. Über hundert weitere Polymorphismen in *MUC4* und benachbarten Genen sind kürzlich durch Sequenzierung entdeckt worden. Deren Beziehung zu *F4acR* wird zur Zeit abgeklärt.

Das Projekt wurde unterstützt durch den SNF (3100A0-102094).

## **Zum Vorkommen von Porzinem Circovirus 2 bei Ebern einer Schweizer Besamungsstation**

*Kai Caspari, Dolf Kümmerlen, Ruedi Gugelmann  
SUISAG, Allmend 6204 Sempach, Schweiz*

Das porzine Circovirus 2 (PCV2) ist weltweit in Schweinebeständen zu finden. Die ersten klinischen Fälle in der Schweiz wurden 2001 beobachtet. Das Virus wird unter anderem für das Postweaning Multisystemic Wasting Syndrome (PMWS) bei Absetzferkeln und für Fruchtbarkeitsprobleme bei Sauen verantwortlich gemacht. Es kann über den Kot und alle Körperflüssigkeiten ausgeschieden werden. Über das Sperma wird das Virus vor allem während der Virämiephase einer akuten Infektion abgegeben. Ziel der durchgeführten Untersuchung war es eine Übersicht über den Infektionsstatus in einer Schweizer Besamungsstation zu erhalten. Es wurden im Sommer 2006 bei allen 146 Ebern einer KB – Station und 13 aus einer dazu gehörenden Einstellungsquarantäne Blutproben genommen. Ein Jahr später wurden Blut und Sperma von 15 Tieren aus der selben KB – Station untersucht. Die Tiere stammten alle aus Schweizer Betrieben. Insgesamt wurden 174 Blut- (n=174) und 15 Spermaproben (n=15) analysiert. Alle Proben wurden mit einer TaqMan-basierten real-time PCR auf Anwesenheit von PCV2 – DNS untersucht. Zusätzlich wurden die 15 Blutproben 2007 auf PCV2 – Antikörper getestet. Alle Blut- und Spermaproben waren negativ auf PCV2 – DNS. Beim Nachweis von Antikörpern ergaben sich Titer von 1:80 bis  $\geq 1:5120$ . Bei 7 Proben lagen hohe Titer vor ( $\geq 1:5120$  oder 1:1280). Diese hohe Seroprävalenz ist nicht überraschend, da das Virus weit verbreitet ist und Antikörper nach einer Infektion noch Jahre nachweisbar sind. Bemerkenswert hingegen ist, dass bei keinem der Eber weder 2006 noch 2007 PCV2 – DNS und damit eine Virämie gefunden werden konnte. Dies weist daraufhin, dass bei den Ebern der KB – Station keine akuten PCV2 – Infektionen vorkommen. Aufgrund der Beobachtungen von 2006 und 2007 ist eine Virusausscheidung über das Sperma bei Ebern dieser KB – Station unwahrscheinlich.

## **Die Erbkrankheit Arthrogyposis multiplex congenita beim Schwein**

*M. Haubitz, B. Bucher, H. R. Wettstein, P. Vögeli  
Institut für Nutztierwissenschaften, ETH Zürich, 8092 Zürich*

Arthrogyposis multiplex congenita (AMC) nennt sich eine Fehlbildung bei Säugetieren. Ferkel mit AMC sind nicht lebensfähig, weisen aber ein normales Geburtsgewicht auf. Symptome der Krankheit sind versteifte und angewinkelte Beingelenke, ein buckelartig gekrümmter Rücken und ein verkürzter Unterkiefer. Ähnliche Symptome können auch durch diverse Umwelteinflüsse während der Trächtigkeit ausgelöst werden, wie zum Beispiel ungenügende oder schlechte Ernährung der Muttersau, toxische Substanzen und pränatale Immobilisierung der Föten. Beim Schweizerischen Edelschwein wurde kürzlich eine rezessiv vererbte Form von AMC entdeckt. Dies bedeutet, dass die Krankheit nur dann ausbricht, wenn beide Kopien des AMC-Gens defekt sind. Das für AMC verantwortliche Gen konnte auf eine Region auf dem Schweinechromosom 5 (SSC5) eingengenommen werden. Die Region liegt zwischen den beiden Markern SW152 und SW904. Gene in dieser Region, die funktionelle und positionelle Kandidaten für AMC sind, werden stückweise sequenziert. Die Sequenzen von gesunden und kranken Schweinen werden dann miteinander verglichen. Gefundene Sequenzunterschiede werden daraufhin untersucht, ob sie als Marker verwendet werden können oder sogar die Krankheit auslösen. Die Marker bE77 und SW904 werden benutzt, um mögliche AMC-Träger aus den Schweinepopulationen zu entfernen und so die weitere Ausbreitung der Krankheit zu verhindern. Hierzu werden die Allele bE77306, SW904172 und SW904180 identifiziert, die in der experimentellen Herde eng mit AMC gekoppelt sind. Das Ziel des Projekts ist die Identifikation der ursächlichen Mutation auf SSC5 und damit die sichere Diagnose für AMC.

Das Projekt ist Teil der COST Action 861 und wird von der SUISAG mitfinanziert.

## 7. Genetik Farbvererbung

### Molekulargenetische Untersuchungen zur Fellfarbe beim Pferd

B. Haase<sup>1</sup>, G. Obexer-Ruff<sup>1</sup>, M. Engensteiner<sup>1</sup>, C. Drögemüller<sup>1</sup>, D. Burger<sup>2</sup>, P.-A. Poncet<sup>2</sup>, S. Rieder<sup>3</sup>, T. Leeb<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institut für Genetik, Vetsuisse-Fakultät, Universität Bern, <sup>2</sup>Nationalgestüt Avenches,

<sup>3</sup>Schweizerische Hochschule für Landwirtschaft, Berner Fachhochschule, Zollikofen

Die Fellfarbe beim Pferd ist ein wichtiges Merkmal zur Beschreibung der Identität. In einigen Fällen ist es jedoch unmöglich, von einem bestimmten Phänotyp eindeutig auf den zugrundeliegenden Genotyp zu schliessen. Daher ist es von hohem Interesse, die kausalen Variationen für bestimmte Farbphänotypen molekulargenetisch zu charakterisieren. Die Kenntnis der relevanten Allele erlaubt den Einsatz von Gentests, um eine eindeutige Genotypisierung eines Pferdes durchführen zu können. In der Zuchtplanung lassen sich nur bei bekannten Genotypen der Eltern präzise Vorhersagen über die zu erwartenden Farbphänotypen der Fohlen machen.

Im vergangenen Jahr konnten wir die Mutation für die dominant weisse Fellfarbe bei Freiberger Pferden identifizieren. Es handelt sich um eine Punktmutation im equinen KIT Gen. In Zusammenarbeit mit verschiedenen amerikanischen Kooperationspartnern konnten wir zeigen, dass in anderen Pferdepopulationen noch mindestens fünf weitere unabhängige Mutationen im KIT Gen für eine fast vollständige Depigmentierung verantwortlich sein können.

Ein weiteres Merkmal, welches wir studieren, sind die weissen Abzeichen bei Freiberger Pferden. Wir konnten zeigen, dass der KIT Locus einen erheblichen Einfluss auf die Grösse der weissen Abzeichen an den Gliedmassen und am Kopf hat. Gegenwärtig versuchen wir, auch diese Mutation auf molekularer Ebene zu identifizieren.

Schliesslich beschäftigen wir uns noch zusammen mit verschiedenen internationalen Kooperationspartnern und in verschiedenen Pferdepopulationen mit den Farbphänotypen Tobiano, Roan und Tigerscheckung.

### Genetische Analyse weisser Abzeichen an Kopf und Extremitäten beim Freiberger

S. Rieder<sup>1</sup>, Ch. Hagger<sup>1</sup>, G. Obexer-Ruff<sup>2</sup>, B. Haase<sup>2</sup>, T. Leeb<sup>2</sup>, P.-A. Poncet<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Schweizerische Hochschule für Landwirtschaft, Zollikofen

<sup>2</sup>Institut für Genetik, Vetsuisse-Fakultät, Universität Bern, <sup>3</sup>Nationalgestüt, Avenches

Weisse Abzeichen bei Nutztieren werden als Resultat des Domestikationsprozesses interpretiert. In der Praxis dienen weisse Abzeichen der Identifizierung von Individuen. In Abhängigkeit von Zuchtzielen, Nachfrage und Leistungen stehen weisse Abzeichen unter Selektionsdruck. Beim Freiberger hat sich der Anteil weisser Abzeichen in den letzten dreissig Jahren mehr als verdoppelt. Das Verbandszuchtziel sieht demgegenüber ein Pferd mit möglichst wenig Weiss vor. Markt und individuelle Vorlieben haben zu einer entgegengesetzten Selektion geführt. Um diese widersprüchliche Situation in Zukunft gezielter zu steuern, und um eine Entwicklung hin zu extremen Depigmentierungen aufzuhalten, wurden Populationsparameter und Zuchtwerte für weisse Abzeichen an Kopf sowie Vorder- und Hinterextremitäten geschätzt. Systematische Effekte auf und Korrelationen zwischen den erwähnten Merkmalen wurden analysiert. Segregationsanalysen dienten als erster Schritt hin zur molekulargenetischen Aufklärung weisser Abzeichen. Wir bestätigen in dieser Arbeit die diversen Resultate von Woolf für amerikanische Vollblutaraber mit einer davon unabhängigen Pferdepopulation. Analog zu Woolf fand sich eine hohe positive Korrelation zwischen dem Fuchs-Allel (MC1R-Locus) und dem Anteil weisser Abzeichen. Die Freibergerdaten passten sich am besten an ein Vererbungsmodell mit polygener Komponente, Hauptgen mit zwei Allelen und dominant/rezessivem Erbgang an. Dabei scheint das rezessive Allel den Anteil weisser Abzeichen zu erhöhen. Multilocus Linkage Disequilibrium Analyse mittels Mikrosatelliten-Daten erlaubte die chromosomale Zuweisung des postulierten Hauptgens in eine Region auf ECA3q. Dieser Chromosomenabschnitt enthält auch das equine KIT Gen.



## **Gentestentwicklung für die Farbvariante Blüem/Ryf beim Schweizer Braunvieh**

C. Drögemüller<sup>1</sup>, S. Moser<sup>2</sup>, A. Brunner<sup>1</sup>, T. Leeb<sup>1</sup>, S. Rieder<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Institut für Genetik, Vetsuisse-Fakultät, Universität Bern

<sup>2</sup>Schweizerische Hochschule für Landwirtschaft, Berner Fachhochschule, Zollikofen

Beim Schweizer Braunvieh treten seit Jahrhunderten neben den typisch braunen Rindern solche mit einer nahezu durchgehend weiss gefleckten Rückenpartie und einem unterschiedlich ausgeprägt weissen Kopf mit geblühten Mustern an der Stirn auf. Diese als Blüem oder Ryf bezeichnete Farbvariante wird von einigen Schweizer Braunviehzüchtern bevorzugt und entsprechend pigmentierte Tiere werden zudem als Glücksbringer innerhalb der Herde angesehen. Seit dem Blüem/Ryf Tiere voll herdebuchfähig sind, wurde eine vermehrte Nachfrage nach entsprechenden KB-Stieren registriert. Auf Basis von Besamungsdaten der Firma Swisssgenetics sowie Herdebuchdaten des Schweizerischen Braunviehzuchtverbandes wurde ein monogen autosomal dominanter Erbgang für den Phänotyp Blüem/Ryf ausgewiesen. Daraufhin wurden 78 Tiere aus drei paternalen Halbgeschwisterfamilien mit 37 informativen Meiosen für den unbekanntem Blüem/Ryf Genort beprobt. Mikrosatelliten aus der Region des KIT Gens auf Chromosom 6 zeigten eine signifikante Kopplung zum Phänotyp Blüem/Ryf. Bei Betrachtung der Allelweitergabe innerhalb der Familien erscheint ein semi-dominanter Erbgang als eher wahrscheinlich, da die Blüem/Ryf Tiere mit homozygoten Markergenotypen tendenziell mehr unpigmentierte Stellen im Fell aufweisen. Nach Ausschluss von Variationen im kodierenden Bereich erfolgt zur Zeit eine Feinkartierung der ursächlichen Mutation in der perfekt assoziierten 5'-Region des bovinen KIT Gens unter Einsatz weiterer Mikrosatelliten und SNPs.

Die vorliegenden Resultate dieser Arbeit erlauben den Einsatz assoziierter Marker im Bereich des KIT Gens für einen indirekten Gentest auf Rein- oder Mischerbigkeit für das Merkmal Blüem/Ryf beim Schweizer Braunvieh.

## **8. Physiologie Rind**

### **Relationship between metabolic status and the first follicular wave postpartum in high yielding dairy cows**

N. Castro<sup>1,2</sup>; C. Kawashima<sup>3</sup>; H.A. v. Dorland<sup>1</sup>; S. Richter<sup>1</sup>; I. Morel<sup>4</sup>; A. Miyamoto<sup>3</sup>; R.M. Bruckmaier<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Vetsuisse Faculty, University of Bern, 3012 Bern, Switzerland; <sup>2</sup>Las Palmas de Gran Canaria University, Arucas 35413, Spain; <sup>3</sup>Obihiro University of Agriculture and Veterinary Medicine, Obihiro 080-8555, Japan; <sup>4</sup>Agroscope Liebefeld-Posieux, 1725 Posieux, Switzerland

In dairy cows a number of adaptive changes of hormones, growth factors and metabolites around parturition are related to the reproductive function postpartum. The aim of this study was to investigate the effect of the metabolic status and key metabolic factors in the liver during the dry period (dp) and in early lactation on the reactivation of the ovarian cycle in dairy cows. 23 multiparous high yielding dairy cows were divided in two groups in relation to the first ovulation postpartum (pp) based on milk progesterone (P4) profiles. Therefore milk samples were collected after milking three times per week from day 7 pp until a new pregnancy. The first ovulation was identified by an increase of P4 to more than 1ng/ml. 47.8% of all cows showed the first ovulation within 3 weeks pp (OC), in the others the first ovulation occurred later (AC). Blood samples were taken from the jugular vein every two weeks from 9 weeks ante partum (ap) to week 9 pp and plasma concentration of  $\beta$ HB, NEFA, glucose (Glu), T-cholesterol, IGF-I and insulin (Ins), were measured. Liver biopsies were obtained ap and pp to analyse mRNA expression levels of hormone receptors (GH-R, IR, IGF-R1) and key metabolic enzymes (PC, PEPCKc, PEPCKm). Data were analysed by repeated measures ANOVA. Differences between groups and time points were analysed for significance by Student's t test. Areas under the curves were calculated for the entire periods dp and pp, respectively. OC during dp showed higher Glu, Ins, and IGF-I than AC ( $3.64 \pm 0.03$  vs.  $3.42 \pm 0.06$  mmol/l;  $5.99 \pm 0.99$  vs.  $3.89 \pm 0.44$   $\mu$ g/l and  $173.09 \pm 11.50$  vs.  $133.04 \pm 11.56$   $\mu$ g/l respectively). In contrast, during the pp period no significant differences were observed for these parameters. No differences in liver mRNA expression were found during the whole experimental period. Additionally BCS and energy balance were assessed during dp and pp period and daily milk yield was recorded during the pp period and no significant differences were observed between OC and AC, except for higher BCS in OC than in AC during the pp period. In conclusion the metabolic status during the dp is obviously crucial for follicular development and thus for the ovulation of the first follicular wave pp in dairy cows because this is a crucial period for the development of the primordial follicle to the preovulatory stage.

## **Einfluss einer kaliumarmen Ration auf die Säure-Basen-Homöostase der Milchkuh während des peripartalen Zeitraums**

Anja Philipp<sup>1,2</sup>, Hans Dieter Hess<sup>1</sup>, Annette Liesegang<sup>2</sup>, Michel Rérat<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Forschungsanstalt Agroscope Liebefeld-Posieux ALP, CH-1725 Posieux

<sup>2</sup>Institut für Tierernährung, Vetsuisse Fakultät der Universität Zürich, CH-8057 Zürich

Veränderungen in der Zusammensetzung der Ration (insbesondere dem Mineralstoffgehalt) während der Transitphase können den Säure-Basen-Haushalt der Kuh beeinflussen. Eine Verschiebung des Säure-Basen-Status in Richtung einer metabolischen Azidose vermindert das Risiko einer Milchfiebererkrankung. In einem Stoffwechselversuch mit Hochleistungskühen wurde der Einfluss der Verfütterung von kaliumarmem (K15: 15 g K/kg TS) und kaliumreichem (K35: 35g K/kg TS) Dürrfutter während der letzten fünf Wochen vor der Abkalbung auf den Säure-Basen-Haushalt der Milchkuh untersucht.

Die Werte der Kationen-Anionen-Bilanz (dietary cation-anion balance, DCAB) der Ration K15 lagen deutlich tiefer als jene der Ration K35 (209 vs. 492 mEq/kg TS). Trotzdem ist davon auszugehen, dass ein DCAB-Wert von 209 mEq/kg TS für eine effektive Gebärpauseprophylaxe nicht ausreichend tief ist. Die Verfütterung von kaliumarmem Heu führte einige Tage vor der Abkalbung zu einer Absenkung des Harn-pH-Werts ( $P < 0.05$ ). Im Vergleich zum Verfahren K35 lagen die Parameter Netto-Säure-Basen-Ausscheidung (NSBA) und Basen-Säuren-Quotient (BSQ) im Harn der Kühe im Verfahren K15 in den letzten zwei Wochen präpartum deutlich tiefer ( $P < 0.05$ ). Diese Veränderungen der pH-, NSBA- und BSQ-Werte im Harn der Kühe, welche kaliumarmes Heu erhielten, deuten auf eine Verschiebung des Säure-Basen-Haushalts in Richtung einer Verminderung der alkalotischen Stoffwechsellage hin. Es wurde jedoch keine kompensierte metabolische Azidose ausgelöst und die Werte lagen noch innerhalb des für Wiederkäuer typischen alkalischen Bereiches. Daraus folgt, dass NSBA und BSQ sich eignen, Veränderungen im Säure-Basen-Haushalt der Milchkuh anzuzeigen. Ihre Verwendbarkeit als Indikatoren zur Früherkennung von Milchfieber wird zurzeit in einem Versuch geprüft.

## **Unterschiede in der Regulation des Stoffwechsels von Milchkühen während der Trockenzeit und in der frühen Laktation**

H.A. van Dorland<sup>1</sup>, S. Richter<sup>1</sup>, I. Morel<sup>2</sup>, R. M. Bruckmaier<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Abt. Veterinär-Physiologie, Vetsuisse-Fakultät, Universität Bern

<sup>2</sup>Agroscope Liebefeld-Posieux (ALP), Posieux

Eine erfolgreiche Anpassung des Stoffwechsels an die Laktation in Milchkühen könnte nachhaltig eine tiergerechte, effiziente und ökonomische Milchproduktion sichern. Dennoch ist über die Regulationsmechanismen des Stoffwechsels von Milchkühen wenig bekannt. In dieser Studie wurden die Regulationsmechanismen wesentlicher Stoffwechselffade bei Milchkühen während der Trockenzeit, kurz nach dem Abkalben und in der frühen Laktation untersucht. Die Studie wurde mit 28 Milchkühen durchgeführt. Leberbiopsien wurden in Woche 10 ante partum sowie 1 Tag, 4 und 14 Wochen post partum (p.p.) entnommen. Blutproben wurden jede zweite Woche entnommen. Im Lebergewebe wurde die mRNA Expression von hepatischen Faktoren des Stoffwechsels gemessen (PEPCKc, PEPCKm, PC, ACSL, CPT 1A, CPT 2, ACADVL, HMGCS1, HMGCS2, PPAR $\alpha$ , PPAR $\gamma$ , SREBF1, ACLY, und CS) und im Blut wurden die Konzentrationen von Metaboliten und Hormonen bestimmt (Glukose, BHB, NEFA, Cholesterin, Triglyceride, Insulin, IGF-1, T3, und T4). Auf Basis der Beta-hydroxybutyrat (BHB) Plasma-Konzentration in der vierten Woche p.p. wurden die Kühe in zwei Gruppen (eine Gruppe mit hohem und eine Gruppe mit tiefem BHB) eingeteilt. Der Verlauf der Metaboliten und Hormone im Blut während der Versuchsperiode war wie in Milchkühen gewöhnlich beobachtet wird. Es zeigten sich nur wenige Unterschiede zwischen den Gruppen in Bezug auf die Konzentrationen dieser Parameter und der mRNA Expression der hepatischen Faktoren. Klare Unterschiede zeigten sich zwischen den Gruppen bezüglich der Korrelationen der gemessenen Faktoren zu jedem Zeitpunkt. Diese Korrelationen variierten auch zwischen Zeitpunkten. Die metabolische Regulation bei Milchkühen ist offenbar ein dynamisches System, das sich im zeitlichen Verlauf verändert und zwischen Kühen unterschiedlich ist.

## 9. Eutergesundheit

### Eutergesundheit und Einsatz von Antibiotika in Schweizerischen Biobetrieben vor und nach Einführung einer Bestandesbetreuung

*P. Klocke, S. Ivemeyer, A. Maeschli, M. Walkenhorst, F. Heil, S. Oser, C. Notz  
Forschungsinstitut für biologischen Landbau (FiBL), Frick*

Am Forschungsinstitut für biologischen Landbau (FiBL) wird im pro-Q-Projekt seit 2003 Bestandesbetreuung mit Schwerpunkt Eutergesundheit auf Schweizer Betrieben durchgeführt. Zentrales Projektziel ist dabei die Reduktion des Antibiotikaeinsatzes zur Behandlung von Mastitiden und zum Trockenstellen bei verbesserter oder gleichbleibender Eutergesundheit. Des Weiteren soll langfristig die Nutzungsdauer verlängert werden. Die Betriebsentwicklung der 65 untersuchten Betriebe zeigt, dass sich der Antibiotikaeinsatz in 2 Jahren im Durchschnitt um ein Drittel von 38 auf 26 Behandlungen/100 Kühe und Jahr senken liess, während die Eutergesundheit gemessen an der theoretischen Zellzahl im Mittel bei ca. 180'000/ml gleich blieb. Zehn Betriebe haben im 2. Projektjahr keine Antibiotika zur Mastitiskontrolle eingesetzt (15%).

Signifikante Verbesserungen [0]der Eutergesundheit zeigten diejenigen Betriebe, die (a) hohe Zellzahlen im Bestand zu Projektbeginn hatten, (b) die als Grund für den Projekteinstieg die Verbesserung der Eutergesundheit angaben und (c) bei denen der Hoftierarzt nach Auskunft der Landwirte engagiert am Projekt teilgenommen hat.

Weiterhin verbesserte sich die durchschnittliche Laktationszahl der Herden signifikant um 0.2 Laktationen von 3.3 auf 3.5. Die Projektziele konnten somit in vielen Betrieben innerhalb von 2 Betreuungsjahren umgesetzt werden.

### Störung der Milchabgabe: Evaluation der Lage in der Schweiz

*C.J. Belo<sup>1</sup>, S. Schlegel<sup>2</sup>, J. Mol<sup>3</sup>, R.M. Bruckmaier<sup>1</sup>*

<sup>1</sup>*Abt. Veterinär-Physiologie, Vetsuisse Fakultät, Universität Bern*

<sup>2</sup>*ETH Zürich*

<sup>3</sup>*Schweizer Braunviehzuchtverband, Zug und ASR, Bern.*

Während anatomische Abnormalitäten des Euters zu schlechter Melkbarkeit führen, verursacht eine ungenügende Freisetzung von Ocytocin aus der Hypophyse eine Ejektionsstörung, d.h. eine unvollständige Euterentleerung. Zur näheren Abklärung der Ursachen von Milchabgabestörungen wurden 2007 an 2099 Schweizer Milchviehbetriebe Fragebögen versandt. Der Anteil retournierter Fragebögen war bei allen Rassen sehr hoch mit 78 % beim Braunvieh (BV), 73 % bei Holstein (HO) und 72 % beim Fleckvieh (FV). Somit wurden 67548 Tiere erfasst, von denen 2642 Tiere mit schlechter Milchabgabe gemeldet wurden. Beim BV waren dies 5%, bei HO und FV jeweils 3% der Tiere. Bei 1198 Tieren (1.8%) wurde Ocytocin regelmässig therapeutisch beim Melken appliziert (BV: 2.5%, FV: 1% und HO: 1%). 242 Betriebe (121 BV, 83 FV, 38 HO), die mindestens ein Problemtier gemeldet hatten, wurden zwischen Juni und Dezember 2007 telefonisch kontaktiert. Nachgefragt wurde eine möglichst detaillierte Charakterisierung der Störung sowie das jeweilige Vorgehen im Problemfall. Der Meinung der Landwirte nach kommen u.a. Milchejektionsstörungen (FV: 76%, HO: 63%, BV: 48%), schlechte Melkbarkeit (BV: 34%, HO: 21%, FV: 9%) und externe Faktoren (Kriechströme, Absauganlage, Bauarbeit im Stall, Krankheit der Tiere) (BV: 28%, HO: 16%, FV: 15%) vor. Im Problemfall wird neben Ocytocin-Einsatz (BV: 83%, FV: 54%, HO: 37%) gut angerüstet, Euter und Scheide massiert, Luft in der Scheide eingeblasen oder homöopathisch behandelt. Etwa die Hälfte der Betriebe (BV: 54%, HO: 47%, FV: 45%) haben die Problemtiere nicht behalten. In 18 Betrieben, bei denen auf Nachfrage eine Milchejektionsstörung durch mangelnde Ocytocinfreisetzung wahrscheinlich war, wurden 51 Tiere aller Rassen mit einem mobilen Milchflussmessgerät (Lactocorder) auf das Vorhandensein von Ejektionsstörungen geprüft. Nach Sistieren des spontanen Milchflusses wurde Ocytocin iv. appliziert und die Restmilchmenge erfasst. Bei 18% der getesteten Tiere konnte keine Ejektionsstörung festgestellt werden.

## **Genetische Variation bei der Bindung von Staphylococcus aureus an die Euterschleimhaut des Rindes**

Hannes Jörg<sup>1,2</sup>, Bruno Dietrich<sup>2</sup>, Urs Schuler<sup>2</sup>, Fredi Janett<sup>3</sup>

<sup>1</sup>ASR Bern; <sup>2</sup>Institut für Nutztierwissenschaften, ETH Zürich; <sup>3</sup>Veterinärfakultät Uni Zürich

Anheften an und Eindringen in die Schleimhautzellen des Euters sind wichtige Faktoren bei der Entstehung einer Euterentzündung durch Staphylococcus aureus Bakterien. Die Aufnahme der Bakterien durch die Euterepithelzellen führt meistens zu einer chronischen Ausprägung der Entzündung und macht eine Behandlung schwierig. Um diese Aufnahme zu erforschen werden primäre Euterepithelzellen in Kultur genommen. Am Schlachthof Zürich wurde von 2'750 Kühen der Vater ausfindig gemacht. Die Tierverkehrsdatenbank lieferte dazu die Grunddaten, die Daten der auserwählten Tiere wurden bei den Zuchtverbänden überprüft. Vier von zehn ausgewählten Stiere erreichten die geforderte Anzahl von 12 Töchtern. Insgesamt 67 Proben wurden in die Untersuchung aufgenommen. Die Vermehrung von Staphylococcus aureus Bakterien in Euterschleimhautkulturen, die paternalen Allele an den beiden SNPs +6987 G/A Fibronektin 1 und +777 G/C Interleukin-8-Rezeptor-beta, 10 SNPs in der Region des Interleukin-8-Rezeptor-beta Genes und die Zuchtdaten der Kühe wurden analysiert. Die nach dem paternalen Allel von Interleukin-8-Rezeptor-beta eingeteilten Gruppen unterschieden sich hoch signifikant in der Anzahl Bakterien an den Euterschleimhautzellen in der Kultur. Dies unterstreicht die Bedeutung des Genortes für die Vermehrung der Bakterien in der Kultur mit Euterschleimhautzellen und lässt erahnen, dass der Geneffekt welcher dem QTL für Mastitis zugrunde liegt auch die Unterschiede in den Kulturen hervorbringt. Die Haplotypen der 10 SNPs waren stark konserviert und die meisten Allele bieten die gleiche Information. Demzufolge kann bei den vorliegenden genetischen Distanzen zwischen den SNPs die Rekombination in ähnlich aufgebauten Populationen vernachlässigt werden. Die Resultate weisen auf das grosse Potential von vielen SNPs zur Analyse von komplexen Merkmalen wie der Euterentzündung hin.

## **10 Zucht Schwein**

### **Genetischer Wert – Ein neues Selektionskriterium für die Kernzucht beim Schwein**

Luther H., Hofer A.

SUISAG Sempach

In der Kernzucht ist ein effizientes Inzuchtmanagement notwendig. Kernzuchtpopulationen sind generell klein und Spitzentiere können natürlicherweise oder via KB viele Nachkommen erzeugen, wodurch die Verwandtschaft in der Kernzucht rasch zunehmen kann.

Bei der Selektion von Jungsauen zur reinrassigen Nachzucht in den Kernzuchtbetrieben bzw. von KB-Ebern sollten daher nicht nur Informationen zur Leistungsvererbung (Zuchtwerte) eines Tiers vorliegen, sondern auch Informationen zur Verwandtschaft des Tiers mit der Kernzuchtpopulation. Die Idee ist, vorzugsweise Tiere zu selektieren die gute bis sehr gute Zuchtwerte aufweisen und vergleichsweise wenig Verwandte in der aktiven Kernzucht besitzen.

Zusätzlich zur ZWS berechnet die SUISAG täglich die Verwandtschaft jedes Kernzuchttiers zu allen aktiven Kernzuchttieren seiner Rasse. Diese Werte werden für jedes Tier zur durchschnittlichen Verwandtschaft (dvw) gemittelt. Um die Aussagekraft zu erhöhen, werden die durchschnittlichen Verwandtschaftswerte in einen Verwandtschaftsindex (VWI) umgewandelt. Die Basis des Index liegt bei 100 und schwankt mit einer Standardabweichung von 20 Punkten. Tiere mit vielen, engen Verwandten in der Kernzucht (z.B. KB-Eber) weisen tiefe VWI auf, während Tiere mit wenig Verwandten hohe Verwandtschaftsindexe besitzen.

Gesamtzuchtwert (d.h. Leistungsvererbung) und Verwandtschaftsindex (genetische Vielfalt) werden abschliessend zum Genetischen Wert (GW) kombiniert wobei die Gewichtung zur Zeit 80% GZW und 20% VWI beträgt. Ab April wird die SUISAG nach der Eigenleistungsprüfung konkret empfehlen, welche Jungsauen zur reinrassigen Nachzucht in der Kernzucht genutzt werden sollten. Hierbei wird der Genetische Wert der Jungsau neben anderen Kriterien das entscheidende Selektionskriterium sein. Besonders bei der Auswahl der ES-Mutterlinieeber wird ebenfalls verstärkt der Genetische Wert der Eber beachtet.

In der Kreuzungssauen- und Mastferkelproduktion bleiben weiterhin nur die Zuchtwerte entscheidend, weil mit den Nachkommen nicht weiter gezüchtet wird. Spitzeneber mit hohen Zuchtwerten können und sollten hier weiterhin maximal genutzt werden.

## **Genetische Parameter und kombinierte Zuchtwertschätzung für Prüfstations-, Feldprüfungs- und Schlachthofmerkmale im CH-Zuchtprogramm**

*Daniel Kaufmann*

*SUISAG, Allmend, CH-6204 Sempach, dka@suisag.ch*

Seit 2004 stehen Leistungsdaten von gekreuzten Endprodukten (Endprodukteprüfung im Schlachthof und an Prüfstation) und aus der Reinzucht (Stations- und Feldprüfung) und zur Verfügung.

Anhand von Leistungsdaten aus dem Schlachthof (5'553 Kreuzungstiere), der Prüfstation (5'095 Reinzucht- und Kreuzungstiere) und der Feldprüfung (28'894 Reinzucht- und F1-Tiere) der Rassen ES, SL, ESV und deren Kreuzungen wurden genetische Parameter für die Merkmale Masttageszunahme (MTZ), Futtermittelverwertung (FV), Anteil wertvolle Fleischstücke (AwF), intramuskulärer Fettgehalt (ImF), Fettzahl (FZ), Tropfsaftverlust (DL), pH1, pH30 und H30, Lebendtageszunahme Feld (LTZ\_F), Rückenspeckdicke (RSD), Tageszunahme Schlachthof (TZS), Magerfleischanteil (MFA) und Erlös für MFA (MFAEL) geschätzt. Die Modelle beinhalten die fixen Effekte Sex, Eberrasse x Kreuzung und Zeitgefährten-Gruppe, sowie die zufälligen Effekte Wurf und Tier. Das Schlachtgewicht wird als Covariable berücksichtigt. Für die Stationsmerkmale beinhalten die Modelle einen zusätzlichen zufälligen Effekt Herkunftsbetrieb x Geburtsjahr. Die geschätzten Heritabilitäten für MTZ (0.18) sind tief und es gibt nur eine mittlere genetische Beziehung zu TZS (0.57). Die Erblichkeit von AwF (0.61) und die genetischen Korrelationen zu den übrigen Fleischigkeitsmerkmalen MFA (0.91), MFAEL (0.79) und RSD (-0.73) sind hoch. Für DL ist die Heritabilität 0.30. DL weist mittlere genetische Beziehungen zu MTZ (0.56) und FV (0.52) und schwache genetische Korrelationen zu AwF (0.18) und MFA (0.12) auf.

Eine kombinierte Zuchtwertschätzung von Reinzucht- und Kreuzungsleistungen führt zu einem höheren Zuchtfortschritt, da alle vorhandenen Informationen verwendet werden (höhere Genauigkeit) und Zuchtwerte für in Reinzucht und in Kreuzung geprüfte Merkmale geschätzt werden. Die direkte Selektion auf TZS und die indirekte Selektion auf MFA via AwF bringt den grössten Zuchtfortschritt in diesen beiden Zielmerkmalen.

### **Ist Zucht gegen Ebergeruch möglich? Erste Ergebnisse aus der MLP-Sempach**

*Luther H.<sup>1</sup>, Hofer A.<sup>1</sup>, Bee, G.<sup>2</sup> Ampuero S.<sup>2</sup>*

<sup>1</sup>*SUISAG Sempach*

<sup>2</sup>*ALP Posieux*

Seit 2006 werden jährlich ca. 400 Edelschwein-Mutterlinie-Eber an der MLP-Sempach in Zehnerbuchten aufgezogen, geprüft und 90% von ihnen geschlachtet. Zusätzlich wird ein weibliches oder kastriertes Ferkel aus dem Geburtswurf an der MLP geprüft. Die besten 10% der Eber werden für den KB-Einsatz selektiert.

Etwa die Hälfte der Eber wird bei ca. 95 kg LG geschlachtet. Für sie sind Mast- und Schlachtleistungen vorhanden. Weitere rund 150 Eber werden erst mit über 110 kg LG geschlachtet. Für diese Eber sind Mastleistungen und Daten zu chemischen Komponenten des Ebergeruchs verfügbar. Speckproben der „schweren Eber“ werden durch die ALP auf den Androstenon-, Skatol- und Indolgehalt untersucht. Daneben ist DNA-Material von allen Tieren verfügbar.

Die Prüfergebnisse von 692 Ebern, 117 Kastraten und 213 Weibchen zeigen folgendes Bild. Eber wachsen schneller als ihre Schwestern aber langsamer als ihre kastrierten Brüder. Eber zeigen eine deutlich bessere Futtermittelverwertung als ihre Geschwister. Eber sind nur etwas fleischiger als ihre Schwestern; weisen aber einen ca. 3 Prozentpunkte höheren Anteil wertvoller Fleischstücke als ihre kastrierten Brüder auf. Der intramuskuläre Fettgehalt ist bei Ebern etwas tiefer als bei weiblichen Tieren und wesentlich tiefer als bei den Kastraten. Die Fettzahlen der Eber sind gegenüber den weiblichen Tieren und Kastraten deutlich erhöht.

Die chemische Analyse von bisher 166 Ebern zeigt bei 28 Ebern deutlichen Ebergeruch. (Androstenon: >1.0 µg/g oder Skatol: >0.16 µg/g), wobei Androstenon der Hauptgrund ist. Bis Anfang 2009 sollen von 400 schwer geschlachteten Ebern die Ebergeruchsdaten vorliegen. Danach werden alle Daten genetisch-statistisch analysiert, um Erblichkeiten und genetische Korrelationen der Ebergeruchskomponenten zu anderen Merkmalen zu schätzen.

Das Datenmaterial und die DNA-Proben sollen in entsprechende Genomforschungsprojekte eingebracht werden, weil klassische Zucht gegen Ebergeruch trotz ansprechender Erblichkeiten schwierig ist. Ebergeruch kann nur an geschlachteten Ebern geprüft werden und wahrscheinlich bestehen züchterisch ungünstige Beziehungen zur Geschlechtsreife.

## **Von Fusarien gebildete Mykotoxine und Fruchtbarkeit von Schweinen**

*Andreas Gutzwiller*

*Forschungsanstalt Agroscope Liebefeld-Posieux ALP, 1725 Posieux*

In zwei Versuchen wurden die Auswirkungen von mit den Fusarientoxinen Deoxynivalenol (DON) und Zearalenon belastetem Stroh bzw. Futter auf die Fruchtbarkeit von weiblichen Schweinen untersucht.

Acht Sauen wurden während 2 Galtperioden und 40 Sauen wurden während einer Galtperiode in Buchten gehalten, die mit belastetem Weizenstroh eingestreut wurde (DON: 1.4 mg/kg; Zearalenon: 0.9 mg/kg; Medianwerte von 12 Analysen). Die insgesamt 48 Kontrollsauen wurden auf unbelastetem Stroh gehalten. Die kontaminierte Einstreue beeinträchtigte die Fruchtbarkeitsparameter wie Trächtigkeitsrate, Ferkelzahl und Ferkelgewicht nicht.

Ein mit 2 mg/kg DON und 0.4 mg/kg Zearalenon belastetes Alleinfutter wurde neun Versuchssauen ab 80 kg Lebendgewicht (LG) bis zur Schlachtung, die 5-9 Wochen nach der Belegung erfolgte, gefüttert. Die Versuchssauen wuchsen im Vergleich zu ihren neun Schwestern, die das unbelastete Kontrollfutter erhielten, im Gewichtsabschnitt 80-100 kg LG langsamer (Tageszuwachs 763 gegenüber 912 g;  $P = 0.02$ ) und verwerteten das Futter schlechter (3.2 gegenüber 2.9 kg/kg;  $P = 0.05$ ), was jedoch keinen Einfluss auf das Alter bei der ersten Brunst hatte (195 gegenüber 191 Tage;  $P = 0.69$ ). Nach maximal zwei Belegungen waren 7 Versuchssauen und 8 Kontrollsauen trächtig. Die Anzahl Foeten pro trächtige Sau war nicht verschieden (11.7 bei den Versuchstieren, 12.1 bei den Kontrolltieren;  $P = 0.82$ ). Die Foeten der mit Mykotoxinen belasteten Sauen waren schwerer ( $P = 0.003$ ) als die Foeten der Kontrolltiere, was auf die wachstumsfördernde Wirkung des östrogen wirkenden Zearalenon auf die Föten zurückzuführen sein dürfte.

Die Versuche zeigen, dass die empfohlenen Höchstwerte von 0.9 mg DON und 0.25 mg Zearalenon pro kg der Gesamtration eine hohe Sicherheitsmarge enthalten, was ihren Einfluss auf die Fruchtbarkeit von gesunden Sauen unter guten Haltungsbedingungen anbelangt.

## **11. Haltung**

### **Wie wirkt sich das Flächenangebot auf das Verhalten, die Verschmutzung und die Tageszunahmen von Mastmunis aus?**

*Beat Wechsler, Regula Siegwart, Lorenz Gyax*

*Zentrum für Tiergerechte Haltung: Wiederkäuer und Schweine, Forschungsanstalt Agroscope Reckenholz-Tänikon ART, 8356 Ettenhausen*

Im Zusammenhang mit der Revision der Tierschutzverordnung wurde überprüft, wie sich das Flächenangebots auf das Verhalten, die Verschmutzung und die Tageszunahmen von Mastmunis ab 400 kg auswirkt.

56 Mastmunis wurden in 8 Gruppen gehalten, die in zwei Umtrieben von je 4 Gruppen beobachtet wurden. Den Gruppen wurden in Vollspaltenbuchten, deren Boden als gummierter Spaltenboden gestaltet war, in einem randomisierten Blockdesign Flächen von 2.5, 3.0, 3.5 und 4.0 m<sup>2</sup>/Tier angeboten. Alle 4 Wochen wurden die Tiere gewogen und das Flächenangebot verändert. Pro Flächenangebot wurde das Verhalten der Munis nach einer dreiwöchigen Angewöhnungszeit mittels Videoaufnahmen während 48 Stunden beobachtet. Zusätzlich wurde am Ende jeder Beobachtungsperiode die Verschmutzung sowohl der Tiere als auch des Bodens beurteilt.

Die Munis verbrachten mit zunehmendem Flächenangebot mehr Zeit in ausgestreckten Liegepositionen, zeigten mehr Liegepositionswechsel und Liegeperioden pro Tag, lagen in grösserer Distanz zu anderen liegenden Munis und weniger lange im Zentrum der Bucht. Sie traten auch seltener auf andere liegende Munis. Demgegenüber traten Verdrängungen von liegenden Munis, Hornen und Aufspringen unabhängig vom Flächenangebot mit gleicher Häufigkeit auf. Die Verschmutzung der Munis nahm mit zunehmender Fläche ab. Die Tageszunahmen wurden durch die Erhöhung des Flächenangebots positiv beeinflusst.

Zusammenfassend zeigt die Untersuchung, dass sich ein erhöhtes Flächenangebot positiv auf mehrere Aspekte des Liegeverhaltens von Mastmunis auswirkt. Befürchtungen, dass es vermehrt zu aggressiven Interaktionen und zu einer stärkeren Verschmutzung der Munis kommen könnte, wurden nicht bestätigt.

## **Sind Trennwände am Freßplatz geeignet, um soziale Auseinandersetzungen zwischen nebeneinander fressenden Ziegen zu minimieren?**

*Janine Aschwanden, Lorenz Gyga, Beat Wechsler, Nina M. Keil*

*Zentrum für Tiergerechte Haltung: Wiederkäuer und Schweine, Forschungsanstalt Agroscope Reckenholz-Tänikon ART, 8356 Ettenhausen*

Teil des Sozialverhaltens von Ziegen ist, dass eine rangtiefe Ziege beim Fressen eine bestimmte inter-individuell festgelegte Distanz zu einer ranghöheren Ziege nicht unterschreiten darf. Andernfalls setzt die Ranghöhere ihren Rangstatus mittels Drohen oder einem Kopfstoss durch. Die in der Stallhaltung üblichen Fressplatzbreiten (35-45 cm) liegen nachweislich für einen Grossteil der Ziegen unterhalb dieser Distanz, was zu häufigen sozialen Auseinandersetzungen bei der Fütterung führen oder das gemeinsame Fressen zweier Ziegen sogar verhindern kann.

In einem Experiment wurde untersucht, ob und welche Art von Trennwänden soziale Auseinandersetzungen minimieren. Dabei wurden jeweils einem Ziegenpaar zwei direkt nebeneinander angebrachte Heuraufen angeboten, an denen beide Ziegen gleichzeitig fressen konnten. Für jedes Ziegenpaar waren die Heuraufen nacheinander und in zufälliger Reihenfolge mit vier verschiedenen Varianten von Trennwänden (Gitter oder Holz jeweils entweder kurz (55 cm) oder lang (110 cm)) unterteilt.

Es zeigte sich, dass im Vergleich zur Kontrollsituation ohne Trennwand alle untersuchten Varianten von Trennwänden das Fress- und Sozialverhalten stark positiv beeinflussten. Für alle Ziegen hatten lange Trennwände einen grösseren Effekt als kurze. Bezüglich des Materials wirkte sich für behornte Ziegen und solche mit einem grossen Rangunterschied eine Trennwand aus Holz stärker aus als eine aus Gitter. Dies deutet darauf hin, dass Sichtschutz speziell für rangtiefe und behornte Ziegen ein wichtiger Faktor zur Minimierung von sozialen Auseinandersetzungen beim Fressen ist. Zur Gestaltung von tiergerechten Laufställen für Ziegen sind daher Unterteilungen des Fressplatzes empfehlenswert.

## **Einfluss der Bodenart im Liegeboxenlaufstall und des Weidegangs auf das Verhalten und die Klauengesundheit von Milchkühen**

*Helge Christiane Haufe, Katharina Friedli, Beat Wechsler*

*Zentrum für tiergerechte Haltung: Wiederkäuer und Schweine des BVET, Forschungsanstalt ART Tänikon, CH-8356 Ettenhausen*

Gegenstand der Untersuchung war der Einfluss der Bodenarten planbefestigter Boden mit Gummibelag, Gussasphalt und perforierter Betonboden auf das Verhalten und die Klauengesundheit von Milch-kühen im Laufstall.

Die Untersuchung wurde auf 36 Landwirtschaftsbetrieben in der Schweiz, in Österreich und in Deutschland durchgeführt. Je ein Drittel der Betriebe war mit planbefestigtem Boden mit Gummibelag, mit Gussasphalt oder mit perforiertem Betonboden ausgestattet. Die Hälfte der Betriebe gewährte den Tieren im Sommer Weidegang.

Auf den Betrieben mit Weidegang wurden Verhaltensbeobachtungen durchgeführt. Dabei wurden die Schrittlängen der Tiere gemessen und das Körperpflegeverhalten sowie die allgemeine Aktivität beobachtet. Auf allen Betrieben wurden dreimal jeweils anlässlich der routinemässigen Klauenpflege die Veränderungen an den Klauen von 10 ausgewählten Tieren erfasst.

Auf planbefestigtem Boden mit Gummibelag machten die Kühe die längsten Schritte, auf perforiertem Betonboden die kürzesten. Das Körperpflegeverhalten wurde nicht von der Bodenart beeinflusst. Die Daten zur Klauengesundheit werden derzeit ausgewertet und stehen im März 2008 zur Verfügung.

Im Hinblick auf das Verhalten hat sich der planbefestigte Boden mit Gummibelag als am besten geeignet erwiesen. Da die Auswertungen zur Klauengesundheit noch im Gange sind, kann diesbezüglich derzeit noch keine Schlussfolgerung gezogen werden.

## 12. Produktionssystem Milch

### Variation der Ergänzungsfütterung zu Vollweide bei Milchkühen

Münger A.

Agroscope Liebefeld-Posieux ALP, 1725 Posieux

In zwei Versuchen über jeweils eine Weidesaison wurden die Wirkungen energiereicher Ergänzungsfutter von unterschiedlichem Kohlehydrattyp verglichen; im ersten Versuch waren es Gerste, Mais und eine Mischung der beiden, im zweiten Versuch die Mischung Gerste/Mais und getrocknete Zuckerrübenschnitzel. Diese Futtermittel wurden jeweils leistungsbezogen angeboten und nach den Melkzeiten verfüttert. Nach einer Übergangsfütterungsperiode waren sie bei Vollweide (Umtriebsweide) die ausschliessliche Ergänzung nebst einer Mineralstoffmischung. Insgesamt wurden während der Weideperiode rund 500 - 550 kg Ergänzungsfutter verfüttert und rund 6000 kg Milch produziert.

Die Auswirkungen der Variation der Energieergänzung auf die Milchleistungen und Milchinhaltsstoffe waren zum Teil im Verlauf der Weidesaison unterschiedlich; insgesamt jedoch vergleichsweise gering.

### Vergleich von zwei Milchproduktionssystemen

H.J. Frey<sup>1</sup>, W. Gut<sup>1</sup>, P. Thomet<sup>2</sup>, P. Kunz<sup>2</sup>, P. Hofstetter<sup>3</sup>

<sup>1</sup>LBBZ Hohenrain, Sennweidstr., 6276 Hohenrain,

<sup>2</sup>Schweizerische Hochschule für Landwirtschaft, Länggasse 85, 3052 Zollikofen

<sup>3</sup>LBBZ Schüpfheim, Chlosterbüel 28, 6170 Schüpfheim

Für die Milchproduzenten in der Schweiz zeichnen sich seit einigen Jahren zwei Hauptstrategien zur Kostensenkung und Effizienzsteigerung der Milchproduktion ab: die Stallhaltung mit möglichst hohen Leistungen pro Kuh und die Vollweidehaltung mit möglichst hohen Leistungen pro ha Weidefläche.

Diese beiden Produktionssysteme werden im vorliegenden Projekt in einer Fallstudie auf dem Schulgutsbetrieb des Landwirtschaftlichen Bildungs- und Beratungszentrums (LBBZ) Hohenrain auf je 13 ha pro System mit den folgenden Bedingungen umgesetzt:

- Stallherde: 24 Kühe, Rassen Brown Swiss und Holstein (1:1); Milchleistung ca. 8'000 kg pro Kuh und Jahr; Teilmischung mit Mais- und Grassilage (je 50% nach TS) und Proteinkonzentrat (MPP 25 kg), bedarfsgerechte Kraftfutterergänzung, Siesta-Weide

- Weideherde: 30 Kühe, Rassen Swiss Fleckvieh und Brown Swiss (1:1); Milchleistung ca. 6'500 kg pro Kuh und Jahr; Abkalbung Februar bis April; Vollweide von April bis November, Winterfütterung nur mit Dürrfutter, Kraftfutter nur zu Laktationsbeginn.

Die Datenerhebung konzentriert sich auf die Bereiche Tierhaltung, Futterbau/Fütterung, Arbeits-/Betriebswirtschaft und Milchqualität. Ökologie/Tierwohl, Milchverarbeitung/Saisonalität der Milcheinlieferung und Soziales werden ergänzend untersucht.

Es ist das Ziel des Projektes, die beiden Produktionssysteme konsequent zu optimieren und in betriebswirtschaftlicher und produktionstechnischer Hinsicht zu vergleichen. Daneben werden die Ergebnisse und Erfahrungen in praxistaugliche Empfehlungen und Planungshilfen umgesetzt und interessierten Kreisen zur Verfügung gestellt.

Die Vorarbeiten für das Projekt begannen im Herbst 2006. Am 01. November 2007 wurde das Projekt mit den geplanten Datenerhebungen und Untersuchungen gestartet. Das Projekt dauert drei Jahre und wird Ende Winter 2010/11 abgeschlossen.



## **Quelle génétique pour la pâture intégrale? Comparaison de vaches suisses et néozélandaises sur 13 exploitations laitières**

*V. Piccard, P. Kunz, P. Thomet*

*Haute école suisse d'agronomie HESA, 3052 Zollikofen*

Problématique : La vache à haute productivité, aujourd'hui largement présente en Suisse, n'est pas bien adaptée aux exploitations offrant à leur animaux principalement des fourrages grossiers (exploitations de pâture intégrale, de montagne ou biologiques). Des essais irlandais et néozélandais ont démontré qu'il existe une interaction génotype x environnement. Ainsi, les Holstein néozélandaises sont adaptées à la pâture intégrale : elles restent en bonne santé, fécondes et performantes pendant de nombreuses lactations. L'élevage néozélandais se concentre en premier lieu sur des animaux capables de transformer efficacement l'herbe en lait et ceci avec très peu d'aliments concentrés. L'objectif étant une vache économiquement rentable, malgré une performance laitière moyenne. Bien que la génétique néozélandaise ait déjà été introduite avec succès en Irlande, son aptitude doit être prouvée en conditions suisses et comparée à la génétique suisse.

Objectifs : Définir quels sont les critères caractérisant une vache adaptée à la pâture intégrale en conditions suisses afin d'améliorer les connaissances permettant l'élevage de vaches de pâture d'origine suisse.

Méthode : Comparaison par paire entre vaches Holstein néozélandaises et vaches suisses des races Brune, Tachetée rouge et Holstein sur 13 exploitations pratiquant la pâture intégrale depuis plusieurs années.

Variables étudiées : production laitière et teneurs, qualité du lait, transformation du lait, efficacité, santé, fertilité, métabolisme, comportement au pâturage, bien-être, caractères morphologiques et rentabilité économique.

Ce projet de recherche est réalisé conjointement par la HESA, Agroscope ALP, la faculté vétérinaire de Zürich et l'université vétérinaire de Vienne. Il est financé par la Confédération (à travers la CTI), Swissgenetics et IG Weidemilch. Durée : février 2007 à janvier 2010.

## 13. Rind

### **Genotyp x Umwelt Interaktionen zwischen den Umwelten Konventionell und Biologisch und den Umwelten Tal und Berg**

*Beat Bapst<sup>1</sup>, Christian Stricker<sup>2</sup> und Jürg Moll<sup>3,4</sup>*

<sup>1</sup>*FiBL, Postfach, CH-5070 Frick*

<sup>2</sup>*applied genetics network (agn), Börtjistrasse 8b CH-7260 Davos*

<sup>3</sup>*Schweizer Braunviehzuchtverband (SBZV), Chamerstrasse 56, 6300 Zug*

<sup>4</sup>*Arbeitsgemeinschaft Schweizerischer Rinderzüchter (ASR), Postfach, CH-3000 Bern 14*

Beim Braun- und Fleckvieh wurden Genotyp x Umwelt Interaktionen zwischen den Bewirtschaftungsarten ‚konventionell‘ und ‚biologisch‘ beziehungsweise ‚Tal‘ und ‚Berg‘ untersucht. Hierzu wurden die Milchleistungsmerkmale und Fruchtbarkeitsmerkmale aus biologischer bzw. konventioneller Bewirtschaftung (beziehungsweise Tal und Berg) als unterschiedliche Merkmale modelliert. Als Indikator für eine Genotyp x Umwelt Interaktion wurde die Abweichung von 1.0 der genetischen Korrelation zwischen den Merkmalen verwendet. Bei den Milchmengenmerkmalen wurden bei der Bewirtschaftungsart beim Braunvieh genetische Korrelationen von 0.9 geschätzt; beim Fleckvieh waren die Korrelationen beinahe 1.0. Das Merkmal Non Return Ereignis zeigte keine additive genetische Varianz. Das Merkmal Rastzeit zeigte beim Braunvieh in Abhängigkeit vom Datenumfang genetische Korrelationen im Bereich zwischen 0.69 und 0.87; beim Fleckvieh 0.78 bis 0.83. Die Genotyp x Tal/Berg Interaktionen lagen bei beiden Merkmalskomplexen etwas höher als jene für Genotyp x biologisch/konventionell. Die Interaktionen Genotyp x Berg/Tal und Genotyp x biologisch/konventionell sind vermengt und vor einer allfälligen Berücksichtigung einer dieser Interaktionen in einem Zuchtprogramm sollte abgeklärt werden, ob es sich um eine Genotyp Interaktion mit der Bewirtschaftungsart oder der Höhenlage handelt.

### **Conjoint-Analyse – Eine neue Methode zur Ableitung der wirtschaftlichen Gewichte für Einzelmerkmale und Merkmalskomplexe beim Milchvieh?**

*Beat Bapst<sup>1</sup> und Silvia Wegmann<sup>2,3</sup>*

<sup>1</sup>*FiBL, Postfach, CH-5070 Frick*

<sup>2</sup>*Holsteinzuchtverband, Grangeneuve, CH-1725 Posieux*

<sup>3</sup>*Arbeitsgemeinschaft Schweizerischer Rinderzüchter (ASR), Postfach, CH-3000 Bern 14*

Bei der Erstellung eines Zuchtzieles und bei der danach folgenden Umsetzung dieses Zieles in ein Zuchtprogramm ist es wichtig, dass die Einzelmerkmale nach wirtschaftlichen Kriterien gewichtet werden. Dies wurde bis anhin mit einer sehr aufwändigen Methode durchgeführt, die ein Produktionssystem modelliert. Aus dem Bereich der Marktforschung sind andere Methoden bekannt, die häufigste ist die sogenannte Conjoint-Analyse (CA). Dieser Ansatz wurde verwendet, um die relativen Gewichte der einzelnen Merkmale ableiten zu können. Mit einem Befragungsverfahren bei den Züchtern mussten hypothetische Tiere (Stimuli) hinsichtlich der eigenen Zielvorstellungen beurteilt werden. In der vorliegenden Untersuchung wurden fünf verschiedene Züchterzielgruppen (Holstein, Fleckvieh, Braunvieh Bio, Braunvieh Konventionell und Weidestrategie) befragt. Dabei konnten, je nach Modul zwischen 132 und 255 vollständig ausgefüllte Antwortbogen ausgewertet werden. Der Leistungskomplex wurde durch die konventionellen Braunviehzüchter am stärksten gewichtet (36.9%), das Exterieur durch die Holsteinzüchter (25.8%), die Eutergesundheit, die Nutzungsdauer und die Fruchtbarkeit durch die Bio-Braunviehzüchter (30.3%, 12.4% und 24.1%). Die Unterschiede zwischen den einzelnen Modulen lassen sich aus den unterschiedlichen Rassegegebenheiten erklären.

Die Conjoint-Analyse stellt ein sehr effizientes Verfahren für Zuchtorganisationen oder Genetikanbieter dar, um die Bedürfnisse der Kundschaft (Züchter), in Abhängigkeit von der Rasse und vom Produktionssystem zu evaluieren. Ob dieses Verfahren die eingangs erwähnte herkömmliche Methode ablösen kann, muss zuerst validiert werden. Hierbei stellt sich nämlich die Frage, ob tatsächlich alle Züchter immer nach streng wirtschaftlichen Kriterien handeln.

## 14. Schwein

### **Einfluss unterschiedlicher Fütterungsstrategien in der Zuchtsauenfütterung während der Trächtigkeit auf die Körperkondition der Sau**

Peter Stoll

Forschungsanstalt Agroscope Liebefeld-Posieux ALP, 1725 Posieux

Modelle für die Bedarfsermittlung von Zuchtsauen, wie sie in der Literatur beschrieben sind, sind recht unterschiedlich und komplex. In den ALP-Fütterungsempfehlungen treten die absoluten Zahlen deshalb in den Hintergrund, da die Durchschnittssau oder der Durchschnittsbetrieb nicht existiert. Dadurch lautet die ALP-Empfehlung: Fütterung auf Körperkondition.

In einem Fütterungsversuch wurden zwei verschiedene Fütterungsstrategien verglichen. Die eine Gruppe erhielt Futter nach den ALP-Empfehlungen. Die Versuchsgruppe wurde nach Körperkondition zum Zeitpunkt des Deckens gefüttert. Den Sauen wurde zu diesem Zeitpunkt die Rückenspeckdicke gemessen (P2 in mm) und mittels Regression (Close & Cole, 2001) in eine von 6 BCS-Klassen (body conditioning score) eingeteilt. Zu magere Tiere (Klasse 1 und 2) erhielten mehr (10 bzw. 5 %) und zu fette Tiere (Klassen 5 und 6) weniger Futter (-5 bzw. -10 %). Die übrigen Sauen wurden nach Empfehlung gefüttert.

Die Beziehung zwischen P2 und BCS ermittelt bei den Sauen der ALP [ $P2 = 1.5 \times BCS + 6.1$  ( $r^2 = 0.27$ )] und jene ermittelt bei den englischen Sauen (Whittemore, nach Close & Cole, 2001) war unterschiedlich [ $P2 = 5.8 \times BCS - 0.7$ ]. Beim Decken wiesen 97 % der Tiere einen P2-Wert zwischen 7 und 16 mm auf. Dies zeigt klar, dass die Körperkondition mit der Regression von Close & Cole unterschätzt wurde. Basierend auf diesen Erkenntnissen erhielten die Sauen der Versuchsgruppe ( $n = 79$ ) rund 10 % mehr Futter als geplant. Diese „Zulage“ wirkte sich günstig auf die Körperkondition (3.8 vs. 4.0;  $P = 0.10$ ) und das Wurfgewicht aus (17.6 kg vs. 18.8 kg;  $P = 0.10$ ).

Die Sauen von ALP weisen eine wesentlich geringere Beziehung zwischen BCS und P2 auf als diejenigen in den Versuchen von Whittemore. Die ALP-Empfehlungen müssen deshalb angepasst werden. Sauen in guter körperlicher Verfassung weisen einen P2 von 10 – 14 mm auf. Die Fütterung gemäss ALP-Empfehlung ergibt keine überschweren Sauen.

### **Gruppenhaltung ferkelführender Sauen als Produktionssystem im ökologischen Landbau**

Barbara Früh<sup>1</sup>, Christel Simantke<sup>2</sup>, Erhard Aube<sup>2</sup>, Johannes Baumgartner<sup>3</sup>, Werner Hagmüller<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Forschungsinstitut für biologischen Landbau (FiBL), Frick, CH

<sup>2</sup>Beratung Artgerechte Tierhaltung e.V., Witzenhausen, D

<sup>3</sup>Veterinärmedizinische Universität Wien, A

<sup>4</sup>Institut für Biologische Landwirtschaft und Biodiversität, Wels, A

Das Verfahren der kombinierten Einzel- und Gruppenhaltung von ferkelführenden Sauen, auch als Gruppensäugen bezeichnet, wurde in 31 biologisch wirtschaftenden Betrieben in Deutschland, Österreich und der Schweiz untersucht. Ziel war herauszufinden, welche Faktoren ausschlaggebend für einen erfolgreichen Gruppensäugen sind. In 25 Betrieben wurden die Gruppensäugeställe in Altgebäuden untergebracht. Mehrheitlich wurden drei Sauen mit ihren Würfen in einer Gruppensäugebucht gehalten. Die Mehrzahl der untersuchten gruppensäugenden Sauen ( $n=192$ ) war beim Absetzen in gutem Nährzustand, 18 % der Sauen waren zu mager und 8 % waren zu fett. Relativ wenige Sauen wiesen haltungsbedingte pathologische Veränderungen der Haut auf, wobei das Gesäuge am häufigsten betroffen war. Nur 18 von 203 Sauen im Gruppensäugen verhielten sich ängstlich oder aggressiv. Die Betriebe setzten durchschnittlich 9,1 Ferkel pro Sau und Wurf ab. Die Ferkelverluste im Abferkelstall betragen im Mittel 15,6 %. Die Verlustrate im Gruppensäugestall lag bei 3,9 % bei einer durchschnittlichen Säugezeit von 48 Tagen. Alle 31 Betriebe wiesen Optimierungspotential auf. Es konnten auch keine plausiblen Korrelationen zwischen den Erfolgskriterien (Biologische Leistung, Tiergesundheit, Mensch-Tier-Beziehung) einerseits und den betriebsspezifischen Produktionsbedingungen (Haltung, Management, Fütterung/Tränke) andererseits festgestellt werden. Daraus kann abgeleitet werden, dass der „Erfolg“ oder „Misserfolg“ der untersuchten Betriebe mit Gruppensäugen weniger auf Einzelfaktoren, als vielmehr auf das Zusammenspiel vieler Produktionsbedingungen zurückzuführen ist.

## 15. Gesundheit Rind

### Indirekter Gentest zur Arachnomelie/Spinnengliedrigkeit beim Braunvieh

C. Drögemüller<sup>1</sup>, M. Rossi<sup>2</sup>, A. Gentile<sup>2</sup>, S. Testoni<sup>3</sup>, H. Jörg<sup>4</sup>, G. Stranzinger<sup>4</sup>, M.-L. Glowatzki-Mullis<sup>1</sup>, T. Leeb<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Institut für Genetik, Vetsuisse-Fakultät, Universität Bern

<sup>2</sup>Veterinary Clinical Departement, Universität Bologna

<sup>3</sup>Departement of Veterinary Clinical Science, Universität Padua

<sup>4</sup>Institut für Nutztierwissenschaften, ETH Zürich

Die kongenitale Anomalie Arachnomelie oder Spinnengliedrigkeit wurde in der internationalen Brown Swiss Rinderpopulation insbesondere nach Verpaarung von Tieren aus Linien, die den 1960 in den USA geborenen Stier Beautician als gemeinsamen Vorfahren aufweisen, beobachtet. Der auch als Syndrom der Arachnomelie und Arthrogrypose (SAA) bezeichnete Letalfaktor folgt einem monogen autosomal rezessiven Erbgang.

Mit Unterstützung der Firma Swissgenetics sowie des Schweizerischen Braunviehzuchtverbandes konnte das Untersuchungsmaterial zusammengestellt werden. Durch die DNA Analyse von 240 über das Rindergenom verteilten Mikrosatelliten von 9 betroffenen Kälbern und über 20 Anlagetragern die alle auf den gemeinsamen Ahnen Beautician zurückgehen, konnte mit Hilfe von Homozygotiekartierung und Haplotypenanalyse eine einzigartige mit dem Vorhandensein des rezessiven Allels gekoppelte Kombination von Markerallelen auf dem Rinderchromosom 5 identifiziert werden. Die Feinkartierung unter Einsatz weiterer Mikrosatelliten aus der Rindergenomsequenz hat eine Eingrenzung des kritischen Bereichs auf 6,5 Mio bp ermöglicht. Das in diesem Chromosomenabschnitt lokalisierte GDF11 Gen wurde als mögliches Kandidatengen ausgeschlossen. Für den indirekten Gentest zur Arachnomelie beim Braunvieh stehen somit 10 hochinformativ Mikrosatellitenmarker zur Verfügung. Dieser Test erlaubt es, mit relativ hoher Sicherheit bei direkten Nachkommen oder Enkeln bekannter Anlageträger, z.B. für den 1995 in Italien geborenen Stier Amaranto, den Trägerstatus für die vererbte Arachnomelie festzustellen.

### Möglichkeiten der Pneumonieprophylaxe bei Mastkälbern zu Mastbeginn

Michel Rérat<sup>1</sup>, Pamela Stähli<sup>2</sup>, Jörg Spranger<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Forschungsanstalt Agroscope Liebefeld-Posieux ALP, CH-1725 Posieux

<sup>2</sup>Forschungsinstitut für biologischen Landbau FiBL, CH-5070 Frick

<sup>3</sup>Institut für anthroposophische Veterinärmedizin iavet, CH-5070 Frick

Während den ersten Wochen nach dem Einstellen leiden Mastkälber vorwiegend unter Respirationskrankheiten. Aufgrund der hohen Pneumoniehäufigkeit bei Mastbeginn wird die prophylaktische Antibiotikabehandlung aller Kälber beim Einstellen als sinnvoll erachtet. In einem Versuch an ALP mit Mastkälbern wurden verschiedenen Massnahmen der Pneumonieprophylaxe miteinander verglichen, nämlich eine Kontrollgruppe (n=19) ohne Einstallprophylaxe, eine Gruppe mit Einstallprophylaxe bei parenteraler Antibiotika-verabreichung (n=20) und eine Gruppe mit Einstallprophylaxe bei per oraler Antibiotikagabe (n=20). Die parenteral behandelten Kälber wurden durchschnittlich  $2.1 \pm 0.2$  mal (inklusive Einstallprophylaxe) gegen Pneumonien behandelt. In der per oralen Gruppe betrug die Behandlungshäufigkeit  $1.8 \pm 0.2$ . Die Kälber der Kontrollgruppe (ohne Antibiotikabehandlung beim Einstellen) wurden  $1.9 \pm 0.2$  mal gegen Pneumonien behandelt. Die mittlere Anzahl Behandlungen pro Kalb unterschied sich in den drei Kälbergruppen nicht ( $P > 0.05$ ). Hingegen war der mittlere Tageszuwachs in der Kontrollgruppe während den ersten 10 Wochen nach der Einstellung signifikant tiefer.

Für die Prävention von Respirationsleiden sind neben Antibiotika auch die tiereigenen Abwehrkräfte ausschlaggebend. In einem weiteren Versuch wurde die Hypothese untersucht, ob ein Einstallalter ausserhalb der Immunitätslücke die Gesundheit positiv beeinflusst. Bei den drei untersuchten Einstallaltern (2-4 Wochen, 5-7 Wochen, 8-10 Wochen alt) konnten keine signifikanten Unterschiede in der Pneumoniehäufigkeit während den 10 ersten Wochen nach der Einstellung festgestellt werden. Eine komplementäre Behandlung beim Einstellen mit einem homöopathischen Produkt (Echinacea / Argentum metallicum) hat die erwartete immunstimulierende Wirkung nicht gezeigt.

## 16. Genetik Rind

### **Assessment of the risk status for livestock breeds in developing countries: does the molecular estimation of effective population size open new perspectives?**

C. Flury<sup>3</sup>, M. Tapio<sup>1</sup>, H. Simianer<sup>2</sup>, O. Hanotte<sup>1</sup> and S. Rieder<sup>3</sup>

<sup>1</sup>International Livestock Research Institute ILRI, PO Box 30709, Nairobi 00100, Kenya

<sup>2</sup>Institute for Animal Breeding and Genetics, University of Goettingen, 37075 Goettingen, Germany

<sup>3</sup>Swiss College for Agriculture SHL, Länggasse 85, 3052 Zollikofen, Switzerland

The determination of effective population size is important for the assessment of the risk status of a population. For livestock breeds of the developing world herd book and demographic information is often lacking and effective population size can not be estimated accurately. With dense marker information becoming available the application of LD-based methods for the estimation of effective population sizes might offer new perspectives. The evaluation of methods based on genome-wide SNP data is subject of the presented study. In an international collaboration genome-wide SNP data from two African cattle breeds (Sheko and Ndama) and one Swiss breed (Eringer) will be evaluated. The inclusion of the Swiss breed allows the comparison of the LD-based estimators with pedigree-based estimators. So far, information for a sample of 17 Sheko individuals and 20 Ndama individuals, respectively genotyped for 1210 SNPs from the bovine chromosome 4 was available. The extent of linkage disequilibrium was estimated for these data. Different levels of LD were found for the two breeds. Population admixture is a possible explanation for the higher level of LD found for the Sheko breed. Effective population size was estimated based on  $r^2$ . A decreasing population trend was found for both breeds, however with large standard deviations. The inclusion of additional chromosomes and samples is expected to lead to more robust estimations. The actual results are discussed and an outlook for the whole project will be given.

### **Ein Vergleich zwischen SNP Typisierungen für eine Genom-weite Selektion**

Urs Schuler<sup>1</sup>, Hannes Jörg<sup>1</sup>, Bruno Dietrich<sup>1</sup>, Andrea Patrignani<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Institut für Nutztierwissenschaften, ETH Zürich

<sup>2</sup>Functional Genomics Center Zürich

Bei der Genom-weiten Selektion dienen Markerinformationen als Grundlage für die Zuchtwertschätzung. Als Informationsquellen auf DNA-Ebene werden die sogenannten SNPs verwendet. Für die SNP Genotypisierung existiert eine Vielzahl von Methoden, von denen aber nur wenige für die Genom-weite Selektion geeignet sind. Es wurden insgesamt vier SNP Genotypisierungsmethoden verglichen. Die Methoden nach dem Konzept der 'molecular inversion probes' und der Doppelprobe haben unzureichend funktioniert. Genotypisierungen mit Realtime PCR mit TaqMan Sonden konnten erfolgreich durchgeführt werden. Mit dieser Methode konnte ein SNP im  $\kappa$ -Kasein Gen und einer im MSHR Gen bei vier Tieren genotypisiert werden. Da allerdings pro SNP-Allel und Tier eine separate Reaktion durchgeführt werden muss, ist diese Methode nicht für Hochdurchsatzanalysen geeignet. Die Methoden mit den besten Resultaten war die allelspezifische PCR. Bei dieser Methode sollte eine Vermehrung der DNA nur dann stattfinden, wenn die PCR-Primer genau zu den jeweiligen SNP-Allelen passen. Ob eine Vermehrung der DNA stattgefunden hat, kann danach durch verschiedene Methoden getestet werden. Wobei auch hier nur wenige Methoden für Hochdurchsatzanalysen geeignet sind, eine davon ist die Microarraytechnologie ('GenChip'). Mit dieser Technologie ist es möglich, sehr viele SNPs in einer Reaktion zu testen und danach trotzdem noch zu unterscheiden. Die Reaktionsprodukte aus einer allelspezifischen PCR zur Untersuchung von 12 SNPs wurden auf einen Microarray hybridisiert. Dabei konnten gute Signale auf dem Microarray gefunden werden, jedoch konnten diese nicht den SNP-Allelen zugeordnet werden, da das verwendete Lesegerät nicht für solche Verfahren ausgelegt war. Es hat sich gezeigt, dass das Grundkonzept der Allelunterscheidung mit PCR und der darauf folgenden Detektion per Microarray das Konzept der Wahl für die SNP Genotypisierung in der Genom-weiten Selektion ist.